

中华医学会  
第十五次全国检验医学学术会议

论文汇编

2019年8月 江苏 苏州

口头发言

## OR-001

**Tumor mutation load: a novel independent prognostic factor in stage IIIA-N2 non-small cell lung cancer**

Yiqun Che

National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and  
Peking Union Medical College

**Objective** This study aims to investigate the prognostic biomarkers of patients with stage IIIA-N2 NSCLC and to analyze the correlation between tumor mutation load (the frequency and number of tumor mutation) and prognosis.

**Methods** Clinical data of 35 patients with stage IIIA-N2 NSCLC were collected from Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences. Whole blood samples from peripheral vein were taken at different treatment period and the mutations of cfDNA were detected.

**Results** Multivariate analysis showed that smoking ( $P=0.0308$ ), mutation number $>2$  ( $P=0.0283$ ) and max mutation frequency $>0.025$  ( $P=0.0450$ ) were associated with improved progression-free survival (PFS). The OS of well differentiated NSCLC patients was better than that of poor differentiated ones ( $P=0.0006$ ). The rates of PFS, disease-free survival, locoregional progression-free survival and local progression free survival were significantly higher in the group with mutant number  $>2$  than in the group with mutant number $\leq 2$ . The mutation number of pre-operation group was significantly higher than that of post-radiochemotherapy group (5 vs. 2.5,  $P=0.023$ ) and the max mutation frequency change was approximately significant in post-radiochemotherapy group compared with post-operation group (2.6% vs. 1.85%,  $P=0.067$ ). The max mutation frequency is positively correlated with vascular invasion (21.13% vs. 3.62%,  $P=0.04$ ). Furthermore, Met, ALK, APC, PTEN, ERBB4, NF1 and other genes, involving multiple tumor suppressor genes and lung cancer-driven genes, did not mutate in recurrence-free patients when compared with recurrent patients.

**Conclusions** In conclusion, differentiation, smoking, mutant frequency $>0.025$  and mutant number $>2$  are prognostic factors. The frequency and number of gene mutations in cfDNA are expected to be prognostic predictors of NSCLC.

## OR-002

**Long non-coding RNA CCAT1 promotes colorectal cancer progression by regulating miR-181a-5p expression from exosomes**

Anquan Shang, Li Dong

Tongji Hospital of Tongji University

**Objective** Our study aimed at elucidating the function and mechanisms of long non-coding RNA CCAT1 via regulating miR-181a-5p expression from exosomes in the colorectal cancer (CRC).

**Methods** The Cancer Genome Atlas (TCGA) makes available lncRNA expression level data on cases and controls in matched 38 colorectal patients. We detected 10 lncRNAs that were upregulated and 10 that were downregulated specifically from exosomes in CRC. 50 cases of CRC tissues were collected to analyze the correlation between expression of CCAT1 and clinical pathology. The quantification of CCAT1 and miR-181a-5p was done using qRT-PCR and western blot. The target relationship between CCAT1 and miR-181a-5p was verified using dual-luciferase reporter gene assay. Cell viability was determined using MTT assay, colony formation assay and EdU assay. Cell aggression was determined using Transwell and wound healing assays. Flow cytometry analysis was used to demonstrate cell apoptosis. Further xenograft model experiments displayed the oncogenicity of CCAT1.

**Results** The expression of lncRNA CCAT1 was significantly upregulated in CRC tissues. The CCAT1 expression was positively associated with American Joint Committee on Cancer stage ( $P < 0.05$ ). CCAT1 could promote the cell proliferation, growth and mobility by targeting miR-181a-5p from exosomes. The silence of CCAT1 could increase the cell apoptosis. Knocking down the expression level of CCAT1 could inhibit tumor growth in vivo.

**Conclusions** CCAT1 could promote CRC cell proliferation, invasion, migration and suppress cell apoptosis by regulating miR-181a-5p expression from exosomes.

## OR-003

### 链脲佐菌素诱导的高血糖小鼠感染沙门氏菌后导致严重的肠道炎症并使 CD4 + FoxP3 + Treg 细胞增加

张善龙

泰山医学院附属医院,271000

**目的** 本研究用链脲佐菌素(Streptozotocin,STZ)来建立小鼠 T1DM 模型,在高血糖基础上进行沙门氏菌感染,以研究在糖尿病相关并发症状态下小鼠的小肠(Small intestine)的固有层(Lamina propria,LP)中免疫细胞数量及其亚群的变化规律,以及相关免疫功能的变化情况。从而有可能增加我们对 I 型糖尿病分子基础的了解,明确 T1DM 的发病机制,并可能为研究 T1DM 合并感染的特点及 T1DM 免疫治疗的理论体系和免疫细胞的临床应用提供理论基础。

**方法** 通过腹腔注射 STZ 构建 T1DM 小鼠模型。随后对高血糖小鼠灌胃感染沙门氏菌,动态检测体重变化及死亡率。在感染后第三天,取小鼠的小肠(Small intestine)的固有层(Lamina propria,LP)分离单个核细胞,流式细胞术检测各组织的免疫细胞亚群比例。ELISA 检测血清中 IL-6、IFN- $\gamma$ 、IL-10、IL-17 浓度。对小肠组织进行 HE 染色,观察组织中炎症细胞的浸润情况。

**结果** T1DM 小鼠感染沙门氏菌三天后小肠固有层 DC、单核细胞、B 细胞比例明显降低,中性粒细胞、CD4+FoxP3+Treg 比例明显增高,而 MLN 中的 CD4+FoxP3+Treg 比例明显降低。感染沙门氏菌后的正常对照组小鼠和 T1DM 小鼠 IFN- $\gamma$ 、IL-6 浓度均明显增高。T1DM 小鼠感染沙门氏菌后 IL-6 浓度比正常对照小鼠感染沙门氏菌后显著增高。HE 染色发现 T1DM 小鼠感染沙门氏菌后肠道组织存在着明显的炎症浸润。

**结论** T1DM 小鼠在感染沙门氏菌后 LP 中 DC 比例均呈明显降低状态,而中性粒细胞的比例却明显增高。高血糖小鼠加重了感染的进展。T1DM 小鼠在感染沙门氏菌后,LP 中的 CD4+FoxP3+Treg 比例明显增高,可能是因为 LP 中 CD103+CD11b+DC 刺激了抗原特异的 CD4 +T 细胞增殖并诱导其分化为 Foxp3+Treg。

## OR-004

### 浅谈人工智能时代我国检验医学的机遇与挑战

张桐硕

武警特色医学中心

**目的** 人工智能(artificial intelligence, AI)即将全方位推动医疗健康领域的变革。检验科的技术含量与仪器设备的多元密集性决定了检验医学对待新技术更为敏锐,为 AI 预备了广阔的技术转化平台。另一方面,临床对检验结果日益高标准的质量要求、个体化结果的分析和咨询以及庞杂数据的处理压力都迫切需要 AI 为检验医学注入了新的活力。本文总结了 AI 与检验医学在各个层面的结合途径,并剖析目前的制约因素,为广大检验同仁以及智能医疗从业者提供启发和参考。

**方法** 从我国检验医学的发展现状和文献计量结果出发,逐层探讨了 AI 相关技术在提升检验流程的自动化程度、挖掘检验数据的辅助诊断价值、重塑检验行业服务模式中的应用潜力,进而从检验我



国工作者的角度,设想未来面临 AI 取代检验科日常工作带来的冲击,如何实现向检验数据管理人员或检验医师的职能转型,开创人-机协同的检验医学新时代。

**结果** (1) AI 技术可以覆盖整个检验流程:包括检验前阶段的机器人标本采集与传送、检验中阶段的深度学习助力形态学判别、检验后阶段的个性化报告审核。(2) 基于检验数据的 AI 辅助诊断前景广阔:首先,区块链技术有望为诊断模型提供大量且优质安全的训练数据;其次,数据挖掘推动了对传统指标的二次开发和利用,搭配出更合理的组合诊断模式;另外,机器学习技术善于处理高通量组学数据,是解读分子诊断结果的利器。(3) AI 丰富了检验行业服务模式:AI 可以把技师的误差排查和专家的诊断经验固化下来,弥补以上检验服务场景中医疗专业人员的缺位,以 AI 赋能的方式快速拉动第三方实验室和家用即时检验(POCT)的服务质量,帮助优质的检验诊断资源下沉到基层。(4) 人-机结合时代中检验行业的新兴人才缺口:第一,实验室诊断 AI 催生数据标注产业,需要大量技术人员对检验标本数据筛检分类;第二,AI 将检验工作者从日常繁杂的操作中解放出来,使其有精力从事更高层次的实验室活动,承担起检验医师的职责。

**结论** 检验医学作为一个重要的智能医疗板块正在崛起。随着医联体、移动医疗、精准医疗等新型医疗服务模式的推进,带来了 AI 与检验医学更多的结合点。AI 参与检验数据的生成和辅助诊断在国内检验医学领域在尚处于起步阶段。检验工作者在 AI 浪潮中要进行前瞻性准备,调整角色定位,将职业规划架设在 AI 技术基础设施之上。

## OR-005

### 我院检验结果解释性服务开展状况调查与分析

林伯熹

福建中医药大学附属人民医院

**目的** 旨在了解检验科检验结果解释性服务现状,同时探讨检验医师在检验科工作的作用情况。

**方法** 收集福建中医药大学附属人民医院检验科 2018 年 1 月至 2018 年 4 月各专业组的检验报告,利用杏和 Lis 系统关键字查询功能,查询具有解释性报告的检验结果并进行分析。

**结果** 血常规组住院、门诊、体检和急诊病人解释性报告的比例分别为 0.210% (31/14731)、0.027 (6/21673)、0.013 (2/15214)、0.237 (18/7580);临检组住院、门诊、体检和急诊病人解释性报告的比例分别为 0.371% (80/21588)、1.28% (259/20305)、0% (0/15265)、0.390% (11/2818);生化组住院、门诊、体检和急诊病人解释性报告的比例分别为 0.109% (28/25713)、0.034% (11/31904)、0.044% (7/15848)、0.017% (1/583);免疫组住院、门诊、体检和急诊病人解释性报告的比例为 0.544% (50/9195)、0.404% (14/3468)、0.017% (2/12025)、0.321% (2/624);急诊组住院、门诊、体检和急诊病人解释性报告的比例分别为 0.177 (48/27131)、0.159% (29/18192)、0% (0/3269)、0.190% (31/16303);微生物组住院、病房和急诊病人解释性报告的比例分别为 23.147% (843/3642)、4.651% (10/251)、47.700% (583/1223);血液组住院、病房和急诊病人解释性报告的比例均为 100%。。流式细胞组、基因扩增组和放射免疫组均未开展解释性报告服务。

**结论** 目前检验科解释性报告服务的现状不容乐观。除微生物、血液组出具具有诊断意义报告的专业组外,免疫组及临检组手工项目开展较多的专业组提供解释性报告服务较多,且各专业组对住院患者出具的解释性报告也多于其他类型的患者。检验科应加强解释性报告服务,充分发挥检验医师的专业优势,更好地为临床和患者服务。

OR-006

## 应用 MALDI-TOF MS 联合磁珠技术寻找金黄色葡萄球菌血流感染血清蛋白标志物

麻雅婷

解放军总医院第一医学中心

**目的** 应用 MALDI-TOF MS 分析金黄色葡萄球菌引起的血流感染血清多肽指纹图谱，寻找差异多肽峰并进行二级质谱鉴定，寻找具有潜在意义的血流感染标志物。

**方法** 建立 ICR 小鼠金黄色葡萄球菌血流感染模型，收集血清标本，经弱阳离子交换磁珠纯化，MALDI-TOF MS 检测及 BioExplorer 生物软件分析研究金葡菌感染组与正常对照组的血清多肽指纹图谱。应用纳米液相色谱-电喷雾电离-串联质谱对候选多肽氨基酸序列进行鉴定。收集血液标本进行血常规和 IL-6 检测。收集肝脏、肺脏组织标本进行 H.E 染色观察。

**结果** 比较金葡菌感染组与正常对照组发现表达上调的多肽有 6 个，表达下调的多肽有 7 个，表达呈先上调后下调的多肽有 8 个。经二级质谱鉴定得到， $m/z$  2794.3 为激肽原 1;  $m/z$  3869.2 为血清淀粉样蛋白 2;  $m/z$  1227.4 为  $\beta 2$  微球蛋白。随着小鼠感染时间的延长，白细胞水平逐渐升高，与正常组比较差异不具有统计学意义；IL-6 在感染 1 小时左右升高明显，与正常对照组比较差异具有统计学意义。小鼠受金葡菌感染后，H.E 染色结果示 6 小时后小鼠肺脏结构发生破坏，有明显渗出、水肿、白细胞浸润；肝脏在 12 小时后可发现有炎细胞浸润，有小的坏死灶产生。

**结论** 利用 MALDI-TOF MS 技术和 BioExplorer 软件研究金黄色葡萄球菌血流感染的血清多肽，可以发现感染组与正常对照组间的差异多肽并有效地建立这种细菌感染的诊断模型。激肽原 1、血清淀粉样蛋白 2、 $\beta 2$  微球蛋白有望成为新的用于辅助诊断细菌性血流感染的标志物。

OR-007

## Serum peptide profiling for potential biomarkers in early diagnosis of Escherichia coli bloodstream infection

Yating Ma

301 PLA Hospital

**Objective** Bacterial bloodstream infection (BSI) remains an important cause of morbidity and mortality, which is a widespread and uncontrolled inflammatory response. There are some cytokines for the auxiliary diagnosis, such as procalcitonin (PCT), C reactive protein (CRP), and interleukin 6 (IL-6), which are not sufficient. This study was aimed to explore a new method of diagnosing bacterial BSI and to find some new biomarkers that could differentiate bloodstream infected patients from healthy people.

**Methods** An animal model was used to find relevant changes of peptides in the serum and was validated in clinical samples. Mice (25-27 g) were randomized to infection with Escherichia coli ATCC 25922 or phosphate buffer saline. The serum samples were purified by weak cation exchange beads and the serum peptide profiling was established by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS). Statistical analysis and diagnostic modeling were conducted on BioExplorer. Amino acid sequences of the candidate peptides were identified by nano-liquid chromatography electrospray ionization-tandem mass spectrometry and relevant proteins were recognized on the Uniprot database. The identified proteins were confirmed via enzyme-linked immunosorbent assay on clinical samples.

**Results** Five peptide peaks ( $m/z$  1941, 2924.1, 3962.1, 4126.9 and 5514) were found as candidate biomarkers for E.coli infection, and the diagnostic model discriminated E.coli infected patients from healthy controls with an accuracy of 92.2%. Peptide peaks  $m/z$  1941, 2924.1 and 4126.9 were identified as the fragments of Serotransferrin (TRF), Complement C3 and Serum

amyloid A-1 protein (SAA1), respectively, but only C3 and SAA1 showed significant difference in clinical samples.

**Conclusions** MALDI-TOF MS could be a new method to find the changes of serum peptides after infection, C3 and SAA1 could be new biomarkers in diagnosing BSI.

## OR-008

### 载脂蛋白 A1 在精子中定位及其抗体 对人精子功能的影响

池秀平

解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究载脂蛋白 A1 在人精子中的定位和功能

**方法** 基础研究。收集 2017 年 10 至 12 月份来解放军总医院查体的健康男性精液标本 20 例。采用免疫荧光和免疫印迹来定位载脂蛋白 A1 在人精子中的部位。设空白对照组、兔多克隆 IgG 组 10、20 和 40  $\mu\text{g/ml}$  的 APOA1 抗体处理健康查体精液标本, 37  $^{\circ}\text{C}$  温箱孵育 1、2 和 3 h 后, 通过计算机辅助系统(CASA)观察精子前向运动变化, 流式细胞分析仪检测精子的凋亡率和透射电镜观察精子凋亡形态学变化。精子前向运动和凋亡率的变化, 采用独立样本 t 检验。

**结果** APOA1 蛋白主要定位于精子细胞头部, 相对分子质量大小为 31 000。精子前向运动在 APOA1 抗体孵育 1、2 和 3 h 后显著下降, 空白对照组与 APOA1 抗体浓度 20  $\mu\text{g/ml}$  组和 40  $\mu\text{g/ml}$  组间差异有统计学意义。孵育 1 h 后空白对照组 ( $68.65\pm15.7$ ) 与 APOA1 抗体浓度 20  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $48.45\pm5.2$ ) 和 40  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $39.25\pm7.89$ ),  $t=2.442$  和  $3.345$ ,  $P$  均 $<0.05$ 。孵育 2 h 后空白对照组 ( $55.33\pm10.12$ ) 与 APOA1 抗体浓度 20  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $28.68\pm11.7$ ) 和 40  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $18.13\pm10.52$ ),  $t=3.445$  和  $5.097$ ,  $P$  均 $<0.05$ 。孵育 3 h 后空白对照组 ( $35.73\pm14.08$ ) 与 APOA1 抗体浓度 20  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $15.53\pm8.42$ ) 和 APOA1 抗体浓度 40  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $9.98\pm7.08$ ),  $t=2.462$  和  $3.268$ ,  $P$  均 $<0.05$ 。APOA1 抗体孵育精子 2 h 后, 随着其浓度的增加精子凋亡率逐渐增加, 空白对照组 ( $16.02\%\pm4.28\%$ ) 与抗体浓度 20  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $21.72\%\pm2.67\%$ ) 和 40  $\mu\text{g/ml}$  组 ( $28.01\%\pm3.93\%$ ) 间有显著的统计学差异 ( $t=3.177$  和  $5.834$ ,  $P$  均 $<0.01$ )。40  $\mu\text{g/ml}$  APOA1 抗体处理精子细胞 4 h 后, 透射电镜观察到精子出现核空泡、膜疏松、不同凋亡期精子细胞等现象。

**结论** 精子头部 APOA1 在维持精子活力和调节精子凋亡中发挥一定作用, 其作用机制还需进一步的研究。

## OR-009

### 临床不合格标本原因分析与持续改进

张凯歌

西安交通大学第一附属医院,710000

**目的** 通过对不合格标本拒收的原因分析, 提出降低不合格标本拒收率的建议, 为实验室提高分析前质量, 确保检验质量的持续改进提供理论依据。

**方法** 应用帕累托图分析法回顾性分析西安交通大学第一附属医院检验科 2015-2016 年不合格标本的产生原因及分布情况, 提出相应改进措施。

**结果** 2015-2016 年总接收标本总数为 4962489 份标本, 不合格标本总数为 8554 份标本, 占总标本比率为 0.17%, 其中拒收的主要原因 (构成比 $>2\%$ ) 有: 血凝 (19.2%)、容器错误 (12.7%)、不符合培养标准 (12.2%)、标本量不足 (11.8%)、检验项目、检测时间与检验科规定范围内不相符 (5.3%)、标本类型错误 (2.7%)、溶血 (2.2%)。不合格标本率排名前六的

部门依次是门诊（12.8%）、呼吸科（10.6%）、肝胆外科（7.8%）、心血管内科（6.9%）、传染科（6.7%）、肾内科（5.7%）。

**结论** 通过回顾性统计分析标本不合格产生的原因及分布情况，提出有效降低不合格标本比例的积极措施，提高检验前标本质量对于检验结果准确、可靠至关重要。

## OR-010

# Comprehensive Analysis of BRCA, TP53 Mutations and serum tumor biomarkers in Ovarian Cancer Patients

Hongyu deng<sup>1,2</sup>, Dongyong Shan<sup>3</sup>, Jianfu Heng<sup>1</sup>, Faqing Tang<sup>1</sup>, Hongjun Huang<sup>1</sup>, Yinghua Li<sup>1</sup>,  
Xiaochun Wang<sup>2</sup>, Jun Wang<sup>4</sup>

1. Hunan Cancer Hospital

2. Department of Laboratory Medicine, Xiangya School of Medicine, Central South University

3. Department of Oncology, The Third Xiangya Hospital of Central South University

4. School of Life Sciences, Central South University

**Objective** Ovarian cancer is a critical death-leading gynecologic malignance. Early detection is crucial way to reduce cancer related death. Changes in serum tumor makers and gene mutations are important serological and genetic characteristics in ovarian cancer. The aims of this study were to comprehensively analyze serum tumor makers and germline mutations of BRCA and TP53 gene in ovarian cancer patients, and construct prediction models for ovarian cancer diagnosis by combining serum tumor makers and gene mutations.

**Methods** A total of 10 serum tumor makers in 232 Chinese ovarian cancer patients and 219 gynecological benign patients were detected with Protein Chip-Chemiluminescence. Germline mutations of BRCA and TP53 gene were analyzed by integrating multiplex PCR and next-generation sequencing technologies. Sanger sequencing was used to confirm the detected mutations. We construct the prediction models for ovarian cancer detection and subtype differentiation using serum tumor makers and BRCA, TP53 mutation status.

**Results** Total of 43 deleterious BRCA germline mutations were identified in 54 ovarian cancer patients. The overall frequency of BRCA deleterious germline mutations in this study was 23.3% (54/232). Most of these mutations were located in exon 11 of the BRCA genes respectively. For BRCA1 gene, 30 deleterious germline mutations loci were found in 38 (38/232, 16.38%) patients, including 6 recurrent mutations (c.3770\_3771delAG and c.4712delT presented in 3 patients, c.220C>T, c.981\_982delAT, c.3288\_3289delAA and c.4185+1G>A presented in 2 patients) and 6 novel mutations (c.440delT, c.2302delA, c.3114delA, c.2553\_2554insGAAAAGTGAA, c.3418\_3419insTGACTACT and c.4886\_4887delinsC). For BRCA2, 13 deleterious germline mutations were found in 16 (16/232, 6.90%) patients, including 2 recurrent mutations (c.3109C>T presented in 3 cases and c.3598\_3599delTG presented in 2 cases). Notably, 6 mutations in BRCA2 (c.1508\_1509delinsT, c.3628\_3629delGA, c.5446dupA, c.6400\_6401delAA, c.8645\_8646dupAA and c.8954-1G>C) were novel. Notably, BRCA deleterious germline mutations were significantly associated with histological subtype ( $P=0.011$ ), FIGO stage ( $P=0.007$ ), lymph node metastasis ( $P=0.024$ ), HBOC-related tumor ( $P<0.001$ ) and family history ( $P=0.014$ ) of ovarian cancer.

Total of 18 deleterious TP53 mutations were found in the plasma cell-free DNA of ovarian cancer patients. The overall frequency of TP53 deleterious mutations in our study was 11.8% (18/232). Of these mutations which located in exon 5 to 8, 17 were missense mutations and one was splicing variant. c.818G>A was recurrent mutation. TP53 gene deleterious mutations were significantly associated with lymphatic metastasis ( $P=0.044$ ) and menopause age ( $P=0.036$ ).

In 232 Chinese ovarian cancer patients and 219 gynecological benign patients, the levels of six serum tumor biomarkers, CA125 ( $P=2.82E-24$ ), CEA ( $P=0.029$ ), CA19-9 ( $P=0.021$ ), NSE ( $P=1.92E-06$ ), Ferritin ( $P=6.98E-17$ ) and HE4 ( $P=1.63E-07$ ) in ovarian cancer patients were significantly higher than benign patients. The levels of serum tumor biomarkers  $\beta$ -HCG ( $P=$

1.33E-07) in ovarian cancer patients was significantly decreased. The levels of serum tumor biomarkers CA19-9 ( $P=0.0486$ ) and Ferritin ( $P=1.07E-06$ ) were significantly higher in group of ovarian cancer patients which are over 60 age at diagnosis. The levels of serum tumor biomarkers CA125 and Ferritin were significantly associated with histological subtype, FIGO stage and grade (all of  $P$  values were under 0.05). The level of serum tumor biomarker CEA was significantly higher in patients of personal history of cancer ( $P=7.49E-04$ ). The level of serum tumor biomarker Ferritin was significantly higher in older menopausal age patients ( $P=9.46E-05$ ). In addition, this study found that the levels of serum tumor biomarkers CA125 ( $P=0.010$ ), CA15-3 ( $P=0.035$ ), HGH ( $P=0.027$ ) and  $\beta$ -HCG ( $P=0.027$ ) were significantly higher in ovarian cancer patients of BRCA1 deleterious mutations. The levels of serum tumor biomarkers CA125 ( $P=0.030$ ), Ferritin ( $P=0.015$ ), NSE ( $P=0.036$ ) were significantly higher in ovarian cancer patients with TP53 deleterious mutations. The levels of serum tumor biomarkers CA19-9 ( $P=0.019$ ) and HGH ( $P=0.037$ ) were significantly lower in ovarian cancer patients with TP53 deleterious mutations.

In all prediction models, CA125 showed the best performance in ovarian cancer detection as a single serum tumor biomarker ( $AUC=0.799$ ). A panel of 8 serum tumor biomarkers (NSE, CEA, Ferritin, AFP,  $\beta$ -HCG, HGH, CA125 and CA15-3) showed good predictive performance in ovarian cancer detection ( $AUC=0.873$ ). This model combined with HE4 showed better predictive performance in ovarian cancer detection ( $AUC=0.916$ ). The panel of 5 serum tumor biomarkers (HE4, CA19-9, CA242, AFP and CA125) combined with BRCA mutation status showed the best performance in prediction of metastasis ( $AUC=0.843$ ).

**Conclusions** Multiplex PCR and next-generation sequencing methods were successfully established to screen BRCA germline mutation and TP53 cfDNA mutation and then to analyze the gene mutations in ovarian cancer patients. The levels of 10 serum tumor markers in 232 ovarian cancer patients and 219 gynecological benign patients were successfully analyzed. The value of serum tumor markers in the early diagnosis of ovarian cancer patients was successfully evaluated. The associations between 10 serum tumor biomarkers and BRCA germline mutations and TP53 gene mutation were analyzed and established prediction models for cancer detection and metastasis analysis. These results would benefit the diagnosis and treatment of ovarian cancer patients.

## OR-011

### 检验与临床沟通存在的问题分析与对策

李传达

内江市第二人民医院, 641000

**目的** 分析检验科与临床沟通中的重要性。

**方法** 利用我科近 10 年来与临床沟通工作中发现的问题进行分析。

**结果** 通过与临床沟通年度统计分析, 对存在问题进行前 3 位排序, 结果分析是: 标本运送的及时性不够、检验报告的及时性和特殊检验项目标本采集使用什么容器不是很清楚。

**结论** 通过加强检验科与临床的沟通, 提高检验人员及医护人员知识水平及责任心, 有助于医护人员获取全面准确临床资料对患者进行及时有效的治疗, 值得推广应用。

## OR-012

## 肥大细胞活化分子及其抗体在变应性鼻炎、鼻息肉中的表达及机制探讨

丁爽<sup>1</sup>, 李莉<sup>2</sup>, 马萍<sup>1</sup>, 王洪江<sup>1</sup>

1. 徐州医科大学附属医院, 221000

2. 上海市第一人民医院, 200000

**目的** 通过分析肥大细胞 (Mast Cell, MC) 活化分子及其抗体水平在变应性鼻炎及鼻息肉患者血清、组织中的表达, 探讨 MC 与变应性鼻炎及鼻息肉发生的关系及其发病机制。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2018 年 6 月就诊于我院患者作为研究对象, 且所有患者均经过术前鼻内窥镜及鼻窦 CT 检查。实验分为三组: 30 例变应性鼻炎 (AR 组) 和 30 例鼻息肉 (NP 组) 作为实验组; 30 例行单纯下鼻甲部分切除术的鼻中隔矫正术者作为对照组 (N 组)。收集患者的临床资料和外周血及鼻粘膜组织。全自动血细胞分析仪检测外周血中嗜酸性粒细胞百分比, 速率散射比浊法检测血清 IgE 水平, 酶联免疫吸附试验检测血清中抗 IgE 抗体、FcεRIα 和抗 FcεRIα 抗体水平。变应性鼻炎组, 标本取鼻中隔偏曲矫正术加下鼻甲部分切除术的下鼻甲黏膜组织; 鼻息肉组, 标本取自手术中鼻息肉组织, 且术后送病理确诊为息肉; 对照组, 取下鼻甲黏膜组织。HE 观察三组组织病理改变, 免疫组织化学方法分析类胰蛋白酶和 FcεRIα 在实验组和对照组的表达。

**结果** 变应性鼻炎组中嗜酸性粒细胞百分比、IgE、抗 IgE 抗体、FcεRIα、抗 FcεRIα 抗体水平均明显高于对照组 ( $P < 0.05$ ); 鼻息肉组中嗜酸性粒细胞百分比、FcεRIα、抗 FcεRIα 抗体水平均明显高于对照组 ( $P < 0.05$ ), IgE 和抗 IgE 抗体与对照组相比, 差异不显著 ( $P > 0.05$ ); 变应性鼻炎组与鼻息肉组中, 嗜酸性粒细胞百分比、IgE 和抗 IgE 抗体水平差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 变应性鼻炎组高于鼻息肉组; 变应性鼻炎组与鼻息肉组中 FcεRIα、抗 FcεRIα 抗体水平无差异 ( $P > 0.05$ )。HE 染色和免疫组织化学结果提示, 变应性鼻炎组与鼻息肉组中, 嗜酸性粒细胞浸润无明显差异; 鼻黏膜下层和黏膜间质中发现棕色的类胰蛋白酶阳性、膜表面 FcεRIα 阳性的 MC。

**结论** 变应性鼻炎和鼻息肉患者血清中高表达 FcεRIα 及其抗体, 提示此抗体系统参与了变应性鼻炎和鼻息肉的发生发展; 以 MC 为核心的局部变态反应可能参与了鼻息肉的发生发展, MC 影响着鼻息肉形成的可能作用及具体机制值得进一步探讨。

## OR-013

## Data mining: seasonal and temperature fluctuations in thyroid-stimulating hormone

Danchen Wang

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Thyroid-stimulating hormone (TSH) plays a key role in maintaining normal thyroid function. Here, we used “big data” to analyze the effects of seasonality and temperature on TSH concentrations to understand factors affecting the reference interval.

**Methods** Information from 339,985 patients at Peking Union Medical College Hospital was collected from September 1<sup>st</sup>, 2013, to August 31<sup>st</sup>, 2016, and retrospectively analyzed. A statistical method was used to exclude outliers, with data from 206,486 patients included in the final analysis. The research period was divided into four seasons according to the National Weather Service. Correlations between TSH concentrations and season and temperature were determined.

**Results** Median TSH levels during spring, summer, autumn, and winter were 1.88, 1.86, 1.87, and 1.96 mIU/L, respectively. TSH fluctuation was larger in winter ( $\pm 0.128$ ) than in summer

( $\pm 0.125$ ). After normalizing the data from each year to the lowest TSH median value (summer), TSH appeared to peak in winter and trough in summer, showing a negative correlation with temperature. Pearson correlation analysis indicated that the monthly median TSH values were negatively correlated with temperature ( $r = -0.663$ ,  $p < 0.001$ ).

**Conclusions** This study showed significant seasonal- and temperature-dependent variation in TSH concentrations. Thus, these might be important factors to consider when diagnosing thyroid function disorders.

#### OR-014

### A Panel of Exosome-derived miRNAs of Cerebrospinal Fluid for the Diagnosis of Moyamoya Disease

Xiaoming Lv<sup>1</sup>, Gang Wang<sup>2</sup>

1.The Third Affiliated Hospital, Southern Medical University

2.Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Moyamoya disease (MMD) is an important cause of stroke in children and young adults in Asia. To date, diagnosis remains challenging due to varying clinical manifestations and unknown pathogenesis. The study aims to identify cerebrospinal fluid (CSF) exosomal microRNAs (exomiRs) that can serve as a novel diagnostic biomarker for diagnosis and assess its clinical applications.

**Methods** CSF samples were taken from 31 MMD patients and 31 healthy controls. Initial screening of miRNA expression was performed on samples pooled from MMD patients and controls using microarray and validated using quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR). The diagnostic accuracy of the potential exosomal miRNAs was evaluated using receiver operating characteristic curve analyses in an independent patient cohort. The potential pathways regulated by the miRNAs was also determined using bioinformatics analysis.

**Results** The microarray results demonstrated that six exomiRs were dysregulated in the MMD patients compared to the controls. Using qRT-PCR, we validated five of the miRNAs (miR-3679-5p, miR-6165, miR-6760-5p and miR-574-5p) as a biomarker for MMD diagnosis. The five exomiRs showed enhanced sensitivity (81.25%) and specificity (93.75%) in terms of differentiating MMD patients from healthy subjects (area under the curve [AUC] = 0.9203). Pathway enrichment analysis for potential targets of six exomiRs identified proteins involved in cell adhesion and junction formation in the brain.

**Conclusions** We identified a novel and highly sensitive exomiRs signature for MMD detection and explored its potential targets using bioinformatics analysis.

#### OR-015

### 黄芪、穿心莲单独或与抗菌肽 LL-37 联合应用 对铜绿假单胞菌生物膜的影响

肖倩

广东省中医院, 510000

**目的** 探讨黄芪、穿心莲对铜绿假单胞菌 (PA) 生物膜的抑制作用及与抗菌肽 LL-37 联合应用是否有协同作用。

**方法** 培养铜绿假单胞菌野生菌株 PAO1 生物膜, 并采用紫外分光光度法进行鉴定。采用微量肉汤稀释法检测黄芪、穿心莲和抗菌肽 LL-37 对铜绿假单胞菌的最小抑菌浓度 (MIC)。采用紫外分光光度法检测不同浓度黄芪、穿心莲单独用药或与抗菌肽 LL-37 联合应用对 PA O1 生物膜的作用。

**结果** 成功构建体外 PA 生物膜模型。黄芪、穿心莲在 3.125~200 g/L 浓度范围内对 PA 无抑制作用。抗菌肽 LL-37 对 PA 的 MIC 为 256  $\mu\text{g/mL}$ 。黄芪、穿心莲单独用药对 PA 生物膜早期形成均具有抑制作用 ( $p<0.05$ )，呈现浓度依赖性。黄芪/穿心莲与抗菌肽 LL-37 联合用药对 PA 生物膜的形成及对成熟生物膜的清除作用不明显，不具有协同作用。

**结论** 黄芪、穿心莲均能够早期抑制 PA 生物膜的形成并且在一定程度上对成熟生物膜结构有一定的破坏作用，与抗菌肽 LL-37 联合应用时，不具有协同作用。

## OR-016

### 乌鲁木齐地区铜绿假单胞菌Ⅲ型分泌系统 毒力表达的研究

张艳  
乌鲁木齐市中医医院

**目的** 了解乌鲁木齐地区铜绿假单胞菌Ⅲ型分泌系统毒力基因 *exoS*、*exoU* 的分布情况及耐药特点。

**方法** 收集本院 2017 年 1 月~2018 年 1 月临床分离的 180 株铜绿假单胞菌，使用 VITEK2-compac 系统进行菌株鉴定和药敏试验，纸片扩散法进行药敏补充，采用 PCR 法检测 *exoS*、*exoU* 毒力基因。

**结果** 180 株铜绿假单胞菌中 138 株(76.67%)*exoS* 基因阳性，71 株(39.44%)*exoU* 基因阳性，21.11%的菌株同时携带两种基因(*exoU*+/+*exoS*+)。共检出 MDR 24 株，占 13.33%。*exoU*+组耐药严重 75%为 MDR，明显高于 *exoU*-组的 25%，差异有统计学意义 ( $P<0.001$ )。*exoU*+组氟喹诺酮不敏感菌株的检出率高达 83.33%，明显高于 *exoU*-组的 16.67%，差异有统计学意义 ( $P<0.001$ )。*exoU*+组 30 天死亡率为 8.79%，高于 *exoU*-组的 4.38%，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 铜绿假单胞菌耐药情况严重，*exoU* 基因的表达与多药耐药和氟喹诺酮类抗生素耐药有关，应加强耐药检测及毒力因子的检测。

## OR-017

### 基于机器学习的先兆流产预测模型研究

曾健  
连云港市中医院,222000

**目的** 基于孕妇血清孕酮 (PROG)、人绒毛膜促性腺激素 (HCG) 和糖链抗原 125 (CA125) 水平建立 Fisher 判别(FD)、反向传播神经网络 (BPNN) 和径向基函数神经网络 (RBFNN) 模型，比较各模型在先兆流产早期诊断中的效能，筛选先兆流产最佳预测模型。

**方法** 选取 155 例孕期为 6-9 周的单胎孕妇，根据妇产科学 (第 8 版) 先兆流产诊断标准分成对照组 (75 例正常妊娠孕妇)、观察组 (80 例先兆流产孕妇)。采用化学发光微粒子免疫分析法检测血清 PROG、HCG、CA125 水平。运用独立样本 *t* 检验对两组检测数据进行分析，比较其差异；分别运用 FD、BPNN 和 RBFNN 机器学习算法对 3 个指标建立预测模型，以回代法验证模型的诊断性能。以临床诊断为标准绘制先兆流产各预测模型的 ROC 曲线，分析其诊断效能。

**结果** 观察组与对照组相比，血清 PROG、HCG 和 CA125 水平均有明显差异 ( $p$  均小于 0.05)；基于血清 PROG、HCG 和 CA125 水平建立各模型对先兆流产的预测准确率分别为：FD 模型为 88.8%；BPNN 模型训练集为 96.1%，检验集为 93.1%；RBFNN 模型训练为 98%，检验为



100%。ROC 分析显示,在三种先兆流产预测模型中,以 RBFNN 模型的 AUC 最大(0.993),灵敏度(0.975)和特异度(0.987)最高。

**结论** 在三种机器学习模型中,以 RBFNN 模型对先兆流产早期诊断的效能最佳。

#### OR-018

### Derivatization-free candidate reference measurement procedure for determining the concentration of 17 $\beta$ -estradiol in serum by isotope dilution liquid chromatography-tandem mass spectrometry

Qiaoxuan Zhang

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** 17 $\beta$ -Estradiol (E<sub>2</sub>) is routinely analyzed in clinical laboratories for the assessment of female reproductive function and plays expanding roles in other fields. Herein, a highly accurate candidate reference measurement procedure (RMP) for the determination of E<sub>2</sub> in human serum was developed with the technique of isotope dilution liquid chromatography-tandem mass spectrometry (ID-LC-MS/MS).

**Methods** The serum samples require no derivatization and are extracted by liquid-liquid extraction. Bracketing calibrators was used for quantification. The accuracy of the method was confirmed by certified reference materials (CRMs) for E<sub>2</sub>: BCR-576, BCR-577, and BCR-578. In addition, the method was further validated by split-sample comparison to established RMPs. The highly accurate method was used to measure E<sub>2</sub> in serum samples from 60 patients for the evaluation of three immunoassays that are commonly used in clinical laboratories in China, i.e., Siemens IMMULITE 1000 (Siemens), ARCHITECT i2000<sub>SR</sub> (Abbott), and Cobas 6000 (Roche).

**Results** The lowest limit of detection (LLOD) and the lowest limit of quantification (LLOQ) for the method were estimated to be 2 pg/mL (7 pM) and 5 pg/mL (18 pM), respectively. The intra- and inter-assay imprecisions were  $\leq 2.91\%$  at 15.24, 141.50, and 483.13 pg/mL, respectively; the analytical recoveries were 98.73–100.77%; and the linear response was 12–3,783 pg/mL (44–13,889 pM). The method demonstrated high agreement with CRMs and established RMPs. Bland-Altman plots of the E<sub>2</sub> results revealed concentration-dependent immunoassay biases.

**Conclusions** The newly developed ID-LC-MS/MS method is precise, facile, and reliable. It does not require lengthy derivatization and can provide an accurate concentration to which routine methods for E<sub>2</sub> determination can be compared.

#### OR-019

### 从认可评审的不符合项探究质量管理体系持续改进的途径

郭晓俊

上海市临床检验中心

**目的** 通过对上海市医学检验能力验证提供者(PTP)质量体系 7 年认可评审中发现的不符合项进行汇总分析,探究其持续改进的途径。

**方法** 分类汇总上海市 2012 年~2018 年医学检验 PTP 在现场认可评审中发现的不符合项,并运用统计方法进行分析。

**结果** 7年现场认可评审中, 共计不符合项 22 个, 对应 5 个条款。均为技术要求的不符合, 条款分别为 4.2 (人员)、4.4 (能力验证计划的设计)、4.6 (能力验证计划的运作)、4.7 (数据分析与能力验证计划结果的评价) 和 4.8 (报告)。

**结论** 提高医学统计学运用能力, 加强不同层面员工针对性的培训、以及识别关键过程并加强日常监督是目前质量体系持续改进改进的重点。

## OR-020

### Determining the susceptibility of carbapenem resistant *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* strains against common disinfectants at a tertiary hospital in China

Yili Chen, Kang Liao

The First Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University

**Objective** Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CRE) is a globally important nosocomial pathogen. Infections caused by CRE are associated with increased morbidity and mortality rates and greater hospital costs. Effective drugs to eliminate this infection from the patients are limited currently. Therefore, strategies to prevent initial infection by eliminating or at least reducing the presence of this bacteria in the clinical environment is of significant importance, and should be given a high priority by clinicians. In this study, the susceptibility of patient-derived carbapenem resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) and *Escherichia coli* (CREC) strains against three common disinfectants and the determinants of resistance to disinfectants were investigated, to provide evidences for controlling and preventing the spread of the super resistant bacteria.

**Methods** The minimum inhibitory concentrations (MICs) and the minimum bactericidal concentrations (MBCs) of three common chemical disinfectants: chlorhexidine, trichloroisocyanuric (TCCA) acid and Povidone iodine (PVP-I) against 50 CRE strains were measured; *Klebsiella pneumoniae* ATCC700603 and *Escherichia coli* ATCC25922 served as standard. The drug-resistance genes -*qacEΔ1*, *qacA/B* and *cepA*-were determined using polymerase chain reaction.

**Results** A total of 36 CRKP and 14 CREC strains were collected in our hospital from 2014 to 2016. The MIC ranges of 36 CRKP strains against chlorhexidine, TCCA and PVP-I were 8~512 mg/L, 64~128mg/L and 8~128mg/L, respectively. For 14 CREC strains, the MIC ranges against chlorhexidine, TCCA and PVP-I were 4~128 mg/L, 64~128mg/L and 4~128mg/L, respectively. Moreover, against chlorhexidine and PVP-I, the MIC<sub>90</sub> of 36 CRKP strains was higher than that of 50 CSKP strains. The *qacEΔ1* gene was detected in 15 isolates among 36 CRKP strains (41.7%), and 8 isolates among 14 CREC strains (57.1%); while the *qacA/B* gene was not detected. Specifically, the *cepA* gene was much more prevalent than the *qacEΔ1*; it reached over 80% among CRKP strains. Compared to the CSKP strains, the presence of the *qacEΔ1* and *cepA* genes was significantly higher among the CRKP strains ( $p < 0.05$ ).

**Conclusions** CRE strains collected from patients in our hospital exhibit various degree of resistance to the commonly used chemical disinfectants. It is of great help to keep monitoring the tendency of the reduced susceptibility of the pan-resistant strains against disinfectants, in order to effectively control and prevent the spread of the super resistant bacteria.

## OR-021

## Identification of new peptide biomarkers for bacterial bloodstream infection

Yating Ma,Xinyu Wen,Chengbin Wang  
301 PLA Hospital

**Objective** Given the associated high mortality and a dearth of effective early diagnostic measures, new diagnostic methods for bacterial bloodstream infection (BSI) are urgently needed. In the present study, we sought to identify novel diagnostic biomarkers of BSI via a protein-peptide profiling approach.

**Methods** Seven common bacterial BSI mouse models were used to process serum peptide analyses, and different peptide peaks were identified using the MALDI-TOF MS and BioExplorer software. A classification model based on identical peptide peaks was then defined through the use of a nano-LC/ESI- MS/MS system. In addition, GO and network analyses were conducted as a means of analyzing these potential protein markers. Finally, the potential biomarkers were verified in independent clinical samples via ELISA.

**Results** Five common peptide peaks showed an identical trend, including m/z 1533.8, 2794.3, 3597.3, 5007.3 and 7816.7; the intensity of m/z 1533.8, 2794.3 and 3597.3 were higher in the infection group relative to controls, whereas the intensity of m/z 5007.3 and 7816.7 were lower in the infection group. Four peaks were successfully identified including Inter-trypsin inhibitor heavy chain H4 (ITI4), Kininogen1(KNG1), Serum amyloid A-2 (SAA2) and Complement3 (C3). GO and network analyses found these proteins to be involved in myriad biological processes and to form an interaction network which may be correlated with BSI. ELISA results indicated that ITI4, KNG1, and SAA2 perform well in differentiating infected and normal control groups.

**Conclusions** Our results may offer a novel approach to serum peptide analysis in those with bacterial BSI, offering a novel diagnostic strategy and relevant diagnostic targets. These potential biomarkers identified herein also have the potential to offer new insights into the signaling networks underlying the development and progression of BSI.

## OR-022

## MALDI-TOF MS combined with UF-5000i Urine Flow Cytometry to directly identify pathogens in clinical urine specimens within 60 minutes

Chuang Sun,Ping Ma  
Department of Clinical Laboratory, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** To develop a new method for pathogenic diagnosis of urinary tract infections (UTIs) by combining matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) and UF-5000i from urine samples directly within 60 min .

**Methods** A total of 1503 urine samples were collected from patients suggesting symptoms of UTIs during August 2018 to January 2019, each of them was divided into three parts.The first component was used for conventional cleaning mid-stream urine culture; the second component for UF-5000i analysis to screen out the bacterial counts ,which were more than  $1 \times 10^5$  bacteria/mL.The last component was processed to bacterial purification, and directly identified by the MALDI-TOF MS.

**Results** In our study ,296 of 1,503 urine specimen were screened out by UF-5000i(bacterial pellets counts  $\geq 10^5$ /mL).Compared the direct identification by MALDI-TOF MS with the conventional culture-dependent method,the results were consistent in 249 of 263(94.6%) cases ,and they were both single-microorganism.Meanwhile,5 samples were misidentified and 9

results were unreliable or no peaks found. Among 249 credible results, species-level identification (score  $\geq 2.0$ ) was contained 233(233/249, 93.5%),16(16/249,6.4%) samples scored between 1.7 and 1.99, and 14 (14/249,5.6%) samples scored  $< 1.7$  or no peaks found or different detection results. When there were 2 different kinds of bacteria in the urine, the result of MALDI-TOF MS was unreliable.

**Conclusions** UF-5000i Urine Flow Cytometry combined with MALDI-TOF MS to identify the pathogenic bacteria in urine directly is a novel and reliable method and saving approximate 24 hours relative to current routine method. Thus its rapid and accurate detection can provide the basis of etiology for clinical treatment efficiently.

## OR-023

# 外泌体作为结核分枝杆菌感染早期诊断生物标志物的探讨

张敏,尹斌

无锡市第二人民医院（南京医科大学附属无锡第二医院）,214000

**目的** 目前,结核病(TB)已成为全球死亡的重要原因,这在很大程度上归因于结核病患者的诊断和治疗困难。早期发现和早期诊断是减少传播机会、控制结核病疫情的关键环节。因此,确定新的生物标志物对结核病及时、准确的诊断,在控制结核病上起着决定性的作用。近年来研究表明,外泌体与结核分枝杆菌感染关系密切,外泌体是由多种活细胞分泌的胞外囊泡小体,含有多种生物活性成分,参与细胞间的通讯和免疫调节,携带 RNA 的外泌体,特别是 miRNA,在疾病中的诊断中突显潜力。因此,本研究旨在探讨外泌体 miRNA 在结核病早期诊断中的应用价值。

**方法** 分别收集健康对照人群和已确诊结核分枝杆菌感染人群的血清外泌体,比较两组之间外泌体分泌量差异;提取外泌体 RNA、逆转录及实时荧光定量 PCR,比较两组之间 miRNA 表达水平差异。

**结果** (1) 外泌体在结核分枝杆菌感染人群的血清中分泌量相对于健康人群组显著增加。

(2) 实时荧光定量 PCR 表明:在健康人群组和结核分枝杆菌感染人群组中检测到四种差异表达的 miRNA: miRNA-378i、miRNA-148a-3p、miRNA-451a 以及 miRNA-150-5p,其中以 miRNA-378i 在结核分枝杆菌感染人群组中表达升高幅度最为显著。

**结论** 本研究表明,外泌体在结核分枝杆菌感染人群的血清中分泌量显著增加,外泌体与机体的病理生理状态密切相关;且发现四种在结核分枝杆菌感染时差异表达的外泌体 miRNA;同时由于外泌体的保护作用,血清中的 miRNA 具有高度稳定性,因此本研究提示外泌体 miRNA 的联合检测可作为新型结核病早期诊断生物标志物的应用前景,并进一步提高我们对结核病发生发展的认识。

## OR-024

## Emergence and Potential Spread of Multidrug-Resistant Sequence Type 307 *Klebsiella pneumoniae* Clinical Bloodstream Isolates Co-producing OXA-48 and NDM-1 in Shanghai, China

Su Wang<sup>1</sup>, Shuzhen Xiao<sup>2</sup>, Feifei Gu<sup>2</sup>, Wenrong Jiang<sup>1</sup>, Shiwen Wang<sup>1</sup>, Yingxin Miao<sup>1</sup>, Lizhong Han<sup>2</sup>, Yanmei Zhang<sup>1</sup>, Hu Zhao<sup>1</sup>

1. Huadong Hospital Affiliated to Fudan University

2. Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** To assess the prevalence, antimicrobial susceptibility patterns and phylogenetic relationships of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* bloodstream isolates in Shanghai, and also highlight the molecular characteristics of OXA-48-producing isolates.

**Methods** Fifty-three carbapenem-resistant *K. pneumoniae* bloodstream isolates were obtained in a general hospital in Shanghai. Antimicrobial susceptibility tests, MLST and eBURST were constructed. The plasmids harboring bla<sub>OXA-48</sub> were analyzed through conjugation experiments, S1-nuclease pulsed-field gel electrophoresis (S1-PFGE), and hybridization with specific probes. Whole genomes of bla<sub>OXA-48</sub>-producing isolates were sequenced by MiSeq (Illumina).

**Results** Of 53 isolates, 49 (92.45%) harbored carbapenemase-encoding genes, including bla<sub>KPC-2</sub>, bla<sub>KPC-3</sub>, bla<sub>OXA-48</sub>, and/or bla<sub>NDM-1</sub>. Among them, 3 harbored bla<sub>OXA-48</sub> and bla<sub>NDM-1</sub>, belonging to sequence type 307 (ST307); 1 harbored bla<sub>OXA-48</sub> and bla<sub>KPC-2</sub>, belonging to ST11. S1-PFGE showed that 4 OXA-48-producing *K. pneumoniae* all harbored 3 or more plasmids. Southern hybridization analysis revealed bla<sub>OXA-48</sub> located on a 60-kb IncL/M conjugative plasmid (Figure1). The genetic context of bla<sub>OXA-48</sub> (IS1999-LysR- bla<sub>OXA-48</sub>-IS1-IS1999) displayed overall nucleotide identity (99%) to pRJ119-OXA48.

**Conclusions** This study indicated potential spread of multidrug-resistant ST307 *K. pneumoniae* isolates co-producing OXA-48 and NDM-1 in Shanghai, which highlighted the increased surveillance of OXA-48 is urgently needed in China.

## OR-025

## 检验医师的培养与实验室质量控制

石晓红

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 新形势下, 人们对健康的要求越来越高, 临床医生对于检验结果的依赖性越来越强, 检验专业不再仅仅是过去的事后性和被动性, 而是具有前瞻性、预见性和主动性的重要学科。检验医师能力的培养是检验医师能在医学发展中发挥重要作用的前提。

**方法** 本文将从检验医师培养制度建设; 检验专科医师的培训与管理; 医学检验科住院医师规范化培训细则解读; 医学院校住院检验师/检验医师培养与教育初探; 检验医师的临床思维; 从临床角度看检验医师临床能力的培养等多方面探讨检验医师的培养与实验室质量控制。

**结果** 为了适应新形势下的医学实验室质量和能力的管理要求, 一些医院检验科率先通过了实验室认可, 引入了标准化质量管理体系。使检验科的整体水平得到了规范和提高。随着医学实验室认可工作不断推进, 一些新观点、新要求不断涌现、逐步更新, 这就要求医学实验室持续改进, 以进一步提高管理水平, 更好地服务于临床和患者。检验医师的培养成为现阶段医学实验室质量和能力进一步发展的环节和瓶颈。

**结论** 我国检验医师队伍的建立和检验医师培训工作刚刚开始，如何通过正规的检验医师培训培养既具有检验技能，又具有临床能力，能真正承担起检验与临床桥梁作用的检验医师，从而进一步保障医学实验室的质量和能力的提高成为当下检验科发展的亟待解决的重要问题。

OR-026

## 基于 COPAN WASP Lab 联合 VITEK MS 建立 阳性血培养快速鉴定的流程体系

白露

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 应用 biomérieux Myla 连接 COPAN WASPLab 与 VITEK MS，对传统血培养阳性标本处理流程再造进行初步探索，建立阳性血培养快速鉴定的流程体系。

**方法** 首先，实验一 选取我院冻存的阳性血培养不同种属的菌株 72 例，配成 0.5MCF 菌悬液注入血培养瓶中，待报警阳性后，分别应用 COPAN WASPLab 接种孵育培养，自接种后设置每 1 小时的拍照模式，记录其经短时间培养的后菌落生长情况。评估其最快的生长及鉴定时间，建立 biomérieux Myla 连接 COPAN WASPLab 与 VITEK MS 后，分析前期、中期、后期的流程体系，COPAN WASPLab 与 VITEK MS 可以进行标本信息同步，无需手工干预记录。实验二 选取我院 2018 年 12 月阳性血培养 100 例，以应用分离胶促凝管离心法直接鉴定法及传统阳性血培养手工接种 24 小时后观察，为比较。再建立新的流程体系，以 4 小时、6 小时、8 小时为鉴定时间，经 VITEK MS 直接鉴定。分析后期：评估不同时间段经孵育后的鉴定结果，与分离胶促凝管离心法直接鉴定法及传统手工比较，对其鉴定准确率及 TAT 时间进行统计分析。

**结果** 实验一 72 株冻存菌株中，以 VITEK MS 鉴定率为 90%以上为准：革兰阴性菌 32 株平均鉴定时间为 4 小时，革兰阳性菌 30 株平均鉴定时间为 6 小时，酵母菌 10 株平均鉴定时间为 8 小时。

（COPANWASPLab 系统按每 1 小时整为设置时间）。实验二 分离胶促凝管离心法直接鉴定法与新流程短时间孵育法的质谱鉴定结果准确率比较，分别为革兰阴性菌（87.6%/95.4%），革兰阳性菌（71.5%/92.1%），酵母菌（59.6%/85.4%）。与传统的阳性血培养二级报告平均 TAT 时间相比，新的流程鉴定平均 TAT 时间缩短 15.3h。

**结论** 新的流程体系与传统的方法相比，将 TAT 时间显著缩短。短时间孵育后，相较于分离胶直接鉴定法在细菌鉴定准确率上有了大幅度的提高。临床微生物实验室自动化技术已经开始为感染性疾病的临床实验室诊断提供服务。分析前期有自动化细菌接种仪及孵箱孵育系统；分析中期有自动化的判读软件系统及基质辅助激光解析离子化飞行时间质谱；分析后期有相应的智能软件系统及时的发送临床报告。局部或全面的微生物自动化最终目的是缩短培养和鉴定时间，缩短耐药报告时间，以满足临床对快速诊断和治疗感染的需求；也为传统的微生物手工操作方法进行了划时代的改革。

## OR-027

## Clinical Diagnostic Performance of Light-initiated Chemiluminescent Assay Compared with the Architect Chemiluminescence Immunoassay for Detection of HCV Antibody

Shuo Yang<sup>1</sup>, Ruifeng Yang<sup>2</sup>, Siyu Zhang<sup>1</sup>, Di Liu<sup>1</sup>, Jiansuo Zhou<sup>1</sup>, Tiancheng Wang<sup>1</sup>, Liyan Cui<sup>1</sup>

1. Peking University Third Hospital

2. Peking University People's Hospital

**Objective** Hepatitis C virus antibody (anti-HCV) test had been approved as a preliminary screening test for HCV infection. Light-initiated chemiluminescent assay (LiCA) was a homogenous method. We aimed to assess the clinical diagnostic performance of LiCA and compare it with that of chemiluminescence immunoassay (CLIA) which was widely used in clinical laboratories.

**Methods** A total of 10,772 patients from the Peking University Third Hospital were enrolled. The serum samples were detected on the ChIVD LiCA500 and Abbott Architect i2000SR platforms. Recombinant immunoblot assay (RIBA) and HCV RNA assay were used for confirmation.

**Results** The negative agreement rate between ChIVD LiCA anti-HCV assay and Abbott Architect anti-HCV assay was 99.91%, the positive agreement rate was 37.31%, the total agreement rate was 98.74%, and the kappa coefficient ( $\kappa$ ) was 0.5 v 19. The sensitivity, specificity, positive predictive value (PPV) and negative predictive value (NPV) of ChIVD LiCA anti-HCV assay were 96.39%, 99.95%, 89.58% and 99.97%, respectively, which were superior to those of Abbott Architect anti-HCV assay (93.98%, 99.25%, 51.90%, 99.95%, respectively).

### Conclusions

ChIVD LiCA anti-HCV assay was a highly sensitive, specific homogenous method with good diagnostic performance, and was applicable for the routine screening of HCV infection in clinical laboratories.

## OR-028

## miR-139-5p inhibits isoproterenol-induced cardiac hypertrophy by targetting c-Jun

Hangqi Liu<sup>1</sup>, Shui yun Wang<sup>2</sup>, Wei Qiu<sup>3</sup>, Jian hui Li<sup>4</sup>, Ru tai Hui<sup>1,2</sup>, Lei Song<sup>2</sup>, Mei Jia<sup>1</sup>, Hui Wang<sup>1</sup>, Ji zheng Wang<sup>2</sup>, Ming Su<sup>1</sup>

1. Peking University People's Hospital

2. Chinese Academy of Medical Sciences Fuwai Hospital

3. Beijing Friendship Hospital

4. Peking Union Medical College National Research Institute for Family Planning

**Objective** Hypertrophic cardiomyopathy (HCM) is a serious monogenic disease characterized by cardiac hypertrophy, fibrosis, sudden cardiac death, and heart failure. Previously, we identified that miR-139-5p was down-regulated in HCM patients. However, the regulatory effects of miR-139-5p remain unclear. Thus, we investigated the role of miR-139-5p in the regulation of cardiac hypertrophy.

**Methods** For in vivo experiment, transverse aortic constriction (TAC) operation in mice was performed in 6-8 weeks old male C57BL/6 mice. All mice's hearts were harvested for miR-139-5p expression analysis. For in vitro experiment, primary neonatal rat cardiomyocytes were transiently transfected with miR-139-5p mimics or inhibitors. Total RNA and total protein were extracted for further analysis. Determination of cell surface area was carry out after overexpress and knockdown experiment.

**Results** The expression of miR-139-5p in left ventricular tissues in HCM patients and mice subjected to transverse aortic constriction (TAC) was significantly down-regulated. Knockdown of miR-139-5p expression in neonatal rat cardiomyocytes(NRCMs) induced cardiomyocyte enlargement and increased atrial natriuretic polypeptide(ANP) expression. Overexpression of miR-139-5p antagonized isoproterenol (ISO)-induced cardiomyocyte enlargement and ANP/brain natriuretic peptide (BNP) up-regulation. More importantly, we found that c-Jun expression was inhibited by miR-139-5p in NRCMs. Knockdown of c-Jun expression significantly attenuated cardiac hypertrophy induced by miR-139-5p deprivation.

**Conclusions** Our data indicated that miR-139-5p was down-regulated in the hearts of HCM patients and that it inhibited cardiac hypertrophy by targeting c-Jun expression.

## OR-029

### Identification of methylation sites and signature genes with prognostic value for luminal breast cancer

Bin Xiao

General Hospital of Southern Theatre Command of PLA

**Objective** Robust and precise molecular prognostic predictors for luminal breast cancer are required. This study aimed to identify key methylation sites in luminal breast cancer, as well as precise molecular tools for predicting prognosis.

**Methods** We compared methylation levels of normal and luminal breast cancer samples from The Cancer Genome Atlas dataset. The relationships among differentially methylated sites, corresponding mRNA expression levels and prognosis were further analysed. Differentially expressed genes in normal and cancerous samples were analysed, followed by the identification of prognostic signature genes. Samples were divided into low- and high-risk groups based on the signature genes. Prognoses of low- and high-risk groups were compared. The Gene Expression Omnibus dataset were used to validate signature genes for prognosis prediction. Prognosis of low- and high-risk groups in Luminal A and Luminal B samples from the TCGA and the Metabric cohort dataset were analyzed. We also analysed the correlation between clinical features of low- and high- risk groups as well as their differences in gene expression.

**Results** Fourteen methylation sites were considered to be related to luminal breast cancer prognosis because their methylation levels, mRNA expression and prognoses were closely related to each other. The methylation level of SOSTDC1 was used to divide samples into hypo- and hyper-methylation groups. We also identified an mRNA signature, comprising eight transcripts, ESCO2, PACSIN1, CDCA2, PIGR, PTN, RGMA, KLK4 and CENPA, which was used to divide samples into low- and high-risk groups. The low-risk group showed significantly better prognosis than the high-risk group. A correlation analysis revealed that the risk score was an independent prognostic factor. Low- and high- risk groups significantly correlated with the survival ratio in Luminal A samples, but not in Luminal B samples on the basis of the TCGA and the Metabric cohort dataset. Further functional annotation demonstrated that the differentially expressed genes were mainly involved in cell cycle and cancer progression.

**Conclusions** We identified several key methylation sites and an mRNA signature for predicting luminal breast cancer prognosis. The signature exhibited effective and precise prediction of prognosis and may serve as a prognostic and diagnostic marker for luminal breast cancer.



## OR-030

## FOXQ1 通过抑制炎症因子表达促进人脐带间充质干细胞治疗阿尔兹海默病的分子机理研究

王攀,崔丽艳  
北京大学第三医院,100000

**目的** 通过慢病毒介导,在 hUC-MSCs 中过表达 FOXQ1 基因,在体外体内条件下,探究过表达 FOXQ1 是否会促进 hUC-MSCs 增殖、延缓衰老,以及研究过表达 FOXQ1 对 hUC-MSCs 治疗老年痴呆(AD)的影响及机制。

**方法** 我们首先构建 FOXQ1 过表达的慢病毒,并将 FOXQ1 在 hUC-MSCs 中过表达,检测衰老相关指标及 FOXQ1 对衰老相关炎症因子的调控作用。随后,将 FOXQ1 过表达的 hUC-MSCs 注入老年痴呆(AD)模型鼠体内,研究其对 AD 的影响及机制。

**结果** FOXQ1 过表达可以通过抑制衰老相关炎症因子分泌而延缓 hUC-MSCs 衰老,进而增强 hUC-MSCs 对 AD 模型鼠的治疗效果,其主要利用干细胞归巢到海马组织,抑制海马组织细胞的衰老。

**结论** 过表达 FOXQ1、抑制衰老相关炎症因子分泌可以作为延缓 hUC-MSCs 衰老的重要方法,进一步拓展 hUC-MSCs 在 AD 治疗中的应用。

## OR-031

## 血清髓过氧化物酶电流型免疫传感器的研究

周觅  
山东大学第二医院,250000

**目的** 髓过氧化物酶(myeloperoxidase, MPO)又称过氧化物酶, MPO 促进 ACS 病变形成,并影响粥样斑块的稳定性,通过增大氧化应激而引起 ACS。研究表明, MPO 是预测 ACS 患者发生不良心血管事件的一个新的预测因子,特别是在肌钙蛋白 T(TnT)水平较低的患者, MPO 能够识别那些将来发生心血管事件危险性较高的患者。本研究制备了一种简易的免疫性传感器。

**方法** 将 Nafion 吸附到玻碳电极表面,并通过静电吸附和共价键合作用将硫堇和纳米金层层自组装到 Nafion 修饰的电极表面,然后通过形成的纳米金单层吸附髓过氧化物酶(MPO)抗体,最后用辣根过氧化物酶(HRP)封闭电极上的非特异吸附位点,同时起到放大响应电流信号的作用,研制了一种检测 MPO 的新型电流型免疫传感器。

**结果** 实验结果表明,该免疫传感器对 MPO 的响应特性良好,其线性检测范围为 2.5~100  $\mu\text{g/L}$ ; 检出限为 1.425  $\mu\text{g/L}$ ,达到 95%稳态响应时间<30 s,批间、批内的平均 RSD(n=20) <2.94%和 4.15%。电极的稳定性良好,在连续 30 d 内进行 10 次测量后,响应电流开始下降,平均测量值为初始的 85.6%。探讨了抗体浓度、底物浓度、pH、温度及其它干扰物质等对该传感器的影响。使用本方法和经典的酶联免疫吸附实验(ELISA)同时对 40 份人血清标本 MPO 进行测试,结果表明:两者相关性良好( $r=0.9971$ ,  $p<0.0001$ )。

**结论** 该电流型免疫传感器具有灵敏度高、特异性好、不需标记和可以重复测量等优点。

## OR-032

## 生化免疫流水线使用初期平诊生化标本 TAT 延长的改进措施

蒋文斌,王丽馨  
陆军军医大学大坪医院

**目的** 临床实验室自动化、信息化和智能化的不断提高使检验结果的准确性逐步提高,报告周转时间( turnaround time, TAT) 逐步缩短,伴随着临床实验室自动化程度的不断发展,自动化作业成为一种趋势,我科于 2017 年 4 月正式引进贝克曼生化免疫流水线,2017 年 7 月正式启用,发现 7-8 月份的平诊生化标本 TAT 延长,合格率低于 95%,我科质量目标规定平诊生化 TAT 合格率为  $\geq 95\%$ ,本文针对此问题进行原因分析并做出改进措施。

**方法** 平诊标本 TAT 延长出现原因分析:

- 1、组内管理制度执行力度不够,工作流程未优化
- 2、生化免疫流水线故障率较高
- 3、采血管离心效果不佳
- 4、工作人员操作流水线熟悉程度不同
- 5、与临床科室沟通不足

**缩短平诊 TAT 的改进方法:**

- 1、优化管理制度和工作流程
- 2、培训人员
- 3、维护仪器
- 4、更换真空采血管,改进离心时间
- 5、加强和临床的沟通
- 6、生化免疫流水线的故障应急预案

**结果** 通过以上的改进措施,我科生化免疫流水线的线上离心不合格率由 37%降到 6%,生化平诊标本 TAT 合格率由 7、8 月份低于 95%,变为 9 月份 TAT 合格率达标(质量指标要求平诊 TAT 合格率  $\geq 95\%$ ),到从 10 月份后 TAT 合格率大于 96%,初步解决了生化免疫流水线使用初期平诊 TAT 合格率不达标的问题。

**结论** 在引入自动化生化免疫流水线之前,要考虑要到实验全过程各环节的技术、人员、环境等相关诸因素,选购和参与设计适合本院工作需求的自动化流水线。生化免疫流水线的应用,涉及到管理制度的优化、检验和临床的沟通、多学科交叉学习,这对于现代医学实验室提出了更高的要求,对于工作人员也提出了更高的要求和挑战。

## OR-033

## Identification of Novel Autoantibodies for Idiopathic Inflammatory Myopathies Using Human Proteome Microarray

Liubing Li  
Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Idiopathic inflammatory myopathies (IIMs) are a group of clinically heterogeneous, inflammatory muscle disorders characterized by proximal and symmetric muscle weakness and multisystem involvement. Autoantibodies are important biomarkers for IIMs, aiding in diagnosis, classifying patients into more homogeneous groups, and understanding additional clinical

complications and responses to treatment. We aimed to employed human proteome microarrays, each composed of about 20,000 unique human proteins, to identify IIMs-specific autoantibodies.

**Methods** A Three-Phase strategy was used. To screen candidate autoantigens, in Phase I, 90 serum samples collected from 40 IIMs patients, 30 autoimmune disease controls and 20 healthy subjects were probed individually to human proteome microarrays. To verify these candidates, in Phase II, a focused array with candidate IIMs-associated autoantigens was constructed, and this was used to profile a much larger cohort, comprised of serum samples collected from 397 IIMs patients (100 polymyositis, 217 dermatomyositis, 45 cancer-associated myositis, and 35 juvenile dermatomyositis), 197 disease controls (40 systemic sclerosis, 39 systemic lupus erythematosus, 40 primary Sjogren's syndrome, 39 rheumatoid arthritis, and 39 other chronic diseases), and 98 healthy controls. In Phase III, sera with high signal values (value > 3 standard deviation of the mean of the healthy group) for verified proteins were validated using western blot analysis.

**Results** Ninety-one candidate autoantigens that were significantly associated with IIMs were identified in Phase I. After verification in Phase II, glycine n-methyltransferase (GNMT) was considered as a new IIMs-specific autoantigen. Twenty-five polymyositis, ten dermatomyositis, six cancer-associated myositis, two juvenile dermatomyositis, and two disease controls had high signal values for GNMT, while no healthy subject showed high signal values. In Phase III, 13 of the 25 polymyositis, four of the ten dermatomyositis, five of the six cancer-associated myositis, two of the two juvenile dermatomyositis, and one of the two disease controls were positive for anti-GNMT autoantibodies using western blot.

**Conclusions** Anti-GNMT autoantibodies serve as a novel biomarker for IIMs and is expected to help clinical diagnosis. The prevalence of anti-GNMT autoantibodies in different ethnic populations and the association between anti-GNMT autoantibodies and clinical features should be further studied.

## OR-034

### 4479 例不孕夫妻男性患者精液检测结果分析

陈涓涓

首都医科大学附属北京世纪坛医院,100000

**目的** 了解近年来云南省男性生殖力的变化。

**方法** 使用计算机辅助精子分析 (CASA) 技术, 按照 WHO 技术规范, 对自 2012 至 2016 年到我生殖中心就诊的 4479 例不孕症夫妻男性患者的精液进行精液常规检测, 并对其结果进行统计与分析。

**结果** 4479 位男性患者的平均年龄为 34 岁; 2012~2016 年间我省男性精液常规中精液量、快速前向运动精子、前向运动精子及精子活动率 4 项参数变化不明显; 精子密度及精子总数 2 项参数下降趋势明显。

**结论** 我省男性患者精液部分参数下降趋势明显。

## OR-035

## Establishing thresholds and analysis of effects of gender, age, season for thyroglobulin antibodies and thyroid peroxidase antibodies using real world big data

Chaochao Ma

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College &amp; Chinese Academy of Medical Science

**Objective** Thyroid globulin antibody (Tg-Ab) and thyroid peroxidase antibody (TPO-Ab) are cornerstone biomarker for autoimmune thyroid diseases, and their thresholds are very important for physicians to interpret test results and make clinical decisions. Therefore, we aimed to establish the threshold of Tg-Ab and TPO-Ab in Chinese population through big data analysis and explore the influence of age, gender and seasonal factors on their levels.

**Methods** The analytical data of 35869 subjects who performed health checkups at the Peking Union Medical College Hospital between January 1, 2014, and December 29, 2018 were downloaded from electronic health records. Clinical exclusion criteria and statistical methods were used to identify and exclude the abnormal subjects. The influence of each factor on antibody level was analyzed by stratification. Thresholds of Tg-Ab and TPO-Ab were established through Clinical Laboratory Standards Institute document C28-A3 guidelines and guidelines of the National Academy of Clinical Biochemistry (NACB), respectively.

**Results** There were significant differences by gender ( $P < 0.05$ ) after age stratification. The level of Tg-Ab gradually increased with age in females. Significant differences in the distribution of Tg-Ab ( $P < 0.05$ ) and TPO-Ab ( $P < 0.05$ ) to age were observed after gender stratification. Moreover, differences were observed between the different seasons for Tg-Ab ( $P < 0.05$ ) and TPO-Ab ( $P < 0.05$ ). The threshold of Tg-Ab and TPO-Ab were 107 (90% ICI: 101~115) IU/mL and 29 (90% CI: 28~30) IU/mL, respectively using C28-A3 guidelines, while under the guidelines of NACB, the thresholds for Tg-Ab and TPO-Ab were 84 (90% ICI: 50~126) IU/mL and 29 (90% CI: 27~34) IU/mL, respectively.

**Conclusions** The level of Tg-Ab and TPO-Ab were significantly affected by gender, age and season. This is the first exploration to establish threshold for Tg-Ab and TPO-Ab by big data analysis.

## OR-036

## 两种 APTT 试剂临床应用比较

寿玮龄, 陈倩, 张建平, 孙胜利, 范连凯, 吴卫  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 评估活化部分凝血活酶时间 (activated partial thromboplastin time, APTT) 检测试剂 APTT ACTIN FSL 性能表现, 并与 APTT ACTIN 试剂进行临床诊断效能比较。

**方法** 照美国临床实验室标准化协会 (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) EP5-A2、EP9-A2 文件及《卫生部临床血液学检验常规项目分析质量要求 WS/T-406-2012 文件》标准等, 对 APTT ACTIN FSL 试剂进行准确度、精密度、携带污染率、仪器间比对、批号间比对及参考范围建立的性能评估, 同时评估两种试剂对凝血因子、狼疮抗凝物 (LA) 的敏感性, 并建立普通肝素抗凝治疗范围 (HTR)。

**结果** PTT ACTIN FSL 试剂在 CS5100 和 CA7000 两种仪器上, 5 份 CAP 室间质评物偏差 (%)  $< 4.00\%$ ; 3 个水平批内精密度为  $0.36\% \sim 1.83\%$ , 日间精密度为  $1.18\% \sim 3.64\%$ ; 携带污染率分别为  $1.58\%$  和  $0.62\%$ ; 参考范围分别为  $23.3s \sim 32.5s$  (CS5100) 和  $24.2s \sim 31.6s$  (CA7000)。两批号间比对相对偏差 (%) 均在  $\pm 5.0\%$  以内, 相关系数为  $0.999$ 。APTT ACTIN 试剂和 APTT ACTIN

FSL 试剂对 FVIII、FIX 和 FXI 各因子敏感性分别为 45.0%、34.1% 和 53.8%，以及 57.6%、39.5% 和 46.6%。76 例阳性 LA 样本两种试剂阳性检出率分别为 40.8% 和 56.6%，卡方检验显示两者间差异有统计学意义 ( $\chi^2=34.432$ ,  $P=0.000$ )；52 例中至强阳性样本两种试剂阳性检出率分别为 55.8% 和 73.1%，卡方检验显示两者间差异有统计学意义 ( $\chi^2=18.364$ ,  $P=0.000$ )。两种试剂建立的 HTR 分别为 58.3s~124.4s 和 42.8s~69.2s，2 例患者动态监测样本结果趋势一致。

**结论** APTT ACTIN FSL 试剂性能良好，对凝血因子和 LA 敏感性满足临床需求。实验室应建立或验证不同检测系统的参考范围及 HTR，并在试剂更换时与临床有效沟通。

## OR-037

### 不明原因发热患者血清中人巨细胞病毒编码 miRNA 检测的临床价值及意义

王成<sup>1</sup>, 丁梦<sup>1</sup>, 张辰宇<sup>2</sup>, 汪俊军<sup>1</sup>, 张春妮<sup>1</sup>

1. 中国人民解放军东部战区总医院, 210000

2. 南京大学生命科学学院, 医药生物技术国家重点实验室

**目的** 不明原因发热 (fever of unknown origin, FUO) 致病因素复杂, 临床确诊困难。人巨细胞病毒 (HCMV) 可编码多种 miRNA, 但 HCMV 及其编码 miRNA 与 FUO 关系的研究尚未见报道, 血清中 HCMV 编码 miRNA 对于 FUO 临床价值尚不清楚。本文拟探讨 FUO 患者血清 HCMV miRNA 表达特征及临床价值。

**方法** 收集 109 例 FUO 患者及 106 例健康对照血清, 运用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 技术检测患者及对照血清中 26 种 HCMV miRNA 表达水平, 统计学方法分析 HCMV miRNA 表达差异及与各项指标相关性。

**结果** qRT-PCR 显示, 与对照相比, 8 种 HCMV miRNAs 包括 miR-US4-3p、miR-US29-3p、miR-UL70-5p、miR-US5-2-3p、miR-US5-2-5p、miR-UL148d, miR-UL112 -3p 和 miR-US25-2-3p 在 FUO 血清中显著升高 ( $P$  均  $<0.05$ )；ROC 分析结果表明, 8 种 miRNA 对 FUO 具有较高的诊断准确性；逻辑回归分析显示, 8 种 miRNA 是 FUO 潜在的危险因素；相关性分析显示, 5 种血清 HCMV miRNA 水平与外周血 C 反应蛋白和白介素 6 的含量呈现显著正相关 ( $P$  均  $<0.05$ )。

**结论** 8 种 HCMV miRNA 在 FUO 患者血清中水平显著升高, 提示 HCMV 可能与 FUO 相关, 其编码 miRNA 可作为 FUO 新的潜在诊断指标和危险因素。

## OR-038

### Gain of Function Alterations of DNA Damage Repair Pathways Potentiate Therapeutic Resistance in Cancer

Zhiyuan Wu<sup>1</sup>, Sihan Li<sup>2</sup>, Min Zhang<sup>2</sup>, Ming Guan<sup>1</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Huashan Hospital, Fudan University

2. Department of Pharmaceutical Science, University of Pittsburgh

**Objective** To comprehensively identify GoF DDR alterations and unveil their clinical consequences in cancer and to establish the landscape between DDR GoF alterations and chemotherapy drug response in cancer.

**Methods** Retrospective analysis of clinical data and genomics data from 10,489 tumors and matched peripheral blood samples, which were multiple-dimensionally characterized by the TCGA project. The analyses were further integrated with pharmacogenomics data of 1,005 cancer cell lines and 37 DNA damaging anti-cancer drugs. The GoF DDR alterations in each tumor/cancer cell line were identified and correlated with mutation burden, overall survival, as well

as drug response to assess their impacts on genome instability, patient prognosis and drug responses in the in vitro assays. Finally, the key discoveries were verified by an independent patient cohort and experimental validations.

**Results** This study revealed that 13 of the 80 core DDR genes were significantly amplified and overexpressed across the pan-cancer scale. Tumors harboring DDR gene amplification exhibited decreased global mutation load and mechanism-specific mutation signature scores, suggesting an increased DDR proficiency in the DDR amplified tumors. Clinically, patients with DDR gene amplification recurrently showed poor prognosis in multiple cancer types. By integrating the cancer pharmacogenomics database of 37 DNA damaging drugs across 595 cancer cell lines, we characterize the panorama of DDR-drug interactions, which unveiled an overall significant correlation between the DDR GoF alterations and the DDR drug resistance.

**Conclusions** This study demonstrates DDR GoF alterations prevalently occur across the pan-cancer scale. DDR GoF alterations can lead to chemotherapy resistance and poor overall survival by augmenting DDR capacity in tumors. DDR GoF alterations may serve as actionable clinical biomarkers for cancer management.

## OR-039

### 神经外科术后细菌性脑膜炎多指标联合诊断模型的建立

郑光辉,张国军,李方强,张艳,唐明忠,康熙雄  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 建立神经外科术后细菌性脑膜炎诊断的多指标线性判别模型并验证。

**方法** 回顾性分析 2012-2016 年首都医科大学附属北京天坛医院脑膜炎患者的 14 项实验室检查,利用 Mann-Whitney U 检验与 ROC 曲线下面积(AUC)对具有统计学意义的项目进行细菌性脑膜炎与无菌性脑膜炎分组评价,通过线性拟合进行联合诊断并建立线性判别模型,选取 26 例确诊的脑膜炎患者的检查项目验证判别模型的判别能力。

**结果** 两组脑膜炎中,11 项实验室检查的差异具有统计学意义,ROC 结果显示,5 项检查的 AUC>0.7,拟合变量可以显著提高单一项目的诊断效能,而通过验证,模型就有较好的判别能力,线性判别模型的诊断一致率为 88.7%。

**结论** 神经外科术后细菌性脑膜炎的诊断是一个令人棘手的问题,利用多指标联合诊断可以有效地对细菌性脑膜炎与无菌性脑膜炎进行区分,更好的解决细菌性脑膜炎的诊断问题。

## OR-040

### Elevated platelet-leukocyte aggregate is associated with major adverse cardiac and cerebrovascular events after valve surgery: a prospective cohort study

Chaonan Liu, Jing Zhou  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Activated platelets could adhere to circulating leukocytes and form platelet-leukocyte aggregate (PLA). High PLA reflects a prothrombotic state. The study want to examine whether PLA is associated to long-term major adverse cardiac and cerebrovascular events after cardiac valve replacement.

**Methods** A total of 244 patients were prospectively enrolled. Preoperative characteristics, operative parameters were collected. Platelet-leukocyte aggregates were determined before and 20 hours after surgery. The primary outcome was perioperative composite events and major cardiovascular events in three years of follow-up.

**Results** Of all patients, 38 patients were suffered perioperative composite events, 13 died and 31 occurred cardiovascular events during follow-up. Preoperative platelet-leukocyte aggregate was 9.6% (95% confidence interval, 1.6% to 49.1%), and its elevation was in step-wise fashion associated with increased perioperative composite events (odds ratio 1.04; 95% confidence interval, 1.02 to 1.06). In multivariate Cox's proportional hazards regression analysis, high level of preoperative platelet-leukocyte aggregates (above 6.8%) was related to major cardiovascular events (adjusted relative risk 2.90, 95% confidence interval 1.19 to 7.08), including cardiac adverse events (adjusted relative risk 3.10, 95% confidence interval 1.06 to 9.12) and ischemic events (adjusted relative risk, 2.66; 95% confidence interval, 1.00 to 7.10). The results were confirmed by Kaplan-Meier analysis. Platelet-leukocyte aggregate after surgery was strongly correlated with the preoperative value, and it had a similar power to predict poor prognosis.

**Conclusions** Elevated platelet-leukocyte aggregates are associated with perioperative composite events and major cardiovascular events after valve replacement with RHD patients.

## OR-041

### 基于人群的糖尿病预测模型的建立及验证

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 构建并验证糖尿病预测模型。

**方法** 收集信息化数据库中空腹血糖小于 7.00 mmol/L 的患者, 排除信息不全或 BMI 极度异常 (BMI<15 kg/m<sup>2</sup> 或 >55 kg/m<sup>2</sup>) 的患者。最终纳入训练集 9045 例, 同时纳入临床特征与之匹配的验证集 3562 例。用随机森林在训练集数据中对变量进行重要性排序, 筛选变量并构建糖尿病预测模型同时进行验证。

**结果** 训练集与验证集的临床特征中各个变量均匹配良好 (P>0.05)。训练集中, 随访时间跨度为 2.00-5.71 年, 随访期间糖尿病共发生 61 例 (6.74‰); 验证集中, 随访时间跨度为 2.00-5.65 年, 随访期间糖尿病共发生 20 例 (5.61‰)。根据平均准确度下降程度 (Mean Decrease Accuracy) 对自变量重要性进行排序, 用赤池信息量(AIC)准则和贝叶斯信息量(BIC)准则对模型进行筛选得出模型包含是 Change in FPG, FPG 和 Age 三个变量。在内部验证中, 模型的 C 指数为 0.921, Brier Score 为 0.006, 十折交叉验证平均 AUC 为 0.915; 在外部验证中, 模型总 C 指数为 0.921, 按照预测概率分组后随着样本量下降 C 指数有所降低, 但总体上仍较高。模型的 Brier Score 为 0.005。十折交叉验证平均 AUC 为 0.960。反应了本研究模型有极高的准确性。

**结论** 本研究建立的预测模型对糖尿病患病风险有很好的预测能力。

## OR-042

### UF-5000 尿液有形成分分析仪与 MALDI-TOF MS 技术在尿路感染诊断中的价值

冯敏亚, 史伟峰

苏州大学附属第三人民医院

**目的** 评估 UF-5000 尿液有形成分分析仪与基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 技术在筛查尿路感染中的作用。

**方法** 2018 年 7 月-9 月收集 1510 例疑似尿路感染患者的中段尿标本。将标本分成两份: 一份用于传统细菌培养; 另一份做质谱鉴定及尿液有形成分分析。最终结果的判定标准为以中段尿培养结果。同时应用受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 确定尿沉渣白细胞计数 (WBC)、细菌计数 (BACT) 诊断尿路感染的阈值 (cut-off), 并比较细菌革兰分型 (BACT-Info) 及酵母样菌

(YLC)与培养结果的一致性。另外,将中段标本经差速离心后集菌,再用MALDI-TOF MS技术直接鉴定尿液中的病原微生物,并与中段尿培养结果比对。选取3株有代表性的菌株进行16SrRNA检测来验证中段尿培养结果和质谱鉴定结果的可靠性。

**结果** 1510例标本中培养出488株病原微生物。尿沉渣计数诊断尿路感染的cut-off值WBC为63.85/μl, BACT为407.4/μl。UF-5000的BACT-Info与中段尿培养结果比较,革兰阴性菌符合率93.2%,革兰阳性菌符合率87.8%,细菌总符合率为75.4%;YLC符合率为84.93%。与培养比较,MALDI-TOF MS技术直接鉴定出大肠埃希菌的准确率达92.3%,直接鉴定出真菌的准确率为42.5%。送检的3株菌种测序结果与中段尿培养结果相同,其中2株与质谱鉴定结果相同。

**结论** UF-5000尿液有形成分分析仪的结果及MALDI-TOF MS技术直接鉴定尿液病原菌的结果与中段尿培养结果符合率较高,对尿路感染的诊断具有较高的价值,可作为尿路感染快速诊断的依据。

## OR-043

### 治疗性单抗药物美罗华对M蛋白检测的干扰分析

李鹏昌,苏薇,韩建华,邸茜,嵇巍,张俊保,邱玲  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 近年来,治疗性单抗药物已经被引入多发性骨髓瘤等疾病的治疗中。美罗华单抗治疗是其中一种有效的治疗方法。国外有报道美罗华可以干扰血清蛋白电泳和免疫固定电泳,因此本文评估分析治疗性单抗美罗华对血清免疫固定电泳、血清蛋白电泳、免疫分型的影响。

**方法** 对接受美罗华治疗的3例患者治疗前后的标本残余血清进行检测血清免疫固定电泳、血清蛋白电泳、免疫分型。同时对3例健康体检者残余血清进行体外添加临床治疗浓度实验,然后对这些标本检测血清免疫固定电泳、血清蛋白电泳、免疫分型。免疫固定电泳同时使用目前主流两种检测平台(Helena和Sebia)进行检测比较。

**结果** 体外添加实验和临床患者均可以检测到相关的IgGk型的单克隆免疫球蛋白

**结论** 治疗性单抗药物美罗华可能会造成蛋白电泳的假阳性,从而影响临床对患者病情的评估及治疗方案的选择。

## OR-044

### 外周血循环肿瘤细胞和游离DNA联合检测在乳腺癌中的临床价值

张潇分<sup>1</sup>,贾春平<sup>1,2</sup>,陈宏梅<sup>1</sup>,施英娟<sup>1</sup>,鞠少卿<sup>1</sup>,王旭东<sup>1</sup>,储海丹<sup>1</sup>,丛辉<sup>1</sup>  
1.南通大学附属医院,226000  
2.中国科学院上海微系统与信息技术研究所

**目的** 探讨外周血液中循环肿瘤细胞(CTCs)和循环游离DNA(cfDNA)检测在乳腺癌患者中临床价值。

**方法** 收集2017年7月至2018年4月就诊于南通大学附属医院的47例乳腺癌患者(Ⅱ期7例、Ⅲ期19例、Ⅳ期21例),24例乳腺良性疾病患者,以及同期28名健康体检者外周血液标本。采用基于尺寸的高通量微流控芯片捕获CTCs、基于Alu序列的实时荧光定量PCR检测游离DNA长、短片段(247bp、115bp),并以长、短片段扩增产物比值作为DNA完整性指标。应用Mann-Whitney U检验、受试工作者曲线ROC、曲线下面积(AUC)和Logistic回归分析进行统计学分析,以P<0.05表示差异具有统计学意义。

**结果** 47例乳腺癌患者CTCs、cfDNA的完整性(Alu 247/115)与正常对照组相比,差异具有统计学意义(U值分别为126.5、359.0, P<0.0001、P<0.001),ROC曲线下面积为:CTCs:



0.885 (95% CI: 0.805~0.965), cut-off 值为 7.68 个/mL, 灵敏度为 80.4 %, 特异性为 96.4 %; Alu 247/115: 0.727 (95% CI: 0.608~0.847), cut-off 值为 0.431, 灵敏度为 71.7%, 特异性为 71.4%。CTCs 和 Alu 247/115 联合检测时曲线下面积为 0.919 (95% CI 0.854~0.984), 高于各指标单项检测。

**结论** CTCs 与 cf DNA 可能是乳腺癌辅助诊断的潜在生物学指标, CTCs 与 cf DNA 联合检测可提高乳腺癌患者的诊断率。

## OR-045

# “7S”管理在检验科中的应用

韩俊绪

山东省潍坊市潍坊医学院附属医院

**目的** 人,都是有理想的和追求。

职工的理想,莫过于有良好的工作环境,合 谐融洽的管理气氛和满意的收入。“7S”就能营 造安全、舒适、明亮的工作环境,提升员工真、 善、美的品质,从而塑造科室良好的形象,实现 共同的梦想。

**方法** 1S——整理

定义:

将工作场所任何东西区分为有必要的与不必要的。把必要 的东西与不必要的东西明确、严格地区分开。不必要的东西要尽快处理掉。

2S——整顿

定义:

对整理之后留在现场必要的物品分门别类进行放置,排列整齐。明确数量,有效标示。

3S——清扫

定义: 将工作场所进行打扫。

目的: 消除脏污,保持干净、明亮。

4S——清洁(保持的过程)

定义: 将前面的 3S 实施的做法制度化、规范化。

目的: 维持前面的 3S 成果。

5S——素养

定义: 提高员工的思想水准,增强团队意识,养成良好工 作习惯(归位意识)。

目的: 提高员工素质,使员工对任何工作都讲究认真。

6S——安全

定义: 消除安全隐患,保证科室职工人身安全和质量 安全,预防意外事故的发生。

目的: 杜绝安全事故、规范操作、确保检验质量,保 障员工的人身安全,保证生产的连续安全正常进行,同时 减少因安全事故带领的经济损失。

7S——节约

定义: 就是对时间、空间、质量、资源等方面合理利用,以发挥它们的最多效能,从而创造 一个高效率的,物 尽其用的工作场所。

目的: 员工以主人的心态对待科室资源,能用的东西 尽可能利用;切勿随意丢弃,弃前要思考其剩余之使用价值;秉承勤俭节约的原则,建立资源节约型科室。

**结果** 检验科通过“7S”管理，规范工作现场、耗材、设备，革除马虎之心，凡事认真（认真对待工作中的每一件小事），营造一目了然、没有安全隐患的工作环境，培养职工良好的工作习惯。最终目的是提升职工的品质，保证科室优雅的工作环境和办公环境、良好的工作秩序和严明的工作纪律。

**结论** 1、7S 是基础，是全程质量管理、品质管理、ISO15189 有效推行的保证。

2、7S 管理能够营造一种人人积极参与，实现遵守标准的良好氛围。有了这种氛围，推行 ISO15189 就更容易获得

员工的支持和配合，有利于调动员工的积极性，形成强大的推动力。

## OR-046

### Phosphorylase kinase $\beta$ represents a novel prognostic biomarker and inhibits malignant phenotypes of liver cancer cell

Wenjing Yang<sup>1</sup>, Yihao Li<sup>1</sup>, Anli Jin<sup>1</sup>, Yunfan Sun<sup>2</sup>, Xinrong Yang<sup>2</sup>, Beili Wang<sup>1</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** Glycogen phosphorylase kinase  $\beta$ -subunit (PHKB) is a regulatory subunit of phosphorylase kinase (PHK), involving in the activation of glycogen phosphorylase (GP) and the regulation of glycogen breakdown. Emerging evidence revealed that PHKB plays a role in tumor progression. However, the function of PHKB in HCC progression remains elusive.

**Methods** The expression patterns of PHKB in paired HCC tissues and adjacent non-tumor tissues were investigated. In vitro and in vivo assays were performed to determine the role of PHKB in HCC cells phenotype and function. How PHKB involves in HCC progression was explored by immunoblotting and immunohistochemistry.

**Results** Our study revealed that the expression of PHKB significantly decreased in HCC tissues. Importantly, low PHKB expression served as an independent indicator for predicting shorter time-to-recurrence and overall survival in HCC. Knockdown of PHKB promoted cell proliferation, migration, invasion and inhibited cell apoptosis in vitro and in vivo. Interestingly, our data showed that knockdown of PHKB effectively triggered epithelial-mesenchymal transition in HCC cells, which was confirmed by clinical data. Of note, we found that the biological function of PHKB was independent of glycogen metabolism. Mechanically, PHKB could inhibited AKT and STAT3 signaling pathway activation in HCC.

**Conclusions** Collectively, our data demonstrated that PHKB acted as a tumor suppressor via inactivating AKT and STAT3, and a novel prognostic indicator for HCC. Our data might provide novel insights into progression and facilitate the development of new therapeutic strategy for HCC.

## OR-047

## Cross-Platform Comparison of NGS and MALDI-TOF Mass Spectrometry for Detecting RAS/RAF/PIK3CA Mutations in ctDNA from Metastatic Colorectal Cancer Patients

Shengchao Wu<sup>1</sup>, Xiaojing Xu<sup>2</sup>, Beili Wang<sup>1</sup>, Minna Shen<sup>1</sup>, Qian Yu<sup>1</sup>, Ying Zhao<sup>1</sup>, Yiyi Yu<sup>2</sup>, Li Liang<sup>2</sup>, Yihui Yang<sup>1</sup>, Fei Huang<sup>1</sup>, Yiwen Zhou<sup>1</sup>, Baishen Pan<sup>1</sup>, Tianshu Liu<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2. Department of Medical Oncology, Zhongshan Hospital, Fudan University, Shanghai, China

**Objective** Evaluating the tumor RAS/RAF status is essential for treatment selection and prognosis evaluation in metastatic colorectal cancer (mCRC) patients. Analyzing circulating tumor DNA (ctDNA) has many advantages because of its non-invasive nature, but because of its low abundance, the detection of ctDNA using different methods requires careful assessment before new technology is adapted for use in clinical applications.

**Methods** Sixty mCRC patients were included in the data analysis. A cross-platform comparison between matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) and next-generation sequencing (NGS) was performed by examining KRAS/NRAS/BRAF/PIK3CA mutations in plasma cfDNA. Discordant results between the two platforms were examined by droplet digital polymerase chain reaction (ddPCR). All results were compared with the mutation status of the tissue.

**Results** A total of 33/60 (55%) and 36/60 (66%) of patients were reported to be mutation-positive by NGS and MALDI-TOF MS, respectively. The concordance rate between the two platforms was 73.21%. The sensitivity of NGS and MALDI-TOF MS for common mutation hotspots was 91.67% and 86.11%, respectively, while specificity was 99.94% and 99.64%, respectively. The overall ctDNA detection rate was 53.57%. In treatment-naïve patients, the consistency rate between plasma and tissue was 90.0%. Longitudinal testing of plasma in three cases showed that ctDNA was effective to monitor the treatment response.

**Conclusions** These results emphasize the potential of ctDNA detection by NGS and MALDI-TOF MS for therapy monitoring, and suggests that these technologies would enable reliable examination in upcoming clinical studies.

## OR-048

## 太赫兹光谱技术快速无标记检测乳腺癌细胞及其活性的研究

杨柯

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 简单、快速、高效的检测肿瘤细胞在基础科学和临床医学中均具有重要的意义。在本文中我们使用太赫兹 (terahertz, THz) 光谱技术检测乳腺癌细胞并对其细胞活力进行分析。我们提出了一种利用在 THz 频段低吸收的氟油置换活细胞周围的高 THz 吸收水分子的新方法,从而减少了 THz 光谱检测过程中的背景信号干扰。

**方法** 首先将人乳腺癌细胞 (MDA-MB-231) 附着在检测装置上培养。然后将氟油注入该装置中置换细胞周围的水分子。我们比较了置换前后样本的归一化 THz 透射振幅,并对不同活性的细胞样本进行检查。

**结果** 在用氟油置换液体培养基后,样品的 THz 功率谱保持在相对恒定的水平,说明培养基已经尽可能地去除并且不会影响 THz 测量。氟油中无活细胞时的 THz 光谱存在明显差异,说明在利用氟油置换细胞外水层后,可检测到原本水环境中难以测定的细胞信号。此外,THz 光谱还可被用于抗肿瘤药物作用后不同活性的细胞样品的分析。

**结论** 我们提出了一种利用 THz 光谱技术检测乳腺癌细胞并定量检测其细胞活性的新方法。借助该方法, THz 光谱技术有望被发展成为一种方便实用的工具用于肿瘤细胞的快速, 无标记和无损分析。

#### OR-049

### Bayat 和 Westgard 西格玛度量统计质量控制批长度图 在室内质量控制程序选择中的应用

孙慧珍<sup>1,2</sup>, 郭拥军<sup>3</sup>, 刘向祎<sup>3</sup>, 王治国<sup>1,2</sup>

1. 北京协和医学院研究生院 国家卫生健康委临床检验中心

2. 北京医院 国家卫生健康委临床检验中心

3. 首都医科大学附属北京同仁医院检验科

美国临床和实验室标准化研究院(CLSI)C24-Ed4 文件为连续检测分析仪推荐了“夹心”质量控制方法, 即在连续检测模式中, 质控品定期地随患者样品一起测量。在“夹心”的开始和结束时的质控结果被用于确认“夹心”内检测的患者结果是可接受的。在这样的质控模式下, 质控频率(分析批长度)的设计尤为重要。分析批长度指两次质控活动之间分析的患者样品数量, 其大小会影响质控活动的效果, 进而影响检验结果质量以及患者安全。Bayat 和 Westgard 基于患者风险参数  $\text{MaxE}(N_{\text{uf}})$ , 为设计包含批长度的质控程序建立了西格玛度量统计质量控制批长度关系图, 可以帮助实验室简单快速的选择合适的室内质量控制程序。

**应用实例:** 以  $4\sigma$  性能水平的检验项目为例, 如前列腺特异性抗原(PSA,  $\sigma=4.04$ , 数据来自北京同仁医院检验科)。在该图的横坐标上找到  $4\sigma$ , 向上绘制一条垂线, 垂线与各斜线的交点即为各质控程序相应的批长度。对于 PSA, 可选择的质控程序有: 1)  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  规则, 质控测定值的数量  $N=4$ , 批长度约为 200 个患者样品的质控程序(误差检出概率  $P_{\text{ed}}=0.92$ , 假失控概率  $P_{\text{fr}}=0.03$ ); 2)  $1_{3s}$  规则,  $N=4$ , 批长度约为 60 个患者样品的质控程序( $P_{\text{ed}}=0.68$ ,  $P_{\text{fr}}=0.01$ ); 3)  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  规则,  $N=2$ , 批长度约为 40 个患者样品的质控程序( $P_{\text{ed}}=0.64$ ,  $P_{\text{fr}}=0.01$ )等等。相对复杂的规则, 批长度相对长; 简单的规则批长度相对短。实验室可结合每日工作量等因素进行综合考量。本例中基于该实验室 PSA 项目平均每日工作量约为 150 个患者样品, 并综合  $P_{\text{ed}}$  与  $P_{\text{fr}}$ , 故推荐该项目选择  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  规则,  $N=4$ , 批长度约为 200 个患者样品的质控程序, 以持续监测检验过程质量, 保证结果的准确性和患者安全。

#### OR-050

### A LC-MS/MS method for the quantification of serum 25-hydroxyvitamin D and its correlation with immunoassay method

Lin Li, Yuheng Cheng, Chengjie Ji, Chunbao Xie, Zhibin Wang, Liangmin Chuan, Li Jiang  
Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Since the introduction of LC-MS/MS for assessing vitamin D status, it has been shown that the C-3 epimer can account for a significant proportion of circulating 25-hydroxyvitamin D3 (25(OH)D3) concentrations, especially in infants. The resolution of C-3 epimer from the active monohydroxy form by LC-MS/MS is not possible due to the mostly identical fragmentation pattern of the two species. Hence, the two isomers should be separated chromatographically. The objective of this study was to develop and validate a LC-MS/MS method with high selectivity for the separation of 25(OH)D3 and 3-epi-25(OH)D3, and for the quantification of 25(OH)D2 and 25(OH)D3.

**Methods** In this study, we have developed a LC-MS/MS with high selectivity for the separation of 25(OH)D3 and 3-epi-25(OH)D3. The robustness and reliability of the developed LC-MS/MS was then validated and it was finally applied to human serum samples with a comparison to routine immunoassay method.

**Results** As a result, a LC-MS/MS method with excellent resolution for the separation of 25(OH)D3 and 3-epi-25(OH)D3 was successfully developed and optimized. Reasonable correlation was obtained between the results from LC-MS/MS method and routine immunoassay method in the laboratory using Passing-Bablok regression, correlation and Bland Altman plot analysis.

**Conclusions** In this study, a LC-MS/MS with superior selectivity was successfully developed for the separation of 25(OH)D3 and 3-epi-25(OH)D3. The robustness and reliability of the LC-MS/MS method was validated for clinical measurable range, LOD, LLMI, allowable dilution times and precision. Comparison study results showed that this LC-MS/MS method was reasonably correlated with routine immunoassay method.

## OR-051

### Alternative tumor markers in the early diagnosis of lung cancer

Lin Li, Taichang Tan, Rong Zhou, Jiaqiang Wang, Shunjun Li, Zhibin Wang, Li Jiang  
Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** The aim of this study was to assess the usefulness of three commercial tumor marker kits (Kit 1: p53, PGP9.5, SOX2, GAGE7, GBU4-5, MAGEA1, CAGE; Kit 2: CEA, CYFRA, NSE, SCC, ProGRP; Kit 3: CEA, CYFRA, SCC, ProGRP) for diagnosis of lung cancer. In addition, the correlation of the testing results of Kit 2 and Kit 3 was analyzed.

**Methods** The study was conducted at Department of Laboratory Medicine, Sichuan Provincial People's Hospital, between July 2018 and Jan 2019. Sixty-one lung cancer patients, 38 benign nodule patients and 72 healthy controls without any nodules in the lung after chest MDCT scan were included in the study. Serum p53, PGP9.5, SOX2, GAGE7, GBU4-5, MAGEA1, CAGE, CEA, CYFRA, NSE, SCC and ProGRP levels were evaluated using 3 different commercial tumor marker kits for their role in the diagnosis of lung cancer. The sensitivity, specificity for patients and healthy controls, positive rate of the 3 kits in different pathology, stage, size of lesion, age and gender were compared. The correlation of the testing results of kit 2 and kit 3 was further analyzed.

**Results** For all the 3 tested commercial kits, the positive rate of lung cancer patient group was significantly higher than that of healthy control group, indicating all the 3 kits can distinguish malignant lesions from healthy people. However no significant difference between positive rates of malignant and benign cases by kit 1 attenuated its ability for the early diagnosis of lung cancer. For kit 2 and 3, significant differences were detected between lung cancer patients group and benign nodule patients, with sensitivity of 50.8% and specificity of 65.5% for kit 2 and with sensitivity of 37.7% and specificity of 81.7% for kit 3. No significant differences were seen based on pathology, stages, tumor size, age or gender.

**Conclusions** Taken together, all these 3 commercial kits showed unsatisfying predictive capability for lung cancer in this study, in which commercial kit 2, with the detection of CEA, CYFRA, NSE, SCC and ProGRP, showed relative higher sensitivity for the early diagnosis of lung cancer. However, combination with CT analysis to confirm diagnosis is still encouraged based on our data.

OR-052

## 检验医学实验室管理

张馨月

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 探讨检验医学实验室的管理,规范实验室工作,标准化实验室建设与管理

**方法** 通过建立定位高、开放性 & 综合性强的实验室,优化配置、资源共享,制定严谨的管理制度,在分析检验医学学科发展与技术人员培养方向后,提升检验医学学科建设水平。

**结果** 在开展检验医学实验室管理工作的过程中,要以专业对其进行研究和分析,进而探索出最有利于检验医学发展的解决方法,这样可以提升其实验室的管理水平。并且通过采用统筹与独立相结合的方式管理实验室,统筹表现在所有实验室统一管理,以安全适用为原则进行合理布局。每位实验技术人员相对独立地承担不同实验室日常工作,比如,设有设备管理员、耗材管理员等,实行责任制。这种统筹与独立相结合的管理模式有利于培养实验技术人员主人翁意识,维护实验室正常运行,提高其工作积极性和效率。领导层应认识到实验室安全管理队伍建设的重要性,可以引进实验室管理的相关专业人,或是随着现代科技的发展,国内外实验队伍不断壮大,实验教学相关研讨会也不断增多。鼓励实验技术人员通过会议学习、轮流进修学习等方式促进技术人员水平的提高,发挥他们的最大价值。最后对实验室安全管理人员的聘任、上岗、考核、职务升迁、职称评审进行明确的规定,调动实验室管理者的管理热情,增强管理责任心。

**结论** 全体实验室技术人员通过继续努力,不断研究、完善检验医学实验室高水平的管理模式,更好的为实验室管理服务。

OR-053

## Mutations in efflux pump Rv1258c (Tap) cause resistance to pyrazinamide and other drugs in *M. tuberculosis*

Jiayun Liu<sup>1</sup>, Wanliang Sh<sup>2</sup>, Shuo Zhang<sup>2</sup>, Ying Zhang<sup>2</sup>, Xiaoke Hao<sup>1</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Xijing Hospital, Fourth Military Medical University

2. Department of Molecular Microbiology and Immunology, Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University, Baltimore, Maryland, USA

**Objective** Although drug resistance in *M. tuberculosis* is mainly caused by mutations in drug activating enzymes or drug targets, there is increasing interest in possible role of efflux in causing drug resistance. Previously, efflux genes are shown upregulated upon drug exposure or implicated in drug resistance in overexpression studies, but the role of mutations in efflux pumps identified in clinical isolates in causing drug resistance is unknown.

**Methods** Here we investigated the role of mutations in efflux pump Rv1258c (Tap) from clinical isolates in causing drug resistance in *M. tuberculosis*. We constructed point mutations V219A, S292L in Rv1258c in the chromosome of *M. tuberculosis* and the point mutations were confirmed by DNA sequencing. The susceptibility of the constructed *M. tuberculosis* Rv1258c mutants to different tuberculosis drugs was assessed using conventional drug susceptibility testing in 7H11 agar in the presence and absence of efflux pump inhibitor piperine.

**Results** C14-labeled PZA uptake experiment was performed to demonstrate higher efflux activity in the *M. tuberculosis* Rv1258c mutants. Interestingly, the V219A, S292L point mutations caused clinically relevant drug resistance to pyrazinamide (PZA), isoniazid (INH), and streptomycin (SM), but not to other drugs in *M. tuberculosis*. While V219A point mutation conferred a low-level drug resistance, the S292L mutation caused a higher level of resistance. Efflux inhibitor piperine inhibited INH and PZA resistance in the S292L mutant but not in the V219A mutant.

**Conclusions** S292L mutant had higher efflux activity for pyrazinoic acid (the active form of PZA) than the parent strain. We conclude that point mutations in the efflux pump Rv1258c in clinical

isolates can confer clinically relevant drug resistance including PZA resistance and could explain some previously unaccounted drug resistance in clinical strains.

#### OR-054

### Comprehensive circular RNA profiles in plasma reveals that circular RNAs can be used as novel biomarkers for systemic lupus erythematosus

Haixia Li, Kaifei Li, Weinan Lai, Xin Li, Jia Yang, Shuai Chu, Yurong Qiu  
Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Circular RNAs (circRNAs), a novel class of widespread endogenous noncoding RNAs, have been involved in the development of various diseases, including atherosclerosis, Alzheimer's disease and several types of cancers, but there is little knowledge about their associations with systemic lupus erythematosus (SLE). This study is aimed to identify the expression profiles of circRNAs in 6 paired SLE and normal participants plasma samples by using a circRNA microarray.

**Methods** A case-control study was conducted to collect differentially expressed circRNAs in plasma using gene chip technology by collecting blood samples from 6 paired SLE patients and normal healthy controls, then, the preliminary validation phase, the target circRNAs were verified in twenty-four paired plasma samples by qRT-PCR. The bioinformatics analysis of the significantly differentially expressed circRNAs was performed by using TargetScan, miRbase, miRanda.

**Results** The microarray analysis showed that 207 circRNAs were differentially expressed between these two groups, including 113 upregulated and 94 downregulated circRNAs. Then, we selected 8 circRNAs as candidate biomarkers from the microarray analysis and further verified them in another group of subjects consisting of 24 SLE patients and 24 normal controls using quantitative real-time polymerase chain reaction assays (qRT-PCR). Finally, we confirmed four circRNAs that were consistent with the microarray results. In addition, bioinformatics was employed to predict the interaction between validated circRNAs and potential miRNA targets.

**Conclusions** Taken together, we firstly illustrate the comprehensive expression profiles of circRNAs in SLE patients plasma and lay the foundations to develop circRNAs as novel non-invasive biomarkers for SLE disease in the future.

#### OR-055

### TFCP2/YAP 转录复合体调控蛋白 CPE 对肝细胞癌的诊断价值

薛翔飞  
上海市胸科医院

**目的** 羧肽酶 E (CPE) 受 Yes 相关蛋白 (YAP) 及转录因子 CP2 (TFCP2) 转录复合体调控, 本研究探讨 CPE 作为肿瘤标志物诊断肝细胞性肝癌 (HCC) 的临床价值, 阐述 YAP 及 TFCP2 调控 CPE 的分子机制。

**方法** 使用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测 100 名健康志愿者 (正常对照组)、29 例胃癌患者、42 例乙型肝炎患者及 147 例 HCC 患者的血清 CPE 水平。患者血清 CPE mRNA 的表达情况使用实时荧光定量逆转录多聚酶链反应 (qRT-PCR) 进行检测。YAP、TFCP2 和 CPE 的蛋白质表达情况使用免疫印迹法进行检测。CPE 启动子的荧光基因活性使用荧光素酶报告基因系统进行检

测。使用斯皮尔曼 (Spearman) 等级相关系数表示 CPE 与丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST) 和甲胎蛋白 (AFP) 的相关性。AFP 和 CPE 作为肿瘤标志物诊断 HCC 的临床价值通过受试者工作 (ROC) 曲线进行分析并比较。

**结果** YAP 和 TFCP2 可以调控 HCC 患者血清 CPE mRNA 和蛋白质的表达。YAP 或 TFCP2 单一过表达时, CPE mRNA 和蛋白质表达量增加, 共同过表达 YAP 和 TFCP2 对 CPE mRNA 和蛋白质表达的刺激作用更强。单一敲低 YAP 或 TFCP2 表达时, CPE mRNA 和蛋白质的表达量减少, 同时敲低 YAP 和 TFCP2 表达对 CPE mRNA 和蛋白质表达的抑制作用更强。YAP 和 TFCP2 对 CPE mRNA 和蛋白质的表达调控通过调节 CPE 启动子实现, 该功能的维持依赖于 TFCP2 与 CPE 启动子相应结构域的结合。与对照组和其他实验组相比, HCC 组患者血清中 CPE 水平显著上调 ( $P < 0.01$ )。此外, 该组患者血清 CPE 浓度与 ALT 浓度 ( $r = 0.454$ ,  $P = 0.000$ ), AST 浓度 ( $r = 0.351$ ,  $P = 0.000$ ) 和 AFP 浓度 ( $r = 0.644$ ,  $P = 0.000$ ) 呈显著正相关。对 HCC 进行诊断时, CPE 与 AFP 的 ROC 曲线下面积 (AUC-ROC) 分别为 0.937 和 0.679, 这表明 CPE 具有良好的 HCC 诊断性能。CPE 诊断 HCC 的最佳临界值为 75 pg/ml, 使用该值诊断 HCC 的灵敏度为 90.7%, 特异性为 97.5%。

**结论** CPE 可作为肿瘤标志物诊断肝细胞性肝癌。TFCP2 结合 CPE 启动子上的结构域是 YAP 和 TFCP2 调控 CPE mRNA 和蛋白质表达的靶点。

## OR-056

### Tumor heterogeneity can be assessed by cfDNA in post-mortem blood sample

Zhuo Li

The First Affiliated Hospital of Xi'an Medical University

**Objective** Circulating cell-free DNA (cfDNA) of cancer patients contains tumor DNA, and therefore, sequencing analysis of cfDNA from cancer patients provides information about genomic alterations of tumors within a patient without surgical resection or tissue biopsies. Identification of cancer-associated gene mutations in the plasma now constitutes the main part of "liquid biopsy", a novel method for detection and monitoring of cancer. In this study, we attempted to uncover how post-mortem plasma cfDNA reflects mutational status of cancer and its heterogeneity.

**Methods** Rapid autopsy was performed in a patient who died of advanced stage prostate cancer. Eight samples collected from metastatic lesions in the liver, bone and lymph nodes. In addition, blood was drawn from the inferior vena cava. cfDNA and genomic DNA extracted from the frozen metastatic tissues were analyzed by whole-exon sequencing (WES). The mutations identified in the cfDNA were compared with those identified in the metastases.

**Results** A total of 553 somatic mutations and 344 somatic mutations were respectively detected by WES in metastatic lesions and cfDNA, of which 160 were shared with at least one of the metastases. Importantly, almost all (99%) of the trunk mutations were detectable in the plasma cfDNA. The mutations identified in at least one of the eight frozen metastases comprised 47% of the cfDNA mutations, most of which were subclonal mutations. A large fraction of somatic mutations in cfDNA were cfDNA-specific mutations that were not detected in any of the exon-sequenced metastases. Sanger sequencing of 30 additional formalin-fixed metastases enabled us to map the clones harboring the mutations initially detected only in the plasma.

**Conclusions** WES of the cfDNA in post-mortem plasma enabled us to identify almost all the clonal mutations. Furthermore, we succeeded in detecting the mutations that could not have been detected only by multiple sampling. In the present study, we demonstrated that plasma cfDNA sequencing can yield a large amount of information regarding the mutational status of cancer, and the expectation is increased for the possibilities of liquid biopsy in various clinical contexts.



## OR-057

## 品管圈在血液样本采集-运输-检验全程监控管理中的应用效果研究

王海燕,郭笑然,杜秋明  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探究品管圈在血液样本采集-运输-检验全程监控管理中的应用效果研究

**方法** 2017年9月至2018年3月,吉林大学第一医院检验科运用品质管理相应理论和方法,由检验科、护理部、信息中心以及9个临床科室的医生、护士、工作人员组成多部门、多学科的品管圈小组,按照品管圈步骤逐步进行,运用品管圈管理方法在样本采集阶段,提高血液样本的质量与时效性;在运输阶段,通过建立信息化追踪系统,保证血样本及时到达检验科;检验阶段,通过优化自动化检验流程,提高检验阶段TAT时间,从三个阶段构建门诊血液样本采集-运输-检验全程监控管理模式。

**结果** 通过开展品管圈活动后,血液样本采集阶段TAT时间由改善前的21min降低至15min;运输阶段TAT时间由改善前的20min降低至14min;检验阶段TAT时间由改善前的35min降低至28min;国外值率由9.25%降低至7.09%;异常血标本发生率由0.64%降低至0.19%。全体人员品管圈工具运用能力提高了152%、自信心提高了73%、责任心提高了21%、解决问题能力提高了39%、沟通能力提高了43%、团队精神提高了34%。并梳理了标本采集-运输-检验流程图,形成六项标准化作业书,在全院范围内进行推广。

**结论** 采用品管圈管理方式有效降低了血液样本采集-运输-检验各阶段TAT时间;同时降低国外值率及异常血标本发生率,并可以显著提升检验结果准确性和及时性,更好的满足临床医师和患者的需求。

## OR-058

## 长春地区8861例女性高危型人乳头瘤病毒感染与年龄的关系调查

潘一娜  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 高危型的人乳头瘤病毒(HPV)持续性感染与女性宫颈癌的发生发展有着密切的关系。现在女性宫颈疾病的初步筛查已成为普遍趋势,其中高危型HPV检测就是初步筛查的重要组成部分。了解该地区女性高危型HPV感染与年龄的关系,为预防HPV的感染及宫颈癌癌前病变的防治提供科学依据。

**方法** 收集长春地区2016年1月-2018年12月于吉林大学第一医院妇科体检就诊行宫颈病变筛查的8861例女性阴道分泌物标本,对其进行高危型HPV筛查。HPV测定采用DML 2000检测仪,由专业妇科医师采用专用HPV取样器按严格规范方法采集标本,并于1周内完成检测。对不同年龄段女性高危型HPV感染率进行分析。

**结果** 将上述体检人群按照年龄分为21—25岁、26—30岁、31—35岁、36—40岁、41—45岁、46—50岁、51—55岁、55-60岁和>60共9个年龄组,比较各组高危型HPV感染率。9组高危型HPV感染率分别为40.00%(32/80)、23.65%(127/537)、21.55%(234/1086)、18.39%(265/1441)、16.64%(270/1623)、17.13%(313/1827)、17.06%(231/1354)、20.00%(122/610)和29.37%(89/303)。研究人群中21-25岁组感染率最高(40%),41-45岁组感染率最低(16.64%),且随年龄的增加呈先下降后上升的趋势。

**结论** 长春地区不同年龄段女性高危型 HPV 感染具有特征性分布规律，针对性的进行宫颈癌及癌前病变的筛查十分必要。

## OR-059

### MicroRNA-138-5p 调控急性髓系白血病患者 PD-L1 表达的研究

黄春燕,查显丰,温旺荣\*  
暨南大学附属第一医院,510632

**目的** 探讨过表达 miR-138-5p 对 THP1 细胞系及急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 原代肿瘤细胞 PD-L1 的影响, 为 AML 免疫检查点监测提供可预测性生物标志物以及为 AML 免疫治疗提供新靶点。

**方法** 利用转基因技术 (电穿孔转染) 上调人类急性单核细胞白血病 THP1 细胞系以及 AML 患者原代肿瘤细胞 miR-138-5p 的表达, 通过 RT-qPCR 和 Western blot 方法分别在基因水平和蛋白水平检测上调 miR-138-5p 表达后 THP1 细胞系和 AML 原代肿瘤细胞 PD-L1 表达水平的变化; 采用 CCK8 及 Annexin V-FITC/PI 试剂, 观察过表达 miR-138-5p 对 THP1 和 AML 原代肿瘤细胞增殖和凋亡的影响。

**结果** 转染 miR-138-5p 模拟物后 THP1 细胞株的 PD-L1 mRNA 的相对表达水平较阴性对照无明显差异 ( $P=0.421$ ), 然而在蛋白水平上转染 miR-138-5p 模拟物后 THP1 细胞株的 PD-L1 蛋白表达则明显下调 ( $P=0.048$ ); 在 AML 原代肿瘤细胞中, 过表达 miR-138-5p 有下调 PD-L1 mRNA 表达的趋势, 并且 AML 原代肿瘤细胞 PD-L1 蛋白的表达水平明显下调 ( $P=0.041$ ); 上调 miR-138-5p 的表达对 THP1 细胞系和 AML 原代肿瘤细胞的增殖及凋亡均无影响 ( $P>0.05$ )。

**结论** miR-138-5p 参与 AML 患者肿瘤细胞 PD-L1 表达的调控, 上调 miR-138-5p 的表达能够降低 AML 患者原代肿瘤细胞 PD-L1 蛋白的表达, 提示 miR-138-5p 可能成为 AML 免疫检查点监测预测性生物标志物及免疫治疗新靶基因。

## OR-060

### Reduced Outer Membrane Porin Expression with Two-Component System downregulation in Multidrug Resistance of *Klebsiella Pneumoniae*

Min Yang  
The second Xiangya hospital of Central South University

*Klebsiella pneumoniae* (*K. pneumoniae*) is a notorious nosocomial pathogen with high rate of multidrug resistance. The rapid dissemination of multidrug-resistant (MDR) *K. pneumoniae*, especially those with carbapenem resistance has proven to be an urgent threat to human health. A total of 23 carbapenem-resistant (CR) and 27 carbapenem-susceptible (CS) MDR clinical isolates of *K. pneumoniae*, as well as 25 susceptible *K. pneumoniae* (sKP) isolates were studied to investigate the possible mechanisms leading to multidrug resistance development and carbapenem resistance transformation. Carbapenemase was detected using the modified carbapenem inactivation method. Resistance genes were identified by PCR. Porin expression was detected by SDS-PAGE. To evaluate the association among these common resistance mechanisms, mRNA levels of major porins (OmpK35 and OmpK36) and two-component systems (*envZ*, *ompR*, *phoP*, *phoQ*, *baeS* and *baeR*) were determined by RT-qPCR. Expression of resistance genes were high in all isolates. All CR isolates were carbapenem-producing. Down

expression of porins as well as EnvZ-OmpR, PhoPQ and BaeSR TCSs were detected in resistant isolates. Most of TCSs were closely correlated with OMPs with the R value  $>0.8$ , except BaeS and OmpR. This study reaffirmed the key role of carbapenemase in carbapenem-resistance and the importance of porin reduction in multi-drug resistance. It also identified the debatable downregulation of EnvZ-OmpR, PhoPQ and BaeSR TCSs in MDR *Klebsiella Pneumoniae*, and the close correlation between porin and two-component system.

## OR-061

# LncRNA AC010789.1 inhibits the invasion and migration of colorectal cancer through regulating EMT

weili Duan, Chuanxin Wang  
The second hospital of shandong university

**Objective** The colorectal cancer (CRC) is one of the leading causes of cancer-related death worldwide, but the pathogenesis of CRC remains not well-known. Increasing studies have highlighted the critical roles of long noncoding RNAs (lncRNAs) in tumorigenesis and cancer cells metastasis, however, the expression pattern, biological roles of lncRNAs, and the mechanisms responsible for their function in CRC remain elusive. In this study, we used The Cancer Genome Atlas (TCGA) to find differentially expressed lncRNAs which are associated with CRC patients overall and recurrence-free survivals.

**Methods 1. TCGA gene expression datasets analyses** The TCGA CRC tumor tissues and paired normal tissue samples RNA sequencing data and corresponding clinical data were download from [http://ibl.mdanderson.org/tanric/\\_design/basic/download.html](http://ibl.mdanderson.org/tanric/_design/basic/download.html). These microarray data were preprocessed by using R software and packages.

**2. CRC survival associated lncRNAs analysis** To identify survival-associated lncRNAs, the univariable Cox regression analysis was performed. Then, multivariable Cox regression analysis was conducted to evaluate each of these lncRNAs as dependent variable factor.

**3. Validation of differently expression lncRNAs** The expression level of candidate lncRNAs were evaluated in 80 CRC and matched adjacent normal tissues via quantitative real-time PCR (qRT-PCR). After data analysis, we selected lncRNAs that were dysregulated between CRC and matched adjacent normal tissues for further evaluation

**4. Cell culture and siRNA transfection** HCT116 and SW1116 cells were used to validate the function of differently expressed lncRNAs. The lncRNA and negative control siRNAs were transfected into HCT116 and SW1116 cells according to the manufacturer's instructions.

**Results 1.** The data of 697 RNA expression profiles including 51 normal tissues and 646 tumor tissues, were downloaded from The Cancer Genome Atlas (TCGA) data portal (dated to September 18, 2017). This study met the publication guidelines provided by TCGA (<http://cancergenome.nih.gov/publications/publicationguidelines>). The expression profiles of lncRNAs were analyzed by edgeR. 9, 10 Differentially expressed lncRNAs were selected according to P-value ( $\leq 0.01$ ) and absolute fold change ( $\geq 2$ ). A total of 1,103 differentially expressed lncRNAs were identified in patients with CRC.

2. Among differentially expressed lncRNAs, we identified lncRNAs that associated with the survival of CRC. Finally, we selected AC010789.1 in order to validate its function in CRC progression.

3. The expression of AC010789.1 were significantly dysregulated between CRC samples and matched adjacent normal tissues.

4. AC010789.1 inhibited migratory and invasive capacities of CRC cell lines in vitro and suppressed the expression of molecular markers associated with EMT.

**Conclusions 1.** The expression of AC010789.1 in CRC tissue significantly increased..

2. AC010789.1 can significantly inhibit the migration and invasion of CRC cells in vitro.

3. AC010789.1 inhibits the migration and invasion of CRC cells mainly through EMT signaling pathway.

OR-062

## Cytological and Spectroscopic Characteristics of c-KIT N822K Mutation and t (15;17) in Acute Myeloid Leukemia Cells

Xindi Lin<sup>1</sup>, Yuxin Yao<sup>1</sup>, Qian Zhang<sup>1</sup>, Jinyuan Zheng<sup>1</sup>, Xiaomeng Fu<sup>1</sup>, Yunchao Xu<sup>2</sup>, Yang Chen<sup>1</sup>, Donghong Lin<sup>1</sup>, Shangyuan Feng<sup>2</sup>

1. Fujian Medical University

2. Key Laboratory of Optoelectronic Science and Technology for Medicine, Ministry of Education, Fujian Normal University

**Objective** Most patients with acute myeloid leukemia (AML) have cytogenetic or molecular abnormalities, which are markers of diagnostic and prognostic value. Previously validated prognostic markers of unfavorable outcome in AML include presence of certain cytogenetic abnormalities and mutational status. However, current established techniques always need fixation, staining or labeling under an invasive manner. Despite of specific genetic abnormalities, such methods are not feasible for the study of single living cells. There is urgent need to construct efficient, effective and noninvasive strategies from cellular level for label-free monitoring cellular chromosome translocation/gene mutation.

**Methods** The current study was performed on in vitro AML cell lines by combining cytological and spectroscopic features, to highlight spectral features related to different chromosome translocation/gene mutation. Three AML cell lines were involved, including HL60 (no chromosome translocation and c-KIT mutation), NB4 (with chromosome translocation and without c-KIT mutation), and Kasumi-1 (with c-KIT N822K mutation). Cell cycle and apoptosis assays of cells were performed on flow cytometry (FCM) and change of cell proliferation was detected by colony formation assay. The level of c-KIT phosphorylation was detected by Western blot. Single living cells were finally used to acquire Raman spectra via laser-tweezers Raman spectroscopy (LTRS). Statistical methods were also utilized to determine potential characteristic markers for monitoring chromosome translocation/gene mutation status.

**Results** The sequencing results demonstrated that only Kasumi-1 cell line was detected to carry c-KIT N822K mutation and NB4 cell line carried t (15;17), while no significant differences were found among these three AML cell lines within 48 hours by cell cycle and apoptosis analysis. However, the LTRS spectra from HL-60, NB4 and Kasumi-1 cells exhibited distinguishable features according to principal component analysis and the latter classification models based on random forest algorithm. All models carried out with more than 90% of sensitivities and specificities. Typical and significant spectral differences were determined to account for c-KIT N822K mutation and t (15;17), including four biological categories like DNA/RNA, amino acids, and lipids, which were highly consistent with the levels of colony formation and c-KIT phosphorylation, indicating that the LTRS technique can accurately reflect the different cellular characteristics of cytogenetic or molecular abnormalities.

**Conclusions** Methodology of cytological characteristics-based c-KIT N822K mutation and t (15;17) combining with LTRS technique could be powerful and straightforward to reveal differentiation of AML cells with or without chromosome translocation/gene mutation and meanwhile lay the basis for experimental and clinical practice to accurate diagnose, monitor prognosis and therapeutic evaluation of AML.

## OR-063

## IS256 插入 mprF 启动子区与 mprF 和 walK 基因突变造成金黄色葡萄球菌对达托霉素耐药的功能研究

尹玉瑶,陈宏斌,李曙光,高华,孙世俊,王辉

北京大学人民医院,100000

**目的** 达托霉素是一种用于治疗革兰氏阳性菌感染的脂肽抗生素,2003 年被美国 FDA 批准用于治疗革兰氏阳性菌引起的复杂皮肤感染和结构性皮肤感染。由于其日益重要的临床价值,达托霉素作用机制和耐药性研究是非常活跃的研究领域。我国虽还未有报道达托霉素耐药的金黄色葡萄球菌出现,但是国外陆续有报道在治疗期间出现了达托霉素耐药的金黄色葡萄球菌菌株,其中的耐药机制尚未被完全理解。

**方法** 我们选取血流感染的患者血液分离出的一株金黄色葡萄球菌菌株 3M0,其属于 ST239 即中国最主要的引起医院相关感染的 MRSA 克隆,用梯度浓度的达托霉素连续传代持续 34 天达托霉素最低抑菌浓度 (MIC) 达到 16  $\mu\text{g/ml}$ 。而后对 3M0 及 34 天中的 4 个连续传代株 (9d、18d、27d、34d) 进行全基因组测序,通过 SNP 和 clippreads 分析,并经 IGV 验证得到菌株进化过程中的基因突变和插入缺失。重要位点用 pKOR1 质粒在 3M0 菌株中进行等位基因替换实验,检测突变后菌株达托霉素 MIC, qRT-PCR 检测细胞壁相关基因表达并进行细菌生长曲线实验。

**结果** 与亲本菌株 3M0 相比,在连续传代的 4 个菌株中共检测到 5 个单核苷酸突变,4 个 IS256 插入和一个发生在 pyk 基因的 39bp 的重复。1 个同义突变发生在 nerB 基因,4 个有义突变发生在 mprF 和 walK 基因,3 个 IS256 插入发生在基因间区,1 个 IS256 插入发生在 yydJ 基因。等位基因替换实验证明 MprF (G299V 和 L473I) 和 WalK (L7Q 和 Y225N) 的单氨基酸突变在达托霉素抗性中起作用,可引起 3M0 达托霉素 MIC 升高 2~4 倍。并且 mprF 和 walK 的点突变在引起达托霉素耐药过程中起协同作用,双基因共同突变菌株的达托霉素 MIC 大于任一基因突变菌株的达托霉素 MIC,最多可升高至 8 倍达托霉素 MIC。IS256 插入在 mprF 启动子区引起 MprF 表达显著增高,也在达托霉素耐药过程中起一定作用。此外,mprF 和 walK 的点突变增加了细胞壁代谢相关基因的表达,并且生长曲线表明没有降低菌株的生长能力。

**结论** 我们的研究揭示了体外选择的金黄色葡萄球菌达托霉素耐药性进化过程中的关键细节,多种耐药机制可以同时发生,证明了 mprF 和 walK 基因的突变以及 IS256 插入启动子区引起 mprF 表达增高在达托霉素耐药中具有作用,增加了我们对达托霉素耐药机制进展过程的理解。

## OR-064

## 骨髓红系 $\geq 50\%$ 髓系肿瘤病态造血特征与预后关系

张凤,高飞,陈成璇,李景岗,殷悦,刘声平,沈建箴

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探究骨髓有核红细胞 $\geq 50\%$ 的髓系肿瘤的骨髓细胞形态学特征及其与患者预后关系,依据 2016WHO 诊断分型标准及 2008 版 WHO 诊断标准将疾病分组,比较不同分型标准下同一类型疾病采取不同治疗方案患者预后差别,为临床对骨髓有核红细胞 $\geq 50\%$ 的髓系肿瘤的诊断、治疗、预后判断提供理论基础。

**方法** 以福建医科大学附属协和医院 2008-2016 年诊断为急性红白血病 (acute erythroid leukemia,AEL) 及 2016-2018 年诊断为 MDS 患者 (骨髓有核红细胞均 $\geq 50\%$ ) 为研究对象,依据骨髓中红系百分比、原始细胞百分比、以及是否有细胞发育异常分六组。重新分类计数患者骨髓涂片中红系、粒系、巨核细胞病态造血种类及畸形率,单因素方差分析比较各组患者间畸形种类及畸形率有无差别,多因素逻辑回归分析各种细胞发育异常与 MDS 转急性白血病相关性, Kaplan-Meier 生存分析存在差别的畸形发育及诊断不同采取不同治疗方案与患者预后相关性。

**结果** 骨髓红系 $\geq 50\%$ 髓系肿瘤患者主要为中老年男性，MDS 伴骨髓有核红细胞 $\geq 50\%$ 、AML 伴骨髓增生异常相关改变、AML 非特定类型（骨髓红系 $\geq 50\%$ ）和 PEL，这四类疾病在临床表现无差异；RET 值在上述四组中存在差别，在 AML 非特定类型中其值高于正常值约 2 倍；部分形态异常如小巨核、假 Pelger-Huët 核畸形、晚幼红细胞破布样等仅存在于 MDS 组；红系畸形率高的 MDS 患者预后好。

**结论** 原诊断为 AEL，依据 2016WHO 新标准分六型，各型疾病临床表现无差别，但形态学上各型有差异性且与预后相关，采用新标准分型诊断为 MDS 的患者采用 CAG/CAG+地西他滨方案预后改善明显。

## OR-065

### 两款不同检测方法的设备检测糖化血红蛋白 结果差异性的研究

满冬亮,康辉

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探究 Premier Hb9210（亲和层析法）与 Bio-Rad Variant II（离子交换色谱法）两款设备检测糖化血红蛋白结果的一致性及其差异率，分析差异原因，指导临床实验室获得可靠准确的糖化血红蛋白结果

**方法** 收集中国医科大学附属第一医院随机 5 个工作日 1000 例临床全血样本，分别用 Premier Hb9210 与 Bio-Rad Variant II 两款设备同时检测糖化血红蛋白，其中以检测结果差异值 $\leq 0.4\%$ 判断为结果一致的样本，以检测结果差异值 $>0.5\%$ 为结果差异的样本；针对结果一致的样本，进行两款设备检测样本的双样本 Z 检验，判断两者差异是否有统计学意义；针对结果差异的样本，分析差异原因，分别进行两款设备检测样本的 t 检验，判断两者差异是否有统计学意义

**结果** 1000 例样本中，Bio-Rad Variant II 色谱图无明显干扰的情况下，两款设备检测结果一致的样本数为 963 例，符合率为 96.3%，双样本 Z 检验 Z 值为  $0.744 < 1.96$ ，两者差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ），说明两款设备检测数据的一致性良好；两款设备检测结果差异的样本数共 37 例，差异率为 3.7%，其中肾病患者 23 例，样本中氨基甲酰血红蛋白干扰 Bio-Rad Variant II 检测，使结果较 Premier Hb9210 偏高 0.5%-1.2%，t 检验结果显示差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；变异血红蛋白干扰 3 例，干扰 Bio-Rad Variant II 检测，使结果较 Premier Hb9210 偏低 0.5%-0.6%，t 检验结果显示差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；其他差异样本 11 例，Bio-Rad Variant II 色谱图显示有明显干扰，造成其结果出现偏高或偏低的情况，但干扰物未明确

**结论** Premier Hb9210 与 Bio-Rad Variant II 两款设备在大样本临床检测上对于没有干扰物存在的样本具有良好的检测一致性；在氨基甲酰血红蛋白、变异血红蛋白等干扰物存在下，Bio-Rad Variant II 明显受到干扰，影响结果准确性；本实验在随机 5 天的时间内检测 1000 例临床样本，两款设备的检测差异率高达 3.7%，因此实验室使用离子交换色谱法检测糖化血红蛋白时，要注意查看色谱图有无干扰物的存在，如存在，应使用基于结构分离糖化血红蛋白的亲和层析法进行复查，获得不受干扰物影响的准确结果，保证临床诊疗安全

## OR-066

## Prevalence of carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* in a Chinese teaching hospital

Haiquan Kang, Ping Ma, Bing Gu  
Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** Objective to investigate the molecular epidemiological prevalence of carbapenemase producing hypervirulent *K. pneumoniae* (CP-hvKP), and to provide evidence for clinic treatment and infection control.

**Methods** The firstly separated carbapenem-resistant *K. pneumoniae* (CRKP) in a teaching hospital was collected from 01 January 2017 to March 31, 2019, and wire drawing test was used to screen out CP-hvKP. The strains were identified by mass spectrometer, and the VITEK2 Compact automatic bacterial analyzer was used for drug sensitivity test. Multipoint sequence analysis (MLST) was used for homologous typing. PCR method was used for detection of common ESBLs gene (SHV、TEM、CTX-M1、CTX-M2、CTX-M8、CTX-M9), carbapenem genes (KPC、SME、GES、VIM、IMP、OXA-48), serum capsular gene (K1、K2、K5、K20、K54、K57) and virulence genes (*rpmA*、aerobactin、*Kfu*、*Alls*、*magA*、Iron).

**Results** A total of 36 CP-hvKP strains were collected from 438 CRKP strains. MLST typing was mainly ST11 (14 cases). The wire drawing test was positive. The ESBLs gene was mainly TEM and CTX-M9. The carbapenem gene was mainly KPC-2 (100%). The type of serum capsule was mainly K1 and K2, and mainly carried *rpmA* and *magA* virulence genes.

**Conclusions** CP-hvKP also has high resistance, high invasion and spread of the bacteria, can easily cause the hospital broadcasting and the epidemic. The disinfection and isolation measures should be strengthened and the awareness of hand hygiene should be strengthened in order to block the prevalence of such pathogenic bacteria in the hospital.

## OR-067

## 三位一体、能力导向的医学检验技术人才培养模式构建与实践

曾涛, 郑磊  
南方医科大学

**目的** 现代医学、医学检验技术和体外诊断行业快速发展, 对医学检验技术人才素质与能力提出了新要求。而传统的人才培养模式显现出理论教学、实验教学和创新创业训练等方面的不足, 导致培养的学生出现了不同程度的理论与实践、技术与临床、传承与创新等能力脱节现象, 难以适应新时代社会与医学发展的需求, 亟需对当前的医学检验技术人才培养模式进行改革。

**方法** 通过医检贯通、虚实结合、校企协同三大举措, 涵盖理论课程体系、实践实习教学及科研创新训练的全过程, 以培养具备较强专业技术能力(包括实践操作能力、临床应用能力、开发创新能力)的新时代高素质医学检验技术人才为目标, 系统构建了一种医学检验技术人才培养新模式。

**结果** 南方医科大学医学检验系逐渐形成一种“三位一体、能力导向”的医学检验技术人才培养新模式, 在教学实践中取得了可喜的教学成效, 获得了全国检验界同行的认可与好评。

**结论** 该“三位一体、能力导向”的医学检验技术新人才培养模式为国内高校该专业及其他医学技术类专业办学提供了有益的借鉴, 值得推广。

## OR-068

## PAD4 在 anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物刺激中性粒细胞产生 NETs 形成血栓过程中作用的研究

宋向楠

哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** Anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物与血栓形成密切相关，是诱发血栓形成的重要因素，研究发现 anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物使中性粒细胞活化，释放 NETs。NETs 为中性粒细胞活化时释放到胞外的网状结构，由 DNA、组蛋白构成骨架，此外还包括中性粒细胞颗粒蛋白等成分。

**方法** 细胞实验：提取健康体检者外周血中的中性粒细胞，分别以下列物质刺激：阴性对照 PBS(50 $\mu$ L)、anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物 (10/100 $\mu$ g/mL)、anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物 +Cl-amidine(20 $\mu$ M)、anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物+DNase I (

25 单位/mL)、阳性对照 PMA(50 $\mu$ L)。Western -blot 法检测中性粒细胞内 PAD4 蛋白的表达情况；RT-PCR 法检测中性粒细胞内 PAD4 mRNA 的相对表达量；荧光显微镜观察 NETs 的形成及 TF 的网罗。(2) 动物实验：SD 大鼠随机分为两组，用 anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物 (5g/50g/kg) +Cl-amidine (3mg/kg) 腹腔注射组和用 anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物+NaCl (1000 $\mu$ L) 腹腔注射组。提取大鼠心脏血液中的中性粒细胞，Western -blot 法检测大鼠中性粒细胞内 PAD4 蛋白的表达情况；荧光显微镜观察 NETs 的形成及 TF 的网罗；剥离大鼠的颈总动脉，用 20%FeCl<sub>3</sub> 纸片刺激，激光散斑超声血流仪持续检测颈总动脉的血流量。

**结果** 细胞实验结果：Anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物组的 PAD4 蛋白表达水平高于 PBS 对照组 (P<0.05)，anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物+Cl-amidine 组的 PAD4 蛋白表达水平低于 anti $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物组 (P<0.05)

**结论** (1) PAD4 在 anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI / $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物刺激中性粒细胞产生 NETs 过程中具有促进的作用。

(2) Cl-admine 在 anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI / $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物刺激中性粒细胞产生 NETs 过程中能够降低 PAD4 蛋白及 mRNA 的表达，减少 NETs 的形成及 TF 的网罗。(3) DNase I 在 anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI / $\beta$ <sub>2</sub>GPI 复合物刺激中性粒细胞产生 NETs 过程中减少 NETs 的形成及 TF 的网罗。(4) Cl-admine 能够延长大鼠颈总动脉血管的闭塞时间，减少血栓形成，为今后的预防性血栓治疗提供新的思路。

## OR-069

## Anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 通过 TLR4-MyD88-IRAKs-MAPKs-ROS 轴促使中性粒细胞产生 NETs

查才军,刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 探讨抗  $\beta$ <sub>2</sub> 糖蛋白 I 和  $\beta$ <sub>2</sub> 糖蛋白 I 组成的免疫复合物(anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI)能否促使中性粒细胞产生中性粒细胞胞外诱捕网(NETs)，进一步探索该过程所涉及的关键信号通路，为自身免疫相关血栓性疾病的诊疗提供新思路。

**方法** 采用密度梯度离心法提取健康人外周血中性粒细胞，用 anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI (10  $\mu$ g/mL)/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI (100  $\mu$ g/mL) 刺激中性粒细胞。实时荧光定量 PCR 检测 toll 样受体 4 (TLR4) mRNA 表达；免疫共沉淀 (co-IP)检测 anti- $\beta$ <sub>2</sub>GPI/ $\beta$ <sub>2</sub>GPI 与 TLR4 结合；western blot 检测信号通路相关蛋白磷酸化或表达水平；流式细胞术检测 ROS 产生；荧光酶标仪检测游离 DNA (cf DNA)含量；荧光显微镜检测 NETs 产生。



**结果** Anti- $\beta$ 2GPI (10  $\mu$ g/mL)/ $\beta$ 2GPI (100  $\mu$ g/mL)以时间依赖的方式产生 NETs, 与正常对照组[IgG (10  $\mu$ g/mL)/BSA (100  $\mu$ g/mL)]相比当刺激时间达 3h 时 NETs 的产生明显升高( $53.2 \pm 3.7\%$  vs  $4.2 \pm 1.3\%$ ), 形成的 NETs 在加入 DNase I 后被有效降解。Anti- $\beta$ 2GPI/ $\beta$ 2GPI 刺激后中性粒细胞 TLR4 的 mRNA 表达升高。

**结论** Anti- $\beta$ 2GPI/ $\beta$ 2GPI 能促使中性粒细胞产生 NETs, 该过程依赖于 TLR4-MyD88-IRAKs-MAPKs 信号通路及 ROS 的产生。Anti- $\beta$ 2GPI/ $\beta$ 2GPI 诱导的 NETs 能被 DNase I 降解。以 TLR4 及其信号通路为靶点或能为自身免疫相关血栓性治疗提供新思路。

## OR-070

### 血清补体 C1q 水平与代谢综合征的相关性研究

唐浩能,刘首娉,陈若虹,付瑶阳,庄思琪,胡敏,唐玲丽  
中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 分析代谢综合征 (MS) 患者血清补体 C1q 水平的变化, 探讨 MS 患者血清补体 C1q 水平与体内糖、脂代谢指标的相关性。

**方法** 选取 152 例确诊的 MS 患者及 90 例健康对照人群进行研究。根据体重指数 (BMI) 大小, 将 MS 患者分为 MS-正常 BMI 组 ( $18 < \text{BMI} < 25$ )、MS-超重组 ( $25 \leq \text{BMI} < 30$ )、MS-肥胖组 ( $\text{BMI} \geq 30$ ), 测量相关的人体测量学参数, 检测血糖 (GLU)、血清三酰甘油 (TG)、总胆固醇 (TC)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 及 C1q 水平; 比较各组之间的差异, 并进行相关性分析。

**结果** ①MS 患者的血清 C1q 水平显著高于健康对照人群 ( $244.34 \pm 62.66$  vs  $202.37 \pm 35.92$ ,  $t = 6.250$ ,  $P = 0.000$ )。②MS-超重组、MS-肥胖组的 C1q 水平均显著高于健康对照组 ( $F = 9.639$ ,  $P = 0.000$ ;  $F = 9.639$ ,  $P = 0.000$ )。③Spearman 相关性分析显示 MS 患者血清 C1q 水平与血清 TG 水平 ( $r = 0.245$ ,  $P = 0.001$ )、TC 水平 ( $r = 0.398$ ,  $P = 0.000$ )、LDL-C 水平 ( $r = 0.325$ ,  $P = 0.000$ ) 呈显著正相关。④以 C1q 为因变量进行多元逐步回归分析显示血清 TG 水平是 MS 患者、MS-肥胖患者 C1q 水平的独立影响因素。

**结论** MS 患者血清 C1q 水平显著升高, C1q 水平与血脂代谢谱的水平密切相关, 血清 TG 水平为代谢综合征患者 C1q 水平的独立影响因素

## OR-071

### 检验专业住院医师规范化培训的实践与探索

吴蕾,赵鸿,戎国栋  
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 随着医学检测技术的迅速发展, 检验医学的地位明显提高。本文旨在探讨我院检验学部住院医师的规范化培训制度和管理方法, 以为同仁提供一定的参考, 为持续改进规范化培训工作奠定基础。

**方法** 以江苏省人民医院检验学部为例, 介绍我院检验专业住院医师规范化培训背景、现状、制度、方案、实践及考核, 结合我院多年住院医师规范化培训的经验, 对培训过程中发现的问题进行分析并提出改进建议。

**结果** 我院检验学部严格按照制度和方案的要求进行检验专业住院医师规范化培训, 使培训的住院医师在理论、操作、综合能力及素质方面有所提高, 同时通过严格规范的住院医师规范化培训工作的开展, 也为各教学医院提供一定的培训管理思路。

**结论** 目前部分医学生毕业后, 直接进入临床各科室工作, 间歇性甚至不进行住院医师规范化培训, 此种形式不利于专科医师的长远发展; 同时各培训学员在培训期间待遇、职称晋升等方面受到

限制,打击了各学员参加住院医师规培的积极性。住院医师规范化培训在医师成长过程中起着十分重要的作用,检验专业的规培工作是提高检验医师队伍素质的一条重要途径,对培养高层次的医学检验人才起着至关重要的作用,因此建立完善的住院医师规范化培训制度是目前培养医学人才的趋势所在,而省内甚至全国各医院检验专业住院医师规范化培训基地较少,在如何培养检验医师人才方面缺乏足够的经验,至今仍未形成统一的培训制度及模式,因此有待于通过进一步实践及探索,为检验医师培训的发展提供更好的途径。

## OR-072

### 过敏性疾病患者外周血中 Th1/Th2 细胞失衡的临床价值分析

朱敏,姜波,万秋涵,崔晓花,杨永平  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨过敏性疾病患者外周血中 Th1/Th2 细胞失衡的分析效果。

**方法** 选取 2015 年 12 月-2018 年 12 月 我院收治的过敏性疾病且未治疗的患者 120 例为本次研究对象,其种 60 例为过敏性哮喘(Bronchial asthma, BA)患者,60 例为过敏性紫癜(Henoch-Schonlein purpura, HSP)患者,并同期选取健康人 60 名作为对照组,进行空腹状态下的静脉血 5 mL 采集,血液收集器皿是无菌促凝管,并且及时进行处理,有效分离血清,在 2 h 之内运用酶免疫法对总 IgE、特异性 IgE、接触性过敏原、食入性过敏原、吸入性过敏原进行检测。分装检查之后所剩的血清放置在-20℃以下的环境中进行存储,并且运用流式细胞术在 48h 之内进行 IL-2、IL-10、IL-17 水平的检查。在检查之前,应该进行样本的解冻,并且应该恢复到室温之后方可开展检查。

**结果** BA 组患者外周血中细胞因子 IL-17 水平显著高于 HSP 组和对照组相比差异有统计学意义( $P<0.05$ ); HSP 组患者外周血中 IL-10 细胞因子的水平显著高于 BA 组和对照组相比差异有统计学意义( $P<0.05$ ); BA 组患者的血清中 IL-10/IL-17 的比值明显低于 HSP 组患者,两组相比差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); BA 组 IL-2/IL-10 的比值明显低于对照组,两组相比差异有统计学意义( $P<0.05$ ); HSP 组 IL-2/IL-10 的比值明显高于对照组,两组相比差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 若是能够针对 Th1/Th2 平衡偏移的现象进行纠正,就能够达到扭转或是制约过敏性疾病免疫应答的效果,调节或是纠正过敏性疾病内产生偏移现象的 Th1/Th2,能够有效治疗患者,而这种治疗思路具备较大的临床研究及运用价值。

## OR-073

### Establish and evaluate the reference ranges of MA<sub>A</sub>, MA<sub>ADP</sub> and MA<sub>AAA</sub> in guidance of antiplatelet therapy

Wei Shen<sup>1</sup>, Jingyi Zhou<sup>1</sup>, Heye Huang<sup>2</sup>, Yi Gu<sup>1</sup>, Wenyan Shen<sup>1</sup>, Min Li<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Renji Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

2.Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** Review and analyze the results of thromboelastography in 4,614 patients with antiplatelet drugs, establish and evaluate the reference ranges of MA<sub>A</sub>, MA<sub>ADP</sub> and MA<sub>AAA</sub>.

**Methods** The results of thromboelastography in 4614 patients on aspirin and clopidogrel from August 2015 to July 2018 in Renji Hospital were reviewed. The original data with MA<sub>A</sub> greater than 35mm were excluded (Considering abnormal activation of platelet when MA<sub>A</sub> is greater than 35mm), and the remaining 4459 cases were included in the subsequent analysis. Based on the

reference range of ADP inhibition (40%-90%) and AA inhibition (50%-90%) currently used in clinical practice, the statistical analysis model was established and the reference ranges of  $MA_{ADP}$  and  $MA_{AA}$  were derived to verify the feasibility of using  $MA_{ADP}$  and  $MA_{AA}$  to monitor ADP inhibitor and aspirin.

**Results** The normality test showed that the variables,  $MA_A$ ,  $MA_{ADP}$ ,  $MA_{AA}$ , ADP inhibition and AA inhibition were all non-normal distribution ( $P < 0.05$ ). Therefore, Spearman rank correlation method was adopted.  $MA_A$  is approximately normal distribution with mean value of 15.9mm, standard deviation of 6.7mm, median of 14.9mm, and interquartile range of IQR 8.8mm. Considering the characteristics of  $MA_A$  distribution, the reference range is set as 9.2~23.7mm.  $MA_{AA}$  was significantly negative correlated with AA% ( $r = -0.864$ ,  $P < 0.001$ ) in which one variable increases as the other decreases. A significant negative correlation was also found between  $MA_{ADP}$  and ADP% ( $r = -0.892$ ,  $P < 0.001$ ). Then linear, quadratic, cubic and exponential models were compared to derive correlations, and linear model provided the best fit to the data. The linear model equations of  $MA_{ADP}$  and  $MA_{AA}$  were  $MA_{ADP} = -0.497 \times ADP\% + 60.012$  and  $MA_{AA} = -0.498 \times AA\% + 63.482$  respectively. Then the ROC curve was used to find the best cutoff point. The reference range of  $MA_{ADP}$  was 19.8~43.2mm. The sensitivity and specificity of the two endpoints were 0.796, 0.856 and 0.897, 0.904. The reference range of  $MA_{AA}$  was 18.9~37.7mm. The sensitivity and specificity of the two endpoints are 0.819, 0.829 and 0.922, 0.896.

**Conclusions** The reference range of  $MA_{ADP}$  and  $MA_{AA}$  derived from statistical model is better in sensitivity and specificity.  $MA_{ADP}$  and  $MA_{AA}$  is more accurate than conventional inhibition in guidance of antiplatelet therapy, especially in patients with excessive low  $MA_{CK}$  or high  $MA_A$ .  $MA_A$  reflects the patient's fibrin formation ability. When the value is too high and the TEG tracing continues to grow wider, it reflects the abnormal activation of platelets. It's recommended to try glycoprotein IIb/IIIa inhibitor.

## OR-074

### LncRNA CTC-497E21.4 contributes to gastric cancer progression via the miR-22/NET1 axis

Rongrong Jing, Wei Zong, Cui Ming  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) have emerged as important roles in gastric cancer (GC) and competitive endogenous RNA (ceRNA) hypothesis was reported to be a novel interactive mechanism in the GC progression. However, the role of the dysregulated lncRNAs in GC remained large unknown. We investigated the clinical significance, biological function and mechanism of lncRNA CTC-497E21.4 in GC.

**Methods** Firstly, real-time fluorescent quantitative polymerase chain reaction (RTFQ-PCR) was used to detect the relative expression of lncRNA CTC-497E21.4 in 60 paired tissues. Furthermore, knockdown of lncRNA CTC-497E21.4 was conducted to assess the effect of lncRNA CTC-497E21.4 in vitro and in vivo. Subcellular localization of lncRNA CTC-497E21.4 was determined by nuclear plasmolysis PCR and fluorescence in situ hybridization (FISH); bioinformatics software predicted lncRNA CTC-497E21.4 binding miRNA and downstream target genes and the biological functions were demonstrated by luciferase reporter assay, western blotting and rescue experiments.

**Results** lncRNA CTC-497E21.4 was up-regulated in GC tissues and GC cell lines ( $P < 0.05$ ), and the expression was associated with depth of invasion, lymph node metastasis, and neurological invasion. Besides, knockdown of lncRNA CTC-497E21.4 inhibited cell proliferation, migration, invasion and promoted cell cycle arrest in vitro, and inhibited tumorigenesis in vivo. Functional analysis showed that lncRNA CTC-497E21.4 acted as a ceRNA for miR-22 and regulated NET1 expression. MiR-22 and NET1 partly reversed cell phenotypes caused by lncRNA CTC-497E21.4 by rescue analysis. lncRNA CTC-497E21.4/miR-22-3p/NET1 participated in the RhoA signaling pathway in the GC progression.

**Conclusions** lncRNA CTC-497E21.4 competed with miR-22 to regulate the expression of NET1 and regulated the malignant progression of GC through the RhoA signaling pathway. lncRNA CTC-497E21.4 could be a potential biomarker and therapeutic target for GC.

## OR-075

### 真实世界中服用达比加群酯患者凝血功能的改变

吴雪莲<sup>1</sup>, 屈晨雪<sup>2</sup>, 龚岩<sup>2</sup>, 袁家颖<sup>2</sup>, 陆遥<sup>2</sup>, 倪莲芳<sup>2</sup>

1. 重庆医科大学附属第三医院 (捷尔医院)

2. 北京大学第一医院, 100000

**目的** 观察真实世界中服用达比加群酯患者药物水平及常规凝血指标的变化, 为临床工作中正确认识达比加群对凝血功能的影响提供依据。

**方法** 收集就诊于北京大学第一医院服用达比加群酯的患者标本, 采用稀释凝血酶时间 (diluted thrombin time, dTT) 检测达比加群浓度, 分析患者一般特征与达比加群浓度的关系。检测患者血浆的常规凝血指标凝血酶原时间 (prothrombin time, PT)、活化部分凝血活酶时间 (activated partial thromboplastin time, APTT)、凝血酶时间 (thrombin time, TT)、纤维蛋白原 (fibrinogen, Fib)、D 二聚体 (D-dimer, D-D)、纤维蛋白 (原) 降解产物 (fibrinogen degeneration products, FDP), 分析达比加群水平与常规凝血指标的相关性。

**结果** (1) 达比加群浓度与患者的估算肾小球滤过率呈负相关 (相关系数  $r = -0.238$ ,  $P < 0.05$ ), 与服药剂量呈正相关 (相关系数  $r = 0.265$ ,  $P < 0.05$ ), 与性别、年龄、合用抗血小板药物没有相关性。(2) 随血浆中达比加群浓度升高, PT、APTT、TT 均延长, Fib 降低; TT 与达比加群浓度相关性最好 ( $r = 0.914$ ,  $P < 0.05$ ); 峰值血浆 Fib 浓度较谷值低 ( $2.57 \pm 0.73 \text{ g/L}$  vs.  $2.98 \pm 0.55 \text{ g/L}$ ,  $P < 0.05$ )。

**结论** (1) 在真实世界中, 用药患者的血药浓度变化受患者的病情影响; (2) TT 可以作为达比加群水平的快速筛查指标; (3) 服用达比加群酯患者的纤维蛋白原浓度可能会假性减低。

## OR-076

### ETS-1 基因多态性与原发性胆汁性胆管炎相关

徐欢, 牛倩, 黄卓春

四川大学华西医院, 610000

**目的** 探讨 E26 转换特定序列 1 (ETS-1) 的基因多态性与原发性胆汁性胆管炎 (PBC) 的相关性。

**方法** 收集四川大学华西医院的 PBC 患者 151 例和健康对照 398 例的外周血标本和临床指标资料, 包括总蛋白 (TP)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL)、碱性磷酸酶 (ALP)、血小板 (PLT) 和红细胞分布宽度 (RDW)。ETS-1 基于人类基因组单体型图 (HapMap) 选取了 3 个单核苷酸多态性 (SNP) 位点, 即 rs4937333 (T→C)、rs11221332 (C→T)、rs73013527 (C→T)。将外周血标本用 DNA 提取试剂盒获得基因组 DNA, 并采用聚合酶链反应-高分辨率溶解曲线 (PCR-HRM) 法检测 ETS-1 的基因型, 运用  $\chi^2$  检验对两组人群的等位基因和基因型频率的分布及显性模型和隐性模型分别进行比较, 并分析 ETS-1 的基因多态性与 PBC 患者的 TP、HDL、ALP、PLT、RDW 间的相关性。

**结果** ETS-1 的 rs4937333 位点的等位基因 T 在 PBC 患者中的频率为 49.01%, 明显高于对照组的 40.33% ( $P = 0.007$ ,  $OR = 1.44$ ,  $95\%CI = 1.10-1.88$ ), 与 PBC 的易感性显著相关。rs4937333 位点的显性模型分析显示携带等位基因 T 的患者有更高水平的 TP ( $P = 0.020$ ), 隐性模型分析显示携带等位基因 C 的患者有更高水平的 RDW ( $P = 0.033$ ); rs11221332 位点的基因型分布和显性模型分析显示携带等位基因 T 的患者有更高水平的 TP 和 HDL ( $P = 0.012$ ,  $P = 0.030$  和  $P = 0.004$ ,  $P = 0.015$ );

rs73013527 位点的基因型分布显示携带等位基因 T 的患者有更低水平的 PLT( $P=0.010$ ), 隐性模型分析显示携带等位基因 C 的患者有更高水平的 PLT 和更低水平的 RDW( $P=0.002$  和  $P=0.021$ )。

**结论** ETS-1 基因多态性与 PBC 易感性显著相关。rs4937333 位点的等位基因 T 在 PBC 的发生中是一个危险因素。

## OR-077

# A Biomarker LncRNA MAFTRR for Identifying High-Risk Patients with Ulcerative Colitis-Associated Colorectal Cancer

Tong Liu, chuanxin wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Long noncoding RNA (lncRNA) play important roles in tumorigenesis and progression, as a field defect in some instances, and may be an early event in colitis associated carcinogenesis (CAC). We aimed to determine whether specific lncRNA signature patterns could be used to identify patients with ulcerative colitis (UC) who are at increased risk for colorectal neoplasia.

**Methods** We use TCGA and GEO database to analyze the data and obtain top 10 aberrant lncRNA (5 up-regulated and 5 down-regulated) which play important roles in UC and CRC progression. Then we obtained 573 colorectal tissue specimens collected from patients with UC (354 without neoplasia, 81 with dysplasia, and 138 with CAC), from 3 independent cohorts for three phase experiment in The First Affiliated Hospital of Traditional Chinese Medicine University, Qilu Hospital and Second hospital of Shandong University between 2008 and 2018. We quantified these lncRNAs by RT-qPCR analysis. We analyzed clinical data to determine whether lncRNA patterns were associated with age, location, or segment of the colorectum. Cohort 2 and 3 were used to perform studies to training or validation the association between specific lncRNA in non-tumor rectal mucosa from patients with UC at risk of CAC.

**Results** Based on GEO and TCGA analysis, we selected top 10 aberrant CAC-related lncRNA as potential diagnostic candidates. Then expression profiles of 10 lncRNA selected were validated in 58 UC (30 without neoplasia, 10 with dysplasia, and 18 with CAC) of tissues by quantitative real-time PCR, only lncRNA MAFTRR thus identified were further validated in tissue samples from two independent cohorts. Among patients with UC without neoplasia, rectal tissues had significantly higher levels of MAFTRR than in proximal mucosa; expression levels of MAFTRR were associated with severity of inflammation and duration of UC in rectal mucosa. MAFTRR was significantly higher in samples from patients with dysplasia or CAC compared with samples from patients without neoplasia. Receiver operating characteristic analysis revealed that methylation levels of MAFTRR in rectal mucosa accurately differentiated patients with CAC from those without. MAFTRR in rectal mucosa was an independent risk factor for CAC. MAFTRR could discriminate UC patients with or without dysplasia or CAC in the training cohort (area under the curve, 0.79) and the validation cohort (area under the curve, 0.82).

**Conclusions** In training and validation cohorts, we found MAFTRR was high expressed in rectal mucosal samples from patients with UC with dysplasia or CAC compared with patients without neoplasms. MAFTRR also associated with severity of inflammation and might be used to identify patients with UC at greatest risk for developing CAC. Our findings provide evidence for a field defect in rectal mucosa from patients with CAC.

## OR-078

## Leukocyte telomere length, mitochondrial DNA copy number, and coronary artery disease risk and severity: A two-stage case-control study of 3064 Chinese subjects

Xuebin Wang

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Leukocyte telomere length (TL) and mitochondrial DNA copy number (mtDNA-CN), as hallmarks of cellular aging, may be involved in the development of coronary artery disease (CAD) by modulating oxidative stress. This study aimed to investigate the effects of leukocyte TL and mtDNA-CN alone or in combination on CAD risk and severity in the Chinese population.

**Methods** In this two-stage case-control study with 1511 CAD patients and 1553 controls, leukocyte TL and mtDNA-CN were determined by a quantitative PCR assay. Three oxidative parameters, including leukocyte 8-hydroxy-2'-deoxyguanosine (8-OHdG), plasma malondialdehyde, and plasma reactive oxygen species (ROS), were quantified by ELISA or colorimetric kits in a subset of 129 cases and 129 controls.

**Results** In the combined cohort, each 1-SD decrease in TL and mtDNA-CN was significantly associated with a 1.17-fold and 1.14-fold increased risk of CAD ( $p < 0.001$  for all), respectively, after adjusting for confounders. The aggregated score, which reflected the cumulative dosage of the tertiles of TL and mtDNA-CN, showed inverse dose-response correlations with CAD risk ( $p_{trend} < 0.001$ ), and severity, as determined by the severity of clinical presentations ( $p_{trend} = 0.037$ ), the presence of multi-vessel CAD ( $p_{trend} = 0.004$ ), and modified Gensini scores ( $p_{trend} = 0.009$ ). Similar dose-response relations of the aggregated score to leukocyte 8-OHdG and plasma ROS were also identified.

**Conclusions** Our data suggested reductions in both TL and mtDNA-CN as independent risk factors for CAD. The combination of TL and mtDNA-CN might jointly contribute to CAD risk, CAD severity, and oxidative stress.

## OR-079

## HIV-1 感染早期 WB 带型出现规律研究

楚振兴,王亚男,张博文,徐俊杰

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 精准的估计 HIV-1 的感染时间,对于了解 HIV-1 自然史、评估影响 HIV-1 疾病进程的影响因素和高效抗反转录病毒治疗效果具有十分重要的意义。本研究拟通过 HIV-1 感染早期,基于蛋白印迹试验(western blot ,WB)带型出现规律,探索 HIV-1 感染时间与带型出现的关系,对 HIV-1 抗体检测不同带型者感染时间估计提供理论依据。

**方法** 2009 年 3 月至 2018 年 9 月,在沈阳市组建高危男男性接触者(MSM)前瞻性开放队列并随访,平均随访频率为 1.5-3 个月/次,从中发现 HIV-1 早期感染者并组建队列,随访频率为发现 HIV-1 抗原/抗体阳转后的第 1、第 2、第 3、第 4 周和第 2、3、6 个月,以后 3 个月/随访 1 次。采集静脉血,应用 3<sup>rd</sup> ELISA、化学发光法筛查,阴性者进行集合核酸检测(NAAT)、对于 HIV-1 筛查阳性和 NAAT 检测阳性标本进行 WB 检测,直至 WB 诊断阳性且 P31 出现停止 WB 检测;通过面对面访谈估计 HIV-1 的感染时间,估计的感染时间经受访者认可后进行分析。HIV-1 估计感染时间:末次随访阴性时间和首次筛查阳性之间的某一个时间点,若能回忆起明确的 HIV-1 高危性行为暴露时间则以该点为 HIV-1 估计感染时间,否则以两次随访时间中点为估计感染时间。

**结果** 3050 例 MSM 参加了队列筛查和随访,发现 HIV-1 早期感染者 212 例;早期感染者平均年龄  $30.6 \pm 10.1$  岁。WB 带型出现顺序常常为: P24, gp60, P17, gp120, gp41, P66, P31, P51,

P39, P55。P24 带型最早出现, 35.7%在感染 10-20 天内出现; 其次为 gp160, 75%在感染 30 天前出现, 然后是 gp120, 最早出现在感染 26 天, 中位时间 52 天(IQR39-71)天, p31 为第六个出现的带型, 出现中位时间 74.5 天(IQR54-91.75)天; WB 诊断为阴性的时间为感染  $19.9 \pm 10.2$  天, 不确定为  $41.7 \pm 20.7$  天, 阳性为  $63.1 \pm 30.6$  天。

**结论** HIV-1 感染早期 WB 带型出现的规律被发现, 结合行为史, 对其接受后续临床服务链有指导意义。

## OR-080

### 乳腺癌 HMAM 基因和 CXCL16 以及 CA153 在乳腺癌诊断中的应用 1.四川省卫生和计划生育委员会基金(编号:120112); 2.四川省科技厅基金(编号:5-345)

邓君  
四川省人民医院

**目的** 探讨人乳腺珠蛋白(human mammaglobin, HMAM)、趋化因子 CXCL16(CXC chemokine ligand 16, CXCL16)和 CA153 在乳腺癌诊断和治疗监测中的应用。

**方法** 采用 FQ-PCR 检测 50 例健康女性体检者、134 例良性乳腺肿瘤、129 例乳腺癌和 104 例其他肿瘤组外周血中 HMAM mRNA, 化学发光法检测 CA153, ELISA 检测 CXCL16, 分析与乳腺癌患者临床组织学分期的关系, 以及手术前后的差异。

**结果** 乳腺癌组的 HMAM、CA153、和 CXCL16 均高于正常对照组和良性乳腺疾病组, 乳腺癌组的 HMAM 和 CA153 高于其他肿瘤组, 而 CXCL16 则无显著性差异; HMAM、CA153、和 CXCL16 在手术后有显著下降; 在乳腺癌组中, 随着临床分期的升高, HMAM、CA153 和 CXCL16 递增, III + IV 期显著高于 I + II 期; CA153 和 CXCL16 联合检测可提高对乳腺癌灵敏度和阴性预测值; HMAM、CA153、和 CXCL16 联合检测可提高特异性和阳性预测值。

**结论** HMAM 和 CA153 对乳腺癌预后有一定的预测作用, HMAM、CA153、和 CXCL16 对术后随访有意义, 联合检测有助于提高对乳腺癌诊断的特异性。

## OR-081

### Fibrinogen and D-dimer during pregnancy and its predictive value for postpartum hemorrhage

Chen Gong<sup>1</sup>, Yuncong Zhang<sup>2</sup>, Han Guo<sup>1</sup>, Aiwei Li<sup>1</sup>, Chanjuan Wang<sup>1</sup>, Shuo Yang<sup>1</sup>, Yuan Wei<sup>1</sup>

1. Peking University Third Hospital

2. Peking University International Hospital

**Objective** The increase of fibrinogen is vital to form a prothrombotic state during pregnancy to encounter bleeding challenges at delivery. However, pregnancy complications characterized by systemic inflammatory response syndrome (SIRS), may consume fibrinogen resulting into the elevation of d-dimer and leading to severe postpartum hemorrhage (PPH). However, d-dimer levels often slightly increase in pregnancy due to the development of placenta. Therefore, we aim to study the fibrinogen and d-dimer change during gestation and to assess whether their level at delivery could be used to predict the occurrence of PPH.

**Methods** We evaluated fibrinogen and d-dimer change throughout gestation in women who delivered at Peking University Third Hospital from December 2015 through December 2018. Demographic data and clinical information were searched from Hospital Information System (HIS), while fibrinogen and d-dimer value and testing time are identified from Laboratory Information

System (LIS). Healthy and non-pregnant women were included from physical examination center of Peking University Third Hospital

**Results** Among 37,635 pregnant women who delivered in Peking University Third Hospital, 16,635 were eligible for our study, in which 8028 had uncomplicated pregnancy, 7029 had pregnant-related complications and 1578 had preexisting disorders.

Pregnant women employ higher fibrinogen level during each trimester and at the time of delivery ( $P<0.001$ ) compared with non-pregnant women. Among the uncomplicated group, fibrinogen level rises throughout the first ( $3.28\pm0.02$ ), second ( $4.04\pm0.03$ ) and third trimester ( $4.40\pm0.02$ ) but dropped at delivery [ $4.30\pm0.01$ ]. Pregnant-related complication group and the preexisting disorder group shared the similar changing pattern. In addition, women with pregnant related complications showed significant higher mean fibrinogen level during whole gestation ( $P<0.001$ , respectively), except for placental abruption which was dramatically decreased from third trimester and lower than that of uncomplicated pregnancies [ $(3.89\pm0.11)$  vs  $(4.40\pm0.02)$  ,  $P=0.001$ ].

Among uncomplicated women, d-dimer grows rapidly throughout the first [ $0.09(0-2.30)$ ], second [ $0.28(0-1.21)$ ], third trimester [ $0.51(0.09-9.82)$ ] and at the delivery [ $0.69(0.15-34.07)$ ]. Women with pregnant-related complications and with preexisting disorders shared similarly changing pattern, but only in women with placenta accreta, d-dimer present a higher level than that in uncomplicated pregnancy since the first trimester [ $0.11(0.04-0.22)$  vs  $0.09(0-2.30)$ ,  $P=0.379$ ].

Both fibrinogen and d-dimer at delivery for women without PPH was significantly higher than women with PPH either in uncomplicated pregnancy [ $4.05\pm0.13$  vs  $4.30\pm0.01$ ,  $P<0.001$ ;  $0.87(0.15-3.67)$  vs  $0.68(0.17-34.07)$ ,  $P=0.044$ ] or in complicated pregnancy [ $4.24(4.11-4.36)$  vs  $4.40(4.39-4.42)$ ,  $P=0.012$ ;  $0.86(0.50-3.39)$  vs  $0.60(0.06-281.30)$ ,  $P=0.001$ ]. Using fibrinogen to assess PPH, ROC (Receiver Operating Characteristic) analysis showed that AUC (Area Under the Curve) for uncomplicated women was  $0.594(0.541-0.647)$ , for women with pregnant-related complications was  $0.593(0.540-0.646)$ ; while, using d-dimer to assess PPH, ROC analysis showed that AUC for uncomplicated women was  $0.637(0.468-0.787)$ , for women with pregnant-related complications was  $0.701(0.633-0.769)$

**Conclusions** Among 37,635 pregnant women who delivered in Peking University Third Hospital, 16,635 were eligible for our study, in which 8028 had uncomplicated pregnancy, 7029 had pregnant-related complications and 1578 had preexisting disorders.

Pregnant women employ higher fibrinogen level during each trimester and at the time of delivery ( $P<0.001$ ) compared with non-pregnant women. Among the uncomplicated group, fibrinogen level rises throughout the first ( $3.28\pm0.02$ ), second ( $4.04\pm0.03$ ) and third trimester ( $4.40\pm0.02$ ) but dropped at delivery [ $4.30\pm0.01$ ]. Pregnant-related complication group and the preexisting disorder group shared the similar changing pattern. In addition, women with pregnant related complications showed significant higher mean fibrinogen level during whole gestation ( $P<0.001$ , respectively), except for placental abruption which was dramatically decreased from third trimester and lower than that of uncomplicated pregnancies [ $(3.89\pm0.11)$  vs  $(4.40\pm0.02)$  ,  $P=0.001$ ].

Among uncomplicated women, d-dimer grows rapidly throughout the first [ $0.09(0-2.30)$ ], second [ $0.28(0-1.21)$ ], third trimester [ $0.51(0.09-9.82)$ ] and at the delivery [ $0.69(0.15-34.07)$ ]. Women with pregnant-related complications and with preexisting disorders shared similarly changing pattern, but only in women with placenta accreta, d-dimer present a higher level than that in uncomplicated pregnancy since the first trimester [ $0.11(0.04-0.22)$  vs  $0.09(0-2.30)$ ,  $P=0.379$ ].

Both fibrinogen and d-dimer at delivery for women without PPH was significantly higher than women with PPH either in uncomplicated pregnancy [ $4.05\pm0.13$  vs  $4.30\pm0.01$ ,  $P<0.001$ ;  $0.87(0.15-3.67)$  vs  $0.68(0.17-34.07)$ ,  $P=0.044$ ] or in complicated pregnancy [ $4.24(4.11-4.36)$  vs  $4.40(4.39-4.42)$ ,  $P=0.012$ ;  $0.86(0.50-3.39)$  vs  $0.60(0.06-281.30)$ ,  $P=0.001$ ]. Using fibrinogen to assess PPH, ROC (Receiver Operating Characteristic) analysis showed that AUC (Area Under the Curve) for uncomplicated women was  $0.594(0.541-0.647)$ , for women with pregnant-related complications was  $0.593(0.540-0.646)$ ; while, using d-dimer to assess PPH, ROC analysis showed that AUC for uncomplicated women was  $0.637(0.468-0.787)$ , for women with pregnant-related complications was  $0.701(0.633-0.769)$



## OR-082

## Increased Expression of the Long Noncoding RNA LINC02613 Promotes Glycometabolism in Colorectal Cancer by Interaction with Glyceraldehyde-phosphate dehydrogenase

Yinghui Zhao, Lutao Du, Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Increasing evidence shows that altered activities of long noncoding RNAs (lncRNAs) have been associated with tumorigenesis. We investigated the clinical significance, biological function, and mechanism of LINC02613 in colorectal cancer (CRC).

**Methods** First, the combined The Cancer Genome Atlas (TCGA) and Gene Expression Omnibus (GEO) database revealed the alterations of LINC02613 in CRC tissues. Next, the effect of LINC02613 on the CRC cell proliferation, apoptosis and migration were evaluated by RTCA xCELLigence real time cell analysis, flow cytometer and cell invasion assays after LINC02613 knock-down or knock-out via small interfering RNAs or CRISPR/Cas9 vectors and overexpression by transfected plasmids. By virtue of soft-agar colony forming assay and nude mouse tumorigenesis test, the tumorigenesis abilities of LINC02613 in vitro and vivo were respectively identified. Their interactions with other genes were determined by RNA pull-down and RNA immunoprecipitation (RIP) assays. Given expression signatures of exosomal lncRNAs have been proposed as potential non-invasive biomarkers for cancer detection, the diagnostic value of exosomal LINC02613 was evaluated.

**Results** After using publicly available expression profiling data and integrating bioinformatics analyses, we screened and identified LINC02613 significantly increased in CRC tissues and cell lines. Importantly, we also demonstrated that knockdown of LINC02613 suppressed cell proliferation, invasion and migration in vitro and inhibited tumorigenesis in vivo. Mechanistically, RNA pull-down and RIP assays showed that RNA binding proteins including glyceraldehyde-phosphate dehydrogenase (GAPDH), suggesting LINC02613 may produce cancerization via regulating glucose metabolism. Further, the diagnostic performance of exosomal LINC02613 was evaluated. The area under the receiver operating characteristic (AUC-ROC) for exosomal LINC02613 was 0.866 with a sensitivity of 97.5% and a specificity of 97.2%.

**Conclusions** Collectively, we determined that LINC02613 may play important roles in CRC oncogenesis. Targeting LINC02613 may provide new strategies in CRC diagnosis and therapy.

## OR-083

## Molecular characteristics of oxazolidinone resistance in enterococci from a multicenter study in China

Hongbin Chen, Hui Wang  
Peking University People's Hospital

**Objective** Linezolid-resistant enterococci pose great challenges in clinical practice. The aim of this study is to study the mechanisms underlying the resistance and genetic environment of antimicrobial resistance gene of linezolid-resistant enterococci.

**Methods** Fifteen linezolid-resistant strains and one linezolid intermediate-resistant strain, including thirteen *E. faecalis* and three *E. faecium*, were collected from patients in nine hospitals across China between 2009 and 2013. The minimal inhibitory concentrations (MICs) of 8 antimicrobial agents were determined by the agar dilution method except tigecycline and daptomycin which were tested by broth microdilution. The resistance genes *cfr* and *optrA* were determined by PCR. The mutation of domain V of the 23S rRNA gene was detected by PCR

combined with sequencing. The whole-genome sequencing (WGS) of 13 enterococci strains carrying *optrA* gene was performed using Illumina technology to investigate the genetic context of *optrA*.

**Results** The linezolid MICs of sixteen enterococci were 4 mg/L to 16 mg/L. Four strains belonged to multi-drug resistant (MDR) bacteria. The sequence types (STs) of 13 enterococci strains performed WGS were diverse: 3 ST476, 1 ST86, ST116, ST480, ST59, ST416, ST21, ST67, ST16, ST585 and ST18. None of them carried multi-drug resistance gene *cfr*. Only one strain had the G2658T mutation of target 23S rRNA gene. Thirteen (13/16, 81.3%) strains harbored the novel oxazolidinone resistance gene *optrA*. WGS analysis showed that the *optrA* gene was flanked by sequence IS1216E insertion in thirteen strains, and *optrA* was adjacent to transposons Tn558 in two strains and Tn554 in one strain. The *optrA* gene was identified to be co-localized with *fexA*, the resistance genes mediated florfenicol resistance in 13 strains, and *ermA1*, the resistance genes mediated erythromycin resistance in 9 strains, indicating that linezolid-resistant strains may be selected due to non-oxazolidinone antibiotics (i.e. macrolides and florfenicol) usage.

**Conclusions** Our findings demonstrate the high diversity of *optrA*-carrying genetic platforms. The mobile genetic elements (MGEs) may play an important role in the dissemination of *optrA* into the enterococci isolates of human origin. The genetic evidence of transferable feature and co-selection of *optrA* should be gave more attention in clinical practice.

## OR-084

### 贵州省汉族、苗族、布依族、土家族女性叶酸代谢 关键酶基因 SNPs 的分布特征

文春蓉,渠巍

贵阳市妇幼保健院贵阳市儿童医院,550000

**目的** 探讨贵州省汉族、苗族、布依族、土家族孕龄女性 5, 10-亚甲基四氢叶酸还原酶 (MTHFR) C677T、A1298C 及甲硫氨酸合成酶还原酶 (MTRR) A66G 基因多态性的频率特征。

**方法** 以 2016 年 12 月-2018 年 12 月贵州省 3532 例汉族、苗族、布依族、土家族孕龄女性为研究对象,提取口腔上皮细胞 DNA,采用荧光定量 PCR,进行编码基因 MTHFR 和 MTRR 的相关多态性位点检测。

**结果** 贵州省汉族与苗族、布依族 MTHFR C677T 和 MTHFR A1298C 基因位点多态性分布差异有统计学意义(  $P < 0.05$ ),而 MTRR A66G 位点多态性的分布差异无统计学意义(  $P > 0.05$ ); MTHFR C677T、MTHFR A1298C 和 MTRR A66G 基因位点多态性在汉族与土家族的分布差异均无统计学意义(  $P > 0.05$ )。土家族与布依族、苗族 MTHFR C677T 基因位点基因型多态性和基因频率分布差异均有统计学意义(  $P < 0.05$ )。MTHFR C677T、A1298C 两位点连锁情况 CC/AA 双野生型频率以土家族最低为 15.0%, TT/AC 组合仅存在于土家族,4 个民族均未见 CT/CC 组合及 TT/CC 双纯合突变。汉族、苗族、布依族均存在 3 种单倍型组合,且都为两位点间完全连锁不平衡  $D' = 1$ 。

**结论** 贵州省少数民族育龄女性叶酸代谢关键酶基因位点多态性有其自身特点,部分与当地汉族育龄女性有区别,具有民族特性,可以有针对性的制定符合当地民族特征的个性化叶酸补服方案。

## OR-085

## Suppressed expression of CXCL14 in hepatocellular carcinoma tissues and its role in the disease progression of chronic HBV infection

Yong Lin, Huo-Chun Yi

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** CXCL14 was the most under-expressed mRNA in hepatocellular carcinoma tissues, as well as head and neck squamous cell carcinoma and cervical squamous cell carcinoma. It has been acknowledged as a tumor suppressor, however, its role in HBV infection has not yet been identified.

**Methods** CXCL14 mRNA expression was quantified from 20 male HCC patients, and comparison was made to calculate the fold change of cancer tissues by comparing with normal adjacent tissues. In total, 212 patients with chronic HBV infection and 180 HBV-free controls were recruited to investigate the association between CXCL14 polymorphisms and HBV progression as well as liver function parameters. Serum CXCL14 level has also been determined by using ELISA technique, and comparison was made between different HBV status, and different CXCL14 genotypes.

**Results** The mRNA expression of CXCL14 was 0.24-fold in HCC tissues when being compared with adjacent tissues. The frequency of rs2237062 and rs2547 was significantly different between patients with mild hepatitis and moderate to severe hepatitis patients, but not rs2237061. Moreover, rs2237062 and rs2547 mutations have been correlated with impaired liver function parameters. ELISA results suggested that HBV-free controls have the highest level of CXCL14, while mild hepatitis patients have a lower level, and patients with moderate to severe hepatitis have the lowest level. GA+AA genotypes of rs2547 were also associated with reduced level of serum CXCL14, owing to its stop-gain property.

**Conclusions** CXCL14 was significantly suppressed in HBV-related HCC tissues, and its polymorphisms have been also linked with HBV infection progression and liver function.

## OR-086

## Establishing a reference interval for serum anti-dsDNA antibody: A large Chinese Han population-based multi-center study

chuiwen Deng

Peking Union Medical College Hospital,

**Objective** A reference interval (RI) for the circulating concentration of anti-dsDNA antibody is essential for clinicians to interpret laboratory results and make clinical decisions. Therefore, we aimed to establish the RI for anti-dsDNA antibody in the Chinese Han population.

**Methods** This study was designed and carried out in accordance with guideline C28-A3, which is proposed by the International Federation of Clinical Chemistry and the Clinical and Laboratory Standards Institute. A total of 2,880 apparently healthy individuals were enrolled using a posteriori sampling. These individuals were recruited from four hospitals, representing the Han populations of north, south, east, and west China. Serum anti-dsDNA antibody levels were measured using the three analytical systems AESKU, EUROIMMUNE, and INOVA, which are the most commonly used systems in China. Individuals were stratified by gender, age, and region, and the RIs were obtained by nonparametric methods.

**Results** Gender-specific RIs for serum anti-dsDNA antibody in the Chinese Han population were established.

**Conclusions** This is the first exploration of the RI for anti-dsDNA antibody in the Chinese Han population. We have established gender-specific RIs for each assay method commonly used in China.

## OR-087

### A reference interval for serum IgG subclasses in Chinese children

zhongjun liu

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

**Objective** Reference intervals (RIs) for serum IgG subclasses vary greatly among different geographical regions. The present study aimed to establish RIs for serum IgG subclasses in Chinese children, which is essential for interpretation of laboratory findings and making clinical decisions.

**Methods** This study was performed in accordance with guideline C28-A3, proposed by the International Federation of Clinical Chemistry and the Clinical and Laboratory Standards Institute. In total, 607 apparently healthy Chinese children were enrolled, and serum levels of IgG subclasses were measured. Individuals were stratified by age and the RIs were determined through statistical analysis.

**Results** Following were the median values of RIs for serum IgG subclasses in Chinese children: IgG1, 2.78 g/L; IgG2, 0.85 g/L; IgG3, 0.13 g/L; IgG4, 0.06 g/L at 1–6 months of age; IgG1, 3.64 g/L; IgG2, 0.73 g/L; IgG3, 0.19 g/L; IgG4, 0.03 g/L at 6–12 months of age; IgG1, 5.15 g/L; IgG2, 0.87 g/L; IgG3, 0.19 g/L; IgG4, 0.07 g/L at 1–2 years of age; IgG1, 5.26 g/L; IgG2, 1.23 g/L; IgG3, 0.14 g/L; IgG4, 0.11 g/L at 2–3 years of age; IgG1, 6.33 g/L; IgG2, 1.8 g/L; IgG3, 0.2 g/L; IgG4, 0.21 g/L at age 3–4 years; IgG1, 7.05 g/L; IgG2, 1.87 g/L; IgG3, 0.25 g/L; IgG4, 0.29 g/L at 4–6 years of age; IgG1, 6.19 g/L; IgG2, 1.93 g/L; IgG3, 0.2 g/L; IgG4, 0.28 g/L at 6–9 years of age; IgG1, 6.76 g/L; IgG2, 2.29 g/L; IgG3, 0.27 g/L; IgG4, 0.37 g/L at 10–12 years of age; IgG1, 7.45 g/L; IgG2, 2.92 g/L; IgG3, 0.28 g/L; IgG4, 0.38 g/L at 13–16 years of age.

**Conclusions** To our knowledge, this study is the first to establish RIs for serum IgG subclasses exclusively in Chinese children.

## OR-088

### 广西壮族 PCOS 患者亚组的临床特征分析及血清 LHCGR 的表达研究

庞晓霞<sup>2,1</sup>, 王俊利<sup>1</sup>

1. 右江民族医学院附属医院, 533000

2. 右江民族医学院

**目的** 分析广西壮族多囊卵巢综合征患者及亚组的临床特征和 LHCGR 的表达情况。

**方法** 选择 2018 年 5 月-2018 年 10 月在右江民族医学院生殖医学中心就诊的壮族 PCOS 患者 166 例为病例组, 并按不同标准分为亚组, 选择年龄相匹配的同期就诊的壮族不孕患者作为对照组, 免疫发光法测定所有研究对象的内分泌指标, 用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 的方法检测血清中 LHCGR 的含量。

**结果** PCOS 组的 BMI、LH、LH/FSH、E2、T、AMH、INS 和 HOMA-IR 均高于对照组 ( $P<0.05$ )。在 PCOS 患者中, 肥胖组的 BMI、INS 和 HOMA-IR 高于非肥胖组, 而 LH 和 LH/FSH 低于非肥胖组 ( $P<0.05$ ); 高雄激素组的 LH、LH/FSH、E2、T 较雄激素正常组的高 ( $P<0.05$ ); 胰岛素抵抗组的 Glu、INS 和 HOMA-IR 均比非胰岛素抵抗组的高 ( $P<0.05$ ); 相对于 LH/FSH $<2$  组, LH/FSH $\geq 2$  组的 LH、LH/FSH、E2、T 和 AMH 升高, 而 BMI 和 FSH 降低 ( $P<0.05$ )。PCOS 组和对照组以及 PCOS 患者不同分组间血清 LHCGR 的差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ), PCOS 组和胰岛素抵抗组的 LHCGR 与 HOMA-IR 均呈正相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** LHCGR 与 IR 存在密切关系, 可能通过与 LH 结合参与雄激素合成加重 IR, 进而在 PCOS 的发生发展中起到一定的作用。

## OR-089

### 国内首例艰难梭菌菌血症继发脾脓肿及文献综述

王保亚

河南省人民医院, 450000

**目的** 分析艰难梭菌菌血症继发脾脓肿的临床特征

**方法** 对 1 例艰难梭菌菌血症伴脾脓肿患者的临床表现、实验室检查结果、治疗及转归进行研究, 并结合相关文献复习分析艰难梭菌菌血症继发脾脓肿的特征。

**结果** 本病例是国内首例艰难梭菌继发脾脓肿感染报道。该病人为 42 岁男性患者消化道出血行“TIPS+脾栓塞”后出现发热、脾脓肿, 血培养及脾脓肿穿刺引流液中检测出艰难梭菌。临床给予穿刺引流, 亚胺培南和去甲万古霉素联合抗感染治疗 11d 后, 患者康复出院。通过文献复习发现大多病人患有慢性肝炎、肝硬化等消化道基础疾病, 行外科手术治疗后可引起肠道内的艰难梭菌侵入血流继发引起其他脏器的损害。

**结论** 消化道疾病进行手术治疗后需警惕艰难梭菌菌血症, 及时诊断及应用万古霉素和甲硝唑治疗, 其预后相对较好。

## OR-090

### Peripheral differentials by Cytodiff flow cytometric system predict disease activity in Chinese patients with inflammatory bowel disease

ziyan wu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** This study aimed at evaluating whether leukocyte differentials could serve as effective biomarkers for disease activity in IBD.

**Methods** A total of 100 subjects were prospectively enrolled, including 36 patients with CD, 34 patients with UC, and 30 healthy controls (HC). Leukocyte differentials were determined by CytoDiff Flow Cytometry analysis.

**Results** Total neutrophil counts, monocyte/lymphocyte ratio (M/L), and CD16<sup>+</sup> monocyte/lymphocyte ratio (CD16<sup>+</sup> M/L) were significantly higher in active UC patients compared with quiescent UC patients and HC. A cut-off value of 0.25 in M/L exhibited the best overall accuracy of 82.4% with an AUC of 0.846 in differentiating active UC from quiescent UC. Total leukocyte counts were significantly decreased in active CD patients, while total monocyte counts and total CD16<sup>+</sup> monocyte counts were significantly increased in active CD patients compared with quiescent CD patients and HC. A cut-off value of 0.25 in CD16<sup>+</sup> M/L displayed the best AUC of 0.886 (overall accuracy of 86.1%) in differentiating active CD from quiescent CD.

**Conclusions** Our data suggest that CD16<sup>+</sup> M/L could serve as promising biomarkers for distinguishing active disease from quiescent disease in both UC and CD. In addition, they could be used as supplements to other disease activity indicators, such as hsCRP and ESR.  
Copyright © 2017. Published by Elsevier B.V.

## OR-091

### 气相色谱-质谱联用检测尿液 8 种有机酸室 间质量调查结果分析

杜雨轩<sup>1</sup>, 杨江涛<sup>2</sup>, 王薇<sup>1</sup>, 何法霖<sup>1</sup>, 钟堃<sup>1</sup>, 袁帅<sup>1</sup>, 刘佳丽<sup>1</sup>, 张志新<sup>1</sup>, 王治国<sup>1</sup>

1. 国家卫生健康委临床检验中心

2. 深圳爱湾医学检验实验室

**目的** 分析评价新生儿遗传代谢病气相色谱-质谱联用检测尿液有机酸实验室室间质量调查结果, 以改进和提高新生儿遗传代谢病筛查或相关实验室气相色谱-质谱联用检测质量。

**方法** 2018 年 11 月向全国 15 家开展气相色谱-质谱联用尿液有机酸检测的实验室发放 5 个批号常规检测质控尿液样本(批号 201821-201825)和 2 个批号的精密度检测样本(批号 201826-201827)。实验室自愿参加此次调查活动, 并按照规定格式上报结果、测定方法、仪器和试剂等相关信息。组织者采用 Clinet EQA 程序和 Microsoft Excel 2010 等软件, 对各实验室检测结果进行统计分析, 常规检测计算每个实验室对每个项目测定结果的偏差, 并按照靶值可接受范围进行评价; 精密度检测参照 WS/T492-2016《临床检验定量测定项目精密度与正确度性能验证》, 分别计算参与调查各实验室的批内方差、批间方差、总方差, 以及实验室内变异系数。

**结果** 有 14 家实验室回报了常规检测结果, 有 13 家实验室回报了精密度检测结果, 回报率分别为 93.3% (14/15) 和 86.7% (13/15)。常规检测 5 个批号样品(批号 201821-201825)的检测中, 各参加实验室 3-羟基丙酸、甲基丙二酸、琥珀酰病痛、4-羟基苯乳酸、2-羟基异戊酸和 2-羟基异己酸的检测结果相对稳定(变异系数为 15.69-34.73%), 且与高浓度相比, 低浓度有机酸的检测水平相对较好; 而琥珀酰丙酮和 3-羟基-3-甲基戊二酸结果的稳定性相对较差。精密度检测结果显示, 大多数实验室的实验室内变异系数低于 1/3TEa, 但仍有个别实验室的变异系数较大, 甚至达到 50%以上。

**结论** 此次调查整体水平相对较好, 但仍有部分有机酸检测结果差异较大, 这一结果与精密度检测实验室内变异系数较大一致。实验室应加强实验室质量控制意识, 及时采取措施纠正检测过程中出现的偏差, 提高 GC-MS 检测结果的准确度。

## OR-092

### 应用 Galaxy 平台搭建临床病原体感染宏 蛋白质组学分析方案初探

刘勇, 周世一

广州金域医学检验中心, 510000

**目的** 应用 Galaxy 系统构建高性能一站式宏蛋白质组学分析平台, 为生物医学研究提供图形化接入接口, 仅需提供原始数据及参考数据库, 按需进行参数配置或者进行分析流程的改造, 对已临床确诊病原体感染患者的血清进行宏蛋白质组学分析, 初探宏蛋白质组学应用于临床病原感染研究价值。

**方法** 本研究通过同位素相对和绝对定量技术(isobaric tags for relative and absolute quantitation, iTRAQ)对临床已确诊的 7 例感染 H7N9 病毒的血清样本进行宿主及感染病原体的蛋

白质组分析鉴定。具体实验流程：样本获取—蛋白质提取并质控—蛋白质进行胰酶消化—iTRAQ 肽段标记分离—LC-MS/MS 实验。为了确保足够的蛋白质谱的分辨率，对标记的蛋白质样本采用液相色谱进行分离，然后进行质谱分析。所有下机的质谱数据文件，经设备软件转化成为 raw 文件后，通过网页上传到 Galaxy 平台进行数据分析。

**结果** 应用 Galaxy 平台自建分析流程，本研究共鉴定到 647 个蛋白质，其中鉴定到了流感表面糖蛋白 R4NN21；经过数据的过滤，对 168 个蛋白质进行特征性蛋白质谱及统计学分析发现，有 19 个蛋白质在对照组中显著性高表达，及 10 个蛋白质在病例组中显著性高表达。

**结论** Galaxy 分析平台可以支持生命科学研究产生的大数据处理、分析、共享及再分析的需求。可以满足研究不同组别、不同处理条件或者不同时间点的研究对象的蛋白质谱，从而揭示相关蛋白的表达差异，以挖掘不同组别的特征性蛋白质谱；利用宏蛋白质组学技术在临床感染病例样本中鉴定到微生物及宿主的蛋白质，可进一步开展相应蛋白质的功能研究，能够深入挖掘病原微生物的致病机理。从现有技术进展看来，需要加大宏组学的各个层面的联用及一整套的适应于宏组学的数据处理的信息学平台是令人期待的。

## OR-093

### 高毒力肺炎克雷伯菌诱导人外周血中性粒细胞凋亡延迟 及其影响 NF- $\kappa$ B 的潜在机制

刘洋,万腊根

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 了解高毒力肺炎克雷伯菌(hvKP)和普通肺炎克雷伯菌(non-hvKP)对人外周血中性粒细胞凋亡及呼吸爆发功能的影响与差异，探讨 hvKP 影响核转录因子- $\kappa$ B(NF- $\kappa$ B)诱导中性粒细胞凋亡的潜在作用机制

**方法** 离体检测 hvKP 和 non-hvKP 感染患者外周血中性粒细胞的凋亡情况。取健康成人外周血分离中性粒细胞，设 0.9 % NaCl 溶液对照组、hvKP 组和 non-hvKP 组，各组分别刺激中性粒细胞 0、3、6、9 h 后，采用 FITC-Annexin V/PI 荧光标记流式细胞术检测细胞凋亡情况，采用流式细胞术检测细胞的呼吸爆发功能，采用 Western blot 检测感染后中性粒细胞 NF- $\kappa$ B 的表达水平。

**结果** hvKP 组各个时间点的中性粒细胞凋亡率显著低于 non-hvKP 组( $P<0.01$ )。体外研究显示，non-hvKP 组各个时间点的中性粒细胞凋亡率显著高于 hvKP 组和对照组( $P<0.01$ )；hvKP 组中性粒细胞的呼吸爆发率显著低于 non-hvKP 组( $P<0.01$ )。Western blot 检测发现随着感染时间的增加，hvKP 感染中性粒细胞的 p65 蛋白表达量显著高于 non-hvKP( $P<0.01$ )。

**结论** hvKP 菌可通过上调 p65 蛋白表达从而抑制 NF- $\kappa$ B 信号途径，导致中性粒细胞凋亡延迟，但却可降低中性粒细胞的呼吸爆发能力，其或可在 hvKP 感染致病中发挥重要作用。

## OR-094

### The identification of biomarkers and primary diagnostic nomogram models established for multiple system atrophy cerebellar type

Shuo Guo,Minjin Wang,Zirui Meng,Yanbing Zhou,Lin Jiao,Binwu Ying  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Multiple system Atrophy (MSA) is an adult-onset, fatal neurodegenerative disease, and the cerebellar type (MSA-C) is the most common subtype of it. Nowadays, the diagnosis of MSA-C mostly depends on neurologists' subjective evaluation according to the clinical manifestations

while no specific biomarker was available, which can cause misdiagnosis of other similar diseases, therefore to restrict and affect the reasonable treatment. This study is aimed to find potential specific biomarkers through retrospective analysis of Electronic Hospital Records (EHRs) combined with detection of candidate proteins expression levels, and to establish diagnostic model for clinical to better diagnosis of MSA-C.

**Methods** 29 MSA-C and 30 other ataxia patients admitted to West China Hospital from May 2017 to October 2018 were recruited respectively. The corresponding EHRs including demographic information, clinical specialist assessment as well as the laboratory examination results were collected for further analysis. Also, we selected extra 18 candidate neurophysiology-related proteins for quantitative measurements in the serum from all participants by using Human Magnetic Luminex® Assays. Univariate analysis was used to analyze categorical variables with a Chi-square test and continuous variables with the Mann-Whitney U test or Student's t test. The capacity of statistically different markers was analyzed by ROC analysis and we also used Logistic regression analysis to construct multi-parameters joint equation consisting of multiple significant markers which were filtered according to efficiency compared by ROC analysis or Lasso regression analysis by R Studio. In order to illustrate the contribution of each biomarker visually and practically, R studio was then utilized for the alignment nomogram drawing.

**Results** In clinical manifestations, MSA-C patients were also generally older than other ataxia patients and seemed to present with more autonomic dysfunction and less nystagmus, and it has nothing to do with the gender.

Besides, there were some significant differences in the candidate proteins levels and routine laboratory results between cases and controls. CCL2, leukocyte CD117, contactin-1, IL-7, albumin, potassium, high-density lipoprotein cholesterol expression levels are significantly lower in MSA-C while IL-1ra, uric acid, C4, C3 and glucose were expressed in relatively higher levels. The capacity of individual marker was not ideal with AUC of all the indicators less than 0.800 while the diagnostic performance of the two models each consisting of 4 different indicators (one model with age, uric acid, autonomic dysfunctions plus nystagmus while another with age, uric acid, Contactin-1 and CD117/c-kit) selected after ROC or Lasso regression analysis is obviously better than that of single indicators, suggesting the potential application value in the early screening and prediction of MSA-C disease of these two models above.

**Conclusions** Few clinical features could differentiate MSA-C from other ataxia while a number of objective biomarkers including laboratory routine indexes and neurophysiology-related proteins showed significant difference between two groups, which implies those indicators could be regarded as potential diagnostic noninvasive biomarkers for MSA-C in peripheral blood and further to lay the foundation of revealing the biological mechanism of MSA-C development. Moreover, the models built on meaningful biomarkers with good diagnostic performance may possess a potential value and provide objective help for neurological physicians during the clinical practice.

## OR-095

### Evaluation of uracil-DNA-glycosylase-supplemented real time loop-mediated isothermal amplification assay for urinary tract infection detection

Yingmin Zeng

1. Department of Clinical Laboratory, Third Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University, Guangzhou, P. R. China

**Objective** Urinary tract infections (UTIs) are one of the most common bacterial infections, mainly caused by *Escherichia coli* (*E. coli*), *Klebsiella pneumoniae* (*K. pneumoniae*), *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*), *Proteus mirabilis* (*P. mirabilis*), and *Enterococcus faecalis*



(*E.faecalis*). Timely and accurate identification and determination of the antimicrobial susceptibility of uropathogens are central to the management of UTI.

**Methods** Currently, some isothermal nucleic acid amplification technologies, targeting pathogen-specific genetic signatures, have been attractive for rapid diagnosis of infections. In particular, loop-mediated isothermal amplification (LAMP) has been popularly employed for clinical identification of microorganisms due to its excellent analytical performance. LAMP is an auto cycling strand displacement-based DNA synthesis at constant temperature ranging between 60 and 65°C within one hour. Specific primers were designed for rapid detection of five strains of bacteria, including *E. coli*, *P. aeruginosa*, *K. pneumoniae*, *P. mirabilis*, and *E.faecalis*, targeting *malB* gene, *rcaA* gene, *oprL* gene, *ureR* gene, and *Ef0027* gene, respectively.

**Results** In this study, we found LAMP assay tolerated a urea concentration of 900 mM, which was nine times than that of PCR assay. Fourteen non-*P.mirabilis* bacterial strains were tested to be negative, indicating the high specificity of the LAMP primers. The detection limit of the standard LAMP assay was up to 2 pg mL<sup>-1</sup>. Take *E.coli* as an example, when combining Flinders Technology Associates cards, the detection limit of real time LAMP was up to 10<sup>5</sup> CFU mL<sup>-1</sup>. Real time LAMP treated with UDG effectively eliminated carryover contaminants as little as 10<sup>-15</sup> g, which was 100-fold higher than that with UDG free. In a 70-sample clinical study, the real time LAMP assay with a dUTP-UDG strategy turned out to have a specificity of 91.6% and a sensitivity of 94.4% for UTI detection.

### Conclusions

The analytical and clinical validity of a panel of RT-LAMP with UDG for the rapid and sensitive detection of common uropathogens is established. It is possible to achieve the goal of simultaneously and automatically detecting multiplex uropathogens when it is integrated with microfluidic chips in our following work.

## OR-096

### 北京市大气颗粒物来源与真菌性鼻-鼻窦炎患者 来源黄曲霉菌株 RAPD 种间分型研究

王丽赞,鲁辛辛,王玫

首都医科大学附属北京同仁医院,100000

**目的** 了解北京地区真菌性鼻-鼻窦炎临床及环境来源黄曲霉分离株的分子流行病学特征。

**方法** 收集北京市同仁医院 2016 年 10 月-2018 年 10 月间,来源于临床真菌性鼻-鼻窦炎患者的 37 株黄曲霉分离株和 30 株环境来源的黄曲霉分离株,采用随机扩增多态性 DNA (RAPD) 分型方法,使用 5 种随机引物 opw4、opw5、p54、p10、p160 对获取的全部黄曲霉菌株基因组 DNA 进行扩增,5 个引物共扩增出 142 个条带,利用这 142 个 RAPD 标记,计算 Jaccard 遗传相似系数,建立 UPGMA 聚类图。

**结果** 环境与真菌性鼻-鼻窦炎黄曲霉 RAPD 分型研究: 临床来源与大气来源的黄曲霉最终形成的菌株聚类图中,以 0.75 作为分类系数,67 株菌可被分成 7 簇。大气来源的黄曲霉菌株虽然于 cluster 1、3、5 中均有分布,但大体上集中于 cluster 5 中(5 中共包含 22 株空气菌株,占总空气来源菌株的 73.3%); 临床来源的黄曲霉菌株大部分被聚类到了 Cluster1 中(35 株黄曲霉菌株中包括临床菌株 29 株,占总临床来源菌株的 78.38%)。单独聚类于 Cluster 2 的临床 37 号菌株,患者为牙源性上行感染,为本实验唯一一位牙源性感染的患者。Cluster 7 中的菌株为本实验唯一的一株从同仁医院的污水处理站排水口污水中收集到的黄曲霉菌株,其生存环境与其他菌株不同,孢子生存的水活度为所有菌株中最高。

**结论** (1) 黄曲霉分生孢子的分布与 PM 2.5、风力及风向的数值并无直接的关系,收集到黄曲霉菌株的空气湿度普遍>30% (仅有 1 例为 10%),可见黄曲霉孢子更易存在于有一定湿度的大气当中。

(2) 临床来源与空气来源的黄曲霉菌株虽然没有截然分开, 但大部分临床菌株都集中于形成的 cluster 1 中, 而大部分的空气来源的菌株都聚集到了 cluster 5 中, 完全于水环境中生存的菌株 3 更是被单独的聚类到了 cluster 7。这一方面表明真菌性鼻-鼻窦炎患者鼻窦中黄曲霉的来源大部分来源于大气中黄曲霉的分生孢子。另一方面也说明长期处于鼻窦黏膜表面的黄曲霉的分子 RAPD 指纹图谱与大气环境中存在的黄曲霉的指纹图谱存在一定分别。

## OR-097

### 基于核酸分子互补杂交的新型干扰素- $\gamma$ 适配体 电化学传感器的制备

孟凡飞, 张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 构建基于核酸分子互补杂交电化学生物传感器, 实现干扰素- $\gamma$  (interferon- $\gamma$ , IFN- $\gamma$ ) 的超敏快速精准检测。

**方法** 首先制备 IFN- $\gamma$  适配体与辅助探针的 DNA 双链体并固定于羧基磁珠表面, 其次将还原氧化石墨烯(rGO)滴涂与玻碳电极表面, 循环伏安法(CV)沉积纳米金, 捕获探针通过金硫键固定于电极表面, 巯基乙醇封闭, IFN- $\gamma$  可特异性结合 DNA 双链体中的适配体, 磁分选将辅助探针分离出来, 辅助探针通过碱基互补可打开捕获探针的发卡结构, 使其能与同样具有发卡结构和更多互补碱基的信号探针结合, 辅助探针被释放出可以打开更多捕获探针的发卡结构, 从而起到循环放大的作用, 通过检测信号探针标记的亚甲基蓝(MB)的电化学信号, 实验对 IFN- $\gamma$  的定量检测。采用循环伏安、DPV 等不同检测方法对传感器表面的修饰过程进行电化学表征。

**结果** 该生物传感器对 IFN- $\gamma$  有很好的电流响应, 在最优的检测条件下, 对传感器循环伏安法连续扫描 50 圈, 峰电流值下降 4.6%, MB 的氧化峰电流值变化与 IFN- $\gamma$  的浓度在 1 pg/L 至 100 $\mu$ g/L 范围内呈良好的线性关系, 检测限为 0.2 pg/L。

**结论** 成功制备了基于核酸分子互补杂交的新型干扰素- $\gamma$  适配体电化学传感器, 建立了 IFN- $\gamma$  极微量精准检测新方法, 该电化学传感器具有电流响应快, 灵敏度高, 稳定性好, 特异性强和可再现性等优点, 可应用于 IFN- $\gamma$  的检测。该方法使用的设备简单方便, 不需复杂的配套设施和条件, 在微量物质的现场快速检测中具有很好的应用前景。

## OR-098

### Long non-coding RNA CCAL/miR-149/FOX M1 axis promotes metastasis in gastric cancer

Qian Luo, Shaoqing Ju

Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Early evidence indicates that the long non-coding RNA CCAL plays a critical role in cancer progression and metastasis. However, the overall biological role and clinical significance of CCAL in gastric tumorigenesis and progression is remains largely unknown.

**Methods** QRT-PCR was used to detect the expression of CCAL in gastric cancer tissues and cells. The effect of CCAL on proliferation was evaluated by CCK-8 and colony formation assays, and cell cycle and apoptosis were evaluated by flow cytometry analyses. Wound-healing and transwell assays were performed to investigate the migration and invasion of CCAL. GC cells transfected with sh-CCAL were injected into nude mice to study the effect of CCAL on tumorigenesis and metastasis in vivo. Insights of the mechanism of competitive endogenous RNAs (ceRNAs) were gained from bioinformatic analysis, luciferase assays and Western blot.

**Results** We observed that CCAL was upregulated in gastric cancer (GC) tissues, and that increased CCAL expression in GC was associated with tumor-node-metastasis (TNM) stage, suggesting that CCAL may prove to be a diagnostic biomarker for GC patients. Functional experiments showed that CCAL could promote GC cell proliferation and epithelial-mesenchymal transition (EMT) in vitro and in vivo. Luciferase reporter assay indicated that CCAL could directly bind to miR-149. Moreover, knockdown of CCAL significantly reduced the expression of FOXM1, a direct target of miR-149. We also showed that FOXM1 suppression by miR-149 could be partially rescued by CCAL overexpression. In addition, we identified a negative correlation between the mRNA expression of CCAL and miR-149 in GC tissues. Furthermore, we observed a negative correlation between the expression of miR-149 and FOXM1 and a positive correlation between CCAL and FOXM1 expression levels.

**Conclusions** Our study demonstrated, for the first time, that the CCAL/miR-149/FOXM1 axis functioned as a significant player in GC metastasis and potentially contributed to the improvement of GC diagnosis and therapy in the future.

## OR-099

# Deep Multilayer Brain Proteomics Identifies Molecular Networks in Alzheimer's Disease Progression

Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Alzheimer's disease (AD) displays a long asymptomatic stage before progressive decline of cognition, but molecular networks underlying AD progression are not well understood.

**Methods** Frozen postmortem frontal cortex tissues were recruited from 200 human brains from 1) non-demented controls with low pathology, 2) non-demented controls with high pathology, 3) patients with mild cognitive impairments, 4) patients with Alzheimer's disease, and 5) patients with progressive supranuclear palsy. Besides, brain tissues of two classical AD mouse models (A $\beta$  and Tau) were also recruited. All samples received TMT-based quantitative whole proteome and phosphoproteome analyses. The data were integrated with insoluble proteome dataset, human genomics dataset, mouse datasets for pathway analyses.

**Results** Here we present the characterization of AD stage-associated networks and deregulated signaling via temporal profiling of 14,513 proteins and 34,173 phosphosites in human brain cortical tissues using multiplexed quantitative mass spectrometry, highlighting 173 differentially expressed proteins in 17 pathways. We validate these protein changes in two independent cohorts (49 and 62 cases) by additional large-scale proteomics analyses. Combining with age-dependent profiling of the 5xFAD mouse proteome, we reveal 15 A $\beta$ -correlated proteins (MDK, NTN1, CTHRC1, NTN3, SMOC1, SFRP1, OLFML3, SLIT2, HTRA1, FLT1, SLIT3, CLU, ICAM1, LSP1, and C4B). The AD mouse model shows a molecular signature similar to symptomatic AD, but exhibits strong activation of autophagy and interferon response, and lacks human-specific deleterious events, such as downregulation of neurotrophic factors and synaptic proteins. Further multi-omics integration prioritizes AD-related molecules/pathways, including amyloid cascade, inflammation, complement and coagulation, WNT signaling, TGF $\beta$ /BMP signaling, lipid metabolism, iron homeostasis, and membrane transport. The top-ranked Netrin-1 protein (NTN1 gene) is accumulated in AD but not in other neurodegenerative disorders. Netrin-1 is highly colocalized with amyloid plaques in AD cases and 5xFAD mice, and shows direct interaction with A $\beta$  peptide. Conditional Netrin-1 knockout in adult 5xFAD mice dramatically reduces plaque burden in the brain, supporting a causative contribution of Netrin-1 to amyloid pathology.

**Conclusions** Thus, the multilayer proteomics and systems biology approaches identify key factors and elucidate molecular networks during AD progression.

## OR-100

## Molecular analysis of gene mutations in eight patients with Glanzmann's thrombasthenia

Linzi Miao, Fangyan Gan, Yan Gong, Chenxue Qu, Janzhong Wang, Jiaying Yuan, Bingjing Gao, Yao Lu, Ran You  
Peking University First Hospital

**Objective** To analyze the gene sequencing in eight patients with Glanzmann's thrombasthenia (GT), and combined with clinical manifestations and laboratory findings to investigate the molecular mechanism of GT.

**Methods** Eight patients who were diagnosed as GT based on platelet aggregation test and flow cytometry were enrolled, as well as 4 pedigrees. Next-generation sequencing was used to analyze all the exons and flanking sequences of  $\alpha$ IIb and  $\beta$ 3 gene and also platelet-type bleeding disorders related genes. Gene polymorphism was excluded by retrieving HGMD and Pubmed databases and relative literature. Mutations were confirmed by Sanger sequencing.

**Results** All the eight patients had relatively normal platelet counts and coagulation profiles. But their platelet response to ADP was impaired, and their platelet response to ristocetin was relatively normal. Flow cytometry showed that of the 8 patients, platelet surface  $\alpha$ IIb/ $\beta$ 3 was lower than 5% of the normal value in 5 cases, and in 2 cases was 10% to 20% of normal value, and in 1 case there was no significant platelet surface  $\alpha$ IIb/ $\beta$ 3 reduction compared with normal level. Gene analysis revealed that five mutations in ITGA2B gene were identified, including c.1750C>T (p.Arg584Ter)、c.1882C>T (p.Arg628Ter)、c.814G>C (p.Val272Leu)、c.2333A>C (p.Gln778Pro)、c.432G>A (p.Trp144Ter). And c.814G>C (p.Val272Leu) as well as c.432G>A (p.Trp144Ter) were novel mutations. Six mutations in ITGB3 gene, including c.719G>A (p.Arg240Gln)、c.2248C>T (p.Arg750Ter)、c.1495T>C (p.Cys499Arg)、c.1728delC (p.Ser577ProfsTer92)、c.877C>T (p.Gln293Ter)、c.1260G>A were identified, among which c.1495T>C (p.Cys499Arg)、c.1728delC (p.Ser577ProfsTer92) and c.877C>T (p.Gln293Ter) were not previously described and hence were novel. In addition, mutations in genes such as RUNX1, HPS4, MYH9, ACTN1, HPS3 and SETBP1 were identified in patients with GT.

**Conclusions** Rather than homozygous mutations, heterozygous mutations, especially compound heterozygous mutations, are more common in patients with GT. Five novel point mutations were identified in the ITGA2B gene and the ITGB3 gene, and the pathogenesis of these mutations needs to be further studied. The pathogenesis of GT may relate to gene mutations such as RUNX1 in addition to the ITGA2B gene and the ITGB3 gene.

## OR-101

## Urinary biomarkers of idiopathic membranous nephropathy identified by high resolution mass spectrometry coupled with liquid chromatography

Lu Pang, Hai-xia Li  
Peking University First Hospital

**Objective** Idiopathic membranous nephropathy (iMN) is an important cause of nephrotic syndrome in adults. Recently, PLA2R and THSD7A have been identified as target antigens in iMN. However, it is likely that these are not the only proteins involved in the pathogenesis of iMN. Urine may provide important clues of pathophysiological mechanisms in iMN because urinary protein directly reflect the physiological state of the kidney. In the current study, we analyzed and compared the proteome of urine from patients with iMN and normal controls.

**Methods** Second morning urine samples were collected from patients with biopsy proven iMN with serum anti-PLA2R antibody (group A, n = 5), iMN without serum anti-PLA2R antibody (group B, n = 5) and healthy volunteers (group C, n = 5). Trichloroacetic acid (TCA) precipitation and enzymatic digestion were performed to prepare peptides. Peptides were processed strictly according to the manufacturer's protocol for 6-plex Tandem Mass Tags (TMT). The labeled peptides were mixed to form three pooled samples. Nanoscale liquid chromatography tandem mass spectrometry analyses were performed for protein identification. Gene ontology (GO) enrichment analysis was performed using a Web-accessible resource (Version 2.0). The proteins were also matched against the database of well-known metabolic pathways (KEGG). The increase of candidates from urine of group A (n = 5), group B (n = 5) and group C (n = 5) was validated by Western blot.

**Results** In this study, we identified 509 proteins in the iMN urinary proteome. There are 187 and 177 proteins up- or down-regulated in group A and group B with a fold change of 2, respectively. GO enrichment analysis revealed immune response and complement activation as the dominant biological process in group A and group B, respectively. Immune system is the major classification in the pathway analysis using the KEGG database both in group A and group B. Intersecting the set of proteins up- or down-regulated in the group A and group B proteomes, we identified 5 proteins in the urine that may provide targets for iMN with a fold change of 10. Western blot analysis confirmed our proteomics findings that alpha-1-antitrypsin (A1AT) and crk-like (CRKL) were up-regulated in the urine from patients with iMN but not in normal controls.

**Conclusions** In conclusion, our data show the important role of immunologic mechanism in the development of iMN and the value of urinary A1AT and CRKL in biomarker discovery of patients with iMN. The discovery of the up-regulation of A1AT and CRKL in the urine can help to further elucidate pathogenetic mechanisms involved in this disease.

## OR-102

### 子痫前期孕妇 CTGF 基因启动子甲基化水平 及其表达水平的检测

刘世国,张璐,汤潜,张钊  
青岛大学附属医院,266000

**目的** 子痫前期是一种常见的产科疾病,具有妊娠期特发的特点,可导致母体多个系统不可逆性的损害及胎儿生长受限,该病的发病机制一直是产科研究的热点。近些年来,表观遗传学在子痫前期发病的研究中方兴未艾,研究较多的就是 DNA 的甲基化。结缔组织生长因子属于 CNN 家族,是一种十分重要的血管调节生长因子,主要具有促进细胞分化、迁移和凋亡及促进细胞外基质重塑等生物学功能,参与机体多种病理生理过程。本文旨在检测子痫前期孕妇外周血中结缔组织生长因子 CTGF 基因启动子区的甲基化水平,检测子痫前期孕妇胎盘组织中 CTGF mRNA 及蛋白的定位与表达,探讨其在子痫前期发生和发展中的作用。

**方法** 收集 90 例子痫前期病人(子痫前期组)和 94 例正常妊娠孕妇(正常对照组)的外周血样本,采用甲基化特异性 PCR 技术检测两组 CTGF 基因启动子区的甲基化水平,对两组结果进行统计分析。同时收集 18 例子痫前期病人和 18 例正常妊娠孕妇的胎盘样本,采用实时荧光定量 PCR 技术检测两组胎盘组织中 CTGF mRNA 转录水平;采用 Western Blot 技术检测两组胎盘组织中 CTGF 蛋白的表达水平;采用免疫组织化学技术观察两组胎盘组织中 CTGF 的表达分布。

**结果** 子痫前期组 CTGF 基因甲基化水平低于正常对照组,差异有统计学意义。实时荧光定量 PCR 实验结果显示:胎盘组织中 PE 组 CTGF mRNA 的表达( $3.97 \pm 0.85$ )明显高于正常对照组( $1.23 \pm 0.22$ ),且两组差异具有统计学意义。Western blot 实验结果显示:在 PE 组和正常组胎盘组织中,CTGF 蛋白的表达在两组间无统计学差异。免疫组化实验结果显示,CTGF 在 PE 病例组和正常对照组胎盘组织中均有表达,其主要定位于胎盘组织的滋养层细胞,但两组间 CTGF 蛋白表达无明显差异。

**结论** 子痫前期孕妇外周血和胎盘中 CTGF 基因启动区较正常妊娠者呈异常的低甲基化状态，子痫前期孕妇胎盘组织中 CTGF mRNA 的表达水平较正常妊娠者显著提高；子痫前期孕妇胎盘组织中 CTGF 蛋白的表达与正常妊娠对照者无明显差异。我们据此推测子痫前期的发生可能与 CTGF 基因启动子区异常的低甲基化水平有关，提示 CTGF 可能是子痫前期疾病潜在的致病靶点，但 CTGF 在子痫前期疾病中具体的甲基化调控方式还需进一步研究。

## OR-103

### LAM 耐药乙肝患者进行 LAM 联合 ADV 治疗效果的观察

杨莉

河北省石家庄市第五医院

**目的** 分析石家庄地区各种经核苷(酸)类似物治疗的慢性乙型肝炎病例体内乙肝病毒耐药突变的基因位点类型及变异状况，观察使用拉米夫定(LAM)及 LAM 联合阿德福韦酯(ADV)进行治疗的乙肝患者中 P 区基因出现突变患者换药后疗效，为提高慢性乙型肝炎治疗效果提供科学依据

**方法** 慢性乙型肝炎患者来源于 2011 年 10 月-2016 年 3 月石家庄市第五医院就诊的患者，均进行乙肝耐药基因测序、ALT、AST、HBV-DNA 定量及乙肝五项的检测。将其中初始用药为 LAM 治疗的慢性乙肝患者分为三组：第一组为发生 LAM 耐药后换用 LAM 联合 ADV 进行治疗者，第二组为发生 LAM 耐药后换用恩替卡韦(ETV)联合 ADV 进行治疗者，第三组为发生 LAM 耐药后换用 ETV 进行治疗者。各组患者均于换药进行治疗后的 3 个月、6 个月及 12 个月进行 ALT、AST 及 HBV-DNA 定量的检测。

**结果** 1HBV-P 区突变基因位点分型及突变率情况：所检测的 14 个位点突变率分别为 M204I/V/S 64.3%(292/454)、L180M 38.8%(176/454)、A181V/T/S 22.7%(103/454)、V173L 位点 9.9%(45/454)，N236T 位点 9.3%(42/454)，V207I/L/G 位点 8.8%(40/454)，S213T 位点 7.0%(32/454)，V214A 位点 5.3%(24/454)，M250V/L 位点 4.4%(20/454)，S202G/I 位点 4.4%(20/454)，N/H238T/D 位点 4.0%(18/454)，T184A/G/I/S 位点 3.5%(16/454)，P237H 位点 2.6%(12/454)，Q215S 位点 1.5%(7/454)。

2LAM 耐药的三组乙肝患者换药后第 3 个月、第 6 个月、第 12 个月的 HBV DNA 载量、ALT、AST 分别与换药前相比，均呈显著下降，

3LAM 联合 ADV 耐药的三组乙肝患者换药后第 3 个月、第 6 个月、第 12 个月的 HBV DNA 载量分别与换药前相比，均呈显著下降，ALT、AST 分别与换药前相比呈下降趋势，但是与换药前相比差异不显著。

**结论** 石家庄地区病例 HBV P 区主要的突变位点主要对应 LAM 和 ADV 耐药。初始使用 LAM 治疗的乙肝患者出现耐药后，换用 LAM 联合 ADV 方案治疗优于换用 ETV 和 ETV 分别联合 ADV 方案。

## OR-104

### 分支 DNA 技术定量检测非霍奇金淋巴瘤患者 外周血中游离 DNA 研究

陆伟

南通大学附属医院,226000

**目的** 检测非霍奇金淋巴瘤(non-Hodgkin's lymphoma, NHL)患者血清游离 DNA(cell free DNA, cf-DNA)水平，观察 cf-DNA 水平与 NHL 患者的临床特征及血清乳酸脱氢酶(LDH)的关系，探讨其在 NHL 中的辅助诊断和预后判断中的价值。

**方法** 基于 Alu 序列运用分支 DNA(branch DNA, bDNA)技术定量检测 82 例初诊 NHL 患者, 其中 36 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤(DLBCL)、16 例慢性淋巴细胞性白血病/小淋巴细胞性淋巴瘤(CLL/SLL)、6 例套细胞淋巴瘤(MCL)、8 例滤泡性淋巴瘤(FL)、16 例 T 细胞性非霍奇金淋巴瘤(T-NHL); 17 例正规化疗 6~8 疗程后患者、10 例淋巴结反应性增生患者和 60 例健康对照者的血清 cf-DNA 水平。用 ROC 曲线评估 bDNA 检测血清 cf-DNA 对 NHL 辅助诊断的价值, 并分析血清 cf-DNA 水平与疾病的进展、B 组症状、大块病灶和 LDH 的关系, 并与 LDH 水平进行相关性分析。

**结果** 初诊 NHL 患者的血清 cf-DNA 水平显著高于正常对照组和淋巴结反应性增生疾病对照组( $P$  均  $<0.001$ )。淋巴结反应性增生患者血清 cf-DNA 水平与正常对照组无统计学差异( $P>0.05$ )。DLBCL、CLL/SLL、MCL、FL、T-NHL 各亚型之间血清 cf-DNA 水平无统计学差异( $P>0.05$ )。血清 cf-DNA 水平升高与疾病的进展、B 组症状、和大块病灶、LDH 有关( $P$  均  $<0.05$ )。血清 cf-DNA 与 LDH( $r=0.6102$ 、 $P<0.001$ )有相关性。正规治疗后患者血清 cf-DNA 水平较初诊化疗前显著降低( $P=0.001$ )。

**结论** NHL 初诊患者血清 cf-DNA 含量显著高于正常对照组和淋巴结反应性增生的患者。血清 cf-DNA 的定量检测对 NHL 具有一定的辅助诊断价值。检测治疗后患者血清 cf-DNA 水平 同时可对治疗起到辅助监测的作用。血清 cf-DNA 水平与疾病的进展、B 组症状、大块病灶和 LDH 水平相关, 提示 cf-DNA 水平可能是一个独立的预后指标。

## OR-105

### Nosocomial Infected Hypervirulent Klebsiella Pneumoniae: Antimicrobial Resistance, Virulence-associated Features and epidemiological Characteristics in China Mainland

Lingli Luo

The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The aim of this work was to investigate microbial and epidemiological characteristics of hypervirulent Klebsiella pneumoniae (HvKP) causing nosocomial infections.

**Methods** The strains were indentified by string test among 800 K. pneumoniae isolates, then investigated by antimicrobial susceptibility testing, resistant gene detection, capsular serotypes, virulence gene profiles, and random amplification polymorphic DNA(RAPD).

**Results** The difference was compared by  $\chi^2$  test and the clinical characteristics were analyzed by one-way analysis of variants (ANOVA) and multivariable analysis. Of 800 K. pneumoniae isolates, 12.9% were HvKP. Through an epidemiological survey, 36 strains were nosocomial infection, mainly distributed in ICU (36.1%). Resistance rate of HvKP has increased, accompanied by multiple resistant strains. The presence of K1, K2, mrkD, entB, iutA and iucA genes were strongly associated with nosocomial infected HvKP. Compared with Classic Klebsiella pneumoniae (cKP), no underlying disease (odds ratio [OR], 6.980), never lived in ICU (OR, 3.600) and medical department (OR, 4.072) were independent risk factors for nosocomial infected HvKP by multivariable analysis. Interventional therapy (OR, 24.713) and no underlying disease (OR, 9.098) were independent variables compared with non-infection groups.

**Conclusions** This study highlights the challenge of HvKP caused nosocomial infections in China. Nosocomial infected HvKP has emerged and showed a gradual upward trend. Epidemiological surveillance of nosocomial infected HvKP now appears imperative to avoid its outbreak.

## OR-106

## 血清蛋白电泳及免疫固定电泳结果报告模式调查

吴炯,侯琦  
上海嘉会国际医院

**目的** 对中国地区血清蛋白电泳及免疫固定电泳报告模式进行调查,为进一步规范其结果报告提供依据。

**方法** 设计并发放电子问卷,调查中国地区血清蛋白电泳、M蛋白及免疫固定电泳结果报告模式。

**结果** 共回收合格电子问卷 107 份,涵盖全国 28 个省、自治区及直辖市。其中三级医院 93.46%,三级以下医院 6.54%;综合医院 88.79%,专科医院 11.21%。血清蛋白电泳使用琼脂糖凝胶法的 46 家 (42.99%),使用毛细管电泳法的 61 家 (57.0%)。血清蛋白电泳报告 5 个区带的 45 家 (42.06%),报告 6 个区带的 62 家 (57.94%)。血清蛋白电泳结果报告中不附电泳图的 25 家 (23.36%),结果中不报告发现异常条带的 14 家 (13.08%),结果中添加解释性备注的仅 12 家 (11.21%)。血清蛋白电泳结果中报告定量数据的 52 家 (48.6%),仅 4 家 (3.73%) 提供定量结果参考范围,无 1 家 (0%) 有特别的儿童参考范围。血清蛋白电泳结果中初诊诊断性报告 M 蛋白的占 75 家 (70.09%)。血清蛋白电泳结果中提供 M 蛋白定量结果的 35 家 (32.17%),M 蛋白定量结果评估过最低检测限的仅 1 家 (0.9%)。血清蛋白电泳 M 蛋白定量使用切际法的 67 家 (62.61%),使用柱状法的 40 家 (37.38%)。免疫固定电泳结果报告中附结果图的 68 家 (63.55%)。免疫固定电泳结果报告中将单克隆蛋白命名为 M 蛋白的 87 家 (81.30%),其余命名方式包括单克隆免疫球蛋白、单克隆蛋白、单克隆丙种球蛋白。免疫固定电泳结果阳性解释性备注内容为“M 蛋白阳性”的有 78 家 (72.89%),其余包括“单克隆免疫球蛋白阳性”、“免疫固定电泳阳性”、“单克隆丙种球蛋白阳性”、“单克隆蛋白阳性”。免疫固定电泳结果中报告 M 蛋白类型的 78 家 (72.90%)。免疫固定电泳中涵盖 IgD 及 IgE 型的仅 4 家 (3.73%)。

**结论** 国内血清蛋白电泳及免疫固定电泳报告存在极大差异,亟待对报告模式进行统一及规范。



# 壁报交流

PO-0001

## 产碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌耐药基因型及同源性分析

刘萍<sup>1</sup>,黄琛<sup>2</sup>,王欣<sup>1</sup>,张坚磊<sup>1</sup>,穆红<sup>1</sup>

1.天津市第一中心医院,300000

2.天津医科大学,300000

**目的** 探究产碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的耐药基因型及其同源性分布,为临床检测、治疗及预防院内感染提供参考办法。

**方法** 收集天津市第一中心医院 2012 年 4 月至 2015 年 4 月的产碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌共 53 例,进行药敏试验,提取基因组 DNA 进行多重 PCR 检测,使用 MLST 方法以确定 DNA 序列的 ST 型别,并用 PFGE 方法进行同源性分析。

**结果** 我院分离的 CRKP 对  $\beta$ -内酰胺类抗菌药物全部耐药,对替加环素全部敏感,部分菌株对环丙沙星、阿米卡星、左氧氟沙星及复方新诺明敏感。在 53 株样本中 46 例耐药基因为 blaKPC-2, 1 株耐药基因为 blaNDM, 6 株耐药基因为 blaOXA-48。PFGE 分型共有 6 个,其中 A 组有 46 个、B 组有 3 个、C 组有 1 个、D 组有 1 个、E 组有 1 个菌株、F 组有 1 个。在 MLST 分型中,除了发现 ST11 这种广泛流行于我国的基因型外,也同时发现了 ST-101、ST709、ST1393、ST-2068 四种基因型,还有一种未分型的变异株。

**结论** 我院耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌(CRKP)的主要耐药基因为 KPC-2,且为同一来源,有院内小范围播发流行的可能,为本院治疗肺炎克雷伯菌感染提供了医药学依据,也为进一步防控 CRKP 爆发流行提供了理论依据。

PO-0002

## Modified Glasgow Prognostic Score,Neutrophil/lymphocyte, platelet/lymphocyte and C-reactive protein/albumin ratios in different stages of Coal Workers' Pneumoconiosis

Lagu He

Hunan Prevention and Treatment Center for Occupational Diseases

**Objective** To evaluate modified glasgow prognostic score(mGPS), C-reactive protein/albumin ratio(CAR),neutrophil/lymphocyte ratio (NLR) and platelet/lymphocyte ratio (PLR) for predicting the prognosis of patients with Coal Workers' Pneumoconiosis(CWP).

**Methods** 154 cases CWP and 148 cases of silicosis patients were collected in Hunan Prevention and Treatment Center for Occupational Diseases (HPTCOD) from January 2018 to December 2018. The value of PLR,CAR,NLR and mGPS for predicting the prognosis of CWP were evaluated by ROC and the relationship between the PLR, NLR and mGPS of CWP patients were analyzed;

**Results** CWP patients exhibited higher serum leukocyte(WBC),neutrophils(N),platelets(PLT),erythrocyte sedimentation rate (ESR), PLR,CAR,NLR ,mGPS and lower lymphocytes(L) concentrations compared with the control groups  $P<0.05$ ). The silicosis patients present higher PLR, CAR, NLR, mGPS than CWP patients( $P<0.05$ ).The areas under the ROC curves of NLR and PLR were 0.864 (95% CI. 0.805 - 0.923) ( $P = 0.000$ ) and 0.698 (95% CI. 0.607-0.788) ( $P = 0.000$ ).

**Conclusions** PLR,NLR and mGPS can be used as indicators of inflammatory state and severity in clinical prognosis of patients with CWP. NLR is more sensitive to assessing disease activity compared with PLR.

PO-0003

## UF-1000i 尿液分析仪对胸腹水有核细胞计数的临床价值分析

阚波

吉林大学第二医院,130000

**目的** 探讨 UF-1000i 尿液分析仪在胸腹水有核细胞计数中的应用。

**方法** 选取我科 2018 年 1 月至 2018 年 12 月接收的行胸腹水常规检验的 50 例患者进行此次研究, 采集胸腹水标本 50 份, 用全自动尿沉渣分析仪进行胸腹水标本白细胞计数的检测, 并将光学显微镜手工计数结果作为标准, 观察对比两种测定方法的测定结果。

**结果** 手工法准确率与尿分析仪比较无统计学差异( $P>0.05$ ); 手工法检测 RBC、WBC 及上皮细胞水平与尿分析仪检测结果比较无统计学差异( $P>0.05$ )。

**结论** 胸腹水白细胞计数检验中, 全自动尿沉渣分析仪与光学显微镜手工计数没有明显差异, 在临床上具有推广应用价值。

PO-0004

## 基于质谱的结核性脑膜炎患者血清的蛋白组学初步研究

叶静云

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 探寻结核性脑膜炎 (Tuberculous meningitis, TBM) 患者血清中特异性的蛋白, 通过分析研究这些蛋白在患者体内数量和性质的改变, 以及其在疾病衍变过程中的发生机制, 寻找有代表性的蛋白, 辅助临床对结核性脑膜炎的诊断、鉴别诊断和疗效监测, 以改善患者预后。

**方法** 实验分为结核性脑膜炎组 (TBM) 和非结核性脑膜炎组 (N-TBM), 使用去高丰度小柱 (Top12) 去除患者血清中的高丰度蛋白, 然后通过 label free 非标记定量技术对其进行质谱分析。

**结果** 总共检测出 402 种蛋白。与非结核性脑膜炎组相比, 以两倍差异为标准, 筛选出 123 个差异蛋白, 其中 53 个蛋白上调, 70 个蛋白下调。

**结论** 通过 label free 非标记定量和超高效液相色谱质谱联用技术对结核性脑膜炎血清中的蛋白进行定量分析, 发现疾病组和鉴别疾病组两组血清中的蛋白有很大差异, 说明基于质谱的蛋白质组学研究可以为结核性脑膜炎的诊断发现潜在的生物标志物。

PO-0005

## 提高不同仪器间国际标准化比值 (INR) 一致性的探索与研究

刘超男,李勤,周静

四川大学华西医院,610000

**目的** 凝血酶原时间 (PT) 以及国际标准化比值 (INR) 广泛应用于口服抗凝药物治疗时药物效果的监测, 但是不同仪器间 INR 结果的差异常给临床用药带来困扰, 因此需要一种方案更好的保证不同仪器间 INR 结果的一致性, 以避免因不同仪器造成的结果偏差。探索并借助统计学手段进一步提

高四川大学华西医院实验医学科临检与血液实验室凝血组五台凝血分析仪（3 台 Sysmex CS5100 全自动凝血分析仪和 2 台 SysmexCA7000 全自动凝血分析仪）之间 INR 的一致性。

**方法** 首先选取四个水平的标准品，分别使用三种批号的试剂，在选择参比仪器 CS5100-A 上连续六天同一时间检测标准品各两次，确定 CS5100-A 的准确度和精密度；然后分别使用 3 台 CS5100 和 2 台 CA7000 检测 25 例（16 例 INR 0.8-4 以及 9 例 INR>4）样本，获得仪器检测的 PT 和 INR，同时使用两种方法获得计算 4 台待比对仪器的 INR 的方程：方程一）使用待比对仪器的 PT 和 CS5100-A 给出的 INR 建立一元方程，方程二）根据待比对仪器的 PT 和 CS5100-A 给出的 INR 获得计算的 MNPT（正常人 PT）和 ISI（国际敏感度指数），然后根据  $INR = (PT/MNPT)^{ISI}$  获得相应机器的 INR 计算方程；最后检测 39 例（30 例 INR 0.8-4 以及 9 例 INR>4）样本并分别获得 4 台待比对仪器的仪器 INR 和两种计算方程下的 INR，并比较两种计算方程的 INR 与仪器 INR 的偏差。

**结果** 使用三种批号的试剂，4 台待比对仪器的 INR 与参比仪器的 INR 偏差均在 3.17% 以下，且大部分在 1% 以下。使用两种方法得到的方程获得的计算 INR 可使平均偏差减小 10-100 倍，尤其是方程二相对于方程一可以更好的减少偏差。

**结论** 根据待比对仪器的 PT 和 CS5100-A 给出的 INR 获得计算的 MNPT 和 ISI，然后获得 INR 计算方程得到的 INR 可以进一步的提高不同仪器间 INR 的一致性，从而更好地指导临床治疗。

## PO-0006

### RASSF1-A 基因甲基化状态分析在骨髓增生异常综合征诊断及鉴别诊断中的意义

康慧媛,李绵洋,潘玉玲,刘改霞,秦晓燕,金淑媛,刘邵梅,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨 RASSF1-A 基因甲基化状态改变在骨髓增生异常综合征（Myelodysplastic Syndrome MDS）诊断及鉴别诊断中的意义，为 MDS 患者的明确诊断进一步提供理论依据。

**方法** 采用亚硫酸氢盐侧序聚合酶链反应（bisulfite sequencing PCR, BSP）方法检测 RASSF1-A 基因在 1 例 MDS 标本，1 例正常骨髓标本（normal bone marrow, NBM）及 1 例再生障碍性贫血（aplastic anemia, AA）标本中的甲基化位点阳性频率。同时应用甲基化特异性 PCR（methylation specific PCR, MS-PCR）方法检测 RASSF1-A 基因在 100 例 MDS、20 例 NBM、20 例 AA 中的甲基化状态。

**结果** （1）RASSF1-A 基因在 1 例 MDS 标本，1 例 NBM 及 1 例 AA 标本中的甲基化位点阳性频率分别为 2.5%（12/480），4.375%（21/480），30.21%（145/480），其差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。（2）MS-PCR 显示 RASSF1-A 基因在 20 例 NBM 组及 25 例 AA 组中呈完全非甲基化状态，甲基化阳性率均为 0%（0/20,0/25）；在 100 例 MDS 组中甲基化阳性率 17.0%（17/100），其差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ）；（3）MS-PCR 显示 RASSF1-A 基因在 16 例低增生性 MDS 组、47 例伴低原始细胞计数 MDS 组及 19 例伴正常核型 MDS 组中的甲基化阳性率分别为 31.25%（5/16），10.64%（5/47），21.05%（4/19）；低增生性 MDS 组与 AA 组 RASSF1-A 基因甲基化阳性率差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ），伴低原始细胞计数 MDS 组与 AA 组 RASSF1-A 基因甲基化阳性率差异不明显（ $p > 0.05$ ），伴正常核型 MDS 组与 AA 组 RASSF1-A 基因甲基化阳性率差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。

**结论** MDS 患者骨髓 RASSF1-A 基因启动子区发生了高甲基化状态的改变，而 NBM 及 AA 患者呈非甲基化状态。RASSF1-A 基因启动子区甲基化状态分析可能成为新的基因标志，协助 MDS 诊断及鉴别诊断而应用于临床。

PO-0007

## RASSF1-A 基因甲基化状态分析在骨髓增生异常综合征进展中的意义

康慧媛,李绵洋,潘玉玲,刘改霞,秦晓燕,金淑媛,刘邵梅,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨 RASSF1-A 基因甲基化检测在骨髓增生异常综合征 (Myelodysplastic Syndrome, MDS) 疾病进展及向急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 转化中的临床意义, 为 MDS 病情监测提供理论基础及实验依据。

**方法** 运用亚硫酸氢盐测序 PCR (bisulfite sequencing PCR, BSP) 方法检测 1 例 MDS 系列标本 RASSF1-A 基因在其 MDS-RA、MDS-RAEB、AML 阶段的甲基化状态。采用甲基化特异性 PCR (methylation specific PCR, MS-PCR) 方法检测 RASSF1-A 基因在 15 例正常骨髓标本 (normal bone marrow, NBM)、35 例 MDS、25 例 AML 中的甲基化状态。

**结果** 1 例 MDS 系列标本, 随疾病进展, 在 MDS-RA、MDS-RAEB、AML 阶段中, 甲基化位点阳性频率存在明显差异 ( $P<0.005$ ), AML 组阳性频率最高 (42.71%, 205/480)。RASSF1-A 基因在 NBM、MDS、AML 中的甲基化阳性率存在明显差异 ( $P<0.005$ ), NBM 组未发现甲基化阳性者, MDS 组阳性率居中 (17.12%, 6/35), AML 组阳性率最高 (24.00%, 6/25)。MDS/AML 患者 RASSF1-A 基因甲基化阳性组髓系原始细胞比例更高 ( $P<0.005$ )。

**结论** RASSF1-A 基因启动子区的高甲基化可发生于 MDS/AML 患者中, 并随着恶性克隆增多, RASSF1-A 基因甲基化阳性率及甲基化位点阳性频率越来越高, 在一定程度上可预示 MDS 疾病进展, 监测 MDS 病情变化, 进一步提示 RASSF1-A 基因甲基化检测可成为监测 MDS 患者急性白血病转化的新指标。

PO-0008

## 基于 SEER 数据库的卵巢癌患者生存预后诺模图的建立

王砚春,张桂红,卢仁泉,郭林  
复旦大学附属肿瘤医院,200000

**目的** 基于美国国立癌症研究所的“监测、流行病学和结果数据库” (Surveillance, Epidemiology and End Results, SEER 数据库) 对卵巢癌患者生存预后诺模图进行构建, 从而实现对卵巢癌患者总生存率的预测。

**方法** 从 SEER 数据库中收集 2010-2015 年期间确诊的卵巢癌患者共 13904 例, 随机分为两组, 建模组 9270 例和验证组 4634 例。采用 Cox 比例风险回归模型分析患者的预后影响因素, 再将这些独立的预后影响因素纳入诺模图的构建。一致性指数 (C-index) 和校正曲线用于对诺模图进行内部 (建模组) 与外部验证 (验证组), 从而评估诺模图的预测价值。

**结果** Cox 比例风险回归模型分析显示: 年龄、人种、婚姻状态、组织学类型、肿瘤分化等级、TNM 分期及手术切除治疗和淋巴结切除均是卵巢癌患者的独立预后影响因素 ( $P<0.05$ ), 均纳入诺模图的构建。内外部验证结果表明, 建模组的 C-index 为 0.743 (95% CI: 0.732-0.754), 验证组为 0.731 (95% CI: 0.716-0.746); 校正曲线均显示良好的一致性。

**结论** 本研究建立的诺模图能够准确地预测上皮性卵巢癌患者 5 年总生存率, 可帮助临床医生更好地为患者做出治疗决策。

## PO-0009

## 胆系恶性肿瘤患者血清外泌体 microRNA 表达鉴定及临床意义

韩月婷

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 胆系恶性肿瘤是一种起病隐匿、早期诊断困难的侵袭性消化道肿瘤，好发于胆管、胆囊、壶腹等部位，预后极差。本研究旨在筛选与胆系恶性肿瘤（BTC）发病相关的血清 microRNA 并鉴定其外泌体源性，探索 BTC 具有诊断意义的外泌体 microRNA 标志物。

**方法** 收集天津医科大学肿瘤医院 BTC 患者 75 例、胆道良性疾病患者 20 例及健康人血清 68 例，通过低密度芯片法高通量测序筛查在恶性患者血清中变化显著的 microRNA，后扩大样本量通过 qRT-PCR 进行验证。利用外泌体提取试剂盒分离纯化 BTC 患者血清中外泌体、酚仿法提取总 RNA、上机逆转录，利用 qRT-PCR 检测外泌体中包含的 miRNA，计算外泌体 miRNA 占血清总 miRNA 比例，SPSS21.0 软件进行统计分析。

**结果** 通过高通量测序筛选出 13 种与 BTC 发病相关的 miRNA，后通过 qRT-PCR 验证得出，miRNA-135b 和 miRNA-214 在恶性组的表达显著上调（ $p < 0.05$ ）。经过绘制 ROC 曲线，两种 miRNA 曲线下面积均大于 0.5（ $p < 0.05$ ），具有诊断意义。通过血清外泌体提取，镜下和 Westernblot 鉴定外泌体存在。通过外泌体 miRNA 检测计算得出 90.7971% 的 miRNA-135b 和 89.7921% 的 miRNA-214 来自于血清外泌体中。

**结论** 血清 miR-135b 和 miR-214 在胆系恶性肿瘤患者中表达上调，具有诊断学价值，且这两种 miRNA 绝大部分来源于血清的外泌体中，为下一步分子机制研究奠定了基础。

## PO-0010

## 研究不同浓度的枸橼酸钠对 EDTA 依赖性凝集标本 PLT 纠正效果

蒋清清

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 研究不同浓度的枸橼酸钠对 EDTA 依赖性凝集标本 PLT 纠正效果。

**方法** 收集整理本院 2018 年 7 月至 2019 年 2 月门诊及住院 EDTA 依赖性凝集血常规标本，一方面我们用枸橼酸钠与收集的血常规标本按 8:1，4:1，2:1，1:1，1:2，1:4，1:8 分别混匀分组并上机检测血常规，另一方面用牛鲍计数板手工计数 PLT。用 SPSS18.0 软件通对相应数据相关性进行分析统计。

**结果** 1:1 这组上机检测的结果与牛鲍计数板手工计数 PLT（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 用枸橼酸钠将 EDTA 依赖性凝集的血常规标本 1:1 稀释对 PLT 有很好的纠正效果。

## PO-0011

**PDCA 循环管理在改进检验分析前标本质量中的应用**

吴剑  
邵武市立医院,353000

**目的** 应用 PDCA 循环管理法来提高检验分析前标本质量, 将检验分析前不合格标本率降到 0.1% 以下。

**方法** 检验科对 2018 年 8 月至 12 月每个月的不合格标本进行统计分析, 联合医务科、护理部、信息科、总务科等科室成立“质量管理小组”, 采用 PDCA 循环管理的方法, 按照计划 (P)、执行 (D)、检查 (C)、改进 (A) 循环, 对检验分析前的标本采取各项改进措施, 每个部门各施其职, 加强检验分析前标本的质量管理。所得的数据与 2018 年 1 月至 7 月未进行 PDCA 循环管理的检验前标本质量进行比对。

**结果** 经过 PDCA 循环管理, 实验组在总样本错误率、标本容器错误率、标本类型错误率、标本采集量错误率、标本溶血率、抗凝标本凝集率、采集时机错误率等方面均显著优于对照组,  $P < 0.01$ , 差异有统计学意义。

**结论** 1、在检验分析前标本质量管理中引入 PDCA 循环管理法, 能够有效地提升检验分析前的标本质量, 进而提升检验报告的质量; 2、不合格原因主要集中在抗凝标本凝集、标本容器错误以及采集量错误这三个方面, 而这三个方面的原因均是由于临床护士操作不规范、对检验标本的采集要求认识不清而造成的, 说明对临床护理人员培训的重要性: 一是要对新入院的护理人员加强检验分析前标本质量的培训, 二是要将检验标本质量纳入日常护理质量的考核中, 加强培训、考核与奖惩的力度, 切实提高检验分析前的标本质量。

## PO-0012

**肝癌肝移植术后预测肿瘤复发分子标志物  
及免疫治疗新靶点**

王玉亮, 耿洁  
天津医科大学第二医院

**目的** 本研究探讨磷脂酰肌醇蛋白聚糖-3 (GPC3) 预测肝细胞癌 (HCC) 肝移植术后肿瘤复发及免疫治疗新靶点。

**方法** 收集 HCC 肝移植患者癌组织, 应用免疫组织化学测定 GPC3 蛋白表达, 应用实时荧光 RT-PCR 测定 GPC3 mRNA 水平。建立肝癌荷瘤裸鼠模型, 瘤体周围分别注射 NS、CIK、DC-CIK 或 DCIK-GPC3, 比较肿瘤体积、抑瘤率和肿瘤细胞凋亡变化。

**结果** 癌组织 GPC3 蛋白表达率为 68%, 而癌旁非肿瘤组织及正常肿瘤组织未检测出 GPC3 蛋白表达。癌组织 GPC3 mRNA 表达水平明显高于癌旁非肿瘤组织及正常肝组织 ( $P < 0.01$ ), 有血管浸润患者 GPC3 mRNA 高表达率显著高于无血管浸润的患者; GPC3 mRNA ROC 曲线下面积为 0.878, 以 GPC3 mRNA 表达水平高于  $2 \times 10^{-2}$  为诊断界值, GPC3 mRNA 表达的灵敏度 77% 及特异度 88%。以癌组织 GPC3 mRNA 阳性表达与阴性表达分为两组, 由 Kaplan-Meier 生存曲线可见 GPC3 mRNA 阳性表达组移植术后出现肿瘤复发明显高于 GPC3 mRNA 阴性表达组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。肝癌荷瘤裸鼠模型瘤体周围注射 DCIK-GPC3, 肿瘤组织的体积和质量明显降低, 抑瘤率明显增高, 肿瘤细胞凋亡率显著增高。

**结论** 癌组织 GPC3 mRNA 高表达对肝移植术后肿瘤复发有预测价值, DCIK-GPC3 效应细胞可明显抑制肝癌移植瘤生长, DC 肿瘤疫苗应用于个体化肝癌免疫治疗提供了实验依据。

## PO-0013

**乙肝患者血清表面抗原定量分析与病理学的相关性**

杨文娟,刘岚剑,李靖  
攀枝花市中心医院/渡口医院,617000

**目的** 探究乙肝患者血清表面抗原定量分析与病理学的相关性。

**方法** 选择 2016 年 12 月~2018 年 12 月我院收治的乙肝患者 136 例为研究对象,根据乙型肝炎 e 抗原 (HBeAg) 抗原阴阳属性将其分为 HBeAg 阳性组 (n=99)、HBeAg 阴性组 (n=37),检测并比较两组血清中乙型肝炎表面抗原 (HBsAg)、乙型肝炎病毒 DNA (HBV DNA) 水平及病理炎症分级、病理纤维化分级;采用 Pearson 相关分析 HBeAg 抗原阳性患者血清 HBsAg、HBV DNA 之间的相关性,血清 HBsAg、HBV DNA 与肝病理炎症分级的相关性,血清 HBsAg、HBV DNA 与肝病理纤维化分级的相关性。

**结果** HBeAg 阳性组血清 HBsAg、HBV DNA 水平显著高于 HBeAg 阴性组,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); HBeAg 阳性组病理炎症分级、病理纤维化分级与 HBeAg 阴性组比较,差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); HBeAg 抗原阳性患者血清中 HBsAg 与 HBV DNA 呈正相关 ( $P<0.05$ ); HBeAg 抗原阳性患者血清 HBsAg、HBV DNA 与肝病理炎症分级呈负相关 ( $P<0.05$ ); HBeAg 抗原阳性患者血清 HBsAg、HBV DNA 与肝病理纤维化分级呈负相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** HBeAg 抗原阳性乙肝患者血清 HBsAg、HBV DNA 水平呈高表达,且其水平与肝病理炎症分级及肝病理纤维化分级呈负相关,可作为肝组织炎症程度的判断指标。

## PO-0014

**Polymorphic Variation of NFKB1 and Risk of Tuberculosis for Tibetan Population in China**

彭武  
四川大学华西医院,610000

**目的** This study aims to find out the association between three SNPs--rs2836491, rs72696119, and rs1585215--in NFKB1 gene and TB risk in Chinese Tibetan population.

**方法** The SNPs were genotyped using MassARRAY mass spectrometry in 305 Chinese Tibetan TB patients and 333 health controls. A comprehensive analysis of single loci and haplotype between case and control groups were conducted by SPSS20.0, Plink, and Editplus software.

**结果** For rs2836491, rs72696119, and rs1585215, genotype, allele or inheritance models were found non significantly different between cases and controls. Linkage analysis of the three tested SNPs showed strong linkage disequilibrium, but these haplotypes were not associated with TB in Chinese Tibetan population.

**结论** We first evaluated the association between rs2836491, rs72696119, and rs1585215 in NFKB1 and TB in Chinese Tibetan population. However, we found no significant association between tested SNPs and TB in our study, further studies are still needed.



## PO-0015

## 肾移植术后受者恢复情况影响因素分析

巫丽娟,周娟,辛兆丹,庄杰,彭武,陆小军,林涛,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** 随访肾移植术后受者并对其基本临床资料进行回顾性分析,探讨影响受者肾移植术后恢复情况的主要因素。

**方法** 回顾性分析四川大学华西医院 2008 年 12 月 13 日至 2018 年 1 月 10 日,接受肾移植并定期随访的 2462 例受者及相应临床资料。按术后时间节点对影响肾移植术后受者 SCr 恢复情况及 CysC 恢复情况的因素进行单因素分析,并将有显著性差异 ( $P < 0.05$ ) 的因素纳入多因素 Logistic 回归分析。

**结果** 单因素分析显示:受者性别、供受性别一致性、移植时供受者年龄、民族、BMI、HLA-A-B-DR-DQ 位点错配数对肾移植患者术后 SCr 和 CysC 恢复情况有显著影响 ( $P < 0.05$ )。术前肝炎史、供受亲缘关系对 SCr 恢复的影响有显著影响而对 CysC 无影响;HLA 抗体对 CysC 恢复有明显影响而对 SCr 无影响。多因素分析显示:受者性别、供者年龄是影响 SCr 和 CysC 恢复情况的共有独立因素,供受亲缘关系仅是影响 SCr 恢复的独立因素,民族、BMI 仅是影响 CysC 恢复的独立因素。血型、移植次数、透析类型和透析时间对 SCr 和 CysC 的恢复情况无显著影响 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 对肾移植患者术后 SCr 和 CysC 的恢复短期内影响较好因素为受者年龄小、非汉族、BMI 小、HLA-A-B-DR-DQ 位点错配数少、供者年龄小,短期至中长期内影响较好因素为女性、供受性别一致;仅对 SCr 恢复短期内影响较好因素为供者是夫妻或有血缘关系的亲属,中长期内影响较好因素为术前无肝炎史;仅对 CysC 恢复短期至中长期内影响较好因素为有 HLA 抗体。独立影响因素中,女性,非汉族,BMI 小,供者年龄小、为夫妻供者或有血缘关系的亲属供者的患者术后恢复较好。因此,肾移植术前对供受者情况进行严格筛选,可改善肾移植患者术后恢复情况、及时防治肾功能再度受损,具有重要临床意义。

## PO-0016

## 丹七胶囊对血小板聚集功能的影响

陈思<sup>1</sup>,凌莉琴<sup>2</sup>,刘超男<sup>1</sup>,江虹<sup>1</sup>,周静<sup>1</sup>  
1.四川大学华西医院,610000  
2.四川大学华西临床医学院,610000

**目的** 本文通过研究丹七胶囊对血小板聚集功能的影响,进一步探讨丹七胶囊影响血小板功能的生理机制,为丹七胶囊的进一步开发、利用提供理论依据。

**方法** 32 名健康志愿者,随机均分为空白对照组和实验组(低剂量、高剂量和超高剂量三个剂量组)四个组,实验组连续口服丹七胶囊(空白对照组服用安慰剂)1 周,每日 3 次,于服药 1 周后采集空腹静脉血,检测血常规、凝血常规、生化常规和血小板最大聚集率(MA)(诱导剂为二磷酸腺苷 ADP,花生四烯酸 AA,肾上腺素 EPI)。

**结果** 服药 1w 后,三个组的血常规、凝血常规、生化常规指标均无统计学差异 ( $P > 0.05$ )。高剂量组和超高剂量组中 ADP 和 EPI 诱导的血小板最大聚集率较空白对照组下降,且有统计学差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 口服丹七胶囊不影响健康人的凝血和肝肾功能。丹七胶囊可降低 ADP 和肾上腺素诱导的血小板聚集功能,其作用机制可能为丹七胶囊可阻断 ADP 和 EPI 诱导血小板聚集的共同途径,发挥其抗血小板作用。

PO-0017

## 血清 LncRNA-ENST00000420480 在铜绿假单胞菌感染中的诊断价值研究

李有强

广东省中医院,510000

**目的** 探讨长链非编码 RNA ENST00000420480 作为铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*, PA)感染诊断标志物的临床价值。

**方法** 采用密度梯度离心法分离人外周血单个核细胞,免疫磁珠分选人 CD14<sup>+</sup>单核细胞, hIL-4 和 hGM-CSF 诱导分化为单核细胞衍生树突细胞 (Monocytes derived dendritic cells, Mo-DCs), 分 PBS 组, LPS 组和 LPS+ 3-O-C12-HSL 组。实时荧光定量 PCR 检测 LncRNA-ENST00000420480 表达量。收集临床 PA 感染患者血清 21 例, 体检表观健康人血清 32 例, 提取血清 RNA, 逆转录获得 cDNA, 荧光定量 PCR 检测 LncRNA-ENST00000420480 表达量, 受试者工作特征曲线(ROC)评价血清中 LncRNA-ENST00000420480 对 PA 感染的诊断效能, 计算约登指数 (Youden, YI) 明确 PA 感染诊断临界点 (Cut-Off)。

**结果** 与 PBS 组相比, LPS 下调 Mo-DCs 中 LncRNA-ENST00000420480 表达水平。与 LPS 组相比, 3-O-C12-HSL 上调 Mo-DCs 中 LncRNA-ENST00000420480 表达水平。PA 感染组血清中 LncRNA-ENST00000420480 相对表达量为  $3.85 \pm 4.18$ , 正常人组血清中 LncRNA-ENST00000420480 相对表达量为  $1.30 \pm 1.06$ , 差别具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。ROC 曲线中 AUC 为 0.708, 尤登指数为 0.429, Cut-off 值=4.13。

**结论** LncRNA-ENST00000420480 有望作为 PA 感染的血清学标志物。

PO-0018

## 雷公藤内酯醇对 RA 大鼠 TLR4/NF- $\kappa$ B 信号通路的调控作用研究

陈颖婷

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 观察雷公藤内酯醇治疗类风湿关节炎 (Rheumatoid arthritis, RA) 大鼠的疗效, 并通过 TLR4/NF- $\kappa$ B 信号通路探讨其作用机制。

**方法** 将 24 只健康 SD 大鼠, 随机分为空白对照组、RA 模型组、阳性药双氯芬酸组、雷公藤内酯醇组, 每组 6 只。采用热杀死结核分枝杆菌诱导 RA 模型组、阳性药双氯芬酸组、雷公藤内酯醇组大鼠制作 RA 模型; 造模成功后, 阳性组给予 10mg/kg 双氯芬酸灌胃, 雷公藤内酯醇组大鼠给予 6mg/kg 雷公藤内酯醇灌胃, 对照组和模型组大鼠给予等量 0.9%氯化钠溶液灌胃。采用酶联免疫吸附法测定大鼠血清中炎性细胞因子 (肿瘤坏死因子  $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、白介素 (IL)-4、IL-6) 表达水平; 评价关节炎指数及足体积; 免疫组化法检测关节滑膜组织 TLR4、NF- $\kappa$ B、p-NF- $\kappa$ B 蛋白表达, RT-PCR 法检测滑膜组织 TLR4mRNA 表达。

**结果** 与正常组对比, RA 模型组血清中 TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-6 表达水平显著升高 ( $P < 0.05$ ); 与模型组对比, 阳性组血清中 TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-6 表达水平显著下降 ( $P < 0.05$ ), 且雷公藤内酯醇组同样参数水平呈极显著下降 ( $P < 0.01$ )。与模型组对比, 雷公藤内酯醇组在第 8、12、16、20d 时关节炎指数和足体积显著降低 ( $P < 0.05$ ), 阳性组在第 12、16、20d 时关节炎指数和足体积显著降低 ( $P < 0.05$ )。与空白组对比, 模型组滑膜组织中 TLR4、NF- $\kappa$ B、p-NF- $\kappa$ B 蛋白表达量和 TLR4mRNA 表达量显著上调 ( $P < 0.05$ ); 与模型组对比, 阳性组滑膜组织中 TLR4、NF- $\kappa$ B 蛋

白表达量和 TLR4mRNA 表达量显著下降 ( $P<0.05$ )，雷公藤内酯醇组膜组织中 TLR4、NF- $\kappa$ B、p-NF- $\kappa$ B 蛋白表达量和 TLR4mRNA 表达量显著下调 ( $P<0.05$ )。

**结论** 雷公藤内酯醇可能通过抑制 TLR4/NF- $\kappa$ B 信号通路的信号因子表达，从而降低炎症因子的产生，减少炎症反应，从而起到治疗内风湿性关节炎 (RA) 的作用。

PO-0019

## CD8+dim lymphocyte subset as a biomarker of EBV infection in non-lymphoma patients

Yali Song, Kai-Xi Deng, Ting-Ting Zeng  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** The percentages and absolute counts of CD3, CD4, CD8 and CD56 positive cells are typically used to measure T cell and NK cell function, and the same immune antigens are also detected for the diagnosis of T/NK cell lymphomas. We found that CD8+dim cells often appeared in patients with EBV infection. To determine the relationship between T/NK cell antigen expression and EBV infection, and to distinguish between common EBV infection and T/NK lymphoma, we conducted the following research.

**Methods** Patients suspected with EBV infection were enrolled in this research in the West China Hospital of Sichuan University from June 2017 to December 2018. Patients with any kind of lymphomas were excluded. Peripheral blood was collected and EBV DNA test, complete blood cell count and CD3/CD4/CD8/CD56 detecting by flow cytometry were performed. We collected the results of following parameters: EBV viral load, WBC count, percentage of lymphocyte (lymphocyte %), lymphocyte count (lymphocyte#), percentage of CD3+ lymphocyte (CD3+/lymphocyte %), CD3+ lymphocyte#, percentage of CD4+ lymphocyte (CD4+/CD3+ %), CD4+ lymphocyte#, percentage of total CD8+ lymphocyte (total CD8+/CD3+ %), total CD8+ lymphocyte#, percentage of CD8+dim lymphocyte (CD8+dim/CD3+ %), CD8+dim lymphocyte#, percentage of CD56+ lymphocyte (CD56+ %) and CD56+ lymphocyte#. Independent t test and linear regression were performed by Spss20.0 software, and ROC curve plotting and AUC calculation was calculated by online statistical software easyROC (<http://www.biosoft.hacettepe.edu.tr/easyROC/>).

**Results** A total of 747 patients were enrolled, including 261 patients with EBV DNA positive and 486 patients with EBV DNA negative. Compared with EBV-negative patients, EBV-positive patients had no difference in age and gender (a total of 370 males and 377 female). Compared with the mean of EBV-positive group and EBV-negative group, the following parameters were significantly different: lymphocyte% ( $20.14\pm1.24$  vs.  $15.08\pm0.67\%$ ), lymphocyte# ( $1.46\pm0.17$  vs.  $0.92\pm0.07\times10^9/L$ ), CD3+/lymphocyte% ( $73.52\pm0.78$  vs.  $71.44\pm0.48\%$ ), CD3+ lymphocyte# ( $1.15\pm0.15$  vs.  $0.67\pm0.05\times10^9/L$ ), CD4+/CD3+% ( $35.52\pm0.93$  vs.  $37.75\pm0.60\%$ ), total CD8+/CD3+% ( $53.89\pm0.96$  vs.  $51.60\pm0.59\%$ ), total CD8+ lymphocyte# ( $0.70\pm0.11$  vs.  $0.34\pm0.03\times10^9/L$ ), CD8+dim/CD3+% ( $15.31\pm0.93$  vs.  $7.73\pm0.29\%$ ), CD8+ Dim lymphocyte# ( $0.35\pm0.08$  vs.  $0.05\pm0.00\times10^9/L$ ) and CD56+ lymphocyte# ( $0.15\pm0.02$  vs.  $0.10\pm0.01\times10^9/L$ ). The ROC curve and AUC calculations were performed for each parameter. The P values of lymphocyte %, CD3+/lymphocyte %, CD8+dim/CD3+ %, CD8+dim lymphocyte# were all less than 0.05, but the AUC were only 0.553, 0.563, 0.689 and 0.613, respectively. The cut-off point, sensitivity, specificity, positive predictive value and negative predictive value of CD8+dim/CD3+% and CD8+dim lymphocyte# were 8.1, 0.609, 0.663, 0.492, 0.759, and  $0.051\times10^9/L$ , 0.437, 0.755, 0.489, 0.714, respectively. Linear regression analysis between CD8+dim/CD3+%, CD8+dim lymphocyte# and EBV viral load in EBV-positive patients did not detect a linear relationship between neither two parameters and EBV viral load.

**Conclusions** CD8+dim/CD3+% and CD8+dim lymphocyte# can be used as biomarkers for non-lymphoma patients with EBV infection. When CD8+dim/CD3+% is greater than 8.1% or CD8+dim lymphocyte# is greater than  $0.051\times10^9/L$ , the patient may have EBV infection with

good specificity. If the patient's test results were less than these two values, they could be used to exclude EBV infection.

## PO-0020

### 脑脊液流式细胞术检测微小残留病的临床意义

罗燕飞  
广东省人民医院,510000

**目的** 探讨脑脊液流式细胞术监测微小残留病在急性白血病复发预测及指导治疗中的临床意义。

**方法** 采用流式细胞术对 2015 年 1 月到 2016 年 10 月的 62 例急性白血病患者进行追踪检测, 分析脑脊液及骨髓 MRD 与白血病复发之间的关系。

**结果** 62 例患者中有 11 例患者脑脊液 FCM 检查为阳性的检出率为 17.74%, 其中发生复发的有 6 例 (54.55%), 脑脊液 MRD 阴性 51 例, 其中 8 例 (15.69%) 复发, 两者复发率具有统计学意义 ( $\chi^2=7.82, P<0.05$ )。脑脊液 MRD 阳性预测白血病复发的时间比骨髓 MRD 阳性早 85.67 天。

**结论** 监测白血病患者脑脊液 MRD, 在监测复发以及估计预后中具有重要临床价值。 itf@5mes New Roman";mso-bidi-font-family: "Times New Roman";mso-font-kerning:1.0pt;mso-ansi-language:EN-US;mso-fareast-language: ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'>例患者脑脊液 FCM 检查为阳性的检出率为 17.74%, 其中发生复发的有 6 例 (54.55%), 脑脊液 MRD 阴性 51 例, 其中 8 例 (15.69%) 复发, 两者复发率具有统计学意义 ( $\chi^2=7.82, P<0.05$ )。脑脊液 MRD 阳性预测白血病复发的时间比骨髓 MRD 阳性早 85.67 天。

## PO-0021

### 实验室信息系统对检验报告不正确率的监测应用

刘继来,林青  
福建中医药大学附属人民医院

**目的** 根据国家卫生计生委 2015 年下发的临床检验专业医疗质量控制指标的要求, 对检验报告不正确率进行回顾性研究, 制定整改措施, 跟踪评价, 以达到质量持续改进的目的。

**方法** 通过实验室信息系统 (LIS) 中的质量指标管理模块, 实时监测并统计我院检验科 2018 年 1 月至 2018 年 12 月的检验报告不正确率。回顾性统计分析每月各专业组检验报告不正确率, 查找修改原因, 制定相应的整改措施。

**结果** 2018 年导致报告修改的主要原因是返查后修改和结果录入错误, 分别占总的修改原因的 42.6%和 33.8%, 漏项、增加结果、编号错误、医嘱错误、仪器故障等修改原因占 23.6%。检验报告不正确率从 2018 年 1 月的 0.72%下降到 2018 年 12 月的 0.15%。

**结论** 利用 LIS 系统中的质量指标管理模块可以有效监测检验报告不正确率, 并通过统计分析找出问题所在, 制定相应整改措施, 对科室报告审核人员进行不定期培训, 降低检验报告不正确率, 提高检验质量。

## PO-0022

## 抗-HBc 定量与肝脏组织纤维化分期的相关性研究

陈秀丽

石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨血清抗-HBc 定量与肝脏组织纤维化分期的相关性。

**方法** 选取慢性乙型肝炎 (Chronic hepatitis B, CHB) 患者 625 例作为研究对象, 其中 HBeAg 阳性 (+) 501 例, HBeAg 阴性 (-) 124 例。根据血清抗-HBc 定量检测结果分为抗-HBc < 20000 PEIU/ml、抗-HBc 20000-100000 PEIU/ml、抗-HBc > 100000 PEIU/ml 三个亚组。所有患者均签署知情同意书, 在超声引导下进行肝穿刺病理活检, 根据慢性病毒性肝炎纤维化分期 (stage, S) 标准计分。肝活检当天采集血清标本, 采用郑州安图生物工程股份有限公司化学发光免疫分析系统进行抗-HBc 定量检测, 所有检测结果进行统计分析。

**结果** 625 例慢性 HBV 感染者中, 纤维化 S1、S2、S3、S4 期占比分别为 326/625 (52.2%)、161/625 (25.8%)、83/625 (13.3%)、48/625 (8.7%), S1 ( $3.86 \pm 1.15$ )  $\log_{10}$  PEIU/ml、S2 ( $4.53 \pm 0.68$ )  $\log_{10}$  PEIU/ml、S3 ( $4.74 \pm 0.62$ )  $\log_{10}$  PEIU/ml、S4 ( $4.65 \pm 0.71$ )  $\log_{10}$  PEIU/ml, 随着肝脏组织纤维化程度的加重, 抗-HBc 定量水平逐渐升高, S2、S3、S4 期患者抗-HBc 定量均高于 S1 期患者, 抗-HBc 定量比较差异显著 ( $P < 0.001$ )。HBeAg (+) 患者 S1、S2、S3、S4 四组分期间抗-HBc 定量水平比较差异显著 ( $P < 0.001$ ), 抗-HBc < 20000 PEIU/ml 亚组的 S2、S3 期抗-HBc 定量水平均高于 S1 期 ( $P < 0.05$ ); 但是在抗-HBc 20000-100000 PEIU/ml 和抗-HBc > 100000 PEIU/ml 两个亚组, 各纤维化分期的抗-HBc 定量水平之间差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。HBeAg (-) 患者 S1、S2、S3、S4 四组间抗-HBc 定量水平比较差异显著 ( $P < 0.001$ ), 但是三个亚组抗-HBc 定量水平之间差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。Spearman 相关性检验结果显示, 血清抗-HBc 水平与肝脏纤维化分期显著正相关 ( $P < 0.001$ )。

**结论** 血清抗-HBc 水平与肝脏纤维化分期显著正相关, 根据血清抗-HBc 定量可以估计肝组织病变情况, 指导临床抗纤维化治疗, 有较为实用的临床意义。

## PO-0023

## 一例 $\gamma$ 链 Gly378Asp 突变引起的遗传性异常纤维蛋白原血症家系表型和基因型分析

王晓欧, 杨啸, 杨威, 舒旷怡, 李帆帆, 柳洁, 章赵华, 李姗姗

温州医科大学附属第二医院, 325000

**目的** 对一例遗传性异常纤维蛋白原血症家系进行临床表型和基因型分析, 初步探讨其发病机制。

**方法** 用 ADVIA2400 型生化分析仪检测家系所有成员肝、肾功能; 用 STA-R 全自动血凝仪检测其血浆凝血酶原时间 (PT)、部分活化凝血活酶时间 (APTT)、凝血酶时间 (TT)、纤维蛋白 (原) 降解产物 (FDPs)、D 二聚体 (D-D) 及 TT 的硫酸鱼精蛋白纠正实验; 分别用 Clauss 法和免疫散射比浊法检测血浆纤维蛋白原活性 (Fg:C) 和纤维蛋白原抗原 (Fg:Ag); 采用聚合酶链反应 (PCR) 扩增纤维蛋白原 (Fg) 基因 FGA、FGB 和 FGG 的所有外显子及其侧翼序列, 测序寻找突变位点, 并排除基因多态性; 采用生物学信息学预测软件 (PolyPhen-2、SIFT、PROVEAN 和 Mutation Taster) 分析突变对蛋白质功能的影响; 用 Clustal X 软件分析突变氨基酸的保守性; 用 PyMol 软件对突变蛋白进行模型分析。

**结果** 先证者及家系成员肝、肾功能均正常; 先证者 PT、APTT、FDPs、D-D 正常, TT (22.0s) 延长且不能被硫酸鱼精蛋白校正, Fg:C 明显降低 (0.91g/L) 但 Fg:Ag 含量正常 (3.20g/L); 其母亲与胞弟检测结果与其相似。基因分析显示先证者为 FGG 第 9 号外显子 c.1133G>A (p.Gly378Asp) 杂合错义突变, 其母亲和胞弟有同样的突变。四个生物信息学软件预测结果均表

示此突变可影响蛋白质功能。Clustal X 软件保守性分析结果表明, Gly378 在同源物种间高度保守。

**结论** 纤维蛋白原  $\gamma$  链 p.Gly378Asp 突变是致先证者遗传性异常纤维蛋白原血症的分子机制, 该突变未见报道。

## PO-0024

### 利用超高压液相层析仪(UPLC)分析全血中维生素 B1 检测方法之探讨

廖乃鼎<sup>1</sup>, 詹坤振<sup>1</sup>, 侯佳儀<sup>2</sup>, 吳麗卿<sup>1</sup>

1. 台南市奇美醫療財團法人奇美醫院

2. 台南市奇美醫療財團法人柳營奇美醫院

**目的** 維生素 B1 又稱硫胺 (Thiamine), 是一種水溶性維生素, 分子式  $C_{12}H_{17}N_4OS^+$ , 是人體必需的 13 種維生素之一, 屬於維生素 B 族, 主要是以焦磷酸硫胺素 (TPP; thiamine pyrophosphate) 形式存在於人體紅血球, 是糖和胺基酸分解代謝的輔酶, 也是酒精發酵的第一步驟。缺乏會引起腳氣病、魏尼凱氏腦病 (Wernicke-Korsakoff Syndrome)、視神經病變、疲勞、營養不良等。本實驗將評估超高压液相层析仪(UPLC)在 Vit B1 检测的方法学及参考区间验证。

**方法** 1. 分析仪器: Waters ACQUITY UPLC。试剂: ChromSystems Vitamin B1/B6 in Whole Blood/plasma; Vitamin B1 品管液: Level 1: 22.3-33.4 $\mu$ g/L, Level 2: 82.0-123  $\mu$ g/L。

2. Within-run: 以品管液在相同操作条件下的精密度, 至少累积 10 点数据计算。

3. Between-run: 以品管液累积至少 5 天以上, 至少 5 点数据计算。

4. 参考区间: 收集 10 位男性、10 位女性, 共 20 位参与者(需排除有固定摄取维生素的族群); 检测数值应有 90% (18 人) 落入设定的生物参考区间范围内, 则确认该生物参考区间为可接受的范围。

5. 荧光检测: EX 367 nm, EM 435 nm。

**结果** Within-run 分析结果, Level 1 的 Mean: 28.72、SD: 0.93、CV%: 3.24; Level 2 的 Mean: 104.47、SD: 3.20、CV%: 3.07。Between-run 分析结果, Level 1 的 Mean: 28.32、SD: 1.52、CV%: 5.35; Level 2 的 Mean: 101.12、SD: 4.29、CV%: 4.24, 品管结果均符合允收标准。参考区间 20 笔均符合参考区间 28-85  $\mu$ g/L 范围。

**结论** 超高压液相层析(UPLC)分析方法上机至分析可以在 8 分钟内完成 Vit B1 检测, 应用在全血 Vit B1 的定量分析工作上可行的。本方法除了具备有高敏感度、高特异性以外、分析时间短也是一大特点, 可以提供临床更优质的检测服务。

## PO-0025

### 减少医学实验室固态试剂损耗的研究

贡雪

沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 目的在于提供一种固态试剂的定量取出装置, 在取出试剂时, 该装置不用脱离试剂瓶, 并能实现试剂的定量取出。

**方法** 该取出装置包括活动扣盖、上部活动盖和下部固定盖; 其中: 所述活动扣盖设于上部活动盖的顶部, 能够根据需求进行开启和闭合; 开启时, 上部活动盖内的试剂掉出, 闭合时试剂封闭于上部活动盖内。

**结果** 通过在旋转至所需量程倒置使药物进入相关的卡槽, 反转活动盖使药物封闭在活动盖内, 打开活动扣盖倒出所需数量的药物, 实现瓶内试剂的定量取出, 避免了试剂取出过程中导致的污染等问题

**结论** 研究所设计装置申请了实用新型专利并取得授权, 专利号: 201720917222.9。

## PO-0026

### Comparing PyroMark Q24 pyrosequencing and MALDI-TOF MS for identification of CYP2D6\*10

向代军,陈琛,何赏,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** This study attempted to evaluate the effectiveness of the two methods used to detect the rs1065852 and rs1135840 SNPs of the CYP2D6\*10 gene.

**方法** The discordant results were further validated with sanger sequencing. We eventually attempted to assess some features of these two methods including reliability, rapidness, being appropriate, and cost-effectiveness.

**结果** Genotyping of rs1065852 and rs1135840 detected by MALDI-TOF MS were concordant those identified by PyroMark Q24 pyrosequencing in all 198 (100%) individuals. The hands-on-time and the turnaround time were shorter in the PyroMark Q24 pyrosequencing method than that in the MALDI-TOF MS method for SNP of CYP2D6\*10. In terms of being cost-effective and high-throughput, the MALDI-TOF MS method outperformed the PyroMark Q24 pyrosequencing method.

**结论** CYP2D6\*10 genotypes detected by PyroMark Q24 pyrosequencing and MALDI-TOF-MS showed that both methods were reliable, rapid, appropriate, and cost-effective methods. These methods are valuable for clinical applications.

## PO-0027

### Abnormally expressed long non-coding RNA B3GALT5-AS1 may serve as a biomarker for the diagnostic and prognostic of Gastric Cancer

Wei Feng, Wei Zong, Yi Li, Xianjuan Shen, Xiaopeng Cui, Shaoqing Ju  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Early diagnosis of Gastric cancer (GC) is an important issue to improve the prognosis. More and more long non-coding RNAs (lncRNAs) were reported can be used as biomarkers in several cancers. We aim to explore the expression and correlations with clinical features of lncRNA B3GALT5-AS1, and further analyze its diagnostic and prognostic values in GC.

**Methods** In this study, we detected serum B3GALT5-AS1 expression in 107 patients with GC, 40 polyp patients and 87 normal controls to investigate the role of serum B3GALT5-AS1 in GC using the quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) method.

**Results** The results demonstrated that B3GALT5-AS1 expression level was significantly elevated in GC patients compared with that in normal controls ( $P < 0.001$ ). Serum B3GALT5-AS1 could be used as molecular marker for distinguishing GC patients from healthy people with an area under the curve of 0.816 (95% confidence interval (CI)=0.758-0.874;  $P=0.03$ ). Further analysis found that high serum B3GALT5-AS1 expression levels correlated with TNM stage ( $P=0.024$ ), and lymph node metastasis ( $P=0.023$ ).

**Conclusions** The expression of B3GALT5-AS1 in gastric cancer was significantly different from that in other digestive system tumors .

Serum B3GALT5-AS1 has good diagnostic value as a GC biomarker.

The expression level of B3GALT5-AS1 was significantly correlated with preoperative, postoperative, clinical characteristics and survival prognosis of gastric cancer patients.

## PO-0028

### 20 例宣威肺癌全外显子组测序的初步研究

王潇,段勇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 研究宣威肺癌全外显子组测序揭示的突变谱,探讨肿瘤相关基因在宣威肺癌发生发展等方面所起的作用,为宣威肺癌高危人群的早期筛查以及个体化预防和治疗奠定基础。

**方法** 采用华大基因 Agilent 捕获平台对 20 对宣威肺腺癌组织进行全外显子组测序,筛选共同的变异基因。综合分析全外显子组测序结果,对候选基因与患者的临床病理学资料进行相关性分析,并在线分析候选基因的功能、信号通路、生物学过程、组织分布等特征,全面了解候选基因在宣威肺癌中的作用机制。

**结果** 20 对宣威肺癌全外显子组测序其平均测序深度为 180x,平均覆盖度为 95.74%,共发现 100,616 个 SNP 和 8,632 个 InDel,新发现的突变位点多达 13,210 个,其中 PRKCZ 基因未见在其他肺癌研究中报道过,其基因功能、信号通路、生物学过程在肿瘤的发生发展中起重要作用,为今后宣威肺癌的研究提供了新的线索和方向。

**结论** 宣威肺癌患者的基因组中存在大量基因突变,本研究中的突变基因可能通过激活相关信号通路,在宣威肺癌的发生、发展中起重要作用,并有可能成为宣威肺癌的遗传易感标志。

## PO-0029

### IP-10 与其受体 CXCR3 可导致 HIV 感染后 NK 细胞功能受损

王卓<sup>2,1</sup>,吴桐<sup>2</sup>,马美晨<sup>2</sup>,吴云涛<sup>3</sup>,尚红<sup>2</sup>,姜拥军<sup>2</sup>

1.苏州大学附属第二医院,215000

2.中国医科大学附属第一医院,110000

3.乔治梅森大学

**目的** 探讨 HIV 感染中显著升高的 IP-10 对于 NK 细胞功能的影响及作用机制,寻找 HIV 感染导致的 NK 细胞功能异常的原因,并为 HIV 功能性治愈提供新的治疗靶点。

**方法** 1.Bio-Plex 26 因子检测试剂盒检测 HIV 感染后血浆细胞因子/趋化因子水平。

2.流式细胞术检测 NK 细胞 IFN- $\gamma$  分泌,CD107a 表达和 K562 杀伤等功能试验,以及表面标志的表达实验

**结果** 1.HIV 感染后 IP-10 水平显著升高,ART 治疗后仍然不能恢复到正常水平。IP-10 对正常人和 HIV 感染者 NK 细胞的分泌和杀伤功能均表现出显著的抑制作用。

2.通过对 HIV 感染者 NK 细胞表面标志进行检测,发现 HIV 感染者的 NK 细胞 CXCR3 表达显著高于正常人;通过对 NK 细胞 4 个亚群 CXCR3 表达的分析,在主要发挥杀伤功能的 CD56<sup>dim</sup> CD16<sup>+</sup> 亚群和 HIV 感染后显著升高的 CD56<sup>+</sup> CD16<sup>+</sup> 亚群中,HIV 感染者的 CXCR3 表达水平显著高于健康对照,并且 ART 治疗后不能恢复至正常水平。



3.CXCR3<sup>+</sup> NK 细胞 IFN- $\gamma$  分泌功能强于 CXCR3<sup>-</sup> NK 细胞, 并且 IP-10 主要对 CXCR3<sup>+</sup> NK 细胞发挥抑制作用; 在 HIV 感染者中, 该结论进一步得到验证, HIV 感染者 CXCR3<sup>+</sup> NK 细胞功能显著低于健康对照, 而 CXCR3<sup>-</sup> NK 细胞功能无明显降低。

4.将 IP-10 或者 CXCR3 进行封闭, 能够使健康对照和 HIV 感染者的 NK 细胞 IFN- $\gamma$  分泌功能得到恢复。

**结论** HIV 感染后, 体内 IP-10 水平显著升高。IP-10 对于 NK 细胞功能产生明显的抑制作用。并且 HIV 感染者 NK 细胞表面 IP-10 受体——CXCR3 的表达显著升高进一步成为支持 IP-10 抑制 NK 细胞功能的佐证。HIV 感染后 NK 细胞功能异常, 而确切机制未明, 显著升高的 IP-10 可能是导致 HIV 感染后 NK 功能异常的原因之一。对 IP-10 和 CXCR3 进行封闭能够有效恢复 NK 细胞的功能, 可以作为 HIV 功能性治愈的新靶点。

## PO-0030

### The binding of lncRNA RP11-732M18.3 with 14-3-3 $\beta/\alpha$ accelerates p21 degradation and promotes glioma growth

Chunmin Kang, Lei Zheng, Qian Wang, Yanwei Hu  
nanfang hospital

**Objective** Long noncoding RNAs (lncRNAs) have been identified as regulators of a number of developmental and tumorigenic processes. However, the functions of most lncRNAs in glioma remain unknown and the mechanisms governing the proliferation of tumor cells remain poorly defined.

**Methods** Both in vitro and in vivo assays were performed to investigate the roles of lncRNAs in the pathophysiology of gliomas. lncRNA arrays were used to identify differentially expressed lncRNAs. Subcutaneous tumor formation and a brain orthotopic tumor model in nude mice were used to investigate the functions of lncRNAs in vivo. The in vitro functions of lncRNAs were analyzed by fluorescence-activated cell sorting, colony formation, and western blot analyses. RNA fluorescence in situ hybridization and immunoprecipitation were used to explore the underlying mechanisms.

**Results** Here, we describe the newly discovered noncoding RNA RP11-732M18.3, which is highly overexpressed in glioma cells and interacts with 14-3-3 $\beta/\alpha$  to promote glioma growth, acting as an oncogene. Overexpression of lncRNA RP11-732M18.3 was associated with the proliferation of glioma cells and tumor growth in vitro and in vivo. Remarkably, lncRNA RP11-732M18.3 promoted cell proliferation and G1/S cell cycle transition. lncRNA RP11-732M18.3 is predominately localized in the cytoplasm. Mechanistically, the interaction of lncRNA RP11-732M18.3 with 14-3-3 $\beta/\alpha$  increases the degradation of the p21 protein. lncRNA RP11-732M18.3 promoted the recruitment of ubiquitin-conjugating enzyme E2 E1 to 14-3-3 $\beta/\alpha$  and the binding of 14-3-3 $\beta/\alpha$  with ubiquitin conjugating enzyme E2 E1 (UBE2E1) promoted the degradation of p21.

Interpretation:

**Conclusions** Overall these data demonstrated that lncRNA RP11-732M18.3 regulates glioma growth through a newly described lncRNA-protein interaction mechanism. The inhibition of lncRNA RP11-732M18.3 could provide a novel therapeutic target for glioma treatment.

## PO-0031

## IL-17B/IL-17RB signaling is novel marker of cancer stem cell and regulates lysine 63-linked Beclin-1 ubiquitination to strengthen self-renewal and tumorigenesis in gastric cancer

Bin Zhang<sup>1</sup>, Qingli Bie<sup>1</sup>, Haixin Dong<sup>1</sup>, Zewei Shao<sup>2</sup>, Jianwei Zhou<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Affiliated Hospital of Jining Medical University, Jining, Shandong, P. R. China

2. Institute of Forensic Medicine and Laboratory Medicine, Jining Medical University, Jining, Shandong, P. R. China

**Objective** Cancer stem cells (CSCs) display many malignant biological traits including tumorigenesis, metastasis, drug resistance and angiogenesis. Discovering new markers specific for CSCs and elucidating their regulatory mechanisms is a significant goal.

**Methods** The protein and mRNA expression levels were analyzed by western blot and quantitative PCR. Immunofluorescence and Immunohistochemistry detected subcellular localization and protein expression levels. Protein-protein interactions was detected by co-immunoprecipitation analysis. Autophagosome formation was detected by TEM.

**Results** Herein, we found that IL-17B /IL-17RB signaling promoted self-renewal and tumorigenesis of gastric cancer (GC) cells by activating autophagy. We identified this pathway by first determining that IL-17RB expression is significantly up-regulated in spheroid cells, which was closely associated with the degree of differentiation of patient-derived GC tissues. Exogenous recombinant IL-17B (rIL-17B) promoted the self-renewal capacity of GC cells in vitro and enhanced tumor growth and metastasis in vivo. Moreover, we found that rIL-17B induced autophagosome formation and cleavage-mediated transformation of LC3 in GC and 293T cells. Interestingly, inhibition of autophagy by ATG7 knockdown reversed rIL-17B induced self-renewal of GC cells. Further study revealed that rIL-17B promoted K63-linked ubiquitination of beclin-1 by mediating the binding of TRAF6 to beclin-1. Interfering with IL-17RB expression abolished all the effects of rIL-17B on ubiquitination of beclin-1 and autophagic activation of GC cells. Lastly, we discovered that IL-17B expression in the serum of patients was positively correlated with IL-17RB expression in GC tissues. In addition, rIL-17B increased IL-17RB expression in GC cells. Direct overexpression of IL-17RB in 293T cells mimics stimulated rIL-17B, which promoted K63-linked ubiquitination of beclin-1 and binding of TRAF6 to beclin-1.

**Conclusions** Together, these results revealed the novel action of IL-17B/IL-17RB signaling on CSCs and might provide new therapeutic targets against gastric cancer.

## PO-0032

## The expression of ZIP2 and ZIP8 in peripheral blood mononuclear cells from hepatitis B patients and hepatitis C patients

Lina Wang

Laboratory Medical Center, The Second Hospital of Shandong University, Jinan, Shandong Province, China

**Objective** ZIP2 and ZIP8 belong to the ZIP family of metal-ion transporters. It can transport zinc. ZIP8 is closely related with inflammation and immunity. ZIP8 caused T cells to exhibit enhanced activation. Our lab found that ZIP2 was over-expressed in leukocytes of asthmatic infants and pulmonary tuberculosis patients with lower serum zinc level. The persistence of virus that resulted

from the low antiviral immune response had been thought to contribute to the pathogenesis of Hepatitis B virus (HBV)-induced diseases. So we wondered whether ZIP2 and ZIP8 were changed in the patients with chronic hepatitis B patients (CHB) and chronic hepatitis C patients (CHC).

**Methods** We examined the mRNA and protein expression levels of ZIP2 and ZIP8 zinc transporters in peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) from patients with CHB (n=40), CHC (n=23) and healthy controls (n=39). The diagnosis of these CHB and CHC patients were made according to the criteria established in the National Viral Hepatitis Conference of China. PBMCs was isolated by density gradient centrifugation. The total RNA of PBMCs was extracted by Trizol total RNA purified kit from the leukocytes. The cDNA was synthesized from 2 ug of total RNA using the RevertAid™ First Strand cDNA Synthesis Kit, following the manufacturer's introduction. Both ZIP2 and ZIP8 mRNA levels as well as protein expression levels were evaluated by quantitative real-time PCR and Western blot analysis. and HBV-DNA copy numbers and HCV-RNA copy numbers were evaluated by quantitative real-time PCR.

**Results** Both ZIP2 and ZIP8 mRNA levels as well as protein expression levels were significantly decreased in CHB and CHC patients compared with healthy controls. We analyzed the correlation between ZIP2 level and HBV DNA copies/ml, between ZIP2 level and HCV RNA copies/ml, between ZIP8 level and HBV DNA copies/ml, between ZIP8 level and HCV RNA copies/ml, the results showed that there were no correlations with them. On the one hand, It may be that the cases samples which we collected were not big enough, so we can not directly say that there were no correlation with them in the ZIP2 or ZIP8 expression levels and the pathology grade of CHB and CHC. This result may also need to increase the sample size in order to prove once again. On the other hand, decreased levels of ZIP2 and ZIP8 expression might be related to virus infection but has nothing to do with the HBV DNA copies and HCV RNA copies.

**Conclusions** The results indicated that decreased expression of ZIP2 and ZIP8 genes are closely associated with immunity of CHB and CHC patients and suggest a role for ZIP2 and ZIP8 genes in the initial control infection and mediate the resistance and immunity of CHB and CHC patients through the promotion and maintenance immune response of adaptive T cell.

## PO-0033

### 前列腺癌非编码 RNA1 在前列腺癌诊断 与鉴别诊断中的价值研究

李世宝

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨前列腺癌非编码 RNA1 (PRNCR1) 在前列腺癌早期诊断及与前列腺增生鉴别诊断中的价值。

**方法** 以血清 PSA 水平增高的 65 例患者为研究对象, 其中确诊前列腺癌 (PCA) 29 例, 前列腺增生 (BPH) 31 例, 前列腺癌术后 5 例。应用实时荧光定量聚合酶链反应 (qRT-PCR) 检测血清中 PRNCR1 表达水平, 分析 PRNCR1 在不同组别中的表达差异, 探究其在前列腺癌诊断中的临床应用价值。

**结果** PRNCR1 在 PCA 组表达水平明显高于 BPH 组 ( $P<0.05$ ), 前列腺癌组与前列腺癌术后组表达差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。ROC 曲线分析结果显示, PSA 的曲线下面积为 0.808, 敏感度为 82.8%, 特异度为 61.3%; PRNCR1 曲线下面积为 0.810, 敏感度 65.5%, 特异度 74.2%; 两者联合诊断曲线下面积为 0.899, 敏感度为 75.9%, 特异度为 96.8%。

**结论** PRNCR1 在前列腺癌组表达水平明显增高, 提示 PRNCR1 在 PCA 诊断中具有潜在价值。

## PO-0034

## Application analysis of MALDI-TOF MS in rapid identification of anaerobic bacteria

Mingzhu Shan, Ying Li  
Xuzhou Medical University Affiliated Hospital

**Objective BACKGROUND:** Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) has been rapidly developed and widely used as an analytical technique in the clinical laboratories with high accuracy in the identification of microorganisms.

**CONCLUSION:** In summary, our research showed that MALDI-TOF-MS was satisfactory in the identification of genus in clinical pathogenic anaerobic bacteria. However, this method still suffered from different drawbacks in the identification of the rare anaerobes and species levels of common anaerobic bacteria.

**Methods METHOD:** This study was designed to evaluate MALDI-TOF MS for identification of clinical pathogenic anaerobes.

**Results RESULT:** Twenty-eight studies covering 6685 strains of anaerobic bacteria were included in this meta-analysis. Fixed-effects models based on the P-value and the I-squared were used for meta-analysis to consider the possibility of heterogeneity between studies. Statistical analyses were performed by using STATA 12.0. Results shown that the identification accuracy of MALDI-TOF MS at species was 84% ( $I^2 = 98.0\%$ ,  $P < 0.1$ ), genus was 92% ( $I^2 = 96.6\%$ ,  $P < 0.1$ ). Thereinto, the identification accuracy of Bacteroides was the highest at 96% with a 95% CI of 95% to 97%. Next were Lactobacillus spp., Parabacteroides spp., Clostridium spp., Propionibacterium spp., Prevotella spp., Veillonella spp. and Peptostreptococcus spp., and their correct identification rates were all above 90%, while the accuracy of rare anaerobic bacteria was lower. Meanwhile, the overall capabilities of two MALDI-TOF MS systems were different. The identification accuracy rate of VITEK MS was 90%, compared to 86% by the MALDI biotyper system.

**Conclusions CONCLUSION:** In summary, our research showed that MALDI-TOF-MS was satisfactory in the identification of genus in clinical pathogenic anaerobic bacteria. However, this method still suffered from different drawbacks in the identification of the rare anaerobes and species levels of common anaerobic bacteria.

## PO-0035

## M 蛋白对血清样本总胆红素测定的干扰

宋爽  
徐州医科大学附属医院, 221000

**目的** 探讨 M 蛋白对总胆红素 (BILT) 测定的干扰现象及排除干扰的措施, 为临床提供更准确的检测数值。

**方法** 本人在日常工作中发现用 Roche MODULAR DPP 自动化分析仪检测 BILT 时部分样本出现 Proz 报警信息, 检测值偏高而血清肉眼观察无黄疸, 且样本球蛋白浓度偏高, 故收集本院 2018 年 9 月—2019 年 3 月 24 例无溶血、黄疸、脂血但 BILT 检测提示 Proz 报警的样本进行免疫固定电泳及血清蛋白电泳检测, 并将标本 1: 2 稀释后再次检测 BILT, 未出现报警提示。将原标本检测数值和稀释后数值分别与用强生 VITROS 5600 干化学分析仪检测的结果进行比较, 分析 BILT 受到的干扰及稀释对干扰消除的作用。

**结果** 电泳检测结果显示所有标本的 M 蛋白为阳性且均为 IgG 型, 用干化学检测 BILT 显示结果并不偏高, 干化学方法可消除 M 蛋白的干扰, 将 DPP 自动化分析仪检测的 BILT 结果与干化学方法检测的结果比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 故 DPP 自动化分析仪检测 BILT 主要受 M 蛋白的

干扰。样本稀释后结果有所降低，与原倍结果比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），与干化学结果比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），故稀释样本可在一定程度上降低 M 蛋白对 BILT 检测的干扰但不能完全消除。

**结论** M 蛋白会干扰 BILT 的检测，在日常工作中如遇到高球蛋白患者 BILT 升高与肉眼观察不符时应用干化学方法重新检测，如没有干化学仪器可将样本稀释后检测以降低 M 蛋白对结果的影响，为临床提供更可靠的结果。

PO-0036

## CD83+CCR7+ NK cells induced by interleukin 18 promote experimental autoimmune uveitis

Xin Wang<sup>1</sup>, Wei Lin<sup>2</sup>, Yi Zhang<sup>1</sup>

1. Qilu Hospital of Shandong University

2. Institute of Basic medicine, Shandong Academy of medical Sciences

**Objective** Uveitis, an inflammatory disease involving the uvea, retina, retinal vessels and/or vitreous body, can result in visual impairment and blindness. A disorder of the immune system represents an essential pathogenesis for autoimmunity uveitis. In specific, the large number of lymphocytes, including mature dendritic cells (DCs), T cells and natural killer (NK) cells infiltrating the eye may be a critical factor which drives this disorder of the immune system to result in tissue damage. Natural killer (NK) cells have been reported to play a pathological role in autoimmune uveitis. However, the underlying mechanisms of NK cells in uveitis remain unclear.

**Methods** Experimental autoimmune uveitis (EAU) mice were established by immunizing human interphotoreceptor retinoid-binding protein peptide (IRBP)1–20 and pertussis toxin (PTX) intraperitoneally. To analyze the role of CD83+CCR7+NK cells in EAU, CD83+CCR7+NK or CD83-CCR7-NK cells were isolated from the inflamed spleen on days 12-16 post-immunization by flow sorting instrument. These cells were then adoptively transferred into EAU mice that had been immunized 4 days prior. The cells from eyes, lymph nodes and spleens were analyzed by flow cytometry. The severity of retinal tissue damage was assessed by H&E staining. DCs were isolated from spleens or ocular cells from EAU mice using a CD11c+isolation kit. For anti-IL-18R treatment, NK cells were isolated from the eyes of EAU mice and were pretreated with anti-IL-18R for 24h, and then were added to the DCs, T cells or combination of DCs and T cells.

**Results** We found CD83+CCR7+ NK cells were increased within the eyes in the EAU mice. Both clinical and histopathological scores of eyes from mice receiving CD83+CCR7+ NK cell-transfers were greater higher than those of mice without cells transfer or those receiving CD83-CCR7- NK cell-transfers. The number of lymphocyte subsets generated, including CD4+IFN- $\gamma$ + T cells, CD4+IL-17+ T cells, CD4+GM-SCF+ T cells, CD11c+ MHC-II+ DCs and CD3-NK1.1+ cells within the eyes of mice receiving CD83+CCR7+ NK cell-transfers were greater than that in mice without a CD83+CCR7+ NK cell transfer or those with a CD83-CCR7- NK cell-transfer. Furthermore, we found CD83+CCR7+ NK cells promote maturation of DCs when CD83+CCR7+ NK cells co-cultured with immature DCs in vitro. Since it has been found that CD83+CCR7+NK cells could secrete IFN- $\gamma$  to influence the statues of DCs, we used anti-IFN- $\gamma$ R antibody to block IFN- $\gamma$ R on DCs, then we found the expression levels of CD80, CD86 and CD54 in above DC were lower than non-blockage when co-cultured with CD83+CCR7+ NK cells. As IL-18 has been reported to be an important factor involved in inducing subsets of CD83+CCR7+ NK cells, we examined IL-18 in this EAU model. IL-18, as well as IFN- $\gamma$ , were significantly increased both in the aqueous humor of inflamed eyes and serum of EAU mice. When IL-18 Binding Protein (IL-18 BP) was injected into EAU mice to neutralize IL-18, the symptoms of EAU and percent of CD83+CCR7+NK cells within the eyes were decreased. Furthermore, we found Anti-IL-18R antibody treatment relieved EAU symptoms and decreased NK cell infiltration within inflamed eyes.

**Conclusions** Our current data provide further evidence that the increasing CD3-NK1.1+CD83+CCR7+cells in EAU play a pathological role in the development of EAU by

promoting the activation of DCs and T cells. IL-18 is a cytokine that belongs to the IL-1 superfamily and is an inflammatory factor in many diseases. However, the mechanisms of IL-18 as related to uveitis remain unknown. In our study, we now provide evidence indicating that IL-18 is a pathogenic factor in EAU and provide a description for some possible mechanisms of IL-18 in uveitis. IL-18 can induce NK cell activation to secrete IFN- $\gamma$  and increase expression levels of CCR7, CD83, NKG2D and CD69 on NK cells. Thus, IL-18 has the capacity to promote NK cell activity and migration to inflammatory sites, where it may then function as a critical factor in EAU through induction of CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup> NK cells. IL-18 is mainly produced by macrophages, neutrophils and DCs. In our experiments, we found that macrophages, neutrophils and DCs were all increased in EAU and secreted IL-18. But macrophages and neutrophils were not primary increasing cells in inflamed eyes of EAU. DCs as an important pathogenic factor for EAU, might participate in producing IL-18 to promote pathogenic CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK cell activation in the eyes of EAU. And then, these NK cells migrate into lymph nodes to promote DC maturation and T-cell activation. Thus, IL-18 might play a key role in inducing the cycle of DC maturation and NK activation. An axis may exist between DC-NK interactions to regulate Th1 responses in this EAU model. Furthermore, anti-IL-18R antibody might serve as a possible therapeutic candidate for the treatment of autoimmune uveitis.

## PO-0037

### 急性早幼粒细胞白血病不同 PML-RAR $\alpha$ 亚型实验结果分析

李玉芹,张娟,贺元,吴昊  
四川省人民医院,610000

**目的** 分析比较急性早幼粒细胞白血病不同 PML/RARA 亚型的骨髓检查、血常规及凝血全套结果,了解不同亚型之间各项结果之间是否存在差异。

**方法** 收集 2016 年 1 月-2019 年 3 月 77 例符合 APL 诊断标准的初诊 APL,男 42 例,女 35 例,年龄 23 月-80 年。其中 L 型 46 例 (59.74%),V 型 5 例 (6.49%),S 型 26 例 (33.77%)。L 型患者男 25 例、女 21 例,中位年龄 45.0 岁;V 型男 1 例,女 4 例,中位年龄 51.0 岁;S 型男 16 例,女 10 例,中位年龄 47.5 岁。骨髓检查、血常规及凝血全套检测均是在临床用化疗药物之前,血常规用 Sysmex-XN9000 血细胞分析仪分析,WBC (0.44-137.28)  $\times 10^9/L$ ,RBC(1.43-4.42)  $\times 10^{12}/L$ ,Hb (54-136) g/L,PLT(6-159)  $\times 10^9/L$ ;凝血全套用 Sysmex-CS5100 全自动凝血分析仪进行分析,PT (10.1-17.5) 秒,APTT(21.1-43.7) 秒,FIB(0.54-4.52)g/L,TT(14.4-2) 秒,D-dimer(0.98-107.9)mg/L,P-FDP(4-572.6)mg/L。骨髓检查包括原粒、异常早幼粒细胞比例,骨髓增生程度、早幼粒细胞颗粒情况、有无柴捆细胞。统计学方法采用 SPSS18.0 软件进行秩和检验

**结果** PML-RAR $\alpha$  3 种亚型 L、V、S 分别占 59.74%、6.49%、33.77%,由于 V 型例数太少,(统计结果缺乏真实性)我们只对 S 和 L 不同 PML/RARA 亚型的骨髓检查、外周血象和凝血全套各项指标及年龄、性别进行分析比较,两者之间仅骨髓异常早幼粒细胞 L 型 (84.00%) 高于 S 型 (67.75%),P 值(0.008)<0.05,其余各项指标 P 值均>0.05。

**结论** 急性早幼粒细胞白血病 PML/RARA 的 L 和 S 亚型的骨髓检查、血常规和凝血全套比较,仅异常早幼粒细胞 (L 型比 S 型高) 有统计学意义。77 例中有两例 M3c(颗粒缺乏,与 AML-M2 a 难以鉴别)均在 S 型,两型的 WBC 值虽然无统计学差异,但 WBC 显著增高的病例均在 S 型中,能否推断少颗粒 M3c 以及 WBC 显著增高的病例属于 PML-RAR $\alpha$  亚型的 S 型还需扩大病例样本数进一步证实。

## PO-0038

## Lc-ms/ms based quantitative proteomics analysis of different stages of non-small cell lung cancer

Qian Zhang  
Chinese PLA General Hospital

**Objective** Cancer is a major public health problem worldwide and the second leading cause of death in China. In 2012-2016, lung cancer mortality in poor areas was 40% higher than in developed countries. However, early diagnosis and treatment of lung cancer remains a huge challenge. Therefore, basic and clinical medical research for lung cancer patients, especially the discovery of biomarkers, is crucial for the diagnosis and treatment of diseases.

**Methods** Based on this, we used iTRAQ8-plex labeling technology combined with liquid chromatography-tandem mass spectrometry to analyze the serum and urine of patients with different stages of non-small cell lung cancer and healthy individuals

**Results** As a result, 441 proteins were identified in the serum, and a total of 1161 proteins were identified in the urine. Among them, the levels of Elongation factor 1-alpha 2, Proteasome subunit alpha type and Spermatogenesis-associated protein were significantly increased in the serum of lung cancer at all times, transmembrane protein 143, Cadherin 5, Fibronectin 1, Collectin-1 The amount of expression is significantly decreased in the serum of patients with metastasis; In urine samples, prostate-specific antigen and prostatic acid phosphatase decreased significantly in stage III and IV lung cancer, while neutrophil defensin 1 increased significantly.

**Conclusions** These differential proteins may be potential diagnostic markers for lung cancer, and could be combined with the relative content of serum and urine to distinguish the progression of lung cancer in order to achieve accurate staging and early diagnosis of lung cancer.

## PO-0039

## 华法林药物基因 VKORC1、CYP2C9 基因多态性在东北地区中老年心血管病患者中差异性的研究

王重阳  
北部战区总医院

**目的** 本文旨在研究维生素 K 环氧化物还原酶复合物 1 基因(VKORC1)和细胞色素 P450 酶 2C9 基因(CYP2C9)多态性在东北地区中老年(50 岁以上)心血管病患者中的分布差异性。

**方法** 收集 2018 年 10 月至 2019 年 3 月期间,在北部战区总医院就诊的东北地区中老年(50 岁以上)心血管病患者 184 例,其中男性患者 105 例,女性患者 79 例。这些患者均通过 DNA 测序和 PCR 扩增等方法,对患者 VKORC1 和 CYP2C9 两个基因型进行检测,并对其基因的多态性进行研究,分析与 VKORC1 和 CYP2C9 两个基因的基因型和等位基因分布的关系。

**结果** 根据 184 例患者 VKORC1 和 CYP2C9 检测的结果显示, CYP2C9(\*3)基因呈\*1/\*1(野生型)为 169 例,占总患者数的 91.85%,其中男性患者 96 例,女性患者 73 例; CYP2C9(\*3)基因呈\*1/\*3(杂合突变型)为 15 例,占总患者数的 8.15%,其中男性患者 9 例,女性患者 6 例; VKORC1(1639)基因呈 AA(纯合突变型)为 160 例,占总患者数的 86.96%,其中男性患者 94 例,女性患者 66 例; VKORC1(1639)基因呈 AG(杂合突变型)为 23 例,占总患者数的 12.5%,其中男性患者 10 例,女性患者 13 例; VKORC1(1639)基因呈 GG(野生型)为 1 例男性患者,占总患者数的 0.54%。

**结论** 东北地区中老年人(50 岁以上)的华法林药物基因 CYP2C9\*3 以\*1/\*1(野生型)为主,而 VKORC1(1639)基因以 AA(纯合突变型)为主。

## PO-0040

## Effects of cancer cell exosomes on the expression of circular RNAs in hepatocytes

孙一帆,陈贤华,孙林,陈建林,陈莉,沈永奇  
广西医科大学附属柳铁中心医院

**目的** Analyze changes in the expression of circRNAs after treatment with cancer cell exosomes and to gain insight into the potential function of exosomes in cancer metastasis.

**方法** LO2 were treated with exosomes extracted from HepG 2 cells, and GW4869 was used to prevent exosome release. The changes in circRNA expression after treatment with exosomes were analyzed by high-throughput sequencing.

**结果** Exosomes derived from the HepG2 cells enhance cell proliferation, invasion, migration and suppress cell apoptosis. After exosome intervention, a total of 5534 up-regulated and 4483 down-regulated circRNAs cells were scanned under the microarray analysis compared with LO2 cells. The circRNA/microRNA/mRNA prediction results indicated that hsa\_circRNA\_101016/miR-145-5p/TGF-beta2 and hsa\_circRNA\_001044/miR-153-5p were associated with epithelial-mesenchymal transition (EMT).

**结论** Exosomes from cancer cells can significantly enhance liver cell proliferation, invasion, and migration. The significantly changed expression of circRNAs may be linked with EMT and energy metabolism, which play key roles in cancer metastasis.

## PO-0041

## 循证检验医学在临床检验工作中的应用价值

姚爱荣  
新疆阿克苏地区第一人民医院

**目的** 根据循证检验医学的要求,在分析影响检验结果因素的基础上,寻找证据,并建立新的临床检验方案,以使检验结果的准确度得以提升。

**方法** 方法: (1) 分析问题: 由检验人员与临床医护人员组成循证小组,小组内成员共同采用“头脑风暴法”,对影响临床检验结果的因素进行分析。从检验前、中、后三个环节,以及患者与医护人员多个角度出发,找出导致检验结果不准确的原因。(2) 寻找证据: 小组成员以“临床检验”、“影响因素”、“标本不合格”等为关键词,经“知网”及“万方”等数据库检索文献。在阅读文献的基础上,寻找各项问题的解决措施。(3) 实践应用: 由小组成员结合自身的实践经验,及文献检索结果,制定“临床检验方案”。将方案应用到临床检验过程中,观察检验结果。制定的“临床检验方案”,内容至少包括“标本采集”、“标本保存”、“标本处理”、“标本检验”4项内容。(4) 结果评估: 评估检验结果,及时发现问题,并及时调整方案,使临床检验结果的准确度,能够得到进一步的提升。

**结果** 任何临床经验只是科学的起点,而不是完全意义上的科学,有时还可能把人们引向错误。循证检验医学将各种临床检测经验上升到科学的高度,以解决现代检验诊断所面临的各种困惑和挑战,选择最佳最有效的检验诊断项目,为患者提供当时条件下最合理的服务。

**结论** 应将循证检验医学应用到临床检验工作,为患者疾病的诊断及治疗,提供更具价值的参考数据。检验医学的任务是为临床医师提供真实可靠的诊断依据,循证检验医学就是制定和实施一系列科学性强的措施来保障证据的真实性。因此,只有建立严格的质量控制体系,在质量控制体系的监控下,获得真实可靠并有临床应用价值的最佳证据,用于指导临床决策,服务于临床,这也是循证检验医学的一个重要环节。



## PO-0042

## 急诊生化样本周转时间的现状分析及对策

高海锋

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨当前工作模式下我院门诊和住院急诊生化样本周转时间 (Turnaround time,TAT) 的现状, 分析 TAT 延长的原因, 为缩短 TAT 及持续质量改进寻找对策。

**方法** 利用实验室信息系统的 TAT 统计功能收集我院 2018 年 8 月~9 月急诊生化 TAT 数据, 使用 Excel 表格获得样本申请时间、采样时间、接收时间和审核时间, 计算 TAT 均值及不符合率。

**结果** 按月份统计, 标本量大时 TAT 均值亦大, 不符合率也较高; 按工作日统计, 星期一、星期二和星期日的 TAT 均值较大, 不符合率也较高; 按每天工作时间段统计, T2 (08:00~12:00) TAT 均值较大, 不符合率较高。

**结论** TAT 延长原因众多, 包括标本量大, 仪器、人员配置有限, 大项目组合多, 工作责任心不强等。因此要缩短 TAT, 应采取添加仪器, 优化配置和 workflows, 加强工作人员的培训, 增强与临床科室的沟通等措施。

## PO-0043

## FMS-like tyrosine kinase 3-internal tandem duplications mutant allelic ratio (FLT3-ITD MR) in patients with acute myeloid leukemia detected by GeneScan

Qin Zheng<sup>1</sup>, Mengyuan Lyu<sup>1</sup>, Hongyan Liao<sup>1</sup>, Xiao Shuai<sup>2</sup>, Yongmei Jin<sup>1</sup>, Jun Su<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, West China Hospital of Sichuan University

2.2. Department of Hematology, West China Hospital of Sichuan University

**Objective** This study aimed to explore the significance and cut-off values of FMS-like tyrosine kinase 3-internal tandem duplications mutant allelic ratio (FLT3-ITD MR) in prognostic evaluation of acute myeloid leukemia (AML) patients (M3 and non-M3 patients).

**Methods** This study enrolled 249 Chinese AML patients. The exons 14 and 15 of FLT3 gene were amplified by genomic polymerase chain reaction. GeneScan and single nucleotide sequencing were also performed. Participants were grouped into high- and low-ratio FLT3-ITD MR (FLT3-ITD MR<sup>high</sup> and FLT3-ITD MR<sup>low</sup>) applying the median of FLT3-ITD MR as the cut-off ratio, and patients without FLT3-ITD were grouped as FLT3-wild type (wt). Duration of complete remission (CR), relapsed remission and overall survival (OS) were examined.

**Results** FLT3-ITD was detected in 58 patients. The medians of FLT3-ITD MR were 0.31, 0.36 and 0.29 for all AML, M3 and non-M3 patients, respectively. For all patients, FLT3-ITD MR<sup>high</sup> group had the lowest CR rate among these 3 groups ( $p < 0.001$ ). Subjects in FLT3-ITD MR<sup>high</sup> group had 2.675 times (95% CI: 1.726-4.146;  $p < 0.001$ ) and 1.879 times (95% CI: 1.061-3.328;  $p = 0.031$ ) higher death risk than those in FLT3-wt group and FLT3-ITD MR<sup>low</sup> group, respectively. Non-M3 patients in FLT3-ITD MR<sup>high</sup> group had 3.301 times (95% CI: 1.423-7.661;  $p = 0.005$ ) higher death risk than those in FLT3-wt group.

**Conclusions** FLT3-ITD MR was an independent prognostic factor for CR and OS in AML patients, and for OS in non-M3 patients. Classifying risk grades based on FLT3-ITD MR is crucial for individualized treatment and prognostic evaluation.

## PO-0044

**急性心肌梗死与幽门螺旋杆菌感染及细胞因子关系的研究**

蒋丽鑫,张萱

哈尔滨医科大学第一临床医院

**目的** 通过检测 AMI 患者的感染状况, 血清 TNF $\alpha$ 、IL-18 和超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)水平, 探讨幽门螺旋杆菌感染和 TNF $\alpha$ 、IL-18 与急性心肌梗死( acute myocardial infarction, AMI)之间的关系, 以进一步阐明 HP 感染与冠心病发病的关系, 并探讨其发病机制。

**方法** 采用 ELISA 法检测 74 例 AMI 患者与 77 例正常对照组血清中 HP 抗体水平, 同时检测两组的 TNF $\alpha$ 、IL-18 和 hs-CRP 的水平, 进行冠心病危险因素调查。所获得数据应用 SAS8.0 软件包进行资料统计。两样本率比较采用  $\chi^2$  检验, 两样本均数比较采用  $t$  检验; 非正态分布时使用秩和检验。P<0.05 为差异有统计学意义。

**结果** AMI 组 HP IgG 抗体阳性率与对照组没有显著差异。AMI 组 IL-18、hsCRP 水平、TNF- $\alpha$  与对照组比较明显增高, 差异具有统计学意义。

**结论** 急性心肌梗死与 HP IgG 阳性率没有显著相关性, 但是急性心肌梗死患者的抗体浓度明显高于对照组, 抗体的浓度可能是急性心肌梗死发病的危险因素, 二者呈剂量依赖关系。提示 HP 反复地持续性感染可能在长期动脉粥样硬化的发生、发展有关, 但是在急性心肌梗死的发病中不起直接的作用, 可能和与感染病毒或细菌的种类及数量由直接的相关性, 即感染负荷。HP 感染是否与其他易患因素有协同作用尚不清楚。我们的研究与国内学者得出的结论不一致, 其可能原因是我们选择的病例是急性心肌梗死患者, 针对这一群体, HP 感染在疾病的发生中起到的作用微乎其微。HP 感染可能在急性心肌梗死发病的过程不起主要作用, 细胞因子 IL-18、hsCRP 和 TNF- $\alpha$  参与 AMI 的病理过程。总之, 急性心肌梗死的发生, 在一定程度上与炎症反应有关, 本研究结果表明 HP 感染与急性心肌梗死的发病没有相关性, HP 感染可能不会引起全身的炎症反应, 影响 hsCRP 和 IL-18 在血浆中的水平, 而 hsCRP 和 IL-18 在冠状动脉内炎症反应及触发动脉粥样硬化斑块破裂方面起重要作用, 但其详细的机理有待于进一步研究。

## PO-0045

**Serum expression model of long non-coding RNA FEZF1-AS1 and AFAP1-AS1 as a novel biomarker for gastric cancer**

王峰,刘雯雯,李祎

南通大学附属医院,226000

**目的** The aim of this research is to provide novel serum long non-coding RNA biomarkers for diagnosing and evaluating the therapeutic efficacy for gastric cancer (GC).

**方法** QRT-PCR was used to examine the serum expression levels of the two lncRNAs, FEZF1-AS1 and AFAP1-AS1. Furthermore, to explore the diagnostic ability, we constructed a diagnostic model combining the two lncRNAs with a logistic regression analysis.

**结果** QRT-PCR revealed that the two lncRNAs were both up-regulated in GC patients which were correlated with tumor size, TNM stage and lymph node metastasis. When combined the two lncRNAs as a model, the area under the receiver operating characteristic (ROC) curve was 0.866, which was higher than conventional blood biomarkers, such as CEA and CA199. Whats more, the two lncRNAs and the levels of the model were significantly decreased after the patients underwent the operation.

**结论** The results of this study indicated that the combination of serum FEZF1-AS1 and AFAP1-AS1 had high sensitivity and great efficiency for the diagnosis of GC and could be used to evaluate the therapeutic efficacy for this disease.

#### PO-0046

### Trans-cinnamaldehyde inhibits the virulence of *Candida albicans* via enhancing farnesol content with low potential for the development of resistance

Ying Li, Mingzhu Shan  
School of Medical Technology, Xuzhou Medical University

**Objective** The emergence of drug resistance and limitation of antifungal agents complicate the management of fungal infection. *Candida albicans*, as the most common fungal infection pathogen, causes candidiasis via developing its virulence factors. Among them, morphological transition is the most well known key factor.

**Methods** In this study, we found trans-cinnamaldehyde (TC), known as a “Generally Regarded As Safe” (GRAS) molecule, had moderate antifungal activities against various *Candida* species and could retard the virulence of *C. albicans* in a dose-dependent manner by inhibiting the adhesion, morphological transition and biofilms formation.

**Results** The mechanism investigation revealed that the increasing farnesol secretion inducing by Dpp3 expression was responsible for the inhibition of hyphae and biofilms development. Since drug resistance restricted the treatment of clinical fungal infection, we explored the potential of TC to develop drug-resistance. Results showed that TC had little chance to form resistance by serial passage experiments.

**Conclusions** Our work illustrates the underlying mechanism of TC inhibition of morphological transition and provides an optional application in treating the relevant fungal infections by targeting fungal virulence factors.

#### PO-0047

### Exosomal long noncoding RNA pcsk2-2:1 as a potential novel diagnostic biomarker for gastric cancer

Chenchen Cai  
Affiliated hospital of xuzhou medical university

**Objective** Detect the expression level of exosomal long non-coding RNA pcsk2- 2:1 (Lnc RNAPcsk2-2:1) in the plasma of gastric cancer patients and evaluate its diagnostic value as a marker

**Methods** In this study, HiPure Exosome RNA kits was used to extract plasma exosomes, and then extracted total exosome RNA, following we used western blotting and particle size analysis to identify exosomes. The expression of Lnc RNA PCSK2-2:1 in plasma exosomes of 29 healthy people and 63 gastric cancer patients was first detected by real-time quantitative reverse transcription PCR (qRT-PCR), and the relationship between the expression level and clinicopathological parameters was analyzed. Finally, a receiver operating characteristic curves (ROC curve) was used to evaluate the clinical value of Lnc RNA PCSK2-2:1 as a diagnostic marker for gastric cancer.

**Results** Western blotting and particle size analysis showed successful separation of plasma exosomes. qRT-PCR results revealed that compared with the healthy control group, Lnc RNA PCSK2-2:1 expression level in plasma exosomes of gastric cancer patients was significantly

down-regulated( $P<0.05$ ), and the area under the ROC curve (AUC) was up to 0.710. Lnc RNA PCSK2-2:1 expression level was not correlated with age ( $P=0.7848$ ), gender( $P=0.3211$ ), or lymphatic metastasis( $P=0.4879$ ), but with tumor size( $P=0.0189$ ), TNM stage( $P=0.0056$ ), and venous invasion ( $P=0.0367$ ).

**Conclusions** Our experimental data suggest that Lnc RNA PCSK2-2:1 may performs a vital role in the progression of gastric cancer and is expected to be used as an assistant marker for early diagnosis of gastric cancer.

#### PO-0048

### EPB41 基因突变导致遗传性椭圆形红细胞增多症 一家系的分子诊断研究

陈静

成都市新都区人民医院,610000

**目的** 对临床诊断为遗传性椭圆形红细胞增多(HE)的一个家系进行遗传学病因分析。

**方法** 应用靶向捕获及高通量测序技术对家系4名成员的外周血基因组DNA进行高通量测序,经过数据分析筛选可能的致病变异,同时使用生物信息学软件对变异进行功能预测,在家系中对检出的可疑致病性变异进行Sanger测序验证。

**结果** 高通量测序结果显示临床表现为中度贫血的先证者和其母在EPB41基因第13外显子均存在杂合c.1215G>A(p.Trp405Ter)无义突变,为尚未报道的致病性突变。Sanger测序结果显示先证者外祖母亦携带这一杂合突变,且在此家系中观察到基因型和表型共分离。50例无亲缘关系的健康对照均未检测到该突变。

**结论** EPB41基因的c.1215G>A突变是本例HE家系的可疑致病原因;首次在中国HE家系中发现了EPB41基因致病性突变。

#### PO-0049

### FBXW7/mTOR axis as novel biomarkers for diagnosis and metastasis prediction of colorectal cancer

Yuli Wang<sup>1</sup>, Yueyong Liu<sup>2</sup>, Jianhua Mao<sup>2</sup>, Guangwei Wei<sup>3</sup>

1.The Second Hospital of Shandong University

2.Life Sciences Division, Lawrence Berkeley National Laboratory

3.Shandong University School of Medicine

**Objective** F-box and WD repeat domain containing 7 (FBXW7) encodes a substrate adaptor for an SCF E3 ubiquitin ligase complex and lies at the nexus of many pathways which control cell growth, cell differentiation, and tumorigenesis by negatively regulating the abundance of different oncoproteins. Increased cell migration and invasion lead to cancer metastasis and are crucial to cancer prognosis. In this study, we explore whether FBXW7 plays any role in metastatic process.

**Methods** Wound healing assay, transwell assay and matrigel assay were used to detect the migration and invasion of colorectal cancer cells. Spheroid formation assay was used to detect the capability of self-renewal of colorectal cancer cells. Rapamycin was used to inhibit the mTOR signaling.

**Results** Depletion of FBXW7 induces epithelial-mesenchymal transition (EMT) in human colorectal cancer cells along with the increase in cell migration and invasion. Moreover, FBXW7 deficiency promotes the generation of colorectal cancer stem-like cells in tumor-sphere culture. mTOR inhibition by rapamycin suppresses FBXW7 loss-driven EMT, invasion and stemness,

suggesting accumulation of mTOR in FBXW7-depleted cells play a role in induction of stem-like properties.

**Conclusions** EMT and stem cell-like properties are essential for tumor cells to disseminate from adjacent tissues and seed new tumors in distant sites. Our results demonstrated that FBXW7 regulated these two essential characteristics of metastatic disease through mTOR signaling pathway.

## PO-0050

### 血清磷脂酶 A2 受体抗体检测在特发性膜性肾病中的意义及临床应用

冯一民

山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨血清磷脂酶 A2 受体 (PLA2R) 抗体在成人特发性膜性肾病 (IMN) 中的诊断作用和病情活动监测价值, 明确特发性膜性肾病 PLA2R 阳性患者与阴性患者的临床指标差异及特点。

**方法** 对 2018 年 1 月至 2018 年 12 月期间山东大学第二医院 476 例 PLA2R 送检标本进行回顾性分析, 其中肾穿刺活检明确诊断的 IMN 患者 106 例, 肾脏活检确诊为其他类型的肾脏病患者 187 例为对照组, 包括有 72 例糖尿病肾病、38 例高血压肾病、37 例 IgA 肾炎、24 例系膜增生性肾炎、26 例狼疮性肾炎的患者为阴性对照。分析 ELISA 法检测血清 PLA2R 的敏感性及其特异性。此外将 IMN 患者 PLA2R 抗体浓度与 24 小时尿蛋白量、血清 IgG、IgA、IgM、补体 C3、补体 C4、IgG4、血清肌酐、血清白蛋白等临床指标进行相关性分析, 探讨血清 PLA2R 检测的临床价值, 将患者分组为 PLA2R 阳性组和 PLA2R 阴性组, 对两组患者上述临床指标进行比较, 分析特发性膜性肾病 PLA2R 阳性与阴性患者的临床相关指标特点。

**结果** (1) 106 个确诊的 IMN 患者中有 73 个血清 PLA2R 阳性, 阳性率为 68.87%, 187 个对照组阳性患者只有 3 个阳性, 其余 PLA2R 均为阴性, 特异性达到 98.39%。

(2) 血清 PLA2R 与 24 小时尿蛋白量成正相关,  $P=0.001$ , 相关系数  $r^2=0.523$ , 两者相关性密切。

(3) 与膜性肾病 PLA2R 阴性组比较, PLA2R 阳性组患者 24 小时尿蛋白量显著增加 ( $P=0.003$ ), 血清 IgG4 水平显著降低 ( $P=0.038$ ), 但其他指标没有统计学意义。

**结论** 血清 PLA2R 检测特异性升高, 可作为 IMN 的诊断指标。动态监测血清 PLA2R 与 24 小时尿蛋白量可以反应病情变化及评估临床疗效。

## PO-0051

### TAT 和 PIC 联合 D-dimer 更易于肿瘤患者术后高凝状态的监测

崔娟娟

中国医学科学院肿瘤医院

**目的** 分析恶性肿瘤患者术后血浆凝血纤溶的变化趋势, 探讨凝血纤溶标志物在发现恶性肿瘤患者体内的高凝状态中作用。

**方法** 收集 2017 年 9 月至 2018 年 5 月间于中国医学科学院肿瘤医院就诊的 131 例患者, 其中肿瘤术后患者 20 例, 未手术对照组患者 108 例, 肿瘤血栓患者 3 例。分别检测凝血酶-抗凝血酶复合物 (thrombin-antithrombin complex, TAT)、纤溶酶- $\alpha_2$  纤溶酶抑制物复合物 ( $\alpha_2$ -plasmininhibitor-plasmin complex, PIC)、血栓调节蛋白 (thrombomodulin, TM)、组织纤溶酶原激活物/纤溶酶

原激活物抑制剂-1 复合物 (tissue plasminogen activator-plasminogen activator inhibitor complex, t-PAI·C) 的水平, 并与 D-D (D-dimer, D 二聚体) 进行比较。

**结果** 在肿瘤术后组患者中, PIC、TAT、t-PAI·C 及 D-D 水平高于未手术对照组患者, 差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。在肿瘤血栓组患者中, PIC、TAT、t-PAI·C、TM 水平与其在肿瘤术后组患者中无显著差异 ( $P>0.05$ )。相关性分析显示 TAT、PIC 均与 D-D 呈显著正相关 ( $r=0.658$ ,  $r=0.750$ )。一致性分析显示 TAT、PIC 与 D-D 均具有较好的一致性 ( $P=0.000$ ,  $P=0.000$ )。此外, TAT、PIC 及 D-D 在 Khorana 肿瘤血栓风险评估高血栓风险肿瘤类型组显著高于低血栓风险肿瘤类型组 ( $P=0.020$ ,  $P=0.000$ ,  $P=0.000$ )。

**结论** 恶性肿瘤术后患者体内凝血与纤溶活性异常增强, TAT 及 PIC 与 D-D 联合检测有利于监测患者体内高凝状态的变化。

## PO-0052

### Attomolar Quantification of Antibody Subtypes for autoimmune diseases using Plasma Microarrays

Linlin Cheng<sup>1</sup>, Yang Li<sup>2</sup>, Jianhua Liu<sup>3</sup>, Ziyang Wu<sup>4</sup>, Liubing Li<sup>1</sup>, Chenxi Liu<sup>1</sup>, Jiayu Dai<sup>2</sup>, Songxin Yan<sup>1</sup>, Fengchun Zhang<sup>4</sup>, Xiaobo Yu<sup>2</sup>, Yongzhe Li<sup>1</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College and Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing, China

2. Key Laboratory of Proteomics, Beijing Proteome Research Center, National Center for Protein Sciences, Beijing Institute of Lifeomics, Beijing, China

3. Department of Laboratory Medicine, Shengjing Hospital of China Medical University, Shenyang, China

4. Department of Rheumatology and Clinical Immunology, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College and Chinese Academy of Medical Sciences, Key Laboratory of Rheumatology and Clinical Immunology, Ministry of Education, Beijing, China

**Objective** To develop a high-throughput plasma microarray platform that enable the quantification of hundreds of clinical samples simultaneously, with which we would like to investigate the changes of antibody subtypes in different autoimmune diseases, including Behcet's disease (BD), Takayasu arteritis (TA), ANCA-associated vasculitis (AAV) and Sjogren's syndrome (SS).

**Methods** We developed a high-throughput microarray platform that can assay the concentrations of plasma proteins in hundreds of clinical samples within 30 minutes. We applied the platform in the screening of 8 antibody subtype (IgA, IgA1, IgA2, IgG, IgG1, IgG2, IgG3 and IgG4) concentrations in 220 clinical plasma samples, including 100 BD cases, 30 TA cases, 30 AAV cases, 30 SS cases and 30 healthy controls (HC). We analyzed the differential expression of antibody subtypes in different autoimmune diseases by statistical analysis.

**Results** The microarray platform shows high reproducibility with  $r$  correlation of 0.96 and high sensitivity (~attomolar) in plasma antibody detection. The median (Q1-Q3) of antibody concentrations (mg/ml) in HC were 2.512 (1.767-2.886) for IgA, 1.723 (0.540-2.302) for IgA1, 0.428 (0.395-0.520) for IgA2, 29.288 (24.661-35.762) for IgG, 22.806 (17.145-31.314) for IgG1, 0.245 (0.038-0.484) for IgG2, 0.008 (0.006-0.055) for IgG3, 0.006 (0.005-0.015) for IgG4, respectively. Using  $P<0.05$  as significant threshold, IgA was significantly different between AAV and HC, AAV and BD, AAV and SS, AAV and TA, SS and BD; IgA1 was significantly different between AAV and BD, AAV and SS, AAV and TA; IgA2 was significantly different between SS and HC, SS and TA; IgG was significantly different between BD and HC, AAV and HC, SS and HC, SS and BD, AAV and SS, AAV and TA, SS and TA; IgG1 was significantly different between SS and HC, SS and BD, SS and AAV, SS and TA; IgG2 was significantly different between BD and HC, AAV and HC, SS and HC, TA and HC. However, no significant difference was found for IgG3 or IgG4 between these groups ( $P > 0.05$ ).

**Conclusions** All the results demonstrate our high throughput microarray platform has great reproducibility and sensitivity with only a minute amount of clinical plasma samples, which has great potential in the detection of plasma or serum protein biomarkers in future.

### PO-0053

## 胰腺癌外周血免疫抑制细胞 MDSC 及免疫效应细胞对临床病理特征影响及在肿瘤免疫治疗中的机制研究

蒋文娜

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探讨胰腺癌肿瘤微环境及外周血中骨髓来源的抑制细胞 (MDSC) 和效应 T 细胞对胰腺癌患者病理特征的影响。研究在小鼠模型中 MDSC 及效应 T 细胞对抗 PD-1 治疗的作用机制。

**方法** 收集天津医科大学肿瘤医院 2018 年 10 月至 2019 年 3 月 41 例正常人的外周血及收治的 43 例胰腺癌患者的外周血及手术标本, 对 MDSC, CD8+T 细胞进行流式染色, 并进行统计, 查询上述患者的病理资料, 并用  $\chi^2$  检验统计上述免疫细胞与患者临床病理特征的关系, 构建小鼠皮下成瘤模型, 分别给予抗 PD-1 治疗及抗 PD-1 联合清除 MDSC 治疗, 绘制各组小鼠肿瘤生长曲线, 通过 T 检验比较治疗前后的肿瘤大小变化, 以及各组肿瘤组织中浸润的 CD8+T 细胞的比例。

**结果** 胰腺癌患者外周血中 MDSC 的比例高于正常人外周血 MDSC 的比例, 而 CD8+T 细胞在正常人外周血中的比例高于胰腺癌患者。胰腺癌患者外周血中 MDSC 比例与肿瘤大小, 组织学分级, pTNM 分期成正相关, 而外周血中 CD8+T 细胞的比例与肿瘤大小, 组织学分级 pTNM 分期成负相关。动物实验表明, 清除 MDSC 组小鼠瘤体大小明显小于对照组, 在给与抗 PD-1 与清除 MDSC 联合治疗后, 可使小鼠肿瘤体积明显减小。在联合治疗组中 CD8+T 细胞的比例则高于其他对照组。

**结论** 外周血 MDSC 及 CD8+T 细胞与胰腺癌临床病理特征相关, 清除 MDSC 可以提高 CD8+T 细胞的含量并增强抗 PD-1 治疗的疗效。

### PO-0054

## 脑脊液肝素结合蛋白检测在小儿化脓性脑膜炎中的应用价值

黄彩芝, 张洁, 莫丽亚

湖南省儿童医院/湖南省红十字医院, 410000

**目的** 探讨脑脊液肝素结合蛋白 (HBP) 检测在小儿化脓性脑膜炎 (PM) 诊断和预后预测中的价值。

**方法** 选取 2018 年 8 月至 2019 年 1 月湖南省儿童医院收治的化脓性脑膜炎患儿 (PM 组) 76 例, 病毒性脑炎患儿 (VE 组) 55 例, 另选择同期 40 例脑脊液白细胞计数正常的非感染性疾病患儿作为对照组。PM 组患儿按照出院时的格拉斯哥临床结局评分分为预后良好组 (65 例) 和预后不良组 (11 例)。测定 PM 组入院第 1 天和第 7 天、VE 组和对照组入院第 1 天的脑脊液 HBP、白细胞计数 (WBC)、中性粒细胞百分比 (N%)、葡萄糖 (Glu)、总蛋白 (TP)、乳酸脱氢酶 (LDH) 及血清降钙素原 (PCT) 水平。利用非参数检验分析各组间检测指标的差异, Spearman 秩相关检验分析 HBP 与其它各指标的相关性, 建立 ROC 曲线评价各检测指标对化脓性脑膜炎的诊断价值及预后预测能力。

**结果** 入院第 1 天 PM 组、VE 组和对照组之间脑脊液 HBP、WBC、N%、Glu、TP、LDH 及血清 PCT 水平差异均有统计学意义 ( $P < 0.001$ ); 各检测指标用于诊断化脓性脑膜炎的曲线下面积最大

为 HBP (AUC =0.997), HBP 最佳诊断界值 (11.84ng/mL) 时灵敏度、特异度、阳性预示值、阴性预示值分别为 98.70%、97.90%、97.40%、98.94%。PM 患儿预后良好组入院第 7 天与第 1 天比较, 脑脊液 HBP、WBC、N%、TP、LDH 及血清 PCT 水平均降低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 脑脊液 Glu 在二组中的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 预后不良组入院第 7 天与第 1 天各指标比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。入院第 1 天各指标预测 PM 患儿预后不良均无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 入院第 7 天各指标用于预测 PM 患儿预后不良均有统计学意义 ( $P<0.05$ ), AUC 最大为 HBP (0.976), HBP 最佳预测界值 (128.84ng/mL) 时灵敏度、特异度、阳性预示值、阴性预示值分别为 100.0%、93.8%、73.3%、100.0%。脑脊液 HBP 与 WBC、N%、TP、LDH 及血清 PCT 均呈正相关 ( $P<0.001$ ), 与脑脊液 Glu 呈负相关 ( $P<0.001$ )。

**结论** 脑脊液 HBP 检测在小儿化脓性脑膜炎诊断与预后预测中具有一定的临床价值。

## PO-0055

### 六西格玛在特定蛋白项目分析质量上的应用

刘倩,杨伏猛

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 探讨不同质量目标导出的西格玛( $\sigma$ )水平在特定蛋白项目分析质量上的应用价值。

**方法** 用三种不同的允许总误差(TEa)作为质量目标、2017 年室间质量评价数据作为偏倚及室内质控数据累积的变异系数(CV)作为不精密度分别计算各项目的  $\sigma$  水平, 分析不同标准的  $\sigma$  值在特定蛋白项目分析质量上的差异; 并计算项目的质量目标指数(QGI), 为实验室检测质量的持续改进提供正确的措施。

**结果** 据国家室间质量评价标准得出的  $\sigma$  水平较高,  $\sigma\geq 6$  的项目比例为 57.1%; 依据德国 RiliBAK 指南和生物学变异导出的“适当的”质量规范得出的  $\sigma$  水平较低,  $\sigma\geq 6$  的项目比例仅为 14.3%; IgG、C3 和 CRP 均需要在精密度上优先采取改进措施; 根据国家室间质量评价导出的  $\sigma$  水平, 建议 IgA、IgM、C4 和 RF 均采用单规则  $1_{3s}$  进行质量控制, IgG、C3 和 CRP 采用多规则  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  进行质量控制。

**结论**  $6\sigma$  理论能够对特定蛋白项目的分析性能进行客观评价, 在实验室质量的持续改进方面具有重要的应用价值。

## PO-0056

### 二维码和 LIS 系统联合使用在试剂耗材信息化管理中的应用

陈永新

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨二维码和 LIS 系统联合使用对试剂耗材信息化管理的价值。

**方法** 引进二维码技术, 采用二维码和 LIS 系统联合来对试剂耗材进行信息化管理, 建立试剂耗材控制程序, 成立试剂耗材管理小组, 在 LIS 系统试剂耗材出入库模块中维护试剂的基本信息、试剂供应商的基本信息、试剂与项目的对应, 尤其要关注设置对试剂耗材剩余量和有效期的监控。

**结果** 建立了试剂耗材的信息化管理, 实现了对试剂耗材进行全程实时数字化监控管理, 提高试剂管理员的工作效率, 减轻工作强度, 并可对试剂耗材的有效信息及时分析判断, 对近有效期的试剂耗材进行优先管理消耗, 对出现的问题及时处理并采取相应措施达到持续改进的效果, 保证检验质量。



**结论** 该方法的建立提高了对检验科试剂耗材的管理水平和工作效率，确保了试剂耗材有效性以及对试剂耗材供应商和生产厂家的可追溯性，降低科室的耗占比，减少试剂耗材的失效。

**PO-0057**

## Association of serum lipids with autoantibodies and inflammatory markers in rheumatoid arthritis patients

Longjie Gan, Qishui Ou, Jinpiao Lin

Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective Background:** The study aims to study the relationship between serum lipids and autoantibodies and inflammatory markers in rheumatoid arthritis (RA) patients to explore the effect of serum lipids on the diagnosis and judgment of disease activity in RA patients.

**Methods Methods:** Serum lipids including TCHO, TG, HDLC and LDLC and anti-CCP, RF, CRP, ESR of RA patients from May 2013 to August 2017 were retrospectively analyzed in the First Affiliated Hospital of Fujian Medical University. Correlation statistical analysis was performed using Graphpad Prism 7 and IBM SPSS 22.0 analysis software.

**Results Results:** With the dilution factor increased, the levels of serum lipids and anti-CCP, CRP and RF showed the same downward trend, indicating that the detection methods of the above indicators were reasonable and would not be affected by hyperlipidemia. CRP and ESR levels were negatively correlated with HDLC level in male and female RA patients. However, the concentration of anti-CCP and RF were closely related to TG. In all the RA patients and female RA patients, the RF level was negatively correlated with the TG concentration. Moreover, with the TG concentration increased, the proportion of patients with high concentrations of anti-CCP levels decreased. In addition, in male RA patients, anti-CCP and ESR concentration increased with the increase of LDLC.

**Conclusions Conclusion:** The levels of HDLC, TG and LDLC were associated with the concentration of anti-CCP, RF, CRP and ESR in RA patients. Therefore, clinical diagnosis of RA and determination of disease activity should consider the impact of the concentration of serum lipids in order to make a reasonable judgment on the diagnosis of the disease.

**PO-0058**

## PDCA 循环在医院检验科试剂耗材管理中的应用

徐庆

谷城县人民医院, 441000

**目的** 探讨 PDCA 循环法对基层医院检验科实验室试剂耗材的管理方法，实现试剂耗材库存管理水平的持续提高及改进

**方法** 分析我科库存管理存在的问题并提出相应的 PDCA 循环管理措施，对管理前后的库存差异、盘点误差率和周转周期进行统计学分析

**结果** 通过采用试剂库存管理平台进行网络化管理，专人负责、每月盘点及时纠正的方式进行持续质量管理改进，经 PDCA 干预后，我科试剂及耗材库存差异的平均值从 263 件降至 24.5 件；盘点误差率的平均值也下降明显，从 12.1% 降至 1.12%，差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )，此外试剂周转试剂也明显缩短。

**结论** 我科采用实验室试剂耗材的全程信息化管理，通过运用 PDCA 的循环管理模式后显著减小试剂耗材库存盘点时库存差异数的大幅波动，降低了盘点误差率，提高了试剂周转效率

## PO-0059

**EB 病毒检测外周血单个核细胞和血浆标本类型比较**

周琰,苏曦,沈敏娜,王蓓丽,潘柏申,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 通过检测血浆和外周血单个核细胞(PBMC)中 EB 病毒含量,为 EB 病毒感染的实验室的检测提供合适的标本类型,为临床的早期诊断及治疗监测提供敏感、准确的报告。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 方法对中山医院 2016 年送检的 2694 例 EBVDNA 标本,对外周血单个核细胞及血浆中的 EBVDNA 进行检测,分析不同疾病种类中不同标本类型间存在的阳性率差异。

**结果** 694 份送检标本血浆和单个核细胞 EBVDNA 检测阳性结果检出率为 4.86%,血浆标本 EBVDNA 检测阴性而单个核细胞 EBVDNA 检测阳性的占 28.79% (1045/2694); 血浆标本 EBVDNA 检测阳性而单个核细胞 EBVDNA 检测阴性的占 0.11% (3/2694)。其中 84 例鼻咽癌标本单个核细胞标本检测结果阳性占 28.57% (24/84), 119 例霍奇金淋巴瘤的确诊患者中,血浆标本检测阴性而单个核细胞 EBVDNA 检测阳性的占 32.78% (39/119); 466 例非霍奇金淋巴瘤的确诊患者中,其中血浆标本 EBVDNA 检测阴性而单个核细胞 EBVDNA 检测阳性的占 36.27% (169/466), 两者比较, PBMC 中的阳性率远高于血浆。

**结论** 虽然 PBMC 操作繁琐,但是更能检出 EB 病毒感染,但也要结合疾病类型选用合适的标本类型。

## PO-0060

**间质性肺炎患者抗 RA33 抗体、ANA、RF、CRP 与 ENA 联合检测的临床应用**

王菁,彭道荣,赵茜,张小宁,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 了解引起间质性肺炎的发病情况及相关因素,探讨血清抗 RA33 抗体、ANA、RF、ENA 及 hs-CRP 联合检测在间质性肺炎患者诊断、治疗及预后中的作用。

**方法** 采用 ELISA 法对 32 例间质性肺炎患者,37 例类风湿性关节炎患者,30 例普通肺炎患者和 30 例健康对照者进行抗 RA33 抗体的检测,间接免疫荧光法检测 ANA、免疫印迹法检测 ENA,免疫比浊法进行类风湿因子(RF)及 CRP 的检测。

**结果** : 间质性肺炎组患者 RF 水平为: [ (25.75±39.56) KIU/L ] 与普通肺炎 [ (10.92±2.79) KIU/L ] 及健康对照组 [ (10.89±2.78) KIU/L ] 比较差异均显著 (p<0.05); 与类风湿性关节炎组 [ (105.59±153.88) KIU/L ] 比较,差异非常显著 (p<0.01); 类风湿性关节炎组 RF 水平 [ (105.59±153.88) KIU/L ] 与普通肺炎 [ (10.92±2.79) KIU/L ] 及健康对照组 [ (10.89±2.78) KIU/L ] 比较,差异非常显著 (p<0.01); 间质性肺炎组患者 CRP 水平为: [ (20.04±26.61) mg/L ] 与普通肺炎组 [ (9.99±6.93) mg/L ] 比较,差异显著 (p<0.05); 与类风湿性关节炎组 [ (11.65±24.28) mg/L ] 比较,无显著性差异 (p>0.05),与健康对照组 [ (2.57±2.18) mg/L ] 比较,差异非常显著 (p<0.01);

**结论** 对间质性肺炎患者进行抗 RA33 抗体、ANA、RF、CRP、ENA 联合检测,对于疾病的进展、病因分析、指导治疗和改善预后均具有重要实用价值。

PO-0061

## 液相色谱-串联质谱检测血浆 17-a 羟基孕酮 在先天性肾上腺增生疾病中的应用

彭颖斐,秦嘉倩,陈方俊,王蓓丽,郭玮,潘柏申

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 建立一种稳定的血浆 17-a 羟基孕酮的液相色谱-串联质谱 (LC-MS/MS) 检测方法,并应用于先天性肾上腺增生疾病。

**方法** 使用 Waters 公司 UPLC XevoTQs 液质联用仪建立方法,并对该方法的定量下限、线性范围、准确度、干扰、稀释一致性、精密度和稳定性进行评价。并与免疫法进行比对。

**结果** 以同位素氘 8 作为内标,采用 BEH C8 色谱柱进行分离。流动相为  $\text{NH}_4\text{F}$  和甲醇,梯度洗脱;柱温为 35℃。LC-MS/MS 检测 17-a 羟基孕酮的线性范围为 0.025~25ng/mL,定量检出限为 0.0125pg/mL,天间和批间 CV 均<4%,回收率为 100.83%~106.8%。与免疫法进行比对,相关性较差,结合临床案例,质谱检测方法能更好的对疾病进行诊断。

**结论** 建立了可靠的检测 17-a 羟基孕酮的 LC-MS/MS 方法,能够灵敏、准确地检测血浆 17-a 羟基孕酮水平,并将其应用于先天性肾上腺增生疾病。

PO-0062

## Novel Compound Heterozygous Mutations Identified in Severe Type I Protein S Deficiency Impaired the Secretion of Protein S

Jingyi Zhou,Wenyan Shen,Yi Gu,Min Li,Wei Shen

Department of Clinical Laboratory, Renji Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** Hereditary protein S (PS) deficiency is one of the natural anticoagulant deficiency causing thrombophilia. We herein described a young male with recurrent deep venous thrombosis, who was diagnosed as Type I PS deficiency with compound heterozygous mutations of PROS1 gene. We aimed to analyze the relationship between the genotype and phenotype detections and investigate the pathological mechanisms of PROS1 mutations causing PS deficiency.

**Methods** Genetic analysis of PROS1 gene was carried out by direct sequencing. Thrombin generation potential and the inhibition function of thrombin generation by plasma PS were detected by thrombin generation test (TGT). The mRNA transcription level of mutant PS in vitro was measured by real-time PCR, while the protein level was evaluated by western blot and ELISA. Cellular distribution of the protein was further analyzed by immunofluorescence.

**Results** Compound heterozygous mutations (PROS1 g. 99835-36 delCAinsG, p. S517Sfs40X and PROS1 g.101936 C>T, p. R561W) were identified in the proband, which were inherited from his asymptomatic parents respectively and the former one was a novel small indel mutation. TGT results showed reduced thrombin generation potential and impaired inhibition of thrombin generation in his parents. In vitro expression study, p. S517Sfs40X mutant produced truncated protein retained in cytoplasm, while p. R561W mutant partially affected the secretion of PS.

**Conclusions** A low balance between thrombin generation and thrombin inactivation in patients with heterozygous PS mutation might prevent them from thrombosis. C-terminal sex hormone-binding globulin (SHBG)-like domain of PS might play an important role in protein S secretion system.

## PO-0063

## 肿瘤教育血小板剪接体小核 RNA (snRNA) 作为肺癌 新型标志物的研究

董晓菡

山东省肿瘤医院,250000

**目的** 研究 TEP-snRNA 在肺癌尤其是早期肺癌诊断中的作用, 验证其作为肺癌新型标志物能力。

**方法** 分离全血中的血小板, 通过 qPCR 检测试验队列样本血小板 snRNA 表达水平, 包括 U1、U2、U4、U5、U6、U7、U8、U11、U12, 来研究 TEP-snRNA 在肺癌诊断中的作用, 并统计分析上述肺癌血小板 snRNA 表达水平与肺癌发生、肺癌类型、患者临床信息之间关系。检测肿瘤患者及健康志愿者配对血小板、外泌体中 snRNA 表达水平, 并分析 snRNA 在上述配对样本中表达相关性。

**结果** (1) 收集未经治疗的肺癌患者 (n=56, U4 为 54 例) 及健康志愿者 (n=59) 血小板, 检测其中 snRNA 表达水平, 结果显示肺癌患者尤其是早期肺癌患者血小板 U1、U2、U5、U7、U12 表达水平明显降低, 而 U4 表达无明显变化。

(2) 上述样本 TEP-snRNA 表达水平在肺癌尤其是早期肺癌患者中的诊断效率结果显示血小板 U1 (肺癌 AUC=0.827; 早期肺癌 AUC=0.798)、U7 (肺癌 AUC=0.872; 早期肺癌 AUC=0.855)、U12 (肺癌 AUC=0.900; 早期肺癌 AUC=0.899) 具有较理想的肺癌诊断效率, U2、U5 诊断效率较差。

(3) 收集 41 例肺癌患者血浆, 分离同一样本的血小板及外泌体, 检测其中 snRNA 表达, 分析 U1、U2、U5 在血小板及外泌体表达相关性, 结果显示 snRNA 在血小板及外泌体表达正相关。

**结论** TEP-snRNA 作为用于肺癌诊断及早期诊断的新型标志物, 也可作为理想的肿瘤疗效评价标志物。

## PO-0064

## 抗瓜氨酸化 alpha-烯醇酶-1 (CEP-1) 抗体对于预测中国类风湿 关节炎发生关节侵蚀和间质性肺炎 (ILD) 的风险的价值

刘昱东<sup>1</sup>, 刘晨曦<sup>2</sup>, 张蜀澜<sup>2</sup>, 李永哲<sup>2</sup>

1. 北京大学人民医院, 100000

2. 北京协和医院

**目的** 类风湿性关节炎 (RA) 是一种慢性进行性自身免疫性关节病, 其特征在于滑膜炎症和关节破坏。RA 还表现各种关节外表现 (EAM), 其中肺部受累是 RA 中最常见的死亡原因。抗环瓜氨酸肽抗体 (ACPA) 对于 RA 的诊断具有重要价值, 然而用于临床 ACPA 检测的瓜氨酸肽片段并不真实的存在于 RA 患者体内。alpha-烯醇酶是在 RA 中 ACPA 靶向的生理蛋白之一, 本研究意在研究抗 alpha-烯醇酶-1 抗体 (aCEP-1) 对于 RA 诊断以及对于关节破坏和 EAM 的预测价值。

**方法** 本研究共入组 264 名受试者, 包括 101 名 RA 患者、38 名幼年特发性关节炎 (JIA) 患者、46 名疾病对照和 79 名健康人。ACPA 通过第二代抗 CCP 抗体 ELISA 检测, aCEP-1 应用 ELISA 检测。

**结果** aCEP-1 在 RA 患者、JIA 患者、DC 和 HC 的阳性率分别为 61.4%, 13.2%, 15.2% 和 5.1%。对于 RA 诊断方面, 抗 CCP2 表现出最高的阳性似然比 (10.11), 其次为类风湿因子 RF (8.88) 和 aCEP-1 (5.82)。aCEP-1 阳性 RA 患者的 RA 病情 DAS28 评分显著高于 aCEP-1 阴性患者 ( $p = 0.045$ )。同时我们发现当 aCEP-1 值高于 124.78 U/ml 时, aCEP-1 与关节侵蚀之间存在显著关联 ( $p = 0.0026$ ), 而当 aCEP-1 值高于 185.91 U/ml 时, aCEP-1 与 RA 相关间质性肺病间存在

显著相关性( $p = 0.0222$ )。与之形成鲜明对比的是,抗 CCP 抗体无论其值如何选取,均未发现与关节侵蚀和/或间质性肺病间具有显著相关性。

**结论** 我们的研究结果表明,虽然 aCEP-1 可能无法取代抗 CCP2 抗体用于 RA 的常规诊断,但高水平的 aCEP-1 可能有助于预测 RA 患者发生关节侵蚀以及间质性肺病的风险。

## PO-0065

### 分析前不合格标本退单原因分析

赵勇,魏琦,常中宝,袁征  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 通过分析不合格标本退单原因,探讨第三方医学实验室分析前质量控制,以此作为提高实验室分析前质量管理持续性改进的控制目标之一,降低退单率。

**方法** 回顾性分析本实验室 2018 年 1 月-12 月的不合格标本退单情况,对不同类型、不同科室的退单原因进行分类统计。

**结果** 本实验室 2018 年全年不合格标本率为 0.12% (2055/1682208),在 2055 例不合格标本中,标本类型错误 226 例 (11%)、标本容器错误 198 例 (9.6%)、采集量不符合要求 566 例 (27.5%)、凝集的标本数 182 例 (8.9%)、标本溶血 131 例 (6.4%)、遗传培养细胞生长不良或无分裂相 405 例 (19.7%)、结果异常 293 例 (14.3%)、其它 54 例 (2.6%);不合格标本主要集中在生化室 (239 例)、遗传科室 (415 例)。

**结论** 通过对全年不合格标本类型的原因分析,实验室针对客户进行相关培训,并提出预防措施,可以使第三方医学实验室改进检验质量、降低样本的退单率、提高客户满意度。

## PO-0066

### 某医学独立实验室生物安全不良事件分析

赵勇<sup>1</sup>,谢曙光<sup>2</sup>,常中宝<sup>1</sup>,袁征<sup>1</sup>,魏琦<sup>1</sup>  
1.合肥金域医学检验实验室有限公司  
2.广州金域医学检验集团股份有限公司

**目的** 通过分析生物安全不良事件,避免实验室生物安全对员工的危害。

**方法** 通过对某医学独立实验室 28 个分中心 2018 年员工所发生的伤害事故进行数量的统计,并对伤害类型进行分类统计。

**结果** 2018 年发生员工伤害事故 103 起,其中玻璃或锐器割伤 32 起 (31.1%)、针刺伤 21 起 (20.4%)、切片割伤 17 起 (16.5%)、液体溅污 13 起 (12.6%)、取材割伤 13 起 (12.6%)、污染伤口 2 起 (1.9%)、摔伤 2 起 (1.9%)、化学品事件 1 起 (1.0%)、火灾事件 1 起 (1.0%)、其它刺伤 1 起 (1.0%)。

**结论** 通过对员工伤害事故的分析,加强工作人员的安全培训和教育,提升工作人员的安全意识,提高实验室的安全管理水平,避免实验室生物安全对个人的危害。

PO-0067

## 乳腺癌伴 2 型糖尿病的临床特征分析

冯宇

北京世纪坛医院,100000

**目的** 探讨伴有 2 型糖尿病乳腺癌患者的临床特征, 为乳腺癌个体化治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析 2015 年 6 月至 2018 年 12 月首都医科大学附属北京世纪坛医院乳腺外科收治的年龄大于 55 岁的 205 例浸润性乳腺癌患者临床资料, 对伴 2 型糖尿病组及同期对照组的临床特征进行分析。

**结果** 伴 2 型糖尿病组及对照组均为绝经后女性, 伴 2 型糖尿病组平均年龄高于对照组。相较于对照组, 伴 2 型糖尿病的乳腺癌患者临床分期晚, II 期患者比例高, 差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。但分子分型及组织学分级均无统计学差异。

**结论** 合并伴有 2 型糖尿病组的乳腺癌患者, 年龄偏大, 临床分期偏晚, 伴 2 型糖尿病是乳腺癌患者预后不良的危险因素。

PO-0068

## IRAK4 mediates colitis-induced tumorigenesis and chemoresistance in colorectal cancer

Qiong Li<sup>1,2</sup>, Daoxiang Zhang<sup>2</sup>, Rongping Zhao<sup>1</sup>, Kian-Huat Lim<sup>2</sup>, Min Li<sup>1</sup>

1. Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiaotong University

2. Division of Oncology, Department of Internal Medicine, Washington University School of Medicine

**Objective** Targeting the NF- $\kappa$ B pathway is a heavily pursuit strategy to potentiate treatment of colorectal cancer (CRC), but clinical success is limited, largely due to low specificity and toxicities of tested compounds. In solid cancers, the NF- $\kappa$ B pathway is driven predominantly by the Toll-like/Interleukin-1 receptor family members, which signal through the Interleukin-1 Receptor-Associated Kinases (IRAKs). The pathogenic role and therapeutic value of IRAK in CRC has not been investigated.

**Methods** We tested the effect of pharmacologic IRAK4 inhibition in colitis-induced CRC in APC<sup>min/+</sup> mice. We treated CRC cells with IRAK4 inhibitors, small-hairpin and guide RNAs in CRC cells and tested NF- $\kappa$ B status and their susceptibility to chemotherapy in vitro and in vivo. We investigated the mechanism that activate IRAK4 and NF- $\kappa$ B following chemotherapy. Prognostic impact of activated IRAK4 in CRC was investigated using commercial and institutional tissue microarrays and TCGA database.

**Results** IRAK4 inhibition drastically abrogates colitis-induced neoplasm in APC<sup>min/+</sup> mice. Bone marrow transplant experiment showed essential of IRAK4 in immune cells during neoplastic progression in APC<sup>min/+</sup> mice. Chemotherapy significantly enhances of IRAK4 and NF- $\kappa$ B activity through upregulating TLR9 expression, which can in turn be suppressed by IRAK4 and IKK inhibitors, suggesting a feedforward circuitry that sustains CRC survival. Lastly, increased phospho-IRAK4 IHC staining or IRAK4 mRNA expression are associated with significantly worse survival in CRC patients at various stages.

**Conclusions** In summary, our study provided scientific premise for targeting IRAK4 in combination with chemotherapy in CRC. We provide evidence that chemotherapy can induce IKK-NF- $\kappa$ B and sustain CRC cell survival at least via upregulating and engaging TLR9. Further work is needed to elucidate potential resistance mechanisms to enable development of more effective and durable combinatorial regimens.

## PO-0069

## Validation of an improved liquid chromatography tandem mass spectrometry method for rapid and simultaneous analysis of plasma catecholamine and their metabolites

Songlin Yu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Catecholamines[dopamine(DA), epinephrine(E), and norepinephrine(NE)] along with their metabolites [metanephrine(MN), normetanephrine(NMN), and 3-methoxytyramine(3-MT)] play important roles in humans. Their extremely high levels can indicate the presence of neuroendocrine tumors. Accurate and rapid quantitation of catecholamines and their metabolites is useful in the differential diagnosis of neuroendocrine tumors.

**Methods** 200 $\mu$ L plasma were firstly diluted using isotope labelled internal standards(IS), and then extracted using solid phase extraction. The performance of the isotope diluted liquid chromatography tandem mass spectrometry(ID-LC-MS/MS) was thoroughly evaluated. The method was then applied for evaluating the level of catecholamines and metabolites in clinical practice and results of 73 apparently healthy adults were analyzed.

**Results** The total analysis time of the ID-LC-MS/MS method was 4 mins. The improved method was highly sensitive, with a limit of quantification(LOQ) for MN, NMN, 3-MT, and E of 1 pg/mL, and a LOQ for DA of 5 pg/mL, and NE of 10 pg/mL. After correction using IS, no significant matrix effects were observed. Good reproducibility was obtained, with total CVs of 3.2-13.1%, 4.8%-10.0%, 6.2%-6.9%, 3.8%-7.9%, 4.1%-8.8%, 3.4%-8.9% for DA, E, NE, MN, NMN, and 3-MT, respectively. Recoveries were in the range of 91.1 to 109.7% for the six analytes. The mean levels of MN, NMN, 3-MT, DA, E, and NE in the volunteers were 22.9 $\pm$ 7.2pg/mL, 41.4 $\pm$ 17.2pg/mL, 2.34 $\pm$ 2.01pg/mL, 10.2 $\pm$ 4.6pg/mL, 29.3 $\pm$ 14.2pg/mL, and 427.0 $\pm$ 190.6pg/mL, respectively.

**Conclusions** A reliable ID-LC-MS/MS method for the determination of catecholamines and their metabolites using small volume of plasma was verified. The method is quick, simple, could serve as an essential diagnostic tool for neuroendocrine tumors in clinical practice.

## PO-0070

## $\gamma\delta$ T 细胞和淋巴细胞亚群检验在肺癌诊断和预后判断中的价值研究

菅建国

包头医学院第一附属医院

**目的** 通过对肺癌患者治疗前后  $\gamma\delta$ T 细胞的变化以及其他淋巴细胞, 肿瘤标志物的变化进行统计, 探讨  $\gamma\delta$ T 细胞和淋巴细胞亚群在肺癌的诊断和预后判断中的应用价值。

**方法** 收集 146 例已确诊为肺癌的患者的血样, 每份血样取混匀后全血各 40 $\mu$ L 加入两只试管, 分别加入荧光标记抗体 CD3/CD8/CD45/CD4 和 CD3/CD16+CD56/CD45/CD19 各 5 $\mu$ L, 混匀后避光保存 15min, 再分别加入溶血素 370 $\mu$ L, 混匀后避光保存 15min。用流式细胞分析仪进行检测, 记录每份血样的  $\gamma\delta$ T 细胞数量和淋巴细胞亚群的计数, 作统计分析。

**结果** 治疗前后  $\gamma\delta$ T 细胞下降百分比和 NK 细胞下降百分比两组数据相关系数  $r$  值为 0.3269, 与 CD8T 细胞下降百分比相关系数  $r$  值为 0.2882, 皆存在正相关。肺鳞癌治疗是否有效与  $\gamma\delta$ T 细胞数量是否上升卡方检验  $P<0.025$ , 肺小细胞癌数值  $P<0.005$ , 肺腺癌数值  $P<0.75$ 。

**结论** 肺癌经治疗后,  $\gamma\delta T$  细胞数量与 NK 细胞和 CD8T 细胞数量的变化具有相关性, 当肺癌治疗有效时, 鳞癌  $\gamma\delta T$  细胞数量有所上升, 腺癌  $\gamma\delta T$  细胞数量变化无统计学意义, 小细胞癌  $\gamma\delta T$  细胞数量有所下降。

PO-0071

## 一组血清外泌体 miRNA 是潜在的早期肾透明细胞癌液体活检指标

王成<sup>1</sup>, 田亚萍<sup>1</sup>, 张辰宇<sup>2</sup>, 汪俊军<sup>1</sup>, 张春妮<sup>1,2</sup>

1. 中国人民解放军东部战区总医院, 210000

2. 南京大学生命科学院, 医药生物技术国家重点实验室

**目的** 肾透明细胞癌(ccRCC)缺乏早期诊断血清学指标。本文拟筛选 ccRCC 患者血清外泌体中稳定变化的 miRNA, 评估其早期诊断价值。

**方法** 收集未经任何治疗的 ccRCC 患者血清 126 例, 同时以 124 例年龄、性别匹配的正常人血清作对照。用商用试剂盒提取血清外泌体, 纳米颗粒跟踪分析技术和 western blot 鉴定外泌体。低密度芯片技术检测分析 ccRCC 患者和正常对照组成的混合血清的 miRNA 表达谱。运用 qRT-PCR 分别在复筛组(27 例 ccRCC 和 26 例正常)、验证组(72 例 ccRCC 和 72 例正常)和测试组(来自另一医院 ccRCC 样本 27 例和 26 例对照)逐步进行个体验证。并对其中 40 例 ccRCC 患者术前、术后样本比较分析。最后评价 miRNA 及 miRNA 组合的临床应用价值。

**结果** 经鉴定, 所提血清外泌体直径在 100 nm 左右, 且有特异蛋白标志物 CD63 和 CD9 表达。低密度芯片显示, ccRCC 患者血清外泌体中 miRNA 的表达谱与正常对照有明显差异, 44 种 miRNA 在 ccRCC 中明显上调(变化倍数>50)。qRT-PCR 技术逐步验证发现 6 种 miRNA 包括 miR-28-3p、miR-200a、miR-1826、miR-103、miR-1249 和 miR-640 在 ccRCC 患者中的水平均显著且稳定高于正常对照, 在早期 ccRCC 中即显著升高, 且在患者术后明显下降。6-miRNA 组合对早期 ccRCC 诊断的 AUC 为 0.832 (95%CI=0.774~0.889), 敏感度 84%, 特异性 83%。逻辑回归分析显示, 6 种 miRNA 及 6-miRNA 组合的 OR 值均具有统计学意义。

**结论** 6 种血清外泌体 miRNA miR-28-3p、miR-200a、miR-1826、miR-103、miR-1249 和 miR-640 组合在一起对 ccRCC 早期诊断、手术效果评估方面具有较高的准确性, 有望成为 ccRCC 潜在的液体活检指标。

PO-0072

## 六西格玛质量管理方法在临床化学实验室中应用

牛爱军

山东大学第二医院, 250000

**目的** 应用六西格玛质量管理方法对临床化学检测项目进行质量评价, 指导实验室的质量改进

**方法** 以实验室参加 2018 年卫计委临床检验中心常规化学室间质量评价的 22 个项目作为研究对象, 依照公式  $\sigma = (TEa - bias) / CV$ , 分别计算各项目的以不同水平室内质控 CV 所得到的  $\sigma$  值, 并根据  $\sigma$  值大小来选择室内质控品数量及质控规则; 以  $QGI = bias\% / (1.5 \times CV)$  计算各项目质量目标指数(QGI), 查找项目分析性能不佳的原因以便于改进。

**结果** 22 个检测项目以高水平室内质控 CV 计算所得的  $\sigma$  平均值为 5.88, 显著高于以低水平室内质控 CV 计算所得  $\sigma$  平均值 3.91 ( $P < 0.01$ )。  $\sigma$  (高水平) > 6 的项目比例为 36.4%, 明显高于  $\sigma$  (低水平) 的 13.6%;  $\sigma$  (高水平) < 3 的项目比例为 9.1%, 明显低于  $\sigma$  (低水平) 的 31.8%。  $\sigma$  (高水平) < 6 的项目有 14 个, 其中需优先改进精密度 ( $QGI < 0.8$ ) 的项目有 13 个 (92.8%), 精



密度与正确度 ( $1.2 < QGI < 0.8$ ) 均需改进的项目有 1 个 (7.2%);  $\sigma$  (低水平)  $< 6$  的项目有 19 个, 其 QGI 值均  $< 0.8$ , 均需优先改进精密度。

**结论**  $6\sigma$  质量管理方法作为一种新兴的质量管理概念引入到医学实验室中, 可对检测项目的分析性能进行较为客观的评价, 结合 QGI 可查找项目性能不佳原因并提出相应改进措施, 有利于实验室质量改进。

PO-0073

## 59 例心血管患者甲状腺功能研究

杨宏伟, 王毅

天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 甲状腺激素在人体中有着重要作用, 能对机体多个组织器官产生生物学效应, 调节能量代谢和物质代谢, 维持机体生长、发育。心脏是甲状腺激素作用的主要靶器官之一, 对心脏和血管的作用主要表现在对心肌细胞的变力和变速作用以及对血压的影响。分析心血管患者的甲状腺功能。

**方法** 收集 2016 年 8 月至 2017 年 1 月天津医院心血管内科收治并重复检测甲状腺激素的 59 例住院患者。受检人员清晨空腹取静脉血, 使用西门子 ADVIA CENTAUR XP 全自动化学发光免疫分析仪及配套试剂检测游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)、游离甲状腺素(FT4)、促甲状腺激素(TSH), 质控物是 BIO-RAD 第三方质控物。并检测系统使用前根据 CNAS-CL02《医学实验室质量和能力认可准则》中关于检验程序验证的规定, 对检验程序进行确认其精密度、可报告范围及正确度。

**结果** 批内、批间精密度验证结果均符合 Westgard 推荐可接受性准则为: 批内精密度小于  $1/4TEa$ , 批间不精密度小于  $1/3 TEa$  ( $TEa$  采用国家卫计委临检中心  $TEa$  标准) 的可接受范围。TSH、FT3、FT4 的线性范围验证结果均符合试剂说明书要求。准确性验证结果为参加国家卫计委临检中心内分泌室间质评, 符合全国室间质量评价的要求。由此证实, 检测系统符合临床检测预期用途, 患者的甲状腺激素的检测结果可靠, 可作为临床诊断及治疗的依据。

**结论** 亚临床甲减症状轻微, 隐蔽性大, 通过甲状腺激素检测, 可早期发现亚临床甲状腺疾病, 减少心血管疾病风险。

PO-0074

## Relationship between Epstein-Barr virus blood markers with primary Sjogren's Syndrome

Guocai Wu

The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** Primary Sjogren's syndrome (pSS) is a systemic chronic autoimmune disease in which the lymphocytes attack exocrine glands, especially lacrimal and salivary glands, resulting in dry eye and/or dry mouth symptoms. However the pathogenesis of pSS is not well understood. It is suggested that virus infection, such as cytomegalovirus (CMV), hepatitis C virus (HCV) and Epstein-Barr virus (EBV) is associated with pSS.

**Methods** In order to study the significance of EBV markers in peripheral blood of patients with pSS, we detected EBV DNA and gene expression of BLLF1, BcLF1, and BKRF1 in the peripheral blood mononuclear cell (PBMC) of 29 pSS patients by Real-time quantitative PCR, as well as EBV viral capsid antigen (VCA)-specific IgM, IgG and EBV early antigen (EA) IgG by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA)

**Results** The EBV DNA copy number in pSS patients and healthy controls were  $26.76 \pm 36.00$  copies/ $\mu$ g DNA and  $7.41 \pm 12.02$  copies/ $\mu$ g DNA, respectively. The statistics results indicated EBV DNA copy number in pSS patients was higher than that in healthy controls ( $t=3.603$ ,  $P<0.01$ ).

The expression of BLLF1 was  $15.26 \pm 3.77$  and  $14.84 \pm 1.35$ , respectively ( $t=0.46$ ,  $P=0.65$ ); BcLF1  $12.16 \pm 2.63$  and  $13.00 \pm 1.10$  respectively ( $t=1.66$ ,  $P=0.11$ ); BKRF1  $14.09 \pm 3.36$  and  $12.35 \pm 1.71$ , respectively, with significant differences ( $t=2.22$ ,  $P=0.04$ ). The VCA-IgM and EA-IgG positive rate in pSS patients were 20.69% (6/29) and 62.07% (18/29), while that in healthy controls were 2.27% (1/44) and 2.27% (1/44). There was significant differences between the two groups by statistical analysis ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** Active EBV infection plays an important role in the immune dysfunction of pSS patients. The activation of latent EBV is associated with the pathogenesis of pSS.

## PO-0075

### Evaluation of Serum Exosomal LncRNA-Based Biomarker Panel for Diagnosis and Recurrence Prediction of Bladder Cancer

Shujun Zhang, Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Bladder cancer (BC) is one of the most common malignancies of the urinary system. More and more studies have shown that lncRNAs play a very important role in the occurrence and development of tumors. The purpose of this study was to explore the clinical significance of serum exosome lncRNA in the diagnosis of bladder cancer. Long non-coding RNAs (lncRNAs) embedded in circulating exosomes may serve as diagnostic biomarkers for a variety of tumors. We aimed to develop a panel consisting of serum exosomal lncRNAs for diagnosis and recurrence prediction of BC.

**Methods** Exosomes are characterized by their conserved size and density as well as the presence of specific protein markers. Exosomes were isolated from serum of BC patients and healthy controls and validated by transmission electron microscopy (TEM), nanoparticle tracking analysis (NTA) and Western blotting analysis. RT-qPCR was performed to analyze the expressions of 11 candidate lncRNAs using a training set ( $n=200$ ) and a validation set ( $n=320$ ). Receiver-operating characteristic (ROC) curves were employed to evaluate the diagnostic performance of the identified lncRNAs. Multivariate logistic regression model was used to construct an lncRNA panel. Moreover, we determined the correlation between lncRNAs and recurrence-free survival (RFS) of patients with non-muscle-invasive bladder cancer (NMIBC) by Kaplan-Meier analysis, univariate and multivariate Cox analysis.

**Results** TEM was used to confirm the morphology of exosomes, which should be revealed as spherical vesicles with double layer membrane structure and diameters about 100 nm. Western blotting was used to examine exosomal markers at the protein level. CD9 and TSG101 could be detected in the exosome samples but not in the EDS. NTA showed the size distribution of exosomes. Three lncRNAs (PCAT-1, UBC1 and SNHG16) were significantly up-regulated in serum exosomal samples of BC patients. In the training cohort, BCs could efficiently be distinguished from controls using PCAT-1, UBC1 and SNHG16 (PCAT-1: AUC=0.753; UBC1: AUC=0.751; SNHG16: AUC=0.681). A panel was established based on these three lncRNAs. The three-lncRNA panel provided high diagnostic accuracy for BC with an the area under the ROC curve (AUC) of 0.857 and 0.826 in the training set and validation set, respectively, which was significantly higher than that of urine cytology. The corresponding AUCs of this three-lncRNA panel for Ta, T1 and T2–T4 patients were 0.760, 0.827 and 0.878, respectively. Kaplan-Meier analysis showed that NMIBC patients with high UBC1 expression had significantly lower RFS ( $p=0.01$ ). Univariate and multivariate Cox analysis demonstrated that UBC1 was independently associated with RFS ( $p=0.018$ ).

**Conclusions** Three (PCAT-1, UBC1 and SNHG16) out of the 11 lncRNAs had a statistically increased expression in BC patients compared with the healthy donors. Our study established a

distinctive three-lncRNA panel with considerable diagnostic value and identified lncRNA UBC1 as a potential biomarker for prediction of NMIBC recurrence.

## PO-0076

### 医疗设备全生命周期质量管理体系的构建

程歆琦

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 建立并完善医疗设备全生命周期质量管理体系,降低设备使用风险,提高设备应用质量,以期为我国各级医疗机构的设备管理部门建立全生命周期设备质量管理体系提供参考。

**方法** 医疗设备质量管理过程应涵盖医疗设备使用全生命周期中的各种要素

**结果** (1)医疗设备的安装和验收;(2)医疗设备的标识和档案管理;(3)医疗设备的操作培训、考核与授权;(4)医疗设备的预防性维护;(5)医疗设备的维修;(6)医疗设备相关的检定和校准;(7)医疗设备相关不良事件上报与分析;(8)医疗设备的报废。

**结论** 我国各医疗机构设备管理部门缺乏有效的设备质量管理,医疗设备的临床培训和操作准入制度还不健全,相关医疗设备的质量技术标准还不够完善,因此医院医疗设备管理部门应按照广义的设备质量管理要求,协调设备生产厂家和使用科室,落实全面质量管理。建立医疗设备全生命周期的质量管理体系必将有助于保证医疗设备的良好状态,保证医疗设备的安全性和有效性,延长医疗设备的使用寿命,进而为临床医疗及教学、科研的质量与安全保驾护航。

## PO-0077

### FGFR1 基因异常在血液肿瘤中临床意义的研究

张春玲<sup>1</sup>,唐古生<sup>2</sup>,郭孟乔<sup>2</sup>,程辉<sup>2</sup>,杨建民<sup>2</sup>,龚胜蓝<sup>2</sup>

1.上海市第一人民医院,200000

2.海军军医大学第一附属医院

**目的** 研究在血液系统肿瘤中,FGFR1 基因异常对患者诊断、临床特征、病理机制及治疗选择的指导意义及临床应用。

**方法** 收集长海医院 2013 年至 2018 年带有 8 号染色体短臂(8P)改变异常且病史资料较为全面的病例共 29 例,运用染色体 R 带显带技术对患者骨髓染色体进行核型分析,并运用荧光原位杂交技术(FISH)进行 FGFR1 基因检测。

**结果** FISH 检测出 FGFR1 基因异常病例共 7 例,其中 FGFR1 基因扩增病例 3 例、易位改变 2 例、缺失病例 2 例。FGFR1 基因扩增或缺失的 5 例患者均不伴有嗜酸性粒细胞增高,且染色体为复杂核型,预后较差;2 例 FGFR1 基因易位病例为非复杂染色体易位,其中 1 例经骨髓移植后 6 年仍存活,另 1 例染色体核型分析 8 号短臂未见重排,但通过 FISH 检测证实了 FGFR1 基因的重排且为罕见的插入性易位。

**结论** FGFR1 基因扩增或缺失病例多发生在复杂核型中,不伴有嗜酸性粒细胞升高,预后差;FGFR1 基因易位改变患者伴有嗜酸细胞增多,符合伴 FGFR1 异常的髓系/淋系肿瘤的临床特征;染色体核型分析和 FISH 方法相结合可以提高异常克隆的检出。

## PO-0078

## Dissemination of NDM-5-Producing Escherichia coli Mediated by the IncF-Type Plasmid in Southwest China

黄世锋

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** A comprehensive study on the prevalence and clinical significance of NDM-5 among clinical carbapenem-resistant Escherichia coli (CR-EC) infections has not been thoroughly characterized to date.

**方法** The present study was initiated to identify the prevalence of NDM-5 among CR-EC strains isolated, to reveal the genetic context of bla<sub>NDM-5</sub>, and to evaluate the risk factors and clinical outcomes of patients with NDM-5-positive E. coli infections.

**结果** 109 non-repetitive CR-EC isolates were collected from 2013 to 2017, among which 41 (37.61%) were NDM-5-producers, with most isolates carrying the IncF-type plasmids. Complete sequencing of the bla<sub>NDM-5</sub>-harboring IncF plasmid revealed highly conserved regions (ble<sub>MBL</sub>-trpF-tat) and some transposons around bla<sub>NDM-5</sub>.

**结论** Our findings revealed a new potential threat of NDM-5-positive CR-EC in mainland China and emphasized an urgent need to control their further spread.

## PO-0079

## 检验前标本管理流程的完善

吴伟华

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 借助实验室信息管理系统（LIS）完善检验前标本的管理流程，提升检验前实验室质量指标，提高检验前标本的质量，保证检验结果的可信度。

**方法** 参照《WS/T496-2017 临床实验室质量指标》以及 ISO15189 质量管理体系的规范要求，利用 LIS 系统对检验前标本管理流程的时间控制点：标本采集、标本送出、标本送达、移交送出（院区之间）以及标本接收进行实时扫描确认，全程监控检验前标本的各个时间控制点。

**结果** 《WS/T496-2017 临床实验室质量指标》中多项检验前质量指标以及支持过程质量指标在完善后当季度都取得了很大的提高。（1）标本运输丢失率由上季度的 0.007%下降到 0。（2）标本采集时机不准确率由上季度的 0.01%下降到 0.002%。（3）检验前周转时间（标本采集到标本接收时间中位数和第 90 位百分数）合格率由上季度的 90%上升到 98%。（4）支持过程质量指标：医护满意度由上季度的 95%上升到 98%；患者满意度由上季度的 90%上升到 95%；实验室投诉数由上季度的 17 起下降到 1 起。

**结论** 检验前标本管理流程的完善全程监控了标本的各个时间控制点，使标本有迹可循，针对问题可以及时进行有效的持续改进，从而提升了实验室检验前的各项质量指标，提高了检验前标本的质量，保证了检验结果的可信度，提升了医护、患者的满意度，大大减少了实验室的有效投诉。因此，借助实验室信息管理系统（LIS）对检验前标本管理流程的完善势在必行。

PO-0080

## 甲胎蛋白和胆碱酯酶在肝衰竭临床结局预测中的应用价值探讨

尹萌,秦晓松,刘勇  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨甲胎蛋白（AFP）和胆碱酯酶（ChE）在肝衰竭临床结局中的应用价值。

**方法** 选取本院收治 179 名肝衰竭患者，根据患者离院时状态分为生存组及死亡组。收集患者肝衰竭相关实验室指标并进行比较，通过 Logistic 多因素回归分析筛选影响肝衰竭临床结局的危险因素。使用 ROC 曲线分析相关指标对肝衰竭临床结局的预测能力。

**结果** 多因素 Logistic 回归发现 AFP、ChE、国际标准化比值（INR）、白蛋白（ALB）是影响肝衰竭预后的独立影响因素，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。AFP 预测肝衰竭预后的 AUC 为 0.808，敏感度为 86.60%，特异性为 63.41%。ChE 的 AUC 为 0.802，敏感度、特异性为 53.61%、92.68%。二者联合的 AUC 为 0.872，显著高于两者单独预测的准确性（AFP:  $z=3.084, P=0.002$ ; ChE:  $z=2.945, P=0.003$ ）。其敏感度为 84.54%，特异度为 76.83%。

**结论** AFP 及 ChE 可用于预测肝衰竭患者临床结局，二者联合可以对肝衰竭临床结局作出较为准确的预测。

PO-0081

## 检验科噪音污染现状及应对策略

邢银婷,白晶玲  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 本实验通过检测检验科声音分贝值，对比国家环境保护局提出的医院噪音标准，判断检验科噪音污染严重程度，并探讨解决措施。

**方法** 选择 SMART SENSOR AS824 数字分贝检测仪检测检验科共计 8 台大型检验分析仪及相应审核报告处作为主要研究对象，选择办公室及窗边较安静 2 处进行对照。

**结果** 所有分析仪及相应结果审核发放处均出现严重的噪音污染，仪器旁平均分贝值为 72.13dBA，超出医院噪音标准的 44.25%；结果发放处平均分贝值为 68.29dBA，超出医院噪音标准的 36.57%。

**结论** 检验科噪音污染的原因清晰，因噪音污染对医务人员健康损害较大，应在声源、传播媒介及接受者等 3 个方面采取措施，来降低噪音污染导致的职业损害。

PO-0082

## 血清 ADA、LDH 及外周血淋巴细胞亚群比例联合检测 传染性单核细胞增多症患儿的诊断价值

张莉,朱红胜,马钧,金一,沈东华  
南京医科大学附属苏州医院

**目的** 探讨血清腺苷脱氨酶（adenosine deaminase, ADA）、乳酸脱氢酶（lactate dehydrogenase, LDH）、外周血 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值和 CD19<sup>+</sup>B 淋巴细胞百分比（%）联

合检测传染性单核细胞增多症 (infection mononucleosis, IM) 的诊断价值, 为临床早期诊断 IM 提供实验室依据。

**方法** 选择 78 例 IM 患儿为观察组, 88 例支气管肺炎和急性上呼吸道感染患儿为对照组。分别采用过氧化物酶法和速率法检测两组血清 ADA 和 LDH 的水平; 采用 BD 流式细胞仪检测外周血 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值和 CD19<sup>+</sup>B 淋巴细胞百分比 (%)。分别用直线相关分析法分析 IM 组血清 ADA 与 LDH 水平的相关性和外周血 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值与 CD19<sup>+</sup>B 淋巴细胞百分比 (%) 相关性。绘制各检测指标诊断 IM 的受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线, 比较其曲线下面积 (area under the curve, AUC), 并比较各指标单独和联合检测诊断 IM 的效能。

**结果** 观察组血清 ADA 和 LDH 均高于对照组 ( $P$  均  $< 0.01$ ), 且二者呈正相关 ( $r=0.445$ ,  $P<0.01$ )。观察组 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值和 CD19<sup>+</sup>B 淋巴细胞百分比 (%) 均低于对照组 ( $P$  均  $< 0.01$ ), 且二者呈正相关 ( $r=0.681$ ,  $P<0.01$ )。血清 ADA 和 LDH、外周血 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值和 CD19<sup>+</sup>B 淋巴细胞百分比 (%) 诊断 IM 的 AUC 分别为 0.987、0.916、0.994 和 0.986, 以上各指标联合检测 IM 的 AUC 为 0.998, 优于单一项目的诊断效能。

**结论** 血清 ADA 和 LDH 以及外周血淋巴细胞亚群比例联合诊断 IM 敏感性与特异性高, 对 IM 具有较高的早期诊断价值, 同时有助于评估患儿的细胞免疫功能, 判断预后, 值得临床广泛应用。

## PO-0083

### 结肠腺瘤性息肉患者肠道菌群代谢产物的变化研究

陈辞言, 杜艳  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨结肠腺瘤性息肉 (Colorectal adenomatous polyps, CAP) 患者粪便中肠道菌群的代谢产物变化, 找到具有特征性改变的代谢产物, 为进一步探究肠道菌群及其代谢产物在 CAP 向结肠癌发生发展进程中发挥的作用奠定理论基础。

**方法** 实验分组: ①选取 30 例 CAP 患者 (CAP 组), 其中管状腺瘤 23 例、绒毛-管状腺瘤 6 例、绒毛状腺瘤 1 例, 留取其粪便; ②选取 30 例健康志愿者 (HC 组), 均为无疾病健康人群, 留取其粪便。

粪便代谢产物分析: ①将收集到的粪便溶于 dH<sub>2</sub>O, 经滤膜过滤后应用离子色谱仪测定粪便中短链脂肪酸 (SCFA) 含量; ②将收集到的实验组粪便溶于甲醇, 经滤膜过滤后应用 UPLC-MS/MS 分析仪测定胆汁酸和共轭亚油酸含量。

**结果** 粪便中 SCFA 的含量测定, 其中乙酸和丁酸在 CAP 组中含量高于 HC 组 ( $P=0.003$  和  $P=0.000$ )。次级胆汁酸 (CDCA 和脱氧胆酸) 含量在两组间无差异 ( $P=0.22$  和  $P=0.22$ )。共轭亚油酸中共轭体 c9,t11-CLA 含量在两组间无差异 ( $P=0.234$ ), 而 t10,c12-CLA 含量在 HC 组中显著高于 CAP 组 ( $P=0.013$ )。

**结论** 1. CAP 患者粪便中, 对肠道健康有益的代谢产物乙酸、丁酸的含量升高, t10,c12-CLA 的含量降低;

2. CAP 患者粪便中, 对肠道健康有害的次级胆汁酸含量的改变无差异。

PO-0084

## AFP、CA125 和 FIB 联合检测在肝炎后肝硬化 诊断中的临床应用价值

姚钱

武汉大学人民医院,430000

**目的** 观察肝炎后肝硬化(LC)患者体内甲胎蛋白(AFP)、癌抗原 125(CA125)及纤维蛋白原(FIB)水平的变化并探讨其临床诊断价值

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 5 月于武汉大学人民医院诊断为 LC 的患者 118 例作为疾病组,健康受试者 110 例作为对照组。检测并对比疾病组和对照组 AFP、CA125 和 FIB 的水平;采用受试者工作特征曲线(ROC)对 3 个指标进行诊断价值分析;并通过线性回归分析各指标与 LC 患者 Child-Pugh 评分之间的关系

**结果** 与对照组相比,疾病组 AFP、CA125 水平高于对照组( $P<0.001$ ),FIB 水平低于对照组( $P<0.001$ );AFP、CA125、FIB 的曲线下面积(AUC)分别为 0.764、0.92、0.672,三者联合检测的 AUC 为 0.966( $P<0.01$ );控制各因素之后,发现 CA125 与 Child-Pugh 评分之间具有线性相关关系。

**结论** AFP、CA125 和 FIB 水平在肝炎后肝硬化患者血清中变化显著,且三个指标的联合检测在疾病的诊断中有较好的应用价值。

PO-0085

## 前白蛋白、降钙素原对于急性胰腺炎的严重程度 及预后的意义

姚钱

武汉大学人民医院,430000

**目的** 比较血清前白蛋白(PA)、降钙素原(PCT)在急性胰腺炎患者中的变化情况,并探讨其对急性胰腺炎严重程度及预后的预测价值

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 6 月于武汉大学人民医院诊断为急性胰腺炎的患者 124 例作为疾病组,其中轻症急性胰腺炎(MAP)78 例,重症急性胰腺炎(SAP)46 例,健康受试者 100 例作为对照组。检测并对比疾病组和对照组 PCT、PA 及 CRP 等指标的水平,采用受试者工作特征曲线(ROC)对 3 个指标进行 SAP 预测价值分析并通过多元逐步回归分析各指标与 MAP 患者发生 SAP 几率之间的关系

**结果** 与对照组相比,MAP 组及 SAP 组 PCT、CRP 水平高于对照组( $P<0.01$ ),PA 水平低于对照组( $P<0.01$ );与 MAP 组相比,SAP 组 PCT、CRP 水平高于 MAP 组( $P<0.05$ ),PA 水平低于 MAP 组( $P<0.01$ );PCT、PA 及 CRP 的 ROC 曲线下面积分别为 0.919、0.913 和 0.743( $P<0.05$ );控制 WBC、PCT 之后,PA 水平每降低 1 个单位,轻症急性胰腺炎患者发生重症急性胰腺炎的几率提高 14.0%,控制 WBC、PA 之后 PCT 每升高 1 个单位,轻症急性胰腺炎患者发生重症急性胰腺炎的几率提高 512.8%。

**结论** PCT、PA 水平在急性胰腺炎患者血清中变化显著,对急性胰腺炎严重程度及预后具有很好的预测价值。

PO-0086

## Emergence of ST11-K47/K64 hypervirulent carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in bacterial liver abscesses from China: a molecular, biological, and epidemiological study

Qiwen Yang

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Multidrug-resistant bacteria, especially those with high virulence, are an emerging problem in clinical settings. We conducted a multicenter epidemiological study and comparative genomic analysis on the evolution, virulence and antimicrobial resistance of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CREs) in patients with bacterial liver abscesses from 2012 to 2016.

**Methods** All isolates were identified using MALDI-TOF MS. Antimicrobial susceptibility, multilocus sequence types, serotypes and genetic features were characterized using broth microdilution method, multilocus sequence typing, and whole genome sequencing. Virulence phenotypes were detected using string test, human neutrophil killing assay and *Galleria mellonella* infection model. Complete genome especially plasmid analysis of a representative ST11-K47 hypervirulent carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (Hv-CRKp) strain was carried out by PacBio Sequel sequencing.

**Results** A total of 477 liver abscesses cases were collected. Enterobacteriaceae was the main pathogen (426, 89.3%) with *K. pneumoniae* (250, 52.4%) predominating followed by *Escherichia coli* (128, 26.8%). All CRKps were sequence type (ST) 11 with serotype K47 or K64 and simultaneously acquired carbapenemase genes (*bla*<sub>KPC-2</sub> or *bla*<sub>KPC-5</sub>) and extended spectrum  $\beta$ -lactamase genes (*bla*<sub>CTX-M-65</sub>) together with the multidrug transporter *EmrE*. All eight CRKps were clustered together, and five ST11-K47 and three ST11-K64 strains were evolved separately into two different branches. Seven Hv-CRKps (five ST11-K47, two ST11-K64) were experimentally confirmed. Genomic analysis indicated that the emergence of one ST11-K64 Hv-CRKp strain was related to the acquisition of capsular polysaccharide regulator genes (*rmpA/rmpA2*) and siderophore gene clusters (*salmonella*: *iroBCDN*; *aerocin*: *iucABCD*) while ST11-K47 Hv-CRKp lacked these traditional virulence genes. Further complete genome analysis of one ST11-K47 Hv-CRKp strain, R16, showed that this strain acquired a rare 144Kb plasmid (pR16-Hv-CRKp1) carrying *bla*<sub>KPC-2</sub>, *bla*<sub>SHV-12</sub>, *bla*<sub>TEM-1</sub>, *bla*<sub>CTX-M-65</sub>, *rmtB* and a predicted virulence gene R16\_5486 simultaneously.

**Conclusions** CRE made up 2.3% in bacterial liver abscesses, whereas Hv-CRKp accounted for 2.8% among *K. pneumoniae* strains. The 30-day mortality was 1/5 for ST11-K47 CRKp infections and 0/3 for ST11-K64 CRKp infections. The emergence of the ST11-K47/K64 Hv-CRKps, which are simultaneously multidrug resistant and hypervirulent, puts serious threats to public health, and urgent control measures must be carried out.



PO-0087

## Comparison of Three Different Chemiluminescence Assays and a Rapid Liquid Chromatography Tandem Mass Spectrometry Method for Measuring Serum Aldosterone

Yicong Yin, Ling Qiu, Songlin Yu

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academic Medical Science and Peking Union Medical College

**Objective** We aimed to compare and analyze the serum aldosterone (sALD) level obtained using three different chemiluminescence immunoassays (CLIAs) and liquid chromatography tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) method.

**Methods** Serum samples from 221 patients with suspected primary aldosteronism (PA) were retrospectively included in this study conducted at the Peking Union Medical College Hospital from June to August in 2017. The sALD level was determined using the LC-MS/MS method and three different CLIA systems, viz., DiaSorin® XL, iSYS, and Auto Lumo A2000. Pooled fresh serum samples were used for recalibration. Passing–Bablok regression, correlation matrix, and Bland–Altman plots were used to evaluate the agreement among the ALD levels.

**Results** Within laboratory precision of the four assays ranged from 2.1% to 9.4%, except the coefficient variation of one of the CLIAs that exceeded 20.0% for samples with low sALD level. The sALD level measured by LC-MS/MS was significantly lower than that measured by the other three CLIAs ( $P < 0.0001$ ). Spearman correlation among the four assays ranged from 0.745 to 0.950 ( $P < 0.0001$ ). Bland–Altman plot showed that the average bias (%) for the three CLIAs and LC-MS/MS were ranged from -69.3 to -49.2. After recalibration, the bias and bias percentage were not significantly improved among the assays except those of LC-MS vs. IDS and DiaSorin.

**Conclusions** Significant inconsistencies between the results of CLIAs and LC-MS/MS indicated that the sALD measures cannot be used interchangeably and that recalibration cannot obviously improve the inconsistency among the assays.

PO-0088

## 开发流水线自动质控系统前瞻性研究

尚雪松

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 通过流水线在线自动质控 (Automated Quality Control) AQC 与传统手动质控的两种模式比较, 评估 AQC 的质控效能以及与传统质控模式的等效性, 以满足临床实验室质量需求与改进

**方法** 本研究首选北京协和医院检验科急诊心肌项目为研究对象。

选取 2018.11.07-2019.01.07 期间传统质控数据与 2019.01.08-201

9.03.08 AQC 数据比较。应用 Bio-Rad Unity Real Time (URT) 质量管理软件分别计算 CKMB mass、Myo、hscTnl、的六西格玛 (Sigma) 值, 评价两种质控模式的质控效能差异性

**结果** AQC 运行各项目 Sigma 值均 $>7$  质控效能非常卓越; 而传统质控的 Sigma 值表现相对有差异, 其中仅 CKMB mass Sigma min 为 5.07 其他 Sigma 值均 $>6$ ; 不难看出 AQC 表现更为优秀。

**结论** (a) 研究结果表明 a3600 流水线在线质控系统与传统质控模式相比具有可比性反而更为优越, 该模式能够有效的保证检测结果的有效性。(b) 由于减少人为参与质控操作, 针对失控误差分析具有明确的指向性。(c) 探索标准化 AQC 为质量管理与改进提供了新思路 (d) 对于精细化管理尤其对于人员与材料成本两方面得到充分的体现。

## PO-0089

## 18 个遗传性凝血因子 V 缺陷症家系的表型和基因研究

谢晓玲

上海交通大学医学院附属第一人民医院

**目的** 探讨中国人群遗传性凝血因子 V 缺陷症的基因谱及其分子发病机制。

**方法** 采用 APTT、PT 等初筛实验，并进行 FV 活性和抗原检测，通过一代测序检测遗传性凝血因子 V 致病突变。对检测到的国际首次发现的剪切位点突变和大缺失在白细胞和血小板水平进行 cDNA 水平的研究。

**结果** 患者临床表现存在异质性，部分患者术前检出（1/18），大多数仅表现为鼻出血、黏膜出血，女性伴有月经过多（11/18），严重者出现关节出血（2/18），甚至颅内出血（4/18）。在 18 例遗传性凝血因子 V 缺陷症患者中共检出 36 个 F5 基因的致病突变，两例患者仅找到单杂合突变。其中 14 个突变为国际首次报道的新突变，包括 4 个错义突变（c.1673A>G,p.Tyr558Cys; c.1A>T,p.Met1Leu; c.1685A>T,p.Asn562Ile; c.5524G>T,p.Val1842Phe），4 个无义突变（c.436C>T,p.Arg146\*; c.1600C>T,p.Arg534\*; c.4861C>T,p.Arg1621\*; c.6175C>T,p.Gln2059\*），1 个剪切位点突变（c.373+1G>T），一个大缺失突变（g.50226\_58966del,p.Leu1262\_Trp1657del, NG\_011806.1）和 4 个小缺失/插入突变（c.2904dupT,p.Asn968\*; c.6430\_6431dupCT,p.Ser2145Cysfs\*7; c.1685\_1687delACA, p.Asn562del; c.2846delT, p.Leu949Trpfs\*10）。白细胞和血小板的 cDNA 研究发现，g.50226\_58966del 大缺失突变导致在 c.2721 和 c.2722 之间产生新的剪切位点，导致 p.Val1193\_Gln1657del。剪切位点突变 c.373+1G>T 导致第 3 号外显子的缺失。FV 活性和抗原检测显示，突变都为 CRM<sup>-</sup>。另外，p.Asp96His、p.Phe218Ser 和 p.Lys678Glu 三个突变频率较高，分别占 11.1%、8.3%和 8.3%。

**结论** 遗传性五因子缺陷症的临床表现异质性较大，使用出血评分可以评估其出血的严重程度。p.Asp96His、p.Phe218Ser 和 p.Lys678Glu 三个突变可能是中国人群的高频突变。

## PO-0090

## The morphological changes of monocytes in peripheral blood as a potential indicator for predicting active pulmonary tuberculosis

Tian Shen<sup>1</sup>, Xingjian Cao<sup>2</sup>, Junwei Shi<sup>1</sup>, Yu Yu<sup>1</sup>, Yihua Zhu<sup>2</sup>, Delin Gu<sup>1</sup>

1.the Sixth People's Hospital of Nantong

2.The Second Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Monocytes play a crucial role in immune response against Mycobacterium tuberculosis infection. The purpose of this current study was to investigate the morphology present on monocytes in peripheral blood from patients with active pulmonary tuberculosis (APT<sub>B</sub>) and the laboratory performance of the changes for discriminating cases from normal healthy subjects (NHS).

**Methods** A total of 71 peripheral blood samples from patients with APT<sub>B</sub>, and 65 samples from NHS were analyzed. The mean monocyte volume with its distribution width and mean monocyte conductivity as well as monocyte light scatter were detected by VCS technology used on the LH750 hematology analyzer. Correlations of these changes with the serum levels of cytokines Interlukine-1 $\beta$  and Interlukine-6 measured by enzyme-linked immuosorbent assay (ELISA) method in the immune alterations were further evaluated. The Receiver operating characteristic curve (ROC) analysis was used to highlight the clinical implication.

**Results** In APTB patients, the mean monocyte volume showed significant difference ( $176.44 \pm 8.51$  fl versus  $167.59 \pm 5.48$  fl,  $P$  value=0.000) associated with an evident elevation in the mean monocyte volume distribution width ( $21.12 \pm 3.15$  versus  $18.16 \pm 2.18$ ,  $P$  value =0.000) when compared to those in NHS. However, there were no statistically significant differences of the mean monocyte conductivity ( $117.14 \pm 5.84$  versus  $116.21 \pm 5.29$ ,  $P$  value=0.154) and the mean monocyte scatter ( $85.88 \pm 5.36$  versus  $87.96 \pm 5.29$ ,  $P$  value=0.057) observed between two groups. Furthermore, the mean monocyte volume had positive relationship with the serum level of cytokine Interleukine- $1\beta$  (correlation coefficient=0.484,  $P$  value = 0.000), produced in *M. tuberculosis* infected monocytes. In addition, the receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was applied to evaluate the discriminatory ability of the monocyte VCS parameters between APTB and NHS group. Among all VCS parameters, the mean monocyte volume was strongest discriminator between APTB and NHS with an AUC of 0.897. Using the cutoff value of 172.60 fl, the mean monocyte volume achieved a relatively good sensitivity of 80.3% and specificity of 87.3%. Simultaneous measurement of the mean monocyte volume and its distribution width was able to distinguish active infection with an excellent sensitivity of 84.5% and specificity of 90.5% comparable to those obtained from pro-inflammatory cytokine interleukine-6 identifying APTB with great accuracy.

**Conclusions** It is conceivable that the morphological changes of monocytes due to *M. tuberculosis* infection tend to be larger in sizes as shown with increased mean monocyte volume with its distribution width. Thus these changes led us to propose that the increased cell volume may reflect the immune response specific to active tuberculosis infection and may be useful as a sensitive biomarker to predict *M. tuberculosis* infection.

## PO-0091

# 类风湿关节炎患者嗜碱性粒细胞与疾病活动度和 Th1 应答失衡的关系

唐培

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 探讨 RA 患者外周嗜碱性粒细胞的活化情况和活化机制, 以及与疾病活动度和 Th1/Th2 应答失衡的关系。

**方法** 本研究运用流式细胞术检测类风湿性关节炎(Rheumatoid Arthritis, RA)患者外周血单个核细胞(Peripheral blood mononuclear cell, PBMC)中 Th1/Th2 细胞的比值和嗜碱性细胞数量及活化水平, 用 ELISA 法检测血清中 IFN- $\gamma$  和 IL-4 水平, 用 Western blot 法检测血清中循环的 IgE 型免疫复合物(IgE-CIC)的水平。

**结果** Th1/Th2 细胞比值与 DAS28 评分呈低度线性正相关关系, RA 患者血清 IFN- $\gamma$  水平较对照组显著升高, 且和疾病活动度相关, 但 IL-4 的水平则无差异; RA 患者嗜碱性粒细胞数量较对照组显著降低, 且高度活化(高表达 CD203c 和 CD62L), RA 患者外周血存在高水平的 IgE-CIC, 而对照组则无。

**结论** RA 患者外周嗜碱性粒细胞高度活化、数量显著减少, 可能会迁徙至次级淋巴组织和炎症部位, 对抗外周 Th1 应答失衡, 有望为 RA 的防治提供新的线索。

PO-0092

## Development and validation of tumor-educated blood platelets ITGA2B RNA for diagnosis and prognosis of non-small-cell lung cancer through RNA-seq

Shan Xing, Tao Zeng, Wan-li Liu  
Sun Yat Sen University Cancer Center

**Objective** Blood platelets act as local and systemic responders during tumorigenesis and cancer metastasis, thereby being exposed to tumor mediated platelet education, and resulting in altered platelet behavior. It has been reported that tumor-educated platelets (TEPs) may enable blood-based cancer diagnostics. We characterize the platelet mRNA profiles of early stage non-small-cell lung cancer (NSCLC) patients and healthy donors and investigate their potential for TEP-based diagnostics and prognosis.

**Methods** RNA was extracted from 9 patients with NSCLC (stages I and II) and 8 healthy controls. Differentially expressed genes (DEGs) were analysed using RNA transcriptome sequencing technology, then filtered out by the next multi-step analysis: expression frequency, upregulated fold, bioinformatics, lung cancer signaling pathway analysis, oncogenic protein function analysis, and document retrieval retrospective analysis. Circulating platelets was isolated from three independent groups, that is, early NSCLC patients, benign pulmonary nodules patients and matched healthy volunteers (test cohort n = 152, 109, 97 and validation cohort n = 91, 16, 53). mRNA expression levels of ITGA2B, SELP were analyzed by qRT-PCR in the test cohort and verified by two different methods, RT-PCR and Droplet Digital PCR (dd-PCR) in the validation cohort.

**Results** Eight mRNA (BSG, HK1, HLA-E, ITGA2B, SELP, TGB111, THBS1, and TLNQ) were selected as candidate biomarkers for initial analysis. Platelet ITGA2B were remarkably higher ( $P < 0.001$ ) in patients with NSCLC than in all controls. ROC curves analyses illustrated that the levels of platelet ITGA2B mRNA were robust in discriminating the subjects with or without NSCLC, with an area under the ROC curve (AUC) value of 0.922 (95% CI, 0.892-0.952). When the cutoff value was set to the optimal point (0.001759), the sensitivity and specificity was 92.8% and 78.6%, respectively. A binary logistic regression analysis was applied to construct a diagnostic model:  $\text{Logit}(p = \text{NSCLC}) = -3.66 + 91.87 \text{ ITGA2B} + 0.548 \text{ CEA}$ . The model combined CEA with platelet ITGA2B, improving diagnostic capability with an AUC of 0.957 (95% CI, 0.939-0.975), sensitivity of 90.1%, and specificity of 86.9% in test cohort. The results were similar in discriminating the benign from malignant lung nodules, stage I NSCLC from controls and in validation cohort. Furthermore, ITGA2B maintained diagnostic accuracy for patients with NSCLC using ddPCR and the other type of internal control, RPL32 [ddPCR: 0.967 (0.929-1.000) and RPL32: 0.847 (0.773-0.920)]. Patients with NSCLC with higher platelet ITGA2B mRNA expression levels had remarkably worse OS rate compared to patients with lower platelet ITGA2B (71.5% vs. 86.7%;  $p = 0.005$ ) via the Kaplan-Meier method. OS was remarkably associated with platelet ITGA2B mRNA ( $p = 0.006$ ), clinical stage ( $p < 0.001$ ), and CEA ( $p < 0.001$ ). Strikingly, multivariable Cox analysis illustrated that only platelet ITGA2B mRNA (HR, 2.295, 95% CI, 1.263-4.170,  $p = 0.006$ ), and clinical stage (HR, 1.973, 95% CI, 1.500-2.595,  $p < 0.001$ ) retained independent prognostic value. A nomogram incorporating ITGA2B, CEA and stage could predict the OS (C-index = 0.756).

**Conclusions** ITGA2B on tumor-educated blood platelets is a promising marker to improve identification of patients with early-stage NSCLC and differentiate malignant from benign lung nodules.

PO-0093

## 江苏地区沙门菌耐药机制研究

刘国辉

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 本研究分析 2013-2017 年江苏省 13 座城市医院内分离的沙门菌的耐药基因分析探索近 5 年来肠道常见致病菌在本地区的耐药机制。

**方法** 1. 依托江苏省疾病预防控制中心收集自 2013 年 1 月至 2017 年 12 月不同医院分离的共计 979 株沙门菌。2. PCR 法检测氟喹诺酮耐药决定区突变位点及质粒介导的耐药基因,  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因及质粒介导的多粘菌素耐药基因 *mcr-1*, 并对 PCR 结果进行测序分析。3. 脉冲场凝胶电泳分析菌株间的亲缘关系、多位点序列分析方法进行沙门菌的分型研究。4. 选取 *mcr-1* 基因阳性的沙门菌进行质粒接合实验、接合后的药敏、质粒复制子分型实验确定耐药基因接合是否成功及质粒的定位。5. S1-PFGE 和 Southern blotting 杂交分析 *mcr-1* 基因所在质粒的分子量大小。

**结果** 1. 本次研究的 2013-2017 年萘啶酸耐药的沙门菌的 QRDR 突变中: *gyrA* 的 83 位点 (53.9%) 和 133 位点突变 (48.4%) 在的伤寒沙门菌中为优势突变, 而 *gyrA* 的 87 位点 (50.4%) 突变多发生在非伤寒沙门菌中。而在 PMQR 基因中, *qnrS* ( $n = 99$ ; 44.0%) 和 *aac(6')-Ib-cr* ( $n = 82$ ; 36.4%) 为优势菌株。2. CTX-M-14 ( $n = 36$ ) 和 CTX-M-55 ( $n = 46$ ) 为江苏地区沙门菌中流行的超广谱  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因。3. 分离的临床沙门分离株中检测到 28 株质粒介导的 PMQR 阳性基因和 ESBLs 阳性基因两种机制共存的菌株。3-1 2013-2017 年共筛选出 8 株 *mcr-1* 阳性多粘菌素耐药的沙门菌株, 且以苏北地区和儿童为主; 主要分离的沙门菌为 ST34 型的鼠伤寒沙门血清型; PFGE 显示, 8 株 *mcr-1* 阳性菌中无主要克隆播散型。8 株菌均成功接合, 且接合子对多粘菌素耐药; 杂交实验结果表明: 8 株 *mcr-1* 阳性菌株中主要以 224-280kb 的 IncHI2 型质粒为主, 只有 1 株菌为 60 kb 的 IncI2 型质粒。

**结论** 耐药基因结果表明: 志贺菌和沙门菌的 QRDR 突变结果表明 *gyrA* 基因和 *parC* 基因多位点的 QRDR 联合突变是可能导致环丙沙星耐药的原因。且沙门菌 QRDR 共发现 21 种新突变。首次在江苏地区临床上发现 *mcr-1* 基因介导的多粘菌素耐药的沙门菌, 且首次发现 ST155 型和 ST34 型伦敦沙门血清型的沙门菌中发现 *mcr-1* 阳性基因。

PO-0094

## Correlation between Single Nucleotide Polymorphisms in Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathway genes with Cervical carcinoma in Chinese Han Patients

BQ Wang

the Second XiangYa Hospital of Central South University

**Objective** :Cervical cancer is a multifactorial gynecologic tumor in women worldwide.Its occurrence and development are related to genetic and epigenetic changes in genes encoding proteins that are vital components of various signaling pathways,such as Wnt signaling pathway.In this study,we investigated the correlation between genetic variants in Wnt/ $\beta$ -catenin key genes with predisposition to cervical cancer.

:Cervical cancer is a multifactorial gynecologic tumor in women worldwide.Its occurrence and development are related to genetic and epigenetic changes in genes encoding proteins that are vital components of various signaling pathways,such as Wnt signaling pathway.In this study,we investigated the correlation between genetic variants in Wnt/ $\beta$ -catenin key genes with predisposition to cervical cancer.

**Methods** We genotyped seven single nucleotide polymorphisms (SNPs) located in CTNNB1 (rs1798802, rs2293303 and rs3864004), APC (rs454886) and GSK3 $\beta$  (rs3755557) in patients with cervical cancer(n=147) and controls(n=158) via Sanger sequencing. The chi-square test was used to evaluate the genetic association with the cervical cancer susceptibility. Stratified analysis was performed based on age of on-set of cervical cancer.

**Results** In the case-control study, genotypic analysis of individual locus revealed significant difference between cases and controls in 3 SNPs (rs1798802, rs2293303 and rs3864004) located in CTNNB1. The dominant model of rs1798802 and recessive model of rs3864004 were associated with cervical cancer risk ( $p=0.042$  and  $p=0.018$ ). The rs3864004 A allele gene and rs2293303 T allele gene had a hazardous influence on cervical cancer ( $p=0.031$  and  $p=0.040$ ). Besides, the frequency of CTNNB1 rs4135385 A allele were significant higher in cervical cancer patients whose age were above 46 ( $p=0.026$ ). Evaluation of Wnt pathway SNPs for CTNNB1 rs11564475, APC rs454886 and GSK3 $\beta$  3755557 did not show any association in the overall study nor in the stratified analysis.

**Conclusions** Altogether, our study demonstrated that CTNNB1 rs1798802, rs2293303 and rs3864004 increase susceptibility to cervical cancer. In addition, CTNNB1 rs4135385 were significantly associated with old aged cervical cancer patients. Confirmation of our finding in large samples of multi-regional and multi-ethnic researches can provide accurate evidence for the use of SNPs in Wnt/ $\beta$ -catenin pathway genes as screening biomarkers for early-detection of cervical cancer.

## PO-0095

### Tim-3/galectin-9 interaction promotes NK cells mediated inhibition on CD8<sup>+</sup>T cells in chronic hepatitis B

Di Zhao

qilu hospital of shandong university

**Objective** T cell immunoglobulin and mucin domain-3 (Tim-3) has been shown to contribute to the dysfunction of CD8<sup>+</sup>T cells in patients with chronic virus infection. However, the mechanisms remain largely unknown. The aim of the study was to explore the role of NK cells in Tim-3-mediated CD8<sup>+</sup>T suppression in chronic hepatitis B (CHB).

**Methods** Tim-3 expression and phenotype characterization were analyzed by flow cytometry in CHB patients and healthy controls. CFSE-based proliferation and IFN- $\gamma$  expression were used to evaluate CD8<sup>+</sup>T cells functions. Magnetic beads were used for NK cells depletion or CD8<sup>+</sup>T cells isolation from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) of CHB patients. Tim-3-Fc, Tim-3 neutralizing antibody or  $\alpha$ -lactose was involved in blocking assays.

**Results** Tim-3 expression was significantly up-regulated on peripheral CD8<sup>+</sup>T cells from CHB patients. The proportion of Tim-3 expressing CD8<sup>+</sup>T cells showed significantly positive correlation with HBV viral load. Blocking Tim-3 pathway in PBMCs with human Tim-3-Fc greatly increased the HBV specific IFN- $\gamma$  expression and proliferation of CD8<sup>+</sup>T cells. However, Tim-3-Fc failed to enhance HBV specific CD8<sup>+</sup>T cells responses in the absence of NK cells, suggesting the important role of NK cells in Tim-3-mediated dysfunction of CD8<sup>+</sup>T cell in chronic HBV infection. Moreover, blocking galectin-9 on NK cells with lactose greatly increased HBV specific IFN- $\gamma$  expression and proliferation of CD8<sup>+</sup>T cells in CHB patients.

**Conclusions** NK cells are critical for Tim-3-mediated CD8<sup>+</sup>T cells suppression in CHB.

PO-0096

## 运用精益管理缩短心肌损伤标志物检验中周转时间

孟静

山东大学第二医院,250000

**目的** 运用精益管理方法缩短心肌损伤标志物检验中周转时间,提高临床和患者满意度。

**方法** 根据临床的投诉等资料发现问题,运用精益管理方法,分别从人、机、料、法、环不同的方面寻找原因,积极采取有效措施,缩短心肌损伤标志物检验中周转时间。

**结果** 经过一系列有效措施的实施,住院患者的检验中标本周转时间九十分位数,由2018年10月的62分钟缩短到2019年5月的43分钟,效果明显。

**结论** 精益管理是全面质量管理的有效手段,利用精益管理的方法可以优化工作流程、增强团队凝聚力,提高临床和患者满意度。

PO-0097

## Urinary nephrin and matrix metalloproteinase-9 in idiopathic membranous nephropathy: potential applications.

Kankwasa gilbert A

Shengjing hospital of China Medical University

**Objective** Idiopathic membranous nephropathy (IMN) is a major cause of adult nephrotic syndrome. Because of its varied course, IMN requires accurate prediction as a prerequisite for treatment administration. Currently, its prognosis is determined by proteinuria the onset of occurs after substantial renal damage. Although the urinary excretion of Matrix metalloproteinase-9 (MMP-9) and nephrin occurs in early stages of glomerular diseases and the two biomarkers have demonstrated capacity to reflect the severity of nephrotic syndrome in several glomerular diseases, their value in IMN is not yet known. We measured the urine levels of both biomarkers and determine their relationship with key parameters of renal function in order to their potential in the management of IMN.

**Methods** Idiopathic membranous nephropathy (IMN) is a major cause of adult nephrotic syndrome. Because of its varied course, IMN requires accurate prediction as a prerequisite for treatment administration. Currently, its prognosis is determined by proteinuria the onset of occurs after substantial renal damage. Although the urinary excretion of Matrix metalloproteinase-9 (MMP-9) and nephrin occurs in early stages of glomerular diseases and the two biomarkers have demonstrated capacity to reflect the severity of nephrotic syndrome in several glomerular diseases, their value in IMN is not yet known. We measured the urine levels of both biomarkers and determine their relationship with key parameters of renal function in order to their potential in the management of IMN.

**Results** Both biomarkers were higher in IMN. Only MMP-9 was significantly increased in patients with nephrotic syndrome, in the anti PLA<sub>2</sub>R-positive patients and in patients with eGFR less than 90 ml/min/1.73 m<sup>2</sup>. MMP-9 was significantly correlated with both proteinuria and eGFR while nephrin correlated with only eGFR. Neither MMP-9 nor nephrin was significantly correlated with serum PLA<sub>2</sub>R antibodies.

**Conclusions** Urinary MMP-9 holds a greater potential than nephrinuria in monitoring the severity of IMN

## PO-0098

## 尿液足细胞有丝分裂灾难在糖尿病肾脏疾病早期损伤中诊断作用的研究

徐莉

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 本研究拟观察尿足细胞有丝分裂灾难现象及小鼠双微体 2 (murine double minute gene 2, MDM2) 在 2 型糖尿病肾病 (diabetic nephropathy, DN) 患者的表达情况,探讨其单独以及联合检测在 DN 诊断中的价值。

**方法** 选取 2018 年 10 月~2019 年 5 月收住的 73 例临床诊断为 2 型糖尿病 (type 2 diabetic mellitus, T2DM) 患者,并依据尿白蛋白/尿肌酐比值 (urinary albumin to creatinine ratio, UACR) 将患者分为正常白蛋白尿组 (NA 组)、微量白蛋白尿组 (MA 组) 和大量白蛋白尿 (LA 组); 及 12 例同期体检健康者作为对照组。留取 50ml 患者晨尿,应用免疫荧光法显微镜下观察尿沉渣中足细胞有丝分裂灾难现象,ELISA 法检测尿上清中 MDM2 及足细胞标志蛋白 synaptopodin 的表达情况。应用肌氨酸氧化酶法检测尿肌酐,应用 CBB 法检测尿白蛋白。Pearson 分析 MDM2、synaptopodin 与肾小球滤过率 (estimated Glomerular Filtration Rate, eGFR) 的相关性;分析尿 MDM2 对 DN 的诊断效率;评估尿 MDM2、尿 synaptopodin 单独以及联合检测对 DN 的诊断价值。

**结果** 糖尿病患者尿 MDM2 及尿 synaptopodin 显著高于健康人对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),且随着病程进展而升高。Pearson 相关分析结果表明,尿 MDM2 和尿 synaptopodin 呈正相关。在 NA 患者中,MDM2 及 synaptopodin 阳性率分别为 75% 和 85%,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );两者联合检测阳性率为 65%。

**结论** 糖尿病患者肾损伤时尿 MDM2 和 synaptopodin 明显增加,两者联合检测对于 2 型糖尿病肾病早期诊断具有重要价值。

## PO-0099

## 北川县域检验结果互认调查与分析

吕强

北川县人民医院,621000

**目的** 调查与分析北川县医疗机构检验结果互认情况,为推进全县检验结果互认提供基础数据。

**方法** 北川县临床检验质量控制分中心对北川县 14 家医疗机构检验科人员结构、仪器设备、室内质控覆盖率、室间质评参评率、室间质评通过率 (均为 2018-2019 年) 情况调查以及新鲜血样比对结果进行分析,讨论北川县二级医院检验结果互认可行性,提出互认质量控制的问题和难点。2019 年 3 月对 24 个检验项目进行新鲜血标本比对,回报和统计分析检测结果。通过查检验科人员、仪器设备、室内质控覆盖率、室间质评参评率、室间质评通过率和新鲜血比对,评估北川县常规检验项目检验结果互认可行性,持续改进互认质量控制的问题,提升北川县检验质量水平。

**结果** 通过调查、比对、分析,14 家医疗机构中存在检验人员梯队建设不合理,仪器设备质量不达标,室内质控覆盖率和室间质评通过率有待提高 (部分医疗机构还未参加时间质评活动),比对项目中血液检验常规检测项目平均通过率为 71.4%,临床生化常规项目平均通过率 28.6%。其中县属医疗机构比对项目通过率明显高于乡镇医疗机构。规范质量控制管理,加强人员培训等措施,更新检验设备等可以提高医院间检验结果的可比性,有力推进检验结果互认工作。

**结论** 尚不能达到结果互认条件



## PO-0100

## 医学检验科危急值报告现状分析与管理

王宁,孙继芹,李晓东  
云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 统计检验科危急值报告情况,分析我院危急值发生状况,为危急值报告的管理及持续改进提供依据。

**方法** 利用瑞美实验室信息系统(LIS)统计检验科 2017 年 1 月至 2017 年 12 月发生的 3587 例危急值,对危急值项目的发生率、科室分布、时间分布、标本类型等进行分析,并提出持续改进意见。

**结果** 医院 2017 年发生率为 0.48%,危急值排名前五位的项目分别是:肌酐(CR)、活化部分凝血酶时间(APTT)、钠(Na)、钾(K)、白细胞计数(WBC)。发生危急值最多的科室是肾病学、ICU 血液肿瘤科,一天中危急值发生高峰时段为 9:00 至 15:00,低峰时段为凌晨 1:00 至 7:00。一周中分布规律为周一至周五较多,周六、周日相对较少。从标本类型分:住院危急值最多,门诊危急值最少,生化危急值最多,其次为血液分析。

**结论** 加强重视对危急值的管理,不断完善危急值项目和范围,解决危急值报告的影响因素,保证快速、高效的将危急值结果报告给医护人员,以提高实验室的服务质量和保障患者安全。

## PO-0101

## 自主研发临床微生物实验室信息系统的创新功能介绍

伊茂礼  
烟台毓璜顶医院,264000

**目的** 介绍我院自主研发微生物检验信息系统的多个创新功能

**方法** 由我院微生物检验人员提出设计构架流程模块、广州惠桥信息技术人员开发实施。

**结果** 我院自主研发的微生物信息系统在上线使用后经近百次测试和改进,实现了标本流程预置码管理、危急值创新上报、项目医嘱合码拆码管理、院感监测流程管理、血培养瓶及运送培养基信息化管理、检验结果自动报告审核、耐药监测报告自动生成等多项创新功能。

**结论** 分享我们自主研发系统的多项创新功能有助于微生物实验室信息化建设标准化的快速推进。

## PO-0102

## Overexpression of S100A14 contributes to malignant progression and predicts poor prognosis of lung adenocarcinoma

Di Wang, YiQun Che  
National Cancer Center/ National Clinical Research Center for Cancer/ Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** S100A14 is a member of the S100 calcium-binding protein family that exerts important phenotypic effects on cell proliferation, apoptosis, differentiation, and motility. However, the functional role and potential clinical significance of S100A14 in lung adenocarcinoma has not yet been clarified.

**Methods** We analyzed genomic alterations of S100A14 using The Cancer Genome Atlas lung adenocarcinoma genomic dataset. S100A14 displayed significant copy number amplification in

lung adenocarcinoma. We detected S100A14 expression in lung adenocarcinoma and analyzed the correlation between S100A14 expression and clinicopathological characteristics.

**Results** Immunohistochemical analysis showed that S100A14 expression was obviously upregulated in lung adenocarcinoma tissues compared to matched normal counterparts. Statistical analysis revealed that S100A14 expression strongly correlated with poor differentiation, metastasis, stage, smoking, and EGFR mutation. Furthermore, our data indicated that S100A14 serum levels were higher in lung adenocarcinoma patients than healthy controls. Intriguingly, S100A14 serum levels were related to distant metastasis ( $P = 0.028$ ). High S100A14 expression was significantly associated with overall ( $P = 0.0016$ ) and post progression ( $P = 0.039$ ) survival. In addition, we investigated the biological functions of S100A14 in lung adenocarcinoma cell lines. The results demonstrated that S100A14 promoted cell migration and invasion of SPCA1 and Glc-82 cells.

**Conclusions** S100A14 increases the motility of lung adenocarcinoma cells, and might be a diagnostic and prognostic serum biomarker and potential therapeutic target for lung adenocarcinoma.

## PO-0103

### 基于宏基因组二代测序技术的感染性脓肿病原学诊断

黄英男,胡必杰,郭玮,潘珏  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 宏基因组二代测序 (meta-genomic Next Generation Sequencing, mNGS) 是一种病原学检测新方法。为探索传统培养与 mNGS 技术在脓肿病例的病原学诊断上的优劣, 我们应用 mNGS 检测感染性脓肿, 并将结果与传统培养进行比较。

**方法** 我们于 2017.08.01-2018.07.31 期间、收集了复旦大学附属中山医院感染病科住院治疗的 61 例不同部位感染性脓肿的患者, 其中骨关节脓肿 8 例, 皮肤软组织脓肿 18 例 (其中 2 例伴有骨和关节感染), 深部器官脓肿 20 例, 浅表器官脓肿 10 例, 浆膜腔脓肿 7 例。通过经皮穿刺术或感染部位拭子收集脓液标本, 同时送检传统微生物培养和 mNGS 检测并比较二者结果。

**结果** 通过以上两种方法鉴定出的病原体包括细菌 (39 例)、真菌 (4 例)、分枝杆菌 (12 例) 和非典型病原体 (2 例), 并包括不同种类病原体混合感染 (5 例)。传统培养和 mNGS 阳性率分别为 62.30% (38/61) 和 78.68% (48/61); 将两种方法联用, 总体阳性率可达 85.25% (52/61); 其中有 55.74% (34/61) 的标本的在两种方法中均得到阳性结果。但常有混合感染、单种方法不能得到全面的病原学结果: 两种方法得到相同的阳性和阴性结果的标本数量分别为 21 和 9 个; 在结果不同的样本中, 有 4 例为培养阳性而 mNGS 阴性, 有 13 例培养阳性和 14 例培养阴性样品通过 mNGS 检测获得了更多的病原信息。对于在采集标本前抗感染治疗过的患者, 以及非典型病原体和厌氧菌等一般培养困难的病原体感染者, mNGS 检测在病原学诊断方面优于传统培养; 在革兰阴性菌感染的深部器官脓肿中, 二者符合率较高; 而在结核分枝杆菌感染的浅表器官中, 二者呈现出良好的互补作用。

**结论** mNGS 可作为脓肿病原学诊断的新工具, 鉴定不同感染部位的多种脓肿病原体, 给传统培养提供良好的补充, 为临床决策和恰当的抗菌药物应用提供有力帮助。

## PO-0104

## 宏基因二代测序技术对厌氧菌感染精准化诊断的临床价值

李冰, 缪青, 金文婷, 黄英男, 郭玮, 潘珏, 胡必杰  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 通过比较宏基因二代测序与传统培养检测厌氧菌的阳性率及时间来评价该新技术对厌氧菌感染精准化诊断的临床价值。

**方法** 回顾性分析 2017 年 2 月至 2019 年 2 月复旦大学附属中山医院感染病科收治的 16 例临床诊断厌氧菌感染且微生物标本同时送传统厌氧菌培养及宏基因二代测序的患者。采用随机扩增法、DNA 纳米球、BGI-500 测序平台、BWA 比对法等技术对上述患者病灶处获取的微生物标本进行二代测序。描述此类患者的临床特点、比较两种不同检测方法的阳性率与检测时间、探究常见厌氧菌感染病原体的主要组成, 以阐明宏基因二代基因技术在厌氧菌诊断方面的优势。

**结果** 符合入组条件的厌氧菌感染患者共 16 例, 其中男性 12 例, 女性 4 例。厌氧菌感染部位包括: 肺部 (8 例)、皮肤软组织 (2 例)、腹腔 (1 例)、混合感染 (5 例), 其中皮肤软组织厌氧菌感染发生的高危因素之一为糖尿病。同时送传统厌氧菌培养及宏基因二代测序的微生物标本共 29 份, 标本类型包括: 外周血 (3 份)、组织匀浆 (5 份)、脓液 (11 份)、灌洗液 (8 份) 和无菌部位体液 (2 份)。传统培养的阳性率为 20.7% (6/29), 而宏基因二代测序的阳性率为 82.8% (24/29), 后者显著高于前者 ( $P < 0.001$ ); 按标本类型分层后比较, 发现两种方法检测组织匀浆、脓液和灌洗液时宏基因二代测序的阳性率亦显著高于传统培养,  $P$  值分别为 0.048、0.035 和 0.026。宏基因二代测序中位检测时间为 48 小时, 而传统培养为 97 小时, 两者间存在显著差异 ( $P < 0.001$ )。肺部厌氧菌感染患者送检标本量最多, 共 12 份, 其中出现频次最高的前 3 类厌氧菌分别为梭杆菌、卟啉单胞菌和普氏菌, 而梭杆菌属中以具核梭杆菌最为常见。

**结论** 宏基因二代测序技术对厌氧菌感染的病原体评估较传统培养方法更敏感、更快捷, 在厌氧菌感染的精准化诊断方面具有优势。

## PO-0105

## 无功能肾上腺意外瘤患者尿微量白蛋白与血皮质醇水平的相关研究

李晓牧, 凌雁, 潘柏申, 陆志强, 高鑫  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 肾上腺意外瘤患者心血管疾病的患病率较高, 可合并多种代谢相关心血管疾病危险因素。近期有研究提示, 无功能肾上腺意外瘤患者颈动脉内中膜厚度 (IMT) 显著升高, 可能与其皮质醇水平相关。尿微量白蛋白水平的升高是早期内皮功能损伤的标志物, 本研究旨在研究无功能肾上腺意外瘤患者代谢参数的特征, 分析其尿微量白蛋白水平的升高与皮质醇分泌水平的相关性。

**方法** 采用横断面研究的方法, 共纳入原发性高血压合并无功能肾上腺意外瘤患者 92 例 (NFAI 组), 原发性高血压肾上腺形态正常患者 198 例 (EH 组), 所有患者无其他糖脂代谢异常病史。所有患者进行肾上腺薄层 CT, 生化及激素水平检测, 并测定 24h 尿微量白蛋白水平, 空腹及 75g 葡萄糖负荷后 2h 血糖, 胰岛素水平, 计算 HOMA-IR 指数, 隔夜 1mg 地塞米松试验 (ONDST)。

**结果** NFAI 组与 EH 组患者性别 (男/女, 44/48 vs 94/104), 年龄 ( $60.3 \pm 6.5$  vs  $61.7 \pm 5.2$  岁), 高血压用药情况 (平均用药种类  $1.5 \pm 0.5$  vs  $1.4 \pm 0.5$ , RAS 系统相关药物 34% vs 35%) 等均无显著差别。NFAI 组患者舒张压 ( $92 \pm 3$  vs  $86 \pm 2$  mmHg,  $p = 0.02$ ), 腹围 ( $88.3 \pm 2.7$  vs  $82.2 \pm 1.6$  cm,  $p = 0.02$ ), 甘油三酯 ( $2.9 \pm 0.4$  vs  $2.2 \pm 0.3$  mmol/L,  $p = 0.04$ ) 水平高于 EH 组患者; NFAI 组患者 ONDST 后皮质醇水平高于 EH 组 ( $37.8 \pm 2.5$  vs  $29.6 \pm 1.9$  nmol/L,  $p = 0.01$ ); 校正血压水平

后, NFAI 组患者 HOMA-IR 【2.94 (1.99, 3.24) vs 2.20 (1.61, 2.54),  $p=0.04$ 】, 24h 尿微量白蛋白水平 ( $38.9\pm 3.9$  vs  $27.3\pm 2.8$  mg/24h,  $p=0.01$ ) 高于 EH 组。相关分析结果提示, NFAI 组患者 24h 尿微量白蛋白水平与 ONDST 后皮质醇水平呈正相关 ( $r=0.32$ ,  $p=0.03$ )。

**结论** 原发性高血压合并无功能肾上腺意外瘤患者代谢相关心血管危险因素较肾上腺正常原发性高血压患者增高, 其胰岛素抵抗状态和早期内皮功能损伤与尚处于正常范围内且非自主分泌的皮质醇水平相关。

## PO-0106

# Susceptibilities of Gram-negative bacilli from hospital- and community-acquired intra-abdominal and urinary tract infections: A 2016-2017 update of the Chinese SMART study

Hui Zhang, Yingchun Xu, Qiwen Yang, Siemeng Duan, Jingjia Zhang, Ge Zhang, Yang Yang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** To update the epidemiology and susceptibility of hospital-acquired (HA) and community-acquired (CA), as well as intensive care unit- (ICU-) vs non-ICU-derived intra-abdominal infection (IAI) and urinary tract infection (UTI) pathogens in Chinese hospitals.

**Methods** A total of 2,546 Gram-negative isolates from IAI and 1,947 isolates from UTIs collected in 16 hospitals and 7 regions of China from 2016 to 2017 were collected and analyzed

**Results** *E. coli* and *K. pneumoniae* were the most common pathogens identified in HA (40.7%, 21.9%) and CA (49.2%, 21.3%) IAI and in HA (59.0%, 17.3%) and CA (64.3%, 12.7%) UTIs, respectively.

The overall rates of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase- (ESBL-) positive strains were 48.4% for *E. coli* and 26.6% for *K. pneumoniae*. The rates of ESBL-positive *E. coli* and *K. pneumoniae* strains were significantly higher in HA than in CA IAI (51.7% vs 42.4%,  $P = 0.016$  and 22.0% vs 20.6%,  $P < 0.001$ ). IAI *E. coli* ESBL-producing isolates were most susceptible to IPM (97.2%) and AMK (93.9%), and UTI-associated *E. coli* ESBL-producers were 94.74% susceptible to amikacin (AMK), 97.02% to imipenem (IPM), and 91.4% to ertapenem (ETP). IAI *K. pneumoniae* ESBL-producing isolates were most susceptible to AMK (84.43%) and IPM (82.79%), and UTI-associated *K. pneumoniae* ESBL-producers were 88.39% susceptible to AMK, 87.5% to IPM, and 82.14% to ETP. Percentages of susceptible strains to Piperacillin-Tazobactam (TZP) were in the range of 82.1%-91.1%, to 5 cephalosporins in the range of 31.5%-91.1% and to 2 fluoroquinolones in the range of 37.7%-45.7% for *E. coli* and 65.6%-84.5%, 37.7%-75.3%, and 43.9%-73.2% for *K. pneumoniae*, respectively.

**Conclusions** *E. coli* and *K. pneumoniae* continued to be the main pathogens in Chinese UTIs and IAI with high ESBL-positive rates between 2016 and 2017. Carbapenem- or amikacin-based therapies were the most effective to combat IAI and UTI pathogens.

## PO-0107

## Evolution of hypervirulence in KPC-2-producing ST11 carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in China: A multicenter, molecular epidemiological analysis

Yawei Zhang<sup>1</sup>, Longyang Jin<sup>1</sup>, Pengwen Ouyang<sup>2</sup>, Qi Wang<sup>1</sup>, Ruobing Wang<sup>1</sup>, Juan Wang<sup>2</sup>, Hua Gao<sup>1</sup>, Xiaojuan Wang<sup>1</sup>, Hui Wang<sup>1</sup>

1. Peking University People's Hospital

2. Hunan Province People's Hospital

**Objective Background:** Carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (CR-hvKP) have been increasingly reported in China; however, multicenter, longitudinal surveillance on CR-hvKP is lacking.

**Methods Methods:** We retrospectively investigated CRKP in 56 centers across China, in 2015–2017, and screened the virulence genes (*iucA*, *iroN*, *rmpA*, and *rmpA2*) for the presence of virulence plasmids. Hypermucoviscosity, serum killing, and *Galleria mellonella* lethality were conducted to identify CR-hvKP among strains with four virulence genes. Capsule typing, fitness, and plasmid features of CR-hvKP were also investigated.

**Results Results:** A total of 1052 CRKP were collected. Among these, 34.2% (360/1052) carried virulence genes, and 72 of them had four virulence genes tested. 55 (76.4%) were considered to be CR-hvKP using the *G. mellonella* infection model, with KPC-2-producing K64-ST11 being the most common type (80%, 44/55). Prevalence of CR-hvKP differed greatly between regions, with the highest in Henan (25.4%, 17/67) and Shandong (25.7%, 25/97). A significant increase in CR-hvKP among KPC-2-producing ST11 strains was observed, from 2.1% (3/141) to 7.0% (23/329) ( $p=0.045$ ). Alarming, compared with classic CRKP, no difference in growth was found among CR-hvKP ( $p=0.7028$ ), suggesting a potential risk for dissemination. The hybrid virulence and resistance-encoding plasmid evolved from pLVPK and the resistance plasmid harboring *bla*<sub>KPC-2</sub>, indicating evolution existed between the hypervirulence and hyper-resistance plasmid.

**Conclusions Conclusions:** CR-hvKP were more frequently detected than previously assumed, especially among KPC-2-producing ST11. Dissemination of hypervirulence could be extremely rapid due to limited fitness cost, and the evolution of resistance genes into hypervirulence plasmids was identified, presenting significant challenges for public health and infection control.

## PO-0108

## 金葡菌群体感应功能失调通过抵抗白细胞促进生物被膜感染

何磊, 李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院), 200120

**目的** 社会互动在细菌生理学中扮演着越来越关键的角色。其中一个研究较多的社会互动行为是细菌群体感应 (quorum sensing, QS), 这是一种细菌感应和响应细胞密度状态的机制。虽然 QS 通常被认为是细菌生存的关键, 但 QS 功能失调突变体在体外培养中经常出现。其原因是部分个体细菌关闭群体感应调控系统, 通过获取其他正常细菌合成的物质进行生存作为代价, 这部分关闭群体感应系统的细菌称之为群体欺骗者 (QS cheater), 这种行为称之为群体欺骗 (QS cheating)。QS 突变体也经常在生物被膜相关感染中分离出来, 包括囊性纤维化肺感染、医疗器械感染和相关菌血症等。然而, 尽管经常提议使用 QS 阻滞剂来控制毒力, 但对感染期间 QS 功能失调的机制仍知之甚少。

**方法** 我们使用人类病原体金黄色葡萄球菌作为模型, 选取金葡菌的 QS cheater-*agr* 突变株和野生株, 运用体外连续传代观察二者 QS 突变体的产生频率; 并通过细菌 CFU 计数和 Confocal 激光共

聚焦实验观察两种金葡菌生物被膜抵抗宿主免疫细胞杀伤的能力；最后通过小鼠皮下导管感染模型和皮肤脓肿模型比较两种金葡菌生物被膜在体内的抗感染能力以及于不同模型中的差异。

**结果** 我们的结果表明群体欺骗只出现在生物被膜感染中，而在非生物被膜相关感染中，由于保持 QS 控制的选择性压力很高，因此不容易出现群体欺骗。我们证明，这种感染类型依赖性是由于 QS 功能失调的细菌在生物被膜感染中具有显著的生存优势，因为它们形成致密和扩大的生物被膜，从而更加抵抗吞噬细胞的攻击。

**结论** 我们的结果将体内 QS 功能失调突变体的益处与生物被膜介导的免疫逃避联系起来，从而与体内环境的特异性机制联系起来。我们的研究结果解释了为什么 QS 突变体经常从生物被膜相关感染中分离出来，并为 QS 阻滞剂的治疗应用提供进一步指导。

## PO-0109

### Novel Genetic Variants in ABCC Gene Family Associated with Hepatotoxicity in Western Chinese Han Tuberculosis Patients

Hao Bai, Binwu Ying

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Six-month combination regimens could lead to serious hepatotoxicity, which may limit the clinic use of anti-tuberculosis drugs because of the increased risk of mortality. Hepatic transporters are critical to the influx and efflux of compounds into and out of cells, and the subfamily ABCC is one of the largest and representative family of ABC transport system.

**Methods** In the current study, we screened and genotyped 39 single nucleotide polymorphisms (SNPs) of 13 ABCC genes in 746 eligible patients treated by first-line anti-tuberculosis drugs in Western China Hospital. Genomic DNA was extracted from a peripheral blood sample of each patient, and all SNPs were genotyped using a commercial kit. Clinical symptoms and laboratory results were recorded regularly.

**Results** We found that the incidence rate of hepatotoxicity was 15.80% in western Chinese Han population. Individuals with the minor allele of ABCC2 rs3740065 were associated with decreased hepatotoxicity susceptibility ( $P = 0.049$  after Bonferroni correction). And the GG/GA genotype of rs3740065 was related to a significantly decreased risk of hepatotoxicity ( $P = 0.005$  after Bonferroni correction), in the dominant model. In addition, potential associations were found in allele/genotype distributions of ABCC4 rs4148472, ABCC4 rs7322318 and ABCC13 rs7364095 between hepatotoxicity and non-hepatotoxicity groups.

**Conclusions** We found that four novel genetic variants in the ABCC gene family appear to be genetic determinants of hepatotoxicity in western Chinese Han tuberculosis patients. Our findings interpreted a fraction of the underlying mechanism of hepatotoxicity and larger validation studies on different populations are warranted to confirm these findings.

## PO-0110

### 中国侵袭性真菌耐药监测网（CHIF-NET）2014 年度菌株分离率及对氟康唑和伏立康唑的体外药敏活性

张戈, 徐英春, 肖盟

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 对来自 2013 年 8 月至 2014 年 7 月全国 61 家医院，疑似或确诊侵袭性真菌病的非重复患者血液、脑脊液、胆汁、腹水、脓液及其他无菌体液和组织中分离的 3310 株酵母型真菌。剖析样本

分离部位，科室分布，种类数量，并对体外抗真菌药物（氟康唑，伏立康唑）的药物敏感性试验数据分析进行分析讨论。

**方法** 通过 Vitek MS 质谱仪对所有分离株进行菌种鉴定，并用分子测序进行补充。使用临床和实验室标准协会（CLSI）M44-A2 纸片扩散法测定氟康唑和伏立康唑的药物敏感性。

**结果** 对于 3310 株标本，分离部位占比前三位依次是血液 1471 株（44.44%）、腹水 540 株（16.31%）、脓液 408 株（12.33%）；包含念珠菌属 3026 株（91.42%），隐球菌属 209 株（6.31%），其他酵母菌属 43 株（1.30%），毛孢子菌属 32 株（0.97%）。这四类对氟康唑耐药率分别为 9.42%，6.70%，55.81%，6.25%；对伏立康唑耐药率为 6.48%，0.48%，46.51%，3.13%。

**结论** 分离于无菌部位的酵母型真菌大部分来源于血液；外科，重症监护病房和内科分离株数量占整体 84%；白念珠菌依然是临床工作当中分离数量最多的酵母型真菌。相较于 2010 年的数据，菌种的多样性得到了体现，但常见菌种的耐药率略有上升，常见酵母样真菌耐药株以及罕见耐药株的出现值得引起临床的重视。检验人员应关注耐药株的耐药机制，临床医生应谨慎对待经验用药。

## PO-0111

### 产新型金属酶 CRE 菌株在新生儿病房中的传播机制研究

李伟,孙恩华,潘宏伟,李勇,张义  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 研究新生儿病房临床分离及环境筛查出的耐碳青霉烯类肠杆菌中新德里金属  $\beta$ -内酰胺酶（NDM）的亚型分布及分子流行病学特征。

**方法** 收集山东大学齐鲁医院新生儿病房于 2017 年 1 月—2018 年 12 月各种临床标本分离以及在该病房定期环境筛查出的耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌，利用 EDTA 协同及增效试验与 PCR 扩增检测 bla-NDM 基因；通过脉冲场凝胶电泳（PFGE）及多位点序列分型（MLST）分析菌株之间的同源性，采用质粒接合试验、质粒图谱分析等技术研究 NDM 克隆传播的分子机制。

**结果** 新生儿病房临床分离的 46 株 CRE 中有 42 株产 NDM，包括肺炎克雷伯菌 30 株，主要携带 NDM-6，大肠埃希菌 9 株，主要携带 NDM-5 和 NDM-6，产气肠杆菌 3 株，主要为 NDM-6；环境主动筛查结果显示温箱壁、体重秤等分离到肺炎克雷伯菌 2 株，均携带 NDM-5 和 NDM-6。MLST 分型显示，产 NDM-6 肺炎克雷伯菌主要为 ST11 型，产 NDM-5 的大肠埃希菌主要为 ST167 型；PFGE 结果显示临床分离的 11 株与环境筛查出的 1 株肺炎克雷伯菌为同一型。质粒接合试验显示 26 株产 NDM 菌株阳性，且部分质粒之间有着相似图谱，bla-NDM 定位于约 46kb 大小的 IncX3 质粒上。

**结论** 新生儿病房患儿及环境中分离到两种 NDM 亚型，主要通过 IncX3 型质粒在肠杆菌科细菌中传播，存在克隆传播现象，已引起院感部门的高度重视并采取了积极措施。

## PO-0112

### 护理人员规范化采集微生物标本的认知分析及策略

王瑶,梁静  
新疆医科大学第六附属医院

**目的** 了解护理人员规范化采集微生物标本的认知情况，分析影响标本采集质量的相关因素，降低因标本不合格导致错误的病原学检测结果，误导临床抗菌药物使用，为开展规范化培训提供依据。

**方法** 检验科微生物室检验师对三甲医院临床护理人员进行微生物规范化标本采集知识培训，重点影响因素进行现场抽查，存在疑难问题予以详细解答，采用试卷考核形式对护理人员进行微生物标本采集影响检验分析前质量的调查。

**结果** 在被调查的 296 名临床护士中。护理人员对标本保存认知度较高，均>80%，对血、尿、痰标本规范化采集掌握情况均存在不同程度问题，其中血培养采血时机的选择认知率最低，仅为 60.47%（179/296），遇到微生物标本采集疑难问题 85.71 %（254/296）护理人员咨询检验科，79.39%（235/296）人员采取优先咨询 ICU、内科护士。93.58%（277/296）认为规范化培训微生物标本采集势在必行。ICU 护士对微生物培养标本采集掌握情况显著优于外科护士。中高级护理组的掌握情况优于初级职称组。

**结论** 护理人员对微生物培养标本采集的认知程度不足，影响检验前分析质量，合格标本是出具准确、可信报告单的前提。对护理人员定期进行微生物标本采集规范化培训迫在眉睫，监督护理人员掌握正确的标本采集方法，同时加强责任心教育，将微生物标本采集的方法准确无误、耐心细致讲解给患者，督促其留取合格标本，减少检验前影响因素，提高检验质量，为抗菌药物合理奠定扎实基础。

## PO-0113

# Relationship between CXCR4 Chemokine Receptor 4 (CXCR4) Expression and Prognostic Significance in Acute Myeloid Leukemia

Qin Zheng<sup>1</sup>, Tingyong Cao<sup>2</sup>, Yuanxin Ye<sup>1</sup>, Hongyan Liao<sup>1</sup>, Xiao Shuai<sup>2</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, West China Hospital of Sichuan University

2.1 Department of Hematology, West China Hospital of Sichuan University

**Objective** CXCR4 expression on AML cells correlated with stromal cell derived factor-1 $\alpha$  (SDF-1 $\alpha$ ) and retained hematopoietic progenitors and leukemia cells within the bone marrow microenvironment.

**Methods** Here, we examined CXCR4 expression in 134 de novo AML and 21 controls by flow cytometry, evaluated the relationship between CXCR4 expression and clinical characteristics, and elucidated the prognostic significance of CXCR4 expression in AML prospectively.

**Results** We found that the CXCR4 expression was significantly higher in AML patients than controls ( $P=0.000$ ). 134 cases of de novo AML patients were divided into two groups according to the median of CXCR4 relative fluorescence intensity (RFI). CXCR4 high group ( $RFI>4.23$ ) had markedly shorter overall survival (OS) and disease-free survival (DFS) than CXCR4 low group ( $RFI\leq 4.23$ ) in 106 AML patients who received chemotherapy ( $P=0.002$ ;  $0.026$ , respectively). Furthermore, in the 87 non-M3 patients who received induction therapy, there was a significant decrease for OS but not for DFS in the CXCR4 high group ( $P=0.047$  and  $0.178$ , respectively). Moreover, high levels of CXCR4 expression independently increased the risk of relapse in both all AML and non-M3 patients who achieved complete remission (CR) after chemotherapy (odds ratio=1.090,  $P=0.010$ ; odds ratio=1.068,  $P=0.048$ , respectively).

**Conclusions** Collectively, our data suggest that CXCR4 overexpression was an independent prognostic factor for disease relapse and poorer OS in both all AML and non-M3 patients. CXCR4 expression levels can be determined at disease presentation by the flow rapidly and easily. As such, CXCR4 could be used as a potential therapeutic target in AML patients with poor prognosis.



## PO-0114

**ISO15189 实验室认可在医院检验科质量管理中的价值分析**

孙昭辉,公衍文  
山东大学第二医院,250000

**目的** 实验室认可是实现医院检验科质量管理标准化的有效路径,探讨 ISO15189 实验室认可在医院检验科质量管理中的作用。

**方法** 依据实验室认可规则和要求,学习条款和相关内容,建立组织架构,分工负责;在已有质量体系文件的基础上,进行充分的讨论,修订标本采集手册、仪器和项目的标准化操作规程(SOP)等已有程序文件。重新规范室内质控等记录表格、统一仪器设备和检验项目的 SOP、程序文件以及质量手册等,对人员档案和资质重新进行登记授权。加强督导检查 and 培训考核。实验室内部环境实行 5S 管理。

**结果** 通过采取上述措施,利用 PDCA 管理手段,在人、机、料、法、环等 5 个环节得到明显改善。(1) 人员方面:通过培训考核,实验室人员能够按照分工,在各自的工作岗位上各司其职、各负其责,人员的工作积极性和责任心得到明显提升,差错事故发生率明显降低。(2) 仪器设备的使用、维护保养方面:能够按照仪器手册,进行系统验证,保证检测系统的良好状态。(3) 试剂和耗材:对在用试剂进行准确度、精密度、干扰实验等各项性能验证,保证结果的可靠性。

(4) 对实验室内部采取 5S 管理,使实验室的工作环境得到明显改善。通过采取上述措施进行日常监督和专项督导,标本的合格率达到 95%以上,缩短了报告的 TAT,报告的及时率和有效率达到 100%。临床和患者的满意度明显提升。

**结论** 实验室认可是医院检验科质量管理的有效途径,是质量管理的有效手段。

## PO-0115

**浅谈如何提高采血人员的综合素质**

高珍琪  
山东大学第二医院,250000

**目的** 更好的服务于患者,让患者得到满意的服务。

**方法** 1.采血人员要提高服务意识。对待患者态度和蔼,吐字清晰,语言表达准确,有问必答,微笑服务。

2.采血人员要有耐心和爱心。患者在窗口采血时因为各种原因会有情绪波动,采血人员应及时给予解释和疏导,避免不必要的误会。特别是婴幼儿采血,孩子哭闹难哄,家长心急焦灼,更需工作人员沉稳有爱,安抚好患儿和家属,顺利完成血液采集工作。

3.采血人员要提高处理突发事件的能力。如患者突发晕血晕针,局部淤血等情况的处理。

4.采血人员要提高静脉穿刺技术。穿刺前做好血管的选择,做到一针见血,为患者减轻痛苦。

5.采血人员要提高无菌意识。做到一人一针一带一纸一手消。注意消毒范围,风干时间,压脉带的绑扎位置,穿刺时嘱患者握拳充分暴露血管。

6.采血人员要穿戴整洁,保持良好的个人形象。把最优质的服务带给患者。

7.采血人员要提高个人修养,业余时间多读书学习。将真善美切实融入到工作中。

**结果** 通过各方面素质的提高,采血人员能更好的服务患者,赢得患者的称赞和满意。

**结论** 提高采血人员的综合素质有利于更好地开展工作,服务患者。

## PO-0116

## Insufficient discriminatory power of MALDI-TOF mass spectrometry for typing of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* clone

Yili Chen<sup>1</sup>, Kang Liao<sup>1</sup>, Xin Guo<sup>2</sup>

1. The First Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University

2. Sun Yat-sen University

**Objective** MALDI-TOF mass spectrometry (MALDI-TOF MS) is increasingly used as a reliable technique for species identification of bacterial pathogens. In this study we investigated the question of whether MALDI-TOF MS can be used for the potential and rapid method for typing of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* clone in comparison with Pulse field gel electrophoresis (PFGE) and multiple locus sequence typing (MLST).

**Methods** 77 non-duplicate carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* strains were screened by bla<sub>OXA-51-like</sub> genes. Pulse field gel electrophoresis (PFGE), multiple locus sequence typing (MLST) and Vitek MALDI-TOF MS (bioMérieux, Marcy l'Etoile, France) were performed to classify these strains. The discriminatory power of each typing method was assessed using Simpson's index of diversity (SID). The quantitative concordance between typing methods was analyzed by using Adjusted Rand index (ARI) and Wallace coefficients.

**Results** 77 strains were positive for bla<sub>OXA-51-like</sub> genes by PCR. PFGE differentiated strains into 25 distinct PFGE types. MLST analysis showed that all strains can be divided into 7 sequences types (STs), of which ST208 was the predominant type. However, MALDI-TOF MS showed that no clearly delineated clusters appeared on dendrograms based on either the complete spectra or significant peaks. Analysis of SARAMIS Biotyper software showed there was a low diversity (SID= 0.364; 95% CI, 0.203 to 0.658) regarding MALDI profiles. Its concordance with PFGE or MLST was poor (ARI=0.225; 0.297, respectively) and there was a poor probability of MALDI-TOF MS to predict PFGE results (Wallace coefficient, 0.331) or to predict MLST results (Wallace coefficient, 0.378).

**Conclusions** Despite the increasing interest of MALDI-TOF MS for bacterial typing at different taxonomical levels, we demonstrated, using routine experimental conditions, this methodology for *A. baumannii* clonal discrimination was still controversial. The performance (robustness, resolution, and discriminatory power) of MALDI-typing methods needs to be improved.

## PO-0117

## 糖化血红蛋白 A1c 检测进展

宋焰桃

安徽省桐城市人民医院

**目的** 糖尿病 (DM) 已成为全球最严重的公共卫生问题之一, 中国已成为 DM 流行最广泛的国家, 2017 年全球 DM 患者医疗支出估计为 8500 亿美元, 给社会带来沉重的经济负担。糖化血红蛋白 A1c (HbA1c) 在国外已被推荐为 DM 的诊断标准, 被认为是监测 DM 患者慢性血糖控制的金标准。本文通过文献综述拟寻求适合临床实验室检测 HbA1c 的常规方法。

**方法** 本文简述了 HbA1c 背景、概念和意义, 并综述了 HbA1c 的检测方法, 主要包括电泳、色谱、亲和层析、免疫分析、即时检验、酶化学分析、质谱、电化学传感器分析等检测方法, 阐述了各种检测方法的优点和不足, 以及精密度、相关性、线性、准确性等性能指标。

**结果** HPLC 方法测定 HbA1c 批内和批间 CV 分别低于 0.93% 与 1.46% (NGSP 单位) 和 1.67% 与 2.27% (IFCC 单位)。当 HbA1c 从 15 mmol/mol (3.5%) 到 184 mmol/mol (19%), 分析线性好

( $r=0.999$ )，与 IFCC 指定的外部质量控制样品的结果一致，不稳定血红蛋白、氨甲酰化血红蛋白和 HbF 不干扰 HbA1c 测定，稳定可靠。

**结论** 高效液相色谱法检测 HbA1c 是目前临床上应用广泛，分析性能满足相关要求的方法，适合推广。

#### PO-0118

### 念珠菌 IgG 抗体与 1-3- $\beta$ -D 葡聚糖检测对侵袭性念珠菌病的诊断价值

邓杰伦

四川大学华西医院,610000

**目的** 目的: 探讨念珠菌 IgG 抗体检测与 1-3- $\beta$ -D 葡聚糖检测对侵袭性念珠菌病 (IC) 的诊断价值。

**方法** 方法: 收集 56 例血清, 其中 34 例为 IC 确诊病例(确诊组), 22 例为排除深部真菌感染的住院患者血清(对照组)。56 例血清标本均采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测念珠菌 IgG 抗体浓度, 用动态显色法检测 1-3- $\beta$ -D 葡聚糖含量 (真菌 G 实验), 分析两种方法诊断 IC 的效能。

**结果** 结果: , 念珠菌 IgG 抗体检测的敏感性为 70.6%, 特异性为 95.5%, 准确度为 80.4%; 真菌 G 实验敏感性为 38.2%, , 特异性为 77.3%, 准确度为 53.6%。

**结论** 结论: 念珠菌 IgG 抗体检测对 IC 的诊断性能优于真菌 G 实验; 联合两种检测方法, 能提高检测的敏感性。

#### PO-0119

### 设计室内质量控制程序的新工具——具有批长度的 Westgard 西格玛规则

孙慧珍<sup>1,2</sup>, 郭拥军<sup>3</sup>, 刘向祎<sup>3</sup>, 王治国<sup>1,2</sup>

1. 北京协和医学院研究生院 国家卫生健康委临床检验中心

2. 北京医院 国家卫生健康委临床检验中心

3. 首都医科大学附属北京同仁医院检验科

**目的** 在为连续检测过程制定质量控制计划时, 除了需要确定质量控制规则和质控测定值的数量, 还需对质控频率(分析批长度)进行设计。分析批长度是指两次质量控制活动之间分析的患者样品数量, 其合理设计对于限制报告的错误患者结果数量、尽量减少患者伤害的风险具有重要意义。为了帮助实验室设计包含批长度在内的质量控制程序, Westgard 于 2018 年提出了一个新的工具——具有批长度的 Westgard 西格玛规则。该图形是在经典的 Westgard 西格玛规则的基础上, 融合患者风险参数  $\text{MaxE}(N_{\text{ur}})$  的原理构建的新的总结性工具。该图形工具简单易用, 可帮助实验室依据其分析性能快速选择合适的质量控制程序。

**应用实例:** 具有  $6\sigma$  质量的检验项目, 如肌酐( $\sigma=6.08$ , 数据来自北京同仁医院检验科, 下同), 因其性能达到世界一流水平, 选择  $1_{3s}$  单规则, 每次质控活动中检测 2 次质控品(质控测定值的数量  $N=2$ ), 分析批长度为 1000 个患者样品的质控程序; 具有  $5\sigma$  质量的检验项目, 如总胆红素( $\sigma=5.24$ ), 应选择  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  规则,  $N=2$ , 分析批长度为 450 个患者样品的质控程序; 对于  $4\sigma$  质量的检验项目, 如碱性磷酸酶( $\sigma=4.51$ ), 依据该图形工具应选择  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  规则,  $N=4$ , 分析批长度为 200 个患者样品的质控程序; 对于质量达到  $3\sigma$  的项目, 如天门冬氨酸氨基转移酶( $\sigma=3.78$ ), 应选择  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/6_x$  规则,  $N=6$ , 分析批长度为 45 个患者样品的多规则质控程序, 以持续监测和控制检验过程。

**总结:** 具有批长度的 Westgard 西格玛规则可以帮助实验室简单便捷的选择合适的质量控制程序,减少患者伤害的风险。

## PO-0120

### 临床检验基于患者数据室内质量控制方法的研究与进展

何书康<sup>1,2</sup>,王薇<sup>2</sup>,赵海建<sup>2</sup>,杜雨轩<sup>2</sup>,王治国<sup>1,2</sup>

1.北京协和医学院研究生院 国家卫生健康委临床检验中心

2.北京医院 国家卫生健康委临床检验中心

**目的** 患者数据质量控制方法是起源于 20 世纪 60 年代的一类室内质量控制方法,与传统的室内质量控制通过测定质控品进行质控不同的是,患者数据室内质控方法利用患者标本检测结果来对实验室的误差进行监测,因此这类方法具有以下优势:(1)成本相对较低;(2)无基质效应;(3)无互换性问题;(4)可持续评估分析性能;(5)室内质控结果可与临床影响直接相关;(6)可监测分析前、中、后阶段的误差。早期由于计算机技术的落后,这些室内质控方法并未得到充分的应用,相关研究也比较零散。随着信息技术的发展,这些质量控制方法的实现变得比以前容易许多,因此它们也越来越受到实验室人员的关注,但是,实验室在应用这些方法进行室内质控时,也应该认识到它们的不足之处:(1)缺乏标准指南与建议;(2)对统计学的要求较高;(3)需要了解特定试验的生物学和分析特征;(4)需要实验室信息学的支持;(5)易受患者人群分布的影响;(6)需要相对较多的患者结果数量。本综述介绍了一些目前比较常见的基于患者数据的室内质量控制方法,包括差值检查法、正态均值法、Bull 算法、指数加权移动均值法、移动中位数法、离群值移动和与移动标准差法等,这些方法可以作为常规室内质量控制的补充,提高临床实验室的整体分析质量。

## PO-0121

### B7-1 人-鼠嵌合抗体对慢性移植物抗宿主病(cGVHD)小鼠狼疮样肾炎模型的免疫干预效应及分子机制研究

朱莹

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 在建立和人 SLE 类似的慢性移植物抗宿主病(cGVHD)小鼠狼疮样肾炎模型并对其进行生物学鉴定的基础上,探讨运用自行研制的 B7-1 人-鼠嵌合抗体阻断 B7/CD28 信号通路对小鼠狼疮样肾炎模型病理损伤的逆转效应。

**方法** 将 6~8 周龄雌性(C57BL/6×BALB/c)BCF1 小鼠随机分为 4 组,模型组于 0、3、7 和 11d 经眼眶静脉注射雌性亲代 BALB/c 小鼠脾脏细胞  $10^7/100\mu\text{L}/\text{只}$ 。对照组予等体积生理盐水。抗体干预组在末次注射淋巴细胞后第 1、3、5、8、15、30 及 60d 分别经眼眶静脉注射 B7-1 嵌合抗体(克隆号 2B11)  $200\mu\text{g}/100\mu\text{L}/\text{只}$ ,CTX 干预组在末次注射淋巴细胞后第 1、3、5、8、15 天分别腹腔注射 CTX  $2.5\text{mg}/100\mu\text{L}/\text{只}$ 。按照上述时间点分析小鼠脾脏中抗原递呈细胞(APC)及抗体形成细胞的百分率,12 周时处死小鼠观察肾小球超微结构。

**结果** 免疫荧光及流式细胞术显示,抗体干预组小鼠脾脏细胞膜型 CD11b<sup>+</sup>,CD11c<sup>+</sup>和 Gr1<sup>+</sup>的比例较模型组明显降低( $P<0.05$ ),同时抗体形成细胞(B220<sup>+</sup>)上 B 细胞表面活化标志 CD21 和 CD23 以及共刺激分子 CD80 和 CD86 的表达也明显降低( $P<0.05$ );透射电镜下见抗体干预组基底膜厚度较为均匀,电子致密物减少。

**结论** B7-1 人-鼠嵌合抗体可通过阻断或削弱 B7/CD28 信号通路,抑制免疫细胞的活化,逆转狼疮肾炎的病理损伤,提示该类特异性抗体对此类疾患具有潜在的防治作用。

PO-0122

## 携带 bla<sub>NDM-1</sub> 基因 ST30 型肺炎克雷伯菌引起住院患儿的医院感染暴发的研究

贾楠,冯渐焘,刘艳飞,朱元祺

青岛大学附属医院

**目的** 探讨分离自儿科的碳青霉烯类抗菌药物耐药肺炎克雷伯菌的耐药表型、基因型及其同源性。

**方法** 收集医院患儿对碳青霉烯类抗菌药物耐药的 10 株肺炎克雷伯菌 (FK1~10)。法国梅里埃 Vitek-2 Compact 系统对菌株鉴定和药敏。PCR 检测菌株是否携带碳青霉烯酶基因、超广谱  $\beta$ -内酰胺酶基因、质粒介导的 AmpC 基因和喹诺酮类耐药基因及其他耐药相关基因,产物测序确定其基因型。多位点序列分析和脉冲场凝胶电泳检测菌株之间的同源性。液相接合试验, Southern 杂交试验和基于 PCR 的质粒分型检测菌株所携带质粒的特性。

**结果** 这 10 株菌均对头孢菌素类、碳青霉烯类及氨基糖苷类抗生素耐药,且都携带 bla<sub>NDM-1</sub>、bla<sub>OXA-1</sub>、bla<sub>DHA-1</sub>、bla<sub>SHV-12</sub>、qnrB4、intl 和 aac(6')-Ib-cr 基因。10 株肺炎克雷伯菌脉冲场凝胶电泳条带数目及位置相差小于 3 条,表明存在克隆聚集,且 MLST 分型均为 ST30。所有临床菌株的液相接合试验均成功。Southern 杂交显示 ST30 型肺炎克雷伯菌和接合子携带 bla<sub>NDM-1</sub> 基因都位于大小约 280kb 的质粒上,且基于复制子的 PCR 质粒分型是 IncHIB 型。

**结论** 研究表明医院住院患儿中存在携带 bla<sub>NDM-1</sub>、bla<sub>OXA-1</sub>、bla<sub>SHV-12</sub>、bla<sub>DHA-1</sub>、qnrB4、intl 和 aac(6')-Ib-cr 基因的 ST30 型肺炎克雷伯菌的暴发流行。经检索,这是国内外首次报道。

PO-0123

## Genomic and pathogenic insights into the diversification of colony morphology in closely Related Clinical Isolates of *Acinetobacter baumannii*

Hongwei Pan, Enhua Sun, Wei Li, Yong Li, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** *Acinetobacter baumannii* is a gram-negative, nonmotile, aerobic coccobacillus that is commonly found in natural environment and susceptible to most antibiotics in the 1970s. However, *A. baumannii* is a fast-evolving organism, which exhibits a remarkable ability to rapidly acquired resistance to a vast array of antimicrobials that led to multidrug resistance (MDR) strains. Multidrug resistance (MDR) *A. baumannii* has become a particularly problematic nosocomial pathogen during the past decades. The strains are frequently found to cause infections in hospitalized patients and resulted in disease such as bacteremia, pneumonia, septicemia, urinary tract infections, wound sepsis, endocarditis and meningitis, which highly increases the mortality of the immune compromised hospitalized patients. Thus, the emergence and rapid spreading of MDR *A. baumannii* strains has become a big and growing public health threat worldwide. The ability of MDR *A. baumannii* to form variant morphology colonies was frequently observed in clinical microbiology lab. However, little has been done to analyze the pathogenic or biological importance of this phenomenon. The phenotype and genome differences analysis could provide us better understanding of the relationship between genome evolution and phenotype diversification of the closely related strains in the same hospital environment.

**Methods** Three closely related clinical isolates of *A. baumannii* that show different colony morphology were collected for the analysis. All three strains were isolated from the respiratory samples of patients admitted to ICU the intensive care unit within a 6-month interval. Strains were cultured and purified in Columbia blood agar at 37°C. The strain identification and antimicrobial susceptibility testing were carried out by Vitek 2 system (bioMérieux, Marcy l'Étoile, France). The

pathogenic ability of the strains was analyzed by biofilm formation and cell adhesion assay. Whole genome sequencing and comparisons of the three clinical isolates were carried out for the genetic evolution analysis.

**Results** Based on the colony morphology, the three isolates were designated A.b-WT, A.b-mu, M.A.b, respectively. A.b-WT forms white and raised colonies that are similar to that of the wild type strain. A.b-mu forms gray white and flat colonies that are quite different with the wild type strain, while M.A.b forms mucoviscous colonies that are associated with viscous, sticky strings when lifted with a toothpick. Similar antibiotic resistance profiles of the three closely related strains were revealed by antimicrobial susceptibility analysis. Detailed phenotype characteristics show that the three strains had different biofilm formation and cell adhesion ability in vitro. In order to better understand the evolutionary processes that contribute to the three closely related strains diversification, genome sequencing was carried out. *A. baumannii* A.b-WT was assembled into 68 contigs and approximately 3,914 kb long with 38.84% GC content. A.b-Mu was assembled into 103 contigs and approximately 4,000 kb with 38.95% GC content. M.A.b was assembled into 56 contigs and approximately 3,920 kb with 38.81% GC content. All the three sampled *A. baumannii* strains are classified into International clone II. A total of 24 putative antibiotic resistance related genes in A.b-WT genome, 31 putative antibiotic resistance related genes in A.b-Mu genome and 25 putative antibiotic resistance related genes in M.A.b genome were identified, while 67 putative virulence factors related genes in A.b-WT genome, 65 putative virulence factors related genes in A.b-Mu genome and 67 putative virulence factors related genes in M.A.b genome were identified. Further single-nucleotide polymorphisms (SNPs) analysis reveals genes that may be responsible for the phenotype diversification of the strains.

**Conclusions** Overall, we analyzed the relationship between genome evolution and phenotype diversification of the closely related clinical strains. The results demonstrated the microscale genome modification between the closely related *A. baumannii* strains, which expanded our understanding of the evolutionary processes that contribute to strain diversification and pathogenicity in the same hospital environments.

## PO-0124

### 小肠结肠炎耶尔森菌 TaqMan 探针 real-time PCR 检测方法的建立

王嘉正

山东省千佛山医院,250000

**目的** 建立一种更加灵敏快速的检测方法。

**方法** 本研究在大量小肠结肠炎耶尔森菌 *ail* 基因和 *foxA* 基因测序分型的基础上,设计 TaqMan 探针和引物,首次建立了基于 *ail* 和 *foxA* 基因联合在标本中对小肠结肠炎耶尔森菌进行检测的 real-time PCR 方法。同时本研究引入一个内部扩增对照 (IAC) 来排除 real-time PCR 扩增过程中的假阴性结果。

**结果** 本研究建立的 real-time PCR 检测方法具有 100% 的特异性和较高的灵敏性,内部扩增对照能够有效地检出假阴性反应结果,且不会影响样品本身结果的判读。

**结论** 利用 real-time PCR 检测方法对现场分离标本进行检测的结果在与传统 PCR 以及分离培养鉴定方法表现一致性的同时,其灵敏度更高,更便捷,提高了分离培养的目的性,应用该方法代替传统 PCR 进行分离培养前的初筛是可行的。

## PO-0125

## The change in serum amyloid A and the establishment of a reference interval in a different period of pregnancy

Jiawei Fang  
the Second Xiangya Hospital

**Objective** To detect and investigate the changes of serum amyloid A in healthy pregnant women during different gestational periods and establish their reference intervals.

**Methods** Seventy-three healthy pregnant women were divided into early, middle and late pregnant groups according to their different gestational ages. At the same time, Thirty-two healthy and non-pregnant women were selected as the control group; the levels of serum amyloid A were determined by immunoturbidimetry in each group. Analyze the Statistical differences, and establish reference intervals (Reference intervals, RIs) of serum amyloid A levels during different pregnant periods.

**Results** The reference interval of serum amyloid A in healthy non-pregnant women was 0.7285-2.6720g/L, The reference interval of serum amyloid A in healthy pregnant women was 0.7940-7.6525g/L. There was no significant difference in serum amyloid A levels between different pregnant periods.

**Conclusions** The serum amyloid A level in pregnant women is higher than that in healthy non-pregnant women, but there is no significant difference in the serum amyloid A level between different gestational periods. In this paper, RIs of serum amyloid A in pregnant women were successfully established, which provided reference for clinical medical workers and laboratory staff.

## PO-0126

## 六西格玛在评价内分泌项目分析性能上的应用

刘倩, 杨伏猛  
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院, 222000

**目的** 探讨六西格玛( $6\sigma$ )在评价内分泌项目分析性能上的应用价值。

**方法** 收集本实验室 2018 年~2019 年室内质控(IQC)数据和室间质量评价(EQA)数据, 应用四个不同来源的性能规范作为质量目标、室内质控长期累计的变异系数作为精密度和室间质评项目的百分差值作为偏倚分别评估内分泌项目的  $\sigma$  水平, 分析不同质量目标对内分泌项目的  $\sigma$  值所产生的差异, 并制定个性化的室内质控方案。评估  $\sigma$  值 $<6$  项目的质量目标指数(QGI), 为实验室的质量改进提供实施方案。

**结果** 不同的质量目标, 各项目的  $\sigma$  分布存在显著差异, 依据国家 EQA 评价标准、生物学变异导出“适当的”质量规范和美国临床实验室标准化协会(CLSI)推荐的质量规范,  $\sigma$  值 $\geq 6$  项目的比例分布于 20.0%~35.4%之间; 依据西班牙 EQA 评价标准, 则未见  $\sigma$  值 $\geq 6$  的项目。依据各项目的分析性能, 制定个性化的室内质控方案: 总三碘甲状腺原氨酸(TT3)、促甲状腺素(TSH)、黄体生成素(LH)和睾酮(T)选择单规则  $1_{3s}$  进行质量控制; 催乳素(PRL)选择多规则  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  进行质量控制; 游离甲状腺素(FT4)选择多规则  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  进行质量控制; 游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)、总甲状腺素(TT4)、雌二醇( $E_2$ )、卵泡刺激素(FSH)和孕酮(P)选择多规则  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/8_x$  进行质量控制。依据我国 EQA 评价标准, FT3、FT4、TT4、 $E_2$ 、FSH、P、PRL 项目均需优先改进精密度。

**结论**  $6\sigma$  能够客观评价内分泌项目的分析性能, 并促进实验室检测质量的持续改进。

## PO-0127

## 数字 PCR 检测肺癌脑中枢神经系统转移患者配对血浆和脑脊液样本中的 EGFR 突变

许笑,黄若凡,关明

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 作为表皮生长因子受体酪氨酸激酶抑制剂 (EGFR-TKI) 的一线治疗靶点, EGFR 在肺腺癌 (LAC) 中枢神经系统 (CNS) 转移中起着重要作用。脑脊液 (CSF) 很有可能在中枢神经系统转移中携带有肿瘤 DNA。

**方法** 本研究采用微滴式数字 PCR (ddPCR) 方法, 对 20 例脑转移瘤 (BM) 和 15 例脑膜转移瘤 (LM) 患者的脑脊液及血浆中循环肿瘤 DNA (ctDNA) 的 EGFR 突变情况进行了检测。并对 35 例患者基于 EGFR 状态的临床干预和预后进行了调查。

**结果** 原发 LAC 病人中, 经数字 PCR 检测, EGFR T790M 突变可见于 55% (11/20) 的血浆样本和 14.3% (3/21) 的脑脊液样本 ( $P=0.006$ )。数字 PCR 检测 EGFR 突变对于原发性肿瘤脑脊液或血浆样本的灵敏度和特异度分别为 70%、92% 和 52%、100%。由于在脑脊液或者血浆样本中检测到敏感 EGFR 突变, 12 例病人转为一代 EGFR-TKI 药物治疗。同时, 6 例患者由于检测到 EGFR T790M 突变, 而从第一代 EGFR-TKI 药物治疗转为使用奥希替尼 (AZD9291)。

**结论** 在脑脊液和血浆标本中应用 ddPCR, 可以对肺癌中枢神经系统转移患者的 EGFR 状态进行微创、密切的监测。当中枢神经系统转移进展时, 血浆 EGFR T790M 突变是确定 EGFR-TKI 耐药的一个更敏感的指标。脑脊液检测能显著提高对肺癌脑转移的 EGFR 状态的诊断有效性。

## PO-0128

## 通过液滴数字 PCR 检测甲状腺乳头状癌穿刺液中 BRAF V600E 突变

许笑<sup>1</sup>, 马硝惟<sup>2</sup>, 李敏<sup>2</sup>, 关明<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属华山医院, 200000

2. 上海交通大学医学院仁济医院

**目的** 甲状腺癌是最常见的内分泌肿瘤, 而其中甲状腺乳头状癌 (PTC) 则约占其 85%~90%。PTC 的主要诊断检查是超声引导下的细针穿刺 (FNA) 病理检查, 但是其灵敏度和准确性有限, 据文献报道近 40% 的 PTC 无法及时诊断。近年来, 与 PTC 相关的分子诊断标志物, 如 BRAF V600E 突变已逐渐被广泛应用于鉴别诊断中。FNA 样本的肿瘤细胞数量稀少, 灵敏度和准确性更高的检测方法更能有效检出突变, 诊断疾病。为此, 本研究选用现近最具优势的核酸检测技术——数字 PCR, 我们旨在验证微滴式数字 PCR 检测 PTC 病人 FNA 标本的 BRAF V600E 突变的检测性能。

**方法** 根据 NCCN 临床实践指南的甲状腺癌诊断标准, 选取 159 例 PTC 患者、16 例甲状腺滤泡状癌患者和非肿瘤性甲状腺结节患者的 FNA 样本进行数字 PCR 检测。选择 BRAF V600E 突变型和野生型质粒 DNA 为阳性和阴性对照, 数字 PCR 平台和检测体系选择 Bio-rad QX200 和 Bio-rad BRAF V600E 突变检测探针, 而对照检测方法为 ARMS (艾德)。

**结果** 数字 PCR 在不同突变率下准确性良好 ( $R^2 = 0.9967$ ,  $y = 0.9314x - 0.1192$ ) 且在低突变率情况下重复性良好 ( $cv0.01\% = 14.78\%$  和  $cv16\% = 3.07\%$ ), 而检测灵敏度约可达到  $2 \sim 3$  copies/ $\mu$ l (0.06%)。通过数字 PCR, 我们自 159 例 PTC 病例中检出 BRAF V600E 突变样本 136 例 (85.53%), 从非肿瘤性结节样本中检出 4 例突变, 包括 3 例 ARMS 法无法检出的突变样本。

**结论** 研究结果表明, ddPCR 可用于从 FNA 样本检测微量的 BRAF V600E 突变, 具有比 ARMS 和传统病理检测更高的灵敏度, 有助于更早的提供 PTC 的诊断参考依据。



## PO-0129

## Apolipoprotein M serum levels correlate with Henoch-Schonlein purpura and ISKDC grading score

Jiali Wu

The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective Objective:** Henoch-Schonlein (HSP) is the most frequent vessel vasculitides in children and the prognosis is related to the children's age and degree of renal involvement. The aim of this study was to investigate serum apoM levels in patients with HSP patients and to evaluate the association between apoM and disease severity.

**Methods Methods:** A total of 109 HSP patients and 76 age- and sex-matched healthy controls were included. The age and gender of the study participants were matched. ApoM levels were measured by an enzyme-linked immunosorbent assay. Additionally, the serum levels of lipids, apolipoproteins, kidney biochemical profiles, immunoglobulins (IgA, IgG, IgM and IgE) and the complements were assessed using an automatic biochemical analyzer.

**Results Results:** apoM was increased significantly in HSP patients compared to healthy controls. apoM, meanwhile, was lower in patients with nephritis than in those without nephritis. The apoM was higher in class I and II HSPN patients than in class III and IV. In addition, the apoM serum level  $<24.81\text{mg/L}$  was an independent predictive factor for HSPN and can be independently associated with the presence of nephritis in HSP patients. Meanwhile, the serum apoM concentration negatively correlated with ISKDC grading score in the HSPN patients.

**Conclusions Conclusions:** Serum apoM was elevated in HSP patients and decreased gradually with ISKDC grading score. ApoM(OR=0.32, 95 % CI =0.12-0.85,  $p=0.023$ ) was identified as protective factors for nephritis in all HSP patients.

## PO-0130

## Anti-PLA2R、IgG4 在膜性肾病患者诊断中的价值初步探讨

孙希雅<sup>1</sup>, 孙昭辉<sup>2</sup>

1. 兰州大学第一临床医学院

2. 山东大学第二医院, 250000

**目的** 检测特发性膜性肾病患者血清磷脂酶 A2 受体抗体 (Anti-PLA2R)、IgG4 水平, 观察二者与膜性肾病之间的关系, 初步探讨 Anti-PLA2R、IgG4 在膜性肾病中的诊断价值。

**方法** 选取 2018 年 3 月至 2019 年 4 月住院患者被诊断为膜性肾病 40 例, 年龄 ( $49.02 \pm 5.09$ ) 岁; 肾病综合征 102 例, 年龄 ( $51.54 \pm 7.08$ ) 岁。健康体检者 50 例, 年龄 ( $50.02 \pm 8.72$ ) 岁。收集患者血肌酐、白蛋白、24 h 尿蛋白定量。采用酶联免疫吸附法检测 Anti-PLA2R (欧蒙公司), 免疫散射比浊法检测 IgG4 水平 (西门子 BNII 特定蛋白分析仪)。SPSS19.0 进行统计分析。

**结果** (1) 24 h 尿蛋白定量、白蛋白与健康对照组比较有统计学意义。年龄、肌酐与正常对照组无统计学意义; 各病例组间患者的性别、年龄及血肌酐水平的差异均无统计学意义; 两组病例 24 h 尿蛋白定量差异无统计学意义。(2) 膜性肾病组 Anti-PLA2R( $54.61 \pm 7.41$ )Ru/ml、IgG4( $3.21 \pm 0.62$ )g/L, 与健康对照组比较, 结果有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。与肾病综合征组相比差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 提示膜性改变是肾病综合征的病因之一。肾病综合征组与健康对照组相比, 亦有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。在肾病综合征患者血清中水平升高, 提示有肾小球基底膜病理性改变的可能, 可通过病理免疫组化进一步明确诊断。

**结论** 血清 Anti-PLA2R 及 IgG4 水平变化可作为特发性膜性肾病的一项辅助诊断指标。

## PO-0131

## Detection of epitopes in systemic lupus erythematosus using peptide microarray

Xin Li<sup>1</sup>, Haixia Li<sup>1</sup>, Qiongdan<sup>2</sup> Department of Nephrology, The Traditional Chinese Medicine Hospital, Affiliated to Southwest Medical University, Luzhou Hu<sup>2</sup>, Jinfei Lin<sup>3</sup>, Yao Li<sup>1</sup>, Qiong Zhang<sup>1</sup>, Juan Li<sup>4</sup>, Tao Chen<sup>5</sup>, Yurong Qiu<sup>1</sup>

1. Clinical laboratory, Nanfang Hospital, Southern Medical University

2. Department of Nephrology, The Traditional Chinese Medicine Hospital, Affiliated to Southwest Medical University, Luzhou

3. South China Institute of Microbial Ecology and Health

4. Department of Rheumatology, Nanfang Hospital;

5. Guangdong Key Laboratory of Biochip Technology, Southern Medical University

**Objective** Systemic lupus erythematosus (SLE) is a common autoimmune disease, which features the secretion of antibodies directed against autoantigens in vivo. In the present study, a peptide microarray was developed to detect the epitopes recognized by autoantibodies in patients with SLE for an effective method of diagnosis.

**Methods** SLE-associated epitopes in 14 autoantigens were predicted using the antigenic epitope prediction software DNA star. Peptides were synthesized based on the predicted antigenic epitopes and immobilized on a slide surface and developed into a peptide microarray. Using this peptide microarray the autoantibodies in 120 patients with SLE and 110 healthy subjects were detected. A total of 73 potential antigenic epitopes in 14 autoantigens were predicted and screened. The peptide microarray based on the 73 epitopes was used to detect the autoantibodies in patients with SLE. A total of 14 epitopes with potential diagnostic values were screened out.

**Results** The sensitivity and specificity of the 14 epitopes for the diagnosis of SLE were 71.6 and 85.8%, respectively. An optimal set of epitopes for SLE diagnosis was obtained.

**Conclusions** An optimal set of epitopes for SLE diagnosis was obtained. As individual patients had a specific autoantibody spectrum it was possible to detect autoantibodies in SLE and perform the diagnosis of SLE using the peptide microarray.

## PO-0132

## Fecal Metabolomics and Potential Biomarkers for Systemic Lupus Erythematosus

Qiong Zhang

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangdong, P.R. China

**Objective** In the current study, we investigated the metabolomics on fecal samples of SLE patients and healthy controls to analyze the correlations between fecal metabolic perturbations and SLE pathogenesis and to explore specific metabolites that could potentially be used as biomarkers of SLE patients.

**Methods** Fecal samples were collected from 32 SLE patients and 26 healthy controls and the metabolites in fecal samples were detected by UHPLC-MS. All putative identities were confirmed by matching with entries in the MoNA, HMDB and KEGG databases using the molecular mass data (m/z). The datasets were analyzed by pattern recognition methods using MetaboAnalyst 3.0.

**Results** Twenty three fecal metabolites were significantly altered in SLE patients. Aminoacyl-tRNA biosynthesis, thiamine metabolism, nitrogen metabolism, tryptophan metabolism, and cyanoamino acid metabolism were perturbed in SLE compared to healthy controls. Furthermore,

the combined diagnosis of PG 27:2 and proline was of great importance to distinguish SLE patients from healthy controls.

**Conclusions** Metabolic dysregulation with certain metabolic pathways was observed in fecal samples of SLE patients and a novel metabolic model was proposed for the better diagnosis of SLE in a non-invasive way.

#### PO-0133

### O-GlcNAcylation of YY1 stimulates tumorigenesis in colorectal cancer cells by targeting SLC22A15 and AANAT

Guoqing Zhu

Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**Objective** Emerging studies have revealed that O-GlcNAcylation plays pivotal roles in the tumorigenesis of colorectal cancers. However, the underlying mechanism still remains largely unknown.

**Methods** YY1 was overexpressed and knocked out using the lentivirus in HCT116 cells and LoVo cells. The expressions of the proteins were detected by WB and IHC. The bioinformatics analysis was performed in the Omics bean system.

**Results** Here, we demonstrated that YY1 was O-GlcNAcylated by OGT and O-GlcNAcylation of YY1 could increase the protein expression by enhancing its stability. O-GlcNAcylation facilitated transformative phenotypes of CRC cell in a YY1-dependent manner. Also, O-GlcNAcylation stimulates YY1-dependent transcriptional activity. Besides, we also identified the oncoproteins, SLC22A15 and AANAT, which were regulated by YY1 directly, are responsible for the YY1 stimulated tumorigenesis. Furthermore, we identified the main putative O-GlcNAc site of YY1 at Thr236, and mutating of this site decreased the pro-tumorigenic capacities of YY1.

**Conclusions** We concluded that O-GlcNAcylation of YY1 stimulates tumorigenesis in CRC cells by targeting SLC22A15 and AANAT, suggesting that YY1 O-GlcNAcylation might be a potential effective therapeutic target for treating CRC.

#### PO-0134

### 临床实验室 APTT ACTIN FSL 试剂建立 APTT 参考范围

杨丹

昆明医科大学

**目的** 建立临床实验室血浆活化部分凝血活酶时间（APTT）的参考范围。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院，体检中心 2018 年 10 月至 2018 年 12 月的 244 份健康汉族成人作为研究对象，用 Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪，APTT ACTIN FSL 试剂，检测 244 例体检健康汉族成年人 APTT，建立参考区间。

**结果** 男女比例 1:1，男性组年龄中位数 44，女性组年龄中位数 41。男性组均值 25.99，标准差 1.58，参考范围 24.0s-30.4s；女性组均值 25.90，标准差 1.72，参考范围 22.4s-30.4s，不同性别健康汉族成年人 APTT 均值没有统计学上的差异。APTT 的参考范围为 23.2s-30.4s。

**结论** 临床实验室 APTT ACTIN FSL 试剂建立的 APTT 参考范围为 23.2s-30.4s，不同临床实验室应根据自身情况建立合适的参考范围。

## PO-0135

## 氨基末端 B 型利钠肽前体在妊娠期常见并发症中的临床应用价值

谭希,于凡,张益多

四川大学华西第二医院,610000

**目的** 研究氨基末端 B 型利钠肽前体 (NT-proBNP) 在妊娠常见并发症先兆子痫 (PE), 妊娠期高血压 (GH), 妊娠期糖尿病 (GDM) 中的血浆水平情况及临床应用价值。

**方法** 选择 2015 年 8 月至 2018 年 10 月在我院就诊的 208 例妊娠期妇女作为病例组, 其中早发型 PE 组 52 例, 晚发型 PE 组 32 例, GH 组 21 例, GDM 组 49 例, 选择 54 例正常妊娠妇女作为对照组, 采用增强免疫化学发光法测定血浆中 NT-proBNP 浓度, 分析各组中 NT-proBNP 浓度差异, 同时对 NT-proBNP 与妊娠常见并发症之间相关性以及 NT-proBNP 在妊娠期并发症中诊断价值进行分析。

**结果** 正常对照组、早发型 PE 组、晚发型 PE 组、GH 组以及 GDM 组血浆中 NT-proBNP 水平分别为  $112.0 \pm 94.8$  pg/ml,  $872.6 \pm 2228.3$  pg/ml,  $762.4 \pm 1212.3$  pg/ml,  $127.3 \pm 175.4$  pg/ml,  $109.9 \pm 130.7$  pg/ml。其中早发型 PE 组血浆 NT-proBNP 水平在所有亚组中最高, 显著高于正常对照组, 差异有统计学意义 ( $P=0.017$ ); 晚发型 PE 组血浆 NT-proBNP 水平高于正常对照组, 差异有统计学意义 ( $P=0.005$ ); 早发型 PE 组与晚发型 PE 组比较, 差异无统计学意义 ( $P=0.770$ )。GH 组和 GDM 组血浆 NT-proBNP 浓度与正常对照组没有显著差异 ( $P=0.708$ ,  $P=0.925$ )。血浆中 NT-proBNP 浓度与孕周呈负相关性, 与妊娠期收缩压以及舒张压成正相关性。妊娠期并发症 NT-proBNP ROC 曲线分析中, 早发型 PE 组 NT-proBNP ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.864, cut-off 值为 142.25 ng/ml, 晚发型 PE 组 NT-proBNP ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.825, cut-off 值为 183.5 ng/ml, GH 组 NT-proBNP ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.457, GDM 组 NT-proBNP ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.460。

**结论** NT-proBNP 对妊娠常见并发症的诊断具有重要价值, 尤其对于先兆子痫与其他妊娠期并发症鉴别诊断具有重要意义, 可以作为临床监测妊娠期并发症的有效指标。

## PO-0136

## 全血细胞计数室间质量评价结果分析及西格玛性能验证

朱武军,罗国军

贵阳市第六人民医院(原:贵阳铁路医院),550000

**目的** 回顾性分析 2014~2018 年全国全血细胞计数室间质量评价结果及西格玛管理在质量改进中的应用。

**方法** 以实验室参加全国全血细胞计数室间质量评价回报结果为研究对象, 将实验室的室内质控在控数据的累计变异系数作为不精密度的估计值, 用实验室参加室间质评测定值与靶值的百分差值的绝对值的平均值作为实验室检测的偏倚估计值, 根据卫生行业标准 WS/T 406-2012 中的相关要求, 计算相应项目的西格玛( $\sigma$ )值, 并绘制标准的西格玛性能验证图。

**结果** 从 2014~2018 年参加全国全血细胞计数室间质量评价 PT 得分来看, 2014 年和 2016 年成绩较好, PT 平均得分均为 100%, 2015 年成绩最差, PT 平均得分仅有 62.5%。在全血细胞计数的 8 个项目中, 质量评价成绩比较满意的项目是 WBC、RBC、HGB、PLT、MCH 等项目, PT 得分均为 100%。成绩不稳定的项目是 MCV 及其关联项目 HCT 和 MCHC, PT 得分为 0~100% 不等。尤其是 2015 年的第 1 次室间质量评价, 红细胞平均指数的 3 个参数 (MCV、MCH 和 MCHC) PT 得分均为 0。全血细胞计数各个项目的  $\sigma$  相差较大, 按照项目  $\sigma \geq 3$  统计, 以 WBC 比例最高, 为 88.9% (8/9), 其次是 RBC 和 PLT, 比例为 77.8% (7/9), MCV 比例最低, 仅为 11.1% (1/9)。整体来看, 2014~2018 年全国全血细胞计数室间质评项目的变异系数逐渐变小, 总体趋势是

$\sigma$  水平逐步提高,  $\sigma < 3$  的项目逐步减少,  $\sigma \geq 3$  的项目比例逐步提高。2014 年和 2016 年的全血细胞计数室间质评 PT 评分均为 100%, 但 2014 年和 2016 年  $\sigma \geq 3$  的项目比例分别只有 12.5% (2/16) 和 56.25% (9/16)。2015 年  $\sigma \geq 3$  的项目比例为 25% (2/8), 高于 2014 年的 12.5% (2/16)。2017~2018 年 PT 成绩比 2015 年有明显提高, 但仍有 31.25 (5/16) 和 18.75% (3/16) 的项目的  $\sigma < 3$ , 虽然实验室的精密度 (CV 值) 比 2014 年明显减小, 但项目的 PT 得分只有 93.75~95%。

#### 结论

PT 成绩满意,  $\sigma$  水平不一定就高, 要提高检验项目的  $\sigma$  水平, 应同关注实验室的精密度和准确度, 西格玛性能验证比单独的能力验证更能客观评价实验室的检测能力。

#### PO-0137

### FENDRR 在宣威地区人群肺癌发生发展中分子机制的初步探讨

赵瑜,段勇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 云南宣威地区肺癌高发, 具有非吸烟女性群体高发、患病群体年轻化等特点, 并且缺乏有效的诊治指标。在前期基础之上, 本研究目的是对差异表达的 lncRNA FENDRR 在宣威地区肺癌中的作用机制进行初步探讨。

**方法** 收集 23 对来自宣威地区肺癌患者的手术标本, 利用生物芯片对患者的癌组织和癌旁组织进行检测, 筛选差异表达的 lncRNA 和 mRNA, 通过生物信息学分析构建差异表达基因共表达网络并结合 GO 分析进一步筛选出 lncRNA FENDRR 的靶基因。通过提取 10 对宣威地区肺癌患者的癌及癌旁组织总 RNA, 应用实时荧光定量 PCR 对筛选出的 lncRNA FENDRR 和靶基因在 10 对组织中表达水平进行检测, 验证芯片结果的准确性。

**结果** 通过生物芯片的检测和分析, 计算基因差异表达倍数  $\log_2[\text{Fold Change (linear)}] \geq 2$  以及  $p\text{-value} < 0.05$  筛选出差异表达 lncRNA 共 995 条, 差异表达的 mRNA 共 1948 条, 结合生物芯片检测结果和生物信息学分析, 筛选出具有研究价值的 lncRNA FENDRR 靶基因 KLF4。经荧光实时定量 PCR 检测 10 对宣威地区肺癌患者癌组织和癌旁组织中 FENDRR 和 KLF4 的表达水平, 结果与芯片检测结果一致证实了芯片结果的可靠性。

**结论** 利用生物芯片发现了在宣威地区肺癌患者肺癌组织中差异表达的 lncRNA 和 mRNA, 进一步筛选出较有研究价值的 lncRNA FENDRR 的靶基因 KLF4。实时荧光定量 PCR 对芯片筛选结果进行验证, 结果证明芯片结果可靠。

lncRNA FENDRR 可能通过竞争性结合 hsa-miR-424-5p、hsa-miR-30a-5p、hsa-miR-200c-3p、hsa-miR-10a-5p 等基因, 从而对 KLF4 的表达水平进行调控, 从而导致了宣威地区肺癌患者预后不良。

#### PO-0138

### Clinical laboratory features of Meigs' Syndrome: A retrospective study from 2009 to 2018

Wenwen Shang, Lei Wu, Rui Xu, Xian Chen, Shasha Yao, Peijun Huang, Fang Wang  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** The aim of this study was to evaluate the clinical laboratory features of Meigs' Syndrome (MS).

**Methods** Laboratory data of 9 MS patients and 81 ovarian thecoma-fibroma (OTF) patients from 2009 to 2018, 40 ovarian cancer (OC) patients and 42 healthy controls (HC) were recruited to demonstrate its clinical laboratory features.

**Results** Serum CA125 and HE4 were elevated in MS group compared with ovarian thecoma-fibroma (OTF) group and healthy controls (HC) group ( $P<0.05$ ), and HE4 was lower than ovarian cancer (OC) group ( $P<0.001$ ); Blood routine test revealed that both the absolute counts of lymphocytes (LYM) and the percentages of lymphocytes (LYM%) were significantly decreased in MS group compared to OTF group and HC group ( $P<0.05$ ), but higher than OC group ( $P<0.05$ ); Moreover, NLR (neutrophil to lymphocyte ratio) was decreased while LMR (lymphocyte to monocyte ratio) was increased in MS group compared to OC group ( $P<0.05$ ), NLR, PLR (platelet to lymphocyte ratio) and SII (systemic immune index) were comprehensively increased in MS group compared with OTF group and HC group ( $P<0.05$ ). Additionally, HIF1 $\alpha$  was increased, while GLUT1, LDH $\alpha$ , ENO1 were significantly decreased in peripheral CD4<sup>+</sup>T cells of preoperative MS patient compared with OTF patient, OC patients and HC ( $P<0.05$ ). Interestingly, the expression of these four glycolysis related genes preferentially restored to normal levels after tumor resection of MS ( $P<0.001$ ).

**Conclusions** The typical clinical laboratory features include disordered distribution of peripheral blood cells, aberrant systemic inflammatory indicators and impaired glycolysis metabolic processes maybe make these clinical laboratory indicators as assistant tool to improve the preoperative diagnostic accuracy.

## PO-0139

### 43 株低水平利奈唑胺耐药粪肠球菌的耐药机制研究 及分子流行病学特征

夏云

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 利奈唑胺是恶唑烷酮类抗菌药物的主要代表,是耐药革兰阳性球菌感染的治疗的新选择,本文旨在探讨重庆地区临床分离株低水平利奈唑胺耐药粪肠球菌的耐药机制及流行病学特征。

**方法** 2014年8月至2017年6月期间,我们共收集1120份非重复粪肠球菌分离株。通过仪器法(Vitek-2 Compact)筛选利奈唑胺耐药粪肠球菌,微量肉汤稀释法确认其MIC值,通过PCR扩增所有利奈唑胺耐药粪肠球菌(LRE)筛查 *optrA*, *cfr* 基因携带情况,对 *optrA*, *cfr* 基因、23S rRNA V区和核糖体蛋白L3和L4阳性扩增产物测序确定突变位点。

**结果** 共筛选到43株非重复的利奈唑胺耐药粪肠球菌(MIC: 8-16mg/L),43株利奈唑胺耐药粪肠球菌均携带外排泵基因 *optrA*,未检测出23S rRNA的V583区突变和 *cfr* 基因,有4株L3基因的氨基酸序列存在S113L替代导致氨基酸序列改变;有31株L4基因的氨基酸序列存在T35A、I98V和N79D替代以及Q103缺失导致氨基酸序列改变。19株 *optrA* 基因的部分氨基酸序列与粪肠球菌E349不一致,存在E60K和G197D替代导致氨基酸序列改变,发现新的氨基酸替代位点包括E60K和G197D。MLST分析显示43个LRE分离株属于20种序列类型(ST),ST16是最多的类型(14/43),这些菌株之间没有克隆相关性,首次发现了八种新序列类型(ST823至S830)和一种新等位基因(*gki95*)。

**结论** 所有利奈唑胺耐药粪肠球菌分离物均存在 *optrA* 基因,或与核糖体蛋白L3和L4中的突变组合存在,但 *optrA* 基因变异体与利奈唑胺MIC值变化相关性不强。利奈唑胺耐药粪肠球菌中 *optrA* 基因的高携带率表明它可能是利奈唑胺低水平耐药的重要标志物。

## PO-0140

## Molecular Epidemiology and Clinical Characteristics of Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* infections from Pediatric Patients between 2013 and 2016 in Shanghai, China

Yuanrui Li, Jingxian Liu, Ying Liu

Xinhua Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** The aim of this study is to describe molecular epidemiology and clinical characteristics of infections caused by CRKP from pediatric patients in Shanghai, China.

**Methods** A retrospective study was conducted in a tertiary comprehensive hospital from January 2013 to December 2016. All pediatric patients infected with CRKP were included. Molecular analysis included PCR and sequencing for detection of *bla*<sub>KPC</sub>, *bla*<sub>NDM</sub>, *bla*<sub>VIM</sub>, *bla*<sub>IMP</sub>, *bla*<sub>OXA</sub> and *bla*<sub>GES</sub> genes and multilocus-sequence typing (MLST) for molecular typing. Clinical information for each patient was obtained from medical records. Pediatric patients infected with ST11 CRKP were compared to the patients infected with non-ST11 CRKP.

**Results** A total of 164 pediatric patients infected with CRKP were enrolled, most of them less than one year old (87.2 %; n = 143) and healthcare-associated infections (81.7 %; n = 134), with a previous history of hospitalization (59.8%; n = 98) and antibiotic use (53.7%; n = 88). Producing KPC-2 (59.1%; n = 94), NDM-1 (14.0%; n=23) and NDM-5 (13.4%; n=22) carbapenemases were the predominant resistance mechanism for the CRKP. And OXA-232 (2.4%; n=4) carbapenemase was never detected from CRKP until this study period. According to MLST, KPC-2 positive CRKP isolates were all belonged to ST11 (59.1 %; n = 97). In contrast, there were high genetic diversities in the other 67 strains of non-ST11 CRKP. To the best of our knowledge, the ST2168, ST2169, ST2171, ST2576, ST2578, ST2579, ST2580, ST2622, ST3356 and ST3357 were first found in our study. Most of antibiotics resistance rate of ST11 CRKP isolates were higher than that of non-ST11 CRKP. Risk factors correlated with ST11 CRKP infections included age ( $Z=-2.099$ ,  $P=0.036$ ), ICU stay ( $Z=-3.828$ ,  $P=0.000$ ), hospital admission history ( $c^2=8.431$ ,  $P=0.004$ ), baseline diseases of hernia ( $c^2=8.563$ ,  $P=0.003$ ), respiratory malformation ( $c^2=10.471$ ,  $P=0.001$ ), indwelling drainage after abdominal surgery ( $c^2=6.235$ ,  $P=0.012$ ), undergoing urinary catheter ( $c^2=14.444$ ,  $P=0.000$ ), antibiotic exposure during hospital stay including carbapenems ( $c^2=4.006$ ,  $P=0.045$ ) for empirical therapy and fosfomycin ( $c^2=6.245$ ,  $P=0.012$ ) for targeted therapy. Multivariable analysis showed that hospitalization in past 6 months (odds ratio 3.937, 95% confidence intervals 1.739-8.914,  $P=0.001$ ) was the only independent risk factor for ST11 or non-ST11 CRKP infections.

**Conclusions** ST11 KPC-2 positive CRKP isolates were becoming the common clone for pediatric patients in our hospital. Attention should be paid on the emerging NDM-1, NDM-5, OXA-232 positive CRKP. Hospitalization history was an independent risk factor for ST11 or non-ST11 CRKP infections.

## PO-0141

## 基于贝叶斯网络的检验科成员职业倦怠预警研究

郭笑然, 王海燕, 杜秋明

吉林大学第一医院, 130000

**目的** 本文基于贝叶斯网络理论建立的检验科成员职业倦怠预警模型, 评估检验科成员职业倦怠程度和影响因素, 从而为缓解职业倦怠采取针对性措施提供帮助。

**方法** 基于贝叶斯网络的相关理论,通过问卷调查的方式,对 215 名长春市内三甲医院的检验科成员进行问卷调查作为样本,建立检验科成员职业倦怠预警模型。

1、首先依据心理学定义,对职业倦怠成因进行了系统分析,选择影响因素,利用因果关系构建出检验科成员职业倦怠评估模型拓扑结构,依据人力资源专家函询对情境因素节点的参数进行分析确定;

2、基于联合树算法对检验科成员职业倦怠状态评估模型进行推理。首先将检验科成员职业倦怠评估模型转化为联合树,然后通过联合树消息传递来进行倦怠概率的确定,并通过样本数据进行节点概率学习。

3、为验证所构建检验科成员倦怠评估模型的准确性,本文进行了相关的实验研究,并基于实验数据分析职业倦怠各因素的影响因子,测算各影响因子的导致发生职业倦怠的概率。

**结果** 第一、检验科成员发生职业倦怠是一个复杂系统,致因因素之间存在明显的相关性和因果性。

第二、本文得出的贝叶斯网络模型在根据样本训练后,可以判定职业倦怠发生的概率。

第三、职业倦怠影响因素中,年龄是最主要影响指标,职称和收入状况在职业倦怠中与年龄成反比,职称越高、收入越高,职业倦怠越低。

第四、家庭对职业倦怠的主要影响因素在于家庭收入,低收入家庭产生职业倦怠的程度较低。

**结论** 该预警模型可以有效识别出检验科成员的职业倦怠情况,并根据采集到的影响因素给予预警,计算结果符合经验性认知,模型允许在更多数据支撑下逐步逼近真实值。

## PO-0142

### 探究 DNT 细胞在系统性红斑狼疮诊断中的应用

陈炜烨

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞 (DNT 细胞) 在系统性红斑狼疮疾病诊断中的价值。

**方法** 流式细胞术检测 54 例系统性红斑狼疮患者与 23 例健康体检者外周血 T 淋巴亚群尤其是 DNT 细胞的分布水平,与补体 C3、C4、CH50 等指标进行相关性分析。

**结果** 1、与健康对照组 (HC 组) 相比,系统性红斑狼疮患者组 (SLE 组) 的 CD3<sup>+</sup>T%、CD8<sup>+</sup>T% 明显增高,DNT%、CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值明显降低,两组间差异具有统计学意义 ( $P < 0.01$ ),表明 SLE 患者体内存在 T 细胞免疫平衡紊乱; 2、SLE 组补体 C3、C4、CH50 明显降低,表明 SLE 患者体内存在低补体血症; 3、CD3<sup>+</sup>T 细胞比例与补体 C4、CH50 存在正相关 ( $r = 0.311, P < 0.05$ ;  $r = 0.322, P < 0.05$ ); CD4<sup>+</sup>T 细胞比例与白细胞 WBC、血小板 PLT、补体 C3、C4、CH50 呈正相关 ( $r = 0.324, P < 0.05$ ;  $r = 0.299, P < 0.05$ ;  $r = 0.467, P < 0.01$ ;  $r = 0.359, P < 0.01$ ;  $r = 0.339, P < 0.05$ ); CD8<sup>+</sup>T 比例与 PLT 存在显著负相关 ( $r = -0.350, P < 0.05$ ); CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值与 WBC、PLT、C3 均存在正相关 ( $r = 0.334, P < 0.05$ ;  $r = 0.304, P < 0.05$ ;  $r = 0.349, P < 0.05$ ),表明 SLE 患者体内存在 T 细胞免疫功能紊乱合并低补体血症; DNT%与上述指标无明显相关性 ( $P > 0.05$ ); 4、DNT%与 CD4<sup>+</sup>T%、CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值存在负相关 ( $r = -0.342, P < 0.05$ ;  $r = -0.301, P < 0.05$ )。

**结论** 1、SLE 患者体内存在 T 细胞免疫功能紊乱合并低补体血症; 2、治疗后的 SLE 组 DNT 细胞低于 HC 组,本实验结果 SLE 组 DNT 细胞比例远低于 HC 组,可能是 SLE 患者服用免疫抑制剂后通过 Fas/FasL 途径促进 DNT 细胞凋亡从而使 DNT 细胞含量降低,而对于其中具体机制,需要后续实验进一步探讨; 3、本实验需进一步完善 SLE 病人的选取范围,最好为初治病人免疫抑制剂治疗前、后的 DNT 细胞检测,从而更好地探索 DNT 细胞在 SLE 疾病诊断中的价值。



## PO-0143

## 广州地区 ST17 型无乳链球菌分子流行特征及快速鉴定

程招敏

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 了解广州地区 ST17 型无乳链球菌 (*Streptococcus agalactiae*) 分子流行特征, 并运用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术建立 ST17 型无乳链球菌快速鉴定方法。

**方法** 收集分离于广州地区妊娠 35 w-37 w 妇女阴道直肠拭子的无乳链球菌 72 株, 进行 MLST 分型, 分子血清学分型, 抗菌药物敏感试验(K-B 法), 用 PCR 技术检测耐药基因 *ermB*、*ermTR*、*mefA/E*、*linB* 和主要毒力基因 *bca*、*cfb*、*scpB*、*lmb*、*bac*。用 MALDI-TOF MS 对 ST17 型进行特征质谱峰分析, 建立 ST17 型的快速筛查方法, 运用 MALDI-TOF MS 在临床 269 株无乳链球菌标本中筛查 ST17 型, 并用 MLST 分型验证其准确性。

**结果** 72 株无乳链球菌分为 18 个 ST 型, 其中 ST17 型占 11.1 % (8/72); 用多重 PCR 技术将 72 株无乳链球菌分为 Ia 18 % (13/72)、Ib 22 % (16/72)、II 4 % (3/72)、III 53 % (38/72), 不能分型 3 % (2/72); 实验中所有 ST17 型均属于 III 型; 72 株无乳链球菌多重耐药率为 63.9 % (46/72), 其中 ST17 型无乳链球菌多重耐药性较高为 87.5 % (7/8); 3 种红霉素耐药基因均被检出, 其中 *ermB* 占 37.50 %、*ermTR* 占 43.06 % (31/72)、*mefA/E* 占 12.50 % (9/72), 其中 ST17 型耐药基因 *mefA/E* 占 25 % (2/78), *ermB* 占 87.5 % (7/8), 未检测到 *ermTR*; 无 ST17 型无乳链球菌携带克林霉素耐药基因 *linB*, 所有 ST17 型无乳链球菌均有主要毒力基因 *bca*、*cfb*、*scpB*、*lmb*, 无毒力基因 *bac*; MALDI-TOF MS 分析结果显示 ST17 型无乳链球菌在 7620 Da 左右具有特征质谱峰, 基于此特征峰筛查临床 269 株无乳链球菌标本共获得 27 株疑似无乳链球菌, 经 MLST 分型方法验证均属于 ST17 型。

**结论** 广州地区无乳链球菌具有较高的遗传多样性, 其中 ST17 型、血清学 III 型无乳链球菌是广州地区主要流行无乳链球菌之一; 广州地区 ST17 型无乳链球菌的多重耐药率较高, 其红霉素耐药率、克林霉素较高, 多数无乳链球菌都具有主要毒力基因; MALDI-TOF 可用于快速筛查 ST17 型无乳链球菌。

## PO-0144

## 原因不明习惯性流产患者淋巴细胞主动免疫治疗前后封闭抗体、细胞因子和淋巴细胞亚群的变化分析

陈派强, 吕毅, 李晓娜, 高秀叶, 姜巧丽, 种丽莉

河南大学附属郑州颐和医院

**目的** 探讨分析原因不明习惯性流产 (URSA) 患者主动免疫治疗前后, 血液中封闭抗体 (BA)、CD3、CD4、CD8、CD4/CD8、CD3<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>NK、CD3<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>NKT、Treg 细胞、INF- $\gamma$ 、IL-4、IL-10 指标变化, 为诊治 URSA 患者提供帮助。

**方法** 收集 URSA 患者 31 例, 患者用其丈夫淋巴细胞免疫治疗, 分别采集患者淋巴细胞主动免疫治疗前后血液, 用流式细胞检测法和酶免 ELISA 法分别检测 BA、CD3、CD4、CD8、CD4/CD8、NKC、CD5<sup>+</sup>NKT、Treg 细胞、INF- $\gamma$ 、IL-4、IL-10 水平, 对比治疗前后这些指标有无统计学意义。

**结果** BA、CD3、CD4、CD8、CD4/CD8、CD3<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>NK、CD3<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>NKT、Treg 细胞、INF- $\gamma$ 、IL-4、IL-10 水平, 在淋巴细胞主动免疫治疗前后有差异, 均  $P < 0.05$ , 具有统计学意义, BA、CD8、Treg 细胞、IL-4、IL-10 治疗后水平增加, CD4、CD4/CD8、NKC、CD5<sup>+</sup>NKT、INF- $\gamma$  治疗后水平降低。

**结论** URSA 患者在淋巴细胞主动免疫治疗前后, 封闭抗体 (BA)、CD3、CD4、CD8、CD4/CD8、CD3<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>NK、CD3<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>NKT、Treg 细胞、INF- $\gamma$ 、IL-4、IL-10 水平有差异, 可以为诊治 URSA 患者提供帮助。

## PO-0145

### Analysis of long non-coding RNA expression profiles in B-CLL

Wenhuang Xie<sup>1</sup>, Ling Xu<sup>2</sup>, Weidan Li<sup>1</sup>, Chunyan Huang<sup>1</sup>, Wangrong Wen<sup>\*1</sup>, Xianfeng Zha<sup>\*1</sup>

1. Department of clinical laboratory, the First Affiliated Hospital of Jinan University

2. Institute of Hematology, Medical College, Jinan University

**Objective** To investigate the expression patterns of the long non-coding RNAs (lncRNAs) in the B-cell chronic lymphocytic leukemia (B-CLL).

**Methods** Human exon array for CLL patients and healthy individuals was downloaded from the Gene Expression Omnibus (GEO); The probes of Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array who uniquely matched lncRNAs sequences using BLAST software were selected and re-annotated; Then the lncRNAs expression profiles were generated using robust multi-array average (RMA) method; And the normalized data were analyzed using the limma package and genes with adjusted p-values below 0.05 were considered differentially expressed; Finally the differentially expressed genes APTR and its target gene CDKN1A / p21 were detected using qPCR.

**Results** The 84443 probes from the Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array uniquely mapping to lncRNAs were obtained, corresponding to 4122 lncRNAs; The 55 differentially expressed lncRNAs from the GSE26725 data sets were selected in the B-CLL patients; And the expression level of APTR in C-BLL were significantly greater than the health individuals, Further, the higher expression level of APTR and the lower expression of CDKN1A/p21 were determined by RQ-PCR in the B-CLL patients, but there was no negative correlation between APTR and CDKN1A/p21 both in healthy individuals and B-CLL patients.

**Conclusions** We identified a set of lncRNAs that were differentially expressed in the B-CLL and preliminarily investigated the possibility of the APTR as a novel biomarker for B-CLL.

## PO-0146

### Genetic and phenotypic characterization of clinical isolates of blaKPC-2- and blaNDM-1-positive Klebsiella pneumoniae from a Chinese teaching hospital

Kang Zhang  
the Second Xiangya Hospital

**Objective** The emergence and rapid dissemination of carbapenem-resistant K. pneumoniae (CRKP) has proven to be a great challenge worldwide, and is associated with higher mortality and morbidity rates. Here, we retrospectively analyzed the carbapenem resistance status of K. pneumoniae and further genotypic and phenotypic characterization of blaKPC-2 and blaNDM-1 gene helps discover their relationship or diversity. CRKP was detected for the first time in our hospital in 2012, and carbapenem-resistant rate has increased dramatically from 1.45% in 2012 to 25.96% in 2016. 61 isolates of CRKP were randomly selected from June 2015 to May 2016 to get more genetic and phenotypic information. RAPD and MLST were used to distinguish clones involved and proved ST11 to account for the most. Phylogenetic analysis suggested that genetic diversity still exists between blaKPC-2 and blaNDM-1, but is

narrowing. Moreover, their antibiotic-resistance profile reveals different phenotype of these two genes. Above findings reveal the increasing trend of resistance to carbapenem in *K. pneumoniae*, and demonstrate genetic and phenotypic difference between *K. pneumoniae* strains carrying bla<sub>NDM-1</sub> and bla<sub>KPC-2</sub>.

#### PO-0147

### Ursolic acid targets KLF4 and competitively blocks the formation of TEADs-YAP1 complex to inhibit gastric cancer growth

Zhaowei Zhu, Wenbin Hao, Fenfen Xiang, Xiangdong Kang, Rong Wu, Qiaoli Liu, Yan Fan, Mengzhe Zhang  
Department of Laboratory, Putuo Hospital Affiliated to Shanghai University of Traditional Chinese Medicine, Shanghai, China

**Objective** The present study was to evaluate the antitumor effect of ursolic acid and to investigate the mechanisms of it through interacting with Hippo pathways. We found ursolic acid activated KLF4 dose-dependently which obviously suppressed the proliferation of BCG-823 cells. We also found ursolic acid inhibited tumor growth in an orthotopic tumor transplantation model.

**Methods** We measured the mRNA levels of a typical oncogene CTGF and its downstream genes Cyclin D2, P21, p27 and Gli2 by RT-qPCR both in vivo and in vitro. We found with the activation of KLF4, CTGF was decreased and its downstream genes were correspondingly regulated. Flow cytometry further helped to demonstrate that inhibition of CTGF arrested tumor cells in G2/M which blocked the proliferation progress. Confocal laser scanning results finally showed KLF4 combines with YAP1 and blocked the formation of TEADs-YAP1 complex to interrupt the expression of CTGF and the downstream oncogenic process.

**Results** In conclusion, ursolic acid inhibited gastric cancer growth both in vivo and in vitro. It activated KLF4 which may competitively bind with YAP1 against TEADs and block the oncogenic HIPPO pathways.

**Conclusions** In conclusion, although multiple signaling pathways have been demonstrated to be involved in anti-cancer effect, our results presented here are particularly novel because the data revealed, for the first time, that KLF4 as a tumor suppressor, which interacted with YAP1 and negatively inhibited oncogenic gene CTGF and downstream PI3/Akt pathways. Moreover, we also found a natural compound-ursolic acid can block the oncogenic pathway of gastric cancer through activating KLF4 both in vivo and in vitro.

#### PO-0148

### 抑郁症患者血清褪黑素（MT）、IL-6、Hcy及补体 C3、C4 的浓度变化

张颖君

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 探究抑郁症患者血清中褪黑素（melatonin, MT）、白介素-6（IL-6）、同型半胱氨酸（Homocysteine, Hcy）和补体 C3、C4 的浓度变化及与抑郁症的关系。

**方法** 收集中南大学湘雅二医院确诊的抑郁症患者 66 例，并根据是否为第一次发病分为首发组（33 例）与复发组（33 例），另选择同期来我院的健康体检者 22 例为健康对照，选用酶联免疫吸附法测血清 MT 含量、化学发光法测定血清中 IL-6 含量，酶法测血清 Hcy 含量，化学速率散射比浊法测血清 C3 和 C4 的浓度，分析各组间的差异。

**结果** 抑郁患者血清中的 MT、IL-6 和 Hcy 水平较对照组显著升高( $P<0.05$ ), C3 浓度均显著降低( $P<0.05$ ); C4 浓度无显著差异( $P>0.05$ )。

**结论** 抑郁症患者存在免疫炎症和自身免疫反应, MT、IL-6、Hcy 和 C3、C4 可能与抑郁症的病理发展有关。

## PO-0149

### 患者数据正态均值法在室间质量评价中的应用研究

郑台青

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 通过生化项目的患者数据正态均值法(average of normals, AON)和质控品质控法在不同实验室之间的比较,进一步探讨 AON 法在实验室室间质量评价中的应用价值。

**方法** 依据某市 10 所三甲综合医院非节假日的检验科标本量,选定 14 项生化项目。收集 10 所医院 2017 年连续 30 天 14 项生化指标的所有患者数据,以及选取的截断限内的患者数据,同时收集各医院同一时间段内测定的同一产家同批号水平 1 和水平 2 质控品的数据,分别计算 10 医院各项目两种质控方法的均值和各医院与此均值的偏差,与室间质量评价的项目分析目标的允许总误差(TEa)进行比较,来评价 AON 法在临床上的应用。

**结果** AON 法中的总蛋白、白蛋白、谷丙转氨酶、谷草转氨酶、尿酸、肌酐、钠、钾、氯、钙和总胆固醇的偏差 80%以上在 1/2 允许总误差内,合格率均大于质控品质控法。总胆红素、尿素氮和甘油三酯偏差合格率在 80%以下,合格率小于或等于质控品质控法。

**结论** AON 法对提高临床实验室间结果的可比性具有重要的作用。

## PO-0150

### qnrS1 阳性大肠埃希菌对喹诺酮药物耐药的分子特征研究

黄江庆,赵志常,陈瑶,曹颖平,李彬

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 研究 qnrS 阳性大肠埃希菌对喹诺酮药物耐药的分子特征。

**方法** 收集福建医科大学附属协和医院临床分离的 57 株 qnrS1 阳性的大肠埃希菌,采用 PCR 法检测 PMQR 基因(qnrA, qnrB, qnrC, qnrD, aac(6')-Ib-cr, qepA 和 oqxAB 基因)和  $\beta$ -内酰胺酶编码基因( $\text{bla}_{\text{CTX-M-1}}$ ,  $\text{bla}_{\text{CTX-M-2}}$ ,  $\text{bla}_{\text{CTX-M-8}}$ ,  $\text{bla}_{\text{CTX-M-9}}$ ,  $\text{bla}_{\text{SHV}}$  和  $\text{bla}_{\text{TEM}}$ );对菌株采用琼脂稀释法进行抗菌药物敏感性实验;采用 PCR 法对菌株进行系统发育分型;利用 MLST 方法对菌株进行基因分型;利用肠杆菌基因重复一致序列分析(ERIC-PCR)进行菌株同源性分析;质粒接合实验检测 qnrS1 基因在菌株间的转移情况,以及使用 PCR 法分析菌株进行喹诺酮耐药决定区(QRDR)基因的突变情况。

**结果** 所有 qnrS1 阳性大肠埃希菌均对喹诺酮产生较高的耐药性;14 株菌检出 PMQR 基因,检出率为 24.6%;68.4%的菌株产 ESBLs;57 株菌株中 56 株存在 QRDRs( $\text{gyrA}$ ,  $\text{gyrB}$ ,  $\text{parC}$  和  $\text{parE}$  基因)的突变,占 98.2%,其中最常见的点突变发生在  $\text{gyrA}$  S83L (89.5%),其次为  $\text{parC}$  S80I (54.4%)以及  $\text{parE}$  P415V (28.1%);13 株 qnrS1 阳性大肠埃希菌通过接合实验传递成功;共检测到 6 种不同类型的质粒不相容性分群;系统发育分型结果显示 A 型有 36 株(63.2%),B1 型有 13 株(22.8%),B2 型有 1 株(1.8%),D 型有 7 株(12.3%);ERIC-PCR 结果显示 qnrS1 阳性大肠埃希菌可分为 50 个不同的型别;MLST 法结果显示 qnrS1 阳性大肠埃希菌可分为 39 个不同的 STs 分型。

**结论** qnrS1 阳性大肠埃希菌与 QRDRs 基因的突变相关,这些突变可能在细菌喹诺酮耐药的传播中发挥重要的作用。

## PO-0151

## 检测孕妇阴道分泌物中胎盘滋养层细胞的实验研究

高倩玲,司徒博,黄一芳  
南方医科大学

**目的** 胎盘滋养层细胞可提供胎儿全套遗传物质信息,为出生缺陷的无创产前诊断提供依据。本研究采用荧光定量 PCR 等方法检测孕妇阴道分泌物中的胎盘滋养层细胞,初步评估这些稀有细胞的数量,并联合分析细胞数量与孕龄、孕周等临床指标的关系。

**方法** 收集南方医院 20-40 周岁的 63 名孕妇和 19 名未孕妇女的阴道分泌物标本。荧光定量 PCR 方法扩增 SRY 目标基因和 ACTB 内参基因,高于未孕组最高拷贝数的标本判定为阳性标本,经长片段 PCR、电泳、测序验证。人绒毛膜促性腺激素 ( $\beta$ -hCG) 为一抗,藻红蛋白 (PE) 为荧光二抗,标记胎盘滋养层细胞,观察 SRY 基因拷贝数最高的 6 例标本中滋养层细胞免疫荧光染色情况。

**结果** SYBR Green 荧光定量 PCR 方法可有效检测胎盘滋养层细胞(长片段 PCR、电泳、测序可证实)。63 例孕妇中可检出 Y 染色体阳性 20 例 (72-6120 copies/ $\mu$ l),妊娠 6 周即可检出,6-16 周含量较高;孕龄集中于 26-30 周岁;SRY/ACTB 可检至 0.17‰ (平均 1.54‰);特异性 100%,敏感度 30%,检测准确率 61.1%。免疫荧光方法从 6 例标本中均可检出  $\beta$ -hCG-PE 阳性的胎盘滋养层细胞。

**结论** 孕妇阴道分泌物中存在数量可观的胎盘滋养层细胞,可通过荧光定量 PCR、长片段 PCR 及电泳、测序等方法检出,通过免疫荧光方法鉴定,从而应用于无创产前诊断。男性胎儿的 SRY 基因拷贝数于妊娠 6 周即可检出,妊娠 6-16 周含量较高;孕龄集中于 26-30 周岁;孕周越大,细胞含量呈减少趋势。胎盘滋养层细胞数量与是否妊娠、孕龄、孕周、孕产次、临床诊断无关 ( $P>0.05$ )。

## PO-0152

## lncRNA -ATB 表达在人肝细胞癌中的临床意义

孙  
上海市第十人民医院,200000

**目的** 肝细胞癌 (HCC) 是一种全球性的健康问题,了解生物分子在其发病机制中的机制作用非常重要。长的非编码 RNA (lncRNA) 经常和异常地在各种人类癌症中表达,并且已知在癌症发病机理中起作用。本研究的目的是分析 lncRNA-ATB 在 HCC 中的表达,并研究其对预后的影响。

**方法** 总共收集了 100 个 HCC 组织样本及其相应的,相邻的非癌性肝组织。提取总 RNA 并通过 qRT-PCR 测量 lncRNA-ATB 的表达水平。然后分析 lncRNA 表达与临床病理学特征和患者存活的关联。

**结果** 与相应的非癌组织中的水平相比, lncRNA-ATB 在 HCC 组织中显着上调。lncRNA-ATB 的表达与门静脉血栓形成,肝内或肝外转移, mUICC 分期和 BCLC 分期显着相关。大肿瘤 ( $> 5$  cm,  $HR = 3.851, 95\%CI = 1.431-10.364, p = 0.008$ ) 和更高的 lncRNA-ATB 表达 ( $HR = 4.158, 95\%CI = 1.226-14.107, p = 0.022$ ) 是重要的预后总体生存的因素。有了 lncRNA-ATB 参与 HCC 发病机制和临床特征的新证据,可以推断 lncRNA-ATB 具有作为 HCC 预后的生物标志物和作为患病患者的靶向治疗的潜力。肝内或肝外转移, mUICC 分期和 BCLC 分期。大肿瘤 ( $> 5$  cm,  $HR = 3.851, 95\%CI = 1.431-10.364, p = 0.008$ ) 和更高的 lncRNA-ATB 表达 ( $HR = 4.158, 95\%CI = 1.226-14.107, p = 0.022$ ) 是重要的预后总体生存的因素。有了 lncRNA-ATB 参与 HCC 发病机制和临床特征的新证据,可以推断 lncRNA-ATB 具有作为 HCC 预后的生物标志物和作为患病患者的靶向治疗的潜力。肝内或肝外转移, mUICC 分期和 BCLC 分期。大肿瘤 ( $> 5$  cm,  $HR =$

3.851,95%CI = 1.431-10.364,  $p = 0.008$ ) 和更高的 lncRNA-ATB 表达 ( $HR = 4.158, 95\%CI = 1.226-14.107, p = 0.022$ ) 是重要的预后总体生存的因素。

**结论** 有了 lncRNA-ATB 参与 HCC 发病机制和临床特征的新证据, 可以推断 lncRNA-ATB 具有作为 HCC 预后的生物标志物和作为患病患者的靶向治疗的潜力。

## PO-0153

### 散发性乳腺癌及家族性乳腺癌易感基因分析及临床相关性研究

刘畅

北京大学人民医院, 100000

**目的** 本研究通过搭建二代测序技术平台, 检测乳腺癌 BRCA1、BRCA2、TP53、PTEN、STK11、CDH1、CHEK2、ATM、BRIP1、PALB2、RAD51C 11 个乳腺癌易感基因的胚系突变, 筛查新发突变, 评估易感基因与乳腺癌患者临床特征之间的关系, 进行深入数据解读、预测致病突变及可能致病机制, 并探讨二代测序平台的应用价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 8 月就诊于北京大学人民医院乳腺外科的乳腺癌患者 128 例, 患者均为女性。其中散发乳腺癌患者 44 例, 具有遗传性乳腺癌高危因素的乳腺癌患者 84 例。应用二代测序技术对 128 例入组患者分别进行 BRCA1、BRCA2 基因全编码区的胚系突变情况进行检测, 并对其中 68 例患者进行了 TP53、PTEN、STK11、CDH1、CHEK2、ATM、BRIP1、PALB2、RAD51C 全编码区多基因联合检测。c2 检验分析 BRCA 基因突变携带率在散发病例及具有遗传性高危因素的乳腺癌患者之间的分布, 并将携带 BRCA 基因突变的患者与未携带基因突变的患者按照有无家族史、是否为三阴性乳腺癌、年龄及是否为双侧乳腺癌进行分组, 比较两者之间患者临床特征之间的关系。分析 TP53、PTEN、STK11、CDH1、CHEK2、ATM、BRIP1、PALB2、RAD51C 9 个基因的携带情况与患者临床特征之间的关系。

**结果** 3. BRCA 基因突变在具有遗传性高风险因素的乳腺癌患者中携带率与在散发病例人群携带率分别为 30.9% 和 9%, 两者间存在统计学差异,  $P < 0.05$ 。携带 BRCA1/2 突变与未携带 BRCA1/2 突变的患者在具有乳腺癌家族史方面存在统计学差异 ( $P < 0.05$ )。

4. TP53、PTEN、STK11、CDH1、CHEK2、ATM、BRIP1、PALB2、RAD51C 9 个基因在有家族史的乳腺癌患者中携带率为 57.9%, 高于其他临床特征分组。

5. 应用二代测序技术高通量、多基因联合检测的致病突变检出率可提高 7.5%。

**结论** 对乳腺癌易感基因进行多基因联合检测, 相较只检测 BRCA 基因, 可以提高致病性突变的检出率

## PO-0154

### 副溶血弧菌 tlh 表达产物的溶血活性及其抑制食管癌 KYSE450 增殖的初步探究

杨湘越, 刘雅玲

解放军联勤保障部队第 900 医院

**目的** 副溶血性弧菌(*Vibrio Parahaemolyticus*, VP)存在于温带和热带海洋系统, 引起的食物中毒通常发生在夏季, 主要与进食未加工或未煮熟海鲜有关。副溶血性弧菌中毒的典型临床症状是急性肠胃炎, 常伴有腹痛, 腹泻, 恶心, 呕吐, 发烧, 发冷和水样大便。在我国沿海地区, 由副溶血弧菌引起的食物中毒位居前列。tlh 基因编码不耐热溶血毒素 (Thermolabile Hemolysin, TLH), 是副溶血性弧菌的遗传检测过程中的靶向基因, 但对其致病机制尚未明确。

首次利用毕赤酵母构建针对副溶血弧菌不耐热溶血毒素外源蛋白表达体系，进行表达分泌蛋白并将其沉淀提纯，验证其分子量及溶血功能，以初步探究不耐热溶血毒素对人食管癌细胞 KYSE450 增殖的抑制作用。

**方法** 在已经成功采用电转化法把重组表达质粒 pPIC9K-tlh 转化至毕赤酵母宿主菌 SMD1168 的完整菌株基础上，活化菌株。选取高拷贝的阳性活性菌株，在含有甲醇的诱导培养液中分泌产生目的靶蛋白（TLH），取分泌上清液离心后，采用三氯乙酸（Trichloroacetic Acid, TCA）-丙酮沉淀法分离提纯靶蛋白。进行十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳（Sodium Dodecyl Sulfate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis, SDS-PAGE）验证蛋白大小，添加卵磷脂进行该靶蛋白溶血功能检测。最后，使用 Cell Counting Kit-8 (CCK-8) 法测定不耐热溶血毒素抑制人食管癌细胞 KYSE450 生长的量效关系曲线。

**结果** （1）SDS-PAGE 结果显示，获得的分泌蛋白分子量大小接近 43KD，与文献报道相符，证明目的蛋白成功表达。（2）将卵磷脂加入工程菌株分泌的靶蛋白中，溶血检测结果阳性，而对照组阴性，表明靶蛋白具备依赖卵磷脂酶溶血活性，与不耐热溶血毒素所报道的功能相符，再次验证目的蛋白。（3）人食管癌细胞 KYSE450 随靶蛋白浓度增加而活度随之降低，初步推测：TLH 对人食管癌细胞 KYSE450 增殖起抑制作用。

**结论** 利用毕赤酵母宿主分泌表达胞外不耐热溶血毒素蛋白体系，成功表达 TLH；通过实验验证其溶血功能，表明靶蛋白具备卵磷脂依赖性磷脂酶活性，CCK-8 实验证明其对人食管癌细胞 KYSE450 增殖起抑制作用。

## PO-0155

### 急诊检验标本周转全程信息化闭环管理方法的建立

王左

四川省肿瘤医院,610000

**目的** 设计运用实验室信息管理系统，建立急诊检验标本周转全程信息化闭环管理方法。

**方法** 将急诊生化标本按标本周转过程（TAT）分为四个时间段，TAT1:医生开出检验申请到标本采集之间的时间；TAT2:标本采集确认后到标本接收；TAT3:标本接收到检验结果审核发送；TAT4:检验结果审核发送到临床医生知晓结果。TAT1 段要求护士在实验室管理信息系统采（LIS 系统）样确认；TAT2 段要求运输工人在 LIS 系统运输确认，检验科工作人员在 LIS 系统标本接收；TAT3 阶段 LIS 系统对急诊检验时限进行预警，并拟引入自动审核系统，减少审核时间；TAT4 阶段对审核发送后的检验结果，在临床医护工作站弹窗提示，临床医护工作站需确认弹窗，否则弹窗会不断弹出。计算 2019 年 1-4 月住院生化急诊标本总 TAT（从医生开出检验申请到知晓检验结果）、实验室内周转时间以及各阶段 TAT 中位数。

**结果** 急诊生化总 TAT 时间中位数为 94.36m，实验室内周转时间为 33.83m，TAT1 中位数为 10.99m，TAT2 中位数为 25.80m，TAT3 中位数为 33.85m，TAT4 中位数为 4.36m。对急诊标本周转四个阶段 TAT 分别管理，使急诊标本从医生申请到医生知晓检验结果能全程信息化记录和管理。

**结论** 在实验室信息管理系统管理领域提出的 TAT4 概念，实现了 LIS 系统对急诊检验标本的全程信息化闭环管理，为科学管理急诊标本，缩短急诊 TAT 时间，提供了数据支持和工具手段。

## PO-0156

## Evaluation of small dense low-density lipoprotein (sd-LDL) concentration for predicting the risk of acute coronary syndrome in Chinese population

Bin Wu, Jun Liao  
Guangzhou First People's Hospital

**Objective** Acute coronary syndrome (ACS) is the leading cause of death in developing and developed countries, yet assessing the risk of its development remains challenging. Several lines of evidence indicate that small, dense low-density lipoproteins (sd-LDL) are associated with increased cardiovascular disease risk. This study sought to evaluate sd-LDL concentration for predicting the risk of ACS in Chinese population.

**Methods** Baseline characteristics of 121 ACS patients and 172 healthy controls were obtained. Plasma sd-LDL-C was measured using homogeneous assay, and the proportion of sd-LDL-C in LDL-C was detected.

**Results** The sd-LDL-C concentration and sd-LDL-C/LDL-C ratio were significantly higher in males than females ( $p < 0.05$ ), and there was an age effect on the sd-LDL-C concentration and sd-LDL-C/LDL-C ratio ( $p < 0.05$ ). Elevated sd-LDL-C concentrations and sd-LDL-C/LDL-C ratio were observed in ACS patients with unstable angina pectoris (UAP), non-ST-segment elevation myocardial infarction (STEMI) and ST-segment elevation myocardial infarction (NSTEMI) compared to healthy controls ( $P < 0.05$ ). According to Pearson's correlation coefficient analyses, sd-LDL-C concentration and the sd-LDL-C/LDL-C ratio were positively correlated with triglyceride (TG) and LDL-C concentrations ( $P < 0.05$ ) and negatively correlated with high-density lipoprotein (HDL) concentration ( $P < 0.05$ ). Based on the receiver operating characteristic (ROC) curves, the cut-off values of sd-LDL-C and the sd-LDL-C/LDL-C ratio for the prediction of ACS were 1.06 mmol/L and 34.55%, respectively. Multivariate logistic regression analysis demonstrated that the sd-LDL-C/LDL-C ratio, but not sd-LDL-C concentration, was significantly associated with ACS events [OR (95% CI): 1.25, 1.11-1.39,  $P < 0.001$ ].

**Conclusions** The sd-LDL-C/LDL-C ratio may be associated with an increased risk of developing ACS in Chinese population.

## PO-0157

## 不典型 ANCA 对溃疡性结肠炎活动度的评估价值

曾俊祥  
上海交通大学医学院附属新华医院, 233000

**目的** 分析不典型抗中性粒细胞胞浆抗体 (a-ANCA) 与溃疡性结肠炎 (UC) 疾病活动度的关系, 探讨 a-ANCA 在 UC 活动度评估及病情监测中的临床应用价值。

**方法** 选取 UC 患者 103 例, 其中缓解期 37 例、活动期 66 例 (轻度 7 例、中度 45 例和重度 14 例); 以其他肠道疾病 (急性感染性肠炎、肠息肉、肠结核、肠易激综合征等) 患者 64 例作为疾病对照组, 以体检健康者 40 名作为正常对照组。采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 定量检测血清 a-ANCA 水平, 同时检测红细胞沉降率 (ESR)、C 反应蛋白 (CRP)、血红蛋白 (Hb)、红细胞平均体积 (MCV)、红细胞分布宽度 (RDW)、血小板计数 (PLT)、白蛋白 (Alb)。采用 Spearman 相关分析评估各项目与内镜 Baron 分级的相关性。采用受试者工作特征 (ROC) 曲线评价各指标对 UC 活动性的诊断效能。

**结果** UC 活动期组 a-ANCA、ESR 均明显高于 UC 缓解期组 ( $Z$  值分别为 -6.702、-2.487,  $P < 0.05$ ), 而 Hb 明显低于 UC 缓解期组 ( $t = 2.748$ ,  $P < 0.05$ ), 2 个组之间 MCV、RDW、PLT、CRP 和 Alb 差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。UC 缓解期组 a-ANCA 明显高于疾病对照组和



正常对照组（Z 值分别为-4.384、-4.990， $P<0.05$ ），而其他指标 3 组相之间差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）。UC 患者中轻、中、重度活动者 a-ANCA 水平依次升高（ $P<0.05$ ）。a-ANCA 与 Baron 评分呈正相关（ $r_s=0.694$ ， $P<0.001$ ），而 ESR 和 Hb 与 Baron 评分无相关性（ $r_s$  值分别为 0.303、0.155， $P>0.05$ ）。ROC 曲线分析显示，a-ANCA 的 AUC 为 0.895，最佳临界值为 6.27 IU/mL，敏感性和特异性分别为 71.7%和 93.3%。

**结论** a-ANCA 定量检测对 UC 疾病活动度的评估具有重要的临床应用价值，有望成为部分替代内镜的补充手段，从而降低疾病监测过程中内镜检查的频率。

## PO-0158

### 低水平利奈唑胺耐药肠球菌全基因组测序

曾晓艳

西安交通大学第一附属医院,710000

**目的** 全面了解低水平利奈唑胺耐药肠球菌基因组详细信息，为耐药遏制和新药开发奠定基础。

**方法** 采用 Illumina Hiseq2000 测序平台对肠球菌进行基因组测序；采用 SOAPdenovo 短序列组装软件、Glimmer 3.02 软件进行序列组装和基因预测；采用 GO、KEGG、COG、ARDB 等数据库进行基因功能注释；采用 SOAPaligner 2.21 序列比对软件进行实验菌株与参考菌株的比较基因组研究。

**结果** 基因组测序结果显示，四株低水平利奈唑胺耐药肠球菌基因组全长为 2,471,094-2,652,822 bp, GC 含量为 37.88%-38.49%，基因预测含有 2534-2932 个基因。GO 数据库注释被归类到 33 个主要的二级功能分组中，四株菌二级分类基因数量相似，比较无统计学差异；KEGG 数据库注释结果显示四株菌分别有 1530、1624、1570、1593 个蛋白注释到 130 多条代谢通路，基因富集程度最高的通路是嘌呤代谢途径。通过 COG 数据库注释分别有 1781、1836、1762、1784 个基因得到具有显著意义的功能分类注释，并被归类为 20 个 COG 功能簇。蛋白富集程度最多的 5 个功能簇依次为 G、R、J、K、E 功能簇，四株菌每一簇基因数量相似，比较无统计学差异。ARDB 数据库注释到 12 个耐药基因，包括：aph3iia、baca、cata8、cml-e4、emeA、ermA、ermB、lnuB、lsa、str、tetM、tetW。进化树分析显示 EF314 菌株与屎肠球菌 U0317、AUS0085、E1133、1231410、TX0082、V689 菌株在进化上属于同一分支，与 1141733、E0679 不属于同一分支，进化距离较远。EF189、EF463、EF494 分属三个分支，均与万古霉素耐药的粪肠球菌 V583 菌株进化距离最远。

**结论** 获得本地区低水平利奈唑胺耐药屎肠球菌和粪肠球菌详细的全基因组信息，丰富肠球菌基因组数据库，为指导病原菌感染控制，致病机理、耐药机制研究以及耐药遏制和新药开发奠定基础。

## PO-0159

### 碳青霉烯耐药高毒力肺炎克雷伯菌全基因组测序及特征分析

王丽凤,沈定霞,郭玲,杨继勇

解放军总医院第一医学中心

**目的** 高毒力肺炎克雷伯菌（Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*, HvKP）合成较厚的荚膜多糖并且具有较强的摄取铁离子的能力。荚膜多糖和铁摄取系统被认为是 HvKP 毒力增强的物质基础。近年多耐药 HvKP 感染报道逐年增加，尤其是碳青霉烯耐药 HvKP 感染给临床抗感染治疗带来极大挑战，为了揭示 HvKP 高致病性、高毒力以及多耐药的遗传基础及传播机制，选取了 19 株 HvKP 进行全基因组测序和分析。

**方法** 通过黏液丝试验及菌株药敏实验结果, 筛选黏液丝实验阳性且对亚胺培南、美罗培南以及厄他培南耐药的肺炎克雷伯菌, 初步定义为碳青霉烯耐药高毒力肺炎克雷伯菌。采用 illumina 第二代测序技术对菌株进行测序, 主要从菌株分子分型、毒力基因、耐药基因及其传播机制展开分析。

**结果** 菌株 MLST 分型结果: ST11 型 16 株、ST86 型 2 株、ST23 型 1 株。荚膜血清分型结果: 15 株为 KL47、2 株为 KL2、1 株 KL1、1 株 KL64。大部分菌株携带 *bla<sub>kpc-2</sub>* 碳青霉烯耐药基因。毒力基因结果: 所有菌株均携带粘液表型调控基因 *wzi*, 11 株菌携带编码气杆菌素 *iuc* 基因和编码荚膜多糖合成的 *rmpA-2* 基因, 其中 4 株菌还携带 *iro 1* 和 *rmpA* 基因。

**结论** 我院临床分离碳青霉烯耐药高毒力肺炎克雷伯菌以 ST11 型为主, 荚膜血清分型以 KL47 型为主。菌株携带的碳青霉烯耐药基因主要为 *bla<sub>kpc-2</sub>*。根据之前研究报道, 初步推断可能为碳青霉烯耐药的经典克雷伯菌获得毒力基因。临床要高度警惕并防止碳青霉烯耐药 HvKP 在医院内的播散。

## PO-0160

### 铜川地区新生儿 APTT 正常参考范围的建立 及危急值在临床实践中的应用调查分析

刘涛

铜川市人民医院,727000

**目的** 建立适合铜川地区新生儿活化部分凝血活酶时间(activated partial thromboplastin time, APTT)的正常参考值范围, 探讨新生儿 APTT 危急值在临床实践中的应用, 通过对 APTT 危急值的修改, 为临床对新生儿在凝血疾病方面的准确诊治提供依据。

**方法** 依据临床实验室标准化协会 C28-A3 和卫生部 WS / T402-2012 的文件, 收集在我院 2014 年 1 月至 2017 年 6 月足月新生儿 (<28 天) 中剔除不合格研究对象, 最后选取 1960 人, 按性别进行分组, 进行血浆凝血活化部分凝血活酶时间(APTT)的检测, 建立足月新生儿 APTT 的参考区间; 收集在我院 2014 年 1 月至 2017 年 6 月新生儿 APTT 危急值 416 例, 调查发生危急值患儿的孕周、出生体重、疾病分布、临床应答情况。

**结果** 足月新生儿 APTT 性别差异无统计学意义, 参考范围为 38.70-50.69s, 新生儿 APTT 参考值与成人比较差异具有统计学意义 ( $t=1.59\sim2.61$ ,  $P<0.01$ ), 实验室应该建立针对新生儿的 APTT 参考区间; APTT 危急值主要见于严重患儿及早产低出生体重儿、重症肺炎和黄疸或合并多种疾病, APTT 危急值报告率高 (21.2%), 临床多采用维生素 K1 促进凝血因子生产治疗, 只有少数采用输注血浆补充凝血因子, 临床应答低 (应答率 43%), 修改后临床对 APTT 的应答率明显升高 (76%), 减少了假危急值报告的上报。

**结论** 本研究为铜川地区新生儿 APTT 参考区间的建立提供依据, 修改 APTT 危急值数值为  $\geq 90s$ , 有助于正确评价新生儿的凝血功能, 减少 APTT 危急值的上报率, 真正实现 APTT 危急值在新生儿凝血诊断方面的积极应用价值, 及时发现患儿病情变化, 从而降低其病死率, 建立针对新生儿的 APTT 参考区间和特定的 APTT 危急值, 值得临床推广及应用。

PO-0161

## Bio-Plex2200 流式点阵免疫发光技术检测抗染色质抗体在结缔组织病中的诊断价值研究

王娟<sup>1</sup>, 沈青莹<sup>1</sup>, 王楷文<sup>2</sup>, 赵江峰<sup>2</sup>

1. 上海市第一人民医院, 200000

2. 上海交通大学附属仁济医院南院

**目的** Bio-Plex2200 流式点阵免疫荧光技术检测抗染色质抗体在预判结缔组织病, 尤其是在系统性红斑狼疮中的诊断价值

**方法** Bio-Plex2200 检测 384 例结缔组织病患者、200 例正常体检者及 200 例疾病对照组体内抗染色质抗体的表达, 统计其与间接免疫荧光不同滴度下的阳性表达率; 观察在 SLE 中, Bio-Plex2200 检测抗染色质抗体分别与抗 ds-DNA 抗体、抗组蛋白抗体及抗核小体抗体之间的交叉关系; 分析抗染色质抗体与 SLE 患者 SLEDAI 评分与肾脏受累的相关性。

**结果** Bio-Plex2200 检测抗染色质抗体在不同组别的结缔组织病中均有表达; 随着间接免疫荧光滴度的不断上升, 其阳性率也随之上升; 在 SLE 中, Bio-Plex2200 抗染色质抗体与其它结构同源的抗体均呈现一定的交叉关系; Bio-Plex2200 检测抗染色质抗体结果与 SLE 患者中 SLEDAI 评分 ( $p=0.1770$ ) 及肾脏受累 ( $p=0.8090$ ) 无相关性。

**结论** 与间接免疫荧光抗核抗体检测结果相比, Bio-Plex2200 检测抗染色质抗体数值结果在排除结缔组织病中有较强的特异性; 同时, Bio-Plex2200 抗染色质抗体作为联合检测指标诊断 SLE 具有一定的临床价值。

PO-0162

## 自身抗体检测室内质控品的制备及评价

白羽

泉州市第一医院, 362000

**目的** 研究间接免疫荧光法 (IIF) 检测抗核抗体 (ANA)、抗双链脱氧核糖核酸 (抗 ds-DNA) 及免疫印迹法 (IBT) 检测抗可提取性抗核抗体 (抗 ENA) 室内质控品的制备方法。评价实验室自制质控品的均一性和稳定性, 以确保实验室相应的检测项目结果可靠有效。

**方法** 根据 CNAS-CL02-A004 文件要求: 实验室应每日或每分析批使用弱阳性和阴性质控物进行质控。宜选择人血清基质, 弱阳性质控物浓度宜在 2-4 倍临界值左右, 阴性质控物浓度宜 0.5 倍临界值左右。分别收集符合要求的阴性和弱阳性患者血清至少 8ml, 56℃ 30min 条件下灭活, 0.2μm 生物滤膜过滤, 去除纤维沉淀物和细菌。ANA 阳性血清结果为均质型 (1: 320); dsDNA 阳性血清结果为++; ENA 阳性血清结果为: RNP++, Sm+, SS-A++, dsDNA+, Nukleo++, HI+, ENA 扫描灰度值 15 以下默认为阴性。1.5 ml EP 管分装, 每支 150 μl., 封口膜封口, 保存于 -20℃ 条件下。每周取一支于 4℃ 条件下保存使用。实验室每次制备质控血清量应满足其至少使用半年, 可半年更换一次质控品。均一性验证: 随机抽取 10 支血清, 每支重复测定 2 次。稳定性验证: 按照 37℃ 连续水浴 24h 相当于 4℃ 保存 1.4 个月, 连续温浴 5 天, 每天测定一次。同时记录统计质控品使用半年的结果, 分析其稳定性。

**结果** 阴性质控品所有结果均为阴性, 弱阳性质控品滴度相差一个滴度或阳性相差一个+视为在控。自制质控品均一性通过验证。连续温浴 5 天, 稳定性良好。质控品运行半年, 全部在控, 通过验证。

**结论** 经过验证, 自制质控品均一性和稳定性良好, 可以应用于实验室日常检测工作。相较于商业产质控品, 自制质控品存在成本低廉、稳定性高、使用便捷等优点, 推广利用价值高。

## PO-0163

## 流式细胞多重微球技术检测儿童肺炎支原体 感染血清细胞因子的应用

陈东  
杭州市儿童医院

**目的** 应用多重微球流式免疫荧光技术平台, 探讨其在检测肺炎支原体患儿血清细胞因子表达水平及临床意义

**方法** 收集本院 2019 年 3 月-5 月 42 例肺炎支原体感染患儿血清, 同时随机选取同期 17 例外科住院的包皮择期手术儿童作为对照组。所有患儿均于入院第 1 天进行肺炎支原体核酸检测, 并利用多重微球流式免疫荧光技术平台分析血清中 IL-1 $\beta$ 、IL-2、IL-4、IL-5、IL-6、IL-8、IL-10、IL-12p70、IL-17、IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\alpha$  等 12 中细胞因子的表达水平; 对照组入院时留取血清进行细胞因子检测。检测结果以中位数和四分位数[M(P25-P75)]表示。

**结果** 肺炎支原体患儿组血清中 IL-1 $\beta$ 、IL-6、IL-8、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$  分别为 21.13 (9.56-37.39) pg/ml、20.07 (13.79-36.30) pg/ml、26.82 (19.27-41.94) pg/ml、10.08 (5.02-16.13) pg/ml、53.13 (20.16-131.96) pg/ml, 高于对照组 4.26 (1.16-7.94) pg/ml、3.24 (2.08-5.02) pg/ml、13.27 (10.46-20.48) pg/ml、4.30 (0.53-5.76) pg/ml、6.84 (2.22-11.36) pg/ml, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )

**结论** 应用多重微球流式免疫荧光技术平台可使用微量样本同时检测 12 种细胞因子, 能够为临床诊疗提供更有意义的指导依据

## PO-0164

## 胸腔积液与血清中的癌胚抗原及其比值对结核性 与肺癌性胸腔积液的诊断价值

高颖婷, 丁海涛  
内蒙古自治区人民医院, 010000

**目的** 探讨联合检测胸腔积液癌胚抗原 (PCEA) 和血清癌胚抗原 (SCEA) 以及二者比值 (PCEA/SCEA, P/S) 在鉴别结核性与肺癌性胸腔积液中的临床诊断价值。

**方法** 选取并收集我院 2016 年 2 月~2018 年 3 月收治的临床确诊的 82 例结核性胸腔积液患者 (对照组) 和 120 例肺癌性胸腔积液患者 (试验组), 检测其胸腔积液 CEA (PCEA) 和血清 CEA (SCEA), 计算出 P/S 值, 再将试验组按照不同病理类型分成鳞癌、腺癌和小细胞癌 3 个亚组进行组间和组内比较, 以测得各组间检测指标的水平差异。建立 ROC 曲线进行分析以确定诊断肺癌性胸腔积液的最佳临界值, 以其为诊断标准, 计算出单项检测以及联合检测的诊断性能。

**结果** 肺癌组和 3 个亚组的 PCEA、SCEA 以及 P/S 水平均高于结核组 ( $P < 0.05$ ); 3 项指标的 ROC 曲线下面积分别为 0.925、0.866 和 0.796, 以 PCEA 为最高, 其灵敏度、特异度、准确率、最佳临界值分别为: 83.33%、96.34%、88.61%、3.26 ng/mL; SCEA 诊断性能最低, 但具有取材简便、无创伤的优点; P/S 诊断性能高于 SCEA、低于 PCEA, 但与 SCEA 联合诊断后可大大提高诊断性能, 减少误诊和漏诊; 三者联合诊断肺癌性胸腔积液的曲线下面积为 0.941, 均高于单项和两两联合检测。

**结论** 在肯定 PCEA 诊断优势的同时, 也要考虑到 SCEA 和 P/S 的不可或缺性。PCEA、SCEA 和 P/S 三者联合检测对肺癌性胸腔积液的诊断有较高的敏感性, 对疑似病例的快速、准确的鉴别诊断具有重要的辅助价值。

## PO-0165

**Dissemination of *Klebsiella pneumoniae* ST11 isolates with carbapenem resistance in integrated and emergency intensive care units in a Chinese tertiary hospital**

俞凤  
江西省中医院,330000

**目的** The aim of the present study was to investigate the dissemination of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) isolates in integrated intensive care unit (IICU) and emergency ICU (EICU) for controlling the spread of CRKP in different ICUs of the hospital.

**方法** From January 2016 to April 2017, a total of 46 non-duplicate CRKP isolates were consecutively isolated from various specimens of patients admitted to the IICU and EICU of the Second Affiliated Hospital of Nanchang University.

**结论** The CRKP ST11 clone with co-production of CTX-M-65 and KPC-2 disseminated in ICUs of this tertiary teaching hospital in central China. The emergence of CRKP with hypermucoviscosity phenotype in ICUs should be of particular concern.

## PO-0166

**Organ Protective and Anti-inflammatory Effect of Insulin in Scalded MODS Rats without Controlling Hyperglycemia**

王占科  
解放军第九四医院

**目的** Insulin, as an anti-inflammatory drug, could not be freely used in traumatic patients according to the degree of inflammation, because of the side effect of hypoglycemia. It still lacks of in vivo experimental evidence that whether the effect is dosage dependent and whether it relies on controlling hyperglycemia.

**方法** By adjusting the dosage ratio of glucose and insulin, different dosages of insulin were used to treat severely scalded rats to achieve uncontrolled or controlled hyperglycemia. 140 rats with severe scald were randomly divided into hyperglycemia-controlled group and hyperglycemia-uncontrolled group, and control group. The levels of inflammation response indexes and major organ dysfunction indexes were measured and compared between groups.

**结论** The effect of anti-inflammation and organ protection of insulin is dosage dependent, it does not rely on controlling hyperglycemia. Traumatic hyperglycemia might be not detrimental to body. Adjusting the ratio of insulin and glucose could provide novel train of thought for freely treating severe traumatic patients with different dosage of insulin according to degree of inflammation.

## PO-0167

**125 例伴 3 号染色体异常的血液肿瘤分析**

陈万紫,罗清文,黄慧芳  
福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探讨 3 号染色体异常在血液病中的发生情况及其预后的意义。

**方法** 采用 R 显带技术进行常规核型分析, 回顾分析从 2011 年 1 月-2018 年 6 月来我院就诊的 125 例伴 3 号染色体异常的血液病患者的临床资料。

**结果** 3 号染色体异常可见于各种类型的血液肿瘤, 主要见于急性髓性白血病 (acute myelocytic leukemia, AML)、急性淋巴细胞白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL)、多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM)、骨髓增生异常综合症 (myelodysplastic syndrome, MDS) 等。根据主要遗传学异常将 125 例患者分为 3q 异常、3p 异常及+3/-3 三组。以 3q 异常最常见, 其次为 +3 和 3p 异常。各组在年龄、性别、WBC、PLT 和 HB 方面无明显差异 ( $P > 0.05$ )。多因素 COX 分析结果显示 3q 异常和  $WBC > 50 \times 10^9/L$  是影响患者预后的危险因素。125 例患者中未治疗即死亡或放弃治疗 42 例, 规范治疗 2 个疗程以上的共 83 例; 三组患者的 2 年总生存率分别为 30.25%, 43.0%, 58.7%。3q 异常组的 2 年总生存率明显低于 +3/-3 组 ( $P = 0.041$ )。而 3q 异常中以涉及 3q21/3q26 位点异常的检出率最高, 其 2 年的总生存率(41.1%) 高于其它的 3q 位点异常 (11.1%,  $P = 0.044$ )。

**结论** 伴有 3 号染色体异常尤其是 3q 异常的患者往往预后较差, 3q 异常中涉及 3q21/3q26 位点异常的预后相对较好。

## PO-0168

### Serum levels of interleukins and S100A8/A9 correlate with clinical severity in patients with dermatomyositis-associated interstitial lung disease

Qing Wei, Rongping Zhao, Min Li  
Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiaotong University

**Objective** Dermatomyositis (DM) is a systemic autoimmune inflammatory disorder that affects primarily skin, muscle and lung, frequently associated with interstitial lung disease (ILD). The objective of this study is to investigate the association between serum cytokines and clinical severity in patients with DM-ILD.

**Methods** Serum samples of 40 DM-ILD patients and 30 healthy controls were collected. Expressions of S100A8/A9 and interleukins were analyzed by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and cytometric beads array (CBA), respectively. Multiple unpaired t test was performed to compare cytokines/chemokines in DM-ILD patients and healthy controls. Correlation of serum cytokines/chemokines with disease severity were evaluated by Spearman's rank correlation test. high-resolution computed tomography (HRCT) of lungs was quantified for ground glass opacities (GGO), reticulation and traction bronchiectases.

**Results** Serum levels of IL-4, IL-6 and S100A8/A9 were significantly higher in DM-ILD patients than those in healthy controls ( $p = 0.0013$ ,  $0.0017$  and  $< 0.0001$ ). Serum IL-10 level of patients was dramatically lower than that in controls ( $p = 0.0001$ ). Serum IL-4 ( $r = 0.1171$ ,  $p = 0.0040$ ), IL-6 ( $r = 0.1174$ ,  $p = 0.0040$ ) and IL-10 ( $r = -0.1829$ ,  $p = 0.0003$ ) were significantly correlated with S100A8/A9 in patients with DM-ILD. Serum S100A8/A9 was significantly correlated with high-resolution computed tomography (HRCT) ( $r = 0.1642$ ,  $p = 0.0157$ ) and lung function (DLCO%:  $r = -0.2066$ ,  $p = 0.0061$ , FVC%:  $r = -0.2156$ ,  $p = 0.0050$ ).

**Conclusions** Serum level of S100A8/A9 may be a valuable marker for assessing the clinical severity of DM-ILD patients. Serum inflammatory IL-4, IL-6 and IL-10 levels were highly correlated with S100A8/A9, so these cytokines may play a synergistic effect on the progression of DM-ILD.

## PO-0169

## 利用生物学变异总误差计算 $\sigma$ 值在临床血脂检验项目室内质量控制规则选择中的应用

顾进,张春娇  
连云港市中医院,222000

**目的** 利用生物学变异允许总误差三个等级分别计算血脂各项目  $\sigma$  值,根据 Westgard 西格玛规则帮助实验室选择适当的临床血脂检验项目室内质量控制规则。

**方法** 用本实验室 2019 年 1 月至 5 月血脂室内质控累积变异系数 (CV) 作为测量不精密度的估计值,将本实验室在卫生部临检中心 2019 年室间质评计划中的偏移百分差值作为实验室的偏移估计值,采用生物学变异导出要求的三个水平允许总误差 (TEa) 作为质量规范,计算各项项目的  $\sigma$  值。根据  $\sigma$  值利用 Westgard 西格玛规则为本实验室血脂检验各项目选择适当的质量控制规则。

**结果** 采用生物学变异适当允许总误差,甘油三酯 (TG)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL) 和脂蛋白 a(LP(a)) 的  $\sigma$  值  $>6$ ,按照 Westgard 西格玛规则,即  $1_{3s}$  规则;高密度脂蛋白胆固醇 (HDL) 的  $\sigma$  值  $>5$ ,按照 Westgard 西格玛规则,即  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  规则;总胆固醇 (TCH) 和载脂蛋白 B (APOB) 的  $\sigma$  值均  $<4$ ,需要使用多规则程序,即  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/8_x$  规则;载脂蛋白 A1 (APOA1) 的  $\sigma$  值  $<3$ ,可以暂时采用生物学变异最低允许总误差作为质量指标 ( $\sigma=4$ ),即采用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  规则。

**结论** 采用生物学变异适当允许总误差作为本实验室大部分血脂质量指标是可行的, APOA1 可以暂时采用生物学变异最低允许总误差。Westgard 西格玛规则是一种方便、实用的质量控制规则选择工具,实验室可利用它得到正确的质量控制规则和质量控制测定值个数。

## PO-0170

## 应用六西格玛评估实验室不合格标本退回情况

程秀丽,阚鹏程,于海淼,张乐,胡静仪,杨萍  
天津市环湖医院,300000

**目的** 医学检验科的质量对病人的诊断和疗效监测至关重要。在检验的质量控制环节中,人们往往把焦点放在检验中和检验后的质量管理上,而忽视了检验前阶段对检验结果准确性、及时性的重要影响。本文利用六西格玛 (sigma) 方法,回顾性分析天津市环湖医院 2016 年 7 月至 2018 年 6 月期间不合格标本的退回情况,客观评价检验前质量。

**方法** 科室已建立不合格标本退回流程,确认标本为不合格标本后在 LIS 系统记录详细信息。主要的不合格标本类型包括:抗凝标本凝集、标本类型错误、标本容器错误、标本采集量错误、不合适的抗凝剂比例、标本溶血、标本脂血、标本洒溢、标本重复留取、标本未留取、带液抽血、申请单错误、送检时机不正确等。利用 EXCEL 统计不合格标本的错误率,计算每百万机会缺陷数 (DPMO) 并查表格得到相应的 sigma 值。

**结果** 研究发现,在调查期间接收到的 929,592 份标本中,共退回不合格标本 922 份,退回率 0.0992%。其中抗凝标本凝集这一类错误退回 483 份,占有类型错误的 52.39%。其次分别为标本采集量错误和申请单错误,退回 167 份和 69 份,占比 18.11%和 7.48%。这三大类型错误的 sigma 值分别为 4.5、5.1 和 5.3。其他不合格类型的 sigma 值均大于 5。对不合格标本的来源进行分析发现,抗凝标本凝集是所有病区共同的最大问题。

**结论** 本研究中不合格标本退回率为 0.0992%,低于其他相关报道,除抗凝标本凝集的 sigma 值为 4.5 (表现良好) 外,其他值均大于 5,表现优秀。究其原因可能得益于 LIS 及条码系统,电子申请减少了人为误差。其次,实验室安装了气动物流系统,标本采集后随时发送,几秒内即可到达,减

少了传输过程中的各种问题。然而，抗凝标本凝集是一个不容忽视的问题，应对护士进行定期培训讲解，让实验室的质量持续改进，更好地服务于病患。

## PO-0171

### 6 $\sigma$ 质量管理方法在临床血液学常规项目检测性能评价和质量控制中的应用

林赛玲

中山大学附属第五医院,519000

**目的** 应用 6 $\sigma$  质量管理方对临床血液学常规检验项目质量控制数据进行分析，评价检验项目的分析性能，设计其质量控制方法并选择合适的质量改进方法。

**方法** 收集中山大学附属第五医院检验科 2017 年 WBC、RBC、HGB、HCT、PLT、MCV、MCH、MCHC 等 8 个项目室内质量控制的数据，结合 2017 年的两次室间质评结果，根据美国《临床实验室改进修正案》（CLIA'88）按照公式  $\sigma = [\text{允许总误差(TEa\%)} - \text{偏倚(Bias\%)}] / \text{变异系数(CV\%)}$ ，计算  $\sigma$  值并绘制标准化 6 $\sigma$  性能决定图，以此评价项目分析性能,选择质量控制方案。结合质量目标指数(QGI)，查找项目性能水平未达到 6 $\sigma$  的主要原因，提出优先改进方法。

**结果** 8 个检验项目中，HGB 和 HCT 达到 5 $\sigma$  水平，WBC、RBC、PLT、MCV 和 MCH 达到 4 $\sigma$  水平，MCHC 达到 3 $\sigma$  水平。从使用 Excel 软件制作的标准化 6 $\sigma$  方法性能决定图中可以看出，图示法评价结果和公式计算法评价结果相似。在分析性能水平低于 6 $\sigma$  的检验项目中，有 3 个需要优先改进精密度，分别为：HGB、PLT、MCH；HCT、MCV、MCHC 需要优先改进准确度。WBC 和 RBC 则需要同时改进精密度和准确度。

**结论** 6 $\sigma$  质量管理方法应用于临床血液学常规检验项目，可有效评价检测性能，针对性地设计个性化质量控制方案，有助于提高检验项目质量水平。

## PO-0172

### G6PD 缺乏症患者基因多态性及与地贫的研究

林丽娟

工业大道 253 号南方医科大学珠江医院

**目的** 通过对葡萄糖-6-磷酸脱氢酶（Glucose-6-phosphate-dehydrogenase, G6PD）活性低于 1800 IU/L 的样本进行 G6PD 基因突变分析，了解常见的使 G6PD 酶活性降低的基因突变类型，并探究地贫患者突变与 G6PD 酶活性之间的联系。

**方法** 收集 2017 年 7 月至 2019 年 1 月在南方医科大学珠江医院酶速率法检测 G6PD 酶活性水平的样本 323 例；从中筛出用 GAP-PCR 法检测  $\alpha$  地贫基因和反向斑点杂交(RDB)法检测  $\beta$  地贫基因的标本 190 例；并对收集的 323 例的标本一致采用 Taqman 探针荧光定量方法检测 16 种中国人群中常见的 G6PD 基因突变型（c.1376G>T, c.1388G>A, c.95A>G, c.392G>T, c.871G>A, c.1024C>T, c.487G>A, c.1004C>A, c.202G>A, c.383T>C, c.473G>A, c.493A>G, c.1339G>A, c.1360G>A, c.1381C>T, c.1387C>T）。

**结果** 1.在 G6PD 缺乏患者（活性<1800 U/L）中，男女性别比为 103:35；而在 G6PD 酶活性偏低（1300-1800 U/L）人群中，男女性别比为 4:17；两组间的差异有统计学意义。2. 在 130 例单纯一种突变型中分析，其中前四位的基因突变类型分别是 c.1388G>A（67 例，45.6%），c.1376G>T（46 例，31.2%），c.95A>G（16 例，4.8%），c.871G>A（10 例，6.8%）。3. 在 G6PD 缺乏合并地贫的基因检测中，2 例酶活性临界值的女性均检测突变基因型。



**结论** (1) 最常见的两种基因突变为 c.1388G>A 和 c.1376G>T。(2) 130 例 G6PD 单纯突变型与 G6PD 酶活性相关性分析, 结果发现, 不同的基因突变型具有不同水平的 G6PD 酶活性, 但没有发现 G6PD 酶活性与突变类型有关联。(3) 在收集的标本中, 有些既做了酶法检测 G6PD 酶活性又做了地贫基因筛查的标本, 发现无论是  $\alpha$ -地贫、 $\beta$ -地贫或  $\alpha$ + $\beta$ -地贫, 其 G6PD 活性都较无地贫组显著升高( $P < 0.05$ ), 其结果具有显著性差别。

## PO-0173

### 肺泡灌洗液细胞形态学检查在疾病诊断中的价值

续薇, 安倍莹, 王学军, 曲琳琳, 魏丽晶, 陈显秋, 李映潼, 孙瑞营, 王墨, 胡高峰, 陈丽军  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 通过显微镜下肺泡灌洗液细胞形态学检查, 鉴别肺部疾病的病变性质, 提示肺泡灌洗液细胞形态学检查在疾病诊断中的意义。

**方法** ①吉林大学第一医院 2013 年至今经临床医师通过纤维支气管镜检查获取的肺泡灌洗液标本 1200 例, 至少提取 5 ml BALF 用于实验室检查(以 10~20 ml 为宜), 也可收集所有回收的肺泡灌洗液用于实验室检查。②剩余的 BALF 送至微生物实验室进行分枝杆菌和真菌的涂片和培养, 还可用来筛查肿瘤细胞。③细胞计数: 至少提取 5ml BALF 进行细胞计数及分类检查, 单层无菌纱布过滤, 移去黏液。④全自动血细胞分析仪器或血细胞计数板进行有核细胞计数: 计数除上皮细胞及红细胞以外的所有细胞, 报告有核细胞  $\times 10^6/L$ 。⑤涂片制备: 过滤的灌洗液经离心机离心 1500rpm, 5min, 去上清, 将沉渣拉片共计 6 张, 两张染瑞氏染液, 两张染巴氏染色, 另两张保存。⑥显微镜下阅片分类计数: 每次至少需要计数 400 个细胞, 健康非吸烟者参考区间为有核细胞 (5~10)  $\times 10^6/L$ , 细胞分类, 巨噬细胞 >85~90%、淋巴细胞 10~15%、中性粒细胞  $\leq 3\%$ 、嗜酸性粒细胞  $\leq 1\%$ 、鳞状上皮细胞或纤毛柱状上皮细胞均  $\leq 5\%$ 。⑦图文报告。

**结果** 可见尘细胞: 由血液中单核细胞迁移至肺组织发育而成, 吞噬了较多尘粒的称为尘细胞, 见于肺朗格罕细胞组织细胞增多症。可见含铁血黄素巨噬细胞: 肺巨噬细胞吞噬了血红蛋白分解产物(含铁血黄色颗粒), 含铁血黄素染色, 见于心力衰竭、心功能不全、肺梗塞、弥漫性肺泡出血疾病等。可见淋巴细胞增多, 淋巴细胞增高 >25% 见于药物反应、富细胞型非特异性间质性肺炎(NSIP)、淋巴细胞百分比 >50% 伴肥大细胞 >1%、中性粒细胞 >3% 提示急性过敏性肺炎。可见中性粒细胞增多, 提示急性肺损伤、吸入性肺炎、化脓性感染、特发性肺纤维化、风湿性肺损伤、胶原血管疾病伴肺间质纤维化、石棉肺。嗜酸粒细胞 >25% 应考虑嗜酸性肺炎、间质性肺炎、大叶性肺炎。见鳞状上皮细胞能够提示 BALF 标本被上呼吸道分泌物污染。见柱状上皮细胞(>5%)提示 BALF 并非来自远端气腔。可见红细胞, 持续性或随灌注次数逐渐加深, 见于弥漫性肺泡出血。可见肿瘤细胞, 肿瘤细胞中可依据形态分为鳞癌细胞、腺癌细胞、未分化小细胞癌和未分化大细胞癌。

**结论** 掌握肺泡灌洗液细胞形态学显微镜检查技能, 对肺部病变的诊断和鉴别具有应用价值。

## PO-0174

### POCT 项目的临床管理

孙瑞营, 姚瀚鑫  
吉林大学第一医院, 130000

**目的** 为了加强院内临床实验室质量管理, 保证检验结果的准确性, 保证临床实验室开展项目符合行业标准要求, 吉林大学第一医院临床检验(质控)中心在 2018 年陆续开展了相关工作。

**方法** 自 2017 年 6 月 27 日中心成立以来, 针对开展 POCT 科室的文件管理、血糖检测结果的记录, POCT 室内质量控制以及 2017 年 POCT 比对试验的开展四个方面分别制定了制度文件, 并编制了制度相关表格, 为检验的一体化构建详尽的体系框架, 2018 年度每半年开展一次 POCT 比对工作。

**结果** 针对 POCT 比对工作开展培训, 同时深入临床现场考核, 针对检查中发现的问题进行汇总及分析, 与医务部联合开展培训, 内容涵盖 POCT 质量管理要求及存在问题分析以及实验室开展项目的要求, 要求各联络员按照相关标准完善工作。多人受邀在国内会议中分享院内 POCT 管理的做法与体会。

**结论** 通过对院内开展医学检验项目的检验科、临床开展检验项目的实验室及 POCT 项目的科室实行院内检验项目的统一管理, 保证了 POCT 仪器在检测时处于最佳状态, 提高了检验人员的质量保证意识与检验队伍的整体专业水平, 进一步加强了我院医学检验的质量管理, 保证了临床检验项目的技术规范与检验结果的准确度、一致性, 提高了检验队伍的整体专业水平, 为逐步实现全院临床检验的规范化与标准化奠定基础。

## PO-0175

# Long non-coding RNAs contribute to fungal virulence and sexual development of the entomopathogenic fungus *Cordyceps militaris*

Qiumei Zhou

Experimental Center of Clinical Research, The First Affiliated Hospital of Anhui University of Chinese Medicine

**Objective** These findings suggest that lncRNAs in *C. militaris* play important roles in the fungal infection progress and fruiting body production, providing a broad repertoire and resource for further studies of lncRNAs.

**Methods** Numerous long non-coding RNAs (lncRNAs) identified and characterized in mammals, plants, and fungi have been found to play critical regulatory roles in biological processes. However, little is known about the role of lncRNAs in insect pathogenic fungi.

**Results** By profiling the developmental transcriptomes of sexual and asexual development in the insect-pathogenic fungus *Cordyceps militaris*, 4,140 lncRNAs were identified and found to be dynamically expressed during fungal development. The lncRNAs had shorter transcript lengths and lower numbers of exons compared to protein-coding genes. The expressed target genes (neighboring and cis-regulated) of various expressed lncRNAs were predicted, and these genes showed significant enrichment in energy metabolism and signaling pathways, such as "Glycolysis/Gluconeogenesis" and "MAPK signaling pathway". To better understand how lncRNAs function in the fungus, *xrn1*, the final gene of the NMD pathway, which determines the fate of lncRNAs, was found to be disrupted. The  $\Delta xrn1$  deletion mutant displayed significant ( $p < 0.05$ ) attenuation of virulence and a lower growth rate in *C. militaris*. Quantitative RT-PCR results revealed 10 lncRNAs with significantly higher expression, while 8 of these 10 lncRNA target genes (virulence- and sexual development-related) showed significantly lower expression in  $\Delta xrn1$  compared to in the wild-type, suggesting that lncRNA expression regulates fungal virulence and sexual development by affecting gene expression.

**Conclusions** These findings suggest that lncRNAs in *C. militaris* play important roles in the fungal infection progress and fruiting body production, providing a broad repertoire and resource for further studies of lncRNAs.

## PO-0176

## 端粒在中国帕金森病患者中加速缩短

吴玥<sup>1</sup>, 崔巍<sup>1</sup>, 裴雨晴<sup>1</sup>, 杨卓<sup>2</sup>

1. 中国医学科学院肿瘤医院, 100000

2. 北京协和医院

**目的** 帕金森病(PD)是一种中枢神经系统的长期退行性疾病,其特征在于炎症和氧化应激。但帕金森病患者的端粒长度的变化结果并不一致。

本文章旨在检测该疾病患者端粒长度变化。

**方法** 我们对来自北京协和医院的 288 例(137 名女性, 151 名男性) PD 患者和 301 名(144 名女性, 157 名男性)健康正常对照进行了基于医院的病例对照研究,其性别和年龄相匹配。

**结果:** 患者的平均年龄为  $64.0 \pm 12.8$  岁(范围 26-89 岁)。所有患者均符合英国 PD 社会脑库临床 PD 标准。收集循环白细胞用于 DNA 提取。通过定量 PCR 方法测量白细胞端粒长度(LTL)。为了进一步探索 PD 患者中的端粒长度,我们检索相关文章对 PD 患者 LTL 变化进行了荟萃分析。

**结果** 与对照组相比, PD 组 LTL 明显缩短( $1.09 \pm 0.45$  vs.  $1.69 \pm 0.79$ ,  $P < 0.001$ ),且对照组和 PD 组均随年龄增长而稳定下降( $r = -0.474$ ,  $P < 0.001$ ;  $r = -0.187$ , 分别为  $P < 0.001$ )。同时, PD 组的 TP, 白蛋白, TC, HDL-C, LDL-C 水平相对较低,但前白蛋白含量较高。通过多次调整,只有年龄( $P < 0.001$ ), hcy ( $P = 0.016$ )与 LTL 呈稳定负相关。比较 LTL 的最低四分位数和最高四分位数发现, LTL 对 PD 的比值比(OR)为 12.96 [95%置信区间(CI) 7.23-23.23,  $P < 0.001$ ]。对相关文章进行检索后,发现 6 篇使用 qPCR 检测端粒长度的研究,荟萃分析表明 PD 中端粒长度显著缩短( $SMD = 0.63$ , 95%CI 0.03-1.24,  $P = 0.041$ )。

**结论** 这是首次探讨端粒长度与中国 PD 患者之间关系的研究。我们的研究表明中国 PD 患者的端粒长度缩短,结果与 Meta 分析的汇总结果一致。这些观察结果表明,与正常人群相比,PD 患者的端粒加速缩短,较短的端粒与 PD 风险增加有关。

## PO-0177

## 检验科质量监测信息化平台的应用研究

柯娟玉, 陈思平

南方医科大学深圳医院

**目的** 构建检验科质量监测信息化平台,探讨其在持续质量改进中的应用,并对人工智能解读报告单的功能进行再验证。

**方法** 在实验室信息系统的基础上整合国家卫生健康委员会发布的 12 项与检验密切相关的质量指标,建立统一的监测平台,12 项质量指标包括三个方面,一、检验前质量指标:标本类型错误率、标本容器错误率、标本采集错误率、血培养污染率、抗凝标本凝集率及检验前周转时间中位数;二、检验中质量指标:室内质控项目变异系数不合格率及实验室内周转时间中位数;三、检验后质量指标:检验报告不正确率、危急值通报率、危急值通报及时率及解释性评论有效率。通过平台统计我院检验科 2018 年 1 月至 2018 年 8 月的月度质量指标数据,并进行持续改进。对“解释性评论有效率”的质量指标,利用我院已实现的人工智能解读报告单异常结果的功能,采取每月抽查 100 份微信端报告单的方法进行研究。

**结果** 12 项质量指标除抗凝标本凝集率及实验室内周转时间无改进变化,其余都在持续改进下有改善。微信端报告单异常结果解读对带“%”的项目不能出现识别,经信息科进行数据转义处理后可实现解读。

**结论** 利用质量监测信息化平台进行质量监测,从被动改为主动进行质量持续改进,可为检验科的全面质量管理提供安全、高效的保障;人工智能的使用促进检验质量指标进一步提升。

## PO-0178

**CaSR 调控中性粒细胞在心肌缺氧复氧损伤中的作用**

翟泰宇,孙轶华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 研究大鼠外周血中性粒细胞上钙感受受体(CaSR) 的表达在中性粒细胞介导的心肌缺氧复氧损伤中的作用。

**方法** 选取 3 天内的 wistar 新生鼠, 酶解法分离原代心肌细胞, 将心肌细胞分为无处理组、缺氧复氧组及缺氧复氧与不同组中性粒细胞共培养组, 待产生稳定搏动后进行后续试验。选取 250-300g 成年 wistar 大鼠, 心尖部采血, 利用密度梯度分离法分离大鼠中性粒细胞, 台盼蓝染色鉴定其活性, 瑞氏染色鉴定其纯度, 鉴定纯度及活性均大于 95%的中性粒细胞进行后续试验。将新鲜提取的中性粒细胞分为无处理组、PAF 激活组、PAF+CaSR 激动剂 Cinacalcet 组、PAF+CaSR 抑制剂 NPS-2143 组, 药物处理 15min 后更换新鲜培养液进行后续试验。缺氧复氧组将心肌细胞缺氧处理 2 小时后复氧处理 4h。共培养组在复氧的同时放入共培养小室上层加入不同组中性粒细胞下层为心肌细胞进行非接触式共培养。试验结束后分别收集心肌细胞及中性粒细胞。应用 Western blot 观察 CaSR 在不同组中性粒细胞上的表达情况及心肌细胞上 Bcl-xl、Bax 的表达情况, 应用流式细胞术检测心肌细胞的凋亡情况

**结果** 在中性粒细胞中, CaSR 激动剂可以使 CaSR 表达量增高, NPS-2143 可以使中性粒细胞表达量降低。在心肌细胞中, 与正常对照组相比, 缺氧复氧可以使心肌细胞上 Bcl-xl 的表达量降低, Bax 的表达量增高, 心肌细胞凋亡率明显增高。Cinacalcet 处理的中性粒细胞与缺氧复氧的心肌细胞共培养后, 心肌细胞上 Bcl-xl 的表达量与缺氧复氧组相比有明显上升, Bax 表达量明显下降, 心肌细胞的凋亡率也明显下降, 结果均具有统计学意义。

**结论** CaSR 激动剂 Cinacalcet 处理的中性粒细胞上高表达的 CaSR 可以明显减弱中性粒细胞对心肌缺氧复氧造成的免疫损伤。

## PO-0179

**Corin 在糖尿病肾病中的作用研究**

薛美婷

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 糖尿病是危害人类健康的主要疾病之一。糖尿病肾病(DN)是糖尿病最重要的微血管并发症之一, 也是糖尿病患者死亡的主要原因之一。DN 的发病率呈逐年上升的趋势, 然而, DN 的发病机制十分复杂, 目前尚未完全清楚。Corin 是一种 II 型跨膜丝氨酸蛋白酶, 能够将无活性的心房钠尿肽前体(pro-ANP)转化为具有生物学活性的心房钠尿肽(ANP), 进而发挥其调节水盐代谢平衡的作用。研究发现在糖尿病肾病、急性肾小球肾炎、慢性肾病等肾脏相关疾病中, Corin 的表达下降, 说明 Corin 可能参与某些肾脏相关疾病的发病机制。然而, Corin 在 DN 中可能发挥的作用, 目前尚未见相关报道。在此研究中, 我们旨在探索 Corin 在 DN 发病机制中的作用, 期望阐明 DN 发病的新的分子机制并发现防治新靶点。

**方法** 我们通过 RT-PCR、Western blot 和免疫组化染色技术检测 STZ 诱导的糖尿病大鼠动物模型与正常对照大鼠动物模型的肾脏中 Corin 和 ANP 的表达情况; 通过 RT-PCR、Western blot 和免疫荧光技术检测正常糖、高糖以及高渗环境中的 HK-2 细胞株(人肾近曲小管上皮细胞株)中 Corin 和 ANP 的表达情况; 通过普通光学显微镜、MTT 实验以及台盼蓝染色技术观察转染 Corin-siRNA 的 HK-2 细胞株的细胞活力与增殖情况; 通过划痕实验观察转染 Corin-siRNA 的 HK-2 细胞株的上清液对 EA.hy926 细胞株(人脐静脉内皮细胞株)迁移及损伤后修复的影响; 通过 Western blot 技术测定转染 Corin siRNA 的 HK-2 细胞株上清液中其他相关信号分子的表达。

**结果** 我们发现 DN 大鼠肾脏和高糖处理的 HK-2 细胞株的 Corin 和 ANP 表达降低。转染 Corin-siRNA 的 HK-2 细胞株的增殖明显受到抑制,活力明显下降。转染 Corin-siRNA 的 HK-2 细胞株的上清液抑制了 EA.hy926 细胞株的迁移及损伤后修复。HK-2 细胞中 Corin 的缺乏导致下游相关信号分子表达的改变。

**结论** 综合以上,在 DN 中,Corin 通过 pro-ANP 信号通路发挥保护性作用并且 Corin 的缺乏会导致内皮功能紊乱的发生。

## PO-0180

### 基于石墨烯与聚苯胺-纳米金复合材料信号放大的生物传感器检测结核分支杆菌的实验研究

刘畅

陆军军医大学新桥医院

**目的** 构建还原氧化石墨烯(rGO)/聚苯胺-纳米金(PANI-Au)电化学生物传感器,实现结核分枝杆菌 IS6110 DNA 的高灵敏快速检测。

**方法** 选取结核分枝杆菌特异性插入序列 IS6110 的 DNA 片段作为靶序列,设计合成与靶序列互补的单链 DNA 捕获探针。将捕获探针固载于 rGO-Au 修饰的电极表面,通过夹心反应模式,使 PANI-Au 修饰的检测探针与靶序列结合,联合石墨烯纳米材料的信号放大,产生增强的 PANI 电化学信号。采用 CV、DPV 的检测方法实现传感器的电化学表征及结核菌靶序列的定量检测。

**结果** 所构建的电化学生物传感器呈现较宽的线性范围,达到  $1.0 \times 10^{-10} \sim 1.0 \times 10^{-15} \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ ,稳定性及特异性好,其他呼吸道致病菌基因组 DNA(如金黄色葡萄球菌、肺炎支原体、溶血性链球菌)对靶序列的检测几乎不产生干扰。与 PCR 方法学比较表明,电化学生物传感器与 PCR 检测结果的符合率为 100%。

**结论** 成功构建了还原氧化石墨烯(rGO)/聚苯胺-纳米金(PANI-Au)电化学生物传感器,建立了结核杆菌 IS6110 DNA 检测新方法,为结核菌感染的实际临床基因诊断提供了新的思路及手段。

## PO-0181

### 妊娠高血压孕妇不同孕期甲状腺激素水平的研究

梅秋雁

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 建立并探讨云南地区正常孕妇不同孕期的甲状腺功能测量结果正常参考值范围。方法 收集 2016 年 3 月~2018 年 3 月云南地区常住妊娠妇女 4 031 例,按 NACB 纳入标准,采用随机、分层、整群抽样相结合的方法,使用全自动化学发光分析仪及其配套试剂进行甲状腺激素水平检测,并据不同孕期分为:早孕(T1)998 例,中孕(T2)1 543,晚孕(T3)1 490 例,同时选取年龄相仿的未妊娠育龄期妇女(T0)105 例作为对照组。结果 ①妊娠三期甲状腺激素水平不同,TSH 于早、中、晚三期分别为  $0.25 \sim 5.32, 0.42 \sim 6.26$  和  $0.61 \sim 7.68 \text{ mIU/L}$ ;FT3 分别为  $3.54 \sim 6.04, 3.57 \sim 5.94$  和  $2.93 \sim 5.40 \text{ pmol/L}$ ;FT4 分别为  $7.11 \sim 16.88, 6.78 \sim 16.94$  和  $6.03 \sim 16.87 \text{ pmol/L}$ ,妊娠期妇女的甲状腺激素水平与未孕妇女相比较,TSH( $x^2=233.183, P < 0.05$ ),FT4( $x^2=388.12, P < 0.05$ ),FT3( $x^2=558.795, P < 0.05$ )。②TSH 在孕早期相对于未孕妇女减低,孕中晚期相对增高;FT3 和 FT4 的变化是一致的,与非孕妇女相比均是减低的,且随孕期延长下降越明显。结论 妊娠妇女甲状腺功能水平不同于非孕妇女,需建立当地妊娠特异性甲状腺激素正常参考范围。

**方法** 选取 2016 年 3 月~2018 年 3 月本院收治的 70 例妊娠糖尿病孕妇和 70 例正常健康孕妇作为研究对象,对比并统计孕早期、孕中期和孕晚期正常孕妇和妊娠高血压孕妇的 FT4 水平、FT3 水平、TSH 水平和甲状腺功能。

**结果** 妊娠糖尿病孕妇孕中期的 FT4 水平为 $(0.57\pm 0.13)\text{ng/dL}$ ,正常孕妇组为 $(0.63\pm 0.16)\text{ng/dL}$ ,差异有统计学意义( $P<0.05$ );妊娠糖尿病孕妇组不同孕期 FT3 水平和正常孕妇组相比,差异无统计学意义( $P>0.05$ );妊娠糖尿病孕妇组晚期的 TSH 水平为 $(2.29\pm 1.09)\text{mU/L}$ ,正常孕妇组为 $(0.63\pm 0.16)\text{mU/L}$ ,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 妊娠糖尿病孕妇的 FT4 水平更低,TSH 水平更高,甲状腺功能异常发病率更高,要注意监测妊娠高血压患者的甲状腺功能情况。

## PO-0182

### 构建长非编码 RNA 相关的 CERN 网络揭示肝细胞癌预后的潜在生物标记

阎赞梦

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 肝细胞癌(HCC)是世界上第六大癌症相关死亡原因。越来越多的证据表明,长非编码 RNA(LncRNAs)作为竞争内源性 RNA(CeRNAs)在肝癌中的调节作用。

**方法** 从肿瘤基因组图谱(TCGA)数据库中获取 lncRNA 的表达数据和相应的患者信息。竞争的 lncRNA-mRNA 的相互作用是通过超地质测量确定的。采用 Spearman 相关系数进行共表达分析。多因素 Cox 回归生存分析提取网络中的预后 lncRNAs。

**结果** 在 Cerna 假说的基础上,构建了肝癌组织中的全局 lncRNA 关联 Cerna 网络(LCeNET)。9 个 lncRNA 被鉴定为中枢,并被发现在各种与癌症相关的生物学过程中富集。此外,还筛选了与生存相关的 Cerna 对,构建了 lncRNA-miRNA-mRNA 亚网络。最后,我们发展了一个 16-lncRNA 模型,该模型可以将患者分为高风险和低风险组,具有不同的生存结果,MCM3AP-AS1 在 LCeNET 和预后模型中都起到了枢纽的作用。

**结论** 本研究将有助于深入了解 lncRNA 介导的 CeRNA 调控机制在 HCC 发病机制中的作用,并为寻找 HCC 的候选预后标志物奠定基础。

## PO-0183

### 检验科门诊危急值报告流程探讨

陈敢敢

陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 更及时准确的报告门诊危急值,为门诊危急值患者提供帮助

**方法** 危急值是指危及生命的极度异常的结果,说明患者正处于生命危险的边缘状态,该结果与疾病的治疗转归有着密切的联系。目前,国家卫健委已将危急值报告列入《患者安全目标》以及《三级综合医院评审标准实施细则》,要求各医疗机构,根据实际情况制定适合本单位的危急值项目和危急值报告制度。

**结果** 危急值报告制度主要涉及以下四大方面:1.危急值项目的选择及报告限的确定程序、2.危急值确认与复查程序、3.危急值报告路径程序、4.危急值记录程序。在危急值报告路径程序中,住院和急诊患者的报告路径比较通畅明确,而门诊患者危急值报告路径则相对复杂,本文旨在探讨几种相对可行的方式的优缺点:1.直接电话报告患者本人 2.短信推送危急值至患者、3.电话报告危急值开单医生或门诊导医处等。

**结论** 由于门诊患者就诊的流动性和复查时间的不确定性,要想将门诊危急值尽快发送至危急值使用者,光靠单一报告方式很难达到门诊危急值报告率 100%的目标,而必须采取电话直接报告+短信推送相结合的方式,当对方无应答时,则应采取报告就诊科室住院总、门诊办公室、院医疗总值班等方式进行补救,并完善相应登记。而患者初次就诊登记信息完整性则是门诊危急值上报率的重要保证。

#### PO-0184

### 血浆 circRNA 作为类风湿关节炎合并冠心病生物标志物的筛选、验证及临床应用研究

李雪衡<sup>1</sup>,潘丽<sup>1,2</sup>,胡炎伟<sup>1</sup>

1.南方医科大学南方医院,510000

2.云南省玉溪市人民医院

**目的** 类风湿性关节炎是心血管疾病的一种独立危险因素,然而长期以来,类风湿性关节炎并发冠心病尚未引起临床足够重视。有关类风湿性关节炎和心血管疾病之间确切的发病机制仍不清楚。增强对类风湿性关节炎患者并发心血管疾病的警惕,及早此类患者的筛查,降低其心血管疾病发生率,提高类风湿性关节炎患者生存周期,已成为一项重要任务。寻求一种血浆标志物能够准确有效地预测和及早发现类风湿性关节炎患者发生心血管疾病的风险,在预防类风湿性关节炎并发冠心病的发生、发展方面,具有重要的临床价值和现实意义。

**方法** 利用基因芯片技术,对健康个体,类风湿性关节炎,冠心病及两者合并疾病中的 circ RNA 表达谱数据进行聚类分析,鉴定出在类风湿性关节炎并发冠心病中特异性表达的 circ RNA。使用 qPCR 技术对筛选出的差异表达 circRNA 进行验证,挑选出 2 个差异表达的 circRNA。与临床常用的生化指标联合诊断类风湿性关节炎并发冠心病,评估其诊断效率和临床价值。

**结果** circR-0089762 在类风湿性关节炎组中表达上调,而 circR-0004121 在类风湿性关节炎并发冠心病中表达上调。通过 qPCR 实现进一步的验证,并评估诊断 RA 并发 CHD 的功效。仅用单个指标, circR-0089762 (AUC = 0.402) 或 circR-0004121 (AUC = 0.765) 均不是早期鉴别诊断风湿性关节炎并发冠心病的理想生物标志物。为了提高诊断敏感性和特异性,我们结合几种常见的生化指标和这两种 circRNA 进行联合诊断。令人惊讶的是, circR-0004121 和 TC 的组合 circR-0004121 和 CK-MB 的组合达到了高 AUC 值 (0.828, 0.802),意味着它同时具有高特异性和灵敏度以鉴别诊断类风湿性关节炎并发冠心病和单独类风湿性关节炎。

**结论** circR-0004121 和 TC 的组合 circR-0004121 和 CK-MB 的组合鉴别诊断类风湿性关节炎并发冠心病和单独类风湿性关节炎。

#### PO-0185

### 检出同时携带 blaIMP-45 和 armA 的多重耐药假单胞菌及其基因环境解析

朱雄<sup>1</sup>,袁敏<sup>2</sup>,陈霞<sup>2</sup>,李欢<sup>1</sup>,陈海<sup>1</sup>,赵晓菲<sup>2</sup>,张云飞<sup>2</sup>,龚林<sup>2</sup>,李娟<sup>2</sup>

1.三亚市人民医院,572000

2.中国疾病预防控制中心传染病预防控制所细菌耐药室

**目的** 探讨多重耐药假单胞菌属细菌对碳青霉烯类和氨基糖苷类两类抗生素耐药的分子机制。

**方法** 2012 年 6 月至 2013 年 3 月,海南省三亚市人民医院检验科收集到 6 株产碳青霉烯酶铜绿假单胞菌和恶臭假单胞菌,来自该医院 4 个不同的病区。16S rDNA 扩增测序比对鉴定核实细菌种属。E-test 法测定菌株对临床常用抗生素最低抑菌浓度。Carba NP 法检测菌株是否产碳青霉烯

酶。PCR 扩增和测序比对明确碳青霉烯酶和氨基糖苷类甲基化酶的基因亚型。PCR 和重叠 PCR (overlap PCR) 扩增 I 型整合子及重要耐药基因侧翼基因环境, 测序并拼接 PCR 产物明确耐药基因座位排列。SpeI 酶切后脉冲场凝胶电泳 (SpeI-PFGE) 判断菌株之间亲缘关系, S1 酶切后脉冲场凝胶电泳 (S1-PFGE) 进一步明确菌株间携带质粒的大小及其关联。

**结果** 6 株耐碳青霉烯类抗生素的假单胞菌属细菌, 其中有 3 株为恶臭假单胞菌, 3 株为铜绿假单胞菌, 且均为 Carba NP 试验阳性, 产 B 组碳青霉烯酶。PCR 进一步确证携带 bla<sub>IMP-45</sub>, 介导对除氨基曲南外所有的  $\beta$ -内酰胺类药物耐药, 且同时携带 16s rRNA 甲基化酶 armA 基因, 介导对所有的氨基糖苷类药物耐药。基因环境的研究显示 bla<sub>IMP-45</sub> 和 armA 共同定位于 Tn1548 相关区域。SpeI-PFGE 电泳表明除 2 株铜绿假单胞菌外, 其它菌株彼此之间都不是近缘的克隆。S1-PFGE 电泳结果表明这些菌株都携带大质粒 (300~600Kb), 质粒的大小并不完全一致。

**结论** 在我院内检出同时携带 bla<sub>IMP-45</sub> 和 armA 的铜绿假单胞菌和恶臭假单胞菌, 这些耐药基因在不同菌株之间的播散可能涉及到质粒的接合转移及含耐药基因的可移动元件在不同种间的水平转移。

## PO-0186

### Antibody avidity method for identification of primary and secondary immune responses in 128 suspected measles cases

Jie Liu<sup>1,2</sup>, Lingli Sun<sup>2</sup>, Chengbin Wang<sup>1</sup>

1.Chinese PLA Department of Clinical Laboratory Medicine&Chinese PLA General Hospital, Medical School of Chinese PLA

2.Chaoyang Center for Disease Control and Prevention

**Objective** To study IgG antibody avidity method in identification of primary and secondary immune responses in measles cases.

**Methods** Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was used to detect the IgG antibody and antibody avidity of the confirmed measles cases and the paired serum samples of IgM negative were test IgG antibody to confirm the infection, then detect the IgG antibody avidity of the positive case.

**Results** Among all confirmed cases, 80 cases were high avidity antibodies (80/99, 80.81%). Seven cases were secondary vaccination failure (SVF). One patient had one does of measles-containing vaccine (MCV), his paired serum samples with low avidity antibodies in the first blood and the second showed high avidity, other 6 twice-vaccinated individuals with high avidity antibodies.

**Conclusions** Most of the cases in this study have produce high avidity IgG antibodies, but they are still infected with the measles virus again. It is suggested that the neutralization and protection of the high avidity antibody still needs further study. In SVF cases, the typical secondary immune responses, such as low or undetectable IgM, may not found in the laboratory, meanwhile, there are also missed cases associated with secondary immune responses. Therefore, we should pay more attention to SVF cases in the future, especially its role in measles transmission.



PO-0187

## 基于能力指数的临床实验室质控室间比对系统的建立与探讨

陶然

广州金域医学检验中心有限公司

**目的** 建立基于能力指数的实验室质量控制室间比对系统

**方法** 质控系统配置比对组别和规则，录入质控数据后计算能力指数，每隔 10 天各实验室同一项目最小能力指数传输至比对系统，分别与绝对标准、相对标准及历史结果的比较，得到各实验室比对结果，帮助实验室进行质量控制改善

**结果** 建立质控室间比对系统，根据 WS/T403-2012 标准，97%比对批次显示精密度处于良好及以上，TC 和 GLU 共计 5 个批次提示精密度一般，需个别改善；95.8%比对批次显示准确度良好及以上，系统误差是导致酶类项目性能降低的主要因素

**结论** 基于能力指数的比对系统，可从精密度和准确度两个方面帮助管理者发现质控隐患，并依据当前技术水平提供各项性能改进建议，确保患者结果安全

PO-0188

## Antibiotic Resistance, Virulence-associated Features and Epidemiological Characteristics of Hospital Acquired Hypervirulent *Klebsiella Pneumoniae* in China Mainland

Lingli Luo, Min Wang, Xueqin Zhang, Jing Wen, Pengyuan Cui, Jingjing Tian, Kan Zhang, Shan Tan, Can Luo  
The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The aim of this work was to investigate microbial and epidemiological characteristics of hospital acquired hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (HA-HvKP).

**Methods** The strains were determined by the presence of a hypermucoviscous phenotype among 800 *K. pneumoniae* isolates, then investigated by antimicrobial susceptibility testing, resistant gene detection, capsular serotypes, virulence gene profiles, and multilocus sequence typing (MLST). The difference was compared by  $\chi^2$  test and the clinical characteristics were analyzed by one-way analysis of variants (ANOVA) and multivariable analysis.

**Results** Of 800 *K. pneumoniae* isolates, 12.9% were HvKP, and 36 strains were nosocomial infection, mainly distributed in intensive care unit (ICU) (33.3%). HA-HvKP primarily express the K1 serotype, followed by the K2, K5, K20, K54, and K57 serotypes. Resistance rate of HvKP has increased, accompanied by multiple resistant strains. The presence of K1, K2, mrkD, entB, iutA and iucA genes were strongly associated with nosocomial infected HvKP. Almost all of the K1 capsular strains were ST23, but the sequence types of K2 strains were quite different. Single infection was independent risk factors for HA-HvKP by logistic analysis.

**Conclusions** HA-HvKP has emerged and showed a gradual upward trend. Epidemiological surveillance of HA-HvKP now appears imperative to avoid its outbreak.

PO-0189

## 基于 MeCP2 蛋白和双酶信号放大的 DNA 甲基化 电化学免疫分析

莫非

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 构建一种基于甲基化 CpG 结合蛋白 2 (MeCP2) 和双酶信号放大电化学免疫传感器, 用于 DNA 甲基化的定量检测。

**方法** 固定在纳米金 (AuNPs) 修饰电极表面的探针与靶 DNA 杂交后, 将电极于 37 °C 下与 MeCP2 蛋白溶液孵育, 再与葡萄糖氧化酶 (GOD) 和辣根过氧化物酶 (HRP) 共同标记的 MeCP2-His 标签抗体 (GOD-HRP/anti-His tag) 反应, 于含葡萄糖和对苯二酚的检测液中测试其电化学信号, 建立电信号大小与 DNA 甲基化浓度之间的关系, 确定该传感器的检测限, 考察实验所设计的双酶信号放大策略的放大效果。

**结果** 在  $1.0 \times 10^{-14}$  mol/L ~  $1.0 \times 10^{-7}$  mol/L 范围内, 电信号大小与 DNA 甲基化浓度的对数呈线性关系, 检出限为 0.1 fmol/L; 与单酶标记体系相比, 双酶标记体系产生的电化学信号更强。

**结论** 采用双酶标记信号放大技术制备的电化学免疫传感器具有超高的灵敏度, 能实现痕量 DNA 甲基化的检测。

PO-0190

## 结肠癌 TP53 相关外泌体定量蛋白质组学研究

朱琳

解放军总医院

**目的** 比较分析 TP53 突变、敲除及野生的肿瘤细胞分泌外泌体的蛋白质组差异, 探讨突变的 TP53 对肿瘤微环境中的分泌蛋白质的影响。

**方法** 从 TP53 野生型 (HCT116-p53(WT))、敲除型 (HCT116-p53(-/-)) 和构建的 273 位点突变型的结肠癌 HCT116 细胞 (HCT116-p53(R273H)) 培养上清中分别提取外泌体, 通过透射电镜观察其形态和免疫印迹法检测外泌体标志性蛋白, 并经 iTRAQ-LC-MS/MS 策略分析三种细胞外泌体蛋白组成的差异并通过酶联免疫吸附测定 (ELISA) 进行差异蛋白验证。

**结果** HCT116-p53(WT)分泌的外泌体和 HCT116-p53(R273H)分泌的外泌体相比有 144 个差异蛋白, HCT116-p53(WT)分泌的外泌体和 HCT116-p53(-/-)分泌的外泌体相比有 480 个差异蛋白, 大部分差异蛋白主要参与代谢和细胞的生物学过程以及凋亡、应激、增殖、细胞粘附等功能。通路分析 (IPA) 显示 HCT116-p53(WT)分泌的外泌体相比于 HCT116-p53(R273H)分泌的外泌体的差异蛋白主要富集在泛素化、mTOR、DNA 损伤修复通路中; HCT116-p53(WT)分泌的外泌体相比于 HCT116-p53(-/-)分泌的外泌体的差异蛋白主要集中在泛素化、EIF2、糖酵解通路中。而且, 结肠癌患者的血清视网膜母细胞瘤蛋白 (RB1) 水平明显高于健康对照 ( $P=0.0012$ )

**结论** TP53 突变和缺失会改变外泌体的蛋白组成, 富集许多泛素化蛋白, 结肠癌患者的血清 RB1 水平明显高于健康对照, 这为深入探讨 TP53 状态对外泌体蛋白组成和肿瘤微环境的影响奠定基础。

## PO-0191

## 基于肽聚糖和铂镍铜三金属纳米立方体的革兰阳性细菌快速超灵敏检测新方法

韩道宾<sup>1</sup>,赵敏<sup>1</sup>,卞心彤<sup>1</sup>,王建敏<sup>1</sup>,段晓雷<sup>1,2</sup>,彭奇龄<sup>3</sup>,程伟<sup>4</sup>,丁世家<sup>1</sup>

1.重庆医科大学检验医学院

2.遵义医科大学检验学院

3.重庆医科大学基础医学院

4.重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 病原微生物感染的早期鉴定对于临床感染性疾病的早期诊断、治疗指导具有重要的意义。目前临床上传统的微生物鉴定方法较为耗时，且灵敏度有待提高。因此，本课题整合革兰阳性细菌“肽聚糖结构”和“铂镍铜金属纳米立方体”的优点以及两者之间的高度亲和作用，基于电化学平台构建免二抗、无酶、快速、超灵敏的细菌检测新方法。

**方法** 首先在电极表面依次修饰碳纳米管和金纳米颗粒，增强电极导电性和有效反应面积。其次修饰细菌特异性抗体，并且通过抗体捕获靶细菌。然后加入铂镍铜纳米立方体，革兰阳性细菌以其独特的肽聚糖网状结构稳固结合金属纳米立方体。最后利用纳米立方体的自身电化学特性及过氧化物酶样作用实现细菌的快速灵敏检测。

**结果** 方法在  $1.5 \times 10^2$  -  $1.5 \times 10^8$  cfu/mL 的检测范围内具有良好的线性关系，并且最低检测限达到了 42 cfu/mL。本方法完全可以在加入靶物质后 2 小时内实现检测信号的输出，大幅的节约了检测时间以及检测成本。此外，本检测方法具有较高的特异性，能选择性的对金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌等革兰阳性细菌进行快速超灵敏的检测。

**结论** 本课题成功构建了基于肽聚糖和铂镍铜金属纳米立方体的革兰阳性细菌检测新方法，具有免二抗、无酶、快速等优点。该方法不仅充分利用了革兰阳性细菌周身肽聚糖网状结构的潜在应用价值，而且为临床病原微生物的检测和即时检验（POCT）提供了新的技术支持。

## PO-0192

## 靶向 HER2 的 DNA 纳米镊抗乳腺癌作用研究

樊璐<sup>1</sup>,李丹丹<sup>2</sup>,赵敏<sup>1</sup>,丁世家\*<sup>1</sup>

1.重庆医科大学,400000

2.重庆医科大学附属第二医院,400000

**目的** 乳腺癌是女性最常见的恶性肿瘤，是全球女性生命健康的主要威胁之一。原癌基因人类表皮生长因子受体-2（HER2）在乳腺癌发生发展中起着关键性作用，然而现有的 HER2 阳性型乳腺癌治疗手段面临挑战，亟待发展靶向调控新方法。本文旨在构建一种新型多功能 DNA 纳米镊用于 HER2 阳性型乳腺癌的靶向治疗，实现蛋白与基因水平调控一体化。

**方法** 将抗 HER2 蛋白的适配体及拆分功能核酸适配体同时自组装到新型 DNA 纳米镊上，纳米镊的两条臂上分别标记 Cy3、Cy5 荧光基团；纳米镊特异性识别并进入 HER2 高表达的乳腺癌细胞，通过同时靶定肿瘤细胞内异常高表达的 miRNA 与端粒酶，实现对 miRNA 与端粒酶活性的定量分析。同时，通过双重靶定诱导纳米镊闭合激活  $Mg^{2+}$  依赖型功能核酸剪切酶（MNAzyme），实现对活细胞内 HER2 mRNA 的高效剪切，从而下调 HER2 蛋白的表达。

**结果** 通过聚丙烯酰胺凝胶电泳、原子力显微镜成像验证了新型纳米镊的成功构建；胞外实验证实了纳米镊在 miRNA 以及端粒酶同时介导下发生闭合，两条臂上的 Cy3 和 Cy5 发生 FRET（88.3%）；激光共聚焦成像结果表明，纳米镊可进入 HER2 高表达的乳腺癌细胞，并在细胞内复杂基质中稳定存在；CCK-8（Cell Counting Kit-8）实验结果表明，纳米镊具有良好的生物相容性和无细胞毒性。

**结论** 本文所构建的基于新型多功能 DNA 纳米镊的靶向调控癌乳腺癌 HER2 下调的新方法步骤简单、对活细胞内 HER2 mRNA 及相关蛋白降解效率高, 利于实现蛋白与基因调控一体化, 将为 HER2 阳性型乳腺癌的靶向调控与个体化的精准治疗提供强有力的技术支撑。

PO-0193

## 医学检验本科生发明专利教学课程与实践

张立群

陆军军医(第三军医)大学第二附属医院

**目的** 为了培养既具有医学检验基本技能, 又具科研创新精神, 还具有专利申请能力的复合型检验医学人才。在充分分析当前医学检验本科生科研创新活动开展情况和科研成果知识产权保护现状的基础上, 探索医学检验本科生专利课程教学。

**方法** 采用“案例教学法”(Case-based learning, CBL), 通过知识产权和文献数据库的检索分析、知识产权基础理论课程、知识产权申报培训等进行知识产权教学。通过系列考核、申报实践等评价教学效果, 建立医学检验本科生科学创新成果知识产权教学模式。

**结果** 围绕医学研究生教学改革新思路 and 医学科技成果创新教育, 在传统医学基础理论和科研训练教学内容基础上引入科技成果知识产权基本理论教学和专利申报实务, 通过医学院校教师学科类别、研究方向、科研业绩、专利产出业绩等指标筛选并组建研究生专利课程教学师资队伍。通过改革传统医学公共课教学理念, 强化教学过程中问题导向和案例式教学, 创新性引入 PBL 联合 CM 教学模式, 激发研究生专利申报课程学习兴趣。通过知识产权基本理论教学和专利申报实务, 构建具有医学特色的知识产权课程体系。通过系列考核、激励措施, 保证医学研究生专利申报课程教学效果

**结论** 医学检验本科生发明专利教学课程的开设, 既培养了学生的科研创新精神又培养了学生的知识产权保护意识。该课程与医学教育、科学研究相辅相成, 可互相促进, 互为补充。

PO-0194

## 华法林相关遗传因素及预测模型建立与验证

裴林

北京大学人民医院, 100000

**目的** 通过分析影响华法林稳态剂量的遗传因素和非遗传因素, 建立更加适合中国汉族人群的华法林稳态剂量预测公式。

**方法** 连续选取 2014 年 9 月~2015 年 12 月间在北京阜外心血管病医院和北京大学人民医院接受心脏瓣膜置换术, 术后接受华法林治疗达稳态 (INR 1.5~3.0) 的汉族成人 1225 例, 依据入组顺序分为建模组 (1008 例) 和验证组 (217 例)。采用飞行质谱法检测可能影响华法林稳态剂量的 13 个基因上的 38 个单核苷酸多态性位点。对建模组人群采用逐步多元线性回归分析建立华法林稳态剂量预测公式, 运用验证组对预测公式预测准确性进行验证, 同时将新建立的公式与国内外其他 5 个公式进行比较, 确定新公式是否更适合预测我国汉族患者接受华法林治疗的稳态剂量。

**结果** 采用飞行质谱方法检测基因型。最小等位基因频率 (MAF) 与其他汉族人群研究结果基本一致。VKORC1 rs9923231、CYP2C9 rs4917639、CYP2C9 rs1934968、EPHX1 rs2234922、EPHX1 rs2260863 和 PROCN rs1415774 的 MAF 分别为 8.2%、8.6%、41.0%、11.2%、3.2% 和 33.2%, 与全球研究结果不一致。多元线性回归分析建立了华法林稳态剂量预测公式。公式可反映 58.9% 的华法林稳态剂量变异, 其中 VKORC1 rs9923231 对个体间剂量变异的贡献为 45.7%; CYP2C9 rs1057910 和 CYP4F2 rs2108622 的贡献分别为 2.4% 和 1.8%; 非遗传因素中年龄和体表面积分别贡献为 5.4% 和 3.6%。新公式预测平均绝对误差为 0.50 mg/d, 其他 5 个比对公式平

均绝对误差分别为 0.50、0.68、1.14、0.93 和 0.52 mg/d。新公式预测平均相对误差为 14.4%，其他 5 个比对公式预测平均绝对误差分别为 15.9%、22.5%、35.4%、28.2%和 17.0%。新公式的理想预测百分比为 61.3%，其他 5 个比对公式理想预测百分比分别为 59.4%、37.8%、29.0%、36.9%和 54.4%。

**结论** 本研究建立的预测公式对中国汉族患者华法林稳态剂量具有较高的临床符合率，提示建立种群特异的稳态剂量预测公式更适合临床使用。

## PO-0195

### 基于表面等离子共振成像平台和功能化金纳米的多重外泌体标志物传感检测

范云鹏<sup>1</sup>,程伟<sup>2</sup>,赵敏<sup>1</sup>,彭奇龄<sup>3</sup>,段晓雷<sup>1</sup>,丁世家<sup>1</sup>

1.重庆医科大学检验医学院

2.重庆医科大学附属第一医院临床分子检测中心

3.重庆医科大学基础医学院

**目的** 外泌体存在于多种体液中并且包含亲代细胞的多种遗传信息，成为许多疾病（包括癌症）的潜在生物标志物。本文设计了一种基于表面等离子共振成像平台(Surface Plasmon Resonance imaging, SPRi)和功能化金纳米的外泌体检测分析新方法，用于外泌体的检测和多重标志物分析。

**方法** 在芯片表面各个金点修饰不同的抗体构建阵列化的外泌体检测 SPRi 芯片，通过结合外泌体的膜蛋白对其进行检测，达到生物标志物分析。合成的抗体功能化金纳米颗粒可以进一步结合在外泌体表面，用于表面等离子共振成像平台上的信号放大，提高外泌体检测的灵敏度，增强对各种生物标志物表达差异的鉴别能力。该方法可实现对外泌体多重标志物检测。

**结果** 本方法对外泌体检测的线性范围为  $3.125 \times 10^7 - 1 \times 10^9$  particles/mL，最低检测限为  $3.125 \times 10^7$  particles/mL，相较于单纯的 SPRi 外泌体检测传感器，灵敏度提高了一个数量级。用该方法分析了 3 株非小细胞肺癌细胞(A549, H460, H1299)和 1 株正常肺细胞(Beas2b)的 4 种表面蛋白(CD63, ALIX, EGFR, EpCAM)表达情况。针对从 12 例临床样本提取的外泌体（包括 4 例正常人血浆样本和 4 例非小细胞肺癌病人血浆样本以及 4 例治疗后的病人血浆样本），成功地鉴别 3 组样本中 CD63 阳性的外泌体水平差异，展现了良好的临床适用性。

**结论** 本文建立了基于表面等离子共振成像平台和功能化金纳米对外泌体检测和分析的简单、实用新方法；并成功用于肺癌来源外泌体的多种生物标志物分析和临床血浆样本外泌体表达水平的检测。该方法为外泌体的检测分析提供了强有力的支持，将极大地推动以外泌体作为临床潜在生物标志物的研究。

## PO-0196

### 2020 例精液常规结果分析及前列腺炎常规治疗对精液质量的影响

胡文静,车冬丽,孔晓晨,邢伟博,秦芳,李红梅,谭延国,张岩

首都医科大学附属北京复兴医院

**目的** 回顾性分析 2020 份男性精液标本实验室检查结果，并探讨慢性前列腺炎对精液质量的影响。

**方法** 采用伟力动态精液分析系统，按照 WHO 第 4 版《人类精液及精液-子宫颈粘液相互作用实验室检验手册》要求对收集的 2020 份精液标本进行常规分析。

**结果** (1) 2020 份就诊患者标本，完全正常的 686 例(33.96%)，异常的 1334 例(66.04%)；异常标本中，液化异常 501 例(37.6%)，pH 异常 506 例(37.93%)，精液量异常 197 例(14.77%)，密度异

常 89 例(6.67%), 活力异常 992 例(74.36%), 活动率异常 653 例(48.95%), 无精子 54 份(4.04%)。(2) 其中的 135 例经临床诊断为慢性前列腺炎的患者, 均于治疗前后进行了 2 次精液常规检查, 并在 2 次检查期间针对前列腺炎使用常规方法规范性治疗, 治疗前后液化时间分别为  $(38.52 \pm 1.36)$  min vs  $(24.93 \pm 1.23)$  min, 活力分别为  $(36.8 \pm 4.35)$  % vs  $(59.3 \pm 5.96)$  %, 两者相比有统计学差异( $p < 0.5$ )。

**结论** 精子活力是影响男性生育的重要指标。慢性前列腺炎与男性生育密切相关, 治疗慢性前列腺炎后精液质量得到明显改善。

## PO-0197

### 异质性万古霉素中介金黄色葡萄球菌的流行性及 mgrA 基因对万古霉素耐药性影响的研究

刘彩林, 明亮

郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 监测郑州大学第一附属医院近 5 年来异质性万古霉素中介金黄色葡萄球菌(hVISA)的流行性, 并进一步研究金黄色葡萄球菌 mgrA 基因对万古霉素耐药性的影响。

**方法** 采用琼脂稀释法和 E-test 法检测万古霉素对金黄色葡萄球菌的最小抑菌浓度(MIC); MHA5T 和菌群曲线分析法(PAP/AUC)检测 hVISA, 通过 SOE-PCR+同源重组的方法敲除 mgrA 基因。

**结果** 823 株 MRSA 中共检出 hVISA 147 株, 检出率为 17.9%, 成功构建 mgrA 基因缺失株, 并发现 mgrA 基因缺失株万古霉素耐药性有所下降。

**结论** 本地区 hVISA 的流行率为 17.9%, 并且 5 年来检出率呈逐年上升的趋势, mgrA 基因可能与万古霉素耐药性有关, 我们推测 mgrA 基因缺失可使万古霉素耐药性下降, 研究为进一步明确金黄色葡萄球菌对万古霉素的耐药机制提供了新的理论基础。

## PO-0198

### 抗病毒治疗的 HIV 感染者死亡风险及预测因素分析

丁海波, 刘静, 徐俊杰, 郭晓临, 康婧, 王琪, 李晓琳, 张子宁, 韩晓旭, 姜拥军, 耿文清, 尚红

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 目的 评估基于医院系统的 HIV 感染者抗病毒治疗后的死亡风险并分析其预测因素。

**方法** 方法: 基于医院的回顾性队列研究, 对在 2004 年 9 月至 2013 年 12 月间在中国医科大学附属第一医院接受抗病毒治疗的 HIV 感染者随访, 评估病死率, 并采用 Cox 比例风险模型确定与死亡相关的因素。

**结果** 结果 共 864 例 HIV 感染者入组, 完成 1533 人年的随访, 抗反转录病毒治疗的平均持续时间为 15 个月(IQR, 6-30 个月)。随访期间共 31 人(3.59%)死亡, 病死率为 2.02/100 人年。70.9% 的死亡病例发生在抗病毒治疗后的第一年。独立预测死亡风险的相关因素包括低教育水平(aHR = 9.98, 95% CI: 9.98-35.67), WHO III 或 IV 阶段(aHR = 25.69, 95% CI: 25.69, 211.99; aHR = 49.57, 95% CI: 5.78-424.87), CD4+T 细胞计数 < 100 个/毫升(aHR = 11.67, 95% CI: 11.67-11.67)和血红蛋白 < 110 g/L(aHR 2.61, 95% CI: 1.14-2.61)。

**结论** 结论 抗反转录病毒治疗的 HIV 感染者病死率较低, 多发生在治疗早期。尽早启动抗反转录病毒治疗、早期密切监测以及更多的营养支持对于降低病死率非常重要。

## PO-0199

### K16-ST660 型肺炎克雷伯菌导致的危重颈部感染

胡仁静

无锡市第二人民医院（南京医科大学附属无锡第二医院），214000

**目的** 探讨肺炎克雷伯菌致危重颈部感染的感染来源，分析多部位分离肺炎克雷伯菌的毒力和同源性。

**方法** 收集患者 2017-2018 年在无锡市第二人民医院两次就诊期间的术前颈部脓肿穿刺液、术中引流液、痰液、肠道粪便标本及血液标本进行培养。分离菌株进行鉴定及药敏试验、黏液丝试验、荚膜血清型及相关毒力基因的检测；采用 MLST 及 PFGE 测不同菌株的同源性，采用 SPSS 软件分析大蜡螟毒力实验测菌株的毒力指标 IgLD50。

**结果** 两次入院的痰液、粪便标本，首次入院的术前 B 超穿刺液、术中引流液中均检出肺炎克雷伯菌，共分离出 6 株肺炎克雷伯菌。荚膜血清型均为 K16 型；黏液丝试验阳性；MLST 结果均为 ST660 型；PFGE 结果显示 6 株肺炎克雷伯菌属于同一克隆型。毒力基因检测：wcaG、iucB、rmpA、rmpA2、Aer、kfuBC、ureA、fimH、mrkD、uge 为阳性；allS、cf29a、iroNB、magA 为阴性；大蜡螟毒力实验显示在浓度为  $1 \times 10^8$  CFU/mL 至  $1 \times 10^5$  CFU/mL 时，不同的菌株对大蜡螟幼虫的致死率呈现浓度依赖性，接种 12 小时后，K16 组的死亡的幼虫数量显著高于 K1、K2、K5、K20、K57 组及非高毒力血清型组。

**结论** K16-ST660 型高毒力肺炎克雷伯菌为我国首次报道，毒力基因及大蜡螟毒力实验均证实为高毒力菌株，痰液及粪便标本均检出同源的肺炎克雷伯菌，危重颈部感染是否为肠道来源需要进一步研究。

## PO-0200

### Serum Levels of Matrix Metallproteinase-9 and Tissue Inhibitors of Metalloproteinase-1 correlates with disease activity in Multiple Sclerosis

Huijuan Geng

Weifang Medical College Affiliated Hospital

**Objective** To assess serum levels of matrix metalloproteinase-9 (MMP-9) and tissue inhibitors of metalloproteinase (TIMP)-1 of multiple sclerosis (MS) patients, and explore the association with disease active stage.

**Methods** Four groups of subjects were tested: MS, other inflammatory neurological disorders (OIND), non-inflammatory neurological disorders (NIND) and health control (HC). MMP-9 and TIMP-1 of serum were measured by enzyme linked immunosorbent assay (ELISA). Specifically, We also resonance imaging (MRI) evidence of disease activity.

**Results** Serum MMP-9 concentrations were higher in MS than in NIND and in HC ( $P < 0.05$ ,  $< 0.001$ , respectively), serum TIMP-1 concentrations were lower in MS than in NIND, in OIND and in HC ( $P < 0.001$ ,  $< 0.001$ ,  $< 0.001$ , respectively). serum MMP-9 and MMP-9/TIMP-1 ratio mean levels were increased in MS patients with MRI disease activity compared to patients with non-active disease ( $P < 0.05$ ,  $< 0.05$ , respectively). The differences of serum mean concentrations of TIMP-1 between MS patients with MRI disease activity and patients with non-active disease did not reach statistical significance.

**Conclusions** To investigate serum levels of MMP-9 and TIMP-1 is valuable in assessing disease activity of MS.

## PO-0201

## 海南地区百岁老人骨代谢标记物变化特征

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 调查研究海南地区百岁老人骨代谢标记物变化特征，包括性别、年龄及是否活动对骨代谢标记物的影响。

**方法** 358 例百岁老人血清标本来自海南地区 100 岁（含 100 岁）以上，全部百岁老人进行起立行走和步态观察，按照能否完成起立行走动作分为健康百岁老人组和疾病百岁老人组。44 例百岁以下我院健康人群年龄 20-90 岁，作为对照组。比较百岁老人男性与女性、百岁老人与对照组、男性百岁老人与男性对照组、女性百岁老人与女性对照组骨代谢标记物差异，分析百岁老人骨代谢指标同年龄的相关性分析。

**结果** 358 例百岁老人，包括男性 64 例，女性 294 例；汉族 285 例，黎族 66，苗族 6 例，壮族 1 例；身高  $146\pm 9\text{cm}$ ，体重  $37\pm 9\text{Kg}$ ；体质指数  $17.5\pm 4.4$ ，能完成起立行走物理检查中能完成起立行走 248 例，无法完成起立行走 110 例。百岁老人男性 P、N-MID-OT、 $\beta$ -CTx、tP1NP、PTH 均低于女性，25-(OH)-VD 大于女性，Ca 同女性无差异， $P>0.05$ 。对照组男性年龄同女性年龄无差异（ $P>0.05$ ），P 低于女性（ $P<0.05$ ），25-(OH)-VD3 大于女性（ $P<0.05$ ），Ca、N-MID-OT、 $\beta$ -CTx、tP1NP 和 PTH 同女性无差异（ $P>0.05$ ）。P、Ca 均低于对照组男性（ $P<0.05$ ），N-MID-OT 高于对照组男性（ $P<0.05$ ）， $\beta$ -CTx、tP1NP、PTH 和 25-(OH)-VD 同对照组男性无差异（ $P>0.05$ ）。P、Ca 低于对照组女性（ $P<0.05$ ），N-MID-OT、 $\beta$ -CTx、tP1NP 高于对照组女性（ $P<0.05$ ），25-(OH)-VD 同对照组女性无差异（ $P>0.05$ ）。百岁老人各项骨代谢标记物同年龄不具有相关性，（ $P>0.05$ ），单独男性百岁老人或者女性百岁老人同年龄同样不具有相关性（ $P>0.05$ ）。

**结论** 南地区百岁老人 P 和 Ca 均低于健康人群，N-MID-OT、 $\beta$ -CTx、tP1NP、PTH 高于健康人群，而 25-(OH)-VD 同健康人相似，提示百岁老人血液中骨代谢活跃。百岁老人人群骨代谢虽然显著高于百岁以下人群，但并不随年龄的增加而继续增加，骨代谢受年龄因素影响较小，但是活动对于骨代谢的抑制有积极的作用。

## PO-0202

## 珠江医院 2234 例地中海贫血检测的血液学表型和基因型分析

熊君,秦嘉敏

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 了解本院就诊人群地中海贫血基因携带率，探讨地中海贫血不同基因型对血液学表型的影响以及 HbA<sub>2</sub> 的界值筛查地中海贫血的价值。

**方法** 采用回顾性分析，收集 2017~2018 年期间来本院做地中海贫血诊断的患者和正常人的相关数据，整理包括基因诊断结果、血常规结果（MCV、MCH、HGB）以及电泳结果等数据，计算地中海贫血基因人群总携带率以及各突变携带率，比较地中海贫血的常见基因型对血液学表型的影响程度，分析本院 HbA<sub>2</sub> 界值对诊断地中海贫血的影响。

**结果** 共收集本院 2234 例样本，其中正常人 1237 例，地中海贫血携带者或患者 997 例。本院就诊人群中地中海贫血基因携带率 44.6%，人群突变携带率较高的前六种基因型依次为：--SEA，24.5%；CD41-42(-CTTT)，7.7%； $-\alpha^{3.7}$ ，7.1%；IVS-II-654(C>T)，4.6%；CD17(AAG>TAG)，2.9%； $-\alpha^{4.2}$ ，2.7%；-28(A>G)，1.7%。血液学表型 MCV、MCH 在地中海贫血男女人群中没有差异，但是 HGB 男性比女性高。 $\alpha$ -地贫中，--SEA 血液学表型比( $-\alpha^{3.7}/\alpha\alpha$ )和( $-\alpha^{4.2}/\alpha\alpha$ )严重，( $-\alpha^{3.7}/\alpha\alpha$ )与( $-\alpha^{4.2}/\alpha\alpha$ )之间血液学表型没有差异；在  $\beta$ -地中海贫血中，-28(A>G)突变表型相较 CD41-42(-



CTTT)、IVS-II-654(C>T)、CD17(AAG>TAG)更轻; CD41-42(-CTTT)合并--SEA 血液学表型比单纯 CD41-42(-CTTT)要轻。另外, 在所有  $\alpha$ -地贫携带者中, HbA<sub>2</sub> 在 2.5%至 2.8%之间的携带者占 30.66%, HbA<sub>2</sub> 大于 2.8%的携带者占 6.30%, 即若能把 HbA<sub>2</sub> 界值提高至 2.8%能显著降低  $\alpha$ -地贫漏检率。

**结论** 调查真实地反映了本院地中海贫血检测的基本情况, 为临床诊断地中海贫血提供可靠的参考资料。

## PO-0203

### 环状 RNA CCNB1 在肝细胞性肝癌中的诊断价值研究

李祖华

成都市第一人民医院,610000

**目的** 肝细胞癌 (hepatic cell carcinoma, HCC) 是最常见的恶性肿瘤。环状 RNA (Circular RNA, circRNA) 是一类新的内源性非编码 RNA, 在哺乳动物细胞中广泛表达。细胞周期素 B1 (Cyclin B1, CCNB1) 是细胞周期蛋白家族中的重要成员, 是 G2/M 监测点有关的重要细胞周期调控因子, 它的功能障碍与失控表达与许多肿瘤 (包括乳腺癌、宫颈癌和肺癌等) 的发生密切相关。circ-CCNB1 由 CCNB1 基因的第四和第五外显子反向拼接形成。已有研究表明, circRNA 在癌症过程中发挥重要作用, 而 circ-CCNB1 在 HCC 中的表达和功能尚有待研究。

本研究旨在探讨 CCNB1 在 HCC 的增殖, 侵袭和转移中的作用机制以及 circ-CCNB1 在 HCC 中的诊断价值。

**方法** 采用定量实时聚合酶链反应 (qRT-PCR) 检测临床肝癌组织和癌旁组织样本中 CCNB1 和 circ-CCNB1 的表达。体外实验使用 Hep3B 和 Huh7 细胞, 通过干扰和过表达评估 CCNB1 和 circ-CCNB1 在 HCC 的发生和发展中的作用。

**结果** 与癌旁组织相比, circ-CCNB1 的表达在 HCC 组织中显着上调, 而与之相反的是母基因 CCNB1 在 HCC 组织中表达下调。CCNB1 和 circ-CCNB1 水平与肿瘤分化 ( $p = 0.031$ ), 肿瘤-淋巴结转移 (TNM) 分期 ( $p = 0.002$ ), 癌症侵袭 ( $p = 0.008$ ) 以及癌症直径 ( $p = 0.007$ ) 相关。体外实验表明, circ-CCNB1 的干扰和 CCNB1 的过表达导致抑制增殖, 增加细胞凋亡和抑制侵袭。

**结论** 我们的研究表明 CCNB1 可能促进 HCC 的凋亡, 抑制 HCC 的增殖, 侵袭和转移。circ-CCNB1 可作为 HCC 的潜在诊断和监测生物标志物。

## PO-0204

### The clinical significance and Early expression of sCD14-ST for cerebrospinal fluid biomarker about children with purulent meningitis

Ting Xiao,Liping Chen,Qunfeng Qiu,Dingchang Wu

Department of Clinical Laboratory, Fujian Longyan First Hospital, Longyan First Affiliated Hospital of Fujian Medical University,

**Objective** To explore the early expression and clinical significance of the diagnosis of soluble leukocyte differentiation antigen 14-ST (sCD14-ST) in cerebrospinal fluid (CSF) about children with purulent meningitis.

**Methods** Case-control study. We report the lasted study to date with Patients from First Hospital in Longyan of Fujian in the Children's Intensive Care Unit (PICU) between August 2016 to March 2018. The levels of sCD14-ST, WBC and CSF in cerebrospinal fluid were measured in 56

children with purulent meningitis (27 males and 29 females), 44 children with viral meningitis (24 males and 20 females), 30 children with non-central nervous system infection (19 males and 11 females). To compare the correlation of laboratory indexes of early cerebrospinal fluid in children with purulent meningitis, and to analyze the early diagnosis value of sCD14-ST level of cerebrospinal fluid in purulent meningitis by the receiver operating characteristic curves(ROC).

**Results** The level of sCD14-ST in cerebrospinal fluid of the purulent meningitis group was significantly higher than that of the viral meningitis group and the non-central nervous system infection group ( $Z_{suppuration/virus}=-7.807$ ,  $X^2_{three\ group}=82.458$ ,  $P < 0.01$ ). CSF sCD14-ST was positively correlated with CSF WBC and CSF ( $R = 0.290, 0.344$ ,  $P < 0.05$ ), but not with CSF G and CL ( $R=-0.198, 0.171$ ,  $P > 0.05$ ). The results of cerebrospinal fluid culture in the purulent meningitis group were Staphylococcus epidermidis, Streptococcus agalactiae, Escherichia coli and so on. The area under ROC curve of sCD14-ST in CSF of children with purulent meningitis was 0.974. Compared with the area under WBC curve of CSF ( $ROC^{AUC}=0.967$ ), the difference was significant ( $Z=-7.222, -7.109$ ,  $P<0.01$ ). The sensitivity and specificity of sCD14-ST were 100.0% and 92.9%, respectively.

**Conclusions** This study suggests that the diagnostic value of cerebrospinal fluid sCD14-ST in children with purulent meningitis is better than other indicators, It should be applied as a valuable biomarker for early diagnosis of children with purulent meningitis.

## PO-0205

### 我国沈阳地区汉族冠心病患者 CYP2C19 基因多态性分布特征

李苗苗

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探讨沈阳地区汉族冠心病 (CHD) 患者细胞色素 P450 2C19(CYP2C19)基因多态性分布特征。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 1 月于北部战区总医院 (原沈阳军区总医院) 入院接受治疗的冠心病患者 2748 例, 应用聚合酶链反应微阵列芯片杂交方法检测患者氯吡格雷代谢相关的 CYP2C19 基因型。根据性别, 年龄因素对患者进行分组。采用四格表资料的  $\chi^2$  检验,  $R \times C$  表资料的  $\chi^2$  检验比较各组间冠心病患者氯吡格雷代谢相关的 CYP2C19\*1, \*2, \*3 基因型, \*2, \*3 等位基因频率, 及氯吡格雷代谢型的分布差异。

**结果** 沈阳地区汉族冠心病患者 CYP2C19\*1/\*1, CYP2C19\*1/\*2, CYP2C19\*1/\*3, CYP2C19\*2/\*2, CYP2C19\*3/\*3, CYP2C19\*2/\*3 发生率分别为 41.7%, 39.3%, 5.8%, 9.8%, 0.4%, 3.0%; CYP2C19\*2, CYP2C19\*3 等位基因频率分别为 31.0%, 4.8%; 氯吡格雷快代谢型 (EM), 氯吡格雷快代谢型 (IM), 氯吡格雷快代谢型 (PM) 发生率分别为 41.7%, 45.1%, 13.2%。根据性别分组, 患者 CYP2C19\*2, \*3 等位基因, 氯吡格雷代谢型, CYP2C19 的 6 种基因型在不同性别冠心病患者中的分布差异无统计学意义 ( $\chi^2=0.032-9.205$ ,  $P$  值均  $>0.05$ )。根据年龄分组  $<45$  岁; 45-59 岁; 60-75 岁;  $>75$  岁, 患者 CYP2C19\*2, \*3 等位基因, CYP2C19 的 6 种基因型在不同年龄冠心病患者中的分布差异有统计学意义 ( $\chi^2=17.718-48.772$ ,  $P$  值均  $\leq 0.001$ ), 患者, 氯吡格雷代谢型在年龄冠心病患者中的分布差异无统计学意义 ( $\chi^2=4.442$ ,  $P=0.617$ )。

**结论** 沈阳地区汉族冠心病患者 CYP2C19 的 6 种基因型, CYP2C19\*2, \*3 等位基因分布与沈阳地区汉族冠心病患者性别差异无关, 与年龄分层密切相关。

## PO-0206

# 环状 RNA hsa\_circ\_104871 在系统性红斑狼疮患者外周血单个核细胞中的表达和意义

罗清

江西南昌大学第一附属医院

**目的** 探讨环状 RNA hsa\_circ\_104871 在系统性红斑狼疮 (SLE) 患者外周血单个核细胞 (PBMC) 中的表达及临床意义, 以阐明其在 SLE 诊断及鉴别诊断中的应用价值。

**方法** 应用 RT-PCR 检测 70 例 SLE 患者、70 例健康对照者和 76 例 RA 疾病对照者 PBMC 环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达水平, 比较各组之间环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达水平, 分析 SLE 患者环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达与临床指标的相关性, 并采用受试者工作曲线 (ROC) 评价环状 RNA hsa\_circ\_104871 诊断指标的灵敏度和特异度。

**结果** ①SLE 组患者环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达水平低于健康对照组 ( $t=3.57$ ,  $P=0.0005$ )。②SLE 患者环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达水平低于 RA 疾病对照组 ( $U=1472$ ,  $P<0.0001$ )。③SLE 组患者环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达水平低于对照组 (健康对照者+RA 疾病对照者) ( $U=2654$ ,  $P<0.0001$ )。④SLE 组患者环状 RNA hsa\_circ\_104871 表达水平与 PLT 呈正相关 ( $r=0.2900$ ,  $P=0.0157$ )。⑤SLE 组患者和健康对照组 ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.759 (95% CI: 0.677~0.841;  $P<0.0001$ ), 敏感性为 64.29%, 特异性为 81.43%。⑥SLE 组患者和 RA 疾病对照组 ROC 曲线下面积 AUC 为 0.727 (95% CI: 0.645~0.809;  $P<0.0001$ ), 敏感性为 70.00%, 特异性为 66.23%; SLE 组患者和对照组 (健康对照者和 RA 疾病对照者) ROC 曲线下面积 AUC 为 0.742 (95% CI: 0.666~0.818;  $P<0.0001$ ), 敏感性为 65.71%, 特异性为 74.80%。

**结论** SLE 患者 PBMC 环状 RNA hsa\_circ\_104871 的表达明显下调, 且与 SLE 血液系统 PLT 受累的严重程度呈负相关, 可作为 SLE 的潜在诊断及鉴别诊断标志物。

## PO-0207

# Clinical value of TPO and HPA serum levels combined with thromboelastography for predicting the prognosis of thrombocytopenia

Yang Wu

Gansu Provincial People's Hospital

**Objective** To analyze the clinical value of TPO and HPA serum level combined with thromboelastography (TEG) in predicting the prognosis of thrombocytopenia, and to provide reference for improving the prognosis of thrombocytopenia.

**Methods** A total of 100 patients with thrombocytopenia diagnostic criteria were enrolled in a hospital from March 2016 to March 2018. The serum levels of TPO and HPA were measured by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). CFMS (Xifen) was used. The thromboelastography detector detects TEG.

**Results** The serum levels of TPO and HPA in the poor prognosis group were significantly higher than those in the prognosis group ( $P<0.05$ ). In the thromboelastography results, the R and K values of the poor prognosis group were significantly higher than those with the better prognosis ( $P<0.05$ ). The Angel value, MA value and CI value were significantly lower than those with better prognosis ( $P<0.05$ ). The results of serial and parallel diagnosis (prognosis is good or not) are not statistically different from the actual condition of the patient ( $P>0.05$ ); parallel diagnosis results AUROC=0.817, 95% CI: 0.753~0.911, serial diagnosis result AUROC=0.593, 95% CI: 0.503~0.687.

**Conclusions** The elevated serum levels of TPO and HPA suggest that the prognosis is not ideal. The combined thromboelastography of TPO and HPA serum levels is more effective in predicting the prognosis of thrombocytopenia.

## PO-0208

### In situ detection of exosomal miRNA-10b by fusion with liposome encapsulated nano-motor

Bo Li, Weilun Pan, Lei Zheng

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou 510515, PR China

**Objective** Breast cancer is the most common cause of cancer-associated death in women and it has raised global health concerns. Early diagnosis and treatment are crucial to improve the prognosis and survival rate of breast cancer patients. Liquid biopsy is expected to provide strategy for early diagnosis, progression monitoring, therapeutic effect assessment and outcomes prediction of breast cancer. Exosomes have been novel liquid biopsy biomarkers due to their stable cargos of RNAs, lipids and proteins from their origin cells. Exosomal miRNAs are recently recognized as promising indicator of cancer occurrence and progression. However, most of the reported exosomal miRNA detection methods required lysis or extraction process, which increases the possibility of information loss. On the contrary, in situ detection strategy avoids interference from body fluid. So the aim of this study was to develop a gold nano-motor fluorescence platform based on liposomes fusion for breast cancer exosomal miRNA in situ detection.

**Methods** This exosomal miRNA detection platform was constructed by gold nano-motor (detector) and liposomes (carrier). The miRNA-10b triggered DNAzyme amplification sequences modified on gold nano-particles were identified by SDS-PAGE and the capacity of nano-motor was assessed through synthetic target sequence, breast cancer cell MDA-MB-231, miRNA-10b encapsulated anionic liposomes and miRNA-10b expressing exosomes. Three kinds of liposomes were synthesized, characterized and assessment of loading ability. Meanwhile, membrane fusion effect were evaluated by CLSM and nano-flow cytometry. Performances was investigated in discriminating breast cancer patients and healthy individuals of this method.

**Results** We found that the chosen DNAzyme amplification sequences transformed “locked” status to “cleavable” status when target was added, releasing fluorescence signal. In addition, the modified gold nano-motor showed that 10 times of signal to noise can be observed in the presence of miRNA-10b and no obvious fluorescence changes from a single-base-mismatch sequence. Moreover, among three different liposomes, cationic liposomes were of great stability, high loading efficiency and exhibited excellent membrane fusion effect. Furthermore, the fluorescent experiments conducting on exosomes confirmed that cationic liposomes could load and transfer nano-motors into exosomes for miRNA-10b detection. Finally, our method was able to distinguish breast cancer patients and healthy individuals by sensing exosomal miRNA-10b directly from plasma without exosomes isolation process.

**Conclusions** A separation-free, sensitive and specific assay combining the advantages of DNAzyme amplification technique and membrane fusion effect was established for breast cancer derived exosomal miRNA-10b detection. Our findings suggest that the expression of miRNA-10b in exosomes is related to the course of disease, upregulating in breast cancer occurrence while down regulating after surgery, providing a potential way towards early diagnosis, therapy monitoring and prognosis of breast cancer.

## PO-0209

## 41 例肿瘤患者乙二胺四乙酸依赖性假性血小板减少的临床特点及实验室结果分析

张永瑞<sup>1</sup>, 于纯娇<sup>2</sup>

1. 云南省肿瘤医院, 650000

2. 昆明医科大学

**目的** 探讨肿瘤患者乙二胺四乙酸(EDTA)依赖性假性血小板减少(EDTA-PTCP)的发生与临床特点及实验室结果之间的关系, 为分析其因素提供临床信息。

**方法** 采用XE-2100对云南省肿瘤医院2016年1月至2018年12月共41例初诊发生EDTA-PTCP的肿瘤患者进行回顾性分析。收集患者的病史、肿瘤类型、肿块大小、肿瘤分期、淋巴结有无转移等, 同时分析41例EDTA-PTCP肿瘤患者的生化指标, 与50例非EDTA-PTCP体检健康者结果相比。

**结果** 41例EDTA-PTCP的肿瘤患者临床特点分析中, 其中男性18例(43.9%), 女性23例(56.1%)。41例中6例(14.6%)有高血压史, 8例(19.5%)有吸烟、酗酒史, 4例(9.8%)有输血史, 共涉及肿瘤16种, 每种1~6例不等。41例中肿块>5cm者25例(60.98%), ≤5cm者16例(39.02%); I+II期19例(46.3%), III+IV期20例(48.8%), 未分期3例(4.9%); 有淋巴结转移8例(19.5%), 无淋巴结转移33例(80.5%)。实验室检查中, 总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)比健康者高, 而高密度脂蛋白(HDL)比健康者低, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。41例EDTA-PTCP血细胞分析中, 仪器报警血小板直方图异常33例, 血小板聚集29例, 二者同时报警25例, 经重新采血枸橼酸钠抗凝后血小板分散开28例, 仍凝集13例。

**结论** EDTA-PTCP现象均可发生在不同肿瘤患者中, 但与性别、常见病、肿瘤分期、肿块大小、有无淋巴结转移可能无关, 该现象的存在可能与高血脂有关。当EDTA-PTCP发生时, 应严格按照操作, 更换抗凝剂或进行显微镜手工计数, 从而防止漏诊和误诊。

## PO-0210

## Identification of Viable Circulating Tumor Cells by a Mitochondrial-Specific AIEgen

Qianwen Zhao

1. Zhujiang Hospital, Southern Medical University

2. Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** As a non-invasive tumor biomarker, circulating tumor cells (CTCs) have great clinical values in diagnosis, prognosis and outcome prediction of various cancers. Although many exciting advances in CTCs enrichment have been achieved, ideal markers for CTCs identification are still lacking.

**Methods** We used an aggregation-induced emission luminogen (AIEgen)-TSC which is sensitive to mitochondrial membrane potential as well as the quantity of mitochondria, for CTCs detection. We compared the fluorescence intensity of 6 cancer cell lines and WBCs from healthy individuals by fluorescence microscope and flow cytometry. And spike-in experiments were conducted using cancer cell lines H1975 and HepG2 as models for recovery evaluation. Integrity of genomics and viability of positive cell were also accessed by single cell whole genome amplification and PI staining. CTCs from the peripheral blood of liver cancer patients by this approach were also be analyzed.

**Results** The fluorescence intensity of TSC from 6 cancer cell lines were 5-9 times higher than that from WBCs. And the range of recovery rate is 90%-100% and the range of false positive rate is 0-0.0033%. By PI staining, the cancer cells in the spike-in experiments were all still alive after TSC staining. Four CTCs from a peripheral blood sample of a liver cancer patient and 1 CTC respectively from two samples of two liver cancer patients were successfully detected. And 1 CTC was picked and amplified by MALBAC, and the amplification coverage rate was 60%.

**Conclusions** CTCs detection approach by an AIEgen can detect CTCs successfully with high recovery rate, and it is easier, more sensitive and specific. And CTCs gotten by our approach can keep viability and can use for downstream genetic analysis. So this approach may serve as a new reliable approach for CTCs research and analysis.

## PO-0211

### Establishing the reference intervals of NK cell functions in healthy adults

Hongyan Hou

Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

**Objective** Natural killer (NK) cells play a key role in host defense against infections and tumors. Establishing the reference intervals (RIs) of NK cell functions would be valuable in assessing the immune status of hosts. We evaluated the NK cell activity in healthy adults. We further established and validated the RIs of representative NK cell functions.

**Methods** One hundred and sixty healthy adults and 30 colorectal cancer patients were recruited for this study. Flow cytometry was used to evaluate the cytokine production and CD107a degranulation of NK cells. Levels of soluble IFN- $\gamma$  in the culture supernatants were evaluated by ELISA.

**Results** Our results demonstrated that the intracellular IFN- $\gamma$  production of NK cells was positively correlated with CD107a expression and soluble IFN- $\gamma$  levels. There were no significant differences in NK cell functions between different age and gender groups. The mean values and RIs of representative NK cell functions are as following: IFN- $\gamma$ + NK cells (%): 28.09 (11.3-51.95); CD107a+ NK cells (%): 17.90 (9.852-27.56); soluble IFN- $\gamma$  (pg/ml): 330.4 (41.38-717.8). In addition, the intracellular IFN- $\gamma$  production and degranulation activity of NK cells in patients with colorectal cancer were significantly lower than that in healthy adults.

**Conclusions** We performed a comprehensive analysis of NK cell functions using convenient approaches and further established the RIs of NK cell functions in healthy adults. The RIs of NK cell functions can be used for monitoring the immune status of the hosts, which may have important clinical value for diagnosis and prognosis of immune-associated diseases.

Keywords: NK cells; CD107a; IFN- $\gamma$ ; reference intervals.

## PO-0212

### 基于 LAMP 技术针对溶藻弧菌 *gyrB* 基因快速检测方法的建立

董优优,陈昌国,陈秋圆,刘新萍  
解放军总医院第六医学中心

**目的** 应用环介导等温扩增技术建立针对溶藻弧菌 *gyrB* 基因的快速检测方法。

**方法** 以溶藻弧菌标准株 (ATCC) 和溶藻弧菌野生株 (WT) 为研究对象, 通过在线生物学软件 <http://primerexplorer.jp/e/> 设计针对溶藻弧菌 *gyrB* 基因的 LAMP 引物, 在恒温水浴中进行等温扩增, 优化反应条件, 建立快速检验的反应体系。

**结果** 1.经 2%凝胶电泳后显示 61℃时扩增产物较 60℃, 62℃和 63℃效果好; 2.在 61℃反应温度下反应 60 min 和 90 min 对扩增效果的影响不大; 3. LAMP 方法在检测 6 种其它常见致病菌时未出现阳性扩增, 特异度较好; 4. LAMP 检测方法对溶藻弧菌 *gyrB* 基因的检测灵敏度为 10<sup>-4</sup>mg/L。  
**结论** 建立了基于 LAMP 技术的溶藻弧菌快速检测方法,特异性和敏感性较好, 能够满足实验需求。

## PO-0213

### 基于人工智能技术的临床分子诊断中心平台构建

王颖,高春芳  
上海东方肝胆外科医院

**目的** 随着测序技术的不断发展, 应用高通量测序 (Next generation sequencing, NGS) 技术检测疾病的遗传学特征已经成为当前精准医学的重要组成部分。但目前, 我国在基因突变结果的注释方面尚存在诸多问题, 且缺乏中国人数据库。因此, 在临床分子诊断中急需建立基因变异数据库与文献库, 为遗传性疾病的临床筛选和风险管理提供准确的分子诊断。

**方法** 本研究通过人工智能技术解决临床分子诊断中心平台中注释数据库的构建。提出一种基于自然语言处理 (Natural Language Processing, NLP) 结合词频-逆文档频率 (Term frequency-inverse document frequency, TF-IDF) 的文本挖掘方法, 建立基因突变与疾病的关系证据。同时, 运用 LAMP (Linux + Apache + MySQL + PHP) 技术搭建系统环境, 完成临床分子诊断中心平台开发。

**结果** 本文首先以肝豆状核变性 (Wilson Disease) 为研究对象, 采用 E-Utilities (Entrez Programming Utilities program) 工具, 从 Pubmed 数据库中获取了 214 篇 Medline 格式的 Wilson 病文献, 基于共现策略发现 Wilson 病相关的 ATP7B 基因突变共 589 个, 并整合 Clinvar 和 HGMD 数据库的注释信息, 构建了肝豆状核变性突变数据库与文献数据库。本文进一步将该技术应用于遗传性结直肠癌相关数据库的开发中, 共获取了遗传性结直肠癌相关文献约 2000 篇, 覆盖了 8 种遗传性结直肠癌亚类以及 8 个突变基因。此外, 本研究采用 Perl、PHP 等编程语言, 开发了高通量测序数据自动化分析与报告生成的窗口化软件。

**结论** 总的来说, 本文基于人工智能技术, 通过从自然语言处理来实现抽提不同类型的生物医学概念, 建立关联性, 实现临床分子诊断中心平台文献及突变数据库的构建。临床分子诊断中心平台中突变数据库与文献数据库之间形成互相联系的数据字典, 可以供相关领域的临床医生和科研人员直接查阅使用, 节省文献查阅时间, 同时也为高通量测序技术在遗传性疾病分子诊断中的应用提供了重要的知识参考和平台支撑。

## PO-0214

### A novel mutation of the ITGB2 gene in a Chinese Zhuang minority patient with leukocyte adhesion deficiency type 1 and glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency

Yu Zhang, Xiaotao Yang, Xiaoli He, Pin Guo, Xiaoning Liu, Yang Xiao, Xingxing Feng, Haifeng Liu, Yanchun Wang, Li Li  
Kunming Children's Hospital

**Objective** To explore the clinical and molecular characteristics of a Chinese Zhuang minority patient with leukocyte adhesion deficiency type-1 (LAD-1) and glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency (G6PDD).

**Methods** Routine clinical and physical examinations were performed, and patient data was collected and analyzed. Protein expression levels of Itgb2 and glucose-6-phosphate

dehydrogenase (G6pd) proteins were assessed by flow cytometry and the glucose-6-phosphate (G6P) substrate method, respectively. Whole exome sequencing was performed to investigate genetic variations of the patient and his parents.

**Results** The patient had fester disease and delayed separation of the umbilical cord at birth. Staphylococcus was detected in the fluid secretion of the auditory meatus of the patient. He exhibited a recurrent cheek scab, swollen hand, and swollen gum. Hematological examination indicated dramatic elevation of leukocytes including lymphocytes, monocytes, neutrophils and eosinophils. A novel homozygous mutation was detected in the ITGB2 gene of the patient, which was determined to be a two nucleotide deletion at the site of c.1537–1538 (c.1537–1538delGT), causing a frameshift of 24 amino acids from p.513 and inducing a stop codon (p.V513Lfs\*24). A base substitution mutation was identified at c.1466 (c.1466G>T) of G6PD on chromosome X of the patient, which resulted in an amino acid change from arginine to leucine at p.489 (p.R489L). The patient also showed deficient lymphocyte expression of CD18 (2.99%) and significant downregulation of the G6pd protein.

**Conclusions** The patient was diagnosed with G6PDD and moderate LAD-1. The combination of LAD-1 and G6PDD in this case may have been due to the high incidence of genetic disease in this minority ethnic population. Analyzing existing LAD-1 and G6PDD cases from different populations can facilitate disease diagnosis and treatment. Particularly, reporting pathogenic mutations of LAD-1 and G6PDD will be crucial for genetic testing and prenatal diagnosis in an effort to decrease the incidence of these diseases.

## PO-0215

### 基于 microRNA 微阵列和生物信息学分析鉴定 HPV 诱导的宫颈癌的潜在预后生物标志物

袁莹莹,施小晴,李冰洁,刘璐,李留霞,秦东春  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 运用 microRNA 微阵列和生物信息学公共数据库分析鉴定人乳头瘤病毒 (human papillomavirus, HPV) 诱导的宫颈癌 (cervical squamous cell carcinoma, CESC) 的发病机制, 寻找其潜在预后生物标志物。

**方法** 运用 microRNA 芯片对 9 例 HPV 诱导的 CESC 患者组织标本和 6 例癌旁标本进行差异表达 miRNAs 分析, 同时利用 GEO (Gene Expression Omnibus) 数据库中 mRNAs 芯片数据分析鉴定差异表达的基因。通过靶基因预测, 寻找交集基因, 构建 miRNA-mRNA 网络, 并对差异表达基因进行 GO 富集, pathway 功能富集和蛋白质-蛋白质相互作用网络分析。进一步对差异表达的 miRNAs 和基因进行 Logistic 回归分析, 识别预后相关指标, 并在 20 对 CESC 癌和癌旁样本中进行 q-PCR 表达验证。

**结果** 52 个 miRNAs 和 300 个 mRNAs 在 HPV 诱导的 CESC 和非癌宫颈样本之间差异表达。GO 和 Pathway 途径分析证明差异表达的基因参与许多癌症相关过程。在 PPI 网络中, 前 20 个节点度基因 (例如: KIF11 和 DTL) 作为中心节点。Logistic 回归分析显示, miR-16-2-3p 和 9 个差异性表达的基因 (KIF11, DTL, MCM4, MCM6, RCC2, DTX3L, TRIM59, HCAR3 和 TNFSF10) 与 HPV 患者的生存相关, 并在 20 对样本中具有差异表达 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 本文研究了 HPV 诱导的 CESC 的发病机制, 为 HPV 诱导的 CESC 患者提供了潜在的治疗靶标; miR-16-2-3p 和 9 个差异性表达的基因 (KIF11, DTL, MCM4, MCM6, RCC2, DTX3L, TRIM59, HCAR3 和 TNFSF10) 可以作为 HPV 诱导的宫颈癌的潜在预后生物标志物。



## PO-0216

**EQA 样品在总蛋白单试剂盒和双试剂盒间的互通性研究**

李祥坤,肖光军,杨娜,刘艳婷,赵思涵,陈姝  
遂宁市中心医院,629000

**目的** 评价室间质量评价 (EQA) 样品在总蛋白 (TP) 双缩脲终点法单试剂盒和双试剂盒间的互通性。

**方法** 参照卫生行业标准 WS/T 356-2011 进行互通性研究。将同一厂家生产的 TP 双缩脲终点法单试剂盒和双试剂盒分别与同一台日立 7600 全自动生化分析仪组成检测系统,以双试剂盒所组成的检测系统为比对方法、单试剂盒所组成的检测系统为待评方法,分别同时测定 40 人份新鲜血清样品和 5 份常规生化 EQA 样品,评价 EQA 样品在两试剂盒间的互通性。

**结果** 回归方程为  $Y=1.0102X-0.0867$ , 相关系数  $r$  为 0.9984, 两试剂盒间检测结果具有良好的相关性;但 5 份 EQA 样品的检测结果均超过  $Y$  预测值 95% 置信区间上限,存在明显的正基质效应,其互通性相关偏倚为 7.12%~11.28%。

**结论** EQA 样品在两试剂盒间缺乏互通性。EQA 时两试剂盒不能归为同一组内,需独立分组计算靶值,否则,将引起 EQA 结果解释错误。

## PO-0217

**Rifampin resistance-associated mutations in the RIF resistance-determining region (RRDR) of the rpoB gene of Mycobacterium tuberculosis clinical isolates in Shanghai, China**

Yinjuan Guo<sup>1</sup>, Xingwei Cao<sup>2</sup>, Jinghui Yang<sup>1</sup>, Xiaocui Wu<sup>1</sup>, Baoshan Wan<sup>1</sup>, Yin Liu<sup>1</sup>, Fangyou Yu<sup>1</sup>  
1. Shanghai Pulmonary Hospital  
2. Clinical Laboratory of the Second Affiliated Hospital of Nanchang University,

**Objective** Resistance to rifampin (RIF) in Mycobacterium tuberculosis infection is associated with mutations in the rpoB gene coding for the beta-subunit of RNA polymerase. The contribution of many individual rpoB mutations to the development and level of RIF resistance remains elusive. Our objective for this study was to investigate the relationship between specific rpoB mutations and the minimum inhibitory concentrations (MICs) of RIF and rifabutin (RFB) against M. tuberculosis.

**Methods** We collected 195 clinical isolates of M. tuberculosis including 105 RIF-resistant and 90 RIF-susceptible isolates from Shanghai Pulmonary Hospital in China. The MICs of antituberculosis drugs in 7H10 Middlebrook medium for clinical isolates of M. tuberculosis were determined. Strains were screened for rpoB mutations by DNA extraction, rpoB gene amplification, and DNA sequencing analysis.

**Results** Twenty different types of mutations were identified in the rpoB gene. One hundred isolates (95.24%) were found to have mutations in the RIF resistance-determining region (RRDR) of the rpoB gene. Three rpoB mutations were identified in 90 RIF-susceptible isolates. Out of 105 isolates, 86 (81.90%) were cross-resistant to both RIF and RFB. The most frequent mutation occurred at codon 531 (65.71%), followed by 526 (8.57%). We also found a novel nine-nucleotide (ATCATGCAT) deletion (between positions 1543 and 1551) in the rpoB gene among two strains (1.90%) with resistance to RIF, but susceptibility to RFB. In addition, the mutation frequency at codon 531 was significantly higher in RIF-resistant/RFB-resistant (RIF<sup>R</sup>/RFB<sup>R</sup>) strains than in RIF<sup>R</sup>/RFB<sup>S</sup> strains (75.58% versus 21.05%), whereas the mutation frequency at

codon 516 was significantly lower in RIF<sup>R</sup>/RFB<sup>R</sup> strains than in RIF<sup>R</sup>/RFB<sup>S</sup> strains (1.16% versus 26.32%). The MICs of RIF against 87.62% (92/105) of the *M. tuberculosis* isolates were  $\geq 16 \mu\text{g/mL}$ .

**Conclusions** Our data supported previous findings that various *rpoB* mutations are associated with differential levels of resistance to RIF. The specific mutations of the *rpoB* gene in RIF<sup>R</sup>/RFB<sup>R</sup> isolates differed from those in RIF<sup>R</sup>/RFB<sup>S</sup> isolates. A novel deletion mutation in the RRDR might be associated with resistance to RIF, but not to RFB. Further clinical studies are required to investigate the efficacy of RFB in the treatment of *M. tuberculosis* infections, which harbor the mutations.

## PO-0218

### Distributive characteristics of CYP2D6 and ADRB1 genetic polymorphism to guide the antihypertensive drugs selection of beta-receptor blockers in Han Chinese

Keping Chen<sup>1</sup>, Peng Xiao<sup>1</sup>, Guochun Li<sup>2</sup>

1. Zhongda Hospital, School of Medicine, Southeast University

2. Nanjing Municipality Government Hospital, Nanjing, 210009, China

**Objective** To investigate the allele and genotype frequencies of CYP2D6 and ADRB1 genetic polymorphism to guide the selection of antihypertensive beta-receptor blockers in Han Chinese population.

**Methods** From February 2017 to May 2018, a total 1423 Han Chinese were recruited into the study in the Zhongda Hospital, who provided venous blood samples. CYP2D6 and ADRB1 genetic polymorphism were determined using a gene chip platform, and the allele and genotype frequency and the combined genotypes of the CYP2D6 and ADRB1 were analyzed respectively.

**Results** The C and T allele frequency of CYP2D6 was 42.59%, 57.41%, and for the genotype frequencies, \*1/\*1 wild-type homozygous was 17.22%, \*1/\*10 heterozygous was 50.74%, and \*10/\*10 mutant homozygous was 32.04%. The G and C allele frequency of ADRB1 was 26.70%, 73.30%, respectively. The genotype of GG wild-type homozygous was 8.01%, GC heterozygous was 37.39%, and CC mutant homozygous was 54.60%. CYP2D6 and ADRB1 polymorphism frequency were satisfied with Hardy-Weinberg equilibrium. The most combined genotype of CYP2D6 and ADRB1 was \*1/\*10 and CC, whose frequency was 28.39% (404/1423). The least genotype combination was \*1/\*1 and GG, whose frequency was 1.62% (23/1423).

**Conclusions** our study showed the CYP2D6 and ADRB1 genetic polymorphism, and first report the combined genotypes in the Han Chinese. These results suggested the most Han Chinese had appropriate metabolites and significantly increased sensitivity for the antihypertensive beta-receptor blockers. So, while the efficacy of beta-receptor blockers was affirmed, and the toxicity and risk of adverse drug reactions were monitored.

## PO-0219

### 海南百岁老人肾功能指标参考区间的建立

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 建立海南百岁老人肾功能指标的参考区间, 为临床提供诊断依据和参考范围, 为百岁老人疾病早期预防及治疗提供科学依据。

**方法** 选取解放军总医院海南医院 2014 年~2017 年进行中国海南百岁老人队列研究(China Hainan Centenarian Cohort Study, CHCCS) 时所收集的海南省十八个市(县)的百岁老人的资料 985 例,

通过问卷调查和体格检查筛选出合格的百岁老人作为参考人群，其中资料完整的 722 例，然后根据所需制定出筛选标准，排除掉不符合的百岁老人，符合筛选条件的百岁老人共 304 例，其中男性 70 例，女性 234 例，平均年龄 102(101~104)岁，男性年龄在 100~109 岁之间，女性年龄在 100~113 之间。

**结果** 海南男性百岁老人和女性百岁老人的尿素氮(Blood urea nitrogen, BUN)参考区间为 2.7~10.9 mmol/L，海南男性百岁老人肌酐(Creatinine, Cr)参考区间为 58~138  $\mu\text{mol}$ ，女性百岁老人参考区间为 45~130  $\mu\text{mol}$ ， $P<0.05$ ，差异具有统计学意义，男性百岁老人肌酐浓度与女性相比偏高。海南百岁老人估算肾小球滤过率(Estimated glomerular filtration rate, eGFR)参考范围为 $37\text{ mL/min.173m}^2$ 。

**结论** 海南百岁老人尿素参考区间为 2.7~10.9 mmol/L，肌酐参考区间为男性 58~138  $\mu\text{mol}$ ，女性 45~130 $\mu\text{mol}$ ，eGFR 参考范围为 $37\text{ mL/min.173m}^2$ ，百岁老人肾功能情况有待进一步研究。

## PO-0220

### HDL 亚组分及颗粒大小与动脉粥样硬化和急性冠脉综合征的关系

佟爱华  
解放军总医院

**目的** 探讨高密度脂蛋白亚组分及颗粒大小与急性冠脉综合征 (acute coronary syndrome, ACS) 和动脉粥样硬化 (atherosclerosis, AS) 的关系。

**方法** 选取解放军总医院第八医学中心心内科住院的 170 例患者 (将其分为 110ACS 患者、60 例 AS 患者)，时间节点为 2018 年 10 月至 2019 年 2 月。另选 130 例健康对照者。HDL2-C 和 HDL3-C 在本实验中采用全自动生化分析仪测定，血清中 HDL2b 在 HDL 中的比例采用微流控芯片技术 (microfluidics)，并收集患者其他临床资料备用。

**结果** HDL2-C 与 HDL2b ( $r=0.826$ ,  $P<0.001$ )、HDL-C ( $r=0.845$ ,  $P<0.001$ )、apo A-I ( $r=0.628$ ,  $P<0.001$ ) 及 HDL 颗粒大小 ( $r=0.718$ ,  $P<0.001$ ) 呈正相关；AS 患者的 HDL2b 水平与颈动脉 IMT 之间呈负相关 ( $r=-0.205$ ,  $P=0.005$ )，而 HDL2-C 水平与其呈正相关 ( $r=0.1716$ ,  $P=0.2487$ )。

**结论** HDL2b 与动脉粥样硬化和急性冠脉综合征的关系比 HDL2-C 更为密切，HDL2b 是动脉粥样硬化和急性冠脉综合征的关键性保护因子。

## PO-0221

### Diagnostic Performance of mNGS in Detection of Cerebrospinal Fluid for Central Nervous System Infection

Ting Liu, Yingjie Qi, Li Yue, Yuru Shi, Yun Wang, Changcheng Zhao, Xiaoling Ma  
The First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine, University of Science and Technology of China

**Objectives** To evaluate the diagnostic performance of metagenomic next-generation sequencing (mNGS) in detection of cerebrospinal fluid (CSF) for suspected central nervous system (CNS) infection.

**Methods** A retrospective observational study of a total of 55 suspected CNS infectious cases from January 2017 to January 2019 in The First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine, University of Science and Technology of China was conducted and mNGS was performed with CSF detected negative by traditional methods such as microscopic

examination (Gram stain, acid fast stain and ink stain smears), antigen detecting and culturing. The diagnostic performance of mNGS was analyzed by comparing mNGS with conventional methods.

**Results** 1. Pathogens in CSF detected negative by conventional methods were virus, bacteria and fungus with mNGS from more to less and the main virus was human herpes virus. 2. The shorter the time from onset to sample collecting the lower the probability of poor prognosis was and the time from onset to sample collecting was shorter in mNGS-positive group than that in mNGS-negative group. 3. There was no significant difference of white blood cell (WBC), neutrophil percentage (N%), Lymphocyte percentage (L%), C-reactive protein (CRP) in peripheral blood and WBC, multinuclear cell percentage, monocyte percentage, chlorin and protein levels in CSF between mNGS-positive group and mNGS-negative group while the Serum procalcitonin (PCT) and glucose level in CSF were statistically different.

**Conclusions** Metagenomic next-generation sequencing outperformed traditional methods for CSF specimens, which can be applied to the detection of etiology in CSF specimens and determine the appropriate treatment for patients with CNS infection.

## PO-0222

### 结核分枝杆菌热休克蛋白 20 的生物信息学分析

路晓红

潍坊市人民医院, 261000

**目的** 应用生物信息学分析软件分析结核分枝杆菌热休克蛋白(heat shock protein, Hsp)20 基因及其编码的蛋白质结构和功能。

**方法** 从 NCBI 数据库获取 Hsp20 基本的基因信息; 应用 ProParam 预测 Hsp20 蛋白的理化性质; SignalP 4.0 及 TMHMM 分析其信号肽及跨膜区; 利用在线分析 ExPASy 工具分析蛋白二级结构、建立蛋白的三级结构模型; 利用 ABCpred 及 BepiPred 1.0 Server 分析蛋白抗原表位, 寻找最佳 B 细胞及 T 细胞抗原表位。

**结果** Hsp20 编码结核分枝杆菌热休克蛋白, 具有 159 个氨基酸残基。该蛋白无信号肽, 位于胞壁, 无明显跨膜结构。二级结构中无规卷曲约占 1.89%, 结构疏松。Hsp20 具有潜在的 B 细胞抗原表位及 T 细胞抗原表位。

**结论** 生物信息学预测提示 Hsp20 基因编码的蛋白质可作为研发免疫诊断方法潜在的候选分子靶标。

## PO-0223

### Combining bioinformatics techniques to explore the mechanism of action of non-coding RNAs on pancreatic cancer and potential molecular markers

Kaili Liao, Jiasheng Xu, Xiaohong You, Qionghui Zhong, Cui Zhao, Tingyu Qing, Xiaozhong Wang  
Department of Clinical Laboratory, Jiangxi Province Key Laboratory of Laboratory Medicine, The Second Affiliated Hospital of Nanchang University,

**Objective** To study the mechanism of action of lncRNAs and mRNAs on pancreatic cancer and explore the potential molecular markers of pancreatic cancer.

**Methods** Gene chip data were downloaded from Gene Expression Omnibus (GEO) and differential genes were screened by saliency analysis (SAM). Using bioinformatics methods, the lncRNAs mRNAs network was established, and the modules were mined using the

JActiveModules plug-in in the Cytoscape software to obtain network function modules. Cluster analysis was performed on each module to obtain a collection of small, but clustered, non-coding RNAs closely related to pancreatic cancer. Design experiments were performed to verify the expression of the selected non-coding RNA molecules. Serum was collected and the level of the selected non-coding RNA molecules in the serum of each group was detected by quantitative PCR to investigate whether it could serve as a potential molecular markers of pancreas cancer. The GO gene function enrichment analysis was performed on the coding genes in the module to explore the possible role of non-coding RNA in pancreatic cancer.

**Results** 820 differentially expressed mRNAs and 16 lncRNAs were screened out. Through the analysis of the expression profile of pancreatic cancer, five functionally significant modules was obtained. lncRNA00152 was found to be closely related to pancreatic cancer in multiple modules. The experimental verification showed that the expression of lncRNA00152 in serum of pancreatic cancer patients was significantly higher than that of healthy and chronic pancreatitis patients ( $P<0.05$ ). GO function enrichment analysis found that the five modules obtained had annotations related to significant inflammatory functions.

**Conclusions** lncRNA are involved in the occurrence and development of pancreatic cancer through regulating inflammation, immunity, cell proliferation and apoptosis. lncRNA00152 can be used as a potential molecular marker for the diagnosis of pancreatic cancer.

## PO-0224

### PFGE 分型技术联合耐药谱分型及 MALDI-TOF MSI 聚类分析技术对 Ebh 阳性金黄色葡萄球菌分型研究

魏莲花<sup>1</sup>, 谢跃<sup>2</sup>, 李可可<sup>1</sup>, 王晓宁<sup>2</sup>, 邹凤梅<sup>1</sup>, 刘刚<sup>1</sup>

1. 甘肃省人民医院, 730000

2. 甘肃中医药大学

**目的** 采用耐药谱分型、PFGE 分型及 MALDI-TOF MS 分型对 Ebh 阳性金黄色葡萄球菌流行株进行分型研究, 确定菌株之间的相关性及菌株的流行状况; 比较三种分型方法分型结果的异同, 探究将 MALDI-TOF MS 技术运用于金黄色葡萄球菌分型的可行性。

**方法** 收集甘肃省 2017 年 4 月至 2017 年 10 月间分离的金黄色葡萄球菌菌株, 用 PCR 检测 Ebh, 选择阳性株进行研究。分别进行耐药谱分型、PFGE 分型及 MALDI-TOF MS 分型。

**结果** 44 株疑似金黄色葡萄球菌菌株经 MALDI-TOF MS 技术均被鉴定为金黄色葡萄球菌, 且 Ebh 阳性。所有菌株均对青霉素耐药, 而对其他类型的抗菌药物均存在不同程度的耐药, 具有不同的耐药谱。MRSA 与 MSSA 分别占 54.5% (24/44)、45.5% (20/44)。未见对万古霉素、利奈唑胺耐药的菌株。耐药谱分型法将所有菌株分为 17 个型别; PFGE 分型有 5 株菌株无电泳条带无法分型, 余 39 株菌株被分为 15 个型别; MALDI-TOF MS 分型将所有菌株分为 17 个型别。

**结论** PFGE 分型仍旧是临床分型的金标准

## PO-0225

## 循环 Tfr 和 Tfh 细胞等多种生物标志物在 IgG4-RD 诊疗中的临床价值

刘曹毅,夏长胜  
北京大学人民医院,100000

**目的** 研究循环滤泡调节性 T 细胞 (follicular regulatory T cells, Tfr)、循环滤泡辅助性 T 细胞 (follicular helper T cells, Tfh) 及其亚群、调节性 T (regulatory T cells, Treg) 细胞、血清 IgG4、IgG 和 IgE 等多种生物标志物在 IgG4 相关性疾病 (IgG4-RD) 诊疗中的临床价值。

**方法** 前瞻性研究, 总计包括 54 例 IgG4-RD 患者和 38 例年龄及性别相匹配的健康体检者; 其中 IgG4-RD 患者包括缓解期 18 例、活动期 36 例。收集外周血标本, 运用流式细胞术分析白细胞、嗜酸性粒细胞、淋巴细胞、CD4+T 细胞、Treg 细胞、循环 Tfr 细胞、循环 Tfh 细胞及其亚类; 利用免疫学或生物化学技术检测血清 IgG 亚类、IgE、CRP、C3、C4、ALB、GLB。利用多重线性回归模型分析上述生物标志物与 IgG4-RD 患者反应指数 (RI) 之间的相关性。

**结果** 与健康对照组相比, IgG4-RD 活动期患者组 WBC、CD4+T 细胞、Tfr 细胞、Tfh 细胞、Tfh1、Tfh17 细胞数量和 Tfr/Treg、Tfr/Tfh、Tfh17/Tfh 比值明显增高, 同时血清 IgG4、IgG、IgE 浓度和 IgG4/IgG 比值也明显增高 ( $P < 0.05$ ), Tfh2/Tfh 比值则显著降低 ( $P < 0.05$ )。与 IgG4-RD 缓解期患者组相比, IgG4-RD 活动期患者组 CD4+T 细胞、Tfh 细胞及 Tfh1 细胞数量明显增高, 同时血清 IgG4、IgG、IgE 浓度和 IgG4/IgG 比值也明显增高 ( $P < 0.05$ )。相关性分析显示血清 IgG4/IgG 比值、IgG4、IgG、GLB 及 IgE 和 IgG4-RD 患者 RI 相关性较好 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 循环 Tfr 细胞和 Tfh 细胞可能参与 IgG4-RD 的发病; WBC、CD4+T 细胞、Tfr 细胞、Tfh 细胞、Tfh1、Tfh17 细胞、Tfr/Treg、Tfr/Tfh、Tfh17/Tfh 比值、IgG4、IgG、IgE、IgG4/IgG 比值在 IgG4-RD 的诊疗中具有一定的临床价值; 其中 IgG4/IgG 比值、IgG4、IgG、GLB 可以作为 IgG4-RD 患者预后指标。

## PO-0226

## 离子色谱法血清电解质钠、钾、镁、钙参考方法的建立

张瑞  
首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 应用简单、快速、灵敏度高的离子色谱 (IC) 方法, 建立血清电解质钠、钾、镁、钙离子的参考方法, 建立的参考方法与常规方法比对, 并为血清基质的电解质候选标准物质定值, 用于北京市临床实验室正确度验证, 促进血清电解质检测标准化进程。

**方法** 收集朝阳医院体检血清, 制备成不同浓度的冰冻混合人血清。将铯元素作为内标加入血清样品, 采用微波消解方法对其进行前处理, 0.2%稀硝酸稀释 25 倍后应用离子色谱仪进行检测。对建立的参考方法进行方法学评价及临床应用。

**结果** 离子色谱法测血清四种阳离子回收率均在 99.34%~100.74%之间; 测定 NIST956c Na、K、Mg、Ca 离子浓度的批内标准差及室内精密度均小于 1%; NIST956c 四种离子定值均在验证区间内, 且结果与认定值的偏倚均小于 0.5%; 通过本研究建立的 IC 参考方法参加了 IFCC 开展的 2016、2017 钾、钠、钙、镁 EQA 计划, 测定结果与参加实验室检测均值偏倚均在 1%以内。参考方法和常规系统测定钾、钙离子线性相关系数  $R^2 > 0.995$ , 有良好的线性关系。共有 23 家实验室参加北京市临床检验中心组织的 3 个水平电解质正确度验证, Na 离子、Mg 离子的正确度验证通过率分较高; K 离子、Ca 离子通过率低。

**结论** 建立的基于离子色谱法测定血清阳离子的候选参考测量方法简单、实用、准确、精密，可为室间质量评价物质定值；北京市临床实验室电解质阳离子检测结果差异大，电解质临床检测标准化亟需解决。

## PO-0227

### LncRNA UFC1 promotes non-small-cell lung cancer progression by EZH2-mediated epigenetic silencing of PTEN expression

Xueyan Zang, Xu Zhang, Wenrong Xu

Zhenjiang Key Laboratory of High Technology Research on Exosomes Foundation and Transformation Application, Jiangsu Key Laboratory of Medical Science and Laboratory Medicine, School of Medicine, Jiangsu University

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) have been suggested as important regulators of cancer development and progression in non-small cell lung cancer (NSCLC). Nevertheless, the biological roles and clinical significance of lncRNA UFC1 in NSCLC remain unclear.

**Methods** In this study, we detected the expression of UFC1 in tumor tissues, serum and serum exosomes of NSCLC patients by qRT-PCR and analyzed its association with clinicopathological parameters. Cell counting, colony formation, transwell migration and matrigel invasion assays, and flow cytometry analyses were used to examine NSCLC cell proliferation, migration, invasion and apoptosis. RNA immunoprecipitation assay was performed to evaluate the interaction between UFC1 and enhancer of zeste homolog 2 (EZH2). ChIP assay was used to determine the binding of EZH2 to PTEN gene promoter. Mouse xenograft tumor model was performed to evaluate the effect of UFC1 on NSCLC growth. Rescue study was used to access the importance of PTEN regulation by UFC1 in NSCLC progression.

**Results** UFC1 expression was up-regulated in tumor tissues, serum, and serum exosomes of NSCLC patients and a higher level of UFC1 was associated with increased tumor infiltration. UFC1 knockdown inhibited NSCLC cell proliferation, migration and invasion while promoted cell cycle arrest and apoptosis. Overexpression of UFC1 led to the opposite effects. Mechanistically, UFC1 bound to EZH2 and mediated its accumulation at the promoter region of PTEN gene, leading to the trimethylation of H27K3 and the inhibition of PTEN expression. UFC1 knockdown also inhibited NSCLC growth in mouse xenograft tumor models while the simultaneous depletion of PTEN reversed this role. Moreover, NSCLC cells derived exosomes could promote NSCLC cell proliferation, migration, and invasion through the delivery of UFC1.

**Conclusions** Exosome-transmitted UFC1 promotes NSCLC progression by inhibiting PTEN expression via EZH2-mediated epigenetic silencing. Exosomal UFC1 may serve as a novel biomarker for NSCLC diagnosis, prognosis and therapy.

## PO-0228

### 慢性肾脏病患者甲状旁腺激素水平与肾功能的关系

唐吉斌, 邢小平

安徽省铜陵市人民医院临检中心

**目的** 探讨慢性肾脏病(CKD)患者血清甲状旁腺激素(PTH)水平与肾功能的关系。

**方法** 选择 149 例 CKD 患者，依据我国慢性肾衰竭分期方法分慢性肾衰竭期组、慢性肾功能不全失代偿期组、慢性肾功能不全代偿期组、尿毒症期组 4 个组，选取同期 25 名健康体检者作对照组，比较分析各组 PTH 水平和生化指标并做相关性分析。

**结果** 慢性肾衰竭患者血清 PTH、尿素氮 (BUN)、肌酐 (Cr)、胱抑素 C (Cys C)、磷 (P) 平均高于对照组, 且随疾病分期逐渐升高 ( $F=35.056$ ,  $P<0.001$ ); 慢性肾功能不全代偿期血清 PTH 水平与对照组比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 慢性肾功能不全失代偿期血清 PTH 水平与慢性肾功能不全代偿期比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 其余各组两两比较差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); Pearson 相关分析显示 PTH 与 BUN、Cr、Cys C、P 均呈正相关, 与钙 (Ca) 呈负相关。

**结论** PTH 能够一定程度上反映 CKD 的进展, 在慢性肾衰竭时监测患者血清 PTH 水平有助于了解疾病的进展和评估疾病的严重程度。

## PO-0229

### Drug resistance monitoring and risk factor analysis of pulmonary infection pathogen after craniocerebral operation

Congcong Hao

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to investigate the drug resistance monitoring and risk factor analysis of pulmonary infection pathogen after craniocerebral surgery in hospitalized patients.

**Methods** The clinical data of 408 patients with post-operative lung infection were collected from January 2015 to January 2017, and the drug resistance of the pathogen was discussed. In addition, 60 cases were randomly selected from the inpatient area, and they were divided into group A (infection group) and group B (non-infection group) to analyze the risk factors for infection of pathogenic bacteria.

**Results** 348 cases of gram-negative bacteria (85.3 %) were examined for pulmonary infection after craniocerebral surgery. 60 cases of gram-positive bacteria, accounting for 14.7 %. All Gram-negative bacteria were resistant to ampicillin, cefazolin, and pailaxilin, and Gram-positive bacteria were resistant to penicillin, ampicillin, cefazolin, and ciprofloxacin. The resistance rate was  $>50.0$ .

**Conclusions** *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* and *Klebsiella pneumoniae*, the most common pathogen of pulmonary infection in patients with craniocerebral injury after craniotomy, and the resistance of pathogens is serious, and the bacterial culture test should be strengthened. And drug sensitivity test, and its influencing factors are numerous, the clinical should be corresponding to the development and prevention of infection pathogens.

## PO-0230

### 适用于飞行时间质谱平台心血管多位点基因检测试剂性能验证方法的探索

刘朝晖, 崔凯, 周洲

中国医学科学院阜外医院, 100000

**目的** 通过基因信息来选择合适药物及疗效预测, 已经成为心血管药物个体化治疗的合理选择。近年来心血管药物多位点基因检测试剂的不断涌现, 但相关指南对此类分子定性检测试剂的性能验证并不完全适用, 特别是对基于飞行时间质谱平台的多位点基因检测产品。因其具有反应体系复杂, 产物种类多样化和易导致核酸交叉污染等特点, 至今未见相关性能验证方案的报导。本研究从样本选择, 位点选择, 以及抗干扰实验方案的设计, 以期建立多位点检测性能验证方法。



**方法** 选择样本 1000 例，用飞行时间质谱平台进行检测，并与已知 Sanger 测序结果进行比对，评价检测方法准确性；选择包含 17 位点杂合基因型样本，梯度稀释后检测，评估每个浓度梯度的检出情况；选择包含所有位点 49 种基因型样本，进行批间和批内精密度评价；选择包含杂合代表性峰形的野生和纯合突变样本各 1 个，进行抗干扰研究。最终，探索建立了多位点检测性能验证方案。

**结果** 单次检测回顾性样本的符合率高于 99.5%，最低检出限为 0.2ng/μL，批间和批内精密度均为 100%，UNG 酶的降解能力为  $10^5$  拷贝的气溶胶，反应体系对基因组和各中间产物气溶胶有很强的抗干扰能力，芯片不同基质间无交叉污染，可以保证检测结果准确可靠，满足临床检测要求。

**结论** 本研究完善了飞行时间质谱平台多位点基因检测产品性能验证标准，增加了防污染能力验证，对于临床分子检测实验室试验质控具有积极意义，确保临床报告准确性，且更易推广普及。

## PO-0231

### 粪便微生物比值（Fn/Fp 和 Fn/Bb）在结直肠癌早期诊断的价值

曾秋耀

中山大学肿瘤防治中心

**目的** 探讨粪便微生物比值（Fn/Fp 和 Fn/Bb）结直肠癌早期诊断的价值。

**方法** 收集我院就诊的结直肠癌患者、良性结直肠肿瘤患者、非胃肠道肿瘤患者和健康人粪便标本共 649 例，利用 qPCR 对样本中目的菌属（Fn、Bb 和 Fp）相对丰度进行定量检测。

**结果** 通过高通量测序分析 20 例 CRC 患者和 20 例健康人粪便中微生物构成的差异，筛选候选差异菌群标志物。然后，通过 qPCR 检测了 649 例粪便样本中 Fn、Fp、Bb 的丰度。进一步评价并验证了这些微生物比值的诊断性能，区分结直肠癌和正常人时，Fn、Fp 和 Bb 的 AUC 分别为 0.875、0.741 和 0.870，Fn/Fp 和 Fn/Bb 的 AUC 分别达到 0.914 和 0.911，Fn/Bb 诊断 CRC，AUC 为 0.911，特异性为 92.3%，Fn/Bb 和 Fn/Fp 联合检测可提高对 CRC 的诊断价值，AUC 为 0.943。此外，Fn/Bb 和 Fn/Fp 联合诊断 I 期 CRC，AUC 为 0.804，具有 60% 的特异性和 90% 的敏感性。

**结论** 在 CRC 患者组中，Fn 与 Fp 丰度呈负相关。其作为诊断指标具有较高准确性。粪便微生物比值具有早期 CRC 筛查的诊断价值，并且 Fn/Bb 和 Fn/Fp 比值是评估 CRC 患者体内是否存在微生物生态失调的一项重要指标。这些研究对大规模的早期 CRC 筛查和前瞻性流行病学监测具有重要的价值。

## PO-0232

### CCL2、IL-10 单核苷酸多态性与巨细胞病毒感染的相关性研究

杨子瑶

北京大学人民医院,100000

**目的** 研究患者 CC 趋化因子 2（CCL2）单核苷酸多态性 rs1024611、rs13900 和白介素 10（IL-10）单核苷酸多态性 rs1800871 与造血干细胞移植术（HSCT）后巨细胞病毒（CMV）感染/再活化的相关性，探究 HSCT 后 CMV 感染/再活化的危险因素。

**方法** 收集我院 2018 年 11 月至 2019 年 2 月 HSCT 患者的全血样本，通过实时荧光定量聚合酶链反应检测样本血浆 CMV DNA 载量（每周检测两次），至 +100d。选取其中 128 名患者，并通过离心柱吸附法提取全血样本 DNA，应用聚合酶链反应（PCR）确定 128 名患者的单核苷酸多态性类

型。筛选有关变量,构建 Cox 回归模型,探究 HSCT 后细胞因子 SNP 与 CMV 感染/再活化的危险因素。

#### 结果

收集了 128 名患者的全血样本,其中男性 74 人,女性 54 人。128 名患者中有 73 人在+100d 内发生 CMV 感染/再活化。Cox 回归模型显示: CCL2 rs1024611 GG 基因型 CMV 感染/再活化风险高于 GA 和 AA 基因型 ( $p=0.002$ ,  $HR=0.015$ ,  $95\%CI: 0.024-0.448$ ;  $p<0.0005$ ,  $HR=0.02$ ,  $95\%CI: 0.003-0.138$ ); CCL2 rs13900 TC 和 CC 基因型 CMV 感染/再活化风险均高于 TT 基因型 ( $p=0.034$ ,  $HR=4.687$ ,  $95\%CI: 1.127-19.489$ ;  $p<0.0005$ ,  $HR=30.378$ ,  $95\%CI: 5.006-184.365$ ); IL-10 rs1800871 TC 和 CC 基因型 CMV 感染/再活化风险高于 TT 基因型( $p=0.026$ ,  $HR=1.842$ ,  $95\%CI: 1.074-3.159$ ;  $p=0.041$ ,  $HR=2.046$ ,  $95\%CI: 1.028-4.073$ )。

**结论** 通过分析 Cox 回归模型显示 CCL2 (rs1024611、rs13900)、IL-10 (rs1800871) 的 SNP 是 HSCT 后 CMV 感染/再活化的危险因素。为预测、治疗 HSCT 后 CMV 感染/再活化提供了理论依据。

#### PO-0233

### Serum C1q Concentration Positively Correlates with Erythrocyte Sedimentation Rate in Polymyositis/Dermatomyositis

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** C1q is an important component of the classical complement pathway. This study aimed to investigate C1q concentrations in the sera of PM/DM patients.

**Methods** C1q concentrations were measured in the sera of 87 PM/DM patients and 100 healthy subjects. In addition, the association between C1q concentration and laboratory indexes such as CK, AST, ALT, LDH, hsCRP, and ESR were also evaluated.

**Results** Our data indicated no significant difference in the serum C1q concentration between PM/DM patients and healthy subjects. However, serum C1q concentrations were observed to be significantly higher in PM/DM patients in patients group with elevated ESR than in those with normal ESR ( $207.55\pm37.54$  mg/L and  $180.69\pm38.90$  mg/L, respectively;  $P=0.008$ ). Furthermore, there was a positive correlation between serum C1q concentration and ESR ( $P=0.002$ ), but no association was observed with CK, AST, ALT, LDH, and hsCRP levels.

**Conclusions** This study demonstrated C1q levels were elevated in PM/DM patients with higher ESR and revealed significant positive correlation. However, the exact role of the classical complement pathway in PM/DM needs further elucidation.

#### PO-0234

### 基于 AgDNCs@DNA/AgNCs 复合探针和新型 $\lambda$ exo 辅助循环放大的电化学 EBV 超灵敏检测新方法研究

阙海英,丁世家,颜玉蓉

重庆医科大学检验医学院

**目的** EB 病毒感染与传染性单核细胞增多症、Burkitt 淋巴瘤和鼻咽癌等密切相关。对 EBV 相关基因的超灵敏检测有利于相关疾病的早期诊断、筛查和预后。本文设计了一种基于 AgDNCs@DNA/AgNCs 复合探针和新型  $\lambda$  exo 辅助循环放大的电化学 EBV 超灵敏检测的新方法。

**方法** 以聚酰胺-胺树枝状大分子和 DNA 为模板通过原位还原  $\text{Ag}^+$  制备双模板增强的银纳米复合物探针。同时设计具有 2 个突出核苷酸末端的 DNA 双链探针作为  $\lambda$  exo 的水解底物。靶基因在均相环境下与 DNA 双链探针结合, 触发  $\lambda$  exo 辅助的循环放大反应, 释放大量单链 DNA, 所得单链 DNA 产物与 AgDNCs@DNA/AgNCs 复合探针和捕获探针在电极表面杂交反应, 通过银纳米复合探针直接输出电化学信号用于超灵敏检测靶基因 (Fig. 1A)。

**结果** 该方法检测 EBV 相关基因的线性范围为 1 fM-1 nM, 最低检测限为 0.38 fM (Fig. 1B)。本方法能显著区分靶基因与其他四种病毒基因, 具有高特异性 (Fig. 1C)。此方法在人血清基质中回收率介于 101-110%, 具有良好的抗复杂基质能力。

**结论** 本文建立的基于 AgDNCs@DNA/AgNCs 复合探针和新型  $\lambda$  exo 辅助循环放大的 EBV 相关基因检测新方法将均相靶基因识别、扩增、固相传感、直接输出信号整合到同一检测体系, 实现靶基因的等温、免标记、超灵敏检测。该方法在 EBV 感染及其他病毒感染的早期、即时分子诊断方面具有广阔的应用前景。

## PO-0235

### Antibodies against glycoprotein 2 display diagnostic advantages over ASCA in distinguishing CD from intestinal tuberculosis and intestinal Behçet's disease

Shulan Zhang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** There is an increasing need to identify reliable biomarkers for distinguishing Crohn's disease (CD) from other gastrointestinal disorders sharing similar clinical and pathological features. This study aimed at evaluating the diagnostic potential of antibodies to zymogen granule glycoprotein GP2 (aGP2) in a large, well-defined Chinese cohort with a special focus on their role in discriminating CD from intestinal Behçet's disease (BD) and intestinal tuberculosis (ITB).

**Methods** A total of 577 subjects were prospectively enrolled, including 171 patients with CD, 208 patients with ulcerative colitis (UC), 71 with BD, 57 with ITB and 70 healthy controls (HC). aGP2 and anti-Saccharomyces cerevisiae antibodies (ASCA) were determined by ELISA. Perinuclear antineutrophil cytoplasmic antibodies were tested by indirect immunofluorescent assay.

**Results** aGP2 IgG and IgA levels were significantly elevated in patients with CD compared with those in patients with UC, intestinal BD, and ITB and HC. Conversely, ASCA IgG levels were not different between CD and intestinal BD patients, whereas ASCA IgA levels did not discriminate CD from intestinal BD and ITB patients. aGP2 IgA and IgG displayed a better assay performance (larger areas under the curve) over ASCA IgA and IgG in differentiating CD from disease controls ( $P < 0.05$ ). ASCA IgA did not discriminate CD from disease controls. aGP2 IgA and/or IgG was significantly associated with penetrating disease (B3) and ileal CD (L1) ( $P < 0.05$ ), whereas ASCA IgA and/or IgG was not.

**Conclusions** In comparison with ASCA, aGP2 distinguishes CD from intestinal BD or ITB as disease controls more efficiently, aiding in the differential diagnosis of IBD.

## PO-0236

### 血标本静置时间对常规生化检验结果的影响

王柏田  
日照市中医医院

**目的** 研究血标本静置时间对常规生化检验结果的影响。

**方法** 方便选取 2016 年 5 月—2017 年 5 月于日照市中医医院进行常规生化验的血标本 100 例，所有标本均在采样后的 1、3、7、24 h 均采用日立 7600 型全自动生化仪检测，并且将采样后按照时间段划分为标准组（1 h 组）、3 h 组、7 h 组、24 h 组，对比不同时间段的血糖、碱性磷酸酶、谷丙转氨酶、谷草转氨酶及直接胆红素的各项指标，并且展开组间数据对比。

**结果** 根据该次研究结果显示，3 h 组与标准组对比方面，血糖指标方面差异最明显，3 h 组血糖值为  $(5.01 \pm 0.51)$  mmol/L，而标准组血糖值仅为  $(5.22 \pm 0.78)$  mmol/L；7 h 组与标准组对比的差异主要体现在碱性磷酸酶指标方面，7 h 组碱性磷酸酶为  $(21.11 \pm 13.88)$  U/L，而标准组碱性磷酸酶仅为  $(22.18 \pm 14.66)$  U/L；24 h 组与标准组对比的差异主要体现在谷丙转氨酶、谷草转氨酶及直接胆红素等方面，24 h 组谷丙转氨酶、谷草转氨酶及直接胆红素分别为  $(29.33 \pm 7.86)$ 、 $(68.42 \pm 25.06)$ 、 $(12.58 \pm 5.88)$  U/L，而标准组谷丙转氨酶、谷草转氨酶及直接胆红素分别为  $(25.24 \pm 7.17)$ 、 $(62.81 \pm 23.63)$ 、 $(12.25 \pm 5.78)$  U/L，以上组间差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血标本静置时间越长，对常规生化检验结果影响越大，因而，选择科学的静置时间也是十分必要的。

## PO-0237

# 利用靶向第二代测序技术在中国视网膜色素变性家系中发现 TOPORS 的新变体

孙宽祥

1.电子科技大学

2.四川省人民医院,610000

**目的** 视网膜色素变性(retinitis pigmentosa, RP)是一组异质性的遗传视网膜疾病，其特征是渐进性感光细胞和视网膜色素上皮(RPE)细胞功能障碍，是世界范围内常见的致盲性眼疾。目前发现与视网膜色素变性有关的致病基因多达 80 个，但尚还有许多致病基因有待去发现。本文所研究的 TOPORS 基因是与视网膜色素变性有关的重要基因，发现该基因的新变体对于研究视网膜色素变性的分子机制具有重要意义。

**方法** 在一个视网膜色素变性的中国家系中，从血样中提取 DNA，利用靶向第二代测序(NGS)筛选可能的致病突变，然后用 Sanger 测序验证所获得的突变。

**结果** 我们通过靶向 NGS 筛选到了 TOPORS 的一个新的变体，TOPORS 基因第 3 外显子的一个错义突变 C.g2207a，该突变可导致 P.S736N 氨基酸的替换。并用 Sanger 测序验证了先证者及其母亲都存在该突变。这个变体在 Exac 和 HGMD 数据库中搜索，发现是一种新的突变。在 1000 名对照个体中也没有发现该突变。

**结论** 本研究确定了一个 TOPORS 的新变体，扩大了 TOPORS 的突变谱。

## PO-0238

## The Association of ADRB1 and CYP2D6 Polymorphisms With Antihypertensive Effects and Analysis of Their Contribution to Hypertension Risk

Liping Chen, Dingchang Wu

Department of Laboratory Medicine, Fujian Longyan First Hospital

**Objective** Genetic factors have a vital influence on the pathogenesis of hypertension. In this retrospective study, we aimed to evaluate the association of ADRB1 and CYP2D6 polymorphisms with antihypertensive effects and perform an analysis of their contribution to hypertension risk.

**Methods** A total of 261 healthy individuals and 261 essential hypertension (EH) patients treated with metoprolol for 12 weeks were enrolled. ADRB1 and CYP2D6 genotypes were identified by xTAG® liquid chip technology. We used multivariate logistic regression and a generalized linear mixed model to assess hypertension-related risk factors.

**Results** The allele frequencies of ADRB1 and CYP2D6 variants were 59.8% and 64.6% in the EH group and 70.3% and 65.9% in the controls, respectively. The genotype and allele distribution of ADRB1 were significantly different between the 2 groups ( $P < 0.05$ ), but there was no significant difference in CYP2D6 distribution ( $P = 0.91, 0.88$ ). By logistic regression analysis, high fasting plasma glucose, smoking, high triglyceride, and the Gly/Gly polymorphism in Arg389Gly ADRB1 all emerged as independent risk factors for hypertension. Additionally, the ADRB1 genotype played a major role in the antihypertensive effect of metoprolol, and the patients with the Gly389Gly genotype showed a significantly better response to metoprolol than did those with a heterozygous ADRB1 mutation (Arg389Gly) ( $P = 0.027$ ).

**Conclusions** The results demonstrate that Gly/Gly polymorphism in Arg389Gly ADRB1 was an independent risk factor together with high fasting plasma glucose, smoking, and high triglyceride; moreover, the patients who carried the Gly389Gly genotype had a significantly improved metoprolol antihypertensive effect than those with ADRB1.

## PO-0239

## Evaluation of the Diagnostic Accuracy of the CareStart™ G6PD Deficiency Rapid Diagnostic Test (RDT) among Chinese newborns

Sufen Zhang

Zhuhai Maternity and Child Healthcare Hospital

**Objective** In this study, we used DNA-based methods and quantitative G6PD enzyme assays to determine the status of G6PD deficiency, based on this corrected G6PD status, we evaluate the diagnostic accuracy of Carestart™ G6PD Deficiency RDT among Chinese newborns.

**Methods** We recruited 247 newborns from those admitted to hospital due to jaundice. Enzyme activity assays and DNA-based tests were used to classify the status of G6PD activity. Either enzyme activity below the detection threshold or the presence of G6PD-deficient genes was classified as G6PD deficiency. Others were normal. Based on this corrected G6PD status, we calculated cut-off value of G6PD enzyme activity. The performance of Carestart™ assays was expressed by calculating the sensitivity (SE), specificity (SP) and the Area under the ROC curve (AUC) for G6PD deficiency

status based on corrected G6PD deficiency status.

**Results** In male newborns, the SE of Carestart™ test was 98.9%, the SP was 94.2%, and the AUC was 0.97. In female newborns, the SE of Carestart™ was 53.3%, the SP was 94.5%, the

AUC was 0.74. Further analysis found that the SE was 58.5% when cutoff value was 100% residual enzymes activity but the SE was 100% when the cutoff value was 60% residual enzymes activity in female newborns. This result showed that the Carestart™ kit is more likely to miss female infants whose residual enzyme activity is between 60% and 100%.

**Conclusions** The Carestart™ G6PD deficiency screening test can effectively screen male G6PD deficiency newborns whose residual enzyme activity is less than 100%. However, it is more likely to miss female infants whose residual enzyme activity is between 60% and 100%.

## PO-0240

### 孕期甲状腺 TPO 抗体筛查的临床意义探讨

王烨,陈丽锦,陈甜花,叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 探讨孕期甲状腺过氧化物酶抗体检测的临床意义。

**方法** 应用电化学发光免疫法检测 523 例孕中期妇女 TPO 抗体水平, 比较分析 TPO 抗体母体 TSH 水平及其与新生儿出生体重、胎龄及 TSH 的关系。

**结果** 母亲 TSH 与母亲 TPO 抗体存在正相关( $r=0.154, P<0.001$ ), 新生儿 TSH 与母亲 TSH 和 TPO 抗体均无相关性 ( $r$  分别为 0.065 和 0.033,  $P$  均 $>0.05$ ); TPO 异常母亲组新生儿早产率、巨大儿出生率和低体重儿出生率分别为 2.9%、4.3%和 5.8%, 与 TPO 正常母亲组比较, 分别为 5.5%、3.7%和 4.0%, 前者较低, 后两者较高, 但均无统计学差异。

**结论** 孕期甲状腺过氧化物酶抗体与母亲 TSH 有一定相关性, 且可能与子代巨大儿和低体重儿出生率有相关, 但需要进一步研究。

## PO-0241

### HucMSC-Ex 通过下调 LOXL2 缓解小鼠肝纤维化作用机制研究

江文倩,蔡梦洁,赵婷,刘锦雯,王岩金,严永敏  
江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 探讨人脐带间质干细胞来源的外泌体 (hucMSC-Ex) 抑制肝星状细胞赖氨醯胺氧化酶 2 (LOXL2) 表达缓解小鼠肝纤维化的作用及机制。

**方法** 1) 注射  $\text{CCl}_4$  建立小鼠肝纤维化模型; 经 hucMSC-Ex 治疗, 活体成像和免疫组化检测 hucMSC-Ex 在小鼠体内分布; 通过肝脏大体观、H&E 染色和 Masson 染色观察组织结构及胶原沉积, 免疫组化和 Western blot 检测 LOXL2、FAP 及  $\alpha$ -SMA 的表达; 体外诱导肝星状细胞 (LX-2) 活化, 与 hucMSC-Ex 共培养, RT-PCR、Western blot 和免疫荧光检测 LOXL2、COL1 及 FAP 表达。2) 免疫组化及 Western blot 检测肝组织及 LX-2 细胞中 YAP 表达; 过表达或敲除 YAP, Western blot 检测 LOXL2 蛋白表达; 荧光素酶报告基因检测 YAP 对 LOXL2 的转录活性。3) 对 MSC 过表达 14-3-3 $\zeta$ , 收集提取并鉴定 14-3-3 $\zeta$  过表达 exosome (Ad-14-3-3 $\zeta$ -Ex), 并与活化的 LX-2 细胞共培养, Western blot、免疫荧光检测 LX-2 细胞 14-3-3 $\zeta$ 、YAP 表达, 分析 14-3-3 $\zeta$  与 YAP 核定位的相关性。

**结果** 1) 动物活体成像显示 hucMSC-Ex 主要集中于肝纤维化小鼠肝脏组织, 并且在 hucMSC-Ex 处理的肝脏组织中检测到 CD63 表达; hucMSC-Ex 组小鼠肝纤维化减轻, 坏死结构减少, 胶原沉积减弱, 同时 LOXL2 表达下调、FAP 及  $\alpha$ -SMA 表达降低; HucMSC-Ex 与活化的 LX-2 细胞共培养后, LOXL2、COL1 及 FAP 表达下降。2) 组织及活化的 LX-2 细胞中 YAP 核定位与 LOXL2 表达相关; 在细胞中过表达 YAP, LOXL2 蛋白表达增加, 敲减 YAP 后, LOXL2 蛋白表达下降。荧

光素酶报告基因检测表明 YAP 对 LOXL2 具有转录调控作用。3) 在活化的 LX-2 细胞中, Ad-14-3-3 $\zeta$ -Ex 具有比 Ad-GFP-Ex 更强的 LOXL2 表达和 YAP 核定位抑制作用。

**结论** HucMSC-Ex 通过下调 LOXL2 表达抑制 HSC 的活化, 缓解肝纤维化, 其机制可能与转运 14-3-3 $\zeta$  抑制 YAP 核定位相关。

## PO-0242

### 西藏地区 POCT 血糖仪与生化分析仪检测血糖 结果 比对分析

旦增阿珍,旦曲,庞金荣,刘亚赛,刘治娟  
西藏自治区人民医院,850000

**目的** 通过对我院 POCT 血糖仪与生化分析仪检测血糖结果的比对分析, 评估两者的相关性及其差异性, 监测血糖仪的检测质量, 为临床提供参考。

**方法** 用本院 35 台 POCT 血糖仪检测 5 个浓度的肝素抗凝标本, 与检验科生化分析仪做比对并分析。

**结果** 血糖浓度 $<5.5\text{mmol/L}$ 时, POCT 血糖仪与生化分析仪检测结果偏倚为 $-0.47\sim-0.11\text{mmol/L}$ , 血糖浓度 $\geq 5.5\text{mmol/L}$ 时, 检测结果偏倚为 $0.5\%\sim 10.7\%$ 范围内, 差异在可接受范围内。

**结论** 本院 35 台 POTC 血糖仪比对合格, 符合卫生行业标准。

## PO-0243

### miR-4465 修饰 MSC 外泌体下调 LOXL2 抑制胶原沉积 的作用及机制

王岩金,江文倩,蔡梦洁,赵婷,刘锦雯,严永敏  
江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 探讨 miR-4465 修饰的人脐带间充质干细胞来源的外泌体(hucMSC-ex)对肝星状细胞(Lx2)活化、肝纤维化组织胶原沉积的抑制作用及机制。

**方法** 采用 ExoQuick-TCTM 沉淀法提取 hucMSC-ex,并通过透射电镜、粒径分析以及表面标记检测对其进行鉴定。通过 TGF- $\beta$  活化诱导, 建立人肝星状细胞 Lx-2 细胞株活化模型, 并对活化后的细胞进行脂质体转染, 过表达 miR-4465, 分为对照组, 2.5pmol/ul 组, 5pmol/ul 组和 10pmol/ul 组, 实时定量 PCR 检测 miR-4465 的表达情况, 并通过 Western blot 和免疫荧光检测 LOXL2 以及胶原表达。将 25 $\mu\text{g/mL}$  和 50 $\mu\text{g/mL}$  的 miR-4465 mimics 分别经超声转入 hucMSC-ex, 并提取外泌体内的 miRNA, 通过定量 PCR 检测转入效率。分别加入 25、50 $\mu\text{g/ul}$  浓度的 hucMSC-ex 和相同浓度的 hucMSC-ex-miR-4465 与活化后的细胞共培养, 另设对照组(常规培养), Western blot 和免疫荧光检测 LOXL2 表达以及胶原的表达情况。腹腔注射 CCI4 以构建小鼠纤维化模型, 并分为损伤组, hucMSC-ex 组和 hucMSC-ex-miR-4465 组, 免疫组化, Masson 染色观察比较纤维化修复效果。

**结果** HucMSC-Ex 呈球形膜性囊状结构, 直径 40~100nm 左右, 表达 CD9、CD63 等表面标志物。转染后, 细胞内 miR-4465 表达上调, 同时 LOXL2 和相关胶原的表达均下调。定量检测表明 miR-4465 经超声后大量转入外泌体。HucMSC-ex 能明显下调 LOXL2 和相关胶原的表达, 而 hucMSC-ex-miR-4465 其下调能力更加明显。在体内实验, hucMSC-ex-miR-4465 修复效果强于 hucMSC-ex, 纤维化得到更大程度上的缓解, 胶原沉积明显减少。

**结论** hucMSC 来源外泌体能够转运 miR-4465, 通过下调 LOXL2 抑制胶原沉积, 从而抑制肝纤维化。

## PO-0244

## hucMSC-Ex 转运 Ang2 修复淋巴水肿的作用及机制研究

赵婷,江文倩,蔡梦洁,刘锦雯,王金岩  
江苏大学医学院,江苏省检验医学重点实验室

**目的** 本探讨人脐带间质干细胞来源的外泌体(hucMSC-Ex)促进淋巴管再生修复淋巴水肿的作用及机制。

**方法** (1) 分离纯化 hucMSC-Ex。构建小鼠尾部淋巴水肿模型,水肿部位原位注射 hucMSC-Ex,小动物活体成像仪观察 hucMSC-Ex 在小鼠尾部定位。(2) 测量小鼠尾部直径。收集水肿组织,HE 染色观察水肿的修复,免疫组织化学染色检测 LYVE-1 阳性淋巴管并进行计数。(3) 观察 hucMSC-Ex 对于 HDLECs 的增殖、迁移、淋巴小管形成。(4) 过表达或敲减 HDLECs 中血管生成素 2 (Ang-2),观察 Ang-2 对于 HDLECs 增殖、迁移以及小管形成的调控作用。(5) 构建 hucMSC-Ex<sup>Ang2</sup> 和 hucMSC-Ex<sup>sh-Ang-2</sup>,观察它们对 HDLECs 的增殖、迁移以及成管能力的作用,Western blot 和细胞免疫荧光染色检测 HDLECs 中 Ang-2、LYVE-1、Prox1、VEGFR3/p-Akt 的表达。

**结果** (1) 经 hucMSC-Ex 治疗后,尾部直径明显减小,尾部皮肤厚度明显变薄。LYVE-1 (+) 淋巴管数明显增多。(2) 过表达 Ang-2 后 HDLECs 的增殖、迁移和成管能力增强;敲减 Ang-2 抑制了 HDLECs 的增殖、迁移和小管形成。(3) hucMSC-Ex<sup>Ang2</sup> 进一步促进了 HDLECs 的增殖、迁移和小管形成。hucMSC-Ex<sup>sh-Ang-2</sup> 作用后,促进 HDLECs 增殖、迁移以及小管形成能力明显减弱。(4) 经 hucMSC-Ex 作用后淋巴管内皮细胞的 Ang-2、LYVE-1、Prox1、VEGFR3 和 p-Akt 表达均明显上调。

**结论** hucMSC-Ex 可促进淋巴管生成修复淋巴水肿,其机制与 hucMSC-Ex 转运 Ang-2 调控淋巴管内皮细胞 Prox1 和 Akt/VEGFR3 通路活化有关。

## PO-0245

## 人脐带间质干细胞来源外泌体延缓 AOM/DSS 诱导结肠炎癌转化的作用研究

王静燕,王高莹,蔡秀,严永敏,张徐,钱晖,许文荣,毛飞  
镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室,江苏大学医学院,医学科学与检验医学重点实验室

**目的** 探讨人脐带间充质干细胞来源外泌体(exosome from human umbilical cord mesenchymal stem cells, hucMSC-Ex)在 AOM/DSS 诱导小鼠结肠炎癌转化中的作用及机制。

**方法** 蛋白免疫印迹法检测外泌体表面标记 CD9、CD63 和 CD81 以鉴定 hucMSC-Ex;以 BALB/C 小鼠为研究对象,随机分为正常组、AOM/DSS 组、hucMSC-Ex 组。除正常组外,其余两组采用 AOM/DSS 诱导小鼠结肠直肠癌模型, hucMSC-Ex 组于造模第 10 天、24 天、38 天予以 hucMSC-Ex 尾静脉注射治疗,并于第 70 天处死所有小鼠。观察小鼠体重、粪便性状、结肠/脾脏大体观,比较各组结肠肿瘤成瘤率及个数,HE 染色观察病理组织学评分;应用 qRT-PCR 检测小鼠结肠组织炎症因子的表达水平等,综合评价 hucMSC-Ex 对 AOM/DSS 诱导小鼠结肠炎癌转化的作用。

**结果** HucMSC-ex 表达外泌体特异性分子标志物 CD9、CD63 和 CD81;经 hucMSC-Ex 注射干预后, hucMSC-Ex 组小鼠结肠长度、体重变化、疾病活动指数(DAI)、病理组织学评分,均较 AOM/DSS 组有良好转;AOM/DSS 组可观察到明显的结肠直肠癌且成瘤率高, hucMSC-Ex 组肿瘤数和成瘤率均减少,差异有统计学意义(P<0.05);与正常组比较, AOM/DSS 组促炎因子(IL-6、



IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$ ) 高表达, 抑炎因子 (IL-10) 低表达, hucMSC-Ex 组可显著下调促炎因子 (IL-6、IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$ ) 表达和上调抑炎因子 (IL-10) 表达( $P<0.05$ )。

**结论** hucMSC-Ex 可以有效延缓 AOM/DSS 诱导的小鼠炎症向癌症的转化。

#### PO-0246

### Fecal carriage and molecular epidemiology of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae from outpatient children in Shanghai

Fen Pan, Hong Zhang

Shanghai Children's Hospital, Shanghai Jiaotong University

**Objective** Fecal colonization with carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CRE) can be a risk factor for bacterial translocation resulting in subsequent endogenous infections. The purpose of the study is to investigate prevalence of CRE colonization in stool samples of patients from community in a tertiary pediatric hospital of Shanghai.

**Methods** Fecal samples were consecutively obtained from patients in 2016 and screening of CRE was conducted by home-made MacConkey agar. Antimicrobial susceptibility was determined by broth microdilution method and  $\beta$ -lactamases were characterized by polymerase chain reaction (PCR) and DNA sequencing. MLST was performed for the genetic relationship.

**Results** A total of 880 fecal samples were enrolled for this screening test and 32 non-duplicate samples were screened CRE positive with 3.6% carriage rate, mainly in *K.pneumoniae* and *E.coli*. All CRE strains showed high resistance to the most of routine antibiotics except for polymyxin B and tigecycline. The bla<sub>NDM</sub> gene was the major carbapenemase gene harbored by gastrointestinal CRE strains and other genes including bla<sub>KPC</sub>-2, bla<sub>IMP</sub>-26, and bla<sub>IMP</sub>-4 were also found. Various STs were detected in these strains, with ST11 and ST37 being more prevalent in *K.pneumoniae* and ST101 in *E.coli*.

**Conclusions** The prevalence of CRE fecal carriage presented that urgent implementation of infection control measure should be conducted to limit spread of CRE strains. This is the first time to describe the fecal carriage and molecular epidemiology of CRE strains in children from community setting in Shanghai.

#### PO-0247

### Serotype distribution, antibiotic resistance and clinical molecular characteristics of Streptococcus pneumoniae isolated from community-acquired pneumonia and Healthcare-associated pneumonia cases among pediatric patients in Shanghai

Wantong Zhao, Fen Pan, Hong Zhang

Shanghai Children's hospital, Shanghai Jiaotong University

**Objective** Pneumonia is the leading cause of all deaths of children under five years old, with the most common pathogen being Streptococcus pneumoniae. This retrospective surveillance aimed to analyze serotype distribution, drug resistance, virulence factors and molecular characteristics of community-acquired pneumonia and healthcare-associated pneumonia cases isolates from children after the introduction of PCV13 in Shanghai, China.

**Methods** ber 2018. Serotype and virulence genes were detected using PCR. Sequence types(STs) were assigned via multilocus sequence typing. Antibiotic resistance were performed by E-test or disc diffusion method.

**Results** The prevalent serotypes were 19F, 6A, 19A, 23F, 14 and 6B, and the coverage rates of the 7-, 10- and 13-valent pneumococcal conjugate vaccines were 58.9%, 58.9% and 80.5%, respectively. All isolates were highly resistant to erythromycin, clindamycin and sulfamethoxazole-trimethoprim. However, linezolid, moxifloxacin and vancomycin maintained excellent antibiotic activity. The prevalence rate of *S. pneumoniae* non-susceptibility to penicillin was 31.7%. Molecular epidemiological typing showed a high level of diversity and ST271(n=72, 25.1%), ST320 (n=30, 10.5%), ST3173 (n=24, 8.4%) and ST876 (n=14, 4.9%) were the major STs. Five multidrug-resistant international clones were observed in the study, including Taiwan19F-14、Spain23F-1、Spain6B-2、Taiwan23F-15 and Sweden15A-25. All of the *S.pneumoniae* isolates carried *LytA*, *Ply*, *PsaA*, *PavA*, *SpxB*, *HtrA* and *ClpP*, and the carriage rate of *NanA* and *PiaA* were 96.2% and 99.0%. Nevertheless, *Cps2A*, *CbpA* and *PspA* were present in 33.8%~44.3% of the isolates.

**Conclusions** Serotype replacement and emerging multidrug-resistant international clones were found in current study. Long-term high-quality surveillance should be conducted to assess impact and effectiveness brought by vaccines, and provide a foundation for prevention strategies and vaccine policies.

## PO-0248

### Overexpression of arginine transporter CAT-1 is associated with hypoxia-induced fibroblast-like synoviocytes hyperplasia in rheumatoid arthritis.

Ying Lu

Shanghai East Hospital, Tongji University School of Medicine

**Objective** The aberrant proliferation of fibroblast-like synoviocytes (FLS) is the key reason leading to rheumatoid arthritis (RA). Cationic amino acid transporter-1 (CAT-1) plays a key role in regulating the cellular uptake of arginine. Its metabolism regulation is closely related with cellular proliferation and function. The hypoxia microenvironment in the arthritic joint of RA patients can induce synovial hyperplasia and articular cartilage degradation. This study aims to investigate the role of CAT-1 in regulating arginine metabolism and proliferation of FLS.

**Methods** Immunohistochemical staining and Real-time PCR were used to detect the expression of CAT-1 protein and mRNA in synovial tissue of rheumatoid arthritis and osteoarthritis (OA). RA-FLS were cultured under normoxia (21% O<sub>2</sub>) or hypoxia (3% O<sub>2</sub>) condition, arginine and citrulline were detected by HPLC, cell growth was detected by MTT assay, cell Apoptosis was detected by FACS, and the downstream signaling pathways of CAT-1, PKC $\alpha$ , mTORC1, and mTORC2 were detected by western blot. The expression of CAT-1 in FLS cells was down-regulated by transfected siRNA, and the effect on cell growth was observed.

**Results** In this study, we found the enrichment of arginine transporter CAT-1 in FLS of synovial tissue in RA patients, where a 3% O<sub>2</sub> hypoxia environment has been identified. In order to determine the correlation between the high CAT-1 level and the low oxygen concentration in RA, a hypoxia condition (~3% O<sub>2</sub>) in vitro was applied to mimic the RA environment in vivo. Hypoxia promoted cellular proliferation of rheumatoid arthritis synovial fibroblasts (RASFs), and increased arginine uptake of RASFs, which were accompanied with the increased expression of CAT-1. Through application of CAT-1 loss-of-function assays, we confirmed the requirement of CAT-1 expression for those hypoxia-induced phenotype in RA. In addition, we demonstrated for the first time that CAT-1 plays key roles in regulating L-arginine-NO signaling pathway to promote FLS proliferation in RA.

**Conclusions** Taken together, we demonstrated a novel pathway regulating hypoxia-induced fibroblast-like synoviocytes hyperplasia in RA mediated by CAT-1.

## PO-0249

### 垂体腺瘤患者血清胰岛素抵抗和皮质醇水平的相关性研究

陈薇,罗艺,吕民,刘艳源,胡汉宁  
武汉大学中南医院,430000

**目的** 本研究目的检测垂体腺瘤 (pituitary adenoma, PA) 临床常见类型的血清皮质醇、空腹血糖 (FPG)、空腹血清胰岛素 (FINS) 和患者胰岛素抵抗 (IR) 指数 (HOMA-IR), 以分析 PA 患者 IR、血清皮质醇水平和昼夜分泌节律的情况及相关性。

**方法** 选择 2016 年 10 月至 2017 年 4 月在本院神经外科住院确诊并治疗的 PA 患者 67 例 (PA 组), 其中男 45 例, 女 22 例; 平均年龄 ( $46.9 \pm 3.7$ ) 岁。同时选择年龄、性别匹配的同期体检健康者 49 例作为对照组, 其中男 29 例, 女 20 例, 平均年龄 ( $44.7 \pm 3.1$ ) 岁。分别测定两组对象的空腹血糖 (FPG)、空腹胰岛素 (FINS)、血清皮质醇等生化指标, 计算 IR 指数 (HOMA-IR), 并分析患者 IR 与血清皮质醇的相关性。以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 观察组皮质醇昼夜分泌节律紊乱的发生率为 58.21%, 皮质醇分泌节律异常的 PA 组的空腹血清皮质醇水平要显著高于相应的皮质醇分泌节律正常的 PA 组和对照组; 垂体性 Cushing 综合征和生长激素腺瘤组的 FINS 水平和 HOMA-IR 均高于对照组, 相关性分析显示, PA 患者 HOMA-IR 与空腹血清皮质醇水平呈正相关。

**结论** 本研究观察了 PA 患者皮质醇增高对糖代谢的影响, 对于 PA 血清皮质醇水平增加的患者, 尤其垂体性 Cushing 综合征和生长激素腺瘤, 不论是否存在皮质醇昼夜节律紊乱, 均应警惕 IR 的发生, 并减少 HPA 轴功能异常导致 T2DM 发生的可能性。

## PO-0250

### Single nucleotide polymorphisms in the ETS1 gene are associated with idiopathic inflammatory myopathies in a northern Chinese Han population

Si Chen  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in the ETS1 gene are associated with several auto-inflammatory diseases. In this study, we determined whether ETS1 gene polymorphisms confer susceptibility to idiopathic inflammatory myopathies (IIMs) in a northern Chinese Han population

**Methods** DNA samples were collected from 1017 IIM patients: 363 PM cases and 654 DM cases. The results were compared with those of 1280 healthy controls. Five SNPs in the ETS1 region (rs7117932, rs6590330, rs4937362, rs10893845 and rs1128334) were assessed and genotyped using the Sequenom platform.

**Results** Our data indicated that the rs7117932 alleles and genotypes are associated with DM and IIMs ( $P_c = 6.0 \times 10^{-3}$  and  $P_c = 0.029$ ;  $P_c = 0.013$  and  $P_c = 0.019$ , respectively). We found a significantly greater percentage of DM and IIM patients with an A allele of rs6590330 than that in the control population ( $P_c = 0.033$  and  $P_c = 0.013$ ). Additionally, the rs6590330 genotype was associated with IIMs ( $P_c = 0.020$ ). The percentages of rs7117932 and rs6590330 SNPs were significantly greater in DM and IIM patients with interstitial lung disease (ILD) (all  $P_c < 0.05$ ).

**Conclusions** This is the first study to reveal that ETS1 polymorphisms are associated with IIMs alone and IIMs with ILD in a northern Chinese Han population.

## PO-0251

### 多组学筛选 K1 型高毒力肺炎克雷伯菌毒力因子

李刚,唐瑜,蒋晓飞,吕元  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 高致病肺炎克雷伯菌 常常导致社区获得性肝脓肿, 并发远距离播散, 病死率高。荚膜多糖赋予高毒力肺炎克雷伯菌抵抗宿主免疫系统的能力, 铁载体是另一类已知的毒力因子, 但除此之外我们知之甚少, 本研究拟通过体内体外基因组表达差异及转座子突变文库测序来系统筛选毒力相关基因。

**方法** 选择一株 K1 血清型高致病肺炎克雷伯菌 HS1249, 三代结合二代深度测序获得基因组完成图; 感染 C57 小鼠, 抽提肝脏组织总 RNA, 去除真核的 rRNA 和 globin RNA 和原核的 rRNA, RNA-seq 法比较肝脏组织中与体外 LB 培养基表达的差异; 用 pSAM-EC 为载体构建了约含三万个克隆的转座子插入文库, 文库分别用人血清、H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 回收处理后的细菌, 运用 Tn-seq 法来确定文库构成。以每个基因为单位统计所测对应克隆数, 标准化后与处理前比较计算相对比值。

**结果** 1 血清型高致病肺炎克雷伯菌约 5 分之一基因在体内体外表达有显著差异, 高表达的基因主要是铁载体合成基因簇, 其中 3 簇位于染色体上, 两簇位于质粒上; 高表达的铁载体基因簇不是必须基因组。Tn-seq 结果显示约 600 个基因是不能形成克隆, 是在非选择条件下的必须基因, 而应对血清和 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 的, 以处理后减少 4 倍为界, 筛选到近 300 个毒力相关基因, 差异最大的为已知毒力因子——荚膜多糖基因簇, 我们也筛到了 *kvrA* 和 *kvrB*, 但是铁载体基因簇都没有显著差异。更多的基因富集分析显示与细菌碳水化合物合成, 能量代谢、转录调节、氨基酸代谢等多种途径参与。

**结论** 铁载体合成基因簇高表达赋予 K1 血清型高致病肺炎克雷伯菌体内生存优势, 荚膜多糖等表面多糖、膜蛋白是应对内环境必须基因组, 可作为潜在药物靶点。

## PO-0252

### Evaluation of the clinical relevance of anti-annexin-A5 antibodies in Chinese patients with antiphospholipid syndrome

Shulan Zhang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** A hallmark feature of antiphospholipid syndrome (APS) is the presence of antiphospholipid antibodies (aPLs). Few studies have addressed the clinical relevance of anti-annexin A5 antibodies (aANXA5) in Chinese patients with APS. In this study, we evaluated the clinical performance of aANXA5 in the diagnosis of APS.

**Methods** Sera from 313 subjects were tested, including 170 samples from patients with APS, 104 samples from patients with non-APS diseases as disease controls (DC), and 39 healthy controls (HC). Serum IgG and IgM aANXA5 were determined by ELISA.

**Results** Overall, the levels of both IgG and IgM aANXA5 were significantly increased in patients with primary APS (PAPS) and APS associated to other diseases (APSAOD) compared with DC and HC. The sensitivity, specificity, positive predictive value (PPV), and negative predictive value (NPV) for IgG and IgM aANXA5 in the diagnosis of APS were 33.5 and 15.3, 99.0 and 99.0, 98.3 and 96.3, and 47.7 and 41.7%, respectively. Significant associations between IgG aANXA5 and

arterial thrombotic events (OR, 2.60; 95% CI, 1.44-4.71) and between IgG aANXA5 and venous thrombotic events (OR, 2.80; 95% CI, 1.55-5.06) were identified. No correlations were identified between IgG or IgM aANXA5 and obstetric complications.

**Conclusions** Our data suggest that aANXA5 could serve as a diagnosis biomarker for patients with APS. More importantly, our data highlighted a potential role of IgG aANXA5 in identifying APS patients with high risk of thrombosis.

## PO-0253

# BCR/ABL 的 DCDF-FISH 信号模式监测急性白血病患者 肿瘤细胞克隆演变并预测患者预后

张长林,万腊根,江梅,刘淑媛,吴洋,李菲  
南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 对 BCR/ABL 阳性患者进行合理分层, 监测该类患者复发和耐药具有重要意义。

**方法** 在本研究中, 我们分析了 243 例 CML-CP 病人, 17 例 CML-BP 病人和 52 例急性淋巴细胞白血病(ALL)病人的 BCR/ABL 融合基因信号模式, 分析了复杂的 BCR/ABL 信号模式对所有患者生存期的影响

**结果** 发现 12 种 BCR/ABL 信号模式: 1R1G2F, 1R1G1F, 2R1G1F, 1R2G1F, 2R2G1F, 1R2G2F, 1R1G3F, 1G3F, 2G3F, 1G4F, 1R1G4F, 1R4F。进一步分析发现: 存在两种及以上信号模式的患者比例在不同类型白血病中存在明显差异: 在 CML-BP 患者中复杂信号模式占 52.9% (n=9), 急性白血病中占 30.8%(n=16), 而 CML-CP 中仅占 2.1%(n=5); 相反, 在 CML-BP 分患者中, 经典信号模式(1 红 1 绿 2 黄信号模式)占 29.4% (n=5), 急性白血病患者中占 53.8% (n=28), CML-CP 患者中占 73.7%(n=179); 非经典信号通路(即非 1 红 1 绿 2 黄信号模式, 例如 1 红 1 绿 1 黄, 1 红 1 绿 3 黄等)在 3 种疾病中所占比例相近, 在 CML-BP 中占 17.6%(n=3), 在急性白血病中占 15.4%(n=8), 在 CML-CP 中占 24.3%(n=59), 表明 BCR/ABL 信号模式具有复杂性和异质性。观察到 5 种与疾病进展有关的克隆演变模式: 1、疾病初发时为治疗敏感的单克隆, 而在治疗过程中该克隆逐渐发展为耐药克隆, 最终疾病复发; 2、病人初发时为治疗敏感的单克隆, 该克隆在治疗后消失, 而在复发时出现了新的克隆并出现耐药; 3、病人在疾病发作时表现为敏感的单克隆, 而新的克隆和原有的克隆在复发时同时出现并都出现耐药; 4、在发病初期, 病人呈现出许多不同的亚克隆体, 一些占优势的亚克隆体对治疗敏感, 在治疗后消失, 而其他的次要的亚克隆体则具有耐药性, 并逐渐发展为优势的亚克隆体, 最终疾病复发; 5、病人在发作时同时出现了许多不同的亚克隆, 一些寡克隆对治疗敏感的, 在治疗过程中消失, 而剩下的优势克隆则对 TKI 或化疗药物有抗药性。

**结论** 复杂的 BCR/ABL 阳性信号模式最常见于 CML-BP 患者中, ALL 次之, 少见于 CML-CP。复杂的 BCR/ABL 信号模式常以各种形式呈现, 多预示信号模式克隆演化和疾病预后不良。监测 BCR/ABL 信号模式的改变不仅可以提示疾病的预后, 还可以为临床治疗提供参考。

## PO-0254

## 原发性肝癌合并代谢相关疾病的小分子标志物探索 Exploration of small molecular markers of HCC combined with metabolic related diseases

蔡家蕙

1.北京大学人民医院,100000

2.北京大学医学部,100000

**目的** 原发性肝细胞癌（hepatocellular carcinoma, HCC）是世界范围内发病率和死亡率较高的恶性肿瘤，严重威胁人类健康，我国是 HCC 的高发地区之一。目前常用检测和诊断方法，存在假阴性和假阳性的发生概率高、诊断的敏感性低等问题。高灵敏性特异性的标志物的发现有助于癌症的早期发现和早期治疗。糖尿病以及代谢综合征等代谢相关疾病是促进肝癌发生的重要的危险因素，然而肝癌合并代谢相关疾病的分子诊断标志物还有待研究。

**方法** 本研究分为两部分内容：第一，代谢组学研究是当前肿瘤研究的重要分支之一，本文利用 LC-MS/MS 进行了代谢组学相关分析，通过 XCMSplus 软件和 masterview/markerview 软件进行大批量筛选，初步筛选出有显著变化、高灵敏性高特异性、同 HCC 发生密切相关的可能的小分子和通路。第二，通过 SPSS 软件进行相关数据的统计与分析，探究了血清钙在 HCC 中的改变及其与血清代谢指标间的关系。通过确定 HCC 患者的血清钙和白蛋白校正血清钙的含量，评估血清钙和白蛋白校正血清钙与 HCC 患者临床特征的关系，此外，我们还发现血清钙和血糖血脂之间具有显著相关性。

**结果** 研究结果表明：1) 肝癌合并糖尿病中多种代谢小分子和代谢通路发生异常，可能在糖尿病发展成为肝癌的过程中发挥重要作用，通过进一步靶向分析，或许可以发现新型的或灵敏度更高的肿瘤标志物，在今后的临床诊断中发挥作用；2) 肝癌患者中血清钙与代谢综合征有着密切的联系；3) 血清钙与患者的肝纤维化和远端转移有密切关系。

**结论** 总体来说，我们发现了肝癌合并代谢相关疾病中的一些异常改变，对于未来临床诊断具有潜在价值。

## PO-0255

## 载脂蛋白 M-1-磷酸鞘氨醇轴与炎症性疾病及其调节机制

贺腊姑

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 观察载脂蛋白 M（apolipoprotein M, apoM）在慢性炎症性疾病（社区获得性肺炎）中血清学表达水平的变化及其与疾病活动度的相关性研究；探索 apoM 保护血管内皮及抵抗炎症反应的下游分子机制。

**方法** 1. 选取 2016 年 6 月至 12 月来我院诊治的 132 例 CAP 患者和 40 例健康对照组，并根据 2016 年中华医学会呼吸病学分会制定的《成人社区获得性肺炎诊断和治疗指南》将 CAP 患者分为 CAPI 组、CAPII/III 组、重症肺炎组。采用酶联免疫吸附法（ELISA）测量疾病组和对照组血浆 apoM 的含量，并对其血浆总胆固醇（TC）、甘油三酯（TG）、高密度脂蛋白胆固醇（HDL-C）、载脂蛋白 A（apoA）、低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）、载脂蛋白 B（apoB）及超敏 C 反应蛋白（hs-CRP）进行检测。比较各组血清学指标，分析各种指标变化与 apoM 的相关性，并分析各因素在不同严重程度 CAP 组中的变化趋势，观察各指标在 CAP 诊断、监测和并发脂代谢紊乱中的作用。

**结果** 1、与对照组相比，CAP 患者血浆 apoM、LDL-C、hs-CRP 随着疾病严重程度而增高，HDL-C、apoA 水平降低，差异具有统计学意义（ $p < 0.05$ ），CAP 患者血浆 apoM 表达水平与 hs-CRP 表达呈显著的正相关性（ $r = 0.267$ 、 $p < 0.005$ ）。

**结论** 1. CAP 患者血清 apoM 水平显著增高, 且这种增高与疾病严重程度呈正相关; apoM 可作为监测 CAP 患者病情发生、发展及治疗效果的生物学标志之一。

2. apoM-S1P 轴可通过 S1P/S1P1 受体途径抑制 TNF- $\alpha$  诱导 HUVEC 产生的炎症反应。

## PO-0256

### 肺炎链球菌毒力基因表达差异性及大环内酯类耐药性分析

熊晓顺

南昌大学第二附属医院检验科

**目的** 探讨临床分离各表型肺炎链球菌毒力基因表达差异性及分析其青霉素和大环内酯类耐药性。

**方法** 收集不同来源的肺炎链球菌 111 株, 分为侵袭性组和非侵袭性组, 采用荚膜肿胀实验进行血清学分型, PCR 和荧光定量 PCR 检测 *psaA*、*ply*、*lytA*、*cbpA*、*nanA* 毒力基因, MIC 法检测药物敏感性并用 PCR 检测相关耐药基因 (PBP1A、PBP2B、PBP2X, *ermB*、*mefA*)。

**结果** 111 株肺炎链球菌共检出 24 个血清型/群, 流行血清型为: 19F、19A、14、23F、6A、6B。所有菌株 5 个毒力基因的携带率几乎均为 100%; 侵袭性菌株 *nanA*、*lytA*、*psaA*、*ply* 4 个毒力基因在转录水平上明显高于非侵袭性菌株, 此外 19F 和 6A/B 血清型中侵袭性菌株这 4 各毒力基因转录水平也高于非侵袭性组; *nanA*、*psaA*、*cbpA* 和 *ply* 在 3 型中的转录水平要高于其他血清型。血液与痰液标本来源的肺炎链球菌毒力基因转录水平有一定差异但无统计学意义, 脑脊液来源与血液、痰液比较, 转录水平明显增高, 肺炎链球菌青霉素总体非敏感率为 21.6%, 脑膜炎型高达 70%。红霉素和克林霉素耐药率达 91.1%, 主要携带 *ermB* 基因。

**结论** 常见 5 种毒力基因在肺炎链球菌中普遍存在, 但不同致病类型、不同血清型和不同来源菌株基因表达水平存在差异, 侵袭性的、3 型和脑脊液来源的菌株毒力较强, 且该地区肺炎链球菌青霉素和红霉素和克林霉素耐药率高, 尤其是脑膜炎肺炎链球菌, 应引起临床重视。

## PO-0257

### 耐碳青霉烯类抗生素肺炎克雷伯氏菌的耐药状况及其分子机理研究

刘德华

昆明市第一人民医院, 650000

**目的** 对昆明市第一人民医院 2016-2017 两年耐碳青霉烯类肺炎克雷伯氏菌的耐药状况及其分子机理进行研究。

**方法** 收集 2016-2017 年间昆明市第一人民医院临床分离的耐碳青霉烯类肺炎克雷伯氏菌 63 株, 采用 Vitek 2 compact 系统进行鉴定及药敏试验。用标准平皿二倍稀释法进行药敏结果复核。以上 63 株菌经改良的 Hodge 试验检测碳青霉烯酶, 经 KPC、IMP、NMD、OXA-48、CTX-M 基因座检测其分子耐药机理。

**结果** Vitek 2 compact 系统药敏结果显示头孢类抗生素、莫西沙星、厄它培南、亚胺培南、美洛培南、阿莫西林、氨曲南、丁胺卡那、环丙沙星、左氧氟沙星、庆大霉素等抗生素的耐药率为 95%-100%, 复方新诺明的耐药率为 76.2%, 四环素的耐药率为 11.1%。标准平皿二倍稀释法结果显示亚胺培南、美洛培南、头孢他啶的耐药率为 100%, 替加环素耐药率为 0。改良的 Hodge 试验检测碳青霉烯酶结果显示阳性率 92.1%。经 KPC、IMP、NMD、OXA-48、CTX-M 基因座检测结果显示检出 KPC-2 的阳性率 92.1%, IMP 阳性率为 1.6%。

**结论** 耐碳青霉烯类抗生素肺炎克雷伯氏菌对除替加环素、复方新诺明外其他抗生素耐药率均超 96%。改良 Hodge 试验对耐碳青霉烯类抗生素肺炎克雷伯氏菌中产碳青霉烯酶有较高检出

(92.1%)。所检菌株均不含有 NMD、OXA-48、CTX-M 基因座, IMP 基因检出较低(1.6%), KPC-2 基因分离占绝大多数(92.1%)。

## PO-0258

### 9 厂家 TSH 检测结果可比性

张顺利,王清涛

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 研究 TSH 各厂家检测结果可比性。

**方法** 在首都医科大学附属北京朝阳医院检验科收集 29 例 TSH 高中低浓度(0.081~87.656  $\mu\text{IU/ml}$ )患者检验完成后剩余血清。采用市场主流的 9 厂家检测仪器(西门子 ADVIA CENTAUR XP, 西门子 Immulite 2000, 罗氏 Cobas 601, 贝克曼 DXI800, 雅培 Architect i2000, 索灵 Liaison XL, 迈克 IS1200, 安图 Autolumo A2000 Plus, 利德曼 CI100, 新产业 Maglumi2000plus, 迈瑞 CL2000i)对以上样本连续检测 3 次,采用最小二乘法进行一般线性回归。

**结果** 以西门子 ADVIA CENTAUR XP 为对照系统,其他 8 方法为比对系统。斜率为 0.668~1.102,截距为-0.288~1.102,系统间 CV 中位值 13.39%,大于基于生物学变异度导出的中等 CV 要求(9.65%)。

**结论** TSH 各检测系统间差异较大,标准化/一致化现况不理想。

## PO-0259

### 血流感染大肠埃希菌 ST131 菌株的分子生物学特征分析

卢燕芳<sup>1,2</sup>,李彬<sup>2</sup>,兰芳俊<sup>3</sup>,徐两蒲<sup>1</sup>,吴志辉<sup>1</sup>,何清雯<sup>4</sup>

1.福建省妇幼保健院,350000

2.福建医科大学附属协和医院,350000

3.深圳市龙岗区妇幼保健院,518000

4.厦门市第二医院,361000

**目的** 了解福州地区某医院血流感染的大肠埃希菌 ST131 菌株的分子生物学特征,为预防和控制感染的暴发流行及其引起的感染性疾病的治疗提供依据。

**方法** 收集 2014 年 8 月至 2015 年 8 月该院临床分离血培养阳性大肠埃希菌 103 株,采用多重 PCR 技术对其进行系统发育分型,采用纸片扩散法进行药敏试验,通过 PCR 和多位点序列分型法(MLST)对 B2 型大肠埃希菌筛选出 ST131 型别,对其进行毒力基因和耐药基因检测。分析 ST131 和非 ST131 在毒力基因分布和耐药性的差异。

**结果** 103 株大肠埃希菌中 B2 型占 37.9%。12 株(30.8%)ST131 克隆株均属于 B2 型,其分为 O25b-ST131(83.3%, 10/12)和 O16-ST131(16.7%, 2/12)两种血清型。毒力基因 kpsMT K5 和 traT 在 ST131 克隆株的流行性显著高于 B2 型非 ST131( $P<0.05$ )。ST131 对氨曲南、头孢噻肟、头孢唑林、甲氧吡啶-磺胺甲噁唑和氟喹诺酮类药物(环丙沙星和左氧氟沙星)的耐药率 $>65\%$ ,并高于非 ST131 菌株,但差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 本地区某院血流感染的大肠埃希菌中存在强毒力和多重耐药的大肠埃希菌 ST131 克隆株,须高度重视。血流感染的大肠埃希菌 ST131 克隆株流行率低,主要包括 O25b-ST131 和 O16-ST131 两大类。本研究结果提示 O16-ST131 亚克隆可能是中国大肠埃希菌 ST131 的重要类型,须引起高度重视。未来的研究不该忽视 O16-ST131 亚克隆群。



PO-0260

## 基于质谱技术的鼻咽癌病理特征标志物研究

李悦,纪翔,熊丹,张秀明  
深圳市罗湖区人民医院

**目的** 采用超高效液相色谱-高分辨串联质谱联用仪 (UHPLC-HRMS/MS) 比较鼻咽癌 (nasopharyngeal carcinoma, NPC) 中后期患者与健康志愿者血清代谢谱差异, 实现未知化合物的筛选, 识别鼻咽癌的生物标志物。

**方法** 收集 III 期/IV 期鼻咽癌患者 30 例和正常对照组 30 例血清样本, 采用 UHPLC-HRMS/MS 对两组样本进行非靶向代谢组学分析, 通过正交过滤偏最小二乘方-判别分析 (OPLS-DA) 模型主成分分析寻找差异性表达代谢物。**结果** 鼻咽癌患者和对照组血清非靶向代谢组学具有明显差异, 共筛选并定性到 53 个差异性代谢物, 其中 49 个物质下降, 4 个物质上升。不考虑 OPLS-DA 模型第一主成分的 VIP 值时, 我们又筛选到 5 个下降的物质和 3 个上升的物质。

**结果** 鼻咽癌患者和对照组血清非靶向代谢组学具有明显差异, 共筛选并定性到 53 个差异性代谢物, 其中 49 个物质下降, 4 个物质上升。不考虑 OPLS-DA 模型第一主成分的 VIP 值时, 我们又筛选到 5 个下降的物质和 3 个上升的物质。

**结论** 研究比较发现 5 种代谢物可以作为区分正常人和鼻咽癌患者的病理特征标志物, 这种基于质谱技术的和 OPLS-DA 模型分析的代谢组学方法可以作为诊断鼻咽癌患者的可靠依据。

PO-0261

## Design of Rapid Bacterial Identification System based on Scattering of Laser Beam Light and Classification of Binned Plots

Zhiyang Li  
The Affiliated Drum Tower Hospital of Nanjing University Medical School

**Objective** The rapid detection and classification of bacterial pathogens have a vast range of applications specifically in the Clinical Lab, Intensive Care Unit (ICU), and the infectious disease department. The early identification of bacteria plays an important role in life sciences and health safety. Traditional microscopy examination requires a skilled person for crucial steps of isolation and culturing, which requires more time. There are different other techniques to identify bacteria by means of biochemical, molecular or immunological methods. However in spite of their high sensitivity, they require high quality reagents and bacteria culturing, making an overall process much expensive and time consuming. For the rapid identification of pathogens, different techniques are emerging in the field of biomedical engineering. This paper presents a Rapid Bacterial Identification System (RBIS) based on the measurement of laser light scattering as the beam interacts with bacterial cells suspended in water. The use of laser light scattering and classification of binned plots algorithm gives a new dimension for real time identification of different pathogens without any biochemical processing.

**Methods** Bacteria identification device consists of an assembly of photodetectors surrounded by bacterial sample at different angles. When the laser beam passes by the sample, the scattered light measured by the photodetectors in form of peaks. From the acquired data, the peak values were used to create 3D histograms to evaluate the frequency of occurrence. However, the identification is based on two dimensional binned plots, showing the frequency of occurrence of peak values across two photodetectors. The algorithm of the system consists of two parts: Library files and the Comparator. Library files contain data of bacterial species in form of binned plots,

while comparator compares the data of an unknown sample with saved files. The classification of sample depends on the maximum resemblance of the number of binned plots with a library files of bacteria species.

**Results** A clinical prototype for rapid bacterial identification was successfully designed and interfaced with the developed algorithm for data acquisition and bacterial classification. Initially, the system was tested and calibrated by acquiring data from an empty sample that contains distilled water only, and the acquired results show zero level signal. The classification of *Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli* gives mean accuracies of 81.8 %, 70.9 % and 71.4 %, respectively. The light scattering technology with a given comparator identification method shows promising results to classify three different bacteria pathogens.

**Conclusions** We believe that given laser light scattering system has potential for rapid and label-free identification of microbial pathogens. The binned plot algorithm requires less computational power and very simplistic statistical approach used for creating library files. Given technique is simple, robust, and flexible as compared to other methods and is potentially applicable to several biomedical areas. The proposed system can be applicable to future real time intelligent theranostic systems for diagnosing and treatment of pathogenic diseases.

## PO-0262

### 白内障患者外周血环状 RNA 差异表达谱的研究

杜红飞,许颖  
成都医学院第一附属医院

**目的** 筛选白内障患者外周血中差异表达的环状 RNA( circular RNA, circRNA), 并进行相关生物信息学分析, 为探究外周血 circRNA 在白内障发病中的作用提供研究基础。

**方法** 选取成都医学院第一附属医院已诊断为白内障患者 (n=3, 实验组) 和 3 例健康体检者 (n=3, 对照组) 作为研究对象, 运用 Arraystar circRNA 基因芯片技术检测实验组和健康对照组外周血中的 circRNA 表达谱, 并进行两组间差异分析, 筛选出差异表达的 circRNA。同时, 对差异 circRNA 进行生物信息分析及吸附相关的微小 RNA(microRNA, miRNA)预测

**结果** 所有标本提取的总 RNA 纯度和质量符合 circRNA 芯片检测要求, 如图 1 和表 1; 据基因芯片检测获得 circRNA 表达谱, 从中筛选出差异 circRNA 绘制成散点图, 图 2 所示; 与对照组比较, 实验组外周血中差异表达的 circRNA 共有 242 个(fold change 绝对值 $\geq 2.0$ ), 其中表达上调的有 100 个(fold change $\geq 2.0$ ), 表达差异 $>3$  倍的 9 个; 表达下调的有 142 个 (fold change $\leq -2.0$ ), 表达差异 $>3$  倍的 13 个, 见表 2, 表 3。对差异 circRNAs 生物信息学分析, 发现 circRNA 对与白内障相关的 miR-335-3p、miR-445 等可能具有 miRNA 海绵作用 (microRNA sponge)。

**结论** 白内障患者外周血与健康者外周血之间存在差异表达的 circRNA, 此类差异表达及和 miRNA 有结合位点的 circRNA 可能参与白内障的发病调控及成为一种新诊断和治疗白内障的生物学标志物。

## PO-0263

## 可增强 NK 细胞介导的 ADCC 的细胞因子筛选 及其在慢性 HIV 感染中的研究

郑佳佳<sup>1</sup>, 崔丽艳<sup>1</sup>, 沈弢<sup>2</sup>

1. 北京大学第三医院, 100000

2. 北京大学医学部, 100000

**目的** 抗体依赖性细胞介导的细胞毒效应 (antibody-dependent cellular cytotoxicity, ADCC) 在控制人类免疫缺陷病毒 1 型 (human immunodeficiency virus type-1, HIV-1) 疾病进展以及 HIV 疫苗免疫保护中发挥重要作用。本研究将系统筛选可增强 NK-ADCC 功能的细胞因子类型以及其在慢性 HIV 感染中的特征, 并分析在 ADCC 发生过程中, CD56<sup>+</sup>T 细胞影响 NK 介导 ADCC 效应的潜在机制。

**方法** 将 25 种重组人细胞因子分别与健康人 PBMC 预孵育后, 通过 P815 细胞抗原抗体复合物 (P815/Ab) 模式刺激和 CD16 单抗交联模式 (CD16 cross-linking) 刺激筛选出可显著增强 NK-ADCC 效应的细胞因子, 并采用 CFSE/PKH26 双染靶细胞评价 NK 细胞毒实验。通过 gp120 蛋白与精英控制者血浆结合后刺激 PBMC 以及细胞内因子染色技术评价上述细胞因子对 HIV 特异性 NK-ADCC 能力的增强效应; 并评价 NK 细胞、CD56<sup>+</sup>T 细胞及 T 细胞的脱颗粒能力以及分泌 IL-2 的情况。

**结果** 将 25 种重组人细胞因子分别与健康人 PBMC 预孵育后, 通过 P815 细胞抗原抗体复合物 (P815/Ab) 模式刺激和 CD16 单抗交联模式 (CD16 cross-linking) 刺激筛选出可显著增强 NK-ADCC 效应的细胞因子, 并采用 CFSE/PKH26 双染靶细胞评价 NK 细胞毒实验。通过 gp120 蛋白与精英控制者血浆结合后刺激 PBMC 以及细胞内因子染色技术评价上述细胞因子对 HIV 特异性 NK-ADCC 能力的增强效应; 并评价 NK 细胞、CD56<sup>+</sup>T 细胞及 T 细胞的脱颗粒能力以及分泌 IL-2 的情况。

**结论** IL-2、IL-15、IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  可以有效提升 NK-ADCC 及 HIV 特异性的 NK-ADCC 作用; ADCC 过程中 CD56<sup>+</sup>T 细胞可以分泌 IL-2 以增强 NK 细胞的 ADCC 作用。

## PO-0264

## 发生胎盘早剥的产妇妊娠期止血系统动态改变与产后出血

吴笛, 龚晨

北京大学第三医院, 100000

**目的** 胎盘早剥是发生产后出血重要危险因素, 本研究旨在研究发生胎盘早剥的孕妇在妊娠期止血功能的改变与正常妊娠是否有差异, 以及临产前止血功能检测是否有助于产后出血的预测和判断。

**方法** 连续入选 2013 年 12 月 1 日-2018 年 12 月 1 日在北京大学第三医院分娩诊断为胎盘早剥的孕妇, 同时根据年龄和孕周匹配正常妊娠孕妇作为对照。收集入选产妇的临床资料、产后结局及怀孕至分娩期间所有止血系统检查结果等数据。

**结果** 本研究连续入选诊断为胎盘早剥的产妇 152 人, 匹配正常妊娠产妇 268 人。胎盘早剥组 PT [10.00 (9.89-10.10) vs 9.86 (9.81-9.92),  $P=0.023$ ]、APTT [28.52(28.01-29.03) vs 27.10(26.84-27.35),  $P<0.001$ ] 和 TT [13.45(13.24-13.67) vs 12.88(12.78-12.97),  $P<0.001$ ] 在孕晚期显著高于正常妊娠组; 而纤维蛋白原在临产时低于正常妊娠组 [4.11 (3.94-4.28) vs 4.35 (4.28-4.43),  $P=0.011$ ]; FDP 和 D 二聚体在妊娠过程中都呈持续上升趋势, 但各期均与正常妊娠无显著差异。临产时仅 PT [(10.2 $\pm$ 1.3) vs (9.65 $\pm$ 0.53),  $P=0.020$ ] 和 FIB [(3.41 $\pm$ 1.29) vs (4.30 $\pm$ 0.94),  $P=0.001$ ]

在产后出血组与未出血组具有显著差异。ROC 分析显示, PT 和 Fib 预测判断产后出血的 AUC 分别为 0.632 (95% CI 0.517-0.748) 和 0.703 (95% CI 0.596-0.810)。

**结论** 发生胎盘早剥的孕妇妊娠期的止血系统改变与正常妊娠期的孕妇存在一定差异, 临产时的 PT 和 Fib 水平对胎盘早剥孕妇是否发生产后出血具有一定预测价值。

## PO-0265

### 新生儿高胆红素血症对血清乙肝病毒表面抗原化学发光法检测的影响及消除方法探究

史晓敏<sup>1</sup>, 任娜<sup>2</sup>

1. 北京大学第一医院, 100000

2. 北京市儿童医院

**目的** 以成人高胆红素血症为参照, 探讨新生儿高胆红素血症对血清乙肝病毒表面抗原化学发光法检测的影响及消除方法。

**方法** 病例对照研究。留取 2015 年 5 月至 12 月在北京市儿童医院出生, 并且血清总胆红素水平超过 205.2 $\mu$ mol/L (12mg/dl) 的高胆红素血症新生儿血清 130 例, 在 ARCHITECT i2000 操作系统上用化学发光法进行血清乙肝病毒表面抗原的检测, 将阳性血清进一步经 13000 rpm/min 高速离心或蓝光照射 8 小时后平行上机检测, 记录乙肝病毒表面抗原复测结果。其中复测阳性的血清行血清乙肝病毒 DNA 载量测定并查询患儿母亲乙肝病毒检测结果。同期留取北大医院血清总胆红素水平超过 205.2 $\mu$ mol/L 的成人血清标本 100 例作为参照, 比较成人与新生儿高胆红素血症对血清乙肝病毒表面抗原的测定是否存在差异。

**结果** 新生儿血清总胆红素水平均值 283.7 $\mu$ mol/L, 最低 201.8 $\mu$ mol/L, 最高 495.8 $\mu$ mol/L; 间接胆红素均值 238.4 $\mu$ mol/L, 最低 70.8 $\mu$ mol/L, 最高 465.3 $\mu$ mol/L。成人血清总胆红素水平均值 407.8 $\mu$ mol/L, 最低 206.4 $\mu$ mol/L, 最高 694.5 $\mu$ mol/L; 间接胆红素均值 141.4 $\mu$ mol/L, 最低 73.3 $\mu$ mol/L, 最高 257.0 $\mu$ mol/L。测定血清乙肝病毒表面抗原成人均为阴性, 新生儿有 5 例 (3.8%) 阳性。5 例血清中有 3 例经高速离心后乙肝病毒表面抗原分别由 0.07、0.10、1.1 (阳性) 下降为 0.02、0.01、0.02 (阴性), 另外两例仍保持阳性的血清再经 8 小时蓝光照射后复测乙肝病毒表面抗原由最初 0.06、0.53 下降为 0.02、0.05 (阴性)。

**结论** 新生儿高胆红素血症不同于成人, 以间接胆红素升高为主, 因其不溶于水常常造成血清乙肝病毒表面抗原化学发光法检测假阳性结果, 通过高速离心及蓝光照射的方法可以最大程度上消除血清间接胆红素对检测的干扰。

## PO-0266

### Serum anti-PLA2R antibody and glomerular PLA2R deposition in Chinese patients with membranous nephropathy: a retrospective study

Lu Pang, Hai-xia Li

Peking University First Hospital

**Objective** M-type phospholipase A2 receptor (PLA2R) is the major target antigen in primary membranous nephropathy (MN). Previous studies have evaluated the diagnostic value of serum anti-PLA2R antibody. However, the correlation of serum anti-PLA2R antibody and glomerular PLA2R deposition, and their association with clinical characteristics need to be further evaluated.

**Methods** In total, 960 inpatients who performed serum anti-PLA2R antibody measurement between August 2015 and December 2016 were initially reviewed retrospectively. The patients

who did not performed renal biopsy were excluded. Thus, 284 patients with renal biopsy proven MN and 427 patients with biopsy proven non-MN were included. Of all the MN patients, 83 patients were clinically ruled out for secondary MN. Therefore, 136 patients were selected as inception group because serum anti-PLA2R antibody and glomerular PLA2R antigen were simultaneously detected. We examined serum anti-PLA2R antibody by ELISA and glomerular PLA2R deposition by immunohistochemical staining in inception group.

**Results** Positive serum anti-PLA2R antibody and glomerular PLA2R deposition were seen in 58.8% (80/136) and 95.6% (130/136) patients respectively. ( $p < 0.001$ ) None of the patients with other glomerular diseases were positive for serum anti-PLA2R antibody. In our study, the specificity of serum anti-PLA2R antibody for PMN is 100% and the sensitivity is 58.8%. Although the Spearman's correlation coefficient is 0.18 ( $P = 0.109$ ), the high level of serum PLA2R antibody was related to the strong expression of glomerular PLA2R antigen. Proteinuria, serum total protein, serum albumin, serum creatinine and eGFR had significant differences between patients with serum anti-PLA2R antibodies and those without. There were no significant differences in any clinical biomarkers between glomerular PLA2R deposition-positive and -negative patients. Serum anti-PLA2R antibody levels were weakly correlated with serum albumin, serum creatinine, eGFR and proteinuria. Glomerular PLA2R deposition intensities were weakly correlated with serum total protein, serum albumin and proteinuria. Unexpectedly, there was a positive correlation between glomerular PLA2R deposition intensity and eGFR and a negative correlation between glomerular PLA2R deposition and Serum urea.

**Conclusions** Serum anti-PLA2R antibody is a more robust marker to predict disease activity and renal function decline than glomerular PLA2R deposition.

## PO-0267

### MicroRNAs 在肝癌早期诊断中的应用价值

郑通明

珠海市人民医院,519000

**目的** 探讨 MicroRNAs(miRNAs)在肝癌(HCC)早期诊断中的临床应用价值

**方法** 检索 2014 年 4 月 1 日至 2016 年 6 月 1 日期间 PubMed、Embase、万方、CNKI、中国生物医学文献数据库等收录的已发表文献,并辅以文献追溯、手工检索等方法收集相关杂志及会议论文中未发表的文献。使用 stata 统计分析软件进行实验统计,通过对文献中真阳性,假阳性,假阴性和真阴性四个指标的分析,从而获得研究的灵敏度、特异性、阳性似然比、阴性似然比以及诊断比值比(diagnostic odds ratio, DOR)等诊断效能评价。同时,绘制综合受试者工作特征曲线(summary receiver operating characteristic, SROC),并计算曲线下面积(AUC)和最大交点之间的敏感性和特异性

**结果** 共检索出 1619 篇文献,排除后总共有 9 篇<sup>[1-9]</sup>符合分析要求,进行 meta 分析,得出其灵敏度范围为 78.0%-89.1%,合并灵敏度为 84.3%;特异度范围为 80.7%-89.2%,合并特异度为 85.4%;阳性似然比范围为 4.232-7.935,合并阳性似然比为 5.795;阴性似然比范围为 0.127-0.265,合并阴性似然比为 0.183;诊断优势比范围为 17.144-58.230,合并诊断优势比为 31.595。

**结论** 联合检测 miRNAs 对 HCC 有较高的诊断价值,但仍需更多研究数据寻找具代表性 miRNAs 分子或其亚类。

## PO-0268

## 缺氧下 5-脂氧合酶在卵巢癌中的表达及意义

刘慧<sup>1</sup>, 邹明瑾<sup>1</sup>, 杨咏梅<sup>1</sup>, 张欣<sup>1</sup>, 张义<sup>1</sup>, 王传新<sup>2</sup>

1. 山东大学齐鲁医院, 250000

2. 山东大学第二医院, 250000

**目的** 检测缺氧环境下 5-LOX 在卵巢癌组织及细胞中的表达及与临床参数间的关系, 探讨其在卵巢癌发生发展及治疗中的意义。

**方法** 采用免疫组化检测 56 例卵巢癌患者组织中 5-LOX 与 HIF-1 $\alpha$  的表达, 并分析 5-LOX 与卵巢癌临床参数之间的关系。体外将人卵巢癌 SKOV3 细胞在缺氧环境下培养 0h, 12h, 24h, 48h 后, 分别提取 RNA 和蛋白, 用 qRT-PCR 检测 5-LOX 在 mRNA 表达水平的变化; 用 Western blot 检测 5-LOX 在蛋白水平的变化; 用 ELISA 检测缺氧环境下卵巢癌细胞 5-LOX 代谢产物 5-HETE 的变化。

**结果** 免疫组化显示 5-LOX 与 HIF-1 $\alpha$  的表达具有明显的相关性, 其表达水平与患者的淋巴结转移、远处转移和临床分期密切相关, 而与年龄和分化程度无相关性; 在缺氧条件下培养 0h, 12h, 24h, 48h 后, SKOV3 细胞的 5-LOX 在转录和蛋白水平均表达升高; 缺氧条件下卵巢癌细胞培养上清的 5-HETE 较常氧的明显升高。

**结论** 缺氧能够促进卵巢癌 5-LOX 的表达及增加代谢产物 5-HETE 的产生, 提示 5-LOX 可作为治疗卵巢癌的潜在靶点, 这为卵巢癌的发病机理研究和诊治提供了新的思路与方法。

## PO-0269

## Th17、Th1 和 Tc1 细胞亚群在溃疡性结肠炎患者中的变化及意义

董召刚, 张义

山东大学齐鲁医院, 250000

**目的** 通过检测溃疡性结肠炎患者外周血 Th17、Th1 和 Tc1 细胞亚群及细胞因子, 探讨三种细胞亚群在溃疡性结肠炎不同病期中的变化, 探讨其在发病机制中的意义。

**方法** 收集我院就诊溃疡性结肠炎患者 32 例, 同时收集 15 例健康者作为对照。清晨空腹采集静脉血后加入 PMA、离子霉素、莫能霉素(终浓度 25 ng/mL、1 pg/mL、1.7 $\mu$ g/mL), 37 $^{\circ}$ C 培养 4 小时。抗体孵育后, 流式细胞仪检测 Th17 (CD3+CD8-IL-17 $^{+}$ )、Th1 (CD3+CD8-IFN- $\gamma$  $^{+}$ )、Tc1 (CD3+CD8+IFN- $\gamma$  $^{+}$ )。ELISA 检测血浆中 IL-17 及 IFN- $\gamma$  水平, Westergren 法检测红细胞沉降率, 免疫透射比浊法检测 C 反应蛋白。

**结果** 溃疡性结肠炎急性期患者 Th17 细胞 (3.26 $\pm$ 0.26%) 显著高于缓解期 (1.49 $\pm$ 0.35%) 及对照 (1.01 $\pm$ 0.12%)。急性期患者 Th1 细胞 (21.68 $\pm$ 2.85%) 高于缓解期 (12.08 $\pm$ 2.65%) 及对照 (9.72 $\pm$ 1.61%)。急性期患者 Tc1 细胞 (20.93 $\pm$ 3.21%) 高于缓解期 (12.05 $\pm$ 1.89%) 及对照 (10.37 $\pm$ 1.97%)。溃疡性结肠炎患者 Th1 分别与 Th17 ( $r=0.58$ ,  $P=0.01$ )、Tc1 ( $r=0.69$ ,  $P<0.01$ ) 显著正相关, Th17 与 Tc1 未发现相关性 ( $r=0.04$ ,  $P=0.88$ )。血浆 CRP 与 Th17 显著相关 ( $P<0.05$ ), 但与 Th1 和 Tc1 不相关性 ( $P>0.05$ )。IL-17 水平急性期 (91.44 $\pm$ 12.37 pg/mL) 显著高于缓解期 (73.28 $\pm$ 7.42 pg/mL) 及对照 (62.37 $\pm$ 5.94 pg/mL); IFN- $\gamma$  在三组中表达无显著差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** Th17 细胞与 Th1 和 Tc1 细胞协同作用参与溃疡性结肠炎发生发展。本研究将进一步阐明溃疡性结肠炎发生发展机制, 同时为其治疗提供新策略。

## PO-0270

**乙肝表面抗原通过 IDO 抑制 CD4/CD8T 细胞增殖**

王森

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 乙型肝炎病毒是一种严重危害人类健康的病原体。临床上使用的核苷类药物及干扰素治疗慢性乙肝效果有限。因此进一步研究乙肝患者慢性感染的分子机制进而寻找新的治疗靶点并开发新的治疗药物具有重要的意义。乙肝患者体内大量存在的 HBsAg 被认为可能引起外周免疫耐受, 已有大量研究表明 HBsAg 可以抑制天然免疫系统而促进 HBV 形成慢性感染, 但 HBsAg 是否可影响 T 细胞的增殖和激活还不明确。

**方法** HBsAg 处理健康人外周血 PBMC 细胞, 使用 CD3/CD28 抗体刺激 T 细胞增殖, CFSE 方法检测 HBsAg 对 T 细胞增殖的影响。Elisa 方法检测细胞培养上清中细胞因子的表达水平。HBsAg 处理 PBMC 和单核细胞, 基因芯片筛选 HBsAg 上调基因。定量 PCR 及 Western 方法验证 HBsAg 上调分子。

**结果** HBsAg 可显著抑制 CD4 及 CD8T 细胞的增殖, 基因芯片发现 HBsAg 可以上调 T 细胞抑制分子吡啶胺 2,3 双加氧酶 (IDO) 的表达, 定量 PCR 及 Western 方法证明 HBsAg 可在 mRNA 水平和蛋白水平上调 IDO 的表达。使用 IDO 的抑制剂 1-MT 预处理 PBMC 后, HBsAg 抑制 T 细胞增殖的能力可在一定程度上削弱。

**结论** HBsAg 可通过 IDO 抑制 T 细胞的增殖, 可能在乙肝慢性化中发挥重要的作用。

## PO-0271

**Evaluation of autoantibodies to M-type phospholipase A2 receptor as a Biomarker of disease activity and severity in primary membranous nephropathy**

Zhiyan Li, Zhenru FENG

Peking University First Hospital

**Objective** To investigate the clinical significance of serum anti-phospholipase A2 receptor (Anti-PLA2R) antibody in the diagnosis, disease activity and prognosis evaluation of idiopathic membranous nephropathy (IMN).

**Methods** Serum anti-PLA2R antibodies were detected by IIF in 97 patients with IMN (including 57 male and 40 female patients, mean age 51 years), 37 secondary membranous nephropathy (SMN) patients, 50 disease controls and 40 healthy controls. The clinical data and renal pathology of the patients were collected, and the urinary protein, serum albumin content and remission time of the patients were followed up. The levels of Anti-PLA2R in serum were compared with those of IgG, albumin, total protein, serum creatinine and urinary protein in the disease group. Some patients were followed up to observe the relationship between the titer of serum anti-PLA2R antibody and the remission time and remission rate.

**Results** Among 97 patients with IMN, 81 patients were positive for anti-PLA2R antibody, the positive rate was 83.51%, and 37 cases of secondary membranous nephropathy were positive, the positive rate was 35.14%, and the other groups were negative. There was a statistically significant difference in the positive rate ( $p < 0.000$ ). For patients with IMN, the urinary protein and albumin levels were divided into nephrotic syndrome group and non-nephrotic syndrome group. The positive rates of anti-PLA2R antibody were 85.92% (61/71) and 76.92% (20/26), respectively. There was no significant difference ( $p=0.756$ ). The titer of serum anti-PLA2R antibody was positively correlated with platelet count and 24-hour urinary protein quantity, while albumin and total protein were negatively correlated. The follow-up results showed that the

remission rate of patients with high titer of anti-PLA2R antibody was lower than that of patients with low titer, and the remission time was longer.

**Conclusions** Serum anti-PLA2R antibody can be used as a good indicator for the diagnosis of IMN serology. The combined detection of anti-PLA2R antibody and renal function related indicators plays an important role in reflecting the disease activity, and the anti-PLA2R antibody titer of IMN patients can be used for evaluation of treatment prognosis.

## PO-0272

### 胃蛋白酶原在萎缩性胃炎筛查中的临床应用价值评估

李志艳,冯珍如,王驰,王化虹  
北京大学第一医院,100000

**目的** 评价血清胃蛋白酶原 (pepsinogen, PG) 用于萎缩性胃炎 (atrophic gastritis, AG) 筛查的临床价值, 确定适合我国人群的最佳筛选临界值和筛查方案。

**方法** 入选因消化道症状到我院消化门诊及病房就诊并行胃镜检查的患者, 根据内镜检查和胃黏膜组织学检查结果对受试者进行分组, 以病理结果为判断 AG 金标准, 采用受试者工作曲线 (receiver operator characteristic curve, ROC 曲线) 比较 PG I、PG I/PG II 比值、CEA、CA72-4、CA19-9 和 CA242 用于 AG 筛查中的价值。

**结果** 共入选受试者 323 例, 分为正常对照组 (148 例)、慢性非萎缩性胃炎组 (53 例)、萎缩性胃炎组 (95 例, 分为轻度萎缩 48 例、中度萎缩 34 例和重度萎缩 12 例)、胃溃疡组 (17 例) 及胃癌组 (10 例)。因胃癌组病例数少, 未对该组进行统计学分析, 慢性非萎缩性胃炎组、萎缩性胃炎组及胃溃疡组与正常对照组间年龄、性别、血清 CA724、CA242、CA19-9 及 CEA 的差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。PG I 及 PG I/PG II 比值在萎缩性胃炎组显著低于正常对照组和慢性非萎缩性胃炎组 ( $P<0.05$ )。随胃粘膜萎缩严重程度的增加 PG I 及 PG I/PG II 比值逐渐降低, 但组间比较差异无统计学意义 ( $P=0.057$  和  $P=0.200$ )。PG I/PG II 比值和 PG I 对 AG 具有较好的筛选价值, ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.871 和 0.725, 大于目前常用的指标 CA72-4、CA242、CEA 和 CA19-9 的 AUC, 差异具统计学意义 ( $P<0.05$ )。PGI/PG II 比值和 PG I 筛选 AG 的最佳临界值分别为  $<5.72$  和  $<58.6$  ng/ml, 此时筛选的敏感度和特异度分别为: PGI/PG II 比值为 91.4% 和 65.1%, PG I 为 81% 和 52.8%。综合考虑, 推荐采用 PGI/PG II 比值  $<5.72$  作为判断标准筛选 AG, 敏感度可达到 91.4%, 特异度为 65.1%。

**结论** 血清 PG I 及 PG I/PG II 比值可用于临床筛选 AG 患者, 不仅有助于早期识别胃癌高风险个体, 还能减少不必要的侵入性检查对患者带来的伤害。与传统的胃部肿瘤标志物相比, 血清 PG I 及 PG I/PG II 比值在筛选 AG 上具有更高的敏感度和特异度。

## PO-0273

### 循环滤泡辅助性 T 细胞在 HIV 感染中的作用

闫会敏  
石家庄市第五医院,050000

**目的** CD4 T 细胞数量和功能的减少是 HIV 感染的主要免疫学特征, 淋巴组织 GC 内的滤泡辅助性 T (Tfh) 细胞是 HIV 病毒的主要储存库, 可能在 HIV 感染中起重要作用, HIV 病毒的存在可能驱使 Tfh 细胞的分化和扩增, 以利于 HIV 的存活和复制。本研究旨在探讨 HIV 感染对外周 Tfh 亚群的影响。

**方法** 收集 33 名 HIV 感染者和 22 名健康人的外周血, 病例组纳入标准是经 ELISA 和 western 印迹分析, HIV 感染状况为 HIV-1 阳性, 排除接受抗病毒治疗的患者、孕妇、儿童。健康对照组是从定



期体检的参与者中招募的, 纳入标准是对 HIV 呈阴性, 肝功能正常且没有任何慢性病史。收集研究对象外周血, 流式细胞技术检测 CD3, CD4, CD8 的百分比和绝对值, 及外周 Thf 细胞亚群的百分比, pearson 相关分析 Thf 细胞亚群与 CD4+ T 细胞的关系。

**结果** 病例组与对照组间 CD3 细胞百分数无差别, 而 CD4 细胞在病例组中明显降低, CD8 细胞升高, CD4 与 CD8 的比值下降; 在外周血 Thf 细胞亚群中, CD4 + CXCR5 +T 细胞在病例组和对照组中无差别, 而 CD4+CXCR5+ICOS+ (ICOS+ Tfh), CD4+CXCR5+PD-1+ (PD-1+ Tfh), CD4+CXCR5+ICOS+PD-1+ (ICOS+PD-1+ Tfh)细胞均高于对照组。经 pearson 相关分析显示, PD-1+ Tfh 亚群的百分比与 CD4 T 细胞计数呈负相关, 表明 PD-1 在 Tfh 细胞上的表达与 HIV 感染进展之间存在密切关联。

**结论** Tfh 细胞亚群失调可能在 HIV 感染的进展中起重要作用, 对 Thf 细胞进一步研究可能会为治疗提供新的方向。

## PO-0274

### T 细胞亚群计数在 HIV/AIDS 患者治疗中作用的研究

闫会敏

石家庄市第五医院,050000

**目的** 通过观察 HIV/AIDS 患者治疗前及治疗期间 T 细胞亚群的动态变化, 探讨其在 HIV/AIDS 患者的病情进展及疗效观察中的临床应用价值。

**方法** 选取在我院首次接受抗病毒治疗的 HIV/AIDS 患者作为研究对象, 随访 12 个月。采用回顾性方法记录患者的一般情况, 包括性别、年龄、婚姻状况、感染途径、T 细胞亚群计数等, 采用线性模型重复测量方差分析 T 淋巴细胞的变化趋势, Logistic 回归进行危险因素分析。

**结果** 2015 年累计治疗 128 例艾滋病患者, 多为男性, 年龄以青壮年为主, 感染途径主要为男男性行为。HARRT 治疗开始后随访 12 个月, 结果显示随着治疗时间的延长, CD4+T 淋巴细胞计数逐渐上升, 且在治疗前 3 个月时上升最快, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。CD8+T 淋巴细胞计数随着治疗时间的延长, 基线 CD4+T 淋巴细胞计数 $>200$  的患者先下降后缓慢上升, 基线 CD4+T 淋巴细胞计数 $<200$  的患者先升高后下降, 之后缓慢上升, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。随访 12 个月 CD4/CD8+T 淋巴细胞计数变化采用重复测量方差分析, 随着治疗时间的延长, 比值逐渐上升 ( $P<0.05$ )。采用 logistic 回归分析, 发现基线 CD4+T 淋巴细胞计数水平是影响 HIV/AIDS 治疗效果的主要因素。

**结论** HIV/AIDS 患者在经抗病毒治疗后 CD4+T 淋巴细胞计数上升, 但基线 CD4+T 淋巴细胞可影响其升高程度, 基线 CD4T 淋巴细胞计数越高, 免疫重建效果越好。

## PO-0275

### 204 例 IgG4 相关性疾病的临床特征及实验室检查

马荣

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 通过分析 204 例 IgG4 相关性疾病 (IgG4-RD) 患者的临床特征及实验室指标, 旨在提高患者的诊断水平。

**方法** 回顾性分析 2016 年 4 月~2018 年 2 月在大连医科大学附属二院住院的 204 例 IgG4-RD 患者的实验室指标及受累器官特点情况, 采用 SPSS 20.0 软件进行统计学分析。

**结果** 204 例 IgG4-RD 患者的最常见的首发症状为淋巴结肿大 (25.00%), 颌下腺肿大 (14.22%) 和泪腺肿大 (13.24%), 其他为腮腺肿大、腹痛、黄疸、关节痛、皮肤瘙痒、腰痛、发热、咳嗽、恶心与呕吐、下肢水肿和鼻塞依次为 12.75%、9.80%、5.88%、4.90%、3.92%、

2.94%、2.45%、2.45%、0.98%、0.98%、0.49%。最常见的器官受累为淋巴结（28.92%）和颌下腺（21.57%），其他器官受累依次为关节、肺脏、胃肠道、泪腺、胰腺、腮腺和皮肤，其百分比分别为 14.71%、13.24%、11.76%、9.80%、8.82%、8.82%、7.84%，少见受累器官包括腹膜后组织、肾脏、胆道、甲状腺、前列腺、垂体依次为 3.43%、3.43%、2.94%、2.94%、1.96%、0.49%。多数患者有多器官受累，三个及三个以上器官受累达到 71.56%，2 个器官受累达 19.12%，单个器官受累仅为 9.32%。实验室检查指标：IgG、IgG4、IgE、C3、ESR、CRP、ANA 与健康对照组比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），IgM、IgA、C4、RF 和抗 ENA 抗体谱与健康对照组比较差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。

**结论** IgG4-RD 是一种多器官受累的慢性炎症伴纤维硬化性疾病，常常伴有 IgG、IgG4、ESR、CRP、IgE 水平的升高以及 C3 的降低，通过检测其水平的变化，提高 IgG4-RD 的诊断率，防止误诊和漏诊。

## PO-0276

### 一中国 Alport 综合征家系中剪接突变的发现及致病性分析

吕幸,李晓军

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 对中国一 Alport 综合征家系进行基因变异检测，并对发现的基因变异进行致病性分析。

**方法** 采用目标序列捕获芯片联合高通量测序技术对先证者进行基因变异检测，应用 Sanger 测序技术对可疑位点进行家系验证，通过体外 Mini 基因实验分析基因变异对 pre-mRNA 剪接过程的影响。

**结果** 先证者检测出一个新的 COL4A5 基因变异 c.2767G>T，Sanger 测序验证此变异在家系中与疾病呈现共分离。在蛋白水平上，这种变异被认为是一种错义突变（p.Gly923Cys），然而体外 Minigene 实验表明，此突变导致 COL4A5 基因 32 号外显子缺失。

**结论** 本研究发现了一个新的 COL4A5 基因突变 c.2767G>T（p.Gly923Cys），丰富了 Alport 综合征突变谱；Minigene 实验证实该突变实际为剪接突变，可导致 COL4A5 基因 32 号外显子缺失。

## PO-0277

### Gly156Ser 与 Arg277Cys 复合杂合突变导致的遗传性凝血因子 VII 缺陷症家系基因分析

毕晓洁,朱倩,苏正仙,金先富,黄道超,张慧斐,沈波

浙江省台州医院,318000

**目的** 对 1 个 3 代 9 人的遗传性凝血因子 VII（FVII）缺陷症家系进行表型和 FVII 基因突变分析，探讨其分子发病机制。

**方法** 检测先证者及其家系成员凝血酶原时间（prothrombin time, PT）、活化部分凝血活酶时间（activated partial thromboplastin time, APTT）、凝血酶时间（thrombin time, TT）、纤维蛋白原（FIB）、血浆 FVII 活性（FVII:C）等来明确诊断。PCR 扩增先证者全部外显子及其侧翼序列、5' 和 3' 非翻译区及家系成员相应的突变位点区域，PCR 产物纯化后直接测序，寻找突变位点，以反向测序验证所发生的突变；使用生物信息学软件（PolyPhen-2 和 MutationTaster）预测突变位点对蛋白质功能的影响。

**结果** 先证者 PT（23.8s）和 FVII:C（8%）明显异常；基因分析显示先证者 FVII 基因 5 号外显子存在 c.466 G>A 杂合突变，导致其编码的 156 位氨基酸发生 Gly156Ser 错义突变；8 号外显子存在 c.1009 C>T 杂合突变，导致其编码的 277 位的氨基酸发生 Arg277Cys 错义突变。先证者及其父母

也存在 FVII 第 5 号、8 号外显子突变, 怀疑为遗传性 FVII 缺陷症, 有致病性, FVII 基因氨基酸改变后分子量及结构发生改变, 可能对凝血作用产生影响。

**结论** 该家系 FVII 基因存在 Gly156Ser 与 Arg277Cys 复合杂合突变, 是引起 FVII 缺陷症的主要分子机制, 推测先证者突变基因分别遗传自其父母。

PO-0278

## 外膜囊泡调控高毒力肺炎克雷伯菌的铁获取机制的初步研究

蓝优

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 探究铁缺乏和铁充足环境下培养的高毒力肺炎克雷伯菌 (hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*, HVKP) 和普通肺炎克雷伯菌 (classic *Klebsiella pneumoniae*, cKP) 外膜囊泡 (outer membrane vesicles, OMVs) 释放量及其内含蛋白组分的差异, 筛选铁获取相关效应蛋白并初步分析可能的 HVKP 铁获取相关毒力机制。

**方法** 采用超速离心法对铁缺乏和铁充足环境下 HVKP 和 cKP 分泌的 OMVs 进行分离纯化, 透射电子显微镜对 OMVs 进行鉴定。利用质谱技术对 OMVs 中的蛋白组分进行鉴定及定量。

**结果** 比较不同环境下 OMVs 释放量的差异, 发现 HVKP 在铁缺乏环境下分泌的 OMVs 数量明显多于铁充足环境下分泌的 OMVs, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。比较相同环境下 HVKP 和 cKP OMVs 释放量的差异, 发现在铁缺乏环境下, HVKP 菌株分泌的 OMVs 数量多于 cKP 菌株分泌的 OMVs, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。OMVs 蛋白质组学分析在 4 个样本中共鉴定出 1074 个蛋白, 比较 HVKP 铁缺乏和铁充足环境下分泌的 OMVs 蛋白组, 308 个蛋白在铁缺乏环境下差异表达上调, 其内包含 17 种铁获取运输系统相关蛋白及 6 种细菌 VI 型分泌系统 (Type VI secretion system, T6SS) 相关蛋白。比较 cKP 铁缺乏和铁充足环境下分泌的 OMVs 蛋白组, 259 个蛋白在铁缺乏环境下差异表达上调, 其内包含 5 种铁获取运输系统相关蛋白。

**结论** 根据以上研究结果我们推测在铁缺乏环境下, OMVs 直接或间接地参与了 HVKP 的铁获取机制。HVKP 强于 cKP 的铁获取能力, 也极有可能与 OMVs 有一定关联。

PO-0279

## psm-mec 对表皮葡萄球菌起始粘附能力和 eDNA 释放的影响

杨永长, 胡洪华, 喻华, 黄文芳

四川省医学科学院·四川省人民医院, 610000

**目的** 分析 psm-mec 对表皮葡萄球菌起始粘附能力和 eDNA 释放的影响, 探讨其形成生物被膜的机制。

**方法** 利用穿梭质粒 pLI50 构建 psm-mec 过表达株 p221 (mRNA 和蛋白均表达), 采用染色法和平板菌落计数法检测 p221 菌株起始粘附能力, 分析其与 psm-mec 诱导生物被膜的关系。观察 DNase I 对 p221 菌株生物被膜的影响, 分析 p221 菌株生物被膜中 eDNA 的变化。

**结果** 根据 psm-mec 序列和质粒 pLI50 的酶切位点, 在 psm-mec 过表达片段两端引入酶切位点, 双酶切后连接至质粒 pLI50, 经筛选得到重组质粒 p221。质粒电转 *S. aureus* RN4220 进行修饰, 再电转 *S. epidermidis* ATCC12228 后筛选获得 p221 菌株。采用 PCR 和 Real time PCR 对筛选菌株在 DNA 和 RNA 水平进行了验证。通过结晶紫染色法和半固体平板菌落计数法分析了 p221 菌株对聚苯乙烯平板的起始粘附能力。结果显示, p221 菌株起始粘附能力与 ATCC12228 菌株无明显

差异。在无 DNase I 的培养基中,与 ATCC12228 相比,p221 菌株均能形成生物被膜。DNase I 的添加几乎完全消除了 p221 菌株生物被膜形成能力。通过荧光定量 PCR 扩增检测 p221 菌株生物被膜中 *leuA*、*lysA*、*gyrA* 和 *serp0306* 基因水平来反映生物被膜中 eDNA 含量,结果显示,与 ATCC12228 相比,p221 菌株生物被膜中 eDNA 量明显增加。

**结论** *psm-mec* 不改变表皮葡萄球菌起始粘附能力,但可增加其 eDNA 含量,从而影响生物被膜的形成。

## PO-0280

### High mucin 5AC expression predicts adverse postoperative recurrence and survival of patients with clear-cell renal cell carcinoma

Haijian Zhang

Affiliated hospital of Nantong University

**Objective** Mucin 5AC (MUC5AC), as a member of secreted/gel-forming mucin family, was frequently found to be abnormally expressed in inflammation or malignant diseases. However, the clinic pathologic features and prognostic values of MUC5AC in clear-cell renal cell carcinoma (ccRCC) have not been reported up to now.

**Methods** MUC5AC expression was analyzed by immunohistochemistry on tissue microarrays. Kaplan-Meier survival curves, Univariate and Multivariate Cox analysis and newly-established nomogram model were performed to evaluate the prognostic value.

**Results** MUC5AC expression was firstly found to be up-regulated in patients with ccRCC, positively associated with tumor size, pN stage, lymphovascular invasion, Fuhrman grade, rhabdoid differentiation, sarcomatoid features, tumor necrosis, ECOG-PS and recurrence. Furthermore, MUC5AC expression might be contributed to risk stratification of ccRCC patients with TNM stage III+IV or Fuhrman grade 3 or 4 for overall survival (OS) and recurrence-free survival (RFS) analysis, and it was demonstrated to be negatively correlated with OS and RFS of ccRCC patients. What's more, MUC5AC was identified as a potential independent adverse prognostic factor; prediction accuracy of MUC5AC-based new nomogram model was drastically improved for OS and RFS of ccRCC patients.

**Conclusions** MUC5AC is a promising independent adverse prognostic factor for ccRCC patients, it maybe conducive to postoperative risk stratification and guide treatment in the future.

## PO-0281

### 利伐沙班血药浓度对狼疮抗凝物质检测的影响

杜青青,王学锋

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 利伐沙班(RIV)作为一种高选择性直接抑制活化凝血因子 X (FXa) 的口服抗凝药,对临床中动静脉血栓疾病起到预防和治疗的效果;狼疮抗凝物质(LAC)为一种抗磷脂成分的病理性自身抗体,常伴发于系统性红斑狼疮(SLE)等自身免疫病并可直接导致抗磷脂综合征,因其检测依赖于凝血法,所以检测结果会受到抗凝药物的干扰。本课题旨在研究 LAC 阴性的血栓病患者接受利伐沙班(RIV)治疗后检测 LAC 的假阳性结果发生率并比较 RIV 不同的血药浓度对 LAC 检测影响程度。

**方法** 收集服用 RIV 抗凝治疗的患者血浆作为标本,LAC 的检测方法为稀释罗素蛇毒试验(dilute Russell's viper venom time, dRVVT)筛选和确认试验、活化部分凝血活酶时间(aPTT)筛选和确

认试验, 两种方法的最终结果用筛选试验得出的比率除以确认试验得出的比率, 即归一化比率 (NR) 表示。RIV 浓度以抗 Xa 活性检测结果计算转化而来。

**结果** 标本 (n=63) 的 RIV 血药浓度在 9-122ng/mL 范围内, dRVVT 和 aPTT 试验均存在假阳性结果现象, RIV 浓度与 LAC 检测试验时间的延长存在相关性, dRVVT 比 aPTT 试验所受影响的程度更明显。在 RIV 浓度>80ng/mL 分组 (n=6) 中, dRVVT 和 aPTT 筛选试验呈现 100% 延长, 6 位患者 (100%) 的 dRVVT NR 均呈假阳性结果, RIV 浓度 35-80ng/mL 分组 (n=12) 中 dRVVT 筛选试验只有 1 位患者呈阴性结果, 0-35ng/mL (n=45) 分组中近半数 (40%) 患者 dRVVT NR 为假阳性。

**结论** RIV 对 LAC 检测存在干扰作用使 LAC 呈假阳性结果, RIV 血药浓度与 LAC 检测假阳性风险存在正相关关系, 临床工作中应避免患者服用 RIV 期间检测 LAC, 尤其是在药物浓度峰值期, 以避免误诊。

## PO-0282

### 外泌体用于卵巢癌诊断及预后监测的研究进展

韩红霞, 任建平

山西省中医药研究院山西省中医院, 030000

**目的** 阐述检测血液尿液及肿瘤细胞中的外泌体 miRNA 与卵巢癌的早期筛查、确诊、分类、及疗效判断的关系, 为相关疾病的防治及诊断提供依据。

**方法** 检索近十年来国内外相关研究文献, 对检测血液尿液及肿瘤细胞中的外泌体 miRNA 与卵巢癌的早期筛查、确诊、分类、及疗效判断的研究现状进行总结分析。

**结果** 外泌体 (exosome) 起源于活细胞分泌的多泡体 (multivesicular body, MVB), 是一种具有脂质双分子层结构、直径在 40~100 nm 之间的纳米级囊泡。卵巢癌细胞的外泌体能伴随肿瘤细胞进入血液循环, 从而在外周血中可检测到卵巢癌的外泌体。因此检测血液尿液及肿瘤细胞中的外泌体 miRNA、蛋白质、肿瘤标志物等, 对卵巢癌的早期筛查、确诊、分类、及疗效判断有重要意义。

**结论** 检测血液尿液及肿瘤细胞中的外泌体 miRNA、蛋白质、肿瘤标志物等, 对卵巢癌的早期筛查、确诊、分类、及疗效判断有重要意义。

## PO-0283

### 重庆地区 0-15 岁儿童血清碱性磷酸酶参考范围的探讨

刘萍, 孟凡飞

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 探讨建立重庆地区 0-15 岁儿童血清碱性磷酸酶 (alkaline phosphatase, ALP) 的参考范围。

**方法** 随机选取 2017 年 1 月至 2019 年 1 月本院 15 岁以下健康体检儿童 3200 例, 采用 BECKMAN AU5800 系列全自动生化分析仪对其血清碱性磷酸酶进行检测。根据年龄大小将健康体检儿童按性别、年龄各分为 5 组, 依次为 0-3 岁组、4-6 岁组、7-9 岁组、10-12 岁组、13-15 岁组, 进行组间对比分析。非参数方法计算参考值的 2.5 百分位数和 97.5 百分位数, R 语言计算 90% 置信区间。不同性别 ALP 水平比较采用 t 检验, 不同年龄 ALP 水平比较采用方差分析, 用 LDS 法进行组间的两两比较。

**结果** 与健康成人参考范围比较, 15 岁以下儿童血清碱性磷酸酶均值明显高于成人, 0-6 岁阶段 ALP 水平与性别无明显相关性 ( $P>0.05$ ), 而 6 岁以上男女组差异有统计学意义, 女性下降较早与男性。

**结论** 重庆地区儿童 ALP 水平明显高于成人, 且随着儿童骨骼成长发育出现不同程度的变化。因此建议各地区实验室应结合临床实际情况, 建立儿童不同年龄组, 不同性别的碱性磷酸酶参考范围很。

PO-0284

### 3 例遗传性血小板无力症家系病例的突变分析

甘芳宴, 苗林子, 屈晨雪, 龚岩, 陆遥, 由然, 高丙晶, 李涛, 郭帅  
北京大学第一医院, 100000

**目的** 运用生物信息学软件探讨 3 个遗传性血小板无力症家系的分子发病机制, 为体外实验提供依据。

**方法** 收集自 2007 年以来在我院通过实验室检查确诊的 3 个遗传性血小板无力症家系的临床资料, 采用二代高通量测序法进行遗传性血小板出血性疾病相关的 44 种基因突变筛查, 用一代测序法检测对突变基因进行验证。采用 ClustalX-2.1-win 软件分析突变位点同源序列保守性; 采用 PolyPhen-2、PROVEAN、SIFT、MutationTaster 等四个在线预测软件分析突变位点危害性; 采用 spdbv 软件构建突变蛋白结构模型, 分析突变位点对蛋白质结构影响。

**结果** 3 个血小板无力症家系发现“新突变”为 ITGA2B:c.814G>C (p.Val272Leu)、ITGA2B:c.432G>A (p.Trp144Ter) 及 ACTN1:c.2458A>G (p.Ile820Val)。3 个突变位点均在同源物种间高度保守。MutationTaster 预测结果显示 3 个新突变均有可能致病, PolyPhen-2 和 PROVEAN 预测结果显示 ITGA2B p.Val272Leu、ACTN1 p.Ile820Val 为良性的, SIFT 预测结果显示 ITGA2B p.Val272Leu 为有害的, 而 ACTN1 p.Ile820Val 为良性的。突变蛋白质结构分析显示 ITGA2B Val272 突变为 Leu 后, 原有氢键全部消失。ITGA2B Trp144 突变为 Ter 后形成仅剩 113 个氨基酸残基的截短蛋白。2 个突变均引起 GPIIb 分子结构改变, 导致 GPIIb/IIIa 表达减低。ACTN1 Ile820 突变为 Val 后, 仅保留 Ile820 与 Asp822 的氢键, 其余氢键消失, 引起 ACTN1 分子结构改变, 影响蛋白质功能。

**结论** ITGA2B:c.814G>C (p.Val272Leu)、ITGA2B:c.432G>A (p.Trp144Ter)、ACTN1:c.2458A>G (p.Ile820Val) 突变均有较高的致病可能性。

PO-0285

### IL-8/miR-182 调控非小细胞肺癌增殖和迁移的机制研究

赵明娜, 姜加陶  
上海市胸科医院

**目的** 探讨白细胞介素-8(IL-8)/微小 RNA182(miR-182)调控非小细胞肺癌(NSCLC)增殖和迁移的机制研究。

**方法** 酶联免疫吸附实验(ELISA)检测 NSCLC 患者和健康对照血清中 IL-8 的表达。用 10ng/ml 重组人 IL-8 分别刺激 NSCLC 细胞株 A549 和 H1299, 反转录实时定量聚合酶链式反应(RT-qPCR)检测 miR-182 的表达; MTT 检测 IL-8 对 A549 和 H1299 增殖的影响; Transwell 检测 IL-8 对 A549 和 H1299 迁移和侵袭的影响。用 lipo3000 分别对 A549 和 H1299 细胞转染空质粒和 miR-182 抑制剂, 24h 后加入 10ng/ml 重组人 IL-8 刺激, MTT 检测细胞的增殖能力; Transwell 检测细胞的迁移和侵袭能力。

**结果** 与健康对照血清相比, NSCLC 患者血清中 IL-8 水平明显增高, IL-8 上调 miR-182 的表达, 并促进 NSCLC 细胞的增殖和迁移, 抑制 miR-182 的表达后, IL-8 对 NSCLC 细胞的增殖和迁移作用被回复。

**结论** IL-8 通过上调 miR-182 促进 NSCLC 的增殖和转移,提示 IL-8/miR-182 可能成为临床治疗 NSCLC 潜在位点。

## PO-0286

### **Risk Factors for Carbapenem - resistant *Klebsiella pneumoniae* Infection and Mortality of *Klebsiella pneumoniae* Infection**

Zhe Wang, Liying Sun  
Peking University First Hospital

**Objective** Background: *Klebsiella pneumoniae* (KP) is a pathogen commonly causing nosocomial infection. Carbapenem - resistant KP (CRKP) is more resistant to multiple antimicrobial drugs than carbapenem - susceptible KP (CSKP) isolates. The aim of the present study was to identify the risk factors for CRKP infection and the predictors of mortality among KP - infected adult patients.

**Methods** Methods: Patients with CRKP and CSKP infection were categorized as the case group and control group, respectively, and we conducted a 1:1 ratio case - control study on these groups. The CRKP isolates collected were tested for antimicrobial susceptibility and presence of KP carbapenemase (KPC) gene. Clinical data were collected to identify risk factors for CRKP infection and mortality of KP infection. Risk factors were analyzed under univariable and multivariable logistic regression model.

**Results** Results: The independent risk factors for CRKP infection were admission to Intensive Care Unit (odds ratio [OR]: 15.486, 95% confidence interval [CI]: 3.175–75.541,  $P < 0.001$ ); use of  $\beta$  - lactams and  $\beta$  - lactamase inhibitor combination (OR: 4.765, 95% CI: 1.508–15.055,  $P = 0.008$ ); use of cephalosporins (OR: 8.033, 95% CI: 1.623–39.763,  $P = 0.011$ ); fluoroquinolones (OR: 6.090, 95% CI: 1.343–27.613,  $P = 0.019$ ); and indwelling of urethral catheter (OR: 6.164, 95% CI: 1.847–20.578,  $P = 0.003$ ). However, older age (OR: 1.079, 95% CI: 1.005–1.158,  $P = 0.036$ ), Charlson comorbidity index (OR: 4.690, 95% CI: 2.094–10.504,  $P = 0.000$ ), and aminoglycoside use (OR: 670.252, 95% CI: 6.577–68,307.730,  $P = 0.006$ ) were identified as independent risk factors for patient deaths with KP infection. The mortality of CRKP group was higher than that of the CSKP group. KPC gene did not play a role in the CRKP group. CRKP mortality was high.

#### **Conclusions**

Conclusion: Implementation of infection control measures and protection of the immunefunction are crucial.

## PO-0287

### **In Vitro Potential of L-Lycosin-I as a New Antifungal Drug against Clinical *Candida tropicalis* infections**

Li Tan  
Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The incidence of fungal infections and, in particular, antifungal resistance associated with biofilm formation has significantly increased, contributing to high morbidity and mortality of immunocompromised patients. Thus, it is necessary to develop new therapeutic strategies.

**Methods** In this study, we used L-Lycosin-I, a peptide isolated from the venom of the spider *Lycosa singoriensis*, as templates to develop a novel antifungal agent. L-Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best effect on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with MIC<sub>50</sub> values of 8 µg/mL for both. In the time-killing assay, L-Lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-h exposure period. In addition, the salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of L-Lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of Mg<sup>2+</sup>.

**Results** The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of L-Lycosin-I increased from 1×MIC to 8×MIC, both with biofilm inhibitory concentration 50 (BIC<sub>50</sub>) values of approximately 32 µg/mL and biofilm eradicating concentration 50 (BEC<sub>50</sub>) values of approximately 128 µg/mL. Confocal laser scanning microscope (CLSM) showing that L-Lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on a surface target rather than interacting with center.

**Conclusions** Our data demonstrate the potential of L-Lycosin-I as a new antifungal drug against clinical *C. tropicalis* infections.

## PO-0288

### Persistence, effectiveness, safety and routine coagulation tests of dabigatran in “real-world” Chinese patients with nonvalvular atrial fibrillation

Hong Wang  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** To provide detailed data on treatment persistence, clinical outcomes and routine coagulation tests in Chinese patients with nonvalvular atrial fibrillation (NVAf).

**Methods** A single-center retrospective observational study was conducted. A total of 26,663 NVAf patients were enrolled from January 1, 2014 to December 31, 2017, clinical information of whom were from inpatient and outpatients data system. Routine coagulation tests were assayed by automated coagulation analyzer.

**Results** The 1-year treatment persistence rates of 11,350 dabigatran users were 24.5% in 2014, 36.6% in 2015, 37.7% in 2016 and 51.8% in 2017. Incidence rates of all-cause death, ischemic stroke and embolism were 1.99/100 person-years, 2.56/100 person-years and 0.77/100 person-years, respectively. Incidence rates of minor bleeding events, intracranial hemorrhage and gastrointestinal hemorrhage were 10.05/100 person-years, 0.51/100 person-years and 0.85/100 person-years, respectively. Commonly used coagulation tests (PT, INR, APTT, FIB, TT and D-dimer) were unsuitable for dabigatran monitoring.

**Conclusions** It is of importance for Chinese clinicians to know about these information because dabigatran is a relatively new drug in China. Further research is needed to investigate the relation between dabigatran and the clinical outcomes in molecular or genetic levels.



PO-0289

## 胰腺癌 DNA 甲基化分子预后模型构建

王旭东  
南通大学附属医院,226000

**目的** 胰腺癌是目前诊治最为困难、死亡率极高的消化道恶性肿瘤。尽管近几年来传统治疗,包括手术和放化疗,以及精准医疗的日精益求精,胰腺癌的治疗效果仍不乐观,其 5 年生存率低于 5%。因此,开发新的诊治靶标,对胰腺的预后判断,治疗方案制定及提高胰腺癌总体的生存率具有极其重要的临床意义。DNA 甲基化是最早被研究的表观遗传学改变,伴随着恶性肿瘤发生及发展的各个时期,在肿瘤中发挥着促癌或抑癌的作用。DNA 甲基化的突变位点常发生于 CpG 岛,并且具有一定的生物学稳定性,研究发现利用这些特征可以作为检测病人外周血标本中的循环 DNA 甲基化的标志物,为肿瘤早期诊断及进展监测提供便利的方法。

**方法** 本研究采用 TCGA 肿瘤数据库中 185 例胰腺癌样本甲基化数据 (Illumina HumanMethylation 450 BeadChip), 利用 COX 比例风险模型先进行单因素分析,然后用 Lasso 回归分析等数据分析方法构建了甲基化基因的风险预测模型。

**结果** 通过单因素 COX 比例风险模型分析,设  $P < 0.05$  得到 646 个甲基化基因位点,然后进行 Lasso 回归分析,最后根据 Lasso 回归参数  $\lambda_{\min}$  0.06973033 和  $\lambda_{1se}$  0.2032676 分别建立了 27 基因模型和 5 基因模型,通过 ROC 评价分析,计算 AUC 曲线下面积,27 基因模型对 3 年和 5 年生存率的诊断效能达到 0.903 和 0.95,5 个基因模型对 3 年和 5 年生存率的诊断效能分别为 0.732 和 0.832。

利用 27 基因模型产生的风险分数中位数分为高风险组和低风险组,结果表明高风险组的病人预后极差中位生存期为 13.1 月,低风险组为 67.9 月。此外,进一步分析发现,风险分数和肿瘤的病理分级显著相关并且与化疗耐药呈相关性,高风险组对吉西他滨更耐药。

**结论** 本研究利用胰腺癌甲基化的芯片数据,采用生物学统计方法,构建了一个新型的 27 基因胰腺癌预后判断模型,在胰腺癌的诊疗具有潜在的临床应用价值,同时也表明了 DNA 甲基化可作为胰腺癌诊疗的肿瘤标志物。

PO-0290

## High Expression of LTBP2 Contributes to Poor Prognosis in the Mesenchymal Colorectal Cancer Subtype Patients

Ying Huang,Xudong Wang  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Colorectal cancer (CRC) is a complex and heterogeneous disease with four consensus molecular subtypes (CMS1-4). LTBP2 is a member of the fibrillin/LTBP super family and plays a critical role in tumorigenesis by activating TGF- $\beta$  in the CMS4 CRC subtype. So far, the expression and prognostic significance of LTBP2 in CRC remains obscure. In this study, we aimed to analyze the mRNA and protein expression levels of LTBP2 in CRC tissues and then estimate their values as a potential prognostic biomarker.

**Methods** We detected the mRNA expression of LTBP2 in 28 cases of fresh CRC tissues and 4 CRC cell lines and the protein expression of LTBP2 in 483 samples of CRC tissues, matched tumor-adjacent tissues, and benign colorectal diseases. LTBP2 protein expression was then correlated to patients' clinical features and overall survival.

**Results** Both LTBP2 mRNA and protein expression levels in CRC tissues were remarkably superior to those in adjacent normal colorectal tissues ( $P = 0.0071$  and  $P < 0.001$ , respectively), according to TCGA dataset of CRC. High LTBP2 protein expression was correlated with TNM stage ( $P < 0.001$ ), T stage ( $P < 0.001$ ), N stage ( $P < 0.001$ ), and M stage ( $P < 0.001$ ). High

LTBP2 protein expression was related to poor overall survival in CRC patients and was an independent prognostic factor for CRC. LTBP2 mRNA expression was especially higher in the CMS4 subtype ( $P < 0.001$ ), which was confirmed in CRC cell lines.

**Conclusions** Our data suggested that LTBP2 may act as an oncogene in the development of colorectal cancer and have important significance in predicting CRC prognosis. LTBP2 could be a novel biomarker and potential therapeutic target for mesenchymal colorectal cancer and can improve the outcome of high-risk CRC.

## PO-0291

### Molecular epidemiology and clinical analysis of Clostridium difficile infection in inflammatory bowel disease

Chenjie Tang  
Jiangsu pepoles hospital

**Objective** To investigate the molecular epidemiology and to find out the risk factors of CDI among diarrhea inpatients with IBD in Jiangsu Province, China

**Methods** According to the inclusion and exclusion criteria, patients with IBD admitted to the First Affiliated Hospital with Nanjing Medical University from August 2013 to December 2018 were enrolled. IBD patients were matched with non IBD patients according to age and gender. Diarrhea samples were sent for *C. difficile* isolation. Toxin genes, *tcdA*, *tcdB*, *cdtA* and *cdtB*, were also detected. At the same time, the molecular epidemiology investigation of related strains was performed by multilocus sequence typing (MLST) method. Finally, patients' information was collected and logistic regression analysis was performed to analyze the independent risk factors of CDI in IBD patients.

**Results** In this study, the incidence of CDI in IBD patients was much higher than that in non IBD patients (24.6% vs. 9.0%) and community acquired infection was the main kind. The predominant type of epidemic strain of *C. difficile* in this study was ST54. The shorter history of IBD and recent use of quinolone antibiotics were independent risk factors for CDI among diarrhea patients with IBD.

**Conclusions** Although no hypervirulent strain RT027 was detected in this study, the incidence of CDI in IBD patients in our hospital was higher than that in most western countries. In addition, if the duration of IBD is within one year or quinolone antibiotics have been used recently, clinicians should consider the possibility of IBD patients complicated with CDI and adjust the treatment plan.

## PO-0292

### 血清外泌体 miRNA-384 对阿尔茨海默病早期诊断的研究

刘辰庚  
首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 探讨血清外泌体 microRNA-384( miR-384) 在阿尔茨海默病(AD)早期诊断中的应用价值。

**方法** 以 2016 年 9 月至 2017 年 12 月就诊于首都医科大学宣武医院的患者为研究对象, 使用荧光定量 PCR 法检测主观认知障碍 (SCD)、轻度认知障碍 (MCI)、痴呆期 (DAT) 患者及正常对照组血清外泌体 miR-384 水平并进行组间比较, 选取帕金森痴呆和血管性痴呆作为疾病对照组, 探索了血清外泌体 miR-384 在 AD、PDD 及 VaD 患者中的鉴别诊断价值, 用 ROC 曲线来评价分析 miR-384 对 SCD 的诊断能力。

**结果** SCD、MCI 和 DAT 患者血清外泌体内 miR-384 水平均高于对照组，且 DAT 组高于 MCI 组，MCI 组高于 SCD 组，差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。miR-384 在 AD 患者血清中的水平与 PPD、VaD 之间均具有显著差异 ( $p < 0.05$ )，诊断 SCD 时，AUC 为 0.982 (95% CI: 81.9-94.9)，其诊断临界值为 1.14 时，特异度为 89.7%，灵敏度为 97.6%。

**结论** 血清外泌体 miR-384 有望成为 AD 早期诊断的生物标志物。

# 书面交流

## PU-0001

## 中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白（NGAL）在肾脏移植术后第一周内迅速减少

贾宇,王春燕

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 受体延迟移植功能（定义为移植后第一周透析）是肾移植术后最常见的早期并发症之一。本次研究的目的是评估肾功能相关生物标志物在移植术后第一周内的变化情况。

**方法** 回顾性研究 72 名肾移植受者的临床资料和实验室数据，包括术后一周内受者每天尿液中 NGAL 的浓度，血清中 NGAL，肌酐，尿素，尿酸， $\beta$ 2-微球蛋白（ $\beta$ 2-MG），胱抑素和肾小球滤过率（GFR）的浓度。

**结果** 在肾移植术后一周内，尿素氮（ $p = 0.375$ ），尿酸（ $p = 0.090$ ）和胱抑素（ $p = 0.691$ ）每天的变化整体上无显著差异，而尿 NGAL（ $p = 0.000$ ），血清 NGAL（ $p = 0.000$ ），肌酐（ $p = 0.000$ ）， $\beta$ 2-微球蛋白（ $p = 0.000$ ）和 GFR（ $p = 0.000$ ）有统计学意义。肾移植术后的变化第 2 天与第 1 天相比较，尿 NGAL，血清 NGAL，肌酐和  $\beta$ 2-微球蛋白比值下降率分别为 45.4%，20.7%，38.5%和 25.8%，GFR 的增长率为 38.9%。肾移植术后第 7 天与第 1 天相比较发现，尿 NGAL，血清 NGAL，肌酐和  $\beta$ 2-微球蛋白比值下降率分别为 77.6%，59.0%，59.3%和 64.5%。GFR 的增长率为 72.6%。与血清肌酐（ $p = 0.000$ ）， $\beta$ 2-微球蛋白（ $p = 0.001$ ）和 GFR（ $p = 0.001$ ）相比，尿 NGAL 肾移植术后变化最快，且一周内变化的程度与这些指标并无明显差别。

**结论** 尿 NGAL 是一种敏感的肾功能标志物，肾移植术后第一周内常用的肾功能标志物结合尿 NGAL 联合检测对肾功能恢复评估更有帮助。

## PU-0002

## 环状 RNA 与女性妊娠和妇科相关疾病

刘康生<sup>1</sup>,潘峰<sup>1</sup>,茅晓东<sup>2</sup>,陈亚军<sup>1</sup>

1.南京市妇幼保健院,210000

2.江苏省中西医结合医院内分泌科

环状 RNA（circRNA）是自然形成的广泛且多样的存在于生物体中的一种共价闭合环状结构的内源性非编码 RNA 分子，不具有 5'端帽子和 3'端 poly(A)尾巴结构，具有广泛性、保守性、组织特异性以及稳定性等特性。circRNA 参与多种生物学功能，除了微小 RNA(miRNA)海绵吸附功能，更多新的功能正逐渐被发现，如调节基因转录和剪切以及翻译蛋白质等。多项研究表明 circRNA 与卵巢上皮肿瘤以及子痫前期等发生发展密切相关。同时，环状 RNA 可以调节大量妇科肿瘤疾病相关的 miRNA 表达，circRNA-miRNA-信使 RNA(mRNA)轴参与多个妇科肿瘤相关通路的调节，包括促瘤作用和抑瘤作用。有潜力成为新型的生殖和妇科疾病临床诊断标志物或治疗靶点。本文将从 circRNA 生物特性，环状 RNA 预测软件及数据库，以及其与妊娠和妇科疾病等方面对 circRNA 研究进展作一综述。

## PU-0003

## The role of quality control circles in sustained improvement of qualified rate of sample

Kangsheng Liu<sup>1</sup>, Zhirong Xu<sup>2</sup>, Cuilian Jiang<sup>1</sup>, Yajun Chen<sup>1</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Women's Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing Maternity and Child Health Care Hospital, Nanjing, Jiangsu 210029, China.

2. Department of Clinical Laboratory, the first affiliated hospital of Soochow University, Suzhou, Jiangsu 215006, China. E::xuzhirong17@163.com

Quality control circle has been gradually introduced to medical institutions in China. QCC activity achieved good application effect in the clinical, and more and more get the attention of the people. To explore the effect of quality control circle approach in improving the qualified rate of sample. The specimen data with unqualified test results in our hospital from February 2017 to June 2017 were collected and statistically analyzed. We used professional tools to solve existing problems of specimen in clinical laboratory following the steps of quality control circle in the pre-analytical phase. A total of 30105 specimens were collected before the improvement of the quality management circle theme activities, of which 297 were unqualified, and the proportion of unqualified cases was 0.98%(297/30105). 43125 cases of specimens were collected( including 193 cases of specimens with defect), during the period from July to December 2017, The proportion of unqualified samples was 0.45% (193/43125). We compared the data before and after the implementation, and the difference had statistical significance( $p < 0.05$ ). The target yield rate and improvement rate of 108.2%, respectively. With the application of quality control circle tools, the defect rate of specimen in clinical laboratory decreases and the quality management ability of quality control circle members to resolve actual clinical problems improves, it is worth to be adapted in clinical laboratories.

## PU-0004

## Modified Glasgow Prognostic Score, neutrophil/lymphocyte, platelet/lymphocyte, and C-reactive protein/albumin ratios in different stages of silicosis

Lagu He, Xiaoye Wang, Huamin Yuan, Yanhua Peng, Daiming Zhong, Shasha Yang, Su Tang, Meiju Lei, Juan Feng  
Hunan Prevention and Treatment Center for Occupational Diseases

**Objective** The objective is to evaluate modified Glasgow Prognostic Score (mGPS), C-reactive protein/albumin ratio (CAR), neutrophil/lymphocyte ratio (NLR), and platelet/lymphocyte ratio (PLR) for predicting the prognosis of patients with silicosis.

**Methods** 148 cases of silicosis patients were collected in Hunan Prevention and Treatment Center for Occupational Diseases (HPTCOD) from January 2018 to December 2018. The values of PLR, CAR, NLR, and mGPS for predicting the prognosis of silicosis were evaluated by ROC, and the relationship between the PLR, NLR, and mGPS of silicosis patients were analyzed.

**Results** Silicosis patients exhibited higher serum leukocyte (WBC), neutrophils (N), platelets (PLT), erythrocyte sedimentation rate (ESR), PLR, CAR, NLR, mGPS, and lower lymphocytes (L) concentrations compared with the control groups ( $P < 0.05$ ). However, The CAR levels were of no significant difference between silicosis groups and the control groups ( $P > 0.05$ ). The areas under the ROC curves of NLR and PLR were 0.864 (95% CI. 0.805 -0.923,  $P = 0.000$ ) and 0.698 (95% CI. 0.607-0.788,  $P = 0.000$ ).

**Conclusions** PLR, NLR, and mGPS can be used as indicators of inflammatory state and severity in clinical prognosis of patients with silicosis. NLR is more sensitive to assessing disease activity compared with PLR.

#### PU-0005

### 免疫球蛋白及补体在矽肺中的含量分析

贺腊姑,王泉治,袁华敏,彭艳华,冯娟  
湖南省职业病防治院

**目的** 研究矽肺患者血清的免疫球蛋白及补体的含量变化,为尘肺病的诊断、分期以及防治工作提供帮助。

**方法** 根据《职业性尘肺病的诊断》(GBZ70—2015)诊断标准选取湖南省职业病防治院 300 例不同期别的矽肺病人以及健康体检者 100 例。检测血清中的免疫球蛋白和补体的含量。

**结果** 矽肺病人组与对照组相比,矽肺患者血清中的免疫球蛋白增高,尤其是 IgG 和 IgA 的含量升高最明显,且 IgG 和 IgA 随着矽肺分期的增高而增高,而补体 C4 含量下降,差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。IgG 和 IgA 与患病时间呈正相关,补体与患病时间呈负相关( $P < 0.05$ )。

**结论** 矽肺患者血清中免疫球蛋白含量升高,尤其是 IgG 和 IgA 的含量升高对矽肺患者临床诊断、分期、预后以及矽肺病发病机制的探讨有一定的意义。

#### PU-0006

### 分子生物学技术在糖原累积病中的应用

曾召琼<sup>2</sup>,李萍<sup>1</sup>,易帆<sup>2</sup>,谢小兵<sup>1</sup>  
1.湖南中医药大学第一附属医院,410000  
2.湖南中医药大学

分子生物学技术是采用一系列手段从分子水平探究生命本质的学科。近年,该技术以其高效,敏感,准确的优势,迅速发展,在整个生命科学领域广泛渗透和应用。糖原累积病是由于体内参与糖原合成与分解的酶生成障碍而引起一系列不同症状的疾病,是一种常见的常染色体隐性遗传的疾病。分子生物学技术在糖原累积病研究领域具有重大意义,为糖原累积病的突变基因及位点的发现,精细分型都提供了重要依据。分子生物学技术在糖原累积病中的应用,是我们进一步探索研究该病的重要手段,为该病的早期筛查,诊断分型,治疗预后等提供了重要依据。在本文中我们将对近来分子生物学技术在糖原累积病中的应用进行探讨。

#### PU-0007

### The diagnostic and prognostic significance of long noncoding RNAs expression in thyroid cancer: A systematic review and meta-analysis

Wei Jing<sup>1</sup>,Xiaogai Li<sup>1</sup>,Ruoyu Peng<sup>1</sup>,Shaogang Lv<sup>1</sup>,Yan Zhang<sup>1</sup>,Zheng Cao<sup>1</sup>,Jiancheng Tu<sup>2</sup>,Liang Ming<sup>1</sup>  
1.The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University  
2.Zhongnan Hospital of Wuhan University

**Objective** Thyroid cancer (TC) is the most common malignant endocrine-related cancer with an increasing trend worldwide. Therefore, it's in urgent need to find new markers for prognosis and

diagnosis. Many long noncoding RNAs (lncRNAs) have been reported to be aberrantly expressed in TC, and may serve as biomarkers. Therefore, we performed this meta-analysis to systematically summarize the relationship between lncRNA expressions and TC.

**Methods** Sources from PubMed, Embase and Web of Science were searched. A total of 16 eligible studies including 15 on clinicopathology, 5 on prognosis and 6 on diagnosis were enrolled in our meta-analysis. Revman5.3 and Stata11.0 Software were used to conduct the meta-analysis.

**Results** For diagnostic value, lncRNAs could discriminate between TC and the normal, and yield a high overall sensitivity and specificity (0.80, 95% CI: 0.75–0.84; 0.80, 95% CI: 0.70–0.87). Meanwhile, their sensitivity and specificity were 0.74 (95% CI: 0.59–0.85) and 0.81 (95% CI: 0.73–0.88) respectively, when used to differentiate patients with lymph node metastasis (LNM) from without LNM. The summary receiver operator characteristic curve (sROC) showed that lncRNAs could be considered as valuable diagnostic markers for distinguishing TC patients from the normal (AUC = 0.84) and TC patients with LNM from TC patients without LNM (AUC = 0.85).

**Conclusions** In summary, our meta-analysis suggested that lncRNAs could function as potential diagnostic

markers for TC and predict the LNM. In addition, the systematic review elaborated that lncRNAs might be as prognostic indicators in TC.

PU-0008

## Actinomyces israelii Infection

Guoming Zhang

Shuyang Hospital Affiliated to Xuzhou Medical University

**Objective** Actinomyces israelii infection has been well reported in medical literature[1,2]. The infection caused by this bacteria is rare, and it is slow to grow on the body. However, to the best of our knowledge, this infection has never been reported to be a capsule lesion for the peritoneal membrane. This report aims to increase awareness of identifying actinomyces israelii.

**Methods** A 49-year-old woman presented with weakness, abdominal discomfort and low-grade fever of two months' duration. The physical examination didn't reveal hepatoma and spleen with a palpable mass. However, computed tomography of the abdomen showed multiple hypodense lesions (Figure 1.A), and a large capsule hypodense lesion (Figure 1.B) for the peritoneal membrane. There were several other lesions in the spleen (Figure 1.B) too. Ultrasonography of the abdomen revealed the lymphadenopathy in groin and abdominal. Surgical exploration of abdomen was performed revealing a purulent cyst (Figure 1.C). The fluid specimen culture remained negative after 48 hours of incubation. We continued to incubate the SDA dishes, which started to grow yellow granules on the 6th day.

**Results** The Gram's staining revealed filamentous and beaded gram-positive rods. The mass spectrometry showed actinomyces israelii. The patient underwent antibiotic treatment with intravenous ampicillin for two months with improvements in his symptoms (Figure 1.F). A repeat CT scan of abdomen showed improving lesions in the abdominal cavity (Figure 1.D-E)

**Conclusions** Actinomyces israelii is an opportunistic pathogen and the most common bacteria causing actinomycetosis, all are strict anaerobes[3]. It is a normal colonizer of the mouth, vagina, and colon. It is a normal colonizer of the vagina, colon, and mouth[4]. Actinomyces israelii infection is established first by mucosal barrier or pathologies such as diverticulitis. It is characterized by a slow, continuous growth that ignores the tissue plane and forms a sinus that can spontaneously heal and recur, resulting in a dense fibrotic lesion. The bacteria is very slowly to grow on the culture media. Therefore, it can be easily missed especially in patients without infection. We should be extended cultures to 4-10 days, at least use of mass spectrometry or gene sequencing which could help us identify this rare infection.



## PU-0009

## 非住院结核病患者血清 AST 分级检测的临床研究

张国明,张巍,张高明,刘静,徐庆雷  
徐州医科大学附属沭阳医院/沭阳县人民医院

**目的** 探讨结核病患者减少不必要的血清天门冬氨酸氨基转移酶 (aspartate aminotransferase, AST)检测,减少检验人员工作量、降低医疗成本和社会成本的可行性,以及实现 AST 的分级检测。

**方法** 从徐州医科大学附属沭阳医院检验科实验室信息系统 (laboratory information system, LIS) 中检索以患者类别为“结核门诊”的谷氨酸氨基转移酶 (Alanine aminotransferase, ALT)和 AST (试剂中不含有 5-磷酸吡哆醛)检测数据。以中华人民共和国卫生行业标准 (WS/T404.1-2012) AST 参考区间上限和医学决定水平 (AST>60U/L) 为标准,即当 AST>40U/L 和 AST>60U/L 判定为阳性。利用 ALT 受试者工作特征 (ROC) 曲线预测 AST 检测的必要性,得出 ALT 最佳阈值及相应的敏感性和特异性。

**结果** AST 与 ALT 高度正相关,相关系数为 0.82[95%CI:0.80~0.83], $p<0.01$  和 0.83 (95%CI:0.82~0.84), $p<0.01$ 。AST 高于 40U/L 为阳性时,ALT 预测 AST 阳性的 ROC 曲线下面积 (area under curve, AUC) 分别为 0.963 (95%CI:0.956~0.969),最佳阈值分别为 33U/L,敏感性分别为 89.2 (95%CI:85.9~92.0),特异性分别为 90.9 (95%CI:89.8~92.0),有 80%的 AST 不需要检测,此时漏检率为 1.4%,漏检 AST 水平中位数为 44.5。以 AST 高于 60U/L 为阳性时,ALT 预测 AST 阳性的 ROC<sub>AUC</sub> 为 0.982 (95%CI:0.977~0.987),最佳阈值分为 42U/L,敏感性分别为 95.1 (95%CI:91.3~97.6),特异性为 91.0 (95%CI:89.9~92.0),有 85.3%的 AST 不需要检测,此时漏检率为 0.3%,漏检 AST 水平中位数为 64.5。

**结论** 结核门诊结核患者没必要与 ALT 同步检测 AST。有近 85%的结核患者不用检测 AST,从而达到了结核患者 AST 的分级检测。估算每年为国家节约 2.3 亿元人民币。

## PU-0010

## 外周血 NLR 和 PLR 在儿童过敏性紫癜中的临床意义

时光,明亮  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR) 及血小板/淋巴细胞比值 (PLR) 在儿童过敏性紫癜中的临床意义。

**方法** 选取 2016 年 1 月~2016 年 12 月期间我院确诊的儿童过敏性紫癜 120 例为病例组及 100 例健康对照儿童为对照组,记录其血常规及多种免疫学指标、炎症指标等检查结果,并计算 NLR、PLR 比值,分析其与 C 反应蛋白、D-二聚体、免疫球蛋白 IgA、过敏性紫癜患者症状评分之间的相关性,用受试者工作曲线 (ROC) 评估 NLR、PLR 在儿童过敏性紫癜中的诊断效能。

**结果** 与健康对照组儿童比较,儿童过敏性紫癜患者 NLR、PLR 升高 (均  $P<0.05$ ),NLR、PLR 水平与 C 反应蛋白、IgA、D-二聚体、过敏性紫癜患者症状评分呈正相关。儿童过敏性紫癜患者血浆 CRP、IgA、D 二聚体均显著高于健康对照,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),而淋巴细胞计数绝对值低于健康对照组 ( $P<0.05$ )。PLR、NLR 诊断过敏性紫癜的曲线下面积分别为 0.800, 0.687。NLR 诊断过敏性紫癜的效能最高,其敏感度和特异性分别为 66.7%, 100.0%。

**结论** 儿童过敏性紫癜外周血 NLR、PLR 均明显升高,且与机体炎症和免疫状态相关,对过敏性紫癜的诊断和病情评估有重要临床意义。

## PU-0011

## 溶酶体功能在自噬介导卵巢癌顺铂耐药的机制研究

马丽伟

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨溶酶体参与了自噬介导卵巢癌顺铂耐药性机制研究。

**方法** MTT 法检测细胞生存率; 免疫荧光检测自噬相关蛋白 p62 和 LC3 变化, 再通 LysoTracker 染色观察溶酶体变化; cathepsin D 试剂盒检测酶活性改变; 流式细胞术检测细胞凋亡; Western blot 检测凋亡相关蛋白表达。

**结果** 对于不同浓度的顺铂, SKOV3 /DDP 细胞比 SKOV3 细胞的生存率高; 6 mg /L 的顺铂作用下, 与 SKOV3 细胞相比, 在 6 h、12 h 和 24 h, SKOV3 /DDP 细胞 LC3 的表达增高, p62 逐渐下降, LysoTracker 着色增强, cathepsin D 活性增高; 与自噬抑制剂 3-MA 相比, CQ 更加明显地增加顺铂诱导 SKOV3 /DDP 细胞的凋亡率(  $P < 0.05$  ), LysoTracker 着色明显减弱, cathepsin D 活性降低, 细胞色素 C、cleaved caspase-3 和 Bax 表达增加, Bcl-2 表达降低(  $P < 0.05$  )。

**结论** 卵巢癌耐药细胞自噬水平增加、利用氯喹等抑制细胞溶酶体从而抑制细胞自噬能够增加化疗药物的敏感性, 因此, 我们推测溶酶体或许是介导肿瘤化疗药物耐受的重要决定因素, 这可能主要是通过溶酶体内 ATP 维持溶酶体功能和稳态, 维持自噬的流量, 从而介导癌症细胞对化疗药物的耐药。本研究以人卵巢癌细胞 SKOV3 细胞和 SKOV3/DDP 细胞为研究对象, 基于 ATP 影响溶酶体功能调控自噬通量, 探讨溶酶体参与卵巢癌顺铂耐药性的作用机制, 为肿瘤化疗药物耐受的治疗提供新的策略。

## PU-0012

## 基于生物信息学的 Prohibitin 在乳腺癌中表达及临床意义分析

何谦,李越

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 通过生物信息学高通量多组学数据库分析探讨浸润性乳腺癌组织中 prohibitin(PHB)的表达及其临床意义。

**方法** 下载 TCGA (The Cancer Genome Atlas) 数据集和 METABRIC 乳腺癌数据, 应用多种工具比较癌组织和癌旁组织中 PHB 表达情况, 并分析 PHB 表达与乳腺癌患者临床病理特征及预后之间的相关性, 进行 PHB 蛋白互作预测及功能分析。

**结果** PHB 在多种癌组织中较癌旁组织高表达, 乳腺癌中 PHB 基因突变和表达量改变比例较高; PHB 基因表达对于乳腺癌具有良好的诊断效能(  $P < 0.01$  ); PHB 表达与乳腺癌患者 ER 受体状态、HER2、PAM50 分型、肿瘤纯度等指标明显有关(均  $P < 0.05$  )。生存分析表明乳腺癌中 PHB 高表达是影响乳腺癌的独立危险因素(  $P < 0.01$  )。HRAS、KSR1、ARAF 与 PHB 的相互作用且相关性较高, 在乳腺癌组织中可见表达改变。

**结论** PHB 在多种癌组织中表达升高, 并且明显影响乳腺癌患者预后, 其可能作为一种促癌因素参与乳腺癌的进展过程, 并有可能成为乳腺癌诊断标志物、预后指标及治疗靶点。

## PU-0013

## Increased progastrin-releasing peptide expression is associated with gastric cancer patients

Li Li

Binhai County People's Hospital

**Objective** The purpose of present study was to estimate the diagnostic and prognostic role of serum Progastrin-releasing peptide (ProGRP) in patients with gastric cancer (GC).

**Methods** 90 study groups of patients with GC (59 males and 31 females) were recruited, included stage I(n=14), stage II(n=18), stage III(n=30) and stage IV(n=28). The 50 healthy controls and 66 patients with benign gastric diseases were enrolled. All subjects were measured the serum concentrations of ProGRP, carcino-embryonic antigen (CEA) and carbohydrate antigen 72-4 (CA72-4).

**Results** The levels of serum ProGRP in GC patients was found to be significantly elevated compared to controls( $P<0.001$ ), and ProGRP was significantly associated with tumor size, TNM stage, differentiation, invasion depth and lymph node metastasis( $P<0.005$ ). ProGRP levels was significantly decreased after chemotherapy ( $P<0.001$ ). The receiver operating characteristic(ROC) curves revealed that the sensitivity and specificity of serum ProGRP for GC were 85.9% and 73.2%, respectively. ProGRP levels was significantly positively correlated with CA-724 and CEA respectively ( $r=0.792$  and  $0.688$ ,  $P<0.05$ ). With combined detection of ProGRP, CEA and CA72-4 have better diagnostic power for GC.

**Conclusions** ProGRP may be useful as a potential tumor marker for GC diagnosis and therapy.

## PU-0014

## 膀胱癌中 ILK、CD44v6 及 EGFR 的表达和意义

高娟,李卓

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 通过研究膀胱癌中 ILK、CD44v6 及 EGFR 的表达,探讨其在膀胱癌发生、发展中的作用。

**方法** 采用免疫组化 S-P 法检测 ILK、CD44v6 及 EGFR 在 112 例膀胱癌和 35 例癌旁正常组织中的表达,并研究 ILK、CD44v6 及 EGFR 单测与联测的临床意义。

**结果** ILK 在 112 例膀胱癌及 35 例癌旁正常组织中的阳性表达分别为 62.5% (70/112) 和 11.4%(4/35)。膀胱癌中 ILK 表达率明显高于癌旁正常组织,并且 ILK 在低级别膀胱癌中的表达呈中度阳性,在高级别膀胱癌中的表达呈强阳性,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。CD44v6 在 112 例膀胱癌及 35 例癌旁正常组织中的阳性表达分别为 26.8%(30/112)和 77.1%(27/35)。CD44v6 在正常膀胱组织中的表达信号最强,且随着肿瘤恶性程度的增加其表达率呈下降趋势,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。EGFR 在 112 例膀胱癌及 35 例癌旁正常组织中的阳性表达结果分别为 67.9%(76/112) 和 22.9%(8/35)。并且 EGFR 在低级别膀胱癌中的表达呈中度阳性,在高级别膀胱癌中的表达呈强阳性,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。膀胱癌患者 ILK 单测与 ILK、CD44v6 二联测,ILK、EGFR 二联测以及 ILK、CD44v6、EGFR 三联测比较,联测膀胱癌患者阳性率明显提高,差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** ILK 蛋白在膀胱癌中呈过表达,与病理分级相关,提示 ILK 参与膀胱癌的发生及转移,并与其恶性程度密切相关。CD44v6 表达与病理分级呈负相关,肿瘤病理分级越低,CD44v6 表达越强。CD44v6 在正常膀胱黏膜的基底细胞层中呈强阳性表达,在低级别膀胱癌中呈片状中度阳性表达,在高级别膀胱癌中呈片状中度阳性表达。EGFR 的阳性表达率总体上随着膀胱癌病理分级的增高而增高。EGFR 与肿瘤的浸润深度分化状态关系十分密切,EGFR 的过度表达与肿瘤的发生发展有

关，是肿瘤病理学分期的有效参考指标。三联测对膀胱癌患者的阳性率明显增加，有助于临床诊断。

#### PU-0015

### 宁夏地区 512 对复发性自然流产夫妇外周血染色体核型分析

詹福寿  
宁夏医科大学总医院

**目的** 探讨染色体数目异常及结构异常与复发性自然流产（recurrent spontaneous abortion, RSA）发生之间的关系。

**方法** 采集宁夏地区 512 对（1024 例）RSA 夫妇外周血培养、G 显带技术及染色体核型分析。

**结果** 在 512 对 RSA 夫妇中，共检出染色体异常核型 36 例，异常检出率为 3.52%（36/1024）。其中染色体数目异常 2 例，占 5.56%（2/36），染色体结构异常 34 例，占 94.44%（34/36）。在染色体结构异常者中，易位携带者 32 例，其中相互易位者 26 例，罗伯逊易位者 5 例，复杂易位者 1 例，染色体倒位携带者 2 例。

**结论** 染色体结构异常是引起 RSA 的重要原因之一，对 RSA 夫妇双方进行染色体核型分析是非常必要的。

#### PU-0016

### Identification of heparin-binding protein as an early biomarker in serious infection

Chunlan Hua, Liang Ming  
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Infectious diseases remain a major health problem for patients, they lead to organ dysfunction and finally cause morbidity and mortality. Heparin-binding protein (HBP) has several biological functions. In this study, in patients at the ICU, HBP levels on admission are associated with the development of infection, it's also can be regard as an early indicator of infection, which may be a potential biological marker and a new target for infection treatment.

**Methods** A total of 262 patients with a suspected infection from the ICU of The First Affiliated Hospital of Zheng Zhou university were included and HBP concentration on plasma samples from admission to the ICU was analyzed. Statistical analysis was performed by Student's t-test, the data shown were expressed as the mean  $\pm$  SD.

**Results** The levels of plasma HBP, PCT, WBC, NEU were elevated in patients in ICU, however, the level of plasma HBP displayed a high level than other three biomarkers in 24 hours. In addition, it is note that HBP seems to be superior to PCT, WBC and NEU in predicting the development of patients with serious infection, finally, we found that the distribution of HBP in implicated system shown no difference.

**Conclusions** Altogether, investigation from the period of 8 months indicated that HBP may be a promising infection related biomarker with a potential for predicting serious infection. It is suggested that further studies either on plasma HBP or on the downstream regulators of the signaling pathway are warranted.

## PU-0017

## 血清中的 miR-454-3p 是一种外泌体生物标记物且在胶质瘤中发挥抑癌功能

支枫

常州市第一人民医院,213000

**目的** 胶质瘤是成人最常见的原发性恶性脑瘤。虽然在胶质瘤的诊断和治疗方面已取得了重大的进展,但是胶质瘤患者的预后仍然不太乐观,因此迫切需要早期诊断和新的治疗策略来提高胶质瘤患者的生存率。我们前期的研究工作发现血浆 miR-454-3p 可能在胶质瘤预后方面有一定优势,但对于 miR-454-3p 在胶质瘤中的临床意义和调控机制,尤其是在循环和组织 miR-454-3p 的关系方面尚未进行系统的研究。

**方法** 通过实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 技术分析了 miR-454-3p 在胶质瘤患者血清和组织中的表达水平。采用 CCK-8、划痕、侵袭、凋亡和免疫荧光检测等方法,评价 miR-454-3p 在胶质瘤肿瘤细胞中的功能。通过生物信息学分析筛选 miR-454-3p 的靶基因。通过荧光素酶报告试验和免疫印迹分析进一步验证 ATG12 与 miR-454-3p 的关系。在本研究中,我们旨在鉴定 miR-454-3p 在外泌体和组织中的表达模式,并评估其作为一种新型生物标志物的可能作用,以便更好地监测患者。

**结果** miR-454-3p 在肿瘤组织中显著下调,而在同一胶质瘤患者的外泌体中显著上调。外泌体 miR-454-3p 在胶质瘤诊断中的曲线下面积 (AUC) 为 0.8663。外泌体 miR-454-3p 在术后血清中明显低于术前血清。外泌体中 miR-454-3p 高表达或组织中 miR-454-3p 低表达与预后不良相关。miR-454-3p 的恢复表达抑制了胶质瘤细胞的增殖、迁移、侵袭和自噬。ATG12 被确认为 miR-454-3p 的直接靶点。过表达 ATG12 可以部分逆转 miR-454-3p 抑制的作用。

**结论** miR-454-3p 在胶质瘤细胞生长过程中发挥抑癌功能。miR-454-3p 可能作为一种外泌体生物标志物,并可能发展成为一种新的胶质瘤治疗方法。

## PU-0018

## Identification of Reference Genes in Human Tumors for Tumor Educated Platelets (TEPs) Study Based on RNA-Seq Data

liping Luo<sup>3,1</sup>, Dong Yongcheng<sup>2</sup>, Song Xiaoyu<sup>3</sup>, Zhang Li<sup>3</sup>, Zhao Keyan<sup>2</sup>, Huaichao Luo<sup>3</sup>

1. Sichuan Cancer Hospital & Institute, Sichuan Cancer Center, School of Medicine, University of Electronic Science and Technology of China

2. GenomCan Inc., Chengdu, Sichuan, China;

3. Department of Clinical Laboratory, Sichuan Cancer Hospital & Institute, Sichuan Cancer Center, School of Medicine, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu, Sichuan, China;

**Objective** The previous studies have shown that Tumor Educated Platelets (TEPs) RNA may complement currently used biosources and biomolecules employed for liquid biopsy diagnosis. RT-PCR is a regular method to measure gene expression levels to stage the patients and evaluate their prognosis. As there are little research on reference mRNA in platelets, especially in cancer, our study is to find the proper internal controls for RT-PCR in platelet study.

**Methods** Firstly, based on dataset GSE68086, we found 285 genes with relatively equal expression in 4 kinds of high incidence cancer (non-small cell lung cancer (NSCLC), colorectal cancer (CC), breast cancer (BC) and liver cancer (LC)) and healthy control (HC). 95 genes left after screening with the criteria of mean>1 and coefficient of variation (cv) <1. Secondly, we gained 73 common reference genes from previous reported studies. Thirdly, we obtained 7 candidate reference genes (ACTB, B2M, GAPDH, GNAS, OAZ1, PTMA and YWHAZ) after

intersected the 95 genes and 73 genes. At last, we extracted total RNA from 1.5 ml blood in 30 unselected persons, including 6 NSCLC, 6 CC, 6 LC, 6 BC, and 6 HC, and performed RT-PCR with equal quantity of RNA to measure the expression levels of the candidate reference genes.

**Results** All of 7 candidate reference genes performed well in 5 tested groups with a  $cv < 0.1$ . Both B2M and GAPDH were the most stably expressed with a  $cv < 0.05$ , but the expression of B2M was much higher than GAPDH in platelets.

**Conclusions** We have found 7 platelets mRNA with relatively same expression levels among several solid tumors and healthy people, which can be used as reference genes for mRNA measuring of platelets. Among them, B2M may be the best reference control gene.

## PU-0019

### 3000 例宫颈脱落细胞学筛查结果分析

张生莲

新疆喀什泽普县人民医院

**目的** 为了做好妇女保健工作，为配合临床诊治工作提供科学的依据。

**方法** 在子宫颈好发部位，即鳞柱状交界处，用木质刮板旋转  $360^\circ$  在涂于玻片上，用 95% 的酒精固定后做检查以苏木素-伊红染色法染色做常规显微镜检查按巴氏 5 级分类标准分类。

**结果** 1 脱落细胞学分级情况 确定为 I-II 级的即正常或良性变异细胞共 2988 例，占 99.6%；III 级以上的即核偏大，染色质正增粗，胞浆量变少的轻度核异质细胞 12 例，占 0.4%，远低于有关报道，其原因可能是取材不良或者是病例较少及发病率在本地区逐年下降有关。

2 病理切片检查 将以上细胞学筛查的 III 级以上宫颈刮片样本 4 例送病理活检证实为鳞状上皮细胞癌，8 例后期因特殊原因资料不详。

**结论** 宫颈癌防治成功的关键是提高全社会对防治宫颈癌重要性的认识，尤其是我们的边疆的基层单位，建立和进行有效的筛查体系，对所有有性生活史的女性，1 年内至少进行 1 次宫颈涂片脱落细胞学检查（筛查），并结合病理活检，克及时早期发现宫颈癌前病变和早期宫颈癌，并进行恰当的处理和治疗，降低宫颈癌的发病率，从而提高基层妇女的生活质量。

## PU-0020

### Two new inflammatory markers associated with Disease Activity Score-28 in patients with rheumatoid arthritis: albumin to fibrinogen ratio and C-reactive protein to albumin ratio

Weiming Yang, Houqun Ying, Yanmei Xu, Jing Zhang, Qinghua Min, Bo Huang, Jin Lin, Juanjuan Chen, Xiaozhong Wang

Department of Clinical Laboratory, the Second Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang 330006, China

**Objective** The albumin to fibrinogen ratio (AFR) and C-reactive protein to albumin ratio (CAR) have emerged as useful biomarkers to predict systemic inflammation. The aim here is to investigate the relation between AFR/CAR and Disease Activity Score of 28 joints (DAS-28) in rheumatoid arthritis (RA).

**Methods** This retrospective study included 160 patients with RA and 159 healthy controls. We divided the RA patients into two groups according to the DAS 28-ESR score. Group 1 included 40 patients with a score of lower than 2.6 (patients in remission) and Group 2 included 120 patients

with a score of 2.6 or higher (patients with active disease). The correlations between AFR, CAR and the disease activity were analyzed.

**Results** For RA patients, the AFR was lower than those in the control group ( $P < 0.001$ ). Patients in group 2 had higher CAR than those in group 1 ( $P < 0.001$ ). The AFR was lower in group 2 than that in group 1. A positively correlation was observed between DAS 28-ESR score and CAR ( $r = 0.645$ ,  $P < 0.001$ ), while the correlation between DAS 28-ESR and AFR ( $r = -0.836$ ,  $P < 0.001$ ) was negative. AFR was related with decreased risk of RA disease activity ( $\text{EXP}(B) = 0.33$ , 95% CI (0.21-0.53),  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** AFR and CAR are two novel inflammatory markers for monitoring disease activity in patients with RA.

## PU-0021

### 1 例异常中性中幼粒细胞升高的慢性粒细胞白血病

杨华,杨晓东,周颖,刘金彪  
三峡大学附属仁和医院

**目的** 异常中性中幼粒细胞形态特点是胞核与胞质发育极不平衡,核染色质疏松,核仁大而明显,胞质丰富,含多量细小粉红色中性颗粒,呈弥散分布,常见空泡和双层胞质,内胞质量多,呈粉红色,外胞质量少,呈浅蓝色,且呈伪足状,Auer小体常见。异常中性中幼粒细胞升高多见于急性粒细胞白血病部分成熟性。本院近期收治了1例以异常中性中幼粒细胞升高的慢性粒细胞白血病患者,现报道如下。

**方法** 临床资料患者,男,38岁,因“体检发现白细胞升高1天余”入院。体格检查:体温 $37.3^{\circ}\text{C}$ ;脉搏规则、101次/分;呼吸规则、19次/分;血压128/84 mmHg;神清,正常病容,浅表淋巴结未触及,项软,颈静脉无充盈,双肺听诊呼吸音尚清,未闻及明显干湿性啰音,心率101次/分,律尚齐,未闻及明显杂音,腹平软,无明显压痛及反跳痛,肝脾肋下未触及,双下肢无水肿。肝胆脾胰双肾输尿管膀胱前列腺彩超:脾稍大,前列腺钙化灶。甲状腺彩超:甲状腺超声图像未见明显异常。血常规:白细胞 $46.35 \times 10^9/\text{L}$ ,淋巴细胞比率12.8%,单核细胞比率3.4%,中性粒细胞比率78.0%,嗜碱粒细胞比率3.2%,嗜酸粒细胞比率2.6%,红细胞 $4.77 \times 10^{12}/\text{L}$ ,血红蛋白149g/L,血小板 $322 \times 10^9/\text{L}$ 。外周血细胞形态:异常中性中幼粒细胞比率11%。骨髓细胞学检查示:增生明显活跃,粒系85.2%,红系10.8%,粒系以成熟及接近成熟中性粒细胞为主,淋巴细胞比例相对减少,血小板易见。NAP积分:阳性率7%,积分7分。免疫分型:在CD45/SSC点图上设门分析,中性粒细胞约占有核细胞的91.5%,比例明显增高,表达CD10、CD11b、CD13、CD15、CD16、CD33、CD58、CD64,部分表达CD38。淋系增殖明显受抑。骨髓染色体核型分析示:46,XY,t(9;22)(q34;q11)[20]。BCR/ABL1(P190型,P210型,P230型)融合基因定性检测:BCR/ABL1(P190型)阴性,BCR/ABL1(P210型)阳性,BCR/ABL1(P230型)阴性。外周血BCR-ABL1定量PCR检测:BCR-ABL1拷贝数71665,ABL1拷贝数113492,BCR-ABL1/ABL1:63.145%。患者最终确诊为慢性粒细胞白血病慢性期并伴有异常中性中幼粒细胞升高。

**结果** 讨论慢性粒细胞白血病是粒细胞系的白血病性恶性增生性疾病,白血病细胞尚保持分化能力,故骨髓和血液中各期粒细胞都明显增多,尤以中幼粒、晚幼粒、杆状核和分叶核粒细胞为著。发病原因仍未明确,但认为Ph染色体与该病密切相关,大约有90至95%的患者出现Ph染色体,Ph染色体即t(9;22)(q34;q11)异位后产生的,其转录后形成的BCR/ABL1融合蛋白具有酪氨酸激酶活性,可干扰细胞正常调控,抑制细胞凋亡,从而可引起白血病发生[1]。本例患者初诊白细胞增多,外周血细胞形态示异常中性中幼粒细胞占11%(以大细胞为主),中性分叶核粒细胞占80%。骨髓细胞形态学检查粒系以成熟及接近成熟中性粒细胞为主,淋巴细胞比例相对减少,细胞形态提示反应性改变骨髓象,不能确诊为慢性粒细胞白血病,需与其它类型白血病进行鉴别。慢性粒细胞白血病形态诊断标准为以粒系增生为主,中、晚幼粒和杆状核粒细胞增多,但本例患者粒系以中性分叶核粒细胞增多为主并伴有部分异常中性中幼粒细胞,其原因有待进一步检查。此患者的

诊断需结合外周血与骨髓细胞形态学、免疫表型、病理活检及遗传学检查结果等综合分析,国内学者报道,联合诊断可有效提高其诊断水平,具有较高的临床价值[2]。国内外文献对慢性粒细胞白血病慢性期并伴有异常中性中幼粒细胞升高的报道较少,因此对本患者的发病机制还需有更多的临床病例作进一步探讨。

研究发现,95%的慢性粒细胞白血病患者中出现了 Ph 染色体,形成新的基因 **bcr-abl**,由这个融合基因表达的融合蛋白 **BCR-ABL** 具有持续的酪氨酸激酶活性,它通过不断磷酸化及活化下游底物,打开一系列信号通路,促进细胞增殖,抑制凋亡,导致慢性粒细胞白血病不可控的发展[3-4]。其治疗有传统的化疗药物、分子靶向治疗药物、中药提取物及中医药祖方,传统化疗药物见效快,但是由于其副作用太大,且不能阻止加速期向急变期的进展[5]。中药治疗通过提高患者整体机能水平来达到效果,不良反应较少,但是由于其对靶点的针对性不是很强,导致它的效果并不显著[6]。靶向 **BCR-ABL** 融合蛋白设计药物,酪氨酸激酶抑制

剂针对性强,副作用小,有伊马替尼、尼洛替尼、达沙替尼等,其中伊马替尼是第一代特异性抑制 **ABL** 酪氨酸激酶活性的慢性粒细胞白血病靶向抑制剂。伊马替尼可以竞争性地结合 **ABL** 酪氨酸激酶上的 **ATP** 结合位点,从而抑制酪氨酸激酶的活性,是一种特异性很强的酪氨酸激酶抑制剂[7],有学者报道部分患者对伊马替尼产生耐药性[8],因此,人们开始开发新的抑制剂来改善伊马替尼出现的耐药性。本例患者经伊马替尼诊疗后,血常规经过 3 周监测基本达到正常。

**结论** 综上所述,本病例提示在细胞形态学发生异常时,需结合免疫表型、病理活检及遗传学检查结果等综合分析,早期检测可指导治疗方案及预后。

## PU-0022

### Reference intervals of apolipoprotein E in healthy Chinese Han adults

Ying Zhao<sup>1</sup>,Feng Guofang <sup>2</sup>,Dai Yuying<sup>3</sup>,Liu Zhiying <sup>1</sup>,Feng Limin<sup>1</sup>

1.The First Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University

2.Women's Hospital, School of Medicine, Zhejiang University

3. Hangzhou Medical College

**Objective** Reference intervals (RIs) of Apo E levels are an important parameter for the clinical evaluation of patient health and the RIs of serum Apo E could be variable in different population. We plan to establish RIs of apolipoprotein E (Apo E) according to the CLSI EP28-A3 guideline in healthy Chinese Han adults.

**Methods** Serum Apo E values of 1206 healthy adults (from 19 to 87 years old) were measured by immunoturbidimetry. The relationship between Apo E and age was analyzed by using Spearman correlation. The differences between the gender and age groups were compared using mann-whitney U test/ kruskal-wallis H test. We calculated recommended nonparametric  $Q_{2.5}$  and  $Q_{97.5}$  percentile intervals and the 90% confidence intervals (CI) of lower and upper limits to define the age- and gender- related RIs.

**Results** The level of Apo E was higher in females than males. Apo E was significantly associated with aging in adult females ( $r=0.108$ ,  $P<0.05$ ), but not in males ( $P=0.518$ ). The RIs of Apo E for females were 0.0268 – 0.0619, 0.0247 – 0.0603, and 0.0269 - 0.0658 g/L for 18 - 29, 30 - 59, and  $\geq 60$  years old respectively, that for males was 0.0242 – 0.0579 g/L.

**Conclusions** Our results established the age- and gender-specific RIs of serum Apo E in healthy Chinese Han adults in our laboratory.



## PU-0023

## 杭州地区丙肝病毒基因分型及其意义探究

朱艳菊,徐爱芳  
杭州市西溪医院

**目的** 探究杭州地区丙型肝炎病毒基因型的分布情况及其临床意义

**方法** 以 2015 年 1 月至 2018 年 12 月在杭州市第六人民医院治疗的 423 例丙肝患者为研究对象,采集全血,分离血清。423 丙肝感染者中有 43 例因病毒载量低于检测下限未能进行分型,380 例通过荧光 PCR 方法得以分型,其中,男性患者 187 例,最小年龄 5 岁,最大年龄 81 岁,平均年龄 44.5 岁;女性患者 193 例,最小年龄 15 岁,最大年龄 75 岁,平均年龄 49 岁。

本研究所有数据均采用 SPSS22.0 软件进行统计学分析,HCV 在性别上的分布差异采用四格表的卡方检验,年龄分布采用 t 检验,以  $P<0.05$  表示差异具有统计学意义。

**结果** 对 423 例 HCV 患者进行基因分型,共发现 1 型、2 型、3 型和 6 型四种基因型,7 种基因亚型(1b,1a,2a,3a,3b,6a,6n),1 型基因型 229 例(63.68%),2 型 43 例(11.32%),3 型 58 例(15.26%),6 型 37 例(9.74%)。各基因亚型例数及所占比例从高到低依次为 1b 亚型 240 例(63.15%),2a 型 43 例(11.32%),6a 型 36 例(9.47%),3b 型 32 例(8.42%),3a 型 26 例(6.84%),1a 型 2 例(0.52%),6n 型(0.26%)。1b 亚型为主要基因型,2a 型次之,未检测到 4、5 基因型。

**结论** 杭州地区丙肝病毒基因型存在多样化分布,其中以 1b 亚型为主,2a 次之;HCV 基因型分布与性别、年龄的差异无统计学意义;2015-2018 年杭州地区主要基因型的患病率无明显变化。

## PU-0024

## 715 例健康体检者食物特异性 IgG 抗体检测结果分析

范美花,林志强,雷焕英,郑春盛,倪虹,夏建全,林青  
福建中医药大学附属人民医院

**目的** 通过分析健康体检人群 14 种食物不耐受血清特异性 IgG 抗体水平,探讨体检人群的食物不耐受与食物种类、年龄、性别的关系,及食物不耐受检测的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析 2017 年 5 月至 2018 年 7 月期间在福建中医药大学附属人民医院体检中心进行食物不耐受检测的 715 例健康体检者血清中 14 种食物特异性 IgG 抗体检测结果。按照不同年龄段、不同性别进行分组,并运用 Kruskal-Wallis 检验、卡方检验、Mann-Whitney 检验等统计学方法进行分析。

**结果** 715 例体检者中有 487 例食物特异性 IgG 抗体为阳性,食物不耐受总阳性率为 68.11%,其中以 1 种和 2 种食物阳性为主;常见的 14 种食物均可引起食物不耐受反应,其中以鸡蛋阳性率最高(48.81%),其次是牛奶(28.11%),再次是西红柿(18.88%)。三个年龄组中食物不耐受阳性率比较:儿童组(94.12%)>青少年组(86.44%)>成年组(55.44%)。儿童组和青少年组表现为对多种食物的不耐受情况,而成年组以对 1 种和 2 种食物不耐受为主。有多种食物的不耐受阳性率在儿童组和青少年组中明显高于成年组( $P<0.017$ ),而在儿童组和青少年组间差异无统计学意义。各年龄组中不同性别间食物不耐受总阳性率差异无统计学意义( $P$  值均大于 0.05);但儿童组中男性对鳕鱼的不耐受阳性率高于女性(45.93% vs 28.85%, $P=0.033$ ),成年组中女性对鸡蛋的不耐受阳性率高于男性(39.67% vs 27.72%, $P=0.007$ )。

**结论** 体检人群中各年龄段均存在食物不耐受现象,食物不耐受可能与年龄和食物种类有关。儿童和青少年更易发生食物不耐受。

## PU-0025

## 样本检前保存条件对 HP 培养结果影响

单宇,鲁雯娴,刘军权  
杭州金域医学检验所有限公司

**目的** 研究幽门螺杆菌(*Helicobacter pylori*, HP)样本培养前贮存温度、贮存时间和运输方法对结果影响。

**方法** 将标准 HP 菌株置运输培养基中放置于 4℃、25℃、35℃、-25℃、-80℃环境中,分别存放 6 小时、12 小时、24 小时、48 小时后进行微需氧培养。将标本置 4℃冷链运输箱,通过汽车、火车和飞机运输,并且在存放 6 小时接种培养,同时以 0 小时样本为对照组。

**结果** 固体培养到第 3 天时 HP 生长良好,哥伦比亚血琼脂平板上见透明、针尖样菌落形态;HP 为 G<sup>-</sup>阴性,为螺旋状、海鸥状、s 状弯曲菌或短杆菌。样本贮存温度与存放时间对结果有非常显著性影响。样本贮存 24 小时内,以贮存 4℃环境样本阳性率最高(40.4%±5.1%),与其他各组比较有统计学差异( $p<0.05$ );在贮存 6 小时以内以贮存 25℃阳性率最高(71.2%±8.1%),与 35℃、-25℃和-80℃比有统计学差异( $p<0.05$ )。HP 样本经过汽车(HP 存活率 50.7%±5.8%)、高铁(HP 存活率 52.1%±6.7%)、飞机(HP 存活率 3.2%±3.3%)运输后 6 小时再行培养以飞机运输阳性率最低,与其他运输方式结果比较有非常显著性统计学差异( $p<0.05$ )。

**结论** 样本贮存时间和温度对 HP 培养阳性率有明显影响,通过飞机运输可明显降低 HP 培养的阳性率。

## PU-0026

四个遗传性凝血因子 XI 缺陷症家系分析并  
确认一种新的无义突变

林芬<sup>1</sup>,翁妙珊<sup>1</sup>,吴教仁<sup>1</sup>,方森海<sup>1,2</sup>,杨立业<sup>1</sup>  
1.潮州市中心医院,521000  
2.汕头市疾病预防控制中心

**目的** 对四个遗传性凝血因子 XI (coagulation factor XI, FXI) 缺陷症家系进行表型诊断和基因突变分析,探讨其分子发病机制。

**方法** 检测 4 个 FXI 缺陷症先证者及 29 个家庭成员血浆凝血酶原时间(Prothrombin time, PT)、活化部分凝血活酶时间(activated partial thromboplastin time, APTT)、FXI 活性(FXI activity, FXI: C)和 FXI 抗原(FXI antigen, FXI: Ag)等凝血指标。对先证者 FXI 基因外显子及其侧翼序列进行测序,针对先证者的突变位点,对其家系成员进行相应的基因突变检测。

**结果** 4 例先证者均有明显的 APTT 升高及 FXI: C、FXI: Ag 降低。在四个家系中共发现 5 种突变基因,包括 3 种无义突变,分别是 c.841C>T(p.Gln263X)、c.1107C>A(p.Tyr351X)和 c.1033A>T(p.Lys327X),1 种移码突变 c.1325delT (p.Leu424CysfsX8),1 种剪接突变 c.326-1G>A。

**结论** c.1033A>T(p.Lys327X) 无义突变为国际首次报道,该突变导致氨基酸 327 位置出现提前终止密码子,可能对蛋白质特性产生影响并引起相应的疾病。

## PU-0027

**乙型肝炎的新发展：治疗目标、用药和监测指标**

喻静

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 慢性乙型肝炎感染导致高发病率和死亡率，成为全球消除的目标。近年来，多项研究在疾病病理生理学和与临床结果的关系方面取得了进展，并且正在积极寻求新的治疗目标，以期改善治疗前景。

**方法** 本篇综述中我们讨论了在病毒基因组和蛋白质水平持久治愈乙肝的方案。几种靶向病毒或宿主的新型抗病毒药物正处于不同的临床开发阶段。血清乙型肝炎核心抗原和 HBV RNA 是新的标志物，可能在特定临床结果的预测中发挥作用，例如肝细胞癌的发展或停止抗病毒治疗后的复发。这些标记物也可用于监测药物试验中的治疗反应。

**结果** 专家指出全球消除乙肝受到疾病意识薄弱以及提供医疗服务不足的挑战。通过出生注射疫苗、抗病毒治疗和并发症筛查，能够减少乙肝及其相关并发症的发生。

**结论** 乙肝的治疗选择方案将在未来十年内进一步增加，早期功能治愈不是一个不切实际的目标。

## PU-0028

**系统性炎症指标 SII 在恶性肿瘤患者中的临床意义**

孟宪春

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 近年来，常规血液学获得血小板、淋巴细胞、中性粒细胞、单核细胞相关的比值指标，例如血小板淋巴细胞比值（PLR）、中性粒细胞淋巴细胞比值（NLR）等，被证实与多种肿瘤疾病的发生发展密切相关。尤其近来新提出的 The systemic immune-inflammation index (SII) 亦已被证实与癌症患者手术治疗后的预后转归密切相关。本研究旨在探讨 SII 在健康人及不同癌症中的临床意义。

**方法** 回顾分析我院电子病历系统数据，纳入 2015 年 1 月至 2015 年 12 月来我院就诊的各类癌症患者 1290 例以及健康对照 100 例。对比健康对照以及不同癌症患者 SII 的变化。

**结果** 肝癌患者组、肾癌患者组、宫颈癌患者组以及其他癌症患者组的 SII 变化有统计学意义；其中，肾癌患者组、宫颈癌患者组和其他癌症患者组 SII 较健康对照升高（562（245,1403）vs 391（252,493）， $p=0.0293$ ；590（285,812）vs 391（252,493）， $p=0.0346$ ；521（282,1089）vs 391（252,493）， $p=0.0019$ ），肝癌患者组 SII 较健康对照减低（252（153,489）vs 391（252,493）， $p=0.0150$ ）。与癌症组 SII 变化无统计学意义（ $p$  均大于 0.05）。

**结论** SII 等系统性炎症性指标与诸多癌症的疾病进展预后相关，但该类指标在不同机体状态（疾病的/非疾病的）下的变化及意义仍需更进一步研究探讨。不同癌症患者 SII 的变化可能升高，可能降低，也可能变化不大。

## PU-0029

## DC-SW480 融合瘤苗活化的 CIK 对结肠癌 SW480 体外杀伤作用的研究

王战争

陕西中医药大学附属医院

**目的** 从外周血中分离培养 DC 和 CIK，制备 DC 与结肠癌 SW480 融合细胞，观察融合细胞刺激的 CIK 体外杀伤结肠癌 SW480 细胞的效果。

**方法** 1. 从健康成年人外周血中分离出单个核细胞(PBMC)，然后用细胞因子诱导培养树突状细胞(DC)和细胞因子诱导的杀伤细胞(CIK)。

2. 用聚乙二醇(PEG)诱导 DC 与结肠癌 SW480 融合，经 HAT/HA 选择培养基筛选培养出 DC-SW480 融合细胞。

3. 融合细胞刺激的 CIK 体外杀伤结肠癌 SW480 的实验分组：

1) DC-SW480 融合瘤苗与 CIK 细胞共培养组

2) DC 和 SW480 的混合细胞(DC: SW480=1:5)与 CIK 细胞共培养组

3) DC 与 CIK 细胞共培养组

4) 单纯 CIK 细胞对照组共培养

72 小时后，用 ELISA 法测定各组细胞培养上清液中 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  和 IL-2 的水平；用 (Cell Counting Kit-8) CCK-检测通过不同方法活化的 CIK 细胞对结肠癌细胞的杀伤效果。

**结果** 1. PBMC 经体外诱导培养，可获得成熟的 DC[A1]、CIK 细胞，经过 HAT/HA 选择培养基培养后可以得到 DC-SW480 融合细胞。

2. 各组效应细胞刺激 CIK 细胞分泌细胞因子 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  和 IL-2 的量，DC-SW480 融合细胞组与其他三组相比较  $P<0.05$ ，差异有统计学意义。

3. DC-SW480 融合细胞刺激的 CIK 对结肠癌 SW480 细胞的杀伤率与其他组相比较  $P<0.05$ ，差异有统计学意义。

**结论** 1. DC-SW480 融合瘤苗可以增强 CIK 细胞分泌细胞因子 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  和 IL-2 的水平。

2. DC-SW480 融合瘤苗可以明显增强 CIK 杀伤结肠癌 SW480 细胞的能力。

## PU-0030

## 基于真实世界大数据的成人 FT3、FT4 参考区间建立和验证

云科

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 我国地域辽阔，民族众多，由于存在人群，地域，生活习惯，疾病的流行病学等差异，不同检验指标分布水平也不尽相同。直接引用厂商提供的参考区间无法保证完全适用于本地区人群，并且有可能引发一系列医疗隐患。本研究旨在通过医学信息数据库间接法建立适合本地区人群的生物参考区间，适用于当地临床实验室的推广和应用是非常有必要的，估算 FT3、FT4 的参考区间。

**方法** 通过回顾性收集我院近 5 年门诊和体检中心成人 FT3、FT4 临床检测数据，对原始数据进行清理后采用 2:1 随机分割的方式将获得的数据集分割为训练集和验证集。采用 Hoffman 法建立参考区间，并将新建参考区间和厂家参考区间的比较。

**结果** 共筛选 16250 例符合标准的 FT3、FT4 临床检测数据，其中男性 8346 例，女性 7904 例。训练集结果显示 FT3 男性参考区间为 4.19 ~6.45pmol/ml，女性参考区间为 3.74~5.70pmol/ml；FT4

参考区间为 12~21pmol/ml。验证集超出所建立参考值范围的百分比均小于 10%。新建参考值与厂家提供参考值存在一定差异。

**结论** 本研究首次基于临床真实世界大数据估算出了汉族成人 FT3、FT4 的参考区间范围，且验证效果良好。该方法用于医学参考值建立简便易行，可节约大量的人力和物力。

## PU-0031

### 几种血液指标与冠心病的相关性分析

赵俊伟

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨几种血液指标与冠心病的关系，为冠心病的临床诊疗提供实验依据。

**方法** 回顾性收集 50 例健康对照者及 112 例冠心病患者。比较组间临床资料、血常规和生化实验室指标，多因素 Logistic 回归筛选冠心病危险因素，受试者工作特征（ROC）曲线评价这些血液指标对冠心病的预测价值。

**结果** 冠心病组年龄、血压、入院时平均血小板体积（MPV）、红细胞分布宽度（RDW）、中性粒细胞淋巴细胞比值（NLR）、胱抑素-C（CYS-C）、甘油三脂（TG）、尿素（UREA）水平均高于对照组（ $P<0.01$ ），其预测冠心病的 ROC 曲线下面积分别为 0.818、0.679、0.706、0.683、0.656、0.785、0.858、0.771；冠心病组患者入院时血红蛋白（Hb）、红细胞压积（HCT）、红细胞（RBC）、淋巴细胞单核细胞比值（LMR）水平则低于对照组（ $P<0.05$ ），其预测冠心病的 ROC 曲线下面积分别为 0.719、0.716、0.733、0.813；Logistic 回归分析显示，年龄、高血压、入院时 Hb、RBC、LMR、MPV、TG、UREA 为冠心病的危险因素，多因素联合预测冠心病的 ROC 曲线下面积为 0.973（95%CI: 0.950-0.996， $P<0.001$ ），预测的临界值为 0.388，敏感度为 87.9%，特异性为 96.0%。

**结论** 患者年龄、高血压、入院时 Hb、RBC、LMR、MPV、TG、UREA 与冠心病的发生密切相关，联合分析可作为预测冠心病的临床指标之一。

## PU-0032

### Multistatistical analysis of trace elements in serum and urine of diabetic peripheral neuropathy patients

Wenjia Guo, Qi Zhou, Yanan Jia, Jiancheng Xu  
The First Hospital of Jilin University

**Objective** Diabetic peripheral neuropathy (DPN) is a common complication of diabetes mellitus, presented as a major teratogenic cause world widely. This study discussed alternation and correlation of magnesium (Mg), calcium (Ca), copper (Cu), zinc (Zn), iron (Fe), chromium (Cr) and selenium (Se) among DPN patients and healthy people using multivariate statistical analysis.

**Methods** Fifty patients with DPN were recruited from endocrinology department, First Hospital of Jilin University between January 2010 to October 2011, and also fifty healthy subjects were enrolled meanwhile. Inductively coupled plasma mass spectrometry (ICP-MS) was used to assay elements in serum and urine. Cluster analysis was used to clarify alternation of elements' homogeneity. Factor analysis was performed to evaluate the most informative kinds of elements.

**Results** Mg, Ca, Zn and Cr in DPN patients were significantly lower in serum whereas significantly higher in urine. Elements were clustered into 4 or 5 clusters based on internal association using between-groups linkage algorithm. Serum Cr, Se and Fe was grouped, and Mg related with Ca more closely in both serum and urine in DPN. Factor analysis revealed discrepancies of elements' contribution. Cr, Se, and Fe appeared to be the most crucial factors

contributing to DPN. Mg, Ca, Zn and Cu were more influential whereas Cr became less potent to disease. Contributed value of elements could be determined and specified using loadings in scree plot.

**Conclusions** Future studies and delicate statistical models should be applied.

### PU-0033

## 应用全外显子测序对一例过氧化物酶体生物合成障碍 14B 型家系的 PEX11B 基因变异分析

田远,张琳琳,李莹,高金爽,于海洋,郭亚清,贾莉婷  
郑州大学第三附属医院河南省妇幼保健院,450000

**目的** 利用全外显子测序技术对一例过氧化物酶体生物合成障碍 14B 型家系进行基因检测,为临床诊断和遗传咨询提供更广泛依据。

**方法** 应用全外显子测序技术对患儿及其家系进行基因变异检测,并对疑似致病性变异进行 Sanger 测序验证和生物信息学分析。

**结果** 患儿 PEX11B 基因存在 c.277C>T 纯合变异,患儿弟弟存在 PEX11B 基因 c.277C>T 纯合变异,患儿父母亲均携带 PEX11B 基因 c.277C>T 杂合变异。

**结论** PEX11B 基因 c.277C>T 纯合变异可能是患儿及其弟弟的遗传学病因,该致病突变是我国首例被报道的由 PEX11B 基因变异导致过氧化物酶体生物合成障碍的遗传病家系,拓宽了该致病基因的致病谱。

### PU-0034

## 血小板指数在结直肠癌诊疗中的角色

宋艳芳  
福建中医药大学附属人民医院

**目的** 本研究旨在评估血小板指数在结直肠癌 (CRC) 诊疗中的作用,并评估血小板指数与 CRC 临床病理特征之间的关系。

**方法** 收集结直肠癌患者的血小板数目 (PC)、平均血小板体积 (MPV)、血小板分布宽度 (PDW) 和血小板压积 (PCT) 及临床病理数据。

**结果** CRC 患者的 PC、MPV 和 PCT 水平明显高于结直肠腺瘤患者 (CA) 和健康体检者 ( $P<0.001$ ); CRC 患者的 PDW 水平明显高于健康体检者,而低于 CA 患者。受试者操作特征 (ROC) 分析表明,联合 PCT 和 CEA 检测是区分 CRC 患者和 CA 患者的有效标志物,敏感性和特异性分别为 72% 和 80%。进一步分析显示, CRC 患者 PC 和 PCT 水平与 TNM 分期和肿瘤大小相关; MPV 和 PCT 水平与血管侵犯相关。

**结论** 我们的研究表明, PC、MPV 和 PCT 水平的改变可能是 CRC 诊断和预后评估的潜在标志物。

## PU-0035

**血清 CK-MB, cTnI 和 MYO 联合检测在 ACS 的诊断意义**

李小侠

陕西省人民医院, 710000

**目的** 探讨 CK-MB、cTnI、MYO 联合检测对 ACS 的诊断意义。

**方法** 急性心肌梗死患者 30 例, 对照组 (非急性心肌梗死患者) 30 例, 对他们进行心肌损伤标志物肌钙蛋白 I (cTnI)、肌酸激酶同工酶 (CK-MB)、肌红蛋白 (MYO) 的联合检测, 并且与其单项检测的灵敏度和特异度进行比较。

**结果** 急性心肌梗死患者血清中 CK-MB、cTnI、MYO 单项检测水平与对照组相比较, 有显著性差异 ( $P < 0.01$ )。三项联合检测的灵敏度高达 100%, 高于单项检测的灵敏度。

**结论** CK-MB, cTnI 和 MYO 三种心肌损伤标志物的联合检测有助于提高对早期急性心肌梗死的诊断。

## PU-0036

**Establishment and validation of serum electrolyte reference intervals of Northeastern healthy Han Children**Wenjia Guo<sup>1</sup>, Qi Zhou<sup>1</sup>, Yanan Jia<sup>1</sup>, Xin Li<sup>2</sup>, Baojie Guan<sup>3</sup>, Jiancheng Xu<sup>1</sup>

1. The First Hospital of Jilin University

2. First Hospital of Shanxi Medical University

3. The General Hospital of FAW

**Objective** For lack of feasible interval values from population differences and potential analytical discrepancies caused by diversified condition of clinical laboratory, it is essential to ascertain potassium (K), sodium (Na), chlorine (Cl), calcium (Ca) and phosphorus (P) ions reference intervals within Chinese children to fill the gap.

**Methods** Healthy children (n=1391, 2~14 years old) were recruited from communities and schools in Changchun to establish sex- and age-specific serum electrolyte reference intervals of Han children in Changchun, China. Levels of K, Na, Cl, Ca and P ions were measured in serum samples using Hitachi 7600-210 automatic biochemical analyzer. Reference intervals were established according to the Clinical and Laboratory Standards Institute EP28-A3c guidelines. Data from five representative hospitals located across Changchun was used to validate the pediatric serum electrolyte reference intervals.

**Results** There were sex-specific differences in serum Na, Cl, Ca, and P reference intervals in children aged 13~14 years. Serum Na, Cl, and Ca reference intervals showed a stable trend within the early age groups but began to fluctuate in later age groups. Each serum electrolyte had  $\leq 3$  age-specific reference intervals. Results of five hospitals revealed the intervals were valid, suggesting they were applicable across Changchun.

**Conclusions** This study established and validated serum electrolyte reference intervals for children aged 2~14 years that can be applied across Changchun, which was quite specific against the other reference values applied now world widely or domestically.

## PU-0037

## Comparison of Chromium and Iron in Serum and Urine among Pre-diabetes and Diabetes Patients

Wenjia Guo, Qi Zhou, Yanan Jia, Jiancheng Xu  
The First Hospital of Jilin University

**Objective** The effect of chromium (Cr) and iron (Fe) on the prevalence of diabetes has received a great attention. This study investigated the serum and urinary Cr and Fe levels in patients with impaired fasting glucose (IFG), impaired glucose tolerance (IGT), type 1 diabetes (T1D), type 2 diabetes (T2D) in Northeast Chinese populations.

**Methods** From January 2010 to October 2011, patients with IFG (n=12), IGT (n=15), T1D (n=25), T2D (n=137) and healthy controls (n=50) were enrolled in the First Hospital of Jilin University. Trace elements were detected using inductively coupled plasma spectrometer.

**Results** Serum Cr levels decreased in T2D without complications, diabetic retinopathy (DR), diabetic peripheral neuropathy (DPN), and diabetic nephropathy (DN) ( $P<0.05$ ). Urinary Cr level in T1D were the highest of all, which significantly exceeded that of T2D groups with and without complications. No significant differences of serum Fe levels were found among all groups. Urinary Fe level of T1D was significantly increased ( $P<0.05$ ). The correlation between serum Cr and serum Fe in T2D was positive obviously ( $P<0.05$ ). One month of simvastatin therapy had no effects on serum or urinary Cr and Fe levels.

**Conclusions** These results suggest the potential role of Cr and Fe in diabetes should be received attention.

## PU-0038

## Pathogenic Genes Screening in a Chinese Pedigree with SLE by Next Generation Sequencing

Yongkang Wu<sup>1</sup>, Wang Shengjie<sup>1</sup>, Xu Heng<sup>1</sup>, Zhang Shouyue<sup>1</sup>, Zhang Junlong<sup>1</sup>, Yan Bin<sup>1</sup>, Li Yizhou<sup>2</sup>, Song Wenpeng<sup>1</sup>

1. West China Hospital of Sichuan University, Chengdu, China

2. College of Chemistry, Sichuan University

**Objective** Gene abnormal mutations play a prominent role in the prevalence of systemic lupus erythematosus (SLE) in genetic inheritance of family, which is also necessary for occurrence of SLE and development of SLE subtype.

**Methods** We screen the major exome pathogenic genes from a SLE family by using next-generation sequencing (NGS) and then verified their pathogenic role in the sporadic SLE cases and healthy control group by Sanger sequencing.

**Results** Total of 44 genes were screened as key exome pathogenic genes and the rs17524437 in SRP72 was verified. Total of 44 mutant genes including SRP72, EMG1, WDR66, REC8, PKD1L2, NUMBL, OR2T27, HAVCR1, USP20, TLR10, FOCAD, SLC22A1, CA9, CCNJL, SGSM1, LOXL3, RECK, TMEM17, UPP2, SETX, ANO7, RMND1, OPRM1, PSG9, TMEM173, NEDD4, WDR55, ALDH1B1, HIF3A, HELZ2, KDR, HAVCR1, PRR21, HLA-A, TMEM173, IFT74, LIPA, TMEM173, AASDH, KIAA1211, MMP12, EMG1, WDR66, HCAR3, REC8, PKD1L2, NUMBL, PRAMEF22, OR2T27, HAVCR1, PRSS3 and USP20.

**Conclusions** There's no evidence to support the direct association between SRP72 and SLE susceptibility. Further studies would be needed to verify other candidate genes in future.



PU-0039

## New serum biomarker identification and analysis by Mass Spectrometry in cervical precancerous lesion and acute cervicitis in South China

Feng Qiu<sup>1</sup>, Bingsen Su<sup>2</sup>, Zhao Li<sup>4</sup>, Fu Chen<sup>3</sup>, Dongdong Liu<sup>3</sup>, Ni Lin<sup>4</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Nanhai Hospital of Southern Medical University

2. Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Torch Development Zone Hospital

3. Department of Laboratory Medicine, the Second Affiliated Hospital of Guangzhou University of Chinese Medicine

4. General Practice Center, Nanhai Hospital, Southern Medical University

**Objective** By selecting the potential plasma and metabolic biomarkers which can indicate the precancerous lesions of cervical cancer, cervical cancer and cervicitis through LC-MS technology, the article analyzes its potential mechanism and function

**Methods** Plasma samples are selected from healthy Chinese southerners (Control), Low grade squamous intraepithelial lesion (LSIL), High grade squamous intraepithelial lesion (HSIL), Cervical cancer (CC) and post-treatment patients. All polypeptide types and sequences are detected by LC-MS/MS and the results are normalized by using Pareto-scaling. The potential metabolic biomarkers are screened out by applying MetaboAnalyst 4.0 software and XCMS software and subjected to variance analysis and enrichment analysis. The significance and pathomechanism of the potential biomarkers are further studied through metabolic pathway analysis and functional enrichment analysis.

**Results** According to the results, it is found that compared to healthy people, 9 differential expressive metabolites are screened, among which 4 of them shows up-regulation and 5 of them shows down-regulation; 7 differential expressive metabolites are screened out in LSIL group, among which 5 of them shows up-regulation and 2 of them shows down-regulation; 12 differential expressive metabolites are screened out in CC group, among which 9 of them shows up-regulation and 3 of them shows down-regulation; 8 differential expressive metabolites are screened out in IF group, among which 5 of them shows up-regulation and 3 of them shows down-regulation. In functional enrichment analysis, it is found that the differential metabolism is related to the the addiment and coagulation cascade. Among all potential biomarkers, 2-Amino-3-methyl-1-butanol, L-Carnitine, Asn Asn Gln Arg, Ala Cys Ser Trp, Soladulcidine, Ala Ile Gln Arg, 2-Amino-3-methyl-1-butanol, L-Carnitine, Asn Asn Gln Arg, Ala Cys Ser Trp, Soladulcidine, Ala Ile Gln Arg can serve as the predictors of precancerous lesions of uterine cervix and cervical cancer in different stages. Among all biomarkers, 6alpha-Fluoro-11beta,17-dihydroxypregn-4-ene-3,20-dione have higher expression in CC and HSIL group and lower expression in the Treatment group.

**Conclusions** The accuracy and specificity of the diagnosis can be enhanced by applying the molecular markers to evaluate the progression of the disease, which has certain prospective in clinical application.

## PU-0040

**Cancer-associated microangiopathic haemolytic anaemia associated with advanced prostate cancer**

Weibin Li

Institute for Laboratory Medicine, 900 Hospital of the Joint Logistics Team, PLA

**Objective** Cancer-associated microangiopathic haemolytic anemia (CA-MAHA) is a secondary syndrome featured by haemolytic anemia and thrombocytopenia of advanced metastatic cancer. Here we present detailed literature of physical examination, laboratory examination and imaging evaluation of a case of CA-MAHA in a patient with metastatic prostate cancer.

**Methods** A 69-year-old man was admitted at our hospital with a month history of weakness, chest distress, sternal tenderness, backache, cough, expectoration, jaundice and red brown-colored urine on June 2017.

**Results** On admission, laboratory findings showed that decreased hemoglobin (HB) level was 6.1 g/dL (normal, 13.0-16.6 g/dL) with elevated 25.1% reticulocyte. Microscopic blood examination and bone marrow aspirates examination showed fragmented red cells or schistocytes, microspherocyte, and bone marrow pathology indicated the metastatic prostate cancer. And computed tomography (CT), Emission computed tomography (ECT) and Magnetic resonance imaging (MRI) revealed metastatic tumor. Oral prednisone acetate or glucocorticoid and transfusion of crossmatch-compatible washed red blood cells were also administered and limited improvement was achieved.

**Conclusions** Identification diagnosis between CA-MAHA and MAHA including TTP, HUS and DIC, is very important for timely treatment of these patients on account of similar laboratory findings and clinical manifestations. It is difficult for the treatment for CA-MAHA on account of most of them in late stage of cancers. Plasmapheresis or fresh frozen plasma, recombinant ADAMTS 13118 or anti-Willebrand factor aptamer, ARC 1779, may be effective in patients of CA-MAHA.

## PU-0041

**Long noncoding RNA PVT1 facilitates colorectal cancer cell proliferation and invasion by IRS1 downregulation through sponging miR-214-3p**

Anquan Shang,Dong Li

Tongji Hospital of Tongji University

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) involved in the occurrence and tumorigenesis of different malignant cancers, therefore, they can be also used as potential biomarkers for diagnosis and treatment of cancers. This study is designed to investigate the regulatory role of lncRNA plasmacytoma variant translocation 1 (PVT1) in colorectal cancer (CRC) to reveal molecular pathogenesis mechanism of CRC.

**Methods** Microarray expression profiles were used to screen differentially expressed genes and lncRNAs associated with CRC. Subcellular localization of PVT1 was examined using fluorescence in situ hybridization. The interaction between PVT1 and microRNA-214-3p (miR-214-3p) as well as between insulin receptor substrate 1 (IRS1) and miR-214-3p were predicted using RNA22 website, and then verified by dual luciferase reporter gene assay, RNA pull-down and RIP assays. The expression pattern of PVT1, miR-214-3p, IRS1, PI3K and Akt was characterized in response to PVT1 silencing or miR-214-3p up-regulation. Meanwhile, their regulatory effects on cell proliferation, invasion and apoptosis were also detected in CRC cells.

**Results** The expression of IRS1 and PVT1 were robustly induced in CRC. LncRNA PVT1, located in the cytoplasm, was identified as a competitive endogenous RNA (ceRNA) against miR-214-3p, while IRS1 was found to be a downstream target gene of miR-214-3p. With increased level of miR-214-3p and decreased level of PVT1 in CRC cells, PI3K and Akt expression was reduced, and as a consequence, the cell apoptosis was stimulated and cell proliferation and invasion was suppressed.

**Conclusions** LncRNA PVT1 competitively binds to miR-214-3p to upregulate the expression of IRS1 through PI3K/Akt signaling pathway activation, thus accelerating CRC progression, suggesting that PVT1 might be a potential target of therapeutic strategies for CRC.

## PU-0042

### Long chain non-coding RNA HOTTIP enhances IL-6 expression to promotes immune evasion of ovarian cancer cells by promoting the expression of PD-L1 in neutrophils

Anquan Shang, Li Dong  
Tongji Hospital of Tongji University

**Objective** HOXA transcript at the distal tip (HOTTIP), belonging to the family of long non-coding RNA (lncRNA), is an important biomarker for ovarian cancer (OC) prognosis. Nevertheless, the function of HOTTIP in immune evasion of OC cells remains undecided. In the current study, the effect of HOTTIP on the development of OC was assessed and the mechanism was discovered as well.

**Methods** The neutrophils were isolated from the clinical samples, and the correlation between programmed death-ligand 1 (PD-L1) and interleukin-6 (IL-6) in neutrophils was analyzed. The relationships among HOTTIP, c-jun and IL-6 were investigated by RIP, CHIP, and the dual luciferase reporter gene assay. The roles of PD-L1, IL-6 and HOTTIP on the T cell proliferation and infiltration were measured in vitro and in vivo. Moreover, the association between HOTTIP and IL-6 in OC tissue and the connection between HOTTIP and OC prognosis were evaluated.

**Results** Positive relationships were observed between IL-6 expression in peripheral blood and the PD-L1 expression in neutrophils of OC patients, and between the HOTTIP and IL-6 expression in OC tissues. HOTTIP could induce the release of IL-6 via c-jun. Besides, HOTTIP boosted the PD-L1 expression in neutrophils and inhibited the T cell proliferation, thus potentiating the immune evasion of OC cells. The prognosis of patients with higher expression of HOTTIP was worse.

**Conclusions** The HOTTIP/IL-6/PD-L1 axis was demonstrates as a novel regulatory signaling pathway involving in the progression of OC.

## PU-0043

### 乙酰转移酶 PCAF 介导的 EZH2 乙酰化修饰调控其蛋白稳定性并促进肺腺癌的进展

万军虎  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** EZH2 蛋白作为表观遗传学的重要调控因子, 能够催化组蛋白 H3 赖氨酸 27 位 (H3K27) 的三甲基化修饰。

**方法** 蛋白目前, 还没有关于 EZH2 乙酰化修饰的报道。在本研究中, 我们综合运用 Western blot、Co-IP、基因点突变、Real-time PCR、ChIP、Transwell 迁移/侵袭和免疫组化等技术手段, 以肺

癌细胞为例,深入探讨了乙酰化修饰对于 EZH2 功能的影响及其潜在机制,并在肺癌病人标本中建立了乙酰化的 EZH2 与疾病进程之间的关系。

**结果** 我们首次研究发现 EZH2 蛋白可以被乙酰化酶 PCAF 催化发生乙酰化修饰,并且可以被去乙酰化酶 SIRT1 催化发生去乙酰化。我们发现 PCAF 可以和 EZH2 蛋白直接相互作用,并且催化 EZH2 在赖氨酸 K348 位发生乙酰化修饰。

**结论** 综上所述,我们揭示出 EZH2 调控的新机制,将 EZH2 的乙酰化修饰与其磷酸化修饰联系起来,共同维持 EZH2 蛋白的稳定性,调控靶基因的转录,从而影响肺腺癌病人的进展。

## PU-0044

### 基于 ELISA 检测 Annexin II 的方案在 APL 发生、预后中的应用

陈晨<sup>1</sup>,冯来鹏<sup>2</sup>,张铁汉<sup>1</sup>

1.新乡医学院第三附属医院,453003

2.新乡医学院第二附属医院

**目的** 急性早幼粒细胞白血病 (acute promyelocytic leukemia, APL) 是急性髓细胞白血病 (AML) 的一种特殊类型,被 FAB 协作组定为急性髓细胞白血病 M3 型。急性早幼粒细胞白血病具有特异的融合基因,染色体核型改变。本病临床表现凶险,起病急,治疗过程中容易发生出血和栓塞而引起死亡。远期疗效好,属预后良好组。已有研究表明,在急性早幼粒细胞白血病细胞中 Annexin II 的表达特异性升高;维甲酸、亚砷酸联合治疗以后,Annexin II 的表达下调。基于此,我们组预建立基于 ELISA 检测 Annexin II 的方案,作为急性早幼粒细胞白血病的发生、预后的辅助诊断手段,对于将来急性早幼粒细胞白血病的诊断将有巨大意义。

**方法** 收集急性早幼粒细胞白血病病人治疗前、预后的外周血液;制备含有 Annexin II 抗体的 ELISA 板;检测并利用 SPASS 分析软件分析 Annexin II 的表达水平;优化检测方案。

**结果** 临床上建立基于 ELISA 检测 Annexin II 的方案,作为急性早幼粒细胞白血病的发生、预后的辅助诊断手段。

**结论** 临床上建立基于 ELISA 检测 Annexin II 的方案的可信性及其重大意义。

## PU-0045

### 干扰素调节因子 IRF3/5/7 对逆转录病毒复制影响能力的差异比较

胡笑梅

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 逆转录病毒由于其独特的生活周期,能够在感染者体内形成长期的潜伏感染而难以根治,如人类免疫缺陷病毒 HIV-1,人类 T 淋巴细胞白血病病毒 HTLV-1 等,而干扰素 (interferon, IFN) 作为机体固有免疫应答反应中发挥抗病毒作用的关键细胞因子,其表达的时序性直接影响着反转录病毒建立潜伏感染的过程。干扰素的诱导表达是由干扰素调节因子 (interferon regulatory factors, IRFs) 家族成员所调控,在逆转录病毒复制过程中,IRFs 家族成员之间如何协同调控干扰素发挥抗病毒作用的机制尚不明晰,因此本文通过比较 IRFs 对逆转录病毒复制影响的差异,旨在宿主层面反映此类病毒形成潜伏感染的原因,为阐明宿主与病毒间的相互作用和博弈关系提供理论基础。

**方法** HIV-1 作为严重破坏人体免疫系统的反转录病毒,由于其具有潜伏感染特性,目前尚未研究出治愈方法,本文以其为研究对象,在 T 淋巴细胞系中分别过表达 IRFs 家族中正向调控 IFN 表达的

转录因子 IRF3, IRF5, IRF7 以及各自的模拟活化突变型, 随后感染泡沫病毒, 48 小时后检测每种条件下病毒的复制水平。

**结果** 实验结果显示三种转录因子对 PFV 的复制具有显著抑制作用, 而且模拟活化型的抗病毒效应均强于野生型, 其中 IRF5 的活化型抑制效应最强, 并且与其自身野生型抑制效应的差异也最大, 由此说明 IRFs 家族成员 IRF5 在抗逆转录病毒的天然免疫应答中发挥着更重要的作用。

**结论** 本文比较了 IRFs 家族成员 IRF3/5/7 对逆转录病毒感染复制影响程度的差异, 结果显示成员间通过协同效应共同抵御病毒的复制, 参与潜伏感染的形成, 其中 IRF5 是产生抗病毒效应的关键成员, 因此以其为切入点研究宿主与病毒间的相互作用, 可为发现新的宿主限制因子及揭示潜伏感染形成的原因提供研究热点。

## PU-0046

### 一例罕见的巨大血小板综合征引发的思考

杨芳

商丘市第一人民医院,476000

**目的** 探讨实际工作中遇到的小病历, 即巨大血小板综合征对血常规检测结果的影响

**方法** 用 Plt—I 是电阻抗法, Plt-o 是光学法分别对血小板进行检测。

**结果** Plt—I 是电阻抗法对大血小板检测结果影响很大, 这时应改用 Plt-o 是光学法进行检测。

**结论** Plt-o 是我们用的血细胞分析仪检测血小板里的一项功能。Plt—I 是电阻抗法, Plt-o 是光学法, 还有一个通道是 plt-F 荧光核酸法, plt-o 和 plt-I 对低值血小板检测很有意义。就是在我们检测到有血小板低值时, 或遇到标本溶血时, 可选用 plt—o 通道进行检测, 因为荧光核酸法, 和光学法对红细胞碎片抗干扰能力很强, 同时还能通过血小板散点图进行初步判定。

## PU-0047

### The Changes in Coagulation Test Results in Subjects with Varying Levels of Thyroid Stimulating Hormone

Guangzhen Fu, Liang Ming

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To investigate the changes in coagulation test results in subjects with varying serum levels of thyroid stimulating hormone.

**Methods** We performed a one-year retrospective analysis to retrieve combined results of activated partial thromboplastin time (APTT), prothrombin time (PT), fibrinogen (Fib), D-dimer, free thyroxine (fT4), tri-iodothyronine (fT3), and thyroid stimulating hormone (TSH) from inpatients who were referred by general practitioners for routine blood testing. Cumulative results were retrieved for 2794 such inpatients.

**Results** Patients with a TSH level  $<0.34 \mu\text{IU/mL}$  had higher PT values ( $10.43 \pm 1.02$  vs  $10.27 \pm 0.91$ ) and Fib values ( $3.00 \pm 0.92$  vs  $2.7 \pm 0.56$ ) compared with patients with  $0.34 \mu\text{IU/mL} < \text{TSH} < 5.6 \mu\text{IU/mL}$ . Conversely, the PT values ( $10.01 \pm 0.95$  vs  $10.27 \pm 0.91$ ) were lower and APTT ( $33.70 \pm 4.17$  vs  $32.56 \pm 4.12$ ) values higher in patients with  $\text{TSH} > 5.6 \mu\text{IU/mL}$  compared to patients with  $0.34 \mu\text{IU/mL} < \text{TSH} < 5.6 \mu\text{IU/mL}$ .

**Conclusions** There are changes in coagulation test results in subjects with varying levels of thyroid stimulating hormone.

## PU-0048

## 慢性肝炎患者肝纤五项、 $\gamma$ -GT 及 APRI 联合检测的临床应用

熊娟,张敬,陈文芳  
汉川市人民医院,432000

**目的** 探讨慢性肝炎患者肝纤五项和  $\gamma$ -谷氨酰转肽酶 ( $\gamma$ -GT) 及 APRI 联合检测的临床意义。

**方法** 选取 130 例慢性肝炎和肝硬化患者为研究对象,选取 50 例健康体检者为对照组,分别检测肝纤五项、 $\gamma$ -GT、AST 及 PLT 的含量,计算 APRI 值,采用 SPSS19.0 软件对数据进行统计分析。

**结果** 轻中度慢性肝炎组 HA、PIIIPN、CIV、LN、 $\gamma$ -GT、APRI 值与对照组比较,差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ),CG 值明显高于对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。重度慢性肝炎组肝纤五项、 $\gamma$ -GT 及 APRI 值均明显高于对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。肝硬化组肝纤五项检测结果明显高于对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ),APRI 值高于对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),而  $\gamma$ -GT 值与对照组比较,差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。肝纤五项、 $\gamma$ -GT 及 APRI 受试者工作曲线 (ROC) 下面积 (AUC) 均  $>0.5$ ,其中 CG 的 AUC 最大,LN 的 AUC 最小。

**结论** 肝纤五项、 $\gamma$ -GT 及 APRI 的联合检测可作为临床预测诊断慢性肝炎患者肝纤维化的常规指标,为慢性肝炎患者的治疗提供依据。

## PU-0049

## 产前血清学筛查与无创产前基因检测在胎儿染色体异常筛查中的联合应用

段秀群<sup>1</sup>,刘思嘉<sup>1</sup>,黄艳<sup>2</sup>  
1.鄂州市中心医院,436000  
2.深圳华大基因医学有限公司

**目的** 探讨血清学筛查与无创产前基因检测(NIPT)联合筛查在胎儿染色体异常筛查中的应用。

**方法** 采用 DIX800 化学发光法对我院产科门诊 5420 例孕妇做三联血清学筛查,对年龄 ( $\geq 35$  岁) 及血清筛查高危孕妇在知情同意情况下行无创产前基因检测,产前基因检测高风险的做产前诊断,并对产前基因检测低风险孕妇追踪随访妊娠结局。

**结果** 5420 例孕妇高龄 ( $\geq 35$  岁) 276 例,21-三体高风险 298 例,18-三体高风险 31 例,一共 605 例。605 例无创产前基因检测为染色体非整倍体高风险 13 例,低风险结果 592 例,13 例经产前诊断 21-三体 5 例,18-三体 3 例,其它异常核型 1 例,对低风险 592 例孕妇随访未发现假阴性结果。

**结论** 唐氏血清学筛查与无创产前基因检测联合筛查可避免 95%以上高龄及唐氏血清筛查假阳性病例进行有创性的产前诊断。

## PU-0050

## CLSI EP12-A2 和 EP15-A2 在磁微粒化学发光法肺炎支原体 IgM 抗体检测试剂性能评估中的应用

王雪盼<sup>1</sup>, 崔宁华<sup>1,2</sup>

1. 郑州大学第一附属医院, 450000

2. 河南省儿童医院

**目的** 应用美国临床实验室标准化协会 CLSI EP12-A2 和 EP15-A2 文件, 评估一种磁微粒化学发光法肺炎支原体 IgM 抗体检测试剂的性能。

**方法** 参照 EP15-A2 文件方法, 选用高中低 3 个浓度的样本, 每个样本每天重复测定 4 次, 持续 5 天, 计算总不精密度。应用 EP12-A2 文件方法, 制备  $C_{50}$ 、 $C_{50}-20\%$ 、 $C_{50}+20\%$  浓度样本, 重复检测 40 次, 验证  $C_{50}\pm 20\%$  是否在  $C_5\sim C_{95}$  区间之外。应用 EP12-A2 文件, 选择来自医院六个科室的 792 份样本, 分别与被动凝集法和 ELISA 法进行方法学比对, 计算符合率和 Kappa 值。

**结果** 三批产品检测高中低三个浓度样本的总不精密度均小于 6%, 低于行业标准和说明书声称值。三批产品的  $C_{50}\pm 20\%$  均在  $C_5\sim C_{95}$  区间之外, 验证通过。磁微粒化学发光法与被动凝集法 (效价 160) 的阳性符合率为 95.8%, 阴性符合率为 96.9%, Kappa 值为 0.893, 与 ELISA 法的阳性符合率为 97.4%, 阴性符合率为 98.9%, Kappa 值为 0.956。

**结论** 用 EP12-A2 和 EP15-A2 文件方法验证的磁微粒化学发光法肺炎支原体 IgM 抗体检测试剂精密性良好, 与被动凝集法和酶联免疫法的临床符合率较好, 性能可以满足临床要求。

## PU-0051

## Oxidative-stress was associated with abnormal glucose metabolism in the liver of diabetic mice induced by streptozotocin

Shuren Guo<sup>1</sup>, Xiaohuan Mao<sup>2</sup>, Yunmeng Yan<sup>1</sup>, Yan Zhang<sup>1</sup>, Shuhong Qian<sup>1</sup>, Cuihong Liu<sup>1</sup>, Hongchun Liu<sup>1</sup>, Xuebin Wang<sup>1</sup>, Liang Ming<sup>1</sup>

1. The first affiliated hospital of Zhengzhou University

2. Henan Provincial People's Hospital, Henan Province, Zhengzhou

**Objective** Oxidative-stress was causal in the development of cell dysfunction and insulin resistance. Streptozotocin (STZ) was an alkylation agent that increased ROS levels. Here we aimed to explore the oxidative-stress and related RNAs in the liver of STZ-induced diabetic mice.

**Methods** RNA-sequencing was performed using liver tissues from streptozotocin (STZ) induced diabetic mice and controls. Pathway and Gene Ontology (GO) analyses were utilized to annotate the target genes. The co-expression of coding non-coding genes was visualized by a cytoscape network. The differentially expressed RNAs involved in the peroxisome pathway were validated by qRT-PCR. The glucose metabolite and OS markers were measured in the control and STZ-induced diabetic group.

**Results** We found 416 lncRNAs and 910 mRNAs were differentially expressed in the STZ-induced diabetic mice compared to the control group. OS associated RNAs were differentially expressed in the liver of STZ-induced diabetic mice. The expression of Ddo, Hao1, ENSMUSG00000046840 and ENSMUST0000014423.1 was negatively correlated with FBS, HbA1c, MDA and GSH levels, and positively correlated with weight, fasting insulin levels, 8-iso-PGF2 $\alpha$  and total SOD activity.

**Conclusions** This study identified aberrantly expressed lncRNAs and mRNAs in STZ-induced diabetic mice, and demonstrated OS-related RNAs possibly regulated hepatic glucose metabolism by modulating the oxidative-stress in the liver of STZ-induced diabetic mice.

## PU-0052

## The serogroup distribution and characteristics of minimum inhibitory concentrations (MICs) of *Streptococcus pneumoniae* isolated from pediatric patients in Kunming

Mingbiao Ma, Mei Yuan, Ming Li, Xiaojuan Li, Hailin Huang, Haiping Wang, Tingyi Du, Rongwei Huang  
Kunming Children's Hospital

**Objective** To provide local epidemiological and antibiotic resistance information of *Streptococcus pneumoniae* by assessing the serogroup distribution and the minimum inhibitory concentrations (MICs) of *S. pneumoniae* isolated from pediatric patients in Kunming area.

**Methods** A total of 140 *S. pneumoniae* isolates were collected from pediatric patients at the Kunming Children's Hospital from January 2016 to October 2017. The specimen resources included sputum, blood, eye secretions, broncho-alveolar lavage fluid and middle ear fluid. Capsular serogroups were identified with latex agglutination and the MICs were determined by E-test.

**Results** 139 isolates were identified and distributed in 8 different kinds of serogroups. The top three prevalent serogroups were serogroups 19, 6 and 15 respectively. The MIC<sub>50</sub> values of penicillin, ceftriaxone and levofloxacin were 1 µg/ml. The MIC<sub>50</sub> values of meropenem and vancomycin both were 0.38 µg/ml. About MIC<sub>90</sub>, penicillin, ceftriaxone and levofloxacin were 1.5 µg/ml. The meropenem and vancomycin were 0.5 µg/ml. The MIC<sub>90</sub> of erythrocine was >256 µg/ml. According to the guidelines provided by the Clinical and Laboratory Standards Institute 2018, there were no isolates resistant to penicillin, ceftriaxone, levofloxacin, and vancomycin among 140 *S. pneumoniae* isolates. The resistance rates of meropenem and erythrocine were 5% and 100% respectively. In addition, the MIC distributions of predominant serogroups including serogroups 19, 6 and 15 against to penicillin were further analyzed. the MICs distributions of serogroups 6 and 15 were concentrated at 1 µg/ml while the serogroup 19 was 1.5 µg/ml. The values of MIC<sub>50</sub> and MIC<sub>90</sub> of penicillin in serogroups 15 and 19 were 1 µg/mL and 1.5 µg/mL respectively. However, the value of MIC<sub>50</sub> in serogroup 6 to penicillin was 0.75 µg/mL instead of 1 µg/ml.

**Conclusions** Serogroups 19, 6 and 15 were the most common serogroups of *S. pneumoniae* in Kunming area. *S. pneumoniae* have low resistant rates to penicillin, ceftriaxone, levofloxacin, vancomycin, and meropenem, and these antibiotics can be the first-line drug for children with *S. pneumoniae* infections in this region.

## PU-0053

## Age-specific reference intervals for serum C1q in healthy pediatric population from birth to the age of 14 years

shu yan, Hong Zhang  
Shanghai Children's Hospital, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China

**Objective** Complement component C1q plays an important role not only in adaptive and innate immunity but also in the development of problems in the central nervous system and regulation of tumor growth. To determine whether plasma levels of C1q are abnormal, it is crucial to first know the normal conditions of C1q under physiological conditions. However, more attention has been given to the levels of C1q in adults. The aim of this study was therefore to find the percentile charts and establish age-specific reference intervals for serum C1q in healthy pediatric population from birth to the age of 14 years.

**Methods** A total of 899 clinically healthy children from birth to 14 years were recruited and the concentration of C1q was measured by immunoturbidimetric assay. The centiles of C1q



distribution were estimated with the exponential-normal 3-parameter model. In addition, age-specific reference intervals were calculated according to the Clinical Laboratory Standards Institute (CLSI) C28-A3c document.

**Results** Serum samples from 899 children were analyzed, and no sex-differences were found for C1q. Nomograms of C1q for the 5th, 10th, 25th, 50th, 75th, 90th and 95th percentiles were produced, which showed C1q varies against age in children. Median concentration of C1q was lowest during the first week of life, followed by a continuous increase with age. By nonparametric method, a statistical test of separate reference intervals was established.

**Conclusions** Monograms and separate intervals of serum C1q in a large sample of pediatric population within the general population were presented. These can be used to discuss C1q related pathologies for routine diagnostic and subsequent therapies in pediatric patients.

#### PU-0054

### 石墨炉原子吸收光谱法测定人全血中铅含量的改进

王凯

沈阳市第九人民医院,110000

**目的** 《GBZ/T 316.1—2018 血中铅的测定》国家标准方法中血液样品的前处理需要使用硝酸,而硝酸作为易制爆化学品,按照《危险化学品管理条例》、《剧毒、易制爆化学品、放射源存放场所治安防范要求》等规定,在购买、存放、使用等方面均有严格的管理制度,为临床工作增加很多困难,且极大地提高了检测成本。为此,本研究旨在不使用硝酸的前提下,建立一种准确可靠易推广的血中铅含量检测方法

**方法** 样品前处理不使用硝酸,仅以 0.1%曲拉通(Triton X-100)溶液稀释血样后,以硝酸钯作为基体改进剂,直接上机测定。在石墨炉操作条件中,在干燥和灰化程序间插入预灰化程序以除碳。

**结果** 方法的检出限为 0.06 $\mu$ g/L,定量下限 0.2 $\mu$ g/L;批内精密度为 0.9%-2.5%,批间精密度为 1.1%-2.9%;回收率 98.7 %~104.1 %。

**结论** 在不使用硝酸的条件下,本方法灵敏度高、精密度与准确度好,与国家标准方法相比,测定结果无显著差异,适用于血液中铅含量的测定。

#### PU-0055

### Cryptococcus neoformans Affects Cell Counting of CSF Performed On Sysmex-4000i Automated Hematology Counter

Xin Li,Zhou Liu,WenWen Chu,Wei Tang,Shihe Guan  
The Second Hospital of Anhui Medical University

**Objective** The aim of this study was to investigate the effect of Cryptococcus neoformans in cell counting of cerebrospinal fluid (CSF) performed on Sysmex-4000i automated hematology counter.

**Methods** Cryptococcus neoformans isolated from clinical CSF specimens was selected. Fungal liquid was prepared with the final concentration of  $(4\sim6) \times 10^6$ /L, then placed into CSF specimens with high, medium and low concentrations of white blood cells (WBC) and red blood cell (RBC). Finally, CSF specimens containing different concentrations of Cryptococcus neoformans were prepared  $((4\sim6) \times 10^3$ /L,  $(4\sim6) \times 10^4$ /L,  $(4\sim6) \times 10^5$ /L,  $(4\sim6) \times 10^6$ /L,  $(4\sim6) \times 10^7$ /L) and analyzed by Sysmex-4000i automatic hematology counter. Through the analysis of the number and the scatter plot of WBC and RBC, then we judged the effects.

**Results** Different concentrations of Cryptococcus neoformans suspension had different effects on CSF specimens with different concentrations of WBC and RBC. Among which, Cryptococcus

neoformans suspension with the concentration of  $(4-6) \times 10^7/L$  had the most significant effect, leading to significantly higher WBC and RBC counts in CSF specimens and increasing the proportion of polynuclear WBC.

**Conclusions** Cryptococcus neoformans may significantly affects the cell counting of CSF performed on Sysmex-4000i automated hematology counter.

## PU-0056

### 临床免疫检验质量控制的相关性措施对检验结果的可靠性和准确性的影响观察

丘江  
湖北江汉油田总医院

**目的** 确定临床上免疫检验质量的干扰因素，针对临床治疗的实际情况，提出相关性的解决措施全面提升对临床免疫检验的质量控制。

**方法** 将我院收取在 2018 年 1 月至 2019 年 5 月期间接受的患者作为研究对象，共选取患者 400 例，采用随机分组的方式将所有患者平均分为对照组与研究组，两组患者需要进行静脉采血处理，对照组需要将血样进行常规免疫检测；研究组患者的血样需要通过严格的质量控制进行检验，并结合操作人员素质、临床实验室的具体环境、标本试剂质量、数据分析以及仪器精准度进行全面的

**结果** 所有患者进行临床诊断后的结果表明，研究组患者的总治疗有效率显著高于对照组，且具有统计学院意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 临床免疫检验的过程中，通过完善临床标本的试剂质量、提升仪器的质量、保证操作人员的工作质量、以及数据分析方式等改进措施，全面采用质量控制的相关性措施能够显著提升检验结果的准确性，并且为临床上后续的治疗提供指导性意见。

## PU-0057

### 尿隐血的实际意义和处理方法

吴咏梅,何沛,吴天  
五家渠农六师医院

**目的** 提升检验价值，坚守改善患者和人民健康使命。

**方法** 用迪瑞 H-800Fus 尿分析仪对 2018 年五家渠地区全民体检，军检，公务员体检，高考学生体检 14626 份尿标本，采用创业软件 6 3 18 11 27-1202 进行统计学分析，统计出尿隐血阳性率为 23.70%，平日门诊用法国 Combiscan500 尿分析仪，每日记录统计门诊消化科，内分泌科，泌尿科，急诊科，妇产科，康复科，心内科，儿科，尿标本发现尿隐血阳性率有上升趋势。2019 年 1 月 680 份门诊病人尿标本，330 份尿隐血阳性，尿隐血阳性率为 48.52%，2 月份 350 份尿标本。尿隐血阳性 195 份，尿隐血阳性率为 51.32%，尿隐血阳性率平均为 49.52%，有上升趋势。

**结果** 尿标本发现尿隐血阳性率有上升趋势，尿隐血阳性率平均为 49.52%，有上升趋势。

**结论** 2018 年-2019 年五家渠地区健康人群尿隐血阳性率为 23.70%。门诊病人尿隐血阳性率为 49.52%，说明五家渠地区人群已处于亚健康状态。提高五家渠人民重视保健体检工作，重视空气污染，环保状况，饮食安全，养成良好的生活习惯，要拥有全面健康的生活，避免过度疲劳，熬夜，加班，焦虑，恐惧，精神紧张等免疫力低下等诸多因素造成的隐患，避免药物滥用，过度医疗，早预防疾病，让百姓过上绿色生活。

## PU-0058

## 郑州市龙湖地区大学生 2 型糖尿病筛查及高危因素分析

邱冬<sup>1</sup>,李敏霞<sup>1</sup>

1.河南医学高等专科学校

2.河南省第二人民医院

**目的** 对河南郑州市龙湖地区新入学大学生进行筛查,统计 2 型糖尿病的患病率,并对高危因素进行分析,使青年糖尿病者得以早发现,早治疗,减少并发症的发生。

**方法** 对参加体检的 49583 名(其中男性 24945 名,女性 24638 名,年龄范围 18~25 岁)新入学的大学生采用葡萄糖氧化酶法测定空腹血糖,对于空腹血糖(FBG) >6.1mmol/L 的学生进行糖耐量试验(OGTT),并收集全部体检学生的年龄、身高、体重、血压及确诊为糖尿病患者的家族史、血脂等资料。体重指数(BMI)  $\geq 25\text{kg/m}^2$  者为肥胖者。统计新入学大学生中糖尿病的患病率及与肥胖、遗传的关系。所有研究对象均排除 1 型糖尿病且无糖尿病症状。

**结果** 49583 名新入学大学生中糖尿病患病率 0.46%,空腹血糖受损(IFG)的患病率 4.2%,其中女性糖尿病患病率(0.53%)明显高于男性糖尿病患病率(0.39%)( $P < 0.05$ )。男性和女性空腹血糖受损的患病率差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。肥胖者糖尿病患病率和空腹血糖受损患病率均高于非肥胖者患糖尿病患病率和 IFG 患病率。两组糖尿病患病率和 IFG 患病率性别间差异均无统计学意义。糖尿病患者中有家族史的占 70.9%,血脂高于正常的占 3.1%。

**结论** 河南郑州市龙湖地区新入学大学生中 2 型糖尿病患病率较高,且女性患病率高于男性,肥胖和有糖尿病家族史是河南郑州市龙湖地区新入学大学生中 2 型糖尿病的高危因素。

## PU-0059

## Combined detection of serum long non-coding RNA UCA1 and circRNAs for the diagnosis and recurrence prediction of bladder cancer

Jingjing Pan<sup>1</sup>,Xiaojuan Xie<sup>2</sup>,Huijin Li<sup>3</sup>,Zhengkun Li<sup>3</sup>,Chunfeng Ren<sup>1</sup>,Liang Ming<sup>1</sup>

1.the first affiliated hospital of Zhengzhou University

2.Shaanxi Provincial People's Hospital

3.Xi'an Medical University

**Objective** To investigate that long non-coding RNAs(lncRNAs) and circular RNAs (circRNAs) whether to be biomarkers for the diagnosis and recurrence prediction in patients with bladder cancer.

**Methods** In the current study, a total of 70 patients were called.The expression of lncRNA UCA1 and associated circFARSA, circSHKBP1 and circBANP was investigated in serum specimens from patients via real-time PCR.

**Results** When comparing patients with BC to healthy controls, the expression levels of lncRNA UCA1, circFARSA and circSHKBP1 were significantly increased. The area under the curve (AUC) of the lncRNA UCA1 and circSHKBP1 signature to distinguish BC patients from controls was 0.870. The diagnostic performance of this signature is more optimal for low volume tumors (AUC=0.870). Moreover, we determined that the expression of circFARSA, circSHKBP1 and circBANP was increased in recurrent compared to non-recurrent. Receiver operating characteristic (ROC) analysis revealed that a combination of circFARSA and circBANP levels were able to discriminate the patients with tumor recurrence from non-recurrent, with an area under the ROC curve of 0.737.

**Conclusions** Our results identified a lncRNA UCA1:circSHKBP1 and circFARSA: circBANP panel for BC diagnosis and prognosis, respectively.

## PU-0060

## 精液白细胞、弹性蛋白酶、精液培养在男性生殖道感染中的诊断分析

李阳

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 男精液白细胞、弹性蛋白酶、精液培养在男性生殖道感染中的诊断分析性生殖道感染为男性不育重要原因,现按照第五版 WHO 人类精液实验室手册对 113 例门诊就诊的男性不育症进行弹性蛋白酶,精液白细胞检测和细菌培养,探讨三个指标在男性生殖道感染诊断中的意义。

**方法** 用酶联免疫吸附试验(ELISA)检测精浆中的弹性蛋白酶,>600ng/ml 作为阳性诊断指标,白细胞过氧化物酶染色对精液白细胞进行检测,计数 $>1.0 \times 10^6$ 作为诊断指标,取精液进行细菌培养,检出细菌为阳性诊断指标。

**结果** 113 例患者中,弹性蛋白酶阳性 107 例(94.7%),精液白细胞阳性 79 例(69.9%),细菌培养阳性 99 例(87.6%)。

**结论** 在男性生殖道感染诊断中,弹性蛋白酶作为早期诊断指标,敏感性较高,精液白细胞作为诊断指标敏感性差一些,细菌培养作为诊断生殖道感染的金标准,但是培养周期较长,不利于病人早期的诊断及治疗,综上,弹性蛋白酶是一个良好的男性生殖道感染诊断指标。

## PU-0061

## 儿童过敏性紫癜肾炎免疫状态及血液指标参数的变化及临床意义

郭艳,连艳珍,楚熙

郑州大学第一附属医院检验科

**目的** 探讨儿童过敏性紫癜肾炎(HSPN)免疫状态和外周血常规指标对过敏性紫癜(HSP)发生的预测价值,提高对可能发生 HSPN 的检出率,以便医务人员采取积极措施,降低患儿 HSPN 的发生率。

**方法** 对 2016 年 1 月-2016 年 7 月我院收住的 89 例 HSP 急性期的患儿进行回顾性病例分析,入院时未经任何治疗措施抽血检测其血常规、IgA、IgG、IgM、C3 的水平,将患儿根据入院时是否存在肾脏损伤将其分为肾脏损伤组(HSPN)42 例和无肾脏损伤组(HSP)47 例。对其血小板计数(PLT)、血小板分布宽度(PDW)、平均血小板比积(PCT)、平均血小板体积(MPV)及 IgA、IgG、IgM、C3 水平进行统计学分析比较。

**结果** HSPN 组 MPV ( $9.49 \pm 1.24$ )、PDW ( $17.77 \pm 1.31$ ) 水平高于 HSP 组 MPV ( $9.49 \pm 1.24$ )、PDW ( $16.85 \pm 1.17$ ) 组, HSPN 组 IgA、C3 水平高于 HSP 组,差异均具有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** HSPN 是 HSP 最严重的并发症,近年来血小板在 HSPN 病程发展中的意义受到重视,免疫球蛋白水平的变化、补体的参与和血液常规指标尤其是血小板指标的改变可能在 HSPN 疾病发展中扮演重要角色,通过检测这些指标有助于临床对 HSPN 的早期诊断和治疗。

## PU-0062

## 线粒体 DNA 单倍型遗传背景下长寿机制的初步研究

马琳

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 前期研究结果表明,在中国人群中线粒体 D4a 与 B4a、N9 分别是长寿人群高频、低频单倍型。我们构建细胞核相同线粒体 DNA 单倍型不同的融合细胞模型,开展相关的线粒体功能实验,以初步探究线粒体 DNA 单倍型遗传背景下长寿的相关机制。

**方法** 通过限制性内切酶切、琼脂糖凝胶电泳方法鉴定出三种单倍型个体,抽取其外周血,提取血小板与去除线粒体的 143B 骨肉瘤细胞融合,构建单倍型融合细胞株 D4a、B4a、N9。融合细胞株进行的实验有:

线粒体 DNA 全序列分析;氧化磷酸化呼吸功能;线粒体能量产生;线粒体膜电位水平;细胞氧自由基 ROS 生成量;线粒体 DNA 拷贝数水平;线粒体 DNA(mtDNA)编码呼吸链复合体亚基表达水平。

**结果** 线粒体融合细胞模型功能实验结果显示,长寿高频单倍型 D4a 其耗氧率,ATP 能量生成量,自由基 ROS 生成量,相对单倍型 B4a 和 N9 偏低。线粒体 DNA 编码的大部分呼吸链复合体亚基 mRNA 表达水平及复合体 I 和 III 含量,长寿高频单倍型 D4a 低于长寿低频单倍型 N9。

**结论** 我们推测长寿高频单倍型 D4a 相对长寿低频单倍型 B4a 和 N9 人群更倾向于抵抗衰老、寿命延长的机制可能是:在特定的线粒体 DNA 单倍型遗传背景下,该单倍型线粒体呼吸链复合体蛋白含量的相对偏低,含量相对较低的氧化磷酸化复合体系统使得其相应的线粒体功能相对减弱,产生的 ROS 相对减少,氧化应激作用相对较低,对机体蛋白质,脂类和核酸的氧化损伤降低,或者是 ROS 参与的信号通路发生变化,从而有利于延缓衰老、延长寿命。

## PU-0063

慢性乙型肝炎免疫清除期患者血清 HBV RNA  
与其它血清病毒学指标相关性分析

高玉华,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 近期研究表明慢性乙型肝炎(乙肝)患者血清 HBV RNA 是未经逆转录的前基因组 RNA,但是其与慢性乙肝患者的其它血清学指标的相关性目前仍不清楚。本文旨在探索慢性乙型肝炎免疫清除期患者血清 HBV RNA 与 HBV DNA、表面抗原(HBsAg)、e 抗原(HBeAg)和 ALT 等指标相关性。

**方法** 通过检索医院信息系统,共收集 25 例慢性乙型肝炎免疫清除期患者血清样本,定量检测患者血清 HBV RNA、HBV DNA、HBsAg、HBeAg 和 ALT 等指标,使用 Spearman 相关分析统计血清 HBV RNA 与其它指标的相关性。

**结果** 25 例免疫清除期患者血清 HBV DNA 均值为 7.63 log IU/ml,而血清 HBV RNA 均值也高达 5.32 log IU/ml,血清 HBsAg 和 HBeAg 分别为 4.01 log IU/ml 和 2.38 log S/CO。相关性分析表明,血清 HBV RNA 与血清 HBsAg 相关性最强, r 值为 0.729 ( $P<0.01$ ),血清 HBV RNA 与 HBV DNA 相关性次之, r 值为 0.709 ( $P<0.01$ ),血清 HBV RNA 与 HBeAg 相关性系数 r 值为 0.650 ( $P<0.01$ ),而血清 HBV RNA 与 ALT 之间无相关性 ( $r=-0.113$ ,  $P=0.591$ )。

**结论** 慢性乙肝免疫清除期患者 HBV 病毒复制、转录和表达均处于活跃状态,血清 HBV RNA 与血清 HBsAg、HBeAg 和 HBV DNA 均有较强的相关性。

## PU-0064

## 血小板淋巴细胞比和中性粒细胞淋巴细胞比在前列腺癌和良性前列腺增生患者中辅助筛查前列腺癌患者的作用研究

魏高辉

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 评估 PLR 和 NLR 在 PCa 和 BPH 初诊患者中筛查 PCa 患者的价值。

**方法** 收集我院 2012 年至 2015 年 PCa 和 BPH 住院患者 96 人; 分析两组患者初诊 PLR, NLR 差异性, 评估其诊断价值。

**结果** PCa 患者的 PLR 中位数为 103.6 (IQR,88.1-120.7), BPH 患者的 PLR 中位数为 127.2 (IQR,91.0-183.8), PCa 初诊患者的 PLR 明显低于 BPH 初诊患者 ( $P=0.011$ ); PCa 患者 NLR 中位数 1.95 (IQR,1.4-2.8), BPH 患者 NLR 中位数 2.6 (IQR,1.7-4.5), PCa 初诊患者 NLR 明显低于 BPH 初诊患者 ( $P=0.008$ ); 应用 ROC 曲线分析, PLR 的曲线下面积为 0.664 (95%CI, 0.554-0.773), NLR 的曲线下面积为 0.643 (95%CI, 0.536-0.750), 两指标均具有诊断价值; ROC 曲线计算 PLR 和 NLR 的最佳 cutoff 值, PLR 小于 145, NLR 小于 2.55 作为在 PCa 和 BPH 初诊患者中筛查 PCa 患者的依据, PLR 小于 145 作为诊断标准的敏感度高达 92.9%。

**结论** PLR, NLR 可作为有价值指标在 PCa 和 BPH 初诊患者中筛查 PCa 患者。

## PU-0065

## 重组轮状病毒疫苗 VP8 蛋白与组织血型抗原的结合性研究

邓中华,谭超超,乐杨桦,陈杰,曹友德  
湖南省人民医院

**目的** 通过研究轮状病毒(rotaviruses, RVs)疫苗株 Rotarix 和 RotaTeq VP8\*蛋白与组织血型抗原(histo-blood group antigens, HBGAs)之间的相互作用, 为进一步明确 RVs 与 HBGAs 的结合特征提供更充分的依据。

**方法** 从 GeneBank 获取 Rotarix 和 RotaTeq 两种疫苗 VP8\*蛋白基因序列, 根据大肠杆菌常用的密码子进行序列优化后人工合成 Rotarix 和 RotaTeqVP8\*蛋白基因并采用 PCR 扩增合成的两种基因, 在引物上下游分别引入 Nde I 和 Xho I 限制性内切酶酶切位点, 将以上获得的 PCR 产物及载体 pET-30a 用 Nde I 和 Xho I 双酶切, 通过凝胶电泳回收目的片段, 然后用 T4 连接酶进行连接, 连接产物转化至 DH5 $\alpha$  感受态细胞。对 PCR 鉴定阳性的菌液提取质粒, 经 Nde I 和 Xho I 双酶切鉴定正确后测序。将合成的基因序列与表达载体 pET-30a 连接后, 导入大肠杆菌 BL21 (DE3), 加入 IPTG 诱导表达, 经 Ni<sup>2+</sup> beads 亲和层析纯化得到 VP8\*-His 融合蛋白, 通过 SDS-PAGE 电泳检测纯化后的蛋白, 然后利用寡糖结合检测目的蛋白与 Ie<sup>a</sup>、Ie<sup>x</sup>、Ie<sup>b</sup>、Ie<sup>y</sup>、A、B、H1、H2 八种寡糖的结合特性, 唾液结合实验分析 VP8\*蛋白与不同血型组织抗原表型唾液的结合特征。

**结果** SDS-PAGE 显示目的蛋白分子量约为 26KDa, 与预期的分子量相符合。寡糖结合实验结果显示 Rotarix 和 RotaTeq VP8\*蛋白能与 H1 型 HBGAs 结合, 唾液结合实验结果显示二者能与分泌型唾液结合, 与非分泌型唾液不结合。

**结论** 轮状病毒疫苗株 Rotarix 和 RotaTeq VP8\*蛋白与 H1 型 HBGAs 结合。

## PU-0066

## 轮状病毒 Rotateq 及 Rotarix 疫苗 VP8 蛋白的原核表达、纯化与鉴定

邓中华  
湖南省人民医院

**目的** 通过大肠埃希菌原核表达体系，分别获得轮状病毒疫苗 Rotateq 及 Rotarix 的 VP8\*基因表达产物，为深入研究轮状病毒 VP8\*蛋白的结构和功能奠定基础。

**方法** 基因合成轮状病毒疫苗 Rotateq 及 Rotarix 的 P[8]型 VP8\*基因序列，将其克隆到携带有 GST 标签的 pGEX-4T1 表达载体中构建重组质粒 pGEX-4T1-VP8\*，测序正确后转化大肠杆菌 BL21 (DE3)，通过 SDS-PAGE 电泳检测表达产物，并通过 Glutathione Sepharose 4B 纯化柱进行纯化，Western Blot 鉴定。

**结果** SDS-PAGE 电泳结果显示分子量 52KD 处有深染带，Western-Blot 显示该处蛋白能与 GST 标签抗体结合。

**结论** 成功构建了包含 Rotateq 及 Rotarix VP8\*基因的重组表达载体 pGEX-4T1-VP8\*，获得了可溶性 GST-VP8\*重组蛋白。

## PU-0067

## 尿常规检验中常规化学法和尿分析仪的应用价值

龚凤  
骅康医院

**目的** 对尿常规检验中常规化学法和尿分析仪的应用价值进行研究分析。

**方法** 选取我院在 2017 年 10 月至 2018 年 6 月收治的 34 例患者晨尿标本展开研究分析，分析不同方法检测结果。

**结果** 在临床检验中常规化学法和尿分析仪两种研究方法检查结果相比，白细胞、红细胞和尿蛋白阳性检验率相比，差异无显著性 ( $P>0.05$ )，且白细胞符合率、红细胞符合率和尿蛋白符合率相比，差异亦无显著性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 在尿常规检查中，常规化学法和尿分析仪各具优劣，应根据患者具体状况将两种方法结合起来检查，便于提高阳性检出率。

## PU-0068

## 浅析血小板减少原因分析及解决方案

谢梅,周敏,何婷  
内江市东兴区中医医院

**目的** 探讨血小板减少的原因，为不同原因导致的小血小板减少寻找适合本实验室的解决方案。

**方法** 对我院 2016 年 4 月至 2018 年 4 月的 34500 例住院病人的血常规标本分别进行仪器复检、手工计数、涂片复检，分析不同原因的血小板减少的复检方法与手工计数的相符率。

**结果** 仪器复检与手工计数的相符率仅为 87.29%，有 129 例结果与手工计数结果不相符。而涂片估算复检与手工计数的相符率为 99.51%，仅 5 例不相符。枸橼酸钠管复检主要是针对 EDTA -PTCP 的标本，与手工计数的结果相符率为 100%。

**结论** 对于血小板真性减少的情况，我们可以直接仪器复查，但为了结果的准确性，笔者认为应该手工计数。而对于仪器有报警的标本建议同时进行手工计数和涂片染色镜检，而对于 EDTA-PTCP 的标本，应重新采集 EDTA 抗凝管、枸橼酸钠抗凝管和指尖血一份，结合仪器检测、手工计数和涂片镜检的估计数综合出结果。

#### PU-0069

### 血清 GP73 和 AFP 对肝细胞癌诊断的临床价值比较

罗南友  
隆昌市人民医院

**目的** 比较血清 GP73 和 AFP 检测对肝细胞癌(HCC)诊断的临床应用价值。

**方法** 用化学发光免疫分析法测定 63 例 HCC、56 例肝硬化、60 例慢性肝炎和 68 健康对照血清 AFP 水平，ELISA 法测定血清 GP73 水平。

**结果** HCC 患者血清 GP73 和 AFP 水平显著高于肝硬化、慢性肝炎和健康人群 ( $P<0.05$ )。血清 GP73 对 HCC 的灵敏度 (SEN)、特异性 (SPE) 和准确度分别为 73.0%、89.7% 和 85.4%。血清 AFP 对 HCC 的 SEN、SPE 和准确度分别为 57.1%、88.0% 和 80.2%。血清 GP73+AFP 并联试验对 HCC 的 SEN、SPE 和准确度分别为 81.0%、81.0% 和 81.0%。GP73 和 AFP 的 ROC 曲线下面积分别为 0.889 和 0.796。

**结论** 血清 GP73 对肝细胞癌的诊断效能优于血清 AFP，GP73 是 HCC 诊断的较好血清标志物。水平，ELISA 法测定血清 GP73 水平。

#### PU-0070

### 血常规检验在地中海贫血和缺铁性贫血诊断与鉴别诊断中

严强  
内江市市中区人民医院

**目的** 针对缺铁性贫血以及地中海贫血结合血常规检测进行诊断与鉴别的综合效果进行分析。

**方法** 本次研究共计纳入病例样本 80 例 (均为本院在 2016 年 3 月至 2017 年 8 月所接诊病例)，其中 40 例已被确诊为缺铁性贫血，视为观察组，余下 40 例则为确诊为地中海贫血患者，为对照组。均接受血常规检验。针对检测结果间差异性进行分析。

**结果** 结合检测可以发现，在红细胞分布宽度、平均红细胞血红蛋白浓度以及红细胞平均体积等方面，两组患者均存在有显著差异  $P<0.05$ 。

**结论** 针对贫血患者通过血常规进行检验能有效对贫血类型进行区分，能促使该部分患者在短时间内得到确诊。0.05。



## PU-0071

## DNA 倍体检测筛查宫颈癌前病变的临床分析

鄢志丽<sup>1</sup>,袁平宗<sup>1,2</sup>

1.内江市中区妇幼保健院,641000

2.内江市第二人民医院,641000

**目的** 了解内江市农村妇女宫颈癌前病变(CIN)情况,采取医学干预措施预防宫颈癌变。

**方法** 对 2015~2016 年内江市农村两癌普查的妇女 7300 例,采用 DNA 倍体定量分析法筛查妇女宫颈癌前病变,阳性病例进行病理学检查。

**结果** DNA 倍体定量分析筛查发现异倍体细胞、细胞异常增生及其异倍体细胞峰 149 例,占 2.04%,其中 35 例经病理学进一步检查 CIN 16 例,阳性率为 45.71%。

**结论** DNA 倍体定量分析方法能及早发现宫颈癌前病变,及早采用医学干预手段防止癌变,是宫颈癌前病变筛查的有效方法。

## PU-0072

## 妊娠期妇女甲状腺功能检测指标的临床应用分析

钟璧珊

威远县妇幼保健院

**目的** 本次实验将针对妊娠期妇女甲状腺功能检测指标结果进行临床应用上的分析与研究,通过对甲状腺激素水平的研究了解与其相关的影响因素,为妊娠期妇女的顺利生产、疾病鉴别提供数据支持。

**方法** 实验选取 2016 年 7 月到 2017 年 6 月于我院接诊的 1000 例妊娠期妇女为研究对象,并选取同数量的非妊娠期妇女为对照组进行对比分析。其主要方式将采用化学发光免疫法进行分析,检测项目包括血清甲状腺激素、血清促甲状腺激素、抗甲状腺过氧化物酶抗体。与此同时,将采用化学比色法进行血脂、血糖水平的测定。

**结果** 两组患者在血清促甲状腺激素水平上无显著差异,但是在血清甲状腺激素 TT3、FT3、TT4、FT4 则存在显著差异。在进一步的研究中,甲状腺自身抗体与血脂、血糖水平无直接联系,具体而言,在自身抗体阳性率的对比过程中,妊娠期组甲状腺球蛋白抗体人数为 133 人,抗甲状腺过氧化物酶抗体人数为 118 人;而对照组则对应为 129 人和 101 人。除此之外,我们发现妊娠期孕妇的抗甲状腺过氧化物酶抗体与血清促甲状腺激素存在相关性。在自身抗体阳性和阴性血脂水平的对比上,两组对比无显著差异,因此,我们认为甲状腺自身抗体的阴性、阳性和血糖、血脂指标无相关性。

**结论** 妊娠期孕妇出现甲状腺功能衰退的概率高于非妊娠期女性,此外,当患者出现甲状腺功能异常的时候,血清促甲状腺激素水平十分敏感,因此,加强对甲状腺的检查有着重要的临床价值。

PU-0073

## 全血 C 反应蛋白与血常规联合检验在儿科感染性疾病中的诊断价值

叶丹

内江市资中县人民医院检验科 四川 内江

**目的** 分析全血 C 反应蛋白与血常规联合检验在儿科感染性疾病中的诊断价值。

**方法** 抽选 2015 年 6 月-2017 年 3 月本院接收的 100 例感染性疾病患儿，根据感染类型不同为依据分组：研究组（50 例，均属于细菌感染），参照组（50 例，均属于病毒感染），回顾性分析 2 组临床资料，均选全血 C 反应蛋白联合血常规检验，对诊断结果做深入分析。

**结果** 检验结果显示，研究组 45 例患儿：32 例全血 C 反应蛋白上升，阳性率 71.11%；35 例血常规白细胞上升，阳性率 77.78%；参照组 44 例患儿：23 例全血 C 反应蛋白上升，阳性率 52.27%；22 例血常规白细胞上升，阳性率 50.00%，有差异性，（ $P<0.05$ ）；随着全血 C 反应蛋白的上升，血常规中白细胞计数也明显上升，二者呈现正相关关系；研究组 45 例患儿全血 C 反应蛋白（ $21.60\pm 8.45$ ）、血常规白细胞计数（ $12.52\pm 1.54$ ），均比参照组（ $54.6\pm 21.7$ ）、（ $22.68\pm 1.75$ ）高，差异明显（ $P<0.05$ ）。

**结论** 临床对儿科感染性患儿展开专业诊断工作时，予以 C 反应蛋白与血常规联合检查，诊断准确率高，可准确诊断患儿的患病情况，便于临床合理用药，以免滥用抗菌药物治疗而影响临床疗效。

PU-0074

## HMAM 基因表达和 CXCL16 以及 CA153 在乳腺癌诊断中的应用

邓君

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨人乳腺珠蛋白（human mammaglobin, HMAM）、趋化因子 CXCL16(CXC chemokine ligand 16, CXCL16)和 CA153 在乳腺癌诊断和治疗监测中的应用。

**方法** 采用 FQ-PCR 检测 50 例健康女性体检者、134 例良性乳腺肿瘤、129 例乳腺癌和 104 例其他肿瘤组外周血中 HMAM mRNA，化学发光法检测 CA153，ELISA 检测 CXCL16，分析与乳腺癌患者临床组织学分期的关系，以及手术前后的差异。

**结果** 乳腺癌组的 HMAM、CA153、和 CXCL16 均高于正常对照组和良性乳腺疾病组，乳腺癌组的 HMAM 和 CA153 高于其他肿瘤组，而 CXCL16 则无显著性差异；HMAM、CA153、和 CXCL16 在手术后有显著下降；在乳腺癌组中，随着临床分期的升高，HMAM、CA153 和 CXCL16 递增，III+IV 期显著高于 I+II 期；CA153 和 CXCL16 联合检测可提高对乳腺癌灵敏度和阴性预测值；HMAM、CA153、和 CXCL16 联合检测可提高特异性和阳性预测值。

**结论** HMAM 和 CA153 对乳腺癌预后有一定的预测作用，HMAM、CA153、和 CXCL16 对术后随访有意义，联合检测有助于提高对乳腺癌诊断的特异性。

## PU-0075

## Usefulness of Mean Platelet Volume for Differential Diagnosis of Rheumatoid Arthritis and Osteoarthritis

fengfeng zhao,Guofang Shu,Maokui Gao,Huixia Lu

Department of Clinical Laboratory of Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** The clinical manifestations and pathological changes of in osteoarthritis (OA) are similar to in rheumatoid arthritis(RA) , such as joint swelling, pain, morning stiffness, and so on, which may lead to joint dysfunction with the development of the disease. OA is easy to be confused with RA in clinic. The expression of mean platelet volume (MPV), hypersensitive C-reactive protein (hsCRP) and rheumatoid factor (RF) in RA, OA and normal human serum were compared. The difference of sensitivity and specificity and the application value of the three indexes in differential diagnosis of RA and OA were evaluated by using the receiver operating characteristic curve. It provides reference for the diagnosis and differential diagnosis of RA and OA.

**Methods** From June 2017 to August 2018, we collected 159 patients with RA who were hospitalized in the Department of Rheumatology, affiliated Hospital of Chinese University of Southeast University, as RA group and 91 patients with OA as OA group. At the same time, 100 cases who passed the physical examination in our hospital were set as the normal control group.SPSS 18.0 statistical software was used for analysis.

**Results** 1. There were significant differences in MVP, RF and hsCRP among RA group, OA group and normal control group (all  $P < 0.05$ ). The levels of serum RF and hsCRP in RA group were higher than those in OA group and normal control group ( $P < 0.05$ ), MVP), which were lower than those in OA group and normal control group (all  $P < 0.05$ ). The serum levels of MVP, RF and hsCRP in OA group were higher than those in normal control group (all  $P < 0.05$ ).

2. According to the ROC curve, the area under the ROC curve of RA diagnosed by MVP was 0.825 (95%CI = 0.733~0.812,  $P < 0.000$ ), taking non-RA patients as reference. The AUC of RA diagnosed by hsCRP was 0.726 (95%CI = 0.804 ~ 0.894), and the AU of RA diagnosed by); RF was 0.781 (95%CI = 0.893 to 0.964,  $P = 0.000$ ). The AUC of RA diagnosed by MVP+hsCRP was 0.906 (95%CI = 0.840 ~ 0.918,  $P < 0.000$ ), and the AUC of RA diagnosed by MVP+RF was 0.939 (95%CI = 0.910 ~ 0.968,  $P = 0.000$ ). The AUC of RA diagnosed by hsCRP+RF was 0.830 (95%CI = 0.865-0.925,  $P = 0.000$ ).

**Conclusions** MVP, hsCRP and RF can be used as effective reference indexes for differential diagnosis of RA and OA, and the combined detection of these indexes can improve the accuracy of RA diagnosis. Therefore, the clinical diagnosis of large joint as OA patients, should pay active attention to MVP and RF indicators, in order to distinguish the possibility of RA, reduce missed diagnosis, misdiagnosis.

## PU-0076

## 血细胞分析新技术和新方法——血液分析 流水线、流式细胞术

吴田田,张蕴莉

锦州医科大学附属第一医院

**目的** 寻找血细胞检测最新方法,提高总体检测效率,使临床医生对患者做出最快、最佳的治疗方案;

**方法** 依据《临床血液学检验常规项目分析质量要求》及国际血液学委员会公布的血细胞分析评价方案,对血液分析流水线的批间精密度、批内精密度等进行评价,其准确率、重复性、可比性及检测速度与希森美康五分类血液分析仪相对比;

**结果** 现血液流水线实现全自动,检测、复检、推片、染片、阅片等自动化,解放人力,提高检测速度,利用核酸荧光染色技术(DIFF 通道)和激光流式分析技术(WBC/BASO 通道)双方法检测白细胞总数和分类,有些仪器还可进行自动审核,并排除了巨大血小板、聚集血小板、异常形态红细胞及细胞碎片对白细胞计数与分类的干扰,保证了白细胞计数与分类的准确性,准确率高,重复性好,与血细胞五分类血液分析仪有可比性,并可检测外周异常细胞和幼稚细胞,采用核酸荧光染色技术(DIFF 通道)和幼稚细胞专用检测技术(IMI 通道),使外周血异常细胞的检测灵敏度大幅提高;更能高度灵敏地进行幼稚细胞定量测定,并提供各项异常报警信息,可有效避免早期白血病的漏检,采用鞘流电阻抗原理检测红细胞、血小板,可避免细胞重叠、偏位、回流对细胞计数影响,大大提高了红细胞和血小板计数的准确性;

**结论** 随着血细胞分析从手工计数、血细胞计数仪、三分类血液分析仪、五分类血液分析仪,发展到现在的血液分析流水线,大大提高了检测效率,血液分析流水线是目前最新、最有效的检测方法,应在各医院得到普遍推广。

## PU-0077

### 男性不育患者精子鱼精蛋白表达的研究 【四川省卫生厅基金资助项目(项目编号: 16PJ471)】

孙昌瑞

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 采用荧光定量聚合酶链反应(FQ-PCR)检测成都地区男性不育患者精子鱼精蛋白(PRM1 和 PRM2)的 mRNA 表达水平,探讨鱼精蛋白的表达对男性不育症的影响。

**方法** 以 GAPDH 为内对照,采用 FQ-PCR 检测 30 例健康体检者、83 例少精子症、61 例畸形精子症患者的精子鱼精蛋白(PRM1 和 PRM2) mRNA 表达水平。

**结果** 少精子组的 PRM1 和 PRM2 mRNA 表达水平显著低于健康体检组和畸形精子症组,畸形精子症组与健康体检组的表达率无差异,联合检测 PRM1 和 PRM2,可提高对少精子症诊断的灵敏度和阴性预测值。

**结论** FQ-PCR 检测精子鱼精蛋白(PRM1 和 PRM2)的 mRNA 表达水平,具有操作简便、价格便宜、标本来源容易等优点,联合检测 PRM1 和 PRM2,可提高对少精子症诊断的灵敏度和阴性预测值,成都地区少精子症 PRM1 和 PRM2 的 mRNA 表达量降低,提示与精子发生存在密切关系,有助于临床对男性不育患者进行基因检测、诊断和个体化治疗,以及进行较大规模的流行病学调查。

## PU-0078

### 心肌标志物联合检测对川崎病早期诊断的临床意义

孙昌瑞

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨心肌标志物联合检测对川崎病患者早期心肌损伤的诊断价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月~2018 年 12 月本院收治的 93 例川崎病患者,根据肌钙蛋白 I(cardiac Troponin I, cTnI)是否阳性分为心肌损伤组 41 例,无心肌损伤组 52 例,另选取同期来院体检的健康儿童 45 例设为健康对照组。采用白蛋白钴结合试验分别测定两组血清缺铁修饰白蛋白

(Ischemia Modified Albumin, IMA)、化学发光法检测 cTnI、免疫抑制法测定肌酸激酶同工酶 (Creatine Kinase-MB, CK-MB)。

**结果** (1) 心肌损伤组的 IMA、cTnI、CK-MB 水平明显高于健康对照组和无心肌损伤组( $P<0.05$ ), 而无心肌损伤组的 IMA、cTnI、CK-MB 和健康对照组无显著性差异( $P>0.05$ ); (2) 心肌损伤组的 IMA、cTnI、CK-MB 的阳性率明显高于健康对照组和无心肌损伤组( $P<0.01$ ), 而无心肌损伤组和健康对照组无显著性差异( $P>0.05$ ), 在心肌损伤组, 按照阳性率从高到低依次为 IMA、cTnI、CK-MB; (3) 三种指标联合检测的阳性率显著高于单个指标。

**结论** IMA、cTnI 和 CK-MB 可辅助诊断川崎病患儿童心肌损伤, 三种指标联合检测有助于早期诊断川崎病的心肌损伤。

## PU-0079

### 尿 NGAL 对传染性单核细胞增多症 儿童患者 早期肾损伤的诊断价值

孙昌瑞

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白(neutrophil gelatinase associated lipocalin, NGAL)对传染性单核细胞增多症患儿(infectious mononucleosis, IM)早期肾损伤的诊断价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月~2018 年 1 月在本科住院的 113 例传染性单核细胞增多症患儿(45 例肾损伤, 68 例无肾损伤)和对照组 50 例, 采用免疫透射比浊法测定尿液中 NGAL 和微量白蛋白(microalbumin, mALB)、酶法测 N- $\alpha$ -乙酰基- $\beta$ -D 氨基葡萄糖苷酶(N-acetyl- $\beta$ -glucosaminidase, NAG)和肌酐(urine creatinine, uCREA), 用免疫散射比浊法测定  $\beta_2$ -微球蛋白(beta2-microglobulin,  $\beta_2$ -MG)。

**结果** (1) 肾损伤组的 NGAL、mALB/uCREA、NAG 和  $\beta_2$ -MG 水平与对照组及无肾损伤组差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 而无肾损伤组的 NGAL、mALB/uCREA、NAG 和  $\beta_2$ -MG 和对照组差异无统计学意义; (2) 肾损伤组的 NGAL、mALB/uCREA、NAG 和  $\beta_2$ -MG 阳性率与对照组及无肾损伤组差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 而无肾损伤组和对照组无显著性差异; (3) NGAL 对肾损伤诊断灵敏度最高, 若 NGAL、mALB/uCREA、NAG 和  $\beta_2$ -MG 联合检测, 可提高对早期肾损伤的阳性检出率。

**结论** NGAL 可用于判断传染性单核细胞增多症患儿是否有亚临床肾损害, 若与 mALB/uCREA、NAG 和  $\beta_2$ -MG 联合检测, 有利于临床早期诊断肾损伤。

## PU-0080

### 结核感染 T 细胞斑点试验在骨结核诊断中的应用研究

张志强, 杨晓东, 饶丽华, 杨华, 柳宗慧, 吴静

三峡大学附属仁和医院

**目的** 探讨结核感染 T 细胞斑点试验(tuberculosis infection of T-cell spot test T-SPOT.TB)在骨结核诊断中的应用价值。

**方法** 对 2018 年 1 月至 2018 年 12 月三峡大学附属仁和医院骨科收治的 108 例疑似骨结核患者进行 T-SPOT.TB 检测, 收集患者年龄、性别、临床表现、影像学诊断、病理学结果、结核菌素纯蛋白衍生物(purified protein derivative, PPD)试验结果等。结合最终临床诊断, 对比分析 PPD 与 T-SPOT.TB 检测在骨结核诊断中的价值。

**结果** 108 例疑似骨结核患者分为确诊骨结核组 37 例，临床诊断骨结核组 8 例，排除骨结核组 63 例。T-SPOT.TB 和 PPD 检测的敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 88.9%、69.9%、67.8%、89.8%和 62.4%、57.1%、50.9%、67.9%。T-SPOT.TB 敏感度、特异性均高于 PPD，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** T-SPOT 检测诊断骨结核的敏感性、特异性均较高，T-SPOT.TB 检测可辅助诊断骨结核。

## PU-0081

### 精细化管理在外送项目财务监督中的应用研究\*

雷明德  
东南医院

**目的** 以财务科下发关于检验科外检费用收支失衡的原因为契机，运用精细化管理理念，分析工作中遇到的问题，增强检验科工作效率，完善检验科标本流程监督。

**方法** 建立检验外送清单，执行清单对接并录入外检项目信息。

**结果** 通过两次精细化管理，完成外检清单及特检清单，使检验科所有标本条码信息化。

**结论** 基于精细化管理理念的应用，改善工作流程，提高工作效率，同时对检验科所有标本溯源性进行监督，保证医疗质量和医疗安全。

## PU-0082

### 粪便 FOB 试纸条辅助检测尿隐血的可行性探讨

李守勇  
东营市人民医院,257000

**目的** 通过实验分析与比较,粪便隐血 FOB 试纸条在尿液隐血检验中的辅助性应用可行性探讨。

**方法** 随机抽取本院留取的尿液标本 100 例，用 FUS-2000 仪器检测后，分拣出尿隐血阴性和阳性标本分成两组，再采用 FOB 试纸条测试观察记录结果，分为干化学尿隐血阴性组、阳性组、FOB 纸质测试组，对显著差异标本结果行人工镜检及其他实验证实，根据结果分析 FOB 试纸在尿隐血检验中作为辅助性验证手段的可行性。

**结果** 经统计分析，仪器法干化学尿隐血阴性的有 70 例，阳性的有 30 例；FOB 试纸条检测，阳性组的 30 例标本均符合，阳性组检测结果一致，无差异（ $P>0.05$ ）。阴性组出现 65 例标本阴性，5 例标本阳性，5 例标本结果与尿液分析仪检测结果不一致，具有显著差异性（ $P<0.05$ ）。针对 5 例标本，经对尿沉渣人工镜检，未查见有形红细胞，但  $VC\geq 5.7$ ，疑是 VC 干扰引起，把 5 份尿液标本煮沸破坏 VC 后用仪器重新测定，结果为阳性，与 FOB 试纸检测结果一致，证实 5 例标本受 VC 干扰导致仪器检测结果为假阴性。

**结论** 仪器法干化学检测尿隐血容易受 VC 干扰导致假阴性，FOB 试纸法不受 VC 干扰，因此尿液  $VC\geq 5.7$  或对尿隐血结果有疑问时，采用 FOB 试纸条辅助检测尿隐血具有一定的可行性。

## PU-0083

## 抗原法和干化学酶法检测白色念珠菌/阴道毛滴虫结果与人工涂片镜检结果一致性的比较

李守勇

东营市人民医院,257000

**目的** 干化学酶法和抗原法两种方法检测白色念珠菌/阴道毛滴虫结果与人工涂片镜检结果更具有一致性。

**方法** 2017年1月17日-1月18日,对我院门诊70例阴道分泌物标本采用抗原法三联检仪器和干化学酶法五联检仪器分别检测,检测结果分为阴性组和阳性组,再将40例标本行人工涂片镜检,作为对照组,记录检测结果。分别统计阴性符合率、阳性符合率和总符合率,比较两种方法检测结果与人工涂片镜检结果更具一致性。

**结果** 70例阴道分泌物标本,抗原法仪器检测,阴性结果的标本数为33例,阳性结果标本数为37例;干化学酶法仪器检测,阴性结果的标本数为43例,阳性结果标本数为27例;人工涂片镜检,阴性结果的标本数为41例,阳性结果的标本数为29例;抗原法与人工镜检结果比较,阴性符合率为80.48%,阳性符合率为78.37%,总符合率为88.57%;干化学酶法与人工镜检结果比较,阴性符合率为95.34%,阳性符合率为93.10%,总符合率为97.14%;抗原法与干化学酶法检测结果比较,阴性符合率80.48%<95.34,阳性符合率78.37%<93.10%,总符合率88.57%<97.14,具有显著性差异( $P<0.05$ )。

**结论** 抗原法和干化学酶法两种方法分别检测阴道分泌物白色念珠菌/阴道毛滴虫比较,干化学酶法检测结果与人工镜检结果符合率更高,更具有一致性。

## PU-0084

## STA-R Evolution®血凝仪常见报警分析与处理

费中海<sup>1,2,3</sup>,万松<sup>1</sup>,张金花<sup>1,2</sup>,刘文<sup>1,2</sup>,李君安<sup>1,2</sup>

1.川北医学院附属医院,637000

2.川北医学院检验系

3.川北医学院转化医学研究中心

**目的** 准确分析报警原因,并能快速处理,及时发放可信的检验报告。

**方法** 根据仪器操作手册并结合实际工作经验,分析报警原因。

**结果** 快速处理报警,并初始化仪器,恢复正常运行状态。

**结论** 掌握仪器的基本原理和操作,熟悉仪器的结构是快速处理报警的关键,同时应该定期进行仪器维护保养,保证仪器正常运行。

## PU-0085

## D-dimer 变化在临床中的诊断价值

费中海<sup>1,2,3</sup>,万松<sup>1</sup>,刘文<sup>1,2,3</sup>,张金花<sup>1,2,3</sup>,李君安<sup>1,2,3</sup>

1.川北医学院附属医院,637000

2.川北医学院检验系

3.川北医学院转化医学研究中心

**目的** 分析D-二聚体定量结果(简称D-dimer)在不同疾病诊断中的应用价值。

**方法** 收集临床相关疾病资料,对在不同疾病中 D-dimer 的变化进行回顾性分析。

**结果** D-dimer 在静脉血栓栓塞症(简称 VTE)、肾病综合征(简称 NS)、弥漫性血管内凝血(简称 DIC)、肝脏疾病、心脏疾病、恶性肿瘤、系统性红斑狼疮(简称 SLE)合并症等疾病中有不同程度的升高变化,并且还是血栓性疾病溶栓治疗的特异性监测指标。

**结论** D-dimer 是临床医生分析机体发生病变,血栓形成的原因、位置以及溶栓治疗的关键指标,有非常重要的价值。

## PU-0086

### 川东北地区成人网织红细胞相关参数参考区间建立

费中海<sup>1,2,3</sup>,李婕妤<sup>1</sup>,万松<sup>1</sup>,张金花<sup>1,2,3</sup>,李君安<sup>1,2,3</sup>

1.川北医学院附属医院,637000

2.川北医学院检验系

3.川北医学院转化医学研究中心

**目的** 建立川东北地区成年人网织红细胞细胞(RET)及其相关参数的参考区间,体现其在疾病的辅助诊断、治疗和预后中的潜在价值。

**方法** 用 Sysmex XN-2000 全自动血细胞分析仪(下简称 XN-2000)对男 233 例,年龄 18~81 岁,女 241 例,年龄 20~83 岁,共 474 例健康人群进行 RET 及其相关参数进行测定,并按不同性别、年龄对相应参数统计分析。

**结果** 平均红细胞容积(MCV)参考区间,男性 81.37fL~98.35 fL,女性 80.10~99.98 fL;网织红百分比(RET%)参考区间,男性 0.40%~1.96%,女性 0.35%~1.91%;网织红细胞绝对数(RET#)参考区间,男性(1.86~9.90)\*10<sup>9</sup>/L,女性(4.85~4.93)\*10<sup>9</sup>/L;未完全成熟网织红细胞指数(IRF)参考区间,男性 0.96%~11.08%,女性 0.94%~9.02%;低荧光强度网织红细胞(LFR)参考区间,男性 88.83%~100.97%,女性 90.98%~100.94%;中荧光强度网织红细胞(MFR)参考区间,男性 0.58%~10.16%,女性 0.71%~8.39%;高荧光强度网织红细胞(HFR)参考区间,男性 0.52%~1.12%,女性 0.41%~0.81%;网织红细胞血红蛋白含量(RET-HE)参考区间,男性 29.48~38.22 pg,女性 27.88~38.30 pg;其中 MCV 51~60 岁之间,RET# 在 41 岁及以上年龄,LFR、HFR 41~50 岁年龄,IFR、MFR 41~60 岁男性组均明显高于女性组,差异有统计学意义(P<0.05)。

**结论** 不同年龄、性别、不同实验室结果有差异,因此各实验室应建立相应的网织红细胞及相关参数参考区间,为临床诊断、治疗及预后提供价值。

## PU-0087

### Effect and Mechanism of Dauricine on Proliferation and Apoptosis of Hepatoma Cells Huh7

Pengfei Zhu,Liang Ming

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To study the effect of dauricine on the proliferation and apoptosis of Huh7 cells, and explore its anti-tumor mechanism and its relationship with Hedgehog signal pathway.

**Methods** Different concentrations of dauricine were used to detect the proliferation of Huh7 cells by MTT assay. Apoptosis of Huh7 cells was analyzed by flow cytometry. Real-time PCR and Western blot were used to detect the expression levels of Hedgehog signaling pathway-related genes and proteins.

**Results** With the increase of the concentration of dauricine and the duration of action, the inhibition rate of Huh7 cell proliferation increased. Among them, 8 µg/mL dauricine had the highest



inhibition rate (48.8%) for 48 h. Dauricine can induce apoptosis in Huh7 cells. As the concentration of dauricine increases, the apoptotic rate of cells increases significantly. The mRNA expression levels of PTCH1, GLI1, SMO and SHH genes in Hedgehog signaling pathway were significantly decreased and negatively correlated with the concentration of dauricine. Western blot analysis showed that the levels of PTCH1, GLI1, SMO and SHH in Hedgehog signaling pathway were significantly decreased, while the level of cleaved Caspase 3 protein was significantly increased, accompany with the expression of Bcl-2 was decreased and dauricine concentration-dependent pattern.

**Conclusions** Dauricine could significantly inhibit the proliferation and promote apoptosis of Huh7 cells, which may play a role in blocking Hedgehog signaling pathway.

## PU-0088

### CTC 检测肺癌与预测复发转移及患者预后的效果研究

许超,葛丽卫

陆军第 72 集团军医院

**目的** 探讨循环肿瘤细胞 (CTC) 在肺癌患者中的表达及在复发转移及预后预测中的应用效果。

**方法** 选择 2014 年 4 月-2015 年 4 月治疗的肺癌患者 71 例作为对象, 设为观察组, 所有患者均行化疗、手术治疗, 治疗后对患者进行 3 年随访, 记录并统计患者性别、年龄、病理类型、肿瘤分期、远处转移、治疗预后、复发等资料; 选择同期入院健康体检者 55 例, 设为对照组。采用免疫磁珠富集联合免疫荧光染色法测定两组 CTC 阳性表达情况; 采用 SPSS Pearson 相关性分析软件对肺癌患者复发、转移及预后与 CTC 阳性率进行相关性分析。

**结果** 观察组肺癌患者中 CTC 阳性率高于对照组 ( $P<0.05$ ); 观察组肺癌组织中 CTC 阳性率与肿瘤分期、分化程度、预后、复发及转移具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); SPSS Pearson 相关性分析结果表明: 肺癌患者复发、转移与 CTC 阳性率呈正相关性 ( $P<0.05$ ); 肺癌患者预后与 CTC 阳性率呈负相关性 ( $P<0.05$ )。结论: CTC 在肺癌患者中阳性率较高, 能预测患者复发、转移, 有助于评估患者预后。

**结论** 综上所述, CTC 在肺癌患者中阳性率较高, 能预测患者复发、转移, 有助于评估患者预后, 能为临床治疗方案的调整提供依据和参考。

## PU-0089

### CTC 对于肺癌是否发生转移以及化疗之后的效果研究

邱黎霞,盛以泉,许超

中国人民解放军陆军第 72 集团军医院

**目的** 探讨循环肿瘤细胞 (CTC) 对肺癌是否发生转移以及化疗后的效果。

**方法** 选择 2015 年 4 月-2016 年 10 月治疗的肺癌患者 68 例, 设为观察组; 选择同期治疗的肺部良性疾病患者 57 例, 设为对照组; 选择同期入院健康体检者 63 例, 设为空白对照组。采用免疫磁珠阴性富集分离、细胞免疫荧光染色法完成静脉中 CTC 阳性率测定; 观察组所有患者均给予化疗治疗, 所有患者均完成 4 周期化疗, 治疗完毕后对患者进行 2 年随访, 记录不同周期下 CTC 阳性率。

**结果** 对照组与空白对照组 CTC 阳性率比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 观察组肺癌患者 CTC 阳性率, 均高于对照组与空白对照组 ( $P<0.05$ ); 观察组患者均完成化疗, 且治疗后对患者进行 2 年随访, 结果表明: 23 例患者发生转移, 且 CR+PR 患者为 41 例。肺癌患者中转移与肺转移、化疗效果 CR+PR 及 PD+SD 患者 CTC 阳性率比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。结论:

CTC 在肺癌患者中呈高表达, 能预测患者是否发生转移, 有助于评估化疗效果, 能为患者治疗方案的调整提供依据和参考。

**结论** 综上所述, CTC 在肺癌患者中呈高表达, 能预测患者是否发生转移, 有助于评估化疗效果, 能为患者治疗方案的调整提供依据和参考。

## PU-0090

### 慢性心力衰竭患者血清 TBA 水平与心室重构及炎症反应的相关性

张蕾,袁慧

首都医科大学附属北京安贞医院,100000

**目的** 探讨慢性心力衰竭患者血清总胆汁酸 (TBA) 水平与心室重构及炎症反应的相关性。

**方法** 收集 2016 年 8 月至 2018 年 2 月我院收治的 123 例慢性心力衰竭患者为病例组, 根据 NYHA 心功能分级标准将其分为 NYHA II 级组 (n=47)、NYHA III 级组 (n=41)、NYHA IV 级组 (n=35), 并于同期随机选取 40 例健康体检者为对照组, 采用酶循环法测定各组血清 TBA 水平, 超声心动图检查心室重构参数包括左心室后壁厚度 (LVPWT)、左心室后壁舒张末期厚度 (PWD)、左心室后壁收缩末期厚度 (PWS)、室间隔收缩末期厚度 (IVSS)、左室心肌质量指数 (LVMI), 放射免疫法测定血清炎症因子包括白细胞介素-6 (IL-6)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)。

**结果** 慢性心力衰竭患者血清 TBA 水平高于对照组, 随着患者 NYHA 分级越高, 血清 TBA 水平越高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。慢性心力衰竭患者心室重构参数 LVPWT、PWD、PWS、IVSS、LVMI 大于对照组, 随着患者 NYHA 分级越高, 心室重构参数越大, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。慢性心力衰竭患者血清 IL-6、TNF- $\alpha$ 、hs-CRP 水平高于对照组, 随着患者 NYHA 分级增加, 血清 IL-6、TNF- $\alpha$ 、hs-CRP 水平越高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。Pearson 积矩相关分析表明, 慢性心力衰竭患者血清 TBA 水平与心室重构参数 LVPWT、PWD、PWS、IVSS、LVMI 呈正相关性 ( $r=0.243\sim0.392$ ,  $P<0.05$ ), 也与炎症细胞因子 IL-6、TNF- $\alpha$ 、hs-CRP 水平呈正相关性 ( $r=0.394\sim0.427$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 慢性心力衰竭患者血清 TBA 异常升高, 且与心室重构、炎症反应密切相关, 故 TBA 早期检测对辅助临床评估慢性心力衰竭病情严重程度有重要意义。

## PU-0091

### 河西走廊地区幽门螺杆菌 iceA、babA2 基因分型与疾病关联性的探讨

王猛,周伟,韩俭,张思,穆红

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨河西走廊胃癌高发区患者幽门螺杆菌(*Helicobacter pylori*,Hp) iceA 和 babA 基因型的分布, 并分析各基因型的分布以及与消化道疾病相关因素的关系, 为当地 Hp 防治提供一定的参考数据。

**方法** 收集病例、从胃黏膜中分离并培养 Hp 菌株, 设计引物进行 PCR 扩增及基因型判定, 通过病例资料整理, 分析 Hp 菌株中 iceA 和 babA2 基因不同基因型与患者临床病理类型、性别和年龄的关系。

**结果** 分离 Hp 菌株并成功扩增 73 份目的基因, 其中 Hp iceA1 和 2 型的构成比分别为 76.71% (56/73) 和 23.29% (17/73), babA2 基因型占比 38.36% (28/73)。Hp iceA1 型在浅表性胃

炎、萎缩性胃炎、消化性溃疡组的患者中的感染率均显著高于 iceA 2 ( $P<0.05$ )，胃癌组患者相反，Hp iceA1 型在 25~40 岁、41~60 岁年龄组的患者中的感染率均显著高于 iceA 2 ( $P<0.05$ )，不同性别患者间 iceA 基因型 Hp 感染率并无显著差异性 ( $P>0.05$ )；消化性溃疡、胃癌患者中 babA2 型感染率显著高于其他病理组 ( $P<0.05$ )，不同性别患者间 babA2 基因型 Hp 感染率并无显著差异性 ( $P>0.05$ )，不同年龄组患者间 babA2 基因型 Hp 感染率并无显著差异性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 河西走廊地区流行的 Hp 菌株 iceA 基因均为阳性并且以 1 型为主，其分布与患者的疾病类型、年龄有关且均具有统计学意义，与性别无关；babA2 基因型感染多发生在在消化性溃疡、胃癌患者。本研究为当地 Hp 的研究提供相应的数据，填补空白，为防治工作提供有效依据。

## PU-0092

### 应用重组酶聚合酶扩增检测法快速分群解脲支原体的探讨

王猛<sup>1</sup>,周伟<sup>2</sup>,韩俭<sup>3</sup>,张思<sup>4</sup>,穆红<sup>1</sup>

1.天津市第一中心医院,300000

2.兰州大学第一医院感染科研究室

3.兰州大学病原生物研究所

4.南开大学泰达学院

**目的** 探讨应用重组酶聚合酶扩增 (recombinase polymerase amplification, RPA) 解脲支原体 (Ureaplasma urealyticum, UU) 快速分群的检测方法，并与 PCR-反向点杂交法比较结果，建立 UU 快速分群的 POC 检测方法。

**方法** 采用 UU 标准菌株、收集临床样本及阴性质控菌株，经设计引物、液体培养、菌株及临床样本 DNA 提取，对 UU 标准菌株、收集临床样本及阴性质控菌株进行 RPA 法、PCR-反向点杂交法分群，通过两种方法的结果比较，评价应用 RPA 法检测 UU 快速分群实验。

**结果** RPA 法成功将 UU 标准菌株分群；113 例临床样本中检测发现 39 例 UU 感染，其中 12 例 UU 为生物 I 型，27 例为生物 II 型；阴性质控菌株未扩增；以上 UU 标准菌株、临床样本、阴性质控菌株经过 PCR-反向点杂交法分群结果与 RPA 法一致。

**结论** RPA 法与 PCR-反向点杂交法对 UU 进行分群结果一致，应用 RPA 法可以简捷、快速、高效、灵敏的完成 UU 的分群，获得致病 UU 的诊断结果，实现早发现、早治疗的诊断目的，同时也为其他病原体的临床诊断提供可靠的参考检测方法。

## PU-0093

### Genetic diversity of vacA and cagA of Helicobacter pylori in Hexi Corridor and the discussion of its correlation with related disease

Meng Wang

Department of Clinical Laboratory, Tianjin First Central Hospital

**Objective** To investigate the genetic relationship between Helicobacter pylori (Hp) cagA and vacA in Hexi Corridor and that at home and abroad, then discuss the association with the type of disease.

**Methods** A total of 43 gastric mucosa specimens from patients with digestive tract diseases in Hexi Corridor region were collected, 30 strains were isolated and cultured. The genome DNA of HP strain extracted. cagA and vacA were amplified and sequenced by synthetic primers to analyze the relationship between cagA and vacA at home and abroad and conclude the relationship between these two genes and disease type in Hexi Corridor.

**Results** 30 Hp strains were isolated and cultured, and 26 *cagA* and 22 *vacA* genes amplified and sequenced. The phylogenetic tree and data analysis of *vacA* and *cagA* in Hexi Corridor showed that there were a local-aggregation of *vacA* and *cagA* in this area. The evolutionary trend is more similar to that of Asian strains. There was no significant correlation between the distribution of *vacA* and *cagA* and the pathological type distribution in Hexi Corridor.

**Conclusions** The genetic characteristics of HP strains in Hexi Corridor were closer to those of Asian strains, and the *cagA* has greater genetic variability than other specific gene strains. The evolution and distribution of *vacA* and *cagA* not related to the pathological type of the disease.

PU-0094

## 新生儿遗传代谢病串联质谱筛查影响因素分析及基因检测结果分析

胡勤<sup>1</sup>, 毛雨<sup>2</sup>, 钟强<sup>3</sup>, 杜香莲<sup>3</sup>, 韦懿<sup>1</sup>

1. 自贡市妇幼保健院, 643000

2. 重庆医科大学附属第一医院内分泌科

3. 四川省三物公司

**目的** 探讨本地区串联质谱技术筛查新生儿遗传代谢病的发生率情况, 并分析影响筛查指标的可能因素; 新生儿遗传代谢病基因检测结果与疾病的关联性分析。

**方法** 统计分析 2018 年 1、2 季度在本院新生儿筛查中心采用串联质谱技术进行遗传代谢病筛查的 6038 例新生儿的临床资料, 记录串联质谱技术筛查的可疑阳性患者, 统计发生率; 将筛查结果正常的样本分别根据新生儿出生时孕周、出生体重、采血时间及所在地区进行分组, 比较各组新生儿各种氨基酸水平; 对可疑阳性患儿进行目标序列捕获测序 (遗传代谢病 PANEL), 根据测序结果查询 OMIM、Dicepher 等数据库分析基因检测结果与疾病的关联性。

**结果** 本研究中 6038 例新生儿, 串联质谱筛查为可疑阳性的占 3.44% (208/6038); 剔除可疑阳性新生儿后, 早产组与足月组新生儿体内 ARG、PHE、CIT 浓度比较无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 出生体重  $\leq 2500$  g 组与  $> 2500$  g 组新生儿体内 ARG、GLY、CIT、LEU、MET、PHE 浓度比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 采血时间 3~7 d 组与  $> 7$  d 组新生儿体内 PHE、TYR、PRO 浓度比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 内江地区与自贡地区新生儿体内 ALA、VAL、GLY、LEU、TYR、PRO 浓度比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 除以上几种外, 其余各种氨基酸浓度早产组与足月组比较、出生体重  $\leq 2500$  g 组与  $> 2500$  g 组比较、采血时间 3~7 d 组与  $> 7$  d 组比较、内江地区与自贡地区比较, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 可疑阳性患儿测序结果确诊 1 例酪氨酸血症, 1 例短链酰基辅酶 A 脱氢酶缺乏症 (SCAD), 1 例甲基丙二酸血症, 1 例 2-甲基丁酰甘氨酸尿症, 4 例 3-甲基巴豆酰辅酶 A 羧化酶缺乏症携带者, 基因突变位点均在数据库中有明确报道。

**结论** 串联质谱检测可早期发现新生儿遗传代谢病, 但应根据新生儿胎龄、出生体重、采血时间以及地区差异确定截断值, 以降低假阳性率; 高通量测序分析遗传代谢病相关基因不仅可以确诊疾病, 还能预测相关疾病的发生, 提早进行预防, 降低发病率及死亡率。

PU-0095

## The expression of CD74 and macrophage migration inhibitory factor protein is upregulated in HBV-related hepatocellular carcinoma

changsong zhang,Jing Zhu  
Changzhou Cancer Hospital

**Objective** Hepatocellular cancer (HCC) is one of most common cancer with complication of chronic hepatitis, especially for hepatitis B virus (HBV), in China. Increasing evidence suggests that chronic HBV infection could result in progressive liver disease due to lead to chronic inflammation of hepatocytes. Cirrhosis could result from inflammation of liver tissue environment induced by pro-inflammatory cytokine production, which contributes to cancer development.

As an MHC class II chaperone, CD74 is a type of transmembrane protein, which is expressed on the cell surface of antigen-presenting cells. In immune cells, CD74 plays a role of a receptor for the cytokine, macrophage migration inhibitory factor (MIF). MIF is also as a pro-inflammatory cytokine and represents an important link between chronic inflammation and tumorigenesis. To assay microenvironments changes in HBV-related HCC patients, the expression levels of inflammatory cytokines CD74 and MIF have been quantified in tumors and non-tumor samples. Our aims were to explore the role of CD74-MIF pathway in the pathophysiology of HBV-related liver malignancies.

**Methods** We evaluated the level of CD74 by a capture enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and the level of MIF protein was determined by Human Magnetic Luminex® Assays in 60 HBV-related hepatocellular carcinoma (HCC) patients.

**Results** The mean concentration of CD74 was elevated significantly in tumor tissue (10.24 ng/mg) compared with non-tumor tissues (3.86 ng/mg). Meanwhile, the level of MIF was 63.49 ng/mg in tumor tissues, and 45.47 ng/mg in non-tumor samples. We found that elevated CD74 protein expression was associated with elevated serum AFP level and AST/ALT ratio, but elevated MIF protein was associated with Lymph node metastasis, serum AFP level and AST/ALT ratio. Only high level of MIF protein was associated with short-term survival months in HBV-related HCC patients. The elevated expression of MIF protein was associated with HBV  $\geq 10^5$  (copies/ml) in liver cancer. The elevated level of MIF protein level was associated with the elevated level of CD74 protein in HBV-associated HCC progression.

**Conclusions** In sum, HBV could influence MIF expression by pro-inflammatory cytokines induced in tumor microenvironment. Our data indicated that HBV could increase MIF protein levels. These data suggested a role of CD74-MIF pathway in HBV-associated HCC. These data elucidated MIF might contribute to hepatocarcinogenesis as an abundant inflammation cytokine by HBV virus induced. However, further studies are needed to pro-inflammatory cytokines involving in multiple pathways for HBV-mediated liver pathogenesis.

## PU-0096

## 血清 CEA、NSE、CYFRA21-1 水平联合检测 对肺癌患者诊断效能的影响

孙政敏

新乡市第一人民医院,453000

**目的** 探讨血清癌胚抗原 (CEA)、神经特异性烯醇化酶 (NSE)、细胞角蛋白 19 片段抗原 (CYFRA21-1) 水平联合检测对肺癌 (PBC) 患者诊断效能的影响。

**方法** 选取我院 2017 年 5 月~2018 年 7 月确诊为 PBC 患者 62 例为观察组,以组织病理活检为金标准。选取同期良性患者 62 例为对照组。对比两组患者血清 CEA、NSE、CYFRA21-1 水平及血清 CEA、NSE、CYFRA21-1 水平联合检测诊断效能。

**结果** 血清 CEA、NSE、CYFRA21-1 水平联合检测阳性预测值、灵敏度高于 CYFRA21-1 ( $P < 0.05$ ); 血清 CEA、NSE、CYFRA21-1 水平联合检测特异度、阳性预测值高于 CEA ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清 CEA、NSE、CYFRA21-1 水平联合检测应用于 PBC 患者诊断,能提高诊断效能,可为临床诊断、选择治疗方案提供依据,值得临床推广应用。

## PU-0097

## 脑脊液中肝素结合蛋白在颅内感染性疾病中的临床应用

刘美

辽宁省人民医院,110000

**目的** 探讨脑脊液 (CSF) 中肝素结合蛋白 (HBP) 水平在颅内感染性疾病中的临床应用价值。

**方法** 收集 2016 年 12 月至 2018 年 5 月在辽宁省人民医院住院的开颅术后患者 150 例 (术后细菌性颅内感染组 73 例,术后未感染组 77 例),同时收集同时期未手术患者 46 例 (非细菌性颅内感染组 14 例,对照组 32 例)。分别采用胶乳免疫比浊法、电化学发光法测定脑脊液中 HBP、PCT 浓度,统计分析各组检测指标的差异,并比较不同颅内感染程度患者的脑脊液 HBP 水平。

**结果** 术后细菌性颅内感染组脑脊液 HBP、WBC、中性粒细胞、PCT 和血清 PCT 均显著高于术后未感染组 ( $P < 0.05$ )、非细菌性颅内感染组 ( $P < 0.05$ ) 和对照组 ( $P < 0.05$ ); 术后未感染组与非细菌性颅内感染组之间脑脊液 HBP、WBC、中性粒细胞差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ),而脑脊液和血清 PCT 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 术后未感染组与对照组之间脑脊液 HBP、WBC、中性粒细胞差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ),而脑脊液和血清 PCT 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 非细菌性颅内感染组与对照组之间脑脊液 HBP、PCT 和血清 PCT 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ),脑脊液 WBC、中性粒细胞差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。重症颅内感染组脑脊液 HBP 水平显著高于轻症颅内感染组 ( $P < 0.05$ )。预后不良组脑脊液 HBP 水平显著高于预后良好组 ( $P < 0.05$ )。脑脊液中 HBP、WBC、中性粒细胞、TP、PCT 和血清 PCT 诊断细菌性颅内感染的 ROC 曲线下面积分别为 0.986、0.987、0.945、0.945、0.770 和 0.914,鉴别诊断细菌性颅内感染和非细菌性颅内感染的 ROC 曲线下面积分别为 0.994、0.958、0.961、0.929、0.747 和 0.936。

**结论** 脑脊液中 HBP 是较理想的辅助诊断细菌性颅内感染的指标,对鉴别细菌性颅内感染与非细菌性颅内感染具有重要意义,升高幅度与感染的严重程度和疾病预后相关。

## PU-0098

## Diagnostic value of Galactomannan in Serum and Bronchoalveolar Lavage Fluid for Invasive Pulmonary Aspergillosis in Nonneutropenic Patients

Ziwei Wu  
Second Xiangya Hospital

**Objective** Invasive pulmonary aspergillosis (IPA) is a life-threatening disease that is difficult to find in the early phase. The galactomannan (GM) test can effectively help diagnose IPA; however, the diagnostic value of bronchoalveolar lavage fluid (BALF) GM in nonneutropenic patients with IPA remains controversial. Our object is to evaluate the diagnostic performance of GM detection in serum and BALF for IPA in nonneutropenic patients.

**Methods** A total of 291 patients in the Second XiangYa Hospital between January 2016 and October 2018 were included in the final analysis. According to the 2016 Infectious Diseases Society of America (IDSA), the European Organization for Research and Treatment of Cancer/Invasive Fungal Infection Group (EORTC/IFICG), and the American Mycosis Research Group (MSG) guidelines, all cases were divided into an IPA group (24 cases) and a non-IPA group (267 cases). Their serum and BALF concentrations of GM were detected by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). Receiver operating characteristic (ROC) curves were drawn to compare the diagnostic efficiency of BALF and serum GM. And, the optimal cut-off value for BALF GM assay was determined by calculating the Youden index. We analyzed its sensitivity, specificity, positive predictive value, and negative predictive value.

**Results** According to the ROC curves of BALF and serum GM, the areas under the curve are 0.961 and 0.699, respectively. When the BALF GM value of 0.87 is the best threshold, the sensitivity was 91.7%, the specificity was 92.5%, the positive predictive value was 52.1%, and the negative predictive value was 99.2%.

**Conclusions** BALF GM detection is a more sensitive diagnostic tool than serum GM. Our retrospective study suggests that the optimal cut-off value of GM detection in BALF is 0.87.

## PU-0099

## 人乳头瘤病毒感染、阴道微环境改变与宫颈癌变关系的研究

林雨虹, 王晓贤, 林伟  
福州市第一医院, 350000

**目的** 了解福州地区人乳头瘤病毒 (Human papilloma virus, HPV) 基因型分布情况, 及阴道微环境改变与高危型人乳头瘤病毒 (High-risk human papilloma virus, HR-HPV) 感染、宫颈上皮内瘤变 (cervical intraepithelial neoplasia, CIN) 或癌变的关系。

**方法** 收集 2014-2018 年至福建医科大学附属福州市第一医院检查的 5525 例患者 HPV 基因分型、阴道微环境或病理活检检测结果, 并做相关性分析。标本全部为福州籍贯各区、县送检标本, 年龄范围为 16-83 岁, 平均年龄为 (38±11) 岁。

**结果** 1. 5525 例检测样本, 共检出 1793 例 HPV 阳性标本, 总阳性率为 32.45%。单一感染 1254 例 (69.94%), 基因亚型排名前三的为: 52、16、51, 以高危型感染为主; 多重感染中以双重感染为主, 且多为高危合并低危型感染, 双重感染检测出 370 例 (20.64%), 最多检出八重感染, 共 2 例, 年龄分别为 16、19 岁; 以不同年龄分组, 在 HR-HPV 感染中以 ≤30 和 >50 岁的人群为主, 各年龄组检出率差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。2. HPV 感染组的阴道微环境清洁度、念珠菌、滴虫、细菌性阴道病 (BV)、以及清洁度混合 BV 检出率高于 HR-HPV 阴性组 ( $P < 0.05$ ); 同时

BV 是 HPV 感染的独立危险因素；滴虫、BV 异常检出 CIN 或发生宫颈癌变的情况高于正常健康组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 1.HPV 感染具有明显地域性，福州地区女性的 HPV 感染率高于全国很多城市，因此对本地区女性宫颈癌的筛查和预防工作还是刻不容缓。2.阴道微环境的异常可能导致机体感染 HR-HPV 的概率增加，持续 HR-HPV 感染导致癌前病变，从而进一步发展为宫颈癌。

## PU-0100

### 室间质评回报结果分析在血常规检验质量控制中的应用

赖小群<sup>1</sup>,李传达<sup>1</sup>

1.资中县双龙中心卫生院

2.内江市第二人民医院,641000

**目的** 探究室间质评回报结果在血常规检验质量控制中的应用。

**方法** 选取 2015 年至 2017 年内江市室间质评结果，计算分析室间质评结果的平均偏差率和优良率，寻找原因，作出相应整改措施。

**结果** 1、2015 年至 2017 年室间质评结果有 2 次超出了允许偏差，其余项均在允许偏差内；2、2015 年全年优良率 90%，2016 年全年优良率 60%，2017 年上半年优良率 52%，下半年为 100%。

**结论** 室间质评结果分析可作为实验室的质量改进评价工具，对检验科质控管理有着重要的应用价值。

## PU-0101

### 几种尿液标志物对败血症患儿早期肾损伤的临床诊断价值

王瑾<sup>1</sup>,谭翔<sup>2</sup>

1.四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

2.解放军第 452 医院医学工程科

**目的** 探讨尿中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白 (neutrophil gelatinase associated lipocalin, NGAL)、微量白蛋白 (microalbumin, mALB) / 肌酐 (urine creatinine, uCREA)、 $\alpha$ 1- 微球蛋白 ( $\alpha$ 1-microglobulin,  $\alpha$ 1-MG) 和  $\beta$ 2- 微球蛋白 ( $\beta$ 2-microglobulin,  $\beta$ 2-MG) 联合检测对败血症患儿早期肾损伤的诊断价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月~2018 年 1 月在本科住院的 93 例败血症患儿 (39 例肾损伤, 54 例无肾损伤) 和对照组 50 例, 采用免疫透射比浊法测定尿液中 NGAL 和 mALB, 酶法测 uCREA, 用免疫散射比浊法测  $\alpha$ 1-MG 和  $\beta$ 2-MG。

**结果** (1) 肾损伤组的 NGAL、mALB/uCREA、 $\alpha$ 1-MG 和  $\beta$ 2-MG 水平明显高于对照组 ( $P<0.05$ ) 和无肾损伤组, 而无肾损伤组的 NGAL、mALB/uCREA、 $\alpha$ 1-MG 和  $\beta$ 2-MG 和对照组无显著性差异 ( $P>0.05$ ) ; (2) 肾损伤组的 NGAL、mALB/uCREA、 $\alpha$ 1-MG 和  $\beta$ 2-MG 阳性率明显高于对照组和无肾损伤组 ( $P<0.05$ ), 而无肾损伤组和对照组无显著性差异 ( $P>0.05$ ) ; (3) NGAL 对肾损伤诊断灵敏度最高, 若与 mALB/uCREA、 $\alpha$ 1-MG 和  $\beta$ 2-MG 联合检测, 可提高对早期肾损伤的阳性检出率。

**结论** NGAL, mALB/uCREA、 $\alpha$ 1-MG 和  $\beta$ 2-MG 联合检测, 有利于临床早期诊断肾损伤。



## PU-0102

## NDM-1-producing *Enterobacter aerogenes* Outbreak in Tumor Hospital

weiqiang xiao

Department of Clinical Laboratory, Affiliated Cancer Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou, China

**Objective** The emergence and spread of New Delhi metallo- $\beta$ -lactamase-producing Enterobacteriaceae has been a serious challenge to patient treatment and infection control because of its role in conferring multi-drug resistance worldwide. As a member of the carbapenemase family, New Delhi metallo- $\beta$ -lactamase (NDM) is able to confer resistance to almost all  $\beta$ -lactams, including carbapenems, in Enterobacteriaceae. We describe three multi drug resistant *Enterobacter aerogenes* strains that were recovered from three tumor patients in Affiliated Henan Cancer Hospital of Zhengzhou University in China.

**Methods** Three NDM-1 positive *Enterobacter aerogenes* strains were detected in three patients from Henan cancer hospital. MIC values of imipenem and meropenem were recorded 16 $\mu$ g/ml for the three isolates, respectively. Molecular analysis showed that all of these strains harbored the bla<sub>NDM-1</sub> genes and clonally relatedness of those strains.

**Results** The bla<sub>NDM-1</sub>-carrying plasmids were part of the IncA/C group, with sizes being ~54-kb. The genetic environment of bla<sub>NDM-1</sub> in *Enterobacter aerogenes* HN0711 revealed that pHN-NDM0711 may be acquired through gene recombination from *Klebsiella pneumoniae* and *Acinetobacter baumannii* strain. This is the first report of a nosocomial outbreak of bla<sub>NDM-1</sub> detected in *Enterobacter aerogenes* clinical isolates in China.

**Conclusions** It is important to mandate prudent usage of antibiotics and implement infection control measures and prevent the spread of these resistant bla<sub>NDM-1</sub>-positive strains.

## PU-0103

## 入院 D 二聚体水平与儿童社区获得性肺炎 住院时间关系的研究

宗晓龙<sup>1</sup>,魏殿军<sup>2</sup>

1.天津医科大学第二医院

2.河北燕达医院

**目的** 研究入院 D-dimer 水平与儿童社区获得性肺炎住院时间的关系。

**方法** 回顾性研究 2016 年 12 月至 2017 年 12 月天津某三级医院收治的 CAP 患儿,通过电子病案系统查询相关资料,应用 Logistic 回归模型和 COX 比例风险模型分析入院 D-dimer 水平与住院时间的关系。

**结果** 共有 413 例 CAP 患儿纳入研究,住院时间为 3 至 21 天,中位时间 7 天;入院 D-dimer 中位水平为 510.87ng/ml,三分位点为 400, 712.23 ng/ml。Logistic 分析显示入院 D-dimer 水平是 CAP 儿童住院时间大于 7 天的独立危险因素,高水平(>712.23) vs 低水平(<400) OR 值 3.335 (95%CI: 1.973-5.637, P<0.001), 中水平(400-712.23) vs 低水平(<400) OR 值 2.015 (95%CI: 1.195-3.398, P=0.009)。COX 分析显示高水平 D-dimer (>712.23) 较低水平(<400) 出院概率降低,HR 值为 0.652 (95%CI: 0.486-0.874, P=0.004), 即住院时间较长的风险增大。

**结论** CAP 患儿入院 D-dimer 水平与住院时间具有独立相关性,提示入院 D-dimer 检测可能有助于 CAP 患儿的临床管理。

## PU-0104

## 血清铁、铁蛋白和转铁蛋白检测在肝脏疾病中的变化分析

郑秀丽

齐齐哈尔市第七医院(原:齐齐哈尔市传染病防治院),161000

**目的** 对血清铁、铁蛋白和转铁蛋白在肝脏疾病时的变化研究。

**方法** 血清铁采用比色法测定,血清铁蛋白和转铁蛋白采用免疫比浊法测定,使用的仪器是日立7600-010全自动生化分析仪。

**结果** 血清铁共检测 5558 人次,其中 1148 人次高于正常值,1200 人次低于正常值,剩余 32010 人次在正常范围;血清铁蛋白共检测 1260 人次,其中 530 人次高于正常范围,730 人次在正常范围;血清转铁蛋白共检测 1190 人次,其中 600 人次低于正常范围,其余 590 人次在正常范围。

**结论** 根据检测结果得出,肝脏疾病患者根据病情轻重血清铁、铁蛋白和转铁蛋白会有不同程度的升高或降低。

## PU-0105

## Clinical evaluation of CY211 and CEA for diagnosis in patients with early stage non-small cell lung cancer

Shunhua Wang

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To evaluate the value of detection of serum carcinoembryonic antigen (CEA) and cytokeratin 19 fragment (CYFRA21-1) for the clinical diagnosis of early stage NSCLC.

**Methods** Levels of CEA and CYFRA21-1 expression in the serum of 148 early stage (I-III A) NSCLC patients, 69 Pulmonary benign disease (PBD) whose imaging scan features were similar to lung cancer and 146 normal controls were measured by electrochemiluminescence and the receiver operating characteristic (ROC) curve for each factor was constructed. Relations between the two markers and clinical characteristics were evaluated.

**Results** The serum levels (median, range) of CEA and CYFRA21-1 were 2.975 (0.38-80.98) ng/ml and 2.975 (0.19-27.79) ng/ml respectively in lung cancer group, 1.7 (0.2-8.35) ng/ml and 2.18 (0.624-6.22) ng/ml respectively in the PBD group and 1.97 (0.52-9.82) ng/ml and 2.25 (0.88-7.2) ng/ml respectively in normal controls. Levels of serum CYFRA21-1 and CEA were significantly higher in early stage NSCLC group in comparison with the normal control and PBD groups ( $p < 0.0001$ ). The ROCs of CEA and CYFRA21-1 were 0.702 (95% CI, 0.654-0.751) and 0.598 (95% CI, 0.542-0.654) respectively, indicating very low power of these two tumor markers. When use the recommended cutoff values, the sensitivity of CEA and CYFRA21-1 were 26.67% and 39.26% respectively, when combined, the sensitivity was 51.85%. The positive rate of CEA was higher in adenocarcinoma than squamous cell carcinoma, while CYFRA21-1 was higher in squamous cell carcinoma than adenocarcinoma. The expression of CEA was related to lymph node metastasis, while CYFRA21-1 was related to gender, tumor size, lymph nodes metastasis and clinical stages.

**Conclusions** Single detection of CEA and CYFRA21-1 is of low diagnostic value in the diagnosis of early stage NSCLC, when combined these two factors, the diagnostic power was strengthened, and they could be useful for pathological typing and clinical stage evaluation.

## PU-0106

## Prognostic role of long non-coding RNA HNF1A-AS1 in Chinese cancer patients: a meta-analysis

Chunbo Zhuang

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** This meta-analysis was conducted to investigate the relationship between HNF1A-AS1 expression and clinical outcomes in cancer patients.

**Methods** We searched PubMed, Embase, Web of Science, China National Knowledge Infrastructure (CNKI), and Wan Fang databases (updated until December 31, 2017) for literature. A total of eight studies with 789 cancer patients were finally included in the present meta-analysis.

**Results** The results showed that high expression of HNF1A-AS1 significantly predicted poor overall survival (HR=3.10, 95% CI: 1.58–6.11, P=0.001), which was further validated using The Cancer Genome Atlas (TCGA) dataset. Moreover, high HNF1A-AS1 expression was also associated with advanced TNM stage (OR=3.32, 95% CI: 2.28–4.83, P=0.001), lymph node metastasis (OR=3.08, 95% CI: 1.95–4.85, P=0.001), and distant metastasis (OR=5.53, 95% CI: 1.94–15.77, P=0.001).

**Conclusions** Our results suggested that elevated HNF1A-AS1 was associated with poor clinical outcomes and might serve as a potential prognostic biomarker of cancer.

## PU-0107

## Functional miR-146a, miR-149, miR-196a2 and miR-499 polymorphisms and the susceptibility to hepatocellular carcinoma: an updated meta-analysis

Lei Zheng

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Single nucleotide polymorphisms of miRNAs play important roles in the pathogenesis of hepatocellular carcinoma (HCC). To evaluate the association between four common miRNAs (miR-146a rs2910164; miR-149 rs2292832; miR-196a2 rs11614913 and miR-499 rs3746444) and HCC risk, an updated meta-analysis was performed.

**Methods** 32 studies including 12405 HCC cases and 15056 controls were used for this meta-analysis. There were 22 studies with 7894 cases and 10221 controls for miR-146a, 9 studies with 2684 HCC cases and 3464 controls for miR-149, 17 studies with 6937 cases and 8217 controls for miR-196a2 and 16 studies with 4158 cases and 5264 controls for miR-499. Odds ratios (ORs) and 95% confidence intervals (CIs) were used to assess the HCC risk.

**Results** Meta-analysis showed that miR-146a was associated with HCC risk under the heterozygote model (OR=1.10, 95%CI=1.03-1.17, P=0.007), whereas no association was found in Caucasian using all genetic models. For miR-196a2 polymorphism, an increased risk of HCC was observed based on four models (C vs T: OR=1.15, 95%CI=1.05-1.26, P=0.003; CC vs TT: OR=1.35, 95%CI=1.12-1.63, P=0.002; CC+CT vs TT: OR=1.20, 95%CI=1.04-1.37, P=0.01 and CC vs CT+TT: OR=1.23, 95%CI=1.06-1.42, P=0.006). Association of miR-499 with HCC risk was only detected in the subgroup of studies which didn't use polymerase chain reaction and restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) under the allelic, heterozygote and dominant models. However, negative results were obtained for the association of miR-149 and HCC susceptibility.

**Conclusions** Our results suggest that miR-146a and miR-196a2 polymorphisms are associated with increased risk of HCC, especially in Asian.

PU-0108

## T-ALL 小鼠脾脏中不同亚群白血病相关巨噬细胞的生物学特性研究

陈冲

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 构建 Notch-induced-T-ALL 小鼠模型,探讨 T-ALL 小鼠脾脏中不同亚群白血病相关巨噬细胞在白血病进程中的生物学特性。

**方法** 通过分离小鼠造血干细胞 LSK 过表达基因 ICN1,成功构建出非照射 Notch-induced-T-ALL 小鼠模型。利用流式分选技术,用 Gr1、F4/80、CD115 和 Ly6C 将不同白血病发病时期脾脏巨噬细胞分选出,并检测 M1 型相关的基因:TNF- $\alpha$ 、CXCL9IL-1 $\beta$  和 IL-12,和 M2 型相关基因:Arg-1、MMP-9、CD206 和 M-CSF。

**结果** Notch-induced-T-ALL 小鼠相对于正常小鼠,精神萎靡不振,瘦小,弓背,甚至偏瘫,流式检测白血病细胞表型为 GFP<sup>+</sup>CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>。发病后小鼠脾脏出现明显肿大,在发病晚期体积和重量会达到正常的 2-3 倍,白血病细胞比例和数目会明显上升,以上均证明 T-ALL 模型建立成功;用 Gr1、F4/80、CD115 和 Ly6C 将白血病相关巨噬细胞分为以下三群,分别记作 Ly6C<sup>+</sup>、Ly6C<sup>-</sup>和 F4/80<sup>hi</sup>,在白血病发病不同时期,这三群 LAMs 比例有明显改变,尤其是在 T-ALL 早期,LY6C<sup>+</sup>、LY6C<sup>-</sup>细胞相对数和绝对数目有明显升高,随后随着疾病进程比例有所降低,而 F4/80<sup>hi</sup> 亚群在白血病在早中期比例变化很小,而在晚期明显降低,表明前两群 LAM 和后一群 LAM 在 T-ALL 进程发挥作用的时间和扮演的角色不同。我们进一步检测了三群 LAM 的表型,经瑞氏-吉姆萨联合染色发现,正常和疾病状态下细胞表型没有实质性区别。经典的巨噬细胞表型相关基因进行检测,发现 F4/80<sup>hi</sup> 这一群在 M1 型相关的基因中 IL-1 $\beta$  在疾病状态下表达都较低,M2 型相关基因 CD206 和 M-CSF 表达较其他两组也低, Ly6C<sup>+</sup>、Ly6C<sup>-</sup>和 F4/80<sup>hi</sup> 三群白血病相关巨噬细胞在白血病发病过程中发挥不同的作用。

**结论** T-ALL 小鼠脾脏中 Ly6C<sup>+</sup>、Ly6C<sup>-</sup>和 F4/80<sup>hi</sup> 三群白血病相关巨噬细胞在白血病进程中存在明显异质性且发挥不同作用。

PU-0109

## Study on Molecular Characteristics, Antimicrobial Resistance Rates of hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*

Zhou Liu,Wenwen Chu,Xin Li,Qiang Zhou,Shihe Guan  
The Second Hospital of Anhui Medical University

**Objective** To investigate the clinical distribution, antimicrobial resistance rates, and molecular epidemiological characteristics of hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (hvKP).

**Methods** During 2015 to 2017, a total of 2677 *K. pneumoniae* isolates continuous isolated every September were collected from 34 hospital in Anhui, China. Among them, 1494 strains were selected after the duplicate and data unintegrity isolates were removed and re-identified using MALDI-TOF MS. HvKP were screen out using string test and virulence genes detection. The minimal inhibitory concentration(MIC) of common antimicrobial agents were detected using ager dilution method. The data were analyzed using WHONET 5.6 software, and the CR-hvKP isolates were screen out among them. Both multilocus sequence typing and capsular serotyping were determined, and the relationship for each sequence type were analyzed using eBURST software.

**Results** Of the 1494 isolates, 164 (11.0%) were hvKP. During 2015 to 2017, the detection rates of hvKP among *K. pneumoniae* were 11.3%, 10.0% and 11.6% respectively. The patients infected with hvKP were mainly male (61.6%), with an average age of 60.3 $\pm$ 17.6 years. The main

clinical departments of the patients were intensive care unit (21.3%), respiratory medicine department (13.4%) and neurosurgery department (6.7%). HvKP isolates was mainly isolated from sputum (66.1%), pus and secretions (10.8%) and blood (6.5%). All hvKP were divided into 35 ST types and 13 capsular serotypes. ST types were mainly ST23 (23.3%), ST86 (11.0%) and ST65 (11.0%), while K1 (32.9) and K2 (28.0%) were dominant. There was a corresponding relationship between STs and capsular serotypes. The virulence gene detecting rates of hvKP was high, and the resistance rates of hvKP to carbapenem antibiotics were 6.7~7.3%. Notably, CR-hvKP isolates were detected every year.

**Conclusions** The detection rate of hvKP among *K. pneumoniae* was approximately 11.0%. The hvKP isolates mainly isolated from sputum, pus/secretions and blood, and the major molecular characteristic of them were ST23<sup>K1</sup>, ST86<sup>K2</sup>, and ST65<sup>K2</sup>. Although hvKP showed low resistance ratio to common antimicrobial, the CR-hvKP isolates had been emergence, mainly belong to ST11<sup>K47</sup> and a clonal transmission trend was existed.

#### PU-0110

### Periplogenin as a Therapeutic Lead Compound in Psoriasis

Wenjing Zhang

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** We undertook experiments in an attempt to elucidate the vivo and vitro effects of Periplogenin in Psoriasis.

**Methods** By using a cultured human HaCaT keratinocytes as an in vitro psoriasis-relevant model, we screened over 250 traditional Chinese medicine compounds for their cell viability-inhibitory action. We undertook further experiments in an attempt to elucidate the vivo effect studies of periplogenin on the psoriasis-like murine models of 12-O-tetradecanoylphorbol 13-acetate (TPA)-induced hyperplasia and imiquimod (IMQ)-induced skin inflammation.

**Results** Periplogenin was found to be highly significant in inhibiting the viability of HaCaT cells. Moreover, periplogenin ameliorated skin lesions and inflammation in the murine models of TPA-induced epidermal hyperplasia and IMQ-induced skin inflammation.

**Conclusions** In conclusion, periplogenin exhibited selective cytotoxicity against HaCaT cells in vitro and played the anti-psoriatic effect as a topical agent on psoriasis animal models in vivo.

#### PU-0111

### Diagnostic performance of protein induced by vitamin K absence II for chronic hepatitis B-related hepatocellular carcinoma

Laisheng Li, Chumei Huang, Zhuangjian Ye, Jianxin Wan, Jiangbo Liang, Min Liu, Jiachu Su  
The First Affiliated Hospital of SYSU

**Objective** The aim of this study was to assess the diagnostic value of prothrombin induced by vitamin K absence-II (PIVKA-II) for HBV-related HCC in a Chinese population.

**Methods** In this study, receiver operating characteristics (ROC) curve was plotted, and the area under the ROC curve (AUC) was calculated to assess the diagnostic performance of serum PIVKA-II levels for HBV-related HCC (n=134) with negative or mildly elevated AFP relative to chronic hepatitis B (CHB, n=119) patients or healthy controls (n=100).

**Results** Serum levels of PIVKA-II were significantly greater in the HBV-related HCC patients compared to the CHB patients (P<0.05). A Mann-Whitney U test showed that there was a trend

toward higher levels of serum PIVKA-II with increasing stages of the CHB-related HCC subjects, and a significant correlation between PIVKA-II levels and HCC pathological characteristics including tumor size, portal vein thrombosis, and tumor metastasis ( $P<0.05$ ). Of the study subjects with AFP  $< 20$  ng/mL, the AUC value was 0.790 for PIVKA-II in distinguishing between HBV-related HCC and CHB, with a sensitivity of 65.3% and a specificity of 94.9%. Moreover, among the study subjects with AFP of 20-200 ng/mL, the value of AUC for PIVKA-II in discriminating HBV-related HCC from CHB was 0.775, with a sensitivity of 60.0% and a specificity of 98.3%.

**Conclusions** PIVKA-II shows high discriminatory ability and improvement of the detection rate for HBV-related HCC in a Chinese population with normal or mildly elevated AFP.

## PU-0112

### 某三甲医院泌尿外科患者血流感染耐药 情况分析（2013-2018）

宋缘缘,唐洪影,李静,胡志东  
天津医科大学总医院,300000

**目的** 了解我院泌尿外科患者血流感染的菌种分布及耐药性。

**方法** 回顾性统计分析我院 2013 年 1 月至 2018 年 12 月泌尿外科送检血培养阳性 102 例患者病例及临床资料, 对其阳性血培养结果进行分离鉴定及耐药趋势分析。

**结果** 102 例泌尿外科血流感染患者共分离致病菌株 107 株, 其中占比最高为大肠埃希菌 (37.4%), 其次为肺炎克雷伯菌 (14%) 及铜绿假单胞菌 (13.1%)。泌尿外科血流感染大肠埃希菌抗菌药物敏感率大多低于全院水平, 氨曲南、环丙沙星及左氧氟沙星三药  $P<0.05$ 。40 株大肠埃希菌中, 27 株 (67.5%) 为 ESBLs (+)。六年共检出 2 株 CRE, 未检出 MRSA 或 VRE。

**结论** 临床应严格做到手卫生与无菌操作, 预防血流感染的发生, 减少患者的负担。

## PU-0113

### Interleukin-35 sensitizes monocytes from asthmatic patients to glucocorticoid therapy by promoting glucocorticoid receptor binding to glucocorticoid responsive element in the promoter region of the MAP kinase phosphatase 1 gene

Xushan Wang

Department of Laboratory Medicine, Guanyun County People's Hospital, Jiangsu Province, P. R. China,

**Objective** Despite benefits of inhaled glucocorticoids for improving asthma symptoms and lung function, it is estimated that up to 5% of asthma cases are relatively resistant to steroid therapy. Interleukin-35 (IL-35) is an important anti-inflammatory cytokine, but its regulatory effects on monocytes in steroid-resistant (SR) asthmatic patients is not clear.

**Methods** Based on clinical response to oral prednisolone, 54 asthmatic patients were classified as SR or steroid-sensitive (SS) ones. Serum IL-35 levels were analyzed using the Luminex 200 platform. Monocytes from asthmatic patients were pretreated with IL-35 followed by dexamethasone (DEX) and lipopolysaccharide, and p-p38 MAPK and mitogen-activated protein kinase phosphatase-1 (MKP-1) were examined. Glucocorticoid receptor (GR) binding to glucocorticoid response element (GRE) was assessed by chromatin immunoprecipitation. st-font-

family: 等线 ;color:#231F20;mso-font-ker-ning:1.0pt;mso-ansi-language: EN-US;mso-fareast-language:ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'> (IL-35) is an important anti-inflammatory cytokine, but its regulatory effects on monocytes in steroid-resistant (SR) asthmatic patients is not clear.

**Results** Based on clinical response to oral prednisolone, 54 asthmatic patients were classified as SR or steroid-sensitive (SS ) ones. Serum IL-35 levels were analyzed using the Luminex 200 platform. Monocytes from asthmatic patients were pretreated with IL-35 followed by dexamethasone (DEX) and lipopolysaccharide, and p-p38 MAPK and mitogen-activated protein kinase phosphatase-1 (MKP-1) were examined. Glucocorticoid receptor (GR) binding to glucocorticoid response element (GRE) was assessed by chromatin immunoprecipitation. E\_LINK73">glucocorticoid response element (GRE) was assessed by chromatin immunoprecipitation. st-font-family: 等线 ;color:#231F20;mso-font-ker-ning:1.0pt;mso-ansi-language: EN-US;mso-fareast-language:ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'> (IL-35) is an important anti-inflammatory cytokine, but its regulatory effects on monocytes in steroid-resistant (SR) asthmatic patients is not clear.

**Conclusions** IL-35 enhances effect of DEX on monocytes of both SR and SS asthmatic patients, suggesting potential benefits of IL-35 supplementation in asthmatic patients with DEX. However, responses to IL-35 plus DEX remained significantly lower in SR asthma patients versus SS asthma patients. mitogen-activated protein kinase phosphatase-1 (MKP-1) were examined. Glucocorticoid receptor (GR) binding to glucocorticoid response element (GRE) was assessed by chromatin immunoprecipitation. E\_LINK73">glucocorticoid response element (GRE) was assessed by chromatin immunoprecipitation. st-font-family: 等线 ;color:#231F20;mso-font-ker-ning:1.0pt;mso-ansi-language: EN-US;mso-fareast-language:ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'> (IL-35) is an important anti-inflammatory cytokine, but its regulatory effects on monocytes in steroid-resistant (SR) asthmatic patients is not clear.

## PU-0114

### MALDI-TOF MS 直接检测尿路感染病原菌

陈蓉

上海市临床检验中心

**目的** 探讨基质辅助激光解析电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 对尿路感染病原菌进行直接快速检测的价值。

**方法** 1000 例中段尿样本接种于固体培养基上, 利用 MALDI-TOF MS 和 Vitek 2 Compact 对单个菌落进行鉴定; 同时对中段尿样本进行前处理后直接采用 MALDI-TOF MS 进行分析。

**结果** 1000 例中段尿样品, 培养法检出细菌且菌落计数 $\geq 10^5$  CFU/mL 的样品有 215 例, 阳性检出率为 21.5%, 其中分离到单一菌的样品有 162 例, 混合菌的样品有 53 例。MALDI-TOF MS 与 Vitek 2 Compact 对 215 株细菌鉴定结果完全一致, 符合率 100%。鉴定结果显示革兰阴性杆菌仍是尿路感染的主要致病菌 (占 76.3%), 其中大肠埃希菌最为常见, 排列第 1 位 (占 36.3%); 其次是肺炎克雷伯菌 (占 9.8%) 和奇异变形杆菌 (占 9.3%)。革兰阳性菌相对较少见 (占 23.7%), 只检测出屎肠球菌、粪肠球菌、金黄色葡萄球菌和无乳链球菌, 其中屎肠球菌排列首位 (占 13.5%)。MALDI-TOF MS 直接检测法检出细菌且菌落计数 $\geq 10^5$  CFU/mL 的样品有 185 例, 阳性检出率为 18.5%, 其中分离到单一菌的样品有 145 例, 混合菌的样品有 40 例。两种方法的符合率为 97.7%, 一致性较好, 直接检测法无假阳性, 但是阳性检出率较培养法低, 阳性漏检率达到 14.0% (30/215), 灵敏度有待提高。

**结论** MALDI-TOF MS 可以直接检测感染性的中段尿样本。这种新颖而简单的方法具有鉴定诊断时间短, 成本低和适用性好的优点。

## PU-0115

## 美姑县彝族正常人群与特殊人群血细胞参考区间的比较分析

欧阳慧

乐山市人民医院,614000

**目的** 为建立大凉山彝族自治州美姑县健康人群静脉血血细胞参考区间, 将其正常人群与艾滋病抗病毒治疗人群, 及信仰毕摩文化人群的血细胞各参数相比较的调查分析。

**方法** 回顾性分析 2017 年 9 月至 2018 年 12 月凉山地区美姑县彝族人群共 8432 例, 其中 3372 名女性, 5060 名男性; 表现健康彝族人群 4835 名, 确诊艾滋病长期接受抗病毒治疗患者 3029 名, 长期信仰毕摩文化从未就西医者 568 名, 采用全自动血液分析仪检测静脉血血细胞参数【WBC, RBC, Hb, PLT, Hct】。

**结果** 同为彝族不同性别之间 WBC, RBC, Hb, PLT 和 Hct 的检测差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。彝族同性别健康人群与未发病艾滋病抗病毒治疗人群 WBC, RBC, Hb, PLT, Hct 的检测差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。彝族同性别健康人群与长期信仰毕摩文化从未就西医人群之间 RBC 和 PLT 两项无明显差异 ( $P>0.05$ ) 外, 其余 WBC, HGB, HCT 的检测差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。按不同性别建立的参考区间, 均与《全国临床检验操作规程》(第 3 版) 提供的参考区间进行比较, 大部分血细胞参数存在差异。因此建立美姑县彝族正常人群血细胞的参考区间是必要的, 且与其同民族其他特殊人群有显著性差异。

**结论** 美姑县彝族有其健康人群, 艾滋抗病毒治疗人群静脉血血细胞参考区间分别建立的必要性; 其信仰毕摩人群血细胞参考范围可参考其健康人群。

## PU-0116

## 自免肝肝移植患者自身抗体检测意义分析

孙萍,唐志琴,贾瑛,穆虹

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨自免肝肝移植患者中自身抗体的检测结果、进一步确定自身免疫性肝病(autoimmune liver disease ,ALD): 原发性胆汁性肝硬化(primary biliary cirrhosis, PBC)及原发性硬化性胆管炎(primary sclerosing cholangitis, PSC)及自身免疫性肝炎(autoimmune hepatitis, AIH), 的自身抗体检出率及临床意义。

**方法** 选择我院 2013 年 1 月~2018 年 2 月移植外科收治的肝移植患者 500 例, 分为 ALD 患者组和其他肝病组分别进行自身抗体检测。采用欧蒙印迹法检测检测 500 份临床血清标本中抗肝肾微粒体抗体(LKM)、抗肝细胞溶质抗原 1 型抗体(LC-1)、抗可溶性肝抗原/肝胰抗原抗体(SLA/LP)和抗线粒体抗体 M2 亚型(AMA-M2)采用间接免疫荧光法检测抗核抗体(ANA)、抗平滑肌抗体(SMA)、和抗线粒体抗体(AMA), 并查阅临床资料, 对检测结果作出分析。

**结果** 不同类型肝移植患者中各种自身抗体阳性率分析: 500 例患者血清检测, ALD 患者自身抗体 ANA 阳性率为 79.85%, SMA 阳性率为 6.26%, AMA 阳性率为 65.16%, LKM 阳性率为 8.28%, AMA-M2 阳性率为 55.23%, SLA/LP 阳性率为 7.69%, LC-1 阳性率为 3.96%。其他肝病肝移植患者自身抗体 ANA 阳性率为 20.18%, SMA 阳性率为 2.14%, AMA 阳性率 10.28%, LKM 阳性率为 0.45%, AMA-M2 阳性率为 4.05%, SLA/LP 阳性率为 3.46%, LC-1 阳性率为 1.59%。

**结论** 分析结果显示, ALD 患者组自身抗体阳性率较与其他肝病组相比较, ANA、AMA、LKM、AMA-M2 四项差异有统计学意义( $P<0.05$ )。ALD 患者自身抗体检出率较高, 为临床医生鉴别病毒性肝炎、ALD 及其他肝病提供可靠依据。随着临床医生对自身免疫性肝病认识程度也明显提



高,自身抗体的检测越来越受到重视,对自身免疫性肝病肝移植患者的术后监测也具有一定的意义。但是自身抗体检测也具有一定的局限性,术后监测有待更有效的指标对其进行监测。

## PU-0117

### 三种梅毒血清学检测策略在梅毒诊断中的应用研究

徐东江<sup>1</sup>,王克迪<sup>2</sup>,吴俊<sup>1</sup>

1.北京积水潭医院,100000

2.北京友谊医院

**目的** 探讨不同梅毒血清学检测策略在梅毒诊断中的应用。

**方法** 选择 865 例梅毒患者作为梅毒组,再选择同期排除梅毒的患者 100 例作为对照组,按照正向策略、反向策略和 ECDC (欧洲疾病控制与预防中心)反向策略三种流程,采用甲苯胺红不加热血清学实验 (TRUST),梅毒螺旋体抗体明胶颗粒凝集试验 (TPPA) 和梅毒螺旋体抗体化学发光检测 (CLIA) 检测所有血清标本,比较 3 种检测策略对梅毒的检出价值。

**结果** 3 种方法对不同分组的梅毒检出率均有显著性差异 ( $P$  均  $<0.05$ ); TRUST、CLIA 和 TPPA 的检出敏感性分别 87.28%, 99.88%, 99.54%, 特异性分别为 98.00%, 97.00%, 100.00%, 准确度分别为 88.39%, 99.59%, 99.59%; 正向策略、反向策略和 ECDC (欧洲疾病控制与预防中心)反向策略的敏感性分别为 85.20%、99.42%、99.54%, 特异性分别为 98.00%、97.00%、100.00%, 准确度分别为 86.53%、99.17%、99.59%。

**结论** 不同梅毒血清学检测方法检测性能不一致,反向策略或 ECDC 反向策略具有更好的敏感性、特异性和准确度,适用于临床筛查和诊断。

## PU-0118

### 白芍总苷对动脉粥样硬化大鼠 TNF- $\alpha$ /P38MAPK/NF- $\kappa$ B/RBP4 信号通路的影响及对血清中 IL-17, IL-27, IL-33 的调节作用

苏绍红,张琳,张俊峰

郑州大学第五附属医院 (原:郑州铁路局中心医院),450000

**目的** 白芍总苷(total glucosides of paeonia, TGP)对动脉粥样硬化大鼠 TNF- $\alpha$ /P38MAPK/NF- $\kappa$ B/RBP4 信号通路的影响及对血清中 IL-17, IL-27, IL-33 的调节作用。

**方法** 30 只雄性 SD 大鼠随机分成正常对照组、动脉粥样硬化模型组和白芍总苷干预组 ( $n=10$ )。除正常对照组外,模型组和干预组大鼠均通过喂养高脂饲料结合腹腔注射维生素 D3 的方法建立大鼠动脉粥样硬化模型,共 12 周,同时白芍总苷干预组大鼠按照 200mg/(kg·d)在造模过程中同步连续灌胃给药 12 周,正常对照组和模型组则同步给予等体积生理盐水。以上各组大鼠于建立模型第 12 周末处死,称取各组大鼠体重及心脏组织重量计算心脏指数 (cardiac index, CI); HE 染色观察各组大鼠主动脉形态结构病理学变化;采用 ELISA 试剂盒测定各组大鼠血清中细胞因子 IL-27、IL-17、IL-33 的水平;采用蛋白印记法检测大鼠主动脉中 TNF- $\alpha$ 、p38MAPK、NF- $\kappa$ B、RBP4 蛋白的表达。

**结果** 与对照组比较,模型组大鼠的 CI、主动脉 HE 染色病理评分、细胞因子水平 (IL-27、IL-17、IL-33) 以及 TNF- $\alpha$ 、p38MAPK、NF- $\kappa$ B、RBP4 蛋白相对表达量显著增加 ( $P<0.05$ ); 与模型组比较, TGP 干预组大鼠的 CI、主动脉 HE 染色病理评分、细胞因子水平 (IL-27、IL-17、IL-33) 以及 TNF- $\alpha$ 、p38MAPK、NF- $\kappa$ B、RBP4 蛋白相对表达量显著降低 ( $P<0.05$ )。

**结论** TGP 对动脉粥样硬化大鼠心脏具有显著的保护作用,可改善其主动脉粥样硬化程度,同时抑制 TNF- $\alpha$ /P38MAPK/ NF- $\kappa$ B/RBP4 信号通路相关蛋白的表达,减少 IL-17、IL-27 及 IL-33 等炎症细胞因子的表达。

## PU-0119

### 警惕缺失型 $\alpha$ 地贫纯合子基因诊断的误诊及分析

李育敏,阚丽娟,刘梦云,张丽军,张秀明,徐怡,陈书恩  
深圳市罗湖区人民医院

**目的** 探讨避免  $\alpha$  地中海贫血(地贫)缺失型纯合子基因诊断的误诊及分析方法。

**方法** 回顾性分析 2 例经常见类型地贫基因检测为  $\alpha$  地贫缺失型纯合子的样本,分析其红细胞参数和血红蛋白电泳,并进一步采用 Gap-PCR 法和 DNA 测序进行罕见  $\alpha$  地贫基因变异类型检测。

**结果** 1 例常见地贫基因检测结果为  $-\alpha^{3.7}/-\alpha^{3.7}$ ,进一步经行罕见缺失型  $\alpha$  基因检测为  $--THAI/-\alpha^{3.7}$ ,其平均红细胞体积(MCV)和平均红细胞血红蛋白量(MCH)分别为 56.0 fL、16.4 pg,血红蛋白 A<sub>2</sub>(Hb A<sub>2</sub>) 1.1%,血红蛋白 H(Hb H) 5.1%,血红蛋白 Bart's(Hb Bart's) 0.5%;另 1 例采用 PCR-RDB 法检测常见地贫基因结果为  $--SEA/--SEA$ ,进一步经 Gap-PCR 法检测为  $--SEA/\alpha\alpha$ ,DNA 测序为 IVS-II-119(-G, +CTCGGCC) 杂合突变,其 MCV、MCH 和 HbA<sub>2</sub> 分别为 65.7 fL、21.3 pg、2.0%。

**结论** 对地贫基因诊断结果应结合红细胞参数和血红蛋白电泳,以及基因检测方法学缺陷进行综合分析,必要时需进一步行 DNA 测序,以避免误诊。

## PU-0120

### 外周血细胞形态学实践教学改革的探讨

李轶勋,李力耘,刘霖,刘子杰,李庆  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨建立适合医学检验专业学生外周血细胞形态学实践教学模式,提高学生外周血细胞形态的识别能力。

**方法** 研究对象为昆明医科大学 2014 级检验专业的 47 名学生,试验组 23 名,对照组 24 名。试验组利用血液细胞图谱库资源,运用自建显微镜图文采集系统互动式教学方式、CBL 教学方式,通过微信、APP 等移动互联网的手段进行教学;对照组采用传统的显微镜人工示教镜检的形态学教学方法完成教学。通过客观评价的理论知识考核、细胞识图考核、实际阅片考核以及主观评价的问卷调查相结合的形式,评估两种教学模式下学生学习效果的差异。

**结果** 试验组与对照组的成绩差异明显:理论考核成绩(85.04 $\pm$ 6.595) VS (76.65 $\pm$ 5.122);识图成绩(85.70 $\pm$ 4.026) VS (76.79 $\pm$ 3.808);分类符合率(88%) VS (78%),试验组的成绩优于对照组,成绩的差异具有统计学意义( $P < 0.05$ ),且教学结束后,试验组入科前、后成绩提升幅度为 26.3%~29.4%;高于对照组的 11.3%~16.4%;问卷调查显示试验组教学满意度更高。

**结论** 利用血液细胞图谱库资源,运用显微镜图文采集系统互动式教学方式、CBL 教学方式,通过微信、APP 等移动互联网的手段进行教学,相对于传统的实践教学模式,提高了学生对外周血细胞形态识别能力,同时也加强了学生与老师之间的交流互动,促进学生对外周血细胞形态学习的积极性和主动性。

## PU-0121

## 蛋白质组学技术在糖尿病肾病中的研究进展

张炎

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 早期识别和诊断糖尿病肾病

**方法** 目前已识别出与糖尿病肾病相关的蛋白质组学标志物主要是尿液中的胶原片段、蛋白片段、多肽小分子等,将多种标志物联合生成高维分类器(如 CKD273 等)在疾病的早期诊断和进展预测方面发挥重要作用。

## PU-0122

## ICCFC 诊断艾滋病合并肺结核的临床价值

钱宏波,周晓冬,赵汉东,郭蕊,靳娟,刘红莉

西安市第八医院陕西省传染病医院,710000

**目的** 探析 ICCFC 诊断艾滋病合并肺结核的临床价值,为疾病早期诊断和治疗提供依据。

**方法** 选取 2017 年 8 月-2018 年 5 月在我院诊治的 38 例艾滋病合并肺结核患者(感染组),44 例单纯艾滋病患者(高危组)以及 20 例健康人群(对照组),采用 ICCFC 法测外周血中因被结核菌抗原刺激而分泌 IFN- $\gamma$  的特异性 T 细胞的比例;并与 ELISATB-IGRA 检测结果进行对比,通过 ROC 曲线分析诊断的临床价值。

**结果** 数据分析显示,ICCFC 法诊断的灵敏度(92.1%)、特异度(96.9%)以及约登系数 0.889 都优于与 ELISATB-IGRA 检测(灵敏度 71.1%、特异度 89.1%、约登系数 0.602)。ICCFC 法 ROC 曲线下面积(AUC)0.842,95%CI: 0.763~0.921, TB-IGRA 检测 AUC 0.780,95%CI: 0.687~0.872。

**结论** ICCFC 法诊断艾滋病合并肺结核的敏感度和特异度较高,有较高的诊断效能。

## PU-0123

## 血糖仪与全自动生化分析仪检测血糖结果对比分析

王开军

济宁市第一人民医院,272000

**目的** 为了解各临床科室使用的快速血糖仪对患者血糖检测的可靠性和血糖仪的使用状态

**方法** 根据卫生部<医疗机构便携式血糖检测仪管理和临床操作规范>要求,我们对本院各临床科室血糖仪分别与大型生化仪检测血液葡萄糖结果进行比对分析,我们采用静脉血样比对法,共对 74 台强生稳步血糖仪与大型罗氏生化分析进行了血糖检测比对

**结果** 血糖仪合格率 96%(71/74),合格血糖仪能够满足临床对患者即时的血糖检测,但检测的偏差率较大(大于 8.5%),

**结论** 血糖仪影响检测结果的因素较多,包括使用者质量保证意识不强,缺乏统一培训和学习,对仪器原理和质量控制知识了解不够,实际操作不规范,仪器保养和使用不当,造成患者检测结果误差较大。因此,定期培训血糖仪使用人员,使其掌握血糖仪检测原理,适用范围及特性,仪器,试纸条及质控品的储存条件,标本采集,血糖检测的操作步骤,质量控制和保证,检测结果的解读,检测结果误差来源,安全防护措施.还要定期进行血糖仪与医院实验室生化分析仪检测结果进行比对,了解检测结果的可靠性。

## PU-0124

## AI 阅片仪在血液细胞形态学教学中的探索

郭翀,李轶勋,王潇,夏春燕,李力耘,刘子杰  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探索在“互联网+”的时代背景下,人工智能、云计算、云存储、大数据、物联网等新兴技术不断与医疗行业相互渗透。如何面对这样的机遇和挑战,利用新技术、新方法提高教师自身素质,培养新一代检验人才。

**方法** 运用 AI 阅片仪建立参考细胞图库、典型病例细胞图库、病例讨论式教学以及利用其细胞分类软件进行学生实践能力考核,增强师生互动,并对昆明医科大学第一附属医院 2014 级检验实习同学(24 名)与传统带教的 2013 级同学(23 名)的理论考核、识图考核成绩进行比对分析。

**结果** 通过比较引入 AI 阅片仪进行教学改革的昆明医科大学第一附属医院 2014 级检验实习同学(24 名)与传统带教的 2013 级同学(23 名)的理论考核( $t=5.183$ ,  $P<0.05$ )、识图考核成绩( $t=4.895$ ,  $P<0.05$ )均有明显提升,主观上学生对课程的满意度、自主学习的能力,临床思维的能力也得到了提升(2013 级满意度调查结果:87.5%;2014 级满意度调查结果:96.8%)。

**结论** 通过改革教学方式,实现了形态学教学的标准化、再现性、针对性和高效性,增强了师生互动,培养了学生的临床思维和自我学习能力,提升了教学效果,为人工智能在医学教学领域的运用进行了有益的探索。

## PU-0125

## 尿潜血假阳性结果临床分析

肖荐  
长沙市中心医院,410000

**目的** 通过对尿潜血假阳性结果进行分析,总结造成假阳性原因,提出改进方案以避免假阳性产生

**方法** 仪器法:严格按照仪器说明书及我科《仪器 SOP》要求进行操作。

显微镜法:尿沉渣人工镜检严格按照《临床检验基础》第六版尿沉渣离心沉淀检查法进行。尿干化学潜血阳性,而显微镜镜检红细胞在正常参考范围为假阳性。

**结果** 总假阳性率为 13.31%,尿潜血在 2+~3+假阳性率很低,分别为 6.06%、6.87%,基本能反映尿中红细胞真实情况;在±~1+假阳性率很高,分别为 32.10%、70.01%,不能反映尿中红细胞真实情况。

**结论** 造成尿潜血假阳性常见原因:(1)尿中含有强氧化剂、对热不稳定酶;(2)肌红蛋白尿,当心肌或骨骼肌发生严重损伤时,血浆中肌红蛋白增高,经肾脏排泄,使尿液中肌红蛋白增高,故潜血反应阳性,镜检 RBC 阴性;(3)菌尿:研究表明,某些细菌在尿液中达到一定量后,可使尿液潜血测定结果出现假阳性,这是由于细菌产生的触酶等氧化性物质存在与血红蛋白相似的催化作用;(4)尿液标本放置时间过长,导致尿潜血假阳性:由于尿潜血检测的是血红蛋白,如果 RBC 在尿中溶解,显微镜无法观察到,而尿潜血阳性。因此,建议尿液标本存放时间不得超过 4 小时。采用尿液煮沸方法可排除或降低除肌红蛋白影响外大部分尿潜血检测的假阳性率。免疫胶体金法可鉴别尿潜血假阳性。

## PU-0126

## 血清同型半胱氨酸与巨幼细胞贫血相关性分析

何国银  
彝良县中医医院

**目的** 研究血清同型半胱氨酸与巨幼细胞贫血的相关性

**方法** 通过一则案例分析血清同型半胱氨酸与巨幼细胞贫血的相关性

**结果** 巨幼细胞贫血会引起同型半胱氨酸的增高,同时给予维生素 B12、叶酸治疗后能降低同型半胱氨酸。因此合理补充叶酸和维生素 B12 可有效降低 Hcy 水平,减轻巨幼细胞贫血症状。

## PU-0127

## 中国西部汉族人群肺结核感染风险与维生素 D 受体基因多态性关系分析

徐少华<sup>1,2</sup>,应斌武<sup>2</sup>  
1.四川省三台县人民医院  
2.四川大学华西医院实验医学科

**目的** 探讨维生素 D 受体基因单核苷酸多态性与肺结核感染风险之间的关系。

**方法** 2015 年 9 月至 2018 年 9 月随机收集中国西部汉族人群中初次确诊结核患者 597 例为研究对象,901 例健康受试者为对照组;在维生素 D 受体基因中选择 21 个单核苷酸多态性进行检测;采用 SPSS 19.0 统计软件、SNP 统计软件(Plink)和 Pubmed 网络数据库,对维生素 D 受体基因的单核苷酸多态性与肺结核感染风险进行关联分析。

**结果** 实验共筛选出的 14 个维生素 D 受体基因的单核苷酸多态性,均符合 HapMap 亚洲人群中与 PTB 相关和小等位基因频率>5%;通过  $\chi^2$  分析显示 3 个 SNP(rs58379944, rs12581281, rs11574012)与 PTB 存在相关性;基因型分析中 rs58379944、rs11574012 等位基因“G”和 rs12581281 等位基因“A”对肺结核感染提供防御作用。

**结论** 新发现维生素 D 受体基因的 rs58379944, rs12581281, rs11574012 等位基因多态性与中国西部汉族人群肺结核感染风险有密切联系;它表达的防御作用,可能是降低感染的原因之一。

## PU-0128

## 2015-2018 年某院耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的临床分布及耐药性变迁

华道生,赵蓉芬,张虹,邓淑文,于农  
苏州高新区人民医院

**目的** 探讨我院 2015 — 2018 年耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的临床分布及耐药性变化趋势,为指导临床合理用药提供科学依据。

**方法** 采用 VITEK-2 Compact 型全自动细菌培养鉴定仪对细菌进行鉴定和药敏检测,以 WHONET5.6 软件进行数据分析。

**结果** 2015-2018 年 MRSA 的检出率分为 21.6%、20.9%、24.3%、32.9%,呈上升趋势,117 株 MRSA 各病区分布:内科病区占 39.32%、重症监护室占 32.48%、外科病区占 15.38%,儿科病区占 12.82%;标本分布:痰及纤支镜洗液 95 株、分泌物 14 株、血液 3 株、其他类型标本 5 株;药敏结果显示,117 株 MRSA 对青霉素、红霉素和克林霉素的耐药率在 45%以上,而对四环素、

复方新诺明、莫西沙星、左氧氟沙星和环丙沙星等抗菌药物的耐药率较低（20%）；4年间 MRSA 对红霉素、克林霉素、复方新诺明、莫西沙星、左氧氟沙星和环丙沙星的耐药率比较，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 我院 MRSA 检出率逐年增加，主要来源为内科病区的非无菌标本。4年间检出的 MRSA 对多种抗菌药物耐药率较高且耐药率波动明显，因此，在了解本地区 MRSA 的流动病学变化和监测其耐药性变迁的基础上，应加强院内 MRSA 耐药性监测、规范临床用药以减缓或避免 MRSA 的流行播散。

## PU-0129

### 高血压合并 Hp 感染者游离脂肪酸和氧化应激水平相关性分析

吴红光

东营市人民医院,257000

**目的** 观察原发性高血压（essential hypertension, EH）合并幽门螺旋杆菌（*helicobacter pylori*, Hp）感染者游离脂肪酸（free fatty acid, FFA）和氧化应激水平，分析其相关性。

**方法** 选择临床确诊的 EH 患者 180 例及对照组 60 例，检测  $^{14}\text{C}$  尿素呼气试验（ $^{14}\text{C}$ -UBT），采用美国贝克曼库尔特 AU680 全自动生化分析仪检测 FFA（酶联法）水平及血清丙二醛（superoxide dismutase, SOD）活性（比色法），采用上海现科 752 可见分光光度计（532 nm）检测血清丙二醛（malondialdehyde, MDA）（TBA 法）水平。

**结果** 比较 EH 组与对照组血清 FFA、MDA 水平及 SOD 活性（ $0.79\pm 0.20$ ， $11.02\pm 2.35$ ， $92.75\pm 8.92$ ； $0.45\pm 0.12$ ， $4.79\pm 0.99$ ， $131.73\pm 10.06$ ），差异具有统计学意义（ $t=6.168\sim 16.957$ ， $P=0.000$ ）。比较 Hp 感染组与 Hp 非感染组血清 FFA、MDA 水平及 SOD 活性（ $0.97\pm 0.19$ ， $14.16\pm 2.31$ ， $77.55\pm 8.05$ ； $0.65\pm 0.17$ ， $8.62\pm 1.94$ ， $104.37\pm 8.79$ ），差异具有统计学意义（ $t=4.617\sim 9.512$ ， $P=0.000$ ）。EH 合并 Hp 感染者血清 FFA 水平与血清 MDA 水平呈显著正相关（ $r=0.501$ ， $P<0.01$ ），与血清 SOD 活性呈显著负相关（ $r=-0.443$ ， $P<0.01$ ）。

**结论** EH 合并 Hp 感染者机体内游离脂肪酸水平升高及氧化应激反应增强，血清游离脂肪酸水平与氧化应激水平相关。

## PU-0130

### 胸水结核感染 T 细胞检测标准流程的建立及其在结核性胸膜炎诊断中的作用

汪峰

华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** 目前胸水结核感染 T 细胞（TSPOT）检测无实验室标准流程，且胸水 TSPOT 在诊断结核性胸膜炎（pITB）方面的作用也不明确。

**方法** 本研究中，我们对比了外周血（PB）和胸水（PF）TSPOT 检测在诊断结核性胸膜炎中的表现。在 2017 年 7 月和 2018 年 5 月之间，218 和 210 名疑似结核性胸膜炎的患者分别在武汉（训练组）和广州（验证组）被招募。外周血 TSPOT 检测，胸水 TSPOT 检测和其它常规实验室检测同时进行。

**结果** 通过反复摸索，我们确定 10 万个胸水单个核细胞为胸水 TSPOT 试验的最佳细胞数。在此基础上，我们进一步成功建立了胸水 TSPOT 技术的标准化操作流程。我们的结果表明，外周血 TSPOT 在诊断结核性胸膜炎时表现不佳，特别是灵敏度低。然而，胸水 TSPOT 检测中早期分泌

抗原 6 (ESAT-6) 和培养滤液蛋白 10 (CFP-10) 的斑点数结果相对于外周血 TSPOT 检测来说显著增加。在训练组中, 如果使用 76 作为临界值 (EAST-6 和 CFP-10 的最大值), 胸水 TSPOT 技术诊断结核性胸膜炎的灵敏度和特异性分别达到 89.76% 和 96.70%。且胸水 TSPOT 的诊断性能明显优于其它的常规检测技术, 如病原学检测方法和胸水中的一些生化指标。验证组胸水 TSPOT 的结果和训练组结果相似, 灵敏度和特异性分别为 91.07% 和 94.90%。此外, 对于结核性胸膜炎患者, 胸水中的 CD4<sup>+</sup>T 细胞相比外周血更活化, 且胸水中的结核特异性 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量明显多于外周血。

**结论** 胸水 TSPOT 诊断结核性胸膜炎的效果明显优于外周血 TSPOT 和其它常规实验室检查, 提示胸水 TSPOT 检测在结核性胸膜炎的诊断中具有重要的临床价值。

## PU-0131

### New design of probe and central-homo primer pairs to improve TaqMan PCR accuracy for HBV detection

Wencan Jiang<sup>1,2</sup>, Suwen Yue<sup>3</sup>, Shang He<sup>1</sup>, Chen Chen<sup>1</sup>, Shanshan Liu<sup>1,2</sup>, Hong Jiang<sup>3</sup>, Hongli Tong<sup>1</sup>, Xiaoting Liu<sup>1</sup>, Jianan Wang<sup>1,2</sup>, Fan Zhang<sup>1</sup>, Huizhen Sun<sup>1</sup>, Mianyang Li<sup>1</sup>, Chengbin Wang<sup>1</sup>

1.Chinese PLA General Hospital

2.College of Laboratory Medicine and Life Science, Wenzhou Medical University, Wenzhou

3.Beijing Tag Array Molecular Test Co., Ltd, Beijing 100085, People's Republic of China

**Objective** The qPCR assay using TaqMan probe was widely used in the detection of different nucleic acids. However, this technology has several drawbacks, including false negative results caused by primer-dimer (PD) and false positive issues due to primer-probe aggregations. The object of our assay is weak the false negative results and the false positive results in real time PCR (qPCR).

**Methods** We designed a modified TaqMan-Molecular Beacon probe by adding an antisense base and a new type of primer pair named central-homo primer pairs bearing 5-10 bases homologous sequence on the 3' end. Using the HBV qPCR assay as a proof of concept. Firstly, primer-probe aggregation experiments (Ordinary probe HBVP1, HBVP2 HBVP3 and the new designed probe HBVP4) was processed. Secondly, the amount of primer dimer (PD) was compared between the central-homo primer pairs and ordinary primer pair in SYBR Green qPCR. Furthermore, we designed a new system with the improved probe and primer pair, and evaluated it and validated this customized duplex qPCR system using 208 clinical samples collected from patients in clinic and compared it with the traditional system with X<sup>2</sup> test.

**Results** Different from other probes, the modified probe HBVP4 containing an antisense base did not produce any detectable signal in repeating primer-probe aggregation experiments. Application of the central-homo primer pair led to significantly delayed Ct values by 5-10 cycles compared with conventional primer design. The linear coefficient, R<sup>2</sup>, of the standard curve of the duplex PCR was 0.997. The detection sensitivity of HBV plasmids and clinical samples was 100IU/mL, cut-off level of the Ct value was 37 and, CV of the duplex system was less than 5 percent. The P value was less than 0.01.

**Conclusions** The new design significantly improved the accuracy of the TaqMan qPCR assay for HBV detection. And the use of the central-homo primer pair and the non-competitive internal control could solve the false negative problem caused by PD formation. The accuracy of the new system was higher than that of the conventional qPCR method.

## PU-0132

## The impact of sharing primer, the quantity of the internal control gene and the primer dimer on reaction system in duplex PCR

Wencan Jiang<sup>1,2</sup>, Shang He<sup>2</sup>, Chen Chen<sup>2</sup>, Jianan Wang<sup>1,2</sup>, Suwen Yue<sup>3</sup>, Yingjiao Sha<sup>2</sup>, Huizhen Sun<sup>2</sup>, Hong Jiang<sup>3</sup>, Hongli Tong<sup>2</sup>, Xiaoting Liu<sup>2</sup>, Chengbin Wang<sup>1</sup>

1. Chinese PLA General Hospital

2. College of Laboratory Medicine and Life Science, Wenzhou Medical University, Wenzhou 325000, People's Republic of China

3. Beijing Tag Array Molecular Test Co., Ltd, Beijing 100085, People's Republic of China

**Objective** To find out the relationship of interference among templates with different primer pairs, the internal control gene and the primer dimer in duplex PCR.

**Methods** We designed and synthesized plasmids with partial same sequence and different types of primers, include central-homo primer pair, ordinary primer pair and complementary primer pair. Then we compared the amplify efficiencies of different kinds of primer pairs. Besides, we adjusted the amount of IC plasmid and IC primer to find out the key factor that influencing the sensitivity of the target template.

**Results** The concentration ratios for two plasmids appeared interference for sharing universal primer pair, sharing one forward primer and sharing no primer were 50:1, 200:1 and 500:1, respectively. And the amplify efficiency of the ordinary primer pair was higher than that of the universal primer pair for the plasmid. Sensitivity of the duplex qPCR unchanged when we increased the amount of PDs, but it declined rapidly when the quantity of the IC was increased.

**Conclusions** IC who is the major factor influencing the sensitivity of the duplex qPCR and it would be better to use one universal primer for IC and target template to achieve minimum interference and it would be better to use one universal primer for IC and target template to achieve minimum interference.

## PU-0133

## Clinical Laboratory Application of the Inductively Coupled Plasma Mass Spectrometry Based Immunoassay in the Detection of CEA

Wencan Jiang

Chinese PLA General Hospital

**Objective** The ICP-MS based immunoassay has been reported for multiplex detection of different medical markers, but there was no report about its application in clinical laboratory testing with considering the standard of statistics and epidemiology. Here we proposed a ICP-MS based immunoassay for CEA and applied it to clinical detection

**Methods** The standard ICP-MS based immunoassay for CEA detection was proposed in our study according to the clinical laboratory requirements. The method validation and performance verification of the proposed assay was carried out with the guidance of the Chinese Health Industry Standard WS/T 420-2013 and Westgard documents. And 315 clinical samples were measured by the new assay and compared with the ECLIA method.

**Results** The LOD, upper limit of detection, reportable range of the proposed assay was 0.14ng/ml, 900ng/ml and 0.14-9000ng/ml, respectively. The linear correlation coefficient was 0.9945. The reagents could store at 4 °C for a year. The within-run and between-run precision of high-concentration samples was 5.20%, 5.18%, of the low-concentration samples was 10.24%, 14.41%, respectively. The cross-contamination rates for different antigens were less than 0.05%,



and the detection recovery rate between 94% and 108%. All the quality control serums detecting results were within the allowable range, and the interference bias caused by different substances were all less than 12.5%. The correlation coefficient of the proposed immunoassay and the ECLIA for clinical sample detection was 0.993 and there was no significant difference between the two methods.

**Conclusions** The proposed ICP-MS base immunoassay for CEA detection meets the requirements and it could be treated as a potential clinical multiplex immunoassay for different medical markers.

#### PU-0134

### Partial homo-primers assisted non-dimer system (p-HANDs) can reduce the amount of primer dimer in PCR system

Wencan Jiang<sup>1,3</sup>, Shanshan Liu<sup>1,3</sup>, Suwen Yue<sup>2</sup>, Fan Zhang<sup>1</sup>, Hong Jiang<sup>2</sup>, Chengbin Wang<sup>1</sup>

1.Chinese PLA General Hospital

2.Beijing Tag Array Molecular Test Co., Ltd, Beijing 100085, People's Republic of China

3.College of Laboratory Medicine and Life Science, Wenzhou Medical University, Wenzhou 325000, People's Republic of China

Based on the fact that homo-pairization of a single primer or hetero-pairization of two structurally similar primers can eliminate the production of Primer Dimer (PD), we speculated that, similar with "Hands", it should reduce the amount of PD if primers are partly homogeneous in sequence, and we may find out the balance between PD and specific amplification and also determine how PD and specific amplification are paralleled with the frequent changing of polymerase chain reaction (PCR) conditions or diverse PCR additives. Our data indicated that two paired primers sharing the same sequence of 5-10 bases on their 3' terminus did not produce PD until 36<sup>th</sup>-40<sup>th</sup> cycle of PCR, and thereby cooperated with single-strand DNA binding protein (SSB) and Uracil-DNA Glycosylase (UDG) to inhibit the production of PD. Furthermore, together with other methods, it is feasible to make a sensitivity of 2-5 copies/PCR, an amplification rate of 99% and a good repeatability (CV<5%). In mechanism, we think that the homogeneous sequence within primers and heat-tolerating UDG possibly reduce the super-helix-like binding of primers on the process of PCR annealing and therefore selectively reduce the PD formation among primers.

#### PU-0135

### 分子信标-TaqMan 探针法实时荧光定量 PCR 新型探针及引物

姜文灿<sup>1,3</sup>, 岳素文<sup>2</sup>, 江洪<sup>2</sup>, 苑晓舟<sup>1</sup>, 王成彬<sup>1</sup>

1.中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

2.北京泰格瑞分子检验有限公司

3.温州医科大学检验医学院, 生命科学学院

**目的** 在 TaqMan 探针法实时荧光定量 PCR 中, 排除由引物探针聚合延伸引起的假阳性问题, 减轻气溶胶的污染程度和引物二聚体 (Primer Dimer, PD) 的干扰程度。

**方法** 设计普通 TaqMan 探针 HBVP1、新型 TaqMan-分子信标探针 HBVP2、HBVP3 和引入反义碱基的新型探针 HBVP4, 分别对四种探针进行引物探针聚合试验; 在双重 PCR 中, 对共用一对引物的不同模板进行竞争性干扰试验, 对不共用引物模板进行非竞争性双重 PCR, 观察其出现干扰作用的浓度倍数关系。使用内标设计普通 TaqMan 探针 HBVP1、新型 TaqMan-分子信标探针 HBVP2、HBVP3 和引入反义碱基的新型探针 HBVP4, 分别对四种探针进行引物探针聚合试验,

并比较不同反应条件（仪器热盖和矿物油封闭情况）；在双重 PCR 中，对共用一对引物的不同模板进行竞争性干扰试验，对不共用引物模板进行非竞争性双重 PCR，观察其出现干扰作用的浓度倍数关系。质粒检测验证中部同序引物排除 PD 干扰的实用性；最后比较探针法不同体系检测 HBV 基因的灵敏度。

**结果** 引物与探针聚合实验中，除含有反义碱基的 HBVP4 外，在重复试验中其它探针均出现假阳性；单独使用矿物油封闭的 PCR 反应液出现假阳性的情况最若。竞争性双重 PCR 和非竞争性双重 PCR 两模板开始出现干扰作用的浓度差分别为 20 倍和 100 倍；单重探针法 PCR，使用中部同序引物对以及普通引物对分别可以检测到  $10^{-9}$  和  $10^{-8}$  稀释度；3 种 HBV 基因检测体系，使用普通引物对可以检测到 Ct33 左右，加入内标系统和使用中部同序引物对均可检测到 Ct35 左右。

**结论** 在 TaqMan-分子信标结构调整的基础上引入反义碱基可以在排除由引物和探针聚合延伸引起的假阳性问题；在探针法中，使用中部同序引物对和加入内标系统均可降低 PD 的干扰程度，提升检测的灵敏度。

## PU-0136

### 实时荧光定量 PCR 非特异性分析

姜文灿<sup>1</sup>, 岳素文<sup>2</sup>, 何赏<sup>1</sup>, 陈琛<sup>1</sup>, 孙慧珍<sup>1</sup>, 江洪<sup>2</sup>, 王成彬<sup>1</sup>

1. 解放军总医院第一医学中心

2. 北京泰格瑞分子检验有限公司

**目的** PCR 技术在带来高灵敏度检测的同时也带来难以克服的非特异障碍。现阶段研究焦点大多集中于 PCR 热启动用以克服可能的引物低温结合所导致的非特异扩增。

**方法** PCR 反应中仅一条引物与其它模板结合引起的非特异线性扩增亦赶不上靶模板的特异性指数扩增。因此，只有一对引物均非特异结合、延伸的扩增才是指数非特异性的唯一原因，引物间互为模板、互为引物所形成引物二聚体（Primer Dimer, PD）的指数扩增是 PCR 非特异性本质，也是 PCR 反应中难以克服的非特异性产生的根本原因。PCR 反应的非特异性包括内生 PD 和外源气雾胶两个方面。

**结果** 抑制 PCR 非特异的研究报导不多，试用各种控制非特异的措施如变化 PCR 组份、添加各种化学试剂等，如蜡包  $Mg^{2+}$  离子热释放、聚合酶 Taq 修饰抑制（包括端 N 缺失的 KlenTaq，抗 Taq 酶抗体和 Taq 酶抑制寡核苷酸 Aptamar，和四氧化戊烷热激活引物）等，其显著抑制 PCR 非特异性也不同程度地干扰靶特异性扩增效率，反之不影响靶扩增效率又难以抑制 PCR 非特异性。根据一对完全同序引物绝没有非特异性现象，采用部分同序引物抑制 PD 扩增，将“同序”置于引物中部偏 3' 端，能最大化地选择性抑制 PD 扩增而不影响靶扩增效率；PCR 体系中添加与引物中部同序部位配对结合的含反义碱基的 Oligo，反义碱基的存在使其不能作为模板和非特异性延伸的起点，能进一步特异选择性地放大对 PD 抑制的作用。

**结论** 引物设计时使用的中部同序引物对可以从根本上避免 PD 的产生，从而解决由其引起的非特异性问题。

## PU-0137

## 基于 ICP-MS 质谱仪和稳定元素标记技术 CEA 免疫检测体系的构建

姜文灿

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 电感耦合等离子体质谱仪 (ICP-MS 质谱仪) 联合稳定元素标记技术可以实现一次反应多重检测的目标, 但并没有人系统性建立检测体系应用于临床样本检测中。以癌胚抗原 CEA 为研究对象, 利用 ICP-MS 质谱仪和稳定元素标记技术, 系统性建立灵敏度高、稳定性好的免疫分析体系, 验证 ICP-MS 免疫分析的实用性。

**方法** 首先对 ICP-MS 质谱仪进行参数优化, 选择适用抗体标记元素和体系内标元素, 并评价仪器稳定性及携带污染率; 建立以磁珠为载体的双抗体夹心法 CEA 免疫检测体系, 对其反应模式、抗体用量等方面进行优化; 参照中华人民共和国卫生行业标准 WS/T 420-2013 和 Westgard 标准对所建立体系进行方法确认和性能验证, 包括标准曲线、检测下限 (LOD)、检测上限、可稀释倍数、可报告范围、稳定性、线性、批间精密度、批内精密度、准确度、特异性、回收率以及抗干扰性 (血红蛋白、胆红素、甘油三酯)。在此之后, 收集 269 例临床电化学发光检测后样本使用新建体系进行检测, 检测结果与已有结果进行配对 t 检验和相关性分析。

**结果** ICP-MS 质谱仪优化后, 分别选择 Eu 和 Re 作为抗体标记元素和体系内标元素, 仪器重复 50 次检测不同元素的 CV 值均小于 5%, 携带污染率小于 0.5%; 所建立检测体系采用两步法, 优化后整个反应过程在 40min 以内完成; 所建立检测体系检测下限为 0.14ng/ml, 检测上限为 900ng/ml, 可稀释倍数为 10, 可报告范围为 0.14-9000ng/ml, 检测线性相关系数 0.9945, 体系在 37℃ 存放 1 周检测偏倚均小于 8.38%, 高浓度度样本的批内和批间精密度 5.20%、5.18%, 低浓度样本为 10.24%、14.41%, 对不同抗原交叉污染率小于 0.05%, 检测回收率在 94%-108% 之间, 对不同浓度的卫生部质控品检测值均在允许范围内, 不同浓度干扰物质引起的干扰偏倚均小于 12.5%。所建立检测体系临床样本检测结果与电化学发光结果配对 t 检验  $p=0.7681$ , 两种方法检测结果相关系数为 0.9933。

**结论** 所建立 ICP-MS 免疫检测体系灵敏度高、特异性好、稳定性高、抗干扰能力强, 方法确认和性能验证结果符合临床实验室要求, 临床样本验证检测结果与电化学发光技术检测结果相关性高。CEA 检测体系的成功建立说明该方法具有很大的临床应用潜力, 研究结果推动了质谱技术在临床的应用, 为多重免疫分析体系的构建奠定基础。

## PU-0138

## 乙型肝炎病毒及其检测技术研究进展

姜文灿

解放军总医院第一医学中心

**目的** 随着对乙型肝炎病毒 (hepatitis B virus, HBV) 认识的增加, 乙肝在世界范围内得到了广泛的关注。由于自身结构和酶的特点, 乙型肝炎病毒具有突变率高的特点, 增加了其检测的难度。

**方法** 现阶段, HBV 检测主要分为免疫学检测和分子生物学检测。免疫学检测主要针对乙肝“两对半”和前 S1 抗原, 最早使用电子显微镜, 随后酶联免疫吸附实验 (ELISA)、放射性免疫分析技术 (RIA)、微粒子酶免疫分析技术 (MEIA)、时间分辨免疫分析、胶体金免疫层析技术等技术得到应用。临床使用较多的是雅培公司和罗氏公司检测仪器。随着乙肝血清学阴性患者例数的增多, 基于 HBV 基因水平的检测逐渐起到无可替代的作用。基于 PCR 的检测技术包括紫外分光光度法、聚合酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 技术于、数字化 PCR 技术。基于核酸恒温扩增原理的 PCR 技术, 包括环介导等温扩增技术 (Loop-mediated Isothermal Amplification, LAMP)、转录

介导恒温扩增技术(Transcription Mediated Amplification, TMA)、依赖核酸序列的扩增技术(Nucleic Acid Sequence-Based Amplification, NASBA)、滚环扩增反应(Rolling circle amplification, RCA)和切口酶核酸恒温扩增技术(nicking enzyme mediated amplification, NEMA)。

**结果** 可以对现有的检测技术进行优化或两两结合,使用免疫技术和 PCR 技术相结合的新型免疫 PCR 技术,进一步提升 HBV 检测的灵敏度和特异性。

PU-0139

## 新型 TaqMan 探针法实时荧光定量 PCR 检测 乙型肝炎病毒体系的构建

姜文灿<sup>1</sup>,岳素文<sup>2</sup>,江洪<sup>2</sup>,何赏<sup>1</sup>,陈琛<sup>1</sup>,童红莉<sup>1</sup>,王成彬<sup>1</sup>

1.中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

2.北京泰格瑞分子检验有限公司

**目的** 建立一种新的 TaqMan 探针法荧光定量 PCR 检测乙型肝炎病毒(hepatitis B virus, HBV)体系并用于临床检测。

**方法** 选择  $\beta$ -globin 作为内标基因,对靶模板设计中部同序引物对和新型 TaqMan-分子信标探针。检测梯度系列稀释的 HBV 质粒,作标准曲线并分析其线性范围和灵敏度;取  $10^7$ 、 $10^5$ 、 $10^3$  IU/mL 三个浓度质粒进行重复性试验,计算其变异系数;使用该体系检测 HBV 和其它 DNA 病毒阳性样本。使用新建体系检测中国人民解放军总医院肝胆外科、消化内科、查体及其他样本共 459 例,使用新建体系进行检测。随机选取定量结果低于  $10^3$  IU/mL 阳性的样本 50 例进行测序。

**结果** 该体系的线性相关系数达 0.997,线性范围为  $10^3 \sim 10^8$  IU/mL,灵敏度为 100 IU/mL;  $10^7$ 、 $10^5$ 、 $10^3$  IU/mL 三个浓度质粒组内变异系数分别为 1.02%、0.81%、0.95%,组间变异系数分别为 2.45%、1.72%、1.14%;体系仅能扩增 HBV 病毒 DNA。459 例样本中,有 199 例 HBV 检测阳性;50 例测序中,有 31 例由于浓度太低无法完成测序,19 例测序结果证实为 HBV 阳性样本。

**结论** 所建体系线性重复性好、灵敏度高、特异性强,应用于临床样本检测时准确性高,可以用于大批量样本检测。

PU-0140

## 疱疹病毒生物学特性及检测方法的研究进展

姜文灿

解放军总医院第一医学中心

**目的** 疱疹病毒是一组 DNA 病毒,目前发现与人类致病相关的有单纯疱疹病毒、巨细胞病毒、EB 病毒等共八种。疱疹病毒可引起多种疾病,严重危害人类健康。目前实验室主要的检测方法有病毒的分离培养、免疫学检测方法(免疫荧光法,免疫组化法,ELISA)、核酸检测方法(PCR,核酸杂交技术)以及其他方法(基因芯片等)。本文就单纯疱疹病毒、巨细胞病毒、EB 病毒的生物学特性及检测方法作了综述。

## PU-0141

**TaqMan 探针法实时荧光定量 PCR 的应用和研究进展**

姜文灿

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 聚合酶链式反应 (Polymerase Chain Reaction, PCR) 是在体外模拟体内核酸复制从而获取大量目的基因拷贝的技术, 最早由 Mullis 发明。其几何级数的放大模式, 相比于普通信号叠加的检测方法灵敏度提升了上百万倍, 同时又因操作简便, 成为核心技术之一。实时荧光定量 PCR 是在传统 PCR 基础上加入信号系统达到实时监测 PCR 扩增的目的, 继承了传统 PCR 高灵敏度和操作简便的特点, 同时实现了对样本的定量检测。

**方法** 根据信号基团的不同, 实时荧光定量 PCR 可以分为染料法和探针法。非特异的染料法成本较低, 但面临着类似于普通 PCR 非特异性扩增产物干扰的假阳性问题。探针法中使用的探针多是 TaqMan 探针, 与染料法相比, 在一定程度上避免了假阳性问题的出现。TaqMan 探针之后, 陆续出现了其它水解型探针 (TaqMan-MGB、TaqMan-分子信标) 和杂交探针 (分子信标、双杂交探针、双链探针) 以及探针标记引物 (LUX 引物、茎环引物、蝎型引物等), 进一步推动了实时荧光定量 PCR 技术的发展。Cycling 探针、Simple 探针和神奇荧光探针也得到了一些应用。

**结果** TaqMan 探针法中加入的特异性探针, 理论上不会和污染核酸结合产生假阳性, 但在 Ct 值很靠后的反应中, 这一问题也会出现<sup>[1]</sup>, 这要归因于引物和探针之间的聚合延伸, 探针和这种非特异性扩增产物杂交、水解而显色。

**结论** 探针 3'端的磷酸化使其出现指数扩增的循环数较引物有所推后, 但并非所有的探针都实现了磷酸化。现阶段, TaqMan 探针技术在医药卫生、农业科学、生物科学、政治法律等方面得到了广泛的应用。

## PU-0142

**血栓弹力图、纤维蛋白原及 D-二聚体在部分恶性肿瘤中的临床应用价值**

杜秀娟,曾覃平,张秀梅,张任飞,马永能,彭碧,邱晓勤

绵阳市第三人民医院 (四川省精神卫生中心)

**目的** 探讨联合血栓弹力图 (TEG)、纤维蛋白原(FIB)及 D-二聚体(DD)在评估部分恶性肿瘤凝血功能状态的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析 2017 年 9 月至 2018 年 8 月在我院确诊的 250 例恶性肿瘤患者为恶性肿瘤组, 以及同期 60 例健康体检者为健康对照组, 于治疗前分别测定各组 TEG、FIB 及 DD, 并对检测结果进行统计学分析。

**结果** 恶性肿瘤组 TEG 的 R 和 K 值明显降低, Angle、MA 和 CI 值明显增高; FIB 与 DD 明显增高与健康对照组比较差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 88.4% 的恶性肿瘤患者有一项以上的 TEG 参数或 FIB 或 DD 异常, 其中 DD 异常率最高, MA 次之。

**结论** 联合 TEG、FIB 及 DD 对恶性肿瘤患者进行动态监测, 有助于完整、真实地观察恶性肿瘤患者的高凝状态, 以减少血栓的发生风险, 更好的为治疗提供参考依据。

## PU-0143

## 影响内标双重 PCR 靶模板检测灵敏度的因素分析

姜文灿<sup>1</sup>,岳素文<sup>1</sup>,江洪<sup>2</sup>,苑晓舟<sup>2</sup>,王成彬<sup>1</sup>

1.中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

2.北京泰格瑞分子检验有限公司

**目的** 在含有内标基因的双重 PCR 系统中寻找影响靶模板检测的主要因素。

**方法** 在实时荧光定量 PCR 中,控制靶引物浓度为 5 $\mu$ M,分别调整内标引物的浓度至 2 $\mu$ M 和 1 $\mu$ M,检测系列稀释的  $\beta$ -globin 质粒,针对不同浓度引物选择 Ct 值在 30 左右的质粒浓度作为加入内标模板的浓度。分别使用 5 $\mu$ M、2 $\mu$ M、1 $\mu$ M 内标引物的体系(控制内标基因 Ct 值在 30 左右)和不加内标系统的单重 PCR 体系检测 10 倍系列稀释的 HBV 质粒模板,比较不同检测体系的灵敏度;并使用染料法检测各体系中不加模板时 PD 的 Ct 值。选择 5 $\mu$ M 的内标引物,分别使用浓度对应 Ct 值在 15、20、25 和 30 左右的内标质粒浓度,检测系列稀释的 HBV 质粒模板,比较各检测体系的灵敏度。

**结果** 对于加入内标模板的各个体系,其对靶模板检测的灵敏度达到 10<sup>-7</sup> 稀释度,而不加入内标模板的单重 PCR,可以检测到 10<sup>-8</sup> 稀释度。各体系引物二聚体的 Ct 值随着内标引物用量的减少而增加。相比于单重 PCR 体系,含有内标基因的双重 PCR 检测系统,内标基因的表现 Ct 值越小(即内标基因浓度越高),靶模板的检测灵敏度则越低或出现低浓度靶模板 Ct 值推后的现象。

**结论** 在双重 PCR 检测体系中,对靶模板检测灵敏度影响最大的因素在于内标基因的量,仅使用中部同序引物对而不使用内标系统的单重 PCR 体系具有最高灵敏度。

## PU-0144

## 新型探针应用于人巨细胞病毒 Real-time PCR 体系的建立

姜文灿<sup>1</sup>,孙慧珍<sup>1</sup>,何赏<sup>1</sup>,陈琛<sup>1</sup>,岳素文<sup>2</sup>,江洪<sup>2</sup>,童红丽<sup>1</sup>,王成彬<sup>1</sup>

1.中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

2.北京泰格瑞分子检验有限公司

**目的** 采用引入反义碱基的新型反义 TaqMan-MB (TaqMan-Molecular Beacon) 探针建立一种人巨细胞病毒 (HCMV) 的 Real-time PCR 检测体系。

**方法** 从 GenBank 中获取人巨细胞病毒 HCMV 全基因序列,选择保守序列设计引物和新型探针。分别使用 TaqMan 探针、分子信标探针及新型探针扩增质粒,比较荧光增值。以 HCMV 质粒标准品为模板,建立 PCR 反应程序,并优化反应条件,在此基础上进行方法评估(敏感性、特异性、重复性、干扰试验)。

**结果** 与 TaqMan 探针和分子信标探针进行对比,结果显示反义 TaqMan-MB 探针具有更大的荧光增值。新建检测体系灵敏度高(为 2.5 $\times 10^2$  copies/mL),特异性好(除 HCMV 外,HBV、HSV-1、EBV、金葡菌的阳性核酸样本均无特异性的扩增),重复性好(组间和组内变异系数均小于 5%),靶模板与内标模板浓度相差 500 以内无明显干扰作用。

**结论** 成功建立了一种新型人巨细胞病毒 (HCMV) 感染检测的 Real-time PCR 体系,具有良好的临床应用前景。

PU-0145

## 基于 MALDI-TOF MS 骨关节结核血清标志物 诊断模型的构建

陈汐濛

解放军总医院第一医学中心

**目的** 鉴于肺外结核病诊断效率低且相关研究较少，利用 MALDI-TOF MS 筛选骨关节结核患者血清中潜在的差异生物标志物以更快速的对该病进行诊断。

**方法** 临床收集血清，使用 MALDI-TOF MS 进行相应的质谱分析，并使用相关软件分析血清指纹图谱以建立相应诊断模型。

**结果** 成功建立骨关节结核与类风湿关节炎/强直性脊柱炎/骨关节其他病原菌感染/健康成人查体对照等四个诊断模型，准确率分别为 92%、83%、95%、92.5%，且均以用相关血清进行验证。

**结论** 成功建立相关模型，为骨关节结核病的尽早诊断提供新思路。

PU-0146

## 结核病实验室诊断及进展

陈汐濛

解放军总医院第一医学中心

**目的** 总结国内国际结核病实验室诊断的方法

**方法** 收集文献并总结

**结果** 结核病是全球传染病防治的重点，然而近年来随着耐多药结核病发病率的增加使结核病在全球范围内的传播呈现出死灰复燃的趋势。此外由于经济条件等限制，发展中国家的结核病防控形势依旧严峻。

**结论** 结核病的实验室检测是结核病诊断的重要依据，也是监测疗效及转归的有效手段，在临床中有着广泛的应用。本文就目前临床实验室结核病检测方法及其进展作一综述。

PU-0147

## 长链非编码 RNA 在肿瘤诊断中的应用与进展

陈汐濛

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探究长链非编码 RNA 在肿瘤诊断中的应用并进行总结

**方法** 搜索文献并进行摘取及总结

**结果** 长链非编码 RNA (lncRNA) 是一种结构类似于信使 RNA (mRNA)，长度大于 200 个核苷酸，但不具有可阅读框架的转录本。

**结论** 近些年来有越来越多的研究显示其在肿瘤的发生、转移、预后等方面起着重要的作用，且已经在患者的血液和多种体液中得以检出，具有良好的相关性。本文就目前长链非编码 RNA 在肿瘤诊断中的应用及进展做一综述。

## PU-0148

## 肺腺癌早期诊断血清标志物 microRNA 的筛选及鉴定

吕少刚,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 目前,肺癌是世界范围内发病率最高的恶性肿瘤,也是癌症相关致死率最高的恶性肿瘤,而肺腺癌是占肺癌中最多的一种组织学分型。现在还没有灵敏度和特异度都比较高的肺腺癌早期诊断标志物,导致大多数肺腺癌患者都是在晚期才确诊,因此急需筛选出有效的肺腺癌早期诊断标志物。研究表明血清 microRNA (miRNA) 可作为一种新型的肿瘤诊断标志物,因此我们对肺腺癌患者与健康对照血清 miRNA 的表达差异情况,以筛选并鉴定潜在的肺腺癌早期诊断标志物。

**方法** 我们收集了 180 名肺腺癌患者和 180 名健康对照的血清样本,先将 20 份肺腺癌患者的血清和 20 份健康对照的血清分别混合并提取 RNA,利用低密度基因芯片 (low-density array, LDA) 分别检测两者的 miRNA 表达谱,并统计其差异表达的 miRNA。选择差异表达最明显的一组 miRNA,并用茎环法实时定量 PCR (real time quantitative PCR, RT-qPCR) 验证剩余的 160 份肺腺癌和 160 份健康对照的血清。

**结果** 结果发现,混合样本中有 11 个 miRNA 在肺腺癌患者血清中表达明显高于健康对照,从中选取 6 个 miRNA,包括 miR-103、miR-146a、miR-151、miR-21、miR-221、miR-222 和 miR-223,用 RT-qPCR 进行鉴定。最后发现表达差异最大的三个 miRNA,miR-146a、miR-222 和 miR-223,在 I/II 期肺腺癌患者血清中表达水平明显高于健康对照。

**结论** miR-146a、miR-222 和 miR-223 组成的 miRNA 组可以作为肺腺癌早期诊断的潜在标志物。

## PU-0149

## 计算 T-SPOT 实验中 TBAg/PHA 比值在肺外结核的诊断及治疗监测中的应用

汪峰

华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** 近年来肺外结核 (EPTB) 呈上升趋势,然而该疾病的诊断仍然是一个难题。我们在本研究中评估了 T-SPOT.TB 实验中结核杆菌特异性抗原 (TBAg) 与植物血凝素 (PHA) 的比值 (TBAg/PHA 比值) 在 EPTB 的诊断和治疗监测中的性能。

**方法** 从 2012 年至 2017 年,本研究在同济医院共入组 734 名 EPTB 患者和 1,137 名诊断明确的非 EPTB 患者。为了验证本研究,我们还从同济医院中法新城分院招募了另一组 EPTB 和非 EPTB 患者。

**结果** 我们的研究表明, EPTB 组与非 EPTB 组 T-SPOT.TB 实验的阳性率分别为 88.15% 与 32.28%。在 T-SPOT.TB 检测阳性的患者中,单独使用 T-SPOT.TB 的抗原孔定量结果区分 EPTB 和非 EPTB 价值有限。然而,通过进一步计算 T-SPOT.TB 实验中 TBAg/PHA 比值可以明显提高各类型 EPTB 患者的诊断效果。如果以 0.20 作为 TBAg/PHA 比值的临界值,该比值区分 EPTB 与非 EPTB 的灵敏度和特异性分别为 70.79% 和 91.55%。我们的验证组结果也表明, TBAg/PHA 比值在区分 EPTB 与非 EPTB 时表现较好,灵敏度和特异性分别达到 81.82% 和 97.56%。此外, TBAg/PHA 比值的优势是该比值较少受免疫抑制的影响。我们的研究结果还表明, PHA 值可以反映患者的免疫抑制状态,因此 PHA 值也有助于判断 T-SPOT.TB 结果在不同免疫状态时用于诊断 EPTB 的可信度。最后,我们发现 TBAg/PHA 比值在抗结核治疗过程中显著降低,表明该比值还可以用于抗结核治疗效果的监测。

**结论** 以上数据为 T-SPOT.TB 实验在结核病诊断中的应用提供了新方向,而 TBAg/PHA 比值可能会成为 EPTB 诊断和治疗监测的有用工具。



## PU-0150

## Up-converting phosphor technology-based lateral flow assay for point-of-collection detection of morphine and methamphetamine in saliva

Qiaozhen Wei

Department of Clinical Laboratory, Chinese People's Liberation Army General Hospital

**Objective** Morphine (Mop) and methamphetamine (Met) are highly addictive drugs worldwide. Point-of-collection testing (POCT) for drug-of-abuse screening is important in abuse/rehabilitation clinics and law-enforcement agencies.

**Methods** We established an up-converting phosphor technology-based lateral flow assay (UPT-LFA) as a point-of-collection testing (POCT) method, namely Mop-UPT-LFA and Met-UPT-LFA, for the detection of morphine and methamphetamine without complicated sample pre-treatment, respectively, in saliva.

**Results** The sensitivities of Mop-UPT-LFA and Met-UPT-LFA were 5 and 10 ng mL<sup>-1</sup> with accurate quantitation of 5-100 ng mL<sup>-1</sup> and 10-250 ng mL<sup>-1</sup> for morphine and methamphetamine, respectively, for a detection time of 15 min. In reference to the detection limits of 20 and 25 ng mL<sup>-1</sup> for morphine and methamphetamine, respectively, in the Driving Under the Influence of Drugs, Alcohol and Medicines (DRUID) program of the European Union, the percentage test/control (T/C) ratio of the UPT-LFA between 2 and 15 min reached 101% and 86%, and the UPT-LFA produced accurate qualitative results in 2 min for 100 simulated-saliva samples with the exception of a few weakly positive samples. The sample and sample treating buffer were mixed and added to the test strip, and the test was conducted 15 min later. Although we found no significant difference between the UPT-LFA quantitative test and the liquid chromatography tandem mass spectrometry (LC-MS) test, compared with the latter, the UPT-LFA was substantially faster and had higher detection efficiency. The UPT-LFA showed more accurate qualitative results than the LC-MS for 50 simulated-saliva samples.

**Conclusions** Overall, our data indicate that the UPT-LFA is a candidate POCT method for drug-of-abuse screening in abuse/rehabilitation clinics or law-enforcement agencies.

## PU-0151

## Rapid detection of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus (SFTSV) total antibodies by up-converting phosphor technology-based lateral-flow assay

Qiaozhen Wei

Department of Clinical Laboratory, Chinese People's Liberation Army General Hospital

**Objective** The aim of this study was to develop an assay for rapid detection of SFTSV total antibodies.

**Methods** In this study, an up-converting phosphor technology-based lateral-flow (UPT-LF) assay was developed to detect severe fever with thrombocytopenia syndrome virus (SFTSV) total antibodies rapidly and specifically. SFTSV recombinant N protein (SFTSV-rNP) was coated on analytical membrane for samples capture, up-converting phosphor (UCP) particles were used as the reporter, the luminescence emitted by UCP particles was converted to a measurable signal by a biosensor. The performance of UPT-LF assay was evaluated by testing 302 field sera sample by ELISA, Western blotting and UPT-LF assay.

**Results** UPT-LF assay exhibited a lower detection limit than ELISA, and a satisfied level of agreement was exhibited by Kappa statics (Kappa coefficient=0.938). Considering Western

blotting as the reference for comparison, the sensitivity and specificity of UPT-LF assay could reach 98.31% and 100%. UPT-LF assay showed no specific reaction with hantavirus total antibodies sera, which avoids the misdiagnosis of SFTSV from hantavirus that could cause similar clinical symptoms. UPT-LF assay was able to achieve acceptable results within 15min and needed only 10 $\mu$ l sample for each test.

**Conclusions** As a whole, UPT-LF assay is a candidate method in on-site surveillance of SFTSV total antibodies for its excellent sensitivity, specificity, stability, easy operation and less time consuming.

## PU-0152

### Establishment of rat model on lung injury induced by composites smoke inhalation

Xinxin Duan, Cheng-bin Wang

Department of Clinical Laboratory, Chinese PLA General Hospital

**Objective** To establish and evaluate a rat model of inhalation lung injury induced by combustion of non-metallic composite materials

**Methods** O<sub>2</sub>, CO, CO<sub>2</sub> and H<sub>2</sub>S concentrations were monitored within 20min after combustion of non-metallic composite materials. After pre-experiment, forty two healthy male Wistar rats were randomly divided into normal control(NC) group and 2h, 6h, 12h, 24h, 48h and 72h after inhalation group(n=6 each) and treated with smoke for 15min respectively. All Rat mortalities within 72 hours were then calculated. Arterial blood gas, coagulation times, lung moisture content values were recorded. Macroscopic and microscopic changes in lung tissue were observed to assess the degree of lung injury.

**Results** There were no significant differences between the concentrations of O<sub>2</sub>, CO, CO<sub>2</sub>, H<sub>2</sub>S and temperature among treatment groups ( $P < 0.05$ ). The concentration of gas in the 18min is relatively stable after combustion of 7 kinds of non-metallic materials. The PaO<sub>2</sub> in group 2h, 6h and 12h after injury were increased ( $52.0 \pm 1.512$ ,  $64.42 \pm 1.46$ ,  $70.44 \pm 1.396$  mmHg, respectively), compared to the control group ( $84.22 \pm 0.701$  mmHg,  $p < 0.05$ ). The partial pressure of carbon dioxide (PaCO<sub>2</sub>) in group 2h ( $45.6 \pm 2.132$  mmHg) and 6h ( $54.16 \pm 5.183$  mmHg) were increased after injury respectively, compared to the control group ( $41.64 \pm 1.621$  mmHg),  $P < 0.05$ . The lung water content of group 2h, 6h, 12h and 24h were decreased after injury ( $0.80 \pm 0.013$ ,  $0.82 \pm 0.025$ ,  $0.79 \pm 0.016$ ,  $0.76 \pm 0.014$ ,  $P < 0.05$ , respectively). Histopathological results showed clinical manifestation of lung injury.

**Conclusions** The rat model is stability and reliability which can be used to research and treatment inhalation lung injury induced by non-metallic composite materials smoke in fire environment and other cases.

## PU-0153

### 基于 LC-MS/MS 骨关节结核血清蛋白质筛选与鉴定

陈汐濛

中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

**目的** 鉴于肺外结核病诊断效率低且相关研究较少, 利用 MALDI-TOF MS 筛选骨关节结核患者血清中潜在的差异生物标志物以更快速的对该病进行诊断。

**方法** 临床收集血清, 使用 MALDI-TOF MS 进行相应的质谱分析, 并使用相关软件分析血清指纹图谱以建立相应诊断模型。再对具有代表性的差异多肽峰进行提取和二级质谱鉴定, 从而确定该蛋白。

**结果** 成功建立骨关节结核与类风湿关节炎/强直性脊柱炎/骨关节其他病原菌感染/健康成人查体对照等四个诊断模型，准确率分别为 92%、83%、95%、92.5%，且均以用相关血清进行验证。

**结论** 成功建立相关模型，为骨关节结核病的尽早诊断提供新思路。

## PU-0154

### MALDI-TOF MS 在结核分枝杆菌检测中的应用

陈汐濛

解放军总医院第一医学中心

**目的** 总结 MALDI-TOF MS 在结核分枝杆菌检测中的应用

**方法** 搜集文献并进行归纳总结

**结果** 质谱技术是一种测量离子质荷比 ( $m/z$ ) 的分析方法，其基本原理是使试样中各组份在离子源中发生电离，生成不同荷质比的带电荷的离子，经加速电场的作用，形成离子束，进入质量分析器。在质量分析器中，再利用电场和磁场使发生相反的速度色散，将它们分别聚焦而得到质谱图，从而确定其质量。

**结论** 质谱技术在临床微生物鉴定中主要有样本需求量少、速度快、准确率高等优点，近些年来越来越得到实验室的青睐。

## PU-0155

### EULAR/ACR 风湿性多肌痛分类标准的比较

崔嘉玥

解放军总医院第一医学中心

**目的** 比较已发表的风湿性多肌痛 (PMR) 的分类/诊断标准的表现，包括在一个单中心的研究中新的 2012 欧洲抗风湿联盟 (EULAR) /美国风湿病学会 (ACR) 的标准。

**方法** 我们研究了 6 年多来出现在我们中心的所有新发 PMR 患者，他们的诊断通过一个为期 12 个月的前瞻性随访而确认。其主题根据七个不同的标准进行分类。比较其敏感性和特异性。对照人群包括 4 年期间在我们早期关节炎诊所见到的，年龄大于等于 50 岁的，并被诊断为类风湿关节炎 (RA) 或其他炎症性关节病 12 个月的患者。

**结果** 收集了 136 例实验组和 149 例对照组，其中 94 例 RA 患者。敏感性最高的标准是新的 2012 年 EULAR / ACR 分类标准 (92.6%)。联合超声 (US) 检测，总病例中特异性从 81.5% 增加到 91.3%，RA 患者中从 79.7% 增加到 89.9%。Bird 标准灵敏度为 89.2%，但特异度最低 (总病例中 40.2%，RA 中 72.5%)。Jones 和 Nobunaga 标准是特异性最高的标准 (总病例中 96.7% 和 97.8%，RA 中 98.6% 和 99.5%)，但较不敏感 (63.1% 和 58.2%)。总体而言，ROC 特征曲线下的区域反映的识别能力在 2012 年 EULAR/ACR 标准 (总病例中 0.920，RA 中 0.910) 中得到的更好的体现。

**结论**

新发 PMR 患者的新 EULAR/ACR 标准在辨别 PMR 与 RA 和其他炎症性关节疾病方面表现最好。超声进一步提高了标准的特异性。

## PU-0156

## 抗 CCP 抗体在类风湿关节炎诊断中的临床价值

崔嘉玥

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探寻类风湿关节炎(RA)患者血清中的抗环瓜氨酸肽抗体(ACPA)对 RA 诊断的敏感性和特异性及其在 RA 中的临床应用价值。

**方法** 选取 2016 年 8 月至 2017 年 3 月在湖南某医院住院的 RA 患者(RA 组)、其他自身免疫性疾病患者(非 RA 组)及健康体检者(对照组)为研究对象,采用手工酶联免疫吸附法(ELISA)检测抗环瓜氨酸肽(CCP)抗体水平,采用速率散射比浊法检测类风湿因子(RF),采用迈瑞 5390 全自动血液细胞分析仪检测超敏 C 反应蛋白(hs-CRP),采用 ALI FAM 全自动血沉分析仪检测红细胞沉降率(ESR),所有收集得到的数据采用 SPSS19.0 软件包进行处理。

**结果** 抗 CCP 抗体诊断 RA 的敏感性和特异性分别为 86.1%和 97.3%,与 RF(敏感性 87.5%,特异性 94.6%)相比,具有较高特异性;抗 CCP 抗体和 RF 两者联合检测,敏感性和特异性分别为 97.3%和 88.9%;受试者工作特征曲线(ROC)显示抗 CCP 抗体检测对 RA 诊断具有较高的特异性,抗 CCP 抗体和 RF 两者联合检测对 RA 诊断具有较高的敏感性。

**结论** 抗 CCP 抗体在类风湿关节炎早期的诊断中具有较高的特异性和敏感性,是新兴的、理想的血清学指标,对类风湿关节炎的预测和诊断具有一定临床价值,值得在临床检验中推广应用。

## PU-0157

## 类风湿关节损伤的早期生物标志物

崔嘉玥

解放军总医院第一医学中心

**目的** 关节破坏是类风湿关节炎最应关注的问题。这一损害在本质上是不可逆转的,且往往进一步的损伤始于疾病临床发病甚至临床发病之前。然而,并不是所有的患者都会发展为关节损害,重要的是确定患者是否易发展为关节破坏,以便尽快开始更积极的治疗,从而潜在地防止不可逆的关节损伤。

**方法** 全面列举了类风湿候选生物标志物的种类,评估了其作为关节损伤的生物标志物的潜力的证据。

**结果** 蛋白标志物可以在疾病的早期预测关节的损害,从而为患病个体提供最合适的治疗方案。虽然类风湿的许多候选生物标志物已经在文献中被报道,但相当少投入了临床应用,用于风湿病学的生物标志物的数量已经多年保持相对静止。将众多生物标志物投入到临床应用中面临着重大的挑战。

**结论** 近来以质谱为基础定量测定蛋白质技术的发展使我们发展复合蛋白的能力大大提高,这一进展可能对未来生物标志物的验证有重大影响。

## PU-0158

## 葡萄糖转运蛋白 4 与糖尿病相关性的研究进展

崔嘉玥

解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究 GLUT-4 与糖尿病的关系。

**方法** 查阅大量文献，进行对比分析，寻找共性、

**结果** 目前关于 GLUT-4 转运的研究取得了很大的进展，尤其对 GLUT-4 转运步骤的研究取得了极大的突破。然而，胰岛素刺激 GLUT4 分子的囊泡易位的具体信号是什么，这个信号发挥作用的机制如何，都是值得研究的。

**结论** 随着基础研究的进一步深入，在糖尿病治疗上的突破将会指日可待。

## PU-0159

### 微流控技术的发展与临床应用

崔嘉玥

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解微流控技术的发展及临床应用。

**方法** 查阅文献，分析对比。

**结果** 微流控（Microfluidics）指的是使用微管道（尺寸为数十到数百微米）处理或操纵微小流体（体积为纳升到阿升）的系统所涉及的科学和技术，是一门涉及化学、流体物理、微电子、新材料、生物学和生物医学工程的新兴交叉学科。被列为 21 世纪最为重要的前沿技术之一。

**结论** 微流控装置具有防污染、高通量、多通道、样品用量少、检测速度快、灵敏度高、结果准确、成本低等优点，总体来说朝着便携化、集成化和微型化方向发展。近年来，其在化学、生物学、医学等领域发展迅速。

## PU-0160

### 质谱技术的研究进展

崔嘉玥

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解质谱技术的发展及研究现状。

**方法** 查阅文献，分析对比。

**结果** 质谱技术是一种鉴定技术，在有机分子的鉴定方面发挥着非常重要的作用。随着质谱技术的发展，质谱技术的应用领域也越来越广。

**结论** 以 MALDI-TOF-MS 为例，该技术可以快速、特异地鉴定常见细菌，以及真菌、分枝杆菌、苛养菌及厌氧菌，利用其强大的优势改变了临床微生物实验室感染性疾病诊断的传统格局。然而 MALDI-TOF-MS 难定量、仪器成本高、对抗生素耐药性和耐药机制的检测能力有限，无法鉴定混合菌，而且对于报告的结果缺乏统一的验证和解释。

## PU-0161

### 血清可溶性清道夫受体 CD163 在慢性阻塞性肺疾病急性加重期中的临床意义

陈永海

福建中医药大学附属人民医院

**目的** 评价血清可溶性清道夫受体 CD163 在慢性阻塞性肺疾病急性加重期(AECOPD)患者中的表达及其临床意义，为 AECOPD 的诊断和治疗提供参考。

**方法** 2014 年 5 月~2016 年 5 月分别选择 80 例 AECOPD 患者、80 例慢性阻塞性肺疾病(COPD)患者和 80 例健康体检者为研究对象,检测其血清 sCD163 含量,AECOPD 患者同时进行痰液细菌培养,对 AECOPD 患者进行分级,数据采用 SPSS21.0 进行统计分析。

**结果** 80 例 AECOPD 患者确诊为细菌感染的为 43 例(占比 53.75%),非细菌感染的 37 例(占比 46.25%)。临床分级为 I 级的为 18 例(占比 22.50%),II 级的为 51 例(占比 63.75%),III 级的为 11 例(占比 13.75%)。健康体检组的 sCD163 含量低于 COPD 组和 AECOPD 组( $P<0.001$ ),COPD 组的 sCD163 含量低于 AECOPD 组( $P<0.001$ )。细菌培养阳性组的 sCD163 含量高于细菌培养阴性组( $P<0.001$ )。临床分级为 I 级组的 sCD163 含量低于 III 级组( $P=0.002$ ),II 级组低于 III 级组( $P=0.016$ ),但 I 级组和 II 级组之间 sCD163 含量的差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** sCD163 含量对 AECOPD 的早期诊断、判断细菌感染方面具有一定优势,其结果为临床医生尽快制定治疗方案具有积极作用。

## PU-0162

### 正常妊娠期妇女甲状腺激素改变的临床分析

蒲丹娜

中国人民解放军总医院

**目的** 通过检测正常妊娠期妇女血清甲状腺激素水平以探讨其在各阶段的变化规律,为临床诊断、治疗、监测妊娠期甲状腺疾病提供参考依据。

**方法** 回顾性选取 2016 年 1 月至 2017 年 4 月,解放军 163 医院门诊及住院正常妊娠妇女 210 例并将其分为早期妊娠组(0-12 周)70 例、中期妊娠组(13-28 周)70 例、晚期妊娠组(28 周-分娩)70 例作为观察组,选择同期体检非妊娠期健康妇女 70 例作为对照组,采用电化学发光免疫分析法测定其血清 FT3、FT4、TSH。

**结果** 妊娠早期血清 TSH 值明显降低,并随着妊娠的进展逐渐升高,妊娠早期母体血清 FT3、FT4 与对照组比较无显著变化,随着妊娠的进展血清中 FT3、FT4 的值逐渐降低,并明显低于对照组。

**结论** 妊娠期妇女的血清甲状腺激素水平随妊娠时限的增加而发生变化,妊娠期妇女的甲状腺激素水平与非妊娠期妇女相比明显不同,并且各妊娠期之间甲状腺激素水平亦存在较大差异。因此,正常成人(非妊娠)甲状腺激素参考范围已不再适用于妊娠期妇女,建议各地区应该根据实际情况建立本地区妊娠各期特异的甲状腺激素参考范围。

## PU-0163

### 采用生物学变异和六西格玛 2 种模式评价 6 种 HbA<sub>1c</sub> 检测系统 分析性能并利用六西格玛理论设计质控方案

王霞,王伟佳,索明环,胡婷,温冬梅

中山市人民医院/广东药学院附属中山医院,528400

**目的** 采用生物学变异和六西格玛 2 种质量管理模式评价本实验室 6 种糖化血红蛋白(glycated hemoglobin HbA<sub>1c</sub>)检测系统性能,利用六西格玛理论设计质控方案,并根据质量目标指数(quality goal index,QGI)持续改进质量水平。

**方法** 分别收集本实验室 Variant II、Variant IITurbo 2.0、Capillarys 2FP、Trinity Ultra2、Trinity Hb9210 和 Roche Modular PPI 6 种 HbA<sub>1c</sub> 检测系统近 6 个月两个水平室内质控累积变异系数(CV%),根据 NGSP 能力认证比对结果计算偏倚(Bias%)。利用 CV%、Bias%和允许总误差(TEa%)计算  $\sigma$  度量值和 QGI 值,同时绘制生物学变异学和六西格玛性能评价图。

**结果** 本实验室的 6 种 HbA<sub>1c</sub> 检测系统均达到常规模式的可接受水平, 其中 3 种系统达到生物学变异模式的可接受水平, 4 种系统达到西格玛模式的可接受水平。对于未达 6 $\sigma$  的检测系统分析 QGI 值发现, 改进精密度和正确度仍然是本实验室的主要任务。

**结论** 生物变异学模式和六西格玛模式可以直观地显示 6 种 HbA<sub>1c</sub> 检测系统性能所落在的性能区域, 是评价实验室 HbA<sub>1c</sub> 检测系统分析性能的 2 种严格的质量管理模式, 是临床实验室走向精细化科学管理的质量目标。利用六西格玛理论可以设计个性化的质控方案并根据 QGI 指导质量的持续改进。

## PU-0164

### IL-33 及其受体 sST2 在 SLE 患儿血清中的表达及意义

王霞, 索明环, 胡婷, 王伟佳, 温冬梅  
中山市人民医院/广东药学院附属中山医院, 528400

**目的** 研究系统性红斑狼疮 (SLE) 患儿血清中白介素-33 (IL-33) 及其可溶性受体 (sST2) 的表达及意义。

**方法** 收集 2016 年 5 月-2018 年 6 月在中山大学附属中山医院就诊的 32 例 SLE 患儿为研究对象, 另选取 50 例同期儿童健康人群为对照组。采用酶联免疫吸附技术 (ELISA) 分别检测患者和健康对照组血清中 IL-33 及其受体 sST2 的表达水平以及治疗前后的变化, 并分析二者与疾病活动度的关系。

**结果** SLE 患儿血清 IL-33 浓度[ (24.5 $\pm$ 5.0)pg/ml]较健康对照[ (13.9 $\pm$ 3.2)pg/ml]明显升高 (P<0.05); SLE 患儿血清 sST2 浓度[ (990.2 $\pm$ 350.7)pg/ml]较健康对照组[ (284.9 $\pm$ 69.1)pg/ml] 明显升高 (P<0.01)。SLE 患儿血清 IL-33 分别与 SLEDAI 评分和抗 ds-DNA 抗体滴度呈正相关 (r=0.399, p=0.024; r=0.395, p=0.025), SLE 患儿血清 sST2 分别与 SLEDAI 评分和抗 ds-DNA 抗体滴度呈正相关 (r=0.502, p=0.003; r=0.529, p=0.002) 然而, 相对 IL-33, sST2 与 SLEDAI 评分、抗 ds-DNA 抗体滴度相关系数更高。经过 6 个月的激素联合免疫抑制剂治疗后 SLE 患儿血清中 IL-33 及 sST2 浓度较治疗前明显下降。

**结论** IL-33、sST2 均参与儿童 SLE 发病机制, 均与 SLE 患儿的病情活动程度呈正相关, 而 sST2 相对 IL-33 更能反映 SLE 患儿疾病的活动度, 经过治疗后二者表达水平明显下降, 因此, IL-33、sST2 可能在儿童 SLE 的发病过程中起重要作用。

## PU-0165

### 结核性脑膜炎患者的代谢组学研究

叶静云  
中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

**目的** 结核性脑膜炎 (tuberculosis meningitis, TBM) 是一种常见的肺外结核病, 可导致严重的发病率和死亡率。TBM 的诊断很困难, 因为现有实验室技术的敏感性有限。代谢组学方法可用于研究细菌和宿主的代谢物组, 并已用于阐明疾病发展的基础机制, 并确定代谢变化, 从而改进诊断、治疗和预后方法。

**方法** 质谱 (MS) 是用于代谢组学的主要分析平台, 基于 MS 的代谢组学由于其高灵敏度提供广泛的代谢物覆盖率, 并且对于研究结核分枝杆菌 (Mtb) 和相关疾病是有用的。

**结果** 它已被用于研究 TBM 诊断; 然而, 基于 MS 的代谢组学方法所涉及的过程复杂且灵活, 并且通常由几个步骤组成, 并且在使用的的方法的小的改变可能会对最终结果产生巨大影响。

**结论** 在此, 总结了基于 MS 的代谢组学的过程, 并讨论了其在 Mtb 和 Mtb 相关疾病中的应用。此外, 描述了 TBM 代谢组学的现状。

## PU-0166

## 血液分析法检测细菌抗原对诊断结核病的临床评价

叶静云

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 评估新开发的检测方法的临床表现, 该检测方法可以通过直接检测患者血液样本中的 *Mtb* 衍生抗原, 快速诊断活动性 TB 病例。

**方法** 通过高通量质谱 (MS) 分析来源于 *Mtb* 毒力因子 CFP-10 (10-kDa 培养滤液蛋白) 和 ESAT-6 (6kDa 早期分泌抗原靶蛋白) 的纳米颗粒 (NanoDisk)。使用此 NanoDisk-MS 分析 294 名前哨性纳入中国成年人的血清, 评估直接检测血清 *Mtb* 抗原的性能作为快速诊断活动性 TB 病例的方法。

**结果** NanoDisk-MS 诊断结核病 174 例 (88.3%), 临床特异性为 95.8%, 培养阳性和培养阴性结核病例的临床敏感性分别为 91.6% 和 85.3%, NanoDisk-MS 对肺结核和肺外结核的临床敏感性分别为 88% 和 90%, 超过了这些病例的分枝杆菌培养物的性能。

**结论** 通过 NanoDisk-MS 直接检测和定量血清 *Mtb* 抗原, 可以快速准确地诊断成人的活动性结核, 而不依赖于疾病部位或培养状态, 并且优于基于结核分枝杆菌的结核病诊断。

## PU-0167

## 272 例侵袭性真菌感染的临床分析

刘晔华,张坚磊,江雁,刘萍,穆红

天津市第一中心医院,300000

**目的** 了解天津市第一中心医院 2018 年院内侵袭性真菌感染的菌群分布与变迁情况, 探讨本年度本院深部真菌感染的总体情况。

**方法** 回顾性分析天津市一中心医院 2018 年临床诊断为存在侵袭性真菌感染的 272 例患者的临床资料, 将患者分为酵母样真菌感染组和丝状真菌感染组。调查分析两组病例的临床特征和检出真菌部位、菌群分布及菌种变迁情况, 对两组的临床危险因素进行统计学分析。

**结果** 院内侵袭性真菌感染以肺部感染为主, 其次是血流感染, 也可见于中枢神经感染和手术伤口感染。酵母样真菌感染组平均住院时间明显长于丝状真菌感染组, 主要来自重症监护病房 ( $P<0.001$ ), 基础疾病以消化系统疾病为主 ( $P<0.001$ ); 对于丝状真菌感染组, 基础疾患以呼吸系统疾病为主 ( $P=0.012$ ), 尤常见于慢阻肺 ( $P=0.002$ ); 值得一提的是, 中耳炎患者丝状真菌分离率明显高于酵母样真菌 ( $P=0.002$ )。所有真菌感染病例死亡率为 21.4%, 其中酵母样真菌感染组死亡率为 27.3%, 丝状真菌感染组为 13.0%。

**结论** 本院侵袭性真菌感染以肺部感染为主, 主要由曲霉菌属引起。减少定植真菌造成的自身感染, 谨慎使用抗真菌药物, 减少不必要的侵入性操作等都有助于降低侵袭性真菌感染的发病率。

## PU-0168

## 外泌体纳米囊泡检测方法的研究进展

叶静云

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 外泌体是由大多数类型的细胞脱落, 并在体液中循环的纳米级 ( $\approx 30-150\text{nm}$ ) 内吞细胞的囊泡。近年来, 为了研究和临床目的, 已经广泛开发了许多检测方法来分析外泌体和外泌体物质。



**方法** 例如纳米粒子跟踪分析 (NTA), 酶联免疫吸附试验 (ELISA), 流式细胞术和流式细胞分选 (FACS) 被开发用于外泌体的检测和定量。基于微流体和电化学生物传感器开发的新策略也受到了重视。电化学生物传感器方法, 由于其快速、简单和成本效益的程序, 以及对样品量较少的要求, 已显示出巨大的前景。

**结果** 另一方面, 基于微流体学的方法对于改进该方法的整体分析性能 (例如, 显着减少总测定时间、样品和试剂的最小消耗量、提高的灵敏度等) 是众所周知的。而且, 这样的平台通过提供自动化处理来减少人工干预。

**结论** 在这一综述中, 主要讨论这些检测方法的研究进展。

## PU-0169

### B7-H3 在鉴别良恶性胸腔积液中的价值

蒲丹娜

中国人民解放军总医院

**目的** 探讨 B7-H3 在鉴别良恶性胸腔积液中的价值, 为临床鉴别良恶性胸腔积液中的价值提供参考依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 4 月, 中国人民解放军总医院门诊及住院良恶性胸腔积液患者 210 例, 其中 100 例为恶性胸腔积液患者, 其余 110 例为非恶性胸腔积液患者, 采用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测两组患者胸腔积液、外周血 B7-H3 水平。

**结果** 恶性胸腔积液患者 B7-H3 含量明显高于其外周血 ( $P < 0.05$ ); 恶性胸腔积液中 B7-H3 含量明显高于非恶性胸腔积液 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 胸腔积液 B7-H3 的表达水平对良恶性胸水的鉴别具有重要的临床意义, 且胸腔积液好于血清样本。检测胸腔积液中 B7-H3 的水平可以为临床鉴别良恶性胸腔积液中的价值提供参考依据。

## PU-0170

### HE4 在子宫内膜癌诊断中的价值

蒲丹娜

中国人民解放军总医院

**目的** 探讨血清人附睾蛋白 4 (HE4) 检测在子宫内膜癌诊断中的价值。为临床诊断、治疗、监测子宫内膜癌提供参考依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 4 月, 中国人民解放军总医院门诊及住院 30 例子宫内膜癌 (子宫内膜癌组), 403 例同期体检的健康妇女 (正常对照组)。采用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测 30 例子宫内膜癌 (子宫内膜癌组) 和 403 例同期体检的健康妇女 (正常对照组) 血清 HE4 浓度进行检测。

**结果** 子宫内膜癌组血清 HE4 为  $97.12 \pm 51.12$  pmol/L, 正常对照组为  $40.04 \pm 9.59$  pmol/L, 子宫内膜癌组显著高于正常对照组 ( $P < 0.01$ )。

**结论** HE4 检测对子宫内膜癌的诊断及预后判断有一定的价值。监测子宫内膜癌患者血清中的人附睾蛋白 4 (HE4) 水平可以为临床诊断、治疗、监测子宫内膜癌提供参考依据。

PU-0171

## Altered TLR4 activation plays a critical role in cystitis pain: A Multidisciplinary Approach to the Study of Chronic Pelvic Pain Research Network Animal Study

Xiangrong Cui<sup>1</sup>, Xuan Jing<sup>2</sup>

1.Children's Hospital of Shanxi and Women Health Center of Shanxi

2.Shanxi Province People's Hospital

**Objective** Altered Toll-like receptor (TLR) 4 activation has been identified in several chronic pain conditions but has not been well studied in interstitial cystitis/bladder pain syndrome (IC/BPS). Our published human studies indicated that IC/BPS patients present altered systemic TLR4-mediated inflammatory responses, which were significantly correlated with reported pain severity. In this study we sought to determine whether altered TLR4 activation plays a role in pelvic/bladder pain seen in IC/BPS patients using our validated IC/BPS-like transgenic autoimmune cystitis model (URO-OVA).

**Methods** Using genetic engineering technology, we previously developed a transgenic EAC model (URO-OVA) that expresses the membrane form of the model antigen ovalbumin (OVA) as a self-antigen on the urothelium and develops bladder inflammation 7 days after adoptive transfer of OVA-specific CD8<sup>+</sup> T cells. The URO-OVA model resembles many clinical features of IC/BPS including enhanced responses to pelvic/bladder stimuli, voiding dysfunction, and increased mast cell counts. In this study we took advantage of the URO-OVA model and its derived TLR4-deficient model (URO-OVATLR4<sup>-/-</sup>), together with a selective inhibitor of TLR4 signaling (TAK-242), to determine whether altered TLR4 activation plays a role in pelvic/bladder pain seen in IC/BPS patients.

**Results** URO-OVA mice developed responses consistent with pelvic and bladder pain after cystitis induction, which was associated with increased splenocyte production of proinflammatory cytokines interleukin (IL)-1b, IL-6 and tumor necrosis factor (TNF)-a in response to lipopolysaccharide (LPS, a TLR4 agonist) stimulation in vitro. Compared to URO-OVA mice, URO-OVATLR4<sup>-/-</sup> (TLR4-deficient URO-OVA) mice developed significantly reduced nociceptive responses, although similar bladder inflammation, after cystitis

induction. Intravenous administration of TAK-242 (a TLR4 selective antagonist) significantly attenuated nociceptive responses in cystitis-induced URO-OVA mice, which was associated with reduced splenocyte production of TLR4-mediated proinflammatory cytokines IL-1b, IL-6 and TNF-a as well as reduced spinal expression of mRNAs for proinflammatory cytokines IL-6 and TNF-a, glial activation markers CD11b and glial fibrillary acidic protein (GFAP), and endogenous TLR4 ligand high mobility group box 1 (HMGB1).

**Conclusions** Our results indicate that altered TLR4 activation plays a critical role in bladder nociception in the URO-OVA model, providing a potential mechanistic insight and a therapeutic target for IC/BPS pain.

PU-0172

## 基于应用上转换发光免疫层析技术快速定量检测的应用及发展

魏巧真

解放军总医院第一医学中心

**目的** 在本文中,主要分析了上转换发光侧流免疫层析技术的原理及在检测传染性致病物,临床标志物、病毒及毒品等方面的应用及优势,以期为上转换发光侧流免疫层析技术在临床诊断项目的应用及发展提供参考

**方法** 基于应用上转换发光免疫层析技术是以 40nm 的上转换发光纳米颗粒(UCP-NPs)作为生物示踪物,将免疫技术和色谱层析技术相结合的快速免疫定量分析方法。现主要用于病原体,激素,药物及代谢物等检测。原理是通过标记抗原或抗体来识别待检物,根据待检测物的不同应用双抗体(抗原)夹心法及竞争免疫反应法捕获待测物。

**结果** 上转换发光侧流免疫层析技术操作简便快速,成本低,敏感性高,易于判断,可以通过简单的生物传感器 2 分钟定性且 15 分钟内就可以得到精确定量检测。

**结论** 随着近年来提出的精准医疗及 POCT 检测技术的快速发展,上转换发光侧流免疫层析技术在生物检测领域的应用显示了其巨大的发展前景。其能在很短时间内对传染性治病物、细菌、遗传病标志物、肿瘤标志物、毒品等物质做到快速定量检测,并且具有灵敏度高、特异性好、结果快速可靠,低成本,易操作的优点。通过对传染性致病物早期的检测,可对致病患者进行早期诊断,并根据每个人的个体差异选择不同的治疗手段,真正使对疾病的诊断及治疗更加有效且减少了疾病的传播。

PU-0173

## 迈瑞 BC-5800 全自动血液分析仪的白细胞分类与手工镜检的相关性研究

杨芳,贾超

商丘市第一人民医院,476000

**目的** 对迈瑞 BC-5800 全自动血液分析仪进行系统评价以及其与手工镜检分类的相关性进行研究。

**方法** 分析比较迈瑞 BC-5800 全自动血液分析仪白细胞分类测定与镜检分类结果的相关性<sup>[1]</sup>,从而对 BC-5800 的白细胞分类的性能进行评估。

**结果** BC-5800 全自动血液分析仪测定白细胞计数,中性粒细胞,淋巴细胞,单核细胞,嗜酸性粒细胞,嗜碱性粒细胞的 CV 值分别是 2.5%, 1.91%, 2.68%, 8.47%, 9.23%, 16.25%, 与 Sysmex SF-5000 比对,相关系数分别是 0.972,0.940,0.651,0.819,0.267.与人工镜检对比时,相关系数分别是 0.981,0.979,0.813,0.801,0.614

**结论** BC-5800 各方面性能良好,白细胞分类测定的自动化程度高,对大批量全血标本的白细胞计数分类能有效发挥仪器的过筛作用,是一款适合血常规快速检测的全自动血液分析仪。

PU-0174

## 基于质谱的局部进展期直肠癌新辅助治疗疗效的蛋白质组和代谢组学研究

沙英娇

解放军总医院第一医学中心

**目的** 建立直肠癌 CRT 疗效的血液、尿液预测模型及筛选验证相关特异性蛋白、小分子标志物。

**方法** 收集符合标准的直肠癌患者的血液标本，将患者分为敏感组（TRG1-2）和耐受组（TRG3-5），以及 pCR 组（TRG1）和非 pCR 组（TRG2-5），采用 LC-MS/MS 技术对 LACR 患者血液蛋白质组学及代谢组学进行比较研究，寻找差异的蛋白质和小分子代谢物，建立直肠癌 CRT 疗效的血液预测模型，并筛选验证出能够预测 CRT 疗效的新型蛋白质、小分子标志物。

**结果** 正在做

**结论** 意义：筛选最有可能从 CRT 中获益的直肠癌患者，并区分 pCR 患者及非 pCR 患者，从而为 LACR 患者个体化治疗方案的制定提供指导。筛选鉴定新型蛋白、小分子标志物，为研究患者 CRT 治疗敏感性的分子机制提供实验基础。

PU-0175

## 磁珠分离结合质谱分析黏多糖病 I 型患者尿液多肽谱

苑晓舟<sup>1</sup>,段晋燕<sup>1</sup>,孟岩<sup>2</sup>,梁爽<sup>1</sup>,姜文灿<sup>1</sup>,葛素君<sup>1</sup>,王成彬<sup>1</sup>

1.解放军总医院第一医学中心

2.中国人民解放军总医院儿童医学中心

**目的** 研究黏多糖病 I 型（MPS I）患者尿液小分子多肽谱，寻找对 MPS I 型诊断的新方法。

**方法** 利用弱阳离子磁珠纯化（magnetic beads based weak cation exchange chromatography, MB-WCX）系统结合基质辅助激光解析电离—飞行时间质谱（matrix-assisted laser desorption-ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF-MS）的方法，检测 8 例于解放军总医院儿童医学中心确诊的 MPS I 型患者（疾病组）和 10 例本院查体人员（健康对照组）的尿液标本，获得尿液小分子多肽谱，应用 ClinProt™ 软件进行数据分析，找出差异多肽峰，并绘制受试者工作特征曲线（ROC 曲线），对比曲线下面积（AUC）、敏感度和特异性。

**结果** 质荷比 1000-10000 之间，两组尿液标本共筛选出 7 个具有统计学差异（ $P < 0.05$ ）多肽差异峰。其中在疾病组中表达上调的有 4 个峰，表达下调的 3 个峰。AUC 面积大于 0.9 的多肽质荷比为：1069.6（0.982）和 3217.3（0.946），两者的特异性均为 87.4%，敏感性均达到 100%。

**结论** MB-WCX 联合 MALDI-TOF-MS 检测技术可获得 MPS I 型患者和健康人的尿液差异多肽谱，为 MPS I 型辅助诊断提供了一种无创的新方法。

PU-0176

## 黏多糖病患者尿液 $\alpha 1$ -抗胰蛋白酶含量的研究

苑晓舟

解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究黏多糖病（MPS）患者尿液中  $\alpha 1$ -抗胰蛋白酶（ $\alpha 1$ -AT）含量，探讨尿液  $\alpha 1$ -AT 含量与 MPS 的关系。

**方法** 选取 2015 年 3 月~2016 年 6 月在解放军总医院儿童医学中心确诊的 MPS I 型患者 18 例 (MPS I 组), MPS II 型患者 11 例 (MPS II 组) 和本院查体人员 30 例 (健康对照组), 收集晨尿, 运用 ELISA 和 Western Blot 方法检测尿液中  $\alpha$ 1-AT 含量。

**结果** 用 ELISA 方法检测 MPS I 组尿液  $\alpha$ 1-AT/Cr 比值为  $(57.65 \pm 10.43)$  mg/mmol, MPS II 组为  $(55.89 \pm 7.43)$  mg/mmol, 健康对照组为  $(33.32 \pm 3.59)$  mg/mmol, MPS I 组、II 组均显著高于健康对照组 ( $P < 0.05$ ), 用 Western Blot 方法进行验证, 结果与 ELISA 方法相一致。

**结论**  $\alpha$ 1-AT 含量在 MPS 患者尿液中升高, 可作为 MPS 辅助诊断指标。

## PU-0177

### 血常规指标和血脂水平对戈谢病诊断价值的研究

苑晓舟

解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究外周血中血常规项目和脂类项目中相关指标在戈谢病诊断中的价值。

**方法** 对我院 2014 年 1 月至 2015 年 7 月住院的 30 例戈谢病患者和 30 例健康对照者的外周血常规项目中的血小板 (PLT)、血红蛋白 (Hb)、红细胞平均体积 (MCV)、平均红细胞血红蛋白量 (MCH) 和血脂检测项目中的总胆固醇 (TC)、甘油三酯 (TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、载脂蛋白 A1 (ApoA1) 和载脂蛋白 B (ApoB) 等指标进行对比, 并绘制受试者工作特征曲线 (ROC 曲线), 对比曲线下面积 (AUC)、敏感度和特异性。

**结果** 戈谢病患者外周血中 PLT、Hb、MCV、MCH、TC、HDL-C、LDL-C 和 apoA1 等 8 项指标与正常对照相比显著降低, 而 TG 水平显著升高。AUC 面积由大到小分别为 ApoA1 (0.960)、PLT (0.942)、HDL-C (0.918)、TG (0.900)、Hb (0.866)、MCH (0.861)、TC (0.827)、LDL-C (0.718)、MCV (0.690)、ApoB (0.516)。PLT、HDL-C 和 ApoA1 的特异性均达到 100.00%, 敏感性分别为 89.47%、90.48% 和 95.00%。

**结论** ApoA1 可作为戈谢病治疗诊断效果的检测指标。

## PU-0178

### 干化学法和湿化学法对 24h 尿蛋白定量检测的比较

孙京花

解放军总医院第一医学中心

**目的** 对罗氏 cobas 501 和天津果实 Hipee M1 生化分析仪的稳定性和检测结果一致性比较

**方法** 使用 cobas 501 和 Hipee M1 两台生化分析仪分别测定 119 例尿液常规标本, 比较检测结果的相关性和一致性。通过混合尿液样本进行不同保存环境以及添加不同防腐剂测试, 研究 24h 尿蛋白样本的保存方法对测试结果的影响。

**结果** 两台生化分析仪的质控检测结果的变异系数分别为 2.31%-5.61% 和 3.25%-5.22%, 具有很好的重复性。两台生化分析仪尿液样本检测结果经回归分析, 相关系数 ( $r$ ) = 0.991,  $P$  值  $> 0.05$ , 说明两台仪器检测结果有显著的相关性, 差异无统计学意义。尿液样本 2-8℃ 冷藏保存、使用防腐剂二甲苯和硼酸在常温保存, 24h 尿蛋白在各个时间点的检测结果, 差异无统计学意义 ( $P$  值  $> 0.05$ )。

**结论** cobas 501 和 Hipee M1 比对结果显示多数检测结果两台仪器之间无明显差异, 并且均具有较高的稳定性

## PU-0179

**粘多糖贮积症基于 GAG 累积的检测方法**

苑晓舟

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 粘多糖贮积症 (mucopolysaccharidosis, MPS) 是由于溶酶体内水解酶失活或者活性降低, 而造成粘多糖 (glycosaminoglycans, GAGs) 在各组织器官累积的一种遗传代谢性疾病。

**方法** 由于 GAG 累积是 MPS 主要的病理原因, 基于 GAG 贮积的生物标志物可作为一种潜在的简单便捷的生物标志物, 用来诊断并且监测疾病进展和治疗效果。

**结果** 本文总结了通过检测 GAG 含量, 对 MPS 病人进行疾病诊断、病情评估和疗效评价的各种方法, 包括染料结合法、抗体免疫法、质谱法,

**结论** 为临床选择提供参考。

## PU-0180

**载脂蛋白 A1 抗体作用于人精子后抑制其活力并影响小鼠体外受精**

池秀平

解放军总医院第一医学中心

**目的** 载脂蛋白 A1 抗体对人精子活力和小鼠受精率的影响

**方法** 基础研究 收集 2018 年 4 月份来解放军总医院健康查体的精液标本 5 例, 经过密度梯度离心 (40%/80%) 留取高活力精子进行实验。设空白对照组、兔多克隆 IgG 组 (40  $\mu\text{g/ml}$ )、APOA1 抗体处理组即不同浓度 APOA1 抗体 (10、20 和 40  $\mu\text{g/ml}$ ) 处理高活力精子标本, 37  $^{\circ}\text{C}$  温箱孵育 1、2 和 4 h 后, 通过计算机辅助系统 (CASA) 观察人精子前向运动变化。采用免疫荧光法检测 APOA1 蛋白在小鼠精子的表达。40  $\mu\text{g/ml}$  的 IgG 抗体和 APOA1 抗体孵育小鼠精子 1h 后, 进行体外受精实验, 观察受精率的差异。精子前向运动的变化采用独立样本 t 检验, 小鼠体外受精率的差异采用卡方检验。

**结果** APOA1 抗体作用于人高活力精子后, 随着抗体浓度增加和孵育时间延长, 精子前向运动逐渐下降。精子前向运动孵育 1h 后空白对照组 (66.58 $\pm$ 5.47) 与 APOA1 抗体浓度 20  $\mu\text{g/ml}$  组 (50.8 $\pm$ 10.98) 和 40  $\mu\text{g/ml}$  组 (47.28 $\pm$ 9.88) 间差异具有显著统计学意义, t 值分别为 t=2.865, 3.822, P 分别为 P<0.05, P<0.01。孵育 2 h 后空白对照组 (72.14 $\pm$ 9.01) 与 APOA1 抗体浓度 10  $\mu\text{g/ml}$  组 (58.16 $\pm$ 9.46)、20  $\mu\text{g/ml}$  组 (51.2 $\pm$ 11.3) 和 40  $\mu\text{g/ml}$  组 (44.4 $\pm$ 10.48) 间具有统计学差异, t=2.393, 3.240, 4.482, P 分别为 P<0.05, P<0.05, P<0.01。孵育 4 h 后空白对照组 (69.16 $\pm$ 6.48) 与 APOA1 抗体浓度 10  $\mu\text{g/ml}$  组 (51.9 $\pm$ 11.75)、20  $\mu\text{g/ml}$  组 (41.2 $\pm$ 13.9) 和 APOA1 抗体浓度 40  $\mu\text{g/ml}$  组 (34.9 $\pm$ 13.72) 间差异具有显著统计学意义, t=2.870, 4.076, 5.043, P 分别为 P<0.05, P<0.05, P<0.01。小鼠精子中 APOA1 蛋白位于精子头部, 小鼠体外受精实验 IgG 组卵裂率为 81%, APOA1 抗体处理组为 35%, 差异具有显著统计学意义,  $C^2=48.664$ , p<0.001。

**结论** APOA1 蛋白在维持精子活力中有一定作用, 其抗体作用于精子后会抑制体外受精率。

## PU-0181

## 4 例吸入毒气致呼吸道损伤病例血液生化指标变化分析

杨秋亮,田亚平,董矜

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 本研究通过回顾性分析 4 例相同年龄、相同性别、相同环境所致吸入性肺损伤病例的生物化学指标随病情变化的结果分析,为临床诊断治疗和预后判断急性吸入性肺损伤提供实验室依据。

**方法** 回顾性分析 4 例吸入性肺损伤患者从入院接受治疗开始到患者出院或者死亡的整个治疗过程中,患者血液生物化学指标的变化情况,结合临床诊治资料和病人转归情况,给予分析讨论。

**结果** 吸入毒气致肺损伤患者损伤早期,血清葡萄糖水平越高,血液 pH 值越低 ( $\text{pH}<7.3$ ),提示患者病情越严重,预后越差;相同治疗条件下,患者病情越严重,患者血清谷氨酰基转移酶、血清乳酸脱氢酶、血清淀粉酶、血清脂肪酶、嗜中性粒细胞升高越高。

**结论** 吸入毒气致肺损伤后救治越及时,患者肺损伤程度越轻。吸入毒气致呼吸道损伤患者早期血清葡萄糖水平和血液 pH 值有助于病情严重程度的辅助判断和预后评估。吸入毒气致呼吸道损伤患者治疗过程中患者血清谷氨酰基转移酶、血清乳酸脱氢酶、血清淀粉酶、血清脂肪酶、嗜中性粒细胞水平有助于病情进展程度的判断和监测。

## PU-0182

## Inhibition of human sperm function by an antibody against Apolipoprotein A1: a novel protein located in human sperm

Xiuping Chi

Department of Medical Laboratory, Chinese PLA General Hospital

**Objective** Apolipoproteins A1(APOA1), an important protein in initiating sperm capacitation, has been found in the oviduct liquid, while whether it expresses in spermatozoa has not yet been defined

**Methods** APOA1 expression was detected by reverse transcription-polymerase chain reaction, Western blot and immunofluorescence in sperm cells. Sperm was incubated with different concentration of APOA1 antibody to observe the changes of sperm motility and apoptosis including annexin V binding to the cell surface, mitochondrial membrane potential and ultrastructural changes.

**Results** We identified APOA1 mRNA was presented in sperm and the APOA1, the molecular weights of 31kD, was located at the post-acrosomal region and necks of human sperm. APOA1 antibody decreased sperm motility and increased sperm apoptosis.

**Conclusions** APOA1 plays an important role in maintaining sperm motility and survival rate, and further studies are needed to uncover the mechanism involved.

## PU-0183

## Trichostatin A, a histone deacetylase inhibitor, suppresses proliferation and promotes apoptosis of esophageal squamous cell lines

Junfen Ma<sup>1</sup>, Xiaobing Guo<sup>1</sup>, Shijie Zhang<sup>1</sup>, Hongchun Liu<sup>1</sup>, Kangdong Liu<sup>2</sup>, Liang Ming<sup>1</sup>

1.the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

2.Department of Pathophysiology, School of Basic Medical Sciences, Zhengzhou University

**Objective** Histone deacetylases (HDACs)-mediated epigenetic modification plays crucial roles in numerous biological processes. Here, we treated ESCC cells with trichostatin A (TSA) and evaluated its antitumor effects and related mechanism.

**Methods** The proliferative ability of the ESCC cells treated with different concentrations of TSA was assessed by the MTT, flow-cytometry and apoptosis assay. The protein levels of p21, p27, Bcl-2 and Bax were investigated by western-blot.

**Results** Our results indicated that TSA can suppress the proliferation of ESCCs, cause G1 phase arrest and induce cell apoptosis. Furthermore, we found that TSA inhibited the expression of PI3K, and reduced the phosphorylation of Akt and ERK1/2. The high levels of acetylated histone H4 were detected in TSA-treated ESCC cell lines.

**Conclusions** These results indicate that TSA suppresses ESCC cells growth by inhibiting the activation of the PI3K/Akt and ERK1/2 pathways through epigenetic regulation.

## PU-0184

## 实验室质控品不同保存方法对生化质控检测结果的影响

杨秋亮, 高艳红, 董矜, 郑荣, 艾琚平, 魏雪梅

中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

**目的** 研究合理正确保存质控品的方法, 保证实验室室内质控结果的准确性, 防止不当保存方法导致的假失控现象。

**方法** 以罗氏原装质控品为研究对象, 使用罗氏 cobas8000 全自动生化分析仪, 试剂为原装试剂和第三方生化检测试剂。对实验室 2019 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 13 日期间, 同一批号质控品采用不分装冷藏、分装冷藏和分装冻存三种保存方式的质控检测结果进行统计学分析, 比对三种保存方法质控品靶值及 CV% 值结果。

**结果** 三种保存方法 CV% 结果, 绝大部分项目分装冻存的 CV% 值要小于分装冷藏的 CV% 值, 分装冷藏的 CV% 值要小于不分装冷藏的 CV% 值。三种保存方法除部分酶类项目, 胆红素 (TB/DB) 和超氧化物歧化酶 (SOD) 之外, 累积靶值之间没有显著的统计学差异 ( $P > 0.05$ )。部分酶类项目如丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、肌酸激酶 (CK)、乳酸脱氢酶 (LDH) 分装冻存的靶值要小于分装冷藏的靶值, 差异没有显著的统计学差异, 差值有 2 到 5 个单位不等。SOD 靶值分装冻存的靶值要明显小于分装冷藏的靶值, 差异有显著统计学意义 ( $P < 0.05$ )。根据质控 L-J 图显示的结果看, 分装冷藏的 TB/DB 有明显的随时间降解趋势, 且趋势非常明显, 累积 CV% 值随时间增长越来越大; 分装冻存质控品 TB/DB 降解趋势不是很明显。

**结论** 质控品溶解后分装冻存会使 ALT、CK、LDH 等项目有不同程度的降解。分装冻存质控品稳定性要好于分装冷藏和不分装冷藏质控品。TB/DB 结果会随着保存时间增长而降解, 冷藏降解幅度会高于冻存结果。实验室在累积靶值时, 应采用同一种保存质控品的方法保存质控品, 否则容易导致假失控。



## PU-0185

## 质谱技术在黏多糖贮积症检测中的应用进展

苑晓舟

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 粘多糖贮积症 (mucopolysaccharidosis, MPS), 是由于降解粘多糖 (glycosaminoglycans, GAG) 所需的溶酶体酶缺陷, 从而致使体内大量 GAG 贮积的一种先天性代谢疾病。

**方法** 近年来, 质谱技术得到很大的发展, 因其高通量、高灵敏度、高精度的特点, 广泛应用于 MPS 疾病检测, 包括多糖累积检测、酶活性检测和蛋白质组学研究等方面, 形成了成熟的方法。

**结果** 本文总结了质谱技术在 MPS 检测中的应用进展,

**结论** 并分析其优缺点。

## PU-0186

## 低剂量全氟辛酸对人横纹肌肉瘤细胞增殖、迁移及侵袭的影响及其作用机制研究

王佳楠

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 本研究旨在观察 PFOA 对体外培养的人横纹肌肉瘤 RD 细胞的增殖、迁移及侵袭的影响, 并探讨其可能的作用机制。

**方法** 不同浓度 PFOA 作用体外培养的 RD 细胞, CCK8 实验检测细胞活力, 划痕和 transwell 侵袭实验分别评估细胞的迁移和侵袭能力, 流式细胞术检测细胞周期的分布及细胞凋亡, mRNA、蛋白水平表达差异。应用 PI3K 抑制剂 BEZ235 与 PFOA 共同作用于 RD 细胞后, 检测细胞活力及迁移侵袭能力、细胞凋亡, qPCR 和 WB 检测侵袭迁移、周期、凋亡相关基因 mRNA 和蛋白水平表达差异。

**结果** 不同浓度 PFOA 作用 RD 细胞 72h 后, 呈现出低浓度 PFOA 促进、高浓度 PFOA 抑制细胞增殖的趋势。PFOA (50 $\mu$ mol/L) 作用 RD 细胞 72h 后, S 期细胞减少, G2/M 期细胞增加 ( $P < 0.01$ ), 划痕愈合速度明显加快 ( $P < 0.001$ ), 细胞穿过聚碳酸酯膜增多 ( $P < 0.001$ ), 侵袭能力明显增强。qPCR 及 WB 结果显示在 mRNA 与蛋白水平, PFOA (50 $\mu$ mol/L) 组的 CDK2、cyclinE2、vimentin、MMP2 表达上调 ( $P < 0.05$ ); PI3K 和 AKT 的表达上调。PFOA+BEZ235 处理组显示, BEZ235 可抑制 PFOA 对 PI3K/AKT 表达的上调, 抑制 PFOA 对于 RD 细胞增殖、迁移及侵袭的促进作用。PFOA 组 RD 细胞凋亡比例降低 ( $P < 0.05$ ), BEZ235 可抑制其抗凋亡作用。qPCR 与 Western blot 结果显示, 与对照组相比, 在 mRNA 及蛋白水平, PFOA 组细胞 Bcl-2 表达上调, Bax、Beclin-1 表达下调 ( $P < 0.001$ ), BEZ235 逆转了 PFOA 对于凋亡相关蛋白表达的影响。

**结论** 低剂量 PFOA (50  $\mu$ mol/L) 暴露可激活 RD 细胞的 PI3K/AKT 信号通路, 促进细胞周期的转换、抑制细胞凋亡过程、促进 EMT 发生, 从而促进横纹肌肉瘤 RD 细胞的增殖、侵袭转移。

## PU-0187

**MT-CO1 基因突变与线粒体相关疾病的研究进展**

王佳楠

解放军总医院第一医学中心

**目的** MT-CO1 为线粒体细胞色素 C 氧化酶的亚基之一，位于 COX 的催化中心，为线粒体编码的 COX 的三个亚基之一。

**方法** COX 是呼吸链的终末环节，与两个血红蛋白通过接受及传递细胞色素 C 中电子至氧气分子中制造水分子，同时跨膜转运 4 个质子以形成跨膜质子电化学势能差。

**结果** COX 缺陷可累及多个系统，同时主要损伤心脏、骨骼肌、脑、肝等能量代谢旺盛的器官或组织，严重影响患者健康及生活质量。MT-CO1 作为该酶的重要亚基之一，其相关突变可能引起 COX 供能障碍，从而导致相关线粒体病的发生。

**结论** 近年来随着线粒体组测序技术的发展，越来越多的 MT-CO1 相关突变及其引起的疾病陆续被发现，本文就 MT-CO1 与线粒体相关疾病的研究进展作简要综述。

## PU-0188

**吡非尼酮对舰船烟雾所致吸入性肺损伤大鼠的预防保护作用**

段欣欣,王成彬

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨吡非尼酮 (pirfenidone, PFD) 对舰船烟雾所致吸入性肺损伤大鼠的保护作用

**方法** 健康成年雄性 Wistar 大鼠 54 只，采用随机数字表法将大鼠分为 3 组，对照组 (C)、烟雾吸入组 (I) 和吡非尼酮组 (P) 各 18 只，每组分设 12 H、24 H、48 H 三个时相点，各时相点 6 只。使用自制发烟装置建立吸入性肺损伤大鼠模型。对照组大鼠置于正常的空气环境中，于腹主动脉取血前半小时腹腔注射生理盐水（溶有 5% 的二甲基亚砷），烟雾吸入组在烟雾吸入暴露前半小时腹腔注射生理盐水（溶有 5% 的二甲基亚砷），吡非尼酮组在烟雾吸入暴露前半小时腹腔注射吡非尼酮溶液（300mg/kg，溶于 5% 的二甲基亚砷生理盐水）。按照各时相点腹主动脉取血，检测各组大鼠动脉血气，留取各组大鼠腹主动脉血液样本，离心，待测白细胞介素-6 (Interleukin-6, IL-6)、白细胞介素-17 (Interleukin-17, IL-17)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (Tumor necrosis factor- $\alpha$ , TNF- $\alpha$ ) 水平；取右肺前叶，计算肺含水率 (lung water content)，留取右肺中叶匀浆后检测丙二醛 (Malondialdehyde, MDA) 含量，取右肺下叶经 10% 中性福尔马林溶液固定后做病理苏木精-伊红染色切片光镜检查。

**结果** 烟吸入损伤暴露后 12H、24H、48H，与 I 相比，P 组大鼠动脉中 PaO<sub>2</sub> 水平升高、PaCO<sub>2</sub> 及肺含水率水平降低 (P<0.05)，大鼠血清中 IL-6、IL-17、TNF- $\alpha$  水平降低并降低组织中 MDA 含量 (P<0.05)。各时相点 P 组 PaO<sub>2</sub>、PaCO<sub>2</sub>、肺含水率、血清中 IL-6、IL-17、TNF- $\alpha$ 、肺组织匀浆中 MDA 与 C 组比较差异均无统计学意义 (P>0.05)。病理观察可见，P 组肺组织较 I 组肺组织水肿减轻，肺泡腔渗出及炎性细胞浸润减少。

**结论** PFD 对舰船烟雾吸入性大鼠肺组织损伤具有一定的保护作用，其作用机制可能为抑制氧自由基的产生及减少部分炎性介质的产生和释放，从而减轻舰船烟雾致吸入性大鼠的肺损伤。

## PU-0189

## 基因突变与脓毒症相关性研究方法的综述

王佳楠

解放军总医院第一医学中心

**目的** 脓毒症（sepsis）是由各种致病微生物（包括细菌/病毒/真菌等）入侵人体后引起的具有损伤性、激烈的全身炎症反应综合征（SIRS）。近年来对脓毒症的基础研究不断深入，临床规范化治疗指南陆续制定更新，但脓毒症的确切发病机制至今仍然不清。

**方法** 重症脓毒症和脓毒症休克是脓毒症死亡的主要原因。积极探索重症脓毒症的易感因素和发病机制，是当前危重病医学研究的热点和难点<sup>[3]</sup>。近年来研究发现相同病原微生物、年龄相近、相同治疗条件下患者的病情程度和预后却明显不同，表明除感染病原微生物和治疗条件不同以外，遗传因素在脓毒症的发展过程中起着重要的作用<sup>[4,5]</sup>。

**结果** 探讨脓毒症的遗传易感因素，对于脓毒症的早期预防、个体化治疗以及预后评估有重要作用。目前研究表明炎症和抗炎症基因的某些位点基因多态性与脓毒症的易感性和预后相关，但对于线粒体遗传与脓毒症相关性的研究较少。

**结论** 本文就基因突变与脓毒症相关性研究方法进行了综述。

## PU-0190

## PFOA 暴露及其与癌症风险相关关系研究进展

王佳楠,王成彬

解放军总医院第一医学中心

**目的** 全氟辛酸（PFOA）广泛存在于各种环境中，是最常见的全氟化合物之一。

**方法** 其投入生产并应用于各行各业导致其污染及暴露途径复杂多样。目前研究证明 PFOA 具有肝脏毒性、神经毒性、生殖毒性、发育毒性及遗传毒性等，并有潜在的致癌性。

**结果** 近年来各国学者通过人群调查及体外细胞实验研究了 PFOA 与各种癌症风险的相关性及其致癌机制。

**结论** 本文总结了 PFOA 与癌症相关关系的研究进展，对可能存在的问题及此后的研究方向进行分析及展望，以为全氟化合物的致癌风险评估提供参考。

## PU-0191

## 淋巴细胞胞质体的制备及融合细胞的构建

王佳楠

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 建立淋巴细胞胞质体制备及鉴定方法，并利用淋巴细胞胞质体与无线粒体 143Bp<sup>0</sup> 细胞进行融合，构建转线粒体细胞系。为进一步研究线粒体突变奠定基础。

**方法** 采用 100×g 低速离心法纯化悬浮生长的永生 B 淋巴细胞，然后在细胞松弛素 B（10ug/ml）作用下采用 50%Percoll 等密度梯度离心法在 37℃ 环境下对 B 淋巴细胞进行脱核制备胞质体，并用 38%Percoll 密度梯度离心纯化胞质体。胞质体经 DAPI/CFSE 荧光双染及瑞姬染色对脱核率及胞质体纯度进行鉴定。通过细胞融合技术，使用 45%PEG 将 B 淋巴细胞胞质体与无线粒体的 143Bp<sup>0</sup> 细胞进行融合，挑取细胞克隆，构建核背景相同，线粒体不同的细胞株，并通过实时荧光定量 PCR 方法对线粒体拷贝数进行测定。

**结果** CB 作用下 B 淋巴细胞脱核率约为  $75.12 \pm 5.19\%$ ，经纯化后，胞质体纯度可达到 90% 以上。纯化后的 B 淋巴细胞胞质体与无线粒体的  $143Bp^0$  细胞经 PEG 刺激融合后，成功构建转线粒体细胞 3 株。

**结论**  $10\mu g/ml$  CB 作用下 50% Percoll 密度梯度离心脱核、38% Percoll 密度梯度离心纯化、DAPI/CFSE 双染鉴定可成功构建 B 淋巴细胞胞质体，并可经 45% PEG 刺激与  $143Bp^0$  细胞融合，构建转线粒体细胞，为线粒体突变的研究提供基础。

## PU-0192

### 吡非尼酮；舰船烟雾；吸入性损伤；炎症反应

段欣欣, 王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 构建舰船烟雾所致吸入性肺损伤的大鼠模型并对其进行评价，为实验性治疗研究奠定基础

**方法** 采用气体检测仪分析舰船材料燃烧后成分，建立吸入性肺损伤大鼠模型。42 只健康雄性 Wistar 大鼠随机分为对照组和建模后 2、6、12、24、48、72h 组 ( $n=6$ )，于各个时相点活杀后取标本，检测各组大鼠动脉血气、凝血时间的变化，测定含水率 (%)、肺大体观及病理改变，观察肺损伤程度

**结果** 7 种舰船非金属材料燃烧后的成分主要包括  $CO$ 、 $CO_2$ 、 $H_2S$ 、 $NO_x$  等有害气体。致伤时烟雾中  $O_2$ 、 $CO$ 、 $CO_2$ 、 $H_2S$  在 20min 内浓度相对稳定，致伤时间为 15min。大鼠吸入烟雾后出现呼吸急促，张口呼吸，表现为低氧血症，碳氧血红蛋白 (COHb) 于吸入后 2h 达峰值 ( $P<0.05$ )，肺含水率于 6h 达峰值 ( $P<0.05$ )，伤后早期为代谢性酸中毒，后期为代谢性酸中毒合并呼吸性酸中毒，病理观察可见肺组织出血、水肿及炎性细胞浸润，呈肺损伤表现，至吸入后 72h 仍未恢复，凝血功能的改变无统计学意义

**结论** 成功建立了舰船烟雾所致吸入性肺损伤的大鼠模型，具有易复制、稳定、可靠的优点，可以用于海上战争环境及其他情况下舰船烟雾吸入性肺损伤及治疗性研究

## PU-0193

### 系统性红斑狼疮患者 B 细胞亚群与临床体征的相关性研究

尤旭杰, 张芮君, 邵苗, 孙晓麟, 栗占国  
北京大学人民医院, 100000

**目的** 应用流式细胞术探究 B 细胞各亚群与系统性红斑狼疮病情的相关性。

**方法** 2016 年 2 月至 2017 年 3 月期间入组符合 1997 年 ACR 系统性红斑狼疮分类标准的门诊或住院治疗患者 60 例。收集患者的临床病例资料，现场采集患者的外周血，分离外周血单个核细胞 (PBMC)，流式检测 B 细胞亚群的比例，根据 B 细胞表面的分子标志和发育过程将 B 细胞分成初始 B 细胞、双阴性 B 细胞、未转换记忆性 B 细胞、转换记忆性 B 细胞、B10 细胞、浆细胞、总 B 细胞、早期 B 细胞、晚期 B 细胞、记忆性 B 细胞 10 个亚群。应用 SPSS 20.0 软件对数据进行分析，检验方法采用秩和检验、Spearman 相关分析。

**结果** 本研究患者平均年龄 28 岁，男女比例 1: 13.75。浆细胞比例与患者的 SLEDAI 评分 ( $r=0.38, p=0.004$ )、ESR ( $r=0.489, p=0.00$ ) 呈正相关、与淋巴细胞 ( $r=-0.343, p=0.011$ )、C3 ( $r=-0.427, p=-0.001$ )、C4 ( $r=-0.374, p=0.005$ ) 呈负相关，且与低疾病活动度患者相比，中高疾病活动度 SLE 患者的浆细胞比例较高 ( $p=0.012$ )。晚期 B 细胞比例与患者 SLEDAI ( $r=0.392, p=0.003$ )、ESR ( $r=0.447, p=0.001$ ) 呈正相关，与 C3 ( $r=-0.318, p=0.018$ )、C4

( $r=-0.323, p=0.016$ ) 呈负相关, 且与低疾病活动度患者相比, 中高活动度 SLE 患者晚期 B 细胞比例较低 ( $p=0.008$ )。B10 细胞比例与 ESR ( $r=-0.345, p=0.011$ )、CRP ( $r=-0.317, p=0.022$ )、24 小时尿蛋白定量 ( $r=-0.442, p=0.002$ ) 呈负相关。双阴性 B 细胞比例与 C3 ( $r=-0.427, p=0.001$ ) 呈负相关, 与 C3 正常患者相比, C3 降低者双阴性 B 细胞比例较高。

**结论** 在系统性红斑狼疮患者中, 浆细胞、晚期 B 细胞、双阴性 B 细胞与病情或病情活动的提示指标呈现正相关, 可能提示这些细胞亚群在狼疮中扮演着促炎作用。B10 细胞, 作为一种分泌 IL-10 的调节性 B 细胞, 通常在体液免疫中扮演着抑制作用, 本研究得出的结果提示 B10 细胞与炎症指标及尿蛋白呈负相关, 提示对 B10 细胞 SLE 的病情可能有改善作用, 在病情的发展过程中扮演着抑炎作用。

#### PU-0194

### Prediction of morbidity in patients with acute pancreatitis: a retrospective study

Chaonan Liu, Si Chen, Jing Zhou  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Acute pancreatitis (AP) is a common acute abdominal disease complicated by high morbidity. This study explored mathematical models to predict morbidity associated with AP.

**Methods** We retrospectively reviewed medical records of 1,297 patients with AP between January 2011 and March 2015. Records of 1,062 patients were used to derive models, which were verified using records of the remaining 235 patients.

**Results** In the entire cohort, 66 suffered acute kidney injury (AKI), 131 suffered respiratory failure (RF), and 152 experienced infection. Higher level of glucose was the only risk factor for all of them. Other independent risk factors for AKI were endotracheal intubation and higher level of creatine, risk factors for RF were taking calcium antagonists, higher urea and leukocyte levels, lower platelet number, as well as altered mental status. Older, higher urea and leukocyte levels, altered mental status, endotracheal intubation, noninvasive ventilation, surgery were identified as independent risk factors for infection. Models for predicting morbidity were created using 2-7 simple indices. Risk model of AKI gave AUC of 0.94 based on data at admission. Risk models of RF and infection showed good predictive power using data at admission and better power after including in-hospital data. The performance was confirmed in the validation subset.

**Conclusions** We have developed simple risk models of morbidity to predict prognosis of AP patients. The increase in predictive power when in-hospital data were included in the models suggests that AP progression contributes substantially to morbidity and should be taken into account for accurate prediction of prognosis.

#### PU-0195

### 高迁移率族蛋白 B1 通过 ERK/c-myc 信号通路促进结肠癌细胞增殖、迁移及侵袭的影响

王思萱  
温州医科大学

**目的** 探究高迁移率族蛋白 B1(HMGB1)在结肠癌细胞中的表达及其对结肠癌细胞增殖、克隆形成、迁移和侵袭中的影响及分子机制

**方法** 采用实时荧光定量聚合酶链式反应 (qPCR) 与蛋白免疫印迹法 (Western Blot) 检测结肠癌 SW620 细胞与正常结肠上皮 FHC 细胞中 HMGB1 的 mRNA 和蛋白表达。通过 Lipofectamine

3000 转染质粒构建稳定下调 HMGB1 表达 (shHMGB1) 的 SW620 细胞, 同时设置阴性对照 (shNC) 细胞和空白对照组 (Blank) 细胞; 采用 CCK-8、平板克隆形成实验和 Transwell 小室分别检测细胞的增殖、克隆形成、迁移及侵袭能力。采用 Western Blot 检测 HMGB1 表达下调后对细胞 p-ERK、ERK、c-myc、MMP-2/9、E-cadherin、N-cadherin、bcl-2 及 bax 的蛋白表达水平的影响。

**结果** SW620 细胞中 HMGB1 在 mRNA 及蛋白水平表达均高于正常结肠上皮 FHC 细胞。经 qPCR 与 Western Bolt 验证 HMGB1 低表达细胞构建成功。与 Blank 组和 shNC 组相比, shHMGB1 组细胞增殖能力, 细胞迁移和侵袭能力受到显著抑制, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。Western Blot 结果表明同 Blank 组和 shNC 组比较, shHMGB1 组细胞的基质金属蛋白酶(MMP)-2、MMP-9、N-cadherin、c-myc、bcl-2 及 ERK 磷酸化蛋白表达显著下调, bax 蛋白表达显著上调 ( $P < 0.05$ ), E-cadherin 蛋白表达略有增加。

**结论** HMGB1 可促进结肠癌 SW620 细胞的增殖、克隆形成、迁移和侵袭能力, ERK/c-myc 信号通路参与了这一过程。

#### PU-0196

### A Novel double Heterzygous Mutations HBB c.(-78A>G/-81A>C) : Clinical Diagnosis And Gene Analysis

Zeyou Wang,Li Kang,Wu Weimin,Lyu Xing,Zhu Xiaolin,Liang Hao,Wang Min  
Department of Laboratory Medicine, The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** To identity a novel double heterzygous mutations of  $\beta$ -thalassemia by direct DNA sequencing and polymerase chain reaction (PCR)reverse dot-blot hybridization in a Chinese family.

**Methods** Blood routine examination was finished by Sysmex XN-20 antomatic Hematology Analyzer (Sysmex Corporation, Kobe, Japan ); Quantification of Hbs was performed on the capillarys electrophoresis divice (Sebia, Lisses, France).Then the thalassemia genotypes were screened by reverse dot blot(RDB).The mutation of the double heterzygous mutations were identified by the direct DNA sequencing.

**Results** Hematological indexs of this family show that they all suffered microcytic hypochromic anemia.And from the results of direct DNA sequencing of this family,the children were both double Heterzygous Mutations at TATA box -28/-31 (HBB: c. -78A>G/-81A>C) on the  $\beta$ -Globin Gene.The father carried single mutation at TATA box -28(HBB: c.-78A>G),while the mother was the TATA box -31(HBB: c.-81A>C).

**Conclusions** A Novel double Heterzygous Mutations at TATA box -28/-31 (HBB: c. -78A>G/-81A>C) on the  $\beta$ -Globin Gene was identified in China.This will enrich the  $\beta$ -thalassemia gene mutation spectrum in Chinese population.

#### PU-0197

### 2015-2017 解放军总医院沙门菌分子分型和耐药基因特征分析

荆颖,叶坤,叶丽艳,张樱,何赏,罗燕萍,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解我院沙门菌流行情况及耐药基因特征, 为北京地区沙门菌的感染提供防治依据。

**方法** 采用回顾性分析方法, 收集 2015-2017 年沙门菌临床分离株, 对其进行血清型鉴定、药敏试验和全基因组测序后, 进行 MLST 分型和携带耐药基因分型, 采用 UPMGA 算法对耐头孢噻肟和环丙沙星沙门菌聚类分析。

**结果** 2015-2017 年共分离 78 株沙门菌, 感染患者以中青年为主, 标本主要来自粪便和静脉血, 分别占 44.87% (35/78) 和 33.33% (26/78); 沙门菌血清型以 D 群沙门菌 (53.85%) 和 C 群沙门菌 (21.79%) 为主; ST 分型以 ST11 型为主; 药敏试验显示沙门菌多药耐药率为 64.11% (50/78), 全部敏感率为 25.64 (20/78)。沙门菌对萘啶酸耐药率最高 65.38% (51/78), 粪便标本中沙门菌对氨苄西林耐药率最高为 48.57% (17/35), 静脉血标本中沙门菌对萘啶酸耐药率最高为 84.62% (22/26); 沙门菌最常携带的耐药基因为超广谱  $\beta$ -内酰胺类药物耐药基因 blaTEM, 占 62.82% (49/78)。

**结论** 本院沙门菌 ST 型与携带耐药基因多样, 多数病原菌对抗菌药物呈现多耐药性, 聚类分析方法对确定耐头孢噻肟和/或环丙沙星沙门菌相关性, 具有一定意义。

## PU-0198

### Genomic diversification of IncR plasmids from China

Ying Jing

Medical Laboratory Center, General Hospital of People's Liberation Army

**Objective** This study dealt with a detailed genomic characterization of IncR plasmids from China.

**Methods** Three IncR plasmids p13190-tetA, p02085-tetA and p30860-tetA from clinical *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae* and *Citrobacter freundii* isolates were fully sequenced by high-throughput genome sequencing, and then compared with five previously sequenced IncR plasmids pHN84KPC, pSH-01, pK245, pKPC\_P16, and pKPC-LK30.

**Results** These eight IncR plasmids from China possessed conserved IncR backbones composed of repB, parAB, umuCD, retA and resD. Resistance accessory modules integrated into IncR backbones included the MDR regions in p30860-tetA, p02085-tetA, p13190-tetA and pK245, the bla<sub>KPC-2</sub> regions in pHN84KPC, pKPC-LK30 and pKPC\_P16, and the  $\Delta$ Tn1721-sil region in pSH-01. These resistance accessory modules were inserted at a site between retA and vagD, resulting in loss of backbone genes vagCD in some of these plasmids, and they differed dramatically from one another and carried distinct profiles of resistance makers. In particular, all of p13190-tetA, p02085-tetA and p30860-tetA, and pHN84KPC, pSH-01 and pK245 carried tetracycline-resistance tet gene modules and the carbapenemase gene bla<sub>KPC-2</sub> was identified in pHN84KPC, pKPC-LK30 and pKPC\_P16. In addition, one or more regions responsible for plasmid replication and/or maintenance were found in some of these resistance accessory modules, facilitating stable replication of corresponding IncR plasmids at steady-state copy numbers.

**Conclusions** This is a detailed comparative genomics analysis of IncR plasmids from China, providing a deeper insight into diversification and evolution of IncR plasmids.

## PU-0199

### 乙状结肠癌患者血清 CK 及 CK-MB 的水平变化及临床意义

冯杰<sup>1</sup>, 龙洁怡<sup>2</sup>

1. 解放军总医院第一医学中心

2. 中南大学湘雅医学院

**目的** 探讨乙状结肠癌患者血清 CK 和 CK-MB 水平变化规律及临床应用价值

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2017 年 6 月在解放军总医院住院治疗的乙状结肠癌患者 118 例、乙状结肠息肉患者 93 例和健康查体人员 257 例, 检测三组血清 CK 和 CK-MB 水平并进行统计学分析。

**结果** 与正常对照组、乙状结肠息肉组比较,乙状结肠癌组 CK 水平明显下降,CK-MB 异常率显著升高,差异具有统计学意义 ( $P<0.001$ );乙状结肠息肉组与正常对照组之间,CK 水平及 CK-MB 异常率差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。CK-MB 水平在三组间差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。CK 鉴别诊断乙状结肠息肉和乙状结肠癌的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.732(95% 置信区间为 0.665 和 0.800),诊断灵敏性和特异性为 73.1%和 67.8%,最佳诊断分界点为 67.25 U/L。

**结论** 乙状结肠癌患者血清 CK 明显降低,易使 CK-MB/总 CK 显著升高,对乙状结肠癌和乙状结肠息肉具有一定的鉴别诊断价值,有望能成为乙状结肠癌的早期辅助诊断指标。

## PU-0200

### 乙状结肠癌患者血清肝功能相关指标水平变化及临床意义探究

冯杰<sup>1</sup>,杨瑞祥<sup>2</sup>

1.解放军总医院第一医学中心

2.中南大学湘雅医学院

**目的** 分析乙状结肠癌患者血清中肝功能相关指标的水平 and 临床意义。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2017 年 6 月在解放军总医院手术治疗前乙状结肠癌患者 119 例,乙状结肠息肉患者 106 例和健康对照 248 例的临床资料,对患者基本信息及血清肝功能指标丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、总蛋白 (TP)、白蛋白 (ALB)、总胆红素 (TBIL)、直接胆红素 (DBIL)、总胆汁酸 (TBA)、碱性磷酸酶 (ALP)、谷氨酰转肽酶 (GGT)、单胺氧化酶 (MAO) 和腺苷脱氨酶 (ADA) 等 11 项进行统计和分析。

**结果** 单因素统计分析显示乙状结肠癌组血清 ALT, AST, TP, ALB, TBIL 和 DBIL 水平显著低于正常对照组,差异具有统计学意义 ( $P<0.01$ );双变量相关性分析显示血清 ALT、ALB、TBIL 和 DBIL 与乙状结肠癌呈负相关,相关系数 ( $r$ ) 分别为 -0.203、-0.085、-0.204 和 -0.171,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ );多因素 logistic 回归分析显示血清 ALT、TP 和 ALB 水平在结肠癌发生中的相对危险度 OR (95%CI) 分别是 0.920 (0.882~0.960)、1.076 (1.007~1.150) 和 0.872 (0.786~0.968),差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 ALT、TBIL 和 DBIL 与乙状结肠癌呈负相关,其血清水平降低也有临床意义,能够对乙状结肠癌的早期诊断起到一定作用。

## PU-0201

### MCH 和血清 IL-6 在乙状结肠癌患者中的诊断价值分析

冯杰<sup>1</sup>,贺雅璐<sup>2</sup>

1.解放军总医院第一医学中心

2.中南大学湘雅医学院

**目的** 探讨炎症和贫血相关指标对乙状结肠癌的诊断价值。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2017 年 6 月在解放军总医院手术治疗的乙状结肠癌患者 148 例、乙状结肠息肉 118 例和健康对照 200 例的病例资料,对患者基本信息及检查指标进行统计分析。

**结果** 1.单因素统计分析显示术前白细胞计数 (WBC)、中性粒细胞 (NEUT)、单核细胞 (MONO)、淋巴细胞 (LYMPH)、嗜酸性粒细胞 (EO)、嗜碱性粒细胞 (BASO)、C 反应蛋白测定 (CRP)、白细胞介素 6 (IL-6)、血红蛋白测定 (Hb)、红细胞比积测定 (HCT)、红细胞体积分布宽度测定 (RDW)、平均红细胞体积 (MCV)、平均红细胞血红蛋白量 (MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度 (MCHC)、血小板计数 (PLT) 三组间差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。2.



IL-6 和 MCH 联合在二分类 Logistic 回归模型中意义显著( $P<0.01$ ), 对乙状结肠癌的诊断准确率为 77.9%。建立 ROC 曲线, IL-6 (AUC: 0.739, 95%CI: 0.69~0.79; 临界值取 12.55pg/ml, 灵敏度: 66.22%、特异度: 76.42%) 和 MCH (AUC: 0.710, 95%CI: 0.66~0.76; 临界值取 29.65pg, 灵敏度: 63.51%、特异度: 73.90%) 有较优诊断价值, IL-6+MCH (AUC: 0.793, 95%CI: 0.75~0.84; 灵敏度: 78.38%、特异度: 70.50%) 组合最为理想。3. 根据 IL-6 是否高于参考值将乙状结肠癌组分为两组, 其中贫血发生率、RBC、Hb、HCT、RDW、MCV、MCH、MCHC 在两组间有统计学差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 白细胞介素 6 和平均红细胞血红蛋白量是较为理想的炎症和贫血标志物组合, 有助于乙状结肠癌的早期筛查。炎症可能是导致癌性贫血的原因之一。

## PU-0202

### 平均红细胞血红蛋白含量、血浆纤维蛋白原测定与凝血酶原时间联合检测对乙状结肠癌的诊断价值分析

冯杰<sup>1</sup>, 王栋文<sup>2</sup>

1. 解放军总医院第一医学中心

2. 中南大学湘雅医学院

**目的** 探讨平均红细胞血红蛋白含量 (MCH)、血浆纤维蛋白原测定 (FIB)、凝血酶原时间 (PT) 联合检测在乙状结肠癌鉴别和诊断中的临床价值。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2017 年 6 月在解放军总医院手术治疗的乙状结肠癌患者 62 例、乙状结肠息肉 184 例和健康对照 185 例的临床资料, 对患者基本信息及血清指标进行统计分析。

**结果** 单因素统计分析显示红细胞比积测定 (HCT)、血红蛋白测定 (Hb)、平均红细胞分布宽度 (RDW)、平均红细胞体积 (MCV)、平均红细胞血红蛋白量 (MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度 (MCHC)、血小板计数 (PC)、凝血酶原时间 (PT)、凝血酶时间 (TT)、凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血活酶时间 (APTT) 和血浆纤维蛋白原 (FIB) 测定三组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。MCH 在单一指标中诊断乙状结肠癌最优, ROC 曲线下面积 (AUC=75.3), MCH 的临界值取 41.3  $\mu\text{mol/L}$ , 灵敏度为 56.5%、特异度为 84.8%。MCH+FIB 组合较为理想 (AUC=0.86), 敏感度为 66.1%, 特异度为 84.8%, 三项联合检测灵敏度和特异度均有提高, 分别为 70.2%、93.5%, 二分类 Logistic 回归模型对乙状结肠癌的诊断准确率为 84.6%。

**结论** 联合检测 MCH、FIB 和 PT 可提高结肠癌患者诊断的敏感性和诊断符合率, 对早期发现、诊治结肠癌具有重要的临床意义

## PU-0203

### RNA 干扰 IL-17 基因对阿霉素肾病大鼠 Th17/Treg 细胞平衡及足细胞病变的影响

吴玉辉, 李志坚, 魏川川, 蔡娜, 张豫, 安丽娜, 廖春

贵州省疾病预防控制中心

**目的** 探讨沉默 IL-17 基因对 Th17 细胞及其主要效应性细胞因子 IL-17、Treg 细胞及其特异性转录因子 Foxp3、以及肾组织足细胞特征性分子 Nephlin 和 Podocalyxin 表达及蛋白尿的影响。

**方法** 建立阿霉素肾病 SD 大鼠作为模型组, 并设置正常组, 将重组表达质粒 IL-17-shRNA 和阴性对照质粒 shNC 采用慢病毒介导法分别转染至阿霉素肾病 SD 大鼠模型作为转染组和转染阴性组, 筛选出稳定转染动物, 采用 CBB 法测定蛋白尿, 流式细胞术检测 SD 大鼠外周血 Th17/Treg 细胞比例, 实时定量 PCR (q-PCR) 检测 Th17 细胞主要效应性细胞因子 IL-17 和 Treg 细胞特异性转录

因子 Foxp3 基因的 mRNA 表达变化, q-PCR 和 Western blot 检测 SD 大鼠肾组织足细胞特征性分子 Nephrin 和 Podocalyxin 的 mRNA 和蛋白表达水平; 应用免疫组化法验证 SD 大鼠肾组织足细胞特征性分子 Nephrin 和 Podocalyxin 蛋白的表达差异, 电子显微镜观察 SD 大鼠肾脏肾小球超微结构的改变。

**结果** (1) 模型组较正常组, 蛋白尿及外周血 Th17 细胞比例升高, Treg 细胞比例下降, IL-17 基因 mRNA 表达水平上调, Foxp3 基因的 mRNA 表达水平下调, 足细胞特征性分子 Nephrin 和 Podocalyxin 的 mRNA 和蛋白表达水平降低, 两组间的差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 电子显微镜下肾小球基底膜增厚和系膜基质增生、电子致密物沉积、上皮细胞足突弥漫融合。(2) 转染组较模型组和阴性组, 蛋白尿及外周血 Th17 细胞比例降低, Treg 细胞比例升高, IL-17 基因的 mRNA 表达水平下调, Foxp3 基因的 mRNA 表达水平上调, 足细胞特征性分子 Nephrin 和 Podocalyxin 的 mRNA 和蛋白表达水平升高, 两组间的差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 电子显微镜下肾小球基底膜厚薄基本正常、系膜基质轻度增生、仅少量电子致密物沉积, 局部有足突融合。模型组与阴性组比较无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** Th17/IL-17 异常活化参与足细胞损伤、继而引起肾小球滤过屏障结构破损, 最终导致大量蛋白尿的产生, RNAi 技术沉默 IL-17 基因后对阿霉素肾病大鼠的有效干预, 可望为临床原发性肾病综合征足细胞损伤的认识展示一个新的视野, 为今后临床合理干预、寻找治疗靶标提供理论基础。

## PU-0204

### TG/HDL-C 对 40 岁以上医务人员血脂变化的相关研究

郑荣

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过对本院 40 岁以上医务人员体检血脂数据分析, 探索其血脂异常变化趋势及有效监控指标。

**方法** 收集 2030 名 40 岁以上医务人员血清甘油三酯(Triglyceride, TG)、总胆固醇(Total cholesterol, TC)、高密度脂蛋白胆固醇(High-density cholesterol, HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(Low-density cholesterol LDL-C)、TC/HDL-C、LDL-C/HDL-C、TG/HDL-C 等 7 项血脂数据, 分别按年龄、性别、高脂血症类别及甘油三酯分层进行回顾性分析。

**结果** 按年龄组比较: ①7 项血脂指标在 B、C、D、E 组均与 A 组具有统计学差异( $P<0.01$ ), ②4 项异常血脂比率具有统计学差异( $X^2=55.140, P=0.000$ ); 按性别比较: ①除 TC 外, 其余 6 项血脂指标具有统计学差异( $P<0.01$ ), ②异常血脂比率具有统计学差异( $X^2=331.917, P=0.000$ ), ③四种类型的高脂血症比率具有统计学差异( $X^2=91.703, P<0.05$ ); TG 分层比较, 5 组间 7 项血脂指标具有统计学差异( $P<0.05$ ), TC、TC/HDL-C、LDL-C/HDL-C、TG/HDL-C 四项血脂指标表现为随 TG 升高而上升, HDL-C 表现为随 TG 升高而下降趋势; TG 和 TG/HDL-C 呈直线回归关系, ( $r^2=0.924, y=0.824+0.961x$ )。

**结论** 45 岁以上医务人员各血脂指标出现攀升变化; 高甘油三酯血症比率较高, 且男性比例高出女性两倍以上; 40 岁以上高甘油三酯血症医务人员应关注其 TG/HDL-C 比值的并行变化。

## PU-0205

### 全自动智能采血管理系统精细化建设及临床应用

李顺君

四川省医学科学院·四川省人民医院, 610000

**目的** 通过精细化建设全自动智能采血管理系统及患者问卷调查, 了解门诊采血中心整体工作流程的满意度及工作效率, 评价全自动智能采血管理系统的临床应用。

**方法** 选取采血中心 2018 年 7 月抽血患者 600 例为对照组,运用传统的抽血流程进行操作。再选取 2018 年 7 月抽血患者 600 例为观察组,对该组患者采用全自动智能采血管理系统进行抽血操作。所有患者经自制调查问卷进行调查,调查内容包括患者对采血系统的总体评价,对患者就诊流程满意度、工作人员满意度、采血环境满意度等,并对全自动智能采血管理系统应用前后进行对比。

**结果** 通过全自动智能采血管理系统的应用,观察组的患者不仅满意度明显高对照组,而且抽血工作效率明显高传统的人工贴码采血方式。系统实现了采血流程优化、提高了患者满意度、工作量统计更动态准确、患者采血信息可追溯。

**结论** 全自动智能采血管理系统系统提升了我院信息化程度,提高了采血中心管理质量,即优化了工作流程,又明显减少了抽血差错率。不仅消除了传统患者排队等候抽血的方式,而且有效提高了抽血护士的工作效率。同时由机器自动贴码,不存在条码贴错,贴不规范等问题,也使检验科对抽血室满意度有进一步提高。

## PU-0206

### 两种尿液干化学分析仪的稳定性和检测结果的一致性评价

孙京花

解放军总医院第一医学中心

**目的** 对日本京都 AX-4280 和天津果实 Hipee S2 尿液干化学分析仪的稳定性和检测结果一致性比较

**方法** 使用 AX-4280 和 Hipee S2 两台尿检仪分别测定 625 例尿液常规标本,比较检测结果的阳性率和符合率。随机选取 200 例样本,通过尿沉渣显微镜复核潜血( Ery)和白细胞( Leu) 两项检测结果

**结果** 两台仪器室内质控符合率均达 100%。临床样本测试结果显示 pH 值差异百分率均值<10%,比重( SG) 差异百分率均值<1%,其余 8 项指标一般符合率都>90%。AX-4280 和 Hipee S2 的 Ery 测试结果与尿沉渣显微镜计数结果的符合率分别达 81.0%、84.0%, Leu 结果符合率分别达 72.0% 和 77.5%

**结论** AX-4280 和 Hipee S2 检测结果一致性良好,但尿液干化学分析仪在 Ery 和 Leu 两项检测时,还应结合显微镜尿沉渣计数的结果进行临床判断。

## PU-0207

### 抗中性粒细胞胞浆抗体阳性患者相关实验指标 及抗核抗体检测研究

张敏杰,徐晓莉,高玉芳

陕西省咸阳市中心医院,712000

**目的** 观察抗中性粒细胞胞浆抗体(ANCA)阳性患者血中肌酐(Crea)、尿素氮(BUN)、尿酸(UA)、胱抑素 C(Cys-C)、D 二聚体(D-D)、纤维蛋白原(FIB)、纤维蛋白(原)降解产物(FDP)的水平,分析其与抗核抗体(ANA)的关系。

**方法** ANCA 和 ANA 采用间接免疫荧光法(IIF)检测,抗髓过氧化物酶(MPO-Ab)抗体、抗蛋白酶 3(PR3-Ab)抗体和抗可提取性核抗原(ENA)抗体采用免疫印迹法检测。分别采用贝克曼 AU5800 全自动生化分析仪和 ACL-TOP700 全自动血凝分析仪检测 Crea、BUN、UA、Cys-C 以及 D-D、FIB、FDP 水平,比较 ANCA 阳性患者与 ANCA 阴性健康对照者血清中 ANA 及抗 ENA 抗体阳性率、各实验指标水平间差异。

**结果** ANCA 阳性患者血中除 FIB 外 Crea、BUN、AU、Cys-C、D-D、FDP 的水平比 ANCA 阴性健康对照者明显增高（均  $P < 0.05$ ），其血清中 ANA 阳性率明显高于健康对照者（ $\chi^2=9.04$ ， $P=0.003$ ）。此外，可检测到 MPO 或 PR3 靶抗原抗体的阳性 p-ANCA 患者血中 BUN（ $U = -2.37$ ， $P=0.018$ ）、Crea（ $U = -2.40$ ， $P=0.016$ ）水平高于未检测到 MPO 或 PR3 靶抗原抗体的阳性 p-ANCA 患者。

**结论** ANCA 阳性患者肾功和血凝指标与健康者存在差异。ANA 阳性会对 p-ANCA 结果判定产生干扰。

## PU-0208

### 血清淀粉样蛋白 A 与肝素结合蛋白在感染性肺炎中的临床应用

唐小娟,刘美,赵鸿梅  
辽宁省人民医院,110000

**目的** 探讨血液中血清淀粉样蛋白 A（SAA）与肝素结合蛋白（HBP）水平在感染性肺炎中的临床应用价值

**方法** 选取 2017 年 3 月至 12 月在辽宁省人民医院收治的肺炎相关性脓毒血症患者 36 例，细菌性肺炎患者 51 例，非细菌性肺炎患者 44 例，选取同时期健康体检者 51 名作为健康对照组。分别测定各组患者血液中 SAA、HBP、PCT 及 WBC 水平，统计分析各指标组间差异的显著性；建立受试者工作特征（ROC）曲线分析 SAA 和 HBP 对感染性肺炎的诊断效能。

**结果** SAA 水平在脓毒血症组[181.70（89.59~554.83）mg/L]、细菌性肺炎组[80.89（46.46~167.35）mg/L]、非细菌肺炎组[11.86（2.06~52.56）mg/L]及健康对照组[3.34±2.98mg/L]各组间比较，差异均有统计学意义（ $P < 0.01$ ）；血浆 HBP 水平在脓毒血症组[119.50（58.50~229.50）ng/ml]、细菌性肺炎组[52.00（25.00~101.00）ng/ml]显著高于非细菌肺炎组[12.14±6.46ng/ml]和健康对照组[11.86±5.14ng/ml]，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；血浆 HBP 水平在非细菌性肺炎组和对照组中无统计学差异（ $P > 0.05$ ）；ROC 曲线分析，SAA 与 HBP 诊断细菌性肺炎的曲线下面积（AUC）分别是 0.924 和 0.922，当诊断阈值为 16.31mg/L 时，SAA 诊断细菌性肺炎的敏感度和特异度分别为 86.3%和 98.0%；诊断阈值为 20.00ng/ml 时，HBP 诊断细菌性肺炎的敏感度为 80.4%，特异度为 90.2%；联合 SAA 与 HBP 诊断细菌性肺炎的敏感度和特异度分别为 94.1%和 90.2%。当  $HBP \geq 20.50\text{ng/ml}$  和  $SAA \geq 16.31\text{mg/L}$  时，HBP 与 SAA 在鉴别诊断细菌性肺炎与非细菌性肺炎的曲线下面积分别为 0.908 和 0.748，特异度分别为 88.6%和 54.5%。

**结论** 血清 SAA 是一种较敏感的感染性标志物，血浆 HBP 在鉴别细菌与非细菌性肺炎中的诊断价值优于血清 SAA、PCT 及 WBC，是较敏感的细菌性感染标志物；SAA 与 HBP 联合检测可提高诊断细菌性肺炎的敏感度。

## PU-0209

### 2018 上海地区自身抗体室间样品的质量控制及质量评价结果分析

曹丹如,朱宇清,陆银华,朱岭峰,陈子齐  
上海市临床检验中心

**目的** 为了规范自身抗体的检测，提高实验室的检测能力，我们对上海地区的医院及独立实验室进行自身抗体的室间质量评价（EQA），并对自身抗体室间样品进行均匀性、稳定性的测定。

**方法** 自身抗体室间样品的均匀性、稳定性的测定分别采用单因子方差分析法和 t 检验法。室间质评每年二次，每次 5 份样品，检测项目为：（1）抗核抗体（ANA）；（2）ANA 谱，包含的项目有抗 U1RNP 抗体、抗 Sm 抗体、抗 Jo-1 抗体、抗 SSA 抗体、抗 SSB 抗体、抗 Scl-70 抗体、抗 Rib-P 抗体；（3）抗 dsDNA 抗体。

**结果** 自身抗体室间样品的均匀性、稳定性符合要求，2018 年参加上海地区自身抗体质评的医院及实验室，符合率大于 80 %为合格，其中，检测 ANA、ANA 谱及抗 dsDNA 抗体结果符合率在 98% 以上。

**结论** 2018 年上海地区开展的自身抗体检测质评总体较好，但是在有些项目中，因为方法、试剂的差异，导致室间质评结果的不同、所以，必须对方法及试剂分组，区别对待，质控还需进一步提高。

## PU-0210

### 应用 ROC 曲线评价 anti-cmDNA、ANA、anti-dsDNA 单指标及多指标联合方案对系统性红斑狼疮诊断价值比较研究

黄燕华,王伟佳  
中山市人民医院

**目的** 应用 ROC 曲线评价抗细胞膜 DNA 抗体（anti-cmDNA）、抗核抗体（ANA）、抗双链 DNA 抗体（anti-dsDNA）单指标及多指标联合方案在系统性红斑狼疮（SLE）诊断中的应用价值比较研究。

**方法** 选取 2017 年 9 月至 2017 年 12 月于中山大学附属中山医院就诊的门诊和住院的 101 例 SLE 患者，94 例非 SLE 自身免疫疾病患者，78 名健康人，检测血清中 anti-cmDNA、ANA 及 anti-dsDNA 的水平。其中 anti-cmDNA 和 anti-dsDNA 检测采用酶联免疫吸附试验(ELISA)法，ANA 检测采用间接免疫荧光法。检测方案分为单指标以及双指标、三指标检测，共 18 种方案。绘制 ROC 曲线，检测结果组间比较采用四格表配对卡方( $\chi^2$ )检验。

**结果** SLE 患者组中的 anti-cmDNA 阳性率(68%)明显高于非 SLE 自身免疫疾病组和健康对照组，差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。在单指标检测方案中，anti-cmDNA 检测的准确率（82%）、约登指数 YI（0.58）和 ROC 曲线下面积 AUC（0.79）均最高。在多指标联合检测方案中，以下 5 种方案：anti-dsDNA /anti-cmDNA、ANA+(anti-dsDNA/anti-cmDNA)、anti-dsDNA/(ANA+anti-cmDNA)、anti-cmDNA /(ANA+anti-dsDNA) 和 (ANA+anti-cmDNA)/(anti-dsDNA+anti-cmDNA)/(ANA+ anti-dsDNA)的准确度（84%），YI（0.65）和 AUC（0.83）均最高。

**结论** Anti-cmDNA 无论单指标还是以其为基础的多指标联合检测方案对 SLE 诊断均有突出的价值。

## PU-0211

### 血清总轻链、血清游离轻链和尿轻链检测对多发性骨髓瘤疾病疗效评估的临床分析

邸平  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过对比多发性骨髓瘤患者血清总轻链、血清游离轻链和尿轻链的检测结果，进一步分析轻链检测在多发性骨髓瘤疾病疗效评估方面的临床价值。

**方法** 结合临床病历将接受治疗的多发性骨髓瘤患者分成缓解组和进展组，再根据免疫固定电泳结果将其进一步分成 $\kappa$ 型缓解组、 $\lambda$ 型缓解组、 $\kappa$ 型进展组、 $\lambda$ 型进展组。采用免疫散射比浊法分别检测其血清总轻链、血清游离轻链和尿轻链，比对分析各组治疗前后的检测结果。

**结果** 三种轻链检测指标在缓解组多发性骨髓瘤患者治疗前后的结果比较中，差异均有统计学意义， $P<0.05$ ；而进展组多发性骨髓瘤患者治疗前后的检测结果中，只有血清总轻链在 $\lambda$ 型多发性骨髓瘤患者治疗前后结果差异有统计学意义， $p<0.05$ ，其他两种指标各型多发性骨髓瘤患者治疗前后结果差异均无统计学意义， $p>0.05$ 。

**结论** 三种轻链检测方法均是评估多发性骨髓瘤患者疾病是否缓解的良好指标，并且血清游离轻链和尿轻链的特异性更好一些；而在判断多发性骨髓瘤疾病进展方面，血清总轻链检测反而明显优于血清游离轻链和尿轻链。

## PU-0212

### 血清 FLC, Scr, Cys C 检测在慢性肾功能不全疾病早期诊断和临床分期中的应用价值

邸平

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过检测慢性肾功能不全患者血清游离轻链、肌酐、血胱抑素 C 等指标，进一步分析并评估这三种检测指标在慢性肾功能不全疾病的诊断及分期中的临床应用价值。

**方法** 选择解放军总医院慢性肾功能不全患者 155 例作为疾病组，根据 CKD 分为 5 期，同时选择 64 名健康查体人员作为健康对照组，采用免疫比浊法检测其血清游离轻链、酶法检测其血清肌酐和血清胱抑素 C 等指标，进行结果的比对分析。

**结果** CKD1 组中只有 $\kappa$ FLC 指标与正常对照组比较差异有统计学意义 ( $t=13.90$ ,  $p<0.05$ )，其他各指标与正常对照组比较差异均无统计学意义，CKD2 组中只有 $\lambda$ FLC 指标与正常对照组比较差异无统计学意义 ( $t=2.076$ ,  $p>0.05$ )，其他各指标与正常对照组比较，差异均有统计学意义，从 CKD3 组开始到 CKD5 组，各指标与正常对照组比较差异均有统计学意义， $p$  均 $<0.05$ 。

**结论** 血清游离轻链、肌酐、胱抑素 C 检测在慢性肾功能不全疾病的早期诊断和临床分期中发挥了重要作用。

## PU-0213

### 光滑假丝酵母菌转录因子 Pdr1 功能获得性突变后结合下游基因位点差异分析

田园, 卢仁泉, 郭林

复旦大学附属肿瘤医院, 200000

**目的** 流行病学研究表明，光滑假丝酵母菌系统性感染的死亡率接近 50%。既往研究表明，临床分离的 95% 光滑假丝酵母菌唑类耐药的发生均由 Pdr1 GOF 突变导致。本研究目的在于分析光滑假丝酵母菌唑类耐药相关转录因子 Pdr1 发生功能获得性突变 (gain-of-function) 后，调控下游基因的改变。

**方法** 菌株 wild5 和 wild6 来自同一患者，使用唑类治疗前后所分离的菌株，其中 wild5 为唑类敏感株，wild6 为唑类耐药株。敲除 ura3 基因，pdr1 基因 N 端标记 3xFLAG 蛋白标签：使用同源重组方法。

**结果** 研究结果显示, N 端标记 3xFLAG 后, Pdr1 对唑类耐药性没有改变, 蛋白电泳显示其蛋白大小为 120kD, 符合预期。和敏感菌株 wild5 中的 Pdr1 相比, 耐药菌株 wild6 中 Pdr1 结合的下游耐药基因如 *cdr1*, *pup1*, *cdr2* 等显著增加; 另外耐药菌株中 Pdr1 结合的毒力相关基因显著增加。

**结论** 既往研究还显示, Pdr1 发生功能获得性突变后, 菌株的毒力以及粘附性也显著增加。我们发现, 唑类耐药的光滑假丝酵母菌确实比唑类敏感的假丝酵母菌对菌株的粘附力以及毒性显著增加, 并且这种增加是于 Pdr1 突变后, 与下游毒力、粘附基因启动子结合增多是相关的。

## PU-0214

### 敲低 MCM2 基因表达可增强卵巢癌细胞对卡铂的敏感性

邓旻洁,孙佳俊,谢素红,郑慧,王砚春,卢仁泉,郭林  
复旦大学附属肿瘤医院,200000

**目的** 以 A2780 MCM2-KD (MCM2-knock down) 卵巢癌稳转细胞为研究对象, 观察抑制 MCM2 基因的表达对细胞生物学功能所造成的影响。探讨 MCM2 对卵巢癌细胞卡铂敏感性的影响及相关作用机制。

**方法** 构建靶向 MCM2 基因的慢病毒载体并感染 A2780 细胞后, 通过 Western Blot 验证 MCM2-KD 细胞 MCM2 基因敲低的效率。通过 CCK-8 实验观察 MCM2 对细胞体外生长的影响, 流式细胞仪检测 MCM2 对细胞周期及细胞凋亡的影响。通过细胞克隆形成实验观察敲低 MCM2 后细胞对不同浓度卡铂 (0ug/ml, 2.5ug/ml, 3.5ug/ml, 5ug/ml, 7.5ug/ml) 敏感性的变化。利用卡铂及紫外对 DNA 进行人为损伤, 通过 Western Blot 观察  $\gamma$ -H2AX 及 p53 的表达情况。

**结果** MCM2-shRNA 转染后 A2780 细胞 MCM2 蛋白表达水平明显降低。MCM2 表达下调后对 A2780 细胞在体外增殖有轻微的抑制作用, G0/G1 期细胞比例增加, G2/M 期细胞比例减少, 细胞凋亡无明显变化。细胞克隆形成结果显示经不同浓度卡铂处理后, MCM2-KD 组与对照组相比克隆形成数均明显减少 ( $p<0.05$ )。Western Blot 结果显示, 卡铂处理或紫外照射后, 与对照组相比, MCM2-KD 组  $\gamma$ -H2AX 及 p53 表达水平平均比对照组升高。

**结论** 抑制 MCM2 基因表达后, A2780 细胞的生长受到抑制, 细胞周期阻滞在 G0/G1 期, 细胞对卡铂敏感性增加。卡铂/紫外损伤后, MCM2-KD 组  $\gamma$ -H2AX 水平相对对照组显著增加, 提示敲低 MCM2 基因后, DNA 损伤增加; p53 水平相对显著升高, 提示敲低 MCM2 基因后, 肿瘤细胞对卡铂敏感性增加可能与 p53 凋亡途径相关。

## PU-0215

### The role of SIRT4-induced oxidative stress on regulating the growth of renal clear cell carcinoma

Ying Tong, Renquan Lu, Lin Guo  
Fudan University Shanghai Cancer Center

**Objective** Clear cell renal cell carcinoma is a common type of malignant kidney tumors, approximately accounting for 60% ~ 85% in renal carcinoma. ccRCC is not sensitive to chemotherapy or radiotherapy, these therapies usually have great side-effect. Thus, it is very necessary to develop an effective therapeutic method.

**Methods** Sirt4 is located in mitochondria and represses the metabolism of glutamine into tricarboxylic acid cycle. Our data uncover that Sirt4 act as a tumor suppressor gene in ccRCC, the expression levels of Sirt4 is significantly decreased in carcinoma compared with para-carcinoma tissues. Overexpression of Sirt4 in ACNH and Caki-2 cell lines resulted in intracellular ROS levels increasing, promoting apoptosis and increasing p53 expression. However,

whether Sirt4 play role in promoting apoptosis by increasing ROS in a p53 -dependent manner remains unclear.

**Results** We found that Sirt4 and p53 both have AP-1 binding sites through the database. Therefore, we hypothesize that Sirt4 exerts a synergistic effect by interacting with normal p53 via AP-1. To research the molecular and mechanism, we established SIRT4 over-expressing or p53 knock-out ccRCC cell lines (ACNH, Caki-2), further investigated their effects on proliferation, migration, formation and apoptosis. To investigate Sirt4 role on carcinoma growth inhibition in vivo, we inject AAV to Clear cell renal cell carcinoma model mice.

**Conclusions** This project will provide a novel view in the mechanism of ccRCC apoptosis regulated by Sirt4.

## PU-0216

### Diagnostic Significance of Serum IgG Galactosylation in CA19-9-negative Pancreatic Carcinoma Patients

Ailing Zhong<sup>1</sup>, Ruihuan Qin<sup>2</sup>, Renquan Lu<sup>1</sup>, Lin Guo<sup>1</sup>

1. Fudan University Shanghai Cancer Center

2. Key Laboratory of Glycoconjugate Research Ministry of Public Health, Department of Biochemistry and Molecular Biology, School of Basic Medical Sciences, Fudan University

**Objective** Although Carbohydrate antigen 19-9 (CA19-9) is considered clinically useful and informative for pancreatic carcinoma (PC), false positive results and false negative results have restricted its clinical use. Especially missed or delayed diagnosis of PC patients with negative CA19-9 value is limited the utility. To improve prognosis of PC patients, the discovery of reliable biomarkers to assist CA19-9 is desired. Serum IgG galactosylation based on our previous report was altered in PC patients comparing to healthy controls. The objective of this study was to explore the diagnostic significance of IgG galactosylation in assisting CA19-9 for PC in a comprehensive way.

**Methods** Serum IgG galactosylation profiles were analyzed by MALDI-MS in cohort 1 (n=237) and cohort 2 in which all CA19-9 levels were negative (n=124). In each cohort, not only healthy controls and PC patients but also benign pancreatic cysts (BPC) patients were enrolled. Peaks were acquired by the software of MALDI-MS sample acquisition, followed by being processed and analyzed by the software of Progenesis MALDI. IgG Gal-ratio, which was calculated from the relative intensity of peaks G0, G1 and G2 according to the formula  $(G0/(G1+G2 \times 2))$ , was employed as an index for indicating the distribution of IgG galactosylation.

**Results** The Gal-ratio was elevated in PC than in healthy controls and BPC ( $p < 0.001$ ). The area under the receiver operating characteristic curve (AUC) of IgG Gal-ratio was higher than that of CA19-9 (0.934 vs 0.819). The performance was further improved when Gal-ratio and CA19-9 were combined (AUC: 0.947). Meanwhile, Gal-ratio also had great diagnostic value with a sensitivity of 95.00% (AUC: 0.924) in detection of PC at early stage. Notably, IgG Gal-ratio has great sensitivity (90.63%) and specificity (78.33%) in CA19-9-negative PC patients.

**Conclusions** IgG Gal-ratio had a great performance in detection of PC and could be used to assist CA19-9 in improving diagnosis performance through early stage detection, differentiation from BPC, and PC diagnosis with CA19-9-negative level.



PU-0217

## MUS81 Inhibition Increases the Sensitivity to Therapy Effect in Epithelial Ovarian Cancer via Regulating CyclinB Pathway

Ailing Zhong, Hui Zheng, Renquan Lu, Lin Guo  
Fudan University Shanghai Cancer Center

**Objective** MUS81 is a key endonuclease involved in homologous recombination (HR) repair after DNA double-strand damage. Structure-specific endonuclease (SSE) plays a crucial role in DNA replication, repair and transcription, which is also important for maintaining the secondary structure of DNA, therefore, their activity must be precisely controlled to ensure genome stability.

**Methods** We described previously that MUS81 was significantly correlated with CyclinB by protein microarray. CyclinB is a cell-cycle regulatory protein involving in the activation of DNA damage repair checkpoints, which induced G2/M phase arrest, promoted apoptosis, and participated in the regulation of chemotherapeutic drug sensitivity through inducing nuclear degradation, as shown by immunofluorescence assays.

**Results** In this study, MUS81 down-regulated cells were constructed using Lentivirus-mediated RNAi. Our results demonstrated that the inhibition of MUS81 expression activated CHK1 and CyclinB signaling pathways and sensitized ovarian cancer to X-ray and Olaparib both in vitro and in vivo.

**Conclusions** MUS81 may be a potential therapeutic target for epithelial ovarian cancer (EOC).

PU-0218

## MUS81 participates in the Progression of Serous Ovarian Cancer Associated with Dysfunctional DNA Repair System

suhong xie, Renquan Lu, Lin Guo  
Fudan University Shanghai Cancer Center

**Objective** Methyl methanesulfonate ultraviolet sensitive gene clone 81 (MUS81) is a structure-specific endonuclease that plays an important role in DNA repair system of cancer cells. In this study, we aim to investigate potential association between the dysfunction of MUS81 and the progression of Serous Ovarian Cancer (SOC).

**Methods** To investigate the association between MUS81 and prognosis of SOC, immunohistochemistry and qPCR were used to analyse the level of MUS81 expression, and transcriptional profile analysis and protein interaction screening chip was used to explore the MUS81 related signal pathways. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis, immunofluorescence and comet assays were performed to evaluate genomic instability and DNA damage status of transduced SOC cells. Experiments both in vitro and in vivo were conducted to verify the impact of MUS81 silencing on chemotherapeutic drug sensitivity to SOC.

**Results** The overexpression of MUS81 in SOC tissues was related to poor clinical outcomes. The data of transcriptional chip showed that MUS81 was involved in multiple pathways associated with DNA repair. Deficiency of MUS81 intensified the genome instability of SOC cells, and promoted the emergence of DSBs and restrained the formation of RAD51 foci in SOC cells with exposure to UV. Furthermore, downregulation of MUS81 enhanced the sensitivity to Camptothecin and Olaparib in SOC cell lines and xenograft model.

**Conclusions** MUS81 is involved in the progression of SOC and plays an important role of the susceptibility to chemotherapeutic agents. MUS81 might represent a novel molecular target for SOC chemotherapy.

## PU-0219

## Serum levels of complement factors C1q, Bb and H in normal pregnancy and severe pre-eclampsia

Keke Jia, Lijuan Ma, Siyi Wu, Yan Wang  
Peking University Third Hospital

**Objective** This study investigated the serum levels of complement activation factors C1q, Bb and regulatory factor H in normal nonpregnant women, normal pregnancy and severe pre-eclampsia (SPE) and evaluated the diagnostic values of C1q, Bb and H for SPE.

**Methods** Each 30 normal pregnant women in early, middle and late pregnancy were selected to observe the serum levels of complement factors, and 30 healthy nonpregnant women were also observed. For the case-control study, 73 cases of SPE were selected as study group (43 early-onset and 30 late-onset cases). According to the gestational weeks of the study group, 30 healthy pregnant women were selected for the early-onset (EC) and 30 for late-onset control (LC) group, retrospectively. Bb was tested by ELISA method and turbidimetric immunoassay was used to test C1q and H.

**Results** The serum levels of C1q remained relatively stable in the whole pregnancy. The serum levels of Bb showed a decline tendency from middle pregnancy but the differences had no statistical significance ( $p=0.250$ ). The serum levels of factor H increased in middle and late stages of pregnancy. The serum levels of C1q and H were lower in early-onset SPE ( $p<0.001$ ,  $p=0.009$ , retrospectively) and late-onset SPE ( $p<0.001$ ,  $p=0.031$ , retrospectively) compared with EC/LC. The serum levels of Bb increased in early-onset SPE ( $p=0.001$ ) and late-onset SPE ( $p=0.003$ ) compared with EC/LC. The AUC ROC for serum C1q, Bb and H diagnosed early-onset SPE were 0.814 (95%CI 0.712-0.917), 0.743 (95%CI 0.638-0.859), 0.681(95%CI 0.556-0.806); for diagnosed late-onset SPE were 0.805 (95%CI 0.694-0.913), 0.796 (95%CI 0.680-0.911), 0.662(95%CI 0.524-0.800).

**Conclusions** The classical and alternative pathways of complement might be activated in patients with SPE. Serum levels of C1q, Bb and H may be used as diagnostic markers of SPE.

## PU-0220

## Diagnostic value of serum neutrophil gelatinase-associated lipocalin, interleukin-6 and anti-citrullinated alpha-enolase peptide 1 for lower respiratory tract infections

Chong Liu, Liyan Cui  
Peking University Third Hospital

**Objective** The aim of this study was to explore the auxiliary diagnostic value of neutrophil gelatinase-associated lipocalin (NGAL) and anti-citrullinated alpha-enolase peptide 1 (CEP-1) in lower respiratory tract infections (LRTIs).

**Methods** Blood samples were collected from 103 inpatients with LRTIs [63 community-acquired pneumonia (CAP), 14 acute exacerbated chronic obstructive pulmonary diseases (AECOPD), 26 other diseases] and 50 healthy subjects. NGAL, CEP-1 and IL-6 were measured and compared. IL-6 was tested by electrochemiluminescence assay kit on Roche E601 immunology analyzer, CEP-1 was assessed with enzyme-linked immunosorbent assay kit, and NGAL was detected by latex immunoturbidimetric assay kit on Beckman Coulter AU2700.

**Results** Compared with healthy controls, NGAL and IL-6 levels were significantly increased in the patients with LRTIs, the area under the curves (AUC) was 0.97 and 0.88 respectively ( $P<0.01$ ). The sensitivity and specificity of NGAL at a cut-off of 86ng/ml were 93.2% and 96.0% respectively, in which the sensitivity was consistent with IL-6 ( $P=0.18$ ) and the specificity was better than IL-6

( $P<0.01$ ). CEP-1 slightly increases in the patients group, however the difference was not significant ( $P=0.38$ ). The levels of NGAL and IL-6 had no differences in CAP, AECOPD and other diseases group, the P-value was 0.24 and 0.42 respectively.

**Conclusions** NGAL, rather than CEP-1, may be appealing adjuncts for diagnosis of LRTIs. NGAL proved to be a better biomarker than IL-6. The increase of NGAL and IL-6 might be mainly caused by infection rather than underlying diseases.

## PU-0221

### 脂蛋白磷脂酶 A2、同型半胱氨酸联合检测在脑血管病中的临床应用

杨琴

胜利油田中心医院,257000

**目的** 脑血管病泛指脑部血管的各种疾病,包括脑动脉粥样硬化、血栓形成、狭窄、闭塞、脑动脉炎、脑动脉损伤、脑动脉瘤、颅内血管畸形、脑动静脉瘘等,其共同特点是引起脑组织的缺血或出血性意外,导致患者的残废或死亡。本文研究脂蛋白磷脂酶 A2 联合同型半胱氨酸检测在脑血管病中的临床应用价值。

**方法** 择 2018 年在我院神经内科住院患者 300 例,男性 193 例,女性 107 例,临床诊断为脑血管病。采用荧光素增强免疫化学发光法测定人血清中脂蛋白磷脂酶 A2,参考值范围 0-200ng/ml。采用循环酶法测定人血清中同型半胱氨酸,参考范围:0-10umol/l。

**结果** 300 例确诊脑血管病患者,符合临床诊断标准。

脂蛋白磷脂酶 A2 检测结果中,128 例阳性,阳性率为 42.66%;

同型半胱氨酸检测结果中,167 例阳性,阳性率为 55.66%;

两者联合检测,阳性率为 81.3%

**结论** 检测脂蛋白相关磷脂酶 A2、同型半胱氨酸作为动脉粥样硬化性心脑血管疾病的风险评估指标,两者联合检测提高了在脑血管病中为临床疗效及评估预后的重要参数。

## PU-0222

### 孕中期血清 sFlt-1 和 PIGF 浓度对子痫前期危险因素孕妇发生子痫前期的预测价值

马利娟,吴思沂,王妍,李淑芳

北京大学第三医院,100000

**目的** 评价孕中期血清可溶性胎盘血管内皮生长因子受体-1 (soluble fms-like tyrosine kinase-1, sFlt-1) 和胎盘生长因子 (placental growth factor, PIGF) 浓度及 sFlt-1/PIGF 水平对子痫前期危险因素孕妇发生子痫前期的预测价值。

**方法** 此次研究包括 165 名至少有一项子痫前期危险因素且孕周在 20-26 周之间的孕妇,采用双抗体夹心酶 联免疫分析法测定其血清 sFlt-1 和 PIGF 的浓度,并计算其比值。绘制受试者工作特征 (ROC) 曲线,分析血清 sFlt-1 和 PIGF 浓度及 sFlt-1/PIGF 水平对预测子痫前期危险因素孕妇发生子痫前期的价值。

**结果** 在孕 20-26 周子痫前期危险因素孕妇中,患子痫前期组血清 sFlt-1 (中位数为 970.3 pg/mL, 范围为 561.4-4 827.8pg/mL) 与未患子痫前期组血清 sFlt-1 (中位数为 798.9pg/mL, 范围为 330.9-4 680.8pg/mL) 差异有统计学意义 ( $p=0.004$ )。患子痫前期组血清 PIGF (中位数为 230.5 pg/mL, 范围为 44.7-425.8 pg/mL) 与未患子痫前期组血清 PIGF (中位数为 481.3 pg/mL, 范围

为 70.4-2 239.4 pg/mL) 差异有统计学意义 ( $p<0.001$ )。患子痫前期组血清 sFlt-1/PIGF (中位数为 4.9, 范围为 2.2-42.7) 与未患子痫前期组血清 sFlt-1/PIGF (中位数为 1.8, 范围为 0.3-30.3) 差异有统计学意义 ( $p<0.001$ )。sFlt-1、PIGF 浓度及 sFlt-1/PIGF 水平的预测子痫前期发生的 ROC 曲线下面积分别为 0.706、0.770、0.786, 其中 sFlt-1/PIGF 表现最佳, 其最佳 cut-off 值为 3.3 (灵敏度 85.7%, 特异性 77.0%, 阳性预测率 51.7%, 阴性预测率 95.0%)。

**结论** 子痫前期危险因素孕妇孕中期 20-26 周血清 sFlt-1 和 PIGF 浓度及 sFlt-1/PIGF 水平的变化, 对子痫前期危险因素孕妇发生子痫前期有预测价值, 且 sFlt-1/PIGF 表现最佳。

## PU-0223

### 缺血修饰白蛋白在急性心肌梗死诊疗中的临床应用

唐小娟, 赵鸿梅, 刘美

辽宁省沈阳市沈河区文艺路 33 号辽宁省人民医院

**目的** 探讨缺血修饰白蛋白 (IMA) 在急性心肌梗死 (AMI) 诊疗中的临床应用。

**方法** 选取临床确诊为急性心肌梗死患者 60 例作为研究对象, 同时选取 60 例非缺血性胸痛 (NICP) 患者作为疾病对照组, 同期健康体检者 37 例作为对照组, 于清晨静脉采血, 测定血清中缺血修饰白蛋白和高敏肌钙蛋白 T 水平, 组间比较采用 t 检验, 并应用 ROC 曲线比较 IMA 和 hs-cTnT 对 AMI 诊断的敏感性和特异性。选取 14 例患者连续 10 天监测血清 IMA 和 hs-cTnT 水平。

**结果** AMI 组患者血清 IMA 水平为  $78.84 \pm 4.54$  U/ml, 显著高于 NICP 组 ( $73.16 \pm 3.96$ ) U/ml 和健康对照组 ( $70.49 \pm 4.16$ ) U/ml,  $P<0.05$ , 应用 ROC 曲线分析, IMA 截断值为 72.75 U/ml 时, 诊断急性心肌梗死的敏感度为 95%, 特异性为 73%, 阳性预测值为 85.1% 和阴性预测值为 90%, 联合 hs-cTnT 诊断 AMI 时, 敏感度、特异性、阳性预测值和阴性预测值分别为 96.7%、70.3%、84.1% 和 92.9%; 各指标在入院第 10 天左右逐渐恢复到基础值, 监测 IMA 水平的变化对心肌缺血改善有重要提示作用。

**结论** 联合检测 IMA 和 hs-cTnT 具有较高敏感度和阴性预测值, 可以更好的应用于 AMI 的辅助诊断; 监测 IMA 和 hs-cTnT 水平, 对 AMI 患者的病情评估具有重要作用。

## PU-0224

### Identification of Annexin A6 as a biomarker for predicting nasopharyngeal carcinoma carcinogenesis and metastasis by iTRAQ-based quantitative proteomic analysis

Kun Wang<sup>1</sup>, Lapan Zhu<sup>1</sup>, Bin Yi<sup>1</sup>

1. Clinical laboratory of Xiangya Hospital, Central South University

2. Department of Clinical Laboratory, Chenzhou No.1 People's Hospital, Chenzhou, Hunan Province

**Objective** Isobaric tags for relative and absolute quantitation (iTRAQ) combined with mass spectrometry (MS) provides a powerful tool for screening proteins. In this study, we used this approach to identify novel biomarkers of nasopharyngeal carcinoma (NPC) development and assess their clinical value for predicting NPC carcinogenesis and metastasis.

**Methods** Proteins differentially expressed between the three cell lines were identified by iTRAQ combined with two-dimensional liquid chromatography tandem MS. The expression of annexin A6, spectrin, and endoplasmic reticulum resident protein (ERP)72 was evaluated in an independent set of paraffin-embedded archival specimens by immunohistochemistry. The clinical utility of these markers for early detection of NPC was evaluated by receiver operating characteristic curve analysis and discriminant analysis.

**Results** A total of 20 differentially expressed and 191 metastasis-associated proteins were eventually screened using established screening principles. Annexin A6, Spectrin and ERP72 achieved a higher sensitivity and specificity in distinguishing normal nasopharyngeal epithelial tissue from NPC, lymph node metastasis from non-metastatic NPC or distant from non-distant metastasis. These three proteins expression level was closely correlated with primary lesion size, lymph node metastasis, distant metastasis and clinical stage; spectrin expression level was closely correlated with lymph node metastasis, distant metastasis or clinical stage. Finally, in the discriminant analysis, they showed good performance in distinguishing normal patients from NPC patients, non-metastatic from metastatic NPC, and non-distant from distant metastatic NPC, respectively.

**Conclusions** Their expression can serve as markers for NPC progression and provide a basis for elucidating the molecular mechanisms underlying the malignant transformation of normal human nasopharyngeal epithelia.

## PU-0225

### 乙肝表面抗原弱阳性标本定性与定量及核酸检测结果分析

杨博鑫,梁永明,刘迪,周剑锁,王天成,崔丽艳  
北京大学第三医院,100000

**目的** 评估乙肝表面抗原弱阳性样本半定量结果与定量、核酸 (HBV-DNA) 检测结果之间的关系,为制定正确的乙型肝炎表面抗原 (hepatitis B surface antigen, HBsAg) 检测策略提供依据。

**方法** 收集电化学发光法半定量检测 HBsAg 弱阳性样本 COI (Cut Off Index) 值 1-10 的样本 88 例和阴性样本 (COI 值 0.8-1.0) 21 例,采用电化学发光定量法检测样本中 HBsAg 含量,采用荧光定量 PCR 方法检测样本中 HBV-DNA。同时将收集的阳性标本分为“小三阳”和“携带者”两组,分别统计电化学发光定量法与荧光定量 PCR 方法在两组中的阳性率。采用多种方法检测 HBV 可以更好地评价不同方法之间的关系,同时能够为更加准确检测乙型肝炎表面抗原提供根据。

**结果** “小三阳”组中电化学发光定量法阳性率为 82.5%, 荧光定量 PCR 检出率为 49.2%; “携带者”组中电化学发光定量法阳性率为 20%, 荧光定量 PCR 检出率为 0%; “小三阳”组两种方法的阳性检出率均远高于“携带者”组。说明医务人员对小三阳患者的治疗和检测是非常重要的。定量法诊断阳性率为 76.1%(67/88), 荧光定量 PCR 法 DNA 检出率为 41.0%(36/88), 两种方法有差异, 差别具有统计学意义( $p<0.001$ )。电化学发光定量法阳性率与荧光定量 PCR 法 DNA 片段检出率与电化学发光半定量法 COI 值成正相关。

**结论** 电化学发光定量法与荧光定量 PCR 法两种方法应用广泛并且均不可被替代, 对于监测 HBsAg 弱阳性 (COI=1-10) 的患者病情进展具有重要临床意义。

## PU-0226

### 抗 CEP-1 抗体在诊断类风湿性关节炎中的价值研究

周剑锁,冯丽梅,张华,王天成,崔丽艳  
北京大学第三医院,100000

**目的** 类风湿性关节炎 (RA) 是一种慢性炎症性关节病。α 烯醇酶是核糖醇解酶。在约 40% 的 RA 患者中发现了对瓜氨酸化烯醇酶肽 1 (抗 CEP-1) 的抗体, 但抗 CEP-1 对 RA 的诊断价值尚不清楚。本研究旨在分析抗 CEP-1 在 RA 诊断中的价值。

**方法** 我们根据 2010 年 ACR 分类标准, 入组在北京大学第三医院风湿病科就诊的 282 名 RA 患者, 和 120 名性别和年龄匹配的健康捐献者 (HD), 我们还比较了 20 例 OA 患者。用 ELISA 试

剂盒 (Euroimmun, Germany) 检测抗 CEP-1 IgG 抗体。用 ECLIA (Roche, Germany) 评估抗 CCP 抗体。用 SPSS 19 处理数据。散点图用 GraphPad Prism 绘制。

**结果** 抗 CEP-1 抗体诊断 RA 的特异性和敏感性分别为 83.3% 和 65.2%。阳性预测值为 88%，阴性预测值为 56%。诊断 RA 的抗 CEP1 的 AUC 为 0.80，而抗 CCP 的 AUC 为 0.919，抗 CCP 联合抗 CEP1 的 AUC 为 0.914。在 48 例 RA 患者中发现 10 例 CCP 阴性而抗 CEP1 阳性结果。

**结论** 抗 CEP-1 可用于 RA 的诊断，效能低于抗 CCP 抗体，但在 CCP 抗体阴性的 RA 患者具有一定价值。

## PU-0227

### 化学发光免疫分析法在检测抗 $\beta 2$ 糖蛋白 1 抗体和抗心磷脂抗体中的临床应用价值研究

周剑锁,侯秀竹,张华,王天成,崔丽艳  
北京大学第三医院,100000

**目的** 抗磷脂综合征 (APS) 的诊断需要实验室指标,包括抗心磷脂抗体 (aCL) 和抗  $\beta 2$ -糖蛋白 1 抗体 (a $\beta 2$ GP1)。通常用酶联免疫吸附实验 (ELISA) 检测,但缺乏标准化试剂盒,导致不同实验室之间抗体阳性的差异较大。化学发光自动化-BIO-FLASH 的出现可能会改善这种情况。本文旨在比较化学发光法与 ELISA 法检测抗心磷脂抗体 (aCL) 和抗  $\beta 2$ -糖蛋白 1 抗体 (a $\beta 2$ GP1) 的差异,研究其作为 ELISA 替代方法的可行性。

**方法** 我们在北京大学第三医院入组 185 名患有 APS,系统性红斑狼疮 (SLE),不孕症,结缔组织病 (CTD) 和其他疾病的患者。用 EUROIMMUN ELISA 检测 aCL 和 a $\beta 2$ GP1 水平,其中 105 名患者的 aCL 和 a $\beta 2$ GP1 至少有一个阳性结果,而其他患者都是阴性。我们用化学发光法 (CIA) 对其重测,并对结果进行分析,比较了符合率,同时用 AESKU ELISA 重测 IgM 水平。使用 SPSS 分析数据。

**结果** CIA 测定 aCL 和 a $\beta 2$ GP1 的 IgG 的符合率表现较好。CIA 与 EUROIMMUN ELISA 之间 aCL IgM 的阳性符合率仅为 41.67%,但两个 ELISA 试剂盒结果显示符合性较好,CIA 和 AESKU ELISA 阳性率明显较高。在  $\beta 2$ GP1-IgM 中,CIA 和 AESKU 的一致性高于 AESKU 和 EUROIMMUN。

**结论** 新的自动化 CIA BIO-FLASH 可用于检测 aCL 和 a $\beta 2$ GP1 抗体,特别是 IgG 同种型,未来可作为 ELISA 的替代方法。

## PU-0228

### 肺炎链球菌的耐药性监测

林滢,廖娟  
福建省人民医院,350000

**目的** 了解本院近 4 年肺炎链球菌的发病趋势和耐药性,为正确选用抗生素提供依据。

**方法** 收集 2015 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日临床分离的 193 株肺炎链球菌,用 Vetik-2 compact 鉴定仪检测其对抗菌药物的 MIC 值,根据 CLSI 2016 版判断折点,用 WHONET5.6 软件进行统计分析。

**结果** 93 株肺炎链球菌中有 182 株分离自呼吸道标本,7 株分离自血标本,3 株分离自分泌物标本,仅 1 株分离自脑脊液标本。分离率较高的病区有肺病科 (占 17%)、脑病科 (11%)、重症医学科 (10%) 及儿科 (7%)。193 株肺炎链球菌对红霉素、四环素、复方新诺明的耐药率较高,分别为 90%、85.3%、51.1%,对万古霉素、利奈唑胺、厄他培南暂无发现耐药菌株,对莫西

沙星、左氧氟沙星、氟氯沙星的耐药率较低，分别为 1.1%、2.2%、2.2%。对非脑膜炎来源的肺炎链球菌，青霉素、头孢曲松、头孢噻肟仍保持较高的敏感性，分别为 99%、83.3%、83.3%。

**结论** 治疗肺炎链球菌建议使用青霉素、喹诺酮类抗生素、三代头孢菌素类抗生素。由于肺炎链球菌的耐药性逐年上升，应对其进行监测，指导临床合理选用抗菌药物。

## PU-0229

### 低纤维蛋白原水平是 HELLP 综合征产妇不良预后危险因素

马思思<sup>1</sup>, 兰晶<sup>1</sup>, 张云聪<sup>2</sup>, 郭晗<sup>1</sup>, 杨硕<sup>1</sup>, 乔蕊<sup>1</sup>

1. 北京大学第三医院, 100000

2. 北京大学国际医院检验科

**目的** 观察产妇止血系统变化用于判断 HELLP 综合征的严重程度和预后。

**方法** 入选在 2010 年 8 月到 2018 年 8 月在北京大学第三临床医学院诊断的 HELLP 综合征 127 例。收集产妇和胎儿人口学特征、产后并发症、住院天数和临产前凝血酶原时间 (PT)、活化的部分凝血酶原时间 (APTT)、纤维蛋白原 (Fg) 和 D-二聚体 (D-D) 数据。

**结果** HELLP 综合征产妇产后出血组与非出血组临产前 PT [9.6 (9.0, 11.5) vs 9.4 (8.9, 9.7),  $P=0.243$ ]、APTT [30.2 (29.1, 38.3) vs 29.8 (27.7, 31.8),  $P=0.151$ ]、D-D [0.80 (0.52, 4.52) vs 0.91 (0.55, 2.48),  $P=0.923$ ] 水平差异无统计学意义；而两组间临产前 Fg 水平 ( $2.94 \pm 1.48$  vs  $3.61 \pm 1.00$ ,  $P=0.022$ ) 差异有统计学意义。ROC 分析显示，Fg 水平判断产后出血的 AUC 为 0.688 (95%CI: 0.600~0.767)；取临界值 3.04g/L，阴性预测值为 74.3%；且临产前 Fg 水平与 HELLP 综合征产妇住院天数成负性相关 ( $r = -0.182$ ,  $P=0.040$ )。HELLP 综合征分娩后胎儿存活组 ( $n=93$ ) 与未存活组 ( $n=34$ ) 之间，以及存活胎儿中发生窘迫组 ( $n=23$ ) 与未窘迫组 ( $n=70$ ) 之间，母亲临产前 PT、APTT、Fg 和 D-D 水平差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 临产前低 Fg 水平可能是 HELLP 综合征产妇不良临床结局的危险因素，通过干预维持 Fg 在一定水平可能可以减少 HELLP 产妇不良结局的发生。

## PU-0230

### 肾脏疾病合并胸腔积液分析

陈鹤鸣

福建中医药大学附属人民医院

**目的** 通过对慢性肾病患者胸腔积液不同病因组的临床特征及胸腔积液生化指标的检测，分析慢性肾病患者并发胸腔积液的原因。

**方法** 收集福建省人民医院 2013 年 2 月至 2017 年 3 月肾内科慢性肾病患者合并胸腔积液的相关资料，并进行分析。

**结果** 慢性肾病并发胸腔积液患者 50 例，平均年龄 57 岁，男女比例约 2:1，渗出液和漏出液比例约 1:1，病因分类：低蛋白血症（肾病综合征）是最常见的病因，占 36%（18 例），其次是脓胸（肺部感染）占 22%（11 例），以及尿毒症占 22%（11 例）。

**结论** 慢性肾病并发胸腔积液受多种因素的影响，低蛋白血症、脓胸、尿毒症是常见原因。

## PU-0231

## ADD3 可变剪接在原发性肝细胞癌与正常组织间的表达差异

陶敏

福建中医药大学附属人民医院

**目的** ADD3 是人类内收蛋白  $\gamma$  亚单位基因, 表达一种细胞膜骨架蛋白, 其有参与细胞膜骨架网状结构构建和维持细胞信号转导、细胞膜离子转运等多项生理功能。由于启动子选择和剪接方式不同, ADD3 基因产生 3 种 mRNA 差异剪接体, 即变体 1 (variant1), 变体 2 (variant2), 和变体 3 (variant3), 但仅能翻译出 2 种蛋白, ADD3 亚型 a (isoform a) 和 ADD3 亚型 b (isoform b)。亚型 a 包含 14 号外显子, 亚型 b 缺失 14 号外显子。已有报道 ADD3 可变剪接的表达差异跟非小细胞肺癌及小鼠乳腺癌细胞有关, 本研究旨在探讨原发性肝细胞癌 (HCC) 中, 总 ADD3 mRNA (ADD3-T)、ADD3 亚型 a mRNA (ADD3-la) 和 ADD3 亚型 b mRNA (ADD3-lb) 的表达与正常肝脏组织中表达量是否存在差异及其与 HCC 是否具有相关性。

**方法** 建立 ADD3-T、ADD3-la 和 ADD3-lb Taqman 实时荧光定量逆转录聚合酶链 (FQ-RT-PCR) 方法。用此方法检 30 对 HCC 组织和正常肝脏组织标本中 ADD3-T、ADD3-la 和 ADD3-lb 的表达量, 数据用 SPSS17.0 统计软件进行分析。

**结果** (1) HCC 组织中 ADD3-T 和 ADD3-lb 表达低于正常组织 ( $P<0.05$ ,  $P<0.01$ ), (2) ADD3-la 表达量和 ADD3-la/lb 比值高于正常组织 ( $P<0.05$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** HCC 中存在一种以 ADD3-lb 减少为主导致 ADD3-T 减少, 伴随 ADD3-la/lb 比值升高的现象, 导致这种现象的原因及其在 HCC 发生发展中的作用值得后续研究。

## PU-0232

## 耐异烟肼结核分枝杆菌的相关基因突变类型的研究

李静, 王伟, 李铮, 谭蛟

河南省胸科医院

**目的** 了解我省耐异烟肼结核分枝杆菌的相关基因突变类型。

**方法** 收集我院 2014 年至 2015 年痰标本菌型鉴定及异烟肼药敏实验为耐异烟肼结核分枝杆菌 199 例, 菌株复苏传代后取 0.2ml 的标本悬浮液分别加入含异烟肼 0.1ug/ml 和 0.4ug/ml 的罗氏培养基, 检测药物的敏感性, 并提取分枝杆菌 DNA, 使用 SangerDNA 测序方法检测突变基因型。

**结果** 199 例分离株中, 低异烟肼浓度 (0.1ug/ml) 耐药 104 例, 高异烟肼浓度 (0.4ug/ml) 耐药 90 例; DNA 测序结果显示 96 例 DNA 突变, 其中 75 例为 katG 突变株, 24 例为 inhA 突变株, 3 株为 katG 和 inhA 联合突变。在这些突变株中主要突变位点为 S315T (AGC/ACC) 和 -15 (C/T), 另外也发现了 6 株其他的突变位点, 分别为 G285C (GGC/TGC)、W300R (TGG/AGG)、L333P (CTC/CCC)、1317V (ATC/GTC)、K310N (AAG/AAT)、Y337N (TAC/AAC)。

**结论** 异烟肼耐药的主要基因类型为 katG 和 inhA, 一些新的突变位点也可为快速检测异烟肼耐药提供依据。



## PU-0233

## Correlation between prognostic nutritional index, Glasgow prognostic score , systemic inflammatory response and TNM staging in colorectal cancer patients

Xuejing Bai,Lei Feng

Department of Laboratory, Yuxi people's hospital of yunnan province

**Objective** Various biomarkers have been shown to assess and diagnose colorectal cancer in some researchers. The glasgow prognostic score (GPS) is based on serum albumin level and C-reactive protein (CRP).The prognostic nutritional index (PNI) is based on serum albumin level and absolute lymphocyte count. Systemic inflammatory response (SIR) markers includes the neutrophil/lymphocyte ratio (NLR), the platelet/lymphocyte ratio (PLR), and the lymphocyte/monocyte ratio (LMR).The three indicators were used to predict the outcome for a variety of cancers in existing studies. However, their assessment and diagnostic ability have not been reported largely in different cancers, and few studies have analyzed the relationship between these biomarkers and different TNM staging.The aim of this study was to investigate the relationship between biomarkers and TNM staging and metastasis of CRC.

**Methods** 177 eligible patients were included who were diagnosed with CRC from October 2012 to October 2017 in People's Hospital of Yuxi City. Firstly, we separately calculated PNI, SIR markers and GPS in these patients. Next, the relationship between PNI and GPS with clinical factors were evaluated .Finally, the relationship between TNM staging and tumor metastasis was analyzed.

**Results** Our results demonstrate that there were statistical differences between PNI, GPS and TNM staging, distance metastasis, NLR, PLR, LMR, CA199, N, M, PNI, SIR showed statistical differences with different TNM staging ( $P<0.05$ ) . Meanwhile, the correlation between PNI and SIR was also analyzed ,PNI is associated with SIR in patients with CRC, and in which PNI is negatively proportional to NLR and PLR, but positively proportional to LMR .

**Conclusions** We attempt to combine PNI, SIR, GPS with TNM staging, and the results showed that the three indicators were closely related to TNM staging. Therefore, they can assist in the diagnosis of CRC and are closely related to TNM staging. Detection of three indicators is of important clinical value in the evaluation of TNM staging and metastasis prediction.

## PU-0234

## Exploring the correlation between glycosylated hemoglobin and fasting blood glucose based on chemical reaction theory

Lei Feng

Department of Laboratory, People's Hospital of Yuxi City, Yuxi, Yunnan, P. R. China.

**Objective** To explore the correlation between HbA1c and fasting blood glucose (FPG) by analyzing the HbA1c formation process and its influence factors.

**Methods** Natural population consist of 14266 cases in Yuxi City,Yunnan Province were collected, aged from 18 to 93 years old, including 8832 males ( $45.87\pm13.16$ ) and 5434 females ( $43.46\pm12.07$ ), testing their HbA1c, FPG, red blood cell distribution width (RDW) and hemoglobin (Hb) levels. 1) Compare the level differences of HbA1c and FPG between distinct sexual group; 2) analyze the trend of each index along with age changing after age stratification ; 3) divide all the subjects into 5 groups, as  $FPG<5.0\text{mmol/L}$ 、 $5.0-5.9\text{ mmol/L}$ 、 $6.0-6.9\text{ mmol/L}$ 、 $7.0-11.0\text{ mmol/L}$ 和 $\geq11.1\text{ mmol/L}$ , calculate the correlation between FPG and HbA1c in each group, then analyze

the variation trend of correlation coefficient; 4) divide all the subjects into 4 groups, as HbA1c < 5.7%、5.7-6.4%、6.5-7.4%、≥7.5%, and also calculate the correlation between FPG and HbA1c in each group, then analyze the variation trend of correlation coefficient.

**Results** 1) This study found that gender differences existed in HbA1c and FPG levels. 2) HbA1c, FPG and RDW varied very sharply with age, while Hb level showed a narrower fluctuation; and the changing trend of these indexes in different gender differed either; 3) The correlation between FPG and HbA1c was lower within the group which FPG below 7.0mmol/L or HbA1c below 6.5%, but with the increasing of their respective levels, the correlation increased, and it turned out similar results in both male and female.

**Conclusions** The correlation between FPG and HbA1c are influenced by age and FPG level. HbA1c's representativeness of blood glucose vary under different conditions.

#### PU-0235

### Age is an independent factor positively and negatively associated with blood lipid levels in particular age ranges, a large-scale cross sectional study

Lei Feng

Department of Laboratory, People's Hospital of Yuxi City, 21 Nieer Road, Yuxi City, Yunnan Province 653100, P.R. China.

**Objective** Lifetime trends in total cholesterol (TC), triglycerides (TG), high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C) and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) with age remain unclear.

**Methods** A cross-sectional study with data from 103,461 and 74,706 men and women, respectively, was conducted to explore lifetime trends in the abovementioned lipid parameters with age; turning points of age were established using age stratification and were validated by fitted multivariate linear logic regression modeling.

**Results** Age was an independent factor extensively associated with lipid levels in both sexes, when adjusted for serum glucose, BMI, lifestyle, drinking and smoking. Age was positively associated with TC, logarithm transformed TG (LnTG) and LDL-C levels in men ≤ 40, ≤ 40 and ≤ 60 years old (yo); and in women ≤ 60, ≤ 70 and ≤ 60 yo, respectively. Conversely, age was negatively associated with TC, LnTG and LDL-C levels in men ≥ 61 ≥ 41 and ≥ 61 yo; and in women ≥ 61 and ≥ 71 and ≥ 61 yo, respectively. TC, TG and LDL-C levels of women were initially lower than those in men and then surpassed those of men in the age groups of 51-55, 61-65 and 51-55 yo. The trends in HDL-C levels with age are relatively irregular, while women's HDL-C levels are higher than men's throughout all age groups.

**Conclusions** Age-related trends in lipid levels and sex difference should be fully considered in the definition of dyslipidemia and in associations with atherosclerotic cardiovascular disease.

#### PU-0236

### 血清 CA199、CA242 及 CEA 联合检测对胰腺癌的诊断价值

郑翔宇

河南省中医院

**目的** 探讨 CA199、CA242、癌胚抗原(CEA)联合检测对胰腺癌的诊断价值。

**方法** 应用化学发光法检测 105 例胰腺癌患者与 236 例健康体检者血清中 CA199、CA242、CEA 浓度。

**结果** 胰腺癌患者血清 CA199、CA242 及 CEA 浓度均比正常对照组升高(均  $P<0.05$ );CA199、CA242 及 CEA 诊断胰腺癌敏感性分别为 83.1%、73.4%、45.4%,特异性分别为 72.2%、76.0%、70.4%;CA199、CA242 及 CEA 联合检测诊断胰腺癌敏感性达 90.5%(95/105),特异性达 85.7%(90/105)。

**结论** 血清 CA199、CA242 及 CEA 联合检测对胰腺癌的诊断具有重要的临床价值,可明显提高诊断胰腺癌的敏感性和特异性,具有良好的临床应用价值。

## PU-0237

### 烟雾吸入性肺损伤时 Th17/Treg 的免疫失衡

张帆,王成彬

中国人民解放军总医院检验中心

**目的** Th17/Treg 平衡在炎症反应中具有重要的作用。本文探讨 Th17/Treg 失衡在黑火药烟雾所致大鼠肺损伤中的致病作用。

**方法** 将健康成年雄性 Wistar 大鼠 20 只随机分为正常对照组(Con 组)、吸入性肺损伤组(ALI 组),每组 10 只。使用自制发烟装置建立大鼠吸入性肺损伤模型。24 h 后检测两组大鼠肺微血管通透性的标志包括肺湿/干重比(W/D)和支气管肺泡灌洗液(BALF)中的蛋白含量,中性粒细胞聚集和激活的标志(肺组织髓过氧化物酶(MPO)活性),BALF 中细胞计数及白细胞分类计数,观察肺组织的大体及病理学改变,并用流式细胞仪分析外周血 Th17/Treg 细胞的表达,Luminex 液相芯片自动检测系统分析 IL-17A, IL-6, IL-23, TGF- $\beta$ , IL-10, IL-2, IL-35。

**结果** ALI 组肺 W/D、BALF 蛋白含量、MPO 活性、细胞计数显著高于 Con 组( $P<0.05$ )。ALI 组大鼠 BALF 的中性粒细胞、淋巴细胞、巨噬细胞均大于 Con 组( $P<0.05$ )。光镜下可见 Con 组大鼠肺泡结构完整、清晰,肺泡腔干净,肺泡间隔均匀一致,间质无炎细胞浸润;烟雾吸入后 24 h 的 ALI 组大鼠肺泡间隔增厚,腔内可见渗出,肺泡间质可见炎细胞浸润。Th17 细胞在 ALI 组的比例高于 Con 组( $P<0.05$ );Treg 细胞在 ALI 组的比例低于 Con 组( $P<0.05$ )。ALI 组大鼠血清中 Th17 细胞相关的细胞因子 IL-17A, IL-6, IL-23, TGF- $\beta$  含量显著高于 Con 组( $P<0.05$ );ALI 组大鼠血清中 Treg 细胞相关的细胞因子 IL-10, IL-2, IL-35 显著低于 Con 组( $P<0.05$ )。ALI 组大鼠 BALF 中 Th17 细胞相关的细胞因子 IL-17A, IL-6, IL-23, TGF- $\beta$  与 Treg 细胞相关的细胞因子 IL-10, IL-2, IL-35 均呈现出相同的变化趋势。

**结论** Th17/Treg 失衡在黑火药烟雾所致大鼠肺损伤中可能具有一定致病作用。

## PU-0238

### 氯沙坦通过对 Th1/Th2/Th17 平衡的免疫调节作用减轻大鼠烟雾吸入性肺损伤的炎症反应

张帆,王成彬

中国人民解放军总医院检验中心

**目的** 本文探讨氯沙坦(Los)能否通过对 Th1/Th2/Th17 平衡的免疫调节作用而减轻黑火药烟雾所致大鼠肺损伤的炎症反应。

**方法** 将健康成年雄性 Wistar 大鼠 40 只随机分为正常对照组(Con 组)、氯沙坦空白组(Los 组)、吸入性肺损伤组(ALI 组)、氯沙坦治疗组(ALI+Los 组),每组 10 只。使用自制发烟装置建立大鼠吸入性肺损伤模型,Los 组和 ALI+Los 组均按 15mg/kg 剂量在烟雾吸入后 30min 行腹腔注射;Con 组、ALI 组行腹腔注射生理盐水(12ml/kg)。24 h 后检测各组大鼠肺血管通透性的标志包括肺湿/干重比(W/D)和支气管肺泡灌洗液(BALF)中的蛋白含量,肺组织髓过氧化物酶

(MPO)活性, BALF 中细胞计数及白细胞分类计数, 观察肺组织的大体及病理学改变, 并用流式细胞仪分析外周血 Th1/Th2/Th17 细胞的表达。

**结果** ALI 组肺 W/D、BALF 蛋白含量、MPO 活性、细胞计数显著高于 Con 组、Los 组。ALI+Los 组肺 W/D、BALF 蛋白含量、MPO 活性、细胞计数显著低于 ALI 组。ALI 组的中性粒细胞、淋巴细胞、巨噬细胞均大于 Con 组、Los 组。ALI+Los 组中性粒细胞、淋巴细胞明显低于 ALI 组, 但是 ALI+Los 组巨噬细胞与 ALI 组比较差异无统计学意义。光镜下可见 Con 组、Los 组大鼠肺泡结构完整、清晰, 肺泡腔干净, 肺泡间隔均匀一致, 间质无炎细胞浸润; 烟雾吸入后 24 h 的 ALI 组大鼠肺泡间隔增厚, 腔内可见渗出, 肺泡间质可见炎细胞浸润; ALI+Los 组肺组织水肿及肺泡间质炎性细胞浸润程度均较 ALI 组减轻。Th1 细胞在 ALI 组的比例低于 Con 组、Los 组; Th1 细胞在 ALI+Los 组的比例高于 ALI 组。Th2 细胞在 ALI 组的比例高于 Con 组、Los 组; Th2 细胞在 ALI+Los 组的比例低于 ALI 组。Th17 细胞在 ALI 组的比例高于 Con 组、Los 组; Th17 细胞在 ALI+Los 组的比例低于 ALI 组。

**结论** 氯沙坦通过对 Th1/Th2/Th17 平衡的免疫调节作用对黑火药烟雾所致大鼠肺损伤发挥保护作用。

## PU-0239

# 达比加群酯在非瓣膜性房颤抗凝治疗中基因多态性的研究进展

张帆, 王成彬

中国人民解放军总医院检验中心

**目的** 达比加群酯是一种新型非肽类直接凝血酶原抑制剂, 主要用于预防非瓣膜性房颤病人血栓性疾病。达比加群酯具有诸多优势, 其出血风险较华法林减少约 20%。但是达比加群酯同华法林一样, 也存在个体差异。基因多态性对达比加群酯抗凝治疗的影响可能包括药物代谢及药物动力学两方面。CES1 和 ABCB1 等位基因多态性与达比加群酯血药浓度相关, CES1 SNP rs2244613 与谷浓度及出血事件相关, 携带该等位基因的人群有较低的出血风险, 因此 CES1 SNP rs2244613 是达比加群酯临床出血风险的决定因素。因此, 基因多态性分析能更好地提高达比加群酯的疗效及安全性, 实现个体化治疗。

**方法** 达比加群酯是一种新型非肽类直接凝血酶原抑制剂, 主要用于预防非瓣膜性房颤病人血栓性疾病。达比加群酯具有诸多优势, 其出血风险较华法林减少约 20%。但是达比加群酯同华法林一样, 也存在个体差异。基因多态性对达比加群酯抗凝治疗的影响可能包括药物代谢及药物动力学两方面。CES1 和 ABCB1 等位基因多态性与达比加群酯血药浓度相关, CES1 SNP rs2244613 与谷浓度及出血事件相关, 携带该等位基因的人群有较低的出血风险, 因此 CES1 SNP rs2244613 是达比加群酯临床出血风险的决定因素。因此, 基因多态性分析能更好地提高达比加群酯的疗效及安全性, 实现个体化治疗。

**结果** 达比加群酯是一种新型非肽类直接凝血酶原抑制剂, 主要用于预防非瓣膜性房颤病人血栓性疾病。达比加群酯具有诸多优势, 其出血风险较华法林减少约 20%。但是达比加群酯同华法林一样, 也存在个体差异。基因多态性对达比加群酯抗凝治疗的影响可能包括药物代谢及药物动力学两方面。CES1 和 ABCB1 等位基因多态性与达比加群酯血药浓度相关, CES1 SNP rs2244613 与谷浓度及出血事件相关, 携带该等位基因的人群有较低的出血风险, 因此 CES1 SNP rs2244613 是达比加群酯临床出血风险的决定因素。因此, 基因多态性分析能更好地提高达比加群酯的疗效及安全性, 实现个体化治疗。

**结论** 因此, 基因多态性分析能更好地提高达比加群酯的疗效及安全性, 实现个体化治疗。

## PU-0240

## Puerarin attenuates smoke inhalation injury by regulation of Th1/Th2 expression and inhibition of Th17 cells in rats

Fan Zhang, Chengbin Wang  
Chinese People's Liberation Army General Hospital

**Objective** Puerarin, a kind of traditional Chinese medicine, possesses immunomodulatory property. However, the immunomodulatory effects of puerarin on smoke inhalation injury have not been determined. The aim of the current study was to investigate the therapeutic efficacy of puerarin on gunpowder smog-induced acute lung injury in rats via regulation of Th1/Th2/Th17 expression.

**Methods** Wistar rats were equally randomized to four groups (normal control group, puerarin control group, smoke inhalation injury group, puerarin treatment plus smoke inhalation injury group). The severity of lung injury was evaluated by histopathology, myeloperoxidase (MPO) activity in lung homogenates, cell counting in bronchoalveolar lavage fluid (BALF), and lung vascular permeability parameters including lung wet to dry weight ratio and protein concentration in BALF. Flow cytometry was used to analyze the expression of Th1/Th2/Th17 lymphocytes in blood of rats.

**Results** Puerarin showed significant therapeutic effects against neutrophil infiltration and tissue injury, as evidenced by histopathological findings and MPO activity. Lung vascular permeability was also relieved by puerarin administration. Additionally, puerarin significantly decreased the number of neutrophils and lymphocytes in BALF compared with smoke inhalation injury group. Furthermore, puerarin increased Th1 immunity and reduced Th2 and Th17 responses and thereby altering the Th1/Th2/Th17 imbalance induced by smoke inhalation.

**Conclusions** Our findings suggested that puerarin suppressed inflammatory responses in gunpowder smog-induced acute lung injury by regulation of Th1/Th2/Th17 expression, and may be a potential therapeutic agent for smoke inhalation injury.

## PU-0241

## 2014-2016 年河南儿童感染肺炎链球菌 耐药性分析

孙静静  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 了解河南地区 2014 年-2016 年儿童肺炎链球菌流行及耐药情况。

**方法** 回顾分析 2014 -2016 连续三年河南地区四家医院从临床感染患儿标本中检出肺炎链球菌的分布特征及耐药情况。

**结果** 共分析 1787 株肺炎链球菌, 在革兰阳性菌中检出率为 17.4%, 对青霉素、头孢噻肟、头孢吡肟、头孢曲松、左氧氟沙星、利福平耐药率比较低, 分别为 4.6%、0.5%、0.8%、1.3%、2.5%、1.8%。耐药率在 95% 以上的药物有阿奇霉素、红霉素、克林霉素, 另外四环素和复方新诺明耐药率也较高, 分别为 76.9%、57.9%。

**结论** 青霉素仍可作为治疗普通肺炎链球菌感染的首选药物; 三代四代头孢菌素可用于肺炎链球菌感染经验性用药及青霉素非敏感的肺炎链球菌治疗; 红霉素、克林霉素的耐药率极高, 不适合肺炎链球菌的治疗; 未发现万古霉素非敏感菌株。

## PU-0242

## 第四代 HIV 抗原抗体筛查试剂在 HIV 和 AIDS 感染诊断中的应用价值

张磊

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂在不同人群中筛查 HIV/AIDS 感染的诊断价值。

**方法** 应用第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂作为初筛方法, 对我院 2017 年 5 月-2018 年 5 月术前筛查、自愿咨询检测和临床就诊申请 HIV 初筛检测的 185843 个病人进行检测。对于初筛阳性的病人按照《全国艾滋病检测技术规范》(2015 年修订版) 筛查流程进行补充试验(HIV 抗体确证试验和 HIV-1 核酸检测), 根据最终结果判断第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂在不同人群中的诊断效率。

**结果** 185843 个病人标本经第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂初筛检测, 共发现阳性样本 406 个, 根据抗体复检结果进一步进行 HIV 抗体确证试验和 HIV-1 核酸检测, HIV/AIDS 感染病例数 307 人, 不确定病例数 36 人, 阴性病例数 63 人。确证阳性率为 75.62%。不确定病人经过进一步随访及结合 HIV-1 核酸检测, 共发现转阳病例 5 例, 阴性病例 26 例, 5 人失访。随访有效性 86.11%。经分析, HIV/AIDS 感染病例(确证或核酸结果) 人群第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂 COI 值为  $867.89 \pm 489.98$ , 主要分布在呼吸科、感染科、皮肤科及艾滋病自愿咨询门诊、发热门诊等, 而 HIV/AIDS 感染阴性病人 COI 值为  $5.81 \pm 3.67$  ( $P < 0.05$ ), 主要分布在妇产科、肾透析门诊及生殖门诊。

**结论** 第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂在低危人群如孕产妇、透析病人等中假阳性率较高, 在呼吸道感染、皮肤科、消化科及发热门诊等人群中可发现 HIV 急性期感染, 诊断价值较高。不同人群中第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂筛查 HIV/AIDS 感染的诊断效率差异较大。

## PU-0243

## 电化学发光法和化学发光法检测四种肿瘤标志物的比较

丁慧, 郭菲, 高艳红

解放军总医院第一医学中心

**目的** 采用化学发光和电化学发光两种方法分别对 CEA、AFP、CYFRA211、FEER 四种肿瘤标记物检测的结果进行比较, 探讨化学发光免疫法在检测上述肿瘤标志物中的可靠性。

**方法** 在长光华医全自动发光免疫分析仪 AE-180 上, 对实验结果进行精密度评价、相关性比较。根据美国临床标准化委员会 EP9-A2 文件要求, 收集临床患者血清样本, 利用 AE-180 分析仪、罗氏 cobas8000 分析仪分别对其 CEA、AFP、CYFRA211、FEER 四种肿瘤标记物进行检测, 并对实验结果进行精密度评价、相关性比较。

**结果** 依据美国 CLIA'88 能力验证计划的分析质量要求, 批内重复性  $< 5\%$ , 日间重复性  $< 5\%$ , 总重复性  $< 6.67\%$ ; 两种方法学的  $R^2 > 0.95$ 。

**结论** 依据美国 CLIA'88 能力验证计划的分析质量要求, 两种方法学有较好的相关性, 符合临床应用需求。

## PU-0244

## Overestimated discriminatory power of MALDI-TOF mass spectrometry for typing of carbapene-resistant *Klebsiella pneumoniae* clone.

Fei Jiang,Ziyan Kong,Haiquan Kang,Bing Gu,Ping Ma

Department of Laboratory Medicine, The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** Homology surveillance of carbapenems resistant *K. pneumoniae* (CRKP) is critical to prevent outbreaks of nosocomial infections. In the present study, a MALDI-TOF MS-based method was evaluated as a rapid method for typing CRKP isolated from children in comparison to Pulsed field gel electrophoresis (PFGE) and multiple locus sequence typing (MLST).

**Methods** Carbapenem resistance of 26 non-duplicate *K. pneumoniae* strains was screened using the imipenem and meropenem disk and confirmed by minimum inhibitory concentrations (MICs). Drug resistance genes were detected by PCR and sequencing. Pulsed field gel electrophoresis (PFGE), multiple locus sequence typing (MLST) and MALDI-TOF MS were performed to classify these strains. Simpson's Index of Diversity (DI) was used for evaluating the taxonomic diversity, Adjusted Rand Index (ARI) for congruence between the various typing methods and Wallace coefficients (W) for the ability to predict each other.

**Results** 26 CRKP strains of 12 sequence types (STs) produced either NDM-1( $n = 16$ ), NDM-5 ( $n = 9$ ) or KPC-2 ( $n=1$ ). PFGE differentiated 26 CRKP strains into 12 distinct PFGE types and of which 14 strains isolated from the same department showed a similarity coefficient of 93.3% and were all assigned to ST337. However, MALDI-TOF MS showed that no clearly delineated clusters appeared on dendrograms based on either the complete spectra or the significant peaks. PCA-based and MSP-based clustering were low congruence with PFGE (ARImix=0.188, 95%CI, 0-0.513 and ARImix=0.312, 95%CI, 0-0.392 respectively) and poor predictors of PFGE type (W MALDI-TOF→PFGE mix=0.373, 95%CI, 0.121-0.625 and W MALDI-TOF→PFGE mix =0.338, 95%CI, 0.112-0.563 respectively).

**Conclusions** MLST showed strong discriminatory power with high congruence in comparison to PFGE. In contrast, MALDI-TOF MS has a low discriminatory power to distinguish clone strains from others and it cannot provide the high resolution for typing of CRKP.

## PU-0245

## 恶性黑色素瘤骨髓侵犯形态学报告 1 例并文献复习

潘玉玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过病例报道及文献复习，提高对恶性黑色素瘤骨髓侵犯的形态学认识

**方法** 报道 1 例恶性黑色素瘤的临床特征、实验室检查等临床资料，并进行文献复习

**结果** 该例鼻腔黑色素瘤，行骨髓细胞学检查。发现肿瘤细胞累及骨髓，细胞形态与一般的黑色素瘤细胞形态有所差别

**结论** 恶性黑色素瘤细胞有时并不典型，需结合病人病史考虑。骨髓细胞形态学检查对疾病诊断予以帮助。同时辅以病理检查明确诊断。

## PU-0246

## 中性粒细胞/淋巴细胞比值在甲、乙型流感病毒感染患者预测价值分析

张宁,陈葳

The first Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University

**目的** 探讨中性粒细胞/淋巴细胞比值（NLR）在甲型、乙型流感病毒感染患者预测价值

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 2 月我院检测的 14828 例疑似流感病毒感染的患者，其中甲型流感 3425 例，乙型流感 326 例，甲型和乙型流感同时阳性 7 例，同时选取 150 例健康体检者作为对照。比较 WBC、NC、LC、NLR、CRP 和 PLT 在三组中的表达差异。收集甲型、乙型流感病毒感染患者的临床和实验室资料，统计分析各指标的差异，并采用 ROC 曲线分析 WBC、NC、LC、NLR 对甲型、乙型流感病毒感染患者的诊断和预测价值

**结果** 14828 例标本中甲型流感病毒阳性占 23.10%，乙型流感病毒阳性占 2.20%。甲型流感和乙型流感 WBC、NC、NLR 均高于健康对照组，LC 均低于健康对照组，甲型流感、乙型流感和健康对照组各组之间比较 NC、LC、NLR 差异均有统计学意义（ $p < 0.05$ ），白细胞计数乙型流感组与健康对照组比较差异无统计学意义（ $p > 0.05$ ），甲型流感组 CRP 高于乙型流感组，差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ），甲型流感、乙型流感和健康对照组 PLT 比较差异无统计学意义（ $p > 0.05$ ）。甲型流感患者各年龄组相比，A 组和 B 组，A 组和 C 组之间 WBC、NC、LC、NLR、CRP、PLT 差异均有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。B 组和 C 组 WBC、NC、LC、NLR 比较差异无统计学意义（ $p > 0.05$ ），CRP、PLT 差异均有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。NLR 预测甲型流感曲线下面积为 0.76，LC 预测甲型流感曲线下面积为 0.75。NLR 预测甲型流感临界值为 3.12（灵敏度 57.13%，特异度 95.33%），LC 预测甲型流感临界值为 1.22（灵敏度 53.33%，特异度 94.00%）。NLR 预测乙型流感曲线下面积为 0.68，LC 预测乙型流感曲线下面积为 0.72。NLR 预测乙型流感临界值为 3.12（灵敏度 47.24%，特异度 95.33%），LC 预测乙型流感临界值为 1.34（灵敏度 54.60%，特异度 87.33%）。

**结论** NLR 作为一种独立预测流感患者的生物标志物，尽管其无法完全反映流感患者体内的炎症状态和免疫平衡状态，但其升高对预测甲型、乙型流感阳性患者具有重要的临床价值，能够为流感患者的预后管理提供理论依据。

## PU-0247

## 化学发光法和 ELISA 法测定乙肝标志物的结果对比分析

李牧

复旦大学附属中山医院青浦分院

**目的** 研究化学发光法与酶联免疫吸附测定法在乙肝两对半检测中的应用

**方法** 选取我院收治的乙肝患者 130 例作为研究对象，分别化学发光法和 ELISA 法检测乙肝 5 项血清标志物，并对乙肝少见模式的病例结果进行数据分析

**结果** ELISA 法和化学发光法检测 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBcAb 的一致性较好，化学发光法测定的检出率高，更灵敏。在少见模式中，ELISA 法测单独 HBeAb 阳性的 22 例标本中用化学发光法测得 22 例 HBeAb 全部阳性，但其中 4 例 HBsAg 弱阳性，2 例 HBsAb 强阳性，2 例 HBsAb 弱阳性，12 例 HBcAb 阳性，说明化学发光法检出率高。用 ELISA 法测得单独 HBeAg 阳性且 DNA 扩增  $< 500$  拷贝的 8 例标本用化学发光法测得全部阴性

**结论** 化学发光法优于 ELISA 法，但化学发光法 HBeAg 阴性的乙肝感染者还应注意病毒低复制。化学发光法相比 ELISA 能有效防止发生漏诊、误诊。



## PU-0248

## 人工麝香对大鼠心室肌细胞 L-型钙通道的影响

李牧

复旦大学附属中山医院青浦分院

**目的** 研究人工麝香对大鼠心室肌细胞 L-型钙通道的影响,旨在探讨其扩张冠状动脉,抗心绞痛作用的可能机制。

**方法** 应用酶解法分离大鼠心室肌细胞,再利用全细胞膜片钳技术记录心室肌细胞的  $I_{Ca,L}$

**结果** 人工麝香对大鼠心室肌细胞  $I_{Ca,L}$  有浓度依赖性阻断作用,在钳制电位为-50mv,指令电位在+10mv 条件下,人工麝香浓度分别为 5, 15, 25, 50mg/ml 时,其对大鼠心肌细胞  $I_{Ca,L}$  的抑制率分别为: 33.3%, 40.9%, 48.6%, 57.1%

**结论** 人工麝香能浓度依赖性阻断大鼠心肌细胞 L 型钙通道,人工麝香对心室肌细胞  $I_{Ca,L}$  的阻断作用可能是其扩张冠状动脉,抗心绞痛作用的机制之一。

## PU-0249

## 微量肉汤稀释法检测医院无菌部位病原菌的耐药率分析

李牧<sup>1</sup>,胡晓燕<sup>2</sup>

1.复旦大学附属中山医院青浦分院

2.复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 微量肉汤稀释法检测我院无菌部位主要致病菌的耐药性,指导临床合理使用抗菌药物。

**方法** 收集无菌部位中分离的常见致病菌,用微量肉汤稀释法检测其 MIC 值,结果输入 WHONET5.6 软件和 SPSS 软件,并应用 2009 年 (S19) 与 2016 年 (S26) CLSI 文件的折点分析药敏变化。

**结果** 大肠埃希菌超广谱  $\beta$ -内酰胺(ESBLs)产生率为 53.5%,肺炎克雷伯菌为 62.1%。与 S26 折点相比,头孢曲松和头孢噻肟的耐药率明显上升,从 20.7~35.1%上升至 51.4~72.4% ( $P < 0.05$ );耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)分离率为 54.5%;MRSA 对  $\beta$ -内酰胺类以外药物的耐药率明显亦高于 MSSA ( $p < 0.05$ );除红霉素外,屎肠球菌的耐药率均明显高于粪肠球菌 ( $p < 0.05$ );未见对万古霉素耐药葡萄球菌和肠球菌

**结论** 监测和总结本院细菌耐药监测结果,以便更好的指导临床合理用药,指导临床合理使用抗菌药物有重大的意义。

## PU-0250

## 提高门诊桡动脉血气分析的采血一次性成功率

李牧

复旦大学附属中山医院青浦分院

**目的** 提高门诊桡动脉血气分析采血的成功率。

**方法** 采用随机、对照的临床试验设计。将门诊 100 例需桡动脉采血的患者作为研究对象。随机分为两组,各 50 例,对照组采用针筒垂直法进行桡动脉采血,试验组采用一次性动脉采血器进行桡动脉采血。比较 2 组一次穿刺成功率,疼痛程度,动脉血气分析结果的差异性。

**结果** 两种采血方法血气分析结果无明显差异( $P>0.05$ ), 但一次性动脉采血器采血时间短、成功率高, 病人疼痛低( $P<0.01$ ,  $P<0.05$ )

**结论** 使用一次性动脉采血器采集血气分析标本检测数据准确、操作简便、成功率高。

## PU-0251

### 免疫球蛋白及补体在煤工尘肺中的含量及作用分析

贺腊姑,袁华敏,刘艳芝  
湖南省职业病防治院

**目的** 研究煤工尘肺患者血清的免疫球蛋白及补体的含量变化, 为尘肺病的诊断、分期以及防治工作提供帮助。

**方法** 根据《职业性尘肺病的诊断》(GBZ70—2015)诊断标准选取湖南省职业病防治院 300 例不同期别的煤工尘肺病人以及健康体检者 100 例。检测血清中的免疫球蛋白和补体的含量。

**结果** 煤工尘肺病人组与对照组相比, 煤工尘肺患者血清中的免疫球蛋白, 尤其是 IgG 和 IgA 的含量升高, 差异均有统计学意义( $P<0.05$ ); IgG 和 IgA 之间存在正相关且 IgG 和 IgA 随着年龄的增加而增高, IgG 与患病时间呈正相关。

**结论** 煤工尘肺患者血清中存在体液免疫功能亢进, 免疫球蛋白含量升高, 尤其是 IgG 和 IgA 的含量升高对煤工尘肺患者临床诊断、分期、预后以及煤工尘肺发病机制的探讨有一定的意义。

## PU-0252

### SA、SOD、HCY、Cysc 与 2 型糖尿病患者合并肾脏病变时关系的分析

张旭  
解放军总医院

**目的** 分析 II 型糖尿病患者合并肾脏病变时生化、血常规等指标的变化情况, 研究 SA、SOD、HCY、Cysc 等指标与 2 型糖尿病合并肾脏病变发展过程中的联系, 探讨上述指标对该病临床治疗过程中的意义和价值。

**方法** 收集 2013 年 7 月至 2018 年 7 月在解放军总医院住院的 2 型糖尿病患者 449 例, 以及同时期在院进行健康体检的正常人群 73 例, 对上述标本进行一系列的指标分析。

**结果** 疾病组与正常组间 CysC、HCY 差异不具有统计学意义, SOD、SA 差异具有统计学意义; , $ACR\leq 30$  组和  $30<ACR<300$  组比较 SOD、HCY、Cysc 水平具有统计学差异, SA 差异不明显;  $30<ACR<300$  组  $ACR\geq 300$  组比较 CysC, SA、SOD 水平具有统计学差异, HCY 差异不明显;  $ACR\leq 30$  组和  $ACR\geq 300$  组比较具有统计学差异;  $f$  疾病组  $\leq 45$  岁、45-60 岁以及  $\geq 60$  岁三组间 CysC、HCY、SOD 水平差异具有统计学差异, SA 水平差异没有统计学意义, 正常组三组间均无统计学差异。

**结论** 在 2 型糖尿病合并肾脏病变的患者中, SA、SOD、HCY 浓度随着病情的不断发展呈升高趋势, SOD 则呈下降趋势。SA、SOD、HCY、Cysc 具有较大的辅助诊断作用。

## PU-0253

# 血清心脏型脂肪酸结合蛋白、超敏 C 反应蛋白及同型半胱氨酸在脑梗死临床诊断价值中的初步研究

张旭  
解放军总医院

**目的** 探讨血清心脏型脂肪酸结合蛋白(Heart type fatty acid binding protein, hFABP)、超敏 C 反应蛋白(high sensitive C reaction protein hs-CRP)及同型半胱氨酸(homocysteine, Hcy)在脑梗死诊断中的临床价值。

**方法** 采用酶法和免疫比浊法对 44 例慢性组、58 例急性组及 99 例健康对照组 Hcy、hs-CRP 以及 hFABP 水平进行检测分析。

**结果** 统计结果显示,健康对照组、慢性组、急性组三组间血清 Hcy、hs-CRP 及 hFABP 水平均具有统计学差异( $P<0.001$ ),且血清 Hcy、hs-CRP 及 hFABP 水平依次递增。健康对照组、慢性组、急性组三组间两两比较显示,慢性组与急性组的血清 Hcy、hs-CRP 及 hFABP 水平均显著高于健康对照组,并具有统计学差异( $P<0.01$ )。慢性组与急性组比较,急性组血清 Hcy、hs-CRP 及 hFABP 水平显著高于慢性组,且具有统计学差异( $P<0.01$ )。ROC 分析显示,Hcy、hs-CRP、hFABP 单独诊断脑梗死的 ROC 曲线下面积 AUC 分别为 0.799、0.950、0.847;Hcy 的 CUTOFF 值为 12.2  $\mu\text{mol/L}$  时,敏感度为 0.686,特异性为 0.848;hs-CRP 的 CUTOFF 值为 4.75mg/L 时,敏感度为 0.863,特异性为 0.960;hFABP 的 CUTOFF 值为 4.4mg/L 时,敏感度为 0.745,特异性为 0.889。血清 hFABP 与 hs-CRP 联合诊断脑梗死的 ROC 曲线下面积为 0.961,敏感度与特异性分别是 0.931、0.899。相关性分析显示,hFABP 与 Hcy 及 hs-CRP 呈正相关,相关系数  $r$  分别为 0.528 ( $P<0.001$ )、0.629 ( $P<0.001$ )。

**结论** Hcy、hs-CRP 以及 hFABP 对脑梗死有较大的辅助诊断作用;血清 hFABP 与 hs-CRP 联合检测可提高脑梗死诊断效率。

## PU-0254

# 银屑病患者血脂水平分析

张旭  
解放军总医院

**目的** 研究银屑病患者脂代谢紊乱情况,分析不同类型银屑病患者血脂变化特点。

**方法** 将 332 例银屑病患者按临床表现分为脓疱型、寻常型及红皮病型,比较各组间的血脂水平。

**结果** 与对照组相比,银屑病患者 TC、HDL-C、ApoA1 显著降低( $P<0.05$ ),Lp(a)显著升高( $P<0.05$ );脓疱型银屑病患者与寻常型、红皮病型相比,血清 TC、HDL-C、LDL-C 及 ApoA1 均显著降低( $P<0.05$ )。

**结论** 银屑病患者体内存在脂代谢紊乱,且其紊乱严重程度可能与疾病类型有关。

## PU-0255

## 系统性红斑狼疮和系统性硬化症患者血清 及全血微量元素测定

尤旭杰,孙晓麟,栗占国  
北京大学人民医院,100000

**目的** 应用电感耦合等离子体质谱法探究系统性红斑狼疮和系统性硬化症患者血清及全血微量元素钙、铜、铁、镁、锰、锌水平的改变。

**方法** 2018年3月至2018年7月之间收集10例系统性红斑狼疮患者、10例系统性硬化症患者及10例健康人新鲜外周血及血清,应用电感耦合等离子体质谱法对样本中微量元素钙、铜、铁、镁、锰、锌进行检测。应用SPSS 20.0软件对数据进行分析,检验方法采用秩和检验对检测结果进行分析。

**结果** 本研究中系统性红斑狼疮患者,男2人,女8人;系统性硬化症患者男1人,女9人;健康对照男女各5人。从全血微量元素检测中发现,与正常人相比,系统性红斑狼疮( $p=0.414$ )、系统性硬化症患者钙元素水平升高( $p=0.0174$ ),而铜、铁、镁、锰、锌元素的水平患者与正常人无差异。从血清微量元素检测中发现,与正常人相比,系统性红斑狼疮及系统性硬化症患者镁、钙、锰、铜元素水平均升高( $p$ 值均小于0.01),铁元素均减低( $p$ 值均小于0.005)。

**结论** 系统性红斑狼疮、系统性硬化症患者全血微量元素水平除钙升高之外,其他元素水平与正常人相同。但从血清的检测发现,系统性红斑狼疮、系统性硬化症患者镁、钙、锰、铜元素均有升高,铁元素水平减低。近年来研究发现微量元素的改变与自身免疫病的发病及免疫功能相关。本研究中系统性红斑狼疮、系统性硬化症患者血清微量元素水平改变明显,对微量元素水平与自身免疫病的相关性有一定的提示作用,值得进一步进行研究。

## PU-0256

## 荧光定量PCR法与培养法检测解脲 支原体结果比对分析

刘喆,赵强  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过比较荧光定量PCR法(Fluorescence quantitative PCR, FQ-PCR)和培养法在解脲支原体(*Ureaplasma urealyticum*, UU)检测中的符合率,为临床解脲支原体检测方法的选择提供参考依据。

**方法** 收集近期就诊于我院112例患者的生殖道分泌物标本,分别采用荧光定量PCR法与培养法检测UU。

**结果** 在112例标本中,UU培养法阳性53例,阳性检出率47.3%,FQ-PCR法阳性61例,检出率54.5% ( $X^2=1.143$ ,  $P=0.285 > 0.05$ )。61例FQ-PCR法阳性的UU浓度范围  $1.60 \times 10^3$ - $1.04 \times 10^7$  copies/ml,其中  $10^3$  copies/ml 12例(19.7%),  $10^4$  copies/ml 15例(24.6%),  $10^5$  copies/ml 22例(36.1%),  $10^6$  copies/ml 9例(14.7%),  $10^7$  copies/ml 3例(4.9%)。培养法阴性而FQ-PCR法阳性病例9例,FQ-PCR法测定浓度范围  $10^3$ - $10^5$  copies/ml。

**结论** FQ-PCR法检测UU的检出率略高于培养法,两种方法不符合结果的UU测定浓度分布在  $10^3$ - $10^5$  copies/ml之间。

## PU-0257

## 实时荧光定量核酸扩增技术在结核筛查诊断中的应用评价

刘喆,赵强

解放军总医院第一医学中心

**目的** 评价实时荧光定量核酸扩增 (GeneXpert MTB / RIF) 技术对呼吸道标本、组织标本、无菌体液标本等临床常见标本中结核菌和利福平耐药结核菌的筛查诊断效果。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2017 年 12 月就诊于解放军总医院 1015 例 (来自 961 例患者) 呼吸道标本、组织标本或无菌体液标本等, 采用 GeneXpert MTB / RIF 技术进行结核菌鉴定和耐利福平基因的检测。

**结果** 在 1015 例标本中, 结核菌阳性 82 例, 阳性率为 8.08%, 痰 (62/598, 阳性率 10.37%)、肺泡盥洗液 (1/13, 7.69%)、脑脊液 (9/234, 3.85%)、胸水 (3/59, 5.08%)、尿 (3/57, 5.26%)、引流液 (1/3, 3.33%)、组织 (1/7, 14.29%)、腹水 (1/21, 4.76%)、脓液 (1/4, 25.00%) 等标本中结核菌均有检出; 82 例结核菌阳性标本中利福平耐药 7 例, 耐药率为 8.54%, 其中 6 例探针 E 未检出, 1 例探针 B 未检出。共有 515 例标本同时送检 GeneXpert MTB / RIF 和抗酸涂片染色两种方法, 其中 GeneXpert MTB / RIF 阳性率 9.51%, 抗酸涂片检测阳性率 2.72% ( $p < 0.05$ )。

**结论** GeneXpert MTB / RIF 技术可用于临床常见标本中结核菌和利福平耐药结核菌的筛查诊断, 且该方法快速、简便、自动化程度高, 有较好的临床应用和推广价值。

## PU-0258

## 多粘菌素抗性基因 mcr-1 大肠埃希菌的相关回顾性研究

赵乾,张樱

解放军总医院第一医学中心

**目的** 回顾性分析 9 年中携带多粘菌素抗性基因 mcr-1 的大肠埃希菌菌株分布特点及耐药性变迁, 为临床治疗大肠埃希菌感染提供依据。

**方法** 收集 2009 年至 2017 年医院临床分离的大肠埃希菌, 细菌鉴定采用法国梅里埃 VITEK MS 质谱仪, 使用 mcr-1 特异引物序列对大肠埃希菌的 DNA 模板进行 PCR 扩增, 并通过测序和比对确定其是否携带 mcr-1 耐药基因, 药物敏感性试验采用 VITEK-2 COMPACT 全自动细菌鉴定药敏仪, 结果判定按照 CLSI 标准, 数据分析采用 EXCEL 软件处理。

**结果** 共分析大肠埃希菌 16700 株, mcr-1 基因阳性菌株数为 143 株, 除 2013 年外, 其他年份分离株数和分离率呈逐年上升趋势, 主要来源于尿液标本, 占 46.9%。携带 mcr-1 的大肠埃希菌对 17 种抗菌药物的耐药率无明显增加趋势, 其中以环丙沙星和左氧氟沙星耐药率上升较明显, 从 75% 上升至 >93%。不同标本来源的大肠埃希菌对 17 种抗菌药物的耐药率略有不同, 其中胆汁标本对 17 种抗菌药物耐药率最高, 而尿标本对 17 种抗菌药物有较高的敏感性, 对亚胺培南耐药的大肠埃希菌仅有 3 株, 不同标本对哌拉西林、哌拉西林/他唑巴坦、四环素、妥布霉素、亚胺培南、厄他培南、呋喃妥因有较高的敏感性。

**结论** 质粒介导的粘菌素耐药基因 mcr-1 阳性的大肠埃希菌对除多粘菌素外其他抗菌药物有较高的敏感性, 连续监测器来源分布和耐药变迁, 对指导临床合理用药和感染控制具有重要的意义。

## PU-0259

## 北京地区人群中 HLA-B\*5801 基因的检出情况

赵强  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京地区人群 HLA-B\*5801 的基因检出情况, 探讨筛查 HLA-B\*5801 基因的必要性。  
**方法** 收集 2018 年 10 月-2019 年 3 月于我院就诊的 494 例患者静脉血标本, 采用实时荧光 PCR 法检测 HLA-B\*5801 基因。  
**结果** 494 例患者中, 男性 401 例, 女性 93 例, 年龄 15-95 岁, HLA-B\*5801 基因阳性 37 例, 检出率 7.49%。  
**结论** 北京地区人群中 HLA-B\*5801 基因检出率较高, 因此需服用别嘌醇的患者在用药前有必要进行 HLA-B\*5801 基因筛查。

## PU-0260

## 北京地区人群中 CYP2C19 基因多态性分析

赵强  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京地区人群 CYP2C19 基因多态性, 探讨 CYP2C19 基因多态性检测的必要性。  
**方法** 收集 2018 年 10 月-2019 年 3 月于我院就诊的 250 例患者静脉血标本, 采用实时荧光 PCR 法检测 CYP2C19 基因多态性。  
**结果** 250 例患者中, 男性 152 例, 女性 98 例, 年龄 16-91 岁, CYP2C19 \*1/\*1 快代谢类型 96 例, CYP2C19 \*1/\*2 中代谢类型 109 例, CYP2C19 \*1/\*3 中代谢类型 19 例, CYP2C19 \*2/\*2 慢代谢类型 18 例, CYP2C19 \*2/\*3 慢代谢类型 8 例, 未检出 CYP2C19 \*3/\*3 慢代谢类型。  
**结论** 北京地区人群中 CYP2C19 具有较高的基因多态性, 以 CYP2C19 \*1/\*1 快代谢类型和 CYP2C19 \*1/\*2 中代谢类型为主, 患者在用药前有必要进行 CYP2C19 基因多态性检测。

## PU-0261

## IgG4 相关性眼病误诊为炎性假瘤病 1 例

卢兴兵  
四川大学华西医院,610000

**目的** 分析以眼部炎性假瘤首发临床误诊为 IgG4 相关眼病病例, 探讨 IgG4 相关疾病的临床特点及其治疗方法  
**方法** 分析 IgG4 相关性眼病患者临床表现, 综合组织病理活检、影像学检查、实验室检查及患者对术后激素治疗的应答以及长期观察等因素。  
**结果** IgG4-ROD 是以血清高水平 IgG4 为最重要的血清学特征, 敏感性高, 具有较高的诊断价值。本病需长期使用糖皮质激素综合治疗, 均有较好的激素治疗应答, 临床症状和器官功能均可得到改善, IgG4 和 GLB 水平呈逐渐下降  
**结论** 以眼眶假瘤占位为首发的 IgG4-ROD 报道并文献复习, 以此增加对该病的认识, 提高临床对 IgG4-ROD 的高度警惕和诊治, 及时诊断, 避免不必要的手术, 减少误诊及漏诊。

PU-0262

## PLR、NLR 参数联合肿瘤标志物在非小细胞肺癌诊断中的价值

卢兴兵,江虹,陈捷,曾素根,谢轶

四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨血小板与淋巴细胞比值(PLR)、中性粒细胞与淋巴细胞比值(NLR)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)、细胞角蛋白 19 片段(Cyfra21-1)和癌胚抗原(CEA)联合检测在非小细胞肺癌(NSCLC)患者辅助诊断中的临床价值。

**方法** 收集我院 364 例 NSCLC 患者为研究组,同期收集 209 例良性肺部疾病患者者为对照组,通过血常规分析仪和电化学发光法检测两组的 PLR、NLR、NSE、Cyfra21-1 和 CEA 五项参数并比较。

**结果** NSCLC 患者的五项参数结果均高于肺部良性疾病患者( $P<0.05$ );肺鳞癌 PLR 和 Cyfra21-1 结果显著高于腺癌,CEA 在肺腺癌中的结果高于鳞癌( $P<0.05$ );NSE、Cyfra21-1 和 CEA 在临床 III/IV 期的含量均高于 I/II 期,五项指标在 T3&T4 期的结果高于 T1&T2 期;Logistic 回归分析五项参数均与 NSCLC 具有一定相关性,五项指标联合检测对 NSCLC 诊断的 ROC 曲线下面积最大(0.829),且联合检测敏感性和准确性均最高,显著大于任何单项指标,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),但特异性有所降低,与其他单项比较差异有统计学意义表( $P<0.05$ )。

**结论** PLR、NLR、NSE、Cyfra21-1 和 CEA 五项参数在 NSCLC 中高表达,且与临床病理和 TNM 分期具有一定相关性。联合检测可显著提高 NSCLC 辅助诊断的诊断效能、灵敏度、准确性和阳性率,同时可为 NSCLC 的早期诊断、治疗评估和预后监测提供一定的临床依据。

PU-0263

## 胸腔积液 NSE、Cyfra21-1、CEA 和 Ferritin 检测对非小细胞肺癌的诊断价值

卢兴兵,江虹,陈捷,曾素根

四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨胸水中 NSE、Cyfra21-1、CEA 和 Ferritin 在原发性非小细胞肺癌恶性胸腔积液患者的诊断价值。

**方法** 筛选 161 例非小细胞肺癌伴恶性胸水患者为恶性胸腔积液组,同时选取 98 例肺良性疾病所致的良性胸水患者为良性胸腔积液组,采用电化学发光法检测良、恶性胸水中的 4 种肿瘤标志物水平。

**结果** 非小细胞肺癌(NSCLC)患者伴恶性胸水的 4 种肿瘤标志物水平明显高于良性胸腔积液( $P<0.05$ );CEA 在腺癌含量明显高于肺鳞癌;T1&T2 期的 CEA、NSE 和 Cyfra21-1 水平均明显低于 T3&T4 期,CEA 和 Cyfra21-1 在 N<sub>0</sub>&N<sub>1</sub> 中的水平明显低于 N<sub>2</sub> &N<sub>3</sub> 期;胸水 4 种肿瘤标志物联合检测在诊断 NSCLC 合并恶性胸水中的 ROC 曲线下面积最大,联合诊断效能、阳性率和敏感度均显著增高( $P<0.05$ )。

**结论** 胸水 4 种肿瘤标志物在 NSCLC 合并恶性胸水患者中呈异常高水平表达,联合检测能显著提高 NSCLC 伴恶性胸水与良性胸水间的鉴别诊断、灵敏度、准确性和阳性率,有助于提高临床诊断非小细胞肺癌的诊断价值。

## PU-0264

## 羊水代谢组学在早产母胎医学中的研究进展

刘晓婷

解放军总医院第一医学中心

**目的** 对羊水代谢组学在早产母胎医学中的研究进展进行综述。

**方法** 文献查阅

**结果** 羊水作为一种生物液体，其代谢运输受胎盘，渗透性肌肤，胎儿肺渗出液与胃液等共同调节，可以同时反映母亲与胎儿的健康状况。因此，可以将羊水作为一项主要的孕早期诊断筛查的目标物。本文综述了早产羊水代谢组学的研究进展，研究与病理发生相关的羊水代谢组学有望发现新型的生物标记物，加快妊娠相关疾病的预测及发病机制的阐释，对妊娠相关疾病的防治和母婴预后具有重要意义。

**结论** 代谢组学是一种新型无创的研究方法。代谢组学研究发现：母亲、胎盘和胎儿之间存在复杂而紧密的相互作用。将代谢组学的方法应用于母胎医学研究，筛选有意义的生物标记物，有望实现妊娠相关疾病的预测及发病机制的阐释，从而对指导妊娠相关疾病的防治和改善母婴预后发挥重要作用。

## PU-0265

## 11 年间脑脊液标本培养病原菌分布特点与耐药性分析

李丰田

解放军总医院第一医学中心

**目的** 总结 2007 年 1 月-2017 年 12 月解放军总医院患者的脑脊液培养病原菌分布特点及其耐药性，为临床颅内感染的治疗与合理用药提供依据

**方法** 统计脑脊液标本培养的病原菌的种类、数量、抗菌药物药敏结果，并分类分析 2007 年 1 月-2017 年 12 月间病原菌的流行特点和药敏情况。

**结果** 11 年间脑脊液培养共检出 759 株病原菌，主要分布神经外科 337（44.4%），外科监护室 135（17.79%），神经内科 95（12.5%），培养出的革兰阳性菌 579 株占 76.28%、革兰阴性菌 180 株占 23.72%；其中凝固酶阴性葡萄球菌、肠球菌属、鲍曼不动杆菌、大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌为主要病原菌，分别占 40.97%，7.77%，7.38%，3.16%，3.03%，2.65%；凝固酶阴性葡萄球菌、金黄色葡萄球菌对万古霉素和利奈唑胺的耐药率均为 0%，肠球菌属对万古霉素出现了耐药株；耐甲氧西林的凝固酶阴性葡萄球菌耐药率达到 64.5%，耐甲氧西林金黄色葡萄球菌耐药率达到 46.2%，鲍氏不动杆菌对头孢唑林、呋喃妥因、头孢哌酮的耐药率均为 100%；肺炎克雷伯菌对厄他培南的耐药率为 33.3%，亚胺培南耐药率为 17.4%、美洛培南耐药率 11.1%。真菌对抗真菌药物氟康唑和伊曲康唑出现了耐药性。

**结论** 11 年间颅内感染病原菌以革兰阳性菌和革兰阴性菌为主，阳性菌多于阴性菌且各类菌出现了不同程度耐药性，应根据药敏试验结果选择合适的抗菌药物。



## PU-0266

## 五种采血管对生化检查项目结果的对比及替代性分析

孙文苑

北京大学第三医院,100000

**目的** 探讨肝素锂、枸橼酸钠、EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血浆对生化检验结果的影响, 以及快速凝固采血管代替分离胶管和血液透析病人使用的肝素锂抗凝管在生化检验中的可行性。

**方法** 对比测定 20 例快速凝固采血管血清和普通分离胶管血清的心肌损伤标志物 (cTnT、MYO、NT-proBNP、CKMB mass)、降钙素原 (PCT) 和 44 项常规生化指标, 测定 20 组肝素锂抗凝、枸橼酸钠抗凝、EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血浆和血清标本的 44 项生化指标。

**结果** 快速凝固采血管血清与分离胶管血清的心肌损伤标志物和降钙素原差异无统计学意义 ( $p>0.05$ ), 44 项常规生化项目中, ALB、PAB、LDH、 $\alpha$ -HBDH、CK、BUN、UA、TG、Mg、LDL、ApoA<sub>1</sub>、Na<sup>+</sup>、 $\beta$ 2-Mg 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 但结果相关性好 ( $r$  值最大 0.999, 最小 0.852); 血浆与血清结果对比, 肝素锂抗凝 (绿帽) 管中 ALT、ALP、TP、ALB、CHE、PAB、P、TG、LDL、ApoA<sub>1</sub>、Glu、UIBC、ADA、TSGF、K<sup>+</sup>、CO<sub>2</sub>、C1q、LAP、UA、Lp(a)、Fe<sup>2+</sup>、CysC、CH50、LDH、CK-MB 差异有统计学意义, 但结果相关性好 ( $r$  值最大 0.999, 最小 0.898), 枸橼酸钠 (蓝帽) 管中 Glu、Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup> 等 42 项差异有统计学差异, EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝 (紫帽) 管中 ALP、r-GT、LAP 等 29 项结果差异有统计学意义。

**结论** 快速凝固采血管能缩短离心分离前的静置时间, 可以代替分离胶管在生化检测中使用; 绿帽管能避开血液凝固过程, 缩短标本预处理时间, 适用于急诊、凝血功能异常和血液透析患者, 但是快速凝固采血管可以替代绿帽管用于透析患者的生化检测; 蓝帽管和紫帽管血浆不适用于生化检查。

## PU-0267

## 536 株无乳链球菌感染的分布与耐药性分析

李丰田

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨解放军总医院 2014 年 1 月-2017 年 12 月无乳链球菌的分布特点及其耐药性, 为临床预防无乳链球菌感染及合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析临床标本中分离到的不同患者不同部位的无乳链球菌来源、感染科室分布及耐药状况。采用 VITEK 2 进行药敏试验, WHONET 5.6 软件分析药敏试验结果。

**结果** 4 年间共检出 536 株无乳链球菌, 不同标本类型间尿标本检出率最高, 占 50.74%, 其次是阴道拭子、宫颈分泌物; 分布前四位科室分别为妇产科门诊 107 株 (19.96%), 泌尿外科门诊 85 株 (15.85%), 肾科门诊 67 株 (12.5%), 产科病区 53 株 (9.89%)。无乳链球菌对四环素的耐药率最高为 69.3%, 其次是喹诺酮类药物, 耐药率都达到了 50% 以上, 对氨苄西林、利奈唑胺、万古霉素、青霉素 G、头孢呋辛、头孢噻肟的敏感率都达到了 100%。并且 2014 到 2017 年间耐药率总体呈逐年上升趋势。

**结论** 临床应重视对无乳链球菌的筛查, 加强耐药性监测, 合理用药, 治疗无乳链球菌感染首选青霉素 G 和氨苄西林。

PU-0268

## 三种少见柠檬酸杆菌的临床分布及耐药性

明德松,陈清清,陈晓婷,林玉玲  
泉州市第一医院,362000

**目的** 研究三种少见柠檬酸杆菌,布氏柠檬酸杆菌(*Citrobacter. braakii*, Cb),克氏柠檬酸杆菌(*Citrobacter. koseri*, Ck),无丙二酸柠檬酸杆菌(*Citrobacter. Amalonaticus*, Ca)的临床分布情况及其耐药性。

**方法** 收集我院 1998 年至 2015 年临床分离的三种少见柠檬酸杆菌共 44 株(Cb 12 株, Ck 22 株, Ca 10 株),进行标本、分离时间、临床科室分布和 18 种常用抗菌药物的耐药率等统计分析。

**结果** 本组菌的标本分布以痰为主, Cb 痰标本显著高于尿标本( $P=0.031$ ); Cb、Ck 分别主要分布于 2009 年、2013 年; Cb 与 Ck 主要分布于外科;不同菌种柠檬酸杆菌耐药程度差别较高, Cb 对  $\beta$ -内酰胺类(青霉素, 头孢菌素), 喹诺酮类, 磺胺类和四环素类耐药程度高; Ck 和 Ca 耐药程度均较低, 仅对青霉素类和第一代头孢菌素有一定程度的耐药; Cb 与其他两种菌在喹诺酮类、磺胺类、头孢他啶、头孢噻肟的耐药性均存在显著性差异( $P<0.05$ ); 对碳青霉烯类, 氨基糖苷类差异不显著( $P>0.05$ )。

**结论** 本院分离出的三种少见柠檬酸杆菌标本分布以痰为主, 在分离年份、科室分布、耐药性存在差异; Cb 对各种抗生素耐药性较高且多为多重耐药菌, Ca 与 Ck 对多数抗生素低耐药性。

PU-0269

## Changes of intestinal flora in patients with systemic lupus erythematosus in northeast China

Chunli Rong  
The First Affiliated Hospital of Harbin Medical University

**Objective** The human gut harbors diverse microbes that play a fundamental role in the well-being of their hosts. Microbes can cause autoimmunity, trigger autoimmunity in genetically susceptible individuals or prevent autoimmunity. There were reports about intestinal flora changes in Systemic Lupus Erythematosus (SLE) patients, but no data were available in northeast China. In this study, we investigated the intestinal flora changes of SLE patients in Heilongjiang province located in northeast China.

**Methods** Feces from 16 SLE patients and 14 healthy volunteers were employed to extract bacterial DNA, amplify 16S RNA of bacteria, and analyze the biological information by sequencing. The statistical analysis used the SPSS version of 17.

**Results** We found that there were 1 phylums, 4 families and 9 genera in the intestinal flora of SLE patients. And the nine differences genera can be used to distinguish SLE patients from normal people.

**Conclusions** It is well known that the intestinal flora is closely related to the living habits and diet of the population. The intestinal flora of SLE patients varies greatly due to their different regions of life. In this study, we found that the intestinal flora of patients with SLE in Heilongjiang Province, northern China, was different from that the SLE patients of foreign countries and southern China reported previously. The differences between the results of this study and others is possibly due in part to the unique geographical location and dietary habits. Whatever, this study is of great significance to improve the study of intestinal flora of SLE patients. Therefore, the increase of Proteobacteria and the decrease of Ruminococcaceae in SLE patients might indicate that these two microbes play an important role in the occurrence and development of SLE disease, but the specific mechanism needs to be further studied.

In addition to the above comparison of microflora in different populations, we also draw the following conclusions through functional prediction analysis. First, compare to healthy control, some proteins were significantly increased in SLE patients, such as fimbrial protein, chaperone, outer membrane usher protein and siderophore group nonribosomal peptides. The increase of these proteins may be related to hypercoagulability, kidney injury, drug resistance and control of some pathogenic microorganisms in SLE patients. Secondly, the oxidation-related enzymes (such as monooxygenase, dehydrogenase and xenobiotics by cytochrome P450) and transferases (such as glutathione transferase and PTS) were significantly increased in SLE patients. The increase of these enzymes may be related to oxidative stress, signal pathway protein phosphorylation and drug metabolism in patients with SLE. Thirdly, the huntington's disease and ALS are also associated with SLE. We found an increase of Proteobacteria and a decrease of Ruminococcaceae in SLE patients in different regions. In addition, we found that some proteins, enzymes, and diseases were significantly associated with SLE.

## PU-0270

### 酶联免疫吸附试验检测桥粒芯蛋白 3 抗体在口腔天疱疮诊断中的应用体会

史德莹, 龚欣  
南阳市口腔医院, 473000

**目的** 通过酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测桥粒芯蛋白 3 (Dsg3) 抗体, 观察在口腔天疱疮 (OPV) 诊断中的应用效果, 同时与病理联合检测, 将二者结果统计比较, 以了解酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测结果在口腔天疱疮 (PVO) 诊疗中的应用价值。

**方法** 本次样本来自 2017 年 1 月 1 日——2018 年 12 月 31 日, 我院口腔黏膜病科门诊患者 58 例, 其中酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测 39 例, 病理检测 19 例, 二者联合检测 14 例, 用联合检测口腔天疱疮 (OPV) 的 14 例标本的阴性结果、阳性结果作比较。

**结果** 58 例口腔天疱疮 (OPV) 疑似标本中, 其中 14 例用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 和病理试验联合检测, 病理检测出 2 例口腔天疱疮 (OPV) 阴性结果, 和酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测桥粒芯蛋白 3 (Dsg3) 抗体结果对比完全符合, 二者阴性结果符合率 100%,  $P < 0.05$ , 无显著差异。另外 12 例病理检测口腔天疱疮 (OPV) 阳性标本, 和酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测桥粒芯蛋白 3 (Dsg3) 抗体结果对照, 11 例符合, 一例不符合, 不符合一例 ELISA 结果为口腔天疱疮 (OPV) 阴性可疑, 阳性符合率为 92%,  $P > 0.05$ , 无明显差异。

**结论** 酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测桥粒芯蛋白 3 (Dsg3) 抗体试验和病理诊断口腔天疱疮 (OPV) 的阴、阳性结果高度符合,  $P > 0.05$ , 二者分别检测, 诊断口腔天疱疮 (OPV) 价值相当, ELISA 因微创、简便优于病理, 联合检测避免误诊、漏诊, 利于精准诊断、精准医疗。

## PU-0271

### 光动力疗法对鲍曼不动杆菌的体外杀伤效应研究

王磊利  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究新型光敏剂钌化合物 ( $\text{Ru}[(\text{bpy})_2(\text{dppn})]^{2+}$ ) 介导的光动力疗法 (photodynamic therapy) (Ru—PDT) 对鲍曼不动杆菌的杀灭作用, 并初步研究 PDT 杀伤鲍曼不动杆菌的作用位点。为临床治疗提供理论依据及可行的 PDT 方案, 为临床应用提供奠定基础。

**方法** 以鲍曼不动杆菌标准菌株 ATCC BAA 747 和三株临床分离多重耐药鲍曼不动杆菌菌株为研究对象, 采用钌化合物 ( $\text{Ru}[(\text{bpy})_2(\text{dppn})]^{2+}$ ) 为光敏剂, 用波长 457nm 的激光为光源, 将实验分为 4 组: 单纯光照组、单纯光敏剂组、光动力组 (PDT 组) 和空白对照组。(1)单纯光照组: 将细菌悬液与 PBS 混合后, 照射时间 10 min, 功率密度为  $40 \text{ mw} / \text{cm}^2$  (2)单纯光敏剂组: 10um Ru 化合物光敏剂与配制的细菌悬液避光混合, 孵育 30 min, 不予激光照射。(3)PDT 组: 将不同浓度 Ru 光敏剂(终浓度为 0.025、0.05、0.125、0.25、0.5 和 2.5um)与细菌悬液混合后避光孵育 30min, 激光照射时间 10min, 功率密度为  $40 \text{ mw} / \text{cm}^2$ 。(4)空白对照组: 将细菌悬液与 PBS 混合后, 不加入光敏剂, 不予激光照射。将各组处理后的细菌悬液稀释后涂板,  $37^\circ\text{C}$  培养 24 h 后进行菌落计数, 观察细菌浓度。同时将 PDT 处理前后的细菌收集固定, 制片, 通过透射电镜观察其 PDT 作用前后菌体的形态学变化。在 0.025、0.25、2.5、10 和 25um 五个浓度的 Ru 光敏剂的作用下, 比较鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌的杀伤效果。

**结果** 单纯光照和单纯光敏剂孵育对鲍曼不动杆菌无明显杀灭作用, 对细菌存活无影响。在本实验的光敏剂浓度范围内, PDT 对鲍曼不动杆菌的杀灭作用随 Ru 光敏剂浓度增高而加强; 在 0.25um 的 Ru 光敏剂下, PDT 处理的鲍曼不动杆菌标准菌株和多重耐药鲍曼不动杆菌均能达到有效杀菌。电镜观察 PDT 处理后的鲍曼不动杆菌, 发现其膜结构破坏严重, 细菌内容物外溢。

**结论** Ru—PDT 对体外培养的 ATCC BAA 747 和临床分离多重耐药鲍曼不动杆菌菌株具有较强的杀灭作用, 其效果与光敏剂剂量密切相关。在相同光敏剂浓度作用下, 对同浓度鲍曼不动杆菌的杀菌作用要明显强于铜绿假单胞菌。细菌的膜结构是其产生杀菌作用的重要位点。

## PU-0272

### CS2000I 全自动血凝分析性能验证

张立文

解放军总医院第一医学中心

**目的** 对 CS2000I 全自动血凝仪的分析性能进行评价, 判断其分析性能是否满足临床要求。

**方法** 按照美国临床实验室标准化委员会(NCCLS)EP5-A 标准, 应用定值质控品, 评价 CS2000I 全自动血凝仪凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原(Fbg)、及 D-二聚体(D-dimer)的准确度、批内精密度和批间精密度、线性范围, 以及携带污染率。

**结果** APTT、PT、Fbg、D-dimer 的批内精密度均小于 1/4 总允许误差(TEa), 日间精密度低于 1/3; 检验结果的准确度符合要求; Fbg、D-dimer、FDP 检测的线性良好; 携带污染率符合临床要求。

**结论** CS2000I 全自动血凝仪的分析性能符合临床要求, 可用于临床病人标本的检测。

## PU-0273

### 应用 XE-5000 血细胞分析仪对恶性胸腹水的检测研究

王晓菲

解放军总医院

**目的** 探讨 Sysmex XE-5000 血细胞分析仪体液模式研究参数高荧光强度细胞值 (HF-BF) 与恶性胸腹水中肿瘤细胞出现的关联性以及仪器提示标本含有恶性肿瘤细胞的 HF-BF 的临界值的设定。

**方法** 在已用仪器检测的胸腹水标本中随机选取恶性与非恶性标本各 40 例, 分析二者的 HF-BF 是否存在差异, 并用受试者工作特征 (ROC) 曲线判定 HF-BF 对恶性胸腹水中肿瘤细胞的识别能力及最佳诊断界值。

**结果** 恶性与非恶性胸腹水的高荧光强度细胞绝对值 (HF-BF#) 有明显差别 ( $P=0.042$ ), 而二者的高荧光强度细胞百分比 (HF-BF%) 无明显差别 ( $P=0.246$ )。经 ROC 曲线分析, HF-BF#虽对

恶性胸腹水中肿瘤细胞的识别能力优于 HF-BF%但能力不强(曲线下面积  $0.632 > 0.425$ ), HF-BF# 的最佳诊断界值为  $39.5 (*10^6/L)$ 。将  $39.5 (*10^6/L)$  设为仪器提示标本含有恶性肿瘤细胞的 HF-BF 的临界值, 则仪器研究参数 HF-BF 检出恶性胸腹水的灵敏度为 65%, 特异性为 67.5%, 阳性似然比为 100%, 阴性似然比为 51.85%。

**结论** Sysmex XE-5000 血细胞分析仪体液模式研究参数 HF-BF# 可作为恶性胸腹水的筛查指标, 阳性标本应结合胸腹水生化, 脱落细胞检查, 肿瘤标志物及影像学等结果进一步明确诊断。

#### PU-0274

### 尿液阿尔茨海默病(AD)相关的神经丝蛋白(AD7c-NTP)检测的临床应用价值

王磊利  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究尿中阿尔茨海默病(AD)相关的神经丝蛋白(AD7c-NTP)检验对 AD 的早期筛查诊断价值探讨

**方法** 选择 2018 年 3 月—2019 年 3 月中国人民解放军总医院接收的共计 1159 例尿液样本。采用 ELISA 检测其尿中 AD7c-NTP 含量, 男性 623 例, 女性 536 例

**结果** 总阳性病例共 92 例, 总阳性率 7.94%。对 92 例阳性者, 我们对其作了 MMSE 量表评估, MCI 51 例, AD 轻度 19 例, AD 中重度 22 例。AD 组尿液中 AD7c-NTP 的含量明显高于 MCI 组 ( $P < 0.05$ ); 中重度 AD 组尿液中 AD7c-NTP 的含量明显高于轻度 AD 组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 进行尿液中 AD7c-NTP 的含量对 MCI 与 AD 的早期诊断和病情评估有重要的参考价值。

#### PU-0275

### Effect of SB203580 inhibition of p38MAPK signaling pathway on apoptosis and injury of rat podocyte treated with doxorubicin

yuhui wu,Zhijian Li,Chuanchuan Wei,Na Cai,Yu Zhang,Lina An,Chun Liao  
GuiZhou CDC

**Objective** To investigate the effect of a p38MAPK pathway inhibitor SB203580 on injury and apoptosis of podocyte.

**Methods** To construct a model of injury podocyte by stimulating rat with Doxorubicin, and observe the changes in the expression of the characteristic proteins such as Nephrin, Podocalyxin and apoptotic proteins with intervention of Doxorubicin on rat podocytes. In this study, doxorubicin was used to stimulate the rat podocyte, and the damaged cell model was constructed as the model group. SB203580 signaling pathway inhibitor was added to the model group, and an equal DMEM was added to the normal group. To study the effects of signal transduction pathways on the injury and apoptosis of podocyte by Western Blot test and real-time quantitative PCR (q-PCR).

**Results** Compared with the normal group, the protein expression level and mRNA of Podocalyxin and Nephrin in the model group were significantly decreased, and the expression levels of Caspase3 and Caspase8 were increased, with statistically significant differences between the two groups ( $p < 0.05$ ). Compared with the model group, the protein expression levels and mRNA of Podocalyxin and Nephrin of the related molecules in the experimental group were significantly increased, and the expression levels of p-p38mapk protein and Caspase3 and Caspase8 were decreased, with statistically significant differences between the two groups ( $p < 0.05$ ).

**Conclusions** SB203580 can block the transmission of p38MAPK signaling pathway, thus effectively inhibiting podocyte damage, which provided theoretical basis for clinical intervention of podocyte disease with primary nephropathy and prevention of proteinuria. It provides a breakthrough and a new therapeutic target for the study of the etiology and pathogenesis of primary nephrotic syndrome (PNS).

#### PU-0276

### The effect of AG490 on JAK-STAT pathway on balance of Th17/Treg and proteinuria in Adriamycin Nephrosis Sprague Dawley rat

yuhui wu, Chuanchuan Wei, Zhijian Li, Na Cai, Yu Zhang, Lina An, Chun Liao  
GuiZhou CDC

**Objective** To investigate the effect of a JAK2-STAT3 pathway inhibitor AG490 on balance of Th17/Treg cells and their main cytokines expression in serum of Sprague Dawley (SD) rats induced by Adriamycin (ADM).

**Methods** The ADM nephrosis rats model was established via injection with doxorubicin through tail vein. The level of 24 h Proteinuria, the number and ratio of Th17/Treg cell in peripheral blood (PBL), mRNA expression of cytokines IL-17 and IL-10 in PBL, which were collected in Control, ADM, AG490 and negative control groups, were measured by CBB, flow cytometry and qPCR.

**Results** CBB analysis indicate the level of proteinuria, the number of Th17 cell and IL-17 were significantly increased in ADM group in comparison with control group ( $p < 0.05$ ), whereas the Treg cell and IL-10 were significantly decreased ( $p < 0.05$ ). Comparing with NC group, the level of proteinuria, the number of Th17 cell and expression of IL-17 were decreased markedly in AG490 group ( $P < 0.05$ ), but the Treg cell and IL-10 were remarkably increased ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Th17/Treg immune cells play a significant role in the pathogenesis of ADM, AG490 inhibits the inflammatory response and immune response by inhibiting the JK2-STAT3 signaling pathway, which could correct the imbalance of Th17/Treg. The research suggests it may provide one of novel strategies for treatment of Primary nephrotic syndrome (PNS).

#### PU-0277

### 尿液对羟基苯丙氨酸检测在恶性肿瘤筛查及早期诊断中的应用价值

王磊利  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨尿液对羟基苯丙氨酸检测在恶性肿瘤筛查中的临床应用价值。

**方法** 选择 2018 年 3 月—2019 年 3 月中国人民解放军总医院接收的共计 6110 例尿液样本。其中恶性肿瘤患者（恶性肿瘤组）2511 例作为研究对象，普通疾病及良性肿瘤患者（普通疾病组）2381 例，1218 例健康体检者（健康对照组）作为对照。采用对羟基苯丙氨酸（络氨酸）尿液检测试剂（化学显色法）进行检测分析。

**结果** 健康对照组，普通疾病组，恶性肿瘤组的阳性检出率分别为 5.74%、6.1%、53.7%，恶性肿瘤组的阳性检出率显著高于健康对照组和普通疾病组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。健康对照组比较普通疾病组的阳性率差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。恶性肿瘤组中，消化系统和呼吸系统肿瘤的对羟基苯丙氨酸阳性检出率高于其它部位肿瘤（ $P < 0.05$ ）；普通疾病组中的其他疾病与健康体检组比较差异均无统计学意义（均  $P > 0.05$ ）。

**结论** 尿液中对羟基苯丙氨酸的检测可用于恶性肿瘤的广谱筛查及早期诊断, 具有广谱性、便捷性、安全性、准确性、价格低、超前性等特点, 有较好的推广价值。并能对良恶性肿瘤的鉴别诊断具有重要的临床意义。

## PU-0278

### Identification of crucial miRNAs and genes in esophageal squamous cell carcinoma by miRNA-mRNA integrated analysis

Xiaowu Zhong, Guangcheng Huang, Hebin Liao, Lei Xu, Qiang Ma, Yan Xing, Dongsheng Wang, Xiaolan Guo  
Department of Clinical Laboratory, Affiliated Hospital of North Sichuan Medical College

**Objective** Esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) is a malignancy that severely threatens human health and carries a high incidence rate and a low 5-year survival rate. MicroRNAs (miRNAs) are commonly accepted as a key regulatory function in human cancer, but the potential regulatory mechanisms of miRNA-mRNA related to ESCC remain poorly understood.

**Methods** The GSE55857, GSE43732 and GSE6188 miRNA microarray datasets and the gene expression microarray datasets GSE70409, GSE29001 and GSE20347 were downloaded from Gene Expression Omnibus databases. The differentially expressed miRNAs (DEMs) and differentially expressed genes (DEGs) were obtained using GEO2R. Gene ontology (GO) and the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway enrichment analysis for DEGs were performed by Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID). A protein-protein interaction (PPI) network and functional modules were established using the STRING database and were visualized by Cytoscape. Kaplan-Meier analysis was constructed based on The Cancer Genome Atlas (TCGA) database.

**Results** In total, 26 DEMs and 280 DEGs that consisted of 96 upregulated and 184 downregulated genes were screened out. A functional enrichment analysis showed that the DEGs were mainly enriched in the ECM-receptor interaction and cytochrome P450 metabolic pathways. In addition, MMP9, PCNA, TOP2A, MMP1, AURKA, MCM2, IVL, CYP2E1, SPRR3, FOS, FLG, TGM1 and CYP2C9 were considered to be hub genes owing to high degrees in the PPI network. MiR-183-5p was with the highest connectivity target genes in hub genes. FOS was predicted to be a common target gene of the significant DEMs. Hsa-miR-9-3p, hsa-miR-34c-3p and FOS were related to patient prognosis and higher expression of the transcripts were associated with a poor OS in patients with ESCC.

**Conclusions** Our study revealed the miRNA-mediated hub genes regulatory network as a model for predicting the molecular mechanism of ESCC. This may provide novel insights for unraveling the pathogenesis of ESCC.

## PU-0279

### 河南省中医院 2017-2018 年临床尿培养病原菌分布及耐药分析

刘冬梅

河南省中医院/河南中医学院第二附属医院, 450000

**目的** 监测我院尿液标本主要病原菌的分布及耐药状况, 掌握其耐药流行趋势, 为抗生素的合理使用提供科学理论数据。

**方法** 使用梅里埃的 VITEK2-Compact 对 2017 年 1 月 1 日-2018 年 12 月 31 日临床尿液分离菌株进行鉴定和药敏试验, 应用 WHONET5.6 统计软件对鉴定、药敏结果进行统计学分析。

**结果** 4003 例尿液标本中共检出 1131 株病原菌，阳性率为 28.3%。其中前 5 位病原菌依次为大肠埃希菌 503 株（44.5%）、肺炎克雷伯菌 153 株（13.5%）、屎肠球菌 113 株（10.0%）、奇异变形杆菌 56 株（5.0%）和粪肠球菌 46 株（4.1%）。大肠埃希菌对氨苄西林耐药率大于 85%，对喹诺酮类耐药率大于 65%，而对碳青霉烯类耐药率约为 3%。肺炎克雷伯菌的耐药率明显高于大肠埃希菌，对碳青霉烯类的耐药率大于 40%。未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药的肠球菌，屎肠球菌对青霉素、氨苄西林和喹诺酮类的耐药率大于 95%，而粪肠球菌对青霉素和氨苄西林的耐药率约为 5%。

**结论** 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌为泌尿系感染的主要革兰阴性菌，且已经出现对碳青霉烯类耐药的菌株；肠球菌为主要的革兰阳性菌，我院尚未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药的肠球菌，临床可根据本院尿培养病原菌分布及耐药分析数据合理经验性用药。

## PU-0280

### 某院三年间耐碳青霉烯类粘质沙雷菌流行情况分析

刘心伟,张小倩,李永伟  
河南省中医院

**目的** 调查我院 2016-2018 三年间耐碳青霉烯类粘质沙雷菌的流行情况和分子流行病学流行特征，为院内感染防控和临床合理用药提供依据。

**方法** 利用 Whonet5.4 和 SPSS13.0 软件对我院 2016-2018 三年间的耐碳青霉烯类粘质沙雷菌的检出情况进行统计分析，微量肉汤稀释法检测对三种碳青霉烯类药物（亚胺培南、美罗培南和厄他培南）的最小抑菌浓度，常规 PCR 技术检测碳青霉烯酶耐药基因（blaKPC、blaIMP、blaVIM、blaSIM、blaDIM 和 blaNDM-1），肠细菌间共有重复序列 PCR 技术进行快速分型和遗传多样性分析。

**结果** 2016-2018 三年间共分离出 83 株耐碳青霉烯类粘质沙雷菌，分离率呈逐年上升趋势，对亚胺培南、美罗培南和厄他培南的 MIC 值介于 2-128 $\mu$ g/ml。常规 PCR 结果显示在 63 株菌株中检出产 KPC-2 型碳青霉烯酶，其余基因型（blaIMP、blaVIM、blaSIM、blaDIM 和 blaNDM-1）未检出，A 克隆型和 B 克隆型为上述菌株的主要克隆型，且三年间 A 克隆菌株逐渐为 B 克隆菌株所替代。

**结论** 我院粘质沙雷菌对碳青霉烯类药物的耐药现象较为严重，耐碳青霉烯类粘质沙雷菌检出率逐年升高，而携带 KPC-2 型碳青霉烯酶是导致我院粘质沙雷菌对碳青霉烯类药物耐药的主要机制。

## PU-0281

### 自身抗体检测在自身免疫性肝病与病毒性肝病中的相关性

曹新春  
河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

**目的** 研究自身抗体检测在自身免疫性肝病与病毒性肝病中的相关性。

**方法** 选取在我院接受治疗的 30 例自身免疫性肝病患者和 40 例病毒性肝病患者为研究对象，采用免疫印迹法和间接免疫荧光法检测所有患者血清中出现的与肝脏疾病相关的自身抗体。

**结果** 自身免疫性肝病患者血清中有 26 例为 ANA 阳性，阳性检出率为 86.7%，40 例病毒性肝病患者血清中有 6 例为 ANA 阳性，阳性检出率为 15.0%，数据差异显著， $P<0.05$ 。肝癌患者血清中的 ANA 阳性检出率为 27.2%，明显高于慢性乙型肝炎的 11.3%和乙肝后肝硬化的 8.3%，数据差异显著， $P<0.05$ 。

**结论** 自身抗体与肝损伤程度具有一定的相关性，因此，针对肝病患者应该着重自身抗体的检测，不断提高自身免疫性肝病的阳性检出率，为肝病的临床治疗提供重要依据。



## PU-0282

## 耐大环类脂肺炎支原体临床分离株对截短侧耳素 Lefamulin 体外药敏试验结果及分析

崔京涛,闫文娟,解宏杰,张伟红,王巧凤,许少侠,倪安平

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 研究耐大环类脂肺炎支原体临床分离株对截短侧耳素 Lefamulin、喹诺酮类和四环素抗菌药物体外药物敏感性试验。

**方法** CLSI M43-A 指南中微量肉汤稀释法检测耐大环类脂肺炎支原体临床分离株对截短侧耳素 Lefamulin、喹诺酮类和四环素抗菌药物体外药物敏感性试验。

**结果** 24 例耐大环类脂肺炎支原体临床分离株, 14 例来自 2013 至 2014 年上海儿童医学中心 (均为难治性肺炎支原体儿童肺炎分离株), 5 例来自 2018 年 11 月至 12 月北京协和医院 (1 例成人肺炎和 4 例儿童肺炎分离株), 其余 5 例来自 2018 年 10 月至 12 月北京市儿童研究所 (均为儿童肺炎分离株)。大环类脂类敏感的肺炎支原体标准株 ATCC 15531 (FH 株) 作为对照。阿奇霉素、红霉素、左氧氟沙星和四环素来自中国食品药品检定研究院; 莫西沙星来自 Bayer 制药公司; Lefamulin (BC-3781) 来自爱尔兰 Hovione Limited 公司。微量肉汤稀释法肺炎支原体接种浓度为  $10^4 \sim 10^5$  CFU/ml。试验设立阳性对照、阴性对照、抗菌药物对照和药物溶剂对照。24 株肺炎支原体对阿奇霉素和红霉素 MIC 值在  $16 \mu\text{g/ml}$  及以上, 大大超过 CLSI M43-A 敏感折点  $0.5 \mu\text{g/ml}$ ; 对左氧氟沙星、莫西沙星和四环素 MIC 值范围分别为  $0.25 \sim 0.5 \mu\text{g/ml}$ 、 $0.064 \sim 0.125 \mu\text{g/ml}$  和  $0.125 \sim 0.5 \mu\text{g/ml}$ , 根据 CLSI M43-A 敏感性折点左氧氟沙星小于或等于  $1 \mu\text{g/ml}$ , 莫西沙星小于或等于  $0.5 \mu\text{g/ml}$  和四环素 小于或等于  $2 \mu\text{g/ml}$ , 判断为敏感。对 Lefamulin 的 MIC 值在  $0.002 \sim 0.004 \mu\text{g/ml}$  范围。

**结论** 24 株耐大环类脂肺炎支原体临床分离株对截短侧耳素 Lefamulin 的 MIC 值非常低, 未来可能成为儿童肺炎支原体感染理想抗菌药物; 虽然喹诺酮类和四环素体外药敏试验属于敏感, 但其在儿童使用存在限制。

## PU-0283

## 2008 年至 2018 年期间自身免疫病和非自身免疫病患者巨细胞病毒 (CMV) 抗原血症检测及抗病毒化疗后复检结果分析

崔京涛,闫文娟,解宏杰,张伟红,王巧凤,许少侠,倪安平

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 自身免疫病和非自身免疫病患者巨细胞病毒 (CMV) 抗原血症检测及抗病毒化疗后复检分析。

**方法** 荷兰 IQ 公司 CMV Brite 试剂盒检测外周血白细胞内 CMVpp65 抗原, 阳性定义为 CMV 活动性感染。

**结果** 2008 年至 2018 年期间 22192 例临床疑似 CMV 感染患者外周 EDTA 抗凝血标本中, CMV 抗原血症阳性 4335 例, 阳性率 19.5%, 其中男性 847 例 (9.7%), 女性 3488 例 (26.0%), 女性阳性率显著高于男性 ( $\chi^2 = 899.9$ ,  $P = 0.000$ )。SLE 患者 CMV 抗原血症阳性 3154 例, 阳性率 58.6%。非 SLE 自身免疫病患者 CMV 抗原血症总阳性率为 11.4% (614/5370), 显著低于 SLE 患者阳性率 ( $\chi^2 = 2627.76$ ,  $P = 0.000$ ), 其中 Still's 病、类风湿关节炎、干燥综合征、系统性炎症性肌病、系统性血管炎和炎症性肠病患者分别为 7.1% (16/224)、19.8% (58/293)、20.7% (71/343)、14.7% (92/624)、8.7% (69/796) 和 7.3% (95/1296)。非自身免疫病患者 CMV 抗原血症阳性率为 5.0% (567/11443), 其中 HIV/AIDS 患者 27.0 (30/111)、异基因移植术后

14.8% (32/216)、肺炎 9.6% (124/1311)、肝功能异常 4.4% (16/361)、库欣综合征 4.1% (2/49) 和发热待查 3.0% (95/3206)。ICU 科室非自身免疫病患者 CMV 抗原血症阳性率为 9.4% (121/1282)，显著高于平均科室阳性率 5.0% (567/11443,  $\chi^2=44.44$ ,  $P=0.000$ )。1925 例 CMV 抗原血症阳性的 SLE 患者抗病毒治疗后复查，450 例转阴，阴转率 23.4%；316 例 CMV 抗原血症阳性的非 SLE 自身免疫病患者中，204 例 (64.6%) 阴转；235 例 CMV 抗原血症阳性的非自身免疫病患者中，144 例 (61.3%) 阴转。

**结论** SLE 患者已取代 HIV/AIDS 和异基因移植术后等传统免疫抑制患者成为 CMV 活动性感染的高危人群；ICU 科室非自身免疫病患者 CMV 抗原血症阳性率高于其他科室。SLE 患者抗病毒治疗后 CMV 抗原血症阴转率远低于其他疾病患者。

#### PU-0284

### 一个罕见的 SEA-HPFH 复合 $\beta$ -伴 $\alpha$ -地中海贫血家系的复杂基因变异分析

陈丹娜,朱梓年,钟玉钗  
东莞市人民医院,523000

**目的** 探讨 1 个东南亚型遗传性持续性胎儿血红蛋白增多症 (southeast asian hereditary persistence of fetal hemoglobin, SEA-HPFH) 复合  $\beta$ -伴  $\alpha$ -地中海贫血家系的表型与基因型关系。

**方法** 对家系成员进行红细胞指标、血红蛋白电泳分析、地贫基因常规检测及  $\beta$ -珠蛋白基因测序；采用跨越断裂点 PCR (Gap-PCR)、Sanger 测序技术分析缺失型  $\beta$ -地贫基因型；并通过 Sanger 测序检测  $A\gamma$ 、 $G\gamma$  启动子变异。

**结果** 先证者 (中间型地贫) 为一种罕见的 SEA-HPFH 复合  $\beta$ - (IVS-II-654) 及  $\alpha$ -地贫 ( $-\alpha^{3.7}$ ) 三重杂合子，其 SEA-HPFH 及  $\alpha$ -地贫基因遗传自母亲， $\beta$ -地贫基因遗传自父亲。先证者及其母均存在  $A\gamma$  +25G>A 和  $G\gamma$  -158C>T 杂合变异。

**结论** SEA-HPFH 是一种罕见的  $\beta$  珠蛋白基因缺失，血常规参数正常或者接近正常，血红蛋白 F (HbF) 常明显增高。当出现血液学表型与基因型不符时，应进一步检测罕见基因型以避免漏诊或误诊。我们明确了先证者的基因变异类型，为家系的产前基因诊断和遗传咨询提供了依据。

#### PU-0285

### 血清 CysC、RBP、CRP 和尿 mALB 在糖尿病肾病早期诊断中的应用价值分析

裴东旭,李永伟  
河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

**目的** 探讨探讨血清 CysC、RBP、CRP 和尿 mALB 在糖尿病肾病早期的水平变化及其临床意义。

**方法** 设糖尿病组 (DM, 86 例) 和健康对照组 (50 例)，并根据 24 小时尿蛋白排泄率 (UAER) [2] 将糖尿病组分为三组：A 单纯 DM 组 49 例 (UAER<30mg/24h)；B 早期糖尿病肾病组 41 例 (30≤UAER<300mg/24h)，C 临床糖尿病肾病组 30 例 (UAER≥300mg/24h) 采用免疫比浊法，分别检测血清 CysC、RBP、CRP 和尿 mALB 水平。

**结果** DM 组血清 CysC、RBP、CRP、和尿 mALB 水平均明显高于对照组 ( $P<0.01$ )，有统计学意义；血清 CysC、RBP、CRP、尿 mALB 随着尿蛋白的增多而升高，3 组之间的差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )；血清 CysC、RBP、CRP、尿 mALB 联合检测的阳性率明显高于单项检测；且在

糖尿病肾病早期测血清 CysC、RBP、CRP 和尿 mALB 水平较健康对照组有显著差异, 具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 联合检测血清联合检测血清 CysC、RBP、CRP、尿 mALB 可提高糖尿病肾病(DN)的早期诊断率, 对糖尿病肾病(DN)的早期诊断具有重大的临床意义, 并随着病情变化其水平变化对临床具有重要的指导价值。

## PU-0286

### 胃功能血清检测指标与胃镜检查结果的对比与分析

李辉

河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

**目的** 探讨血清胃功能检测指标: 胃蛋白酶原 I (PG I)、胃蛋白酶原 II (PG II)、及其比值 PG I/PG II (PGR)、胃泌素-17 在胃相关疾病中的诊断价值。

**方法** 根据胃镜检查结果将分析对象分为: 正常组 60 例, 胃炎组 52 例 (其中慢性浅表性胃炎 33 例, 慢性萎缩性胃炎 19 例), 胃溃疡组 28 例, 胃癌组 13 例 (其中弥漫型胃癌 2 例), 共 153 例患者。对其定量检测胃功能血清学检测指标的含量

**结果** 慢性萎缩性胃炎组和胃癌组 PG I 水平和 PGR 均较慢性浅表性胃炎组和胃溃疡组明显降低 ( $P<0.05$ ), G-17 水平明显升高 ( $P<0.05$ ); 慢性萎缩性胃炎组、慢性浅表性胃炎组、胃癌组 PG II 水平明显低于胃溃疡组 ( $P<0.05$ ), 而胃炎组较胃癌组 PG II 水平差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 胃炎组 G-17 水平明显高于胃溃疡组和胃癌组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清胃功能检测指标 PG I、PG II、PGR 和 G-17 水平的变化与胃部疾病的病程变化有一定相关性, 对胃部疾病的诊断和筛查具有一定的参考价值。

## PU-0287

### 联合检测血清 RF 和抗 CCP 在类风湿关节炎中的诊断价值分析

裴东旭, 李永伟

河南中医药大学第二附属医院河南省中医院

**目的** 探讨联合检测血清类风湿因子 (RF)、和抗环瓜氨酸肽抗体 (抗 CCP) 在类风湿关节炎 (RA) 临床诊断中的应用价值及临床意义。

**方法** 选取河南省中医院 2015 年 1 月至 2015 年 12 月 112 例类风湿患者 (RA 组) 和 91 例非类风湿自身免疫疾病患者 (非 RA 组) 作为患者组, 同时选取我院同期健康体检中心 50 例健康体检者 (健康对照组) 作为对照组, 分别检测三组血清类风湿因子 (RF) 和抗环瓜氨酸肽抗体 (抗 CCP) 浓度, 并对其浓度水平进行统计学分析, 比较各组间血清 RF 和抗 CCP 水平, 并对其灵敏度、阳性率进行对比分析。

**结果** 类风湿患者 (RA) 组血清 RF 和抗 CCP 浓度水平及阳性率明显高于非类风湿患者自身免疫疾病组, 有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 同时非类风湿患者自身免疫疾病组又明显高于健康对照组, 有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 三组间血清 RF 和抗 CCP 浓度水平及阳性率均有统计学意义; 联合检测 RF 和抗 CCP 灵敏度、阳性率明显高于血清 RF 和抗 CCP 单项检测。

**结论** 血清 RF 和抗 CCP 对类风湿关节炎的诊断有重要临床价值; 血清 RF 和抗 CCP 的联合检测血对提高类风湿关节炎的早期诊断率, 对临床诊疗有着非常重要的指导意义。

## PU-0288

## miRNAs 在丙型肝炎中的表达及其对预后评估的意义

范智程

河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

**目的** 丙型肝炎病毒(Heptitis C virus, HCV)基因型的多样性使泛基因治疗药物和疫苗的研发面临巨大的挑战,同时,不同基因型的患者其治疗效果不同的作用机制仍然不清楚。本研究旨在探讨 miRNA 在 HCV 疾病发生、发展中的作用,以及血清或外泌体中的 miRNA-122, miRNA-155, miRNA-199a 能否作为一种生物标志物来预测不同基因型丙肝患者的治疗效果。

**方法** 第一阶段研究对象是 80 例丙肝患者,对 HCV 基因分型后选出 36 例不同基因型的 HCV 患者和 7 例健康人,从血清和外泌体中提取出总的 miRNAs,测定血清和外泌体中的 miR-122 和 miRNA-155 水平。第二阶段研究对象是 47 例 HCV-1b 基因型的 HCV 患者和 16 例健康人,从血清和外泌体中提取出总的 miRNAs,测定血清和外泌体中的 miR-122 和 miRNA-199a 水平。统计分析出有诊断性的生物标志物,并得出其最适 cutoff 值。

**结果** 血清和外泌体中的 miR-122 均明显低于对照组;SVR 组血清 miR-122 明显高于 NR 组 ( $p<0.01$ ),SVR 组外泌体中的 miR-122 也高于 NR 组 ( $p>0.05$ ),但无显著性差异;miR-199a 水平变化与 miR-122 有相似的趋势;运用单因素和多因素 logisyc 回归分析发现血清 miR-122、ALT/AST 在评估患者疗效上有预测价值。

**结论** miR-122, miRNA-155 在各个基因型中的表达不同;血清中 miR-122 在评估丙肝治疗效果上有更高的诊断价值,是反应丙肝治疗效果的有潜力的生物标志物。

## PU-0289

## 150 例乙肝五项特殊模式与 HBVDNA 检验结果分析

韩惠丽

河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

**目的** 分析乙型肝炎病毒(HBV)患者的特殊血清学模式、病毒复制情况,探讨此类模式的产生原因及其临床意义。

**方法** 抽取静脉血 5ml,经离心沉淀,分离血清,采用 ELISA 检测 HbsAg,抗-HBs, HbeAg,抗-HBe,抗-HBc。试剂由英科新创(厦门)科技有限公司提供,有效期内使用。所有操作及结果判定均按试剂说明书进行,可疑者重复检测,仍阳性者定为阳性。HBV-DNA 定量以  $5.00E+002$  为判定阳性的标准, $<5.00E+002$  判为阴性, $>5.00E+002$  判为阳性。

**结果** HBV 特殊模式与 HBV-DNA 的关系 HBV 血清学标志物阳性的各模式中,均有不同程度的病毒 DNA 复制。47 例 HBsAg 阳性血清中,HBV-DNA 阳性 37 例,阳性率 78.72%。特殊模式中 HBeAg 阳性的 HBV-DNA 阳性率较高。但也有少量 HBsAg 阴性患者出现 HBV-DNA 阳性。各模式中 HBV-DNA 的检测情况,见表 2。

**结论** 乙肝两对半早已是基层医疗机构判断人群受 HBV 感染及传染性大小的指标之一,但是它不能充分反映 HBV 复制的状况,只提供了 HBV 感染的间接依据,而 HBV-DNA 的检测,解决了免疫学检测的“窗口期”问题,是真实判断乙肝患者是否具有传染性的直接证据。

3.1 实际临床工作中,常常出现抗原与抗体共存的模式(出现此种模式应该重复做一遍,此种模式很容易人为导致)。HBV 有一共同的决定簇“a”。根据 S 区 122 位氨基酸的不同 d 和 y 亚型,根据 S 区 160 位氨基酸的不同分为 w 和 r 亚型,这样 HBV 根据这些决定簇的不同,可区分为四个主要亚型-adw、ayw、adr、ayr。分子生物学认为出现此种模式与 HBV 的前区变异有关,引起 HBsAg 的“a”决定簇的抗原性和免疫原性发生改变,使变异前产生的抗-HBs 不能中和变异后的 HBsAg 而导致免疫逃逸现象所致[1],

## PU-0290

## Analysis on the infection of prevalent gene subtype of human papillomavirus in Henan province of China

Haikuo Xue<sup>1</sup>, Qiaoling Li<sup>2</sup>, Gaihe Sun<sup>1</sup>, Xiaobing Guo<sup>1</sup>, Junwei Zhao<sup>1</sup>, Liang Ming<sup>1</sup>

1.the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

2.Children's Hospital affiliated of Zhengzhou university

**Objective** To prevent the infection of human papillomavirus (HPV) in Henan province of china, the prevalent HPV were analyzed.

**Methods** From January 2017 to December 2017, 4926 consecutive samples were collected in the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, China. The HPV genotypes were detected using gene array and flowthrough hybridization.

**Results** There were two peaks of HPV infection based on age: the first was for women aged <25 years, and the second was for women aged 56-60 years; About 19.79% of the samples were HPV-positive for any HPV DNA. The first four genotypes of HPV were HPV16, HPV58, HPV52 and HPV81 in both of healthy group and gynecologic group. But dermatology group, the susceptible HPV were HPV6、HPV11、HPV16 and HPV51. The first two genotypes of HPV were HPV6 and HPV11 in male, whereas in female, the susceptible HPV were HPV16, HPV58, HPV52 and HPV81.

**Conclusions** Women who were aged <25 years or during 56-60 years were prone to HPV infection in Henan province. The most common genotypes were HPV16、HPV52、HPV58 and HPV81. The prevalent HPV were different in different gender people. The data support surveillance of women for cervical cancer screening, and HPV prophylactic vaccines.

## PU-0291

## 血培养中产 $\beta$ 内酰胺酶的生痰二氧化碳嗜纤维菌的分离与鉴定

胡玥

河南省中医院/河南中医学院第二附属医院, 450000

**目的** 了解肿瘤、血液病患者或（和）免疫功能缺陷患者的血培养中的罕见病原菌——生痰二氧化碳嗜纤维菌。

**方法** 根据此菌在哥伦比亚血平板和巧克力平板上的生长情况和镜下特征，利用手工生化反应、VITEK2-Compact 微生物鉴定仪、质谱仪 VITEK MS 进行鉴定。

**结果** 结合菌落形态和革兰染色特征，手工生化结果，VITEK2-Compact 鉴定和质谱仪鉴定结果最终确定为生痰二氧化碳嗜纤维菌（*Capnocytophaga sputigena*）。

**结论** 白血病、肿瘤及长期使用免疫抑制剂患者的血培养较易分离出似二氧化碳嗜纤维菌之类的罕见病原菌。

## PU-0292

## LPS enable murine “CD4+ T cell help”-independent CD8+ T cell responses in the liver

Qin Wang<sup>1</sup>, Qiang Zhou<sup>1</sup>, Kai Yang<sup>1</sup>, Dongliang Yang<sup>2</sup>, Jia Liu<sup>2</sup>, Shihe Guan<sup>1</sup>

1. The Second Hospital of Anhui Medical University

2. Wuhan Union Hospital, Tongji Medical college, Huazhong University of Science and Technology

**Objective** Chronic hepatitis B virus (HBV) infection is difficult to overcome because of exhaustion of cytotoxic CD8+T cells. The hepatic microenvironment is known to restrict rather than to support development of anti-viral immunity. Recently, it has been reported that signaling via Toll-like receptors (TLR) induced intrahepatic myeloid-cell aggregates for T cell population expansion (iMATES) without causing immunopathology. The iMATES arise during acute viral infection but are absent during chronic viral infection. In the current study, we investigated the impact of TLR4 ligand lipopolysaccharide (LPS) on iMATES formation and virus-specific CD8+ T cell response by using the HBV hydrodynamic injection (HI) mouse model.

**Methods** 6-8 weeks old male C57BL/6 mice were hydrodynamically injected with HBV replicating plasmid pSM2. One day after the HBV plasmid injection, HBV-replicated mice were peritoneal injected with TLR4 ligand LPS and CD4 antibody, either separately or in combination.

**Results** We found that injection of LPS resulted in an accelerated virus clearance in HBV HI mouse model, which is mediated by a fast intrahepatic CD8+ T cell expansion and activation independent of CD4+ T cell help. The frequencies and the absolute numbers of HBV-specific CD8+ T cells were higher in the livers of LPS-treated mice than that of control. Further histochemistry analysis showed that LPS induced intrahepatic lymphocyte infiltrates resembling intrahepatic myeloid cell aggregates of T cell expansion, which were also observed in CD4-depleted mice, but were almost absent in HBV-replicated wild-type controls. Moreover, we also found that Treg depletion enhanced the formation of iMATES and HBV-specific CD8+ T cell responses.

**Conclusions** The data suggest that LPS has the potential to induce the iMATES formation. And thereby iMATES enhance HBV-specific CD8+ T cells immunity which was independent of CD4+ T cell help but was restricted by regulatory control of CD25+CD4+ Treg cells. iMATES are believed to be dynamic structures that overcome liver tolerant environment limiting CD8+ T cell responses during chronic HBV infection and may be used in new therapeutic vaccination strategies.

## PU-0293

## 某医院社区与院内尿路感染病原菌构成与药敏分析

张小倩

河南省中医院

**目的** 了解郑州某三甲综合医院社区及院内尿路感染病原学构成特点及抗生素耐药情况，为临床医生提供社区和医院内尿路感染两种不同来源的病原学信息和临床治疗依据。

**方法** 使用梅里埃 VITEK2-Compact 鉴定和药敏系统对 2014 年 1 月~2018 年 12 月某医院社区及院内尿路感染患者中段尿培养鉴定及药敏结果进行回顾性分析，所得数据用 WHONET5.6 进行统计分析。

**结果** 共检出病原菌 768 株，其中革兰阴性菌占 62.0%；革兰阳性菌占 38.0%。院内感染革兰阴性菌占 76.0%，革兰阳性菌占 24.0%；社区感染革兰阴性菌占 59.0%，革兰阳性菌占 41.0%。社区尿路感染前五位病原菌分别为大肠埃希菌、屎肠球菌、表皮葡萄球菌、肺炎克雷伯菌和奇异变形杆菌，医院内尿路感染病原菌前五位分别为大肠埃希菌、屎肠球菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌和鲍曼不动杆菌。

菌。另外,两者均未检出耐万古霉素的肠球菌,但医院内尿路感染病原菌耐药性明显高于社区尿路感染病原菌。

**结论** 社区与医院内尿路感染病原菌的类型和药物敏感性有所不同,及时总结社区与院内尿路感染流行病学资料及耐药菌变迁规律,对指导临床正确选药意义重大,在减轻患者负担的同时可以延缓致病菌的耐药性。

## PU-0294

### HE4 单克隆抗体制备及初步临床应用

牛小斌

河南省中医院(河南中医药大学第二附属医院)

**目的** 制备 HE4 单克隆抗体,并初步应用于 HE4 诊断试剂盒进行临床应用评价。

**方法** 用重组的 HE4 蛋白免疫 6-8W 的雌性 BALB/C 小鼠,三次腹腔免疫后,脾内加强免疫,然后取其脾细胞与 Sp2/0 骨髓瘤细胞融合,采用间接 ELISA 筛选阳性杂交瘤细胞株,有限稀释法进行克隆,制备 HE4 单克隆抗体。对制备的 HE4 单克隆抗体进行配对,应用于诊断试剂盒并对其优化,并评价其临床应用。

**结果** 成功获得 8 株能稳定传代并分泌 HE4 单克隆抗体的杂交瘤细胞株;对其分泌的单克隆抗体进行纯化,标记使用夹心法进行配对,共获得 4 个完全配对,分别是 1F4-5B2, 2C9-3D10, 3D12-4C3, 4C3-5B2。应用于诊断试剂盒并优化,与进口试剂盒 CanAg 临床结果高度相关,相关性分别为  $y=4531.7x-90725$ ,  $R^2=0.7282$ ;  $y=5387.2-7371.9$ ,  $R^2=0.9492$ ;  $y=4614x-14058$ ,  $R^2=0.7033$ ;  $y=4727.8x+12093$ ,  $R^2=0.8495$ 。

**结论** 利用重组 HE4 蛋白成功制备了其单克隆抗体,并应用于 HE4 诊断试剂盒,对其初步临床应用评价中,与目前临床应用的商业化试剂盒有高度的相关性,为临床开发 HE4 诊断试剂盒打下了基础。

## PU-0295

### 重症肺部感染血浆 D-二聚体、FDP 与 NT-ProBNP 的动态分析

董瑞华

河南省中医院

**目的** 探讨应用血浆 D-二聚体、FDP 与 NT-ProBNP 评估老人重症肺部感染并 MODS 患者病情变化及预后的临床价值。

**方法** 抽取重症肺部感染并 MODS 的老年患者共 65 例做为观察组,正常老年人 30 例做为对照组。观察组患者治疗前后分别开展 D-二聚体、FDP 与 NT-ProBNP 的检测。分析正常老年人与重症肺部感染并 MODS 老人;重症肺部感染并 MODS 老人治疗前后各项指标的变化。

**结果** 重症肺部感染组 D-二聚体、FDP 与 NT-ProBNP 水平明显高于对照组,  $P<0.05$ 。D-二聚体、FDP 与 NT-ProBNP 与疾病的严重程度呈正相关。

**结论** 血浆 D-二聚体、FDP 与 NT-ProBNP 的水平与老人重症肺部感染并 MODS 病情程度呈正相关关系

## PU-0296

**染色体核型分析和 FISH 技术在 CML 诊治中的临床意义**

胡溢博

郑州大学第二附属医院,450000

**目的** 分析染色体核型分析和荧光原位杂交（FISH）检测方法在慢性粒细胞性白血病（CML）中的诊治意义，为慢性粒细胞性白血病的诊断、治疗、病情检测及预后判断提供细胞学依据和分子生物学依据。

**方法** 分别采集我院 2017 年 6 月份到 2018 年 8 月份初治慢性粒细胞性白血病患者骨髓标本 221 例，其中 205 例标本应用短期培养法和染色体核型 G 显带方法进行核型分析，221 例标本应用中期 FISH 进行分析。

**结果** 在 205 例患者中，141 例（69%）检出 Ph 染色体，31 例（15%）存在其他异常核型，检出率 84%。221 例 CML 患者标本应用 FISH 进行分析，172 例（77%）检出 BCR/ABL 基因，检出率 77%。72% CML 患者 BCR/ABL 融合基因产生的蛋白类型为 P210，4% CML 患者 BCR/ABL 融合基因产生的蛋白类型为 P210 共表达 P190，1% CML 患者融合基因产生的蛋白类型为 P190。另外，16% CML 患者存在 der（9）部分序列缺失。

**结论** FISH 对 BCR/ABL 融合基因检出率高于染色体核型分析对 Ph 的检出率，染色体核型分析可提示 Ph 染色体及多种其他异常核型。FISH 分析可提示是否存在 BCR/ABL 融合基因，也可提示不同的融合蛋白类型，还可提示 der（9）的部分序列缺失与否。两种分析方法可以多角度提示 CML 患者的疾病信息，在 CML 的诊治中有重要的临床价值，可为慢性粒细胞性白血病的诊断、治疗、病情检测及预后判断提供细胞学依据和分子生物学依据。

## PU-0297

**全血细胞减少血液相关疾病临床资料及骨髓细胞形态分析**

韩海燕

郑州大学第二附属医院,450000

**目的** 通过对外周血三系细胞减少病人的临床资料及骨髓细胞形态分析，探讨引起全血细胞减少疾病的临床及实验室特点，提高血液相关疾病诊断及鉴别诊断的水平。

**方法** 结合临床资料对我院 2016 年 1 月~2019 年 3 月以全血细胞减少就诊的患者进行骨髓细胞形态学分析，骨髓涂片经瑞氏染色后在油镜下观察、分析各种细胞的形态特征，结合组化染色结果、流式细胞分析及临床诊断，了解全血细胞减少相关疾病的特点及分布情况。

**结果** 全血细胞减少相关疾病以贫血、出血、感染为主要症状，常以外周血全血细胞减少就诊，而骨髓象细胞特点不同。本文观察、分析全血细胞减少患者 87 例，其中男性 43 例，女性 44 例，中位年龄 54 岁，实验室诊断结果与临床诊断结果相符合：骨髓增生异常综合征 21 例，占 24%，多数病例骨髓增生明显活跃，有些增生活跃或减低，骨髓细胞形态常可见粒系、红系、巨核系的病态造血；再生障碍性贫血 18 例，占 21%，骨髓象常增生减低至重度减低，非造血细胞增多或相对增多，未见造血岛或可见由空纤维网架组成的造血岛，中性粒细胞碱性磷酸酶阳性率及积分均明显增高；巨幼细胞性贫血 13 例，占 15%，红细胞平均体积增大，骨髓细胞增生常明显活跃或活跃，三系常可见巨幼样改变，红细胞系突出特点是“核幼浆老”；急性白血病 7 例，占 8%；其他如缺铁性贫血、感染性贫血、特发性血小板减少性紫癜、多发性骨髓瘤等占 32%。

**结论** 引起全血细胞减少的血液相关疾病种类较多，应提高对血液病异常造血的认知，结合病史、骨髓象、组化检查、流式细胞分子检查及基因检测，可进一步提高外周血三系细胞减少相关血液疾病的诊断和鉴别诊断水平



## PU-0298

## 慢性自发性荨麻疹患者血清自身抗体和相关指标检测分析

毕超  
广州市皮肤病防治所

**目的** 探讨自身抗体、免疫球蛋白、补体等在慢性自发性荨麻疹（chronic spontaneous urticaria, CSU）致病机制中的作用。

**方法** 收集临床CSU病例 90 例，同时设立正常对照组 62 例进行比较。抽取患者及对照组静脉血 5ml，留取血清检测：抗 IgE 抗体、抗 FcεR I 抗体、总 IgE、IgA、IgM、IgG、C3、C4、抗甲状腺过氧化物酶抗体（antithyroid peroxidase autoantibody; anti-TPOAb）、抗甲状腺球蛋白抗体（anti-thyroglobulin antibodies, TGA b），分析检测结果。

**结果** 90 名CSU中，23 例抗 IgE 抗体为阳性，占 25.56%（23/90），9 例抗 FcεR I 抗体为阳性，占 10%（9/90）。CSU 组抗 IgE 抗体、抗 FcεR I 浓度明显高于正常对照组，差别有统计学意义（ $p < 0.01$ ）；总 IgE、C4 浓度高于正常对照组，差别有统计学意义（ $p < 0.05$ ）；TPOAb、TGA b、IgA、IgM、IgG、C3 与正常对照组无统计学差异。

**结论** CSU 患者抗 IgE 抗体、抗 FcεR I 抗体异常增高，并存在 IgE 介导的变态反应和补体激活机制。可根据以上指标的变化制定诊疗方案。

## PU-0299

## 实验室标本周转时间的应用探索

张凯歌,汪靖园,陈葳  
西安交通大学第一附属医院,710000

**目的** 根据实验室信息化平台的建设，探索实验室 TAT 在整个检验管理过程中的应用，更好的优化患者检验流程，提高检验效率。

**方法** 利用上海杏和 LIS 公司软件提取、回顾性分析西安交通大学第一附属医院检验科 2018 年 1 月至 12 月标本周转时间（TAT）的每个节点。

**结果** 通过信息平台可以统计实验室 TAT，全面掌握实验室质量指标运行情况，此外根据整个医疗 TAT 各个阶段分析其临床应用，为实验室流程优化提供依据。

**结论** 通过 TAT 的应用探索分析，发现检验流程中存在的问题，通过流程优化、人员培训、临床沟通、分时上班，加强信息化建设，重新购置自主报告机等措施，大大提高了检验效率，缩短了 TAT 时间，保证了检验质量。

## PU-0300

## 特发性矮小症与骨碱性磷酸酶，胰岛素样生长因子-1，1,25 羟基维生素 D3 的关系

冉晓丹  
河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

**目的** 检测特发性矮小症（ISS）患儿血清中骨碱性磷酸酶（BAP），25 羟基维生素 D[25（OH）D]，胰岛素样生长因子—1（IGF-1）水平。进行比对分析，探讨三项指标之间的相关性及其与生长发育的关系。

**方法** 选择在 2018 年 7 月至 2019 年 2 月期间在河南省中医院儿科就诊的特发性矮小症患者 40 例为 ISS 组, 同时选择在河南省中医院儿童健康体检中心体检的正常儿童 40 例为对照组, 分别检测两组儿童血清中的 BAP、25 (OH) D 和 IGF-1 水平, 并对检测结果进行统计学分析。结果: ISS 组患儿血清 BAP, 25 (OH) D 和 IGF-1 水平均明显低于对照组, 两组间差异有统计学意义(  $P < 0.01$ )。

**结果** 特发性矮小症患儿的发生与 BAP, 25 (OH) D 和 IGF-1 水平变化密切相关, 低水平的 BAP, 25 (OH) D 及 IGF-1 有助于儿童特发性矮小症的诊断与治疗。

**结论** 特发性矮小症患儿的发生与 BAP, 25 (OH) D 和 IGF-1 水平变化密切相关, 低水平的 BAP, 25 (OH) D 及 IGF-1 有助于儿童特发性矮小症的诊断与治疗。

## PU-0301

### 涂片镜检纠正血小板计数的临床意义

陈清宙

郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 为了减少血小板假性降低给患者造成不必要的负担, 指导临床大夫合理治疗。

**方法** 挑取工作中遇到的血常规分析中血小板提示聚集和巨大血小板的标本, 推片后进行瑞氏染色 (A 液: B 液=1:1.5), 染色 5 分钟后在奥林巴斯显微镜下进行观察, 以纠正血小板计数。

**结果** 通过平时工作中的涂片观察, 统计了 200 例机器显示血小板异常的血常规标本, 发现 EDTA 诱导血小板聚集 4 例, 血凝标本 2 例, 大血小板 23 例, 其余标本显示的血小板异常信号经镜检后与机器计数差异性不大。EDTA 诱导血小板聚集更换抽血管后计数显示血小板正常, 血凝标本通过重新抽血计数也显示血小板正常, 大血小板通过油镜下计数纠正都不同程度增加了血小板计数。

**结论** 通过推片镜检都不同程度上确保了患者血小板计数的准确性, 帮助临床大夫对患者病情的合理诊断有重要的指导意义。

## PU-0302

### Colorectal cancer cell-derived exosomes containing miR-183-5p regulate angiogenesis via FOXO1

Anquan Shang, Zujun Sun, Dong Li  
Tongji Hospital of Tongji University

**Objective** Exosomes acted as important role in tumor proliferation and tumor microenvironment modulation, including colorectal cancer (CRC). However, the inhibitory effect of CRC cells - derived exosomes in angiogenesis in vascular endothelial cell has not been fully discussed. In this study, the microRNA-183-5p (miR-183-5p) that promote the development of CRC, as well as the exosome secreted from the CRC cells were investigated.

**Methods** Microarray analysis was employed to determine the differentially expressed miRNAs. Exosomes derived from CRC cells were isolated and identified. Meanwhile, exosomes derived from CRC cells were isolated and then co-cultured with HMEC-1 cells to identify the role of exosomes in angiogenesis. Further, the effects of CRC cell-derived exosomal miR-183-5p on proliferation, invasion and tube formation abilities of HMEC-1 cells were assessed. The preventative effect of exosomal miR-183-5p in vivo was measured in nude mice.

**Results** It was found that FOXO1 was downregulated while miR-183-5p was upregulated in CRC. Additionally, the inhibition of miR-183-5p was suggested to suppress proliferation, invasion and tube formation abilities of HMEC-1 cells through upregulating FOXO1. Then, in vitro experiments demonstrated that CRC cell-derived exosomes overexpressing miR-183-5p contributed to an

enhanced proliferation, invasion and tube formation abilities of HMEC-1 cells. Furthermore, in vivo experiments confirmed the promotive effects of CRC cell-derived exosomes overexpressing miR-183-5p.

**Conclusions** Our study demonstrates that the CRC cell-derived exosomes overexpressing miR-183-5p aggravates CRC through the regulation of FOXO1. Additionally, exosomes overexpressing miR-183-5p might be a potential treatment biomarker for CRC.

#### PU-0303

### KRAS mutants in exosomes promote the formation of tumor-associated neutrophil extracellular traps and cause further deterioration of colorectal cancer by inducing high expression of IL-8

Anquan Shang, Zujun Sun, Dong Li  
Tongji Hospital of Tongji University

**Objective** Colorectal cancer (CRC) remains one of the leading causes of cancer-related death. This study aimed to elucidate whether and how exosomes carries KRAS mutant to contribute to the neutrophil recruitment and neutrophil extracellular trap (NET) formation in CRC.

**Methods** APC-WT and APC-KRAS<sup>G12D</sup> mouse models were constructed. Peripheral blood, spleen, bone marrow (BM) and mesenteric lymph nodes (mLN) were isolated to detect neutrophil content in mice. Then, APC-WT and APC-KRAS<sup>G12D</sup> mice were injected with exosomes isolated from APC-WT and APC-KRAS<sup>G12D</sup> mice. The ratio of neutrophils in the colon tissue, NETs formation and IL-8 protein content were quantified. DKs-8 (wild type) and DKO-1 (KRAS mutant) cells were used for in vitro experiments. DKs-8 cells were cultured with exosome-treated PMA stimulated neutrophil-forming NETs culture medium, with the cell viability, invasion, migration, adhesion detected.

**Results** The number of polyps and of neutrophils peripheral blood, spleen and mLNs in APC-KRAS<sup>G12D</sup> mice was increased, which also exhibited more NET formation, higher IL-8 expression, and more exosomes. Meanwhile, mice injected with exosomes of APC-KRAS<sup>G12D</sup> were observed to have increased IL-8 expression, neutrophil recruitment and NET formation. In vitro studies have shown that more NETs were formed by DKO-1-Exos, which were inhibited by DNase. In addition, DKs-8 and DKO-1 cells-derived exosomes can adhere to NETs under static conditions in vitro. Exosomal KRAS mutants can promote the IL-8 production and stimulate the NET formation to promote the in vitro growth of CRC cells.

**Conclusions** The results provide evidence that exosomes may transfer KRAS mutants to increase IL-8 production, promote neutrophil recruitment and form NETs, thereby leading to further deterioration of CRC.

#### PU-0304

### tmTNF-α 反向信号通过上调 TNFR2 促进 tmTNF-α 正向信号对活化 T 细胞的杀伤敏感性

张萌<sup>1,2</sup>, 王晶<sup>2</sup>, 李卓娅<sup>2</sup>  
1. 郑州大学第一附属医院, 450000  
2. 华中科技大学

**目的** 活化诱导的细胞死亡 (Activation-induced cell death, AICD) 可清除外周过度活化或者自身活化的 T 细胞, 在维持外周免疫耐受和防止自身免疫性疾病的发生中发挥重要的生物学作用。TNF-α

包括分泌型 TNF- $\alpha$  (secretory TNF- $\alpha$ , sTNF- $\alpha$ ) 和跨膜型 TNF- $\alpha$  (transmembrane TNF- $\alpha$ , tmTNF- $\alpha$ )。前期已证实, tmTNF- $\alpha$  正向信号和反向信号均可促进活化 T 细胞 AICD, 而 tmTNF- $\alpha$  双向信号之间的相互作用尚不清楚。拟探究 tmTNF- $\alpha$  反向信号是否影响 tmTNF- $\alpha$  正向信号对活化 T 细胞的杀伤敏感性? 进一步明确 tmTNF- $\alpha$  双向信号在活化 T 细胞 AICD 中的作用。

**方法** 利用 PHA 预活化人外周血原代 T 细胞, 抗人 CD3 抗体再次激活使其发生凋亡, 建立 AICD 模型; 以 TNF- $\alpha$  pAb 作为 tmTNF- $\alpha$  反向信号的激动剂, 联合抗 CD3 抗体诱导 T 细胞凋亡, 利用流式细胞术检测 tmTNF- $\alpha$  反向信号对预活化 T 细胞表面 tmTNF- $\alpha$ 、TNFR1 和 TNFR2 的表达情况; 以稳转细胞 wtTNF- $\alpha$ -NIH3T3 (高表达 tmTNF- $\alpha$ ) 为效应细胞, 低表达 tmTNF- $\alpha$  的预活化 T 细胞 (以 PHA 刺激 3 小时的 Jurkat 细胞) 作为靶细胞, 按效靶比 10:1, 共孵育 48 h, 利用流式细胞术检测 tmTNF- $\alpha$  反向信号对其正向信号对预活化 T 细胞凋亡的影响; 在 Jurkat 细胞中, 沉默 TNFR1 和 TNFR2, 利用流式细胞术检测对 tmTNF- $\alpha$  反向信号对其正向信号诱导 T 细胞凋亡的影响。

**结果** TNF- $\alpha$  pAb 激活 tmTNF- $\alpha$  反向信号可显著增加抗 CD3 抗体诱导的 tmTNF- $\alpha$ 、TNFR1 和 TNFR2 的表达。tmTNF- $\alpha$  反向信号可显著增强 tmTNF- $\alpha$  正向信号对活化 T 细胞的杀伤作用, 沉默 TNFR2 可显著阻断 tmTNF- $\alpha$  反向信号对 tmTNF- $\alpha$  正向信号对活化 T 细胞的杀伤作用, 而沉默 TNFR1 则无显著影响。

**结论** 在 T 细胞 AICD 过程中, tmTNF- $\alpha$  反向信号通过上调 TNFR2 促进 tmTNF- $\alpha$  正向信号对活化 T 细胞的杀伤敏感性。

## PU-0305

### 一例心脏超声异常的患儿的临床及遗传学分析

孙媛,李艳春,刘丽媛,王桂林,刘建勇  
北京海思特医学检验实验室

**目的** 利用全基因组芯片(CMA)分析技术对染色体核型检测结果正常但临床有异常表型的患者 (心脏超声异常) 样本进行重复检测分析, 验证并确认患者染色体的具体异常, 帮助临床大夫进行遗传学诊断与分析。

**方法** 使用常规外周血染色体 G 显带法对幼儿外周血淋巴细胞进行染色体核型分析, 同时用染色体全基因组芯片(CMA)进行检测分析, 以明确诊断。

**结果** 染色体核型结果为 46, XX[20]; 全基因组芯片分析技术的结果为 22 号染色体长臂 q11.21 缺失【Loss(22q11.21)】约 3.15Mb。

**结论** 染色体核型技术在用于以往认定的症状如智力落后、心脏超声异常、畸形等检测中, 检测的准确性相对染色体全基因组芯片技术较低, 尤其对微缺失或微重复染色体全基因组芯片技术更有优势。且能明确具体的染色体异常区带、大小及受累基因。若染色体核型分析技术同时结合全基因组芯片(CMA)分析技术, 可提高遗传病染色体异常的检出率, 但对于染色体平衡易位的检测作用不能被全基因组芯片(CMA)分析技术所取代。

## PU-0306

## 应用新型微阵列芯片法检测分析呼吸道过敏疾患过敏原谱及共同致敏现象

黄志锋<sup>2,1,4</sup>, 孙宝清<sup>2,1,4</sup>

1.广州医科大学附属第一医院, 510000

2.广州呼吸疾病健康研究院

3.呼吸疾病国家重点实验室

4.广州医科大学

**目的** 过敏性鼻炎和哮喘是呼吸道过敏的主要疾病, 病因诊断的局限性导致过敏性鼻炎和哮喘患者的症状反复发作, 严重影响生活质量, 因此明确过敏原在疾病的诊治防中起着关键的重要作用。

**方法** 收集 2016-2018 年就诊于广州医科大学附属第一医院, 确诊为过敏性鼻炎和(或)哮喘患者, 并经 ImmunoCAP 系统检测血清 sIgE 为多重过敏原阳性的患者血清 245 例。进一步采用微阵列芯片法检测本地区 19 项常见过敏原特异性 IgE, 对呼吸道过敏性疾病患者过敏原谱及共同致敏现象进行分析。

**结果** 螨(包括屋尘螨、粉尘螨和热带螨)是呼吸道过敏症患者的主要致敏原, 粉尘螨(86.94%)的阳性率最高, 其次为屋尘螨(84.49%); 食物过敏原中蟹(21.63%)阳性率最高。吸入性过敏原(91.02%)总体阳性率显著比食物过敏原(35.92%)总体阳性率高。三种疾病组的主要致敏过敏原均为三种螨虫和蟑螂, 其中鼻炎合并哮喘组患者的猫毛、狗毛、蟑螂、虾蟹过敏原阳性率大幅高于其他两组疾病患者。利用系统聚类分析和相关性分析可将 19 项过敏分为 5 类不同致敏模式: 第一类: 屋尘螨/粉尘螨/热带螨/蟹/虾/蟑螂; 第二类: 狗牙根草/梯牧草/小麦/大豆/花生/矮豚草/杏仁; 第三类: 猫毛/狗毛/牛奶; 第四类: 曲霉菌/白色念珠菌; 第五类: 鸡蛋白。

**结论** 微阵列芯片技术的引入有效解决当前过敏原检测市场医疗成本高, 血清需求量大的缺点, 可以大流量筛查患者过敏原组敏感性, 为临床医生提供相关过敏原谱, 同时更好的解释共同致敏和交叉过敏现象。

## PU-0307

## Analysis of cat and dog dander allergen specific IgE in 32306 patients of suspected allergic diseases

Zhifeng Huang<sup>1,2</sup>, Baoqing Sun<sup>1,2</sup>

1. First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

2. Guangzhou Medical University

**Objective** With the development of society and the changes in the environment, the incidence of pet allergies is rising. At present, there is no accurate epidemiological survey data on sensitized patients with cat and dog allergens.

**Methods** Fluorescence-linked immunosorbent immunoassay (automatic ImmunoCAP) was used to detect cat and dog dander allergen specific IgE in 32,306 patients with suspected allergic diseases, comparing the sensitization rate and sensitization of different sexes, ages and regions. And to analyze the situation of co-sensitization of cat and dog dander allergen sIgE.

**Results** Among the 30 thousand results, the positive rate of cat dander sIgE (5.78%) was significantly higher than dog dander sIgE (4.62%) ( $\chi^2 = 15.006$ ,  $P < 0.01$ ); In male group, adult group, coastal group and the inland group, the positive rate of dog hair allergen was higher than cat hair ( $P < 0.05$ ). For dog dander allergens, the male group positive rate (5.13%) was higher than the female group (4.15%), while the positive rate in the coastal group (5.40%) was higher than that in the inland group (3.88%) ( $P < 0.05$ ). And for the cat dander, the positive rate of  $\leq 18$  years group (10.58%) was significantly higher than  $> 18$  years group (4.20%), while the coastal

group (6.45%) was higher than the inland group (1.19%) ( $P < 0.05$ ). ). The cat and dog dander compliance rate was 95.10%. When only cat or dog dander was single positive, the positive concentration was mostly in the 1-2 level. The high level positive cases were rare; the cat and dog dander sIgE concentrations were strong. Positive correlation ( $r_s = 0.781$ ,  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** For the first time, based on big data, this report reports the positive distribution of cat and dog dander allergens in the southern region, which will facilitate the clinician's diagnosis and treatment of patients' pet allergies and patient prevention.

## PU-0308

### 采用酶联免疫捕获法和 EUROL 免疫印迹法检测血清 IgE 的对比分析

黄志锋<sup>1,2</sup>, 孙宝清<sup>1,2</sup>

1. 广州医科大学附属第一医院, 510000

2. 广州医科大学

**目的** 欧蒙免疫印迹技术 (EUROL) 可在一个膜条上实现多达 21 种过敏原抗体的同时检测。本研究以荧光酶联免疫定量 ImmunoCAP 法为标准方法, 旨在探讨 EUROL 的检验效能及在中国南部的应用价值。

**方法** 采用 EUROL 系统检测来自广州医科大学附属第一医院 283 例多致敏患者血清 12 项常见过敏原特异性 IgE (sIgE), 包括: 蟑螂 (i6), 狗皮屑 (e2), 猫毛 (e1), 艾蒿 (w6), 矮豚草 (w1), 尘螨组合 (ds1), 鸡蛋白 (f1), 牛奶 (f2), 蟹 (f23), 虾 (f24), 花生 (f13) 及黄豆 (f14)。

**结果** 屋尘螨过敏原作为本地区主要吸入性过敏原, 阳性率高达 66.3%, 而鸡蛋白在食物过敏原中阳性率最高, 达 53.2% (EUROL 法)。以 ImmunoCAP 法为参考方法, 经比对发现, EUROL 系统对所有过敏原总体符合率在 60.8% ~ 90.1%, 阳性符合率为 63.3% ~ 93.6%, 阴性符合率为 54.5% ~ 95.2%。EUROL 法检测各过敏原的 kappa 值在 0.203~0.702 之间, 猫毛、鸡蛋白、花生、牛奶及艾蒿过敏原一致性较好, Kappa 值 > 0.6; sIgE 等级相关性分析, 对于尘螨组合、猫毛、艾蒿、鸡蛋白、牛奶、花生及蟹过敏原, ImmunoCAP 法与 EUROL 法检测结果等级相关性均 > 0.7, Kendall 系数均 > 0.6; 除虾, 蟑螂和豚草过敏原, 其余过敏原 ±1 级别符合率均在 80% 以上。

**结论** EUROL 系统具有较高的诊断效能。该方法价廉高效, 能适用于广大南方地区患者过敏原检测, 因此, EUROL 系统优先作为南方基层医院过敏原检测技术具有重要意义。

## PU-0309

### 对河南省某三级甲等医院 2016-2018 年病原菌分布与耐药情况分析

郭娟, 李莹莹

郑州人民医院, 450000

**目的** 对某院 2016-2018 年病原菌的分布及耐药性情况进行统计分析, 以了解感染特点, 探索下一阶段医院感染防控重点

**方法** 利用 LIS 和 HIS 软件系统对连续 3 年所有门诊及住院患者的细菌耐药性进行统计及回顾性数据分析

**结果** 医院感染部位主要是呼吸系统和泌尿系统。病原菌的标本来源以痰液为主，其次是为尿液和血液。检出的主要病原菌为鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、大肠埃希氏菌、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌和白色念珠菌。与 2016 和 2017 年相比，2018 年我院病原菌耐药率均有不同程度的降低。总体来说，与国内同等综合性医院相比，我院的铜绿假单胞菌耐药率稍低；大肠埃希菌耐药率较一般；肺炎克雷伯菌的耐药率偏高；鲍曼不动杆菌耐药性较高；金黄色葡萄球菌耐药率相对较低。我院连续 3 年多重耐药菌监测结果以多重/泛耐药鲍曼不动杆菌，产-ESBLs 大肠埃希菌和耐碳氢酶烯类肺炎克雷伯菌居多。产-ESBLs 大肠埃希菌与产-ESBLs 肺炎克雷伯菌检出率逐年上升；多重/泛耐药鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌和 MRSA 构成比逐渐下降。

**结论** 通过分析我院临床病原菌流行病学分布来院内感染监测数据，提示我院主要病原菌为革兰氏阴性杆菌，经过前期的临床规范用药，某些病原菌耐药率得到有效控制，在耐药性方面明显低于同级别医院，但是大多数致病菌耐药率还是较高，且多数细菌已产生多重耐药性。临床应采取积极应对措施以降低耐药率减少多重耐药菌的产生及传播。

## PU-0310

### Peripheral blood circulating microRNA-4636/-143 for the prognosis of cervical cancer

Sheng Yin, Min Wang  
The Second Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** Cervical cancer is the third leading cause of female death in the world. Serum microRNAs (miRNAs) are currently considered to be valuable as non-invasive cancer biomarkers, but their role in the prognosis of cervical cancer has not been elucidated. We aimed to find serum miRNAs that can be used as prognostic factors for cervical cancer. A traumatic pathological biopsy is the only reliable method for determining the severity of cervical cancer currently. Thus, non-invasive diagnostic markers are needed.

**Methods** The serological expression of candidate microRNAs were measured in 90 participants, including 60 cervical cancer patients and 50 cervical intraepithelial neoplasia patients. MicroRNAs were evaluated by quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR). Spss25.0 software was used to evaluate the correlation of serum microRNAs levels with pathological stage, differentiation, gross tumor volume and depth of invasion.

**Results** A two-miRNA signature involving miR-143/-4636 has been developed. miR-143/-4636 appeared specific for cervical cancer compared with cervical intraepithelial neoplasia ( $p < 0.001$ ). The classification performance of validated miRNAs for cervical cancer [Area under the receiver operating characteristic curve (AUC)=0.942] was better than that reached by squamous cell carcinoma antigen (SCC-Ag) (AUC=0.727). The lower level of serum miR-4636/-143, the worse differentiation ( $p < 0.05$ ). miR-4636 level was correlated gross tumor volume and the depth of invasion ( $p < 0.0001$ ).

**Conclusions** In our study, we found a combination of miR-143 and miR-4636 that is independently and strongly associated with cervical cancer prognosis and can be used as a clinically prognostic factor.

## PU-0311

## The interference of oral low dose biotin on immunoassays

Yulong Li,Xingrong Yao,Jianxun He,Xiaoli Zeng,Runan Zhang,Hui Yuan  
Beijing Anzhen Hospital, Capital Medical University

**Objective** Streptavidin/biotin-based immunoassays are vulnerable to many different types of interference especially biotin, which can lead to erroneous clinical decisions. To investigate the interference of biotin metabolism, we evaluated the interference of oral low dose biotin in several factors using immunoassays marketed by Roche, Beckman and Mindray.

**Methods** Healthy subjects were informed to take 10 mg per day within 7 days. Serum samples from healthy subjects at different points were collected. The measurements of thyroid stimulating hormone, 25-hydroxyvitamin D, vitamin B12, folate, Ferritin, and estradiol in health serum were implemented by chemiluminiscence methods of Beckman coulter, Roche, and Mindray. The measurements of TnI (or TnT), CK-MB, MYO in health serum added cardiac markers positive serum were also implemented by these detection systems.

**Results** We found significant differences of TSH between the second point and the first points ( $p$  value = 0.046), between the second point and the fourth point ( $p$  value = 0.034) detected by the Beckman detection system; significant differences of TSH between the second point and the first points ( $p$  value < 0.001), between the second point and the third point ( $p$  value = 0.006), between the second point and the fourth point ( $p$  value < 0.001) detected by the Roche detection system; significant differences of 25-OH VitD between the second point and the first points ( $p$  value < 0.001), between the second point and the third point ( $p$  value = 0.003), between the second point and the fourth point ( $p$  value = 0.001) detected by the Roche detection system; significant difference of TSH between the second point and the first points ( $p$  value = 0.017), between the second point and the fourth point ( $p$  value = 0.035) detected by the Mindray detection system; significant difference of folate between the second point and the first points ( $p$  value = 0.024), between the second point and the fourth point ( $p$  value = 0.020) detected by the Mindray detection system. Moreover, the significant differences of 25-OH VitD were found between the first point and the second ( $p$  value < 0.001), the first point and the third point ( $p$  value = 0.048), the second point and the third point ( $p$  value < 0.001), the second point and the fourth point ( $p$  value < 0.001) detected by the Mindray detection system. However, no significant differences ( $p$  value > 0.05) were found of all cardiac markers in mixed serum samples between different points detected by these three systems, respectively.

**Conclusions** TSH and 25-OH VitD might be interfered by the oral low dose biotin, with a lower and elevated change, respectively. The interference rejection detected on Beckman coulter and Roche was better than it detected on Mindray. The trend of differences of TnT detected by Roche might exist although the  $p$  value was greater than 0.05 in this study. The limitations of this study were small sample sizes and the dilution effect. Serum samples mixed in positive serum might not imitate the metabolism in vivo.



PU-0312

## Suppression of Gut Bacterial Translocation Ameliorates Vascular Calcification through Inhibiting Toll-Like Receptor 9-mediated BMP-2 expression

Yang Zhao<sup>1</sup>, Li-Yan Cui<sup>1</sup>, Xian Wang<sup>2</sup>, Ming-Jiang Xu<sup>2</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Peking University Third Hospital

2. Department of Physiology and Pathophysiology, School of Basic Medical Science, Peking University Health Science Center, Key Laboratory of Molecular Cardiovascular Science, Ministry of Education

**Objective** Vascular calcification (VC) is the major cardiovascular complication in chronic renal failure (CRF) patients. Systemic inflammation is a common feature of CRF patients, and closely related to the morbidity and cardiovascular events. Recently, accumulating evidence has demonstrated that the gastrointestinal tract is a major instigator of systemic inflammation in CRF. Studies illustrated that increased intestinal permeability due to the intestinal barrier dysfunction induces the intestinal bacterial translocation in both CRF patients and experimental CRF models. The colon wall inflammation is along with destruction of the epithelial tight junction barrier and translocation of bacterial DNA and lipopolysaccharide (LPS) into bloodstream. Gut bacterial DNA and LPS can be detected in the serum of CRF animals and dialysis patients and correlate with severity of systemic inflammation, suggesting that intestinal bacterial translocation is an important cause of systemic inflammatory response in CRF. TLR4 and TLR9, as the receptors for bacterial LPS and bacterial DNA, respectively, are involved in the development of these abnormalities. However, whether bacterial components contribute to the inflammation and VC in CRF individuals remains unknown.

**Methods** In the present study, oral antibiotics were used to suppress intestinal bacteria and its product LPS and bacterial DNA in adenine-induced CRF rats. The TLR4<sup>-/-</sup> and TLR9<sup>-/-</sup> mice were fed with chow diet or adenine diet with 20% casein added to induce CRF mouse model.

**Results** Antibiotics supplementation significantly suppressed intestinal bacterial translocation. Calcium deposition in the abdominal aorta, as assessed by von Kossa staining and calcium content assay, was increased in CRF rats, and significantly ameliorated by antibiotics administration. Besides, antibiotics administration significantly reduced the mRNA levels of osteogenic genes *Msx2*, *Cbfa-1* and increased smooth muscle lineage markers *Actin2* and *SM22α* compared with those in vehicle-administered CRF rats' aorta. Furthermore, TLR4 and TLR9 activation in vascular smooth muscle cells (VSMCs) aggravated inorganic phosphate (Pi)-induced calcification and osteoblastic differentiation. TLR9 inhibition, but not TLR4 inhibition, by both a pharmacological inhibitor and genetic methods could significantly reduce CRF rats' serum or CRF-induced VC. Interestingly, bone morphogenic protein-2 (BMP-2) levels were increased in the aorta and sera from CRF rats. Increased BMP-2 levels were also observed in VSMCs treated with TLR9 agonist, which was blocked by NF-κB inhibition. Both siRNA knockdown of BMP-2 and NF-κB inhibitor significantly blocked TLR9 agonist-induced VSMCs calcification.

**Conclusions** In conclusion, we demonstrate that antibiotics administration alleviates intestinal bacterial translocation, and suppresses vascular calcification in adenine-induced CRF rats through inhibiting TLR9/NF-κB/BMP-2 signaling. TLR9 signaling pathway might be a novel target for clinical prevention and treatment of vascular calcification and inflammation in CRF patients.

## PU-0313

## 不同比对方法在两台血凝仪可比性分析中的联合应用

于群,卢志贤,黄璇,龚芳  
无锡市第三人民医院

**目的** 研究 Sysmex CA8000 型全自动血凝仪和 Stago STA-R 型全自动血凝仪的检测结果是否具有可比性, 比较极差法和 EP9-A2 方案法在实际应用中的优缺点。

**方法** 参照美国临床实验室标准化协会的 EP9-A2 文件, 对 2 台血凝仪凝血酶原国际标准化比值 (international normalized ratio, INR) 的检测结果进行比对; 运用极差法对 2 台血凝仪活化部分凝血活酶时间 (activated partial thromboplastin time, APTT) 和纤维蛋白原 (fibrinogen, FIB) 的检测结果进行比对。

**结果** 2 台血凝仪在 INR 医学决定水平处的系统误差均小于 CLIA'88 规定的允许总误差的 1/2; APTT 比对样本的比对偏差分别为 4.5%和 5.4%, 均小于 7.5%的临床可接受判断标准; FIB 比对样本的比对偏差分别为 6.4%和 7.2%, 均小于 10.0%的临床可接受判断标准。

**结论** 2 台血凝仪检测结果具有可比性。极差法比对方案操作简单, 但使用条件严苛; EP9-A2 方案使用范围广阔, 但比对过程复杂, 临床实验室应根据实际情况选择合适的方法。

## PU-0314

## Transcription factor GATA3 could be used as a potential breast cancer prognosis biomarker

Wenzhe Si, LiYan Cui  
Peking University Third Hospital

**Objective** Transcription factor GATA3 is required to specify and maintain the luminal cell fate in the mammary gland, and its expression is progressively lost during luminal breast cancer progression. However, how the loss-of-function of GATA3 contributes to the development of breast cancer and whether GATA3 could function as a prognosis marker is still poorly understood.

**Methods** By using ELISA assay, Immunohistochemistry assay, Real time PCR analysis, a chromatin immunoprecipitation (ChIP)-based deep sequencing assay, quantitative ChIP assays we identified the expression of GATA3 is negatively with breast cancer progression. Using CCK-8, colony formation and transwell assays, and a xenograft tumor model we reveal the function and mechanism of GATA3 in breast cancer.

**Results** Here, we report that GATA3 targets more transcriptionally repressed genes than transcriptionally active ones in mammary luminal epithelial cells. We found that GATA3 nucleates a chromatin modifying machinery composed of G9A and MTA3-, but not MTA1- or MTA2-, associated NuRD complex. Genome-wide analysis of the GATA3/G9A/NuRD(MTA3) targets identified a cohort of genes including ZEB2 and CDH2 that are critically involved in cell proliferation, migration, and epithelial-to-mesenchymal transition (EMT). We demonstrated that the GATA3/G9A/NuRD(MTA3) complex inhibits the invasive potential of breast cancer cells in vitro and suppresses breast cancer metastasis in vivo. Strikingly, we found that the expression of G9A and MTA3 is concurrently down-regulated with GATA3 during breast cancer progression as a result of the repressed expression of ZEB2, a transcription activator for G9A and MTA3, by the GATA3/G9A/NuRD(MTA3) complex.

**Conclusions** Apparently a reciprocal feedback loop exists between the GATA3/G9A/NuRD(MTA3) complex and ZEB2, which is dysfunctioned due to the loss of GATA3 during breast cancer progression. Our study uncovered a mechanistic link of the loss-of-function

of GATA3 to breast cancer progression, providing potential targets for therapeutic intervention of breast cancer.

#### PU-0315

### 便携式血糖仪与生化分析仪血糖检测结果的比对分析

谢菊红

西安交通大学医学院第一附属医院长安医院

**目的** 评价便携式血糖仪与生化分析仪血糖测定结果的一致性, 监测血糖仪质量管理效果

**方法** 用新鲜抗凝全血对本院正在使用及备用的血糖仪与生化分析仪血糖检测结果进行准确度比对和批内精密度实验, 用血糖仪配套低值和高值质控液的质控结果进行批间精密度实验

**结果** 准确度实验 当血糖浓度为 2.73mmol/L ( $<5.5\text{mmol/L}$ ) 时, 差异为 $-0.18\sim0.14\text{mmol/L}$ ; 当血糖浓度 $\geq 5.5\text{mmol/L}$  时, 差异为 $-6.25\sim9.24\%$ 。精密度实验 当血糖浓度 $<5.5\text{mmol/L}$  时, 批内标准差 SD 为 0.35mmol/L, 批间标准差 SD 为 0.26mmol/L。当血糖浓度 $\geq 5.5\text{mmol/L}$  时, 批内精密度 cv 为 5.88%; 批间精密度 cv 为 4.08%。

**结论** 参与比对的血糖仪检测结果准确度和精密度符合要求, 可继续用于临床工作中。医务部制定的便携式血糖仪质量管理体系有效可行。

#### PU-0316

### 高脂血症对临床生化检验结果的影响研究

韩笑, 王美英

内蒙古医科大学附属医院

**目的** 探讨高脂血症对临床生化检验结果的影响。

**方法** 选择 2016 年 1 月-2018 年 1 月期间在我院就诊的 80 例高脂血症患者作为观察组, 并选择 80 例同期于我院体检健康者作为对照组; 观察组与对照组均进行临床生化检验, 其中观察组前进行直接检测, 然后离心后进行检测; 比较观察组离心前后及与对照组的临床生化结果的差异性。

**结果** 观察组的 ALT、AST、TB、Cr 水平明显高于对照组, TP 水平明显低于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。观察组离心后的 ALT、AST、TB、Cr 水平明显高于离心前, TP 水平明显低于离心前, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 但与对照组的 ALT、AST、TB、Cr 水平均无显著差异性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 高脂血症可对临床生化检验结果的准确性产生影响, 通过高速离心可避免高脂血症的影响。

#### PU-0317

### 采用 MALDI-TOF MS 及 MLST 对肺炎克雷伯菌进行 同源性分析的比较

宋国滨, 黄颖, 徐元宏

安徽医科大学第一附属医院, 230000

**目的** 对我院四个 ICU 病房中分离出 39 株碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌的流行情况进行分析, 评估基质解吸电离飞行时间质谱 (matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry) 对肺炎克雷伯菌同源性分析的能力的价值。

**方法** 收集并保存医院临床上分离的非重复的 CRKP。采用纸片扩散法和 Vitek2 法进行药敏实验, 碳青霉烯酶基因进行 PCR 扩增和序列分析, 多位点序列分型 (multilocus sequence typing, MLST) 方法, MALDI-TOF MS 进行同源性分析。

**结果** 39 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌对临床常用抗生素呈现多重耐药, MALDI-TOF 与 MLST 结果不一致, MALDI-TOF 将 39 株 CRKP 分为三大簇, MLST 结果显示 35 株 CRKP 为 ST11 型, ST379、ST751、ST307、ST490 各有一株, MALDI-TOF MS 将五种 ST 型都分在第一簇。

**结论** CRKP 呈现多重耐药特点, 我院四个 ICU 病房间除心血管外科 ICU 外, 来自其他三个 ICU 的 CRKP 呈现高度同源, 需引起医院感染的重视。本研究中 MALDI-TOF MS 技术对 CRKP 进行同源性分析有待于有关研究人员进一步分析, 不能取代传统方法对菌株流行病学调查。

## PU-0318

### 电化学发光法测定促甲状腺激素分析灵敏度的验证

王莹, 姚瀚鑫, 许建成  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 对罗氏 Cobas8000 e602 电化学发光免疫分析系统测定促甲状腺激素(TSH)项目的分析灵敏度性能指标进行验证和评估。

**方法** 参考美国临床和实验室标准协会 CLSI EP-17A《检出限和定量检出限确定方案-批准指南》, 对 Cobas8000 e602 检测系统测定 TSH 的空白限、生物检测限、功能灵敏度的性能指标进行验证分析。

**结果** 罗氏 Cobas8000 e602 化学发光仪检测出的 TSH 空白限为 0.005 $\mu$ IU/ml、生物检测限为 0.013  $\mu$ IU/ml、功能灵敏度为 0.014 $\mu$ IU/ml。

**结论** 实验室应建立并验证本实验室的空白限、生物检测限与功能灵敏度, 对于低浓度的 TSH 检测结果评价具有重要临床意义。

## PU-0319

### T2DM 患者 sdLDL-C 含量变化及其与 脂糖代谢指标间的关系

邓宽国, 尹石华  
东营市胜利医院检验科

**目的** 探讨 2 型糖尿病 (T2DM) 患者小而密脂蛋白胆固醇 (sdLDL-C) 含量变化及其与超敏 C 反应蛋白 (Hs-CRP)、游离脂肪酸 (FFA) 和部分脂糖代谢指标间的关系。

**方法** 对 200 例 T2DM 患者根据糖化血红蛋白 (HbA1C) 含量分为 A、B、C 三组。健康对照 68 例, 分别测其 sdLDL-C、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、甘油三酯 (TG)、HS-CRP、FFA、葡萄糖 (GLU) 和 HbA1C 各项指标。对三组 T2DM 的检测结果进行比较, 分析 sdLDL-C 与各项检测结果是否具有相关性。

**结果** T2DM 组的 sdLDL-C、HbA-C、GLU、TG、TC、LDL-C、HS-CRP、FFA 明显高于对照组, HDL-C 则低于对照组, 两组比较各项指标均有不同的显著差异 ( $P < 0.05-0.001$ ), 糖尿病组 sdLDL-C 与 TG、TC、LDL-C、HbA1C、GLU、FFA、HS-CRP 呈不同程度的显著正相关, 与 HDL-C 呈显著负相关。

**结论** T2DM 患者 sdLDL-C、Hs-CRP 及其他部分脂糖指标异常的发生率明显高于健康对照组, 联合测定上述指标对糖尿病患者并发心脑血管疾病的早期预防、诊断和治疗具有重要临床意义。

## PU-0320

## 急性髓系白血病患者中 IDH1 和 IDH2 基因的突变发生率及其临床特征

邓宽国,张团结  
东营胜利医院

**目的** 分析急性髓系白血病患者中 IDH1 和 IDH2 基因的突变发生率及其临床特征。

**方法** 随机选取医院收治的 2013 年 1 月到 2015 年 1 月 50 例急性髓系白血病患者,使其作为研究组,并同期选择 50 例缓解期急性髓系白血病患者,使其作为对照组;对两组患者采用 R 显带技术对患者染色体进行分析,并对其进行 IDH1、IDH2 检测。

**结果** 对两组急性髓系白血病患者基因检测发现,研究组中, IDH1 基因突变发生率达到 22.0%(11/50), IDH2 基因突变发生率为 28%(12/50); 且与对照组比较, IDH1 和 IDH2 基因突变阳性患者较多,两组对比差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 同时, IDH1 基因突变多发生在白细胞计数高、血小板计数较低患者中, IDH2 突变多发生在年龄偏大患者中。

**结论** 临床中,通过检测急性髓系白血病患者 IDH1、IDH2 基因突变情况,可以作为临床有效诊断急性髓系白血病及其预后的指标,在临床诊治急性髓系白血病中发挥积极作用。

## PU-0321

## 油田职工健康体检妇女子宫颈人乳头瘤病毒基因亚型检测及分析

张团结  
东营市胜利医院

**目的** 了解健康体检妇女 HPV 的感染情况及各亚型分布情况,为预防感染提供临床资料 (HPV 检测的优势亚型,为宫颈癌疫苗的研发和本地区投放应用提供依据)。

**方法** 对体检女性宫颈脱落细胞应用基因芯片技术进行 HPV 亚型检测并分析其感染率。

**结果** 检测的 15063 例标本中, HPV 阳性标本为 1852 例,阳性率为 12.30 %。高危 HPV 感染率由高到低的前 5 位 HPV 亚型依次为 HPV16(20.91%)、52(14.56%)、58 (10.19%)、53 (9.23%)、31 (7.13%)。低危 HPV 感染率由高到低的前 3 位高危型 HPV 亚型依次为 HPV81(52.46%)、HPV11(22.40%)、HPV6(15.85%)。HPV 在人群中所占的比率合计占 11.08%,而低危亚型仅占 1.21%。HPV 多重感染与宫颈癌 FIGO 分期及分化程度呈现相关关系。

**结论** 健康体检女性中有相当比例感染高危型 HPV,对体检女性进行 HPV DNA 检测及分型有重要意义。HPV 多重感染同宫颈癌发病具有相关性,可能是宫颈癌发病及进展的高危因素。

## PU-0322

## 免疫增强比浊法与电化学发光法测定肌钙蛋白和肌红蛋白的相关性分析

尹石华  
东营胜利医院

**目的** 比较在 AMI 或急性心绞痛时免疫增强比浊法与电化学发光法两种方法测定肌钙蛋白 (cTn) 和肌红蛋白 (Mb) 两种蛋白的相关性。

**方法** 采用免疫增强比浊法与电化学发光法肌钙蛋白和肌红蛋白进行测定比较和相关性分析。

**结果** 两种方法测定肌钙蛋白有显著相关性 ( $P<0.05$ )，Mb 有极显著相关性 ( $P<0.01$ )。

**结论** 两种方法测定肌钙蛋白和肌红蛋白有显著相关性，免疫增强比浊法可以在全自动生化分析仪上测定，方便、快速、成本低；电化学发光法需专供试剂，成本高，不利于急诊。

## PU-0323

### 肝素结合蛋白对脓毒症相关急性呼吸窘迫综合征的预测价值研究

史健

东营胜利医院

**目的** 探讨肝素结合蛋白 (heparin binding protein, HBP) 对脓毒症相关急性呼吸窘迫综合征 (acute respiratory distress syndrome, ARDS) 的预测价值。

**方法** 选择 2016 年 6 月—2017 年 6 月在我院 ICU 诊疗并发生 ARDS 的 30 例脓毒症患者为 ARDS 组，30 例未发生 ARDS 的脓毒症患者为非 ARDS 组。另选取 30 例健康志愿者为对照组。观察各组 HBP、超敏 C 反应蛋白 (hypersensitive C reactive protein, hs-CRP)、IL-6 水平的差异，测算脓毒症患者入院 48 h 内 HBP、hs-CRP、IL-6 水平对发生 ARDS 的预测价值。

**结果** HBP、hs-CRP 及 IL-6 在 3 组之间差异具有统计学意义 ( $P$  均  $<0.05$ )；ARDS 组和非 ARDS 组均明显高于对照组 ( $P$  均  $<0.05$ )，且 ARDS 组均明显高于非 ARDS 组 ( $P$  均  $<0.05$ )。入院 48 h，患者 HBP 对脓毒症相关 ARDS 预测价值最高，其最佳界值为 28.56 ng/ml，ROC 曲线下面积为 0.834，诊断敏感度及特异度分别为 86.2% 和 79.3%，约登指数为 0.655。

**结论** 在脓毒症相关 ARDS 的预测中，HBP 具有较高的价值。

## PU-0324

### The prognostic value of hematological parameters in prostate cancer

Xiya Sun<sup>1</sup>, Zhaohui Sun<sup>2</sup>

1. The First Clinical Medical College of Lanzhou University

2. The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Research on the relationship between hematological parameters and malignant tumors has become a hotspot. hematological parameters include neutrophil-lymphocyte ratio (NLR), platelet-lymphocyte ratio (PLR), and red blood cell distribution width (RDW). Hematological parameters are also used as inflammatory biomarkers for the evaluation of patient infection status. In addition, many studies have demonstrated that NLR, PLR, and RDW could act as independent prognostic indicators for several solid tumors. This study aimed to evaluate the clinical implications of pretreatment inflammatory biomarkers, including NLR, PLR, and RDW as independent prognostic indicators in prostate cancer (PCa).

**Methods** We consulted the medical records of 226 patients with prostate biopsy. Data regarding age, biopsy Gleason score, Ki-67 indexes, PSA levels, pre-biopsy routine blood indexes, and routine urine indexes in patients who were diagnosed as PCa were analyzed. Blood indexes were detected with an automated hematology analyzer, PSA was measured with a Fully automatic chemiluminescence detection analyzer. Urine routine test was detected with automated urine analyzer.

Post-treatment regular telephone follow-up was carried out after 226 PCa patients were treated by radical prostatectomy, hormone therapy, radiotherapy, or endocrine therapy. The first research

end-point was overall survival (OS), which was defined as the time from the initiation of treatment to the date of death for any reason. The second study end-point was disease-free survival (DFS), which was defined as the time from the date of curative treatment to the date of identification of disease recurrence, either radiological or histological. Radiological recurrence was defined as a size increase in an existing lesion, new metastatic lesions, or disease-related symptoms. Histological recurrence was considered as cancerous cells, local invasion, vascular invasion, lymph node invasion by the repeat biopsy after treatment.

**Results** The pretreatment NLR, PLR, and RDW values were significantly higher in the patients with PCa than those in the controls ( $P<.05$ ). Increased NLR and PLR values were significantly associated with high risk of progression, including higher Gleason scores, cell proliferation antigen 67 (Ki-67) indexes, and prostate-specific antigen (PSA) levels ( $P<.05$ ), whereas an elevated RDW was only associated with an older age. An increased NLR was correlated with both overall survival (OS) ( $P=.025$ ) and diseasefree survival (DFS) ( $P=.017$ ). In addition, a higher PLR only showed a significantly worse DFS ( $P=.040$ ). Pretreatment NLR was an independent prognostic indicator of DFS.

**Conclusions** The pretreatment NLR and PLR might be beneficial to predict the progression and prognosis of PCa. Furthermore, NLR was more effective than PLR acting as an independent prognostic indicator for PCa.

## PU-0325

### Identification and traceability analysis of a highly pathogenic *Burkholderia pseudomallei*

Jin Li

Department of Clinical Laboratory Medicine, Institute of Surgery Research, Daping Hospital, Army Medical University

**Objective** In order to provide suggestions for preventing the epidemic transmission of the bacteria, we identified and traced a highly pathogenic bacteria isolated from urine and blood of clinical patients.

**Methods** Vitek-2 Compact GN identification card, MALDI-TOF MS, API 20NE biochemical identification system and 16s rRNA gene sequence analysis were used to identify the *Burkholderia pseudomallei*, epidemiological investigation and MLST were used to analyze the traceability of the *Burkholderia pseudomallei*.

**Results** The highly pathogenic bacteria was identified as *Burkholderia pseudomallei* by a variety of methods, and the results of traceability analysis showed that the strain was ST393 type *Burkholderia pseudomallei*. Combined with epidemiological investigation and analysis results, it was determined to be an imported type of melioidosis. The hospital treated the patient in isolation, and there was no outbreak of infection in the hospital.

**Conclusions** According to the results of identification and traceability analysis, clinicians should strengthen the monitoring of *Burkholderia pseudomallei* and understand the molecular epidemiological characteristics of this highly pathogenic *Burkholderia pseudomallei* strain, and medical and epidemiologists should actively be vigilant and strengthen the prevention and control of the disease. According to the results of identification and traceability analysis, clinicians can understand the molecular epidemiological characteristics of this highly pathogenic *Burkholderia pseudomallei* strain, actively raise vigilance and strengthen prevention of this disease.

## PU-0326

## Evaluation of matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry for identifying VIM- and SPM-type metallo- $\beta$ -lactamase-producing *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates

Jin Li

Department of Clinical Laboratory Medicine, Institute of Surgery Research, Daping Hospital, Army Medical University

**Objective** This study was undertaken to evaluate the utility of matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) with the VITEK MS plus system in the detection of VIM- and SPM-type MBL-PA isolates.

**Methods** For each species, we increased the reference spectra, and then, a SuperSpectrum was created based on the selection of 39 specific masses. In a second step, we validated the SuperSpectra with the remaining 50 isolates (25 isolates of VIM-type and 25 isolates of SPM-type).

**Results** The results showed that there was 92% agreement between the MBL profile generated by MALDI-TOF MS and that obtained using gene sequencing analysis methods.

**Conclusions** MALDI-TOF MS is a promising, rapid and economical method for detecting VIM- or SPM-type MBL-PA that could be successfully introduced into the routine diagnostic workflow of clinical microbiology laboratories.

## PU-0327

## 2016—2018 年重庆某三甲医院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌分离和耐药性变迁

刘颖

中国人民解放军陆军特色医学中心

**目的** 动态监测 2016—2018 年重庆某三甲医院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 的分离及耐药性变迁, 为指导临床抗感染治疗提供依据。

**方法** 收集重庆某三甲医院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月临床分离的非重复 CRE 菌株 246 株, 利用 VITEK-MS 质谱仪进行菌株鉴定, 采用最小抑菌浓度(minimal inhibitory concentration, MIC)法测定其对 14 种常用抗菌药物的敏感性, 最后通过 WHONET 5.6 软件对药敏资料进行统计分析。

**结果** 2016 年 1 月至 2018 年 12 月住院患者送检的临床标本共检出 CRE 菌株 246 株, 其中, 2016 年 40 株(2.1%)、2017 年 109 株(6.0%)、2018 年 97 株(6.1%)。从标本类型来看, 246 株 CRE 菌株中痰液和肺泡灌洗物占 69.9%, 尿液占 9.8%, 血液占 8.1%, 分泌物占 5.3%, 脓液占 2.0%, 其他占 4.9%; 从年龄分布来看, CRE 菌株中, 61-70 岁的患者人数最多, 共 61 例 (24.8%), 明显多于其他年龄段, 相对而言 90+ 岁的患者人数最少, 共 5 例 (2.0%); 246 株 CRE 菌株中主要分离的细菌为肺炎克雷伯菌、阴沟肠杆菌、大肠埃希菌、产气肠杆菌和弗劳地柠檬酸杆菌, 主要分布的科室为 ICU、RICU、NICU、呼吸内科和创伤外科。药敏结果显示 246 株 CRE 菌株对临床常用抗菌药物呈高度耐药, 除了对左旋氧氟沙星和阿米卡星的耐药率低于 60%, 对大部分抗菌药物的耐药率都大于 80%。三年间, CRE 菌株对头孢吡肟、头孢替坦、氨曲南、庆大霉素、环丙沙星、左旋氧氟沙星、阿米卡星和哌拉西林/他唑巴坦的耐药率逐年上升, 其耐药率从 2016 年的 80.0%、82.5%、85.0%、65.0%、55.0%、52.5%、52.5%、87.5% 上升至 2018 年的 97.9%、97.9%、100.0%、87.6%、90.7%、87.6%、72.2%、94.8%。



**结论** 2016—2018 年分离出来的 246 株 CRE 菌株临床分布广泛, 对临床上常用的抗菌药物大多呈高度耐药, 应重视对该菌的耐药性监测, 制定合理有效的感染控制措施, 合理使用广谱抗菌药物, 最大限度阻止多重耐药菌株的播散和预防医院感染的发生。

#### PU-0328

### 重庆某三甲医院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的耐药特征及耐药基因的流行情况

李进<sup>1</sup>, 胡韦维<sup>2</sup>, 黎敏<sup>1</sup>, 邓少丽<sup>1</sup>, 黄庆<sup>1</sup>, 鲁卫平<sup>1</sup>

1. 陆军特色医学中心

2. 重庆医科大学附属第一医院呼吸与重症医学科

**目的** 了解重庆某三甲医院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 的耐药特征及耐药基因的流行情况, 为探讨 CRE 菌株的分子生物学特征提供实验依据。

**方法** 收集重庆某三甲医院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月临床分离的 61 株 CRE 菌株, 利用 VITEK-MS 质谱仪对所有菌株进行鉴定, 并通过 VITEK-2 Compact 系统检测其对 14 种临床常用抗生素的耐药率, 利用 WHONET 5.6 软件对 61 株 CRE 菌株的药敏资料进行统计分析, 同时采用聚合酶链反应 (polymerase chain reaction, PCR) 对 61 株 CRE 菌株碳青霉烯酶基因 (bla<sub>KPC-2</sub>、bla<sub>IMP-1</sub>、bla<sub>VIM-2</sub>、bla<sub>NDM-1</sub> 和 bla<sub>OXA-48</sub>) 分布情况进行分析。

**结果** 61 株 CRE 菌株中共检测出肺炎克雷伯菌 51 株 (83.6%)、阴沟肠杆菌 6 株 (9.8%)、大肠埃希菌 4 株 (6.6%); 药敏结果显示: 61 株 CRE 菌株对临床常用抗生素呈高度耐药, 除了对左旋氧氟沙星和阿米卡星的耐药率低于 60%, 其余大部分抗生素的耐药率都大于 80%。61 株 CRE 菌株共检测出 bla<sub>KPC-2</sub> 基因型 50 株, bla<sub>NDM-1</sub> 基因型 9 株, bla<sub>OXA-48</sub> 基因型 2 株, 未检测出 bla<sub>IMP-1</sub> 基因型和 bla<sub>VIM-2</sub> 基因型。

**结论** 医院患者感染 CRE 菌株后对多种抗生素的耐药率较高, 临床微生物实验室及感染控制中心应加强对 CRE 菌株的监测, 临床医生应根据 CRE 菌株药敏结果合理选用抗菌药物。

#### PU-0329

### Resistance mechanism and molecular epidemiology of carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* in trauma surgery

Jin Li

Department of Clinical Laboratory Medicine, Institute of Surgery Research, Daping Hospital, Army Medical University

**Objective** To study the resistance mechanism and epidemiological characteristics of carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolated from trauma surgery wards in our hospital.

**Methods** Twenty strains of carbapenem resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolated from trauma surgery wards of Daping Hospital of Army military Medical University from January to December in 2017 were collected. and their susceptibility to common antimicrobial agents was detected by VITEK-2 Compact. The major carbapenemase genes (bla<sub>KPC-2</sub>, bla<sub>IMP</sub>, bla<sub>VIM-2</sub>, bla<sub>SPM</sub>, bla<sub>NDM-1</sub> and bla<sub>OXA-48</sub>) were amplified by polymerase chain reaction (PCR), and their genotypes were determined by gene sequencing and BLAST comparison. The homology of 20 strains of carbapenem resistant *Pseudomonas aeruginosa* was analyzed by pulsed field gel electrophoresis (PFGE).

**Results** 20 strains of carbapenem resistant *Pseudomonas aeruginosa* showed high resistance to common antimicrobial agents, including 6 strains carrying blaVIM-2 gene, 7 strains carrying blaSPM gene, and 1 strain carrying blaKPC-2 gene. The results of 20 strains of carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* PFGE were divided into 6 patterns of A to F, of which E type accounted for 35%, both carrying blaSPM gene and C type accounting for 20%, both carrying blaVIM-2 gene.

**Conclusions** The main resistance mechanism of carbapenem resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolated from trauma surgery ward of our hospital was producing carbapenemase, mainly producing SPM type and VIM-2 type carbapenem enzyme, and also existed KPC-2 type carbapenem enzyme. The results of PFGE analysis showed that there were some clone transmission of *Pseudomonas aeruginosa* resistant to carbapenem in trauma surgical ward. The prevention and control of drug resistant bacteria should be done strictly in order to avoid the outbreak of nosocomial infection of *Pseudomonas aeruginosa* resistant to carbapenem.

PU-0330

## MASTDISCS combi Carba plus, a simple phenotypic method for the differentiation of metallo- $\beta$ -lactamases, KPC and OXA-48 carbapenemases in Enterobacteriaceae clinical isolates

Jin Li

Department of Clinical Laboratory Medicine, Institute of Surgery Research, Daping Hospital, Army Medical University

**Objective** At present, the main popular types of carbapenemases are class A KPC enzymes, class B metallo- $\beta$ -lactamases (MBLs) and class C OXA-48 enzymes in Enterobacteriaceae clinical isolates. However, the accurate and rapid identification of Enterobacteriaceae is still a major challenge for clinical laboratories in order to prevent the transmission of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (CPE).

**Methods** MAST-Carba plus consists of a combination of faropenem (disk A) and MBLs inhibitor (disk B), KPC inhibitor (disk C), AmpC inhibitor (disk D) and temocillin in combination with MBLs inhibitor (disk E). The test was performed using Mueller-Hinton agar inoculated with a 0.5 McFarland bacterial suspension, and incubated in 5% CO<sub>2</sub> at 37°C for 24 h. Then the results are interpreted in accordance with the manufacturer's instructions. A total of 81 genotypically confirmed carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (CPE) clinical isolates (including 51 KPC producers, 25 MBLs producers, and 5 OXA-48 producers) with imipenem resistance (MIC $\geq$ 4 $\mu$ g/mL) were examined by using the MAST-Carba plus. For comparison, 80 genotypically confirmed non-CPE clinical isolates with imipenem sensitive (MIC $\leq$ 1 $\mu$ g/mL) were also tested by using the MAST-Carba plus.

**Results** When considered on the basis of PCR results, the MAST-Carba plus assay can correctly identified 43 KPC type and 5 OXA-48 type, 25 MBLs type (including 5 IMP type, 5 VIM type, and 15 NDM type), while there were still 5 KPC producers mistakenly identified as MBLs type and 3 KPC producers mistakenly identified as OXA-48 type. Moreover, all 80 non-CPE were correctly identified as carbapenemase-negative. The sensitivity and the negative predictive value of this method for detecting MBLs and OXA-48 was 100.0%, the specificity and the positive predictive value of this test for detecting MBLs and OXA-48 was 96.3%, 83.3%, 98.1%, and 62.5%, respectively. The specificity and the positive predictive value for detecting KPC was 100.0%, the sensitivity and the negative predictive value for detecting KPC was 98.1% and 62.5%.

**Conclusions** The MAST-Carba plus is a promising, rapid and economical method for detecting MBLs, KPC and OXA-48 carbapenemases in Enterobacteriaceae clinical isolates.

## PU-0331

## 儿童中枢神经系统感染性疾病中脑脊液实验室指标的临床研究进展

杨伟,孙磊,赵先进  
长治市人民医院,046000

**目的 摘要:**脑膜炎是儿科最常见的中枢神经系统感染性疾病,由于抗生素的滥用,临床症状表现复杂且不典型,脑脊液病原学检测耗时长,阳性率低,使诊断不明确而延误病情,引发严重的后遗症及并发症,有较高的致残率和死亡率。近几年,诸多学者为辅助临床早期诊断和治疗,致力于研究脑脊液实验室指标的监测,现将此类研究做一总结如下。

**方法 综述**

**结果** 儿童中枢神经系统感染性疾病中脑脊液实验室指标在各种中枢神经系统疾病中的应用

**结论** 脑脊液实验室检查在中枢神经系统感染性疾病中有重要的应用价值

## PU-0332

## 医务人员职业暴露原因及分析

朱新兴  
东营市人民医院,257000

**目的** 了解医务人员职业暴露的发生情况,分析原因,为制定预防控制措施提供参考依据。

**方法** 对 2017 年 4 月至 2019 年 3 月期间,东营市人民医院记录的的职业暴露数据,按照科室、人员类别、工龄、暴露类型、暴露方式、暴露源等情况进行统计分析。

**结果** 在 2017 年 4 月至 2019 年 3 月期间,本院共上报职业暴露 96 例,分布在 42 个临床医技科室,其中前三位科室分别是口腔科 10 例,内分泌科 6 例,手术室 5 例。按人员统计,护士 42 人,医师 33 人,实习生 20 人,技师 1 人。按工龄统计,平均工龄 4.8 年,3 年以下工龄占 52.1%。暴露类型以锐器伤为主,共 86 例,占全部职业暴露的 89.68%。分别对护士、医师和实习生的暴露方式进行统计,护士清理废物操作 15 例,为患者起针操作 8 例,手术中 8 例,采集血标本 6 例,以上四种方式共 37 例,占护士暴露的 88.1%;医师手术中 19 例,清理废物操作 6 例,以上两种方式共 25 例,占医师暴露的 75.8%;实习生清理废物 9 例,为患者拔针操作 7 例,以上两种方式共 16 例,占实习生暴露的 80.0%。在 76 例职业暴露中,暴露源为乙肝,及梅毒和丙肝抗体阳性共 47 例,占 61.8%。暴露源传染性疾病阳性率较高,这与暴露者在暴露源阴性时,对上报不重视,漏报有关。

**结论** 为了减少职业暴露对医务人员的伤害,医院对发生职业暴露风险较高的操作,比如手术、为患者起针、清理废物和采集血标本等,要加强职工防护意识和规范操作的培训,尤其要重点培训包括实习生在内的低工龄人员。另外,对部分特殊部门,比如口腔科门诊使用锐器较多,要开展针对性的单独培训。

## PU-0333

## 慢性前列腺炎伴不孕不育患者精液质量测定结果分析

李宗英

长治市人民医院,046000

**目的** 分析慢性前列腺炎（CP）伴不孕不育患者精液质量，为临床 CP 患者生育功能方面的诊治提供参考。**方法**：选择 2016 年 1 月-2017 年 1 月我院收治的 CP 伴不孕不育患者 60 例设为不孕不育组，选取同期收治的 3 月内妻子正常受孕的 CP 患者 51 例设为生育正常组，选取同期在我院行健康体检的健康育龄男性 50 例作为对照组。取三组受试者的精液，检测精液质量指标（精液量、粘稠度、pH 值、显微镜下精子计数、精子活力、精子存活率、精子凝集、非精子细胞成分和精子的形态学）。分析 CP 不育组、单纯 CP 患者及对照组受试者精液质量差异。比较 CP 不育组和 CP 生育正常组患者 CP 类型、NIH 慢性前列腺炎症状指数（NIH-CPSI）差异。分析上述 CP 病情相关指标与精液各指标、不孕不育的相关性。

**方法** 3 组受试者年龄、体重、体质指数（BMI）、CP 病程比较差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。CP 不育组患者精液量、pH 值、精子密度、精子活力、精子存活率均明显低于 CP 生育正常组和对照组，CP 生育正常组精子密度、精子活力、精子存活率低于对照组（ $P<0.05$ ），CP 不孕不育组患者精液粘稠度、液化时间、精子的形态学异常率、精子凝集率明显高于 CP 生育正常组和对照组，CP 生育正常组患者精液粘稠度、液化时间、精子的形态学异常率、精子凝集率明显高于对照组受试者（ $P<0.05$ ）。

**结果** CP 不育组患者 NIH-CPSI 评分显著高于 CP 生育正常组患者（ $P<0.05$ ），CP 不育组患者 NIHIII 型率显著高于 CP 生育正常者（ $P<0.05$ ）。CP 患者 NIH-CPSI 与精液量、pH 值、精子密度、精子活力、精子存活率呈负相关，与精子凝集率、精液粘稠度、液化时间、精子的形态学异常率呈正相关。

**结论** CP 不孕不育患者多项精液质量指标较 CP 生育正常患者差，而多项精液质量指标均与患者 NIH-CPSI、CP 类型高度相关，临床诊治病情重、NIHIII 型 CP 育龄患者时，应加强对患者生育功能的关注，避免不孕不育漏检而增加患者负担。

## PU-0334

## 云南省傣族人群糖化血红蛋白水平分布情况研究

罗旋,张兴锋,徐文波,白雪晶,吴孟娜,严泽锋

云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨云南地区傣族与汉族不同性别糖化血红蛋白（Glycated Hemoglobin, HbA1c）水平随年龄变化的分布趋势。

**方法** 采集云南省玉溪市新平彝族傣族自治县傣族普通人群 1228 例，男性 537 例、女性 691 例。汉族普通人群 14266 例，男性 8831 例，女性 5435 例。两民族按年龄段分成 5 组（35 岁~44 岁、45 岁~54 岁、55 岁~64 岁、65 岁~74 岁、75 岁~85 岁）。免疫比浊法测定 HbA1c，t 检验进行总体及各年龄段差异比较，分析两民族不同性别 HbA1c 水平随年龄变化的分布趋势。

**结果** 傣族与汉族 HbA1c 总体水平比较，差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。傣族男性与女性 HbA1c 水平比较，差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。汉族男性与女性 HbA1c 水平比较，差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。趋势上两民族 HbA1c 总体水平随年龄变化有所不同，均在 55 岁~64 岁存在交叉点。傣族在交叉点前 HbA1c 水平随年龄增长逐渐升高且男性高于女性，交叉点后随年龄增长逐渐降低且男性低于女性。汉族在交叉点前 HbA1c 水平随年龄增长逐渐升高且男性高于女性，交叉点后汉族 HbA1c 水平随年龄增长仍持续升高，差异无统计学意义。

**结论** 傣族与汉族 HbA1c 总体水平随年龄变化的分布趋势有所不同，同时存在性别差异。

## PU-0335

## 玉溪地区高敏肌钙蛋白 T 在人群中的分布特点分析

叶丹  
云南省玉溪市人民

**目的** 了解玉溪地区高敏肌钙蛋白 T (high sensitive cardiac troponin-T, hs-cTnT) 在普通人群中的分布特点。

**方法** 以玉溪市人民医院 2017 年 7 月至 10 月的 1594 例 18~89 岁健康体检者为研究样本, 对 hs-cTnT 在普通健康人群检出率、分布特点及与常规生化指标的相关性进行统计分析。

**结果** (1) hs-cTnT 在普通健康人群检出率为 57.31%, 其中男性的检出率是 74.52%, 女性是 23.75%; (2) 普通健康人群男性 hs-cTnT 平均水平为  $(5.59 \pm 5.08)$  ng/L, 女性为  $(3.46 \pm 1.45)$  ng/L, 男性与女性 hs-cTnT 水平有统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 各年龄段 hs-cTnT 水平男性均高于女性; (3) hs-cTnT 水平随年龄增长而增大, 男性和女性 66 岁以上人群与其它各年龄组人群的 hs-cTnT 水平比较均有统计学差异 ( $P < 0.05$ ); (4) hs-cTnT 与年龄和肾功能指标尿素 (urea nitrogen, Urea)、肌酐 (creatinine, Crea) 尿酸 (uric acid, UA) 呈明显正相关

**结论** hs-cTnT 存在性别和年龄的分布差异, 应建立不同性别、不同年龄的参考区间; 56 岁以下女性 hs-cTnT 检出率较低, 将其作为心脑血管疾病早期筛查和监测的指标意义有限。

## PU-0336

## 从化学反应角度探讨糖化血红蛋白与空腹血糖相关性

年士艳, 冯磊, 赵阳, 白雪晶, 罗旋, 吴孟娜  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 从糖化血红蛋白 (HbA1c) 生成过程及其影响因素角度, 探讨 HbA1c 与空腹血葡萄糖 (FPG) 相关性。

**方法** 选取云南省玉溪市汉族体检人群 14266 例, 年龄 18-93 岁, 其中男性 8832 例 ( $45.87 \pm 13.16$  岁), 女性 5434 例 ( $43.46 \pm 12.07$  岁), 检测 HbA1c、FPG、RDW (red blood cell distribution width, RDW) 和 Hb (hemoglobin, Hb) 水平。1) 比较研究对象不同性别间 HbA1c 和 FPG 水平差异; 2) 将研究对象进行年龄分层, 分析各指标随年龄变化趋势; 3) 将研究对象分为  $FPG < 5.0 \text{ mmol/L}$ 、 $5.0-5.9 \text{ mmol/L}$ 、 $6.0-6.9 \text{ mmol/L}$ 、 $7.0-11.0 \text{ mmol/L}$  和  $\geq 11.1 \text{ mmol/L}$  共 5 组, 计算各组 FPG 与 HbA1c 相关性, 分析相关系数变化趋势; 4) 将研究对象分为  $HbA1c < 5.7\%$ 、 $5.7-6.4\%$ 、 $6.5-7.4\%$ 、 $\geq 7.5\%$  共 4 组, 计算各组 FPG 与 HbA1c 相关性, 分析相关系数变化趋势。

**结果** 1) 本次研究发现 HbA1c 和 FPG 水平存在性别差异; 2) HbA1c、FPG、RDW 和 Hb 随年龄均有较明显变化, 但不同性别间变化不尽相同; 3) FPG 与 HbA1c 相关性在 FPG 低于  $7.0 \text{ mmol/L}$  或 HbA1c 低于 6.5% 时较小, 但随着各自水平升高相关性逐渐增加, 男性和女性结果相似。

**结论** HbA1c 与 FPG 相关性受年龄和 FPG 水平影响, 不同情况下 HbA1c 反应血糖水平的代表性存在差异。

## PU-0337

## 1125 株肺炎克雷伯菌临床分布及耐药性分析

张良艳,储从家,冯磊,陈静宜,吴英松  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 了解某医院肺炎克雷伯菌的临床分布及耐药现状,为防治肺炎克雷伯菌感染提供依据。

**方法** 对该院 2017 年 1~12 月从临床分离到的 1125 株肺炎克雷伯菌在临床的分布及药敏结果进行回顾性分析。对其中 26 株耐碳青霉烯类抗菌药物的肺炎克雷伯菌进行同源性分析。

**结果** 1125 株肺炎克雷伯菌,主要来自痰样本 766 株占 68.09%、体液 106 株占 9.42%、咽拭子 95 株占 8.44%。分离数居前的科室依次为神经内科 198 株占 17.60%,儿内科 188 株占 16.71%,重症医学科 134 株占 11.91%,呼吸内科 101 株占 8.98%。在 1125 株肺炎克雷伯菌中,产超广谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBLs) 菌 182 株占 16.18%,低于国内相关报道,与该院前期报道相比有了较大幅度的降低。产 ESBLs 菌株的耐药率 (除美洛培南外) 均显著高于非产 ESBLs 菌株 ( $P<0.05$ )。对 ESBLs 菌耐药率  $<30\%$  的抗菌药物有呋喃妥因、美洛培南、左氧氟沙星、亚胺培南、厄他培南、阿米卡星和阿莫西林/克拉维酸,给临床提供了选择抗菌药物的机会,对氨曲南、四环素、复方新诺明、哌拉西林和头孢曲松的耐药率较高在 60.40%-95.05% 之间。非 ESBLs 菌株对 16 种抗菌药物的耐药率均小于 17.00%。26 株耐碳青霉烯类抗菌药物的肺炎克雷伯菌主要来自儿内科和重症医学科,8 号和 12 号菌株的相似性 Cut-off 接近 90%,都来自于儿童重症医学科;17 号、27 号、13 号和 23 号的相似性 Cut-off 很相近,且他们都来自于重症医学科。

**结论** 肺炎克雷伯菌主要引起呼吸道感染,产 ESBLs 菌耐药率较高,应重视对该类菌的监测,指导临床合理用药。微生物实验室能够快速识别携带耐碳青霉烯类抗生素的肺炎克雷伯菌,能够控制其传播并在必要时开展药理学治疗。

## PU-0338

## 高原地区汉族普通人群糖化血红蛋白水平分布情况研究

赵阳,冯磊  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨高原地区 (云南省) 汉族普通体检人群糖化血红蛋白水平与性别及年龄的关系。

**方法** 选取云南省玉溪市汉族普通人群共 14267 例,年龄 18-93 岁,其中男性 8832 例 ( $45.87\pm 13.16$  岁),女性 5435 例 ( $43.46\pm 12.07$  岁),检测其糖化血红蛋白 (HbA1c)、葡萄糖 (glucose, GLU)、红细胞 (red blood cell, RBC)、血红蛋白 (hemoglobin, Hb)、红细胞压积 (hematocrit, HCT)、红细胞分布宽度 (red blood cell distribution width, RDW) 水平。将研究对象分为 HbA1c  $<6.5\%$  组和 HbA1c  $\geq 6.5\%$  组,分别进行不同性别间 HbA1c 水平比较,并将研究对象按年龄分为:  $\leq 25$  岁、26-35 岁、36-45 岁、46-55 岁、56-65 岁、66-75 岁、 $>75$  岁共 7 组,比较 HbA1c 水平在不同年龄组间差异及其随年龄变化趋势。比较 GLU、RBC、Hb、HCT、RDW 不同性别间差异及其随年龄变化趋势,并与 HbA1c 进行 pearson 相关性分析。

**结果** 研究对象 HbA1c 水平存在性别差异,在男性和女性中均随着年龄的增长而升高。HbA1c 与 GLU、RDW 随年龄变化趋势相同,均随着年龄的增长而升高,而 RBC、Hb、HCT 随着年龄的增长而降低。HbA1c 水平与 GLU、RBC、Hb、HCT 呈正相关,与 RDW 水平呈负相关。

**结论** 在标准化检测的前提下,高原地区汉族普通人群 HbA1c 水平存在性别差异,在男性和女性中均随着年龄的增长而升高。且 HbA1c 水平与 RDW 水平呈负相关。

## PU-0339

**白细胞 WNR 通道散点图在监测乳糜血标本中的价值**

高晓玲,吴惠玲,朱江贤  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 寻求一种便捷监测乳糜血标本的方法。

**方法** 回顾性分析我院 2017 年 6 月-12 月健康体检同时做生化、血常规检测,生化检测管外观呈乳糜血标本 201 例为研究组,根据三酰甘油(TG)水平不同,按脂血严重程度分级:第 1 组 TG 4.2~10.0 mmol/L 设为轻度脂血组,第 2 组 TG 10.1~20.0mmol/L 设为中度脂血组,第 3 组 TG>20.0 mmol/L 设为重度脂血组,生化检测管外观及 TG 结果正常标本 100 例为对照组。

**结果** 研究组与对照组的血常规检测结果:白细胞 WNR 通道散点图异常,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 白细胞 WNR 通道散点图异常对监测乳糜血标本有一定作用

## PU-0340

**免疫球蛋白及补体检测在 SLE 疾病中的临床检验  
技术分析与应用**

杨宇溪  
云南省玉溪市人民

**目的** 探索免疫球蛋白及补体检测在系统性红斑狼疮(SLE)疾病中的检验应用价值

**方法** 分别测定活动期 SLE(A 组)、非活动期 SLE(B 组)与健康人员(C 组)的相关免疫学指标,并对上述指标进行对比。

**结果** A 组 IgM、IgG、IgA、C3、C4 等指标与 B 组、C 组存在显著差异( $P<0.05$ );B 组 IgG、IgA 高于 C 组,但是 IgM、C3、C4 不存在统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 此检测具有实际意义,可应用于临床推广。

## PU-0341

**不同年龄段患者铜绿假单胞菌感染的临床分布  
与耐药性分析**

陈静宜,廖飞,冯磊,储从家,田季野  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 回顾性分析不同年龄段患者铜绿假单胞菌感染的临床分布及耐药情况,为临床合理使用抗生素提供参考依据。

**方法** 收集玉溪市人民医院 2016 年 1 月到 12 月临床分离的铜绿假单胞菌,进行药敏试验,研究其临床分布及耐药特点。

**结果** 从临床标本中共分离铜绿假单胞菌 282 株,占临床总分离比例 2.98%,70 岁以上老年患者感染所占比例较大(41.5%),青少年群体感染几率较小(3.2%);感染主要以呼吸道为主,占 80.9%,大部分来源于痰液,占 77.7%,其次为分泌物和尿液。铜绿假单胞菌抗菌药物耐药性因感染者年龄和感染部位不同存在差异。从年龄分布来看,以哌拉西林、头孢他啶、头孢吡肟、亚胺培南和美罗培南差异较为显著( $P<0.05$ ),老年患者对抗菌药物的耐药率普遍较高,左旋氧氟沙星

耐药率在 31-50 岁年龄段高于其他年龄；从不同标本类型分析，除亚胺培南和呋喃妥因外，所监测抗菌药物耐药性存在差异（ $P<0.05$ ），分泌物标本分离菌株耐药率在四组标本中最低，尿液标本分离菌株耐药率明显高于其他标本。

**结论** 该院铜绿假单胞菌耐药率因临床分布不同存在差异，临床应参考药敏结果合理使用抗菌素并加强其耐药性的监测，防止及减少多重耐药及医院内感染的发生。

## PU-0342

### 心肾功能生物标志物联合检测对心肾综合征诊断的价值

向秀华,徐文波,李丹,冯磊  
云南省玉溪市人民

**目的** 探讨心功能生物标志物氨基末端脑利钠肽前体（NT-proBNP），肾功能生物标志物血清中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白（NGAL）联合检测在心肾综合征（Cardiorenal Syndrome, CRS）中诊断中的价值。

**方法** 收集我院中心住院患者，心力衰竭（heart failure, HF）患者 246 例。根据肾小球滤过率（GFR）水平分为 CRS 组 121 例，依据 GFR 水平分为肾功能代偿期（I 期）28 例、肾功能失代偿期（II 期）36 例、肾功能衰竭期（III 期）31 例、尿毒症期（IV 期）26 例。单纯心力衰竭组 125 例，根据心功能分级（NYHA 分级）分为心功能 II 级 42 例、心功能 III 级 44 例、心功能 IV 级 39 例。所有病例均测定血清 NT-proBNP、NGAL。

**结果** RS 组的血清 NT-proBNP、NGAL 水平均较单纯心力衰竭组明显升高（ $P<0.01$ ）。CRS 患者血清 NT-proBNP、NGAL 水平随着心功能分级升高而升高，具有等级相关性，两两比较差异均有统计学意义（ $P<0.01$ ）。CRS 患者血清 NT-proBNP、NGAL 水平随着肾功能分期升高而升高，具有等级相关性，两两比较差异均有统计学意义（ $P<0.01$ ）。

**结论** 联合检测患者血清 NT-proBNP 及 NGAL 有助于 CRS 的早期诊断，并成为评价患者心肾功能严重程度及预后的重要参考指标。

## PU-0343

### 健康体检 Lp-PLA2 和 Hcy 检测结果分析

潘丽,丁怡文,芮黎,李东,杨宇溪,潘宝龙  
云南玉溪市人民医院

**目的** 探讨脂蛋白相关磷脂酶 A2（Lp-PLA2）和同型半胱氨酸（Hcy）检测在健康体检中的意义。

**方法** 回顾性分析 469 例健康体检者 Lp-PLA2、Hcy 水平，分别比较 Lp-PLA2、Hcy 正常组和异常组中，心血管疾病相关实验室指标的差异性；分析二者与心血管疾病相关实验室指标的相关性。

**结果** Lp-PLA2 正常组与异常组比较 TC、TG、VLDL、Lp(a) 和 Hcy 有明显差异（ $P<0.05$ ）；Hcy 正常组与异常组比较 LDL-C、Glu 和 Hcy 有明显差异（ $P<0.05$ ）；Lp-PLA2 与 CREA、TC、LDL-C 和 ApoB 存在相关性（ $P<0.05$ ）；Hcy 与 CREA、TC 和 ApoB 存在相关性（ $P<0.05$ ）。

**结论** Lp-PLA2 和 Hcy 结合传统实验室指标应用于健康人群定期体检，能够起到早期预防、排除潜在在心血管疾病的重要作用。



## PU-0344

**快速纠正 EDTA 依赖性假性血小板减少的临床新方法**

高晓玲,吴惠玲,朱江贤  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 建立一种新的准确、简便纠正 EDTA 依赖性假性血小板减少的处理方法

**方法** 收集我院 2014 年 10 月—2016 年 12 月 EDTA 依赖性假性血小板减少病例 118 例。采用含 EDTA-K<sub>2</sub> 干粉的抗凝管二次抗凝处理标本,同时取病人末梢血手工法计数血小板,比较两种方法处理结果。

**结果** 118 例样本中,116 例用上述方法处理后,检测结果与末梢血手工法计数结果比较,结果无统计学差异( $P>0.05$ ),涂片、染色镜检观察血小板无集聚,呈散在分布,能纠正 EDTA 依赖性假性血小板减少;2 例样本用上述方法处理后,未能纠正 EDTA 依赖性假性血小板减少,涂片、染色观察血小板仍集聚

**结论** 临床工作中发现 EDTA 依赖性假性血小板减少时,可采用含 EDTA-K<sub>2</sub> 干粉的抗凝管纠正,该方法避免二次采血,能缩短病人标本检测平均时间,提高了检验效率。

## PU-0345

**某医院 2014-2017 年耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌分布及耐药性分析**

储从家,吴惠玲,李杰芬,张良艳,孙丽,李雪梅  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 了解某医院耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌 2014~2017 年在临床标本及科室中的检出及耐药现状,为防治耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌提供依据。

**方法** 用 VITEK2 COMPACT 微生物分析仪对细菌做鉴定和药敏试验。

**结果** 952 株耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌主要涉及 17 个菌属 30 个菌种,主要来自痰样本共 669 株占 72.27%,其次为尿液 90 株 9.45%,第三位为体表分泌物 54 株 5.67%;主要分布于重症医学科 309 株占 32.46%,急诊内科 121 株占 12.71%、神经内科 113 株占 11.87%和呼吸内科 83 株占 8.72%。耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌中的鲍曼不动杆菌仅对庆大霉素和左氧氟沙星耐药率小于 40%;大肠埃希菌仅对阿米卡星和呋喃妥因耐药率小于 40%;铜绿假单胞菌对哌拉西林、头孢吡肟、氨曲南、阿米卡星、庆大霉素、左氧氟沙星和环丙沙星耐药率低于 40%;肺炎克雷伯菌肺炎亚种对厄他培南、阿米卡星、四环素、复方新诺明耐药率小于 40%。

**结论** 耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌涉及临床科室面大、样本类型较多、细菌种群分布较广,不同细菌对抗菌药物的耐药状况不同,鲍曼不动杆菌和大肠埃希菌的耐药性比铜绿假单胞菌及肺炎克雷伯菌更严重,多重耐药现象严重,因此应重视监测细菌耐药情况,指导临床合理地使用抗菌药物,更好地控制耐药菌株的产生及传播。

## PU-0346

**某院流感嗜血杆菌的临床分布及耐药分析**

陈静宜,廖飞  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨某院流感嗜血杆菌的临床分布特点及耐药情况,为临床合理用药提供依据。

**方法** 采用回顾性分析方法,收集某院 2017 年 1 月 1 日至 12 月 31 日临床分离的 317 株流感嗜血杆菌并进行药敏试验,从标本类型及年龄两个方面分析其临床分布特点,采用 WHONET 5.6 软件进行药敏试验结果的统计分析。

**结果** 该院临床分离的流感嗜血杆菌主要为呼吸道标本,其中以痰液标本所占比例较大(84.90%);从年龄分布来看,儿童所占比例较大,其中 1 岁以内婴幼儿占 60.00%。流感嗜血杆菌中  $\beta$ -内酰胺酶阳性菌株所占比率为 38.70%;流感嗜血杆菌对氨苄西林、头孢呋辛、头孢克洛和复方新诺明的耐药率较高,分别为 41.2%、38.30%、46.50%和 78.0%;对四环素、阿莫西林/克拉维酸、氯霉素、头孢噻肟、氧氟沙星、利福平的敏感率较高,均高于 75.00%。

**结论** 流感嗜血杆菌是导致儿童以及老年呼吸道感染的常见细菌,该菌对氨苄西林、头孢二代和复方新诺明耐药性较高,对阿莫西林/克拉维酸、头孢三代耐药率较低,临床应依据药敏结果合理使用抗生素。

#### PU-0347

### ANA、抗 SSA、抗 SSB 抗体均阳性患者血细胞分析参数结果分析

张秀琴,冯磊  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨 ANA(抗核抗体)、抗 SSA 抗体(干燥综合征 A 抗体)、抗 SSB 抗体(干燥综合征 B 抗体)均阳性患者血细胞分析参数的变化

**方法** 以间接免疫荧光法(IIF)检测 ANA 总抗体,免疫印迹法检测抗 SSA、抗 SSB,以日本西森美康 XE-2100 全自动仪检测 HGB、WBC、PLT、NE%、LY%。

**结果** ANA、抗 SSA 抗体、抗 SSB 抗体均阳性患者中,血细胞分析参数 HGB、WBC、PLT 下降与健康组比较结果有显著差异( $P<0.05$ ),其中仅 HGB 减少 53 例占 24.37%;仅 WBC 减少 59 例,占 33.33%;仅 PLT 减少 24 例,占 13.56%;HGB 和 WBC 同时减少 46 例,占 10.50%;WBC 和 PLT 同时减少 12 例,占 6.78%,HGB 和 PLT 同时减少 26 例,占 14.59%;HGB、WBC、PLT 三者同时减少 12 例,占 6.78%;NE%降低 24 例,占 13.55%;LY%降低 37 例,占 20.90%。

**结论** 对 ANA、抗 SSA 抗体、抗 SSB 抗体三者均阳性自身免疫性疾病患者应关注其血液系统改变,对不明原因的血细胞减少的患者应考虑自身免疫性疾病可能性。

#### PU-0348

### IgM 大分子蛋白造成酶法检测血清肌酐假阳性增高一例结果分析

陈剑,罗曼,张大莲,徐文波,叶丹,毛星星,冯磊  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨 IgM 大分子蛋白造成酶法检测血清肌酐造成假性升高的原因及解决办法。

**方法** 测定 2018 年 5 月玉溪市人民医院收治的一例疑似肾功能不全患者,采用离心超滤管过滤血清中的 IgM 大分子蛋白后,分别用强生干化学、罗氏肌酐试剂和利德曼肌酐试剂进行超滤前后检测,并对结果进行比较分析。

**结果** 超滤前后,强生干化学和罗氏肌酐试剂检测肌酐结果差异不大,具有良好的抗干扰作用,利德曼试剂出现较大差异。

**结论** 当患者血清中 IgM 大分子蛋白含量增高时, 有可能会出现血清肌酐检测的假性增高, 尤其是巨球蛋白血症患者出现与临床症状不符的肌酐异常增高时, 应考虑 IgM 大分子蛋白影响测试结果, 可用于化学法进行复查或使用抗干扰强的试剂进行复查。

#### PU-0349

### 肺栓塞 25 例临床分析

陈剑, 张毅  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨极易误诊误治的肺栓塞早期诊断及干预治疗

**方法** 对我院 2 年来已确诊的 22 例肺栓塞进行回顾性分析。

**结果** 经抗凝、溶栓治疗, 其中 19 例 3-6 月低分子肝素抗凝治疗, 2 例终身抗凝, 4 例大面积栓塞溶栓治疗。23 例好转及治愈占 91%, 2 例恶化及死亡占 8%。

**结论** 临床工作中应注意肺栓塞可能, 发现疑似病例要早诊断、早干预、早治疗, 能很好的提高治愈率。

#### PU-0350

### 无创呼吸机治疗阻塞性睡眠呼吸暂停低通气 综合症疗效观察

周利, 罗曼玲, 陈剑, 张毅  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨无创呼吸机用于治疗阻塞性睡眠呼吸暂停低通气综合症的临床应用价值。

**方法** 选取 2015-2017 年玉溪市人民医院收治的阻塞性睡眠呼吸暂停低通气综合症 102 例, 按是否进行呼吸机无创通气治疗分为实验组 (n=28) 和对照组 (n=74)。实验组持续长时间 (超过 3 个月) 坚持使用无创呼吸机通气治疗, 对照组仅进行健康知识教育, 多加强运动, 减肥, 积极防治并发症。比较二组患者 3 个月后的 PSG 结果、OSAHS 的病情分度和治疗有效率, 观察无创呼吸机的治疗效果。

**结果** 实验组 PSG 较治疗前有明显改善 ( $P<0.05$ ), 治疗后, 对照组疾病分度改善 9 例, 不变 65 例, 实验组疾病分度改善 26 例, 不变 2 例。实验组治疗有效率为 96.4%, 远远高于对照组的 16.2%, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 无创呼吸机用于长期治疗阻塞性睡眠呼吸暂停低通气综合症疗效显著, 非常值得临床推广运用。

#### PU-0351

### 血浆置换法校正乳糜血干扰血常规测定结果 5 例结果分析

周利, 陈剑, 李春梅, 黄奕然, 冯磊  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 探讨乳糜血对血常规结果的干扰及处理方法。

**方法** 收集 2016 年 12 月至 2017 年 5 月我院收治的 5 例乳糜血干扰血常规结果标本, 采用等量血浆置换法重测对结果进行校正, 并对校正前后标本进行分析。

**结果** 校正前后 RBC、Hb、MCH、MCHC 结果有显著性差异，校正后结果明显低于校正前。

**结论** 乳糜血对血常规结果 RBC、HGB、MCH、MCHC 有明显干扰，对 WBC、PLT 结果干扰较小，在检验工作中应对重度乳糜血标本采用等量血浆置换法进行结果校正。

## PU-0352

### Analyses of epigenetic switch involved in activation of pioneer factor FOXA1 lead to the prognostic value of estrogen receptor and FOXA1 co-expression in breast cancer

Xuan Jing, Hongping Liang  
Shanxi Province People's Hospital

**Objective** Breast cancer is the leading cause of cancer death among global women; thus, there is an urgent requirement to identify precise biomarkers for the diagnosis and treatment of the disease. Forkhead box protein A1 (FOXA1) is a pioneer factor of estrogen receptor  $\alpha$  (ER)—chromatin binding and function, yet the role of FOXA1 in breast cancer, and the potential molecular mechanisms have not yet been elucidated and warrant further investigation. The aim of the present study was to investigate the clinical significance of FOXA1 in ER+ breast cancer and the possible methylation regulation of FOXA1 expression.

**Methods** To evaluate gene alteration during breast carcinogenesis, we explored FOXA1 expression using the Serial Analysis of Gene Expression (SAGE), Gene expression profiling interactive analysis and OncoPrint analysis. Furthermore, bcGenExMiner v4.1 was used to analyze the prognostic value of FOXA1 in breast cancer. Mutations of FOXA1 were analyzed by the Catalogue of Somatic Mutations in Cancer and cBioPortal databases. Correlation between methylation and expression was analyzed using the MEXPRESS and UCSC Xena.

**Results** We made the following important findings: (1) The expression level of FOXA1 is significantly higher in breast cancer comparing with normal breast tissue; (2) ER, PR, HER2 and nodal status were found to be positively correlated with FOXA1 expression; (3) Among the patients with ER+ tumors, those with higher FOXA1 expression levels presented better probabilities of survival; (4) The major type of mutation of FOXA1 in the breast cancer data were missense mutations; and (5) FOXA1 expression is significantly upregulated in ER+ breast tumors as compared with ER- tumors or normal tissue.

**Conclusions** Our findings suggest that aberrant DNA hypomethylation of promoter regions is one of the mechanisms for the aberrant expression of FOXA1 in ER+ breast cancer, which might be potential indicators of favorable prognosis.

## PU-0353

### 咸阳地区 TORCH 流行病学调查研究及相关因素分析

马晨语, 高玉芳, 徐晓莉  
咸阳市中心医院

**目的** 为了解咸阳地区 TORCH 感染情况，为本地区优生优育提供服务，本研究分析了 2017 年 12 月至 2018 年 11 月本院 TORCH 病毒筛查结果。

**方法** 选取在咸阳市中心医院进行 TORCH 病毒筛查的 1718 人为研究对象，采用酶联免疫法分别检测 TORCH 病毒特异性抗体 IgM 和 IgG 并分析结果。

**结果** 2017 年 12 月至 2018 年 11 月本院 TORCH-IgM 特异性抗体仅检出 CMV-IgM; CMV-IgG 和 RV-IgG 阳性率显著高于 TOX-IgG 和 HSV-II-IgG( $P<0.05$ )。季节与 CMV 急性感染有关, 表现为春夏季新生儿较秋冬季节 CMV-IgM 阳性率高, 且差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。RV-IgG 在 25-29 岁阳性率以 81.94% 高于其他年龄段, 之后呈下降趋势。

**结论** 本地区人群对 CMV 和 RV 呈普遍易感状态, 且 CMV 急性感染主要发生于新生儿期, 严重影响婴儿健康, 因此做好 TORCH 筛查对于优生优育具有重要意义。

#### PU-0354

### 迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光分析仪传染病项目 性能验证及临床评价

万庆,高峰  
克州人民医院

**目的** 对迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统的分析性能进行评价, 确认检测系统的分析性能, 并评价其临床价值。

**方法** 依据 CLSI 相关系列文件及资料设计性能验证方案, 对迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统传染病项目进行精密度、正确度、灵敏度、携带污染、仪器间比对和方法学比对等进行验证。并将实验数据与厂家声明和公认质量指标进行对照。

**结果** 迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统传染病项目的精密度、正确度、灵敏度、携带污染、仪器间比对和方法学比对均符合厂家声明。

**结论** 迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统在检测传染病项目时, 有良好的精密度和正确度, 在仪器间比对和方法学比对时有很好的相关性, 且灵敏度和携带污染均在要求范围内。能够为很好的满足检验日常要求, 并为临床提供准确可靠的检测结果。

#### PU-0355

### UF-5000 全自动尿沉渣分析仪对尿结晶检测的性能评价

丁爽,陈卫民,王伟,马萍  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 评价 UF-5000 尿沉渣分析仪对尿结晶检测的敏感性和特异性以及干扰因素, 为临床提供更有价值的信息。

**方法** 选取我院 2018 年 9-10 月门诊及住院患者尿晨标本, 用一次性清洁尿杯收集尿液。每份标本严格按照标准操作规程进行检测, 检测完后显微镜高倍镜下连续确认计数至少 10 个视野, 对结晶和其它有形成分进行观察并记录结果。

**结果** 1000 例受检标本中, UF-5000 检测结晶阳性 335 例, 检测阳性率 33.5%, 敏感性 76.7%, 特异性 85.0%; UF-1000i 检测结晶阳性 415 例, 阳性率 41.5%, 敏感性 65.3%, 特异性 68.7%; 显微镜检测的结晶阳性 300 例, 阳性率 30.0%。镜检法与 UF-5000 两种方法检测结晶的差异无统计学意义 ( $P<0.05$ ), 但 UF-1000i 明显高于镜检。

**结论** UF-5000 全自动尿沉渣分析仪检测结晶的敏感性和特异性较好, 但尿液成分复杂, 影响因素较多, 仍需结合镜检结果签发报告。

## PU-0356

## Baseline glycated albumin combining with age and uric acid can predict the renal dysfunction-a five-year prospective population-based study

Chenwei Huang, Haixia Li  
Peking university first hospital

**Objective** Glycated albumin (GA) is a glucose monitor biomarker and associated with complications of diabetes. We aimed to assess the correlation of glycated albumin and renal dysfunction and explore more risk factors in a population-based study through a five-year follow-up.

**Methods** Individuals underwent physical examination between September 2010 and September 2015 were enrolled. Demographics information and clinical disease history were collected. Serum and urine samples were obtained for the measurement of several glycemic indices, lipid profiles and renal biomarkers. The comparison of the risk of renal progression grouped by GA and HbA1c was conducted. The relationship between glycated albumin and the renal dysfunction progression was analysed by multivariate logistic regression among 1501 participants in the prospective cohort study. A total of 19 variables were included in the regression model and the risk factors were explored. The influence factors constructed the predictive equation and their predictive value was evaluated by ROC analysis. Furthermore, an external validation was carried out in another 603 people.

**Results** The frequencies of progressors increased with the increment of glycated albumin according to quartile stratification ( $P$  for trend  $< 0.001$ ). Baseline glycated albumin, age and uric acid ( $P < 0.05$ ) were identified as risk factors for renal dysfunction in multivariable logistic regression analysis. Serum creatinine confers an influence factor on the kidney outcome. The predictive equation consisted of abovementioned four factors and a constant. The predictive value was confirmed by ROC analysis (AUC=0.82, 95%CI: 0.773-0.832,  $P < 0.001$ ) and in the external validation group, predictive sensitivity and specificity were 85.7% and 73.5%.

**Conclusions** Baseline glycated albumin is independently associated with the renal dysfunction. Uric acid is also considered a risk factor for the kidney outcome. Glycated albumin combining with age and uric acid can serve as predictive indicators for the progression of renal dysfunction.

## PU-0357

## 糖尿病肾病的尿液代谢组学

黄辰炜, 李海霞  
北京大学第一医院, 100000

**目的** 糖尿病肾病(diabetic kidney disease, DKD)是一种常见的糖尿病并发症。糖尿病患者临床出现肾功能不全后病情进展迅速, 预后较差, 因此早期诊断十分重要, 但目前的筛查手段有较大的局限性。且缺乏病理活检的情况下很难鉴别 DKD 患者和糖尿病合并其他原因所致肾脏病 (NDKD) 的患者。近年来, 基于液相色谱串联质谱 (liquid chromatography-mass spectrum, LC-MS) 技术的代谢组学因灵敏度高、检测的动态范围广、经济实用, 已逐渐应用于临床标志物的筛选。本研究旨在通过 LC-MS 代谢组学研究 DKD 尿液代谢产物的变化并筛选潜在的生物标志物。

**方法** 研究对象分为 A 组: 健康对照组(HC)、B 组: 糖尿病患者(DM)、C 组: 糖尿病肾病患者(DKD)、D 组: 其他肾脏疾病患者(NDKD)。采用 LC-MS 技术筛选上述四组尿液标本的差异代谢谱, 得到的差异化合物根据人类代谢组数据库 (Human Metabolome Database, HMDB) 进行比对指认, 参考京都基因和基因组百科全书 (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, KEGG)信

息进行通路富集分析。对各组间差异代谢谱进行二次差异筛选,挑选目标代谢物并评估其预测价值。

**结果** 糖尿病肾病发生的富集差异通路有:甘油磷脂代谢途径、叶酸生物合成途径、叶酸单碳池代谢途径、谷胱甘肽代谢途径、柠檬酸循环(TCA 循环)、半胱氨酸和蛋氨酸代谢途径。经组间对比 DKD 特异性的代谢通路有甘油磷脂代谢途径、叶酸单碳池代谢途径、 $\beta$ -丙氨酸代谢、酪氨酸代谢、苯丙氨酸代谢和嘌呤代谢途径。经差异代谢谱筛选,得到 68 种内源性目标差异代谢物,其中庚酰基肉碱、LysoPC (18:4(6Z,9Z,12Z,15Z))和醛磷酸胺为潜在的生物学标志物,其联合检测预测 DKD 的 AUC 达 89.1%。此组合在糖尿病组-DKD 组和 DKD-其他肾脏疾病组间的鉴别效果较好,相应 AUC 分别达到 98.9%和 100%。

**结论** KEGG 分析提示芳香族氨基酸代谢异常和胰岛素抵抗可能是 DKD 的重要病理过程。庚酰基肉碱、lysoPC (18:4(6Z,9Z,12Z,15Z))和醛磷酸胺为 DKD 潜在的生物学标志物,其联合检测对鉴别 DKD 和 NDKD 有较好的预测作用。

## PU-0358

### 25-羟基维生素 D 水平与矮小症儿童生长激素缺乏的相关性分析

路娜<sup>1</sup>,姬雪娇<sup>1,2</sup>

1.河南省中医院/河南中医学院第二附属医院,450000

2.温州医科大学

**目的** 对矮小症儿童体内生长激素缺乏与 25-羟基维生素 D (25-(OH) D) 水平进行相关性分析,探讨导致儿童矮小症的相关因素。**方法** 对 92 例临床诊断符合矮小症标准的儿童,采用静脉滴注精氨酸进行生长激素激发试验<sup>[1]</sup>,根据激发试验的峰值对研究对象进行分类。应用磁微粒子电化学发光分析法对血清 25-羟基维生素 D 及生长激素水平进行检测。

**方法** 对 92 例临床诊断符合矮小症标准的儿童,采用静脉滴注精氨酸进行生长激素激发试验<sup>[1]</sup>,根据激发试验的峰值对研究对象进行分类。应用磁微粒子电化学发光分析法对血清 25-羟基维生素 D 及生长激素水平进行检测。

**结果** 在 92 例怀疑生长激素缺乏的矮小症儿童中,5 例为完全性生长激素缺乏,占总体 5.5%;41 例为部分性生长激素缺乏,占总体 44.5%;46 例为特发性矮小,占总体 50.0%。92 例疑似矮小症儿童血清 25-(OH) D 水平为  $(24.84 \pm 7.80)$  ng/mL,显示矮小症患者体内普遍存在维生素 D 不足,其中 VitD 相对缺乏者占 73.9%,VitD 充足者占 20.7%。

**结论** 矮小症患者存在不同程度 25-(OH) D 缺乏,25-(OH) D 的缺乏与性别无关 ( $p>0.05$ );25-(OH) D 的缺乏与生长激素缺乏类型无关 ( $p>0.05$ )。矮小症儿童普遍存在的维生素 D 缺乏或不足,可能是导致矮小症儿童生长发育不良的原因之一。

## PU-0359

### 载脂蛋白 E 启动子区基因多态性及民族差异性研究

向秀华,徐文波,罗风,李丹,冯磊

云南省玉溪市人民医院

**目的** 探索载脂蛋白 E 基因启动子区 rs405509、rs7259620 位点单核苷酸不同民族间的多态性分布及民族差异性

**方法** 采用飞行时间质谱生物芯片系统对 687 例入组人群样本 ApoE 启动子区 rs405509、rs7259620 基因位点的单核苷酸多态性进行基因分型检测

**结果** (1)云南玉溪地区汉族、彝族、傣族和哈尼族 ApoE 启动子区 rs7259620 位点 SNPs 分布不存在差异；(2)汉族、彝族、傣族和哈尼族两位点基因型频率差异无统计学意义 ( $p > 0.05$ )；  
**结论** 玉溪地区汉族、彝族、傣族和哈尼族载脂蛋白 E 启动子区 rs405509 位点等位基因频率差异有统计学意义，rs7259620 位点等位基因频率、基因型 (G、T) 频率分布不存在差异。

## PU-0360

### 血清乳酸脱氢酶和碱性磷酸酶与胰腺癌临床病理特点的关系

年士艳,冯磊  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 分析血清乳酸脱氢酶 (lactate dehydrogenase, LDH) 和碱性磷酸酶 (alkaline phosphatase, ALP) 与胰腺癌临床病理特点的关系,为探寻具有临床价值的胰腺癌预后预测因子提供科学依据。

**方法** 选取 2014 年 1 月至 2017 年 6 月在我院确诊胰腺癌并住院接受手术者 132 例。收集纳入对象的基本信息、血常规、生化指标、肿瘤标志物及病理特点等,通过回顾性分析血清 LDH 和 ALP 与胰腺癌临床病理特点的关系。

**结果** 血清 LDH 与 ALP 之间存在正相关 ( $r=0.43$ ,  $P<0.05$ )。高水平 LDH 与胰头癌发生率、局部浸润、淋巴结浸润和 TNM 分期有关 ( $P<0.05$ )；高水平 ALP 与高总胆红素和胰头癌发生率有关 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 LDH 和 ALP 可在一定程度上反映胰腺癌增殖与进展能力,有望成为预测胰腺癌预后的生物学指标。

## PU-0361

### 早发与非早发冠心病血清生化类风险因子研究

年士艳,冯磊,赵阳  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 研究 CHD 相关血清生化指标,探讨其在早发冠心病与非早发 CHD 中危险因素构成差异。

**方法** 选取我院心内科经冠状动脉造影检查确诊为 CHD 患者共 1911 例为病例组,选取同期体检人群 10839 例为对照组。对检测的 13 项血清生化指标先进行正态性检验,对不符合正态分布的变量进行对数转换。根据 NECP-ATP III 对早发 CHD 的定义将病例组和对照组的男性分别分为  $<55$  岁组和  $\geq 55$  岁组,女性分别分为  $<65$  岁组和  $\geq 65$  岁组。比较病例组和对照组之间变量的差异性,并进行所有变量的 pearson 相关性分析,筛选出男性和女性早发和非早发 CHD 可能的相关生化指标,通过二元 Logistic 回归最终确认。

**结果** UA、TC、HDL-C、LDL-C、APOA1 和 APOB100 基本符合正态分布,直接使用原始数据进行分析,TBIL、DBIL、IBIL、GGT、TG、HDL-C、APOB100、LP(a)和 HCY 不符合正态分布,进行对数转换后进行分析;结合 pearson 相关性分析及差异比较结果,男性早发 CHD 组 lnTBIL、lnGGT、UA、lnTG、lnHDL-C、lnLP(a)、lnHCY 纳入后续分析,非早发 CHD 组 lnTBIL、UA、TC、lnTG、lnHDL-C 纳入后续分析;女性早发 CHD 组 lnTBIL、lnGGT、UA、TC、lnTG、lnHDL-C、LDL-C、lnLP(a)、lnHCY 纳入后续分析,非早发 CHD 组 lnTBIL、lnGGT、TC、lnHDL-C、lnHCY 纳入后续分析;通过二元 Logistic 回归最终确认男性和女性早发 CHD 危险因子相同,均为 lnTBIL、lnGGT、lnTG、lnHDL-C、lnLP(a)和 lnHCY;非早发 CHD 危险因子存在差异,男性为 lnTBIL、UA、TC、lnTG 和 lnHDL-C,女性为 lnTBIL、lnGGT、lnHDL-C 和 lnHCY。



**结论** 与 CHD 相关的生化类危险因子分布上存在性别及年龄差异, 早发与非早发 CHD 危险因子构成也存在差异, 故在建立 CHD 风险评估机制时应进行性别及年龄区分。

## PU-0362

### Prognostic value of TIM-1 expression in human non-small-cell lung cancer

Lujun Chen, JINGTING JIANG

the Third Affiliated Hospital of Soochow University, Jiangsu Changzhou 213003, China.

**Objective** T-cell immunoglobulin and mucin domain 1 (TIM-1) is an important co-stimulatory molecule which serves as a surface marker for T cell activation, especially for Th2 cells. Recently, many studies have also shown that TIM-1 can be abnormally expressed in human cancers and may have a potential role in promoting cancer progression.

**Methods** The immunohistochemistry was used to examine the TIM-1 expression in human non-small-cell lung carcinoma (NSCLC) tissues. The cellular studies were performed to investigate the role of TIM-1 in the regulation of biological functions of human lung cancer cell lines.

**Results** We found that the TIM-1 expression was increased in human NSCLC tissues compared with the adjacent normal tissues, and the OS rate of NSCLC patients with higher TIM-1 expression was significantly lower compared with the ones with lower TIM-1 expression. The COX model showed that higher TIM-1 expression in lung cancer tissues could be used as an independent prognostic predictor for the patients. Furthermore, we depleted TIM-1 in NSCLC cell lines A549 and SK-MES-1, and the cellular functional studies also revealed that depletion of TIM-1 could significantly inhibit the cell viability as well as the abilities of migration and invasion. In addition, our microarray data showed that certain signaling pathways were altered and enriched after depletion of TIM-1. We subsequently verified that PI3K/Akt signaling pathway was involved in the TIM-1-mediated regulation of cellular functions in NSCLC cells.

**Conclusions** Our findings supported the notion that TIM-1 could serve as a potential therapeutic target for NSCLC.

## PU-0363

### A novel protein encoded by a circular RNA circPPP1R12A promotes tumor pathogenesis and metastasis of colon cancer via Hippo-YAP signaling

Xiao Zheng, Lujun Chen, JINGTING JIANG

Department of Tumor Biological Treatment, The Third Affiliated Hospital of Soochow University, Changzhou 213003, People's Republic of China

**Objective** It has been well established that circular RNAs (circRNAs) play an important regulatory role during tumor progression. Recent studies have indicated that even though circRNAs generally regulate gene expression through miRNA sponges, they may encode small peptides in tumor pathogenesis. However, it remains largely unexplored whether circRNAs are involved in the tumorigenesis of colon cancer (CC).

**Methods** The expression profiles of circRNAs in CC tissues were assessed by circRNA microarray. Quantitative real-time PCR, RNase R digestion assay and tissue microarray were used to confirm the existence and expression pattern of circPPP1R12A. The subcellular distribution of circPPP1R12A was analyzed by nuclear mass separation assay and fluorescence in situ hybridization (FISH). SDS-PAGE and LC/MS were employed to evaluate the protein-coding ability of circPPP1R12A. CC cells were stably transfected with lentivirus approach, and

cell proliferation, migration and invasion, as well as tumorigenesis and metastasis in nude mice were assessed to clarify the functional roles of circPPP1R12A and its encoded protein circPPP1R12A-73aa. RNA-sequencing and Western blotting analysis were further employed to identify the critical signaling pathway regulated by circPPP1R12A-73aa.

**Results** We firstly screened the expression profiles of human circRNAs in CC tissues and found that the expression of hsa\_circ\_0000423 (termed as circPPP1R12A) was significantly increased in CC tissues. We also found that circPPP1R12A was mostly localized in the cytoplasm of CC cells. Kaplan–Meier analysis showed that patients with higher levels of circPPP1R12A had a significantly shorter overall survival. By gain- and loss-of-function approaches, the results suggested that circPPP1R12A played a critical role in proliferation, migration and invasion of CC cells. Furthermore, we showed that circPPP1R12A carried an open reading frame (ORF), which encoded a functional protein (termed as circPPP1R12A-73aa). Next, we found that PPP1R12A-C, not circPPP1R12A, promoted the proliferation, migration and invasion abilities of CC in vitro and in vivo. Finally, we identified that circPPP1R12A-73aa promoted the growth and metastasis of CC via activating Hippo-YAP signaling pathway. In addition, the YAP specific inhibitor Peptide 17 dramatically alleviated the promotive effect of circPPP1R12A-73aa on CC cells.

**Conclusions** In the present study, we illustrated the coding-potential of circRNA circPPP1R12A in the progression of CC. Moreover, we identified that circPPP1R12A-73aa promoted the tumor pathogenesis and metastasis of CC via activating Hippo-YAP signaling pathway. Our findings might provide valuable insights into the development of novel potential therapeutic targets for CC.

#### PU-0364

### Over-expression of Nectin-4 promotes progression of esophageal cancer and correlates with poor prognosis of the patients

Haifeng Deng, JINGTING JIANG  
Third Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** Nectin-4, also known as PVRL4 (poliovirus-receptor-like 4), is specifically expressed in the embryo and placenta. Recent studies have reported that the Nectin-4 is over-expressed in multiple human cancers, and such abnormal expression is associated with cancer progression and poor prognosis of the patients. In the present study, we aimed to characterize the expression pattern of Nectin-4 in human esophageal cancer (EC) tissues, and to investigate its clinical implications, prognostic value and regulatory effects on cellular functions of EC cells.

**Methods** In the present study, we first examined Nectin-4 expression in human EC tissues by using immunohistochemistry (IHC) assay and analyzed the clinical associations. Then the cellular studies in vitro and the nude mice tumor model in vivo were used to examine the regulatory role of Nectin-4 in the progression of EC.

**Results** Our results demonstrated that over-expression of Nectin-4 in human EC tissues was significantly associated with tumor size, depth of tumor invasion, and poor prognosis of the patients. The intervention of Nectin-4 expression in EC cell lines showed that the increased Nectin-4 expression could significantly promote the cell viability, migration, invasion and tumor formation.

**Conclusions** Our present data unveiled that Nectin-4 played an important role in tumor biology and could serve as a useful prognostic predictor of human EC.

## PU-0365

**MiR-183-5p inhibits occurrence and progression of acute myeloid leukemia via targeting Erbin**

zhuojun zheng,Xiao Zheng,Yuanong Zhu,Xiaoyan Gu,Weiying Gu,Xiaobao Xie,Wenwei Hu,Jingting Jiang  
The Third Affiliated Hospital, Soochow University

**Objective** Erbin has been shown to have significant effects on the development of solid tumors. However, little is known about its function and regulatory mechanism in hematological malignancies.

**Methods** The biological function of Erbin on cell proliferation was measured in vitro and in vivo. The predicted target of Erbin was validated by dual-luciferase reporter assay, RNA pull down, co-immunoprecipitation and rescue experiment.

**Results** We found that overexpression of Erbin could inhibit the cell proliferation and promote the cell differentiation of AML cells, while depletion of Erbin could enhance the cell proliferation and block the cell differentiation in AML cells in vitro and in vivo. Besides, miR-183-5p was identified as the upstream regulator that negatively regulated the Erbin expression. The results were confirmed by Dual-Luciferase Reporter and RNA pull down Assay. Furthermore, we found that miR-183-5p negatively regulated Erbin, resulting in enhanced cell proliferation of AML cells via activation of RAS/RAF/MEK/ERK and PI3K/AKT/FoxO3a pathways. The activation of RAS/RAF/MEK/ERK and PI3K/AKT/FoxO3a pathways was mediated by Erbin interacting with Grb2. These results were also validated by rescue experiments in vitro and in vivo.

**Conclusions** All above-mentioned findings indicated that miR-183-5p/Erbin signaling pathway might represent a novel prognostic biomarker or therapeutic target for treatment of AML.

## PU-0366

**microRNA-181b suppresses the metastasis of lung cancer cells by targeting sex determining region Y-related high mobility group-box 6 (Sox6)**

You Zhou,Xiao Zheng,Lujun Chen,Bin Xu,Jingting Jiang  
The First People's Hospital of Changzhou

**Objective** The aim of the study was to measure the expression of microRNA (miR)-181b in patients with lung cancer, investigate its biological function and elucidate the underlying mechanisms associated with the development of lung cancer.

**Methods** miR-181b expression in tissues was measured via RT-qPCR. After A549 cells were transfected with miR-181b mimic or si-Sox6, the proliferation, migration and cell cycle distribution of A549 were evaluated using cell counting kit-8 assay, transwell assay and flow cytometry. The levels of cell cycle-related proteins and Sox6 were analyzed by western blotting. Gene targets of miR-181b were predicted via bioinformatics analysis and verified using a dual-luciferase reporter gene assay.

**Results** Expression of miR-181b was significantly downregulated in lung cancer tissues ( $P<0.05$ ), and was inversely correlated with the degree of cell differentiation and clinical stages of lung cancer (both  $P<0.05$ ). Additionally, the expression of miR-181b was significantly lower in adenocarcinoma compared with squamous cell carcinoma in the lungs ( $P<0.05$ ). Overexpression of miR-181b significantly decreased the protein level of Sox6 and significantly suppressed the cell proliferation and metastasis (both  $P<0.05$ ); this effect was also observed in A549 cells transfected with si-Sox6. The luciferase activity of a Sox6 3'-untranslated region-based reporter construct was significantly lower when transfected with miR-181b ( $P<0.05$ ), which suggests that Sox6 is a direct target of miR-181b.

**Conclusions** The results of the present study suggest that miR-181b may function as a tumor inhibitor in the development of lung cancer via targeting Sox6 to decrease the proliferation and metastasis of lung cancer cells.

## PU-0367

### PD-1/PD-L1 抗肿瘤治疗的生物标志物

王更记  
山东省肿瘤医院,250000

**目的** 程序性死亡因子（PD-1）和程序性死亡配体是现在肿瘤治疗领域的热点。因其具有特异性强、适用性广、效果持久等特点，目前已成为治疗多种恶性实体肿瘤的临床标准。在未经选择的接受免疫靶向治疗的患者中，只有部分患者的客观缓解率和生存转归可以获得显著改善。因此，如何选择临床获益患者已成为这类制剂在临床应用中亟待解决的问题。

**方法** PD-L1 检测

**结果** 1.PD-L1 表达水平 多项临床研究显示，PD-1 治疗效果较好的患者在治疗前肿瘤微环境中 PD-L1 均有大量表达。但目前 PD-L1 没有定量检测的金标准，所以 PD-L1 作为临床标志物还需要更多研究。

2.PD-1/PD-L1 免疫治疗耐药相关因子 导致获得性或者原发性 PD-1/PD-L1 耐药的因子通常影响下列因素之一：肿瘤免疫原性、肿瘤特异性免疫反应的活性和有效性、免疫记忆的诱导等。

3.肿瘤突变负荷 肿瘤突变越多，免疫原性越强。

4.基因表达谱与突变的信号通路 可能与免疫治疗疗效相关。

5.肿瘤浸润淋巴细胞 肿瘤浸润淋巴细胞可以在活化状态下经 TNF 等杀伤因子发挥抗肿瘤效应。

6.T 细胞受体 活化 T 细胞对肿瘤特异性新抗原的识别是免疫治疗的主要因素之一。

**结论** PD-L1 表达水平是目前研究最多的免疫治疗疗效预测的单一标志物，但由于不同药物研发时采用的平台、抗体、评价方法的体系不同，使得 PD-L1 的检测精度不够，缺乏统一判断金标准。因此，多种生物标志物的整合检测方法是提高预测精度的关键。

## PU-0368

### 新都区妊娠中晚期孕妇血清胱抑素 C 参考区间的建立

黄华翠  
成都市新都区人民医院,610000

**目的** 建立成都市新都区健康孕妇妊娠中晚期血清胱抑素 C 的参考区间。

**方法** 选择 2017 年 11 月到 2018 年 12 月期间，本院 2017 年 8 月—2018 年 12 月在妇产科建卡健康孕妇血清胱抑素 C 检测结果 1250 例健康孕妇（排除妊娠合并糖尿病、肾病、高血压、子痫、心脏病等疾病）。年龄分布 20—39 岁。将其分为 2 组：中期妊娠组（13-28 周）696 例，晚期妊娠组（29-41 周）554 例。同时收集 2017 年 8 月—2018 年 12 月在本院健康体检科体检的健康育龄期妇女血清胱抑素 C 检测结果 100 例作为对照组。使用 SPSS 22.0 统计软件对数据进行统计分析，采用百分位数法 [第 2.5 百分位数（P<sub>2.5</sub>）～第 97.5 百分位数（P<sub>97.5</sub>）]确定妊娠中、晚期孕妇 CysC 指标的参考区间。组间比较采用非参数 Kruskal-Wallis 检验。

**结果** 妊娠中、晚期血清 CysC 检测浓度统计分析，在妊娠中期，参考区间为 0.63-1.07 mg/L；妊娠晚期参考区间明显高于中期，参考区间为 1.06-1.72 mg/L。不同妊娠期检测结果与本实验室提供的正常参考区间（0.56-1.15 mg/L）比较，妊娠中期与对照组无显著性差异。妊娠晚期参考区间明显升高，与对照组有显著性差异。妊娠中、晚期间血清 CysC 水平比较有明显差异（P<0.05）。

**结论** 妊娠中晚期孕妇血清胱抑素 C 水平随孕期进展逐渐升高,与健康对照组有显著性差异。试剂说明书提供的参考区间仅能用作参考,且说明书上仅提供成年人参考区间,未给出妊娠期的具体参考区间,所以厂家会在试剂说明书的参考区间栏有特殊说明,各实验室建立自己的参考区间。因此,建立本实验 CysC 不同妊娠期的参考区间非常有必要,为临床诊断和应用提供更为有力的参考依据。

## PU-0369

### 896 例过敏性疾病患者血清总 IgE 和过敏原特异性 IgE 回顾性分析

刘伟平

自贡市第一人民医院,643000

**目的** 探讨过敏性疾病患者血清总 IgE 和过敏原特异性 IgE 联合检测的临床意义

**方法** 回顾性分析自贡市第一人民医院 896 例过敏性疾病患者血清中总 IgE (免疫比浊法)和 18 种特异性过敏原 sIgE (免疫印迹法)检测结果并进行统计分析。

**结果** 四种常见过敏性疾病 sIgE 抗体阳性率最高的是哮喘 (85.0%); 896 例过敏性疾病患者总 IgE 阳性率为 85.9%; 特异性 sIgE 抗体阳性率为 64.0%; 10 种吸入性过敏原检测阳性率位居前三位的分别是:尘螨组合 (37.9%)、蟑螂 16.7%、屋尘 (14.3%), 8 种食源性过敏原检测阳性前 3 的分别是:牛奶 (8.3%)、虾 (7.0%)、淡水鱼组合 (5.1%); 只对一种过敏原呈阳性反应的患者占 28.2%, 对两种过敏原呈阳性反应的患者占 15.2%, 对三种及其以上过敏原呈阳性反应的患者占 20.5%; 儿童组跟成人组阳性率分别为 90.2%和 62.0%, 两者阳性率比较有统计学意义 ( $\chi^2=4.92$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 联合检测血清总 IgE 和过敏原特异性 IgE 有利于过敏性疾病检出,从而实现早期诊断。

## PU-0370

### 10 例生长受限胎儿拷贝数变异的父母来源验证

李博红<sup>1,2</sup>, 谢建生<sup>1</sup>

1.南方医科大学附属深圳妇幼保健院

2.南方医科大学研究生院

**目的** 探讨父母来源验证在染色体微阵列技术 (CMA) 检出拷贝数变异 (CNV) 的生长受限胎儿中的应用。

**方法** 收集 2015 年 9 月至 2019 年 03 月于南方医科大学附属深圳妇幼保健院诊断的生长受限患儿标本共 10 例,经 CMA 分析产生 12 个 CNVs,并对患儿父母外周血标本进行 CMA 分析验证来源。

**结果** 10 例 FGR 患儿 CMA 分析总计携带 12 个 CNVs。其中 2 个为致病性变异 (包括 Xp22.33 缺失、Xp22.33p22.2 缺失), 缺失区域均覆盖 Leri-Weill dyschondrosteosis (LWD)致病区域,经父母验证后认为具有 FGR 致病性。4 个判定为临床可能致病 CNVs 中 3 个是新发突变 (包括 8q22.3q23.1 缺失、16p11.2 缺失、22q13.2 缺失), 1 个遗传自母亲 (Xp21.1 缺失)。6 个临床意义不确定 CNVs 经验证后均有父母来源,判定为倾向良性变异。

**结论** FGR 患儿产前检出可能致病性 (VUS-LP) 或临床未知意义 (VUS) 的 CNVs 时,验证父母来源可以进一步研究其致病性,有助于 FGR 初步病因分析。

## PU-0371

## The hematological and genotypic features of hemoglobin E compound with $\alpha$ -thal mutation disorders in Yunnan Province

杨继青

昆明医科大学第一附属医院

**目的** To investigate the hematology and genotype of hemoglobin E compound with  $\alpha$ -thal in Yunnan Province.

**方法** 100 individuals from Yunnan Province indicated with Hb E disorders by hematological analysis performed by high performance liquid chromatographic and molecular analysis by PCR.

**结果** 10 cases were identified with a mutation in the 26 code of the  $\beta$ -globin chain (HBB: c. 79G>A) and con-inherited with  $\alpha$ -thal cases (7 cases were  $\alpha\alpha/\alpha^{3.7}$ , 2 cases were  $\alpha\alpha/--^{SEA}$  and 1 case was  $-\alpha^{3.7}/\alpha^{3.7}$ ). The hematology of heterozygous  $\alpha\alpha/\alpha^{3.7}$  were: Hb A2 26.02(%), Hb F 1.8(%), MCV 84(fl), MCH 28(pg), MCHC 333(g/L), HGB 133(g/L),  $\alpha\alpha/--^{SEA}$  were: Hb A 17.6(%), Hb F 0.4(%), MCV 68(pg), MCH 22(pg), MCHC 316(g/L), HGB 119(g/L);  $-\alpha^{3.7}/\alpha^{3.7}$  were: Hb A 21.6(%), Hb F 1.0(%), MCV 74.7(fl), MCH24(pg), MCHC 323(g/L), HGB 121(g/L).

**结论** Hb E could be detected by HPLC effectively, The hemoglobin E compound with  $\alpha$ -thal is common in Yunnan. The spectrums of  $\alpha$ -thal gene mutations are related with the hematological feature of Hb E con-inherited with  $\alpha$ -thal cases. Hb E disorders can be missed by relying only on hematological results in the prenatal screening.

## PU-0372

## 多囊卵巢综合征患者血清 FAI 与 AMH、SHBG 的相关性研究

陈莉

南山区蛇口人民医院

**目的** 探讨多囊卵巢综合征 (PCOS) 患者血清游离睾酮指数 (FAI) 与抗缪勒管激素 (AMH)、性激素结合球蛋白 (SHBG) 的相关性。

**方法** 纳入 PCOS 患者 150 例, 另选取 55 名正常育龄女性为对照组; 检测 AMH、促卵泡激素 (FSH)、黄体激素 (LH) 和性激素结合球蛋白 (SHBG) 等指标, 并分析 FAI 与 AMH、SHBG 的相关性。

**结果** 与对照组比较, PCOS 患者的 AMH、LH、LH/FSH、睾酮 (T) 和 FAI 水平升高 (均  $P < 0.05$ ), 而性激素结合球蛋白 (SHBG) 水平降低。Pearson 相关分析显示, PCOS 患者的 FAI 与 AMH、LH、LH/FSH 呈正相关; 与 SHBG 呈负相关 (均  $P < 0.05$ )。

**结论** PCOS 患者雄激素水平显著升高, 与 AMH 和性激素结合球蛋白 (SHBG) 密切相关。

## PU-0373

## 炎性标志物联合检测对缺血性脑卒中的诊断价值

刘慧玲,詹峰,陈晔,王亚洲

常州市肿瘤医院

**目的** 探讨外周血单核细胞计数与高密度脂蛋白胆固醇比值 (MHR) 联合中性粒细胞与淋巴细胞计数比值 (NLR) 与缺血性脑卒中 (IS) 的相关性。

**方法** 选取本院 2016-2018 年住院患者 253 例为病例组和 211 例无脑卒中的查体者为对照组。采用德国西门子 ADVIA2120 全自动血细胞分析仪和 ADVIA 2400 全自动生化分析仪检测两组外周血单核细胞、中性粒细胞计数及高密度脂蛋白浓度并计算其比值,非参数 Mann-Whitney U 检验比较其表达差异;Logistic 回归模型分析 IS 的危险因素;ROC 曲线分析 MHR 和 NLR 对 IS 的诊断价值;曲线下面积比较采用 Medcalc 软件分析。

**结果** IS 组 MHR 0.327(0.249-0.426)和 NLR 2.754(2.05-3.028)的表达水平明显高于对照组 MHR 0.216 (0.161-0.279)和 NLR 1.807(1.434-2.355);Logistic 回归分析校正了年龄、性别、血脂、血糖、血压混杂因素影响后,发现 MHR (OR=1.120, 95%CI 1.092-1.150,  $P<0.001$ )和 NLR (OR=2.471, 95%CI 1.994-3.143,  $P<0.001$ )的升高是 IS 发生的独立危险因素;MHR 的 ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.777 (95%CI 0.736-0.814), Cut-off 取值为 0.282 其敏感度和特异性分别为 66%和 77%;NLR 的 ROC 的 AUC 为 0.767 (95%CI 0.725-0.958), Cut-off 值为 2.377, 敏感度为 62%, 特异性为 77%;MHR+NLR 联合检测 AUC 为 0.846 (95%CI 0.810-0.877), 敏感度为 79%, 特异性为 79% ( $P<0.001$ )。

**结论** MHR 和 NLR 是 IS 的独立危险因素,联合检测血液炎症标志物将可能为 IS 早期诊断提供一种简单、经济和便捷的检测方法。

## PU-0374

### 鲍曼不动杆菌耐药性监测及其与毒力基因相关性分析

史伟峰,张琴,王玉月

常州市第一人民医院,213000

**目的** 了解鲍曼不动杆菌耐药性及毒力基因的相关性。

**方法** 收集 67 株鲍曼不动杆菌,采用 Microflex 质谱仪鉴定细菌,phoneix-100 系统检测药敏试验。PCR 扩增细菌外膜蛋白 (ompA)、生物膜形成 (adeH、csuA、pgaA)、铁摄取系统 (basJ)、磷脂酶 D (plcD)、荚膜阳性表型 (ptk) 和群体感应系统调节 (abal) 8 种毒力基因并测序验证,探讨鲍曼不动杆菌毒力基因与其耐药性关系,聚类分析了解鲍曼不动杆菌同源性。

**结果** 毒力基因 ompA、adeH、csuA、pgaA、abal、basJ、ptk 和 plcD 的检出率分别为 94%、100%、94%、99%、93%、96%、82%和 99%。67 株鲍曼不动杆菌中,同时检出 3 种基因的 1 株(1.5%)、5 种基因的 2 株(3.0%)、6 种基因的 2 株(3.0%)、7 种基因 14 株(20.9%)和 8 种基因的 48 株 (71.6%)。除四环素外,携带 7 种和 8 种毒力基因的菌株间耐药率差异无统计学意义。聚类分析结果显示,67 株鲍曼不动杆菌共分为 A、B 两型,A 型 41 株,可分为 A1 (27 株)、A2 (14 株)两个亚型,A1 主要来自神经外科 (7 株)、ICU (5 株)和呼吸科 (3 株),A2 则主要来自呼吸科 (3 株)、心胸外科 (3 株)、ICU (2 株)、神经外科 (2 株)等科室。B 型 26 株,可分为 B1 (19 株)、B2 两个亚型 (7 株),B1 主要来自 ICU (7 株)、神经外科 (4 株)和呼吸科 (3 株),B2 则主要来自 ICU (2 株)、呼吸科 (3 株)等科室。

**结论** 鲍曼不动杆菌已携带多种毒力基因,且与菌株耐药性无关。聚类分析显示本院鲍曼不动杆菌存在交叉感染的可能。

## PU-0375

## Association between mitochondrial DNA content and baseline serum levels of HBsAg in chronic hepatitis B infection

Zhen Xun, Qishui Ou  
Fujian Medical University

**Objective** Recent studies have demonstrated a potential link between mitochondrial DNA (mtDNA) content and cirrhosis or hepatocellular carcinoma (HCC). However, there are few studies evaluating mtDNA content as a noninvasive marker of chronic hepatitis B infection (CHB).

**Methods** In this study, we conducted a case-control study to determine mtDNA content in peripheral blood leukocyte (PBL) samples from 76 CHB cases naïve to antiviral therapy and 96 healthy controls, and then evaluated the association between mtDNA content and baseline serum concentration of HBV markers.

**Results** Consequently, CHB cases had significantly higher mtDNA content than healthy controls (1052.85 vs 618.98,  $P < 0.001$ ). Pearson's correlation analysis revealed that mtDNA content was negatively correlated with the baseline levels of hepatitis B surface antigen (HBsAg) ( $r = -0.291$ ,  $P = 0.011$ ) in CHB patients. In a trend analysis, a statistically significant association was detected between lower mtDNA content and increasing levels of HBsAg ( $P = 0.015$ ).

### Conclusions

In conclusion, our study provides the first epidemiological evidence that mtDNA content of CHB cases naïve to antiviral therapy is significantly higher than healthy controls and the levels of mtDNA content is negatively associated with HBsAg. mtDNA content may serve as a potential noninvasive biomarker of CHB which may need more researches to validate.

## PU-0376

## Real-time PCR for quantitative detection of mitochondrial DNA from peripheral blood mononuclear cell in patients with HBV-related hepatocellular carcinoma

Zhen Xun, Qishui Ou  
Fujian Medical University

**Objective** The alteration of mitochondrial DNA (mtDNA) content could affect the expression of genes which causes many tumor diseases. However, the association between mtDNA content in peripheral blood mononuclear cell (PBMC) and hepatitis B virus (HBV)-related hepatocellular carcinoma (HCC) remains undetermined.

**Methods** First of all, establishing a reliable assay to detect mtDNA content is of great clinical significance. In this study, the method of real-time quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR) with SYBR Green I was established to evaluate mtDNA content in PBMC of healthy controls ( $n = 23$ ) and non-surgical HBV-related HCC cases ( $n = 46$ ). Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was carried out to assess the clinical significance of mtDNA content for diagnosing HCC.

**Results** Consequently, linear range of the assay was between  $1 \times 10^{10}$  copies/ $\mu$ l and  $1 \times 10^3$  copies/ $\mu$ l. Sensitivity was 800 copies/ $\mu$ l. Besides, HCC cases had a significantly lower mtDNA content than healthy controls (378.55[58.20–784.85] vs 715.48[292.00–1280.00];  $P < 0.001$ ). When 489.90 copies/ $\mu$ l was set as the cut-off point, the sensitivity and specificity of mtDNA content to diagnose HCC were 82.6% and 71.7%, respectively.



**Conclusions** In conclusion, a simple, cost-effective, highly sensitive and specific method to detect mtDNA content is established. This method can be applied to clinical laboratory for detecting mtDNA content. Moreover, our study provides the first epidemiological evidence that mtDNA content in PBMC is significantly associated with HCC. MtDNA content in PBMC could serve as a novel clinical diagnostic indicator for HCC which may need more researches to validate.

#### PU-0377

### Association of serum total cholesterol with pegylated interferon- $\alpha$ treatment in HBeAg-positive chronic hepatitis B patients

Zhen Xun, Qishui Ou  
Fujian Medical University

**Objective** Recent studies suggest that serum lipids are associated with pegylated interferon-alpha (PegIFN $\alpha$ ) treatment response in chronic hepatitis C patients. However, the role of serum lipids in influencing the outcome of HBV treatment is not well understood. This study aims to investigate the association of serum lipids with the response to interferon-alpha treatment for chronic hepatitis B (CHB) patients.

**Methods** We dynamically measured 11 clinical serum lipid parameters of 119 HBeAg-positive CHB patients, including 53 patients who achieved sustained response (SR) and 66 patients who achieved nonresponse (NR) induced by PegIFN $\alpha$  treatment for 48 weeks.

**Results** The dynamic analysis showed that the baseline serum total cholesterol (TCHO) level was higher in the NR group than that in the SR group ( $P = 0.004$ ). Moreover, the correlation analysis demonstrated a significant positive correlation between TCHO and HBsAg at baseline ( $P = 0.009$ ). In addition, CHB patients with the high baseline TCHO levels exhibited higher HBV DNA, HBsAg, HBeAg and HBeAb levels during early treatment periods (weeks 0, 4, 12 and 24) than those with the low TCHO levels. Furthermore, the logistic regression analysis identified that baseline serum TCHO was a risk factor of NR achievement ( $OR = 4.94$ ,  $P = 0.047$ ).

**Conclusions** Our results indicated that serum TCHO was associated with PegIFN $\alpha$  therapeutic response in HBeAg-positive CHB patients which suggested that serum TCHO could be useful as an auxiliary clinical factor to predict poor efficacy of PegIFN $\alpha$  therapy.

#### PU-0378

### 北京地区老年汉族人群 SLC01B1 及 ApoE 基因多态性分析及不同人群间的比较研究

王海滨

1.解放军总医院第四医学中心  
2.解放军总医院

**目的** 探讨北京地区老年汉族人群 SLC01B1 和载脂蛋白 E (ApoE) 基因多态性的分布情况, 并比较不同人群之间分布的差异, 为老年人合理用药提供依据。

**方法** 采用聚合酶链反应 (PCR) - 荧光探针方法检测 SLC01B1 和 ApoE 基因多态性进行检测, 并统计各组间的基因型分布差异, 同时比较不同地区之间 SLC01B1 和 ApoE 基因多态性分布的差异。

**结果** 本研究共纳入 2633 例样本, SLC01B1 基因的\*1a/\*1a+\*1a/\*1b+\*1b/\*1b 组合最多见, 占 78.28% (2061/2633), \*5/\*5+\*5/\*15+\*15/\*15 组合有 33 例, 占 1.25%, 各基因型组合在男女人

群间的分布差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。ApoE 基因的 E2/E4+ E3/E3 组合最多见, 占 69.69% (1835/2633), E3/E4+ E4/E4 组合有 430 例, 占 16.33%, 各基因型组合在男女人群间的分布差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。我国不同地区汉族人群 SLCO1B1 和 ApoE 基因比例的差异有统计学意义。

**结论** 我国不同地区 SLCO1B1 和 ApoE 基因多态性的分布有差异, 对老年人合理用药有一定指导作用。

## PU-0379

### 应用 miRNA 芯片筛选毛蕊异黄酮处理 K562 细胞 表达差异 miRNAs

张冬青

解放军总医院第四医学中心

**目的** 探讨毛蕊异黄酮 (calycosin) 处理 K562 细胞的基因表达谱变化, 以期以 miRNAs 为靶点阐明毛蕊异黄酮对 K562 细胞作用的可能机理。

**方法** 应用 Agilent miRNA 芯片获得毛蕊异黄酮处理 K562 细胞后的差异基因, 对差异基因进行筛选、GO 分析, 信号通路分析。

**结果** 利用生物信息学的方法, 分析 miRNAs 芯片得到参与毛蕊异黄酮处理 K562 细胞重要的 miRNAs 及信号通路, 最后获得重要差异表达的核心 miRNAs, 筛选出差异显著的 miRNAs 共计 68 个, 其中上调表达的 miRNAs 有 39 个, 下调表达的 miRNAs 有 29 个, 通过趋势分析、功能富集分析及信号通路分析提示主要涉及癌症的途径、Rap1、MAPK、Ras 信号通路、细胞内嗜作用等。

**结论** 利用生物信息学的方法, 分析毛蕊异黄酮处理 K562 细胞的基因表达谱, 得到参与毛蕊异黄酮处理 K562 细胞重要的 miRNA 及信号通路, 为治疗靶点提供新的思路。

## PU-0380

### 肿瘤标记物判别分析法预估早期肺癌病理类型

李少增

解放军总医院第四医学中心

**目的** 探讨常见肿瘤标记物与肺癌病理类型之间的关系, 通过建立肿瘤标记物血清学水平预估早期肺癌病理类型的数学模型, 辅助临床制定早期治疗策略。

**方法** 通过测定 34 例鳞癌、43 例腺癌和 22 例小细胞癌患者治疗前 4 种肿瘤标记物 (NSE、CEA、CA-125 及 Cyfra21-1) 在血清中的水平, 分析它们与肺癌病理类型之间的关系, 最后采用逐步判别分析法, 淘汰对预估病理类型价值小的指标, 建立相应的判别函数式。

**结果** 筛选出 NSE、CEA 和 Cyfra21-1 三项肿瘤标记物建立函数  $Y1=5.061-0.146(NSE)+0.014(CEA)+0.173(Cyfra)$  以判断小细胞肺癌和非小细胞肺癌, 其总符合率为 92.9%, 筛选出 Cyfra21-1 一项肿瘤标记物建立函数  $Y2=-0.486+0.086(Cyfra)$  以判断鳞癌和腺癌, 其总符合率为 64.9%。以上判别函数的建立可以有效辅助临床制定早期治疗策略。

**结论** 肺癌是我国癌症致死的首要原因。提高肺癌治疗效果和预后的关键在于早期诊断并及时治疗。肿瘤标志物的异常改变往往早于影像学征象及临床表现, 分析肿瘤标志物与肺癌病理类型的关系, 对辅助临床早期治疗策略的选择十分重要。

PU-0381

## 血小板与炎症反应的关系

严晓鑫, 蔺静  
解放军总医院第四医学中心

**目的** 血小板的主要功能是止血、凝血、保持血管壁的完整性。除此之外, 它与炎症反应有密切的关系, 血小板可以防御病原体入侵, 并可与白细胞和内皮细胞相互作用参与炎症反应。另外, 血小板通过其表面受体活化以及分泌的细胞因子促进炎症反应。本文在以上几个方面, 对血小板参与炎症反应作简要综述。

**方法** 血小板的主要功能是止血、凝血、保持血管壁的完整性。除此之外, 它与炎症反应有密切的关系, 血小板可以防御病原体入侵, 并可与白细胞和内皮细胞相互作用参与炎症反应。另外, 血小板通过其表面受体活化以及分泌的细胞因子促进炎症反应。本文在以上几个方面, 对血小板参与炎症反应作简要综述。

**结果** 血小板的主要功能是止血、凝血、保持血管壁的完整性。除此之外, 它与炎症反应有密切的关系, 血小板可以防御病原体入侵, 并可与白细胞和内皮细胞相互作用参与炎症反应。另外, 血小板通过其表面受体活化以及分泌的细胞因子促进炎症反应。本文在以上几个方面, 对血小板参与炎症反应作简要综述。

**结论** 血小板的主要功能是止血、凝血、保持血管壁的完整性。除此之外, 它与炎症反应有密切的关系, 血小板可以防御病原体入侵, 并可与白细胞和内皮细胞相互作用参与炎症反应。另外, 血小板通过其表面受体活化以及分泌的细胞因子促进炎症反应。本文在以上几个方面, 对血小板参与炎症反应作简要综述。

PU-0382

## ID-LC/MS/MS 方法测量血清未结合雌三醇的协作研究

林海标, 张乔轩, 黄宪章  
广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 用同位素稀释液相色谱串联质谱 (ID-LC/MS/MS) 候选参考方法进行实验室间血清未结合雌三醇 (uE3) 协作研究, 通过该研究进一步确认方法的性能特征 (正确度和精密度), 并将该方法在国内参考实验室推广, 推动 uE3 标准化进程。

**方法** 依据 ISO/WD 15725-1 和 GB/T 6379 标准, 拟定我国血清 uE3 协作研究方案。协作研究分为两个阶段: 初步试验和正式试验, 共 9 家参考实验室参加。按要求收集 5 个浓度水平样品并进行均匀性评价, 分发到各实验室, 每个样品重复测量 5 次, 连续测量 3 天。计算各实验室测量结果的偏移和精密度。测量结果采用格拉布斯 (Grubbs) 检验和柯克伦 (Cochran) 检验, 识别离群值和离群实验室。根据合格实验室的结果计算靶值, 并向离群实验室和偏出允许范围的实验室提供整改建议。

**结果** (1) 样品均匀性评价, 所有样品测量结果计算  $F$  值均小于  $F_{0.05}(9, 20)$  临界值, 样品中 uE3 是均匀的。(2) 初步试验: Grubbs 检验, 1 个实验室测量结果为离群值; Cochran 检验 2 个实验室检验结果为离群值。剔除离群值后计算靶值, 分别为 2017E301:  $(22.08 \pm 0.24)$  nmol/L; 2017E302:  $(33.46 \pm 1.67)$  nmol/L。2 个实验室结果超出允许范围。(3) 正式试验: Grubbs 检验, 所有实验室测量结果均未检出离群值。Cochran 检验 3 个实验室数据出现离群值。剔除离群值后计算靶值, 分别为 2017E303:  $(10.36 \pm 0.35)$  nmol/L; 2017E304:  $(15.47 \pm 0.26)$  nmol/L; 2017E305:  $(46.97 \pm 1.19)$  nmol/L; 各实验室间测量结果不精密度分别为  $(1.14\% \sim 2.21\%, 0.79\% \sim 1.93\%, 0.60\% \sim 2.09\%)$ , 测量结果偏移分别为  $(-6.18\% \sim 4.83\%, -2.26\% \sim 2.39\%, -4.19\% \sim 4.07\%)$ 。

**结论** 各实验室建立了 uE3 的 ID-LC/MS/MS 法候选参考方法。ID-LC/MS/MS 法候选参考方法测量血清 uE3 项目的性能满足要求（不精密度 $<3.0\%$ ，偏移 $<7.5\%$ ），并初步建立了我国参考实验室间协作研究机制。

## PU-0383

### 乳腺癌生存期相关长非编码 MAPT-AS1 及其共表达基因筛选与验证

许家瑞,徐建华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 筛选乳腺癌患者生存期相关差异表达长链非编码 RNA (lncRNA) 及其共表达基因, 并验证其乳腺癌细胞中的表达情况。

**方法** 通过 TCGA 数据库筛选 943 例 RNA-seq 数据信息: (837 例乳腺癌患者 + 106 例正常对照), 发现长非编码 MAPT-AS1 高表达, 乳腺癌患者生存期更短。构建长非编码 MAPT-AS1 过表达和干扰质粒, 将构建好的质粒转染乳腺癌细胞株 T47D, 并用嘌呤霉素筛选出稳定表达的 T47D 细胞株, 通过 RT-qPCR 验证长非编码 MAPT-AS1 及其共表达基因的表达情况。

**结果** 荧光显微镜观察及 RT-qPCR 验证, 成功构建长非编码 MAPT-AS1 过表达及干扰稳定转染乳腺癌细胞株 T47D, 并筛选出干扰效率最高的长非编码 MAPT-AS1 干扰片段 shRNA3。验证其共表达基因得到 MAPT、MAPT-IT1 和 NXNL2 在转染了干扰片段 shRNA3 后表达量降低, 与长非编码 MAPT-AS1 的表达趋势一致。

**结论** 成功构建长非编码 MAPT-AS1 过表达及干扰稳定转染乳腺癌细胞株 T47D, 验证其和共表达基因表达情况与数据库一致, 为进一步研究长非编码 MAPT-AS1 基因在乳腺癌中的作用机制奠定基础。

## PU-0384

### “咖啡环效应”富集尿液细菌辅助诊断泌尿道感染

曹楠楠,黄宪章

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 利用咖啡环效应富集尿液细菌到液滴边缘以辅助诊断泌尿道感染。

**方法** 随机选取 200 例中段尿标本, 做血平板接种培养、在玻片加 1 滴尿液做咖啡环效应组、尿标本离心后重悬做沉渣涂片为沉渣组, 咖啡环效应组自然风干 30min 后置于烘片机烘干, 沉渣组直接用烘片机烘干, 革兰染色镜检后进行三组结果的分析。倍比稀释细菌后制作 CRE 半定量试验组。

**结果** CRE 法检测出真阴性标本 124 例, 真阳性标本 58 例, 特异性为 98.4%, 敏感性为 98.3%, 准确性为 98.4%, 阴性预测值为 99.2%, 阳性预测值为 96.7%; 尿沉渣镜检法检测出 115 例真阴性标本, 58 例真阳性标本, 特异性 91.3%, 敏感性 98.3%, 准确性为 93.5%, 阴性预测值为 99.1%, 阳性预测值为 84.1%。CRE 法与平板法的一致性与特异性高于沉渣法。CRE 检测尿液细菌浓度的阈值为  $10^7$  CFU/L。

**结论** CRE 能通过胶体液滴在蒸发过程中自发的毛细管作用力将尿液中的细菌富集到边缘, 并将细菌与白细胞进行分离, 这提高了镜检的效率与质量。CRE 的富集作用弱于沉渣, 但其对 UTI 诊断的富集作用已经能满足临床需要, 并且具有比沉渣法更高的特异性、一致性与阳性预测值, 能减少抗生素滥用的情况, 降低细菌耐药性的产生。CRE 的富集作用为临床提供了一个新的想法, 结合 CRE 与已有的检测系统或检测方法可能创造更有效的新型检测手段。

## PU-0385

## 应用 CLSI EP7-A3 文件评价肌酐测定的干扰因素

石文

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨应用美国临床实验室标准化协会(CLSI)EP7-A3 文件评价肌酐测定的干扰因素。

**方法** 根据 CLSI EP7-A3 文件, 采用实验当天新鲜血清(无溶血、脂血、黄疸), 利用已开发上市的干扰试剂盒以及药物对肌酐进行干扰评价。

**结果** 应用统计软件 OriginPro 9.0 分析, 结果显示 16.94mmol/L 甘油三酯、0.121mg/dL 盐酸多巴酚丁胺、5.25mg/dL 抗坏血酸对肌酐(CREA)测定无干扰, 40g/L 游离胆红素、40g/L 结合胆红素、6mg/dL 羟苯磺酸钙、10g/L 血红蛋白对 Cr 测定有负干扰。

**结论** 应用 EP7-A3 文件, 利用已开发上市干扰试剂盒, 应用统计软件 OriginPro 9.0 分析, 对肌酐测定干扰分析有一定的应用价值。

## PU-0386

## 广州地区 1000 例食物不耐受情况分析

梁荣良

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 分析广州地区人群对 14 种食物的不耐受情况。

**方法** 使用 ELISA 法检测 1000 例人血清中 14 种食物过敏原特异性 IgG 抗体。

**结果** 阳性率最高的前 5 种食物是鸡蛋(59.8%)、牛奶(39%)、大豆(17.4%)、西红柿(16.2%)、虾、(16.0%); 在阳性率最高的前 5 种食物中, 牛奶和西红柿在性别差异中具有统计学意义( $P<0.05$ ); 在阳性率最高的前 5 种食物中, 5 种食物在未成年组、青壮年组和老年组的差异中具有统计学意义( $P<0.05$ ); , 其中鸡蛋和牛奶的阳性程度最高。

**结论** 在人群当中, 食物不耐受的情况广泛存在, 主要以鸡蛋和牛奶为主, 并且与性别和年龄有关, 而鸡蛋和牛奶的阳性程度最高。

## PU-0387

## APTT FSL 试剂盒分析性能验证

王会敏

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 对活化部分凝血活酶时间(APTT)测定试剂 Dade Actin FSL activated PTT Reagent 的检验性能作出验证以及评价。

**方法** 用 Sysmex CS2000i 全自动凝血仪检测 APTT, 从批内精密度、批间精密度、日间精密度与正确度这四个方面进行验证, 得 CV%进行试剂盒 APTT FSL 分析性能的验证与评价。

**结果** 活化部分凝血活酶时间(APTT)测定试剂 Dade Actin FSL activated PTT Reagent 正常标本批内不精密度为  $0.25\%<4.0\%$ <sup>[1]</sup>, 批间不精密度 $<10\%$ , 日间不精密度正常水平为  $1.08\%<6.5\%$ , 异常水平为  $1.10\%<10.0\%$ , 符合 WS/406-2012《临床血液学检验常规项目分析质量要求》; 正确度五个室间质评物误差都在 $\pm 15\%$ 内, 得分  $100\%\geq 80\%$ , 符合质量要求。

**结论** 根据《医疗机构临床实验室管理办法》的要求, 临床实验室所用的商品定量试剂盒性能验证达到实验室要求的性能与质量目标, 此试剂盒 Dade Actin FSL activated PTT Reagen 能用于临床实验室用于检测活化部分凝血活酶时间( APTT)。

## PU-0388

### 减毒雷公藤对肝癌细胞增殖凋亡的作用研究

王意, 黄宪章

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 研究经化学修饰获得的新型雷公藤单体对正常肝细胞的毒性以及对肝癌细胞的增殖凋亡的作用。

**方法** 通过对雷公藤内酯醇(TPL)进行化学修饰, 获得两种新型雷公藤单体: TP-3-OH 和 TPO。体外培养人胚胎肝细胞 LO2 细胞, 使用不同浓度 TPL、TP-3-OH、TPO 处理, 通过检测培养上清中乳酸脱氢酶(LDH)的活性, 评价三种药物对肝细胞的毒性大小。体外培养肝癌细胞 HepG2、Hep3B、SMMC-7721、BEL 7402 细胞, 使用不同浓度 TP-3-OH、TPO 处理, 通过 MTT 实验研究两种药物对肝癌细胞增殖的影响, 通过流式细胞术、Western blot 检测凋亡相关蛋白研究两种药物对肝癌细胞凋亡的影响。

**结果** 结果表明, 相对于 TPL, TP-3-OH 和 TPO 处理组 LO2 细胞培养上清中 LDH 水平显著降低; 相对于溶剂(DMSO)对照组, TPO 处理组肝癌细胞数量明显降低, 凋亡细胞明显增加, cleaved-Caspase-3 等凋亡相关蛋白表达增加, 而 TPO 处理组上述指标变化不明显。

**结论** 经化学修饰获得的新雷公藤单体对肝细胞的毒性降低, 且 TPO 具有抑制肝癌细胞增殖、促进肝癌细胞凋亡的作用。

## PU-0389

### 登革热患者血清 IL-17A 和 IL-22 水平与疾病的相关性分析

李国华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 探讨登革热(DF)患者血清 IL-17A、IL-22 水平变化规律, 分析其与 DF 指标的关系, 并探讨其意义。

**方法** 酶联免疫吸附实验分别检测 DF 组患者和健康对照组血清 IL-17A、IL-22 的表达水平, 全自动血细胞分析仪检测全血白细胞(WBC), 血小板(PLT)数目; 并进一步将 IL-17A、IL-22 和 WBC、PLT 之间分别进行相关性分析, 通过受试者工作特征(ROC)曲线分析, 寻找 IL-17A、IL-22 的诊断截断点。

**结果** DF 组 IL-17A 和 IL-22 水平均显著高于对照组, 差异具有统计学意义( $P < 0.05$ ), 且两者之间呈正相关( $P = 0.000$ ); 同时 IL-17A、IL-22 分别与 WBC、PLT 呈负相关( $P < 0.05$ )。通过 ROC 曲线分析, 血清 IL-17A、IL-22 水平最优截断点分别约为 1.54 pg/ml, 3.41 pg/ml, 灵敏度和特异度分别为 95.52%和 70%, 92.54%和 100.0%。

**结论** 在 DF 患者中, 血清 IL-17A 与 IL-22 表达上调, 且与疾病的活动度呈正相关, 两者的检测有助于 DF 的诊断。

## PU-0390

为 HbA<sub>1c</sub> 分析仪设计基于风险的多级室内质量控制方案

李婷婷

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 为两种 HbA<sub>1c</sub> 分析仪设计基于风险的多级室内质量控制 (IQC) 方案, 帮助持续高产出的检测系统更经济地维持质量。

**方法** 利用参加卫生部临床检验中心组织的正确度验证计划获得的相应 HbA<sub>1c</sub> 检测系统的偏倚和日常 IQC 数据中获得的变异系数计算西格玛度量, 然后根据西格玛水平、每日最大工作量以及期望报告区间, 并结合西格玛度量批长度列线图和西格玛功效函数图来分别确定不同西格玛水平下相应 IQC 程序的批长度和误差检出率和假失控率, 最终制定适当的 IQC 方案。

**结果** Premier Hb 9210 和 Sebia Capillarys 2FP 检测系统的西格玛度量分别为  $4.96\sigma$  和  $5.35\sigma$ , 最大工作量是 200 个患者样本。Premier Hb 9210 和 Sebia Capillarys 2FP 检测系统起始 IQC 两水平质控品均只检测一次, 使用的质控程序分别为: “ $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$ , N2”, 和 “ $1_{3s}$  N2”, 接下来每 50 个患者样品的夹心 IQC 中均只需交替检测一个水平质控品 ( $1_{3s}$  N1)。对于  $5\sigma$  水平, 工作量为 1000 个患者样品的检测系统, 起始 IQC 需检测两水平质控品, 每个水平检测两次 ( $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  N4), 每 200 个患者标本的夹心 IQC 只需对两水平质控品检测一次 ( $1_{3s}$  N2)。对于  $5\sigma$  水平, 工作量为 500 个患者样品的检测系统, 起始 IQC 需检测两水平质控品一次 ( $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  N2), 每 125 个患者标本的夹心 IQC 只需交替检测一个水平质控品 ( $1_{2.5s}$  N1)。

**结论** 由起始和夹心 IQC 组成的多级 IQC 方案可有效维持持续产出的 HbA<sub>1c</sub> 分析仪的质量, 是最小化患者风险的最佳方案。

## PU-0391

## Identification of Key miRNAs and Genes in Melanoma by Bioinformatics Analysis

Qiao Li<sup>1</sup>, Yuan Cao<sup>2</sup>

1.The Affiliated Children Hospital of Xi'an Jiaotong University

2.The Second Affiliated Hospital of Medical College, Xi'an Jiaotong University

**Objective** To Identify potential miRNAs and genes contributing to pathogenesis of melanoma via bioinformatics tools.

**Methods** GSE20994 was downloaded from the GEO database. Differential expressed miRNAs (DE-miRNAs) was conducted by R package and GEO2R. Potential target genes of DE-miRNAs were predicted by miRTarBase. Functional annotation and pathway enrichment analyses for target genes were established through DAVID. Gene-miRNA and Protein-protein network were constructed and visualized by STRING and Cytoscape. Additionally, Survival analysis was performed by UALCAN.

**Results** A total of 132 up-regulated and 134 down-regulated DE-miRNAs were screened out in human melanoma samples. 580 potential target genes were predicted for the three up-regulated miRNAs and 543 genes for the three down-regulated miRNAs. Of note, miR-300 and miR-629 was profoundly up-regulated and down-regulated in melanoma, respectively. TP53 and GAPDH were identified as hub genes in PPI network. Five in ten hub genes could be potentially modulated by up-regulated miR-580, whereas, eight could be potentially targeted miR-629. High mRNA expression of DAPK2 presented a better prognosis, contrarily, high mRNA expression of SKCM, TECPR2, and ZNF781 meant a worse overall survival.

**Conclusions** The present study may provide diagnostic biomarkers for the early detection of melanoma, but also laid potential therapeutic targets.

## PU-0392

## QC 设计和分析批长度 Westgard 西格玛规则在迈瑞 CRP- M100 特定蛋白免疫分析仪质控管理中的应用

沈小玲,郭华  
射洪县人民医院,629000

**目的** 用 QC 设计和分析批长度 Westgard 西格玛规则设计迈瑞 CRP-M100 特定蛋白免疫分析仪全程 C-反应蛋白(Full Range-C-reactive Protein FR-CRP)项目 4 个通道的室内质量控制规则和分析批长度, 监测仪器稳定性, 从而保证检测质量。

**方法** CRP 允许总误差 (TEa) 来源于卫生部行业标准, 变异系数 (CV) 来源于实验室 FR-CRP 室内质量控制的低、高两个浓度水平, 偏倚 (Bias) 来源于 2018 年卫生部临检中心室间质评。计算 FR-CRP 的西格玛度量值 ( $\sigma$ ), 公式  $\sigma = (TEa - Bias) / CV$ , 依据 QC 设计和分析批长度 Westgard 西格玛规则工具图设计迈瑞 CRP-M100 特定蛋白免疫分析仪 4 个通道的室内质量控制规则和分析批长度。

**结果** 通道 1:  $\sigma=5.00$ , 所选规则为  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$ , 分析批长度为每 450 个样本测定一次质控; 通道 2:  $\sigma=4.00$ , 所选规则为  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$ , 分析批长度为每 200 个样本测定一次质控; 通道 3:  $\sigma=4.43$ , 所选规则为  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$ , 分析批长度为每 200 个样本测定一次质控; 通道 4:  $\sigma=3.57$ , 所选规则为  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/6_x$ , 分析批长度为每 45 个样本测定一次质控。

**结论** 基于 QC 设计和分析批长度 Westgard 西格玛规则工具图可以确定 FR-CRP 的室内质量控制规则和分析批长度, 目前实验室 FR-CRP 最大标本量小于 200, 迈瑞 CRP-M100 特定蛋白免疫分析仪 4 个通道平均测定样本小于 50, 每个通道做一次质控, 即可满足质量规范要求。

## PU-0393

## A amperometric immunosensor for sensitive detection of circulating tumor cells using a tyramide signal amplification-based signal enhancement system

Xiaoyan Zhou<sup>1,2</sup>, Haiping Wu<sup>2</sup>, Shijia Ding<sup>2</sup>  
1.The Affiliated Hospital of Medical College, Qingdao University  
2.Chongqing Medical University

**Objective** Herein, tyramide signal amplification (TSA)-based electrochemical immunosensor was exploited for highly sensitive detection of CTCs.

**Methods** In this immunosensor, the nucleolin-targeting aptamer AS1411 (CP) was used to specifically capture tumor cells, and a TSA-based signal enhancement system consisting of Pt NPs@HRP@CP composite as catalytic probe and tyramine functionalized infinite coordination polymer (ICPs@Tyr) as electroactive signal tag was applied to improve the detection sensitivity. Using HeLa cell as the model CTCs, after a sandwich reaction, CP-HeLa-Pt NPs@HRP@CP bioconjugates were formed on the electrode. Millions of ICPs@Tyr could be layer-by-layer deposited onto the target cell membrane by the catalysis of Pt NPs@HRP@CP.

**Results** The developed immunosensor could detect HeLa cell with a wide dynamic range from 2 to  $2 \times 10^4$  cells/mL and a detection limit of 2 cells/mL. Most importantly, the amperometric immunosensor was successfully applied to discriminate tumor cells from white blood cells, exhibiting high specificity and sensitivity.

**Conclusions** This work demonstrates that the TSA-based signal enhancement system might be a potential alternative tool for the electrochemical measurement of trace amounts of CTCs in clinical diagnosis.



## PU-0394

**糖化血红蛋白 A1c 诊断妊娠糖尿病标准的初步探讨**

徐志晔

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 初步评估使用糖化血红蛋白 A1c (HbA1c) 诊断妊娠糖尿病的最佳切点。

**方法** 2017 年 6 月-2017 年 10 月在南京鼓楼医院门诊进行妊娠糖耐量筛查的妊娠者, 同时测定其 HbA1c。以世界卫生组织 (WHO) 的标准诊断妊娠糖尿病, 用受试者工作特征曲线 (ROC) 分析 HbA1c 诊断 DM 的能力。

**结果** 以非 DM 组为对照组, 用 HbA1c 来诊断妊娠糖尿病, ROC 曲线下面积 ( $AUC_{ROC}$ ) 为 0.931, 最佳切点为 6.1%, 敏感性为 90.6%, 特异性为 88.9%。当切点为 5.9% 时, 敏感性下降为 81.8%, 特异性为 93.7%。

**结论** 本次研究中 HbA1c 诊断妊娠糖尿病的最佳切点为 6.1%, 但本次调查人群范围较小, 诊断标准仍有待大范围调查后确定。

## PU-0395

**急性冠状动脉综合症患者血清生物标志物水平的临床研究**

王豹

常熟市第五人民医院

**目的** 探讨急性冠状动脉综合症 (acute coronary syndrome, ACS) 患者血清生物标志物 (biomarkers, BM) 水平与心血管事件危险性的临床研究。

**方法** 采用生化法、免疫比浊法和电化学发光法测定了 98 例 ACS 患者, 33 例稳定型心绞痛 (Stable angina pectoris, SAP) 和 60 例正常对照组血清同型半胱氨酸 (homocysteine, HCY) 脑钠肽前体 (pro-brain natriuretic peptide, proBNP); 高敏-C 反应蛋白 (high-sensitive C-reaction protein, hs-CRP) 水平, 寻找 ACS 的早期诊断方法和 ACS 患者向心血管事件转化时血清 BM 水平的 95% 可信区间、临界值、敏感度和特异度。

**结果** ACS 患者血清 HCY, proBNP 和 hs-CRP 水平较正常对照组显著增高 ( $p$  均  $< 0.001$ ), 并随 ACS 患者的严重程度而增高; SAP 患者较正常对照组增高 ( $p$  均  $< 0.05$ )。

**结论** 血清 HCY、proBNP 和 hs-CRP 水平与 ACS 患者心血管事件发生密切相关, 其诊断临界值分别为 30.05  $\mu\text{mol/L}$ 、566.84  $\text{ng/L}$  和 8.95  $\text{mg/L}$ , 敏感度分别为 88.21%、89.42% 和 90.18%, 特异度分别为 93.25%、92.36% 和 92.76%。

## PU-0396

**2016 年某三甲医院一氧化碳中毒患者心肌酶谱的变化分析**

冯倚帆

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨一氧化碳中毒患者心肌酶谱在病情进展及治疗前后的变化, 以及对病人的影响。

**方法** 回顾性分析某三甲医院 2016 年全年急性一氧化碳中毒 146 个病例并总结。比较病情进展前后、治疗前后患者心肌酶谱的变化, 进行统计分析。

**结果** 急性一氧化碳中毒的患者有 78.1% 出现心肌酶谱不同程度的增高改变, 缺氧程度与心肌损伤的程度基本一致; 治愈后 88.3% 患者结果有明显改善, 早期治愈心肌酶恢复率高于晚期治愈。

**结论** 急性一氧化碳中毒会导致患者的心肌损伤,且治愈后结果可改善,且时期越早改善效果越好。急性一氧化碳中毒治疗前后的心肌酶谱对病情的严重程度有一定的提示意义,对病人的预后也存在可参考的提示意义。

## PU-0397

### ABO 血型与肿瘤性疾病红细胞输注量的相关性

钱梦圆

南京医科大学第二附属医院,210000

**目的** 探讨 ABO 血型分布与肿瘤性疾病的临床红细胞输血量的相关性。

**方法** 以 2016 年至 2018 年在江苏省血液中心无偿献血的 24573 例健康人群资料为依据,回顾性分析 2018 年 1 月至 2018 年 12 月在南京医科大学第二附属医院有输血史的 2036 例住院患者的临床资料,按 ABO 血型分组。比较不同血型分组下的临床输血量与献血量的分布差异,比较不同血型分组下住院患者与肿瘤性疾病患者红细胞输血量的差异;依据本院特色科室,分组分析血型分组下肿瘤性疾病与消化道肿瘤、肿瘤性疾病与妇科肿瘤的临床红细胞输血量相关性。

**结果** A 型和 O 型临床输血量与献血量比较差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); A 型和 B 型肿瘤性疾病患者的红细胞输注量与住院患者比较存在差异 ( $P>0.05$ ); 各血型分组下消化道肿瘤的红细胞输血量与肿瘤性疾病相比均无统计学意义,而妇科肿瘤中,AB 型患者差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 我院用血情况: A 型和 O 型血常年紧缺, B 型、AB 型血常年富余; A 型血患者肿瘤性疾病的临床红细胞输注量大, B 型血相反; 各血型分组下, 消化道肿瘤红细胞量与血型无关, 相比其他血型, AB 型妇科肿瘤性疾病的临床红细胞输注量少。

## PU-0398

### C-反应蛋白(CRP)在乳腺癌预后中所具有的价值

吕壮,顾洪芹

东营市广饶县人民医院

**目的** 探讨 C-反应蛋白(CRP)在乳腺癌预后中所具有的价值,为本地区乳腺癌患者的预后评估提供可靠的理论依据。

**方法** 样本全部来自 2016 年 7 月 1 日至 2017 年 4 月 1 日前来张家界市人民医院各科室就诊并确诊乳腺癌的患者及健康体检者,并且对确诊的乳腺癌患者进行了临床的分级,以其治疗后的恢复时间段为时间轴对患者的治疗预后情况进行动态的监测。标本采集送检后,所有的研究对象全部都采用免疫透射比浊法对其机体内血清 CRP 的含量进行检测,随机抽取进行健康体检者 50 例及确诊乳腺癌患者 50 例,分为健康组、乳腺癌治疗前组及相应乳腺癌预后组。

**结果** 患有乳腺癌疾病的患者机体 CRP 的含量较健康者显著增高,两者的差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ),进行治疗后预后良好患者血清中的 CRP 浓度整体表现为下降,预后不良的患者变现为波动式上升。

**结论** 动态的进行血清 CRP 水平的观察对乳腺癌的预后价值的评估具有一定的临床意义。

## PU-0399

## 孕晚期妇女 B 族链球菌 PCR 检测与菌培养比较

李韬

山东省东营市广饶县人民医院

**目的** 探讨妊娠晚期孕妇 B 族链球菌带菌状态的检测方法。

**方法** 对在我院产检及分娩的孕妇 565 例妊娠晚期孕妇, 取其阴道下 1/3 分泌物及肛周分泌物, 应用细菌培养及实时 PCR 进行 B 族链球菌检测, 并观察其妊娠结局。

**结果** 445 例妊娠晚期孕妇 B 族链球菌细菌培养阳性 18 例, 实时 PCR 阳性 41 例阳性率明显高于细菌培养。

**结论** 实时 PCR 检测 B 族链球菌有较高的敏感度和特异性, 是妊娠晚期孕妇常规检测 B 族链球菌感染的首选方法。

## PU-0400

## 抗磷脂综合征的诊疗进展综述

侯佳宜

山西省中医药研究院山西省中医院,030000

**目的** 抗磷脂综合征是一种非炎症性自身免疫病, 可分为原发性抗磷脂综合征和继发性抗磷脂综合征。继发性抗磷脂综合征, 常发生于系统性红斑狼疮和干燥综合征等患者。抗磷脂综合征临床表现复杂多样, 全身各系统均可受累。

**方法** 本文对抗磷脂综合征的临床表现、诊断及与治疗进展综述如下。

**结果** 血栓形成是抗磷脂综合征最有代表性的症状之一, 表现为多部位、反复动静脉栓塞。相对常见(发生比例 4%~6%)的血栓事件为肢端缺血性坏死、缺血性骨坏死、下肢动脉血栓、心肌梗死和肾血栓。原发性抗磷脂综合征血栓事件复发率高于继发性抗磷脂综合征, 而且更多见同类血管的血栓事件复发。

抗磷脂综合征的治疗措施主要包括四大方面: 预防、血栓事件发生后相关治疗、灾难性抗磷脂综合征治疗及相关妊娠并发症的处理。

**结论** 抗磷脂综合征作为一种抗磷脂抗体阳性并全身大小血管血栓形成的临床综合征, 得到医学界越来越多的关注。但因其临床表现复杂多样, 临床上容易漏诊和误诊。当累及大血管如大动脉和静脉时, 表现为血栓形成或栓塞, 而累及小血管如毛细血管、小动静脉时, 则可表现为血栓性微血管病, 全身多个脏器包括肾脏均可受累。随着对抗磷脂综合征的深入研究, 抗磷脂抗体在其病理机制中, 特别是血栓形成中的重要作用愈来愈受到关注。目前研究显示抗磷脂抗体在多个环节参与了抗磷脂综合征发病。抗磷脂综合征的治疗以预防为主, 口服抗凝剂对预防及降低 APS 复发率均有着显著效果, 近年来, 随着相关抗体的检测更准确迅速和新药的积极研制, 使该病的诊治取得较大进展, 但还需深入研究及进一步开展前瞻性大样本临床试验, 为防治抗磷脂综合征提供更加有效的方法。

## PU-0401

## 一例从检验角度分析肝素影响的凝血病例分享

邵丽丽

长治市人民医院,046000

凝血项目检测是临床疾病、抗凝用药指导，术前等重要的常规检验指标之一，其结果的准确性受许多因素影响<sup>[1]</sup>，其中药物影响是在工作中屡见不鲜，本文从实验室的角度，来说明肝素如何影响凝血功能检测。

## PU-0402

## 2 型糖尿病患者血糖变化与血脂的关系

张立群

长治市人民医院,046000

**目的** 分析 2 型糖尿病患者不同血糖浓度值的血脂水平的变化。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 12 月长治市人民医院内分泌科就诊的 250 名 2 型糖尿病患者为研究对象。依据血糖水平分为 3 组：A 组血糖浓度（6.10~11.0）mmol/L，B 组血糖浓度（11.0~20.0）mmol/L，C 组血糖浓度（>20.0）mmol/L。分别检测血糖（GLU）、总胆固醇（TC）、甘油三酯（TG）、高密度脂蛋白胆固醇（HDL-C）、低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）、载脂蛋白 A1（ApoA1）、载脂蛋白 B（ApoB）。

**结果** 不同血糖水平患者血脂各检测指标采用方差分析，TC、HDL-C、ApoB 组间比较  $P>0.05$ ，无统计学意义；TG B 和 C 组差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；HDL-C C 组与 A 组、C 组与 B 组差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）；ApoA C 组与 A 组、C 组与 B 组差异均有统计学意义（ $P<0.01$ ）。

**结论** 不同浓度的血糖水平可引起不同类型的血脂异常，在控制血糖的同时需要密切检测血脂变化。

## PU-0403

## 几种梅毒血清学检测方法的应用和评价

孙晶

长治市城区人民医院,046000

梅毒是由苍白螺旋体即梅毒螺旋体（*treponemapallidum*, TP）引起的一种慢性、系统性性传播疾病

## PU-0404

## 长治地区妊娠期妇女弓形虫感染特征及危险因素

常会忠

长治市城区人民医院,046000

**目的** 了解长治地区妊娠期妇女弓形虫感染特征及其危险因素，为制定有效的防治措施提供依据。

**方法** 以 2018 年 5 月至 2018 年 10 月长治市人民医院就诊的 1200 例孕妇开展问卷调查，并采用化学发光法检测其弓形虫 IgG 和 IgM 抗体。

**结果** 1200 例孕妇接受了问卷调查，弓形虫病相关知识知晓率为 20.08% (241/1200)；1200 例抗体检测总阳性检出率为 14.83% (178/1200)。弓形虫知晓率与文化程度、职业和居住地有关 ( $\chi^2$  值分别为 17.12, 13.20, 7.10  $P$  值均  $< 0.05$ )，弓形虫感染率与文化程度、职业和居住地有关 ( $\chi^2$  值分别为 9.42, 6.02, 12.01  $P$  值均  $< 0.05$ )，感染率与知晓率之间具有负相关性 ( $\chi^2 = 5.10$ ,  $P < 0.05$ )。阳性感染者中，饲养宠物，砧板生熟不分和从事养殖供应肉类分别占抗体阳性者的 65.73%、29.78% 和 2.80%。

**结论** 孕妇对弓形虫病知识的知晓度低和生活行为方式是导致弓形虫感染的危险因素。

## PU-0405

### 莱姆病的研究概况

李晓伟

长治市城区人民医院,046000

**目的** 姆病是一种主要存在于北半球，由伯氏疏螺旋体通过硬蜱叮咬吸血时，螺旋体通过蜱的唾液腺，进入人或动物体内，进而出现的一种人兽共患病。

**方法** 姆病是一种主要存在于北半球，由伯氏疏螺旋体通过硬蜱叮咬吸血时，螺旋体通过蜱的唾液腺，进入人或动物体内，进而出现的一种人兽共患病。美国疾病预防控制中心 (CDC) 的一项统计表明，美国莱姆病病例每年仅确诊的就超过 300000 例，莱姆病的主要症状表现为慢性皮肤游走性红斑，蜂窝织炎，滑膜肿胀性关节炎，心肌炎，脑膜炎，颅神经麻痹等多器官，多系统受累的炎症性综合征，当前对莱姆病的检测手段主要还是通过免疫性检测结合临床症状做出判断，最后通过抗生素来予以治疗。本文参考国内外文献对莱姆病的发展简史，临床症状，检查手段和治疗作扼要概述。

**结果** 姆病是一种主要存在于北半球，由伯氏疏螺旋体通过硬蜱叮咬吸血时，螺旋体通过蜱的唾液腺，进入人或动物体内，进而出现的一种人兽共患病。

**结论** 姆病是一种主要存在于北半球，由伯氏疏螺旋体通过硬蜱叮咬吸血时，螺旋体通过蜱的唾液腺，进入人或动物体内，进而出现的一种人兽共患病。

## PU-0406

### 胰腺癌外周血肿瘤标志物研究进展

肖克源

长治市人民医院,046000

**目的** 胰腺癌是一种恶性程度高、临床表现隐匿、早期不易发现、预后极差的恶性肿瘤，其发病率和病死率逐年升高，早诊早治能提高其生存率。

## PU-0407

## 肺腺癌中表皮生长因子受体基因突变与 ki-67 表达的相关性分析

王小灵

长治市人民医院,046000

**目的** 探讨肺腺癌组织中 ki-67 的表达及表皮生长因子受体 (EGFR) 的突变情况, 分析二者的相关性。

**方法** 运用 PCR 扩增产物直接测序法检测 482 例肺腺癌患者肿瘤组织中 EGFR

19、21 外显子突变情况; 运用免疫组织化学法检测上述肿瘤组织中 ki-67 的表达情况。

**结果** 在 482 例肺腺癌组织中共有 204 例 (占 42.3%) 发生 EGFR 基因突变, 原位腺癌 (AIS)、微浸润性腺癌 (MIA)、浸润性腺癌 (IAC) 中突变率分别是 21.8%、37.1%、55.8%, 且在侵袭组中的突变率 (IAC) (55.8%) 要显著高于非侵袭组 (AIS/MIA) (30%) ( $P<0.05$ ), 在与临床病理特征的相关性分析中, 我们发现 EGFR 基因突变与胸膜侵袭显著相关, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而与性别、年龄、肿瘤大小、吸烟、淋巴结转移无关; ki-67 与肺腺癌的侵袭性正相关, 且在侵袭性组 (IAC) 中的表达水平要显著高于非侵袭组 (AIS/MIA) ( $P<0.05$ ), 在与临床病理特征的相关性分析中我们发现, ki-67 在男性、肿瘤  $\geq 3\text{cm}$ 、吸烟、侵袭胸膜以及淋巴结转移的肺腺癌患者中的阳性表达率高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而与年龄、肿瘤位置无关; EGFR 突变型的患者其 ki-67 阳性率要显著高于 EGFR 野生型患者 ( $P<0.05$ )。

**结论** EGFR 基因突变及 ki-67 的表达与肺腺癌的侵袭性正相关, 两者可用于评估肺腺癌的进展; 相对于 EGFR 野生型患者, EGFR 突变型的肺腺癌患者其 ki-67 的阳性表达率更高, ki-67 或许可以作为预测 EGFR-TKIs 药物有效性的生物学指标, 并有望成为改善 EGFR-TKIs 耐药的新靶点

## PU-0408

## 干化学法检测尿液白蛋白/肌酐比结果临床应用价值评价

孙磊

长治市人民医院,046000

**目的** 通过同一实验室干化学检测尿液白蛋白/肌酐比结果与同标本生化分析仪检测结果进行比较, 探讨干化学检测尿液白蛋白/肌酐比检测结果与生化分析仪检测结果是否具有可比性, 评价其临床应用价值。

**方法** 罗氏 C311 全自动生化分析仪检测系统为比较方法 (X), 以 Sysmex UC3500 全自动尿液干化学分析仪检测系统为实验方法 (Y)。每天选取 8 份浓度覆盖可分析测量范围的新鲜尿液标本, 分别于两套检测系统对尿液白蛋白 (A)、尿液肌酐 (C) 进行检测, 取得尿液白蛋白/肌酐比结果, 选取浓度大于 30, 判定为阳性; 小于 30, 判定为阴性。进行  $\chi^2$  检验, 研究两种方法结果是否具有 consistency, 以及 consistency 程度如何。判断干化学法检测尿液白蛋白/肌酐比检测结果临床是否具有可接受性。

**结果** 干化学检测尿液白蛋白/肌酐比结果与同标本生化分析仪检测结果具有一致性, 结果可接受。

**结论** 干化学检测尿液白蛋白/肌酐比结果能满足临床要求。

## PU-0409

## 麒麟丸联合他莫昔芬治疗特发性少弱精症

张国祥

长治市城区人民医院,046000

**目的** 评估麒麟丸和他莫昔芬联合治疗特发性少弱精症对精子浓度、精子活动力和精子活动率的临床效果,并与单独使用麒麟丸、单独使用他莫昔芬治疗特发性少弱精子症患者的疗效进行比较。

**方法** 选取在本院 2016 年 1 月—2017 年 12 月就诊的男性不孕不育患者,并确诊为少精弱精症患者(年龄 24-40 岁)作为研究对象。采用简单随机化分组方法将研究对象分成三组:A 组患者口服他莫昔芬,B 组患者口服麒麟丸,C 组患者口服他莫昔芬+麒麟丸,分别于治疗开始前和治疗 3、6、12 个月之后进行疗效和不良反应的评估。

**结果** 185 例患者入选研究,其中 4 例试验过程中脱落,脱落率 2.16%;他莫昔芬组脱落 2 例,麒麟丸组脱落 1 例,联合用药组脱落 1 例。共 181 例完成试验,其中他莫昔芬组(A 组  $n=58$ ),麒麟丸组(B 组  $n=60$ ),麒麟丸联合他莫昔芬组(C 组  $n=63$ )。治疗后对照组从 6 个月开始与治疗前比较有统计学意义( $P<0.001$ ),实验组从 3 个月开始与治疗前比较就有统计学意义( $P<0.001$ )。实验组在用药 3 个月、6 个月时妊娠率都高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.001$ ),继续服药至 12 个月时实验组的妊娠率与对照组比较没有明显优势,差异无统计学意义( $P<0.001$ )。

**结论** 麒麟丸联合他莫昔芬对特发性少弱精症患者精子浓度、精子向前活动力、精子活动率均有明显的改善,且无明显的不良反应,说明麒麟丸与他莫昔芬联合用药对特发性少弱精症患者有效,效果优于麒麟丸或他莫昔芬的单独用药。研究还发现联合用药组在妊娠率方面明显高于单独用药,且联合用药达到治疗效果用时更短。

## PU-0410

## 成人斯蒂尔病 1 例并文献复习

程欣

长治市人民医院,046000

加强对成人斯蒂尔病的认识,减少临床误诊误治。方法:回顾性分析长治市人民医院收治的成人斯蒂尔病一例,并复习相关文献。结果:患者以“皮疹、发热”起病,入院后根据尿常规结果和临床症状及体征初诊为“紫癜性肾炎”,后经临床科室会诊后考虑成人斯蒂尔病。结论:成人斯蒂尔病易误诊为其它疾病,需要临床医师根据症状体征及实验室检查排除其它疾病后诊断。

## PU-0411

## 血小板/淋巴细胞比值对肝细胞癌的预后价值评价

胡琼英

成都中医药大学,610000

**目的** 回顾性分析肝细胞癌(Hepatocellular carcinoma, HCC)病人血小板/淋巴细胞比值(Platelet-to-lymphocyte ratio, PLR),评价其在 HCC 的预后价值。

**方法** 纳入我院 2015.01—2017.01 首次确诊的 100 例 HCC 病人,经治疗随访,分为生存组和死亡组,抽取 EDTA 抗凝静脉血做血常规检测,分别得到淋巴细胞计数绝对值和血小板计数值,经计

算得出 PLR, 并绘制受试者工作曲线 (receiver operator characteristic curve, ROC 曲线) 找到 cut-off 值, 评价其预测价值。

**结果** 100 例 HCC 病人中 22 例 (22%) 患者在平均随访期 11 个月内死亡, 而生存者 (78) 和死亡病人 (22) 的 PLR 差异有统计学意义 ( $p=0.001$ ), 此时的 cut-off 值为 208, 预测的敏感度和特异性分别为 64.2% 和 75.2%, ROC 曲线下面积 (the area under the ROC curve, AUC) 为 0.75。

**结论** PLR 升高高于 208 时, 提示 HCC 患者预后不良, PLR 是一种廉价, 易得的血常规结果, 可作为 HCC 潜在的预后指标。

## PU-0412

### 胃癌中关键基因和通路的生物信息学和功能分析

吴茜, 宋兴勃, 钟慧钰, 温阳, 应斌武  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 胃癌是世界上最为常见的五种癌症之一, 但其发生的基本机制却仍然没有得到很好的阐述。文章旨在探索胃癌的发病机制, 为胃癌的早期诊断和治疗评估提供新思路

**方法** 从基因表达数据库(GEO)中获取 GSE79973 和 GSE19826 基因表达谱, 使用 GCBI 在线实验室筛选差异表达基因, 并使用基因本体论分析 (GO 分析)、代谢通路分析 (pathway 分析)、基因信号网络分析、共表达分析的方法对所获得基因进行分析。

**结果** 与对照组相比, 在胃癌组织中筛选出共 1206 个基因差异表达。其中, 542 个基因被下调, 664 个基因被上调; 差异基因主要涉及细胞粘附, 细胞外基质组织, 细胞外基质分解, 胶原蛋白分解代谢过程等方面, pathway 分析发现核心信号通路主要涉及粘附力, 糖酵解/糖异生, Wnt 信号通路, 癌症通路等方面; 基因信号网络分析发现核心基因为 UGT2B15, ITGA2, ITGB1, CYP3A4; 共表达网络分析推测核心基因为 SH3GL2, CKMT2, CHIA, ATP4A。

**结论** NHBA、UGT2B15、ITGA2、ITGB1、SH3GL2 等基因及其相关的生物过程可能是 GC 的潜在生物标志物和治疗靶标, 生物信息学有助于全面深入研究疾病发生机制, 筛选可能的核心靶点, 为临床诊断及治疗胃癌提供参考

## PU-0413

### 同型半胱氨酸与妊娠及围生期相关疾病的研究进展

韩红霞, 任建平  
山西省中医院

**目的** 阐述血清同型半胱氨酸 (Hcy) 水平与妊娠及围生期相关疾病的关系, 揭示同型半胱氨酸在妊娠及围生期相关疾病病因学研究中的重要意义, 为相关疾病的防治及诊断提供依据。

**方法** 检索近十年来国内外相关研究文献, 对血清 Hcy 水平与妊娠及围生期相关疾病的研究现状进行总结分析。

**结果** 母体血清同型半胱氨酸水平升高与多种不良妊娠结局相关, 如复发性自然流产、妊娠期高血压、妊娠期糖尿病、胎盘早剥、胎儿神经管畸形及胎儿宫内发育迟缓、产后抑郁症等。当机体处于低维生素状态、高 Hcy 血症、呈现 MTHFR 基因突变体 C677T, 和一些血栓形成因子, 都是并发孕妇血管病变的单一或联合的高危因子。妊娠高血压患者在发病前就可能出现同型半胱氨酸的升高, 且妊娠期高血压疾病血清 Hcy 水平与病情呈正相关关系, 这对于妊娠高血压疾病的早期发现及预防有一定的临床意义。血清 Hcy 水平的测定可作为妊娠期糖尿病患者的一个监测指标, 且干预血糖、血脂等相关因素可能降低患者 Hcy 水平, 减轻妊娠期糖尿病患者大血管和微血管的损害。高同型半胱氨酸血症与神经管畸形的发生密切相关, 已有报道, 神经管畸形患儿母亲血清同型半胱氨酸浓度明显升高。导致高同型半胱氨酸血症的因素较多, 其中很多因素是与叶酸在体内的利用有



关。受孕前后期增补叶酸可预防神经管畸形,使发病率降低 50% ~70%,并且对降低神经管畸形的初发和再发均有效。但目前对高同型半胱氨酸血症以及叶酸缺乏影响神经管畸形发生的机制并不清楚,很多学者都将焦点集中在影响叶酸及同型半胱氨酸的代谢、转运的基因上。

**结论** 同型半胱氨酸水平升高与妊娠及围产期多种疾病相关,其机制可能与影响叶酸代谢有关,但其确切的致病机制仍有待进一步的研究。

PU-0414

## MiRNA 调控整合素基因表达参与胃癌侵袭转移的机制研究

钟慧钰,温阳,吴茜,宋兴勃,周娟,周汶静,王军,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** MicroRNA (miRNA) 是一类调控约三分之一人类基因表达的小分子非编码 RNA,而整合素因其在细胞粘附中的功能在多种肿瘤包括胃癌的发生发展中起到重要作用,本研究筛选出位于整合素  $\alpha 6$  基因 (ITGA6) 3'UTR 内的位点 rs17664,进一步预测与之结合的 miRNA,通过组织实验等揭示在胃癌侵袭与转移过程中 miRNA 调控整合素表达的可能作用机制。

**方法** 利用生物信息学方法对可与 rs17664 相结合的 miRNA 进行预测。在 30 对配对胃癌组织和远端正常组织中采用荧光定量 PCR (RT-PCR) 及荧光探针原位杂交 (FISH) 检测 miRNA 和整合素 mRNA 的表达水平及组织定位,并采用免疫荧光组织化学 (IFHC) 和蛋白免疫印迹 (WB) 方法检测胃组织中整合素蛋白的表达水平。进一步采用双荧光素酶报告基因检测预测所得的 miRNA 是否可结合整合素基因并调控其表达。统计学分析采用 GraphPad Prism 6.0 和 SPSS 22.0 软件。

**结果** 生物信息学预测结果显示 rs17664 位于 miR-4484 种子区域的结合序列中;双荧光素酶报告基因实验显示 ITGA6 是 miR-4484 的直接靶基因,miR-4484 可与 ITGA6 的 3'UTR 区结合并下调后者的表达。ITGA6 和整合素  $\alpha 6$  在胃癌组织表达水平显著高于配对的远端组织 ( $P=0.015$ ;  $P<0.001$ ),miR-4484 表达水平则低于配对的远端组织 ( $P=0.029$ )。分层分析显示 ITGA6 与胃癌的淋巴结转移程度 ( $P=0.022$ )、远处转移 ( $P<0.001$ ) 及肿瘤大小 ( $P=0.01$ ) 有关,而 miR-4484 与胃癌的侵袭程度 ( $P<0.001$ )、淋巴结转移 ( $P=0.032$ )、远处转移 ( $P<0.001$ ) 及肿瘤大小 ( $P=0.01$ ) 有关。

**结论** 本研究结果提示整合素  $\alpha 6$  基因 (ITGA6) 是 miR-4484 的直接靶基因,后者可结合并下调 ITGA6 及整合素  $\alpha 6$  的表达。miR-4484 在胃癌组织中通过调控 ITGA6 和整合素  $\alpha 6$  的表达发挥抑制胃癌侵袭转移的功能。

PU-0415

## Clinical routine monitor immune status for immunotherapy with 74 immune cell subsets in 2ml human whole blood by 10-color flow cytometry

Weiwei Wang<sup>1</sup>, Haibo Li<sup>2</sup>, Lihua Zhang<sup>1</sup>, Wenli Jiang<sup>1</sup>, Lisong Shen<sup>1</sup>, Guang Fan<sup>2</sup>

1. Clinical laboratory, Xinhua hospital, Shanghai Jiaotong University of Medicine School, Shanghai, 200092, China

2. Department of Pathology, Oregon Health and Science University, Portland, Oregon, 97239, USA

**Objective** As we all know, the immune system plays a vital role in both the prevention and therapy of diseases. Immune status is an important consideration for diseases development, progression, therapy responses and clinical recovery. So, the immune status monitoring before or

after or during therapy is becoming increasingly important in diseases treatments, especially for immunotherapy.

**Methods** 2 ml (Minimum 1 ml of whole blood is required) peripheral blood has been collected from inpatients using EDTA-anticoagulant tubes since the end of 2017. The samples were kept on a rocker at room temperature and stained within 4 hours of receiving. Multicolor flow cytometry is one of the best technologies for immune cell phenotyping. It can be used routinely and widely to follow up the immune status of patients in clinical testing to yield reliable and reproducible data. Based on literature review and clinical requirements, we picked up 29 antibodies and validated an array with 4 tubes and focused on 74 different immune cell subsets. Labeled each tube, each 100ul lysed samples were added to tube1, tube 2 and tube 3 respectively (collected 150,000 cells each tube) and 200ul lysed sample to tube 4 because 500,000 events need to be collected in this tube. Antibodies were added to each tube. Here we used dual-platform to get the cell absolute number (cells/ul).

**Results** Here we developed and validated a 10-color panels with only 4 tubes and 29 antibodies to monitor the major 74 immune cell subsets in 2ml whole blood samples, including T cell subsets (CD3<sup>+</sup>T cells, CD4<sup>+</sup>Th, CD8<sup>+</sup>Tc, Treg, CD8<sup>hi</sup>T cells, CD8<sup>low</sup>T cells,  $\alpha\beta$ TCR T cells,  $\gamma\delta$ TCR T cells, DNT cells, CAR-T, CD4<sup>+</sup>CAR-T, CD8<sup>+</sup>CAR-T, naïve and memory T cells and so on), T cell activation markers (CD25, CD69, HLA-DR) and one immune checkpoint PD1, B cells (B1 cells, switched memory, non-switched, naïve B and CD27<sup>+</sup>IgD<sup>+</sup> cells), neutrophils, monocytes (four subsets), dendritic cells (pDCs and mDCs), NK cells (four subsets). All the panels and antibodies had been applied to monitor immune status in various diseases, such as leukemia (AML, CML, MM, ALL), lymphoma (B cells and NK/T cells lymphoma), cancers (colon, lung, prostate, breast), immunodisorder, autoimmune diseases and so on for 303 cases in the laboratory for more than one year.

As to the absolute number of lymphocytes, there are two methods for calculating it: dual-platform technology (DPT) and single-platform technology (SPT). To reduce the cost of patients, here we used dual-platform to get the cell absolute number (cells/ul): firstly, to get the complete blood count and lymphocytes percentage in whole blood with Sysmex, secondly, to get the cells subset percentages with flow cytometer, then we can calculate the absolute number of 74 cell subsets followed the equations. Therefore, with cell percentage and absolute number, we can get almost 200 results with our panels.

**Conclusions** Taken together, 74 immune cell subsets in 2ml human blood were developed and validated in only 4 tubes with 29 antibodies by 10-color flow cytometry. All the 74 cell subsets have been performed in 303 cases for over 1 year to monitor immune status of various diseases. All these were proved that all the antibodies and panels are appropriate for clinical application and routine monitoring. This will facilitate the adjustment of treatment in time, could be benefit to individual treatment and may be very conducive to progress of the entire personal medical program.

## PU-0416

### MiR-124-3p 调控整合素 $\beta 3$ 表达参与胃癌侵袭转移的机制研究

宋兴勃,钟慧钰,吴茜,温阳,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** MicroRNA (miRNA) 是一类调控约三分之一人类基因表达的小分子非编码 RNA, 已有研究表明 miRNA 通过与整合素基因的 3'非翻译区 (3'untranslated region, 3'UTR) 的靶位点相结合可调控整合素基因的表达, 而整合素是细胞粘附分子家族成员之一, 其表达水平已发现在包括胃癌在内的多种肿瘤中存在差异表达。本研究将前期研究中筛选出的 miR-124-3p、ITGB3 和整合素  $\beta 3$  进行组织实验初步揭示在胃癌侵袭与转移过程中 miRNA 调控整合素表达的可能作用机制。

**方法** 在 40 对配对胃癌组织和胃癌远端组织中采用荧光定量 PCR (RT-PCR)检测 miRNA 和整合素 mRNA 的表达水平, 并采用免疫组织化学 (IHC) 和蛋白免疫印迹 (WB) 方法检测胃组织中整合素蛋白的表达水平。统计学分析采用 GraphPad Prism 6.0 和 SPSS 22.0 软件。

**结果** ITGB3 和整合素  $\beta 3$  在胃癌组织表达水平高于配对的胃癌远端组织, miR-124-3p 在胃癌组织表达水平低于配对的胃癌远端组织。ITGB3 与胃癌的侵袭程度、淋巴结转移程度及肿瘤增殖程度有关, 胃癌侵袭与转移程度越严重, 肿瘤体积越大, ITGB3 表达量越高; miR-124-3p、整合素  $\beta 3$  与胃癌的侵袭程度有关, 且侵袭程度越严重, miR-124-3p 表达量越低, 整合素  $\beta 3$  表达水平越高。

**结论** 本研究在一定程度上提示了 miR-124-3p、ITGB3 及整合素  $\beta 3$  参与了胃癌的发生发展, 可能作为潜在判断胃癌发生发展、判断预后的辅助指标。

#### PU-0417

### Clinical relevance of Inc-HNF1B-3:1 genetic polymorphisms in western Chinese tuberculosis patients

Xingbo Song, Qian Wu, Binwu Ying  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Tuberculosis (TB) remains a global public health problem. Genetic polymorphisms may affect the susceptibility, clinical characteristics and adverse drug reaction of TB. We aimed to manifest the association of single nucleotide polymorphisms (SNPs) of lncRNA- HNF1B-3:1 with the Clinical relevance of TB in a Western Chinese population.

**Methods** The SNPs within lnc-HNF1B-3:1(rs2542670, rs1051838, rs1416, rs4262994, rs12939622, rs2688 and rs8075185) was genotyped in 526 TB patients and 561 healthy subjects by improved multiplex ligation detection reaction (iMLDR) method.

**Results** rs2688 in lnc-HNF1B-3:1 maybe a potentially TB-associated protective effect was first identified for the G allele in our study, in addition that the AA genotype of rs12939622 and rs4262994 appear to be more prone to accompany with fever, and rs2542670 GA/GG genotype can increased badly the risk of thrombocytopenia, leukopenia, and chronic kidney damage after anti-tuberculosis therapy.

**Conclusions** The lncRNA HNF1B-3:1 polymorphism can assist clinicians in diagnosing and even treating tuberculosis.

#### PU-0418

### The methylation regulation of Pdcd1 gene and its role in Chronic hepatitis B Infection

Lin Jiao, Jie Chen, Binwu Ying  
Sichuan University West China Hospital

**Objective** Negative signal provided by some co-inhibitory factors like PD-1 was associated with chronic hepatitis B infection induced-T cell exhaustion, but the regulation mechanism of PD-1 and its role in chronic hepatitis B infection has not been elucidated yet. Our study is to explore the role of Pdcd1 gene epigenetic modification in PD-1 expression and hepatitis B infection in chronic hepatitis B infection patients.

**Methods** Blood samples from 20 chronic hepatitis B infection patients and 20 spontaneous clearance patients were collected. PD-1 expression on CD4 T and CD8 T cells were analyzed by flow cytometry. The percentage of DNA methylation at the Pdcd1 locus was analyzed by bisulfite sequencing. t test, Spearman's correlation and Mann-Whitney tests were used to analyse the statistics.

**Results** PD-1 expression was significantly higher in chronic hepatitis B infection patients than spontaneous clearance ones. The methylation level of Pdc1 was significantly lower in chronic hepatitis B infection patients, the methylation level of Pdc1 was correlated with hepatitis B serum marker.

**Conclusions** The methylation of Pdc1 was associated with low expression of PD-1 protein in chronic hepatitis B infectious patients. The Pdc1 gene methylation may account for the hepatitis B infection. The results have implications for the epigenetic modification in PD-1 expressions in peripheral blood of chronic hepatitis B infection and the role of epigenetic modification in hepatitis B infection.

#### PU-0419

### A prospective study on association between superoxide dismutase genes polymorphisms and antituberculosis drug-induced liver injury in Western Chinese Han population

Tao Wu, Hao Bai, Zhenzhen Zhao, Minjin Wang, Lin Jiao, Xuejiao Hu, Qian Wu, Tangyuheng Liu, Chunying Zhang, Hao Chen, Jingwei Zhang, Jiajia Song, Lijuan Wu, Wenjing Zhou, Binwu Ying  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Antituberculosis drug-induced liver injury (ATDILI) is increasing globally, and it is crucial to predicting this risk in the clinical management of antituberculosis therapy. As a major antioxidant, superoxide dismutase (SOD) mainly responsible for providing defense against oxidative stress, which is a factor involved in ATDILI. Present study aimed to investigate the associations between polymorphisms in SOD genes, including Cu/Zn SOD (SOD1), mitochondrial manganese SOD (Mn SOD, SOD2), and extracellular SOD (SOD3), and the susceptibility to ATDILI in Western Chinese Han population for the first time, and trying to clarify the contradictions between previous studies.

**Methods** In total, 1060 subjects, all highly suspicious Western Chinese Han TB patients were prospectively enrolled. All clinical data, including demographic and laboratory indicators were obtained through electronic medical record (EMR), and the peak and valley value of indicators such as alanine transaminase (ALT), aspartate aminotransferase (AST), alkaline phosphatase (ALP) and total bilirubin (TBIL) were used to identify the ATDILI. Overall, 746 subjects comprised 118 ATDILI and 628 ATD tolerance were eligible. TagSNPs were selected via Haploview 4.2 software with pairwise tagger method, and seven single nucleotide polymorphisms (SNPs) in three SOD genes (rs4816407, rs1041740, SOD1; rs4880, SOD2; rs699473, rs2536512, rs2855262, and rs8192290, SOD3) were eventually included. The SNP genotyping work was implemented through custom-tailored 2 × 48-Plex SNPscan™ Kit, and tools such as SPSS 24.0 and PLINK 1.90 were employed to analyze the association between genetic variants and susceptibility to ATDILI.

**Results** In general, no significant differences were found in general characteristics between ATDILI and ATD tolerance patients, showing that both groups were well-matched pertaining to age, gender, body mass index (BMI) and smoking, and both groups mainly comprised middle-age males. Regarding the quantitative baseline parameters of the participants, when compared to ATD tolerance, the TBIL level ( $P=0.002$ ), ALT level ( $P<0.001$ ), AST level ( $P<0.001$ ) and ALP level ( $P=0.021$ ) of ATDILI group increased significantly, though both groups were in normal ranges. Furthermore, a significant difference was captured in uric acid (URIC) ( $P<0.001$ ), which was rarely reported. With regard to association analysis, the allele frequency, genetic model and haplotype analysis all showed that genetic variants of SOD genes were no significant association with the susceptibility to ATDILI in Western Chinese Han population after Bonferroni correction, except for a potential association in the SOD2 rs4880 A>G (G allele,  $P=0.238$ , OR=1.53, 95% CI=1.05-2.23; GG genotype,  $P=0.190$ , OR=1.53, 95% CI=1.05-2.23).

**Conclusions** Taken together, our results showed that no significant associations were identified between genetic variants of three SOD genes and susceptibility to ATDILI in Western Chinese Han population, in addition to a potential association in SNP rs4880 of SOD2, which was showed significant association with DILI in Chinese Taipei and Spanish. Therefore, the promising application of SOD SNPs as a genetic marker for ATDILI is challenged, and further study is needed with a larger sample size and in different ethnicities.

## PU-0420

### 肺癌患者靶向药相关 CtDNA 突变谱分析

周娟,翟建昭,陶昕彤,赵珍珍,陆小军,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** 肺癌靶向药疗效及预后与基因突变密切相关, ctDNA 突变检测因其无创的优势逐渐在临床推广应用, 然而其临床应用价值, 尤其是多基因检测, 尚需更多的临床数据积累总结。本研究对我院肺癌患者靶向药相关的 23 个基因的 ctDNA 突变谱进行分析, 初步分析 ctDNA 突变在肺癌中的临床应用情况, 为进一步推广提供数据支撑。

**方法** 利用 cfDNA 保存管收集 10ml 抗凝全血, 提取 cfDNA, 利用靶向杂交捕获建库及高通量测序 (Illumina NextSeq550) 对实体瘤靶向用药相关的 23 个基因进行检测。

**结果** 共纳入 264 例肺癌患者, 其中男性 148 例, 女性 116 例, 男性和女性平均突变个数分别为 1.77 和 1.93 个/人, 平均有用药提示的突变个数在男性和女性无差异 (0.61 vs 0.62 个/人)。81.44% 患者检出突变位点, 共检出 486 个位点, 涉及到 23 个基因, 突变率最高的是 EGFR, 其次是 HER2; 其中 42.42% 患者检出的突变位点有相应的靶向用药提示, 涉及 9 个基因, 最常见的是 EGFR、KRAS、PIK3CA。在所有患者中, 25.76% (68 例) 为一代 TKI 耐药患者, 耐药患者基因突变率最高的是 EGFR, 其他突变基因有 HER2, FGFR, ROS1, ALK。ctDNA 突变频率低, 常见突变的中位突变频率均为 5% 以下, 有用药基因提示的基因 163 个, 突变频率在 1% 以下占 48 个, 占 29.4%。

**结论** 男性和女性有相似的用药位点突变发生率, 均可受益于 ctDNA 检测; 肺癌基因突变涉及二十多个基因, 多基因检测可使更多患者受益, 但 ctDNA 突变频率低, 尤其是有靶向药提示的位点, 需采用高灵敏度检测方法。

## PU-0421

### 在 PCOS 病人中瘦素和炎症的紧密联系

王娟,史兵伟  
常州市中医医院

**目的** 多囊卵巢综合征是一种发生在育龄妇女中的内分泌紊乱性疾病。该疾病通常伴随着胰岛素抵抗和肥胖两大特点。与此同时, 炎症的发生与其发展密切相关。于是我们通过收集各 30 例 PCOS 患者和正常人血液样本, 分析两者血细胞中瘦素和 Th1 细胞水平, 探讨其在 PCOS 中的比例差异及两者之间的联系。

**方法** 1.病例的收集: 30 例多囊卵巢综合征患者, 年龄 22-40 岁, 符合纳入标准的病人收集入组。2.流式细胞术: FICOLL 法分离出的 PBMC 计数后接种于 24 孔板内, 分别加于细胞因子刺激剂给予 5 小时刺激后; 收集细胞, PBS 清洗后加入 CD3、CD8 抗体, 染色 30 分钟; PBS 清洗后, 加入破膜剂 A, 室温 15 分钟; PBS 清洗后, 加入破膜剂 B 和 IFN- $\gamma$  抗体, 染色 45 分钟; 随后 PBS 清洗后, 加入 200 $\mu$ l PBS, 上机检测。3.ELISA 检测: 使用 ELISA 技术检测血清中瘦素水平。

**结果** 1.PCOS 患者 Th1 细胞和瘦素表达水平。收集 30 例 PCOS 患者和健康体检妇女血液样本，分离出 PBMC 后，流式细胞术检测血细胞中 Th1 比例，从 CD3+CD4-细胞中分析 IFN- $\gamma$  的比例。此外，检测 PCOS 患者体内瘦素水平。实验结果发现，较健康人群相比，PCOS 患者体内 Th1 细胞比例明显上调；瘦素水平同样发生明显上调。2. PCOS 患者体内 Th1 细胞和瘦素密切相关分析 PCOS 患者体内 Th1 细胞和瘦素水平的相关性，发现在 PCOS 患者体内，两者呈明显的正相关。

**结论** 根据以上实验结果表明：1.PCOS 患者体内存在 Th1 比例、瘦素水平的高表达。2.PCOS 患者体内的瘦素水平与患者体内的升高的 Th1 水平密切相关。

## PU-0422

### 应用品管手法对常规生化室间质评未通过测试项目分析

孙静  
长治市人民医院,046000

**目的** 通过对检验科 2013-2018 年连续 6 年卫生部和山西省室间质评结果进行分析，查找出未通过的测试项目，利用品管手法圈出改善重点，总结经验发现问题，解决主要矛盾，实现检验质量的持续改进，使临床生化检验质量上一新台阶。

**方法** 查看 2013-2018 年卫生部和山西省所有常规生化室间质评成绩回报情况，记录每一个未通过的测试，经过分析、列表、总结每一项出现的频次和累计百分比。利用品管手法，绘制柏拉图，圈出改善重点，以便进一步提出措施，查寻不足巩固成绩。

**结果** 经过分析总结未通过的测试项目数 2013 年为 26 个测试（NA 3 个、ALB 7 个、AMY 5 个、D.B 1 个、P 5 个、CRE 3 个、K 1 个、CL 1 个），2014 年 24 个测试（ALB3 个、TB 3 个、ALP 14 个、UREA 4 个），2015 年为 24 个测试（GLU 1 个、TB 5 个、ALP 4 个、NA 2 个、CL 7 个、TP 4 个、UREA 1 个），2016 年 20 个测试（NA 6 个、CL 3 个、UA 1 个、GGT 1 个、TB 5 个、CA 2 个、UREA 1 个、CRE 1 个），2017 年 9 个测试（CL 3 个、TB 3 个、NA 1 个、K 1 个、CRE 1 个），2018 年 15 个测试（TP 1 个、K 3 个、NA 4 个、ALB 2 个、CL 2 个、AST 1 个、CRE 2 个）。通过 20/80 原则，最后圈定电解质、ALP、TB、ALB、CRE 几项为改善重点。

**结论** 质量是检验工作的生命线，追求质量的持续改进一直是我们的重中之重，虽然从 2013 年-2018 年检验科连续获得山西省临床检验室间质量评价优秀单位的称号，但是通过分析总结，未通过的检测项目数也没有明显减少的趋势，更没有全部达到 PT 得分 100 分。希望通过认真的分析原因，可以最大限度的减少未通过测试数量，对于出现不合格频率过高的项目，一定要从根源认真查找原因，必要时联系相关的试剂和仪器工程师共同解决。同时一些可以避免的错误一定要加强责任心，杜绝因为粗心，填报错误等情况发现。

## PU-0423

### 血清 25-羟基维生素 D 在完全型川崎病诊断中的应用

张书婉  
西安市儿童医院,710000

**目的** 探讨川崎病（KD）患儿血清 25 羟基维生素 D（25-(OH)D）的变化及其在 KD 诊断中的价值。

**方法** 根据美国心脏学会发布的 KD 诊疗指南纳入 75 例确诊为完全型 KD 的患儿，其中发生冠状动脉损伤（CAL）者 16 例，发生静脉注射免疫球蛋白（IVIG）抵抗者 14 例，未发生 CAL 及 IVIG 抵抗者 45 例，应用电化学发光法测定治疗前血清 25-(OH)D 浓度；另选取同时期 70 例健康体检儿童为对照组；将结果进行统计学分析并绘制受试者工作特征曲线。

**结果** 健康对照组血清 25-(OH)D 水平 ( $36.67 \pm 10.62 \text{ ng/mL}$ ) 高于 KD 组 ( $24.57 \pm 8.59 \text{ ng/mL}$ ) ( $t = -7.568$ ,  $P < 0.001$ ) ; CAL 组 ( $20.31 \pm 5.57 \text{ ng/mL}$ ) 和 IVIG 抵抗组 ( $18.96 \pm 3.45 \text{ ng/mL}$ ) 低于未发生 CAL 及 IVIG 抵抗组 ( $27.83 \pm 9.08 \text{ ng/mL}$ ) ( $P < 0.05$ ) ; CAL 组与 IVIG 抵抗组之间血清 25-(OH)D 水平无统计学差异 ( $P = 1.00$ ) ; 血清 25-(OH)D 在  $24.80 \text{ ng/mL}$  时尤登指数最大 (为 0.473) , 此时其检测灵敏度和特异度分别为 88.6% 和 58.7% , ROC 曲线下面积 0.818。

**结论** 血清 25-(OH)D 的定量检测有助于判断 KD 是否发生并对 CAL 及 IVIG 抵抗有一定的预测作用。New Roman" >16 例, 发生静脉注射免疫球蛋白 (IVIG) 抵抗者 14 例, 未发生 CAL 及 IVIG 抵抗者 45 例, 应用电化学发光法测定治疗前血清 25-(OH)D 浓度; 另选取同时期 70 例健康体检儿童为对照组; 将结果进行统计学分析并绘制受试者工作特征曲线。

## PU-0424

### 组织中结核分支杆菌核酸提取方法的评价

庄杰, 巫丽娟, 彭武, 辛兆丹, 应斌武  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 组织中结核分支杆菌不同核酸提取方法的比较及应用, 为临床方法学选择和实验结果的评价提供理论依据。

**方法** 选用煮沸裂解和磁珠核酸提取方法, 提取生理盐水和含不同组织量的 TB 溶液中的结核 DNA 模板, 用实时荧光定量 PCR 法对其进行准确定量, 从提取效率、抗干扰能力方面进行评价。

**结果** 1. 生理盐水中 TB 浓度较高时 ( $1.0 \times 10^5$ ,  $1.0 \times 10^4$ ) 煮沸法、磁珠法没有统计学差异 ( $P = 0.531$ ) , 但低浓度时 ( $1.0 \times 10^3$ ,  $1.0 \times 10^2$ ) 煮沸法、磁珠法存在明显差异, 磁珠法灵敏度远远高于煮沸法。2. 结核分枝杆菌在不同浓度组织中的影响较大, ( $P = 0.004$ ) 有统计学差异。尤其在 TB 核酸浓度低时影响极大使其提取和监测极不稳定。但 3. 相同 TB 浓度时, 组织量梯度之间 (50—200) , 磁珠法、煮沸法均有统计学差异 ( $P = 0.034$ ) 。

**结论** TB 浓度越低, 组织对核酸的提取干扰越大。

## PU-0425

### 肾移植术后 BK 病毒的检测及意义

庄杰, 巫丽娟, 彭武, 应斌武  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 检测肾移植术后患者尿液及血液中 BK 病毒 (BKV) , 探讨其临床应用价值。

**方法** 用实时荧光定量 PCR 方法检测 12 例肾移植术后患者尿液及血液中 BKV 含量、与 3 例肾功能异常但未用免疫抑制剂患者及 6 例健康人尿液中 BKV 含量对照。

**结果** 肾移植术后患者尿液 BKV 检出率 91.6% (11/12) , 对照组尿液 BKV 检出率 11.1% (1/9) 。肾移植术后患者血液中 BKV 检出率 0% (0/12) 。

**结论** 肾移植术后患者是 BKV 再感染的高危人群, 尿液是检测 BKV 的最佳标本, 其作为 BKV 感染的早期检测及相关肾病的筛选方法需要扩大样本量进一步研究。

PU-0426

## 肾移植术前术后病人感染相关病毒研究

庄杰,巫丽娟,彭武,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** 研究患者在肾移植术前术后病毒感染率的变化,向临床医生提供病人术后相关感染的病毒信息,为临床疗效的观察和预后的判断以及用药情况提供相关的实验室数据。

**方法** 对华西医院 2008 年 1 月到 2014 年 12 月之间行肾移植手术患者,查询病人术前术后 CMV-IgG 及 CMV-IgM,风疹病毒-IgG 及 IgM,单纯疱疹病毒-IgG 及 IgM,弓形虫-IgA 及 IgM,EBV-IgG 及 EBV-IgM 相关阳性率的变化情况,并用 SPSS 软件进行统计学分析。

**结果** 1.查询肾移植病人术前术后 CMV 血清学感染指标得出:术前患者 IgG+(G+M+/G+M-)百分比 93.08%,术后患者 IgG+(G+M+/G+M-)百分比 96.83%, $\chi^2$  IgG+(G+M+/G+M-) =1.684,P=0.331,差异无统计学意义,无临床意义。术前患者 IgM+(G+M+/G+M-)百分比 3.72%,术后患者 IgM+(G+M+/G+M-)百分比 2.66%, $\chi^2$  IgM+(G+M+/G+M-) =0.148,P=1.00,差异无统计学意义,无临床意义。术前患者 IgM-(G+M-/G+M-)百分比 96.27%,术后患者 IgM-(G+M-/G+M-)百分比 97.36%。 $\chi^2$  IgM-(G+M-/G+M-) =0.148,P=1.000,差异无统计学意义,无临床意义。2.在纳入研究患者中查询相关实验室数据得出:术前术后均行 EBV、单纯疱疹病毒、风疹病毒特异性抗体检测病例数几近零,术后感染率无术前结果对照,无临床意义。

**结论** 接受肾移植手术的患者,其术前术后巨细胞病毒、EB 病毒、BK 病毒、单纯疱疹病毒、风疹病毒感染率无临床医学意义,这些病毒检测多在肾移植术后进行,无法评估患者本次感染根本原因是本次术后免疫抑制剂使用所致免疫力低下所致感染,还是术前患者已经存在相应感染。

PU-0427

## Anti-Golgi antibody may be the key indicator of rheumatoid arthritis in Chinese population

Jing Liao<sup>1</sup>, Minjin Wang<sup>1</sup>, Beilei Shen<sup>1</sup>, Zhuochun Huang<sup>1</sup>, Jing Hu<sup>1</sup>, Huan Xu<sup>1</sup>, Qibing Xie<sup>1</sup>, Bin Ma<sup>2</sup>, Xiaoyong Wei<sup>3</sup>, Carla C Baan<sup>4</sup>, Yongkang Wu<sup>1</sup>

1. West China hospital

2. Murdoch University

3. Sichuan University

4. Department of Internal Medicine, Sector Nephrology & Transplantation

**Objective** Anti-Golgi antibody (AGA) as one kind of antinuclear antibodies (ANA) is a rare finding with undetermined clinical significance. We aimed to unveil the relationship between AGA and clinical diseases and other laboratory tests data.

**Methods** The clinical details and laboratory tests data of 584 AGA-positive patients in the last 11 years were retrospectively collected and analyzed.

**Results** AGA pattern accounted for 0.21% (584/283845) of positive ANA. Total of 277 patients diagnosed with diverse diseases, 35.02% (97/277) patients suffered from autoimmune diseases (AID), mainly rheumatoid arthritis (RA, 30/97), connective tissue diseases (CTDs, 16/97), and systemic lupus erythematosus (SLE, 15/97). Total of 84.5% (82/97) AID patients' median titer was more than 1:320. When titer was high ( $\geq 1:1000$ ), more diagnoses were AID. In the non-autoimmune diseases group (N=180), most were pulmonary diseases, renal diseases and cancer. Some patients had clinical symptoms, most were joint pain/muscle pain (38.81%, 26/67), and followed by headache (14.93%, 10/67) (partial patients had a variety of diseases or symptoms). When associated with other test items, anti-CCP, RF and AKA antibodies were present in high positive rates: 31.11% (28/90), 21.23% (62/292) and 20.29% (14/69) (P<0.02).



**Conclusions** The positive AGA with high titer has strong association with RA, and the titer probably relates to the disease progression. Joint pain/muscle pain is the most symptom which will occur in AGA-positive patients. When associated with other tests, the positive rates of anti-CCP, RF and AKA antibodies are high. AGA may be the key indicator of RA in Chinese population.

#### PU-0428

### Analysis of etiology of hypoglycemia in hospitalized patients

Jing Liao, Fei Ding, Wei Luo, Guixing Li  
West China hospital

**Objective** To explore the etiology of hypoglycemia in hospitalized patients and provide reference for clinical decision and therapy.

**Methods** The clinical details and laboratory tests data of 1413 patients with hypoglycemia in the last 2 years were retrospectively analyzed.

**Results** Among the patients, 149 cases (10.54%) of true hypoglycemia were caused by organic factors, mainly liver dysfunction and pancreatic tumors. 998 cases (70.63%) were caused by non-organic factors: 560 cases (56.11%) were true hypoglycemia and 438 cases (43.89%) were false hypoglycemia. Lacking energy and long time of sample placement were the main reasons. In addition, there were 266 cases which were unexplained. No significant difference were found in serum glucose between the two diagnosed groups.

**Conclusions** The causes of hypoglycemia in hospitalized patients are various. We should analyze them carefully and take targeted measures.

#### PU-0429

### Nosocomial Outbreak of *Candida parapsilosis* sensu stricto Fungemia in a Neonatal Intensive Care Unit in China

Lihua Qi, Fan Weihong, Xia Xian, Yao Lu, Liu Lirui, Zhao Haiyan, Kong Xiangyong, Liu Jie  
Chinese PLA General Hospital

**Objective** *Candida parapsilosis* (*C. parapsilosis*) is one of the most common *Candida* species that cause invasive disease especially in neonatal intensive care unit (NICU) and has caused numerous outbreaks in neonatal patients. Few outbreaks of *C. parapsilosis* infection have been reported in China. This study aimed to elaborate an outbreak of nosocomial *C. parapsilosis* sensu stricto fungemia in a neonatal intensive care unit of a comprehensive hospital in China from July to October 2017.

**Methods** Epidemics and characteristics of fungemia cases were investigated. A case-control study was conducted. The ratio of case to control patients was 1:3. Data for each patient were obtained through review of microbiology lab results and medical records. Surveillance samples were collected according to instructions of the products. VITEK 2 Compact System, internal transcribed spacer sequencing was conducted to identify the isolates. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) typing was conducted for all the clinical and environmental *C. parapsilosis* complex isolates. Antifungal susceptibility test was performed for all bloodstream isolates. Intervention programs were prompted by the results of investigation and environmental screening.

**Results** Sixteen neonates (9.64%) were diagnosed as *C. parapsilosis* sensu stricto fungemia. Presenting symptoms included leukopenia, thrombocytopenia, crackles and respiratory harshness. Fifteen cases were cured while one case who suffered from severe concomitant

diseases died. All the cases received invasive operations including mechanical ventilation, peripheral venous catheterization, and indwelling gastric tube. They all used parenteral nutrition and accepted bedside ultrasonography and X-ray examination as well. The proportion of cases using antibacterial drugs and corticosteroids was 100% and 62.5%, respectively. There's no significant difference in proportion of exposure to these factors between the case and control group. No significant difference between the two groups was observed over gestational ages, birth weight, Apgar score at 5 min of age, and length of hospitalization either. The isolates were susceptible to fluconazole, amphotericin B, itraconazole, voriconazole, and 5-fluorocytosine. *C. parapsilosis* sensu stricto was identified from 16 environmental samples and one sample from an ultrasonographer's hand. The RAPD patterns of all the *C. parapsilosis* sensu stricto isolates from bloodstream and surveillance samples were identical. *C. metapsilosis* isolates were also found colonizing the environment and skin of the neonates. The outbreak was controlled after a series of intervention measures.

**Conclusions** This study elaborated a nosocomial outbreak of *C. parapsilosis* sensu stricto fungemia in a NICU in China. No significant difference was found in the case-control study, indicating that neonates in the NICU department are of high frequency in exposure to the risk factors, thus at high risk of *C. parapsilosis* sensu stricto infection in the presence of environmental contamination. Incomplete environmental disinfection might be mainly responsible for the outbreak. Quick response with environmental surveillance and comprehensive interventions including targeted sterilization of *C. parapsilosis* sensu stricto contaminated locations were crucial to the effective control of the outbreak. Our findings emphasize the necessity of watching out for the neonatal fungal infections, as well as complete disinfection of the environment and hand hygiene in the hospital.

## PU-0430

### 某院女性生殖道支原体感染及药敏分析

刘静, 巩静, 樊霞

中国人民武装部队辽宁省总队医院, 110000

**目的** 通过对 89 例女性生殖道分泌物标本进行支原体培养和药敏试验检测, 了解解脲脲原体 (*ureaplasma urealyticum*, Uu) 和人型支原体 (*macoplasma hominics*, Mh) 的感染情况及其对抗生素的敏感性, 指导临床合理用药。

**方法** 89 例样本均来自 2017 年 7 月至 2018 年 2 月之间我院妇科门诊就诊患者, 年龄在 21 岁~50 岁之间, 均有不同程度的生殖道炎症, 在治疗前采样检测。采集标本用无菌棉拭子在患者宫颈口内 2cm 处旋转 2~3 周, 取分泌物置于无菌试管内, 试剂采用珠海市丽拓发展有限公司的解脲脲原体和人型支原体药敏试剂盒, 该试剂盒可同时检测解脲脲原体和人型支原体, 进行药敏试验, 共有 12 种抗菌药物, 是培养鉴定和药敏一体化试剂盒, 试剂盒在有效期内使用。操作严格按试剂盒说明进行。对患者泌尿生殖道分泌物标本进行支原体培养及药敏试验分析。

**结果** 89 例患者标本中支原体阳性 53 例, 感染率为 59.8%; Uu、Mh 及 Uu+Mh 混合感染的阳性率分别为 50.6% (45 例)、0.0% (0 例)、8.9% (8 例); Uu 对 12 种抗生素敏感性最高的是强力霉素 (95.6%), 其次是交沙霉素 (91.1%)、克拉霉素 (84.4%)、美满霉素 (77.8%); 耐药性最高的是诺氟沙星 (88.9%), 其次是斯帕沙星 (80.0%)、氧氟沙星 (73.3%)。

**结论** Uu 是引起生殖道炎症的主要病原体, 对临床常用的红霉素、诺氟沙星、氧氟沙星的耐药率较高。强力霉素、交沙霉素、克拉霉素可作为目前治疗女性生殖道支原体感染的首选药物。

## PU-0431

## Reference intervals for thyroid-stimulating hormone, free thyroxine, and free triiodothyronine in elderly Chinese persons

Danchen Wang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Thyroid hormone levels are essential for diagnosing and monitoring thyroid diseases. However, their reference intervals (RIs) in elderly Chinese individuals remain unclear. We aimed to identify factors affecting thyroid-stimulating hormone (TSH), free triiodothyronine (FT3), and free thyroxine (FT4) levels using clinical “big data” to establish hormone level RIs for elderly Chinese individuals.

**Methods** We examined 6781, 6772, and 6524 subjects aged  $\geq 65$  years who underwent FT3, FT4, and TSH tests, respectively, at Peking Union Medical College Hospital between September 1, 2013 and August 31, 2016. Hormones were measured using an automated immunoassay analyzer (ADVIA Centaur XP). RIs were established using the Clinical Laboratory Standards Institute document C28-A3 guidelines.

**Results** The median TSH was significantly higher in women than in men; the opposite was true for median FT3 and FT4 levels. No differences were observed in TSH or FT4 by age in either sex or overall; FT3 levels significantly decreased with age. Seasonal differences were observed in TSH and FT3 levels but not FT4 levels; the median TSH was the highest in winter and lowest in summer, whereas the median FT3 was the lowest in summer (albeit not significantly). RIs for TSH were 0.53–5.24 and 0.335–5.73 mIU/L for men and women, respectively; those for FT3 were 3.76–5.71, 3.60–5.42, and 3.36–5.27 pmol/L in 64–74-, 75–84-, and 85–96-year-old subjects, respectively. The RI for FT4 was 11.70–20.28 pmol/L.

**Conclusions** RIs for TSH in elderly individuals were sex-specific, while those for FT3 were age-specific.

## PU-0432

## Rapid liquid chromatography-tandem mass spectrometry to determine very-long-chain fatty acids in human and to establish reference intervals for the Chinese population

Danchen wang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Very-long-chain fatty acids (VLCFAs), including hexacosanoic, tetracosanoic, and docosanoic acids, are peroxisomal disease markers, whose abnormal accumulation warrants prompt detection for timely, effective treatment. This study aimed to establish and validate a robust liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS)-based method to simultaneously quantify VLCFAs and provide reference intervals among Chinese individuals, quantify VLCFAs in pregnancy, and explore potential associations between plasma and amniotic fluid.

**Methods** Analytes were extracted via water-bath incubation with HCl and liquid-liquid extraction. Method linearity, limit of detection/quantitation, precision, carryover, and recovery were evaluated per Clinical Laboratory Standard Institute guidelines.

**Results** VLCFAs showed high precision based on low intra-run and total coefficient variations, and correlation coefficients of linearity were  $>0.99$ . The reference interval of C22:0, C24:0, and C26:0 were 32.00–73.38 mmol/l, 30.31–72.01 mmol/l, and 0.2035–0.7097 mmol/l, respectively; C24:0 / C22:0 and C26:0 / C22:0 ratios were 0.75–1.28 and 0.005–0.0139, respectively. Plasma

and amniotic fluid of the same pregnant women displayed no significant correlation in the third trimester.

**Conclusions** This study presents the simple, efficient, accurate, and robust LC-MS/MS method to simultaneously detect C22:0, C24:0, and C26:0 without derivatization; it can be used to establish reference intervals among Chinese individuals and has diagnostic and other clinical applications.

#### PU-0433

### RXRA 基因单核苷酸多态性与抗结核药物导致肝损伤的关联性研究

周易,宋佳佳,刘堂喻亨,周娟,焦琳,周燕虹,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** 抗结核药物在结核病患者中引起的药物不良反应以肝损伤 (Anti-tuberculosis drugs-induced liver injury, AT-DILI) 最为常见。维甲酸 X 受体  $\alpha$  (retinoid X receptor  $\alpha$ , RXRA 是一种关键的转录调节因子,可对多种基因转录调控起作用,可能是有潜力的抗结核药物诱导肝损伤易感基因。本研究对 RXRA 的单核苷酸多态性 (Single nucleotide polymorphisms, SNPs) 与 AT-DILI 相关性进行研究,筛选能用于评估 AT-DILI 发病风险的分子标志物,并进行初步的功能学实验探讨

**方法** 对 59 例肝损伤和 221 例耐受结核病患者,应用 48-Plex SNPscan® SNP 分型技术对 RXRA 基因上共 22 个 SNPs 位点进行基因分型,应用 SPSS 22.0 软件分析目标 SNPs 与发病风险的关联性。在细胞学实验中通过转染过表达 RXRA 质粒和 siRNA 干扰, qPCR 检测 CYP1A1、CYP3A5、NAT2、ALDH2、CYP1A2、DPYD、CYP2B6、GSTP1、CYP2C19、CYP2E1 和 NAT2 等 9 个基因的 mRNA 表达水平,初步对该易感基因进行功能学研究。

**结果** 4 个 SNPs (rs55735339, rs59211076, rs73663460 和 rs28412613) 的基因型分布在病例组和对照组中有统计学差异 ( $P$  值  $< 1 \times 10^{-4}$ )。提示 RXRA 基因可能是 AT-DILI 的关键基因之一。RXRA 对 NAT2、CYP1A2、CYP2B6、CYP2C19 和 CYP2E1 有较强的调控作用。在过表达细胞组,靶基因升高较对照组约 13.06 至 84.06 倍;而在干扰组,靶基因表达下调到对照组的 0.62-0.87 倍。其中 RXRA 对 CYP1A2 和 NAT2 的调控作用最明显,分别为 91.99 倍和 84.06 倍。

**结论** RXRA 基因的 (rs55735339, rs59211076, rs73663460 和 rs28412613) 位点可能是 TB 患者 AT-DILI 的潜在药物遗传学标志物。但由于目标位点的限制,还需在多区域、大样本中进行验证。细胞实验证实 RXRA 是包括 NAT2 等在内的关键药物代谢基因的转录调控因子, RXRA 可能是通过调控 NAT2 等药物代谢基因参与 AT-DILI 的发生。

#### PU-0434

### 结直肠癌 Septin9 基因甲基化检测质控品制备及其应用

王雪亮,权静,魏萌,肖艳群,王华梁  
上海市临床检验中心

**目的** 制备可模拟真实临床样本的 Septin9 基因甲基化 (mSEPT9) 检测质控品,并用于实验室室内质量评价中。

**方法** 选择 Septin9 区域已发生/未发生甲基化的 HeLa/Jurkat 细胞进行培养并收集,抽提细胞基因组 DNA 后用阴性血浆稀释分装,对制备的质控品均匀性和稳定性进行评价,然后将 5 个样本随机编号后发送至参评实验室,对回报结果进行分析评价。

**结果** 质控品均匀性和稳定性均能满足使用要求。部分参评实验室出现假阳性和假阴性情况, 仅有约 55.6%实验室的检测结果 (Ct 值) 呈良好线性相关。9 家参评实验室中, 7 家实验室 (77.8%) 成绩优秀, 1 家实验室 (11.1%) 成绩合格, 1 家实验室 (11.1%) 成绩不合格。

**结论** mSEPT9 检测质控品的研制及其在室间质评中的应用, 为评估临床实验室检测能力和提升整体检测水平具有重要意义。

#### PU-0435

### Results of the second external quality assessment for human papillomavirus genotyping in Shanghai, China

Xueliang Wang, Yanqun Xiao, Hualiang Wang  
Shanghai Centre for Clinical Laboratory

**Objective** Use of high-risk human papillomavirus (HPV) genotyping for cervical cancer screening is increasing in Shanghai, but the degree of proficiency may vary between laboratories. To ensure high-quality HPV genotyping, an external quality assessment (EQA) program was conducted to evaluate the entire testing process.

**Methods** Ten clinical samples, including main oncogenic HPV genotypes, were clinically validated by the Cobas 4800 HPV test and sent to participating laboratories. The laboratories determined the genotypes using their routine methods and submitted the data sets. Laboratory performance was evaluated according to predefined scoring criteria.

**Results** The 64 laboratories submitted 64 data sets that were generated using various commercial assays. Overall, 98.4% of the laboratories had eligible EQA scores. The false-positive rate was 3.1%, and the false-negative rate was 0.5%. Regarding different HPV genotypes, HPV16 and HPV18 had a higher accuracy rate than other oncogenic HPV types.

**Conclusions** Our results indicate an improved proficiency of laboratories compared with the first EQA. However, the data suggest that problems mainly occurred in other oncogenic HPV genotypes since the first EQA did not include these types. Further EQA programs will be required for establishing high-quality HPV genotyping for cervical cancer screening in Shanghai, China.

#### PU-0436

### 血清谷胱甘肽还原酶和丙氨酸氨基转移酶 在肝脏疾病时的变化比较

郑秀丽

齐齐哈尔市第七医院(原:齐齐哈尔市传染病防治院),161000

**目的** 对血清谷胱甘肽还原酶 (GR) 和丙氨酸氨基转移酶 (ALT) 在肝脏疾病时的变化比较。

**方法** 随机抽取我院六个月住院、门诊就诊患者检测血清谷胱甘肽还原酶和丙氨酸氨基转移酶。

**结果** 血清谷胱甘肽还原酶检测 17330 人次, 其中 6273 人次增高, 11057 人次正常; 血清丙氨酸氨基转移酶检测 17806 人次, 其中 4541 人次增高, 13265 人次正常。

**结论** 根据检测结果得出, 肝脏疾病患者血清谷胱甘肽还原酶敏感性优于血清丙氨酸氨基转移酶。

## PU-0437

## 检测血清甘胆酸(CG)对乙型肝炎病毒(HBV)相关性肝癌 肝功能损害的评估价值

王美英

内蒙古医科大学附属医院

**目的** 探究检测血清甘胆酸(CG)对乙型肝炎病毒(HBV)相关性肝癌肝功能损害的评估价值。

**方法** 本研究以 150 例试验者为对象,探究检测血清甘胆酸(CG)对乙型肝炎病毒(HBV)相关性肝癌肝功能损害的评估价值。选取 HBV 相关性肝癌患者 50 例,视为 A 组;选取同期慢性 HBV 携带者 50 例,视为 B 组;选取同期体检健康者 50 例,视为 C 组,研究时间为 2018 年 1 月-2018 年 12 月,均行 CG 与有关指标检测,评估 HBV 相关性肝癌者 CG 检测对于肝功能损害的价值。

**结果** 比对三组试验者的 CG 水平, A 组高于 B 组, B 组高于 C 组,  $P < 0.05$ , 存在统计学意义。慢性对乙型肝炎病毒携带者与 CG、AST、GGT、TBA、MAO 呈正相关。慢性对乙型肝炎病毒携带者与 CG、CGT、AFU、MAO 呈正相关。

**结论** 血清甘胆酸检测可用于诊断对乙型肝炎病毒相关性肝癌患者的肝功能损害,应用价值高。

## PU-0438

## 肺炎支原体抗体 IgG、IgM 和 DNA 检测在儿童呼吸道 感染性疾病中的诊断价值

张宁,顾猛

常州市儿童医院

**目的** 研究肺炎支原体抗体 (IgG、IgM) 和 DNA 检测在儿童呼吸道感染性疾病中的诊断价值。

**方法** 采用直接化学发光技术检测南通大学附属常州儿童医院 172 例呼吸道感染患儿的肺炎支原体抗体,同时用荧光探针 PCR 法检测患儿咽拭子;另选该院同段时间 100 例无呼吸道感染的住院或门诊患儿为对照组。分析不同年龄段呼吸道感染患儿肺炎支原体抗体 IgG、IgM 和 DNA 阳性率差异,并通过 ROC 曲线(受试者工作特征曲线)分析比较不同指标在儿童呼吸道感染性疾病诊断中的价值。

**结果** 试验组患儿 MP-IgM 阳性率 52%, MP-IgG 阳性率 56.1%, MP-DNA 阳性率 65.3%;对照组患儿 MP-IgM 阳性率 5%, MP-IgG 阳性率 10%, MP-DNA 阳性率 7%, 差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。MP-IgM 灵敏度 71.11%, 特异度 79.27%, 阳性预测值为 0.7901, 阴性预测值为 0.7143, 阳性似然比 3.43, 阴性似然比 0.36, 曲线下面积 0.678; MP-IgG 灵敏度 59.79%, 特异度 86.67%, 阳性预测值为 0.8529, 阴性预测值为 0.6250, 阳性似然比 4.48, 阴性似然比 0.46, 曲线下面积 0.546; MP-DNA 灵敏度 73.45%, 特异度 94.92%, 阳性预测值为 0.9651, 阴性预测值为 0.6512, 阳性似然比 14.44, 阴性似然比 0.28, 曲线下面积 0.763。

**结论** MP-IgM、MP-IgG 和 MP-DNA 在儿童呼吸道感染中具有诊断价值。

## PU-0439

**母乳中活性多肽测定及对 NEC 预防作用探讨**

顾猛

常州市第六人民医院常州市儿童医院,213000

**目的** 本研究旨在对母乳中活性多肽进行生物学分析, 寻找具有抑菌活性的多肽。

**方法** 运用截留超滤法分离早产儿产妇母乳中的活性多肽, 串联质谱法对分离的活性多肽进行分析, 生物信息学软件筛选出具有生物学功能的多肽, 再选用蛋白功能聚类在线分析软件, 根据其前体蛋白的生物学功能预测出与感染有关的多肽。

**结果** 母乳中含有的 4311 条多肽被成功鉴定, 其中 1370 条肽为非差异多肽, 具有生物学活性的多肽 188 条, 11 条肽与感染相关。母乳中内含肽复合物药敏纸片、杀菌动力学试验对大肠杆菌均有抑菌活性。

**结论** 母乳中活性肽复合物具有抑菌活性, 是母乳预防 NEC 的重要环节。期待 11 条与感染相关的肽中蕴含具有体内外生物活性, 对 NEC 有预防作用的抑菌肽。

## PU-0440

**LncRNA-uc.40 silence promotes P19 embryonic cells differentiation to cardiomyocyte via the PBX1 gene**

Meng Gu

Changzhou Children's Hospital

**Objective** The current study evaluated the effects of uc40-siRNA-44 (siRNA against uc.40) on the differentiation, proliferation, apoptosis, and mitochondrial function in P19 cells, and investigated the relationship between uc.40 and PBX1 in cardiomyocytes.

**Methods** The uc.40 silencing expression was confirmed by quantitative real-time polymerase chain reaction (RT-PCR). Observation of morphological changes in transfected P19 cells during different stages of differentiation revealed that uc40-siRNA-44 increased the number of cardiomyocytes. There was no significant difference in the morphology or time of differentiation between the uc40-siRNA-44 group and the control group. uc40-siRNA-44 significantly promoted proliferation of P19 cells and inhibited serum starvation-induced apoptosis. There was no significant difference in mitochondrial DNA copy number or cellular ATP level between the two groups, and ROS levels were significantly decreased in uc40-siRNA-44-transfected cells. The levels of PBX1 and myocardial markers of differentiation were examined in transfected P19 cells;

**Results** The levels of PBX1 and myocardial markers of differentiation were examined in transfected P19 cells; uc40-siRNA-44 downregulated myocardial markers and upregulated PBX1 expression.

**Conclusions** uc40-siRNA-44 downregulated myocardial markers and upregulated PBX1 expression. These results suggest that uc.40 may play an important role during the differentiation of P19 cells by regulation of PBX1 to promote proliferation and inhibit apoptosis. These studies provide a foundation for further study of uc.40/PBX1 in cardiac development.

## PU-0441

## 苯丙酮尿症基因检测室间质量评价计划制定与实施

鲍芸,肖艳群,张芑胤,权静  
上海市临床检验中心

**目的** 通过制定并开展苯丙酮尿症基因检测室间质量评价计划（简称室间质评），评估参评实验室检测能力及存在的问题，提高临床实验室该项目检测质量。

**方法** 苯丙酮尿症室间质评计划为一年一次，主要针对苯丙氨酸羟化酶（phenylalanine hydroxylase, PAH）基因致病突变的检测，样本盘包含 5 份样本，类型为干血斑。要求参评实验室收到样本后在规定时间内检测样本并网上上报包括定性判定结果、具体致病突变位点描述及突变位点测序图谱在内的检测结果。依据回报结果计算各实验室成绩，汇总不同样本的总体符合率，并分析实验室在该项目检测上存在的问题。

**结果** 两次室间质评一共收到 6 份有效回报结果，33.3%（2/6）的实验室回报结果完全正确，33.3%（2/6）实验室出现错误结果，但总成绩合格，33.3%（2/6）的实验室检测成绩不合格。存在的错误包括致病突变位点漏检，突变位点致病性判断错误、测序结果正确但判读错误，突变位点描述不规范等情况。

**结论** 本研究采用干血斑作为室间质评样本能够有效监测试剂检测性能。通过室间质量评价计划的开展，发现实验室在该项目的结果判定及解释中还存在一定问题，实验室总体检测和结果判定能力有待提高。

## PU-0442

## 程序性死亡受体-1 在原发性肝细胞癌患者外周血的表达及意义

许怡  
石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨不同临床分期肝癌患者外周血 T 淋巴细胞程序性死亡受体-1（PD-1）的表达及意义。

**方法** 收集原发性肝细胞癌患者 40 例，其中巴塞罗那分期 A 期 12 例，B 期 10 例，C 期 18 例；对照组收集健康体检者 30 例。采用流式细胞术检测肝癌患者与对照组外周血 T 淋巴细胞亚群及 T 淋巴细胞中 PD-1 的表达量。

**结果** 不同临床分期肝癌患者外周血 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞的表达量均显著低于对照组( $P < 0.05$ )；不同临床分期肝癌患者外周血 CD3<sup>+</sup>PD-1<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>PD-1<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>PD-1<sup>+</sup>T 细胞的表达量均高于对照组( $P < 0.05$ )，其中以 C 期肝癌患者升高最为显著( $P < 0.05$ )。

**结论** PD-1 在肝癌患者 T 淋巴细胞上高表达，且与肝癌的进程有一定关系。



## PU-0443

## 乙肝原发性肝癌患者外周血中表达 CD4<sup>+</sup>和 CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞的研究

许怡

石家庄市第五医院,050000

**目的** 观察乙肝原发性肝癌患者外周血中 T 淋巴细胞亚群表达水平的变化,为临床肝癌的诊断及治疗提供理论依据。

**方法** 收集 167 例乙肝患者、151 例乙肝原发性肝癌患者以及 30 例健康者抗凝血;根据病程将乙肝病毒感染者进一步分为肝炎组、肝硬化组、肝癌组;根据 BCLC 分期将乙肝肝癌患者分为 A 期组、B 期组、C 期组、D 期组;根据 HBV-DNA 含量将乙肝肝癌患者分为低复制组、中复制组、高复制组,采用流式细胞术对以上各组研究对象外周血中 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞表达量进行检测。

**结果** 肝癌组患者 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞表达量均明显低于正常水平 ( $P<0.05$ );乙肝病毒感染者中,肝癌组 CD8<sup>+</sup>表达量明显低于肝炎组、肝硬化组 ( $P<0.05$ );在肝癌的各期患者的 T 淋巴细胞的表达量研究中,D 期患者 CD3<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>表达量较 A、B、C 期明显降低 ( $P<0.05$ );在肝癌不同 HBV-DNA 含量患者的 T 淋巴细胞的表达量研究中,中、高复制组 CD4<sup>+</sup>表达量较低复制组明显降低 ( $P<0.05$ )。

**结论** 乙肝肝癌患者 CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞亚群表达水平均明显降低;乙肝病毒感染导致的 CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞功能受损可能是 HBV 病毒感染患者易诱发肝癌的机制之一;治疗乙肝肝癌的适宜时期为 A、B 及 C 期;在临床上,当乙肝肝癌患者体内乙肝病毒开始复制时,应及早采取措施进行抗病毒治疗。

## PU-0444

## 慢乙肝患者肝纤维化血清标志物与肝组织炎症分级的关系

杨莉

石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨慢乙肝患者肝纤维化血清学指标与肝组织炎症分级的关系。

**方法** 对 319 例慢乙肝患者(HBeAg 阳性者、阴性者分别为 245 和 74 例)通过病理结果确定肝组织炎症分级,按照炎症分级将患者分为 G1、G2 及 G3/4 组。采取化学发光免疫分析技术检测患者血清中透明质酸(HA)、III 型前胶原肽(PCIII)、IV 型胶原(CIV)及层粘连蛋白(LN);采用全自动生化分析仪检测丙氨酸氨基转氨酶(ALT)和天冬氨酸氨基转氨酶(AST)的含量。

**结果** 245 例 HBeAg 阳性患者及 74 例 HBeAg 阴性患者中,PCIII、LN、HA、CIV、ALT、AST 的含量均随炎症程度的加重不断增高。在 245 例 HBeAg 阳性患者中,血清 ALT 的含量在 G1 组比正常值明显增高,G2 组时 ALT、AST、HA 及 CIV 均比 G1 组明显增高,G3/4 组时各指标的含量均比 G1 组、G2 组明显升高;74 例 HBeAg 阴性患者中,ALT、AST 水平在 G2 组和 G1 组差异不显著,HA 及 CIV 的含量在 G2 组即出现明显的变化,显著高于 G1 级。

**结论** 肝纤四项及 ALT、AST 水平均可反映慢乙肝患者肝组织损伤,ALT 是反映肝组织损伤的最敏感指标。HA、CIV、ALT、AST 均可作为判断 HBeAg 阳性 CHB 患者肝组织炎症程度的血清学指标,而只有 HA 和 CIV 水平变化可作为判断 HBeAg 阴性 CHB 患者肝组织炎症程度的血清学指标。

## PU-0445

## 慢乙肝患者肝纤维化血清标志物水平与肝纤维化分期的关系

杨莉

石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨慢乙肝患者肝纤维化血清学指标与肝纤维化分期的关系。

**方法** 对 316 例慢乙肝患者（HBeAg 阳性者、阴性者分别为 242 和 74 例）通过肝穿刺活检组织病理结果确定肝纤维化分期，按照肝纤维化分期将患者分为 S1、S2、S3 及 S4 组。采取化学发光免疫分析技术检测患者血清中透明质酸（HA）、III 型前胶原氨基端肽（PCIIINP）、IV 型胶原（CIV）及层粘连蛋白（LN），简称肝纤四项；采用全自动生化分析仪检测血清丙氨酸氨基转氨酶（ALT）和天冬氨酸氨基转氨酶（AST）的含量。

**结果** 316 例 CHB 患者中，HA、PCIIINP、C-IV、LN、ALT、AST 的含量随肝纤维化分期加重均不断增高，其中各期 PCIIINP、LN 的含量基本上在正常参考范围内，而 HA、C-IV 在 S2 期即开始出现异常；ALT、AST 的含量在 S1 期即异常升高。316 例慢乙肝患者包括 HBeAg 阳性者 242 例、阴性者 74 例。242 例 HBeAg 阳性患者血清肝纤四项及转氨酶的含量随肝纤维化分期加重均不断增高，与上述总体研究结果基本一致。在 74 例 HBeAg 阴性的 CHB 患者中，肝纤四项中只有 C-IV 在 S3 期异常升高，而 HA 和 LN 均在 S4 期才出现异常，然而，ALT 和 AST 分别在 S1 期和 S2 期即出现异常升高。

**结论** 肝纤四项对肝纤维化分期的诊断有一定临床意义，其中 HA、CIV 两个指标较灵敏，而 PCIIINP 最不敏感。另外，肝纤四项联合 ALT、AST 检测更有利于肝纤维化的早期诊断。肝纤四项诊断 HBeAg 阳性患者肝纤维化的作用优于 HBeAg 阴性患者。

## PU-0446

## 上海地区乙型肝炎病毒 DNA 检测正确度验证结果分析

蒋玲丽

上海市临床检验中心

**目的** 分析上海地区乙型肝炎病毒脱氧核糖核酸（HBV DNA）正确度验证结果，了解上海地区 HBV DNA 的检测质量。

**方法** 收集临床实验室检验剩余样本，制备低、高 2 个浓度样本。要求临床实验室在 3 个不同工作日检测，每批次重复检测 3 次，通过网络回报结果。采用国家二级标准物质对调查样本进行赋值，分析不同试剂组的组内变异系数（CV）和偏移以及各临床实验室的室内 CV 和偏移。

**结果** 通过赋值，2 个正确度样本的定值分别为  $5.96 \times 10^3$  IU/ml 和  $4.34 \times 10^5$  IU/ml。2 个样本不同试剂组组内 CV 为 4.49%~8.87% 和 2.64%~4.55%，检测结果与靶值的偏移为 -5.52%~-18.06% 和 -2.19%~-7.79%。2 个样本室内 CV 为 1.28%~7.59% 和 0.53%~4.09%；偏移为 -1.88%~-26.66% 和 0.02%~-11.21%。2 个样本的符合率分别为 37.93%（11/29）和 65.52%（19/29）。

**结论** 上海地区临床实验室 HBV DNA 检测重复性较好，但正确度水平还需改进。

## PU-0447

## 雨课堂在《临床检验诊断学》课程教学中的探索与实践

李珉珉

暨南大学医学院第一附属医院

建立基于雨课堂的新型课堂教学模型,并将之与传统课堂教学进行比较分析,以《临床检验诊断学》为例,探讨模型的教学实践意义,开展基于雨课堂的移动学习网络课程设计研究,结合课程特点,开发适用于移动网络学习的课程及资源,从而提高学习效率,保证教学质量。

## PU-0448

## 血常规联合血涂片形态学检查对地中海贫血与缺铁性贫血诊断的应用价值

余仕金

乐山市人民医院,614000

**目的** 研究分析血常规联合血涂片形态学检查对地中海贫血与缺铁性贫血患者诊断的应用价值。

**方法** 本研究中的观察对象均选自于在本院接受治疗的地中海贫血与缺铁性贫血患者中,共选取360例,其收治时间均在2010年3月至2018年10月期间,根据患者的疾病将其分为观察组(地中海贫血患者)与对照组(缺铁性贫血患者),每组各占180例。对上述两组贫血患者血常规检验相关指标以及涂片形态学相关指标进行比较。

**结果** 观察组患者的RDW、RBC、MCV相比较于对照组,均明显较低,其MCHC和Hb均明显高于对照组, $P<0.05$ ;观察组患者的红细胞大小异常、血红蛋白染色异常、靶形红细胞以及有核红细胞占比相比较于对照组,均明显较高, $P<0.05$ 。

**结论** 血常规和血涂片形态学检查中,RDW、MCHC、MCV、RBC、Hb以及红细胞大小、血红蛋白染色、靶形红细胞和有核红细胞等均为鉴别诊断地中海贫血和缺铁性贫血的关键性参考指标,对这两种贫血的早期诊断具有较高的应用价值。

## PU-0449

## 人巨细胞病毒 UL138 蛋白的性质、结构和突变位点的生物信息学分析

钱春艳<sup>1,2</sup>,钟江<sup>2</sup>

1.杭州市余杭区第一人民医院

2.复旦大学

**目的** 应用生物信息学方法预测人巨细胞病毒 UL138 蛋白的性质、结构,并对其突变位点进行分析。

**方法** 从 GenBank 中获取 UL138 蛋白的氨基酸序列(GenBank 登记号为 ACL51196.1)。利用 ProtParam 在线程序分析 UL138 蛋白的氨基酸组成、原子组成、理论等电点、不稳定系数和总平均亲水系数等蛋白基本性质参数。通过 TargetP 和 SignalP 服务器在线分析预测蛋白信号肽和亚细胞定位,采用 KinasePhos 预测蛋白磷酸化位点。通过 predictprotein、TMHMM、SMART、SOPMA、Jpred4 和 Phyre2 在线服务器分析蛋白二级结构。采用 SWISS-MODEL 同源建模方法预测蛋白三维结构。通过 Phyre2 在线服务器对蛋白结构进行比对和分析,进行功能预测。确定蛋白的优势序列,发现热点突变位点及氨基酸多样性。

**结果** UL138 蛋白由 169 个氨基酸组成, 含有 18 个强碱性氨基酸, 19 个强酸性氨基酸, 原子组成为  $C_{858}H_{1341}N_{239}O_{251}S_9$ , 属于不稳定且亲水蛋白。预测含有 11 个潜在的丝氨酸磷酸化位点。UL138 蛋白二级结构中  $\alpha$ -螺旋约占 37.28%, 延长链约占 16.57%,  $\beta$ -转角约占 2.96%, 无规则卷曲约占 43.20%。该蛋白含有一个跨膜区, 部分氨基酸序列与 TLR4 结构类似。共发现 24 个突变位点。热点突变位点包括第 112 位、第 124 位和第 131 位。而第 112 位、第 131 位和第 153 位具有较高的氨基酸多态性。

**结论** 通过生物信息学方法较为全面地预测人巨细胞病毒 UL138 蛋白的性质和结构, 并对其氨基酸多态性进行预测, 为后续该蛋白的功能研究打下坚实基础。

## PU-0450

### 血管炎三项空白限及检出限的性能评价

李国华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 对 BioFlash 全自动化学发光免疫分析仪检测抗中性粒细胞胞质过氧化物酶抗体、抗中性粒细胞胞质蛋白酶 3 抗体、抗肾小球基底膜抗体的空白限和检出限进行评价。

**方法** 参照美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) EP-17A2 文件, 将标本稀释液作为空白样品及系列低浓度样品在 BioFlash 全自动化学发光免疫分析仪检测系统进行检测, 确定该方法的空白限和检出限。

**结果** 常规方法确定 LLD、BLD 的空白样品检测数为 10 次<sup>[12]</sup>, 低浓度样品检测数为 10 次。EP17-A2 方案要求确定 LoD 的最小检测数为 60 次, 样品重复检测的次数多, 估计的 LoD 不确定度较小, 结果更可靠。(2)参照常规方法确定 LLD、BLD、FS 均使用光强度值(RLUs)来计算, 但目前实验室部份仪器存在局限性, 即只能报告分析物的浓度, 而没有原始的分析信号。

**结论** 建立了本实验室 MPO-ANCA, PR3-ANCA, Anit-GBM 在 BioFlash 全自动化学发光免疫分析仪上的 LoB 和 LoD。为临床诊断和治疗提供了更有价值的信息。

## PU-0451

### MEF2A alters the proliferation, inflammation-related gene expression profiles and induces cellular senescence in human coronary endothelial cells

Yujuan Xiong

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** Myocyte enhancer factor 2A (MEF2A) plays an important role in cell proliferation, differentiation and survival. Functional deletion or mutation in MEF2A predisposes individuals to cardiovascular disease mainly caused by vascular endothelial dysfunction. However, the effect of the inhibition of MEF2A expression on human coronary artery endothelial cells (HCAECs) is unclear.

**Methods** In this study, the MEF2A expression was inhibited by specific small interference RNA, and changes in mRNA profiles in response to MEF2A knockdown were analyzed using an Agilent human mRNA array.

**Results** Silencing of MEF2A in HCAECs accelerated cell senescence and suppressed cell proliferation. Microarray analysis identified 962 differentially expressed genes (DEGs) between the MEF2A knockdown group and the negative control group. Annotation clustering analysis showed that the DEGs were preferentially enriched in gene ontology (GO) terms and KEGG pathways related to proliferation, development, survival, and inflammation. Furthermore, 61 of the

578 downregulated DEGs had at least one potential MEF2A binding site in the proximal promoter and were mostly enriched in the GO terms “reproduction” and “cardiovascular.” The protein–protein interaction network analyzed for the downregulated DEGs and the DEGs in the GO terms “cardiovascular” and “aging” revealed that PIK3CG, IL1B, IL8, and PRKCB were included in hot nodes, and the regulation of the longevity-associated gene PIK3CG by MEF2A has been verified at the protein level, suggesting that PIK3CG might play a key role in MEF2A knockdown induced HCAEC senescence.

**Conclusions** MEF2A knockdown accelerates HCAEC senescence, and the underlying molecular mechanism may be involved in down-regulation of the genes related with cell proliferation, development, inflammation and survival, in which PIK3CG may play a key role.

## PU-0452

### 高效液相色谱串联质谱法对肝移植患者 维生素 K 水平的研究

李馨

天津市第一中心医院,300000

**目的** 近年来肝移植手术的数量及质量与日俱增,但肝移植患者术后凝血功能障碍仍然是不可忽视的关键问题,本文为探讨血清维生素 K (Vitamin K, Vit K) 与肝移植患者术后凝血功能的关系,进一步探究维生素 K 是否具有辅助诊断肝移植 (Liver transplantation) 患者凝血功能的临床价值。

**方法** 本次实验采集血清作为检验标本,采用高效液相色谱串联质谱法 (HPLC-MS) 测定血清中维生素 K 水平。以 39 例肝移植患者作为研究对象,以 30 例凝血功能检查正常的体检患者作为对照组,分析两组数据差异是否有统计学意义。再进一步将肝移植组患者标本根据诊断凝血功能的指标凝血酶原 (PT)、部分凝血活酶时间 (APTT)、凝血酶时间 (TT)、纤维蛋白原 (Fg) 等分为肝移植凝血功能正常组 19 例和肝移植凝血功能异常组 20 例,分析两组数据差异是否有统计学意义。最后通过绘制 ROC 曲线,分析维生素 K 辅助诊断肝移植患者凝血功能的阈值及灵敏度和特异性。

**结果** 肝移植组的血清维生素 K 水平 ( $0.67\pm0.38\text{ng/ml}$ ) 较对照组 ( $0.98\pm0.47\text{ng/ml}$ ) 明显降低,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 肝移植凝血功能异常组的血清维生素 K 水平 ( $0.48\pm0.25\text{ng/ml}$ ) 低于肝移植凝血功能正常组 ( $0.76\pm0.39\text{ng/ml}$ ), 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); ROC 曲线分析结果确定维生素 K 含量为  $0.646\text{ ng/ml}$  时,具有一定辅助诊断肝移植患者凝血功能障碍的价值,灵敏度为 58%, 特异度为 75%。

**结论** 肝移植术后患者存在维生素 K 缺乏,肝移植患者术后凝血功能与血清维生素 K 水平相关,血清维生素 K 水平具有辅助诊断肝移植患者术后凝血功能障碍的临床价值。

## PU-0453

### The Consistency Research of Two Incubation Methods in Anti-EBNA1-IgA Antibody Detection

huang hui

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** The aim of this study was to prove the difference between  $37^{\circ}\text{C}$  water incubation method and the BEP III automated immunoassay analyzer incubation method in anti-EBNA1-IgA antibody detection and to find the best way to improve the consistency of the two incubation methods.

**Methods** The 37℃ water incubation method and BEP III analyzer incubation method were used with the same panel of samples (n = 39) in anti-EBNA1-IgA antibody detection. Except for incubation, the rest of the steps were performed by the BEP III analyzer in both groups. All the data were analyzed by SPSS 17.0 software. Line charts and bar charts were used to compare the difference between the two incubation methods in anti-EBNA1-IgA antibody detection. We planned to find the best incubation scheme for BEP III analyzer, consistent with the water incubation method, using three groups of prolonged incubation time experiments.

**Results** A sample panel of 39 outpatients were analyzed by two incubation methods. The results showed by line charts that the water incubation method had higher S/CO values than the BEP III analyzer incubation method. Meanwhile the water incubation group had more positive results (61.5%) and less borderline positive results (35.9%) than that of the BEP III analyzer incubation group which were 43.5% and 51.2%, respectively, in the stacked bar charts. We found that by prolonging the incubation time in the BEP III analyzer for 6 minutes in the first and second incubation steps the S/CO values we increased and achieved statistically coincident results with water incubation group.

**Conclusions** There were biases between the 37℃ water incubation method and the BEP III analyzer incubation method in anti-EBNA1-IgA antibody detection. The water incubation method had higher S/CO values than the BEP III analyzer incubation method in paired groups and led partly to a difference in test results. By prolonging the BEP III analyzer incubation time properly, it can reduce the difference to some extent resulting in statistically similar results with the water incubation method.

#### PU-0454

### 联合六西格玛与 PDCA 管理方法优化心脏标志物的室内质量管理

吴子安

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 在 PDCA 循环流程下,应用六西格玛质量管理方法分析心脏标志物的质量控制数据,根据我室现有检测方法实际性能,设计质量控制方案,优化心脏标志物的室内质量管理。

**方法** 在 PDCA 的循环流程下,收集广东省中医院 2017 年度临床心脏标志物检验项目室内质量控制及室内质量评价的数据,应用我国卫生部临检中心标准的允许总误差 (TEa%)作为该实验 TEa%的来源,采用公式  $\sigma = [\text{允许总误差 (TEa\%)} - \text{偏倚(Bias\%)}] / \text{变异系数 (CV\%)}$ ,计算各检验项目的西格玛值,结合 Westgard 多规则管理方法,选择合适的质量控制规则,提出并实施改进方案。分析调整质控规则前后的失控率,证实质量控制规则在临床检验中的适用性。计算检验项目的质量目标指数 (QGI),查找未达到六西格玛水平及导致性能不佳的主要原因,提出优先改进方案。

**结果** 在四项心脏标志物各 2 个浓度水平的临床检验项目中,1 个检验项目  $\sigma$  值  $\geq 6$  占 12.5%质控规则调整为 1 3s; 3 个检验项目  $5 \leq \sigma$  值  $< 6$  占 37.5%质控规则调整为 1 3s 2 2s R 4s; 1 个检验项目  $4 \leq \sigma$  值  $< 5$  占 12.5%质控规则调整为 1 3s 2 2s R 4s 4 1s; 2 个检验项目  $3 \leq \sigma$  值  $< 4$  占 25%、1 个检验项目  $\sigma$  值  $< 3$  占 12.5%其规则不变为 1 3s 2 2s R 4s 4 1s 10x。全部检验项目的平均  $\sigma$  值为 4.4681,  $\sigma$  值  $\geq 4$  占 62.5%。检验项目中 62.5%的质控规则得到了相应的调整及优化,失控率也有较大的改善。在 7 个未达到 6 $\sigma$  性能的检验项目中有 42.86%需优先改进准确度,42.86%需优先改进精密度,其余的两者均需改进。

**结论** 6 $\sigma$  质量管理是临床实验室开展质量控制的一项有效的管理工具。通过 PDCA 联合 6 $\sigma$  质量管理方法可以有效地应用于临床心脏标志物检测性能评价,设计个性化的质量控制方案,可更有效地控制质量,有助于不断提高临床心脏标志物检验项目质量水平。

## PU-0455

## The Effect of Cinnamaldehyde on Growth and Biofilm Formation of *Trichosporon asahii*

weizheng zhang

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** The goal of this article is to study whether the cinnamaldehyde, a monomer of traditional Chinese medicine, has an effect on the growth of *Trichosporon asahii* (T.asahii) and its biofilm formation.

**Methods** Clinical T.asahii isolates were selected and identified by sequencing and VITEK MS. An in vitro biofilm model was established. The inhibitory effect of different concentrations of cinnamaldehyde on the growth of T.asahii was determined by the multiple dilution method, and the effect of different concentrations of cinnamaldehyde on the biofilm formation of T.asahii was observed by silver staining.

**Results** The growth of T.asahii was obviously inhibited, when treated them with 1050mg/L cinnamaldehyde. The inhibitory effect of cinnamaldehyde on T.asahii was reduced when its concentration decreased in turn. The combination of 131.25 mg/L cinnamaldehyde with antibacterial drugs in ATB Fungus-3 enhances the sensitivity of T.asahii to antibiotics, and at the same time, it can well inhibit the growth of T.asahii. The concentration was 1050, 525, 262.5 mg/L cinnamaldehyde can prolong the formation and maturation time of T.asahii biofilm. The higher the concentration of cinnamaldehyde, the longer the prolonged time.

**Conclusions** Cinnamaldehyde has a good inhibitory effect on the growth and biofilm formation of T.asahii. It can provide a basis for the treatment of T.asahii infection related diseases.

## PU-0456

## 铜绿假单胞菌相关 sRNA 研究进展

李虹霖

广东省中医院,510000

**目的** 调控小 RNA (small regulatory RNA, sRNA) 是细菌基因组中不编码蛋白质的功能 RNA, 其典型的作用方式为直接与蛋白质结合而影响蛋白质构象和功能, 或通过碱基互补配对结合到靶标 mRNA 而调控 mRNA 的翻译, 后一种方式大都依赖于 Hfq。sRNA 通过感应外界环境条件变化, 影响和调节细菌的多种生理功能, 包括新陈代谢、脂多糖修饰、生物膜形成、外膜蛋白合成、毒力产生、耐药性和群体感应等。本文从细菌特别是铜绿假单胞菌相关 sRNA 的概念、结构特征、分类、作用机制、作用特点及生物学功能等方面进行阐述, 为铜绿假单胞菌 (*P. aeruginosa*) sRNA 进一步研究提供有益帮助。

## PU-0457

## 基因芯片技术及其在血液肿瘤研究中的应用

曾建明

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 基因芯片技术是一种在 mRNA 水平高通量检测基因表达的有力工具, 该技术在基因表达分析、大规模基因发现及序列分析、基因多态性分析和基因组研究等中有广泛的用途。本文主要介绍基因芯片在血液肿瘤研究中的应用现状。

## PU-0458

## 保存温度和时间对 糖化血红蛋白降解率的影响

吴晓宾

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 研究不同的保存温度和时间对糖化血红蛋白降解率的影响。

**方法** 收集 60 例无传染性 EDTA-K2 抗凝全血标本分别在不同检测系统检测糖化血红蛋白（其中健康人群 20 例，糖尿病前期患者 20 例，糖尿病患者 20 例），将标本分别保存于温度为常温、4℃、-30℃、-80℃中，再于第 4 周，8 周，12 周，16 周取各温度保存下的标本分别在 CAPILLARYS 2 FLEX-PIERCING（毛细管电泳）和 Trinity Biotech Premier Hb9210™（高效液相亲和层析法）进行检测，记录检测结果。

**结果** 用毛细管电泳法测定 HbA1c，室温保存条件下，HbA1c 在第 4 周降解率达到了 18%，在 4℃保存条件下，HbA1c 在第 4 周，第 8 周和第 12 周降解率分别达到了 6.4%，7.3%和 9.4%，在-30℃保存条件下，在 16 周的时间内，降解率最高达到 0.9%，-80℃保存 16 周，HbA1c 降解率最高仅为 0.6%。用高效液相亲和层析法测定 HbA1c，室温保存条件下，HbA1c 在第 4 周降解率达到了 32%，而在 4℃的保存条件下，HbA1c 在第 12 周降解率达到 7.3%，在-30℃保存 12 周内，降解率最高达到 9.9%，在-80℃保存 12 周内，HbA1c 降解率最高仅为 8.9%。

**结论** 常温及 4℃保存超过 4 周，HbA1c 的降解率明显发生变化，而在-30℃及-80℃保存下的标本，HbA1c 可稳定保存 16 周以上。

## PU-0459

## 广州地区精液分析生物参考区间的建立

石汉振

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 建立广州地区精液常规分析的生物参考区间，为临床不育症诊治和患者生育力评估提供科学的实验室判断依据。

**方法** 收集 2015 年 2 月至 2016 年 5 月正常体检男性（2 年内已生育、备二胎）精液标本 156 例，使用西班牙 SCA 全自动精子分析仪及改良巴氏染色根据第五版《世界卫生组织人类精液检查与处理实验室手册》检测精液主要指标及正常精子形态率，按 CLSI(临床实验室标准化委员会)的标准化文件 C28-A2 进行统计处理，建立起本实验室精液分析的生物参考区间。

**结果** 本实验精液分析的生物参考区间结果如下:精液量 $\geq 2.0\text{ml}$ ；液化时间 $\leq 45$  分钟；pH 值为 7.0~8.0；精子浓度(SC)为 $\geq 17.9 \times 10^6/\text{ml}$ ；前向运动精子总数(PR)为 $\geq 24.2 \times 10^6$ /一次射精；精子总活动率(TM%)为 $\geq 36.7\%$ ；精子前向活动率(PR%) $\geq 28.1\%$ ；精子正常形态(N%) $\geq 3\%$ 。

**结论** 实验室应建立所在区域人群的精液分析的生物参考区间，为临床不育症诊治或辅助生殖技术实施提供科学的实验室判断依据。



## PU-0460

## 骨代谢指标在老年女性原发性膝关节炎中骨质疏松症的诊断价值

王云秀

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨血清骨代谢三项指标: I 型前胶原氨基末端肽 (PINP)、N 端骨钙素 (N-MID)、 $\beta$ -胶原羧基末端肽 ( $\beta$ -CTX) 对 60 岁以上原发性膝关节炎 (KOA) 女性患者骨质疏松症 (OP) 的诊断价值。

**方法** 回顾分析 2013 年 1 月至 2017 年 1 月广东省中医院 152 例 60 岁以上 OA 女性患者的骨代谢及其骨密度 (BMD) 的检测结果。比较不同年龄组 OA 患者 (60-70 岁组, >70 岁组) 的血清骨代谢结果的差异。以骨密度为标准, OA 患者分为非骨质疏松组和骨质疏松组, 比较两组之间骨代谢结果的差异。

**结果** 在 60-70 岁组和 >70 岁组的 OA 女性患者中, 血清 PINP、N-MID、 $\beta$ -CTX 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。在 60 岁以上 OA 女性患者的骨质疏松与非骨质疏松组中, 血清 PINP、 $\beta$ -CTX 水平增高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), N-MID 在两组之间的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。以 PINP 和  $\beta$ -CTX 分别单独预测 60 岁以上 OA 女性患者合并骨质疏松症的截断值 (cut-off) 分别为 48.12mg/mL、0.491ng/mL。其中 PINP 检测灵敏度 57.3%, 特异性 69.6%;  $\beta$ -CTX 检测灵敏度 65.6%, 特异性 69.9%, 联合 PINP、 $\beta$ -CTX 检测灵敏度 68.8%, 特异性 67.9%。

**结论** 临床检测血清 PINP、 $\beta$ -CTX 有助于对 60 岁以上 OA 女性患者发生骨质疏松症的预测和早期诊断, PINP、 $\beta$ -CTX 联合检测灵敏度更高。

## PU-0461

## Evaluation of the Elecsys Syphilis Assay as a Laboratory Screening Test for Syphilis

Xiaoqiong Li

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** The sexually transmitted infection (STI) syphilis remains a public health problem globally. The serological detection of specific antibodies to *Treponema pallidum* is particularly important in the diagnosis of syphilis. The purpose of this study was to evaluate the newly developed Elecsys Syphilis assay and compare it with the local market well-established ARCHITECT Syphilis TP assay.

**Methods** A total of 1,097 clinical serum samples were obtained from routine diagnostic requests. All the serum or plasma samples were tested in parallel by Elecsys Syphilis assay and ARCHITECT Syphilis TP assay. Sensitivity, specificity, and agreement assay were verified. The inconsistent samples confirmed with a recombinant immuno-blot assay as gold standard test.

**Results** The diagnostic performances of the two assays were very similar: both Elecsys Syphilis and ARCHITECT Syphilis TP assay performed with a sensitivity of 100% (95% CI, 85.7 to 100%) and 100% (95% CI, 85.7 to 100%), whereas the specificity was 99.90% (95% CI, 99.5 to 99.90%) and 99.49% (95% CI, 99.0 to 99.6%), respectively. The consistency in positive results between Elecsys and ARCHITECT Syphilis TP assay was 79.3%. The consistency in negative results between Elecsys and ARCHITECT Syphilis TP assay was 99.7%. The overall consistency between Elecsys and ARCHITECT Syphilis TP assay was 99.1%.

**Conclusions** The Elecsys Syphilis assay can demonstrate excellent diagnostic sensitivity and specificity and correlate well with ARCHITECT Syphilis TP assay. It is a reliable and appropriate assay for routine use in a diagnostic laboratory.

## PU-0462

## 黄芩素对朊蛋白 PrP 106-126 片段引起的神经毒性保护作用的研究

秦笙

广东省中医院,510000

**目的** 建立 PrP 106-126 多肽感染的 SH-SY5Y 细胞模型,探究黄芩素对 PrP 106-126 引起的神经毒性保护作用及其机制。

**方法** 用 MTT 法检测黄芩素对 SH-SY5Y 细胞的半数有毒浓度 ( $TC_{50}$ ) 以及对 PrP106-126 引起的神经毒性保护半数抑制浓度 ( $IC_{50}$ )。在治疗模型、预防模型下,用 MTT 法检测黄芩素对 PrP 106-126 的半数抑制浓度 ( $IC_{50}$ ) 并计算治疗指数 SI 值。TUNEL 法检测 SH-SY5Y 细胞凋亡。

**结果** 黄芩素  $TC_{50}$  为  $2310\mu\text{mol/L}$ ;经 PrP 106-126 感染的 SH-SY5Y 细胞突起明显减少或消失,可见细胞折光性变强,细胞聚集呈破碎样;黄芩素可抑制 PrP106-126 诱导的 SH-SY5Y 细胞死亡作用,治疗和预防模式中黄芩素  $IC_{50}$  分别为  $238\mu\text{mol/L}$ ,  $271\mu\text{mol/L}$ , SI 值分为 9.69、8.51。TUNEL 法检测 SH-SY5Y 细胞凋亡结果显示 PrP106-126 对照组 AI 为  $76.8\pm 2.26\%$ ,实验组 AI 为  $26.68\pm 3.98\%$ ,两组相比具有统计学差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 成功建立 PrP 106-126 多肽感染的 SH-SY5Y 细胞模型。黄芩素可治疗、预防 PrP106-126 引起的神经毒性,其作用机制可能与细胞凋亡有关。

## PU-0463

## 六西格玛质量管理在临床生物化学检验项目质量改进中的应用

高立峰<sup>1</sup>,张旭光<sup>2</sup>,杜波<sup>1</sup>

1.潍坊市肿瘤医院

2.潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 运用六西格玛质量管理方法分析临床生物化学检验阶段性能,找出存在问题,设计质控规则,指导质量改进。

**方法** 收集 2018 年 1 月-6 月本院检验科生化室 24 个常规项目的室内质控和 2018 年第一次室间质评数据,计算变异系数 ( $CV\%$ ) 和偏倚 ( $Bias\%$ ),并根据检验项目的总允许误差 ( $TEa\%$ ) 计算西格玛值 ( $\sigma$ ),同时绘制标准化西格玛性能评价图,评价临床生物化学检验项目的分析性能,设计质量控制方案,并计算所有未达到  $6\sigma$  项目的质量目标指数 ( $QGI$ ),查找导致性能不佳的主要原因,指导质量改进。

**结果** 24 个临床生物化学常规项目中,7 个项目 ( $29.2\%$ ) 的统计结果大于  $6\sigma$ ,3 个项目 ( $12.5\%$ ) 的统计结果小于  $3\sigma$ ,14 个项目 ( $58.3\%$ ) 的统计结果在  $3\sigma$  和  $6\sigma$  之间。统计结果未达到  $3\sigma$  的临床生物化学常规项目有 Na、Cl、UREA。统计结果未达到  $6\sigma$  的临床生化常规项目中有 88.2% 的项目需要优先改进精密度,11.8% 的项目需要同时改进准确度和精密度。

**结论** 应用六西格玛质量管理方法能更加严谨准确的评价临床生物化学检验项目的性能,以此设计针对每个检验项目的质量控制方案,从而更加有效的指导质量改进。

## PU-0464

## 不同浓度甘油三酯对血红蛋白测定的影响 及三种校正方法的研究探讨

欧财文

广东省中医院,510000

**目的** 分析不同浓度的甘油三酯(TG)对血红蛋白(Hb)及相关检测指标(MCH、MCHC)测定的影响,并对三种校正方法进行比较。

**方法** 将新鲜正常全血标本在 Mindary BC-6000 全血细胞分析仪上进行全血细胞计数(CBC)后,低速离心后用相同体积的脂肪乳液置换出血浆,使血液中的甘油三酯(TG) $>1.70\text{mmol/L}$ ,制成人工脂血标本,再用相同的方法对其进行 CBC 分析,了解脂血对 Hb 及其相关参数的影响;对进行了 CBC 分析的标本进行二次低速离心后分别用等量生理盐水和仪器配套的稀释液替代上层浑浊脂血血浆,混匀后进行二次 CBC 分析,同时根据 Hb 估算公式进行估算,对三种校正方法进行比较。

**结果** 正常标本和加入 TG 后标本( $\text{TG}>4.14\text{mmol/L}$ )的 Hb, MCH, MCHC 测定值分别是  $143.9\pm3.68\text{g/l}$ ,  $29.4\pm1.28\text{pg}$ ,  $316.2\pm9.90\text{g/l}$  和  $149.3\pm4.01\text{g/l}$ ,  $30.1\pm1.34\text{pg}$ ,  $327.4\pm8.24\text{g/l}$ , 脂血标本测定值高于正常标本,差异均有统计学意义,  $P<0.05$ 。通过生理盐水和仪器稀释液置换以及公式法校正之后的 Hb, MCH, MCHC 测定值分别是  $146.6\pm3.23\text{g/l}$ ,  $29.7\pm1.39\text{pg}$ ,  $322.8\pm6.29\text{g/l}$  和  $145.1\pm3.65\text{g/l}$ ,  $29.6\pm1.42\text{pg}$ ,  $321.2\pm13.54\text{g/l}$  以及  $145.2\pm2.93\text{g/l}$ ,  $29.7\pm1.60\text{pg}$ ,  $318.3\pm12.56\text{g/l}$ , 生理盐水置换法校正结果与正常标本测定值及另外二种校正方法的结果比较存在差异,且具有统计学意义,  $P<0.05$ 。

**结论** 当血液中  $\text{TG}>4.14\text{mmol/L}$  时, Hb 及相关检测指标会假性增高,需要进行校正。仪器稀释液置换法与公式估算法较生理盐水置换法可靠。

## PU-0465

## FA160 粪便分析仪检测性能评价及潜血阳性质控品的制备

欧财文

广东省中医院,510000

**目的** 评价沃文特 FA160 粪便分析仪的检测性能,制备潜血阳性质控品并评价。

**方法** 利用自制标本和临床粪便标本,以人工法(人工显微镜检测法和宝创潜血双联试纸条)为金标准,对 FA160 的空白试验、重复性试验、携带污染试验、准确性试验、潜血检测性能验证试验及临床标本检测性能试验进行全面评价;制备阳性临界值浓度的血红蛋白液作为潜血阳性质控品,并评估其在不同储存条件下的稳定性。

**结果** 仪器自动潜血检测与广州宝创潜血双联试纸条检测潜血结果一致性极好( $\text{kappa}=0.935$ )。以人工镜检法为金标准,FA160 全自动粪便分析仪检测红细胞、白细胞、虫卵和真菌孢子的敏感性分别为 91.89%、94.53%、85.71%和 90.41%;特异性分别为 95.71%、96.04%、99.78%和 97.80%;准确率分别为 95.52%、95.96%、99.74%和 97.57%,两方法一致性比较的 kappa 值分别为 0.642、0.702、0.665、0.690。浓度为  $1\mu\text{g/ml}$  的血红蛋白液可作为粪便潜血阳性质控品,4℃无防腐剂可作为自制潜血阳性质控品的保存条件。

**结论** FA160 粪便分析仪基本检测性能良好,各检测指标与人工法一致性好,适合临床应用。自制潜血阳性质控品简单实用,在 4℃无防腐剂下保存稳定。

## PU-0466

**聚乙二醇沉淀法筛查巨泌乳素血症的临床价值**

肖倩

广东省中医院,510000

**目的** 探讨聚乙二醇（PEG）沉淀法筛查巨泌乳素血症的临床价值。

**方法** 用 Roche Cobas E602 全自动电化学发光免疫分析仪检测高泌乳素标本 50 例和正常体检对照组 30 例经 PEG 沉淀前后血清泌乳素（PRL）的值，计算回收率。

**结果** 50 例实验组标本中巨泌乳素（M-PRL）检出 10 例（20%），30 例对照组中 M-PRL 检出率为 3.33%，二者检出率比较  $p < 0.05$ ，差异有统计学意义；10 例 M-PRL 组经 PEG 沉淀前后 PRL 值比较  $p < 0.01$ ，差异有显著统计学意义，40 例真高泌乳素组和 30 例对照组经 PEG 沉淀前后 PRL 值比较  $p > 0.05$ ，均无统计学意义；实验组中 18-35 岁年龄段 M-PRL 检出率为 19.51%，36-45 年龄段 M-PRL 检出率为 22.22%，二者检出率比较  $p > 0.05$ ，无统计学意义。

**结论** 巨泌乳素的存在引起人血清 PRL 假性升高，干扰临床诊断。各实验室应该建立相应的筛查方法并针对标本来源、人群特点、检测系统等建立自己的判定临界值，为临床提供更准确的检测结果。

## PU-0467

**肺癌患者可溶性白介素 23 受体的临床诊断意义**

刘丹

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 白介素 23（IL-23）在免疫系统中扮演着重要的角色，其受体白介素 23 受体（Interleukin 23 receptor, IL-23R）存在多个 mRNA 剪切版本，并在血清中存在可溶性白介素 23 受体（sIL-23R）。sIL-23R 在肺癌血清中表达水平及临床意义还未见报告

**方法** 血清蛋白质组学分析肺癌和正常对照血清中 CRP 复合物的差异蛋白。构建 sIL-23R 酶联免疫吸附（Enzyme-Linked Immuno Sorbent Assay, ELISA）检测试剂盒检测 195 例肺癌患者和 50 例正常对照血清标本 sIL-23R 表达水平。SPSS 软件分析血清 sIL-23R 表达水平诊断肺癌的受试者工作特征曲线（receiver operating characteristic curve, ROC）。

**结果** 肺癌血清 CRP 复合物中发现 sIL-23R，血清 sIL-23R 可能是诊断肺癌的潜在血清学标志物

**结论** 我们构建了半定量血清 sIL-23R 水平的 ELISA 试剂盒，并检测了肺癌患者和正常对照的血清 sIL-23R 水平，分析血清 sIL-23R 水平具有一定的诊断效能，它可能是诊断肺癌的潜在血清学标志物。

## PU-0468

**四株 *Prototheca wickerhamii* 的鉴定及基因特征分析**

李良慧,屈平华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 对临床分离的 4 株 *Prototheca* 进行菌种鉴定和基因特征分析。

**方法** 通过对临床分离的 4 株酵母样微生物进行培养特性和形态学特征分析，商品化生化鉴定系统和 MALDI-TOF MS 鉴定系统鉴定；PCR 扩增其 16S rRNA 基因和 28S rRNA 基因，并进行系统发育分析，以确定其分类学地位。

**结果** 在培养特性上,该 4 株微生物的营养要求不高,能在沙保氏葡萄糖琼脂培养基上生长,37℃、5% CO<sub>2</sub> 培养 3 d 可形成灰白色、光滑、湿润的“酵母样真菌”菌落;但在光镜下观察可见大量圆形、卵圆形或椭圆形的孢子囊,且其内含内孢子,形似桑葚状或草莓状,与酵母菌的菌体形态存在显著差异;且采用 VITEK-YST 和 MALDI-TOF MS 系统,均鉴定为 *Prototheca wickerhamii*。PCR 扩增结果显示,其同时存在代表原核生物的 16S rRNA 基因,以及存在代表真核生物的 28S rRNA 基因,其中 16S rRNA 基因序列与 *P. wickerhamii* 相似度最高,在 99.7%以上。28S rRNA 基因直接测序,序列峰图出现套峰现象,经克隆测序发现,其存在多拷贝,且同一菌株不同克隆序列之间相似度在 91.9 % -100 %。16S rRNA 基因和 28S rRNA 基因系统发育分析均显示,该 4 株微生物与 *P. wickerhamii* 聚类在同一个分枝。

**结论** 该 4 株 *Prototheca* 可鉴定为 *P. wickerhamii*,其基因组同时存在原核生物和真核生物相关的 2 套 rRNA 基因,且单拷贝的小亚基 16S rRNA 更适合作为其菌种鉴定的靶基因。

## PU-0469

### 罗氏 Cobas e602 检测梅毒螺旋体抗体的临床应用 与实验评价

郑德想

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 对罗氏 Cobas e602 全自动电化学发光免疫分析仪检测梅毒螺旋体特异性抗体阳性结果进行回顾性分析,探讨其结果真阳性率及最佳阈值。

**方法** 对广东省中医院大学城医院 2016 年 7 月 1 日~2017 年 6 月 30 日的住院和门诊患者 18908 例标本使用电化学发光免疫分析法 (Electro-Chemiluminescence Immuno assay, ECLIA) 检测梅毒螺旋体特异性抗体,筛查出的阳性样本进行梅毒螺旋体明胶凝集试验 (treponema pallidum particle assay,TPPA) 确证,运用统计学方法和受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve ,ROC 曲线) 对检测结果进行真阳性率分析和确定最佳阈值 (阳性预测值  $\geq 95\%$ )。

**结果** 对 18908 例标本中罗氏 Cobas e602 筛查出 301 例阳性标本进行 TPPA 法确证,结果得出真阳性标本 252 例,真阳性率为 83.72%,其中 S/CO $\geq 33$  真阳性率为 100%。运用 ROC 曲线分析得出最佳阈值为 19.085。

**结论** 罗氏 Cobas e602 检测梅毒螺旋体特异性抗体真阳性率为 83.72%,检测最佳阈值为 19.085,当仪器检测出 S/CO 值小于 19.085 时须做 TPPA 确证试验并结合临床综合判断结果。

## PU-0470

### 散射比浊法检测尿游离轻链在原发性高血压早期 肾损害中的应用

刘红

新疆维吾尔自治区人民医院,830000

**目的** 探讨尿游离轻链在原发性高血压早期肾损害中的临床价值。

**方法** 选择我院住院并经临床确诊的原发性高血压患者 50 例为观察组,另设健康体检者 30 例为对照组,所有入选者经知情同意后,均留取新鲜晨尿 10 mL,3000 r/min 离心 5 min,取上清液进行检测,检测仪器使用双光径免疫浊度分析系统(美国贝克曼公司生产的 IMMAGE 特种蛋白分析仪)及其随机配套试剂。两组采用速率散射比浊法检测尿  $\kappa$  与  $\lambda$  轻链、尿 mALB 和尿  $\alpha 1$ -MG 的浓度水平,资料处理使用 Excel2003 中文版将回收的资料建立数据库,应用 SPSS17.0 软件进行统计分

析, 统计描述: 计量资料以均数 $\pm$ 标准差 ( $\bar{x} \pm s$ ) 表示, 采用  $t$  检验, 两组之间计数资料的比较采用检验, 运用受试者工作特征 (ROC) 曲线及曲线下面积 (AUC) 评价尿  $\kappa$  与  $\lambda$  轻链、尿 mALB 和尿  $\alpha 1$ -MG 诊断高血压早期肾损害的敏感性,  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 观察组尿  $\kappa$  与  $\lambda$  轻链、尿 mALB 和尿  $\alpha 1$ -MG 的阳性率明显高于对照组, 各项指标的浓度水平较对照组比较有统计学差异 ( $P < 0.001$ ), 观察组  $\kappa/\lambda$  值与对照组的差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 通过 ROC 曲线、诊断试验结果显示: 尿  $\kappa$  与  $\lambda$  轻链、尿 mALB 和尿  $\alpha 1$ -MG 的 AUC 及 95%CI 分别为 0.765 (0.709~0.816)、0.542 (0.466~0.621)、0.856 (0.810~0.899)、0.805 (0.766~0.858), 联合 4 种尿液指标得到的最优化的 AUC 及 95%CI 为 0.908 (0.869~0.952), 差异具有显著性 ( $P < 0.001$ )。

**结论** 尿游离轻链  $\kappa$  与  $\lambda$  联合尿 mALB 和  $\alpha 1$ -MG 的检测可以较好预测高血压早期肾损害的发生, 对预防高血压肾病的发展有重要临床价值。

#### PU-0471

### The Diagnostic Efficacy of Age-adjusted D-Dimer Cut-off Value and Pretest Probability Scores for Deep Venous Thrombosis

Junxun Li, Fan Zhang

First Affiliated Hospital of Sun Yatsen University

**Objective** This study seeks to evaluate the diagnostic value of D-Dimer Plus and Innovance D-Dimer as well as the age-adjusted cut-off value for D-dimer detection in combination with four pretest probability (PTP) scores for deep venous thrombosis (DVT).

**Methods** A total of 688 patients referred for lower extremity vascular compression venous ultrasonography for suspected DVT from January 2016 to May 2018 in the First Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University underwent D-dimer tests combining with 4 PTP scores.

**Results** The diagnostic efficacy of the Wells score was the highest of the four PTP scores. The diagnostic efficacy of Innovance D-Dimer for DVT was greater than that of D-Dimer Plus, with better sensitivity and negative predictive value, which were both greater than 98%. If the cut-off values were adjusted by age, the Innovation D-Dimer could further improve both the specificity and the positive predictive value, providing better diagnostic performance. When the two D-dimer detections were used in combination with four PTP scores for DVT diagnosis, separately, both the positive predictive value and the negative predictive value significantly improved for D-Dimer Plus, and the positive predictive values significantly improved for Innovance D-Dimer. However, the sensitivity, specificity and negative predictive values did not obviously change.

**Conclusions** For our patients, Wells score had the best diagnostic efficacy for our suspected DVT patients among the four PTP scores. Innovance D-Dimer in combination with age-adjusted cut-off values exhibited increased sensitivity and negative predictive value for DVT diagnosis and was equivalent to the diagnostic efficacy of the Innovance D-Dimer in combination with PTP scores.

## PU-0472

## Characteristics of bone marrow cell dysplasia and its effectiveness in diagnosing myelodysplastic syndrome

Junxun Li, Fan Zhang, Zhuangjian Ye  
First Affiliated Hospital of Sun Yatsen University

**Objective** Although dysplasia plays an important role in the diagnosis of Myelodysplasia Syndrome (MDS), its morphologic variety and irregularity result in difficulties in its clinical application.

**Methods** Bone marrow smears from cases with MDS and non-clonal disease were collected and performed microscopy analysis. We respectively recorded the percentage of specific dysplastic cells (PSDC) and incidence of specific dysplasia (ISD) of each dysplastic type in three hematopoietic cell lineages for the comprehensive analysis of diagnostic efficacy to MDS.

**Results** Compared with non-clonal anemia, the PSDCs and ISDs of the four specific dysplastic types as petal nucleus and internuclear bridging in erythroid lineage, pseudo-Pelger-Huet in granulocytic lineage and lymphoid small megakaryocyte in megakaryocytic lineage were significantly higher in MDS; and their area under the curves (AUCs) were all greater than 0.600. If the dysplastic rate in each lineage was higher than 10%, their corresponding false positive rates (FPRs) were below 0.033,  $1 \times 10^{-4}$  and  $1 \times 10^{-4}$ , respectively. If the dysplastic rates in three cell lineages reached 0.065, 0.045 and 0.040, respectively, their corresponding false positive rates were all below 0.050.

**Conclusions** Four specific dysplastic types possess higher diagnostic efficacy for the diagnosis of MDS. Though the dysplastic rate over 10% in any hematopoietic cell lineage presents a lower false positive rate, it is possibly considered to lower the diagnostic threshold of MDS if a specific dysplastic type with higher diagnostic efficacy presents.

## PU-0473

## 未成熟血小板相关参数性能评价及在血小板减少性疾病中的应用

李俊勋  
中山大学附属第一医院, 510000

**目的** 评价 Sysmex XN-9000 全自动血细胞分析仪检测外周血中的未成熟血小板 (immature platelet fraction) 相关参数的性能, 包括未成熟血小板绝对值 (IPF#)、未成熟血小板百分比 (IPF%) 及高荧光未成熟血小板百分比 (H-IPF%), 并探讨其在血小板减少性疾病中的应用价值。

**方法** 对 IPF 相关参数进行性能评价, 包括精密度及稳定性。检测 120 例健康人建立参考区间, 设立为健康对照组 (HC); 选择 180 例血小板减少性疾病患者作为疾病组, 根据最终诊断分为破坏增多组 (ID) 及生成减少组 (DP)。

**结果** DP 组 IPF# 显著低于 ID 组 ( $P < 0.01$ ), 三组的 IPF 相关参数均有显著差异, 其中 ID 组的 IPF% 及 H-IPF% 显著高于其他两组。以 IPF#、IPF% 及 H-IPF% 作为 ID 组及 DP 组的区分指标, 其取值分别为 1.85、5.05 及 1.45 时, 其尤登指数分别达到最大, 其 ROC 曲线下面积分别为 0.859、0.944 及 0.930; 当 IPF#、IPF% 及 H-IPF% 分别高于 2.65、7.55 及 2.35 时, 其诊断 ID 患者的假阳性率均低于 0.04。

**结论** 评价 Sysmex XN-9000 全自动血细胞分析仪 IPF 相关参数对血小板减少患者有可靠的鉴别诊断意义。

## PU-0474

**hTERC 联合 SCC、CEA 对宫颈癌的诊断价值**

李丽莉,包娜娜,王虎明  
包头市第七医院/包头市肿瘤医院,014000

**目的** 探讨血清 hTERC 的表达及其联合血清肿瘤标志物鳞癌抗原 (SCC)、癌胚抗原(CEA)对宫颈癌的临床意义。

**方法** 收集 50 例宫颈癌患者、40 例宫颈良性病变患者和 40 例正常人血清,采用 RT-PCR 方法检测 hTERC,同时对 SCC、CEA 进行检测,分析血清 hTERC 平均扩增数及其与宫颈癌临床病理特征的关系,评估血清 hTERC 联合 SCC、CEA 对宫颈癌的诊断效能。

**结果** 宫颈癌组血清 hTERC 表达水平显著高于正常组和宫颈良性病变组,差异均具有统计学意义(二者的  $p$  均 $<0.001$ ),其相对表达量与患者年龄、病理类型、及 SCC、CEA 的表达无关( $p>0.05$ ),和淋巴结转移、临床分期有统计学相关( $p<0.05$ )。宫颈癌患者 hTERC、SCC、CEA 的 ROC 曲线下面积分别为 0.971(95% CI:0.861-0.781)、0.823(95% CI:0.652-0.714)、0.627 (95%CI: 0.638-0.617)。当 hTERC 取 0.68 为其 cut off 值时,在以正常人为对照组和以宫颈良性病变为对照组的敏感性、特异性分别为 73.9%、83.7%、43.4%、63.5%,其联合 SCC、CEA 后在上述两组中的敏感性、特异性分别为 75.7%、78.4%; 66.9%、74.7%。

**结论** hTERC 和 SCC、CEA 相比,诊断宫颈癌具有较高的敏感性和特异性,hTERC、SCC、CEA 联合检测对于诊断宫颈癌有较高的诊断价值。单项检测中 hTERC 的阳性似然比、阴性似然比、诊断比值比均是最佳,SCC、CEA 诊断宫颈癌的敏感性和特异性与文献报道较一致。三项组合将显著提高诊断的敏感性、阳性似然比、诊断比值比,同时拥有更低的阴性似然比。hTERC 在宫颈癌患者血清中高表达,提示其可作为宫颈癌患者早期诊断的潜在标志物之一;并且联合 SCC、CEA 可提高宫颈癌的临床诊断。

## PU-0475

**迈瑞 BC5390 血细胞分析仪 CRP 一体机与西门子 BN II 全自动特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白的性能评价**

李娜  
西安交通大学第一附属医院,710000

**目的** 探讨迈瑞 BC-5390 血细胞分析仪 CRP 一体机与西门子 BN II 全自动特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白的结果是否具有可比性。

**方法** 依照美国国家临床实验室标准化委员会 (CLSI) EP9-A2 文件规定,收集符合要求的临床样本,分别用迈瑞 BC-5390 与西门子 BN II 的进行检测,对两种方法所测得的结果,通过 Deming 回归分析和 Bland-Altman 分析法评估两种方法学之间的一致性。

**结果** 迈瑞 BC-5390 与西门子 BN II 在检测 C 反应蛋白上表现出较好的相关性,相关系数  $r=0.998$ ,斜率为 1.102;但迈瑞 BC-5390 与比对仪器 BN II 之间存在偏差,偏倚=15.86%,95% 置信区间为-4.02%-35.74%,这种表现在低值水平( $<10\text{mg/L}$ )更加明显,通过添加校准系数,两台仪器在 CRP 检测中表现出良好的一致性;另外,与比对仪器 BN II 相比,使用 BC-5390 检测全血 CRP 可以明显缩短标本的检测时间(标本录入-标本审核),中位数和范围分别为 36.5 (3.2-213.2) vs. 79.6 (9.5-231.9) min,  $P<0.05$ 。

**结论** 迈瑞 BC-5390 血细胞分析仪 CRP 一体机与西门子 BN II 全自动特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白结果相关性良好,且能缩短检测的时间,能够满足临床使用需求。



PU-0476

## 肠道菌群 16S rDNA 测序技术用于肝硬化早期诊断的研究

朱彧<sup>1</sup>, 魏巍<sup>2</sup>, 杨萍<sup>\*1</sup>

1. 天津市环湖医院检验科

2. 天津市第二人民医院重症肝炎科

**目的** 通过 16S rDNA 测序技术观察健康志愿者、代偿型肝硬化和失代偿型肝硬化患者肠道菌群特征, 分析其与肝硬化进展的相关性。

**方法** 留取代偿型肝硬化(27 例, 代偿组)和失代偿型肝硬化(28 例, 失代偿组)患者的粪便标本, 以健康志愿者(23 例, 健康组)的粪便标本作对照。采用 16s 测序技术观察受检者粪便标本中菌群丰度, 分析各组肠道菌群的特征并分析菌群与 child 评分、谷丙转氨酶(ALT)、总胆红素(TIBL)、白蛋白(ALB)、凝血酶原时间(PT)和血小板计数(PLT)的相关性。

**结果** 与健康组相比, 代偿组菌群多样性下降( $P < 0.05$ ), 链球菌科(*Streptococcaceae*)相对丰度显著升高( $P < 0.05$ ), 失代偿组菌群多样性下降, 瘤胃菌科(*Ruminococcaceae*)、毛螺菌科(*Lachnospiraceae*)相对丰度显著降低( $P < 0.05$ ), 链球菌科、肠杆菌科(*Enterobacteriaceae*)、韦荣球菌科(*Veillonellaceae*)相对丰度显著升高( $P < 0.05$ ); 与代偿组相比, 失代偿组菌群多样性下降, 瘤胃菌科、毛螺菌科相对丰度显著降低( $P < 0.05$ ), 肠杆菌科(*Enterobacteriaceae*)、乳杆菌科(*Lactobacillaceae*)相对丰度显著升高( $P < 0.05$ ); 上述肠道菌群同 child 评分、TIBL、ALB、PT、PLT 水平具有相关性( $|r|$  均 $>0.3$ ,  $P$  均 $<0.05$ )。通过主坐标分析(PCoA)可根据群落结构异质性将失代偿组分为失代偿组-1 和失代偿组-2, 两组间肠杆菌科丰度和 PLT 水平具有显著性差异( $P < 0.05$ ), 并且肠杆菌科丰度和 PLT 水平具有相关性。而失代偿组-1 和代偿组 PLT 水平未见显著性差异。

**结论** 肝硬化患者肠道菌群与健康人相比均具有显著性差异, 特别是肠杆菌科丰度变化早于 PLT 水平变化, 可比 PLT 更早提示失代偿肝硬化脾亢进展, 为肝硬化早期治疗提供依据。

PU-0477

## 新生儿科耐碳青霉烯大肠埃希菌碳青霉烯酶基因检测及其同源性分析

罗丹<sup>1</sup>, 邢艳<sup>1</sup>, 蔡燕<sup>2</sup>, 廖涛<sup>2</sup>, 刘婧<sup>2</sup>, 宋俊霖<sup>1</sup>, 黄义山<sup>2</sup>

1. 川北医学院检验系

2. 川北医学院附属医院, 637000

3. 川北医学院转化医学中心

**目的** 探讨新生儿科耐碳青霉烯大肠埃希菌的碳青霉烯酶基因并分析其同源性。

**方法** 收集我院新生儿科大便标本中的耐碳青霉烯大肠埃希菌共 18 株。使用 VITEK 2 Compact 进行鉴定及药敏试验, 采用改良的碳青霉烯类失活法(modified carbapenem inactivation method, mCIM)和 EDTA 碳青霉烯类失活法(EDTA-carbapenem inactivation method, eCIM)确认碳青霉烯酶表型。PCR 检测碳青霉烯酶基因, 随机选取 2 株的 PCR 产物纯化并测序, 经 Blast 比对确定型别。利用基质辅助激光电离/解吸时间飞行质谱(matrix-assisted laser ionization/desorption time-flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)技术进行细菌同源性分析。

**结果** 18 株细菌对大多数抗菌药物耐药, 但对阿米卡星和替加环素敏感。所有菌株 mCIM 和 eCIM 试验均为阳性并检出 NDM 基因, 未检出 KPC、IMP、SPM、VIM、GIM、OXA 基因。随机选取的 2 株耐药菌证实携带 NDM-5 基因。MALDI-TOF MS 证明 18 株细菌为同一型别。

**结论** 18 株耐药菌为同一型别, 其耐碳青霉烯类药物的主要机制可能为携带 NDM-5 基因。

PU-0478

## 生物学变异允许总误差在肿瘤标志物测定质量管理中的评价

曹永献  
青岛大学附属医院

**目的** 探讨源自生物学变异的允许总误差在肿瘤标志物测定质量管理中的应用

**方法** 对参加卫生部室间质评项目中的 7 项指标甲胎蛋白 (AFP)、癌胚抗原 (CEA)、糖链抗原 (CA125、153、CA199)、游离前列腺特异性抗原 (fPSA)、总前列腺特异性抗原 (tPSA) 进行  $\sigma$  水平、质量目标指数 (QGI)、优先改进措施及性能评定等指标的分析;

**结果** 在生物学变异质量标准的 2 个不同层次中, 当允许总误差处于最适宜的  $\sigma$  水平时, 7 项指标  $\sigma$  水平均无达到“优”的状态, CEA、CA199、tPSA 三项仅达“中”, 其余四项为“差”。当允许总误差处于适当的  $\sigma$  水平时, CEA、CA199、tPSA、fPSA、四项已达“优”, CEA 的  $\sigma$  水平已  $> 6\sigma$ , 无需改进; 而 AFP、CA125、CA 153 的分析性能为“中”, 均要优先改进其精密度。

**结论** 生物学变异允许总误差在肿瘤标志物测定质量管理中的应用是未来质量控制的一个方向, 实验室工作人员应加大力度改善和提高  $\sigma$  水平, 目前尚欠理想项目的精密度和准确度。

PU-0479

## Distribution of CRISPR-Cas Systems in clinical carbapenem-resistant klebsiella pneumoniae strains in china and its relationship with virulence genes

Yang Liu,Lagen Wan  
First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** The association of CRISPR-Cas systems and antibiotic susceptibility has been reported in Taiwan. At the same time the prevalence of carbapenem-resistant klebsiella pneumoniae strains bring a global public problem. However, the association of CRISPR-Cas systems and antibiotic resistance in CRKP is unreported. Here we aimed to characterize the CRISPR-Cas systems in clinical carbapenem-resistant Klebsiella pneumoniae isolates and to investigate the association of CRISPR-Cas systems and virulence genes.

**Methods** From January 2017 through December 2018, a total of 160 carbapenem-resistant klebsiella pneumoniae strains were obtained from patients hospitalized in a teaching hospital in Jiangxi. Clinical data were collected from medical records. The carbapenemase genes, the subtype genes of CRISPR-Cas systems, and the virulence genes were amplified by polymerase chain reaction using specific primers. PFGE and MLST were used to analyze the genotypes of the CRKP isolates which had CRISPR-Cas system.

**Results** PCR and sequencing analysis of the 160 strains revealed five diverse carbapenemase genes (bla-NDM, bla-KPC, bla-IMP, bla-VIM, bla-OXA-48), with the bla-KPC genes 84.5% being the most common and the bla-NDM genes 21.1% being the second. And 11.2% of clinical carbapenem-resistant klebsiella pneumoniae isolates had CRISPR-Cas systems, with twelve isolates having type I-E\* CRISPR-Cas systems and six isolates having type I-E CRISPR-Cas systems. Carbapenemase gene NDM were most found in six CRKP isolates which had subtype I-E CRISPR-Cas system. While both carbapenemase gene KPC and NDM were equivalently found in eleven CRKP isolates which had subtype I-E\* CRISPR-Cas system. Isolates having the subtype I-E\* CRISPR-Cas system were tent to have more virulence genes such as magA (50%), kfuBC (75%), WcaG (41.7%), allS (33.3%), rmpA (66.7%), terW (75%), iutA (58.3%) and

aerobactin (83.3%), compared to crispr-negative and type I-E CRISPR-Cas isolates. And all five ST23(K1) isolates were found to have the type I-E\* CRISPR-Cas system.

**Conclusions** The distribution of the CRISPR-Cas system in CRKP strains was rare. The most common carbapenemase gene in the CRKP strains which had type I-E CRISPR-Cas system was NDM, While both NDM and KPC were equivalently found in the CRKP isolates which had subtype I-E\* CRISPR-Cas system. Importantly CRKP isolates that had subtype I-E\* CRISPR-Cas system were more virulent, compared to crispr-negative and type I-E CRISPR-Cas isolates. All five ST23(K1) CRKP isolates were found to have the type I-E\* CRISPR-Cas system. Effective surveillance and strict infection control strategies should be implemented to prevent outbreak by CRKP with I-E\* CRISPR-Cas system in hospitals.

## PU-0480

### AI 时代的到来-检验结果自动审核批准

兰丽媛

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 人工智能审核是实验室提升效率、质量的一种重要手段,通过把人工审核、批准的经验总结,并转化为人工智能的审核规则,自动审核帮助实验室处理大规模海量检测数据,是对实验室检测能力的有效补充,同时通过统一审核标准制定计划,推动检验报告向规范化、国际化持续迈进。

**方法** 根据美国病理学家协会(CAP)的定义,从实验室工作实践出发,站在用户的角度,论述临床医学检验中人工智能可能应用的方向,仪器界面产生的患者结果传输至实验室信息系统,与实验室预设的条件比对的过程称为自动审核。如果结果处于设定的条件范围内,这些结果无需特殊处理,即可自动转化为检验报告;反之,则在报告之前需要实验室工作人员进一步审核后发放。

**结果** 实验室大多参照国际标准化组织(ISO)发布的 ISO 15189 标准,要求自动审核做到规范化、文件化、确认及验证、预防措施、样本性状、历史结果数据、客户要求、限值管理、人工复核和结果异常标识。工作实践是检验自动审核报告规则的真谛,不过,需要值得注意的是,自动审核目前仅能部分取代人工审核批准。实验室本身的医学水平、自动化水平、实验室信息技术水平决定了其自动审核的完善程度。

**结论** 自动审核的优势不仅在于减少人工审核环节的工作量,缩短标本周转时间(TAT),更有意义的是可以将报告审核工作做到规范化、标准化。同时,自动审核批准系统可监测报告单发放的正确率,减少差错,大大提高工作效率,在实际应用中取得良好的效果。

## PU-0481

### 临床医学检验中血液细胞检验质量控制分析

丘江

湖北江汉油田总医院

**目的** 针对临床当中对血液细胞检验进行质量控制的措施予以分析,以期能够为日后血液细胞临床检验工作起到一定的参考作用。

**方法** 随机在 2018 年 5 月到 2019 年 5 月期间于我院报名的志愿者当中选择 50 名健康成年人,将其作为本文的研究对象,并予以质量检查,总结结果予以分析和讨论。

**结果** 经过分析,抗凝剂配置比上的差异会对 WBC 值、PLT 值、HGB 值以及 RBC 值产生影响,且存在显著的差异,有  $P < 0.05$  存在;血液标本放置时间长短、放置过程中的周边温度也会对 WBC 值、PLT 值、HGB 值以及 RBC 值产生影响,且存在显著的差异,有  $P < 0.05$  存在。

**结论** 在进行血液细胞临床检验工作的过程当中, 抗凝剂配比情况、血液标本放置时间长短以及周边环境温度都会对 WBC 值、PLT 值、HGB 值以及 RBC 值产生影响。因此, 为了能够保证临床检验结果的准确性, 操作中必须要对任何一个环节均予以严格控制, 避免不必要的风险和失误。

PU-0482

## 长春地区孕妇叶酸代谢能力基因情况分析

刘明珠

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 近年来大量研究已经证实, 叶酸缺乏是导致出生缺陷的主要原因。叶酸的临床功能除了预防胎儿神经管缺陷外, 还能降低孕妇妊娠高血压、自发性流产和胎儿宫内发育迟缓、早产以及新生儿低出生体重等发病率, 本文通过对长春地区孕妇叶酸代谢能力基因结果情况分析, 然后根据风险高低(相关代谢酶的活性程度)建议更准确的补充剂量。

**方法** 本实验所用试剂均购于西安金磁纳米生物技术有限公司

A: 样本 DNA 的制备

B: PCR 扩增液准备

C: 待检测 DNA 样本的配制

D: PCR 扩增

E: 检测卡检测实验

**结果** 经检测, 1951 例孕妇样本, 其中未发现叶酸代谢障碍风险 486 例, 叶酸代谢障碍低度风险 855 例, 叶酸代谢障碍中度风险 246 例, 叶酸代谢障碍高度风险 53 例, 见表 1, 表明孕妇叶酸代谢障碍低度风险人群较多。

表 1 长春地区 1951 例孕叶酸代谢障碍风险统计

组别例数阳性率

未发现叶酸代谢障碍风险 486 例 24.9%

叶酸代谢障碍低度风险 855 例 43.8%

叶酸代谢障碍中度风险 246 例 12.6%

叶酸代谢障碍高度风险 53 例 2.7%

**结论** 因此, 通过基因检测技术手段, 对人体 MTHFR 基因及 MTRR 基因做检测, 可以及早发现不同个体对叶酸的吸收利用水平, 从而筛查出容易引起叶酸缺乏的高危人群, 实现个性化增补叶酸(因人而异地确切给出叶酸补充计划和补充量), 从而增强叶酸补充依从性, 同时加强产前检查, 以降低新生儿出生缺陷风险。

PU-0483

## 血清非编码 RNA miR-4491 在胃癌临床诊断中的应用价值

孙晓杰, 张春晶

齐齐哈尔医学院

**目的** 探讨 miR-4491 在胃癌患者血清中的表达水平及其在胃癌临床诊断中的应用价值

**方法** 采用病例对照研究, 选择 2016 年 9 月至 2017 年 3 月在中国医学科学院肿瘤医院住院的 84 例胃癌患者(胃癌组)、48 例胃炎患者(胃炎组)及 64 例健康体检者(健康对照组), 提取血清总 RNA, 采用实时荧光定量 PCR 技术, 检测血清 miR-4491 的相对表达量; 通过受试者工作特征曲线(Receiver operating characteristic, ROC)和危险分数分析法分析 miR-4491 对胃癌诊断的灵敏度、特异度以及阳性预测值(PPV)和阴性预测值(NPV), 并与肿瘤标志物 CA72-4 的诊断效

能进行比较。根据 ROC 曲线下面积 (AUC) 判断诊断效能, 评估其在胃癌诊断中的应用价值; 各组间比较采用非参数秩和检验进行分析。

**结果** 胃癌组、胃炎组及健康对照组血清 miR-4491 的相对表达量分别为  $3.646 \pm 4.038$ 、 $0.703 \pm 1.354$  和  $1.573 \pm 1.615$ 。胃癌组 miR-4491 的表达量在显著高于健康对照组 ( $Z = -4.970$ ,  $P = 0.000$ ), 而胃炎组 miR-4491 的表达量则显著低于健康对照组 ( $Z = -4.263$ ,  $P = 0.000$ ); miR-4491 的表达量在胃癌组与胃炎组之间差异非常显著 ( $Z = -7.782$ ,  $P = 0.000$ )。经 ROC 曲线分析以 0.989 为诊断阈值 (Cut off 值), 此时 miR-4491 区分胃癌与健康人的 AUC 为 0.739, 敏感度和特异度分别为 84.5% 和 54.7%, PPV 和 NPV 分别为 0.720 和 0.750; 而 miR-4491 区分胃癌与胃炎的 AUC 为 0.908, 敏感度和特异度分别为 91.7% 和 79.2%, PPV 和 NPV 分别为 0.923 和 0.778。肿瘤标志物 CA72-4 在胃癌患者血清中的表达量显著高于对照组 ( $Z = -3.324$ ,  $P = 0.001$ ), 其 AUC 为 0.691, 敏感度和特异度分别为 31.57% 和 55.95%, PPV 和 NPV 分别为 0.316 和 0.559。

**结论** miR-4491 在胃癌患者血清中高表达, 其对胃癌的诊断效能显著高于 CA72-4, 是胃癌临床诊断及鉴别诊断的潜在血清学标志物。

## PU-0484

### 某院细菌性前列腺炎致病菌检出情况调查与分析

刘静, 王俭, 巩静

中国人民武装部队辽宁省总队医院, 110000

**目的** 对我院 2017 年 6 月-2018 年 3 月门诊及住院的前列腺炎患者 135 例前列腺液标本进行培养分离, 对分离出的致病菌进行药敏试验。

**方法** 135 份前列腺液标本采自我院门诊及住院前列腺炎患者, 前列腺液常规检查 WBC > 10/HP, 年龄 23-58 岁。嘱患者先排尿, 然后用 1.0g/L 新洁尔灭溶液清洗会阴, 取膝胸卧位按摩前列腺, 第 1 滴前列腺液用于常规检查, 第 2 滴做细菌培养。鉴定程序按《全国临床检验操作规程》。所用的血琼脂、EMB 琼脂、各种生化反应试剂、生化鉴定管购于杭州天和微生物试剂有限公司, 药敏纸片购于北京生物制品鉴定所。药敏试验采用 K-B 法。

**结果** 135 例前列腺液共分离出致病菌 95 株, 8 种, 阳性率为 70.3%, 其中革兰氏阳性球菌 12 株。药敏试验结果 葡萄球菌主要对万古霉素、呋喃妥因、氯霉素敏感率高, 分别为 100%、99%、95.5%, 对庆大霉素敏感率为 68%, 对环丙沙星、氧氟沙星敏感率为 51%、50%, 对青霉素敏感率为 16%, 对红霉素耐药。革兰氏阴性杆菌主要对头孢哌酮、阿米卡星、呋喃妥因、庆大霉素、头孢他啶敏感。

**结论** 细菌性前列腺炎的前列腺液致病菌以革兰氏阳性球菌为主, 其次为革兰氏阴性杆菌。金黄色葡萄球菌为前列腺炎的主要致病菌, 其次为表皮葡萄球菌、粪肠球菌, 万古霉素、呋喃妥因、氯霉素对细菌性前列腺炎感染的病原菌敏感。

## PU-0485

### 外泌体介导 LncRNAs 在乳腺癌肺转移中的作用研究

冯同保, 张平, 周洪兴

常州市第二人民医院, 213000

**目的** 远端转移是导致肿瘤患者死亡的主要原因。大量临床研究表明, 乳腺癌患者往往伴随着骨, 肝, 脑, 肺转移; 其中肺转移占据主要部位。本课题主要通过研究乳腺癌外泌体在肺成纤维细胞中的作用, 进一步探讨其在乳腺癌肺转移中的分子机制。

**方法** 通过超速离心法分离乳腺癌细胞外泌体, 电子显微镜以及 Western blot 验证外泌体相关特异性标记分子的表达; 并外泌体与肺成纤维细胞共同培养, 检测细胞增殖、侵袭与迁移; 并提取 RNA, 高通量芯片测序转录组表达水平的差异。

**结果** 我们研究发现乳腺癌外泌体诱导肺成纤维细胞增殖、侵袭与迁移; 同时通过高通量测序芯片发现, 在转录组水平所测的总条数为 41980 条非编码 RNA, 通过长度过滤后的长链非编码 RNA 为 41975 条; 其中功能已知的长链非编码 RNA 为 1669 条; 具有 ORF 转录本的长链非编码 RNA 为 23073 条; 具有编码潜能的为 22752 条; 功能未知新的长链非编码 RNA 为 12539 条。在外泌体刺激肺成纤维细胞后长链非编码 RNA 表达升高的有 235 条, 表达下降的有 274 条。

**结论** 乳腺癌外泌体通过 LncRNAs 诱导肺成纤维细胞恶性转化, 进一步促进乳腺癌肺转移。

## PU-0486

### Cancer secreted-exosome facilitated tumor microenvironment malignant transformation

Tongbao Feng, Ping Zhang, Yan Wang, Hongxin Zhou, Kefeng Lu

Departments of Clinical Laboratory, The Affiliated Changzhou No. 2 People's Hospital of Nanjing Medical University, Changzhou, Jiangsu 213000, P.R. China

**Objective** Breast cancer is one of the most common cancer in the world, which is the leading cause of death in female patients. Cancer-secreted exosomes have recently been recognized as important mediators of intercellular communication. The objective of this study was to determine the role of exosomes derived from breast cancer in tumor microenvironment.

**Methods** CCK-8 assays were used to measure cell proliferation, scrape assays were used for detected cell migration and cell invasion was measured via transwell assays.

**Results** We found that tumor secreted-exosomes induced cell proliferation, migration and invasion, compared to PBS as control in breast cancer.

**Conclusions** These findings indicated that cancer secreted-exosome facilitated tumor microenvironment malignant transformation.

## PU-0487

### 尿 DNA 在诊断结直肠癌方面的研究探讨

唐玉蓉

胜利油田中心医院, 257000

**目的** 研究尿中 DNA 在结直肠癌 (CRC) 患者术前和术后中表达的临床意义。

**方法** 收集我院 106 名 CRC 患者术前血液、尿液标本, 和术后每间隔一个月连续收集三个月血液、尿液标本, 进行 cfDNA 定量分析, 用微滴数字 PCR 检测不同标本中 ctDNA 及 KRAS 突变, 和初次肿瘤组织分子结果进行比较。并选取同期在我院进行体检的 40 例健康受试者作为对照组。

**结果** 健康志愿者平均尿液 DNA 含量为 0.423 ng/mL, CRC 患者 I-IV 期分别为 0.694 ng/mL, 1.61 ng/mL, 1.80 ng/mL 和 2.70 ng/mL, 且随着疾病的发展而增高, 与健康志愿者相比具有统计学意义。CRC 患者术后连续测量尿中 cfDNA, 在不同的亚组(I-IV 期) 中数据没有统计学意义。微滴数字 PCR 分析不同样本中的 ctDNA。CRC 患者的病理组织含 49% KRAS 突变, 尿 ctDNA 样本与活检 ctDNA 整体一致性为 80%。与血浆 ctDNA 相比一致性也为 80%。ROC 曲线分析, 尿 DNA 第 I-IV 期患者的曲线面积为 0.69, 0.96, 0.91 和为 0.99(95% 置信区间, 0.98 - 1.01), 如图 2A 所示。血浆 DNA I-IV 期患者曲线面积为 0.71 (95% 可信区间, 0.59-0.83), 0.96(95%可信区间, 0.92 - 1.01), 0.92(95%可信区间, 0.97 - 1.01), 0.99 (95% CI, 0.98-1.01)如图 2B 所示, 血浆 DNA 及尿 DNA 产生的曲线测量值的差异(在所有病例中均为  $p > 0.05$ ), 没有统计学意义。

**结论** 和血浆 DNA、病理组织 DNA 相比, 尿 DNA 分析具有相当的敏感性和特异性, 给临床提供了一种可能的疾病分析和追踪的方法, 为进一步开展尿 DNA 进行临床干预调查提供了可能性。

## PU-0488

### 呼吸与重症医学病房碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌的分子流行病学研究

胡韦维

重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 了解呼吸与重症医学病房分离碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌的分子流行病学特点。

**方法** 收集重庆某三甲医院 2017 年 1-12 月呼吸与重症医学病房分离的 20 株碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌, 采用 VITEK-2 Compact 检测其对常用抗菌药物的敏感性; 聚合酶链反应 (Polymerase chain reaction, PCR) 法扩增主要的碳青霉烯酶基因 (bla KPC-2、bla IMP、bla VIM-2、bla SPM、bla NDM-1 和 bla OXA-48), 目的产物经基因测序和比对确定其基因型; 再结合脉冲场凝胶电泳 (Pulsed field gel electrophoresis, PFGE) 对 20 株碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌进行同源性分析。

**结果** 20 株碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌对常用抗菌药物均 >40.0%; 碳青霉烯酶基因检测结果显示, 其中 6 株携带 bla VIM 基因, 7 株携带 bla SPM 基因, 1 株携带 bla KPC 基因, 未检出 bla IMP、bla NDM 和 bla OXA-48 耐药基因; 20 株碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌脉冲场凝胶电泳分为 A~F 共 6 个谱型, 其中 E 型占 35%, 均携带 bla SPM 基因, C 型占 20%, 均携带 bla VIM 基因。

**结论** 呼吸与重症医学病房分离的碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌主要耐药机制为产碳青霉烯酶, 以产 SPM 型和 VIM 型碳青霉烯酶为主, 同时也存在 KPC 型碳青霉烯酶。脉冲场凝胶电泳分析结果表明: 呼吸与重症医学病房存在部分耐碳青霉烯铜绿假单胞菌的克隆传播, 临床上应严格做好耐药菌的防控工作, 避免耐碳青霉烯铜绿假单胞菌在呼吸与重症医学病房感染暴发流行。

## PU-0489

### 西部地区结核患者外周血中 miRNA-17 的差异表达及临床意义

陶昕彤

四川大学华西医院, 610000

**目的** 结核病是严重危害人类健康的重大传染病, 且我国是全世界第三结核病高负担国家, 面临着严峻的发病率和耐药率, 本文旨在探讨 miRNA-17 在中国西部活动性结核病患者外周血表达及其临床意义。

**方法** 通过 GCBI 生物信息学数据库筛选结核感染关键基因, 通过 miRTarBase 软件预测关键基因的靶向 miRNAs, 结合已发表的权威文献, 筛选出与结核感染可能相关的候选标志物 miRNA-17。在中国西部地区随机纳入无亲缘关系的汉族活动性结核病患者和汉族健康个体各 72 例。采集外周血并提取 RNA, 用实时荧光定量 PCR 检测 miRNA-17 在病例组和对照组中的表达量。利用 SPSS16.0 对各组表达量进行差异表达分析, 绘制受试者工作特征曲线 (ROC) 分析 miRNA-17 作为结核病诊断标志物的临床价值。

**结果** 活动性结核病患者组的 miRNA-17 表达量明显高于健康个体对照组 ( $P < 0.05$ ), 表达丰度增加 2.236 倍; 诊断效能分析显示 miRNA-17 分离结核患者和健康个体的曲线下面积 (AUC) 为 0.5827, 95%CI 为 0.4838-0.6815; 以最大约登指数作为最佳截点, 计算敏感性为 0.750, 特异性为 0.668, 阳性似然比为 3.267, 阴性似然比为 0.481。

**结论** 以上结果提示 miRNA-17 可能参与活动性结核病的发生、发展, 未来可能成为潜在的新型结核病诊断标志物。

## PU-0490

### ID-LC-MS 定量检测血清载脂蛋白 E 及其表型分型研究

李卿,居漪,孙贺伟,范霄宇,张素洁,金中淦  
上海市临床检验中心

**目的** 建立同位素稀释液相色谱串联质谱定量检测血清载脂蛋白 E 的方法, 并对其蛋白表型进行分型  
**方法** 方法学研究。确定载脂蛋白 E 及分型用目标肽段。血清样本经变性、烷基化和胰蛋白酶酶解后, 使用液相色谱串联质谱检测。同时开展酶解效率研究。评价方法的精密度和准确度。通过测定 40 份临床血清样本 (20 mg/L-66 mg/L) 中的载脂蛋白 E, 比较质谱法和免疫法的相关性及差异。  
**结果** ApoE 的所选酶解肽段在 4 h 内即达释放峰值, SE 肽段 3 h 时达到释放峰值。对 ApoE 分型发现 E3/E3、E2/E3 和 E3/E4 型。实验室内不精密度均值为 5.2%。低浓度和高浓度准确性评价样本的测定值与靶值的相对偏差分别为 7.6%和 3.6%。与免疫法比对, Deming 回归的截距的 95%置信区间为 6.44-11.44 ( $P<0.05$ ), 斜率的 95%置信区间为 0.77-0.89 ( $P<0.05$ ), 两者的相关性  $r=0.97$ 。两者差值的均值是-2.95 mg/L, 95% 置信区间为-4.26- -1.65 mg/L。  
**结论** 本研究建立的 ID-LC-MS 方法可用于定量血清 ApoE, 并对 ApoE 进行蛋白分型。

## PU-0491

### 2013-2018 年无菌体液病原菌分布及耐药性分析

臧婉  
陆军军医大学大坪医院

**目的** 了解本院 2013-2018 年临床分离的脑脊液及其他无菌体液病原菌的分布及耐药情况。  
**方法** 收集和统计 2013-2018 年脑脊液及其他无菌体液标本分离到的病原菌病原菌分布及耐药性特点, 运用 WHONET5.6 软件进行菌株分布及药敏结果分析。  
**结果** 共分离病原菌 1450 株, 革兰阳性菌 806 株, 占 55.6%; 革兰阴性菌 556 株, 占 38.3%; 真菌 88 株, 占 6.1%。常见病原菌依次为凝固酶阴性葡萄球菌、大肠埃希菌、鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、粪肠球菌。无菌体液标本中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 检出率分别为 35.8%和 75.4%,未发现对万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药的葡萄球菌。肠球菌属中屎肠球菌对除四环素外的大多数抗菌药物耐药率明显高于粪肠球菌。产 ESBLs 的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的检出率分别为 60.6%和 65.9%, 除肺炎克雷伯菌对亚胺培南耐药率大于 10%, 其他肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗菌药物仍高度敏感。多重耐药鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌检出率分别为 65.3%和 12.7%。  
**结论** 应加强常见耐药菌的监测, 尤其是耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌和多重耐药鲍曼不动杆菌应引起高度关注, 根据药敏试验结果合理使用抗菌药物, 加强耐药菌感染控制, 以减少耐药菌株产生。



## PU-0492

## 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱技术用于耐甲氧西林金黄色葡萄球菌分子分型的研究

彭宇生

宜宾市第一人民医院,644000

**目的** 评价基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术(MALDI-TOF MS)对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)分子分型的应用价值。

**方法** 收集 2009.1 到 2012.3 来自全国 6 个城市共 270 株 MRSA 菌株,使用 ClinProTools 软件建立模型,并用剩余菌株验证模型的敏感性和特异性;使用 BioTyper 软件建立本地数据库,并将除 Ost 外的剩余全部菌株用于验证数据库的敏感性和特异性;使用 ClinProTools 软件和 FlexAnalysis 软件构建受试者特征曲线(ROC),单峰分析 St239、St5、St59 以及 St45 的特异性峰;以及聚类分析等以上四种方法,比较 MALDI-TOF MS 分型方法与 MLST 分型方法的一致性与差异。

**结果** 154 株 St239、72 株 St5、30 株 St59、14 株 St45 经检测显示,模型的建立与验证中,除模型 St59 的交叉验证为 90.45%,模型 St239、St45、St5 的交叉验证和可识别力均为 100%,外部验证显示,模型 St45 的敏感性和特异性均为 100%、模型 St239 的敏感性是 95.80%以及特异性是 94.62%;数据库的建立与验证中,正确鉴定 St45 的敏感性和特异性均为 100%、正确鉴定 St239 的敏感性和特异性为 91.56%和 94.83%、正确鉴定 St59 的敏感性和特异性为 93.33%和 92.92%及正确鉴定 St5 的敏感性和特异性为 81.94%和 97.47%;单峰分析显示,9628、6554、3277 和 2762 m/z 分别是 St45、St239、St59 和 St5 的特异性峰。

**结论** MALDI-TOF MS 分型与多位点序列分析(MLST)具有较好的一致性,且具有操作简便、快速、低成本、重复性好、稳定性高的优点。

## PU-0493

## Microbiological and Clinical Characteristics of Klebsiella pneumoniae Isolates of Capsular Serotype K57 in China

Yang Liu,Dandan Wei

First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Serotype K57 *Klebsiella pneumoniae* (K57-KP) is associated with hypervirulence, but the basis for which and systematic data of K57-KP are limited.

**Methods** A retrospective study was conducted in 156 patients between January 2013 and January 2016. The clinical and molecular data, including antimicrobial susceptibility testing, multilocus sequence typing(MLST), antimicrobial resistance genes and virulence determinants in vitro and vivo were assessed

**Results** Among the 39 K57-KP isolates, 14(35.9%) were associated with various types of invasive infections. Diabetics, drainage, use of carbapenems and quinolone antibiotics were dependent risk factors for K57-KP infections. ST412 (53.9%) was the most prevalent among K57-KP isolates. The resistance rates of K57-KP to most commonly used antibiotics were increasing compared with hvKP, and 12.8% (5/39) strains exhibited resistance to carbapenem and all of them harbored blaKPC-2. The prevalence of hypermucoviscosity phenotype, aerobactin, rmpA, rmpA2 and ybtS revealed 66.7%, 100%, 89.7%, 89.7%, 30.8%, while wcaG, allS, magA and kfu revealed 0%, 0%, 0%, 5.1%, which were significantly lower than that of hvKP(K1/K2). K57-KP strains were more sensitive to serum and its neutrophil phagocytic rate and biofilm formation capacity were higher than that of hvKP (K1/K2).

**Conclusions** Without significant difference in the prevalence of hypermucoviscosity phenotype, carriage of rmpA and aerobactin genes but the composition and production of CPS of K57-KP

may be different from K1/K2 strains, K57-KP isolates exhibited distinct virulence-associated traits and most of which belonged to ST412. Physicians should enhance the management of K57-KP infections because of the emergence of more and more CR-K57-KP isolates.

#### PU-0494

### The Prevalence of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* Infection in Southern China :Clinical Characteristics, Antimicrobial Resistance ,Virulence and Geographic Distribution

Yang Liu,Ling Zeng,Xianwei Cao  
First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) strains pose a significant threat to the public health. In this study, we conducted a provincewide surveillance of CRKP prevalence in Jiangxi province and investigated the molecular epidemiologic features of these strains, with the hope of identifying the key strains and mobile resistance elements responsible for this increased prevalence.

**Methods** In this study, a survey was conducted in Jiangxi province of China covering a total of 140 CRKP strains collected from 11 hospital laboratories from June 2016 to January 2018. All CRKP isolates were investigated by antimicrobial susceptibility testing, capsular serotypes, virulence gene profiles, multilocus sequence typing (MLST) and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE).

**Results** The differences in patients characteristics and distributions in the various regions were statistically significant ( $P \leq 0.001$ ). Most patients were hospitalized in intensive care units (30%) and burn departments (13.6%), with the prevalent infections of the lower respiratory (52.1%) and urinary tracts (15.7%). A higher ratio of CRKP isolates was identified in southern and central regions of Jiangxi compared with that in the other regions. The acquisition of only two carbapenemase genes, blaKPC and blaNDM, was responsible for phenotypic resistance in CRKP strains tested (46.5% and 22.1% respectively), among which several major strain types, such as ST11 (27.8%) and ST23 (14.8%) were identified. Thirty-nine toxigenic strains were detected, of which twenty-two strains were classified by capsule serotyping. The hypervirulent genes were most common in the eastern and central regions of Jiangxi.

**Conclusions** In conclusion, the prevalence of CRKP strains in Jiangxi Province has a varied geographic distribution, the resistance rate of blaKPC was decreasing from south to north regions, whereas the drug resistance gene blaNDM has shown a tendency to spread from the center to the surrounding areas. ST23 carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* is emerging, which suggesting an urgent need to enhance clinical awareness.

#### PU-0495

### The assessment of combined karyotype analysis and chromosomal microarray in pregnant women of advanced maternal age: a multicenter study

Bin Yu,Ye Shi  
Changzhou Woman and Children Health Hospital affiliated to Nanjing Medical University

**Objective** It has been recognized that women at advanced maternal age would have adverse effects both to mothers and infants. Particularly, AMA women will face an increased risk of fetal

birth defects. Faced with the growing number of AMA women, the situation of birth defects prevention and control is extremely severe in China. In this retrospectively study, we analyzed the results of prenatal diagnosis and hoped to provide scientific clinical guidance of prenatal screening and diagnosis for the women in advanced maternal age (AMA).

**Methods** 4224 women of AMA who accepted prenatal diagnosis by amniocentesis from two prenatal diagnosis centers were recruited for this study. After genetic counseling and informed consent, 3475 women received karyotype analysis only, 703 were examined by both karyotype analysis and chromosomal microarray (CMA), while 46 cases selected CMA only. Both centers used the same detection platform, experimental scheme, and quality control standards.

**Results** Among 4224 women at advanced maternal age accepted prenatal diagnosis in two centers, 3475 (82.3%) women received karyotype analysis only, 703 (17.7%) were examined by both karyotype analysis and chromosomal microarray, while 46 cases selected CMA only. Recently, more and more AMA women were willing to select CMA technology when receiving prenatal diagnosis. A total of 164 women with chromosomal abnormal results were found, the abnormal rate was 3.88% (164/4224). Among them, 145(3.4%, 145/4224) women were abnormal chromosome number, 19 cases (0.4%, 19/4224) with abnormal chromosome structure. Compared with simple AMA women, the abnormal rates were significantly increased in the AMA women who had other indications, particularly in number abnormalities (22.5% vs 1.0%,  $P<0.001$ ). 48 CNVs were detected, and 10 cases (0.24%, 10/4224) were proved as pathogenic or likely pathogenic CNVs. 703 AMA women received both karyotype analysis and CMA test in present study. With the CMA technology, we could find 46 cases with CNVs in addition, although most of them were benign, like benign or no subclassification. Only 10 CNVs were pathogenic or likely pathogenic. For the AMA pregnant women, the rate of additional abnormalities with clinical significance by CMA was 1.42% (10/703). We found that chromosome number abnormalities significantly increased with age ( $P<0.001$ ), while there were no such trends in chromosomal structural abnormalities ( $P=0.624$ ).

**Conclusions** About 3.88% fetuses of AMA women had chromosomal abnormalities, the abnormal rate increased with their age. This increase was only reflected in chromosome number abnormalities. The application of CMA could increase the diagnostic rate by about 1.4% for AMA women, and greatly reduce their tension.

#### PU-0496

### MiR-124-3p inhibits the growth and metastasis of Gastric cancer by targeting ITGB3

Xingbo Song, Qian Wu, Huiyu Zhong, Yang Wen, Binwu Ying  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Gastric cancer is one of the major malignant tumors in the world. MiRNAs can inhibit the expression of target genes by directly binding to their mRNAs and can affect various important biological processes. The aim of the present study was to investigate the role of miR-124-3p and ITGB3 in gastric cancer.

**Methods** RT-PCR and western blot are used to detect the expression of miR-124-3p, ITGB3 and their proteins intergrin  $\beta 3$  in GC tissues and cells. The wound healing, CCK-8 assay, transwell migration, and invasion assay was performed to determine the cell proliferation, migration and invasion. What's more, bioinformatics prediction and luciferase assay was conducted to demonstrated the binding efficiency between miR-124-3p and rs3809865 in the 3'UTR region of ITGB3.

**Results** We investigated 40 gastric cancer tissues and gastric cancer cells. The expression levels of ITGB3 in tumor tissues and cells were significantly higher than that in the normal group, while the expression level of miR-124-3p was significantly lower than that in the normal group. In addition, the overexpression and silencing of miR-124-3p inhibited and promoted the proliferation, migration and invasion of both selected GC cells, and ITGB3 is just the reverse.

What's more, we validated that ITGB3 is the target of miR-124-3p by bioinformatics prediction and luciferase assay.

**Conclusions** MiR-124-3p inhibits the growth and metastasis of Gastric cancer by targeting ITGB3. These results suggested that miR-124-3p and ITGB3 may reasonably be a prognostic and diagnostic biomarker for GC patients and may serve as a promising therapeutic target.

#### PU-0497

### D-dimer As a Potential Clinical Marker for Predicting Cancer Metastasis and Progression

Ping Zhang, Yingxin Sun, Kefeng Lu

Departments of Clinical Laboratory, The Affiliated Changzhou No. 2 People's Hospital of Nanjing Medical University, Changzhou, Jiangsu 213000, P.R. China

**Objective** D-dimer is a widely used biomarker for indicating the activation of coagulation and fibrinolysis, and is reported to serve important roles in cancer progression. The aim of the current retrospective study was to investigate the association of D-dimer plasma level with the development of various cancers.

**Methods** Patients with breast (n=86), gastric (n=317), pancreatic (n=37), colon (n=153) and rectal (n=137) cancers and 92 healthy volunteers were assessed in the present study. Plasma levels of D-dimer in the patients and healthy controls were measured by immunoturbidimetric assays. The association of D-dimer levels with the clinicopathological features of patients were also determined.

**Results** The plasma levels of D-dimer were significantly higher in patients with breast cancer ( $P=0.0022$ ), gastric cancer ( $P<0.0001$ ), pancreatic cancer ( $P=0.0003$ ), colon cancer ( $P=0.0001$ ) and rectal cancer ( $P=0.0028$ ), compared with the healthy controls. It was also determined that the plasma D-dimer levels were positively associated with clinical cancer stage ( $P<0.05$ ) and metastasis ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** The results suggested indicate that the plasma D-dimer level may be used as marker for predicting cancer metastasis and progression.

#### PU-0498

### 可溶性 ST2 在心衰合并房颤患者中的水平及临床意义

韩雪晶<sup>1</sup>, 王云平<sup>1,2</sup>

1. 泰达国际心血管病医院, 300450

2. 天津市滨海新区中医医院

**目的** 测定心衰合并房颤患者的血浆可溶性 ST2(Soluble Suppression of Tumorigenicity-2, sST2)水平, 探讨其在心衰合并房颤患者中的诊断及预后价值。

**方法** 选取泰达国际心血管病医院 2018 年 1 月至 2018 年 6 月期间住院的心力衰竭(HF)患者 185 例, 按入院前是否合并房颤分为窦性心律的心衰(HF-SR)组 90 例和合并房颤的心衰(HF-AF)组 95 例。收集健康体检者 40 例为对照组。sST2 采用酶联免疫法测定。用非参数检验及 Spearman 相关性分析等统计方法进行分析。用受试者工作曲线(ROC)分析 sST2 在 HF-SR 和 HF-AF 中的诊断价值, 采用 COX 风险模型对患者预后进行分析。

**结果** HF 患者血浆 sST2 水平[32.93 (20.31~51.39) ng/mL] 高于健康对照组[18.12(10.46~23.12) ng/mL, ( $P<0.001$ )], HF-AF 组[39.86 (27.20~59.21) ng/mL] 高于 HF-SR 组[24.74 (14.83~44.11) ng/mL] ( $P<0.001$ ), 在不同的射血分数分组内, HF-AF 组患者的血浆 sST2 水平均高于 HF-SR 组( $P<0.001$ ), HF-AF 患者中, sST2 与 NYHA 分级、ALT、Y-GT、外周血白细胞

数、BNP 等呈正相关 ( $r>20\%$ ,  $P<0.05$ ), sST2 与、左心室射血分数, eGFR 呈负相关 ( $P<0.05$ )。sST2 诊断 HF-AF 的 ROC 曲线下面积为 0.872, ( $P<0.001$ )。sST2 诊断 HF 的 ROC 曲线下面积为 0.792( $P<0.001$ )。经多因素 COX 分析后, 血浆 sST2、NYHA 分级是 HF 患者心脏事件危险因素。血浆 sST2、左心房直径、伴发心肌病是 HF-AF 患者心脏事件的危险因素。血浆 sST2 $\geq 20.31$ ng/mL HF 患者随访 6 个月内心脏事件发生率明显高于 sST2 $<20.31$ ng/mL 患者 ( $P=0.006$ )。血浆 sST2 $\geq 39.86$ ng/mL HF-AF 患者心脏事件发生率明显高于 sST2 $<39.86$ ng/mL 患者 ( $P=0.038$ )。

**结论** HF-AF 组患者血浆 sST2 水平明显高于 HF-SR 和健康对照组患者, HF-AF 组患者的血浆 sST2 诊断 AUC 明显高于 HF-SR 组患者和健康对照组, HF-AF 组患者血浆 sST2 $\geq 39.96$ ng/mL 时, 易发生心血管事件。

#### PU-0499

### 血浆循环 RNA:LUNX 作为新型分子标物在肺癌液态活检中的研究

张平,周洪兴,冯同保  
常州市第二人民医院,213000

**目的** 液态活检在肺癌临床精准检验中起着重要作用。我们通过检测肺癌患者血浆循环 RNA: LUNX 表达异常, 探讨血浆循环 RNA 在肺癌精准检验中的意义。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 检测肺癌患者、肺良性疾病患者、肺外肿瘤患者以及健康人血浆循环 RNA: LUNX 的表达。

**结果** 我们发现肺癌患者血浆循环 RNA:LUNX 的表达显著高于肺良性疾病组、肺外肿瘤组和健康对照组中的表达 ( $p<0.01$ ); III/IV 期肺癌患者血浆循环 RNA:LUNX 的表达显著高于 I/II 肺癌患者中的表达( $p<0.01$ ); 同时研究表明肺癌组患者外周血单个核细胞 LUNX 的阳性率显著高于肺良性疾病组、肺外肿瘤组和健康对照组中的表达 ( $p<0.01$ ); 血浆循环 RNA: LUNX 的检测对肺癌辅助诊断的敏感性高于单个核细胞检测的敏感性( $p<0.01$ )。

**结论** 血浆循环 RNA: LUNX 可以作为肺癌检测的分子标记物, 为肺癌的精准检验提供重要的实验依据。

#### PU-0500

### E3 泛素连接酶 CBLC 在乳腺癌中的生物学作用及临床诊断价值研究

李玮玮,李林海  
中国人民解放军南部战区总医院检验科

**目的** Cbl Proto-Oncogene 家族蛋白是一组 RF 泛素连接酶 (E3 Ubiquitin Ligases, E3)。CBLC 是家族成员之一, 然而其对乳腺癌的影响仍然不清楚。拟通过分析 CBLC 蛋白在不同乳腺癌分型中表达差异及其与临床预后的相关性, 研究 CBLC 对乳腺癌细胞增殖迁移的影响, 并探索 CBLC 的相互作用蛋白。为乳腺癌的临床诊断与预后评估提供新的监测指标。

**方法** 从 USCS Xena (<https://xenabrowser.net>) 数据库下载乳腺癌组织 1104 例和癌旁组织 113 例的基因表达谱矩阵 (FPKM)、样本临床信息和生存信息等相关数据, 分析 CBLC 基因在 Luminal A 等 4 种乳腺癌分子分型组织, 浸润性导管癌等病理分型组织, 并分析 CBLC 表达水平与乳腺癌患者预后的相关性; 选取 30 例乳腺癌病人肿瘤组织及其邻近正常组织切片, 利用免疫组化染色观察

CBLC 表达水平。通过克隆形成、transwell 等实验验证 CBLC 对乳腺癌细胞增殖迁移的影响, 进一步通过 coIP、荧光共定位实验找到 CBLC 的相互作用蛋白。

**结果** CBLC 在乳腺癌各分型中的表达量均存在一定差异并且 CBLC 高表达与预后良好相关; 在乳腺癌分子分型中, CBLC 在 Luminal A 型乳腺癌中的表达量最高 ( $P<0.05$ ); 在乳腺癌病理分型中, 其在粘液癌中的表达量最高 ( $P<0.05$ )。CBLC 抑制乳腺癌细胞增殖迁移。其相互作用蛋白可能为糖原磷酸化酶 L (Glycogen Phosphorylase L, PYGL)、皮层肌动蛋白 (Cortactin, CTTN)。

**结论** CBLC 在乳腺癌各分型分期中的表达具有显著性差异, 其在低恶性的 Luminal A 分子分型、高分化型的粘液癌组织病理分型、早期乳腺癌中高表达, 与乳腺癌患者生存良好呈正相关, 可能是新的乳腺癌分子诊断或靶向治疗的潜在靶标。

## PU-0501

### Comparing the yield of oropharyngeal swabs and sputum for detection of 11 common pathogens in hospitalized children with lower respiratory tract infection

Le Wang

Children's hospital of Hebei province

**Objective** Advances in molecular laboratory techniques are changing the prospects for the diagnosis of viral infectious diseases. Multiplex polymerase chain reaction assay (multiplex-PCR) can detect dozens of pathogens simultaneously, greatly reducing turnaround time (TAT) and improving detection sensitivity. But as a double-edged sword, due to the high sensitivity of PCR, the type of respiratory specimens is critical to diagnosis. In this work, we performed a head-to-head comparison to evaluate the multiplex-PCR yields between two samples, sputum and flocked oropharyngeal swabs (OPS).

**Methods** Eleven common respiratory pathogens were tested in hospitalized children <13 years of age who met the criteria for lower respiratory tract infection by GeXP-based multiplex-PCR of paired OPS and sputum.

**Results** From January to June 2018, 440 children with paired OPS and sputum were tested. The positive rate was 84% (369/440) for OPS and 88% (386/440) for sputum ( $p=.006$ ). The frequency of detection of HRV, RSV, Influenza A virus, HMPV, parainfluenza virus, adenovirus, M. pneumoniae, coronavirus, bocavirus and C. pneumoniae in sputa was higher than that of OPSs (all  $p<.001$ ). Both types of specimens had similarly very good kappa values for most of pathogens, except for Mycoplasma pneumonia ( $\kappa=0.61$ ) and Chlamydia pneumoniae ( $\kappa=0.24$ ). Additionally, 79.3% (349/440) of cases showed consistent results between the two types of samples, and they were significantly younger than patients with inconsistent results ( $p=.002$ ).

**Conclusions** Flocked oropharyngeal swabs and sputum performed similarly for the detection of common respiratory pathogens in hospitalized children by multiplex-PCR, except for Mycoplasma pneumoniae and Chlamydia pneumoniae. Young patients are likely to have consistent results between the two specimens.

## PU-0502

**Bacterial and fungal infections after liver transplantation: microbial epidemiology, risk factors for infection, and 30-day mortality**

Weili Zhang, Wentao Wang, Mei Kang, Siying Wu, Ya Liu, Quanfeng Liao, Fang Long, Yuling Xiao, Ying Ma, Yi Xie  
West China Hospital of Sichuan University

**Objective** Infections, especially bacterial and fungal infections, are the leading cause of high mortality after liver transplantation (LT). This study aimed to investigate the pathogenic spectrum, antimicrobial susceptibility, and risk factors for infection and 30-day mortality to improve control of such infections.

**Methods** A retrospective cohort study was conducted and data from 433 liver transplant recipients between January 2010 and December 2016 were analyzed.

**Results** 290 bacterial and fungal isolates were isolated from 170 infected LT patients. Significant independent risk factors for bacterial and fungal infections were age  $\geq 60$  years (OR 2.151, 95%CI 1.131–4.089,  $p = 0.020$ ), hospital stay  $\geq 24$  days (OR 1.877, 95%CI 1.200–2.935,  $p = 0.006$ ) and MELD score  $\geq 15$  (OR 2.564, 95%CI 1.440–4.564,  $p = 0.001$ ). MELD score  $\geq 30$  (OR 4.733, 95%CI 1.251–17.903,  $p < 0.001$ ) and septic shock (OR 84.209, 95%CI 9.156–774.480,  $p < 0.001$ ) were independent risk factors for 30-day mortality.

**Conclusions** 39.3% recipients had at least one bacterial or fungal infection after LT. Shorten the duration of hospitalization and improve MELD score may help to minimize the risk of infection. We also suggest physicians pay more attention to the patients with high MELD score and septic shock to reduce mortality after LT.

## PU-0503

**Establishment of Algorithms and Threshold of Thyroid Stimulating Immunoglobulin for Diagnosis of Graves' disease by Data Mining: A Chinese Multicenter Study**

Chaochao Ma

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College & Chinese Academy of Medical Science

**Objective** Thyroid stimulating immunoglobulin (TSI) is diagnostic hallmarks of Graves' disease (GD). The aim of this study is to establish different algorithms and corresponding threshold of TSI for diagnosis of GD based on Chinese population by data mining.

**Methods** Sera were evaluated from 1013 subjects from three centers representing a variety of conditions: 100 subjects with untreated GD, 200 with treated GD, 62 with autoimmune thyroid disease, 216 with other thyroid diseases, 214 with non-thyroid autoimmune diseases, 191 had other diseases and 120 health subjects. Tukey method was used to identify outliers in the results of thyrotrophin receptor antibody (TRAb). ROC, percentile algorithm, parallel and serial algorithms for TSI were established to diagnose GD. The corresponding threshold, sensitivity, specificity, positive value and likelihood ratio were also calculated.

**Results** Using treated GD or untreated GD for ROC analysis, 0.23 and 0.31 IU/L of thresholds of TSI for diagnosis of GD were obtained, which were both lower than that of the manufacturer (0.55 IU/L). The threshold for diagnosis of GD was 0.35 IU/L and 1.29 IU/L for females and males, respectively. The fifth quantile of TSI distribution in 300 GD patients was 0.47 IU/L in quantile algorithm that had a good diagnostic performance as ROC analysis.

**Conclusions** Threshold of TSI for diagnosis of GD in Chinese population based on the fully automated stimulating TSH receptor autoantibody immunoassay was established. The predictive value and likelihood ratio were calculated and sex-specific threshold was established, providing more information for physicians in order to improve diagnostic accuracy of GD.

PU-0504

## Comparison of the Clinical Diagnosis Performance of a Novel TSI Immunoassay versus an Automated TRAb Immunoassay in Graves' Disease: A Chinese Multicenter Study

Chaochao Ma

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College & Chinese Academy of Medical Science

**Objective** At present, two different types of fully automated assays can detect the level of TRAb: thyroid-stimulating immunoglobulin (TSI) and TRAb immunoassays. The aim of this study was to evaluate the clinical diagnostic performance of these two assays and their agreement.

**Methods** Sera were evaluated from 1000 subjects from three centers representing a variety of conditions: 100 subjects with untreated GD, 200 with treated GD, 62 with autoimmune thyroid disease, 216 with other thyroid diseases, 214 with non-thyroid autoimmune diseases, and 208 others (including 17 healthy controls and 191 subjects with other diseases). TSI and TRAb immunoassay were parallelly used on 1000 serum samples. The Thyretain™ TSI Reporter Bioassay was performed on 86 samples whose TSI results were inconsistent with the TRAb results. A human thyroid-stimulating blocking antibody (TSBAb) ELISA was used on TSI-negative and TRAb-positive samples in the control groups (n = 52).

**Results** When comparing untreated GD patients with the control groups, the area under the curve for the TSI immunoassay was 0.991 (95% confidence interval (CI): 0.985–0.997), which was not inferior to that of the TRAb assay (0.987, 95% CI: 0.976–0.994) ( $P=0.4471$ ). Compared to the TRAb immunoassay, the TSI immunoassay showed higher specificity (96.86% vs. 88.71%,  $P<0.0001$ ), positive predictive value (PPV) (81.67% vs. 55.37%,  $P<0.0001$ ), and positive likelihood ratio (LR+) (31.18 vs. 8.68), respectively. The rest of the measures of accuracy were at least comparable to those of the TRAb immunoassay. A good agreement between TSI and TRAb assays was found in agreement study. The agreement rate for the TSI immunoassay with the bioassay was significantly higher than that of the TRAb immunoassay (87.21% vs. 12.90%).

**Conclusions** The clinical diagnostic performance of the TSI immunoassay for Graves' disease is not inferior to that of the TRAb immunoassay. The TSI immunoassay shows good agreement with the TRAb immunoassay. The TSI immunoassay could be a more accurate diagnostic method for GD than the TRAb immunoassay, as we provide evidence that the former is only specific for TSI.



## PU-0505

## Compared the influence of four outlier recognition methods on the establishment of biochemical tests reference interval with big data of physical examination population

Chaochao Ma

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College &amp; Chinese Academy of Medical Science

**Objective** The big data of physical examination population are cleaned, and the pre-processed data can be used to establish the reference intervals of tests after mining. The identification and processing of outliers is a very important step in the process of data cleaning. In this study, four different outlier identification methods were used to clean the data, compare and analyze the influence of different methods on the establishment of reference intervals. Moreover, a combination of outliers identification methods of reference interval based on big data of physical examination population was established.

**Methods** In this study, all the physical examination data of Peking union medical college hospital from 2014 to 2015 were washed. The outliers were identified by four methods, Tukey (coefficient 1.5/3) and ESD (coefficient 3/4), and the 2.5 and 97.5 quantiles of the 33 biochemical test indexes after the outliers were eliminated by four methods were calculated. Wilcoxon rank sum was used to compare the reference intervals of each test index established by 5 methods to identify outliers and eliminate them. The results of the indicators of the physical examination population in 2016-2017 were judged by the reference interval used in clinical practice and the reference interval established by the four methods. The consistency of the results of the four methods and the reference range used in clinical practice was calculated and expressed by kappa value. The distribution level of each indicator Kappa of the four methods was compared to determine whether the four outlier recognition methods had an impact on the establishment of reference interval with big data.

**Results** hsCRP, TBil, TG, UA, HCY, Glu, GGT, AST, ALT, LP(a), TBA and ALP were significantly different after the outliers were removed by four methods ( $P < 0.05$ ). There was no significant difference in the distribution of K, LD, Na, P, TC, TP, Urea, HDL-C, DBil, Cysc, Cr, Cl, Ca, APoI1, APoB, ChE, FFA, PA, CO<sub>2</sub> and Alb ( $P > 0.05$ ). There was no difference in the distribution of Kappa values between the four methods ( $P = 0.974$ ).

**Conclusions** Different identification methods of outliers may affect the establishment of reference interval of some biochemical indexes based on the big data of physical examination population. We established the data cleaning combination for establishing the reference interval through data mining for different biochemical indexes, and suggested that different methods should be selected according to different indexes and characteristics of data when establishing the reference range with the physical examination population.

## PU-0506

## 高毒力肺炎克雷伯菌生物标志的鉴定研究

唐敏

西南医科大学附属医院, 646000

**目的** 筛选鉴定高毒力肺炎克雷伯菌的生物标志, 为临床识别高毒力肺炎克雷伯菌提供实验室依据

**方法** 收集某医科大学附属医院 2016 年 10 月至 2018 年 9 月临床分离的非重复肺炎克雷伯菌 151 株。采用 MicroScan WalkAway 96plus 全自动细菌鉴定/药敏分析仪及基质辅助激光解析电离飞行时间质谱仪 (MALDI-TOFMS) 进行菌株鉴定; 查询菌株所属患者的临床资料; 采用不同浓度的肺

肺炎克雷伯菌感染大蜡螟，建立大蜡螟感染模型，进行肺炎克雷伯菌毒力检测；采用 MicroScan WalkAway96plus 全自动细菌鉴定/药敏分析系统对菌株进行药敏试验，亚胺培南、美罗培南用 K-B 法进行复核；应用黏液丝试验检测肺炎克雷伯菌高黏液表型情况；采用 PCR 方法检测肺炎克雷伯菌常见的 6 种荚膜血清型（K1、K2、K5、K20、K54、K57）和 11 种毒力基因（prmpA、wcaG、aerobactin、mrkD、entB、ybtS、fimH、iutA、terB、prmpA<sub>2</sub>、iucA）；配制 CAS 双层琼脂蓝色培养基检测肺炎克雷伯菌产铁载体；应用肠杆菌科基因间重复一致序列（ERIC-PCR）对菌株进行同源性分析

**结果** 结合临床资料和大蜡螟感染模型毒力检测试验，151 株肺炎克雷伯菌中筛选出 65 株高毒力肺炎克雷伯菌，86 株经典型肺炎克雷伯菌（classic *Klebsiella pneumoniae*, cKP）。药敏结果显示，除哌拉西林、头孢西丁、妥布霉素、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南、美罗培南外，hvKP 对常用抗菌药物的耐药率均低于 cKP。毒力基因 aerobactin、prmpA、iucA、prmpA<sub>2</sub> 鉴定高毒力肺炎克雷伯菌，其准确度均大于 95%。黏液丝试验结果显示，65 株 hvKP 中黏液丝试验阳性 50 株，86 株 cKP 中黏液丝试验阳性 7 株，其准确度为 85.43%。6 种荚膜血清型 k1/k2/k5/k20/k54/k57 联合检测，其准确度提高至 91.39%。CAS 双层琼脂蓝色培养基检测铁载体，在鉴定 hvKP 中其准确度为 90.72%。ERIC-PCR DNA 指纹图谱结果显示 hvKP 和 cKP 均呈现多样性。

**结论** 1.基因 aerobactin、prmpA、iucA 和 prmpA<sub>2</sub> 有望成为高毒力肺炎克雷伯菌鉴定的生物标志。2.采用 CAS 双层琼脂蓝色培养基检测铁载体，可为无 PCR 实验室的基层医院识别 hvKP 提供方法。

#### PU-0507

### NHE1 mediates 5-Fu resistance in gastric cancer via STAT3 signaling pathway

Haiping Zhang,Zhang Shaoyan ,Ren Rensheng,Chu Kaiqiu  
Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** Gastric cancer(GC) is the fifth most commonly diagnosed malignancy and the third leading cause of cancer-related death worldwide. For patients in advanced stage, 5-Fu is one of the principal agent in chemotherapy. However, the acquisition of resistance is a critical factor that limits the successful treatment. In the present study, we investigated the relationship between Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> exchanger isoform one(NHE1) and the chemoresistance of gastric cancer cells to 5-Fu and further explore its possible mechanism.

**Methods** We investigated the relationship between Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> exchanger isoform one(NHE1) and the chemoresistance of gastric cancer cells to 5-Fu and further explore its possible mechanism by cell culture, Construction of NHE1 expression vector and transfection,Cytotoxicity assay and Western blotting.

**Results** Our results showed that enhanced expression of NHE1 prompt 5-Fu resistance in gastric cancer cells via constitutive activation of signal transducer and activator transcription factor 3(STAT3) phosphorylation. Further investigations revealed that IL6/JAK/STAT3 signaling pathway was involved in NHE1 mediated 5-Fu resistance. Inhibiting NHE1 expression with EIPA significantly reverse the 5-Fu resistance, simultaneously with the down-regulation of pSTAT3.

**Conclusions** These new findings suggest that NHE1 may be potentially useful in predicting 5-Fu response and enable NHE1 as the selection of new candidates for improving 5-Fu therapeutic effects for gastric cancer patients.

## PU-0508

## 潜在输血需要住院患者 RhD 基因分型的检测效果与意义

李俊勋,张帆,叶壮健  
中山大学附属第一医院,510000

**目的** 调查潜在输血需要住院患者的 RhD 血型, 分析 RhD 阴性表型患者的 RhD 基因型及相应的错配输血几率。

**方法** 对 22105 例潜在输血需要的住院患者, 采用血清学方法(Technology of Serology)分析其 RhD 血清型,采用聚合酶链反应一序列特异性扩增技术 (Polymerase Chain Reaction- Sequence Specific Primer, PCR-SSP) 检测其中 76 例 RhD 阴性表型患者及同期 120 例 RhD 阴性表型供者的基因型, 统计 RhD 阴性表型的各基因型频率并分析潜在输血需要的住院患者在输入 RhD 阴性表型血液时的相应错配输血概率。

**结果** 76 例 RhD 血清型阴性患者中, 无 RhD 变异位点占 55.26%; 共发现 RhD 变异型 34 例 (44.74%), 包括 Del RhD1227A、RhD-CE(2-9)-D 及 Dva(Hus)三种类型。120 例血清型阴性的供者中, 除发现上述三种 RhD 变异性外, 尚发现 DVI(III)、D15、270A 及 710delC 各一例。预期患者在接受血清学 RhD 阴性血型的随机输血中, 与供者之间 RhD 基因型的错配率分别为: RhD 阴性型 41.67%, Del RhD1227A 型 15.00%, RhD-CE(2-9)-D 型 31.67%, Dva(Hus)型 40.00%。总体错配率为 32.48%。

**结论** PCR-SSP 能识别多种 RhD 血清学阴性的基因型; 单独靠血清学进行 RhD 表型分型指导临床输血可导致超过 30%的基因型错配率; PCR-SSP RhD 基因分型的临床应用将对揭示、预防和改善输血治疗中不明原因的输血反应有重要意义。

## PU-0509

## 铜绿假单胞菌 TTSS 相关毒力基因检测及耐药性分析

类承斌,张文  
淄博市中心医院,255000

**目的** 检测淄博地区 51 例铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*, Pa)临床分离株铜绿假单胞菌 TTSS 相关毒力基因存在情况, 并进行耐药性分析。

**方法** 用 ATB 系统 (生物梅里埃公司) 鉴定 Pa; PCR 法检测分离菌株 *exoU*、*exoS* 2 种毒力基因; 通过 K-B 纸片扩散法进行耐药性分析。

**结果** 51 例临床铜绿假单胞菌中, *exoU* 基因阳性 12 例 (23.5%), *exoS* 基因阳性 39 例 (76.5%), 无同时携带 2 种基因的菌株; 黏液型与非黏液型 Pa 菌株 2 种毒力基因的阳性率无显著性差异 ( $P > 0.05$ ); 携带 *exoU* 的 Pa 菌株对 12 种抗菌药物的耐药率均高于携带 *exoS* 菌株, 其中对亚胺培南、左氧氟沙星、哌拉西林/他唑巴坦的耐药率有显著性差异 ( $P < 0.05$ ); 回顾性分析 *exoU* 和 *exoS* 两组患者, *exoU* 组患者临床特征是多有气管插管史、ICU 住院史、抗感染治疗多采用联合用药, *exoS* 组的临床特征是多存在肺部基础疾病, 预后好于前者。

**结论** *exoU* 和 *exoS* 2 种基因在分离菌株中具有互斥性; 携带 *exoU* 的 Pa 菌株在分离菌株中所占比例较低, 但耐药率高于携带 *exoS* 的 Pa 菌株; *exoU* 组患者以铜绿假单胞菌感染居多, *exoS* 组患者以铜绿假单胞菌定植居多。

## PU-0510

**临床检验质量控制指标在评估标本采集质量中的应用**

类承斌,张文  
淄博市中心医院,255000

**目的** 采用临床检验质量控制指标评估淄博市中心医院高青院区标本采集质量, 制定相应改进措施。

**方法** 统计 2015 年 6 月~2016 年 2 月淄博市中心医院高青院区 152647 份检验标本的相关临床检验质量控制指标, 进行数据分析和信息反馈。

**结果** 2015 年 6 月~2016 年 2 月检验标本类型错误率、标本容器错误率、标本采集量错误率、血培养污染率、抗凝标本凝集率分别为 0.16%、0.13%、0.21%、1.49%、0.55%; 检验标本采集不合格原因有标本凝血、标本量不准确、标本容器错误、标本类型错误等。

**结论** 临床检验质量控制指标在评估标本采集质量方面, 能够起到较好的分析和反馈作用, 有助于标本采集质量的提高。

## PU-0511

**Targeting a LncRNA P5848-ENO1 axis inhibits tumor growth in hepatocellular carcinoma**

朱喜丹  
西南医科大学附属医院,646000

**目的** To explore the possible mechanisms for the relapse of HCC

**方法** LncRNA P5848, whose expression level was upregulated in tumor samples from HCC patients after radiofrequency ablation. As such, we speculated that LncRNA P5848 may play a role in tumor growth. Here we showed that LncRNA P5848, whose upregulation can lead to HCC cancer cell proliferation and migration. In vitro and in vivo overexpression of LncRNA P5848 promoted cell growth, cell survival, and cell invasion, whereas LncRNA P5848 depletion exerts opposite effects.

**结果** ENO1 was the target of LncRNA P5848. LncRNA P5848 upregulated the gene and protein expression level of ENO1, promoting tumor growth and cell survival. However, small interfering RNA mediated knockdown of ENO1 counteracted the effects of LncRNA P5848 on cancer cell growth, cell survival, and migration

**结论** Taken together, LncRNA P5848 promotes HCC development by upregulating ENO1, indicating that LncRNA P5848-ENO1 axis is a potential therapeutic target for the treatment of HCC.

## PU-0512

**HBeAg 定量与肝脏组织纤维化分期的相关性研究**

陈秀丽  
石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨血清 HBeAg 定量水平与肝脏组织纤维化分期的相关性, 评价 HBeAg 定量作为一个生物标志物诊断 CHB 患者肝纤维化的价值。

**方法** 选取 HBeAg 阳性慢性乙型肝炎 (Chronic hepatitis B, CHB) 患者 296 例作为研究对象, 根据血清 HBeAg 定量结果分为 HBeAg<100 PEIU/ml, HBeAg 100~1000 PEIU/ml, HBeAg>1000 PEIU/ml 三个亚组。所有患者均签署知情同意书, 在超声引导下进行肝穿刺病理活检, 肝活检当天采集血清标本, 采用郑州安图生物工程股份有限公司的化学发光免疫分析系统进行 HBeAg 定量检测, 记录患者肝脏纤维化分期结果和 HBeAg 定量并进行统计分析。

**结果** 296 例 HBeAg 阳性 CHB 患者中, 纤维化 S1、S2、S3、S4 期占比分别为 164/296 (55.4%)、76/296 (25.7%)、40/296 (13.5%)、15/296 (5.4%), 其中纤维化 S0 期患者 1 例不做统计。S2、S3、S4 期患者 HBeAg 定量显著低于 S1 期患者 ( $F=28.026$ ,  $P<0.001$ ); S4 期 HBeAg 定量低于 S2 期 ( $P<0.05$ )。随着肝脏组织纤维化程度的加重, HBeAg 定量水平呈现逐渐下降。Spearman 相关分析结果显示, HBeAg 定量水平与 HBeAg 阳性 CHB 患者肝脏组织纤维化程度之间存在显著负相关 ( $R=-0.575$ ,  $P<0.001$ )。HBeAg<100PEIU/ml 和 HBeAg>1000PEIU/ml 两个亚组中, 各肝纤维化分期的 HBeAg 定量水平之间差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 而  $100\leq\text{HBeAg}<1000\text{PEIU/ml}$  亚组中, S3、S4 期 HBeAg 定量水平显著低于 S1 期 ( $F=6.956$ ,  $P=0.002$ )。

**结论** HBeAg 阳性 CHB 患者的肝脏组织纤维化程度与血清 HBeAg 定量水平呈负相关, 肝纤维化程度越重, HBeAg 定量水平越低, 血清 HBeAg 定量有望成为判断肝纤维化程度的一项新的非创伤性诊断指标。

## PU-0513

### 肝脏组织炎症程度与血清 HBeAg 定量的相关性研究

陈秀丽

石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨肝脏组织炎症程度与血清 HBeAg 定量的相关性。

**方法** 选取 HBeAg 阳性慢性乙型肝炎 (Chronic hepatitis B, CHB) 患者 296 例作为研究对象, 根据血清 HBeAg 定量结果分为 HBeAg<100 PEIU/ml, HBeAg 100~1000 PEIU/ml, HBeAg>1000 PEIU/ml 三个亚组。所有患者均签署知情同意书, 在超声引导下进行肝穿刺病理活检, 根据慢性病毒性肝炎炎症活动度 (grade, G) 标准计分, 无炎症(G0); 汇管区炎症 (G1); 轻度 PN 或灶性坏死 (G2); 中度 PN (G3), 重度 PN 或桥接坏死 (G4)。肝活检当天采集血清标本, 采用郑州安图生物工程股份有限公司的化学发光免疫分析系统进行 HBeAg 定量检测, 所有检测结果进行统计分析。

**结果** 296 例 HBeAg 阳性 CHB 患者中, 炎症活动度 G1、G2、G3/G4 患者占比分别为 139/296(47%)、112/296(37.8%)、45/296(15.2%), 三组炎症分级间 HBeAg 定量水平有统计学意义 ( $P<0.001$ )。随着炎症严重程度的加重, 血清 HBeAg 定量水平逐渐降低。与轻度肝脏炎症 ( $\leq G1$ ) CHB 患者相比, 中度至重度肝脏炎症 ( $\geq G2$ ) 的患者血清 HBeAg 水平显著降低 ( $P<0.001$ )。三个亚组中 G1、G2、G3/G4 三组患者的 HBeAg 定量之间差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。Spearman 相关分析表明, HBeAg 定量与患者肝脏组织炎症程度之间存在显著负相关 ( $R=-0.513$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** HBeAg 阳性 CHB 患者中, 随着肝组织炎症程度的加重, 血清 HBeAg 定量水平逐渐降低, 两者呈显著负相关关系。

## PU-0514

## 中国西南地区慢粒患者 ABL 激酶区突变临床特征及分布分析

叶远馨,唐思诗,母璨,周燕虹,陆小军,应斌武,朱焕玲

四川大学华西医院,610000

**目的** 尽管慢性粒细胞白血病（CML）已有明确的靶向治疗药物，但耐药现象也随之出现。ABL 激酶区突变是 CML 患者对伊马替尼（IM）产生耐药的主要原因，可能由于突变导致空间构象改变，导致 IM 不能竞争性结合融合蛋白，最终导致耐药的发生，对于指导 TKI 类药物使用具有重要的意义。本研究旨在分析中国西南地区慢粒患者 ABL 激酶区突变分布情况并与临床特征进行分析，以指导临床慢粒的治疗。

**方法** 收集 2015 年 5 月至 2018 年 12 月在四川大学华西医院诊断为慢性粒细胞白血病，并进行了 ABL 激酶区突变检测患者 277 例。随访患者，收集临床信息，并与 ABL 激酶区突变情况进行分析。

**结果** 在 277 名患者中，共 78 人检测到突变，总体 ABL 激酶区突变率为 28.2%。其中，7 名患者存在两种以上突变，多重突变率占 2.53%。所有患者中共检测出 Y253H、V299L、T315I、T315A、F359V/C/L、E255K/V、F317V/I/C/L、E355G、Q300R 及缺失突变共 10 种不同突变。其中，以 T315I 突变最常见，人群突变率为 14.08%，占全部突变的 45.3%；其次为 E255K/V，人群突变率为 7.58%，占全部突变的 24.4%，缺失突变 1 例，最为少见。结合 BCR-ABL 结果分析，突变患者 BCR-ABL 相对定量结果更高， $p < 0.05$ 。在用药后复检病人中，5 例出现新发突变，占 16.7%。

**结论** 西南地区慢粒患者存在多种 ABL 激酶区突变，以 T315I 突变最常见，目前，用药前突变率已占四分之一以上，建议病人初诊时检测 ABL 激酶区突变以协助指导用药，且应注意用药可导致的新发突变。

## PU-0515

## 血清抗-HBc 定量与肝脏组织炎症程度的相关性研究

陈秀丽

石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨血清抗-HBc 定量与肝脏组织炎症程度的相关性。

**方法** 选取慢性乙型肝炎（Chronic hepatitis B, CHB）患者 625 例作为研究对象，其中 HBeAg 阳性（+）501 例，HBeAg 阴性（-）124 例。根据血清抗-HBc 定量检测结果分为抗-HBc  $< 20000$  PEIU/ml、抗-HBc 20000-100000 PEIU/ml、抗-HBc  $> 100000$  PEIU/ml 三个亚组。所有患者均签署知情同意书，在超声引导下进行肝穿刺病理活检，根据慢性病毒性肝炎炎症活动度（grade, G）标准计分。肝活检当天采集血清标本，采用郑州安图生物工程股份有限公司化学发光免疫分析系统进行抗-HBc 定量检测，所有检测结果进行统计分析。

**结果** 625 例慢性 HBV 感染者中，G1、G2、G3/G4 患者占比分别为 46.1%（288/625）、37.3%（233/625）、16.6%（104/625），三组炎症分级间抗-HBc 定量比较差异显著（ $P < 0.001$ ）。抗-HBc  $< 20000$  PEIU/ml 组中，G2、G3/G4 组抗-HBc 水平高于 G1 组，但是仅 G2 组与 G1 组抗-HBc 水平之间有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；抗-HBc  $> 100000$  PEIU/ml 组中，G3/G4 组抗-HBc 水平显著高于 G1 组、G2 组（ $P < 0.05$ ）；抗-HBc 20000-100000 PEIU/ml 组中，各炎症分级间抗-HBc 定量比较均无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。HBeAg（+）患者 G1、G2、G3/G4 三组间抗-HBc 定量水平比较差异显著（ $F=81.417$ ,  $P < 0.001$ ）。HBeAg（-）患者 G2、G3/G4 组抗-HBc 定量水平显著高于 G1 组（ $P < 0.05$ ），但是三个亚组各炎症分级的抗-HBc 定量水平之间差异均无统计学意义。

( $P > 0.05$ )。Spearman 相关分析结果显示, 血清抗-HBc 水平与肝组织炎症分级呈显著正相关 ( $R=0.598$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 血清抗-HBc 定量水平与肝组织炎症分级呈现正相关, 根据血清抗-HBc 定量水平来确定肝脏组织炎症等级, 对于诊断慢乙肝患者疾病进展、预后判断、抗病毒治疗及其疗效监测等很有价值。

## PU-0516

### 慢粒患者两种 ABL 激酶区突变检测方法的比较

叶远馨,周易,唐诗诗,周燕虹,陆小军,应斌武,朱焕玲  
四川大学华西医院,610000

**目的** 尽管慢性粒细胞白血病 (CML) 已有明确的靶向治疗药物, 但耐药现象也随之出现。BCR-ABL 激酶区突变是 CML 患者对伊马替尼 (IM) 产生耐药的主要原因, 可能由于突变导致空间构想改变, 导致 IM 不能竞争性结合融合蛋白, 最终导致耐药的发生。因此, ABL 激酶区检测对于指导 TKI 类药物使用具有重要的意义。直接测序法是当前临床工作中 ABL 激酶区突变的常规方法, 然而, 由于测序较繁琐、技术要求高、设备要求高, 不利于广泛推广。本研究旨在对比 ABL 激酶区检测中, 特异引物 PCR 法与直接测序法的差异, 以期寻找简单快捷更易推广的检测方法。

**方法** 收集 2015 年 5 月至 2018 年 12 月在四川大学华西医院诊断为慢性粒细胞白血病, 并进行了 ABL 激酶区突变检测患者 147 例。同时采用特异引物 PCR 法及直接测序法进行 ABL 激酶区检测, 验证特异引物 PCR 法的检测效能。

**结果** 在 147 例患者中, 测序法 42 人阳性, 总体 ABL 激酶区突变率为 28.6%; 特异引物法中, 40 例阳性, 突变率为 27.2%; 与测序法相比, 特异引物法敏感性达 95.23%, 特异性 100%。有一例缺失突变及一例 Q300R 突变未能检测到。另外, 一例测序法显示 T315A 突变, 特异引物法检测显示 T315I 突变。

**结论** 特异引物实时荧光定量 PCR 法能较好的满足 ABL 激酶区突变检测要求, 虽然由于引物设计, 存在一定局限性, 但主要位点的检测可满足临床需求。由于操作相对简单, 设备要求也相对较低, 且费用较低, 仍然有较好的推广价值。

## PU-0517

### Genomics and bioinformatics analysis of IncC resistance plasmids

Erhei Dai  
the fifth hospital of shijiazhuang

**Objective** To perform detailed genomic and bioinformatic characterizations of eleven fully sequenced IncC resistance plasmids, capable of spreading across taxonomic borders, which can provide molecular basis for the treatment of clinical infectious diseases.

**Methods** The complete nucleotide sequences of eleven IncC resistance plasmids from *Klebsiella pneumoniae* and *Enterobacter cloacae* were determined through high-throughput genome sequencing, then a genomic and bioinformatic comparison of these sequenced plasmids with two available plasmids (type 1 IncC reference plasmid pR148 and type 2 IncC reference plasmid pR55), and phylogenetic analysis were performed. Plasmid transfer, CarbaNP test of carbapenemase activity, and bacterial antimicrobial susceptibility test were performed to characterize resistance phenotypes mediated by these plasmids.

**Results** These plasmids carried conserved IncC backbones composed of repA (replication), parAB (partition), tra1, and tra2 (conjugal transfer), of which the sequences within or between two types IncC plasmids were in little variation. There are four key differences in backbone that can

further divide IncC plasmids into two subgroups type 1 and type 2. These are two small segments, designated i1 and i2, found in type 2 plasmids rather than type 1 and two genes of substitution (orf1832 in type 1 or orf1847 in type 2 and rhs1 in type 1 or rhs2 in type 2). In addition to rhs1, orf1832 characteristic of type 1, p205880-Ct1, p427113-Ct1, pKpn47-Ct1 and p11935-Ct1 still carried the i2 insert characteristic of type 2, which might result from homologous recombination between type 1 and type 2 backbones. Further comparative genomics of all these thirteen plasmids revealed that integration of a number of accessory modules, through horizontal gene transfer, at various sites of IncC backbones resulted in various deletions of surrounding backbone regions and thus considerable diversification of IncC backbones. Three major accessory resistance regions, which included Tn6538 carrying bla<sub>CMY-2</sub> and two antibiotic resistance islands designated ARI-A and ARI-B, were found in more than four of these thirteen plasmids and exhibited several parallel evolution routes. These two islands ARI-A and ARI-B were inserted within orf240 and upstream of orf312 of IncC backbones, respectively, and carried distinct profiles of antimicrobial resistance markers in different plasmids. Besides, most of type 2 IncC plasmids, including pR55, pT5282-Ct2, p24845-Ct2, pA1763-Ct2 and p397108-Ct2, harbored other resistance accessory modules such as Tn6187, MDR region, Tn1696-related region and Tn6558. Among the accessory modules, only ARI-B, containing a novel transposon Tn6395 and a novel integron In2-76 in this study, was found in the same position in both type 1 and type 2 plasmids. The carbapenemase genes bla<sub>KPC</sub>, bla<sub>NDM</sub> and bla<sub>OXA</sub> were identified within IncC plasmids, which could be transferred into *Escherichia coli* via conjugation and electroporation.

**Conclusions** Complex rearrangement, homologous recombination and integration events have occurred during evolution of IncC plasmids, making these plasmids significantly differ modularly from each other with respect to both plasmid backbone and exogenous resistance regions. The broad host range IncC plasmids are important contributors to the spread of key antibiotic resistance.

## PU-0518

### ALKBH5 inhibits human extravillous trophoblast motility in vitro

Yuan Qian, Zhiyi Zhou, Xiao Juan Li, Guoqing Jiang  
the first Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, China

**Objective** Emerging reports suggest that ALKBH5 regulate multiple disease pathogenesis. However, the mechanisms and functions of ALKBH5 in preeclampsia remain unknown. This study aim to explore the effects of ALKBH5 in migration and invasion of trophoblast cells.

**Methods** The cloning vector (pEX-1-ALKBH5) and pEX-1-control vector were transfected into HTR cells, determining the optimal transfection concentration by RT-qPCR. after over-expression of ALKBH5, invasion assay was performed to examine the migration and invasion of HTR cell, western blot were used to detected levels of EMT markers, MMP9 and FOXM1.

**Results** We found transfection of pEX-1-ALKBH5 could obviously inhibit HTR cells migration and invasion. The epithelial marker was increased, while the mesenchymal markers and MMP9 were decreased. Besides, over-expression of ALKBH5 could decrease FOXM1 levels.

**Conclusions** Our results have demonstrated a novel mechanism by which ALKBH5 inhibits HTR cells, which may play an important role in the occurrence and development of preeclampsia, and FOXM1 maybe its target.



PU-0519

## 抗-HBx 及细胞因子在慢性乙型感染者中的表达及临床意义分析

陈锡莲

烟台市传染病医院,264000

**目的** 探讨乙型肝炎患者外周血中抗-HBx 蛋白和细胞因子 TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-12 表达水平。

**方法** 选择慢性乙型肝炎病毒携带者 60 例 (ASC 组), 慢性乙型肝炎患者 60 例 (CHB 组), 肝硬化患者 60 例 (LC 组), 肝癌患者 60 例 (HCC 组), 健康对照者 60 例 (Control 组), 采用酶联免疫法检测抗-HBx、TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-12 表达水平, 实时荧光定量 PCR 法检测 HBV DNA 载量。

**结果** 与健康对照组比较, 慢性 HBV 感染者 ASC 组、CHB 组、和 LC 组和 HCC 组外周血 TNF- $\alpha$ 、IL-4 和 IL-12 水平均显著升高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。与 HCC 组相比, ASC 组和 CHB 组外周血抗-HBx 水平和 IL-12 水平均显著升高 ( $P < 0.01$  或  $P < 0.05$ )。HCC 组外周血抗-HBx、TNF- $\alpha$  和 IL-4 水平与 HBV DNA 载量均呈负相关 ( $r = -0.408, -0.348, -0.373$ ;  $P < 0.01$  或  $P < 0.05$ )。

**结论** 抗-HBx 蛋白亦从另一方面反映了 HBV X 基因在乙肝相关肝癌发生发展过程中有一种独特的作用机制, 细胞因子水平均显著升高, 说明慢性 HBV 感染者均存在不同程度的免疫炎症反应。

PU-0520

## Identification of Potentially Functional CircRNA-miRNA-mRNA Regulatory Network in preeclampsia by RNA-seq Analysis

Yuan Qian, Zhiyi Zhou, Xiao Juan Li, Guoqing Jiang

the first Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, China

**Objective** Emerging evidence has shown that some circRNA play an important roles in various diseases. However, there is little known about the regulatory mechanism of circRNA in preeclampsia (PE). The aim of this paper is to analyze the circRNA-miRNA-mRNA expression network and potential roles in PE.

**Methods** we detected the circRNA and mRNA expression profiles in placental tissue by RNA sequencing and constructed a differentially expressed circRNA-miRNA-mRNA triple network. The functions of differentially expressed genes were analyzed by Gene Ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG).

**Results** We identified 89 dysregulated circRNAs and 389 mRNAs in this study. Then, we constructed a differentially expressed circRNA-miRNA-mRNA network consisting with 78 circRNAs, 188 mRNAs, and 1,693 edges. Consequently, we found three circRNA (hsa\_circ\_0000294, hsa\_circ\_0005167 and hsa\_circ\_0005168) were closely associated with PE. Furthermore, the results of GO and KEGG showed target mRNAs were enriched in immune processes.

**Conclusions** The present study focused on PE circRNA-miRNA-mRNA regulatory networks, and provided some novel circRNA might play key roles in the development of PE as well as acted as novel biomarkers of PE.

## PU-0521

## 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub> promotes HTR cells Motility by Decreasing miR-21 Expression

Yuan Qian<sup>1,2,3</sup>, Zhiyi Zhou<sup>1</sup>, Xiao Juan Li<sup>1</sup>, Guoqing Jiang<sup>1</sup>

1. the first Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, China

2. Yunnan Key laboratory of Laboratory Medicine

3. Yunnan Institute of Experimental Diagnosis

**Objective** Pre-eclampsia is a pregnancy-specific disease that seriously threatens maternal and perinatal healthy. It to a large extent results from insufficient trophoblastic infiltration. Mounting evidence suggest that microRNA disregulated and vitaminD insufficient in placenta and serum of pregnancy women with preeclampsia. MiR-21, one of the common dysregulated miRNAs in cancer, has critical roles in cancer pathogenesis. In this study, we aim to explore the potential migration/invasion effect of miR-21 and 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub> on trophoblast in vitro.

**Methods** Firstly, we detected the vitaminD and miR-21 levels in placenta tissues of patients with PE. Then we used RT-qPCR to detect the miR-21 expression after cells were treated with 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub>. After miR-21 mimic/inhibitor and their negative control were transfected into cells alone, or combine with 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub>, transwell assay explore its role in migration and invasion, western blot assessed VDR, CYP27B1, MMP9 and EMT marker expression.

**Results** Compared with control, vitaminD was deficient and miR-21 was up-regulated in women with PE. 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub> could downregulated miR-21 expression in HTR cells. Besides, we found over-expression miR-21 inhibited migration and invasion in HTR cells, however, 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub> could attenuate this inhibition.

**Conclusions** Our results have revealed a novel mechanism by which 1,25(OH)<sub>2</sub>D<sub>3</sub> inhibits trophoblast cells motility through downregulate miR-21, identifying a potential therapeutic target for preeclampsia.

## PU-0522

## Integrated analysis of differentially expressed profiles and construction of a long non-coding RNA-mRNA network in pre-eclampsia

Yuan Qian<sup>1,2,3</sup>, Xiao Juan Li<sup>1</sup>, Zhiyi Zhou<sup>1</sup>, Guoqing Jiang<sup>1</sup>, Yong Duan<sup>1,2,3</sup>

1. the first Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, China

2. Yunnan Key laboratory of Laboratory Medicine

3. Yunnan Institute of Experimental Diagnosis

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) acting as competing endogenous RNAs (ceRNAs) play significant roles in the development of preeclampsia. However, the specific lncRNAs and related mRNA networks' function have not been fully clarified.

**Methods** The lncRNAs and mRNAs expression profile was analyzed in placenta tissues by RNA sequencing. The significant differential expressions of representative lncRNAs and their interacting mRNAs were identified from 3 pairs of normal pregnant and pre-eclampsia women placenta samples. Then we executed Gene Ontology (GO) analysis and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analysis for differentially expressed (DE) genes. Also, a lncRNA-mRNA network was constructed by bioinformatics approaches to identify molecular pathways. Finally, the functional lncRNA-mRNA regulatory modules were constructed using Cytoscape.

**Results** A total of 29 specific lncRNAs, and 389 specific mRNAs were identified (absolute log<sub>2</sub> [fold change] >1, P value < 0.005). The GO enrichment analysis results showed that different

expression mRNAs were mainly enriched in immune response, regulation of metabolic process, skeletal muscle tissue development and immune effector process. KEGG pathway analysis resulted that the significant pathways mainly associated with metabolism, immune system and adherens junction. We mapped 389 differentially expressed mRNAs and 29 differentially expressed lncRNAs into the network to identify the coexpression relationships between them. Then the degree, betweenness centrality and closeness centrality of all different expression genes were calculated. Our findings implied that lncRNA(TINCR), mRNA (NR4A1, ESRRG and SCNN1B) were identified to be highly correlated with the pathogenesis of pre-eclampsia.

**Conclusions** This study suggests that a specific lncRNA-mRNA network is associated with the pathogenesis of pre-eclampsia. The hub differentially expressed lncRNAs and mRNAs might work for the identification of molecular biomarkers and therapeutic targets for pre-eclampsia.

## PU-0523

### HOTAIR 上调 miR-152 靶向调控 HLA-G 的生物信息作用预测与验证

钱源<sup>1,2,3</sup>, 李晓娟<sup>1</sup>, 周芝熠<sup>1</sup>, 王珏<sup>1,2,3</sup>, 蒋国庆<sup>1</sup>

1. 昆明医科大学第一附属医院

2. 云南省检验医学重点实验室

3. 云南省内设研究机构实验诊断研究所

**目的** 预测并验证 HOTAIR 通过上调 miR-152 对 HLA-G 的靶向调控作用。

**方法** 利用生物信息学网站及软件预测 has-miR-152-3P 靶向结合 HOTAIR 和 HLA-G 3'UTR 区的结合位点, 设计合成包含与 has-miR-152-3P 结合序列及其突变序列的 HOTAIR 和 HLA-G 基因片段, 并构建 HOTAIR 和 HLA-G 野生型和突变型双荧光素酶报告基因载体。进行双酶切电泳和测序鉴定后, HOTAIR 和 HLA-G 野生型与突变型双荧光素酶报告基因载体分别与 has-miR-152-3P 模拟物 (mimics) 和 microRNA 无义序列阴性对照 (mimic-NC) 共转染 HTR-8/SV40 细胞, 检测荧光素酶活性, 观察 has-miR-152-3P 对 HOTAIR 和 HLA-G 表达的影响。

**结果** 双酶切电泳和测序结果显示, 野生型和突变型 HOTAIR 和 HLA-G 基因载体片段大小、序列结果与实验预期一致, 载体构建成功。转染 miR-152 mimics 后的 HOTAIR 及 HLA-G 野生型荧光素酶活性显著降低 ( $P < 0.05$ ), 而对突变型 HOTAIR 和 HLA-G 载体的荧光素酶表达无抑制作用 ( $P > 0.05$ )。

**结论** HOTAIR 通过上调 miRNA-152 靶向调控 HLA-G。

## PU-0524

### 两种抗双链 DNA 抗体检测方法对系统性红斑狼疮诊断价值的比较

巫翠云

海口市人民医院/中南大学湘雅医学院附属海口医院, 570100

**目的** 分析比较酶联免疫吸附试验 (ELISA) 和免疫印迹法两种方法检测抗双链 DNA (dsDNA) 抗体对系统性红斑狼疮 (SLE) 的诊断价值

**方法** 选取 2016 年 6 月至 2018 年 3 月来我院就诊的 SLE 患者 143 例, 以及同期其它自身免疫病 (AID) 患者 39 例和健康体检者 30 例。分别采用两种方法检测其血清抗 dsDNA 抗体, 比较两种方法的灵敏度与特异度。

**结果** ELISA 和免疫印迹法检测抗 dsDNA 抗体的灵敏度和特异度分为 79.7%和 93%、51%和 91.3%。两种方法检测 SLE 患者的结果有显著差异( $P < 0.01$ ), 且一致性较差。

**结论** ELISA 方法检测抗 dsDNA 抗体的敏感性、特异性均较免疫印迹法更高。

## PU-0525

### 血清 AFP、TK1 及 GP73 检测对早期原发性肝癌的诊断价值

张善虎

山东省莘县人民医院,252000

**目的** 探讨血清甲胎蛋白 (AFP)、胸腺激酶 1 (TK1) 及高尔基体糖蛋白 (GP73) 联合检测对早期原发性肝癌的诊断价值。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月至 2019 年 1 月我院收治的早期原发性肝癌患者 80 例,作为原发性肝癌组;同期选择良性肝病组 80 例,作为良性肝病组;另选择同期在我院接受体检的健康志愿者 80 例作为对照组。比较三组血清甲胎蛋白 (AFP)、胸腺激酶 1 (TK1) 及高尔基体糖蛋白 (GP73) 的水平,同时比较各组差异,并分析其与早期原发性肝癌的相关性,应用 Logistic 回归分析各指标的的诊断价值并应用 ROC 曲线分析血清甲胎蛋白 (AFP)、胸腺激酶 1 (TK1) 及高尔基体糖蛋白 (GP73) 及联合检测诊断早期原发性肝癌的效能。

**结果** 原发性肝癌组、良性肝病组及对照组血清 AFP 分别为 ( $54.18 \pm 11.52$ )  $\mu\text{g/L}$ 、( $5.61 \pm 1.38$ )  $\mu\text{g/L}$ 、( $1.52 \pm 0.35$ )  $\text{ng/ml}$ , 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 原发性肝癌组、良性肝病组及对照组血清 TK1 分别为 ( $4.89 \pm 1.14$ )  $\text{pmol/L}$ 、( $1.62 \pm 0.48$ )  $\text{pmol/L}$ 、( $1.13 \pm 0.69$ )  $\text{pmol/L}$ , 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 原发性肝癌组、良性肝病组及对照组血清 GP73 分别为 ( $239.85 \pm 146.13$ )  $\mu\text{g/L}$ 、( $182.32 \pm 25.18$ )  $\mu\text{g/L}$ 、( $48.69 \pm 5.16$ )  $\mu\text{g/L}$ , 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 联合检测诊断早期原发性肝癌诊断效能 ( $\text{AUC} = 0.956$ ,  $95\% \text{CI}: 0.913 \sim 0.998$ ) 高于 AFP ( $\text{AUC} = 0.854$ ,  $95\% \text{CI}: 0.731 \sim 0.918$ )、TK1 ( $\text{AUC} = 0.826$ ,  $95\% \text{CI}: 0.800 \sim 0.952$ ) 和 GP73 ( $\text{AUC} = 0.809$ ,  $95\% \text{CI}: 0.594 \sim 0.824$ )。

**结论** 血清血清甲胎蛋白 (AFP)、胸腺激酶 1 (TK1) 及高尔基体糖蛋白 (GP73) 水平在早期原发性肝癌呈明显增高,且 3 种指标联合检测对于早期原发性肝癌的诊断更具有重要意义

## PU-0526

### DQA1\*03 基因单核苷酸多态性与中国西部藏族人群结核易感性研究

周汶静

四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨中国西部地区藏族人群 DQA1\*03 基因多态性位点与结核病易感性的关系。

**方法** 收集 488 例藏族结核病人和 454 例藏族健康对照,采用 MassARRAY 质谱分析法对 DQA1\*03 基因的 5 个 SNPs 位点 (rs1048023, rs12722072, rs1064944, rs9469220, rs9272346) 进行基因分型。应用 SPSS 20.0 和 PLINK 1.07 软件计算目标 SNPs 的基因型及等位基因频率的分布,并对有统计学差异的突变位点进行遗传模型分析 (共显性,显性,隐性模型)。

**结果** 所有 SNPs 位点在病例组与对照组的频率分布均符合 Hardy-Weinberg 平衡。rs9469220 在病例组和对照组中的基因型和等位基因分布差异有统计学意义 ( $P = 0.004$ )。相较于野生型等位基因 A, 突变等位基因 G 可能增加藏族人群患结核病的风险 ( $\text{OR} = 1.360$ ,  $95\% \text{CI}: 1.132 \sim 1.481$ ,  $P = 0.003$ )。该位点的共显性遗传模型 AA/GG, 显性遗传模型 AG+AA/GG 及隐性遗传模型

GG/AA+GG 都显示出与高结核病发病风险相关(P 值分别为 0.003, 0.020, 0.004, OR 值分别为 2.31, 1.33, 2.15)。其余 4 个 SNPs 位点的基因型频率与等位基因频率分布在两组中相似, 差异无统计学意义(P 均 > 0.05)。

**结论** DQA1\*03 基因 rs9469220 与中国西部地区藏族人群结核病的发生相关, DQA1\*03 基因可能属于结核病的易感基因。

## PU-0527

### 原发性与继发性不孕症患者人乳头状瘤病毒感染状况分析

高元元

徐州市中心医院,221000

**目的** 了解原发性与继发性不孕症患者人乳头状瘤病毒(HPV)的感染状况、亚型分布

**方法** 采集 2017-2018 年 101 例原发性、104 例继发性不孕症患者及 315 例健康体检者宫颈脱落细胞, 应用流式荧光杂交技术检测 HPV27 种亚型(低危亚型 10 种、高危亚型 17 种)。

**结果** 不孕症患者 HPV 总感染率高于对照组(19.5% vs 17.8%,  $P>0.05$ )。单一感染率高于多重感染(15.1% vs 4.4%,  $P<0.05$ )。共检出 20 种型别, 高危亚型累积感染率高于低危亚型(75.5% vs 24.5%,  $P<0.05$ )。以 HPV52、16、35 型为主。继发性不孕症患者 HPV 感染率高于原发性不孕症(23.1% vs 15.8%,  $P>0.05$ )。继发组检出 15 种 HPV 型, 高危型累积感染率高于低危型(71.9% vs 28.1%,  $P<0.05$ )。以 HPV35、16、58 型为主; 原发组检出 10 种 HPV 型, 高危型累积感染率亦高于低危型(80.0% vs 19.0%,  $P<0.05$ )。以 HPV52、18、33 型为主。

**结论** HPV 感染与女性不孕症存在一定相关性, 与继发性不孕症的关系可能更为密切, 可建议对不孕症患者进行 HPV 筛查。

## PU-0528

### 急诊化验室血钾危急值的质量控制

李文梯

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨血钾危急值涉及的检验前、中、后的质量控制。

**方法** 统计 2017 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日期间郑州大学第一附属医院急诊化验室检测的血钾危急值, 统计危急值通报率、危急值通报及时率、危急值临床确认时间及危急值假阳性率等指标。

**结果** 血清钾危急值的界限为低钾危急值 $\leq 2.50\text{mmol/L}$ , 高钾危急值 $\geq 6.50\text{mmol/L}$ , 本年度共报告出血清钾 132225 个测试, 血钾危急值 2277 个, 血钾危急值的报出率为 1.72%, 高血钾危急值 694 例, 低血钾危急值 1583 例, 危急值通报率 100%, 危急值通报及时率 99.8%, 危急值临床确认时间 $\leq 30$  分钟的为 82.3%, 30 到 60 分钟的为 6.04%, 大于 60 分钟的为 11.66%, 危急值假阳性率 2.98%, 血钾危急值患者中 2166 位住院患者, 111 位门诊患者, 高血钾最多的科室是: 肾病科, 低血钾最多的科室是消化科, 危急值假阳性的原因主要是血常规管内血液倒到生化管内和溶血造成的高血钾。溶血患者所在的科室主要是新生儿科与儿科。

**结论** 血钾危急值临床确认时间有 17.7% 大于 30 分钟, 需要与临床沟通确认时间长的原因, 是否为危急值设置不合适或者危急值未根据病种来设置, 以此来持续改进。危急值假阳性率较高, 原因在检验前抽血环节, 需要在检验前加强质量控制, 对护理人员进行培训, 禁止将血常规管内的血倒到血常规管内, 降低血钾危急值的假阳性率。

PU-0529

## 免疫胶体金技术对临床诊断的价值

常艳红

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 探讨免疫胶体金法比传统的酶联免疫吸附法在临床诊断上的优点。

**方法** 用免疫胶体金试剂盒和应用酶联免疫吸附法的试剂盒同时检测 HBsAg。

**结果** 1.大大缩短出结果时间,快捷方便。免疫胶体金试剂盒一般 1~2min 内就能出结果,而酶联免疫吸附法则需要 2 个小时出结果。2.灵敏准确,结果受外因影响较少。用胶体金法和酶免的方法同时检测 HBsAg,两者的符合率高达 99%。由于胶体金标记蛋白质是一种物理结合过程,结合牢固,很少引起蛋白质活性的改变,所以实际非常稳定,不受温度等外界因素的影响,可在室内甚至野外进行检测,实验结果可以长期保存。3.安全简便,不需要任何仪器设备。由于胶体金本身具有颜色,比酶免省去了加显示剂和终止的步骤,也不用通过酶标仪进行判读。大大简化了操作。4.成本低廉,所需试剂和样本量少。胶体金法只需 1~2 $\mu$ L 血清即可,而酶免则需要 75 $\mu$ L 血清才能进行检测。胶体金法还可以单个样本进行检测,使成本大幅度下降。

**结论** 此方法可以应用在妇女妊娠检测系列、药物滥用监测系统、疾病相关蛋白检测系列、病原体抗原或抗体监测系列等。并且免疫胶体金快速诊断技术的无污染、便捷、灵敏、安全,不仅更适应与未来环保型社会,而且利于家居、野外检测或作为军事用途,尤其对生物武器的检测有着相当大的应用前景。

PU-0530

## 不同稀释液介质及稀释比例对血清 $\beta$ 2-微球蛋白浓度测定的影响

陆晓岚<sup>1</sup>,陈志强<sup>2</sup>

1.苏州沧浪医院

2.苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨不同稀释介质及稀释比例对血清  $\beta$ 2-微球蛋白浓度( $\beta$ 2-microglobulin,  $\beta$ 2-MG)的影响。

**方法** 选取 30 例终末期肾病(End stage renal disease, ESRD)患者聚醚砜膜血液透析前血清标本,采用 MAGLUMI4000 化学发光免疫分析仪检测  $\beta$ 2-MG,其报告结果均覆盖线性范围之外,每例样本分别使用仪器配套缓冲液、小牛血清、低值血清和生理盐水作为稀释介质,进行手工 1:2、1:3、1:4、1:5 及 1:10 稀释后上机检测,换算最终浓度,重复检测 3 次,取其均值,比较不同稀释液及稀释比例  $\beta$ 2-MG 检测结果与原始值之间的差异。

**结果** 仪器配套缓冲液组、生理盐水组,不同比例稀释后  $\beta$ 2-MG 最终浓度均显著高于原始值( $P < 0.01$ );小牛血清组,1:2、1:3 和 1:4 稀释后  $\beta$ 2-MG 最终浓度与原始值差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),1:5 及 1:10 稀释后  $\beta$ 2-MG 最终浓度显著高于原始值( $P < 0.01$ );低值血清组,1:2 及 1:3 稀释后  $\beta$ 2-MG 最终浓度与原始值差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),1:4、1:5 及 1:10 稀释后  $\beta$ 2-MG 最终浓度显著高于原始值( $P < 0.01$ )。

**结论** 仪器配套缓冲液和生理盐水不宜作为 MAGLUMI4000 测定高浓度  $\beta$ 2-MG 的稀释介质;当稀释倍数低于等于 1:3 时,低值血清可作为 MAGLUMI4000 测定高浓度  $\beta$ 2-MG 的稀释介质;当稀释倍数低于等于 1:4 时,小牛血清可作为 MAGLUMI4000 测定高浓度  $\beta$ 2-MG 的稀释介质。

PU-0531

## 结直肠肿瘤患者血浆 MDSCs 来源外泌体检测方法的建立

王运刚,郭乃洲,邵可可,崔蕾蕾,胥琳琳,郑雨,袁俊,马达  
盐城市第一人民医院(南通医学院第四附属医院),224000

**目的** 建立结直肠肿瘤患者血浆 MDSCs 来源外泌体的检测方法

**方法** 收集 EDTA 抗凝的结肠癌患者全血标本,分离血浆;加入 2.5 ml 的凝血酶,孵育,离心,收集上清;上清中加入 ExoQuick™ 试剂抽提,制备的人血浆 exosomes;微珠负载人血浆 exosomes;抗人 CD33<sup>+</sup> 单克隆抗体孵育,洗涤;流式细胞仪分选 CD 33<sup>+</sup> 微珠;释放 exosomes,检测免疫抑制功能;裂解 exosomes,ELISA 检测 CD63 含量;统计学分析结直肠癌患者与健康受试者血浆 CD 33<sup>+</sup>exosomes 水平差异。

**结果** 成功从结直肠癌患者血浆分离出 CD33<sup>+</sup>exosomes;CD33<sup>+</sup>exosomes 具有免疫抑制功能;结直肠癌患者血浆 CD 33<sup>+</sup>exosomes 水平较健康受试者显著增加。

**结论** 建立结直肠癌患者血浆 MDSCs 来源 exosomes 的检测方法,其含量在结直肠癌患者血浆中显著增加。

PU-0532

## Distribution of bacteria and its impact on semen parameters in infertile semen

weizheng zhang  
Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** Semen analysis is considered as the valid diagnostic criteria for the assessment of infertile men. Many factors, including bacteria infection, have been identified as the reasons for altered semen quality. However, the impact of bacteriospermia on semen is largely unknown. Therefore, our study aims to investigate the isolation rate and distribution of bacteria among male infertile patients and its impact on semen quality.

**Methods** The bacterial culture were performed from semen samples of 408 infertile patients by standard bacteriological techniques. The semen parameters analysis was evaluated according to WHO guidelines.

**Results** A total of 195 strains of bacteria were isolated and the prevalence was 47.79 %, including G<sup>+</sup> bacteria (68.21%) and G<sup>-</sup> bacteria (28.71%). Streptococcus agalactiae (21.54%) was the most common isolated organism followed by Escherichia coli (16.41%), Coagulase negative staphylococcus (10.26%) and Enterococcus faecalis (8.21%). Particularly, the isolation rate of Corynebacterium glucuronolyticum (C. glucuronolyticum) and Gardnerella vaginalis was 6.15% and 13.85%, respectively. More importantly, several semen parameters such as survival rate, morphology, deformity index, total activity, progressive motility and concentration were altered in bacteriospermia groups (P<0.05 ). Notably, the semen concentration in Corynebacterium glucuronolyticum group was obviously decreased compared to other groups (P <0.01 ).

**Conclusions** The prevalence of bacteriospermia is grievous and the infection of G<sup>+</sup> bacilli shows an obvious rising trend. The presence of bacteriospermia may damage semen morphology, motion quality and ability. Our findings may have implications for developing advisable treatment in male infertility.

PU-0533

## 自体输血的应用分析及研究进展

何耀宗

广东省中医院,510000

自体输血是指采集患者自身的血液或血液成分,以满足本人手术或紧急情况下需要的一种输血疗法。自体输血包括三种方式,即预存式、稀释式及回收式。近年来,自体输血发展迅速,已有相当一部分异体输血被自体输血所取代,其在临床上的应用范围越来越广。与异体输血相比,自体输血能够降低输血传播疾病、同种异体免疫性输血反应和免疫抑制等风险,同时还能较好地缓解医院血源紧张。对此,本文通过分析几种类型的自体输血的特点,对自体输血在临床上的应用与研究进展进行探讨。

PU-0534

## 血小板抗体研究进展

高云龙

广东省中医院,510000

血小板是由骨髓造血组织中的巨核细胞分裂产生并参与止血、凝血过程以及维持毛细血管壁完整性的一种血液有形成分,血小板膜糖蛋白(GP)与细胞外基质蛋白间的相互作用对血小板发挥功能起着至关重要作用。血小板尤其是机采血小板目前已广泛应用于血液病及实体肿瘤等所致血小板功能障碍、数量减少引起的出血性疾病,以恢复患者机体正常的止血和凝血功能

PU-0535

## 胃幽门螺杆菌感染及中医治疗的研究进展

晁艳

广东省中医院,510000

幽门螺旋杆菌(*Helicobacter pylori*, H.pylori)是目前为止在人类胃里发现的唯一细菌,大量研究结果表明感染与慢性胃炎、消化性溃疡、胃癌、胃粘膜相关淋巴组织淋巴瘤的发病均密切相关。西药根除 H.pylori 效果肯定,但其耐药性、毒副作用、肠道菌群紊乱、复发率高等问题是临床工作者共同面对的难题。目前中医对于感染从各个角度进行了研究,对其病机、证候、相关舌象、中医药治疗等方面都有了深刻的认识,并在治疗感染上取得了好的效果。故本文对 H.pylori 感染及中医有关的文献进行综述分析。



## PU-0536

## Development of a Candidate Reference Measurement Procedure for the Determination of Glycocholic acid in Human Serum Using Isotope-Dilution Liquid Chromatography-Tandem Mass Spectrometry

Jun Yan

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** Glycocholic acid (GCA) is an important identified biomarker for hepatobiliary diseases. The results obtained from clinical routine methods varied significantly. There are no reports about the established reference measurement procedure (RMP) for GCA measurement. Thus, a critically evaluated RMP to which routine methods could be traceable is highly desirable.

**Methods** GCA measurement in serum samples using isotope dilution coupled with liquid chromatography-tandem mass spectrometry (ID-LC-MS/MS) method was firstly developed. Serum samples spiked with GCA-d4 were extracted with protein precipitation. GCA and GCA-d4 negative ions were detected using the specific transitions  $m/z$  464.4→74.0 and 468.4→74.0, respectively. Performance of the candidate RMP was fully validated. Forty-three serum samples were applied for method comparison.

**Results** Excellent linearity coefficients ( $R^2=1.000$ ) were obtained in wide concentration range of 0.039-40  $\mu\text{g/mL}$ . The lowest limit of detection (LLoD) and lowest limit of quantification (LLOQ) was 0.01 ng/mL and 0.05 ng/mL, respectively. The intraassay, interassay, and total CVs were below 1.39%, 2.01%, and 2.14% for three levels samples. Good Recoveries (98.0-100.9%) were achieved at five spiked levels. No interference, matrix effect, carryover, and stability problems were observed. The relative expanded uncertainty was  $\leq 2.70\%$ . Poor agreement was displayed among the results obtained by routine method and LC-MS/MS method.

**Conclusions** A sensitive and accurate candidate RMP for GCA measurement using ID-LC-MS/MS method was firstly developed. The well characterized method displayed high reproducibility, good accuracy, definitive uncertainty, and could be used as a candidate RMP to provide serum value assignments for calibration and verification for method performance.

## PU-0537

## 四磨汤口服液对肠粘连大鼠盲肠 NLRP3 炎症复合体

林海标

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨四磨汤口服液对肠粘连模型大鼠盲肠核苷酸结合寡聚化结构域样受体 3 炎症性复合体(以下简称 NLRP3 炎症体)表达的影响。

**方法** 选择健康雄性 SD 大鼠 45 只, 随机分配为对照组、模型组和治疗组各 15 只。模型组和治疗组按 Ellis 法制备成肠粘连模型。造模成功后, 治疗组给予四磨汤口服液 1mL/100g 灌胃, 对照组和模型组给予等量生理盐水灌胃, 均干预 7 天。参照 Nair 法对肠粘连程度进行评级; 采用 Western blot 法检测盲肠组织 NLRP3、半胱氨酸天冬氨酸蛋白酶 1(Caspase-1)、白细胞介素 1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ) 的蛋白表达量。

**结果** 模型组的粘连程度明显升高, 且 NLRP3、Caspase-1、IL-1 $\beta$  在盲肠组织均有表达, 明显高于正常对照组 ( $P<0.05$ )。与模型组相比, 四磨汤口服液治疗组粘连程度明显减轻, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 四磨汤口服液治疗组三个检测项目蛋白表达水平明显降低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肠粘连的形成可能与 NLRP3 炎症复合体相关蛋白的表达相关。四磨汤口服液并减少大鼠盲肠组织 NLRP3、Caspase-1、IL-1 $\beta$  表达量, 从而降低肠粘连程度。

## PU-0538

### 副蛋白对检测结果的影响

林海标

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 副蛋白是指单克隆浆细胞或淋巴细胞大量增殖, 产生的一组氨基酸组成及顺序十分均一的异常免疫球蛋白或免疫球蛋白片段。

**方法** 副蛋白又名 M 蛋白, 单克隆球蛋白, 单克隆蛋白或单克隆成分; 尿中的本周氏蛋白(BJP)也是它的一种表现形式, 一般来说, 它可以分为 IgG,IgM,IgA,IgD,IgE,游离轻链及游离重链等七型。

**结果** 在多发性骨髓瘤, 及其变异性如巨球蛋白血症、浆细胞瘤、POEMS 综合征、骨髓硬化症和浆细胞血症等时, 常出现单克隆成分显著增多。近几年来国内外已经有多篇文献报导 M 蛋白对临床生化的一些项目的测定出现干扰, 涉及不同的检测项目、不同的方法学、不同的样本类型等。

**结论** 文献中也显示不同类型、不同浓度的 M 蛋白对检测项目的干扰不同, 产生干扰的免疫球蛋白以 IgG 和 IgM 轻链为主<sup>[1]</sup>。

## PU-0539

### 抗磷脂酶 A2 受体抗体与特发性膜性肾病的相关性

何文军

广东省中医院,510000

**目的** 探究抗磷脂酶 A2 受体 (PLA2R) 抗体在成人特发性膜性肾病 (IMN) 中的诊断价值。

**方法** 回顾性研究, 选择 2016 年 1 月至 2016 年 12 月期间广东省中医院肾内科住院患者经肾穿肾活检明确诊断的 IMN 患者 72 例, 经肾穿肾活检明确诊断的非特发性膜性肾病 (NIMN) 患者 33 例为对照组。采用双抗原夹心法 (ELISA) 检测各组患者血清中 PLA2R 抗体浓度。绘制 ROC 曲线分析 PLA2R 抗体对 IMN 的诊断效能, 通过非参数秩和检验方法分析 PLA2R 抗体对诊断 IMN 的特异性。

**结果** (1) 抗 PLA2R 抗体在 IMN 中总敏感性为 58.3%, 特异性为 97.7%。(2) PLA2R 对 IMN 的诊断 ROC 曲线面积为 0.846, 最佳诊断临界值为 6.35RU/ML, 该诊断临界值对诊断 IMN 的敏感度和特异度分别为 0.639 和 0.939。(3) 非参数秩和检验对 IMN 组和非 IMN 组的数据进行方差差异性分析, F 值为 8.410, 显著性为 0.005。

**结论** 抗 PLA2R 抗体对 IMN 具有良好的诊断效能, PLA2R 抗体对于鉴别诊断 IMN 与非 IMN 具有显著的特异性, PLA2R 抗体浓度升高与 IMN 的诊断具有较强的相关性。

## PU-0540

## 广州市荔湾区低保人群血脂异常患病率 及联合相关指标分析

曹永坚

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 为能有效地分析出广州市荔湾区低保人群在高脂血症中的患病率,以及联合相关指标调查研究,为本地区低保人群防治高脂血症提供可靠的实验数据。

**方法** 针对广州市荔湾区低保人群 2016 年 12 月-2017 年 12 月芳村助康行动体检资料进行回顾性分析,以 2016 年 12 月-2017 年参加体检并接受血脂检查的广州市荔湾区低保人群为研究对象,根据甘油三酯、胆固醇、高密度胆固醇的正常范围与高脂血症的诊断标准进行诊断,统计方法用描述性分析,以 Excel 表录入统计数据,运用软件 SPSS18.0 进行统计学分析。

**结果** 在 2016 年 12 月-2017 年 12 月健康检查中,广州市荔湾区低保人群的血脂异常患病率为 39.05%,临床类型上以高胆固醇血症,高甘油三酯以及低高密度脂蛋白血症为主,混合型较少。不同性别的高脂血症患病率差异有统计学意义( $P<0.05$ ),根据分析男性高于女性,好发年龄段为 50 岁以上。

**结论** 广州市荔湾区低保人群血脂异常患病率较高,因此,在低保人群生活水平不断提高的同时应提倡注重健康的饮食生活以及强化体检就医意识。

## PU-0541

## 利用相对耐药指数分析铜绿假单胞菌药敏谱 与临床用药种类和周期的关联性

罗强

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 通过临床感染标本分离的铜绿假单胞菌药敏谱与临床治疗用药之间关系的比较,利用相对药敏指数,分析抗生素用药周期和种类对铜绿假单胞菌耐药谱的影响,为临床铜绿假单胞菌感染治疗的合理用药提供试验依据。

**方法** 对 2014-2017 年分离的 196 株铜绿假单胞菌的药敏结果进行回顾性分析,并通过相对耐药指数计算将药敏定性结果转化为定量数据,同时将临床治疗使用的抗生素按种类对菌株分组,分析不同菌株的药敏随着治疗变化情况,通过计算分析不同治疗药物组之间相对耐药指数的差异,同一药物组内再进行不同治疗周期分组,比较不同治疗周期之间相对耐药指数关系。

**结果** 不同药物治疗组的相对耐药指数之间存在显著统计学差异。同一药物组内不同用药周期之间的相对耐药指数存在统计学意义。

**结论** 铜绿假单胞菌药敏的变化与临床治疗药物的种类和周期明显相关。

PU-0542

## A stain Normalization method for the White blood Cell image

Zhenjie Liu

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** In this paper, a new system is designed to translate dyeing style. The whole system includes blood smears preparation, image acquisition and segmentation, finally, training a dye style transmission network. In the system, we designed a new network based on Deep Learning for the leukocyte dyeing style translation. The network can automatically extract the features of sample images during training and reduces the influence of lighting, dyeing, and taking a photo by different devices. In addition, we also build two datasets, Base dataset and Target dataset.

**Methods** As known, leukocyte is an important part in the blood(1), with the function of swallowing foreign bodies and creating antibodies. When these symptoms appear in our body infection tissue necrosis poisoning tumors and so on the number and shape of leukocytes will change. Therefore the inspection of leukocyte has been an important means of diagnosis of many diseases.

PU-0543

## 消化道恶性肿瘤患者贫血三项及HCY的检测与预后的相关性分析

周坤,赵冬梅,郑遵荣

黑龙江省农垦总医院,150000

**目的** 探讨贫血三项叶酸 (Folic Acid,FA)、维生素 B12 ( Vitamin B12,VitB12 )、铁蛋白 (Ferritin,Fer)及同型半胱氨酸 (Homocysteine,HCY)对胃癌、结肠癌、肝癌患者预后生存的影响。

**方法** 317例恶性肿瘤合并贫血患者,包括胃癌113例,结肠癌120例,肝癌84例,分别进行贫血三项及HCY的检测,随访观察患者预后的情况, Cox 风险比例模型分析贫血三项及HCY与患者预后的相关性, Kaplan-Meier法绘制生存曲线。

**结果** Cox 风险比例模型多因素分析结果显示 Vit B12 是胃癌贫血患者一个独立的预后因素 (  $P=0.008$  )。FA、Fer 和 HCY 的表达水平可作为结肠癌贫血患者的预后因素 (  $P=0.01, P=0.001, P=0.002$  )。Fer 和 HCY 可作为肝癌患者的预后因素 (  $P=0.006, P=0.014$  )。Kaplan-Meier 生存曲线分析显示, 缺乏 Vit B12 的胃癌贫血患者生存率显著低于 Vit B12 正常的胃癌患者 (  $p=0.031$  )。缺乏 FA 及 HCY 升高的结肠癌患者预后生存率较差 (  $p=0.045, p=0.028$  ) 肝癌组中 Fer 和 HCY 明显升高的患者生存率显著降低 (  $p=0.006, p=0.003$  )。

**结论** FA、VitB12、Fer 及 HCY 的水平与消化道恶性肿瘤贫血患者的预后显著相关, 可作为消化道恶性肿瘤贫血患者的营养监测指标, 辅助判断肿瘤患者的贫血程度及类型, 完善肿瘤治疗方案, 改善患者的预后, 值得在临床上广泛推广。

PU-0544

## 基于数据挖掘分析 TIMM17A 在乳腺癌中的表达及基因调控网络

周泉,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 线粒体内膜转运酶复合物 (translocase of the inner membrane, TIM) 能促进蛋白质穿过内膜进入线粒体基质, 其亚单位 TIMM17A 在此过程中起到重要作用, 然而 TIMM17A 在恶性肿瘤中的生物学作用及临床价值仍然不清楚。本研究通过整合多种生物信息学分析手段, 以乳腺癌为研究对象, 探究 TIMM17A 在乳腺癌中的突变和表达情况, 及其预后价值。并且, 进一步研究 TIMM17A 的基因表达调控网络和其表达量变化对细胞通路的影响。

**方法** 使用来自 TCGA 数据库和 GEO 数据库的测序数据, 分析了乳腺癌中的 RBM8A 表达和基因调控网络。基因表达数据使用 Oncomine 和 UALCAN 进行分析, 同时使用 cBioPortal 鉴定 TIMM17A 突变和相关功能网络。LinkedOmics 用于鉴定 TIMM17A 的差异基因表达, 并分析注释 GO 和 KEGG 通路。蛋白质相互作用网络使用 cBioPortal 中 network 功能分析。预后生存情况使用 The Human Protein Atlas 分析。

**结果** 我们发现 TIMM17A 在乳腺癌中过表达, 并且 TIMM17A 基因常在 BRCA 中扩增, 在 30% 的乳腺癌中表达量发生显著改变。该基因的表达除了与线粒体基因表达相关外, 与涉及核糖体和肽段合成、DNA 复制等信号传导途径的功能网络相关。功能网络分析表明 TIMM17A 通过涉及 CDK1 等激酶和 E2F 转录因子 1 的途径调节核糖体, DNA 复制和细胞周期信号传导。生存分析表明, 以 mRNA 表达量 FPKM=30 为阈值时, TIMM17A 高表达预后较差。

**结论** 我们的研究结果表明, 数据挖掘有效地揭示了有关 TIMM17A 表达和乳腺癌潜在调控网络的信息, 并且 TIMM17A 的表达可以作为乳腺癌预后的潜在指标, 为进一步研究 TIMM17A 在癌发生中的作用奠定了基础。

PU-0545

## HPV 基因分型联合 TCT 检测对宫颈病变的临床诊断价值

张卫云,杨永泉,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 探讨 HPV 基因亚型在不同年龄段的感染率, 以及 HPV 核酸分型联合 TCT 检测在宫颈癌筛查中的临床价值。

**方法** 采用流式荧光杂交法, 对中国人民解放军南部战区总医院健康体检者及患者的 9627 例宫颈脱落细胞进行 HPV 分型和 TCT 检测。以病理活检作为金标准, 分析单独检测或联合检测诊断宫颈病变的临床价值。

**结果** 9627 例标本中 HPV 感染阳性 1919 例, 阳性率 19.93%, 高危型单一模式 (41.89%), HPV 高危亚型感染主要为 52、58、16、53 型; TCT 检测阳性 277 例, 阳性率 2.88%; 各年龄组 HPV 感染阳性率和 TCT 阳性检出率比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。483 例病理活检患者共检测出阳性 113 例, HPV 阳性 202 例, 阳性率 41.82%; TCT 检出阳性 277 例, 阳性率 23.40%; 各年龄组阳性率比较差异有统计学意义 ( $P<0.000$ )。病理活检确诊阳性 113 例中, HPV 检测灵敏度为 61.06%, 特异性为 64.05%, 准确性为 63.35%; TCT 检测灵敏度为 90.27%, 特异性为 52.70%, 准确性 61.49%; 二者联合诊断灵敏度为 97.35%, 特异性为 46.49%, 准确性为 58.38%, 阴性预测值 98.29%。

**结论** HPV 基因分型联合 TCT 检测可以显著降低宫颈癌的漏诊率, 提高检出灵敏度。

#### PU-0546

### 恒温扩增芯片十三联法检测重症监护病人下呼吸道感染病原菌的诊断价值

杨永泉,张卫云,李林海  
中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 探讨环介导恒温扩增芯片法(LAMP)快速检测重症监护病人下呼吸道感染病原菌的应用价值。

**方法** 收集南部战区总医院重症监护病房下呼吸道感染患者的深部痰液或肺泡灌洗液样本 67 例, 分别采用 LAMP 法和痰培养法检测, 对比 2 种方法检测的病原菌菌种分布, 阳性率及阳性符合率, 应用 SPSS 软件及 Kappa 检验进行分析。

**结果** LAMP 法检测病原菌阳性 52 例, 阳性率 77.61%, 痰培养法阳性 44 例, 阳性率 65.67%, LAMP 法阳性率明显高于培养法, 差异有统计学意义( $\chi^2=20.59$ ,  $P<0.001$ ), LAMP 法与痰培养法检测病原菌总体阳性符合率一致 (Kappa=0.567)。2 种方法检出的致病菌中以革兰氏阴性杆菌为主, 其中鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌、嗜麦芽窄食单胞菌、结核分枝杆菌阳性符合率较一致。

**结论** LAMP 法能快速检出重症患者下呼吸道感染致病菌, 阳性率高于痰培养法, 可广泛应用于临床下呼吸道感染快速诊断, 以便及时治疗。

#### PU-0547

### LncRNA LOC100132354 通过 VEGFA/VEGFR2 信号通路促进肺腺癌血管生成

傅佳丽,沈强,章帆,姜丰,王瑜敏  
温州医科大学附属第一医院

**目的** 本研究旨在研究 lncRNA LOC100132354 在促进肺腺癌 (LAD) 血管生成中的生物学功能及其分子机制。

**方法** 通过对 100 对 LAD 组织和正常组织样本中的 LOC100132354, VEGFA, VEGFR2, bFGF 和 TSP-1 的 mRNA 表达水平进行 qPCR 分析。分别通过敲低或过表达在 SPCA-1 和 A549 细胞系中 LOC100132354 的表达, 以分析 VEGFA, VEGFR2, bFGF, TSP-1 的蛋白质及其 mRNA 表达水平, 以及 Ras, P-A-Raf, P-B-Raf, P-C-Raf, P-Mek1/2 和 P-Erk1/2 的蛋白质表达水平的变化。肿瘤微血管密度试验 (MVD) 在裸鼠中进行分析。

**结果** qPCR 结果显示, LAD 组织中 LOC100132354, VEGFA, VEGFR2 和 bFGF 的 mRNA 表达水平显著增加, 而 TSP-1 显著降低。LOC100132354 的敲低或过表达会影响 bFGF, VEGFA/VEGFR2 信号传导通路和下游靶分子的表达水平, 例如 Ras, P-A-Raf, P-B-Raf, P-C-Raf, P-Mek1/2 和 P-Erk1/2, 同时降低 TSP-1。裸鼠的肿瘤发生实验证实 LOC100132354 可显著增加肿瘤微血管密度。

**结论** 研究表明 VEGFA 是 LOC100132354 的下游靶基因, 通过 VEGFA/VEGFR2 信号通路和下游靶分子促进 LAD 中的血管生成。

PU-0548

## 不同标本类型对 EB-DNA 定量及 EB 病毒感染 相关疾病诊断的影响

陈文璟

暨南大学附属第一医院,510632

**目的** 探讨全血 EB 病毒 DNA 与血浆 EB 病毒 DNA 载量的关系。评估其不同疾病（鼻咽癌、肺炎、肝功能异常、自身免疫性疾病）和健康人群中的灵敏度，为临床诊治提供参考。

**方法** 暨南大学附属第一医院临床检验中心收集全血 EB 病毒 DNA 阳性的标本 71 例。并用相同的方法（实时荧光定量 PCR 法）检测同一份标本血浆中的 EB 病毒 DNA 含量。数据分析采用 SPSS 统计软件，用非参数秩和检验分析全血及血浆中 EB 病毒 DNA 载量的关系；用配对卡方检验分析在相同疾病中全血 EB 病毒 DNA 和血浆 EB 病毒 DNA 表达量的差异。

**结果** 肝功能异常、肺炎、自身免疫疾病患者和健康人组外周血淋巴细胞中 EB 病毒 DNA 的含量明显高于血浆，差异具有统计学意义（均  $P$  值 $<0.01$ ）。而 8 例鼻咽癌患者外周血淋巴细胞 EB 病毒 DNA 的含量和血浆 EB 病毒 DNA 的含量差异没有统计学意义（ $P=0.889>0.05$ ）。

**结论** 全血与血浆中 EB 病毒 DNA 的表达量不同。对于非鼻咽癌患者，荧光定量 PCR 检测全血 EB 病毒效果优于检测血浆 EB 病毒 DNA。对于鼻咽癌患者，存在血浆 EB 病毒 DNA 含量高于外周血淋巴细胞 EB 病毒 DNA 含量的情况，需要根据临床情况，选择合适的标本进行检测。对于健康人群，选择血浆标本检测 EB 病毒 DNA 更合适。

PU-0549

## 某院新生儿科六年间金黄色葡萄球菌临床分离株 的分布及耐药情况

龙琴,肖亚雄

宜宾市第一人民医院,644000

**目的** 了解该院新生儿科 2012-2017 年间分离出金黄色葡萄球菌（SA）临床分布情况及耐药性分析，为临床经验治疗 SA 相关感染和新生儿院内感染控制提供科学依据。

**方法** 回顾性分析 2012 年 1 月-2017 年 12 月宜宾市第一人民医院新生儿科住院患者分离的 SA 的标本分布并采用 WHONET 5.6 软件进行耐药性分析。

**结果** 6 年间该科共送检细菌培养标本 25543 份，共分离出不重复 SA 509 株检出率为 1.99%。SA 标本来源首位是呼吸道标本占 86.25%，其次为脓液占 5.11%，全血与分泌物标本各占 3.54%；509 株 SA 中甲氧西林敏感的金黄色葡萄球菌（MSSA）407 株（79.96%），检出耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA）102 株，MRSA 检出率为 0.4%，占比为 20.04%；MSSA 除对庆大霉素耐药性高于 MRSA 外，其余抗生素耐药性均较 MRSA 低，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。MRSA 对红霉素、克林霉素耐药率分别为 77.5%、62.7%，对四环素耐药率为 45.1%，对复方新诺明耐药率为 20.6%，对喹诺酮类、氨基糖苷类、利福平的耐药率均在 10% 以下。未发现万古霉素、利奈唑胺非敏感菌株。

**结论** 该院新生儿 SA 感染以呼吸道感染为主，新生儿 MRSA 的检出率及占比与国内已有报道存在较大差异，这可能与年龄段及地区差异有关。由于新生儿感染 SA 尤其 MRSA 感染的经验治疗可选抗菌药物非常有限。因此，一旦发生疑似感染应参考本院耐药检测数据及有关诊疗指南积极治疗并进一步采取有效感控措施，减少 SA 尤其是 MRSA 传播感染。

PU-0550

## 革兰阳性球菌对 5 种新生儿禁用抗生素 的药敏分析及意义探讨

刘影,肖亚雄

宜宾市第一人民医院,644000

**目的** 了解宜宾地区革兰染色阳性球菌 (G<sup>+</sup>c) 对新生儿禁用抗生素的耐药基本情况, 以期为卫生行政部门及畜牧业药品管理部门制定相关政策提供数据支持。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月-2018 年 12 月宜宾市第一人民医院新生儿科住院患者分离的 G<sup>+</sup>c 的分布情况, 并采用 WHONET 5.6 软件对复方新诺明、环丙沙星、左氧氟沙星、四环素和庆大霉素 5 种新生儿禁用抗生素进行耐药性分析。

**结果** 3 年间共分离出不重复 G<sup>+</sup>c 827 株, 其中葡萄球菌属 739 株, 链球菌属 62 株, 肠球菌属 23 株。金黄色葡萄球菌对磺胺、环丙沙星、左氧氟沙星、四环素和庆大霉素的耐药率分别为: 21.20%、4.80%、5.10%、14.30%、21.70%; 凝固酶阴性葡萄球菌对 5 种抗生素的耐药率均明显高于金黄色葡萄球菌, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 链球菌对四环素的耐药率最高为 42.9%, 对庆大霉素耐药率低位 8.33%; 肠球菌对环丙沙星耐药率耐药率为 47.8%, 对四环素耐药率高达 56.5%。

**结论** 分离自新生儿的所有 G<sup>+</sup>c 对五种禁用抗生素均表现出不同程度的获得性耐药, 最高可达 56.5%; 其耐药性的获得可能与畜牧业抗生素的使用之间存在一定的关联。

PU-0551

## 血栓弹力图室间质量评价方法初探

王青,乔郑磊,宋颖

上海市临床检验中心

**目的** 探讨适宜的血栓弹力图室间质量评价方法

**方法** 传统统计方法中位数 (Median, M)  $\pm 1.96$  倍四分位间距 (interquartile range, IQR)、 $M \pm 2.58IQR$ , 99.73% 置信区间 ( $K=3$ ) 的合成变异系数 (Syntheticcoefficient of variation, SCV) 和基于当前技术水平的允许总误差 (total error allowance, TEa) 分析评价本市 2016 至 2018 年 5 次室间质评计划中 16 个血栓弹力图 (Thrombelastogram, TEG) 调查样本反应时间 (response time, R)、血凝块形成速率系数 (K)、最大曲线弧度切线与水平线的夹角 (Angle, ANG) 和最大振幅 (maximumamplitude, MA), 比较不同方法评价结果的合格率

**结果**  $M \pm 1.96IQR$ 、 $M \pm 2.58IQR$ 、3SCV 和  $TEa_{80}$  四种方法评价血栓弹力图 R、K、ANG、MA 的合格率分别为: R 值: 86.36%~98.39%、86.36%~98.44%、56.45%~97.62% 和 80.65%~100.00%; K 值: 86.36%~98.39%、86.36%~100.00%、50.00%~98.39% 和 75.81%~100.00%; ANG 值: 86.36%~98.39%、86.36%~100.00%、29.03%~100.00% 和 80.65%~100.00%; MA 值: 81.82%~97.62%、86.36%~100.00%、51.56%~90.48% 和 81.82%~100.00%

**结论** 基于当前技术水平的  $TEa_{80}$  方法 (R:  $M \pm 33.28\%$ 、K:  $M \pm 38.24\%$ 、ANG:  $M \pm 30.77\%$ 、MA:  $M \pm 26.45\%$ ) 作为本市 TEG 室间质量评价标准比较适合, 能满足当前上海地区 TEG 检测质量水平分析。



PU-0552

## 类风湿关节炎早期诊断检测方法的研究进展

全静雯,肖斌,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 梳理并比较目前主流检测类风湿关节炎的方法,为临床选择检测方法提供参考;为临床研究提供方向参考。

**方法** 综合概述各文献资料的检验和影像检测方法

**结果** 实验室检测指标,影像学检测方法及其他一些检测手段对类风湿关节炎的不同病程有不同优点。

**结论** 多指标联合诊断,能在一定程度上有助于临床医生对类风湿关节炎的早期诊断和鉴别诊断。

PU-0553

## 肺癌患者化疗后血清肿瘤标志物水平变化及意义

全静雯,邹赛,张卫云,肖斌,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 含铂类化疗方案是晚期肺癌患者临床上首选化疗方案。目前临床上根据世界卫生组织实体瘤评定标准,通过影像学检测对化疗疗效进行评估。而血清肿瘤标志物表达水平异常往往早于临床影像学,因此,旨在通过对照晚期肺癌患者化疗前后五项血清肿瘤标志物检出水平改变与疗效,评估肿瘤标志物检出水平变化是否能够快速准确的反映晚期非小细胞肺癌患者的病情。并分析化疗前后血清肿瘤标志物检出值变化与各病理类型的相关性,不同指标在两种病理类型中的表达情况及肿瘤标志物预测晚期肺癌患者疾病进展的效能。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月间在中国解放军南部战区总医院住院并经病理学诊断为肺癌的患者 136 例。采用雅培 i2000 免疫分析仪,贝克曼 DXI800 和罗氏 e601,分别检测肺癌患者化疗前后神经元特异性烯醇化酶(NSE)、鳞状细胞癌抗原(SCC)、胃泌素释放肽前体(PROGRP)、癌胚抗原(CEA)以及细胞角蛋白 19 片段(CYFRA21-1)血清肿瘤标志物水平。使用非参数检验分析化疗前后血清肿瘤标志物水平变化与患者临床疗效、不同病理类型的相关性;采用 ROC 曲线分析肿瘤标志物预测患者 PD 的效能。

**结果** 136 例晚期非小细胞肺癌(NSCLC)患者,其中肺鳞癌 18 例,肺腺癌 118 例。根据化疗结果,完全缓解(CR)组 2 例,局部缓解(PR)组 21 例,病情稳定(SD)组 67 例,病情进展(PD)组 46 例。PR、SD 组 CEA、CYFRA21-1、NSE 水平降低,PR 组 SCC 与 PROGRP 水平上升,SD 组 SCC 与 PROGRP 水平下降。PD 组 CEA、CYFRA21-1、NSE、PROGRP 水平上升,SCC 水平下降。CEA、SCC 及 CYFRA21-1 在肺腺癌患者中高表达,NSE 与 PROGRP 在肺鳞癌患者中表达水平较高。SCC、CEA、CYFRA21-1 及 NSE 水平在肺鳞癌患者中下降,PROGRP 水平化疗后上升;SCC、CYFRA21-1 及 NSE 水平在肺腺癌患者中化疗后下降。SCC、CEA、CYFRA21-1、NSE 及 PROGRP 预测患者 PD 的 AUC 均小于 0.7。

**结论** CEA、CYFRA21-1、NSE 水平变化可较好地提示 NSCLC 患者的化疗疗效,与影像学改变有较好的一致性。化疗疗效在肺鳞癌与肺腺癌中无明显差异。SCC、CEA、CYFRA21-1、NSE 及 PROGRP 对 PD 的诊断效能均不高。

PU-0554

## 血清 HBV DNA 前 S/S 基因突变检测的临床应用研究

金子铮,金方方,文凤,刘宁,刘新,娄金丽  
首都医科大学附属北京佑安医院,100000

**目的** 探讨临床诊疗环境下,可疑病毒变异的慢性乙型肝炎患者群体中,血清 HBV DNA 前 S/S 基因突变的临床意义及其潜在临床价值。

**方法** 按相应标准纳入 189 例于本院就诊的慢性乙型肝炎患者,使用半巢氏 PCR 扩增前 S/S 蛋白编码区并测序。比较各位点突变频率,不同肝病阶段、HBsAg/抗-HBs 双阳性与 HBsAg 单阳性总突变检出率及各突变位点检出率的差异。并对 137 例患者进行随访,观察突变与肝病进展的关联。

**结果** 患者群体突变检出率为 35.4%,肝炎、肝硬化及肝癌总突变检出率无明显差异,但肝癌患者 PreS 缺失突变检出率明显高于非肝癌患者(21.4%v.s.4.0%,  $P=0.029$ ),且只在肝癌患者中检出 1 例 s140 突变。而双阳组与单阳组突变检出率无明显差异。随访发现,4 例进展为肝硬化的患者中有 2 例为双阳性模式且检出 s126 位点突变;而 2 例发生肝癌的患者中一例检出 s131 位点突变,而另一例为双阳性模式。

**结论** 肝癌患者 PreS 缺失突变检出率更高,这可能与 PreS 缺失突变体致癌机制有关。而 s126 位点的突变可能与免疫逃避有关,也与乙肝的慢性化及进展有关。前 S/S 区突变检测对评估乙肝患者预后有一定价值,可用于联合评估肝病进展风险,拟定治疗方案及严格的随访策略,对防止或早期发现肝癌有一定临床价值。

PU-0555

## 一例 $\gamma$ 链 Gly378Asp 突变引起的遗传性异常纤维蛋白原血症家系临床表型和基因型分析

王晓欧,杨啸,杨威,舒旷怡,李帆帆,柳洁,章赵华,李姗姗,江明华  
温州医科大学附属第二医院,325000

**目的** 对一例遗传性异常纤维蛋白原血症家系进行临床表型和基因型分析,初步探讨其发病机制。

**方法** 用 ADVIA2400 型生化分析仪检测家系所有成员肝、肾功能;用 STA-R 全自动血凝仪检测其血浆凝血酶原时间(PT)、部分活化凝血活酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白(原)降解产物(FDPs)、D 二聚体(D-D)及 TT 的硫酸鱼精蛋白纠正实验;分别用 Clauss 法和免疫散射比浊法检测血浆纤维蛋白原活性(Fg:C)和纤维蛋白原抗原(Fg:Ag);采用聚合酶链反应(PCR)扩增纤维蛋白原(Fg)基因 FGA、FGB 和 FGG 的所有外显子及其侧翼序列,测序寻找突变位点,并排除基因多态性;采用生物学信息学预测软件(PolyPhen-2、SIFT、PROVEAN 和 Mutation Taster)分析突变对蛋白质功能的影响;用 Clustal X 软件分析突变氨基酸的保守性;用 PyMol 软件对突变蛋白进行模型分析。

**结果** 先证者及家系成员肝、肾功能均正常;先证者 PT、APTT、FDPs、D-D 正常,TT(22.0s)延长且不能被硫酸鱼精蛋白校正,Fg:C 明显降低(0.91g/L)但 Fg:Ag 含量正常(3.20g/L);其母亲与胞弟检测结果与其相似。基因分析显示先证者为 FGG 第 9 号外显子 c.1133G>A(p.Gly378Asp)杂合错义突变,其母亲和胞弟有同样的突变。四个生物信息学软件预测结果均表示此突变可影响蛋白质功能。Clustal X 软件保守性分析结果表明,Gly378 在同源物种间高度保守。

**结论** 纤维蛋白原  $\gamma$  链 p.Gly378Asp 突变是致先证者遗传性异常纤维蛋白原血症的分子机制,该突变未见报道。

## PU-0556

## 不孕不育患者抗精子抗体检测及临床意义

张敏,梅圣学,方红英,徐雪梅,魏琦,常中宝,袁征  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 探讨血清抗精子抗体(ASAB)检测在不孕不育患者中的临床意义。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 2018 年 12 月本室接收的 1774 例不孕不育患者血清样本, 男性 251 例(年龄 17-54 岁), 女性 1523 例(年龄 17-51 岁); 对照组选取体检人群, 有正常生育史, 男 50 例(年龄 25-41 岁), 女 50 例(年龄 25-38 岁)。采用德国 IBL 试剂, 用 ELISA 法测定血清中的抗精子抗体。

**结果** 1174 例不孕不育患者血清中 ASAB 阳性 388 例, 总阳性率 21.87%, 其中男性患者阳性 43 例, 阳性率 17.2%, 女性患者阳性 345 例, 阳性率 22.6%; 对照组 ASAB 阳性 5 例, 总阳性率 5%, 其中男性阳性 2 例, 阳性率 4.0%, 女性阳性 3 例, 阳性率 6.0%。不孕不育患者血清中抗精子抗体阳性率明显高于正常对照组( $P<0.05$ ), 差异有统计学意义。

**结论** 抗精子抗体是导致免疫性不孕不育的重要因素, 对不孕不育患者检测 ASAB 是进行有效治疗的前提。随着不孕不育的发病率逐年上升, 抗精子抗体的检测已成为免疫性不孕不育最重要的一项辅助诊断, 可为临床不孕不育患者提供辅助诊疗的依据。

## PU-0557

## 血球分析仪 XN-1000 上血小板报警参数处理方法探讨

李申江

达州市中心医院(原: 达川地区人民医院),635000

**目的** 通过对在 XN-1000 上普通模式(PLT-I)检测时出现 PLT 参数 1、PLT 直方图异常(PLT abndistribution) 2、血小板减少(thrombocytopenia) 3、血小板增多(thrombocytosis) 4、血小板聚集(PLTclumps)报警时的处理来为 PLT 复检规则制定提供参考。

**方法** 1、收集 PLT-I 模式检测  $PLT<60\times10^9/L$  125 例, 分别使用 PLT-F 法和手工法检测并涂片镜检;

2、收集 PLT-I 模式检测  $PLT>600\times10^9/L$  57 例, 分别使用 PLT-F 法和手工法检测并涂片镜检。

**结果** PLT 低值 125 例用 PLT-I 检测报警 46 例用 PLT-F 检测报警 13 例, 实际血图片镜检异常 12 例, 真阳性率分别为 26.1%和 92.3%; 假阳性率为 73.9%和 7.7%, 假阴性率为 10.9%和 0.0%。PLT 高值 57 例用 PLT-I 检测报警 23 例用 PLT-F 检测报警 11 例, 实际血图片镜检异常 11 例, 真阳性率分别为 47.8%和 100.0%; 假阳性率为 52.2%和 0.0%, 假阴性率为 13.0%和 0.0%。

**结论** 当 XN-1000PLT-I 检测结果有各种报警时用 PLT-F 复检特异性高, 受干扰小, 可以大大降低人工镜检率。

## PU-0558

## EB 病毒 VCA-IgA, EA-IgA, Rta-IgG 抗体联合检测 对鼻咽癌筛查的临床价值

李晓,张卫云,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 探讨 EB 病毒衣壳抗原 IgA 抗体(VCA-IgA)、EB 病毒早期抗原 IgA 抗体(EA-IgA)和 EB 病毒 Rta 蛋白 IgG 抗体(Rta-IgG)三种标志物单独及联合检测对鼻咽癌筛查的诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 6 月至 2018 年 12 月南部战区总医院就诊的病人和体检人群的血清标本。选取 57 例经病理学确诊的鼻咽癌患者（鼻咽癌组）、24 例良性鼻咽疾病患者（良性组）和 485 例健康体检者（健康体检组），分别检测 VCA-IgA, EA-IgA, Rta-IgG 抗体，比较不同组别三种抗体检出阳性率，对单独或联合检测诊断鼻咽癌的灵敏度、特异度、准确度、阴性预测值、阳性预测值等进行评价。

**结果** 三组人群 VCA-IgA、EA-IgA 以及 Rta-IgG 抗体检测阳性率结果显示鼻咽癌组>良性组>健康对照组，鼻咽癌组 EB 病毒 VCA-IgA、EA-IgA 和 Rta-IgG 阳性检出率分别为 84.21%(48/57)、92.98%(53/57)、57.89%(33/57)，与良性对照组及健康对照组相比显著升高，差异均有统计学意义( $P=0.000$ )。VCA-IgA 诊断鼻咽癌的灵敏度 84.21%，特异性 91.16%；EA-IgA 灵敏度 92.98%，特异性 85.067%；Rta-IgG 灵敏度 57.89%，特异性 95.68%；三者联合诊断鼻咽癌的灵敏度（100%）和阴性预测值（100%）高于单独检测。ROC 曲线下面积 VCA-IgA、EA-IgA 以及 Rta-IgG 分别为 0.953、0.934、0.814。

**结论** 联合检测三种 EB 病毒抗体有利于提高鼻咽癌的有效筛查和早期诊断，具有一定的临床应用价值。

PU-0559

## 2011-2018 年银川市丙型肝炎病毒现症感染 流行特征分析

何学虎,赵志军  
宁夏医科大学总医院

**目的** 分析银川市丙型肝炎病毒(hepatitis C virus, HCV)现症感染的流行特征及 HCV-RNA 载量与 Anti-HCV 和主要肝功能指标的相关性，为丙型肝炎防治提供参考依据。

**方法** 荧光定量 PCR 检测 2011-2018 年疑似 HCV 感染者的血浆 HCV-RNA 载量，对 HCV-RNA 阳性患者分别用化学发光免疫分析法和全自动生化分析仪测定其血清 Anti-HCV 和主要肝功能指标。

**结果** 9307 例疑似 HCV 感染者中，HCV-RNA 阳性 2363 例，总阳性率为 25.39%(2363/9307)，男、女阳性率分别为 27.95%(1379/4934)和 22.50%(984/4373)，差异有统计学意义( $X^2=36.313$ ,  $P<0.01$ )；不同年龄段阳性率由高到低依次为老年组 29.93%(287/959)、青年组 25.58%(769/3006)、中年组 25.52%(1297/5083)、少年组 5.26%(5/95)和童年组 3.05%(5/164)，除童年组和少年组、青年组和中年组外，其余各年龄段间阳性率差异均有统计学意义( $P<0.01$ )；HCV-RNA 阳性率在 2011-2014 年呈升高趋势，在 2014-2018 年却明显下降，2018 年阳性率与前 7 年比较均有统计学差异( $P<0.01$ )；HCV 现症感染者平均病毒载量为  $1.43\times 10^7$  IU/ml，病毒载量阳性构成比与 HCV-RNA 水平呈正相关，且各构成比间差异有统计学意义( $P<0.01$  或  $P<0.05$ )；Anti-HCV、丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶(AST)基本上随 HCV-RNA 载量的增加而增加，组间差异有统计学意义( $P<0.01$ )，AST/ALT、总胆红素(TBIL)随 HCV-RNA 载量的变化呈无规律性改变，但 AST/ALT 组间有统计学差异( $P<0.01$ )，TBIL 组间无统计学差异( $P>0.05$ )。

**结论** 银川市 HCV 现症感染流行率先缓慢增高后显著降低、男性显著高于女性，流行率与年龄呈正相关，病毒载量以强阳性为主。因此，应重点加强青年及以上年龄现症感染人群的防控。Anti-HCV、ALT、AST、AST/ALT 与病毒载量有显著相关性，联合检测 HCV-RNA、Anti-HCV 和 ALT、AST、AST/ALT 指标有助于 HCV 现症感染者的早期诊疗、监测和及时防控。

## PU-0560

## Excel 与 Word 邮件合并区域性实验室一致性 比对中的应用

欧阳能良<sup>1</sup>,陈春明<sup>2</sup>,黄福达<sup>1</sup>,王伟佳<sup>1</sup>

1.中山市人民医院

2.中山市第二人民医院

介绍一种区域性实验室检验结果一致性比对的数据处理和报告方法,实现比对数据的便捷处理和比对结果的快速回报,提高区域性实验室一致性比对的数据分析处理效能,保证区域内不同实验室间检验结果的一致性和可比性,为开展区域性实验室比对工作提供实用工具,供同行之间交流和推广。

## PU-0561

## 探讨羟苯磺酸钙对肌酐不同检测方法的影响

高立峰

潍坊市肿瘤医院

**目的** 分析糖尿病患者服用羟苯磺酸钙后,采用肌氨酸氧化酶法和碱性苦味酸法检测肌酐结果存在较大差距的原因,探讨羟苯磺酸钙对肌氨酸氧化酶法肌酐浓度检测的干扰。

**方法** 选取 2018 年 7 月至 2018 年 12 月在我院内分泌科住院期间应用羟苯磺酸钙治疗的各种糖尿病患者 264 例(其中 I 型糖尿病 138 例,II 型糖尿病 58 例,糖尿病性酮症酸中毒 36 例,糖尿病肾病 20 例,妊娠期糖尿病 12 例)进行肌酐检测,且采用肌氨酸氧化酶法和碱性苦味酸法同时检测。

**结果** 264 例患者的肌酐检测结果显示采用肌氨酸氧化酶法检测的结果均明显低于采用碱性苦味酸法的检测结果,两种方法检测肌酐的浓度水平有显著性差异( $P<0.05$ )。

**结论** 羟苯磺酸钙对肌酐肌氨酸氧化酶法存在比较明显的负干扰作用,可能是糖尿病患者服药前后肌酐结果存在较大差异的原因。在对检验结果进行分析时应采用碱性苦味酸法对肌酐的检测结果进行纠正。

## PU-0562

## 血流感染大肠埃希菌的耐药及系统发生分型研究

郭玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 研究引起血流感染大肠埃希菌的耐药谱及系统发生分型,为临床治疗提供指导依据。

**方法** 收集 2007-2010 年医院血流感染大肠埃希菌的非重复菌株,进行临床分布统计、耐药谱测定,并用多重 PCR 方法对菌株进行系统发生分型检测。

**结果** 271 株大肠埃希菌对头孢他啶、头孢噻肟、头孢西丁的敏感率分别为 64.9%、36.2%、68.3%;检出产 ESBLs 菌 164 株占 60.5%,非产 ESBLs 菌 107 株占 39.5%;系统发生分型以 D 群和 B2 群为主,分别占 41.0%、32.5%,A 群和 B1 群比例较少,分别占 17.0%、9.5%。

**结论** 血流感染大肠埃希菌 4 年的耐药谱未发生明显变化,对碳青霉烯类抗菌药物,阿米卡星敏感率较高,系统发生分型以 B2 和 D 群为主。

## PU-0563

**2785 株假丝酵母的耐药性分析**

马薇

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解医院临床送检非痰类标本中假丝酵母分布与耐药性

**方法** 回顾性分析医院 2014 年 1 月-2016 年 12 月临床收集的非痰类标本中分离的假丝酵母 2 785 株,分析鉴定结果及药敏试验。

**结果** 2 785 株假丝酵母中,白假丝酵母 1 549 株占 55.62%,光滑假丝酵母 526 株占 18.89%,热带假丝酵母 404 株占 14.51%,近平滑假丝酵母 248 株占 8.90%,克柔假丝酵母 58 株占 2.08%。从尿、创口分泌物、组织、血液、产道分泌物五个部位分离到的以白假丝酵母为主。不同部位中五种假丝酵母对抗真菌药物有不同的耐药性,而对氟康唑和伊曲康唑耐药率较高。

**结论** 临床应根据真菌感染的部位及菌种选择不同的抗真菌药物,以利于及时有效地预防和控制真菌感染。

## PU-0564

**品管圈助力医技质量管理水平提升**

马薇

解放军总医院第一医学中心

**目的** 在医技科室开展品管圈活动,助力医技质量管理水平提升

**方法** 对医技品管圈开展情况进行介绍,通过微力圈、闪电圈、同心圈活动

**结果** 创建积极向上的科室文化,有效提高医技人员工作效率、医疗服务质量和临床满意度等。指出在医技品管圈开展过程中,选定合适的主题十分重要

**结论** 应科学运用质量管理工具,注重激发员工自动自发的精神潜力等。

## PU-0565

**引起多部位感染的肺炎克雷伯菌毒力特征研究**

马艳宁

解放军总医院第一医学中心

**目的** 分析引起多部位感染的临床肺炎克雷伯菌的毒力特点,为后续相关工作提供帮助

**方法** 收集 2008 年-2014 年由肺炎克雷伯菌引起的血流感染合并其他部位感染(腹腔感染或泌尿系感染或呼吸道感染)病例 80 例。采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)和多位点序列分型(MLST)对分离到的肺炎克雷伯菌进行同源性和分子流行病学分析;采用 PCR 方法分析肺炎克雷伯菌的荚膜血清型和毒力基因携带情况。

**结果** 68 例(85%)患者的多部位感染是由同一克隆的肺炎克雷伯菌引起;这些菌株间的同源性较小;仅有 44.1%的菌株具有高粘液表型;仅有 16.2%和 13.2%的菌株属于克隆复合体 23(CC23)和克隆复合体 65(CC65);有 32.4%的菌株为 K1/K2 荚膜血清型,而 32.4%和 35.3%的菌株分别属于 K5/K20/K54/K57 和其他血清型。

**结论** 引起多部位感染的肺炎克雷伯菌多数为非 K1/K2 血清型的菌株且不具有高粘液表型。因此,以此标准鉴定高毒力肺炎克雷伯菌存在较大误差。除目前已知的毒力因子,其他的机制可能在肺炎克雷伯菌引起的多部位感染中起重要作用。

## PU-0566

## 解放军总医院肠致病性大肠埃希菌的流行及耐药现状

叶丽艳

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京解放军总医院临床腹泻标本中分离的肠致病性大肠埃希菌(*enteropathogenic Escherichia coli*, EPEC)的分布和耐药情况,为临床治疗提供重要依据

**方法** 采用 Vitek MS 质谱仪或 Vitek 2compact GN 进行细菌鉴定,并用肠致病性大肠埃希菌诊断血清进行血清型凝集,药敏实验采用纸片扩散法(K-B 法)或 Vitek 2 compact 全自动细菌鉴定药敏仪,按 CLSI2016-M100 的标准进行药敏结果分析。

**结果** 2008~2016 年解放军总医院自临床腹泻标本分离到 EPEC 菌株 82 株,检出率为 2.10%;EPEC 的病例主要来自门诊急诊患者(28.05%),各年龄段均有检出。EPEC 的血清型主要是 O86:K61(B7)17 株(20.73%),未检出 O11:K55(B4)、O126:K71(B16)、O119:K69(B14)、O114:K90(B)血清型。EPEC 对哌拉西林、氨苄西林-舒巴坦、头孢噻肟耐药比较严重,耐药率在 70.00%左右;未检出耐碳青霉烯类抗生素的 EPEC,对哌拉西林/他唑巴坦敏感率达到 97.56%。

**结论** 2008~2016 年解放军总医院自临床腹泻标本分离到 EPEC 菌株 82 株,检出率为 2.10%;EPEC 的病例主要来自门诊急诊患者(28.05%),各年龄段均有检出。EPEC 的血清型主要是 O86:K61(B7)17 株(20.73%),未检出 O11:K55(B4)、O126:K71(B16)、O119:K69(B14)、O114:K90(B)血清型。EPEC 对哌拉西林、氨苄西林-舒巴坦、头孢噻肟耐药比较严重,耐药率在 70.00%左右;未检出耐碳青霉烯类抗生素的 EPEC,对哌拉西林/他唑巴坦敏感率达到 97.56%。

## PU-0567

## 216 例混合血流感染患者的病原菌分布及耐药分析

叶丽艳

解放军总医院第一医学中心

**目的** 分析医院住院患者发生混合血流感染的病原学特点、耐药性及预后相关因素,为临床治疗提供依据。

**方法** 对 2008 年 8 月-2015 年 12 月发生混合血流感染 216 例患者的病例资料及微生物检查结果进行数据收集,应用 Whonet5.6 进行耐药分析。

**结果** 混合血流感染的发生以外科为主占 40.28%,其中肝胆外科占 19.91%;共分离 442 株病原菌,依次是 111 株肠球菌属,占 25.11%、83 株大肠埃希菌,占 18.78%、69 株肺炎克雷伯菌,占 15.61%;病原菌组合有 45 种,以 6 种组合为主;大肠埃希菌未出现碳氢酶类耐药菌株,对阿米卡星和哌拉西林/他唑巴坦较敏感;肺炎克雷伯菌对亚胺培南耐药率为 10.14%;铜绿假单胞菌对抗菌药物的耐药率均低于 30.00%;鲍氏不动杆菌对绝大多数抗菌药物耐药率均高达 80.00%以上;屎肠球菌的耐药率普遍高于粪肠球菌,屎肠球菌对万古霉素的耐药率为 3.45%,粪肠球菌未检出对万古霉素耐药的菌株。

**结论** 混合血流感染的治疗应根据不同组合中病原菌的耐药性合理选用药物进行治疗,同时严格监测药物敏感性。

PU-0568

## 2008—2016 年某医院耐碳青霉烯肠杆菌分布和药物敏感性分析

叶丽艳

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解 2008—2016 年我院临床分离的耐碳青霉烯肠杆菌(CRE)的分布特点和耐药情况,为控制和治疗此类细菌引起的感染提供依据。

**方法** 采用纸片扩散法(KB 法)或 VITEK 2 COMPACT 全自动细菌鉴定药敏仪对上述菌株进行药物敏感性试验,按 CLSI 2015-M100 的标准进行药敏试验和结果分析。

**结果** 2008—2016 年我院自临床标本中共检出 CRE 菌株 703 株,CRE 率检出率为 3.1%,并呈逐年升高趋势。其中肺炎克雷伯菌 537 株,大肠埃希菌 59 株,肠杆菌属 47 株。标本来源最多为呼吸道标本(44.2%),且其分离率最高(5.0%),病房来源最多为监护病房(45.2%);分离率最高的科室是呼吸监护室(26.8%)。药敏试验结果显示,CRE 对阿米卡星、复方磺胺甲噁唑和庆大霉素的耐药率分别为 50.3%、53.1%和 69.1%,对其他抗菌药物的耐药率>80%。其中,肺炎克雷伯菌较其他菌种的耐药性高,除阿米卡星、复方磺胺甲噁唑和庆大霉素外,对其他抗菌药物耐药率均>94%。

**结论** CRE 菌株的分离数量呈现逐年升高的趋势,并对多数临床常用抗菌药物呈高度耐药。医疗机构应采取积极有效的感染控制措施以遏制此类菌株的大范围播散流行。

PU-0569

## 应用精益六西格玛优化微生物实验室检验流程

叶丽艳

解放军总医院第一医学中心

**目的** 应用精益六西格玛优化微生物实验室检验流程

**方法** 运用精益六西格玛,采用新的"定义-测量-分析-改进-控制"流程(DMAIC II),对微生物实验室检验流程全过程的数据进行收集、统计、分析

**结果** 透过繁杂的问题表象查找问题根源,依此来改善工作流程,去除浪费,提高微生物检验的工作效率

**结论** 提升医疗服务质量和医院管理效能

PU-0570

## 3226 例胎儿染色体核型分析

张文玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨不同产前诊断指征与胎儿异常染色体核型的关系

**方法** 收集 2014 年至 2018 年具有产前诊断指征的 3226 名孕妇羊水或脐血染色体核型分析结果。对不同产前诊断指征的染色体异常检出率进行统计分析。

**结果** 结果: 3226 例染色体核型分析中,共检出 289 例胎儿染色体异常,检出率为 8.96%;单项指征组、两项指征组、三项指征组,异常核型检出率分别为 6.81%、38.57%、75.00%,差异有统计学意义( $p<0.05$ );单项指征中 NIPT 阳性异常核型检出率最高 56.38%,其次为父母一方染色体异常 52.78%。



**结论** 对具有产前诊断指征的孕妇进行产前染色体核型分析,可以有效阻止缺陷儿的出生;NIPT 阳性、父母一方染色体异常与胎儿染色体异常的相关性最高;孕妇产前诊断指征的数量与胎儿染色体异常具有一定相关性。

#### PU-0571

### 荧光原位杂交与染色体微阵列分析技术在胎儿标记染色体产前诊断中的应用

张文玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 明确标记染色体来源与性质,探讨染色体核型分析、荧光原位杂交、染色体微阵列分析等联合应用在产前诊断中的应用价值

**方法** 应用荧光原位杂交、染色体微阵列分析技术,对 2014 年至 2018 年在解放军总医院产前诊断中心染色体核型分析无法明确诊断的 4 例胎儿标记染色体进一步分析。

**结果** 4 名胎儿标记染色体分别明确为 r(2)2p12q11.22、i(12)(p10)、i(18)(p10)、del(Y)(q11.2)/psu dic(Y)(q11.2)。

**结论** 通过细胞分子遗传学技术的联合应用可以明确标记染色体与未明确结构异常染色体来源与性质,为孕妇妊娠结局的选择,提供科学、准确的依据。

#### PU-0572

### 发热门诊患者呼吸道病毒病原学分布和快速诊断

陈刚

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京地区成人发热呼吸道症候群门诊患者呼吸道病毒感染的病毒病原学构成,建立门诊患者呼吸道病毒的快速诊断方法,提高呼吸道传染病病原的快速检测能力

**方法** 采用荧光定量 RT-PCR 法对 2013 年 2 月-2014 年 3 月采集 834 名患者鼻/咽拭子进行病毒核酸检测,数据采用 SPSS 13.0 软件进行统计分析。

**结果** 对 834 例标本进行病毒检测,检出阳性 338 例,阳性率为 40.53%;同种病毒的不同亚型和≥两种病毒混合感染 33 例,以 IFVA+IFVB 混合感染为主,共 7 例占 21.21%;腺病毒和副流感病毒在不同体温感染者中的差异存在统计学意义( $P<0.05$ );呼吸道病毒在冬季的感染率最高,为 71.75%,春季次之为 35.19%。

**结论** 冬季为呼吸道病毒感染的高发季节,呼吸道病毒的感染存在差异性;IFVA 是引起呼吸道感染的主要病原体,荧光定量 RT-PCR 可快速明确呼吸道感染病原体。

#### PU-0573

### 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌医院感染流行特征分析

赵强

解放军总医院第一医学中心

**目的** 分析耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌医院流行特征,为临床治疗提供依据。

**方法** 收集 2013-2015 年医院各临床科室患者临床标本分离的肺炎克雷伯菌株 2 941 株,对肺炎克雷伯菌医院感染的流行特征进行回顾性分析。

**结果** 2013-2015 年共分离肺炎克雷伯菌株 2941 株,其中耐碳青霉烯类菌株 358 株,2013-2015 年碳青霉烯耐药率分别为 3.79%、14.43%、14.53%,呈逐年上升趋势;碳青霉烯耐药菌株主要来源于痰(34.08%)、组织(16.76%)、尿(14.25%)、血液(11.17%)等标本;2013 年度仅在部分科室散发,2014-2015 年在肝胆外科病区、外科监护室、呼吸科监护室、神经内科监护室、呼吸科病区耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌持续存在,在其他科室多为散发;耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌对除阿米卡星、庆大霉素、磺胺甲噁唑/甲氧苄啶外的大多数抗菌药物表现高度耐药性,耐药率>85%;碳青霉烯敏感的肺炎克雷伯菌对除氨苄西林外的其他抗菌药物均保持较好的敏感性,敏感率>75%。

**结论** 肺炎克雷伯菌碳青霉烯类耐药问题表现日益严峻,合理应用抗菌药物等措施对有效地控制耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌医院感染暴发流行至关重要。

## PU-0574

### 电化学发光法检测降钙素的方法学评价

贾雪花

解放军总医院第一医学中心

**目的** 对电化学发光检测降钙素(hCT)进行方法学评价及性能验证。

**方法** 对电化学发光免疫法检测降钙素的不精密度、线性分析、参考区间进行验证。

**结果** 精密度实验显示: hCT 低值样本的批内和批间偏倚分别为 1.99%、2.37%, 高值样本的批内和批间偏倚分别为 1.08%、1.26%, 偏移均符合批内和批间允许误差的验证标准; 线性实验显示: 试剂的线性  $R^2$  分别为 0.9982, 符合  $R^2>0.995$  的验证标准; 参考区间验证实验显示: 20 例表观正常人 hCT 的水平均在厂家制定的正常参考区间范围内。

**结论** 电化学发光法检测降钙素符合实验室要求, 检测性能良好, 可广泛在实验室开展应用

## PU-0575

### 血清 CEA、CYFRA21-1、NSE、SCC 和 ProGRP 联合检测在肺癌诊断中的价值

贾雪花

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨癌胚抗原(CEA)、细胞角蛋白 19 片段(CYFRA21-1)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)、鳞状细胞癌抗原(SCC)和胃泌素释放肽前体(ProGRP)在肺癌诊断中的价值。

**方法** 采用电化学发光法和酶联免疫法对 228 例肺癌组、100 例肺良性疾病组及 100 例健康对照组的 CEA、CYFRA21-1、NSE、SCC 和 ProGRP 的含量进行检测及比较。

**结果** 肺癌组血清 CEA、CYFRA21-1、ProGRP 的水平明显高于肺良性疾病组和健康对照组( $P<0.05$ )。肺癌肿瘤标志物的血清水平与其病理类型相关, 血清 CEA 水平在腺癌时显著升高(中位数 8.64, 四分位数 2.72~44.76,  $P<0.05$ ), ProGRP 水平在小细胞肺癌中显著升高(中位数 152.00, 四分位数 46.00~1209.00,  $P<0.05$ ), 而血清 SCC 水平则在鳞癌时显著升高(中位数 1.30, 四分位数 0.80~2.55,  $P<0.05$ )。III、IV 期肺癌的血清 CEA、CYFRA21-1、NSE 和 SCC 水平明显高于 I、II 期肺癌( $P<0.05$ )。ProGRP+CEA+SCC 联合检测对肺癌诊断的灵敏度、特异度和约登指数分别为 75.9%、81.5%和 0.574, 灵敏度和约登指数大于各单项标志物的检测。

**结论** CEA 对腺癌、ProGRP 对小细胞肺癌以及 SCC 对鳞癌具有较大的辅助诊断价值, 联合检测可明显提高肺癌的敏感性, 为早期诊断治疗提供有力的证据。

PU-0576

## 2007-2017 年脑脊液标本培养病原菌分布特点与耐药性分析

李丰田

解放军总医院第一医学中心

**目的** 总结 2007 年 1 月-2017 年 12 月解放军总医院患者的脑脊液培养病原菌分布特点及其耐药性，为临床颅内感染的治疗与合理用药提供依据。

**方法** 统计脑脊液标本培养的病原菌的种类、数量、抗菌药物药敏结果，并分类分析 2007 年 1 月-2017 年 12 月间病原菌的流行特点和药敏情况。

**结果** 脑脊液培养共检出 759 株病原菌，主要分布神经外科 337 (44.4%)，外科监护室 135 (17.79%)，神经内科 95 (12.5%)，培养出的革兰阳性菌 579 株占 76.28%、革兰阴性菌 180 株占 23.72%；其中凝固酶阴性葡萄球菌、肠球菌属、鲍曼不动杆菌、大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌为主要病原菌，分别占 40.97%，7.77%，7.38%，3.16%，3.03%，2.65%；凝固酶阴性葡萄球菌、金黄色葡萄球菌对万古霉素和利奈唑胺的耐药率均为 0%，肠球菌属对万古霉素出现了耐药株；耐甲氧西林的凝固酶阴性葡萄球菌耐药率达到 64.5%，耐甲氧西林金黄色葡萄球菌耐药率达到 46.2%，鲍氏不动杆菌对头孢唑林、呋喃妥因、头孢哌酮的耐药率均为 100%；肺炎克雷伯菌对厄他培南的耐药率为 33.3%、亚胺培南耐药率为 17.4%、美洛培南耐药率 11.1%。真菌对抗真菌药物氟康唑和伊曲康唑出现了耐药性。

**结论** 颅内感染病原菌以革兰阳性菌和革兰阴性菌为主，阳性菌多于阴性菌且各类菌出现了不同程度耐药性，应根据药敏试验结果选择合适的抗菌药物，为临床颅内感染的治疗与合理用药提供依据。

PU-0577

## AFP 与 5'-NT 联合检测对于肝细胞癌的临床诊断价值

朱薇,戚凯,王静

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 讨论血清甲胎蛋白 (AFP) 5'核糖核苷酸 (5'-NT) 联合检测对于肝细胞癌 (HCC) 的诊断价值，为早期诊断和鉴别诊断 HCC 提供依据。

**方法** 收集 2016 年 1 月—2016 年 12 月住院患者标本 353 例，其中 HCC 患者 78 例 (HCC 组)，肝炎患者 148 例 (肝炎组)，肝硬化患者 127 例 (肝硬化组)。分别采用化学发光法和过氧化物酶法测定 3 组患者血清中 AFP 和 5'-NT 的浓度，三组间检测结果比较采用方差分析，比率采用卡方检验，并使用 MedCalc 统计学软件计算两项指标联合检测对 HCC 诊断的敏感性和特异性。

**结果** HCC 组血清 AFP 和 5'-NT 的浓度显著高于肝硬化组和肝炎组，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )；肝硬化组血清 AFP 和 5'-NT 的浓度显著高于肝炎组，其差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )；AFP 和 5'-NT 联合检测 HCC 的敏感性和特异性较单项检测显著提高，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 AFP 和 5'-NT 联合检测对 HCC 的鉴别诊断具有重要价值。

## PU-0578

## 无乳链球菌感染的分布与耐药性分析

李丰田

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨解放军总医院 2014 年 1 月-2017 年 12 月无乳链球菌的分布特点及其耐药性, 为临床预防无乳链球菌感染及合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析临床标本中分离到的不同患者不同部位的无乳链球菌来源、感染科室分布及耐药状况。采用 VITEK 2 进行药敏试验, WHONET 5.6 软件分析药敏试验结果。

**结果** 共检出 536 株无乳链球菌, 不同标本类型间尿标本检出率最高, 占 50.74%, 其次是阴道拭子、宫颈分泌物; 分布前四位科室分别为妇产科门诊 107 株 (19.96%), 泌尿外科门诊 85 株 (15.85%), 肾科门诊 67 株 (12.5%), 产科病区 53 株 (9.89%)。无乳链球菌对四环素的耐药率最高为 69.3%, 其次是喹诺酮类药物, 耐药率都达到了 50%以上, 对氨苄西林、利奈唑胺、万古霉素、青霉素 G、头孢呋辛、头孢噻肟的敏感率都达到了 100%。并且 2014 到 2017 年间耐药率总体呈逐年上升趋势。

**结论** 临床应重视对无乳链球菌的筛查, 加强耐药性监测, 合理用药, 治疗无乳链球菌感染首选青霉素 G 和氨苄西林。

## PU-0579

## Ibrutinib-based chemotherapy regimen for untreated or relapsed/refractory non-Hodgkin's lymphoma: a meta-analysis of efficacy and toxicity

Shan Liu, Li Jiang

Sichuan Academy of Medical Sciences and Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Although several trials have been conducted with the aim of investigating the efficacy and safety of ibrutinib, it is difficult to draw clear conclusions in terms of the value of ibrutinib to treat NHL and its subtypes due to the following: (1) small sample size of each single trial; (2) different disease subtypes, which varied among studies; and (3) various study designs. Therefore, this first meta-analysis was conducted with the aims of (1) investigating the efficacy of ibrutinib for patients with NHL or other various histologic subtypes and (2) assessing the safety of ibrutinib in patients with untreated or relapsed/refractory NHL.

**Methods** We conducted a systematic literature search for clinical trials investigating the efficacy and safety of ibrutinib in NHL as well as its different histological subtypes.

**Results** Our study demonstrated a significant survival benefit for ibrutinib with a pooled ORR of 51% (95% CI: 41–60%). Subgroup meta-analyses were performed according to the median age of patients. Patients in the elderly subgroup achieved a higher ORR (54%) than those in the younger subgroup (pooled ORR = 49%). Furthermore, the results of subgroup analyses based on different histologic subtypes of patients were as follows: the pooled ORR for MCL, FL, DLBCL and MZL were 71%, 43%, 35% and 33%, respectively. The mean PFS was 16.5 months (95% CI: 13.14-18.15) and the mean OS was 22.14 months (95% CI: 18.60-24.19). Most frequently occurred grade 3 to 5 toxicities included lymphopenia (45%), neutropenia (23%) and anaemia (13%). No new adverse events were observed.

**Conclusions** Our results indicate that ibrutinib is an effective regimen for NHL management, especially for MCL patients. In addition to its demonstrated antitumor activity, it is an extremely well-tolerated drug.

## PU-0580

## NSCLC 所致恶性积液分型诊断中 液基薄层联合 Napsin A、CK5/6 表达的临床价值

任美英

内蒙古科技大学包头医学院第一附属医院

**目的** 通过液基薄层细胞形态学 (TCT) 联合免疫组织化学天冬氨酸蛋白酶 A(Napsin A)及细胞角蛋白 5/6(CK5/6)在胸腔积液中的表达, 探讨并诊断非小细胞肺癌所致恶性胸腔积液以及其在分型诊断中的临床应用价值。

**方法** 采用液基薄层细胞学制片技术对 756 例胸腔积液进行涂片, 筛选出疑似肿瘤细胞及肿瘤细胞标本 322 例; 再利用免疫组织化学染色技术对确诊为由非小细胞肺癌所致的 149 例恶性胸腔积液进行肺腺癌、鳞癌分型诊断, 并判断该指标是否具有诊断价值。

**结果** 初筛 756 例胸腔积液, 149 例为非小细胞肺癌所致的恶性积液, 其中肺腺癌 117 例、肺鳞癌 30 例、肺腺鳞癌 2 例。Napsin A 在肺腺癌、肺鳞癌所致恶性胸水标本中的阳性表达率分别为 86.05%、10.81%, 其差异分别有统计学意义( $P<0.05$ ); Napsin A 在肺腺癌所致恶性胸水中的灵敏度、特异度分别是 86.05%、91.67%。CK5/6 在肺鳞癌、肺腺癌所致恶性胸水标本中的阳性表达率分别为 88.24%、11.11%, 其差异分别有统计学意义( $P<0.05$ ); CK5/6 在肺鳞癌所致恶性胸水中灵敏度、特异度分别是 88.24%、88.89%。

**结论** Napsin A 和 CK5/6 分别作为诊断肺腺癌、鳞癌所致恶性胸水的指标具有重要价值; 液基薄层胸腔积液细胞形态学与免疫组织化学这两种方法联合检测非小细胞肺癌所致恶性胸腔积液及其分型诊断具有较好的临床应用价值, 值得推广应用。

## PU-0581

## 胶原 XIII 在肿瘤原位生长转移作用的机制研究

张慧, 续薇

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨胶原 XIII 在肿瘤原位生长及转移中的作用, 明确胶原 XIII 促进乳腺癌转移的分子机制。

**方法** western blot、生物信息学分析 Crispr/cas9、基因组测序、慢病毒感染、免疫荧光染色、3D 细胞培养、Transwell 侵袭实验、单个细胞迁移实验、EdU 染色、乳腺肿瘤微球实验、流式细胞术、双荧光素酶报告基因实验、TNBC 细胞异种移植、肺转移模型和骨转移模型。

**结果** 乳腺癌组织中胶原 XIII mRNA 水平显著高于正常乳腺组织 ( $p<0.01$ ); ER 阴性的乳腺癌组织中胶原 XIII mRNA 的表达量高于 ER 阳性的乳腺癌组织 ( $p<0.01$ ); TNBC 组织中胶原 XIII mRNA 的表达量高于其它亚类的乳腺癌组织 ( $p<0.01$ ); 胶原 XIII 高表达的乳腺癌患者无复发生存率低于胶原 XIII 低表达的乳腺癌患者 ( $p<0.001$ )。ER 阴性的乳腺癌患者中, 胶原 XIII 表达量高者的总体无复发生存率更短 ( $p<0.001$ )。MDA-MB-231-Col13<sup>-/-</sup> (25/28) 中侵袭性分支显著降低 (克隆 25:  $p<0.001$ ; 克隆 28:  $p<0.001$ )。胶原 XIII 过表达增加 3D 克隆体积 (day4,  $p<0.05$ ; day5~day11,  $p<0.001$ )。胶原 XIII 过表达的 EdU 阳性率显著高于对照组 ( $p<0.001$ )。胶原 XIII 敲除降低细胞的侵袭能力 (克隆 25:  $p<0.01$ ; 克隆 28:  $p<0.01$ )。

**结论** (1) 乳腺癌的发生发展伴随着胶原 XIII 表达的增加;

(2) TNBC 细胞中胶原 XIII 表达的增加通过增强癌细胞迁移和侵袭促进 3D 培养恶性表型;

(3) 胶原 XIII 通过增强癌细胞的干细胞特性和相关的失巢凋亡抵抗促进乳腺癌的发展;

## PU-0582

## 提高脑脊液培养阳性率探讨

林花

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 脑脊液标本为非常珍贵的标本，不同于疑似感染可重复采集的血培养。脑外科以脑脊液培养为主，常反馈脑脊液培养阳性率的问题。某院微生物实验室，脑脊液培养阳性率低，为了提高其阳性率，从标本的采集、保存、运输、培养环境、检测方法等诸多方面做了探讨。

**方法** 临床采集标本时，一定按照标准无菌操作进行采集后打入血培养瓶内，同时注入到无菌试管内，及时送检。不能及时送检一定放在室温。直接涂片或离心后涂片和接种，培养皿放置在二氧化碳培养箱内，创造细菌良好的生长环境。随取材量的不同，标本只有一管时做微生物培养；超过两管时，第二管做微生物培养。量超过 2ml 时，可以双向培养，量小于 2ml 时，只用试管送检。

**结果** 离心后涂片和接种方法明显提高阳性率。增菌和试管法的双向培养。也明显提高脑脊液培养阳性率。检验的前提是前处理、前处理的前提是临床标准化采集。临床的标准化无菌操作也是避免假阳性的基础。

**结论** 影响提高脑脊液培养阳性率的因素诸多：标准化无菌操作取材、立即送检、不能冷冻、增菌培养和试管留取双向留取、适合的培养环境、离心后涂片和接种等诸多因素直接影响脑脊液培养的阳性率。

## PU-0583

## 多重 STR 基因座的联合检测在唐氏综合征中的应用研究

赖力

福建省立医院,350000

**目的** 探讨多重 STR 基因座的联合检测在唐氏综合征(Down syndrome, DS)快速诊断方面的准确性及应用价值。

**方法** 筛选位于 21 号染色体上的 8 个 STR 基因座 (D21S11、D21S1435、D21S2052、D21S1246、D21S1411、D21S1446、LFG21、Penta D)，设计荧光标记引物，利用 PCR 复合扩增、毛细血管电泳分型以及基因片段分析技术，对 29 例疑似 DS 患者的羊水或外周血样本进行检测，并结合染色体核型分析的结果进行比较。

**结果** 29 例羊水或外周血样本的 8 个 STR 基因座联合检测结果与染色体核型分析结果均一致，其中 20 例为 21 号染色体三体核型，9 例为 21 号染色体正常核型；DS 患者的 8 个 STR 基因座可检出三种基因峰型，峰高比约为 1: 1: 1 的三带型、峰高比约为 1: 2 的双峰基因型以及仅出现一条基因峰的单峰基因型，其中 DS 患者的双峰基因型的峰高比值范围为 1.6-2.7，且 DS 患者中 D21S2052、D21S11、D21S1435 和 D21S1411 四个 STR 基因座出现 1: 1: 1 三带型比例最高 (≥40%)。对 DS 患者具有诊断价值的 STR 基因座基因型 (包括三带型基因型和 1:2 或 2:1 双峰基因型) 的联合检出率由高到低分别为 D21S2052 (95%)、D21S1435 (90%)、D21S1246 (85%) 和 Penta D (85%)。

**结论** STR 基因座具有检测方法简单、快速和检测结果可靠等优点，其联合应用可以作为唐氏综合征染色体核型分析的有效辅助手段，对疾病的快速早期诊断具有重要应用价值。D21S2052、D21S1435、D21S1246 和 Penta D 四个基因座因其多态性高，分型鉴别能力强，可以作为唐氏综合征基因诊断的推荐基因座。

## PU-0584

## Iron deficiency in late pregnancy and its associations with birth outcomes in Chinese pregnant women: a retrospective cohort study

Xiaosong Yuan

Department of Prenatal Diagnosis Laboratory, Changzhou Maternity and Child Health Care Hospital Affiliated to Nanjing Medical University, Changzhou, Jiangsu, China;

**Objective** Several biomarkers are used to measure iron deficiency (ID) during pregnancy, but the prevalence of ID and its association with adverse birth outcomes shows inconsistent results. The aim of this study was to examine the prevalence of ID in third trimester using multiple indicators of iron status and the relationship with birth outcomes in Chinese population.

**Methods** We conducted a retrospective observational cohort study of 11581 pregnant women between 2016 and 2017 in Changzhou City, Jiangsu Province, China. We obtained the data (maternal characteristics and birth outcomes) and the concentrations of ID biomarkers from our hospitalization information system and laboratory information system, respectively. Using serum ferritin (SF), serum transferrin (ST) and their ratio as criteria of ID, we investigated associations between birth outcomes and late pregnancy ID.

**Results** The prevalence of ID in our study was 51.82% as defined by low SF ( $< 12 \mu\text{g/L}$ ), 54.43% as defined by high ST ( $> 4 \text{ g/L}$ ) and 53.90% as defined by high ratio of ST/SF (Log 10 transform  $> 5.52$ ). Maternal ST/SF ratio was associated with higher mean birth weight (97.04 g; 95% CI, 74.28, 119.81 for the highest vs. lowest quartile). Third trimester maternal ID, defined by ST/SF ratio, was associated with lower risks of preterm birth (PTB), low birth weight (LBW) and small for gestational age (SGA) infants, higher risks of macrosomia and large for gestational age (LGA) babies (for PTB: OR = 0.53, 95% CI, 0.36–0.77; for LBW: OR = 0.44, 95% CI, 0.31–0.62; for SGA: OR = 0.69, 95% CI, 0.57–0.83; for macrosomia: OR = 1.39, 95% CI, 1.13–1.70; for LGA: OR = 1.20, 95% CI, 1.04–1.39).

**Conclusions** ID in the third-trimester of pregnancy are frequent in Chinese women. Our findings suggest that the ratio of ST/SF measured in late pregnancy could be useful as a significant predictor of unfavorable birth outcomes.

## PU-0585

## CRISPR/Cas9 文库筛选技术的发展及其在肿瘤研究中的应用

雷婷

中国人民解放军南部战区总医院, 510000

**目的** 癌症作为威胁人类健康及生命的严重疾病之一, 其发生率和死亡率一直居高不下。其病因主要是肿瘤细胞基因组中的突变或遗传缺陷不断积累, 引发肿瘤形成和促进肿瘤的发展演进。因此修复肿瘤细胞基因或者沉默特定蛋白表达成为研究肿瘤发生发展过程以及开拓肿瘤治疗的重要手段。近年来, 高通量测序和生物信息学技术的极速发展, 为精准医疗背景下的肿瘤研究提供大量基因学信息。而 CRISPR/Cas9 基因编辑技术具有操作简便、易于设计等特点, 可为肿瘤相关基因的功能学研究提供新方法、新思路, 进而更好地服务临床诊疗。

**方法** CRISPR/Cas9 技术可实现全基因组范围的高通量筛选, 其针对每个基因设计 3~10 条 sgRNA, 利用芯片一次合成数万条覆盖整个基因组的 sgRNA 库, 经慢病毒包装后以低感染复数感染宿主细胞, 在适当的筛选条件下测试筛选前后 sgRNA 的丰度变化, 进而找出候选基因。

**结果** 基于 CRISPR/Cas9 技术的高通量文库筛选策略涉及多个过程, 包括 sgRNA 的设计及合成、Cas9 细胞系的构建、表型选择、高通量测序、生信分析、候选基因和脱靶效应的验证等。CRISPR 文库的构建流程和筛选效果方面, 至少有三个方面可以进行提高: 一是 sgRNA 的设计, 二是 sgRNA 数量的优化, 三是选择更合适的单克隆 Cas9 蛋白表达细胞。

**结论** CRISPR/Cas9 高通量筛选文库在哺乳动物细胞中的应用毫无疑问会为肿瘤等相关疾病机制的研究提供极大的帮助, 我们可以预见, 随着相关基础研究的深入, CRISPR/Cas9 系统将在肿瘤个体化治疗方面得到更广阔的发展与应用。

PU-0586

## 免疫共沉淀结合质谱筛选人乳腺癌中 ZNF276 互作蛋白的研究

雷婷

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 锌指蛋白 (Zn finger protein, ZNF) 因其特殊的指状结构可作为蛋白适配器特异地介导蛋白质之间相互作用, 然而其在恶性肿瘤中的功能和作用机制尚未了解。本研究以乳腺癌为研究对象, 筛选与锌指蛋白 276 相互作用的蛋白, 为进一步研究 ZNF 及其互作蛋白在恶性肿瘤中的生物学作用和临床诊断价值奠定基础。

**方法** 构建 ZNF276 真核表达质粒并在 MDA-MB-231 细胞中表达, 采用免疫共沉淀的方法富集人乳腺癌中与 ZNF276 相互作用蛋白, SDS-PAGE 凝胶电泳分离免疫共沉淀复合物, 经质谱筛选后, 通过免疫共沉淀及免疫荧光实验反向验证 ZNF276 与互作蛋白的关系。

**结果** 亚甲基四氢叶酸脱氢酶 1 (Methylenetetrahydrofolate Dehydrogenase, Cyclohydrolase And Formyltetrahydrofolate Synthetase 1, MTHFD1) 和黑色素瘤相关抗原 B2 抗体 (Melanoma-associated antigen B2, MAGEB2) 蛋白经验证在乳腺癌中与 ZNF276 互作。

**结论** 本研究利用免疫共沉淀方式在 MDA-MB-231 乳腺癌细胞中鉴定了两种与 ZNF276 相互作用的蛋白, 它们相互作用的机理和方式需进一步深入探索, 这为寻找乳腺癌分子诊断或靶向治疗的潜在靶标提供新的思路和方法。

PU-0587

## ZNF 蛋白在乳腺癌各分型分级中的表达差异及临床预后分析

雷婷

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 锌指蛋白 (Zn finger protein, ZNF) 在真核生物中表达广泛, 参与细胞分化、增殖和凋亡等多种重要生命过程。本文旨在研究 ZNF 蛋白在乳腺癌各分型分级中的表达差异及其与临床预后的关系, 为乳腺癌的临床诊断与预后评估提供新的监测指标。

**方法** 从 USCS Xena (<https://xenabrowser.net>) 数据库下载基因表达谱矩阵 (FPKM)、样本临床信息和生存信息等相关数据, 利用统计学分析 ZNF 基因在正常与肿瘤组织, Luminal A、Luminal B、HER2+与 TNBC 乳腺癌分子分型组织, 浸润性导管癌与浸润性小叶癌等病理分型组织以及不同 TNM 分期与肿瘤阶段组织中的表达差异, 并分析 ZNF 表达量与乳腺癌病人预后情况的关系。

**结果** ZNF 蛋白在乳腺癌各分型分级中的表达量以及对乳腺癌患者生存预后的影响均存在差异; 其中差异显著, 具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ) 的是: 肿瘤组的 ZNF 表达量高于正常组; 对于不同乳腺癌



分子分型，ZNF 分别在 TNBC 型乳腺癌和浸润性小叶癌中的表达量最高；在以中位数为阈值的 KM 生存曲线分析中，ZNF 高表达的患者预后生存率高于低表达的患者。

**结论** ZNF 在乳腺癌各分型分级中的表达具显著性差异，与乳腺癌患者生存预后呈正相关，可能是新的乳腺癌分子诊断或靶向治疗的潜在靶标。

## PU-0588

### 生殖道沙眼衣原体核酸检测分析

李名  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 对解放军总医院第一医学中心 2018 年 1 月 1 日至 12 月 31 日门诊及病房送检的标本进行检测统计。对其中沙眼衣原体感染情况进行统计分析

**方法** 沙眼衣原体感染的阳性率，分布人群的性别、年龄进行归类。后期将根据阳性病人的临床诊断进行统计学分类，分析沙眼衣原体的易感人群、年龄、基础疾病以及沙眼衣原体感染的相关疾病。同时分析阳性病人的临床症状、用药的有效率以及与其他疾病的联系。

**结果** 约 25% 是男性尿道拭子，70% 是女性阴道拭子，其余为尿液、精液等。2018 年全年共进行沙眼衣原体核酸检测 8713 例，其中沙眼衣原体阳性 388 例，约占 4.5%。

**结论** 为临床快速诊断沙眼衣原体感染提供依据，提高临床阳性送检率同时减少阴性送检率，提高检出效率的同时避免医疗资源的浪费。

## PU-0589

### 侵袭性真菌病的诊断和风险预警研究

李名  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 寻找对诊断侵袭性真菌病最有意义的诊断模式

**方法** 对解放军总医院第一医学中心近十五年临床检验数据的调取、筛选、整理、分析，寻找与侵袭性真菌病联系密切的临床指标，通过统计学分析，建立诊断模型，最后通过数据验证，证明模型的可行性。

**结果** 取 2003-2018 在我院进行无菌体液（静脉血、脑脊液、胆汁、腹水、胸水、组织）培养阳性且为真菌的病人的临床信息，共收集到真菌菌株 1748 株，对应临床病人共计 1355 人次，根据与临床沟通，筛选出目前认为与侵袭性真菌病诊断关系比较密切的临床指标（包括 G 实验、GM 实验、病理结果、影像诊断等）。

**结论** 在侵袭性真菌病发病的早期为临床提供预警，同时规范侵袭性真菌病诊断的标准化，做到提早预防，及时诊断，合理治疗。

## PU-0590

### 代谢组学在早产母胎医学中的研究进展

刘晓婷  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 将羊水作为一项主要的孕早期诊断筛查的目标物

**方法** 研究与病理发生相关的羊水代谢组学有望发现新型的生物标记物，加快妊娠相关疾病的预测及发病机制的阐释，对妊娠相关疾病的防治和母婴预后

**结果** 胎儿畸形(Fetal malformation, FM)又称胎儿缺陷，指胎儿在子宫内发生的器官形态或染色体异常，是影响生育质量的重要因素，也是造成围产儿死亡的主要原因，同时也是造成儿童和成人残疾的主要原因之一。我国是出生缺陷高发国家，通过早期诊断、早期干预可以避免至少 70% 胎儿缺陷。因此，加强产前筛查，最大限度地检出胎儿畸形，减少畸形儿的出生，对提高整体国民素质、推进优生优育有着重大的意义。代谢组学(Metabolomics)是近年来在系统生物学蓬勃开展的背景下发展起来的新兴学科。即以动物的体液和组织为研究对象，研究生物体对病理生理刺激或基因修饰产生的代谢物质其质和量的动态变化。目前，代谢组学在母胎医学中的应用还处于萌芽状态，但是对胎儿早期功能相关的代谢组学的研究日益增加。用于孕妇与胎儿代谢组学研究的组织可包括羊水、全血、血浆、脐血、胎盘、尿液和阴道分泌物等，这些组织中的生物标记物与胎儿畸形等之间可能有较强的相关性。

**结论** 羊水的代谢物预测早产有非常重要的作用

## PU-0591

### 不规则抗体筛查在提升输血效率及安全性上的应用

朱驰<sup>1</sup>,赵皇伟<sup>2</sup>,赵晓明<sup>1</sup>,杨冀<sup>1</sup>

1.上海市东方医院南院

2.上海杨思医院

**目的** 回顾性分析本院不规则抗体临床科室分布情况、人群不规则抗体产生的年龄段及临床疾病诊断，探讨不同年龄段、不同疾病人群抗体筛查阳性的概况，针对性提高输血效率并保障输血的安全性。

**方法** 对 2014 年 10 月至 2017 年 10 月共计 12072 名至本院行不规则抗体筛查的人群回顾性分析，阳性标本送至上海市血液中心做抗体鉴定试验。

**结果** 本院抗体筛查试验的阳性率为 0.6%，且女性不规则抗体的阳性率（0.67%）高于男性（0.46%）；抗体筛查人群主要分布于本院急诊内科、急诊外科以及肿瘤血液科，而肝胆胰科（7.5%）、妇产科（5.25%）及肿瘤血液科（4.73%）患者的抗筛阳性率最高；抗筛阳性人群中，青年人群以妊娠为主，中年人群以肿瘤、体检诊断为主，老年人群以体检诊断为主（ $P<0.05$ ）；男性和女性不规则抗体的检出方式都以体检为主（ $P<0.05$ ）；男性中青年的抗筛阳性数远低于女性中青年（ $P<0.05$ ），且青年女性的抗筛阳性率最高；抗筛阳性的肿瘤诊断患者中，中年女性的人数高于中年男性（ $P<0.05$ ）；临床出血性疾病的抗体筛查阳性率为 8.3%；不规则抗体主要为抗-E、抗-M。

**结论** 青年女性的抗体筛查阳性率远高于其他人群，因此，有必要将抗体筛查项目纳入青年女性的常规体检项目；针对我院肝胆胰、妇产科、肿瘤血液科不规则抗体的高阳性率，应将不规则抗体筛查试验纳入这些科的入院检查项目中的必要检查项，且输血患者交叉配血的血样应确保为患者当天血液，避免使用非当日标本行交叉配血，以防输血反应的发生。整个人群中，抗体检出方式以体检为主，因此提倡、鼓励定期体检将有利于提高患者的输血安全性，缩短抗筛阳性患者的备血时间，从而提升患者的输血效率；最终达到医院早发现，患者早知情，血库早备血，家属早安心的和谐状态。

## PU-0592

## 基于质谱技术的活动性结核病人血浆代谢性生物标志物的筛选

周爱萍

上海市东方医院同济大学附属东方医院南院

**目的** 通过对活动性结核病人血浆代谢组学的研究，筛选出能够用于结核病早期诊断的生物标志物，为建立结核病早期、快速、灵敏的诊断方法提供线索。

**方法** 采用 UPLC-MS/MS 技术与多元数据分析相结合的方法，首先对活动性结核病人（TB）、结核杆菌潜伏感染者（LTBI）及健康对照人群（HC）各 100 例血浆样本进行检测，随后进行偏最小方差判别分析法（PLSA-DA）和正交偏最小方差判别分析法（OPLS-DA）分析。OPLS-DA 中，通过计算各组间变量重要性（VIP）来进行筛选和确定差异变量，结合单变量统计分析筛选活动性结核病人血浆中主要的差异代谢物，然后采用步进式算法优化代谢性生物标志物群。

**结果** 代谢物谱中共发现 10266 个变量，初步鉴定出 1153 种物质。OPLS-DA 分析中，TB 组与 HC 组  $Q^2$  高达 0.955；TB 组与 LTBI 组  $Q^2$  高达 0.938；LTBI 组与 HC 组  $Q^2=0.891$ ，都能够很好地区分两组样本。在 OPLS-DA 和单变量统计分析中，筛选 VIP>1 和 p value<0.05 的变量作为差异变量，共有 259 个差异代谢物。各两组差异代谢物在线绘制韦恩图，得到的交集中含有 38 种主要差异代谢物。所有差异代谢物进行在线 MetaboAnalyst 分析，参与了 34 个代谢通路，其中与脂类代谢相关的通路有 14 个，排在前 3 位的分别是  $\alpha$ -亚油酸亚麻酸代谢通路、类固醇生成及神经鞘磷脂代谢，这 3 个通路均都与脂质代谢相关。38 种代谢差异物进行单变量 ROC 曲线分析，计算曲线下面积（area under the curve, AUC）值。发现 Lactic acid, Dopamine, Pentadecanoic acid 和 12, 13-DIHOME 的 AUC 值>0.9，可作为潜在的用于结核病诊断的代谢性生物标志物。

**结论** 代谢组学的方法能够为结核病的发病机制、病情发展变化及治疗情况的评估提供重要的依据。

## PU-0593

## FQ-PCR 法与培养鉴定法检测解脲支原体结果比对分析

刘喆

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过比较荧光定量 PCR 法（Fluorescence quantitative PCR, FQ-PCR）和培养法在解脲支原体（*Ureaplasma urealyticum*, UU）检测中的符合率，为临床解脲支原体检测方法的选择提供参考依据。

**方法** 收集近期就诊于我院 112 例患者的生殖道分泌物标本，分别采用荧光定量 PCR 法与培养法检测 UU。

**结果** 在 112 例标本中，UU 培养法阳性 53 例，阳性检出率 47.3%，FQ-PCR 法阳性 61 例，检出率 54.5%（ $\chi^2=1.143$ ,  $P=0.285 > 0.05$ ）。61 例 FQ-PCR 法阳性的 UU 浓度范围  $1.60 \times 10^3$  -  $1.04 \times 10^7$  copies/ml，其中  $10^3$  copies/ml 12 例（19.7%）， $10^4$  copies/ml 15 例（24.6%）， $10^5$  copies/ml 22 例（36.1%）， $10^6$  copies/ml 9 例（14.7%）， $10^7$  copies/ml 3 例（4.9%）。培养法阴性而 FQ-PCR 法阳性病例 9 例，FQ-PCR 法测定浓度范围  $10^3$  -  $10^5$  copies/ml。

**结论** FQ-PCR 法检测 UU 的检出率略高于培养法，两种方法不符合结果的 UU 测定浓度分布在  $10^3$  -  $10^5$  copies/ml 之间。

## PU-0594

**GeneXpert MTB / RIF 技术在结核筛查诊断中的应用**

刘喆

解放军总医院第一医学中心

**目的** 评价实时荧光定量核酸扩增 (GeneXpert MTB / RIF) 技术对呼吸道标本、组织标本、无菌体液标本等临床常见标本中结核菌和利福平耐药结核菌的筛查诊断效果。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2017 年 12 月就诊于解放军总医院 1015 例 (来自 961 例患者) 呼吸道标本、组织标本或无菌体液标本等, 采用 GeneXpert MTB / RIF 技术进行结核菌鉴定和耐利福平基因的检测。

**结果** 在 1015 例标本中, 结核菌阳性 82 例, 阳性率为 8.08%, 痰 (62/598, 阳性率 10.37%)、肺泡盥洗液 (1/13, 7.69%)、脑脊液 (9/234, 3.85%)、胸水 (3/59, 5.08%)、尿 (3/57, 5.26%)、引流液 (1/3, 3.33%)、组织 (1/7, 14.29%)、腹水 (1/21, 4.76%)、脓液 (1/4, 25.00%) 等标本中结核菌均有检出; 82 例结核菌阳性标本中利福平耐药 7 例, 耐药率为 8.54%, 其中 6 例探针 E 未检出, 1 例探针 B 未检出。共有 515 例标本同时送检 GeneXpert MTB / RIF 和抗酸涂片染色两种方法, 其中 GeneXpert MTB / RIF 阳性率 9.51%, 抗酸涂片检测阳性率 2.72% ( $p < 0.05$ )。

**结论** GeneXpert MTB / RIF 技术可用于临床常见标本中结核菌和利福平耐药结核菌的筛查诊断, 且该方法快速、简便、自动化程度高, 有较好的临床应用和推广价值。

## PU-0595

**应用 XE-5000 血细胞分析仪对恶性胸腹水的检测**

王晓菲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨 Sysmex XE-5000 血细胞分析仪体液模式研究参数高荧光强度细胞值 (HF-BF) 与恶性胸腹水中肿瘤细胞出现的关联性以及仪器提示标本含有恶性肿瘤细胞的 HF-BF 的临界值的设定。

**方法** 在已用仪器检测的胸腹水标本中随机选取恶性与非恶性标本各 40 例, 分析二者的 HF-BF 是否存在差异, 并用受试者工作特征 (ROC) 曲线判定 HF-BF 对恶性胸腹水中肿瘤细胞的识别能力及最佳诊断界值。

**结果** 恶性与非恶性胸腹水的高荧光强度细胞绝对值 (HF-BF#) 有明显差别 ( $P = 0.042$ ), 而二者的高荧光强度细胞百分比 (HF-BF%) 无明显差别 ( $P = 0.246$ )。经 ROC 曲线分析, HF-BF# 虽对恶性胸腹水中肿瘤细胞的识别能力优于 HF-BF% 但能力不强 (曲线下面积  $0.632 > 0.425$ ), HF-BF# 的最佳诊断界值为  $39.5 (*10^6/L)$ 。将  $39.5 (*10^6/L)$  设为仪器提示标本含有恶性肿瘤细胞的 HF-BF 的临界值, 则仪器研究参数 HF-BF 检出恶性胸腹水的灵敏度为 65%, 特异性为 67.5%, 阳性似然比为 100%, 阴性似然比为 51.85%。

**结论** Sysmex XE-5000 血细胞分析仪体液模式研究参数 HF-BF# 可作为恶性胸腹水的筛查指标, 阳性标本应结合胸腹水生化, 脱落细胞检查, 肿瘤标志物及影像学等结果进一步明确诊断。

PU-0596

## 用于产前诊断中的新技术

张晨晰

解放军总医院第一医学中心

**目的** 就常用染色体分析技术原理、特点作一综述

**方法** 探讨将这些新技术与传统的细胞染色体核型分析技术相结合,合理运用,使得产前诊断中更多复杂的染色体异常核型的明确诊断成为可能。

**结果** 经典的细胞培养和细胞染色体分析是染色体病诊断的金标准,但该方法有实验周期长,对部分复杂、微小异常诊断困难等缺点;随着分子遗传学技术的不断发展,在传统染色体核型分析的基础上衍生发展了多项染色体分析诊断技术,如荧光原位杂交技术、比较基因组分析、光谱核型分析,无创产前 DNA 检测,染色体微阵列分析和高通量测序等不断应用于产前诊断染色体病中。这些新技术具备实验周期短,特异性强,分辨率高等优点。

**结论** 这些新技术与传统的细胞染色体核型分析技术相结合,合理运用,使得产前诊断中更多复杂的染色体异常核型的明确诊断成为可能。

PU-0597

## 全自动血凝分析仪 CS2000I 性能验证

吴燕<sup>1</sup>,张立文<sup>2</sup>

1.兰州大学第一医院,730000

2.中国人民解放军总医院

**目的** 对 CS2000I 全自动血凝仪的分析性能进行评价,判断其分析性能是否满足临床要求。

**方法** 按照美国临床实验室标准化委员会(NCCLS)EP5-A 标准,应用定值质控品,评价 CS2000I 全自动血凝仪凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原(Fbg)、及 D-二聚体(D-dimer)的准确度、批内精密度和批间精密度、线性范围,以及携带污染率。

**结果** APTT、PT、Fbg、D-dimer 的批内精密度均小于 1/4 总允许误差(TEa),日间精密度低于 1/3;检验结果的准确度符合要求;Fbg、D-dimer、FDP 检测的线性良好;携带污染率符合临床要求

**结论** CS2000I 全自动血凝仪的分析性能符合临床要求,可用于临床病人标本的检测。

PU-0598

## 多粘菌素抗性基因 mcr-1 的大肠埃希菌菌株分布特点及耐药性

赵乾

解放军总医院第一医学中心

**目的** 回顾性分析 9 年中携带多粘菌素抗性基因 mcr-1 的大肠埃希菌菌株分布特点及耐药性变迁,为临床治疗大肠埃希菌感染提供依据。

**方法** 收集 2009 年至 2017 年医院临床分离的大肠埃希菌,细菌鉴定采用法国梅里埃 VITEK MS 质谱仪,使用 mcr-1 特异引物序列对大肠埃希菌的 DNA 模板进行 PCR 扩增,并通过测序和比对确定其是否携带 mcr-1 耐药基因,药物敏感性试验采用 VITEK-2 COMPACT 全自动细菌鉴定药敏仪,结果判定按照 CLSI 标准,数据分析采用 EXCEL 软件处理。

**结果** 共分析大肠埃希菌 16700 株, mcr-1 基因阳性菌株数为 143 株, 除 2013 年外, 其他年份分离株数和分离率呈逐年上升趋势, 主要来源于尿液标本, 占 46.9%。携带 mcr-1 的大肠埃希菌对 17 种抗菌药物的耐药率无明显增加趋势, 其中以环丙沙星和左氧氟沙星耐药率上升较明显, 从 75% 上升至 >93%。不同标本来源的大肠埃希菌对 17 种抗菌药物的耐药率略有不同, 其中胆汁标本对 17 种抗菌药物耐药率最高, 而尿标本对 17 种抗菌药物有较高的敏感性, 对亚胺培南耐药的大肠埃希菌仅有 3 株, 不同标本对哌拉西林、哌拉西林/他唑巴坦、四环素、妥布霉素、亚胺培南、厄他培南、呋喃妥因有较高的敏感性。

**结论** 质粒介导的粘菌素耐药基因 mcr-1 阳性的大肠埃希菌对除多粘菌素外其他抗菌药物有较高的敏感性, 连续监测器来源分布和耐药变迁, 对指导临床合理用药和感染控制具有重要的意义。

## PU-0599

### 北京人群中 CYP2C19 基因多态性分析

赵强

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京地区人群 CYP2C19 基因多态性, 探讨 CYP2C19 基因多态性检测的必要性。

**方法** 收集 2018 年 10 月-2019 年 3 月于我院就诊的 250 例患者静脉血标本, 采用实时荧光 PCR 法检测 CYP2C19 基因多态性。

**结果** 250 例患者中, 男性 152 例, 女性 98 例, 年龄 16-91 岁, CYP2C19 \*1/\*1 快代谢类型 96 例, CYP2C19 \*1/\*2 中代谢类型 109 例, CYP2C19 \*1/\*3 中代谢类型 19 例, CYP2C19 \*2/\*2 慢代谢类型 18 例, CYP2C19 \*2/\*3 慢代谢类型 8 例, 未检出 CYP2C19 \*3/\*3 慢代谢类型。

**结论** 北京地区人群中 CYP2C19 具有较高的基因多态性, 以 CYP2C19 \*1/\*1 快代谢类型和 CYP2C19 \*1/\*2 中代谢类型为主, 患者在用药前有必要进行 CYP2C19 基因多态性检测。

## PU-0600

### 医学检验专业实习生疑难血型鉴定带教体会

赵晓明

上海市东方医院南院

**目的** 全面、高效地完成“输血前三大常规操作”之血型鉴定的实习带教工作, 使医学检验专业的实习生在有限的时间内掌握此项技能操作的要领, 顺利完成输血实习, 并为其将来走向工作岗位打好基础。

**方法** 对输血工作中遇到的典型疑难血型案例进行分析, 有效识别亚型、类孟买、冷凝集等干扰血型鉴定的因素, 总结疑难血型的分析解决方法。

**结果** 实习生能独立完成血型鉴定试验, 有效规避差错的发生, 遇到血型正反不符等情况能够有一定的分析思路。

**结论** 增强了医学检验学生对输血工作的兴趣, 保证更多高素质输血检验人员的输出。

## PU-0601

**北京人群 HLA-B\*5801 基因检测分析**

赵强  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京地区人群 HLA-B\*5801 的基因检出情况，探讨筛查 HLA-B\*5801 基因的必要性。  
**方法** 收集 2018 年 10 月-2019 年 3 月于我院就诊的 494 例患者静脉血标本，采用实时荧光 PCR 法检测 HLA-B\*5801 基因。  
**结果** 494 例患者中，男性 401 例，女性 93 例，年龄 15-95 岁，HLA-B\*5801 基因阳性 37 例，检出率 7.49%。  
**结论** 京地区人群中 HLA-B\*5801 基因检出率较高，因此需服用别嘌醇醇的患者在用药前有必要进行 HLA-B\*5801 基因筛查。

## PU-0602

**红细胞分布宽度对肝脏疾病的诊断价值**

方乾坤  
中国人民解放军总医院

**目的** 研究红细胞分布宽度与肝脏疾病的相关性，判断其对肝脏疾病的诊断价值  
**方法** 对我院 200 名肝病患者进行回顾性分析，包括慢性乙型肝炎无肝硬化 24 例，慢乙肝感染后肝硬化 80 例，原发性肝癌 55 例，原发性胆汁性肝硬化 41 例。40 例健康人作为对照。分析。收集肝功能、肾功能、红细胞参数、凝血功能参数进行相关分析与多因素回归分析，分析红细胞分布宽度与不同肝脏疾病的相关性。  
**结果** 与健康对照组相比，肝病患者红细胞分布宽度明显增高。红细胞分布宽度与血清胆红素、肌酐、凝血酶原时间成正相关，与血小板数量、血清白蛋白呈负相关。同时，红细胞分布宽度与 Child-Pugh 分级相关。  
**结论** 红细胞分布宽度是判断肝脏疾病预后的指标之一。

## PU-0603

**Particle-enhanced turbidimetric immunoassay for determination of serum neutrophil gelatinase-associated lipocalin on the Roche Cobas c501 analyzer**

方乾坤  
中国人民解放军总医院

**目的** Neutrophil gelatinase-associated lipocalin (NGAL) has been reported to be a good marker for tubular damage and acute kidney injury. The aim of this study was to develop a high throughput assay for the quantification of serum NGAL (sNGAL).  
**方法** Imprecision, interference, linearity, recovery, and reference values were evaluated on Cobas c501.  
**结果** The assay was linear over the dynamic range of the study ( $R^2 = 0.9988$ ). The total assay imprecision was below 5%. The assay recovery was estimated at 98.89%–102.61%. There were no gender-related differences for serum NGAL. There were significant age-related differences

between the 21–44 and 45–75 year categories for serum NGAL. The reference value for sNGAL was 116.52 µg/L in the 21–44 year group and 126.9 µg/L in the 45–75 year group.

**结论** The NGAL assay verified to be a reliable assay with convenient performance characteristics. The assay improves and simplifies the laboratory workload.

#### PU-0604

### 616 例凝血检验不合格标本的原因分析及对策

王姗姗

中国人民解放军总医院

**目的** 探讨我院临检科 616 例凝血检验不合格标本的原因分析及对策，降低凝血标本不合格率，提高分析前的质量控制。

**方法** 回顾性分析我院临检科 2016 年 4 月至 2017 年 1 月不合格凝血标本按照不合格拒收原因、不同科室、不同月份分项分类，并进行统计学分析。

**结果** 2016 年 4 月至 2017 年 1 月本科凝血标本总数 192034 份，不合格标本数为 616 份，不合格率为 0.32%，不合格标本原因分析中标本凝固比例最高，占 77.92%；其次为标本量少，占 16.23%，抗凝剂错误的有 29 例，占 4.71%，空管 7 例，占 1.14%。

**结论** 标本凝固和标本量少是造成不合格标本的主要原因，各科室应加强分析前质量控制的培训，必要时给责任护士设立奖惩制度，积极与临床沟通，减少分析前不合格标本。

#### PU-0605

### 儿童嗜酸性粒细胞白血病 1 例报告并文献复习

冯晓倩

中国人民解放军总医院

**目的** 嗜酸粒细胞白血病是以高嗜酸细胞为特征的克隆性的细胞遗传学异常病变

**方法** 嗜酸性粒细胞白血病按形态学分为 3 种类型:原始细胞型,幼稚细胞型和成熟细胞型。

**结果** 本病发病急,具有急性白血病的临床症状:发热、乏力、贫血、皮肤紫癜,需要排除寄生虫病、过敏性疾病、结缔组织病及其他原因引起的嗜酸粒细胞增多

**结论** 过敏性疾病、结缔组织病及其他原因引起的嗜酸粒细胞增多,结合骨髓涂片和活检以及组化检查

#### PU-0606

### 血清 C 反应蛋白、纤维蛋白原与原发性肾病综合征相关分析

冯晓倩

中国人民解放军总医院

**目的** 探讨血清 C 反应蛋白(C-reactive protein,CRP)、纤维蛋白原(fibrinogen,FIB)与原发性肾病综合征(primary nephrotic syndrome,PNS)的相关性

**方法** 采用免疫比浊法测定血清 CRP 和 FIB 水平,比较 66 例 PNS 患者和 40 例健康对照组的血清 CRP、FIB 和其他生化指标。

**结果** PNS 患者血清 CRP 水平明显高于对照组。Pearson 相关分析显示 CRP 与质量指数(body mass index,BMI)、收缩压(systolic blood pressure,SBP)和舒张压(diastolic blood pressure,DBP)呈



正相关( $P<0.05$ ),CRP、FIB 与 24 h 尿蛋白相关性分析  $r$  值分别为 0.615、0.723,显示在试验组 CRP、FIB 与 24 h 尿蛋白存在一定程度的正相关关系( $P<0.05$ )。

**结论** PNS 患者体内微炎症反应,凝血状态的变化在 PNS 的发生和发展过程中起一定作用。

## PU-0607

### PENTRA MS CRP 血液分析仪 CRP 测定性能的初步评价

乐家新

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解 PENTRA MS CRP 血液分析仪 CRP 测定的性能特点。

**方法** 对该检测系统测定 CRP 的精密度、携带污染率、线性、稳定性和可比性等指标进行测试。

**结果** PENTRA MS CRP 仪器测定 CRP 的批内精密度:抗凝静脉血  $cv<5.4\%$ 、CRP 质控物  $cv<2.0\%$ ,符合仪器使用说明书要求 ( $cv\leq 10\%$ ),也符合相对误差小于  $1/3CRP$  总误差(8.33%)的要求。中间精密度  $cv$  值: CRP 标准品为  $3.63\%$ 、低值质控品为  $7.82\%$ 、高值质控品为  $5.19\%$ ,均小于  $1/2CRP$  总误差 ( $12.5\%$ ) 的要求,在临床可接受范围内。携带污染率:抗凝静脉血为  $0.57\%$ 、血浆为  $0.86\%$ ,均低于厂家  $<2.0\%$  的要求。室温或  $4^{\circ}C$  冷藏条件下保存的抗凝血标本 48 小时内,CRP 结果稳定性较好,相对偏差  $<5.0\%$ 。全血标本线性范围  $0mg \sim 188.3mg/L$ 、血清标本线性范围  $0mg \sim 131.7mg/L$ 。全血和血清 CRP 测定的功能灵敏度均为  $1mg/L$ 。该仪器测试的 CRP 结果和 BN II 仪器测试的结果 ( $0 \sim 199.5 mg/L$  范围)高度相关,相关系数  $r^2=0.9964$ (全血/血清)、回归方程  $y=1.0208x+0.2607$ ;  $r^2=0.9952$ (全血/血浆)、 $y=1.0028x+2.3568$ ; 该仪器测定的血清 CRP 结果与全血 CRP 结果也高度相关,相关系数  $r^2=0.9959$ 、 $y=1.0534x+1.2371$ 。通过测试溶血标本和高血脂症标本,发现对 PENTRA MS CRP 仪器测试方法无明显干扰

**结论** PENTRA MS CRP 仪器测定的 CRP 结果准确、可靠,可在临床使用。

## PU-0608

### Impact on major CBC parameters caused by different types of lipids in patient plasma

乐家新

解放军总医院第一医学中心

**目的** CBC is an extensively used routine may show falsely elevated CBC parameters in patients s. Understanding & minimizing the impact of lipid interference is necessary for clinical laboratories.

**方法** Lipids have been reported to cause overestimation of hemoglobin, numbers of platelet and WBC and even morphological changes in leukocytes. However, high impact of some artifacts has not been highlighted often, for instance, S-shaped curves in WBC scattergrams which are seen in 1.3% of the in-patient samples in our hospital.

**结果** This was observed mostly among patients with severe medical conditions, e.g., severe cardio-cerebrovascular diseases, tumor radiotherapy and chemotherapy, stress fracture and other critical clinical conditions frequently seen in elderly patients.

**结论** We indentified two common sources of lipid interferences, namely fat emulsion infusion fluids and the other one being from intake of dietary oil as part of meals (typically pronounced in patients suffering from disorder of lipid metabolism or simply from oily diet).

PU-0609

## ZNF750 在乳腺癌中表达差异及临床意义

何咏茵,肖斌,孙朝晖

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 锌指蛋白具有特定的生物结构,能够同 DNA 结合,作为转录因子调节多种生物功能。其可调控相关基因转录和表达,参与肿瘤发生和发病过程。本研究探讨 ZNF750 蛋白在乳腺癌组织各分子分型中的表达差异及其临床预后的关系,为进一步探究 ZNF750 蛋白在乳腺癌中诊治作用的潜力提供线索。

**方法** 基因表达谱矩阵 (FPKM)、样本临床信息和生存信息等相关数据下载自 USCS Xena 数据库 (<https://xenabrowser.net>), 对 ZNF750 在乳腺癌组织和癌旁组织中、乳腺癌四种分子分型 (Luminal A、Luminal B、HER2+、TNBC) 组织及正常人组织中, 以及不同病理 TNM 分期中表达差异进行比较分析, 利用 Kaplan-meier 生存曲线分析基因表达高低对患者预后的影响。

**结果** ZNF750 蛋白在乳腺癌各分子分型和不同 TNM 分期中的表达量存在差异, 其中差异显著, 具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ) 的是: 肿瘤组的 ZNF750 表达量低于正常组; 对于不同分子分型, ZNF750 在 luminal A 型表达量最低; ZNF750 低表达预示着更不良预后。

**结论** ZNF750 在乳腺癌各分子分型及病理分期中的表达具有显著差异, 与乳腺癌患者预后成负相关, 有潜力成为乳腺癌诊治中的生物标志物。

PU-0610

## ZNF692 在乳腺癌组织中表达差异及临床预后分析

何咏茵<sup>1</sup>,肖斌<sup>1</sup>,雷婷<sup>1</sup>,曲璟<sup>1</sup>,李林海<sup>1</sup>,孙朝晖<sup>1</sup>

1.中国人民解放军南部战区总医院,510000

2.广州中医药大学,510000

**目的** 锌指蛋白可调控相关基因转录和表达,参与肿瘤发生和发病过程, 组织中锌指蛋白的异常表达具有反映肿瘤发病进展的能力。本研究探讨 ZNF692 蛋白在乳腺癌各分子分型中的表达差异及其临床预后的关系, 为乳腺癌的诊断和预后评估提供新的生物标志物。

**方法** 基因表达谱矩阵 (FPKM)、样本临床信息和生存信息等相关数据下载自 USCS Xena 数据库 (<https://xenabrowser.net>), 对 ZNF692 在乳腺癌组织和癌旁组织中、乳腺癌四种分子分型 (Luminal A、Luminal B、HER2+、TNBC) 组织及正常人组织中, 以及不同病理 TNM 分期中表达差异进行比较分析, 利用 Kaplan-meier 生存曲线分析基因表达高低对患者预后的影响。

**结果** ZNF692 蛋白在乳腺癌各分子分型和不同 TNM 分期中的表达量存在差异, 肿瘤组的 ZNF692 表达量高于正常组 ( $p < 0.05$ ); 对不同分子分型而言, ZNF692 在三阴性型中表达量最高 ( $p < 0.05$ ); ZNF692 高表达预示着更不良预后。

**结论** ZNF692 在乳腺癌各分子分型及病理分期中的表达具显著差异, 与乳腺癌患者预后成正相关, 有潜力作为乳腺癌诊断和预后评估的生物标志物。

## PU-0611

**circRNA 作为生物标志物在乳腺癌中的研究进展**何咏茵<sup>1</sup>,肖斌<sup>1</sup>,孙朝晖<sup>1</sup>

1.中国人民解放军南部战区总医院,510000

2.广州中医药大学,510000

**目的** 为乳腺癌早期诊断标志物的发现及诊治过程的监控提供新思路

**方法** 本文就 circRNA 与乳腺癌的发生发展、辅助诊断以及预后评估等相关方面的研究做以综述,并展望 circRNA 在乳腺癌临床研究中的前景,以期对乳腺癌早期诊断标志物的发现及诊治过程的监控提供新思路。

**结论** 环状 RNA (circular RNA, circRNA) 是 mRNA 前体自身首尾相连形成的闭合环状 ncRNA,不具备蛋白质编码功能。circRNA 广泛参与各种肿瘤的发生、发展,在基因组转录及转录后水平发挥调控作用,其表达也具有明显的组织特异性和时序特异性,具有莫大的潜力作为肿瘤诊断、治疗的生物标志。本文就 circRNA 与乳腺癌的发生发展、辅助诊断以及预后评估等相关方面的研究做以综述,并展望 circRNA 在乳腺癌临床研究中的前景,以期对乳腺癌早期诊断标志物的发现及诊治过程的监控提供新思路。

## PU-0612

**Glutamate metabotropic receptor 4 (GRM4) inhibits cell proliferation, migration and invasion in breast cancer and is regulated by miR-328-3P and miR-370-3P**Bin Xiao<sup>1</sup>, Daxiang Chen<sup>2,3</sup>, Jianfeng Hang<sup>1</sup>, Weiyun Zhang<sup>1</sup>, Zhenzhan Kuang<sup>1</sup>, Quan Zhou<sup>1</sup>, Yang Liao<sup>1</sup>, Zhaohui Sun<sup>1</sup>, Linhai Li<sup>1</sup>

1. General Hospital of Southern Theatre Command of PLA

2. Dermatology Hospital, Southern Medical University

3. Guangdong Provincial Dermatology Hospital

**Objective** Glutamate metabotropic receptors (GRM) play a variety of roles in neuronal cells. However, their clinical significance and biological functions in cancers remain unknown.

**Methods** Cancerous and adjacent non-cancerous tissue samples were obtained from patients at the General Hospital of Southern Theatre Command of PLA between July 2017 and April 2018. RNA sequence data for breast cancer was obtained from the TCGA dataset (v2) and mined for expression profiles according to cancer subtypes. mRNA expression in cancerous tissues and cancer cell lines was measured by qPCR. The effects of over- and under-expression of GRM4 on cell capabilities to survive, migrate and invade were determined by colony formation, transwell migration and invasion assays. To explore the upstream regulation pattern of GRM4, several miRNAs were selected to validate their potential regulation on GRM4 expression, and protein expression was determined by western blot assay.

**Results** GRM4 was the only GRM member that expressed in breast cancer tissues. Ectopic expression of GRM4 correlated with better prognosis of breast cancer patients. We found that overexpression of GRM4 inhibited cell proliferation, migration and invasion capacity in MDA-MB-231, while knock down of GRM4 promoted these processes. miR-328-3P and miR-370-3P were found to significantly repress GRM4 expression at the mRNA and protein levels. A dual luciferase reporter assay demonstrated that miR-328-3P and miR-370-3P directly bound to the 3' UTR of GRM4 and mutations on the binding regions on GRM4 significantly decreased the luciferase activity. Moreover, overexpression of miR-328-3P and miR-370-3P counteracted the inhibitory effect of GRM4-induced cell proliferation, migration and invasion.

**Conclusions** Our results identify a novel role for GRM4 as a tumor suppressor of breast cancer under the direct regulation of miR-328-3P and miR-370-3P.

#### PU-0613

### 小体积样本检测外周血中 EGFR 突变检测可行性及应用

徐韞健<sup>1</sup>,王建平<sup>2</sup>,林勇平<sup>1</sup>

1.广州医科大学附属第一医院,510000

2.广州市宝创生物技术有限公司

**目的** 评价一种能够小样本量即可满足检测、操作便捷的检测外周血 EGFR 突变的方法。

**方法** 采用一种新型 ctDNA 检测试剂盒对临床剩余样本进行检测分析, 样本使用量为临床样本量的 1/10, 共检测样本 105 例; 另外选取临床检测 (ARMS 法) 有位点突变的样本 47 例, 取剩余的临床样本 DNA 进行同位点检测, 以此研究该检测结果与临床结果的一致性。

**结果** 与临床检测结果相比较, 小样本量实验中 105 例样本中总一致率为 96.2% (101/105), 阳性一致率 83.3% (15/18), 阴性符合率为 98.9 (86/87); 后经 Super ARMS 法验证, 阴性样本中 1 例不符样本确认为阳性; 47 例阳性位点突变标本中, 两种方法一致率为 97.9%。

**结论** 新型 ctDNA 检测试剂盒与 ARMS 法有较高一致性, 表明采用小样本量检测 ctDNA 的 EGFR 突变具有可行性。

#### PU-0614

### 老年科肺炎克雷伯菌感染的临床分布与耐药性分析

赵晓杰

徐州医科大附属医院

**目的** 探讨老年科病房肺炎克雷伯菌感染的临床分布与耐药特点,为老年科医师合理选用抗菌药及预防肺炎克雷伯菌相关性感染提供理论依据

**方法** 收集 2018 年 1 月~2018 年 12 月我院老年科患者标本中分离的肺炎克雷伯菌并回顾性分析各类标本肺炎克雷伯菌的耐药性。

**结果** 分离的 168 株肺炎克雷伯菌主要来源于痰液 142 株(84.52%)及血培养 26 株(15.48%);肺炎克雷伯菌对碳青霉烯酶类抗生素(亚胺培南、美罗培南)的耐药率为 20.27%,肺炎克雷伯菌对阿米卡星、多粘菌素、环丙沙星、莫西沙星的耐药率为 10%。肺炎克雷伯菌对氨苄西林/舒巴坦,哌拉西林/他唑巴坦的耐药率分别为 93.24%,68.92%。肺炎克雷伯菌对氨苄西林的耐药率最高为 97.30%,说明肺炎克雷伯菌对此类抗生素耐药率最高。

**结论** 老年科感染肺炎克雷伯菌的耐药形势日趋严峻,监测老年科肺炎克雷伯菌感染的耐药趋势有助于老年科医师的临床合理用药及降低耐药性及医院的感染率。

#### PU-0615

### 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱鉴定肠杆菌科细菌的临床应用评价

赵晓杰

徐州医学院附属医院

**目的** 利用基质辅助激光解析/电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 和 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏系统鉴定临床常见的肠杆菌, 比较鉴定结果的一致性, 评价 MALDI-TOFMS 对临床常见病原菌的鉴定能力。

**方法** 连续收集肠杆菌 355 例, 同时使用质谱仪和全自动微生物鉴定仪对其进行鉴定, 比较两者鉴定结果的一致性。

**结果** MALDI-TOF MS 与传统生物化学方法得到的鉴定结果相比较, 肠杆菌鉴定符合率为 98.3% (349/355)。其中肺炎克雷伯菌的一致率可达 100.0%, 大肠埃希菌的一致率是 99.0%, 阴沟/阿氏肠杆菌的一致率是 80.0%。

**结论** 与传统生物化学鉴定手段相比, MALDI-TOF MS 对临床常见致病肠杆菌具有较好的鉴定能力, 鉴定时间显著缩短, 可实现临床肠杆菌的快速、准确鉴定。

## PU-0616

### 肺癌患者血清胱抑素 C 检测的临床价值分析

邵璇璇, 王伦善

中国人民解放军联勤保障部队第 901 医院

**目的** 探讨肺癌患者血清胱抑素 C (CysC) 的水平表达变化及临床意义。

**方法** 收集中国人民解放军联勤保障部队第 901 医院首次确诊的肺癌患者 161 例、健康对照 74 例及肺炎患者 66 例, 应用全自动生化分析仪检测血清中的 CysC 水平, 同时测定血清肌酐 (Cr) 及尿素氮 (Urea) 水平。

**结果** 肺癌患者血清 CysC 水平显著高于健康对照组与肺炎组, 肺癌患者治疗前后 CysC 水平没有显著差异。

**结论** 肺癌患者血清 CysC 水平与肿瘤有一定关系, 在肺癌的早期诊断和治疗等方面可为临床提供一定的思路, 具有重要的临床意义。

## PU-0617

### 血栓弹力图检测对骨骼创伤患者的评估与分析

张培星, 窦倩倩

河北省沧州中西医结合医院

**目的** 通过仪器了解骨骼创伤患者血栓弹力图的凝血全貌, 从而进一步判断凝血状态, 才能有效的预测与评估发生血栓的机率从而减少患者预后不良反应。

**方法** 将 2017 年 11 月至 2018 年 11 月期间本院住院创伤患者 100 例骨骼创伤患者为实验组, 采用我科血栓弹力图仪检测患者在麻醉之前 ( $T_0$ )、术后即刻 ( $T_1$ )、术后 24 小时 ( $T_2$ ) 采取静脉血检测血栓弹力图 (TEG) 的各项指标, 同时选取 100 例健康体检者对照组 TEG 结果 ( $T_N$ ) 作为对照进行比对, 运用统计学方法将患者 ( $T_0$ )、( $T_1$ )、( $T_2$ ) 与 ( $T_N$ ) 的血栓弹力图 (TEG) 数据进行分析。

**结果** 通过对 100 名骨伤患者术前 ( $T_0$ )、术后即刻 ( $T_1$ )、术后 24 小时 ( $T_2$ ) 的与对照组 100 名志愿者 ( $T_N$ ) TEG 数据研究, 表明  $T_1$  与  $T_0$  相比, K 值增加, 而  $\alpha$  角和 MA 值减少 ( $P < 0.05$ ) 具有显著性差异; 而  $T_2$  与  $T_0$  相比, K 值、 $\alpha$  角和 MA 值无明显变化 ( $P > 0.05$ ),  $T_1$  与  $T_2$  的 LY30 和 R 值与  $T_0$  比较均无明显变化 ( $P > 0.05$ )。实验组和对照组 ( $T_N$ ) 相比, K 值无明显差异 ( $P > 0.05$ ) 而 R 时间变短,  $\alpha$  角和 MA 变大, 且 CI 延长存在明显差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 本研究运用 TEG 动态监测骨骼创伤患者手术期血液成分的变化, 对患者的凝血功能评估具有重要参考意义, 更清晰的指导临床输血、术后患者的抗凝药物治疗的效果, 提供有效的评估预防及治疗深静脉血栓的意义。

## PU-0618

**O 型孕妇血型抗体效价与新生儿溶血病的相关分析**

张培星, 窦倩倩  
河北省沧州中西医结合医院

**目的** 研究 O 型孕妇血型抗体效价与新生儿溶血病 (HDN) 发病率及溶血程度的相关分析。

**方法** 使用微柱凝胶法检测本院 400 例 O 血型的孕妇产前 IgG 抗体效价, 以及产后收集新生儿的静脉血检测新生儿的溶血三项 ABO、Rh 定型, 检测血清总胆红素的含量, 研究 IgG 抗体效价与 HDN 发病率及溶血程度的关系。

**结果** O 型孕妇产后婴儿 ABO-HDN 总发病率为 65.5%, 说明产前检测血型 IgG 抗体效价, 可以预测 HDN 的发生率。随机选择 102 例样品中, 随着效价水平的升高, ABO 溶血的发生率也显著升高。

**结论** O 型孕妇产前不完全抗体效价检测可预估新生儿溶血病(HDN)发生率, 随着孕妇体内 IgG 抗体效价的增高, 新生儿 ABO 溶血病的发病率也随之升高, 但与 HDN 溶血程度无相关性。及早干预治疗, 有助于降低、预防新生儿发生 HDN 的风险。

## PU-0619

**快速尿液单羟酚代谢物检测在恶性肿瘤中的诊断价值**

李兴翠  
中国人民解放军总医院

**目的** 探讨尿液单羟酚代谢物检测在恶性肿瘤中的诊断价值

**方法** 采用尿液单羟酚试剂盒对本院采集的 1 100 份尿液样本进行对羟基苯丙氨酸进行检测分析, 其中健康者 100 例(对照组), 非肿瘤患者 121 例(非肿瘤疾病组), 病理确诊的恶性肿瘤患者 879 例(恶性肿瘤组), 比较 3 组研究对象的尿液单羟酚代谢物的水平。

**结果** 尿液单羟酚代谢物检测试剂在检测恶性肿瘤、非肿瘤疾病、对照组中的阳性检出率分别为 71.2%、20.7%和 3%。在恶性肿瘤组中的阳性率明显高于其他组, 恶性肿瘤组中消化道肿瘤组的阳性率(87.0%)高于非消化道肿瘤组(56.1%), 差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。150 例经影像及病理诊断的恶性肿瘤及非肿瘤疾病患者进行尿单羟酚检测, 一致性检验显示, 尿单羟酚试验结果与病理检测结果有中等程度的一致性( $Kappa = 0.476$ )。

**结论** 尿液单羟酚代谢物检测适用于恶性肿瘤的广谱筛查, 特别对消化道肿瘤具有高敏感性及广谱性的优点。

## PU-0620

**血栓弹力图在消化道出血患者中的应用**

李兴翠  
中国人民解放军总医院

**目的** 探讨血栓弹力图(thromboelastogram, TEG)在消化道出血患者凝血功能判断中的作用

**方法** 收集 2016 年 3 月到 6 月期间由于消化道出血来 301 医院急诊科就诊的患者在入院时的全血, 用思塔高公司的血凝仪检测 PT、aPTT、TT、Fbg。用陕西裕泽毅医药科技有限公司的 TEG 检测患者的凝血状况。

**结果** 消化道出血患者的 PT、a PTT、TT、Fbg 与对照组虽略有差异,但仍属正常范围的波动。TEG 检测:消化道出血病人的 R 值为 $(4.9\pm 2.0)\text{min}$ ,明显低于对照组( $P<0.01$ )。对照组的 MA 值为 $(64.6\pm 9.3)\text{mm}$ ,而消化道出血病人的 MA 值为 $(60.3\pm 10.3)\text{mm}$ ( $P<0.05$ )。

**结论** TEG 检测能够判断消化道出血患者的即时凝血状况,补充常规凝血检测的不足,指导临床针对性治疗和成分输血。

## PU-0621

### 尿液有形成分自动化分析系统的现状与发展

李兴翠

中国人民解放军总医院

**目的** 阐述尿液有形成分自动化检测技术的发展与应用

**方法** 尿液有形成分检查不仅是尿液常规检查的内容,而且对泌尿系统疾病的定位诊断、鉴别诊断和预后同样具有重要意义。

**结果** 对尿液有形成分自动化仪器的原理和方法进行评价,并对该技术现状和发展前景做出评估

**结论** 为从事尿液分析的临床工作者、自动化仪器研发借鉴

## PU-0622

### 尿 N 乙酰- $\beta$ -D 氨基葡萄糖苷酶慢性肾病患者的临床意义

刘培培

中国人民解放军总医院

**目的** 探讨尿 N 乙酰- $\beta$ -D 氨基葡萄糖苷酶(NAG)、 $\beta 2$  微球蛋白在慢性肾病新分期 2~4 期患者中临床价值

**方法** 对本院 2012 年 10 月至 2013 年 10 月肾内科的 144 例住院患者和 54 例健康体检者的尿 NAG、 $\beta 2$  微球蛋白和其他肾功能指标进行检测分析,采用 MDRD 公式进行肾小球滤过率计算。

**结果** 慢性肾病组尿 NAG、 $\beta 2$  微球蛋白水平明显高于健康对照组,差异有统计学意义( $P<0.01$ )。2~4 期慢性肾病患者中尿  $\alpha 1$  微球蛋白、 $\beta 2$  微球蛋白结果呈明显升高趋势,其差异有统计学意义。尿 NAG、 $\beta 2$  微球蛋白在 3a 和 3b 期中结果有明显差异,3a 期尿 NAG( $35.3\pm 12.4\text{ mg/d L}$ )、3b 期尿 NAG( $45.4\pm 11.5\text{ mg/d L}$ );3a 期尿  $\beta 2$  微球蛋白( $0.45\pm 0.35\text{ mg/d L}$ )、3b 期  $\beta 2$  微球蛋白( $1.20\pm 0.88\text{ mg/d L}$ )。相关分析显示,尿 NAG、 $\beta 2$  微球蛋白与肌酐呈显著正相关,与 e GFR 呈显著负相关。

**结论** 尿 NAG、 $\beta 2$  微球蛋白是用于评价慢性肾脏疾病肾功能较好的实验室指标。

## PU-0623

### 粪便自动检测分析仪的临床应用评价

刘培培

中国人民解放军总医院

**目的** 评估粪便自动化分析仪检测粪便常规的临床应用价值

**方法** 分别采用来源于 A、B 2 个厂家的粪便自动化分析仪对 2 252 例中国人民解放军总医院住院患者的粪便标本进行粪便常规检测,以人工镜检作为金标准,对 2 台分析仪结果进行分析比较,计算仪器检测粪便常规的灵敏度、特异度,观察两种仪器检测结果的一致性。

**结果** 2 252 例粪便常规检查中,A 厂家粪便分析仪检出红细胞的敏感度为 0.768,特异度为 0.991;检出白细胞的敏感度为 0.597,特异度为 0.985。B 厂家粪便分析仪检出红细胞的敏感度为 0.886,特异度为 0.992;检出白细胞的敏感度为 0.605,特异度为 0.988。

**结论** 粪便自动检测分析仪与手工镜检结果一致性较好。

## PU-0624

### 品管圈在提高末梢血采集满意率中的应用

马骏龙

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨品管圈活动在提高末梢血采集满意率中的意义

**方法** 以小组方式成立品管圈,选定活动主题,制订品管圈活动计划,进行鱼骨图分析、满意度调查、柏拉图分析、对策分析与实施、效果确认等活动,对比分析品管圈活动前后末梢血采集满意率的变化。

**结果** 通过品管圈活动,选定提高末梢血采集满意率为活动主题,经过活动确认,末梢血采集满意率从 92.0%提高至 96.8%。

**结论** 品管圈活动提高了末梢血采集的满意率,改善了患者的就医满意度,也增强了工作人员解决问题的能力、工作热情和积极性。

## PU-0625

### 全自动尿液有形成分分析仪 US-2026 诊断性能评价

马骏龙

解放军总医院第一医学中心

**目的** 评价全自动 US-2026 尿液有形成分分析仪诊断性能

**方法** 收集本院 2017 年 3 月 1 日-4 月 1 日我院门诊和住院患者 423 份尿液样本,其中 350 份用于细胞诊断评估,73 份用于管型诊断评估。

**结果** 研究表明 US-2026 尿液有形成分分析仪对红细胞、白细胞的检出灵敏度和特异性较高,均>80%;与人工镜检相比符合率分别为红细胞 84.5%,白细胞 82.3%,管型 60.6%,上皮细胞 78.8%。

**结论** 全自动 US-2026 尿液有形成分分析仪与人工显微镜检测结果有较好的一致性,可减少尿液人工镜检率,缩短标本检测周期。



## PU-0626

## **α1-酸性糖蛋白在肺炎支原体感染所致的支气管肺炎患儿中的临床意义**

方欢英,吴文娟,杨术生

上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 探讨 α1-酸性糖蛋白(α1-AGP)等急性时相反应蛋白在肺炎支原体(MP)感染所致的支气管肺炎中的临床意义。

**方法** 收集 2018 年 1 月-8 月在我院儿科住院的肺炎支原体肺炎(MPP)患儿(58 例)和非 MPP 支气管肺炎患儿(139 例)的血液样本进行检测,比较两组血常规、肝功能、心肌酶谱以及 α1-AGP、C-反应蛋白(CRP)、降钙素原(PCT)等水平差异,并通过 Logistic 多因素回归进一步分析筛选 MPP 的主要相关因素,通过受试者工作特征曲线(ROC)及曲线下面积[AUC(95%CI)]评价不同指标对支气管肺炎和 MPP 的鉴别能力。

**结果** 两组间年龄、白细胞(WBC)、淋巴细胞(L)、嗜酸性粒细胞(E)、PCT 及 α1-AGP 存在差异,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。Logistic 多因素分析发现校正年龄后仅 WBC、PCT 及 α1-AGP 为 MPP 患儿的危险因素。MPP 患儿 α1-AGP 水平显著升高( $P<0.05$ ),可用于鉴别普通支气管肺炎和 MP 感染的支气管肺炎,其 ROC 曲线下面积[AUC(95%CI)]为 0.688(0.606-0.769),优于 WBC 和 PCT( $P<0.05$ )。联合 α1-AGP 与 PCT 和 WBC,则可使得 AUC(95%CI)提升至 0.768(0.695-0.841)。

**结论** α1-AGP 对 MPP 有一定诊断价值,入院初期检测患儿血液 α1-AGP,与传统的感染指标如 WBC、PCT 一起可助益于鉴别 MPP 和其他支气管肺炎,辅助临床及早进一步诊治。

## PU-0627

## **散发性单纯戊型肝炎病毒感染临床检验指标水平特点分析**

窦琴

上海市东方医院南院

**目的** 研究散发性单纯戊型肝炎病毒感染患者的临床检验指标水平特点。

**方法** 连续选择 2013 年 2 月至 2017 年 2 月入我院诊断散发性单纯戊型肝炎病毒感染患者共 203 例(观察组),另选择 50 例健康志愿者(对照组);分析观察组的临床特征,与对照组进行比较。

**结果** 观察组男性患者多于女性,老年患者多于中青年,饮食感染多于水源,夏秋季节高发。实验室指标中 ALT 和 AST 水平显著高于对照组,异常率分别为 67.8%和 56.9%,GGT、直接胆红素(DBIL)、总胆红素(TBIL)和 ALB 水平异常率分别为 23.5%、16.9%、13.4%和 10.5%;TC、TG、HDL 和 LDL 水平异常率分别为 6.8%、5.3%、2.7%和 3.6%;HbA1C 和 GLU 水平异常率分别为 10.5%和 15.4%;PIIIP、HA、LN 和 PIVP 水平异常率分别为 35.9%、40.5%、32.1%和 26.9%;CRP 水平升高,异常率为 50.5%,D-D 和 FDP 水平异常率分别为 12.3%和 6.9%;肌酐和尿素氮水平异常率分别为 5.4%和 5.6%。采用多因素 Logistic 回归分析得出,性别、ALT 和 AST 水平升高、肝纤维化指标水平升高是单纯戊型肝炎病毒感染的重要危险因素。

**结论** 建立区域性单纯戊型肝炎病毒感染的流行病学和临床特征资料,对早期预防和诊断具有十分重要的社会意义。

## PU-0628

## 山东省三地区检测 34258 例妇女人乳头瘤病毒感染率及基因型别分布情况分析

李和楼

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 了解山东泰安、济南、东营三地区女性人乳头瘤病毒（HPV）各基因型别的感染和分布情况，为山东三地区 HPV 分子流行病学研究提供依据。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月至 2016 年 6 月在山东省三地区（泰安、济南、东营）就诊、筛查和体检的共 34258 例宫颈脱落细胞标本，采用 PCR 体外扩增和 DNA 反向点杂交相结合的 DNA 芯片技术，对宫颈脱落细胞标本进行 HPV 基因分型检测。

**结果** 不同地区人群 HPV 阳性率及高危、低危、多重感染率差异有统计学意义（ $P<0.01$ ），三地区检出阳性标本分别是：泰安地区检出阳性标本 701 例（18.17%，701/3857），其中高危型 HPV 339 例（8.78%，339/3857，包含多重感染）；低危型 HPV 151 例（3.91%，151/3857，包含多重感染），多重感染 297 例（7.70%，297/3857）；济南地区检出阳性标本 1825 例（17.86%，1825/10216），其中高危型 HPV 1486 例（14.54%，1486/10216，包含多重感染）；低危型 HPV 338 例（3.30%，338/10216，包含多重感染），多重感染 626 例（6.12%，626/10216）；东营地区检出阳性标本 5607 例（27.77%，5607/20185），其中高危型 HPV 4431 例（21.95%，4431/20185，包含多重感染）；低危型 HPV 1176 例（5.83%，1176/20185，包含多重感染），多重感染 2167 例（10.74%，2167/20185）。23 种型别均被检出，三地区 HPV 亚型前 5 位有所区别，各类型 HPV 感染顺位分别是泰安为 HPV16、HPV52、HPV58、HPV81、HPV59；济南为 HPV16、HPV52、HPV58、HPV6、HPV81；东营为 HPV16、HPV52、HPV58、HPV18、HPV51，不同地区之间的 HPV 的感染率及各型别感染率有显著差异（ $P<0.01$ ）。

**结论** 各地区之间女性人群的 HPV 感染率及 HPV 型别感染率存在显著差异，因此早期筛查，对控制 HPV 的感染是预防或降低宫颈病变的有效途径。

## PU-0629

## 血管性血友病因子抗原和活性检测对早期急性心肌梗死辅助诊断的临床价值

闫彬<sup>1</sup>,杜伟鹏<sup>1</sup>,赵益明<sup>2</sup>

1.南阳市中心医院,473000

2.苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 分析急性心肌梗死（AMI）患者血管性血友病因子抗原（VWF:Ag）、活性（VWF:GPIbR 和 VWF:CB）水平，并探讨在早期 AMI 辅助诊断中的临床价值。

**方法** 回顾性分析 2015 年 1 月至 2016 年 12 月在我院急诊科就诊的 AMI 患者 105 例作为病例组，同期体检正常的 101 例志愿者作为对照组。测定受试者血浆 VWF:Ag、VWF:GPIbR 和 VWF:CB 水平，采用 Spearman 秩相关分析 VWF 与 AMI 项目之间的相关性。通过 ROC 曲线评估 VWF 指标单独及联合检测对 AMI 的预测价值。

**结果** AMI 患者血浆 VWF:Ag、VWF:GPIbR 和 VWF:CB 水平显著高于对照组（Z 值分别为 9.419、11.589 和 8.121， $P$  均 $<0.01$ ）。AMI 患者的 VWF:GPIbR 与血小板水平呈正相关（ $r=0.241$ ， $P=0.013$ ）；VWF:Ag、VWF:CB 与 APTT 呈负相关（ $r$  分别为 -0.308、-0.297 和 -0.289， $P<0.05$ ）；AMI 患者仅有血浆 VWF:GPIbR 水平与肌酸激酶呈正相关（ $r=0.212$ ， $P=0.030$ ）。当 VWF 抗原或活性单独检测时，VWF:GPIbR（ROC=0.967）的诊断效能显著高于 VWF:Ag

( $ROC=0.880$ ;  $Z=4.551$ ,  $P<0.01$ )、VWF:CB ( $ROC=0.828$ ;  $Z=5.249$ ,  $P<0.01$ ) ; 当 VWF 任意两项指标联合检测时, VWF:Ag+VWF:CB ( $ROC=0.881$ ) 对 AMI 的诊断效能显著低于 VWF:Ag+VWF:GPIbR ( $ROC=0.967$ ;  $Z=4.393$ ,  $P<0.01$ ) 和 VWF:GPIbR+VWF:CB ( $ROC=0.967$ ;  $Z=4.405$ ,  $P<0.01$ )。VWF 三项指标联合检测 ( $ROC=0.967$ ) 同样显著高于 VWF:Ag+VWF:CB 两项检测 ( $Z=4.399$ ,  $P<0.01$ ) , 而与 VWF:Ag+VWF:GPIbR 和 VWF:GPIbR+VWF:CB 之间的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** AMI 患者血浆 VWF:Ag、VWF:GPIbR 和 VWF:CB 水平均高于健康对照组。VWF 检测对 AMI 发作具有辅助诊断价值, 其中 VWF:GPIbR 优于 VWF:Ag 和 VWF:CB, 诊断效能最高。对于任意两项 VWF 指标的联合检测, 将 VWF:GPIbR 纳入系统有助于获得较高的预测效能, 而三项联合检测并不能显著提高对 AMI 的诊断价值。

## PU-0630

### 血栓弹力图 and 传统凝血指标检测在缺血性脑血管病中的相关性研究

闫彬, 杜伟鹏, 李新  
南阳市中心医院, 473000

**目的** 探索血栓弹力图 (TEG) 和传统凝血功能试验 (CCTs) 检测在缺血性脑血管病 (ICVD) 中的相关性和一致性, 指导临床应用。

**方法** 回顾性分析 2018 年 5 月 1 日至 10 月 31 日在 XXX 医院就诊的 108 例 ICVD 患者的 TEG 参数 (R 值、K 值、Angle 值、MA 值、CI 值和 G 值) 和 CCTs 参数 (PT、APTT、TT 和 FIB), 探索结果之间的相关性以及在判断患者凝血状态时的一致性。利用 ROC 曲线分析 TEG 参数对 CCTs 异常结果的预测价值, 综合分析 TEG 和 CCTs 结果, 评估在预测患者凝血状态上的能力。

**结果** (1) PLT 与 MA 值、G 值呈正相关; PT、APTT 与 K 值呈正相关; TT 与 R 值、K 值呈正相关; FIB 与 Angle 值、MA 值、G 值呈正相关。TT 与 Angle 值、CI 值呈负相关; FIB 与 K 值呈负相关; (2) PT 与 MA 值、PT 与 G 值、FIB 与 MA 值、FIB 与 G 值在评估 ICVD 患者低凝状态时具有一致性; (3) PLT 与 Angle 值、PLT 与 MA 值、PLT 与 CI 值、PLT 与 G 值在评估 ICVD 病患者高凝状态时具有一致性; FIB 与 Angle 值、FIB 与 MA 值、FIB 与 CI 值、FIB 与 G 值在评估 ICVD 病患者高凝状态时具有一致性; (4) K 值、Angle 值判断  $TT>20s$  的 AUC 分别为 0.648、0.651; Angle 值、MA 值判断  $FIB>4g/L$  的 AUC 分别为 0.717、0.747; MA 值判断  $PLT>300\times10^9/L$  的 AUC 为 0.808 (所有  $P<0.05$ )。

**结论** TEG 和 CCTs 参数在 ICVD 患者检测中的相关性较弱, 在评估患者凝血状态时具有一定的一致性。TEG 参数在判断 CCTs 异常结果上具有较好的预测价值, 但无法取代 CCTs 检测。利用方法上优势互补, 项目上优化组合将能更好地反映机体的凝血状态, 指导临床。

## PU-0631

### 肌萎缩侧索硬化的相关致病基因在分子遗传学方向初探

董艳  
沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 从分子水平探究肌萎缩侧索硬化的相关基因, 从而推测出发病机制, 为临床的诊断与治疗提供新的方向

**方法** 通过美国国立生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information, NCBI) 中的基因表达汇编 (Gene Expression Omnibus, GEO) 数据库检索运动神经元疾病患者的芯片数

据,使用在线工具 GEO2R 进行基因差异表达分析。利用 GSEA 的 MSigDB 进行基因功能重叠分析

**结果** 对 GSE3307 样本集的数据进行研究,根据条件找出 22645 个差异基因,根据校正后 P 值整理出了前 25 个差异基因。根据各项指标挑选出 ND4、GAPDH、RPL34 和 HS6ST2 四个差异基因进行样本值分析。前 2940 个差异基因中的 1261 个 entrez 基因主要参与与 RNA 分子或其部分选择性地和非共价地相互作用、调节 RNA 聚合酶 II 启动子的转录频率、降低基因表达频率、速率或程度的过程以及任何阻止或降低涉及氮或含氮化合物的化学反应和途径的频率、速率或程度等等过程

**结论** 利用多种生物信息学方法分析导致 ALS 患者发病的相关基因,为进一步的生物学探索提供了依据,并有可能成为未来神经退行性疾病诊断 和治疗的新靶点。

## PU-0632

### 回顾性研究辽宁地区女性血清肿瘤标志物水平与围绝经期状态的关系

孟繁伟

沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 回顾性研究肿瘤标志物在围绝经期女性血清中的表达,探讨围绝经期女性因血清中雌性激素水平出现相应的改变,导致精神、心理、神经、内分泌和代谢紊乱而出现的一系列状态与肿瘤标志物之间的相关性。

**方法** 143 例围绝经期综合征患者作为观察组,根据临床分期将观察组分为绝经前期(A组)、绝经过渡期早期(B组)、绝经过渡期晚期(C组),随机选取 1223 例体检妇女为对照组(D组),用电化学发光法对各组女性 AFP,CEA 血清含量进行检测,对照观察围绝经期女性与肿瘤标志物之间的关系。数据采用 SPSS 统计学软件处理,资料采用方差分析, $P<0.05$  为有统计学差异。

**结果** 观察组 A、B、C 的 AFP,CEA 水平明显高于 D 组,观察组在阳性率表达方面也有相同趋势,观察组与对照组妇女血清肿瘤标志物比较围绝经期综合征与 AFP 呈正相关( $r=0.122$ ,  $P=0.020$ ),与 CEA 不相关( $r=-0.056$ ,  $P=0.142$ ),但绝经状态与 AFP、CEA、不相关( $r=-0.015$ ,  $P=0.623$ ;  $r=0.074$ ,  $P=0.265$ )。

**结论** 女性机体存在一定的生理性改变,因此在检测项目上对血常规、某些生化项目、激素及血凝指标有很大影响,但对肿瘤标志物的影响容易被忽视,而一旦出现肿瘤标志物假性增高,患者往往难以接受,如解释不清,容易引起纠纷,在就诊患者中更易引起不必要的恐慌或不信任。从本回顾性研究来看,围绝经期者 2 项肿瘤标志物存在不同程度的升高,体检医疗机构应改考虑到干扰因素、排除并确定病因,及时做好解释工作,可以很大程度上缓解体检者的焦虑和不满情绪,防止歧义或不良事件发生。当然制定中长期的随访观察计划,从根本上对指标进行鉴别诊断,将是十分必要的。

## PU-0633

## ROC 曲线在验证 ELISA 法检测乙肝表面抗原 Cut-off 值设定中的应用

杨厚禄

沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 通过 ROC 曲线评价 ELISA 方法,并对所测 HBsAg 的 Cut-off 值验证或重新确定,确保合适的灵敏度和或特异性。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月—2015 年 12 月沈阳金域免疫室 HBsAg 检测结果,阳性男 632 例,女 368 例,HBsAg 阴性男 571 例,女 429 例并将数据导入到 SPSS 软件,利用软件绘制 ROC 曲线,并依据统计学方法对 Cut-off 值进行分析。

**结果** 目前本科室所用乙肝表面抗原试剂其 Cut-off 值以 0.105 最佳,假阳性和假阴性比例合适,其特异性 97.1%,敏感度达 98.5%。

**结论** 在选择 ELISA 方法做临床试验时,为力求假阳性率和或假阴性率比例达到最佳,实验室都应对项目根据具体要求进行 Cut-off 值验证或重新确定,确保合适的灵敏度和或特异性。更加利于临床一线结合专业知识,权衡漏诊与误诊的影响。

## PU-0634

## 不确定度在临床实验室检测中的应用

苏圣

沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 探讨补体 C3、补体 C4 分析中的测量不确定度评估的方法。

**方法** 对 C3、C4 分析中的过程进行描述,分析测量不确定度的来源,对各个不确定度分量进行评估,然后计算合成标准不确定度和扩展不确定度。

**结果** 取  $k=2$  时, C3 在 0.98 g/L 时扩展不确定度为 0.281 g/L (28.63%), C3 在 1.954g/L 时扩展不确定度为 0.552 g/L (28.85%), C4 在 0.126g/L 时扩展不确定度为 0.037g/L (29.43%), C4 在 0.25g/L 时扩展不确定度为 0.052g/L (29.36%)。

**结论** 结果的测量不确定度是与检测结果数值相关的,它随结果的高低不同而发生变化,而且测定不确定度比例在不同水平的结果也不相同。

## PU-0635

## 临床实验室细胞遗传室的质量控制

李研月

沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 探讨提高医学实验室细胞遗传学实验室质量控制的方法,建立属于本专业的质量指标。

**方法** 按照 ISO15189 关于医学实验室质量和能力方面的要求,通过对分析前、分析中及分析后过程结合相应的质量指标进行全面质量控制。

**结果** 建立了临床细胞遗传学实验室检验分析前、分析中及分析后过程的全面质量控制体系。分析前质量指标:送检标本采样时间、标本送检不及时率、标本不合格率、用错采样管统计;分析中质量指标:集团比对合格率等;分析后质量指标:检测报告时限超时率等。

**结论** 临床细胞遗传学全面质量控制体系的建立, 为患者及临床医生发放准确可靠的检验结果提供质量保证, 既保证医疗安全, 又降低医疗纠纷的发生机会, 使细胞遗传室不断优化服务流程, 提高服务水平。

PU-0636

## 一种自动化智能审核结果的方法

马长剑

沈阳金域医学检验所有限公司

**目的** 改变传统的医疗检验结果审核必须逐一去查找和匹配规则的现状, 实现智能审核检测结果。

**方法** 通过响应于报告单审核指令, 开始对若干待审核的报告单进行审核; 根据若干待审核的报告单, 获取每一所述报告单下的所有检验项目; 根据每一检验项目与规则集的对应关系, 查找与检验项目对应的规则集, 调用规则集中的每一规则对检验项目进行审核; 根据检验项目对所述规则集中的每一规则的审核结果, 获取每一报告单的审核结果, 无需去总的规则库中一一进行匹配运算, 仅需查找与检验项目相对应的规则集, 根据规则集中的每一规则对该检验项目进行审核。

**结果** 降低系统的能耗, 减少宕机的情况, 提升医疗检验人员的工作效率, 自动审核结果并出报告单, 使得医疗检验进程在保证质量的前提下加快。

**结论** 本发明通过将大数据处理技术在医疗健康领域的融合应用属于智能医疗产业, 突破医学检验数据处理的技术难题, 建立了智能的自动审核方法, 利于报告的快速出单, 提高医疗检验的效率, 发展了智能辅助诊断系统。

PU-0637

## Association between Apolipoprotein E Polymorphism and Nephropathy in Chinese Diabetic Patients

Yan Wang, Ping Zhang, Yujing Hu, Min Yu, Tinghuan Ling, Tongbao Feng  
The Affiliated Changzhou No. 2 People's Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** Polymorphism of apolipoprotein E (ApoE) gene has been reported as a risk factor for the development of Diabetic nephropathy (DN). However, this opinion is currently controversial. The aim of the study was to evaluate the association between ApoE polymorphism and nephropathy in Chinese patient with type 2 diabetes.

**Methods** A total of 213 patients with type 2 diabetes participated in this study and were divided into two groups with and without nephropathy ( $n = 109$  and  $n = 104$  respectively). The genotype of ApoE was determined by restriction fragment length polymorphism analysis and the biochemical factors were also measured.

**Results** The frequency of Apo  $\epsilon 4$  allele was significantly ( $P < 0.05$ ) lower in DN patients (10.2%) than in diabetic patients without nephropathy (25.1%). There was not significant difference observed between the groups regarding Apo  $\epsilon 2$  and Apo  $\epsilon 3$  allele frequencies. Serum level of total and low-density lipoprotein cholesterol in Apo  $\epsilon 2$  carriers was lower than Apo  $\epsilon 3$  and Apo  $\epsilon 4$  carriers. Frequency of Apo  $\epsilon 4$  allele was higher in diabetic patients without nephropathy than DN participants.

**Conclusions** Our findings suggested that Apo  $\epsilon 4$  had a protective effect in diabetic patients against nephropathy.

## PU-0638

## 血红蛋白变异体对糖化血红蛋白分析仪测定结果的干扰及处理

王彦,张平,冯同保,胡玉静,余敏,凌庭欢,周洪兴

南京医科大学附属常州第二人民医院

**目的** 分析高效液相色谱法糖化血红蛋白(HbA1c)分析仪检测 HbA1c 结果出现异常色谱图的原因,探讨血红蛋白变异体对糖化血红蛋白分析仪检测结果的干扰程度及实验室应该采取的处理措施。

**方法** 方法学比较。收集 8 例高效液相色谱法糖化血红蛋白分析仪检测 HbA1c 结果出现异常色谱图的患者标本,采用全自动血红蛋白琼脂糖凝胶电泳法对全血样本进行血红蛋白电泳分析,采用双脱氧链终止法进行血红蛋白基因测序,采用免疫比浊法对 HbA1c 标本进行重新检测。

**结果** 上述 8 例患者中,4 例患者为 Hb J-Bangkok 变异体,血红蛋白基因型为  $\beta^N/\beta^{J-Bangkok}$ ; 3 例患者为 Hb D-Los Angeles 变异体,血红蛋白基因型为  $\beta^N/\beta^{D-Los Angeles}$ ; 1 例患者为 Hb shuangfeng 变异体,血红蛋白基因型为  $\alpha^N/\alpha^{Shuangfeng}$ 。上述患者标本采用高效液相色谱法糖化血红蛋白分析仪检测 HbA1c 结果,均受干扰,造成检测结果的假性升高或者降低,而利用免疫比浊法检测 HbA1c 可避免血红蛋白变异体造成的干扰。

**结论** 血红蛋白变异体对高效液相色谱法糖化血红蛋白分析仪检测 HbA1c 存在不同程度的干扰。此类患者应采用其他不受血红蛋白变异体干扰的方法检测 HbA1c,或选用其他替代指标对血糖水平进行准确监测。

## PU-0639

## 通过构建 mRNA、miRNA、lncRNA 和 TF 调控网络揭示前列腺癌关键基因

李苏亮

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 前列腺癌(PCa)是男性泌尿系统常见的恶性肿瘤之一,其发生发展的分子机制与各种信号通路的异常调节有关。越来越多的研究表明 mRNA, miRNAs, lncRNAs 和 TFs 可以在与癌症发病机制有关且在不同生物过程中发挥着重要作用。本研究旨在利用生物信息学方法揭示和研究与 PCa 相关的分子机制中潜在功能基因。

**方法** 从 GEO 数据库的 GSE64318 和 GSE46602 数据集获得原始基因表达谱,我们使用以 R 软件 limma 包为基础在线工具 GEO2R 对两组基因表达进行差异分析。我们预测差异表达的 miRNA, mRNA 和 lncRNA 之间的相互作用及作用靶基因。共同表达的 miRNA, lncRNA 和 mRNA 用于构建 mRNA-miRNA-lncRNA 相互作用网络。我们对 DEGs 进行 GO 和 KEGG 通路富集分析。接下来我们构建蛋白质互作网络并注释转录因子。在 TCGA 数据集中验证了关键基因的表达,提高了本研究的可靠性。

**结果** 研究结果表明 60 个 miRNAs、1578 个 mRNAs 和 61 个 lncRNAs 在 PCa 中有差异表达。mRNA-miRNA-lncRNA 网络由 5 个 miRNA、13 个 lncRNA 和 45 个 mRNA 组成。差异表达基因主要富集于细胞核和细胞质,参与调控转录,与序列特异性 DNA 结合相关,并且参与调控 PI3K-Akt 信号通路,这些通路癌症和局灶性粘连信号通路有关。此外,我们发现 5 个 miRNAs、6 个 lncRNAs、6 个 mRNAs 和 2 个 TFs 在相互作用网络中发挥着重要的调控作用。前列腺癌组织中 EGFR、VEGFA、PIK3R1、DLG4、TGFB1、KIT 的表达水平与正常前列腺组织有显著差异。

**结论** 在 RNA、miRNA、lncRNA 和 TFs 相互作用大规模效应分析的基础上,我们建立了新的前列腺癌互作网络。此外,我们还对网络内部的功能模块进行了分析。综上所述,本研究为探索前列腺癌的分子机制提供了新的视角,为进一步研究前列腺癌的发生过程及其发展提供了有价值的线索

## PU-0640

### 五种国内主流戊型肝炎血清学诊断试剂盒性能评价

王国猛

天津市第一中心医院,300000

**目的** 考察评估我国五种 HEV ELISA 检测试剂盒的诊断灵敏度、特异度及结果一致性程度,指导临床用户根据不同使用目的合理选用相应试剂盒。

**方法** 收集确诊戊肝患者、巨细胞病毒(CMV)和 EB 病毒感染早期患者、风湿免疫病患者及健康体检人群血清样本各 91 份,分别用丽珠、万泰、贝尔、科华、新创五种品牌的 HEV IgM 和 IgG 抗体 ELISA 检测试剂盒对上述 91 份血清标本进行平行检测。

**结果** 1. 五种 HEV IgM 抗体 ELISA 试剂盒具有良好的结果一致性,非戊肝患者人群中未发现 HEV IgM 抗体阳性现象。2. 在戊肝患者人群中四种 HEV IgG 抗体 ELISA 试剂盒诊断灵敏度均在 90%以上,且相互间检测结果较为一致性;但针对非戊肝患者人群检测结果阳性率差异显著,其中万泰试剂盒 IgG 抗体阳性率在 16.5%-31.9%之间,而科华仅为 1.1%-3.3%之间。

**结论** 1. 对于戊肝的诊断 HEV IgG 抗体检测试剂盒较 IgM 试剂盒有更高的诊断灵敏度,但四种不同厂家试剂在诊断特异度方面差异显著,科华 IgG 检测试剂盒较适用于戊肝的实验室诊断,而万泰 IgG 检测试剂盒更适用于流行病学调查。

## PU-0641

### 一种基于时间分辨免疫荧光法免疫分析仪降钙素原检测能力评估

赵颖,肖盟,吴卫,杨启文,徐英春  
北京协和医院

**目的** 评估一种基于时间分辨免疫荧光(TRFIA)法免疫分析仪检测降钙素原(PCT)的性能。

**方法** 采用第三方质控品朗道降钙素原质控品两个浓度水平(高值和低值)对其进行精密度检测。分别采用朗道高值质控品和患者混合高值血浆对其进行线性检测。选取 103 例患者的血液标本,与参考方法生物梅里埃 VIDAS 30 进行方法学比对。

**结果** 精密度方面,朗道两个浓度水平的质控待评估方法变异系数(CV)均 $\leq 10\%$ 。线性方面,朗道高值质控和混合患者高值血浆来检测线性范围,待评估方法检测值与理论值的相关系数  $r^2$  均达到  $> 0.99$  的要求。采用临床标本进行相关性分析时,通过测量结果的差值对均值及比值对均值的 Bland-Altman 分析显示二者的相关性较好。待评估方法与 VIDAS 的 Spearman 相关系数为 0.98,  $P < 0.0001$ 。

**结论** 待评估方法定量检测全血 PCT,操作简便,具有较好的精密度,在检测临床标本时与生物梅里埃 VIDAS 30 检测 PCT 有较好的一致性,适用于急诊检查和床旁检测(POCT)。



## PU-0642

## Xpert MTB/RIF、涂片抗酸染色镜检在西藏三级综合医院结核病诊断中的应用

赵颖<sup>1,2</sup>, 次白<sup>2</sup>, 刘治娟<sup>2</sup>, 徐英春<sup>1</sup>

1. 北京协和医院

2. 西藏自治区人民医院, 850000

**目的** 探讨 Xpert MTB/RIF、涂片抗酸染色镜检在高海拔地区西藏三级综合医院结核病诊断中的应用价值。

**方法** 回顾性分析 2016 年 6 月至 2018 年 1 月西藏自治区人民医院 1761 例疑似结核病患者同时送检进行 Xpert MTB/RIF 法检测结核分枝杆菌和涂片抗酸染色镜检检测的结果, 包括痰 1533 例, 气管抽吸物 104 例, 胸腔积液 78 例, 心包积液 11 例, 尿液 12 例, 脑脊液 11 例, 腹水 8 例, 支气管肺泡灌洗液 2 例, 细针穿刺活检 1 例, 脓液 1 例, 分析比较两种方法的阳性率。

**结果** 在 1761 例疑似患者中, 102 例 (5.8%) 涂片阳性, 254 例 (14.4%) Xpert MTB/RIF 阳性。Xpert MTB/RIF 法的阳性率高于涂片法, 差异有统计学意义 ( $X^2=148.10$ ,  $P<0.05$ )。Xpert MTB/RIF 法检出 37 例 (2.1%) 标本对利福平耐药。对于 102 例抗酸染色涂片阳性标本和 1659 例涂片阴性标本, Xpert MTB/RIF 检测分别得到 100 例和 154 例标本的阳性结果。18-24 岁年龄段是抗酸染色镜检检出阳性率和 Xpert MTB/RIF 检出阳性率最高的年龄段 (可能提示西藏地区该年龄段人群发病率较高), 同时也是利福平耐药检出率最高, 其次是 <18 岁年龄段。男性和女性之间抗酸染色镜检检出阳性率、Xpert MTB/RIF 检出阳性率、利福平耐药检出率均无显著差异。

**结论** Xpert MTB/RIF 在西藏拉萨 (海拔 3650 米) 应用于结核病快速诊断, 在标本采集当天即可获得结果, 灵敏度优于显微镜检查, 是结核病快速诊断的有效方法, 可更好的为临床结核病早期诊断及指导患者用药提供实验室依据。

## PU-0643

## 三种沙眼衣原体 POCT 检测试剂盒性能评估

赵颖, 王瑶, 徐英春, 倪安平

北京协和医院

**目的** 沙眼衣原体感染为常见性传播疾病, 快速检测对早期诊断和治疗十分重要, 本研究对 3 种不同厂家的商品化即时检测试剂盒进行评估, 为本实验室及其他医疗机构实验室提供参考。

**方法** 采用细胞培养法滴定浓度的沙眼衣原体菌株 (血清型 D 和 E) 对 3 种试剂盒进行最低检出限和重复性实验。采用人胚肺成纤维细胞, 非洲绿猴肾细胞系, 大肠埃希菌标准菌株菌悬液进行特异性实验。

**结果** 对血清型 D 的最低检出限, 试剂盒 B 和 C 均达  $1.86 \times 10^7$  IFU/mL 浓度, 但试剂盒 B 在  $1.86 \times 10^6$  IFU/mL 隐约可见条带; 试剂盒 A 仅能检测到  $1.86 \times 10^9$  IFU/mL 浓度。对血清型 E 检测敏感性, 试剂盒 B 和 C 均达  $2.8 \times 10^7$  IFU/mL, 但均为弱阳性; 试剂盒 A 仅能检测到  $2.8 \times 10^9$  IFU/mL 浓度。3 种试剂盒均有较好的重复性, 在检测 3 种非特异性抗原时均为阴性结果。

**结论** 试剂盒 B 和 C 最低检出限明显优于试剂盒 A, 但试剂盒 B 较试剂盒 C 略好。在特异性和重复性方面 3 种试剂盒均较好。

## PU-0644

## Yeast identification by sequencing, biochemical kits, MALDI-TOF MS and rep-PCR DNA fingerprinting

Ying Zhao<sup>1</sup>, Chi-Ching Tsang<sup>2</sup>, Meng Xiao<sup>1</sup>, Jasper F. W. Chan<sup>2</sup>, Susanna K. P. Lau<sup>2</sup>, Fanrong Kong<sup>3</sup>, Yingchun Xu<sup>1</sup>, Patrick C. Y. Woo<sup>2</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. Department of Microbiology, Li Ka Shing Faculty of Medicine, The University of Hong Kong, Hong Kong,

3. Centre for Infectious Diseases and Microbiology Laboratory Services, Institute of Clinical Pathology and Medical Research – PathologyWest, Westmead Hospital, Westmead, New South Wales, Australia

**Objective** Comprehensively evaluated the performance of 28S nrDNA and ITS sequencing, commercial biochemical test kits, MALDI-TOF MS platforms, and the emerging rep-PCR DNA fingerprinting technology using a cohort of yeast strains collected from a clinical microbiology laboratory.

**Methods** In this study, using 71 clinically important yeast isolates (excluding *Candida albicans*) collected from a single centre, we determined the concordance of 28S nrDNA and ITS sequencing and evaluated the performance of two commercial test kits, two MALDI-TOF MS platforms, and rep-PCR DNA fingerprinting. 28S nrDNA and ITS sequencing showed complete agreement on the identities of the 71 isolates.

**Results** Using sequencing results as the standard, 78.9% and 71.8% isolates were correctly identified using the API 20C AUX and Vitek 2 YST ID Card systems, respectively; and 90.1% and 80.3% isolates were correctly identified using the Bruker and Vitek

MALDI-TOF MS platforms, respectively. Of the 18 strains belonging to the *Candida parapsilosis* species complex tested by DiversiLab automated rep-PCR DNA fingerprinting, all were identified only as *Candida parapsilosis* with similarities  $\geq 93.2\%$ , indicating the misidentification of *Candida metapsilosis* and *Candida orthopsilosis*. However, hierarchical cluster analysis of the rep-PCR DNA fingerprints of these three species within this species complex formed three different discrete clusters, indicating that this technology can potentially differentiate the three species.

**Conclusions** To achieve higher accuracies of identification, the databases of commercial biochemical test kits, MALDI-TOF MS platforms, and DiversiLab automated rep-PCR DNA fingerprinting needs further enrichment, particularly for uncommonly encountered yeast species.

## PU-0645

## Increased expression of antisense lncRNA SPINT1-AS1 predicts a poor prognosis in colorectal cancer and is negatively correlated with its sense transcript

Chen Li

The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Colorectal cancer (CRC) is a leading cause of cancer-associated mortality worldwide. Natural antisense transcripts (NATs) are pervasively expressed in human genome and have been confirmed to contribute to cancer progression. In our study, we aimed to investigate the expression and clinical pertinence of serine peptidase inhibitor, Kunitz type 1 antisense RNA1 (SPINT1-AS1) in CRC.

**Methods** The expression levels of SPINT1-AS1 and the corresponding sense transcript SPINT1 mRNA were analyzed in 150 pairs of CRC tissues and adjacent normal (AN) tissues, along with

45 pairs of preoperative and postoperative serum exosome samples by the strand-specific real-time quantitative polymerase chain reaction.

**Results** Compared with AN tissues, the expression of SPINT1-AS1 was increased ( $P, 0.001$ , 3.771 vs 0.980) in CRC tissues, while SPINT1 mRNA expression was decreased in CRC ( $P, 0.001$ , 0.927 vs 1.165), and there was an obviously negative correlation between SPINT1-AS1 expression and its sense transcript ( $r = -0.701$ ,  $P, 0.001$ ). SPINT1-AS1 yielded an area under the receiver operating characteristic curve value of 0.865 (95% confidence interval, 0.821–0.902) for discriminating CRC tissues from AN tissues. Moreover, high SPINT1-AS1 expression was correlated with regional lymph node metastasis ( $P, 0.001$ ), distant metastasis ( $P, 0.001$ ), and shorter relapse-free survival (RFS) time ( $P, 0.001$ ), and Cox regression analysis indicated that SPINT1-AS1 was an independent prognostic factor for RFS. Meanwhile, significant reduction of SPINT1-AS1 expression level ( $P = 0.001$ ) was observed in CRC serum exosomes after surgical resection.

**Conclusions** SPINT1-AS1 is upregulated in CRC tissues and plays an essential role in CRC progression and prognosis. Thereby, SPINT1-AS1 may serve as a candidate prognostic biomarker and molecular therapy target for CRC.

## PU-0646

### Phenotype and genotype of a small deletion mutation (c.1212-1212delG) in PROC gene causing hereditary protein C deficiency

Siqi Liu, Mingshan Wang

The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

**Objective** To identify the potential mutations of PROC gene in a family with protein C deficiency and explore the molecular pathogenesis of this type of disease.

**Methods** The plasma protein C activity (PC:A), protein S activity (PS:A), and antithrombin activity (AT:A) were measured with chromogenic substrate assays. D-dimer (D-D) and protein C antigen (PC:Ag) were detected by immunoturbidimetry and enzyme linked immunosorbent assay (ELISA), respectively. All of the 9 exons and intron-exon boundaries of the PROC gene were amplified by polymerase chain reaction (PCR) and sequenced directly. The suspected mutation was confirmed by clone sequencing. The Mutation Taster software and ClustalX-2.1-win were used to analyze the pathogenicity and the conservation of the deletion mutation respectively. The protein three-dimensional model and amino acids interaction of the mutations were analyzed by Swiss-PdbViewer software.

**Results** The phenotypic analysis found the proband, paternal grandmother, aunt, cousin and younger brother all had simultaneously decreased PC:A and PC:Ag. And genetic analysis revealed that the five family members mentioned above carried a deletion mutation c.1212-1212delG (p. Met364Trp fsX15) in exon 9 of PROC gene which resulting in a premature stop codon at position 378. Bioinformatics and structural analysis demonstrated the destructive effects of this mutation on catalytic domain and generated truncated protein, thus affected the function of protein C.

**Conclusions** We detected a deletion mutation c.1212-1212delG, which was responsible for the decrease of PC:A and PC:Ag in this Chinese family, and caused type I hereditary protein C deficiency.

## PU-0647

## 中国西南地区 6907 例外周血淋巴细胞染色体分析及临床意义

王念,叶远馨,林立  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨中国西南地区遗传性疾病染色体异常的分布情况,对临床遗传性疾病的诊断及咨询做出指导

**方法** 收集中国西南地区 6907 例遗传咨询者外周血,淋巴细胞培养,秋水仙素使其停止在分裂中期,常规 G 显带法进行染色体核型分析。

**结果** 6907 例遗传咨询者共检出异常核型 1071 例,异常率 15.5,其中常染色体异常 391 例,占 36.5% (391/1071); 性染色体异常 567 例,占 52.9% (567/1071); 性反转者 113 例,占 10.6% (113/1071)。

### 结论

染色体异常是智力低下和发育异常、不孕不育、流产及胚胎停育、闭经及月经紊乱、性分化异常等的一个重要原因,发展优生优育和产前诊断,积极开展遗传咨询,对减少遗传患儿,提高人口素质有重要意义。

## PU-0648

## E6/E7 相关 miRNA 在 HPV 感染宫颈癌时表达情况

刘宓<sup>1,3</sup>,邓永久<sup>2</sup>,冉丹璐<sup>2</sup>,陈海星<sup>1</sup>,袁代莎<sup>1</sup>,陆毅<sup>1</sup>  
1.贵州省肿瘤医院  
2.贵州医科大学  
3.贵州医科大学附属贵州省肿瘤医院

**目的** 分析 HPV 高危亚型 16、52 和 58 型感染宫颈癌患者宫颈细胞 miR-9、miR-21、miR-27b 和 miR-34a 的表达情况,探讨 miRNA 在宫颈癌发生发展中的作用及可能的临床应用价值。

**方法** 收集高危型 HPV 感染患者的宫颈脱落细胞 116 例,宫颈癌 (Cervical cancer, CC) 75 例、宫颈上皮内瘤变(cervical intraepithelial neoplasias, CIN) 41 例;同时收集 HPV 阴性的健康体检人群样本 33 例宫颈脱落细胞做为对照。qRT-PCR 检测宫颈脱落细胞中 miR-9、miR-21、miR-27b、miR-34a 在的表达情况, U6 做内参基因,  $2^{-\Delta\Delta CT}$  分析基因相对表达量。

**结果** 与对照相比, miR-9 在 CC 组和 CIN 组中均表达下降 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 0.515$  和 0.609), 但差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); CC 组中 miR-21 与对照相比表达升高 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 1.628$ ), CIN 组则表达下降 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 0.750$ ), 差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 进一步比较 CC 组和 CIN 组可见, CC 组的表达水平高于 CIN 组 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 2.309$ ), 差异具有统计学意义 ( $P = 0.020$ ); miR-27b 在 CC 组和 CIN 组中均表达升高 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 1.488$  和 1.412), 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); miR-34a 在 CC 组和 CIN 组中与对照相比表达明显降低 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 0.311$  和 0.053), 差异具有统计学意义 ( $P = 0.008$  和 0.000), 进一步比较 CIN 与 CC 组, CIN 组相较 CC 组表达水平降低更为明显 ( $2^{-\Delta\Delta CT} = 0.171$ ), 差异具有统计学意义 ( $P = 0.003$ )。

**结论** HPV 感染阳性宫颈癌时,部分 miRNA 水平表达异常。其中 miR-21 表达上调,可能可以作为区分 CC 与 CIN 的一个生物学指标;而 miR-34a 在宫颈疾病中表达降低,或许可以用于宫颈疾病与其它疾病的鉴别。

PU-0649

## 血清 NSE/CEA 及 Pro-GRP/CEA 比值在诊断 小细胞肺癌中的价值

朱立强

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 观察肺癌患者血清中神经元特异性烯醇化酶 (neuron-specific enolase, NSE)、癌胚抗原 (carcinoembryonic antigen, CEA)、胃泌素释放肽前体 (Pro-Gastrin;Releasing;Peptide, Pro-GRP) 的含量, 分析 NSE/CEA、Pro-GRP/CEA 比值在鉴别诊断小细胞肺癌中的应用价值。

**方法** 应用电化学发光法分别检测 60 例非小细胞肺癌 (肺鳞癌 22 例、肺腺癌 38 例) 及 45 例小细胞肺癌 (small-cell lung cancer, SCLC) 患者血清中的 NSE、Pro-GRP、CEA 的含量, 并计算 NSE/CEA、Pro-GRP/CEA 比值。利用 ROC 曲线确定 NSE/CEA、Pro-GRP/CEA 比值鉴别诊断小细胞肺癌的最佳界值。

**结果** NSE/CEA 值在鉴别小细胞肺癌和非小细胞肺癌 (non-small-cell lung cancer, NSCLC) 的 ROC 曲线下面积为 0.90, 敏感度为 88.90%、特异度 85.00%、最佳判断值为 3.78。Pro-GRP/CEA 值在鉴别小细胞肺癌和其他两种肺癌的 ROC 曲线下面积为 0.94, 敏感度为 86.70%、特异度 91.70%, 最佳判断值为 28.61。

**结论** NSE/CEA、Pro-GRP/CEA 比值有助于鉴别诊断小细胞肺癌和非小细胞肺癌, 并有较高的应用价值。

PU-0650

## SP70 在乳腺肿瘤患者血清中的检测及其临床意义

朱立强

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 初步探讨新型肿瘤标志物 SP70 在乳腺良恶性肿瘤患者血清中检测的临床意义。

**方法** 运用双抗体酶联免疫吸附法检测 42 例乳腺癌患者, 16 例乳腺良性肿瘤患者, 14 例正常女性体检患者血清中 SP70 的含量。

**结果** 乳腺癌、乳腺良性肿瘤患者血清中 SP70 的含量高于健康体检女性, 差异具有显著统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 乳腺良性肿瘤患者和乳腺癌血清中 SP70 的浓度差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 新型肿瘤标志物 SP70 在乳腺良恶性肿瘤患者血清中的含量高于健康对照, 具有一定的临床意义, 但无法鉴别诊断乳腺肿瘤的良、恶性。

PU-0651

## CEA/NSE、CEA/SCC 比值在鉴别诊断肺癌 病理类型中的价值

朱立强

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 分析血清肿瘤标志物 CEA/NSE、CEA/SCC 比值对不同病理类型肺癌的诊断价值。

**方法** 收集徐州医科大学附属医院 2016 年 6 月至 2017 年 6 月在徐州医科大学附属医院住院的初治肺癌患者血清, 采取化学发光法测定患者血清中 SCC、CEA、NSE 的水平, 其中有 2 项以上大于

正常参考值范围的病例 48 例。利用 ROC 曲线确定 CEA/NSE、CEA/SCC 比值鉴别不同病理类型肺癌的最佳界值。

**结果** CEA/SCC 值鉴别肺鳞癌及其它 2 种肺癌的 ROC 曲线下面积为 0.893, 敏感度为 75.8%, 特异性为 93.3%, 最佳判断值 2.34。CEA/NSE 值预测鉴别肺腺癌及小细胞癌 (small-cell lung cancer, SCLC) 的 ROC 曲线下面积为 0.919, 敏感度为 94.1%, 特异性为 81.2%, 最佳判断值 0.29。

**结论** 肺癌患者血清的肿瘤标志物中有多项同时高于正常值范围时, CEA/SCC 与 CEA/NSE 值有助于不同病理类型肺癌的鉴别。

## PU-0652

### 血清淀粉样蛋白 A 在甲型流感病毒感染中的应用研究

陈源<sup>1</sup>, 何绮琦<sup>2</sup>, 刘利东<sup>1</sup>, 袁康庄<sup>1</sup>, 高月亭<sup>1</sup>

1. 广州医科大学附属第一医院, 510000

2. 广东医科大学

**目的** 分析血清淀粉样蛋白 A (SAA) 在病毒急性感染中的早期诊断价值及探讨 SAA 的水平变化在甲型流感病毒感染患者病情发展中的临床应用。

**方法** 选取广州医科大学附属第一医院急性病原体感染病例共 195 例, 其中病毒感染 130 例, 细菌感染 65 例。另选取同期体检健康者 100 名作为正常对照。收集三组受检者血液样本后, 进行 SAA、CRP 及血常规检测, 并应用受试者工作曲线 (ROC) 评价其在病毒急性感染中的诊断效率。选取甲型流感病毒感染病例共 100 例, 其中普通甲流感染病例 84 例, 重症甲流 16 例。收集两组受检者血液样本及临床基本资料, 根据发热时间点进行 SAA 及 CRP 检测, 获得 SAA、CRP 与甲型流感病毒感染进程的相关数据, 评估 SAA 在甲型流感病毒感染病情中的实际应用价值。

**结果** 细菌感染组的 WBC 水平高于病毒急性感染组和对照组, 差异有统计学意义 ( $Z=-3.984$ 、 $-5.810$ ,  $P<0.001$ )。细菌感染组与病毒感染组 CRP 水平明显升高, 显著高于对照组, 差异有统计学意义 ( $Z=-9.115$ 、 $-11.871$ ,  $P<0.001$ ), 但两组间比较无明显差异 ( $Z=-0.895$ ,  $P>0.05$ )。病毒急性感染组的 SAA 水平高于细菌感染组和对照组, 差异有统计学意义 ( $Z=-2.307$ 、 $-12.305$ ,  $P<0.05$ )。重症甲流组与普通甲流组相比, 发热时间长, 治疗时限长, 临床症状严重, 常伴有并发症。在病程期内, 普通甲流组 SAA 水平以一定趋势下降, 重症甲流组 SAA 水平则具有较大波动。

**结论** SAA 对病毒急性感染的临床诊断效率高, 可早期辅助诊断病毒急性感染。SAA 对甲流感染病程期进行持续性监测, 可评估甲流感染的严重性及进行预后情况的初步判断, 具有重要的临床应用价值。

## PU-0653

### 黑热病 3 例误诊报告

潘玉玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过对黑热病误诊、漏诊病例的分析, 探讨骨髓细胞形态检查对黑热病的病原学诊断价值。

**方法** 回顾分析 2011-2013 年我院确诊的 3 例黑热病患者的病历资料, 患者在外院误诊、漏诊, 转诊我院后行骨髓细胞形态检查而及时得到确诊。

**结果** 3 例行骨髓穿刺检查, 在网状细胞内及骨髓细胞间发现大量利什曼原虫, 确诊为黑热病, 及时转诊行专科治疗。

**结论** 黑热病临床表现无明显特异性,极易误诊、漏诊,细致的骨髓细胞形态检查对该疾病的病原学诊断具有重要的意义。

#### PU-0654

### 母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤 1 例及文献复习

潘玉玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过病例报道及文献复习,提高对母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤(blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm,BPDCN)的认识

**方法** 报道 1 例 BPDCN 的临床特征、实验室检查等临床资料,并进行文献复习。

**结果** 侵袭性强,进展较快,且目前尚无有效治疗手段,预后极差。单纯从骨髓细胞形态学很难与其他急性白血病相鉴别

**结论** 该病需紧密结合临床,同时辅以病理及免疫分型检查明确诊断,以防漏诊、误诊。

#### PU-0655

### 外周血 CRP 及 IL-6 检测对儿童脓毒症的诊断意义

彭文红

解放军总医院第一医学中心

**目的** 讨论外周血 C 反应蛋白(CRP)、白介素-6(IL-6)的测定在儿童脓毒症诊断中的价值

**方法** 选取脓毒症患者 90 例,严重脓毒症 13 例,同时设立对照组,包括健康对照组 20 例,无全身感染反应性疾病组 36 例,测定外周血 CRP、IL-6,分析其统计学意义。

**结果** 脓毒症患者 CRP、IL-6 与对照组比较差异有统计学意义( $P<0.001$ )。受试者工作操作曲线(ROC)分析显示,CRP 与 IL-6 的曲线下面积(AUC)为 0.87,灵敏度 80%,特异性分别为 81%和 77%。

**结论** CRP、IL-6 检测对儿童脓毒症的早期诊断及疗效判定具有一定价值,CRP 和 IL-6 可用于常规临床检测。

#### PU-0656

### 幽门螺旋杆菌抗原检测对消化系统肿瘤诊断的意义

彭文红

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨粪便幽门螺杆菌(helicobacter pylori,Hp)抗原与胃癌和非胃癌消化系统肿瘤的关系

**方法** 方法将 204 例消化系统肿瘤患者按肿瘤部位分组并设立健康对照组,采用免疫胶体金法检测各组患者粪便幽门螺杆菌抗原,分析粪便幽门螺杆菌抗原与胃癌和其他各组的关系。

**结果** 胃癌组 74 例,年龄( $57.3\pm 11.6$ )岁;结肠癌组 30 例,年龄( $59.5\pm 12.7$ )岁;食管癌组 35 例,年龄( $55\pm 9$ )岁;直肠癌组 30 例,年龄( $57.8\pm 12.3$ )岁;肝癌组 35 例,年龄( $54.7\pm 11.16$ )岁和健康对照组 80 例,年龄( $55.4\pm 12.4$ )岁;粪便幽门螺杆菌抗原阳性率胃癌组(43.24%)均高于健康对照组(1.25%)、结肠癌组(16.61%)、食管癌组(2.86%)、直肠癌组(10%)、肝癌组(5.71%)。

**结论** 粪便幽门螺杆菌抗原与胃癌关系极为密切,胶体金法检查 Hp 抗原简单方便。

## PU-0657

**Evaluation of Mindray BC-5000 hematology analyzer: a new miniature 5-part WBC differential instrument**

任爽

解放军总医院第一医学中心

**目的** The Mindray BC-5000 automated hematology analyzer is a miniature, automated hematology analyzer, and 5-part leukocyte differential counter for in vitro diagnostic use in clinical laboratories.

**方法** Precision, linearity, carryover, and method comparison were carried out. The analyzer was evaluated and compared with the Sysmex XE-2100 hematology analyzer and manual microscopic in the hematology laboratory of a tertiary hospital in Chinese.

**结果** There were minimal carryover ( $<0.25\%$ ), and excellent linearity for white blood cell, and platelet counts ( $r > 0.99$ ). Withinrun precision was good at all levels for the routine cell blood count parameters ( $CV < 3.5\%$ ). Between-run precision was acceptable at all levels for the analysis parameters ( $CV < 5\%$ ) except for eosinophil and basophil ( $CV\% > 10\%$ ). BC-5000 displayed very good correlation ( $r > 0.94$ ) with the XE-2100 for cell blood count and cell differential parameters except for basophil ( $r = 0.72$ ).

**结论** It is concluded that the overall performance of the BC-5000 is acceptable. The miniature analyzer is suitable for use in small- to medium-size laboratories.

## PU-0658

**Development of Microscopic Review Criteria by Comparison Urine Flow Cytometer, Strip and Manual Microscopic Examination**

任爽

解放军总医院第一医学中心

**目的** The objective was to screen urine samples and determine the screening criteria which would minimize the number of specimens reviewed with the microscope yet ensuring correct results.

**方法** A total of 1300 urine samples were sent for urinalysis using the automated system and compared with results obtained from manual microscopy using the Fuchs-Rosenthal counting chamber.

**结果** Using Pearson statistics, we observed correlation between the UF-1000i and manual microscopy: for red blood cells (RBCs)  $r$  was 0.949, for white blood cells (WBCs)  $r$  was 0.882, for epithelial cells (EC)  $r$  was less than 0.76, for casts  $r$  was less than 0.7, while correlation between the URISYS 2400 and manual microscopy: for red blood cells  $r$  was 0.772 and for white blood cells  $r$  was 0.771. With the help of Uriaccess

**结论** UF-1000i is capable of reproducible measurement of urine particles within the clinically relevant range and shows its advantage over URISYS 2400. It is an optimal strategy for urine sample screening using the combination of the two methods.



## PU-0659

## Clinical application of neutrophil gelatinase-associated lipocalin in the revised chronic kidney disease classification

任爽

解放军总医院第一医学中心

**目的** The aim of this study was to examine the level of NGAL in patients with different impairment of GFR based on the new classification, and to evaluate whether NGAL in serum or urine was associated with different risk categories in CKD patients.

**方法** A cross-sectional study was performed in 240 patients with CKD. NGAL, serum cystatin C,  $\beta$  2 -microglobulin ( $\beta$  2 -MG), urine  $\alpha$  1 -microglobulin ( $\alpha$  1 -MG) and albuminuria were tested in patients with various degrees of renal impairment.

**结果** Good correlation was found between the NGAL and the cystatin C,  $\beta$  2 -MG and the  $\alpha$  1 -MG ( $r > 0.7$ ). The level of sNGAL in CKD stage 3b was more than that in CKD stage 3a ( $P = 0.025$ ). The concentration of the NGAL increased progressively with the increasing of risk categories (proposed by the revised CKD classification). The cutoff value of NGAL was calculated from stage 2 to stage 5. ROC analysis showed good AUC (sNGAL  $> 0.8$ , uNGAL  $> 0.7$ ) and high specificity (sNGAL  $> 87\%$ , uNGAL  $> 90\%$ ) on the cutoff value of NGAL.

**结论** The results confirm NGAL as a useful biomarker in clinical nephrology which is helpful to diagnosis and evaluate the categories for CKD proposed by the KDIGO.

## PU-0660

## 血栓弹力图在临床上的应用

Wang

解放军总医院第一医学中心

**目的** 血栓弹力图 (Thrombelastograph® Hemostasis System, TEG®) 是一种可用于评估凝血全貌

**方法** 预测血栓发生, 防止血栓形成; 判断异常凝血原因及抗凝、促凝药物的疗效, 指导成分输血。

**结果** 最初的肝移植术到现在的多学科领域, 对凝血功能障碍和监测抗凝药疗效发挥着重要的作用。

**结论** 对 TEG 近几年临床应用做一综述

## PU-0661

## 粪便常规检查临床价值的探讨

魏文彬

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨粪便常规检查的临床应用及粪便常规检查对不同疾病的临床诊断价值

**方法** 随机收集 38722 例患者粪便进行常规检查

**结果** 在粪便常规检查中, 粪便白细胞、红细胞和寄生虫及虫卵检查在非消化系疾病患者中阳性检出率分别为 2.64%, 1.72% 和 0.01%, 在消化系疾病患者中阳性检出率为 4.65%, 3.55% 和 0.10%; 红细

胞、白细胞和寄生虫及虫卵联合阳性率在非消化道疾病患者中为 3.21%,在消化道疾病患者中为 5.87%,而总阳性检出率为 3.71%。

**结论** 对于无消化道疾病症状的患者临床医生可根据病症酌情考虑,,以保证患者获得最大利益。

## PU-0662

### 朗迈 UriSed 型全自动尿沉渣分析仪的应用评价

魏文彬

解放军总医院第一医学中心

**目的** 对朗迈 UriSed 型全自动尿沉渣分析仪的临床应用进行初步评价。

**方法** 随机收集北京地区 1073 例住院患者和 1200 例健康成人的中段尿液标本,使用朗迈 UriSed 型全自动尿沉渣分析仪对尿液的有形成分进行分析,评价分析仪的批内、批间精密度,线性和互染率。将手工镜检的检测结果作为金标准,评价分析仪的特异度、敏感度、阳性预测值、阴性预测值和符合率。

**结果** 采用分析仪检测健康成人的尿沉渣有形成分,制定不同性别正常人尿沉渣中红、白细胞的正常值范围。结果分析仪检测低、中、高浓度尿液中红细胞的批内变异系数(CV)值和批间 CV 值分别为 13.73%、8.30%、6.20%和 10.37%、8.23%、4.24%,检测白细胞的批内 CV 值和批间 CV 值分别为 14.39%、8.11%、6.34%和 9.44%、7.58%、4.51%。分析仪检测值与理论值具有良好的线性关系( $y=0.49x-3.07$ , $r=0.999$ )。分析仪检测尿红细胞的特异度、敏感度、阳性预测值和阴性预测值分别为 97.28%、86.42%、92.55%、94.81%,检测白细胞的特异度、敏感度、阳性预测值和阴性预测值分别为 97.20%、89.50%、93.88%、95.08%;分析仪法与显微镜检法对红细胞和白细胞的检出符合率分别为 94.23%和 93.48%。

**结论** 朗迈 UriSed 型全自动尿沉渣分析仪性能优良,主要指标的检测结果符合临床应用要求,并且具有快速准确、操作简便的优点。

## PU-0663

### 北方地区健康成人尿液有形成分正常参考值的测定

武岩

解放军总医院第一医学中心

**目的** 调查确定使用尿液有形成分分析仪检测北京地区健康成人尿液有形成分的正常参考值,为临床诊断提供参考。

**方法** 选择 1200 例北京地区健康成人作为研究对象,随机收集新鲜中段尿液标本。应用朗迈 UriSed 型全自动尿沉渣分析仪对尿液中的红细胞、白细胞、上皮细胞(鳞状和非鳞状)、精子细胞、酵母菌、管型(透明、非透明)、结晶(草酸钙、尿酸、三磷酸盐)进行检测。所有阳性结果(主要是管型)均经人工对该仪器所摄照片进行复查。所有实验均在取样后 2h 内完成。

**结果** 以 X95%表示正常参考值上限,本研究健康人尿液有形成分的正常参考值为:红细胞男性 0.0~4.0/ $\mu$ l、女性 0.0~6.0/ $\mu$ l,白细胞男性 0.0~5.0/ $\mu$ l、女性 0.0~12.0/ $\mu$ l,鳞状上皮细胞男性 0.0~2.0/ $\mu$ l、女性 0.0~16.0/ $\mu$ l,非鳞状上皮细胞男性 0.0~2.0/ $\mu$ l、女性 0.0~4.0/ $\mu$ l,精子细胞男性 0.0~0.4/ $\mu$ l、女性 0.0~0.0/ $\mu$ l,前述各项男、女间差异有统计学意义( $P<0.01$ );草酸钙结晶 0.0~2.5/ $\mu$ l,尿酸结晶 0.0~2.0/ $\mu$ l,三磷酸盐结晶 0.0~1.5/ $\mu$ l,酵母菌 0.0~0.4/ $\mu$ l,透明管型 0.0~0.4/ $\mu$ l,非透明管型 0.0~0.0/ $\mu$ l,前述各项男、女间差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 北京地区健康成人尿液有形成分正常参考值的测定为使用朗迈 UriSed 型全自动尿沉渣分析仪进行临床检测提供了参考依据。

## PU-0664

## 血清中轻链免疫球蛋白与狼疮肾炎的临床相关性

武岩

解放军总医院第一医学中心

**目的** 检测狼疮肾炎患者血清中轻链免疫球蛋白水平,分析血清中轻链免疫球蛋白水平与狼疮肾炎病情活动的相关性。

**方法** 采用免疫比浊法对 45 例狼疮肾炎,67 例疾病对照组(包括风湿性疾病、原发性肾病组等)和 40 名健康对照者的血清中的轻链免疫球蛋白进行检测,比较分析其与肾脏损害及其与肾脏组织病理活动性指数(AI)相关关系。

**结果** 狼疮肾炎患者血清 Kappa 轻链免疫球蛋白( $65.8 \pm 28.4$ )显著低于对照者( $210 \pm 25.5$ )和原发性肾炎患者狼疮肾炎患者血清  $\kappa$  轻链免疫球蛋白( $130 \pm 43.3$ )( $P < 0.01$ )。狼疮肾炎患者血清轻链免疫球蛋白水平与血清  $\beta_2$ -微球蛋白( $r = 0.68, P < 0.05$ )呈显著正相关;与 24h 尿蛋白( $r = -0.72, P < 0.05$ )、尿 N-乙酰-D-氨基葡萄糖酶(NAG)( $r = 0.62, P < 0.05$ )、及肾脏组织病理指数(AI)( $r = 0.782, P < 0.01$ )呈显著负相关。

**结论** 狼疮肾炎患者血清中 kappa 轻链免疫球蛋白的水平与狼疮性肾炎患者肾脏损害显著相关。

## PU-0665

## 标本量对凝血酶原时间及活化部分凝血活酶时间检测结果的影响

徐菡

解放军总医院第一医学中心

**目的** 分析标本血量不足对患者凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)检测结果的影响。

**方法** 选择 58 例血量不足标本,要求血细胞比容在 20%~55%,离心后无溶血、脂血及黄疸。按血量与抗凝剂比例分为 8:1 组与 7:1 组两组,再分别抽取两组患者合格血量(2.7mL)标本作为各自对照组,检测 4 个组血样的 PT、APTT。

**结果** PT 在血量与抗凝剂比例为 8:1 组和 8:1 对照组相比差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),在血量与抗凝剂比例为 7:1 组与 7:1 对照组相比差异有统计学意义( $P < 0.05$ );APTT 在血量与抗凝剂比例为 8:1、7:1 组与相应的对照组相比差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 凝血项目的检测中,PT、APTT 的结果受血液和抗凝剂比例的影响。

## PU-0666

## 临床检测精液检查结果分析探讨不育的主要因素

薛丹丹

解放军总医院第一医学中心

**目的** 回顾性分析 4340 份男性生殖系统疾病患者精液标本实验室检查结果,探讨不育的主要因素。

**方法** 采用西班牙 SCA 精液分析系统,按照第 5 版《WHO 人类精液检查与处理实验手册》要求对收集的 4340 份精液标本进行常规分析,用迈瑞 BS-480 生化分析仪检测精浆果糖含量。

**结果** 就诊患者标本,全完正常的 1857 份(43%),异常的 2483 份(57%),异常标本中,液化异常 44 份(1.77%),pH 异常 54 份(2.17%),精液量异常 303 份(12.20%),密度异常 616 份(24.81%),活力异常

1423 份(57.31%),精浆果糖异常 411 份(16.55%),无精子症 138 份(5.56%),血精 52 份(2.09%),白细胞精子症 89 份(3.58%)。

**结论** 精液质量降低是导致不育的主要因素,其中以精子活力影响最大。

## PU-0667

### 正常妊娠妇女肾脏损伤指标检测

薛丹丹

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨肾脏损伤检测指标 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶(NAG)、尿微量清蛋白(mALB)、 $\alpha_1$ 微球蛋白( $\alpha_1$ -MG)、 $\beta_2$ 微球蛋白( $\beta_2$ -MG)水平在正常妊娠妇女中的变化规律。

**方法** 将 400 例正常妊娠妇女纳入本研究,同时选取 87 例健康的入职体检护士作为对照组。所有纳入研究者留取晨尿先进行尿液常规检测,根据尿液常规检测结果分为尿糖阴性组、尿糖组和尿蛋白组

**结果** 尿糖阴性组、尿糖组 NAG、mALB、 $\alpha_1$ -MG、 $\beta_2$ -MG 均高于对照组( $P<0.05$ ),尿糖组上述 4 项指标均高于尿糖阴性组( $P<0.05$ );蛋白 20、30 组上述 4 项指标均高于对照组( $P<0.05$ );晚期妊娠组上述 4 项指标均高于对照组( $P<0.05$ )。

**结论** 尿液常规检查尿糖、尿蛋白阴性的孕妇,肾脏损伤指标 NAG、mALB、 $\alpha_1$ -MG、 $\beta_2$ -MG 水平较低,随着尿糖、尿蛋白的增多,指标相应升高;晚期妊娠较早、中期妊娠者肾脏损伤程度更严重

## PU-0668

### CRP、IL-6、MPV 对高血压评估价值研究进展

薛晓欣

解放军总医院第一医学中心

**目的** 以血压升高为主要临床表现伴或不伴有多种心血管危险因素的综合征,

**方法** 炎症反应与许多心血管疾病的发生、发展密切相关,在高血压的发生、发展及转归中扮演着及其重要的角色

**结果** C-反应蛋白(CRP)、肿瘤坏死因子(TNF- $\alpha$ )白介素-6(IL-6)、白介素-1(IL-1)等的表达增高,NO、前列环素类物质表达降低,促炎和抗炎因子之间平衡打乱,导致了高血压病理过程的快速进展。

**结论** 炎症因子 IL-6 水平增高,其引起血压增高的机制包括血管平滑肌细胞增殖,钙浓度的增高和血管收缩

## PU-0669

### 血细胞分析仪 PLT - F 通道在低值血小板及大 PLT 中的应用价值研究

薛晓欣

解放军总医院第一医学中心

**目的** 评估 SYSMEX XN9000 血细胞分析仪 PLT-F 通道在低值 PLT 样本中及大 PLT 中应用的准确性。

**方法** 收集 EDTA 抗凝全血标本, 采用电阻抗法(PLT-I)、荧光法(PLT - F)、网织通道(PLT - O)和手工法(PLT<sub>手工法</sub>) 计数血小板, 且以 PLT<sub>手工</sub>为标准进行比较, 资料分为低值 PLT 组和大 PLT 组, 别使用简单线性回归分析, 结合临床血液学检验常规项目分析质量要求判断 4 种方法的一致性及优劣性。

**结果** 低值 PLT 在 PLT -F 通道的检测结果与 PLT<sub>手工法</sub>具有更高的相关性和一致性;PLT-F 通道在大血小板组与 PLT<sub>手工法</sub>相关性和一致性均优于 PLT-I 通道。

**结论** 在低值 PLT、大血小板出现时, PLT -F 通道可以替代手工法进行复检。

## PU-0670

### 尿 $\alpha 1$ 微球蛋白和 $\beta 2$ 微球蛋白对慢性肾病患者 的诊断价值

尹可东

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白在 2~4 期慢性肾病患者中诊断价值。

**方法** 解放军总医院 2011 年 12 月至 2013 年 5 月肾内科的 134 例住院患者和 50 例健康体检者的尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白和其他肾功能指标进行检测分析,采用 MDRD 公式进行肾小球滤过率计算。

**结果** 慢性肾病患者尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白水平明显高于健康对照组,差异有统计学意义( $P < 0.01$ )。2~4 期慢性肾病患者中尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白结果呈明显升高趋势,其差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白在 3a 和 3b 期中结果有明显差异,3a 期尿  $\alpha 1$  微球蛋白( $20.00 \pm 18.9$ )mg/L、3b 期( $40.5 \pm 28.5$ )mg/L;3a 期  $\beta 2$  微球蛋白( $4.1 \pm 4.0$ )mg/L、3b 期( $10.0 \pm 8.7$ )mg/L。相关分析显示,尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白与肌酐呈显著正相关,与 eGFR 呈显著负相关。

**结论** 尿  $\alpha 1$ 、 $\beta 2$  微球蛋白是用于评价慢性肾脏疾病肾功能较好的实验室指标。

## PU-0671

### 血清胱抑素 C 在慢性肾病新分期中的检测与意义

尹可东

解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨血清胱抑素 C(Cys C)与  $\beta 2$  微球蛋白( $\beta 2$ -MG)在慢性肾脏疾病(CKD)患者新分期中的临床诊断意义。

**方法** 选择解放军总医院 2011 年 12 月至 2013 年 1 月肾内科 219 例住院患者为研究对象,检测患者 Cys C、 $\beta 2$ -MG 和其他肾功能指标,采用 MDRD 公式计算肾小球滤过率(eGFR)。分析 Cys C、 $\beta 2$ -MG 与其他检测项目的相关性。

**结果** CKD 不同分期患者 Cys C 和  $\beta 2$ -MG 指标差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。随着 eGFR 下降,Cys C 和  $\beta 2$ -MG 在 CKD 新分期中呈明显升高趋势,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。Cys C 和  $\beta 2$ -MG 与肌酐、尿素氮有较好的相关性。

**结论** Cys C、 $\beta 2$ -MG 是用于评价 CKD 患者肾功能较好的实验室指标。

## PU-0672

## Performance evaluation of the Mindray BC 6800 hematology analyzer and flag comparison with the XE-2100 and manual microscopy

向代军,乐家新,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** The Mindray BC-6800 automated hematology analyzer is an automated hematology analyzer and 5-part leukocyte differential counter for in vitro diagnostic use in clinical laboratories.

**方法** The performance was evaluated with regards to precision, linearity, carry-over and method comparison. The flag performance were evaluated and compared with the Sysmex XE-2100 hematology analyzer and manual microscopic in the hematology laboratory of a tertiary hospital in Chinese.

**结果** The comparison of 295 leukocyte differential count results analyzed in parallel with manual microscopy, the main flags (immature granulocytes, blasts, abnormal lymphocytes) showed approximately the same sensitivity and specificity on both analyzers (sensitivity > 90%, specificity > 78%).

**结论** The BC-6800 showed excellent performance and supplied confidence flag information in abnormal samples in the routine hematology laboratory.

## PU-0673

## Increased NGAL level associated with iron store in chronic kidney disease with anemia

向代军,李绵洋,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** The present study determined the association between serum NGAL and iron status in chronic kidney disease with anemia.

**方法** he anemia groups were further sub-divided into two groups based on the presence or absence of iron deficiency, defined as a transferrin saturation (TSAT) <20%. The NGAL was measured for all the 154 patients, and the possible relationships with iron status were analyzed.

**结果** NGAL was inversely correlated with hemoglobin, hematocrit, MCV, MCH, serum iron, and TSAT. NGAL adequately diagnosed the status of iron deficiency among CKD patients by ROC analysis. The optimal NGAL cut-off value able to identify iron deficiency was found to be >244.8 ng/mL, with 73.01% sensitivity and 68.29% specificity.

**结论** CKD patients with anemia presented altered NGAL values as this protein is involved in the maintenance of iron balance. Thus, NGAL might be proposed as a new tool for assessing the iron deficiency and in the management of iron therapy for CKD patients.

## PU-0674

## Immunoturbidimetric assay for determination of peripheral blood C reactive protein on the Pentra MS CRP hematology analyzer

向代军,乐家新,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** The aim of the study was to investigate the performance of CRP determination by Pentra analyzer.

**方法** The Passing-Bablok regression analysis and the Bland-Altman graphs were illustrated the correlation for CRP concentration analyzed by Pentra analyzer and BN- II analyzer.

**结果** The LoQ value for Pentra analyzer was 0.96 mg/L. The carryover was 0.57% for peripheral blood and 0.86% for plasma by the analyzer. The stability of CRP results was good, when the anticoagulation samples were stored at room temperature or 4℃ within 48 hours (deviation < 5%). The linearity range for whole blood samples was 0-188.13 mg/L ( $r^2 = 0.9992$ ). There was high correlation of the CRP results analyzed with Pentra analyzer and BN II analyzer. The Passing-Bablok regression analysis and the Bland-Altman graphs showed the bias plot display excellent accordance with the two assays (the mean value for Pentra 2.19 mg/L & BN II 2.35 mg/L,  $n = 101$ ).

**结论** The results of CRP determination by Pentra analyzer have the advantages of accuracy and reliability, and it is suitable for routine use in emergence laboratory and small to medium-size laboratories.

## PU-0675

## Blood cells count in three different type automated hematology analyzers with samples showing cold agglutination

向代军,乐家新,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** The purpose of this study was to evaluate the effect of cold agglutination on peripheral blood samples in three different type hematology analyzers.

**方法** The sample of the cold agglutination was measured respectively by the Siemens Advia 120, Sysmex SF-3000 and Mindray BC-3000<sup>Plus</sup>.

**结果** RBC and hematocrit (HCT) were significantly decreased ( $p < 0.001$ ). The results of mean corpuscular volume (MCV), mean corpuscular hemoglobin (MCH), mean corpuscular hemoglobin concentration (MCHC) and red blood cell volume distribution width (RDW) were significantly increased ( $p < 0.01$ ). However, WBC and platelet (PLT) showed different diversity in the three different hematology analysis systems. They were recovered normal after incubated at 37℃ 30min.

**结论** Cold agglutinins have significantly effect on results of detection in the 3 different type hematology analysis systems. Clinic laboratory technicians should alert the presence of cold agglutinins and its effect on automated hematology analyzer results.

## PU-0676

**Infected RBC flag / parameter provided by Mindray BC-6800 hematology analyzer aid the diagnosis of malaria**

向代军,孙毅,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** This study sought to evaluate the effectiveness of the BC-6800 flag parameter for aiding in the diagnosis of malaria.

**方法** A total of 181 samples were tested using the Mindray BC-6800 hematology analyzer, including 117 malaria-infected samples collected from Yunnan, China, and 64 samples from healthy controls. Microscopy examination was conducted as reference when stained thick blood film revealed the presence of at least one of the four malaria parasite forms

**结果** The positive predictive value (PP.V) and negative predictive value (NP.V) were 89.4% & 82.7% for P. v and 52.8% & 60.3% for P.f. There was a strong correlation between  $\Delta$  WBC(  $WBC_{DIFF} - WBC_{BASO}$ ) and  $\ln R\%$  ( $R^2 = 0.9731$  in P.v group &  $R^2=0.9757$  in P.f group). There was also a significant correlation between parasitemia and  $\ln R\%$  in P.v-infected samples ( $R^2 = 0.734$ ).  $\ln R\%$  was evaluated using ROC curve analysis, the area under the ROC curve is 0.95 with a 95% confidence interval of 0.926 to 0.974 and the cutoff value is  $0.01 \times 10^9/L$  in P.v group.

**结论** Findings suggest that the flag “ $\ln R\%$ ” provided by BC-6800 hematology analyzer could be used to screen for malaria in a clinical setting.

## PU-0677

**Rapid and Sensitive Detection of Shigella flexneri Using Fluorescent Microspheres as Label for Immunochromatographic Test Strip**

Linyan Zhang  
Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** Bacillary dysentery due to Shigella genus is a major cause of morbidity and mortality worldwide. In China, the popular strain was mainly Shigella flexneri (S. flexneri). Therefore, fluorescent microspheres (FMs)-based immunochromatographic test strip (ICTS), as a novel, reliable, sensitive and uncomplicated method, was evaluated to detect S. flexneri.

**Methods** 63 clinical samples of S. flexneri were collected in this paper. The specific gene was amplified by PCR using digoxigenin and biotin-labeled primers, which was the detection step of PCR products by ICTS using fluorescent microspheres as label; The genus-specific gene of ipaH and drug resistant gene of CTX-M-9 from Shigella were selected to investigate the potential of this new method. The sensitivity and specificity of this method were demonstrated by classical microbiological methods, PCR-Electrophoresis and the RTFQ-PCR method.

**Results** Under optimized conditions, the lower detection limits of PCR-ICTS, PCR-Electrophoresis and RTFQ-PCR were  $2.5 \times 10^{-7}$  ng/ml,  $2.5 \times 10^{-5}$  ng/ $\mu$ L and the  $3.2 \times 10^{-7}$  ng/ $\mu$ L, respectively. The developed method (PCR-ICTS) could correctly recognize Shigella and non-Shigella from different microbial samples. After the purification of PCR products with Silicon coated magnetic nanoparticles (Si-MNPs), the false positive results were removed because of the good repeatability and strong screening ability of the purification process. Our results showed that FM-based PCR-ICTS was promising for measurable and sensitive detection of S. flexneri within 3h.



**Conclusions** The results from immunochromatographic test were agreement with those from traditional microbiological method and RTFQ-PCR. Hence, this developed method might be useful for screening and monitoring clinical sample of *S. flexneri*, due to its speed, non-poisonous, simplicity and low-cost and helpful for promoting the prevention and control of communicable diseases caused by enteric pathogens such as *S. flexneri*.

## PU-0678

### Hexokinase 2 depletion confers sensitization to metformin and inhibits glycolysis in lung squamous cell carcinoma

Wenzheng Guo, Jingjing Wu, Donghua Wen, Aiping Zhou, Wenjuan Wu  
Shanghai East Hospital, Tongji University School of Medicine

**Objective** Lung squamous cell carcinomas (SCCs) are highly aggressive tumors, and there is currently no effective targeted therapy owing to the high glycolysis rate and lack of specific mutations.

**Methods** Molecular analysis of SCC tissues compared with lung adenocarcinoma (ADC) from public databases showed increased HK2 expression only in SCC compared to that in adjacent non-cancer tissues. Biological experiments clarify the role of HK2 in SCC and regulation mechanism.

**Results** HK2 depletion through RNA interference or lonidamine treatment decreased the glycolysis and proliferation, and also increased the apoptosis of SCC cancer cells. In addition, HK2 ablation or inhibition induced activation of the AMPK signaling pathway, which downregulated mTORC1 activity. Since the oxygen respiration rate was enhanced to compensate for HK2 silencing, metformin treatment showed combinatorial therapeutic value and resulted in greater induction of cancer cell apoptosis.

**Conclusions** Our study provides a new framework for understanding the basis of HK2 dependency in lung SCC tumors, and provides a therapeutic rationale for combining metformin to suppress oxygen respiration, resulting in sustained energy stress to more effectively inhibit cancer cell growth.

## PU-0679

### 发现一株产 MUS-1 型碳青霉烯酶香味类香味菌

赵树龙  
徐州医科大学附属医院, 221000

**目的** 探讨一株碳青霉烯类耐药类香味类香味菌的临床和微生物学特点。

**方法** 通过 16S rRNA 对临床 VITEK-2 型全自动微生物分析仪鉴定出的分离株进行鉴定, 利用 PCR 技术来鉴定 NUS-1 基因, 抗菌药物 MIC 使用肉汤稀释法进行鉴定。同时对产 MUS-1 型类香味香味菌感染的患者的临床治疗进行调查分析。

**结果** 在本院肿瘤科患者的尿标本中发现一株 MUS-1 型的香味类香味菌。药敏结果显示该细菌对常规所用的 17 种抗生素均耐药, 其中亚胺培南的最低抑菌浓度 (MIC) 为  $\geq 8 \mu\text{g/ml}$ , 但是对米诺环素、美罗培南均敏感。

**结论** 携带 blamus-1 基因可能是导致该株香味类香味菌对碳青霉烯类药物耐药的原因, 临床上的治疗应结合药敏试验制订治疗方案。

## PU-0680

## 转录组荟萃分析 HIV 长期不进展者多种样本的基因特征

张乐乐

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 一小部分艾滋病病毒感染者在临床特征和/或免疫学保持稳定很多年, 包括没有检测到病毒血症 (<50 拷贝/ ml) 的精英控制者 (EC) 和维持正常的 CD4 + T 细胞计数 > 10 年的长期非进展者。但是, 非进展者的机制需要进一步研究。在本研究中, 转录组荟萃分析对非进展和进展者基因芯片数据进行了分析去发现不同的转录组的信号通路和潜在的生物标志物。

**方法** 用 INMEX 软件对非进展者进行 meta 分析已发现不同的基因表达进一步进行功能分析 (基因富集和信号通路)。Meta 分析样本共包括: 5 个基因芯片数据 (81 例病例组和 98 个对照组), 包括全血、CD4 + 和 CD8 + T 细胞。

**结果** 我们确定非进展者全血, CD4 + 和 CD8 + T 细胞减少了重要的干扰素刺激基因 (ISGs), CD38, 淋巴细胞活化基因 3 (LAG-3) 的表达。基因本体论 (GO) 分析显示了重要的差异基因富集 I 型干扰素信号。进展者与非进展者相比较, 上调的信号通路包括全血中的 PI3K-Akt 信号通路, CD4 + T 细胞中的细胞因子-细胞因子受体相互作用和 CD8 + T 细胞中的 MAPK 信号传导途径。在每个代谢功能类别中, 下调的 DEG 数量多于上调的数量 DEGs, 而且三种细胞在氧化磷酸化中 (OXPHOS) 和三羧酸 (TCA) 循环中几乎所有的差异基因均下调。

**结论** 我们的转录组荟萃分析提供了一个全面的评估非进展者的基因表达谱, 提供新的深入了解艾滋病发病机制和制定延迟 HIV 疾病进展的策略。

## PU-0681

## 慢性粒细胞白血病患者 BCR-ABL 融合基因 P210 表达对病程判断和预后评估的临床价值

刘伟平<sup>1</sup>, 官凡琪<sup>2</sup>

1. 自贡市第一人民医院, 643000

2. 遵义医科大学医学与科技学院

**目的** 探讨 BCR-ABL 融合基因 P210 的表达与外周血象、乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\alpha$ -羟基丁酸脱氢酶 (HBDH) 和血糖对慢性粒细胞白血病 (CML) 的病程判断和预后评估中的临床意义。

**方法** 收集 2017 年 4 月至 2018 年 5 月在自贡第一人民医院初诊确诊的 CML 患者外周血标本; 采用 RT-PCR 方法测定 30 例 CML 患者外周血 BCR-ABL 融合基因 P210 表达水平。同时测定血糖 (GLU)、血清乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\alpha$ -羟基丁酸脱氢酶 (HBDH)、血清钾 (K<sup>+</sup>)、尿酸 (UA), 并结合 CML 患者血象进行综合分析。

**结果** 30 例 CML 患者 BCR-ABL 融合基因 P210 阳性表达率为 93.3%, 白血病不同分期 BCR-ABL 融合基因 P210 表达量差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。13 例慢性期 CML 患者采用酪氨酸激酶抑制剂 (伊马替尼) 治疗 1 年后, BCR-ABL P210 阳性率由 100% 降低为 23.1% (3/13)。不同时期 CML 患者在白细胞数量 (WBC)、中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NEU/ LYM)、血红蛋白 (Hb) 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** BCR-ABL P210 表达水平结合 GLU、LDH 以及 HBDH, 有助于 CML 病程判断和预后评估。

## PU-0682

**临床血液检验中细菌鉴定法的应用研究**

李霞,陈熙连  
贵州省人民医院,550000

**目的** 研究两种常用临床血液检验细菌鉴定方法中,检测结果符合率以及检验敏感度的对比结果,确定血液检验中细菌鉴定最稳定的方法。

**方法** 对患者血样进行直接检验与常规检验,对各项数据结果记录,并通过统计学软件分析,得出最终的符合率、敏感度对比结果。

**结果** 常规检验方法的符合率与敏感度,都要优于直接检测法,可达到 100%。

**结论** 直接检测法与常规检测法都可以应用在临床血液检测细菌鉴定中,能够对血液样品中细菌的耐药性进行鉴定。

## PU-0683

**HPV16 E6/E7 通过上调 lncRNA-UCA1 促进宫颈癌 SiHa 细胞增殖研究**

关文芳  
西安交通大学医学院第一附属医院,710000

**目的** 明确在宫颈癌 HPV 致病过程中 E6/E7 与 UCA1 之间的调控反馈关系,初步探讨 HPV 影响宫颈癌 SiHa 细胞增殖的分子机制。

**方法** 利用 RT-PCR 检测 HPV16(+)SiHa、HPV18(+)Hela、HPV(-)C33A 宫颈癌细胞中 UCA1 mRNA 表达水平,Western blotting 检测三株细胞中 p27 蛋白的表达情况。构建 gRNA 表达质粒,运用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术分别稳定敲除 SiHa 细胞中 HPV16 E6/E7、UCA1,检测 UCA1 mRNA、HPV16 E6/E7 的变化及 p27、p53、p21 蛋白表达水平的变化。检测 HPV16 E6/E7(-)SiHa 细胞的增殖水平,并在 SiHa 细胞中过表达 UCA1 后检测细胞的增殖水平的变化。

**结果** 1) HPV16/18(+)的 SiHa 细胞/Hela 细胞 UCA1 mRNA 的表达水平明显高于 HPV(-)C33A 细胞,p27 蛋白的表达水平反之。2) 敲除 HPV16 E6/E7 抑制 SiHa 细胞 UCA1 的表达,而敲除 UCA1 不影响 SiHa 细胞 HPV16 E6/E7 的表达,表明 HPV16 E6/E7 调控 UCA1 的表达。3) 在敲除 HPV16 E6 的宫颈癌 SiHa 细胞中,细胞增殖能力减弱,敲除 HPV16 E7 的宫颈癌 SiHa 细胞的增殖能力也减弱;而敲除 HPV16 E6/E7 同时过表达 UCA1,相比于对照组, SiHa 细胞增殖能力增高。

**结论** UCA1 表达与 HPV 感染有相关性,HPV16 E6/E7 是 UCA1 的上游分子,并调控 UCA1 的表达;UCA1 对 HPV16 E6/E7 无反馈作用。通过干预 UCA1 可以降低 HPV16 E6/E7 对宫颈癌细胞促进增殖的作用。

## PU-0684

**非小细胞肺癌患者 IL-17 和 IL-33 的表达及其临床意义**

崔灿  
徐州市中心医院,221000

**目的** 通过检测 IL-17 和 IL-33 在非小细胞肺癌(NSCLC)患者肺癌组织中的表达,探讨其在 NSCLC 肺癌发生发展中的相关作用。

**方法** 59例 NSCLC 患者肺癌及癌旁组织作为研究对象,提取总 RNA 并逆转录为 cDNA,采用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测 NSCLC 肺癌及癌旁组织中 IL-17 和 IL-33 mRNA 的表达水平;采用流式细胞术 (Flow cytometry,FCM) 检测 59 例 NSCLC 患者及 31 例健康对照组外周血中 Th17 细胞占 CD4<sup>+</sup>T 细胞的比例;分析不同 TNM(Tumor Node Metastasis)分期肺癌患者肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 mRNA 的含量;对肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 与患者外周血中 Th17 细胞比例进行相关性分析。

**结果** qRT-PCR 法检测 NSCLC 患者肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 mRNA 的表达明显高于癌旁组织( $P<0.05$ ); FCM 法检测 NSCLC 患者外周血中 Th17 细胞的比例明显增高( $P<0.05$ ); 不同 TNM 分期肺癌患者肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 mRNA 的含量: IV 期 NSCLC 患者均高于 I~II 期、III 期患者 ( $P<0.05$ ); 肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 mRNA 含量与患者外周血中 Th17 细胞比例呈正向直线相关的关系(IL-17:  $r=0.55$ ,  $P<0.05$  和 IL-33:  $r=0.72$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** NSCLC 患者肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 mRNA 随着肿瘤分期程度的增高其含量明显增高,其含量与 NSCLC 患者外周血中 Th17 细胞比例呈正相关。提示 NSCLC 患者肺癌组织中 IL-17 和 IL-33 的增高可能会导致肿瘤患者免疫抑制,从而促进肿瘤的发生发展。

## PU-0685

### Hidden epidemic: biotin interference in viral serologic Immunoassays

Liying Song,Yulong Li,Hui Yuan  
Beijing Anzhen Hospital, Capital Medical University

**Objective** Biotin, also called vitamin B7, member of vitamin B family, plays a crucial role in macronutrient metabolism. In recent decades, HDB(High-dose biotin),such as 300mg, has been used in metabolic diseases, MS (multiple sclerosis) and mitochondrial disorder, and biotin range from 5-10mg is used as daily supplement for peiceived heath and cosmetic benefits. As biotin has been widely used in daily supplement and treatment, hidden interference has been observed in many biotin -streptavidin systems, such as TFTs (thyroid function tests), PTH (parathyroid hormone) , Tnl (Troponin I) and 25OHVD(25-hydroxyvitamin D). To assess whether ingesting common dose of over-the-counter biotin supplements will affect results of biotinylated viral serologic immunoassays after 7 days addition, we made this research.

**Methods** In the study, twenty-five healthy volunteers older than 18 years(seven men, eighteen women; mean age, 27 years) were recruited, all participants signed the informed consent which was designed according to the Declaration of Helsinki. Exclusion criteria including conditions that possibly affect biotin concentration, like being pregnant or lactating, smoking, excessive drinking, ingesting OTC vitamin supplements or lacking the capacity to consent.

Volunteers were informed to take 10mg/d of biotin (Spring Valley) with or soon after breakfast at the same time each morning for 7 days. Serum was collected at baseline prior to Biotin intaking (0 hour), 2 hours after intaking biotin (2 hours), after 7 days of biotin supplementation (day 7) and 1 week after participants stopped taking biotin (day 14). Serum was labeled with number and date, the sample was centrifuged within 1 hour after drawing blood and then stored at - 80°C before tested.

ELISA (German IDK) was used to test the serum biotin concentration. According to the instructions and pre-experiment results, the plasma specimens of the 2<sup>nd</sup> and 7<sup>th</sup> days were diluted 10-fold prior to measurement, and the serum of the 14<sup>th</sup> day was diluted 2-fold to measure the biotin concentration.

Since infectious related analytes were negative according to the pretests, a infectious positive recovery experiment was performed by mixing 1000 microlitres of each volunteer's serum with 1000 microlitres of known positive samples gathered from routine tests. For studies on discarded plasma samples, informed consent was waived. Positive residual serum from patients was

collected and stored at -20 °C. After thawing, the positive patients' serum was added into the volunteers' serum.

**Results** Among the 18 women and 7 men (mean age, 27 years [range, 18-51 years]) who took 10 mg/d of biotin for 7 days, biotin supplement-associated interference was found in 4 of the 10 (40%) biotinylated assays compared with none of the 8 nonbiotinylated assays. Results from 4 out of 9 (44%) biotinylated sandwich immunoassays tested falsely low. The only one competitive immunoassay sees no significant difference related to 10 mg biotin ingestion.

**Conclusions** In this study of 25 healthy adult volunteers and 6 infectious related analytes measured by 18 immunoassays, intaking 10 mg/d of oral biotin for 1 week was associated with significant assay influence in some but not all biotinylated assays studied. Clinical laboratory should pay attention to potential biotin related change and retest the sample in non-biotinylated if possible.

## PU-0686

### 东北地区 G 试验阳性率分析与真菌感染疾病的 预防控制

郭雨

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** G 试验检测的是真菌的细胞壁成分(1,3)- $\beta$ -D 葡聚糖,当人体的吞噬细胞吞噬真菌后,能持续释放该物质,使血液以及体液中含量增高。该实验可早期诊断多种临床常见的侵袭性真菌感染疾病。近年来真菌感染发病率有所增高,对东北地区 G 试验阳性率进行分析,探讨真菌感染疾病的预防控制,从而降低真菌感染率。

**方法** 用安度斯动态试管检测仪采用动态比色法对 2018 年 5 月 1 日至 2019 年 5 月 1 日期间所有吉林金域医学检验所有限公司检测的 6984 例患者的进行检测。

**结果** 6984 例患者中阳性患者为 1054 例,阳性率为 15%,其中男性、女性阳性表达率分别为 71.63%、28.37%;阳性患者中按年龄分组统计 50 岁以上患者阳性表达率为 75.52%;18-50 岁患者阳性表达率为 20.22%;18 岁以下患者阳性表达率为 4.26%;对男性患者及女性患者分别按年龄分组统计结果显示 50 岁以上患者阳性表达率最高。

**结论** 中老年患者阳性率高,由于中老年患者免疫力低下,长期应用广谱抗菌药物、激素、抗肿瘤药、免疫抑制剂及侵入性操作,使体内菌群失调,造成机体对真菌的抵抗力降低。当同等环境因素情况下,老年人更容易被真菌感染。此外老年人经常进出医院,不排除院内感染因素产生感染的原因,主要有医护人员对真菌感染了解不够明确,医疗环境存在一些隐患因素,我们应该查明造成感染的主要原因,从而对院内感染管理方面加强,进一步完善对于感染的控制措施,才能够有效的预防和控制医院中出现的感染现象。才能降低真菌感染的发生。

## PU-0687

### 白假丝酵母菌耐药机制的相关研究进展

郭雨

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 白假丝酵母菌(白色念珠菌, *Candida albicans*),引起的急性、亚急性或慢性感染,是最常见的真菌病。常侵犯皮肤、粘膜,也可引起内脏或全身感染。白假丝酵母菌广泛分布于自然界,当机体发生正常菌群失调或抵抗力降低时,可侵犯人体多个部位,引起疾病。近年来随着大剂量抗生

素、激素、免疫抑制剂的应用,以及器官移植术的开展,其发病率渐趋增高,并可危及生命造成严重后果,给临床治疗带来严重后果。

**方法** 通过基因方面和生物膜方面对白假丝酵母菌耐药机制进行综述

**结果** 主要是白假丝酵母菌与相关基因的耐药机制,白假丝酵母菌的耐药性和 **ERG11** 基因突变、**ABC** 转运蛋白基因表达的关系、**CAP1** 基因、**CDR1**, **CDR2** 表达、**CA6184** 基因的关系;白假丝酵母菌生物膜相关的耐药机制,质膜蛋白 **3** 参与的真菌耐多烯类 **AmB** 机制、生物膜形态学及其耐药性、鱼腥草素钠诱导临床耐药白假丝酵母菌生物膜细胞凋亡等机制;白假丝酵母菌细胞壁相关耐药机制。白假丝酵母菌耐药是临床治疗的一大难题,并且白假丝酵母菌的耐药机制复杂多样。多位点错义突变可能是导致耐药的主要分子机制。生物膜形成的影响因素和耐药机制的复杂性决定了生物膜相关性感染的临床治疗困难,其具体的耐药机制尚不明确。

**结论** 目前,白假丝酵母菌的耐药机制主要是基因方面和生物膜方面。通过研究白假丝酵母菌的耐药机制,可以寻找新的治疗方案和开发新的药物,对临床的疾病治疗有重大意义。

## PU-0688

### Clinical value of neutrophil CD64 in expressed prostatic secretion in patients with chronic prostatitis/chronic pelvic pain syndrome

Zhixiang Ding, Bingwei Shi, Xian Ge, Sheng Wang, Tingsong Bian  
Changzhou hospital affiliated to Nanjing University of Chinese Medicine

**Objective** To explore the clinical value of neutrophil CD64 in expressed prostatic secretion (EPS) in patients with chronic prostatitis/chronic pelvic pain syndrome (CP/CPPS).

**Methods** 87 CP/CPPS patients were included from department of urology and andrology in our hospital. Cases were classified as type IIIA (50 cases), type IIIB (36 cases) and control group (30 cases). Type IIIA was also divided into group IIIA1 (severe inflammation) with 28 cases and group IIIA2 (mild inflammation) with 22 cases. CD64 expression of EPS neutrophils in CP/CPPS groups was detected by flow cytometry and compared. 53 cases meanwhile underwent EPS bacterial culture again. The distribution and neutrophil CD64 expression between positive group and negative group were compared. The sensitivity and specificity of neutrophil CD64 in diagnosing bacterial infection in CP/CPPS patients were analyzed by receiver operating characteristic (ROC) curves. Spearman correlation analysis was used to detect the correlation of neutrophil CD 64 and clinical symptoms.

**Results** The expression of neutrophil CD 64 in IIIA1 group was significantly higher than that in other groups ( $P < 0.01$ ). There were 9 positive cases including 7 case from IIIA1 group among 53 cases received bacterial culture again. The expression of neutrophil CD64 in bacterial positive group was significantly higher than that in negatively [2420.22 (1802.34~2892.27) molecules / cell VS 1162.05 (915.58~1753.72) molecules / cell ( $Z = 3.417$ ,  $P < 0.01$ )]. The sensitivity and specificity of EPS neutrophil CD64 in diagnosis of bacterial infection in CP/CPPS patients was 100% and 70.45%. Spearman correlation analysis showed the expression of EPS neutrophil CD64 was positively correlated with CPSI scores in CP/CPPS patients ( $r = 0.513$ ,  $P < 0.01$ ).

**Conclusions** High expression of EPS neutrophil CD64 is closely related to bacterial infection in CP/CPPS patients. When the expression of EPS neutrophil CD64 is higher than 1500 molecules / cell, multiple bacterial cultures are recommended to improve the bacterial positive detection rate.

## PU-0689

## 基质辅助激光解析/电离飞行时间质谱对临床常见革兰阳性球菌的鉴定能力评价

赵树龙

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 利用基质辅助激光解析/电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 和 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏系统鉴定临床常见的革兰阳性球菌, 比较鉴定结果的一致性, 评价 MALDI-TOF MS 对临床常见革兰阳性球菌的鉴定能力。

**方法** 收集 2014 年-2015 年微生物室 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏系统鉴定的革兰阳性球菌, 同时使用法国梅里埃公司的 VITEK MS (采用 MALDI-TOF MS 技术) 进行鉴定, 比较结果的一致性, 评价 VITEK MS 对于革兰阳性球菌的鉴定能力

**结果** 348 株革兰阳性球菌中葡萄球菌为 249 株、链球菌 24 株、肠球菌 75 株。质谱方法鉴定结果与传统方法相比一致率分别为 96.4%、58.3%、93.3%。

**结论** 与传统方法相比 MALDI-TOF MS 对葡萄球菌与肠球菌的鉴定均有较高的一致性, 但是对于链球菌的鉴定尚需进一步的研究。

## PU-0690

## A case of a severe FXI deficiency in a Chinese pregnancy woman

Yingyu Wang

The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** This study was to elucidate the molecular defect in a 35-year-old Chinese pregnancy woman who was born from an consanguineous family.

**Methods** The F11 gene was amplified by polymerase chain reaction and screened for mutations. Then identified mutations were analyzed by in silico programs and molecular modeling analysis.

**Results** This woman was found to have severely low levels of FXI (FXI:C: 4.0%; FXI:Ag: 11%) during antenatal examination. Further DNA sequencing of F11 revealed an already known homozygous mutation (p.Trp228stop) in the Ap3 domain. She did not show any bleeding tendency in the past. Notably, she gives birth to a daughter four weeks later, and no post-partum hemorrhage occurred also.

**Conclusions** The homozygous mutation contribute to the severe FXI deficiency in the woman.

## PU-0691

## 尿液红细胞形态分型在肾性等血尿鉴别诊断中的价值

柳宗慧,杨晓东,杨华

三峡大学附属仁和医院

**目的** 鉴别肾性和非肾性血尿患者, 采用尿液红细胞形态分型法, 分析其应用价值。

**方法** 选取我院 2017 年 12 月至 2018 年 12 月收治的 100 例肾性疾病患者作为研究组, 另选 100 例非肾性疾病患者作为对照组, 分析尿液红细胞形态和数量。

**结果** 肾性血尿患者尿液红细胞中的异常形态数量在 80%以上, 形态变化在 2 种以上; 非肾性血尿患者尿液红细胞中的异常形态数量在 20%以下, 形态变化在 2 种以下。

**结论** 对尿液红细胞形态和分型进行鉴别,能够有效区分肾性和非肾性血尿患者,该鉴别方法值得推广使用。

## PU-0692

### 生化分析仪检测红细胞脆性与地中海贫血基因 诊断结果的分析

陈建芸

中国人民解放军南部战区总医院检验科

**目的** 探讨全自动生化分析仪检测红细胞脆性对地中海贫血疾病的诊断意义。

**方法** 经过地贫基因检测和红细胞脆性检测的人数共 258 人,其中  $\alpha$  地贫 84 人,  $\beta$  地贫 63 人例,非地贫 111 人,应用日立 7170 全自动生化分析仪检测红细胞脆性。

**结果** 地贫组红细胞脆性结果明显降低,与对照组比较有显著差异 ( $P=0.00<0.01$ ),应用全自动生化分析仪检测地贫组红细胞脆性时阳性检出率可达 93.8%,阴性率达 6.2%,灵敏度 93.8%,特异度 56.8%,准确度 77.9%,阳性预报值 74.2%。在对照组中红细胞脆性阴性率达 56.8%,阳性率达 43.2%。

**结论** 应用全自动生化分析仪检测红细胞脆性时可提高检测效率,对地中海贫血疾病有一定的诊断意义,可作为简单、方便、快捷的筛查方法。

## PU-0693

### 基因芯片法与酶联免疫法对结核的临床应用评价

陈建芸

中国人民解放军南部战区总医院检验科

**目的** 探讨基因芯片法检测结核分枝杆菌及酶联免疫吸附法 (ELISA 法) 检测结核分枝杆菌抗体对结核病诊断的相关性,并比较其差异,以及在结核病诊断中的应用价值。

**方法** 选取本院门诊及住院病人 180 例(确诊结核组 54 例,对照组 126 例),均采用酶联免疫吸附试验(ELISA)和基因芯片分枝杆菌菌种鉴定。用临床流行病学方法分别统计用 ELISA 法和基因芯片法检测出结核杆菌(抗原或抗体)的结果,整理数据并得出结论

**结果** 检测 180 例临床标本中,基因芯片法、ELISA 法阳性率分别为 16.67% (30/180) 和 25.0% (45/180)。卡方检验显示两种检测方法结果有差别 ( $P<0.05$ )。54 例结核组中,基因芯片法的灵敏度、特异度、符合率分别为 55.6%、100%、86.7%,ELISA 法的灵敏度、特异度、符合率分别为 40.7%、84.5%、70.0%。。基因芯片法的特异度高于 ELISA 法检测。基因芯片法的敏感性和 ELISA 法相比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 基因芯片法具有简便、快速和特异性强等优点,是临床结核病诊断的新方法,值得在临床推广应用。而 ELISA 法可以拟补基因芯片法灵敏度的不足,联用两种方法可提高结核病临床检出率。



PU-0694

## CBL 在乳腺癌组织中的表达及临床预后分析

陆景润,肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** CBL 基因, 又称 CBL 原癌基因, 具有编码蛋白质的功能, 其编码的 CBL 蛋白属于 Casitas B 细胞淋巴瘤 (Casitas B-cell Lymphoma, CBL) 蛋白家族的成员之一, 是一种具有 RING (Really Interesting New Gene) 指结构域的 E3 泛素-蛋白质连接酶。有报道称 CBL 蛋白通过其上下游调控机制在乳腺癌的发生、发展及治疗中发挥重要作用, 但 CBL 在乳腺癌组织中的表达水平及其在不同类型乳腺癌组织中的表达差异情况暂无报道, 另外, CBL 表达量与乳腺癌患者预后的关系也未见报道。本研究欲探讨 CBL 在乳腺癌组织中的表达水平及其在不同类型乳腺癌组织中的表达差异, 并分析 CBL 在评估乳腺癌临床预后中的作用, 为将 CBL 作为乳腺癌治疗靶标、分型分期的辅助标准以及评估预后的分子指标提供理论参考。

**方法** 从 USCS Xena 数据库下载数据, 利用 T 检验和 wilcox 秩和检验分析乳腺癌组织与癌旁组织中 CBL 基因的表达差异; 利用单因素方差分析及 TukeyHSD 多重比较检验进行 CBL 基因表达与乳腺癌 TNM 分期的相关性分析及临床分期相关性分析; 采用 R 的 Survival 包进行生存分析, 绘制 K-M 生存曲线, 并进行 log-rank 检验分析 CBL 基因是否为生存预后相关基因。进一步采用免疫组织化学法 (IHC) 检测乳腺癌组织中 CBL 蛋白的表达水平。

**结果** 乳腺癌组织中 CBL 基因和蛋白的表达水平明显低于癌旁组织 ( $p < 0.05$ )。CBL 基因的表达水平与乳腺肿瘤的分子分型、病理类型、TNM 分期及临床分期有一定相关性, 但不显著。CBL 基因的表达量与乳腺癌患者预后呈负相关 ( $p < 0.05$ )。

**结论** CBL 在乳腺癌中低表达, 其表达水平与乳腺癌分类有一定相关性, 并且在乳腺癌预后评估中具有潜在的应用价值, 是乳腺癌可行的生物标志物。

PU-0695

## Kin17 knockdown inhibits migration and invasion of cervical cancer cells

Meifeng Zhong

Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Cervical cancer is the fourth-most common disease and cause of death from cancer in women worldwide. Kin17 is a highly conserved gene from yeast to human, which has been demonstrated participating in proliferation and apoptosis of cancer of breast and cervix. But the effect and mechanism of kin17 knockdown on migration and invasion in cervical cancer cells are still unclear. The aim of our study is to find out whether cervical cancer cells undergo EMT and elucidate its regulatory mechanism.

**Methods** Wound healing assay and Transwell assay were performed to detect the ability of migration and invasion of cervical cancer cells after Kin17 knocking-down. Western Blot was used to explore the mechanism of how Kin17 knockdown inhibits cell migration and invasion.

**Results** Wound healing assay showed that Kin17 knockdown inhibited migration of cervical cancer cells. Transwell assay results demonstrated that the ability of invasion in cervical cancer cells were inhibited after knocking-down Kin17. Expression of NF- $\kappa$ B pathway associated proteins: phosphorylation of NF- $\kappa$ B p65, IKK, I $\kappa$ B and EMT related protein Snail, MMP3 were down-regulated by Kin17 knockdown.

**Conclusions** Knocking-down Kin17 can slow the progression of cervical cancer, which indicates that Kin17 may act as a new targeted biomarker of cervical cancer.

## PU-0696

**miR-92a-3p 对 TNF- $\alpha$ , IL-6 和 DcR3 的影响**

陈洪卫

上海市松江区中心医院, 201600

**目的** 探讨 miR-92a-3p 对 TNF- $\alpha$ , IL-6 和 DcR3 的影响。

**方法** 用人急性单核细胞白血病细胞 (THP-1) 设置阴性对照组 (NC)。用 1  $\mu$ g/mL LPS 分别处理 THP-1 细胞 6 h 和 24 h, qRT-PCR 检测 TNF- $\alpha$ , IL-6 和 DcR3 的表达, 作为 Sepsis 组 (NC+LPS)。利用 1 mg/mL 的 LPS 处理过表达 miR-92a-3p 的 THP-1 细胞, 作为过表达 miR-92a-3p 的 Sepsis 组 (miR-92a-3p+LPS)。利用 qRT-PCR, ELISA 和 Western-blot 分别检测各组 TNF- $\alpha$ , IL-6 和 DcR3 的表达情况。

**结果** qRT-PCR, ELISA 和 Western-blot 检测结果显示, TNF- $\alpha$  和 IL-6 在 LPS 组, miR-92a-3p+LPS 组和 NC 组的相对表达量均呈下调趋势 ( $P < 0.05$ ), DcR3 表达无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** miR-92a-3p 可抑制 TNF- $\alpha$  和 IL-6 的释放, 具有抗炎作用, 但是其对 DcR3 的作用不显著。

## PU-0697

**miR-92a-3p 对脓毒症细胞凋亡的影响**

陈洪卫

上海市松江区中心医院, 201600

**目的** 探讨过表达 miR-92a-3p 对脓毒症细胞凋亡的影响。

**方法** 用 THP-1 细胞设置阴性对照组 (NC)。以 LPS 处理 THP-1 细胞构建 Sepsis 体外细胞模型, 作为 Sepsis 组 (Sepsis)。以 LPS 处理过表达 miR-92a-3p 的 THP-1, 作为过表达 miR-92a-3p 的 Sepsis 组 (miR-92a-3p+Sepsis)。Western-blot 方法检测 Caspase-3 p17 和 BCL2/Bax 的表达, 并采用流式细胞术检测各组细胞凋亡情况。

**结果** 不同浓度的 LPS 刺激 THP-1 细胞在不同的时间段细胞所释放的 IL-6 水平不同, 刺激浓度越大, IL-6 水平越高, 刺激 24h 以后 IL-6 水平显著升高 ( $P < 0.05$ )。在 qRT-PCR 检测中, IL-6 在 Sepsis、miR-92a-3p+Sepsis 和 NC 组的 mRNA 表达呈下调趋势 ( $P < 0.05$ )。Western-blot 检测中, Caspase-3 p17 和 BCL2/Bax 在 Sepsis、miR-92a-3p+Sepsis 和 NC 组的灰度值呈下调趋势 ( $P < 0.05$ )。流式细胞术 (flow cytometry, FCM) 检测中, Sepsis、miR-92a-3p+Sepsis 和 NC 组的细胞凋亡率呈降低趋势 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 过表达 miR-92a-3p 可抑制脓毒症细胞凋亡, 其机制可能与调控靶基因 ITGA5、DUSP5、NLK、CD2AP、DUSP10、WASL、CACNA1I、MAP2K4 和 RAP1B 有关。

## PU-0698

**诱骗受体 3 对内毒素诱导的血管内皮细胞凋亡的影响**

陈洪卫

上海市松江区中心医院, 201600

**目的** 观察过表达或干扰诱骗受体 3 (DcR3) 表达对内毒素诱导的血管内皮细胞凋亡的影响。

**方法** 培养人静脉血管内皮细胞 (HUVEC), 将细胞平均分成六组: 正常对照组、单纯脂多糖 (LPS) 刺激组、LPS+小干扰 RNA (siRNA) DcR3 组、LPS+siRNA control 组、LPS+pEGFP-DcR3 组,

LPS+ pEGFP-control 组。利用 western blot 方法检测各组细胞内 DcR3 的表达水平, 通过流式细胞术以及 western blot 方法比较各组之间凋亡率的差异。

**结果** DcR3 过表达组 DcR3 表达水平较正常细胞组明显升高 ( $p<0.05$ ), 而 siRNA DcR3 组 DcR3 表达水平明显下降 ( $p<0.05$ ); LPS 刺激可以诱导 HUVEC 细胞凋亡, 使细胞凋亡率明显高于正常对照组 ( $p<0.05$ ), 干扰 DcR3 的表达可以促进 LPS 的诱导凋亡作用 ( $p<0.05$ ), 而过表达 DcR3 可以显著抑制 LPS 诱导的细胞凋亡 ( $p<0.05$ )。

**结论** DcR3 可以抑制 LPS 诱导的血管内皮细胞凋亡, 促进其表达可能减轻由于内皮细胞凋亡带来的毛细血管渗漏。

## PU-0699

### NF- $\kappa$ B 参与细菌感染诱导的 DcR3 表达升高

陈洪卫

上海市松江区中心医院,201600

**目的** 利用体外细胞实验研究细菌感染诱导 DcR3 表达升高的信号转导机制。

**方法** 流式细胞术检测细胞表面 Toll 样受体 2 (TLR2) 和 Toll 样受体 4 (TLR4) 的表达, 脂多糖 (LPS)、脂磷壁酸 (LTA) 以及酵母聚糖 (zymosan) 刺激细胞以及采用特异性抑制剂阻断 NF- $\kappa$ B 和 MAPK 信号通路后, ELISA 法检测细胞培养上清中 DcR3 的表达, Real-time PCR 法检测细胞内 DcR3 mRNA 表达水平, Western-blot 法检测细胞内 DcR3 蛋白的表达。

**结果** HUVEC 细胞表面既表面 TLR2, 也表达 TLR4 受体; 中, 高浓度的 LPS、LTA 以及 zymosan 刺激细胞 24 后, 细胞培养上清中 DcR3 的表达较未刺激组明显升高 ( $P<0.05$ )。细胞内 DcR3 mRNA 和蛋白的表达随刺激时间的延长和浓度的升高也明显升高 ( $P<0.05$ )。通过阻断 NF- $\kappa$ B 通路, 细胞以及上清液中 DcR3 表达较刺激组均明显下降 ( $P<0.05$ ), 而阻断 P38 MAPK 通路对细胞及上清液中 DcR3 表达无明显影响。

**结论** LPS、LTA 以及 zymosan 通过激活 NF- $\kappa$ B 信号通路诱导 HUVEC 表达 DcR3。

## PU-0700

### 化学发光免疫法在原发性肝癌肿瘤标志物检验中的应用分析

卫丽,刁晓艳,张倩

青海省人民医院,810000

**目的** 分析化学发光免疫法在原发性肝癌肿瘤标志物检验中的应用效果。

**方法** 选取 102 例 2017 年 12 月至 2018 年 12 月在我院治疗的原发性肝癌患者, 将其例为观察组, 再选择 100 例同期在我院行体检的健康人, 将其例为对照组。取其静脉血, 采用化学发光免疫法对血液标本中的各肿瘤标志物进行检测, 观察并比较两组研究对象各肿瘤标志物的水平以及各项肿瘤标志物阳性指标的检出率。

**结果** 观察组各肿瘤标志物水平均高于对照组, 差异明显 ( $P<0.05$ ); 观察组各项肿瘤标志物阳性指标的检出率均高于对照组, 差异明显 ( $P<0.05$ ), 有统计学意义。

**结论** 临床上对原发性肝癌患者进行肿瘤标志物检验时, 采用化学发光免疫法进行检测, 结果准确, 为临床诊断和治疗均提供了重要的依据, 有着较高的推广价值。

## PU-0701

**乙型肝炎患者外周血中血小板白细胞比值的临床意义**

周文营

中山大学附属第三医院,510000

**目的 目的:** 研究血小板/白细胞比值 (PWR) 在慢性乙型肝炎、肝硬化患者中的变化, 以及其与凝血酶原活动度 (PTA) 的关系, 为评估肝脏疾病的严重程度, 肝硬化患者的肝损伤程度提供新的参考。

**方法 方法:** 收集 125 例健康对照组 (Healthy controls)、193 例慢性乙型肝炎 (chronic hepatitis B, CHB)、131 例乙肝肝硬化 (HBV related cirrhosis), 总共 449 名研究对象的临床资料。检测每一位研究对象外周血中的 PWR; 检测乙型肝炎研究对象的 PTA 等指标。每两组间计量资料的比较采用 Student-t 或 Mann-Whitney 检验。

**结果 结果:** 1) 与健康对照相比, 慢性乙型肝炎和肝硬化组的 PWR 值分别是  $38.85 \pm 9.7$ ,  $24.84 \pm 12.56$  和  $24.63 \pm 15.46$ , 差异具有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。与健康对照组相比, 慢性乙型肝炎和肝硬化组的 PWR 值明显降低, 肝硬化组与慢性乙型肝炎组的 PWR 差异不明显。2) PTA 与 PWR 有一定的相关性。

**结论 结论:** 与健康对照相比, PWR 在慢性乙型肝炎和肝硬化患者中明显降低, 且 PWR 与 PTA 有一定相关性。

## PU-0702

**Roche 电化学发光 E602 检测白介素 6 的方法学评价**

卫丽,张倩,刁晓艳

青海省人民医院,810000

**目的 验证和评价罗氏 E602 模块定量检测白介素 6 (IL-6) 的分析性能。**

**方法 验证和评价罗氏 E602 模块定量检测白介素 6 (IL-6) 的分析性能。对罗氏 E602 分析仪定量检测 IL-6 的准确度、精密度、线性进行验证、交叉污染率评估实验。**

**结果 准确度、精密度均符合罗氏 E602 性能标准; IL-6 检测呈一次线性 ( $R^2=0.99996$ ,  $p<0.05$ ), 罗氏 E602 分析仪交叉污染率为 0.077%。**

**结论 罗氏 E602 检测 IL-6 的主要分析性能验证结果与厂商声明的基本一致, 符合质量目标要求, 可应用于临床标本检测。**

## PU-0703

**CBL 蛋白家族的结构、功能及其在乳腺癌发展中的作用**

陆景润,李玮玮

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的 Casitas B 细胞淋巴瘤 (Casitas B-cell Lymphoma, CBL) 蛋白家族是一组具有 RING (Really Interesting New Gene) 指结构域的 E3 泛素连接酶, 包括 CBL、CBL-B 和 CBL-C 三个成员。三者在肿瘤中的作用各不相同, 并与肿瘤的发生发展密切相关。全面总结 CBL 蛋白家族的生物学功能不仅有助于了解乳腺肿瘤的发生机制, 也有望将 CBL 作为肿瘤的治疗靶标提供新思路 and 突破口。**

**结果 1 CBL 蛋白家族的编码基因及其蛋白结构**

CBL 蛋白家族是一组含有 RING 指状结构域的 E3 泛素连接酶, 包括 CBL、CBL-B 和 CBL-C, 编码基因分别位于第 11 号、第 3 号和第 19 号人类染色体上。CBL 蛋白家族成员具有高度保守的 N 端, 而 C 端保守性低。

## 2 CBL 蛋白家族在乳腺癌中的生物学功能及临床意义

CBL 是乳腺癌重要的原癌基因, 其编码的 CBL 蛋白可通过调控 ErbB 及 ERK/AKT 对乳腺癌的发生发展起抑制作用, 同时, miRNA 对 CBL 表达的调控在乳腺癌中发挥重要作用; 此外, CBL 在乳腺癌抗雌激素治疗中也有作用。

CBL-B 是乳腺癌中重要的调控基因, 通过调控 CBL-B 可有效干扰乳腺干细胞的癌变发生, 同时 CBL-B 通过自身泛素化作用于相关信号通路可逆转乳腺癌耐药并在乳腺癌预后中起到积极作用。

CBL-C 基因编码 52 kDa 的蛋白质, 其分子量明显小于其他两种 CBL 蛋白家族成员, 结构上也与其他成员有较大差异。CBL-C 在乳腺发育中起作用, 但目前关于 CBL-C 在乳腺癌组织或细胞水平的表达情况报道较少。根据 CBLC 在其他肿瘤中的表达情况及分子机制, 我们推测 CBL-C 可能通过与 CBL 竞争性结合 EGFR 并抑制 EGFR 降解参与调控肿瘤生长。此外, 有报道称, CBL-C 与乳腺癌预后良好相关。

**结论** CBL 蛋白家族在乳腺癌中的研究主要集中于其对各种底物的降解来参与乳腺癌的发生、发展、转移及药物治疗等进程, 但 CBL-B 在乳腺癌发生发展中的作用报道不多, 并且由于不同研究结论的矛盾, CBL 和 CBL-B 是抑癌基因还是促癌基因尚无明确结论, 此外, 关于 CBL-C 在乳腺癌中的生物学功能报道极少, 其在乳腺癌中的作用机制还有待深入挖掘。全面研究 CBL 蛋白家族在乳腺癌中的作用机制有望将其作为乳腺癌的治疗靶标及预后指标提供新思路 and 突破口。而研制特异性的 CBL 蛋白家族抑制剂或中和抗体也将为乳腺癌的治疗开拓新的方向。

PU-0704

## 全血钙元素 ICPMS 检测的方法学验证

张敏

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 随着生活水平的不断提高, 人们对人体健康意识的不断加强, 人体微量元素对健康的影响也逐步得到提升, 对检测结果的准确性也有了更高的要求。检测方法学的建立, 保证了检测结果的准确。

**方法** 应用仪器为 Agilent 7900 ICP-MS (FX15)。室内质控品水平一由奥斯邦提供, 水平二为使用牛全血自行配制, 校准品国家有色金属及电子材料分析测试中心的商业品, 对钙元素检测方法进行验证。

**结果** 正确度: 应用卫生部临检中心 2018 年第二次室间质评对钙元素进行验证, 偏倚  $<1/2\text{ALE}$ ; 精密度: 选择高低两个浓度的病人标本测定 20 个数据, 高低两个浓度均小于  $1/4\text{ALE}$ ; 将空白样品重复 20 次作批内测定, 计算空白均值和标准差, 以 3 倍标准差和 10 标准差作为项目检测方法的检出限和检测低限, 分别为  $0.1\text{mg/L}$  和  $0.3\text{mg/L}$ , 满足临床项目检测要求; 由于样品经 20 倍稀释后检测, 故方法分析测量范围和临床可报告范围的上限定为标准曲线的最高浓度点乘以 20, 其下限为检测低限, 全血钙分析测量范围/可报告范围:  $0.3\sim200.0\text{mg/L}$ ; 取高、低浓度的样品, 按照低、低、低、高、高、低、高、高、低、低、低、低、高、高、低、高、高、低进行测定, 求出所有低-低值数据的标准差  $\text{SD1}$ 、平均值  $\text{X1}$ , 求出所有高-低值数据的平均值  $\text{X2}$ , 实验数据得  $\text{X2}-\text{X1}<3\text{SD1}$ , 携带污染不考虑。

**结论** 以上准确度、精密度、检测低限、携带污染的验证, 说明用该检测方法进行钙元素检测可被接受, 满足临床标本检测的要求。

## PU-0705

## Roche 电化学发光 E602 检测鳞状上皮细胞癌抗原的方法学评价

刘兰民,卫丽  
青海省人民医院,810000

**目的** 验证和评价罗氏 E602 模块定量检测鳞状上皮细胞癌抗原 (SCC Ag) 的分析性能。

**方法** 对罗氏 E602 分析仪定量检测 SCC 的精密度、线性进行验证,用 E602 分析模块与雅培 I2000 分析仪检测相同的标本的 SCC Ag,对检测结果进行比较分析。

**结果** 精密度均符合罗氏 E602 性能标准;SCC Ag 检测呈一次线性 ( $r=0.937$ ,  $p<0.05$ ),线性范围为:两种方法检测相同标本,罗氏 E602 的阳性率为 76%,雅培的阳性率为 76%,但罗氏分析仪可检出的小数位数更加精准。

**结论** 罗氏 E602 检测 SCC Ag 的主要分析性能验证结果与厂商声明的基本一致,与雅培的总符合率良好,符合质量目标要求,可应用于临床标本检测。

## PU-0706

## 青海西宁地区正常孕妇凝血指标的检测分析

胡彩红  
青海省妇女儿童医院

**目的** 了解正常临产孕妇的凝血功能变化。

**方法** 采用凝固法,仪器用德国 BehnK ELEKTRONIK GmbH&Co.公司生产的 Thrombolyzer-ComPactX 全自动凝血分析仪进行检测。

**结果** 正常临产孕妇与健康非妊娠妇女的 PT、APTT 结果比较:临产孕妇明显缩短 ( $P<0.01$ ),Fib 明显升高 ( $P<0.01$ ),均有统计学意义,TT 无明显差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 孕妇分娩时,动态观察其凝血功能的变化,及时发现其凝血功能出现的异常情况,对减少孕妇意外的发生、并发症有着重要的意义。

## PU-0707

## CBLC 在乳腺癌中的相互作用蛋白鉴定及临床预后评估价值研究

李玮玮,李林海  
中国人民解放军南部战区总医院检验科

**目的** Cbl Proto-Oncogene 家族蛋白是一组 RF 泛素连接酶 (E3 Ubiquitin Ligases, E3)。CBLC 是家族成员之一,然而其对乳腺癌的影响仍然不清楚。拟通过分析 CBLC 蛋白在乳腺癌组织中的表达情况及其与临床预后的相关性,研究 CBLC 对乳腺癌细胞增殖迁移的影响,并探索 CBLC 的相互作用蛋白。为乳腺癌的临床诊断与预后评估提供新的监测指标。

**方法** 从 USCS Xena (<https://xenabrowser.net>) 数据库下载乳腺癌组织 1104 例和癌旁组织 113 例的基因表达谱矩阵 (FPKM)、样本临床信息和生存信息等相关数据,分析 CBLC 表达水平与乳腺癌患者预后的相关性;选取 30 例乳腺癌病人肿瘤组织及其邻近正常组织切片,利用免疫组化染色

观察 CBLC 表达水平。通过克隆形成、transwell 等实验验证 CBLC 对乳腺癌细胞增殖迁移的影响,进一步通过 colP、荧光共定位实验找到 CBLC 的相互作用蛋白。

**结果** 以中位数划分, CBLC 高表达组乳腺癌病人的生存率高于低表达组 ( $P=0.054$ )。免疫组化结果显示 CBLC 在乳腺癌肿瘤组织中平均表达密度中位数高于正常组 ( $P=0.014$ )。CBLC 抑制乳腺癌细胞增殖迁移。其相互作用蛋白可能为糖原磷酸化酶 L (Glycogen Phosphorylase L, PYGL)、皮层肌动蛋白 (Cortactin, CTTN)。KH 型剪切调控蛋白 (KH -type Splicing Regulatory Protein, KHSRP) 和重组腺苷激酶 2 (Recombinant Human Adenylate Kinase 2, AK2)。

**结论** CBLC 在乳腺癌中的表达量高于正常组织,但与乳腺癌患者生存良好呈正相关, CBLC 可能能够与 CTTN 等蛋白相互作用,介导一些信号传递及泛素化降解,从而抑制乳腺癌的进展。提示 CBLC 可能是乳腺癌分子诊断或靶向治疗的潜在靶标,值得我们深入研究。

## PU-0708

### CBLC 蛋白在乳腺癌各分型分期中的表达差异

李玮玮,李林海

中国人民解放军南部战区总医院检验科

**目的** Cbl Proto-Oncogene 家族蛋白是一组 RF 泛素连接酶 (E3 Ubiquitin Ligases, E3)。CBLC (别名 CBL-3、CBL-SL 和 RNF57) 为其中一员, CBLC 仅在上皮细胞中表达。而乳腺癌是一类发生于乳腺上皮的癌症。研究 CBLC 蛋白在乳腺癌组织与癌旁组织、不同乳腺癌分型和分期中的表达差异,为乳腺癌的临床诊断与预后评估提供新的监测指标,为乳腺癌的深入研究和治疗方案拟定提供指导性理论基础。

**方法** 从 USCS Xena (<https://xenabrowser.net>) 数据库下载乳腺癌组织 1104 例和癌旁组织 113 例的基因表达谱矩阵 (FPKM)、样本临床信息和生存信息等相关数据,分析 CBLC 基因在乳腺癌组织与癌旁组织, Luminal A、Luminal B、HER2+与 TNBC4 种乳腺癌分子分型组织,浸润性导管癌乳腺癌、浸润性小叶癌乳腺癌、粘液乳腺癌、混合组织学乳腺癌和其他类型乳腺癌 5 种病理分型组织以及不同 TNM 分期与肿瘤阶段中的表达差异。

**结果** CBLC 蛋白在乳腺癌各分型分期中的表达量均存在一定差异并且 CBLC 高表达与预后良好相关;其中差异显著,具有统计学意义 ( $P<0.05$ ) 的是:乳腺癌组的 CBLC 表达量高于癌旁组 ( $P=2.31E-20$ );在不同乳腺癌分子分型中, CBLC 在 Luminal A 型乳腺癌中的表达量最高 ( $P=1.68E-4$ );在不同乳腺癌病理分型中, CBLC 在粘液癌中的表达量最高 ( $P=4.00E-5$ ); CBLC 在乳腺癌 stage I 期至 stage II 期中表达量呈下降趋势 ( $P=0.049$ )。

**结论** CBLC 在乳腺癌各分型分期中的表达具有显著性差异,其在低恶性的 Luminal A 分子分型、高分化型的粘液癌组织病理分型、早期乳腺癌中高表达,可能是新的乳腺癌分子诊断或靶向治疗的潜在靶标。

## PU-0709

## Allergen diagnosis strategy: application of multiple allergen detection assays and a new allergic map of asthma

Haisheng Hu, Baoqing Sun, Zhifeng Huang  
First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** Detection of serum allergen-specific Immune globulin E (sIgE) was the necessary step in the diagnosis of allergic diseases. ImmunoCAP assay as the 'international gold standard' for allergen detection was widely used in clinical practice. However, it was limit in the regions with poor medically service and shortage of medical resources because thereof expensive reagents and sophisticated instruments.

Benefit from the development of medical science and biological technology, the diagnostic methods of allergens were became more and more accurate and advanced, but this also meant that it brought more medical expenses to patients. Compared with sophisticated diagnostic techniques, inexpensive and simple methods for screening allergies were more important in developing countries with large populations of potentially allergic patients, because these areas needed an assays which were easy to establish and were affordable to patients and although only indicated the sensitization of patients instead of accurate serum sIgE levels. Therefore, this study used ImmunoCAP assay as the gold standard to compare the diagnostic performance of three current allergen vitro detection techniques, AdvanSure (AdvS), EurolineCamera (ELC) and Allergy Lateral Flow Assay (ALFA). The purpose was to illustrate the clinical application value of these assays in different regions, and to provide a new allergy map in asthma patient.

**Methods** 30 allergic asthma patient's sera were measured allergen sIgE levels at the same time by AdvS (The Republic of Korea, LG), ELC (Germany, EUROIMMUN) and ALFA (Germany, DR FOOKE), respectively.

**Results** The result show that there was high sensitivity to D.pteronyssinus in AdvS (92.6%), ELC (88.9%) and ALFA (85.2%) assay respectively, and the patients with negative results for D.pteronyssinus in ImmunoCAP assay were all positive in ALFA assay. However, the sensitivity to F.domesticus was poor in above three assays (all < 50.0%). To the B.germanica, the sensitivity in ELC was highest (75.0%), and to the A.vulgaris, the sensitivity of ELC and ALFA was both 75.0% respectively. Interestingly, AdvS, ELC and ALFA assays can detect 20, 21 and 8 kinds of allergens in one panel respectively. Therefore, a total of 33 kinds of allergens were detected by three assays, among them, 93.3% patients positive for 5 or more allergens, and 46.7% patients positive for ≥10 kinds of allergens. In fish allergens, there were 16.7% and 13.3% patients positive for Marine-fish-mixture and Freshwater-fish-mixture, at the same time, the patients positive for Marine-fish-mixture were 100% positive for both Shrimp and Crab. In meat allergens, the positive rare of Pork and Chicken all were 6.7%, and there were 3.3% patients positive for Beef, meanwhile, the patients positive for Chicken were 100% positive for Pork.

**Conclusions** Faced more and more new diagnosis technologies, researchers should also paid attention to the diagnosis strategy of these technologies under different conditions. Allergen diagnosis strategy was a concept to choose the most cost-effective, appropriate and comprehensive method to assess patients' allergic status in different situations. Its progress depended on the study of allergen detection technology and the epidemiology of allergic diseases. This was the first report to propose the allergen diagnosis strategy.

## PU-0710

## 中国南方地区成人与儿童过敏患者变应原分布差异： 基于现实世界医疗大数据的调查



胡海圣,孙宝清  
广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 过敏性疾病发病率逐年递增,成人及儿童致敏模式存在差异。本研究基于大样本,旨在分析中国南部地区现实世界中成人及儿童过敏原阳性分布差异,并对该地区过敏性疾病的预防和诊治提供依据。

**方法** 回顾性分析来自中国南部(广东、广西等)多个中心省份 2017 年 1 月至 12 月间进行了过敏原 sIgE 检测(ImmunoCAP)的患者共 39,831 例,其中成人 22,835 例,儿童 16,996 例。分析成人和儿童患者常见过敏原的致敏模式差异,以及分析不同过敏原在疾病致敏中的作用。

**结果** 中国南部过敏患者变应原检测阳性率排名前五依次为屋尘螨(28.1%)、蟑螂(24.3%)、虾(19.2%)、蟹(15.8%)及鸡蛋白(9.9%)。成人患者蟑螂过敏原阳性率最高(29.2%),儿童最高是对屋尘螨过敏原阳性(29.7%),儿童的鸡蛋白、牛奶过敏原全年阳性率均高于成人( $P < 0.001$ );成人的蟑螂、虾及蟹过敏原全年阳性率均高于儿童( $P < 0.001$ );蟑螂在成人过敏性疾病中阳性率最高,并在中国南部各地区有着较高阳性率(18.9%-33.3%);最优尺度分析显示,蟹、虾与蟑螂过敏原 sIgE 的联系最密切(Cronbach's  $\alpha = 0.891$ )。同时,儿童的真菌过敏原阳性率在夏秋季逐步升高,于十月达到阳性率最高(6.2%)。这次调查中,因皮肤疾患而被医生开具过敏原测试的处方数达到 56.9%。

**结论** 在我国南方地区过敏原的检测中,皮肤症状更易被医生怀疑过敏而开具过敏原测试,此次大样本过敏原 sIgE 检测统计发现除屋尘螨外,蟑螂致敏在中国南部地区有增加趋势,成人多种过敏性疾病与蟑螂致敏有关,尤其蟑螂合并虾、蟹、屋尘螨阳性的多重致敏患者,在过敏原规避上需要全面评估。

## PU-0711

### 通过 ISO15189 认可浅谈微生物实验室的评审要求

杨丽英,周婷婷  
吉林金域检验医学检验所有限公司

**目的** 医学实验室,又称临床实验室,其目的是为人类提供疾病诊断、预防和治疗、管理或健康评估的相关信息,对出自人体的实验样本进行生物、微生物、免疫、化学、血液免疫、血液、生物物理、细胞、病理、遗传或其他检验的实验室,这类实验室也能提供其各方面活动的咨询,涵盖结果解释和进一步的适当检测的意见。这些检验还包括确定、测量和其它描述各种成分或微生物存在有无的程序。微生物实验室作为检验学科的一个分支,尤其检验前分析过程对检验结果影响特别重大,故通过总结吉林金域医学检验所有限公司微生物室两次通过 ISO15189 准备认可资料及现场评审过程的经验,以进一步规范医学实验室微生物室的管理提供一定的参考。

**方法** 通过逐项回顾总结这两年来申报 ISO15189 过程中实验室管理规范 CNAS-CL02《医学实验室质量和能力认可准则》(ISO15189: 2012)从管理要素(15 条)和技术要素(10 条),以及实验室安全管理体系要求、金域公司内部的管理体系(包含人员、设施等),分别进行了阐述与说明。评审的最终产品是检测报告单,检测报告单结果的正确性直接影响到临床医生的诊疗,进而影响到患者的生命安全。本实验室为提供更精准的报告单,更好地为临床服务,严格遵守中国合格评定国家认可委员会对医学实验室质量和能力进行认可的要求,确保本实验室质量管理体系的顺利运行、微生物实验室技术能力达到相应的要求。

**结果** 通过这两次评审,本实验室微生物对 CNAS 相关体系文件有了更深入地理解与运用,实验室质量管理体系越来越完善,客户与本科室的粘稠度越来越高。

**结论** 通过以上规范要求,踏踏实实做好质量管理体系的持续建设,促使我们的微生物实验室日趋完善,临床满意度不断提升。

## PU-0712

**YAP is new marker of cancer stem cells and promotes self-renewal of gastric cancer cells by inhibiting expression of L-PTGDS and PTGDR2**Qingli Bie<sup>1,2</sup>, Bin Zhang<sup>1,2</sup>, Haixin Dong<sup>1,2</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Affiliated Hospital of Jining Medical University, Jining, Shandong, P. R. China

2. Institute of Forensic Medicine and Laboratory Medicine, Jining Medical University, Jining, Shandong, P. R. China

**Objective** Cancer stem cells have been implicated in tumor neovascularization and invasiveness and drug resistance in tumors. Yes-associated protein 1 (YAP) plays oncogenic roles in various organs, but the role of YAP in gastric cancer (GC) stem cells remains unclear.

**Methods** The protein and mRNA expression levels were analyzed by western blot and quantitative PCR. Immunofluorescence detects subcellular localization and protein expression levels. The lentiviral expression vector containing the short hairpin RNA (shRNA) sequence was selected for target-specific gene silencing.

**Results** In this study, we identified the role of YAP in GC stem cells and demonstrated that YAP effectively suppressed expression of prostaglandin (PG) D2 synthase (L-PTGDS) and PGD2 receptor 2 (PTGDR2) in various GC cell lines. First, we confirmed that YAP expression was higher in GC tissues than in adjacent tissues. Immunofluorescence staining of the GC tissues revealed that the region of YAP expression coincided with the region of expression of the cancer stem cell marker SALL4 but did not overlap with that of the epithelial marker CK14. Additional research revealed that spherical cells expressed relatively high levels of YAP protein, and overexpression of YAP induced self-renewal and expression of stem cell markers, including Oct4, Nanog, and Sox2, in the GC cells. Second, we analyzed the expression patterns of YAP and L-PTGDS (PTGDR2) in GC tissues and found that expression of L-PTGDS and PTGDR2 was negatively correlated with YAP expression in GC tissues. Finally, we proved that YAP inhibited the expression of L-PTGDS and PTGDR2 through gain- and loss-of-function studies. Moreover, overexpression of L-PTGDS and PTGDR2 suppressed the effects of cell proliferation and self-renewal induced by YAP in vitro and reversed the protumor effect of YAP in vivo.

**Conclusions** In short, this study reveals a novel function of YAP and the mechanism underlying cancer stem cell regulation by YAP.

## PU-0713

**A three-platelet mRNA set: MAX, MTURN and HLA-B as biomarker for lung cancer**

Lele liu

Department of Clinical Laboratory, Shandong cancer hospital affiliated to Shandong University, Shandong Academy of Medical Sciences,

**Objective** During the development of tumors, tumors "educate" platelets causing changes in their mRNAs expression profiles and phenotypes, thereby, tumor-educated platelet (TEP) mRNA profile has the potential to diagnose lung cancer. The current study aimed to examine whether TEPs might be a potential biomarker for lung cancer diagnostics

**Methods** Platelet precipitation was obtained by low speed centrifugation and subjected to Trizol for total RNA extraction. Platelet MAX, MTURN, and HLA-B mRNA were selected by microarray, validated by qPCR, and analyzed combined with related clinical factors.

**Results** Our results showed that a three-platelet mRNA set: MAX, MTURN, and HLA-B was significantly upregulated in lung cancer patients as well as in early stage lung cancer patients compared with those from healthy donors, the area under the curve (AUC) was 0.734, 0.787, respectively, among which platelet MTURN mRNA processed a dramatically high diagnostic efficiency in female patients with lung cancer, its AUC for female was 0.825. More importantly, the three-platelet mRNA set: MAX, MTURN, and HLA-B were associated with chemotherapeutic effect, low mRNA expression of this three-platelet was correlated with “favorable” 1<sup>st</sup> chemotherapy response

**Conclusions** A three-platelet mRNA set: MAX, MTURN and HLA-B enables blood-based lung cancer diagnosis and chemotherapy response prediction

#### PU-0714

### The value of the ratio of monocyte to lymphocyte for monitoring tuberculosis therapy

Xianhui Zhang<sup>1</sup>, Wei Wang<sup>2</sup>, Lei Zhu<sup>1</sup>  
1.children's hospital of shanxi province  
2.Shanxi Provincial People's Hospital

**Objective** The objective of this study was to evaluate the change of the ratio of monocytes to lymphocytes in patients with active tuberculosis, such as to provide reference for clinical diagnosis and treatment.

**Methods** All data collected from the clinical database of The Fifth People's Hospital of Taiyuan, China. A total of 151 patients who had newly diagnosed active tuberculosis with tuberculosis therapy in hospital and 129 healthy controls were selected.

**Results** Median ratio of monocytes to lymphocytes was 0.45(IQR: 0.28-0.67) in patients before treatment, and 0.32 (IQR: 0.25-0.46) on discharge ( $p < 0.001$ ).

**Conclusions** Ratio of monocytes to lymphocytes may be applied in diagnosis and the chemotherapeutic efficacy of active tuberculosis.

#### PU-0715

### 支原体（Uu/Mh）培养结果分析

李智慧  
吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 支原体培养方法的阳性结果分析。

**方法** 采用常规细菌培养方法：35±1 摄氏度，环境培养 48 小时。使用试剂：珠海迪尔支原体（Uu/Mh）分离培养药敏试剂盒。对 2019 年 1 月 1 日到 2019 年 4 月 30 日期间医院送检吉林金域医学检验所有限公司的支原体培养鉴定及药敏项目进行分析。

**结果** 培养阳性率：

阳性率结果：期间共送检女性分泌物样本 687 例，其中阳性样本 293 例，阳性样本中生长解脲脲原体和人型支原体为 93 例，生长解脲脲原体为 176 例，生长人型支原体为 24 例。支原体阳性率 42.65%，其中生长解脲脲原体和人型支原体占比 31.74%，生长解脲脲原体率为占比 60.07%，生长人型支原体占比 8.19%。

另送检女性分泌物样本 687 例中使用活性炭凝胶培养基拭子 116 例，使用活性炭凝胶培养基拭子阳性结果 65 例，阳性率达 56.03%。而使用普通一次性拭子 571 例，其阳性结果 228 例，阳性率为 39.93%。

药敏分析：

药敏分析结果：对 197 人药敏结果进行统计如下：

四环素 TET:敏感 166 次 耐药 18 次中敏 13 次，  
左氧氟沙星 LEV:敏感 21 次耐药 86 次中敏 90 次，  
红霉素 ERY:敏感 87 次耐药 89 次中敏 21 次，  
交沙霉素 JOS:敏感 182 次耐药 9 次中敏 6 次，  
强力霉素 DOX:敏感 175 次耐药 11 次中敏 11 次，  
环丙沙星 CIP:敏感 6 次耐药 170 次中敏 21 次，  
氧氟沙星 OFL:敏感 24 次耐药 88 次中敏 85 次，  
美满霉素 MIN:敏感 174 次耐药 12 次中敏 11 次，  
罗红霉素 ROX:敏感 95 次耐药 85 次中敏 17 次，  
阿齐霉素 AZI:敏感 112 次耐药 82 次中敏 3 次，  
克拉霉素 CLA:敏感 100 次耐药 91 次中敏 6 次，  
司巴沙星 SPA:敏感 28 次耐药 98 次中敏 71 次。

**结论** 方法结论：方法操作简单易懂，是目前支原体检测的常规方法，使用活性炭凝胶培养基拭子可以大大提高支原体活性，易于阳性检出；解脲脲原体是女性感染支原体的主要形式。

药敏分析结论：四环素，交沙霉素，强力霉素，美满霉素，对治疗支原体感染效果明显，环丙沙星在支原体治疗中易耐药。

## PU-0716

### CBL-B 蛋白在乳腺癌组织中的表达及临床预后分析

邓淳,肖斌,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 研究 CBL-B 蛋白在乳腺癌组织中的表达及其与乳腺癌患者预后的关系，为乳腺癌的诊断或治疗提供一个新的靶标，有助于乳腺癌分子机制的深入研究及进一步指导性治疗。

**方法** 从 USCS Xena (<https://xenabrowser.net>) 数据库下载乳腺癌基因表达谱矩阵 (FPKM)，样本临床信息和生存信息等数据。将 1217 例样本数据分为正常组织 (113 例) 和乳腺癌组织 (1104 例)；将 707 个带有明确分子分型信息的样本数据划分为 Luminal A (135 例)、Luminal B (424 例)、HER2+ (37 例)、BLBC (111 例)，并利用 T 检验和 wilcox 秩和检验分析 CBL-B 在不同分子分型中的表达差异；利用单因素方差分析及 TukeyHSD 多重比较检验分析 CBL-B 在不同临床分期 (TNM) 和分级 (stage) 的乳腺癌样本中的表达差异；根据乳腺癌不同浸润程度将 1050 例乳腺癌样本分为浸润性导管癌 (782 例)、浸润性小叶癌 (167 例)、混合组织型 (39 例)、粘液癌 (18 例)、其他类型 (47 例)，并利用 T 检验和 wilcox 秩和检验分析 CBL-B 在不同浸润类型中的表达差异；将 1079 例带有预后信息的样本分别按照 CBL-B 表达水平的平均数和中位数分为 CBL-B 高表达组合 CBL-B 低表达组，通过 Kaplan-Meier 生存分析绘制生存曲线，观察 CBL-B 的表达对乳腺癌患者生存率的影响。通过免疫组化染色检测 CBL-B 在乳腺癌组织和癌旁组织的表达情况。

**结果** CBL-B 在乳腺癌组织中表达量显著低于正常组织 ( $p < 0.05$ )；除 HER2+ 亚型以外，CBL-B 在其余 3 种分子分型中的表达水平均显著低于正常组织 ( $p < 0.05$ )；在乳腺癌不同分期分级中，CBL-B 在不同的乳腺癌临床分期和病理分级中的表达无明显差异 ( $p > 0.1$ )；而在不同浸润程度的乳腺癌中，CBL-B 在混合型乳腺癌中表达量最高，在粘液癌中表达最低；当 CBL-B 高表达时，乳腺癌患者生存率较高，同时 CBL-B 与乳腺癌预后呈相关性 ( $P < 0.01$ )；免疫组化实验表明，CBL-B 在乳腺癌组织中的蛋白水平显著低于正常组织 ( $p < 0.01$ )。

**结论** CBL-B 蛋白在正常组织中表达量高于乳腺癌组织，在其他分子分型中除 HER2+ 型无明显差异其他分型均低于正常组织。同时 CBL-B 与乳腺癌患者预后呈正相关，可能成为乳腺癌治疗的一个新的作用靶点。

## PU-0717

## 不同年龄段儿童手足口病免疫细胞变化特点的研究

迟昆,蒋玉红

青岛市妇女儿童医院,266000

**目的** 分析不同年龄段儿童手足口病免疫细胞变化的特点, 以期儿童手足口病的预防诊治提供指导。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2018 年 1 月 1090 例不同年龄段手足口病 (Hand-foot-mouth disease) 患儿 EDTA 抗凝外周血, 经破红、洗涤处理后分别加入 CD3、CD4、CD8、CD19 及 CD16/CD56 五种荧光单抗对细胞进行标记, 流式细胞仪对 CD3+、CD4+、CD8+、CD19+ 及 CD16+/CD56+ 五种免疫细胞含量进行分析。将患儿分为 0~6 个月、6 个月~5 岁、5~12 岁三组, 使用 SPSS 19.0 软件对三组患儿五种细胞含量构成比和升降幅度分别进行比较, 确定不同年龄组患儿的免疫细胞变化特点。

**结果** 6 个月~5 岁组患儿占总例数的 89.08%, 为 HFMD 高发组; 该年龄段患儿 CD3+ ( $\chi^2=11.781$ ,  $P=0.015$ )、CD4+ ( $\chi^2=16.916$ ,  $P=0.001$ ) 及 NK ( $\chi^2=10.465$ ,  $P=0.033$ ) 细胞含量降低的比例, CD19+ ( $\chi^2=19.868$ ,  $P=0.001$ ) 细胞含量增高的比例较其他年龄组患儿有显著差异; 另外, 该年龄段患儿 CD3+ 细胞含量降低的幅度 ( $F=3.907$ ,  $P=0.020$ ), CD19+ 细胞含量升高的幅度较其他年龄组患儿有显著差异 ( $F=9.952$ ,  $P=0.000$ )。

**结论** 6 个月~5 岁是 HFMD 的高发年龄段, 该年龄段患儿免疫细胞的变化更为明显。细胞免疫功能指标的下降伴随 CD19+ 细胞含量增高提示患儿病情急变, 临床宜加强该年龄段患儿的免疫功能监控, 调节免疫平衡, 及早预防, 从而改善患儿预后。

## PU-0718

## 血清淀粉样蛋白 A 在儿童手足口病中变化特点的研究

迟昆,蒋玉红

青岛市妇女儿童医院,266000

**目的** 探索血清淀粉样蛋白 A (SAA) 和急性时相反应蛋白 (CRP) 在儿童手足口病 (HFMD) 中的变化特点和规律。

**方法** 收集 1096 名 HFMD 患儿和 46 名正常儿童的 EDTA 抗凝外周血, 使用胶体金渗滤法对其 SAA 和 CRP 分别进行检测, 比较两者的变化特点; 对其中 426 例普通 HFMD 患儿和 670 例合并并发症的 HFMD 患儿的 SAA 和 CRP 的变化特点进行对比, 分析两指标对合并并发症患儿的评估作用; 对 475 例 HFMD 患儿和 230 例合并并发症 HFMD 患儿的 SAA 和 CRP 分别在住院当天, 3 天, 7 天, 10 天进行动态检测, 评估两指标在疾病发展过程中的预测价值; 使用 SPSS 软件对相关数据进行统计分析, 检测结果以  $\bar{X} \pm S$  表示。

**结果** HFMD 患儿 SAA 和 CRP 较对照组有升高, 其中 SAA ( $117.68 \pm 59.76$ ) 升高幅度较 CRP ( $12.06 \pm 2.79$ ) 更为明显 ( $P < 0.05$ ); 合并并发症的患儿其 SAA 升高幅度较未合并者更为显著, 分别为 ( $187.18 \pm 69.52$ ) 和 ( $96.94 \pm 48.26$ ) ( $P < 0.05$ ), CRP 变化在两组中无显著差异; 动态检测结果发现, 整体 HFMD 患儿 SAA 值在住院 3 天左右达峰, 合并并发症患儿则在住院 7 天左右达峰且峰值高于整体, 分别为 ( $241.62 \pm 61.58$ ) 和 ( $146.71 \pm 34.71$ ) ( $P < 0.05$ ), SAA 值在住院 10 天左右开始下降, CRP 变化则与病程无明显相关性。

**结论** HFMD 患儿 SAA 明显升高, CRP 亦升高, 但升高幅度低于 SAA; SAA 与 HFMD 疾病的严重程度呈正相关性, CRP 无明显相关性, 提示 SAA 对患儿是否合并并发症有预测价值。SAA 的动态变化可指导临床做好预防, 做到前瞻性疾病严重程度的早期判断、早期预防、早期治疗, 降低并发症的发生率。

## PU-0719

## The novel long noncoding RNA LOC283070 is involved in the transition of LNCaP cells into androgen-independent cells via its interaction with PHB2

Lina Wang

Laboratory Medical Center, The Second Hospital of Shandong University, Jinan, Shandong Province, China

**Objective** We sought to investigate the underlying mechanism of action of the long noncoding RNA (lncRNA) LOC283070 in the development of androgen independence in prostate cancer.

**Methods** The interactions between LOC283070 and target proteins were investigated by RNA pull-down and RNA-binding protein immunoprecipitation (RIP) assays. Subcellular fractionation and quantitative reverse transcription-polymerase chain reaction (qRT-PCR) were used to detect the subcellular localization of LOC283070. Western blotting was performed to detect the expression of prohibitin 2 (PHB2). Luciferase activity assays were performed to evaluate the effects of LOC283070 and PHB2 on the androgen receptor (AR) signaling pathway. A methyl thiazolyl tetrazolium (MTT) assay and a growth curve assay were used to test cell viability. Flow cytometry was performed to analyze cell cycles. A transwell assay was employed to test cell migration.

**Results** We identified PHB2 as an interaction partner of LOC283070 in the pull-down and RIP experiments. Furthermore, we confirmed that the enrichment of LOC283070 with PHB2 in androgen-independent LNCaP (LNCaP-AI) cells was much greater than that in LNCaP cells. Moreover, the expression of PHB2 was not significantly different between the two cell lines, and the expression of LOC283070 in the nuclei of the LNCaP-AI cells was significantly greater than that in the LNCaP cells. In vitro data revealed that PHB2 overexpression significantly inhibited AR activity and cell proliferation and migration and induced accumulation of prostate cancer cells in G0/G1 phase. Moreover, the overexpression of LOC283070 fully abrogated the effects of PHB2 overexpression.

**Conclusions** we found that LOC283070 can bind to PHB2 located in the nucleus and inhibit its effect, and this is one of the mechanisms by which LOC283070 is involved in the transition of LNCaP cells into androgen-independent cells.

## PU-0720

## 贫血样本用于自动推片与手工推片在数字化细胞形态阅片仪上的评价分析

黄小天

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨和分析贫血样本的自动推片和手工推片的质量控制，分别对外周血白细胞分类相关性分析。

**方法** 选取我院贫血样本 45 例，分别进行自动推片和手工推片，并采用数字化细胞形态阅片仪的外周血推片质量分析软件 SmearChecker 检测其单细胞层长度，采用数字化细胞形态阅片仪采集的红细胞概览图计数单层红细胞层不重叠的红细胞数量，并对数字化细胞形态阅片仪白细胞形态分析预分类后再经人工分类审核后的结果，分别于自动血细胞分析仪和人工显微镜镜检结果作比较进行线性回归分析。

**结果** 自动推片法制备的样本, 相对于手工推片制备的样本, 其单细胞层长度更长且合格率更高、红细胞概览图不重叠数量更多, 数字化细胞形态分析仪白细胞分类结果与自动血细胞分析仪和人工显微镜镜检结果相关性更高。

**结论** 贫血样本在自动推片法制备的外周血推片质量和稳定性更高, 有效的保证数字化细胞形态分析仪白细胞分类结果与自动血细胞分析仪和人工显微镜镜检结果相关性。

PU-0721

## 中性粒细胞与淋巴细胞比值和急性一氧化碳中毒心肌酶变化的关系

冯倚帆

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 研究中性粒细胞/淋巴细胞比值(neutrophil lymphocyte ratio, NLR)与急性一氧化碳(CO)中毒心肌损伤的相关性。

**方法** 回顾性分析 2016 年徐州医科大学附属医院急诊部收治的急性 CO 中毒患者, 最后入组 214 例。根据中毒性心脏病的诊断标准及心肌损伤标记物肌钙蛋白 I 即 cTnI 水平分为无心肌损伤组 130 例和心肌损伤组 84 例。采集性别、年龄、入院时血常规及心肌损伤标记物, 计算 NLR 值, 比较两组 NLR 值; 分析 NLR 与 cTnI 的关系。采用 Logistics 回归分析急性 CO 中毒心肌损伤的危险因素; 采用受试者工作特征(ROC)曲线评价入院时 NLR 水平对急性 CO 中毒心肌损伤的预测作用。

**结果** (1) 与无心肌损伤组比较, 心肌损伤组男性、既往吸烟的差异有统计学意义( $P<0.01$ ), 两组白细胞计数、NLR 值、肌酸激酶同工酶(CKMB)、乳酸脱氢酶(LDH)的差异有统计学意义( $P<0.01$ )。心肌损伤组 NLR 与 cTnI 呈正相关( $r=0.295$ ,  $P<0.01$ )。

(2) 多项 logistic 回归分析结果显示, NLR ( $OR=1.079$ ,  $95\%CI: 1.017\sim1.144$ ,  $P<0.01$ )、WBC 计数 ( $OR=1.216$ ,  $95\%CI: 1.098\sim1.346$ ,  $P<0.01$ ) 和 男 性 ( $OR=2.693$ ,  $95\%CI: 1.045\sim6.939$ ,  $P=0.05$ ) 为急性 CO 中毒心肌损伤的独立危险因素。

(3) 入院时 NLR 水平对急性 CO 中毒心肌损伤的诊断界值为 4.83, 其敏感度为 85.7%, 特异度为 45.4%。

**结论** 入院时 NLR 水平增高对急性 CO 中毒出现心肌损伤具有一定的预测价值。

PU-0722

## Long non-coding RNA LOC283070 mediates the transition of LNCaP cells into androgen-independent cells possibly via CAMK1D

Lina Wang

Laboratory Medical Center, The Second Hospital of Shandong University, Jinan, Shandong Province, China

**Objective Aims:** The present study is to investigate the role of long non-coding RNAs (lncRNAs) in the development of androgen independence in prostate cancer and its underlying mechanism.

**Methods Methods:** We established an androgen-independent prostate carcinoma (AIPC) cell line LNCaP-AI from androgen-dependent prostate carcinoma (ADPC) cell line LNCaP. Different expression profiles of lncRNAs and mRNAs between LNCaP and LNCaP-AI cells were investigated using microarray analysis. The expression of RNAs was determined using quantitative real-time polymerase chain reaction. Protein levels were measured using Western

blotting. MTT assay was used to test cell viability. Tumor formation assay was performed in nude mice to detect tumor growth in vivo. Flow cytometry was performed to detect cell cycles. Transwell assay was employed to test cell migration and invasion.

**Results** Results: According to bioinformatics prediction, lncRNA LOC283070 could possibly play an important role in the transition of LNCaP cells into LNCaP-AI cells. LOC283070 was up-regulated in LNCaP-AI cells and frequently up-regulated in AIPC cell lines. Overexpression of LOC283070 in LNCaP cells accelerated cell proliferation and migration, even under androgen-independent circumstances. Knockdown of LOC283070 inhibited LNCaP-AI cell proliferation and migration. Moreover, overexpression of LOC283070 promoted tumor growth in vivo in both normal mice and castrated mice. CAMK1D overexpression had similar effect with LOC283070, and CAMK1D knockdown fully abrogated the effect of LOC283070 overexpression on the transition of LNCaP cells into androgen-independent cells.

**Conclusions** Conclusions: The present study shows that overexpression of LOC283070 mediates the transition of LNCaP cells into androgenindependent LNCaP-AI cells possibly via CAMK1D.

#### PU-0723

### Spherical silica nanoparticles promote malignant transformation of BEAS-2B cells by stromal cell-derived factor-1a (SDF-1a)

郭翀,刘子杰  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** This study aimed to examine the role of spherical silica nanoparticles (SiNPs) on human bronchial epithelial (BEAS-2B) cells through inflammation.

**方法** Human mononuclear (THP-1) cells and BEAS-2B cells were co-cultured in transwell chambers and treated with 800 mmol/L benzo[a]pyrene-7, 8-dihydrodiol-9, 10 d 12.5 mg/mL SiNPs for 24 hours. For controls, cells were treated with BPDE alone. The cells were blocked with a stromal cell-derived factor-1a (SDF-1a)-specific antibody. EMT was analyzed in cells treated with 800mmol/L BPDE and 12.5 mg/mL SiNPs relative to matched control cells and xenografts in vivo. Serum SDF-1a levels were measured in 23 patients with lung adenocarcinoma in Xuanwei, in 25 with lung adenocarcinoma outside Xuanwei, and in 22 with benign pulmonary lesions.

**结果** SiNPs significantly promoted tumorigenesis and EMT, induced the release of SDF-1a, and activated AKT (ser473) in BEAS-2B cells. EMT and phosphorylated AKT (ser473) and glycogen synthase kinase-3b levels were decreased when blocked by SDF-1a antibody in BEAS-2B cells.

**结论** SiNPs combined with BPDE promote EMT of BEAS-2B cells via the AKT pathway by inducing release of SDF-1a from THP-1 cells.

#### PU-0724

### 广州地区人血脂蛋白相关磷脂酶 A2 与血脂生化指标的相关性探讨

黄秀娜  
中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 脂蛋白相关磷脂酶 A2 (LP-PLA2) 又称血小板活化因子乙酰水解酶 (PAF-AH), 是新近研究的导致动脉硬化和反映动脉易损斑块稳定性的重要生物学指标, 在心脑血管疾病等方面具有重要



价值,然而目前关于其与各血脂指标等传统动脉硬化风险因子之间相关性的研究不多。本研究以我院 1250 例健康体检者血 LP-PLA2 和各血脂指标为研究对象,通过对心脑血管疾病各有关指标间相关性分析揭示出新型预测心血管事件的危险因子与传统危险因子的关系。

**方法** 本研究首先对我院 1250 例健康体检者进行整体分析,然后再分组进行血 LP-PLA2 和各血脂指标的组间比较和组内比较及相关性分析。分组方法有三:(1)按年龄是否满 60 岁分为<60 和 ≥60 等 2 组;(2)按性别,分为男性和女性等 2 组;(3)按 LP-PLA2 是否在正常参考范围(<670U/L)内,分为<670U/L 和 ≥670U/L 等 2 组。利用两独立样本 t 检验比较 LP-PLA2 的组间差异,以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。利用散点图、相关性分析等分析 LP-PLA2 与各血脂指标之间的关系,用 Pearson 相关系数描述正态分布的计量资料相关性,用 Spearman 相关系数描述非正态分布计量资料相关性。统计软件使用 SPSS 17.0。

**结果** 分别对 1250 例健康体检者和 LP-PLA2<670U/L 组进行血 LP-PLA2 和各血脂指标相关性分析,结果均显示 LP-PLA2 与 TC、TG、LDL、apoB 等呈正相关,而与 HDL、apoA 呈负相关,且与 TC、LDL、apoB 相关性较好。而在 LP-PLA2≥670U/L 组,LP-PLA2 与 TC、LDL 呈正相关,与其他指标不相关。年龄<60 和 ≥60 等 2 组的 LP-PLA2 组间比较显示有统计学意义( $P\leq 0.01$ ),且年龄≥60 岁组水平较高。男性和女性等 2 组的 LP-PLA2 组间比较也显示有统计学意义( $P=0.023<0.05$ ),且男性组水平较高。

**结论** 本研究表明广州地区人血脂蛋白相关磷脂酶 A2 与部分血脂指标存在相关性,特别是与 TC、LDL 呈正相关,且其水平与年龄、性别等因素也有关。

## PU-0725

### 胶体金法在诊断甲/乙型流感病毒中的临床应用

吕星,胡敏

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 评估广州万孚甲/乙型流感病毒抗原检测试剂(胶体金法)对 A、B 型流感病毒的临床诊断价值。

**方法** 获取中南大学湘雅二医院 2019 年 1 月-2019 年 3 月期间符合流感样症状的 95 例门诊急诊患者及 226 例住院患者的咽拭子标本,使用甲/乙型流感病毒抗原检测试剂进行咽拭子 A、B 型流感病毒检测,同时取咽拭子经聚合酶链反应(RT-PCR)进行验证。

**结果** 胶体金免疫层析法的阳性检出率为 16.6% (63/321),与 PCR 方法比较,检测 A 型流感病毒的灵敏度和特异度分别为 31.5% (39/124) 和 94.9% (187/197),阳性预测值及阴性预测值分别为 79.6% (39/49) 和 68.8% (187/272);检测 B 型流感病毒的灵敏度和特异度分别为 20.0% (1/5) 和 95.9% (303/316),阳性预测值及阴性预测值分别为 7.1% (1/14) 和 98.7% (303/307)。

**结论** 甲/乙型流感病毒抗原检测试剂诊断 A、B 型流感病毒灵敏度低,特异度高,容易出现误诊,故对于具有流感样症状的患者在抗原筛查后,建议行核酸聚合酶链反应(RT-PCR)进行确诊。

PU-0726

## Diagnostic accuracy of the LAMP assay for *Neisseria meningitidis*

Shujin Fan

Department of Clinical Laboratory Medicine, the Third affiliated hospital of Guangzhou Medical University,  
Guangzhou 510150, China

**Objective** Bacterial meningitis caused by *Neisseria meningitidis* had a first course of the disease and a high mortality rate. Initial examination and initial diagnosis were particularly important in clinical practice. Bacterial meningitis often occurred in economically backward areas, which required detection technology to become less expensive, easy to use, and accurate. The LAMP assay developed in recent years had more advantages than PCR and microbial culture techniques in detecting the meningococcus.

**Methods** In this study, we searched the databases such as Pubmed, Embase, and Web of Science to collect all original studies of the LAMP assay in detecting the meningococcus. The data of each literature were obtained, the sensitivity and specificity were calculated, the characteristic curve was drawn, and the area under the curve was computed to determine the diagnostic accuracy. Meanwhile, the publication bias of the included literature was assessed and the Deek's funnel plot was drawn.

**Results** We included 14 independent studies in 6 literature. In all studies, LAMP assay showed high sensitivity and high specificity (sensitivity 94% and specificity 100%) in detecting the meningococcus. AUC=0.980, which indicated that the overall accuracy of the LAMP assay was a good thing. No publication bias was discovered.

**Conclusions** This study showed that compared with bacterial culture and PCR, the LAMP assay had high accuracy and feasibility. It can provide the evidence-based basis for clinical application of the LAMP assay to detect the meningococcus.

PU-0727

## 动态显色法测定真菌(1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖试剂盒性能验证评价

吕星

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 在 ATI-320 LKM 动态试管仪上采用动态显色法检测真菌(1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖, 评价真菌(1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测试剂盒性能指标。

**方法** 根据美国临床实验室标准化委员会制定的评价方案对湛江安度斯公司生产的真菌(1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测试剂盒进行了回收试验、精密度试验、分析测量范围验证实验、干扰试验及参考区间试验。

**结果** 湛江安度斯公司所生产的真菌(1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测试剂盒的两个浓度水平质控品的实验室精密度 CV 为 7.0%; 回收率 95.2%~103.5%。有关于线性评价的相关系数  $r=0.990$ , 而线性的回归方程为  $Y=0.95X+206$ ; 不同浓度的血红蛋白在干扰试验中均对 (1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖测定产生严重干扰。数据表明低于 1450 度的乳糜对 (1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖测定干扰不明显, 浓度为 1450 度的乳糜会造成大于 10% 的负偏差; 浓度为 0.072g/L 的结合胆红素标本对 (1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖测定干扰不明显。浓度大于 0.144g/L 的结合胆红素标本对测定 (1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖产生明显干扰。浓度为 0.01g/L 的非结合胆红素标本对 (1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖测定干扰不明显。其他浓度的非结合胆红素标本对测定(1,3)- $\beta$ -D-葡聚糖均产生明显干扰。

**结论** 安度斯公司在国内推出的 G 试验试剂盒在正确度及精密度、抗干扰、线性等方面的性能达到临床要求, 值得推广应用。

PU-0728

## 微粒子化学发光法测定维生素 K 缺乏诱导蛋白参考范围的建立

唐洁, 杨渝伟  
绵阳市中心医院, 621000

**目的** 建立成年人微粒子免疫化学发光法测定的血清维生素 K 缺乏诱导蛋白 (PIVKA-II) 的参考范围, 并探讨其在肝炎和肝硬化患者血清中的变化及意义。

**方法** 采用微粒子免疫化学发光法, 测定 674 例健康成年人、147 例肝炎及 90 例肝硬化患者的血清 PIVKA-II 水平, 建立健康成年人 PIVKA-II 的血清参考范围, 比较分析三组间差异。

**结果** 674 例健康成年人血清 PIVKA-II 的结果为  $22.74 \pm 7.14$  U/L, 建立参考范围为 8.75~36.72 U/L。其中 309 例男性和 365 例女性血清 PIVKA-II 含量分别为  $23.01 \pm 7.47$  U/L 和  $22.50 \pm 6.85$  U/L, 性别组间差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。按照 WHO-GDB2000 年龄标准将健康成人分为青年早期、青年晚期、中年期、年轻老年期和老年期五组, 不同年龄组间 PIVKA-II 含量差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。147 例肝炎和 90 例肝硬化患者的血清 PIVKA-II 水平分别为  $27.02(8.46, 77.14)$  U/L 和  $30.09(9.05, 324.08)$  U/L, 两者均明显高于健康对照组 ( $P < 0.001$ ), 但两疾病组间比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 不同实验室应建立其适用的成年人血清 PIVKA-II 的参考值范围, PIVKA-II 在肝炎和肝硬化等非肝癌患者中也有不同程度增高, 不宜单独作为肝癌标志物使用。

PU-0729

## Association between Viral Loads of Different Oncogenic Human Papillomavirus Types and the Degree of Cervical Lesions in the Progression of Cervical Cancer

Wei Wang<sup>1</sup>, Xianhui Zhang<sup>2</sup>, Hongling Liong<sup>1</sup>  
1. Shanxi Provincial People's Hospital  
2. Children's Hospital of Shanxi Province

**Objective** In this study we determined the frequency of the most prevalent human papillomavirus (HPV) types in China and evaluated the association between viral loads of different oncogenic HPV types and the severity of disease.

**Methods** We enrolled 15,518 women for this study and 3199 of them (20.61%) were identified as positive by a PCR assay, that can simultaneously quantify and genotype HPV.

**Results** The viral loads of HPV 16, 31, 35, 52, 58, 39, and 56 were lower for women with normal cytology compared to those with disease progression; viral loads were not appreciable for HPV 33, 18, 45, 59, 68, 53, 66, and 51. The viral load of species 9 appeared significantly higher for women with cervical intraepithelial neoplasia (CIN) 2/CIN 3 relative to women with normal/ low grade squamous intraepithelial lesion (LSIL)/CIN1 ( $P < 0.001$ ), and significantly lower compared to those with cervical cancer ( $P < 0.001$ ). The viral load of HPV species 6 was slightly higher for women with CIN2/CIN 3 compared to women with normal/LSIL/CIN1 ( $P = 0.002$ ), and not significantly different from women with cervical cancer ( $P = 0.548$ ). In addition, no statistically significant difference was found in HPV species 5 or species 7 ( $P = 0.898$ ;  $P = 0.136$ ).

**Conclusions** The HPV viral load-associated risk for developing into CIN and cervical cancer is likely to be species-dependent and primarily restricted to species 9 (types phylogenetically close to HPV16).

## PU-0730

### CBL-B 相互作用蛋白鉴定及在乳腺癌细胞中的作用

邓淳,肖斌,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** CBL-B 在乳腺癌组织表达量低于正常组织,研究并鉴定 CBL-B 的相互作用蛋白,研究其在乳腺癌组织中发挥的作用,有助于 CBL-B 分子机制的深入研究及乳腺癌进一步指导性治疗。

**方法** 通过 IP 实验 Pull-Down 下多种蛋白,再通过质谱筛选出其中最有可能与 CBL-B 发生相互作用的几种蛋白。通过 IP 与 CO-IP 实验,免疫荧光共定位,进一步确定其是否有相互作用。在 293T 细胞中分别转染 CBL-B 质粒与相互作用蛋白质质粒,通过 western-blot 观察其蛋白表达情况。构建 CBL-B 乳腺癌细胞(231 细胞)过表达株,将相互作用蛋白的质粒转染入该细胞,通过 western-blot,检测其在乳腺癌中蛋白水平的相互作用。构建乳腺癌小鼠肿瘤模型注射普通的乳腺癌细胞(231 细胞)以做对照;单独注入过表达相互作用蛋白的乳腺癌细胞观察其对乳腺肿瘤的影响,再同时注入同时过表达 CBL-B 和相互作用蛋白的乳腺癌细胞,观察其对乳腺肿瘤的影响。

**结果** 通过 IP+质谱实验筛选出以下蛋白: Sorting nexin-9, Sorting nexin-18, PRKD1, SORBS3。IP 与 CO-IP 结果显示, CBL-B 与 Sorting nexin-18 有相互作用。免疫荧光共定位显示 CBL-B 与 Sorting nexin-18 在细胞质中结合。蛋白表达实验显示, CBL-B 与 Sorting nexin-18 呈现相互抑制的关系,其在 CBL-B 过表达株 231 细胞中结果相同。小鼠模型显示,单独注入过表达 Sorting nexin-18 的乳腺癌细胞小鼠肿瘤比对照组增大;同时过表达 CBL-B 和 Sorting nexin-18 的小鼠肿瘤要比单独过表达 Sorting nexin-18 肿瘤体积减小。

**结论** CBL-B 蛋白与 Sorting nexin-18 蛋白有相互作用,并且相互抑制。Sorting nexin-18 可能是一个促癌基因,通过过表达 CBL-B 蛋白可以抑制该蛋白从而达成治疗乳腺癌的目的。

## PU-0731

### Targeting immunotherapy for bladder cancer by using anti-CD3 × CD155 bispecific antibody

Wanru Ma<sup>1</sup>, Juan Ma<sup>2</sup>, Ting Lei<sup>2</sup>, Man Zhao<sup>2</sup>, Man Zhang<sup>2</sup>

1.Xuzhou Medical University Affiliated Hospital

2.Beijing shijitan hospital

**Objective** To investigate whether CD155 is an attractive target for T cell-mediated immunotherapy against human bladder cancer,

**Methods** we examined the novel bispecific antibody anti-CD3 x anti-CD155 (CD155Bi-Ab) for its ability to redirect activated T cells (ATCs) to target bladder cancer cells was examined. Expression of CD155 was detected by flow cytometry on the surface of bladder cancer cells, including T24 and Pumc-91 cells, and their chemotherapeutic drug-resistant counterparts. ATCs generated from healthy donors were stimulated with anti-CD3 monoclonal antibody, anti-CD28 monoclonal antibody and interleukin-2 (IL-2) for 14 days. The cytotoxic activity of ATCs armed with CD155Bi-Ab against bladder cancer cells was detected by LDH and luciferase quantitative assay. Furthermore, ATCs generated from bladder cancer patients were also armed with CD155Bi-Ab to verify the cell killing by the same methods.

**Results** In contrast to unarmed ATCs, CD155Bi-armed ATCs against bladder cancer cells were increased cytotoxic activity at effector/target (E/T) ratios of 5:1, 10:1, and 20:1, with more IFN- $\gamma$ ,

TNF- $\alpha$  secreting. It is worth noting that in spite of the presence of immunosuppression in bladder cancer patients and the drug resistance in chemotherapeutic drug-resistant cancer cell lines, not only the anti-tumor effect of CD155Bi-armed ATCs generated from bladder cancer patients still showed significantly but only higher level of activation marker CD69 was expressed.

**Conclusions** Taken together, our results suggest that CD155 is an effective target for the CD155-positive bladder cancer. And CD155Bi-Ab-armed ATCs are promisingly to provide a novel strategy for current CD155-positive bladder cancer therapy.

## PU-0732

### 针吸细胞学诊断乳腺粘液癌 2 例并文献复习

朱玉秋

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 提高对乳腺粘液癌的针吸细胞形态学的认识。

**方法** 对乳房肿块进行针吸细胞学检查, 结合组织病理学结果, 分析乳腺粘液癌的细胞形态学诊断特征。

**结果** 以病理学结果为金标准, 2 例乳腺黏液癌针吸细胞学诊断结果与病理组织学结果一致, 准确率为 100%。2 例乳腺黏液癌针吸物均为半透明胶冻样粘稠物, 镜下形态学特点: 涂片见体积略增大, 轻度异型的癌细胞紧密呈乳头状或三维立体球团样, 如同小岛漂浮在粘液湖中。

**结论** 乳腺黏液癌针吸细胞形态学特征鲜明, 可以作为乳腺粘液癌术前诊断的一种常规检查方法。

## PU-0733

### AMH 联合 E2、FSH、LH、P 检测在女性不孕症患者中的应用价值

曾珠

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 抗苗勒管激素 (anti-Müllerian hormone, AMH) 是目前临床疾病和治疗最好的卵巢储备指标, 在多囊卵巢综合征和原发性卵巢功能不全的诊断 (AMH 水平可能取代 PCOM 评估)、不孕症治疗 (IVF)、预测不孕症夫妇的妊娠的概率、一般人群的生殖力和更年期预测及女性癌症中具有重要意义。本文旨在了解不同病因的不孕症患者血清抗缪勒管激素 (AMH)、雌二醇 (E2)、促卵泡成熟激素 (FSH)、促黄体生成素 (LH) 和孕酮 (PROG) 的水平, 为提高临床女性不孕症患者诊断正确率及治疗效果提供参考。

**方法** 本文探讨所用的血液样本均收集自中国人民解放军南部战区总医院生殖中心。按照病因分为: 多囊卵巢综合征组、输卵管因素组、卵巢功能减退组、并设男性因素组为对照组, 比较观察组和对照组 AMH 和性激素水平。采用受试者工作特征 (ROC) 曲线计算各单项指标及联合预测多囊卵巢综合征和卵巢功能减退的曲线下面积 (AUC), 分析各指标灵敏度和特异度。

**结果** 与对照组相比, 多囊卵巢综合征组 AMH、E2 和 LH 水平升高, FSH 水平降低; 卵巢功能减退组 AMH 水平减低, E2 和 FSH 水平升高; 输卵管因素组血清中 5 项激素值均无统计学意义; 在诊断多囊卵巢综合征和卵巢功能减退效果方面, 联合 5 项激素检测最佳。

**结论** 本文研究发现 AMH 水平随年龄增长逐渐下降, 正常人与多囊卵巢综合征和卵巢功能减退患者 AMH 和性激素水平有较大区别, 而 AMH 联合 E2、FSH、LH、PROG 检测在多囊卵巢综合征和卵巢功能减退导致的不孕症中具有重要的价值, 可在临床中广泛应用。

## PU-0734

## Exosomal SPINT1-AS1 promotes the development of colorectal cancer and serves as a non-invasive biomarker

Chen Li

The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Purpose: The contribution of natural antisense transcripts (NATs) to tumorigenesis is an area of intensive investigation. Previously, we demonstrated highly expressed SPINT1-AS1 in colorectal cancer (CRC) was linked to poor clinical outcome. In this study, we investigated the regulatory role of SPINT1-AS1 on CRC cell phenotypes and determined the expression pattern of exosomal SPINT1-AS1.

**Methods** Methods: Loss- and gain-of-function assays were used to evaluate the regulation ability of SPINT1-AS1 on CRC cell phenotypes. Strand-specific RT-qPCR was used to detect exosomal SPINT1-AS1 expression in a cohort of serum samples including 100 normal colonoscopy (NC), 93 hyperplastic polyp (HP), 104 inflammatory bowel disease (IBD), 113 adenoma (Ad) and 240 CRC.

**Results** Results: SPINT1-AS1 overexpression significantly promoted CRC cell proliferation and autophagy while inhibited apoptosis in vitro. SPINT1-AS1 overexpression also drove tumorigenesis in vivo. Consistently, SPINT1-AS1 knockdown abolished CRC tumorigenesis manifested as inhibited cell proliferation and autophagy, as well as promoted apoptosis. Interestingly, SPINT1 mRNA overexpression led to the same phenotypes as SPINT1-AS1 knockdown in CRC cells. In addition, exosome-mediated SPINT1-AS1 transfer promoted CRC cells malignant behaviors. High expression of exosomal SPINT1-AS1 was observed in CRC which could distinguish between CRC from NC and benign colorectal diseases. Patients with high expression of exosomal SPINT1-AS1 had adverse clinical manifestation and shorter Disease-free survival (DFS).

**Conclusions** Conclusion: SPINT1-AS1 plays a carcinogenic role in CRC via regulating SPINT1 mRNA expression. SPINT1-AS1 can be secreted into exosomes, which suggests that SPINT1-AS1 has potential to act as a non-invasive diagnostic and prognostic biomarker for CRC.

## PU-0735

## CYP2C9 及 VKORC1 基因多态性及其对华法林用药剂量影响的相关研究

刘芃菲

北京大学人民医院,100000

**目的** 研究中国人群 CYP2C9 和 VKORC1 的基因多态性和其对华法林稳定维持剂量的影响,探讨华法林用药个体差异显著的原因。

**方法** 收集 2017 年 8 月至 10 月在北京大学人民医院检验科进行凝血分析检测的患者 458 例,采用 PCR-荧光探针法检测 CYP2C9\*3 位点和 VKORC1-1639A>G 位点基因多态性,其中服用华法林进行抗凝治疗且国际标准化比值 INR 均达标(在 2.0-3.0 范围内)患者 130 例,记录基本信息、华法林用药剂量及凝血酶原时间国际标准化比值(INR),统计分析数据,与美国 FDA 推荐的不同基因型患者华法林推荐剂量的参考表格进行对比,并且对华法林预测剂量公式进行简单验证。

**结果** 458 例抗凝患者中 CYP2C9\*1/\*1(AA)基因型频率 90.8%, CYP2C9\*1/\*3(AC)基因型频率 8.5%, CYP2C9\*3/\*3(CC)基因型频率 0.7%; VKORC1-1639GG 基因型频率 0.9%, VKORC1-1639GA 基因型频率 14.2%; VKORC1-1639AA 基因型频率 84.9%。CYP2C9\*1/\*3 与 \*3/\*3 基因型患者平均每日剂量低于野生型 CYP2C9\*1/\*1 基因型患者。VKORC1 纯合突变基因型

VKORC1-AA 患者平均每日剂量低于杂合基因突变型。携带 CYP2C9 突变基因并且 VKORC1 纯合突变的患者所需华法林剂量最少, CYP2C9 基因无变异并且 VKORC1 无突变或仅杂合突变的患者所需华法林剂量最多。四组间的差异有统计学意义。不同 CYP2C9+VKORC1 基因型患者与华法林应用剂量的相关性与美国 FDA 推荐的参考表格不同基因型华法林的使用剂量趋势相符, 数值略有差异。本次试验结果华法林药物基因组学预测公式的验证结果的预测误差较大, 理想预测剂量所占百分数较低。IWPC 公式的预测误差为  $-0.326 \pm 1.218$ , 理想预测剂量所占百分数为 35.2%。Miao2007 公式的预测误差为  $-1.672 \pm 1.202$ , 理想预测剂量所占百分数为 11.8%, 且对 16 位患者 (共 17) 的预测剂量均低于实际剂量, 94.1% 的患者华法林剂量被低估。基于中国人群的 Miao2007 公式, 倾向于低估患者华法林剂量。

**结论** CYP2C9 和 VKORC1 基因型检测对指导中国人群抗凝治疗华法林个体化应用有一定的临床意义, 可以部分解释华法林用药个体差异的原因。

## PU-0736

### 探究 vWF、TM、t-PAIC 在脑卒中患者血浆中的表达水平及临床意义

符玉文

中国人民解放军南部战区总医院, 510000

**目的** 探讨血管性血友病因子 vWF、血栓调节蛋白 TM、组织型纤溶酶原激活剂-纤溶酶原激活物抑制剂-1 复合物 t-PAIC 三种分子标志物在脑卒中患者血浆中的表达水平。 **方法** 2018 年 10 月~2018 年 3 月, 中国人民解放军南部战区总医院住院病人中 45 例脑卒中患者, 同时选取健康体检 30 例作为正常对照组。检测 vWF、TM、t-PAIC 水平, 分析结果。 **结果** vWF 水平在健康体检 [134.5 (79.75~226.0)] 和脑卒中患者 [222.5 (150.8~272.8)] 对比 ( $P < 0.01$ ); TM 水平在健康体检 [10.90 (9.300~12.30)] 和脑卒中患者 [10.80 (9.350~12.48)] 对比 ( $P > 0.05$ ); t-PAIC 水平在健康体检 [6.150 (4.575~9.900)] 和脑卒中患者 [8.950 (5.650~14.90)] 对比 ( $P > 0.01$ )。 **结论** vWF、t-PAIC 联合诊断价值较高。

**方法** 2018 年 10 月~2018 年 3 月, 中国人民解放军南部战区总医院住院病人中 45 例脑卒中患者, 同时选取健康体检 30 例作为正常对照组。检测 vWF、TM、t-PAIC 水平, 分析结果。

**结果** 结果 vWF 水平在健康体检 [134.5 (79.75~226.0)] 和脑卒中患者 [222.5 (150.8~272.8)] 对比 ( $P < 0.01$ ); TM 水平在健康体检 [10.90 (9.300~12.30)] 和脑卒中患者 [10.80 (9.350~12.48)] 对比 ( $P > 0.05$ ); t-PAIC 水平在健康体检 [6.150 (4.575~9.900)] 和脑卒中患者 [8.950 (5.650~14.90)] 对比 ( $P > 0.01$ )。

**结论** vWF、t-PAIC 联合诊断价值较高。

脑卒中患者血浆血管性血友病因子 (vWF)、组织型纤溶酶原激活剂-纤溶酶原激活物抑制剂-1 复合物 (t-PAIC) 水平明显高于正常对照组, 对脑卒中的诊断具有积极的临床意义。虽本实验得出结果与预期设想不同, 未能建立一个严密标准的脑卒中生物标志物模型。但通过本实验可明确: 一、脑卒中的发生确实与人体凝血系统、纤溶系统、血小板、内皮系统之间密切相关; 二、vWF、t-PAIC 可作为脑卒中诊断的生物指标; 三、本此研究为卒中预警模型奠定了基础, 为临床诊断脑卒中的生物标志物明确方向, 对脑卒中患者的防治具有积极意义。

PU-0737

## 血栓四项在急性心肌梗死患者中应用价值研究

徐宗琴

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 急性心肌梗死是心血管疾病死亡率最高的疾病,可并发恶性心律失常、急性心力衰竭和心脏破裂等,常可危及生命,是冠心病分类中的危急重症。血栓四项是新兴的检测血栓形成和溶解的检测项目,本实验主要探索其在急性心肌梗死患者中应用价值。

**方法** 选取 2018.11—2019.04 南部战区总医院心内科住院 AMI 患者 31 例(AMI 组),及同期健康人群 30 例作为对照组。采用 Sysmex HISCL-5000 型化学发光仪,日立 7600 生化仪分别测得急性心肌梗死患者的血栓四项及肌酸激酶同工酶(CKMB)结果,运用统计学分析血栓四项的应用价值,并选取其中优势项目与肌酸激酶同工酶(CKMB)做方法学比较。

**结果** AMI 组 TM、TAT、t-PAIC 和 PIC 较对照组有明显升高,根据秩和检验结果,四组 p 值均小于 0.05,差异有统计学意义;ROC 曲线表示四组均具有一定的诊断意义,其中以 t-PAIC 最高;PIC, t-PAIC 与 CKMB 对比,阳性检出率尚佳,其中 t-PAIC 与 CKMB 联合检测 AMI 可显著提高 ROC 曲线下面积。

**结论** 血栓四项标记物的动态变化与 AMI 的发生发展呈正相关,其中以 t-PAIC 诊断价值最高;PIC 和 t-PAIC 分别与 CKMB 联合,可显著提高急性心肌梗死的检出率,尤其是 t-PAIC 与 CKMB 联合。后续可深入研究,以求得到更好的急性心梗诊断方案。

PU-0738

## Development and validation of immune inflammation-based index for predicting the clinical outcome in patients with nasopharyngeal carcinoma

Xiaoqiao Zeng<sup>1</sup>, Guohong Liu<sup>2</sup>, Yunbao Pan<sup>1</sup>, Yirong Li<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongnan Hospital of Wuhan University

2.Departments of Radiology, Zhongnan Hospital of Wuhan University

**Objective** Immune inflammation is significantly associated with various cancers. Most researches have reported that the combination of inflammation-associated indicators, such as the systemic inflammation response index (SIRI), Systemic immune-inflammation index (SII), neutrophil-to-lymphocyte ratio (NLR) and platelets-lymphocyte ratio (PLR), which are associated with poor prognosis in various solid cancers. In this study, we discussed the predictive value of various inflammation-associated indicators in tumorigenesis and development of the nasopharyngeal cancer (NPC).

**Methods** The retrospective study involved 559 patients with nasopharyngeal cancer and 500 patients with chronic rhinitis, and 255 patients were followed up successfully in NPC cohort. Statistical analyses were conducted using IBM SPSS version 22.0 software (SPSS, Chicago, IL). Continuous variables and qualitative variables were measured by t-test and chi-square test and plotted by GraphPad Prism V7.0 software. The correlations between clinical factors and SIRI, SII, NLR, neutrophil, and monocyte were analyzed by chi-square test. Kaplan-Meier methods and the log-rank test were used to estimate OS and DFS. The independent prognostic risk factors for survival were analyzed by univariate and multivariate analyzes Cox proportional hazards regression model. The multivariate logistic regression analysis was used to analyze the influencing factors of side effects after treatment. Receiver operating characteristic (ROC) curve was applied to determine optimal cut-off values and assess the predictive ability of prognostic indicators. A p-value <0.05 was considered statistically significant.



**Results** Most hematological indexes of NPC and rhinitis were significantly different between the two groups, and PLR was the optimal predictive indicator of tumorigenesis. In our survival analysis, patients were divided into high and low groups for various inflammation-associated indicators, and the optimal cut-off values evaluated by ROC curve of SIRI, NLR, SII, PLR, neutrophil, monocyte, platelet, WBC, basophile and red blood cell distribution width (RDW) were 1.586, 4.128, 633.222, 251.36, 2.665, 0.453, 267.583, 5.98, 0.029 and 14.495, respectively. By Kaplan-Meier analysis and the log-rank test, high-score SIRI, NLR, SII, neutrophile, monocyte, WBC, platelet, basophile, PLR and RDW scores were significantly associated with poor OS, while only PLR score was associated with poor DFS. In univariate Cox regression analysis, OS was significantly affected by age, N stage, M stage, SIRI, NLR, SII, neutrophile, monocyte, WBC, platelet, basophile, PLR and RDW, and DFS was affected by M stage and PLR (Table 10). While in multivariate Cox regression analysis, for OS, age ( $P = 0.026$ ; HR =3.044; 95% CI:1.145-8.092), NLR ( $P = 0.002$ ; HR =4.654; 95%CI:1.78-12.172) and monocyte ( $P=0.005$ ; HR=4.671; 95% CI:1.607-13.573) were independent prognostic risk factors. And for DFS, M stage ( $P = 0.001$ ; HR =2.857; 95% CI:1.437-5.681), and PLR ( $P=0.004$ ; HR=2.518; 95% CI:1.353-4.689) were independent prognostic risk factors for OS. In addition, 516 out of 560 patients received radiotherapy in our study. Common side effects of treatment in our study consisted of the arrest of bone marrow, radiodermatitis, radiation stomatitis, skin pigmentation after radiotherapy, dysphagia, gastrointestinal reaction, innutrition. And the most common side effect of radiotherapy in NPC patients was the arrest of bone marrow. By multivariate logistic regression analysis, many hematological indexes were risk factors of these side effects, such as the lymphocyte, eosinophile, HCT and MCV were risk factors of the arrest of bone marrow, and the AJCC staging system, lymphocyte, and eosinophile were risk factors of the radiodermatitis.

**Conclusions** The combined inflammation-associated indicators, including SIRI, SII, NLR and PLR, which were superior to single hematological indicator in occurrence and development of NPC. These inflammation-associated indicators, as low-cost, reliable and powerful predictive biomarker, can be used to supply the current evaluation system of TNM staging system to help predict the tumorigenesis, development, individualized therapy and assessing prognosis in these patients.

## PU-0739

### 应用静脉采血法、末梢采血法为患者进行血常规检验的效果分析

韩庆莲

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨应用静脉采血法、末梢采血法为患者进行血常规检验的效果。

**方法** 收集 2016 年 6 月至 2017 年 4 月共 124 例健康体检者, 按体检顺序将患者分为常规组和观察组, 各组 62 例。常规组: 采集体检者末梢血。观察组: 采集体检者静脉血。

**结果** 观察组血常规检测指标 (红细胞计数、白细胞计数、红细胞占全血容积百分比, 血小板计数、血红蛋白、红细胞平均血红蛋白浓度、平均红细胞血红蛋白量), 与常规组存在一定差距, 具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 在血常规检验方面, 静脉采血要优于末梢采血, 所获取的检验结果更加精准, 有助于为医师提供诊断依据, 便于提高整体治疗效果, 值得推广。

## PU-0740

## 影响临床免疫检验的因素和对策探讨

韩庆莲

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨影响临床免疫检验的因素和对策。

**方法** 收治 2016-8 至 2017-8 共 126 例免疫检验结果异常病例，对血清标本应用 ELISA 方法进行检测。

**结果** 126 例患者中，影响免疫检验的主要因素为送检不及时，发生率为 35.71%，较其他采样方法不对的发生率 19.84%，准备工作不充足的发生率 20.63%，采样时间不对的发生率 12.71%，样本处理不当的发生率 11.11% 的情况有差异， $P<0.05$ ，有统计学意义。

**结论** 对免疫检验结果产生影响的因素很多，应提高工作人员操作和免疫质控的规范性，应用合理、科学的方法检验，从而降低多种因素对免疫检验质量的影响。

## PU-0741

## 血清肌红蛋白检测在急性心肌梗塞临床检验中的应用效果分析

吕海光

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 观察并探讨血清肌红蛋白检测在急性心肌梗塞临床检验中的应用效果。

**方法** 选取 2017 年 2 月——2018 年 2 月期间我院收治的 85 例急性心肌梗塞患者作为实验组，选取同期来我院进行健康体检的 85 例人群作为对照组，两组人群均给予血清肌红蛋白检测，对检验结果差异进行比较与分析。

**结果** 实验组患者血清肌红蛋白、超敏 C 反应蛋白以及心肌肌钙蛋白均显著高于对照组，两组结果间差异显著， $P<0.05$ ，具有统计学意义。

**结论** 在急性心肌梗塞患者的临床检测中应用血清肌红蛋白检测具有显著的诊断作用，是对患者病情严重程度进行准确判断的重要标准，为后续治疗提供了准确参考依据，值得推广应用。

## PU-0742

## 糖尿病诊断中血清 C 肽与糖化血红蛋白检验的运用及结果分析

苏晓

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 分析糖尿病诊断当中血清 C 肽和糖化血红蛋白检验的应用效果与检验结果。

**方法** 选 2016 年 10 月至 2017 年 12 月我院收治的糖尿病患者 80 例作为实验组，选同期健康体检人员 80 名作为对照组，均给予血清 C 肽指标检测和糖化血红蛋白指标检验，观察两组人员的检验结果。

**结果** 实验组患者的糖化血红蛋白含量、血清 C 肽指标含量要显著高于对照组，两组之间的数据差异比较有统计意义（ $P<0.05$ ）。实验组患者空腹血糖、餐后两小时血糖含量指标要显著高于对照组，两组之间的数据差异有统计意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 糖尿病疾病的临床诊断过程中采取血清 C 肽和糖化血红蛋白指标检验,能够有效的反应出疾病的严重程度性和胰岛素分泌的状况,在糖尿病疾病的诊断当中具有重要应用价值。

#### PU-0743

### 急性脑梗死患者血浆内皮损伤标志物的检测 与临床意义探究

苏晓

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨急性脑梗死患者血浆内皮损伤标志物的检测与临床意义。

**方法** 选 2016 年 11 月至 2017 年 12 月我院收治的急性脑梗死患者 60 例为观察组,选同期健康体检人员 60 例作为参照组,所有人员均进行血浆内皮损伤标志物检测,血浆内皮损伤标志物检测指标主要包括血浆血管性假血友病因子、可溶性细胞间黏附分子、氧化型低密度脂蛋白等。观察指标检测的结果。

**结果** 观察组急性脑梗死患者在浆血管性假血友病因子、可溶性细胞间黏附分子、氧化型低密度脂蛋白水平要显著高于参照组患者,两组之间数据差异有统计意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 血浆内皮损伤标志物在急性脑梗死患者疾病的临床诊断当中占据重要作用,能够早期检出诊断和观察脑梗死病症,值得临床推广与应用。

#### PU-0744

### 中医药大学检验实验室管理探讨

曾嵘

湖北中医药大学检验学院

**目的** 中医药大学检验实验室是培养与临床相结合人才的实验地点,具有与临床结合紧密的特点,与常规的中医院校实验室不同,有很强的实践技能要求,探讨实验室管理的方法,以提高实验教学水平。

**方法** 现状:1、实验室管理体制存在不足。检验实验中心是传统的教学实验室管理模式,所有的规章制度都是以教学为目标。随着科研能力的增强,教师个人科研也夹杂在教学实验中,造成人员随意出入实验室,仪器互借缺乏明确规范,学生老师的人身安全、实验室财产安全、实验室卫生都受到一定影响。

2、缺乏专业化的实验人员。目前高校对实验人员的入职都要求研究生水平,但待遇、培养和继续教育等方面与教师相比,远远低于任课老师,严重限制了实验室人员的主观能动性和工作积极性,对实验教学的发展没有起到帮助和促进。

3 实验设备陈旧 中医药大学历来存在资金不足的情况,即使在有限的资金情况下,资金的大部分去向都在科研,导致实验用的设备陈旧不堪,超过 10 年的陈旧设备依旧用于实验教学,没有实验仪器的更新换代,哪来实验项目的更新换代,从而导致实验教学落后。

**结果** 对策:1、教学实验与科研实验分开。将教学实验和科研实验的管理制度与管理人员分开。既保证了教学实验的安全、科研实验的高效和又解决了仪器设备的互借乱象。2、建立健全实验室管理制度。随着实验科目和实验内容的变化,调整相应的规章制度。确定实验室的工作人员和管理人员,切实履行自身职责,管理好实验室。

**结论** 将教学实验和科研分开,加大教学实验设备的投入,转变传统的管理理念,发展实验教师,以培养出优秀的检验人才。

## PU-0745

## 628 例儿科住院患者血培养结果分析

朱小明

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 研究分析儿科血培养中病原菌的构成及药敏结果。

**方法** 回顾性分析 2012 年 1 月至 2016 年 12 月 628 例儿科患者血培养中阳性标本的病原菌构成及药敏结果。

**结果** 628 例血培养中 52 份培养阳性，阳性率 8.3%。其中革兰氏阳性菌 29 株（占 55.8%），以表皮葡萄球菌、金黄色葡萄球菌及溶血葡萄球菌为主；革兰氏阴性杆菌 22 株（占 42.3%），以大肠埃希菌为主；白色念珠菌 1 例（占 1.9%）。

**结论** 儿科血培养标本以革兰氏阳性菌为主，凝固酶阴性葡萄球菌既是常见致病菌也是标本检测假阳性的污染菌，判断检出菌是否具有临床意义成为检验工作的难点。临床医生需重视儿科血培养的送检，提高标本采集质量，才能获得准确的药敏结果，指导临床用药。

## PU-0746

## 妊娠期高血压患者 D 一二聚体及凝血指标

王环宇

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨妊娠期高血压患者 D 一二聚体及凝血指标。

**方法** 选取 2017 年 3 月~2018 年 3 月在我院进行妊娠期高血压疾病临床治疗的患者共 60 例，将其作为本次研究实验组的主要观察对象，另外选取同期 60 例健康的非妊娠体检者，将其作为本次研究对照组的观察对象。两组均进行 D 一二聚体及凝血指标检查，对各组 TT 凝血酶时间、APTT 部分凝血活酶时间、FIB 纤维蛋白原、PT 凝血酶原时间、D 一二聚体水平进行比较，对患者的 DIC 慢性弥漫性血管内凝血关系以及妊娠期高血压病情严重程度等进行综合分析。

**结果** 观察对象的 PT 凝血酶原时间和 APTT 部分凝血活酶时间随着患者病情程度的加重，检测指标呈现不断降低的趋势，而 FIB 纤维蛋白原和 D 一二聚体水平则随着患者病情程度的加重，检测指标呈现不断上升的趋势。实验组妊娠期高血压患者的重度患者 DIC 慢性弥漫性血管内凝血发生率显著高于轻度患者、中度患者的 DIC 发生率。组间检测指标比较差异明显，具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 妊娠期高血压患者存在明显的高凝状态和纤溶亢进状态，D 一二聚体及凝血指标能够作为患者的临床治疗依据。

## PU-0747

## 大肠埃希菌的耐药性分析

王来丽

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 分析泌尿系统感染患者中分离出的大肠埃希菌的耐药性及对常用抗菌药物的敏感性，指导临床合理用药，降低耐药性的发生。

**方法** 收集泌尿系感染患者清洁尿标本，筛选出 480 株大肠埃希菌。纸片扩散法(K-B)对分离菌株做药敏试验。

**结果** 480 株大肠埃希菌感染病例中, 产 ESBLs 有 182 株(37.9%), 对三代头孢菌素和氨曲南等耐药, 对磺胺类、喹诺酮类和氨基糖苷类呈交叉耐药。对  $\beta$ -内酰胺类抗生素、喹诺酮类等耐药。可选用  $\beta$ -内酰胺酶抑制剂的复合物, 如头孢哌酮/舒巴坦, 哌拉西林/他唑巴坦等, 病情严重者应选碳青霉烯类, 如亚胺培南、美罗培南。非产 ESBLs 有 398 株(62.1%), 对庆大霉素、氨苄西林、四环素等耐药性均大于 50%, 不宜经验首选。对头孢哌酮、阿莫西林、头孢他啶耐药率较低, 可以经验用药。阿米卡星耐药率 13.4%, 可作首选。

**结论** 产 ESBLs 大肠埃希菌的上升趋势, 大肠埃希菌耐药情况逐年增加, 临床医生参照细菌培养及耐药性结果, 合理使用抗菌药物。

## PU-0748

### 临床实用型前列腺癌肿瘤标志物研究进展

王来丽

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 前列腺癌( prostate cancer, PCa) 是常见男性泌尿系统恶性肿瘤, 前列腺癌患病率逐年提高, 成为严重威胁男性健康第 2 大恶性肿瘤。本文就近年来可能有较高临床应用前景的前列腺肿瘤标志物如 DD3、前列腺特异性膜抗原、 $\alpha$ -甲酰基辅酶 A 消旋酶、前列腺特异性抗原的研究进展概述如下。

**方法** 前列腺癌( prostate cancer, PCa) 是常见男性泌尿系统恶性肿瘤, 前列腺癌患病率逐年提高, 成为严重威胁男性健康第 2 大恶性肿瘤。本文就近年来可能有较高临床应用前景的前列腺肿瘤标志物如 DD3、前列腺特异性膜抗原、 $\alpha$ -甲酰基辅酶 A 消旋酶、前列腺特异性抗原的研究进展概述如下。

**结果** 前列腺癌( prostate cancer, PCa) 是常见男性泌尿系统恶性肿瘤, 前列腺癌患病率逐年提高, 成为严重威胁男性健康第 2 大恶性肿瘤。本文就近年来可能有较高临床应用前景的前列腺肿瘤标志物如 DD3、前列腺特异性膜抗原、 $\alpha$ -甲酰基辅酶 A 消旋酶、前列腺特异性抗原的研究进展概述如下。

**结论** 前列腺癌( prostate cancer, PCa) 是常见男性泌尿系统恶性肿瘤, 前列腺癌患病率逐年提高, 成为严重威胁男性健康第 2 大恶性肿瘤。本文就近年来可能有较高临床应用前景的前列腺肿瘤标志物如 DD3、前列腺特异性膜抗原、 $\alpha$ -甲酰基辅酶 A 消旋酶、前列腺特异性抗原的研究进展概述如下。

## PU-0749

### 乙肝患者血清标志物和 HBV-DNA 联合检测在 乙肝感染诊断中的临床意义

朱爱丽

吉林金域医学检验所

**目的** 探讨血清标志物和 HBV-DNA 联合检测方法对乙肝患者在诊断中的临床意义。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 2018 年 12 月期间临床确诊乙型肝炎患者 90 例作为实验对象; 依据所有患者 HBV 水平的不同, 分为 A1 组(大三阳组 21 例)、A2 组(小三阳组 39 例)以及 A3 组(其他模型组 30 例)。乙肝血清学标志物采用酶联免疫吸附试验(ELISA)方法检测(试剂为英科新创厦门科技有限公司试剂盒); HBV-DNA 采用荧光定量聚合酶链反应(PCR)方法检测(上海客科华科技有限公司试剂盒), 所有检测严格按照试剂盒说明书进行, ELISA 检测全部在 Tecan sunrise 酶标仪上进

行, 荧光定量聚合酶链反应在 ABI7500 实时荧光定量分析仪上进行。最终就检验结果进行统计分析。

**结果** A1 组乙肝患者乙肝病毒 DNA 定量明显高于 A2 组以及 A3 组, 差异存在统计学意义(  $P < 0.05$  ); A2 组乙肝患者乙肝病毒 DNA 定量明显高于 A3 组, 差异存在统计学意义(  $P < 0.05$  )。对所有乙肝患者实施 HBV DNA 检测后, A1 组 21 例患者中, 检测阳性患者 19 例( 90.47% ); A2 组 39 例患者中, 检测阳性患者 22 例( 56.41% ); A3 组 30 例患者中, 检测阳性患者 2 例( 6.66% ); 在检测阳性率方面, 三组患者差异显著, 存在统计学意义(  $P < 0.05$  )。对于 43 例阳性标本, 临床实施血清标志物检测后发现, HBeAg 检出率为 48.83% ( 21 /43 ), HBsAg 检出率为 95.34% ( 41 /43 )。

**结论** 本次研究发现, 乙肝患者在进行 HBV 感染诊断期间, 血清学标志物检测简单快捷, 快速获取结果, 在乙肝大批量筛查表现出显著应用价值, 而 HBV DNA 定量检测可以区别乙肝不同时期感染情况, 并且针对乙肝突变株可以准确诊断。合理选择血清标志物和乙病毒 DNA 联合检测, 有助于乙型肝炎早期诊断, 更好的服务临床。

## PU-0750

### 乙型肝炎患者血清、唾液、乳汁、汗液中 HBV-DNA 含量相关性研究

孟令国

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨乙型肝炎患者血清、唾液、乳汁、汗液中 HBV-DNA 的差异以及相关性和相关性。

**方法** 选取 151 例乙型肝炎患者, 采用实时荧光定量 PCR 法检测血清、唾液、乳汁、汗液中 HBV-DNA, 分析其相互关系。

**结果** 60 例唾液 HBV-DNA 阳性率分别为: 39 例乳汁、20 例汗液、29 例尿液。93.3%、63.3%, ( $\chi^2=15.91$ ,  $P<0.01$ ); HBeAg 阳性患者 33 例, HBeAg 阴性患者 26 例, 其血清 HBV-DNA 阳性率分别为: 97.15%、88.5% ( $\chi^2=0.64$ ,  $P>0.05$ ), ALT 值的四分位间距分别为: 69 ( 45 ~ 220.5 )、38.5 ( 24 ~ 103.5 ) ( $t=1.36$ ,  $P=0.180$ ), 血清 HBV-DNA 对数值的四分位间距分别为: 7.14 ( 6.01 ~ 7.62 )、5.09 ( 2.30 ~ 6.83 ) ( $t=3.7$ ,  $P<0.05$ ); 唾液 HBV-DNA 对数值的四分位间距分别为: 4.63 ( 1.19 ~ 5.29 )、0 ( 0 ~ 4.6 ), 有差异 ( $t=3.25$ ,  $P<0.05$ ), 对 60 例乙型肝炎患者血清与唾液 HBV-DNA 病毒含量的对数值进行分析, 发现两者呈显著的正相关 ( $r=0.83$ ,  $P<0.05$ ), 回归方程为:  $y=0.88x+2.82$

**结论** HBeAg 阳性的患者与 HBeAg 阴性患者相比较, 虽然血清中病毒阳性率以及 ALT 值无差异, 但病毒含量有差异; 乙型肝炎患者血清与唾液中的病毒含量呈正相关, 血清中病毒含量高于唾液, 提示血清的传染性比唾液强。

## PU-0751

### Microtest 1 自动血沉仪的应用评价

朱洁

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 评价 Microtest 1 自动血沉仪检测红细胞沉降率的可靠性和准确性。

**方法** 随机抽取门诊患者 100 人, 分别应用 Microtest 1 自动血沉仪及魏氏法同时检测红细胞沉降率 (erythrocyte sedimentation rate, ESR), 比较两种方法的相关性, 以及 Microtest 1 仪的精密度和准确度。

**结果** Microtest 1 与魏氏法有良好的相关性 ( $y=1.0051x+1.1361$ ;  $r=0.9872$ ) , 精密度好 ( $CV<8\%$ ) ; 样本在  $4^{\circ}\text{C}$  冰箱保存 24 小时再检测稳定性仍然良好。

**结论** Microtest 1 自动血沉仪检测 ESR 与魏氏法相比具有良好的相关性, 是一种检测 ESR 较快速、准确、可靠的新方法。

## PU-0752

### 寄生虫学实验教学中虫卵的观察探索

施爱群  
湖北中医药大学

**目的** 旨在提高教学质量和学生的实际操作能力, 培养学生的学习兴趣, 提高学习效果。

**方法** 寄生虫虫卵标本是有一定厚度具有立体结构的生物体, 在同一个焦距下不可能把标本各个层面的结构观察清楚。实验课上要让学生对寄生虫虫卵标本建立一个立体的形象, 在观察标本时, 要随时调节显微镜的微调, 只有这样才能将虫卵标本各层面的形态结构观察清楚。如果定焦在一个层面很容易忽视虫卵的整体形态, 而无法作出正确判定与鉴别。虫卵也是一个不断成长的生物体, 同一时期其形态也会有所不同, 但总体结构还是一样的。因此在观察虫卵时要用动态的思维去观察其形态和结构。两个窍门: 一是合理的应用光源, 在观察虫卵时光线不能太亮, 适当暗的背景有利虫卵立体结构的清晰呈现。调光装置有: 光源、光圈、聚光器。其中聚光器不能抬到最高位, 应调至其行程的中间或偏下位置为宜, 光圈缩小点。二是镜头的合理应用, 首先用低倍镜 (10 倍) 按一定的顺序寻找目标, 找到了要观察的目标物体后再切换至高倍镜 (40 倍) 下观察, 判定细微结构之后再切换回低倍镜, 接着先前的顺序继续寻找下一个观察目标。

**结果** 在寄生虫虫卵的实验教学中建立一种形象; 一种动态的思维; 运用二个窍门引导学生学习检测虫卵标本并正确判定与鉴别, 提高了学生的实际操作能力和学习效果。

**结论** 立体形像的建立、动态的思维、二个窍门的运用是寄生虫实验教学中引导学生全面正确判定与鉴别虫卵的三要素。

## PU-0753

### 754 株尿培养病原菌的分布与耐药分析

朱洁  
山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 分析我院尿路感染患者的细菌分布及耐药情况, 为临床合理选用抗菌药物提供依据。

**方法** 采用 BD Phoenix 100 细菌鉴定和药敏分析系统进行菌株鉴定和药敏试验, 应用 WHONET 5.6 软件统计分析病原菌的分布及耐药情况

**结果** 中段尿培养标本共分离病原菌 754 株, 其中革兰阴性菌 668 株 (88.59%), 以大肠埃希菌最为常见; 革兰阳性菌 60 株 (7.96%), 以肠球菌属为主, 屎肠球菌最常见; 假丝酵母菌 26 株 (3.45%), 以白色假丝酵母菌为主。主要革兰阴性杆菌对哌拉西林 / 他唑巴坦、亚胺培南和美罗培南的敏感率均大于 92%。革兰阳性球菌中屎肠球菌和粪肠球菌对青霉素均耐药, 未发现对万古霉素和替考拉宁耐药的菌株。

**结论** 以大肠杆菌为代表的革兰阴性菌是尿路感染的主要病原菌, 临床医生应根据尿培养药敏结果合理使用抗菌药物, 减少耐药菌株产生。

## PU-0754

## 主动干预对儿童采血配合度和皮下血肿形成影响的效果分析

朱仲丽

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 观察主动干预对儿童采血配合度和皮下血肿形成影响的效果。

**方法** 随机选取 2016 年 2 月-2017 年 2 月来我院门诊抽血的儿童 200 人分为主动干预组和对照组，每组 100 人。对照组儿童进行静脉采血时完全按照正规操作流程，而主动干预组儿童进行静脉采血时则在按照正规操作流程的同时分别在采血前、采血中、采血后对其进行主动干预，观察对比两组儿童采血的配合度及静脉穿刺部位皮下血肿的发生人数。

**结果** 主动干预组儿童的采血配合度明显高于对照组，而其血肿发生数低于对照组，差异均具有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。组 100 人。对照组儿童进行静脉采血时完全按照正规操作流程，而主动干预组儿童进行静脉采血时则在按照正规操作流程的同时分别在采血前、采血中、采血后对其进行主动干预，观察对比两组儿童采血的配合度及静脉穿刺部位皮下血肿的发生人数。

**结论** 在儿童静脉采血时采用主动干预的方法可以提高儿童的采血配合度，减少皮下血肿的发生。

## PU-0755

## 血清肿瘤标志物在肺癌诊断中的评价

白书堂,常旭

山东省聊城市复退军人医院

**目的** 探讨 6 种血清肿瘤标志物在肺癌辅助诊断中的应用价值。

**方法** 选择 2010 年 6 月至 2017 年 6 月我院收治的 225 例肺部疾病患者研究对象。确诊为肺癌患者 155 例组成肺癌组；肺部良性病变患者 70 例组成良性肺病组；同期到本院进行健康体检者 52 例作为对照组。病人初诊入院后次日凌晨抽取空腹时静脉血 5ml，经过离心机分离后取得血清样本存于-20 摄氏度冷藏待测。检测血清样本时经过 37 摄氏度溶解，测定血清中神经元特异性烯醇化酶 (NSE)、细胞角蛋白 19 片段 (CYFRA21-1)、癌胚抗原 (CEA)、鳞状细胞癌相关抗原 (SCC-Ag)、糖类抗原 125 (CA125) 和糖类抗原 199 (CA199) 各肿瘤标志物血清学水平。

**结果** 肺癌组研究对象 6 种血清肿瘤标志物检测结果与良性肺病组和对照组相比较，肺癌组患者的血清肿瘤标志物与良性肺病组之间的差异有统计学意义 ( $P$  值  $< 0.05$ )，肺癌组与对照组之间的差异有统计学意义 ( $P$  值  $< 0.05$ )，肺癌组肿瘤标志物水高于良性肺病组和对照组。良性对照组和对照组相比，血清肿瘤标志物水平之间的差异没有统计学意义 ( $P$  值  $> 0.05$ )。肺癌组研究对象不同病理分型血清肿瘤标志物检测结果比较，CEA 和 CA199 指标在三组之间的差异没有统计学意义 ( $P$  值  $> 0.05$ )；NSE 和 CA125 在小细胞癌与其他两组之间的差异有统计学意义 ( $P$  值  $< 0.05$ )，且指标水平高于其余两组；CYFRA21-1 和 SCC-Ag 在鳞状细胞癌与其余两组之间的差异有统计学意义 ( $P$  值  $< 0.05$ )，且指标水平高于其余两组。单项肿瘤标志物对肺癌诊断灵敏度均低于 50%，因此将 6 种肿瘤标志物进行组合。根据单项肿瘤标志物的灵敏度，将灵敏度较高的单项肿瘤标志物 SCC-Ag、CEA 与其他肿瘤标志物组合。组合后各组的灵敏度均高于单项肿瘤标志物，差异有统计学意义 ( $P$  值  $< 0.05$ )，其中 CEA+SCC-Ag+CA125+CA199 的组合特异性明显下降。

**结论** 单项血清肿瘤标志物的对肺癌的早期诊断价值有限，联合多种肿瘤标记物检测可提高灵敏度病降低特异性，CEA+SCC-Ag+CA125+CA199 联合检测可提高早期肺癌诊断的灵敏度，具有较高临床应用意义。



## PU-0756

## Evaluation of failed immunotherapy among patients with negative APLA recurrent spontaneous abortion by serum anticardiolipin antibodies and mononuclear cell of Tim-1

Jin Li

shandongdiyiikedaxuedierfushuyiyuan

**Objective** The present study is aimed to analyze the expression of serum anticardiolipin antibody (ACA) and mononuclear cells of Tim-1 among the patients with negative anti paternal lymphocyte antibody (APLA) recurrent spontaneous abortion conducted by lymphocyte immunotherapy resulting in failure.

**Methods** 58 patients with negative APLA recurrent spontaneous abortion (RSA) who was diagnosed for the first time and received lymphocyte immunotherapy in our hospital were selected continuously. According to the therapeutic outcome, the patients were divided into success group with 31 cases and failure group with 27 cases. The positive rate of APLA and ACA in serum were compared, as well as the expressions of serum IL-6, IL-10, TNF-alpha, and IFN-gamma were studied by the method of ELISA. Furthermore, the ratios of CD4+CD25+ regulatory T cells (Treg) were detected by flow cytometry, and mRNA expression levels of Tim-1 were tested by the fluorogenic quantitative RT-PCR method.

**Results** The positive rate of APLA after treatments of both the groups were compared, without any difference. The positive rate of ACA in failure group before treatment was higher than the data of after treatment, and the difference was statistically significant ( $p < 0.05$ ). After treatment, serum IL-6 and IL-10 levels of two groups increased, TNF-alpha and IFN-gamma levels were observed to be decreased in comparison with the data before treatment. Furthermore, the improvement in success group was greater than failure group, and the difference was statistically significant ( $p < 0.05$ ). After treatment, Treg proportion of two groups increased compared with before, and the proportion of success group was greater than that of failure group; mRNA expression levels of Tim-1 in failure group before and after treatment were higher than that of success group, and the differences had statistical significance ( $p < 0.05$ ).

**Conclusions** High level of serum anticardiolipin antibody and mononuclear cell Tim-1 might lead to failed immunotherapy for the patients with negative APLA recurrent spontaneous abortion by influencing T lymphocyte immunity.

## PU-0757

## Diagnostic and prognostic value of serum interleukin-16 in patients with gastric cancer

hongyun yang

shandongdiyiikedaxuedaerfushuyiyuan

**Objective** Gastric cancer (GC) is one of the major leading causes of cancer-associated mortality worldwide.

**Methods** biomarkers have a vital role in diagnosis and prognosis of GC, and interleukin (IL)-16 may serve as a useful biomarker with prognostic value for human cancers. The current study aimed to evaluate the expression level of serum IL-16 in patients with GC, and evaluate the diagnostic and prognostic value of IL-16. ELISA was performed to determine the serum IL-16 levels in patients with GC and healthy controls.

**Results** Receiver operator curve analysis was performed to evaluate the diagnostic and prognostic potential value of serum IL-16 in GC diagnosis. Migration and invasion assays were performed using cells with IL-16 small interfering RNA (siRNA) knock-down. The results

demonstrated that serum IL-16 levels were significantly higher in GC samples than in healthy controls, and increased serum IL-16 levels were significantly associated with tumor recurrence and poor prognosis. Knockdown of IL-16 significantly suppressed the migration and invasion of GC cells.

**Conclusions** In conclusion, the current results indicate that serum IL-16 levels may have diagnostic and prognostic value for patient with GC.

## PU-0758

### Long Non-Coding RNA Expression Signature Hallmarks Promising Efficacy in Identification of Human Non-Small Cell Lung Cancer: a Meta-Analysis Study

hongyun yang  
shandongdiyiikedaxuedaerfushuyiyuan

**Objective** The long non-coding RNAs (lncRNAs) are significantly altered in an expanding list of malignant neo-plasms, suggesting that they might be popularized as potential biomarkers for cancer detection. This study sought to validate the diagnostic efficacy of lncRNA expression signature(s) as potential biomarker(s) for non-small cell lung cancer (NSCLC) diagnosis.

**Methods** We conducted the online databases search for all eligible studies. A quantitative meta-analysis was performed using Stata 12.0 and Meta-Disc 1.4 statistical programs. Sensitivity analysis and a meta-regression test were applied to deeply trace the underlying heterogeneity sources.

**Results** Eight cohorts comprised 775 NSCLC patients and 630 matched controls were included. Our data manifested that lncRNA expression profiling harbored a pooled sensitivity of 0.77 (95% CI: 0.71 - 0.82) and specificity of 0.86 (95% CI: 0.80 - 0.90) in discriminating NSCLC cases from cancer-free individuals, along with an AUC (area under the curve) value of 0.88. Further subgroup analysis revealed that paralleled testing of lncRNAs (sensitivity, specificity, and AUC of 0.90, 0.80 and 0.96, respectively) substantially strengthened the diagnostic efficacy as compared with the single testing pattern (sensitivity, specificity, and AUC of 0.71, 0.77 and 0.82, respectively). Other stratified analysis of ethnicity, histology type, and test matrix also presented robust results.

**Conclusions** Altogether, our results indicate that lncRNA expression signature(s) might be applicable as complementary biomarker(s) for the identification of NSCLC.

## PU-0759

### 屎肠球菌血流感染血清多肽的质谱分析

麻雅婷,王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 应用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 分析屎肠球菌不同时间段血流感染血清多肽指纹图谱, 筛选差异多肽峰, 建立相应的诊断模型并寻找新的标志物。

**方法** 建立 ICR 小鼠屎肠球菌血流感染模型, 收集血清标本, 经弱阳离子磁珠纯化, MALDI-TOF MS 检测及 BioExplorer 软件分析屎肠球菌感染组与正常对照之间的血清多肽指纹图谱。应用纳米液相色谱-电喷雾电离-串联质谱对候选多肽氨基酸序列进行鉴定。收集血液标本进行 IL-1 $\alpha$ 、IL-1 $\beta$  和 IL-6 检测。

**结果** 小鼠在感染尿肠球菌后,与正常对照组相比,精神萎靡,活动减少。IL-1 $\alpha$  在小鼠感染尿肠球菌后与对照组相比含量呈下降趋势,IL-1 $\beta$  和 IL-6 含量呈上升趋势。分析多肽指纹图谱,共检测到 102 个血清多肽峰,以感染组和正常对照组含量相差 5 倍为基准进行筛选,共筛选出 8 个感染组高于正常对照组的多肽 ( $P<0.01$ ),9 个感染组低于正常对照组的多肽 ( $P<0.01$ );组合 m/z 1227.4、1512.9、4509.7、5007.3、7816.7 这五个多肽峰建立诊断模型其准确率为 80%,特异性为 76.6%,敏感性为 83.3%。经二级质谱鉴定得到, m/z 1227.4 为  $\beta$ 2-微球蛋白, m/z 5007.3 为补体 C3。

**结论** 利用 MALDI-TOF MS 技术和 BioExplorer 软件研究尿肠球菌血流感染的血清多肽,可以发现感染组与正常对照组间的差异多肽并有效地建立这种细菌感染的诊断模型。 $\beta$ 2-微球蛋白和补体 C3 有望成为新的用于辅助诊断细菌性血流感染的标志物。

## PU-0760

### HBV-DNA 阳性患者血清脂蛋白胆固醇的变化

杨勇

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 乙型肝炎发病率高,是严重危害人群健康的传染病之一,据流行病学调查表明,我国 1~59 岁健康人群的 HBsAg 携带率为 10%左右<sup>[1-2]</sup>。

**方法** HBV-DNA 阳性检出通常被认为是 HBV 感染性及复制的金标准,对于判读病毒复制程度、传染性强弱、抗病毒药物疗效等有重要意义<sup>[3]</sup>。肝脏是胆固醇合成与降解的场所,肝功能的变化会直接影响患者的血脂水平。ge:ErL;s $\diamond$  $\diamond$ x-language: ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA>岁健康人群的 HBsAg 携带率为 10%左右<sup>[1-2]</sup>。

**结果** HBV-DNA 阳性患者血脂水平是衡量其肝细胞损害程度的重要指标。而国内有关 HBV-DNA 阳性患者小而密低密度脂蛋白胆固醇 (sdLDL-C) 等水平的报道较少。

**结论** 本研究检测 HBV-DNA 阳性患者血清 sdLDL-C 及其他血脂组分浓度,从而间接判断肝脏受损程度,为临床提供参考。

## PU-0761

### Long non-coding RNA (lncRNA) MAGI2-AS3 inhibits breast cancer cell growth by targeting the Fas/FasL signalling pathway

Yong Yang

shandongdiyiikedaxuedaerfushuyuan

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) are non-protein-coding transcripts shown to play important roles in tumorigenesis and tumour progression.

**Methods** Our study aimed to examine expression of the lncRNA MAGI2-AS3 in breast cancer and to explore its function in cancer cell growth. First, MAGI2-AS3 expression levels in clinical samples and cell lines were determined by quantitative reverse transcription-polymerase chain reaction (qRT-PCR).

**Results** The functional significance of MAGI2-AS3 in cancer cell proliferation and apoptosis was then examined in vitro. Our results showed MAGI2-AS3 to be down-regulated in breast cancer tissues compared to normal adjacent tissues. Moreover, MAGI2-AS3 markedly inhibited breast cancer cell growth and increased expression of Fas and Fas ligand (FasL).

**Conclusions** In conclusion, our data suggest that MAGI2-AS3 expression is decreased in breast cancer and that MAGI2-AS3 plays an important role as a tumour suppressor by targeting Fas and FasL signalling. These results provide new insight into novel clinical treatments for breast cancer.

## PU-0762

### **Salmonella infection leads to severe intestinal inflammation and increased CD4<sup>+</sup>FoxP3<sup>+</sup>Treg cells in streptozotocin-induced hyperglycemic mice**

Shanlong Zhang  
shandongjiyiyikedaxuedaerfushuyiyuan

**Objective** Hyperglycemia promotes the growth and reproduction of bacteria, thereby increasing the probability of infection, which also causes rebound hyperglycemia. Therefore, the interactions of infection and hyperglycemia lead to the progression and deterioration of these diseases

**Methods** Type 1 diabetes mellitus (T1DM) is an autoimmune disease. Studies have shown that regulatory T cells (Tregs) play a key role in maintaining islet-specific tolerance. Treg deficiency may lead to the development of early pancreatitis and T1DM, and sufficient amounts of Tregs can restore this tolerance, thereby inhibiting the occurrence of T1DM. Moreover, different subpopulations of dendritic cells (DCs) play an important role in activating autoreactive T cells and inducing autoimmune tolerance to autoantigens,

**Results** which are closely related to the functional diversity caused by different phenotypes, maturation status, and the immune microenvironment of DC subpopulations. In this study, we used streptozotocin (STZ)-induced hyperglycemic mice to model T1DM and induced a Salmonella infection in the mouse model, leading to aggravated inflammation, which resulted in an elevated proportion of CD103<sup>+</sup>CD11b<sup>+</sup> DCs and a significantly elevated proportion of CD4<sup>+</sup>FoxP3<sup>+</sup>Tregs in the intestinal lamina propria (LP). After coculturing CD4<sup>+</sup> T cells and DCs, we found that CD103<sup>+</sup>CD11b<sup>+</sup> DCs could significantly promote the proliferation of CD4<sup>+</sup> T cells.

**Conclusions** The elevated proportions of CD4<sup>+</sup>FoxP3<sup>+</sup>Tregs were considered to be correlated with the increased number of CD103<sup>+</sup>CD11b<sup>+</sup> DCs.

## PU-0763

### **CYP2D6 T188C variant is associated with the decreased risk of ankylosing spondylitis in Chinese Han population**

Xiang Liu  
Hubei University of Chinese Medicine

**Objective** CYP2D6 has been reported to have a genetic association in ankylosing spondylitis (AS). The aim of this study was to investigate the association of CYP2D6 polymorphisms with AS in Chinese Han population.

**Methods** In a case-control association study, the CYP2D6\*10 allele was typed in 116 AS patients and 121 healthy controls using polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) assay. The relationship between genetic polymorphism and AS susceptibility was assessed.

**Results** The CYP2D6\*10 genotype distributions in the patients and in the controls were in Hardy-Weinberg equilibrium. The genotype distributions were significantly different between the patients with AS and the controls ( $P=0.02$ ). The frequencies of TT genotype and T allele were lower in the patients than those in the controls ( $P=0.02$  and  $0.01$ ). The results support a negative

association of CYP2D6 TT genotype with the incidence of AS (OR=0.46, 95% CI=0.26-0.81), especially in the male population (OR=0.33, 95% CI=0.16-0.68).

**Conclusions** CYP2D6 T188C variant is associated with the decreased risk of AS and TT genotype seemed to have a protective role in Chinese Han population.

#### PU-0764

### 切除修复交叉互补基因 ERCC1 多态性与冠心病的关联性研究

张帅

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 切除修复交叉互补基因 (ERCC1) 编码 ERCC1 蛋白, 是核苷酸切除修复途径的限速成分, 能有效修复广泛的 DNA 损伤, 包括冠状动脉粥样硬化中的 DNA 损伤。本研究旨在探究 ERCC1 单核苷酸多态性 (Single nucleotide polymorphism, SNP) 与中国汉族人群冠心病 (Coronary artery disease, CAD) 发病风险之间的关联。

**方法** 本研究共纳入 3037 例 CAD 患者和 3002 例对照。收集所有研究对象的 2 mL EDTA 抗凝血, 提取外周血 DNA。采用高分辨率熔解曲线方法进行 SNP rs3212986 和 rs2298881 基因分型; 采用多变量 Logistic 回归分析来评估 SNP rs3212986 和 rs2298881 和 CAD 发病风险的关联, 并用 OR 及其 95 % 可信区间 (confidence interval, CI) 评估其关联强度。

**结果** (1) 与对照组相比, CAD 组有较高的体重指数 (BMI) 水平 ( $25.1 \pm 4.1$  vs  $24.1 \pm 2.2$ ,  $P < 0.001$ )、吸烟率 (35.2 % vs 28.7 %,  $P = 0.005$ )、饮酒率 (34.7 % vs 25.5 %,  $P < 0.001$ )、高血压患病率 (58.6 % vs 42.4 %,  $P < 0.001$ )、二型糖尿病 (T2DM) 患病率 (30.5 % vs 26.0 %,  $P = 0.042$ ) 和高脂血症患病率 (30.4 % vs 22.5 %,  $P < 0.001$ ); (2) 等位基因模型和基因型模型分析未显示 SNP rs3212986 和 rs2298881 与 CAD 发病风险相关。

**结论** 切除修复交叉互补基因 (ERCC1) 通过与 XPF 结合形成结构特异性核酸内切酶, 主要负责 DNA 损伤区域的 5'端切除。rs3212986 位于 3'非编码区 (3'-UTR), 它影响 ERCC1 mRNA 稳定性进而调节 ERCC1 表达; rs2298881 位于第一内含子, 通过影响 ERCC1 启动子活性, 改变 ERCC1 表达。但是, 本研究并未发现该 SNPs 与 CAD 的关联。本研究组猜测可能存在其他的表观遗传学改变发挥着作用。

#### PU-0765

### The down-regulation of VEGF is correlated with nodal metastasis and poor prognosis in lung adenocarcinoma

Li Shibao

The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** The incidence of lung cancer is increasing worldwide, yet the molecular mechanisms for its tumorigenesis, progression, and prognosis are still unknown. As a member of the tumor necrosis factor superfamily, vascular endothelial growth inhibitor (VEGI) is involved in the development and progression of many malignant diseases.

**Methods** The expression of VEGF was examined using immunohistochemistry in a cohort of non-small cell lung cancer (NSCLC) tissues obtained from 150 NSCLC patients. The relationship between VEGF expression and survival was evaluated by Kaplan-Meier.

**Results** VEGF expression was down-regulated or lost in 68.7% (103/150) NSCLC patients, and this effect was more prevalent in adenocarcinoma, 76.0% (57/75), than in squamous cell carcinoma, 61.3% (46/75). A significant negative correlation was found between VEGF expression

and lymphovascular invasion ( $P=0.039$ ) and lymph node metastasis ( $P=0.017$ ) in adenocarcinoma. Furthermore, the down-regulation of VEGF expression was associated with poorer overall survival (OS) ( $P=0.011$ ) in adenocarcinoma.

**Conclusions** Our study provides evidence that VEGF may be a new and effective prognostic marker for Lung adenocarcinoma.

## PU-0766

### 2001~2017 年某大型综合医院新发 HIV/AIDS 患者的临床流行病学分析

唐卓芸,张可依,李冬冬,邓杰伦,黄曦悦,石明巧,陶传敏  
四川大学华西医院,610000

**目的** 分析 2001~2017 年新发现人类免疫缺陷病毒 (human immunodeficiency virus, HIV) /获得性免疫缺陷综合征 (acquired immunodeficiency syndrome, AIDS) (HIV/AIDS) 患者在某大型综合医院的临床流行病学特征和趋势, 为综合医院的 HIV/AIDS 防治工作提供科学的依据。

**方法** 回顾性纳入四川大学华西医院 2001~2017 年新发 HIV/AIDS 病例的临床流行病学资料, 分析确证阳性率及新发 HIV/AIDS 患者的分层分布, 并分析其传播途径的分布特征。

**结果** 2001~2017 年于四川大学华西医院接受 HIV 筛查的患者共 1520228 例, 其中门急诊患者 285983 例, 住院患者 1234245 例。共确证新发 HIV/AIDS 患者 4037 例, 总确证阳性率为 0.27%, 门急诊患者和住院患者 2001~2013 年确证阳性率增加, 2014~2017 年略有下降。男性、女性新发 HIV/AIDS 患者分布整体比例为 3.49: 1, 历年比例在 1.65: 1 和 5.08: 1 之间波动; 以汉族 (88.23%)、低学历 (58.66%)、已婚者 (54.75%)、农民/牧民 (26.33%) 为主要人群。青少年 (15~29 岁)、中老年群体 ( $\geq 50$  岁), 高学历群体 (高中以上), 未婚群体分布均呈增长趋势。传播途径分析显示, 17 年间, 异性传播比例稳定在 60% 左右, 同性传播途径增长明显 ( $\chi^2_{趋势}=14.436$ ,  $P<0.005$ ), 从 2008 年开始增长后稳定在 15% 左右。注射毒品 ( $\chi^2_{趋势}=71.633$ ,  $P<0.005$ ) 和血液传播 ( $\chi^2_{趋势}=16.672$ ,  $P<0.005$ ) 途径均明显下降。899 例女性新发 HIV/AIDS 患者中 77.20% 为异性传播, 无同性传播; 3138 例男性中 61.41% 为异性传播, 18.10% 为同性传播。同性传播随年龄的增大而下降, 异性传播随着年龄的增大而上升。母婴传播则集中在 0~15 岁 (100%)。

**结论** 17 年来, 四川大学华西医院新发 HIV/AIDS 经历长期增长后渐入平缓期, 青少年、中老年, 高中以上学历, 未婚群体增长明显。注射毒品和血液传播 HIV/AIDS 的途径得到控制, 异性传播仍为主要传播途径。

## PU-0767

### 调节性 B 细胞对 ITP 模型小鼠的治疗效果分析

刘云  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探索在给 ITP 模型小鼠注射调节性 B 细胞 (Breg 细胞) 对疾病进展的影响。

**方法** 1. 制备 Breg 细胞。25 只 Balb/c 雄性小鼠经麻醉脱颈处死后取脾脏, 研磨后收集脾细胞, 首先经磁珠分选出 B 细胞, 再加入流式抗体分选出 Breg 细胞 ( $CD19^+CD5^+CD1d^{hi}$ )。2. 建立小鼠 ITP 模型, 腹腔注射 CD41 抗体。3. 实验分三组, 正常对照组 (Normal 组), ITP 模型组 (ITP 组), ITP 模型 Breg 细胞输注组 (ITP+ Breg 组), 其中 ITP+ Breg 组经腹腔注射  $1 \times 10^6$  个细胞。每隔 5 小时经尾静脉取血测血常规, 在血小板计数下降百分比有差异的时间点处死小鼠取脾脏进行流式检测。

**结果** 在 5h, 45h, 65h, ITP 组小鼠血小板下降百分比与 ITP+ Breg 组相比差异有统计学意义 ( $43.63\pm4.68$  对  $76.13\pm3.08$ ,  $P=0.0012$ ;  $82.15\pm3.45$  对  $65.80\pm1.85$ ,  $P=0.0139$ ;  $23.33\pm4.91$  对  $43.89\pm2.36$ ,  $P=0.0090$ )。流式检测 Breg 细胞百分比在 ITP 组表现为先下降后升高, ITP+ Breg 组表现为先升高后下降。Treg 细胞百分比在 ITP 组表现为先升高后下降, 在 ITP+ Breg 组表现为先下降后升高。

**结论** 给 ITP 模型小鼠注射具有免疫负性调节作用的 Breg 细胞并未达到预期的治疗效果, 这与临床 ITP 缓解患者外周血 Breg 细胞数量比初诊者升高不符, 提示 Breg 细胞虽然是自身免疫性疾病的治疗方向, 但在 ITP 疾病发生发展中的作用有待进一步探索。

#### PU-0768

### IMA,NT-proBNP 和 MYO 的联合检测在急性冠脉综合征诊断的临床意义

廖扬

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 本实验旨在研究急性冠脉综合征患者血清中缺血修饰清蛋白 (IMA)、氨基末端脑钠肽前体 (NT-proBNP) 和肌红蛋白 (MYO) 的浓度变化及三项指标联合检测对诊断 ACS 的临床意义。

**方法** 收集在本院就诊的早期 ACS 发病患者和健康体检人群的标本, 离心分离血清后上机分别做 IMA,NT-proBNP 和 MYO 这三个项目的检测。对所有的检验数据进行统计学分析, 并计算各指标单独和联合检测的敏感性。

**结果** ACS 组患者血清中 IMA、NT-proBNP 和 MYO 水平均比对照组高, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); IMA、NT-proBNP 和 MYO 单项检测的敏感度分别为 77.97%、81.36%、81.03%; 三项指标联合检测可将敏感度提高到 91.53%, 特异度为 83.05%。

**结论** IMA、NT-proBNP 和 MYO 联合检测有利于急性冠脉综合征的早期诊断, 降低漏诊率和早期的死亡率, 同时也为临床提供诊疗依据, 为临床治疗做参考。

#### PU-0769

### Glutamate Ionotropic Receptor Kainate Type Subunit 3 (GRIK3) promotes epithelial-mesenchymal transition in breast cancer cells by regulating SPDEF/CDH1 signaling

Bin Xiao

Department of Laboratory Medicine, General Hospital of Southern Theatre Command of PLA

**Objective** Glutamate Ionotropic Receptor Kainate Type Subunit 3 (GRIK3) is an important excitatory neurotransmitter receptor that plays a significant role in various neurodegenerative diseases. However, the biological functions of GRIK3 in malignancies are largely unknown due to limited related studies.

**Methods** RNA sequence data for breast cancer was obtained from the The Cancer Genome Atlas (TCGA) database and mined for expression profiles according to cancer subtypes. mRNA expression in cancerous tissues and cancer cell lines was measured by qPCR. GRIK3 expression was further examined by tissue arrays, western blot and Kaplan-Meier analysis. The effects of over- and under-expression of GRIK3 on cell capabilities to survive, migrate and invade were determined by colony formation, transwell migration and invasion assays. Mouse experiment was applied to investigate whether GRIK3 could promote tumor growth.

**Results** Here, we primarily reported that the expression of GRIK3 was higher in breast cancer tissues than in adjacent non-cancerous tissues. GRIK3 expression was also positively correlated with the prognosis of breast cancer patients. GRIK3 promoted the proliferation and migration abilities of breast cancer cells and enhanced the growth of orthotopically implanted tumors. Mechanically, GRIK3 influenced a range of signaling pathways and key signal transducers, including two epithelial-mesenchymal transition (EMT) regulators, SPDEF and CDH1. Heterogenous expression of SPDEF and CDH1 counteracted the migration and invasion abilities, respectively, of breast cancer cells induced by GRIK3. Moreover, overexpression of GRIK3 increased the expression of mesenchymal markers and decreased the expression of epithelial markers, resulting in the translocation of  $\beta$ -catenin into the nucleus and the increased  $\beta$ -catenin transcriptional activity.

**Conclusions** The present study reported a novel oncogenic role of GRIK3. Meanwhile, GRIK3, as a membrane receptor, may also serve as a potential therapeutic target for the treatment of breast cancer.

## PU-0770

### Antimicrobial peptide hybrid fluorescent protein based sensor array discriminate ten most frequent clinic isolates

Wei Xu<sup>1,2</sup>, Xiaobo Fan<sup>1</sup>, Guoqiu Wu<sup>1,2</sup>

1. Southeast University

2. Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** Antimicrobial peptides killed bacteria through intercalating into the bacterial membrane. Their antimicrobial efficiencies varied in bacterial species and were affected by ion strength in the culture medium. A recombinant IGP protein consisted of an antimicrobial peptide, Ib-AMP4 fused with the Green Fluorescent Protein was expressed from *E. coli* cells and was found to maintain the antimicrobial activity.

**Methods** We demonstrated the interaction between the lipid membranes with IGP by quartz crystal microbalance with dissipation and tried to elucidate the effect of calcium ions by lipopolysaccharide monolayer surface isotherm assays. Ten most frequent clinic isolates were subjected to IGP incubation in buffers containing different calcium ion concentrations.

**Results** The yielded fluorescent intensities ranging from several thousand to several million, differed greatly between species allowing big coefficient of variances that rendered this method a superior reproducibility and resolution. The classification and data treatment were performed by pattern identification with linear discriminant analysis. Seventy-nine isolates of the 10 most frequent clinic species were classified in the blind test with accuracy more than 70% by a single measurement and with a 100% accuracy by combined measurements for each species.

**Conclusions** In conclusion, the concept is based on a solid fact that antimicrobial proteins inhibit bacterial growth at a constant minimal inhibitory concentration through intercalating into the biomembrane. The developed method has a good resolution and high-faulty tolerance rate in discriminating bacteria.



## PU-0771

## 新的自噬调控分子 CDK5RAP3 与肾癌的关系

刘航齐<sup>1</sup>, 李军<sup>2</sup>, 胡新一<sup>2</sup>, 沈洪亮<sup>2</sup>, 田野<sup>2</sup>, 仇炜<sup>2</sup>, 苏明<sup>1</sup>

1. 北京大学人民医院, 100000

2. 首都医科大学附属北京友谊医院, 100000

**目的** 肾癌是泌尿系统中最为常见的恶性肿瘤, 但其诊断和治疗均较困难。CDK5RAP3 蛋白在不同肿瘤中的作用存有争议。目前研究认为, CDK5RAP3 在大多数肿瘤中发挥抑癌基因的作用。然而, 其在肾癌中的作用及机制仍不清楚。因此, 本研究通过观察该基因在肾癌中的表达变化, 分析其作用的可能分子机制, 旨在发现新的肾癌生物标志物。

**方法** 采用免疫组化及蛋白印迹比较肾癌组织及癌旁肾组织中 CDK5RAP3 的表达变化。通过分别敲低及过表达 CDK5RAP3, 观察肾癌细胞系 Caki-1 及 769-O 细胞活力的变化, 并通过观察 LC3 类型转换, 研究该蛋白对自噬的影响。

**结果** 本研究中共收集了 25 例肾癌患者组织标本, 发现 CDK5RAP3 的表达水平在肾癌组织中显著下调。通过分别敲低及过表达 CDK5RAP3, 发现 CDK5RAP3 在不同肾癌细胞系中所发挥的作用存有差异。在 Caki-1 肾癌细胞系中敲低内源性 CDK5RAP3 可轻度增强细胞活力, 但在 769-P 细胞系中过表达 CDK5RAP3 则显著抑制细胞活力。另外, CDK5RAP3 参与肾癌细胞自噬调控。在 Caki-1 细胞系中敲低 CDK5RAP3 表达显著抑制自噬, 但在 769-P 细胞中同样的处理并不影响自噬水平。相反, 在 769-P 细胞中过表达 CDK5RAP3 激活自噬, 而在 Caki-1 细胞中过表达 CDK5RAP3 不影响 LC3 的类型转换。

**结论** 本研究首次发现了 CDK5RAP3 对自噬的调控作用, 该蛋白在肾癌中表达下调, 很可能是一种新的肾癌标志物。

## PU-0772

## UACR、CysC、HbA1c、Hcy 与 2 型糖尿病肾病不同分期的关系研究

刘娟子

广州市南部战区总医院

**目的** 探究尿微量白蛋白/肌酐比值 (UACR)、胱抑素 C (CysC)、糖化血红蛋白 (HbA1c) 和同型半胱氨酸 (Hcy) 联合检测在 2 型糖尿病肾病 (Type 2 Diabetic Nephropathy, T2DN) 早期诊断中的临床价值; 探究上述指标在 T2DN 不同分期中的变化、与疾病分期进展的相关性以寻找利于监测 T2DN 疾病进展程度的生化指标。

**方法** 收集中国人民解放军南部战区总医院包括单纯 2 型糖尿病 (Type 2 Diabetes Mellitus, T2DM) 组 64 例, 2 型糖尿病肾病 (T2DN) 早期组 64 例, 中期、晚期组各 52 例和正常对照 (Nomal Control, NC) 组 64 例, 测定比较各组 UACR、CysC、HbA1c、Hcy 水平, 绘制受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 评估各指标单独和联合对 T2DN 早期的诊断价值, 另通过多元有序 Logistics 回归方法分析指标与 T2DN 疾病分期的相关性, 通过 Spearman 相关性检验分析在 T2DN 不同分期中两两指标间的变化趋势的关联。

**结果** T2DM 组仅 HbA1c 水平高于 NC 组, T2DN 组 UACR、Scr、CysC 水平高于 NC 组和 T2DM 组, 而 Hcy 水平在 T2DN 晚期组中高于其他组, 非参数检验分析组间差异具有统计学意义。ROC 曲线分析显示单项指标对 T2DN 早期诊断的敏感性由高到低依次为 UACR (87.5%)、CysC (82.8%)、HbA1c (78.1%)、Scr (67.2%)、Hcy (64.1%); UACR、CysC、HbA1c 三项联合诊断的敏感性和特异性为 98.4% 和 96.9%。Logistics 回归分析显示 UACR、CysC 水平与

T2DN 分期进展呈正相关 ( $P<0.05$ )。Spearman 相关性分析显示 CysC、Hcy、UACR、Scr 两两之间呈正相关关系 ( $r>0.5, P<0.05$ )。

**结论** UACR、CysC 对 T2DN 早期诊断价值高, UACR、CysC、HbA1c 联合检测能显著提高 T2DN 的早期诊断效能。UACR、CysC 与 T2DN 分期进展呈正相关关系, 可作为 T2DN 病情分期进展的有效监测指标。Hcy 对监测 T2DN 中晚期病情发展亦有一定的价值。

#### PU-0773

### 探讨血清白球比、 $\beta 2$ -微球蛋白及游离轻链比联合检测在多发性骨髓瘤中的诊断价值

张志英

中国人民解放军南部战区总医院, 510000

**目的** 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 是一种见于血液系统的恶性肿瘤性疾病, 目前临床上, 用于诊断 MM 的方法在早期诊断中都具有一定的局限性, 而血液生化学检测以及免疫学检测具有容易在患者中开展, 成本低, 对患者造成的伤害小等优点。本研究, 以血清白球比 (A/G)、 $\beta 2$ -微球蛋白 ( $\beta 2$ -MG) 和游离轻链比水平为研究对象, 探讨三项指标联合检测在诊断 MM 中的应用价值。

**方法** 本研究选择 85 例 MM 患者 (MM 组) 和 58 例非浆细胞增殖性疾病患者 (非 MM 疾病对照组) 作为观察对象, 分别采用双缩脲法和溴甲酚绿法测定血清中的总蛋白和白蛋白的含量, 并计算出血清白球比; 采用散射比浊法测定血清中  $\beta 2$ -微球蛋白、 $\kappa$  和  $\lambda$  轻链含量, 并计算出游离轻链比的值。

**结果** IgA 型、IgG 型和轻链型的 MM 组患者的血清白球比与非 MM 疾病对照组相比具有显著性差异 ( $P<0.05$ ), IgA- $\lambda$  型、IgG- $\lambda$  型和  $\lambda$  型的 MM 组患者的血清  $\beta 2$ -MG 水平与非 MM 疾病对照组相比具有显著性差异 ( $P<0.05$ ), IgA 型、IgG 型和轻链型的 MM 组患者的血清游离轻链比与非 MM 疾病对照组相比具有显著性差异 ( $P<0.05$ )。血清白球比、 $\beta 2$ -微球蛋白及游离轻链比三项联合检测用于诊断 MM 的灵敏度和特异度最高; 其中, 三项平行联合检测灵敏度为 98.82%, 系列联合检测特异度为 96.55%。

**结论** 血清白球比、 $\beta 2$ -MG 和游离轻链比三项指标均对 MM 的临床诊断有重要的价值, 三项指标联合检测对诊断 MM 有很高的灵敏度和特异度, 三项的联合检测对 MM 的诊断具有较高的临床价值。

#### PU-0774

### RDW 与系统性红斑狼疮疾病活动度的关系探讨

谢婷彦, 胡丽涛, 丘世飏

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 探讨红细胞分布宽度 (RDW) 与系统性红斑狼疮 (SLE) 疾病活动度之间可能存在的关系。

**方法** 收集 70 例 SLE 患者及 60 例健康体检者 RDW、ESR、CRP 及 24h 尿蛋白结果等相关临床数据, 对 SLE 患者进行 SLEDAI-2K 评分并按评分分为活动期和缓解期两组, 观察 RDW 在各组中的差异, 分析 RDW 与 SLEDAI-2K 评分、ESR、CRP 及尿蛋白之间的相关性, 绘制 ROC 曲线探索 RDW 对 SLE 疾病活动性的评估价值。

**结果** RDW 值在 SLE 活动期高于缓解期, 且均显著高于健康对照组, 三组之间两两比较, 差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); RDW 与 SLEDAI-2K 分值、CRP、ESR 呈正相关 ( $r=0.588$ 、

0.405、0.382,  $P < 0.05$ ), 与 24h 尿蛋白之间无明显相关关系; RDW 对 SLE 病情活动性评估的 ROC-AUC 为 0.840, 当 RDW 取 13.9% 为诊断界值时, 评估效价最高。

**结论** RDW 的测定对评估 SLE 疾病活动度具有一定的临床价值。

#### PU-0775

### 早期联合检测血小板膜糖蛋白与血小板参数对于脓毒症患者的临床意义研究

袁笑

滨州医学院附属医院, 256600

**目的** 探究分析早期联合检测血小板膜糖蛋白与血小板参数应用于脓毒症患者的临床意义。方法: 选取我院收治的脓症患者 80 例作为研究对象, 并按照 APACHE-II 评分分成 A、B、C 三组, 对其进行血小板膜糖蛋白与血小板参数联合检测, 观察三组患者的各项指标

**方法** 选取我院收治的脓症患者 80 例作为研究对象, 并按照 APACHE-II 评分分成 A、B、C 三组, 对其进行血小板膜糖蛋白与血小板参数联合检测, 观察三组患者的各项指标

**结果** 三组患者的 CD62P、CD63 水平随着 APACHE-II 评分升高呈上调趋势, 患者的 PDW、MPV、P-LCR 等血小板参数随着 APACHE-II 评分升高而升高, PLT 则随着 APACHE-II 评分的升高而降低, 组间差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 结论: 早期联合检测血小板膜糖蛋白与血小板参数可以有效反应血小板活性、脓毒症炎症轻重程度从而间接了解病情, 临床应用价值高。

#### PU-0776

### Human infection caused by *Streptococcus suis* serotype 2 in China

姜飞, 程晨, 顾兵, 马萍

徐州医科大学附属医院, 221000

**目的** We aimed to report genotype, phenotype as well as the major virulence genes of *Streptococcus suis* serotype 2 isolated from human in China

**方法** Patient clinical data including course of disease, laboratory tests, antibiotic treatment and outcomes were collected. Antimicrobial susceptibility testing was performed and virulence-associated genes were detected by PCR. Multilocus sequence typing (MLST) was performed for genetic relatedness.

**结果** Two strains harbored pathogenicity related genes like mrp, sly, and ef. Multilocus sequence typing (MLST) suggested that two strains belonged to ST7, which is one of mostly associated with disease in humans in mainland China.

**结论** Two sporadic cases highlight that *Streptococcus suis* serotype 2 can cause invasiveness infection in human. Pathogenicity may be related to virulence-associated genes. Timely detection and antibiotic therapy should be paid more attention to in clinic.

PU-0777

## 基于 Oncomine 数据库筛选肺癌相关抗原及其自身抗体在肺癌中的诊断价值评价

王婷婷<sup>1</sup>, 乔莹利<sup>1</sup>, 刘红春<sup>4</sup>, 代丽萍<sup>2,3</sup>

1.阜外华中心血管病医院

2.郑州大学医药科学研究所

3.河南省肿瘤流行病学重点实验室

4.郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 本研究拟利用 Oncomine 数据库和酶联免疫吸附试验 (enzyme linked immunosorbent assay, ELISA) 对肺癌相关抗原进行筛选和鉴定, 旨在发现有助于肺癌早期诊断的血清学标志物。

**方法** 采用 ELISA 方法对测试阶段 (184 例肺癌患者及 184 例正常对照) 及验证阶段 (446 例肺癌患者及 446 例正常对照) 血清中的抗肺癌相关抗原自身抗体进行检测。采用卡方检验比较自身抗体在肺癌组和正常对照组中的阳性率有无差异。

**结果** 1.本研究通过 Oncomine 数据库中共筛选出 16 个在肺癌中高表达的基因。2. 测试阶段 ELISA 结果显示, 抗 HMGB3、MMP12、GREM1、ZWINT、NUSAP1、RRM2、SULF1、CEP55、CDC20 和 SPP1 共 10 种自身抗体在肺癌组中的表达均明显高于正常对照组 ( $P<0.05$ ); ROC 曲线分析结果显示, 抗 HMGB3、ZWINT、NUSAP1、GREM1 和 MMP12 自身抗体的 AUC 最高, 分别为 0.85, 0.75, 0.73, 0.71 和 0.70。验证阶段 ELISA 结果也证明这 5 种自身抗体在肺癌组中的表达均明显高于正常对照组 ( $P<0.05$ )。ROC 分析结果显示, 这 5 种自身抗体的 AUC 分别为 0.72、0.65、0.64、0.61 和 0.64。3. 抗 HMGB3 自身抗体在早期 (I/II 期) 肺癌患者中的阳性率明显高于晚期 (III/IV 期) 肺癌 ( $P<0.05$ )。

**结论** 抗 HMGB3、MMP12、GREM1、ZWINT 和 NUSAP1 自身抗体可以作为辅助诊断肺癌的血清学标志物, 其中抗 HMGB3 自身抗体是肺癌早期诊断的标志物。

PU-0778

## lncRNA 在多发性骨髓瘤诊断中的应用

曲璟, 李林海

中国人民解放军南部战区总医院, 510000

**目的** 研究表明, 长链非编码 RNA (lncRNA) 在肿瘤的发生发展过程中具有致癌或抑癌的作用, 具有作为新的独立的肿瘤诊断和预后标志物的潜力。随着 lncRNA 研究的深入, 越来越多的癌症的发病机制被研究的更加清晰, 本文主要就 lncRNA 在多发性骨髓瘤诊断中的应用进行综述。

**方法** 通过文献报道、RNA 芯片技术及公共数据库的分析, 来发现差异 RNA, 作为候选诊断标志物

**结果** 转移相关肺腺癌转录本 1 (MALAT1) 已被证实在多种组织中表达, 并已证实在肺癌、结直肠癌、膀胱癌和喉癌在内的几种实体肿瘤中过表达, 由此有学者通过评价 MALAT1 在多发性骨髓瘤患者与正常对照组之间的含量差异发现, 相比于健康对照组和治疗后的多发性骨髓瘤患者, 初次诊断的患者体内 MALAT1 升高, 可能在其发病机制中起着一定的作用, 有望成为早期分子诊断标志物。

**结论** 研究表明, lncRNA 在肿瘤发生发展中起着重要的作用, 有望成为早期潜在生物标志物, 达到肿瘤的早发现, 由此可早治疗, 提高患者的治愈率。

PU-0779

## Antibodies: The major participants in maternal–fetal interaction

Xin Yang, Chengming Sun  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Object: The aim of this study is to improve our understanding of the mechanisms involved in maternal–fetal immune tolerance especially of antibodies circulating in the blood.

**Methods** Methods: We searched the related literatures and overviewed the major antibodies associated with pregnancy and then described in details their possible roles in mediating maternal–fetal interactions.

**Results** Result: Antibodies classified into different types based on their functional or structural characteristics were summarized, including immunoglobulin G, blocking antibody, nonprecipitating asymmetric antibody, antiphospholipid antibody, antitrophoblast antibody and antipaternal antibody.

**Conclusions** Discussion: The presence and levels of various circulating antibodies in pregnancy may play a crucial role in the occurrence, development and termination of pregnancy.

PU-0780

## Dissecting resistance mechanisms of a high-level echinocandin resistant clinical isolate of *Candida glabrata*

Xin Hou<sup>1,2</sup>, Healey Kelley<sup>3</sup>, Shor Erika<sup>2</sup>, Kordalewska Milena<sup>2</sup>, Ortigosa Cristina<sup>2</sup>, Paderu Padmaja<sup>2</sup>, Xiao Meng<sup>1</sup>, Wang He<sup>1</sup>, Xu Ying-Chun<sup>1</sup>, Perlin David<sup>2</sup>, Zhao Yanan<sup>1</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. Public Health Research Institute, New Jersey Medical School, Rutgers Biomedical and Health Sciences, Rutgers

3. Department of Biology, William Paterson University

**Objective** Echinocandin resistance in *Candida glabrata* has increased and posed a serious clinical challenge. A pan-echinocandin-resistant *C. glabrata* isolate (strain L74) recently reported in China demonstrated very high MICs to all three echinocandins (all  $\geq 8$   $\mu\text{g/ml}$ ). Mechanisms of this high-level echinocandin resistance in this isolate were investigated.

**Methods** The FKS1 and FKS2 genes were sequenced for L74. FKS mutants carrying specific mutations found in L74 were constructed by the Alt-R CRISPR-Cas9 system (Fks1 WT/Fks2-E655K, strain CRISPR 31) and site-directed mutagenesis (strain fks1 $\Delta$ /Fks2-E655K). Antifungal susceptibility, glucan synthase (GS) activities, FKS gene expression and GS western blot were compared between mutants and control WT and knockout strains. Mutants were also evaluated for their in vivo response to micafungin (MCF) in a murine model of invasive candidiasis.

**Results** Sequence analysis of the strain L74 revealed a premature stop codon W508stop in FKS1 and E655K mutation prior to the HS1 region of FKS2. Introduction of the Fks2-E655K mutation in ATCC 2001 (strain CRISPR 31) conferred a modest reduction in susceptibility. However, the same FKS2 mutation in the fks1 $\Delta$  background (strain fks1 $\Delta$ /Fks2-E655K) resulted in high levels of resistance to echinocandins which can be reversed in vitro by FK506, recapitulating what was observed with the L74 isolate. The GS results were consistent with the MICs. The expression level of FKS1/FKS2 and Fks1/Fks2 protein ratio was much lower in L74 and fks1 $\Delta$ /Fks2-E655K compared to ATCC 2001 and CRISPR 31 ( $P < 0.05$ ). In the in vivo study, mice challenged with CRISPR 31 and fks1 $\Delta$ /Fks2-E655K mutants failed to respond to MCF.

**Conclusions** The high-level of echinocandin resistance in the clinical isolate of *C. glabrata* L74 was due to the combination of null function of Fks1 and the point mutation E655K of Fks2.

#### PU-0781

### Pam3Csk4 Enhances the Antibacterial Functions of GM-CSF induced Neutrophils to Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*

Yiguo Chen<sup>1</sup>, Jinmei Yu<sup>2</sup>, Shanshan Lu<sup>3</sup>, Weiping Min<sup>3,4</sup>, Linqiang Deng<sup>1</sup>, Hui Chen<sup>1</sup>, Xiaomei Gui<sup>1</sup>

1. Jiangxi Provincial People's Hospital

2. Jiangxi Maternal and Child Health Care Hospital

3. Institute of Immunotherapy, Nanchang University

4. Jiangxi Provincial Key Laboratory of Immunotherapy

**Objective** improves the antimicrobial activity of neutrophils to Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*

**Methods** we used granulocyte macrophage-colony stimulating factor (GM-CSF) to generate neutrophils from murine bone marrow, and assessed their effect on the immune response against methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*.

**Results** our findings show that pretreatment with Pam3CSK4 enhanced the phagocytic and killing activities against MRSA by the GM-CSF induced neutrophils (GM-CSF neutrophils). Chemotaxis of GM-CSF induced neutrophils was significantly increased after the pretreatment with Pam3CSK4. Furthermore, Pam3CSK4 pretreatment enhanced iNOS, CRAMP, TNF- $\alpha$ , IL-1 $\beta$ , IL-10, and IL-6 expression. Finally, we observed that p38MAPK and Akt phosphorylation kinases were increased significantly in GM-CSF neutrophils pretreatment with Pam3CSK4 in a dose- and time-dependent manner, whereas p38MAPK inhibitor (SB2021190) and PI3K inhibitor (LY294002) attenuated the antimicrobial activities including phagocytosis, killing activity, respiratory burst, and the release of lactoferrin (LTF) by the GM-CSF induced neutrophils.

**Conclusions** pretreatment with Pam3CSK4 enhances the antibacterial function of GM-CSF neutrophils against MRSA, and this could be related to the p38MAPK and PI3K

#### PU-0782

### Transmembrane protein 106C promotes the development of hepatocellular carcinoma

Xi Luo, Zhaolian Bian

The Third People's Hospital of Nantong

**Objective** Protein coding genes have been shown to have essential roles in cancer biology and are dysregulated in many tumors. Transmembrane protein 106C (TMEM106C), previously shown to be differently expressed in human and porcine. The aim of this study is to determine expression levels of TMEM106C in hepatocellular carcinoma (HCC).

**Methods** Paired tissue specimens were obtained from patients undergoing resection for HCC. We used quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) assays to analyze TMEM106C expression. The effect of TMEM106C on proliferation was detected by Cell Counting Kit-8 and colony formation assays. The effect of TMEM106C on cell cycle distribution and apoptosis was detected by flow cytometry. We also used transwell assays to test the migration and invasion of TMEM106C.

**Results** TMEM106C is significantly elevated in HCC tissues and cell lines from public databases and our specimens. Survival analysis revealed that high TMEM106C expression is a good

predictor of poor prognosis of HCC patients. TMEM106C overexpression promotes cell growth, migration and invasion, and inhibits cell apoptosis. While, TMEM106C knockdown impedes cell proliferation and metastasis and accelerates cell apoptosis.

**Conclusions** TMEM106C is up-regulated in hepatocellular carcinoma, and may serve as a potential biomarker for early diagnosis and prognosis monitor.

### PU-0783

## Roles of Sirtuin 1 in the pathogenesis of primary biliary cholangitis

Tingwang Jiang<sup>1</sup>, Yanping Gong<sup>1</sup>, Zhengbo Deng<sup>1</sup>, Honglin Yang<sup>2</sup>, Yong Li<sup>3</sup>, Guohua Xu<sup>1</sup>

1. Institution of Laboratory Medicine of Changshu

2. Suzhou Ninth People's Hospital

3. First People's Hospital of Taicang

**Objective** This report sought to establish the mechanistic role of sirtuin-1 (Sirt1), a NAD<sup>+</sup>-dependent deacetylase in the modulation of PBC pathogenesis.

**Methods** Sixty four (64) PBC patients ((diagnosed based on practice guidelines for American association for the liver diseases study (AASLD)) and 60 healthy controls were included in this study. Also, a PBC murine model was induced in C57BL/6J mice with poly I:C treatment and serum levels of aspartate aminotransferase (AST) and alanine aminotransferase (ALT) as well as interleukin-1 beta (IL-1 $\beta$ ), IL-6, interferon-gamma (IFN- $\gamma$ ) and tumor necrosis factor alpha (TNF- $\alpha$ ) in serum were measured via ELISA platform. Besides, Kupffer isolation, real-time quantitative PCR (qPCR) western blot, and coimmunoprecipitation assay were conducted.

**Results** Clinically, the mRNA expression levels of Sirt1 in peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) of PBC subjects substantially decreased compared with healthy controls but not in other Sirt family genes. Consistent with clinical results, a PBC murine model showed that the levels of Sirt1 significantly decreased in the liver and Kupffer cells of mice intoxicated with polyinosinic/polycytidylic acid (poly I:C). Sirt1 activator resveratrol (RSV) ameliorated poly I:C-induced hepatic injury observed via histopathologic analysis and decreased ALT and AST levels in the mice model. Moreover, RSV significantly reduced pro-inflammatory cytokines levels in poly I:C-induced mice. Further, Sirt1 activation by RSV significantly inhibited the phosphorylated and acetylated levels of the RelA/p65 subunit of nuclear transcription factor ((NF)-kB)) but not IRF3 in poly I:C-injured mice liver. Importantly, RSV improved the interaction between Sirt1 and p65, which resulted in decreased hepatic inflammation.

**Conclusions** Sirt1 signaling pathway plays an essential role in the development of PBC and its targeting may represent a novel approach for the treatment of the disease.

### PU-0784

## The effects of high-salt intake on the intestinal microbiota composition in wistar rats

Zhaogang Dong, Yuanbin Liu, Hongwei Pan, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** High-salt diet has been considered to be implicated in the pathogenesis of some chronic diseases. And emerging data reveal a relationship between the chronic diseases and intestinal microbiota. However, it remains elusive how high-salt intake affects the composition of intestinal microbiota. The current study aims to investigate the possibility that high salt intake can cause changes in the gut microbiota composition in an animal model of wistar rats.

**Methods** we administered four-week-old male wistar rats with high-salt water (10% NaCl) intragastrically three times per week for four weeks, and collected the fecal pellets two weeks after the last administration. Fecal microbiota was then characterized by 16S rRNA gene sequencing targeting V4 region. For microbial diversity, the operational taxonomic units (OTUs) underwent taxonomic analyses with the Bayesian classifier. Principle component analyses (PCA) were then employed to visualize the data and species classification tree statistics. Linear discriminant analysis (LDA) of the effect size was used to detect the differences in bacteria species between two groups.

**Results** The results indicated that no significant difference in alpha diversity of fecal microbial in two groups was observed, whereas principal component analysis (PCA) illustrated a structural segregation between two groups. At phylum level, the most abundant was Bacteroidetes in high-salt group (58.4%) and Firmicutes in control group (48.0%). Further analysis using LEfSe according to the criteria of  $LDA \geq 4$  showed that the microbial alteration in rats administered by high-salt featured by the significant decrease of *Lactobacillus* and *Prevotella* NK3B31, and *Alloprevotella* and *Prevotella* 9 were increased. However, no significantly difference were observed in body weight, the morphological changes, and blood pressure in two groups.

**Conclusions** As a pilot investigation to characterize the alteration of microbiota composition in high-salt intake rats, our study provide a foundation to improve our understanding of the role of microbiota in the pathogenesis of high-salt-associated diseases.

## PU-0785

### TGF- $\beta$ 1 and TNF- $\alpha$ synergistically induce epithelial to mesenchymal transition of breast cancer cells by enhancing TAK1 activation

Shengjun Liao

Zhongnan Hospital of Wuhan University

**Objective** Epithelial to mesenchymal transition (EMT) is intently related to the metastasis of breast cancer. TGF- $\beta$ 1 is known as a main inducer of EMT, but many breast cancer cells are not sensitive to TGF- $\beta$ 1 alone. So far, how to induce EMT of TGF- $\beta$ 1-insensitive breast cancer cells remains unclear.

**Methods** Breast cancer cells were cultured in presence or absence of TGF- $\beta$ 1 and or TNF- $\alpha$ . The epithelial and mesenchymal marker genes were detected by real-time RT-PCR and Western blot. F-actin was stained with rhodamine-phalloidin. The invasive ability of cells were detected by transwell assay. The expression and secretion of MMP9 were detected by real-time RT-PCR and zymography assay, respectively. The activation of signaling pathways were detected by Western blot. Knocking down SLUG was performed by transducing with SLUG shRNA.

**Results** TNF- $\alpha$  alone can induce EMT and invasiveness both of MCF-7 and T-47D cells which are insensitive to TGF- $\beta$ 1 alone. Intriguingly, TGF- $\beta$ 1 could cooperate with TNF- $\alpha$  to strengthen the EMT and invasive process of breast cancer cells. We found that prolonged co-stimulation with TGF- $\beta$ 1 and TNF- $\alpha$  enhanced the sustained activation of Smad2/3, p38MAPK, ERK, JNK and NF- $\kappa$ B signaling pathways through enhanced activation of TAK1, which were mediated by the gradual up-regulated T $\beta$ Rs. Moreover, all of these pathways except JNK were required for the effects of TGF- $\beta$ 1 and TNF- $\alpha$ . Importantly, the activated p38MAPK and ERK pathways resulted in a positive feed-back effect on TAK1 activation by up-regulating the expression of T $\beta$ Rs, favoring further activating multiple signaling pathways. Moreover, SLUG was especially up-regulated and required for the TGF- $\beta$ 1 and TNF- $\alpha$ -induced EMT and invasive process. In addition, Slug could also enhanced the activation of signaling pathways by promoting T $\beta$ RII expression.



**Conclusions** These findings suggest that up regulation of T $\beta$ R $\alpha$ s contribute to TGF- $\beta$ 1 /TNF- $\alpha$ -induced sustained activation of TAK1 and the followed activation of multiple signaling pathways, resulting in EMT and invasiveness of breast cancer epithelial cells.

#### PU-0786

### **Lymph node metastasis associated lncRNA HOXA11-AS promotes proliferation and migration via sponging miR-155 in hypopharyngeal squamous cell carcinoma**

Jue Wang  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** Background Hypopharyngeal squamous cell carcinoma (HSCC) remains one of the most lethal malignancies in the head and neck. Long noncoding RNA (lncRNA) HOXA11-AS is proven to function as an oncogene and a therapeutic target in various tumors. Our previous study and the others have demonstrated that HOXA11-AS is one of the most up-regulated lncRNAs in HSCC. However, the role of HOXA11-AS in HSCC has not yet been identified.

**Methods** Materials and methods The expression pattern of HOXA11-AS was assessed using quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) in 18 pairs of HSCC tumor specimens and adjacent normal tissues. The correlation between HOXA11-AS expression and the clinical features was evaluated by univariate analysis. In vitro loss-of-function experiments were performed to investigate the functional roles of HOXA11-AS in HSCC FaDu cells. In addition, dual luciferase reporter assay and the rescue experiments were conducted to explore the underlying mechanism of HOXA11-AS in HSCC.

**Results** Results The expression of HOXA11-AS was significantly upregulated in HSCC tumors and positively associated with lymph node metastasis. Moreover, HOXA11-AS knockdown suppressed the proliferation and migration potential in FaDu cells. Furthermore, we demonstrated that HOXA11-AS functioned as a molecular sponge for miR-155, and inhibition of miR-155 attenuated the suppressive effect of HOXA11-AS knockdown on the aggressive phenotype in HSCC.

**Conclusions** Conclusion This study identifies an oncogenic role of HOXA11-AS in HSCC and suggests HOXA11-AS might be a potential diagnostic and therapeutic target for HSCC.

#### PU-0787

### **Hospital-associated methicillin-resistant Staphylococcus aureus in Qingdao, East China: antibiotic resistance, genotyping and virulence factor**

Qingqing Bi,Ziyun Zhao,Jinju Zheng,Xiaofeng Mu  
Qingdao Central Hospital

**Objective** Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) is one of the most frequent causes of hospital-associated infections and the resistance to most  $\beta$ -lactam antibiotics makes MRSA become a big trouble to clinical treatment. The aim of this study was to determine the antimicrobial susceptibility profiles of MRSA isolated from Qingdao Central Hospital, China.

**Methods** A total of 132 non-repetitive S.aureus strains were gathered from Jan 2015 to Dec 2015 in Qingdao Central Hospital, China. Antibiotic susceptibility of the S.aureus strains was identified. Besides, various antibiotic-resistant genes in S.aureus isolates were amplified and S.aureus isolates harbored multiple antibiotic-resistant genes, with multidrug resistant phenotypes, were

detected. Further, distribution of SCCmec gene types and phenol-soluble modulins (PSMs) gene among MRSA strains were also investigated.

**Results** 75 of the collected *S. aureus* strains were determined to be methicillin-resistant ones. The resistance rates of MRSA to  $\beta$ -lactams and macrolides both exceeded 70% and those to tetracyclines and aminoglycosides were higher than 50%. Several antibiotic-resistant genes combinations, such as *mecA/aacA-aphD/ermA*, *mecA/aacA-aphD/ermA/tetK/tetM* and *mecA/aacA-aphD/tetK*, were observed. SCCmec types III, II and V were the top three common types among MRSA isolates in this area. Further, gene of PSMs, a critical virulence factor of *S. aureus*, was found in 90.7% of MRSA strains.

**Conclusions** These findings suggest that there is a high frequency of MRSA appearance in this region and these laboratory data may also facilitate earlier and more effective antibiotic therapy.

## PU-0788

### Seasonal influence on TORCH infection and analysis of multi - positive samples with indirect immunofluorescence assay

Lu Chen<sup>1</sup>, Lei Shi<sup>2</sup>, Zheng Cao<sup>1</sup>, YanHong Zhai<sup>1</sup>, JingRui Liu<sup>1</sup>, Ying Dong<sup>1</sup>, YuJie Song<sup>1</sup>, Yang Song<sup>1</sup>, Yang Gao<sup>1</sup>, Lin Li<sup>3</sup>, Min Shen<sup>4</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Beijing Obstetrics and Gynecology Hospital, Capital Medical University, Beijing, China

2. Department of Laboratory Medicine, Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing, China

3. Central Laboratory, Beijing Obstetrics and Gynecology Hospital, Capital Medical University, Beijing, China

4. Reference Laboratory, Medical System Biotechnology Co., Ltd., Ningbo, China

**Objective** TORCH including the pathogens of *Toxoplasma gondii* (TOX), rubella virus (RV), cytomegalovirus (CMV), and herpes simplex virus (HSV) causes intrauterine infections and poses a worldwide threat to women especially in pregnancy. In this study, we described the seasonal difference in TORCH infection and analyzed the anti - TORCH IgM multipositive serum samples by the indirect immunofluorescence assays (IFA).

**Methods** To observe the seasonal influence of the anti - TORCH IgG and IgM antibodies, a retrospective study was conducted with 10 669 women (20–40 y old) before pregnancy from August 2016 to July 2017. Totally 199 ELISA anti - TORCH IgM multipositive serum samples were further tested by IFAs for false - positive analysis.

**Results** The prevalence of positive HSV1 - IgM, RV - IgM, HSV2 - IgM, CMV - IgM, and TOX - IgM in the present population was 6.30%, 2.55%, 1.94%, 1.24%, and 0.67%, respectively. Additionally, the prevalence of positive RV - IgM, CMV - IgM, and HSV1 - IgM was statistically different among four seasons, with the highest positive rates of RV - IgM (4.12%) in autumn, CMV - IgM (1.75%) in summer, and HSV1 - IgM (7.53%) in winter. The confirmatory IFAs showed that the positive rates of RV - IgM, CMV - IgM, and HSV2 - IgM were significantly different from those in ELISA screening experiments. Interestingly, only 32.7% (65/199) of the TORCH IgM multipositive results were consistent with those by the IFA, indicating that cross - reaction caused false positives were common in ELISA IgM antibody screening.

**Conclusions** The TORCH infection displayed different prevalence among four seasons in our 12 - month retrospective study. The IgM multipositives by ELISA screening may need further confirmation analysis due to its relatively high cross - reaction rate.

PU-0789

## 血清 NES、Scc-Ag、CYFRA21-1 联合检测在早期肺癌中的诊断价值

郝青华

山东省莘县人民医院,252000

**目的** 探讨血清中神经元特异性烯醇化酶(NSE)、鳞状细胞癌抗原(SCC-Ag)、细胞角蛋白 19 片段抗原(CYFRA21-1)单独及联合检测在早期肺癌中的诊断价值。

**方法** 选取 2016 年 2 月至 2019 年 3 月收治的早期肺癌 40 例为肺癌组、40 例良性肺肿瘤患者为良性肺肿瘤组,另选同期健康体检者 40 例作为对照组。检测 3 组受试者血清 NES、Scc-Ag、CYFRA21-1 水平,比较三组受试者各指标水平,分析各指标水平与早期肺癌的关系,以及各标志物单独检测与联合检测对早期肺癌的诊断效能,采用受试者工作特征(ROC)曲线分析各指标及联合检测对早期肺癌的诊断价值。

**结果** 肺癌组的 NSE、SCC-Ag、CYFRA21-1 水平均显著高于良性肺肿瘤组和对照组( $P < 0.05$ ),而良性肺肿瘤组与对照组血清 NSE、SCCAg、CYFRA21-1 水平差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),与肺癌组各指标单一诊断比较,3 种指标联合检测灵敏度显著升高( $P < 0.05$ ),而特异度无明显变化( $P > 0.05$ )。ROC 曲线分析显示血清 NES、Scc-Ag、CYFRA21-1 联合检测诊断早期肺癌的曲线下面积(0.914)高于 NES(0.886)、Scc-Ag(0.789)、CYFRA21-1(0.854)。

**结论** 早期肺癌患者血清 NES、Scc-Ag、CYFRA21-1 水平高于良性肺肿瘤组和健康对照组,对肺癌患者早期诊断具有重要意义。血清 NES、Scc-Ag、CYFRA21-1 检测在早期肺癌诊断中具有重要价值,联合检测特异性和准确度更高。

PU-0790

## p38 MAPK 和 PI3K 信号活化在基因重组鞭毛蛋白介导同种抗原刺激调节性 T 细胞 Foxp3 表达中的作用

郝静<sup>1</sup>,张超<sup>2</sup>,梁婷<sup>2</sup>,张义<sup>1</sup>,侯桂华<sup>2</sup>

1.山东大学齐鲁医院,250000

2.山东大学医学院实验核医学研究所

**目的** 本实验室早期研究表明,基因重组鞭毛蛋白可通过 TLR5 依赖性途径上调同种移植受体调节性 T 细胞 Foxp3 表达,延长同种移植物存活期。为进一步探讨基因重组鞭毛蛋白对同种移植受体调节性 T 细胞的作用,本研究对基因重组鞭毛蛋白-TLR5 通路的下游机制进行了分析。

**方法** 制备 BALB/c 小鼠调节性 T 细胞,应用同种抗原进行刺激,模拟同种移植受体调节性 T 细胞。应用磷酸化抗体,信号阻断剂及蛋白印记技术分析 p38 MAPK 和 PI3K 信号活化在基因重组鞭毛蛋白介导调节性 T 细胞 Foxp3 表达中的作用。

**研究结果:** 基因重组鞭毛蛋白可激活同种抗原刺激调节性 T 细胞 JNK 及 p38 MAPK 信号,而 p38 MAPK 信号活化与基因重组鞭毛蛋白介导的 Foxp3 表达上调相关。同时,基因重组鞭毛蛋白可激活同种抗原刺激调节性 T 细胞 PI3K-Akt 信号,而 PI3K 信号通路对基因重组鞭毛蛋白介导的 Foxp3 表达上调具有负调控作用。此外,PI3K 信号通过负调控 p38 MAPK 信号活化,从而对基因重组鞭毛蛋白介导的 Foxp3 表达上调起负调控作用。

**结果** 基因重组鞭毛蛋白可激活同种抗原刺激调节性 T 细胞 JNK 及 p38 MAPK 信号,而 p38 MAPK 信号活化与基因重组鞭毛蛋白介导的 Foxp3 表达上调相关。同时,基因重组鞭毛蛋白可激活同种抗原刺激调节性 T 细胞 PI3K-Akt 信号,而 PI3K 信号通路对基因重组鞭毛蛋白介导的 Foxp3 表达

上调具有负调控作用。此外, PI3K 信号通过负调控 p38 MAPK 信号活化, 从而对基因重组鞭毛蛋白介导的 Foxp3 表达上调起负调控作用。

**结论** p38 MAPK 信号活化与基因重组鞭毛蛋白介导的同种抗原刺激调节性 T 细胞 Foxp3 表达上调具有相关性, 而 PI3K 信号对此路径具有负调控作用。

## PU-0791

### 合生元治疗功能性便秘的临床疗效观察及机制研究

范文廷

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 功能性便秘诱因多, 病因不明确, 治疗手段有限, 严重影响病人的生活质量。存在于人体肠道内的微生物具有刺激肠蠕动, 同时增加膳食纤维的利用以及粪便含水量等有利于排便的作用, 但目前微生态制剂类型较多, 且菌株单一, 导致了其治疗功能性便秘的疗效不明确。本研究采用含有五种以上益生菌及两种益生元的合生元制剂治疗功能性便秘, 观察是否可以改善功能性便秘的症状。

**方法** 观察比较治疗前后本院 46 位病人肠活动情况, 病人生活质量评估(PAC-QOL), 病人症状自评(PAC-SYM), 抑郁(SDS)与焦虑(SAS)自评中的变化, 收集治疗前后病人粪便, 检测分析粪便含水量, 粪便菌群及粪便短链脂肪酸的变化。

**结果** 治疗前后病人完全自主排便次数增加 ( $2.7 \pm 0.4$  vs  $1.2 \pm 0.2$ ,  $P < 0.05$ ), 粪便性状评分改善 ( $3.6 \pm 0.6$  vs  $1.7 \pm 0.5$ ,  $P < 0.05$ ), 病人生活质量得到一定改善, 其中 PAC-QOL ( $23 \pm 5$  vs  $65 \pm 4$ ,  $P < 0.05$ ), PAC-SYM ( $26 \pm 4$  vs  $78 \pm 4$ ,  $P < 0.05$ ), SDS ( $16 \pm 1.5$  vs  $25 \pm 2$ ,  $P < 0.05$ ), SAS ( $14 \pm 1.5$  vs  $27 \pm 2$ ,  $P < 0.05$ )。治疗前后病人肠道菌群的 OUT 明显增高, 说明合生元增加了菌群的多样性, 其中生胺类微生物降低, 乳酸菌及双歧菌增多, 合生元改善了肠道菌群结构。粪便短链脂肪酸的分析中丁乙酸含量增加。

**结论** 我们的研究证明合生元可以改善功能性便秘的症状, 可能是通过调整病人菌群状态, 从而刺激肠蠕动而实现症状的改善。

## PU-0792

### Existence of virulence genes in clinical *Shigella sonnei* isolates from Jiangsu province of China: a multicenter study, 2010-2015

范文廷

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** The aims of this study were to assess the presence of 11 virulence genes of *S. sonnei* strains isolated in this country

**方法** A total of 166 *S. sonnei* was collected from 13 cities of Jiangsu province through the provincial Centers for Disease Control (CDC) from 2010 to 2015 and then the distribution of virulence genes was detected by PCR technology.

**结果** Invasive virulence genes included ipaH and ial, in which the positive rate of ipaH was 100% while the positive rate of ial was 15.1% in *S. sonnei*. The classic pathway of regulating expression of *Shigella* virulence gene involved virF gene and virB gene, which positive rates were 33.7% and 24.1% respectively. The most common serine protease autotransporters of Enterobacteriaceae among *S. sonnei* were sigA (100%), followed by sepA (3.0%), sat (3.0%), pic (1.2%). *Shigella*

enterotoxin genes include *sen*, *set1A*, *set1B* were found in 16.3%, 6.0% and 1.8% of the isolates, respectively.

**结论** This study provides baseline information on the distribution of virulence genes in clinical *S. sonnei* strains in Jiangsu province in China, which will be important for implementation of effective control strategies.

## PU-0793

### Characterization of beta lactamases in bloodstream infection *Escherichia coli*: *bla*ADC-162 and *bla*CMY-2 via an *IncF* plasmid to dissemination among bacterial

Linlin Xiao<sup>1,2,3</sup>, Xiaotong Wang<sup>1,2</sup>, Quhao Wei<sup>2</sup>, Weiwei Liu<sup>1</sup>

1. Shanghai Tenth People's Hospital, Tongji University

2. Shanghai University of Medicine & Health Sciences Affiliated Sixth People's Hospital South Campus

3. Southern Medical University Affiliated Fengxian Hospital

**Objective** To describe the molecular characteristics of beta lactamases in bloodstream infection *Escherichia coli*, and genotypic pattern of *bla*CMY-2 and *bla*ADC-162.

**Methods** In this study, total 50 bloodstream infection *Escherichia coli* isolates obtained from Shanghai Sixth People's Hospital South Campus during 2015-2018 were subjected to beta lactamases detection using phenotypic and molecular methods. Sequencing to verify all beta lactamase genes, Multilocus sequence typing (MLST) was used to analyze the phylogenetic relationships of bloodstream infection *Escherichia coli* isolates. Furthermore, conjugation experiments and plasmid replicon typing to verify the transferability of plasmids carrying *bla*CMY-2 and *bla*ADC-162 genes.

**Results** Eight beta lactamase subtypes were detected in 50 strains of bloodstream infection *Escherichia coli*, of them, *bla*TEM-1(21/50) was the most common beta lactamase gene, other beta lactamase found were *bla*CTX-M-14(8/50), *bla*OXA-27(5/50), *bla*CTX-M-27(3/50), *bla*CTX-M-65(1/50), *bla*ADC-162(1/50), *bla*CMY-2(1/50), *bla*ADC-162(ST95-A) and *bla*CMY-2(ST95-B2) have not previously been reported in bloodstream infection *Escherichia coli*. In 21 isolates, beta lactamase genes were located on conjugative plasmids which belonging to incompatibility groups FrepB(n=7), FIA(n=1), FIC(n=2), K(n=8), N(n=1) and I(n=1), *bla*CTX-M was found to be associated with the common elements ISEcp1, IS903 and IS26, but with special sequences(region V, region Y and region W) for ISEcp1 in 14 isolates.

**Conclusions** To the best of our knowledge, This study provides the first evidence for the molecular characteristics of the beta lactamase genes from *Escherichia coli* in bloodstream from aging patients. Beta-lactamase genes were detected at a relatively high level in aging patients with bloodstream *Escherichia coli*. Plasmid replicon analysis showed that beta lactamase genes horizontal dissemination was mainly mediated by *IncK* and *IncF* plasmids that could encode multidrug resistance genes. Additionally, this study represents the first report of ISAbal-*bla*ADC-162-tnpA and ISEcp1-*bla*CTX-M-14-IS903-*bla*CMY-2-*blc*-*sugE* in *Escherichia coli*, furthermore, *IncF* plasmid mediated *bla*ADC-162 and *bla*CMY-2 gene dissemination among bacterial.

## PU-0794

## 小于 0.5ng/mL 的血清降钙素原联合其他炎性指标对成人血流感染诊断的价值

龙军,庄佩玲

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 探究血清降钙素原(PCT)小于 0.5ng/mL 时联合白细胞计数(WBC)和中性粒细胞百分比(NEU%)用于诊断成人血流感染的病原微生物种类是否具有一定的规律,以及是否有使用抗生素治疗的价值。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月~2018 年 12 月的珠江医院的血流感染且首次血培养阳性时 PCT 处于 0.05ng/mL<PCT<0.5ng/mL 的患者的检测结果及治疗,根据有无使用抗生素治疗分为治疗组(A 组)和未治疗组(B 组),每组再分为革兰阳性(G<sup>+</sup>)球菌感染组和革兰阴性(G<sup>-</sup>)杆菌感染组,比较不同组别的 PCT、WBC 和 NEUT%是否具有差异。

**结果** 用 ROC 曲线分析不同组的 PCT 水平,显示 G<sup>+</sup>球菌组的 AUC 为 0.361 (<0.5)时,即这一临界值不具有预测意义;G<sup>-</sup>杆菌组的 AUC 为 0.639 (>0.5),即这一临界值具有预测意义,但鉴别 G<sup>-</sup>杆菌方面具有特异性高灵敏度低的特点。采用二分类 logistic 回归分析对 PCT、WBC 和 NEU%在鉴定菌种感染的作用进行分析,只有 PCT 的值对区分 G<sup>-</sup>杆菌和 G<sup>+</sup>球菌有统计学意义(P<0.05),但其临界值有待考察。以 WBC≥9.5×10<sup>9</sup>/L、NEU%≥75%作为阳性截点,经统计分析显示,G<sup>+</sup>球菌感染组的 WBC 阳性率高于 G<sup>-</sup>杆菌感染组,差异无统计学意义(X<sup>2</sup>=1.10, P>0.05);G<sup>+</sup>球菌感染组的 NEU%阳性率高于 G<sup>-</sup>杆菌感染组,差异具有统计学意义(X<sup>2</sup>=5.36, P<0.05)。

**结论** 当 PCT 处于 0.05ng/mL~0.5ng/mL,在区分菌种感染及判断其临界值时,不具有参考意义,但是仍有一定的提示意义,联合 WBC 和 NEU%,可提高对血流感染的诊断。同时,由于在临床治疗方面收集到样本量过少,这一范围内的血培养阳性患者是否需要使用提前抗生素还有待研究。

## PU-0795

## 碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌流行病学分析

龙军<sup>1</sup>,陈旭阳<sup>1,2</sup>

1.南方医科大学珠江医院,510000

2.广东医科大学

**目的** 对广州某三甲医院 2012 年 7 月至 2017 年 7 月分离的耐碳青霉烯类抗生素肺炎克雷伯菌(Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*, CRKP)的进行流行病学分析。

**方法** 针对临床分离的 CRKPs,采用 VITEK 2 全自动细菌鉴定及药敏分析仪进行菌种鉴定及药敏检测,K-B 法补充药敏试验;通过改良 Hodge 试验及改良碳青霉烯类灭活试验检测菌株的碳青霉烯酶表型;利用 PCR 对常见的碳青霉烯酶基因进行筛查及测序验证;并对 CRKPs 感染患者的基本信息、菌株的来源及科室分布等进行分析。

**结果** 该院 2012 年 7 月至 2017 年 7 月共分离 69 株对至少对一种碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌。在改良 Hodge 试验和改良碳青霉烯类灭活试验中,碳青霉烯酶检出率分别为 60.9% (42/69) 和 71.0% (49/69);PCR 及测序结果显示 76.8% (53/69) 的 CRKPs 携带碳青霉烯酶基因 bla<sub>KPC-2</sub>、bla<sub>NDM-1</sub> 和 bla<sub>IMP-4</sub>,检出率分别为 30.4% (21/69)、29.0% (20/69)、18.8% (13/69)。本研究中的 CRKPs 主要分离自静脉血和中段尿标本,感染患者主要为小儿和中老年人,以呼吸系统疾病多见,超过一半合并多种基础疾病。在治疗上以 β-内酰胺酶抑制剂复合剂、美罗培南和氨基糖苷类使用最多,并均接受侵入性操作。

**结论** 产碳青霉烯酶是 CRKPs 最主要的耐药机制；CRKPs 携带的碳青霉烯酶基因以  $\text{bla}_{\text{KPC-2}}$ 、 $\text{bla}_{\text{NDM-1}}$  和  $\text{bla}_{\text{IMP-4}}$  最为常见；患者年龄、基础疾病、抗生素使用和侵入性操作等多种因素为 CRKP 菌株的定植和传播创造了有利条件。

## PU-0796

### 女性生殖道菌群改变与人乳头瘤病毒感染的研究

毕庆庆,张磊,牟晓峰  
青岛市中心医院

**目的** 在宫颈癌筛查措施相对欠缺的发展中国家女性中，宫颈癌的发病率和致死率均排在第二位。一种或多种高危型人乳头瘤病毒的持续感染是导致宫颈瘤变的必要和高危因素。本研究旨在调查青岛地区女性 HPV 感染情况及基因型分布及生殖道菌群对 HPV 感染状态的影响。

**方法** 纳入研究的就医门诊患者共计 4534 名，HPV 基因分型采用 PCR 反向点杂交法。生殖道菌群检测方法才赢 16S rDNA 测序的方式，测序后对每个 OTU 的序列做物种注释，得到对应的物种信息和基于物种的丰度分布情况。同时，对 OTUs 进行丰度、Alpha 多样性计算等分析。

**结果** 纳入研究者的 HPV 阳性率为 32.2%，HPV 基因型以 HPV16，52，58，6 和 53 最为常见。年龄方面，HPV 感染率在最年轻年龄组最高，但高危型 HPV 感染在中年女性中更为常见。此外，HPV 阳性率随着宫颈液基细胞学结果的严重程度的增加而升高。本研究还发现在 HPV 持续感染的患者中，厚壁菌门丰度显著降低，而变形菌门和拟杆菌门的丰度显著增高，这或与 HPV 持续感染相关，是 HPV 持续感染的高危因素。

**结论** 本研究明确了青岛地区女性 HPV 感染情况及基因型分布，以及生殖道菌群对 HPV 感染状态的影响，找出了与高危型 HPV 持续感染密切相关的生殖道病原微生物，为宫颈癌的预防提供了新思路、新方法，具有临床意义和实际意义。

## PU-0797

### TEG 对老年缺血性脑卒中选择抗血小板治疗方案中的指导作用

金冠  
吉林省脑科医院（吉林省神经精神病医院）

**目的** 探讨血栓弹力图（TEG）对老年缺血性脑卒中选择抗血小板治疗方案中的指导作用。

**方法** 在医院 2016 年 2 月至 2018 年 2 月期间诊治的老年缺血性脑卒中患者中选取 108 例，经双抗治疗 14d 后改为单抗治疗：将随机选择单抗治疗方案者设为对照组（ $n=54$ ），将实行 TEG 检测、根据 TEG 检测结果选择抗血小板治疗方案者设为研究组（ $n=54$ ）。随访一年，对比两组患者 1 年内脑卒中复发率、凝血功能指标变化差异。

**结果** ①研究组缺血性脑卒中复发率 5.56% 高于对照组的 18.52%（ $\chi^2=4.285$ ， $P=0.038$ ）；②治疗后，研究组的 APTT、PT 水平均低于对照组（ $t=1.824$ 、 $23.429$ ， $P=0.035$ 、 $0.000$ ），而 Fib、TT 水平高于对照组（ $t=13.684$ 、 $4.067$ ，均  $P=0.000$ ）。

**结论** TEG 对老年缺血性脑卒中选择抗血小板治疗方案中有一定指导作用，可借鉴。

PU-0798

## 基于公共数据库分析 RAD21 在乳腺癌中的表达及临床意义

刘畅  
川北医学院

**目的** 研究 RAD21 基因在乳腺癌中的表达及临床意义。

**方法** 利用 Oncomine 数据库、cBioPortal 数据库及 Kaplan-Meier Plotter 数据库系统分析 RAD21 在乳腺癌中表达、潜在作用以及预后。

**结果** 通过对 Oncomine 数据库 23 项研究共 2446 例样本的并荟萃分析显示 RAD21 基因在乳腺癌组织中较正常组织呈高表达；cBioPortal 数据库表明 RAD21 在乳腺癌中基因改变以扩增为主，与 PI3K-AKT-mTOR 通路基因 mTOR 等共生有统计学意义，且 mRNA 表达具有高度相关性。Kaplan-Meier Plotter 数据库分析提示乳腺癌患者中 RAD21 mRNA 高表达者的总生存（OS） $p=0.019$ （HR=1.29,95%CI: 1.04-1.6），无复发生存(RFS)  $p=6.6e-14$ （HR=1.65,95%CI: 1.39-1.69, ），无远处转移生存（DMFS） $p=0.0027$ （HR=1.34,95%CI: 1.11-1.63）不佳，后进展生存（PPS） $p=0.0007$ （HR=1.53,95%CI: 1.19-1.95, ），均表现不佳。同时发现 RAD21 mRNA 表达在乳腺癌不同分子亚型、病理特征、临床分期、TP53 状态等情况下的预后价值不一。

**结论** 通过多数据库系统分析表明 RAD21 在乳腺癌组织高度表达，与乳腺癌预后有关，提示 RAD21 可作为乳腺癌靶向治疗及诊断预后分子靶标。

PU-0799

## 端粒蛋白复合体及端粒酶在卵巢癌患者中的预后价值

刘畅  
川北医学院

**目的** 端粒蛋白复合体及端粒酶在肿瘤的发生、发展及治疗中发挥重要作用。然端粒蛋白复合体六种核心组分：端粒重复结合因子 1 和 2（TRF1 和 TRF2）、与 TRF1 相互作用的细胞核因子（TIN2）、端粒保护蛋白 1（POT1）、阻遏/激活蛋白 1（RAP1）、蛋白酶 1（TPP1）及端粒酶（TERT）mRNA 表达在卵巢癌中的预后价值尚不明确。

**方法** 运用大数据挖掘技术分析 Kaplan-Meier Plotter 数据库中 2190 例卵巢癌患者的基因表达及生存资料全面系统分析卵巢癌患者端粒蛋白复合体核心组分及端粒酶 mRNA 表达与总生存率的相关性。

**结果** 卵巢癌患者 TIN2 mRNA 高表达（HR=1.35,95%CI: 1.07-1.69,  $p=0.001$ ），POT1 mRNA 高表达（HR=1.22,95%CI: 1.07-1.39,  $p=0.003$ ），TRF1 mRNA 低表达（HR=0.85, 95%CI: 0.73-0.98,  $p=0.023$ ）提示总生存预后不佳。同时本文还针对卵巢癌病理分型、病理分级、临床分期和 TP53 突变状态以及不同治疗方案进行系统分析，分别评估端粒蛋白复合体和端粒酶 mRNA 表达的预后价值。

**结论** 本文对端粒蛋白复合体及端粒酶 mRNA 表达在卵巢癌患者中的预后价值进行全面系统分析。不仅为卵巢癌端粒靶向药物开发提供新的思路，同时对卵巢癌患者的预后评估具有指导意义。



## PU-0800

## 维生素 D 水平以及其受体基因多态性与女童性早熟关系的研究

柯江维

江西省儿童医院,330000

**目的** 研究中枢性性早熟女童的维生素 D 浓度变化及 VDR 基因多态性表达的差异,了解维生素 D 影响女童性早熟的部分机制。

**方法** 将 40 例中枢性性早熟女童、40 例健康对照组女童作为研究对象。运用化学发光法检测其血清中 Vit D 的浓度,同时应用 Snapshot 检测技术进行 VDR 多态性位点 Apal(rs7975232)、BsmI(rs1544410)、TaqI(rs731236)、FokI(rs2228570)的检测。

**结果** 1. 中枢性性早熟患儿血清 Vit D 水平高于健康对照组,两组的差别有统计学意义( $P<0.05$ )。2. (1) BsmI, FokI 和 TaqI 三个位点对应的基因型分别 CC、CT, AA、GA、GG, 和 AA、GA, 其基因型在两组中的分布差异都无统计学意义( $\chi^2=0.721$ ,  $P=0.396$ ;  $\chi^2=3.414$ ,  $P=0.181$ ;  $\chi^2=0.000$ ,  $P=1.000$ )。(2) Apal 的基因型为 CC, CA, AA, 三种基因型在两组中的分布差异有统计学意义( $\chi^2=9.833$ ,  $P=0.007$ )。

**结论** 1、性早熟女童维生素 D 的水平低于健康女童,提示血清 Vit D 水平可能影响性早熟的发生发展。2、Apal(rs7975232) 的不同基因型在两组中的分布差异有统计学意义,提示该位点的多态性可能在性早熟的发病机制中发挥作用。BsmI(rs1544410)、TaqI(rs731236)、FokI(rs2228570)的不同基因型以及等位基因在两组中的分布差异无统计学意义,提示此位点多态性可能与性早熟的发生发展无关。3、维生素 D 对女童性早熟的影响可能是通过 VDR 基因位点 Apal(rs7975232)的多态性来起作用的。

## PU-0801

## 评估结直肠癌潜在危险因素的循环生物标志物

周轶凡,程筱雯

安徽医科大学第一附属医院,230000

**目的** 通过分析血常规参数和细胞因子与结直肠癌(CRC)的关系,旨在发现 CRC 的潜在危险因素。

**方法** 采用病例对照研究,选取 35 例 CRC 患者和 21 例健康对照,病例组和对照组按性别和年龄进行匹配。通过独立样本 t 检验,logistic 回归分析,ROC 曲线和 spearman 相关性分析研究这些因素和 CRC 之间的关联。

**结果** 该研究发现病例组和对照组之间存在显著性差异的参数包括 IL-2, HCT 和 RDW-CV。logistic 回归分析显示 IL-2 和 RDW-CV 为危险因素(值越高患病的风险就越大)( $OR>1$ ,  $p<0.05$ ); HCT 为保护因素(值越高患病的几率越小)( $OR>1$ ,  $p<0.05$ )。值得注意的是,ROC 曲线显示 IL-2 的诊断价值要高于 RDW-CV。IL-2 和 RDW-CV 对应的 ROC 曲线面积分别为 0.8 和 0.68, 大于 0.5, 为危险因素;而 HCT 对应的 ROC 曲线面积小于 0.5, 为保护因素。当 IL-2 值为 0.642 ng/L 时诊断 CRC 的灵敏度为 91.4%, 特异性为 66.7%。由于本课题研究的为 CRC 的危险因素,只对 IL2 和 RDW-CV 进行分组赋值,通过多因素 logistic 回归分析显示,IL-2 分组为 2 ( $>0.642$ ) 时比 IL-2 分组为 1 ( $\leq 0.642$ ) 患病风险增加了 25.666 倍 (26.666-1)。RDW-CV 分组为 2 ( $>13.35$ ) 时比 RDW-CV 分组为 1 ( $\leq 13.35$ ) 患病风险增加了 6.011 倍 (7.011-1)。在病例组中通过 spearman 相关性分析显示这些指标与临床病理因素间无统计学意义的相关性。

**结论** 总之,这些发现表明 IL-2 可能是 CRC 的潜在危险因素,随后需要进一步扩大样本量(包括扩大种族和地理覆盖范围)及功能验证以确认其对 CRC 发生风险的影响,为预防 CRC 提供治疗选择。

## PU-0802

## 长沙某医院肺炎克雷伯菌携带 IMP-38 的分子机制 及分子流行病学研究

王思怡,赵娟,刘宁,钟一鸣,晏群,刘文恩

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨插入序列 IS6100 对碳青霉烯酶 IMP-38 基因表达的影响及其机制,并了解携带耐碳青霉烯类新基因 IMP-38 在肺炎克雷伯菌中的流行情况。

**方法** 构建并鉴定原核表达质粒 pCold TF/IMP-38-IS6100 和大肠杆菌转化而来的 BL21 (DE3) -pCold TF /IMP-38-IS6100 转化子,比较上述转化菌与课题组前期构建的 BL21 (DE3) -pCold TF/IMP-38 转化子及临床分离的 blaIMP-38 阳性肺炎克雷伯菌其耐药基因 DNA 拷贝数、mRNA 拷贝数、蛋白表达量及产碳青霉烯酶表型和 MIC 值的差异。然后收集某三甲医院 2013 年到 2016 年的碳青霉烯类耐药或中介的从临床标本中分离出来的肺炎克雷伯菌,利用聚合式酶链反应 (PCR) 和测序筛选出携带 IMP-38 基因的阳性菌株,最后采用多位点序列分析技术 (MLST) 对这些阳性菌株进行分子分型。

**结果** 成功获得了 pCold TF/IMP-38-IS6100 重组质粒和 BL21 (DE3) -pCold TF/IMP-38-IS6100 转化菌, BL21 (DE3) -pCold TF /IMP-38-IS6100 与 BL21 (DE3) -pCold TF/IMP-38 在 DNA 拷贝数、mRNA 拷贝数、蛋白表达量、产碳青霉烯酶表型及 MIC 值上无显著差异,但两者的 mRNA 转录水平明显高于临床分离的产 IMP-38 菌株。515 株碳青霉烯类耐药或中介的肺炎克雷伯菌中有 14 株携带新基因 IMP-38,总检出率为 2.72%,且全为 ST307 型。

**结论** 本研究中 IS6100 插入 IMP-38 基因下游短期内对后者的表达无影响。产 IMP-38 肺炎克雷伯菌全为 ST307,ST307 型产 IMP-38 肺炎克雷伯菌在本地区持续存在,有较强的播散能力,应加强医院感染的预防和控制。

## PU-0803

## 乙二胺四乙酸 (EDTA) 盐抗凝管代替肝素抗凝管测定 血流变指标的可行性

熊志刚

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 本次研究目的在于探讨用 EDTA (乙二胺四乙酸盐) 抗凝管代替含肝素抗凝的负压真空管来测定血液流变学指标的可行性。

**方法** 本次研究在医院血流变体检标本中以随机的方式将标本分为四组,每组改变血流变检验仪器混匀次数,依次为混匀 3 次、4 次、5 次和 6 次。首先将分好组的标本读片处理,之后进行血液常规检测 (项目: CBC+DIFF+PLT-F); 其次改变混匀次数测定全血粘度,测定完成后再做血液常规检测 (项目: CBC+DIFF+PLT-F) 并再次读片处理;然后将标本离心 (3000r/min,5min) 后,取血浆稀释 10 倍,测定反射率;最后统计学处理,通过比较两种抗凝剂测定血液流变学指标之间的差异以及在不同混匀次数下使用 EDTA (乙二胺四乙酸盐) 抗凝的标本全血粘度值及血液流变学测定前后血常规检测结果,来探讨用 EDTA (乙二胺四乙酸盐) 抗凝管代替含肝素抗凝的负压真空管来测定血液流变学指标的可行性。

**结果** EDTA 抗凝组与肝素抗凝组血流变指标无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** EDTA (乙二胺四乙酸盐) 抗凝管代替肝素抗凝管测定血流变指标具有一定的可行性。

## PU-0804

## 不同检测系统血小板计数的准确性验证

熊志刚

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 比对 Sysmex XN-10、XN-20 及迈瑞 BC-6900 全自动血细胞分析仪在异常情况下血小板检测的准确性。

**方法** 随机筛选 XN-20 全自动血细胞分析仪上提示报警信息的 174 例样本,在 XN-10 及 BC-6900 血细胞分析仪上平行检测,以血涂片染色镜检及手工镜检法计数血小板为准,与仪器法进行比对。

**结果**  $70\text{fL} \leq \text{MCV} < 90\text{ fL}$  时,除 XN-20 的 PLT-O 法以外其余四种方法的检测结果均与人工镜检结果无差异,而当  $\text{MCV} < 70\text{fL}$  和  $\text{MCV} \geq 90\text{ fL}$  时,只有 XN-20 的 PLT-F 法和 BC-6900 的检测结果与人工镜检之间差异无统计学意义。

**结论** 红细胞的 MCV 对血小板计数中的 PLT-I 法具有一定的影响; PLT-O 法与镜检结果差异较大,结果不可信; PLT-F 法准确性和特异性都明显优于 PLT-I、PLT-O 两种方法;当血小板计数均为 PLT-I 法时,BC-6900 与人工镜检的相关性优于 XN-10、XN-20。

## PU-0805

## 心脏重症监护室 154 例多重耐药菌感染临床特点及耐药性分析

倪国华,孙惠萍,迪丽达尔·希力甫,李发鹏,马秀敏

新疆医科大学第一附属医院,830000

**目的** 分析新疆医科第一附属医院心脏重症监护病房(CCU)患者多重耐药菌(Multidrug-Resistant Organisms, MDRO)感染的临床分布特点和耐药性,为医院 MDRO 的预防和控制提供依据。

**方法** 采用回顾性方法,对 2014 年 1 月-2018 年 12 月我院 CCU 收治的发生 MDRO 感染的 154 例患者的临床资料和耐药性进行总结分析。

**结果** 154 例发生 MDRO 感染的患者,共检出 MDRO 202 株,患者基础疾病主要为心功能不全和急性心肌梗死;其中革兰阴性菌占 85.7%,鲍曼不动杆菌对多粘菌素 B 最敏感,对含有  $\beta$  内酰胺酶抑制剂的复合制剂如头孢哌酮/舒巴坦的敏感性高。

**结论** CCU 患者 MDRO 感染发生率高,以革兰阴性菌为主。加强病原菌的耐药性监测,合理应用抗生素,延缓耐药菌的产生。

## PU-0806

## 感染性心内膜炎患者临床特征及预后因素分析

倪国华,贾斌

新疆医科大学第一附属医院,830000

**目的** 探讨感染性心内膜炎(infectious endocarditis, IE)患者的临床特征及相关危险因素,为该疾病的临床诊治及预后提供科学依据。

**方法** 选择 2016 年 1 月~2018 年 10 月我院收治的 161 例 IE 患者的临床资料,总结分析临床特征,采用多因素 logistic 回归分析,运用 SPSS 20.0 软件分析影响 IE 患者的预后因素。

**结果** 161 例 IE 患者中,有基础心脏疾病患者 153 例,142 例检出赘生物,105 例行心脏外科手术。单因素方差分析结果显示,血红蛋白  $< 90\text{g/L}$ 、栓塞、脾大、心功能 IV 级、外科手术干预是

影响 IE 患者预后的因素( $P<0.05$ )。多因素 logistic 回归分析结果表明, 血红蛋白 $<90\text{g/L}$  是 IE 患者的独立危险因素( $P<0.05$ ), 外科手术干预治疗是 IE 患者的独立保护因素。

**结论** IE 患者常见的临床表现为发热、贫血和心功能不全, 贫血是影响 IE 预后的独立因素, 外科手术治疗可改善 IE 患者的预后。

## PU-0807

# NLRP2 Negatively Regulates Antiviral Immunity by Interacting with TBK1

Yanqing Yang

The First Affiliated Hospital of Bengbu Medical College

**Objective** To identify the role and mechanisms of NLRP2-mediated innate immune responses.

**Methods** Cell culture and transfection, Identification of NLRP2-Associated Proteins by Mass Spectrometry, Luciferase reporter gene assay, Immunoprecipitation, Cell stimulation and viral infection, shRNA-mediated gene silencing in A549 cells, Real-time PCR and Western blot.

**Results** We found the next four results: NLRP2 interacts with TBK1 ,NLRP2 inhibits TBK1-dependent IFN signaling, Suppression of NLRP2 enhances IFN- $\beta$  signaling and antiviral responses, NLRP2 inhibits TBK1-induced IRF3 phosphorylation ,

**Conclusions** In this study, to identify the role and mechanisms of NLRP2-mediated innate immune responses, we analyzed the NLRP2-associated proteins in the precipitates by mass spectrometry and found that TBK1 had a high number of matched peptides. Moreover, we found that the interaction between NLRP2 and TBK1 inhibited the TBK1-induced phosphorylation of IRF3 and IFN production. Our studies indicated that the NLRP2-TBK1 axis may serve as an additional signaling cascade to maintain immune homeostasis in response to viral infection.

## PU-0808

# 肺结核患者外周血单核细胞及相关细胞因子的诊断价值

沈甜<sup>1</sup>,曹兴建<sup>2</sup>,张 海云<sup>1</sup>,顾德林<sup>1</sup>,朱易华<sup>2</sup>,蔡慧慧<sup>1</sup>

1.南通市肺科医院,226000

2.南通市第一人民医院

**目的** 回顾性分析初治活动性肺结核(APTB)患者与健康体检者外周血单核细胞及相关细胞因子的动态变化, 探讨两者的相关性及应用价值。

**方法** 使用迈瑞 BC-6900 全自动血细胞分析仪检测 72 例 APTB 患者(病例组)和 79 例健康体检者(正常对照组)的外周血常规, 记录单核细胞计数(MO#)和单核细胞百分率(MO%); 测定两组血清白介素-1 $\beta$ (IL-1 $\beta$ )、白介素-6(IL-6)以及肿瘤坏死因子- $\alpha$ (TNF- $\alpha$ )表达水平, 然后进行组间指标比较分析, 并对单核细胞参数和细胞因子浓度进行相关性分析, 同时绘制受试者工作特征(ROC)曲线, 评价各指标诊断 APTB 的敏感度和特异度。

**结果** 病例组外周血 MO%、MO#明显高于正常对照组(t 值分别为 5.135、5.510, P 值均 $<0.05$ ), APTB 患者血清 IL-1 $\beta$ 、IL-6 以及 TNF- $\alpha$  浓度与正常对照相比, 均发生了明显升高, 差异具有统计学意义(U 值分别为 405.000、543.500、563.000, P 值均 $<0.05$ )。APTB 患者外周血 MO#与血清 IL-6 表达水平呈弱负相关( $r=-0.247$ 、 $P<0.05$ )。项目间诊断性能比较分析显示, 指标 IL-1 $\beta$ 、IL-6 以及 TNF- $\alpha$  的曲线下面积(AUC)分别为 0.891、0.918 和 0.887 均高于 MO%和 MO#(AUC 分别为 0.758、0.735)。当 IL-1 $\beta$  临界值取 9.0175ng/L 时, 其诊断 APTB 的敏感度为 83.3%, 特异度为 81.2%; 当 IL-6 临界值取 3.8350ng/L 时, 诊断 APTB 的敏感度为 86.1%, 特异

度为 84.4%；当 TNF- $\alpha$  临界值取 138.5450ng/L 时，其诊断 APTB 的敏感度为 80.6%，特异度为 81.2%，均优于 MO%（65.3%、62.0%）和 MO#（70.8%、64.6%）。此外，同时测量 IL-1 $\beta$ ，IL-6 和 TNF- $\alpha$  可获得的曲线下面积高达 0.987，其诊断 APTB 的灵敏度和特异度分别为 95.8%和 92.8%。

**结论** 结核分枝杆菌(Mtb)感染机体引起 APTB，外周血单核细胞(Mo)迁移至肺泡从而衍变为巨噬细胞(M $\phi$ )，活化 M $\phi$  产生一系列细胞因子，在机体循环池单核细胞数目的动态变化中可能产生了一定影响，且可以作为区分 APTB 和正常人群的理想标志物。

## PU-0809

### CEA、CK-19 及常见血液检测指标在非小细胞肺癌中的应用价值

龙璐

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探究肿瘤标志物细胞角蛋白 19 片断抗原、癌胚抗原及常见的血液检查指标如中性粒细胞淋巴细胞比值、血小板与淋巴细胞比值等在非小细胞肺癌诊断和治疗中的应用价值。

**方法** 选取中南大学湘雅医院就诊的经过活检确诊为非小细胞肺癌患者 96 例患者，取其外周血进行细胞角蛋白 19 片断抗原、癌胚抗原、中性粒细胞淋巴细胞比值、血小板与淋巴细胞比值、血小板、红细胞比值、降钙素原、D-二聚体、C-反应蛋白、纤维蛋白原水平的检测。另 100 位健康体检者为对照组。

**结果** 细胞角蛋白 19 片断抗原、癌胚抗原、中性粒细胞淋巴细胞比值、血小板与淋巴细胞比值、血小板与红细胞比值在正常人和非小细胞肺癌患者间的差异都具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。D-二聚体、肺癌的早、晚期 (I-III 期、IV 期)、肺癌的分型 (腺癌、鳞癌) 均与非小细胞肺癌患者的基因分型结果的差异具有统计学意义。

**结论** NLR 和 PLR 在对于完全切除术前非小细胞肺癌患者与不良预后及 TNM 分期及病理分型有关，但是在对于经治患者并不具有相同的预测价值。CEA 可作为一种预测非小细胞肺癌患者 TNM 分期及病理分型的肿瘤标志物。D-二聚体升高可作为是否基因检测的参考指标之一。

## PU-0810

### 肾移植患者术后 BK 病毒感染的危险因素分析

龙璐

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 研究活体肾移植术后 BK 病毒感染情况，搜集临床资料，分析肾移植术后 BK 病毒感染的危险因素。

**方法** 选择 2018 年 3 月-2019 年 3 月在中南大学湘雅医院进行同种异体肾移植术的患者 293 例作为研究对象，其中男性 187 例，女性 106 例，并自愿接受 BK 病毒检测，应用实时荧光定量 PCR 检测肾移植术后患者血或尿液的 BK 病毒 DNA 载量，根据检测结果将患者分成两个组：BK 病毒 DNA 阳性组 ( $n=21$ ，尿液或血液及尿液 BK 病毒同时阳性)、BK 病毒阴性组 ( $n=272$ ，血液及尿液 BK 病毒 DNA 均为阴性)。比较两组患者的性别、年龄、巨细胞感染情况、中性粒细胞与淋巴细胞的比值 (NLR)、平均血小板 (MPV)、血肌酐浓度、血尿素与尿酸浓度、患者有无糖尿病、患者有无肺部感染以及供肾冷缺血时间等临床因素，应用 logistic 回归分析的方法分析影响肾移植术后患者 BK 病毒感染的危险因素。

**结果** 肾移植患者术后 BK 病毒感染的阳性率为 7.17%，患者的年龄为 15-67 岁，平均年龄为  $42.16 \pm 10.82$ ，通过 logistic 回归分析显示：患者的年龄（ $P=0.014$ ）、患者有无糖尿病（ $P=0.048$ ）、有无肺部感染（ $P=0.003$ ）、供肾冷缺血时间（ $P=0.023$ ）与 BK 病毒感染具有显著相关性，将其列为危险因素。

**结论** 实时荧光定量 PCR 检测 BK 病毒操作简单、易行、灵敏度高，可作为肾移植术后 BK 病毒感染的筛查指标。本研究表明肾移植患者中高龄、有糖尿病史、术后发生肺部感染以及供肾冷缺血时间过长会增加患者 BK 病毒感染的风险。

## PU-0811

### 234 例甲型流感病毒感染调查

牛雷  
解放军第八一医院

**目的** 了解南京地区住院及社区甲型流感病毒的感染及分布情况,以期对该疾病预防和临床治疗提供指导意义。

**方法** 对 2017 年 3 月至 2019 年 3 月收治的 234 例疑似甲流感染患者咽拭子标本,采用免疫渗滤技术结合双抗体夹心法原理检测甲型流感病毒抗原。试剂为北京万泰生物药业股份有限公司提供的甲型流感病毒抗原检测试剂盒（Dot-ELISA 法）。对照点与检测点同时显色为阳性；对照点显色，检测点不显色为阴性；对照点与检测点均不显色结果判为无效，实验失败，应重复检测。

**结果** 在 234 例咽拭子中，甲型流感病毒抗原阳性 26 例，甲型流感病毒感染率为 11.1%，其中男性为 14/66（8.4%），女性为 12/68（17.6%）；10 岁以下阳性 12 例；11~20 岁 2 例；21~30 岁 10 例；31~40 岁 2 例，41 岁以后未有检出阳性。

**结论** 甲型流感病毒感染男女有性别差异，年龄多分布在 10 岁以下和 21~30 岁的年轻人,并且春季 1~3 月感染为主。

## PU-0812

### 结直肠癌患者粪便钙卫蛋白和外周血可溶性 IL-2 受体、IL-6 水平变化与患者生活质量和临床预后之间的关系

邢继成  
解放军八一医院

**目的** 探讨结直肠癌患者粪便钙卫蛋白和外周血可溶性白细胞介素-2 受体(sIL-2R)、白细胞介素-6(IL-6)水平变化与患者生活质量和临床预后的关系。

**方法** 选择结直肠癌患者 186 例为观察组，另选择同期健康体检者 55 例为对照组，采用胶体金免疫层析法测定粪便钙卫蛋白，酶联免疫吸附法测定 sIL-2R 和 IL-6 水平，分析粪便钙卫蛋白、sIL-2R 和 IL-6 水平与结直肠癌患者临床资料、术后生活质量及临床预后的关系。

**结果** 观察组粪便钙卫蛋白、外周血 sIL-2R 和 IL-6 水平显著高于对照组（ $P<0.05$ ）；有淋巴结转移者 sIL-2R 和 IL-6 水平显著高于无淋巴结转移者（ $P<0.05$ ），粪便钙卫蛋白无显著意义（ $P>0.05$ ）；TNF 分期 III~IV 期者粪便钙卫蛋白和 sIL-2R、IL-6 水平显著高于 I~II 期者（ $P<0.05$ ）；粪便钙卫蛋白和 sIL-2R、IL-6 高水平组健康状况调查问卷(SF-36) 评分、终点事件发生率与粪便钙卫蛋白和 sIL-2R、IL-6 低水平组比较有显著性差异（ $P<0.05$ ）。

**结论** 粪便钙卫蛋白和 sIL-2R、IL-6 在结直肠癌患者中呈高水平表达，其表达水平与淋巴结转移情况和临床分期有关，高水平粪便钙卫蛋白和 sIL-2R、IL-6 者术后生活质量较低，临床预后较差。

## PU-0813

**2008-2017 年中国 CHINET 肠球菌属细菌耐药性监测分析**纵帅<sup>1</sup>, 谭枝薇<sup>2</sup>

1. 徐州医科大学附属医院, 221000

2. 宿迁市人民医院, 223800

**目的** 总结 2008-2017 年中国 CHINET 细菌耐药监测网中肠球菌属的检出情况和对不同抗菌药物的耐药性变迁。**方法** CHINET 细菌耐药性监测网各医院按统一方案、采用统一的材料、方法(K—B 法)和判断标准进行肠球菌属的耐药性监测。

**方法** CHINET 细菌耐药性监测网各医院按统一方案、采用统一的材料、方法(K—B 法)和判断标准进行肠球菌属的耐药性监测。

**结果** 2008--2017 年共分离到 71743 株非重复肠球菌属细菌, 包括屎肠球菌(48.0%)、粪肠球菌(44.8%)、其他(7.2%)。10 年间, 肠球菌属细菌的检出率在 7.0%-8.9%之间波动, 万古霉素耐药粪肠球菌和屎肠球菌检出率分别为 0.1%、1.2%。粪肠球菌对红霉素和利福平的耐药率在 50%以上, 对其他药物耐药率均在 50%以下, P 值均<0.05, 屎肠球菌对氨苄西林、红霉素、环丙沙星的耐药率高达 87%以上, P 值均<0.05。

**结论** 十年间肠球菌和耐万古霉素肠球菌的检出情况稳定, 对各种抗菌药物的耐药性总体有下降趋势, 但耐利奈唑胺的肠球菌有上升趋势, 应引起重视。

## PU-0814

**利用间接免疫荧光法检测呼吸道病毒特异性 IgM 对  
儿童呼吸道感染的指导意义**

王兰

中国人民解放军第八一医院

**目的** 在引起呼吸道感染的非细菌性病原体中, 以多种呼吸道病毒及非典型病原体最为多见。采用间接免疫荧光法对八项呼吸道病原体的 IgM 抗体进行联合检测, 符合临床用药需求。

**方法** 通过对我院 2015~2018 年度 2102 例患儿的呼吸道病原体 IgM 抗体进行相关分析。

**结果** 在 2102 例儿科病患中, 阳性率最高的病原体为 B 型流感病毒(IVB), 占 48.98%; 其余依次为: 肺炎支原体(MP), 占 39.31%; A 型流感病毒(IVA), 占 14.22%; 肺炎衣原体(CP), 占 2.42%; 呼吸道合胞病毒(RSV), 占 1.77%; 副流感病毒(PIV), 占 0.93%; 腺病毒(ADV), 占 0.19%; 嗜肺军团菌(LP), 占 0.19%; 患儿中发生混合感染者共有 962 例, 占阳性病例总数的 45.61%; 其中双重感染 910 例, 前三位的组合为: IVB+MP, IVA+MP, IVB+IVA, 三重感染 52 例, 其中最为常见的情况为 IVB+IVA+MP。呼吸道病原体检出率最高的为 ~6 岁年龄段, 其余依次为 ~3 岁年龄段、>6 岁年龄段、<1 岁年龄段。不同的呼吸道病原体在一年四季四个季节中的感染率有所差别, 在位于感染率较高的几种病原体中, IVB 在夏季的感染率较低, MP 的感染情况则在冬季得到缓解, IVA 多发于春夏两季。

**结论** 通过间接免疫荧光法检测呼吸道多项病原体 IgM 抗体, 可以为临床治疗用药提供指导, 了解本地区呼吸道病原体流行规律。

## PU-0815

## 探讨隐球菌荚膜抗原在肺隐球菌病中的诊断价值

黄连江,梁小亮  
厦门医学院附属第二医院

**目的** 探讨隐球菌荚膜抗原检测在肺隐球菌病的实验诊断价值, 比较不同厂家的隐球菌荚膜抗原胶体金试剂的敏感性和特异性。

**方法** 回顾性研究 2017 年 1 月 1 日~2018 年 12 月 31 日厦门医学院附属第二医院收治的 446 例疑是肺隐球菌病患者。用两种不同厂家隐球菌荚膜胶体金同时检测血清和肺泡灌洗液 (BALF 液) 中隐球菌荚膜抗原, 分析应用胶体金方法检测血清和 BALF 液中荚膜抗原在诊断肺隐球菌病时的敏感性、特异性、阴性预测值、阳性预测值。同时与 BALF 液进行墨汁染色查找隐球菌、真菌培养、患者的血清 G 实验及 GM 实验的数据进行比对。

**结果** 确诊 26 例肺隐球菌病患者中, 患者的血清标本用 IMMY 试剂盒和温州康泰试剂盒检测, 26/25 例阳性, 患者的 BALF 液的两种荚膜抗原检测结果, 16/15 例阳性。6 例 BALF 液墨汁染色阳性, 6 例 BALF 液培养出隐球菌。非肺隐球菌病患者 420 例, 两种胶体金检测结果、墨汁染色和真菌培养均为阴性。

**结论** 血清隐球菌荚膜抗原检测是肺隐球菌病一种便捷、快速和经济的检测方法, 敏感性和特异性都高, 国产试剂盒和进口试剂盒没有显著差异。建议肺泡灌洗液的隐球菌荚膜抗原检测不单独作为肺隐球菌病的检测方法。

## PU-0816

## 胸水腺苷脱氨酶诊断结核性胸膜炎 cutoff 值的确定

彭赛亮  
厦门医学院附属第二医院

**目的** 研究胸水腺苷脱氨酶用于诊断结核性胸膜炎的效能并确定 cutoff 的值。

**方法** 应用 ROC 曲线统计分析我院呼吸中心 2014 年 7 月至 2018 年 12 月期间收治的 (非) 结核性胸膜炎患者胸水的腺苷脱氨酶 (ADA) 水平, 以确定 ADA 用于诊断结核性胸膜炎的 cutoff 值。以病理确诊 (确诊标准符合肺结核诊断和治疗指南 WS 288—2017) 的结核性胸膜炎患者 81 例作为实验组, 男 58 例, 女 23 例, 年龄 14-87 (41.96±17.69) 岁; 同期收治的非结核性胸膜炎患者 85 例作为对照组, 男 57 例, 女 28 例, 年龄: 16-93 (64.87±13.42) 岁; 其中其他炎症性胸膜炎患者 29 例, 恶性胸腔积液患者 56 例。

**结果** 结核性胸膜炎组 ADA 值 37.37±13.06U/L, 非结核性胸膜炎组 ADA 值为 16.05±26.08 U/L, 两组差异显著 ( $P<0.01$ ); ROC 曲线分析显示 ADA 对诊断结核性胸膜炎有较大价值, ROC 曲线下面积(AUC)为 0.882, 95%CI (0.824, 0.941), 若设定 cutoff 值 ADA=19.5, Sen=0.881, Spe=0.833; 灵敏度较高, 适合结核性胸膜炎筛查; 若设定 cutoff 值 ADA=35.5, Sen=0.559, Spe=0.939, 特异性更高, 更利于结核性胸膜炎的诊断。

**结论** 胸水腺苷脱氨酶测定是一项方便、快速和实用的结核性胸膜炎筛查指标, 用于结核性胸膜炎筛查 ADA 的 cutoff 值为 19.5 U/L; 若用于结核性胸膜炎诊断则 ADA 的 cutoff 值为 35.5 U/L。



## PU-0817

## 血清抗 RA33 抗体、纤维介素蛋白 2 水平对早期类风湿关节炎的诊断价值

何昕

广州暨南大学第一附属医院,510000

**目的** 探讨血清中抗 RA33 抗体、纤维介素蛋白 2 (fibrinogen-like protein 2, FGL2) 水平对早期类风湿关节炎 (RA) 的预测诊断价值, 及其临床意义。

**方法** 选取 184 例 RA 患者和 70 例健康体检者 (健康对照组), 检测血清抗 RA33 抗体和 FGL2 水平, 分析抗 RA33 抗体、FGL2 与临床资料的相关性, 评估抗 RA33 抗体和 FGL2 在类风湿关节炎患者诊断中的临床意义。

**结果** 早期类风湿关节炎患者的抗 RA33 抗体和 FGL2 水平明显高于健康对照组 ( $P<0.05$ ); 抗 RA33 抗体水平与 DAS28、ESR、关节肿胀数和关节压痛数呈明显的正相关关系 ( $r_{\text{DAS28}}=0.421$ ,  $r_{\text{ESR}}=0.276$ ,  $r_{\text{关节肿胀数}}=0.328$ ,  $r_{\text{关节压痛数}}=0.357$ ,  $P<0.01$ ); FGL2 水平与 DAS28、ESR、关节肿胀数和关节压痛数呈明显的正相关关系 ( $r_{\text{DAS28}}=0.470$ ,  $r_{\text{ESR}}=0.387$ ,  $r_{\text{关节肿胀数}}=0.403$ ,  $r_{\text{关节压痛数}}=0.352$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** 抗 RA33 抗体和 FGL2 与 RF 和抗 CCP 抗体水平没有显著的相关性, 对于诊断不明的关节炎患者、症状不典型的关节炎患者、RF 阴性、抗 CCP 抗体阴性关节炎患者, 联合检测抗 RA33 抗体、FGL2、抗 CCP 抗体和 RF, 可降低 RA 的漏诊率。抗 RA33 抗体和 FGL2 可以作为 RA 早期诊断的检测指标而有助于 RA 疾病的诊断和检测。

## PU-0818

## 徐州地区 2015-2018 年 万古霉素对 MRSA 最低抑菌浓度值的分析

纵帅<sup>1</sup>, 徐萍萍<sup>2</sup>

1. 徐州医科大学附属医院, 221000

2. 徐州市中心医院, 221000

**目的** 分析万古霉素对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 最低抑菌浓度 (MIC) 值的变化, 为临床抗感染治疗提供参考。

**方法** 收集 2015-2018 年两家三级甲等综合性医院临床标本分离的非重复 MRSA 共 384 株, 采用 E-test 法测定其 MIC 值, 计算 MIC 几何均值, MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 等, 并分析其特点。

**结果** 384 株 MRSA 全部对万古霉素敏感; 近四年万古霉素对 MRSA 的 MIC 几何均值分别为 1.120, 1.146, 1.135 和 1.135, 组间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 万古霉素对 MRSA 的 MIC $\geq 1.5\mu\text{g/mL}$  的比例逐年增加 ( $P<0.05$ )。

**结论** 2015-2018 年间徐州地区未发现耐万古霉素的 MRSA 株; 万古霉素 MIC 值无漂移; 对万古霉素 MIC $\geq 1.5\mu\text{g/mL}$  的 MRSA 感染患者应重点监控并积极进行治疗。

## PU-0819

## 泛素蛋白连接酶 CBL 的相互作用蛋白筛选及验证

陆景润,肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** CBL 蛋白是 Casitas B 细胞淋巴瘤 (Casitas B-cell Lymphoma, CBL) 蛋白家族的一员, 是 CBL 基因编码的一种具有 RING (Really Interesting New Gene) 指结构域的 E3 泛素-蛋白质连接酶。前期研究结果表明, CBL 在乳腺癌组织和癌旁组织中的表达水平存在差异, 不同分型、分期的乳腺癌组织中的 CBL 基因的表达量也不同, 另外, 还发现 CBL 基因与乳腺癌病人的预后相关。提示, CBL 可能在乳腺癌的发生发展中发挥重要作用。因此, 本研究拟从发现新的 CBL 蛋白的相互作用蛋白入手深入研究 CBL 在乳腺癌发生发展中的作用机制, 进一步揭示乳腺癌的发病机制, 为乳腺癌的治疗提供可靠的新策略。

**方法** 构建 CBL 蛋白稳定过表达的 293t 细胞株, 以 293t 细胞作为对照, 进行免疫沉淀实验 (IP), 沉淀可能与 CBL 蛋白发生相互作用的蛋白质; 采用质谱技术 (MS) 鉴定被沉淀的蛋白, 得到一些列可能与 CBL 蛋白有相互作用的蛋白质, 然后, 从中挑选出在乳腺癌中未见报道的蛋白, 进一步采用正向和反向免疫共沉淀技术 (coIP) 验证两者的相互作用关系。

**结果** IP 联合 MS 实验筛选出一些列可能与 CBL 蛋白存在相互作用关系的蛋白质, 从中挑选出在乳腺癌中未见报道的蛋白—USO1、NCK2、EPS15L1, 经正向和反向的 coIP 实验进行验证, 结果显示, CBL 蛋白与 NCK2 蛋白的正向和反向 coIP 实验结果均为阳性, 其余均为阴性。

**结论** CBL 蛋白与 NCK2 蛋白之间存在相互作用关系, NCK2 蛋白可能参与 CBL 蛋白对乳腺癌发生发展的调控过程, 为研究 CBL 在乳腺癌发生发展中的作用机制提供实验依据。

## PU-0820

脑梗死急性期 S100- $\beta$  蛋白和 cTnl 的水平变化

武昌,李强

临沂市河东区人民医院,276000

**目的** 探讨脑梗死急性期 S100- $\beta$  蛋白和 cTnl 的水平变化及应用价值。

**方法** 将我院自 2017 年 7 月至 2018 年 6 月接受住院治疗的 126 例脑梗死急性期患者为研究组, 选取同期来我院进行健康检查的中、老年人群 80 例作为对照组。检测患者入院时、入院 3d、入院 7d、入院 14d 时血清 S100- $\beta$  蛋白和 cTnl 的水平。

**结果** CI 患者组入院时、入院 3d、7d 与对照组比较, 血清 S100- $\beta$  蛋白水平明显升高具有显著性意义 ( $P<0.01$ ); 入院 14d 与对照组比较, 血清 S100- $\beta$  蛋白水平略有升高无显著性意义 ( $P>0.05$ )。CI 患者组入院 3d、7d 与对照组比较, 血清 cTnl 水平具有显著性意义 ( $P<0.05$ ); 入院时、入院 14d 与对照组比较, 血清 cTnl 水平略有升高无显著性意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** S100- $\beta$  蛋白和 cTnl 的水平随脑梗死的病情进展出现变化, 可作为判断治疗疗效及患者预后的实验室标志物。

## PU-0821

## 胶乳免疫比浊法检测 CK-MB 的方法学评价

刘萌, 廖经忠, 钟白云, 张洁, 邓辉  
XiangYa Hospital

**目的** 采用胶乳免疫比浊法测定 CK-MB(creatine kinase MB)质量并对其进行方法学评价, 为临床实验室选择合适的检测方法提供参考。

**方法** 对胶乳免疫比浊法的线性范围、检测限、参考区间、精密度、回收率进行评价。根据 CK-MB 和 CK 活性, 分为倒置组 (n=40)、对照组 (n=28) 及正常组 (n=40), 用胶乳免疫比浊法和化学发光法进行 CK-MB 质量测定, 并对结果进行统计分析。

**结果** 胶乳免疫比浊法的线性范围为(2.24-173.04) ng/mL, 线性回归方程为  $Y=0.992X+1.421$ ,  $R^2=1.000$ ; 检测低限和生物检测限分别为 0.69 ng/mL 和 1.30 ng/mL, 男、女性参考区间分别为 < 3.28 ng/mL、< 2.66 ng/mL。平均回收率为 99.75%; 高、低值标本的批内变异系数分别为 2.33%、8.48%, 日间变异系数分别为 2.20%、5.37%; 与化学发光法一致性良好 ( $Y=1.81X+6.16$ ,  $R^2=0.958$ ); 倒置组及对照组 CK-MB 活性无统计学差异, 但倒置组 CK-MB 质量低于对照组。

**结论** 胶乳免疫比浊法具有较高的准确度和精密度, 与化学发光法一致性良好, 符合临床实验室要求。

## PU-0822

## Perfluorooctanoic acid induces migration and invasion and inhibits apoptosis through PI3K/AKT signaling pathway in human rhabdomyosarcoma cells

Qian Zhang  
Chinese PLA General Hospital

**Objective** The aim of study was to investigate the effects of perfluorooctanoic acid (PFOA) on the migration, invasion and the apoptosis by activating the PI3K/AKT signaling pathway in human rhabdomyosarcoma cells (RD). PFOA is a synthetic and persistent organic pollutant founding in the environment. It has previously been reported that PFOA was associated with multiple diseases including cancers. Therefore, our present study aimed to confirm whether PFOA could promote RD cell growth.

**Methods** RD cells were treated with different concentrations of PFOA. Cell proliferation was evaluated using CCK8 assays and cell cycle. Cell migration and invasion were determined by wound healing and trans-well assays. The apoptosis rates were estimated by Annexin V-FITC/PI staining. The expression of vimentin and SGK1, and cyclin E2, CDK2, P53, P21, P27, PI3K, AKT and apoptosis-associated gene and proteins, including bcl-2 and Bax, were detected by real-time PCR and western blotting.

**Results** The results verified that PFOA significantly promoted RD cell proliferation, migration and invasion, and significantly inhibited apoptosis of RD cells. In addition, PFOA exposure induced the expression of vimentin, SGK1, cyclin E2, CDK2, AKT, PI3K and Bcl-2, but suppressed of the Bax in RD cells. Treated the cells with BEZ235, a PI3K inhibitor, antagonized the effects of PFOA on the metastasis and apoptosis was antagonized. The results suggested that the PI3K/AKT signaling pathway is involved in mediating the pro-cancer effects of PFOA.

**Conclusions** The data from our present study indicated that PFOA is a carcinogen that could promote RD cell migration and invasion and inhibits apoptosis through PI3K/AKT signaling pathway

## PU-0823

## 免疫印迹技术在幽门螺杆菌抗体分型检测中的临床评估

刘军莉,刘玲,王玲玲,赵燕

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过检测血清幽门螺杆菌(Hp)高毒力因子 CagA、VacA 及 UreA、UreB 来评估感染者感染的幽门螺杆菌的类型(高毒力型还是无毒力型)。

**方法** 采用免疫印迹方法,即将标准的幽门螺杆菌产毒株[CagA(+)和 VacA(+)]的各种抗原成分提取出来,用聚丙烯酰胺凝胶电泳按分子量大小不同依次分开,再将其转印至印迹膜上,如果被检者血清有相应抗体,应用酶联免疫反应,就会在抗原的相应位置出现显色区带,据此可判断出被检血清中各种 Hp 抗体。根据抗体的不同可推断 Hp 类型,根据显色带的强弱、消长可观察治疗效果,预测溃疡有无复发的可能性也能进一步预测唯获胃癌的风险性。统计我院自 2017 年 10 月至 2018 年 4 月之间的健康体检人群 15889 例结果分析。

**结果** 15889 例血清中,阳性者为 8897 例,占总血清量的 55.99%。其中 I 型有毒株 3587 例,占总血清量的 22.57%,II 型无毒株为 5310 例 33.42%。血清阴性者为 6992 例,占总血清量的 44.01%。

**结论** Hp 在健康体检人群总感染率为 55.99%,其中有毒株为 22.57%,无毒株为 33.42%。大部分无毒株无症状者可不盲目选择根除治疗,这对全社会节约医疗资源,减少抗生素耐药,减少药物副作用起到积极作用。免疫印迹方法,敏感度高特异性强,是一项简单易行、结果准确可靠的实验室方法,值得推广。

## PU-0824

## 串联质谱技术在新生儿遗传代谢病筛查中的应用

刘军莉,刘玲,王玲玲,赵燕

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过新生儿遗传性代谢病筛查使患儿得到早期诊断和治疗,避免智能残疾的发生,提高人口质量。

**方法** 遗传性代谢病(inherited metabolic diseases, IMD)又称为先天性代谢缺陷病(inborn errors of metabolism, IEM),是由于维持机体正常代谢所必需的某种酶、运载蛋白、膜或受体等的编码基因发生突变,使其编码的产物功能发生改变,而出现相应的实验室检查异常和临床症状的一类疾病。自 1961 年美国 Guthrie 创立了苯丙酮尿症(PKU)新生儿筛查方法以来,经过近 50 年的发展,新生儿筛查的疾病病种逐步增多,由最初的 PKU 一种增加到数十种,同时筛查方法也越来越灵敏、可靠,逐渐向一种实验检测多种疾病转变。串联质谱技术(Tandem mass spectrometry, MS/MS)技术在新生儿遗传代谢病筛查领域中的应用是新筛发展过程中最重要的进步之一,可以通过一次试验分析干血片上的样本检测几十种遗传代谢病。

**结果** 串联质谱技术相比较其他试验方法的费时、费力,该方法每一样本的试验过程仅需要 2 分钟时间。

**结论** 串联质谱技术可以作为新生儿遗传代谢病大规模筛查,成为的常规方法,可以提高实验效率和准确性。

## PU-0825

## 高血压患者并发脑梗塞的潜在危险因素的回顾性分析

陈凯锐

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 通过回顾性分析,比较高血压并发脑梗塞患者与单纯高血压患者、健康人之间的部分检验结果及其他潜在相关因素的差异,寻找有意义的临床相关危险因素,为临床预防高血压患者伴发脑梗塞提供依据。

**方法** 选取中国人民解放军南部战区总医院 2017 年 1 月至 2018 年 12 月期间收治的单纯高血压患者 104 例、高血压合并脑梗塞患者 101 例、健康体检者 100 例。采用非参数检验(克鲁斯卡尔-沃利斯检验)比较高血压合并脑梗塞组与单纯高血压组、健康组的凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原(FIB)、总胆红素、直接胆红素、血糖、尿酸(UA)、甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白(HDL)、同型半胱氨酸(HCY)的差异,分析其对发生高血压并发脑梗塞的影响。采用 Logistic 回归分析对高血压合并脑梗塞组与单纯高血压组的年龄、性别、吸烟史、饮酒史、心脏病史、颈部彩超进行比较,分析高血压患者发生脑梗塞潜在相关危险因素

**结果** 高血压合并脑梗塞组与单纯高血压组比较,总胆红素、总胆固醇、TT、HDL、HCY、吸烟史、饮酒史、高血压分级水平对比不具备统计学意义,  $P > 0.05$ ; PT、APTT、FIB、血糖、尿酸、年龄、心脏病史、颈部彩超异常对比有差异,有统计学意义,  $P < 0.05$

**结论** 高血压合并脑梗塞组与单纯高血压组比较,PT、APTT、FIB、血糖水平异常,及年龄、心脏病史、颈动脉粥样硬化可能是高血压患者发生脑梗塞的高危因素,两者之间具有密切的关联,临床上应给予重视,并且需要再进一步研究

## PU-0826

## Septin9 基因甲基化诊断乳腺癌的价值

王继玮

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨外周血游离 DNA 中 Septin9 基因甲基化诊断乳腺癌的价值。

**方法** 收集 10 例于 2018 年 6 月到 2018 年 12 月来徐医附院就诊经病理确诊且 CA153 为阴性的乳腺癌患者和 20 例健康体检者的外周血。采用磁珠法提取血浆 DNA,随后进行亚硫酸盐修饰。运用荧光定量 PCR 技术检测外周血游离 DNA 中 septin9 基因甲基化情况,并分析 septin9 基因甲基化与临床病理参数的相关性。

**结果** Septin9 基因甲基化诊断 CA153 为阴性的乳腺癌敏感度和特异度分别为 50%和 100%。

**结论** 外周血 Septin9 基因甲基化是一个潜在的乳腺癌辅助诊断标志物。

## PU-0827

## 品管圈在提高痰培养苛养菌检出率中的应用

王甲银,刘宗英

平邑县人民医院,276000

**目的** 探讨品管圈活动在提高痰培养苛养菌检出率中的临床应用

**方法** 召开品管圈小组会议,选定“提高痰培养苛养菌的检出率”为活动主题。通过科学的现状调查之后,运用“头脑风暴”法确定要因以及真因,确定目标并制定相应的对策。

**结果** 痰培养中苛养菌检出率由 12.03%提高到 18.81%。

**结论** 通过开展品管圈活动,大大提高了痰培养中苛养菌检出率,提高了检验科微生物检测工作的质量管理水平,为临床诊治工作提供了帮助。

## PU-0828

### 血小板参数与原发性开角型青光眼及其严重程度的相关性研究

马奕,曹文俊,孙兴怀

复旦大学附属眼耳鼻喉科医院,200000

**目的** 青光眼是全球首位的不可逆性致盲性眼病,作为一组复杂的多因素疾病,其病变机制尚未明确,血管因素被认为是其重要的病变机制之一。本研究探讨血小板参数与原发性开角型青光眼(POAG)及其严重程度的相关性。

**方法** 横断面研究。选取 2016 年 1 月至 2018 年 10 月于我院眼科就诊的 POAG 患者 402 人为研究对象,及年龄、性别匹配的 408 例同期健康体检病人为正常对照,两组人群均进行完善的眼科检查和系统体检。POAG 患者按照性别、年龄(>50 岁,≤50 岁)、疾病严重程度(视野平均缺损 MD≤6dB 轻度、6dB<MD≤12dB 中度、>12dB 重度)分为研究亚组。收集其血液标本,运用自动化血细胞分析仪进行血常规检验,收集血小板参数,包括血小板计数 PLT、血小板压积 PCT、平均血小板体积 MPV、血小板分布宽度 PDW 和大血小板比例 P-LCR 五项指标。

**结果** POAG 患者 PLT( $207.08 \pm 54.70 \times 10^9/L$ )显著低于( $P=0.001$ )正常对照组( $220.46 \pm 55.85 \times 10^9/L$ ),且 PDW ( $13.76 \pm 3.16 fL$ )和 MPV ( $10.46 \pm 1.32 fL$ )指标显著高于( $P<0.001$ )正常对照组(PDW  $11.82 \pm 2.44 fL$ , MPV  $10.13 \pm 1.10 fL$ )。将 POAG 患者分为年龄和性别亚组比较分析,PDW 和 MPV 指标均高于相应的正常对照组,PLT、PCT 和 P-LCR 指标变化无统计学差异。对 POAG 严重程度分析,PDW 和 MPV 在重度、中度、轻度组呈依次递减趋势,其中中-重组、轻-重组间差异存在统计学意义。多重线性回归分析表明 PDW 与 MD ( $\beta = 0.430, p < 0.001$ ),MPV 与 MD 呈线性相关性( $\beta = 0.363, p = 0.001$ )。Logistic 回归分析表明 PDW 与 POAG 疾病严重程度呈正相关(OR =1.297, 95% CI =1.011–1.663)。

**结论** POAG 患者血小板参数 PDW 和 MPV 显著升高,且 PDW 指标与疾病严重程度呈正相关,提示血小板激活的改变可能参与 POAG 的病变机制。

## PU-0829

### 维替泊芬抑制 YAP1 增强 A549 / DDP 细胞对顺铂敏感性研究

肖丹

川北医学院

**目的** 探讨维替泊芬抑制 YAP1 对 A549 / DDP 细胞顺铂耐药性的影响及其机制。

**方法** 采用 MTS 检测不同浓度顺铂作用肺腺癌 A549 细胞以及肺腺癌耐顺铂 A549 / DDP 细胞的 50%抑制浓度(IC50)。采用 qPCR 以及 Western blot 检测 A549 和 A549 / DDP 细胞中 YAP1 mRNA 以及蛋白的表达。采用 Western blot 检测维替泊芬处理 A549/DDP 后 YAP1 蛋白表达变化。将 A549 / DDP 细胞设置为 DMSO 对照组、顺铂组、维替泊芬组、顺铂联合维替泊芬组,采

用 MTS 检测不同药物处理细胞活力变化。采用 qPCR 检测维替泊芬处理 A549/DDP 后干细胞标志物 ALDH1A1、CD133、NANOG、SOX2 的 mRNA 表达变化。

**结果** 顺铂对 A549 和 A549/DDP 细胞的 IC50 分别为  $(4.07 \pm 0.0235) \mu\text{g/ml}$ 、 $(23.44 \pm 0.975) \mu\text{g/ml}$ ，耐药指数为 5.76。A549/DDP 细胞相对于 A549 细胞，YAP1 显著高表达。A549/DDP 细胞维替泊芬处理后 YAP1 蛋白表达明显降低。顺铂联合维替泊芬组较单独顺铂处理组，细胞活力明显降低 ( $P < 0.01$ )。A549/DDP 细胞维替泊芬处理后，干细胞标记基因 ALDH1A1、CD133、NANOG、SOX2 均明显降低 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 维替泊芬可能通过下调 YAP1，进而抑制 ALDH1A1、CD133、NANOG、SOX2 的表达，增加 A549/DDP 对顺铂的敏感性。

## PU-0830

### 鲁西南地区多发性骨髓瘤免疫分型及结果转阴的研究

董海新

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨多发性骨髓瘤免疫分型及结果转阴的时间。

**方法** 采用法国 SEBIA HYDRASYS 2 电泳仪对已确诊的多发性骨髓瘤患者每周进行血清免疫固定分型并跟踪其结果变化。

**结果** 100 例 MM 患者血清免疫固定电泳分型：IgG 型 60 例 (60%)，其中 K 轻链型 32 例，L 轻链型 28 例；IgA 型 30 例 (30%)，其中 K 轻链型 18 例，L 轻链型 12 例；IgM 型 2 例 (2%)；游离轻链型 8 例 (8%)，其中 K 轻链型 4 例，L 轻链型 4 例。对 4 个月的结果跟踪调查，其中 13 例转为阴性：IgA-LAMBDA 型 3 例（转阴时间分别为 14 天、28 天、120 天）；IgG-LAMBDA 型 3 例（转阴时间分别为 28 天、41 天、90 天）；IgG-KAPPA 型 3 例（转阴时间分别为 7 天、34 天、55 天）；轻链 LAMBDA 型 4 例（转阴时间分别为 24 天、34 天、35 天、48 天）。

**结论** 免疫固定电泳技术具有灵敏度高，特异性好的特点，能快速、准确地进行 MM 分型，多发性骨髓瘤经有效治疗后 M 蛋白可消失，目前由我院 100 例调查结果看消失时间 7 天至 120 天不等。

## PU-0831

### 结核病患者 T-SPOT.TB 假阴性结果的影响因素分析

陈伟

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 近年来，T-SPOT.TB 试验由于其高敏感性而在临床广泛开展，T-SPOT.TB 阴性基本可以排除结核感染，但 T-SPOT.TB 试验会由于患者自身的机体差异在某些因素的影响下出现假阴性的结果，从而出现漏诊，因此本文探讨引起 T-SPOT.TB 试验在结核病患者中出现假阴性结果的独立影响因素，为临床医生提供参考，减少漏诊，从而进行较为准确的诊断。

**方法** 收集 2018.02~2019.02 期间湘雅医院临床诊断的结核病患者血清进行 T-SPOT.TB 试验，搜集 T-SPOT.TB 假阴性与 T-SPOT.TB 真阳性结核患者的临床数据资料进行统计分析，探究 T-SPOT.TB 在结核病患者诊断中出现假阴性的独立影响因素。

**结果** 接触(结核)史( $OR=0.301$ ,  $95\%CI:0.099-0.922$ )、自身免疫性疾病( $OR=10.329$ ,  $95\%CI:1.541-69.218$ )、心血管疾病( $OR=3.141$ ,  $95\%CI:1.244-7.931$ )与 T-SPOT.TB 试验假阴性结果存在明显相关性，其中接触(结核)史能减少结核病患者 T-SPOT.TB 试验假阴性结果出现，而自身免疫性疾病和心血管疾病是导致结核病患者 T-SPOT.TB 试验出现假阴性结果的独立危险因素。年龄、糖尿病、慢性肾病等因素对结核病患者 T-SPOT.TB 试验假阴性结果的影响无明显相关性。

**结论** 没有结核接触史且合并有自身免疫性疾病和(或)心血管疾病的疑是结核病患者, 在出现 T-SPOT.TB 试验阴性结果的情况下, 需要结合其他辅助诊断结果和临床具体情况进行诊断。

## PU-0832

### 外周血中单个核细胞提取影响因素的探讨

陈伟

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 分析比对住院患者外周血单个核细胞提取率, 从而有预见的指导临床及时的、有针对性的抽取足够的送检血量。

**方法** 收集湘雅医院 184 例住院患者基本信息、临床抗生素用药史、免疫抑制剂用药史, 输血史等临床信息, 采用统计学方法进行统计分析。

**结果** <18 岁的患者 7 例, 其细胞得率(%)为  $6.914 \pm 3.891$ , 18~44 岁(青年组)的患者 40 例, 其细胞得率(%)为  $4.934 \pm 2.506$ , 而年龄阶段为 45~59 岁(62 例)、60~74 岁(61 例)及 74 岁以上(14 例)的患者其细胞得率(%)分别为  $7.098 \pm 4.910$ 、 $7.000 \pm 6.690$ 、 $7.120 \pm 3.405$ , 青年组与 45~59 岁及 60~74 岁两年龄段间有显著性差异, 其 P 值分别为 0.04, 0.02。有输血史的患者共 38 例, 其细胞得率(%)为  $8.664 \pm 9.446$ , 无输血史的患者共 146 例, 其细胞得率(%)为  $5.955 \pm 2.914$ , 统计 P 值为 0.03, 单个核细胞提取率有统计学差异。不使用抗生素组的患者 60 例, 其细胞得率(%)为  $5.406 \pm 2.187$ , 使用喹诺酮类抗生素的患者 60 例, 细胞得率(%)为  $7.626 \pm 4.658$ , 使用头孢类抗生素的患者 51 例, 细胞得率(%)结果为  $7.652 \pm 2.659$ , 其统计 P 值分别为 0.01 和 0.03, 单个核细胞提取率有统计学差异。使用了除头孢类和喹诺酮类以外的抗生素的患者 39 例, 其细胞得率(%)为  $7.230 \pm 8.407$ , 与不使用抗生素组比较, 统计 P 值为 0.112, 单个核细胞提取率无统计学差异。RDW、性别与免疫抑制剂用药史对于本试验单个核细胞提取无明显影响。

#### 结论

对于临床有喹诺酮类抗生素及头孢类抗生素用药史的患者, 其送检血量要求可适当放宽; 有输血史的患者血样中单个核细胞水平有所上升, 送检血量要求可适当降低。青年组血样单个核细胞水平与其他年龄阶段有明显差异, 且其水平相对降低, 可根据实际情况适当的增加送检血量(>5ml)。

## PU-0833

### The microbiology and clinical characteristics of bacterial and fungal meningitis in a China hospital

Wei Chen

Department of Clinical Laboratory, Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** An understanding of the microbiology and clinical characteristics of bacterial and fungal meningitis in diverse regions is warranted, so the aim of present study was to investigate the frequency and antibiotic resistance of pathogens isolated from the cerebrospinal fluid samples(CSF) to provide a basis for the timely and effective treatment and analyze the initial clinical and laboratory characteristics of bacterial and fungal meningitis to assess the suspected causative microorganism.

**Methods** CSF from suspected cases of meningitis were subjected for Gram staining, bacterial culture and identification from 2012 to 2016 at a university hospital in China. The minimum inhibitory concentrations (MICs) of antimicrobial agents were tested. The initial clinical and laboratory characteristics were obtained by reviewing patients' medical charts.

**Results** The rate of positive yield of pathogen meningitis in our study was 8.16%(1994/24423). Among the 1994 non-repetitive pathogens, Gram-positive pathogen was the



most common(1430,71.71%), followed by Gram-negative pathogen (406,20.36%), fungal (132,6.62%) and Mycobacterium tuberculosis (26,1.30%). Coagulase-negative staphylococci(CNS) was the most common gram-positive pathogen and Acinetobacter baumannii(Ab) was the most common gram-negative pathogen. As to fungal pathogen, Cryptococcus neoformans(CN) was the most common. The main CNS showed higher antimicrobial resistant rate for Penicillin G ,Oxacillin,Clindamycin and Erythromycin. Acinetobacter baumannii resistant to the most tested antibiotics and only showed considerable rate of resistance to Cefoperazone / Sulbactam, Tigecycline and Amikacin. ALL CN were susceptible to 5-Fluorocytosine and only 3.6% CN were resistance to Fluconazole.Long days of hospital stay,fever and meningeal irritation signs were common symptoms in the bacterial and fungal meningitis.Head injury,disturbance of consciousness,the pupil size of both eyes was not equal,pupillary reaction to light was slow or absent were more common in the Ab meningitis.The CSF protein concentration and WBC count as well as glucose concentration can be used in guiding initial treatment and further microbiological investigation.

**Conclusions** A variety of gram positive as well as gram negative organisms was documented. The main pathogens showed higher antimicrobial resistant rate for the common antibiotics and the selection of empiric antibiotics should take into consideration local epidemiology, antibiotic resistance patterns and the suspected causative microorganism according to the initial clinical and laboratory characteristics of patients.

#### PU-0834

### The microbiology, molecular and clinical characteristics of Clostridium difficile infections in a China hospital

Wei Chen

Department of Clinical Laboratory, Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** Clostridium difficile infection (CDI) is not widely recognized in China and there are important regional differences in the epidemiology and microbiology of disease, so the aim of present study was to investigate the incidence of CDI, molecular characteristics of virulence and clinical characteristics of Clostridium difficile(C. difficile) from clinical isolates in China to identify the scale of the problem and formulate appropriate infection control actions and interventions.

**Methods** Of the 22,050 faeces samples submitted to the hospital clinical laboratory between July 2012 and October 2012, 400 loose or watery samples having sufficient volume for testing were selected. Samples were cultured for C. difficile. All C. difficile isolates were PCR-ribotyped and subtyped by multiple-locus variable-number tandem-repeat assay (MLVA). We conducted a retrospective chart review of the 400 patients, and attempted to discover the risk factors for the development of CDI.

**Results** Ninety three samples were culture positive for C. difficile. The rate of CDI occurrence was 23.25%, among them, 23.65% were A<sup>+</sup>B<sup>+</sup> strains and 64.52% were obtained from HA-CDI. No binary toxin was detected in any of the isolates. 32 different ribotypes were identified, the most common PCR-ribotypes were 017 (n=19,20.43%), 046 (n=12,12.90%), 012 (n=11,11.83%) and 001 (n=8,8.60%).Logistic regression analysis showed that the independent risk factors associated with CDI included age greater than 55 years (odds ratio [95% confidence interval], 2.34 [1.25 to 4.37]), duration of diarrhea over than 10 days (0.40[0.18 to 0.90]), underlying diseases(0.28[0.13 to 0.62]), medication history within the past 2 months(0.23[0.12 to 0.43]),installation of a catheter (2.31[1.28 to 4.19]) , surgical procedure within the past 2 months (3.28[1.30 to 8.27]) and Fluoroquinolones use (2.84[1.33 to 6.03]).

**Conclusions** This study has provided evidence that CDI is clearly a problem in Xiangya Hospital of Central South University and has a high prevalence in hospitalized patients, efforts must be undertaken to diagnose CDI to allow for targeted therapy and to provide a better understanding of this important disease.

## PU-0835

## 采血人员正确掌握动脉采血的流程

郭雪焕

山东大学第二医院,250000

**目的** 在临床上经常遇见静脉采血困难及血管过细的情况,动脉采血在此时发挥着重要作用。然而动脉采血相对于静脉采血难度略有增加,因此操作人员掌握好相关的技术方法显得极为重要。

**方法** 1、把握穿刺点,左手食指和中指并拢,触摸患者挠动脉。肘动脉、股动脉搏动,用碘伏消毒穿刺部位及操作者的左手食指和中指。

2、患者左手食指、中指压在患者的股动脉搏动最强点,然后顺动脉走向稍微分开食指和中指1cm 感搏动右二指尖之间。即右手执笔式的持注射器使针头斜面向心端,针头与皮肤成九十度,在左手食指和中指之间搏动的最强带,垂直进针,进针皮肤时进针速度要快,然后在稍慢见回血后就固定下。由于动脉压力较高,不用抽空针活塞血液就可自行溢出,如无回血可再进针深些或慢慢提针,方可见回血。拔针后局部要压迫 5 分钟左右。立即送验的气标本针尖斜面迅速插入橡皮塞均不得与空气接触。搓动注射器使血与肝素混合抗凝。

3、挠动脉与肘动脉采血是:左手中指压左动脉搏动最强点,左手拇指绷紧下方皮肤,针头与皮肤呈 30-50 度角缓慢朝动脉方向由下向上进针,见动脉回血后固定下来,待达到采血量后拔针即可。

**结果** 1、合理掌握穿刺部位及选好进针角度是成功的关键。

2、挠动脉、肘动脉选择的适应症:一般患者、中青年,挠动脉、肘动脉固定搏动明显,腹部术后患者。

3、穿刺部位痛觉比较:股动脉穿刺患者普遍感觉疼痛较轻,这可能与腹股沟的皮肤不那么致密,表浅神经分布较少有关,同时与股动脉较粗一针穿刺成功,减少了患者疼痛有关。

4、选择合适的注射器和针头,注射器以 2-5ml 注射器为佳,针头的选择挠动脉以 6.5 号为佳,股动脉以 7 号针头为佳,针头太小易导致血流不畅或达不到进针的深度,针头太大易引起血肿。

5、拔针后要立即将针头斜面插入橡皮内,以免空气进入,标本要立即送检不宜放置时间过久以免影响血气结果。同时要压紧局部针眼,时间不宜过短以防止血肿形成。浅表动脉穿刺操作难度大,穿刺部位疼痛较敏感,在穿刺前向患者解释以取得合作。

**结论** 动脉采血是一项需要极高技术水平和沉稳态度的工作,工作人员在处理时,要注意掌握良好的技术手段和学会处理好医患关系,以备随时可能发生的应急事件。

## PU-0836

## Age-Specific Reference Intervals of PT, APTT, FIB and TT for Parturient Women

Guoming Zhang

Shuyang Hospital Affiliated to Xuzhou Medical University

**Objective** Parturient women are healthy individuals that require particular considerations. There is a hypercoagulable state in the blood of parturient women, eg, we discovered that the level fibrinogen (FIB) is often higher than the upper limit of reference intervals (RIs) for healthy individuals(2-4 g/L). The aim of this study is to establish the Ris of prothrombin time (PT), activated partial thromboplastin time (APTT), FIB and thrombin time (TT) for parturient women

**Methods** Four analytes, including PT, APTT, FIB and TT, were assayed on an ACL TOP 700 automatic coagulation analyser using plasma samples from 10472 parturient women. Outliers were excluded by using Tukey test method. The RIs were calculated by CLSI C28-A3 guideline.

**Results** The RIs PT, APTT, FIB, and TT were 8.7-12.1 s (8.7-12.2 s for 16-20 years old, 8.7-12.1 s for 21-25 years old, 8.6-12.0 s for 26-30 years old, 8.7-12.0 s for 31-35 years old, 8.7-12.6 s for 36-40 years old, 8.8-12.2 s for 41- years old,), 22.9-42.3 s, 1.98-5.82 g/L, 9.9-16.7 s, respectively. PT is positively associated with aging.

**Conclusions** The above-established age-specific RIs by using a big-data may assist clinicians for making accurate medical decisions, we first discovered that RIs of PT, APTT, FIB and TT were established for parturient women.

## PU-0837

### A Novel Method for Estimating LDL Levels: Total Cholesterol and Non-HDL Can Be Used to Predict The Abnormal LDL Level in Apparently Healthy Population

Guoming Zhang

Shuyang Hospital Affiliated to Xuzhou Medical University

**Objective** We aim to predict the abnormal LDL level by using TG, TC, HDL and non-HDL in this study.

**Methods** Triglyceride (TG), total cholesterol (TC), high density lipoprotein(HDL), and low density lipoprotein (LDL) data were obtained from Laboratory Information System (LIS) for four years (Oct 1, 2013-Sept 30, 2017, 34270 Chinese population) for healthy people from Shuyang People's Hospital. TG, TC, HDL, and LDL(direct clearance method) were measured using TBA2000FR biochemical analyzer. The non-HDL was calculated with TC minus HDL. Correlations between TG, TC, non-HDL, and LDL were analyzed using Spearman's rank approach. Receiver operating characteristics (ROC) curve analysis was used to evaluate the predictive utility of TG, TC and non-HDL for the abnormal LDL level(<130mg/dL).

**Results** Both TC( $r=0.870$ ) and non-HDL ( $r=0.893$ ) were significantly positively correlated with LDL. Area under curve of TC and non-HDL can be used to predict abnormal LDL level. Optimal thresholds were 182.5 mg/dl(4.72 mmol/L) for TC and 135.3 mg/dl(3.50 mmol/L) for non-HDL. Based on these optimal thresholds, less than 0.5% and 0.4% of tests with elevated LDL were missed, but the value of these missed LDL was not very high(<147.3 mg/dL).

**Conclusions** If the value of non-HDL is less than 135.3mg/dl(3.50 mmol/L) and/or TC is less than 182.5mg/dl(4.72 mmol/L) for the apparently healthy populations, the LDL level will be less than 130mg/dl(3.36 mmol/L). TC and non-HDL can be used to predict the abnormal LDL level in apparently healthy population.

## PU-0838

### Establishment of a fluorescent PCR melting curve method for detecting asthma susceptibility using gene SNP typing

Na Wang<sup>1</sup>, Ruirui Yang<sup>2</sup>, Ming-kai Chen<sup>1</sup>, Bin Zhang<sup>1</sup>, Qing-Li Bie<sup>1</sup>, Feng-yun Dong<sup>1</sup>, Feng-rong Liang<sup>3</sup>, Hai-xin Dong<sup>1</sup>, Hai-hua Wang<sup>4</sup>, Guang-tao Li<sup>5</sup>, Cheng-qiang Jin<sup>1</sup>, Yan-xia Jia<sup>6</sup>

1. Affiliated hospital of jining medical university

2. Shandong Provincial Hospital affiliated to Shandong University, Jinan 250021, Shandong province, P.R. China

3. Medical examination center, Jining First People's Hospital, Jining City, Shandong Province, P. R. China

4. Department of Central Laboratory, Affiliated Hospital of Jining Medical University, Jining 272029-Shandong Province, P. R. China

5. Department of Respiratory Medicine, Affiliated Hospital of Jining Medical University, Jining 272029, Shandong Province, P. R. China

6. Radiology department, Jining First People's Hospital, Jining City, Shandong Province, P. R. China;

**Objective** To develop a detection method for single nucleotide polymorphisms (SNPs) of bronchial asthma (BA) susceptibility genes (IL-13, IL-33, and GSDMA) based on fluorescence PCR melting curves.

**Methods** Peripheral blood samples from 33 patients with bronchial asthma were collected. DNA was extracted, and positive plasmids were constructed. Probes and primers for fluorescence polymerase chain reaction (PCR) were designed according to IL-13, IL-33, and GSDMA sequences, and the SNPs were separately detected by gene sequencing and fluorescence PCR melting curve.

**Results** The system was successfully divided into 3 SNPs, including IL-13, IL-33, and GSDMA, and a comparison of sequencing methods showed that the results were completely consistent. The lowest detection limit was 1 ng/reaction, the sensitivity and specificity were 100%, and this method had high repeatability (CV=2.8%).

**Conclusions** The fluorescence PCR melting curve method is suitable for the rapid and accurate classification of SNPs. The method is economical, simple, and efficient, and is suitable for the screening of the susceptible gene SNPs in a large-scale population of patients with BA.

## PU-0839

### 关于 miR-143/miR-145 簇启动子区 rs4705342 和 rs353292 基因突变与汉族人群前列腺癌发病的相关性

赵成桂

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 筛选 miR-143/145 基因启动子区 rs4705342 突变位点, 研究其与前列腺癌发病率的关系

**方法** 收集了 156 例确诊前列腺癌病例和 188 例正常对照, 采用聚合酶链反应 (PCR) 对 miR-143/145 基因启动子区 rs4705342 进行多态性分析

**结果** 病例组与对照组的年龄 ( $P=0.32$ ), BMI ( $P=0.79$ ), 吸烟 ( $P=0.47$ )、饮酒 ( $P=0.34$ ) 状况未发现统计学意义; 肿瘤家族史病例组比例显著高于无肿瘤家族史对照组 ( $P=0.01$ )。病例组与对照组中 TT、CT、CC 基因型分布分别总体无统计学意义 ( $P=0.06$ ); CC 基因型与 TT/CT 联合基因型分布有统计学意义 ( $P=0.01$ )。在不吸烟亚组中, CC 基因型与 TT/CT 联合基因型的分布具有统计学意义 ( $P=0.02$ ); 在饮酒亚组中, CC 基因型与 TT/CT 联合基因型的分布具有统计学意义 ( $P=0.03$ )。在前列腺癌临床分期中, CC 基因型与 TT/CT 联合基因型的分布未发现明显差异 ( $P=0.81$ ), PSA 分层分析中 CC 基因型与 TT/CT 联合基因型的分布未发现明显差异 ( $P=0.39$ )

**结论** miR-143/miR-145 簇启动子区 rs4705342 基因突变与汉族人群前列腺癌发病有明显关联。

## PU-0840

### 小儿卡介苗感染 1 例

金呈强, 焦方栋, 董海新

济宁医学院附属医院, 272000

**目的** 探讨新生儿如果是早产儿及低体重儿, 是否适当延期注射卡介苗。

**方法** 通过病例回顾分析来进行探讨。

**结果** 患儿, 女, 2018 年 7 月 13 日出生, 早产儿, 出生体重 1830g, 2018 年 9 月 3 号在当地医院接种卡介苗, 效期内使用, 预防接种单位、接种人员资质符合相关要求, 接种人员按照预防接种程序对患儿进行接种。患儿父母体健, 非近亲婚配, 否认家族有遗传病史及类似病史。父母否认有结核病等传染病接触史。2019 年 1 月 30 日因家长发现患儿接种部位局部红肿, 于第二日我院就诊。发现左上臂三角肌处大小约 2cmx2cm 肿物, 顶部有结痂, 按压内有波动感, 无压痛, 无发

热，腋窝淋巴结无肿大。使用无菌注射器抽取脓液约 1.2ml，送我院细菌室进行结核杆菌显微镜检查，当日结果显示查到抗酸杆菌 1+。

**结论** 本报道中发现了一例接种卡介苗后引起的卡介苗感染性单发性皮下脓肿，其原因可能是注射卡介苗以后，由于患儿为早产儿及低体重儿导致机体杀灭卡介苗的能力降低，从而存活的卡介苗不断刺激机体免疫系统，从而在注射局部引起局部迟发性变态反应性炎症。这也提示新生儿如果是早产儿及低体重儿，适当延期注射卡介苗仍存在感染的可能性。对早产儿及低体重儿延期多长时间注射卡介苗从而能够最大限度地降低此类感染，仍是一个待研究的课题。

## PU-0841

# NTHi-DNA 诱导的 IFN-I 上调宿主炎性应答及对不可分型流感嗜血杆菌易感性影响的初步研究

杨盛慧

重庆医科大学,400000

**目的** 探究 NTHi-DNA 诱导产生的 IFN-I 在宿主抗 NTHi 感染效应中的作用，并对其调控机制进行初步研究。

**方法** 1. 体外实验以 NTHi-DNA 或外源性 IFN- $\beta$  预处理原代腹腔巨噬细胞 (PEMs) 后，感染 NTHi，检测 PEMs 对 NTHi 的吞噬杀伤；进一步分离 IFNAR 缺陷 (IFNAR $^{-/-}$ ) PEMs 验证 IFN-I 信号通路对 PEMs 吞噬杀伤 NTHi 的影响；

2. 在建立模拟 COPD 小鼠模型基础上，气道滴注 NTHi-DNA 或外源性 IFN- $\beta$ ，经呼吸道感染 NTHi，监测小鼠体重和生存率，H&E 染色观察小鼠肺损伤情况；使用 IFNAR $^{-/-}$ 小鼠证实 IFN-I 信号传导在小鼠抗 NTHi 感染中的作用。

3. 以 q-PCR、ELISA 检测上述同样处理后的 PEMs 和小鼠炎性因子 IL-1 $\beta$ 、IL-6、IL-12、IL-10 和趋化因子 CXCL10 的表达情况。

**结果** 1、NTHi-DNA 诱导的 IFN-I 减弱了 PEMs 对 NTHi 的吞噬杀伤能力，并加重了 NTHi 感染的模拟 COPD 小鼠肺部炎症反应，不利于 NTHi 感染小鼠存活。与野生 PEMs 相比，IFNAR $^{-/-}$  PEMs 对 NTHi 的吞噬杀伤增强；IFNAR $^{-/-}$ 小鼠肺部炎症反应较弱，组织损伤减轻，显示出更强的抗 NTHi 感染能力。

2、NTHi-DNA 诱导的 IFN-I 能上调 NTHi 感染的 PEMs 和感染小鼠肺部炎性因子 IL-1 $\beta$ 、IL-6、IL-12 和趋化因子 CXCL10 的表达，而 IFNAR 缺陷可导致这些炎性和趋化因子表达下降。

**结论** 本研究证实，NTHi-DNA 诱导的 IFN-I 减弱了 PEMs 对 NTHi 的吞噬杀伤能力，上调炎性趋化因子的表达，并加重了 NTHi 感染的模拟 COPD 小鼠肺部炎症损伤，增加了宿主对 NTHi 的易感性。我们认为 NTHi-DNA 引起的 IFN-I 应答可能被细菌利用为其抵抗宿主免疫清除的策略，对宿主（尤其是 COPD 患者）感染 NTHi 的预后转归不利。本研究有助于完善我们对 NTHi 与宿主免疫细胞相互作用的认知，为 COPD 患者寻找抗 NTHi 感染及耐药的治疗策略提供新的理论基础。

## PU-0842

# IGRA 在结核诊断中的应用价值

陈新科

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 对于特异性 T 细胞体外释放酶联免疫法 (TB - IGRA) 在不同性别、不同年龄段中的诊断价值进行分析研究。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2016 年 3 月在济宁医学院附属医院就诊的结核病疑似患者 805 人, 采用特异性 T 细胞体外释放酶联免疫法( TB - IGRA)对其进行筛查, 并自 LIS 系统查询患者结核感染相关的实验室检查, 并记录相应结果。通过出院诊断记录及细菌学等其他依据确诊后, 分析该方法在不同性别、不同年龄段的诊断价值。

**结果** TB-IGRA 实验灵敏度为 74.05%, 特异性为 70.97%, 阳性预测值为 43.21%, 阴性预测值为 90.16%。以性别分组统计, 女性与男性的灵敏度分别为 80%、71.85% ( $P>0.05$ ); 特异性分别为 77.22%、66.48% ( $P<0.01$ ); 阳性预测值分别为 44.50%、40.40% ( $P>0.05$ ); 阴性预测值分别为 95.24%、86.33% ( $P<0.01$ )。以不同年龄段划分, TB -IGRA 实验在小于 50 岁人群与大于 50 岁人群中的灵敏度分别为 88.04%、58.43% ( $P<0.01$ ); 特异性分别为 72.80%、69.97% ( $P>0.05$ ); 阳性预测值分别为 53.29%、32.91% ( $P<0.01$ ); 阴性预测值分别为 94.53%、86.97% ( $P<0.01$ )。

**结论** 特异性 T 细胞体外释放酶联免疫法( TB - IGRA) 在结核病的诊断中具有一定的价值, 但仍然需要联合其他检测方法以提高诊断准确度。TB-IGRA 实验在女性中的诊断价值大于男性。TB-IGRA 实验在<50 岁人群中的诊断价值大于>50 岁人群。

## PU-0843

### 免疫固定电泳结果在多发性骨髓瘤诊断中的应用

董海新, 金呈强

济宁医学院附属医院, 272000

**目的** 多发性骨髓瘤 (MM) 临床上多有骨痛、溶骨损害、贫血、肾功能不全、高钙血症等表现, 骨髓瘤的患者多以骨病、肾病等继发病就诊, 常被误诊为骨病或肾脏疾病, 根据不同医院的统计资料分析, MM 误诊率可达 54%-69%, 误诊的时间长则年余, 短则数月, 许多 MM 患者错过了最佳的治疗时期。本文旨在说明免疫固定电泳结果对多发性骨髓瘤诊断的重要应用价值。

**方法** 收集我院 2018 年 1 月 9 日-2019 年 1 月 8 日一年间我院血液科、肾内科、骨科、心内科等科室住院及门诊有骨痛、溶骨损害、贫血、肾功能不全、高钙血症等临床表现的患者 3363 例血清或/和尿液标本, 采用法国希比亚 (sebia) 琼脂糖电泳仪进行免疫固定电泳检测及扫描。

**结果** 3363 例血清或/和尿液标本中, 阴性结果 2591 例, 阴性率 77.044% (2591/3363)。阳性结果 772 例, 阳性率 22.956% (772/3363), 其中免疫固定电泳分型结果为: IgG $\kappa$  型 400 例, 占送检标本的 11.894% (400/3363); IgG $\lambda$  型 142 例, 占送检标本的 4.222% (142/3363); IgA $\kappa$  型 74 例, 占送检标本的 2.2%(74/3363); IgA $\lambda$  型 69 例, 占送检标本的 2.052%(69/3363); 游离的  $\lambda$  链 55 例, 占送检标本的 1.636%(55/3363); 游离的  $\kappa$  链 12 例, 占送检标本的 0.357%(12/3363); IgM $\kappa$  型 11 例, 占送检标本的 0.327%(11/3363); IgG 型 2 例, 占送检标本的 0.0595%(2/3363); IgM 型 2 例, 占送检标本的 0.0595%(2/3363); IgM $\lambda$  型 2 例, 占送检标本的 0.0595%(2/3363); IgA 型 1 例, 占送检标本的 0.03%(1/3363)。

**结论** 免疫固定电泳对多发性骨髓瘤的诊断分型、避免 MM 漏检发挥重要作用。

## PU-0844

### 不同温度和时间对血细胞分析结果的影响

刘成信

寿宁县医院, 352000

**目的** 探讨 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝的静脉血在不同温度和时间保存条件下, 对血细胞分析仪检测值的影响。

**方法** 室温下采取 100 名研究对象静脉血各 6ml, 分入三组试管中, 每组 3 支试管, 将每组试管分别置于 4℃冰箱, 20℃室温, 37℃水浴锅中, 并分别于 5min, 60min, 120min, 240min 后进行检测, 其中时间变量组以 5min 测定值为对照组, 温度变量组以室温 (20℃) 为对照组。

**结果** 温度和时间对血常规检测结果均有影响, 且对不同的检测指标的影响存在差异。一、保存温度相同时, 随着保存时间的延长, 血细胞分析仪检测红细胞数量的结果呈上升趋势; 检测白细胞数量的结果呈下降趋势, 下降不显著。二、不同温度和时间保存条件下, 血红蛋白变化不大。三、相同保存温度时, 随着保存时间的延长, 血细胞分析仪检测 PLT 的结果呈明显上升趋势。

**结论** 标本保存的温度和时间会影响检测结果的准确性, 临床应尽早对标本进行检测, 若必须保存标本时, 应根据检测项目的不同选择合理的保存条件。

## PU-0845

### 碘元素检测试剂盒应用于尿碘测定的临床性能评价

刘玲, 刘军莉, 汤志彬, 李素素  
山东大学第二医院, 250000

**目的** 碘是人体的必需微量元素之一, 是维持人体甲状腺正常功能所必需的元素。碘可以促进生物氧化, 调节蛋白质合成和分解, 促进糖和脂肪代谢, 调节水盐代谢, 促进维生素的吸收利用等功能, 促进身体的生长发育, 维护中枢神经系统的正常结构。胎儿脑部的正常发育也依赖母体足够的碘元素, 尤其是在妊娠的早期。本文拟使用碘元素全自动检测仪及其配套的碘元素检测试剂盒进行临床性能的验证。

**方法** 收集山东大学第二医院 865 份临床尿液标本和 3 种碘标准物质, 采用碘元素全自动检测仪铈钼消化法进行碘元素检测, 使用传统国标法作为对比。

**结果** 865 份临床标本通过与国标法的测定结果比对, 两者无差异具有较好的一致性 ( $P > 0.05$ )。该碘元素全自动检测仪检测范围为 10-2000ug/L, 对碘含量为 64.7、138.0、231.0g/L 的碘标准物质进行 6 批测定, 与标准值的偏差为 0.75%、0.73%、0.69%, 变异系数分别为 3.6%、1.9%、1.4%。

**结论** 碘元素全自动检测仪及碘元素检测试剂盒方法的灵敏度高、准确度高, 检测结果有临床价值, 适用于临床的检测。碘元素全自动检测法为一种简易、快速、准确的尿碘测定方法。碘元素浓度是反映近期碘摄入状况的最佳指标, 是评价个体或群体碘营养状况的首要标准以及一项简便而又有效的方法。

## PU-0846

### 维生素检测在临床中的意义

刘玲, 刘军莉, 赵燕, 李顺子  
山东大学第二医院, 250000

**目的** 探讨维生素检测在临床中的应用意义。

**方法** 对比目前可以应用的临床检测方法的适用范围、操作程序、实验质量控制、特异性、灵敏度等指标进行分析和讨论。

**结果** 当前, 已有利用酶联免疫法(ELISA)、毛细管电泳法(CEP)、电化学方法(ECD)、高效液相色谱法(HPLC)、高效液相色谱-质谱法(HPLC-MS, HPLC-MS/MS)和光谱法等多种技术进行单一维生素或理化性质相近维生素测定的文献报道。这些测定技术普遍存在一定局限性, 如缺乏专一性、灵敏度低、检测周期长, 以及测定维生素种类单一, 因此多用于维生素制剂的质量控制、药代动力学研究、人体生物等效性的评价研究, 而难以实现维生素的临床治疗性或诊断性常规检测。高效液相

色谱-质谱法可以实现对于多种维生素的一次性测定,灵敏度高且耗时短,已在许多国家和地区投入使用,在国内尚处在逐步推广阶段。

**结论** 临床常规维生素检测具有以下意义:1、有助于原发性或继发性维生素缺乏或维生素异常增高而引起的维生素相关性疾病的诊断,尤其是婴幼儿、儿童及老年人维生素缺乏症的预防;2、有助于维持维生素的正常范围,避免无效或过度治疗,实现维生素治疗的个体化;3、有助于维生素合理应用,避免缺乏并防止滥用;4、有助于监测患者体内因其他药物、放化疗、术后或危重状态所引起的维生素异常改变,提高维生素治疗的安全性、有效性和依从性。

PU-0847

## 2013 年至 2018 年某医院脑脊液分离菌分布 和耐药性监测

刘乐

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 了解 2013 年至 2018 年某 8 医院脑脊液分离菌的分布及其耐药性,为临床合理治疗提供参考依据。

**方法** 收集某医院 2013 年至 2018 年临床脑脊液标本培养首次分离的病原体,采用 VITEK2 Compact 全自动细菌分析仪进行鉴定和药敏分析,药敏结果判断标准遵循 CLSI 指南,数据结果采用 WHONET5.6 软件进行分析。

**结果** 2013 年至 2018 年脑脊液标本分离细菌 1907 株,其中革兰阳性菌 1442 株,占 75.6%;革兰阴性菌 465 株,占 24.4%。最常见的分离菌依次为凝固酶阴性葡萄球菌(39.1%)、金黄色葡萄球菌(23.6%)、鲍曼不动杆菌(6.7%)、肺炎克雷伯菌(4.4%)、大肠埃希菌(2.1%)、粪肠球菌(1.4%)、铜绿假单胞菌(1.3%)、屎肠球菌(1.2%)。脑脊液标本中 MRSA 和 MRCONS 的检出率分别为各自菌种的 64.6%和 59.3%。未发现对万古霉素、利奈唑胺耐药的葡萄球菌。脑脊液标本中产 ESBL 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的检出率分别为 88.2%和 58.1%。脑脊液标本检出的鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌对耐碳青霉烯类抗菌药物耐药率分别为 77.3%、58.1%、10.0%。

**结论** 2013 年至 2017 年革兰阳性菌,尤其是凝固酶阴性葡萄球菌在中枢神经系统感染中占重要地位。应防范碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌和鲍曼不动杆菌所致感染对临床造成严重威胁。

PU-0848

## Targeting the lysosome by an aminomethylated Riccardin D triggers DNA damage through cathepsin B-mediated degradation of BRCA1

Huanmin Niu

the Second Hospital of Shandong University

**Objective** RD-N, an aminomethylated derivative of riccardin D, is a lysosomotropic agent that can trigger lysosomal membrane permeabilization followed by cathepsin B (CTSB)-dependent apoptosis in prostate cancer (PCa) cells, but the underlying mechanisms remain unknown.

**Methods** Cell viability assays was used by xCELLigence. The DNA damage related gene and the CTSB translocation induced by RD-N was measured by Western blot and Immunofluorescence. Inhibition of CTSB activity with its specific inhibitors, or by CTSB-targeting siRNA, or CTSB with enzyme-negative domain was used to examine the downstream pathways of DNA damage.



**Results** Here we show that RD-N treatment drives CTSSB translocation from the lysosomes to the nucleus where it promotes DNA damage by suppression of the breast cancer 1 protein (BRCA1). Inhibition of CTSSB activity attenuated activation of BRCA1 and DNA damage induced by RD-N. Conversely, CTSSB overexpression resulted in inhibition of BRCA1 and sensitized PCa cells to RD-N-induced cell death. Furthermore, RD-N-induced cell death was exacerbated in BRCA1-deficient cancer cells. We also demonstrated that CTSSB/BRCA1-dependent DNA damage was critical for RD-N, but not for etoposide, reinforcing the importance of CTSSB/BRCA1 in RD-N-mediated cell death. In addition, RD-N synergistically increased cell sensitivity to cisplatin, and this effect was more evidenced in BRCA1-deficient cancer cells.

**Conclusions** This study reveals a novel molecular mechanism that RD-N promotes CTSSB-dependent DNA damage by suppression of BRCA1 in PCa cells, leading to identification of a potential compound that target lysosomes for cancer treatment.

## PU-0849

### 血液净化联合 DNA 免疫吸附治疗重症系统性 红斑狼疮的效果

董喆  
北部战区总医院

**目的** 对系统性红斑狼疮患者进行血液净化联合 DNA 免疫吸附治疗的效果与安全性作出评价。

**方法** 选择 2018 年 3 月至 2019 年 3 月期间来我院就诊的系统性红斑狼疮患者 94 例作为试验对象, 将其随机分为对照组和实验组, 对照组采取正常治疗方案, 实验组在此基础上给予连续性血液净化联合 DNA 免疫吸附治疗, 对比两组患者的治疗效果及不良反应发生情况。

**结果** 两组患者经过系统治疗, 病情均有所缓解, 对照组患者的临床有效率为 63.83%, 实验组患者的临床有效率为 95.74%; 对比治疗两个月后的临床指标, 实验组患者的 ANA 抗体、抗 ds - DNA 抗体、尿素、肌酐等明显低于对照组, 两者差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。两组的不良反应发生率分别为 6.38%、8.51%, 差异不具有统计学意义。

**结论** 在系统性红斑狼疮患者的治疗当中, 适当应用血液净化联合 DNA 免疫吸附治疗, 可以有效提高临床效率, 且有一定的安全性, 可以在临床上推广应用。

## PU-0850

### Inactivation of TFEB and NF- $\kappa$ B by Marchantin M alleviates the chemotherapy-driven protumorigenic senescent secretion

Huanmin Niu  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** It is critical to regulate senescence-associated secretory phenotype (SASP) due to its effect on promoting malignant phenotypes, and limiting efficiency of cancer therapy.

**Methods** Inactivation of TFEB and NF- $\kappa$ B by Mar-M significantly determined its transcriptional reduction of the SASP, which contributed to a synergistic effect of Mar-M with doxorubicin to low the toxicity and enhance antitumor efficacy. As a result, therapy-driven a switch to pro-inflammation that conferring drug-resistance was vulnerable to Mar-M by decreasing the SASP, which may represent a potential approach to overcome tumor malignance.

**Results** In this study, we identified that Marchantin M (Mar-M), a naturally-occurring bisbibenzyl, suppressed pro-inflammatory SASP components that were high in chemoresistant cells, resulting

in harness of pro-tumorigenic effect of SASP, tumor growth regressions and prolonged survival in drug-resistant mouse models, but with no detectable toxicity on normal fibroblast cells and animals.

**Conclusions** Marchantin M suppresses pro-inflammatory SASP

## PU-0851

### 乙肝患者病毒血清学指标与 HBV-DNA 及 ALT 的相关性分析

高瑞澧  
北部战区总医院

**目的** 分析乙肝患者病毒血清学指标与 HBV-DNA 和肝酶的相关性, 探讨其可能的临床意义。

**方法** 收集沈阳军区总医院 2018 年 1 月 1 日—2018 年 12 月 31 日收治的乙肝患者 1901 例, 统计患者 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb、HBV-DNA 以及 ALT 定量结果, 对数据进行分析。

**结果** 组合阳性血清指标进行分组后比较显示, 1、5 阳性组较 1、3、5 阳性组和 1、4、5 阳性组 ALT 结果明显要高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 1、3、5 阳性组 HBV-DNA 水平高于其他 2 组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); HBV-DNA 的水平随着 HBsAg 或 HBeAg 浓度的增高逐渐升高, 并与二者存在相关性 ( $r$  值分别为 0.285、0.419,  $P < 0.001$ ); 1、4、5 阳性组 HBeAb 浓度变化与 HBV DNA 及三项肝酶均无相关性。

**结论** 除病毒血清学检查外, 慢性乙肝患者应定期进行 HBV-DNA 的检查, 并根据情况检测 ALT, 有助于及时发现和预防疾病的发展。

## PU-0852

### 咽峡炎链球菌群临床感染特征分析并相关文献复习

郭睿  
宁夏医科大学附属医院, 750000

**目的** 分析咽峡炎链球菌群的感染特征及其耐药率, 提高对临床感染疾病的认知, 为临床合理利用抗菌药物提供依据。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2018 年 9 月宁夏地区某医院临床标本培养分离的咽峡炎链球菌群临床资料进行回顾性统计分析, 采用法国生物梅里埃公司全自动微生物鉴定分析系统 VITEK-2 MALDI-TOF MS 技术鉴定到种, 体外药敏试验采用纸片扩散法 (K-B 法), 采用 WHONET 2018 软件进行统计分析, 并结合相关文献对咽峡炎链球菌群临床特征, 治疗方式及转归愈后进行分析汇总。

**结果** 从 2017 年 1 月至 2018 年 9 月临床标本中共分离出 225 株咽峡炎链球菌群菌株, 星座链球菌 139 株、咽峡炎链球菌 76 株、中间链球菌 10 株, 分别占比 61.8%、33.8%、4.4%; 标本年龄分布中, 咽峡炎链球菌群菌株来源多见于 61 岁以上老年人群, 占比 39.1%; 分离菌株主要来自外科, 占比 37.3%, 其次为急诊科、内科和儿科, 分别占比 20.0%、14.2%、13.3%; 标本来源以呼吸道标本为主, 占比 35.1%, 其次为各器官脓肿, 多见于颌面间隙感染和腹部脓肿, 分别占比 16.5%、14.2%; 星座链球菌、咽峡炎链球菌、中间链球菌对红霉素耐药率分别为 61.6%、56.0%、70.0%, 对克林霉素耐药率分别为 65.9%、57.3%、80.0%, 对青霉素类抗生素及头孢菌素类抗生素耐药率较低, 敏感率较高, 大于 80%。

**结论** 咽峡炎链球菌群临床标本中分离率较低, 标本来源主要集中于老年人群, 对大环内酯类及林可酰胺类抗生素耐药率普遍较高, 应加强耐药监测, 指导临床合理应用抗菌药物

## PU-0853

## 亚甲基四氢叶酸还原酶基因 C677T 多态性与血清同型半胱氨酸浓度的关联性

陈卓  
北部战区总医院

**目的** 探讨亚甲基四氢叶酸还原酶基因 (MTHFR) C677T 多态性与血清同型半胱氨酸 (Hcy) 水平之间的关联性。

**方法** 收集 1193 例研究对象, 采用测序法检测 MTHFR C677T 基因多态性, 采用循环酶法检测血清 Hcy 水平, 按 MTHFR C677T 基因型分为野生型 (CC 型)、杂合性突变 (CT 型) 及纯合性突变 (TT 型) 三组, 比较三组基因型患者的血清 Hcy 水平差异。

**结果** 三组两两比较, CC 基因型与 CT 基因型两组之间的血清 Hcy 水平比较差异无显著性意义 ( $P>0.05$ ), 而 TT 基因型的血清 Hcy 水平与 CC、CT 基因型比较差异有极显著性意义 ( $P<0.01$ ), TT 基因型的血清 Hcy 水平明显高于 CC、CT 基因型。

**结论** MTHFR C677T 基因多态性与血清 Hcy 水平显著相关, TT 基因型的血清 Hcy 水平明显高于 CC、CT 基因型。

## PU-0854

## D-二聚体、纤维蛋白原在下肢深静脉血栓诊断及活血消栓汤疗效评估中的应用效果

牛磊, 李晓丽  
邹平市人民医院检验科

**目的** 探讨 D-二聚体、纤维蛋白原在诊断下肢深静脉血栓及评估活血消栓汤疗效的价值。

**方法** 选择我院收治的疑似下肢深静脉血栓 (deep vein thrombosis, DVT) 患者 120 例作为研究对象, 同期选择在本院健康体检者 50 名为健康对照组, 所有入组对象均行下肢彩色多普勒超声检查, 采用全自动血凝分析仪测定血浆 D-二聚体 (DD) 水平, 采用凝固法测定纤维蛋白原 (FIB) 水平, 根据下肢彩色多普勒超声检查结果将患者分为 DVT 组和非 DVT 组, 比较 DVT 组、非 DVT 组、健康对照组的 DD、FIB 水平差异, 分析 DD、FIB、DD+FIB 检测的敏感性、特异性, 将 DVT 组患者按随机数字表分为观察组和对照组, 对照组患者给予常规的溶栓、抗凝及改善血液循环的药物治疗, 观察组在对照组的基础上再口服活血消栓汤治疗, 连续给药 30d, 治疗结束后进行临床疗效评判, 治疗前、后进行 DD、FIB、凝血功能指标 [PT、APTT] 检测。

**结果** DVT 组的 FIB、DD 明显高于非 DVT 组、健康对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。DD+FIB 诊断 DVT 的敏感性明显高于 DD、FIB, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。观察组的临床总有效率明显高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。观察组和对照组治疗后 FIB、DD 均明显下降 ( $P<0.05$ ), 观察组治疗后 FIB、DD 明显低于对照组 ( $P<0.05$ )。观察组和对照组治疗后 PT、APTT 较治疗前明显延长 ( $P<0.05$ ), 观察组治疗后 PT、APTT 明显长于对照组 ( $P<0.05$ )。结论 D-二聚体、纤维蛋白原检测在下肢深静脉血栓诊断、效果评估具有重要意义, 具有操作简易、灵敏度高的优点。

**结论** D-二聚体、纤维蛋白原检测在下肢深静脉血栓诊断、效果评估具有重要意义, 具有操作简易、灵敏度高的优点。

## PU-0855

## 生理和心理应激因素对甲状腺素，NK 细胞活性等免疫指标含量的影响

牛磊<sup>1</sup>,郭宝丽<sup>1,2</sup>

1.邹平市人民医院

2.章丘区妇幼保健院

**目的** 各种生理和心理性的应激均可引起神经、内分泌、免疫和代谢紊乱等全身性应激反应, 严重或长期的应激反应可导致免疫功能抑制, 诱发感染、肿瘤等疾病。神经、内分泌、免疫系统之间在细胞和分子水平存在精确的相互调节关系, 神经、内分泌系统通过各种递质和激素影响免疫细胞的活性和功能, 而免疫细胞的各种变化也可通过各种细胞因子等对神经、内分泌系统产生调控, 他们之间还存在共同的信号调控机制。

**方法** 3.1 甲状腺素, 睾酮, 皮质醇检测: 取检测者全血用促凝管分离血清, 仪器为贝克曼 DX800, 试剂为贝克曼原装厂家试剂。3 个项目定标周期 1 周并做室内质控。

3.2 淋巴细胞亚群检测: 取受检者肝素抗凝血按常规淋巴细胞分离单个核细胞配成  $2 \times 160/\text{ml}$  的悬液均分 3 管, 分别加入抗人 CD3+, CD4+, CD8+, 间接免疫荧光显微镜下分别计数 200 个单个核细胞中 CD3+, CD4+, CD8+ 阳性细胞数, 计算出 CD3+, CD4+, CD8+ 阳性细胞百分率和 CD4+/CD8+ 细胞比值。

3.3 NK 细胞活性检测(2): 靶细胞选用 K562 细胞株。分离受检者外周血中的单个细胞作为效应细胞。效应, 靶细胞比例为 10:1。采用 LDH 稀释法, 用酶标仪测定 A490NM 值, 计算 NK 细胞活性。

3.4 测定组由专业的医学心理医生进行有关心理治疗 3 个月后, 再重新测定上述免疫指标。

**结果** 应激组 FT3, Testo, Cortisol 的水平比对照组显著增高 ( $P < 0.001$ ), FT4 两组无明显差异 ( $P > 0.05$ ), CD3+CD4+ 细胞百分率, CD4+/CD8+ 细胞比值及 NK 细胞活性明显低于对照组, 而 CD8+ 细胞百分率明显高于对照组。在进行相关心理治疗一个月后, 应激组免疫指标均明显恢复。所以针对应激诱导免疫抑制的发生机制, 采取去除应激源、降低应激反应强度、心理治疗和行为训练、免疫调节药物治疗和营养支持等措施可有效防治应激反应诱导的免疫功能抑制。

**结论** 心理生理应激因素与机体内分泌及细胞免疫水平有密切的相关性联系。

## PU-0856

## 生理性蛋白尿误诊为肾炎 18 例分析

牛磊

邹平市人民医院

**目的** 防治生理性蛋白尿误诊

**方法** 例 1: 患者 18 岁男性少年, 有家人陪同来临床检验实验室做尿常规及尿沉渣化验。家人嘱我仔细检查尿中是否有蛋白。检查结果: 干试纸法蛋白 (+), 磺基水杨酸法蛋白 (++) , 镜检及沉渣化验 (—)。询问家人得知, 少年除正常上学外, 业余学习武术, 在一次查体中查到尿中有蛋白, 特来复检。笔者疑为功能性蛋白尿, 因未做其他检查, 不了解病情, 未曾向患者提示。一个月后, 患者又来查尿本周氏蛋白, 检查结果阴性, 此时得知, 患者按“疑为肾炎”已治疗近 2 个月, 并未确诊。多次查尿蛋白 (+++~++) 不定, 各项检查化验正常。无腰疼, 咽痛, 关节痛, 眼睑浮肿, 发热等症状, 未服用肾功能损害药物, 治疗期间仍在习武。鉴于上述情况, 笔者破例在化验单上提示备注“疑为功能性蛋白尿”, 并嘱咐患者停止习武, 适当服药, 多做休息。2 周后几次尿检, 蛋白转阴。

**结果** 生理性蛋白尿患者在临床上并非少见，若无尿路感染和其他不适就诊，多在查体时发现。生理性蛋白尿除尿蛋白外，镜检多为（—），生化指标等有关项目都正常，尿蛋白电泳位置在 A·a 位置。病理性蛋白尿，蛋白定性阳性外，常伴有镜检阳性物质，如血细胞，管型等，同时存在生化指标的改变，蛋白电泳与血浆相似，并伴有全身多系统的症状体征。

误诊原因分析如下：1 临床医生对“生理性蛋白尿”认识不足，视野不开阔，认为尿蛋白多由肾病引起。2 问诊不详细，多忽视病人从事工作专业，环境，饮食等具体细节。3 医疗过程中，门诊或者病房医生轮换班，并非一人接手同一病人，仅从查阅病例，问诊不够仔细，未做细菌学检查，先入为主造成误诊误治，接手前者的误诊诊断结果，并依赖化验结果过重（任何化验结果只反映问题的一小部分）。4 检验人员不能主动解释阳性结果，认为与本专业无关（检验人员有向临床医生，患者提供检验结果解释的义务）。

**结论** 医务人员应熟练掌握生理性蛋白尿的特点，一定要思维开阔，详细询问病史，除了分析尿蛋白的病因外，必要时反复做尿液的细菌学检查和常规检查，还要结合其他资料作出正确的判断。克服诊断思维的片面性，建立整体的观念。另外特别提出的是检验科工作人员有权利也有义务对工作中的疑点及时提出，反映给临床医生和患者，以免误诊误治，及浪费了公共卫生资源又给病人造成不可挽回的严重后果。

## PU-0857

### 东北地区部分孕妇 B 族链球菌的携带及危险因素分析

吴青  
北部战区总医院

**目的** 了解健康孕妇 B 族链球菌（GBS）的携带情况，探讨孕妇人群 GBS 携带的影响因素，为预防和控制 GBS 相关疾病提供依据。

**方法** 收集 2018.03-2019.01 就诊于北部战区总医院优生优育门诊的 2121 例孕妇，对孕妇进行阴道棉拭子采样和问卷调查；运用实时荧光定量 PCR 技术鉴定菌株的血清型。并对可能致使 GBS 阳性的影响因素进行分析。

**结果** 2121 份健康孕妇阴道棉拭子中共检出 104 株 GBS 菌株，携带率为 4.9%。孕前肥胖患者（BMI≥28.0）对比孕前体重正常者携带 GBS 得危险更高（OR=4.4, 95%CI: 1.46-13.24）。孕前一年使用妇科洗液者与孕前一年没有使用过妇科洗液者相比携带 GBS 的危险更高（OR=1.58, 95%CI: 1.03-2.43）。既往有人工流产者对比既往无人工流产者携带 GBS 的危险更低（OR=0.64, 95%CI: 0.41-0.99）。

**结论** 东北地区健康孕妇 GBS 的携带率较低。孕妇 GBS 菌株携带的影响因素有孕前 BMI、孕前一年使用妇科洗液和既往人工流产史。

## PU-0858

### 心理应激与五项细胞免疫指标的相关性变化研究

牛磊  
邹平市人民医院

**目的** 心理应激与免疫指标的关系研究

**方法** 淋巴细胞亚群检测：取受检者肝素抗凝血按常规用淋巴细胞分离单个核细胞配成  $2 \times 10^6/\text{ml}$  的悬液均分 3 管，分别加入抗人 CD3+、CD4+、CD8+，用间接免疫荧光法着染后在荧光显微镜下分别计数 200 个单个核细胞中 CD3+、CD4+、CD8+ 阳性细胞的数目，并计算 CD3+、CD4+、CD8+ 阳性细胞的百分率和 CD4+、/CD8+ 细胞的比值。

靶细胞选用培养 K562 细胞株。分离受检者外周血中的单个细胞作为效应细胞,效、靶细胞的比例为 10: 1。采用 LDH 释放法,最终用酶标仪测定 A490nm 值,计算 NK 细胞活性。

**结果** CD3+CD4+细胞百分率、CD4+/CD8+细胞比值以及 NK 细胞活性明显低于健康人组。而 CD8+细胞百分率明显高于健康人组。在进行相应的心理治疗三个月后,病例组的五项细胞免疫指标均有明显恢复趋势。因此认为心理应激与五项细胞免疫指标密切相关。

**结论** 神经系统与免疫系统是维持机体内环境相对稳定的重要调节系统。神经内分泌激素对机体细胞免疫有明显的调节作用。检测心理应激下细胞免疫水平不仅为临床上心理疾病的治疗与研究提供资料价值。

## PU-0859

### 血清胱抑素 C 检测在高血压脑出血中的意义

牛磊  
邹平市人民医院

**目的** Cys-C 是动脉粥样硬化、动脉瘤等心脑血管疾病发生发展的重要观测指标,本文旨在探讨血清胱抑素 C(Cys-C)检测对高血压脑出血发病的影响,

**方法** 2015 年 1 月至 2017 年 7 月在本医院确诊为高血压脑出血患者 120 例为实验组,其中男 62 例,女 58 例,平均年龄( $56.12 \pm 14.33$ )岁,选择 120 例同期确诊为单纯高血压患者为对照 A 组,其中男 60 例,女 60 例,平均年龄( $55.89 \pm 13.54$ )岁,高血压和高血压脑出血患者病情均符合《中国高血压防治指南》(2010 修订版)[3]诊断标准并结合颅脑 CT 检查结果;另外选择 120 例同期体检健康者为对照 B 组,男 60 例,女 60 例,平均年龄( $56.85 \pm 15.98$ )岁。以上三组每组受试者均按照年龄不同分为(20 岁-50 岁)组、(50 岁-60 岁)组和(>60 岁)组三组,经统计分析同组各年龄段受试者的年龄、性别均无明显差异( $P > 0.05$ )。本研究通过本院伦理审批,受试者均知情且自愿。

**结果** 实验组患者的血清 Cys-C 浓度明显高于对照 A 组和对照 B 组,差异具有统计学意义( $t$  分别为 3.012、3.450, $P < 0.05$ ),对照 A 组患者的血清 Cys-C 浓度明显高于对照 B 组,差异具有统计学意义( $t = 3.330$ , $P < 0.05$ )。实验组 TG 浓度水平和 TC 浓度水平均分别明显高于对照 B 组,差异具有统计学意义( $t$  分别为 2.846、2.593, $P < 0.05$ ),但对照 A 组与实验组和对照 B 组均无明显差异(TG: $t$  分别为 1.245、1.617, $P > 0.05$ ;TC: $t$  分别为 1.421、1.503, $P > 0.05$ );实验组血清 Crea 浓度水平均明显高于对照 A 组和对照 B 组,差异均有统计学意义( $t$  分别为 2.889、3.325, $P < 0.05$ ),但对照 A 组和对照 B 组间无明显差异( $t = 1.298$ , $P > 0.05$ )。三组间 ECCr 存在明显差异,具有统计学意义( $F = 63.121$ , $P < 0.05$ ),对照 B 组

明显高于对照 A 组和实验组,差异均有统计学意义( $t$  分别为 3.487、3.664, $P < 0.05$ ),对照 A 组明显高于实验组,差异具有统计学意义( $t = 3.245$ , $P < 0.05$ )。

**结论** 同型半胱氨酸和胱抑素 C 都是辅助诊断高血压肾病的有效指标,且对于疾病的监测和愈后也有一定价值,联合检测能够有效提高早期肾损伤的敏感性,降低漏诊风险。

PU-0860

## 抗核抗体谱及 ANA 抗双链 DNA 抗体的联合检测 对 SLE 的诊断价值分析

张海茹  
北部战区总医院

**目的** 探讨和分析联合检测自身抗体的抗核抗体 (ANA)、抗双链 DNA 抗体 (抗-ds-DNA) 及抗-sm、抗核小体抗体对系统性红斑狼疮 (SLE) 的诊断价值分析。

**方法** 用间接免疫荧光法 (IIF) 检测抗核抗体 (ANA) 和抗 ds-DNA 抗体, 用欧蒙印迹法测定抗核抗体谱, 选取 2017 年 1 月~2018 年 12 月在我院门诊和住院的 121 例自身免疫疾病患者作为研究对象, 其中 66 例患者为确诊系统性红斑狼疮, 作为 SLE 组, 另 55 例患者为非系统性红斑狼疮, 作为非 SLE 组; 同时另选取 50 例健康体检者作为对照组。

**结果** 三组研究对象均分别进行抗核抗体 ANA、抗-ds-DNA、抗-sm、抗核小体抗体检测, ANA、抗-ds-DNA、抗-sm、抗核小体抗体在 SLE 组中的敏感性分别为 84.8%、42.4%、51.5%、45.4%, 明显高于非 SLE 组; 敏感性由 84.8% 提高到 91.0%, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 自身抗体的: ANA、抗-ds-DNA 及抗-sm、抗核小体抗体的联合检测在 SLE 诊断中有良好的互补作用, 可明显提高敏感性, 避免漏检; 对 SLE 的早期诊断、疗效检测具有显著的临床意义与价值分析。

PU-0861

## 沈阳地区呼吸道病原体谱抗体 IgM 检测在呼吸道感染中的应用价值

张英辉  
北部战区总医院

**目的** 分析呼吸道感染患者常见的 11 种呼吸道病原体抗体 IgM 检出情况为临床治疗提供有力依据。

**方法** 收集 2018.1~12 门诊及住院呼吸道感染患者 3128 例, 采用间接免疫荧光法检测呼吸道合胞病毒(RSV)、腺病毒(ADV)、流感病毒 B(INFB)、流感病毒 A(INFA)、副流感病毒(PIV)、噬肺军团菌(LP)、肺炎衣原体(CP)、肺炎支原体(MP)、柯萨奇病毒 A(CoxA)、柯萨奇病毒 B(CoxB)、埃克病毒(ECHO) 特异性 IgM。收集 2018.1~12 门诊及住院呼吸道感染患者 3128 例, 采用间接免疫荧光法检测呼吸道合胞病毒(RSV)、腺病毒(ADV)、流感病毒 B(INFB)、流感病毒 A(INFA)、副流感病毒(PIV)、噬肺军团菌(LP)、肺炎衣原体(CP)、肺炎支原体(MP)、柯萨奇病毒 A(CoxA)、柯萨奇病毒 B(CoxB)、埃克病毒(ECHO) 特异性 IgM。

**结果** 共检测 3128 份血清, 1822 例阳性, 病原体谱抗体 IgM 阳性率为 58.2%(1822/3128); 不同的病原体可在同一患者中检出, 被检患者血清中 INFB 最多, 阳性率为 35.9% (1124/3128)。其次为 CP, 阳性率为 21.5% (672/3128), LP 最少, 阳性率 0.5% (15/3128)。不同性别、年龄、季节病原体感染差异有统计学意义。

**结论** 呼吸道病原体仍是呼吸道感染的主要病原体, 11 种常见病原体的检出率最高的是 INFB, 其次是 CP。病毒感染与性别, 年龄及季节有关。INFB 和 CP 是引起沈阳地区呼吸道感染的重要的病原体。尽早为临床提供诊断依据, 使患者能够及早的得到诊治。

## PU-0862

## CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-髓源抑制性细胞样细胞与白细胞介素 1 $\beta$ 在卵巢癌中的表达及相关性

王华阳,张义  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 分析卵巢癌患者外周血及腹水 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-髓源抑制性细胞 (MDSCs) 样细胞与白细胞介素 1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ) 的表达水平, 探讨与卵巢癌临床病理特征的相关性。

**方法** 收集 2016 年 1 至 12 月山东大学齐鲁医院 31 例卵巢癌患者外周血, 从中选取 5 例中晚期患者留取腹腔积液。收集同一时期年龄构成相匹配的 20 名健康志愿者外周血作为对照。流式细胞术分析卵巢癌患者外周血、腹腔积液以及健康对照者外周血中 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞亚群在 CD14<sup>+</sup>单核细胞中所占比例并分离获取该群细胞。流式细胞术分析 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞亚群表型, 实时定量 PCR 检测该群细胞免疫抑制因子表达情况。酶联免疫吸附法检测卵巢癌患者外周血、腹腔积液以及健康对照者外周血中 IL-1 $\beta$  表达水平, 并与 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞所占比例进行相关性分析。统计卵巢癌患者临床资料, 分析 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞及 IL-1 $\beta$  水平与临床病理特征的相关性。

**结果** 健康对照组及卵巢癌患者外周血 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞在 CD14<sup>+</sup>单核细胞中所占比例分别为 2.30 $\pm$ 0.49%和 3.74 $\pm$ 0.95%, 二者存在统计学差异 ( $t=6.96$ ,  $P<0.01$ ), 该群细胞表型与因子表达与单核样 MDSCs 相似。卵巢癌患者腹腔积液中 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞百分比显著高于外周血。健康对照组及卵巢癌患者外周血 IL-1 $\beta$  水平分别为[3.88(0.41, 7.07)]pg/mL 及 12.77 $\pm$ 3.52pg/mL, 二者存在统计学差异 ( $Z=-4.93$ ,  $P<0.01$ )。卵巢癌患者腹腔积液 IL-1 $\beta$  水平显著高于外周血。卵巢癌患者外周血及腹腔积液 IL-1 $\beta$  表达水平与 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞比例存在相关性 (外周血  $R^2=0.36$ ,  $P<0.01$ ; 腹腔积液  $R^2=0.68$ ,  $P<0.01$ ), 健康对照组外周血 IL-1 $\beta$  表达水平与 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞比例无相关性 ( $R^2=0.02$ ,  $P=0.51$ )。CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞及 IL-1 $\beta$  水平与卵巢癌浸润转移及 FIGO 分期有关。

**结论** 卵巢癌患者 CD14+HLA-DR<sup>Low</sup>-细胞及 IL-1 $\beta$  存在异常表达, 可能与卵巢癌的发展有关。

## PU-0863

## CEA、CA19-9、CA211 和 CA724 对肠癌的诊断和预后价值

章良凯  
北部战区总医院

**目的** 癌胚抗原(CEA)、碳水化合物相关抗原 19-9 (CA19-9)、CA211 和 CA724 在肠癌中的诊断和预后意义有很大的研究空间。因此, 本文旨在探讨四种肿瘤标志物对肠癌的诊断和预后意义。

**方法** 从 2016 年 6 月到 2018 年 3 月, 查询到 60 例肠癌患者在本院肿瘤标志物检验记录和病历, 记录了临床病理特征。接受检验的样本来自不同时期肠癌患者。统计 4 种肿瘤标志物阳性率, 分析 CEA 和 CA19-9 水平与患者临床病理特征及预后的关系。

**结果** 本研究统计样本数据共 60 例, 其中 40 名男性(66.7%)和 20 名女性(33.3%)。高龄 (年龄 $>60$ ) 45 例, 非高龄 (年龄 $\leq 60$ ) 15 例。从肿瘤大小, 是否存在淋巴结转移、侵犯神经、侵犯浆膜层四个病理特征探讨影响肿瘤标志物水平的因素。CEA、CA19-9、AFP 和 CA125 的阳性率分别为 21.6%、25%、13.3%和 6.7%。所有标记物联合检测的阳性率为 41.6%。分析了临床病理特征与 CEA 和 CA19-9 的水平之间的关系。CA19-9 和 CEA 水平升高与淋巴结是否发生转移的存在相关 ( $p<0.05$ )。



**结论** 肠癌患者 CEA、CA19-9、CA211、CA724 阳性率相对较低。CA19-9 和 CEA 水平升高及淋巴结转移有关。

#### PU-0864

### 结直肠癌患者外周血不同类型循环肿瘤细胞检测的临床诊疗价值研究

王玉红  
北部战区总医院

**目的** 探讨循环肿瘤细胞分型在结直肠癌诊疗中的临床价值。

**方法** 收集 2017.08-2018.12 期间就诊于北部战区总医院的 45 例结直肠癌患者外周血 5ml，采集同期收集 10 例结直肠良性重物患者外周血 5ml。将外周血中红细胞裂解，通过 8um 直径的纳米膜系统富集循环肿瘤细胞，利用 4 组特异性核酸探针进行多种 RNA 原位杂交，通过不同荧光信号鉴定循环肿瘤细胞的分型表达情况。

**结果** 通过纳米膜技术与多重 RNA 原位分析技术的检测方法，对循环肿瘤细胞分为上皮型，混合型和间质型。45 例结直肠癌患者检测 CTC 阳性率为 62.2%，间质型检测阳性率为 57.8%，而对照组患者未检测到 CTC 的存在，两组 CTC 阳性率比较差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。循环肿瘤细胞阳性率与结直肠癌大多数临床特征无明显相关性 ( $p > 0.05$ )，但间质型循环肿瘤细胞与结直肠癌发生脉管浸润及远处转移呈显著相关 ( $p < 0.05$ )。

**结论** 纳米膜技术与多种 RNA 原位分析技术的检测方法，可以有效的对结直肠癌患者外周血循环肿瘤细胞进行分型。间质型循环肿瘤细胞可能与结直肠癌血型转移相关，可能参与肿瘤进展过程。

#### PU-0865

### 有关布加综合征患者血小板活化初探

刘云  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探究布加综合征患者血小板活化百分比，为疾病的早诊断早治疗提供新思路。

**方法** 收集 BCS 患者外周血 10 例，同时采集正常人外周血 10 例作为对照，采用流式检测 CD62P、PAC-1 百分比以及 CD41a、AK2 的表达情况。

**结果** BCS 患者 CD62P、PAC-1 以及 CD41a 与正常对照相比差异有统计学意义 ( $1.236 \pm 0.14$  vs  $0.340 \pm 0.02$  ,  $P=0.0004$  ;  $1.946 \pm 0.42$  vs  $0.309 \pm 0.03$  ,  $P=0.001$  ;  $9305 \pm 436.1$  vs  $7604 \pm 500.6$  ,  $P=0.025$ )。

**结论** BCS 患者外周血血小板活化指标 CD62P、PAC-1 相对于正常对照均升高，提示其具有较大临床应用价值。

## PU-0866

**Septin9 基因甲基化检测在食管癌诊断中的应用价值**

孙静芳,徐银海,李世宝,朱迎星,胡阡,马萍  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 评价外周血 Septin9 基因甲基化 DNA 检测方法在食管癌诊断的应用价值。

**方法** 收集 31 例食管癌患者作为实验组, 20 例健康人作为对照组。以病理诊断为金标准进行确诊, 同时进行外周血血浆 Septin9 甲基化的检测。用 ROC 曲线下面积对 Septin9 甲基化对食管癌的诊断进行评价, 并分析其与临床病理特征之间的联系。

**结果** Septin9 甲基化检测诊断食管癌的灵敏性为 67.6%, 特异性为 100%, ROC 曲线下面积为 0.839, 差异具有统计学意义; 但其检测结果与食管癌的临床病理特征之间无相关性。

**结论** 外周血 Septin9 基因甲基化检测可作为筛查食管癌一个有效的辅助指标。

## PU-0867

**中性粒细胞/淋巴细胞比值与 CysC、mAlb 联合检测  
对 2 型糖尿病肾病的诊断价值**

程霏  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 研究中性粒细胞与淋巴细胞的比值(NLR)在 2 型糖尿病肾病(T2DN)中的变化,探讨 NLR 与 T2DN 之间的关系。

**方法** 选择 2017 年 3 月至 2017 年 6 月在徐州医科大学附属医院就诊的 113 例 2 型糖尿病患者进行回顾性分析, 按临床诊断分为单纯 2 型糖尿病组(DM)51 例, 2 型糖尿病肾病组(DN) 62 例, 选取同期健康体检者 22 例作为对照组, 检测各组的中性粒细胞, 淋巴细胞, NLR、尿微量白蛋白(mAlb)、血清胱抑素 C(CysC)。

**结果** DM 组和 DN 组淋巴细胞水平低于对照组( $P<0.01$ ), NLR、mAlb、CysC 水平明显高于对照组( $P<0.01$ ); DN 组 NLR、mAlb、CysC 水平明显高于 DM 组( $P<0.05$ )。

**结论** 中性粒细胞与淋巴细胞的比值可作为糖尿病肾病的参考指标, 与 CysC、mAlb 联合检测对 2 型糖尿病肾病的诊断具有重要临床意义。

## PU-0868

**239 例类风湿关节炎患者抗核抗体谱的分布调查  
及意义分析**

汪维  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 了解 239 例类风湿关节炎(Rheumatoid arthritis, RA)患者抗核抗体谱的分布规律, 分析其与 RA 疾病相关指标的联系, 评估其在临床应用方面的价值。

**方法** 采用回顾性调查的方式收集 239 例 RA 患者抗核抗体谱检测结果以及其他实验室和临床信息, 总结抗核抗体谱中各自身抗体的分布频率和特点, 并采用统计学方法评估这些自身抗体与其他指标的联系。

**结果** 根据 239 例患者抗核抗体谱的检测结果,我们发现,除了常规用于疾病诊疗的抗 CCP 抗体(抗环瓜氨酸肽抗体)(83.3%)和类风湿因子(Rheumatoid factor, RF)(79.1%),RA 患者的血清中尚存在一系列其他类型的自身抗体。其中,抗 SSA 抗体和抗 Ro52 抗体的阳性率最高,分别为 13.2%和 9.6%。进一步分析表明,抗 SSA 抗体阳性 RA 患者与阴性患者之间在年龄( $p=0.035$ )、女性占比( $p=0.011$ )、C-反应蛋白(CRP)( $p=0.014$ )、中性粒细胞/淋巴细胞计数比值(NLR)( $p=0.048$ )、TSH 的含量( $p=0.030$ )和升高阳性率( $p=0.008$ )以及滑膜炎的发生率( $p=0.028$ )方面均存在统计学上的差异。抗 Ro52 抗体阳性 RA 患者和阴性患者间在 CRP( $p=0.046$ )和滑膜炎的发生率( $p=0.026$ )方面也呈现出统计学差异。

**结论** 临床上,除了常规用于诊疗的抗 CCP 抗体和 RF,其他自身抗体在 RA 患者体内亦存在一定的阳性分布,尤其是抗 SSA 抗体和抗 Ro52 抗体可作为临床评估病情的补充指标。

## PU-0869

### 血清抗菌肽 LL-37 在类风湿性关节炎中的意义研究

汪维

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 检测类风湿关节炎(rheumatoid arthritis, RA)患者以及健康体检对照人群血清中的抗菌肽 LL-37 水平,并进一步分析 LL-37 与 RA 实验室标志物及临床指标之间的联系和规律,旨在为后续探究 LL-37 在 RA 发病中的作用和机制提供思路和线索。

**方法** 收集 2016 年 6 月-9 月在中南大学湘雅医院确诊为 RA 患者的血清标本 88 例,收集同期年龄和性别匹配的健康体检者血清标本 40 例,采用酶联免疫吸附检测(Enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)的方法测定血清样本中 LL-37 的浓度,采用 SPSS 21.0 进行统计学分析,比较 LL-37 在 RA 组和体检组之间的差异,并分析 LL-37 与 RA 患者实验室及临床指标之间的联系。

**结果** RA 组血清 LL-37 浓度高于对照组,且差异有统计学意义( $P<0.05$ )。相关性分析表明,LL-37 的浓度与凝血酶时间(thrombin time, TT)( $r=0.418$ ,  $p=0.002$ )、血沉( $r=0.279$ ,  $p=0.006$ )和 C-反应蛋白( $r=0.207$ ,  $p=0.031$ )水平均呈正相关关系,而与抗环瓜氨酸肽(cyclic citrulline peptide, CCP)抗体水平则呈负相关关系( $r=-0.300$ ,  $p=0.009$ )。在 RA 组中,抗 CCP 抗体阳性组血清 LL-37 水平显著低于抗体阴性组( $p=0.030$ )。

**结论** LL-37 与 RA 疾病指标的联系表明,LL-37 可能在 RA 进展过程中参与了与疾病相关的一系列生物学事件,为后续深入探讨 LL-37 在 RA 中的机制和作用奠定了研究基础。

## PU-0870

### Expression of miR-1269a in esophageal carcinoma and its effect on biological function of esophageal cancer cells and its mechanism

pei dong

the fourth hospital of hebei medical university

**Objective** Objective:Accumulating evidence has indicated that miR-1269a exerts tumor promoter roles in several types of cancer. However, the expression pattern and roles of miR-1269a in esophageal cancer progression remain unknown. This study aimed to reveal the role of miR-1269a in esophageal cancer cell proliferation and its potential mechanisms.

**Methods** methods:1 The expression levels of miR-1269a , SOX7 and SOX6 in esophageal carcinoma tissues were detected by Realtime PCR.

2 MTS , transwell migration and matrigel invasion chamber assays were used to detect the cell proliferation,migration and invasion abilities of esophageal cancer cells with miR-1269a high-expression or low-expression , respectively.

3 The sequence of predicted miR-1269a binding site and the wild-type (Wt-SOX7) or mutant (Mut-SOX7) putative target site in the 3'-UTR of SOX7 mRNA sequence.

4 The expression level of SOX7 in esophageal carcinoma tissues were detected by immunohistochemical.

5 The expression levels of Wnt/ $\beta$ -catenin related proteins of esophageal cancer cells were detected by Western blot.

6 Method of application of nude mouse transplantation tumor were performed to detect proliferation of esophageal cancer cells with miR-1269a high-expression in vivo.

**Results** Results:1 Realtime PCR demonstrated that the expression levels of miR-1269a in esophageal carcinoma tissues were higher than those in normal esophageal epithelial tissues and adjacent normal esophageal tissues.The immunohistochemical assay showed that the expression levels of SOX7 in esophageal carcinoma tissues were lower .

2 The high expression of miR-1269a promoted cancer cell proliferation,invasion and migration,compared with the control group.

3 Dual luciferase reporter assays in HEK293T cells revealed that miR-1269a over-expression significantly attenuated activity with the wild-type SOX7 luciferase reporter but failed to reduce mutant SOX7 luciferase activity.

4 Western blot demonstrated that the expression level of  $\beta$ -catenin, cyclin D1 and c-Myc protein were higher and phosphorylation of  $\beta$ -catenin with were lower with miR-1269a over-expression. The expression level of  $\beta$ -catenin, cyclin D1 and c-Myc protein were lower and phosphorylation of  $\beta$ -catenin with were lower with miR-1269a low-expression. Western blot demonstrated that the expression level of  $\beta$ -catenin, cyclin D1 and c-Myc protein were lower and phosphorylation of  $\beta$ -catenin with were higher miR-1269a over-expression associated with SOX7 over-expression than miR-1269a over-expression.

5. The experimental results shower that the nude mouse transplantation tumor suppressed product and weight significantly after increasing miR- 1269a , compared with control.

**Conclusions** Conclusion: Expression level of miR-1269a in esophageal carcinoma tissues is significantly increased. miR-1269a could promote the proliferation of esophageal cancer cells in vitro and in vivo. miR-1269a could promote the migration and invasion abilities of esophageal cancer cells in vitro. miR-1269a stimulates the Wnt/ $\beta$ -catenin pathway by targeting SOX7.

## PU-0871

### The preliminary study on the diagnostic value of serum exosome microRNAs in the diagnosis of the ovarian cancer

李旺

河北医科大学第四医院,050000

**目的** The traditional serum tumor marker are known to play important roles in the diagnosis of tumor.The aims of our study were to evaluate the serum exosome microRNAs as a potential markers in patients diagnosed with ovarian cancer.

**方法** Total exosome isolation reagent(MINUTE) was used to isolate serum exosome,then the exosomes were then ready for RNA extraction or exosome identification.The exosome was identified by transmission electron microscope and western-blot.The patients were divided into screening group and verification group. the four miRNAs have been well-documented to have significantly different expression levels in blood of ovarian cancer patients.

**结果** we found miR-1246 and miR-320a were stably expressed in the serum exosome, whereas there was low expression of miR-3184 and miR-101-3P. There was no significant difference in the expression levels of miR-320a between OC, BOT and HP. The validation group including 35 patients with advanced ovarian cancer, 15 with early ovarian cancer, 20 with BOT and 20 with HPs.

**结论** In summary, we found the serum exosome microRNA could be potential biomarkers in the patients diagnosed with ovarian cancer.

## PU-0872

### 检验科应用 LIS 系统的“功”与“过”

张磊, 赵秋剑, 薛海鲸  
宝鸡市中心医院, 721000

**目的** 我检验科应用 LIS 系统以来, 实现了检验数据的自动传输, 降低了工作人员的工作量, 报告的无纸化实时发送, 使医生能及时的、准确的获取检验报告。提高了工作效率, 成为检验科管理的重要组成部分

**方法** lis 系统

**结果** 减少手工环节, 减轻检验人员工作量, 避免手工差错。

**结论** 实现了检验数据的自动传输, 降低了工作人员的工作量, 报告的无纸化实时发送, 使医生能及时的、准确的获取检验报告。减轻了检验人员的工作强度, 减少了差错产生的机会, 保证了检验过程中各种信息高效、准确、安全的传递, 从而提高了整个实验室的工作节奏, 提升了检验科的工作质量, 最终为患者提供了优质的服务。

## PU-0873

### Preliminary study on serum exosome microRNA-17-5p as a biomarker of colorectal cancer

yue yang  
the fourth hospital of hebei medical university

**Objective** The purpose of this study is to investigate the expression level of microRNA-17-5p in serum exosomes of patients with colorectal cancer and its clinical significance.

**Methods** The serum exosome was extracted by Minute™ Hi-Efficiency Exosome Precipitation Reagent kit, and the specific surface marker protein CD9 of serum exosome was detected by Western blot. MicroRNA was extracted from the exosome by using the microRNA Neasy Mini Kit kit. The expression of microRNA-17-5p in the serum exosome of the subjects was detected by RT-q PCR, and the correlation was analyzed with clinical indicators.

**Results** RT-q PCR results showed that the expression level of microRNA-17-5p in healthy control group was  $(1.048 \pm 0.561)$ , in non-metastasis group was  $(3.173 \pm 1.943)$ , and in metastasis group was  $(4.763 \pm 1.729)$ . The expression levels of microRNA-17-5p in the three groups were not identical ( $F = 10.750$ ,  $P < 0.05$ ), and increased among healthy control group, non-metastasis group and metastasis group. The expression of serum exosome microRNA-17-5p in patients with colorectal cancer was analyzed with clinicopathological characteristics. It was found that microRNA-17-5p was related to the stage of cancer ( $P < 0.05$ ) and distant metastasis ( $P < 0.05$ ), but not to age, sex, tumor markers, location, pathological type, differentiation degree, depth of invasion and lymph node metastasis.

**Conclusions** The expression of microRNA-17-5p in serum exosomes of patients with colorectal cancer was higher than that of healthy controls, and the content was positively correlated with tumor stage and distant metastasis.

#### PU-0874

### 宫颈高危型 HPV 感染在 LCT 检查阳性妇女中的调查研究

乔正梅

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 通过分析宝鸡市中心医院妇科门诊女性患者高危型 HPV 和 LCT 感染情况及其与宫颈病变的相关性, 为本地区宫颈癌及癌前病变的预防、早期治疗提供可靠依据。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 2018 年 12 月就诊于宝鸡市中心医院妇科门诊的妇女 6365 例, 根据年龄将被检测女性分为 6 组:  $\leq 24$  岁组、25~34 岁组、35~44 岁组、45~54 岁组、55~65 岁组、 $\geq 66$  岁组。取患者宫颈分泌物标本行高危型 HPV 和 LCT 检查。

**结果** LCT 阳性者 606 例, 总阳性率为 9.52%;  $\geq 66$  岁 LCT 检查结果阳性率最高, LCT 阳性率最低年龄段是 35~44 岁, 但 HSIL 主要发生于 45~54 岁、55~65 岁组。宫颈 LCT 随着女性年龄的增长, HPV 检出率呈高→低→高的变化趋势。且 HR-HPV 阳性率在各个年龄段的阳性率都维持在较高水平。

**结论** LCT 联合 HR-HPV 的检测是宫颈病变及宫颈癌的筛查的最有效手段。通过对 HR-HPV 筛查联合 LCT 检查, 及时发现和治疗宫颈癌前病变, 可以阻断其发展为宫颈癌, 从而最终可以有效地降低宫颈癌的发生率和死亡率。

#### PU-0875

### Role of Nkx2.5 in H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-induced Nsd1 suppression

Xiaoyan Liang, Wenjing Li, Hongze Zheng  
Central laboratory, Binzhou People's Hospital

**Objective** Nuclear receptor-binding SET domain-containing protein 1 (Nsd1) acts as a histone lysine methyltransferase, and its role in oxidative stress-related abnormal embryonic heart development remains poorly understood. In the present study, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> decreased the expression of Nsd1 as well as NK2 transcription factor related locus 5 (Nkx2.5). We further focused on Nkx2.5 modulating the transcription of Nsd1 in response to H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Luciferase activity analysis indicated that a regulatory region from -646 to -282 is essential for the basal transcriptional activity, in which an Nkx2.5 binding element (NKE) was identified at -412/-406 of the Nsd1 promoter by electrophoresis mobility shift assay and a chromatin immunoprecipitation assay. H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> obviously reduced the p646-luc promoter activity, and the depletion of Nkx2.5 expression weakened H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> inhibition on the p646-luc promoter. The overexpression of Nkx2.5 increase NSD1 p646-luc promoter activity, but not no affected p646-luc-mut. Furthermore, overexpression and depletion of Nkx2.5 led to the increase and decrease of NSD1 protein and mRNA levels. These data indicated that H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-induced Nsd1 suppression resulted from the decrease of Nkx2.5 expression through the NKE element.

**Methods** To gain an insight into the expression of Nkx2.5 in heart development in response to oxidative stress, we used H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> as an inducer of oxidative stress, and examined the expression of Nkx2.5. H9C2 cells were treated with H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> at different concentrations. To investigate the expression of Nsd1 in response to H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, we detected mRNA and protein levels of Nsd1 in fetal rat hearts from pregnant rats exposed to H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. The luciferase reporter gene was fused with an Nsd1 promoter from -950 to +161, in which two potential NKEs with the 5'-TNNAGTG-3'

consensus binding motif, NKE1(-687/-681) and NKE2(-412/-406), were predicted. To define the putative NKE2 element at -412/-406 of the Nsd1 promoter, we performed an electrophoretic mobility shift assay (EMSA) using nuclear extracts from H9C2 cells. we carried out a ChIP assay to confirm binding under in vivo conditions. we used three Nkx2.5-specific siRNAs to block Nkx2.5 expression in H9C2 cells,

**Results** western blot analysis demonstrated that Nkx2.5 expression decreased in response to H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> in a dose-dependent manner, and the most significant decrease was with 0.5 mmol/L H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> for 2 h, which was thus used for the subsequent cell experiments. In addition, pregnant rats were injected intraperitoneally with H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> on day 9 of gestation, and fetal rat hearts were isolated from pregnant rats on day 19 of gestation. Western blot analysis showed that Nkx2.5 expression decreased by 2-fold in H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-treated rats compared with saline-treated controls.

Western blot demonstrated that Nsd1 protein decreased by 84% in H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-treated fetal rat hearts compared with saline-treated controls, and qRT-PCR showed that Nsd1 mRNA in H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-treated fetal rat hearts also decreased by about 81% relative to controls. Furthermore, H9C2 cells were treated with 0.5mmol/L H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> for 2 h, and Nsd1 protein and mRNA levels were reduced by 68% and 77%, respectively, as a result of H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> treatment. Based on the luciferase assay of a series of truncated Nsd1 promoters, we observed that p646-luc activity was higher relative to other constructs, where a putative NKE2 binding motif was present. Deletion of the 364 bp containing the putative NKE2 led to an obvious decrease of transcriptional activity (p646-luc vs. p282-luc), and further truncation of 230 bp showed basic transcriptional activity. a DNA-protein binding complex was formed (lane 3) and competed by 100-fold molar excess of unlabeled probe (lane 4). Moreover, the binding affinity of the NKE probe was much higher than the mutated NKE probe (lane 1). Further studies showed that an anti-Nkx2.5 antibody blocked binding (lane 2), demonstrating that there was specific binding of Nkx2.5 to the NKE2 of Nsd1. After chromatin from H9C2 cells was immunoprecipitated with the Nkx2.5 antibody, we amplified the region -496 to -265 containing the NKE2 of Nsd1 promoter and obtained a 232 bp fragment. and we showed that siRNA2 clearly reduced Nkx2.5 expression.

**Conclusions** H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> inhibits Nkx2.5 expression in vitro and in vivo, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> suppresses Nsd1 expression in heart development partially via a transcriptional pathway.

the putative NKE2 binding motif is critical for transcriptional activity of the Nsd1 promoter.

an NKE element is present at position -412/-406 of the Nsd1 promoter.

validated that the binding was specific, as the antibody against Nkx2.5 but not the non-immune IgG showed a detectable Nsd1 promoter fragment in H9C2 cells, which was in accordance with the results of the EMSA.

The p646-luc containing NKE2 was co-transfected with the siRNA2 into H9C2 cells that were untreated or treated with H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Compared with the controls, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> reduced 95% of the Nsd1 promoter activity, and the depletion of Nkx2.5 expression resulted in a 76% decrease of the promoter activity, but reduced H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> inhibition on the promoter activity

## PU-0876

### (1,3)- $\beta$ -D 葡聚糖检测在侵袭性真菌感染中的诊断意义

杨晔

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探究(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测是否可作为临床上诊断侵袭性真菌感染的有效手段,研究其相对于传统真菌培养方法的优点和可靠性,进行对比分析,研究(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测实验在临床实践中的诊断价值。

**方法** 主要利用反应主剂 G 因子以及凝固蛋白原可被微量(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖激活的特性,根据反应过程中产生的浊度或凝胶反应对送检标本中的(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖含量进行检测,同时对送检标本进行

传统真菌培养，统计两组数据，分析对比两组的阴、阳性预测值和阳性率，以及(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测实验的特异性和敏感性。

**结果** 送检标本中，真菌(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测检测阳性率为 39.4%，敏感性为 92.1%，特异性为 79.2%，真菌培养阳性率为 35.5%。侵袭性真菌感染患者以呼吸科和重症监护室为主，主要为白色假丝酵母菌。

**结论** (1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖属抗原成分，是存在于真菌细胞壁的多糖成分，广泛存在于真菌细胞中，不存在于其他微生物以及人体体液中。研究分析证明了 (1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测实验可以作为临床医生诊断患者患侵袭性真菌感染的有效手段，其诊断结果有临床意义，是临床上快速检测患者真菌感染的有效手段之一。更为突出的是，(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖检测实验耗时短，适应临床病情的需要，最大程度地为患者争取了最佳治疗时间，前景广阔。

## PU-0877

### 新型细胞衰老标志物在细胞衰老及个体老化中的研究

韦钊

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 伴随个体老化老年性疾病的发病率显著增加。细胞衰老一方面是机体防御肿瘤发生的重要屏障，另一方面在个体老化中起重要作用，并可通过 SASP 而促进肿瘤。预防和尽早发现是减少或延缓疾病发生的关键，而衰老标志物的发现则可以帮助我们解决这一问题。

**方法** 构建衰老模型并进行基因芯片检测。通过生物信息学分析，找出衰老细胞相对于正常细胞表达上调的基因，与 GEO 数据库中人类胚胎干细胞和诱导性干细胞基因表达谱数据进行比对，找出同时在干细胞中表达下调的基因。对筛选到的基因在六种细胞衰老模式中的表达进行检测验证。

**结果** 我们发现 41 个基因在复制衰老和氧化损伤诱导的细胞衰老中均上调显著。其中 11 个基因同时在人类胚胎干细胞和诱导性干细胞中表达下调。我们对这 11 个基因在六种细胞衰老模式中的表达进行了 PCR 验证，结果表明有 4 个基因在 5 种以上的细胞衰老类型中普遍上调。且不同年龄人类皮肤和皮下脂肪组织 RNA-Seq 数据表明这些基因确实存在指示衰老进程的潜力。

**结论** 通过基因表达谱筛选和在细胞衰老模型中的验证发现了 4 个可作为细胞衰老潜在标志物的基因。进一步明确多种细胞类型及多种衰老模式中这些衰老基因作为衰老标志物的潜在价值，将为衰老相关研究提供更多的检测手段及理论基础，研究这些基因指示个体老化及器官老化的能力，将为老年型疾病提供早期检测的理论基础，从而为衰老相关疾病的检测和治疗提供新的思路和依据。

## PU-0878

### 联合检测 CEA、CA242、CYFRA21-1 对结直肠癌的诊断价值

王恕歆

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨 CEA、CA242、CYFRA21-1 的联合检测在结直肠癌诊断中的价值。

**方法** 采用多肿瘤标志物（7 种）定量检测试剂盒检测 100 例不同临床分期的结直肠癌患者、50 例结直肠息肉患者及 50 例正常人患者血清中 CEA、CA242、CYFRA21-1 的表达水平，并进行统计分析，比较 3 种肿瘤标志物单独及联合检测对结直肠癌的诊断价值。

**结果** 1. 结直肠癌患者的血清 CEA、CA242、CYFRA21-1 水平明显高于结直肠息肉患者和正常人群的水平( $P < 0.05$ )。2. 三项联合检测的曲线下面积最大，且具有较高的灵敏度和特异度。3. CEA、CA242 与癌症的临床分期有关，癌症分期越晚，其血清水平越高( $P < 0.05$ )。



**结论** CEA、CA242、CYFRA21-1 的联合检测同时兼顾高灵敏度及高特异度,具有较高的临床价值,可作为结直肠癌的辅助诊断方法。且血清 CEA、CA242 也在确定结直肠癌的临床分期方面具有一定的指导意义。

## PU-0879

### 1020 例初诊血液肿瘤患者血象特点分析

肖作淼

赣州市人民医院,341000

**目的** 分析初诊血液肿瘤疾病的血象及细胞形态特点,为患者及早得到专科救治与 MICM 分型项目选择提供检查方向。

**方法** 将 1020 例初诊血液肿瘤患者根据 WHO 血液肿瘤分类标准进行分组,包括 ALL 组、AML 组、CLL 组、CML 组等 9 个血液肿瘤疾病组,将各组的外周血象(仪器结果)、原始细胞%和幼稚粒细胞%(人工结果)与 ALL 组和(或)健康组比较,并分别将疾病组的两种白细胞的分类结果(仪器法与人工法)进行统计分析。

**结果** 与健康组相比,绝大数血液肿瘤组患者的 WBC、HB、PLT 及单核细胞%、淋巴细胞%有非常显著性差异( $P<0.01$ )或极其显著统计学意义( $P<0.001$ );与 ALL 组相比,疾病组的原始细胞%(AML 组除外)及 CML 组和 MDS/MPN 的幼稚粒细胞%有极其显著统计学意义( $P<0.001$ );单核细胞%、淋巴细胞%的仪器法与手工法的分类结果相比,在 ALL 组、AML 组和 CML 三组中均有极其显著统计学意义( $P<0.001$ )。

**结论** 大部分血液肿瘤疾病的血象有显著性改变,结合细胞形态检查对尽早救治患者,以及目的性选择进一步检查项目有重要指导意义。

## PU-0880

### 283 例不合格检验标本原因分析及改进措施探讨

梁友宝

安徽省蚌埠市第一人民医院

**目的** 分析临床检验不合格标本原因,提出相应的改进措施

**方法** 对我院 2018 年度 283 例不合格标本,对其不合格原因进行分析,并提出改进措施。

**结果** 本科室收到的不合格标本各种情况:标本类型错误 40 例(14.13%),标本容器错误 18 例(6.36%),标本量不足 41 例(14.49%),标本凝集 80 例(28.27%),条码问题 85 例(30.04%),标本污染 7 例(2.47%),采集部位错误 9 例(3.18%),标本溶血 3 例(1.06%),其中标本凝集(28.27%)和条码问题(30.04%)与其他情况相比,差异有统计学意义( $P<0.05$ );不同科室不合格标本分布情况为内科系统(39.58%)和儿科系统(22.97%)明显高于其他科室,差异有统计学意义( $P<0.05$ );各月不合格标本数分布情况为 1 月份最高,占全年比例的 21.55%,明显高于其他月份,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 通过临床检验不合格标本原因分析,并及时提出相应改进措施,做到持续改进。

## PU-0881

## 碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌临床分布及耐药基因检测

姚慧琳<sup>1</sup>, 蔡心安<sup>1,2</sup>

1. 安徽省淮北矿工总医院

2. 中国人民解放军联勤保障部队第901医院检验科, 230031

**目的** 了解我院 2017 年全院住院病人碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP) 检出情况, 并对 CRKP 的耐药基因携带情况进行分析。

**方法** 收集我院 2017 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日住院患者临床分离的 CRKP, 采用 BD 公司 PHNX10 分析其临床常用抗菌药物的耐药情况; 并用琼脂稀释法确定每株待测菌的最低抑菌浓度 (MIC); 用 WHONET5.6 软件统计分析 CRKP 的临床分布; PCR 法扩增碳青霉烯酶基因及其他  $\beta$ -内酰胺酶基因。

**结果** 我院 2017 年住院患者共检出 23 株 CRKP, 其中神经外科检出 12 株, ICU 检出 3 株, 普外科检出 2 株, 干部病房检出 2 株, 骨科、五官科、眼科、泌尿外科各检出 1 株; 标本类型主要为痰 (16 例), 其次为创面; CRKP 对临床常用抗生素耐药率较高, 除阿米卡星耐药率为 73.9% 以外, 其它抗生素耐药率均在 80% 以上; 23 株 CRKP 中 21 株携带 bla<sub>KPC-2</sub> 基因; 19 株同时携带 bla<sub>KPC-2</sub>、bla<sub>Shv-1</sub> 基因, 2 株同时携带 bla<sub>KPC-2</sub>、bla<sub>Shv-1</sub>、bla<sub>ctx-m-15</sub> 基因。

**结论** 产 bla<sub>KPC-2</sub> 我院碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌主要原因, 应引起临床重视。

## PU-0882

## 17580 例肺部疾病患者血清自身抗体回顾性分析

杨滨, 张君龙, 黄卓春, 王兰兰

四川大学华西医院实验医学科临床免疫室

**目的** 回顾分析肺部疾病患者血清中抗核抗体 (ANA) 抗中性粒细胞胞浆抗体 (ANCA) 的阳性分布及对自身免疫性疾病患者临床应用的指导价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2017 年 12 月我院以首发症状为呼吸困难, 反复咳嗽、咳痰或有其他以呼吸受限为首发的症状收入呼吸科的患者 17580 例, 男性 9483 例, 女性 8097 例; 年龄 2~104 岁, 平均 (56.3±16.9) 岁。采用间接免疫荧光法 (IIF) 检测研究对象血清中自身抗体 (ANA) 抗中性粒细胞胞浆抗体 (ANCA) 的阳性率、滴度及其核型。

**结果** 10687 例 ANA 的患者中 ANA 阳性例数 3726 例, 阳性率占 34.86%, 女性的 ANA 阳性率显著高于男性 ( $=206.628$ ,  $P<0.001$ ), ANA 滴度 1: 10000 阳性率 0.69%, 1: 3200 阳性率 2.16%, 1: 1000 阳性率 5.27%, 1: 320 阳性率 6.99%, 1: 100 阳性率 19.75%。6894 例 ANCA 的患者中 ANCA 阳性例数 200 例, 阳性率 2.90%, 男性 ANCA 阳性率与女性差异无统计学意义 ( $=0.208$ ,  $P>0.05$ ), 1:10p-ANCA 阳性率 1.94%, 其中髓过氧化物酶 (MPO) 阳性率 76.12%; 1:10c-ANCA 阳性率 0.52%, 其中抗蛋白酶 3 (PR3) 阳性率为 38.38%, 1:10a-ANCA 阳性率 0.42%。

**结论** 肺部疾病患者与健康人群相比较, 血清 ANA, ANCA 阳性率较高, 提示以肺部症状为首发的患者其存在潜在自身免疫性疾病的可能性大, 该类患者 ANA 及 ANCA 的筛查对以肺部症状为首发的自身免疫性疾病患者早期诊断、治疗和发病机制的认识有重要价值。

PU-0883

## 2016-2018 年河北省某三级甲等综合医院感染病原菌分布及耐药性分析

王微

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 探讨 2016-2018 年河北某三级甲等综合医院医院感染病原菌分布以及耐药性变化趋势，为临床合理使用抗菌药物提供理论依据。

**方法** 选择该院 2016 年 1 月 1 日-2018 年 12 月 31 日医院感染患者作为研究对象，回顾性分析临床患者医院感染的病原菌分布及耐药情况。

**结果** 6112 例感染患者，共检出病原菌 10638 株。其中革兰阴性菌占 74.42%，革兰阳性菌占 23.76%，真菌占 1.81%。排名前五位的病原菌分别是大肠埃希菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌和金黄色葡萄球菌，病原菌主要集中于 ICU、急诊科和肾内科。大肠埃希菌对氨苄西林的耐药性最高，对亚胺培南和美洛培南较为敏感。肺炎克雷伯菌对头孢吡肟和亚胺培南耐药性较高，铜绿假单胞菌对哌拉西林、头孢他啶和亚胺培南的耐药率 16.8%、15.2%和 19.7%，鲍曼不动杆菌对大多数抗菌药物的耐药率均较高，对左氧氟沙星和阿米卡星的耐药率较低，屎肠球菌对氨苄西林耐药率较高，对利奈唑胺、替加环素、万古霉素敏感，金黄色葡萄球菌对苯唑西林耐药率为，对万古霉素敏感。

**结论** 医院感染病原菌种类复杂，与社区获得性感染病原菌有一定区别，且病原菌耐药形势更为严峻，对碳青霉烯类药物如亚胺培南、美罗培南均有耐药现象发生，因此需要加强多部门协作，严格采取有效措施，如手消毒、隔离防护等，以减少耐药菌株在院内水平播散，避免小范围的爆发感染。

PU-0884

## 河北某三级甲等医院泛耐药菌检出以及分布特点研究

王微

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 了解河北省某三级甲等医院泛耐药菌的构成和临床分布特点，为泛耐药菌的防控和抗菌药物的合理应用提供科学指导。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月 1 日-2018 年 12 月 31 日我院 6112 例住院患者的临床送检标本病原菌检出情况，观察分析泛耐药菌的检出情况以及科室分布。

**结果** 医院临床患者标本中共分离出病原微生物 10638 株，其中革兰阴性菌 7917 株，占 74.42%，革兰阳性菌 2528 株，占 23.76%，真菌 193 株，占 1.81%。10638 株病原微生物中共分离出泛耐药菌 2310 株，检出率为 21.71%，其中位居前三位的是碳青霉烯类耐药的鲍曼不动杆菌 1323 株，碳青霉烯类耐药的铜绿假单胞菌 560 株，碳青霉烯类耐药的肺炎克雷伯菌 229 株，重点监测的泛耐药菌主要分离于痰标本 1631 株占 78.56%。泛耐药菌检出主要集中在 ICU 819 株，急诊科 429 株。

**结论** 医院泛耐药菌以碳青霉烯类耐药的鲍曼不动杆菌为主，主要分布于 ICU 和急诊科，此类病原菌的耐药基因主要位于细菌的染色体上，可在细菌间垂直传播，长期存在于医院环境中，因此，应提高对高危科室的定期监控，制定针对性措施，一旦发现泛耐药菌在环境中定植，及时采取消毒措施，减少泛耐药菌的感染和传播。

PU-0885

## 食管癌患者医院感染病原菌及耐药性分析

赵凯旋

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 评估食管癌 (Esophageal Cancer) 患者院内感染病原菌的分布及药物敏感性特征, 探讨该类患者抗感染治疗策略。

**方法** 回顾分析 2017 年 1 月-2019 年 1 月我院 155 例食管癌患者的临床资料。收集感染患者临床相关标本, 对其病原菌分布及耐药性进行检测和分析。

**结果** 食管癌合并医院感染患者以肺部感染为主, 标本类型主要为痰和胸水, 共培养分离病原菌 244 株, 其中革兰阴性菌 185 株占 75.82%, 以鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌为主; 革兰阳性菌 52 株占 21.31%, 以肺炎链球菌和金黄色葡萄球菌为主; 真菌 7 株占 2.87%。革兰阴性菌对哌拉西林、头孢他啶的耐药性较高, 对亚胺培南和阿米卡星较敏感。检出 4 株对头孢吡肟剂量依赖性敏感的肠杆菌科细菌, 7 株碳青霉烯类耐药的铜绿假单胞菌和 22 株碳青霉烯类耐药的鲍曼不动杆菌。革兰阳性菌对替加环素、利奈唑胺、万古霉素敏感, 检出耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌 3 株, 未检出对万古霉素耐药的菌株。

**结论** 食管癌患者医院感染的病原菌以鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌为主, 其耐药性较高, 多重耐药现象较为严重, 临床微生物室应给予严密的监测并及时告知临床科室。对分离出多重耐药菌的患者采取隔离防护措施, 以避免院内的交叉感染。

PU-0886

## 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌临床分布特点及耐药性研究

赵凯旋

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 分析耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (Carbapenem Resistant Enterobacteriaceae, CRE) 感染的临床分布特点及耐药性, 探讨 CRE 感染的临床预防和控制策略。

**方法** 选择 2013 年 1 月-2018 年 12 月于医院确诊感染 CRE 的 260 例住院患者作为研究对象, 对 CRE 的感染情况进行观察和分析。

**结果** CRE 的科室分布以重症监护室为主, 占 32.33%, 其次是血液科, 占 8.96%。CRE 主要来源于痰标本、尿标本和血液标本, 分别占 44.12%、15.88%和 9.42%。检出 CRE 的主要病原菌为肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌, 主要占 39.23%和 30%。CRE 对阿米卡星和左旋氧氟沙星的耐药率相比头孢菌素类、碳青霉烯类药物低, 感染 CRE 患者随年龄增加构成比逐渐加大, 60 岁以上老年患者所占比例最大, 为 164 株, 占 63.08%。

**结论** CRE 主要为肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌, 高感染风险科室为重症监护室和神经内科, 与高龄和 ICU 住院史有一定的相关性。临床在进行抗感染治疗时, 应对此类患者给予密切关注, 并对分离出多重耐药菌的患者采取隔离防护措施, 以防因质粒介导的耐药机制在菌株间水平传播。

PU-0887

## MKT-077 选择性清除外排泵高表达唑类耐药真菌的作用机理研究

张明

山东大学第二医院,250000

**目的** 白色念珠菌是临床常见的致病真菌，抗真菌药物种类少以及耐药的多发严重制约着白色念珠菌感染的治疗，因而寻找新型、特别是针对耐药菌的抗真菌药物具有重要意义。

**方法** 微生物和肿瘤均存在旁系敏感现象，即某种耐药突变会增加对其它类型药物的敏感性。我们利用该特性，采用荧光标记的敏感菌和耐药菌共培养模型对天然分子和药物分子库进行筛选，发现对由外排泵 MDR1 高表达引起的唑类耐药菌具有选择性清除作用的小分子。并通过寻找 MDR1 高表达株与其母体菌株的差异揭示该化合物的选择性作用机制。

**结果** 高通量筛选发现具有抗肿瘤活性的花菁染料类分子 MKT-077 对由外排泵 MDR1 高表达引起的唑类耐药菌具有选择性清除作用，其最小抑菌浓度为唑类敏感株的 1/8。机制实验表明 MKT-077 的选择性与胞内药物含量累积差异有关，且 MKT-077 的摄取依赖于质子梯度。

**结论** MKT-077 对由外排泵 MDR1 高表达引起的唑类耐药菌具有选择性清除作用。

PU-0888

## circHIPK3 as a prognostic marker and mediator of chemoresistance in colorectal cancer via autophagy through the miR-637/Stat3/Bcl-2/Beclin-1 axis

Xin Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Resistance to oxaliplatin-based chemotherapy is a major cause of recurrence in colorectal cancer (CRC) patients. There is increasing evidence that circHIPK3 is involved in the development and progression of tumors. However, little is known about the potential role of circHIPK3 in CRC chemotherapy and its molecular mechanisms in the chemoresistance also remain unclear.

**Methods** Quantitative real-time PCR was used to detect circHIPK3 expression in tissues of CRC patients received oxaliplatin-based chemotherapy. The chemoresistance effects of circHIPK3 were assessed by cell viability, apoptosis and autophagy assays. The relationships among circHIPK3, miR-637, and Stat3 were confirmed by biotinylated RNA pull-down, luciferase reporter and western blot assays.

**Results** In initial study, increased circHIPK3 expression was observed in CRC chemoresistance patients. Meanwhile, the expression of circHIPK3 was increased in oxaliplatin resistant HT29oxR and HCT116oxR while not in 5-FU resistant strain compared to their respective parental strains. CCK8 assay demonstrated that knockdown of circHIPK3 sensitized HT29oxR and HCT116oxR cells to oxaliplatin, while ectopic expression of circHIPK3 reduced the effect of oxaliplatin cytotoxicity on HT29 and HCT116 cells in dose dependent effect. Moreover, the results of flow cytometry analysis also found oxaliplatin-induced apoptotic cells were significantly increased after treatment with si-circHIPK3, whereas overexpression greatly inhibited of HT29 and HCT116 cell apoptosis caused by oxaliplatin treatment. Silencing of circHIPK3 significantly enhanced the formation of autophagosomes and autolysosomes, increased in the ratio of LC3-II to LC3-I and P62 expression, suggesting down-regulation of circHIPK3 could start up autophagy.

Mechanistically, one miR-637-binding element in circHIPK3 were found to be essential for their interaction by both miRanda and RNAhybrid programs. RNA pull down and luciferase assays

confirmed that circHIPK3 could be directly bound by miR-637 in CRC cells. Overexpression of miR-637 mimicked the effect of circHIPK3 knockdown on CRC cells viability and apoptosis. Moreover, the effects caused by miR-637 also could be counteracted by circHIPK3 overexpressing, suggesting circHIPK3 led to the chemoresistance via miR-637. Our data also revealed that miR-637 was able to directly target the 3'-UTR of Stat3, resulting in down-regulated expression of Stat3 at post-transcriptional level. There was a negative correlation between miR-637 and Stat3 in CRC tissues. miR-637 decreased phosphorylation level of Stat3, and subsequently repressed the transcriptional expression of Bcl-2. Inhibited activation of Stat3 by miR-637 down-regulated Bcl-2 expression, then released Beclin-1 from Bcl-2-Beclin-1 complexes, and finally strengthened autophagy, similar to the effects caused by circHIPK3 silencing. Conversely, the above effects induced by miR-637 could also be rescued by circHIPK3 overexpressing. Furthermore, a positive relationship was observed between the expression of circHIPK3 and Stat3 in CRC tissues.

Clinical study including an independent cohort of 179 CRC patients received postoperative oxaliplatin-based adjuvant chemotherapy showed circHIPK3 was upregulated in recurrence CRC tissues and correlated with tumor size, regional lymph nodes metastasis, distant metastasis, and survival. Cox model showed circHIPK3 expression was an independent factor for both DFS and OS.

**Conclusions** Our findings demonstrate that circHIPK3 functions as a chemoresistance gene in CRC cells by targeting the miR-637/Stat3/Bcl-2/Beclin-1 axis and may provide a prognostic predictor in CRC patients.

## PU-0889

### 基于患者风险设计迈瑞 BS2000 全自动生化测定仪 GLU 多阶段质量控制程序的质控策略

耿昕,林坤,张建芳,张悉霞,任飞  
射洪县人民医院,629000

**目的** 应用基于患者风险的统计质量控制设计迈瑞 BS2000 全自动生化测定仪的质量控制策略,最大程度地减少患者风险。

**方法** 评估本室迈瑞 BS2000 全自动生化测定仪检测项目 Glu 的 Sigma 值: 计算公式  $\text{Sigma} = (\text{TEa}\% - \text{Bias}\%) / \text{CV}\%$ , 设定允许总误差 (TEa) 为 7.0%, 来自国家行业标准; 偏倚 (Bias) 来自于 2018 年卫生部室间质量评价结果; 变异系数 (CV) 来自于实验室 2018 年 6-12 月的室内质控数据。运用多阶段质量控制程序的 Sigma-SQC 诺曼图设计迈瑞 BS2000 全自动生化测定仪检测前质量控制程序和检测中质量控制程序。

**结果** GLU Sigma=4.1, 检测样本量为 400, 分析前起始质控程序: MR N4:13s/22s/R4s/41s 多规则, 质控测定 4 次, 误差检出率 (PED)=1.00; 过程监测候选质控程序: 1: 3s N=4, 分析批长度=70, Pfr=0.01; MR N=2, 分析批长度=50, Pfr=0.01; 13S N=2, 分析批长度=25, Pfr=0.00; 1:2S N=1, 分析批长度=60, Pfr=0.05; 1:2.5s N=1, 分析批长度=22, Pfr=0.01;

**结论** 以起始质控误差检出率最大, 过程监测质控的假失控率最低为原则, 从候选质控方案中选择 Glu Sigma=4.1 的起始质控程序: MR 多规则 N=4, 分析样本量为 400, 12s N=1 为监测过程质控程序, 分析批长度为 60。

## PU-0890

## A unusual mosaicism with trisomy 21 and trisomy X in a segmentation-sphere

Jin Li<sup>1</sup>, Fang Wang<sup>1</sup>, Yuanzhen Zhang<sup>1</sup>, Mingshui Xie<sup>2</sup>, Yrong Li<sup>1</sup>

1. Zhongnan hospital, Wuhan university

2. Suizhou Central People's Hospital

**Objective** Here, we reported a rare case with mosaic trisomy 21 and trisomy X in an embryo, which induced discrepant findings between non-invasive prenatal testing and fetal genetic testings. The results of serological test and NIPT revealed the high risk of Down syndrome. But, FISH, CNV-seq and G-banded karyotype in the amniocytes cultivation indicated the fetal chromosome was 47, XXX.

**Methods** Fluorescence in situ hybridization (FISH), copy number variation using sequencing (CNV-seq), G-banded karyotype, quantitative fluorescent polymerase chain reaction (QF-PCR) and non-invasive prenatal testing (NIPT) were used in this case.

**Results** A cord blood sample, three fetal tissues (skin, muscle and umbilical cord) and eight placental biopsies (four from the fetal side, four from the maternal side) were taken for CNV-seq and quantitative fluorescent polymerase chain reaction (QF-PCR) analysis. The cord blood sample was positive for trisomy 21 analyzed by CNV-seq, but the result of QF-PCR showed there were maternal DNA pollution in it. All CNV-seq analyses on the fetal tissues (skin, muscle and umbilical cord) demonstrated a homogeneous trisomy X, showing that the fetal tissues were genetically different from the placental tissues. FISH analysis identified the same result of 47, XXX on three fetal tissues. Moreover, QF-PCR analysis revealed that there were three signals in the X and 21 chromosome respectively. Among them, only one signal came from the mother. It implied that the abnormal chromosome probably originated from the father.

**Conclusions** In summary, we report the discordant results between fetal karyotyping and NIPT, which were subsequently found a case of trisomy X with CPM for a cell line with both trisomy X and trisomy 21. By the results of QF-PCR analysis, it was probably that the abnormal chromosome came from father and the trisomy rescue was the main mechanism to embryonic development in this case.

## PU-0891

## Accuracy of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry for Identification of Candida

Tianao Xie

Guangzhou medical university

**Objective** Candida is a fungus that causes various types of candidemia, which is the fourth major infectious disease of the blood system. MALDI-TOF-MS is a simple and rapid detection instrument. The aim of this study was to verify the accuracy of MALDI-TOF-MS in detecting Candida.

**Methods** A pooled analysis of articles on MALDI-TOF-MS for diagnosis of candidemia was performed. The quality of original research was assessed using the QUADAS-2 guidelines. Stata 12.0 software was used to merge the correct identification rates of Candida and Candida subspecies, and obtain pooled sensitivity and specificity of the diagnostic methods. Heterogeneity was found in the sub-group analysis of the included articles. Hence, we explored the factors causing the heterogeneity and its impact on the overall situation. Sensitivity analysis was used to

examine the effect of Candida level on total response. Egger's test was used to evaluate the publication bias of the included articles.

**Results** A total of 16 articles in Pubmed, 79 articles in Embase, one article in Cochrane Library, 30 articles in Web of science and three from other sources were identified, of which 10 articles were included based on the inclusion and exclusion criteria. The overall identification accuracy was 100%.

**Conclusions** The accuracy of MALDI-TOF-MS for the identification of Candida was 100%. Further research is necessary to determine whether MALDI-TOF-MS can be used as a clinical diagnostic standard for the identification of Candida.

## PU-0892

### 甲状腺自身抗体检测在自身免疫性甲状腺疾病 诊断中的意义

姚爱荣,张玲

新疆阿克苏地区第一人民医院

**目的** 探讨甲状腺素受体抗体(TRAb)、甲状腺球蛋白抗体(TGAb)、抗甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)水平变化在桥本甲状腺炎(HT)、Graves 病(GD)和原发性甲状腺功能减退症等自身免疫性甲状腺病(AITD)的诊治中的作用。

**方法** 回顾性分析 411 例不同分组甲状腺疾病患者自身抗体结果, 甲状腺功能亢进(甲亢)患者中, I 组 GD 139 例, II 组 HT 99 例, III 组非自身免疫性甲亢 58 例, IV 组为健康体检者 115 名。用电化学发光免疫分析法检测 4 组血清中 TGAb、TPOAb、TRAb 水平。

**结果** I 组患者血清 TGAb、TPOAb 和 TRAb 亦均显著高于III组和IV( $P < 0.01$ )。II 组患者血清 TGAb、TPOAb 和 TRAb 均显著高于 I 组、III 组和 IV 组( $P < 0.01$ ); I 组患者 TGAb 阳性率 33.5%, TPOAb 阳性率 71.56%, TRAb 阳性率 88.5%; II 组患者 TGAb 阳性率 89.2%, TpoAb 阳性率 100.00%, TRAb 阳性率 8.33%。

**结论** GD 和 HT 等自身免疫性甲状腺疾病有相同及不同之处, 联合检测 TGAb、TPOAb、TRAb 对诊断及鉴别诊断 GD 和 HT 等自身免疫性甲状腺疾病帮助较大, 而非 AITD 患者检测不出 TRAb, 或仅能检测低浓度的 TRAb, 因此, 测定 TRAb 对各种类型的甲亢具有很高的鉴别价值。

## PU-0893

### 超声引导下淋巴结细针抽吸活检检查联合细针抽吸洗脱液中甲状腺球蛋白检测对甲状腺乳头状癌颈部淋巴结转移的诊断价值

高海锋

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨超声引导下淋巴结细针抽吸活检(FNAC)联合细针抽吸洗脱液中甲状腺球蛋白(FNA-Tg)检测对甲状腺乳头状癌颈部淋巴结转移的诊断价值。

**方法** 收集 2015 年 8 月至 2018 年 10 月宝鸡市中心医院经病理活检证实为 PTC 患者 214 例, 选择颈部可疑转移淋巴结共计 282 个。行超声引导下淋巴结细针抽吸细胞学检查, 同时采用电化学发光免疫法测定细针抽吸洗脱液中甲状腺球蛋白水平, 所有可疑淋巴结切除后送病理科行组织病理学检查, 并对检查结果进行统计学分析。

**结果** 214 例 PTC 患者共检出可疑肿大淋巴结 282 个。经组织病理学检查证实淋巴结转移阳性 220 个, 阴性 62 个。FNAC 检测淋巴结转移阳性 193 个, 阴性 89 个, 该方法诊断 PTC 淋巴结转移的敏感度、特异度、约登指数、阳性预测值、阴性预测值、准确度分别为 84.55%、88.71%、



73.26%、96.37%、61.80%、85.46%。FNA-Tg 检测淋巴结转移阳性 198 个，阴性 84 个，该方法诊断 PTC 淋巴结转移的敏感度、特异度、约登指数、阳性预测值、阴性预测值、准确度分别为 88.64%、95.16%、83.80%、98.48%、70.24%、90.07%。两种方法联合诊断 PTC 淋巴结转移阳性 215 个，阴性 67 个，联合诊断的敏感度、特异度、约登指数、阳性预测值、阴性预测值、准确度分别为 97.63%、87.32%、84.95%、95.81%、92.54%、96.81%。联合诊断 PTC 淋巴结转移的敏感度和准确度均较 FNAC 检查和 FNA-Tg 单项诊断方法高，差异具有统计学意义 ( $P=0.001$ )。

**结论** FNAC 检查和 FNA-Tg 检测方法简便、安全、准确，联合检测可提高 PTC 淋巴结转移的敏感度和准确度。

#### PU-0894

### 血清同型半胱氨酸、胱抑素 C 水平检测与高血压 颈动脉粥样硬化的相关性研究

高海锋

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨高血压颈动脉粥样硬化患者血清同型半胱氨酸 (homocysteine ,Hcy)、胱抑素 C (cystatin C,Cys-C)水平变化与颈动脉内膜中层厚度 (intima-media thickness , IMT) 的关系。

**方法** 按照高血压诊断/排除标准，选取 2015 年 8 月~2018 年 8 月宝鸡市中心医院确诊的原发性高血压患者 232 例，分别进行血液生化及颈动脉多普勒超声检测，同时测定 IMT 及斑块有无。根据颈动脉粥样硬化的程度及斑块有无将高血压患者分为 3 组：IMT 斑块形成组 (IMT $\geq$ 1.3mm, 95 例)、IMT 增厚组 (IMT 1.0~1.2mm, 79 例) 和 IMT 正常组 (IMT  $\leq$ 0.9mm, 58 例)。同时选择同期 80 例健康体检者作为对照组。采用 Roche COBAS 8000 全自动生化模块组合分析仪检测 Hcy 和 Cys-C 水平，采用 PHILIPS SONOS 5500 型彩色多普勒超声诊断仪测定 IMT，相关性分析采用 Spearman 秩相关分析。

**结果** IMT 斑块形成组、IMT 增厚组、IMT 正常组和对照组各组之间血清 Hcy 和 Cys-C 水平差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )，且随病程进展二者水平升高 ( $P<0.05$ )；血清 Hcy 和 Cys-C 水平及粥样斑块检出率亦随高血压分级水平增加而增高 ( $P<0.05$ )；年龄、SBP、DBP、TC、TG、HDL-C、LDL-C、Hcy、Cys-C 与高血压颈动脉粥样硬化的发生相关 ( $r=0.460,0.512,0.485,0.112,0.153,-0.232,0.314,0.622,0.588;P<0.05$ )，而性别、FBG 与颈动脉粥样硬化的发生无相关性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 高血压患者血清 Hcy 和 Cys-C 水平升高与 IMT 及斑块形成密切相关，其水平检测可作为高血压患者发生颈动脉粥样硬化风险及严重程度的指标。

#### PU-0895

### 血浆脂蛋白相关磷脂酶 A2 和血清同型半胱氨酸水平变化 与冠心病的相关性研究

高海锋

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨血浆脂蛋白相关磷脂酶 A2 和血清同型半胱氨酸水平变化与冠心病的相关性，为冠心病的诊断提供依据。

**方法** 选择 2017 年 5 月至 2018 年 11 月在宝鸡市中心医院心内科被确诊为冠心病的住院患者 240 例作为研究对象，其中稳定性心绞痛 (SAP) 63 例，不稳定型心绞痛 (UAP) 71 例，急性心肌梗

死（AMI）106 例。同时选择同期体检健康者 150 例作为对照组。分别检测各组 TG、TC、HDL-C、LDL-C、Lp-PLA2 和 Hcy 的水平，并进行相关性分析和 Logistic 回归分析。

**结果** AMI 组 Lp-PLA2 和 Hcy 浓度水平为 $(292.79 \pm 49.46) \mu\text{g/L}$  和  $(29.25 \pm 6.86) \mu\text{mol/L}$ ，较 UAP 组、SAP 组和对照组高，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；UAP 组 Lp-PLA2 和 Hcy 浓度水平为 $(246.86 \pm 39.70) \mu\text{g/L}$  和  $(23.37 \pm 4.94) \mu\text{mol/L}$ ，较 SAP 组和对照组高，差异亦具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；SAP 组 Lp-PLA2 和 Hcy 浓度水平为 $(187.38 \pm 30.67) \mu\text{g/L}$  和  $(16.37 \pm 3.08) \mu\text{mol/L}$ ，较对照组高，差异亦具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。TG、TC、LDL-C、Lp-PLA2 和 Hcy 与冠心病呈正相关（ $r = 0.441$ 、 $0.288$ 、 $0.326$ 、 $0.596$ 、 $0.483$ ），HDL-C 与冠心病呈负相关（ $r = -0.304$ ）。冠心病的多因素 Logistic 回归分析得知，Lp-PLA2 和 Hcy 均为冠心病独立相关因素。

**结论** 高血浆 Lp-PLA2 和血清 Hcy 是导致冠心病的独立危险因素，两者与冠心病呈正相关，其浓度水平高低可用于区分冠心病的类型（AMI、UAP、SAP），二者联合检测对冠心病的诊断具有十分重要的临床价值。

## PU-0896

### Interferon- $\gamma$ Release Assays for Tuberculous Meningitis Diagnosis: A meta-analysis

You Lan

Department of Clinical Laboratory, Xiangya Hospital Central South University

**Objective** Tuberculous meningitis (TBM) is still a great challenge to global public health. As conventional diagnostic methods for TBM are unsatisfactory, interferon- $\gamma$  release assays (IGRAs) have been introduced for TBM diagnosis tentatively. However, the role of IGRAs for diagnosing TBM remains unclear. Thus, we systematically evaluated the diagnostic performance of cerebrospinal fluid (CSF) and peripheral blood (PB) IGRAs in TBM to fill this blank.

**Methods** Relevant studies were systematically searched in both foreign and domestic databases up to March 2018. The quality of the included studies was assessed through the Quality Assessment of Diagnostic Accuracy Studies-2 (QUADAS-2) tool. Main outcome measures, including sensitivity, specificity, positive likelihood ratio (PLR), negative likelihood ratio (NLR) and diagnostic odds ratio (DOR), were pooled statistically using random effects models. The potential heterogeneity was explored by threshold effect analysis, subgroup analyses and meta-regression. Funnel plots and the Egger's test were used to test the potential publication bias. Statistical analyses were performed using Stata and Meta-DiSc software.

**Results** 26 out of 656 publications were eligible for meta-analysis, including 1892 participants in total. The pooled estimates of PB IGRAs for TBM diagnosis are as follows: sensitivity, 0.81 (95% CI, 0.78–0.84); specificity, 0.76 (95% CI, 0.73–0.78); PLR, 4.23 (95% CI: 2.95–6.07); NLR, 0.24 (95% CI: 0.19–0.32) and DOR, 21.06 (11.91–37.24); The corresponding estimates for CSF IGRAs were obtained: sensitivity, 0.81 (95% CI, 0.76–0.85); specificity, 0.89 (95% CI, 0.86–0.92); PLR, 7.87 (95% CI: 4.98–12.46); NLR, 0.19 (95% CI: 0.13–0.29); and DOR, 47.74 (25.02–91.12).

**Conclusions** The diagnostic performance of IGRAs is suboptimal. In terms of cost, turn-around time and accessibility, it is unsuitable to use these assays as biomarkers for TBM diagnosis.

## PU-0897

### 儿童支气管肺泡灌洗液分离细菌分布及耐药性分析

甄杨

首都医科大学附属北京儿童医院

**目的** 分析儿童支气管肺泡灌洗液分离细菌的分布及耐药情况，指导临床合理使用抗菌药物。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月-2016 年 12 月临床送检 2451 例支气管肺泡灌洗液标本中, 分离出细菌分布及耐药情况。

**结果** 共分离出细菌 623 株, 革兰阳性菌 237 株, 占 38.0%, 革兰阴性菌 386 株, 占 62.0%。分离的革兰阳性球菌为肺炎链球菌和金黄色葡萄球菌, 革兰阴性杆菌排名依次为流感嗜血杆菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、卡它莫拉菌、大肠埃希菌、阴沟肠杆菌。肺炎链球菌耐药率前三位红霉素, 克林霉素, 接近 100%, 四环素的耐药率高达 93.1%, 对利奈唑胺、万古霉素敏感率 100% 未出现耐药菌株  $\beta$ -内酰胺类: 青霉素耐药占 6.9%, 三代头孢耐药 22.9%, 四代头孢耐药 23.4%, 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 30.8%, 未发现金黄色葡萄球菌对万古霉素和利奈唑胺的耐药菌株。流感嗜血杆菌  $\beta$ -内酰胺酶阳性率 62.1%, 肺炎克雷伯菌产 ESBL 检出率 81.1%, 对碳青霉烯类耐药菌株 47.2%。铜绿假单胞菌对碳青霉烯类药的耐药率较高美罗培南达 42.2%, 亚胺培南 46.7%。最敏感的为环丙沙星 97.8%。鲍曼不动杆菌对碳青霉烯类药的耐药率较高美罗培南达 73.8%, 亚胺培南 67.5%。

**结论** 支气管肺泡灌洗液主要病原菌为革兰阴性杆菌, 细菌多重耐药现象严重, 合理用药是控制感染的关键。

## PU-0898

### Septin9 甲基化在结直肠癌中的应用研究

王堃<sup>1</sup>, 刘珍妮<sup>2</sup>, 易斌<sup>1</sup>

1. 中南大学湘雅医院, 410000

2. 湖南师范大学检验系

**目的** 探讨 Septin9 甲基化在结直肠癌中的应用价值。

**方法** 收集中南大学湘雅医院 2017 年 11 月至 2018 年 9 月期间 Septin9 甲基化检测的病人病例, 使用 Septin9 甲基化检测试剂盒 (PCR 荧光探针法) 检测血浆中 Septin9 甲基化水平。应用 SPSS13.0 统计学软件进行统计学分析。

**结果** Septin9 甲基化在结直肠癌组和对照组间的表达与性别无关, 年龄较高者 (>55 岁) Septin9 甲基化水平低于年龄较低者 (<55 岁)。Septin9, CEA 和中性淋巴比在两组中表达的差异具有统计学意义。在结直肠癌不同肿瘤部位, 临床分期, 分化程度中 Septin9 表达的差异具有统计学意义。Septin9 甲基化与 CEA, CA125, 糖类抗原 242, 细胞角蛋白 19 片段、肿瘤相关物质筛查, CA199, 中性淋巴比之间分别存在负相关性。

**结论** Septin9 甲基化对结直肠癌的早期筛查及诊断有良好的指示作用, 可能在病情分期、预后的诊断中有一定价值。

## PU-0899

### 胃功能三项在消化道疾病中的应用价值

王堃<sup>1</sup>, 万雨晴<sup>2</sup>, 易斌<sup>1</sup>

1. 中南大学湘雅医院, 410000

2. 湖南师范大学检验系

**目的** 分析胃功能三项在不同消化道疾病中的临床应用价值。

**方法** 收集 2018 年 5 月至 2019 年 2 月在中南大学湘雅医院做了胃功能三项检查的住院病人 370 例作为病例组, 选择同期健康体检者 118 例作为对照组, 采用酶联免疫双抗夹心法测定胃功能三项各项指标, 用 spss 21.0 统计软件进行统计分析。

**结果** 与健康对照组相比, 胃间质瘤组、胃溃疡组、胃癌组、慢性胃炎组 PGI 水平显著升高, 胃溃疡组、胃癌组、慢性胃炎组 PGII 水平显著升高, 胃癌组 PGR 水平降低。胃息肉组、胃间质瘤组、

胃癌组、慢性胃炎组 G-17 水平显著增高,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。与胃息肉组比较,胃间质瘤组、胃癌组、慢性胃炎组 PGI 水平明显升高,胃癌组、慢性胃炎组 PGII 水平明显升高,胃间质瘤组、慢性胃炎组 PGR 水平明显升高,指标差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。PGI、PGII、G-17 三项指标联合诊断胃溃疡的敏感性为 87.5%,特异性为 91.5%,PGI、PGII、G-17 三项指标联合诊断胃癌的敏感性为 56.3%、特异性为 94.9%。

**结论** 胃功能三项检查在胃癌、胃溃疡、慢性胃炎、十二指肠溃疡、肝硬化、糖尿病等消化道疾病的辅助诊断方面具有很大的作用,可以筛查出需要做胃镜检查确诊的高危人群,可以用于大规模普查和健康人群众体检。尤其是在胃癌、胃溃疡等疾病的前期诊断中具有十分重要的意义。

## PU-0900

### 常规 HIV 耐药基因型检测的基因序列构建局部地区 HIV 分子传播网络

柳明辰,何伟,赵彬,安明晖,王琳,李丹,丁海波,韩晓旭,尚红  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 近年来我国 HIV 疫情仍未得到有效控制,新诊断 HIV 感染者的传播途径以性传播为主,传统的干预措施难以奏效,亟需要探索新的科学手段指导精准干预,控制艾滋病传播。

**方法** 收集 2002-2016 年间于中国医科大学附属第一医院就诊的 2268 例 HIV-1 感染者的耐药检测数据,以及基本人口学和流行病学信息,采用最大似然树进行系统进化分析区分病毒基因型。利用 HYPHY 2.2.4 TN93 模型计算 pol 基因序列间的成对距离,导入 Gephi 实现 HIV 分子传播网络可视化,不同基因型采用亚型特异性优化的基因距离阈值。

**结果** 2268 名 HIV 感染者中主要存在 CRF01\_AE、CRF07\_BC 及 B3 种亚型,其中 CRF01\_AE 亚型的感染者最多,占 75.8%,CRF07\_BC 亚型感染者和 B 亚型感染者分别为 12.2%和 7.8%,其它亚型仅占 4.1%。男男同性恋者在三种亚型分子传播网络中所占比例分别为 88.2%、91.4%及 77.8%;异性性传播者在 B 亚型网络中所占比例达到 21.4%;IDU 人群在三种亚型分子传播网络中均低于 1.5%。3 种亚型分子传播网络中,均可见男同与异性传播人群相互交叉连接。静脉吸毒人群在 CRF01\_AE 亚型网络中单独成簇,偶有与 MSM 人群的连接,而在 CRF07\_BC 和 B 亚型网络中,静脉吸毒者均可见于异性性传播人群交叉连接。

**结论** 常规耐药检测的病毒基因序列可以用来反映局部地区的 HIV 传播规律,动态监测分子传播网络变化有助于反映疫情最新变化。

## PU-0901

### 中国东部以劳务输出为主地区的 HIV-1 基因型 分布新特征研究

柳明辰,韩晓旭  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 了解近年来我国东部以劳务输出为主地区 HIV-1 基因亚型的分布特征和可能的病毒起源

**方法** 本研究选择中国东部部分城市 2013 年-2015 年随机抽样的 HIV 感染者,分析不同城市不同传播途径人群中 HIV 基因型的分布及联系,并与主要的劳务输入地(长三角,珠三角,北京,天津,河南,成都等)HIV 疫情相比较探索毒株的可能起源。

**结果** 1.主要流行 CRF01\_AE (49.3%)、CRF07\_BC (26.1%)、B 亚型 (14.1%) 3 种病毒株;感染途径中 MSM 人群占 52.2%;异性人群占 45.1%;性传播途径整体占 97.3%。不同传播途径人群中均呈现多亚型并存。

2. 按照传播途径下基因亚型构成可聚类成 5 个主要地区：分别为合肥，安庆，滁州，亳州阜阳，和其他城市，他们具有各自的流行特点：合肥作为该省省会，流入流出人口较多，出现了 MSM 人群下 AE4 和 BC1 占比较大的现象，亳州阜阳的异性人群 B'较多源于地理上与河南相邻，因历史上采供血途径感染 B'较多；安庆的异性 AE1，和滁州的其他亚型较多原因不明。系统进化分析显示各地区序列既有独立成簇的现象又有交叉，表明各城市疫情既有本地流行又有城市间传播；基因离散率结果显示，CRF07\_BC 亚型基因距离较小，尤其是合肥 MSM 人群，说明该毒株传播迅速，而安庆 B 亚型相比较较大，代表该人群低程度流行

3. 结合输入地参考序列进行系统进化分析可发现，AE4，BC1 源于上海，杭州，深圳的可能性较大，亳州阜阳源于河南的可能性大，滁州其他亚型源于深圳的可能性较大；结合输入地参考序列进行城市间基因距离分析可发现，安徽各地区 CRF01AE 与成都毒株较为相似，CRF07BC 与上海深圳，B 亚型与郑州较相似，除此共性特点之外，各个地区与输入地相似程度均有所不同，说明，各城市的打工者对于外出打工地的选择可能具有一定的倾向性。

**结论** 随着经济发展，我国东部地区部分省份外出务工人员规模庞大，他们带回了输入地的 HIV 流行株使得本地流行特点也随着 HIV 传播模式的改变而发生变化，结果表明，阜阳亳州多起源于河南，与其邻近河南省的特殊地理特点相符；其他城市的病毒起源特征可能与选择外出务工工地倾向相关，通过这种 HIV 基因分型变迁以及起源分析可以清晰地展示 HIV 流行形势的变化，为科学艾滋病预防控制提供有益指导。

## PU-0902

# 不同条件下 CIM 试验检测耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的评价

李小月<sup>1</sup>, 曹蕾<sup>1</sup>, 罗庆礼<sup>2</sup>

1. 安庆市第一人民医院, 246000

2. 安徽医科大学病原生物学教研室

**目的** 评估不同底物、不同孵育时间下碳青霉烯类抑制法 (carbapenem inactivation method, CIM) 对肠杆菌科细菌碳青霉烯酶表型筛选能力的差异。

**方法** 分别用亚胺培南，美罗培南，厄它培南作为指示底物对 120 株耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (carbapenem-resistant Enterbacteriaceae, CRE) 进行 CIM 试验，再以美罗培南为指示底物，分别孵育 0.5、1、2 和 4 小时进行 CIM 实验，并采用 PCR 及测序技术检测菌株携带碳青霉烯酶相关基因。

**结果** 120 株 CRE 中，PCR 检测碳青霉烯酶耐药基因，阳性 93 株，阴性 27 株。亚胺培南阳性的 95 株，阴性的 25 株，美罗培南阳性的 87 株，阴性的 33 株，厄它培南阳性的 68 株，阴性的 52 株，与 PCR 结果相比，三者的敏感性分别是 98.9%(92/93)，90.3% (84/93)，69.9% (64/93)，差异有统计学意义 ( $X^2=18.43$ ,  $p<0.01$ )，三种底物的一致率分别为 96.7%，90%，74.2%，Kappa 值分别是 0.90，0.73，0.44。在 4 种不同孵育时间下，敏感性分别为 46.2% (43/93)、58.1% (54/93)、90.3% (84/93) 和 90.3% (84/93)，0.5、1 小时和 2、4 小时相比，差异有统计学意义 ( $X^2=27.31$ ,  $p<0.01$ )。

**结论** 亚胺培南，美罗培南 CIM 试验敏感性和一致率均高于厄他培南，可作为合适的底物，同时 2 小时也是最佳孵育时间。

## PU-0903

肠杆菌中金属  $\beta$ -内酰胺酶表型检测方法的评估

黄紫嫣,李军,陶晓燕,王海晨,胡咏梅,邹明祥  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 碳青霉烯酶的产生是肠杆菌科对碳青霉烯类抗生素最主要的耐药机制,肠杆菌科所产碳青霉烯酶主要包括肺炎克雷伯菌碳青霉烯酶、金属  $\beta$ -内酰胺酶(MBL)和苯唑西林酶。其中,MBL 临床分离株往往造成高度耐药,常合并其它耐药机制,且 CLSI M100-S28 发布前没有推荐的表型检测方法(CLSI M100-S28 将 eCIM 定为肠杆菌中 MBL 检测的推荐方法)。本研究旨在通过将 eCIM 与 EDTA-IPM 双纸片协同实验、EDTA-IPM 双纸片增效实验进行比较,评估 eCIM 对肠杆菌中 MBL 的检测效率。

**方法** 收集经 VITEK-2 检测的碳青霉烯耐药肠杆菌(CRE),PCR 法检测碳青霉烯酶基因,eCIM,EDTA-IPM 双纸片协同、增效实验对 MBL 表型检测。

**结果** 共 231 株 CRE,eCIM 灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 100.0%,97.9%,96.7%,100.0%;EDTA-IPM 双纸片协同实验和 EDTA-IPM 双纸片增效实验灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 90.8%,97.2%,95.2%,94.6%;88.5%,96.5%,93.9%,93.3%。

**结论** eCIM 能有效鉴别肠杆菌中的 MBL,且 CLSI M100-S28 中规定 eCIM 只有在 mCIM 为阳性时才有效,在这种情况下,eCIM 结果的可信度也得到了提高。因此,根据研究的结果本课题组认为 eCIM 是早期检测肠杆菌科中 MBL 的有效方法。

## PU-0904

## 乳酸脱氢酶在细胞形态相似的伯基特淋巴瘤和急性淋巴细胞白血病鉴别诊断中的意义

郑沁,曾德琴,王云燕,金咏梅,陈姣,粟军  
四川大学华西医院,610000

**目的** 评价血清乳酸脱氢酶(Lactate dehydrogenase, LDH)在骨髓细胞形态相似难以区分的伯基特淋巴瘤(Burkitt Lymphoma, BL)和急性淋巴细胞白血病(Acute lymphoblastic leukaemia, ALL)鉴别诊断中的价值,并确定其相应的临床诊断阈值。

**方法** 回顾 2007 年 1 月-2018 年 10 月在四川大学华西医院骨髓细胞形态学初诊为伯基特淋巴瘤的患者 66 例,采用流式细胞免疫分析技术(FCM)进行确诊。进一步分析初诊同时期患者血清 LDH 水平,并绘制受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic curve, ROC)。

**结果** 形态学初诊为 BL 的 66 例患者中,经 FCM 确诊后明确仅 35 例为 BL,31 例为 B-ALL。确诊为 BL 患者血清 LDH 水平显著高于 B-ALL 患者( $P=0.000$ )。ROC 曲线下面积为 0.871,试验准确性较高。约登指数(Youden's index, YI)为 1100.5IU/L 时,诊断特异性为 77.4%,灵敏度为 88.6%。

**结论** LDH 可作为骨髓细胞形态相似难以区分的伯基特淋巴瘤与急性淋巴细胞白血病鉴别诊断的重要辅助指标,其最佳临床诊断阈值为  $\text{LDH} \geq 1100.5 \text{IU/L}$ 。

## PU-0905

## 纤维蛋白原和血小板分布宽度联合检测对乳腺良恶性疾病的鉴别诊断价值

冯永辉

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨 Fg、PDW、CEA 和 CA15-3 作为乳腺癌良恶性疾病的诊断价值。

**方法** 回顾性分析本院近半年诊断为乳腺增生、乳腺良性肿瘤和乳腺癌女性患者，并检测其 Fg、PDW、CEA 和 CA15-3 水平，通过比较分析来分析其对三种疾病的鉴别价值。

**结果** 乳腺癌患者中 Fg 和 PDW 的水平显著高于乳腺增生和乳腺良性肿瘤组，ROC 曲线也显示其具有较高的诊断价值，而 CEA 和 CA153 的诊断价值则较弱。

**结论** 纤维蛋白原与血小板分布宽度均可作为单独的指标在一定程度上来对乳腺良恶性做出鉴别诊断。

## PU-0906

## 一个 NPHS1 基因复合杂合突变导致的肾病综合征 I 型家系的遗传学研究

李晓丽,曾健,林娟,刘伊楚,吴丹梅,兰风华,王志红  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对一个肾病综合征家系进行分子诊断及产前分子诊断。

**方法** 采集先证者及其父母外周血进行全外显子组测序，对可疑致病位点进行 Sanger 验证及致病性分析，明确家系成员基因型后对该家系 1 名高风险胎儿进行突变位点序列分析。

**结果** 测序结果显示先证者肾病综合征 I 型（芬兰型）NPHS1 基因存在 c.[2530\_2531insA];[274G>A]复合杂合突变，先证者母亲存在 c.274G>A 杂合变异，先证者父亲存在 c.2530\_2531insA 杂合变异，羊水检测结果显示胎儿不携带以上两种变异。查阅 OMIM、HGMD、Clinvar 数据库及文献，以上两种变异均未报道。根据 ACMG 遗传变异分类标准与指南，c.2530\_2531insA 变异符合 PVS1+PM2，判定为致病性突变；c.274G>A 变异符合 PM2+PM3+PP3+PP4，判定为可能致病性突变。

**结论** 先证者存在 NPHS1 基因致病性复合杂合突变，变异分别遗传自其父母，符合肾病综合征 I 型的常染色体隐性遗传方式，同时根据患者临床表现及家系基因突变分析结果，推断该复合杂合突变为患者发病原因。由于胎儿不携带该家系的两种突变，故患该病风险低。

## PU-0907

## 一个法布里病家系 GLA 基因变异分析

李晓丽,曾健,黄铭燕,刘伊楚,吴丹梅,兰风华,王志红  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对一个慢性肾功能不全、心功能不全患儿进行分子诊断，并对该家系高危胎儿进行产前分子诊断。

**方法** 首先采集先证者及其父母外周血进行全外显子组测序,对发现的可疑致病位点进行 Sanger 验证、突变位点致病性分析、家系共分离分析及特异性酶学检测。然后针对致病性突变,对该家系 1 名高风险胎儿进行产前分子诊断。

**结果** 测序结果显示先证者为 X 染色体上法布里病 GLA 基因 c.601T>G 突变半合子,其母亲存在 c.601T>G 杂合突变,表型正常的患者同胞弟弟不携带该突变。特异性  $\alpha$ -半乳糖苷酶 A 检测符合法布里病诊断。羊水检测结果显示胎儿为 c.601T>G 突变半合子。查阅 OMIM、HGMD、Clinvar 数据库及文献,该突变未见报道。根据 ACMG 遗传变异分类标准与指南, c.601T>G 变异符合 PM1+PM2+PM5+PP3+PP4,判定为可能致病性突变。

**结论** 根据患者临床表现、法布里病 X 连锁隐性遗传方式及家系基因分析结果, GLA 基因 c.601T>G 突变为该家系的致病原因可能性大。胎儿与先证者同为致病突变半合子,患病风险高。

## PU-0908

### 1 例 Peutz-Jeghers 综合征患者 STK11 基因新生突变的鉴定及分析

林炎鸿,刘伊楚,严爱贞,兰风华,王志红  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对 1 例表现为多发性结肠息肉、皮肤色素沉着斑,临床疑诊 Peutz-Jeghers 综合征/黑斑息肉病(简称 PJS, OMIM: 175200)患者及其表型正常父母行基因检测以明确诊断并探讨其遗传学病因。

**方法** 采用全外显子测序技术对先证者外周血 DNA 的全外显子编码区序列进行分析,寻找 PJ 综合征疑似致病突变,再通过 Sanger 测序验证突变位点并对先证者父母行基因型分析。

**结果** 在患者的 STK11 基因第 1 外显子检测到一个未见报道的杂合点突变: c.193 G>T (NM-000455),使该处原来编码的谷氨酸变为终止密码子, Sanger 测序证实该突变位点。患者的父、母亲 STK11 基因则未检测到突变,同时 STR 位点连锁分析排除非生物学父母的可能,符合家系基因型与表型共分离规律。根据 ACMG 指南(2015 年),该位点变异为致病性变异(PVS1+PS2+PM2+PM5+PP3),且为未见报道的新生突变。

**结论** 根据患者临床表现、基因分析结果和 PJ 综合征常染色体显性遗传方式,推测 STK11 基因 c.193 G>T 突变为其致病原因。通过明确该家系分子诊断,为后续的遗传咨询及产前分子诊断提供了可靠依据。

## PU-0909

### TK1、CYFRA21-1、NSE 和 CEA 的 logistic 回归模型对心包积液性质的鉴别价值

程田  
四川省人民医院,610000

**目的** 探讨心包积液中 TK1、CYFRA21-1、NSE 和 CEA 水平在对心包积液性质的鉴别诊断价值。

**方法** 选择 2015 年 6 月至 2018 年 10 月四川省人民医院 88 例恶性心包积液和 209 例良性心包积液患者。定量检测心包积液中 TK1、CYFRA21-1、NSE、CEA、CA19-9、CA125、AFP 和 CA15-3 水平,比较二组的差异,应用 logistic 回归分析筛选有价值指标并建模,以 ROC 曲线评价其在鉴别心包积液性质中的价值。

**结果** 恶性心包积液组 TK1、CYFRA21-1、NSE、CEA、CA19-9 和 CA125 的水平明显高于良性心包积液组,差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。筛选有价值指标后建立的回归模型为:



$\text{Logit}(Y)=0.227-0.432X_{\text{TK1}}-11.264X_{\text{CYFRA21-1}}+0.770X_{\text{NSE}}+11.356X_{\text{CEA}}$ 。TK1、CYFRA21-1、NSE 和 CEA 的 Cut-off 值分别为: 1.79pmol/L、4.06ng/mL、23.46ng/mL 和 8.13ng/mL。单项中 CYFRA21-1 的特异性和诊断符合率最高 ( $P<0.05$ ); TK1 的灵敏度最高 ( $P<0.05$ ); CEA 的 AUC 最高 ( $P<0.05$ )。联合检测的 Cut-off 值为 0.211, AUC 和灵敏度较单项检测明显提高 ( $P<0.05$ ), 而特异性与单项最优的 CYFRA21-1 无明显区别 ( $p>0.05$ ), 诊断符合率提高明显 ( $P<0.05$ )。

**结论** 心包积液中 TK1、CYFRA21-1、NSE 和 CEA 水平对心包积液性质鉴别有重要价值, 四者联合检测可明显提高诊断效能。

## PU-0910

### 血红蛋白水平与糖化血红蛋白水平相关性研究

王伟  
淮南朝阳医院,232000

**目的** 研究不同血红蛋白水平对糖化血红蛋白水平测定的影响

**方法** 选择在我院治疗的贫血合并高血糖住院患者 86 例做为研究组; 同时选择 109 例血红蛋白正常合并高血糖住院患者为对照组。两组患者均检测血红蛋白水平、糖化血红蛋白水平及空腹血糖水平, 并将检测结果进行对比分析。

**结果** 经过对比分析, 不同程度 Hb 水平的患者血糖之间对比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 研究组中不同程度贫血患者之间的糖化血红蛋白相比差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 轻度贫血的患者的糖化血红蛋白水平与对照组相比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 中度及重度贫血患者的糖化血红蛋白水平均较对照组低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 中度及重度贫血对糖化血红蛋白水平的检测造成一定的影响, 中度及重度贫血患者的糖化血红蛋白检测结果恐不能真实的反映患者病情。

## PU-0911

### Biallelic mutations in DCDC2 cause neonatal sclerosing cholangitis in a Chinese family

Yuxiang lin,Yanhong Lin,Xiaoli Li,Aizhen Yan,Xiurong Yu,Fenghua Lan,Zhihong Wang  
900 Hospital of the Joint Logistics Team

**Objective** Neonatal sclerosing cholangitis (NSC) is a severe cholestatic liver disease, which often develops into end-stage liver disease in childhood and requires liver transplantation. Mutations in CLDN1 and DCDC2 gene are the primary cause of NSC.

**Methods** Whole exome sequencing (WES) was performed in trio to find the possible causative mutations of the present NSC family. Subtle mutation was confirmed by Sanger sequencing, and copy number variation was confirmed by qPCR.

**Results** We found a novel splice site mutation c.705-2 G>A in one allele of DCDC2 in the proband, and his father had the heterozygous mutation at the same site. In the proband's the other allele of DCDC2, we found exon 8 (c.923\_1023) deletion, and his mother had the same deletion. The proband's younger brother, who had the similar clinical manifestations, was found the same compound heterozygous mutations with the proband. Both of the mutations have not been reported in the literature and databases.

**Conclusions** Novel biallelic mutations were identified in DCDC2 of this family, according to ACMG standards and guidelines for the interpretation of sequence variants, both mutations were classified as pathogenic, which caused NSC in this Chinese family.

## PU-0912

### ITGB4 基因新变异导致的大疱性表皮松解症家系的遗传学分析

刘伊楚,李晓丽,余秀蓉,曾健,林娟,兰风华,王志红  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 针对一个大疱性表皮松解症 (epidermolysis bullosa, EB) 家系进行分子诊断, 并对该家系中的 1 个高危胎儿进行产前分子诊断, 以预防患儿的出生。

**方法** 由于先证者夭折无法获取样本, 抽取先证者父母外周血进行遗传性皮肤病 Panel 二代测序, 针对发现的可能致病位点进行 Sanger 测序验证, 再根据 ACMG 指南进行突变位点致病性分析。明确家系基因型后, 抽取先证者母亲羊水并提取 DNA, 采用 PCR 扩增及直接测序方法进行产前分子诊断。

**结果** 先证者父母均携带大疱性表皮松解症致病基因 ITGB4 突变, 父亲存在 c.4142 4143insC 杂合突变, 母亲存在 c.793 794insC 杂合突变。查阅 OMIM、HGMD 及 Clinvar 数据库及文献, 这两个变异均为未报道的新变异。根据 ACMG 遗传变异分类标准与指南 (2015 年), 这两个变异均符合 PVS1+PM2+PM4+PP4, 可以判定为致病性变异。胎儿检测结果显示其携带母源 c.793 794insC 杂合突变, 不携带父源性突变。

**结论** 根据先证者临床表现及其父母基因分析结果, 推测其发病原因是同时遗传了父亲与母亲的 ITGB4 杂合突变。由于胎儿仅携带母源性突变, 根据该病常染色体隐性遗传方式, 胎儿患大疱性表皮松解症风险低。

## PU-0913

### 27 个地中海贫血家系的胚胎植入前遗传学诊断

王志红<sup>1</sup>, 李晓丽<sup>1</sup>, 余秀蓉<sup>1</sup>, 黄秋香<sup>2</sup>, 林春丽<sup>2</sup>, 陈智鏢<sup>2</sup>, 刘伊楚<sup>1</sup>, 曾健<sup>1</sup>, 林娟<sup>1</sup>, 兰风华<sup>1</sup>, 刘芸<sup>2</sup>  
1. 解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所  
2. 解放军第九〇〇医院妇产科生殖中心

**目的** 将联合诊断单基因病和染色体病非整倍体高通量测序与连锁分析 (mutated allele revealed by sequencing with aneuploidy and linkage analyses, MARSALA) 策略运用于 27 个地中海贫血家系、共 37 个周期的胚胎植入前遗传学诊断 (PGD)。

**方法** 选择 27 个已明确分子诊断并要求 PGD 助孕的地中海贫血家系, 包括 22 个  $\alpha$ -地贫家系 (30 个周期)、4 个  $\beta$ -地贫家系 (5 个周期) 和 1 个  $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫家系 (2 个周期), 女方年龄 22-44 岁。首先对活检的囊胚滋养外胚层细胞进行 MALBAC 全基因组扩增, 然后对缺失型  $\alpha$ -地贫采用 NGS 进行家系遗传标记 SNP 单体型分析, 对突变型  $\alpha$ -地贫和  $\beta$ -地贫进行突变位点检测及家系遗传标记 SNP 单体型分析, 判断胚胎基因型, 同时进行胚胎染色体非整倍体筛查。

**结果** 37 个周期有 7 个周期未获得囊胚, 30 个周期共活检 111 枚囊胚 ( $\alpha$ -地贫 89 枚,  $\beta$ -地贫 15 枚,  $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫 7 枚), 检测成功 106 枚, 其中正常基因型的整倍体胚胎 19 枚 ( $\alpha$ -地贫 18 枚,  $\beta$ -地贫 1 枚), 表型正常的携带者基因型的整倍体胚胎 53 枚 ( $\alpha$ -地贫 42 枚,  $\beta$ -地贫 6 枚,  $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫 5 枚)。有 3 个周期胚胎检测均异常, 无可移植胚胎。选择 21 枚胚胎行单囊胚移植后, 16 枚获临床妊娠, 1 例早期流产 (流产物染色体及地贫基因均正常), 其余羊水产前诊断结果与 PGD 结果一致。

**结论** 基于 MARSALA 即胚胎突变位点序列分析+SNP 单体型分析+染色体非整倍体分析的三合一诊断方法是准确、有效且非常适用于临床单基因遗传病的 PGD 方法。

PU-0914

## 抗核抗体在神经系统中的临床应用价值

时丽丽,王金玲,刘霞,王培昌  
首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 探讨抗核抗体在神经系统疾病中的临床应用价值。

**方法** 收集 134 例神经系统疾病患者中 ANA 阳性的患者,根据检测结果和临床资料进行回顾性分析,分析了其神经系统疾病分布;分析脑梗死、视神经脊髓炎谱病和缺血性脑血管病患者的自身免疫性疾病分布。

**结果** ANA 阳性患者的神经系统疾病分布中,脑梗死 29 例,占比 21.64%,视神经脊髓炎谱 15 例,占比 11.19%,缺血性脑血管病 12 例,占比 8.96%。其中脑梗死患者 17.2%患有自身免疫性疾病,视神经脊髓炎谱患者和缺血性脑血管病患者患有自身免疫性疾病的比例分别为 40%和 33.3%。

**结论** ANA 阳性的神经系统疾病患者同自身免疫性疾病紧密相关。ANA 的出现早于自身免疫性疾病临床症状的产生,例如 SLE 患者在临床症状前 9.4 年可检测到相关抗体。SS 患者在临床症状前 18 年检测到 ANA。由于没有相应的随访数据,所以潜在的自身免疫性疾病并不能被完整统计。文献报道神经系统疾病伴自身免疫性疾病时疾病严重程度增加,并且容易复发;干燥综合征会累及的神经系统疾病;风湿性心脏病是脑梗死患者的危险因素等,因此研究自身免疫性疾病与神经系统疾病之间的关联对诊断和治疗有重大意义。本篇研究描述了 ANA 阳性的神经系统疾病患者的疾病种类,确证了与自身免疫性疾病存在紧密的关系,还分析了神经系统疾病和自身免疫性疾病之间的联系,包括神经系统自身免疫性疾病、自身免疫性疾病累及或诱发神经系统疾病、两者合并发病。本研究证明 ANA 检测在神经系统疾病诊断和治疗中的重要作用。

PU-0915

## Novel perspectives in cell-free fetal DNA (cffDNA) implementation for non-invasive prenatal testing (NIPT)

Jiping Shi<sup>1,2,3</sup>, Runling Zhang<sup>2,4</sup>, Jinming Li<sup>2,3</sup>, Rui Zhang<sup>1,2,3</sup>

1. Peking University Fifth School of Clinical Medicine, National Center for Clinical Laboratories, National Center of Gerontology, Beijing Hospital, Beijing, China

2. National Center for Clinical Laboratories, National Center of Gerontology, Beijing Hospital, Beijing, China

3. Beijing Engineering Research Center of Laboratory Medicine, Beijing Hospital, Beijing, China

4. Graduate School, Chinese Academy of Medical Sciences, Peking Union Medical College, Beijing, China

**Objective** Non-invasive prenatal testing (NIPT) seeks to utilize cell-free fetal DNA (cffDNA) present in maternal peripheral blood to detect fetal chromosomal and genetic abnormalities. Recently, multiple approaches have been reported and validated by different laboratories, however, each of which varies in principle, applicable conditions, and crucial analytical parameters. We therefore summarize and evaluate the principle, advantages, limitations, clinical validity and utility of different approaches of NIPT, providing physicians and scientists with feasible strategies and the latest research information.

**Methods** Searches of PubMed, EMBASE, and Cochrane library were conducted to acquire all original treatises and reviews on NIPT from January 2010 to January 2019. The inclusion criteria

involved the articles on approaches, principles, applications, and guidelines of NIPT with cffDNA. The studies on case-control, epidemiology and non-prenatal testing by cffDNA were excluded.

**Results** The detection of fetal birth defects by NIPT are mainly divided into aneuploidy, copy number variations (CNVs), single-gene diseases (SGDs). First, for aneuploidy, the testing approaches are classified by principle as random sequencing, targeted sequencing by target probes or single nucleotide polymorphisms (SNPs), and the non-sequencing methods, such as digital PCR and Vanadis technology. With regard to the analytical parameters, the sensitivity of trisomy 21, 18, and 13 was 94.4%-100%, 87.5%-100%, and 40.0%-100%, and the specificity was 99.06%-100%, 99.78%-100%, and 99.75%-100% with the PPVs of 80.9%-95.2%, 76.6%-92.0%, and 32.8%-75.0%, respectively. Second, for CNVs, the approaches involve targeted sequencing (including SNP-based targeted method) and whole genome sequencing. The essential analytical parameters on CNVs by NIPT are closely related to the size of deletion or duplication. For variations > 5 Mb, the sensitivity and specificity was 90.9% and 95%, for variations < 5 Mb, the sensitivity and specificity was 14.3% and 100%, respectively. However, a considerable amount of variations are less than 5Mb, for example, 15% of all cases of 22q11.2 deletions are smaller than 3 Mb, indicating that the variation size is a barrier need to be overcome for non-invasive testing CNVs. Last, for SGDs, NIPT serves as a diagnostic technique with mainly approaches of the relative mutant dosage analysis (RMD), the relative haplotype dosage analysis (RHDO) and circulating single molecule amplification and resequencing technology (cSMART). Nevertheless, the detection requires the information of maternal and proband's/paternal mutation site or haplotype, which is relatively intricate and expensive.

**Conclusions** Recent advances have shown the great potential of cffDNA as a new biomarker in NIPT of fetal genetic diseases. The non-invasive testing of 21-trisomy, 18-trisomy, and 13-trisomy in fetus has been applied as an optional detection approach clinically due to its superior clinical validity and utility. While for CNVs, the clinical parameters are inadequate in existing studies, and some CNVs are benign or clinically unclear variations that are difficult to interpret and diagnose, hence, the applicability is limited to the identification of specific CNVs or those larger than a definite size. It is noteworthy that NIPT for aneuploidy or CNVs is considered as a screening test rather than a substitute for traditional diagnostic techniques, the positive results need to be confirmed by an invasive diagnostic test (chorionic villus biopsy or amniocentesis). For SGDs, since NIPT serves as a diagnostic approach, the feasibility of application in extensive SGDs requires further validation, more importantly, several novel approaches that can be conducted without the need of proband's or paternal information should be developed urgently.

## PU-0916

### X 连锁遗传性视网膜劈裂症家系的分子诊断与产前诊断

余秀蓉,刘伊楚,曾健,林娟,兰风华,王志红  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对 1 个先天性视网膜劈裂症家系进行基因突变分析, 并对该家系中的 1 个高危胎儿进行产前分子诊断。

**方法** 采集该家系先证者及其父母外周血, 采用二代测序(眼科 panel)查找先证者致病基因及突变位点, Sanger 测序进行突变验证。确定先证者及其父母基因型后采集先证者母亲羊水并提取 DNA, 采用 PCR 扩增及直接测序方法进行产前分子诊断。

**结果** 该家系先证者存在 X 连锁遗传性视网膜劈裂症 RS1 基因 c.305G>T 半合子突变, 为已报道致病性突变; 其母亲为 c.305G>T 杂合突变; 其父亲未发现该突变。胎儿该位点检测结果为野生型, 因此推测患该病风险低。

**结论** 建立了 X 连锁视网膜劈裂症家系分子诊断和产前分子诊断的方法, 并成功应用于该家系, 以预防患儿出生。

## PU-0917

## 多种血清肿瘤标志物在肺癌胸膜转移以及淋巴结转移中的临床表现

王家骊,王廷杰,孙良丽

达州市中心医院

**目的** 探讨多种肿瘤标志物在肺癌患者胸膜转移以及部分淋巴结转移中的临床表现

**方法** 我们分析了 2015 年 6 月-2018 年 12 月间来我院首诊为肺癌的 541 例患者的 7 种血清肿瘤标志物(包括 CA125,CA153,CA199,CA724,CEA,CYFRA 以及 NSE)在胸膜转移以及部分淋巴结转移中的临床表现。我们分别按是否发生胸膜转移及是否发生淋巴结转移分为单纯转移, 合并其它转移, 其它转移以及未转移等 4 组, 分组对比各肿瘤标志物表达水平。

**结果** 1、CA724 在各组间比较没有统计学差异。2、由是否发生肺门/纵膈淋巴结转移的组间对比可见: (1)、除外合并其它转移组与其它转移组间比较无统计学差异外, CEA 均在其它组间比较有统计学意义; 而 CA125 在合并其它转移组和其它转移组间比较以及单纯肺门/纵膈淋巴结转移与未转移组比较无统计学差异; 与未转移组比较, NSE 在合并其它转移组以及其它转移组有统计学差异; CA153 及 CYFRA 均近在其它转移组与未转移组间比较及单纯肺门/纵膈淋巴结组与其它转移组间比较差异有统计学意义, 而 CA199 在肺门/纵膈淋巴结合并其它转移组及其它转移组与未转移组间的比较有统计学意义。3、在是否发生胸膜转移的组间比较对比可见: (1)、胸膜转移伴其它转移与单纯胸膜转移的组间比较, CA125 比较没有统计学意义, 其余组间比较该标志物的表达差异均有统计学意义, 均高于未转移组; 而 CEA 则在其它转移组与单纯胸膜转移组间比较无统计学差异, 其余组间比较有统计学意义。4、部分项目各组中值均高于或低于正常参考值上限。

**结论** 在肺癌胸膜转移及肺门/纵膈淋巴结转移中, 各种标志物的表达水平各有不同。CEA 及 CA125 在上述转移中均有明显的表达差异, 但是 CA724 则在上述转移中没有临床表达差异。联合应用上述标志物有利于区分初诊肺癌患者是否存在上述转移。同时需要注意的是, 多种标志物不能单纯用是否超过或低于各自正常参考值上限做为判断标准, 应积极寻求更为合理的判断阈值。

## PU-0918

## 一个合并 PAX6 基因大片断缺失和 RHO 基因变异家系的遗传学研究

余秀蓉,李晓丽,刘伊楚,林宇翔,兰风华,王志红

解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对 1 个合并先天性小睑裂综合征、双眼球震颤及白内障等多种眼部症状的家系进行遗传学分析, 探索其致病原因。

**方法** 首先对先证者进行全外显子组测序, 针对找到的可疑致病基因及变异, 应用 Sanger 测序验证微小突变, Q-PCR 验证大片段缺失, 并进行家系共分离分析。

**结果** 先证者检出两种遗传性眼病基因变异, 分别为中央凹发育不良 1 型 PAX6 基因 5-7 号外显子杂合缺失变异和视网膜色素变性 RHO 基因 c.1025C>T 杂合变异, 家系中另 2 例患者(先证者父亲和弟弟)均存在这两种变异, 母亲未发现这两种变异, 符合表型与基因型共分离。查阅 OMIM、HGMD 及 Clinvar 数据库, PAX6 基因 5-7 号外显子缺失为未报道的新变异。根据 ACMG 遗传变异分类标准与指南(2015 年), 该变异符合 PVS1+PM2+PP1, 可以判定为致病性变异。RHO 基因 c.1025C>T 变异已报道与视网膜色素变性相关。

**结论** 该家系临床症状符合 PAX6 基因变异导致的常染色体显性中央凹发育不良 1 型，但与 RHO 基因变异导致的常染色体显性视网膜色素变性的相关性证据不足，建议患者补充视网膜色素变性的特异性眼科检查，以进一步明确诊断。

## PU-0919

### 一个婴儿恶性石骨症家系的遗传学分析

余秀蓉,刘伊楚,曾健,黄铭燕,兰风华,王志红  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对一个婴儿恶性石骨症家系进行基因诊断，探索其致病原因，并对该家系中的 1 个高危胎儿进行产前分子诊断。

**方法** 首先对先证者进行骨骼疾病 panel 二代测序，针对找到的可疑致病基因及突变位点，应用 Sanger 测序验证，再确定同患病的先证者妹妹及其正常表型父母的基因型，然后采集先证者母亲羊水标本，采用 PCR 扩增及直接测序方法进行产前分子诊断。

**结果** 该家系先证者及其妹妹存在婴儿恶性石骨症 TCIRG1 基因复合杂合突变：c.[1213G>A];[1555-2A>C]，均为已报道致病性或可能致病性突变。先证者母亲存在 c.1213G>A 杂合突变，先证者父亲存在 c.1555-2A>C 杂合突变。胎儿检测结果显示其携带父源性 c.1555-2A>C 杂合突变，不携带母源性突变。

**结论** 根据该家系患者临床表现和基因分析结果，TCIRG1 基因 c.[1213G>A];[1555-2A>C]复合杂合突变是该家系婴儿恶性石骨症的致病原因。根据该病常染色体隐性遗传方式，由于胎儿仅携带父源性突变，故患病风险低。

## PU-0920

### 基于智能数据和机器学习的检验诊断报告模式探索

杨大千  
浙江大学医学院附属第一医院,310000

**目的** 尿液检验只提供简单报告，需医生解读。人工智能迅速发展，本文研究智能数据和机器学习算法在尿液检验解释性报告中的应用。

**方法** 收集约 360 万尿检数据，建立智能数据，包括：统计每个项目不同结果的频数分布建立人群分布；根据数据分布、项目重要性和结果异常程度，建立每个样本的健康指数和各项目的异常等级。收集糖尿病（6650 例）、肾炎（3383 例）、肾病综合征（6650 例）等 9 种疾病数据，按性别、年龄匹配同数量的健康对照组。用 Python 建立人工神经网络、决策树、随机森林等 6 种机器学习算法，建立诊断模型并评估算法性能。用 JAVA 开发数据展示软件。

**结果** 每个样本能分为正常（96-100 分）、异常（86-95）、疾病（51-85）、危重（0-50）4 个等级；项目结果能判断为正常（0）、轻度（1）、中度（2）、重度（3）、极度（4）5 个等级和提供人群分布；疾病取 5 种模型预测概率的中位数，不同疾病和算法模型的敏感度>81.87%，特异性>70.85%。开发的 JAVA 软件展示上述结果，并包括病历和结果、历史结果、患者教育等内容。

**结论** 基于人工智能的技术能实现解释性报告，是尿液检验结果解释的一种新方法。

## PU-0921

## MaReCs 技术应用于染色体平衡易位携带者胚胎植入前遗传学检测的临床分析

黄秋香<sup>1</sup>, 王志红<sup>2</sup>, 刘芸<sup>1</sup>, 林春丽<sup>1</sup>, 陈智鏢<sup>1</sup>, 刘智任<sup>1</sup>, 曾健<sup>2</sup>, 黄吴键<sup>1</sup>, 毛丽华<sup>1</sup>, 何凌云<sup>1</sup>

1. 解放军联勤保障部队第 900 医院

2. 解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 探讨等位基因映射识别胚胎平衡易位携带状态技术 (MaReCs) 在胚胎植入前遗传学检测 (PGT) 中的应用及临床结局。

**方法** 回顾性分析 35 例染色体平衡易位携带者夫妇的临床病例。采用 MaReCs 技术进行 PGT, 根据 PGT 结果及临床结局进行数据统计、总结分析。

**结果** 2017 年 09 月至 2018 年 12 月共实施了 35 例染色体平衡易位的 PGT, 包括 31 例相互易位和 4 例罗氏易位, 活检 191 个胚胎, 全基因组扩增失败 1 个, 获得明确诊断胚胎 190 个。经 MaReCs 技术检测: 33 例夫妇的 44 个胚胎明确诊断为完全正常, 32 个为易位携带, 另 2 例夫妇的 4 个整倍体胚胎, 由于断裂点不明确无法构建单体型, 故无法判断其易位携带状态。截止 2019 年 2 月 1 日, 31 例夫妇进行了 38 个周期的单囊胚解冻移植: 26 个周期移植完全正常胚胎, 10 个周期移植易位携带胚胎, 2 个周期移植整倍体胚胎, 分别有 17 例 (65.4%)、5 例 (50%) 和 1 例 (50%) 获临床妊娠。PGT 治疗后所有孕中期产前羊水诊断, 核型分析结果与 MaReCs 结果一致, 已出生 3 个男婴和 3 个女婴。

**结论** MaReCs 技术可以有效检测出胚胎的易位携带状态, 有望为染色体易位携带者家庭改写生育结局。

## PU-0922

## AKAP12 endogenous transcripts suppress the proliferation, migration and invasion of colorectal cancer cells by directly targeting oncomiR-183-5p

Tingting Hu<sup>1</sup>, Xuan Wu<sup>1,2</sup>, Ke Li<sup>1,2</sup>, Yuan Li<sup>1,2</sup>, Ping He<sup>1,3</sup>, Zhiyuan Wu<sup>1</sup>, Jie Fan<sup>1</sup>, Weiwei Liu<sup>1,2</sup>, Ming Guan

1. HUASHAN HOSPITAL

2. Shanghai Tenth People's Hospital

3. Nanjing Hospital

**Objective** Restoring lost function to suppressor gene products has captured the interest of the research community in the field of gene therapy. AKAP12, also known as Gravin/AKAP250, is a tumor suppressor gene, and its deregulation may be responsible for cancer progression. The aim of this study was to investigate whether AKAP12 mRNA has an anti-cancer function by regulating onco-miRNA expression in colorectal cancer (CRC) cells.

**Methods** miRNAs targeting AKAP12 were predicted by bioinformatics analysis and further confirmed by dual-luciferase reporter assays and RT-qPCR. The altered expression of microRNA was validated in early-stage CRC tumors tissues by miRseq. Cell proliferation was measured using the Cell Counting Kit-8. Cell invasion and migration were detected by transwell and wound healing assays, respectively. In vivo experiments were conducted to confirm the in vitro findings.

**Results** Among all miRNAs expression, reversed correlation between AKAP12 expression and miRNA-183-5p expression were most significant. Luciferase assays revealed that AKAP12 directly targeted miR-183-5p. The miRseq data showed that miR-183-5p was also dysregulated at the early stage of tumor development and upregulated in late sub-stage II CRC patients ( $P < 0.01$ ). Mechanistic analysis both in vitro and in vivo demonstrated that anti-miR-183-5p

depressed cell proliferation, migration, and invasion in CRC cells while miR-183-5p overexpression resulted in opposite effects.

**Conclusions** Our findings suggested that oncomiR-183-5p promoted the proliferation, migration, and invasion of CRC cells. AKAP12 miRNA-binding elements (MREs) suppressed miRNA-183-5p activities. Any change in expression of AKAP12 thus affected miRNA-183-5p. This may be another anti-tumor mechanism in addition to protein-mediation that regulates tumor suppressor genes.

## PU-0923

### 一例 2q37 微缺失综合症的遗传学诊断

张晓,黄铭燕,连晓惠,林娟,兰风华,涂向东,曾健  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对 1 例智力低下、头面部畸形患儿进行染色体畸变分析

**方法** 采用染色体 G 显带分析、亚端粒多重连接依赖探针扩增 (Multiplex ligation dependent probe amplification, MLPA)、荧光原位杂交 (fluorescence in situ hybridization, FISH) 及单核苷酸多态性芯片 (single nucleotide polymorphisms array, SNP-array) 等技术, 分析染色体及相关基因的异常。

**结果** 染色体 G 显带检测显示患儿染色体核型为 46, XY, 亚端粒区 MLPA 检测提示患儿 2q37.3 区域 CANP10-3、ATG4B-7 基因拷贝数减少, 父母 MLPA 未见异常。SNP-Array 显示近 80 个基因缺失。FISH 分析提示患儿 46, XX, ish, de1(2), t(2;12)(p25;p13), 即 2q37.1q37.3 间隙性缺失。TWIST2, FARP2 HDAC4 等基因缺失可能与患儿示患儿 2q37.1q37.3(233,331,507-243,029,573) 9.7Mbp 杂合性缺失, 造成 ECEL1 等头面部畸形、智力低下、肌张力减退、多动症有关。

**结论** MLPA、FISH 和 SNP-Array 等技术联合应用可以更好地从基因组水平上诊断染色体微缺失重排。

## PU-0924

### RET-He 和 IRF 在贫血患者中的应用价值

王修石  
达州市中心医院

**目的** 探讨网织红细胞血红蛋白含量 (RET-He)、未成熟网织红细胞指数 (IRF) 在贫血患者中的临床应用价值。

**方法** 采用 Sysmex XN-9000 全自动血球分析仪流水线检测 223 例贫血患者(缺铁性贫血 52 例、溶血性贫血 23 例、肾性贫血 26 例和肿瘤性贫血 122 例)和 20 例正常健康体检者外周血 RET-He、IRF、LFR、MFR 和 HFR 水平。

**结果** 在多种贫血疾病中, RET%和 RET#虽变化较小, 但相应的 RET-He、IRF、HFR、MFR 和 LFR 变化则非常明显, 具有统计学意义 ( $p < 0.01$ ); 尤其 IRF 在溶血性贫血变化最大; RET-He 在缺铁性贫血中降低非常明显。

**结论** 网织红细胞参数 (RET-He、IRF、HFR、MFR 和 LFR) 变化在疾病贫血的诊断和疗效观察有其重要价值; 尤其在贫血患者早期 Ret 尚未改变时, 联合观察 IRF 和 RET-He 对疾病或治疗的初步判断有重要临床意义。



## PU-0925

## HEV-LFS : a novel scoring model for patients with hepatitis E virus-related liver failure

Jian Wu<sup>1</sup>, Naizhou Guo<sup>2</sup>, Hongcui Cao<sup>1</sup>, Lanjuan Li<sup>1</sup>

1.State Key Laboratory for the Diagnosis and Treatment of Infectious Diseases, The First Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University, 79 Qingchun Rd., Hangzhou 310003, China

2.Department of Laboratory Medicine, The First People's Hospital of Yancheng City, Yancheng 224005, China;

**Objective** Non-invasive assessment method for acute or acute-on-chronic liver failure in patients with hepatitis E virus (HEV) infection is urgently needed. We aimed to develop a scoring model for diagnosing HEV patients who developed liver failure (HEV-LF) in different stages.

**Methods** A cross-sectional set of 351 HEV-LF patients were identified and enrolled, and Guidelines for diagnosis and treatment of liver failure in China and the Asian Pacific Association for the Study of the Liver were adopted as the references.

**Results** HEV-LFS, a novel scoring model that incorporates data on cholinesterase (CHE), urea nitrogen (UREA), platelets, and international normalized ratio, was developed using a deriving set. For diagnosis of HEV-LF stage F1 to F3, the HEV-LFS scoring model (F1: 0.87; F2: 0.90; F3: 0.92) had a significantly higher AUROC than did the CLIF-C-ACLFs (F1: 0.65; F2: 0.56; F3: 0.51) and iMELD (F1: 0.70; F2: 0.57; F3: 0.51) scoring models, among which the HEV-LFS scoring model had the best sensitivity and specificity. In addition, the HEV-LFS scoring model was correlated with mortality, length of hospitalization and ICU stay. The level of cholinesterase decreased gradually with an increase in the GDTLF score and urea nitrogen increased gradually with an increase in the GDTLF score. These results were validated by a validation set. Encouragingly, a calibration curve showed good agreement between the deriving and validation sets. Of note, we also established a nomogram to facilitate the practical operability of the HEV-LFS scoring model in clinical fulfilment.

**Conclusions** Both CHE and UREA may be indicators for HEV-LF patients. The HEV-LFS scoring model is an efficient and accessible model for diagnosing HEV-LF in different stages.

## PU-0926

## 阿德福韦酯联合拉米夫定治疗 HBeAg 阳性慢性乙型肝炎患者疗效观察

王修石

达州市中心医院

**目的** 观察阿德福韦酯联合拉米夫定治疗 HBeAg 阳性慢性乙型肝炎患者 48 个月的疗效及安全性，力求寻找核苷类似物治疗慢性乙型肝炎患者耐药率低、效果好、经济实用的最佳治疗途径。

**方法** 选择符合抗病毒指征的 HBeAg 阳性慢性乙型肝炎患者 300 例，每位患者均肝功能中度以上受损和 HBV-DNA $>1\times10^3$ copies/ml，将其随机分成 3 组，各 100 例。A 组：单用阿德福韦酯治疗；B 组：单用拉米夫定治疗；C 组：阿德福韦酯和拉米夫定联合治疗。分别观察治疗后 6、12、24、36、48 个月各组患者的病毒学、血清学和生化学应答情况。

**结果** 治疗 48 个月时，3 组患者 HBV-DNA 阴转率、HBeAg 阴转率、总有效率分别为：A 组：78.0%、12.0%、82.0%；B 组：48.0%、8.0%、70.0%；C 组：98.0%、20.0%、98.0%。

**结论** 阿德福韦酯和拉米夫定联合治疗，其肝功能生化学改善、病毒学应答，持久性应答均优于两药的单用效果，而且提高病人耐药性。

## PU-0927

**X 染色体长臂异常原发性不孕女性患者的遗传学分析**

吕园园,连晓惠,林娟,颜钰莹,曾健  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 通过对 6 例 X 染色体长臂异常女性患者的细胞与分子遗传学分析,进一步探讨女性原发性不孕的遗传学病因。

**方法** 对患者进行染色体 G 显带核型分析,并运用低覆盖度的全基因组测序确定断裂位点。

**结果** 3 例为 X 染色体长臂末端缺失,其中 2 例断裂点为 del(X)(q22),1 例断裂点为 del(X)(q26.2);2 例 X 染色体长臂间隙缺失,断裂位点分别为 del(X)(q26.3q27.3)、del(X)(q24q27.3);1 例为 X 染色体长臂重复,断裂点为 dup(X)(q13.2q28)。

**结论** X 染色体长臂上的性腺发育关键区域在 Xq13-26 之内,女性 X 染色体长臂缺失引起的表现型变化多样,含不同断裂点的 X 染色体缺失患者身上有可能出现生殖腺发育不全或者早发性卵巢功能丧失。X 染色体长臂重复大部分女性携带者女性不表现出临床症状,但也有可能见到异常表现性的 X 染色体长臂重复女性患者。

## PU-0928

**一例携带等臂双着丝粒 Y 染色体卵巢早衰患者的遗传学分析**

杨兰,张晓,余秀容,曾健  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 联合运用多种遗传学技术对一例卵巢早衰患者进行检测,探讨其遗传学病因。

**方法** 应用 G 显带核型分析、C/N 显带分析、多重 STS 位点 PCR、多重连接依赖性探针扩增技术 (MLPA)、单核苷酸多态性微阵列技术 (SNP 芯片) 和荧光原位杂交 (FISH) 进行遗传学检测。

**结果** G 显带核型分析结果为 47,XX,+psu dic(Y)(p11.2)。采用多重 PCR 扩增 Y 染色体 AZF 区 3 个亚区的 6 个序列标签位点 (STS) 和 SRY 基因位点结果未检测到 SRY 基因片段,Y 染色体的 AZF 区未缺失。MLPA 检测结果提示 SRY 基因缺失,Y 染色体长臂 q11.2 区域重复。SNP 芯片结果为 arr(X)x2,Yp11.2q11.23(6096666-28799654)x1-2 即 Y 染色体的 p11.2q11.23 区域有 1-2 倍的重复。FISH 结果显示 Y 染色体着丝粒探针 (DYZ3) 有两个杂交信号。

**结论** 患者携带等臂双着丝粒 Y 染色体可能是其卵巢早衰的重要遗传学病因。

## PU-0929

**Knockout 血清替代品对小鼠胚胎干细胞向神经细胞分化的影响**

王贝,芦慧霞  
东南大学附属中大医院,210000

**目的** 探讨 Knockout 血清替代品 (KSR) 在小鼠胚胎干细胞 (mESCs) 向神经细胞分化过程中的影响

**方法** 在 2%、10%和 15%KSR 浓度下, 分别与碱性成纤维细胞生长因子(bFGF)、血小板衍化生长因子(PDGF-AA)为主要成分的复合诱导液诱导 mESCs 向神经细胞方向分化, 第 28 天行 NFH、O4 以及 GFAP 免疫细胞化学显色鉴定诱导后的神经细胞, 观察不同浓度 KSR 对 mESCs 分化的影响

**结果** 2%KSR 组强阳性表达 O4, 少量表达 GFAP; 10%KSR 和 15%KSR 组强阳性表达 NFH, 但均无 GFAP 表达, 组间无差异

**结论** 不同浓度 KSR 影响 mESCs 向神经细胞分化的方向

## PU-0930

### 额外小标记染色体的遗传学检测和临床效应分析

杨兰, 张晓, 林娟, 连晓惠, 涂向东, 曾健  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 对携带额外小标记染色体(sSMC)病例进行遗传学检测和临床效应分析。

**方法** 对 2003 年至 2017 年到我院行染色体检查的 41388 例患者进行细胞遗传学 G 显带分析, 并对携带 sSMC 的 26 病例进行 C/N 显带分析、基因芯片(SNP)和荧光原位杂交(FISH)分析。

**结果** 26 例患者的 sSMC 中, 其中有 17 例含有随体片段, 2 例含有异染色质片段, 1 例同时含有随体和异染色质片段; 5 例 sSMC 可能是常染色质来源。主要临床表型包括弱畸精症、子宫卵巢未发育、多囊卵巢、反复流产、语言障碍, 智力运动发育迟缓等。为了进一步明确 sSMC 的来源和片段大小, 我们对其中 11 例患者的 sSMC 进行了分子遗传学检测。其中 7 例的 sSMC 通过 SNP 芯片或 FISH 检测后鉴定为 15 号染色体来源, 其中 1 例无明显临床表型, 有 5 例表现为生殖障碍, 还有 1 例表现为不孕症, 能做简单运算, 但对于多位数的计算题或是运用题却无法完成, 平时缺乏与他人语言交流的意向, 自闭症样行为; 确认了 1 例 X 染色体来源, 临床表现为原发性闭经; 一例为 Y 染色体来源, 其外生殖器表现为女性, 但是双侧卵巢未发育、子宫偏小, 腹腔内未探及睾丸; 还有 2 例临床上分别表现为多囊卵巢和不明原因的不孕症, 但 SNP 未检测出 CNV 异常。

**结论** 本研究中最常见的 sSMC 形式为来源于 15 号染色体并含有随体的片段, 与之前的研究报道一致。鉴于 sSMC 的遗传结构和临床表现的异质性, 需要同时结合细胞和分子遗传学检测技术做出精确的鉴定, 才能为患者提供更加准确有效的遗传咨询。

## PU-0931

### 生精障碍男性 Y 染色体 AZFc 区遗传变异的检测及其通过辅助生殖治疗后妊娠结局的回顾性分析

郑双林<sup>1</sup>, 黄吴键<sup>2</sup>, 兰风华<sup>1</sup>, 曾健<sup>1</sup>  
1. 解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所  
2. 解放军第九〇〇医院生殖中心

**目的** 探讨 AZFc 区部分缺失各缺失亚型与生精障碍之间的关系; 对 AZFc 区进行断裂位点分析; 同时, 探讨 AZFc 缺失类型对其 ICSI 治疗妊娠结局的影响。

**方法** 采用多重 STS 位点 PCR 体系、MLPA (Multiplex Ligation-dependent Probe Amplification) 技术对 575 例生精障碍的者进行检测。为了探讨 AZFc 部分缺失对 ART 治疗妊娠结局的影响, 我们以病例-对照的形式, 考察 AZFc 部分缺失的夫妇通过 IVF/ICSI (In Vitro Fertilization/Intracytoplasmic Sperm Injection) 辅助生殖技术治疗后的胚胎情况和妊娠结局。

**结果** 575 例生精障碍的患者中有 87 例存在 AZFc 部分缺失, 发生率为 15.1%, 其中 gr/gr 缺失生精障碍组发生率最高 (7.1%)。114 例正常对照中检测出 AZFc 部分缺失 10 例, 发生率为 8.9%, 其中 b2/b3 在正常人群中发生率最高 (4.4%)。病例组 gr/gr 缺失发生率明显高于正常对照组; 而且, 严重少精症和少精症两个生精障碍亚组的 gr/gr 缺失发生率也均明显高于正常对照组; b2/b3 缺失在病例组的发生率与正常对照组无明显差异。55 例 AZFc 部分缺失共发现了 13 种 CNV 变异体, 其中 6 种 CNVs 发生在 26 例 gr/gr 缺失亚型中, 3 种发生在 23 例 b2/b3 缺失亚型中, 其余 4 种发生在 6 例特殊亚型中。13 种 CNV 变异体的基因组结构进行了断裂位点的分析, 发现其中 8 种基因重复-缺失并存的复杂重组类型未见报道。25 例接受 ICSI 治疗的病例组的受精率和高质量胚胎率明显低于对照组, 而两组之间在卵裂率、生化妊娠率和临床妊娠率上无明显差异; gr/gr 缺失组的受精率明显低于对照组; gr/gr 缺失组与 b2/b3 缺失组进行比较时, 前者的卵裂率明显高于后者。

**结论** gr/gr 缺失可能是男性生精障碍的重要危险因素。AZFc 区 CNV 变异体的发现为进一步研究 AZF 区遗传结构及其在精子发生过程中的作用机制研究提供了实验依据。gr/gr 缺失可能会影响 ART 治疗的受精率, 而 b2/b3 缺失对于胚胎卵裂的影响程度更深。

## PU-0932

### CD40L 基因突变致 X 性联高 IGM 综合征家系的遗传学分析并文献回顾

严爱贞, 林炎鸿, 李晓丽, 余秀蓉, 王志红, 兰风华  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 检测一个 X 性联高 IGM 综合征家系中 CD40L 基因突变情况, 并对该家系 CD40L 基因缺陷高风险胎儿进行产前分子诊断。

**方法** 抽取先证者及其家系成员的外周血样本。常规提取 DNA, 采用二代测序技术对先证者进行基因组全外显子序列分析, 对检出的致病突变进行 Sanger 测序验证, 产前诊断采用 STR 位点分析方法排除母体基因组 DNA 污染后, 应用 PCR 扩增及 DNA 测序对胎儿的羊水基因组 DNA 进行突变分析。

**结果** 该家系先证者为 CD40L 基因 c.346+1G>T 突变半合子, 母亲为 c.346+1G>T 杂合突变携带者, 父亲未发现 CD40L 基因异常。孕母亲产前诊断结果提示胎儿该位点基因型与先证者相同。

**结论** CD40L 基因 c.346+1G>T 突变为该家系先证者患 X 性联高 IGM 综合征的致病原因, 为该病的临床诊断与遗传咨询提供依据。二代测序结合 Sanger 测序法有助于明确免疫缺陷综合征患者的致病基因及其位点。

## PU-0933

### 可变剪接增加单基因转录组和蛋白质组的复杂性和多样性: 以 FMR1 基因为例

兰风华, 邱萍, 严爱贞, 徐永君, 富显果, 杨文静, 廖娟, 郭小燕, 张朵, 郑德柱  
解放军第九〇〇医院全军检验医学研究所

**目的** 脆性 X 综合征 (fragile X syndrome, FXS) 是一种常见的遗传性智力低下性疾病, 其致病基因为脆性 X 智力障碍 1 基因 (fragile X mental retardation 1 gene, FMR1), 编码脆性 X 智力障碍蛋白 (fragile X mental retardation protein, FMRP)。FMR1 基因由 17 个外显子和 16 个内含子组成, 其初始转录本存在复杂的可变剪接, 不同类的可变剪接变异体可能编码结构功能各异的 FMRP。然而, 目前对各种剪接异构体的生理功能仍知之甚少。

**方法** 为了研究人外周血 **FMR1** 基因可变剪接表达,本研究采用 RT-PCR 及 T 克隆-测序技术检测了 10 份正常人外周血白细胞各可变剪接产物类型并统计其表达丰度,结果从 505 个 PCR 产物-T 载体重组质粒中共鉴定出 50 种 **FMR1** 基因可变剪接产物,其中包括 27 种未报道过的新型可变剪接产物。

**结果** **FMR1** 基因可变剪接产物中表达丰度最高的为 ISO 17 和 ISO 7,两者均涉及外显子 12 的跳跃;其次为 ISO1 (含有编码区全长序列)和 ISO13 (采用外显子 17 第二剪接受体位点),其余各类剪接产物出现频率皆不高于 5.0%。本研究检测出的新型可变剪接产物分别涉及外显子 3、4、11 的跳跃,内含子 7 中 30bp、87bp 片段及内含子 9 中 46bp、140bp 片段的插入,这提示人 **FMR1** 基因的可变剪接产物远比已知的要复杂的多。为了探索新型剪接异构体的剪接机制,本研究通过公认的剪接位点预测服务器 Human Splicing Finder 对其剪接位点进行了生物信息学分析,结果显示 27 种新型剪接产物均具备 3'剪接受体位点和 5'剪接供体位点的剪接信号。

**结论** 为了进一步鉴定本研究中发现的新型剪接产物 ISO51~ISO53 所编码的蛋白在正常人外周血中存在与否,本研究采用针对其 C 端氨基酸序列的特异性抗体,通过免疫印迹技术鉴定人外周血白细胞中该剪接产物的蛋白表达水平,结果显示含来自内含子 9 的大小为 140bp 插入片段的新型转录本编码的蛋白在成人外周血中均有本研究不仅丰富了对 **FMR1** 基因可变剪接复杂性和多样性的认识,而且为探讨可变剪接对 **FMRP** 功能影响、探索 **FXS** 发病机制奠定基础。

## PU-0934

### 清单式质量指标在检验科实习生培养中的应用

王凤

大连医科大学附属第一医院,116000

**目的** 探讨清单式质量指标在检验科实习生培养中的应用效果。

**方法** 以 2017 年 12 月-2018 年 12 月在我院检验科实习学生共 11 人为研究对象,将清单式质量指标应用于实习教学过程中。采用问卷式,对比应用清单式质量指标管理前后学生的理论知识与实际操作的掌握情况。

**结果** 共回收有效问卷 22 份。培训后学生的问卷得分明显高于培训前,且差异有统计学意义( $Z$  值为-0.546,  $P < 0.001$ )。

**结论** 将清单式质量指标应用到检验科实习生的培养中,不仅提高了实习生对理论知识的掌握能力而且提高了实际操作能力,为将来走向工作岗位后快速适应环境打下良好的基础。

## PU-0935

### 适配体与 C4-HSL 结合体外抑制铜绿假单胞菌毒力因子的作用效果及机制的初步探索

董敏<sup>1</sup>,兰小鹏<sup>2</sup>

1.厦门大学研究生

2.中国人民解放军联勤保障部队第九〇〇医院

**目的** 探讨适配体对铜绿假单胞菌毒力因子(弹性蛋白酶、蛋白水解酶、绿脓菌素)的影响,并进一步探索适配体与 C4-HSL 结合后使铜绿假单胞菌毒力发生变化的机制。

**方法** 1、限定合适的条件筛选菌株:为呼吸科送检的肺泡灌洗液标本,半年内送检至少两次,培养结果为铜绿假单胞菌;

2、用针对 C4-HSL 的适配体混合物干预铜绿假单胞菌的生长过程,检测对毒力因子的影响;

3、用苔黑酚法测定鼠李糖脂的变化情况及通过 RT-qPCR 技术检测合成鼠李糖脂中关键基因 *rhIA*、*rhIC*、*rhIR*、*rhII* 的表达量的变化。

**结果** 1、成功分离纯化 4 株铜绿假单胞菌；

2、蛋白水解酶检测示，适配体实验组铜绿假单胞菌蛋白水解酶的吸光值为 ( $0.474 \pm 0.265$ )，较对照组 ( $0.604 \pm 0.320$ ) 降低 ( $t=4.561$ ,  $P=0.0198$ )；弹性蛋白酶检测示，实验组铜绿假单胞菌弹性蛋白酶的吸光值为 ( $1.877 \pm 0.694$ )，较对照组 ( $2.126 \pm 0.777$ ) 降低 ( $t=3.414$ ,  $P=0.042$ )；绿脓菌素检测示，实验组铜绿假单胞菌绿脓菌素的吸光值为 ( $0.196 \pm 0.286$ )，较对照组 ( $0.468 \pm 0.690$ ) 降低，差异无统计学意义 ( $t=1.343$ ,  $P=0.272$ )。鼠李糖脂检测的吸光值为  $9.377 \pm 4.387$ ，结合 C4-HSL 的适配体后，产量降低： $6.745 \pm 4.649$  ( $t=4.865$ ,  $P=0.0166$ )；

3、鼠李糖脂中关键基因的表达量情况为：*rhIA* 在与适配体共培养的四株细菌中表达下降，相对表达量为  $0.361 \pm 0.259$  ( $t=4.925$ ,  $P=0.016$ )。*rhIC*、*rhIR*、*rhII* 变化不一致，无法进行统计学分析。

**结论** 1、针对 C4-HSL 的适配体可以抑制铜绿假单胞菌胞外毒力因子：蛋白水解酶、弹性蛋白酶和绿脓菌素。

2、抑制铜绿假单胞菌胞外毒力因子可能通过下调基因 *rhIA*，降低鼠李糖脂的表达从而抑制生物膜的产生。

## PU-0936

### 实验室检测应用于肺癌患者术后血栓发生的危险因素分析

付阳,张琦,王双,金亚雄,江虹  
四川大学华西医院,610000

**目的** 揭示肺癌患者发生血栓疾病的危险因素，研究止凝血标志物与肺癌患者术后发生下肢深静脉血栓的相关性，为临床制定预防措施提供实验室依据。

**方法** 选取四川大学华西医院 2016 年 5 月至 2018 年 5 月肺癌术后患者，按照术后是否发生下肢深静脉血栓分为血栓组和对照组。收集患者临床基本资料、血栓相关高危因素，检测止凝血标志物水平变化。在肺癌患者中，应用多因素 Logistic 回归分析肺癌患者发生下肢深静脉血栓的危险因素。

**结果** 本研究收集肺癌术后患者 235 例，其中确诊为深静脉血栓患者 34 例，对照组患者 201 例，静脉血栓的发生率为 14.4%。肺癌血栓组患者血栓调节蛋白 (TM)，凝血酶-抗凝血酶复合物 (TAT)，纤溶酶-抗纤溶酶复合物 (PIC)，纤维蛋白原 (FIB)，D-二聚体 (D-Dimer)，纤维蛋白 (原) 降解产物 (FDP) 水平明显高于非血栓组，肺癌血栓组抗凝血酶 III (ATIII) 水平明显低于非血栓组，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。多因素分析结果显示 FIB, D-Dimer, TM 为肺癌患者发生血栓的独立危险因素，其中 FIB[OR=1.124, 95%CI(1.038~1.218),  $P<0.05$ ]；D-Dimer[OR=1.204, 95%CI(1.065~1.361),  $P<0.05$ ]；TM[OR=1.277, 95%CI(1.129~1.445),  $P<0.05$ ]。

**结论** 肺癌术后血栓患者止凝血标志物水平增高，其中 FIB, D-Dimer, TM 是肺癌患者发生深静脉血栓的独立危险因素，对于肺癌患者应早期监测其变化，能减少患者的血栓发生率，改善患者预后。

## PU-0937

## Toll-Like Receptors 4 contributes to uterine activation by upregulating proinflammatory cytokines and CAPs expression via the NF- $\kappa$ B/P38MAPK signaling pathway during pregnancy

zixi Chen

1. Putuo Hospital, Shanghai University of Traditional Chinese Medicine  
2. Shanghai University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** Evidences indicates that inflammatory response is significant in the physiological process of human parturition, however the specific signaling pathway that triggers inflammation are undefined. Toll-like receptors (TLRs) are key upstream gate-keepers that controls inflammatory activation before preterm delivery. Our previous study showed that expression of TLR4 was significantly increased in preterm and term labor of human pregnancy tissue. Therefore, we explore whether TLR4 plays a role in the term labor by initiating inflammatory responses, then promoting uterine activation.

**Methods** To test it, we firstly analyzed the level of TLR4, CAPs and proinflammatory cytokines, and the correlation between the expression of CAPs and level of TLR4 in myometrium obtained from pregnant women or mice at term. We then used TLR4<sup>-/-</sup> mice to study the effect of TLR4 on the expression of CAPs and proinflammatory cytokines and investigate the role of TLR4 in term labor. Finally, we investigated whether TLR4 regulated parturition via NF- $\kappa$ B/P38MAPK signaling pathway to modulate the inflammatory responses and uterine activation, and elucidate molecular mechanisms in the primary human uterine smooth muscle cells (USMCs).

**Results** The results showed that expression of TLR4, IL-1 $\beta$ , IL-6, TNF- $\alpha$ , CCL2 and uterine contraction-associated proteins (CAPs) were up-regulated in human and mice term labor (TL) group compared with not in labor (TNL) group, the TLR4 level positive correlated to the expression of CAPs. In pregnant TLR4-knockout (TLR4<sup>-/-</sup>) mice, length of gestation was extended by 8 hours compared with wild-type group, the expression of IL-1 $\beta$ , IL-6, TNF- $\alpha$ , CCL2 and CAPs were decreased in TLR4<sup>-/-</sup> mice. Furthermore, NF- $\kappa$ B and P38MAPK activation is involved in initiation of labor, but were inhibited in TLR4<sup>-/-</sup> mice. In uterine smooth muscle cells (UMSCs) the expression of inflammatory cytokines and CAPs decreased when the NF- $\kappa$ B and P38MAPK pathway were inhibited.

**Conclusions** Our data suggest that TLR4 is one of the key factors in regulate the inflammatory response acting to drive uterine activation and delivery initiation via activating NF- $\kappa$ B/P38MAPK pathway.

## PU-0938

## P5CR1 protein expression and the effect of gene-silencing on lung adenocarcinoma

Xiaobin Wei, Yang She

Clinical Laboratory, Central South University Xiangya School of Medicine Affiliated Haikou Hospital

**Objective** The present study aimed to investigate the expression of pyrroline-5-carboxylate reductase 1 (P5CR1) protein in lung adenocarcinoma and paracancerous tissues and to explore the effect of silencing the encoding gene PYCR1 on the proliferation, migration, invasion, and cisplatin sensitivity in lung adenocarcinoma cells, thereby providing a novel therapeutic target for the treatment of the disease.

**Methods** Immunohistochemistry staining was used to detect the P5CR1 protein expression in lung adenocarcinoma and paracancerous tissues, and statistical analysis evaluated the correlation between P5CR1 protein expression and gender, age, tissue part, or pathological grade. The CCK8 assay was performed to detect the proliferation and cisplatin sensitivity, while the effect of PYCR1 on the migration and invasion of lung adenocarcinoma cells was detected by scratch test and transwell chamber assay.

**Results** The findings demonstrated that the P5CR1 protein expression was significantly elevated in lung adenocarcinoma tissues and correlated with the pathological grade, whereas no significant correlation was established between the protein expression and gender, age, or tissue part. Furthermore, after PYCR1 gene silencing, the proliferation and invasion were significantly suppressed, while the sensitivity to cisplatin was significantly enhanced.

**Conclusions** Therefore, it can be speculated that the PYCR1 gene affects the biological behavior of lung adenocarcinoma and cisplatin resistance, serving as a potential therapeutic target for lung adenocarcinoma.[This work was supported by the finance science and technology project of Hainan Province (No. ZDYF2018132).]

## PU-0939

### NxTAG RPP 液相悬浮芯片筛查呼吸道病原的应用评估

唐诗欢<sup>1</sup>,袁颖<sup>1</sup>,谢争华<sup>1</sup>,陈满君<sup>1</sup>,陈钰静<sup>1</sup>,丁细霞<sup>1</sup>,范笑地<sup>1</sup>,苏娟<sup>2</sup>,余楠<sup>1</sup>

1.南方医科大学珠江医院,510000

2.广东省疾病预防控制中心

**目的** 探讨液相悬浮芯片 NxTAG 呼吸道病原体多重检测 (NxTAG Respiratory Pathogen Panel, NxTAG RPP) 对 22 种 (型) 呼吸道病原的检测性能及应用价值。

**方法** 采集 2016 年 11 月到 2018 年 7 月因呼吸道症状就诊者鼻拭 297 例, 分别采用 NxTAG RPP 和实时荧光 PCR 法检测标本 20 种 (型) 病原, 其中军团菌对照方法采用抗原检测, 甲型流感病毒分型采用多个亚型病毒培养物进一步验证, 分析 NxTAG RPP 诊断灵敏度、特异性。

**结果** 297 例样本 NxTAG RPP 检出阳性 265 例 (89.2%), 检出最多为鼻病毒/肠道病毒 (80,26.9%), 77 例 (25.9%) 检出两种以上病原。NxTAG RPP 检测敏感度 98.8%(95% CI: 96.9-99.6%), 除人偏肺病毒 (89.5%)、甲型流感病毒 (94.1%) 和肺炎支原体 (90.0%) 外, 其余病原体均 100%; 特异度 99.4%(95% CI: 99.1-99.5%), 除人博卡病毒 (96.5%)、人偏肺病毒 (96.8%) 和鼻病毒/肠道病毒 (97.7%) 外, 其余均 98.0% 以上; 检出病原合并感染与实时荧光 PCR 无统计学差异 ( $P=0.237$ ), 一致性一般 ( $\kappa$  值 0.469)。

**结论** NxTAG RPP 呼吸道病原体多重检测敏感度和特异度较好, 是呼吸道感染病原筛查的重要手段。

## PU-0940

### 沈阳市新诊断 HIV 感染者整合酶抑制剂原发耐药研究

黄晓彤,孙泽松,安明晖,赵彬,王琳,丁海波,韩晓旭

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 明确沈阳市新诊断的 HIV-1 感染者整合酶抑制剂 (Integrase inhibitors, InIs) 耐药株的传播情况。

**方法** 回顾性收集 2018 年 6 月至 2019 年 3 月沈阳市新诊断的 HIV 感染者 80 例, 扩增血浆病毒 RNA 的整合酶编码基因, 系统进化分析病毒基因型, 以 Stanford HIV 耐药数据库解读耐药基因突变, 计算原发耐药率并分析不同亚型毒株耐药相关自然多态性。



**结果** 80 例 HIV-1 感染者中共检出 CRF01\_AE 感染者 51 例, 占 63.8%; CRF07\_BC 感染者 14 例, 占 17.5%, B 亚型感染者 6 例, 占 7.5%; 其他不典型重组 9 例, 占 11.3%。2 例 CRF01\_AE 感染者检出 R263K 突变, 1 例 B 亚型感染者检出 E138A 突变, 耐药率 3.8%。CRF01\_AE 感染者在整合酶耐药相关位点 50、74、119、153 位氨基酸具有多态性, 频率分别为 5.9%、2.0%、13.7%和 4.0%; 而 CRF07\_BC 感染者在整合酶耐药相关位点 50、74、157 位上氨基酸具有多态性, 频率均为 7.1%。

**结论** 沈阳市新诊断 HIV 感染者 InIs 原发耐药率较低, 但少数感染者在整合酶耐药相关位点具有氨基酸多态性。需要加强整合酶耐药监测, 并加强对我国常见 HIV 流行株的耐药基因型及表型研究, 更好地解读耐药突变的意义。

#### PU-0941

### 血细胞 VCS 参数鉴别活动性肺结核与细菌性肺炎诊断效能

孙婷婷, 邓少丽

陆军军医大学大坪医院

**目的** 通过血细胞 VCS 参数评估其鉴别活动性肺结核与细菌性肺炎的诊断效能。目的: 通过血细胞 VCS 参数评估其鉴别活动性肺结核与细菌性肺炎的诊断效能。

**方法** 采用 DxH800 血细胞分析仪, 收集 2018 年 11 月至 2019 年 3 月在重庆地区的活动性肺结核患者 97 例, 细菌性肺炎 93 例和健康体检者 123 例, 并对其淋巴细胞 VCS 参数进行检测和各参数 ROC 曲线下面积分析。

**结果** 根据结果统计分析得出, 白细胞群落参数在活动性肺结核与细菌性肺炎中有显著的统计学差异, 并且肺结核组显著高于细菌性肺炎的有 22 个参数 (MO%, NMV-SD, NMC, NMC-SD, N-MALS-SD, N-UMALS, N-LMALS-SD, N-LALS-SD, N-AL2, LMV-SD, LMC, LMC-SD, L-MALS-SD, L-UMALS-SD, L-LMALS-SD, L-LALS-SD, L-AL2-SD, MMV, MMV-SD, MMC, MMC-SD, M-UMALS), 活动性肺结核显著低于细菌性肺炎参数有 11 个 (NE%, N-LMALS, L-LALS, L-AL2, M-MALS-SD, M-UMALS-SD, M-LMALS-SD, M-LALS, M-LALS-SD, M-AL2, M-AL2-SD), 活动性肺结核与细菌性肺炎没有显著差异的参数有 13 个 (WBC, LY%, NMV, N-MALS, N-UMALS-SD, N-AL2-SD, LMV, L-UMALS, L-MALS, L-LALS, MMC-SD, M-MALS, M-LMALS)。其中, 中性粒细胞平均导电率 (NMC)、单核细胞平均体积 (MMV)、单核细胞平均导电率 (MMC) 在鉴别活动性肺结核与细菌性肺炎的诊断研究中获得较好的灵敏度和特异度, 将 NMC, MMV, MMC 进行多指标联合获得曲线下面积高达 0.99, 灵敏度为 91.1%, 特异度为 98.5%。

**结论** VCS 参数很容易获得, 不需要额外的试剂和耗材, 并且简便、快速、准确的对血细胞进行定量分析, 可为临床诊断活动性肺结核与细菌性肺炎提供新指标

#### PU-0942

### Correlation between SEPS1 Gene Polymorphism and Type 2 Diabetes Mellitus: A Preliminary Study SEPS1 Gene Polymorphism and T2DM

Xiaobin Wei<sup>1</sup>, Feng Li<sup>1,2</sup>

1. Clinical Laboratory, Central South University Xiangya School of Medicine Affiliated Haikou Hospital

2. Department of Clinical Laboratory, Hainan Provincial People's Hospital

**Objective** The protein encoded by the selenoprotein S gene is considered to be an anti-inflammatory and anti-oxidant protein and is involved in a variety of diseases. Therefore, we want to study the distribution characteristics of this gene in Chinese diabetic population.

**Methods** 170 patients with DM(including 100 patients with T2DM and 70 patients with diabetic nephropathy (DN)) and 100 healthy controls (HC) were selected from Haikou People's Hospital (China) between January 2017 and July 2017. The polymorphisms of three SEPS1 genes ( SNP ID: rs4965814, rs28665122, rs34713741) were measured by massarray method, while the polymorphisms of SEPS1 genes (SNP ID: rs4965373) were detected by Sanger sequencing.

**Results** Comparing three groups, the results were the following: 1) There was a significant difference in the genotype and allele distribution of rs34713741 between DN group and HC group and between T2DM group and DN group ; For this gene locus, the risk of diabetic nephropathy in healthy individuals with T allele was 0.6 times higher than that in individuals with GG genotype (OR = 0.60, 95% CI: 0.46~0.77). 2) There was a significant difference in the distribution of rs4975814 genotype between DN group and HC group; For this gene locus, the risk of diabetic nephropathy in healthy individuals with T allele was 2.71 times higher than that in individuals with GG genotype (OR = 2.71, 95% CI: 1.66~4.45).

**Conclusions** We conclude that rs34713741 (GT+TT) may be a protective gene for DN, thers4975814 (GT+TT) may be a susceptibility gene for DN.[This work was supported by the finance science and technology project of Hainan Province (No. ZDYF2018132)]

### PU-0943

## Heterogeneous Vancomycin-Intermediate Staphylococcus aureus Uses the *VraSR* Regulatory System to Modulate Autophagy for Increased Intracellular Survival in Macrophage-Like Cell Line RAW264.7

Yuan Yuan Dai, Wenjiao Chang, Caihong Gao, Li Chen, Huaiwei Lu, Xiaoling Ma  
Affiliated Provincial Hospital of Anhui Medical University, China

**Objective** The *VraSR* two-component system is a vancomycin resistance-associated sensor/regulator that is upregulated in vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA) and heterogeneous VISA (hVISA) strains. VISA/hVISA show reduced susceptibility to vancomycin and an increased ability to evade host immune responses, resulting in enhanced clinical persistence. However, the underlying mechanism remains unclear. Recent studies have reported that *S. aureus* strains have developed some strategies to survive within the host cell by using autophagy processes. In this study, we confirmed that clinical isolates with high *vraR* expression showed increased survival in murine macrophage-like RAW264.7 cells.

**Methods** We constructed isogenic *vraSR* deletion strain Mu3Δ*vraSR* and *vraSR*-complemented strain Mu3Δ*vraSR*-C to ascertain whether *S. aureus* uses the *VraSR* system to modulate autophagy for increasing intracellular survival in RAW264.7.

**Results** Overall, the survival of Mu3Δ*vraSR* in RAW264.7 cells was reduced at all infection time points compared with that of the Mu3 wild-type strain. Mu3Δ*vraSR*-infected RAW264.7 cells also showed decreased transcription of autophagy-related genes *Becn1* and *Atg5*, decreased LC3-II turnover and increased p62 degradation, and fewer visible punctate LC3 structures. In addition, we found that inhibition of autophagic flux significantly increased the survival of Mu3Δ*vraSR* in RAW264.7 cells.

**Conclusions** Together, these results demonstrate that *S. aureus* uses the *VraSR* system to modulate host-cell autophagy processes for increasing its own survival within macrophages. Our study provides novel insights into the impact of *VraSR* on bacterial infection and will help to further elucidate the relationship between bacteria and the host immune response. Moreover, understanding the autophagic pathway in *vraSR* associated immunity has potentially important implications for preventing or treating VISA/hVISA infection.

## PU-0944

**β 溶血表型摩根摩根菌的鉴定及系统发育树构建**

贾琴妹

云南省第三人民医院,650000

**目的** 对 β 溶血表型摩根摩根菌进行准确的鉴定和系统发育分析。

**方法** 常规方法分离培养菌株；先后采用 VITEK-2 Compact 全自动微生物鉴定仪、机制辅助激光解析离子-飞行时间质谱仪（MALDI-TOF-MS）、16S rDNA 测序三种方法对菌株进行鉴定并验证其结果的正确性；基于 16S rDNA 的同源性分析和系统发育树构建；溶血基因的检测。

**结果** 采用 16S rDNA 序列同源性分析结合构建系统发育树分析，鉴定菌株（U1901）与摩根摩根菌摩根亚种 NBRC 3848 形成一个分支，同源性和可信度均达 99.99%，同时验证了 MALDI-TOF-MS 的鉴定结果比 VITEK-2 Compact 全自动微生物鉴定仪准确及时。新表型摩根摩根菌（β 溶血表型）的出现。

**结论** 16S rDNA 序列同源性分析与系统发育树构建相结合，准确鉴定出新型表型的摩根摩根菌（β 溶血表型）。MALDI-TOF-MS 在病原微生物检测和鉴定中具有快速、准确等优点，可为临床治疗提供快速的诊断依据。

## PU-0945

**分光光度技术测定非那西丁和扑热息痛浓度评估  
肝脏储备功能**

任瑞

山东大学第二医院,250000

**目的** 建立分光光度法测定血液样品中非那西丁与扑热息痛浓度的肝脏储备功能评估方法的技术体系。

**方法** 以能够高分辨率和高精度测定药物浓度的高效液相色谱法（HPLC）所测定的非那西丁与扑热息痛的浓度为标准，建立基于分光光度的技术体系，包括测定的显色体系，最大吸收波长，不同因素对显色体系的影响，完全水解的最佳条件，最后通过与 HPLC 测定的浓度比较，对所建立的技术体系进行应用性验证。

**结果** 研究建立了利用分光光度技术测定血液样品中非那西丁和扑热息痛的技术体系，即样品加入 3 mol/L 盐酸（HCl）水解 30 分钟，加入 0.02% 1,2-萘醌-4-磺酸钠（NQS）、1%十六烷基三甲基溴化铵（CTA）及 2%氢氧化钠（或 3%碳酸钠）（比例为 1: 6: 1: 2 或 3），分别于 500nm 和 570nm 下测定吸光值，计算各自浓度。

**结论** 可利用所建立的分光光度技术测定血液中非那西丁与扑热息痛含量评估肝脏储备功能，该技术用于测定样品中微量非那西丁与扑热息痛时的分辨率与重复性与 HPLC 相当。

## PU-0946

## 转录因子 Twist 1 和 PPAR $\gamma$ 在 3T3-L1 脂肪细胞中可能的基因调控关系

任瑞

山东大学第二医院,250000

**目的** 过氧化物酶体增殖物激活受体  $\gamma$  (PPAR $\gamma$ ) 是调节机体脂肪细胞功能的重要基因。因此,研究 PPAR $\gamma$  的分子调控机制有助于了解脂肪组织功能。Twist 1 是脂肪组织中另一个重要的功能基因,数百个基因受 Twist 1 调控。本研究的目的是探讨 Twist 1 和 PPAR $\gamma$  在 3T3-L1 脂肪细胞表达调控。

**方法** 体外诱导 3T3-L1 前脂肪细胞分化,检测 Twist 1 和 PPAR $\gamma$  的表达变化。用 PPAR $\gamma$  激动剂吡格列酮和 PPAR $\gamma$  拮抗剂 T0070907 研究 PPAR $\gamma$  对 Twist 1 表达的影响。此外,利用逆转录病毒干扰和过表达的 Twist 1 观察 Twist 1 对 PPAR $\gamma$  表达的影响。

**结果** 在 3T3-L1 脂肪细胞诱导分化过程中, Twist 1 和 PPAR $\gamma$  表达。PPAR $\gamma$  激动剂(吡格列酮)或拮抗剂(T0070907)可影响 Twist 1 的表达,吡格列酮(1 $\mu$ m, 24 h)作用下 Twist 1 上调,T0070907(100 $\mu$ M, 24h)时 Twist 1 下调。此外,逆转录病毒干扰 Twist 1 下调 PPAR $\gamma$  的蛋白质和 mRNA 的表达水平,而过表达 Twist 1 有截然相反效果。

**结论** 在 3T3-L1 脂肪细胞中, Twist 1 和 PPAR $\gamma$  之间可能存在的调控关系。这调节联系增强 PPAR $\gamma$  的调节,可能是 Twist 1 调节脂肪细胞生理病理的功能机制。

## PU-0947

## 663 株耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌分布特点及耐药性分析

徐佳丽,邓德耀,袁文丽,陈弟,刘建梅,顾津伊,徐红云,郭媛媛,宋健梅

云南省第二人民医院,650000

**目的** 了解临床分离的耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(CRE)的临床分布特点及其耐药特征,为临床合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析我院 2013 年 1 月—2018 年 12 月临床标本分离的 CRE,对 CRE 科室分布、标本来源以及药敏试验结果进行系统性分析。

**结果** 6 年共收集临床分离 CRE663 株,CRE 总检出率为 4.29%,呈现逐年上升趋势。在 663 株 CRE 中以肺炎克雷伯菌(75.72%)为主,其次是大肠埃希菌(8.14%)、阴沟肠杆菌(6.64%)、粘质沙雷菌(3.77%)与产酸克雷伯菌(3.02%)。肺炎克雷伯菌检出率自 2013 年的 3.71%快速上升至 2018 年的 18.10%,呈现明显上升趋势( $X^2=84.842$ ,  $P<0.01$ );粘质沙雷菌自 2017 年较前 4 年起检出率上升明显外,其他细菌 6 年间检出率上升趋势不明显;标本来源和科室分布最主要分别为呼吸道标本(53.85%)和重症监护科(35.75%)。药敏试验结果显示,CRE 除对复方新诺明和四环素的耐药率稍低(耐药率分别为 46.46%和 52.03%),对其他抗菌药物耐药率均>70%。不同菌种对抗生素耐药性不同。

**结论** 6 年间 CRE 呈现逐年上升趋势,且对临床常见抗菌药物具有较高耐药性,临床医生应严格按照药敏试验结果合理使用抗菌药物,同时医院需要加强对感染的预防和控制,做好 CRE 的检测与管理,避免医院内感染的暴发流行。

## PU-0948

## Establishment of reference interval for the serum tumour marker CA72-4 measured by the microarray chemiluminescence immunoassay system

Lin Yu, Yuwei Yang, Wenqiang Jiang  
Mianyang Central Hospital

**Objective** In this study, we aimed to establish the RI for the carbohydrate antigen 72-4 (CA72-4) measured by the newly introduced microarray chemiluminescence immunoassay system in our laboratory.

**Methods** The data were statistically processed using SPSS 19.0 and MedCalc12.7 software. Quantitative variables were described as mean  $\pm$  SD and  $P < 0.05$  was considered statistically significant. The Kolmogorov-Smirnov test was used for testing the distribution for serum levels of CA72-4. Turkey method was used to remove the outliers. And the differences between the gender was analysed by Mann-Whitney U test. The correlation between age and serum levels of CA72-4 was assessed by Pearson's rank correlation coefficient. If the correlation analysis showed a statistical significance, the serum levels of CA72-4 among different age groups were analysed by nonparametric Kruskal-Wallis test. Nonparametric 95th percentile values were calculated and applied as the upper reference limits, according to the recommendation from CLSI A28-A3

**Results** A total of 5937 healthy reference individuals were selected and their tested results of serum CA72-4 were analysed in this study. And, the results showed the distribution for serum CA72-4 level was non-Gaussian and the serum CA72-4 levels among gender and age subgroups were no statistically significant. Thus, the RI of CA72-4 for healthy individuals was 0-13.34 U/mL defined by nonparametric 95th percentile interval, which also had passed through the RI verification.

### Conclusions

The newly established RI was more suitable for the domestic developed microarray chemiluminescence immunoassay system and more valuable for clinicians to make a medical diagnosis, therapeutic management decision and other physiological assessment.

## PU-0949

## 无创肝纤维化检测结果与慢性乙型肝炎肝纤维化程度的相关研究

高楠, 杨若男, 孟真, 王万海  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 探讨无创肝纤维化检测对慢性乙型肝炎肝纤维化的程度区分、病情监测方面的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析我院 46 例进行肝穿刺活组织检查、肝纤维化无创检查、血常规检测及肝功能检测的慢性乙型肝炎患者资料。根据肝穿刺活组织检查判定的肝纤维化程度分期, 将 46 例患者按肝纤维化程度由轻到重分为 S0、S1、S2、S3、S4 组, 计算天冬氨酸转氨酶与血小板比率指标 (APRI) 及基于 4 个因素的纤维化指数 (FIB-4)。

**结果** 对 46 例患者分析发现肝纤维化无创检查所测肝脏硬度值与肝穿刺活组织检查判定肝脏纤维化分期呈正相关 ( $r=0.703, P<0.05$ ), 且肝脏硬度值在不同纤维化程度组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 对重度肝纤维化及肝硬化、中度及以上肝纤维化程度的诊断意义较好。对不同肝脏纤维化程度患者 APRI、FIB-4 的比较显示 FIB-4 在轻度肝纤维化组与肝硬化组差异有统计学意义

( $P<0.05$ )，APRI 在不同程度纤维化组间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。将不同肝脏纤维化程度患者分为轻中度组和重度及硬化组，APRI、FIB-4 在两组间差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )；根据肝纤维化程度将患者分为轻度组和中重度及硬化组，FIB-4 在两组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ) 而 APRI 在两组间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 肝纤维化无创检查较 APRI、FIB-4 指标对于肝脏纤维化程度的诊断、程度区分临床应用效果更好，对于患者的病情监测及个体化治疗进行此项检查更能反映出疾病的进展情况，且能减少病患做有创穿刺的痛苦和相关并发症。

## PU-0950

### Association of positive results of single serum biomarker with the clinical parameters

Lin Yu  
Mianyang Central Hospital

**Objective** Many serum biomarkers have been developed to diagnose cancers at an early stage and monitor drug therapy. At present, the most common clinical used serum-tumor biomarkers are mainly including alpha-fetoprotein (AFP), carcinoembryonic antigen (CEA), neurone specific enolase (NSE), total prostate specific antigen (TPSA), human epididymis secretory protein 4 (HE4), carbohydrate antigen 125 (CA125), CA153, CA19-9, CA72-4 and serum ferritin (SF). However, more and more studies have shown that serum markers were poor specific and sensitive in cancer early diagnosis, even among the most correlative cancers.

**Methods** In this work, we screened out and statistically analysed the relationship of the positive results and its distribution for all mentioned above serum biomarkers with the clinical parameters including patient's gender, age and disease types.

**Results** We found that most single serum biomarker had relatively low association with cancer, even for the most correlative cancer. we also found that the clinical diagnosis corresponding to single biomarker with high serum levels were various in addition to the diagnosis, treatment and prognosis of the most correlative cancer. Besides, there were no direct relationships of certain serum levels of the biomarkers with the type of disease.

**Conclusions** In summary, the serum levels of biomarkers cannot be used as the only available criterion for making a clinical decision.

## PU-0951

### 血细胞分析仪体液模式对胸腹腔积液肿瘤细胞筛查作用的研究

孙静芳,朱立强,丁爽,陈卫民,李若倩,王伟,黄平,张倩,蒋清清,刘云,马萍  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 评价 Sysmex XN-1000 血细胞分析仪体液模式对胸腹腔积液中肿瘤细胞的筛查价值。

**方法** 用 Sysmex XN-1000 血细胞分析仪体液模式检测 210 份胸腹腔积液标本，依据其 WDF 散点图制定规则 1 和规则 2，以脱落细胞学加测结果为金标准，分析血细胞分析仪体液模式对胸腹腔积液中肿瘤细胞的筛查作用。

**结果** 同时触及规则 1 和规则 2 的样本，其脱落细胞学肿瘤细胞检出率为 100%；触及规则 1 不触及规则 2，脱落细胞学肿瘤细胞检出率为 50%；触及规则 2 不触及规则 1，脱落细胞学检出率为 32%；规则 1、规则 2 均不触及，脱落细胞学肿瘤细胞检出率为 13%。

**结论** Sysmex XN-1000 血细胞分析仪体液模式可提供胸腹腔积液肿瘤细胞的筛选信息，以提示做进一步的细胞学检查。

## PU-0952

## Different re-centrifugation conditions showed no differences in the re-analyzed period in the infectious disease screening with Abbott I2000

Dongjiang Xu  
Beijing Jishuitan Hospital

**Objective** We analyzed whether the ordinary centrifuge can achieve the standard centrifugal effect as the high-required by the specifications in the infectious disease screening with Abbott I2000

**Methods** All the samples were collected and centrifuged under the standard operation procedure, then they were divided into three groups, including negative group, weak positive group and positive group, the weak positive and positive samples would be re-analyzed, two secondary tubes were centrifuged simultaneously: 10 min at 10000g centrifuge as recommended, or 10 min at 2750, respectively.

**Results** No significant difference was found between the two groups with different centrifugal force (2,750g and 10,000g). There was a strong correlation in the quantitative value of weak positive and positive specimens between the two centrifugation conditions. Consistency analysis showed the Cronbach's Alpha of syphilis, HIV, HCV and HBsAg in the weak positive and positive group under different centrifugation conditions are beyond 0.8, strong consistency was found under different centrifugal conditions no matter the primary results.

**Conclusions** For the screening tests in Abbott I2000, all the samples should be centrifuged under a recommended RCF after a proper clotting time required as the standard operation procedure in our laboratory, we can get the same results as the high-speed centrifuge.

## PU-0953

## The role of miR-20a-5p in immune inflammatory response by regulating PP2Ac in systemic lupus erythematosus

Junlong Zhang, Bin Yang, Zhuochun Huang, Lanlan Wang  
Sichuan University, West China Hospital, Department of Laboratory Medicine

**Objective** Protein phosphatase 2A (PP2A) is Ser/Thr phosphatase, and the catalytic C subunit of PP2A (PP2Ac) is increased in T cells of patients with systemic lupus erythematosus (SLE). PP2A/C expression in SLE is controlled both epigenetically and genetically. Here we present additional mechanistic studies to investigate the effect of miR-20a-5p/PP2Ac signaling pathway on the expression of downstream protein phosphorylation and on the regulation of immune inflammatory response in SLE.

**Methods** The effects between miR-20a-5p and the target gene PPP2CA of PP2Ac was verified by the dual luciferase reporter gene assays. The mechanisms involved in miR-20a-5p regulation of PP2Ac were analyzed PP2Ac, T-AKT, p-AKT (Ser473), p-AKT (Thr308) and ICOS by western blot and real-time polymerase chain reaction. A clinical case-control study was performed to investigate the relationship between miR-20a-5p/PP2Ac pathway and clinical features of SLE patients.

**Results** Dual luciferase reporter gene assay confirmed that miR-20a-5p could bind to the 3'UTR of PPP2CA gene and directly regulate the expression of PPP2CA gene. Cell function experiments confirmed that miR-20a-5p could target and regulate the expression of PP2Ac,

which consequently affected the downstream p-AKT (Ser473), p-AKT (Thr308) phosphorylation levels and immune inflammatory response. Clinical studies showed that the expression of miR-20a-5p decreased and the expression of PPP2CA mRNA increased SLE patients. The expression levels of miR-20a-5p and PPP2CA mRNA in SLE patients were all associated with the presence of pleurisy, pericarditis, anti-SSA/Ro antibodies, as well as plasma IL-6 and IL-17 levels. **Conclusions** Our results indicate a functional link between miR-20a-5p-mediated PP2A/C regulation and immune inflammatory response ability.

#### PU-0954

### 基于支持向量机和遗传算法分析乙肝病毒 不同检测标志物相关性

方翔<sup>1</sup>,王洁<sup>1</sup>,王敏敏<sup>1</sup>,吴雪梅<sup>2</sup>

1.浙江大学医学院附属杭州市第一人民医院

2.西安文理学院计算机化学专业

**目的** 利用数据深度挖掘技术探讨乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性人群的乙肝表面抗原 (HBsAg) 定量、乙型肝炎病毒前 s1 抗原 (HBV-PreS1)、乙肝病毒核酸载量 (HBV-DNA) 和肝功能的相关性。

**方法** 选取本院门诊和住院部收治的 300 例乙肝 HBsAg 阳性者作为研究对象, 收集 HBsAg 阳性样本血清, 采用酶联免疫吸附法 (ELISE 法) 检测乙肝病毒前 s1 抗原和化学发光法定量检测 HBsAg, 再利用荧光定量 PCR 法测其 HBV-DNA 表达量, 并同时检测肝功能指标 ALT、AST。对上述乙肝病毒相关检测结果进行卡方检验, 得出具有关联性的最优指标, 并利用数据深度挖掘技术的支持向量机和遗传算法求出该对相关指标预测的临界值, 再对该相关指标进行预测验证。

**结果** 300 例乙肝表面抗原定量为阳性的标本中, 乙肝 HBsAg 定量和乙肝前 S1 的相关性最好 ( $r=0.412$ ); 而乙肝前 S1 与 HBV-DNA 以及肝功能的相关性较差 ( $r<0.15$ ); 得到 HBsAg 定量阳性与 PreS1 相关的临界值预测方程, 求出最优解并经过回顾验证, 其中阴性预测符合率达到 95.2%, 阳性预测符合率达到 98.6%。

**结论** 当乙肝表面抗原阳性时, HBV-DNA、肝功能与乙肝前 S1 的关联性不强, 不能独立的与乙肝前 S1 检测结果作相关的预测; 随着 HBsAg 抗原浓度的增加, 乙肝前 S1 的阳性率也随之增加, 说明乙肝前 S1 与 HBsAg 定量存在较好相关性, 利用这一相关性可以做数据深度挖掘, 作出较高符合率的预测, 指导临床检验报告, 为自动化检测、审核检验报告打下基础。

#### PU-0955

### 重症监护病区同一患者不同部位碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 耐药机制及同源性分析

顾津伊,邓德耀,袁文丽

云南省第二人民医院,650000

**目的** 对重症监护病区 (Intensive care units, ICU) 同一患者不同部位碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 (carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, CRE) 进行耐药机制研究及同源性分析。

**方法** 对云南某三甲医院 2017 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日 ICU 入院患者大便/直肠拭子进行 CRE 主动筛查, 有肠道 CRE 定植的患者继续收集同期其他部位标本 (尿液、痰液、引流液、创口组织等) 进行 CRE 筛查, 对收集到的 CRE 进行鉴定、药敏及表型验证试验, 结合患者临床资料及实验室结果进行分析; 采用聚合酶链式反应 (Polymerase chain reaction, PCR) 法检测耐药基因



并进行测序验证；采用随机扩增多态性技术（Randomly amplified polymorphism DNA, RAPD）分析同一患者不同部位筛出 CRE 的同源性。

**结果** 研究期间 ICU 入院患者 1518 人，参与筛查 1502 人，主动筛查率 98.95%（1502/1518），主动筛查 CRE 肠道定植率为 4.73%（71/1502），其中仅直肠筛出 CRE 占 25.35%（18/71），筛出两个部位同时携带 CRE 占 11.27%（8/71），三个部位同时携带 CRE 占 49.30%（35/71），四个部位同时携带 CRE 占 14.08%（10/71），筛出菌株以碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌（carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*, CRKP）最多，占 87.32%（62/71），两个及以上部位筛出的 CRE 均为 CRKP，同一患者不同部位 CRE 药敏表型基本一致；耐药基因 KPC-2、NDM-1、VIM-2、IMP 阳性率分别为 69.83%、17.32%、8.38%和 6.70%，OXA-48 未检出，同一患者不同部位 CRE 的耐药基因基本相同（92.45%）；RAPD 技术将两个及以上部位筛出 CRE 的 53 名患者 161 株菌株分为 7 个克隆，克隆 D 为流行株，94.34%病人不同部位 CRE 为同一克隆。

**结论** 筛出的 CRE 菌株对碳青霉烯类抗生素耐药的主要机制为携带 KPC-2 基因，同一病人不同部位 CRE 具有更高的亲缘性。临床有必要对 CRE 进行主动筛查并加强防控措施，对 CRE 定植者和感染者实行早发现、早干预、早治疗。

## PU-0956

### Dysregulated Tfh subset in secondary and latent syphilis patients

Yumei Ge,Zhao Zhao,Jinlin Liu

Department of Clinical Laboratory, Zhejiang Provincial People's Hospital

**Objective** The aim of the present study was to examine changes of cellular homeostasis in T follicular helper (Tfh) cells in secondary **syphilis** patients and latent patients.

**Methods** Thirty healthy controls (HCs), 24 secondary syphilis patients and 41 latent syphilis patients were enrolled. The percentages of total Tfh, ICOS<sup>+</sup> Tfh, PD-1<sup>+</sup> Tfh, resting Tfh, effector Tfh, naïve Tfh, effector memory Tfh, central memory Tfh and Tfh1, Tfh2, Tfh17, cells in the peripheral blood were all determined by the flow cytometry.

**Results** Compare to the HCs, the percentage of total Tfh cells was significantly higher in secondary syphilis patients. While the percentage of Tfh17 cells were significantly increased in secondary syphilis patients, but decreased in latent syphilis patients. The percentage of Tfh2 cells were significantly increased in latent syphilis patients, while the Tfh1 cells were significantly decreased in secondary syphilis patients, and the percentage of ICOS<sup>+</sup> Tfh, PD-1<sup>+</sup> Tfh and effector memory Tfh cells were all increased in the secondary syphilis patients when compare to the HC. But no significant change was found on the effector Tfh, resting Tfh and central memory Tfh among the HC and secondary syphilis patients or the latent syphilis patients.

**Conclusions** Dysregulated Tfh17, ICOS<sup>+</sup> Tfh or the effector memory Tfh cells may play a important role in the immune evasion of the latent syphilis patients.

## PU-0957

### 流式细胞仪在对血液系统肿瘤免疫表型分析中最低检测限的稀释性验证

金咏梅,赵玮晨,蒋能刚,廖红艳,栗军

四川大学华西医院,610000

**目的** 对流式细胞仪在诊断血液系统肿瘤方面的最低检测限进行稀释性验证。

**方法** 选取 4 例不同血液系统肿瘤患者骨髓，包括髓系肿瘤、B 淋巴系肿瘤、T 淋巴系肿瘤及浆细胞系肿瘤，对标本中白血病细胞用正常人骨髓白细胞进行稀释，浓度包括 1%、0.1%、0.01%，按不同疾病个体化抗体组合方案，加入相应抗体对目的细胞进行标记，上机实验观察结果。以 CD45/SSC 双参数散点图设门进行分析，各浓度梯度标本收集到 20 个及以上白血病细胞时视为阳性，同一样本重复 10 次，有 9 次及以上为阳性时判断为最低检测限达到或低于该浓度。

**结果** BD FACSCanto II 流式细胞仪在诊断血液系统肿瘤方面的最低检测限为 0.01%。

**结论** BD FACSCanto II 流式细胞仪在诊断血液系统肿瘤方面的最低检测限为 0.01%，能够很好地满足临床的需求。

## PU-0958

### 骨髓细胞学与流式免疫分型结果不符情况的调查及分析

金咏梅,姚尧,蒋能刚,廖红艳,粟军  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨骨髓细胞学及流式细胞术免疫分型结果不符情况，从而设法提高实验室骨髓细胞学检查的正确率以及增加骨髓细胞学检查与流式细胞术免疫分型结果的一致性。

**方法** 回顾四川大学华西医院 2016 年临检血液室骨髓组接收到的包括住院、门诊及会诊骨髓细胞学检查及流式细胞术免疫分型结果并应用统计学方法进行统计。

**结果** 四川大学华西医院 2016 年临检血液室骨髓组接收到的包括住院、门诊及会诊在全年中同时申请了骨髓细胞学检查及流式细胞术免疫分型的病例数为 2448 例，两种检查结果不符的有 110 例，占总数的 4.49%。

**结论** 二者区别主要体现在形态识别与细胞分类比例两方面，应从这两方面入手提高实验室骨髓细胞学检查的正确率以及增加骨髓细胞学检查与流式细胞术免疫分型结果的一致性。

## PU-0959

### 尿抗原与痰抗原联合检测诊断肺炎链球菌肺炎的临床价值

张昭勇,张吉才,杨宏伟  
湖北省十堰市太和医院（湖北医药学院附属医院）

**目的** 探讨肺炎链球菌尿抗原和痰抗原联合检测对肺炎链球菌肺炎诊断的临床意义。

**方法** 收集 2016 年 1-12 月住院患者下呼吸道感染病例，对每例患者同时采集尿及痰标本，用免疫层析法测定尿和痰肺炎链球菌抗原，并对痰标本进行分离培养鉴定。以痰培养为肺炎链球菌肺炎诊断的“金标准”，对尿和痰肺炎链球菌抗原检测进行诊断试验性能评价。

**结果** 2837 例患者中，痰标本培养阳性率为 15.4%；尿和痰肺炎链球菌抗原阳性率分别为 16.6%和 27.5%。尿和痰抗原检测诊断肺炎链球菌肺炎的灵敏度和特异度分别为 66.1%、92.3%和 95.64%、84.8%。两方法并联时其灵敏度、特异度分别为 98.9%和 78.3%；两方法串联时灵敏度、特异度分别为 63.3%和 98.8%。

**结论** 尿和痰抗原检测在肺炎链球菌肺炎中具有敏感性高、特异性强、操作简单、容易标准化的优点，可作为诊断肺炎链球菌肺炎的一种方法进行推广。两方法联合并联时有较高的敏感性，可用于门诊肺炎链球菌肺炎的筛查；两方法串联时有较高的特异性，可用于住院肺炎链球菌肺炎的确诊。

## PU-0960

## Rapid Diagnosis of Prostate Cancer in China Based on Detection of miRNAs by Nanopore Channel

Xinyi Yuan

West China Hospital of Sichuan University

**Objective** Prostate cancer (PC) is the most common non-skin cancer in men in the Western world. Detection of prostate cancer (PC) based on serum prostate-specific antigen (PSA) testing leads to many unnecessary prostate biopsies, overdiagnosis, and overtreatment of clinically insignificant tumors. Local prostate cancer can be cured by radical prostatectomy (RP) or radiotherapy, while metastatic PC cannot be cured. Therefore, early detection is critical to the survival of patients. A foreign team has verified the 3-miRNA diagnostic scale model uCaP, based on which the feasibility of this method in China is studied.

**Methods** Due to the physical occupancy effect of biomolecules, blockage can cause square wave signals as biomolecules pass through the nanochannel. The degree of clogging and duration of the characteristic signals of different analyte molecules passing through the nanopore channel are different. Therefore, the nanopore single channel can achieve high sensitivity and specific detection at a single molecule level. Nanopore single-channel detection technology was used to measure several miRNAs in acellular urine of a large number of patients. This study designed a probe that can specifically recognize the target miRNA. The probe is complementary to the target miRNA, and the nanopore single channel pair is utilized. The high sensitivity of specific probes and miRNA-formed complex molecules enables rapid detection of prostate cancer miRNAs.

**Results** This study determined the utility of the 3-miRNA diagnostic scale model uCaP in rapid diagnosis in China. The uCaP scores in the urine samples of BPH and PC patients were unique in several independent subgroups [area under the curve (AUC) 0.87, 0.68, 0.67]. Additionally, uCaP predicted TRUS biopsy results with greater accuracy than PSA (AUC uCaP=0.644; AUC PSA=0.527) for patients within the diagnostic gray zone.

**Conclusions** The urine-based diagnostic 3-miRNA signature PC (uCaP) from a multi-patient cohort was thus verified. In the future, simple and non-invasive uCaP testing can be used to help more accurately select patients for prostate biopsy, which is of great significance for the rapid diagnosis of prostate cancer.

## PU-0961

## Epidemiological source tracking of human infection with *Listeria monocytogenes*

Chen Cheng<sup>1,2</sup>, Fei Jiang<sup>1</sup>, Bing Gu<sup>1,2</sup>

1. The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

2. Xuzhou Medical University

**Objective** Listeriosis is a foodborne disease characterized by high hospitalization and fatality rates, especially in vulnerable groups including elderly subjects, pregnant women, newborns, and immunocompromised patients, etc. In the study, we explore the molecular characteristics and epidemiology of clinical *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*) infection, and to timely understand the main ways of its transmission by tracing its origin.

**Methods** We collected 4 clinical isolates of *L. monocytogenes* from Xuzhou, Jiangsu, China during 2018-2019, and 9 *L. monocytogenes* isolated from food at the same time were further analyzed. We used VITEK2 Compact automatic bacterial identification and drug sensitivity analysis system to detect *L. monocytogenes* sensitivity to 14 commonly used antibiotics. And 9

virulence genes (*prfA*, *actA*, *plcB*, *plcA*, *hly*, *hly2*, *inlA*, *inlB*, *mpl*) were detected by using polymerase chain reaction (PCR) and genome sequencing verification. Serotyping was performed on all *L. monocytogenes* isolates based on multiplex PCR. Multi Locus Sequence Type (MLST) was completed following the Pasteur Institute protocol sequencing 7 alleles (*abcZ*, *cat*, *dapE*, *dat*, *lhkA*, *ldh*, *bglA*). Moreover, the genotypic relationships of 13 *L. monocytogenes* were further analyzed by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE).

**Results** Two patients were with meningitis, one newborn, and the other was with acute lymphoblastic leukemia. The clinical isolates were all resistant to cotrimoxazole, clindamycin, erythromycin, and oxacillin. And they all harbored 9 virulence genes (*prfA*, *actA*, *plcB*, *plcA*, *hly*, *hly2*, *inlA*, *inlB*, *mpl*). One *L. monocytogenes* ST1474, a novel sequence type, was first found and its serotype is 1/2b. In addition, we also discovered that ST619 *L. monocytogenes* serotyping 1/2b was first isolated from human. The other two clinical strains sequence types were ST121, ST621 and their serotype were both 1/2a. A clinical isolate of *Listeria monocytogenes* was 100% homologous to a *Listeria monocytogenes* isolated from food by PFGE. The sequence types of food isolates were ST9 (33.3%), ST8 (22.2%), ST87 (22.2%), ST121 (11.1%), ST378 (11.1%), as well as possessing all virulence genes as mentioned above, the detected serotypes of which were 1/2c, 1/2a, 1/2b, 1/2a, 1/2a, respectively.

**Conclusions** The study is the first to report clinical cases of *L. monocytogenes* infection in Xuzhou and trace the source by epidemiological survey. In this study, we found a new sequence type ST1474 and a ST619 clinical *L. monocytogenes* isolate firstly, indicating the existence of this new change in alleles of *L. monocytogenes*, which should be of our concern. In addition, the serotype 1/2a was the most represented among the tested samples. And PFGE showed that the similarity of a *L. monocytogenes* isolated from food to one clinical isolate was 100%, the sequence type of which was both ST121, suggesting that the patient may develop the infection from eating the food. Furthermore, infection with *L. monocytogenes* mainly led to meningitis and the main way of clinical *L. monocytogenes* infection is food-borne infection. Therefore, more stringent control of commercial food establishments that provide ready-to-eat food was needed and suggestions for specifically vulnerable groups, e.g., pregnant women, of the risk of *L. monocytogenes* in ready-to-eat food are urgently needed.

## PU-0962

### Circulating Tfr2 cells are increased in latent syphilis patients

Yumei Ge, Zhao Zhao, Jinlin Liu

Department of Clinical Laboratory, Zhejiang Provincial People's Hospital

**Objective** The aim of the present study was to examine changes of cellular homeostasis in T follicular regulatory T (Tfr) cells in secondary syphilis patients and latent patients.

**Methods** Thirty healthy controls (HCs), 24 secondary syphilis patients and 41 latent syphilis patients were enrolled. The percentages of total Tfr, Tfr1, Tfr2, Tfr17, and the PD-1, ICOS and CTLA-4 on the Tfr cells in the peripheral blood were all determined by the flow cytometry.

**Results** Compare to the HCs and secondary syphilis patients, the percentage of total Tfr cells and the Tfr/Tfh ratio was significantly higher in latent syphilis patients, while the total Treg cells were not significantly changed in the latent syphilis patients when compared to the secondary syphilis patients. Additionally, no significant change was found on the Tfr1, Tfr2, Tfr17 among the HC and secondary syphilitic infection patients or the latent syphilis patients, except the Tfr2 cells were increased in the latent syphilis patients. Furthermore, the ICOS and CTLA-4 were all dysregulated on the Tfr cells between the secondary syphilis and latent syphilis patients.

**Conclusions** Increased Tfr2 cells may play an important role in the clinical progression of syphilitic infection patients.

## PU-0963

**Effect of centrifugal force,time and tempreature on isolation of urinary exosomes by ultracentrifugation**

朱迎星

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** The purpose of this study was to investigate the effect of centrifugal force, time and tempreature on the exosome isolation by ultracentrifugation.

**方法** Urinary exosome was isolated by ultracentrifugation under different centrifugal force,time and tempreature conditions. Exosome-associated protein markers TSG101 and ALIX were evalutated by Western-blotting.

**结果** Compared to the lower centrifugal force goup, The more urinary exosome was obtained with greater centrifugal force or longer time. There was no apparent difference on different tempreature conditions.

**结论** Centrifugal force,time was so important to the separation of urinary exosome with ultracentrifugation that should be considered in the progress of genitourinary system diseases biomarker exploration. Different centrifugal temperatures had no obvious influence on exosome because exosome was likely stable in a short time.

## PU-0964

**Septin9 基因甲基化定性检测试剂盒性能验证**

朱迎星

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 对 Septin9 基因甲基化定性检测试剂盒进行性能验证

**方法** 采用荧光 PCR 法定性检测人外周血浆中 Septin 9 基因甲基化, 验证评价其准确度、精密度、灵敏度及特异性。

**结果** 阳性符合率及阴性符合率均为 100%, 准确度评估结果为通过; CV 值为 1.70%, 均在可接受范围内, 精密度评估结果为通过; 灵敏度为 85% (17/20), 符合试剂盒的要求标准; 特异度为 95% (19/20), 表明该试剂盒能正确区分临床阴性样本, 能满足临床特异度要求。

**结论** Septin9 基因甲基化检测试剂盒性能指标包括准确度、精密度、灵敏度和特异性等均符合要求, 可以用于临床检测及科研。

## PU-0965

**Characterization of lung microbiota and intestinal flora in patients with lung cancer comparing with pulmonary benign masses: A potential joint bacterial biomarker**Chen Cheng<sup>1,2</sup>, Bing Gu<sup>1,2</sup>

1.The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

2.Xuzhou Medical University

**Objective** To our knowledge, disruption in the stability of lung microbiota or intestinal flora is known to be associated with many lung diseases. However, changes of pulmonary microbiota and intestinal flora in lung cancer patients comparing with the corresponding microbiota in patients with benign lung masses have not been reported. Therefore, to explore a joint potential,

non-invasive and novel bacterial biomarker for diagnosis and detecting therapeutic intervention new targets of lung cancer, we characterized and compared the lung and gut microbiomes of lung cancer patients to those with pulmonary benign masses.

**Methods** A total of 30 patients were recruited in the research, 20 patients of which were diagnosed with lung cancer, and 10 patients were diagnosed with pulmonary benign masses. Bronchoalveolar lavage fluid (BALF) and fecal samples were collected and analyzed by 16S rRNA-based next-generation sequencing.

**Results** Unweighted principal coordinate analysis (PCoA) revealed significant differences in the lung and gut bacterial communities between the lung cancer group and the pulmonary benign masses control group. At the bacterial phyla level, compared with patients with benign lung masses, the relative abundance of Firmicutes was significantly increased in BALF of patients with lung cancer, but Fusobacteria was dramatically lower ( $P < 0.05$ ). Conversely, the relative abundance of Firmicutes in stool samples from lung cancer patients was significantly decreased, but Fusobacteria was significantly elevated. Moreover, at the bacterial genus level, BALF of the lung cancer group had remarkably higher levels of Veillonella, but Veillonella in stool samples from the same patient dropped.

**Conclusions** The results indicate that clear differences exist in the bacterial communities of patients with lung cancer and those with benign masses. Changes of the relative abundance of Firmicutes, Fusobacteria and Veillonella may be caused by a crucial cross-talk between the intestinal microbiota and the lungs, which also supported the idea of the 'gut-lung axis' and suggested a potential joint bacterial biomarker to diagnosis and treatment of lung cancer. Thus, the lung and gut microbiota may change the environment in patients with lung cancer, providing new targets for diagnosis and therapy of lung cancer. However, further large-scaled studies are needed to investigate the role of the gut and lung microbiome in patients with lung cancer.

## PU-0966

### 精益管理理论在检验科文件表格管理中的应用

刘春梅, 田文君, 刘义庆, 张炳昌  
山东省立医院, 250000

**目的** 近年来, 精益管理越来越普遍被应用于医疗行业。我院从引入精益管理的方式后, 对科室的文件管理按照精益管理模式进行了改造, 并对原有的流程进行了优化, 合理配置并有效利用各种资源, 努力提高工作效率。

**方法** 1. 建立操作流程 具体的操作流程为: 年初制定好相应的质量与技术记录表格, 分电子版类及手工填写类, 后者包括每天、每周、每月和不时填写类。每月初上传电子版并打印所需的纸质版表格, 分配到各实验区域, 同时对工作人员进行相应的培训, 工作中对文件表格及工作人员填写情况进行观察; 定期对填写完毕的记录表格进行回收交主任审核并分类归档。2. 5S 管理 (1) 整理 (sort): 改善前, 记录表格放置混乱易丢失。通过增加文件夹和文件盒来增加文件存放空间, 并准备专门的档案柜, 分门别类的存放文件, 改善环境。(2) 整顿 (simplify): ①根据工作中实际情况编制表格, 使工作流程及工作记录完整化。②配备一名文件管理员, 负责对本室文件进行管理, 对本室工作人员填写表格文件进行相应的培训并监督。③各表格都予以相应的分类编号。④科室实施不定期检查, 及时发现不符合项。(3) 清扫 (sweep): ①对于与工作情况违背或者不适用的表格予以停止使用并撤离现场, ②工作人员要维护好记录表格的整洁卫生, 防止血渍或污水污染。(4) 标准化 (standardize): 工作中已经形成的表格填写、整理、放置、维护等方法组员要严格履行, 文件管理员对于执行情况要不断检查, 及时发现问题并进行整改, 使管理制度规范化、标准化。(5) 自律 (self discipline): 工作人员要严格要求自己, 养成良好的习惯, 严格执行操作流程, 并进行自查, 出现问题要主动改正。

**结果** 实施精益管理后，我室的文件填写缺陷率和保存缺陷率明显下降。这表示实施精益管理后，有了完整的管理体系和操作流程，工作人员都接受了完整的学习、培训，这有助于提高本室的表格文件的完成率和完好性，满意度也有了相应的提高。

**结论** 精益管理理论在文件表格管理过程中有很好的应用价值。

## PU-0967

### The study on the clinical practical value of accurate identification pathogen in respiratory infection

Zhumiao Yang

West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Based on the acknowledgement that main symptoms of respiratory infection are cough and fever, this study aims to improve the identification and diagnosis ability on the causative agents of patients with suspected respiratory infection, and also set up more accurate clinical treatments program.

**Methods** Divided the 1421 patients with cough and fever as the main symptoms in WestChina Hospital from June 2015 to July 2017 into three groups: 263 patients in young from 0 to 16, 821 patients in adult from 17 to 49, 337 patients in agedness from 50 to 80. The study collected the deep part's sputa and bronchoalveolar lavage fluid. It sorted out the samples' viral nucleic detection by the 13 Respiratory Pathogen Multiplex Kit and identified the bacterial culture on the samples. Finally, it also conducted the statistic analysis of the types of causative agents.

**Results** Among the 1421 samples, positive samples of causative agents occupied 51.07%, 726 samples, the infection rate of adult is apparently above the young and the aged (for respective, 53.20%, 22.5%, 24.3%,  $p < 0.001$ ). The positive samples of bacterial culture occupied 921 samples, namely 64.80%, among which the mix infection of two or above viruses took up 31.1%. Among the samples, the mix infection of respiratory viruses and bacterial occupied 35%-62%, namely 510 samples. In our identification pathogen of this study, Influenza Virus H1N1, Rhinovirus, Adenovirus, Mycoplasma Pneumoniae are the most common non-bacteria pathogen. The positively non-bacteria pathogen rates of four seasons are respectively 25%, 6.7%, 20% and 38.3%,  $p = 0.257$ .

**Conclusions** Among the respiratory infection, whose main symptoms are cough and fever, the causative agents are not only common bacterial infection but also the separate or mix respiratory virus infections. Therefore, the pathogen nucleic detection classification and bacterial culture, can facilitate the identification of pathogen in respiratory infection, which can provide an important reference for helping the clinical doctors choose more accurate treatments.

## PU-0968

### 急性胰腺炎易位感染菌群分布及耐药性分析

谭超超

湖南省人民医院

**目的** 分析急性胰腺炎继发感染菌群分布及耐药性，为临床使用抗菌药物进行预防及控制感染提供依据。

**方法** 采取回顾性分析方法，统计某院三年内急性胰腺炎患者发生继发感染的病例，收集患者的基本信息以及继发感染的细菌培养和药敏分析结果，分析其菌群感染特点及耐药情况。

**结果** 2969例急性胰腺炎患者中存在继发感染且微生物培养为阳性的有138例患者，总共分离出216例菌株，G<sup>-</sup>菌占54.6%，G<sup>+</sup>菌占36.1%，真菌9.2%。其中大肠埃希菌占25.9%，对头孢唑啉

和氨苄西林耐药率高于 78%，具有多重耐药特点；肠球菌分离出 36 例，占 16.7%，粪肠球菌和屎肠球菌对四环素类抗生素均有较高的耐药性，屎肠球菌对青霉素、氨苄西林、高水平庆大霉素、环丙沙星、左氧氟沙星、莫西沙星、红霉素的耐药率均高于粪肠球菌；葡萄球菌 36（16.7%）例，头孢西丁筛选阳性率高于 78%，对多种抗生素具有较高的耐药率；真菌对常见抗真菌药物未见耐药情况。

**结论** 急性胰腺炎继发感染主要以肠道杆菌为主，其次为葡萄球菌及肠球菌，其耐药性大多呈现多重耐药。

## PU-0969

### Association between clinical parameters and long-term recovery time of coronary artery lesions in Kawasaki disease patients

谭超超

湖南省人民医院

**目的** To assess the relationship between clinical parameters and long-term recovery time of Coronary artery lesions (CALs).

**方法** In total, 344 KD patients were screened and 311 KD patients were included and followed-up for the next two years. Clinical records, clinical parameters and inflammatory biomarkers were collected for all subjects.

**结果** Kaplan-Meier survival analysis showed that in the high-TNF- $\alpha$  group, the estimated median time to recovery (5.0 months, 95% CI 1.436–8.564) is significantly longer than the low-TNF- $\alpha$  group (2.00 months, 95% CI: 0.633–3.367,  $P = 0.044$ ). Also, the estimated median time (5.0 months, 95% CI: 1.836–8.164) in the high-MYO group is significantly longer than the low-MYO group (2.00 months, 95% CI: 0.405–3.595,  $P = 0.002$ ). Cox regression analysis showed independent factors for recovery of CALs included age, left coronary artery to aortic annulus ratio, TNF- $\alpha$  and MYO levels.

**结论** clinical parameters could help in the design of a clinical strategy for the surveillance and prevention of late cardiovascular events.

## PU-0970

### 老年患者感染嗜麦芽寡养单胞菌的耐药性及整合基因研究

杨子林

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

**目的** 对老年患者感染嗜麦芽寡养单胞菌(*Stenotrophomonas maltophilia*, SMA)的临床特征及耐药性分析,为临床抗生素的合理使用提供指导。同时研究老年患者感染嗜麦芽寡养单胞菌的整合子(integron, int)和耐药基因,确定 SMA 中主要的耐药基因类型,分析其耐药性与整合基因的相关性,控制 SMA 多药耐药菌的产生与传播。

**方法** 收集湖南省人民医院嗜麦芽寡养单胞菌共 334 株。用琼脂倍比稀释法测定嗜麦芽寡养单胞菌对抗菌药物的敏感性,根据 2018 年临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institut, CLSI)推荐的标准判读结果。用 I、II、III 类整合子、I 类整合子可变区、dfrA1、qacE  $\Delta$ 1-sul1 和 sul1 的引物对菌株 DNA 进行聚合酶链反应(Polymerase Chain Reaction, PCR)扩增,对 I 类整合子可变区扩增阳性产物进行测序分析



**结果** 老年组感染率高于中青年组, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。老年组菌株主要来自呼吸科和卒中重症监护室患者的呼吸道标本。老年组与中青年组六种抗生素耐药率进行比较, 差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。对菌株 DNA 进行 PCR 扩增, 老年组有 104 株检出 I 类整合子 (integron I, int I), 阳性率为 44.83%, 中青年组仅 10 株检出 I 类整合子, 阳性率为 9.80%, 对两组 I 类整合子检出率进行比较, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ); 两组均未检出 II 类整合子和 III 类整合子。在老年组 I 类整合子阳性菌株中检测到  $qacE\Delta 1-sul1$  有 18 株、 $sul1$  有 9 株、 $dfra1$  有 3 株, 老年组 I 类整合子阴性菌株中, 检测出  $qacE\Delta 1-sul1$ 、 $sul1$  分别为 7 株、2 株。比较老年组中大于等于 3 种抗生素耐药组与小于 3 种抗生素耐药组的整合子及耐药基因检出率, 前者检出率高于后者, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ); 对 47 株耐甲氧苄啉/磺胺甲恶唑的菌株 MIC 分布进行分析,  $MIC \geq 8/152\mu g/ml$  的菌株占 82.98%。

**结论** 1. 老年患者嗜麦芽寡养单胞菌的感染率和耐药率高于中青年患者, 呼吸道是主要感染部位。老年组嗜麦芽寡养单胞菌对甲氧苄啉/磺胺甲恶唑和米诺环素较敏感, 临床上经验性治疗 SMA 感染时可优先选择这两种药物。3. I 类整合子和耐药基因盒增加了老年患者感染的嗜麦芽寡养单胞菌的耐药性。

## PU-0971

### 未成熟粒细胞对 ARDS 的临床价值分析

谭超超

湖南省人民医院

**目的** 探讨未成熟粒细胞百分率 (IG%) 与急性呼吸窘迫综合征 (ARDS) 的关系。

**方法** 统计学分析湖南省人民医院住院治疗 ARDS 患者共 178 例, 就诊健康体检人员 51 例。利用血细胞分析仪, 血气分析仪, 特种蛋白分析仪所得结果收集研究数据 WBC, N%, IG%, CRP, 根据柏林定义将 ARDS 患者分轻, 中, 重三组。使用 ROC 曲线分析评估未成熟粒细胞百分率对 ARDS 的诊断价值。

**结果** 对于 ARDS 患者, 严重组 IG% 水平明显高于轻度组 (4.72 vs 1.80;  $P<0.05$ ) 和中度组 (4.72 vs 2.55;  $P<0.05$ ), IG% 的升高反映了 ARDS 的发生率和严重程度有明显的上升趋势, IG% 的 ROC 曲线下面积 0.885 (95%CI: 0.815-0.914) 明显优于 WBC 0.659 (95%CI: 0.593-0.762)、N% 0.795 (95%CI: 0.727-0.863) 曲线下面积, IG% 对诊断 ARDS 的诊断价值最大。

**结论** IG% 可作为急性呼吸窘迫综合征 (ARDS) 的一种早期生物标志物, 也可用于区分 ARDS 患者的严重程度, 能够促进对急性呼吸窘迫综合征 (ARDS) 早期高危人群的及时、有效识别。

## PU-0972

### 2015-2018 年某院产碳青霉烯酶大肠埃希菌的临床分布与耐药特征分析

曾玲

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院, 410000

**目的** 分析临床来源的碳青霉烯类抗生素耐药的大肠埃希菌的临床分布与耐药特征, 对于临床合理安排运用抗菌药物及控制院内感染提供一定的理论依据。

**方法** 收集湖南省人民医院 2015-2018 年之间分离的大肠埃希菌, 并根据全自动微生物药敏分析系统对该菌的药敏鉴定结果以及 K-B 纸片法复核的鉴定结果, 筛选出碳青霉烯类耐药菌株, 分类列表及统计图进行回顾性分析, 得出耐药性特征。

**结果** 共收集到 4667 株大肠埃希菌, 其中碳青霉烯类药物耐药菌株 188 株, 主要在肝胆科, ICU, 泌尿科, 儿科检出。

**结论** 1.湖南省人民医院 2015 年至 2018 年临床分离出 4667 株大肠埃希菌, 住院与门急诊检出比例分别为 95.99%和 4.01%, 主要检出科室为肝胆科, 肾内科, 泌尿科, 儿科, ICU 等。主要来源标本为尿液、胆汁、静脉全血和痰液等。2.碳青霉烯类耐药菌株有 188 株, 耐药率为 4.03%, 来自 20 个不同的科室, 主要为肝胆科, ICU, 泌尿科, 儿科, 肾内科, 主要在尿液, 胆汁, 痰液, 血液中检出。3.大肠埃希菌在胆汁, 痰液, 血液中的检出率不断升高, 并且逐渐占据临床检出的重要地位。4. 本院近三年大肠埃希菌的总体耐药率变化不大, 药敏结果显示耐药菌株对临床常用药物敏感性一直在降低, 而耐药性在不断升高, 对氨苄西林等药物甚至已经表现为极强的耐药性。

## PU-0973

### 中性粒细胞-淋巴细胞比值及血小板-淋巴细胞比值与 SLE 疾病活动度的相关性分析

刘培<sup>1</sup>,袁仕善<sup>2</sup>

1.湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

2.湖南师范大学

**目的** 分析中性粒细胞-淋巴细胞比值(NLR)及血小板-淋巴细胞比值(PLR)与系统性红斑狼疮(SLE)疾病活动度的相关性。

**方法** 收集长沙某三甲医院 121 例 SLE 患者与 100 例健康体检者的临床资料及实验室检查数据, 根据 SLEDIA 评分将 SLE 患者分为活动组与缓解组, 分析 NLR、PLR 与 SLE 疾病活动度的相关性。

**结果** SLE 患者 NLR 和 PLR 分别为 4.78 (2.82-7.80) 和 197.56 (137.27-285.52), 对照组 NLR 和 PLR 分别为 1.75 (1.51-2.11) 和 113.84 (98.65-131.11); SLE 患者 NLR 和 PLR 较对照组显著升高, 差异均有统计学意义 ( $P<0.001$ ); 活动组的 NLR 和 PLR 分别为 5.99 (3.49-10.47) 和 206.81 (151.33-333.47), 缓解组的 NLR 和 PLR 分别为 4.02 (2.16-5.37) 和 182.09 (115.00-247.14); 活动组 NLR、PLR 与缓解组相比显著升高, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); SLEDIA 评分与 NLR、PLR 呈正相关 ( $r=0.372, 0.232 P<0.05$ )。

**结论** NLR、PLR 可作为 SLE 疾病活动度的评价指标。

## PU-0974

### 6 西格玛质量管理在临床生化检验的应用

吴意

湖南省人民医院

**目的** 本文使用六西格玛理论来分析临床生化检验项目质量控制数据, 评估各项目的检测性能, 设计相应质量控制规则和确定各项目质量改进方向, 旨在为控制实验室检测质量提供合理有效的管理方案。

**方法** 收集 2018 年 2 月 1 日至 6 月 30 日湖南省人民医院检验科生化室 Olympus AU5800 全自动生化分析仪 10 项检验项目的室内质控及该室室间质量评估数据, 计算偏倚(bias, BIAS%)和变异系数(Coefficient of variance, CV%)。以 1992 年实施的美国临床实验室改进修改法案(CLIA'88)规定的总允许误差(Total allowable error, TEA%), BIAS%和 CV%计算各项目西格玛水平和质量目标指数(quality goal index, QGI), 并辅以标准化西格玛性能评价图来评估项目的检测性能, 设计合适质控管理规则, 分析部分项目性能不佳的原因并指导其质量改进。

**结果** 10 个项目中肌酸激酶(creatine kinase,CK),甘油三酯(triglyceride,TC),尿酸(uric acid,UA)和碱性磷酸酶(alkaline phosphatase,ALP)等四个项目的  $\sigma$  水平  $>6\sigma$ ; 天冬氨酸氨基转移酶(aspartate aminotransferase,AST)的西格玛水平处于 5~6 之间; 总胆固醇(total cholesterol,TC)和总蛋白(total protein,TP)西格玛水平处于 4~5 之间; 丙氨酸氨基转移酶(alanine aminotransferase,ALT)和葡萄糖(glucose,GLU)的西格玛水平处于 3~4 之间; 钙(calcium,Ca)西格玛水平处于 2~3 之间。共六个项目的  $\sigma$  水平  $<3\sigma$ , 在未达到  $6\sigma$  水平的项目中, 丙氨酸氨基转移酶, 天冬氨酸氨基转移酶, 总胆固醇, 总蛋白和钙等五个项目的 QGI 值小于 0.8, 需要优先提高检验方法的精密度, 葡萄糖的 QGI 值处于 0.8 和 1.2 之间, 其检验方法精密度和准确度都需要被提高。

**结论** 临床生化检验项目性能表现各不相同, 六西格玛质量管理方案作为常用的质量管理体系工具, 能有效的评价临床生化检验项目的性能指标, 有助于实验室及时发现问题并采取合理措施控制项目检测质量。

## PU-0975

### Molecular genetic analysis and clinical diagnose with early-onset LAMA2-related muscular dystrophy in a family

Miaonan Liu

West China Hospital, Sichuan University

**Objective** LAMA2-related muscular dystrophy (LAMA2 MD) is caused by mutation or exon deletion in LAMA2 gene of an autosomal recessive inherited disease. The clinical phenotype with molecular genetic relationship gradually clear in recent years is helpful to definitive diagnosis. We inquired the genotype and phenotype in a LAMA2 abnormal muscular dystrophy family manifesting as limb-girdle muscular dystrophy (LGMD).

**Methods** The clinical disease information of the proband and his family has been collected. The muscle specimen were performed muscle biopsy and immunohistochemical staining. Extracted from the peripheral blood genomic DNA of proband and his family, and genetic testing was analyzed using the next generation sequencing (NGS) and multiplex ligation dependent probe amplification (MLPA). The next generation sequencing found the point mutation use sanger sequencing to verify.

**Results** The proband had muscle atrophy and motor retardation when he was age two, and his brother have the same clinical symptoms but died at the age of five. Muscle biopsy histochemical staining showed atrophy and electromyography examination found obvious anomalies. Immunohistochemical staining using antibody against merosin showed nearly normal expression surrounding the muscle fiber. We found that compound heterozygous LAMA2 mutation inherited from the parents respectively by analyzing the gene test. One coming from the mother was a heterozygosity deletion of exon 30. The other from the father was a missense mutation c.8906G>C (p.Arg2969Pro). Sanger sequencing verified the point mutation. The brother had the same mutations as the proband. We diagnosed this early-onset LAMA2 MD Chinese patients on molecular genetic level and genetic counseling is available.

**Conclusions** We inquired the genotype and phenotype in a LAMA2 abnormal muscular dystrophy family manifesting as limb-girdle muscular dystrophy (LGMD). This LAMA2 MD family manifesting as LGMD was identified in molecular genetic level and their phenotypes was described.

## PU-0976

## 宫颈分泌物中 M2-PK 的定量检测及在宫颈癌中的应用研究

刘琼

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

**目的** 探讨宫颈分泌物中丙酮酸激酶 M2 亚型(Tu M2-PK)的定量检测及对宫颈癌早期诊断的价值。

**方法** 收集正常、慢性宫颈炎和宫颈上皮内瘤变(CIN)的 EDTA 抗凝血浆标本和宫颈分泌物标本各 30 例,用 ELISA 方法检测 Tu M2-PK 在各观察病例中的血浆及宫颈分泌物的含量。

**结果** 1、血浆中 CIN 组 Tu M2-PK 含量明显高于正常组与宫颈炎组 ( $P<0.05$ ) ; 2、宫颈分泌物中 CIN 组 Tu M2-PK 含量明显高于正常组与宫颈炎组 ( $P<0.05$ ) ; 3、CIN 组中宫颈分泌物 Tu M2-PK 含量明显高于血浆中 Tu M2-PK 含量 ( $P<0.05$ ) ; 4、正常组和慢性宫颈炎组血浆与宫颈分泌物中 Tu M2-PK 含量无明显差异 ( $P>0.05$ ) 。 5、血浆中 Tu M2-PK 在 CIN I、CIN II 和 CIN III 分期中的表达无差异 ( $P>0.05$ ) ; 分泌物中 Tu M2-PK 在 CIN 分期中的表达有差异 ( $P<0.05$ ) , 其中 Tu M2-PK 在 CIN III 表达比 CIN II 和 CIN I 都高,结果有统计学意义 ( $P<0.05$ ) , CIN II 与 CIN I 比较无统计学意义 ( $P>0.05$ ) 。

**结论** Tu M2-PK 对 CIN 早期预防诊断有一定临床意义,宫颈分泌物中肿瘤标志物 Tu M2-PK 比血浆中 Tu M2-PK 在早期诊断预防 CIN 更为显著。

## PU-0977

## 常规检测法与五联检法对阴道分泌物的检测价值

万智敏

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

**目的** 探讨阴道分泌物常规检测法与五联检法对阴道分泌物的检测价值。**方法:** 收集湖南省人民医院 2018 年 9 月-2018 年 11 月 200 例患者的阴道分泌物标本,并对阴道分泌物行常规检测与五联检测,对两种检测方法的结果进行统计学分析,从而探讨两种检测方法对阴道分泌物的检测价值。

**方法** 收集湖南省人民医院 2018 年 9 月-2018 年 11 月 200 例患者的阴道分泌物标本,并对阴道分泌物行常规检测与五联检测,对两种检测方法的结果进行统计学分析,从而探讨两种检测方法对阴道分泌物的检测价值

**结果** 常规检测法与五联检法检测白细胞、真菌或滴虫、线索细胞结果的符合率分别为 98.5%、86.0%、98.0%; 常规检测法对白细胞、真菌或滴虫、线索细胞的阳性检出率分别为 43.0%、39.0%、13.0%; 五联检法对白细胞、真菌或滴虫、线索细胞的阳性检出率分别为 44.5%、45.0%、15.0%。两种检测方法在白细胞与线索细胞的阳性检出率上,差异无统计学意义 ( $p>0.05$ ) ,在真菌或滴虫的阳性检出率上,差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ) 。

**结论** 常规检测法与五联检法对白细胞与线索细胞的阳性检出率有高度的一致性,但五联检法对真菌或滴虫的检出率明显高于镜检法。在一定情况下,常规检测法和五联检法联合检测,可以提高真菌和滴虫的阳性检出率,以期临床诊断阴道疾病提供较高的参考价值。

## PU-0978

**CHI3L1 表达水平检测在乳腺疾病中的应用价值**

史苇  
湖南省人民医院

**目的** 评估检测血清壳多糖酶 3 样蛋白 1 (CHI3L1), Ca153、CA125、CEA 代谢水平在乳腺疾病的临床诊断中的应用价值。

**方法** 收集 2018 年 9 月至 2019 年 4 月入院的 22 名乳腺良性疾病患者, 50 名乳腺癌患者血清, 和 20 份健康女性血清标本, 分别检测其 CHI3L1、CA153、CA125、CEA 水平, 评价 CHI3L1 单独检测和联合检测对于乳腺癌的诊断价值。

**结果** 乳腺癌组 CHI3L1 水平显著高于对照组和良性组。且肿瘤越大, 血清 CHI3L1 水平越高。血清标志物及 CHI3L1 和 CA153 联合检测的线下面积为 0.931。

**结论** 血清 CHI3L1 水平与 CA153 联合检测可以应用于乳腺疾病的早期筛查。

## PU-0979

**循环 microRNA-196a 对胰腺癌诊断价值的 meta 分**

吴意  
湖南省人民医院

**目的** 胰腺癌为一种恶性程度高且预后差的肿瘤。其早期诊断水平的提高有助于手术切除率的提高和患者生存时间的延长。目前的诊断标志物对胰腺癌的早期诊断敏感性较低, 临床上迫切需要发现新的诊断标志物来提高其检出率。研究发现 miRNAs 的表达与胰腺癌密切相关, 具有成为新型胰腺癌分子标志物的潜力。本次课题主要对循环 microRNA-196a 对胰腺癌的诊断价值进行 meta 分析, 以得出胰腺癌诊断标志物的诊断评价。

**方法** 使用 Note Express 软件检索 CNKI, VIP database, WanFang database 以及 PubMed, Cochrane Library, Embase, Web of Science, 检索截止至 2019 年 1 月近五年内公开发表的文章, 检索关键词“miRNA”、“microRNA”、“胰腺癌”、“胰腺肿瘤”、“诊断价值”、“pancreatic cancer”、“pancreatic carcinoma”、“diagnostic value”等。根据文献的纳入与排除标准筛选搜索到的文献, 再使用 QUADAS-2 量表对筛选出的文献进行质量评价, 最后使用 Meta-Disc1.4 软件对所得到的数据进行 Meta 分析并讨论。

**结果** 本次一共纳入了 6 篇 microRNA-196a 与胰腺癌相关性的病例对照研究文献, 其中胰腺癌血液标本有 444 例, 对照血液标本有 449 例。Meta 分析结果显示: ①microRNA-196a 在胰腺癌患者血液中的阳性表达率低于对照组, 且两组差别有统计学意义 ( $OR=0.04, 95\%CI=[0.03-0.14], P<0.00001$ )。

**结论** :miRNA-196a 对胰腺癌的诊断具有潜在的价值。

## PU-0980

**CRPK 耐药基因检测及分子特征分析**

谢良伊  
湖南省人民医院

**目的** 本研究以 2018 年湖南省人民医院分离的肺炎克雷伯菌为研究对象, 对其分离率以及耐药机制进行分析, 旨在为处理肺炎克雷伯菌引起的感染提供可靠的实验室依据。

**方法** 收集 2018 年湖南省人民医院肺炎克雷伯菌数据, 分析其科室分布及药敏情况, 参照 CLSI 标准筛选耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌, 用聚合酶链反应 (PCR) 及测序的方法对耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌进行分子水平检测, 了解其主要酶型 KPC,NDM,IMP 的检出及分型情况。

**结果** 2018 年湖南省人民医院共检出肺炎克雷伯菌 1057 例, 筛选出耐碳青霉烯类肺炎克雷伯共 121 株, 以肝胆科、普外科、急诊重症病房和重症医学科这四个科室分布最为广泛; 标本类型以痰液最多, 共 46 例, 所占比例为 38.02%, 其次为全血标本, 共 16 例, 所占比例为 13.22%, 另外胆汁标本和分泌物标本各有 11 例, 所占比例均为 9.09%。分离出的肺炎克雷伯菌对头孢吡肟、头孢他啶和哌拉西林/他唑巴坦耐药率较高, 耐药率分别为 98.35%、96.69%和 95.87%, 其次对于头孢哌酮/舒巴坦和氨曲南也有较高的耐药率, 分别为 87.60%和 71.90%, 另外, 其对于粘菌素和替加环素有较高敏感率, 分别为 99.17%和 89.26%; 其次, 部分菌株对阿米卡星较敏感, 敏感率为 62.81%。

**结论** 1.2018 年湖南省人民医院分离的耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌对头孢类抗生素高度耐药, 对粘菌素极其敏感, 对于替加环素也较敏感, 部分菌株对于阿米卡星敏感。2.耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌主要分布在普外科、急诊重症病房、重症医学科和呼吸科等病情危重的科室。3.长期住院 (>14 天)、侵入性操作、患有基础性疾病均与病情恶化有关。4.2018 年湖南省人民医院分离的肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类抗生素耐药的主要机制是产生碳青霉烯酶, 此次研究筛选出的 121 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌中有 99 株菌株的耐药基因为 KPC-2 基因, 这与我国主要流行的酶型一致。阿米卡星对于产 KPC-2 的菌株有一定的疗效, 但对头孢类药物耐药。

## PU-0981

### 梅毒螺旋体特异性抗体对梅毒早期诊断和治疗的评价

黎村艳

湖南省人民医院

**目的** 分析梅毒螺旋体特异性抗体 (IgG 型和 IgM 型抗 TpN47、TpN45、TpN17 和 TpN15 抗体) 在早期梅毒诊断中的意义以及治疗后的血清学变化。

**方法** 收集 2015-2018 年湖南省人民医院确诊的梅毒患者 200 例, 采用免疫印迹法对其诊断初期的血清进行检测, 并选取 18 例进行治疗后跟踪监测, 观察血清 IgG 型和 IgM 型抗 TpN47、TpN45、TpN17 和 TpN15 抗体在梅毒诊断早期及治疗后的出现情况。

**结果** 早期梅毒患者血清 WB 试验检测结果:200 例早期梅毒患者 WB 试验检测结果显示单独出现 IgG 型抗 TpN17 抗体有 13 例, 其中 10 例在更早的检测时间 TPPA 结果为阴性。单独出现 IgM 型抗 TpN17 抗体有 1 例。其他梅毒特异性抗体无单独出现的情况。早期梅毒患者 TRUST 试验阳性和梅毒螺旋体特异性抗体的关系: 200 例早期梅毒患者 TRUST 试验中, 随着抗体滴度的下降 (1:256 到原倍), 梅毒螺旋体特异性抗体 (IgG 型和 IgM 型抗 TpN47、TpN45、TpN17 和 TpN15 抗体) 出现的频率逐渐降低, P 值均小于 0.05,有统计学差异。其中 IgM 型抗 TpN47、TpN45 和 TpN15 抗体随着 TRUST 滴度的降低阴转率更高些。18 例早期梅毒患者治疗后追踪 3-6 个月血清 IgG 型抗体阳性率: 治疗后三个月和治疗后六个月梅毒 IgG 型抗体阳性率均较高, 与治疗前相比, 阳性率差异无统计学意义( $P>0.05$ )。18 例早期梅毒患者治疗后追踪 3-6 个月血清 IgM 型抗体阳性率: 治疗后三个月和治疗后六个月除抗 TpN15 抗体以外其他梅毒的 IgM 抗体的表达均下降, 且治疗后六个月较治疗后三个月下降更多。其中抗 TpN47、TpN45 和 TpN17 抗体在治疗后三个月患者血清中均有阳性例数, 在治疗后六个月全部转阴。TpN47、TpN45 和 TpN17 在治疗后三个月和治疗后六个月与治疗前相比, 阳性率差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 与此同时发现 IgM 型抗 Tp47、Tp45 和 Tp17 抗体的消失早于 TRUST 滴度的下降。

**结论** IgG 型抗 TpN17 抗体可作为早期梅毒诊断的特异性指标之一且 IgM 型抗 TpN47、TpN45 和 TpN17 抗体可分别作为早期梅毒治疗效果的指标之一。

PU-0982

## 土元体内一种疑似致病纤毛虫的研究

彭亚梦

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

**目的** 以一个生食活土元后出现肺部感染及脑部病变并最终死亡的病例为背景,在排除其他病因后,解剖土元发现其体内寄生有多种线虫和原虫,原虫类包括三种形态不同的纤毛虫和变形虫。本文仅对土元体内感染率较高和感染度最大的疑似小袋纤毛虫进行了相关研究。

**方法** 解剖土元,分纯出纤毛虫,动态观察虫体形态;查阅文献后设计引物,提取虫体 DNA,进行 PCR 扩增并电泳观察目的条带;随机选取 24 只昆明小鼠,设免疫正常(A组)和免疫抑制(B组)两大组,其中 A1 和 B1 组分别经腹腔注射感染含约 100 个活纤毛虫的虫体悬液,A2 和 B2 组分别经口灌胃感染等量虫体,A3 和 B3 腹腔仅注射生理盐水,A4 和 B4 分别经口灌胃生理盐水;感染后比较观察各组小鼠行为变化,收集各组小鼠血清及肺、肝、脑器官。用 ELISA 法检测鼠血清中抗纤毛虫抗体水平;肉眼和显微比较观察肺、肝、脑病变差异,并寻找组织内是否有纤毛虫。

**结果** 1、形态学观察:可见有滋养体和包囊两个时期;滋养体呈不对称椭圆形,前端较细后端较宽钝,质膜外有排列紧密整齐的纤毛,胞口较宽位于前端,胞咽长向腹侧体后延伸占体长 3/5,胞肛于后部,胞质无色半透明,内含颗粒状物及食物液泡或伸缩泡,一个椭圆或长形巨核位于体中,偶可见小核;。包囊形态呈圆形,具囊壁。内含颗粒状物,可见食物泡和圆形巨核。经与形态学资料比对,与小袋属纤毛虫基本特征较为近似。

2、分子生物学分析:查阅文献后设计小袋属纤毛虫 18S rRNA 保守序列相关的三对引物,提取虫体 DNA 经 PCR 扩增,电泳观察该目的基因约为 1500bp 与理论值相符。

3、感染性与致病性研究:a.不同免疫状态不同感染方式感染纤毛虫小鼠体重变化差异无统计学意义( $P>0.05$ );b.两组不同免疫状态的小鼠经口和腹腔感染后血清中均检出抗纤毛虫抗体(与未感染鼠比,各组 OD 值均 $>2.1$ );c.两种不同免疫状态感染纤毛虫的小鼠血清中抗纤毛虫抗体差异无统计学意义( $P>0.05$ );d.两种不同方式感染纤毛虫的小鼠血清中抗纤毛虫抗体差异无统计学意义( $P>0.05$ );e.免疫正常鼠和免疫抑制鼠感染纤毛虫后均可致肺和肝严重炎症出血性病变,少数可见肝病变,个别可见脑部病变,但在组织中未查见典型病原体。

**结论** 1、土元后肠内一种感染率高的纤毛虫与小袋属各虫种形态学近似但有差异。

2、该纤毛虫感染小鼠后可引起多种器官病变。

PU-0983

## 基于 MALDI-TOF MS 临床侵袭性丝状真菌的快速鉴定技术研究

张景,谢良伊

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

**目的** 评价基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)技术在临床常见丝状真菌鉴定中的应用价值。

**方法** 收集 2017 年 4 月到 2019 年 2 月湖南师范大学附属第一医院(湖南省人民医院)各种类型临床标本中分离培养的 29 株丝状真菌,以及北京协和医院检验科微生物实验室惠赠的 26 株丝状真菌。对这 55 株丝状真菌通过传统形态学鉴定、DNA 测序及 MALDI-TOF MS 鉴定方法后,以 DNA 测序结果为标准,与另外 2 种方法的鉴定结果进行统计学比较,评价 MALDI-TOF MS 在临床丝状真菌鉴定上的应用。

**结果** 在 28℃和 35℃条件下培养的丝状真菌,使用质谱仪鉴定后,经过  $\chi^2$  检验,得出  $P>0.05$ ,提示培养温度差异无统计学意义;以 DNA 测序结果为金标准,传统形态学方法的正确鉴定率为 69.1% (38/55),而基于 MALDI-TOF MS 技术的正确鉴定率可达 96.4% (53/55);本研究中,使用“甲酸乙腈提取法”提取蛋白后,丝状真菌质谱鉴定的正确率为 83.6% (46/55),而“磁珠研磨法”提取蛋白后的质谱鉴定率则为 96.4% (53/55)。

**结论** 临床常规工作中使用质谱仪鉴定丝状真菌时,培养温度不会影响其鉴定结果;改良“磁珠研磨法”提取蛋白后质谱仪鉴定的正确率优于质谱仪推荐“甲酸乙腈提取法”;MALDI-TOF MS 技术在丝状真菌的鉴定上,相比于传统形态学鉴定来说,该技术更快速、客观、高效及准确。

#### PU-0984

### Commercial Carba-NP test and Cepheid Xpert Carba-R Assay for carbapenemase phenotype detection in Enterobacteriaceae

Xin Zhang,Hua Yu ,Xiangning Huang,Aibo Liu  
Sichuan Academy of Medical Science & Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Dissemination of carbapenem resistance via Enterobacteriaceae, especially among *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli*, is a significant concern worldwide. Rapid methods for determining antimicrobial susceptibility are important to ensure adequate and appropriate use of antimicrobial agents and to limit the spread of these bacteria. This study evaluated the performance of the Cepheid Xpert Carba-R assay which performs rapid detection of bla<sub>KPC</sub>, bla<sub>NDM</sub>, bla<sub>VIM</sub>, bla<sub>IMP</sub>, and bla<sub>OXA-48</sub> carbapenem resistance genes and the BioMerieux RAPIDEC® Carba-NP test for carbapenemase detection in Enterobacteriaceae.

**Methods** The results were compared with the definite PCR identification. Isolates of Enterobacteriaceae tested as resistant to any carbapenems were analyzed. A total of 113 prospectively collected clinical isolates were evaluated.

**Results** Compared to the results of the reference methods, the overall sensitivity of the Xpert Carba-R assay and RAPIDEC® Carba-NP were 100% and 97.8% for isolates, respectively. Overall specificity was 100% and 90.3% of the Xpert Carba-R assay and RAPIDEC® Carba-NP, respectively.

**Conclusions** Therefore, these two assays can be used as rapid carbapenemase detection in Enterobacteriaceae for clinical use.

#### PU-0985

### 全序列荧光定量 pcr 快速检测碳青霉烯酶基因 bla<sub>OXA-51</sub> 家族方法建立及临床应用

买合木提·阿布都热依木,胡秀梅  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 本发明提供一种全序列荧光定量 PCR 检测体系体系,实现快速、准确地检测鲍曼不动杆菌碳青霉烯酶基因 bla<sub>OXA-51</sub> 家族所有基因型。解决传统表型鉴定方法和既往分子生物学方法中操作繁琐、耗时耗力、并对其进行分析为临床抗感染提供理论依据。

**方法** 采用传统的 PCR 扩增琼脂糖凝胶电泳的方法和全序列荧光定量 PCR 的方法对南方医院临床标本分离的耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌 67 株 bla<sub>OXA-51</sub> 家族基因型进行检测,并对两法结果进行对比分析。



**结果** 67 株鲍曼不动杆菌中传统 PCR 检测出 blaOXA-51 阳性 52 株 (77.61%)，全序列荧光定量 PCR 检出阳性 54 株 (80.60%)，两法均检出阳性 51 株 (76.12%)，检测 blaOXA-51 基因诊断吻合度 (Kappa 系数) 为 0.820。

**结论** 本建立的方法与传统 PCR 以及测序结果相比较一致性高，具有灵敏度好、耗时短、检测精准等优点，能够尽早为临床提供诊疗依据，也为耐药菌株的分子流行病学研究提供了新手段

## PU-0986

### 细菌性阴道病的检测方法和临床意义

刘永红, 尤毅  
兰州市第一人民医院

**目的** 阴道炎五联检试剂用于女性阴道病的筛查、辅助诊断和疗效评价本产品通过检测 pH、过氧化氯、白细胞酯、液酸苷、氢酸复基及 N 乙在--D 氨基葡萄糖酶(以下简称乙酚氨基葡萄糖酶)等六个生化标志物,助诊断女性阴道健康状况

**方法** 手工法 上机法

**结果** 细菌性阴道病是育龄妇女最常见的阴道感染性疾病之一。感染率在 30-50%，发病率在 10-30%，患病人数远远高于阴道滴虫、霉菌等的感染人数，且易复发。

**结论** 在妇科方面：BV 是导致霉菌性阴道炎的主要原因,与滴虫感染密切相关，它里面含有 80%的滴虫患者与此感染，它是造成输卵管炎、盆腔炎、泌尿系统感染、术后感染的重要危险因素，而且和不孕症、宫外孕还有关。妇科肿瘤有关细菌性阴道病患者发生 CIN 的危险是正常妇女的 2 倍。，细菌性阴道病患者子宫切除术后残端感染机会为正常妇女 3 倍，在 BV 患者中常可检出常见的性病病原体，而且它的感染与性传播疾病关系密切,还有就是患者感染 HIV 危险性是正常人的 2 倍。

在产科方面：BV 是造成早产、胎膜早破、低体重儿的主要原因，阳性妊娠妇女中 40-50%易在 37 周前早产或分娩低出生体重儿，比正常妇女高 3-4 倍，她们的孩子也因此可能受到直接感染，患新生儿肺炎等，并可能带来各种后遗症，它是导致羊膜绒毛膜炎、羊水感染、剖腹产术后子宫内膜炎的危险因素，患者产后或剖宫产后发生产褥期子宫内膜炎的是正常人群 10 倍，它是导致某些妊娠不良和妊娠并发症的危险因素。

## PU-0987

### ART 对肺癌患者淋巴细胞作用研究

邢应如<sup>1</sup>, 桂思吟<sup>2</sup>, 胡东<sup>2</sup>  
1.安徽理工大学附属肿瘤医院  
2.安徽理工大学医学院免疫教研室

**目的** 通过青蒿琥酯 (artemisinin, ART) 作用于肺癌患者体外培养的外周血淋巴细胞，探讨 ART 对肺癌患者淋巴细胞免疫功能的影响。

**方法** 无菌收集正常对照组和肺癌患者的外周血，经淋巴细胞提取液提取 PBMC，ART 浓度 500umol/L 处理淋巴细胞 24h，流式细胞仪检测 ART 处理前后淋巴细胞膜外分子 CD39、CD279 和胞内 GrzB、PerF 的表达结果。

**结果** ART 能诱导正常人 CD3+T 淋巴细胞的 GrzB、PerF 表达显著增加( $p < 0.05$ )，诱导 CD3-的 NK 细胞 PerF 表达明显增加( $p < 0.05$ )，ART 能诱导肺癌病人 CD3+T 淋巴细胞和 NK 细胞的 GrzB 表达明显增加( $p < 0.05$ )，ART 诱导对 CD3+T 淋巴细胞和 NK 细胞 PerF 表达无统计学差异。ART 能诱导正常人 NK 细胞 CD39 表达增加( $p < 0.05$ )，对正常人 T 细胞 CD39 和 CD279 诱导表达无显著差

异。ART 能诱导肺癌病人 CD4<sup>+</sup>和 CD8<sup>+</sup> T 细胞 CD39 表达增加( $p<0.05$ )。正常对照组与实验组比较,肺癌病人 CD279 表达显著高于对照组( $p<0.05$ ),NK 细胞 GrzB 表达降低( $p<0.05$ )。

**结论** ART 能诱导肺癌患者淋巴细胞的免疫活性改变。

#### PU-0988

### PI3K/mTOR signaling dual inhibitor PKI-587 increases the inhibitory effects of oxaliplatin on hepatocellular carcinoma cells

Yinci Zhang<sup>1</sup>, Xiaolong Tang<sup>1</sup>, Yingru Xing<sup>2</sup>

1. medical school, Anhui University of Science & Technology

2. Oncology Hospital of Affiliated, Anhui University of Science & Technology

**Objective** To investigate the effects of the PI3K/mTOR signaling pathway inhibitor PKI-587 on the inhibitory activity of oxaliplatin on hepatocellular carcinoma (HCC) cells.

**Methods** Cell viability of hepatocarcinoma cells was evaluated using MTT and colony formation assays, cell migration ability was assessed with scratch healing and Transwell assays. Additionally, the mechanism and efficiency of drug-inducing tumor cell apoptosis were analyzed by mitochondrial membrane potential, flow cytometry and Western blot.

**Results** The PI3K/mTOR signaling pathway in HepG2 and SK-Hep1 cells treated with oxaliplatin was in a stress-activated state. PKI-587 combined with oxaliplatin inhibited the abnormal activation of the PI3K/mTOR pathway. Furthermore, PKI-587 combined with oxaliplatin significantly inhibited the proliferation and migration of HCC cells, induced cellular G0/G1 phase arrest, and triggered the mitochondrial apoptotic pathway.

**Conclusions** PKI-587 synergistically enhances the sensitivity of HCC cells to oxaliplatin by inhibiting the PI3K/mTOR signaling pathway and activating the mitochondrial apoptotic pathway.

#### PU-0989

### 铜绿假单胞菌泳动蹭行能力及 III 型分泌系统与成膜能力关系的研究

陶晓燕, 税剑, 王海晨, 李军, 胡咏梅, 黄紫嫣, 邹明祥, 刘文恩

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 探讨铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*, PA) 泳动蹭行能力对生物被膜形成的影响, 并分析不同成膜能力铜绿假单胞菌 III 型分泌系统毒力基因携带差异。

**方法** 连续收集临床分离 (2016 年 6 月-2016 年 12 月) 的非重复铜绿假单胞菌 192 株, 96 孔板法检测菌株成膜能力, 平板法检测菌株的泳动及蹭行能力, 聚合酶链反应检测 III 型分泌系统毒力基因。

**结果** 192 株 PA 临床分离株中 186 株 (96.9%) 具有成膜能力, 其中弱成膜 36 株 (18.8%), 中等成膜 84 株 (43.7%), 强成膜 66 株 (34.4%)。不成膜、弱成膜、中等成膜、强成膜组 PA 的泳动环直径 (均值±标准差) 分别为 9.12±6.76mm、18.42±7.51mm、19.10±4.77mm、17.80±5.27mm; 各组 PA 的蹭行环直径 (均值±标准差) 分别为 8.38±1.50mm、17.21±7.42mm、18.49±5.62mm、20.44±6.43mm, 不成膜组 PA 的泳动以及蹭行能力弱于各成膜组 PA, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。192 株 PA 中 *exoS* 阳性菌株 163 株 (84.9%), *exoU* 阳性菌株 40 株 (20.8%), *exoY* 阳性菌株 183 株 (95.3%), *exoT* 阳性菌株 189 株 (98.4%)。不同成膜能力 PA 毒力基因 *exoS*、*exoU*、*exoT* 阳性率不同, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。其中强成膜组 PA

的 *exoS* 阳性率低于中等成膜组 ( $\chi^2=9.293$ ,  $P=0.002$ ) 和弱成膜组 ( $\chi^2=9.997$ ,  $P=0.002$ ) , 差异具有统计学意义; 强成膜组 PA 的 *exoU* 阳性率高于弱成膜组 ( $\chi^2=10.803$ ,  $P=0.001$ ) , 差异具有统计学意义。

**结论** 本院临床分离的铜绿假单胞菌多具有生物被膜形成能力; 泳动蹭行能力通过影响菌株黏附, 进而影响生物被膜形成; III 型分泌系统毒力基因与生物被膜形成能力具有一定的相关性。

## PU-0990

### An outbreak of catheter-related bacteremia caused by carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* in a neonatal intensive care unit

Qun Yan, Qingxia Liu, Chang Wen, Wen-en Liu  
Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** Carbapenemase producing *Klebsiella pneumoniae* is an important pathogen in hospital acquired infection in neonatal intensive unit. *K. pneumoniae* infections have been associated with high morbidity and mortality. Here we described an outbreak of peripherally inserted central catheters related bacteremia.

**Methods** The outbreak was investigated by descriptive epidemiology, microbiological tests of neonatal clinical samples, rectal screening samples and the surveillance specimens of environmental objects and healthcare workers. Antimicrobial susceptibility was assessed by micro broth dilution method. CarbaNP test was used for carbapenemase phenotype confirmation. PCR and sequencing were used to detect carbapenemase genes. MLST and PFGE were used for bacterial typing. Moreover, a case-control study was conducted to identify risk factors of neonatal blood stream infection.

**Results** During this outbreak, six neonates were diagnosed with bacteremia in 2 days. The index case was found rectal colonized with *K. pneumoniae*. All 7 isolates were resistant to ampicillin, piperacillin, amoxicillin/ clavulanate, cefazolin, ceftriaxone, ceftazidime, cefepime, aztreonam, ertapenem, meropenem; and susceptible to imipenem, gentamicin, amikacin, ciprofloxacin, levofloxacin, trimethoprim-sulfamethoxazole and tetracycline. All isolates were carbapenemase positive and identified as IMP-4 positive. MLST revealed the sequence type as ST307. PFGE showed that all 6 *K. pneumoniae* isolates from the neonatal blood and the *K. pneumoniae* isolate from rectal swab shared an identical pattern. A total of 34 surveillance specimens obtained from the environmental objects and related healthcare workers yielded no *K. pneumoniae* culture results. In this outbreak, the infection was controlled by strict infection control measures. Prematurity ( $P<0.001$ ), birth weight $<1500$ g (OR: 7.0, 95%CI: 1.14-42,  $P<0.001$ ) and peripherally inserted central catheters placement (OR: 7.0, 95%CI: 1.14-42,  $P<0.001$ ) were identified as risk factors of blood stream infection.

**Conclusions** This highlights the importance of active surveillance of gastrointestinal carbapenem resistant *K. pneumoniae* in preterm VLBW neonates. Early identification of rectal carriers, implementation of contact precautions and strict sanitation when doing invasive procedure should be able to prevent carriers developing clinical infection.

PU-0991

## SPTBN1 在鼻咽癌中的表达及临床应用研究

谢旭琳,梁运来,向满林,任煜培,马雅婷,易斌  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 研究 SPTBN1 蛋白在鼻咽癌细胞、组织和血清中表达水平,并联合 EA-IgA、VCA-IgA 抗体研究其在鼻咽癌诊断中的临床价值。

**方法** 培养 NP69、6-10B、5-8F 细胞系,并收集临床鼻咽癌和非鼻咽癌者共计 71 例鼻咽部活检标本、130 例血清,通过蛋白印迹实验、免疫组化实验及 ELISA 实验检测 SPTBN1 蛋白在鼻咽癌细胞、组织及体内的表达水平与非鼻咽癌组是否有差异。并通过 Logistic 回归分析建立血清指标预测鼻咽癌的统计学模型。

**结果** NP69、6-10B、5-8F 细胞系间 SPTBN1 蛋白表达水平呈逐步下降趋势( $p < 0.05$ );鼻咽癌组织中 SPTBN1 蛋白表达阳性率及阳性程度均较非鼻咽癌组低( $p < 0.001$ );与非鼻咽癌组对比,血清中 SPTBN1 蛋白水平较低而 EA-IgA、VCA-IgA 水平较高( $p < 0.01$ )。联合预测鼻咽癌患病模型  $\text{Logit}(P) = -2.716 + (-0.006) \times \text{SPTBN1} + 0.709 \times \text{EA-IgA} + 1.122 \times \text{VCA-IgA}$  ( $p < 0.001$ ),预测一致率为 96.2%。ROC 曲线评估 SPTBN1 蛋白单独及联合 EA-IgA、VCA-IgA 诊断鼻咽癌的曲线下面积分别为 0.794 与 0.987( $p < 0.0001$ )。

**结论** SPTBN1 蛋白在鼻咽癌细胞、组织和血清中的表达均较正常水平低,有望成为鼻咽癌诊断的新指标。SPTBN1 与 EA-IgA、VCA-IgA 联合检测具有较好的灵敏度和特异度。

PU-0992

## Molecular Prognostic value of circulating Epstein-Barr viral DNA in nasopharyngeal carcinoma: a meta-analysis of 27,235 cases in the endemic area of Southeast Asia

Xulin Xie  
Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** This meta-analysis evaluated the value of using Epstein-Barr viral (EBV) DNA titers as a predictive factor in assessing the clinical course of nasopharyngeal carcinoma (NPC) patients in Southeast Asia.

**Methods** A systematic search was performed using PubMed, the Cochrane Library and Embase online databases. Eligible studies with complete baseline information and extractable hazard ratios (HRs), 95% confidence intervals (CIs) and other details were included in this analysis. All pooled statistics were calculated using RevMan 5.3 software with inverse variance methods, forest plots or funnel plots directly; the results were analyzed both in toto and by subgroups using meta-regression and sensitivity analyses.

**Results** Forty studies involving 27,235 subjects were included in this meta-analysis. While the recommended cut-off values of 2000, 0 and 0 copies/ml, respectively, higher levels of EBV DNA in the pre-treatment, mid-treatment and post-treatment groups were all associated with at least a 2.5-fold increased risk of death compared with patients with lower levels of EBV DNA (HRs and 95% CIs were 2.47 [2.10, 2.89], 2.67 [1.50, 4.75] and 5.25 [3.58, 7.71] respectively,  $p < 0.05$ ). This finding could also explain heterogeneities among the studies.

**Conclusions** Higher pre-treatment, mid-treatment and post-treatment EBV DNA levels were all significantly correlated with poor outcomes for patients afflicted with NPCs. Further investigations of EBV DNA levels, combined with addressing TNM stages, are needed to determine whether they can be used as clinical guidelines for diagnosis and treatment.

## PU-0993

**肝病患者血浆 BNP 水平与凝血酶原时间的相关性**

王恒

江苏省中医院,210000

**目的** 探讨肝病患者血浆脑钠肽 (brain natriuretic peptide, BNP) 水平与凝血酶原时间的相关性。

**方法** 随机选取 2017 年 1 月 ~2017 年 6 月江苏省中医院诊断并住院治疗的肝硬化患者 60 例, 根据 2006 年中华医学会提供的肝功能分级标准(child-pugh)分组: A 级组 20 例、B 级组 20 例和 C 级组 20 例。通过分析各组患者临床资料及对比患者实验室检测的血浆 BNP、凝血酶原时间, 探讨血浆 BNP 与凝血酶原时间的相关性。

**结果** 对比 A、B、C 级三组的血浆 BNP 水平, A 组大于 B 组, B 组大于 C 组, 相关检测表明血浆 BNP 与 child 分级呈正相关, 各组两两比较的结果具有统计学差异 ( $P<0.05$ ); 分析血浆 BNP 水平与 PT 的相关性, PT 越长, 血浆 BNP 越高, 相关回归分析表明血浆 BNP 与 PT 呈正相关, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** 肝功能异常患者血浆 BNP 水平与 PT 关系密切, PT 具有评价和预测肝功能状态的价值。

## PU-0994

**SLE 患者外周血中 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 的水平及意义**

崔晓丽

滨州市人民医院,256600

**目的** 通过检测系统性红斑狼疮患者及健康对照组外周血中 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 的水平, 初步探讨 SLE 患者 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 的水平与 SLE 的相关性。

**方法** 分别收集 30 例 SLE 患者、30 例健康对照者外周静脉血, 离心分离血浆, ELISA 法分别检测两组 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 蛋白的水平; 分析 IFN- $\alpha$  及 IFN- $\beta$  与 OAS1 之间的相关性; 分析血浆中 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 蛋白水平与系统性红斑狼疮疾病活动性指数、SLE 患者的实验室检测指标及临床症状的相关性。

**结果** (1) SLE 患者组 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 的水平均较健康对照组显著增高。(2) IFN- $\alpha$  的水平与 OAS1 正相关, IFN- $\beta$  的水平与 OAS1 无相关性。(3) IFN- $\alpha$ 、OAS1 的水平与 SLEDAI 评分正相关, IFN- $\beta$  的水平与 SLEDAI 评分无相关性。(4) IFN- $\alpha$  的水平与抗核抗体 (ANA) 和抗双链 DNA 抗体 (抗 ds-DNA 抗体) 滴度正相关, 与抗 Sm 抗体等自身抗体无相关, 血沉升高、补体 C3 下降阳性组较阴性组 IFN- $\alpha$  的水平有显著差异, 白细胞减少等指标阳性组较阴性组 IFN- $\alpha$  的水平无差异; IFN- $\beta$  的水平与抗核抗体和自身抗体无相关性, 且在实验室检测指标阳性组较阴性组的差异无统计学意义; OAS1 的水平与 ANA 和抗 ds-DNA 抗体滴度正相关, OAS1 的水平与抗 Sm 抗体等自身抗体无相关性, 且在实验室检测指标阳性组和阴性组的差异无统计学意义。(5) 肾损害与光过敏阳性组较阴性组 IFN- $\alpha$  的水平有差异, 关节炎、发热及颧状红斑等临床症状阳性组较阴性组 IFN- $\alpha$  的水平均无差异; 肾损害、关节炎等临床症状阳性组较阴性组 IFN- $\beta$ 、OAS1 的水平均无差异。

**结论** (1) SLE 患者组血浆中 IFN- $\alpha$ 、IFN- $\beta$  及 OAS1 水平较正常组增高, 且 IFN- $\alpha$  与 OAS1 的水平正相关, 而 IFN- $\beta$  与 OAS1 水平无相关性, 提示 OAS1 可能受 IFN- $\alpha$  的调节从而在 SLE 发病中发挥作用。(2) SLE 组 IFN- $\alpha$  和 OAS1 的水平与 SLEDAI 评分、ANA 及抗 ds-DNA 抗体滴度正相关, IFN- $\alpha$  的水平与血沉升高、补体 C3 下降、肾损害、光过敏有关, 而 IFN- $\beta$ 、OAS1 水平与实验室检测指标及临床症状均无关, 提示 IFN- $\alpha$  及 OAS1 可能与 SLE 病情活动性有关, 且 IFN- $\alpha$  可能参与 SLE 的病理过程。

PU-0995

## TRAIL 基因多态性与中国山东汉族人类风湿性关节炎的相关性研究

王芳

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过检测人类风湿性关节炎和对照组人群 TRAIL 基因第五外显子 3'-UTR1525G/A、1595C/T 位点基因单核苷酸多态性,探讨 TRAIL 基因多态性与类风湿性关节炎易感性及感染后肝病进展的相关性。

**方法** 采用病例对照的方法,收集确诊的类风湿性关节炎患者 153 例,同时选择 126 例健康个体作为对照。通过聚合酶链式反应-限制性内切酶片段长度多态性 (PCR-RFLP) 法检测各组人群 TRAIL 基因第五外显子 3'-UTR1525/1595 两位点基因多态性。

**结果** 1. 对 522 例中国山东汉族人 TRAIL 基因第五外显子 3'-UTR1525G/A、1595C/T 位点基因单核苷酸多态性分析,发现同一个体两个位点 G/A、C/T 基因突变情况完全一致。

2. 类风湿性关节炎 1525/ 1595 位点基因型分布与健康对照组比较均有显著性差异 ( $P=0.023$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 中国山东汉族人存在 TRAIL 基因 1525/ 1595 多态位点,且同一个体两个位点 G/A、C/T 基因突变情况完全一致。TRAIL 基因 1525G/A、1595C/T 位点 SNPs 在类风湿性关节炎与正常人群的分布有显著差异,提示 TRAIL SNPs 与类风湿性关节炎的易感性有关

PU-0996

## JAK/STAT 信号转导通路相关基因的表达与 SLE 发病的相关性研究

崔晓丽

滨州市人民医院,256600

**目的** 通过检测系统性红斑狼疮患者及健康对照者 JAK/STAT 信号通路上关键分子的表达,初步探讨 JAK/STAT 信号通路与 SLE 发病机制的相关性。

**方法** 分别收集 30 例健康对照组、30 例 SLE 活动组和 30 例 SLE 稳定组外周静脉血,离心分离血浆和血细胞,并采用密度梯度离心法分离出外周血单个核细胞。ELISA 法检测三组间 IFN $\alpha$ 、IFN $\beta$ 、IFN $\gamma$  蛋白的水平。实时荧光定量 PCR 法检测三组间 STAT2、IRF1、IRF2 mRNA 的表达。Western Blot 法检测三组间 pSTAT2、IRF1、IRF2 蛋白的表达。ELISA 法检测三组间 PKR、OAS1 蛋白的水平,分析 STAT2 mRNA 表达与二者的相关性。分析 STAT2 mRNA 的表达与实验室检测指标及临床症状的相关性。

**结果** (1) SLE 活动组和稳定组患者 IFN $\alpha$  水平较健康对照组均显著增高, SLE 活动组与 SLE 稳定组 IFN $\alpha$  无显著差异。SLE 活动组和稳定组患者 IFN $\beta$  水平较健康对照组均显著增高, SLE 活动组与 SLE 稳定组 IFN $\beta$  无显著差异。三组间 IFN $\gamma$  的水平均有显著差异。(2) SLE 活动组患者 STAT2 mRNA 相对表达量较 SLE 稳定组和健康对照组的差异倍数分别为 2.51、2.46 倍,差异有统计学意义, SLE 稳定组较健康对照组 STAT2 mRNA 的表达量无统计学意义。三组间 IRF1、IRF2 mRNA 的相对表达量均无显著差异。(3) SLE 患者组 pSTAT2 蛋白相对表达量较健康对照组显著升高。两组间 IRF1、IRF2 蛋白相对表达量无显著差异。(4) 三组间 PKR 的蛋白水平均有显著差异。三组间 OAS1 的蛋白水平均有显著差异。且 PKR、OAS1 的表达与 STAT2mRNA 的表达呈正相关。(5) STAT2 mRNA 表达水平与抗核小体抗体及血沉相关,与肾损害、关节炎等临床症状无关。

**结论** (1) SLE 患者血浆中 IFN $\alpha$ 、IFN $\beta$ 、IFN $\gamma$  水平增高。(2) SLE 患者 STAT2 表达上调, 并与抗核小体抗体及血沉相关, 与肾损害、关节炎等临床症状无关。(3) IRF1、IRF2 可能与 SLE 发病无关。(4) JAK/STAT 信号转导通路下游基因 PKR、OAS1 在 SLE 中高表达, 并与 STAT2mRNA 的表达呈正相关。

## PU-0997

### 山东地区儿童对 7 种食物不耐受的情况

王芳  
山东大学第二医院,250000

**目的** 调查山东地区儿童对 7 种食物不耐受的情况。

**方法** 用免疫荧光法(IF)检测 2017 年 1 月至 2018 年 12 月期间山东大学第二医院儿科门诊和住院 526 例 0—15 岁儿童血清 7 种食物特异性 IgG 抗体浓度。

**结果** 526 例儿童中有 425 例检出食物不耐受,血清食物特异性 IgG 抗体阳性率为 80.80%;7 种食物特异性 IgG 抗体总的阳性比例分别为牛奶 60.3. 0%、鸡蛋 58.4%、西红柿(12.11%)、大豆 10.2%、鳕鱼 10. 1%、大米(5.26%)、牛肉 2.1%、虾 1. 1%; 男孩 7 种食物的阳性比例均高于女孩。对 1~3 种食物不耐受的男孩和女孩分别占 71.2%和 66.4%。儿童对其中五种食物的不耐受强度存在统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 其中对牛奶、鸡蛋以重度不耐受为主, 对西红柿、大豆、鳕鱼、大米、牛肉以轻度不耐受为主。

**结论** 所检测儿童群体的食物不耐受以鸡蛋、牛奶等为主, 且重度不耐受的比例高; 男孩食物不耐受的比例高于女孩; 且多数儿童同时对 1~3 种食物不耐受。

## PU-0998

### 慢性乙型肝炎患者外周血中睾酮的变化及其意义

王芳  
山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨睾酮水平与慢性乙型肝炎发生的相关性。

**方法** 用电化学发光法测定 65 例慢性乙型肝炎患者和 35 例健康者血清睾酮水平, 同时用临床化学国际联盟 (IFCC) 推荐方法分别检测血清丙氨酸氨基转移酶(ALT)、谷氨酸氨基转移酶(AST)以及  $\gamma$ -谷氨酰基转肽酶(GGT), DCA 终点法检测血清总胆红素( TBIL ), AMP 法检测碱性磷酸酶(ALP), 免疫比浊法检测免疫球蛋白 IgG、IgM、IgA, 荧光定量 PCR 检测外周血 HBV DNA 水平。

**结果** 慢性乙型肝炎患者血清睾酮水平显著高于正常对照组 ( $P < 0.01$ ), 尤其以 20-40 岁的慢性乙型肝炎患者血清睾酮升高最为明显, HBeAg 阳性患者较 HBeAg 阴性患者升高明显, 但差别无显著意义 ( $P > 0.05$ )。慢性乙型肝炎患者肝功血清学指标 ALT、AST、TBIL、GGT、ALP 及 IgG 水平显著高于正常人 ( $P < 0.05$ ), 但乙肝患者睾酮水平与 ALT 等生化指标及 HBV DNA 水平无明显相关性, 与免疫球蛋白 IgG 呈中等负相关 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 慢性乙型肝炎患者血清睾酮水平显著高于正常人, 睾酮水平升高可作为慢性乙型肝炎的易感因素之一。

## PU-0999

## IRF2 基因 rs13146124 位点多态性与系统性红斑狼疮的关联性研究

崔晓丽

滨州市人民医院,256600

**目的** 探讨 I 型干扰素通路中干扰素调节因子 IRF2 基因 rs13146124 位点单核苷酸多态性与系统性红斑狼疮易感性之间的关联

**方法** 采用 Taqman 实时荧光定量聚合酶链式反应 (PCR) 分析技术检测 366 例 SLE 患者,218 例健康对照者 IRF2 基因 rs13146124 位点多态性, 计算和分析基因型和等位基因频率。

**结果** SLE 患者 IRF2 rs13146124 位点 AA、AG、GG 基因型频率分别是 0.011, 0.246, 0.743, 与对照组间差异无统计学意义 ( $X^2=0.093, 0.205, 0.136; P=0.761, 0.651, 0.712$ ); SLE 患者 IRF2 rs13146124 A、G 等位基因的频率分别为 0.13、0.87, 与对照组间差异无统计学意义 ( $X^2=0.071, P=0.790$ )。IRF2 rs13146124 位点等位基因 A 和 G 与 ANA、dsDNA 等特异性抗体之间差异无统计学意义。IRF2 rs13146124 位点的等位基因与关节炎、肾损害等临床特征之间无相关关系。

**结论** IRF2rs13146124 基因位点的多态性可能与贵州人群 SLE 的易感性无关。

## PU-1000

## The expression of cerebrospinal fluid pentraxin-3 in patients with hemorrhagic stroke

Yin Fu, Qing Zhu, Qi Guo, Junyu He, Guofeng Xu, Biqiong Ren, Guoying Zou  
The Second People's Hospital of Hunan Province

**Objective** To investigate brain tissue inflammation and endothelial function damage in stroke.

**Methods** We detected serum and cerebrospinal fluid (CSF) levels of PTX3, HSP70, VEGF, IL-6 and CRP in 85 patients with stroke during 2015 and 2016, 52 cases for ischemic stroke (IS) and 33 cases for hemorrhagic stroke (HS), additional 20 cases for control without inflammatory and neurological disease. The levels of PTX3, HSP70, VEGF, IL-6 and CRP in serum on the 1th, 5th and 14th day after admission were measured and compared with those in CSF, NIHSS and Barthel score were performed for assessing patients' status.

**Results** The serum levels of PTX3, HSP70, VEGF, IL-6, CRP with HS were higher than those with IS patients ( $P<0.001, P=0.013, P=0.009, P=0.013, P<0.001$ , respectively), and PTX3 level began to fall after 14th day ( $P=0.015$ ). The CSF PTX3, HSP70, VEGF and IL-6 levels were higher than those in the serum ( $P=0.026, P<0.001, P<0.001$ , respectively) in patients with HS, while VEGF, CRP instead ( $P=0.011, P<0.001$ , respectively). The level of PTX3 in CSF was positively correlated with IL-6 in HS patients ( $P<0.001$ ), and both were positively correlated with patients' NIHSS score ( $P=0.007, P<0.001$ , respectively), while negatively correlated with Barthel index score ( $P=0.023, P<0.001$ , respectively).

**Conclusions** Inflammation and endothelial damage were more severe in patients with HS. The levels of PTX3 and IL-6 in CSF could estimate the severity, progression, and prognosis of HS. PTX3 may be a potential biomarker in HS, it could provide potent basis for doctors to select appropriate treatment measures.



## PU-1001

## Lactoferrin plays an important role in AKT signaling pathway induced anoikis resistant and metastasis in nasopharyngeal carcinoma

Yin Fu, Qing Zhu, Junyu He, Qi Guo, Biqiong Ren, Guoying Zou  
The Second People's Hospital of Hunan Province

**Objective** To investigate whether lactoferrin(LF) could affect the anoikis-resistant nasopharyngeal carcinoma (NPC) cells, and then to explore the relationship between LF and the anoikis-resistant of NPC cells which had been induced by AKT signaling pathway.

**Methods** Two strains of anoikis-resistant HNE-1 and HONE-1 NPC cells were constructed. The proliferation and survival of cells was detected by Cell Counting Kit-8(CCK8), and the cell cycle and apoptosis were detected by flow cytometry. Transwell assay was used to detect the ability of invasion and metastasis ability. The expression of matrix metalloproteinase-9 (MMP-9), vascular endothelial growth factor-A (VEGF-A), E-cadherin and Vimentin were detected by Western blot. LTF plasmids and LTF shRNA plasmids were transfected into HNE-1 and HONE-1 respectively, and then to detect the expression of E-cadherin, Vimentin, AKT and TrkB proteins by Western blot to clarify the role of LTF in the anoikis-resistant of NPC cells.

**Results** In this study, Cck8 was used to detect the cell viability, and we found that the cell survival rate tended to be stable after suspension culture for 48-72 hours, and compared with normal nasopharyngeal carcinoma cells, a reduced percentage of cells was detected at G1 phase, an increased percentage of cells in S phase, the apoptosis rate was also significantly reduced ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ). The survival rate and invasion ability of anoikis-resistant cells were significantly enhanced; The anoikis-resistant NPC cells were constructed successfully. Transwell assay results showed that the number of cells passing through the basal gel of the anoikis-resistant cells was significantly higher than that of their parent adherent cells ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ). WB results showed that the expressions of VEGF-A, MMP-9 and Vimentin in the two anoikis-resistant NPC cell were increased ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ), while the expression of e-cadherin was decreased, compared with that of adherent cells, the survival, proliferation, invasion and metastasis, and anti-apoptotic ability of anoikis-resistant HNE-1 and HONE-1 NPC ( $P < 0.001$ ) cells were enhanced. Up-regulated expression of LF in HNE1 cells showed decreased cell survival and invasion ability, increased cell proportion in G1 phase, decreased cell proportion in S phase, increased apoptosis rate ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ), down-regulated expression of vimentin, matrix metalloproteinase-9 and vascular endothelial growth factor A ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ), and up-regulated expression of e-cadherin ( $P < 0.001$ ). In contrast, the expression of LF in down-regulated HONE1 cells was reversed. Western blot indicated that the expression of AKT and TrkB in anoikis-resistant NPC cells were significantly increased ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ), meanwhile, the expression of AKT and TrkB in control cells were higher than overexpression cells and lower than knockdown cells ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** Our results show that noikis-resistant NPC cells has strong ability of proliferation, invasion and anti-apoptosis. LF can inhibit the anoikis-resistant NPC cells, and further inhibit the metastasis of NPC. The related molecular mechanism is related to AKT signaling pathway.

## PU-1002

## Detection of simultaneous multi-mutations using base-quenched probe

Huihui Mao

The Second Hospital of Shangdong University

**Objective** Single nucleotide polymorphisms (SNPs) are the most common form of mutation found in the DNA sequence of the human genome. To identify SNPs, biotechnical fields commonly use oligonucleotide probes that are modified with fluorophores, which target sequence-specific regions of DNA. For instance, the base-quenched probe method detects SNPs by real-time PCR and the use of a 6-carboxyfluorescein (FAM) fluorescently labeled probe that is positioned between a pair of primers. This method has been successfully applied to detect alpha-1 antitrypsin deficiency of Z mutant in patients with pulmonary emphysema and cirrhosis, deafness-associated mitochondrial DNA mutations, and metallothionein 2A genetic polymorphism associated with coronary heart disease, suggesting that the base-quenched probe method is precise, simple, and economic as well as suitable for SNP scanning. At present, the FAM-labeled probe is reported to detect up to two mutations in a single tube, which limits its use for certain clinical and laboratory applications. Additionally, it is currently unclear whether other fluorophores could act as a more suitable fluorophore for detecting SNPs.

**Methods** Primers and probes were designed based on the base-quenched probe method. Most common commercial fluorescent dyes including FAM, HEX, CY5, CY3, TET, JOE, Texas Red and ROX were applied for labeling probe. Each fluorophore's interference pattern was revealed by PCR together with melting curve analyses for detecting multi-mutations simultaneously according to the different fluorescence channels. Moreover, we used the following two principles as a metric for detecting multi-mutations: (A) If probes are labeled with the same fluorophore, genotyping of different SNP sites is dependent on melting temperatures of each respective probe; (B) If probes are labeled with different fluorophores, the genotyping results can be read from different fluorescent channels. Accuracy of the method was confirmed by direct sequencing.

**Results** The results demonstrated that FAM, HEX, CY5, CY3, TET, JOE, Texas Red, or ROX could be influenced by bases and could be applied to detect single nucleotide polymorphism. Bases increased the fluorescence of CY5 and CY3 while decreased that of other fluorescent dye. Furthermore, this method was practice applied to detect apoM rs707921, apoM rs707922 and MCP-1 rs1024611 simultaneously, which demonstrated successfully.

**Conclusions** Most common commercial fluorescent dyes could be influenced by DNA bases and could be applied for detecting multimutations simultaneously in one PCR amplification, which is useful for the large-scale genotype sample screening. To sum up, simultaneously detecting multimutations by base-quenched probe method simplifies the steps, saves costs and offers a variety of options. Facts have proved that the base-quenched probe method in the field of detection SNP is a breakthrough in technology and worthy of promotion and application.

## PU-1003

## 实验室危急值管理持续改进在减少低血糖假性危急值中的作用

李德红

甘肃省人民医院检验中心

**目的** 分析低血糖假性危急值发生的原因, 寻找有效改进措施, 减少假性危急值发生。

**方法** 分析 2014 年 7 月 1 日至 2015 年 6 月 30 日住院患者低血糖危急值, 鉴别假性危急值并分析其发生原因, 采用对策性鱼骨图的方法制订不同的纠正改进措施。

**结果** 78 例危急值中，假性危急值 27 例，占 34.62%。27 例假性危急值中，标本溶血 5 例（18.52%）；输液（生理盐水）过程中采集标本 1 例（3.70%）。标本放置时间过长 21 例（77.78%）（ $\geq 120\text{min}$ ）。通过采取缩短标本周转时间（turn around time, TAT）、使用血糖专用孵化管、培训采集人员等纠正方式后，假性危急值比例下降至 14.90%，与纠正前比较有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 低血糖危急值中存在一定比例假性危急值，应引起临床科室和检验科重视。通过缩短标本周转时间等措施可以有效降低假性危急值。

## PU-1004

### The mechanism and regularity of quenching the effect of bases on fluorophores: the base-quenched probe method

Huihui Mao

The Second Hospital of Shangdong University

**Objective** The base-quenched probe method for detecting single nucleotide polymorphisms (SNPs) relies on real-time PCR and melting-curve analysis, which might require only one pair of primers and one probe. At present, this method has been successfully applied to detect alpha-1 antitrypsin deficiency of Z mutant in patients with pulmonary emphysema and cirrhosis, deafness-associated mitochondrial DNA mutations, and metallothionein 2A genetic polymorphism associated with coronary heart disease, suggesting that the base-quenched probe method is precise, simple, and economic as well as suitable for SNP scanning. However, the mechanism and regularity of the base-quenched probe method are not clear enough due to which sometimes effective probes cannot be designed. Moreover, it is not known if the most common commercial fluorophores have the same mechanism and regularity.

**Methods** We investigated the possible mechanism of fluorescence quenching by DNA bases in aqueous solution using spectroscopic techniques. Next, a series of DNA sequences were designed and electron transfer or transmission between DNA bases and fluorophores was analyzed using base-quenched probe.

**Results** The data suggested that in single-stranded DNA, the electrons of the fluorophore are transferred to the orbital of pyrimidine bases (thymine (T) and cytosine (C)), or that the electron orbitals of the fluorophore are occupied by electrons from purine bases (guanine (G) and adenine (A)), which lead to fluorescence quenching. In addition, the electrons of a fluorophore excited by light can be transmitted along double-stranded DNA, which gives rise to stronger fluorescence quenching. Furthermore, we demonstrated that the quenching efficiency of bases is in the order of  $G > C \geq A \geq T$  and the capability of electron transmission of base-pairs in double-stranded DNA is in the order of  $\underline{CG} \geq \underline{GC} > \underline{TA} \geq \underline{AT}$  (letters representing bases on the complementary strand of the probe are bold and underlined), and the most common commercial fluorophores including FAM, HEX, TET, JOE, and TAMRA could be influenced by bases and are in line with this mechanism and regularity.

**Conclusions** It can be seen that electrons are not only transferred between fluorophores and bases but can also be transmitted along the DNA double helix structure, which eventually influences the luminescence of the fluorophore. On the basis of this theory, a SNP can be detected using the base-quenched probe method according to the change in the fluorescence intensity. Therefore, effective probes can be designed and synthesized for the diagnosis of genetic diseases according to the mechanism and regularity of the base-quenched probe method that we have elucidated in these experiments. Four key points should be emphasized in the application of a base-quenched probe. First, to ensure higher fluorescence signals from a fluorophore, researchers should try to avoid placing a fluorophore label directly next to a guanine when designing fluorescent hybridization probes. Second, a fluorophore on a probe that hybridizes to the complementary strand should be as close as possible to a G, ideally leaving the G located in approximately the second position in the DNA sequence that is not complementary

to the probe. Third, CG-rich oligonucleotides should be suitably selected and preferably C should be labeled with a fluorophore. Last but not least, the mechanism and regularity of each fluorophore must be consistent, and can be arbitrarily selected according to a specific situation.

## PU-1005

### Resistance and hetero-resistance to colistin in *Pseudomonas aeruginosa* isolates from Wenzhou, China

Jie Lin<sup>1</sup>, Chunquan Xu<sup>1</sup>, Renchi Fang<sup>1</sup>, Jianming Cao<sup>2</sup>, Xiucan Zhang<sup>1</sup>, Yajie Zhao<sup>1</sup>, Guofeng Dong<sup>2</sup>, Yao Sun<sup>1</sup>, Tieli Zhou<sup>1</sup>

1. The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University, Wenzhou, Zhejiang Province, China

2. School of Laboratory Medicine and Life Science, Wenzhou Medical University, Wenzhou, Zhejiang Province

**Objective** To investigate the mechanisms of colistin resistance and hetero-resistance in *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates.

**Methods** All 736 non-duplicated *P. aeruginosa* isolates were obtained from hospitalized patients. Colistin resistance was determined by broth microdilution method. Colistin hetero-resistance was evaluated by population analysis profiles (PAPs). Time-kill assays were also conducted. Polymerase chain reaction (PCR) sequencing was performed to detect the resistance genes among both resistant and hetero-resistant isolates, and quantitative real-time PCR (qRT-PCR) was performed to determine their expression levels. Pulsed field gel electrophoresis (PFGE) and multilocus sequence typing (MLST) were analyzed. Lipid A characteristic were determined via MALDI-TOF MS.

**Results** Two resistant isolates and nine hetero-resistant isolates were selected respectively in this study. Mutations in *PmrB* were detected in two resistant isolates. In hetero-resistant isolates, eight of nine hetero-resistant isolates had non-synonymous *PmrB* mutations, and two isolates, including one with *PmrB* mutation, had *PhoQ* alterations. Correspondingly, the expression levels of *pmrA* or *phoP* were up-regulated in *PmrB*- or *PhoQ*-mutated isolates. The transcript levels of *pmrH* gene were observed to increase across all investigated isolates. MALDI-TOF MS showed additional 4-amino-4-deoxy-L-arabinose (L-Ara4N) moieties in lipid A profiles in (hetero-)resistant isolates.

**Conclusions** Taken together, both colistin resistance and hetero-resistance in *P. aeruginosa* in this study were involved by alterations of the *PmrAB* and *PhoPQ* regulatory systems. There was strong association between mutations in specific genetic loci lipid A synthesis and regulating modifications to lipid A. The transition of colistin hetero-resistance to resistance should be concerned in future clinical surveillance.

## PU-1006

## Zebrafish and *Galleria mellonella*: Models to identify the subsequent infection and evaluate the immunological differences in different *Klebsiella pneumoniae* intestinal colonization strains

张秀彩<sup>1</sup>, 赵雅洁<sup>2</sup>, 吴庆<sup>1</sup>, 林婕<sup>1</sup>, 方人驰<sup>1</sup>, 毕文姿<sup>3</sup>, 董郭枫<sup>2</sup>, 李佳慧<sup>1</sup>, 张艺之<sup>1</sup>, 曹建明<sup>2</sup>, 周铁丽<sup>1</sup>

1.温州医科大学附属第一医院

2.温州医科大学

3.浙江大学附属第四医院

**目的** 肠道是细菌病原体的主要储库。肺炎克雷伯菌 (*Klebsiella pneumoniae*) 是健康人类微生物组的一部分, 为感染提供潜在的储存库。然而, 并非肠道中的所有肺炎克雷伯菌定植都会引起进一步的感染, 如何区分定植后引起感染的菌株以及与无症状的定植菌之间的差异则不太清楚。

**方法** 在这项研究中, 我们报告了一例来自 ICU 的住院患者, 筛选出两个用于分析随后感染情况的肠道定植菌株 (FK4111, FK4758)。通过 PFGE 和 MLST 分析菌株之间的同源性。为了分析感染是否是由肠道定植引起以及它们之间的差异, 我们建立了斑马鱼和大蜡螟的感染模型。苏丹黑 B 和中性红染色斑马鱼评估中性粒细胞和巨噬细胞的聚集情况, 并对斑马鱼肠道定植后各器官细菌量进行定量分析。最后通过大蜡螟实验评估菌株的毒力差异。

**结果** 苏丹黑 B 和中性红染色结果表明, 与 FK4111 相比, FK4758 对吞噬细胞的中性粒细胞募集和吞噬作用更敏感。评估器官细菌负荷的结果显示, 与其他器官相比, FK4111 和 FK4758 在肠道中具有最高的细菌负荷。然而, 在脾脏, 肝脏和心脏器官中, FK4758 负荷显著高于 FK4111。不产生碳青霉烯酶的 ST37 菌株 FK4111 在定植后不会引起感染, 而产生碳青霉烯酶的 ST11 菌株 FK4758 在肠道定植后可引起感染。

**结论** 我们的研究结果表明, 并非所有的肠道定植肺炎克雷伯菌都引起感染, 定植后肺炎克雷伯菌的感染也不同。因此, 我们建立的感染模型是有效和易处理的, 并为评估宿主微生物相互作用提供了可能性。

## PU-1007

## 肿瘤细胞 Wnt 信号通路研究

陈宇心

四川大学华西妇产儿童医院, 610000

**目的** Wnt 信号通路对于肿瘤的发生发展至关重要, 理解 Wnt 通路的调控过程可以帮助我们阐明细胞周期, 细胞分化以及肿瘤生成的机制。目前研究比较清楚的 Wnt 信号转导通路是 Wnt- $\beta$ -catenin 信号通路。其作用是调节细胞周期、增殖以及干细胞及祖细胞的自我更新。NRAGE (Dlc In-1, MAGE-D1), 一种神经营养因子受体 p75 相互作用的 MAGE 同源物, 属于 MAGE (黑素瘤抗原) 蛋白家族。有研究表明 NRAGE 可以通过 p53 依赖性途径抑制肝细胞癌细胞增殖并阻止细胞周期。本研究目的是想观察 NRAGE 是否影响 Wnt- $\beta$ -catenin 信号通路, 进而影响肿瘤的发生发展。

**方法** 1、用荧光素酶报告基因测定试剂盒 (Roche 公司) 进行处理细胞裂解液以测定荧光素酶活性

2、免疫荧光用来检测  $\beta$ -catenin 细胞定位, 免疫沉淀用来检测  $\beta$ -catenin 的糖基化修饰

### 3、RNA 提取及 PCR 扩增

### 4、染色质免疫沉淀 (ChIP) 和凝胶阻滞测定

**结果** NRAGE 抑制 Wnt 通路靶基因的表达。NRAGE 诱导  $\beta$ -catenin 的核易位, 并与靶启动子结合。NRAGE 破坏  $\beta$ -catenin/ Arm 和 Pygo 蛋白的转录复合物。NRAGE 诱导  $\beta$ -catenin / Arm 的 O-糖基化。NRAGE 活性导致  $\beta$ -catenin / Arm 的 O-GlcNAc 化反应。O-GlcNAc 修饰的  $\beta$ -catenin 形成 DNA 与 TCF4 结合复合物, 但未能招募共激活剂 Pygo, 从而关闭 Wnt 靶基因的表达。我们发现 NRAGE 诱导 O-GlcNAcylation 的  $\beta$ -catenin, 并且破坏了这种复合物提高了可能性的 NRAGE 或 O-GlcNAcylation $\beta$ -catenin 作为抗癌剂的目标药物。

**结论** NRAGE 诱导  $\beta$ -catenin/ Arm 的 O-糖基化并负调节 Wnt 通路。

## PU-1008

### 参考变化因子和参考变化值应用于五项肿瘤标志物 结果评价的比较

成景松, 杨智  
白河县人民医院

**目的** 探讨常规肿瘤标志物的参考变化值(RCV) 和参考变化因子(RCF)单向和双向分别在 ( $P<0.05$ ,  $P<0.01$ ) 的比较研究, 为临床对常规肿瘤标志物项目结果的判读提供科学的依据。

**方法** 应用参考变化值 (RCV)  $=Z \times 2^{1/2} \times (CV_A^2 + CV_I^2)^{1/2}$  和参考变化因子 (RCF):  $RCF_{UP} = \exp[Z \times 2^{1/2} \times (CV_A^2 + CV_I^2)^{1/2} / 100]$ ,  $RCF_{DOWN} = 1 / RCF_{UP}$  的计算公式, 分别计算 RCV 和 RCF 在 ( $P<0.05$ ) 时, Z 分数取(单项 1.65, 双向 1.96)和 RCV 和 RCF 在 ( $P<0.01$ ) 时, Z 分数取(单向 2.33, 双向 2.58)的值。

**结果** 5 项常规肿瘤标志物的参考变化值(RCV) (单向, 双向在  $p<0.05$  时) 分别为 AFP (29.86%; 35.48%)、CEA (30.33%, 36.03%)、Ca125(63.75%, 75.73%)、Ca153(15.26%, 18.13%)、Ca199(40.16%, 47.70%)。参考变化值 (RCV) (单向, 双向在  $p<0.01$  时) 分别为 AFP(42.17%, 46.70%), CEA(42.84%, 47.43), Ca125(90.02%, 99.68%), Ca153(21.55%, 23.86%), Ca199(56.71%, 62.79%)。参考变化因子(RCF) (单向, 双向在  $p<0.05$  时)  $RCF_{UP-DOWN}$  分别为 AFP(1.35, 0.74, 1.43, 0.70), CEA(1.35, 0.74, 1.43, 0.70), Ca125(1.89, 0.53, 2.13, 0.47), Ca153(1.16, 0.86, 1.2, 0.83), Ca199(1.49, 0.67, 1.61, 0.62), 参考变化因子(RCF)(单向, 双向在  $P<0.01$ )  $RCF_{UP-DOWN}$  分别为 AFP(1.52, 0.66, 1.60, 0.63), CEA(1.53, 0.65, 1.61, 0.62), Ca125(2.46, 0.41, 2.71, 0.37), Ca153(1.24, 0.81, 1.27, 0.79), Ca199(1.76, 0.57, 1.87, 0.53)。

**结论** 在相同概率下, 双侧 RCV 值高于单侧, 而 RCF 值变化不大。参考变化值 RCV 仅适用两次检测结果之间的分析, 当多于两个连续结果时会导致假阳性结果增多, 在评估一系列结果时建议使用 RCF, 可作为临床决策的工具, 以便对病人状态做出正确判断。

## PU-1009

## Molecular mechanisms and epidemiology of fosfomycin resistance in Enterococci

张秀彩<sup>1</sup>, 毕文姿<sup>2</sup>, 陈栋江<sup>1</sup>, 张艺之<sup>1</sup>, 方人驰<sup>1</sup>, 曹建明<sup>3</sup>, 周铁丽<sup>1</sup>

1.温州医科大学附属第一医院

2.浙江大学附属第四医院

3.温州医科大学

**目的** 肠球菌有可能抵抗几乎所有临床上有用的抗菌药物。随着临床多重耐药细菌的传播和有效的抗菌药物的缺乏, 磷霉素作为一种“老药”逐渐引起人们的关注。因此, 对耐磷霉素肠球菌的耐药机制和流行病学进行研究是迫切需要的。

**方法** 在本研究中, 我们收集了总共 761 株非重复肠球菌临床分离株, 并使用琼脂稀释法检测了磷霉素的耐药性。我们通过抗菌药物敏感性试验检测磷霉素对肠球菌的体外活性, 通过聚合酶链反应 (PCR), 检测编码磷霉素靶酶的 *murA* 突变以及实时荧光定量 PCR 来研究肠球菌对磷霉素的耐药机制。此外, 进行脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 和多位点序列分型 (MLST) 分析磷霉素耐药分离株的分子流行病学。

**结果** 研究结果显示, 本院临床分离的 761 株临床分离株中鉴定出 0.3% (1/372) 的粪肠球菌和 4.9% (19/389) 的屎肠球菌对磷霉素耐药。20 株磷霉素耐药肠球菌均携带 *fosX* 基因, 其中有 5 株 *fosB* 基因阳性, 未检出 *fosA*、*fosC* 基因。20 株同期分离的敏感株中也均检出 *fosX* 基因, 未检测到其他 *fos* 耐药基因。与磷霉素非耐药标准菌株 ATCC29212 的 *MurA* 序列比对, 发现有 10 株耐药肠球菌存在磷霉素靶酶 *MurA* 突变。在 6 个分离株的 *MurA* 中同时发现 *Cys263Arg* 和 *Ser281Gly* 氨基酸取代。20 个磷霉素抗性分离株的 PFGE 模式显示两个主要簇, 其中 16 个密切相关的分离株具有 > 80% 的相似性: 这些分离株主要是 ST78 克隆型。

**结论** 我们的结果证明 *fosB* 基因, 磷霉素靶酶 *MurA* 的突变和 *fosX* 的高水平表达是肠球菌中磷霉素耐药的机制。靶酶可被视为增加磷霉素对病原体的功效的潜在治疗靶标。

## PU-1010

## 寄生虫离我们并不遥远

郑美琴

温州医科大学附属眼视光医院

**目的** 由于宠物饲养增多, 人兽共患疾病尤其是寄生虫感染导致的疾病逐年增多。寄生虫的确认多数情况下依赖于实验室形态学检查, 但由于实验室检查越来越依赖于自动化, 一些手工检查项目对一些年轻人显得特别陌生。实验室工作人员经验不足, 导致病原体无法确认甚至被忽略, 进一步影响了临床诊断的正确性。因此对临床医生及实验室人员进行相关培训, 成为当前诊断治疗及预防此类疾病的重要环节。

**方法** 本文将以眼部常见的 12 种寄生虫为例, 进行病例分享结合文献进行回顾性分析, 介绍虫体形态学检查要点及其引起的主要病变、传播途径及治疗等知识。

**结果** 据文献报道, 在人体发现的寄生虫有 340 多种, 我国查到的人体寄生虫为 232 种。估计全球受寄生虫感染的人数多达 45 亿, 其中以蛔虫、钩虫、鞭虫、丝虫、血吸虫、疟疾、利什曼等为主。我国常见的寄生虫主要包括阿米巴、贾第虫、蛔虫、鞭虫、蛲虫、结肠小袋纤毛虫、并殖吸虫、缩小膜壳绦虫、细粒棘球绦虫、微小膜壳绦虫、姜片虫、旋毛虫等。资料表明, 能引起眼病的寄生虫有 24 种, 轻者视力减退, 重者失明。本文以螨虫、阴虱、裂头蚴、囊尾蚴、结膜吸吮线虫、羊狂蝇、弓蛔虫、棘阿米巴、眼盘尾丝虫 (河盲症)、眼棘球蚴等几种较常见的眼部寄生虫为

例，重点介绍形态学检查特征，并简单介绍传播途径，感染后引起的眼部主要病变以及治疗等知识。

**结论** 近年来寄生虫感染有逐年增多的趋势，加强临床医师和实验室人员再学习可以更好地认识此类疾病，及早处理，有利于疾病的转归和预后，及时切断传播途径减少疾病的蔓延与播散。

## PU-1011

### 基于宏基因组学挖掘眼表微生物特征及其在感染性角膜炎中的作用

郑美琴

温州医科大学附属眼视光医院

**目的** 感染性角膜炎由于在有效预防，诊断和治疗方面存在诸多障碍，是全球视力损害和失明的主要原因之一，尤其是在发展中国家，占角膜病致盲的首位。越来越多的证据表明健康眼表由核心微生物组主导，这些群落在眼表稳态的维持中起重要作用，且具有针对致病物种的保护性免疫调节功能，眼表微生态的失衡将导致眼部感染的发生。因此有必要研究感染性角膜炎的眼表微生态改变及其在疾病进展中的作用机制，为感染性眼病精准治疗提供理论基础。

**方法** 收集患者和健康人的结膜囊分泌物，提取分泌物 DNA，利用 Illumina 宏基因组学技术分析角膜炎患者眼表菌群群落特点以及功能基因多样性，从结构到功能对角膜炎患者眼表微生态进行全面分析。

**结果** 与健康志愿者的结膜囊微生物组相比，DB 组在门、属、中三个水平上均显示出 Shannon 多样性的明显降低。在门水平，无论健康人还是患者以变形菌门含量最高，放线菌门、厚壁菌门、异常球菌-栖热菌门和拟杆菌门为主要菌门，这些在眼表微生态中总含量超过 94%。其中健康对照组中放线菌门含量较高，而疾病组中厚壁菌门、异常球菌-栖热菌门以及拟杆菌门含量较高。两组之间的  $\alpha$  多样性没有显著差异， $\beta$  多样性差异显著。

在属水平上，占主导地位的菌属有：假单胞菌属、丙酸杆菌属、葡萄糖球菌属、亚栖热菌属和贪铜菌属。其中健康对照中丙酸杆菌的相对丰度要高得多，患者中假单胞菌和葡萄球菌的相对丰度略高。并且两组之间属水平的  $\alpha$  及  $\beta$  多样性均存在显著差异。

在种水平上，健康人群的眼表微生态多样性明显高于角膜炎患者组，其中痤疮丙酸杆菌、表皮葡萄球菌及拥挤棒状杆菌等 18 种菌在对照组中的丰度均显著高于疾病组。两组之间的  $\alpha$  多样性无显著差异，但  $\beta$  多样性差异显著。

两组功能基因的主成分分析表现出显著的差异，其中与转录、碳水化合物转运和代谢、复制、重组、修复、细胞壁/膜/包膜生物发生相关的直系同源组在疾病组中为主导。根据疾病组中富集的直系同源组，我们推测与感染性角膜炎发生发展有一定的关系。

**结论** 眼表生物多样性降低可能与感染发生有一定的关系，与转录、碳水化合物的转运和代谢、复制、重组和修复等相关的菌属相对丰度增加（栖热菌属和假单胞菌属等），这意味着该类细菌生长繁殖活跃，促进感染的发生。

## PU-1012

### 冠心病患者 HCY 及肾功指标联合评估的临床价值

郭斌,刘亮华

川北医学院附属医院,637000

**目的** 对我院收治的冠心病患者与正常体检人员进行了回顾性病例对照研究，分析冠心病患者血液样本肾功能指标及同型半胱氨酸水平，探究两者联合评估对冠心病患者个体诊疗的临床价值。



**方法** 选取 2017 年 01 月至 2019 年 04 月川北医学院附属医院心血管内科收治入院, 经冠脉造影检查确诊为冠心病的 142 例患者为研究对象, 其中男性 87 例, 女性 55 例, 年龄 39~88 (68.96±10.99) 岁。以表观健康体检者 128 例为对照组, 其中男性 52 例, 女性 76 例, 年龄 20-85 (41.98±11.69) 岁。使用 SPSS 23.0 统计分析肾功能相关指标: 肌酐 (Crea)、尿素 (Urea)、尿酸 (UA)、胱抑素 C (CysC) 和同型半胱氨酸 (HCY) 检测结果, 并探讨数据间的差异和相关性。

**结果** 男性较女性患病率更大, 而女性患者较男性更年长。冠心病组患者血 Crea、Urea、UA、CysC、HCY 水平明显高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 血 HCY 水平与血 Crea、UA、CysC 水平呈正相关 ( $r=0.231$ 、 $0.192$ 、 $0.223$ ,  $P=0.006$ 、 $0.023$ 、 $0.008$ )。

**结论** HCY 检测对冠心病患者肾功能变化情况具有预警价值, 综合评估肾功能及 HCY 检测有助于利用这些指标对患者疾病状况进行危险度分级, 将辅助医生制定个体化治疗方案, 防止不良心血管事件及其并发症的发生, 提高医疗质量。

## PU-1013

### 亚临床甲状腺功能减退症对血脂和同型半胱氨酸水平的影响

勾朝阳, 李新

河南省南阳市中心医院

**目的** 探讨亚临床甲状腺功能减退症 (亚甲减) 患者血脂和同型半胱氨酸 (Hcy) 水平及其临床意义。

**方法** 分别检测 47 例亚临床甲减组患者及对照组 47 例健康体检者的血清 FT3、FT4、TSH、TC、TG、HDL、LDL-C、APOA、APOB、Lp ( $\alpha$ ) 和 Hcy 水平, 并进行 TSH 与血脂和 Hcy 相关性分析。

**结果** 亚甲减组 TSH 与对照组比较有显著性差异 ( $P<0.05$ ), FT3、FT4 与对照组比较无显著性差异 ( $P>0.05$ ); TC、LDL-C、Lp ( $\alpha$ ) 和 Hcy 较对照组增高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); TSH 与 TC、LDL-C、Lp ( $\alpha$ ) 和 Hcy 呈正相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** 亚临床甲减患者 TC、LDL-C、Lp ( $\alpha$ ) 和 Hcy 水平增高, 是其易患心血管疾病的危险因素, 可以促进动脉粥样硬化 (AS) 的发生。

## PU-1014

### p62/SQSTM1 promotes proliferation, migration and invasion, and epithelial mesenchymal transition via promotion of ERK signaling in nasopharyngeal carcinoma

Manlin Xiang, Qiong Wu, Kun Wang, Zhen Chen, Lu Long, Ya Tao, Yunlai Liang, Xulin Xie, Yahui Yan, Zhiqiang

Xiao, Yuan Jiang, Shiyang Qiu, Bin Yi

Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** Increasing evidence has shown that p62 plays an important role in tumorigenesis. However, relatively little is known about the association between p62 and tumor invasion and metastasis; in addition, its role in NPC (nasopharyngeal carcinoma, NPC) has been rarely investigated.

**Methods** In this study, we analyzed NPC paraffin tissues and cell lines. p62 was down-regulated with shRNA (short hairpin RNA, shRNA) and up-regulated through plasmid transfection. Subsequently, cell viability, colony formation, migration, invasion and autophagy assays were

performed. The expression of p62 was also assessed in patient tumor samples by immunohistochemistry and anti-p62 autoantibodies in sera were detected by ELISA. These data were correlated with clinicopathological parameters.

**Results** We confirmed that p62 was significantly up-regulated in NPC tissues. Furthermore, high expression of p62 was observed in NPC cell lines, and especially in the highly metastatic 5-8F cells. In vitro, down-regulation of p62 inhibited proliferation, clone forming ability, autophagy, migration, and invasion in 5-8F cells, whereas p62 overexpression resulted in the opposite effects in 6-10B cells. Moreover, we confirmed that p62 promotes NPC cell proliferation, migration, and invasion by activating ERK (extracellular signal-regulated kinase, ERK). Clinical analysis indicated that high p62 expression correlates with lymph node and distant metastasis ( $P < 0.05$ ). Serum anti-p62 autoantibodies were increased in NPC patients and levels were associated with metastasis.

**Conclusions** Taken together, our findings provide the evidence that p62 is a potential biomarker which might be closely related to the tumorigenesis and metastasis in NPC. Furthermore, serum anti-p62 autoantibodies represent a potential diagnostic marker for NPC.

## PU-1015

### MiR-182 在结直肠癌中的表达及其对结直肠癌细胞迁移能力的影响

刘慧<sup>1</sup>, 邹明瑾<sup>1</sup>, 杨咏梅<sup>1</sup>, 张欣<sup>1</sup>, 张义<sup>1</sup>, 王传新<sup>2</sup>

1. 山东大学齐鲁医院, 250000

2. 山东大学第二医院, 250000

**目的** 检测 miR-182 在结直肠癌中的表达情况及与临床病理参数的关系, 体外实验探讨其对结直肠癌细胞迁移能力的影响。

**方法** 实时荧光定量 PCR 检测 86 对结直肠癌与对应癌旁组织 miR-182 的表达情况, 分析其与结直肠癌临床病理参数之间的关系。体外用 miR-182 mimics 转染结直肠癌 HT-29 细胞, transwell 小室实验观察 miR-182 对 HT-29 细胞迁移能力的影响。

**结果** MiR-182 在结直肠癌的表达显著高于癌旁 ( $p < 0.001$ ), 其表达水平与患者的浸润程度 ( $p = 0.028$ )、淋巴结转移 ( $p = 0.003$ )、远处转移 ( $p = 0.006$ ) 和临床分期 ( $p = 0.005$ ) 密切相关, 而与年龄、性别、肿瘤类型、肿瘤大小和分化程度无关 ( $p > 0.05$ )。体外实验进一步表明 miR-182 过表达的 HT-29 细胞迁移数显著高于阴性对照组和空白对照组。

**结论** MiR-182 在结直肠癌中高表达且与肿瘤的转移及进展有关, 体外能增强结直肠癌细胞的迁移能力, 提示 miR-182 可作为预防和治疗结直肠癌转移的潜在靶点。

## PU-1016

### 未离心全血标本放置时间对生化项目检测结果的影响

郭敏, 王琨, 王舜, 陈伟民, 杨立东, 郑丽娜, 朱文俊 (通讯作者) 医学硕士

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院, 222000

**目的** 随着自动样本处理系统及全自动生化分析仪的应用, 关注到住院患者生化血液标本分析前周转时间中位数至少需要 3.0 小时左右, 我们具体分析未离心全血标本放置时间对 20 项生化项目检测结果的影响, 以确定医院实验室可接受的生化全血标本最迟离心时间。

**方法** 抽取健康体检人群空腹血液标本 58 份 (真空促凝试管), 每份血液离体后分三管, 其三管分别放置室温下储存 0.5h、1.5h、3.0h 后 3500r/min 离心 10 分钟, 取血清检测二十种 (GLU、K、P、CA、CO<sub>2</sub>-CP、AST、ALP、CL、CR、UA、TBIL、TP、ALB、ALT、GGT、LDH、NA、

UREA、TC、TG)生化指标。检测共分三组:以 0.5h 的 58 份血清为一组;1.5h 的 58 份血清为一组;3.0h 的 58 份血清为一组。

**结果** (1) 1.5 h 与 0.5h 对比, GLU、P、Ca、CO<sub>2</sub>-CP、AST 有显著性差异 ( $P<0.05$ ), 其余项目无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

(2) 3.0h 与 0.5h 对比, GLU、P、CL、CA、CO<sub>2</sub>-CP、AST、ALP、CR、UA 有显著性差异 ( $P<0.05$ ); 其余项目无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

(3) 3.0h 与 1.5h 对比, GLU、P、CL、CO<sub>2</sub>-CP 有显著性差异 ( $P<0.05$ ); 其余项目无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 综上所述, 全血标本放置时间过长会对生化检验指标 GLU、PHOS 等产生显著影响。(本实验结果与目前的国外研究结果相符, 国内尚未见有相关报道。)因此必须对住院患者的生化血液标本的最迟离心时间予以合理安排。

鉴于三级综合医院住院患者生化血液标本分析前周转时间中位数目前为 3.0h 左右, 结合本研究结果, 据此提议各临床科室配备微型离心机, 确保值班护士抽取全血生化标本 0.5h 后及时离心, 以提升住院患者全血标本中各项生化检验结果的准确性。

## PU-1017

# 血清游离轻链及其 $\kappa/\lambda$ 比率在多发性骨髓瘤患者中的临床意义

赵丹

大连医科大学附属第一医院, 116000

**目的** 分析血清游离轻链 (sFLC) 及 sFLC- $\kappa/\lambda$  比率在初诊多发性骨髓瘤 (MM) 患者中的表现情况, 为 MM 的诊断、治疗和预后评价提供依据。

**方法** 连续选取来我院住院初次确诊为 MM 的患者 43 例, 并收集同期能引起 sFLC 增高的其他疾病 40 例。分析初诊 MM 患者的临床特征; 根据 MM 患者的 sFLC 类型分为 sFLC- $\kappa$  组和 sFLC- $\lambda$  组, 分析两组 sFLC 水平与临床指标的相关性; 分析 sFLC- $\kappa/\lambda$  比率在 MM 患者与非 MM 患者中的表现情况; 依据受累/非受累 sFLC 比值是否  $\geq 100$  分为低比率组和高比率组, 分析两组患者的临床指标是否有差异。

**结果** 初诊 MM 患者中 IgG 类型最多。血红蛋白与 sFLC 成负相关 ( $P<0.05$ ), 血  $\beta 2$  微球蛋白和骨髓浆细胞比例与 sFLC 成正相关 ( $P<0.05$ ), 白蛋白、乳酸脱氢酶、血钙与 sFLC 没有相关性 ( $P>0.05$ ), sFLC- $\kappa$  组血肌酐与 sFLC 没有相关性 ( $P>0.05$ ), 而 sFLC- $\lambda$  组血肌酐与 sFLC 成明显正相关 ( $r=0.697, P=0.000$ )。MM 患者 sFLC- $\kappa/\lambda$  比率  $<0.26$  或  $>1.65$  的比例高于非 MM 患者, 受累/非受累 sFLC 比率  $\geq 100$  的比例也高于非 MM 患者高, 差异均有统计学意义 ( $P=0.000$ )。与低比率组相比, 高比率组 MM 患者初次入院时血清白蛋白、血肌酐、血  $\beta 2$  微球蛋白、骨髓浆细胞比例和 ISS 国际分期更高, 两组之间差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而初次入院时两组患者的性别、年龄、血红蛋白、乳酸脱氢酶和血钙之间的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** MM 患者轻链  $\lambda$  型与肾损害相关。sFLC- $\kappa/\lambda$  比率异常多发生在 MM 患者中。受累/非受累 sFLC 比率  $\geq 100$  的 MM 患者症状重, 预后可能会差。

## PU-1018

## 血液细胞形态学检查的质量控制分析

袁改玲,王德才

新疆生产建设兵团第五师医院

**目的** 骨髓的造血多能干细胞是血细胞的来源,血细胞除了由多能干细胞组成外,还是由骨髓干细胞进行分化,最终成为定向干细胞,在经过发育后,可以逐渐成熟,发展成为红细胞、粒细胞、单核细胞和血小板。<sup>[1]</sup>经过发育阶段,淋巴样干细胞随着发育的增殖而不断成熟,在抗原的影响和刺激过程中,转化成为原浆细胞和原淋巴细胞,最终成熟发展成为淋巴细胞和浆细胞,且具有免疫活性的特点。

通常情况下,血液病的防治、诊断以及预后判断的重要环节就是进行细胞形态学检验,笔者立足于血液细胞形态学的检验内容,就如何提高血细胞形态学检验质量进行分析,旨在加强血细胞检验质量控制,以更好地保证检验的准确性。

**方法** 通过对血细胞形态学进行概述,具体阐述血细胞形态学检查的内容,同时在各方面加强血液细胞形态学检查的质量控制分析:1.完善实验室质量评价体系;2.建立血细胞形态学检查抽查制度;3.做好骨髓细胞形态复核和标本保存工作;4.建立回访制度加强临床回访,了解检验结果与临床的适应性,以便找出自己不足的地方,不断总结,提高自己。

**结果** 加强血细胞检验质量控制,更好地保证检验的准确性。

**结论** 血液细胞形态学的检验过程中,会有多种因素对血液细胞检验的结果产生影响,我们在实验室进行血液细胞形态学检查中一定要加强质量控制,最大化地规避不良因素,提高检验结果的准确性。

## PU-1019

## 发性扩张性心肌病患者合并肺高压的危险因素分析

赵丹

大连医科大学附属第一医院,116000

**目的** 分析特发性扩张性心肌病(idiopathic dilated cardiomyopathy, IDCM)合并心衰患者的超声心动图和实验室指标,探索其合并肺高压的危险因素。

**方法** 连续选取来我院住院确诊为IDCM合并心衰患者69例。参照2015年ESC肺动脉高压指南,依据患者的三尖瓣反流速度及其他超声心动图结果进行肺高压(pulmonary hypertension, PH)发生风险性分组,其中低度风险性组21例,中度风险性组21例,高度风险性组27例。回顾性分析三组患者的一般资料、超声心动图和实验室指标等数据。

**结果** 随着IDCM合并心衰患者发生PH的风险性增高,患者的LAD、PA、e/e'增大,RDW、NLR、BNP、胆红素增加,LVEF%减少,三组比较差异均有统计学意义( $P<0.05$ ),且上述指标与PH发生的风险性均有相关性( $P<0.05$ )。ROC曲线分析结果表明上述指标对IDCM合并心衰患者发生PH均有预测价值( $P<0.05$ ),当LVEF% $<27.50\%$ ,LAD $>48.50\text{mm}$ ,PA $>24.50\text{mm}$ ,e/e' $>13.30$ ,BNP $>448.35\text{pg/ml}$ ,RDW $>13.25\%$ ,DB $>6.45\mu\text{mol/L}$ ,NLR $>2.33$ 时要高度怀疑可能会合并PH。其中,LVEF%和e/e'的AUC分别为0.802和0.813,LVEF% $<27.50\%$ 、e/e' $>13.30$ 预测PH的敏感度分别为0.708和0.732,特异性分别为0.857和0.875;BNP的AUC为0.846,BNP $>448.35\text{pg/ml}$ 预测PH的敏感度为0.854,特异性为0.875。

**结论** IDCM合并心衰患者随着PH发生风险性增高,超声心动图和实验室指标差异有显著性;当某些指标升高或降低达到诊断阈值时应高度怀疑合并PH,并可用于风险评估和指导治疗。

## PU-1020

## 基于 LIS 系统对检验科传染病标本管理的实践

葛贤,史兵伟,丁志祥,赵亚平  
常州市中医医院

**目的** 运用实验室信息管理系统 (LIS) 对检验科传染病标本进行全流程化、规范化的管理。

**方法** 首先在 LIS 中设计并实现传染病标本管理模块, 根据院感部门要求设置传染病规则。当免疫组和微生物组的检测项目结果触发传染病规则时, LIS 会自动标记该患者, 通过 LIS 任务消息系统向科内各小组实验室的指定电脑发出通知, 提示各小组所需收集的标本。当被标记患者再次有标本送检, 任务消息系统会自动发出通知 (罕见传染病的检出时可通过 LIS 手动标记并发送通知)。各小组负责人员在规定时间内收集消息提示中标本并在 LIS 传染病标本管理模块中扫描, 完成后放置在指定冰箱中由专人保管, 由专人负责核对处理每天传染病标本的出入库情况及集中销毁情况。

**结果** 通过 LIS 形成传染病标本处理汇总表并按月自动归档至 LIS 文档管理系统;

将传染病标本相关信息按要求备份至医院院感部门。

**结论** 通过 LIS 传染病标本管理模块的使用, 改变了科内传染病标本检出后于普通标本无差异保存、销毁的状况。对检验科传染病标本实现全流程化、规范化的管理。在保证患者隐私的前提下, 提示相关人员注意传染病风险。

## PU-1021

## Overexpression of the UBQLN4 is Associated with Cell Cycle Arrest and Apoptosis in GES-1 Cells by Activation of the ERK Signaling Pathway

Shengkai Huang, Xin Dong, Jia Wang, Yan Li, Dongdong Li, Hong Lin, Wenjie Wang, Mei Zhao, Qing Chang, Wei Cui, Changzhi Huang

National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing, 100021, China

**Objective** Ubiquitin 4 (UBQLN4) is a component of the ubiquitin-proteasome system and regulates the degradation of many proteins implicated in pathological conditions. The aim of this study was to determine the role of UBQLN4 in regulating the proliferation and survival of the normal gastric epithelial cell line GES-1.

**Methods** We constructed GES-1 lines stably overexpressing UBQLN4 by lentiviral infection. Cell proliferation, apoptosis, and the cell cycle were analyzed using the MTT assay and flow cytometric assays. Phosphorylation of ERK, JNK, p38, and expression of cyclin D1 were detected by western blot analysis.

**Results** Overexpression of UBQLN4 significantly reduced proliferation and induced G2/M phase arrest and apoptosis in GES-1 cells. Moreover, upregulation of UBQLN4 increased the expression of cyclin D1 and phosphorylated ERK, but not JNK or p38.

**Conclusions** These data suggest that UBQLN4 may induce cell cycle arrest and apoptosis via activation of the ERK pathway and upregulation of cyclin D1 in GES-1 cells.

## PU-1022

**sfgl2 与颈动脉粥样硬化斑块稳定性的相关性研究**

孟胜兰

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

**目的** 探讨急性缺血性脑梗死患者血浆中可溶性纤维蛋白原 2 (sfgl2) 水平及 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup> 调节性 T 细胞 (Treg) 细胞百分比与颈动脉粥样硬化 (CAS) 斑块稳定性的关系。

**方法** 选取湖南省人民医院 2017 年 10 月至 2018 年 5 月神经内科急诊收治入院的急性缺血性脑梗死患者 88 例作为病例组,并以入院颈动脉彩超报告的斑块情况为依据,进一步将病例组分为无斑块组、稳定斑块组、不稳定斑块组。另外,选取经颈动脉超声检查报告无异常的同期住院患者 30 名作为对照组。采用流式细胞术检测受试者外周血 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞的百分比;采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 测定血浆中 sfgl2、IL-10 的水平;同时,用方差分析比较 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞、sfgl2、IL-10 水平在不同组间的差异;采用 pearson 相关分析比较 sfgl2 与 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞百分比、IL-10 之间的相关性;采用二元 logistic 回归分析评估 sfgl2 水平的变化与 CAS 斑块稳定性的关系。

**结果** 1) 与对照组相比,急性缺血性脑梗死组患者 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞百分比及 sfgl2、IL-10 水平显著降低 (P 值均<0.05), 差异有统计学意义。

2) 与对照组和稳定斑块组相比,不稳定斑块组 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞百分比、sfgl2 及 IL-10 水平显著降低 (P 值均<0.05), 差异有统计学意义。

3) sfgl2 水平与 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞百分比及 IL-10 水平之间呈正相关关系,其 pearson 相关系数(r 分别为 0.461, 0.384, P 值均<0.01)。

4) 经二元 logistic 回归分析显示 sfgl2 (OR-0.919, 95% CI: 0.854~0.990, P<0.05)为 CAS 斑块易损性的保护因素。

**结论** 1) 外周血 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup>Treg 细胞百分比、sfgl2、IL-10 水平与 CAS 斑块稳定性密切相关。

2) 作为 Treg 的效应分子, sfgl2 参与了动脉粥样硬化的发生、发展,是 CAS 斑块易损性的保护因素。

## PU-1023

**Expression and purification of Human Lipoprotein-associated phospholipase A2 in Escherichia coli with Trigger Factor protein as a soluble partner**Hong Yan<sup>1,2</sup>, RUI XIA<sup>2</sup>, Feng Shao<sup>3</sup>, Qian Wang<sup>2</sup>, Zhiye Xu<sup>4</sup>, Zhi Wang<sup>5</sup>, Aijun Huang<sup>4</sup>, Han Shen<sup>4</sup>, Chengbin Wang<sup>1</sup>

1.Chinese PLA General Hospital &amp; Medical School of Chinese PLA

2.Department of Laboratory Medicine, Nanjing Chest Hospital

3.Department of thoracic surgery, Nanjing Chest Hospital

4.Department of Laboratory Medicine, Nanjing Drum Tower Hospital, the Affiliated Hospital of Nanjing University Medical School

5.Cardiology Department, Nanjing Chest Hospital

**Objective** Lipoprotein-associated phospholipase A2 (Lp-PLA2) is a key enzyme as a risk predictor involved in atherosclerosis and ischemic stroke, its content in the blood directly indicate the severity of the vascular inflammation and plaque vulnerability, so can effectively predict the high-risk group of heart disease, and reflect the therapeutic effect of patients. However, the difficult preparation, low expression and purification yield, and the expensive cost have limited its application in China. Therefore, it is important to develop the immunoassays diagnostic reagents of Lp-PLA2 with high purification.

**Methods** In this study, Lp-PLA2 gene was respectively cloned into three prokaryotic expression vectors with different fusion tags.

**Results** Firstly showed that trigger factor protein (TF) acted as molecular chaperone, helping target protein for better structural folding, thus enhancing the expression of target protein significantly. In addition, the target protein Lp-PLA2 was with high purity, reaching 90%, without any label tags and able to be recognized by the commercial Lp-PLA2 polyclonal antibody, which is a good guarantee for the quality of antigen.

**Conclusions** Due to all these desirable traits, it is expected to be suitable as a platform for the high-level production of Lp-PLA2.

## PU-1024

### 长链非编码 RNA 在肾嫌色细胞癌中表达及预后的研究

易浪

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 肾嫌色细胞癌 (chromophobe renal cell carcinoma, chRCC) 是一种特殊类型肾上皮细胞癌, 本文拟通过分析 TCGA 数据库中肾嫌色细胞癌蛋白编码基因和长链非编码 RNA (long non-coding RNA, lncRNA) 表达谱, 探究 lncRNA 的表达变化与嫌色细胞癌预后之间的关系。

**方法** 对 TCGA 数据库中 64 例肾嫌色细胞癌及 24 例配对的癌旁组织样本 RNA-Seq 数据进行分析。利用 Ensemble 数据库对 RNASeq 数据中的 lncRNA 进行注释, 共得到 15327 个 lncRNA 的表达数据。使用 R 语言 limma 包对所有基因进行差异表达分析, 以  $|\log_2FC| > 2$ ,  $P \text{ value} < 0.01$  和  $FDR < 0.01$  作为 cut-off 值确定差异表达基因。此外, 采用 Kaplan-Meier 生存分析和单因素 Cox 回归分析, 探究患者的年龄, 肿瘤分期, 性别, 种族以及 lncRNA 表达对患者总体生存期 (OS) 的预测功能。随后筛选  $P \text{ value} < 0.05$  的单因素纳入多因素 cox 回归分析, 建立预测患者 OS 模型, 对肾嫌色细胞癌患者的生存风险进行预测。

**结果** 通过差异表达分析, 共得到 2166 个差异表达显著的基因, 通过单因素 Cox 回归分析, 发现 3 个 lncRNA 与患者 OS 相关 ( $P < 0.05$ ); 此外, AJCC 分期也是肾嫌色细胞癌患者生存的影响因素 ( $P < 0.05$ )。多因素 cox 回归分析进一步表明 AJCC 分期 (HR:8.751, 95% CI: 1.763-43.426,  $P=0.008$ ) 是影响肾嫌色细胞癌患者生存的主要因素。

**结论** 本研究通过对 TCGA 数据库中肾嫌色细胞癌患者 lncRNA 表达谱分析, 发现了肾嫌色细胞癌患者中差异表达的 lncRNA, 此外, AJCC 分期是影响肾嫌色细胞癌患者预后的独立危险因素。

## PU-1025

### 一例多部位诺卡菌感染的病例报道

钟一鸣, 刘文恩, 晏群, 刘清霞, 李艳明, 李军, 邹明祥

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 诺卡菌的感染在临床时有发生, 但多部位同时检出该菌比较少见。本文报道一例多部位诺卡菌感染的病例报道。

**方法** 患者周某某, 女, 52 岁。因“多发皮疹 1 年, 反复胸闷、气促伴视力改变 6 月, 再发加重 1 周”入院。

**结果** 患者 1 年前因全身多发皮疹, 由颈部开始出现, 后逐渐进展至全身, 以颜面部、颈部为著, 伴眼睑水肿、手背、腹部、足部等区域皮肤小脱屑, 当时来我院诊断为“皮炎”, 给予甲泼尼龙、羟氯喹、沙利度胺、环磷酰胺等抑制免疫并对症支持治疗后病情好转出院。出院后规律服用甲泼尼龙、羟氯喹、沙利度胺等药物, 半年后出现胸闷、气促, 伴有发热, 最高体温  $39^{\circ}\text{C}$ , 伴左侧眼部视野缺如, 中央不可见, 周边视力可, 急诊完善肺部 CT 示双肺感染, 头部 MRI 示: 脑内多发异常

信号灶，垂体内见异常信号，原因待查。患者左眼肿胀明显，并有少许球结膜突出，无法睁眼，脑脊液微生物基因检测，聚多曲酶，人类疱疹病毒 4 型感染，给予抗感染，左眼玻璃体切除术，术后积极对症治疗，患者病情稳定出院。一个月后，左眼结膜水肿加重，取左眼分泌物培养：诺卡菌属感染，为防止感染情况扩散，局麻下行左眼眼内容物剝出术，术后抗感染等相关治疗后患者恢复良好出院。出院后患者继续服用甲泼尼龙、复方磺胺甲恶唑片，妥布霉素地塞米松滴眼液。1 周前，患者无明显诱因再次出现胸闷，气促，伴右眼视力下降，急诊入院后因气促加重，咳粉红色泡沫痰，血压 50/30mmHg，紧急抢救治疗后转入 ICU。心脏彩超：二尖瓣脱垂并关闭不全，赘生物形成可能，患者双套血培养均为诺卡菌属，结合既往病史，考虑肺部感染、亚急性感染性心内膜炎及右眼感染所致的脓毒症，脓毒性休克可能性大，积极抗感染、抗休克及加强呼吸等支持治疗，患者家属强烈要求转当地治疗，予以签字出院。最终诊断为“皮肤炎，脓毒性休克、重症肺炎、亚急性感染性心内膜炎，颅内感染”。

**结论** 临床对于该菌的鉴定仍十分依赖经验及形态学特点，多部位感染病例少见，但所致临床预后极差，需引起临床重视。

## PU-1026

### 多重 PCR 技术在儿童呼吸道感染病原体检测中的应用

王杨燕,马筱玲

中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

**目的** 了解我院儿科就诊患者呼吸道感染病原体分布特征，探讨多重 PCR 技术在呼吸道感染病原体快速诊断中的应用价值。

**方法** 收集 2018 年 9 月至 2018 年 12 月安徽省立医院儿科就诊疑似呼吸道感染患者的呼吸道标本共 257 例（250 份咽拭子，7 份肺泡灌洗液）。其中男 146 例，女 111 例，按年龄分组，<1 岁组 90 例，1-2 岁组 88 例，3-5 岁组 51 例，6-15 岁组 28 例。利用 13 种呼吸道病原体多重 PCR 检测试剂盒对所有标本进行检测。结合临床诊疗资料，对多重 PCR 检测结果进行统计学分析。

**结果** 257 份标本总阳性率为 66.1%（170/257），其中病毒阳性率为 60.7%（156/257），以呼吸道合胞病毒（RSV）、鼻病毒(HRV)和腺病毒(ADV)为主，阳性率分别为 31.5%（81/257）、17.5%（45/257）、5.1%（13/257）；非典型病原体阳性率为 8.2%，以肺炎支原体(MP)为主，阳性率为 7.8%（20/257）。23 例标本检出 2 种及以上病原体，以呼吸道合胞病毒和鼻病毒同时感染较为常见。呼吸道合胞病毒感染多发生在 1-2 岁组儿童（ $\chi^2=16.562$ ， $P<0.05$ ），其阳性率随着年龄的增长而降低。肺炎支原体感染多发生在 6-15 岁组儿童（ $\chi^2=34.346$ ， $P<0.001$ ），其阳性率随着年龄的增长而上升。

**结论** 本次研究中，呼吸道合胞病毒、腺病毒、鼻病毒、肺炎支原体在儿童呼吸道感染病原体中较为常见。多重 PCR 技术可检测 13 种呼吸道病原体，敏感性较高，特异性强，对呼吸道感染患者的病原学快速诊断具有重要价值。

## PU-1027

### 艰难梭菌耐药现状及其对利福霉素耐药机制研究

赵宝鑫,强翠欣,李志荣,杨靖,牛亚楠,翟宇,张慧敏,睦刻刻,曹静,王伟刚,赵建宏  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 艰难梭菌是一种革兰阳性，可形成芽胞，可产生毒素的厌氧杆菌，是卫生保健相关性感染最常见的病原菌，也是社区感染的重要病原菌。对多种抗菌药物耐药，在艰难梭菌的传播和流行方面



发挥关键作用, 艰难梭菌的基因组决定了其有多种耐药机制。本研究拟对石家庄地区艰难梭菌的抗菌药物敏感性特征及耐药机制深入探究。

**方法** 自河北省医学菌种保藏中心选取 200 株艰难梭菌, 经 MALDI-TOF MS 和 16S rRNA 基因同源性分析鉴定。通过 PCR 反应检测艰难梭菌毒素基因携带情况, 并分析其核糖体型别。采用琼脂稀释法检测艰难梭菌对非达霉素、甲硝唑及万古霉素等 14 种抗菌药物的敏感性。尝试运用生物信息学方法, 进一步探究艰难梭菌对利福霉素类抗菌药物敏感性降低的蛋白质结构基础。

**结果** 本研究选取菌株全部为产毒型艰难梭菌, 共包含 46 个核糖体型。全部菌株对美罗培南、非达霉素、甲硝唑和万古霉素均敏感。通过对 RNA 聚合酶  $\beta$  亚基基因中利福霉素耐药决定区测序, 发现 His502Asp 和 Arg505Lys 突变与艰难梭菌对利福霉素敏感性降低相关。通过蛋白质结构模拟及分子对接, 进一步证明, 利福霉素与艰难梭菌突变型 RNA 聚合酶  $\beta$  亚基亲和力降低。

**结论** 本研究发现, 艰难梭菌对于艰难梭菌感染治疗的非达霉素、甲硝唑和万古霉素敏感性较高, 但对环丙沙星、克林霉素、红霉素和四环素有较高的耐药性, 应当引起重视; 利福霉素与其靶蛋白质亲和力降低可能是艰难梭菌对利福霉素类抗菌药物的敏感性降低的原因。

## PU-1028

### NLRC5 在高血压肾病中的作用及机制研究

李荃新

山东大学第二医院, 250000

**目的** 高血压肾病是高血压患者常见的、严重的并发症, 也是导致终末期肾病的主要原因之一。目前高血压肾病的主要治疗策略是使用降压药物控制血压, 包括血管紧张素转化酶抑制剂等。但是这种治疗方法不能逆转高血压肾病的发展, 并且最近流行病学资料显示, 因高血压造成患者发展为慢性肾脏疾病的人数呈逐年增多的趋势。因此, 寻找治疗高血压肾病新的靶点已经迫在眉睫。

NLRC5 作为 NOD 样受体家族中新发现的成员, 近些年来受到了广泛的关注。研究发现 NLRC5 可以通过结合 MHC I 类分子启动子上的特定区域来促进其的转录, NLRC5 还可以调控细胞的炎症反应、增殖以及纤维化等。此外近些年来的研究发现, NLRC5 与多种急慢性肾脏损伤, 如肾缺血再灌注损伤、糖尿病肾病以及肾脏纤维化有密切的关系。本课题主要探究 NLRC5 在高血压肾病中的作用及调控机制, 为高血压肾病的治疗提供新的靶点。

**方法** 本课题运用细胞、动物模型及临床标本, 借助体内外转染技术, 通过形态学、细胞和分子生物学、流式细胞术、激光共聚焦、和免疫共沉淀等方法明确 NLRC5 在高血压肾病中的作用及机制。

**结果** 在药物诱导的高血压肾病小鼠肾脏组织中 NLRC5 表达升高, 敲除 NLRC5 可以明显降低小鼠的血压和白蛋白与肌酐的比值, 减轻肾脏的损伤。基因沉默肾小球内皮细胞中的 NLRC5 可以显著改善细胞凋亡, 增加一氧化氮合酶的活性, 增加一氧化氮的合成。

**结论** 在高血压肾病中, NLRC5 通过下调一氧化氮合酶的活性加重肾脏损伤。

## PU-1029

### 湘雅医院原发性高血压患者 CYP2D6 和 ADRB1 基因多态性及与血脂相关性分析

孙谦, 屈青云, 陆思瑶

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 分析湘雅医院原发性高血压患者 CYP2D6 基因和 ADRB1 基因多态性, 并研究原发性高血压患者总胆固醇 (total cholesterol, TC)、甘油三酯 (triglyceride, TG)、低密度脂蛋白 (low

density lipoprotein, LDL-C)、高密度脂蛋白(high density lipoprotein, HDL-C)这四项血脂指标与基因相关性。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2018 年 1 月间确诊为原发性高血压患者 83 例, 采用微阵列基因芯片技术检测两种高血压基因, 分析各基因频率分布特征并采用统计学方法比较各基因型在 TC, TG, LDL-C 和 HDL-C 中浓度差异。

**结果** 83 例患者中 CYP2D6 基因以\*1/\*10 型和\*10/\*10 型为主, 均占总体的 44.6%, CYP2D6 各基因型在 TC, TG, LDL-D, HDL-C 浓度水平无统计学差异; ADRB1 以突变型 C/C 为主, 占总体的 59.0%, ADRB1 各基因型在 TC, TG, HDL-C-C 中浓度水平无统计学差异, ADRB1 G/C 的 LDL-C 平均浓度高于 C/C, 具有统计学意义。这两种高血压基因在不同年龄段和不同性别中分布无统计学差异。

**结论** ADRB1 和 CYP2D6 各基因型在不同年龄段和性别中的分布无统计学差异; CYP2D6 主要以\*1/\*10 和\*10/\*10 为主, ADRB1 主要以突变型 C/C 为主, 原发性高血压患者使用  $\beta$  受体阻滞剂时需要依据 ADRB1 和 CYP2D6 的基因型来给药。

## PU-1030

### MepRAB 外排系统突变导致体外诱导金黄色葡萄球菌获得替加环素耐药性

方人驰<sup>1</sup>, 孙瑶<sup>1</sup>, 郑相阔<sup>2</sup>, 田学斌<sup>2</sup>, 张秀彩<sup>1</sup>, 王冲<sup>1</sup>, 曹建明<sup>2</sup>, 周铁丽<sup>1</sup>

1.温州医科大学附属第一医院

2.温州医科大学检验医学院、生命科学学院

**目的** 描述医院源性金黄色葡萄球菌分离株在选择性压力下, 对替加环素耐药性的演变途径和生物学特征的改变。

**方法** 使用梯度浓度的替加环素对 3 株临床金黄色葡萄球菌与 1 株标准金黄色葡萄球菌菌株(ATCC 29213)进行体外替加环素耐药突变体的诱导。同时检测诱导菌株的耐药性变化及耐药相关基因 mepRAB 操纵子和 rpsJ 的遗传改变。此外, 也对亲代与突变菌株的 mepA 相对表达量、生长与毒力的适合度代价进行了研究。

**结果** 体外诱导突变株的替加环素 MIC 相较于亲本菌株升高了 64-128 倍。在转录抑制子 mepR 和外排泵基因 mepA 中发现了替换突变, 在核糖体 S10 蛋白编码基因 rpsJ 中也出现一个 K57M 氨基酸突变。值得注意的是除了一株菌株以外, 其他菌株的生长并未受到体外替加环素耐药诱导的影响。除此之外, 替加环素诱导后的金黄色葡萄球菌的毒力以及其他常用抗菌药物 MIC 也并未受到影响。

**结论** 体外诱导的金黄色葡萄球菌的替加环素耐药性演变与外排泵转录抑制子 mepR 的失功能突变和外排泵编码基因 mepA 的错义突变有关。我们的研究进一步明确了金黄色葡萄球菌对替加环素的耐药机制, 同时报道了在先前研究中未被发现过的突变。

## PU-1031

### 铜绿假单胞菌多黏菌素耐药及异质性耐药机制研究

林婕<sup>1</sup>, 徐春泉<sup>1</sup>, 方人驰<sup>1</sup>, 曹建明<sup>2</sup>, 张秀彩<sup>1</sup>, 赵雅洁<sup>2</sup>, 董郭枫<sup>2</sup>, 孙瑶<sup>1</sup>, 周铁丽<sup>1</sup>

1.温州医科大学附属第一医院

2.温州医科大学检验医学院、生命科学学院

**目的** 研究铜绿假单胞菌(Pseudomonas aeruginosa)临床分离株的黏菌素耐药和异质性耐药机制。

**方法** 从温州医科大学附属第一医院 2015-2017 年住院患者分离出 736 株铜绿假单胞菌分离株。通过微量肉汤稀释法测定黏菌素耐药性。菌谱分析法 (PAP) 评估黏菌素异质性耐药。进行时间杀菌试验。聚合酶链反应 (PCR) 测序检测耐药和异质性耐药分离株中的耐药基因, 荧光定量 PCR (qRT-PCR) 确定它们的表达水平。通过脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 和多位点序列分型 (MLST) 进行同源性分析。MALDI-TOF MS 分析脂质 A 谱。

**结果** 本研究分别筛选出 2 株黏菌素耐药株和 9 株黏菌素异质性耐药株。2 株耐药株中检测到 PmrB 突变。在 9 株异质性耐药分离株中, 有 8 株具有非同义 PmrB 突变, 2 株分离株存在 PhoQ 改变, 其中 1 株同时存在 PmrB 和 PhoQ 突变。qRT-PCR 结果表明, 在 PmrB-或(和) PhoQ-突变的分离株中 pmrA 或 phoP 表达水平平均上调, 且所有分离株 pmrH 基因的转录水平增加。MALDI-TOF MS 分析表明 (异质性) 耐药分离株中脂质 A 谱存在额外的 4-氨基-4-脱氧-L-阿拉伯糖 (L-Ara4N) 部分。

**结论** 综上所述, 本研究中铜绿假单胞菌的黏菌素耐药和异质性耐药都与 PmrAB 和 PhoPQ 调控系统的改变有关。与脂质 A 合成相关基因的突变与脂质 A 成分的修饰之间存在密切相关性。未来将进一步关注铜绿假单胞菌从异质性耐药向完全耐药的转变。

## PU-1032

### CYP3A5 基因多态性质控物研制及其检测的 室间质量评价

张晓

湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院, 410000

**目的** 他克莫司是器官移植病人抗排斥治疗中最为常用的免疫抑制剂。细胞色素 P450 3A5 (CYP3A5) 是他克莫司个体化用药中最重要的影响因素。CYP3A5 基因是导致个体间 CYP3A5 蛋白差异表达的主要原因, CYP3A5 基因分型结果对他克莫司的合理用药来说有重要参考意义。为了评估各大实验室对 CYP3A5 基因的检测结果的一致性 & 准确性, 本研究制备了用于他克莫司 CYP3A5 基因突变个体化检测的质控物, 并评价各实验室的检测能力, 以提高 CYP3A5 基因分型检测在临床的合理应用。

**方法** 选取涵盖常见的已知 CYP3A5 基因多态性的细胞株 10 株, 采用 Sanger 测序法验证其多态性位点。验证通过后将 10 株细胞系进行扩大培养和基因组 DNA 的大量提取、稀释和分装。向参加室间质量评价的各实验室发放制备的质控品, 1 周后回收回报表并对各实验室的检测结果进行数据统计, 对检测报告进行评估。

**结果** 本实验室 CYP3A5 基因 Sanger 测序结果均符合预期。共有 33 家实验室参与本研究并回报数据, 检测的灵敏度为 95.9% (285/297 个检测; 95% 置信区间: 93.0–97.9%), 特异度为 95.3% (346/363; 95% 置信区间: 92.6–97.2%); 其中 30 家实验室检测正确率为 100%, 1 家实验室检测正确率 90%, 2 家实验室检测结果不合格; 2 家不合格实验室的错误回报, 主要是将所有 CYP3A5\*1/\*1 报告成 CYP3A5\*3/\*3, 将所有 CYP3A5\*3/\*3 报告成 CYP3A5\*1/\*1, 而 CYP3A5\*1/\*3 (\*3 杂合子) 结果均正确, 另外有一家实验室将 C1710 号标本 CYP3A5\*1/\*3 杂合子报告成 CYP3A5\*1/\*1。28 家实验室提交了 CYP3A5\*1/\*3 基因型的检测报告, 但这些检测报告中大都有重要检测信息的缺失。

**结论** 本研究制备的用于他克莫司 CYP3A5 基因突变个体化检测的质控物通过了参考实验室和各临床及商业实验室的验证, 可以作为室间质评和室内质控的质控品应用到日常检测的质量控制中。研究发现了各临床实验室在 CYP3A5 基因分型检测、结果报告和结果解释中存在的不足, 强调了在药物代谢相关基因分型检测中, 通过建立合理质控物来提高日常检测的准确性是非常有必要的。

## PU-1033

## 关于快速多粘菌素 NP 法检测黏菌素耐药鲍曼不动杆菌的性能评估与改良

方人驰<sup>1</sup>, 田学斌<sup>2</sup>, 陈栋江<sup>1</sup>, 赵雅洁<sup>2</sup>, 郑相阔<sup>2</sup>, 王冲<sup>1</sup>, 董郭枫<sup>2</sup>, 刘海洋<sup>1</sup>, 曹建明<sup>2</sup>, 周铁丽<sup>1</sup>

1. 温州医科大学附属第一医院

2. 温州医科大学检验医学院、生命科学学院

**目的** 鲍曼不动杆菌对多粘菌素耐药性的出现正成为临床治疗中不可忽视的挑战。由于多粘菌素在琼脂中的扩散能力较低, E-test 和纸片扩散法等常规药敏试验的结果并不可靠, 而微量肉汤稀释法的耗时长以及操作要求高。近期, Nordmann 和 Poirel 开发了一种快速检测 (2 小时) 肠杆菌科细菌多粘菌素耐药性的方法。我们的研究目的在于评估使用该方法检测鲍曼不动杆菌的黏菌素耐药性 (多粘菌素 E) 的可行性。

**方法** 对共计 28 株 2014-2015 年间收集自温州医科大学附属第一医院的不同标本的鲍曼不动杆菌分离株进行检测。根据我们的实验设计需要, 轻微调整快速多粘菌素 NP 法, 观察三个分别含有 1%、2% 和 4% 葡萄糖的分组 24 小时。通过 PH 指示剂的颜色改变解释结果。

**结果** 4 小时内所有待测分离株含/不含黏菌素的孔均显示微弱/无颜色变化。当孵育至 16 小时, 与微量肉汤稀释法相比, 含 4% 葡萄糖组具有较高的粗一致率 (92.86%), 敏感性 (100%) 和特异性 (90%)。

**结论** 快速多粘菌素 NP 法无法快速确定鲍曼不动杆菌的黏菌素敏感性, 但通过适量增加葡萄糖浓度和延长孵育时间可以使结果与参考方法结果高度一致。调整后的快速多粘菌素 NP 法在鲍曼不动杆菌黏菌素敏感性的检测中具有潜在的临床应用价值。

## PU-1034

## 茄病镰刀菌合并棘阿米巴致急性角膜炎

胡素侠

淮南市第一人民医院, 232000

**目的** 真菌混合阿米巴感染所致角膜炎在临床上较为罕见, 但因其致盲率高、预后差并且易于误诊, 近年来愈加受到重视。现总结我院检出的 1 例茄病镰刀菌合并棘阿米巴致急性角膜炎的诊断过程与临床特征, 以提高该病的检出率与治疗效果。

**方法** 患者因水库游泳时右眼被浮枝刮伤而出现急性角膜炎症状, 角膜刮片以 10% KOH 溶解、亚甲基蓝染色可见较多真菌菌丝, 并可观察到单个或成簇出现的阿米巴包囊, 多具双层囊壁, 外层较光滑, 内层呈圆形、星形或多边形。角膜刮取物行真菌培养并染色镜检见有隔分枝菌丝、卵圆形小分生孢子及类镰刀形大分生孢子。分别提取角膜刮取物及菌落的基因组 DNA, 采用棘阿米巴 18S rRNA 特异性引物进行扩增获阳性结果; 以真菌通用引物 ITS1、ITS4 进行扩增、测序并 BLAST 工具比对。

**结果** 显示该菌为茄病镰刀菌, 确诊该病为茄病镰刀菌合并棘阿米巴致急性角膜炎。对患者性溃疡灶清创刮除、0.15% 两性霉素 B 眼液滴眼 (1 次/h)、0.2% 甲硝唑 (2 次/h) 滴眼、0.5ml 甲硝唑球结膜下注射 (2d/次) 与静脉滴注 (1g/d)、伊曲康唑 (200mg/d) 口服及止痛等对症治疗治愈。在目前的报道中, 植物性外伤是真菌性角膜炎的首要发病原因, 而棘阿米巴角膜炎则大多由角膜接触镜或外伤、接触污水引起。本例患者存在外伤与污水接触史, 与文献报道相符。

**结论** 角膜刮片镜检易于开展, 采用亚甲基蓝染色、革兰染色或姬姆萨染色有利于观察阿米巴包囊结构。此外, 原虫或真菌培养、分子生物学技术等均为此类疾病诊断与疗效评价的重要手段, 联合应用多种诊断技术可提高检出率, 并有助于快速明确诊断以积极应对。

## PU-1035

## 泸州地区 203 例地中海贫血患者基因型及血液学指标分析

温先勇,胡展偲,温若愚  
西南医科大学附属医院,646000

**目的** 了解四川泸州地区地中海贫血基因型分布及血液学特征。

**方法** 在西南医科大学附属医院 LIS 系统中查阅 2015 年 12 月-2018 年 1 月期间经临床确诊的地中海贫血患者 203 例,进行基因和血液学指标检测。

**结果** 1.检出地中海贫血基因 202 例,检出率为 99.51%。其中  $\alpha$  地中海贫血 63 例 (31.19%), 包含  $\alpha$  地中海贫血 5 种基因突变类型, 9 种基因型;  $\beta$  地中海贫血 137 例 (67.82%), 包含  $\beta$  地中海贫血 10 种基因突变类型, 16 种基因型;  $\alpha$  地中海贫血合并  $\beta$  地中海贫血 2 例 (0.99%), 其中少见突变类型 1 例。 $\alpha$ 、 $\beta$  地中海贫血中构成比最高的基因型分别为--SEA/ $\alpha\alpha$  和 CD17(A $\rightarrow$ T), 占 39.68%和 37.96%。2.与正常对照组相比,地贫组 Hb、MCV、MCH、MCHC、Hct 明显降低,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), RBC 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 与缺铁贫血组相比,地贫组 Hb、MCV、MCH、Hct 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), RBC、MCHC 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 泸州地区  $\alpha$  地中海贫血基因突变以--SEA/ $\alpha\alpha$  为主,  $\beta$  地中海贫血基因突变类型以 CD17(A $\rightarrow$ T) 为主。Hb、MCV、MCH、Hct 等血液学指标可作为地中海贫血重要筛查指标。

## PU-1036

药物代谢相关基因分型在他克莫司用药应用  
中的研究进展

张晓  
湖南省人民医院/湖南师范大学第一附属医院,410000

他克莫司在预防器官移植后的急性排斥反应中有非常好的作用,但其在患者体内和个体间药物代谢的差异性和较高的毒副反应发生率限制了它在器官移植中的应用。很多因素(如体重、遗传等)都能影响患者对他克莫司治疗的反应。虽然临床医生在应用他克莫司时会常规予以监测药物浓度,但排斥反应和毒性副反应还是时有发生。就目前来说,尽管药物基因组学检测对他克莫司的精确用药有很好的指导作用,但将其广泛应用于临床还存在许多障碍。由于实际操作和经济成本原因,临床很少在移植或用药前进行预防性基因分型检测。然而,随着测序成本的持续下降,一次基因组测序就可以把所有想明确的目的基因型全都覆盖到,这对于将药物遗传学信息高效应用到临床治疗来说是一个很好的契机。而且,通过改进给药算法(例如,群体药代动力学模型)和完善临床决策支持等方法可以更加优化他克莫司的给药。在这篇综述中,我们将讨论基因分型指导他克莫司给药的现况,以及将他克莫司的药物遗传学信息转化为临床应用所面临的机遇和挑战。

## PU-1037

## 应用 PDCA 循环法提高急诊检验项目全程 TAT 达标率

唐丽姣<sup>1</sup>,刘小柳<sup>2</sup>

1.深圳市罗湖区妇幼保健院,518000

2.深圳市罗湖区人民医院

**目的** 为实现精细化管理,深圳市罗湖区妇幼保健院妇科、产科最关注的急诊项目的全程结果回报时间(TAT),应用PDCA循环法提高实验室工作效率和临床满意度。

**方法** 回顾性分析2017年深圳市罗湖区妇幼保健院妇科、产科急诊项目(血常规、凝血、离子七项、血HCG+孕酮)结果回报时间全程TAT未达标率。2018年应用PDCA管理工具,计划阶段(P):成立急诊检验项目TAT管理小组,通过头脑风暴,绘制鱼骨图分析原因,柏拉图找出主要原因,设定本次项目需改善的目标值,甘特图做计划安排。实施阶段(D):5W1H法制定对策,针对问题,进行对策实施。购置仪器、人员培训、规范化工作流程、加强临床沟通协调等。检查阶段(C)观察全程TAT在改进前后的变化,并进行效果确认。总结阶段(A)总结和巩固改善效果,对未完成的急诊血常规项目进入下一个PDCA持续改进。

**结果** 通过采取相应的措施,血常规、凝血、离子七项、血HCG+孕酮申请至采样时间达标率上升了4.89%、4.53%、6.94%、3.63%;采样至核收时间达标率分别上升了3.33%、3.57%、7.1%、3.95%;核收至发送达标率分别上升了20.85%、5.96%、5.01%、6.31%。应用PDCA前后TAT申请至采样时间( $\chi^2=11.325$ ,  $P<0.001$ )、采样至核收时间( $\chi^2=19.569$ ,  $P<0.0001$ )、核收至发送时间( $\chi^2=5.301$ ,  $P<0.001$ ),差异有统计学意义。

**结论** 应用PDCA循环法对急诊检验项目全程TAT达标率进行了质量管理,人员宣贯培训,标准化交接班制度。优化标本送检流程,合理利用标本高峰期的配送资源,检测仪器的质量,进一步完善信息系统、加强与临床的沟通协调明显提高急诊项目全程TAT达标率,有效缩短结果回报时间。

## PU-1038

## 同型半胱氨酸研究现状的文献计量学分析

张春娇

连云港市中医院,222000

**目的** 分析国内发表的同型半胱氨酸的研究文献的现状与发展趋势,为临床和科研人员提供可靠的依据。

**方法** 以CNKI数据库为资料来源,从文献计量学角度对2019年以前收录的研究同型半胱氨酸的文献进行分析,从发表年度、文献来源、被引用频次、学科分布、基金资助等几方面进行统计,初步研究与分析本领域的科研状况。

**结果** 截止2018年12月31日,CNKI共收录的国内有关同型半胱氨酸的文献共16442篇,2000年以前发表文章较少,共91篇,2000年以后文献数量快速上升,2017年收录文献1721篇,达到高峰,2018年1637篇,稍有回落。其中,国际检验医学杂志收录文献最多(292篇,占8.11%),其次为中国老年学杂志(256篇,占7.11%),中国实用神经疾病杂志(244篇,占6.78%)。通过CNKI可得到的文献的被引频次分析,“马来酸依那普利叶酸片降压、降同型半胱氨酸的疗效和安全性”被引频次为477次,最高;其次“伴同型半胱氨酸升高的高血压——“H型”高血压”被引281次。CNKI收录的研究论文统计结果清晰地表明,临床医学是同型半胱氨酸研究最为活跃的领域,研究文献共计14503篇。其次为中医与中西医结合、基础医学等研究领域。检索的16442篇文献中,1452篇研究文献获得资金支持,占文献总量的8.8%,其中获得国家级基金(包括国家自然科学基金、国家科技支撑计划、国家重点基础研究发展计划等)支持的研究文献823篇,占资金支持的研究文献总量的56.68%。

**结论** 依据 CNKI 数据库,运用文献计量学的方法对同型半胱氨酸的研究领域进行全景分析将为科研人员准确、清晰地把握同型半胱氨酸研究现状提供有益的参考,并为后续的同型半胱氨酸的研究工作提供坚实的文献学研究基础。

## PU-1039

### 抗菌肽的分离纯化及抑菌作用的研究

聂兆超

山东大学第二医院,250000

**目的** 探索应用树脂对抗菌肽提取的可行性及所提取抗菌肽的抑菌作用。

**方法** 经过匀浆,硫酸铵沉淀,离心等步骤得到的粗提抗菌肽,用树脂进行吸附,解吸等,得到并初步纯化了抗菌肽,用微量肉汤稀释法检测多肽对金黄色葡萄球菌,腐生葡萄球菌,大肠埃希菌,奇异变形杆菌,土生克雷伯菌等常见细菌的抑菌活性,并统计最小抑菌浓度,采用 SPSS 进行统计学分析。

**结果** 可能因为对抗菌肽的分离提取及纯化不彻底,在浓度较低时,均未表现很明显的抑菌效果,但当提取出来的抗菌肽组分浓度较高时,对金黄色葡萄球菌,腐生葡萄球菌,大肠埃希菌,奇异变形杆菌,土生克雷伯菌等均有一定的抑制作用。

**结论** 采用本研究方法对抗菌肽进行分离提取具有一定的可行性。

## PU-1040

### 不同胎龄早产儿凝血及纤溶功能的研究分析

马汝飞<sup>1</sup>,李刚<sup>1,2</sup>

1.河南省人民医院,450000

2.郑州大学人民医院

**目的** 探讨不同胎龄早产儿的凝血功能、纤溶功能的变化特征及其临床意义

**方法** 将我院产科以及新生儿 ICU107 例单胎早产儿,早产儿按不同的胎龄分为早期早产儿组(胎龄 <32 周,33 例)、中期早产儿组(胎龄 32~35 周,39 例)和晚期早产儿组(胎龄 35~37 周,35 例)。另外选取足月新生儿组(胎龄 37~42 周)116 例作为对照组。比较上述四组的凝血功能指标凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、纤维蛋白原(FIB)和纤溶指标 D-二聚体的差异,并对这些指标与胎龄做相关性分析。

**结果** 早期早产儿组、中期早产儿组、晚期早产儿组与足月新生儿组相比,凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、纤维蛋白原(FIB)和 D-二聚体的结果差异均有统计学意义( $P<0.05$ ),早、中、晚期早产儿组间比较,的结果差异无统计学意义( $P<0.05$ ),而纤维蛋白原(FIB)和 D-二聚体的结果差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。早期早产儿组、中期早产儿组、晚期早产儿组的凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、D-二聚体与胎龄呈负相关( $r=-0.55$ 、 $-0.40$ 、 $-0.63$ ,均  $P<0.05$ ),早期早产儿组、中期早产儿组、晚期早产儿组的 FIB 与胎龄呈正相关( $r=0.56$ , $P<0.05$ )。

**结论** 早产儿出生早期凝血及纤溶功能与胎龄有密切关系,早产儿尤其是早期早产儿凝血功能尚不完善、纤溶亢进导致出血风险增加,临床应重视监测早产儿凝血功能和纤溶功能指标,以采取相应的措施改善早产儿的凝血功能。

## PU-1041

## 类风湿关节炎患者血清炎症因子 IL-6 和 TNF- $\alpha$ 的水平测定及临床意义

吴琼,易斌

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 检测类风湿性关节炎(RA)患者血清中 IL-6 和 TNF- $\alpha$  的水平,探讨 RA 患者血清 IL-6 和 TNF- $\alpha$  的水平变化及临床意义。

**方法** 采用化学发光法对 195 例 RA 患者和 47 例健康体检者血清中的 IL-6 和 TNF- $\alpha$  水平进行检测,分析其与抗环瓜氨酸肽(CCP)抗体、血沉(ESR)、类风湿因子(RF)及 C 反应蛋白(CRP)表达的相关性,并对 RA 患者治疗前后血清 IL-6 和 TNF- $\alpha$  水平进行比较。

**结果** RA 患者组血清 IL-6 $[(29.87\pm 62.41)\text{pg/ml}]$ 和 TNF- $\alpha$  $[(21.34\pm 29.35)\text{pg/ml}]$ 的水平均显著高于正常对照组 IL-6 $[(2.40\pm 0.77)\text{pg/ml}]$ 和 TNF- $\alpha$  $[(5.87\pm 1.23)\text{pg/ml}]$ ,差异具有统计学意义( $P$  均 $<0.01$ )。RA 患者血清 IL-6 与 ESR 及 CRP 水平均呈正相关( $P$  均 $<0.01$ ),与抗 CCP 抗体及 RF 水平无相关性( $P$  均 $>0.05$ );TNF- $\alpha$  与 ESR、CRP 及 RF 水平均呈正相关( $P$  均 $<0.01$ ),与抗 CCP 抗体无相关性( $P>0.05$ )。RA 患者治疗后血清 IL-6 水平明显低于治疗前,差异具有统计学意义( $P<0.05$ ),而治疗后血清 TNF- $\alpha$  水平与治疗前相比,差异无统计学意义( $P>0.05$ )。通过比较 ROC 曲线下面积大小,血清 IL-6 对 RA 的诊断效能和 TNF- $\alpha$  接近,敏感性分别为 77.4%、81.5%,特异性分别为 97.9%、93.6%。

**结论** RA 患者血清中的 IL-6 和 TNF- $\alpha$  水平明显升高,检测 RA 患者血清 IL-6 和 TNF- $\alpha$  水平,对类风湿关节炎的诊断及病情活动性判断具有重要的临床价值。

## PU-1042

## 血清 25(OH) $_2$ D $_3$ 水平与 2 型糖尿病大血管病变的相关性研究

吴琼

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨血清 25(OH) $_2$ D $_3$  水平与 2 型糖尿病大血管病变的相关性以及研究大血管病变的危险因素。

**方法** 选取 2016 年 7 月到 2017 年 2 月中南大学湘雅医院共 171 例确诊为 2 型糖尿病患者,根据大血管病变程度分为无血管病变( $n=47$ )、血管出现斑块( $n=49$ )、血管硬化( $n=75$ )3 组,搜集患者临床资料,并检测患者血清 25(OH) $_2$ D $_3$  水平以及糖化血红蛋白、血糖、尿微量白蛋白与尿肌酐比值、甲状旁腺激素、尿酸、D-二聚体、LDL、HDL、TG、TC 水平。

**结果** 血清 25(OH) $_2$ D $_3$  随着 2 型糖尿病大血管病变程度加深而降低,且三组差异有统计学意义( $P<0.05$ )。同时,血清 25(OH) $_2$ D $_3$  水平与尿微量白蛋白/尿肌酐( $r=-0.213$ ,  $P=0.001$ )、甲状旁腺素( $r=-0.278$ ,  $P=0.001$ )呈负相关。糖尿病病程、年龄、高血压病史、BMI、尿酸为糖尿病大血管的危险因素( $OR>1$ ),血清 25(OH) $_2$ D $_3$  为保护性因素( $OR<1$ )。

**结论** 血清 25(OH) $_2$ D $_3$  水平与 2 型糖尿病大血管病变发生呈明显负相关,25(OH) $_2$ D $_3$  是 2 型糖尿病大血管病变的保护因素。



## PU-1043

## 血清 Lp-PLA<sub>2</sub>、HDL/TC 联合检验在冠心病患者 诊断中的临床价值评价

冯斯斯

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨冠心病的影响因素及对脂蛋白相关磷脂酶 A<sub>2</sub>(Lp-PLA<sub>2</sub>)、高密度脂蛋白/总胆固醇(HDL/TC)联合检验在冠心病患者临床诊断中的价值进行评价。

**方法** 选取冠心病患者 60 例作为冠心病组,健康体检者 30 例作为对照组。收集患者临床资料,检测其血清甘油三酯(TG)、低密度脂蛋白(LDL)、HDL/TC、Lp-PLA<sub>2</sub> 水平及冠心病病变程度,并分析其相关性。应用多元 Logistic 回归分析预测冠心病的独立危险因素,应用 ROC 曲线评价 HDL/TC 和 Lp-PLA<sub>2</sub> 对冠心病的诊断价值。

**结果** 与对照组比较,冠心病组 LDL、HDL/TC、Lp-PLA<sub>2</sub> 水平差异明显,有统计学意义( $P$  均  $<0.05$ )。冠心病组中,根据 Syntax 评分而区分的 I 组 16 例(0~30 分)、II 组 26 例(30~60 分)、III 组 18 例( $>60$  分)患者的 LDL、HDL/TC、Lp-PLA<sub>2</sub> 水平差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); I 组与 II 组患者相比,LDL 不具有统计学意义( $P=0.127$ ),而 HDL/TC、Lp-PLA<sub>2</sub> 差距则具有统计学意义( $P<0.05$ ); I 组与 III 组, II 组与 III 组相比,LDL、HDL/TC、Lp-PLA<sub>2</sub> 差距均具有统计学意义( $P<0.05$ )。在有序多元 Logistic 回归中发现, HDL/TC、Lp-PLA<sub>2</sub> 分别是冠心病的独立危险因素( $P<0.05$ )。Lp-PLA<sub>2</sub>、HDL/TC 诊断冠心病的 AUC 分别为 0.883、0.909,联合检测 AUC 为 0.942( $P<0.05$ )。

**结论** Lp-PLA<sub>2</sub>、HDL/TC 分别作为冠心病的独立影响因素,联合检验对于冠心病诊断具有重要的临床意义。

## PU-1044

## 154 例下呼吸道感染病原体基因情况调查分析

张敏,葛廷,冯东,宋光波

新乡市第一人民医院,453000

**目的** 探讨下呼吸道感染常见病原体基因的分布及临床应用价值。

**方法** 收集疑似下呼吸道感染患者的深部痰液 采用病原体核酸恒温扩增芯片法进行检测,并对检测结果进行分析。

**结果** 218 例呼吸道感染患者标本中,检出呼吸道病原体阳性标本 102 例,总阳性率为 43.22%,检出阳性病原体基因 154 例。13 种常见呼吸道病原体基因中,共检出呼吸道病原体 12 种。13 种病原体以混合感染为主,其中大肠埃希菌、嗜麦芽窄食单胞菌、肺炎支原体和肺炎衣原体未见单一感染,均与其他呼吸道病原体混合感染存在。检出阳性率最高的病原菌依次为肺炎克雷伯菌阳性率最高,阳性率 30.39%(31/102),耐甲氧西林葡萄球菌,阳性率 27.45%(28 / 102),鲍曼不动杆菌阳性率 24.51%(25/102),嗜肺军团菌未检出。

**结论** 呼吸道病原体核酸恒温扩增芯片法具有快速、灵敏、高效、特异及病原体覆盖面广的优势,可对临床提供快速可靠的实验室诊断依据。

## PU-1045

## 2015—2018 年广州 406 例登革热共感染临床特征分析

谢争华<sup>1</sup>,刘朵朵<sup>2</sup>,唐诗欢<sup>1</sup>,袁颖<sup>1</sup>,陈月<sup>3</sup>,陈满君<sup>1</sup>,丁细霞<sup>1</sup>,余楠<sup>1</sup>

1.南方医科大学珠江医院,510000

2.南方医科大学南方医院增城分院

3.广州军区疾病预防控制中心

**目的** 分析 2015—2018 年广州市登革热病例的寨卡病毒 (Zika virus, ZIKV)、基孔肯雅病毒 (Chikungunya virus, CHIKV) 检测和登革病毒 (dengue virus, DENV) 共感染情况进行筛查, 了解三种病毒以及 DENV 不同血清型共同感染的情况。

**方法** 以珠江医院 2015—2018 年收治的 406 例登革热患者为研究对象, 采用聚合酶链式反应法对部分标本进行 ZIKV、CHIKV 检测和 DENV 血清型鉴定并总结登革热患者临床特征。

**结果** 检测 380 例登革热患者 ZIKV 和 CHIKV 核酸, 结果均为阴性, 未发现三种病毒共感染病例。96 例登革热患者血清进行 DENV 血清型检测, 69 例阳性, 分别是 DENV-1 型 58 例 (84.1%), DENV-2 型 10 例 (14.5%), DENV-3 型 1 例 (1.5%), DENV-4 型未检出, 未发现 DENV 不同血清型共感染病例。406 例登革热患者中, 普通登革热和重症登革热分别是 371 例 (91.4%) 和 35 例 (8.6%), 临床表现以发热、乏力、皮疹为主, 实验室检查结果主要是白细胞和血小板减少。

**结论** 2015—2018 年的 406 例登革热患者中未发现合并 ZIKV 或 CHIKV 感染及 DENV 不同血清型共感染者。登革热患者以普通登革热和 1 型感染为主。

## PU-1046

## Clinical significance of serum HE4, CA125, CA724 and CA19-9 in patients with endometrial cancer

Jing Bian

Department of Laboratory, The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To evaluate the utility of several tumor markers HE4, CA125, CA724 and CA19-9 as potential markers in patients diagnosed with endometrial cancer(EC).

**Methods** Blood samples from 105 patients with endometrial cancer(EC) and 87 healthy women were analyzed and serum values were measured for the following biomarkers: HE4, CA125, CA724 and CA19-9.

**Results** Serum HE4, CA125, CA724 and CA19-9 concentrations were significantly higher in the EC patients compared with healthy controls ( $p < 0.001$ ). In the receiver operating characteristic analysis (ROC), the area under the curve (AUC) values for combination of HE4, CA125, CA724 and CA19-9 was 82.1% (95% confidence interval, 75.3%-86.2%), the maximum area of the test groups. In the single biomarker, HE4 had higher sensitivity (58%), PPV (60%) and NPV (67%), in the combination of HE4, CA125, CA724 and CA19-9, the sensitivity and PPV reached 59.1% and 88% respectively. HE4 and CA125 were both correlation with advanced age, in addition, HE4 was related with pathology subtypes and positive adnexal involvement, CA125 was related with FIGO stage, CA19-9 was related with FIGO stage and CA72-4 was connected with positive lymph node.

**Conclusions** Combination of HE4, CA125, CA724 and CA19-9 has the highest value in diagnosing EC, they can be used as prognostic parameter for EC patients.

## PU-1047

## NLRC5 的缺失通过调控 CEACAM1 信号通路在小鼠的急性肾损伤中起到保护作用

李荃新,赵敬杰,袁超,王丽娜,刘玲,刘军莉

山东大学第二医院,250000

**目的** 急性肾损伤 (acute kidney injury, AKI) 是以快速肾功能恶化为特征的一种严重的临床综合征, 具有非常高的发病率和死亡率, 目前临床上仍没有治疗 AKI 的有效措施, 因此研究 AKI 的发病机制并寻找新的治疗靶点具有重要意义。NLRC5 作为 NOD 样受体家族中新发现的成员, 近些年来受到了广泛的关注。研究发现 NLRC5 可以通过结合 MHC I 类分子启动子上的特定区域来促进其的转录, NLRC5 还可以调控细胞的炎症反应、增殖以及纤维化等。本课题主要探究 NLRC5 在急性肾损伤中的作用及机制。

**方法** 本课题运用细胞、动物模型及临床标本, 借助体内外转染技术, 通过形态学、细胞和分子生物学、流式细胞术、激光共聚焦、和免疫共沉淀等方法明确 NLRC5 在急性肾损伤中的作用及机制。

**结果** NLRC5 基因敲除后明显降低小鼠急性肾损伤的血肌酐、尿素氮水平, 减少炎性细胞的浸润和肾小管细胞的凋亡, 从而对急性肾损伤起到保护作用。在机制研究中发现, 基因沉默 NLRC5 可以上调 CEACAM1 的蛋白水平, 一方面可以通过激活其下游的 ERK1/2 和 PI3K/Akt 信号通路减轻肾小管上皮细胞的凋亡, 另一方面 NLRC5 的缺失可以通过上调 CEACAM1 的表达抑制 CD4<sup>+</sup>T 细胞的浸润和激活, 通过两条途径减轻肾脏损伤。

**结论** 在急性肾损伤中, NLRC5 通过下调 CEACAM1 信号通路加重肾脏损伤。

## PU-1048

## 深部念珠菌感染的临床分布与药敏分析

陈霞<sup>1</sup>, 石楠<sup>2</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.湖南师范大学医学院医学检验技术系

**目的** 了解中南大学湘雅医院 2016 年 1 月至 2019 年 3 月期间深部念珠菌感染的临床分布情况和药敏实验结果的情况, 探讨中南大学湘雅医院深部念珠菌感染的总体情况及变化趋势, 为深部念珠菌感染的临床防治提供客观参考依据, 同时也为更大范围的深部念珠菌感染研究提供湘雅医院深部念珠菌感染系统、详细的监测资料。

**方法** 采用研究回顾性的调查分析方法, 收集 2016 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 31 日在中南大学湘雅医院诊断为深部念珠菌感染患者的临床信息以及实验室检查结果。对中南大学湘雅医院 2016 年 1 月至 2019 年 3 月间在无菌部位检出念珠菌的菌种分布、标本来源、患者所在科室分布情况、年龄分布情况以及药敏实验结果进行临床调查和分析, 以及 2016 至 2018 年这三年间全院在无菌部位检出的念珠菌的菌种变迁情况进行调查分析。

**结果** 白色念珠菌是深部念珠菌感染的主要病原菌, 但白色念珠菌所占的比例有下降的趋势, 某些非白色念珠菌的比例在不断上升; 检出深部念珠菌的标本以尿液标本为主; ICU 是检出深部念珠菌感染最多的科室; 氟康唑、伊曲康唑、伏立康唑等唑类药物的耐药率有明显的增高, 5-氟胞嘧啶仍然保持着较高的抗菌活性。

**结论** 2016 年至 2019 年, 中南大学湘雅医院深部念珠菌感染的菌群分布正在逐渐发生改变, 非白色念珠菌逐年增多, 念珠菌对氟康唑、伊曲康唑、伏立康唑等唑类药物的敏感性普遍降低。

## PU-1049

## A rapid clinical diagnosis and identification model for stroke

Yongyu Chen

West China Hospital of Sichuan University

**Objective** Stroke is a neurological injury disease with high fatality rate. Early and accurate typing diagnosis is of great significance for the treatment of stroke patients. This study aims to establish a rapid clinical diagnosis and identification model for ischemic stroke and hemorrhagic stroke in conjunction with electronic medical record information and laboratory indicators.

**Methods** We performed this cross-sectional study to construct the diagnostic models for stroke by using data and samples from West China Hospital of Sichuan University. We included 3604 patients with suspected stroke in the emergency department from July 2016 to January 2019, and then divided the patients into 1218 training samples and 2386 validation samples. We collected the laboratory examination results and electronic medical record information. Univariate analysis was used to screen out the indicators with statistical significance, and the characteristic was used to screen out the optimal indicators which could represent the grouping results. Combined the above two to obtain a set of variables that were meaningful for the differential diagnosis of stroke, and incorporate logistic regression to construct a differential diagnosis model and draw a nomogram.

**Results** The clinical model ultimately consisted of age, white blood cells (WBC), hypertension, fibrinogen (FIB), lactate dehydrogenase (LDH) and activated partial thromboplastin time (APTT). The model had excellent discriminated validity, and the area under ROC curve was up to 90.3%. The calibration curve display model was in good agreement with the actual results. The net benefit of the combined model would be better between threshold probabilities of 30~82% in DCA.

**Conclusions** The diagnostic model constructed by combining laboratory indicators and electronic medical record has good clinical value, which is expected to improve the clinical diagnosis level of ischemic stroke and hemorrhagic stroke, but it still needs a large sample size for further experimental verification.

## PU-1050

## 1969 例女性生殖道感染病原菌及药敏情况分析

陈霞

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 了解长沙地区女性生殖道感染病原菌分布和耐药情况,为临床治疗女性生殖道感染性疾病提供经验数据。

**方法** 收集本院 2016 年 12 月—2017 年 12 月妇产科门诊和住院共 1969 例怀疑有生殖道感染的女性患者的阴道分泌物和宫颈分泌物标本,分析其病原菌培养结果和药敏结果。

**结果** 1969 份标本中共培养出病原菌 778 株,支原体 307 株 (8.7%),其中细菌 375 株 (19.6%),真菌 93 株 (2.5%)。分离出的 778 株病原菌中以大肠埃希菌为主 (120 株,占 15.4%),其次为粪肠球菌 (51 株,占 1.4%)、白色念珠菌 (42 株,占 1.2%)、阴道加德纳菌 (39 株,占 1.1%)。其中大肠杆菌对氨苄西林、头孢唑啉、头孢呋辛和头孢曲松耐药明显,耐药率分别为 94.9%、86.3%、79.5%、81.2%;粪肠球菌对红霉素和四环素明显耐药,耐药率分别为 70.2%、85.1%;白色念珠菌均对 5-氟胞嘧啶和伏立康唑敏感,敏感率均为 100.0%,部分对氟康唑中介,少量对两性霉素 B 和伊曲康唑耐药,耐药率皆为 3.3%

**结论** 女性生殖道感染由多种病原体感染导致，其中以细菌性阴道炎（Bacterial vaginitis, BV）为主，其次为真菌性阴道炎。大肠埃希菌、粪肠球菌和白色念珠菌是湘雅医院女性生殖道感染的主要致病菌，并且有不同程度耐药的发生。

## PU-1051

### Worse liver damages in HCV/HIV coinfection than HCV monoinfection: linking to HIV-related oxidative stress

Xiangbo Huang<sup>1</sup>, Xiangbo Huang<sup>1</sup>

1.the first affiliated hospital of Zhengzhou University

2.the first affiliated hospital of Zhengzhou University

**Objective** HIV infection aggravates the progression of HCV liver damage in HIV/HCV-coinfected patients and the underlying pathogenesis is multifactorial. Although higher oxidative stress was frequently delineated in HIV or HCV monoinfection, the status of oxidative stress in HIV/HCV coinfection and its contribution to HCV liver damage are lack of understanding.

**Methods** A total of 363 HBsAg negative and anti-HCV positive FBDs from a village of central China were recruited in July 2005. Mortality rates of HCV monoinfection and HIV/HCV dual infection from 2005 to 2009 were calculated and compared. In 2009, a total of 282 anti-HCV positive subjects were follow-up visited, which included 102 HIV<sup>neg</sup> chronic HCV carriers, 76 HIV<sup>pos</sup> chronic HCV carriers, 56 HIV<sup>neg</sup> HCV resolvers, and 48 HIV<sup>pos</sup> HCV resolvers. 18 healthy adults from the same village were used as controls. The indexes of oxidative stress, including total glutathione (tGSH), oxidized glutathione (GSSG), reduced GSH, malondialdehyde (MDA), glutathione peroxidase (GSH-Px), and zinc, were analyzed. In order to determine the stages of liver disease and the influence of HIV infection on HCV liver damage, liver ultrasound examination was performed and APRI and FIB-4 indexes were calculated respectively.

**Results** The results showed that higher end-stage liver disease (ESLD)-related deaths in HIV/HCV coinfection than HCV monoinfection was found ( $p=0.027$ ). In addition, poorer liver ultrasound manifestation were presented in HIV<sup>pos</sup> subjects than HIV<sup>neg</sup> individuals, both in chronic HCV carriers and HCV resolvers ( $p<0.001$ ). HIV<sup>pos</sup> subjects had higher levels of serum tGSH ( $p<0.001$ ), MDA ( $p<0.001$ ), GSH-Px ( $p<0.05$ ), GSSG ( $p<0.001$ ) and reduced GSH ( $p<0.001$ ) than HIV<sup>neg</sup> individuals, both in chronic HCV carriers and HCV resolvers. HIV coinfection significantly decreased serum zinc levels in chronic HCV-infected subjects ( $p=0.017$ ) and HCV-resolved subjects ( $p=0.012$ ). HIV-infected patients with higher ALT/AST had higher serum GSSG levels than those with normal ALT/AST ( $p<0.05$ ). Also, HIV infection significantly increases APRI ( $p=0.008$  for chronic HCV group;  $p=0.002$  for resolved HCV group) and FIB-4 ( $p=0.014$  for chronic HCV group;  $p=0.027$  for resolved HCV group) indexes. Importantly, serum level of GSSG was positively correlated with APRI and FIB-4 indexes in HIV<sup>pos</sup> individuals ( $p<0.001$  for both).

**Conclusions** The present study indicated that HIV infection accelerated HCV liver damages in chronic HIV/HCV-coinfected patients. The increased oxidative stress, mainly induced by HIV coinfection, was involved in aggravated liver damage in HIV/HCV-coinfected patients.

## PU-1052

## 耐碳青霉烯肠杆菌科细菌分析

牛瑜

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过分析近三年（2016 年-2018 年）本院耐碳青霉烯肠杆菌科细菌（CRE）的菌株分布、科室分布、分离比率趋势，为临床合理用药提供依据，避免滥用抗菌药物。

**方法** 根据临床标本采集部位，分离可能病原菌，使用 MicroScan Walkaway-96 Plus 全自动细菌鉴定及药敏分析仪进行鉴定和药敏试验，收集菌株及药敏信息，使用 WHONET 5.6 软件统计，分析耐碳青霉烯肠杆菌科细菌的菌株分布、科室分布、分离比率趋势。

**结果** 近三年共分离 338 株 CRE 菌株，其中肺炎克雷伯菌 233 株，产气肠杆菌 57 株，大肠埃希菌 25 株，阴沟肠杆菌、粘质沙雷菌、雷氏普罗威登斯菌均 6 株，潘尼变形杆菌 2 株，弗劳地枸橼酸杆菌、产酸克雷伯菌、摩根摩根菌均 1 株。CRE 菌株分离率逐年增高，分别为 5.3%、6.7%和 10.9%，其中以肺炎克雷伯菌分离率升高最为明显，分别为 10.7%、13.4%和 21.5%。CRE 的科室来源主要为重症医学科、呼吸内科、神经外科、神经内科、急诊科和老年医学科。CRE 标本来源依次为痰液 191 株、尿液 74 株、血液 26 株、分泌物 12 株、引流液 9 株、其他共 26 株。

**结论** CRE 分离菌株数和分离率均呈逐年增高趋势，且增高大幅上升，其中以肺炎克雷伯菌最为明显。CRE 菌株来源科室广泛，并且可导致呼吸道感染、泌尿道感染、血流感染等多部位感染，已成为临床最为惧怕的病原菌种类。CRE 菌株的出现且快速增多，不仅与细菌自身遗传变异性相关，而且更与临床不合理应用抗菌药物、院内感染有关，临床科室迫切需要规范使用抗菌药物、做好院内感染防范措施，遏制耐药形势进一步加剧。

## PU-1053

## UHRF1 在 FSGS 中的作用及机制研究

李荃新,刘军莉,刘玲,袁超,王丽娜,赵敬杰

山东大学第二医院,250000

**目的** 局灶性节段性肾小球硬化（FSGS）病理生理机制尚不明晰，但肾小球足细胞损伤是促进其发生发展的重要始动因素。最新研究表明，UHRF1 参与肾脏疾病的发生。表观遗传调节因子 UHRF1 是 DNA 甲基化和组蛋白泛素化的调控因子，在胚胎的发育及肿瘤的发生中扮演重要角色，但在肾脏疾病中的作用知之甚少。我们前期工作证实，UHRF1 在 FSGS 足细胞中表达显著降低并加重足细胞损伤，过表达 UHRF1 明显减少足细胞凋亡并抑制 Notch1 的表达。本课题探究 UHRF1 在 FSGS 中的作用及调控机制。

**方法** 本课题运用 cre-loxp 技术构建足细胞 UHRF1 敲除小鼠等手段深入研究 UHRF1 在 FSGS 足细胞损伤中的作用及探讨自噬信号通路在足细胞中的分子调控机制；并进一步以腺相关病毒为载体过表达 UHRF1 作为 FSGS 治疗手段的初步探究。

**结果** UHRF1 在 FSGS 肾脏组织中表达降低，敲除 UHRF1 可以进一步加重阿霉素诱导的肾脏损伤，过表达 UHRF1 可以减轻在 FSGS 足细胞损伤，UHRF1 可以通过调控足细胞的自噬水平调控足细胞损伤。

**结论** 在 FSGS 中，UHRF1 的缺失通过调控足细胞自噬加重足细胞损伤，UHRF1 可能作为 FSGS 治疗的潜在靶点。

## PU-1054

## Novel ALK inhibitor AZD3463 inhibits neuroblastoma growth by overcoming crizotinib resistance and inducing apoptosis

Yongfeng Wang, Liang Ming  
The first affiliated hospital of Zhengzhou University

**Objective** ALK receptor tyrosine kinase has been shown to be a therapeutic target in neuroblastoma. Germline ALK activating mutations are responsible for the majority of hereditary neuroblastoma and somatic ALK activating mutations are also frequently observed in sporadic cases of advanced NB

**Methods** Crizotinib, a first-line therapy in the treatment of advanced non-small cell lung cancer (NSCLC) harboring ALK rearrangements, demonstrates striking efficacy against ALK-rearranged NB. However, crizotinib fails to effectively inhibit the activity of ALK when activating mutations are present within its kinase domain, as with the F1174L mutation.

**Results** Here we show that a new ALK inhibitor AZD3463 effectively suppressed the proliferation of NB cell lines with wild type ALK (WT) as well as ALK activating mutations (F1174L and D1091N) by blocking the ALK-mediated PI3K/AKT/mTOR pathway and ultimately induced apoptosis and autophagy. In addition, AZD3463 enhanced the cytotoxic effects of doxorubicin on NB cells. AZD3463 also exhibited significant therapeutic efficacy on the growth of the NB tumors with WT and F1174L activating mutation ALK in orthotopic xenograft mouse models.

**Conclusions** These results indicate that AZD3463 is a promising therapeutic agent in the treatment of NB.

## PU-1055

## 尿/脑脊液蛋白检测试剂盒自主研制及性能评价

连丽丽, 王立强  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 对自主研制的尿/脑脊液总蛋白 (UCFP) 生化诊断试剂进行性能评价, 并与德国 SIEMENS 公司 UCFP 试剂盒进行可比性及偏倚评估。

**方法** 自主研发 UCFP 生化诊断试剂性能指标验证, 做精密度、正确度、分析测量范围、临床可报告范围和比对试验评价, 结果与最大允许误差比较, 判断检测系统的性能是否符合要求。

**结果** 研制 UCFP 试剂盒批内精密度  $CV < 2.5\%$ ,  $CV$  分别为低值样本  $1.09\%$ , 中值样本  $0.78\%$ , 高值样本  $2.24\%$ ; 中间精密度  $CV < 3.33\%$ ,  $CV$  分别为低值质控  $2.74\%$ , 高值质控  $1.51\%$ 。正确度验证结果相对偏倚  $< 5\%$ , 连续检测 2 次不同批号的 UCFP 校准品相对偏倚分别为  $1.72\%$ 、 $3.59\%$ 、 $1.19\%$ 、 $0.32\%$ 、 $2.02\%$ 。分析测量范围验证 UCFP 测定结果在  $0.0555 \sim 2.8725$  g/L 呈线性, 进行线性范围延伸后, 可使用的线性范围为  $0.0278 \sim 3.1598$  g/L。临床可报告范围验证各稀释浓度的测定均值和预期值线性回归方程:  $Y = 0.9946X + 0.0149$ ,  $R^2 = 1$ ,  $SDr = 0.0234$ ,  $CVr = 2.10\%$ , 平均稀释回收率  $= 1.062$ 。UCFP 最大稀释倍数为 20 倍, 临床可报告范围:  $0.0278 \sim 63.196$  g/L。比对试验样本数:  $N = 40$ , 与 SIEMENS 公司 UCFP 试剂盒比对相关系数  $R^2 = 0.9978$ , 回归方程:  $Y = 0.9835X + 0.0167$ , 平均百分比偏倚  $(\%) = 3.85\%$ 。

**结论** 自主研制 UCFP 试剂盒精密度、正确度、分析测量范围、临床可报告范围和比对试验评价验证结果均可接受, 能够满足临床需要。

PU-1056

## 液体活检与检验医学研究进展

常谦

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 从医学检验到检验医学的转变标志着检验的发展,也暗含着检验模式的转变。从以标本为中心、以检验数据为目的、封闭而孤立的操作方式,到以患者为中心、参与到临床诊断与治疗中,检验医学经历了革命性、里程碑式的转变。检验医学或临床检验诊断学必将在未来的医学当中发挥越来越重要的作用。本文就液体活检的研究对象、检测技术及其在临床上的应用发展和面临的挑战进行概述。

**方法** 从医学检验到检验医学的转变标志着检验的发展,也暗含着检验模式的转变。从以标本为中心、以检验数据为目的、封闭而孤立的操作方式,到以患者为中心、参与到临床诊断与治疗中,检验医学经历了革命性、里程碑式的转变。检验医学或临床检验诊断学必将在未来的医学当中发挥越来越重要的作用。本文就液体活检的研究对象、检测技术及其在临床上的应用发展和面临的挑战进行概述。

**结果** 从医学检验到检验医学的转变标志着检验的发展,也暗含着检验模式的转变。从以标本为中心、以检验数据为目的、封闭而孤立的操作方式,到以患者为中心、参与到临床诊断与治疗中,检验医学经历了革命性、里程碑式的转变。检验医学或临床检验诊断学必将在未来的医学当中发挥越来越重要的作用。本文就液体活检的研究对象、检测技术及其在临床上的应用发展和面临的挑战进行概述。

**结论** 从医学检验到检验医学的转变标志着检验的发展,也暗含着检验模式的转变。从以标本为中心、以检验数据为目的、封闭而孤立的操作方式,到以患者为中心、参与到临床诊断与治疗中,检验医学经历了革命性、里程碑式的转变。检验医学或临床检验诊断学必将在未来的医学当中发挥越来越重要的作用。本文就液体活检的研究对象、检测技术及其在临床上的应用发展和面临的挑战进行概述。

PU-1057

## 肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类药物的耐药分布情况、耐药机制及其相关性研究

李睿

成都中医药大学附属医院,610000

**目的** 探讨肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类药物的耐药分布情况、耐药机制及其相关性。

**方法** 2014年1月-2017年12月本院临床标本中分离出620株非重复的肺炎克雷伯菌,通过分析菌株的分子流行病学;运用药敏试验、改良Hodge方法、药敏试验检测碳青霉烯酶,运用EDTA复合纸片的双纸片协同法进行检测金属 $\beta$ -内酰胺酶,运用PCR以及耐药基因克隆测序法研究肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类药物以及其他抗菌素的耐药机制,运用质粒结合实验测定耐药基因的转移性。

**结果** 两2014年-2017年 $\beta$ -内酰胺酶的耐药发生率55.00%,头孢类、青霉素类以及氨基糖苷类药物等多种抗菌药物随着时间的推移耐药率呈上升趋势;耐药基因检测结果显示KPC-2的阳性率最高,为80.66%,其次为CTX-M-9,阳性率为70.00%;未检出NDM-1、DHA-1、SIM、SME;改良Hodge实验以及金属 $\beta$ -内酰胺酶检测结果显示620株肺炎克雷伯菌中改良Hodge实验阳性480株,占77.42%;金属 $\beta$ -内酰胺酶检测均为阳性;ERIC-PCR同源性分析指纹图谱结果显示,耐药肺炎克雷伯菌共四个亚型,以I型为主,共465株,占75.00%;II型75株,占12.10%;III型62株,占10.00%;IV型18株,占2.90%,为KPN30。



**结论** 本院肺炎克雷伯菌耐药以及多重耐药严重,以 KPC-2 为主,临床对细菌存在多种耐药基因积聚共存以及质粒的水平转移导致的耐药性散播提示我们应加强临床致病菌的检测,分析其关系,并阐述其流行病学特征。为临床指导用药以及控制肺炎克雷伯菌感染、流行提供理论依据,对临床预防以及治疗肺炎克雷伯菌感染意义深远。

## PU-1058

### 联合检测同型半胱氨酸、血清胱抑素 C 和尿微量白蛋白对 2 型糖尿病肾病 (DN) 早期诊断价值

汪海波,蒋黎,传良敏,钟佳伶,贺元  
四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 探讨联合检测同型半胱氨酸、血清胱抑素 C 和尿微量白蛋白对 2 型糖尿病肾病 (DN) 早期诊断价值。

**方法** 将 80 例 2 型糖尿病患者按糖尿病肾病诊断标准分为糖尿病肾病组 ( $n=38$ ) 与无肾损伤糖尿病组 ( $n=42$ ),另择 50 例健康人作为正常对照组。同时检测 3 个组的同型半胱氨酸、血清胱抑素 C 和 24 小时尿微量白蛋白含量,并分析比较三个组单项、两项及三项指标联合检测对 2 型糖尿病肾病的早期诊断价值。

**结果** 糖尿病肾病组同型半胱氨酸、血清胱抑素 C 和 24 小时尿微量白蛋白含量均显著高于无肾损伤糖尿病组和正常对照组 ( $P<0.05$ );同型半胱氨酸、血清胱抑素 C 和 24 小时尿微量白蛋白三项指标诊断 DN 的灵敏度分别为 46.7%、78.3% 和 76.1%,三项指标联合检测灵敏度达到 89.2%,显著高于任一单项和两项指标联合检测 ( $P<0.05$ );糖尿病肾病和糖尿病无肾损伤组分别与正常对照组的同型半胱氨酸水平比较,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 同型半胱氨酸、血清胱抑素 C 和尿微量白蛋白都是诊断早期 DN 比较敏感的指标,尤其是三者联合检测可以大大提高检测灵敏度,可作为 2 型糖尿病肾病患者肾损害早期诊断的重要指标。

## PU-1059

### 重症医学科分离菌株分布及耐药性分析

牛瑜  
山东大学第二医院,250000

**目的** 通过分析 2016 年-2018 年本院重症医学科分离菌株种类、来源分布、耐药性、多重耐药性,了解重症医学科细菌耐药情况,为科室抗感染治疗及院内感染防控提供理论依据。

**方法** 使用 MicroScan Walkaway-96 Plus 全自动细菌鉴定及药敏分析仪对临床分离菌株进行常规鉴定和药敏试验,收集其中重症医学科菌株及药敏数据信息,使用 WHONET 5.6 软件统计,分析重症医学科细菌种类分布、标本来源、细菌耐药性、多重耐药菌及多重耐药率。

**结果** 2016 年-2018 年重症医学科共分离菌株 1119 株,其中鲍曼不动杆菌 299 株,肺炎克雷伯菌 163 株、铜绿假单胞菌 121 株、嗜麦芽窄食单胞菌 84 株,屎肠球菌 76 株,大肠埃希菌 74 株,金黄色葡萄球菌 70 株。分离菌株标本来源主要为痰,其次为尿、血、引流液。分离耐碳青霉烯的鲍曼不动杆菌 287 株、铜绿假单胞菌 71 株、肠杆菌科细菌 53 株,碳青霉烯耐药率分别为鲍曼不动杆菌 96.0%、铜绿假单胞菌 58.7%、肠杆菌科细菌 15.1%;耐碳青霉烯的肠杆菌科细菌中肺炎克雷伯菌 42 株、大肠埃希菌 3 株、产气肠杆菌 3 株、雷氏普罗威登斯菌 4 株、粘质沙雷菌 1 株,碳青霉烯耐药率分别为肺炎克雷伯菌 25.8%、大肠埃希菌 4.1%、产气肠杆菌 16.7%、雷氏普罗威登斯菌 75.0%、粘质沙雷菌 7.7%。苯唑西林耐药的金黄色葡萄球菌 32 株,耐药率 45.7%。无万古霉素耐药的肠球菌。

**结论** 重症医学科鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌、肠杆菌科细菌对碳青霉烯耐药率及金黄色葡萄球菌对苯唑西林耐药率均居于较高水平, 这与科室患者基本情况、科室布局设置、抗菌药物使用情况息息相关, 迫切需要规范临床用药、避免院内感染, 从而改善科室患者治疗效果。

## PU-1060

# Association of polymorphisms of RAGE and S100B gene with Parkinson's disease in a Chinese Han population in Heilongjiang Province

Xiuli Su

Heilongjiang provincial hospital clinical laboratory

**Objective** Among neurodegenerative diseases, Parkinson's disease (PD), Alzheimer's disease (AD) and Multiple sclerosis (MS) are more common, the incidence and disability rate of PD are on the rise. Parkinson's disease (PD) is a common neurodegenerative disorder of unknown pathogenesis characterized by the loss of nigrostriatal dopaminergic neurons. RAGE was reported in 1992 and named terminal product receptor for advanced glycosylation. The main roles in neurodegenerative diseases are to mediate the interactions between neurons or glial cells and RAGE ligands, and to produce inflammatory reactions, chemotaxis and various cytotoxic effects. S100B protein, HMGB1, AGEs and AB peptide are currently known as the major ligands of RAGE. S100B can directly damage neurons and stimulate the activation of microglia cells, leading to the apoptosis of nerve cells.

The receptor for advanced glycation end-products (RAGE) and its ligand S100B have been implicated in PD. To investigate whether single nucleotide polymorphism (SNPs) in the RAGE and S100B genes are associated with sporadic PD susceptibility, we performed a case-control study in the Han Chinese population.

**Methods** Our research consisted of 192 patients with sporadic PD and 189 age- and sex-matched healthy controls. In total, 1 SNPs (G82S) in the RAGE gene and 5 tagSNPs (rs2300403, rs2839356, rs2839362, rs881827 and rs2239574) in the S100B gene were successfully determined using the polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) method and sequencing. Data were analyzed by the  $\chi^2$  test by SPSS 17.0, and the haplotypes were performed by Haploview 4.1.

**Results** In rs2239574 of S100B gene, compared with CC genotype and C allele, the TT genotype and T allele showed a decreased risk of PD ( $P = 0.012$ ,  $OR = 0.371$ , 95% CI: 0.167- 0.822;  $P = 0.036$ ,  $OR = 0.711$ , 95% CI: 0.517-0.979, respectively). Moreover, in rs2239574 of S100B gene, compared with CC genotype, the TT genotype showed a decreased risk in the late-onset PD group ( $P = 0.027$ ,  $OR = 0.381$ , 95% CI: 0.159- 0.914). Haplotype analysis of S100B showed that Crs2300403 Crs2839356 Crs2839362 Crs881827 Trs2239574 haplotype had a higher frequency in cases than in controls ( $P = 0.032$ ), whereas haplotype Trs2300403 Crs2839356 Crs2839362 Crs881827 Grs2239574 was significantly lower in cases than in controls ( $P = 0.001$ ). And none of other SNPs in the S100B and RAGE genes showed association with PD.

**Conclusions** These results indicated that S100B gene polymorphism may affect the risk of PD and some SNPs are associated with PD in a Chinese Han population in northeast China.

## PU-1061

## 自动化尿液常规分析流水线的智能化审核规则的多中心建立研究

王力<sup>1</sup>,郭野<sup>2</sup>,韩江<sup>3</sup>,金晶<sup>2</sup>,郑翠玲<sup>1</sup>,杨军霞<sup>3</sup>,徐佳<sup>2</sup>,王佳兴<sup>3</sup>,汪晓巍<sup>2</sup>,郝英英<sup>2</sup>,吴卫<sup>2</sup>,刘贵建<sup>3</sup>,崔巍<sup>1</sup>

1.中国医学科学院肿瘤医院,100000

2.中国医学科学院北京协和医院,100000

3.中国中医科学院广安门医院,100000

**目的** 由于尿液常规检测多涉及干化学分析、有形成分分析和显微镜检测三个环节,目前尿液常规检测结果仍多停留在传统的 100%人工审核阶段。本研究的目的是在复检规则基础上,建立自动化尿液常规分析流水线的智能化审核规则的,探讨尿液常规智能化审核的效率。

**方法** 4610 份尿液标本来自中国医学科学院北京协和医院、中国医学科学院肿瘤医院、中国中医科学院广安门医院门诊或住院患者,其中 895 份标本用于 UN2000 尿液分析流水线有形成分分析仪参考区间的建立,2803 份标本用于尿液分析流水线智能化审核规则(包括复检规则和人工审核规则)的建立,912 份标本用于验证智能化审核规则的有效性。使用相差显微镜进行人工显微镜镜检。

**结果** 应用尿干化学及尿有形成分分析白细胞与红细胞的结果级差对应关系、仪器新参数及异常报警提示,拟定白细胞审核规则 7 条、红细胞审核规则 8 条;应用尿干化学蛋白和尿有形成分分析管型的对应关系,拟定管型审核规则 4 条;以镜检结果为参考,对拟设规则的触发分析,确定复检规则为 7 条、人工审核规则为 9 条、检测后自动报告规则为 3 条。其中,复检规则的真阳性率、假阳性率、真阴性率、假阴性率(漏诊率)分别为 41.21%(1155/2803)、10.24%(287/2803)、44.24%(1240/2803)、4.32%(121/2803),复检率为 21.98%(616/2803);人工审核率为 35.71%(1001/2803)、自动审核通过率为 64.29%(1802/2803)。规则验证的假阴性率(漏诊率)、复检率、人工审核率、自动审核通过率分别为 4.50%(41/912)、21.60%(197/912)、40.68%(371/912)、59.32%(541/912),且通过不一致率(漏诊率)为 0。

**结论** 本研究建立的覆盖尿干化学、尿有形成分分析的智能化审核规则,在保证结果可靠性的同时,可提高审核效率。

## PU-1062

## 新生儿科血培养病原菌分布及耐药性分析

牛瑜,张旭华

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过分析三年内(2016 年-2018 年)本院新生儿科血培养病原菌菌株种类分布、耐药率、多重耐药性等,了解新生儿科主要病原菌及其耐药性,为新生儿科抗感染治疗提供理论基础。

**方法** 按照标本采集规范要求收集临床标本进行培养,使用 MicroScan Walkaway-96 Plus 全自动细菌鉴定及药敏分析仪对可能病原菌菌株进行常规鉴定和药敏试验,收集其中新生儿科血培养菌株及药敏数据信息,使用 WHONET 5.6 软件统计,分析病原菌菌株种类分布、耐药率、多重耐药性等。

**结果** 2016 年-2018 年新生儿科血培养中共分离菌株 241 株,其中以凝固酶阴性葡萄球菌占绝大多数,为 130 株;其次,肺炎克雷伯菌 33 株,大肠埃希菌 17 株,屎肠球菌 17 株,阴沟肠杆菌 8 株,产酸克雷伯菌、金黄色葡萄球菌、缓症链球菌各 5 株,其他 21 株。凝固酶阴性葡萄球菌和金黄色葡萄球菌  $\beta$ -内酰胺酶阳性率分别为 90.6%和 100%,苯唑西林耐药率分别为 73.4%和 40%,对万古霉素和利奈唑胺均敏感。肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌 ESBLs 阳性率分别为 60.6%和 35.3%,对厄他培南、亚胺培南、美罗培南的耐药率分别为 8.3%、3.0%、3.0%和 0、5.9%、

5.9%，对三代头孢菌素耐药率分别为 90.9%-100%和 11.8%-41.2%，对喹诺酮类耐药率分别为 0-18.2%和 35.3%。

**结论** 新生儿科血培养中以凝固酶阴性葡萄球菌为主，其中部分可能为污染菌，其次以肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌和屎肠球菌为主。凝固酶阴性葡萄球菌  $\beta$ -内酰胺酶阳性率和苯唑西林耐药率均高于金黄色葡萄球菌。肺炎克雷伯菌耐药性普遍高于大肠埃希菌，除外喹诺酮类，这与成人细菌耐药性相似。新生儿科由于患者年龄特殊性、用药限制性，可能导致可用药物耐药率上升且可能高于成人，给临床用药带来极大困难。

## PU-1063

### 尿液病原菌种类分布和耐药性

牛瑜,张旭华

山东大学第二医院,250000

**目的** 分析 2016 年-2018 年本院临床科室尿标本中病原菌的种类分布和耐药情况，为临床治疗尿路感染提供理论依据。

**方法** 按照标本采集规范要求收集清洁中段尿并定量接种培养，使用 MicroScan Walkaway-96 Plus 全自动细菌鉴定及药敏分析仪对可能病原菌进行鉴定和药敏试验，使用 WHONET 5.6 软件统计，分析尿液中病原菌菌株种类分布和耐药情况等。

**结果** 自 2016 年至 2018 年本院尿培养病原菌共计 2044 株，其中大肠埃希菌 857 株、屎肠球菌 315 株、肺炎克雷伯菌 190 株、粪肠球菌 89 株、奇异变形杆菌 81 株、铜绿假单胞菌 66 株等。尿液中碳青霉烯耐药的鲍曼不动杆菌 31 株、铜绿假单胞菌 14 株、肺炎克雷伯菌 50 株、大肠埃希菌 9 株、产气肠杆菌 15 株，碳青霉烯耐药率分别为 67.4%、21.2%、26.3%、1.1%、53.6%。万古霉素耐药的肠球菌 8 株，均为屎肠球菌，其中 5 株来源于南部院区老年病科。苯唑西林耐药的金黄色葡萄球菌 11 株，耐药率为 34.4%。

**结论** 尿液分离菌株以大肠埃希菌占绝大多数（41.9%），其次为屎肠球菌（15.4%）。碳青霉烯耐药率以鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌和产气肠杆菌较为严重。万古霉素耐药的肠球菌均为屎肠球菌，且主要分布于南部院区，可能与院内感染有关。随着诊疗技术的发展、方式的增多，增加了各类机会致病菌引起尿路感染的风险，应在各类治疗过程中注意无菌操作，并尽量避免院内感染的发生。

## PU-1064

### 糖化白蛋白在糖尿病肾病早期诊断中的应用研究

梁运来<sup>1</sup>,刘颖<sup>2</sup>,黄康康<sup>3</sup>,廖经忠<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.师范大学医学院

3.中南大学湘雅医学院

**目的** 探讨血清糖化白蛋白(GA)与糖尿病肾病(DKD)早期肾损伤的关系，分析其在 DKD 早期诊断中的临床应用价值。

**方法** 选取中南大学湘雅医院 2018 年 5 月至 2019 年 2 月 T2DM 患者 151 例，根据 UAER 结果将患者分为单纯 T2DM 组(UAER $\leq$ 30mg/24h)、早期肾损伤组(30mg/24h $\leq$ UAER $<$ 300mg/24h)和晚期肾损伤组(UAER $\geq$ 300mg/24h)，收集 41 例非糖尿病肾病患者作为病例对照组，并选取同期 42 例健康体检者为阴性对照组。采用酶法检测样本 GA，同时收录 UREA、CRE、HbA<sub>1c</sub>、UTRsF、GFR、 $\alpha$ 1MG、 $\beta$ 2MG 等多个临床指标及患者一般资料(包括病程、年龄、性别及 BMI)，用 SPSS25.0 对各指标进行统计分析。

**结果** 早期肾损伤组 GA 水平显著高于晚期肾损伤组及单纯 T2MD 组的 GA 水平, 后两组又显著高于健康组及非糖尿病肾病组, 差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); 相关性分析结果显示, GA 与 MAU、HbA<sub>1c</sub>、UREA、UTRsF 等多项临床指标相关; 多元线性回归分析 GA 的影响因素, 最终引入方程的变量为 HbA<sub>1c</sub>, 得到回归方程  $Y=-4.004+3.547X(X=\text{HbA}_{1c})$ ,  $R^2=0.531$ ; Logisitc 回归分析显示, GA、MAU 为 DKD 早期肾损伤的危险因素; 受试者工作特征(ROC)曲线分析, 分两种情况进行, 第一种将健康组、单纯 T2DM 组、DKD 早期组进行比较, 发现 GA 诊断 DKD 早期肾损伤的能力尚佳,  $\text{AUC}^{\text{ROC}}=0.808$ , 其联合 CRE、GFR 后诊断效能大大提高( $\text{AUC}^{\text{ROC}}=0.882$ ); 第二种将 DKD 早期组、DKD 晚期组、非糖尿病肾病组进行比较, GA 在区分早期肾损伤与晚期肾损伤的能力亦可,  $\text{AUC}^{\text{ROC}}=0.822$ , 联合 CRE、GFR 效果更佳( $\text{AUC}^{\text{ROC}}=0.944$ ); 判别分析引入的变量为 ALB、GA、UREA 及 GFR, 得到最优判别公式为  $Y=-36.884+1.224X_1+0.553X_2+0.527X_3+0.096X_4(X_1 \text{ 为 ALB}, X_2 \text{ 为 GA}, X_3 \text{ 为 UREA}, X_4 \text{ 为 GFR})$ , 其可对 73.5% 的单纯 T2MD 患者、51.5% 的 DKD 早期肾损伤患者及 81.8 的 DKD 晚期肾损伤患者进行正确分类。

**结论** GA 可以作为 DKD 患者早期肾损伤的筛查潜在指标, 其联合 UREA 及 CRE 后对早期肾损伤的诊断具有较好的临床应用价值, 值得推广应用。

## PU-1065

### 中性粒细胞和单核细胞 VCS 参数在细菌感染性疾病 早期诊断中的应用价值

简子娟, 梁湘辉, 刘文恩  
中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 探讨中性粒细胞和单核细胞 VCS 参数在早期诊断细菌感染中的临床应用价值。

**方法** 利用 Beckman Coulter DxH800 血液分析仪分析 40 例血流感染患者、47 例局部感染患者和 69 例健康对照者的 WBC、NE% (中性粒细胞百分比) 和中性粒细胞、单核细胞的 VCS 参数, 对以上参数进行组间差异比较。绘制差异有统计学意义指标的 ROC 曲线, 计算灵敏度、特异性和 AUC 值。

**结果** 血流感染组和局部感染组与对照组比较时, MNV (中性粒细胞平均体积)、MNV-SD (中性粒细胞平均体积的标准差) 和 MMV (单核细胞的平均体积) 的差异均有统计学意义 ( $P<0.01$ )。中性粒细胞的光散射值只有 UMALS (高中位角光散射)、UMALS-SD 和 LMALS (低中位角光散射) 的差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。单核细胞的光散射值只有 MALS (中位角光散射)、LMALS 和 UMALS 的差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。血流感染组的 MNV、MNV-SD 和 MMV 值显著高于局部感染组 ( $P<0.01$ ), 可用于鉴别诊断。MNV 用于鉴别血流感染与局部感染的临界值为 155.5 时, 灵敏度和特异性分别为 0.85 和 0.723; MNV-SD 的临界值为 21.35 时, 灵敏度和特异性分别为 0.9 和 0.681; MMV 的临界值为 185.5 时, 灵敏度和特异性分别为 0.6 和 0.745。

**结论** 监测 MNV、MNV-SD 和 MMV 有利于细菌感染性疾病的早期诊断, 较 WBC 和 NE% 有更高的灵敏度和特异性, 且可为临床鉴别血流感染和局部感染提供实验室指标。

## PU-1066

## 血管紧张素转化酶在糖尿病早期肾损伤中的应用研究

梁运来<sup>1</sup>,黄康康<sup>2</sup>,刘颖<sup>3</sup>,易斌<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.中南大学湘雅医学院

3.湖南师范大学医学院

**目的** 观察血管紧张素转化酶（ACE）在糖尿病早期肾损伤中的变化情况，评估其联合血肌酐（SCr）、肾小球滤过率（GFR）、糖化血红蛋白（HbA1c）、血尿素氮（BUN）、白蛋白（Alb）等对糖尿病早期肾损伤的诊断价值。

**方法** 收集中南大学湘雅医院 2018 年 8 月至 2019 年 2 月健康体检者、单纯糖尿病患者、糖尿病肾病早期患者、糖尿病肾病晚期患者、单纯肾病患者共 191 例，各组均采用相应试剂盒检测 ACE 水平，同时收录患者肾功能相关指标，并进行统计学分析。

**结果** ACE 水平在糖尿病肾病早期组、糖尿病肾病晚期组、单纯肾病患者均有升高，与正常组及单纯糖尿病组比较差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；在肾功能指标中，ACE 与 GFR、UmALB、BUN、URBP、SCr 在  $P < 0.01$  水平上相关，与性别、HbA1c、Alb、a1-MG、UTRsF、CysC 在  $P < 0.05$  水平上相关。多元线性回归分析 ACE 的影响因素得到的线性回归方程为： $Y = 12.828 - 0.181X_1 + 1.98X_2 - 7.389X_3 + 0.004X_4 + 0.398X_5$ （ $X_1$ :eGFR； $X_2$ : HbA1c； $X_3$ :性别； $X_4$ :UmALB； $X_5$ :Alb）， $R^2 = 0.647$ 。二元 Logistic 线性回归分析显示 ACE 为糖尿病早期肾损伤的独立危险因素（ $P = 0.008$ ）；ACE、UmALB、ALB 单独诊断早期 DN 的 ROC 曲线下面积（AUC）分别为 0.713、0.844、0.863，ACE 分别与 UmALB 和 ALB 联合的 AUC 为 0.863 和 0.925，ACE 与两者联合的 AUC 为 0.900；

**结论** ACE 在诊断糖尿病早期肾损伤中具有重要意义，在联合 ALB 后诊断糖尿病肾病早期肾损伤的效能进一步提高，具有较好的临床应用价值。

## PU-1067

## 高密度脂蛋白、PLR 及 NLR 在冠心病患者中的相关性研究

简子娟,梁湘辉,刘文恩

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨血小板淋巴细胞比值（PLR）和中性粒细胞淋巴细胞比值（NLR）与高密度脂蛋白胆固醇（HDL-C）水平在冠心病（CAD）患者中的相关性

**方法** 选择 237 位经冠状动脉造影证实为冠心病患者作为研究对象，测定其高密度脂蛋白水平、中性粒细胞计数、淋巴细胞计数和血小板计数等指标，计算血小板淋巴细胞比值和中性粒细胞淋巴细胞比值，并利用统计学方法分析 PLR 和 NLR 与 HDL-C 水平的相关性。

**结果** 在 44 例稳定型心绞痛（SAP）患者中，低水平 HDL-C 组的 WBC 计数、NEU 计数和 NLR 显著高于正常水平 HDL-C 组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；在 99 例急性冠脉综合征（ACS）患者中，低水平 HDL-C 组和正常水平 HDL-C 组的各血细胞参数差异均无统计学意义；在 94 例缺血性心肌病（ICM）患者中，低水平 HDL-C 组的 PLT 计数和 PLR 显著高于正常水平 HDL-C 组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。低水平 HDL-C 冠心病患者血清 HDL-C 水平与 NLR 和 PLR 均呈负相关（ $r$  分别为 -0.381 和 -0.181， $P < 0.05$ ），而 NLR 与 PLR 呈正相关（ $r = 0.677$ ， $P < 0.05$ ）；正常水平 HDL-C 冠心病患者血清 HDL-C 水平与 NLR 和 PLR 均不存在相关性，而 NLR 与 PLR 呈正相关（ $r = 0.816$ ， $P < 0.05$ ）。

**结论** 低水平 HDL-C 的稳定型心绞痛患者的 NLR 显著升高；而低水平 HDL-C 的缺血性心肌病患者的 PLR 显著升高；低水平 HDL-C 冠心病患者血清 HDL-C 水平与 NLR 和 PLR 均呈较低负相关。

## PU-1068

### NUCB2 蛋白在鼻咽癌发生中的作用 及临床应用研究

梁运来, 易斌  
中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 研究 NUCB2 蛋白在鼻咽癌发生中的作用及临床应用价值。

**方法** 采用蛋白印迹法 (Western Blotting) 检测高分化鼻咽癌细胞系 CNE1 和低分化鼻咽癌细胞系 CNE2 中 NUCB2 蛋白表达水平, 并与正常鼻咽上皮细胞 NP69 进行比较; (2) 病毒感染法将 NUCB2 特异性 siRNA 载体和空白载体分别转染 CNE2 细胞, 脂质体转染法将 NUCB2 表达载体和空白载体分别转染 CNE1 细胞, 建立稳定转染细胞系; (3) Western Blotting 检测细胞中 NUCB2 蛋白表达水平; MTT、EdU 法检测细胞增殖能力; 平板克隆法检测细胞形成克隆能力; (4) 收集鼻咽癌初诊患者和对照组的组织和血清标本, 免疫组化检测组织中 NUCB2 蛋白的表达, ELISA 检测血清 NUCB2 含量。 (5) 采用 SPSS19.0 统计软件进行数据分析。

**结果** 1) CNE2 细胞中 NUCB2 的表达水平明显高于 CNE1 细胞及 NP69 细胞; (2) 建立了 NUCB2 低表达的 CNE2 细胞系、NUCB2 高表达的 CNE1 细胞系及其空白载体稳定转染细胞系;

(3) 与空白载体转染的 CNE2 细胞和未转染 CNE2 细胞比较, 特异性 siRNA 转染的 NUCB2 低表达 CNE2 细胞的增殖能力降低; 与空白载体转染的 CNE1 细胞和未转染 CNE1 细胞比较, NUCB2 表达载体转染的 CNE1 细胞的增殖能力增强; (4) 免疫组化结果表明 NUCB2 蛋白在 NPC 组织中的表达显著高于炎症组织; (5) 血清学检测结果表明 NUCB2/Nefatin-1 蛋白在鼻咽癌患者血清中的水平显著高于头颈部肿瘤患者、鼻炎患者及正常体检者, 后三者之间则无显著差异。

**结论** (1) NUCB2 高表达促进鼻咽癌细胞的增殖; (2) NUCB2 在鼻咽癌患者组织及血清中高表达, 有望成为鼻咽癌临床诊断新的分子标志物。

## PU-1069

### 食管鳞癌中 MMP2、TIMP2 及 bFGF 的表达 及其临床意义

刘朝红, 邓建  
德阳市人民医院, 618000

**目的** 分析基质金属蛋白酶 2 (MMP2)、组织金属蛋白酶抑制剂 2 (TIMP2) 及人碱性成纤维细胞生长因子 (bFGF) 在食管鳞癌中的表达及其临床意义。

**方法** 选取 2017 年 3 月至 2018 年 3 月我院收治的食管鳞癌患者 120 例为研究对象, 以其病理确诊的石蜡标本为观察组, 取其癌旁正常组织 (距离癌组织 0.5~1cm) 为对照组, 应用逆转录-聚合酶链法 (RT-PCR) 测定其 MMP2、TIMP2 及 bFGF mRNA 相对表达量, 以 Western blotting 法检测 MMP2、TIMP2 及 bFGF 蛋白表达水平, 并分析 MMP2、TIMP2 及 bFGF 水平与临床病理参数的关系, 采用 Spearman 相关性分析法分析 MMP2、TIMP2 及 bFGF 的相关性。

**结果** 观察组 MMP2 及 bFGF mRNA 相对表达量高于对照组, 而其 TIMP2 mRNA 相对表达量低于对照组 ( $P < 0.05$ ); 观察组 MMP2、bFGF 蛋白表达阳性率明显高于对照组, 而 TIMP2 蛋白表达阳性率低于对照组 ( $P < 0.05$ ); 食管鳞癌患者中, MMP2、TIMP2、bFGF 蛋白表达阳性率与肿瘤浸润深度、分化程度、淋巴结转移、临床分期存在一定关系 ( $P < 0.05$ ); 相关性分析发现, 食

管鳞癌患者 MMP2、bFGF 表达水平与 TIMP2 表达水平呈负相关 ( $P<0.05$ )，而 MMP2 与 bFGF 表达水平呈正相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** MMP2、bFGF 在食管鳞癌患者中高表达，而 TIMP2 低表达，且三者与患者临床病理参数存在一定关系，可能参与食管鳞癌发生发展。

## PU-1070

### MicroRNA-10a targets CHL1 and promotes cell growth, migration and invasion in human cervical cancer cells

meijing long  
the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** MicroRNAs (miRNAs) play an important role in cancer initiation, progression and metastasis by regulating their target genes. Here, we found microRNA-10a (miR-10a) is upregulated in human cervical cancer and promotes the colony formation activity, migration and invasion of HeLa and C33A cells.

**Methods** Subsequently, CHL1 is confirmed as a target of miR-10a and is negatively regulated by miR-10a at mRNA and protein levels. Furthermore, knockdown of CHL1 expression results in increased colony formation activity, migration and invasion.

**Results** Finally, overexpression of CHL1 lacking the 3'UTR abolished the effects of miR-10a. Our results may provide a strategy for blocking tumor metastasis.

**Conclusions** Finally, overexpression of CHL1 lacking the 3'UTR abolished the effects of miR-10a. Our results may provide a strategy for blocking tumor metastasis.

## PU-1071

### 结核分枝杆菌耐多药基因及其检测新技术

朱庆义  
山西省儿童医院/山西省妇幼保健院,030000

**目的** 探讨结核分枝杆菌 (MTB) 耐药菌株，尤其是耐多药菌株的早期诊断及其耐药性检测的新技术，新方法。

**方法** 采用 WHO 提出的 Xpert MTB/RIF 系统检测 MTB 及其耐药基因，对肺结核及其可疑患者采集晨痰或肺泡灌洗液样本进行试验。

**结果** 2015 年世界卫生组织 (WHO) 报告全球感染结核病人 960 万，病例最多的三个国家是中国、印度和俄罗斯联邦，其中有 150 万人死于结核病，在新增结核病患者中，超过一半的结核病例 (54%) 发生在中国、印度、印度尼西亚、尼日利亚和巴基斯坦等国家。其中有 3.3% 的人患有耐多药结核病 (MDR-TB)。2014 年我国新发肺结核约 93 万例，仅次于印度和印度尼西亚，居全球第 3 位。采用 WHO 提出 Xpert MTB/RIF 系统检测 MTB，其敏感性和特异性分别达 94.59% 和 97.56%，在 2h 内可做出报告。

**结论** Xpert MTB/RIF 系统检测 MTB，具有快速诊断的实用价值。



## PU-1072

## 联合检测甲胎蛋白、甲胎蛋白异质体 3 与异常凝血酶原 对诊断原发性肝癌的应用价值

彭婉婵<sup>1</sup>, 吴尚军<sup>2</sup>, 廖经忠<sup>1</sup>

1. 中南大学湘雅医院, 410000

2. 湖南医药学院

**目的** 探讨血清中甲胎蛋白 (AFP)、甲胎蛋白异质体 3 (AFP-L3) 与异常凝血酶原 (PIVKA) 对原发性肝癌 (HCC) 的诊断价值。

**方法** 选取 2018 年 8 月至 2018 年 10 月某医院 39 例 HCC 患者、24 例肝硬化患者、18 例肝占位患者、12 例肝转移癌患者及 21 例健康体检人群采用免疫荧光法进行血清 AFP 与 PIVKA 检测, 并比较血清 AFP 与 PIVKA 水平在五组人群中的差异。收集 HCC 患者的临床与实验室资料, 统计分析 AFP、AFP-L3 及 PIVKA 与其它炎性指标、出凝血指标的联系, 并分析比较 HCC 患者有无乙肝病史对这三个指标的影响, 同时, 采用 ROC 曲线分析 AFP 与 PIVKA 这两个指标对 HCC 患者的诊断和预测价值。

**结果** HCC 患者的 AFP 与 PIVKA 浓度均远高于其他病例对照组与正常对照组, 差异具有显著性 ( $p < 0.05$ )。Spearman 相关性分析显示 AFP-L3 水平与 AFP ( $r = 0.409$ ,  $P < 0.01$ )、PIVKA ( $r = 0.358$ ,  $P < 0.05$ )、FIB ( $r = 0.357$ ,  $P < 0.05$ ) 及 DD ( $r = 0.373$ ,  $P < 0.05$ ) 均具有明显的正相关关系; PIVKA 与 ALT 呈负相关 ( $r = -0.391$ ,  $P < 0.05$ ), 与 PLT 呈正相关 ( $r = 0.381$ ,  $P < 0.05$ ); AFP-L3% 在有乙肝病史 HCC 患者的水平明显高于无乙肝病史 HCC 患者, 差异具有统计学意义。

AFP 与 PIVKA 联合检测 (敏感性 92.3%, 特异性 96.0%) 对于诊断 HCC 患者的诊断效能明显高于单独检测 AFP (敏感性 87.2%, 特异性 89.3%) 与 PIVKA (敏感性 76.9%, 特异性 89.3%)。

**结论** 血清 AFP 与 PIVKA 用于诊断原发性肝癌均有较高的敏感性和特异性, 两指标在早期原发性肝癌患者的血清学水平没有相关性, 而 AFP-L3 水平与这两指标均具有明显的正相关关系, AFP 与 PIVKA 联合检测能够明显提高早期原发性肝癌的诊断效率。

## PU-1073

## Antibiotic resistance surveillance of clinical isolates of *S. maltophilia* strains in Central South China Hospital from 2016 to 2018.

Yongwen Yang

Central South University Xiangya Hospital

**Objective** In this three-year study, our aim was to determine the evolution of drug resistance to *S. maltophilia* based on drug classification guidelines recommended by the Institute of Clinical and Laboratory Standards.

**Methods** A total of 1495 strains of *S. maltophilia* were separated from multifarious clinical specimens among January 2016 and December 2018. VITEK 2 Compact microbial system (Bio Mérieux, France) was used for speciation level identification and antibiotic sensitivity test.

**Results** One thousand four hundred ninety five of *S. maltophilia* strains were separated from sputum (70.5%) specimen types, Followed by bronchial (6.69%), blood (4.41%), broncho-alveolar lavage (3.61%), and wound (3.01%) samples from the rest of clinical specimens. Five hundred and fifty-three of *S. maltophilia* strains were separated from ICU department, 169 from neurosurgery ward, 116 from integrative Chinese and western medicine ward, 98 from general surgery ward, 79 from cadre ward, 76 from burn surgery ward, 66 from pediatrics ward, 59 from neurology ward and 279 from other clinical wards. The results of this study indicate that minocycline is considered

to be the most effective antibiotic for the treatment of *S. cerevisiae* with a drug resistance rate of 0.3%. From 2016 to 2018, the resistance rate of cefoperazone/sulbactam decreased from 20.8% to 16.9% among the three years, the resistance rate of trimethoprim-sulfamethoxazole decreased from 7.9% to 3.9%. The resistance rate of minocycline fluctuated in 0.5% between 0.7%. However, the resistance rate of levofloxacin from 7.7% increased to 9.5%.

**Conclusions** In this study, *S. maltophilia* can be detected in a variety of specimen types of different clinical departments, with the most detected in ICU patients and fluid specimens. Minocycline, sulbactam, levofloxacin were sensitive to *S. maltophilia*, but the situation of cefoperazone/sulbactam resistance was not optimistic. Therefore, we still need to strengthen the drug resistance monitoring, timely acquisition of *S. maltophilia* drug resistance changes, and actively take effective measures to deal with the drug resistance of *S. maltophilia*.

## PU-1074

### 肾病及相关疾病患儿 EB 病毒 DNA 检测分析

江杨华

郴州市第一人民医院, 423000

**目的** 了解肾病及相关疾病患儿外周血中 EB 病毒感染情况及病毒载量差异, 为伴 EB 病毒感染肾病及相关疾病患儿的防治提供理论依据。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 方法检测肾病及相关疾病患儿血中 EB 病毒含量, 并对检测结果进行统计学分析。

**结果** 肾病及相关疾病患儿 EB 病毒总感染率明显高于正常对照组, 且阳性患儿 EB 病毒的载量也明显更高, 但男女患儿之间均无明显差异; 不同肾病及相关疾病间 EB 病毒的感染率存在明显不同, 急性肾小球肾炎 EB 病毒的感染率最高, 高达 71.57%, 过敏性紫癜次之, 为 51.72%, 肾病综合征最低, 为 39.60%, 但不同疾病之间 EB 病毒的载量无明显差异; 不同疾病患儿中, EB 病毒感染且合并呼吸道疾病的发病率较高, 在不同肾疾病之间存在显著差异。

**结论** 在预防和治疗小孩肾病及相关疾病时, 将 EB 病毒的感染作为其中的引发因素之一进行考虑, 判断会更准确、效果会更好。

## PU-1075

### 呼吸道病原菌恒温扩增检测与 PCT, WBC 等关联研究

江杨华

郴州市第一人民医院, 423000

**目的** 探讨呼吸道病原菌恒温扩增检测与 PCT, WBC 等关联性研究。

**方法** 对 593 例合格的痰标本进行呼吸道恒温扩增检测, 同时抽取患者血液进行 WBC, PCT 指标检测, 对结核杆菌复合群检测为阳性的个体, 进行  $\gamma$  干扰素释放实验。

**结果** 采用呼吸道病原体恒温扩增系统进行检测样本数量为 593 个, 阳性样本数量为 394 个, 阳性率为 66.44%。PCT 与呼吸道核酸检测阳性的相关性高达 0.9885 ( $P < 0.05$ ), 表现为显著相关, WBC 与呼吸道核酸检测阳性的相关性高达 0.9946 ( $P < 0.01$ ), 表现为极显著相关, 7 例样本为结核杆菌复合群指阳性, 其中 2 例样本为  $\gamma$  干扰素释放实验阳性。

**结论** 恒温扩增芯片法可以联合 WBC 与 PCT 作为诊断感染性肺炎的敏感指标, 同时此法对结核杆菌复合群的检测比  $\gamma$  干扰素释放实验更灵敏, 特异性更强。

## PU-1076

## 不同采血方法进行血常规检验在临床中的研究

黄丹

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探讨通过末梢血和静脉血这两种不同采血方法进行血常规检验在临床中的应用

**方法** 选取入我院门诊部接受健康检查的 100 例体检者作为研究对象.通过数字随机表方法进行分组,分别设置为末梢采血组、静脉采血组,两组受检对象均为 50 例,两种不同采血方法均在早上 6 点左右,且确认体检者处于空腹的状态下进行,用专用仪器对两组受检对象在不同采血方法下采集血液样本血常规指标进行分析,分析指标包括血小板、血红蛋白、红细胞比容、红细胞计数、白细胞计数、平均红细胞体积(MCV)、平均红细胞血红蛋白含量(MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC),对两组受检对象以上指标的检出水平进行对比观察。

**结果** 静脉采血组受检对象血小板、血红蛋白、红细胞比容、红细胞计数均明显高于末梢采血组,两组数据对比差异显著, $P<0.05$ ,具有统计学意义;静脉采血组的白细胞计数明显低于末梢采血组标本的检验值( $P<0.05$ ),具有统计学意义;两种检测方法在 MCV、MCH、MCHC 方面比较无显著差异( $P>0.05$ ),无统计学意义。

**结论** 采取不同的血液采集方法,所检测的结果具有较大的统计学差异性。应用末梢采血方法进行采血分析的稳定性较差,检验结果准确性有一定缺陷,静脉采血方式用于血常规采血进行检验,其检验比较准确,可以给临床医学提供准备、科学的诊断依据,值得临床上推广血方法在血常规检出水平准确性方面更具优势,值得临床应用。

## PU-1077

## Microbiological Spectrum of community-acquired Brain Abscess in a tertiary-care hospital in Central South China: a 5-year retrospective study

Yanbing Li, Wen-en LIU, Ziqing Liu, Yiming Zhong, Fang Yang, Chen Xia, YAN Qun, Zou Mingxiang  
central south university xiangya hospital

**Objective** To retrospectively analysis microbiological spectrum of community-acquired Brain Abscess in a tertiary-care hospital in Central South China.

**Methods** Clinical isolates were identified by Matrix assisted laser dissociation ionization time mass spectrometry and automatic microbial identification system. Antibiotic susceptibility test was performed using the Kirby-Bauer disc diffusion method for Maximum antibacterial zone diameter or Broth microdilution method for Minimal inhibitory concentrations (MICs) according to the Clinical and Laboratory Standards Institute 2014 guidelines.

**Results** Eighty-three patients (63 males and 20 females) with community-acquired brain abscesses resulting from bacteria infection were identified over a period of 5 years. More than two-thirds patients were presented as single brain abscesses. The organisms most frequently involved were *Streptococcus viride*, including *Streptococcus constellatus*, *intermedius*, *anginosus*, *pyogenes* and *parasanguis*, which were associated with Congenital heart disease (CHD), Diabetes mellitus (DM) and Chronic otitis media/sinusitis underlying diseases. Other bacteria including *Nocardia*, *Mycobacteria tuberculosis* and *Cryptococcus neoformans*, which were associated with pneumonia and Autoimmune diseases (AID) underlying diseases. One or more infection lesions were found in pulmonary or intra-abdominal or urinary tract in 53 patients, and otogenic infection were found in 20 patients. Headache was the most common clinical manifestations, account for 69.88 percent. Fever, nausea or hemiplegia appeared in 20 percent of patients, other clinical manifestations such as disturbance of consciousness, Seizure, Speech

disturbance or Stiff neck appeared in about 10 percent of patients with Community-acquired brain abscesses. Although CT or MRI images were rapid means of diagnosing brain abscess, 22.89 percent of the 83 patients were highly suspected of being brain tumors. In total, eleven patients died, representing an overall mortality rate of 13.25 percent.

**Conclusions** Although CT or MRI images were rapid means of diagnosing brain abscess, characteristic indicators of imaging diagnosis of brain abscesses need to be found and improved. In light of the high mortality rate, early diagnosis and treatment is essential to maximize the chances of survival. Once community-acquired brain abscesses are diagnosed for CHD, DM and Chronic otitis media/sinusitis patients, a diagnosis of Streptococcus viride infection should be considered.

## PU-1078

### 禽呼肠孤病毒的溶瘤疗效和安全性及其在感染小鼠体内的动态分布

蔡瑞敏, 孟光源, 李毅, 王文洋, 赵书平, 冯强  
泰安市中心医院, 271000

**目的** 原发性肝癌是一项重大的公共卫生挑战, 尽管治疗方法有所改善, 但仍是全球第三大癌症死因。呼肠孤病毒已经成为一种潜在的抗癌药物, 正在经历多种临床试验, 据报道, 呼肠孤病毒可以以细胞凋亡的方式优先引起多种癌症的细胞死亡, 本研究验证禽呼肠孤病毒对肝细胞癌的治疗作用及其安全性, 并探究其在感染小鼠内的病毒动态分布。

**方法** 虽然较少的研究报道了禽呼肠孤病毒的溶瘤活性和安全性的有效性, 但在我们的研究中, 进行了 LDH 测定, MTT 测定, DAPI 染色和流式细胞术测定以证明禽呼肠孤病毒 (ARV) 对 HepG2 细胞的溶瘤作用。另外, 进行定量实时 PCR (qRT-PCR) 和动物实验以研究 ARV 在感染小鼠中的动态分布, 然后说明 ARV 的安全性和组织趋向性。

**结果** LDH 测定, DAPI 染色和流式细胞术测定符合 ARV 的治疗效果, MTT 测定表明 ARV 抑制 HepG2 细胞的增殖并显著降低其活力。qRT-PCR 显示 ARV 在感染小鼠中的动态分布, ARV 可能更好地复制并在肝、肾和脾组织中具有更强的溶瘤活性, 此外, 组织病理学检查明确支持 ARV 对正常宿主无致病性。

**结论** 我们的研究可能为治疗肝癌的新策略提供新的见解和理论基础。

## PU-1079

### AMPK $\alpha$ 2 缺失降低脂多糖诱导的 TNF- $\alpha$ 的分泌

张娜  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 细菌感染在慢性阻塞性肺疾病 (COPD) 发病和急性加重中起重要作用。脂多糖 (LPS) 诱导的肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ ) 分泌的经典通路是通过 Toll 样受体 (TLR) 和 NF- $\kappa$ B 信号介导, 但其具体的信号机制尚未明确。本研究旨在明确 AMPK 在 LPS 诱导的炎症因子 TNF- $\alpha$  的分泌过程中的作用。

**方法** C57/BL6 野生型和 AMPK $\alpha$ 2 $^{-/-}$  健康雄性小鼠均随机分为正常对照组和 LPS 组。LPS 组采用腹腔注射 LPS (3mg/kg), 对照组同时给予相等体积生理盐水, 1.5 小时后收集血清。酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测血清 TNF- $\alpha$  水平。分离培养野生型和 AMPK $\alpha$ 2 $^{-/-}$  雄性小鼠血液单核细胞, 给予 LPS (0.1 $\mu$ g/mL) 刺激, 蛋白免疫印迹法检测 AMPK 磷酸化水平, ELISA 检测细胞上清液 TNF- $\alpha$  分泌。培养人单核细胞性白血病细胞 (THP1), 在有或无 Compound C (10 $^{-5}$ M) 存在下给予 AICAR

( $10^{-4}\text{M}$ ) 刺激, 蛋白免疫印迹法检测 AMPK 磷酸化水平, ELISA 检测细胞上清液中 TNF- $\alpha$  水平。

**结果** LPS 组小鼠与对照组相比血清 TNF- $\alpha$  水平显著增加 ( $P<0.001$ )。给予 LPS 处理的 AMPK $\alpha 2^{-/-}$  小鼠血清 TNF- $\alpha$  显著低于 LPS 处理的野生型小鼠 ( $P<0.01$ )。小鼠单核细胞 AMPK $\alpha 2$  缺失抑制 LPS 诱导的 AMPK 磷酸化, AMPK $\alpha 2^{-/-}$  小鼠单核细胞与野生型小鼠单核细胞相比细胞上清液中 TNF- $\alpha$  显著降低 ( $P<0.05$ )。在 THP1 细胞上, Compound C 能够显著抑制 AICAR 诱导的 AMPK 的磷酸化, 抑制 AICAR 诱导的 TNF- $\alpha$  分泌 ( $P<0.05$ )。

**结论** AMPK 是参与 LPS 诱导的 TNF- $\alpha$  分泌过程的重要信号分子, AMPK 通过其磷酸化状态调节 LPS 诱导的 TNF- $\alpha$  分泌, AMPK $\alpha 2$  缺陷降低小鼠及单核细胞 LPS 诱导的 TNF- $\alpha$  分泌。

## PU-1080

### 恶性肿瘤患者血液总胆固醇和中性粒、淋巴细胞及其比值的临床价值

王文静, 李立和  
天津市宝坻区人民医院, 301800

**目的** 比较分析恶性、良性肿瘤患者和健康人群血液中总胆固醇, 中性粒、淋巴细胞及比值, 评价其对恶性肿瘤的临床价值。

**方法** 查阅我院信息中心数据库, 对 2012 年 12 月 25 日至 2017 年 4 月 30 日健康体检者、良性肿瘤患者 (病例分类号: D10~D36)、恶性肿瘤患者 (病例分类号: C00~C80) 病案, 分别统计其血液总胆固醇、中性粒细胞、淋巴细胞计数及其比值, 进行回顾性分析。检验数据用  $\pm s$  表示, 差异显著性用  $t$  检验和卡方检验。

**结果** 恶性肿瘤组总胆固醇 ( $4.54\pm 1.92\text{mmol/L}$ ) 与健康体检组 ( $5.06\pm 1.04\text{mmol/L}$ ) 比较, 差异有高度显著性 ( $t=12.16$ ,  $P<0.01$ ), 恶性肿瘤患者组胆固醇明显偏低, 但在壶腹周围癌组 ( $8.13\pm 3.72\text{mmol/L}$ )、胆总管癌组 ( $7.34\pm 1.45\text{mmol/L}$ ) 却显著高于健康体检组 ( $P<0.01$ ), 与结肠癌组的差异无显著性 ( $t=3.25$ ,  $P>0.05$ )。恶性肿瘤组与健康体检组在粒细胞计数, 淋巴细胞计数构成比比较中, 差异有高度显著性 ( $t=14.34$ ,  $P<0.01$ ), 而壶腹周围癌组的差异无显著性 ( $t=1.25$ ,  $P>0.05$ )。在肝癌、肝内转移癌、肺癌、肺内转移癌、胆总管癌患者组差异最为显著; 随着肝癌、肺癌病情的进展, 总胆固醇, NLR 差异更加明显。良性肿瘤组总胆固醇 ( $4.92\pm 1.45\text{mmol/L}$ ) 与健康体检组 ( $5.06\pm 1.04\text{mmol/L}$ ) 比较差异无显著性 ( $t=6.49$ ,  $P>0.05$ ), 胆囊息肉组 ( $5.49\pm 1.46\text{mmol/L}$ ) 显著性升高 ( $t=17.89$ ,  $P<0.05$ ); 两组的粒细胞计数, 淋巴细胞计数构成比统计, 差异无显著性 ( $t=3.83$ ,  $P>0.05$ )。

**结论** 血液总胆固醇, NLR 在恶性肿瘤状态评估中有重要临床价值。

## PU-1081

### 禽呼肠孤病毒治疗肝细胞癌的基因表达谱和分子相互作用途径

蔡瑞敏, 李毅, 王文洋, 冯强  
泰安市中心医院, 271000

**目的** 原发性肝癌 (PLC) 毫无疑问是一项重大的公共卫生挑战, 是全球癌症相关死亡的第二大常见原因, 禽呼肠孤病毒 (ARV) 目前作为抗癌疗法正在研究当中, 而基于 ARV 治疗肝细胞癌分子水平的研究机制基础知之甚少。本研究进行 RNA-seq 以研究实验组和对照组之间差异表达的基因 (DEG), 以进一步揭示这种新治疗模式背后的分子机制和生物标志物。

**方法** 我们利用微阵列数据分析肝癌标本中的 GRCh38 基因表达谱，进行基因本体论（GO），京都基因和基因组百科全书（KEGG）以及蛋白质 - 蛋白质相互作用（PPI）网络，并利用逆转录 - 定量聚合酶链反应对选择的基因进行验证。

**结果** 本研究共挑选出 181 个差异基因，其在显著富集到 GO 和 KEGG 途径中的包括细胞过程，细胞，结合，内质网中的蛋白质加工，MAPK 信号传导途径，细胞因子 - 细胞因子受体相互作用。此外，FOS，EGR2，IFIT2 和 AGTR1 被确定为 PPI 网络中的中心节点。

**结论** 本研究筛选出的 FOS，EGR2，IFIT2 和 AGTR1 可能是治疗肝细胞癌的潜在预后生物标志物和靶标。

## PU-1082

### Identify the new substrates of FBXW7 in colorectal cancer

Yuli Wang<sup>1</sup>, Pengju Zhang<sup>2</sup>, Jianhua Mao<sup>3</sup>, Guangwei Wei<sup>2</sup>

1.The Second Hospital of Shandong University

2.Shandong University School of Medicine

3.Life Sciences Division, Lawrence Berkeley National Laboratory

**Objective** FBXW7 (F-box and WD40 domain protein 7) functions as a substrate recognition subunit of the SCF E3 ubiquitin ligase complex to regulate a network of proteins with central roles in cell division, growth, and differentiation. FBXW7 has been characterized as a general tumor suppressor. FBXW7 mutation or deletion is often observed in human cancers. And loss of FBXW7 function results in tumorigenesis. Accumulating data indicate that FBXW7 exerts its antitumor function mainly through targeting oncoproteins for ubiquitination and proteasomal degradation. However, a detailed understanding of the full set of FBXW7 substrates is still lacking. The aim of the present study was to investigate the new substrates of FBXW7.

**Methods** In this study, we used proteomics approach to globally screen FBXW7-regulated proteins in colorectal cancer cells, and we first identified that EBP1 P48 is a substrate of FBXW7. Then we used CoIP, western blotting and IF assays to identify the interaction between FBXW7 and EBP1.

**Results** EBP1 P48 is significantly elevated in the FBXW7-deficient cells. And EBP1 P48 expression was negatively correlated with FBXW7 level in colon cancer tissues. Moreover, FBXW7 promotes the ubiquitination and proteasomal degradation of EBP1 P48 in a GSK3b-dependent manner. Then we tested the physical interaction between FBXW7 and EBP1 P48 and found that FBXW7 binds to EBP1 P48 through its WD domain. Next, we investigated the significance of individual site of EBP1 P48 for regulation by FBXW7 and found that the S40 and S44 sites of EBP1 P48 are responsible for the physical interaction with FBXW7 and for the FBXW7-mediated proteasomal degradation.

Moreover, we found that FBXW7 executes tumor suppression function at least partly through regulating EBP1 P48 level. In vivo results further demonstrated the critical role of EBP1 P48 in the colon cancer cell metastatic behavior induced by loss of FBXW7. EBP1 P48 was observed to be able to influence the activity of FBXW7. EBP1 P48 may suppress FBXW7-mediated substrate degradation through relocalizing FBXW7 to the cytosol.

**Conclusions** Our study uncovers a physical and functional relationship among FBXW7 and EBP1 P48. FBXW7 regulates EBP1 P48 expression. In turn, the activity of FBXW7 is regulated by EBP1 P48.

## PU-1083

## NICU 发生耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌感染的高危因素分析

覃淑萍,龙军,林宛颖  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 探究新生儿重症监护病房(NICU)中出现耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌感染的高危因素,为NICU耐碳青霉烯类肺炎克雷伯氏菌的预防及控制提供理论依据,为改善患儿预后提供理论参考。

**方法** 采用回顾性病例对照研究的方法,收集某三甲医院NICU中2012年1月-2017年8月256例血培养阳性并明确诊断为肺炎克雷伯菌感染的结果,其中61例感染耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌(CRKP),195例感染对碳青霉烯类抗生素敏感的肺炎克雷伯菌(CSKP),对患儿感染耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的危险因素进行单因素分析及多因素Logistic回归分析。

**结果** 通过秩和检验和卡方检验等统计学分析方法,发现患儿年龄、住院天数、黄疸、呼吸系统疾病、呼吸机使用、雾化治疗、留置导尿管、插胃管、手术、留置血管导管、输血和各类药物的使用包括三代头孢菌素、碳青霉烯类抗生素、青霉素类抗生素、抗真菌药物、糖皮质激素、镇静剂、氨茶碱等因素与NICU CRKP的发生显著相关;由多因素分析可知患儿年龄、住院时间、雾化治疗、留置血管导管、三代头孢菌素的使用、碳青霉烯类抗生素的使用和青霉素类抗生素的使用是患儿感染CRKP的独立危险因素。

**结论** NICU患儿对感染耐碳青霉烯类肺炎克雷伯氏菌具有较高的危险因素,临床医生在处理NICU患儿时应结合CRKP的高危因素来选择用药和处理方式,同时对NICU中CRKP感染高风险的患者进行定期监测,严格落实消毒隔离措施,降低患儿发生感染CRKP的机率,改善NICU患儿的预后。

## PU-1084

## Legionella qingyii sp. nov., isolated from water samples in China (ZHU QingYi)

WU Hai-Yan(吴海艳)<sup>2</sup>, QU Ping-Hua(屈平华)<sup>3</sup>, HU Chao-Hui(胡朝晖)<sup>1</sup>

1.广州金域医学检验中心,510000

2.广州医科大学金域检验学院

3.广东省中医院,510000

**目的** To detection 3 Legionella-like strains ( km488 T , km489 and km521 ) were isolated from freshwater samples in China.

**方法** To identification 3 Legionella-like strains (km488 T , km489 and km521 ) were isolated from freshwater samples in China were used culture assay , major fatty acids componential analysis , DNA-DNA probe hybridization , mip gene and whole genome sequences

**结果** Three Legionella-like strains ( km488 T , km489 and km521 ) growth was observed on BCYEa agar, The major fatty acids (>5%) of strains km488 T , km489 and km521 were C 16:0 , anteiso-C 15:0 , iso-C 16:0 and anteiso-C 17:0. The mip gene sequences (574 nt) showed with closely matched to L. gormanii ATCC 33297 T , but differentiated from their phylogenetic neighbours. The whole genome of km488 T was sequenced, and showed a G+C content of 37.8mol%.

**结论** Based on the findings from this polyphasic taxonomic study, the isolates are considered to represent a single novel species, for which the name Legionella qingyii sp. nov. is proposed. The type strain is km488 T (KCTC 15636 T =CCTCC AB 2018025 T =NRBC 113223 T ).

## PU-1085

## 血清总胆汁酸循环酶法理论分析与数学计算

李立和

天津医科大学宝坻临床学院

**目的** 根据酶动力学方程探讨总胆汁酸(TBA)循环酶测定原理。

**方法** 从酶动力学公式推导 TBA 工具酶特性及用量与循环次数,放大倍数,线性范围,反应信号的相互关系,并探讨国内试剂盒各项参数。

**结果** TBA 工具酶特性及用量决定了循环次数、放大倍数、线性范围与反应信号,国内几家试剂盒的循环次数为 50~129,其放大倍数为 150~512 倍,选择 10、50、180 $\mu$ mol/L 血清的吸光度变化为 0.003~0.134,与理论计算值基本相同。

**结论** 本研究对提高试剂盒质量、检验结果准确性与知识产权具有重要意义。

## PU-1086

## 乳腺炎患者金黄色葡萄球菌的耐药分析

谢莲

胜利油田中心医院,257000

**目的** 分析我院 5 年乳腺外科乳腺炎脓肿患者金黄色葡萄球菌的分离率、和药敏结果分析,为临床诊治提供参考。

**方法** 选取我院 2014 年 1 月-2018 年 12 月乳腺外科病房和门诊患者送检的乳腺脓液共 262 份标本进行细菌培养,采用 VITEK-2 compact 全自动微生物鉴定仪进行菌种的鉴定和药物敏感性测定。分离出 215 例细菌,对 176 例金黄色葡萄球菌按分离时间进行耐药率统计

**结果** 【结果】262 例哺乳期或非哺乳期急性乳腺炎患者脓性分泌物标本中,阳性标本 215 例,其中金黄色葡萄球菌 176 株,占 81.8%,其他菌株 39 株,占 18.1%。在 2014~2018 年间,金黄色葡萄球菌在急性乳腺炎患者菌株中的构成比的比率呈逐年上升的趋势。2018 年的构成比 2014 年有明显的增高。对青霉素及红霉素的耐药率逐年上升,由 2014 年的 84.6%和 61.5%上升到 100%和 81.8%。而克林霉素的耐药率呈逐年下降趋势,由 2014 年的 38.5%下降到 20%。对万古霉素、利奈唑胺、替加环素、喹奴普汀-达奴普汀耐药率最低,均为 0。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA) 29 例,检出率 16.4%。对青霉素、苯唑西林耐药达 100%

**结论** 金黄色葡萄球菌对青霉素和红霉素的耐药率较高,青霉素和红霉素不能作为治疗急性乳腺炎患者的首选药,对苯唑西林敏感率较高,经验用药首选  $\beta$ -内酰胺类由葡萄球菌引起的乳腺炎,但不能治疗 MRSA 引起的急性乳腺炎,由于 MRSA 具有多重耐药性,治疗 MRSA 引起的急性乳腺炎,应根据药敏结果选用敏感药物。



## PU-1087

## 慢性乙型肝炎患者血小板相关参数、AAR 及 APRI 的相关性研究

段梦夕

大连医科大学附属第一医院,116000

**目的** 探讨慢性乙型肝炎 (CHB) 患者血液中的血小板 (PLT) 相关参数、AST/ALT 比值指数 (AAR) 及 AST/PLT 比值指数 (APRI) 随不同 HBV DNA 病毒载量浓度的变化情况及相关性分析, 为临床诊治 CHB 提供实验室依据。

**方法** 选取 80 例 CHB 患者, 分为 HBV DNA 低、中、高浓度 DNA 载量 3 组, 以 40 名健康体检者作为正常对照组, 分别比较各组 PLT 计数、平均血小板体积 (MPV)、血小板分布宽度 (PDW)、AAR 及 APRI 的差异。

**结果** CHB 组 PLT 计数、MPV、PDW 水平分别为  $(163.12 \pm 34.37) \times 10^9/L$ 、 $(10.41 \pm 1.93) fL$ 、 $(14.17 \pm 1.92) \%$ , 与正常对照组比较差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), AAR 及 APRI 远高于正常对照组 ( $P < 0.05$ ); CHB 患者不同 HBV DNA 载量之间, AAR 及 APRI 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** CHB 患者的 PLT 指标、AAR 和 APRI 均呈现明显异常的状态, 且与 HBV DNA 载量密切相关。

## PU-1088

## 迈瑞 BC-5390 CRP 全自动血细胞分析仪检测 C-反应蛋白项目的性能验证

王唯

山东大学第二医院,250000

**目的** 评估迈瑞 BC-5390 CRP 全自动血细胞分析仪检测 C-反应蛋白项目的性能。

**方法** 收集临床检测 C-反应蛋白的 EDTA-K2 抗凝全血标本, 参考美国临床和实验室标准协会 (CLSI) 和中华人民共和国行业标准 (WS/T) 对迈瑞 BC-5390 CRP 全自动血细胞分析仪检测 C-反应蛋白项目的本底、携带污染率、批内精密度、日间精密度、不同进样模式比对、线性、生物参考区间进行验证。

**结果** 本底:  $0.03mg/L$ , 小于厂家声明标准  $0.2mg/L$ 。携带污染率  $0.22\%$ , 小于厂家声明标准  $1.0\%$ 。批内精密度: 正常浓度水平  $CV4.41\%$ , 病理浓度水平  $CV4.75\%$ , 均小于  $1/4$  卫生部临检中心室间质评允许误差 (为  $6.25\%$ )。日间精密度: 正常浓度水平  $CV3.54\%$ , 病理浓度水平  $CV5.31\%$ , 均小于  $1/3$  卫生部临检中心室间质评允许误差 (为  $8.30\%$ )。不同进样模式比对: 自动全血模式均值  $42.0mg/L$ , 开放全血模式均值  $42.3mg/L$ , 相对偏差  $-0.6\%$ , 小于厂家声明标准  $5\%$ 。线性范围良好 ( $0-320mg/L$ ),  $r=0.9982$ 。生物参考区间的验证结果均在厂家提供的范围内。

### 结论

BC-5390 CRP 全自动血细胞分析仪测定 C-反应蛋白本底、携带污染率、不同进样模式比对、生物参考区间均符合厂家声明标准, 精密度达到要求, 且用血量少, 检测方便快捷, 满足临床要求, 特别适用于儿科及急诊标本的检测, 是临床快速测定 C-反应蛋白的理想分析仪器。

## PU-1089

**Ser25, a phosphorylation site of Stathmin mediated PRL-3 oncogenic properties via targeting STAT3 signaling in AML**Jianping Xu<sup>1</sup>, Wei Wu<sup>2</sup>, Yao Tang<sup>1</sup>, Yanfeng Lin<sup>1</sup>, Yan Xue<sup>1</sup>, Jianda Hu<sup>3</sup>, Donghong Lin<sup>1</sup>

1. Fujian Medical University

2. Quanzhou Medical College

3. Fujian Medical University Union Hospital

**Objective** PRL-3 (Phosphatase of regenerating liver-3), an oncogenic dual-specificity phosphatase, is overexpressed in 47% of acute myeloid leukemia (AML). Stathmin has been identified as a downstream target of PRL-3 in colorectal cancer cells (CRC). Through directly interaction with PRL-3, led to aberrant microtubule destabilization, which promoted the progression and metastasis of CRC. However the knowledge about the regulation of PRL-3 to Stathmin in AML is still limited. The aim is to explain the role of PRL-3 interaction with Stathmin in AML.

**Methods** Western blot was used to assess the expression level of PRL-3 and Stathmin in six AML cell lines (Kasumi-1, HL-60, NB4, U937, K562 and K562/G01). Then we had a correlation analysis between PRL-3 and Stathmin. After PRL-3-silencing by shRNA, we detected the mRNA and protein expression of PRL-3 and Stathmin in K562 and K562/G01. Cell viability was measured by MTS assay, colony formation assay was performed, cell cycle and apoptosis were measured by FCM, migration and invasion capacity was performed by transwell assay. Phosphorylation of Stathmin and the STATs signaling were examined by western blot.

**Results** There was positive correlation between PRL-3 and Stathmin in six AML cell lines. Knockdown of PRL-3 expression reduced the expression of downstream Stathmin, suppressed cell growth and colony formation, induced G2/M arrest and cell apoptosis, inhibited migration and invasion in K562 cells. Moreover, using western blot, silencing of PRL-3 increased the expression levels of phosphorylated protein in Ser16, Ser 25, Ser 38, and Ser 63 of Stathmin, and reduced the inhibited the STAT3 and STAT5 signaling in K562 cells.

**Conclusions** Our study confirmed the positive correlation between PRL-3 and Stathmin in AML cell lines, and first provided evidence that silencing of PRL-3 increased the expression levels of phosphorylated protein in Ser16, Ser 25, Ser 38, and Ser 63 of Stathmin, feedback inhibited the STAT3 and STAT5 signaling in K562 cells. PRL-3 could be a possible new treatment target.

## PU-1090

**MTHFR 基因 C677T 多态性与 H 型高血压的相关性分析**

宋丽影, 李雨艳, 周婷婷, 张敏, 刘明珠

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 探究 MTHFR 基因 C677T 多态性与 H 型高血压的相关性

**方法** 选取从 2018 年 6 月开始送检我公司 MTHFR C677T 基因检测的样本 4303 例, 采用 PCR-金磁微粒层析法检测, 其中 MTHFR 677CT (杂合突变型) 2100 例, MTHFR 677TT (纯合突变型) 1318 例, MTHFR 677CC (野生型) 885 例。分析 MTHFR 基因 C677T 多态性与 H 型高血压的相关性。

**结果** MTHFR 677 杂合突变为 2100 例, 突变率为 48.80%, MTHFR 677 纯合突变为 1318 例, 突变率 30.63%, MTHFR 677 正常基因型为 885 例, 仅占 20.57%。证实了 MTHFR 677C→T 基因突变可导致该酶活性降低, 引起 H 型高血压。

**结论** 亚甲基四氢叶酸还原酶 (MTHFR) 具有三类基因型: TT 型、CC 型及 CT 型。其中, MTHFR 的活性在受到突变基因 MTHFR C677T 的影响后明显下降。本研究表明 TT 基因型产生 H 型高血压发病危险性与 CC+CT 基因型对比明显增加。因此, 我们认为 C677T 的多态性与 H 型高血压有一定的相关性。由于人体对叶酸的代谢存在个体差异, 所以应检测 MTHFR C677T 基因型, 因人而异的增补叶酸, 更加精准的预防 H 型高血压。一般性的治疗对于 H 型高血压病人除了干涉生活习惯以外, 同时建议多食用含叶酸丰富的食物。但是通常在食物制作过程中会使叶酸含量丢失一部分, 如在加热过程中叶酸流失很大。药物性的治疗对单纯患有高血压的病患而言, 应在降压治疗的基础上联合叶酸治疗, 目前为止尚未发现补充叶酸治疗会对人体造成的伤害; 对于能够配合且耐受的患者, 建议在使用降压药物中联合服用叶酸 0.8 mg, 并坚持使用。

## PU-1091

### 先兆子痫脑源性神经营养因子检测的临床意义\*

黄宝丽, 杜建钢, 许秋芳, 徐慧丽, 王永珍  
苏州市立医院本部, 215000

**目的** 评估血清脑源性神经营养因子 (BDNF) 在先兆子痫患者诊断中的临床价值。

**方法** 收集 45 例先兆子痫患者, 并收集同期 45 例健康孕产妇作为对照组; 采用酶联免疫吸附法检测血清 BDNF 含量, 同时检测患者血浆纤维蛋白 (原) 降解产物 (FDP)、纤维蛋白原 (Fbg)、D-二聚体 (DD) 的含量。

**结果** 先兆子痫患者 BDNF、FDP、Fbg 和 D-D 含量分别为 2360.40(1916.02~2804.60) pg/mL、6.40(5.45~10.95) mg/L、(3.70 ± 0.85)g/L、1.34(1.04~2.84) mg/L; 对照组 BDNF、FDP、Fbg 和 D-D 含量分别为 2974.67(2296.17~3728.67) pg/mL、6.60(5.45~8.20) mg/L、(3.96±0.64) g/L、1.87(1.40~2.71) mg/L; 先兆子痫患者 BDNF 明显低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ ); 两组间 FDP、Fbg 和 D-D 含量差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。血清 BDNF 含量与先兆子痫患者年龄呈负相关 ( $R = -0.310$ ,  $P < 0.05$ ), 与血压、BMI 指数、FDP、Fbg、D-D 含量均无明显相关性 ( $P > 0.05$ )。BDNF 诊断先兆子痫的受试者曲线 (ROC) 曲线下面积为 0.685。

**结论** 血清 BDNF 在先兆子痫患者的诊断中具有一定的临床价值, BDNF 含量下降可能是影响 PE 的危险因素。

## PU-1092

### 2018 年中南大学湘雅医院细菌耐药性监测

李艳明  
中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 了解中南大学湘雅医院 2018 年临床分离细菌的分布和药物敏感性, 为临床合理使用抗生素提供依据。

**方法** 收集 2018 年所有临床分离菌株, 采用标准纸片扩散法或自动化仪器检测法, 测定细菌对临床常用抗菌药物的敏感性。根据 CLSI 2018 年标准, 用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 2018 年分离非重复菌株 7362 株, 其中革兰阳性菌 2543 株, 占 34.5%; 革兰阴性菌 4819 株, 占 65.5%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的发生率分别为 30.3% 和 75.5%。检出 4 株对利奈唑胺耐药的粪肠球菌和 1 株对万古霉素中介的粪肠球菌。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的 ESBL 检出率分别为 54.0% 和 34.8%。耐碳青霉烯类的大肠埃希菌 (CR-ECO)、肺炎克雷伯菌 (CR-KPN)、铜绿假单胞菌 (CR-PAE)、鲍曼不动杆菌 (CR-ABA) 的检出率分别为 2.6%、20.0%、23.5%、87.5%。鲍曼不动杆菌对替加环素的耐药率较低 (4.4%)。流感嗜血杆菌  $\beta$  内酰胺酶阳性率为 41.6%。

**结论** 该院细菌耐药形势比较严峻，应重视细菌耐药监测工作并采取有效的医院感染控制措施。

## PU-1093

### 中南大学湘雅医院 2013-2017 年细菌耐药性监测

李艳明

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 了解中南大学湘雅医院 2018 年临床分离细菌的分布和药物敏感性，为临床合理使用抗生素提供依据。

**方法** 收集门诊和住院患者分离的菌株，采用标准纸片扩散法或自动化仪器检测法进行药敏试验。依据美国临床和实验室标准化协会（CLSI）2017 版 M100-S27，采用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 2013-2017 年共分离 38075 株细菌，其中革兰阳性菌 13184 株，占 34.6%，革兰阴性菌 24891 株，占 65.4%。排在前几位的分别是大肠埃希菌、克雷伯菌属、不动杆菌属。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA）和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌（MRCNS）的检出率分别为 31.7%和 77.7%。MRSA 的检出率呈下降趋势。MRSA 和 MRCNS 对绝大多数抗菌药物的耐药率高于甲氧西林敏感株。粪肠球菌对青霉素、氨苄西林、环丙沙星、左氧氟沙星的敏感性高于屎肠球菌。大肠埃希菌对碳青霉烯类抗生素的耐药率为 0.6%-3.9%，肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类抗生素的耐药率为 6.3%-24.9%。铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率为 29.5%-34.7%，鲍曼不动杆菌对亚胺培南的耐药率为 69.9%-85.7%。碳氢霉烯类抗生素对革兰阴性杆菌的耐药率在逐年上升。

**结论** 肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类抗生素的耐药率迅速上升，鲍曼不动杆菌对碳青霉烯类抗生素的耐药率较高。应采取有效的医院感染控制措施，加强抗生素的合理使用。

## PU-1094

### 艰难梭菌Ⅳ型菌毛蛋白 PilJ 的表达

李艳明

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 通过构建 pET30a（+）-PilJ 原核表达载体，诱导艰难梭菌Ⅳ型菌毛 PilJ 目的重组蛋白在大肠杆菌 Rosetta（DE3）中表达，为后续疫苗、诊断试剂盒或保护性治疗抗体的研究奠定坚实的基础。

**方法** 根据 genbank 中公布的艰难梭菌Ⅳ型菌毛 PilJ 的基因序列，合成该序列片段，构建 pET30a（+）-PilJ 原核表达载体，IPTG 诱导目的重组蛋白的表达，并采用 Western-Blot 验证，最后进行诱导条件的优化。

**结果** 经过双酶切鉴定和测序鉴定，原核表达载体 pET30a（+）-PilJ 成功构建，IPTG 诱导表达后，用 Western-Blot 分析验证了蛋白的成功表达；通过不同诱导条件的优化，发现在 37℃ 条件下，IPTG 浓度为 0.8mmol/L 时诱导表达 2h，目的重组蛋白的表达量较高。

**结论** 成功构建了 pET30a（+）-PilJ 原核表达载体，艰难梭菌Ⅳ型菌毛目的重组蛋白 PilJ 在大肠杆菌 Rosetta（DE3）中成功诱导表达。

## PU-1095

## 幽门螺杆菌感染对胃部菌群的影响及葡甘聚糖 对其的预防作用

孙彬,马萍,顾兵

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 分析可溶性膳食纤维葡甘聚糖在幽门螺杆菌治疗中所发挥的作用以及对胃部菌群改变的影响。

**方法** 在本次研究中,我们利用可溶性膳食纤维葡甘聚糖对幽门螺杆菌(*H.pylori*)感染的小鼠模型进行干预,应用实时荧光定量 PCR 技术和高通量 16S rRNA 基因测序技术,对观察组和对照组小鼠模型的炎性细胞因子以及胃部菌群进行监测。

**结果** 在利用可溶性膳食纤维葡甘聚糖干预的小鼠模型中,幽门螺杆菌感染引起胃固有层炎症细胞浸润和相关炎症因子(如 IL-1 和 IFN- $\gamma$ )明显减少。基于 UniFrac 的多样性相似度树分析得出利用可溶性膳食纤维葡甘聚糖干预的小鼠模型胃部菌群发生改变。在未利用可溶性膳食纤维葡甘聚糖干预的幽门螺杆菌感染小鼠模型中,利用群落结构组分图可识别 22 种细菌类群,如巴氏杆菌科(*Pasteurellaceae*)、丹毒科(*Erysipelotrichaceae*)、虎耳草科(*Halomonadaceae*)、螺旋藻科(*Helicobacteraceae*)和螺旋藻科(*Spirochaetaceae*)。而利用葡甘聚糖干预的小鼠模型中只能识别出 6 种细菌类群,如龙须草科(*Lachnospiraceae*)、反刍动物科(*Ruminococcaceae*)和梭菌科(*Clostridiaceae*)。由此可见,可溶性膳食纤维葡甘聚糖的干预可导致胃部菌群的减少。

**结论** 通过本研究证明:可溶性膳食纤维葡甘聚糖在预防幽门螺杆菌感染引起的胃粘膜炎症和胃微生物改变方面发挥了重要作用,通过这种干预对胃微生物区系的选择性调节表明,口服可溶性膳食纤维葡甘聚糖靶向胃微生物群可能是预防幽门螺杆菌感染的另一种策略。

## PU-1096

## 基质辅助激光解析电离飞行时间质谱直接鉴定 血培养阳性细菌

刘信

青岛大学附属医院

**目的** 基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)是一种迅速而有效的细菌鉴定方法。能够直接分析血培养阳性标本能够进一步缩短鉴定时间,对临床治疗有着重要意义。为此,我们建立了一种利用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)技术直接鉴定血培养阳性细菌的方法。

**方法** 收集阳性血培养标本 70 例,利用裂解液 Triton 处理血培养瓶内培养液,离心富集细菌,利用 MALDI-TOF MS 对富集细菌进行快速鉴定,并与利用固体培养基培养 24-48h 后得到的菌落鉴定结果进行比较。其中种属鉴定以质谱中不同鉴定分值的含义为标准:0.000 -1.699 为没有可信的鉴定结果;1.700-1.999 为鉴定到属的水平;2.000-2.299 为鉴定到种的水平;2.300-3.000 为完全可靠地鉴定到种的水平。

**结果** 70 例阳性血培养细菌鉴定结果中,菌株的种、属水平鉴定符合率分别为 40% (28 例)和 70% (49 例)。其中 30 例革兰阴性杆菌的种、属鉴定率分别为 67.9 (19 例)和 89.2 (25 例),革兰阳性球菌的种、属鉴定率分别为 27.6% (8 例)和 72.5 (21 例),革兰阳性杆菌 5 例,其中 1 例鉴定到种的水平,另 5 例没有可靠的鉴定结果,酵母菌 8 例,2 例鉴定到属的水平,6 例没有可靠的鉴定结果。

**结论** 本研究采用 MALDI-TOF MS 对裂解处理后的培养液进行血培养直接鉴定, 方法简便, 并可以迅速得到结果, 有利于临床血流感染的快速诊断。

## PU-1097

### 山东省青岛市肾综合征出血热的流行病学 及临床特征分析

王麟  
青岛大学附属医院

**目的** 研究青岛市肾综合征出血热 (HFRS) 的流行病学及相关临床特征。HFRS 的典型临床表现为“三红三痛”, 但近年来 HFRS 的临床表现逐渐缺乏典型性, 这给临床做出正确诊断增加了难度。为此, 作者对收治于青岛大学附属医院的 HFRS 患者的临床资料进行了回顾分析, 期为临床诊疗 HFRS 提供相关依据。

**方法** 回顾性分析了青岛大学附属医院 2014 年 1 月至 2018 年 12 月确诊的 104 位 HFRS 患者的流行病学及临床资料, 包括患者的一般情况、临床症状、实验室检查及接触史。

**结果** 104 例 HFRS 患者年龄为 10~87 岁, 其中男性 78 例、女性 26 例, 男女之比 3:1; 主要居住于农村, 占 88.46%, 其中又以胶南市居多; 时间分布于秋冬季, 当年 10 月至次年 1 月份发病, 占 68.27%, 这与姬鼠型 HFRS 的流行高峰相符; 发病与来我院就诊的时间间隔中位数为 6d, 四分位数为 (4,8) d; 住院天数中位数为 11d, 四分位数为 (7,14)d; 患病程度, 轻型 46 例 (44.23%), 中型 45 例 (43.27%), 重型及危重型 13 例 (12.50%); 主要集中在肾内科就诊 54 例, 占 51.92%; 临床主要表现为发热 98 例, 占 94.23%, 恶心呕吐 66 例, 占 63.46%, 头晕头痛 57 例, 占 54.81%; 实验室检查多见血小板降低 74.04%, 尿蛋白阳性占 77.00%, 尿隐血阳性占 71.00% (71/100), D-二聚体的升高占 88.78%, C 反应蛋白升高占 85.00%, 降钙素原升高占 98.61%, 血肌酐升高占 62.50%, 尿素氮升高占 64.42%; 接触史调查仅发现 8 例具有直接、间接或可疑接触史, 可能与青岛地处疫区, 且传播途径呈多样性有关。

**结论** HFRS 患者不典型症状日益增多, 可能与病毒的变异有关, 诊疗时应与实验室检查结果相结合, 从而做到早诊断早治疗, 以改善临床预后。

## PU-1098

### Correlation analysis of cytokines in the diagnosis and clinicopathological features of colorectal cancer

Xiaojie Zhou  
Tianjin People's Hospital

**Objective** We investigated the expression of serum cytokines in colorectal cancer (CRC) and evaluated the diagnostic value of single and combined CEA for colorectal cancer.

**Methods** 101 cases of colorectal cancer diagnosed in Tianjin People's Hospital from November 2014 to February 2015 were selected as the case group (CRC group), and 26 cases of healthy physical examination were used as the control group. Cytokines such as IFN- $\gamma$ , TNF- $\alpha$ , IL-10, IL-6, IL-4 and IL-2 were detected in the two groups of serum samples. We compared the differences between the two groups, and evaluated the diagnostic value of colorectal cancer between individual detection and combined detection with CEA. Indicators for evaluating diagnostic value include area under curve (AUC), sensitivity and specificity.

**Results** The levels of TNF- $\alpha$ , IL-10 and IL-6 in the CRC group were higher than those in the healthy control group, and the IL-2 concentration was lower than that in the healthy control group.

The difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). In the correlation analysis between cytokines and clinicopathological features, IL-6 levels in patients with lymph node metastasis in CRC group were higher than those without lymph node metastasis, the difference was statistically significant ( $Z = -2.578$ ,  $P = 0.01$ ); IL-6 levels in patients of advanced stage (III + IV) were higher than that with early stage (I + II), the difference was statistically significant ( $H = 7.381$ ,  $P = 0.025$ ); IL-4 levels in patients with low-middle differentiation were higher than those with high differentiation, the difference was statistically significant ( $Z = 8.569$ ,  $P = 0.014$ ). However, there was no correlation among IFN- $\gamma$ , TNF- $\alpha$ , IL-10 and IL-2 with tumor location, long diameter, lymph node metastasis, stage and differentiation of colorectal cancer. The difference was not statistically significant ( $P < 0.05$ ). In the univariate analysis, the diagnostic value of CEA and TNF- $\alpha$  was helpful. Preferably, the area under the curve (AUC) is 0.739 and 0.729, and the sensitivity and specificity are 47.5%、96.2%, and 52.5%、84.6%, respectively. Multivariate logistic regression analysis was used to evaluate the diagnostic value of differentially expressed inflammatory factors (TNF- $\alpha$ , IL-10, IL-6, IL-2) combined with CEA for colorectal cancer. The combined diagnostic formula:  $Y = 0.412 - 0.38 \times \text{CEA} - 0.924 \times \text{TNF-}\alpha - 1.658 \times \text{IL-10} - 0.07 \times \text{IL-6} + 1.495 \times \text{IL-2}$ , the area under the curve (AUC) was 0.906, the sensitivity and specificity were 92.3% and 79.2%, respectively. The area under the curve (AUC) was 0.906, and the sensitivity and specificity were 92.3% and 79.2%, respectively. Compared with CEA alone, combined detection can improve the diagnosis level of colorectal cancer.

**Conclusions** CEA combined with cytokines can significantly improve the sensitivity of screening. TNF- $\alpha$ , IL-10, IL-6 and IL-2 showed certain diagnostic value for colorectal cancer. Combined detection with CEA, it may provide a potential assistant method for the diagnosis of colorectal cancer.

## PU-1099

# 用 ELISA 方法检测系统性红斑狼疮中抗双链 DNA 抗体的应用价值

王之青, 郑冰, 李恩灵

上海交通大学医学院附属仁济医院 (西院), 200000

**目的** 探讨酶联免疫吸附法 (enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA) 检测双链 DNA (double-stranded DNA, dsDNA) 抗体的特点及临床应用价值。

**方法** 以放射免疫法 (Radioimmunoassay, RIA) 作为金标准, 采用 ELISA 法和 RIA 法同时检测 186 例系统性红斑狼疮 (systemic lupus erythematosus, SLE) 患者, 183 例自身免疫疾病患者, 78 例非自身免疫病对照和 50 例健康体检血清中抗 dsDNA 抗体, 评价其诊断效能。

**结果** 两种方法在 SLE 组患者的阳性率, 明显高于自身免疫对照组、其他疾病对照组和健康对照组 ( $P < 0.05$ )。ELISA 法的灵敏度、阳性预测值、阴性预测值均高于 RIA 法, 但特异度低于后者。

**结论** ELISA 法对 SLE 诊断的特异性略低于 RIA 法, 但其灵敏度更高, 可有效筛查 SLE 患者。同时, 两种方法均有助于监测 SLE 病情的转归。

## PU-1100

## 肺炎链球菌分泌 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 诱导肺泡上皮细胞线粒体 DNA 释放激活 IFN-I 级联反应

高越

1.重庆医科大学,400000  
2.重庆医科大学检验医学院

**目的** 研究肺炎链球菌 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 是否导致肺泡上皮细胞线粒体 DNA 氧化损伤并释放到胞质；释放至胞质中的 mtDNA 能否进一步诱导宿主细胞 IFN-I 级联反应。

**方法** 1.体内建立肺炎小鼠模型，肺组织 HE 染色、免疫组化检测肺组织 PINK-1 的表达；ELISA 及 qPCR 检测小鼠血清和肺组织中 IFN $\beta$  的表达。

2.体外实验中，S. pn 感染 A549 细胞，免疫荧光检测线粒体膜电位；电镜观察线粒体超微结构变化；激光共聚焦显微镜观察 8-OHdG 与线粒体共定位；ELISA 及 qPCR 检测 A549 细胞中 IFN-I 表达；Western Blot 检测 A549 细胞中 STING 蛋白表达；qPCR 检测 S. pn 感染后 A549 细胞中 mtDNA 含量变化以及释放到胞质中 mtDNA 的水平；将胞质 mtDNA 转染进 A549 细胞，qPCR 检测 IFN $\beta$  的表达；体外构建 mtDNA 缺陷的 A549 细胞，H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 刺激或 D39 感染，qPCR 检测 IFN $\beta$  的表达。

**结果** 1.体内肺炎小鼠模型中，与 D39 $\Delta$ spxB 和 D39+Cat 感染组相比，D39 感染组可导致 C57BL/6 小鼠肺组织显著的病理损伤，PINK1 累积以及 Pgc1-a 表达减少，小鼠血清和肺组织中 IFN $\beta$  表达上调；

2.体外实验中，与 D39 $\Delta$ spxB 和 D39+Cat 感染组相比，D39 感染组可引起 A549 细胞线粒体膜电位降低以及线粒体超微结构被破坏，STING 蛋白表达上调以及 IFN-I 表达；当 A549 细胞内 mtDNA 明显降低或在 STING 缺陷的 MEF 细胞中，D39 感染或 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 刺激均不能诱导 IFN $\beta$  表达；同时外源性 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 刺激也可诱导 A549 细胞中 IFN-I 表达上调。

3.与 D39 $\Delta$ spxB 和 D39+Cat 感染组相比，D39 感染可引起 A549 细胞线粒体中 8-OHdG 表达上调，也可造成肺组织与 A549 细胞中 mtDNA 拷贝数和转录水平明显降低，同时 mtDNA 被释放到胞质；而释放到胞质中的 mtDNA 可诱导 A549 细胞 IFN $\beta$  表达上调。

**结论** 本研究证实 S. pn 分泌的 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 能诱导肺泡上皮细胞线粒体损伤，mtDNA 氧化损伤并泄漏到胞质中，进而激活 STING 信号通路，诱导宿主细胞 IFN-I 级联反应。本研究首次阐明了 S. pn H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 诱导肺泡上皮细胞 IFN-I 应答反应机制，并证明 mtDNA 在宿主感染免疫反应中发挥重要作用。

## PU-1101

## 犀黄丸提取液对 MDA-MB-231 乳腺癌细胞的功能影响

李萍,许涛,曾召琼,易帆,胡燕,苏敏,谢小兵  
湖南中医药大学第一附属医院,410000

**目的** 研究犀黄丸提取液对 MDA-MB-231 乳腺癌细胞功能的影响。

**方法** 采用 CCK-8 试验检测犀黄丸提取液对细胞的半抑制浓度 (IC<sub>50</sub>) 和细胞活力；采用流式细胞技术检测细胞凋亡；transwell 试验检测细胞转移能力；采用克隆形成试验检测细胞增殖能力。采用 SPSS 16.0 软件统计分析。组间比较采用 t 检验。以 P<0.05 为差异有统计学意义。

**结果** 犀黄丸提取液干预细胞 72 小时的 IC<sub>50</sub> 值为 15.08mg/mL；以 15.08mg/mL 的犀黄丸提取液干预细胞 72 小时后，相对未加药组，其细胞活力显著下降 (p<0.01)，早期凋亡和晚期凋亡均显著升高 (p<0.01)，细胞迁移和增殖能力均显著下降 (p<0.01)。

**结论** 本研究从细胞水平上证实了犀黄丸具有显著的促进细胞凋亡、抑制细胞增殖、转移和细胞活力的能力。



## PU-1102

## 乳腺癌组织 miRNAs 的异常表达及犀黄丸对体外乳腺癌细胞候选 miRNAs 的表达影响

李萍,许涛,易帆,曾召琼,谢小兵  
湖南中医药大学第一附属医院,410000

**目的** 研究乳腺癌 FFPE 组织中差异性表达的 miRNAs 以及犀黄丸提取液对体外乳腺癌细胞系候选 miRNAs 的表达影响。

**方法** 采用 miRNAs 表达谱芯片检测乳腺癌组织、癌旁组织以及不同分子分型的癌组织之间的 miRNAs 差异性表达谱,非监督聚类分析软件分析芯片结果;利用实时荧光定量 PCR 技术检测 106 例乳腺癌组织、22 例癌旁组织以及 66 例乳腺良性病变组织候选 miRNAs 的表达水平;犀黄丸提取液干预乳腺癌 T-47D 细胞及 MDA-MB-231 细胞,采用实时荧光定量 PCR 技术检测细胞中候选 miRNAs 的表达水平。

**结果** miRNAs 表达谱芯片结果显示与癌旁组织组织相比,miR-130b 在癌组织中呈现高表达 ( $p<0.05$ ),miR-205 在恶性程度更高的 Basal-like 型癌组织中表达显著低于 Luminal 型 ( $p<0.05$ );实时荧光定量 PCR 结果显示 miR-130b 在癌组织和癌旁组织中的表达显著高于良性病变组织 ( $p<0.05$ ),miR-205 在癌组织中表达水平显著低于良性病变组织 ( $p<0.05$ );体外细胞实验显示 miR-130b 在犀黄丸提取液干预后的 T-47D 细胞中表达降低 ( $p<0.05$ ),而 miR-205 在犀黄丸提取液干预后的 MDA-MB-231 细胞中表达升高 ( $p<0.05$ )。

**结论** miR-130b 的升高和 miR-205 的降低与乳腺癌的发生发展相关;miR-130b 的升高和 miR-205 的降低可能是犀黄丸发挥抗瘤的作用途径之一。

## PU-1103

## 新型蛋白酶抑制剂治疗复发性/难治性多发性骨髓的策略分析

孙凤强  
潍坊市人民医院,261000

**目的** 评估这些新型蛋白酶抑制剂 (PIs) 治疗复发/难治性多发性骨髓瘤的有效性和安全性。

**方法** 检索发表报告,包括这些新的蛋白酶抑制剂治疗复发/难治性多发性骨髓瘤的患者。

**结果** 我们确定了 28 项前瞻性研究,对 4123 名患者进行了评估。综合分析表明,新型蛋白酶抑制剂为基础的联合化疗获得了令人满意的总反应率 (67%),高于单一药物的 22% ( $P<0.001$ )。而且,同样的趋势有利于新型蛋白酶抑制剂为基础的二联联合方案也显示至少有非常好的部分缓解 ( $\geq VGPR$ ) 和临床受益率 (CBR) 分析。同时,从新型蛋白酶抑制剂三联疗法中的 70% 与其二联联合方案的 67% 相似 ( $P=0.54$ )。而且,在  $\geq VGPR$  和 CBR 方面,两者之间也没有差异。相比标准治疗,新型蛋白酶抑制剂的联合治疗策略能够明显延长复发/难治的患者在总生存期 (HR, 0.79;  $P=0.01$ ),无进展生存期 (HR, 0.64;  $P=0.01$ ),总缓解率 ( $RR=1.21$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 新型蛋白酶抑制剂的二联治疗策略明显优于其单药治疗策略。同时,二联治疗策略与三联治疗策略有相似的反应率。与标准疗法相比,新型蛋白酶抑制剂组合明显延长了生存期。

## PU-1104

## COBAS TaqMan 系统检测血清 HBVDNA 载量与 HBV-M 及肝功能检测结果分析

段正军,李彩东,张旭强,雷志萍,田鹏飞,靳克俭,刘学梅,李惠军,梁新宇

兰州市第二人民医院,730000

**目的** 探讨 COBAS AmpliPrep/COBAS TaqMan96 系统检测慢性乙型肝炎病毒感染者 (CHB) 血清 HBV DNA 载量与乙肝两对半 (HBV-M) 定量及其与肝脏生化指标的关系。

**方法** 收集 616 例 CHB 患者血清分别用 COBAS AmpliPrep/COBAS TaqMan96 系统检测血清 HBV DNA 载量, 微粒子化学发光免疫分析法 (CLIA) 检测乙型肝炎病毒患者两对半 (HBV-M) 定量, 并用速率法测定 ALT 和 AST 的含量。

**结果** 在不同的 HBV-M 定量阳性模式组中以 HBsAg 阳性、HBeAg 阳性、HBcAb 阳性组 HBVDNA 载量和 ALT、AST 含量均高于其他 HBV-M 定量阳性模式组; 在 HBeAg 阳性的 CHB 组和 HBeAg 阴性的 CHB 组中, HBeAg 阴性的 CHB 组年龄显著大于 HBeAg 阳性的 CHB 组, HBeAg 阳性的 CHB 组 HBVDNA 载量、ALT、AST 含量均高于 HBeAg 阴性的 CHB 组和正常对照组 ( $P < 0.01$  或  $P < 0.05$ ), 差异具有统计学意义。

**结论** 高敏 HBV DNA 载量是反映体内 HBV 感染、复制和传染性強弱的金标准, HBeAg 也是说明体内病毒复制的良好指标。HBeAg 与 HBVDNA 载量关系密切, 血清 ALT、AST 与肝细胞受损有直接关系, 是体现肝细胞受损与坏死的指标。COBAS TaqMan 系统检测血清 HBV DNA 载量可以有效的发现 CHB 患者低病毒复制状态, 为临床抗病毒治疗提供理论依据。

## PU-1105

## 离心置换血浆法纠正肿瘤患者乳糜血对血常规检测的影响

郑翠玲,韩晓红,杨静,程焱

中国医学科学院北京协和医学院肿瘤医院

**目的** 探讨肿瘤患者乳糜血采用离心置换血浆法对乳糜血血细胞检测结果的纠正作用, 保证实验室能够提供准确的血细胞检测结果。

**方法** 在方法建立时, 选取 2015 年 4 月至 2015 年 10 月就诊于我院的肿瘤患者, 经检验科仪器检测后已明确的乳糜血标本 22 份, 依据乳糜血严重程度的不同, 进行 1-3 次的离心血浆置换, 直至无脂浊情况, 再用血细胞分析仪重新测定。主要分析 WBC、PLT、RBC、HGB、HCT、MCV、MCH 和 MCHC 8 个参数指标。每次实验中至少选择 1 份无脂浊、无溶血、无黄疸的新鲜标本作对照, 以评估方法的变异。方法建立后, 选取乳糜血标本 30 份进行验证, 但没有对照标本。

**结果** 肿瘤患者乳糜血可造成血常规检测指标中的 HGB, MCH 和 MCHC 三项明显升高, 其差异有统计学显著性意义 ( $P < 0.05$ ), 经过 1-3 次血浆置换后该三项参数恢复到正常和稳定的状态; 而 WBC、PLT、RBC 和 HCT 在处理前后差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。对照标本处理前后 8 个参数指标比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 乳糜血干扰血细胞分析的主要参数指标为 HGB、MCH 和 MCHC, 影响大小与乳糜血严重程度有关。离心置换血浆法可纠正乳糜微粒对仪器法测定 HGB 的影响, 使血细胞分析参考价值更高、更为可靠。并且离心置换血浆法操作简便, 具有推广价值。

## PU-1106

## Study on the relationship between intestinal flora imbalance and ILCs disorder in mouse model with Henoch-Schönlein purpura nephritis (HSPN)

Long He  
East hospital, Shanghai

**Objective** Henoch-Schönlein purpura nephritis (HSPN) is one of the common secondary glomerular diseases in childhood. About 20-30% of children with HSPN can progress to chronic kidney disease within 20 years. It constitutes one of the main causes of chronic renal failure in children. Its pathogenesis involves abnormal intestinal barrier function, mucosal immune imbalance, and activation of systemic immune response. The intestinal flora is the leading factor in the maturation and response of the intestinal mucosal immune system. Therefore, this study explored whether intestinal flora disorder is involved in the pathogenesis of HSPN by analyzing the fecal flora and the proportion of innate lymphoid cells (ILCs) in HSPN mouse model.

**Methods** Eight-week-old Balb/c female mice were randomly divided into HSPN model group and control group. The HSPN model was established by continuous intragastric administration of ginger, medlar and pepper (0.35 g/kg/d) followed by OVA immunization. The bacterial composition of each sample was analyzed by 16S rRNA V4 variable region PCR amplification and deep sequencing (Illumina® HiSeq platform). Automatic biochemical analyzer detects urine protein, urine Cr/Alb ratio and serum IgA. Renal lesions were assessed by routine pathological staining of renal tissue (HE, PAS, etc.) and immunofluorescence detect IgA deposition. Flow cytometry detects ILCs in intestinal mucosa.

**Results** (1) The intestinal flora of the model mouse was significantly imbalanced, the Lactobacillus was significantly reduced, and the genus of the genus Trichophyton was increased; (2) proteinuria +~++ in the HSPN group, meanwhile, urine Cr/Alb ratio and serum IgA increased compare with control group; (3) the renal lesions in the mouse model were mesangial hyperplasia and found IgA deposition; (4) The peyer's pathes volume and weight of the HSPN model were increased; the proportion of the ILCs was significantly increased in the intestinal mucosa and peyer's pathes compare with control group.

**Conclusions** There is an imbalance of intestinal flora in HSPN mouse models, which is marked by a significant decrease in resident symbiotic bacteria and an increase in other dominant bacteria. At the same time, we found that there is a significant ILCs disorder in the HSPN mouse model, and its role in the pathogenesis of HSPN will be revealed in subsequent studies.

## PU-1107

## Xpert®Xpress Flu/RSV Assay 用于临床呼吸道病原学诊断的价值

袁颖,谢争华,唐诗欢,陈满君,范笑地,余楠  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 评估体外诊断试剂 Xpert®Xpress Flu/RSV Assay (Xpress Flu/RSV) 对临床标本甲型流感病毒 (influenza A virus, FluA)、乙型流感病毒 (influenza B virus, FluB) 和呼吸道合胞病毒 (respiratory syncytial virus, RSV) 的检测性能和应用前景。

**方法** 采集 2018 年 1 月 11 日-2018 年 5 月 9 日呼吸道症状就诊患者的鼻咽拭子 420 例, 分别采用 Xpress Flu/RSV 和聚合酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 联合测序检测, 结果不一

致标本采用自建实时荧光 PCR (real-time PCR, RT-PCR) 确认, 以任 2 种方法一致结果为标准, 分析 Xpress Flu/RSV 的诊断性能。

**结果** 420 例样本中 Xpress Flu/RSV 检出阳性 213 例 (50.7%), 敏感度 (FluA: 100.0%; FluB: 100.0%; RSV: 100.0%) 和特异性 (FluA: 100.0%; FluB: 99.4%; RSV: 99.7%) 均较高; 其它呼吸道病原体 (除 FluA, FluB, RSV) 感染样本检测结果均阴性; 95 例样本 Xpress Flu/RSV 检测结果与自建 RT-PCR 相比, 一致性较高 (Kappa 值 0.949)。

**结论** Xpress Flu/RSV 检测性能较好, 适用于病毒流行期的大规模筛查。

## PU-1108

### Novel perspectives in cell-free fetal DNA (cffDNA) implementation for noninvasive prenatal testing (NIPT)

Jiping Shi<sup>1,2,3</sup>, Runling Zhang<sup>2,4</sup>, Jinming Li<sup>2,3</sup>, Rui Zhang<sup>1,2,3</sup>

1. Peking University Fifth School of Clinical Medicine, National Center for Clinical Laboratories, National Center of Gerontology, Beijing Hospital, Beijing, China

2. National Center for Clinical Laboratories, National Center of Gerontology, Beijing Hospital, Beijing, China

3. Beijing Engineering Research Center of Laboratory Medicine, Beijing Hospital, Beijing

4. Graduate School, Chinese Academy of Medical Sciences, Peking Union Medical College, Beijing, China

**Objective** Noninvasive prenatal testing (NIPT) seeks to utilize cell-free fetal DNA (cffDNA) present in maternal peripheral blood to detect fetal chromosomal and genetic abnormalities. Recently, multiple approaches have been reported and validated by different laboratories, however, each of which varies in principle, applicable conditions, and crucial analytical parameters. We therefore summarize and evaluate the principle, advantages, limitations, clinical validity and utility of different approaches of NIPT, providing physicians and scientists with feasible strategies and the latest research information.

**Methods** Searches of PubMed, EMBASE, and Cochrane library were conducted to acquire all original treatises and reviews on NIPT from January 2010 to January 2019. The inclusion criteria involved the articles on approaches, principles, applications, and guidelines of NIPT with cffDNA. The studies on case-control, epidemiology and non-prenatal testing by cffDNA were excluded.

**Results** The detection of fetal birth defects by NIPT are mainly divided into aneuploidy, copy number variations (CNVs), single-gene diseases (SGDs). First, for aneuploidy, the testing approaches are classified by principle as random sequencing, targeted sequencing by target probes or single nucleotide polymorphisms (SNPs), and the non-sequencing methods, such as digital PCR and Vanadis technology. With regard to the analytical parameters, the sensitivity of trisomy 21, 18, and 13 was 94.4%-100%, 87.5%-100%, and 40.0%-100%, and the specificity was 99.06%-100%, 99.78%-100%, and 99.75%-100% with the PPVs of 80.9%-95.2%, 76.6%-92.0%, and 32.8%-75.0%, respectively. Second, for CNVs, the approaches involve targeted sequencing (including SNP-based targeted method) and whole genome sequencing. The essential analytical parameters on CNVs by NIPT are closely related to the size of deletion or duplication. For variations > 5 Mb, the sensitivity and specificity was 90.9% and 95%, for variations < 5 Mb, the sensitivity and specificity was 14.3% and 100%, respectively. However, a considerable amount of variations are less than 5Mb, for example, 15% of all cases of 22q11.2 deletions are smaller than 3 Mb, indicating that the variation size is a barrier need to be overcome for noninvasive testing CNVs. Last, for SGDs, NIPT serves as a diagnostic technique with mainly approaches of the relative mutant dosage analysis (RMD), the relative haplotype dosage analysis (RHDO) and circulating single molecule amplification and resequencing technology (cSMART). Nevertheless, the detection requires the information of maternal and proband's/paternal mutation site or haplotype, which is relatively intricate and expensive.

**Conclusions** Recent advances have shown the great potential of cffDNA as a new biomarker in NIPT of fetal genetic diseases. The noninvasive testing of 21-trisomy, 18-trisomy, and 13-trisomy in fetus has been applied as an optional detection approach clinically due to its superior clinical

validity and utility. While for CNVs, the clinical parameters are inadequate in existing studies, and some CNVs are benign or clinically unclear variations that are difficult to interpret and diagnose, hence, the applicability is limited to the identification of specific CNVs or those larger than a definite size. It is noteworthy that NIPT for aneuploidy or CNVs is considered as a screening test rather than a substitute for traditional diagnostic techniques, the positive results need to be confirmed by an invasive diagnostic test (chorionic villus biopsy or amniocentesis). For SGDs, since NIPT serves as a diagnostic approach, the feasibility of application in extensive SGDs requires further validation, more importantly, several novel approaches that can be conducted without the need of proband's or paternal information should be developed urgently.

#### PU-1109

### Study on the Value of Serum Her-2 Level Changes in the Diagnosis of Metastasis and Treatment in Breast Cancer Patients

张鹏宇

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** To study the diagnostic value of serum Her-2 level for metastasis and treatment of breast cancer patients.

**方法** Clinical data of 420 breast cancer patients admitted to Tianjin Medical University Cancer Hospital from April to December 2018 were collected. Patients were grouped according to stage and tissue Her-2, and the correlation between serum Her-2 level and tissue Her-2 was analyzed, and the correlation between serology and imaging diagnosis was explored.

**结果** There was a good consistency between serum and tissue Her-2 in stage III and IV breast cancer patients. Serum Her-2 level was higher in patients with distant metastasis of breast cancer. The changes of serum Her-2 level in breast cancer patients were consistent with the imaging diagnosis.

**结论** Serum Her-2 level in breast cancer patients can reflect tissue Her-2 expression and tumor imaging changes to a certain extent, which can be used as a monitoring index for the evaluation of targeted treatment of breast cancer.

#### PU-1110

### Clinical significance of CCL11, CCL24 and CCL26 with primary biliary cholangitis

Yan Liang<sup>1</sup>, Hong Shi<sup>1</sup>, Lin Zhou<sup>1</sup>, Renqian Zhong<sup>1</sup>, Zaixing Yang<sup>1,2</sup>

1. Department of Laboratory Diagnostics, Changzheng Hospital, Second Military Medical University, Shanghai, China

2. Department of Laboratory Medicine, Huangyan Hospital of Wenzhou Medical University, Taizhou First People's Hospital, Taizhou, Zhejiang, China

**Objective** CCL11, CCL24 and CCL26 are potent chemokines for eosinophils. Since there has been no study reporting the association serum CCL11, CCL24 and CCL26 with fibrotic progression of PBC, the aim of this study is to explore the association.

**Methods** One hundred and eight PBC patients, 52 patients with chronic hepatitis B (CHB) and 50 healthy controls (HC) were recruited. The sera were detected for CCL11, CCL24 and CCL26 using multiplex immunoassay. Other laboratory indicators were routinely measured. PBC was divided into four stages according to Scheuer's classification.

**Results** Serum CCL11, CCL24 and CCL26 levels were significantly higher in PBC patients than those with CHB and HC ( $P<0.05$ ). The ROC analyses showed that all of the three CCLs performed well for identification of PBC (all  $P<0.001$ ). The multiple linear regression analysis showed an independent relationship of CCL26 with APRI and FIB-4 in PBC patients, but no relationship of CCL11 and CCL24 with fibrotic indicators. Additionally, serum CCL11 and CCL26 were negatively correlated with histological stage of PBC, while serum CCL24 showed no statistical correlation.

**Conclusions** Serum CCL11, CCL24 and CCL26 are upregulated in PBC. CCL11 and CCL26 are associated with fibrotic progression of PBC, but CCL24 is not.

## PU-1111

### 眶上外侧入路治疗急性期前循环动脉瘤

王顺

山东大学第二医院,250000

**目的** 颅内动脉瘤是脑血管病中主要疾病之一，颅内动脉瘤破裂患者 12 个月内的死亡率为 27%。本研究探讨颅内前循环动脉瘤破裂急性期显微手术眶上外侧入路的临床应用。

**方法** 选取山东大学第二医院神经外科经治的颅内前循环动脉瘤的 38 例患者作为研究对象，其中，年龄在 35~61 岁，平均年龄（48.1±7.8）岁。男性 14 人，女性 24 人。所有患者均行头颅 CTA，检查确认颅内前循环动脉瘤，在急性期进行了眶上外侧入路显微手术。术后患者常规治疗，并随访 6 个月。数据采用 SPSS 17.0 统计分析软件。采用 t 检验， $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 38 例病人，一共 47 个动脉瘤，其中大脑前动脉 2 个，前交通动脉 18 个，后交通动脉 16 个，中动脉 8 个，颈内动脉 C1 段 3 个。眶上外侧入路手术切口长度平均（10.54±1.14）cm，术中动脉瘤破裂 2 例，均成功夹闭破裂及未破裂动脉瘤。平均手术时间（146.3±21.86）min。除去 2 例死亡病例，平均住院时间（10.1±5.7）天。出院时 GCS 预后评分，恢复良好 32 例（84.2%），轻度残疾 2 例（5.3%），重度残疾 2 例（5.3%），无植物生存病例，死亡 2 例（5.3%）。动脉瘤位置在后交通动脉和大脑中动脉的 24 例病人平均手术切口长度较在其他位置的 14 例病人长（11.19±0.66 VS 9.41±0.90 cm,  $P<0.0001$ ），平均手术时间长（127.9±15.28 VS 157.1±17.56 min,  $P<0.0001$ ）。出院时恢复情况未见显著性差异（ $P=0.8460$ ）。

**结论** 颅内前循环动脉瘤破裂急性期的眶上外侧入路是一种较安全、微创的方法，动脉瘤位置影响手术切口和时间，但是对预后未见影响。

## PU-1112

### 妊娠相关血浆蛋白 A 和 S100 在脑梗死中应用的研究

王顺

山东大学第二医院,250000

**目的** 研究临床治疗中应用的肝素和低分子肝素（low molecular weight heparin, LMWH）对血清学标志物妊娠相关血浆蛋白 A（Pregnancy-associated plasma protein A, PAPP-A）和 S100 浓度的影响，并进一步准确评价 PAPP-A 和 S100 在脑梗死中的临床应用。

**方法** 采集 10 例皮下注射低分子肝素抗凝患者，10 例未用低分子肝素抗凝患者，10 例肝素抗凝支架治疗患者和 10 例未用肝素抗凝造影患者不同时间点的血清标本。另外采集 205 名脑梗死患者血清。酶标记免疫吸附测定法（ELISA）检测血中 PAPP-A 浓度，电化学发光免疫分析法（ECLIA）检测血标本中 S100 的浓度。

**结果** 低分子肝素注射后患者血中 PAPP-A 浓度随着给药天数的增加逐渐从 12.36 mIU/L 升高至 21.80 mIU/L（ $M=38.72$ ,  $P<0.01$ ）。静脉注射肝素后患者血中 PAPP-A 浓度 5 min 内由 12.86

mlU/L 升高至 51.56 mlU/L ( $M=46.06$ ,  $P<0.01$ )。低分子肝素注射后患者血中 S100 浓度随着给药天数的增加逐渐从 0.0365 $\mu$ g/L 升高至 0.0635  $\mu$ g/L ( $M=52.86$ ,  $P<0.01$ )。静脉注射肝素后患者血中 S100 浓度在第 5min 到 15min 达到峰值 (0.0695 $\mu$ g/L) ( $M=38.84$ ,  $P<0.01$ )。脑梗死患者发病 72 小时血清 PAPP-A 和 S100 水平升高 ( $P<0.01$ ,  $P<0.01$ )。PAPP-A 和 S100 水平在不同梗死体积组之间有显著差异 ( $P<0.05$ ,  $P<0.05$ )。PAPP-A 和 S100 水平在不同神经功能缺损程度组间有显著差异 ( $P<0.05$ ,  $P<0.05$ )。PAPP-A 和 S100 浓度有明显正相关关系 ( $r=0.284$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 心脑血管疾病治疗中应用的肝素和低分子肝素影响血中 PAPP-A 和 S100 的浓度,建议在选用 PAPP-A 和 S100 作为评价指标时应考虑药物的影响。在排除肝素和低分子肝素影响的标本以后, PAPP-A 与 S100 在脑梗死患者血清中升高, PAPP-A 与 S100 的水平正相关, 且与梗死体积和神经功能缺损程度相关, 具有潜在的临床应用价值。

#### PU-1113

### lincRNA-p21 在原发性肝脏疾病和肝脏转移性疾病患者血清中的表达

王顺

山东大学第二医院,250000

**目的** lincRNA-p21 参与许多人类疾病的发生和发展。本研究旨在探讨 lincRNA-p21 在不同类型肝病中的表达。

**方法** 本研究选择 2015 年 1 月至 2017 年 12 月在山东大学第二医院就诊的原发性肝病患者 (慢性 HBV 感染患者 50 例、慢性 HCV 感染患者 50 例、乙型肝炎病毒相关肝硬化患者 50 例、乙型肝炎病毒相关 HCC 患者 30 例、非 HBV / HCV 相关肝癌患者 30 例) 和 HBV 阴性肝继发性肿瘤患者 20 例作为研究对象。采用健康体检者 50 例作为对照, 用 RT-qPCR 测定血清中的 lincRNA-p21 水平。并采集患者的临床病理特征。

**结果** 慢性 HBV 感染患者、慢性 HCV 感染患者、乙型肝炎肝硬化患者、乙型肝炎病毒相关性肝癌患者、非 HBV/HCV 相关 HCC 患者血清中的 lincRNA-p21 水平均高于对照组 ( $P<0.001$ ,  $P<0.001$ ,  $P=0.002$ ,  $P=0.005$  和  $P<0.001$ )。HBV 阴性肝转移癌患者与正常对照组相比, 血清 lincRNA-p21 水平无显著性差异 ( $P=0.50$ )。在肝病患者中, lincRNA-p21 水平与 HBV DNA ( $P=0.02$ )、ALT ( $P=0.01$ ) 和 AST ( $P=0.01$ ) 呈负相关, 但与性别 ( $P=0.26$ )、年龄 ( $P=0.11$ ) 和 AFP ( $P=0.64$ ) 无相关性。肝细胞癌患者血清中的 lincRNA-p21 高于肝转移癌患者 ( $P<0.001$ )。

**结论** 血清 lincRNA-p21 可作为肝炎病毒感染、乙型肝炎肝硬化、HBV 相关 HCC 患者肝细胞损伤的潜在生物标志物。

#### PU-1114

### 某三甲医院神经外科术后颅内感染脑脊液病原菌分布及耐药性分析

许晶晶

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 通过对本院神经外科术后颅内感染患者临床资料,探讨分析脑脊液的病原菌的分布和耐药性分析,为临床预防神经外科术后颅内感染及合理用药提供帮助。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月-2018 年 12 月医院收治的 1002 例神经外科接受手术治疗的患者的临床资料,分析其术后颅内感染的发生率。

**结果** 1002 例患者术前均未出现颅内感染,术后共检出颅内感染患者 174 例,感染率为 17.36%;脑外伤组革兰阴性菌 58 株占 33.3%,革兰阳性菌 116 株占 66.67%

**结论** 临床上应根据具体病情与脑脊液病原菌检测结果,及时调整和合理使用抗菌药物,进行更精准的治疗,同时提高警惕,加强防护,防止神经外科术后出现院内感染。

## PU-1115

# Evaluation of the inhibitory effect of 2,5-Dimethyl-Celecoxib on tamoxifen-sensitive and -resistant human breast cancer cells (MCF-7)

Yingfen Wang, Fu Xiangjie, Lin Yingbiao, Luo Dixian, Tan Tan  
The First People's Hospital of Chenzhou

**Objective** To investigate the effects of 2,5-dimethyl-celecoxib (DMC) on the proliferation of tamoxifen (TAM)-sensitive and -resistant breast cancer cells as well as to evaluate the possible underlying inhibitory mechanism.

**Methods** The human breast cancer cell line MCF-7 and the tamoxifen-resistant (TamR) cell line (MCF-7/TamR) were cultured in vitro and treated with various concentrations of DMC for different incubation periods. The 3-(4,5-dimethylthiazol-2-yl) -2,5-diphenyltetrazolium bromide (MTT) assay was used to detect cell proliferation, and the colony formation assay was used to detect long-term cellular viability. The effects of DMC on apoptosis were analyzed by flow cytometry. Furthermore, western blotting assays were performed to analysis the protein expression levels of cell cycle and apoptosis regulators in MCF-7 and MCF-7/TamR cell lines after DMC treatment. Finally, immunofluorescence, reactive oxygen species (ROS), and comet assays were carried out to explore the mechanism of DNA damage.

**Results** The proliferation of MCF-7 breast cancer cells and the TamR subline (MCF-7/TamR) was inhibited by DMC in a dose- and time-dependent manner. Flow cytometry experiments revealed that DMC treatment can induce apoptosis. Furthermore, in combination with TAM, the inhibition of proliferation and the induction of apoptosis were enhanced significantly. In addition, the expression levels of retinoblastoma protein (Rb) and minichromosome maintenance protein 7 (MCM7) were significantly downregulated after DMC treatment. Finally, DMC significantly upregulated  $\gamma$ H2AX expression, activated oxidative stress, and induced DNA damage in both MCF-7 and MCF-7/TamR cells, and DMC in combination with TAM further enhanced these effects.

**Conclusions** DMC inhibited proliferation and increased apoptosis of both TAM-sensitive and -resistant breast cancer cells in vitro by downregulating MCM7 and Rb, activating ROS, and subsequently inducing DNA damage, particularly when used in combination with TAM.

## PU-1116

# 血清同型半胱氨酸参考测量程序的建立及应用

金中淦,张素洁,居漪,李卿,孙贺伟,唐立萍,虞啸炫  
上海市临床检验中心

**目的** 建立同位素稀释液相色谱串联质谱(isotope dilution chromatography tandem mass spectrometry, ID-LC/MS)测定人血清同型半胱氨酸(Hcy)参考方法,并运用于临床实验室室间质评(external quality assessment, EQA)样本靶值的确立。



**方法** 参照国际检验医学溯源联合委员会 (the Joint Committee for Traceability in Laboratory Medicine, JCTLM) 推荐方法, 建立本实验室 Hcy 参考方法, 并对所建方法的精密度、准确度、特异性、残留、基质效应等进行评估, 并将建立的参考方法用于上海地区 2018 年度第二次 EQA 样本 Hcy 靶值的确立。

**结果** 该方法 3 天 3 批次检测 12.5 $\mu$ mol/L 和 37.4 $\mu$ mol/L 样本, 批间 CV 分别为 1.03% 和 2.10%, 精密度较好; 检测美国国家标准和技术研究院(National Institute of Standards and Technology, NIST) 标准参考物质 (standard reference material, SRM) 1955 均在规定的 uncertainty 范围内; 无基质效应和携带污染。2018 年第二次 EQA 数据显示国产试剂组均值低于参考方法赋值结果, 进口试剂组均值高于参考方法赋值结果。

**结论** 建立的 ID-LC/MS/MS 测定血清 Hcy 参考方法精密度、准确度、特异性均较好, 无分析物残留, 有望在临床实验室 Hcy 测定的量值溯源中发挥一定作用。

## PU-1117

### SIGNR1 在金黄色葡萄球菌感染中的作用研究

张霞

中国人民解放军联勤保障部队第 920 医院, 650000

**目的** 证实金黄色葡萄球菌与小鼠肺巨噬细胞表面 DC-SIGN 相关蛋白 SIGNR1 的相互作用, 探讨 SIGNR1 介导金黄色葡萄球菌免疫应答机制。

**方法** 利用小鼠作为研究对象, 分离培养小鼠腹腔巨噬细胞(pulmonary macrophage, PM), 培养金黄色葡萄球菌并用 FITC 标记, 通过体外特异结合与阻断试验以及肺巨噬细胞对金黄色葡萄球菌捕获实验, 采用激光共聚焦技术及流式细胞术检测, 证实金黄色葡萄球菌与 SIGNR1 的相互作用, RT-PCR 检测 PM 感染金黄色葡萄球菌及特异性 SIGNR1 抗体阻断后 PM 分泌细胞因子的变化。

**结果** 激光共聚焦显微镜检测细胞的培养、细菌的标记及细胞对细菌的捕获, 特异性 SIGNR1 抗体阻断后, PM 对金黄色葡萄球菌的捕获量降低, 说明 SIGNR1 可能介导了 PM 对金黄色葡萄球菌的捕获吞噬。相对于未感染组, 感染组中炎症因子 IL-1 $\beta$ , IL-6, TNF- $\alpha$  和 SOCS-1 的 mRNA 表达水平明显增高。而抗体阻断中, IL-1 $\beta$ , IL-6, TNF- $\alpha$  和 SOCS-1 的水平相对于未感染组及感染组都显著降低。说明 SIGNR1 可能介导了 PM 在吞噬捕获金黄色葡萄球菌中的炎症因子信号, 从而参与其免疫应答, 降低了 PM 对细菌的吞噬能力。

**结论** 证实 SIGNR1 在金黄色葡萄球菌感染中有显著作用。

## PU-1118

### sdLDL 及血浆脂联素与缺血性卒中的相关性研究

孙婷婷, 郑妮

胜利油田中心医院, 257000

**目的** 探讨缺血性脑卒中患者外周血血清 sdLDL 及血浆脂联素浓度的变化, 研究其在缺血性脑卒中发生、发展过程中的作用, 以便为缺血性脑卒中的预防、诊断、治疗及预后提供实验依据。

**方法** 采用过氧化物酶法测定血清 sdLDL 浓度, ELISA 方法检测血浆脂联素, 测定了 100 例缺血性脑卒中 [50 例 2 型糖尿病并发缺血性脑卒中组, 50 例非 2 型糖尿病缺血性脑卒中组] 病人外周血血清 sdLDL 浓度及血浆脂联素变化, 并与 50 例对照组进行比较。

**结果** 缺血性卒中病人外周血血清 sdLDL 浓度明显升高, 与对照组比较差异有显著性 ((1.23 $\pm$ 0.17)vs(0.68 $\pm$ 0.23),  $P < 0.05$ ), 糖尿病卒中组血清 sdLDL 浓度高于非糖尿病卒中组 ((1.26 $\pm$ 0.14)vs(1.19 $\pm$ 0.16),  $P < 0.05$ )。缺血性卒中血浆脂联素浓度低于正常对照组

( $5.3 \pm 1.8$ ) vs ( $9.1 \pm 2.6$ ),  $P < 0.05$ ), 糖尿病卒中组血浆脂联素浓度低于非糖尿病卒中组 ( $5.1 \pm 1.6$ ) vs ( $5.6 \pm 1.8$ ),  $P > 0.05$ )。

**结论** sdLDL 与缺血性卒中的发病有关, sdLDL 可促进动脉硬化的发生, 与动脉硬化性脑梗死有关, 低血浆脂联素浓度是缺血性卒中的危险因素。

## PU-1119

### Coordinative metabolism of glutamine carbon and nitrogen in proliferating cancer cells under hypoxia

Changsen Bai, Binghui Li, Li Ren  
Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

**Objective** Under hypoxia, most of glucose is converted to secretory lactate, which leads to the overuse of glutamine-carbon. However, under such a condition how glutamine nitrogen is disposed to avoid over-accumulating ammonia remains to be determined

**Methods** Using metabolic mass spectrometer, metabolic flux analysis technology and automatic biochemical analyzer to detect the derivation of glutamine carbon and glutamine-related nitrogen compounds in cancer cells under normoxia and hypoxia. Metabolomics techniques were used to screen for differences in nitrogen-containing metabolites in cancer cells under normoxia and hypoxia. Hela cells were inoculated into nude mice to detect changes in metabolites in serum and tumor tissues of tumor-bearing mice and normal mice. The enzymes on the metabolic pathway were knocked down to construct stable cell lines to detect cell proliferation under normoxia and hypoxia. The cell lines were inoculated into nude mice, and the effect of knockdown-related enzyme on cancer proliferation was verified in vivo.

**Results** Here we identify a metabolic flux of glutamine to secretory dihydroorotate, which is indispensable to glutamine-carbon metabolism under hypoxia. We found that glutamine nitrogen is necessary to nucleotide biosynthesis, but enriched in dihydroorotate and orotate rather than processing to its downstream uridine monophosphate under hypoxia. Dihydroorotate, not orotate, is then secreted out of cells. Furthermore, we found that the specific metabolic pathway occurs in vivo and is required for tumor growth. The identified metabolic pathway renders glutamine mainly to acetyl coenzyme A for lipogenesis, with the rest carbon and nitrogen being safely removed.

**Conclusions** Our results reveal how glutamine carbon and nitrogen are coordinatively metabolized under hypoxia, and provide a comprehensive understanding on glutamine metabolism.

## PU-1120

### Clinicopathologic Significance of LAIR-1 Expression in Hepatocellular Carcinoma

Xiaojie Wu<sup>1,2</sup>, Jiangnan Xue<sup>2</sup>  
1. Binzhou People's hospital  
2. Binzhou Medical University

**Objective** Leukocyte-associated immunoglobulin-like receptor-1 (LAIR-1) is an immune inhibitory receptor which is expressed within most types of hematopoietic cells and negatively regulates immune responses. Recently, we found LAIR-1 expression to be present within tumors of non-hematopoietic lineages. However, the roles of LAIR-1 in HCC have yet to be examined. The purpose of this study was to investigate the expression of LAIR-1 in HCC tissue and assess its clinical significance at this site.

**Methods** Expression levels of LAIR-1 within HCC samples collected

from 90 patients and compared with that of slides of normal liver tissue collected from 9 non-HCC patients were measured by immunohistochemistry using tissue microarrays. A semi-quantitative score was assigned, as was based on staining intensity and percent of positive cells and a Spearman Rank correlation test was used to assess any potential significant correlations between LAIR-1 expression and clinicopathological factors. Overall survival analysis was performed using the Kaplan-Meier and Log Rank statistical test.

**Results** LAIR-1 expression was detected in cancer tissue and adjacent tumor tissue, but not in normal liver tissue. The percent of LAIR-1-positive expression in cancer tissue of HCC samples was 97.78% (88/90) while that in adjacent tumor tissue was 96.67% (87/90). Significantly greater expression levels of LAIR-1 were obtained from cancer tissue (Mean+SD = 5.722±2.145) than that in adjacent tumor tissue (4.141±1.486). In addition, LAIR-1 expression was found to be significantly correlated with pathological grade of HCC, T stage and age. Expression levels of LAIR-1 were related with worse overall survival rates of HCC patients, especially in HCC patients with hepatic cirrhosis.

**Conclusions** Results of this study show that LAIR-1 is expressed in HCC tissues and that high levels of LAIR-1 expression are associated with the poor cancer differentiation. In addition, over-expression of LAIR-1 was significantly associated with worse overall survival in the patients with HCC. These data suggest that LAIR-1 may be an independent predictor for clinical outcomes in patients with HCC.

## PU-1121

### 健康人群血清 25-羟基维生素 D 参考区间的建立

张素洁<sup>1</sup>, 居漪<sup>1</sup>, 李卿<sup>1</sup>, 孙贺伟<sup>1</sup>, 冯雪晴<sup>1</sup>, 金中淦<sup>1</sup>, 李水军<sup>2</sup>, 李玉杰<sup>3</sup>, 李金蓉<sup>4</sup>

1.上海市临床检验中心

2.上海市徐汇区中心医院/复旦大学附属中山医院徐汇医院

3.成都新基因格医学检验所有限公司

4.上海枫林医药医学检验有限公司

**目的** 利用多中心、回顾性分析方法, 建立健康人群质谱法 25 羟基维生素 D【25-hydroxyvitamin D, 25 (OH) VD】的参考区间。

**方法** 本研究选取了 2018 年 4 月 28 日至 2018 年 8 月 15 日期间, 三家实验室采用液相色谱串联质谱法 (Liquid chromatography tandem mass Spectrometry, LC-MS/MS) 检测的 974 例健康人群 25 (OH) VD 的浓度, 包括 25-羟基维生素 D<sub>2</sub>【25-hydroxyvitamin D<sub>2</sub>, 25 (OH) VD<sub>2</sub>】和 25-羟基维生素 D<sub>3</sub>【25-hydroxyvitamin D<sub>3</sub>, 25 (OH) VD<sub>3</sub>】

**结果** 剔除 23 例离群值后, 951 例健康人群血清 25 (OH) VD 水平呈非正态分布。其中仅有 47 例 (5%) 25 (OH) VD  $\geq 4.0$  ng/mL (最大值 27.5 ng/mL)。所有检测结果中男性占 445 例 (47%), 25 (OH) VD 平均水平为 13.2 ng/mL (8.6-19.45 ng/mL); 女性占 506 例 (53%), 25 (OH) VD 平均水平为 14.6 ng/mL (10.1-19.8 ng/mL)。二者间差异具有统计学意义 (Z=2.684, P<0.01)。男性 50 岁以下年龄组和 50 岁以上年龄组 25 (OH) VD 分布水平有显著性差异 (Z=3.524, P<0.01); 女性各年龄组间统计均无差异。由此得出健康人群 25 (OH) VD 参考区间为女性为 3.5~31.5 ng/mL, 男性为 5.6~30.7 ng/mL (0~49 岁) 和 2.6~30.1 ng/mL ( $\geq 50$  岁)。

**结论** 本研究使用了多中心回顾性分析统计方法评估了健康人群血清中 25 (OH) VD 的水平, 初步建立了基于质谱法健康人群血清 25 (OH) VD 的参考区间, 为临床诊治提供依据。

## PU-1122

## SCF-E3 泛素连接酶亚基环盒子蛋白 RBX1/2 在胚胎发育过程中的作用

张楠楠

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** RBX1/2 结构是 SCF-E3 泛素连接酶的核心组分。环盒子蛋白基因作为 SCF-E3 泛素连接酶的一个关键指环亚基,在真核生物中进化过程中非常保守,在小鼠和人类中有两个家族成员,分别是环盒子蛋白 1 和环盒子蛋白 2。

**方法** 环盒子蛋白 1 和环盒子蛋白 2 之间存在着较为明显的差异,环盒子蛋白 1 构成的 SCF-E3 泛素连接酶能结合更广泛的目标蛋白,而环盒子蛋白 2 构成的 SCF-E3 泛素连接酶则具有更严谨的目标蛋白选择性。环盒子蛋白 1 构成的 SCF-E3 泛素连接酶更倾向于和 Cul-2/VHL 结合,而环盒子蛋白 2 构成的 SCF-E3 泛素连接酶更倾向于和 Cul-5/SOCS 结合。最近的敲除实验显示,环盒子蛋白 1 和环盒子蛋白 2 功能是非冗余的。在野生型环盒子蛋白 2 存在的情况下,环盒子蛋白 1 的敲除引起小鼠增殖缺陷,从而使其在胚胎早期 E7.5 死亡,而在野生型环盒子蛋白 1 存在的情况下,环盒子蛋白 2 的敲除引起小鼠心血管缺陷,从而使其在胚胎在 E11.5-12.5 间死亡。在酵母 G1-S 细胞周期进展过程中,周期蛋白依赖性蛋白激酶抑制因子 Sic1 的泛素化需要环盒子蛋白 1 发挥功能。缺失环盒子蛋白 1 导致酵母细胞死亡,人类环盒子蛋白 1 或环盒子蛋白 2 的表达可以缓解这种缺失酵母环盒子蛋白 1 导致的细胞死亡。

**结果** 在秀丽隐杆线虫细胞周期进行时,环盒子蛋白 1 对染色体进展的改变非常重要,敲除环盒子蛋白 1 可影响秀丽隐杆线虫细胞减数分裂、有丝分裂,导致染色体难以聚集并且胞质分裂缺失。在果蝇胚胎发育进行时,环盒子蛋白 1 对细胞增殖的进行非常重要,敲除环盒子蛋白 1a 最终导致果蝇死亡,过表达环盒子蛋白 1b 不能缓解环盒子蛋白 1a 缺失导致的死亡。同时验证了环盒子蛋白家族成员的非冗余性。

**结论** 环盒子蛋白 1 的敲除引起小鼠增殖缺陷,从而使其在胚胎早期 E7.5 死亡,环盒子蛋白 1 的敲除导致了 p27 的聚集,从而致使增殖缺陷。p27 的敲除只是能部分缓解,但不能解决环盒子蛋白 1 的敲除引起的小鼠在胚胎早期死亡,表明环盒子蛋白 1 在胚胎发育过程中起着关键作用。

## PU-1123

## 脂蛋白 A 评估缺血性卒中患者预后的价值及最佳切点值选择

夏宏林

宿州市立医院,234000

**目的** 探讨血清脂蛋白 A(Lp(a))最佳切点值与缺血性卒中患者危险因素关系,并对其预后价值评估。

**方法** 纳入 43 例缺血性卒中患者,30 例正常对照组。运用 AU-5400 全自动生化分析仪检测 Lp(a)、同型半胱氨酸(Hcy)、血管紧张素转化酶(ACE)、甘油三酯(TG)等;采用 SPSS 13.0 软件进行统计

**结果** 缺血性卒中组与正常对照组血清 Lp(a)、Hcy、ACE 和 TG 水平差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。运用 SPSS 13.0 软件分析获得 Lp(a)的 AUC 曲线下面积最高,为 0.925;缺血性卒中患者危险因素切点临界值为 30.9 mg/dL。多元 Logistic 回归分析显示 Lp(a)是缺血性卒中患者的独立危险因素,其相对危险系数(OR)分别为 34.021,与 ACE、Hcy 呈正相关性( $P < 0.05$ )。随着 Lp(a)水平的增高,缺血性卒中预后不良患者的比率增高

**结论** Lp(a)是缺血性卒中患者危险因素较好的预测指标, 最佳预测界值是 30.9 mg/dL, 且 Lp(a) 水平的升高是缺血性卒中的独立危险因素之一, 并对其预后的评估提供重要参考指标。

## PU-1124

### 血清睾酮同位素稀释液相色谱串联质谱法建立及应用

孙贺伟,居漪,朱岭峰,李卿,金中淦,张素洁  
上海市临床检验中心

**目的** 建立基于同位素稀释液相色谱串联质谱法 (ID-LC/MS/MS) 的血清睾酮候选参考方法, 应用该方法对临床常规方法正确性进行评价。

**方法** 在 1290-Triple Quad 液相色谱质谱平台建立血清睾酮参考方法, 并对方法各项参数进行优化。同时参照 CLSI C62A 和 EP15 进行方法确认。参考 CLSI:EP9, 收集临床人血清 41 份 (包括女性血清样本), 排除含脂血、黄疸等干扰样本, 分别用临床常规方法 (Beckman Access2 系统) 和本法进行检测, 对临床常规方法正确性进行评价。

**结果** 本方法的线性范围为 1.82-22.5ng/ml.; 批内和批间不精密度分别为 0.7-3.2%, 2-2.8%; 测定参考物质 SRM971 (Level male) 相对偏移为 0.2%。参加并通过 2017 年国际参考实验 RELA 比对。临床常规方法(Beckman Access2)与本法相关性较好:  $Y_{\text{Beckman Access}} = 1.06068 \times X_{\text{LC-MS/MS}} - 0.218811$ ,  $r=0.992$ , 临床常规检测结果低浓度与靶值的平均偏差较大。

**结论** 本研究建立了基于同位素稀释液相色谱串联质谱测定血清总睾酮的方法, 该方法精密度、准确度均较好, 且方法操作简单, 分析时间快速。本研究中, 临床常规方法(Beckman Access2 系统)与本法样本结果之间偏差较大。所以, 仍需进一步加强临床常规血清睾酮检测方法质量控制。

## PU-1125

### 基于蛋白质组学技术研究 IL-35 调控 CD8<sup>+</sup>T 细胞功能的作用机制

李雪芬<sup>1,2</sup>,涂可欣<sup>1</sup>,董月皎<sup>1,2</sup>,陈瑜<sup>1,2</sup>  
1.浙江大学医学院附属第一医院,310000  
2.浙江省临床体外诊断技术研究重点实验室

**目的** 探究分析蛋白质组学技术下 IL-35 对 CD8<sup>+</sup>T 细胞功能的作用通路, 以此为今后进一步的免疫干预策略提供理论依据。

**方法** 本实验通过采集健康成人外周血单个核细胞 (peripheral blood mononuclear cells, PBMC) 并利用磁性分离器对细胞进行阴性选择, 从而富集得到 CD8<sup>+</sup>T 细胞。分离后的 CD8<sup>+</sup>T 细胞经非特异性磁珠 CD3/28 与 100ng/ml 的重组 IL-35 蛋白刺激培养 6 天 (实验组, B 组), 同时设空白对照组 (0 ng/ml IL-35, A 组)。裂解培养后的细胞并对所得蛋白进行酶解, 使用 TMT 标记肽段混合物, 随后对其进行高 pH 反相分离和 nano-HPLC-MS/MS 分析; 并利用 PEAKS Studio version X 筛选出样本差异蛋白进行 GO、KEGG Pathway 等数据分析。

**结果** 经 GO 功能分析筛选出 IL-35 对 CD8<sup>+</sup>T 细胞的功能调控, 对差异最显著层级蛋白进行功能富集分析, 结果显示在生物过程中 IL-35 作用后负调控蛋白占比最大, 在负调控过程中细胞免疫抑制调节及外界刺激调节蛋白受 IL-35 影响最明显。IL-35 处理后差异蛋白的相关细胞器中, Bcl3/NF- $\kappa$ B2 复合物、CURI 复合物、UTP-C 复合物及 IL-12 复合物, 线粒体核糖体大亚基及细胞器核糖体大亚基较为显著, 同时细胞-基质粘附连接和锚定连接细胞器较多。受 IL-35 作用后的差异蛋白分子功能中 RAGE 结合受体占比增多。另外, 通过 KEGG 数据库对上述差异蛋白作

Pathway 富集分析显示, 差异蛋白功能基本围绕在 CD8<sup>+</sup>T 细胞信号传导, 细胞迁移、细胞代谢、细胞抑制和肿瘤相关等功能范围, 其功能富集主要以花生四烯酸代谢途径为主。

**结论** IL-35 抑制 CD8<sup>+</sup>T 细胞免疫反应, 主要影响细胞趋化作用、通过花生四烯酸通路影响细胞代谢与细胞毒性反应。

## PU-1126

### 研究嗜酸性粒细胞数值及血清总 IgE 对反复呼吸道感染患儿的治疗意义

菜莉莉

宿州市立医院,234000

**目的** 研究嗜酸性粒细胞数值及血清总 IgE 在反复呼吸道感染患儿的治疗意义

**方法** 选取 2017-2018 年我院就诊的呼吸道感染的患儿 60 例, 将反复呼吸感染的患儿 30 例作为反复感染组, 诊断第一次呼吸道感染的患儿 30 例初次感染组, 同时选取门诊正常体检儿童 20 例作为对照组, 三组均予以完善嗜酸性粒细胞计数及血清总 IgE 检测, 比较三组嗜酸性粒细胞数值及血清总 IgE 水平

**结果** 反复感染组患儿嗜酸性粒细胞数值与初次感染组无明显差异 ( $P=0.481$ ), 反复感染组和初次感染组患儿嗜酸性粒细胞数值均高于健康组儿童, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 反复感染组患儿血清总 IgE 水平高于初次感染组和对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 初次感染组患儿血清 IgE 水平与对照组儿童检查结果对比差异没有统计学意义 ( $P=0.656$ )

**结论** 临床诊断呼吸道感染的患儿其过敏因素较为常见, 尤其以反复呼吸道感染患儿明显, 临床上因密切注意此点, 避免抗生素滥用及医疗资源的浪费。

## PU-1127

### Sysmex XN-9000 血液分析流水线的 3R 规则在复检中的适用性的验证分析

殷勤

陆军军医大学大坪医院

**目的** 验证现有的血细胞复检规则是否适用于 Sysmex XN-9000 血液分析流水线, 讨论 XN-9000 的 3R 规则在保证检测结果准确性的优势和局限

**方法** 选取 511 住院病人全血标本, 用 Sysmex XN-9000 血液分析流水线检测, 统计阳性结果预测值、阴性结果预测值、假阳性率、假阴性率、复检率等

**结果** 验证得到阳性结果预测值 18.09%、阴性结果预测值 96.64%、假阳性率 15.07%、假阴性率 2.74%、Rerun 率 1.76%、Reflex 率、5.48%、总复检率为 20.55%

**结论** Sysmex XN-9000 血液分析流水线的 3R 复检规则适用于本实验室的血液分析检测, 降低人工复检率, 能够满足临床需要

## PU-1128

## 徐州地区 50~80 岁表观健康人群红细胞沉降率 参考区间的建立

李裕管

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 评价 TEST1 自动血沉仪(简称 TEST1 血沉仪)的主要性能指标,探讨其临床应用价值,建立徐州地区表观健康人群红细胞沉降率(ESR)的参考区间。

**方法** TEST1 自动血沉分析仪检测 180 名 50~80 岁表观健康个体的血沉值,按照性别进行分组比较,以 $\pm 1.96$  确定参考区间。另外选取 30 名 50~80 岁表观健康人进行参考区间验证。

**结果** TEST1 血沉仪法的准确性、重复性和稳定性比标准方法好。健康女性的 ESR 值比健康男性更高,并且随着年龄的增长而增加。并且 50~80 岁表观健康人群男、女红细胞沉降率水平差异有统计学意义( $p < 0.05$ )。

**结论** TEST1 血沉仪具有安全、简便、快速以及标本处理的一致性等特点,建立 TEST1 血沉仪法参考区间对检测大样本量的临床实验室较适宜。

## PU-1129

## 高渗状态对 MCV 检测的影响

郭迎雪,刘秀敏

吉林大学第二医院,130000

**目的** 随着糖尿病发病率的升高,临床上高渗性昏迷的患者亦越来越常见,平均红细胞体积(MCV)是临床检验中常用的检测项目,对辅助临床医生诊断及治疗有着重要的意义。本文主要研究高渗状态对 MCV 检测的影响。

**方法** 选取 2018 年 11 月-2019 年 03 月我院 40 例血糖在 33.3mmol/L 及以上糖尿病高渗性昏迷的患者(除外任何能够导致红细胞数目及形态变化的疾病),用 EDTA-K2 真空抗凝管采血 2ml,应用 Sysmex XN 2000 全血细胞分析仪检测红细胞计数(RBC)及平均红细胞体积(MCV);应用微量比容法测定红细胞比容(HCT),应用公式法( $MCV = \text{每升血液中红细胞比容(HCT)} / \text{每升血液中红细胞计数(RBC)}$ )求得平均红细胞体积(MCV),比较两种检测方法测得的 MCV 有无统计学差异。

**结果** 应用 Sysmex XN 2000 全血细胞分析仪测定的 MCV 明显大于微量比容法及应用公式测得的 MCV ( $P < 0.05$ )。

**结论** 高渗状态导致 MCV 假性增高,医生应对高渗状态患者的病情做出正确判断。

## PU-1130

## Quantitative immunoassay of autoantibodies: utility in diagnosis of SLE and monitoring disease activity

Mingjun Liu, Xiaoying Shang, Guirong Sun, Teng Yu, Yuan Yao, Lin Wang  
The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** The detection of autoantibodies plays an important role in the diagnosis of SLE. The cross-sectional studies have revealed some autoantibodies are correlated with SLE Disease Activity Index (SLEDAI). However, data are insufficient on longitudinal monitoring of disease

activity. Qualitative results cannot do better at reflecting the disease activity than quantitative results. Here, we intended to assay autoantibodies by a quantitative immunoassay in SLE patients, and evaluate their diagnostic value and the performance of longitudinal monitoring disease activity.

**Methods** We quantified in serum samples of 114 SLE patients, 14 autoantibodies by a quantitative multiplexed bead-based flow fluorescent immunoassay and correlated these with clinical and laboratory parameters.

**Results** The serum level of each antibody was significantly higher in SLE than the HC and OAD ( $p < 0.01$ ). Anti-dsDNA, anti-Nucl, anti-Sm, anti-RNP and anti-C1q showed good utility in SLE diagnosis. Anti-C1q could be the best diagnostic marker for LN. The decreased levels of anti-Nucl, anti-His, anti-dsDNA, anti-C1q and anti-Scl-70 were found following treatments ( $p < 0.001$ ). The serum level variations of these antibodies were positively correlated with variations of SLEDAI ( $p < 0.01$ ). Although the levels of C3 and C4 increased after treatments, the change was not related to the change of SLEDAI ( $p > 0.05$ ). Anti-Nucl, anti-His, anti-dsDNA, anti-C1q and anti-Scl-70 could be more useful than C3 and C4 for longitudinal monitoring of SLE disease activity.

**Conclusions** Quantitative immunoassay of these autoantibodies performs good utility in the diagnosis of SLE and assessing disease activity, supporting the routine monitoring in clinical practice.

## PU-1131

### 全自动血细胞分析仪检测中白细胞假性升高 1 例分析

解雯琴

宿州市立医院, 234000

**目的** 对全自动血细胞分析仪检测发现的 1 例白细胞假性升高病例进行回顾性分析, 探究其原因并提出相应解决方案, 为做出准确的临床检验提供理论依据

**方法** 本研究以 2018 年 8 月我院新生儿科收治的 1 例新生儿肺炎患儿作为研究对象, 对患儿外周血标本分别采用 sysmex XS-1000i 仪器、sysmex XN-1000 仪器进行血常规检测, 同时采用血涂片手工校正法检测该标本

**结果** sysmex XS-1000i 仪器检测白细胞结果为  $51.78 \times 10^9/L$ , 超过危急值; sysmex XN-1000 仪器检测白细胞结果为  $12.58 \times 10^9/L$ , 血涂片手工校正法结果为  $12.10 \times 10^9/L$ , 二者均在参考值范围

**结论** 对于新生儿患儿, 尤其是重症患儿、早产儿的血常规分析应使用 sysmex XN-1000 仪器检测, 同时进行血涂片手工校正法检测纠正白细胞计数, 方可发出检验报告以保证检验结果的准确性。

## PU-1132

### Identification of NPAC as a novel biomarker and regulator for hepatocellular carcinoma

Yong Gao<sup>1</sup>, Xiaojie Wu<sup>2</sup>

1. Guangzhou University of Chinese Medicine

2. Binzhou People's hospital

**Objective** Hepatocellular carcinoma (HCC) has a high morbidity and mortality around the world, yet the effective therapeutic option for HCC is still limited. NPAC, also known as glyoxylate reductase 1 homolog, is a new nuclear protein recently implicated in tumor biology. However, the role of NPAC in HCC remains unclear. The present study aimed to evaluate the clinical significance and potential role of NPAC in HCC.



**Methods** The NPAC expression in HCC tissues and matched adjacent normal tissues was detected by real - time polymerase chain reaction, immunohisto-chemistry (IHC), and Western blot analysis. The clinical significance of the expression of NPAC in HCC was assessed by the Kaplan - Meier survival curve and the Cox regression model. In addition, we established a doxiline - induced overexpression of the NPAC system. The effects of NPAC on HCC cell proliferation, migration, and apoptosis were checked by CCK - 8 proliferation assays, transwell, and flow cytometry, respectively.

**Results** The NPAC expression was significantly downregulated in HCC tissues and HCC cell lines. NPAC reduction was significantly correlated with poorer survival among patients with HCC, and the multivariate analysis confirmed its independent prognostic value. Furthermore, overexpression of NPAC dramatically suppressed the proliferation of HCC cells and promoted HCC cells apoptosis. Besides, the levels of phosphorylation of janus kinase 2 (JAK2) and signal transduction and activator 3 (STAT3) were significantly reduced after overexpression of NPAC in HCC cell lines.

**Conclusions** These results suggest that NPAC may play an important role in the development and progression of HCC, and can act as a novel potential prognostic biomarker and therapeutic target for HCC.

## PU-1133

### LAIR-1 对人急性髓系白血病细胞 HEL 增殖、 凋亡和迁移的影响

吴肖婕<sup>1,2</sup>, 薛江楠<sup>2</sup>

1.滨州市人民医院, 256600

2.滨州医学院

**目的** 研究人白细胞相关免疫球蛋白样受体 1 (leukocyte - associated immunoglobulin - like receptor 1, LAIR - 1) 对人红白血病细胞 HEL 增殖、凋亡和迁移的影响, 探讨 LAIR - 1 在急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 中的作用。

**方法** 采用

LAIR - 1 慢病毒表达载体 (LV - LAIR - 1) 转染 HEL 细胞, 建立稳定高表达 LAIR - 1 的 HEL 细胞株, 分别采用流式细胞术、激光扫描共聚焦显微技术、western blotting 和 RT - PCR 鉴定 LAIR - 1 分子的表达效率。采用 CCK - 8 试剂盒、FITC Annexin V 凋亡试剂盒和 Transwell 迁移实验分别检测 LAIR - 1 对 HEL 细胞增殖、凋亡和迁移能力的影响。

**结果** 实验结果显示, 经 LV - LAIR - 1 转染的 HEL 细胞高表达 LAIR - 1 分子, 阳性率达到 85% 以上; 功能实验结果显示, 与对照组细胞相比, LAIR - 1 能够显著抑制 HEL 细胞的增殖 ( $P < 0.001$ ), 并且促进其凋亡 ( $P < 0.01$ ), 但是对细胞迁移能力无明显影响 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 上述研究结果显示, LAIR - 1 分子的表达能够影响人 AML 细胞的生物学功能。

## PU-1134

**GLDC expression in B-cell lymphoma**

Xiangdong Li  
Shandong Provincial Qianfoshan Hospital

**Objective** P53 gene mutation is a critical factor that affects many tumors including B-cell lymphoma. Regardless, it remains unclear how p53 mutations cause tumorigenesis. This study aimed to assess the relationship between glycine decarboxylase (GLDC) and p53-mutated B-cell lymphoma.

**Methods** Point mutations in human lymphoma cells were detected via the PCR-SSCP method. In addition, GLDC amounts in SU-DHL-9 and SU-DHL-1 cells were evaluated by quantitative real-time PCR (qRT-PCR) and immunoblotting at the gene and protein levels, respectively. GLDC silencing was performed via siRNA technology in SU-DHL-1 cells, and confirmed by western blot. In established mouse models of SU-DHL-1 and SU-DHL-9 B-cell lymphoma, GLDC gene (qRT-PCR) and protein (immunoblotting) expression levels were assessed.

**Results** We found that SU-DHL-9 had no point mutations, and SU-DHL-1 and SU-DHL-8 cells revealed one point mutation each. SU-DHL-1 cells exhibited increased GLDC mRNA and protein expression levels, while SU-DHL-9 exhibited markedly reduced amounts of GLDC protein in the siRNA group, compared with the blank- and negative-control groups. Animal experiments revealed higher GLDC gene and protein expression levels in SU-DHL-1-induced mouse lymphoma.

**Conclusions** Human B-cell lymphoma experiments revealed higher GLDC protein amounts in human B-cell lymphoma cells in the P53-positive group, compared with the P53-negative counterparts. Our research supports a direct relationship between GLDC expression and p53 gene-mutated B-cell lymphoma and Providing targets for new drugs.

## PU-1135

**基于 COPAN WASP Lab 联合 VITEK MS 建立阳性血培养快速鉴定的流程体系**

白露,徐修礼  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 应用.biomérieux Myla 连接 COPAN WASPLab 与 VITEK MS, 对传统血培养阳性标本处理流程再造进行初步探索, 建立阳性血培养快速鉴定的流程体系。

**方法** 首先, 实验一选取我院冻存的阳性血培养不同种属的菌株 72 例, 配成 0.5MCF 菌悬液注入血培养瓶中, 待报警阳性后, 分别应用 COPANWASPLab 接种孵育培养, 自接种后设置每 1 小时的拍照模式, 记录其经短时间培养的后菌落生长情况。评估其最快的生长及鉴定时间, 建立 biomérieux Myla 连接 COPAN WASPLab 与 VITEK MS 后, 分析前期、中期、后期的流程体系, COPAN WASPLab 与 VITEK MS 可以进行标本信息同步, 无需手工干预记录。

**结果** 实验一 72 株冻存菌株中, 以 VITEK MS 鉴定率为 90%以上为准: 革兰阴性菌 32 株平均鉴定时间为 4 小时, 革兰阳性菌 30 株平均鉴定时间为 6 小时, 酵母菌 10 株平均鉴定时间为 8 小时。(COPANWASPLab 系统按每 1 小时整为设置时间)。

**结论** 新的流程体系与传统的方法相比, 将 TAT 时间显著缩短。

## PU-1136

## 生化检验中化学发光免疫测定技术的应用效果观察

刘雯

天津市第一中心医院,300000

**目的** 观察应用化学发光免疫测定技术的效果。生化检验方式有放射免疫方法检验和化学免疫方法,本次研究的主要目的在于分析化学性检验方法的效率和安全性能,通过研究此方法具有比较简单的操作功能。针对甲状腺肿瘤患者进行病症的确诊具有重要的意义和价值,能够提升治疗的效率和质量,通过检测球蛋白含量,可以确定患者的病症。传统的放免检验对于检查结果的假阳性和假阴性影响的几率比较高,而且在实际的治疗和检查中存在很大的操作难度,因此,应当进行检验方式的创新和发展,实现对甲状腺病症检验的效率的提升目标。

**方法** 针对本次研究进行相关患者资料的收集,采取随机分组的方式划分为两组,采取不同方式的生化检验,记录检验过程和结果信息,为后续研究比对提供依据。

**结果** 本次研究发现,实验组生化检验结果,敏感度明显优于对照组,两组比较差异具有统计意义( $P<0.05$ )。

**结论** 针对两种检查方式进行科学的实验和对比能够实现,化学方式的发光检验方法对于实际的甲状腺肿瘤病症检查具有重要的检验作用,能够提升检验的实际效率,而且在实验的灵敏度、特异性和符合几率层面都具有较高的价值和作用。根据本次研究需要进行相关信息的记录和分析、总结得到以下的结果信息。通过本次的研究能够发现,针对患者的病症采取生化检验的方式能够及时有效的诊断患者的病症情况,应用化学发光免疫监测的方式有助于提升检验的效果和效率,化学方式的检验具有比较好的灵敏度,实际的特异性表现非常清晰,还能够大大的缩短实际的检验和诊断时间,对于临床的检验工具具有较好的影响效果,值得临床中推广。

## PU-1137

## 不同检验方法应用于丙型肝炎检验中的临床效果观察

刘雯

天津市第一中心医院,300000

**目的** 对于当前检验丙型肝炎的不同方法在临床方面表现出来的不同效果进行观察与分析。本次研究采用的是当前临床常用的一些方法,如酶联免疫方法、电化学发光法以及饼干 RNA 检测方法等,主要就是通过将这 3 中方法得出的检验结果对比分析找出丙肝检验的最佳方法。

**方法** 对 120 例患有丙型肝炎的患者进行血液采集,并采用酶联免疫法、电化学发光以及丙肝 RNA 检测法分别进行血液检验,通过对比 3 中方法当中呈阳性反应的比率进行分析。

**结果** 酶联免疫法这一方法检验使用之后,有 63 例呈现出阳性反应,其阳性率为 52.50%;电化学发光这一检测方法使用之后,有 85 例呈现出阳性反应,其阳性率为 70.83%;丙肝 RNA 检测使用之后,有 102 例出现了阳性反应,其阳性率 85.00%;组间相比差异有统计学意义( $\chi^2=30.03$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** 丙肝 RNA 检测法、酶联免疫方法以及电化学发光法丙肝进行检测的结果进行接近,这与过去研究结果基本一致,证实本次研究丙肝检测方法这一结果基本可靠。但是通过本次研究,通过数据证实,无论是酶联免疫这种检测方法,还是电化学发光法亦过着丙肝 RNA 检测法,都在对丙型肝炎进行检测期间具有显著的临床方面效果。同时,在进行实验研究期间发现,电化学方法检测法比酶联免疫检测方法准确率高,而丙肝 RNA 这种对丙型肝炎进行检测的方法比酶联免疫检测法和电化学发光检测的结果的正确率更高,同时这种方法操作非常便捷,检测时间非常短,并且不需要其他的设备进行辅助,还可应用于单标本的检测。所以,丙肝 RNA 这一检测方法可以作为当前临床方面用来进行丙型肝炎确诊的首选方法,而电化学发光法以及酶联检测方法可以对其进行辅助检

测。丙肝 RNA 检测法对丙型肝炎的早期发现以及提前预防具有十分重要的使用价值，其适合在国内基层医院普遍进行使用。

## PU-1138

### VI 型分泌系统在鲍曼不动杆菌致病及耐药性中的作用研究

喻凯航<sup>1</sup>,陈栎江<sup>2</sup>,方人驰<sup>2</sup>,毕文姿<sup>3</sup>,张秀彩<sup>2</sup>,张艺之<sup>2</sup>,周铁丽<sup>2</sup>,曹建明<sup>1</sup>

1.温州医科大学

2.温州医科大学附属第一医院医学检验中心

3.浙江大学医学院附属第四医院检验科

**目的** 研究 VI 型分泌系统 (T6SS) 在鲍曼不动杆菌致病性和耐药性中的作用。

**方法** 收集分离自血流感染患者血液标本分离的鲍曼不动杆菌 45 株, 采用 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析仪测定其对临床常用抗菌药物敏感性; PCR 检测菌株 T6SS 主要效应蛋白编码基因 hcp 的携带情况; 对 T6SS 阳性鲍曼不动杆菌和 T6SS 阴性鲍曼不动杆菌分别进行生物膜形成能力检测、抗血清试验和体外竞争试验; 收集并分析鲍曼不动杆菌血流感染患者的临床资料及转归情况。

**结果** 45 株鲍曼不动杆菌中 T6SS 阳性率为 53.3% (24/45); T6SS 阳性鲍曼不动杆菌的生物膜形成能力、血清抗性和竞争能力均高于 T6SS 阴性鲍曼不动杆菌 ( $P<0.05$ 、 $P<0.01$  和  $P<0.05$ ); T6SS 阳性鲍曼不动杆菌对临床常用抗菌药物的耐药率高于 T6SS 阴性鲍曼不动杆菌 ( $P<0.05$ ); ICU 病房来源鲍曼不动杆菌的 T6SS 阳性率高于非 ICU 来源菌株 ( $P<0.05$ ), 但鲍曼不动杆菌是否携带 T6SS 对患者的预后无明显影响 ( $P=0.188$ )。

**结论** T6SS 与鲍曼不动杆菌的致病性有关, 且较高的耐药率使得治疗极为困难, 亟需引起临床尤其是 ICU 病房的高度重视。

## PU-1139

### Positive correlation of serum C1q level with erythrocyte sedimentation rate in patients with systemic sclerosis

Chenxi Liu, Yongzhe Li

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Activation of the C1 complex initiates the classical complement pathway. We compared serum levels of C1q, a subunit of the C1 complex, in patients with systemic sclerosis (SSc) and healthy controls, and determined the relationship of C1q level with erythrocyte sedimentation rate (ESR) and C reactive protein (CRP) level in patients with SSc.

**Methods** Serum C1q levels were determined in 137 SSc patients and 105 healthy controls from Peking Union Medical College Hospital. C1q levels in SSc patients with elevated or normal ESR and CRP levels were also compared.

**Results** SSc patients had higher C1q levels than healthy controls ( $208.84 \pm 44.85$  vs.  $193.90 \pm 27.63$  mg/L,  $P = 0.002$ ). Patients with diffuse cutaneous SSc and limited cutaneous SSc had similar C1q levels ( $208.39 \pm 38.30$  vs.  $213.08 \pm 50.91$  mg/L,  $P = 0.67$ ). C1q levels were significantly higher in SSc patients with elevated ESRs than in those with normal ESRs ( $224.79 \pm 48.99$  vs.  $193.12 \pm 33.97$  mg/L,  $P = 2.44 \times 10^{-5}$ ), but were similar in those with elevated and normal CRP levels ( $221.29 \pm 58.07$  vs.  $205.19 \pm 39.79$  mg/L,  $P = 0.079$ ). There was a positive correlation between C1q level and ESR ( $\rho = 0.415$ ,  $P = 4.45 \times 10^{-7}$ ), but no significant correlation of C1q and CRP levels.

**Conclusions** C1q level was greater in patients with SSc than healthy controls, and C1q level correlated with ESR in patients with SSc.

## PU-1140

### Prx2 促进幽门螺杆菌诱导的炎症癌恶性转化机制研究

冯一民

山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨 Prx2 在幽门螺杆菌感染所致的慢性炎症到癌症恶性转化中的作用, 为寻求新的胃癌防治生物靶标提供理论依据。

**方法** 1. Prx2 在幽门螺杆菌感染胃部组织标本中的表达分析: 通过 Real-time PCR 及免疫组化检测幽门螺杆菌感染阳性的癌旁正常组织、浅表性胃炎、萎缩性胃炎伴肠化生及胃癌组织病例标本中 Prx2 的表达水平。

2. 体外分析幽门螺杆菌及其毒力因子 CagA 调控 Prx2 对胃癌细胞增殖的影响: 通过 Real-time PCR 及 western blot 检测幽门螺杆菌感染及 CagA 转染对 Prx2 的表达影响; 利用细胞克隆形成实验及 MTT 实验验证幽门螺杆菌及 CagA 对细胞增殖的影响; 通过细胞转染 Prx2 siRNA 及过表达质粒证实 Prx2 参与幽门螺杆菌诱导的细胞增殖。

3. 动物实验分析 Prx2 在幽门螺杆菌感染所致炎症癌恶性转化中的作用: 利用幽门螺杆菌标准菌株 SS1 进行蒙古沙鼠灌胃造模, 筛选稳转细胞系进行裸鼠皮下种植成瘤实验, 检测幽门螺杆菌对细胞增殖及炎症癌恶性转化的影响, 并揭示 Prx2 在此过程中的作用。

**结果** 1. 组织标本检测中, Prx2 的表达升高不仅发生在胃部肿瘤组织中, 也发生在胃炎标本中, Prx2 的异常表达是一个早期事件。

2. 幽门螺杆菌感染胃癌上皮细胞可以诱发 Prx2 表达的上调, Prx2 促进幽门螺杆菌感染引发的细胞增殖。

3. 动物实验表明幽门螺杆菌可以引起胃炎直至胃癌的发生, 而 Prx2 促进此过程的发生。

**结论** Prx2 的活化存在于幽门螺杆菌感染所致的炎症早期, 先于肿瘤的发生而存在, 提示 Prx2 作为胃癌早期检测与诊治的潜在靶点, 在胃癌的预防、预后及治疗中具有广泛的应用前景。

## PU-1141

### Analysis of anti-RNA polymerase III antibodies in Chinese Han systemic sclerosis patients

Chenxi Liu, Yongzhe Li

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** To assess the prevalence and clinical correlation of anti-RNA polymerase III antibodies (anti-RNAP III) in Chinese Han systemic sclerosis (SSc) patients.

**Methods** Serum samples from 236 patients with SSc, 125 patients with connective tissue diseases (CTD), and 78 healthy controls (HCs), recruited from Peking Union Medical College Hospital and 21 other medical centers in China, were tested for antibodies to RNA polymerase III by means of a line immunoassay (LIA) or an enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) kit.

**Results** Anti-RNAP III antibodies were found in 14/236 SSc patients (5.93%), 1/125 (0.80%) CTD patients, and 0/78 (0.00%) HCs. The prevalence of anti-RNAP III was higher in SSc patients than in the CTD and HC groups ( $p=0.002$ ). Renal crisis was significantly more common in patients with anti-RNAP III than patients without anti-RNAP III (42.9% vs. 4.1%,  $p<0.0001$ ). Gastrointestinal involvement was significantly more common in patients without anti-RNAP III than patients with

anti-RNAP III (53.6% vs. 21.4%,  $p=0.039$ ). There was good agreement between the ELISA and line immunoassay (LIA) detection capabilities for anti-RNAP III.

**Conclusions** The anti-RNAP III antibody, which was detected by ELISA, has diagnostic value for SSc and predictive value for SSc-related renal crisis. Both ELISA and LIA are very reliable methods for anti-RNAP III.

## PU-1142

### Several Single Nucleotide Polymorphisms Are Not Associated with Systemic Sclerosis in Chinese Han Population

Chenxi Liu, Yongzhe Li  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Systemic sclerosis (SSc) is an autoimmune disease characterized by fibrosis, and genetic susceptibility plays an important role in its pathogenesis. Whole-exome sequencing(WES) studies in SSc patients have identified several variants in different genes. We investigated the association between these variants and SSc in Chinese Han population.

**Methods** We studied the relationship between 25 single nucleotide polymorphisms (SNPs) on 15 genes and the susceptibility of SSc in Chinese Han population. We used Sequenom MassARRAY technology to genotype SNPs in 100 diffuse SSc, 1000 genome database as control.

**Results** The results showed that rare mutations in foreign populations were not verified in the Chinese Han SSc population, and studies have shown racial differences between genetic susceptibility.

**Conclusions** Further studies in other populations are needed to confirm our findings.

## PU-1143

### 克拉玛依地区育龄期妇女 AMH 与性激素相关分析

王福刚, 王晓妹, 朱文秀, 刘雅琳, 罗超  
新疆克拉玛依市人民医院

**目的** 探讨克拉玛依地区育龄期妇女 AMH 和性激素水平及其之间关系。

**方法** 选取 2018 年 2 月~2019 年 2 月来院检查 AMH 与性激素的育龄期妇女 223 例, 按年龄分组对结果进行统计分析。

**结果** AMH 水平随年龄增加而递减, 小于 35 岁 AMH 水平明显高于 35 岁以上 ( $P<0.05$ );  $E_2$ 、LH、PRL 和 Prog 各年龄间无差异 ( $P>0.05$ ); FSH 40 岁以下明显低于 40 岁以上 ( $P<0.05$ ); Test 30 岁以下明显高于 45 岁以上 ( $P<0.05$ )。AMH 与 LH、Test 在 25~29 岁正相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 0.4153 及 0.4886; AMH 与 FSH 在 30~34 岁负相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 -0.3872; AMH 与 Test 30~34 岁正相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 0.4029; AMH 与 FSH、LH 在 40~44 岁负相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 -0.3543 和 -0.3555。30 岁以下时, AMH 与 LH 和 Test 存在线性方程  $Y=0.8146x+4.2335$  和  $Y=0.0230x+0.1873$ ; 30~35 岁, AMH 与 FSH 和 Test 存在线性方程  $Y=-0.3728x+7.9446$  和  $Y=0.0276x+0.1628$ ; 40~45 岁, AMH 与 FSH 和 LH 存在线性方程  $Y=-8.7690x+27.3977$  和  $Y=-4.9131x+17.3584$ 。

**结论** 综合育龄期妇女年龄、AMH 和性激素水平, 能够更好、更全面地预测卵巢功能。

## PU-1144

## 济南地区儿童呼吸道病原体 IgM 抗体检测结果分析

冯一民

山东大学第二医院,250000

**目的** 分析济南地区 8 项呼吸道病原体 IgM 抗体在呼吸道感染儿童中的流行情况和感染特点,为临床有效防治提供理论依据。

**方法** 收集本院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月就诊的具有急性呼吸道感染症状的患儿 5847 例,采用间接免疫荧光法检测 8 种呼吸道病原体的 IgM 抗体,包括呼吸道合胞病毒、腺病毒、甲型流感病毒、乙型流感病毒、副流感病毒、肺炎衣原体、嗜肺军团菌和肺炎支原体,并对结果进行统计学分析。

**结果** 12164 份患儿血清标本中共检出 IgM 抗体阳性 4272 份,总阳性率为 35.12%,单项感染阳性率为 27.76%,混合感染阳性率为 7.36%。其中肺炎支原体阳性率最高(19.89%),其次为乙型流感病毒(8.02%)和副流感病毒(7.85%),其余几种病原体阳性率较低。肺炎支原体、乙型流感病毒阳性率女童高于男童,性别组间感染阳性率差异有统计学意义( $P < 0.01$ );  $>1$  岁年龄组中感染率高于  $<1$  岁的患儿呼吸道病原体感染率,在不同年龄组的分布差异具有统计学意义( $P < 0.05$ );病原体的感染季节性分布存在差异,春夏秋冬四季感染率分别为 37.6%、23.1%、28.7%、42.2%,其中春季和冬季的阳性率较秋季和夏季高,差异具有统计学意义( $P < 0.001$ )。

**结论** 8 种病原体具有各自的感染特点和流行趋势,儿童在不同年龄、不同季节呼吸道病原体的感染率各不相同。引起济南市儿童急性呼吸道的病原体以肺炎支原体、乙型流感病毒和副流感病毒为主,春冬季感染高发,女童及年龄较大的儿童感染率更高。

## PU-1145

## Depression in systemic sclerosis: a meta-analysis

Chenxi Liu, Yongzhe Li

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Several systematic autoimmune diseases, such as primary sjögren's syndrome, have been reported to show a higher incidence of depression but the data on systemic sclerosis (SSc) remains unclear. We conducted a systematic review and meta-analysis of observational studies to evaluate the association between SSc and depression.

**Methods** Systematic searches of PubMed, EMBASE, Web of Science, the Cochrane Library, and Scopus were conducted, without language restrictions, to identify studies published by March 10, 2019. Studies were screened according to inclusion and exclusion criteria and the qualities of the included studies were evaluated. The data were analyzed using Stata 12.0 software (Stata Corporation, College Station, TX, USA).

**Results** Eight studies with 1298 SSc patients and 232 healthy controls were selected according to specific inclusion criteria. In this review, psychometric indicators were used to assess the severity of depression, such as PHQ-9; HADS; CES-d and Zung Depression Scale. The results showed that the depression score of patients with SSc was higher than that of the control group, and SSc was associated with an increased prevalence of depression.

**Conclusions** Rheumatologists should be aware of the potential psychiatric comorbidities. Early recognition and appropriate intervention are critical to improving the patient's quality of life and disease outcome.

## PU-1146

## 肝细胞肝癌患者血清 MicroRNA-223 在血清中的表达及临床意义

潘华政,张海平,王盼,王中军,曹永献

青岛大学附属医院

**目的** MicroRNA 能够在肿瘤患者血清或血浆中检测到, 可以作为潜在的肿瘤非侵袭性诊断或治疗性靶标。探讨在肝细胞肝癌患者血清中 MicroRNA-223 表达水平及其与肝癌患者临床病理特征的关系, 为 MicroRNA-223 作为肝癌诊断与治疗靶标的筛选提供理论数据。

**方法** 收集青岛大学附属医院肝胆外科手术切除 25 例肝癌组织及癌旁组织, 对其进行 MicroRNA 芯片筛选, 选出肝癌组织中异常表达的 MicroRNA。收集 64 例肝癌患者术前血清样本(肝癌组), 收集 56 例健康体检者血清样本作为对照组, 采用实时荧光定量 PCR 技术检测肝癌患者和正常人血清中 MicroRNA-223 的表达水平, 分析肝癌患者术前血清 MicroRNA-223 表达与临床病理特征的关系。

**结果** MicroRNA 芯片检测肝癌肿瘤组织中 MicroRNA-223 较癌旁组织明显增高。与对照组相比, 肝癌组患者血清 MicroRNA-223 显著上调, 差异有统计学意义。

**结论** MicroRNA-223 在肝癌患者血清中高表达, 可能对肝细胞肝癌的诊断及治疗具有一定临床价值。

## PU-1147

## LPA-GPR35 axis may be a new prognostic factor of serous ovarian carcinoma patients with TP53 mutation and chemotherapy

Yumin Wu

THE FIRST PEOPLE'S HOSPITAL OF CHANGZHOU

**Objective** Lysophosphatidic acid (LPA) is an extracellular biological lipid. G protein-coupled receptor 35 (GPR35) is identified as the receptor of LPA. Our aim was to understand the role of the LPA-GPR35 axis in serous ovarian carcinoma.

**Methods** LPA and GPR35 expression was analyzed via the Oncomine database, Gene Expression Profiling Interactive Analysis database (GEPIA), tissue microarray, and GEO database. The influence of LPA and GPR35 on clinical prognosis was evaluated by Kaplan-Meier plotter. The correlations between the LPA-GPR35 axis and cancer immune infiltrates was investigated via the Tumor Immune Estimation Resource (TIMER).

**Results** LPA and GPR35 expression was downregulated in most carcinoma tissues, which were also downregulated after chemotherapy, and reduced LPA and GPR35 was associated with higher histological grade and poor survival. According to the immunohistochemistry data, low GPR35 was found to be significantly associated with increased lymph node metastasis, and high LPA and GPR35 were found to be correlated with worse prognosis in patients with TP53 mutation according to the Kaplan-Meier plotter. In addition, TP53 mutation had significantly positive correlations with infiltrating levels of macrophages, and the LPA-GPR35 axis was positively correlated with infiltrating levels of CD4+T cells, macrophages, and dendritic cells.

**Conclusions** These findings suggest that the LPA-GPR35 axis may be a new prognostic factor of ovarian cancer, especially in patients with TP53 mutation and chemotherapy, and it has the potential to influence the immune infiltration of tumor-associated macrophages, which may provide a new therapeutic strategy for the treatment of ovarian cancer.



## PU-1148

## IL-1 $\beta$ 和 IL-18 在非酒精性脂肪性肝病中的变化及临床意义

马万山

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨血清炎症因子白介素(Interleukin, IL)-1 $\beta$ 、IL-18 在非酒精性脂肪性肝病(Nonalcoholic fatty liver disease, NAFLD)患者血清中的表达及其临床意义。

**方法** 收集 2018.1-2019.2 在山东省千佛山医院健康查体患者 400 例, 其中腹部超声提示 NAFLD 患者 300 例, 体检结果正常的健康志愿者 100 例。其中按照腹部超声提示, NAFLD 患者按照脂肪肝严重程度分为轻、中、重度三组, 每组各 100 例。酶联免疫吸附分析(Enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA) 法检测上述四组血清中 IL-1 $\beta$ 、IL-18 的含量; 并结合其肝功能检测指标谷丙转氨酶(Alanine aminotransferase, ALT)、谷草转氨酶(Aspartate aminotransferase, AST)、甘油三酯(Triglyceride, TG) 的水平, 综合分析 IL-1 $\beta$  和 IL-18 与 NAFLD 的关系及临床意义。

**结果** 正常对照组血清中 IL-1 $\beta$  和 IL-18 的含量分别是  $9.78\pm3.21$  和  $40.30\pm10.89$ , 而 NAFLD 组血清中 IL-1 $\beta$  和 IL-18 显著升高, 其中轻度脂肪肝组 IL-1 $\beta$  为  $12.96\pm4.9$ , IL-18 为  $48.56\pm10.98$  ( $P<0.05$ , VS 对照组); 中度脂肪肝组 IL-1 $\beta$  为  $16.30\pm9.38$ , IL-18 为  $53.66\pm11.24$  ( $P<0.05$ , VS 对照组); 重度脂肪肝组 IL-1 $\beta$  为  $20.74\pm11.32$ , IL-18 为  $63.01\pm38.32$  ( $P<0.01$ , VS 对照组)。轻、中、重度 NAFLD 组中 ALT、AST、TG 水平差异具有显著性( $P<0.05$ , VS 对照组); 进一步对 IL-1 $\beta$ 、IL-18 与 ALT、AST、TG 水平的关系分别进行 pearson 相关性分析, 结果发现 IL-1 $\beta$  与 ALT、AST、TG 成正相关, 相关系数分别为 0.83、0.75、0.88; IL-18 与 ALT、AST、TG 成正相关, 相关系数分别为 0.80、0.78、0.85。

**结论** IL-1 $\beta$ 、IL-18 水平与 NAFLD 的严重程度呈正相关, 并与 ALT、AST、TG 水平呈正相关, 提示患者血清中 IL-1 $\beta$ 、IL-18 的含量可用于判断 NAFLD 患者肝脂肪变的严重程度及监测疾病进展。

## PU-1149

## 胃癌血清学诊断标志物的研究进展

胡阡

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 胃癌(gastric carcinoma)是起源于胃黏膜上皮的恶性肿瘤,在我国各种恶性肿瘤中发病率居首位。由于饮食结构的改变、工作压力增大以及幽门螺杆菌的感染等原因,使得胃癌呈现年轻化倾向。绝大多数胃癌属于腺癌,早期无明显症状,或出现上腹不适、嗝气等非特异性症状,常与胃炎、胃溃疡等胃慢性疾病症状相似,易被忽略,因此,目前我国胃癌的早期诊断率仍较低。本文主要阐述胃癌血清学诊断标志物的研究进展及对未来的展望。

**方法** miRNA 等基因的检测方法较多,如 Northern 印迹杂交技术、单链构象多态性分析(PCR-SSCP)、核酸杂交技术及 DNA 测序等各种方法。癌抗原等标志物的检测方法也很多:如 ELISA、RIA、荧光偏振免疫测定、免疫发光技术、自动化生化免疫分析等。

**结果** 基因标志物:微小 RNA(miRNA)-196A 作为早期胃癌和癌前病变的生物标志物,其表达与胃癌的发生和转移密切相关,表皮生长因子受体(EGFR)和转化生长因子(TGF)也可作为胃癌的标志物,其他相关基因如 ras、p16 及 p53 等也与胃癌有关,但不具有特异性。蛋白或酶类标志物:癌抗原 CA72-4、CA19-9、癌胚抗原(CEA)、胃蛋白酶原(PG)I、PG II 和胃泌素-17 等经过大量的研究表明都可以作为胃癌的肿瘤标志物。

**结论** 目前还未发现特异性的胃癌血清学肿瘤标志物,这主要与肿瘤细胞生物学特性的复杂性及多态性密切相关。血清学肿瘤标志物检测所用的单克隆抗体的单一性也无法准确检测多变的肿瘤细胞,这都导致无法发现特异性的胃癌血清学肿瘤标志物。已有的研究表明多指标联合应用优于单一指标,因此多种肿瘤标志物的联合检测是胃癌血清学肿瘤标志物研究的发展方向。

## PU-1150

### SAA、CRP、WBC 三项指标联合检测病毒性感染性疾病的诊断

罗晓慧

甘肃省人民医院,730000

**目的** 通过收集联合检测患者血中 SAA(血清淀粉样蛋白 A)、CRP(C 反应蛋白)、WBC(白细胞)值,评估这三项指标在感染性疾病初期的临床诊断意义。

**方法** 运用回顾性调查研究设计方案,选取 2019 年 2-5 月来我院就诊的门诊或住院患者 230 例(包括 103 例细菌感染组、127 例病毒感染组)及对照健康组 25 例,抽取其血并检测其血中 WBC、SAA 和 CRP 的浓度水平,统计其结果后,对其进行分析研究。

**结果** 在监测的这三个项目里,在病毒感染的患者中 CRP 和 WBC 血液浓度值升高不明显,少数 WBC 浓度值不升反降(占 11 例),SAA 在病毒感染时血液中浓度明显升高,且每组差异比较有统计学意义( $P<0.05$ )。同细菌感染组相比,病毒感染组患者血中 SAA 浓度中位数水平为 43mg/L( $Z=-2.918$ ,  $P=0.005$ )、CRP 浓度中位数水平为 8mg/L( $Z=-3.016$ ,  $P=0.021$ )与 WBC 中位数水平为  $7.11 \times 10^9/L$ ( $Z=-3.412$ ,  $P=0.014$ ),ROC(受试者工作特征曲线)分析发现,CRP、SAA、WBC 曲线下的面积分别为 0.678、0.816、0.597,当 CRP 的 cut-off 值为 7.02mg/L 时,特异度、敏感度分别为 50.1%、81.5%;当 SAA 的 cut-off 值为 9.13mg/L 时,特异度、敏感度分别为 58.9%、79.7%;当 WBC 的 cut-off 值为 8.17mg/L 时,特异度、敏感度分别为 55.8%、64.9%。

**结论** WBC、CRP、SAA 联合检测比单一项目检测更能准确的判定感染的缘由,能更全面有效的辅助临床诊断,尤其是当检验结果出现不典型表现时,联合检测,使数据互补,对诊断更有帮助。

## PU-1151

### ISO 15189 认可体系下医学实验室设备的管理经验分享

刘明珠

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 随着医学检验技术的快速发展,检验技术日新月异,各种先进的检验仪器不断的被医学实验室所引进。检验仪器设备的运行状态直接关系到检验质量,同时仪器设备的管理是医学实验室质量管理体系中很重要的环节,本文主要探讨通过 ISO 15189 质量体系认可的医学实验室在仪器设备的管理和维护方面的经验分享。

**方法** 本实验室在 2012 年通过中国合格评定国家认可委员会初次现场评审,我实验室依据 CNAS-CL02:2012《医学实验室质量和能力认可准则》(ISO 15189:2012)要求,建立了一套完整的关于设备的请购、验收、安装、使用、维护直至报废的整个流程。下面就我实验室近来在仪器设备管理中的做法和体会做一下分享。

**结果** 1、制定标准化操作程序,明确职责

1.1 专业组技术员负责设备的日常使用、维护、保养等。

1.2 专业组长负责填写所需设备采购或设备报废的申请,提交至实验室经理进行审核,负责设备验收、建档、监督仪器的周期性保养及日常维护情况。

1.3 实验室经理负责设备采购或报废单的审核,设备使用人员的授权。

1.4 物管部负责进行设备的采购、调换、验收及退货。

2、仪器设备的管理

2.1 安装

2.2 建档

2.3 使用和维护保养

**结论** 本实验室依据《医学实验室质量和能力认可准则》结合自身实际工作流程建立了一套科学有效的医学实验室仪器设备的管理方法,在保证检验质量,减少医疗纠纷,防范医疗风险的发生以及更好的为临床诊疗服务方面起着非常重要的作用。

## PU-1152

### 肝纤维化指标联合 AFP、GGT 检测在肝病诊断中的应用价值

李章勇,林应标,夏川

郴州市第一人民医院,423000

**目的** 探讨肝纤维化指标(PCIII、IV-C、LN、HA、CG)、AFP 与 GGT 在肝病诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 7 月-2018 年 6 月于本院就诊的慢性乙肝病毒(HBV)携带者 90 例、肝硬化患者 66 例和乙肝相关性肝癌患者 52 例,健康体检者 60 例,分别在全自动化学发光分析仪和生化分析仪上检测各组肝纤维化指标、AFP 与 GGT。

**结果** 三组患者 PCIII、IV-C、HA、CG 与 AFP 均高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.01$ );肝硬化和乙肝相关性肝癌患者组 LN、GGT 均高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ );慢性 HBV 携带者组与对照组的 LN、GGT 结果差异无统计学意义( $P>0.05$ );HA、CG、AFP 在各组两两比较,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 肝纤维化指标 PCIII、IV-C、LN、HA、CG、GGT 与 AFP 在肝病诊断中具有较大应用价值,对指导临床治疗具有重要价值。

## PU-1153

### New method for detection of EGFR mutations using the modified Proof-reading PCR

jiawei zeng

Mianyang Central Hospital

**Objective** Activating mutations in the gene encoding tyrosine kinase (TK) domain of EGFR makes it highly sensitive to tyrosine kinase inhibitors (TKIs) in patients with advanced non-small-cell lung cancer. Therefore, detection of EGFR mutations would provide valuable clinical guidance for the EGFR-targeted therapy for NSCLC.

#### **Methods Cell lines**

Cell lines A549 (contains wild-type EGFR) and H1975 (contains EGFR mutation type T790M) were purchased from ATCC and the Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences (Shanghai, China), respectively. All cell lines were maintained as the protocols indicated.

### Samples and genomic DNA extraction

Blood samples from 51 lung adenocarcinoma patients were obtained from lung cancer patients at Mianyang Central Hospital. Human genomic DNA was extracted using MiniBest whole blood genomic DNA extraction kit (Shanghai Lifefeng Biotech). Cell genomic DNA was extracted using Takara MiniBEST Universal Genomic DNA Extraction Kit according to manufacturer's instructions.

### Plasmids construction

A549 cell genomic DNA was used as template for the amplification of wild-type exons 18, 19, 20 and 21 in EGFR. PCR products were cloned into pMD18-T to construct wild-type plasmids respectively containing exons 18, 19, 20, and 21. Site-specific mutagenesis technology was used to construct the corresponding mutation plasmids. Mutation types in EGFR gene used in this paper were summarized in Table 1.

### Detection primer design

For the mutation detection, an allele-specific primer matching the wild-type sequence and a common primer matching both wild-type and mutant sequences were designed. The allele-specific primer was blocked by replacing the 3'-terminal nucleotide with ddCTP. To ensure the 3'-terminal of the allele-specific primer is base C, the base corresponding to point mutation is allowed to locate at positions of 1-6 from the 3'-end of the primer. In order to increase the detection sensitivity, an adaptor was designed and linked to the 5' end of the blocked-primers to form a fusion-blocked primer. All the oligonucleotide sequences were designed by Primer Premier 5.0 program and synthesized by Shanghai Biosune Biotech Co. Ltd (Shanghai, China). The information of the primers is shown in Table 2).

### Mutant Detection

The mutants were amplified using an allele-specific 3'ddC-blocked forward primer and a regular reverse primer. PCR was run in a 20  $\mu$ L of reaction, including 2  $\mu$ L of 10 $\times$ PCR Buffer (Mg<sup>2+</sup> Plus), 1.6  $\mu$ L of dNTP (2.5mM), 0.2-0.4  $\mu$ M of primer, 0.2-0.4  $\mu$ M of modified primer, 0.2-0.4  $\mu$ M of adaptor, 0.5-1.5 U of rTaq, 0.025-0.1 U of PrimeSTAR HS DNA Polymerase, 1  $\mu$ L of template and deionized water. The optimal reaction mix for each mutation was determined using the orthogonal experiments (Table 3). Amplification conditions were 94  $^{\circ}$ C (2 min) for one cycle, 94  $^{\circ}$ C (15 s), 60  $^{\circ}$ C (20 s), 72  $^{\circ}$ C (25 s) for 35 cycles, and a final extension step of 72  $^{\circ}$ C (2min). The amplicon were detected by 1.5% agarose gel electrophoresis.

**Results** To evaluate the sensitivity of the modified PR-PCR, we used the serially diluted recombinant plasmids at a concentration range from 10<sup>8</sup> to 10 copies per microliter as the templates to perform the experiments. The results showed that the detection limit for L858R, G719S and T790M were 10<sup>2</sup>, 10<sup>3</sup>, and 10<sup>1</sup> copies per microliter, respectively (Fig. 2).

We then used the gDNA of two cell lines (A549 and H1975) as templates to further evaluate the selectivity of the new method. The T790M germ-line mutation in the EGFR gene was detected. A mixture of templates including gDNA from both cell lines was used, 0.5% of the T790M mutation (equal to approximately 14 copies) could be detected with a 10 ng of gDNA input (Fig 3). These results indicate that the modified PR-PCR has high detection sensitivity and selectivity for the detection of EGFR mutations.

**Conclusions** The selectivity of the assay was 0.5% at 10 ng of DNA template input, which is equal to approximately 14 copies, indicating that the new assay had high sensitivity and selectively. The new method represents a simple, sensitive and promising approach candidate for EGFR mutation detection.

## PU-1154

## Gut microbiota dysbiosis in patients with hepatitis B virus-induced chronic liver disease covering chronic hepatitis, liver cirrhosis and hepatocellular carcinoma

Yongbin Zeng, Shanjian Chen, Ya Fu, Bin Yang, Qishui Ou  
The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** Gut microbiota dysbiosis has been suggested in intestinal and extra-intestinal diseases, including hepatitis. Nevertheless, the information regarding the effect of hepatitis B virus (HBV) infection on gut microbiota and the relationship between gut microbiota dysbiosis and hepatitis B virus-induced chronic liver disease (HBVCLD) covering chronic hepatitis, liver cirrhosis and hepatocellular carcinoma is still limited. In this study, we aimed at characterizing the gut microbiota composition in the three different stages of hepatitis B virus-induced chronic liver disease patients and healthy individuals.

**Methods** Fecal samples and clinical data were collected from HBVCLD patients and healthy individuals, matched for gender, age, body mass index, etc. The 16S rDNA (targeting the V3–V4 region) gene amplification products were sequenced on an Illumina HiSeq platform. Bioinformatic analysis including alpha-diversity, beta-diversity, linear discriminate analysis effect size algorithm, PICRUST etc. was performed.

**Results** HBVCLD showed no significant differences from healthy controls in gut bacterial richness or alpha-diversity diversity. A total of 19 phyla, 43 classes, 72 orders, 126 families and 225 genera were detected in the faecal samples. All groups shared 2072 OTUs, indicating the presence of a core plaque microbiome. The beta-diversity showed a separate clustering of healthy controls and HBVCLD patients covering chronic hepatitis, liver cirrhosis and hepatocellular carcinoma, gut microbiota of healthy controls were more consistent, whereas those of CHB, LC and HCC varied substantially. The abundance of Firmicutes was lower and Bacteroidetes was higher in patients with CHB, LC and HCC compared with healthy controls. Predicted metagenomics of microbial communities showed an increase in glycan biosynthesis and metabolism related genes and in lipid metabolism related genes in HBVCLD than in healthy individuals.

**Conclusions** Hepatitis B virus-induced chronic liver disease is associated with gut dysbiosis, with characteristics including, a gain in potential pathogenic bacteria and a loss in potentially beneficial bacteria or genes. Gut microbial shift could be a biological factor of chronic liver disease and progression, further study of CHB, LC and HCC based on microbiota may provide novel insights into the pathogenesis of HBVCLD and propose a novel treatment strategy.

## PU-1155

## 血浆 BNP 水平应用在慢性心力衰竭的诊断、病情及预后评估中的效果分析

谢万红  
四川省旺苍县人民医院

**目的** 分析血浆 BNP 水平应用在慢性心力衰竭的诊断、病情及预后评估中的效果。

**方法** 对我院收治的 95 例慢性心力衰竭患者进行 NYHA 分级, 并行血浆 BNP、LVEDD、LVEF 检查, 比较上述指标与不同 BNP 水平的关系。

**结果** 血浆 BNP 与 NYHA 正相关, BNP 上升, LVEDD 上升、LVEF 降低, 心肌梗死和死亡患者所占比率上升 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血浆 BNP 水平应用在慢性心力衰竭的诊断、病情及预后评估中具有十分重要的临床价值。

## PU-1156

### 金胺“O”荧光染色法用于结核病细菌学检验的效果

张潇潇,彭欢  
旺苍县人民医院,628000

**目的** 探讨金胺“O”荧光染色法用于结核病细菌学检验的效果。

**方法** 采用临床资料对比法,选取本院检验科 2018 年 2 月~2019 年 2 月年接受结核病细菌学检验样本 160 例为实验对象,依照检验方式不同,均分为两组,对照组应用 Z-N 法检验,观察组应用金胺“O”荧光染色法,临床观察和比对两组检验成效。

**结果** 观察组和对照组在临床检验正确率上对比为 97.50% (78/80) 和 77.50% (62/80),有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 金胺“O”荧光染色法用于结核病细菌学检验中,具有较高的检验结果正确率,值得推广实施。

## PU-1157

### 急性脑梗死患者血栓弹力图和常规凝血试验及脂代谢指标的相关性研究

黎安玲,廖凡路,夏琳,杨钢  
武汉大学中南医院,430000

**目的** 探究急性脑梗死患者血栓弹力图(TEG)和常规凝血试验及脂代谢指标的相关性,以评价 TEG 在监测急性脑梗死患者凝血状态的应用价值。

**方法** 选取武汉大学中南医院 2017 年 6 月-2018 年 1 月住院的急性脑梗死患者 72 例作为实验组,同期选择正常人 154 例作为健康对照组,两组患者同时进行 TEG、常规凝血实验和脂代谢指标的检测,比较两组之间各项检测结果的差异,并对 TEG 参数同常规凝血指标,脂代谢指标进行相关性分析。

**结果** 与健康对照相比,实验组 TEG 参数中 R、K 缩短,α 角增大,差异有统计学意义 ( $P$  值均  $<0.05$ ),常规凝血参数 APTT 缩短 ( $P<0.05$ ),FIB、DD 明显升高,差异有统计学意义 ( $P$  值均  $<0.01$ ),脂代谢检测指标 TC、TG、Lp(a)明显升高,HDL 降低,差别有统计学意义 ( $P$  值均  $<0.01$ );相关性分析显示 TEG 的 R、K 与 APTT 正相关 ( $r$  值分别为 0.517, 0.355),MA 值与 FIB 正相关 ( $r=0.405$ ),K 与 FIB 负相关 ( $r=-0.314$ );而 TEG 各参数与脂代谢指标之间均没有明显相关性。

**结论** 急性脑梗死患者多处于血液高凝状态伴随脂代谢异常,血栓形成风险增大;TEG 参数与常规凝血指标之间存在相关性,且数据的趋向性更为一致,TEG 可作为对脑血管疾病更具实用价值的筛选试验。

## PU-1158

## 分级检验方法学在血脂生化检验中的应用价值

张潇潇,彭欢  
旺苍县人民医院,628000

**目的** 探讨分析分级检验方法学在血脂生化检验中的应用价值。

**方法** 回顾性分析于 2017 年 1 月至 2017 年 12 月期间本院临床标本 330 例作为研究对象, 分别对其标本完成分级检验方法以及传统的拉网式检验, 所具体的检验项目包括了 TC (总胆固醇)、TG (三酰甘油)、HDL-C (高密度脂蛋白胆固醇)、LDL-C (低密度脂蛋白胆固醇)、ApoAI (载脂蛋白 AI)、ApoB (载脂蛋白 B)。

**结果** 在 330 例所有病例中共计有 328 例检验结果相符于传统拉网式检验法, 且 LDL-C、ApoAI 以及 ApoB 的检验阳性率, 相较传统拉网式检验法检验结果明显提升了 1.48、6.68、1.88 倍 ( $p<0.05$ )。

**结论** 通过完成血脂生化检验过程中, 采用分级检验方法学, 能够取得显著的临床检验结果, 并且此种结果能够与传统的拉网式检验结果有较高的相关性, 很大程度的节约了医疗费用, 提高检验准确性, 可以在临床检验中推广使用。

## PU-1159

## 溧阳市人民医院肺炎克雷伯菌分布特点及其耐药性与毒力基因数的关系分析

周翔  
溧阳市人民医院,213000

**目的** 探讨溧阳市人民医院肺炎克雷伯菌分布特点及其耐药性与毒力基因数的关系。

**方法** 选择 2015 年 1 月-2018 年 12 月在本院进行诊治的患者分离出肺炎克雷伯杆菌 190 株, 均进行菌株的鉴定、药敏分析以及毒力基因的检测, 观察肺炎克雷伯杆菌的分布特点、耐药性以及耐药性与毒力基因数的关系。

**结果** 本研究中呼吸系统感染有 133 株 (70.00%)、消化系统感染有 17 株 (8.95%)、肿瘤患者中有 40 株 (21.05%)。菌株标本的来源分布: 痰液有 99 株 (52.11%)、脓肿穿刺液或者脓性分泌物有 53 株 (27.89%)、腹腔积液有 16 株 (8.42%)、血液有 10 株 (5.26%)、尿液有 12 株 (6.32%)。在本研究中发现肺炎克雷伯杆菌对哌拉西林、头孢唑啉、头孢噻肟、头孢呋辛、头孢曲松的耐药性较高, 分别为 43.68%、37.89%、32.63%、33.68%、32.63%, 对头孢哌酮舒巴坦、阿米卡星、亚胺培南、哌拉西林他唑巴坦的耐药性较低; 除阿米卡星和亚胺培南, 超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(Extended Spectrum Beta-Lactamases, ESBLs)的耐药性显著高于非 ESBLs。本研究结果显示: 毒力基因 aer-1、rmpA、magA、ybt、gyrB-2、wcaG 的阳性率分别为 54.74%、48.95%、15.79%、53.16%、51.58%、21.05%, 并且 (ESBLs) 和非 ESBLs 的毒力基因检出率比较, 差异有意义 ( $P<0.05$ ); 毒力基因数和耐药性之间呈负相关, 差异有意义。

**结论** 肺炎克雷伯杆菌主要引起呼吸系统感染, 对头孢类抗生素、哌拉西林等抗生素耐药性较高, 其中 magA、rmpA、ybt、gyrB-2 毒力基因阳性率较高, 毒力基因数越多对药物越敏感。

## PU-1160

## Prognostic role of long non-coding RNA XIST expression in patients with solid tumors

Huihui Mao

The Second Hospital of Shangdong University

**Objective** The aberrant expression of long non-coding RNA (lncRNA) X inactive-specific transcript (XIST) has been demonstrated to be involved in the tumorigenesis and the development of various cancers. Therefore, we conducted a meta-analysis to assess the prognostic role of lncRNA XIST expression in solid tumors.

**Methods** The databases of PubMed, EMBASE, Web of Science, Cochrane library (up to Dec 31, 2017) were searched for the related studies and identified 15 eligible studies containing 1209 patients to include in the meta-analysis. Hazards ratios (HRs) with corresponding 95% confidence intervals (CIs) were pooled to estimate the association between lncRNA XIST expression and survival of cancer patients from Asian.

**Results** The result showed that higher lncRNA XIST expression in cancer tissue was related to a worse overall survival (OS) (HR=1.54, 95% CI 1.07–2.23). In subgroup analysis, it revealed that lncRNA XIST overexpression was significantly associated with worse OS in digestive system tumors (HR=1.67, 95% CI 1.11–2.51,  $p=0.031$ ). In addition, the association between high lncRNA XIST expression and poor OS was also statistically significant in other subgroups, including multivariate analysis (HR=2.39, 95% CI 1.28–4.46,  $p=0.006$ , random-effect), patients' number was greater than 65 (HR=1.75, 95% CI 1.24–2.47,  $p=0.001$ , random-effect), and reported in text (HR=2.50, 95% CI 1.49–4.18,  $p=0.000$ , random-effect).

**Conclusions** The expression of lncRNA XIST could be regarded as a poor prognostic biomarker for solid tumors, which might shed new light on epigenetic diagnostics and therapeutics in tumors.

## PU-1161

## PI3K/Akt/eNOS 通路在当归四逆汤保护缺氧引发的胰岛内皮细胞功能紊乱中的作用研究

陈文婷,陈鸣,陈敢敢,刘志成

陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 1、观察缺氧培养下的胰岛内皮细胞(MS-1)中PI3K/Akt/eNOS通路的变化;2、探讨缺氧条件下,当归四逆汤(DSD)是否作用于PI3K/Akt/eNOS通路;3、探讨当归四逆汤(DSD)对缺氧情况下的胰岛内皮细胞(MS-1)的活力、凋亡、成管能力等功能的影响。进一步探讨PI3K/Akt/eNOS通路是否参与这一系列的变化,为基因诊断与治疗寻找新的靶点。

**方法** 体外培养 MS-1,以氯化钴刺激小鼠胰岛内皮细胞(MS-1)建立缺氧模型,观察缺氧条件下,MS-1细胞的PI3K/Akt/eNOS通路蛋白变化。观察缺氧对MS-1细胞功能(活力、凋亡、成管能力)的影响。在此基础上,同时分别进行当归四逆汤含药血清(20%(v/v))处理、当归四逆汤含药血清(20%(v/v))与PI3K抑制剂LY294002(0.5  $\mu\text{mol/L}$ )共处理,持续处理24h。采用Western印迹法检测PI3K/Akt/eNOS通路蛋白变化。CCK8法检测各处理组MS-1活力变化,TUNEL试剂盒检测各处理组MS-1细胞凋亡率,Matrigel检测各处理组MS-1细胞成管能力,

**结果** 1、缺氧能够使p-Akt, p-eNOS蛋白表达显著下降,并且随着氯化钴的浓度和处理时间的延长p-Akt, p-eNOS下降增多( $P<0.05$ )。而Akt, eNOS则没有明显变化。

2、当归四逆汤能够显著逆转缺氧引发的p-Akt, p-eNOS蛋白表达下降,而PI3K抑制剂LY294002能够明显减弱当归四逆汤的作用( $P<0.05$ )。

3、缺氧使MS-1的活力逐渐下降,细胞凋亡增多,细胞成管能力下降。



4、当归四逆汤能够显著逆转缺氧引发的细胞活力下降，细胞凋亡增多和细胞成管能力下降，而 PI3K 抑制剂 LY294002 能够明显减弱当归四逆汤的作用 ( $P<0.05$ )。

**结论** 当归四逆汤通过 PI3K/Akt/p-eNOS 通路保护缺氧引发的胰岛内皮细胞功能紊乱，阻断 PI3K/Akt/p-eNOS 通路能够明显减弱当归四逆汤对胰岛内皮细胞的保护作用，提示 PI3K/Akt/p-eNOS 通路可能可以作为微血管内皮相关疾病新的基因诊断与治疗的靶点。

## PU-1162

### 高通量测序辅助诊断厌氧菌感染

周围

常州市第一人民医院,213000

**目的** 探讨高通量的下一代测序技术(NGS)在辅助诊断厌氧菌感染中的诊断价值。

**方法** 分析本院重症医学科收治的 2 例感染性休克患者的诊断过程，比较 NGS 与传统无菌体液培养结果的敏感性及其特异性。

**结果** 根据临床指征推测 2 例病例均可能为感染性休克，但常规体液培养及病原菌鉴定并未检测出导致患者休克的病原菌。NGS 检测出患者体液中所携带的大量专性厌氧菌。NGS 比传统培养法更快得出检测结果，对病原菌的覆盖更为全面，尤其在专性厌氧菌感染中，NGS 更能体现出其优势。

**结论** NGS 可在短时间内较为全面客观的获得疑似原病微生物的属乃至种的信息，从而为重症感染，尤其是厌氧菌感染患者提供快速精准的诊断依据。

## PU-1163

### 莫西沙星和万古霉素对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌协同试验研究

朱德全

临沂市人民医院,276000

**目的** 评价莫西沙星与万古霉素联用对临床分离耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的体外抗菌活性。

**方法** 采用棋盘法设计，微量肉汤稀释法测定不同浓度组合的抗菌药物对 35 株门诊患者和 50 株住院患者分离的耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的最低抑菌浓度 (MIC)，并计算抑菌指数 (FIC 指数) 判定联合效应。菌株：耐甲氧西林金黄色葡萄球菌来自 2015 年 1 月至 2016 年 11 月临床标本分离株，共 85 株，其中自门诊患者标本 35 株，住院患者标本 50 株。经常规生化鉴定或 VITEK 细菌鉴定仪鉴定，药敏试验以耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 ATCC1206 作为质控株。

**微量肉汤稀释法** 将配好的两种不同浓度的抗菌药物按棋盘法设计，两两组合加入 96 孔板中，每种抗菌药物取 25  $\mu$ l，再将  $1.5 \times 10^5$  CFU/ml 的菌液 50  $\mu$ l 加入孔中， $37^\circ\text{C}$  孵育 16~24 小时。观察结果，记录单独使用两药的最低抑菌浓度 MIC 甲药单用和 MIC 乙药单用，并选择最佳组合效应时两药联合各自的 MIC 甲药联用和 MIC 乙药联用，以计算 FIC 指数。

**结果** 莫西沙星与万古霉素联合应用时，对门诊 MRSA 的 FIC 指数为 0.5~3，对住院 MRSA 的 FIC 指数为 0.75~3。MIC 值 万古霉素与莫西沙星对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的 MIC 值见表 2。

**FIC 指数** 万古霉素与莫西沙星联合应用的 FIC 指数，万古霉素与莫西沙星联用并没有协同作用。

**结论** 本研究结果显示万古霉素和莫西沙星联合应用时，并没有协同作用，表现为相加、无关甚至拮抗。因此，不宜将万古霉素与莫西沙星联合用药。

## PU-1164

## 白塞病相关自身抗体研究进展

程琳琳,李永哲

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 白塞病(BD)是一种慢性高复发的全身性血管炎性疾病,病因未知,具有三大主要临床特征—复发性口腔溃疡,生殖器溃疡,眼炎。BD 的临床表现具有多样性,目前的诊断基于临床表现,尚缺乏实验室指标,容易造成误诊误治。作为一种血管炎性的自身免疫性疾病(AID),自身抗体在 BD 的发病机制中必定起到很大的作用。

**方法** 此综述对历年来 BD 相关自身抗体标志物的研究及最新进展进行总结,明确与 BD 发病、某一临床表型或实验室检查相关联的自身抗体,探讨自身抗体及其靶抗原在发病机制中的潜在价值,寻找在 BD 的诊断、疾病分型、预后评估、疾病预测有重要价值的自身抗体标志物,进而对 BD 自身抗体标志物达到全面深入地理解。

**结果** 此综述从对 AID 最有重要价值的自身抗体标志物出发,总结了历年来对 BD 自身抗体标志物的研究。我们发现多数抗体的升高与某一器官/组织受累存在一定的相关性,该事实可能表明,BD 更像是一种具有多种临床表型的综合征,具有不同的临床特征和实验室特征,这也导致了 BD 自身抗体及其他生物标志物的多样性。然而

**结论** 当前的临床诊断未能将具有不同发病机制的异质性患者进行区别对待。此外,虽然部分研究报道的 BD 相关自身抗体的灵敏度和特异度并不是很高,但是这些自身抗体及其靶抗原在 BD 的发生和发展过程中而发挥了重要作用,对我们后续的研究有重要的提示作用。考虑到目前 BD 无实验室诊断标志物的现状,发现高特异度、高灵敏度诊断标志物仍然是目前 BD 研究攻关的难点和重点。

## PU-1165

聚乙二醇干扰素  $\alpha$ -2b 序贯联合恩替卡韦或替诺福韦酯在治疗 HBeAg 阳性慢性乙型肝炎的临床疗效

曾勇彬,陈宁黛,欧启水

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 研究比较 HBeAg 阳性的慢性乙型肝炎患者使用聚乙二醇干扰素(PEG-IFN $\alpha$ -2b)治疗 12 周后加用恩替卡韦(ETV)或替诺福韦酯(TDF)进行序贯联合治疗的临床治疗效果。

**方法** 前瞻性研究。将 40 例 HBeAg 阳性初治慢性乙型肝炎患者随机分为两组,A 组为 PEG-IFN $\alpha$ -2b 序贯联合 ETV( $n=20$ ),B 组为 PEG-IFN $\alpha$ -2b 序贯联合 TDF( $n=20$ )。每 12 周(第 0 周、第 12 周、第 24 周、第 36 周、第 48 周)检测病人的 HBsAg、HBeAg、HBV DNA、ALT、AST 等含量;检测红细胞计数、中性粒细胞计数、红细胞分布宽度等。

**结果** 第 48 周 B 组的 HBsAg 下降幅度显著性高于 A 组(A 组  $1.078 \pm 0.2028$  和 B 组:  $1.520 \pm 0.3462$ ;  $P<0.05$ );疗程结束时,A 组有 2 人发生 HBeAg 的清除(10%),B 组有 6 人(30%),差异具有统计学意义( $P<0.05$ );在 48 周 A、B 两组的 HBV DNA 转阴率分别为 80%(16/20)和 95%(19/20),治疗后 DNA 载量均出现明显下降;A、B 两组 ALT 复常率分别为 70%(14/20)和 55%(11/20),两组不存在显著性差异。

**结论** PEG-IFN $\alpha$ -2b 序贯联合 TDF 方案相比于 PEG-IFN $\alpha$ -2b 序贯联合 ETV 方案,在降低 HBsAg 含量、清除 HBeAg 以及减少副作用等方面具有更明显的优势,可提高抗病毒应答。

## PU-1166

**Combined with serum pro-gastrin releasing peptide(Pro-GRP) and CA72-4 in diagnosis of colorectal cancer**

Fengfeng Zhao,Guofang Shu,Huixia Lu

Department of Clinical Laboratory of Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** Colorectal cancer (Colorectal cancer, CRC) is one of the common malignant tumors of digestive tract. In recent years, the incidence and death of colorectal cancer in China are on the rise, the incidence and mortality are higher than the world average level, which seriously endangers the health of Chinese residents and places a heavy burden on the social economy. Therefore, it is of great significance to find serum tumor markers which can assist in the diagnosis of colorectal cancer. With the deepening of the study of colorectal cancer, we found that Pro-GRP and CA72-4 increased in some patients with colorectal cancer, but the related content has not been reported in the literature. In this study, Pro-GRP and CA72-4 in patients with colorectal cancer were evaluated to evaluate the clinical value of combined detection of these two tumor markers in the auxiliary diagnosis of colorectal cancer.

**Methods** From October 2017 to April 2019, 82 patients with diagnosed colorectal cancer were selected as colorectal cancer group, and 100 healthy patients were selected as control group. Serum Pro-GRP and CA72-4 were detected by electrochemical luminous method in 82 patients with colorectal cancer and 100 healthy people. SPSS 19 was used for data processing.

**Results** The levels of serum Pro-GRP and CA72-4 in patients with colorectal cancer were significantly higher than those in healthy subjects ( $P < 0.05$ ). The sensitivity and specificity of single detection of Pro-GRP in the diagnosis of colorectal cancer were 47.0% and 51.6%, CA72-4 was 43.8% and 58.8%, and the combined detection of Pro-GRP and CA72-4 was 61.4% and 73.6%, respectively.

**Conclusions** The levels of serum tumor markers Pro-GRP and CA72-4 in patients with colorectal cancer are abnormally increased. Combined detection of Pro-GRP and CA72-4 can effectively improve the sensitivity and specificity of diagnosis, and has certain clinical value in the diagnosis and early screening of colorectal cancer. Pro-GRP not only has obvious clinical value in the diagnosis of small cell lung cancer, but also has certain clinical significance in the diagnosis of colorectal cancer.

## PU-1167

**The suppressive effect of co-inhibiting PD-1 and CTLA-4 expression on H22 hepatomas in mice**Leilei Liang<sup>1</sup>, Yinlin Ge<sup>2</sup>

1. Binzhou People's hospital

2. Qingdao University

**Objective** We investigated the suppressive effect of siRNA-mediated co-inhibition of PD-1 and CTLA-4 expression on H22 hepatomas in mice.

**Methods** Murine H22 cells were cultured in vivo in ICR mice. An allograft tumor model was also established in another ICR mouse group. The tumor-bearing mice were randomly divided into four groups: control, single PD-1 siRNA, single CTLA-4 siRNA, and double PD-1+ CTLA-4 siRNAs. The survival time and physiological condition of the mice were observed after the injection of the siRNAs and placebo. The volume and weight of the solid tumor were measured to assess the inhibition of the tumor. To assess the effects of siRNAs on mouse immune function, the protein levels of IFN- $\gamma$  and IL-10 in the blood and PD-L1 in the tumor and liver were determined using ELISA, and the mRNA levels of IFN- $\gamma$ , PD-L1, PD-1, CTLA-4, IL-6 and

Survivin in the tumor, liver and spleen were determined using quantitative RT-PCR. The ratios of Bax and Bcl-2 protein were determined via western blot to analyze the effect of siRNAs on tumor cell apoptosis.

**Results** The anti-tumor effect appeared in all groups with siRNA-mediated inhibition. The tumor growth suppression was stronger in the group with double inhibition. The weight and volume of the tumors were significantly lower and the survival rate improved in the three siRNA groups. IFN- $\gamma$  levels increased but IL-10 levels decreased in the blood of the siRNA group mice compared with the results for the control group. In the tumor and spleen tissue, the IFN- $\gamma$  levels significantly increased, but in the liver tissue they significantly decreased in the three siRNA groups. The results of quantitative RT-PCR showed that the mRNAs for PD-1 and CTLA-4 were downregulated in spleen tissue in the three siRNA groups, while the PD-L1 mRNA and protein levels increased significantly in the tumor, but decreased in the liver. Survivin and IL-6 mRNA levels decreased in the tumor. Western blot results showed that ratio of Bax and Bcl-2 had significantly increased. These results indicated that downregulating PD-1 and CTLA-4 could increase the body's immune response and promote apoptosis of tumor cells.

**Conclusions** Co-inhibiting the expressions of PD-1 and CTLA-4 can effectively suppress the growth of H22 hepatoma and promote the apoptosis of tumor cells in mice. Blocking PD-1 and CTLA-4 can improve the vitality of T cells, and improve the immune environment and response.

## PU-1168

### Comparative evaluation of BACTEC FX, BacT/ALERT 3D, and BacT/ALERT VIRTUO automated blood culture systems using simulated blood cultures

Zhengkang Li<sup>1</sup>, Suling Liu<sup>1</sup>, Huimin Chen<sup>1</sup>, Xinqiang Zhang<sup>1</sup>, Yong Ling<sup>1</sup>, Ni Zhang<sup>1</sup>, Mengyi Zhang<sup>2</sup>, Tieying Hou<sup>1</sup>

1. (1. Department of Clinical Laboratory, Guangdong Academy of Medicine Science and Guangdong Provincial People's Hospital, Guangzhou, 510080, China

2. Department of Medicine Laboratory Technology, Guangzhou Health Science College, Guangzhou, 510080, China

**Objective** BioMérieux BacT/Alert VIRTUO system has recently been introduced into clinical practice. Therefore, we conducted a study to evaluate the performance of BACTEC FX, BacT/ALERT 3D, and VIRTUO systems using simulated blood culture(BC).

**Methods** Two experimental designs based on “with” (Experiment A) or “without” (Experiment B) added trough antibiotic concentrations in simulated BC bottles were implemented. The major parameters for Experiment A design were as follows: 2 bacteria concentrations (125 CFU/mL and 25 CFU/mL); 22 bacterial isolates; 4 kinds of bottles without antibiotic-binding agent. For Experiment B design, 25 CFU/mL bacteria concentration, 10 isolates, 3 antibiotics (Vancomycin HCl, Piperacillin/Tazobactam and Meropenem) and 6 kinds of bottles were considered. BC bottles were incubated in triplicate with each of the standard ATCC or clinical strains. These 3 systems were compared for rates of recovery rate (RR) and time to detection (TTD).

**Results** The RRs of these three systems were more than 98% without antibiotics, Shorter TTDs were observed for most of organisms (17/22) in VIRTUO system, except *Streptococcus mitis*, *Bacteroides fragilis*, *Nocardia brasiliensis*, *Cryptococcus neoformans* and *Penicillium marneffeii*. The overall median TTDs for FX, 3D, and VIRTUO systems were 14.85h, 15.36h and 12.46h in aerobic bottles and 14.28h, 13.68h and 10.30h in anaerobic bottles, VIRTUO system was faster than 3D and FX systems among pairwise comparison with  $P < 0.05$ . The comparison of the total median TTDs between 125 CFU/mL and 25 CFU/mL bacteria concentration was 13.17h vs.13.72h ( $P = 0.015$ ). The anaerobic bottles had faster detection than aerobic bottles in 3D

system (13.68h vs 15.36h,  $P<0.001$ ) and VIRTUO system (10.30h vs 12.46h,  $P=0.001$ ) but not in FX system ( $P=0.38$ ). When antibiotics were present, the bacterial RR of FX, 3D and VIRTUO systems were 64.10% (50/78), 58.97% (46/78) and 43.59% (34/78), respectively ( $P=0.027$ ). the bacterial RR of various bottles were as follows: BPA vs. FA vs. SA [84.44%(38/45) vs. 55.56%(25/45) vs. 42.22(19/45),  $P<0.001$ ]; BFN vs. FN vs. SN [36.36%(12/33) vs. 63.64%(21/33) vs.45.45%(15/33),  $P=0.078$ ]. TTD of *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* and *Acinetobacter baumannii* incubated in VIRTUO system were shorter than the other two systems, while the *Enterobacter cloacae* was detected earliest in FX system.

**Conclusions** The median TTDs were significantly shorter for most of recovered microorganisms tested in VIRTUO system compared with FX and 3D systems. When antibiotics were present, the bottles containing antibiotic binding agent showed better bacterial RR when antibiotics were added in trough concentrations, especially in BACTEC Plus Aerobic/F bottles.

## PU-1169

### Meta-analysis of Anti- *Saccharomyces Cerevisiae* Antibodies as diagnostic markers of Behçet's disease

Linlin Cheng, Liubing Li, Chenxi Liu, Songxin Yan, Yongzhe Li

Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College and Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing, China

**Objective** To assess the diagnostic value of anti-saccharomyces cerevisiae antibodies (ASCA) in patients with Behçet's disease (BD) and to explore their relationship with other autoimmune diseases.

**Methods** Relevant studies that investigated the ASCA levels in patients with BD were retrieved from PubMed, EMBASE, Web of Science, SOCPUS, and the Cochrane Library. Stata/SE 12.0, Review Manager 5.3, and Meta-DiSc 1.4 were used to perform quality assessment, meta-analysis, and sensitivity analysis. Subgroup analyses were performed disaggregated by isotypes of ASCA. We also summarized the diagnostic performance of ASCA in autoimmune diseases based on a comprehensive database search.

**Results** Fourteen studies were included in the analysis while 9 studies were included in the meta-analysis. The diagnostic value of ASCA for BD was found to be moderate; all four types of ASCA were useful to distinguish between iBD and healthy controls (HC) and between iBD and ulcerative colitis (UC). ASCA-IgG was found useful to differentiate between patients with intestinal BD (iBD) and healthy controls (HC) [odds ratio (OR) 5.74; 95% confidence interval (CI), 2.83–11.65; sensitivity 0.34 (95% CI, 0.27–0.41); specificity 0.93 (95% CI, 0.87–0.96)]; based on summary receiver operating characteristic curve (Revman5.3), the positive rate in CD was higher than that in BD. However, it was difficult to distinguish iBD from intestinal tuberculosis and CD, and to distinguish BD from UC and HC.

**Conclusions** ASCA may be a useful serologic marker of iBD, and may play a common pathogenetic role in autoimmune diseases.

## PU-1170

## TPS、CA125、CA15-3、CEA 在监测乳腺癌远处转移中的应用价值

张静雅

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探讨乳腺癌肿瘤标志物 TPS（组织多肽特异性抗原，tissue polypeptide specific antigen）、CA125（糖类相关抗原 125，carbohydrate antigen 125）、CA15-3（糖类相关抗原 15-3，carbohydrate antigen 15-3）、CEA（癌胚抗原，carcinoembryonic antigen）的检测对于监测乳腺癌发生远处转移的应用价值。

**方法** 回顾性分析 2015 年 1 月至 2016 年 3 月天津市肿瘤医院收治的（389 例）女性乳腺癌患者的临床资料。分别比较血清 TPS、CA125、CA15-3、CEA 水平，分析它们对监测乳腺癌远处转移的意义。

**结果** 乳腺癌发生远处转移与年龄无关（ $P>0.05$ ）。远处转移组和复发组的标志物水平和阳性率均高于未转移组和未复发组。远处转移组与未转移组，TPS 的灵敏度最高（0.694），CA15-3 的特异性最高（0.941），四种标志物联合检测的 ROC 曲线下面积最大（0.878）；复发组与未复发组，TPS 的灵敏度最高（0.753），特异性最高的是 CEA（0.948），其次为 CA15-3（0.94），四种标志物联合监测的 ROC 曲线下面积最大（0.807）。

**结论** 四种标志物都是监测乳腺癌发生远处转移的有效指标。联合检测比单独检测更有应用价值。

## PU-1171

## PD-1 Antitumor Immunity against Murine H22 Hepatocarcinoma In vivo

Leilei Liang<sup>1,2</sup>, Yinlin Ge<sup>2</sup>

1. Binzhou People's Hospital

2. Qingdao University

**Objective** To explore the role of PD-1 expression level on the growth of hepatocarcinoma line H22.

**Methods** Tumor-bearing mice model was established with H22 cells in ICR mice. The model mice were randomly divided into two groups, control group and PD-1 interference group (PD-1-siRNA). The control group was injected transfection reagent, whereas the PD-1-siRNA was given the transfection reagent with PD-1-siRNA. Observed the life condition and tumor growth of mice, measured and recorded the tumor volume. The mRNA expression levels of PD-L1, PD-L2, P53, caspase-3 and IL-6 in tumor tissue were detected by real time fluorescence quantitative PCR (qPCR) technique. The expression of IFN- $\gamma$  cytokines in spleen and tumor tissue was detected by ELISA. The ratio of Bax and Bcl-2 protein was detected by Western Blot to analyze the effect of PD-1-siRNA on tumor cell apoptosis.

**Results** Compared with control group, mice of PD-1-siRNA in better quality of life, survival time prolonged and the tumor volume of mouse was significantly reduced. The mRNA expression levels of PD-L1, PD-L2, P53 and

caspase-3 were increased, others, IL-6 expression level was significantly decreased. The expression level of IFN- $\gamma$  was up-regulated in spleen and tumor tissues. Western blot shown that the ratio of Bax and Bcl-2 was significantly increased.

**Conclusions** Interfere of PD-1 expression can effectively inhibit the growth of hepatocarcinoma cell H22 in mice.

## PU-1172

### 新型微管抑制剂克服肿瘤耐药

宁楠楠  
齐鲁医院

**目的** 恶性肿瘤发病率逐年增加, 治疗效果有待提高。作为一类化疗药, 微管抑制剂在临床肿瘤治疗中应用广泛。但是, 随着化疗的进行, 肿瘤产生多药耐药, 严重影响治疗效果。本研究旨在寻找能够克服肿瘤多药耐药的新型化疗药物。

**方法** 高通量筛选、流式细胞检测、免疫荧光染色、微管蛋白体外聚合试验、动物体内实验等。

**结果** 通过高通量筛选, 我们发现了一种小分子化合物 **133**, 它能够抑制数百种肿瘤细胞株的增殖。流式细胞检测和免疫荧光染色表明, 该化合物可将细胞阻滞在有丝分裂前中期。通过微管蛋白体外聚合试验, 确定了 **133** 具有抑制微管聚合的作用。耐药细胞株增殖试验和小鼠模型说明 **133** 能够克服肿瘤耐药。

**结论** 我们发现了一种新型的微管抑制剂 **133**, 在细胞水平和动物体内均能克服多药耐药, 为临床肿瘤治疗研究提供帮助。

## PU-1173

### 两种艰难梭菌显色培养基的临床应用评价

白露, 徐修礼  
空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 比较两种艰难梭菌显色培养基: CHROMagar™ C.difficile (CCd) 艰难梭菌显色培养基及 biomerieux chromID C.difficile (CDIF) 艰难梭菌鉴定培养基。建立基于 CCd 艰难梭菌显色培养基, 应用艰难梭菌荧光观察仪直接判读的临床应用研究。

**方法** 首先, 应用我院收集已确认阳性的艰难梭菌冻存粪便 10 份, 经乙醇处理后, 等量接种艰难梭菌显色培养基, 观察其菌落识别特征。其次, 采集自 2018 年 9 月-2019 年 2 月间, 我院临床腹泻患者粪便样本 174 份, 平行采用等量标本, 直接接种于两种艰难梭菌显色培养基, 经 24 小时厌氧培养后, 判读疑似菌落; 并应用艰难梭菌荧光观察仪, 辅助 CCd 直接判读。分别挑取两种上的疑似菌落做 MALDI-TOF MS 鉴定, 以鉴定结果做确证。最后, 对两种培养基判读差异性进行统计学比较。

**结果** 10 例阳性大便样本进行的回顾性接种, 在两种培养基上均有生长, 一致性为 100%; 进一步分析 174 份常规样本, CCd 培养基分离出艰难梭菌 34 株 (19.54%) 和 CDIF 分离艰难梭菌 32 株 (18.39%)。两种培养基的检出率差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。应用艰难梭菌荧光观察仪在 UV365nm 下观察, CCd 培养基上的艰难梭菌菌落可显示蓝色荧光, 与质谱鉴定率比较, 敏感性为 95.4%。CCd 在荧光观察仪中, 可清晰的区分, 直接判读。

**结论** 两种艰难梭菌显色培养基应用简单便捷,敏感性和特异性较高。均可适用于临床实验室进行艰难梭菌的快速培养及鉴定。但由于 CDIF 鉴定培养基将于近期停止国内供应。应用艰难梭菌荧光观察仪,直接判读 CHROMagar™ *C.difficile* 艰难梭菌显色培养基,用于临床艰难梭菌的培养及鉴定,将是不错的替代选择。

## PU-1174

### Rapid Detection of ERG11-Associated Azole Resistance and FKS-Associated Echinocandin Resistance in *Candida auris*

Xin Hou<sup>1,2</sup>, Zhao Yanan<sup>2</sup>, Xu Ying-Chun<sup>1</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. Public Health Research Institute, New Jersey Medical School, Rutgers Biomedical and Health Sciences, Rutgers

**Objective** *Candida auris* is an emerging multidrug-resistant yeast that can cause serious invasive infections. Accurate and rapid assessment of antifungal resistance is important for effective patient management.

**Methods** A novel and highly accurate diagnostic platform was established for rapid identification of ERG11 mutations conferring azole resistance and FKS1 mutations associated with echinocandin resistance in *C. auris*. Using allele-specific molecular beacons and DNA melting curve analysis following asymmetric PCR, a duplex ERG11 assay and a simplex FKS1 assay were developed to identify the most prominent resistance-associated mutations (Y132F and K143R in ERG11; S639F in FKS1 HS1) within 2 h. Assays were validated by testing a blinded panel of 94 *C. auris* clinical isolates.

**Results** For melting curve analysis-based ERG11 genotyping, the Y132F profile had a signature melting temperature ( $T_m$ ) at  $55.84^\circ\text{C} \pm 0.07^\circ\text{C}$ , remarkably different from the  $T_m$  at  $60.53^\circ\text{C} \pm 0.07^\circ\text{C}$  of the WT. The K143 profile was captured simultaneously in the same assay through the CR610 channel. A melting curve with the  $T_m$  at  $52.48^\circ\text{C} \pm 0.04^\circ\text{C}$  was featured for the WT, and the  $T_m$  was obtained at  $58.90^\circ\text{C} \pm 0.06^\circ\text{C}$  for K143R. The molecular diagnostic results from the assays were 100% concordant with DNA sequencing results. In the FKS1 HS1 assay, a MB complementing the WT sequence in the target region was used to distinguish the mutated genotype from the WT on the post-amplification melting curve. The signature melting temperature for each FKS genotype was widely separated from the other, with an approximately  $6^\circ\text{C}$  difference. In the probe validation experiments, robust and reproducible melting profiles were observed for all tested isolates. The ERG11 duplex assay identified 83 Y132WT sequences ( $T_m = 60.38^\circ\text{C} \pm 0.08^\circ\text{C}$ ), 21 Y132F mutations ( $55.74^\circ\text{C} \pm 0.04^\circ\text{C}$ ), 78 K143WT sequences ( $T_m = 52.56^\circ\text{C} \pm 0.13^\circ\text{C}$ ), and 16 K143R mutations ( $58.77^\circ\text{C} \pm 0.11^\circ\text{C}$ ). The FKS1 HS1 assay picked up 92 WT sequences ( $T_m = 65.19^\circ\text{C} \pm 0.06^\circ\text{C}$ ), and captured two S639F alleles ( $T_m = 59.50^\circ\text{C} \pm 0.03^\circ\text{C}$ ). DNA sequencing results confirmed all predicted genotypes.

**Conclusions** Both ERG11 and FKS1 HS1 assays are highly accurate in differentiating prominent azole- and echinocandin-resistant mutant from the WT population with 100% specificity and 100% sensitivity. This platform has the potential to overcome the deficiencies of existing in vitro susceptibility-based assays to identify azole and/or echinocandin resistant *C. auris*, and thus, it holds promise as a surrogate diagnostic method to direct antifungal therapy more effectively.



## PU-1175

## 应用 COPAN WASPLab 评估痰液不同前处理方法的接种效果

白露,周柯,郑恬,秦刚,徐修礼  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 应用 COPAN WASPLAB 评估液化剂 COAPN SL solution、OXOID SPUTASOL 及胰蛋白酶不同前处理方法液化处理痰液后的接种效果。

**方法** 实验一：分别配制肺炎链球菌及流感嗜血杆菌菌悬液，以生理盐水为对照组，比较三种液化剂作用菌液不同时间后，对其生长的影响。实验二：收集我院 2018 年 7 月~10 月经人工气道吸取的分泌物样本 100 例，称重法均分三份，分别采用不同液化剂预处理，评估三者液化时间、接种效果及单个菌落分离数量。实验三：收集我院 2018 年 7 月~10 月间含唾液及粘稠脓性痰液 105 例，取各 35 份，以手工直接接种法为对照组，比较不同方法去除唾液成分后，菌落分离质量分数的差异性。

**结果** COAPN SL solution 及 OXOID SPUTASOL 在作用肺炎链球菌及流感嗜血杆菌 0~120 min 后，对菌落生长及菌量评估均无明显的抑制作用，但胰蛋白酶在作用 15min 后，对二者有明显的抑制作用。三种痰液液化剂相比较：90%的痰液标本的液液化时间均在 30min 内完成、接种效果及单个菌落分离数量差异无统计学意义。经不同方法去除唾液成分，再消化痰液后评估，菌落分离质量分数均高于手工直接接种法。

**结论** COAPNSL solution，OXOID SPUTASOL 以及胰蛋白酶均可用于痰液标本的液化预处理，但需要注意胰蛋白酶作用的时间，以免影响肺炎链球菌及流感嗜血杆菌的检出。COAPNSL solution 在应用于 COPAN WASPLab 时，更具有较好的临床实用性

## PU-1176

## 手外伤患者细菌学耐药性分析

沈娟  
中国人民解放军陆军第 72 集团军医院

**目的** 手外伤是最常见的外伤之一，如刀割伤、挤压伤、烧伤、电灼伤等，急诊手术较多。伤口与外界相通，较易发生感染，因此术后感染合理应用抗生素显得尤为重要<sup>[1]</sup>。不仅如此，抗菌药物的广泛应用，使细菌对抗菌药物敏感性发生较大变化，易导致治疗失败，增加治疗成本<sup>[2]</sup>。因此，本文对 133 例手外伤感染患者进行了回顾。了解我院手外科伤口感染情况，掌握病原分布及耐药性，为临床医生合理用药提供可靠依据。

**方法 试验方法。**收集 133 例手外伤患者细菌学培养阳性标本，开展药物敏感性试验。药敏结果判定按照美国临床实验室标准化研究所（CLSI）标准执行。质控菌株由市临床检验质控中心提供。

**统计学分析** 采用 SPSS17.0 统计学软件进行数据分析。计数资料采用频数（n）和率（%）表示， $P < 0.05$ ，差异有统计学意义。

**结果** 133 例患者中，分离出革兰氏阳性菌 79 株，占比为 59.40%（79/133），金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌分别为 24.06%（32/133）和 21.05%（28/133）。革兰氏阴性菌占比为 40.60%（54/133），其中铜绿假单胞菌、大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、位居前三位，占比分别为 18.80%（25/133）、10.53%（14/133）和 4.51%（6/133）。

**结论** 手是人体重要运动器官之一，手部损伤的概率与全身其他部位相比受伤概率非常高。手外伤又多开放伤，易发生感染，特别是重伤患者及伤口较差的患者，有较高的易感性<sup>[3]</sup>。流行病学调查结果表明，手外伤为急诊科常见病症，手外伤患者占急诊科收治创伤患者的 25%左右<sup>[4]</sup>。开放性手外伤发生后，大量细菌入侵容易导致创伤部位感染。因此，探讨手外伤术后感染的发生特点对于

感染的预防和有效治疗具有临床意义。本次调查结果显示, 术后感染患者伤口检出病原菌株中革兰氏阳性菌占 59.40%, 革兰阴性菌占 40.6%, 革兰阳性菌中以金黄色葡萄球菌为主, 其次为表皮葡萄球菌。革兰阴性菌中以铜绿假单胞菌为主。

## PU-1177

### Long noncoding RNA NR\_027451 regulation of tumor progression in colorectal cancer

Lili Wang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** To elucidate the role and clinical significance of long noncoding RNA NR\_027451 in colorectal cancer (CRC).

**Methods** Sixty pairs of tumorous and adjacent nontumorous tissues derived from CRC patients were subjected to quantitative real-time polymerase chain reaction to determine the expression level of NR\_027451. The serum levels of NR\_027451 expression were also measured in an independent cohort of CRC patients as well as patients with benign diseases and healthy controls. Comparative analyses were performed to investigate the relationships between NR\_027451 levels in tissues and clinicopathological features of CRC. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was used to assess the diagnostic value of NR\_027451 in patients with CRC. Furthermore, the potential functions of NR\_027451 in the development of CRC were explored in vitro, using the HCT116 and SW1116 CRC cell lines.

**Results** NR\_027451 expression was significantly up-regulated in the tumorous tissues of CRC patients ( $P < 0.001$ ) compared to the adjacent nontumorous tissues. Higher NR\_027451 expression was associated with advanced CRC. Moreover, serum levels supported that NR\_027451 could distinguish CRC patients from healthy controls and patients with benign diseases, indicating a potential diagnostic role in CRC. The ROC curve analysis showed a diagnostic efficacy with area under the curve of 0.800 (95% confidence interval: 0.737-0.853). Mechanistic investigations indicated that NR\_027451 silencing reduced CRC cell proliferation, migration and invasion.

**Conclusions** NR\_027451 may serve as a novel predictor in CRC and may be a potential target for future therapy.

## PU-1178

### 云南宣威肺癌 mRNA 和 lncRNA 表达谱联合分析识别潜在的 FENDRR-KLF4-细胞周期调节轴

张艳亮<sup>1,2,3</sup>, 段勇<sup>1,2,3</sup>

1. 昆明医科大学第一附属医院

2. 云南省检验医学重点实验室

3. 云南省实验诊断研究所

**目的** 独特的病因及发病特点提示云南宣威肺癌的发病机制可能与其他地区肺癌有所不同。本研究旨在筛选与宣威肺癌发生发展密切相关的 lncRNAs。

**方法** 采用基因表达芯片对 23 对配对的肺癌及癌旁组织进行检测, 筛查差异表达的 mRNA 和 lncRNAs。应用生物信息学分析筛选候选 lncRNA 及构建 lncRNA-mRNA 调控关系。应用 TCGA-LUAD 数据库中的转录组和临床数据作为比较和验证数据集。

**结果** 从宣威肺癌组织中分别检测出 724 个上调和 1224 个下调的 mRNA、396 个上调和 599 个下调的 lncRNAs, 分别筛选出 14 和 5 个在 23 对样本中表达改变一致的差异表达 mRNA 和

lncRNAs。差异表达的 mRNA 共涉及 106 个 KEGG 信号通路，大多是癌症相关通路。宣威肺癌和 TCGA-LUAD 在基因表达、信号通路及患者 5 年存活率等方面存在显著差异。宣威肺癌富集的 106 个 KEGG 信号通路中，仅有 3 个在 TCGA-LUAD 中显著富集。对于在宣威肺癌中表达改变一致的 mRNA 和 lncRNAs，仅有 3 个基因在 TCGA-LUAD 中存在异常表达。宣威肺癌患者的 5 年生存率低于 20%，而 TCGA-LUAD 患者约为 40%、甚至 10 年生存率都超过了 20%。上述结果提示，与 TCGA-LUAD 患者相比，可能存在某些不利因素，导致宣威肺癌患者存在更严重的生物功能损伤及更差的预后。mRNA 和 lncRNA 共表达网络显示 FENDRR 与 KLF4 存在互作关系。KLF4 低表达导致多个下游基因异常表达，如 CDKN1A 和 CDKN1C 下调，BIRC5 和 CCNB1 上调。KLF4 高表达可通过上调 21Cip1/WAF 表达而抑制肺癌细胞生长，并在体外抑制细胞周期蛋白 B1，细胞周期蛋白 B1 表达下调可导致 G2 晚期细胞停滞并显著增加 CDKN1A 表达，而 CDKN1A 能够结合并灭活细胞周期蛋白/CDK 复合物，介导 G1 期阻滞。

**结论** 本研究描绘了宣威肺癌特征性的 mRNA 和 lncRNA 表达谱，提出 FENDRR-KLF4-细胞周期调节轴在宣威肺癌的发生发展中可能发挥重要作用。

## PU-1179

### 西安地区健康人群血清胃泌素-17 生物参考区间的建立

陈慧昱<sup>1</sup>, 杨光<sup>2</sup>, 陈健康<sup>1</sup>, 吴永昌<sup>1</sup>, 房艳<sup>1</sup>, 邢瑞青<sup>1</sup>, 刘杨<sup>1</sup>, 李静<sup>1</sup>, 彭道荣<sup>1</sup>

1. 空军军医大学西京医院, 710000

2. 空军军医大学唐都医院肿瘤科

**目的** 建立西安地区健康人群血清胃泌素-17 生物参考区间，为临床相关疾病的诊断提供可靠的实验室依据。

**方法** 根据 NCCLS C28-A2 健康参考个体的设置条件要求，收集西安地区年龄 13 岁~89 岁标本共计 10039 份，采用酶联免疫吸附试验（ELISA）对 10039 例健康体检者血清胃泌素-17 水平进行检测，并按年龄以及性别分组，根据统计学方法确立各组参考区间。

**结果** 西安地区健康人群血清胃泌素-17 水平呈偏态分布；不同性别血清胃泌素-17 检测结果差异有统计学意义；不同年龄组之间血清胃泌素-17 水平也存在一定差异。

**结论** 西安地区不同性别及年龄组的健康人群血清胃泌素-17 水平存在差异，建议各实验室按不同性别、年龄分组建立血清胃泌素-17 的生物参考区间以满足临床需要。

## PU-1180

### 落实医学检验参考区间行标推进检验结果互认

孙淑艳

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 通过组织学习、培训和宣传贯彻中华人民共和国卫生行业标准—医学检验项目参考区间的有关行业标准，督促落实具体专业执行检验项目参考区间的行业标准，推进检验结果互认工作的实施，进而节病人的诊疗费用支出，缩短病人就诊时间，为提高临床诊断和治疗效率提供可信的辅助依据。

**方法** 依据中华人民共和国卫生行业标准有关检验项目参考区间的相关标准：《WS/T404.1-2012 临床常用生化检验项目参考区间第 1 部分》、《WS/T404.2-2012 临床常用生化检验项目参考区间第 2 部分》、《WS/T404.3-2012 临床常用生化检验项目参考区间第 3 部分》、《WS/T405-2012 血细胞分析参考区间》、《WS/T404.5-2015 临床常用生化检验项目参考区间第 5 部分》、《WS/T404.6-2015 临床常用生化检验项目参考区间第 6 部分》、《WS/T404.7-2015 临床常用生化检验项目参考区间第 7 部分》、《WS/T404.8-2015 临床常用生化检验项目参考区间第 8 部分》、

《WS/T404.4-2018 临床常用生化检验项目参考区间第 4 部分》、《WS/T404.9-2018 临床常用生化检验项目参考区间第 9 部分》、《WS/T645.1-2018 临床常用免疫学检验项目参考区间第 1 部分》、《WS/T645.2-2018 临床常用免疫学检验项目参考区间第 2 部分》等给出的常规检验项目经过多中心大样本验证的参考区间，再经过本实验室进行验证后应用到临床。

**结果** 国家行业标准推荐的检验项目参考区间经过验证后用于临床，经过临床的应用反馈和评价，国家行标参考区间适用于本医疗机构。

**结论** 执行中华人民共和国卫生行业标准—医学检验项目参考区间为检验结果的互认提供保障

PU-1181

## Ael 亚型引起产科备血困难 2 例

吴李萍,罗敏

成都市第一人民医院,610000

**目的** 通过对本实验室 2 例正反定型不一致的产科建卡孕妇标本血型鉴定和备血，探讨 ABO 正反定型与基因鉴定在血型鉴定以及指导临床输血的重要意义。

**方法** 采用常规凝胶微柱、试管法以及吸收放散试验等血清学方法进行血型鉴定，参考操作规程和相应文献，血型基因鉴定送至中国医学科学院输血研究所检测。

**结果** 两名孕妇血清学方法检测 ABO 血型正定为 O 型，反定为 A 型；吸收放散试验提示红细胞上存在 A 抗原，ABO 血型血清学检测符合 Ael 亚型格局；基因型检测两者基因血型分别为 Ael04/O02 和 Ael01/O02。Ael 亚型主要特征是红细胞抗原数量减少致不能被检出，血清学方法 ABO 血型鉴定正定表现为弱凝集或者不凝集，易误定为 O 型，给临床输血带来风险。产科备血以同种亚型最优，紧急情况下输注 O 型洗涤红细胞和 A 型血浆。由于新生儿抗体尚未形成或抗体效价较低，通常只参考正定型结果，常规方法则存在误检，应以基因型为准，输血以配合型输注。

**结论** 在 Ael 亚型报道极少情况下，短期内两例孕妇血型鉴定为 Ael 亚型，为产科备血带来了新挑战。随着国家全面放开二胎，为保障安全用血，尤其是母婴患者用血安全，提倡孕期建卡时常规进行血型鉴定，有条件者进行抗体筛查检测。在临床工作中，血型鉴定应十分重视血型正反定型，及时发现弱凝集和正反不一致情况。对血清学方法鉴定不明确的血型结果，必要时应进行分子生物学检查明确基因型，保障患者输血安全。

PU-1182

## The prognostic significance of hematogones and CD34+ myeloblasts in bone marrow for adult B-cell lymphoblastic leukemia without minimal residual disease

Nenggang Jiang

West China Hospital of Sichuan university

**Objective** The current study was aimed to dissect the prognostic significances of hematogones and CD34+ myeloblasts in bone marrow for adult B-cell acute lymphoblastic leukemia (B-ALL) without minimal residual disease (MRD) after the induction chemotherapy cycle.

**Methods** A total of 103 adult B-ALL patients who have received standardized chemotherapy cycle according to the guidelines for diagnosis and management of B-ALL were analyzed. Cases that were not remission after induction chemotherapy or have received stem cell transplantation were excluded. Flow cytometry was used to quantify the levels of hematogones and CD34+ myeloblasts in bone marrow aspirations, and the patients were grouped according to the levels of

these two precursor celltypes. The long-term relapse-free survival (RFS) and recovery of peripheral blood cells of each group after induction chemotherapy were analyzed and compared.

**Results** After induction chemotherapy, patients with hematogones $\geq 0.1\%$  have a significantly longer remission period than patients with hematogones $< 0.1\%$  ( $p=0.001$ ). Meanwhile, the level of hematogones was positively associated with the recovery of both hemoglobin (Hb) and platelet (PLT) in peripheral blood. Although the level of CD34+ myeloblasts also has certain relevance to the recovery of PLT in peripheral blood, it is irrelevant to the recovery of Hb, level of hematogones and long-term prognosis.

**Conclusions** The level of hematogones in bone marrow after induction chemotherapy can be used as a clinical prognostic factor for adult B-ALL without MRD. It is more applicable for evaluation prognosis than CD34+ myeloblasts.

## PU-1183

### 不同采血方法进行餐后血糖检验在临床上的应用

于淇<sup>1</sup>, 孟义<sup>1</sup>

1. 山东大学第二医院, 250000

2. 山东大学第二医院, 250000

**目的** 探讨分析静脉采血、末梢采血三种方式下, 餐后血糖监测的结果是否会受到影响。

**方法** 从 2019 年 4 月 1 日-2019 年 4 月 30 日, 从我院进行餐后血糖检验的查体人员 180 例, 其中 60 例行动脉采血, 归入 A 组 60 例行静脉采血, 归入 B 组, 60 例行末梢采血。所有查体人员均采血两次, 做重复性实验, 对结果进行统计分析。

**结果** A、B 两组结果没有明显差异, 不具有统计学意义, 与 C 组比较也有明显的差异, 具有统计学意义。

**结论** 与动脉血和末梢血相比, 静脉采血的检测数值更为准确稳定, 而静脉采血又比动脉采血操作方便, 所以进行餐后血糖检验时, 应优先使用静脉采血的方式。

## PU-1184

### 反应曲线在生化检测质量控制中的应用

张立国

安徽省凤阳县妇幼保健计划生育服务中心

**目的** 探讨反应曲线在临床生化检验中的意义。通过观察临床标本检测过程中出现的正常和异常反应曲线, 并对异常反应曲线进行分析

**方法** 通过生化系统操作软件, 观察反应曲线图的变化, 快速判断设备异常、试剂污染、试剂失效、溶血标本等导致检测结果不正确的问题。

**结果** 反应曲线能反应出生化分析仪不稳定、试剂变质、临床患者标本检测结果异常和标本性状等问题。分析生化检验检测过程中反应曲线有助于正确分析检测结果和快速发现导致异常结果的原因, 生化检验人员应熟练掌握并能很好地应用反应曲线。

**结论** 反应曲线能反应出生化分析仪不稳定、试剂变质、临床患者标本检测结果异常和标本性状等问题。分析生化检验检测过程中反应曲线有助于正确分析检测结果和快速发现导致异常结果的原因, 生化检验人员应熟练掌握并能很好地应用反应曲线。

## PU-1185

## Long noncoding RNA alternations with APC mutation in SW480 cells and clinical diagnostic value in colorectal cancer

Lili Wang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Colorectal cancer (CRC) is one of the most common malignancies. The mutation of adenomatous polyposis coli (APC) gene has been confirmed as the initiating event for CRC. We hypothesized that APC mutation was related to their differential lncRNA expression profiles. This study aims to explore long noncoding RNAs (lncRNAs) associated with truncated APC, and further identify potential biomarkers for CRC diagnosis.

**Methods** We performed a comparative analysis of the lncRNAs expression patterns in SW480 cells and SW480APC (restored with full-length APC) cells by Ribo-Zero RNA-Seq and validated by quantitative real-time polymerase chain reaction (RT-qPCR). The candidate lncRNAs were then detected in cell lines and different cohorts of tissue or serum samples of CRC patients. The most up/down-regulated lncRNAs were selected to further elucidate the potential role and clinical significance in CRC. The relationships between candidate lncRNAs levels and clinicopathological features of CRC were analyzed. Receiver operating characteristic (ROC) curves were employed to assess the diagnostic efficiency of candidate lncRNAs.

**Results** The lncRNA deep sequencing results indicated that 11 lncRNAs were up-regulated and 44 lncRNAs were down-regulated in SW480APC cell compared with SW480 cell. Seven of them were validated significantly dysregulated with five up-regulated and one down-regulated in SW480 cell. Three lncRNAs were finally identified to be significantly dysregulated with consistent pattern among cell lines, tissue and serum samples. The corresponding area under curve (AUC) of the detection combined with three lncRNAs and CEA were 0.8712 (95% CI: 0.826–0.917), significantly higher than that of alone.

**Conclusions** This finding provides the first evidence with lncRNAs alterations associated with APC mutation, which could provide new insight for novel predictor in future diagnosis and treatment target of CRC.

## PU-1186

## Research progress on fecal calprotectin and inflammatory bowel disease

Shaoyu Liu  
Affiliated hospital of Weifang medical university

**Objective** Based on the distribution and biological characteristics of calprotectin in vivo, this study investigated the role of calprotectin in detecting inflammatory bowel disease.

**Methods** This study collected 100 cases of ulcerative colitis and 100 cases of crohn's disease confirmed by colonoscopy and histopathological examination in our hospital from August 2016 to August 2018, they are the first group of A1 and B1, respectively. The recovery period of 50 cases were A2 and B2 of the second group, 50 healthy people with physical examination were the third group. Fecal calprotectin was detected in all three groups. All the selected patients were excluded from severe upper gastrointestinal diseases, and there were no major physical and mental illnesses. Recently there is no history of immunosuppressive agents and glucocorticoid use, no long-term use of non-steroidal anti-inflammatory drugs, and exclude alcoholics, pregnant women. 10-20 g of fresh fecal specimens were collected for calprotectin detection.

**Results** A group of calprotectin levels are higher than the second and third groups, the level of calprotectin in the two groups is higher than the three groups but lower than the first group. After normality test, they are all non-normal distribution. The median calprotectin of colitis in ulcerative colitis was 575 ug/g, the median calprotectin level in Crohn's disease was 175 ug/g, and the median calprotectin in healthy people was 4.9 ug/g.

**Conclusions** As a new type of inflammatory marker, fecal calprotectin is abundant in feces and is not affected by the environment and temperature. It can remain relatively stable for a long time without being damaged by various enzymes and bacteria. Studies have shown that calprotectin levels are significantly elevated in ulcerative colitis and Crohn's disease. Because of its convenient inspection and low cost, it makes up for the invasiveness of colonoscopy and tissue biopsy, and the disadvantages of low tolerance and high cost. This simple detection method will certainly have great potential for development in the study of clinical inflammatory bowel disease.

## PU-1187

### Vitek MS 与 Bruker MS 对希木龙念珠菌复合体鉴定能力评估

侯欣,王贺,肖盟,徐英春  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 评估中国医院侵袭性真菌监测网(CHIF-NET) 2010-2015 收集的希木龙念珠菌复合体原始鉴定、Vitek MS 与 Bruker MS 鉴定结果。

**方法** 收集 CHIF-NET 2010-2015 六年中 40 株希木龙念珠菌和 5 株 *Candida duobushaemulonii*, 所有菌株均经过分子生物学方法进行复核鉴定确认。以复核鉴定结果作为金标准, 评估各医院原始常规方法鉴定结果, 并评估 Vitek MS 和 Bruker MS 对希木龙念珠菌复合体的鉴定性能。

**结果** 与分子生物学复核鉴定结果相比, 希木龙念珠菌的原始鉴定准确率为 47.5%, 分别有 15% 的菌株被显色培养基, ATB Rapid ID32C, API 20C 或 Vitek 2 Compact 错误鉴定为奥默毕赤酵母和新型隐球菌; 常规鉴定方法无法鉴定 *C. duobushaemulonii*, 其中 3 株被错误鉴定为希木龙念珠菌; 与分子生物学鉴定结果相比, Vitek MS IVD2.0 和 Bruker MS DB 5989 对希木龙念珠菌的鉴定准确率分别为 100% 和 57.5%。Vitek MS IVD 2.0 数据库中无 *C. duobushaemulonii* 的参考谱图, 故将 5 株菌全部错误鉴定为希木龙念珠菌, 且可信度 > 90%。Vitek MS RUO 数据库中无希木龙念珠菌复合体参考谱图, 故无鉴定结果。Bruker MS DB 5989 对 *C. duobushaemulonii* 的菌种鉴定准确率为 20%。Bruker MS 自建库后对所有菌株均能正确鉴定到种水平。

**结论** 该研究率先在国内评估了 Vitek MS 与 Bruker MS 鉴定希木龙念珠菌复合体的性能, 对于少见菌种的鉴定可通过增加数据库质谱谱图提高质谱的鉴定能力。

## PU-1188

### 基于质子化石墨相氮化碳的甲状腺激素干扰物电化学检测方法研究

赵强  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 对体块状石墨相氮化碳(graphitic carbon nitride, g-C<sub>3</sub>N<sub>4</sub>)进行质子化修饰, 提高其在水相中的分散性。在此基础上, 构建甲状腺激素干扰物四溴双酚 A(Tetrabromobisphenol A, TBBPA)的灵敏传感方法, 为体块状 g-C<sub>3</sub>N<sub>4</sub>在电化学检测领域的应用提供新的思路。

**方法** 基于  $g-C_3N_4$  基本结构单元三嗪环的特殊材料结构, 利用浓盐酸对  $g-C_3N_4$  进行了质子化修饰。利用电子显微镜, X 射线衍射图谱, 紫外-红外可见光谱等多种表征方式, 对经过质子化修饰的  $g-C_3N_4$  形貌、材料成键、晶型结构变化等特征进行研究。同时, 利用恒电位法, EIS 图谱, 循环伏安法等电化学方法对  $g-C_3N_4$  质子化修饰前后的电化学性能进行研究。结合电化学性能分析结果, 以质子化的  $g-C_3N_4$  作为玻碳电极修饰材料, 构建 TBBPA 电化学检测方法并利用电化学原理对其检测机理进行探讨。

**结果** 成功将体块状的  $g-C_3N_4$  进行了质子化并在水相中形成了稳定的分散体系, 并且可以在较长时间内保持稳定 ( $> 6$  月)。在传感器构建过程中, 质子化减小了体块状材料对电子传递的阻碍效应, 在电极表面形成了较为稳定的修饰层; 质子化后的  $g-C_3N_4$  表面带有大量的正电荷, 可以通过静电引力对底物 TBBPA 进行富集, 使底物在  $g-C_3N_4$  修饰电极表面发生反应的氧化电流得以提高。最终, 相关 TBBPA 检测方法检测的线性范围为  $0.05 \mu M - 1 \mu M$ , 基于三倍信噪比的检出限为  $20 nM$ 。

**结论** 通过将  $g-C_3N_4$  进行质子化, 成功提高了体块状  $g-C_3N_4$  的电化学性能。同时, 对 TBBPA 的灵敏测定表明, 质子化后的  $g-C_3N_4$  可以有效应用于电化学检测方法的构建。

PU-1189

## 类风湿关节炎实验室诊断指标的研究进展

李昊隆, 李永哲

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 类风湿关节炎(RA)是一种常见的慢性、全身性自身免疫性疾病, 确切发病机制尚不明确, 临床表现以侵蚀性、对称性多关节炎为主。早期诊断 RA 对判断疾病的严重程度, 改善预后以及提高 RA 患者生活质量有重要意义。目前, RA 患者血清中已经发现多种自身抗体以及蛋白质类生物标志物, 文章就以往发现的 RA 患者血清中存在的几种自身抗体以及近年来新发现的血清标志物在 RA 中的诊断、预后评价等方面的研究进展进行综述。

**方法** 类风湿关节炎(RA)是一种常见的慢性、全身性自身免疫性疾病, 确切发病机制尚不明确, 临床表现以侵蚀性、对称性多关节炎为主。早期诊断 RA 对判断疾病的严重程度, 改善预后以及提高 RA 患者生活质量有重要意义。目前, RA 患者血清中已经发现多种自身抗体以及蛋白质类生物标志物, 文章就以往发现的 RA 患者血清中存在的几种自身抗体以及近年来新发现的血清标志物在 RA 中的诊断、预后评价等方面的研究进展进行综述。

**结果** 类风湿关节炎(RA)是一种常见的慢性、全身性自身免疫性疾病, 确切发病机制尚不明确, 临床表现以侵蚀性、对称性多关节炎为主。早期诊断 RA 对判断疾病的严重程度, 改善预后以及提高 RA 患者生活质量有重要意义。目前, RA 患者血清中已经发现多种自身抗体以及蛋白质类生物标志物, 文章就以往发现的 RA 患者血清中存在的几种自身抗体以及近年来新发现的血清标志物在 RA 中的诊断、预后评价等方面的研究进展进行综述。

**结论** 类风湿关节炎(RA)是一种常见的慢性、全身性自身免疫性疾病, 确切发病机制尚不明确, 临床表现以侵蚀性、对称性多关节炎为主。早期诊断 RA 对判断疾病的严重程度, 改善预后以及提高 RA 患者生活质量有重要意义。目前, RA 患者血清中已经发现多种自身抗体以及蛋白质类生物标志物, 文章就以往发现的 RA 患者血清中存在的几种自身抗体以及近年来新发现的血清标志物在 RA 中的诊断、预后评价等方面的研究进展进行综述。



PU-1190

## 2 型糖尿病糖化血红蛋白与血常规炎性指标的相关性研究

张利改

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

**目的** 探讨血常规炎性指标中性粒细胞/淋巴细胞比值（NLR）、红细胞体积分布宽度（RDW）和血小板平均体积（MPV）与 2 型糖尿病糖化血红蛋白之间的相关性。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2018 年 6 月来我院就诊的 152 例 2 型成年糖尿病患者，其中 78 例糖化血红蛋白 $>7\%$ 的患者分为研究 1 组，74 例糖化血红蛋白 $<7\%$ 的患者分为研究 2 组，并选择同期在我院体检的健康人群 152 例作为对照组。用 XN-1000 全自动血液分析仪检测血常规，用 cobas c501 全自动生化分析仪检测空腹血糖、甘油三酯、低密度脂蛋白。用 TOSOH 糖化血红蛋白分析仪 G8 检测糖化血红蛋白。然后对 1 组和 2 组以及 2 组和对照组之间 NLR、RDW、MPV 和空腹血糖进行比较，并分析这些指标与糖化血红蛋白之间的相关性。

**结果** 1 组和 2 组相比病程、性别比、BMI 指数之间无明显统计学差异（ $P>0.05$ ）。1 组 NLR、RDW、MPV、中性粒细胞和空腹血糖较 2 组显著升高，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。但 1 组的淋巴细胞较 2 组显著降低，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。2 组与对照组之间 NLR、RDW、MPV 和中性粒细胞及淋巴细胞的差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。NLR、RDW、MPV、空腹血糖与糖化血红蛋白呈明显正相关（ $P<0.05$ ）。

**结论** NLR、RDW、MPV 的水平与糖化血红蛋白存在明显相关性，可以反应 2 型糖尿病患者血糖的控制水平，NLR、RDW、MPV 作为新兴的炎症标志物可以为 2 型糖尿病的诊断监测指引新的方向。

PU-1191

## 动脉硬化相关因子在亚临床甲状腺功能减退患者血中的表达及临床意义

周萱军

山东大学第二医院,250000

**目的** 亚临床甲状腺功能减退症是指无症状或者症状轻微，血清促甲状腺激素水平高于参考值上限，而血清游离甲状腺激素水平以及血清游离三碘甲状腺原氨酸水平处在参考范围内为特点的甲状腺功能紊乱。亚临床甲状腺功能减退对动脉硬化的影响一直存在争议。本研究旨在通过检测动脉硬化相关因子在亚临床甲状腺功能减退患者血中的表达，多角度探讨亚临床甲状腺功能减退与动脉硬化的相关性，为亚临床甲状腺功能减退患者的防治工作提供理论依据。

**方法** 选取新近诊断为亚临床甲状腺功能减退患者 100 例作为观察组，同期健康志愿者 100 例作为对照组，两组研究对象之间性别年龄无显著差异。分别测定并比较两组研究对象的甲状腺功能，血脂，血白介素-6，C 反应蛋白，血沉以及颈动脉内膜中层厚度。

**结果** 1. 观察组血清促甲状腺激素水平(TSH)显著高于对照组( $P<0.05$ )，而两组间血清游离甲状腺激素(FT4)以及游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)水平无显著差异( $P$  均 $>0.05$ )。

2. 观察组血总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、血白介素-6，C 反应蛋白以及血沉水平均显著高于对照组( $P$  均 $<0.05$ )，而血高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)水平显著低于对照组( $P<0.05$ )。观察组颈动脉内膜中层增厚程度显著高于对照组( $P<0.05$ )。

3. 血总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)以及低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、血白介素-6, C反应蛋白以及血沉水平与促甲状腺激素水平(TSH)水平呈正相关。血总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)以及低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)水平与颈动脉内膜中层厚度呈正相关。

**结论** 亚临床甲状腺功能减退患者血中动脉硬化危险因素水平显著升高,增加了患者发生动脉硬化甚至发展成心血管疾病的机率,有必要对亚临床甲状腺功能减退患者采取适当的干预措施或者定期随访以减少心血管事件发生的危险。

## PU-1192

### Limited diagnostic value of microRNAs for detecting colorectal cancer: A meta-analysis

Xuanjun Zhou, Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** MicroRNAs have been demonstrated to play important roles in the development and progression of colorectal cancer. Several studies utilizing microRNAs as diagnostic biomarkers for colorectal cancer (CRC) have been reported. The aim of this meta-analysis was to comprehensively and quantitatively summarize the diagnostic value of microRNAs for detecting colorectal cancer.

**Methods** We searched PubMed, Embase and Cochrane Library for published studies that used microRNAs as biomarkers for the diagnosis of colorectal cancer. Summary estimates for sensitivity, specificity and other measures of accuracy of microRNAs in the diagnosis of colorectal cancer were calculated by using the bivariate random effects model. A summary receiver operating characteristic (SROC) curve was also generated to summarize the overall effectiveness of the test.

**Results** Thirteen studies from twelve published articles met the inclusion criteria and were included. The overall sensitivity, specificity, positive likelihood ratio, negative likelihood ratio and diagnostic odd ratio of microRNAs for the diagnosis of colorectal cancer were 0.81 (95%CI: 0.79-0.84), 0.78 (95%CI: 0.75-0.82), 4.14 (95%CI: 2.90-5.92), 0.24 (95%CI: 0.19-0.30), and 19.15 (95%CI: 11.65-31.48), respectively. The area under the SROC curve was 0.89.

**Conclusions** The current evidence suggested that the microRNAs test might not be used alone as a screening tool for CRC. Combining microRNAs test with other conventional tests such as FOBT may improve the diagnostic accuracy for detecting CRC.

## PU-1193

### Urinary cell-free microRNA-106b as a novel biomarker for detection of bladder cancer

Xuanjun Zhou, Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Cell-free microRNAs (miRNAs) stably and abundantly exist in body fluids and emerging evidence suggests cell-free miRNAs as a novel class of non-invasive disease biomarkers. In this study, we hypothesized that the quantitative detection of the oncogenic miR-106b-25 cluster in urine could be a useful clinical biomarker for bladder cancer (BCa).

**Methods** Three members of the miR-106b-25 cluster (miR-106b, miR-93 and miR-25) were quantified by real-time RT-PCR in urine supernatant of 112 BCa patients and 78 age-matched controls.

**Results** In our study, the urinary levels of miR-106b were significantly higher in BCa patients than controls ( $P<0.001$ ). No significant difference was observed in the urinary levels of miR-93 and miR-25 between two groups. Furthermore, the levels of urinary miR-106b were significantly reduced in postoperative samples compared with the levels in the preoperative samples ( $P=0.007$ ). With respect of clinicopathological characteristics, the level of urinary miR-106b was associated with advanced tumor stage. Receiver operating characteristic (ROC) analysis revealed that urinary miR-106b had considerable diagnostic accuracy, yielding an AUC (the areas under the ROC curve) of 0.802 with 76.8% sensitivity and 72.4% specificity in differentiating BCa from controls.

**Conclusions** Our data indicate that urinary cell-free miR-106b might provide new complementary tumor biomarkers for BCa.

## PU-1194

### 静脉采血注意事项

李倩倩

山东大学第二医院,250000

**目的** 正确静脉采血操作 减轻患者痛苦。

**方法** ①、血管选择：首选手臂肘前驱静脉，优先顺序依次为正中静脉、头静脉及贵要静脉，当无法在肘前驱的静脉进行采血时，也可选择手背的浅表静脉。全身严重水肿、大面积烧伤等特殊患者无法在肢体找到合适的穿刺静脉时，可选择颈部浅表静脉、股静脉采血。

②、操作流程：

（1）、操作前：带好口罩、帽子、手套，准备好采血针、棉签、爱尔碘、压脉带、垫板、擦手纸。

（2）、操作中：核对好患者姓名、性别、年龄、身份证、就诊卡号等信息，确保患者为被采血者本人。压脉带绑在采血部位上方 5cm-7.5cm 的位置，选择采血位置后，消毒以穿刺点为圆心，以圆形方式自内向外消毒，消毒范围直径 5cm，消毒 2 次，进行穿刺，穿刺成功后，松开压脉带，接上真空采血管，按血培养瓶、蓝、黄、绿、紫、灰的顺序接管。采集完后从采血针上拔出最后一支采血管，从静脉拔出采血针。

（3）、操作后：拔出针后，把采血针放入利器盒中，应在采血针部位覆盖无菌棉签，告知患者按压五分钟。

**结果** 采血前病人的准备情况，血管的准备评估与定位，符合仪器要求的真空采血管，顺利的采血过程，是采好静脉血和保证检验结果准确性的关键，而对患者做好采血前后的卫生宣教，是患者了解及提高医学知识点的有效途径。

**结论** 压脉带宜在开始采集第一管血时松开压脉带，使用时间不应超过一分钟，否则会因局部血流瘀滞造成血液相对浓缩，进而引起高分子量蛋白类检测项目及血液中细胞成分的检测结果假性增高。

## PU-1195

## Comparison and Analysis of liquefaction and inoculation effects of different front processing method for sputum culture by using COPAN WASPLab

Lu Bai

Air Force Medical University

**Objective** To evaluate the inoculation effect of different pre-treatment methods of COPAN WASPLAB, OXOID SPUTASOL and trypsin in liquefy treatment of sputum.

**Methods** Experiment 1: Streptococcus pneumoniae and Haemophilus influenzae suspensions were prepared separately, and the effects of saline on the growth of the three liquidative fluids were compared. Experiment 2: 100 samples of secretions extracted by artificial Airways from July to October 2018 were collected, and the weight method was divided into three parts. The liquefaction time, inoculation effect and the number of individual colonies were evaluated. Experiment 3: collect 105 cases containing saliva and sticky pus between July and October 2018 in our hospital, take 35 copies each, and use direct inoculation by hand as a control group to compare the difference in the quality score of the separation of colonies after removing saliva components by different methods.

**Results** COAPN SL solution and OXOID SPUTASOL had no significant inhibitory effect on the growth of colonies and the assessment of bacterial amount after the action of Streptococcus pneumoniae and Haemophilus influenzae 0 to 120 min, but trypsin had a significant inhibitory effect on both after the action of 15 min. Compared with the three sputum liquidators, 90 % of the sputum specimens had liquid liquefaction time within 30 min, and there was no significant difference between the inoculation effect and the number of individual colonies. After removing saliva by different methods and digesting sputum, the quality score of colony separation was higher than that of manual direct inoculation.

**Conclusions** COPANSL resolution, OXOID SPUTASOL and trypsin can be used for liquefaction pretreatment of sputum specimens, but attention should be paid to the time of trypsin action so as not to affect the detection of Streptococcus pneumoniae and Haemophilus influenzae. COAPNSL resolution has a better clinical practicality when applied to COPAN WASPLab.

## PU-1196

## 评价两种艰难梭菌显色培养基的临床应用

白露

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 比较两种艰难梭菌显色培养基: CHROMagar™ C.difficile (CCd) 艰难梭菌显色培养基及 bioMérieux chromID C.difficile (CDIF) 艰难梭菌鉴定培养基。建立基于 CCd 艰难梭菌显色培养基, 应用艰难梭菌荧光观察仪直接判读的临床应用研究。

**方法** 首先, 应用我院收集已确认阳性的艰难梭菌冻存粪便 10 份, 经乙醇处理后, 等量接种艰难梭菌显色培养基, 观察其菌落识别特征。其次, 采集自 2018 年 9 月-2019 年 2 月间, 我院临床腹泻患者粪便样本 174 份, 平行采用等量标本, 直接接种于两种艰难梭菌显色培养基, 经 24 小时厌氧培养后, 判读疑似菌落; 并应用艰难梭菌荧光观察仪, 辅助 CCd 直接判读。分别挑取两种上的疑似菌落做 MALDI-TOF MS 鉴定, 以鉴定结果做确证。最后, 对两种培养基判读差异性进行统计学比较。

**结果** 10 例阳性大便样本进行的回顾性接种, 在两种培养基上均有生长, 一致性为 100%; 进一步分析 174 份常规样本, CCd 培养基分离出艰难梭菌 34 株 (19.54%) 和 CDIF 分离艰难梭菌 32 株 (18.39%)。两种培养基的检出率差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。应用艰难梭菌荧光观察仪在

UV365nm 下观察, CCd 培养基上的艰难梭菌菌落可显示蓝色荧光, 与质谱鉴定率比较, 敏感性为 95.4%。CCd 在荧光观察仪中, 可清晰的区分, 直接判读。

**结论** 两种艰难梭菌显色培养基应用简单便捷, 敏感性和特异性较高。均可适用于临床实验室进行艰难梭菌的快速培养及鉴定。但由于 CDIF 鉴定培养基将于近期停止国内供应。应用艰难梭菌荧光观察仪, 直接判读 CHROMagar™ C.difficile 艰难梭菌显色培养基, 用于临床艰难梭菌的培养及鉴定, 将是不错的替代选择。

## PU-1197

### miR-34a 对滋养细胞自噬的影响

徐娜

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨 miR-34a 对滋养细胞自噬的影响。

**方法** 选用绒毛膜癌细胞系 JEG-3 细胞分别转染 miR-34a 模拟物、miR-34a 抑制物及各自阴性对照, 运用 Western blot 检测各组自噬相关蛋白 Beclin1 和 LC3B 的蛋白表达情况。用透射电镜检测各组细胞中自噬小体的数量。

**结果** (1) Western blot 检测结果表明, miR-34a 模拟物转染组 JEG-3 细胞中自噬相关蛋白 LC3B 表达水平明显低于对照组, Beclin1 蛋白表达水平低于对照组, miR-34a 抑制物转染组结果则相反。(2) 透射电镜结果显示转染 miR-34a 模拟物组细胞中自噬小体数量明显低于对照组, 而转染 miR-34a 抑制物自噬小体数量高于对照组。

**结论** miR-34a 可以通过影响滋养细胞的自噬, 从而参与子痫前期的病理生理。

## PU-1198

### 比较两种血培养仪的报阳时间

孙晓军

山东省千佛山医院,250000

**目的** 分析比较两种血培养仪的报阳时间及病原菌的种类、报警时间、对血培养仪进行验证。

**方法** 分析我院 2016.1-2018.6 月期间 3106 份血培养标本的阳性率、阳性病原菌种类及阳性报警时间。

**结果** 从 3106 份血培养标本中, 阳性报警 386 株, 去除假阳性菌株 19 株, 真阳性菌株 367 株 (11.8%), 革兰阴性杆菌 219 株 (59.6%), 革兰阳性球菌 144 株 (39.2%), 真菌 4 株 (1.08%)。367 株阳性菌 0-18h 内检出菌株 151 株 (41.1%), 18-24h 内检出 113 株 (30.7%), 24-48h 内检出 81 株 (22.0%), 大于 48h 检出 22 株 (5.9%)。

**结论** 了解两种血培养仪的报警时间, 比较不同病原菌的报阳时间, 可以尽早的报告临床。

## PU-1199

### 我院输血前病人和孕产妇感染性疾病的检测分析

高娟,马梦影,张亚亚,王青,李卓

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 通过对输血前病人和孕产妇传染性疾病的检测, 分析输血前病人和孕产妇传染病感染情况, 为切断母婴间感染性疾病的传播提供参考依据。

**方法** 选择 2014-2016 年来我院就诊的输血前病人和孕产妇, 运用 ELISA 法对其进行抗艾滋病抗体 (抗 HIV)、抗梅毒抗体 (抗 TP) 和抗丙肝抗体 (抗 HCV) 检测, 并将检测结果进行分析。

**结果** 参加检测的输血前病人和孕产妇中抗艾滋病抗体阳性者分别为 82 和 1 例, 阳性率分别为 0.15% 和 0.02%; 抗梅毒抗体阳性者分别为 785 和 19 例, 阳性率分别为 1.4% 和 0.29%; 抗丙肝抗体阳性者分别为 1007 和 4 例, 阳性率分别为 1.7% 和 0.06%, 输血前病人抗 HIV、TP 和 HCV 阳性率明显高于孕产妇, 且不同感染指标阳性率呈逐年上升趋势 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 输血患者在输血前, 传染病即有一定的感染率, 尤其是梅毒和丙肝感染率很高, 且传染病阳性率均呈逐年上升趋势; 孕产妇传染病感染率处于较高水平, 育龄妇女孕前宣教和筛查是控制传染病母婴传播的关键。因此, 输血前进行传染病检测很有必要, 及早筛检抗 HIV、抗 TP 和抗 HCV 可以有效预防输血传染疾病, 减少或避免医院感染以及医疗纠纷的发生, 应加强育龄妇女的 HIV、TP 和 HCV 防治知识宣传教育, 加强孕产妇筛查体检工作, 规范进行 HIV、TP 和 HCV 诊治, 从而有效控制 HIV、TP 和 HCV 疫情, 保护妇女身体健康, 有效保障母婴安全。

PU-1200

## 铜绿假单胞菌老年人分离株毒力基因 及耐药基因研究

徐燕<sup>1</sup>, 王彦<sup>2</sup>, 张卉<sup>3</sup>, 刘兴颖<sup>1</sup>, 杨平玲<sup>1</sup>

1.日照市中心医院

2.连云港市第二人民医院

3.日照市人民医院, 276800

**目的** 调查老年患者铜绿假单胞菌分离株的毒力基因和耐药基因的携带状况。

**方法** 收集 2016 至 2017 年临床诊断为获得性肺炎的 60 岁以上老年住院患者痰标本中分离的 36 株铜绿假单胞菌, Kirby-Bauer 法做 9 种抗菌药物敏感性试验, 采用聚合酶链反应 (PCR) 及序列分析的方法分析 9 种毒力基因 (plcH、aprA、algD、exoS、exoT、exoU、exoY、toxA、pyo) 及 23 种耐药基因 (17 种  $\beta$ -内酰胺酶类和 6 种氨基糖苷类耐药基因), 阳性基因测序后直接作 BLAST 比对。

**结果** 36 株铜绿假单胞菌对碳青霉烯类药物均敏感, 对三代头孢菌素类、氨基糖苷类和喹诺酮类药物耐药率分别为 27.78%、47.22% 和 30.56%; 本组菌株每株均检出 5-8 种毒力基因, 其中 plcH、aprA、algD、exoS、exoT、exoY 和 toxA 检出率极高 (97.22%-100.00%), pyo 检出率亦达 44.44%; 检出 6 种耐药基因, 包括 2 种头孢菌素类耐药基因 (blaCARB、blaDHA) 和 4 种氨基糖苷类耐药基因 (aac(6')-Ib, aac(6')-II, ant(3'')-I, ant(2'')-I), 其分离率为 8.33%-27.78%, 其中 21 株菌至少检出 1 种耐药基因, 其余 15 株未检出; plcH、aprA、algD、blaCARB-3 和 ant(2'')-I PCR 产物测序图均已比对确认。

**结论** 本研究铜绿假单胞菌毒力基因的高携带率与老年人的获得性肺炎关系密切; 铜绿假单胞菌未携带 blaIMP、blaVIM 与 blaNDM 碳青霉烯类  $\beta$ -内酰胺酶基因与对碳青霉烯类药物敏感密切相关; 毒力基因和耐药基因的联合检测能更好的分析患者感染病原菌的致病机理。

## PU-1201

## The reduced PDCD5 protein is correlated with the degree of tumor differentiation in endometrioid endometrial carcinoma

Meng Gao

Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Endometrial cancer is one of the most common malignancies in the female genital tract. Programmed cell death 5 (PDCD5) is a newly identified apoptosis related gene and plays an important role in the development of some human tumors. However, the expression and clinical significance of PDCD5 in endometrial cancer have not been fully elucidated.

**Methods** Here, we evaluated the expression of PDCD5 in endometrioid endometrial carcinoma and control endometrium by qRT-PCR, western blot and immunohistochemistry, and analyzed the associations of PDCD5 expression with clinicopathological parameters of patients. In addition, we detected the expression of PDCD5 in control endometrial glandular epithelial cells and endometrioid endometrial carcinoma-derived cell line KLE by immunocytochemistry.

**Results** The results showed that PDCD5 protein mainly expressed in the cytoplasm of glandular epithelial cells and endometrial carcinoma cells, and there was a low level of PDCD5 expression in the nuclei of the above cells. Furthermore, PDCD5 protein level was significantly lower in endometrial carcinoma samples than that in control endometrium. The decreased PDCD5 expression was correlated with the tumor differentiation degree. It is clear that PDCD5 protein expression was lower in middle and low differentiated endometrial carcinoma compared with control endometrium and high differentiated endometrial carcinoma. However, there were no significant differences of PDCD5 expression between the proliferative phase and the secretory phase of control endometrium, as well as between high differentiated endometrial carcinoma and controls. The results were verified in control glandular epithelial cells and KLE cells by immunocytochemistry.

**Conclusions** PDCD5 may play a key role in the pathogenesis of endometrial cancer and may be a novel target for diagnosis and treatment of endometrial cancer.

## PU-1202

## Epac1 knockdown inhibits the proliferation of ovarian cancer cells by inactivating AKT/Cyclin D1/CDK4 pathway in vitro and in vivo

Meng Gao

Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Ovarian cancer is the leading cause of death among gynecological malignancies, and high grade serous ovarian carcinoma is the most common and most aggressive subtype. Recently, it was demonstrated that cAMP mediates protein kinase A-independent effects through Epac (exchange protein directly activated by cAMP) proteins. Epac proteins, including Epac1 and Epac2, are implicated in several diverse cellular responses, such as insulin secretion, exocytosis, cellular calcium handling and formation of cell-cell junctions. Several reports document that Epac1 could play vital roles in promoting proliferation, invasion and migration of some cancer cells. However, the expression levels and roles of Epac1 in ovarian cancer have not been investigated.

**Methods** In the present study, we detected the expression levels of Epac1 mRNA and protein in three kinds of ovarian cancer cells SKOV3, OVCAR3 and CAOV3. Furthermore, the effect of

Epac1 knockdown on the proliferation and apoptosis of SKOV3 and OVCAR3 cells was evaluated in vitro and in vivo.

**Results** The results showed that there was higher expression of Epac1 mRNA and protein in SKOV3 and OVCAR3 cells. Epac1 knockdown inhibited the proliferation of SKOV3 and OVCAR3 cells in vitro and in vivo. Decreased proliferation may be due to downregulation of Epac1-induced G1 phase arrest by inactivating the AKT/Cyclin D1/CDK4 pathway, but not to alterations in the MAPK pathway or to apoptosis.

**Conclusions** Taken together, our data provide new insight into the essential role of Epac1 in regulating growth of ovarian cancer cells and suggest that Epac1 might represent an attractive therapeutic target for treatment of ovarian cancer.

## PU-1203

### CD39+ Treg in the development of primary biliary cholangitis

Yanping Gong, Guohua Xu, Tingwang Jiang  
Institution of Laboratory Medicine of Changshu

**Objective** Primary biliary cholangitis (PBC) is a chronic autoimmune cholestatic liver disease. The study aimed to investigate changes of adenosine metabolism pathway related molecules and their contribution to inflammatory injury in PBC.

**Methods** 64 subjects with PBC and 60 health individuals were involved in this study. 16 female C57BL/6J mice were randomly divided into normal group and model group. The model group was given 2 times a week by intraperitoneal injection of poly I:C (, 5 mg/kg, 16 weeks), and the normal group was injected into normal saline. Alanine aminotransferase (ALT), aspartate aminotransferase (AST), glutamyl transferase (GGT), alkaline phosphatase (ALP) in the liver were determined by biochemical analyzer. Hematoxylin and eosin staining was used to determine the levels of liver injury and inflammation in mice. Flow cytometry was used to analyze the population of CD39+ Treg cell in the peripheral blood and spleen of mice the cells.

**Results** Clinical result showed that the levels of ALT, AST, ALP and GGT in 64 subjects with PBC increased compared to 60 healthy controls. The proportion of CD39+CD4+ cells was decreased in PBMCs from PBC patients but not CD73+ CD4+ cells. Moreover, the proportion of CD39+Treg cells but not CD73+ in PBC patients also significantly decreased. A PBC murine model results showed that the levels of ALT, AST and GGT in serum significantly increased induced by poly I:C. Histopathology result revealed that poly I:C induced liver inflammation in mice. Flow cytometry results showed that the proportion of CD39+CD4+ cells in PBMCs decreased in model group compared to normal group. Moreover, the proportion of CD39+Foxp3+CD4+ cells was markedly reduced in poly I:C-induced mouse spleen. Finally, poly I:C significantly inhibited the expression of CD39 and adenosine receptor A2a in mouse liver but not CD73.

**Conclusions** In conclusion, our results suggest that the proportion of CD39+ Treg cells decreasing in PBC patients and animal model are closely associated with the disease progression. Taken together, our study offers a novel perspective on the role of adenosine metabolism pathway in PBC pathogenesis.



## PU-1204

## CLSI EP12-A2 在梅毒定性检测性能评价 试验中的应用

李全  
江苏省中医院,210000

**目的** 目的应用美国实验室标准化协会（CLSI）发布的 EP12-A2 文件《定性试验评价方法协议》，对梅毒定性定量检测进行性能评估，为实验室检测遇到定性定量结果不一致时提供实验依据。

**方法** 参照 CLSI EP 12-A2 文件推荐方法，比较定性与定量两种方法检测梅毒的  $C_{50}$ 、 $C_{50}-C_{95}$  区间，同时用两种方法检测 200 份血清标本，计算结果一致程度的 95%可信区间（CI），计算 Kappa 值，评价一致性

**结果** 定量检测血清梅毒的  $C_{50}$  小于定性检测的  $C_{50}$ ，两种检测梅毒方法的一致程度的 95%可信区间为：93.6%-97.5%，Kappa 值为 0.96

**结论** 两种检测方法一致性较好，同时 EP 12-A2 文件作为性能评价方法可行。

## PU-1205

## SHP2 生物学功能研究进展及其在肿瘤中的作用

李硕敏  
山东省千佛山医院,250000

细胞内很多病理生理过程是由酪氨酸磷酸化调控的，这一调控取决于蛋白酪氨酸激酶(PTK)和蛋白酪氨酸磷酸酶(PTP)的协调作用。研究发现 PTK 的突变及过表达参与了很多肿瘤病理过程。PTPs 也被发现参与了肿瘤发生发展的过程。编码含有 SH2 结构域的酪氨酸磷酸酶 SHP2 的 PTPN11 基因最初被认为是原癌基因，生殖系 PTPN11 点突变可以导致努南综合征和豹斑综合征，而体细胞获得性 PTPN11 点突变则出现在一些血液肿瘤和实体瘤。最近研究发现，SHP2 在肝癌中呈抑制作用。同时，SHP2 是一些癌基因信号通路中的关键成员。阐明 SHP2 参与癌性转化的机制将为癌症发生提供新的认识，为肿瘤治疗提供新的靶点。

## PU-1206

## 广元地区育龄妇女及婴幼儿 TORCH 感染状况 调查研究

张博林  
广元市中心医院

**目的** 了解广元地区育龄妇女及婴幼儿 TORCH 感染状况，为优生优育提供相关信息。

**方法** 采用化学发光检测系统测定育龄妇女及婴幼儿血清中弓形虫（TOX）、风疹病毒（RV）、巨细胞病毒（CMV）及单纯疱疹病毒 I 型（HSV I）和 II 型（HSV II）特异性抗体 IgG 和 IgM。

**结果** 广元地区育龄妇女 TORCH-IgG 抗体阳性率分别为：CMV95.90%，RV IgG85.00%，HSV I-IgG23.89%，HSV II-IgG12.29%，Tox-IgG6.45%。TORCH-IgM 抗体阳性率分别为：CMV-IgM1.74%，HSV II-IgM1.13%，RV-IgM0.52%，Tox-IgM0.44%，HSV I-IgM0.08%。婴幼儿 TORCH-IgG 抗体阳性率分别为：CMV83.53%，RV IgG70.12%，HSV I-IgG82.93%，HSV II-

IgG15.24%，Tox-IgG7.23%。TORCH-IgM 抗体阳性率分别为：CMV-IgM26.83%，HSV II-IgM1.22%，RV-IgM1.22%，Tox-IgM0%，HSV I-IgM0%。

**结论** 广元地区育龄妇女及婴幼儿存在一定的 TORCH 感染率，育龄妇女及婴幼儿 TORCH 监测非常有意义。

## PU-1207

### 产妇与新生儿巨细胞病毒感染相关检测指标分析

董晓龙,代娣,郭晓临

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 近年来产妇和新生儿巨细胞病毒感染率越来越高。巨细胞病毒的早期诊断与治疗至关重要。通过统计免疫生化及分子生物学相关指标，总结最优诊疗方案。

**方法** 本实验采用荧光定量 PCR 方法对 2016 年 1 月至 2019 年 4 月来院就诊疑似 CMV 感染人群进行 CMV 核酸及相关免疫生化指标进行检测，共 6668 例。

**结果** CMV DNA 阳性总检出率 4.5% (300/6668)；300 例阳性标本中，尿液阳性检出率为 39.7% (119/300)；乳汁阳性检出率为 60.3% (181/300)。乳汁 CMV DNA 阳性标本中，小儿的尿液 CMV 阳性检出率为 56.9% (103/181)。免疫检测的 CMV DNA 阳性标本 IgM 阳性率 11.6% (31/268)，CMV DNA 阴性标本中 IgM 阳性率为 0.31% (15/4892)；CMV DNA 阳性标本中 IgG 阳性率为 81.7% (219/268)，CMV DNA 阴性标本中 IgG 阳性率为 16.3% (798/4892)。CMV 阳性的标本中，肝功指标 AST, ALT, DBIL, GGT, ALP 以及淋巴细胞指标均高于阴性组，差异有统计学意义。16 年到 19 年间，产妇及新生儿 CMV 感染率略有升高。

**结论** 免疫检测表明抗体 IgG, IgM 对于确诊 HCMV 感染有意义，但在 CMV DNA 阴性标本中出现假阳性结果，暴露 CMV 抗体具有滞后性缺点。生化检测表明小儿肝功变化与 CMV 感染有关。同时由于 CMV 在尿液中存在时间节律性排出，故应采集不同节点进行检测，此外加强产妇乳汁 CMV 检测，可明显提高新生儿 CMV 感染检查有效性。以上结果提示当患儿存在黄疸，高胆红素血症等症状，且淋巴细胞存在异常时，应高度怀疑 CMV 感染，应免疫学检测与 CMV 核酸检测联合检查，提高巨细胞病毒检查准确性。

## PU-1208

### B 细胞连接蛋白的结构、功能及其在 B 细胞相关疾病发展中的作用

肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 摘要：B 细胞连接蛋白，是 B 细胞受体通路的关键接头蛋白。B 细胞连接蛋白通过自身的结构特性及蛋白互作网络参与调控 PLC- $\gamma$  的活性和 Ras 通路激活，在 B 细胞受体信号转导中发挥重要作用，广泛参与调控 B 细胞的增殖、分化、凋亡及信号传导等过程，并与过敏性疾病、多发性硬化症、染色体组非整倍体、无丙种球蛋白血症、B 淋巴细胞白血病、淋巴瘤的发生发展密切相关。

**方法** 本文对 B 细胞连接蛋白的结构、生物学功能及其在 B 细胞相关疾病作用进行综述

**结果** B 细胞连接蛋白可与多个效应蛋白协作，激活 B 细胞受体信号通路，从而影响着 B 细胞的发育成熟及功能调节；B 细胞连接蛋白发生功能性突变，会破坏 B 细胞稳态并影响 B 细胞发育成熟，从而导致 B 细胞相关疾病的发生。

**结论** 全面总结 B 细胞连接蛋白的生物学功能不仅有助于了解 B 细胞相关疾病的发生机制，也有望将 B 细胞连接蛋白作为相关疾病的治疗靶标提供新思路 and 突破口。

PU-1209

## 强化免疫检验质量管理对临床免疫检验准确性的影响研究

魏昊  
广元市中心医院

**目的** 探究强化免疫检验质量管理对临床免疫检验准确性的影响研究。

**方法** 选取我院 2017 年 10 月-2018 年 10 月检验科收集的住院患者血清样本 160 份患者资料，作为研究对象，随机分成对照组和观察组，每组 80 例，其中对照组采用常规质量控制管理，观察组的患者采用强化免疫检验质量管理，对比两组的检验准确度分析和平均变异指数。

**结果** 观察组的检验分析质量控制的准确度要显著高于常规组，（ $P<0.05$ ）差异具有统计学意义。

**结论** 通过分析得出在排除其他制约因素之后强化免疫检验质量管理对临床免疫检验观察组的准确度要明显高于对照组，说明临床免疫检验采用强化免疫检验有助于提高检验准确度，值得临床免疫检验进一步的推广。

PU-1210

## HSV-1 感染导致中毒性巨结肠的基因差异表达网络分析

肖斌  
中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** I 型单纯疱疹病毒( herpes simplex virus type 1, HSV-1)侵入人体，进而扩散到肠神经系统（ENS），引起中性粒细胞介导的神经元损伤，导致肠蠕动丧失和中毒性巨结肠，然而 HSV-1 扩散至 ENS 的方式及其发病机制仍然不清楚。本文以 HSV-1 感染所导致中毒性巨结肠为研究对象，运用生物信息学分析对 GEO 数据库的原始数据进行挖掘，寻找 HSV-1 感染所导致中毒性巨结肠的差异表达基因，为其发病机制研究和早期预防提供一定的基础。

**方法** 原始数据通过 NCBI 的 GEO 数据库下载，并对其进行质量控制和前期处理。根据对照组小鼠与感染野生型（ $\Delta 68\text{HR}$ ）HSV-1 的小鼠将原始数据分为四组进行分析。将数据导入在线分析平台百迈客云进行差异表达基因分析、GO 富集层次分析、KEGG 通路富集分析、差异表达基因蛋白互作网络分析。

**结果** 对本次研究纳入的数据进行生物学信息分析，符合  $\text{Fold Change} \geq 2$  且  $\text{FDR} < 0.01$  的筛选标准的差异表达基因有 38 个，其中上调基因 9 个，下调基因 29 个。其中 Gzmk、Apol7e 及 Pdcd1 基因差异表达倍数最高，且与 T 细胞受体信号通路、脂质代谢及运输、T 细胞凋亡的正反馈有密切的联系，推测 Gzmk、Apol7e 和 Pdcd1 基因在 HSV-1 感染所导致中毒性巨结肠的发病中发挥着一定的作用。

**结论** 本研究通过对原始数据进行发掘，发现 Gzmk、Apol7e 和 Pdcd1 基因在 HSV-1 感染所导致中毒性巨结肠中高表达，推测其发病可能与 Gzmk、Apol7e 和 Pdcd1 基因密切相关，为 HSV-1 感染所导致中毒性巨结肠的研究和早期预防提供基础，仍需更深入，更细致的研究和实验对其验证。

## PU-1211

## LncRNA FAL1 在前列腺癌血清中的表达水平及其临床意义

肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 通过观察 LncRNA FAL1 在前列腺癌患者肿瘤血清中的表达水平, 为前列腺癌诊断提供新的生物标志物, 建立与 PSA 联合诊断的方法, 提高诊断效能。

**方法** 按照纳入标准和排除标准选取 19 例已确诊的前列腺癌患者的血清标本和 9 例未患有肿瘤且未患有影响生物指标检测的疾病的正常人血清标本, 通过 qRT-PCR 方法检测 LncRNA FAL1 在两种类型的血清标本中的表达量, 再通过非参数检验分析两组标本组的 FAL1 表达量的差异。T 检验分析两组标本 GAPDH 的表达水平的差异, 判断其稳定性和确认是否可以用作内源性参照。应用受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 分析 PSA 单独检测和 FAL1+PSA 联合检测对于诊断前列腺癌的准确性和诊断效能。T 检验分析 FAL1 对前列腺癌的骨转移的诊断效能。

**结果** 两组血清标本的 GAPDH 的表达量差异无统计学意义 ( $p > 0.05$ )。前列腺癌患者血清中 LncRNA FAL1 的表达水平显著高于正常人, FAL1 在前列腺癌患者组与正常人组表达水平的差异具有统计学意义。ROC 曲线表明 PSA 单独检测的 AUC (0.813) 比 PSA+FAL1 联合检测 (0.807) 的大。FAL1 在伴有骨转移的前列腺癌患者和未伴有骨转移对照组的血清中的表达水平的差异无统计学意义。

**结论** GAPDH 在男性血清中表达具有很高的稳定性, 不受病理因素的影响可

以用作 LncRNA FAL1 检测的内源性参照。LncRNA FAL1 可能是前列腺癌的潜在的分子诊断物, 提示其可能在临床中可作为诊断前列腺癌新的生物标志物。FAL1 与 PSA 联合检测比 PSA 单独检测诊断前列腺癌的准确性低, 不能提高前列腺癌的诊断效能。FAL1 可能不能作为前列腺癌的骨转移诊断的生物标志物。

## PU-1212

## miR-1825 在乳腺癌患者血浆中的表达水平及其诊断价值研究

肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** miR-1825 的表达水平在不同的癌症和其它严重疾病中存在差异, 然而其在乳腺癌中的表达未进行血清学验证, 诊断价值仍然不清楚。本研究以乳腺癌患者为研究对象, 通过检测乳腺癌患者与健康对照的血浆 miR-1825 水平, 分析其表达水平与临床参数的关系, 评价 miR-1825 单独及与 CA15-3 联合检测对乳腺癌的诊断价值。

**方法** 本研究所用的乳腺癌血浆标本均来自中国人民解放军南部战区总医院住院部, 并根据患者的临床信息分为术前组和术后组, 采用实时荧光定量 PCR 技术, 检测 miR-1825 在乳腺癌患者和健康对照者血浆中的相对表达水平; 结合相关临床病理资料, 分析其表达水平与血清肿瘤标志物水平的相关性; 用受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC) 和曲线下面积 (area under the ROC curve, AUC) 评价 miR-1825 单独及与 CA15-3 联合检测对乳腺癌的诊断价值。

**结果** 术前组、术后组、Luminal A、Luminal B、HER-2+、Basal-like 及健康对照组中血浆 miR-1825 的相对表达量中位数分别为 92.86 (四分位间距 12.57-200.64)、0.25 (四分位间距 0.11-0.41)、24.13 (四分位间距 12.47-24.68)、78.62 (四分位间距 25.96-124.23)、204.08 (四分

位间距 12.80-588.13)、7.92(四分位间距 4.01-90.27)和 6.30(四分位间距 4.88-9.73)。miR-1825 在乳腺癌患者血浆中的表达水平与健康对照相比显著提高,而术后化疗后降低可以作为预后的观察指标;不同乳腺癌分子亚型之间血浆中 miR-1825 的相对表达水平差异无明显统计学意义;miR-1825 与 CA-153、CA-125 及 CEA 均无显著相关性;miR-1825 的 AUC、灵敏度和特异性分别为 0.917(95%CI: 0.850-0.983)、0.867 和 0.833。miR-1825 诊断效能优于 CA-153,联合检测优于单项检测。

**结论** 本研究发现 miR-1825 在乳腺癌术前患者血浆中高表达,乳腺癌术后患者血浆中低表达,miR-1825 有可能成为诊断乳腺癌的血浆标志物。

## PU-1213

### 促炎因子刺激 1 型糖尿病胰岛 $\beta$ 细胞及对照细胞的转录表达谱差异分析

肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 1 型糖尿病是一种自身免疫性疾病,早期由 T 细胞介导破坏胰岛  $\beta$  细胞,有研究猜测 1 型糖尿病的发病过程并不只是免疫细胞单向地破坏  $\beta$  细胞,而是通过免疫细胞与胰岛  $\beta$  细胞间的相互作用实现的,本研究从 GEO 数据库下载相关胰岛组织的转录组原始数据进行分析,筛选差异基因,从而找出可能在胰岛  $\beta$  细胞中参与这种相互作用的基因,为进一步研究这种相互作用提供线索,为研究 1 型糖尿病的发病机制提供依据。

**方法** 从 GEO 数据库中下载原始数据,分为促炎因子影响组和对照组,对原始数据进行质控分析、比对组装、转录组文库质量评估,用 FPKM 表示基因表达量,筛选符合  $FDR < 0.05$ ,  $fold\ change > 2$  的基因为差异基因,并对差异基因进行功能注释和富集分析。

**结果** 符合筛选标准的差异基因一共有 61 个,其中上调基因有 50 个,下调基因有 11 个,其中 S100A7、CSF3、NOS2 和 MMP3 上调倍数最大,经功能注释和富集分析显示,其分别与细胞因子生成、免疫反应、调节白细胞的细胞毒性作用和降解细胞外基质有关,前三个基因与免疫反应有关,提示这些基因可能在 1 型糖尿病早期  $\beta$  细胞与免疫细胞的相互作用中发挥一定功能。有研究表明 MMP2 和 MMP9 与 2 型糖尿病的发病机制有关,推测 MMP3 在 1 型糖尿病的发病机制中也起一定作用。

**结论** 本研究对促炎因子影响下和控制条件下的胰岛组织转录组数据进行分析,筛选差异基因,其中 S100A7、CSF3、NOS2 和 MMP3 基因差异倍数最高,推测其在 1 型糖尿病早期胰岛  $\beta$  细胞对免疫细胞的反作用中发挥功能,为 1 型糖尿病发病机制的研究提供线索,后续还需要一系列实验对其进行验证。

## PU-1214

### 胶质瘤患者与正常对照组的转录组差异分析

肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 关于胶质瘤的发病机制目前仍不十分清楚,可能由遗传因素及环境因素相互作用引起,遗传易感性可能在胶质瘤发病过程中起重要作用。因此,我们通过数据挖掘,对胶质瘤患者与正常对照组患者的测序数据进行转录组差异分析,找出具有显著差异表达的分子,本文章挖掘的具有显著差异的分子将为胶质瘤的治疗靶标提供线索。

**方法** 原始数据来自于文献"Identifying Glioblastoma Gene Networks based on Hypergeometric Test Analysis" 这篇文献提供了两个脑肿瘤患者的测序数据和两个正常对照样本的测序数据,我们利用这些数据在百迈客云平台进行脑肿瘤患者与正常对照样本的差异转录表达谱分析,即对两组数据进行质量控制、基因表达定量及差异分析。对于有生物学重复的样本,使用 DEseq 进行样品组间的差异表达分析,获得两个生物学条件之间的差异表达基因集;对于没有生物学重复的样本,使用 EBseq 进行差异分析。使用 GOseq R 包对差异表达基因进行 GO 富集层次分析,使用 KOBAS 软件对差异表达基因进行 KEGG 通路富集分析。使用 STRING 数据库和 Cytoscape 获得和观察差异表达基因的蛋白互作网络。

**结果** 对本次研究纳入的数据进行生物学信息分析,符合 Fold Change $\geq 2$  且 FDR $<0.01$  的筛选标准的差异表达基因有 4603 个,其中上调基因 2240 个,下调基因 2363 个。其中差异表达倍数较高的为 CHI3L2、GALNT5、CHI3L1 等若干基因。其中 CHI3L2、GALNT5 在胶质瘤组中不表达而 CHI3L1 低表达,正常对照组中三者都高表达。经功能注释显示它们都与碳水化合物运输有关。推测 CHI3L2、GALNT5、CHI3L1 与胶质瘤的发生有关。

**结论** 本研究对两个脑肿瘤患者的测序数据和两个正常对照样本的测序数据进行分析,筛选差异基因,其中 CHI3L2、GALNT5、CHI3L1 基因差异倍数较高,推测其与胶质瘤的发生有关,为胶质瘤发病机制的研究提供线索,后续还需要一系列实验对其进行验证。

## PU-1215

### 正常人未成熟原红细胞与成熟红细胞的转录组差异分析

肖斌

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 红细胞在不同发育阶段存在着某些选择性表达,这些差异性表达的分子可能对红细胞发育有着重要的作用。因此,我们拟通过数据挖掘,对正常人未成熟原红细胞与成熟红细胞进行转录组差异分析,找出具有显著差异表达的分子,当原红细胞未正常表达这些分子时,就会影响红细胞成熟过程,从而导致某些红细胞疾病,本文章挖掘的具有显著差异的分子将为某些红细胞疾病的治疗靶标提供线索。

**方法** 原始数据来自于文献《Transcriptome analysis of G protein-coupled receptors in distinct genetic subgroups of acute myeloid leukemia identification of potential disease-specific targets》中未成熟原红细胞组和成熟红细胞组共 14 个测序数据,对其进行质量控制、基因表达定量及差异分析。对于有生物学重复的样本,使用 DEseq 进行样品组间的差异表达分析,获得两个生物学条件之间的差异表达基因集;对于没有生物学重复的样本,使用 EBseq 进行差异分析。使用 GOseq R 包对差异表达基因进行 GO 富集层次分析,使用 KOBAS 软件对差异表达基因进行 KEGG 通路富集分析。使用 STRING 数据库和 Cytoscape 获得和观察差异表达基因的蛋白互作网络。

**结果** 对本次研究纳入的数据进行生物学信息分析,符合 Fold Change $\geq 2$  且 FDR $<0.01$  的筛选标准的差异表达基因有 5280 个,其中上调基因 2953 个,下调基因 2327 个。其中 IFNG、FASLG 及 LAMA3 等若干基因差异表达倍数最高,且与癌症通路、PI3K-Akt 信号通路等有密切的联系。

**结论** 通过对原始数据进行挖掘,发现 IFNG、FASLG 基因在原红细胞中低表达而在成熟红细胞中高表达,LAMA3 基因在原红细胞中高表达而在成熟红细胞中低表达,推测当原红细胞异常表达 IFNG、FASLG 及 LAMA3 基因时,将导致红细胞成熟障碍,从而引起某些红细胞疾病。这些具有显著差异的分子将为某些红细胞疾病的治疗靶标提供线索,但这些基因发挥的具体作用及诊断价值还需后续一系列研究进行探索。

## PU-1216

## miR-1182 结直肠癌患者血浆中的表达水平 及其诊断价值研究

李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** miR-1182 在各种恶性肿瘤中存在差异表达, 其中在胃癌中存在低表达, 然而其在结直肠癌中的表达水平未知, 对结直肠癌的诊断价值仍不清楚。本研究以结直肠癌患者为研究对象, 通过检测结直肠癌患者与健康体检者的血浆 miR-1182 的相对表达水平, 分析其表达水平与临床参数的关系, 评价 miR-1182 单独及与 CA-199 联合检测对结直肠癌的诊断价值。

**方法** 本研究所用的结直肠癌血浆标本均来自中国人民解放军南部战区总医院住院部, 健康体检血浆标本来自体检中心。采用实时荧光定量 PCR 技术, 检测 miR-1182 在结直肠癌患者和健康体检者血浆中的相对表达水平; 结合相关临床病理资料, 分析其表达水平与血清肿瘤标志物水平的相关性; 用受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC) 和曲线下面积 (area under the ROC curve, AUC) 评价 miR-1182 单独及与 CA-199 联合检测对结直肠癌的诊断价值。

**结果** 结直肠癌组和健康对照组血浆中 miR-1182 的相对表达水平中位数分别为 0.44 (四分位间距 0.27-0.92), 0.69 (四分位间距 0.20-2.92)。miR-1182 在结直肠癌患者血浆中的相对表达水平与健康对照组相比降低, 差异具有统计学意义; 相关性分析显示, miR-1182 与 CA-199 及 CEA 均无显著相关性; 通过 ROC 曲线得到 miR-1182 的 AUC、灵敏度和特异性分别为 0.566 (95%CI: 0.401-0.731) <0.7、0.33 和 1.00; 单项检测中, CA-199 优于 miR-1182; 联合检测优于单项检测。miR-1182 对结直肠癌的诊断价值不大。

**结论** 本研究发现 miR-1182 在结直肠癌患者血浆中低表达, miR-1182 与 CA-199 和 CEA 等均无显著相关性, miR-1182 对结直肠癌的诊断价值不大。

## PU-1217

## 78 例儿童腹泻沙门菌血清分型及耐药性分析

高振亮

青岛大学附属医院

**目的** 了解儿童腹泻中沙门菌株血清分型及耐药性, 为指导临床合理用药提供科学实验依据。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2018 年 12 月来我院腹泻门诊就诊的腹泻儿童的粪便标本, 进行细菌培养, 分离到的菌株经 MALDI-TOF MS 进行细菌鉴定, 对分离到的沙门菌进行血清分型和药敏试验分析, 并比较不同血清型的耐药率。

**结果** 分离出 78 株沙门菌, 分属于 4 个群, 7 种不同血清型, 其中以 B 群鼠伤寒沙门菌和 D 群肠炎沙门菌为主, 分别占 43.6% (44/78) 和 25.6% (20/78); 患儿主要为 0-1 岁婴幼儿 (73.08%, 57/78), 男女比例为 1.36:1 (45/33); 全年均可发病, 其中 6-9 月份检出率最高 (65.38%, 51/78)。7 种血清型沙门菌对厄他培南和亚胺培南的敏感率均为 100%, 对头孢曲松、头孢他啶、头孢吡肟、左氧氟沙星、环丙沙星、氨曲南和哌拉西林/他唑巴坦的敏感率较高; 对氨苄西林, 氨苄西林/舒巴坦, 呋喃妥因耐药率较高; 鼠伤寒、德尔卑、肠炎、病牛沙门菌对氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、呋喃妥因、氨曲南、环丙沙星、头孢吡肟的耐药率差异有统计学意义 ( $\chi^2$  依次是 20.068、13.129、41.036、10.521、11.514、17.087,  $P<0.05$ ); 鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌对头孢曲松、头孢他啶、头孢吡肟的耐药率差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 引起本地区儿童腹泻的沙门菌主要为鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌；婴幼儿发病为主；夏季检出率较高；不同血清型沙门菌对常用抗生素的耐药率有明显差异，临床需根据药敏试验结果具体考虑选用何种抗生素，以减少耐药株的出现。

PU-1218

## miRNA-638 在乳腺癌血清中的表达水平 及其诊断价值研究

孙朝晖

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 评估 miRNA-638 在乳腺癌血清中的表达水平及其诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 11 月至 2019 年 3 月期间中国人民解放军南部战区总医院急诊科入院的 29 例乳腺癌患者，其中未经药物治疗患者 7 例，药物治疗患者 22 例（均为女性年龄 20-70 岁）；同时收集我院健康体检中心的健康体检者 29 名（均为女性年龄 20-70 岁）作为对照组；通过定量逆转录聚合酶链反应（qRT-PCR）检测血清中 miRNA-638 的相对表达量；分析血清 miRNA-638 在健康人与乳腺癌患者中的表达差异；分析血清 miRNA-638 在各乳腺癌亚型患者中的表达差异；分析血清 miRNA-638 在化疗前后的表达差异；应用 ROC 曲线分析技术分析血清 miRNA-638 水平及其与癌胚抗原、CA125、CA153 联合使用对乳腺癌的诊断效能，评估血清 miRNA-638 对乳腺癌诊断的应用价值。

**结果** 乳腺癌组血清中 miRNA-638 的相对表达水平平均值为 11.491（95%可信区间为 0.060~85.119），较健康组 96.045（95%可信区间为 13.401~214.233）要低，t 检验分析  $P < 0.0001$ ，差异具有统计学意义；各亚型血清 miRNA-638 的表达差异方差分析的  $P > 0.05$ ，无统计学意义；化疗后患者血清 miRNA-638 的相对表达水平平均值为 7.09（95%可信区间为 0.07, 43.69），较未化疗组患者的均值 25.33（95%可信区间为 0.06, 85.12）低，t 检验分析  $P = 0.0464$ ，差异无统计学意义；ROC 曲线分析结果显示血清 miR-638 单独作为乳腺癌诊断标志物的曲线下面积（AUC）为 0.952（95%可信区间为：0.902 ~ 1.000），灵敏度为 0.897、特异性为 0.457；血清 miR-638 联合癌胚抗原、CA125、CA153 作为诊断指标后，ROC 曲线下面积（AUC）为 0.513，（95%可信区间为：0.282~0.744），灵敏度 0.764，特异度为 0.138，暗示血清 miR-638 单独作为乳腺癌诊断标志物的效果要比联合的要好。

**结论** 血清 miRNA-638 在乳腺癌患者的表达较健康人下调，可以作为早期乳腺癌诊断的分子标志物。

PU-1219

## Discovery and Validation of a Serological Autoantibody Panel for Early Diagnosis of Esophageal Squamous Cell Carcinoma

Qingzhu Zheng<sup>1</sup>, Yi Huang<sup>2</sup>

1.Provincial Clinical College, Fujian Medical University

2.Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital

**Objective** Esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) accounts for the highest incidence rate worldwide and is responsible for the fourth leading cause of cancer death. Currently, serological biomarkers for early ESCC diagnosis are needed for timely treatment.



**Methods** The performance of a four-autoantibody panel (i.e., anti-TP53, HRAS, CTAG1A, and NSG1) was evaluated by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) for the early diagnosis of ESCC with 569 retrospective serum samples. A training set comprising 129 patients with early-stage ESCC, 130 patients with esophageal benign lesion (EBL), and 150 healthy controls (HC) was used to develop an early ESCC predictive model. Data obtained from an independent validation set was used to evaluate and validate the predictive model to distinguish the early ESCC from the controls (EBL+HC). Finally, a multiplexed assay based on the Luminex xMAP technology platform was developed to enable simultaneous detection of the four-autoantibody panel using the validation set.

**Results** The four-autoantibody panel significantly discriminated early ESCC cases from the controls with 62.8% sensitivity at 88.9% specificity in the training set and with 58.0% sensitivity at 90.0% specificity in the independent validation set. The results of the multiplexed assay using xMAP technology for early ESCC showed a significant correlation with that of the ELISA assays with 66.0% sensitivity at 90.9% specificity.

**Conclusions** A four-autoantibody panel showed good performance for early ESCC diagnosis and could be further developed into a multiplex assay using the Luminex xMAP technology.

## PU-1220

### 肝移植患者感染病原菌的临床分布特征 及药敏结果分析

丛培珊,孙桂荣,何宏,彭丽静  
青岛大学附属医院

**目的** 对我院 2014-2017 年肝移植患者术后细菌感染的病原菌分布及药物敏感性进行分析,为肝移植患者术后感染的预防、临床诊断和治疗提供依据。

**方法** 对我院 2014-2017 年肝移植患者术后体液组织等标本进行培养,采用 MOLDI-TOF MS 对病原菌进行鉴定,全自动仪器法进行药物敏感性实验,纸片法进行补充药敏实验;并对结果进行综合分析。

**结果** 共分离培养菌株 1337 例,其中革兰阴性菌 771 株,占 57.7%,以肺炎克雷伯菌(153 株,占 19.8%)和铜绿假单胞菌(131 株,占 17.0%)为主,鲍曼不动杆菌(121 株,占 15.7%)和大肠埃希菌(108 株,占 14.0%)次之;革兰阳性菌 493 株占 36.9%,主要为屎肠球菌(164 株,占 33.3%)和表皮葡萄球菌(95 株,占 19.3%);念珠菌 73 株,以白念珠菌为主(31 株)。收集的 1337 株菌种中,标本主要来源为痰标本(461 株)和胆汁(311 株),其次为血标本(122 株)和腹水(112 株)。呼吸道感染以革兰阴性菌为主,占 93.8%,胆汁以革兰阳性菌为主,占 52.6%,血液以革兰阴性菌为主,占 52.1%。革兰阳性菌和革兰阴性菌均具有较高的多重耐药性。

**结论** 肝移植患者术后感染率较高,主要以革兰阴性菌感染为主,除呼吸道来源标本以革兰阴性菌为主,其余部位感染病原菌菌群分布差异不明显,感染菌种多重耐药菌株较多见。临床医生应根据药敏结果选用不同抗生素抗感染治疗。

## PU-1221

## 血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 和缺血修饰白蛋白 与急性冠脉综合征的相关性研究

杨伏猛,刘倩  
连云港市第二人民医院

**目的** 探讨血清脂蛋白相关磷脂酶 A2(Lp-PLA<sub>2</sub>)和缺血修饰白蛋白(IMA)检测对急性冠脉综合征(ACS)早期诊断、进展以及预后评估方面的临床应用价值。

**方法** 择 180 例 ACS 患者,其中不稳定型心绞痛(UA)60 例、非 ST 段抬高型心肌梗死(NSTEMI)56 例、ST 段抬高型心肌梗死(STEMI)60 例;根据 Gensini 积分又分为轻度组 52 例、中度组 75 例、重度组 53 例;又根据冠状动脉病变的数量分为单支病变组 58 例、双支病变组 78 例、三支病变组 44 例;同期选择 60 例健康体检人作为对照组。采用 AU5800 全自动生化分析仪检测血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 含量,分别比较各组血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 的水平,并应用 logistic 回归分析住院期间主要不良心血管事件(MACE)的影响因素。

**结果** UA 组、NSTEMI 组、STEMI 组和对照组的 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 水平分别为 (569.90±134.50)U/L、(596.70±117.10)U/L、(666.00±182.40)U/L、(501.40±90.34)U/L 和 (72.86±3.78)U/mL、(74.60±3.17)U/mL、(76.56±3.15)U/mL、(70.75±3.14)U/mL;ACS 各亚组的血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 水平均显著高于对照组( $P<0.05$ ),Gensini 积分轻、中、重组的血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 水平也均显著高于对照组( $P<0.05$ ),冠状动脉双支病变组、三支病变组的血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 水平明显高于单支病变组及对照组( $P<0.05$ ),且两个指标伴随着病变的严重程度而升高。Logistic 回归显示:Lp-PLA<sub>2</sub>、IMA、cTnI 是 ACS 患者住院期间发生 MACE 的独立危险因素。

**结论** ACS 患者的血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 和 IMA 水平明显升高,对 ACS 的早期诊断、进展和 MACE 的预测具有重要价值。

## PU-1222

## 健康成人血清神经元特异性烯醇化酶浓度的分布 及其参考区间的建立

刘倩,杨伏猛  
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 探讨连云港地区 20~79 岁健康成人血清神经元特异性烯醇化酶(neuron-specific enolase, NSE)的分布情况,并初步建立本地区健康成人血清 NSE 的参考区间。

**方法** 运用完全随机化原则筛选出符合要求的参考个体 107575 例,应用 Cobas e601 全自动化学发光分析仪及其配套检测试剂测定血清 NSE 的浓度,并依据 C28-A3 和 WS/T 402-2012《临床实验室检验项目参考区间的制定》指南要求,应用单侧第九十五百分位数( $P_{95}$ )建立血清 NSE 的参考区间。

**结果** 本地区健康成人血清中 NSE 的浓度分布在性别、年龄方面的差异不具有统计学意义(均  $P>0.05$ )。因此,本地区健康成人血清 NSE 的参考区间上限为 25.4 ng/ml (95%置信区间:24.7~26.0 ng/ml)。

**结论** 血清 NSE 参考区间的建立,能够为本地区健康人群疾病的筛查和相关肿瘤的辅助诊断提供重要的临床价值。

## PU-1223

## 子痫前期与铁代谢关系的研究进展

徐娜

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探究子痫前期与铁代谢的关系

**方法** 本文将从铁代谢的过程及特点、铁代谢与炎症反应的关系以及孕妇血清铁水平与妊娠结局的关系等方面阐述铁代谢与子痫前期关系。

**结果** 子痫前期是妊娠期出现的特发性高血压综合征,以妊娠 20 周以后出现的以蛋白尿和高血压为主要特征。关于子痫前期的发病机制目前尚不完全清楚,很多研究表明子痫前期的发病与氧化应激和胰岛素抵抗有关。铁是人体必需的微量元素,在细胞代谢中有重要作用,例如参与氧的转运、ATP 的产生、核酸的合成、维持线粒体融合、保护细胞结构免受氧化应激的损伤、细胞的增殖、多种酶的活性等。而铁调素与炎症因子的水平呈正相关,因此铁调素将铁代谢与炎症反应紧密联系起来,许多研究证实子痫前期患者体内存在炎症反应,因此通过炎症反应以及炎症相关因子将子痫前期与铁代谢联系起来。

**结论** 总体来说,子痫前期患者血清铁水平较正常孕妇高,另有前瞻性的研究表明妊娠早期孕妇血清中铁的水平与妊娠结局有关,其有望成为妊娠诱发高血压的风险标志物

## PU-1224

## 抗磷脂抗体谱诊断抗磷脂综合征的研究进展

晏颂欣

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 抗磷脂综合征的诊断至少要满足一项临床诊断标准(血栓形成或病态妊娠)和一项实验室抗磷脂抗体(抗心磷脂抗体、抗  $\beta_2$  糖蛋白 I 抗体及狼疮抗凝物)结果阳性。然而,临床上存在许多具有典型临床表现,但三大抗磷脂抗体为阴性的无法确诊的患者。

**方法** 本文通过总结近年来抗磷脂抗体谱的发展,探讨抗心磷脂抗体、抗  $\beta_2$  糖蛋白 I 抗体、狼疮抗凝物以及非分类标准抗磷脂抗体在诊断抗磷脂综合征中发挥的作用,期望对抗磷脂综合征的诊断有一定的帮助。

**结果** 虽然目前诊断 APS 主要依赖悉尼分类标准,但该标准无法完全满足临床需求。

**结论** 目前仍存在部分患者具有典型的 APS 表现,但 aCL、a $\beta_2$ GPI、LA 阴性,无法达到现行实验室诊断标准,而无法被确诊为 APS,会对病人的后续治疗和预后产生一定的影响。而一些非分类标准的抗磷脂抗体可能将会在指导诊断 APS 的过程中发挥作用,但由于临床证据的缺乏,这些抗体仍需通过更多、更规范的临床研究进行确认,并且亟需检测方法的标准化,这需要广大研究者的共同协作。同时,一些新型抗体检测方法相较传统 ELISA 可能具有一定的优势,如何合理采用新技术帮助临床检测也是十分值得关注的。

## PU-1225

## 老年革兰阴性杆菌感染患者脂多糖测定的临床意义

张锡峰,盛尚春,邢甯,黄媛,刘海滨  
成都大学附属医院

**目的** 探讨老年革兰阴性杆菌感染患者和老年非革兰阴性杆菌感染患者的脂多糖水平及临床意义。

**方法** 将 238 例住院老年患者的标本进行革兰阴性杆菌培养, 根据培养结果分为阳性观察组 127 例, 阴性对照组 111 例, 采用动态比浊方法, 分别对阳性观察组和阴性对照组的脂多糖水平进行检测比。

**结果** 阳性观察组脂多糖结果为 (44.54±20.27) pg/ml; 阴性对照组脂多糖结果为 (7.60±1.91) pg/ml, 两组比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 革兰阴性杆菌培养结果显示铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌占比最高; 阳性观察组中呼吸内科和 ICU 检出革兰阴性菌最高。

**结论** 脂多糖升高和革兰阴性杆菌感染密切相关, 测定老年患者脂多糖水平, 有利于临床早诊断与及时治疗。

## PU-1226

### 基于 TCGA 数据库的大肠癌预后相关 miRNA 模型的建立

普海伟  
徐医附院

**目的** 建立大肠癌预后相关的 miRNA 基因谱模型

**方法** 本研究通过从 TCGA 官网上下载大肠癌的原始 miRNA 测序数据, 建立大肠癌预后相关的 miRNA 基因谱模型, 以  $|\text{Fold change}| \geq 4$ ,  $\text{FDR} < 0.05$  为筛选条件, 利用 R 软件的 edgeR 包筛选出在结直肠癌中差异表达的 miRNA。对这些 miRNA 进行单因素 COX 回归分析, 筛选出与生存相关的 miRNA ( $P < 0.05$ ) 建立 miRNA 预测模型。将得到的 miRNA 进行多因素 COX 回归分析

**结果** 经多因素 COX 回归分析发现, 9 个 miRNA (hsa-miR-1234、hsa-miR-197、hsa-miR-216a、hsa-miR-3677、hsa-miR-3917、hsa-miR-4437、hsa-miR-548f-1、hsa-miR-615、hsa-miR-6854) 与大肠癌病人生存相关。

**结论** 经多因素 COX 回归分析发现, 9 个 miRNA (hsa-miR-1234、hsa-miR-197、hsa-miR-216a、hsa-miR-3677、hsa-miR-3917、hsa-miR-4437、hsa-miR-548f-1、hsa-miR-615、hsa-miR-6854) 与大肠癌病人生存相关。

## PU-1227

### MiR-204-5p knockdown increases betaB2-crystallin expression in the lens by targeting Wnt2

Hanxiao Ren  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** To investigate the role of miR-204-5p in regulating betaB2-crystallin during the occurrence and development of cataract, and provide new ways for the early intervention and treatment of cataract.

**Methods** Real-time PCR and bioinformatics analysis were performed to compare the expression of miRNAs between knockout (KO) mice and wild-type mice (WT). Luciferase reporter assay was used to confirm the target of miR-204-5p. A miR-204-5p mimic and an inhibitor were constructed and co-transfected into HLEC-B3. While the expression of Wnt2 and betaB2-crystallin were detected by quantitative RT-PCR and western blot.

**Results** Real-time PCR and bioinformatics analysis showed that miR-204-5p was significantly down-regulated after betaB2 had been knocked out. Wnt2 was confirmed to be a novel target of miR-204-5p through luciferase reporter assay. Overexpression of miR-204-5p in HLEC-B3 could reduce the expression level of Wnt2 and betaB2-crystallin, on the contrary, they were apparently up-regulated when the miR-204-5p inhibitor was transfected into HLEC-B3.

**Conclusions** This study confirms that miR-204-5p could inhibit the expression of betaB2-crystallin by targeting Wnt2. To down-regulate miR-204-5p temperately may alleviate even reverse the development of cataract to some extent, and provide new ways for the early intervention and treatment of cataract.

## PU-1228

### 江苏省某医科大学附属医院 2019 年流行性感冒流行病学分析

刘志坚

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 通过分析流感高发季节该院对疑似流感患者咽拭子标本甲乙型流感病毒核酸的检测结果,探讨流感 2019 年的流行病学特征。

**方法** 运用荧光 PCR 法对 2019 年 1 月至 4 月在本院就诊的 400 余例疑似患有流感病人的咽拭子标本进行甲乙型流感病毒核酸检测,检测过程中同时设立空白、弱阳性和阳性对照并在这三者都正常的情况下根据 CT 值判定阴阳性。通过对结果的统计分析,讨论其流行病学特征。

**结果** 2019 年 1 月份至 2 月份为流感的高发季节,3 月份和 4 月份与前两个月相比主要表现为散发;流感以甲型流感为主,也有乙型流感感染患者。

**结论** 患者感染流感病毒后无典型临床症状,甲乙流病毒核酸 PCR 检测有较好的灵敏度和特异度,对于依赖于实验室检测的此类病人的临床诊断有重要意义。

流感发生具有季节性,在流感高发季节进行积极高效的检测筛查有利于其防护控制。

## PU-1229

### 孕期妇女阴道炎微环境内指环状病毒科病毒群落组成解析

刘志坚

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 解析孕期妇女阴道炎微环境内指环状病毒科 (Anelloviridae) 病毒群落组成。

**方法** 应用病毒宏基因组学技术建立 88 例患有阴道炎孕妇阴道分泌物拭子样本的文库,通过 Illumina Miseq 测序平台深度测序获得原始病毒核酸数据并对其进行生物信息学分析,获取文库中存在的所有可能的指环状病毒科基因序列,对孕妇阴道炎微环境内指环状病毒群落的组成进行分析。

**结果** 孕妇阴道炎微环境内病毒群落中含有潜在人体致病性病毒指环状病毒 (Anelloviridae) 且在整個病毒组中占有一定比重;除去与人类感染有关的三种属: Torque teno virus (TTV), Torque teno mini virus (TTMV), Torque teno midi virus (TTMDV), 其中还包含大量未分类指环状病毒序列;通过与 GenBank 里已经提交的序列进行比较发现大量新的指环状病毒基因型。

**结论** 孕妇阴道炎微环境内指环状病毒科在整个病毒组中占有一定比重,其中包含大量新的指环状病毒基因型,可能具有潜在致病性。

## PU-1230

## 西安地区健康体检人群常见肿瘤标志物水平及状态分析

陈健康,吴永昌,陈慧昱,房艳,邢瑞青,刘杨,彭道荣

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨西安地区健康体检人群常见肿瘤标志物的水平状态及检测价值。

**方法** 选择 2018 年 1~12 月期间在我院进行健康体检,年龄在 18~85 岁的健康体检人群 10324 例作为研究对象,采用电化学发光法进行常见肿瘤标志物的检测并进行统计学分析。

**结果** 10324 例健康体检人群,CEA、CA199 水平在不同性别及年龄中有非常显著差异(CEA:  $t=16.23$ ,  $P=0.000$ ; CA199:  $t=3.257$ ,  $P=0.001$ ,  $P<0.001$ ),具有统计学意义;同时 CA199 异常检出率女性(6.35%)明显高于男性(3.80%),差异具有统计学意义( $X^2=35.37$ ,  $P=0.000$ ,  $P<0.001$ ); CEA 男性(4.86%)高于女性(2.08%); AFP 水平增高者多集中于 41-50 岁,而 CEA 和 CA199 异常表达者多集中于 51-60 岁组别中。男性 tPSA 以及 fPSA 异常水平数量均随年龄的增加而增加,女性 CA125 以及 CA153 异常水平构成集中于 41-50 岁组别中。

**结论** 西安地区健康体检人群的肿瘤标志物水平均有异常表达,水平异常者多集中于 41 岁以上人群,且无明显临床症状。肿瘤标志物水平异常可能是肿瘤发生、发展或是其他疾病的早期预警,应引起人们对自身健康状态的高度重视。

## PU-1231

## 西安地区 2018 年度细菌耐药监测分析

陈潇,徐修礼

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 总结西安市 2018 年度临床分离病原菌分布和耐药特征,为监测西安市病原菌分布及指导临床抗菌药物合理应用提供病原菌耐药监测数据。

**方法** 常规方法培养分离医院内感染病原菌,并应用半自动或全自动细菌鉴定分析仪鉴定到种,药敏试验方法按 CLSI 规定的标准进行。采用 WHONET5.6 软件进行数据统计分析。

**结果** 2018 年度共分离出病原菌株 33442 株,革兰阴性菌株 20500 占 61.3%,革兰阳性球菌 11069 株占 33.1%,真菌 1873 株占分离率的 5.6%,临床分离占前 5 位的细菌分别为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌和鲍曼不动杆菌。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的发生率为 44.5%,没有发现对万古霉素耐药的金黄色葡萄球菌;屎肠球菌和粪肠球菌对万古霉素耐药率分别为 1.2%和 0.50%,对利奈唑胺的耐药率分别为 0.4%和 1.1%,对替考拉宁的耐药率分别为 1.40%和 0%;大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的产生率分别为 45.3%和 37.4%。

**结论** 院内感染病原菌耐药现象较为普遍,超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的产生率与去年相比略有下降。对院内感染的重要病原菌 MRSA、VRE、碳氢酶烯类药物耐药的肠杆菌科细菌、泛耐药的铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌要进行重点监测,并且应与临床加强沟通,使得检验结果更好的服务于临床。

## PU-1232

## 中国西部地区腹腔及胸腔感染病原特点及耐药性

陈潇,徐修礼  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 总结中国西部地区主要医院近两年临床分离腹腔及胸腔感染病原菌分布及耐药性,为监测西部地区病原菌分布及指导临床抗菌药物合理应用提供病原菌耐药监测数据。

**方法** 常规方法培养分离医院内感染病原菌,并应用半自动或全自动细菌鉴定分析仪鉴定到种,药敏试验方法按 CLSI 规定的标准进行。采用 WHONET5.6 软件进行数据统计分析。

**结果** 2016-2017 年度西部地区主要医院共分离出病原菌株 5113 株,革兰阴性菌株 2955 占 57.8%,革兰阳性球菌 2045 株占 40.0%,真菌 113 株占分离率的 2.2%,分离率占前 5 位的细菌分别为大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、屎肠球菌和表皮葡萄球菌。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的发生率为 47.52%,未发现对万古霉素耐药的金黄色葡萄球菌;屎肠球菌和粪肠球菌对万古霉素耐药率分别为 1.7%和 0.5%,对利奈唑胺的耐药率分别为 0%和 5.3%,对替考拉宁的耐药率分别为 2.5%和 1.5%;大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的产生率分别为 56.3%和 37.9%。

**结论** 西部地区胸腹腔感染病原菌耐药现象较为普遍,超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的产生率与其他部位相比没有明显差别。对院内感染的重要病原菌 MRSA、VRE、碳氢酶烯类药物耐药的肠杆菌科细菌、泛耐药的铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌要进行重点监测,并且应与临床加强沟通,使得检验结果更好的服务于临床。

## PU-1233

## 卡马西平药物基因位点检测在预防 Steven-Johnson 综合征和表皮松解综合征中的应用

程晓东,张莹,胡玉皎,王昊,周铁成,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 检测卡马西平的耐药位点,为使用卡马西平治疗的患者提供精准的用药指导避免 Steven-Johnson 综合征和表皮松解综合征的出现。

**方法** 收集 148 例血液样本,使用荧光探针原位杂交技术对卡马西平耐药位点 HLA-B\*1502TA(C > G)和 HLA-B\*1502TB(C > T)进行检测和结果分析,评估不同患者卡马西平药物的使用方式。

**结果** 148 例患者中,HLA-B\*1502TA(C > G)位点检测结果为 CC 的患者 126 例(85.14%),检测结果为 CG 的患者 21 例(14.19%),检测结果为 GG 的患者 1 例(0.67%);HLA-B\*1502TB(C > T)位点检测结果为 CC 的患者 109 例(73.65%),检测结果为 CT 的患者 37 例(25.00%),检测结果为 TT 的患者 2 例(1.35%)。39.19%的患者使用卡马西平有出现 Steven-Johnson 综合征和表皮松解综合征的风险。

**结论** 在使用卡马西平治疗前给患者作卡马西平化学药物基因检测,根据检测结果合理精准用药,可以使 39.19%的患者避免出现 Steven-Johnson 综合征和表皮松解综合征的风险,为患者提供安全的用药指导。

## PU-1234

## Detection of EVs RNA Biomarkers by TCLN Chip for Early Diagnosis of Prostate Cancer

Yanjun diao,Liu Yang,Ani Nan, Xiaoke Hao  
XIJING HOSPITAL

**Objective** Extracellular vesicles (EVs) RNA are widely recognized as a good source of tumor biomarkers, because it has been proved selectively sorted into EVs and its detection technique has relatively loose requirements for EVs purity compared with protein biomarkers. Serological PSA test, as the only screening method for prostate cancer (PCa), has been abolished in Europe and America from 2012 because of its poor diagnostic specificity. Exploring new diagnostic biomarkers is the key to improve early diagnosis status of PCa. Currently, approximately 90% (17/19) EVs-RNA biomarker studies focus on early diagnosis of PCa, which means to select differentially expressed EVs RNA to distinguish PCa and benign prostate disease. Therefore, this experiment aims to explore and establish a new early diagnosis method for PCa, based on a new EVs detection technology "Tethered Cationic Lipoplex Nanoparticle" (TCLN) chip.

**Methods** Based on preliminary analysis of PCa EVs-RNA omics studies, usually using NGS or microarray for screening and RT-PCR for validation, 3 mRNA and 4 miRNA were selected as candidate biomarkers. EVs of clinical serum samples were first isolated through precipitation and then detected by TCLN chip, which is a 24-well chip plate pre-coated with single type of cationic nanoparticles. EVs and cationic nanoparticles were fused due to charges attraction and then candidate biomarkers in EVs were detected through molecular probes emitting fluorescence. The green fluorescent dots were imaged on total internal reflection fluorescence microscope (TIRFM) with 300nm single-molecule resolution and average fluorescence intensity value was reported. Statistical analysis was done to show the differences between two control groups with 65 normal controls (HC) and 105 benign prostatic hyperplasia (BPH) patients vs 107 PCa patients (biopsy positive, untreated). The diagnostic performance of each candidate biomarker is determined by AUC (area under ROC curve).

**Results** miR-141 performed best, which could distinguish PCa from HC (AUC=0.739) and also from BPH (AUC=0.721). Four candidate biomarkers could only distinguish PCa from HC ( $P < 0.05$ ), not from BPH, including PCA3 (AUC=0.806), Let-7c (AUC=0.711), PSA mRNA (AUC=0.725), and miR-375 (AUC=0.648). In combination of four biomarkers miR-141, PCA3 mRNA, Let-7c, PSA mRNA with AUC > 0.7, the diagnosis model has the diagnostic performance of AUC=0.843/0.747 of PCa vs HC and PCa vs BPH respectively.

**Conclusions** TCLN chip can realize "in situ capture" of EVs, with no need of RNA extraction and amplification, which help to achieve fast analysis (3 hours), small sample need (30  $\mu$ L serum /marker) and low costs (75 dollars) of each test. Therefore, this EVs RNA model has the potential to be a new PCa early diagnosis method.

## PU-1235

## 超速离心法与 QIAGEN 膜亲和柱法提取 前列腺癌细胞 上清外泌体的方法学比较

范维肖  
空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 对超速离心法与 QIAGEN 膜亲和柱法提取前列腺癌细胞上清外泌体优缺点进行比较, 为外泌体相关基础实验研究及临床检测提供方法学参考。



**方法** 收集前列腺癌细胞上清分别用两种方法提取外泌体，进行电镜鉴定、BCA 定量测定蛋白浓度、Western blot 检测标志蛋白以及 Zetaview 颗粒粒径、浓度及电势分析，比较两种方法提取外泌体的优缺点。

**结果** 电镜下两种方法均可观察到具有膜结构的典型的类似于茶托状结构的外泌体，但膜亲和柱法提取外泌体背景中有类似蛋白聚合物等杂质的存在，超离背景纯净，每个视野下的外泌体数量要明显多于 QIAGEN 膜亲和柱法；Western blot 测定标志蛋白，根据 BCA 定量同等上样量超速离心法可观察到明显的  $\beta$ -actin、ALIX、CD63 以及 EGFR 条带，而 QIAGEN 膜亲和柱法仅可观察到  $\beta$ -actin、ALIX 以及 EGFR 条带，但均较超速离心法条带弱；Zetaview 粒径分析，超速离心法粒径分布峰值为 116nm，膜亲和柱法提取外泌体分布峰值为 122nm，均符合外泌体的粒径分布范围；电势分析两者均为负值，符合外泌体的电势分布；而颗粒数与蛋白浓度比值超速离心法提取外泌体要高于膜亲和柱法（ $P<0.01$ ）。

**结论** 超速离心法与膜亲和柱法均可以从细胞上清中提取外泌体，超速离心法步骤繁琐，时间较长，但外泌体纯度高，杂质少，BCA 蛋白定量与实际所含外泌体蛋白量基本一致；QIAGEN 膜亲和柱法方法简单，可快速从细胞上清中提取到外泌体，但纯度不及超速离心法，BCA 蛋白定量比实际所含外泌体蛋白量要高，超速离心法适用于外泌体的各方面研究，而 QIAGEN 膜亲和柱法由于有杂蛋白的污染，因此更适用于外泌体核酸分析相关研究。

## PU-1236

### 西安地区耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌的流行现状分析

冯琳涵,徐修礼,康蓓佩,周珊  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 研究分析我院近 3 年临床送检标本中分离的耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌分布及其耐药性变迁，为临床抗感染治疗提供实验室依据。

**方法** 临床分离标本通过用 VITEK-MS 或 BD Phoenix-100 全自动细菌鉴定分析仪鉴定至种；采用 K-B 纸片法检测药物敏感性试验，按照美国临床实验室标准化协会（CLSI）规定的标准进行，筛选出耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌，病原菌分布和药敏试验结果应用 WHONET5.6 软件进行统计分析。

**结果** 共检出碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌 110 株，来自临床不同科室，老年病科及 ICU 居多，肺炎克雷伯菌 55 株，占 50.0%，大肠埃希菌 23 株，占 20.9%，阴沟肠杆菌 13 株，占 11.8%。

**结论** 耐碳青霉烯类药物的肠杆菌科细菌近几年的分离率有迅速增加和扩散趋势，且对常用抗菌药物表现为高度耐药。为有效的防控 CRE 的流行扩散，临床应高度重视 CRE 感染患者的诊治及管理，在合理使用抗菌药物的基础上，并加强有效的隔离、消毒、无菌操作技术及对 CRE 的重点监测和各项感控措施的实施及监督落实。

## PU-1237

### 临床甲流核酸与甲流抗原检测结果分析比较

付晓蕊,康蓓佩,周磊,徐修礼  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 分析比较临床疑似甲型流感病毒感染患者甲流核酸与甲流抗原检测结果。

**方法** 选取我院近三年来临床疑似甲型流感病毒感染患者标本进行检测甲流核酸和甲流抗原检测，并对其进行统计学分析。

**结果** 抗原筛查阳性率 9.56%，核酸检测阳性率 27.29%。爆发季（每年 12 月至次年 2 月）抗原筛查阳性率 10.95%，核酸检测阳性率 27.71%。另外小于 5 岁的婴幼儿，20 岁左右的青少年以及 90 岁以上的老年人为易感人群，筛查的阳性率较高。

**结论** 甲流抗原筛查能更好地对甲流感染做出初步筛查和诊断,进一步甲流核酸检测,可以明确甲流感染,指导临床精准用药

## PU-1238

### 血清同型半胱氨酸与高血压合并糖尿病的相关性

张连凤

天津市公安医院,300000

**目的** 讨论血清同型半胱氨酸水平与高血压合并糖尿病的相关性。

**方法** 收集高血压合并糖尿病患者 130 例,高血压患者 120 例作为疾病组,收集同年龄段的健康体检者 80 例为对照组,通过检测并比较三组血清同型半胱氨酸(HCY)、空腹血糖(FPS)、总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)、低密度脂蛋白(LDL)以及糖化血红蛋白(HbA1c)的水平。

**结果** 高血压合并糖尿病组的血清同型半胱氨酸水平,血糖水平,糖化血红蛋白水平,甘油三酯水平,总胆固醇水平和低密度脂蛋白水平均显著高于正常对照组,并且高血压合并糖尿病组的血清同型半胱氨酸水平,血糖水平,糖化血红蛋白水平,总胆固醇水平,甘油三酯水平,低密度脂蛋白水平也同样高于高血压组,高血压组的血清同型半胱氨酸水平,总胆固醇水平,甘油三酯水平,低密度脂蛋白水平均高于正常对照组,空腹血糖水平和糖化血红蛋白水平与对照组相比无变化。

**结论** 高血压合并糖尿病患者的血清同型半胱氨酸水平与对照组相比显著升高,与高血压组相比也升高,高血压组的血清同型半胱氨酸水平与对照组相比升高,血清同型半胱氨酸水平是高血压及高血压合并糖尿病的独立危险因素,因此降低血清同型半胱氨酸水平对于控制和治疗高血压合并糖尿病有重要的意义。

## PU-1239

### 慢性腹痛患儿鉴别诊断中血浆 D-二聚体检测的价值分析

王春蕾,王远萍

兰陵县人民医院

**目的** 探析血浆 D-二聚体(D-D)在慢性腹痛患儿临床鉴别诊断中的价值。

**方法** 选择 2017.2~2019.2 收治的因腹部疼痛而住院治疗的 106 例患儿,所有患儿入院后均进行常规检查;肝功能、肾功能、电解质、腹部 B 超以及血浆 D-D 检测。当血浆 D-D>500μg 时则被视为异常,结合患儿病况进行腹部平片、CT 等检查。

**结果** 入组的 106 例患儿中,急性胃炎、慢性胃炎、消化性溃疡及腹型过敏性紫癜(HSP)依次为 48 例、30 例、23 例、5 例。在所有患儿中,血浆 D-D 水平上升者 5 例,其中腹型 HSP 有 3 例,占 60.00%(3/5),消化性溃疡 2 例,占 8.69%(2/23)。

**结论** 临床针对病因不明的慢性腹痛患儿,若血浆 D-D 水平上升,则应高度警惕是否发生腹型 HSP,这提示临床医生应进行更为全面的检查。

## PU-1240

## 广州番禺地区健康体检人群血脂水平及分型的统计分析

韩泽平

广州市番禺区中心医院

**目的** 了解广州番禺地区健康体检人群的血脂水平及分型情况，为制订相关保健措施提供依据。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2018 年 12 月 16231 名番禺区中心医院体检人群的血脂数据（排除其他疾病），并对其血脂指标数据进行统计分析。以 2016 年血脂指南与共识修订版为标准作血脂分类及分型研究。

**结果** 总胆固醇（TC）、甘油三酯（TG）及低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）水平在该人群中随年龄增长而升高；50 岁前，TC、LDL-C 水平呈男性高于同龄女性，50 岁后则女性高于同龄男性；HDL-C 水平随年龄增长而下降，男性下降幅度较女性明显（ $P<0.05$ ）；男性高 LDL-C 血症发病率为 17.4%，而女性仅为 6.6%。各年龄组女性载脂蛋白 A1（ApoA1）水平均高于同年龄组男性（ $P<0.05$ ）；60 岁之前女性载脂蛋白 B（ApoB）水平低于男性（ $P<0.05$ ），60 岁之后女性 ApoB 水平高于男性， $\geq 70$  岁组有显著性差异（ $P<0.05$ ）。

**结论** 年龄、性别是影响血脂水平的重要因素，血脂异常在人群中已愈加普遍，应加大人群对于血脂异常危害性的认识，促使人群自觉改善饮食结构和生活方式。

## PU-1241

## LDH 同工酶调控脑胶质瘤间质转化的研究

韩秀,张平,冯同保

常州市第二人民医院,213000

**目的** 探讨多形性胶质母细胞瘤（Glioblastoma, GBM）中乳酸脱氢酶（Lactate dehydrogenase, LDH）同工酶的表达模式，分析 LDH 同工酶与 GBM 分子分型的相关性以及其在脑胶质瘤间质转化中的作用。

**方法** 应用生物信息学方法分析 LDHA 和 LDHB 亚基在 GBM 中的临床意义；免疫组织化学技术检测 GBM 样本中 LDHA 和 LDHB 表达情况及其与间质型（mesenchymal, MES）标志物表达的相关性；qRT-PCR, Western blot 和非变性电泳分别检测脑胶质瘤细胞系中 LDH 同工酶表达模式，以及乳酸产量和丙酮酸消耗的相关性；克隆形成实验和 CCK8 实验分析脑胶质瘤增殖能力，划痕实验和 transwell 迁移实验分析迁移能力；采用脱氢酶指示系统和比色法评价干扰 LDHA 或者 LDHB 对细胞乳酸分泌和丙酮酸消耗的影响。

**结果** MES 型 GBM 中呈现 LDHA 高 LDHB 低的表达模式，而高甲基化 PN 型 GBM 中呈现相反的模式；LDHA 表达与 MES 标志物正相关，胶质瘤细胞中 LDH 同工酶表达模式不一致，LN229 和 U87MG 细胞主要以 LDH4/5 同工酶为主，MES 标志物表达水平较高，乳酸产生速率较快，丙酮酸消耗速率较低，SW1783 和 U251MG 细胞以 LDH1 同工酶为主，PN 标志物表达水平较高，乳酸产生和丙酮酸消耗反之；在 LN229 和 U87MG 细胞中，LDHA 表达量下调抑制细胞增殖和迁移能力，而干扰 LDHB 后，细胞的增殖有所上升，迁移能力不发生改变；在 U251MG 细胞中干扰 LDHA 不影响间质转化过程，干扰 LDHB 抑制细胞间质转化。

**结论** (1) LDH4/5 与 MES 型 GBM 表型正相关，而 LDH1 与 PN 型表型正相关；(2) LDH4/5 增强了 MES 型脑胶质瘤细胞增殖和迁移能力，维持了脑胶质瘤细胞的间质表型和糖酵解途径；(3) LDH1 增强了 PN 型脑胶质瘤细胞的增殖和迁移能力，促进了其间质转化和丙酮酸生成。

## PU-1242

## Clinical outcome of *Escherichia coli* bloodstream infection in cancer patients with/without biofilm formation: a single-center retrospective study

Qing Zhang

Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

**Objective** Bloodstream infection (BSI) is one of the most severe forms of nosocomial infection, especially in immunocompromised cancer patients. *Escherichia coli* (EC) is a common cause of BSI, and production of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBL) is the main mechanism conferring resistance to third-generation cephalosporins, which results in treatment problems, higher morbidity, mortality, and increased health care costs. Previous studies showed that biofilm formation (BF) is associated with resistance of EC toward antimicrobial drugs, and BF markedly increases the incidence of health care-associated infections. Although many studies reported that BF is closely associated with EC-caused urinary tract infections, more recent studies indicated that bacterial BF might act as a direct triggering factor contributing to cancer initiation and progression. In addition, some studies attributed BF-related mortality to certain debatable factors, such as drugs with no activity against BF, biofilm heterogeneity, and the presence of comorbidities. However, there is little information about how BF contributes to EC-caused BSI, especially to extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* (ESBL-EC)-caused BSI in cancer patients. Therefore, the aim of this study was to investigate the impact of BF-positive, EC-caused BSI on the clinical outcome of hospitalized cancer patients.

**Methods** Clinical outcome and microbiological characteristics including the presence of bla genes in ESBL-EC isolates were retrospectively collected from BSI cancer patients. Patients infected with ESBL-EC were compared with patients infected with third-generation cephalosporine susceptible strains. Survival curves were generated by Kaplan-Meier analysis and the survival difference was assessed by the log-rank test. Risk factors for ESBL-EC infection, predictors of mortality, and outcome differences were determined by multivariate logistic regression and Cox regression analysis, respectively. All analyses were performed using the SPSS version 23.0 software. Two-sided P-values <0.05 were considered to have statistical significance.

**Results** The main genotypes that predominated in these isolates were bla<sub>CTX-M-15</sub> (31.29%) and bla<sub>TEM-52</sub> plus bla<sub>CTX-M-15</sub> (42.17%) were found in BSI cancer patients. Independent risk factors for infection with ESBL-EC were cephalosporins (OR 0.30; 95% CI: 0.09–0.94; P=0.04), chemotherapy (OR 1.80; 95% CI: 1.12–2.89; P=0.02), and BF (OR: 2.79, 95% CI: 1.61–4.83; P<0.001). BF-producing EC-caused BSI was significantly observed in colorectal cancers and hematological malignancies. To further determine the risk factors for BF, only the ESBL characteristic (OR 3.21; 95% CI: 1.86–5.53; P<0.001) was shown as an independent risk factor for the BF phenotype by logistic regression analysis. Multivariate Cox regression analysis showed that metastasis (OR =2.71, 95%CI: 1.59–4.63; P=0.001), ICU admission (OR =2.08, 95%CI: 1.13–3.84; P=0.02), BF-positive ESBL-EC (OR =2.20, 95% CI: 1.33–3.63; P=0.002), organ failure (OR =10.33, 95% CI: 5.92–18.03; P<0.001), and the presence of septic shock (OR =2.17, 95%CI: 1.24–3.78; P=0.006) were revealed as predictors for mortality. To further determine the risk factors for BF, logistic regression analysis was performed that only the ESBL characteristic (OR 3.21; 95% CI: 1.86–5.53; P<0.001) was shown as an independent risk factor for the BF phenotype, and the Kaplan–Meier curve showed the overall mortality was significantly higher in the BF-positive EC-caused BSI group compared to that in the BF-negative EC-caused BSI group (42.25% vs 20.16%; log-rank P<0.001). Compared with the BF-negative ESBL-EC-caused BSI group, the overall mortality was significantly higher in the BF-positive ESBL EC-caused BSI group (log-rank P=0.001).

**Conclusions** bla<sub>TEM</sub>-type ESBL-EC is highly endemic among cancer patients with BSI. BF is associated with multi-drug resistance by ESBL-EC, and is also an independent risk factor of

mortality for cancer patients with BSI. This finding highlights the equal importance of the BF contribution to mortality as the traditional factors. Our research suggest clinicians should take into account the use and doses of BF-response antibiotics to be on the safe side. In addition, the combination of BF-positive ESBL-EC isolates with other appropriate laboratory indicators might benefit infection control and improve clinical outcomes.

## PU-1243

### Luks-PV 和 C5a 处理 HepG2 细胞的磷酸化组学分析

许良飞<sup>1</sup>, 于文伟<sup>1</sup>, 汪自然<sup>1</sup>, 强雅雯<sup>1</sup>, 赵长城<sup>2</sup>, 马筱玲<sup>1</sup>

1. 中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

2. 安徽省立医院传染病院

**目的** 补体 C5a 的受体 C5aR, 与肝细胞癌的肿瘤分期和浸润显着相关。C5a 可与 C5aR 结合, 通过激活 ERK1 / 2 信号通路, 上调 Snail 和下调 E-钙粘蛋白来促进肝癌细胞发生上皮-间质转化 (EMT)。此外, 有研究显示 Luks-PV 可通过 C5aR 诱导癌细胞凋亡并抑制肿瘤生长和 EMT。因此, 我们推测 Luks-PV 能与 C5a 竞争结合 C5aR, 通过不同机制发挥相反的生物效应。为进一步研究两者的作用机制, 我们进行了磷酸化组学测序。

**方法** 本研究对 Luks-PV 和 C5a 分别处理的 HepG2 细胞进行磷酸化组学分析, 以鉴定两种因素处理后 HepG2 磷酸化谱变化, 从而初步明确这两种因素各自的作用机制。

**结果** 本研究共鉴定到 1984 个蛋白上 5949 个氨基酸位点的磷酸化水平发生改变。生物信息学分析显示, Luks-PV/C5a 处理后发生磷酸化水平发生改变的蛋白具有相似的亚细胞定位谱和分子功能。对两种处理因素结果进行交叉分析后显示, Luks-PV 下能够调剪接因子的磷酸化水平, 而 C5a 则上调剪接因子磷酸化水平。

**结论** Luks-PV 与 C5a 竞争结合 C5aR 通过下调剪接因子的磷酸化水平发挥抑制肿瘤生长和 EMT, C5a 则通过上调剪接因子磷酸化水平发挥促进肿瘤细胞增殖和 EMT。这些发现使我们进一步明确 Luks-PV 和 C5a 两者不同的作用机制。

## PU-1244

### 基于生物信息学分析鉴定急性髓系白血病中与 RKIP 相关的关键基因和信号通路

许良飞<sup>1</sup>, 童彤<sup>2</sup>, 于文伟<sup>1</sup>, 常文娇<sup>1</sup>, 马筱玲<sup>1</sup>

1. 中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

2. 安徽医科大学附属第一医院

**目的** 肿瘤细胞转移是导致急性髓系白血病患者死亡的关键过程。Raf-1 激酶抑制蛋白 (RKIP) 在多种癌症中能够抑制肿瘤细胞转移。因此, 明确由 RKIP 调节的基因和通路有助于我们进一步了解 RKIP 如何抑制 AML 的病程发展和转移。

**方法** 从 GEO 数据库中提取基因的表达谱。通过 GEO2R 进行差异表达基因 (DEG) 的鉴定。用于注释, 可视化和富集分析的数据库用来执行 GO 和 KEGG 信号通路富集分析。使用 Cytoscape 软件构建蛋白质-蛋白质互作网络 (PPI)。通过 MCODE 和 CytoHubba 插件鉴定关键基因。利用 OncoLnc 数据库研究 RKIP 与病人预后的关系。

**结果** 共有 237 个基因被鉴定为 DEGs。KEGG 富集分析显示, DEGs 显著富集在疟疾, Toll 样受体信号通路和 Ras 信号通路。C3AR1, TLR4, CXCL10, C5AR1, CXCL8, IL18, TNF, SELL, TYROBP 和 MNDA 被鉴定为 RKIP 发挥效应的关键基因。OncoLnc 数据库统计结果显示高表达 RKIP mRNA 的 AML 患者, 生存率较高。

**结论** 本研究中鉴定的 DEGs 和信号途径将有助于了解 RKIP 在 AML 中的作用机制，并为寻求新的治疗急性髓系白血病提供了新的理论基础和方向

## PU-1245

### 姜黄素通过调节 NF- $\kappa$ B 信号通路抑制人乳腺癌细胞增殖

赵敬杰,刘军莉,刘玲,袁超,王玲玲,周勇,许宁  
山东大学第二医院,250000

**目的** 本研究探讨姜黄素抑制人乳腺癌 MCF-7 细胞增殖和活化的作用，并探讨其可能的分子机制。NF- $\kappa$ B 是细胞增殖和存活功能的关键调节因子。姜黄素能够抑制肿瘤细胞的增殖。

**方法** MCF-7 细胞在不同浓度的姜黄素及不同作用时间下培养，采用 MTT 法检测姜黄素对乳腺癌细胞增殖的影响，采用流式细胞术、逆转录-定量聚合酶链式反应 (RT-qPCR) 和 western blot 方法检测 B 细胞淋巴瘤-2 基因 (Bcl-2) 和 Bcl-2 相关 X 蛋白 (Bax)、核因子- $\kappa$ B (NF- $\kappa$ B) 的抑制蛋白 (I $\kappa$ B $\alpha$ ) 的 mRNA 含量及蛋白表达水平。

**结果** 与对照组相比，用姜黄素处理的组中 MCF-7 细胞的增殖活化显著降低，在浓度为 20 $\mu$ M 时具有最大的抑制作用。与对照组相比，Bax mRNA 表达增加，Bcl-2 mRNA 表达降低。此外，NF- $\kappa$ B 和 I $\kappa$ B 的蛋白表达增加。

**结论** 姜黄素能抑制人乳腺癌细胞增殖，其作用机制可能与姜黄素对 NF- $\kappa$ B 信号通路的调控有关。

## PU-1246

### 热休克蛋白对肺癌患者的临床诊断价值

赵敬杰,刘玲,刘军莉,靳强强,王玲玲,靖旭,周勇  
山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨肺癌患者血浆热休克蛋白 90 $\alpha$  (HSP90 $\alpha$ ) 的表达及其临床意义。

**方法** 收集山东大学第二医院 84 例初治肺癌患者及 30 例健康体检者，应用酶联免疫法检测血浆 HSP90 $\alpha$  浓度，并结合患者临床资料进行结果的分析。

**结果** 肺癌组血浆 HSP90 $\alpha$  浓度 [ (193.513  $\pm$  98.861) ng / mL ] 明显高于健康对照组 [ (36.134  $\pm$  20.089) ng / mL,  $t = 10.478$ ,  $P < 0.001$  ]；使用 58ng/ml 作为区分癌症和对照组的 cutoff 值时，检测灵敏度达 72.53% (95% CI, 0.695–0.749)，特异度达 79.56% (95% CI, 0.761–0.813)。与 CEA、NSE、CYFRA21-1 相比，HSP90 $\alpha$  灵敏度更高，热休克蛋白 90 $\alpha$  与 CEA、NSE、CYFRA21-1 联合检测，灵敏度达到 96%。同时热休克蛋白 90 $\alpha$  含量的变化与患者病情有对应关系，能够通过数值的变化判断患者病情的发展情况。

**结论** HSP90 $\alpha$  具有辅助诊断肺癌的作用，通过数值的变化判断患者病情发展情况，其联合肺癌三项可显著提高肺癌的检出率。

## PU-1247

## 白细胞、C-反应蛋白和降钙素原对新生儿感染性疾病 不同时期的临床应用价值

高倩

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 新生儿尤其是早产儿由于机体发育不成熟,易于受到细菌、病毒、真菌侵犯引起新生儿感染性疾病,由于进展迅速、缺乏特异性体征导致早期诊断困难,因此新生儿感染性疾病有较高的发病率和死亡率,严重威胁着新生儿的生命,本文探讨白细胞、C-反应蛋白以及降钙素原对新生儿感染性疾病不同时期的诊断价值。

**方法** 随机选取2017年6月到2018年12月本院收治的感染性新生儿患者60例作为实验组,其中出生3天内的患者30例作为实验组A,出生3-28天的患者作为实验组B;并同期选取无器质性疾病的患儿60例作为对照组,其中出生3天内的新生儿30例作为对照组C,出生3-28天的新生儿作为对照组D,各组均进行白细胞、C-反应蛋白和降钙素原的检测。

**结果** 与对照组C相比,实验组A中白细胞、C-反应蛋白和降钙素原均没有显著变化,差异无统计学意义;与对照组D相比,实验组B中白细胞、C-反应蛋白和降钙素原均有显著升高,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),且PCT水平与白细胞和C-反应蛋白呈正相关,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 在出生3天后的新生儿感染患者血清中白细胞、C-反应蛋白以及降钙素原均有不同程度的升高,且PCT水平与白细胞和C-反应蛋白呈正相关,而白细胞、C-反应蛋白以及降钙素原3种非特异性指标的灵敏度和特异性有明显不同,单独使用具有局限性,联合使用对早期诊断新生儿感染性疾病具有良好的临床应用价值。

## PU-1248

## A Nomogram Integrated with Inflammation-Based Factors to Predict the Prognosis of Gastric Cancer Patients

Minjie Mao, Shuqin Dai, Wanli Liu

Department of Clinical Laboratory, Sun Yat-sen University Cancer Center, State Key Laboratory of Oncology in South China, Collaborative Innovation Center for Cancer Medicine

**Objective** Gastric cancer (GC) is the fifth most common cancer worldwide. Our study aimed to establish an effective nomogram integrated with inflammation-based factors to predict the prognosis of GC patients.

**Methods** We retrospectively analysed GC patients from the Sun Yat-sen University Cancer Center between 2009 and 2017. The nomogram was established with a primary cohort ( $n=1067$ ), and the validation cohort included 537 patients. Univariate and multivariate Cox survival analyses were used to identify the prognostic factors. We tested the accuracy of the nomogram by discrimination and calibration tests and then performed a decision curve analysis that compared the nomogram with the traditional TNM staging system. According to the total points assigned by the nomogram, we further stratified patients into three risk groups.

**Results** The univariate survival analyses included 19 biomarkers. The multivariate analysis showed that tumour stage ( $P<0.001$ ), metastasis stage ( $P<0.001$ ), and C-reactive protein (CRP) ( $P<0.001$ ), albumin (ALB) ( $P=0.013$ ), carcinoembryonic antigen (CEA) ( $P=0.001$ ) and carbohydrate antigen-199 (CA199) ( $P=0.001$ ) levels as well as lymphocyte (LYM) ( $P=0.002$ ) count were independent risk factors for the prognosis of GC patients. The proportional-hazards nomogram was based on the above factors. In the primary cohort, the nomogram had a concordance index (C-index) of 0.825 (95% CI 0.796-0.854), which was higher than the C-index

of the AJCC TNM stage (0.769, 95% CI 0.741-0.797) and that of two other biomarkers (CEA and CA199). The calibration plot suggested good agreement between the actual and nomogram-predicted overall survival (OS) probabilities, and the decision curve analyses showed that the nomogram model had a higher overall net benefit in predicting OS than the TNM staging system in all ranges. Moreover, the patients were divided into the following three distinct risk groups for OS based on the nomogram points: a low-risk group, middle-risk group and high-risk group. The differences in OS rates were significant among the subgroups ( $P<0.001$ ).

**Conclusions** We proposed a novel nomogram model based on inflammatory prognostic factors, and this nomogram is highly predictive of OS in GC patients. Our nomogram represents an improvement in prognosis prediction over that of the current TNM staging system.

## PU-1249

### 山东地区人乳头瘤病毒分型及感染分析

赵敬杰,袁超,刘玲,赵燕,王玲玲,李顺子,时晓华,于超  
山东大学第二医院,250000

**目的** 宫颈癌在全球妇女恶性肿瘤中排行第二,仅次于乳腺癌。大量研究显示,人乳头瘤病毒(HPV)是导致宫颈癌的主要原因。HPV-DNA 分型检测,不仅能确定是否有感染,而且可以对病毒进行分型诊断。本研究旨在通过基因芯片方法检测山东地区人乳头瘤病毒基因型分布情况,为本地区预防 HPV 感染和宫颈癌防治提供数据支持。

**方法** 本研究收集山东大学第二医院 2017 年 3 月至 2018 年 12 月的门诊及体检 1500 名妇女的宫颈脱落细胞,采用微阵列生物芯片法对所收集的宫颈脱落细胞进行型别分析,其中包括 22 种基因型(含高危 18 种、低危 4 种)。

**结果** 1500 例受检者中 245 例检出人乳头瘤病毒基因,检出率为 16.33%,检出高危型 216 例(14.40%),低危型 29 例(1.93%);进一步对 HPV 阳性样本进行薄层液基细胞学筛查,TCT 检测结果高度病变或低度病变 89 例(36.33%)。其中 NILM 74 例(30.20%);ASC-US 82 例(33.45%),LSIL 为 75 例(30.61%),检出 HSLM 14 例(5.71%)。

**结论** 山东地区人乳头瘤病毒基因型主要以 16、52、51、18、33 型为主;进一步的阳性样本 TCT 检测结果显示,和病变相关的型别主要是 16 型和 18 型,其次是 52 型和 33 型,这一结果与其他研究结果一致。HPV-DNA 分型检测为宫颈病变的预防和治疗提供了依据,也对其病变提供了监测,具有重要的临床意义。

## PU-1250

### 血脂检测对糖尿病患者评估的临床应用价值

高倩,皇海  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨分析血脂检测对于糖尿病患者的临床应用价值,进一步监测和控制疾病的发生发展。

**方法** 随机选取 2017 年 5 月至 2018 年 3 月本院收治的糖尿病患者 156 例作为观察组,其中男性患者 75 例作为糖尿病 A 组,女性患者 81 例作为糖尿病 B 组;空腹血糖在 6.1-11.1 mmol/L 之间的患者 80 例作为糖尿病 C 组,空腹血糖大于 11.1 mmol/L 的患者 76 例作为糖尿病 D 组。同期选取在本院健康体检中心体检合格者 150 例作为对照组,包括 76 名男性体检者和 74 名女性体检者。通过检测观察组和对照组的血脂水平,分析比较各组间血清总胆固醇(TC),甘油三酯(TG),高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C),低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)的含量。

**结果** 糖尿病观察组中 TC、TG、LDL-C 的水平明显高于健康对照组,且 TG 与 LDL-C 的水平高于正常参考值的上限,而 HDL-C 的水平明显低于健康对照组;糖尿病 A 组与 B 组之间 TC、LDL-C



和 HDL-C 水平没有统计学差异;而 A 组与 B 组相比较, TG 水平显著低于 B 组;糖尿病 D 组中 TC、TG、LDL-C 水平显著高于糖尿病 C 组,而 HDL-C 水平明显低于糖尿病 C 组。

**结论** 血脂异常与糖尿病的发生发展密切相关,因此血脂水平联合检测能有效评估糖尿病患者的病情发展,预防致死致残并发症的发生,同时也能实现糖尿病的早期筛查和早期诊断。

## PU-1251

### 胃蛋白酶原及胃泌素—17 在胃部疾病中的应用研究

史大隆,张玉芝,郑雯菁

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探究胃蛋白酶原 I (PG I)、胃蛋白酶原 II (PG II)、两者比值 (PGR)、胃泌素-17(G-17)检测在胃部疾病的诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 5 月至 2018 年 9 月在我院行胃功能血清学检测的病人 200 例作为观察组,另取同期健康体检者 200 例作为健康对照组。应用化学发光法 (ECLIA) 测定各组血清 PG I、PG II、PG I/PG II 和 G-17 水平,用 spss25.0 统计软件进行统计分析,比较各组疾病胃功能检查指标的差异以及各项指标变化规律。

**结果** 胃癌组患者血清 PG I、PG II、PG I/PG II 的表达水平低于健康对照组,其中胃体癌组 G—17 血清浓度明显增高,胃窦癌组 G—17 血清浓度降低,指标差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。萎缩性胃炎组血清 PG I, PG I/PG II 的表达水平低于非萎缩性胃炎组 ( $P<0.05$ );萎缩性胃炎组与非萎缩性胃炎组之间血清 G—17 水平差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。与健康对照组比较,HP 感染组、浅表性胃炎组、胃溃疡组、十二指肠溃疡组、胃息肉组的 PG I、PG II、和 G—17 水平显著升高 ( $P<0.05$ ),而 PG I/PG II 水平明显降低,HP 感染组 PG II 显著升高,胃溃疡组 PG I 显著升高,指标差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );根据相关分析,对照组与 HP 感染组、浅表性胃炎组、十二指肠溃疡组、胃息肉组、胃溃疡组之间随着胃部疾病程度的加深,PG I, PG II, G-17 水平逐渐升高 ( $P<0.05$ )。与对照组相比,肝硬化门脉高压组, PGR 值明显降低, G—17 水平显著升高 ( $P<0.05$ );不同病变部位对患者血清 PG、G—17 水平无明显影响 ( $P>0.05$ )。根据 ROC 分析,诊断萎缩性胃炎的 PG I, PG I/PG II 最佳临界值为 62.73ng/ml、2.4。

**结论** 胃蛋白酶原和胃泌素-17 在胃肠疾病的诊断中具有一定的价值。

## PU-1252

### Dectin-1 介导的 Syk/NF- $\kappa$ B 信号通路在马尔尼菲蓝状菌感染中的作用及机制研究

彭阳,史伟峰

常州市第一人民医院,213000

**目的** 探讨马尔尼菲蓝状菌(*Talaromyces marneffe*, TM)感染中, Dectin-1 介导的 Syk/ NF- $\kappa$ B 信号通路在宿主巨噬细胞活化中的作用及调控机制。

**方法** 用佛波酯(PMA)诱导 THP-1 细胞向 THP-1 巨噬细胞分化,并建立 TM 孢子和菌丝分别感染的 THP-1 巨噬细胞的体外模型,利用 PCR 芯片技术筛选其差异基因的表达; RT-qPCR 和 Western Blot 检测 THP-1 巨噬细胞表面 Dectin-1 的表达水平; Western Blot 检测细胞内 Syk、p65 和 I $\kappa$ B $\alpha$  的磷酸化水平,免疫荧光检测胞浆 p65 蛋白的核转位; ELISA 检测细胞炎症因子 TNF- $\alpha$  和 IL-8 的分泌。通过慢病毒介导的 siRNA 技术,建立 Dectin-1 低表达的 THP-1 细胞模型,并与 TM 孢子共

培养后,分别采用 Western Blot 和免疫荧光分析 Syk、p65 和 I $\kappa$ B $\alpha$  的磷酸化水平及胞浆 p65 蛋白的核转位;ELISA 检测细胞炎症因子 TNF- $\alpha$  和 IL-8 的分泌水平。

**结果** TM 孢子或菌丝分别刺激 THP-1 巨噬细胞后,细胞内 Dectin-1 的 mRNA 和蛋白表达在 12h 内均随刺激时间延长显著升高;Syk、p65 和 I $\kappa$ B $\alpha$  蛋白的磷酸化随刺激时间延长而升高,但 I $\kappa$ B $\alpha$  蛋白表达降低。TM 孢子刺激 THP-1 巨噬细胞后细胞核内 p65 的荧光强度较对照组显著增强;细胞培养上清中炎症因子 TNF- $\alpha$  和 IL-8 的含量在 18h 内随刺激时间延长显著升高。下调 Dectin-1 表达后, Syk、p65 和 I $\kappa$ B $\alpha$  的磷酸化均受到抑制, p65 蛋白的核转位和炎症因子 TNF- $\alpha$ 、IL-8 的分泌也受到抑制。

**结论** TM 通过激活巨噬细胞中的 Dectin-1/Syk/NF- $\kappa$ B 信号通路,促进炎症因子 TNF- $\alpha$  和 IL-8 的分泌,从而启动机体的抗真菌免疫应答。而 Dectin-1 缺失会影响机体抗真菌免疫应答的启动。

## PU-1253

### 围产期 B 组链球菌筛查策略及意义

赵敬杰,刘玲,袁超,刘军莉,赵燕,许宁,周勇  
山东大学第二医院,250000

**目的** 我国目前没有 GBS 筛查及防治的统一方法。面对中国如此庞大的患者群;地域跨度大、民族众多、经济状况千差万别,是否需要进行 GBS 筛查,以及如何进行 GBS 筛查是困扰广大医护工作者的问题。本文探讨了适合中国国情的筛查 B 组链球菌 (GBS) 检测的策略及临床意义。

**方法** 本文通过对 GBS 的生物学特定及定植情况进行分析,对中国 GBS 感染现状进行调查,并随着分子诊断技术的发展,GBS 核酸检测技术有望成为适合中国国情的 GBS 筛查的一项策略。

**结果** GBS 带菌率与地域、人种、民族、年龄、性行为等因素有关,我国的在 3%-32%不等,并且国内大多数医院对于 GBS 的感染认识不足,尚未开展相关检测。实时 PCR 检测 GBS 敏感性可达 95%-100%,特异性为 94.9%-99.6%。

**结论** 基于 PCR 技术进行 GBS 的核酸检测,具有较高的敏感性及特异性,有望成为适合我国国情的 GBS 筛查策略方法。

## PU-1254

### 血清 NO 水平测定在肝脏疾病测定的临床意义

和昱辰  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨一氧化氮 (NO) 在不同肝脏疾病的动态变化规律及其临床意义。

**方法** 对例包含肝损伤、肝硬化、病毒性肝炎、免疫性肝病、肝癌病人的血清 NO 水平进行检测,同时检测患者血清丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、谷氨酰转肽酶 (GGT)、总胆汁酸 (TBA) 水平,并设立健康对照组。

**结果** 例肝病患者血清 NO 水平显著高于正常对照组 ( $P < 0.01$ ),而且各组间比较有显著性差异 ( $F = 3.61, P < 0.01$ );肝癌组肝硬化组肝炎组急性肝损伤组,组间比较均有明显差异。在 ALT、AST 与 NO 的关系中,病毒性肝炎患者呈极显著正相关 ( $r, P < 0.01$ ),肝硬化患者无明显相关性 ( $r, P > 0.05$ ),在 GGT 与血清 NO 的关系中,肝硬化患者呈极显著正相关 ( $r, P < 0.01$ ),病毒性肝炎患者无明显相关性 (分别为  $r$ 、 $r$  和  $P > 0.05$ )。在 TBA 与血清 NO 的关系中,病毒性肝炎患者呈极显著正相关 ( $r, P < 0.01$ ),肝硬化患者无明显相关性 ( $r, P > 0.05$ ),肝癌患者呈明显正相关 ( $r, P < 0.01$ )。结论:病毒性肝炎、肝硬化时血清 NO 浓度的变化与肝内炎症程度、肝病严重程度及病程的演变方向密切相关,同时也是反映肝脏疾病的一个敏感指标。

**结论** 血清 NO 水平与肝脏疾病严重程度及病程的演变有关。

## PU-1255

### 炎症性肠病患者艰难梭菌感染率及不同实验室检测方法比较研究

贺文芳,周磊,周柯,白露,郝晓柯,徐修礼  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨炎症性肠病患者艰难梭菌感染率及不同实验室方法检测艰难梭菌能力评估。

**方法** 1.收集 2017.01-2019.2 期间诊断为炎症性肠病和结肠息肉患者的临床信息及粪便标本, 分别作为实验组和对照组; 2.采用三种不同实验室方法检测粪便标本艰难梭菌: 赛沛 XpertC.difficile 检测毒素基因, 生物梅里埃 Vidas 检测 GDH 和毒素 A/B, 生物梅里埃艰难梭菌显色培养基培养细菌; 3.采用 SPSS 17.0 软件比较三种方法的检出能力。

**结果** 1.2017.01-2019.2 期间, 炎症性肠病组 170 位患者, 其中溃疡性结肠炎 144 例, 克罗恩病 26 例, 男女比例约为 1.4: 1, 平均年龄约为  $44\pm 14$  岁, 结肠息肉组 42 例, 男女比例约为 2.2: 1, 平均年龄约为  $51\pm 14$  岁。2.炎症性肠病组毒素基因、GDH、毒素 A/B (GDH 阳性后作此测试)、培养阳性率分别约为 27.65% (47/170)、35.29% (60/170)、10% (6/60)、33.53% (57/170), 根据 ESCMID 指南, 患者有临床症状, GDH 和毒素基因检测同时阳性可诊断为艰难梭菌感染, 炎症性肠病患者艰难梭菌感染率约为 25.29% (43/170), 以此为金标准, 赛沛艰难梭菌毒素基因检测的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别为 100%、96.85%、91.49%和 100%, GDH 的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别为 100%、86.61%、71.67%和 100%, 培养的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别 100%、88.98%、75.44%和 100%。3.未检出 027 菌株。

**结论** IBD 患者艰难梭菌感染率明显高于结肠息肉患者, 对于这类患者应该针对性进行难辨梭菌的组合筛查 (毒素基因+GDH), 以避免患者病情的加重。

## PU-1256

### T-spot 检测试剂盒的检测性能比对

赵敬杰,袁超,刘玲,李顺子,赵燕,于超,靖旭  
山东大学第二医院,250000

**目的** 对两种国产结核分枝杆菌效应 T 细胞检测 (T-spot) 试剂盒的临床检测性能进行对比和评价。

**方法** 以北京金豪的结核分枝杆菌效应 T 细胞检测试剂盒 (以下简称金豪试剂) 为对比试剂, 以北京同生时代的结核分枝杆菌效应 T 细胞检测试剂盒 (以下简称同生试剂) 为考核试剂, 通过检测 320 例临床样本, 对考核试剂的性能指标进行评价。

**结果** 同生试剂的灵敏度、特异度分别为 86.50%、86.67%; 金豪试剂的灵敏度、特异度分别为 85.50%、84.17%。同生试剂的灵敏度和特异度与金豪试剂无显著性差异 ( $P>0.05$ )。同生试剂盒和金豪试剂盒在菌阳样本中检出率分别为 94.87%和 96.15%, 在菌阴样本中的检出率分别为 81.31%和 79.44%, 两者具有较好的一致性。

**结论** 同生试剂的灵敏度高、特异度好, 具有较高的临床应用价值。

## PU-1257

## 血清免疫固定电泳、蛋白电泳、游离轻链 $\kappa$ 、 $\lambda$ 及其 $\kappa/\lambda$ 和免疫球蛋白系列联合检测在早期诊断多发性骨髓瘤中的临床价值

胡娟娟,周铁成,程晓东  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 分析血清免疫固定电泳、蛋白电泳、游离轻链  $\kappa$ 、 $\lambda$  及其  $\kappa/\lambda$  和免疫球蛋白系列联合检测在早期诊断多发性骨髓瘤 (MM) 中的临床价值。

**方法** 对空军军医大学第一附属医院 282 例 MM 患者的血清免疫固定电泳、蛋白电泳、游离轻链  $\kappa$ 、 $\lambda$  及其  $\kappa/\lambda$  和免疫球蛋白系列的检测结果进行回顾性分析。

**结果** 免疫固定电泳显示, 282 例 MM 患者有 274 例阳性, 阳性检出率为 97.16%, 其中 IgG 型最多。血清蛋白电泳显示, 282 例 MM 患者中有 259 例检出 M 带, 阳性检出率为 87.23%。游离轻链  $\kappa$ 、 $\lambda$  及其  $\kappa/\lambda$  显示, 269 例游离轻链有不同程度的升高或者比值异常, 阳性检出率为 95.39%, 与对照组比差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。免疫球蛋白系列结果显示, 各型 MM 患者中有 223 例结果异常, 阳性检出率为 79.08%, 与正常组比差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。但四种方法联合检测阳性率达到 99.37%, 敏感性达到 98.86%。

**结论** 血清免疫固定电泳、蛋白电泳、游离轻链  $\kappa$ 、 $\lambda$  及其  $\kappa/\lambda$  和免疫球蛋白系列联合检测对 MM 早期诊断、治疗有重要临床价值。

## PU-1258

## 血清甘胆酸与传统肝功指标在妊娠期肝内胆汁淤积症诊断中的比较

胡玉皎,张莹,程晓东,周铁成,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨甘胆酸在妊娠期肝内胆汁淤积症 (ICP) 疾病中的诊断与病情监测作用。

**方法** 检测受检者血清中的甘胆酸 (CG)、总胆汁酸 (TBA)、总胆红素 (TBil)、直接胆红素 (DBil)、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶 (AST) 浓度、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶 (GGT), 比较 CG 与传统肝脏功能指标在 ICP 中的优越性。

**结果** 与对照组相比, 观察组血清甘胆酸水平显著增高 ( $P < 0.01$ ), 项目诊断特异性 96.1%, 灵敏度 89.6%, 阳性似然比 22.9, 阴性似然比 0.03, Youden 指数 0.86, ROC 曲线下面积 0.903。

**结论** 本研究表明在 ICP 的诊断中, 血清甘胆酸水平检测可作为早期筛检、病情监测的有效指标, 为妊娠期妇女提供准确可靠的产检报告。

## PU-1259

## 单碱基突变结肠癌单个活细胞与细胞群代谢行为特征的研究

陈阳<sup>1</sup>, 刘梦梦<sup>2</sup>, 王三喜<sup>3</sup>, 冯尚源<sup>2</sup>, 林东红<sup>1</sup>, 冯江华<sup>3</sup>

1. 福建医科大学, 350000

2. 福建师范大学

3. 厦门大学, 361000

**目的** 基因家族中 **KRAS** 突变被认为与结肠癌的诊断和治疗都存在密切关联。常用的基因突变检测方法存在耗时、处理繁琐等不足, 开发一种能够评价 **KRAS** 基因单碱基突变引起的单个活细胞与细胞群代谢行为特征的方法具有重要的临床价值。

**方法** 本文的细胞选型包括 **KRAS** 序列中第 13 基因位点的野生型 (**GGC**) 和突变型 (**GAC**)。以结肠癌 **KRAS** 野生型细胞株 **DKS-8** 和 **HEK-3**, 以及具有等位基因的突变型细胞株 **DLD-1** 和 **HCT-116** 为研究对象。首先利用光镊技术实现单个活细胞捕获, 获取细胞的拉曼光谱; 其次使用收集体外培养的细胞群与相应培养液, 利用一维 <sup>1</sup>H NMR 分析了野生型和突变型细胞群代谢轮廓差异。结合主成分分析 (**PCA**)、支持向量机 (**SVM**)、正交偏最小二乘-判别分析 (**OPLS-DA**) 等统计分析方法探究相关代谢行为的特异性变化。

**结果** 与 **KRAS** 野生型细胞相比, 突变型细胞中 **DNA** 的含量增加, 而蛋白质、胆固醇、酰胺 III 和酰胺 I 的含量有少量下降。与之相关的细胞群的代谢活动明显增强并且确定了 4 条代谢通路异常, 包括“谷氨酸、天冬氨酸和丙氨酸代谢”、“精氨酸与脯氨酸代谢”、“D-谷氨酸代谢”, 以及“氨酰基转移核糖核酸生物合成”等, 这些特异性改变将导致苯丙氨酸、胶原蛋白, 以及其它多种氨基酸的含量变化。基于特征代谢物的 **ROC** 结果显示诊断灵敏度和特异性均达到 95% 以上。

**结论** 通过光镊技术与核磁共振代谢组学方法联合可实现单个活细胞与细胞群的整体代谢行为表征, 同时为开展结肠癌的早期诊断与后续治疗效果评估提供实验依据。

## PU-1260

## γ-干扰素释放试验在结核病诊断中的应用进展

黄嫒, 唐锦华, 马越云

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 2018 年全球报告显示, 结核病仍是全球十大致死性疾病之一, 每年有数以百万人罹患结核, 而潜伏感染也给人群造成了极大的威胁

**方法** 因此, 准确、及时的实验室检查对于保证结核感染者得到早期诊断和治疗及结核病的控制非常至关重要。

**结果** 本文就 γ-干扰素释放试验的原理及其在临床结核病诊断中的应用进行综述, 以期为进一步的研究提供帮助和方向

**结论** 本文就 γ-干扰素释放试验的原理及其在临床结核病诊断中的应用进行综述, 以期为进一步的研究提供帮助和方向

## PU-1261

## 消化病医院血细胞分析复检规则的建立和验证

贾晶媛,胡恩亮,林婕,赵媛,程翔,樊爱琳,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 以国际 41 条为准则, 在我院门诊血细胞复检规则的基础上进行调整和优化, 通过对数据进行分析, 制定适合院中院消化病医院的血细胞复检规则。

**方法** 按消化病医院一年中送检血常规的病种分布比例随机挑选 302 例标本, 仪器检测血常规的同时所有标本全部推片镜检。以门诊血细胞复检规则为基础, 根据消化病医院各病种血常规检测结果的特点, 进行调整和优化制定 4 套方案。以推片镜检为金标准, 分别计算各方案的真阳性率, 假阳性率, 真阴性率, 假阴性率, 3R 率, 推片率。

**结果** 国际 41 条复检规则真阳性率 7.62%, 假阳性率 45.36%, 真阴性率 45.03%, 假阴性率 1.99%, 推片率 52.98%。门诊复检规则真阳性率 6.95%, 假阳性率 26.82%, 真阴性率 63.25%, 假阴性率 2.98%, 3R 复检率 27.81%, 推片率 33.77%, 消化复检规则 1 真阳性率 6.95%, 假阳性率 23.51%, 真阴性率 66.56%, 假阴性率 2.98%, 3R 率 27.81%, 推片率 30.46%。消化复检规则 2 真阳性率 5.96%, 假阳性率 21.86%, 真阴性率 68.21%, 假阴性率 3.97%, 3R 率 27.81%, 推片率 27.82%。消化复检规则 3 真阳性率 5.96%, 假阳性率 21.53%, 真阴性率 68.54%, 假阴性率 3.97%, 3R 率 27.81%, 推片率 27.49%。消化复检规则 4 真阳性率 5.96%, 假阳性率 19.54%, 真阴性率 70.53%, 假阴性率 3.97%, 3R 率 27.81%, 推片率 25.50%。由于假阴性率都 $\leq 5\%$ , 且无血液疾病漏检, 最终选定推片率最低的消化方案四作为消化病医院血细胞复检规则。

**结论** 建立适合消化病医院血细胞复检规则, 可以缩短阴性标本 TAT 时间, 提高阳性标本的复检质量, 提高工作效率, 在今后的工作中要不断的总结和优化复检规则, 保证工作的质量和安全。

## PU-1262

## 质谱技术在结核病快速诊断中的临床应用

张丽霞,陈怀永,杜岩青,周洪经,孙昕  
天津市海河医院,300000

**目的** 对 BACTEC MGIT960 液体培养出的疑似结核分枝杆菌复合群的标本,利用 IVD MALDI Biotyper 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱技术对原管液体进行高通量、快速、准确的菌种鉴定, 为临床结核病的早期、精准治疗提高依据。

**方法** 选取我院临床结核患者送检的痰、灌洗液标本进行 MGIT 960 分枝杆菌快速液体培养为研究对象, 待机器自动报阳后记录报阳时间和菌落生长单位。在 800 份送检标本中得到阳性培养物 260 份, 首先经 MPB64 抗原对结核与非结核菌进行粗筛, 再用萘一尼抗酸染色确认为抗酸杆菌后利用细菌超声分散计数仪分散均匀后备用质谱鉴定。对每份阳性标本进行 (13000-15000 rpm) 离心 2 分钟, 取沉淀物加入 300  $\mu$ l 去离子水, 使用 95 $^{\circ}$ C 的金属浴灭活分枝杆菌后进行 MALDI Biotyper 质谱鉴定, 结果与基因芯片法菌种鉴定进行比对。

**结果** 260 份阳性标本中芯片法鉴定结果 255 例, 其中结核分枝杆菌占 92.3%(240/260), 非结核菌占 5.8% (15/260), 无结果 1.9% (5/260), 总鉴定率为 98%; 采用质谱鉴定 260 份阳性标本中鉴定出 258 例, 其中结核分枝杆菌占 92.7%(241/260), 非结核占 5.8%(15/260), 星型奴卡菌 0.8% (2/260), 皮疽奴卡菌占 0.4% (1/260), 1 例未鉴定出, 总鉴定率为 99.2%。质谱鉴定分值 $\geq 2.0$ 的 213 例占 81.9%, 分值在 1.7-2.0 之间的 46 例占 17.7%, 分值 $<1.7$ 的 1 例占 0.4%。两种方法比较 p 值 $>0.05$ 没有统计学意义。

**结论** 本实验将 MGIT 960 液体培养的原管直接进行质谱鉴定缩短了培养鉴定时间, 并能将分枝杆菌鉴定到种水平, 能区分出结核菌与非结核菌, 对临床结核病的早期鉴别诊断起到了积极的作用,

减少了患者的经济负担和经验用药带来的副作用。质谱检测技术运用于临床对结核病患者提供了一种精准、快速的检测报告，同时高通量的微生物鉴定手段对实验室工作的发展也起到了一个巨大的推动作用，广泛应用能助力结核病的快速诊断。

## PU-1263

### 临床凝血功能异常患者血栓弹力图与常规凝血全套检测相关性对比分析

荆晶,王文婷,常艳,郑善鑫,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 比较常规凝血实验(CCT)与血栓弹力图(TEG)评价凝血异常患者的临床价值及二者之间的相关性、敏感度。

**方法** 选取我院临床各个科室 2018 年 1 月-2018 年 4 月收治入院的患者 150 例,均检测常规凝血项目,如凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原(FIB)、纤维蛋白降解产物(FDP)和 D-二聚体(D-Di)。另采用 TEG 评价患者凝血功能,比较两种检测方法的相关性,评价二者的临床价值。

**结果** R 值与 PT 正相关( $r=0.296$ ,  $P<0.01$ ), R 值与 APTT 正相关( $r=0.369$ ,  $P<0.01$ ), R 值与 FIB 负相关( $r=-0.257$ ,  $P<0.01$ ), K 值与 FIB 负相关( $r=-0.509$ ,  $P<0.01$ ), K 值与 TT 正相关( $r=0.318$ ,  $P<0.01$ ), Angle 角与 FIB 正相关( $r=0.506$ ,  $P<0.01$ ), Angle 角与 TT 负相关( $r=-0.237$ ,  $P<0.05$ ), CI 值与 PT 负相关( $r=-0.236$ ,  $P<0.05$ )。TEG 参数 R 相比较 PT 和 FIB,更能反映病人的低凝状态,敏感性更高;K 与 Angle 相比较 FIB 和 TT 更能反映病人低凝状态,敏感性更高。

**结论** TEG 检查凝血功能的部分指标与常规凝血检查结果有显著的相关性,但一致性较差,二者灵敏度均较低但互相不能替代,临床应将两种检测方法结合使用,综合判断检测结果,以更准确的检测临床患者出血风险。

## PU-1264

### 医学检验人员的心理压力及干预措施

王敏,林洋洋  
山东大学第二医院,250000

**目的** 医院检验人员长期从事高压、高风险及高强度的工作,极易出现心理性疲劳,从而降低检验结果质量,影响诊断结果。因此,医学检验人员心理压力得到社会各界关注和重视。该论文对检验人员的心理压力进行分析,提高检验人员的抗压能力。

**方法** 增加培训,倾诉,养成良好习惯

**结果** 使检验人员充满自信,更好的服务于临床

**结论** 调整检验人员的心理状态,提高检验工作的效率和质量

## PU-1265

## 系统性红斑狼疮患者体内细胞因子水平 与疾病活动度间关系

赵瀛,周佳桦,张爱伦,王蓓丽,郭玮,潘柏申  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 对于不同 SLE 活动度患者外周血中淋巴细胞亚群及细胞因子的分析,建立评估 SLE 活动度的方程。

**方法** 收集 71 例成人 SLE 患者,评估其淋巴细胞亚群及细胞因子与 SLE 活动度 (SLEDAI 积分) 的关系。

**结果** SLE 活动组 (SLEDAI 积分 $>4$ ) 中, IL-2R (1097.00U/mL vs 476.80U/mL,  $p=0.000$ )、IL-8 (27.03pg/mL vs 13.31pg/mL,  $p=0.039$ )、IL-10 (13.24pg/mL vs 5.07pg/mL,  $p=0.013$ )、TNF $\alpha$  (20.95pg/mL vs 11.12pg/mL,  $p=0.000$ ) 水平高于 SLE 无活动组 (SLEDAI 积分 $\leq 4$ )。IL-6 及淋巴细胞亚群 (CD4%、CD8%、NK%、CD19%) 在两组中差异不显著。以 IL-2R、IL-8 及 TNF $\alpha$  拟合的线性回归方程  $Y=0.484+0.274 \times \text{TNF}\alpha+0.003 \times \text{IL2R}-0.068 \times \text{IL8}$  可定量反应 SLEDAI 积分 ( $R^2=0.463$ ,  $F=15.499$ ,  $p=0.000$ )。

**结论** 细胞因子 IL-2R、IL-8、IL-10、TNF $\alpha$  在 SLE 的病理过程中有重要作用,以 IL-2R、IL-8 及 TNF $\alpha$  拟合的线性回归方程可以定量反应 SLE 的活动度。

## PU-1266

## 检测幽门螺杆菌感染的 3 种血清学方法比较

虞倩,崔俊华,周佳桦,汪洋,王蓓丽,郭玮,潘柏申  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 评价 3 种血清幽门螺杆菌 (*Helicobacter pylori*, Hp) 抗体检测试剂盒的方法学性能。

**方法** 对未经抗 Hp 治疗、接受快速尿素酶试验 (rapid urease test, RUT) 和尿素  $^{13}\text{C}$  呼气试验 ( $^{13}\text{C}$  urease breath test,  $^{13}\text{C}$ -UBT) 的 80 例患者血清样本分别使用 3 种不同试剂进行 Hp 血清抗体检测试验,三种方法随机标识为 A、B、C。以 RUT 和  $^{13}\text{C}$ -UBT 任何 1 项阳性为 Hp 感染诊断标准,对 3 种 Hp 血清抗体检测方法进行一致性检验 (Kappa 检验)。

**结果** 灵敏度以 C 最高 (92.50%)、其次为 B (78.57%)、最低为 A (57.14%); 特异性由高到低分别为 A (100.00%)、C (75.00%)、B (70.83%); 准确性最高的是 C (88.75%)、其次为 B (76.25%)、最低是 A (70.00%)。

**结论** C 方法可用于检测未经抗 Hp 治疗患者的 Hp 感染。

## PU-1267

## qRT-PCR 平台和 CellSearch 系统检测循环肿瘤 细胞的比较

曹旻璐,沈敏娜,周琰,王蓓丽,张春燕,潘柏申,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 比较 CellSearch 系统与 qRT-PCR 平台检测外周血循环肿瘤细胞的阳性率与相关性,综合分析其临床意义。



**方法** 收集 32 例肝癌患者的外周血标本, 运用 CellSearch 检测系统和 qRT-PCR 检测平台检测外周血中循环肿瘤细胞的个数/表达量。在运用 qRT-PCR 平台检测循环肿瘤细胞表达量时, 先后运用了单标志物标记肿瘤细胞和多标志物联合标记肿瘤细胞的不同检测方法, 并分别计算其检测外周血循环肿瘤细胞的阳性率。对以上三种检测方法的阳性率和相关性进行比较。

**结果** CellSearch 检测系统与 qRT-PCR 检测平台采用单标志物标记肿瘤细胞的检测结果呈显著相关, 两者阴阳性符合率为 24/32[75.0%, 阳性率 46.9% (qRT-PCR 单标) vs. 28.1% (CellSearch),  $P=0.002$ ]。多标志物联合标记肿瘤细胞的 qRT-PCR 检测平台能提高检测阳性率 (65.6%)。并且, qRT-PCR 平台的单标检测和多标检测以及 CellSearch 系统三种方法所得结果, 两两之间均呈显著相关性, 阴阳性符合率分别为 18/32[56.3%, 65.6% (qRT-PCR 多标) vs. 28.1% (CellSearch),  $P=0.034$ ], 26/32 [81.3%, 65.6% (qRT-PCR 多标) vs. 46.9% (qRT-PCR 单标),  $P=0.000$ ]。运用 qRT-PCR 平台进行多标志物联合检测循环肿瘤细胞能直观反映肝癌患者的肿瘤异质性。

**结论** 多干性标志物标记肿瘤细胞的检测手法对于循环肿瘤细胞的阳性检出率有显著的积极作用。qRT-PCR 检测平台相较 CellSearch 检测系统, 可更直观地反映肿瘤异质性, 并能够依据不同检测目的个性化选取相关标志物, 适用于更多样化的检测需求。

## PU-1268

### 生化自动审核批准规则的建立与应用

金显云

杭州金域医检验所有限公司

**目的** 建立合适的生化检验的自动审核预警规则。

**方法** 根据生化检验项目临床意义、检测结果间的逻辑关系及历史回顾等在实验室信息系统(PRD)中建立自动审核规则,对自动审核规则进行评估通过后启用自动批准, 并评价使用自动审核系统前后体检样本周转时间(TAT)的变化。

**结果** 依据 5 种自动预警规则模板, 建立了肝功能 64 条自动预警规则; 肝功能平均触发规则为 98.84%,自动审核发放报告通过率达 84.22%, 人机一致性达 100%, 且通过的报告正确率为 100%, 样本审核时间有明显的缩短。

**结论** 依据 5 种自动预警规则模板, 建立了肝功能 64 条自动预警规则; 肝功能平均触发规则为 98.84%,自动审核发放报告通过率达 84.22%, 人机一致性达 100%, 且通过的报告正确率为 100%, 样本审核时间有明显的缩短。

## PU-1269

### 糖化血红蛋白自动审核批准规则的建立与应用

陆辛萍

杭州金域医检验所有限公司

**目的** 建立合适的糖化血红蛋白自动审核预警规则

**方法** 根据糖化血红蛋白项目临床意义、检测结果间的逻辑关系及历史数据回顾等在实验室信息系统(PRD)中建立自动审核规则,对自动审核规则进行评估通过后启用自动批准, 并评价使用自动审核系统前后样本周转时间(TAT)的变化。

**结果** 依据 5 种自动预警规则模板, 建立了 15 条自动预警规则; 糖化血红蛋白平均触发规则为 100%,自动审核发放报告通过率达 71.85%, 人机一致性达 99.3%, 且通过的报告正确率为 100%, 样本周转时间 TAT 有明显的缩短。

**结论** 本自动审核系统建立可缩短糖化血红蛋白报告单的 TAT,提升工作效率。

## PU-1270

## 尿常规自动审核批准规则的建立与应用

项伶俐

杭州金域医学检验所有限公司

**目的** 建立合适的尿常规的自动审核预警规则

**方法** 根据尿常规项目临床意义、检测结果间的逻辑关系及历史回顾等在实验室信息系统(PRD)中建立自动审核规则,对自动审核规则进行评估通过后启用自动批准,并评价使用自动审核系统前后体检样本周转时间(TAT)的变化。

**结果** 依据 5 种自动预警规则模板,建立了 74 条自动预警规则;尿常规平均触发规则为 97.5%,自动审核发放报告通过率达 67.6%,人机一致性达 99.5%,且通过的报告正确率为 100%,样本周转时间 TAT 有明显的缩短。

**结论** 本自动审核系统建立可缩短尿液报告单的 TAT,提升工作效率。

## PU-1271

## 浙江地区儿童微量元素参考区间的建立

项伶俐

杭州金域医学检验所有限公司

**目的** 建立浙江地区微量元素铜、锌、钙、镁和铁的参考区间

**方法** 采用安捷伦电感耦合等离子体质谱仪(ICP-MS)对浙江全省 15527 例健康儿童进行微量元素铜、锌、钙、镁和铁检测。并将检测结果按性别、年龄进行统计分析,最后建立健康儿童 ICP-MS 法微量元素铜、锌、钙、镁和铁参考区间。

**结果** 健康儿童微量元素铜、锌、钙、镁和铁 ICP-MS 法检测结果水平均呈偏态分布。男女性别间钙、铜、铁水平比较差异有统计学意义( $P<0.05$ ),锌、镁元素间比较差异无统计学意义( $P>0.05$ )。各年龄组微量元素检测结果均存在明显差异( $P<0.05$ ),随着年龄的增长,锌、铁水平逐渐升高,钙、铜水平不断递减,镁水平变化不明显。

**结论** 制定浙江省 ICP-MS 儿童微量元素参考区间,为本地儿童微量元素结果提供实验依据。

## PU-1272

## 浙江 8 地区人群铅元素差异和三年中的变化

祝宇翀<sup>1</sup>,罗永军<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心,510000

2.椒江区前所街道社区卫生服务中心,浙江台州

**目的** 对浙江 8 地区人群各年龄段铅元素进行流提病学调查,以了解不同年龄段结果变化及各地区不同年限人群中铅元素变化。

**方法** 研究对象源于杭州金域在 2016.01-2018.12 检测的浙江 8 地区 158734 例铅检测血液样本。按年龄分成 10 组,分别为 0-12 月,13 月-10 岁,11-20 岁,21-30 岁,31-40 岁,41-50 岁,51-60 岁,61-70 岁,71-80 岁,81-90 岁和 91-100 岁组。每组检测结果进行统计分析。

**结果** 浙江省 8 个城市地区不同年龄段铅水平有明显差异( $P<0.05$ ),从 0-100 岁年龄中结果呈抛物线样呈现。在 0-20 岁平均结果为  $23.12\pm 2.31$ ,21-40 岁平均结果为  $17.25\pm 1.43$ ,21-60 岁平均结果为  $29.44\pm 2.75$ ,61-80 岁平均结果为  $37.65\pm 3.75$ ,81-100 岁平均结果为  $39.74\pm 2.66$ 。三年

中每个年段均结果均呈现逐渐降低趋势，2016、2017、2018 年分别平均为  $38.45\pm3.66$ 、 $32.45\pm3.12$ 、 $28.45\pm2.23$ ，每年间结果有统计学差异（ $P<0.05$ ）。

**结论** 各地区不同年龄段铅锌水平先从高到低，40 岁后再逐渐升高；三个年限中结果铅水平从高到低，可能与环境改善有关。

## PU-1273

### Mesenchymal stem cell sheets: a new cell-based strategy for bone repair and regeneration

Junquan Liu

Hangzhou Golden Domain Medical Laboratory Co., Ltd., Hangzhou 310053, China

**Objective** Mesenchymal stem cells (MSCs), a class of adult stem cells, are considered a promising source for bone regeneration.

**Methods** combining MSCs with biomaterial scaffolds offers an interesting clinical strategy for bone tissue engineering, the presence of the scaffolds could induce an undesirable effect on cell-cell interactions. Moreover, before the application of scaffold materials in bone tissue reconstruction, cells must be manipulated with proteolytic enzymes, such as trypsin or dispase that degrade extracellular matrix (ECM) molecules and cell surface proteins, which can result in the cell damage and loss of cellular activity.

**Results** Therefore, the development of alternative strategies for bone regeneration is required to solve these problems. Recently, a novel tissue engineering technology named 'cell sheet' has been efficaciously utilized in the regeneration of bone, corneal, cardiac, tracheal and periodontal ligament-like tissues. The cell sheet is a layer of cells, which contains intact ECM and cell surface proteins such as growth factor receptors, ion channels and cell-to-cell junction proteins. MSC sheets can be easily fabricated by layering the recovered cell sheets without any scaffolds or complicated manipulation.

**Conclusions** This review summarizes the current state of the literature regarding the use of MSCs to produce cell sheets and assesses their applicability in bone tissue regeneration and repair.

## PU-1274

### 阿托伐他汀对人 NK 细胞杀伤结肠癌细胞的影响及其机制研究

翁远珍<sup>1,2</sup>, 刘军权<sup>Liu<sup>2,1,3</sup></sup>, 姬会春<sup>3</sup>

1. 杭州市下城区中西医结合医院, 310000

2. 杭州金域医检验所有限公司

3. 中国人民解放军第七〇集军医院

**目的** 探讨阿托伐他汀对人 NK 细胞杀伤结肠癌细胞的影响及其机制。

**方法** 不同浓度的阿托伐他汀作用于三株结肠癌细胞（HCT-116、SW-480、Caco-2），CCK-8 法测定阿托伐他汀对结肠癌细胞生长抑制率的影响。SCGM 培养基体外扩增人 NK 细胞，自动生化分析仪测定 NK 细胞对三株结肠癌细胞的杀伤活性；流式细胞仪检测结肠癌细胞 MICA/B 的表达率。

**结果** NK 细胞培养前 CD3<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>为 4.5%，培养 10 天时 NK 细胞的比例增至 93.1%。阿托伐他汀对三株结肠癌细胞生长抑制率的影响：阿托伐他汀的浓度与 HCT-116 细胞的生长抑制率呈正相关（ $r_{[48h]}=0.13$ ， $r_{[96h]}=0.22$ ， $P<0.05$ ）。（3）一个浓度阿托伐他汀对肿瘤有抑制，对 NK 细胞生长无明显影响。（4）阿托伐他汀对 NK 细胞杀伤结肠癌细胞活性有影响：（5）阿托伐他汀对结肠癌细胞 MICA/B 表达均较对照组显著升高（ $P<0.05$ ）

**结论** (1) 阿托伐他汀能够呈剂量依赖性抑制结肠癌细胞 HCT-116、SW-480 及 Caco-2 的生长;  
(2) 阿托伐他汀能够增强 NK 细胞对结肠癌细胞的杀伤活性, 可能与阿托伐他汀上调结肠癌细胞 MICA/B 的表达有关; (3) 阿托伐他汀可以上调三株结肠癌细胞 MICA/B 的表达率, 提高结肠癌细胞的免疫原性。

## PU-1275

### 白藜芦醇对 $\gamma\delta$ T 细胞杀伤结肠癌 SW-1116 细胞的影响及机制研究

刘军权, 姜玉婷  
杭州金域医检验所有限公司

**目的** 观察白藜芦醇作用前后  $\gamma\delta$ T 细胞对结肠癌 SW-1116 细胞杀伤活性的变化, 并探讨其发生的机制。

**方法** 异戊烯焦磷酸法体外扩增人外周血  $\gamma\delta$ T 细胞, 不同浓度的白藜芦醇作用于  $\gamma\delta$ T 细胞和结肠癌 SW-1116 细胞, 四甲基偶氮唑蓝 (MTT) 法检测白藜芦醇对  $\gamma\delta$ T 细胞及结肠癌细胞的生长的影响; 流式细胞术 (FCM) 检测白藜芦醇作用前后  $\gamma\delta$ T 细胞穿孔素、颗粒酶 B、CD107a 的表达; 乳酸脱氢酶 (LDH) 释放法检测白藜芦醇对  $\gamma\delta$ T 细胞杀伤结肠癌 SW-1116 细胞活性的影响。Western-blot 检测药物作用前后  $\gamma\delta$ T 细胞细胞外信号调节激酶 (ERK1/2) 蛋白的活性的变化。

**结果** 白藜芦醇在 0.1~12.5  $\mu\text{mol/L}$  时对  $\gamma\delta$ T 细胞的生长具有促进作用, 对结肠癌 SW-1116 细胞作用不明显; 经白藜芦醇诱导后  $\gamma\delta$ T 细胞的穿孔素、颗粒酶 B、CD107a 的表达显著高于对照组 ( $P<0.05$ ); 对结肠癌 SW-1116 细胞的杀伤活性也显著高于未诱导组 ( $P<0.05$ ); 经浓度为 0.1~10  $\mu\text{mol/L}$  白藜芦醇作用的  $\gamma\delta$ T 细胞的 p-ERK1/2 表达较对照组增加 ( $P<0.05$ )。

**结论** 白藜芦醇能够促进  $\gamma\delta$ T 细胞的增殖, 并增强其对结肠癌 SW-1116 细胞的杀伤能力, 其机制可能与上调  $\gamma\delta$ T 细胞表面的穿孔素、颗粒酶 B、CD107a 的表达及活化细胞外信号调节激酶等有关。

## PU-1276

### 根皮素对人 $\gamma\delta$ T 细胞杀伤结肠癌 SW-1116 细胞的影响

刘军权, 刘刚  
杭州金域医检验所有限公司

**目的** 探讨根皮素对人  $\gamma\delta$ T 细胞杀伤结肠癌 sw-1116 细胞的影响及其机制。

**方法** 戊烯焦磷酸 (IPP) 法扩增人外周血  $\gamma\delta$ T 细胞, 用不同浓度的根皮素作用于  $\gamma\delta$ T 细胞及结肠癌 SW-1116 细胞 48 小时后, MTT 法测  $\gamma\delta$ T 细胞及 SW-1116 细胞的生长曲线, 流式细胞仪检测根皮素作用后的  $\gamma\delta$ T 细胞穿孔素、颗粒酶 B 及 CD107a 的表达; LDH 释放法检测根皮素作用后的  $\gamma\delta$ T 细胞对结肠癌 sw-1116 的杀伤活性, western blot 检测根皮素作用后的  $\gamma\delta$ T 细胞中 Wnt3a 的表达情况。

**结果** IPP 作用于  $\gamma\delta$ T 细胞 10 天后,  $\gamma\delta$ T 细胞的比例由 3.6% 增加到 79.6%。不同浓度根皮素处理  $\gamma\delta$ T 细胞 48 小时后, 能够促进  $\gamma\delta$ T 细胞增殖, 抑制 SW-1116 细胞的生长, 且  $\gamma\delta$ T 细胞穿孔素、颗粒酶 B 及 CD107a 的表达明显增高呈剂量依赖性, 其对结肠癌 SW-1116 细胞的杀伤活性增加, 根皮素处理后的  $\gamma\delta$ T 细胞中 Wnt3a 表达增加。

**结论** 根皮素能够促进  $\gamma\delta$ T 细胞的增殖, 抑制肿瘤细胞的生长, 可以提高  $\gamma\delta$ T 细胞穿孔素、颗粒酶 B 及 CD107a 等的表达, 进而增加其对结肠癌 SW-1116 细胞的杀伤活性, 这种杀伤活性的提高可能与  $\gamma\delta$ T 细胞中 Wnt 信号通路的活化有关。

## PU-1277

## 汉黄芩素提高人 CD3AK 细胞杀伤肝癌细胞的实验研究和机理探讨

刘军权<sup>1</sup>, 李晓楠<sup>1,2</sup>

1. 杭州金域医检验所有限公司

2. 徐州医学院附属医院西院, 中煤五公司职工医院

**目的** 观察汉黄芩素对人 CD3AK 细胞增殖及对肝癌细胞 SMMC-7721 杀伤活性的影响, 并探讨其发生的机制。

**方法** 分离健康者外周血单个核细胞(PBMC); 在体外用多种细胞因子联合诱导培养 CD3AK 细胞。收集培养第 7 天的 CD3AK 细胞给予不同浓度汉黄芩素诱导 48 小时: CCK-8 法检测人 CD3AK 细胞增殖率; MTT 法检测汉黄芩素对 SMMC-7721 细胞生长的影响; 流式细胞术 (FCM) 检测汉黄芩素作用前后 CD3AK 细胞穿孔素 (PFP)、颗粒酶 B(GrB)、CD107a 的表达; 乳酸脱氢酶 (LDH) 释放法测定汉黄芩素对 CD3AK 细胞杀伤肝癌细胞 SMMC-7721 活性; Western blot 检测药物诱导前后 CD3AK 细胞胞外信号调节激酶 (ERK1/2) 蛋白表达。用 transwell chambers 小室进行药物诱导前后肝癌细胞 SMMC-7721 迁移率检测。划痕愈合实验观察药物诱导后肝癌细胞 SMMC-7721 生长融合情况。

**结果** 汉黄芩素能明显促进 CD3AK 细胞增殖, 汉黄芩素浓度为 3.2mg/L 时, 细胞增殖率比对照组 (0 mg/L) 高 23%, 两者比较有统计学差异 ( $P < 0.05$ )。在汉黄芩素为 3.2mg/L 时诱导的 CD3AK 细胞对靶细胞 SMMC-7721 杀伤活性最高 (60.4%), 与对照组 (42.7%) 比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。经汉黄芩素诱导后的 CD3AK 细胞 PFP、GrB、CD107a 表达显著高于对照组 ( $P < 0.05$ )。汉黄芩素作用 48h 后的 CD3AK 细胞其 ERK1/2 蛋白表达较对照组均有所上调, 浓度在 12.5-0.8mg/L 时, ERK1/2 蛋白表达高于对照组 ( $P < 0.05$ )。经浓度为 50、12.5、3.2、0.8、0.2mg/L 汉黄芩诱导 48h 后, 肝癌细胞 SMMC-7721 通过 transwell 小孔细胞数以汉黄芩浓度为 12.5 mg/L 时最低、肝癌细胞 SMMC-7721 的融合率以 3.2mg/L 时最低, 与对照组比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 汉黄芩素在一定浓度范围内能够促进 CD3AK 细胞增殖, 增强其对肝癌细胞 SMMC-7721 的杀伤活性, 抑制 SMMC-7721 细胞生长、迁移和细胞的融合。汉黄芩素促进 CD3AK 细胞增殖和功能改变可能与活化细胞 ERK1/2 蛋白, 上调 CD3AK 细胞表面 PFP、GrB、CD107a 的表达有关。

## PU-1278

## 急性创伤性骨折患者血糖和糖化血清蛋白检测价值

杨建兰<sup>1,2</sup>, 李晓楠<sup>3</sup>, 刘军权<sup>2,1</sup>

1. 杭州市下城区中西医结合医院, 310000

2. 杭州金域医检验所有限公司

3. 徐州医学院附属医院西院, 中煤五公司职工医院

**目的** 通过检测急性创伤性骨折后血糖(Glu)和糖化血清蛋白(GSP)变化, 了解创伤后患者血糖升高是糖尿病性还是创伤后机体的应激反应所致。

**方法** 将急性创伤性骨折患者分为 4 组。然后于入院时和治愈出院时分别采集患者外周血, 应用葡萄糖氧化酶法和果糖胺法在全自动生化分析仪检测 Glu 和 GSP 水平。

**结果** 急性创伤性骨折入院时各组 Glu 显著升高, 以创伤性骨折未知糖尿病组最明显, 达 11.24mmol/L, 与创伤性骨折已知糖尿病组、创伤性骨折组和对照组 (分别为 8.62、8.22 和 5.13 mmol/L) 比较有显著性差异; 创伤性骨折未知糖尿病组的 GSP 结果显著高于其他组, 与各组之间的差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。急性创伤性骨折治疗后各组 Glu 均恢复正常, 但创伤性骨折未

知糖尿病组 GSP 仍然高于其他组。无糖尿病急性创伤性骨折患者入院时和痊愈出院时 Glu 结果比较差异有显著统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** Glu 检测可以作为急性创伤性骨折患者监测病情, 评估预后的一种方法。GSP 检测结果可以作为鉴别急性创伤性骨折患者 Glu 属于应激性反应还是糖尿病性升高的重要依据。

## PU-1279

### 三叶青提取物 TH-b 对人 DC 影响

刘军权<sup>1,2</sup>, 孙香香<sup>2</sup>

1. 杭州金域医检验所有限公司

2. 第七十一集团军医院检验科, 江苏 徐州

**目的** 探讨三叶青提取物 TH-b 部分对树突状细胞 (DC) 功能影响。

**方法** 分离健康人外周血中单个核细胞, 用 GM-CSF、IL-4、 $\gamma$ -IFN 和 LPS 诱导培养 DC。用念珠菌孢子法检测经 TH-b 作用后的 DC 吞噬能力; 将经三叶青提取物 TH-b 部分作用后的 DC 与同种外周血淋巴细胞进行混合培养, 以检测淋巴细胞增殖率; 采用流式细胞术检测 TH-b 作用后 DC 的 CD80、CD83、CD86、HLA-DR 表面标记; 用酶免疫法检测 TH-b 作用后的 DC 培养上清液中的 IL-12 含量。

**结果** 三叶青提取物 TH-b 部分对 DC 吞噬能力有作用明显, TH-b 浓度为 0.62 $\mu$ g/ml 时吞噬能力最强。各种 TH-b 浓度作用后的 DC 其细胞表面 CD80、CD83、CD86 和 HLA-DR 表达均明显升高, 以 0.62 $\mu$ g/ml 最明显, 分别为 88.56% $\pm$ 8.16%、86.75% $\pm$ 7.59%、99.34% $\pm$ 8.24%、96.15% $\pm$ 8.27%, 显著高于对照组 (0  $\mu$ g/ml) 的 71.38% $\pm$ 7.31%、43.61% $\pm$ 4.29%、93.41% $\pm$ 8.34%、79.26% $\pm$ 5.12%, 两者比较有统计学差异 ( $p<0.05$ )。TH-b 作用后的 DC 与淋巴细胞在 1:1、1:10、1:100 的比例下, 对同种外周血淋巴细胞具有强烈的激发和促增殖作用, 以 1:1 最明显。TH-b 作用 DC 48h 后, DC 分泌的 IL-12 均明显升高, 在 0.62 $\mu$ g/ml 时 IL-12 分泌达最高值 (526.3 pg/ml), 显著高于对照组 (260.1 pg/ml) ( $p<0.05$ ), 并有浓度窗现象。

**结论** 低浓度三叶青提取物能够显著促进人 DC 吞噬功能, 促进 DC 表面 CD80 和 CD86 的表达, 提高 DC 成熟标记和 IL-12 分泌能力。

## PU-1280

### 三叶青提取物 Th-t 对人 $\gamma\delta$ T 细胞功能影响研究

刘军权<sup>1,2</sup>, 许青<sup>2</sup>

1. 杭州金域医检验所有限公司

2. 第七十一集团军医院检验科

**目的** 观察三叶青提取物 Th-t 部分对人  $\gamma\delta$ T 细胞功能影响。

**方法** 取健康献血者外周抗凝血, 分离单个核细胞, 用含 200 U/ml rhIL-2 和 2 $\mu$ g/ml IPP 的  $\gamma\delta$ T 培养基调整细胞密度为 3.5 $\times 10^5$ /mL, 接种于 6 孔细胞培养板中。用 MTT 法测定细胞增殖倍数。用流式细胞仪对  $\gamma\delta$ T 细胞进行表型分析并检测其细胞内的颗粒酶 B、穿孔素和 CD107a 含量。用乳酸脱氢酶释放法 (LDH) 检测细胞杀伤活性。

**结果** 培养前外周血中  $\gamma\delta$ T 细胞为 4.5%。培养后  $\gamma\delta$ T 细胞高达 93.1%。各提取阶段三叶青提取物对  $\gamma\delta$ T 细胞生长影响有较大差异, 在药物浓度相同条件下, 以总提取物 (Th-t 时促  $\gamma\delta$ T 细胞生长活性最强, 与对照组比较均有统计学差异 ( $p<0.05$ )。各三叶青提取物对  $\gamma\delta$ T 细胞生长均有时时间依赖性, 药物诱导时间越长, 促进细胞增殖越明显。与 0 $\mu$ g/ml 对照组相比, 5 $\mu$ g/ml、10 $\mu$ g/ml、20 $\mu$ g/ml、40 $\mu$ g/ml、80 $\mu$ g/ml 的三叶青提取物其穿孔素和颗粒酶 B 阳性表达均明显升高, 以 40 $\mu$ g/ml 三叶青提取物组的穿孔素和颗粒酶 B 阳性表达率达最高, 分别为 71.70% $\pm$ 2.31% 和

82.16%±1.29%。浓度为 2.44~0.01μg/ml 三叶青总提取物 (TH-t) 作用 72h 后的 γδT 细胞, 对胃癌 SGC-7901、肝癌 HepG2 和乳腺癌 MCF-7 细胞的杀伤活性显著高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 低浓度三叶青提取物 TH-t 部分能够显著促进人 γδT 细胞增殖和提高杀伤活。

## PU-1281

### 可溶性 ST2:一种用于稳定血透患者中筛查心血管疾病的新型生物标志物

张春燕,潘柏申,王蓓丽,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 肿瘤形成抑制素 2 (ST2)已经成为心血管病患者临床有用的预后标志物。由于心血管疾病是血液透析患者预期寿命降低的最常见原因, 本研究的目的是评估 sST2 在血液透析患者中的预后价值, 并探讨其预测心血管事件的潜在价值。

**方法** 检测 471 例稳定性血液透析治疗患者的 ST2 血清浓度, 并随访 2 年。研究 ST2 水平与包括全因死亡率和心血管死亡率的复合终点之间的关系。

**结果** 在 2 年随访期间, 有 26 例患者 (5.52%) 死亡。最常见的死亡原因是心血管疾病 (18 例, 78.26%)。存活患者血清 ST2 水平的中位数 (25<sup>th</sup>-75<sup>th</sup> 百分位数) 为 31.81 (17.70-38.83) pg/ml, 明显低于死亡患者 ( $P=0.012$ )。采用单变量 Cox 回归分析显示, sST2 的全因死亡风险比 (RR) 为 7.79 (95%CI 1.6-37.8;  $P=0.011$ ), 心血管死亡的 RR 为 5.199 (95%CI 0.868-31.129;  $P=0.072$ )。采用调整所有临床变量和生物标志物的多变量模型分析显示, sST2 仍具有显著的预测价值, 全因死亡的 RR 为 3.007 (95%CI 1.454-12.909;  $P=0.004$ ), 心血管死亡的 RR 为 3.616 (95% CI 2.184-10.178;  $P=0.022$ )。

**结论** 血液透析治疗患者血浆 sST2 浓度增加是长期全因死亡和心血管死亡的独立预测因子。

## PU-1282

### 不成熟血小板(IPF)在血小板减少性疾病中的应用价值

刘玲玲  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 通过对静脉血中不成熟血小板(IPF)的检测, 研究不同疾病患者中不成熟血小板的变化规律, 探讨不成熟血小板在原发性免疫性血小板减少性紫癜 (ITP) 患者治疗期间的监测价值。

**方法** 留取 2018.7~2018.10 间我院血液病科诊断为血液病和恶性肿瘤伴有血小板减少的住院患者标本 124 例, 按照疾病种类分为 ITP 组、AA 组、白血病化疗组、恶性肿瘤组, 按骨髓增生程度分为骨髓增生活跃组 (ITP) 和骨髓增生低下组 (AA、白血病化疗、恶性肿瘤), 同时留取健康人标本 80 例作为正常对照组, 应用 SYSMEX XN 10B 全自动血细胞分析仪检测不同组别患者静脉血中不成熟血小板, 通过统计分析, 比较不成熟血小板的变化。

**结果** 124 例血液病和恶性肿瘤伴有血小板减少的住院患者中, ITP 患者的不成熟血小板 17.83% (5.30~36.70%) 高于正常对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 不同疾病组中, AA 组、白血病化疗组、恶性肿瘤组的不成熟血小板分别为 3.35% (1.10%~6.90%)、2.38% (0.60%~5.20%) 和 1.72% (0.50%~3.90%), 与正常对照组相比, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 对  $PLT<50\times10^9/L$  ITP 患者的治疗监测表明, IPF 在第 5 天开始显著降低, PLT 在第 6 天开始明显升高。

**结论** ITP 组不成熟血小板高于生物参考区间的高值, AA 组、白血病化疗组、恶性肿瘤组中不成熟血小板与正常对照组无明显差异; 对 ITP 患者的治疗有效的反应为不成熟血小板的减少明显早于 PLT 的增高。

#### PU-1283

### 血细胞分析仪 HPC 计数与流式细胞术 CD34 干细胞计数检测结果间的比较

吴蕙,王蓓丽,潘柏申,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 比较 Sysmex XN 血细胞分析仪造血干细胞 (HPC) 计数与流式细胞术 CD34 干细胞计数检测结果的相关性。

**方法** 使用 Sysmex XN 全自动血细胞分析仪和 BD canto II 流式分析仪分别对 200 例外周血标本、25 例骨髓动员后外周血造血干细胞的采集物标本进行 HPC 计数和 CD34 干细胞计数, 比较检测结果间的相关性。

**结果** 外周血、采集物标本中 HPC 计数和 CD34 干细胞计数皆有良好的相关性 ( $r=0.95$ ;  $r=0.94$ )。

**结论** HPC 计数和 CD34 干细胞计数检测结果一致性良好, Sysmex XN 血细胞分析仪操作简便快速, 可用于满足临床骨髓动员效果评估的需求。

#### PU-1284

### 电感耦合等离子体质谱法检测血清钙离子候选参考方法的建立

范霄宇,居漪,李卿  
上海市临床检验中心

**目的** 建立一种基于电感耦合等离子体质谱法 (ICP-MS) 检测血清中钙离子的候选参考方法。

**方法** 将血清样本以 0.3%硝酸溶液直接稀释 100 倍, 在血清样本基质溶液中分别添加不同浓度的钙标准溶液, 配制带有血清基质的标准品溶液, 以锗 (Ge) 为内标, 应用标准加入法原理计算血清中钙浓度。对建立的方法进行了性能验证。

**结果** 钙离子浓度在 0-20.4 mmol/L 范围内 (稀释后为 0-0.204mmol/L) 标准曲线的线性良好 ( $>0.9999$ ); 批内不精密度为 0.22-1.28%, 批间不精密度为 0.64-0.77%, 总不精密度为 0.92-1.09%; 测定 SRM 956d 三个浓度均在证书的不确定度范围内, 相对位移分别为 -0.16%, 0.04%, 0.23%; 参加并通过 2017 年 RELA 比对; 与检验医学溯源联合委员会 (JCTLM) 列表中参考方法测量同一样本的结果一致性良好; 临床常规方法 (电极法, 罗氏 cobas c 702) 与本法相关性良好。

**结论** 本研究建立的 ICP-MS 检测血清中钙离子的方法精密度好、准确度高、操作安全简便, 有望成为血清钙离子测定的候选参考方法。



## PU-1285

## LP(a)等生化项目和 PCI 治疗患者冠脉狭窄程度相关性研究

朱晶<sup>1</sup>,王蓓丽<sup>1</sup>,李辉军<sup>2</sup>,伍严安<sup>3</sup>,戴婉如<sup>3</sup>,李懿峰<sup>1</sup>,郭玮<sup>1</sup>,潘柏申<sup>1</sup>

1.复旦大学附属中山医院,200000

2.华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

3.福建省立医院,350000

**目的** 探索血清临床生化指标和经皮冠状动脉介入治疗(percutaneous coronary intervention, PCI)患者冠脉狭窄程度的相关性。

**方法** 收集上海、武汉和福建三家医院的诊断为冠心病(coronary atherosclerotic heart disease, CHD)并接受 PCI 术进行治疗和诊断的患者共计 574 名,对其血清生化指标进行检测并计算 Gensini 积分,分析各检测指标和冠脉狭窄程度(用 Gensini 积分表示)的相关性。

**结果** 在冠心病患者中,脂蛋白 a[lipoprotein a, Lp(a)]、空腹血糖(glucose, GLU)和天门冬氨酸氨基转移酶(aspartate aminotransferase, AST)和患者的冠脉狭窄程度具有统计学的相关,是冠脉狭窄的主要风险因素。

**结论** 冠心病患者的血清 Lp(a)和 GLU 与 CHD 患者冠脉狭窄程度显著相关,对患者冠脉狭窄程度的判断具有重要意义;而 AST 和冠脉狭窄程度虽然具有统计学的意义,但仍需更多研究证实。

## PU-1286

## 肝肿瘤细胞干性与糖代谢特点的相关性研究

虞倩,李懿峰,戴谦,王蓓丽,潘柏申,郭玮

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 肝细胞肝癌(hepatocellular carcinoma, HCC)是致死率第三的恶性肿瘤,肿瘤干细胞(cancer stem cell, CSC)则被认为是肿瘤复发的种子,而温伯格效应指肿瘤细胞有氧糖酵解的代谢特点,本文旨在探究肝肿瘤细胞干性与细胞糖代谢特点的相关性。

**方法** 利用流式细胞术分选肝肿瘤细胞系 Huh-7、MHCC97H 中干性标志物高表达的肿瘤细胞进行无血清悬浮培养,观察其形态变化并对其干性标志物、糖代谢酶的表达进行检测,并对这两种细胞的葡萄糖摄取能力、乳酸生成能力进行了对比。

**结果** 肿瘤干细胞在无血清悬浮培养的体系中成球,相比非干性的肿瘤细胞,成球细胞的糖酵解关键酶和干性标志物的表达有明显的升高( $P<0.05$ ),对葡萄糖的摄取能力及乳酸的生成能力也有明显的增强( $P<0.05$ ),肿瘤细胞的干性与其糖酵解的活跃程度存在关联。

**结论** 无血清悬浮培养技术能用于富集肿瘤干细胞;相比非干性肿瘤细胞,肿瘤干细胞的糖酵解转化程度更高,肿瘤细胞的干性和肿瘤细胞的糖酵解存在关联。

## PU-1287

## B7-H3 在习惯性流产患者外周血中的表达探讨

冯萍

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 通过检测习惯性流产患者外周血单核细胞 B7-H3 的表达,分析 B7-H3 在习惯性流产中的作用,为习惯性流产患者的临床治疗提供理论依据。

**方法** 采用流式细胞仪检测习惯性流产患者外周血单核细胞 B7-H3, 采用酶联免疫吸附实验检测习惯性流产患者血清可溶性 B7-H3 (sB7-H3), 采用 CBA 方法检测习惯性流产患者血清 Th1/Th2 细胞因子, 包括 Th1 型 (IL-2、IFN- $\gamma$  和 TNF- $\alpha$ )、Th2 型 (IL-4、IL-6 和 IL-10)。

**结果** (1) 习惯性流产患者外周血 CD14+单核细胞比例分别低于正常组、妊娠组和流产且妊娠组, 均有显著差异 ( $P<0.05$ ); 习惯性流产患者外周血 CD14+单核细胞 B7-H3 的表达水平分别明显高于正常组、妊娠组和流产且妊娠组, 均有显著差异 ( $P<0.05$ )。妊娠女性孕周 3 个月、6 个月、9 个月分别按孕周、年龄分组, B7-H3 的表达水平没有显著差异。习惯性流产组血清 sB7-H3 水平和妊娠组均高于正常组和流产且妊娠组, 均有显著差异 ( $P<0.05$ )。

(2) 流产且妊娠组血清细胞因子 IL-2 分别高于正常组、妊娠组、习惯性流产组, 均有显著差异 ( $P<0.05$ ); 习惯性流产组、流产且妊娠组和妊娠组血清细胞因子 IL-4 均分别低于正常组, 有显著差异 ( $P<0.05$ ); 流产且妊娠组血清细胞因子 IL-6 分别高于正常组、妊娠组、习惯性流产组, 均有显著差异 ( $P<0.05$ ); 流产且妊娠组血清细胞因子 IL-10 分别高于正常组、妊娠组、习惯性流产组, 均有显著差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 习惯性流产患者外周血单核细胞 B7-H3 高表达且存在 Th1/Th2 失衡现象, 同时 B7-H3 与 IL-4 呈正相关, B7-H3 可能参与了习惯性流产的发病机制。

## PU-1288

### 酶法检测血清 1, 5-无水山梨醇的性能验证和临床应用评价

周密, 沈若坚, 吴卫云, 颜红梅, 郭玮, 潘柏申, 王蓓丽  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 对酶法检测 1, 5 无水山梨醇 (1,5-anhydrosorbitol, 1,5-AG) 的分析性能进行评价, 并探讨其与糖尿病 (diabetes mellitus, DM) 合并心肌梗死 (acute myocardial infarction, AMI) 的相关性。

**方法** 选取 DM 患者 148 例、AMI 患者 134 例, DM 合并 AMI 患者 78 例。表观健康者 120 名。对酶法检测 1, 5-AG 的性能 (正确度、精密度、检测下限、线性范围、参考区间) 进行验证。同时检测 204 例患者的 1, 5-AG、天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶 (GGT)、碱性磷酸酶 (ALP)、尿素氮 (BUN)、肌酐 (Cr)、尿酸 (UA)、总胆固醇 (TC)、甘油三酯 (TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、血糖 (Glu)、糖化白蛋白 (GA)、糖化血红蛋白 (HbA<sub>1c</sub>) 及  $\beta$ -羟丁酸 ( $\beta$ -HB)。采用 Pearson 相关分析评价 1, 5-AG 与 Glu、GA、HbA<sub>1c</sub> 的相关性。

**结果** 酶法检测 1, 5-AG 定值校准品的相对偏移为 4.05%, 低于厂商声明的偏移 ( $<10.0\%$ )。批内 CV 为 0.60%~3.43%、批间 CV 为 1.02%~3.14%, 均符合厂商声明的要求 ( $<5\%$ )。重复检测 20 次 1, 5-AG 水平接近厂家声明的检测限 (0.25  $\mu\text{mol/L}$ ) 的样本 (0.28  $\mu\text{mol/L}$ ), 20 次均检出。线性范围为 24.5~147.5  $\mu\text{mol/L}$ 。120 名表观健康者的血清 1, 5-AG 检测结果有 115 名落在厂商声明的参考区间 ( $>85.29 \mu\text{mol/L}$ ) 内, 参考区间验证通过。1, 5-AG 与 Glu、GA、HbA<sub>1c</sub> 均呈负相关 ( $r$  值分别为 -0.342、-0.591、-0.685,  $P<0.001$ )。DM 组 1, 5-AG、ALT、AST、Glu、GA、HbA<sub>1c</sub>、 $\beta$ -HB 及 HDL-C 水平与非 DM 组比较差异有统计学意义 ( $P<0.01$ 、 $P<0.001$ )。DM 合并 AMI 组 1, 5-AG、GA、HbA<sub>1c</sub>、AST、ALT 与 DM 无 AMI 组比较差异有统计学意义 ( $P<0.01$ 、 $P<0.001$ )。

**结论** 1, 5-AG 对 DM 的诊断具有较大价值, 或可作为 DM 的诊断指标及患者血糖短期波动的监测指标。

## PU-1289

## 血小板检测参数作为血流感染的诊断标志物

王亚洲,詹峰,刘慧玲  
常州市肿瘤医院

**目的** 研究血小板检测参数在血流感染中的诊断价值

**方法** 回顾分析比较 2014 年 7 月至 2017 年 1 月血培养阳性患者与健康对照组间的血小板计数 (PLT)、平均血小板体积 (MPV)、平均血小板成分浓度 (MPC)、血小板淋巴细胞比值 (PLR) 及血小板平均体积血小板比值 (MPV/PLT) 的差异, 同时比较血培养阳性中革兰阳性菌 (G<sup>+</sup>) 和革兰阴性菌 (G<sup>-</sup>) 感染组的上述数据

**结果** 血流感染组 MPC $24.3\pm 2\text{mg/dl}$ 、MPV $9.6(8.6, 10.6)$  fl、PLT $183\pm 107\times 10^9/\text{L}$ 、PLR $218(147, 395)$ 、MPV/PLT $5.7(3.8, 9.2)$ ; 对照组 MPC $28.6\pm 1.5\text{mg/dl}$ 、MPV $8.05(7.6, 8.8)$  fl、PLT $212\pm 58\times 10^9/\text{L}$ 、PLR $114(91, 147)$ 、MPV/PLT $3.9(3.2, 5.0)$ , 血流感染组的 MPC ( $P<0.001$ )、PLT ( $P=0.028$ ) 显著低于对照组, MPV ( $P<0.001$ )、PLR ( $P<0.001$ )、MPV/PLT ( $P<0.001$ ) 显著高于对照组。ROC 曲线下面积分析各指标, MPC0.954 最高, MPV0.806 次之, PLR0.78 和 MPV/PLT0.70 较低、PLT0.634 最低。G<sup>-</sup>菌感染组的 PLR ( $P=0.04$ ) 低于 G<sup>+</sup>菌感染组

**结论** MPC、MPV 及 PLR 可作为诊断血流感染的生物标志物

## PU-1290

## 炎症相关细胞因子与 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤的相关性研究

陈朴,马艳婷,陈楠,于正麟,程韵枫,潘柏申,郭玮,王蓓丽  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 探讨经典型骨髓增殖性肿瘤 (myeloproliferative neoplasms, MPN) 患者血清中炎症相关细胞因子及部分急性时相反应蛋白水平及其临床意义。

**方法** 105 例 Ph (-) MPN 患者为 MPN 组, 20 例体检健康者为对照组, 2 组采用化学发光法及免疫透射比浊法检测造血及炎症相关细胞因子: 促红细胞生成素 (erythropoietin, EPO)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (tumor necrosis factor- $\alpha$ , TNF- $\alpha$ )、白介素 (Interleukin, IL) -1 $\beta$ 、IL-2 受体 (IL-2R)、IL-6、IL-8、IL-10 及两种急性时相反应蛋白: 高敏 C 反应蛋白 (hypersensitive C-reactive protein, hs-CRP) 和铁蛋白, 分析 Ph (-) MPN 发病及疾病转化过程中细胞因子及 hs-CRP、铁蛋白的变化规律。

**结果** MPN 患者血清 TNF- $\alpha$ 、IL-2R、IL-6、IL-8、hs-CRP 和铁蛋白水平均显著高于对照组 ( $P<0.001$ ), IL-10 水平则显著低于对照组 ( $P<0.001$ )。PMF 组 IL-2R 水平显著高于 PV 组和 ET 组 ( $P<0.01$ ), PV 组 EPO 水平低于其余各组 ( $P<0.05$ ); 网状纤维增生程度为 III 级的 MPN 患者 IL-2R 水平高于 II 级组 ( $P<0.05$ ), TNF- $\alpha$  水平高于未增生组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 炎症相关细胞因子及 hs-CRP、铁蛋白在 MPN 患者中表达异常, 且在三种疾病亚型中的表达水平也存在差异。相比既往的骨髓细胞学及病理活检等随访手段, 细胞因子检测具有无创、便捷及经济的优点, 有望成为 MPN 诊断分型及疾病进展随访的有效辅助指标, 甚至在可能成为潜在的治疗及疗效监测的靶点。

## PU-1291

## 二代测序和核酸质谱检测 mCRC 患者血浆 ctDNA 常见突变的性能比对

黄斐,陈馨宁,王蓓丽,郭玮,潘柏申

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 二代测序和核酸质谱检测 mCRC 患者血浆 ctDNA 常见突变的性能比对。

**方法** 入组 30 例 mCRC 患者, 利用二代测序和核酸质谱技术检测患者血浆中 ctDNA 中 KRAS/NRAS/BRAF/PIK3CA 基因的热点突变。同时, 结合病史、组织活检结果和数字 PCR 结果进行比对, 评估本实验中 NGS 和 MALDI-TOF 检测的结果与数字 PCR 结果符合率以及它们各自的阳性预测值和阴性预测值。

**结果** MALDI-TOF 的符合率为 76.67%, 阳性预测值为 86.67%, 阴性预测值为 66.67%。NGS 的符合率为 86.67%, 阳性预测值为 83.33%, 阴性预测值为 91.67%。两个平台均可作为应用于检测 ctDNA 中的常见突变, 但 NGS 的阴性预测值要优于 MALDI-TOF。除此之外, 本研究发现患者突变位点的突变丰度与患者的原发灶是否手术切除以及患者是否接受过治疗(包括化疗、放疗、靶向治疗)有关。

**结论** 两种检测平台均可用于 mCRC 患者血浆 ctDNA 检测。

## PU-1292

## miR-107 as the novel biomarker for metformin treated gastric cancer

yong yi chen

zhe jiang cancer hospital

**Objective** The aim of this study was to explore the effect of metformin regulated miR-107 transfection on gastric cancer cell growth.

**Methods** RT-PCR indicated that level of miR-107 of metformin treated SGC-7901 cells was up-regulated compared with SGC-7901 cells. Furthermore, putative targets of miR-107 in GC were selected for further bioinformatics prediction, miR-107 inhibited GC cell propagation and induced apoptosis through targeting AMPK. The OS rate for gastric cancer patients was analyzed based on the low and high expression of the miR-107 and AMPK genes.

**Results** In this study, we revealed that metformin is a novel positive regulator of miR-107, that regulated metformin target gene such as : AMP-activated protein kinase (AMPK). We identified differentially expressed miRNA between tumor tissues and metformin treated tumor tissues from The Cancer Genome Atlas database. The level of miR-107 highly expressed in gastric cancer compared with other kinds of cancer. Notably, SGC-7901 cell treated by metformin lead to miR-107 levels highly express. Furthermore, miR-107 overexpression inhibits SGC-7901 cell proliferation. Our results highlight the role of metformin in regulated miR-107 expression in gastric cancer cell.

**Conclusions** Our study reveals miR-107 promoted phosphorylation of AMPK and inhibition of gastric cancer cells proliferation by metformin treated.

## PU-1293

## Proapoptotic effects of the novel proteasome inhibitor b-AP15 on multiple myeloma cells and natural killer cells

Xiaoli Feng

Clinical laboratory center of the second hospital of Shandong university

**Objective** The small molecule b-AP15 is a novel inhibitor of proteasome deubiquitination, the aim of this paper is to study the Proapoptotic effects of the novel proteasome inhibitor b-AP15 on multiple myeloma cells and natural killer cells

**Methods** Isolation of NK cells, Flow cytometry, Cell proliferation assay and IC50 calculation, Western blot

**Results** In this study, we show that b-AP15 triggers time- and dose-dependent apoptosis of the human

multiple myeloma (MM) cell lines RPMI8226 and U266, as determined by phosphatidylserine exposure. Apoptosis was dependent on caspase activation and was partially dependent on cathepsin D. Furthermore, b-AP15 triggered processing of pro-caspase-3 and cleavage of poly (ADP-ribose) polymerase in MM cells. b-AP15 also induced caspase-independent apoptosis in primary human natural killer cells. We also demonstrate that b-AP15 induces activation of the mitochondrial apoptosis pathway in MM cells, with activation of the proapoptotic protein Bax and a pronounced loss of the mitochondrial transmembrane potential. The latter events, however, appeared largely independent of caspase activation

**Conclusions** Our data suggest that proteasome deubiquitinase inhibitors may have potential for treatment of multiple myeloma patients.

## PU-1294

## 浅谈如何做好检验血液标本的采集工作

刘婵婵

山东大学第二医院,250000

**目的** 在临床检验血液标本工作过程中有三个阶段：分析前（申请单、患者准备、采血标本、标本存放和运送等）、分析中（标本测定、结果计算等）和分析后（检验结果的发出至临床应用）。为保证检验结果的准确性，分析前质量管理至今未引起足够重视，有研究表明，实验前误差频率占总误差的 46.0%~68.2%，为保证减少误差，血液标本采集的方法显得尤为重要。血液标本的采集是检验人员常规的操作之一，正确掌握血液标本采集，是为临床提供准确可靠的诊断依据的根本，在工作中应掌握标本类型、采集部位及影响标本质量的因素。检验前质量控制是检验医学中心开展 ISO 15189 医学实验室质量和能力认可的一项重要内容。

**方法** 资料查阅、问卷调查。

**结果** 对血液采集的中需要注意的各种事项进行总结，并提出应对方法。

**结论** 对血液采集中的问题解决掉，就会提高检验的质量。

## PU-1295

## KIF3A 介导 N-cadherin 转运调节非小细胞肺癌侵袭转移

杨宜娥

山东省千佛山医院,250000

**目的** 本研究旨在运用全基因表达谱技术初步筛选 NSCLC 转移差异表达基因, 寻找与 Wnt/Twist 通路相关的转移基因并分析其基因功能, 采用 RT-qPCR 技术对目的基因进行相对定量检测与分析, 并研究靶基因在 NSCLC 中的功能和作用机制, 为非小细胞肺癌的浸润转移机制研究及治疗位点提供新思路。

**方法** 1、收集原发性非小细胞肺癌且淋巴结转移肺癌组织 6 例为实验组, 无淋巴结转移组 6 例, 为对照组。采用 Agilent 人类 4 × 44K 基因表达微阵列 v2, 进行全基因组表达谱实验, 并进行基因本体论 (GO) 分析和 Pathway 分析, 筛选与 Wnt/Twist 通路相关的转移差异基因并分析其可能参与的生物学过程。2、从上述筛选出的差异基因中挑选出与肿瘤发生发展有密切关系的基因 KIF3A 作为目的基因, 采用配对 t 检验检测实时定量 PCR 结果与基因芯片结果是否具有一致性。3、选取临床 NSCLC 患者癌和癌旁肺组织, 采集临床资料, 明确 KIF3A 蛋白的定位和表达, 分析 KIF3A 表达与临床指标及预后的相关性。4、通过实时定量 PCR 检测四株常用肺癌细胞中 KIF3A 的表达丰度, 选取 KIF3A 表达丰度高的细胞株, 通过划痕实验及 Transwell 迁移实验检测敲减 KIF3A 后细胞增殖、凋亡、侵袭和转移能力的变化。

**结果** 1、KIF3A 的验证: 所选取的差异基因 KIF3A 在淋巴结转移组中较无淋巴结转移组均呈表达上调, 且实时定量 PCR 与表达谱芯片的上调倍数对比, 二者差别无统计学意义 ( $t=0.4539$ ,  $P>0.05$ )。2、临床组织免疫组化及相关性分析结果显示, KIF3A 在 NSCLC 癌组织中高表达, 与患者的病理分级、淋巴结转移和 TNM 分期有相关性, 且 KIF3A 的高表达与不良的患者预后相关。3、Transwell 侵袭、迁移实验显示, KIF3A 的敲除显著抑制了肺癌 H1975 及 H520 细胞的侵袭转移能力 ( $p < 0.05$ )。且 KIF3A 敲除后显著抑制了 H1975 及 H520 细胞的增殖, 促进细胞的凋亡。

**结论** 1、KIF3A 实时定量 PCR 结果与表达谱芯片结果一致, 在肺癌转移中表达上调, 表明其在肺癌侵袭转移中具有重要研究价值。

2. KIF3A 的敲除抑制肺癌细胞的增殖、侵袭和转移, 并促进细胞的凋亡, KIF3A 可被视为非小细胞肺癌新的致癌基因。

3. KIF3A 在肺癌组织中高表达, 并与肺癌患者的预后相关, KIF3A 可以作为非小细胞肺癌患者的诊断和预后标志物。

## PU-1296

## Low serum TFF1 is associated with aggressive breast cancer variants and poor prognosis of breast cancers

Jie Yi<sup>1</sup>, Liwen Ren<sup>2</sup>, Danan Li<sup>1</sup>, Jie Wu<sup>1</sup>, Jinhua Wang<sup>2</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. The State Key Laboratory of Bioactive Substance and Function of Natural Medicines; Beijing Key Laboratory of Drug Target Research and Drug Screen, Institute of Materia Medica, Chinese Academy of Medical Science and Peking Union Medical College

**Objective** BC (breast cancer) remains a common malignancy in women. It is very difficult to predict prognosis of BC for its high heterogeneity. Serum TFF1 has been shown to be correlated with BC. However, associations between TFF1 expression and

the characteristics as well as the prognosis of BC are still unclear. The aim of this study is to assess if the TFF1 is used to predict prognosis of patients with BC.

**Methods** In silicon assay was carried out to investigate if TFF1 expression was associated with clinical characters and survival rate of breast cancer patients. TFF1 in serum of 70 BC patients and 32 healthy controls were measured by ELISA assay.

**Results** Results showed that TFF1 mRNA expression was correlated with expression of luminal cancers signatures: ESR1, GATA3, FOXA1, MYB and XBP1. Importantly, there was higher expression of TFF1 in BC patients with ER<sup>+</sup> than that in BC patients with ER<sup>-</sup> while there was lower expression of TFF1 in TNBCs than the other types breast cancers. In addition, expression of TFF1 was decreased as development of breast cancers, especially in breast cancers at Grade 3 ( $P < 0.05$ ). Furthermore, serum TFF1 were significantly lower in TNBC patient, compared with non-TNBC patient ( $P < 0.0001$ ). Besides, serum TFF1 was statistically different among the status of ER, PR and HER2 ( $P = 0.04139, 0.0018, 0.0004$ ). Elevated TFF1 expression was found to be correlated with increased overall survival ( $P = 0.00068$ ).

**Conclusions** All these results suggest that TFF1 level in serum may be associated with prognosis of patients with BC.

## PU-1297

### 妊娠早、中、晚期孕妇血凝指标及血小板的变化 和其临床意义

荆晶,郑善奎,郝晓柯

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨正常育龄期妇女在妊娠早、中、晚期各项凝血指标的变化及其临床意义。

**方法** 选取该院 2018 年 1 月至 2018 年 4 月门诊 330 例正常妊娠妇女按照各自孕周分为孕早期、孕中期、孕晚期, 分别对三个孕期的孕妇进行凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血酶原时间(APTT)、纤维蛋白原(FIB)、凝血酶时间(TT)、D-二聚体(D-Di)、纤维蛋白降解产物(FDP)及血小板(PLT)的测定和统计分析, 并与作为空白对照组的 110 例非孕健康育龄期妇女的相应检测指标进行比较。

**结果** 孕中期、孕晚期组 PT、APTT 水平均低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 孕中期组、孕晚期组 FIB、D-Di 和 FDP 水平高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 正常育龄期妊娠妇女 PLT 水平较健康对照组显著降低, 在孕晚期达最低水平 ( $P < 0.05$ ), 孕晚期血小板的降低与 D-Di、FDP 的升高呈直线相关 ( $P < 0.05$ 。)

**结论** 随着妊娠妇女孕期时间的延长, 其凝血功能逐渐增强, 使孕晚期妇女血液呈高凝状态, 高凝状态易诱发弥散性血管内凝血(DIC)等血栓性并发症, 因此孕妇应在怀孕期间, 尤其是临产前检测机体凝血功能, 以便临床及时救治。

## PU-1298

### 西安地区妊娠女性孕早、中、晚期血液学相关参数 参考区间建立

荆晶,李瑞,赵媛,胡恩亮,郝晓柯

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 建立西安地区妊娠女性孕早、中、晚期血液学相关参数的参考区间。

**方法** 选取空军军医大学第一附属医院 2017 年 3 月至 2018 年 2 月门诊妊娠女性 1197 例, 按照孕周分为孕早、中、晚期; 选择同期体检健康的非孕育龄期女性 300 例作为健康人对照组; 分别检测白细胞计数(WBC)、红细胞计数(RBC)、血红蛋白(Hb)、血细胞比容(Hct)、红细胞平均体积(MCV)、平均红细胞血红蛋白含量(MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC)、血小板(PLT)并进行统计分析, 建立参考区间。

**结果** 育龄期妊娠女性在不同孕期 RBC、Hb、HCT、MCV、MCH、MCHC 的水平均低于正常对照组, 孕晚期下降达到孕期最低水平( $P<0.05$ ), 不同孕期之间比较有统计学差异( $P<0.05$ )。育龄期妊娠女性 WBC 水平随孕周的增加逐渐升高, 至孕晚期达最高水平, 不同孕期之间 WBC 比较有统计学差异( $P<0.05$ )。育龄期妊娠女性 PLT 水平较健康对照组显著降低, 在孕晚期达最低水平( $P<0.05$ )。

**结论** 妊娠女性血液学相关参数指标明显不同于非孕健康育龄期女性, 各临床实验室应建立女性妊娠各期血液学相关参数参考区间, 有利于诊断妊娠贫血、感染和妊娠高血压综合征等疾病

## PU-1299

### 耐碳青霉烯酶的肺炎克雷伯菌的感染特点 及耐药基因分析

康蓓佩, 徐修礼

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 了解我院耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的感染耐药特点及碳青霉烯酶基因携带情况。

**方法** 收集我院 2018 年 1 月到 2019 年 2 月临床标本中分离的非重复耐碳青霉烯类的肺炎克雷伯菌, 采用 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定仪进行细菌鉴定及药敏检测, PCR 检测碳青霉烯酶常见基因型、改良碳青霉烯灭活试验(mCIM)和 EDTA 改良碳青霉烯灭活试验(eCIM)检测碳青霉烯酶表型。

**结果** 共收集 95 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌, 细菌对多种临床常用抗菌药物均显著耐药。PCR 结果显示 92 株携带碳青霉烯酶基因, 未检测出耐药基因有 3 株, 其中有 86 株携带 KPC 基因(93.4%), 3 株携带 NDM 基因, 3 株既携带 KPC 基因又携带 NDM 基因。改良碳青霉烯灭活试验(mCIM)91 株阳性, EDTA 改良碳青霉烯灭活试验(eCIM)3 株阳性。

**结论** 耐碳青霉烯酶的肺炎克雷伯菌对多种抗菌药物耐药, 对四环素、多西环素、替加环素相对敏感, 而产 KPC 型碳青霉烯酶是我院肺炎克雷伯菌碳青霉烯类抗生素耐药的主要原因。

## PU-1300

### 比较几种辅助诊断结核感染的检测方法

孔美娟, 徐修礼

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 探讨用于辅助诊断结核分枝杆菌感染的几种检测方法的灵敏度和特异度间的差异, 从而进一步讨论联合应用多种检测方法对提高诊断结核感染的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 3 月~2018 年 10 月在某三甲医院就诊的结核感染患者 858 例, 其中肺结核 585 例, 肺外结核 273 例, 对照组为 200 例非结核感染患者。各组分别采用 TB-DNA, T-SPOT.TB, Gene X-pert.TB 及浓缩集菌抗酸染色进行检测。对检测结果进行统计分析。

**结果** 浓缩集菌抗酸染色法的灵敏度为 40.8%, 特异度为 96.1%; TB-DNA 的灵敏度为 55.9%, 特异度为 89.6%; Gene X-pert.TB 的灵敏度为 85.3%, 特异度为 95.2%; T-SPOT.TB 的灵敏度为 91.8%, 特异度为 90.6%。Gene X-pert.TB 法的灵敏度高于 TB-DNA 和浓缩集菌抗酸染色法, 差



异有统计学意义 ( $P=0.029, 0.018$ ) ; T-SPOT.TB 的灵敏度高于 Gene X-pert.TB、TB-DNA 和浓缩集菌抗酸染色法, 差异有统计学意义 ( $P=0.005, 0.003, 0.000$ ) 。

**结论** T-SPOT.TB 的灵敏度最高, 特异度一般, 其检测的阳性结果并不能对感染结核进行明确的诊断, 易造成误诊。Gene X-pert.TB、TB-DNA 和浓缩集菌抗酸染色法特异度相对较高, 但其灵敏度却不是很理想, 易造成结核病的漏诊。因此, 在临床诊断结核相关感染时, 建议同时进行几种检测方法的联合运用。

## PU-1301

### 外泌体 miRNAs 在前列腺癌细胞激素非依赖转化中的差异表达分析

雷琳, 马越云, 叶芸, 郝晓柯  
空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 研究前列腺癌细胞激素非依赖转化中外泌体小 RNAs(miRNAs) 的差异表达, 以期进一步阐释激素非依赖前列腺癌的发生机制, 为其治疗寻找新的靶点。

**方法** 选取激素依赖性前列腺癌细胞 LNCaP 及激素非依赖性前列腺癌细胞 LNCaP-AI+F(去雄激素和氟他胺联合诱导)作为研究对象, 采用 Illumina HiSeq™ 2500 对两组细胞外泌体 miRNAs 进行高通量测序, 实时荧光定量 PCR(qRT-PCR)验证组间差异表达的外泌体 miRNAs, t 检验分析差异是否具有统计学意义。

**结果** 通过分析高通量测序结果, 筛选出 miR-7-5p、let-7a-5p、miR-375、miR-423-3p、miR-378a-3p 和 miR-92a-3p 等 13 个在前列腺癌激素非依赖细胞外泌体中表达上调的分子, 其中 miR-7-5p 经 qRT-PCR 验证上调 19.52 倍( $t=9.857, P=0.001$ )。

**结论** 差异表达外泌体 miRNAs 可能预示激素非依赖前列腺癌的发生, 并进一步调控激素非依赖前列腺癌的发展过程。

## PU-1302

### 血管性血友病因子临床研究进展

李程华, 郝晓柯  
空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 血管性血友病因子(vWF)是内皮细胞和巨核细胞分泌的一种多聚体糖蛋白, 主要的合成场所是内皮细胞, vWF 由第 12 号染色体的短臂所编码。

**方法** 后者分泌需凝血酶、纤维蛋白原等多种刺激因子参与。研究表明, vWF 是一种由 2050 个氨基酸残基组成的多聚体糖蛋白, 并具备 4 种不同功能的结构域构成。其中, A 结构域是最重要的核心结构域, 其在血小板的黏附和聚集中起重要作用。

**结果** A 结构域是最重要的核心结构域, 其在血小板的黏附和聚集中起重要作用。A1 结构域是血小板膜糖蛋白受体 GPIIb/IX、肝素、硫酸脑苷酯和胶原蛋白的结合部位, A3 能结合 I 和 III 型的胶原蛋白; 而 A2 结构域因含有金属蛋白酶 ADAMTS13 的酶切位点, 对于 vWF 正常的降解起到至关重要的作用。

**结论** 其中, A 结构域是最重要的核心结构域, 其在血小板的黏附和聚集中起重要作用。A1 结构域是血小板膜糖蛋白受体 GPIIb/IX、肝素、硫酸脑苷酯和胶原蛋白的结合部位, A3 能结合 I 和 III 型的胶原蛋白; 而 A2 结构域因含有金属蛋白酶 ADAMTS13 的酶切位点, 对于 vWF 正常的降解起到至关重要的作用。

## PU-1303

## 如何编写一套“好”的标准操作程序

公衍文

山东大学第二医院,250000

**目的** 明确医学实验室标准操作程序的分类、要素及其内容来源, 及其应用范围和价值。避免目前多数实验室的 SOP 文件被束之高阁, 甚至写、做不一致的尴尬局面。

**方法** SOP 文件的分类: 包括项目类、仪器类(包括辅助检测设备)和程序类三大类;

项目类 SOP 文件的 20 个要素及其内容来源: 20 个要素可参见 CNAS-CL02:5.5.3, 其内容来源应明确引自试剂盒说明书、设备说明书、校准品说明书和质控品说明书, 以及实验室对该项目的性能要求。

仪器类 SOP 文件: 是仪器说明书的提炼, 要求: 1、内容要全, 包括且不限于以下内容: 仪器简介, 性能特点, 系统组成, 工作原理, 工作环境要求, 安全须知, 授权操作, 开机程序, 样本检测程序, 仪器校准, 系统校准, 关机程序, 质控程序, 维护与保养程序, 故障及处理(联系人信息等), 参考资料等; 2、设备要全, 不但有检测设备, 还要有常用辅助设备的 SOP 文件。

程序类 SOP 文件: 是某些程序文件在专业组层面必要的细化, 常用的有人员或岗位分工 SOP 文件、人员培训和能力评估 SOP 文件、性能验证 SOP 文件、室内质控 SOP 文件、室间比对 SOP 文件、室内(人员、仪器和方法间)比对 SOP 文件等。

**结果** 举例: 各类 SOP 文件中室内质控部分的编写, 仪器类 SOP 文件以各设备的室内质控如何操作为主要内容; 项目类 SOP 文件以该项目室内质控不同于其他项目的内容为主, 比如质控品的信息(如种类、厂商、注册证、浓度分布、有效期等), 质控品准备有无特殊要求, 质控品的使用和保存, 所选择的质控规则(每个项目可根据 6 西格玛选择不同质控规则)等; 各专业室内质控的程序类 SOP 文件重点规定本专业室内质控的基本原则和技巧, 比如质控的时机和频次, 质控限的累积和设定, 质控规则的选择原则, 以及失控处理程序等。

**结论** SOP 文件应是实验室日常工作的依据, 是工作人员知识和技能培训、考核的主要内容, 也是能力评估和岗位授权的重要依据, 需明确其主要内容及其来源, 持续细化和改进。

## PU-1304

两种  $\gamma$ -干扰素释放试验检测结核感染的比较

刘昊, 刘家云, 徐修礼

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 试比较两种  $\gamma$ -干扰素释放试验(IGRAs)试剂盒在结核感染中的临床应用价值。

**方法** 本研究选用两种  $\gamma$ -干扰素释放试验试剂盒, 分别采用英国牛津(Oxford Immunotrc Ltd.)

(以下简称牛津试剂盒)和郑州人福博赛生物(以下简称博赛试剂盒)结核感染 T 淋巴细胞检测试剂盒对 2017 年 10 月进入西京医院就诊的疑似结核菌感染患者抽取全血样本, 提取外周单个核细胞进行同步试验, 比较两种试剂盒的灵敏性、特异性和一致性等指标, 分析其在临床应用中的价值。

**结果** 试验随机选取疑似结核感染患者 95 例, 其中经临床评估及后期随访确诊结核菌感染患者 21 例(22.1%), 未感染或其他诊断疾病 71 例(74.7%), 诊断不明确病例 3 例(3.2%)。经计算牛津试剂盒灵敏性为 91.3%, 特异性为 92.2%; 博赛试剂盒灵敏性为 84.0%, 特异性为 88.8%。经计算所得二者在敏感性或特异性方面无统计学差异( $P>0.05$ )

**结论** 两种试剂盒都具有较高的灵敏性及特异性, 能够为排除结核感染方面提供较高临床应用价值。

## PU-1305

## 荧光 PCR 检测技术对孕妇 B 族链球菌感染的应用研究

张思琦,任建航,宋丽影  
吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 本文旨在建立合理检测方法,快速检测孕妇感染的 B 族链球菌。

**方法** 本研究采用了实时荧光 PCR 扩增特异性 DNA 靶向片断,使用荧光标记的杂交探针进行检测并实时监测扩增产物。通过对 GBS 引物探针的验证、线性范围、准确性、特异性、干扰物质、重复性等进行评价,采用荧光 PCR 法与序列分析法同时对样本进行检测,综合各种检测方法检测结果,对荧光 PCR 法试剂进行灵敏度、特异性、总符合率、Kappa 值一致性评价及 Kappa 值的假设检验(U),评价临床考核试验的真实性及可靠件。

**结果** 结果显示本反应体系的灵敏发确定为  $1 \times 10^4$  CFU/ml,用建立的方法检测长春市某医院 180 份样本,28 份阳性全部检出,152 份阴性全部为阴性,准确率为 100%,特异性良好、不存在干扰,精密度参考品变异系数 CV 均小于 5%,重复性符合要求。

**结论** 通过性能评价试验和临床样本验证,本研究建立的实时定量荧光 PCR 方法是一种特异性强、灵敏度高,重复性好,快速安全的检测方法,可以用于 GBS 的快速检测。

## PU-1306

## 初论临床实验室人员培训考核和能力评估

公衍文  
山东大学第二医院,250000

**目的** 提高培训考核的目的性和计划性,解决能力评估偏于主观、空泛的现象,为岗位授权提供客观依据。

**方法** 1、规范培训考核内容,作好长期规划和年度计划:

培训内容: 1) 质量管理体系的学习,尤其是标准操作程序(SOP)的持续修订和学习; 2) 持续关注相关国标(GB)、行标(WS、YY)、指南和共识的学习; 3) 注意安排一定比例的基本技能培训 and 考核,包括形态学培训等内容; 4) 关注本专业发展和动态,提高服务临床、解决疑难问题的能力。

长期规划和年度计划: 内部培训要有延续性,要注意科室和各专业培训内容的层级设计。培训的频次应每周不少于 1 次。授课人员要认真备课,需制作课件、试卷,每次授课时间 1h 左右为宜,应组织考核并打分,并作为下一步能力评估重要依据。

2、量化赋分进行能力评估

专业理论掌握情况的评估可以依据参加培训和考核情况。

专业技能评估则可以按照准则,采用准则推荐方法组合,在与日常工作环境相同的条件下能力进行评估。实验室内部人员比对等均可作为专业技能评估的依据,避免为了评估另起炉灶,重复劳动。

**结果** 1、提高了内部培训的针对性和计划性,规范了内部培训的时间频次、培训人员和参培人员、培训内容和时长,以及考核办法,并成为能力评估的重要依据。

2、规范了能力评估的可实操办法,尽量依据日常培训考核、日常工作包括设备、人员和方法比对等,采用量化赋分的方式进行能力评估。

**结论** 实验室岗位分工、培训考核、能力评估、岗位授权、表现评估是一以贯之的，彼此紧密联系。

## PU-1307

### 乙肝表面抗原中高值定量化学发光法的建立及性能评价

刘杨

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 基于化学发光微粒子免疫分析法（CMIA）建立一种乙肝表面抗原（HBsAg）中高值定量检测方法，并对方法进行性能评价。

**方法** 将鼠特异性抗体包被在磁微粒表面，结合相应被测 HBsAg，加入吖啶酯标记的特异性抗体，磁微粒表面形成双抗体夹心的免疫复合物，激发光激发复合物上的吖啶酯发出光子，光信号值与被测 HBsAg 浓度成正比。筛选最佳反应条件，并对方法的线性范围、检测限、精密度、交叉反应、稳定性等性能做评价；与市售的罗氏 HBsAg 定量检测试剂盒做比较。

**结果** 该方法线性范围为 20IU/ml~100000IU/ml，最低检出限为 9.9IU/mL；重复性和日间精密度均小于 10.0%；不受常规浓度的胆红素、血脂，溶血、RF 及抗凝剂的影响；与其他病毒阳性样本无交叉反应；在三种不同放置条件下试剂可在一定时间内保持稳定；与罗氏试剂比对，相关性好  $r=0.978$ 。

**结论** 本研究建立了一种线性范围宽，重复性好，受干扰因素少的血清 HBsAg 中高值定量的化学发光微粒子免疫分析法。

## PU-1308

### Long non-coding RNA FEZF1-AS1 promotes the migration and invasion of esophageal squamous cell carcinoma

Lijun Yang

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** FEZ family zinc finger 1 antisense RNA 1 (FEZF1-AS1) has been reported as an lncRNA which acts as a tumor promoting effect in some cancers. However, the role of it in esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) and its potential regulatory mechanism was unclear now. In this study, we aimed to clarify the expression and biological significance of FEZF1-AS1 in ESCC.

**Methods** qRT-PCR was used to detect the expression levels of lncRNA FEZF1-AS1 and CTNNB1 ( $\beta$ -catenin) mRNA in ESCC tissues and cells. Cell transfection experiments were used to knock down or overexpress the level of FEZF1-AS1 in ESCC cell lines. WST-1 assays, cell cycle assays, scratch wound assays, transwell assays were used to evaluate the function of FEZF1-AS1 in ESCC progression.

**Results** The expression level of FEZF1-AS1 was significantly higher in ESCC tissues than that in adjacent non-tumorous tissues. The invasion and migration of ESCC cell lines increased significantly after FEZF1-AS1 overexpression; meanwhile, the invasion and migration of ESCC cell lines decreased significantly after FEZF1-AS1 knockdown. The levels of FEZF1-AS1 had no effect on ESCC cell proliferation and cell cycle. Silencing of FEZF1-AS1 could decrease the mRNA and protein level of  $\beta$ -catenin while overexpression FEZF1-AS1 led to the contrary.

**Conclusions** Our research showed that lncRNA FEZF1-AS1 played an important role in ESCC progression, especially the motility of the tumor. This process might be achieved through the Wnt/ $\beta$ -catenin pathway. FEZF1-AS1 may provide us with a new sight for ESCC treatment.

## PU-1309

### 血清异常凝血酶原和甲胎蛋白在原发性肝癌应用中的比较

刘杨,邢瑞青,李静,吴永昌,陈慧昱,陈健康,彭道荣  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨血清异常凝血酶原和甲胎蛋白对原发性肝癌患者的疾病诊断及疗效监测的应用价值。

**方法** 收集 2017 年 10 月~2018 年 2 月就诊于西京医院的原发性肝癌患者 56 例,肝硬化患者 54 例,慢性肝炎患者 40 例,胃癌、肠癌、胰腺癌等其他肿瘤患者 32 例,健康体检者 35 例,其中 56 例 HCC 患者进行术后随访,分别用化学发光法和电化学发光法检测各组血清 PIVKA-II 和 AFP 水平,利用受试者工作特征曲线(ROC 曲线)分析两者单独及联合检测对鉴别诊断 HCC 与肝良性病的曲线下面积(ROC-AUC),分析三者对 HCC 患者诊断的敏感度及特异度,比较两者在 HCC 患者治疗前后血清水平的变化。

**结果** 原发性肝癌组 PIVKA-II 及 AFP 水平均明显高于肝硬化组、慢性肝炎组、其他肿瘤组及健康对照组( $P$  均 $<0.001$ )。其他各组间 PIVKA-II 水平无差异,AFP 在肝硬化组的水平较健康对照组高,差异有统计学意义( $U=630.0$ ,  $P<0.001$ )。ROC 曲线显示 PIVKA-II、AFP 单独及联合检测对鉴别 HCC 和肝良性病的曲线下面积分别为 0.972、0.892 及 0.980,鉴别诊断的最佳临界值分别为 64.50mAU/ml 和 12.09ng/ml;血清 PIVKA-II 诊断 HCC 的敏感度为 94.64%高于 AFP (76.79%,  $c^2=7.29$ ,  $P<0.05$ ),联合检测的敏感度最高为 98.21%,与 PIVKA-II 单独检测的敏感度差异无统计学意义( $P>0.05$ ),单独检测与联合检测的特异度比较均无统计学差异( $P>0.05$ );HCC 患者治疗后血清 PIVKA-II 水平较治疗前显著下降,差异有统计学意义( $T=4.31$ ,  $P<0.001$ ),AFP 治疗后水平亦较治疗前下降,但差异无统计学意义( $T=1.82$ ,  $P>0.05$ )。

**结论** 血清 PIVKA-II 单独检测在对 HCC 的诊断、鉴别诊断及疗效评估方面均优于 AFP,两者联合检测诊断 HCC 可在不降低特异度的情况下进一步提高敏感度,弥补单项检测的不足。

## PU-1310

### 尿液中红细胞免疫球检测及其临床意义

卢佩  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 检测分析尿沉渣中的一种特殊的红细胞团,即红细胞免疫球,研究其在不同泌尿系疾病中的临床意义。

**方法** 观察 260 例不同泌尿系统疾病患者尿液,计算红细胞免疫球的出现率,并通过荧光染色的方法阐明和普通的红细胞聚集团块的区别,同时进行红细胞形态的观察。

**结果** 红细胞免疫球在肾小球肾炎患者尿液中检出率较高,IgA 肾小球肾炎中的检出率 93.7%,过敏性紫癜性肾小球肾炎中的检出率是 87.5%,隐匿性肾小球肾炎中的检出率是 62.5%。在肾盂肾炎和泌尿系感染的患者尿液中没有发现。

**结论** 红细胞免疫球是由小红细胞粘附聚集成红细胞团,对肾小球肾炎患者的尿沉渣观察,可判断肾小球肾炎的类别,及红细胞的来源。

## PU-1311

## Dynamic prevalence and evolution of genotyping drug resistance among treatment-failed HIV-1 infected individuals in China

李健健<sup>2</sup>,董兴齐<sup>1</sup>

1.云南省传染病医院

2.云南省传染病医院

**目的** The emergence of HIV-1 epidemic in China was recognized in Yunnan where always been a hot spot with HIV-1 prevalence, and it also been the first place to implement the National Free Antiviral Treatment in 2004.

**方法** Plasma samples in different treatment periods isolated from individuals received ART exceed half a year were collected at Yunnan Provincial Hospital of Infectious Disease during January 2014 to December 2016.

**结果** A total of 2328 HIV-1 pol sequences were successfully obtained from 2740 collected samples.

**结论** Our work revealed that the proportion of HIV-1 ADR in Yunnan Province increases along with the prolongation of ART duration, maintained at 72 month without further increasing.

## PU-1312

## 尿蛋白定性试纸法的优化改进及青霉素对尿蛋白定性影响的探讨

汤小利

连云港市第一人民医院检验科

**目的** 当尿液 PH>8, 尿蛋白检验方法-试纸法假阳性、假阴性的优化改进

**方法** 对于尿液 PH>8 时造成的假阳性标本, 在新鲜尿液中加入少量稀释的硼酸, 作为中和的材料, 将尿液酸碱度调制到 pH5~6 后, 立即进行仪器测试即可; 对于因注射青霉素的肾病人造成的假阴性标本, 应于 6 小时后再进行取样仪器测试。

**结果** 50 份 PH>8 的尿液标本, 无潜血、胆红素等干扰因素, 尿常规分析仪检测尿蛋白定性均为阳性, 尿蛋白定量<0.15G/L, 加入少量稀释的硼酸后, 再用尿常规分析仪检测尿蛋白定性均为阴性。

50 份注射青霉素的肾病人的尿液标本, 尿常规分析仪检测尿蛋白定性均为阴性, 尿蛋白定量>0.15G/L, 病人应于 6 小时之后, 再进行尿液标本的取样和仪器测试, 结果尿蛋白定性检验结果均为阳性。

**结论** 当尿 pH>8 时, 在尿蛋白试纸带法检测的假阳性标本中, 加入少量稀释的硼酸, 可以保障尿蛋白试纸带法在本方式的运用下增强测试结果的准确性, 让尿蛋白的测试结果减少因 pH 值过高产生的负面影响; 对于静脉注射青霉素的肾病患者, 出现尿蛋白试纸带法假阴性结果, 应于 6 小时后, 再进行取样仪器测试, 以保证检验结果的准确性。

## PU-1313

## 血清胱抑素 C (cys-c) 水平测定在肾脏功能早期损伤诊断中的价值研究

梁娜

天津市第一中心医院,300000

**目的** 讨论血清胱抑素 C (cys-c) 水平测定在高血压病所致的肾功能早期损伤诊断中的应用价值。

**方法** 选取天津市第一中心医院 2016 年 1 月-2016 年 12 月期间就诊的高血压病患者, 计算其内生肌酐清除率 (Ccr), 内生肌酐清除率 (Ccr) 在 51-70ml/min 为肾功能轻度损害, 选取 100 例 (患者 1 组); 内生肌酐清除率 (Ccr) 在 31-50ml/min 为肾功能中毒损害, 选取 100 例 (患者 2 组); 另选同期在该院进行健康体检者 100 例为对照组, 分别对各组进行尿微量白蛋白 (mALB)、血清胱抑素 C (cys-c)、血清肌酐 (Scr)、血清尿素 (Urea)、血清尿酸 (UA)、血清超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 进行检测, 结果进行统计学分析。

**结果** 患者 1 组的血清肌酐 (Scr)、血清尿素 (Urea)、血清尿酸 (UA) 水平与对照组比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 但尿微量白蛋白 (mALB)、血清胱抑素 C (cys-c)、血清超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 水平与对照组相比均显著高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 患者 2 组尿微量白蛋白 (mALB)、血清胱抑素 C (cys-c)、血清肌酐 (Scr)、血清尿素 (Urea)、血清尿酸 (UA)、血清超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 水平与对照组比较, 均有显著差异 ( $P<0.05$ ), 相关分析显示随着内生肌酐清除率 (Ccr) 的降低, 尿微量白蛋白 (mALB)、血清胱抑素 C (cys-c)、血清肌酐 (Scr)、血清尿素 (Urea)、血清尿酸 (UA)、血清超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 均不同程度升高, 其中尿微量白蛋白 (mALB)、血清胱抑素 C (cys-c) 具有相关性 ( $r=0.892$ )。尿微量白蛋白 (mALB) 和血清胱抑素 C (cys-c) 对肾功能早期损伤的检出阳性率较高, 分别为 62% 和 71%, 联合检测可提高肾功能早期损伤的检出阳性率。

**结论** 血清胱抑素 C (cys-c) 水平测定能较早反映肾功能损伤, 具有临床应用价值

## PU-1314

## 血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 和缺血修饰白蛋白联合检测对急性 ST 段抬高型心肌梗死的诊断价值

刘倩, 杨伏猛

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院, 222000

**目的** 探讨血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 (lipoprotein associated phospholipase A2, Lp-PLA2) 和缺血修饰白蛋白 (ischemia modified albumin, IMA) 联合检测对急性 ST 段抬高型心肌梗死 (acute ST-elevation myocardial infarction, STEMI) 患者的早期诊断价值。

**方法** 依据诊断标准将 2016 年 1 月~2018 年 6 月至我院确诊为 STEMI 的 86 例患者作为病例组, 同期选取 80 例体检健康人群作为对照组。应用 AU5821 全自动生化分析仪检测血清中的 Lp-PLA2、IMA 及常规指标。应用受试者工作曲线 (receiver operator characteristic curve, ROC) 进行 STEMI 诊断效能的分析, 进一步运用二元 Logistic 对 STEMI 独立风险因素的分析。

**结果** 病例组与对照组血清 Lp-PLA2 的浓度分别为  $(648.7 \pm 166.2)$  U/L 和  $(524.0 \pm 110.5)$  U/L, 病例组与对照组血清 IMA 的浓度分别为  $(76.2 \pm 3.3)$  U/mL 和  $(71.6 \pm 3.6)$  U/mL, 病例组的血清 Lp-PLA2 和 IMA 均高于对照组, 差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 血清 Lp-PLA2 和 IMA 单独诊断 STEMI 的灵敏度分别为 72.1% 和 73.3%, 两者联合诊断的灵敏度为 91.9%, 血清 Lp-PLA2 和 IMA 的联合检测能够显著提高诊断效能; Logistic 回归显示: Lp-PLA2、IMA 以及 cTnI 是预测患者发生 STEMI 的独立风险因子 ( $OR=1.007, 1.616, 1.159; P<0.05$ )。

**结论** STEMI 患者的血清 Lp-PLA2 和 IMA 水平明显升高, 两者联合检测对于 STEMI 的早期诊断具有重要的临床价值。

## PU-1315

### 关节液尿酸(UA)、抗“O”实验(ASO)、类风湿因子(RF)、C 反应蛋白(CRP)同时检测对关节炎分型的意义

刘延玲

哈尔滨市第五医院,150000

**目的** 关节液尿酸(UA)、抗“O”实验(ASO)、类风湿因子(RF)、C 反应蛋白(CRP)同时检测对关节炎分型的意义

**方法** 对象: 自 2017 年 8 月至 2018 年 8 月对我院因膝关节炎住院患者及门诊膝关节炎就诊患者共计: 61 例。其中骨性关节炎患者 25 例, 男 4 例, 女 21 例, 年龄(40-81)岁; 痛风性关节炎 21 例, 男 20 例, 女 1 例, 年龄(20-72)岁; 类风湿性关节炎 15 例, 男 6 例, 女 9 例, 年龄(34-67)岁。同时对血液与关节渗出液中的 UA、ASO、RF、CRP 进行检测。

**方法:** 利用生化分析仪 7600-020 进行检测, 检测结果利用临床医师统计学助手 V4.0 进行统计学处理。结果见表 1、表 2、表 3

**结果** 1、UA、ASO、RF、CRP 四项检测结果关节渗出液与血液比较都得到  $P>0.05$ 。说明血液与关节渗出液 UA、ASO、RF、CRP 四项检测结果无显著差异。并且关节渗出液的测得值与血液的测得值基本一致。2、通过表 1 可以得到结论, 骨性膝关节炎 UA、ASO、RF、CRP 的测得值都无明显升高。通过表 2 得到结论, 痛风性膝关节炎患者 UA 明显升高, CRP 有所升高。通过表 3 得到结论, 类风湿性膝关节炎 RF 明显升高, CRP 有所升高。这也进一步说明了血液与关节液一致。肯定了关节液的诊断价值。

**结论** “关节疾病是很常见的骨科疾病, 其病因复杂, 病变情况不一, 诊断治疗有一定的难度, 一般临床上采用多种方法结合进行诊断”[1]。“早期对关节液进行检测可以提高疾病的诊断率, 同时还可以为临床提供局部免疫损伤的实验室依据”[2]。如果考虑受干扰的因素, 关节液的检测有可能优于血液(血液会受到脂血、溶血的影响)。用治疗穿刺出的膝关节液检测, 从而达到关节炎的分型, 起到了事半功倍的效果。又为临床开辟出更有针对性的检测项目, 为临床提供了简便、快捷、可靠早期诊断、早期治疗的依据。因此 膝关节液可以代替血液检测, 检测结果与血液无差别。膝关节液检测结果可作为日常工作中关节炎分型初步筛查的早期依据。

## PU-1316

### 健康成年人血清肌酐浓度的分布及其参考区间的建立

杨伏猛

连云港市第二人民医院

**目的** 初步建立连云港市 20~79 岁健康成年人血清肌酐的参考区间。

**方法** 采用完全随机化原则从健康体检人群中筛选出符合要求的参考个体 34577 例, 应用 AU5821 全自动生化分析仪及其配套试剂测定血清肌酐的水平, 并依据 CLSI C28-A2 和 WS/T 402-2012《临床实验室检验项目参考区间的制定》推荐方法制定血清肌酐的参考区间。

**结果** 该地区健康成年人血清中肌酐的浓度分布在性别、年龄上的差异均具有统计学意义(男性组: 78[72~84]  $\mu\text{mol/L}$ , 女性组: 61[56~66]  $\mu\text{mol/L}$ ; 20~59 岁男性组: 78[72~84]  $\mu\text{mol/L}$ , 60~79 岁男性组: 77[70~85]  $\mu\text{mol/L}$ ; 20~59 岁女性组: 60[56~65]  $\mu\text{mol/L}$ , 60~79 岁女性组: 63[58~69]



$\mu\text{mol/L}$ ) ( $Z=120.93$ ,  $Z=31.53$ ,  $Z=28.45$ ;  $P<0.05$ ), 故本研究依据性别和年龄建立的血清肌酐参考区间为: 男性(20~59 岁): 61~97  $\mu\text{mol/L}$ ; 男性(60~79 岁): 60~106  $\mu\text{mol/L}$ ; 女性(20~59 岁): 47~76  $\mu\text{mol/L}$ ; 女性(60~79 岁): 49~86  $\mu\text{mol/L}$ 。

**结论** 血清肌酐参考区间的建立, 能够在各种肾脏疾病的辅助诊断、进展和预后评估方面发挥重要的临床价值。

## PU-1317

### 基于机器算法的乙肝肝纤维化实验室指标诊断模型初探

黄曦悦, 陶传敏  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 本研究尝试联合机器学习算法, 以建立慢性乙型肝炎肝纤维化实验室指标诊断模型为目标, 并评估其诊断效能, 为临床诊疗提供一种简便可行的方法。

**方法** 收集 2012 年 1 月 1 日至 2018 年 7 月 1 日与四川大学华西医院行 B 超引导下经皮穿刺肝活检的 448 例 CHB 住院患者临床资料, 并将患者分为训练集 (221 例)、验证集 (227 例) 两组。使用 LASSO (least absolute shrinkage and selection operator, LASSO) 回归等方法对训练集患者实验室常规指标进行筛选, 并通过 Logistic 回归建立诊断模型。在训练集、验证集中, 使用受试者工作曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC) 以及诊断试验等方法验证和比较该模型与 4 因子纤维化指数 (又称 FIB-4 指数, fibrosis-4 index)、天冬氨酸氨基转移酶/血小板比值 (AST/platelet ratio index, APRI)、天冬氨酸氨基转移酶/丙氨酸氨基转移酶比值 (AST/ALT ratio, AAR)、红细胞平均分布宽度-血小板比率 (red cell volume distribution width-platelet ratio, RPR)、S 指数、谷氨酰转肽酶/血小板比值 (gamma-glutamyl transpeptidase to platelet ratio, GRP) 等模型的诊断价值。

**结果** 1. 在训练集中, 建立了由年龄、ALB、PLT、PT、RBC-SD 等变量组成的模型。相关性分析表示该模型与肝纤维化分期呈显著性正相关 ( $r=0.377$ ,  $p<0.01$ ), 即模型分值越高, 预示肝纤维化程度越重。模型预测显著性肝纤维化和早期肝硬化时 ROC 曲线下面积 (area under curve, AUC) 分别为 0.774、0.932, 优于大部分模型。选取 0.171 为临界值预测显著性肝纤维化, 灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 84.31%、58.25%、37.72%、92.52%。选取 0.651 为临界值时预测早期肝硬化, 灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 80.00%、98.10%、66.67%、99.04%。

2. 在验证集中, 自建模型预测显著性肝纤维化和早期肝硬化时 AUC 分别为 0.640、0.748。各个模型进行对比发现, 自建模型、S 指数、GPR 诊断效能较为稳定, 且自建模型在诊断早期肝硬化表现最佳。

**结论** 通过 LASSO 算法联合 Logistic 回归分析, 建立了由年龄、ALB、PLT、PT、RBC-SD 等变量组成的模型。上述指标对于肝纤维化诊断较有意义。自建模型相较于其他模型, 具有较好的诊断效能, 泛化能力较好。

## PU-1318

### 六西格玛在动脉血气项目分析质量上的应用

杨伏猛, 刘倩  
连云港市第二人民医院

**目的** 探讨不同质量目标导出的西格玛 ( $\sigma$ ) 水平在动脉血气项目分析质量上的应用价值。

**方法** 应用三个不同的允许总误差(TEa)作为质量目标、2018 年江苏省室间质量评价数据作为偏倚以及 2018 年室内质量控制数据累计的变异系数(CV)分别计算血气 pH、二氧化碳分压(PCO<sub>2</sub>)、氧分压(PO<sub>2</sub>)、钠离子(Na<sup>+</sup>)、钾离子(K<sup>+</sup>)、钙离子(Ca<sup>2+</sup>)的  $\sigma$  水平,分析不同质量目标对各项目的  $\sigma$  值所产生的差异;并计算  $\sigma$  值<6 项目的质量目标指数(QGI),为项目分析性能的改进提供正确的措施。

**结果** 依据江苏省临检中心室间质评标准得到的血气项目  $\sigma$  值主要分布于 3~5 之间;依据德国 RiliBAK 质量指南标准得到的血气项目  $\sigma$  值相对较高, $\sigma$  值 $\geq 6$  的项目分布比例占 50%;依据澳大利亚皇家病理学会(RCPA)质量标准得到的血气项目  $\sigma$  值相对较低,全部项目的  $\sigma$  值均<4。依据江苏省室间质评标准,血气 pH、PCO<sub>2</sub>、PO<sub>2</sub>、Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup>、Ca<sup>2+</sup>均需优先改进精密度。依据 Westgard 西格玛规则的应用原则:血气 pH、PCO<sub>2</sub> 和 PO<sub>2</sub> 选择 1<sub>3s</sub>/2<sub>2s</sub>/R<sub>4s</sub>/4<sub>1s</sub>/8<sub>x</sub> 多规则进行室内质量控制;血气 Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup> 和 Ca<sup>2+</sup> 选择 1<sub>3s</sub>/2<sub>2s</sub>/R<sub>4s</sub>/4<sub>1s</sub> 多规则进行室内质量控制。

**结论** 6 $\sigma$  能够客观评价血气项目的分析性能,并为实验室检测质量的改进提供重要的指导价值。

## PU-1319

# 六西格玛在选择临床化学项目质量目标上的应用研究

杨伏猛,刘倩

连云港市第二人民医院

**目的** 探讨 6 $\sigma$  在临床化学项目分析性能上的应用价值,旨在为实验室质量目标的选择提供依据。

**方法** 应用五个不同来源的允许总误差(TEa)、2018 年 1-12 月室内质控数据及 2018 年卫生部临检中心室间质量评价数据评价 20 个临床化学项目的  $\sigma$  水平,并依据质量目标选择流程图和临床化学项目分析性能验证图评价各项目的分析性能,进而确定实验室临床化学项目最适的质量目标。

**结果** 依据临床化学项目的分析性能,总胆红素(TBIL)、丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶(AST)、碱性磷酸酶(ALP)、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶(GGT)、尿素(UREA)、肌酐(CREA)、尿酸(UA)、钾(K)、葡萄糖(GLU)、总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)、乳酸脱氢酶(LDH)、淀粉酶(AMY)等 14 个项目选择生物学变异导出的质量规范作为质量目标。而总蛋白(TP)、白蛋白(ALB)、钠(Na)、氯(Cl)、钙(Ca)、磷(PHOS)等 6 个项目选择德国医学实验室定量分析质量评估委员会制定的质量指南(RiliBAK)作为质量目标。

**结论** 6 $\sigma$  能够客观评价临床化学项目的分析性能,并为实验室质量目标的选择提供重要的理论依据。

## PU-1320

# Tryptophan metabolite 3-HAA induces hepatocarcinoma apoptosis through up-regulation of DUSP6

Guifang Gan<sup>1,2</sup>, Zhaopeng Shi<sup>2</sup>, Shuhai Lin<sup>2</sup>, Fuxiang Chen<sup>1</sup>, Jun Mi<sup>2</sup>

1.Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

2.Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** Tryptophan metabolism remarkably increases in tumor, and promotes tumorigenesis and immune evasion. 3-hydroxyanthranilic acid (3-HAA), a intermediate metabolites of the kynurenine pathway, decreased in a variety of pathological conditions. However, little is known about the metabolic status of 3-HAA in tumor. The aim of this study was to investigate the metabolic changes of 3-HAA and its effects on hepatocarcinoma(HCC).

**Methods** GC-MS was applied to detect the content of 3-HAA and other tryptophan metabolites. The effect of 3-HAA on HCC were investigated by cytometry, CCK8 assay, clone-formation assay, apoptosis detection and was further validated in Xenograft model. The mechanism was revealed by RNA-sequencing and gene ontology analysis.

**Results** In this study, we found that kynureninase (KYNU), kynurenine-3-monooxygenase (KMO) decreased and kynurenine aminotransferase (KATs) and 3-Hydroxyanthranilate-3,4-dioxygenase (3HAO) increased in HCC, resulting in the cellular content of 3-HAA, a tryptophan metabolite, was selectively reduced in HCC cells. Unlike its upstream and downstream metabolic intermediates, 3-HAA significantly inhibited the growth of HCC cells by inducing apoptosis in vitro and in vivo. Moreover, RNA-sequencing and gene ontology analysis revealed that 3-HAA induced apoptosis by up-regulating the expression of dual-specificity phosphatase 6 (DUSP6), latter down-regulated the expression of Bcl-2 and Bcl-xl and up-regulated the expression of Bad. Unlike kynurenine, 3-HAA did not activate AHR. The stable isotope labeling with amino acids (SILAC) results showed that 3-HAA treatment increased nuclear accumulation of transcription factor YY1, thus activating DUSP6 transcription.

**Conclusions** This findings suggested that 3-HAA induced HCC cell apoptosis by promoting the YY1-regulated DUSP6 expression, with a hope of improving the efficacy of HCC therapy.

## PU-1321

### Integrated profiling identifies SLC5A6 and MFAP2 as novel diagnostic and prognostic biomarkers in gastric cancer patients

Tao Sun,Danhua Wang,Ying Ping,Yiwen Sang,Yibei Dai,Yiyun Wang,Zhenping Liu,Xiuzhi Duan, Zhihua Tao,Weiwei Liu

The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

**Objective** Gastric cancer (GC) is one of the leading causes of malignancy-related mortality globally. However, the underlying molecular mechanisms of GC are unclear, and the prognosis of GC is miserable. Therefore, it's important to explore the underlying mechanisms and screen for novel prognostic biomarkers and therapeutic targets.

**Methods** Weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) was used to construct free-scale gene co-expression networks to explore the associations between gene sets and clinical features, and to identify hub genes. The gene expression profiles of GSE38749 were selected from the Gene Expression Omnibus (GEO) database. RNA-seq data and clinical information of gastric cancer from the Cancer Genome Atlas (TCGA) were used for validation. Furthermore, the candidate biomarkers expression in gastric tissues were investigated. Survival analysis was performed with the Kaplan-Meier curve and log-rank test. The predictive role of candidate biomarkers in GC was evaluated by using a receiver operator characteristic (ROC) curve. Gene ontology (GO), gene set enrichment analysis (GSEA), and gene set variation analysis (GSVA) methods were used to interpret the functions of candidate biomarkers in GC.

**Results** A total of 29 modules were identified via the average linkage hierarchical clustering. We found the significant module consisting of 48 genes associated with clinical traits, 3 genes with high connectivity in the clinical significant module were identified as hub genes. Among them, SLC5A6, and MFAP2 were negatively associated with the overall survival, and their expressions are elevated in GC compared with that non-tumor samples. Additionally, ROC curves indicated that SLC5A6 and MFAP2 showed a good diagnostic power in discriminating cancer from normal tissues.

**Conclusions** We identified SLC5A6 and MFAP2 as novel diagnostic and prognostic biomarkers in GC patients. Moreover, both of them were first reported in GC and deserved further research.

## PU-1322

## 血小板配合性输注疗效分析

张强,张敏

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 探讨配合性输注对血小板抗体阳性患者输注效果的影响,为临床提高血小板输注有效率提供参考依据。

**方法** 收集本院 2018 年 5 月至 12 月血小板抗体阳性的患者标本共 113 例,随机抽取 60 例进行配合性输注,另外 53 例给予随机输注,通过计算输注后 1h 和 24h 的血小板计数校正增加值 (Corrected count of increment, CCI) 判断血小板输注有效性,应用  $\chi^2$  检验分析配合性输注和随机输注的无效率。

**结果** 60 例配合性输注的患者中仅有 4 例出现血小板输注无效,占配合性输注患者的 6.67%;而 53 例未进行血小板配型,给予随机输注的血小板抗体阳性患者中,有 46 例出现血小板输注无效,占随机输注患者的 86.79%,两者比较,差别有非常显著意义( $P<0.01$ )。

**结论** 血小板输注前进行血小板抗体检测以及配合性输注能有效减少血小板输注无效的发生率,避免资源浪费,提高输血安全。

## PU-1323

## 绝经后女性脑梗死患者相关血液指标的分析

杨艳

江苏省连云港市第一人民医院

**目的** 绝经后女性脑梗死患者相关血液指标的临床意义。

**方法** 以 2017-2018 连云港市第一人民医院收治的绝经后脑梗死女性患者 228 例为脑梗死组;选取同期体检的 228 例健康绝经后女性者为对照组,对其雌二醇 (E2)、中性粒细胞 / 淋巴细胞 (NLR)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、葡萄糖 (GIU)、同型半胱氨酸 (Hcy)、血尿酸 (UA)、血小板 (PL T)、血小板计数 / 淋巴细胞计数比值 (PLR) 指标进行检测和分析。

**结果** 脑梗死组的雌二醇 (E2)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C) 水平明显低于对照组,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ );脑梗死组的中性粒细胞 / 淋巴细胞 (NLR)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、葡萄糖 (GIU)、同型半胱氨酸 (Hcy)、血尿酸 (UA)、血小板 (PL T)、血小板计数 / 淋巴细胞计数比值 (PLR) 水平明显高于对照组,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 绝经后女性脑梗死患者存在血液指标的改变,定期检测血常规、雌二醇、血脂、血糖、尿酸、同型半胱氨酸水平有助于绝经后女性脑梗死的预防和治疗。

## PU-1324

## 192030 例粪便常规+粪便隐血汇总分析

钟玉霞,王瑞莲

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 汇总分析 192030 例粪便常规+粪便隐血结果,反思粪便常规+粪便隐血检查作为入院必查常规项目的必要性。

**方法** 回顾性分析 2013 年 1 月—2016 年 12 月我院 192030 例粪便检查结果，分析便常规异常结果的占比，并将收集到的粪便标本分为性状正常组与性状异常组，分析比较两组粪便镜检各项阳性率，并运用二元 Logistic 回归方程对粪便性状异常与粪便镜检各项异常的相关性进行分析。

**结果** 92030 例粪便标本中，异常标本数为 30700 例（15.99%），其中仅为外观异常，镜检+隐血均为阴性的标本数为 6553 例，（3.41%）仅粪便隐血阳性，镜检未发现异常的标本数为 19033（9.91%），粪便常规+隐血均为阳性的标本数为 3770（1.96%）隐血阴性，仅粪便镜检发现异常的标本数仅为 1344 例（0.70%）。另外将粪便样本按形状分为性状正常组与性状异常组，分析性状异常 4927 例（5.3%），性状异常组镜检红细胞、白细胞、真菌的阳性率均明显高于性状正常组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），原虫 / 寄生虫卵检出率两组间差别无统计学意义（ $P>0.05$ ）；粪便性状异常与镜检各项阳性率的相关性高低排序为：白细胞>红细胞>真菌（ $P<0.05$ ）；寄生虫镜检阳性与粪便性状异常无明显相关性（ $P>0.05$ ）。

**结论** 粪便常规作为入院患者必查的三大常规之一，其阳性筛查率极低，与粪便隐血相比，并非消化道疾病筛查的理想方法，且在粪便常规缺乏自动化仪器支持的前提下，人工操作耗时费力，持续大量的粪便镜检工作很可能进一步降低镜检的异常检出率。由此建议，仅将粪便隐血作为入院病人消化道疾病筛查项目，取消粪便常规作为入院必查常规项目；对于非消化道疾病相关的入院病人，是否检测粪便常规，由临床医生根据患者临床表现以及诊断需求，决定是否进行便常规检查。

## PU-1325

### 吉林地区 51 例 21-三体综合症的细胞遗传学分析

陈士威

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 21-三体综合征又称先天愚型或唐氏综合征，是新生儿最常见的染色体疾病，在新生儿中的发病率为 1/600-1/800。该病的病因是多了一条 21 号染色体，所以称为 21-三体综合征。现代医学证实，唐氏综合征发生率与母亲怀孕年龄有相关，系 21 号染色体的异常，有单纯、易位及嵌合三种类型。高龄孕妇、卵子老化是发生不分离的重要原因。21-三体综合征的体征多样，患者许多器官组织都有异常发育畸形通常没有严重到危及生命的程度，但其出生给家庭和社会都带来沉重的负担，因此做遗传咨询、备孕和怀孕初期做染色体检查至关重要，通过染色体检查能降低 21-三体发生的危险，能有效降低智力低下儿的出生率，为社会和家庭较少负担，从而做到优生优育，提高人口质量。

**方法** 选择 2018 年 1 月 1 日至 2019 年 1 月 1 日期间所有在吉林金域医学检验所有限公司检测的外周血染色体患者 3751 例，其中男 1984 例，女 1767 例。应用染色体常规制备方法进行外周血培养，制片，染色体 G 显带等细胞遗传学方法，统计染色体异常率，21-三体综合征患者占比，分析染色体异常患者的染色体核型，性别分布，及年龄分布。

**结果** 在 2018 年 1 月至 2019 年 1 月送检金域的 3751 例患者中染色体异常患者占 252 例，阳性率为 6.71%，其中男性异常为 135 例、女性异常为 117 例；252 例异常患者中 21-三体综合征患者为 51 例，其中男性 31 例，女性 20 例。31 例男性中单纯型 29 例，易位型 1 例，嵌合型 1 例。20 例女性中单纯型为 19 例，嵌合型 1 例，单纯型 21-三体综合征为 21-三体患者中表现最多的一种。

**结论** 结果表明 21-三体综合征是染色体病里发病率占比较高的。精子或卵子在减数分裂过程中 21 号染色体未发生分离是 21-三体综合征的主要发病原因 D21S58-D21S42 之间约 5Mb 的基因区域基因的过度导致蛋白质的表达量增加，使患者出现智力低下、生长发育迟缓、特殊面容等症状。

## PU-1326

## 达比加群酯对老年持续房颤患者凝血功能和安全性的评价

吕路路, 皇海  
空军军医大学第一附属医院

**目的** 探讨达比加群酯对老年持续房颤患者凝血功能和安全性的影响。

**方法** 将 76 例老年持续房颤患者随机分为治疗组和对照组, 其中治疗组 37 例, 对照组 39 例。治疗组患者肌酐清除率  $>30\text{ml/min}$  时口服达比加群酯胶囊 110mg bid; 肌酐清除率  $15\text{--}30\text{ml/min}$  口服剂量减半 bid。对照组为法华林治疗组。治疗 3 个月后统计两组患者治疗前后凝血指标 (凝血酶原时间 (PT), 活化部分凝血活酶时间 (APTT), 纤维蛋白原 (FIB), 凝血酶时间 (TT)) 和临床事件 (脑栓塞、脑出血、致命性出血及其他不良反应等) 的发生率。

**结果** 治疗前两组患者凝血指标和临床事件差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 治疗后患者的凝血指标均明显升高且各指标差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。两组患者均未出现较严重临床事件, 其中脑栓塞发生率无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 但治疗组其他部位栓塞、严重出血及不良反应的发生率明显低于对照组, 且差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 达比加群酯应用于老年持续性房颤治疗时抗凝效果较好, 且能够减低其他部位栓塞, 严重出血及其他不良反应的临床事件发生率, 且安全性较高。

## PU-1327

## Diagnosis and survival values of neutrophil-lymphocyte ratio (NLR) and red blood cell distribution width (RDW) in esophageal cancer

Fuyan Han  
Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Recent studies have borne out claims that inflammation has a vital role in the development and progression of many diseases, including cancers. It has been reported that neutrophil-lymphocyte ratio (NLR) and red blood cell distribution width (RDW) could act as independent prognostic factors for several malignant

tumors. We evaluated the diagnosis and prognosis values of preoperative inflammatory indicators, including NLR and RDW in esophageal cancer (EC).

**Methods** We retrospectively analyzed the clinical data of 300 EC patients and 220 early esophageal cancer (EEC) undergoing potentially curative esophagectomy in The Second Hospital of Shandong University, and chose 200 age and sex-matched healthy volunteers as the control group. We compared the clinicopathological features, survival curves and prognosis of the EC patients between the high and low groups according to the cutoff values of NLR and RDW.

**Results** Significant higher preoperative NLR and RDW values were detected in patients with EEC and EC compared to the healthy controls ( $P < 0.001$ ). A high RDW was significantly associated with an older age ( $P < 0.05$ ). NLR and RDW values after surgery in EC group were significantly higher than those before surgery ( $P < 0.001$  and  $P < 0.001$ , respectively). For EEC group, a higher RDW value showed a significantly worse overall survival (OS) and disease-free survival (DFS) ( $P = 0.040$  and  $P = 0.013$ , respectively). For EC group, an increased NLR indicated a significant association with poor overall survival (OS) ( $P = 0.004$ ) and DFS ( $P = 0.001$ ). Preoperative NLR can act as an independent prognostic indicator for EC.

**Conclusions** The preoperative NLR and RDW are convenient, practical easily measured biomarkers of clinical diagnosis and prognostic assessment of patients with EC. Furthermore, NLR was more effective than RDW acting as an independent prognostic biomarker for EC.

## PU-1328

### 口腔白念珠菌的毒力、耐药性及其相关性研究

孙康德,张家胜,陈旭,虞中敏  
上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 了解口腔白念珠菌分泌型水解酶、生物膜和菌丝相形成等毒力因子的体外表达水平及其耐药性,以及两者的相关性。

**方法** 分别采用牛血清白蛋白平板、卵黄琼脂平板和三丁酸甘油酯平板检测口腔白念珠菌分泌型天冬氨酸蛋白酶(SAP)、磷脂酶(PL)和脂肪酶(Lip)的活性;使用结晶紫法检测其生物膜的形成;采用实时荧光PCR法检测菌丝壁蛋白1基因(HWP1)的表达;并用ATB FUGUS 3法检测白念珠菌对常用抗真菌药物的耐药性;且运用皮尔逊相关性分析和T检验进行数据分析。

**结果** 80%的菌株高产分泌型天冬氨酸蛋白酶,98%的菌株高产磷脂酶,然而78%的菌株脂肪酶产量中等,且无菌株高产脂肪酶;50株菌株均能形成生物膜,其中30株(60%)生物膜形成强;SAP和PL的体外表达水平呈正相关( $P<0.05$ ),其他毒力因子之间均无相关性;耐药株与敏感株的毒力因子体外表达及HWP1表达之间没有显著性差异。

**结论** 大部分口腔白念珠菌高表达SAP和PL,中等表达Lip,生物膜形成能力强,SAP和PL的体外表达水平呈正相关,口腔白念珠菌的毒力与耐药性之间没有显著相关性。

## PU-1329

### 血清VEGF、SAA、Lp-PLA2联合检测对急性脑梗死患者的诊断价值

彭道荣,霍豆,秦爽,赵茜,李矿发,吴永昌,邢瑞青  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨血清血管内皮细胞生长因子(VEGF)、淀粉样蛋白A(SAA)和脂蛋白相关磷脂酶A2(Lp-PLA2)水平与急性脑梗死(ACI)的关系,为ACI的诊治提供依据。

**方法** 选择2017年8月~2017年12月间,西京医院收治的急性脑梗死患者76例作为ACI组,另选择同期在该院进行体检的健康者32例作为对照(NC)组。采用散射比浊法进行SAA水平的检测。采用双抗体夹心法(ELISA)进行VEGF和Lp-PLA2的测定。比较各组间检测指标的差异,采用尤登指数评价各指标及联合检测的诊断价值。

**结果** ACI组76例ACI患者SAA、Lp-PLA2和VEGF含量均显著高于NC组( $P<0.01$ )。ACI组VEGF与SAA、Lp-PLA2呈正相关( $r=0.434, 0.417, P$ 值均 $<0.01$ )。血清VEGF、SAA、Lp-PLA2辅助诊断急性脑梗死的最佳诊断临界点分别为161.93pg/ml、3.81mg/L、185.11ng/mL,灵敏度分别为93.55%、65.91%、43.10%,特异度分别为60.00%、93.75%、89.12%;联合检测以SAA和VEGF联合为最优,优于单项检测及三项联合,SAA与VEGF联合检测灵敏度为90.63%,特异性为97.73%,尤登指数0.88

**结论** VEGF、SAA、Lp-PLA2在急性脑梗死者血清中显著升高,其表达对于急性脑梗死的诊断具有重要价值。VEGF与SAA、Lp-PLA2呈正相关,可能具有协同作用,可能参与脑梗死的病理过程。SAA与VEGF联合检测对脑梗死的诊断具有较高的临床价值。

## PU-1330

## hs-CRP、VEGF、CEA 联合检测在鉴别良、恶性胸腹腔积液中的临床价值

秦爽,霍豆,房艳,陈慧昱,邢瑞青,彭道荣

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨 hs-CRP (high-sensitivity CRP, 超敏 CRP)、VEGF (Vascular endothelial growth factor, 血管内皮生长因子)、CEA(癌胚抗原)对胸腹腔积液鉴别诊断的临床价值。

**方法** 应用乳胶增强散射比浊法、EILSA 方法及电化学发光免疫分析技术, 检测 81 例患者胸腹腔积液中 hs-CRP、VEGF 和 CEA 的浓度。

**结果** 恶性胸腹腔积液组 hs-CRP 浓度为  $[(10.03 \pm 10.86) \text{ mg/l}]$  与良性胸腹腔积液组  $[(3.24 \pm 4.56) \text{ mg/l}]$  比较, 差异非常显著 ( $P < 0.01$ ); 恶性胸腹腔积液组 VEGF 浓度为  $[(321.41 \pm 295.91) \text{ pg/ml}]$  与良性胸腹腔积液组  $[(31.00 \pm 92.87) \text{ pg/ml}]$  比较, 差异非常显著 ( $P < 0.01$ ); 恶性胸腹腔积液组 CEA 浓度为  $[(227.46 \pm 738.08) \text{ ng/ml}]$  与良性胸腹腔积液组  $[(1.10 \pm 1.12) \text{ ng/ml}]$  比较, 浓度明显高于良性组 ( $P < 0.05$ ); hs-CRP、VEGF 和 CEA 恶性胸腹腔积液中检测的敏感性分别为 47%、58% 和 47%、特异性为 57%、96% 和 98%; 在区分良恶性胸腹腔积液时, hs-CRP、VEGF 和 CEA 联合检测优于单项检测。

**结论** 恶性胸腹腔积液组中 hs-CRP、VEGF 和 CEA 水平明显高于良性组。hs-CRP、VEGF 及 CEA 联合检测可区分良、恶性胸腹腔积液的性质, 其中以 VEGF 及 CEA 联合检测为最佳, 对于良、恶性胸腹腔积液的鉴别诊断具有较高的临床价值。

## PU-1331

## 临床医学检验急诊组质量控制的应用体会

屈慧

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 通过日常检验工作的经验积累和质量控制的不断学习, 探讨检验科急诊组应该如何做到质量控制的最大程度化。

**方法** 以本医院检验科急诊组质量控制为例, 从质控品方面、标本比对方面、人员管理方面以及 lis 软件的巧妙利用方面, 摸索出适合本实验室的质量控制方法。

**结果** 1, 质控品的使用是检验中质量控制的关键, 急诊检验为 24 小时工作制, 本实验室临检、生化相关检验设立了每日早八点和晚五点两次质控时间, 免疫相关比较稳定的检验设立了 24 小时一次质控的规定。2, 在质控品使用的基础上, 制定标本随机仪器比对的规定, 减少仪器的偶然误差和两台仪器的结果误差。3, 人员管理上本实验室设立质控组, 每日一名质控组人员运行质控并分析、记录至文档, 分享至质控组, 保证了质控操作的统一性和质控分析的溯源性。4, 为保证检验报告单质量, 可巧妙使用 lis 设置提醒或拦截, 避免低级错误导致错误报告单的发放。5, 与临床医生的及时有效沟通交流, 为检验和临床两方面的工作提供良好的前提条件。

**结论** 检验科急诊组是检验科的重要组成部分, 由于夜班的存在和人员的流动性, 也是检验科把控比较薄弱的的一个环节, 合理的质控管理和软件的巧妙使用可以帮助我们质量控制的最大效益化, 可有效提高检验工作的质量, 减少错误报告的发放。



## PU-1332

## 1269 例抗-HCV“阳性”标本的分析讨论

屈慧, 皇海

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 分析罗氏电化学发光检测仪 Cobas e602 检测抗-HCV“阳性”标本的假阳性率, 为检测抗-HCV 发放报告提供参考。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2017 年 2 月使用电化学发光法检测抗-HCV COI 值在 1.01-100.0 的“阳性”标本 1269 例, 按 COI 值分为 5 组, A 组 1.01~5.0 COI; B 组 5.01~10.0 COI; C 组 10.01~30.0 COI; D 组 30.01~60.0 COI; E 组 60.01~100.0 COI。将这 5 组 1269 例标本使用罗氏电化学发光检测仪 Modular e170 和 ELISA 进行复查确认, 记录复查前后的检测数值并对阳性率和假阳性率进行统计分析。

**结果** ①1269 例标本的阳性符合率为 76.12%; ② A、B、C、D、E 五组标本阳性符合率分别为 9.9%、34.9%、82.7%、94.95%、100%; ③假阳性标本 303 例, 男 138 例、女 165 例, 男女比例无明显差异; ④假阳性标本科室来源: 妇产科 48 例、消化科 42 例、心脏内科 38 例、其他 175 例。

**结论** ①使用罗氏电化学发光检测仪 Cobas e602 检测抗-HCV 抗体, 测量值在 1.01-60.0 COI 的标本阳性符合率低, 且随着结果的减低而减低, 需提高警惕; 测量值在 60.0 COI 以上的标本阳性符合率完全一致, 可放心发放报告。②使用罗氏电化学发光检测仪 Cobas e602 检测抗-HCV 抗体灰区范围较大, COI < 60.0 最好使用不同方法学复查再发 HCV 检验报告。③妇产科标本在此次研究中所占比例相对较高, 是妊娠状态还是妇科疾病的干扰还需要进一步研究。

## PU-1333

## 基于丝网印刷电极的疲劳检测生物传感器的研制

周觅

山东大学第二医院, 250000

**目的** 随着社会的快速发展和竞争的日益加剧, 当人精神压力增大时, 唾液中的  $\alpha$ -淀粉酶活性急剧升高。通过检测唾液中的  $\alpha$ -淀粉酶活性可了解人的精神压力状况。

**方法** 基于丝网印刷技术在 PVC 薄膜上制备了一次性碳电极, 用 Nafion 固定二茂铁(Fc)作为电子介体, 将  $\alpha$ -糖苷酶和葡萄糖氧化酶(GOD)滴加于二茂铁修饰的电极上, 滴加明胶晾干, 戊二醛间接交联固定制成一次性唾液  $\alpha$ -淀粉酶生物传感器。

**结果** 制备的丝网印刷电极成本低、重复性好、集成化和便于批量生产。该传感器响应电流与  $\alpha$ -淀粉酶活性在 60.0~840.0 U/L 之间呈现良好的线性关系, 检出限为 17.0 U/L。该生物传感器达到 95% 稳态响应时间不超过 30 s, 具有良好的一致性、准确性和稳定性。探讨了 pH、缓冲液、温度及其它干扰物质等对该传感器的影响。该传感器可用于唾液  $\alpha$ -淀粉酶浓度的快速、准确检测。

**结论** 该传感器能对唾液  $\alpha$ -淀粉酶进行快速、敏感和特异性的定量测定。这为建立一种便捷、准确检测人的精神压力程度新方法奠定了基础。

## PU-1334

## Tim-3 在人乳腺癌细胞中的表达及意义

韩福燕

山东大学第二医院,250000

**目的** T 细胞免疫球蛋白及黏蛋白结构域分子-3 (T cell immunoglobulin and mucin-domain containing molecule-3, Tim-3) 是一种负性免疫调节分子, Tim-3 不但表达于各种免疫细胞上, 也可以表达于肿瘤细胞上, 在肿瘤免疫中发挥重要的功能。研究发现 Tim-3 在宫颈癌细胞、黑色素瘤细胞、肺癌细胞上的表达明显高于癌旁组织, 且可独立影响病人预后。然而, Tim-3 与乳腺癌的关系目前研究较少。本文我们研究 Tim-3 在人乳腺癌细胞中的表达情况及其对增殖、迁移、侵袭和凋亡的影响。

**方法** 通过 Western 检测乳腺癌细胞株 Tim-3 的表达; 琼脂糖凝胶电泳和 Western 检测 Tim3-siRNA 和 ADV-Tim3 对 Tim-3 的作用效果; 利用 CCK-8、划痕、Transwell 及 Annexin V/FITC, 检测 Tim-3 对乳腺癌细胞增殖、迁移、侵袭、凋亡的影响。

**结果** 运用 Western blotting 检测发现 Tim-3 在 MCF-7 中表达相对较高, 在 MDA-MB-231 中表达相对较低。利用 CCK-8 检测发现 Tim3-siRNA 组细胞的增殖能力明显低于 NC 组; 转染 ADV-Tim3 组细胞的增殖能力明显强于 Control 组 ( $P<0.05$ )。划痕实验发现 Tim3-siRNA 组 24h 的迁移距离显著小于 NC 组, ADV-Tim3 组细胞的迁移距离显著大于 Control 组 ( $P<0.05$ )。利用 Transwell 来验证 Tim-3 对侵袭能力的作用, 我们发现 Tim3-siRNA 组穿过膜的细胞数量明显比 NC 组低, ADV-Tim3 组穿过膜的细胞个数显著高于 Control 组 ( $P<0.05$ )。以上结果说明, 阻断 Tim-3 可以抑制乳腺癌细胞的增殖、迁移及侵袭能力; 上调 Tim-3 可以增强其增殖、迁移及侵袭。利用 Annexin V/FITC 测凋亡发现, Tim3-siRNA 组细胞凋亡率明显高于 NC 对照组 ( $P<0.05$ ), ADV-Tim3 组细胞的凋亡率明显低于 Control 组 ( $P<0.05$ )。以上结果说明 Tim-3 可抑制乳腺癌细胞的凋亡。

**结论** Tim-3 可表达于乳腺癌细胞上。Tim-3 可促进乳腺癌细胞的增殖、迁移、侵袭能力及抑制其早期凋亡, 为乳腺癌的防治提供新靶点。

## PU-1335

## The reference intervals for HE4, CA125 and ROMA in healthy female

Jingjing Yang<sup>1</sup>, Aiguo Tang<sup>2</sup>, Liang Ming<sup>1</sup>

1. the first affiliated hospital of Zhengzhou University

2. the Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** Human epididymis protein 4 (HE4) is a tumor marker in diagnosing ovarian cancer. Together with cancer antigen 125 (CA125) and the risk of ovarian malignancy algorithm (ROMA) score, it can improve sensitivity and specificity. There are no reports about the serum HE4 reference intervals (RIs) with electrochemiluminescence immunoassay (ECLIA). The RI of ROMA hasn't been established yet. In this study, we establish the RIs for serum HE4, CA125 and ROMA in healthy Chinese female with ECLIA.

**Methods** Serum HE4 and CA125 concentrations in healthy female (age ranged from 21 to 81 years) were simultaneously measured with ECLIA on Roche Cobas E601 system. The RIs were determined following CLSI C28-A3 guidelines using a nonparametric method.

**Results** The upper limits of the 95% percentile intervals were 82.62 pmol/L for HE4, 30.91 U/ml for CA125 and 19.27 for ROMA. The reference limits for HE4, CA125 and ROMA were 65.87 pmol/L, 32.23 U/ml, 13.14 for premenopausal women, and 90.76 pmol/L, 27.52 U/ml, 25.46 for postmenopausal women respectively.

**Conclusions** We established the RIs for serum HE4, CA125 and ROMA with ECLIA in healthy Chinese female. It provided a reference for clinical and laboratory studies.

## PU-1336

# 红细胞分布宽度在感染性心内膜炎患者中的水平与预后价值

宋丽颖,陈思,靳杨,袁慧  
首都医科大学附属北京安贞医院,100000

**目的** 感染性心内膜炎 (Infective endocarditis, IE) 是一种发生在天然瓣膜、人工瓣膜、心脏内膜和体内留置心脏装置上的感染性疾病,年发病率约 3-10/10 万人次。主要诊断方法是改良 Duke 诊断标准,包括血培养、超声心动图、免疫学征象、易感因素、发热、血管征象、微生物证据。红细胞分布宽度 (英文全称 red blood cell width, RDW) 是反映周围红细胞大小的异质性指标, NLR 即中性粒细胞/淋巴细胞比值,通常由血常规结果计算所得。本研究选取感染性心内膜炎患者,探讨 RDW 及 NLR 与感染性心内膜炎严重程度及预后的关系。

**方法** 回顾性分析 2014 年 12 月至 2018 年 3 月首都医科大学附属北京安贞医院感染科收治,诊断为“感染性心内膜炎”患者 74 例。对照组选同期在体检中心检查,年龄、性别相匹配的表征健康的人 80 名。疾病对照组选取同期在安贞医院住院的冠状动脉粥样硬化性心脏病患者共 86 例。统计患者入院 24 小时内, RDW、血红蛋白、高敏 C 反应蛋白、降钙素原、中性粒细胞绝对值/淋巴细胞绝对值,红细胞分布宽度、血小板、平均血小板体积、血小板分布宽度, B-型尿钠肽、超敏肌钙蛋白 I。采用 SPSS25.0 软件进行统计学分析,  $P < 0.05$  认为差异有统计学意义。

**结果** 回顾性分析 2014 年 12 月至 2018 年 3 月首都医科大学附属北京安贞医院感染科收治,诊断为“感染性心内膜炎”患者 74 例。对照组选同期在体检中心检查,年龄、性别相匹配的表征健康的人 80 名。疾病对照组选取同期在安贞医院住院的冠状动脉粥样硬化性心脏病患者共 86 例。统计患者入院 24 小时内, RDW、血红蛋白、高敏 C 反应蛋白、降钙素原、中性粒细胞绝对值/淋巴细胞绝对值,红细胞分布宽度、血小板、平均血小板体积、血小板分布宽度, B-型尿钠肽、超敏肌钙蛋白 I。采用 SPSS25.0 软件进行统计学分析,  $P < 0.05$  认为差异有统计学意义。

**结论** NLR、RDW 作为血常规指标容易得到,临床提示感染和预后有较大价值,在感染相关疾病的预后方面有较广阔的应用前景。

## PU-1337

# 二代测序技术在检验医学中的应用

刘燕  
吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 随着临床检验医学的不断发展,“精准医疗”概念的提出,势必会伴随着新的检验技术的到来,二代测序技术应运而生,迅速发展,它可以从基因组机制上阐释遗传学、发育生物学、进化生物学等学科的经典概念,为精准医学开辟了应用性新领域。

**方法** 二代测序技术主要采用边合成边测序的方法,即通过捕捉新合成的末端的标记来确定 DNA 的序列,二代测序技术主要包括测序文库的构建、锚定桥接、预扩增、单碱基延伸测序和数据分析几个步骤。

**结果** 一、无创产前筛查

将二代测序技术应用在无创产前筛查胎儿染色体非整倍体疾病中,该技术可以对每条染色所占总染色体的比例进行精确定量,从而弥补了血清学筛查方法不能检测 13-三体 and 性染色体数目异常的不

足,并且该方法还能够对于大部分性染色体的非整倍体情况进行检测,具有重要临床价值,该检测技术具有无创优势,敏感性及准确性均较高,对减少胎儿出生缺陷、提高整体生育质量等方面均具有重要意义。

## 二、癌症检测及癌症精准治疗

在癌症基因组学方面,二代测序技术可以识别癌症驱动基因,发现新的易感基因及突变类型,有助于癌症发病风险评估和管理。在癌症个体化治疗方面,二代测序技术可以检测和分析癌症相关治疗靶点及信号通路,指导靶向药物和治疗方案的选择,实现精准用药。

## 三、遗传病和单基因病

目前,二代测序技术是遗传病及单基因病诊断的首选方法,因其诊断价值较高,实用性较强,国内外已经有多个研究机构利用二代测序技术的不同测序方法及平台对遗传性疾病进行研究,将二代测序应用于疑难、危重的遗传性疾病中,是目前的研究热点,可以提高遗传病和单基因病的整体医疗水平,丰富疾病谱。

## 四、微生物和感染性疾病

据报道,二代测序技术已经应用于一些临床微生物实验室,其常用于医院感染性疾病爆发的调查、感染预防、未知病原体的鉴定和检测、毒力分析、耐药基因组的研究等方面。二代测序技术有助于突发、新发感染性疾病的及时诊断,并有助于开发微生物基因组学应用于感染性疾病监测和疫情调查的全部潜力。

**结论** 二代测序技术在临床检验医学中的应用广泛,涵盖了产前无创检测、癌症检测及癌症精准治疗、遗传病和单基因病检测以及微生物和感染性疾病检测等多个领域,造福人类的同时也必将推动整个检验医学的进步。

## PU-1338

# 应用纳米抗体及金介孔碳复合材料构建免疫传感器 对转基因蛋白的高效检测方法研究

张明明

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 截至 2016 年,全球范围的转基因作物的种植面积已经高达 1.841 亿公顷,大面积的转基因农作物所带来的生态安全性问题以及对人体健康可能造成的潜在威胁仍然不可忽略。CP4-EPSPS 蛋白是转基因蛋白中具有代表性的一种。我们构建一种结合纳米抗体优势的电化学免疫传感器,利用纳米金介孔碳疏水的键合物作为传感探针构建传感器件,以实现 CP4-EPSPS 蛋白的定性定量检测。

**方法** 首先制备纳米金及纳米金和有序介孔碳的复合物作为基底复合物;后将基底复合物滴加在电极表面并在此基础逐步修饰 CP4-EPSPS 特异性纳米抗体和疏水的混合物以及不同浓度的 CP4-EPSPS 蛋白以构建电化学免疫传感器;根据不同浓度 CP4-EPSPS 蛋白所对应的实验数据拟合出标准曲线并得出方程。最后用非转基因大豆原液作为稀释液,向其加入已知浓度的待测抗原 CP4-EPSPS 蛋白来验证本方法的特异性、重现性、稳定性及可靠性。

**结果** 通过实验数据,我们拟合出标准曲线结果为  $(I_0 - I_t)/I_0 = 0.0754 \lg C \text{ (ng} \cdot \text{mL}^{-1}) + 0.3628$ , 线性相关系数约为 99.3%,并得出本方法对 CP4-EPSPS 蛋白的检测线性范围为  $0.001 \sim 100 \text{ ng} \cdot \text{mL}^{-1}$ , LOD 值为  $0.72 \text{ pg} \cdot \text{mL}^{-1}$ 。此外,加标回收的回收率范围为 96.18%到 102.7%,所测得的浓度值与实际浓度值偏差不超过 5%。

**结论** 依据所有实验数据的结果,我们认为电化学免疫传感器构建成功,并实现了对 CP4-EPSPS 蛋白的高效定性定量检测。此外,本方法可以通过替换目标抗原及抗体实现对其他目标蛋白的检测如肿瘤的血清学标志物等。

PU-1339

## A tRNA fragment, 5'-tiRNA<sup>Val</sup>, suppresses the Wnt/ $\beta$ -Catenin signaling pathway by targeting FZD3 in breast cancer

Pan Jiang, DongPing Mo, Feng Yan

Department of Clinical Laboratory, Jiangsu Cancer Hospital &amp; Jiangsu Institute of Cancer Research &amp; The Affiliated Cancer Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** The study of ncRNAs, well known as rRNA, tRNA, snRNA, snoRNA, has increased in recent years by a large margin owing to their deductive roles in gene regulation. Meanwhile, ncRNAs have been documented to harbor physiological functions in controlling signaling pathways. Emerging evidence reveal that mutations in genomic regions that do not encode proteins are related to several human diseases. tiRNAs & tRFs are a small class of molecular noncoding tRNA derived from precise processing of precursor or mature tRNAs. Most tiRNAs & tRFs described spring from nucleus-encoded tRNAs, and only the very few tiRNAs & tRFs have been reported. tRNA-derived fragments offer a recently identified group of non-coding single-stranded RNAs that are often as abundant as microRNAs in cancer cells and play important roles in carcinogenesis. However, the biological functions of them in breast cancer are still unclear. In this study, we focused on investigating whether 5'-tiRNA<sup>Val</sup> (a 5'-half fragment of tRNA-Val-CAC, which was processed from the mature tRNA-Val-CAC-2-1) could play a key role in the progression of breast cancer.

**Methods** By comparing RNA-seq data, we have identified 5'-tiRNA<sup>Val</sup> with significantly low expression in breast cancer tissues. The down-regulation of serum 5'-tiRNA<sup>Val</sup> was positively correlated with stage progression and lymph node metastasis. Overexpression of 5'-tiRNA<sup>Val</sup> was found to suppress breast cancer cells malignant activities. FZD3 was confirmed to be a direct target of 5'-tiRNA<sup>Val</sup> in breast cancer. In addition, FZD3,  $\beta$ -Catenin, c-Myc and cyclin D1 levels in 5'-tiRNA<sup>Val</sup> overexpressing cells were downregulated while APC was inversely upregulated. Rescue experiments displayed that 5'-tiRNA<sup>Val</sup> inhibited the FZD3-mediated Wnt/ $\beta$ -Catenin signaling pathway in breast cancer cells. Finally, using the cut-off value of 5.433, 5'-tiRNA<sup>Val</sup> levels differentiated breast cancer from healthy controls with a sensitivity of 90.0% and specificity of 62.7%.  $\beta$ -Catenin, c-Myc and cyclinD1 levels were downregulated, while the APC was inversely upregulated, in breast cancer cells overexpressing 5'-tiRNA<sup>Val</sup>.

**Results** 5'-tiRNA<sup>Val</sup> is a type of tRNA halves and the expression of 5'-tiRNA<sup>Val</sup> in breast cancer tissues and serum is lower than paracancerous tissues and normal serum, which reasoned that this tiRNA maybe act as a tumor suppressor to suppresses the Wnt/ $\beta$ -Catenin signaling pathway by targeting FZD3 in breast cancer cells.

**Conclusions** This is the first study to show that 5'-tiRNA<sup>Val</sup> as a new tumor-suppressor through inhibition of FZD3/Wnt/ $\beta$ -Catenin signaling pathway and could serve as a new diagnostic marker and potential therapeutic target in breast cancer.

PU-1340

## Use of Nested PCR for the Detection of Trichomonads in Bronchoalveolar Lavage Fluid

Dongwei Hu<sup>1</sup>, Chao Lin<sup>1</sup>, Furong Ying<sup>1</sup>, Yanan Lai<sup>1</sup>, Xiaolong Li<sup>1</sup>, Xiangyang Xue<sup>2</sup>, Tieli Zhou<sup>1</sup>

1. The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

2. Wenzhou Medical University

**Objective** The methods routinely used to detect trichomonads in the lungs are not sensitive enough, and an effective method is urgently needed.

**Methods** Primers were first designed to match the conserved area of the 18S rRNA gene of trichomonads. Then, nested PCR was carried out to detect trichomonads in bronchoalveolar lavage fluid (BALF). Finally, all positive specimens were subjected to DNA sequencing and phylogenetic analysis.

**Results** Among 115 bronchoalveolar lavage fluid samples, ten samples tested positive in nested PCR (10/115), while no samples were positive in wet mount microscopy (0/115) ( $P < 0.01$ ). Among the ten positive specimens, two were identified as *Tetratrichomonas* spp. and the other eight as *Trichomonas tenax* in phylogenetic analysis.

**Conclusions** Nested PCR is an effective way to detect trichomonads in bronchoalveolar lavage fluid

## PU-1341

### The regulation of PPARgamma S-nitrosylation by Trx system in hepatic lipid accumulation

Ruiying Yin

The first affiliated hospital of Zhengzhou university

**Objective** Hepatic lipid accumulation is an important feature of metabolic liver diseases—nonalcoholic steatohepatitis (NASH). As a nuclear receptor, peroxisome proliferator-activated receptor  $\gamma$  (PPAR $\gamma$ ) is an important regulator of lipid metabolism in liver. Recent studies showed that PPAR $\gamma$  underwent S-nitrosylation that suppressed its function without clear demonstration about its denitrosylation. In present study, we aimed to demonstrate the effect of thioredoxin (Trx) system on hepatic lipid accumulation and the regulation of PPAR $\gamma$  S-nitrosylation by Trx system.

**Methods** NASH cell model was established using free fatty acids (FFAs) induced HepG2 cell line. Oil red O staining was applied to detect the lipid accumulation in the cell after transfecting Trx plasmid or si-RNA targeting Trx. Additionally, the S-nitrosylation level of PPAR $\gamma$  was detected by biotin-switch method.

**Results** After overexpression of Trx by plasmid transfection, the lipid accumulation induced by FFAs in HepG2 cells decreased, compared with vector transfection. While, si-RNA targeting Trx led to suppression of Trx protein expression, resulting in increase of lipid accumulation in HepG2 cell model. Si-RNA targeting Trx upregulated PPAR $\gamma$  S-nitrosylation level, compared with si-RNA including random sequence.

**Conclusions** Trx system improved lipid accumulation in hepatic cells. This function may depend on the denitrosylation of PPAR $\gamma$  and suppression of PPAR $\gamma$  activity by Trx system. Take the regulation function of PPAR $\gamma$  on lipid metabolism into consideration, we suggested that the impairment of Trx system function on denitrosylation and subsequent increase of PPAR $\gamma$  S-nitrosylation, may provide new insight into the involvement of nitrosative stress in hepatic lipid accumulation during NASH progress.

## PU-1342

### 血培养瓶中肠杆菌科细菌产碳青霉烯酶的快速检测

谢小芳<sup>1</sup>, 张凯丽<sup>1</sup>, 杜鸿<sup>1</sup>, 朱雪明<sup>1</sup>

1. 苏州大学附属第二医院, 215000

2. 苏州大学

**目的** 利用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(Matrix Assisted Laser Desorption Ionization-Time Of Flight, MALDI-TOF MS)技术快速检测血培养瓶中肠杆菌科细菌是否产生碳青霉烯酶。

**方法** 收集本实验室保存的 67 株对碳青霉烯类耐药的肠杆菌科菌株, 包含 33 株肺炎克雷伯菌、11 株阴沟肠杆菌、8 株产酸克雷伯菌、6 株大肠埃希菌、4 株产气肠杆菌、3 株弗劳地枸橼酸杆菌和 2 株粘质沙雷菌。将菌株配制为 0.5 麦氏浊度的菌悬液, 稀释至 10cfu/ml 后与绵羊血一同注入需氧和厌氧血培养瓶中建立血培养模型, 置于 BD FX100 全自动血培养仪中培养。待血培养瓶阳性报警后, 差速离心法富集细菌, 取细菌沉淀与 0.1g/L 厄他培南溶液混匀孵育 2h 后再次离心取上清进行 MALDI-TOF MS 检测, 通过菌株与药物反应后产生的特征性峰中药物特征性谱峰的存在与消失来快速判断菌株是否产碳青霉烯酶, 并将其与 PCR 检测结果进行比较。

**结果** PCR 检测结果表明 67 株肠杆菌科细菌均含有一种或多种碳青霉烯酶基因。MALDI-TOF MS 快速检测结果显示该 67 株肠杆菌与厄他培南作用后, 需氧血培养瓶中有 66 株与厄他培南孵育后将其水解, 而厌氧血培养瓶中有 64 株与厄他培南孵育后将其水解, 质谱图显示水解后厄他培南有四个特征峰 335m/z、379m/z、422m/z、465m/z 明显消失, 结果提示携带有 KPC、GES、NDM、IMP 基因的肠杆菌需氧与厌氧血培养瓶检出率都为 100%, 携带有 VIM 基因的肠杆菌需氧血培养瓶检出率 100%, 厌氧血培养瓶检出率 83.3%, 携带有 GIM 基因的肠杆菌需氧血培养瓶检出率 100%, 厌氧血培养瓶检出率 75%, 而 1 株携带有 SIM 基因的阴沟肠杆菌, 需氧与厌氧血培养瓶均未检测出。

**结论** 本研究通过对血培养瓶中的细菌进行富集, 利用 MALDI-TOF MS 技术快速检测血流感染中肠杆菌科细菌是否产碳青霉烯酶, 与 PCR 分子检测手段相比, 具有快速准确, 操作简便, 成本低廉等优势, 将为实验室快速诊断血流感染病原菌是否产碳青霉烯酶提供一种有效可行的检测方法。

## PU-1343

### 肿瘤患者生化检验结果自动审核规则的制定及验证

严翠娥, 张玉娟, 李佳, 高佳, 崔婵娟  
中国医学科学院肿瘤医院, 100000

**目的** 探讨肿瘤患者生化检验结果自动审核规则的制定及验证。

**方法** 收集中国医学科学院肿瘤医院 2016 年全年经人工审核发出的所有进行生化全项检测患者样本报告, 共计样本数 121123 个, 测试数 6177273 个。应用自动审核模拟分析平台 i-Verification, 对我院生化全项共 51 个项目的自动审核规则进行测试及自动审核系统验证。

**结果** 以参考范围和患者历史极值设置自动审核规则一, 通过率为 15.57%, 不通过率为 84.43%。为提高通过率, 以 2016 年全年患者数据对单个生化项目进行统计, 剔除高低各 2.5% 的数据, 以 95% 的区间设定该项目自动审核范围, 合并患者本人历史极值设置自动审核规则二, 通过率为 35.55%, 不通过率为 64.45%, 但发现 K、NA、CL、MG、LDH、HBDH、GLU、TBA、FE、TRansFE、TBIL、DBIL、TG、PALB、SOD、TP、ALB、A/G、B<sub>2</sub>MG、IgA、IgM、LPA、HCY、ADA、APOA、 $\beta$ 1-G(SPE)项目的低限或高限在参考范围内。对规则一和规则二进行整合调整, 结合人工审核经验, 设置自动审核规则三, 采用 2016 年全年共计 121123 个样本数对优化的自动审核规则三进行验证, 发现样本通过率提高到 49.70%, 实验室内标本周转时间缩短了 112.94 分钟。单项目的平均通过率除了 CRP (71.16%) 之外, 均在 80% 以上。头颈部肿瘤 (包括鼻咽、甲状腺、腮腺、口腔、扁桃体、颊、脑部肿瘤) 通过率最高 (为 65.50%), 肝胆胰部位肿瘤患者样本通过率最低 (为 29.97%)。

**结论** 肿瘤患者生化项目自动审核规则的建立, 在提高工作效率的同时, 也有助于检验人员关注通过率低的肿瘤病种的生化项目的审核。

## PU-1344

## 影响微量元素检测结果因素的分析

漆勇

铜仁市碧江区中医医院

**目的** 拟对影响 BH5300 型原子吸收光谱仪检测结果准确性的因素进行探究, 以期找出导致检测结果不准确的原因, 并采取有效措施, 保证检测结果的准确性, 为临床提供正确、客观的评价指标。

**方法** 通过三组实验, A 组, 使用一次性使用塑料吸液头、一次性使用定量取血管、及一次性微量采血管吸取同个血常规标本, 然后进行检测, 对结果进行分析比较。B 组, 研究不同采血量对微量元素检测的影响: a) 0.6ml 稀释液+20ml 血样; b) 0.6ml+40ml 血样; c) 1.2ml 稀释液+40ml 血样。C 组, 使用重铬酸钾清洁液处理过的微量吸血管, 与未经处理过的微量吸血管进行比较。

**结果** 第一组移液枪替换一次性塑料吸头、A 家一次性微量吸管和 B 家一次性微量吸管采样, Zn 和 Cu 测定三种采血管的测定结果均有差异 ( $P<0.05$ ), 而 Mg、Ca、Fe 元素测定结果无差异 ( $P>0.05$ )。第二组实验结果显示, 三种不同采血量检测结果显示 Cu、Zn、Ca、Mg、Fe 元素都存在显著差异 ( $P<0.05$ )。第三组实验组显示, 用经处理和未处理的微量采血管采血 Zn、Cu 的测定结果有显著性差异 ( $P<0.05$ ), 而 Fe、Ca、Mg 测定结果无显著差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 不同采血量、不同微量采血管及未经处理的微量采血管对测定结果有影响, 同一实验室在进行全血微量元素检测时应制定一个标准操作规程, 并且照规程操作。在选取微量采血管时应选择同一品牌的微量采血管, 采血管的容量应经抽检合格, 并经重铬酸钾清洁液处理后使用, 可保证检测结果具有较高的可靠性。

## PU-1345

## Association between Disease Progression and Serum Complement C3 in Patients with Primary Angle-Closure Glaucoma

Yi Ma, Wenjun Cao, Shengjie Li, Xinghui Sun

Eye &amp; ENT Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University, China

**Objective** Glaucoma is the leading cause of irreversible blindness with progressive retinal ganglion cells (RGCs) loss and optic nerve axonal damage. Glaucoma progression is common and currently cannot be halted. Compelling evidence suggests dysregulation of complement system in glaucoma. To investigate association between serum complement 3 (C3) levels and progression of primary angle-closure glaucoma (PACG).

**Methods** In this retrospective clinical cohort study, 62 glaucoma patients were collected from June 2015 to February 2018. Of these, 45 PACG patients met the inclusion criteria and completed the follow-up with a mean period of 10.37 months (range 3–29 months). Age/sex-matched normal controls were consecutively recruited. Determination of functional PACG progression was based on clinical diagnosis of medically uncontrollable IOP and loss of visual field, with a mean deviation of  $>1\text{dB/year}$ . Paired T- testing was used to compare baseline and follow-up serum C3 levels. Logistic regression analysis was performed to evaluate the association between altered C3 levels and PACG progression.

**Results** Serum C3 levels were significantly lower ( $P<0.001$ ) in PACG patients ( $100.16 \pm 17.35\text{ mg/dL}$ ) than those of control group ( $126.18 \pm 19.66\text{ mg/dL}$ ). Progressing and non-progressing PACG patients exhibited opposite change trends of serum C3 levels during study period. In the progressing group ( $n=26$ ), follow-up examination C3 levels ( $95.05 \pm 14.50\text{ mg/dL}$ ) were significantly lower ( $t=2.735$ , 95% CI, 1.53–10.83,  $P=0.011$ ) than baseline ( $101.22 \pm 17.57\text{ mg/dL}$ ).



Non-progressing group (n=19) exhibited a slight increasing trend, though no statistically significant difference ( $t = -1.368$ ; 95% CI,  $-11.52-2.43$ ;  $P=0.188$ ) was found. Logistic regression analysis revealed that decline of C3 levels (OR, 1.201; 95% CI, 1.011– 1.428;  $P=0.038$ ) was associated with PACG progression.

**Conclusions** Decline of serum C3 levels was related to PACG progression, suggesting a systemic consumption of complement in PACG progression.

## PU-1346

### 以 IL-7R 为靶点治疗类风湿性关节炎作用机制探讨

王院霞<sup>1</sup>, 张丽丽<sup>2</sup>, 蔡力<sup>2</sup>, 聂红<sup>2</sup>, 陈福祥<sup>1</sup>

1.上海交通大学医学院附属第九人民医院, 200000

2.上海交通大学医学院免疫学研究所

**目的** 类风湿性关节炎 (rheumatoid arthritis, RA) 是一种器官特异性的自身免疫病, 病变主要累及全身大小关节, 免疫反应是 RA 发病和病情迁延的中心环节, 感染、内分泌、遗传和环境等因素增加了疾病的易感性。

**方法** 本文初步探讨了阻断 IL-7/IL-7R 信号通路治疗 RA 的免疫学调节机制。通过测序研究中国汉族 RA 人群 IL-7Ra 基因 rs6897932 位点单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, SNP), 阐明 IL-7R 基因多态性与 RA 的相关性; 通过 ELISA 检测 RA 患者外周血中 IL-7、IFN-g、IL-17、TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-1 $\beta$ 、IL-21、IL-23 和 MMP-13 等细胞因子含量, 分析 IL-7 与其他细胞因子的相关性; 应用流式细胞术研究 IL-7Ra 在健康对照者和 RA 患者 T 细胞亚群中的分布情况, 以及 IL-7 对 naïve CD4<sup>+</sup>T 细胞的增殖、分化所产生的影响。

**结果** 在中国汉族 RA 人群中, IL-7Ra 基因 rs6897932 位点 SNP 与疾病发病易感性关联无统计学意义, 但与健康对照相比, RA 患者该位点等位基因 C 比例有所增高, T 比例有所降低, 提示 C 可能为 RA 发病的危险基因; 基因型为 CC 的 RA 患者血浆中的炎性细胞因子含量显著高于基因型为 TT 和 TC 的 RA 患者。RA 患者血浆中 IL-7 及其它炎性细胞因子水平都明显增高, 分析发现 IL-7 与 IFN-g、TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$  分泌水平具有明显正相关, IL-7 可以促进 IFN-g、TNF- $\alpha$  的分泌, 并促进了 naïve CD4<sup>+</sup>T 细胞向 Th1 细胞分化。我们的研究结果还表明 IL-7Ra 在健康对照者和 RA 患者 PBMC 中的 CD4<sup>+</sup>T 细胞上高表达, 且 RA 患者 IL-7Ra 表达水平明显高于健康对照。

**结论** 研究结果提示 IL-7Ra 基因 rs6897932 位点 SNP 与 RA 的发病易感性无关联, 但与 RA 患者血浆中炎性细胞因子的含量具有明显关联; 在外周血中, IL-7 主要通过促进 IFN-g、TNF- $\alpha$  等炎性细胞因子的分泌及 CD4<sup>+</sup>T 细胞的增殖而加重 RA 炎症, 表明 IL-7Ra 抗体具有临床治疗 RA 的潜在研发价值。

## PU-1347

### SIRT1 作用于肿瘤细胞的研究进展

刘冬雪

吉林金域医学检验所

**目的** 随着人类对肿瘤的了解和认识不断加深, 人类对肿瘤的基因方面的研究越来越多。EMT 相关转录子 SIRT1 是一种与烟酰胺腺嘌呤二核苷酸 (NAD<sup>+</sup>) 相关的组蛋白去乙酰化酶, 与肿瘤的发展过程密切相关, 对细胞老化、DNA 复制、细胞生长、代谢等及肿瘤发展等等许多过程都有影响。近来研究表明 SIRT1 或许能影响肿瘤的产生、发展过程。

**方法** 通过研究和分析 SIRT1 体内表达临床病例的关系, 探讨其调控的信号通路, 以及 SIRT1 在机体不同部位的表达所引起的影响, 希望为肿瘤临床治疗提供新的方法思路, 寻找其它治疗靶点。

**结果** 通过分析 SIRT1 的基因结构特点,发现 SIRT1 与肿瘤细胞增殖在不同组织中表达不同,具有显著差异性,SIRT1 在乳腺癌组织中呈高表达,且与肿瘤增殖指标 Ki-67 正相关,而在其它组织中有的表现为抑制肿瘤增殖的作用。SIRT1 还可抑制细胞的凋亡,促进肿瘤细胞生长。此外,SIRT1 对于机体能量代谢以及机体衰老过程都会有影响。

**结论** SIRT1 与细胞的能量代谢、细胞老化、肿瘤发展等许多阶段相关。SIRT1 与恶性肿瘤的联系,肿瘤种类涵盖了结肠癌、前列腺癌、乳腺肿瘤以及鼠肺癌、肉瘤和淋巴瘤。组织类型不同,表达也不同,但可以证实的一点是,SIRT1 的低表达能够增加肿瘤患者寿命,SIRT1 在皮肤癌、卵巢癌、肝癌、胃癌、等肿瘤中是低表达 Deng。SIRT1 对于能量代谢的影响,在肝脏的能量代谢平衡中发挥重要作用,通过调节 SIRT1 的表达,能减轻肝脏组织储存脂质,此外,SIRT1 还可调节胰岛素敏感性和葡萄糖代谢能力,达到控制胰岛素的作用。总之,SIRT1 是肿瘤发生发展过程中一个重要的调节因子,在肿瘤发生发展中可能起着正向作用,随着对 SIRT1 不断深入的研究,在治疗肿瘤方面会有新的突破和进展。

## PU-1348

# Elevated Hemoglobin Level in Neovascular Glaucoma Secondary to Diabetic Retinopathy

Yi Ma,Wenjun Cao,Xinghui Sun

Eye &ENT Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University, China

**Objective** Neovascular glaucoma (NVG) is a blinding, intractable disease, which is difficult to control and frequently results in loss of vision. The exact mechanism by which proliferative diabetic retinopathy (PDR) progresses to NVG remains unknown. Several studies have reported altered RBC indices in diabetes mellitus and DR patients, however, researches about the changes from PDR to secondary NVG are still limited. To analyze erythrocytic characteristics in patients presenting with PDR and identify potential erythrocytic risk factors for the subsequent development of NVG.

**Methods** Sixty NVG secondary to PDR patients (NVG group), 62 PDR without NVG patients (PDR group) and 66 healthy individuals (control group) were enrolled from September 2017 to October 2018. Detailed ophthalmic examinations and measurements of red blood cell indices [red blood cell counts (RBC), hemoglobin (Hb), hematocrit (HCT), mean corpuscular volume (MCV), mean cell hemoglobin (MCH), mean cell hemoglobin concentration (MCHC), red cell distribution width (RDW)] were performed. The subgroups were classified according to gender and the morphology of the anterior chamber angle: open angle NVG (O-NVG) and close angle NVG (C-NVG).

**Results** NVG patients have significantly higher Hb, RBC and HCT levels than PDR patients ( $133.50 \pm 16.54$  vs.  $125.15 \pm 16.05$ g/L,  $4.50 \pm 0.56$  vs.  $4.27 \pm 0.61 \times 10^{12}$ /L,  $39.19 \pm 4.77$  vs.  $36.36 \pm 4.80\%$ , respectively,  $P < 0.05$ ). The AUROC values for Hb, RBC and HCT to distinguish NVG from PDR subjects were 0.643, 0.632, and 0.666, respectively. No statistical difference of MCV, MCH, MCHC and RDW was found between NVG and PDR groups. NVG and PDR subjects have significantly lower Hb, HCT, MCV and MCH levels than control. A similar changing trend was observed in gender subgroup. No significant difference between the O-NVG group and C-NVG group was observed in terms of the demographic and red blood cell indices. Multiple logistic regression revealed that Hb (OR=1.039, 95%CI=1.014-1.066,  $P=0.003$ ) and glycated hemoglobin (HbA1c) (OR=1.602, 95%CI=1.122-2.286,  $P=0.009$ ) were independently associated with PDR progressed to NVG.

**Conclusions** NVG patients had significant higher Hb, RBC and HCT levels than PDR, moreover, elevated Hb was independently associated with PDR progressed to NVG, which indicated that increased Hb level might be a potential risk factor for subsequent development of NVG in PDR patients.

## PU-1349

## Non-neutralizing epitopes induce robust hepatitis C virus (HCV)-specific antibody-dependent CD56+ natural killer cell responses in chronic HCV-infected patients

lu long

Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai JiaoTong University School of Medicine

**Objective** NK cell-mediated antibody-dependent cellular cytotoxicity (NK-ADCC) is of considerable interest in viral infection. However, little is known about NK-ADCC responses in chronic hepatitis C virus (HCV) infection.

**Methods** ADCC responses mediated by circulating CD56+ NK cells were detected and compared between 31 chronic HCV carriers and 49 healthy individuals. Further, HCV-specific ADCC epitopes with capacity to induce robust NK-ADCC activation were identified.

**Results** Impaired nonspecific antibody-dependent NK cell responses were observed in chronic HCV infection, as shown by decreased degranulation (extracellular CD107a expression) and IFN- $\gamma$  production in response to antibody-bound P815 cells. A peptide pool composed of epitopes recognized by anti-HCV-E1/E2 antibodies could induce pronounced HCV-specific antibody-dependent NK cell responses in sera from

approximately half of the chronic HCV carriers. Additionally, HCV-specific epitopes with the capacity to induce robust NK-ADCC activity were identified. Five linear NK-ADCC epitopes (aa211-aa217, aa384-aa391, aa464-aa475, aa544-aa551, and aa648-aa659 of the HCV envelope) were identified and do not overlap with putative linear neutralizing epitopes.

**Conclusions** This study revealed the dysfunctional characteristics of antibody-dependent CD56+ NK cell responses in chronic HCV carriers. The key non-neutralizing NK-ADCC epitopes identified in this study may act as new targets for immunological intervention.

## PU-1350

## hucMSC-Ex 抑制 YAP 活性减轻 UUO 肾间质纤维化

纪成,张家慧,胡玉燕,王琼妮,孙丰田,许文荣,钱晖

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 探讨人脐带间质干细胞外泌体 (hucMSC-Ex) 抑制 YAP 活性减轻肾间质纤维化的作用机制。

**方法** 单侧输尿管结扎术 (UUO) 大鼠, 饲养 7 天制备肾间质纤维化模型, 离心化学沉淀法提取 hucMSC-Ex, UUO 大鼠 7 天尾静脉注射构建 hucMSC-Ex 治疗模型, 第 14 天收集肾组织。HE、PAS 染色观察肾组织病理结构变化, 天狼星红染色、Masson 染色检测肾间质纤维化程度。DIR 荧光染料标记 hucMSC-Ex 小动物活体成像仪观测肾组织定位情况。Western blot, qRT-PCR 和免疫荧光检测 YAP,  $\alpha$ -SMA 蛋白。利用 TGF- $\beta$ 1 (10ng/ml) 刺激肾小管上皮细胞 (NRK-52E) 构建体外细胞模型, hucMSC-Ex (400 $\mu$ g/ml) 干预, Western blot 检测 YAP,  $\alpha$ -SMA 表达情况。

**结果** hucMSC-Ex 靶向 UUO 大鼠左侧受损肾组织部位。肾组织 HE 和天狼星红染色表明, DKD 组肾小球系膜明显增厚, Masson 染色发现 UUO 组大量胶原纤维沉积, 而 hucMSC-Ex 组肾组织胶原纤维沉积减少, 间质纤维化程度明显减弱。UUO 大鼠输尿管结扎后, 机械压力增高, 促进肾小管核内 YAP 增加, 间质纤维化指标  $\alpha$ -SMA 升高。而 hucMSC-Ex 治疗组明显降低 YAP 水平, 下调  $\alpha$ -SMA。在 NRK-52E TGF- $\beta$ 1 刺激 48h YAP 入核显著增加, hucMSC-Ex 处理后 YAP 入核减少。免疫共沉淀发现 hucMSC-Ex 处理后 YAP 蛋白结合的泛素明显增多, 提示泛素化降解途径。干扰 CK1 $\delta$ /  $\beta$ -TRCP 的 hucMSC-Exo 治疗抑制作用消失, 肾间质纤维化加重。

**结论** UUO 中机械压力增加, 促进 YAP 入核, 纤维化加重, 而 hucMSC-Ex 处理后抑制 YAP 活性减轻 UUO 肾间质纤维化。

## PU-1351

## 人乳腺无菌穿刺活检标本中微生物组在乳腺恶性肿瘤中的潜在作用的探讨

孟庆松

山东第一医科大学第一附属医院

**目的** 探讨人乳腺无菌穿刺活检标本中微生物组在乳腺恶性肿瘤中的潜在作用。

**方法** 选择 94 例非乳房切除术的患者，其中乳腺癌患者 72 例，乳腺良性疾病 22 例，经皮无菌穿刺活检取人乳腺组织提取 DNA 进行 16S rRNA 基因测序，并对无菌采集的不同组织学分级的良恶性乳腺针刺活检标本的微生物组进行鉴定。

**结果** 乳腺疾病人群中，微生物组在良恶性疾病乳腺组织中存在明显差异 ( $p<0.05$ )。在恶性组织中富集的微生物标志物包括微球菌属和微球菌科、拟杆菌科、红藻菌科、诺科菌科、甲氧菌科等；我们比较了三个不同组织级别恶性组织中微生物组的分布。随着恶性程度的进展，类杆菌科相对丰度下降，农杆菌属相对丰度增加。PICRUST 推断的 KEGG 途径表明，生物素代谢和甘油磷脂代谢在三个等级之间均有显著性差异 ( $p<0.05$ )。与 I 级和 II 级相比，III 级组织中甘油磷脂代谢和核糖体生物合成增加，类黄酮生物合成显著降低 ( $p<0.05$ )。

**结论** 这些潜在的微生物组标志物及提示途径与晚期疾病的特定相关性可能对乳腺癌的诊断和分期有广泛的意义。

## PU-1352

## 显微镜识别肿瘤患者外周血血小板聚集的方法研究

王旭

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 通过对临床标本的血小板相关信息分析，探究以显微镜为主的识别肿瘤患者血小板聚集的方法。

**方法** 通过 Sysmex XN9000 血细胞分析流水线将仪器血小板计数小于  $80 \times 10^9/L$  的标本进行血涂片染色，利用显微镜观察血涂片中血小板聚集情况，先低倍镜观察全血涂片，然后高倍镜重点观察片尾和两侧血小板聚集情况并进行描述性分类。对镜下血小板中、高度聚集的患者重新采血进行传统显微镜手工冲池计数血小板；将纠正前后偏差大于 25% 的患者作为实验组，其他患者作为对照组，分析仪器两种报警信息对血小板聚集的提示作用。采集低、中程度血小板聚集的血涂片中血小板团，计数全面所有参与聚集的血小板数，结合仪器血小板计数计算“聚集指数”，分析两组“聚集指数”是否有差异；

**结果** 显微镜观察血涂片中、高度聚集患者 58 例，进行手工法纠正后确定实验组 41 例，对照组 93 例。仪器柱状图 Flag 报警中实验组的 WNR 报警值均值为 160.79 明显高于对照组的 87.06，有显著差异；实验组有 3 例血小板聚集数可数，有 38 例血小板大量聚集，不可计数。37 例血涂片两侧聚集明显，4 例聚集少见。血涂片体尾交界和片头部血小板聚集以中度聚集（6-15 个/堆）为主，但可见 4 例低度聚集（2-5 个/堆），大堆聚集以及混合聚集少见。片尾可见细沙样聚集总体占 68.28%，为血小板聚集血涂片片尾的主要呈现形式。弱细沙聚集占 14.63% 和嵌入式聚集占 9.74%，在低倍镜下容易漏检。对照组聚集指数均值 0.66（0.08-4.56）与试验组聚集指数均值 5.67（5.26-11.7）有显著性差异，数据离散度良好；

**结论** 仪器 WNR 报警值对血小板聚集具有提示作用。显微镜法重点观察血涂片两侧和尾部血小板聚集情况,如为轻、中度可数的聚集,则可以根据聚集指数识别血小板聚集标本,选择适合的方法进行纠正,本显微镜法观察血涂片对于识别血小板聚集有很好的鉴别作用。

## PU-1353

### 红细胞分布宽度在多学科中的临床应用

金丹宁

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 收集并整理国内外相关文献,对 RDW 近年来的相关研究和进展情况进行总结,从而对 RDW 在各临床学科中的应用展开综述。

**方法** 收集并整理国内外相关文献,包括 RDW 在心血管疾病和消化类疾病当中的相关性整理和分析。

**结果** 近年来,不断有研究发现,RDW 除了能够反映红细胞在形态上的异常以外,与其他疾病也具有一定的相关性,使 RDW 在临床应用价值上得到一定拓展。虽然目前 RDW 在心血管疾病发病作用中的机制尚不明确,但是大量研究表明 RDW 与部分心血管疾病存在高度相关性,比如说高血压冠状动脉粥样硬化程度与 RDW 值密切相关,冠心病发生风险与 RDW 成正相关,同时,RDW 目前被认为是预测心力衰竭发病和进展的新兴标志,也被认为可以作为评价抗高血压药物疗效的生物学指标。此外有研究报道发现,在部分消化类疾病与 RDW 的相关性研究当中,RDW 可以作为评估急性胰腺炎发病严重程度及全身炎症性变化的生物学指标,与原发性胆汁性胆管炎也有一定相关性,由于 RDW 在血常规中的检测已日趋成熟,因此可以考虑其在急性胰腺炎和原发性胆汁性胆管炎方面的辅助诊断具有一定优势。还有研究发现,虽然相关的完整机制尚不明确,但是 RDW 与胸肺型肺吸虫病具有一定的相关性,这一研究论点也为临床诊断与治疗提出新的研究方向。

**结论** 红细胞分布宽度(red cell distribution width,RDW),是血细胞常规检测当中的一项常见检测参数,是用来反映红细胞体积异质性的参数,表示红细胞体积大小的离散程度,其数值可以用来反映红细胞大小不等的客观情况。经研究分析相关论文研究发现,RDW 与多种疾病具有一定的相关性,这一研究论点将为临床诊断及研究思路提供更方便和更广阔的空间。

## PU-1354

### 一例获得性血友病 A 患者伴胆总管囊肿择期手术 病例报告并文献复习

刘禹,沈韻,许冠群,丁秋兰,王学锋

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 为需要进行创伤性手术的获得性血友病 A(acquired hemophilia A, AHA)患者及临床医生提供一种可行性较高的治疗方案。

**方法** 结合上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 1 例 AHA 伴胆总管囊肿患者的临床诊治过程及相关文献报道,对凝血因子Ⅷ(FⅧ)抑制物的形成、AHA 的临床表现、诊断、实验室检测及治疗方案进行整理及讨论。

**结果** 该胆总管囊肿患者在术前筛查时,实验室检查发现活化部分凝血活酶时间(activated partial thromboplastin time, APTT)升高,凝血因子Ⅷ活性(FⅧ:C)降低及凝血因子Ⅷ抑制物 Bethesda 法定量阳性。除急诊手术外,患者仅口服糖皮质激素(如甲泼尼龙)清除凝血因子Ⅷ抑制物。5 个月后患者体内凝血因子Ⅷ抑制物被完全清除。在体内凝血因子活性水平达到手术标准后,患者进行胆总管囊肿切除+胆肠 Roux-en-Y 吻合手术。术中患者未发生大出血,术后康复出院。

**结论** AHA 患者出血风险较高, 需针对患者情况制定个性化治疗方案(包括止血治疗与清除抑制物治疗)后择期进行手术。

## PU-1355

### 细胞学检查对乳腺癌的诊断价值

刘婕

山东大学第二医院,250000

**目的** 对细胞学检查诊断乳腺癌的价值进行系统综述。

**方法** 计算机检索 Pubmed,中国知网数据库、万方数据库,系统检索国内外公开发表的细胞学检查诊断乳腺癌的临床研究。

**结果** 临床上常用的细胞学检查包括细针抽吸细胞学和乳头溢液涂片细胞学。细针抽吸细胞学是诊断乳腺病变的基本方法之一, 作为对患者临床病情初步评估的一种方法, 对指导是否行手术治疗具有重要意义。乳头溢液进行细胞学检查适用于对临床评估有导管内恶性高风险病变患者进行诊断。

**结论** 细胞学检查是一种敏感性及特异性较高, 易操作且经济的检查方法。

## PU-1356

### 服用利伐沙班后抗 Xa 活性监测及多检测系统一致性评估

刘禹,梁茜,沈韻,许冠群,王学锋

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 验证服用利伐沙班后抗 Xa 活性达到峰值所需时间, 并探讨多检测系统对利伐沙班抗 Xa 活性检测的一致性。

**方法** 收集 2017 年 8 月至 2018 年 7 月上海交通大学医学院附属瑞金医院呼吸科病区收治的肺栓塞(pulmonary embolism, PE)患者 36 例。使用 ACL TOP700 与 STAGO 两套不同的检测系统及试剂, 分别检测患者服用利伐沙班前、用药后 2 小时、用药后 4 小时及用药后 6 小时的抗 Xa 活性。采用 one-way ANOVA 检验分析同一患者用药前后抗 Xa 活性的差异。采用 Pearson 相关性检验分析两种检测系统检测抗 Xa 活性的一致性。

**结果** 患者服用利伐沙班后各组抗 Xa 活性与用药前抗 Xa 活性( $27.0 \pm 2.0 \text{ ng/mL}$ )的差异均有统计学意义( $p$  均 $<0.05$ )。用药后 2 小时组抗 Xa 活性( $189.6 \pm 20.3 \text{ ng/mL}$ )、用药后 4 小时组抗 Xa 活性( $194.8 \pm 22.8 \text{ ng/mL}$ )与用药后 6 小时组抗 Xa 活性( $39.2 \pm 4.7 \text{ ng/mL}$ )的差异均有统计学差异( $p$  均 $<0.05$ )。ACL TOP700 与 STAGO 检测抗 Xa 活性一致性较好( $r=0.983$ )。

**结论** 患者服用利伐沙班后 2 至 4 小时后抗 Xa 活性达到峰值。这两种系统检测抗 Xa 活性的一致性较好, 皆可应用于口服利伐沙班的监测。

## PU-1357

## PCT、IgE 及 CD4+CD25+Treg 联合检测在小儿肺炎诊断中的应用

孙露阳,朱良凯,蔡霞,彭俊华

江苏大学附属金坛区人民医院(常州市金坛区)

**目的** 小儿肺炎依据病原学不同,主要分为细菌性肺炎、病毒性肺炎、支原体肺炎、真菌性肺炎等类型,不同类型肺炎的治疗及预后差异较大,因此,早诊断、早治疗对疾病转归具有重要意义,本组资料分析 PCT、IgE、CD4+CD25+Treg 联合检测在小儿肺炎诊断中的临床应用。

**方法** 选取诊断明确的小肺炎患儿 89 例为肺炎组,再分为细菌性肺炎组 26 例、病毒性肺炎组 30 例、支原体肺炎组 33 例,选取健康查体儿童 30 例为对照组,化学发光仪检测血清 PCT、IL-6 及 IgE 水平,流式细胞仪分析 CD4+/CD8+及 CD4+CD25+Treg,统计分析结果。

**结果** 小儿肺炎组血清 PCT、IL-6、IgE 及 CD4+CD25+Treg 分别为  $(3.06\pm 1.14)$  ng/mL,  $(58.21\pm 6.52)$  (pg/mL、 $(206.26\pm 25.01)$  U/mL、 $(11.03\pm 0.36)$  %,明显高于对照组,有统计学意义( $P<0.05$ )。细菌性肺炎组的 PCT、IL-6 水平高于对照组、支原体性肺炎组、病毒性肺炎组,有统计学意义( $P<0.05$ )。细菌性肺炎组的 IgE 高于对照组但低于支原体肺炎组,有统计学意义。细菌性肺炎组的 CD4+CD25+Treg 高于对照组、支原体性肺炎组。联合使用三者,可提高检出敏感性。

**结论** 小儿肺炎是儿科最常见的疾病之一,是引起<5 岁儿童死亡的首要疾病。通过分析 ROC 下 AUC, PCT 明显增高有利于诊断细菌性肺炎, IgE 明显增高有利于诊断支原体肺炎, CD4+CD25+Treg 细胞在诊断不同类型肺炎中特色不明显,在重症肺炎诊治中有重要作用。**结论** 提示联合检测血清 IgE、PCT 及 CD4+CD25+Treg 有利于小儿肺炎诊断,但仍需大数据研究证实。

## PU-1358

## 四例非牛凝血酶源性获得性凝血因子 V 缺陷症患者 病例报告并文献复习

刘禹,沈韻,许冠群,丁秋兰,王学锋

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 提高临床医生及检验科技师对获得性凝血因子 V 缺陷症(acquired factor V deficiency, AFVD)的认知。

**方法** 收集 2010 年 12 月至 2019 年 3 月上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 AFVD 患者 4 例,总结其临床症状、实验室检查、诊治经过及转归情况。收集 151 例非牛凝血酶源性 AFVD 患者性别、年龄、诱发因素、凝血功能、治疗方案及转归情况,使用 SAS 8.0 软件进行统计学分析。

**结果** 我院收治的 4 例 AFVD 患者均为男性,均有不同程度的出血症状。实验室检查均有活化部分凝血活酶时间(activated partial thromboplastin time, APTT)及凝血酶原时间(Prothrombin time, PT)升高、凝血因子 V 活性(FV:C)降低及凝血因子 V 抑制物 Bethesda 法定量阳性。3 例患者经激素类药物治疗后出血症状消失,最终康复出院。另 1 例患者未经治疗,出院后失访。151 例患者中,男女发病率之比约为 2:1(100:51),男性发病年龄为  $(64.3\pm 19.1)$  岁,女性发病年龄为  $(67.3\pm 14.4)$  岁。男女两组间各结果的差异无统计学意义( $p$  均  $>0.05$ )。FV:C 在有出血症状组与无出血症状组间的差异有统计学意义( $p=0.014$ ),余无统计学意义。常见的出血部位分别为泌尿生殖道出血(36/118)、皮肤瘀斑(21/118)及胃肠道出血(17/118)。常见的诱发因素分别为药物(62/151)、手术(39/151)及感染(22/151)。不同诱发因素的治愈率不同,药物诱发治愈率最高,为 90.3%,而感染诱发治愈率最低,为 68.1%。常见的治疗方案为新鲜冰冻血浆(74/151,治愈率为

71.6%)、类固醇(36/151, 治愈率为 75.0%)及环磷酰胺(35/151, 治愈率为 74.3%)。FV:C 及凝血因子 V 抑制物在不同转归情况各组间的差异无统计学意义 ( $p$  分别为 0.636 2 和 0.769 5)。

**结论** AFVD 较为罕见, 临床表现各不相同。患者转归情况与诱发因素有关。治疗主要分为清除体内抑制物及止血(补充凝血因子)两部分, 总治愈率约为 68.9%。

## PU-1359

### 2044 例尿路感染病原学及耐药性分析

刘婕

山东大学第二医院,250000

**目的** 探究尿路感染的细菌病原学及其耐药性, 为尿路感染病原菌的精准诊断和抗生素合理应用提供依据。

**方法** 收集 2016 年 1 月-2018 年 12 月山东大学第二医院收治的 2044 例尿路感染患者为研究对象, 用德国西门子公司 Micro ScanWalkaway 96 Plus 微生物全自动细菌鉴定和药敏分析仪进行病原菌鉴定及药敏试验, 数据采用 WHONET 5.6 进行统计分析对其细菌分布及其耐药性进行分析。

**结果** 2044 例尿路感染患者检出中细菌中, 革兰阴性菌 1428 株占 69.9%, 革兰阳性菌 616 株占 30.1%。检出率最高的前 5 位病原菌依次为大肠埃希菌、屎肠球菌、肺炎克雷伯菌、粪肠球菌、奇异变形杆菌。主要革兰阴性菌中 ESBL 比例为 52.6%, 对碳青霉烯类抗生素耐药率为 1.1%; 主要革兰阳性菌对万古霉素的耐药率为 2.5%, 对利奈唑胺的耐药率为 0%。

**结论** 2044 例尿路感染病例中, 病原菌以革兰阴性菌为主, 革兰阴性菌对碳青霉烯类抗生素敏感, 革兰阳性菌对万古霉素、利奈唑胺敏感, 对不同病原菌的耐药性存在显著性差异, 且多重耐药菌的比例呈增长趋势, 提示临床诊疗过程中应依据病原菌药敏结果进行抗生素的合理应用。

## PU-1360

### 骨代谢指标及骨密度检查在 2 型糖尿肾病中的临床应用

王国芳,葛锁华,张欢妍,周丹,彭俊华

江苏大学附属金坛区人民医院(常州市金坛区)

**目的** 糖尿病是一种常见的慢性代谢性疾病, 1 型糖尿病儿童中血清高水平的甲状旁腺素(PTH)、骨 I 型前胶原 N 端肽(P1NP)和碱性磷酸酶(BAP)与骨形成差、易骨折相关。糖尿病肾病(DN)是糖尿病常见并发症, 肾病会引起钙磷代谢变化、骨代谢改变。本组资料探讨血清骨代谢指标及骨密度检查在 2 型糖尿肾病中的临床应用。

**方法** 将诊断明确的 44 例 2 型糖尿病肾病组(DN)为 DN 组, 诊断明确的 53 例 2 型糖尿病组(T2D)为 T2D, 选 40 人查体健康者为对照组(Con)。用双能 X 线骨密度仪检查髋骨骨密度(BMD), 罗氏全自动电化学发光分析仪检测血清骨 I 型前胶原 N 端肽(P1NP)、I 型胶原羧基末端肽( $\beta$ -CTX)、25-羟维生素 D<sub>3</sub>[(25(OH)VD]、骨钙素(BGP)的水平, 高效液相色谱法检测血浆糖化血红蛋白(HbA<sub>1c</sub>), 统计结果并分析骨代谢指标与 BMD、HbA<sub>1c</sub> 间的相关性。

**结果** DN 组及 T2D 组患者血清中 HbA<sub>1c</sub>、 $\beta$ -CTX 水平高于 Con, 但 BMD 及血清 BGP、P1NP、25(OH)VD 水平低于 Con, 有统计学意义( $P<0.05$ )。DN 组 BGP、P1NP、25(OH)VD、BMD 水平下降和  $\beta$ -CTX 增高的检出率较 T2D 组明显增多, 有统计学意义( $P<0.05$ )。Spearman 分析发现 DN 组患者 BMD 与血清 BGP、P1NP、25(OH)VD 水平呈正相关, 与血清  $\beta$ -CTX 呈负相关; 患者 HbA<sub>1c</sub> 水平与血清  $\beta$ -CTX 呈正相关, 与 BGP 呈负相关。



**结论** DN 患者血清骨代谢改变较 T2D 组和 Con 组明显, 骨量减少更多, DN 患者更容易发生骨质疏松症或骨折。

## PU-1361

### 265 例乙肝表面抗原弱反应性检测结果的分析

杨阳, 朱良凯, 蔡霞, 彭俊华

江苏大学附属金坛区人民医院 (常州市金坛区)

**目的** 随着乙肝检测的特异性和灵敏度不断提高, 越来越多的弱反应性乙肝及乙肝五项罕见模式被发现, 且这些患者乙肝 DNA 水平低于检测下限。在工作中引入了“灰区”概念、并进行确认实验, 但确认实验并不都能开展。本组资料通过分析乙肝表面抗原弱反应中真、假反应结果产生原因, 指导临床报告正确结果。

**方法** 回顾分析 265 例乙肝表面抗原弱反应性患者中真反应、假反应性的原因, 结合肝功能及乙肝五项的结果进行分析。分析含量为(0.1-0.5) IU/ml、(0.5-1.0) IU/ml、(1.0-2.0) IU/ml 乙肝表面抗原三个组间的真假反应差异。

**结果** 265 例 HBsAg 弱反应中, 真反应为 188 例(占 70.94%), 假反应为 77 例(占 29.06%)。在癌症及放化疗者、肾功能异常者、合并丙肝/梅毒/艾滋感染者、代谢性疾病、黄疸、自身免疫性疾病中真反应及假反应均存在, 报告时需鉴别。血液病、妊娠、纤维蛋白原干扰、仪器原因只见于假性反应中。HBsAg 真反应组的丙氨酸转氨酶明显高于假反应组( $P<0.05$ )。乙肝五项中 HBcAb(+)/HBeAb(+), HBcAb(+)/HBeAb(+)/HBsAb(+), HBcAb(+), 此三种组合中真反应率分别为 54.72%、11.32%和 4.15%。HBcAb (+)组真反应率明显高于其它组( $P<0.05$ )。HBsAg 水平在(0.1-0.5 IU/ml)假反应明显高于(0.5-2.0)IU/ml 组, 有统计学差异( $P=0.000$ ), 男女分组间无差异。

**结论** 结合实验仪器、试剂、质控、患者的肝功能、乙肝五项检查模式、HBsAg 水平等进行判断, 然后报告结果。必要时建议 1 月内复检、DNA 测序。

## PU-1362

### First description of increased resistance in carbapenem-susceptible *Klebsiella pneumoniae* with imipenem treatment driven by outer membrane remodelling in China

Xuebin Tian<sup>1</sup>, Xiangkuo Zheng<sup>1</sup>, Yajie Zhao<sup>1</sup>, Renchi Fang<sup>2</sup>, Jiahui Li<sup>2</sup>, Chong Wang<sup>2</sup>, Haiyang Liu<sup>2</sup>, Tieli Zhou<sup>2</sup>, Jianming Cao<sup>1</sup>

1.School of Laboratory Medicine and Life Sciences, Wenzhou Medical University, Wenzhou, Zhejiang Province, China

2.Department of Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University, Wenzhou, Zhejiang Province, China

**Objective** The aim of this study was to investigate the underlying mechanism and evolution of treatment-emergent carbapenem-resistance.

**Methods** Antibiotic susceptibility testing, PCR, Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE), multilocus sequencing typing (MLST), Sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE), Real-time RT-PCR.

**Results** Antibiotic susceptibility testing indicated that FK-2624 was susceptible to all antimicrobials; FK-2723 and FK-2820 were MDR, further, FK-2820 was evolved to carbapenem-resistance. FK-2624 harbored virulence factors K57, mrkD, entB, while resistance genes bla<sub>SHV</sub>, bla<sub>DHA</sub>, qnrB, qnrD, qnrS, aac(6')-Ib-cr, fosA5 and virulence factors K57, kfu, rmpA, mrkD were

detected simultaneously in FK-2723 and FK-2820 by PCR and sequencing. Specially, FK-2820 carried resistance genes *bla*<sub>CTX-M-14</sub> and *rmtC*. Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) showed strain similarity in the three strains, multilocus sequencing typing (MLST) demonstrated that they all belonged to sequence type (ST) 660. Sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis (SDS-PAGE) results showed that isolate FK-2820 lacked OmpK36 as there was a premature stop codon of the outer membrane porin encoding gene *ompK36* confirmed by sequencing. Real-time RT-PCR revealed that the expression of *ompK36* in FK-2820 decreased 10.75 times the control isolate ATCC 13883.

**Conclusions** We speculated that the alteration of outer membrane porins due to the 14-day use of imipenem clinically led to the carbapenems-resistance of FK-2820.

### PU-1363

## Emergence of a multi-drug resistant ST 27 *Escherichia coli* co-harboring *bla*<sub>NDM-1</sub>, *mcr-1* and *fosA3* from a patient in China

Xuebin Tian<sup>1</sup>, Renchi Fang<sup>2</sup>, Qing Wu<sup>2</sup>, Xiangkuo Zheng<sup>1</sup>, Guofeng Dong<sup>1</sup>, Chong Wang<sup>2</sup>, Tieli Zhou<sup>2</sup>, Jianming Cao<sup>1</sup>

1.School of Laboratory Medicine and Life Sciences, Wenzhou Medical University, Wenzhou, Zhejiang Province, China

2.Department of Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University, Wenzhou, Zhejiang Province, China

**Objective** we report the emergence of a MDR *E. coli* strain co-harboring *bla*<sub>NDM-1</sub>, *mcr-1* and *fosA3* isolated in 2015, which typed as ST 27.

**Methods** Antimicrobial susceptibility test, Multi-locus sequence typing (MLST), PCR, Conjugation experiments, Molecular Characterization of Plasmid, S1-Pulsed-field gel electrophoresis (S1-PFGE) and southern blotting analysis

**Results** The MDR *E. coli* strain co-harboring *bla*<sub>NDM-1</sub>, *mcr-1* and *fosA3* isolated in 2015, which typed as ST 27. Conjugation experiments revealed that the three resistance determinants (*bla*<sub>NDM-1</sub>, *mcr-1*, *fosA3*) were located on conjugative plasmids, further plasmid analysis indicated that *bla*<sub>NDM-1</sub> and *fosA3* are linked with an IncB/O plasmid (~100 kb), and the *mcr-1* to an IncFIB plasmid (~60 kb).

**Conclusions** Our study certified that *bla*<sub>NDM-1</sub>, *mcr-1* and *fosA3* genes co-harboring *E. coli* strain of ST 27 was emerging in China, the isolate harboring plasmids can be transmitted by the horizontal transfer, the coexistence of multiple resistant genes in MDR *E. coli* isolate may contribute to high-level resistance to the majority of clinically available antimicrobial agents, which pose a potential threat to human public health. To the best of our knowledge, this is the first report describing a clinical *E. coli* isolate from China that coharbors *bla*<sub>NDM-1</sub>, *mcr-1* and *fosA3*. Effective surveillance should provide guidance on the utility of antimicrobial agents to treat MDR *E. coli* infections.

PU-1364

## 急性髓系白血病细胞响应 JQ1 诱导的死亡途径及其耐药机制的研究

曾一凡<sup>1</sup>,何文茵<sup>2,1</sup>,夏勇<sup>2,1</sup>

1.广州医科大学

2.广州医科大学附属第三医院

**目的** 急性髓系白血病是血液髓系细胞的恶性肿瘤,其特征在于异常髓系细胞在骨髓和血液中快速增长以及干扰正常血细胞的增殖。JQ1 是目前极具潜力的抗 AML 肿瘤药物,但临床上已见 JQ1 对部分 AML 患者并无疗效,其中机制仍未明确。

**方法** 本研究以三株髓系白血病细胞为研究模型,首先利用长期低浓度 JQ1 处理以明确其敏感耐受程度,再用高浓度 JQ1 处理并收集细胞进行 qPCR、Western Blot、流式细胞分析来在基因转录水平、蛋白表达水平、细胞功能验证等方面验证 JQ1 杀死 AML 肿瘤细胞的死亡途径。最后利用 RNA-seq 对耐药和敏感细胞系进行 mRNA 测序,明确不同的细胞株的表达谱差异,筛选处可用于临床检测药物敏感性及预后的可能靶点。

**结果** 三株细胞在 JQ1 处理下细胞形态发生变化,胞膜出现不同程度的皱缩内陷,胞内颗粒增多。K562 细胞系经低浓度 JQ1 诱导后能保持稳定的增殖,处理后的细胞表现出了耐受性,而 HL-60 和 MV-4-11 在处理 2 周后已停止增殖,无法维持传代。凋亡相关基因 BCL-2、BIM 和细胞周期相关基因 CYCLIN 都在处理后表达受显著调节,而与自噬和铁死亡有关的基因 NRF2 的表达则没有明显变化。此外,HL60 的细胞停滞在 G0/G1 期,MV411 凋亡比例显著增加,而 K562 的细胞周期和凋亡均没有显著变化。

**结论** JQ1 对三株 AML 细胞系有不同的药理学效应:K-562 表现为耐药而 HL-60 和 MV-4-11 则为敏感株。在敏感株中,JQ1 主要通过 BCL-2 介导的细胞凋亡途径来杀死 AML 肿瘤细胞从而发挥抗肿瘤的药效。可见,基于肿瘤异质性及个体差异,临床上对血液肿瘤患者制定 JQ1 治疗方案前,应先对如 BCL-2 基因等靶点进行药物基因组学检测。

PU-1365

## Characterization of VCS Indexes of Neutrophil in Hypoxia and its Potential Role in Prognosis of Twin Pregnancy

Wenyin He<sup>1,2</sup>,YAO FENG<sup>1,2</sup>,YONG XIA<sup>1,2</sup>

1.The Third Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

2.Guangzhou Medical University

**Objective** Twin pregnancy has a high risk to premature birth, probably being associated with the maternal inflammation, which seriously affects the life of the neonates. As a cell marker of inflammation, the volume (V), karyoplasm ratio (C), particlesize and density (S) of neutrophil (NEUC) were modulated accordingly. According to our former analysis of prenatal maternal blood routine examination, it's found that the hemoglobin in peripheral blood of twin pregnant women was low, NEUC counts raised, VCS parameters of which were low, and HIF1a was up regulated as well, indicating a hypoxic induced NEUC modulation. We assume that the hypoxic effect of the twin pregnancy leads to the change of NEUC morphology, including the increase of granules, thickening and vacuoles, and aggravating to the degranulation as gestational age increased, which ultimately caused spontaneous premature delivery.

**Methods** Based on the techniques of qPCR and morphological examination, we intends to firstly verify the regulation of HIF on NEUC morphology particularly in HL-60 cells processing myeloid differentiation induced by all trans-retinoic acid with/without deferoxamine mesylate addition to stimulate the hypoxic environment in vitro, then assay HIF gene expression, NEUC counting,

VCS evaluation, to tell the correlation between hypoxia and morphological modification of NEUC. Then, the whole blood of twin gravid was further analyzed by SYSMEX XN9000, SP10 and DI60 modules to follow up the relevant CDC figures and morphological changes in NEUC during pregnancy, and explored the clinical value of VCS index as a prognosis factor of adverse outcome such as spontaneous preterm birth.

**Results** Compared with the HL-60 cells induced differentiation in normoxia, those induced in hypoxia presented an sharp increase of HIF level and obvious morphological features such as larger cell volume, increase of granules, increased number of nuclear lobulations, imbalanced development of internal and external plasma, and deeper cell stains as well, especially after 72h post-treatment, which was coordinated to the significant change of VCS parameters in XN9000. At clinic, the main change of VCS index of NEUC in peripheral blood of twin pregnancy at 15th week of gestation is the increased number and staining of granules. As entering into mid-term of gestation, the proportion of NEUC in WBC is significantly increased, the volume of which enlarged meanwhile. The proportion of NEUC with  $\geq 5$  lobes is higher than 10%, accompanied by vacuolization and imbalanced development of internal and external plasma. All these morphological characteristics developed more obviously with gestation week and peak until delivery. As gestation termed, the features of NEUC returns to the level as that in early pregnancy, which includes obvious reduction of vacuoles and those specific particles of deep stain.

**Conclusions** The change of VCS indexes of NEUC was induced by hypoxia and persisted in peripheral blood during pregnancy, which may play an important role in predicting the risk of premature delivery in twin pregnancy.

## PU-1366

### 2016-2018 铜绿假单胞菌临床分布及耐药性分析

乔秀强,朱德全,彭海英,王明立,孙淑红  
临沂市人民医院,276000

**目的** 分析临沂市人民医院 2016-2018 年铜绿假单胞菌的临床科室分布、标本来源及常用抗菌药物的耐药情况,为临床合理选用抗菌药物提供指导依据。

**方法** 通过对 2016 年-2018 年在临沂市人民医院医院感染患者检出的铜绿假单胞菌,使用 VITEK-2 Compact 全自动细菌鉴定仪进行细菌鉴定和药物敏感试验 MIC 测定,同时采用纸片扩散法(K-B 法)进行抗菌药物敏感试验,测定分离出的铜绿假单胞菌对常见抗菌药物的敏感性,结果数据应用 WHONET5.6 软件进行统计学分析。

**结果** 1.临床分布:2016 年 1 月至 2018 年 12 月铜绿假单胞菌在临床各科室均有分布,分离株数前三位的科室是重症监护室(637 株,22.54%)、神经外科(587 株,20.77%)、呼吸内一科(574 株,20.31%),其中重症监护室和神经外科分离菌株逐年增加,而呼吸内一科分离菌株数量逐年减少。2.标本分布:2016 年 1 月至 2018 年 12 月医院患者临床各科室送检的 8 万余份培养标本中,共分离出铜绿假单胞菌 2826 株。其中呼吸道标本(包括痰液和肺泡灌洗液)分离出 1668 株(占 59.02%)数量最多,且构成比逐年递增。3.耐药性分析:分离出的铜绿假单胞菌对临床常用抗菌药物的耐药率 2016 年、2017 年变化不大,2018 年部分抗菌药物的耐药率有所下降。2016 至 2018 三年中医院分离的铜绿假单胞菌对常用抗菌药物具有较高耐药率的药物依次是:氨曲南(56.55%),环丙沙星(52.05%);其次是左氧氟沙星(50.18%),头孢他啶(32.80%),阿米卡星(23.58%)。三年来,头孢他啶的耐药率上升最为明显,耐药率从 2016 年的 19.81%上升到 2018 年的 40.32%;而美罗培南和亚胺培南的耐药率呈逐年下降趋势。另外对多粘菌素(0%)、头孢吡肟(13.13%)、哌拉西林/他唑巴坦(14.26%)、头孢哌酮/舒巴坦(15.72%)的耐药率较低。

**结论** 铜绿假单胞菌的检出率逐年增加,最常见的感染部位为呼吸道。该菌对多种抗菌药物都有较强的耐药性,临床应加强其耐药性监测,规范抗菌药物的临床应用,以减少耐药性菌株产生及扩散。

## PU-1367

## 血清 CEA 和 CA19-9 对胃间质瘤的临床意义

王玓,董召刚,王立水,张建,刘延红,庄学伟,张义  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 探讨肿瘤标志物癌胚抗原 (CEA)、CA19-9、CA72-4、甲胎蛋白 (AFP)、CA125 在胃间质瘤辅助诊断中的应用价值。

**方法** 采用横断面研究,收集 2013 年 2 月至 2017 年 11 月间山东大学齐鲁医院住院的胃间质瘤患者 40 例、胃平滑肌瘤患者 12 例,取组织进行 HE 染色、免疫组织化学染色法检测 CD34、CD117、DOG-1 表达。同期,自山东大学齐鲁医院体检中心选择 36 名健康志愿者。收集上述患者和健康志愿者血清,使用电化学发光法检测 CEA、CA19-9、CA72-4、AFP、CA125 水平。采用 M-W 检验或 K-W 检验比较各组差异,分析标志物与胃间质瘤临床参数的关系。绘制 ROC 曲线 (receiver operating characteristic curve) 并计算曲线下面积 (area under curve, AUC), 计算胃间质瘤诊断临界值 (cut-off 值) 及敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值。

**结果** 胃间质瘤患者组织 HE 染色镜下可见梭形细胞和/或上皮样细胞, CD34、CD117、DOG-1 检测呈阳性。胃间质瘤患者血清 CEA 浓度为 1.50 (1.10, 2.22) ng/ml, 高于健康对照组 1.01 (0.60, 1.37) ng/ml 及胃平滑肌瘤患者 0.69 (0.29, 1.39) ng/ml (U 值分别为 446.5、113.0, P 均<0.05)。CA19-9 在胃间质瘤组 9.27 (4.78, 12.46) U/ml 表达高于健康对照组 6.35 (4.26, 8.62) U/ml (U=615.5, P<0.05)。AFP、CA125、CA72-4 在 3 组之间表达差异无统计学意义 (H 值分别为 4.348、1.073、3.897, P 均>0.05)。CEA 与胃间质瘤分期密切相关 (U=129.0, P<0.05)。CA19-9 与 CEA 对胃间质瘤的诊断效能比较, 差异无统计学意义 (P>0.05), 二者联合可提高诊断效能, 其灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值、曲线下面积分别为 91.7%、47.8%、63.4%、86.0%、0.778。

**结论** CEA 与 CA19-9 联合检测对胃间质瘤有较好的敏感度和阴性预测值, 有一定的辅助诊断价值。

## PU-1368

## 产褥期女性阴道微生态分析

王晓娜  
沈阳市妇婴医院,110000

**目的** 探讨产褥期女性阴道微生态的变化, 为临床预防和控制产妇阴道菌群失衡提供参考依据。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月—2018 年 12 月在医院妇科门诊就诊的产后 6—8 周复查产妇共 1000 例作为研究组。同期参加体检的正常非妊娠妇女 1000 例作为对照组。采用阴道微生态评价体系进行微生态评价。

**结果** 研究组的优势菌主要为菌群抑制状态, 占 58.40% (58.4/1000), 对照组主要为革兰阳性杆菌, 占 77.20% (772/1000), 两组比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=1499.89$ ,  $P<0.001$ ); 研究组菌群密集度主要为未见细菌状态, 占 58.40% (584/1000), 对照组主要为 III 级, 占 73.4% (734/1000), 两组比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=1582.39$ ,  $P<0.001$ ); 研究组菌群多样性主要为未见细菌状态, 占 58.40% (584/1000), 对照组主要为 II 级, 占 82.40% (824/1000), 两组比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=1389.13$ ,  $P<0.001$ ); 研究组 Nugent 评分中, 中间型占的比例最多, 为 74.80% (748/1000), 对照组以 0-3 分比例最多, 为 73.70% (737/1000), 两组比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=778.63$ ,  $P<0.001$ ); 研究组 AV 评分中, 5-6 分占的比例最多, 为 72.40% (724/1000), 对照组以 <3 分比例最多, 占 75.30% (753/1000), 两组比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=1248.94$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 产褥期女性阴道微生态失衡较多，临床医生及处于这一时期的女性应引起高度重视。

#### PU-1369

### 连续 5 年沈阳地区生殖道支原体感染监测 及耐药性变迁

王晓娜,丛桂敏,曹作伟,佟成龙  
沈阳市妇婴医院,110000

**目的** 了解沈阳地区生殖道支原体感染情况及耐药变迁，为临床合理使用抗生素治疗支原体感染提供科学依据。

**方法** 采用珠海市银科医学工程股份有限公司生产的支原体鉴定药敏试剂盒，对 6 705 例疑诊患者进行 Uu 和 Mh 检测，并做耐药性分析。

**结果** 2014 年 1 月—2018 年 12 月支原体检测 6 705 份标本，共检出支原体阳性 4 278 例，阳性率为 63.80%。其中单纯解脲支原体（Uu）阳性率 55.90%（3 748/6 705），2014—2018 年间阳性率分别为 51.10%（303/593）、51.37%（711/1 384）、57.25%（959/1 675）、57.84%（940/1 625）、58.26%（832/1 428）；解脲支原体与人型支原体混合感染（Uu + Mh）阳性率 7.25%（486/6 705），2014—2018 年间阳性率分别为 5.56%（33/592）、6.65%（92/1 383）、7.46%（125/1 675）、7.69%（125/1 625）、7.77%（111/1 428）；单纯人型支原体（Mh）阳性率 0.70%（47/6 705），2014—2018 年间阳性率分别为 0.67%（4/593）、0.57%（8/1 384）、0.66%（11/1 675）、0.68%（11/1 625）、0.91%（13/1 428）。按照不同性别支原体构成，女性患者阳性率占 71.57%（3675/5135），男性患者阳性率占 38.60%（606/1570）。6 种药物中环丙沙星和氧氟沙星的耐药率最高，分别为 75.50%和 43.08%。两种药物耐药率亦呈逐年上升趋势，环丙沙星的耐药率从 2014 年的 58.13%上升到 2018 年的 81.10%，氧氟沙星的耐药率从 2014 年的 14.06%上升到 2018 年的 61.40%；罗红霉素和阿奇霉素耐药率五年间浮动不大，均<20%；交沙霉素、美满霉素则敏感率最高，分别为 98.79%、98.07%。

**结论** 沈阳地区支原体感染及耐药性呈上升趋势，应重视支原体监测，并根据药敏试验的结果使用抗生素，避免耐药菌株继续增加，从而达到彻底治愈的目的。

#### PU-1370

### 多重耐药黏液型铜绿假单胞菌氨基糖苷类 修饰酶基因检测

孙淑红,胡晓峰,诸葛宝忠,朱德全  
临沂市人民医院临检中心

**目的** 研究多重耐药黏液型铜绿假单胞菌（MDR-mPA）氨基糖苷类修饰酶基因的分布，为合理应用抗生素提供依据。

**方法** 采用纸片扩散(K-B)法对临床分离的 MDR-mPA 进行药敏试验，用聚合酶链反应（PCR）法检测氨基糖苷类修饰酶。

**结果** 61 株 MDR-mPA 中共有 23 株检出氨基糖苷类修饰酶，其中 aac(3)-II 阳性 12 株（48%），aac(6')-II 阳性 9 株（36%），aac(6')-I 阳性 3 株（12%），ant(2'')-I 阳性 1 株（4%）。

**结论** 黏液型铜绿假单胞菌对氨基糖苷类抗菌药物的耐药与氨基糖苷类修饰酶基因表达有关。

## PU-1371

**miR-1207-5p 在胃癌中的表达及意义**

王小昆

河南省肿瘤医院,450000

**目的** 研究 miR-1207-5P 在胃癌组织中的表达情况, 以及其表达与胃癌患者临床病理特征和患者预后之间的关系。

**方法** 收集 60 例胃癌组织及癌旁正常组织, 用实时荧光定量 PCR(qRT-PCR)检测 miR-1207-5p 在胃癌组织和癌旁正常组织中的表达情况, 并分析其表达量与胃癌患者临床病理特征之间的关系。对患者进行随访, 并分析 miR-1207-5p 表达量与胃癌患者预后之间的关系。

**结果** miR-1207-5p 在胃癌中显著低表达 ( $p < 0.01$ ), miR-1207-5p 与患者淋巴结转移相关 ( $p < 0.05$ ), miR-1207-5p 的表达与患者年龄、性别、肿瘤分级、肿瘤大小、部位、有无转移无关, miR-1207-5p 相对表达量越低, 预后越差 ( $p < 0.05$ )

**结论** miR-1207-5p 在胃癌中显著低表达, 与淋巴结转移和不良预后相关。

## PU-1372

**CKMB 活性大于 CK 活性的原因分析及其对策**

朱爱萍

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 磷酸肌酸激酶 (creatine kinase, CK) 主要存在于骨骼肌、心肌和脑组织中, 它是由 M 型、B 型两种单体亚单位组成的二聚酶, M 型和 B 型亚单位结合形成三种 CK 同工酶: 即 CK-MM、CK-MB、CK-BB。CKMM 主要存在于骨骼肌组织中; CKMB 主要存在于心肌组织中, 是心肌受损的常用指标, 可作为心肌梗死的早期血清酶学诊断指标; CKBB 主要存在于脑、前列腺、肠、肺、膀胱、子宫、胎盘及甲状腺中, 在正常人血清中几乎无 CKBB。

**方法** 目前 CKMB 的检测方法主要有免疫抑制法、微粒子化学发光法和凝胶电泳分析法。日常工作中最常用的是在生化分析仪上采用免疫抑制法检测 CKMB 活性, 由于检测方法的局限性, 常会出现 CKMB 活性大于 CK 活性, 这不仅给检验人员带来了困惑, 也常常会引起临床医生对检验结果和检测水平的质疑。

**结果** 免疫抑制法检测 CKMB 活性是建立在忽略 CK-BB 的基础上, 即用抗体抑制 M 亚基, 所以 CK-MM 会失去活性, 而 CK-MB 活性失去一半, 实际测出的 CKMB 活性为 CK-MB 的 2 倍。出现 CKMB 活性大于 CK 活性的可能的原因有: 1) 标本溶血; 2) CK-BB 异常增加: 如巨 CK、肿瘤患者、脑损伤疾病、CK-BB 相关的其他疾病; 3) CKMB 活性异常增加: 部分 O 型或 B 型血的肿瘤患者、小儿轮状病毒感染等。

**结论** 当采用免疫抑制法测定 CKMB 活性, 如发现 CKMB 活性大于 CK 活性并与临床不符时, 应采取以下对策: 首先, 如有溶血标本一定要在检验报告“标本状况”中注明“溶血”, 提示医生注意, 以排除是否有标本溶血的干扰; 其次, 临床一定要分析是否存在导致 CKBB 或 CKMB 异常增高相关的各种疾病; 第三, 必要时建议进一步检测 CKMB 质量、或进行琼脂糖凝胶电泳分析。最终为临床提供更准确、更有价值的实验依据。

## PU-1373

## 香港海鸥菌红霉素耐药性及其耐药分子机研究

余琳

广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 了解香港海鸥型菌分离株对红霉素素的耐药性及红霉素耐药基因的分布情况。

**方法** 菌株来源广州医科大学附属第一医院检验科保存,从青蛙和草鱼肠道中分离的菌株 122 株。使用 K-B 法对香港海鸥型菌分离株进行红霉素抗生素的耐药性测定,用 PCR 方法检测红霉素耐药株中红霉素抗性基因 *ereA*,*ereB*, *ermA*, *ermB*, *ernC*, *MefA/E*, *mphA*, *SAT4* 的携带情况,并将检测阳性结果的 PCR 产物进行测序分析。

**结果** 香港海鸥菌对红霉素耐药率为 29.5%,其中蛙源株耐药率为 37.8%,鱼源株耐药率为 25.9%。对红霉素耐药的 35 株菌中,蛙源株 *ereA* 基因检出率为 30.8%。

**结论** 广东省淡水鱼和蛙类中香港海鸥菌对红霉素的耐药性较严重,其耐药机制可能与产生红霉素酯酶密切相关,其具体作用的分子机制有待进一步研究。

## PU-1374

## 表观健康人群血清睾酮参考区间的建立

巫志宇

陆军军医大学大坪医院

**目的** 建立重庆地区表观健康人群血清睾酮的参考区间

**方法** 连续纳入体检健康成年人为研究对象,按性别、年龄分组,使用 UniCel DXI800 全自动免疫分析仪定量检测血清睾酮浓度,根据美国临床实验室标准化协会(CLSI) C28-A3 文件的相关要求,以百分位数法建立血清睾酮的 95%参考区间( $P_{2.5}$ - $P_{97.5}$ )。

**结果** 研究纳入表观健康人群共 602 例,其中男性 300 例,其血清睾酮浓度呈正态分布,平均浓度为  $(4.89 \pm 1.33)$  ng/ml;女性 302 例,其血清睾酮浓度呈非正态分布,中位数浓度为  $[0.38 (0.20, 0.57)]$  ng/ml,二者间差异有统计学意义( $P < 0.01$ )。进一步年龄分组比较血清睾酮测定结果,男性血清睾酮浓度在两个年龄亚组间的差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),女性的睾酮浓度随年龄增长而降低,20~49 岁年龄组  $[0.52 (0.40, 0.70)]$  ng/ml 明显高于  $\geq 50$  岁年龄组  $[0.23 (0.10, 0.36)]$  ng/ml ( $P < 0.01$ )。由此得出重庆地区表观健康人群血清睾酮的参考区间:男性为 2.56~7.82 ng/ml,女性 20~49 岁为 0.1~1.03 ng/ml,女性  $\geq 50$  岁为 0.1~0.70 ng/ml。

**结论** 初步建立了重庆地区表观健康人群不同性别的血清睾酮的参考区间,女性人群需根据年龄分组采用不同的参考区间。

## PU-1375

## 血清蛋白电泳单克隆条带的检出对多发性骨髓瘤诊断价值

严湘红<sup>1</sup>,王林<sup>2</sup>,潘建华<sup>1</sup>,倪娟<sup>1</sup>,刘芳<sup>1</sup>,金秋<sup>1</sup>

1.长沙市中心医院,410000

2.湖南师范大学医学院

**目的** 探讨血清蛋白电泳单克隆条带的检出在多发性骨髓瘤诊断中的临床价值。



**方法** 选取我院 2016 年 1 月至 2018 年 10 月的 103 例多发性骨髓瘤患者作为试验组, 同期体检的健康人群 100 例作为对照组。血清蛋白电泳采用琼脂糖凝胶电泳法, 结果判断采用双盲法。免疫球蛋白定量检测采用免疫散射比浊法。总蛋白、白蛋白检测采用双缩脲法和溴甲酚绿法。用 SPSS 18.0 进行统计分析。

**结果** 多发性骨髓瘤患者分泌的 M 蛋白以 IgG 型为主, 共 60 例 (占 58.3%)。其次为 IgA 型, 共 30 例 (占 29.1%)。轻链型和 IgM 型占比较少。IgG 型 M 蛋白有 89.58% 的条带 (43/48) 的出现在  $\gamma$  区, IgA 型 M 蛋白有 53.57% 的条带 (15/28) 的出现在  $\beta$  区, 4 例 IgM 型 M 条带均出现在  $\gamma$  区, 轻链型 M 蛋白条带检出率较低。多发性骨髓瘤患者白蛋白 [31.40 (25.80-35.80)] g/L 表达量低于健康人群 [46.00 (44.00-47.00)] g/L, 球蛋白表达量 [45.44 (30.70-54.30)] g/L 高于健康人群 [26.67 (25.00-29.00)] g/L, 两种蛋白检测结果的差异均具有统计学意义 (Z 值分别为 -8.637、-7.260, P 均小于 0.05)。多发性骨髓瘤患者的免疫球蛋白含量与 M 蛋白分型呈正相关。血清蛋白电泳对 M 蛋白条带的检出阳性率为 82.52% (85/103) 高于免疫球蛋白定量对 M 蛋白的检出 (71.84% (74/103))。两种方法对 M 蛋白检出率的差异有统计学意义 ( $\chi^2=29.607$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 血清蛋白电泳能直观显示血清中不同蛋白的组成比例, 是一项基础廉价的常规方法。通过对 M 蛋白条带的检出, 可有效提高多发性骨髓瘤的检出率, 避免无效的骨髓穿刺给患者带来的诊疗负担。

## PU-1376

# 丙戊酸钠在 MCF-7 乳腺癌细胞生长中的作用及其可能的分子机制

赵霞

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 本研究旨在探讨 VPA 对乳腺癌细胞系 MCF-7 细胞的作用, 并进一步探讨其可能的分子机制, 尤其是细胞凋亡和细胞周期。我们的假设是 VPA 通过诱导细胞凋亡和影响其细胞周期来抑制 (MCF) 7 的生长。我们的数据表明, VPA 抑制 MCF-7 的生长, 诱导细胞凋亡, 并阻滞 G1 期。内源性凋亡途径在 VPA 诱导的细胞凋亡中占主导地位, p21 上调和下调 cyclin D1 可能是 G1 期阻滞的主要分子机制。

**方法** 用丙戊酸钠培养 MCF-7 细胞 (0)。5~4.0 mmol/L, 分别于体外培养 24 h、48 h、72 h。检测细胞活力、凋亡和细胞周期。随后测定 caspase-3、caspase-8 和 caspase-9 的活性和蛋白表达。最后, 分析细胞周期蛋白 A、细胞周期蛋白 D1、细胞周期蛋白 E 和 p21 的 mRNA 和蛋白表达。

**结果** 丙戊酸钠抑制 MCF-7 细胞生长, 诱导细胞凋亡, 并呈时间和浓度依赖性阻滞 G1 期, 细胞相对活力下降, 细胞凋亡率增加, G1 期细胞百分比增加 ( $P<0.05$ )。丙戊酸钠 (2.0 mmol/L, 48h) 可提高 caspase-3 和 caspase-9 的活性, 但不增加 caspase-8, 并增加蛋白水平。在丙戊酸钠 (2.0 mmol/L, 48h) 下, P21 表达上调, 细胞周期素 D1 表达下调 ( $P<0.05$ ), 但细胞周期素 E 和细胞周期素 A 表达仍有变化。

**结论** VPA 通过诱导 MCF-7 细胞凋亡和阻滞 G1 期而抑制 MCF-7 细胞的生长。内源性凋亡通路是 VPA 诱导细胞凋亡的主要途径。对于 G1 期阻滞, P21 的上调和细胞周期蛋白 D1 的下调可能是主要的分子机制。

## PU-1377

## Construction and Application of Formative assessment System for Practical Teaching of Medical Laboratory (PTML)

Lin Yu

The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** The current Summative evaluation focuses only on the learning results, It fails to provide proper guidance and feedback on the course program, and this failure is consequently a major obstacle to further improving the quality of teaching. In order to effectively solve this problem, we intend to construct and apply a new evaluation system in the PTML through the joint application of formative evaluation and target learning.

**Methods** The investigation and research methods are used to screen the elements of the formative evaluation system (FES) of PTML, and to construct the framework and evaluation indicators of the FES. Based on this, a set of target implementation plan and evaluation tool for the formative evaluation of practical teaching (FEPT) was designed, and the implementation effect was studied.

**Results** In this study, 174 teachers, experts and students from the medical laboratory were surveyed, and the effective questionnaire recovery rate was 99.4%. We constructed a framework with appropriate indicators for the FEPT, There are 3 first-level indicators, 10 second-level indicators, 26 third-level indicators and corresponding 73 four-level indicators; A set of target evaluation forms that are mainly used in the student learning process are designed. These evaluation forms are mainly used in the writing of experimental reports, operational tests, discussion reports and quizzes. The goal learning method and the formative evaluation complement each other and have been welcomed and recognized by the students.

**Conclusions** Combining process evaluation to summative evaluation can effectively cover the deficiency of one-time evaluation. In the process of formative evaluation, the target teaching is integrated into every part of the experimental teaching, so that students can clearly know what to learn at each step and can find out problems in time. This will improve teaching and facilitate Learning, and ultimately promote the effective achievement of the course objectives.

## PU-1378

## Blocking of YY1 Reduce Neutrophil Infiltration by Inhibiting IL-8 Production via PI3K-Akt-mTOR Signaling Pathway in Rheumatoid Arthritis

Jinpiao Lin, Yujue He, Qishui Ou

the First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** Our previous study has revealed that YY1 played an important part in promoting IL-6 production in rheumatoid arthritis (RA). However, whether YY1 has any role in regulation of IL-8 in RA remains unclear.

**Methods** YY1 and IL-8 expression in RA patients were analyzed by real-time PCR. Ingenuity pathway analysis (IPA) was used to analyzed signaling pathway involved in YY1-induced IL-8 production. The expression of YY1 and proteins involved in pathway were detected by western blot and ELISA. Migration of neutrophils was done by chemotaxis assay.

**Results** In this study, we found high expression of IL-8 was positively associated with YY1 expression in RA. Blocking YY1 expression by YY1-shRNA lentivirus reduced IL-8 production. Mechanistically, we showed YY1 activated IL-8 production via PI3K/Akt/mTOR signaling pathway.

Further, using a co-culture system consisting of peripheral blood mononuclear cell (PBMC) and neutrophils, we found that migration of neutrophils would be inhibited by YY1 RNA interference. Finally, using the collagen-induced arthritis animal model, we showed that treatment with the YY1-shRNA lentivirus led to reduction of IL-8 levels and attenuation of inflammation and neutrophils infiltration in vivo.

**Conclusions** Our results reveal a role of YY1 involved in neutrophils infiltration in RA via a PI3K/Akt/mTOR/IL-8 signaling pathway. YY1 may be a new therapeutic target for treatment of RA.

## PU-1379

### RDW 和 NT-pro-BNP 联合检测对心力衰竭患者诊断和分级的相关性研究

屈慧

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 研究红细胞体积分布宽度 (RDW) 和 N 末端脑钠肽前体 (NT-pro-BNP) 与心力衰竭(CHF)诊断和分级的相关性。

**方法** 回顾性分析, 选取 2015 年 1 月至 2017 年 4 月西京医院心血管外科监护室诊断为心力衰竭的住院患者 110 例, 检测其 RDW 和 NT-pro-BNP 水平, 并进行相关性分析。

**结果** 纽约心脏病协会 (NYHA) 分级Ⅳ级患者血浆中 NT-pro-BNP 的水平显著高于 NYHA 分级Ⅰ~Ⅱ级、Ⅲ级患者血浆中 NT-pro-BNP 的水平, 其差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。NYHA 分级Ⅲ级患者血浆中 NT-pro-BNP 的水平显著高于 NYHA 分级Ⅰ~Ⅱ级患者血浆中 NT-pro-BNP 的水平, 其差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。三组不同 NYHA 分级心力衰竭患者血浆中 NT-pro-BNP 和 RDW 水平呈正相关关系 ( $r=0.554$ ,  $P=0.01$ )。

**结论** RDW 和 NT-pro-BNP 水平可反映心功能的变化, 可作为心力衰竭诊断及严重程度和预后的指标。

## PU-1380

### 关于如何保证血球分析仪故障前后标本质量的探讨

屈慧

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 通过血球分析仪在临床检验工作中的不断应用, 探讨如何保证血球分析仪故障前后的标本质量。

**方法** 结合实际案例的处理方法, 探讨如何保证血球分析仪故障前后的标本质量, 在标本追溯、比对分析、质控监督等方面, 探讨程序化的处理流程来保证仪器故障前检测报告的正常发放和故障后仪器的正常使用。

**结果** 1, 对 A 机器故障前的标本 5 例为一组进行追溯, 使用运行正常、质控在控的同型号 B 仪器检测并计算偏移, 直至偏移在可接受范围。2, A 仪器故障维修结束、运行质控合格后, 再次将追溯标本使用 A 机检测, 与 B 仪器的结果计算偏移, 合格方可验收。3, 将血球分析仪故障的处理流程汇编入 SOP 使用。

**结论** 血球分析仪在临床检验工作中出现故障在所难免, 因而要求我们在故障维修前后的质量控制中要做到规范化、统一化、流程化, 这样可有效提高检验工作的质量, 减少错误报告的发放。

## PU-1381

## 一例裂红细胞在难治性血栓性血小板减少性紫癜（TTP）中应用

屈慧

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 初步诊断为血栓性血小板减少性紫癜待排

**方法** 给予血浆置换经验治疗，血小板升高不明显。

**结果** 以血小板减少入住某院急诊科，初步诊断为血栓性血小板减少性紫癜待排，给予血浆置换经验治疗，血小板升高不明显

**结论** 以血小板减少入住某院急诊科，初步诊断为血栓性血小板减少性紫癜待排，给予血浆置换经验治疗，血小板升高不明显

## PU-1382

## 医学检验实验室设备管理持续改进的方法策略探讨

轩乾坤,羽晓瑜,朱云霞

上海市东方医院南院

**目的** 医学检验实验室仪器设备更新换代日趋频繁，通过实验室内部审核剖析医学检验实验室设备管理存在问题，探讨实验室仪器设备持续改进的有效实施方法和策略。

**方法** 回顾性分析 2016 年至 2018 年期间上海市某三甲医院医学检验科 3 次内部审核中发现的 72 项不符合项，实验室设备不符合项 15 项占比 20.83 %。不符合项前四位依次为：校准报告内容不完善、设备校准时间延时、新安装设备档案不齐全、设备故障维修。针对以上问题，通过制定《检测设备校准报告内容目录》有效完善校准报告内容；通过应用实验室信息管理系统管理设备校准时间，杜绝校准空白期；通过制定《新仪器安装整理内容目录》及时有效建立仪器设备档案；通过制定《仪器设备的维修操作流程》以保证设备维修操作规范；实施月质量督查，保证岗位工作人员对设备管理制度的有效执行。

**结果** 2019 年医学检验实验室内部审核不符合项共 25 项，设备不符合项共 2 项占比 8 %，显著下降，仅校准报告内容不完善方面有 1 项不符合项。

**结论** 实验室内部审核可以有效发现设备管理中存在的问题，针对性地制定设备管理的方法及保证方法执行的控制策略，可有效推进医学检验实验室设备管理的持续改进。

## PU-1383

## 3 例新型隐球菌性脑膜炎病例报道

吴志农

咸宁市中心医院,437000

**目的** 分析并总结新型隐球菌性脑膜炎（CNM）感染的临床特点、诊疗经过，提高该病的诊治水平

**方法** 回顾性分析咸宁市中心医院 2016.6-2018.6 期间诊断为 CNM 的患者临床资料，总结其临床特征，并结合国内外文献资料讨论

**结果** 者分别以“头颈部疼痛 3 月，加重 2 天”、“视力下降 1 周”、“头痛发热 5 天”入院，3 例患者均有头痛症状、2 例有发热症状，1 例伴有呕吐症状，颅内压均有不同程度升高（250-400mmHg）；实验室检查脑脊液蛋白均有不同程度升高，脑脊液葡萄糖正常或轻度下降，脑脊液常规白细胞计数升高，分类以淋巴细胞为主，3 例患者脑脊液培养均培养出新型隐球菌，2 例墨汁染色阳性（66.7%），影像学检查 CT 均未发现明显异常，MRI 有 1 例发现大脑额叶有异常信号，另有 1 例治疗后期 MRI 提示双侧额叶皮层下脱髓鞘可能；治疗上有 2 例使用了两性霉素 B+5 氟胞嘧啶，另外 1 例使用的两性霉素 B，2 例治疗后明显缓解，另外 1 例症状无明显改善出院。

**结论** 新型隐球菌性脑膜炎临床表现多样，缺乏特异性，尽早进行病原学诊断是确诊的关键，临床预后差

#### PU-1384

### Bio-Rad VARIANTII TURBO 与 BIO-Rad D10 糖化血红蛋白分析仪的比对分析

任丽芬,张志平,吴晓坤,徐蓓,徐焰  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 将以高压液相色谱法为原理的分析系统 Bio-Rad VARIANTII TURBO 与 BIO-Rad D10 糖化血红蛋白分析仪所得结果进行比对分析与偏倚评估。

**方法** 分别使用 Bio-Rad VARIANTII TURBO 与 BIO-Rad D10 糖化血红蛋白分析仪检测 40 份全血样本的糖化血红蛋白（HbA1c），两台分析仪原理均为离子高压液相色谱法，对两台检测系统的结果进行比对分析，进行相关性比较及偏倚评估。

**结果** 线性回归方程为  $y = 0.972x + 0.291$  ( $n=40$ ,  $R^2=0.996$ )，两个检测系统测定 HbA1C 结果有恒定偏倚，随着 HbA1C 浓度的增高而减小。

**结论** Bio-Rad VARIANTII TURBO 与 BIO-Rad D10 糖化血红蛋白分析仪检测结果有良好的相关性，结果存在恒定正偏倚，偏倚均在允许误差范围之内，满足临床要求。

#### PU-1385

### 2012-2017 年天门市肾综合征出血热疫情分析

朱名超  
天门市第一人民医院,431700

**目的** 对湖北省天门市肾综合征流行性出血热疫情进行分析，以掌握该地区出血热疫情特征，研究疫情控制对策

**方法** 回顾性分析了天门市 2012 年~2017 年 187 例流行性出血热患者的临床资料，从地区分布、时间、年龄、性别、职业实验室诊断指标及患者就诊情况等方面进行了分析

**结果** 2012 年~2017 年在天门市第一人民医院确诊的出血热患者 187 例，治愈 23 例，好转 150 例，未愈 4 例，死亡 9 例，死亡率 4.81%，发病呈现双峰特征，1-3 月为高峰，9-11 月为次高峰，多发人群是中青年农民，地区分布以乡镇为主，约占 93.05%，乡镇发病主要集中在多宝、张港和岳口三镇。年龄 15-83 岁均有发病，以 40-60 岁发病率最高，男女比例为 2.5:1，男女发病率差异有统计学意义( $\chi^2 = 191.25$ ,  $P = 0.00038$ )；临床分型以轻型和中型为主；患者就诊时间 0-30 d，平均为 10 d；重型和危重型病例逐年减少，实验室检查以 IgM 和 IgG 抗体阳性率最高，其次为异型淋巴细胞增多、PLT 减少、尿蛋白阳性和 D-Dimer 升高，这些指标在疾病分型及早期诊断中具有重要价值。

**结论** 湖北省天门市 HFRS 患者以 40-60 岁的男性患者为多, 临床分型以轻型和中型为主, 就诊时间参差不齐, 平均就诊时间较长, 常延误诊治, 因此应加强疫区人员 HFRS 防病知识宣教, 提高自我防护意识, 倡导科学防鼠灭鼠, 同时应提高疫苗接种率, 加强普查普防普治工作, 以减少疫情蔓延及死亡率。

## PU-1386

### T 淋巴细胞在结核病保护性免疫中的作用及研究进展

唐锦华, 黄媛, 马越云  
空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 据 WHO 报道, 结核病目前仍然是全球中严重威胁着人类健康几大病因之一

**方法** 当今社会结核感染常呈现隐蔽式发展, 并且发病和治疗的机制均十分复杂, 因此, 弄清楚免疫细胞尤其是 T 淋巴细胞在其发生发展过程中的作用就显得十分重要。

**结果** 本文在总结最新研究的基础上, 对结核感染过程中宿主体内各主要保护性 T 淋巴细胞亚群的活化增殖、分化及免疫应答过程进行综述, 以期为进一步研究提供帮助和支持。

**结论** 本文在总结最新研究的基础上, 对结核感染过程中宿主体内各主要保护性 T 淋巴细胞亚群的活化增殖、分化及免疫应答过程进行综述, 以期为进一步研究提供帮助和支持。

## PU-1387

### CarbaNP 试验在耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌快速检测的方法研究

童伟  
武汉大学人民医院, 430000

**目的** 通过 CarbaNP 试验对革兰阴性菌产生的碳青霉烯酶进行快速检测, 了解临床产碳青霉烯酶的革兰阴性菌的临床分布及耐药特征, 并验证 CarbaNP 试验准确性, 为临床合理使用抗菌药物提供理论依据

**方法** 选取医院 2016 年 10 月—2017 年 10 月检出 1135 株革兰阴性菌, 利用 CarbaNP 比色法对其中 90 株多耐药菌产碳青霉烯酶进行检测, 并通过改良 Hodge 试验, 亚胺培南—EDTA (乙二胺四乙酸) 双纸片协同实验等方法验证其准确性、特异性

**结果** 肺炎克雷伯菌、鲍氏不动杆菌主要来自呼吸道标本, 共 693 株, 占 61.06%, 铜绿假单胞菌主要来自痰液及烧伤创面脓汁, 共 425 株, 占 37.44%, 1135 株革兰阴性菌筛选出多耐药菌为 90 株, 占 7.93%, 将 90 株多耐药的菌株经 CarbaNP 法检测出产碳青霉烯酶株 22 株

**结论** CarbaNP 试验用于检测碳青霉烯酶操作简单、快速、灵敏、费用低廉、特异性强, 可有助于提高产碳青霉烯酶革兰阴性菌的检出率和抗菌药物的合理使用水平

## PU-1388

## CEA、CA125、NSE、SCC 及 Cyfra211 五种肿瘤标志物检测在肺癌诊断与预后中的应用

肖维

咸宁市中心医院,437000

**目的** 探讨联合 CEA、CA125、NSE、SCC 及 Cyfra211 五种肿瘤标志物检测在肺癌诊断及预后评估中的应用价值

**方法** 研究采用随机对照分组的实验设计,分别收集 2015 年 1 月至 2016 年 4 月间符合条件的肺部疾病患者计入肺癌组、肺良性病变组以及常规体检的健康对照组,分别为 228、282 和 220 例。采集肺癌组治疗前后、随访中晨起空腹外周静脉血 5ml 并分离血清,肺良性病变组在治疗前、健康体检对照组晨起空腹外周静脉血 5ml 并分离血清。对所有血液样本进行 CEA、CA125、NSE、SCC 以及 Cyfra21-1 五种肿瘤标志物浓度进行检测。

**结果** 1、228 例肿瘤患者外周血内 5 种肿瘤标志物的浓度显著高于肺良性病变组和健康对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。2、通过研究肺癌患者外周血肿瘤标志物浓度发现,CA125 在大细胞肺癌、NSE 在小细胞肺癌、CYFRA21-1 和 SCC 在肺鳞癌患者的外周血中浓度最高。肿瘤标志物在肺癌不同病理组织类型中有一定的指导意义。3、五种肿瘤标志物联合具有更高的诊断效率。4、肺癌患者组中 164 例进行了术后和放化疗后的预后随访。治疗前 CEA、CA125 水平越高,提示患者病变的临床分期越晚,患者的预后就越差。

**结论** 五种肿瘤标志物在肺癌及其不同病理类型中有诊断价值。五种肿瘤标志物在评估肺癌患者预后中的价值也不相同,其中以 CEA、CA125 最为显著,治疗前患者血液中 CEA、CA125 浓度水平越高,患者预后也越差。

## PU-1389

## 西安地区健康人群胆碱酯酶参考区间的建立

童开,张莹,周铁成,程晓东

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 采用日立 7600 全自动生化分析仪进行检测,选择西安地区 1017 例健康体检人群,男 540 例、女 477 例,按照年龄及性别将健康人群分为男、女青年(18-39 岁)组,男、女中年(40-59 岁)组和男、女老年(60-79 岁)组。采用 SPSS18.0 统计软件对数据进行分析,绘制胆碱酯酶直方图,应用线性回归分析,计量资料组间比较采用  $t$  检验,对偏态分布数据用百分位数得出双侧 95% 置信区间作为正常参考范围。

**方法** 采用日立 7600 全自动生化分析仪进行检测,选择西安地区 1017 例健康体检人群,男 540 例、女 477 例,按照年龄及性别将健康人群分为男、女青年(18-39 岁)组,男、女中年(40-59 岁)组和男、女老年(60-79 岁)组。采用 SPSS18.0 统计软件对数据进行分析,绘制胆碱酯酶直方图,应用线性回归分析,计量资料组间比较采用  $t$  检验,对偏态分布数据用百分位数得出双侧 95% 置信区间作为正常参考范围。

**结果** 西安地区健康人群胆碱酯酶参考值,按照性别分组为男性胆碱酯酶参考值 5500-13500 U/L;女性胆碱酯酶参考值 5500-12500 U/L。按照性别和年龄分组为男性青年 5500-13500 U/L、男性中年 6500-13500 U/L、男性老年 4500-10500 U/L;女性青年 5500-12500 U/L、女性中年 4500-12500 U/L、女性老年 4500-10500 U/L。

**结论** 西安市地区健康人群胆碱酯酶正常参考值为 5500-13500 U/L,男性和女性胆碱酯酶正常参考值分别为 5500-13500 U/L 和 5500-12500 U/L。每个地区的人群特点不同应建立适合本地区人群的正常参考值范围。

## PU-1390

## FTO 基因单核苷酸多态性的研究

郑毅  
湖北省中医院,430000

**目的** 探究肥胖人群中中医体质的分布情况,进一步研究肥胖中医体质与肥胖 FTO 基因单核苷酸多态性的关系

**方法** 收集健康人群/肥胖人群样本各 48 例、52 例,测量 BMI、采外周血标本,采用改良多重高温连接酶检测反应技术(iMLDR)检测 FTO 基因上的三个 SNP 位点(rs9939609、rs1421085、rs8057044)。使用对其中的肥胖人群进行中医学体质分类。对健康人群和肥胖人群的 FTO 基因 SNP 位点进行分析,将健康人群/肥胖人群 SNP 突变结果、肥胖人群不同中医体质 SNP 突变结果进行统计学分析

**结果** 52 例肥胖组人群中,按照中医体质有多到少依次为:肝郁气滞型、脾虚湿阻型、胃热湿阻型、脾肾两虚型、阴虚内热型,全身脂肪含量 FM 和体脂百分比上,5 种体质无统计学差异( $P>0.05$ )。在 rs9939609 中基因型及等位基因的概率经比较,无统计学差异;rs1421085 中 C 基因及 CC+CT 基因型分布频率高于对照组,两组间存在统计学差异( $P<0.05$ );在 rs8057044 中 A 基因及 AA+AG 基因型分布频率高于对照组,两组间存在统计学差异( $P<0.05$ )。rs1421085 的 CT 与 CC 基因型在脾虚湿阻型中大量分布,概率分别为 61.53%、23.08%。rs8057044 的 AG 与 AA 基因在脾肾两虚型中大量分布,概率分别为:50%、50%。rs8057044 的 AG 与 AA 基因阴虚内热型中大量分布,概率分别为 75%、25%

**结论** FTO 基因的 rs9939609 的 A 基因在肥胖组和对对照组中未见明显差异,且不推荐作为中医体质分型的指标,rs1421085 与脾虚湿阻型高度相关,rs8057044 与脾肾两虚型和阴虚内热型高度相关。

## PU-1391

GM-CSF 对环磷酰胺作用后的 BALB/c  
小鼠外周血

李月红  
襄阳市第一人民医院

**目的** 探讨 CTX、GM-CSF 对 B 细胞的作用效应

**方法** 分别采集 CTX 及 GM-CSF 作用前后的 BALB/c 小鼠外周血单个核细胞,提取 DNA 并进行 BCR H-CDR3 组库序列分析

**结果** 健康 BALB/c 小鼠在使用 CTX 后,白细胞及淋巴细胞绝对值均明显减少,BCR H-CDR3 组库的多样性(1/Ds)亦减低,且部分 IGHV 基因取用丢失;而在 GM-CSF 使用以后,小鼠白细胞及淋巴细胞明显升高,BCR CDR3 组库的多样性(1/Ds)亦增多,部分丢失的 IGHV 基因又重新出现。由此提示:CTX 对小鼠 B 细胞 H-CDR3 组库的多样性有损伤作用,而 GM-CSF 对这种多样性的恢复有促进作用

**结论** 本实验可为进一步研究 CTX 与 GM-CSF 的作用效应与机制提供基础。



## PU-1392

**LDL 诱导巨噬细胞 Raw264.7 脂质筏的聚集**

赵瑾超  
襄阳市第一人民医院

**目的** 探究 LDL 与脂质筏之间的关系

**方法** 运用荧光漂白恢复技术(fluorescence recovery after photobleaching,FRAP), 对 LDL 刺激的细胞和未经 LDL 刺激的细胞进行观测; 采用密度梯度离心的方法分离脂质筏, 对各层中胆固醇含量进行测定, 通过 Western Blot 对脂质筏标志性蛋白 flotillin-1, caveolin-1 进行分析;  $\beta$ -环糊精孵育后, 扫描电子显微镜观测细胞形态

**结果** 经 LDL 刺激的 Raw264.7 细胞表现出荧光漂白恢复时间延长; 脂质筏区的胆固醇含量增多, 脂质筏区标志性蛋白 flotillin-1, caveolin-1 增加;  $\beta$ -环糊精孵育后细胞形态发生改变, 细胞胆固醇含量降低。

**结论** LDL 能诱导细胞膜上脂质筏的聚集

## PU-1393

**医院检验科绩效考核指标的建立**

吴宗勇<sup>1</sup>, 齐军<sup>2</sup>  
1.中国医学科学院肿瘤医院,100000  
2.中国医学科学院肿瘤医院深圳医院

**目的** 建立一套适合医院检验科个人绩效考核的指标体系。

**方法** 绩效评分是绩效管理的表现形式, 为考核总分与绩效系数的乘积, 绩效系数为职称系数、工龄系数、职务系数与学位系数之和。

**结果** 绩效管理作为医院管理的有效方法, 对于提高医院整体水平, 提升医院管理控制能力具有重要意义。

**结论** 通过对员工各项指标的考评, 提升了员工的主人翁意识, 大大提高了检验科的工作效率。

## PU-1394

**阿尔茨海默症患者血清中核酸氧化损伤产物与抗氧化物质硒、维生素 A 和维生素 E 的质谱检测及相关性研究**

李文正, 禹松林, 尹逸丛, 于佳磊, 王丹晨, 邹雨桐  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 研究显示 DNA 氧化损伤产物 8-氧化脱氧鸟苷 (8-oxo-dGsn) 和 RNA 氧化产物 8-氧化鸟苷 (8-oxo-Gsn) 与阿尔茨海默症 (AD) 发病的密切相关。具有抗氧化功能的维生素 A (Vit A) 和维生素 E (Vit E), 硒元素 (Se) 被证明对 AD 患者的氧化损伤具有一定的保护作用。然而尚未有研究对 AD 患者血清中 8-oxo-Gsn、8-oxo-dGsn 和 Vit A、Vit E、Se 的关系进行探讨, 本研究将综合比较 AD 患者与对照组血清中上述氧化应激相关物质含量, 并对其差异性与相关性进行探讨。

**方法** 选取 55 例 AD 患者和 64 例年龄分层相近, 性别匹配且生化指标正常的表观健康人群, 采用高效液相色谱串联质谱 (HPLC-MS/MS) 对血清中的 8-oxo-dGsn、8-oxo-Gsn、Vit A、Vit E 进行检测, 使用电感耦合等离子体质谱 (ICP-MS) 测定血清中 Se 含量。比较两组人群以上各指标的差异, 不同年龄分层的差异以及各项目的相关性。

**结果** 病例组血清中 Se 含量显著低于对照组 ( $P<0.01$ )。Vit A 在 <60 岁和 60-69 岁低龄分组中, 病例组含量显著低于对照组 ( $P<0.01$ )。Vit E 在对照组与病例组中差异不明显。对照组与病例组血清 8-oxo-Gsn 无显著差异, 在 <60 岁和 60-69 岁低龄分组中病例组血清中 8-oxo-dGsn 含量显著高于对照组 ( $P<0.01$ )。通过相关性分析发现 8-oxo-Gsn 与年龄存在显著相关性 ( $P<0.01$ ), 8-oxo-dGsn 仅在表观健康人群中与年龄呈现显著相关性。血清 Se 分别与 Vit A 和 Vit E 呈现显著相关性 ( $P<0.01$ ), 但未发现 8-oxo-Gsn、8-oxo-dGsn 与两种维生素和 Se 之间存在显著相关关系。

**结论** AD 患者血清含有显著高水平的 DNA 氧化损伤产物 8-oxo-dGsn 和低水平的抗氧化物质 Se, 血清 8-oxo-Gsn、8-oxo-dGsn 与 Vit A、Vit E 和 Se 关系需进一步研究。

## PU-1395

### 南海海绵共附生抗结核分枝杆菌放线菌的筛选 及代谢活性物质的分离

冯鹭

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过从海绵共附生的微生物中筛选出能够产生抗结核分枝杆菌的新型活性物质。

**方法** 采用平板稀释法从南海海域采集的海绵中分离共附生放线菌菌株, 将不同菌株的培养上清与指示菌结核分枝杆菌标准株 H37Rv 在 96 孔细胞培养板中共培养 21 天, 将培养液涂布于 7H10 培养板中行菌落计数。再将具有抑菌活性的菌株大量培养, 取其上清使用 HPLC 根据分子量和极性先后进行两次分离, 从分离各组分中进一步筛选、鉴定分离组分中具有抑制结核杆菌生长的活性物质。同时提取该菌株的基因组 DNA, 采用通用引物对其 16S rRNA 行 PCR 扩增并对扩增产物进行测序比对。

**结果** 研究结果显示, 初次筛选的 6 株放线菌株中编号 NH128 其培养上清中具有较强的抑制结核分枝杆菌 H37Rv 生长的活性物质, 随后通过 HPLC 进一步纯化获得的组份 S3, 其 MIC<sub>50</sub> 约为 3μg/ml, 显示出较强的抑制结核分枝杆菌生长的活性。对其 16S rRNA 序列行 PCR 扩增、测序、比对结果显示, 其与 *Acidimycetaceae bacterium* (R03 AY944262) 同源性为 99%, 因此认 NH128 菌株为放线菌属 *Acidimycetaceae bacterium* (R03 AY944262) 的变种。

**结论** 研究结果显示, 南海海域海绵中存在较为丰富的具有抗结核分枝杆菌活性物质的共附生菌, 其活性物质为开发新型的抗结核分枝杆菌药物具有指引作用。

## PU-1396

**APLNR is involved in ATRA-induced growth inhibition of nasopharyngeal carcinoma and may suppress EMT through PI3K/Akt/mTOR signaling**

Yi Liu<sup>1</sup>, Qingluan Liu<sup>1</sup>, Shumin Chen<sup>2</sup>, Yijun Liu<sup>1</sup>, Yumei Huang<sup>1</sup>, Pan Chen<sup>3</sup>, Xiayu Li<sup>4</sup>, Ge Gao<sup>1</sup>, Keqian Xu<sup>1</sup>, Songqing Fan<sup>5</sup>, Zhaoyang Zeng<sup>4</sup>, Wei Xiong<sup>4</sup>, Ming Tan<sup>4,6</sup>, Guiyuan Li<sup>4</sup>, Wenling Zhang<sup>1</sup>

1. Department of Medical Laboratory Science, the Third Xiangya Hospital, Central South University

2. Department of Hematology, Peking University People's Hospital, Beijing, China

3. Hunan Cancer Hospital and The Affiliated Cancer Hospital of Xiangya School of Medicine, Central South University, Changsha, Hunan 410003, China

4. The Key Laboratory of Carcinogenesis and Cancer Invasion of the Chinese Ministry of Education, Cancer Research Institute, Central South University, Changsha, Hunan 410078, China

5. Department of Pathology, The Second Xiangya Hospital, Central South University, Changsha 410011, Hunan, China

6. Mitchell Cancer Institute, University of South Alabama, Mobile, AL 36604, USA

**Objective** The apelin receptor (APLNR) is a G-protein coupled receptor (GPCR) involved in many pathophysiological processes; however, the correlation between APLNR expression and nasopharyngeal carcinoma (NPC) has not been reported. In this study, we aim to investigate the expression level of APLNR in nasopharyngeal carcinoma and the effect of APLNR on proliferation and metastasis of nasopharyngeal carcinoma cells and its mechanism, and provide a new idea for inhibiting the proliferation and metastasis of nasopharyngeal carcinoma.

**Methods** The cDNA microarray and tissue microarray (TMA) was used to determine APLNR expression levels in NPC tissues. Disease free survival (DFS) and overall survival (OS) were estimated using the Kaplan-Meier method and the log-rank test. Ingenuity pathway analysis (IPA) was applied to identify canonical pathways represented in the NPC. Dual luciferase reporter assay was used to determine the binding site of all-trans-retinoic acid (ATRA) and APLNR. The effect of ATRA on NPC cell proliferation was tested by MTT assay. Flow cytometry was used to determine the percentage of cells in each phase of the cell cycle. And then the cells were harvested to detect the expression of APLNR, cyclinD1 and p16 by Western blot analysis. The plasmid DNA which overexpressed and knocked down APLNR was transfected into two nasopharyngeal carcinoma cells, respectively. The effect of APLNR expression level on the migration and invasion ability of nasopharyngeal carcinoma cells was detected by scratch test and Transwell assay. Western blot assay were performed to detect the protein expression levels of EMT key molecular markers after overexpression and knockdown of APLNR. In order to explore the molecular mechanism of APLNR biological function, the activation level of PI3K/Akt/mTOR pathway after overexpression and knockdown of APLNR was detected by Western blot assay. Then PI3K pathway inhibitor LY294002 was added in nasopharyngeal carcinoma cells, the protein level of key molecular markers of EMT was detected by Western blot assay, the ability of migration and invasion was analyzed by Transwell assay.

**Results** The results of cDNA microarray revealed that APLNR expression was reduced in NPC tissues compared to noncancerous nasopharyngeal epithelial (NPE) tissues. The results of TMA with a large-scale sample of 1,015 tissues demonstrated that expression levels of APLNR in NPC tissues were indeed downregulated. Furthermore, positive expression of APLNR in NPC predicted a better prognosis (disease free survival (DFS):  $P=0.001$ , overall survival (OS):  $P<0.001$ ). Moreover, ingenuity pathway analysis (IPA) revealed that an indirect interaction existed between APLNR and retinoic acid (RA) in the cancer regulatory network. The results of dual luciferase reporter assay showed that ATRA increased the promoter activity of APLNR and that the binding site of ATRA and APLNR promoter regions was mainly located at -1765--820 bp. Consistently, after treatment with ATRA, we found that APLNR was significantly upregulated in NPC cell lines (5-8F and HNE1), while proliferation of NPC cells was inhibited. Cell cycle arrest occurred in the G0/G1 phase. In contrast, knockdown of APLNR diminished ATRA-induced

growth inhibition of NPC cells. In addition, we surprisingly found that APLNR also played an important role in migration and invasion of NPC. Wound healing and transwell assays revealed that APLNR overexpression led to reduced migratory and invasive properties in two NPC cell lines. Western blot results revealed that hallmarks of epithelial-mesenchymal transition (EMT) were altered as well, suggesting that APLNR was capable of inhibiting EMT in NPC cells. Our study further demonstrated that low expression of APLNR promoted EMT in NPC cells by activating the PI3K/Akt/mTOR signaling pathway.

**Conclusions** Taken together, our data suggested that APLNR could potentially predict prognosis for NPC patients and inhibit proliferation, migration, invasion and EMT in nasopharyngeal cancer cells.

## PU-1397

### 西北地区健康人群胆固醇参考区间的初步探讨

童开,张莹,周铁成,程晓东  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 建立西北地区健康人群血清胆固醇(CHOL)的参考区间。

**方法** 参照 IFCC 多中心酶学研究参考人群筛选标准, 募集 18—79 岁健康参考人群 722 人, 其中男性 357 人和女性 365 人, 分别用和光试剂检测系统和罗氏试剂检测系统建立西安地区健康人群胆固醇的参考区间。

**结果** 两个系统间检测结果无统计学意义 ( $P=0.483>0.05$ )。农村与城市人群检测结果无差异 ( $P=0.398>0.05$ )。各年龄段间结果有明显差异, 18-29 岁与 30-39 岁两组检测结果间有显著差异 ( $P=0$ ); 30-39 岁与 40-49 岁两组检测结果间有显著差异 ( $P=0$ ); 40-49 岁与 50-59 岁两组检测结果间有显著差异 ( $P=0$ ); 50-59 岁与 60-79 岁两组检测结果间无统计学差异 ( $P=0.116>0.05$ )。各年龄段间男性和女性结果无差异。

**结论** 西北地区健康人群胆固醇检测结果在两种检测方法间无显著差异, 城市人群和农村人群间检测结果也无明显差异, 不同年龄段间检测结果存在显著差异, 男性和女性检测结果无差异。随着年龄的增长, 胆固醇的检测结果显示逐渐增大。本次研究表明, 西北地区胆固醇参考区间有所提高, 本文实验结果高于目前我们临床所用的参考区间, 高于我国血脂异常防治建议提出的合适水平。

## PU-1398

### 人乳腺癌细胞系 MCF-7 中 FOXM1 调控 SYK 转录的研究

冯鹭  
山东大学第二医院,250000

**目的** 研究不同乳腺癌细胞中脾酪氨酸激酶 (spleen tyrosine kinase, SYK) SYK 表达的差异性, 探讨 SYK 基因在转录水平可能存在的调控机制。

**方法** 分别从 4 种乳腺癌细胞系 MCF-7、T47D、SK-BR3 和 MDA-MB-231 中提取 RNA 和蛋白质检测 SYK 的表达水平, 并将 4 种细胞系的基因组 DNA 经过亚硫酸盐修饰后检测 SYK 基因启动子区 CpG 岛甲基化。用慢病毒转染方法在 MCF-7 细胞系中过表达叉头框转录因子 M1 (Forkhead box protein M1, FOXM1), 而在 T47D、SKBR3 和 MDA-MB-231 细胞系中下调 FOXM1 的表达水平, 采用 Western blotting 和实时荧光定量 PCR 方法检测 FOXM1 和 SYK 的表达。利用染色质免疫沉淀 (ChIP) 技术和荧光素酶报告基因的方法检测转录因子 FOXM1 对于 SYK 基因转录水平的调控作用。

**结果** SYK 在乳腺癌细胞系 MCF-7 中呈阳性表达,而在 T47D、SKBR3 和 MDA-MB-231 中呈阴性表达;MCF-7 细胞中 SYK 基因启动子区 CpG 岛甲基化水平比 T47D、SKBR3 和 MDA-MB-231 低。用甲基化抑制剂 5-aza-CdR 处理之后,T47D 和 MDA-MB-231 细胞系中 SYK 的 mRNA 水平上升明显,而其他两种细胞系中 SYK 变化不显著。在 MCF-7 细胞系中过表达 FOXM1 能下调 SYK 的表达,同时在 SK-BR3 细胞系中沉默 FOXM1 基因又能激活 SYK 的表达,但是另外两种细胞系中用 RNA 干扰的方式下调 FOXM1 之后未能激活 SYK 的表达。ChIP 结果显示 FOXM1 直接参与调控 SYK 的转录水平;基因沉默内源性 FOXM1 之后可以激活 SYK 基因启动子活性,过表达 FOXM1 之后能够抑制 SYK 基因启动子的活性。

**结论** 在部分乳腺癌细胞中,SYK 是 FOXM1 新的靶基因,FOXM1 可能通过调节 SYK 的表达来调控乳腺癌的发生发展。

## PU-1399

### 流式细胞术检测骨髓原血细胞与儿童急性 B 淋巴细胞白血病预后的相关性研究

王月芳,江咏梅,高举,张鸽  
四川大学华西第二医院,610000

**目的** 原血细胞(hematogones, HGs)为骨髓中正常 B 系前体淋巴细胞的良性扩增。白血病患者化疗后造血功能恢复, HGs 数量可明显增多。目前能提示白血病预后的有意义的具体临界值由于各种原因尚未正确界定:如各家计算 HGs 的方法不一,化疗期间采集标本时间点差异,流式细胞分析方案的不同等。目前尚无 HGs 在儿童 B-ALL 预后中的研究,故我们预初步探讨 HGs 作为 B-ALL 患儿 MRD 替代检测指标的临床可行性。

**方法** 采用欧洲 BIOMED-1 标准化流式 MRD 检测技术(图 1),随访>3 年的 279 例初诊 B-ALL 患儿为研究对象,检测患儿巩固化疗期(约为治疗后 12 周)的骨髓单个核细胞中的 HGs。按危险度分级为高危(n=68)、中危(n=105)和低危(n=106);按临床结局分为完全缓解(n=246)和复发组(n=33)。Kaplan-Meier 生存曲线统计患儿 3 年无事件生存率(event-free survival, EFS)。

**结果** 低危组患儿骨髓 HGs [3.42 (0.02, 45.69) %]明显高于中危组[1.88 (0.04, 36.12) %]和高危组[1.16 (0.03, 45.91) %] ( $Z=-2.13/-2.79$ ,  $P=0.013/0.005$ );完全缓解组 HGs [2.46 (0.03, 45.91) %]明显高于复发组[0.64 (0.04, 13.94) %],差异有统计学意义( $Z=-3.34$ ,  $P=0.00$ )。HGs  $\leq 1.0\%$ 组与 1-2%, 2-3%, 3-4%, 4-5%, 和>5%各组相比 EFS (71.6%)最低。故将 HGs $\leq 1.0\%$ 作为临界值, HGs $\leq 1.0\%$ 组(n = 98)患儿 3 年 EFS (71.6%)明显低于 HGs>1.0%(n = 181)组 (93.7%),差异有统计学意义( $\chi^2=7.597$ ,  $P=0.006$ ) (图 2)。经多变量分析, HGs[0.879(0.781-0.990),  $P=0.034$ ]可作为白血病患儿的独立预后因素应用于临床。

**结论** HGs 可反映 B-ALL 儿童化疗后骨髓再生状况,可作为一个良好的独立预后因素应用于临床。

## PU-1400

### MORC 家族蛋白的生物学功能研究进展

崔曦  
襄阳市第一人民医院

**目的** Microrchidia (MORC)是高度保守的核蛋白超家族,包括 MORC1, MORC2, MORC3 和 MORC4

**方法** MORCs 作为新的表观遗传调控因子,参与多种基本的生物学过程,包括 DNA 损伤修复、细胞增殖、细胞衰老和表观遗传调控

**结果** MORCs 的调节异常与癌症、自身免疫疾病和骨病相关。对 MORCs 结构和功能的进一步研究将为开发治疗 MORCs 相关疾病的新方法奠定基础。

**结论** 该文将结合作者的研究工作，重点对 MORCs 在癌症和骨稳态调节中的作用进行综述，并讨论 MORCs 作为癌症、自身免疫疾病和骨病治疗的新药物靶点的可能应用前景。

## PU-1401

### PDCA 循环管理在降低临床尿常规检验标本不合格率中的应用

马红叶

首都医科大学附属北京中医医院,100000

**目的** 探讨 PDCA 循环管理法在降低临床尿常规检验标本不合格率中的应用效果

**方法** 对首都医科大学附属北京中医医院 2017 年 7 月~2018 年 6 月住院患者尿常规检验不合格标本进行数量统计,进一步分析标本不合格原因,随后采用 PDCA 循环管理法对住院患者尿常规检验标本进行持续性质量改进,比较 PDCA 循环管理法实施前后的标本不合格率

**结果** 实施 PDCA 循环管理法后,临床尿常规检验标本不合格率显著降低( $p<0.05$ ),由实施前的 24.18%降为实施后的 8.8%,在后期的效果维持阶段,临床尿常规检验标本不合格率仍维持在较理想水平(不合格率为 9.3%)

**结论** 应用 PDCA 循环管理法可显著降低住院患者尿常规检验标本不合格率,有效保证检验分析前阶段标本质量,提高检验结果准确性

## PU-1402

### 幽门螺杆菌抗体分型检测在老年上消化道疾病诊治中的意义

黄宇,戴淑惠,马晓波,李珣,洪国焱

厦门大学附属第一医院

**目的** 探讨幽门螺杆菌抗体分型检测与老年消化道疾病的相关性。

**方法** 回顾性分析 304 例老年上消化道疾病患者进行的免疫印迹法幽门螺杆菌抗体分型检测,对检测结果进行统计,组间比较采用卡方检验。

**结果** 304 例老年患者中(慢性胃炎 72 例,消化性溃疡 83 例,消化道出血 56 例,胃癌 29 例,具有其他消化道症状 64 例)HP 抗体总阳性率达到 75.7%,其中男性阳性率为 73.1%,女性阳性率为 80.4%,男女性别差异无统计学意义( $\chi^2=1.994$ ,  $P=0.158$ );五组 HP 抗体阳性率分别为 70.8%, 84.3%, 80.4%, 75.9%, 65.6%, 总体差异无统计学意义( $\chi^2=8.475$ ,  $P=0.076$ );五组 HP 抗体分型结果为 HP 抗体 I 型阳性率分别为 43.0%, 43.4%, 41.1%, 27.6%, 26.6%, 前 3 组 I 型阳性率高于后 2 组,差异有统计学意义( $\chi^2=12.172$ ,  $P=0.016$ );HP 抗体 II 型阳性率分别为: 27.8%, 40.9%, 39.3%, 48.3%, 39.0%, 后 4 组 II 型阳性率高于第 1 组,但差异无统计学意义( $\chi^2=4.877$ ,  $P=0.300$ );对 I 型抗体结果分析,以 CagA 合并 VacA (CagA+VacA) 阳性为主,检出率为 74.8%。在五组疾病中 CagA+VacA 阳性率分别为: 67.7%, 77.8%, 78.2%, 62.5%, 82.3%, 差异无统计学意义( $\chi^2=2.290$ ,  $P=0.683$ )。

**结论** 幽门螺杆菌抗体分型检测对于老年消化道疾病的诊治具有重要意义。

## PU-1403

## 江苏省地区过敏原特异性 IgE 检测结果分析

白文丽,袁杭,方红霞,毛源,卞淑慧,曹鹏  
南京金域医学检验所有限公司

**目的** 分析江苏省地区临床常见吸入性过敏原和主要食入性过敏原的人群及地区分布情况,为江苏省地区过敏性疾病的预防及管理提供依据。

**方法** 统计南京金域免疫室近一年来江苏省各合作医院送检的采用酶联免疫捕获法检测的过敏原特异性 IgE(specific IgE, sIgE)检测结果,统计每种特异性过敏原的检测量、阳性检出量、阳性率,并对送检人群、地区的阳性检出量排序分析。

**结果** 近一年间共检测特异性过敏原 sIgE 抗体 93376 项次,吸入性过敏原 10 项包括粉尘螨、屋尘、艾蒿、普通豚草、狗上皮、户尘螨、猫上皮、蟑螂、交链孢菌、柳树,食入性过敏原 10 项包括蟹、大豆、牛肉、虾、羊肉、小麦面粉、花生、鸡蛋、牛奶、鳕鱼,江苏省常见特异性过敏原 sIgE 阳性率排在前 6 名的依次是户尘螨(22.98%)、粉尘螨(22.50%)、鸡蛋(16.85%)、牛奶(12.61%)、屋尘(10.14%)、交链孢菌(5.80%);阳性率排名前 6 的过敏原中儿童阳性率最高的是牛奶(34.35%),成人阳性率最高的是户尘螨(18.91%),6 种过敏原阳性率在儿童和成人组间分布差异有统计学意义( $P<0.001$ )。阳性率排名前 6 的过敏原中苏南地区阳性率最高的是粉尘螨(27.19%)、苏中地区阳性率最高的是户尘螨(23.69%)、苏北地区阳性率最高的是户尘螨(12.21%)。6 种过敏原阳性率在苏南、苏中和苏北组间分布差异有统计学意义( $P<0.001$ )。

**结论** 江苏省地区主要过敏原为户尘螨、粉尘螨、鸡蛋、牛奶、屋尘、交链孢菌;儿童和成人阳性检出率存在差异,成人阳性检出率低于儿童;苏南、苏中、苏北阳性检出率组间分布存在差异。

## PU-1404

血液分离酵母样真菌 *Moesziomyces antarcticus*  
的形态学和分子特征分析

刘媛<sup>1</sup>,何怡蓓<sup>2,1</sup>,胡宗海<sup>1</sup>,熊杰<sup>1</sup>  
1.中国人民解放军西部战区总医院,610000  
2.成都中医药大学医学技术学院

**目的** 查明引起患者菌血症的病原体,并阐明其形态和分子特征。

**方法** 收集中央和外周静脉血样品进行血培养,分析培养出的酵母样真菌形态学特征和药物敏感性。采用 PCR 和测序获取该真菌内部转录间隔区(ITS)和 28S rDNA 基因 D1/D2 区序列,使用 DNAMAN 和 MEGA 软件进行分离菌株的序列比对和系统发育进化树分析。

**结果** 从患者的血液样本中反复分离出一种酵母样真菌。分离菌株在 sabouraud 培养基肉汤平板上生长良好。菌落在 28℃下呈光滑圆形,在 35℃下具有粗糙表面,且形状不规则。基于 ITS 和 D1/D2 序列的系统发育进化树表明了分离的酵母样真菌为 *Moesziomyces antarcticus*。药敏试验表明,本次分离的 *M. antarcticus* 具有仅对两性霉素敏感,对氟胞嘧啶、氟康唑、伏立康唑和伊曲康唑的敏感性较低。

**结论** 本研究对一种少见真菌 *M. antarcticus* 的分子和形态特征提供了更多信息,并回顾了与人类感染相关的 *Moesziomyces* 的物种信息,将有助于今后 *Moesziomyces* 感染的鉴定和诊断。

## PU-1405

## 高速离心对乙肝五项结果阳性率的影响

董玉娇,金林,袁杭,毛源,卞淑慧,曹鹏  
南京金域医学检验所有限公司

**目的** 探索提高离心速度对乙肝两对半低值阳性结果的影响。

**方法** 收集我公司自 2018 年 7 月至 2019 年 1 月 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb 初检低值阳性样本,实验方法则采用雅培 Architect i2000SR 全自动化学发光免疫分析仪化学发光微粒子免疫分析(CMIA)技术。初检采用日常工作时低速离心 3500r/10min 检测,对于初检阳性的样本再以高速离心 13000r/10min 复检。

**结果** 经过高速离心的标本与低速离心时比较,经过高速离心的复检的 HBsAg 复检阳性率降低了 38.18%; HBsAb 复检阳性率降低了 2.38%; HBeAg 复检阳性率降低了 39.00%; HBeAb 复检阳性率降低了 8.57%; HBcAb 复检阳性率未见降低,其中 HBsAg、HBeAg 具有显著统计学意义( $p<0.05$ )。

**结论** 对于乙肝两对半低值阳性的结果提高其离心转速可以一定程度上降低其阳性率,尤其是对于 HBsAg、HBeAg 两项抗原阳性率降低比较明显。

## PU-1406

## 江苏地区自然人群血清 PG 检测指标变化的调查和研究

丰琪,潘飞,毛源,夏玲芝,卞淑慧,曹鹏  
南京金域医学检验所有限公司

**目的** 检测江苏省不同人群中血清胃蛋白酶原(PG)的含量水平,研究其不同地区、性别、年龄段人群中的变化情况,以探究血清 PG 测定对胃部疾病和胃癌早期筛查的应用效果和了解人群分布的基本特征及影响因素。

**方法** 采用酶联免疫法原对 4342 例进行血清胃蛋白酶 I、II(PG I、PG II)、PGI/PGII(PGR)含量测定并计算其异常率,对结果进行统计学分析。比较其不同地区、不同性别、不同年龄(<40 岁、40-60 岁、>60 岁)中人群的差异。

**结果** (1)经检测 4342 例血清 PG I 含量  $111.65\pm 1.6$  (ng/mL) PG II 含量  $7.66\pm 0.17$  (ng/mL), PGI/PGII(PGR)含量  $18.44\pm 0.26$  (ng/mL) 其中男性 PGI、PGLL、PGI/PGII(PGR)水平分布为:  $120.27\pm 2.02$  (ng/mL)、 $7.81\pm 0.21$  (ng/mL)、 $18.99\pm 0.33$  (ng/mL) 女性: PGI、PGLL、PGI/PGII(PGR)水平分布为:  $99.44\pm 2.13$  (ng/mL)、 $7.45\pm 0.28$  (ng/mL)、 $17.64\pm 0.41$  (ng/mL)、差异均有统计学意义( $p<0.05=0.000$ )。比较不同年龄段血清 PG 的变化规律:整体人群血清 PG I、PG II、PGI/PGII(PGR)处于正常范围水平。(1) 60 岁以上人群血清 PG I、PG II 水平均高于 60 岁以下人群, <40 岁人群血清 PG 异常率低于 >40 岁以上人群。女性异常率明显高于男性(2) 男性血清 PGI、PGLL、PGI/PGII(PGR)含量高于女性。(3) 随着年龄的增长血清 PG 异常率越高,指标会随着年龄的增长而增大。PGLL、PGI/PGII(PGR) 异常率随着年龄增长呈下降趋势。

**结论** 江苏地区不同人群血清 PG 含量总体处于正常水平,年龄、性别影响明显呈偏态分布。



## PU-1407

## 慢性粒单核细胞白血病伴环形铁粒幼细胞增多 1 例 报道及文献复习

余金丽,卞淑慧

南京金城医学检验所有限公司

**目的** 本例 CMML 患者伴有环形铁粒幼细胞增多,临床罕见,本文为了解该患者的临床及实验室特征。

**方法** 对患者进行体格检查和实验室血常规检查、外周血涂片血细胞形态学检查。

**结果** 骨髓象增生明显活跃,粒红比为 10:1,粒系增生明显活跃,占 80.0%,原始粒细胞占 0.5%,中性中/晚幼粒细胞比例增高,幼粒细胞易见核浆发育失衡,胞浆深蓝、颗粒减少,可见双核幼粒细胞及双核杆状核粒细胞,粒系累计病态造血细胞占 25%;红系增生减低,占 8.0%,晚幼红细胞比例减低,形态大致正常,成熟红细胞形态大致正常;巨核系全片可见巨核细胞 385 个,分类 25 个,其中幼稚巨 1 个、颗粒巨 14 个、产板巨 10 个,可见过分叶核巨核细胞,血小板小簇、散在可见,巨核系累计病态造血细胞占 32%;单核系细胞占 9.5%,其中幼稚单核细胞占 1%,该类细胞胞体中等或较大,类圆或不规则形;胞浆量中等,灰蓝色;胞核类圆或不规则形,可见凹陷、折叠,核质较细致。骨髓铁染色:外铁阳性+;内铁阳性率 89%,其中环铁占 21%。细胞遗传学检查未见异常,分子遗传学检查示 SF3B1 基因突变。

**结论** 该患者诊断为慢性粒单核细胞白血病。

## PU-1408

## TGF- $\beta$ 在肝纤维化中对转录因子的调控作用

曹伟良

襄阳市第一人民医院

**目的** 肝纤维化的形成是由于肝脏持续性损伤以及细胞外基质合成和降解失衡引起。

**方法** 转化生长因子- $\beta$  信号通路是肝纤维化形成中的一个重要信号通路,它可以调控一些与肝纤维化相关的转录因子 Foxo3a、Socs3 及 AP1 的活性。

**结果** 已有诸多学者在 TGF- $\beta$  对转录因子的调控方面进行了研究,

**结论** 本文就 TGF- $\beta$  在肝纤维化中对转录因子 Foxo3a、Socs3 和 AP1 的调控作用作一综述。

## PU-1409

## T-SPOT-TB 检测法在结核性脑膜炎早期诊断中的 应用效果观察

刘波

孝感市中心医院,432000

**目的** 探究 T-SPOT-TB 检测法在结核性脑膜炎早期诊断中的应用效果。

**方法** 选择 2014 年 7 月~2016 年 7 月于我院接受治疗的结核性脑膜炎患者、非结核性颅内感染患者各 30 例,前者为观察组,后者为对照组,采用 T-SPOT-TB 法对两组 CSF 与外周血效应 T 淋巴细胞数进行检测。

**结果** 阳性患者斑点数为 880 个、650 个，阴性患者检测孔斑点数 2 个、3 个。在两个检测孔内所应用抗原存在差异，使得免疫反应强度与斑点数也存在差异，两者互补可增强检测灵敏度。观察组外周血及 CSF 标本阳性率分别为 80.0%、93.3%均显著高于对照组，具有统计学差异， $P<0.05$ ；经 T-SPOT-TB 检测外周血与 CSF 灵敏度为 80.0%、93.3%，特异度为 100%、96.7%，假阳性率为 0.0%、3.3%，假阴性率为 20.0%、6.7%。经 T-SPOT-TB 检测外周血与 CSF 灵敏度与特异度对比，无统计学差异， $P>0.05$

**结论** 经 T-SPOT-TB 检测外周血与 CSF 可于发病早期诊断结核性脑膜炎，诊断效果理想，值得临床推广采用

## PU-1410

### 不同类型 PLA 水平在急性脑梗死患者诊断

邱立东

湖北赤壁市人民医院

**目的** 探究不同类型血小板-白细胞聚集体（PLA）水平在急性脑梗死诊断及病情评估中的临床应用

**方法** 将 2015 年 2 月~2017 年 6 月在我院神经内科进行住院治疗的 113 例 ACI 患者作为 ACI 组，另选择同期在我院进行常规体检的 46 例健康受检者作为对照组。比较分析两组受检者的不同类型 PLA 水平

**结果** ACI 组的 PLA、PMA、PNA 以及 PLyA 水平均明显高于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。易损斑块组患者的 PLA、PMA 水平均显著高于稳定斑块组患者，易损斑块组、稳定斑块组两组患者的 PLA、PMA 水平则均高于无斑块组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），三组患者的 PNA、PLyA 水平比较并无显著性差异（ $P<0.05$ ）。入院治疗期间，进展组和无进展组患者的 PLA、PNA 以及 PLyA 水平均未见显著变化（ $P>0.05$ ）。随着治疗的进行，两组患者的 PMA 水平逐渐降低，在入院后 1 周、入院后 3 周的 PMA 水平均显著低于治疗前，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。进展组患者在入院后各时间点的 PMA 水平均显著高于无进展组（ $P<0.05$ ），而两组患者在入院后各时间点的 PLA、PNA 以及 PLyA 水平比较均未见显著差异（ $P>0.05$ ）

**结论** ACI 的发生发展与血小板活化密切相关，各项 PLA 水平均出现异常升高。PLA、PMA 与其斑块易损性存在密切联系，而 PMA 水平还能够较好地体现 ACI 患者病情的严重程度

## PU-1411

### MTHFR 基因多态性与 5-氟尿嘧啶化疗相关不良反应的关系

杨轶慧,周琰,王蓓丽,潘柏申,郭玮

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 研究结直肠癌患者中，探讨 MTHFR A1298C 和 MTHFR C667T 基因多态性与 5-氟尿嘧啶（5-FU）化疗对结直肠癌患者不良反应的关系。

**方法** 2016 年 2 月至 2016 年 6 月，复旦大学附属中山医院肿瘤内科收治的 123 例消化道恶性肿瘤患者。提取外周血中的基因组 DNA，通过 Sanger 测序检测 MTHFR A1298C 和 MTHFR C677T 基因多态性。对 98 例化疗方案中含 5-FU 的患者进行随访，记录不良反应的类型和严重程度，并比较不同基因型患者之间的差异。

**结果** 123 例消化道肿瘤患者中，MTHFR A1298C 野生型 AA 46 例（37.40%）；杂合型 AC 61 例（49.60%）；纯合型 CC 16 例（13.0%）。MTHFR C677T 野生型 CC 75 例（60.96%），杂合型 CT 45 例（36.57%）；纯合型 TT 3 例（2.47%）。98 例化疗方案中含 5-FU 的患者中，

MTHFR C667T 突变型 (CT 和 TT) 显著增加化疗后发生不良反应的风险 ( $\chi^2=4.188$ ,  $P<0.05$ ) ; MTHFR A1298C 突变型 (AC 和 AA)、年龄、性别、治疗方案与 5-FU 引起的不良反应之间无显著相关性。

**结论** 接受含 5-FU 化疗方案的结直肠癌患者, MTHFR C667T 多态性显著增加化疗相关不良反应的发生风险, 该基因可能成为预测氟尿嘧啶类化疗药物发生临床不良事件的风险因子, 辅助临床选择合适的化疗方案。

## PU-1412

### 产前血清学筛查与无创产前基因检测在胎儿染色体异常筛查中的联合应用

段秀群

鄂州市中心医院,436000

**目的** 探讨血清学筛查与无创产前基因检测(NIPT)联合筛查在胎儿染色体异常筛查中的应用

**方法** 采用 DIX800 化学发光法对我院产科门诊 5420 例孕妇做三联血清学筛查, 对年龄 ( $\geq 35$  岁) 及血清筛查高危孕妇在知情同意情况下行无创产前基因检测, 产前基因检测高风险的做产前诊断, 并对产前基因检测低风险孕妇追踪随访妊娠结局。

**结果** 5420 例孕妇高龄 ( $\geq 35$  岁) 276 例, 21-三体高风险 298 例, 18-三体高风险 31 例, 一共 605 例。605 例无创产前基因检测为染色体非整倍体高风险 13 例, 低风险结果 592 例, 13 例经产前诊断 21-三体 5 例, 18-三体 3 例, 其它异常核型 1 例, 对低风险 592 例孕妇随访未发现假阴性结果。

**结论** 唐氏血清学筛查与无创产前基因检测联合筛查可避免 95%以上高龄及唐氏血清筛查假阳性病例进行有创性的产前诊断。

## PU-1413

### 带状疱疹后遗神经痛继发感染的危险因素 logistics 回归分析及对策分析

刘波

孝感市中心医院,432000

**目的** 探讨带状疱疹后遗神经痛患者继发感染病原菌特点、危险因素及防治对策。

**方法** 选取 128 例带状疱疹后遗神经痛患者作为研究对象, 根据患者是否继发感染将其分为感染组和非感染组。分析继发感染发生率、继发感染的病原菌特点, 采用多因素 logistic 回归对带状疱疹后遗神经痛患者继发感染的危险因素进行分析, 并针对危险因素采取应对措施降低继发感染的发生率。

**结果** (1) 128 例带状疱疹后遗神经痛患者中, 有 18 例发生继发感染, 感染率为 14.06%, 共检出病原菌 16 株, 革兰阴性杆菌为主, 共 10 株 (62.50%), 其次是革兰阳性杆菌, 共 5 株 (31.25%)。(2) 感染组患者年龄、发病至就诊时间、皮损面积  $>5\%$  的占比、皮损类型严重的占比、有病毒接触史的占比、未接受规范化治疗的占比均高于非感染组 (均  $P<0.05$ )。(3) 带状疱疹后遗神经痛继发感染的单因素 logistic 回归分析结果显示, 患者年龄、发病至就诊时间、皮损面积  $>5\%$ 、皮损类型严重、有水痘-带状疱疹病毒接触史、未接受规范化治疗均是带状疱疹后遗神经痛继发感染的危险因素 (均  $P<0.05$ )。(4) 将单因素分析结果中有统计学意义的因素纳入多因素 logistic 回归分析, 结果显示年龄 ( $OR=2.754$ , 95%CI: 1.700~4.460,  $P<0.05$ )、发病至就诊时间 ( $OR=3.180$ , 95%CI: 1.410~7.174,  $P<0.05$ )、皮损面积  $>5\%$  ( $OR=4.112$ , 95%CI:

1.478~11.44,  $P<0.05$ )、皮损类型严重 ( $OR=3.053$ , 95%CI: 1.627~5.727,  $P<0.05$ )、有水痘-带状疱疹病毒接触史 ( $OR=2.121$ , 95%CI: 1.176~3.827,  $P<0.05$ ) 均是带状疱疹后遗神经痛继发感染的危险因素 (均  $P<0.05$ )。 (5)。ROC 曲线下面积为 0.830, 说明多因素 logistics 回归模型的预测价值较高。

**结论** 革兰阴性杆菌是带状疱疹后遗神经痛患者继发感染的主要病原菌, 年龄越高、发病至就诊时间越长、皮损面积 $>5\%$ 、皮损类型严重、有水痘-带状疱疹病毒接触史均会增加继发感染的危险性, 应根据病原菌及危险因素采取相应措施, 从而降低继发感染的发生率。

## PU-1414

### 血清氧化低密度脂蛋白在急性、亚急性冠状动脉病变患者中的变化

杜守立  
邹平市人民医院

**目的** 探讨冠心病患者氧化性低密度脂蛋白(ox-LDL)的变化及机制, 评估 ox-LDL 水平检测的临床价值  
**方法** 采用 ELISA 法测定 158 例冠心病组患者[急性冠状动脉综合症(ACS)87 例, 非 ACS 组 71 例] 和 100 例健康对照组人群血清 ox-LDL 水平; 根据冠状动脉造影结果将冠心病组分为多支病变组、双支病变组和单支病变组进行比较分析。

**结果** ACS 组患者和非 ACS 组患者 ox-LDL 水平均显著高于健康对照组 [ACS:( $189.40\pm70.02$ )Mg/ml, 非 ACS:( $138.20\pm60.40$ )Mg/ml 对照组:( $83.30\pm31.00$ )Mg/ml;  $P$  均 $<0.001$ ]; 且 ACS 组患者 ox-LDL 水平显著高于非 ACS 组患者( $P<0.001$ )。冠状动脉多支、双支、单支病变组间 ox-LDL 水平不同 [( $185.10\pm81.40$ )Mg/ml, ( $163.90\pm64.20$ )Mg/ml 和 ( $145.91\pm59.02$ )Mg/ml,  $P<0.051$ ], 多支高于单支( $P<0.01$ )。多因素分析显示冠状动脉病变程度仅与 ox-LDL 相关( $R^2=0.046$ ,  $\beta=0.215$ ,  $P=0.000$ )。

**结论** 冠心病患者 ox-LDL 水平升高, 与病变程度相关, 机型冠脉综合症患者尤为显著。

## PU-1415

### 动脉粥样硬化诊断中超敏 C 反应蛋白和低密度脂蛋白

王永红  
湖北省崇阳县医院

**目的** 本文就超敏 C 反应蛋白和低密度脂蛋白在动脉粥样硬化诊断中的应用价值进行了浅析的研究和探讨

**方法** 选择我院自 2012 年 12 月至 2013 年 12 月期间收治的 204 例原发性高血压患者, 根据其双侧臂踝脉搏波速检测结果, 将其分为观察组 (动脉粥样硬化组) 和对照组 (非动脉粥样硬化组), 对其临床资料进行回顾性的分析和总结

**结果** 观察组患者超敏 C 反应蛋白和低密度脂蛋白明显高于对照组, 差异显著 ( $P<0.05$ )

**结论** 超敏 C 反应蛋白和低密度脂蛋白诊断动脉粥样硬化的价值显著, 为原发性高血压的诊断和治疗提供了可靠的诊断依据, 值得推广。

## PU-1416

## 上海市临床实验室生化检测项目成本测算评估

邵文琦,王蓓丽,郭玮,潘柏申  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 合理调整医疗服务价格, 理顺医疗服务比价关系, 是公立医院改革的重要内容。实验室检测是医疗服务项目规范的重要板块, 价格构成不同于其他技术劳务为主的诊疗项目。当前, 我国实验室诊断项目价格缺乏科学的价值评估标准, 且比价关系不清晰, 医疗服务项目价格未能体现技术劳务价值等问题突出。本文以期探索建立临床检验项目成本测算的方法学模型, 确定价格调整的项目优先级顺序和调价空间, 为理顺临床检验项目价格比价关系提供数据支持。

**方法** 基于上海市二、三级医院实验室检测效率、人力及物耗配置现状, 设定适宜的标准化实验室配置参数, 以临床实验室生化检测项目为切入点, 根据实验室检测流程, 建立分析前、中、后三个环节详细的物耗成本和劳务价值, 进行相应项目成本测算及评估。

**结果** 通过分亚类原则, 计算了生化 42 项典型项目, 涵盖常用生化检测项目 213 项, 占标准化实验室生化总项次数 91.7%, 其中检测项目成本高于目前收费价格的项目有 119 项 (占 55.9%), 低于收费价格项目有 94 项 (占 44.1%)。

**结论** 本次研究以建立标化实验室配置、工作量及薪酬为切入点, 探索建立了实验室生化检测项目标化测算模型, 并通过典型项目分类测算思路, 简化了测算过程, 克服了现行成本核算中人力成本参数偏低、固定资产部分估计不足等缺点, 具有较好的应用价值, 生化检测成本测算模型可沿用至临床实验室其他领域成本测算, 为今后实验室检测项目设定收费价格提供了科学、合理的数据支撑。

## PU-1417

## 分析血液检验标本误差的原因以及预防措施

王 勋  
崇阳县中医院,437000

**目的** 分析血液检验中, 血液标本误差产生的原因及其预防措施

**方法** 选取我院 2016 年 1 月至 2017 年 1 月血液检验科存在误差的 100 份血液检验标本作为研究对象, 血液样本来自于我院内科、外科、骨科等其他科室, 存在误差的标本信息反馈到相应的科室, 并协同相应科室医务人员和实验室的检验人员一起对产生血液标本误差的原因进行分析, 同时提出相应的预防措施

**结果** 血液检验标本发生误差的原因中, 标本采集原因导致误差的占 22 例 (22%), 检验原因导致误差的占 17 例 (17%), 送检不当而导致误差 37 例 (37%), 患者自身原因导致误差的 24 例 (24%)。

**结论** 血液检验标本产生误差的原因很多, 其影响因素也众多, 主要原因是送检原因及患者自身原因, 因此在防止误差出现时, 应该从血液检验的一整套流程入手, 严格把关各个环节, 从而将误差控制在最低限度, 提高血液检验结果准确度, 从而为临床疾病的诊断提供可靠准确的参考依据。

## PU-1418

## 西安地区健康人群尿液有形成分参考区间的建立

王刚强<sup>1</sup>,程翔<sup>1</sup>,杨丽华<sup>1</sup>,张磊<sup>2</sup>,王金华<sup>2</sup>,李岩<sup>3</sup>,路蔓<sup>3</sup>,张凯歌<sup>4</sup>,张楠<sup>4</sup>,詹洁<sup>5</sup>,赵静<sup>5</sup>,王丽滨<sup>6</sup>,董玲<sup>6</sup>,郭瑛<sup>7</sup>

1.空军军医大学西京医院,710000

2.西安交通大学附属第二医院

3.空军军医大学唐都医院,710000

4.西安交通大学附属第一医院

5.陕西省人民医院,710000

6.西北妇女儿童医院

7.希森美康有限公司

**目的** 建立符合西安地区健康人群特点的尿液有形成分参考区间

**方法** 参照临床实验室检验项目参考区间制定的行业标准 WS/T 402-2012,组织西安地区 6 家医院(西京医院、唐都医院、西安交通大学第一附属医院、西安交通大学第二附属医院、陕西省人民医院、西北妇女儿童医院)应用尿液有形成分分析仪 Sysmex UF1000i 检测健康查体人员 1487 例(男性 935 例,女性 552 例)、孕妇体检人员随机中段尿液标本 247 例,共计 1734 例,检测项目包含尿液红细胞(RBC)、白细胞(WBC)、上皮细胞(EC)、细菌(BACT)、管型(CAST)等参数。

**结果** 西安地区尿液有形成分参考区间(单位:  $\mu\text{l}$ ): 男性: RBC: 0-9.4; WBC: 0-9.5; EC: 0-4.6; CAST: 0-1.68; BACT: 0-53.9; 女性: RBC: 0-20.2; WBC: 0-15.9; EC: 0-25.8; CAST: 0-1.26; BACT: 0-722.0; 孕妇: RBC: 0-37.4; WBC: 0-40.5; EC: 0-55.7; CAST: 0-3.59; BACT: 0-2201.2; 其中,尿液有形成分 RBC, WBC, EC, BACT, CAST 男性、女性、孕妇间统计学均有显著性差异( $P < 0.05$ )。

**结论** 本次实验建立了西安地区尿液有形成分参考区间,为西安地区各医院尿液参考区间提供参考依据,男性、女性、孕妇在临床应用时应注意各自参考区间的不同。

## PU-1419

## 肝癌组织中 Gab1 蛋白表达对肝癌细胞的影响

王博,钟政荣

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 探讨肝癌组织中 Gab1 蛋白表达水平对肝癌细胞增殖、迁移的影响。

**方法** 应用组织芯片检测肝癌组织样品中 Gab1 蛋白表达水平;应用肝细胞癌和癌旁组织检测 Gab1 mRNA 水平;应用慢病毒介导的 RNA 干扰技术敲低细胞中 Gab1 的表达水平,检测 PLC、SMMC-7721 和 MHCC-97H 这三对细胞的增殖情况;应用 PLC 对照和干扰的细胞检测 Gab1 对细胞迁移能力的影响。

**结果** 根据组织染色评分发现肝癌组织内 Gab1 蛋白水平显著高于癌旁正常组织( $P < 0.01$ );肝癌组织中 Gab1 mRNA 表达水平显著高于癌旁正常组织( $P < 0.01$ );下调 Gab1 后 MHCC-97H 细胞克隆数目显著减少( $P < 0.01$ )以及 PLC 细胞移行能力显著降低( $P < 0.01$ )。

**结论** Gab1 在人肝癌组织中表达水平明显升高,下调 Gab1 显著抑制肝癌细胞的增殖和迁移。

## PU-1420

## II 型糖尿病患者糖化血红蛋白及餐后血糖与尿微量白蛋白排泄率的关系

杜守立

邹平市人民医院

**目的** 探讨 II 型糖尿病(T2DM)病人糖化血红蛋白( HbA1c)餐后 2h 血糖(2hPBG)与 12h 尿微量白蛋白排泄率(UME)的关系

**方法** 70 例空腹血糖(FBG)控制达标的 T2DM 患者及 65 例体检正常人群。HbA1c 用颗粒增强免疫投射比浊法检测,2hPBG 用己糖激酶法检测,尿微量白蛋白用免疫投射比浊法检测,记录 12h 尿量,计算出 UME。按照 HbA1c 及 2hPBG 水平将 170 例患者分为 A 组( HbA1c<7.0%且 FBG<10.0 mmol/L),B 组( HbA1c<7.0%且 FBG≥10.0 mmol/L),C 组( HbA1c>7.0%且 FBG<10.0 mmol/L)和 D 组( HbA1c≥7.0%且 FBG≥10.0mmol/L)。

**结果** 170 例 T2DM 患者 UME 均高于正常对照组( $P<0.01$ )。D 组 UME 水平明显高于 A、B、C 组( $P<0.01$ , $P<0.05$ , $P<0.01$ );A 组 UME 水平明显低于 C 组( $P<0.05$ )。B 组与 A、C 组 UME 无差异( $P>0.05$ )。

**结论** T2DM 患者 FBG 控制达标后,餐后血糖及 HbA1c 控制不良仍会加重尿微量白蛋白排泄。因此强化血糖控制要重视 HbA1c 和餐后血糖的检测和达标。

## PU-1421

## 高血脂症对生化检验项目的干扰及消除

刘辉

湖北省谷城县人民医院

**目的** 观察高血脂症对生化检验项目的干扰,探讨消除这一干扰的方法

**方法** 选取我院 2017 年 10 月—2017 年 12 月期间收治的 182 例高血脂症患者作为研究对象,通过随机数字表法将其均分为观察组与对照组,每组 91 例。对照组患者直接采集其血液进行生化检验,观察组患者在作防干扰处理后,对采集的血液进行生化检验,对比两组患者的检查结果

**结果** 观察组患者的肾功能-血肌酐、肝功能-ALP、心肌损伤-CK-MB 以及糖尿病-空腹血糖等指标明显低于对照组患者,血常规-HB 水平显著高于对照组患者,  $P<0.05$ , 差异具有统计学意义;准确率方面,观察组患者的检查结果准确率明显更高,  $P<0.05$ , 差异具有统计学意义。

**结论** 高血脂症对生化检验项目存在明显的干扰作用,在进行生化检验前,做好防干扰处理,能够有效提高生化检验结果的准确率以及可靠性,进而为临床诊治工作提供可靠的依据。

## PU-1422

## In vitro screening of 37 traditional Chinese herbal extracts against human adenoviruses type 55

Yuan Liu<sup>1</sup>, Yibei He<sup>2,1</sup>, Zonghai Hu<sup>1</sup>, Jie Xiong<sup>1</sup>  
1. General Hospital of Western Theater Command  
2. Chengdu University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** Human adenoviruses type 55 (HAdV-55) is a common cause of acute respiratory diseases. To date, no specific antiviral drugs specifically for the disease are available. The aim of this study is to screen potential antiviral drugs from Chinese herbals.

**Methods** 37 Chinese herbals were screened for their anti-adenovirus activity in HEp-2 cells. Cytotoxic assay and cell proliferation were determined by CCK-8 kit. Real time Quantitative PCR (RT-qPCR) was used for observing viral RNA/DNA levels.

**Results** 7 kinds of Chinese herbal extracts, which were Bai Bu, Bai Mao Xia Ku Cao, Da Suan, Hu Zhang, Sheng Ma, Tian Hua Fen and Jin Yin Hua, were able to inhibit HAdV-55 infection in vitro. Jing Jie and Pei Lan displayed activities of promoting cell proliferation, while had different effects on cell cycle progression. Combined use of Pei Lan with Tian Hua Fen, Jin Yin Hua and Bai Mao Xia Ku Cao enhanced their antiviral activities.

**Conclusions** This study provided more information for the prevention of HAdV-55 infection using traditional Chinese herbals.

## PU-1423

## 冠心病易感基因的筛选和验证

袁杭,毛源,曹鹏,张厚智,郑伟  
南京金域医学检验所有限公司

**目的** 筛选并验证冠心病的易感基因, 为将来建立冠心病个性化诊断项目奠定基础。

**方法** 本研究全外显子测序方法筛选冠心病组与对照组之间的差异基因, 通过 Taq-MGB 实时荧光 PCR 法验证差异基因与冠心病之间的关系。

**结果** 本研究通过全外显子测序筛选和 PCR 实验验证, 发现了冠心病患者和正常体检者的 LRSAM1 基因 rs3802358A 等位基因的携带者患冠心病的危险性是 G 等位基因的携带者患冠心病的危险性的 2.44 倍; BSND 基因多态位点 rs6682884A 等位基因的携带者患冠心病的危险性是 C 等位基因的携带者患冠心病的危险性的 3.29 倍。

**结论** 冠心病确诊患者和正常体检者之间的 LRSAM1 基因 SNP 位点 rs3802358 和 BSND 基因 SNP 位点 rs6682884 与冠心病发生发展相关。

## PU-1424

## 骨髓细胞形态学结果分析

周阳贞  
湖北医药学院附属襄阳市第一人民医院

**目的** 分析骨髓细胞形态学诊断结果及诊断价值

**方法** 选择本院 2016 年 3 月—2016 年 8 月骨髓穿刺标本 140 例, 分析实验室骨髓细胞形态学诊断与临床诊断结果相符率。



**结果** 140 例标本骨髓细胞形态学诊断与结果临床诊断符合率: 缺铁性贫血 (IDA) 为 88.46%, 感染性疾病为 82.76%, 急性非淋巴细胞白血病 (ANLL) 为 80.00%, 恶性淋巴瘤疾病为 61.11%, 特发性血小板减少性紫癜 (ITP) 为 87.50%, 慢性粒细胞白血病为 63.64%, 急性淋巴细胞白血病为 83.33%, 巨幼细胞性贫血为 66.67%, 其他疾病比例 62.50%。

**结论** 部分血液性疾病在进行鉴别诊断的过程中选择骨髓细胞形态学具有重要的临床意义, 对血液系统疾病的诊断可起到辅助作用

## PU-1425

### A rare case of ring chromosome 15 accompanied by almost normal phenotype

Huiyuan Shao, Zongyu Miao, Xiaoyan Liu, Hong Wu  
Yantai Yu Huang Ding Hospital

**Objective** Ring chromosome 15 [r(15)] is a rare genetic abnormality and reveals a wide spectrum of clinical symptoms. We present a case of mosaic ring chromosome 15 accompanied by almost normal phenotype which detected by routine G-band karyotyping and Single nucleotide polymorphism array (SNP array).

**Methods** The chromosome karyotype of peripheral blood lymphocytes was detected by routine G-banding. The genome copy number variations were detected by SNP array.

**Results** The woman was presented with mosaic r(15) accompanied by almost normal phenotype. The result of routine G-banding was 46,XX,r(15)(p12q26.3)[53]/46,XX,r(15;15)(p11.2q26.3;p11.2q11.2)[28]/45,XX,-15[10]/46,XX,r(15;15)(p11q26.3;p11q26.3)[4]. SNP array revealed that there was a microduplication of 2.0 Mb at 15q26.3(arr[ph19]15q26.3 (100,400,214 -102,429,112)×3).

**Conclusions** This report is especially helpful to supplement the phenotypic diversity of patients with r(15).

## PU-1426

### 类风湿关节炎患者天然氧化脂蛋白(a)水平与心血管疾病的关系

杜守立  
邹平市人民医院

**目的** 分析类风湿关节炎(RA)患者天然氧化脂蛋白(a)[LP(a)]水平及其与炎症的关系, 探讨 LP(a)在 RA 患者心血管病发生中的意义。

**方法** 选择 RA 患者 65 例: 正常对照 70 例。对受检者天然氧化 LP(a)水平以及炎症指标进行检测。

**结果** 活动性 RA 患者天然氧化 LP(a)水平均高于非活动性 RA 患者和对照组,而非活动组和对照组间无变化。血沉和 C 反应蛋白均分别与天然氧化 LP(a)呈正相关。

**结论** RA 患者天然氧化 LP(a)水平发生显著变化,炎症反应对 LP(a)代谢具调节作用,参与动脉粥样硬化的发生、发展。

## PU-1427

## 加强临床生化检验质量控制管理的实践与体会

杨顺  
通城县人民医院,437000

**目的** 研究分析影响临床生化检验质量控制管理的主要因素,并且制定针对性的生化检验质量控制管理方案,观察方案实施后的效果。

**方法** 本院自 2016 年 2 月至 2017 年 2 月未实施加强临床生化检验质量控制管理为对照组,在 2017 年 3 月至 2018 年 3 月实施加强临床生化检验质量控制管理为观察组,分析实施加强临床生化检验质量控制管理后的效果。

**结果** 观察组患者的生化检验质量远高于对照组,数据比较差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。观察组医护人员的满意度,患者的满意度均高于对照组,数据比较差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 实施加强临床生化检验质量控制管理,能够提升生化检验质量,为临床提供更为有效的检验结果,为医生诊断治疗做出更大的贡献。

## PU-1428

## 高敏肌钙蛋白 T 及肌钙蛋白 I 危急值的验证

胡传玺,耿朝晖,郭竹英  
上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 评估我院检验科设定的高敏肌钙蛋白 T、肌钙蛋白 I 危急值能否在临床诊断急性心肌梗死中发挥预警作用。

**方法** 收集就诊于我院的 105 例 AMI 患者在不同发病时间的高敏肌钙蛋白 T、肌钙蛋白 I 检测结果,并以 105 例非 AMI 患者的检测结果作为对照。

**结果** 高敏肌钙蛋白 T、肌钙蛋白 I 于胸痛发生 2~3 小时后开始升高,峰值的均值分别可达 2.93ng/mL、39.19ng/mL,急性升高初期均值分别为 0.0185ng/mL、0.04ng/mL,与对照组相比,差异具有统计学意义。

**结论** 与对照组相比,心肌损伤标志物(高敏肌钙蛋白 T、肌钙蛋白 I)在急性心肌梗死发病初期明显升高。我院检验科设定的高敏肌钙蛋白 T、肌钙蛋白 I 危急值均低于急性升高初期均值,能在 AMI 诊断和治疗中起到预警作用。

## PU-1429

## 高尿酸血症患者血清尿酸水平与红细胞相关参数的相关性研究

朱晶,马峥尧,郭玮,潘柏申,王蓓丽  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 探讨高尿酸血症(Hyperuricemia, HUA)患者外周血尿酸水平与红细胞相关参数的相关性。

**方法** 选取 2014 年 1 月-2017 年 12 月于复旦大学附属中山医院就诊并确诊为 HUA 患者 1168 例,另选取同期健康体检者 1311 例作为正常对照组,所有患者都经过详细血液检测和体格检查。收集纳入个体的尿酸、红细胞计数(RBC)、血红蛋白(HG)、平均红细胞血红蛋白量(MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC)、红细胞分布宽度(RDW)、平均红细胞体积(MCV)等数据。根据性别和 HUA 患者尿酸水平的四分位数,分为男性和女性亚组。采用独立样本 t 检验、单

因素方差分析、Pearson 相关、多因素线性回归以及多因素 Logistic 回归分析对 HUA 患者尿酸水平与红细胞相关参数的相关性进行探讨。

**结果** HUA 患者外周血 MCH、RBC、HG 水平显著高于正常对照组，差异具有统计学意义（ $p$  均  $<0.05$ ）。单因素方差分析显示：男性和女性 HUA 患者 RBC 水平随着四分位组尿酸水平的升高而呈现明显上升的趋势（ $p<0.001$ ）；男性 HUA 患者 RDW 水平随着 UA 水平的升高而呈现明显下降的趋势（ $p=0.022$ ）。Pearson 线性相关显示：男性和女性 HUA 患者外周血 RBC 水平与尿酸水平具有显著的正相关性（ $r=0.119, p=0.002$ ； $r=0.180, p<0.001$ ）；男性 HUA 患者外周血 RDW 水平与 UA 水平具有显著的负相关性（ $r=-0.017, p=0.005$ ）。二分类 Logistic 回归分析结果显示：男性和女性 HUA 患者外周血尿酸水平升高是 RBC 水平升高的独立相关因素；男性 HUA 患者外周血尿酸水平升高是 RDW 水平下降的独立相关因素。多因素线性相关回归分析发现：男性 HUA 患者尿酸水平与 RBC 存在显著的正相关性（ $B=0.128, p=0.019, 95\%CI=0.002$  to  $0.024$ ）；男性 HUA 患者尿酸水平与 RDW 存在显著的负相关性（ $B=-0.119, p=0.004, 95\%CI=-0.013$  to  $-0.002$ ）；女性 HUA 患者尿酸水平与 RBC 存在显著的正相关性（ $B=0.296, p<0.001, 95\%CI=0.033$  to  $0.072$ ）。

**结论** HUA 患者外周血 MCH、RBC、HG 水平显著升高，外周血尿酸水平升高是 RBC 水平升高的独立相关因素。

## PU-1430

### 通过室间质评校正酶活性测定的 F 值

杜守立  
邹平市人民医院

**目的** 利用连续监测法在全自动生化分析仪上测定酶活性已为多数实验室所采用的，而连续检测法测定酶活性的 F 值是非常重要的参数，它直接影响测定结果的准确度。

**方法** 在实际测定中通过根据下面的公式计算酶活性：

酶活性(U/L) =  $\Delta A / \min \times 1 / \text{ex} \times 1 / \text{dx} \times V_T / V_S \times 1000$ ，其中  $\Delta A / \min$ ：每分钟吸光度变化， $V_T$ ：反应总体积（试剂体积，样本体积与稀释水之和）； $V_S$ ：样本体积； $e$ ：毫摩尔消光系数； $d$ ：比色杯光径（cm）。

如令  $F = 1 / \text{ex} \times 1 / \text{dx} \times V_T / V_S \times 1000$ ，则酶活性(U/L) =  $\Delta A / \min \times F$ 。若测定程序确定，则 F 为一常数，通过测定  $\Delta A / \min$  可得酶活性。

**结果** 笔者建议可通过室间质评（全国或省级）结果校准各自的 F 值。首先测定出室间质控血清各项酶指标的  $\Delta A / \min$ ，再根据质控血清的质评靶值校正 F 值。 $F_{\text{标准}} = \text{酶活性靶值} / \Delta A / \min$ ，编程时可输入此值。

**结论** 室间质控血清虽达不到“高质量，可溯源到国际标准的酶标准物”的标准，但由于其标准的 F 值可减少仪器、试剂及反应条件等差异所造成的准确度的偏差，所测结果具相同性，便于各医疗机构之间的诊疗行为。

## PU-1431

### 检验科运用 PDCA 循环提高质量与安全管理教育

熊娟  
汉川市人民医院, 432000

**目的** 运用 PDCA 循环法对检验科质量与安全管理教育进行持续改进

**方法** 将检验科质量与安全管理教育的管理过程根据 PDCA 循环法分为 P（计划阶段）、D（实施阶段）、C（检查阶段）和 A（处理阶段）四个阶段，按照管理目标和改进计划开展工作

**结果** 针对检验科的质量与安全管理教育, 检验科运用 PDCA 循环法进行持续改进, 质量与安全管理目标的执行力度一直呈上升趋势, 总体有了很大改善。

**结论** 通过运用 PDCA 循环法, 检验科质量与安全管理教育的执行力度得到了大幅提升, 但仍有部分质量与安全控制指标未达到目标管理值, 有待通过下一个 PDCA 循环进行持续改进

## PU-1432

### 健康成人 23 项常规检验项目生物学变异分析

王瑛, 钟政荣

上海交通大学医学院附属第九人民医院, 200000

**目的** 评估健康成人 23 项常规检验项目连续五年长期的生物学变异情况。

**方法** 收集连续五年每年一次在某三级医院检验科健康体检人员 100 名, 空腹采集血液标本, 分别在血液分析仪或生化分析仪上检测全血或血清中的血液学和生化学常规项目共 23 项, 包括白细胞计数 (WBC)、红细胞计数 (RBC)、血红蛋白 (HGB)、红细胞压积 (HCT)、平均红细胞体积 (MCV)、平均血红蛋白浓度 (MCH)、平均血红蛋白量 (MCHC) 和血小板计数 (PLT)、总胆红素 (TBIL)、总蛋白 (TP)、白蛋白 (ALB)、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、谷氨酰转氨酶 (GGT)、碱性磷酸酶 (ALP)、尿酸 (URIC)、尿素 (UREA)、肌酐 (CREA)、葡萄糖 (GLU)、甘油三酯 (TG)、总胆固醇 (CH)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL), 计算连续五年的个体内生物学变异 ( $CV_i$ ) 和个体间生物学变异 ( $CV_G$ )。

**结果**  $CV_i$  从 1.26%-26.42% 不等, 其中大于 20% 的有 TBIL、ALT、GGT、TG, 小于 5% 的有 RBC、HGB、HCT、MCV、MCH、MCHC、TP、ALB;  $CV_G$  不同项目差异更大, 从 MCHC 的 2.49% 到 GGT 的 52.98%, 超过 30% 的分别有 TBIL (30.25%)、ALT (37.72%)、TG (39.70%) 和 GGT (52.98%), 小于 5% 的仅有 MCHC (2.49%)、MCV (3.71%)、MCH (3.73%); 大多数项目的生物学变异略高于 Westgard 在线报道数据, 但也有一些指标的生物变异低于 Westgard 在线数据, 如 RBC、MCH、PLT 的  $CV_i$  和 MCV、MCH、PLT、ALT、ALP、CH、HDL、LDL 的  $CV_G$ 。

**结论** 本研究与 Westgard 在线数据趋势基本一致, 但也存在一定差异, 弥补了数据库中没有长期生物学变异的不足。

## PU-1433

### 降钙素原与 C-反应蛋白联合检测在脓毒症诊断与治疗中的临床应用

李勃

湖北省中医院, 430000

**目的** 探讨脓症患者血中降钙素原 (PCT) 和 C-反应蛋白 (CRP) 在诊断中的价值, 以及 PCT 和 CRP 对脓症预后的评估

**方法** 回顾性分析 2017 年 6 月至 2018 年 12 月本院住院脓症患者 60 例, 入选病例均符合《2012 年国际严重脓毒症和脓毒症休克治疗指南》制定的关于严重脓毒症诊断标准。其中男 42 例, 女 18 例, 年龄 40~85 岁, 平均年龄 (62.36±6.28) 岁, 31 例为呼吸系统感染, 16 例为消化系统感染, 5 例为泌尿系统感染, 8 例为其他感染。患者分别在治疗前和治疗后 4 日、8 日采集静脉血检测 PCT、CRP。正常对照组选取同时期体检中心健康体检者 60 例。

**结果** 治疗前患者 PCT 及 CRP 结果明显高于正常对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。治疗后 60 例患者都有好转, PCT 与 CRP 都有不同程度下降, 治疗后 8d 的 PCT、CRP 显著低于治疗后 4d, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** PCT 与 CRP 联合检测能更好地反映脓毒症患者的病情严重程度以及预后情况

PU-1434

## 上海市宝山区 HPV 基因分型的特征分析

刘灵燕, 郭竹英, 胡传玺, 耿朝晖, 梅虹, 钟政荣  
上海交通大学医学院附属第九人民医院, 200000

**目的** 了解上海市宝山区妇女 HPV 感染率及其与年龄的关系及各亚型的分布情况, 为该地区宫颈癌防治提供依据。

**方法** 采用流式荧光杂交法检测 7709 例女性宫颈脱落细胞, 检测其 27 种 HPV 基因型, 分析 HPV 感染的阳性率和年龄段的关系及 HPV 亚型感染的分布特点。

**结果** 7709 例标本中 HPV 阳性 1237 例, 感染率为 16.05%, 27 种 HPV 亚型均有检出。其中高危型 833 例, 感染率为 10.81%, 前 5 位高危型阳性构成比依次为 HPV52 (12.00%)、HPV16 (10.35%)、HPV53 (9.14%)、HPV58 (7.86%) 和 HPV39 (6.27%); 低危型 254 例, 感染率为 3.29%, 前 5 位低危型阳性构成比依次为 HPV61 (5.18%)、HPV43 (4.02%)、HPV55 (3.78%)、HPV81 (3.47%) 和 HPV6 (2.92%)。单一基因型感染 958 例, 占 77.44%, 感染率为 12.43%; 双重基因型感染 198 例, 占 16.01%, 感染率为 2.57%; 多重基因型感染 81 例, 占 6.55%, 感染率为 1.05%。HPV 感染的高峰年龄段在 41~50 岁, 其次为 31~40 岁, 再次为 21~30 岁, 51~60 岁; 其阳性构成比依次为: 38.64%, 28.05%, 17.38% 和 9.86%; 61 岁以上和 21 岁以下人群感染率较低; 各年龄段的 HPV 感染率有显著差异 ( $p < 0.001$ )。31~40 岁年龄段阳性构成比最多的高危型依次为 HPV16、HPV52、HPV53、HPV58 和 HPV39, 其余各年龄段阳性构成比最多的高危型依次为 HPV52、HPV16、HPV53、HPV58 和 HPV39。

**结论** HPV 以单一高危型感染为主, 常见高危型依次为 HPV52、16、53、58 和 39。41~50 岁年龄段为感染高峰期。宫颈癌的筛查、防治以及疫苗的开发应用需同时考虑 HPV 基因分型和年龄因素。

PU-1435

## Hepatoprotective effect of wedelolactone against concanavalin A-induced liver injury in mice

Qingqiong Luo, Jieying Ding, Liping Zhu, Fuxiang Chen  
Ninth People's Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** *Eclipta prostrata* L is a traditional Chinese herb medicine that has been used in the treatment of liver diseases. However, its biological mechanisms remains elusive. The current study aims to investigate the hepatoprotective effect of wedelolactone, a major coumarin ingredient of *Eclipta prostrata* L, on immune-mediated liver injury.

**Methods** The animal model of Concanavalin A (ConA)-induced hepatitis (CIH) was established with a single dose (15mg/kg of body weight) of ConA injection via the tail vein. Serum aminotransferases activities were measured on the chemistry analyzer. Hematoxylin and eosin (HE) and the terminal deoxynucleotidyl transferase (TdT)-mediated dUTP-biotin nick end labelling (TUNEL) staining were used to examine the liver histological changes. Cytokines were determined with the enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) kit. Real-time PCR was used to determine the mRNA expression of related molecules. Intrahepatic leukocytes (IHLs) were

isolated by Percoll and analyzed by flow cytometry. Protein expression of related signaling pathways was determined by Western blot.

**Results** Pretreatment of mice with wedelolactone markedly reduced the serum levels of transaminase and the severity of liver damage. In wedelolactone-pretreated mice induced with CIH, the increases of serum concentrations of tumor necrosis factor (TNF)- $\alpha$ , interferon (IFN)- $\gamma$ , and interleukin (IL)-6 were dramatically attenuated; at the same time, the interferon-inducible chemokine CXCL10 and intercellular adhesion molecule (ICAM)-1 expression in liver were decreased. Moreover, CIH mice with wedelolactone pretreatment exhibited less leukocytes infiltration and T-cell activation in liver. Furthermore, wedelolactone suppressed the activity of nuclear factor-kappa B (NF- $\kappa$ B), the critical transcriptional factor of the above mentioned inflammatory cytokines, by restraining the phosphorylation of I $\kappa$ B $\alpha$  and p65.

**Conclusions** These findings indicate a great inhibitory potential of wedelolactone in immune-mediated liver injury in vivo, and the protection is associated with its modulation of the NF- $\kappa$ B signaling pathway.

## PU-1436

### Roche Cobas 6500 全自动尿液分析仪与其他系统的性能比较及效率评估

王冲<sup>1</sup>, 顾梅秀<sup>1</sup>, 邵平<sup>1</sup>, 濮存莹<sup>2</sup>, 潘柏申<sup>1</sup>, 郭玮<sup>1</sup>, 王蓓丽<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属中山医院, 200000

2. 罗氏诊断产品(上海)有限公司

**目的** 观察罗氏 Roche Cobas 6500 全自动尿液分析流水线与 Arkray AX-4030、Urisys 2400、Sysmex UF-1000i 在尿十联、尿沉渣检测结果之间的可比性, 探讨未来实验室尿液自动化和人工智能的趋势。

**方法** 分别对 Cobas u601 与 Arkray AX-4030、Urisys 2400 在尿十联检测性能及 Cobas u701 与 Sysmex UF-1000i、KOVA 人工计数在尿沉渣检测性能方面的比较。比较 Cobas 6500 系统与 Arkray AX-4030、Sysmex UF-1000i 联合检测时的周转时间(TAT)差异。

**结果** Cobas u601 与 Urisys 2400 尿干化学 9 个参数检测结果的比对符合率均超过 90%; 在尿沉渣检测中, Cobas 6500 展现了较高的批内精密度以及性能, 与镜检标准对照, 阴阳性符合率均较高。Cobas 6500 携带污染率为 0%, 未发现携带污染; 同时 Cobas 6500 干化学部分试纸条在检测葡萄糖和尿红细胞时未受到维生素 C 的干扰, 而 Arkray AX-4030 检测尿葡萄糖, 在维生素 C 浓度为 1000mg/L 时, 检测结果从 2+ 变为  $\pm$ 。Sysmex UF-1000i 在检测尿红细胞低值标本时, 差异较大 (SD: 14.8/ $\mu$ L;  $\bar{x}$ : 18.3)。

**结论** Cobas u601、Cobas u701 与其他仪器检测结果的符合率较高, 在检测重复性、携带污染率、抗维生素 C 干扰方面较好, 整体 Cobas 6500 仪器能提高检验科日常 TAT。

## PU-1437

### 男性不同程度冠脉病变患者胆固醇酯转运蛋白水平及临床意义

孙凤英

邹平市人民医院

**目的** 探讨不同程度冠脉病变男性患者胆固醇酯转运蛋白(CETP)水平及临床意义

**方法** 用 ELISA 法测定 50 例男性冠心病(CHD)患者及健康男性对照血清 CETP 浓度。根据冠脉造影结果将 CHD 组分为单支病变组、双支病变组、及多支病变组;局限病变组及弥漫病变组;轻度狭窄组及重度狭窄组。

**结果** CHD 组 CETP 水平( $1.39\pm 1.08$ )mg/L 明显高于健康对照组( $0.97\pm 0.51$ )mg/L( $P<0.05$ );多支病变组( $1.89\pm 1.34$ )mg/L 明显高于双支病变组( $1.07\pm 0.59$ )mg/L 及单支病变组( $0.94\pm 0.47$ )mg/L( $P<0.05$ );弥漫病变组( $1.60\pm 1.21$ )mg/L 明显高于局限病变组( $0.83\pm 0.42$ ) mg/L( $P<0.05$ );重度狭窄组( $1.69\pm 1.20$ )mg/L 较轻度狭窄组( $0.84\pm 0.35$ ) mg/L 明显显( $P<0.01$ )。

**结论** CETP 水平与冠脉病变的严重程度呈一定相关性,提示检测血清 CETP 水平可能有助于判断冠脉病变程度。

#### PU-1438

### Molecular cytogenetic characterization of mosaicism for a small supernumerary marker chromosome derived from chromosome 8 associated with congenital hypoplasia of the tongue and review of the literature

Huiyuan Shao,Zongyu Miao,Xiaoyan Liu,Xiaofei Hou,Hong Wu  
Yantai Yu Huang Ding Hospital

**Objective** To present molecular cytogenetic characterization of mosaic supernumerary ring chromosome 8 which has trisomy of a region of chromosome 8p12-q21.13 associated with congenital hypoplasia of the tongue and review of the literature.

**Methods** A 27 year-old woman presented with congenital hypoplasia of the tongue. The chromosome karyotype of peripheral blood lymphocytes was detected by conventional cytogenetic analysis. The genome copy number variations were detected by SNP array.

**Results** Conventional cytogenetic analysis of the peripheral blood revealed a karyotype of 47,XX,+mar[60]/46,XX[40]. SNP array revealed that there was a duplication of 45.2 Mb at arr[hg19] 8p12q21.13(36,013,636-81,263,140) x2-3.

**Conclusions** With this study a patient involving mosaic trisomy 8p12-q21.13 along with clinical properties, is described and compared to previously reported cases involving a small supernumerary marker chromosome (sSMC) derived from chromosome 8.

#### PU-1439

### 41 名横纹肌溶解症患者临床病例的回顾性分析

王晶  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 回顾性调查本院急诊收入横纹肌溶解症患者,探讨近年横纹肌溶解症病例特点。

**方法** 选取我院 2017 年 1 月~2018 年 3 月急诊科收入的横纹肌溶解症患者 41 例,收集资料包括患者年龄、性别、病因、好发时间、留观天数。

**结果** 近两年多的横纹肌溶解病例中男性占 63.4%,平均年龄  $27.88\pm 11.6$  岁,36.6%为女性,平均年龄  $29.8\pm 8.4$  岁。所有病例中 70.73%为运动致横纹肌溶解,9.76%的病例继发于肌炎,肢体受压、食物中毒、热射病分别占比 7.32%、7.32%、4.88%。留观天数为  $6.02\pm 3.791$  天,发病时间以春夏为好发季节。

**结论** 剧烈运动为当今社会横纹肌溶解症的主要原因,应及早明确病因,专业规范治疗,可显著缩短病程,提高预后。

## PU-1440

## The role of NLRP3 inflammasome in 5-fluorouracil resistance of oral squamous cell carcinoma

Qingqiong Luo, Xiaodong Feng, Han Zhang, Han Wang, Fuxiang Chen  
Ninth People's Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** 5-Fluorouracil (5-FU) is a widely used drug for the therapy of cancer. However, the chemoresistance of tumor cells to 5-FU usually limits its clinical effectiveness. In this study, we explored the role of NLRP3 inflammasome in 5-FU resistance of oral squamous cell carcinoma (OSCC).

**Methods** The mRNA and protein expression levels of NLRP3, Caspase1 and IL-1 $\beta$  in resected OSCC specimens or cell lines were measured respectively by quantitative real time-PCR (qRT-PCR) and western blot. NLRP3 and Ki-67 expression in paraffin-embedded OSCC tissues was determined by immunohistochemistry. The correlation between 5-FU treatment and the expression and activation of NLRP3 inflammasome was further examined by evaluating NLRP3 and IL-1 $\beta$  expression in OSCC cell lines without or with NLRP3 knocked down. Cell viabilities of OSCC cells were determined by the MTT assay. Apoptosis and intracellular reactive oxygen species (ROS) of OSCC cells induced by 5-FU were measured by the flow cytometer. The carcinogen-induced tongue squamous carcinoma mice model was established by continuous oral administration of 4-nitroquinoline 1-oxide in wild-type BALB/c, Nlrp3<sup>-/-</sup> and Caspase1<sup>-/-</sup> mice. Tumor incidence were observed and tumor area were evaluated.

**Results** In the clinical analysis, expression and activation of NLRP3 inflammasome was clearly increased in OSCC tissues of patients who received 5-FU-based chemotherapy. Multivariate Cox regression analysis revealed that this high expression was significantly correlated with tumor stage and differentiation, and was associated with poor prognosis. Moreover, 5-FU treatment increased expression and activation of NLRP3 inflammasome in OSCC cells in a cell culture system and xenograft mouse model. Silencing of NLRP3 expression significantly inhibited OSCC cell proliferation and enhanced 5-FU-induced apoptosis of OSCC cells. Further investigation showed that intracellular ROS induced by 5-FU promoted the expression and activation of NLRP3 inflammasome and increased the production of IL-1 $\beta$ , which then mediated the chemoresistance. With the carcinogen-induced OSCC model, we found less and later tumor incidence in Nlrp3<sup>-/-</sup> and Caspase1<sup>-/-</sup> mice than wild-type mice. And greater decrease of tumor area was observed in the gene deficient mice treated with 5-FU.

**Conclusions** Our findings suggest that NLRP3 inflammasome promoted 5-FU resistance of OSCC both in vitro and in vivo, and targeting the ROS/NLRP3 inflammasome/IL-1 $\beta$  signaling pathway may help 5-FU-based adjuvant chemotherapy of OSCC.

## PU-1441

## 上海宝山地区患者和体检人群人乳头瘤病毒感染特征比较

耿朝晖, 郭竹英, 胡传玺, 刘灵燕, 钟政荣  
上海交通大学医学院附属第九人民医院, 200000

**目的** 比较宝山地区就诊患者和体检人群人乳头瘤病毒 (HPV) 的感染状况及各亚型分布等特征, 为宫颈癌的精准预防提供科学的流行病学数据。agment-->

**方法** 收集 2014 年 5 月至 2018 年 6 月在上海交通大学医学院附属第九人民医院北部 6086 例就诊患者 (患者组) 及 3838 例体检者 (体检组) 宫颈脱落细胞标本, 应用流式荧光杂交技术检测 HPV 27 种基因型, 并对两组 HPV 感染率、基因亚型分布、感染类型和年龄分布等特征进行比较分析。

**结果** 患者组和体检组 HPV 感染率分别为 17.76% (1081/6086) 和 11.65% (447/3838), 两组差异具有明显的统计学意义 ( $P < 0.001$ ); 患者组试验中的 27 种 HPV 基因亚型均被检出, 感染亚型



主要是 HPV 16、52、58、53、39 型，以单一亚型感染为主，占 75.49%，多重感染可见五重和六重亚型感染，感染年龄主要分布在 31-40 和 41-50 岁，阳性率分别为 28.68%和 27.75。体检组除 HPV-26 型未检出外，其余 26 种亚型均有检出，感染亚型前五位的依次为 HPV52、53、16、58、61 型，以单一感染为主，占 81.21%，五重及以上亚型多重感染未见，感染高峰年龄段为 41-50 岁，高达 67.34%，两组感染年龄分布具有明显的统计学差异（ $P<0.01$ ）。

**结论** 宝山地区患者组和体检组的 HPV 感染率、亚型分布以及感染高峰年龄均存在差异，因此应针对本地区不同人群制定相应的预防策略。不足。

## PU-1442

### 胶体金免疫层析法在 HBsAg 检测中的应用评价

赵春艳

湖北省松滋市人民医院

**目的** 对胶体金免疫层析法（GICA）检测 HBsAg 的应用进行评价

**方法** 同时用胶体金免疫层析法（GICA）和酶联免疫吸附试验（ELISA）检测 HBsAg，对结果进行分析。

**结果** 特异性强，灵敏度低于 ELISA，GICA 检出率为 ELISA 的 99.57%，对含量低的标本可出现假阴性结果

**结论** 特异性强，灵敏度低于 ELISA，GICA 检出率为 ELISA 的 99.57%，对含量低的标本可出现假阴性结果

## PU-1443

### 滨州地区铜绿假单胞菌耐药性分析

步晶晶

滨州市人民医院,256600

**目的** 分析我院铜绿假单胞菌对常用抗生素的耐药情况，为临床预防感染及合理选用抗生素提供实验依据

**方法** 收集本院 2011-2013 年间各临床科室送检的标本，按常规方法对其进行细菌的分离、培养后，采用 BD PHOENIX-100 全自动微生物鉴定仪、K—B 法进行细菌鉴定和药敏试验。药敏试验结果判定标准按 2012 年版《抗微生物学药物敏感性试验执行标准》规定执行。

**结果** 铜绿假单胞菌的检出率为 4.26%。

**结论** 铜绿假单胞菌对临床常用抗生素的耐药率较高，应当加强药敏监测，为指导临床合理选用抗生素提供依据。

## PU-1444

### 上海宝山区 2017 年 1713 例 9 项非典型呼吸道病原体检出情况分析

刘灵燕,钟政荣,王萍,许蓓妮,喻成飞,郭竹英

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 分析上海宝山区 9 项非典型呼吸道病原体 IgM 抗体检测的检出情况。

**方法** 收集上海交通大学医学院附属第九人民医院北部 2017 年 1 月至 2017 年 12 月共 1713 例门诊和住院呼吸道感染患者的血清标本, 采用间接免疫荧光法检测嗜肺军团菌血清 1 型、肺炎支原体、Q 热立克次体、肺炎衣原体、腺病毒、呼吸道合胞病毒、甲型流感病毒、乙型流感病毒和副流感病毒(1、2 和 3 型)这 9 项呼吸道病原体的 IgM 抗体, 从年龄、季节和性别等方面分析其检出情况。

**结果** 1713 例患者中有 336 例呼吸道病原体阳性, 总阳性率为 19.61%(336/1713); 其中 Q 热立克次体和甲型流感病毒未检出; 检出单一病原体者 262 例, 占 77.98%(262/336); 混合病原体者 74 例, 占 22.02% (74/336), 主要是两种病原体的混合感染, 且以肺炎支原体合并其他病原体感染为主。9 项病原体的阳性率以肺炎支原体最高, 其次是副流感病毒(1、2 和 3 型), 再次是乙型流感病毒, 其阳性率分别为 16.64%、3.44%和 2.16%。从季节来看, 春、夏、秋、冬季节 9 项病原体检出率分别为 17.15%、21.05%、22.31%和 18.85%, 各季节之间检出率无差异。从年龄来看,  $\leq 12$  岁组的检出率显著高于(12~60 岁)组, (12~60 岁)组的检出率显著高于 $\geq 60$  岁组, 三组的检出率依次为 38.49%、15.07%和 8.86%。从性别来看, 男性 9 项病原体检出率为 16.25%, 女性为 24.30%, 女性检出率显著高于男性。

**结论** 肺炎支原体是上海宝山区各季节各人群呼吸道感染者中检出率最高的呼吸道病原体, 呼吸道病原体的感染与年龄和性别相关, 提示针对性的防范具有临床意义。9 项呼吸道病原体联合检测快速、简便、检测范围广, 有利于非典型病原体的早期诊断和治疗。

## PU-1445

### 结肠癌患者 Septin 9 甲基化作为术后监测指标的研究

王娟,刁艳君,杨柳,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** Septin 9 检测是目前一个重要的筛查早期结直肠癌的手段。而对于 Septin9 甲基化在结肠癌术后监测、预测复发、评估生存、判断预后等方面的报道仍较少。本研究拟通过检测术后出现转移的结直肠癌患者 Septin 9 甲基化水平改变, 对 Septin 9 是否可作为术后监测指标并预测复发的可能性进行探讨。

**方法** 纳入 12 例行外科根治性结直肠癌切除手术的随访患者及 2 例健康对照进行研究。采集患者血清 2ml, 利用苏州为真 Septin 9 甲基化检测试剂盒进行检测, 并同时检测患者血清肿瘤标志物癌胚抗原 CEA

**结果** 2 例健康对照 Septin 9 甲基化检测为阴性。12 例肿瘤样本中, Septin 9 甲基化阳性者 6 例, 检出率为 50%。其中, 5/6 例患者有明确临床证据出现远处器官转移, 而这 6 名患者有 2 例出现 CEA 水平轻度升高 (CEA:  $\bar{X}=12.44$  ng/ml); 另 6 例 Septin 9 检测阴性者临床发现远处转移灶者 2 名, 而 5 人出现 CEA 不同程度的升高 (CEA:  $\bar{X}=360.22$  ng/ml)。综上, 作为诊断结直肠癌术后是否出现转移的指标, Septin 9 甲基化检测的敏感性为 71.43%, 特异性为 80%; 而传统蛋白标志物 CEA 检测的敏感性为 37.5%, 特异性为 25%。

**结论** CEA 是结直肠肿瘤选择性标志物, 大部分临床指南推荐根治性手术后定期检测患者 CEA 水平以检测早期复发。本实验结果提示 CEA 升高不具有复发诊断性, 而血清中的 Septin9 基因甲基化水平有可能是比蛋白标志物更可靠的指标, 可作为新型预后标志物用于结直肠癌复发的监测。后续大规模样本的验证及病例随访正在进行中。

## PU-1446

## 结核性脑膜炎的诊断方法研究进展

黄鑫

襄阳市第一人民医院

**目的** 结核性脑膜炎是指由于致病菌结核分枝杆菌感染颅内脑膜或脑实质的一类非化脓性炎症，其为中心神经系统常见的一种感染性疾病。

**方法** 该病的诊断主要依赖于对致病菌的检测，近年来关于结核性脑膜炎结核分枝杆菌检测方法的研究越来越多，治疗手段也有了大量的变化

**结果** 因此，本研究对相关研究资料进行整理分析，对相关诊断结果和治疗方案进行综述

**结论** 以期为结核性脑膜炎的诊断及治疗做出科学指导，提升诊断准确性，提高治疗的针对性，改善患者的预后。

## PU-1447

## NLRP3 promotes tumor growth and metastasis in human oral squamous cell carcinoma

Qingqiong Luo, Han Wang, Xiaodong Feng, Ruiyang Zhang, Fuxiang Chen  
Ninth People's Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** Oral squamous cell carcinoma (OSCC) is a well-known malignancy that accounts for more than 90% of all oral cancers. Inflammasomes are thought to have critical roles in cancer-related inflammation. This study was designed to investigate the expression and the role of the NLR family pyrin domain containing protein 3 (NLRP3) inflammasome in OSCC.

**Methods** The mRNA and protein levels of NLRP3 in OSCC cell lines and the normal human immortalized oral epithelial cells (HIOEC) were determined by Real-time PCR and western blot analysis. The expression of NLRP3 and IL-1 $\beta$  in the paraffin-embedded OSCC tissues was evaluated by immunohistochemistry (IHC). The proliferation of OSCC cells was detected by MTT [3-(4,5-dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyl tetrazolium bromide] assay and cell colony formation assay. The impact of NLRP3 knockdown on migration and invasion of OSCC cells was measured by the transwell assay. The epithelial phenotype marker-E-cadherin and mesenchymal phenotype marker-vimentin and N-cadherin were examined by western blot. An xenograft mouse model was applied to investigate the influence of NLRP3 silence on OSCC tumor growth in vivo.

**Results** Significant higher expression of NLRP3 was observed in the OSCC cells. Obvious expression of NLRP3 and IL-1 $\beta$  was found in the paraffin-embedded OSCC tissues, and the NLRP3 expression levels were correlated with the tumor size, lymphonode metastatic status and IL-1 $\beta$  expression. Downregulating NLRP3 expression markedly inhibited the OSCC cell proliferation, migration and invasion. Further investigation indicated that the expression levels of E-cadherin and vimentin in OSCC cells were increased, while N-cadherin expression was decreased after NLRP3 knockdown. Downregulating NLRP3 expression in OSCC cells significantly reduced the tumor growth in vivo.

**Conclusions** Our data suggested that the increased expression of NLRP3 in OSCC was associated with tumor growth and metastasis, and NLRP3 may be considered as a potential target for OSCC therapy.

## PU-1448

## 抗核抗体与抗核抗体谱联合检测 results 分析

赵春艳

松滋市人民医院,434000

**目的** 分析实验室抗核抗体(ANA)与抗核抗体谱(ANAs)联合检测情况,分析两者的关系。

**方法** 用间接免疫荧光法(IIF)检测 ANA,用条带酶免分析法(LIA)检测 ANAs,对阳性结果进行统计分析

**结果** 1026 例标本共检测出 ANA 阳性 198 例,核颗粒型 117 例(59.09%);核均质型 44 例(23.22%);着丝点型 19 例(9.60%);胞浆颗粒型 11 例(5.55%);核仁型 5 例, (2.52%);核膜型 1 例(0.51%);核点型 1 例(0.51%)。1026 例检测结果中 IIF 阳性 198 例(19.3%);LIA 阳性 191 例(18.6%),两种方法检测阳性率差异无统计学意义( $P>0.05$ )。198 例 IIF 阳性标本中 43 例 LIA 法未 ANA,符合率为 78.3%,828 例 IIF 阴性标本中 36 例 LIA 法阳性,符合率为 95.7%。

**结论** IIF 法检测 ANA,LIA 法检测 ANAs 两者间有较好的相关性,但有一定差异,两者联合检测能降低漏检率,对自身免疫性疾病的诊断、治疗监测有重要意义。

## PU-1449

## 标本保存液对人乳头瘤病毒基因分型检测的影响

袁继辉,钟政荣,龙璐,耿朝晖,梅红,郭竹英

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 观察人乳头瘤病毒(human papillomavirus,HPV)核酸提取过程中,弃上清后标本保存液残留量对 HPV 基因分型检测结果的影响,为 HPV 基因分型检测操作标准化提供依据。

**方法** 采用流式荧光技术检测生殖道泌尿道分泌物 HPV 基因分型,根据弃上清后标本保存液残留量和标本的阴阳性分为 8 组:阴性标本组:N5 $\mu$ l、N20 $\mu$ l、N40 $\mu$ l、N80 $\mu$ l 和阳性标本组:P5 $\mu$ l、P20 $\mu$ l、P40 $\mu$ l、P80 $\mu$ l,检测指标为内参和靶基因的检出率和 DNA 电泳,根据检测指标分析标本保存液残留量对检验结果的影响。 si-language:EN-US;mso-fareast-language: ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'>,从年龄、季节和性别等方面分析其检出情况。

**结果** 在提取 HPV 核酸过程中,当弃上清后 HPV 标本保存液残留量在 20 $\mu$ l 以下,内参和靶基因的检出率 100%,当标本保存液残留 40 $\mu$ l 时,内参和靶基因的检出率 40%,而当 HPV 保存液残留 80 $\mu$ l 时,内参和靶基因的检出率 0%。为分析标本保存液对检测结果的影响是在 DNA 提取还是在扩增环节,我们将上述扩增有效的 DNA 提取液一分为二,一组加纯水,一组加标本保存液,加纯水组,内参和靶基因检出率 100%。而加标本保存液组的检出率 0%。 body> si-language:EN-US;mso-fareast-language: ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'>,从年龄、季节和性别等方面分析其检出情况。

**结论** 在 HPV 核酸提取过程中,弃上清后标本保存液残留量对 HPV 基因分型检测结果影响大,标本保存液可抑制 PCR 的扩增而影响检测结果导致假阴性,20 $\mu$ l 以下才能保证检测结果的准确性。

## PU-1450

## 血清 CA199, PIVKA-II 及 VEGF 联合检测对胰腺癌的 临床诊断价值探讨

邢瑞青, 吴永昌, 陈健康, 房艳, 陈慧煜, 刘杨, 彭道荣

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 目的: 探讨血清糖蛋白抗原 199 (CA199), 异常凝血酶原 (PIVKA-II), 表皮生长因子 (VEGF) 联合检测对胰腺癌的诊断价值。

**方法** 对 73 例胰腺癌患者, 71 例胰腺良性病变者和 56 例健康对照者, 分别进行血清 CA199, PIVKA-II, VEGF 含量的检测, 并对检测结果进行统计分析, 探讨其对胰腺癌的诊断价值。

**结果** 胰腺癌组血清 PIVKA-II 水平显著高于健康对照组、胰腺良性病变组, 差异具有统计学意义 ( $U=1046.00$ ,  $Z=-6.18$ ;  $U=2106.00$ ,  $Z=-1.94$ ;  $P<0.05$ ), 而胰腺良性病变组与健康对照组之间无统计学差异 ( $U=681.00$ ,  $Z=-1.30$ ;  $P>0.05$ ); 血清 CA199 水平胰腺癌组高于健康对照组、胰腺良性病变组, 差异具有统计学意义 ( $U=1537.00$ ,  $Z=-7.69$ ;  $U=2385.00$ ,  $Z=-2.10$ ;  $P<0.05$ ), 而胰腺良性病变组与健康对照组之间无统计学差异 ( $U=357.00$ ,  $Z=-1.01$ ;  $P>0.05$ )。用于评价胰腺癌的 ROC 曲线下面积 CA199 最大(0.798), CA199, PIVKA-II 曲线下面积均具有统计学差异 ( $P<0.05$ )。CA199+PIVKA-II+VEGF 的三项联合检测可使诊断的敏感度和 NPV 分别提高到 87.80%和 75.50%, 特异度和准确度均维持在 70.00%左右。

**结论** CA199, PIVKA-II 和 VEGF 对胰腺癌的诊断均具有重要临床价值; CA199+PIVKA-II+VEGF 联合检测可提高胰腺癌的诊断敏感度。

## PU-1451

## 液相色谱-串联质谱检测血浆血管紧张素 II 的方法建立

陈方俊, 彭颖斐, 王蓓丽, 潘柏申, 郭玮

复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 建立高血压患者血浆血管紧张素 II (Angiotensin II) 的液相色谱-串联质谱 (Liquid chromatography-tandem mass spectrometry, LC-MS/MS) 检测方法, 用于辅助临床医生进行高血压分型及高血压严重程度评估。

**方法** 以同位素作为内标, 采用 Phenomenex Kinetex C18 (2.6  $\mu$ m, 100mm\*3mm) 进行分离, 柱温 55 $^{\circ}$ C。流动相为 0.2%甲醇水溶液和 0.2%甲酸甲醇溶液, 流速为 0.5mL/min 梯度洗脱。考察该方法的特异性和选择性、基质效应、携带污染、重复性、定量下限 (lower limit of measuring interval, LLMI)、线性、精密度、回收率、稀释一致性和血浆标本稳定性。采用 LC-MS/MS 方法对 279 名表面健康人群 (男性 146 名, 女性 133 名, 平均年龄 46 岁) 和 294 名高血压患者 (男性 157 名, 女性 137 名, 平均年龄 49 岁) 的血浆血管紧张素 II 浓度进行检测。采用 SPSS17.0 软件进行统计学分析。

**结果** 该方法通过了特异性和选择性、基质效应、携带污染、重复性的性能评价。建立的血浆血管紧张素 II 生物参考区间为 4.42 pg/mL - 45.52 pg/mL。血管紧张素 II 的 LLMI 为 2.83pg/mL, 血管紧张素 II 的检测线性范围为 2.83 pg/mL - 1000 pg/mL。日间和批内不精密度的变异系数 (coefficient of variation, CV) 均小于 15%, 准确度偏差均小于 15%, 回收率结果为 85.33%-107.96%。

**结论** 我们建立了准确检测血浆血管紧张素 II 浓度的 LC-MS/MS 方法, 用于辅助临床医生进行高血压分型及高血压严重程度评估。

## PU-1452

## FANC 途径修复缺陷细胞模型的建立与应用

谢明章<sup>1</sup>, 丁丽<sup>2</sup>, 闫海龙<sup>1</sup>, 蒋天骐<sup>2</sup>

1. 新乡医学院第一附属医院, 453100

2. 蚌埠医学院

**目的** 利用 siRNA 技术建立 FANC 途径修复缺陷人动脉内皮细胞模型并探讨其应用, 特别是细胞损伤机制的检测及研究将提供一个完整平台。该平台将为各种药物, 环境污染物等对人体的损害机制的研究, 寻找各类相关疾病新的诊断检验靶点, 增强人体对各种损害的修复能力提供一个可靠平台, 以促进人体健康。

**方法** 采用化学方法合成并将 siRNA 通过脂质转运法导入细胞, 采用 RT-PCR 和 western blot 检测目标基因 FANC A 及其蛋白的表达水平; 利用细胞克隆形成实验、单细胞电泳方法与 Western blot 方法完成细胞模型应用检测。

**结果** FANC A mRNA 和基因蛋白质表达水平分别下降 95% 和 49.5%; 甲醛作用细胞模型产生了大量 ICLs、DPCs 及少量 DSBs 损伤。这一结果也与其他研究者使用其他细胞的研究结果相符合。以上研究结果表明我们不但成功建立了细胞模型, 而且成功利用此模型完成了相关应用检测。

**结论** 成功建立了 FANC 途径修复缺陷人动脉内皮细胞模型并利用此模型完成甲醛对 DNA 损伤的检测分析, 为此细胞模型的应用研究打下了坚实的实验基础。本研究 HAEC 模型的建立与应用可为环境污染导致 DNA 损伤并影响人类健康如人体衰老与癌变的原因分析, 自身免疫性疾病、心血管疾病、神经系统疾病等寻找新的诊断检验靶点, 环境致癌因子的检测等提供坚实基础。

## PU-1453

## 部分肝切除患者术后乳酸脱氢酶结果异常升高一例

王连明, 鲁平

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 本院收治一例因“右上腹隆起一周入院”, 确定诊断“肝脓肿”患儿。但首次手术后临床医生咨询检验科一个问题“术后乳酸脱氢酶异常增高的原因是什么?”即“哪个器官或组织引起的乳酸脱氢酶异常升高?”为了回答临床科室的这个疑问, 我们通过分析乳酸脱氢酶以及其它检验指标的动态变化, 分析手术可能产生的影响, 比对了输血及有创操作可能引起的变化, 最后为临床的治疗观察提供有价值的检验信息。

**方法** 收集患者门诊及住院期间的血常规、尿常规、凝血、生化等常用指标及肿瘤系列和降钙素原等诊断指标。收集患者手术前后的所有可能影响乳酸脱氢酶浓度变化的操作及治疗等, 包括输血、有创操作、手术及抢救以及病情变化记录。以检验结果时间点及临床主要操作和病情变化进行动态分析。

**结果** 1. 从 AST、ALT、LDH、CK 的动态变化比较及相关因子, 排除了肝脏因素引起 LDH 增高; 2. 通过尿液分析和肾脏疾病的指标不支持肾脏损伤, 排除肾脏导致 LDH 升高的可能; 3. 从 AST 与 CKMB 的相关系数 (0.534) 以及 CK 和 CKMB 的数值升高程度及比值变化也可以排除心肌细胞损伤的原因; 4. 从两次手术及 4 次输血的时间点及 LDH 动态变化, 确定输血也不是引起第一次术后 LDH 持续异常升高的主要原因。5. 结合凝血指标变化及输注冷沉淀凝血因子后 LDH 的变化, 确定 LDH 第一次术后显著增高是由于肝脏手术+术后的凝血因子减少引起的渗出所致。

**结论** 患者 LDH 第一次术后显著增高是由于肝脏手术+术后的凝血因子减少引起的 (凝血因子未测定, 表现为 PT 延长) 渗出, 输注冷沉淀凝血因子后得到明显改善可以证实此结论。

## PU-1454

## 超敏 TNI 结果异常增高一例

王连明,于文竹

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 患者症状与超敏 TNI 测定结果不相符,证多个检测系统对同一份样本的测定结果之间差异显著,寻找产生差异的可能原因。

**方法** 通过动态观察同一患者的超敏 TNI 的测定结果,与同期的临床症状及其他检查、检验结果进行综合分析;在多个品牌、型号的检测系统进行同样样本的检测,观察其差异,并分析原因。

**结果** 经仔细询问患者,近期末服用生物素制品,核对所服用药物的成分也未发现含有生物素,排除了生物素的干扰;通过动态观察同一患者的超敏 TNI 的测定结果,与同期的临床症状及其他检查、检验结果进行综合分析发现其临床症状与超敏 TNI 的动态变化不同步。同时在罗氏、强生、西门子、雅培的仪器上测定同一份病人样本得到的结果,其超敏 TNT 或超敏 TNI 升高的倍数差别较大,进一步证实样本中存在干扰测定的物质,且对不同品牌的试剂干扰程度不同。后检测到病人的类风湿因子异常增高,经分析判定病人样本中的类风湿因子是引起超敏 TNI 升高的主要原因。

**结论** 对于无明显器官/组织功能异常的临床及生物化学指征出现的高超敏 TNI 情况,应怀疑样本中存在影响测定的物质存在,如本病人的类风湿因子异常增高,以保证测定结果对临床的诊断意义。

## PU-1455

## 无明显临床指征的单独 AST 异常增高一例

王连明,关洁

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 患者无症状 AST 单独升高,证实活性增高的原因是患者维生素 B<sub>6</sub>(吡哆醛)缺乏还是巨-AST 存在。

**方法** 通过稀释试验初筛,利用比对试验和纠正试验验证是否为维生素 B<sub>6</sub>(吡哆醛)缺乏;利用聚乙二醇(PEG)沉淀活性测定和冷藏法确证巨-AST 的存在。

**结果** 试验证实在不同的检测系统,AST 存在明显差异,而且不同仪器上的测定结果显示含有磷酸吡哆醛的试剂 AST 的测定值较高,如西门子的 Dimension 和强生的 VITROS 5600,而不含磷酸吡哆醛的试剂其测定值则较低甚至在参考范围内。但纠正试验无法进行纠正。聚乙二醇(PEG)沉淀活性测定和冷藏法确证巨-AST 的存在。证实为室温不稳定的 IgG 型复合物形成。

**结论** 对于无任何器官/组织功能异常的临床及生物化学指征出现的高 AST 情况,应怀疑巨-AST 存在并进行证实,保证测定结果对临床的诊断意义。

## PU-1456

## FAM122A 基因的小鼠体内生物学功能研究

胡传玺

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 蛋白磷酸酶 2A (protein phosphatase 2A) 是丝/苏氨酸蛋白磷酸酶家族中的重要成员,参与胚胎发育、细胞增殖、凋亡、细胞周期的调控和信号转导等多种生物学过程。PP2A 磷酸酶活性的异常调变与多种疾病如:白血病、肿瘤和心力衰竭等的发生发展密切相关。已报导的内源性 PP2A 抑制剂 (ANP32a、SET、CIP2A、ARPP16、ARPP19、TIP 以及 TIPRL1) 在多种肿瘤组织中呈

现高表达趋势,提示它们参与肿瘤的发生发展。但是,迄今为止,有关这些内源性 PP2A 抑制蛋白在胚胎发育中的作用鲜有报道。

**方法** 我们课题组前期工作发现, FAM122A (family with sequence similarity 122A)是一种新的、内源性 PP2A 抑制蛋白,其氨基酸序列具有高度保守性,但是目前对于 FAM122A 的功能研究几乎缺如。为了探讨 FAM122A 的生物学功能,

**结果** 我们运用 CRISPR/Cas9 技术构建 FAM122A 基因敲除的 C57BL/6 小鼠。通过杂合 FAM122A 基因缺失小鼠的自交后代的基因型鉴定和形态学观察等,我们发现纯合 FAM122A 基因缺失导致小鼠胚胎致死,死亡大约发生在 E10.5 左右,提示 FAM122A 在小鼠胚胎的早期发育阶段发挥关键作用;进一步的研究显示,杂合 FAM122A 基因缺失的小鼠胚胎成纤维细胞的生长显著减慢,并且 PP2A 的磷酸酶活性明显增高。

**结论** 因此, FAM122A 是首次被报道的参与胚胎发育过程的 PP2A 内源性抑制分子,这将进一步拓展我们对 PP2A 的功能及参与胚胎发育过程的调控网络的认识。

## PU-1457

### 几种人外周全血 RNA 提取方法的比较

龙璐,钟政荣,袁继辉,耿朝晖,梅红,郭竹英  
上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 比较五种不同方法提取全血 RNA 结果,改进全血 RNA 提取方法,以提高临床基因检测过程中提取的 RNA 质量。

**方法** 收集 5 份抗凝血标本,各取 1ml 外周全血,分别采用五种方法提取外周血总 RNA:先用淋巴细胞分离液提取外周血单个核细胞和三种溶血素(BD 溶血素、Tris- NH<sub>4</sub>Cl 以及 NH<sub>4</sub>Cl)裂解红细胞后再用 Trizol 提取 RNA 以及采用血液 RNA 提取试剂盒提取 RNA,最后将提取的 RNA 溶于 50μl 无 RNase 水中,通过比较提取的 RNA 浓度、纯度以及电泳验证其完整性,评估几种方法提取的 RNA 质量。

**结果** 采用淋巴细胞分离液(P)、BD 溶血素(B)、Tris-NH<sub>4</sub>Cl(T)、NH<sub>4</sub>Cl(N)以及试剂盒(K)提取的 RNA 浓度分别为(37.8±17.8)、(29.81±31.44)、(264.07±63.72)、(228.54±51.98)和(62.25±7.89) ng/μL,其中 Tris- NH<sub>4</sub>Cl 和 NH<sub>4</sub>Cl 组提取的 RNA 浓度明显高于其它组,差异具有统计学意义(T vs. P: P=0.0079; N vs. P: P=0.0079; T vs. B: P=0.0079; T vs. B: P=0.0079; N vs. B: P=0.0079; T vs. K: P=0.0079; N vs. K: P=0.0079),而 Tris- NH<sub>4</sub>Cl 和 NH<sub>4</sub>Cl 组之间结果无统计学意义(P>0.05)。RNA 纯度(A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub>)分别为(1.82±0.04)、(1.77±0.07)、(1.82±0.01)、(1.83±0.01)和(2.12±0.02),其中 P、T 和 N 方法提取的 RNA 纯度较好。电泳结果显示,五组 RNA 完整性无明显差异。

**结论** 五种方法中,采用 Tris-NH<sub>4</sub>Cl 以及 NH<sub>4</sub>Cl 裂解红细胞后提取 RNA, RNA 浓度较高,操作简单且价格便宜。

## PU-1458

### CD137 表达与慢性乙型肝炎患者肝脏免疫病理损伤程度的相关性研究

王博  
上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 探讨 CD137 表达与慢性乙型肝炎患者肝脏免疫病理损伤程度的相关性。



**方法** 采用 ELISA 法检测受试者外周血中 CD137L 的水平；免疫荧光法检测肝组织中 CD137 的表达；Western blot 法检测肝组织中 CD137 和 CD28 蛋白水平表达；荧光定量 PCR 检测肝组织中 CD137 和 CD28 mRNA 的表达。

**结果** 重度 CHB 组患者血清 CD137L 的表达水平均明显高于健康对照组、轻度和中度 CHB 组患者 ( $P<0.01$ )。肝组织中 CD28 mRNA 在中度 CHB 组和重度 CHB 组患者的表达水平均较健康对照组及轻度 CHB 组患者升高 ( $P<0.05$ )。重度 CHB 组患者 CD137 mRNA 表达水平较健康对照组、轻度 CHB 组和中度 CHB 组患者中 CD137 mRNA 表达水平升高 ( $P<0.05$ )。肝组织中 CD28 蛋白在中度 CHB 组和重度 CHB 组患者的表达水平均较健康对照组及轻度 CHB 组患者明显升高 ( $P<0.01$ )。重度 CHB 组患者 CD137 蛋白表达水平均较健康对照组、轻度 CHB 组和中度 CHB 组患者中 CD137 蛋白表达水平显著升高 ( $P<0.01$ )。

**结论** CD137 的活化参与 CHB 患者肝组织免疫病理损伤过程，与其损伤程度有相关性。

#### PU-1459

### Changing trend in antimicrobial resistance of clinical gram-negative bacilli, 2013-2017: a retrospective study from a tertiary hospital in Shanghai

Pengcheng Chen

Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** The aim of this study was to investigate the distribution and antimicrobial susceptibility of gram-negative bacilli isolated from patients in a tertiary hospital, Shanghai.

**Methods** From 2013 to 2017, all gram-negative bacilli strains were secretively collected and antimicrobial susceptibility testing was determined by using the Kirby-Bauer method.

**Results** A total of 3799 non-duplicate gram-negative bacilli strains were collected and *E.coli* were mostly isolated with a proportion of 50.7% (1925/3799), followed by *P.aeruginosa* (16.1%). A majority of organisms were isolated from sputum specimen (41.57%) and urine (34.95%). The average rates of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase production among *E.coli* and *K.pneumoniae* were 63.3% and 52.5%. The carbapenem (imipenem and meropenem) resistance rates in *E.coli* were still less than 5%, while these among *K.pneumoniae* isolates increased from 3.4 to 17.9%. The resistance rate of *P.aeruginosa* strains to all antimicrobial agents ranged from 15% to 45% with a marked resistance increase level in carbapenem. All *A.baumannii* isolates showed high resistance rates to most antimicrobial agents with a high rate of extensively drug resistance, but still susceptible to minocycline and tigecycline. At present, no resistance to tigecycline was detected among these gram-negative bacilli isolates.

**Conclusions** *E.coli* isolates were mostly common gram-negative bacilli in this study. All strains showed different resistance rates to antimicrobial agents and attention should be paid to the carbapenem-resistance gram-negative bacilli and extensively drug resistance strains.

## PU-1460

## Sources of variation evaluation of 24,25(OH)<sub>2</sub>D levels and the ratio of 25OHD to 24,25(OH)<sub>2</sub>D in apparently healthy Chinese adults: a multicenter cross-sectional study

Songlin Yu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** 24,25(OH)<sub>2</sub>D and the 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D ratio have recently been shown to be useful for screening for hypercalcemia caused by CYP24A1 mutations. However, no population-based data on 24,25(OH)<sub>2</sub>D have been published for Chinese populations, and few studies evaluated the sources of variation on 24,25(OH)<sub>2</sub>D levels and the 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D ratio. Accordingly, in this study, we evaluated 24,25(OH)<sub>2</sub>D levels and the 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D ratio, and evaluated the sources of variation in a large Chinese population.

**Methods** This was a multicenter, cross-sectional study. In 2018, we enrolled 1211 apparently healthy adults without systematic diseases from six representative cities in China (Beijing, Dongying, Guiyang, Urumqi, Shenzhen, and Qiqihar). 24,25(OH)<sub>2</sub>D and 25OHD levels were measured using isotope dilution liquid chromatography tandem mass spectrometry. Factors that may affect the vitamin D levels were evaluated using multiple regression analysis.

**Results** Sex contributed the most to variations in 24,25(OH)<sub>2</sub>D, 25OHD, and 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D ( $r = -0.255$ ,  $-0.253$ , and  $0.141$ , respectively), and age also contributed to variations in 25OHD but not 24,25(OH)<sub>2</sub>D or 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D. Men had significantly higher 24,25(OH)<sub>2</sub>D and 25OHD levels than women, but had significantly lower 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D values. Individuals from Dongying had the highest 24,25(OH)<sub>2</sub>D and 25OHD values, whereas individuals from Urumqi had the lowest values. The median(2.5–97.5%) values for 24,25(OH)<sub>2</sub>D, 25OHD, and 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D were 1.2(0.36–2.65) ng/mL, 18.9(8.6–32.5) ng/mL, and 16.0(9.8–30.8), respectively. 24,25(OH)<sub>2</sub>D was significantly correlated with 25OHD ( $r = 0.838$ ,  $p < 0.001$ ), and 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D was significantly negatively correlated with 24,25(OH)<sub>2</sub>D ( $r = -0.758$ ,  $P < 0.001$ ) and 25OHD ( $r = -0.310$ ,  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** In this nationwide, multicenter, cross-sectional study, we evaluated the levels of 24,25(OH)<sub>2</sub>D and the 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D ratio in the Chinese population, Sex contributed the most to variations in 24,25(OH)<sub>2</sub>D, 25OHD, and 25OHD/24,25(OH)<sub>2</sub>D.

## PU-1461

## 肺炎支原体肺炎发生率与季节的相关性分析

王育慧

潍坊市人民医院,261000

**目的** 肺炎支原体肺炎是肺炎支原体(MP)感染引起的呼吸道感染伴肺炎,其临床表现缺乏特异性,易与支气管肺炎、病毒性肺炎混淆而延误有效治疗,故实验室诊断尤其重要。对可疑患者尽早进行肺炎支原体抗体(MP-IgM)检测,对临床诊断肺炎支原体感染具有重要的诊断价值,同时为MP感染流行病学监测提供有效信息。

**方法** 标本来源 我院 2017 年 5 月至 2018 年 4 月门诊或住院呼吸道感染患者 16349 例。年龄最大 73 岁,最小 6 个月,男 8712 例,女 7637 例。

**方法** 采用肺炎支原体(Mac 株)细胞膜成分致敏人工明胶颗粒行间接凝集实验,具体操作严格按照试剂盒说明书进行。结果判断:操作完毕置室温 15°~30° C3h 观察结果,以滴度≥1:40 为阳性。试剂盒采用日本富士肺炎支原体抗体检测试剂。

**统计学分析** 采用组间  $\chi^2$  检验。

**结果** 一般情况 16349 例血清样本中,阳性 6170 例,阳性率 37.7%。

14967 例儿童中 MP 阳性 5868 例, 阳性率 39.2%, 其中男性阳性率 38.9%, 女性阳性率 39.6%; 1382 例成人中 MP 阳性 302 例, 阳性率 21.8%, 不同人群阳性率经  $\chi^2$  检验,  $\chi^2=6.69$ ,  $P<0.01$ , 差异有显著性; 而性别间差异无显著性 ( $P>0.05$ )。

不同季节 MP 抗体检测结果 10 月~第二年 4 月 7 个月份的感染率均在 40%以上, 5~9 月 5 个月份的感染率均在 40%以下, 数据说明, 秋冬季节的 MP 肺炎感染率高于春夏季节, 经  $\chi^2$  检验, 有显著差异 ( $P<0.05$ )

**结论** MP 是能在无细胞的培养基上生长的最小微生物之一, 由口、鼻分泌物经空气传播, 引起散发和小流行的呼吸道感染。随着 MP 检测技术的开展, 发现 MP 肺炎的发病率约占非细菌性肺炎的 1/3 以上, 由表 1 可以看出, MP 感染四季都可发病, 以秋冬季为主。因此, 对临床上有呼吸道感染表现, 且同时又有其它器官受累体征, 应考虑 MP 感染多器官损害的可能, 应及时进一步检查确诊, 尽快进行 MP 病原学检测以明确诊断, 以免延误治疗。

## PU-1462

### 白塞病患者外周血 T/B/NK 淋巴细胞亚群分析

王斐, 黄春梅, 吴卫, 李永哲  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 研究白塞病 (Behcet's disease, BD) 患者外周血 T/B/NK 淋巴细胞亚群分布情况。

**方法** 回顾性分析 2011 年 5 月至 2018 年 5 月就诊于北京协和医院的白塞病患者 (114 例) 的外周血淋巴细胞亚群分布情况, 所有患者均根据国际白塞病研究组于 1989 年制定的诊断标准进行诊断和分类, 并选用 75 例表观正常、无系统性疾病和其他疾病的健康人群作为对照。统计分析采用 Graphpad Prism5 软件进行处理,  $P<0.05$  差异有统计学意义。Kolomogorov-Simirnov 检验用于评价数据的正态性, 其中正态分布资料采用 ( $\pm S$ ) 表示, 两组间比较采用非配对 t 检验, 非正态分布资料采用中位数 [M(P25~P75)] 表示, 组间比较采用 Kruskal-Wallis 检验。

**结果** 白塞病患者外周血中淋巴细胞绝对计数 ( $1.74\pm0.83$ ) 与健康对照组 ( $2.21\pm0.47$ ) 相比明显降低 ( $p<0.0001$ ); 其中 CD3+T 细胞所占比例 ( $77.08\%\pm10.00\%$ ) 与健康对照组 ( $73.25\%\pm5.23\%$ ) 相比明显升高 ( $p=0.0026$ ); CD3+CD4+T 细胞所占比例 ( $35.33\%\pm11.85\%$ ) 与健康对照组 ( $39.57\%\pm4.66\%$ ) 相比明显降低 ( $p=0.0036$ ); CD3+CD8+T 细胞所占比例 ( $32.85\%\pm12.71\%$ ) 与健康对照组 ( $28.01\%\pm4.69\%$ ) 相比明显升高 ( $p=0.0026$ ); CD3+CD4-CD8- 双阴性 T 细胞所占比例 ( $8.90\%\pm10.60\%$ ) 与健康对照组 ( $5.63\%\pm2.79\%$ ) 相比明显升高 ( $p=0.0097$ ); NK 细胞所占比例 ( $12.69\%\pm8.60\%$ ) 与健康对照组 ( $14.43\%\pm4.69\%$ ) 相比没有明显差异 ( $p=0.1125$ ); B 细胞所占比例 ( $9.66\%\pm5.53\%$ ) 与健康对照组 ( $11.69\%\pm2.70\%$ ) 相比明显降低 ( $p=0.0037$ )。

**结论** 在白塞病发病过程中, 除 NK 细胞外, 外周血淋巴细胞亚群各群占比发生了明显变化, 值得注意的是白塞病患者 CD3+CD4-CD8- 双阴性 T 细胞明显升高, 但该群细胞在白塞病中的发病机制还需要进一步研究来证实。

## PU-1463

## 人乳头瘤病毒和解脲脲原体、沙眼衣原体、淋病奈瑟菌的感染现状分析

张睿

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 分析人乳头瘤病毒(HPV)、解脲脲原体(UU)、沙眼衣原体(CT)、淋病奈瑟菌(NG)在患者中的感染现状。

**方法** 收集 2014 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日就诊于北京协和医院门诊患者的 870 份样本(尿液、尿道拭子和宫颈拭子),采用多重荧光 PCR 技术检测 HPV-DNA;荧光核酸恒温扩增检测技术检测样本中 UU-RNA、CT-RNA 和 NG-RNA,分别计算各种病原体的阳性检出率,及不同性别间阳性检出率。按 HPV-DNA 结果将上述样本分成 HPV 阳性组和 HPV 阴性组,对两组中 UU-RNA、CT-RNA、NG-RNA 的检出率进行统计分析。

**结果** 收集 2014 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日就诊于北京协和医院门诊患者的 870 份样本(尿液、尿道拭子和宫颈拭子),采用多重荧光 PCR 技术检测 HPV-DNA;荧光核酸恒温扩增检测技术检测样本中 UU-RNA、CT-RNA 和 NG-RNA,分别计算各种病原体的阳性检出率,及不同性别间阳性检出率。按 HPV-DNA 结果将上述样本分成 HPV 阳性组和 HPV 阴性组,对两组中 UU-RNA、CT-RNA、NG-RNA 的检出率进行统计分析。

**结论** 相较于男性,HR-HPV 和 UU 在女性中普遍易感。在 HR-HPV 阳性患者中,较易联合感染 CT。在 LR-HPV 阳性的女性患者中联合感染 UU 较为常见。

## PU-1464

## 下一代测序技术在 MDS 中的应用前景

王斐<sup>1</sup>,李可馨<sup>1</sup>,吴卫<sup>1</sup>,崔巍<sup>2</sup>

1.中国医学科学院北京协和医院,100000

2.中国医学科学院肿瘤医院,100000

**目的** 骨髓增生异常综合征(myelodysplastic syndromes, MDS)是一组起源于造血干细胞,以病态造血、高风险转化为急性白血病为特征的异质性疾病。近年来随着下一代测序技术的发展,发现在大部分 MDS 患者中存在重现性基因突变,这些突变在 MDS 的诊断、危险分层及治疗方案的选择等方面都具有重要的应用价值。由于 MDS 相关突变基因的多样性,使传统的 PCR 方法乃至一代测序都很难满足临床需求,因此迫切需要具有高通量及高灵敏度的下一代测序技术对 MDS 相关突变基因进行检测。随着下一代测序技术检测成本的降低和检测时间的缩短,使其在临床上普及使用成为可能。本文就下一代测序技术在 MDS 中的应用及面临的问题进行综述。

## PU-1465

## 云南省 576 例采用含 AZT 或 TDF 方案治疗失败 HIV/AIDS 患者基因型耐药差异性分析

李健健,董兴齐

云南省传染病医院

**目的** 比较抗病毒治疗药物 AZT 与 TDF 治疗失败后患者基因型耐药突变差异性并探讨相关影响因素。

**方法** 采用 In house 基因型耐药检测方法, 扩增血浆病毒载量大于 1000copies/ml 抗病毒治疗失败患者 Pol 区基因, 测序后序列提交到斯坦福大学耐药监测网站上进行比对获得耐药报告, 通过多重对应分析方法对耐药突变类型进行相关因素分析。

**结果** 使用含 AZT 与 TDF 治疗方案患者 576 例, 常见的耐药突变有 M184V/I、D67N、K70R/E/Q、K65R 及 T69N, 单因素分析显示接受含此两种药物治疗方案治疗情况下患者年龄及传播途径无相关性 ( $P>0.05$ ), 突变位点、VL、CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞、性别及治疗时长相关 ( $P<0.05$ ); 多重对应分析显示突变方式为 AZT 与患者为女性、T69N 出现、VL<10000copies/ml、CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞计数>200 个/mm<sup>3</sup>及治疗时长<20 月或>40 月等特征表现出聚集性, TDF 则与患者为男性、K65R 出现、VL>10000 copies/ml、CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞计数<200 个/mm<sup>3</sup>等特征表现出聚集性。

**结论** 早期 TDF 的使用易导致高 VL、低 CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞计数, TDF 的服用应在早期给予更多的关注, 男性感染者易发生 TDF 耐药, 女性感染者更易产生 AZT 耐药突变; 与 3TC 连用, AZT 更易诱导产生 M184V/I 出现, 服药早期与 T69N 出现相关, TDF 耐药与 K65R 出现相关。

## PU-1466

### 婴儿肺炎支原体感染的流行特征及实验室诊断指标分析

王哲, 刘日明, 王宁, 刘永明, 张阳阳, 徐新波  
烟台毓璜顶医院, 264000

**目的** 分析婴儿肺炎支原体感染的流行特征及其实验室诊断指标的特点。

**方法** 选取 2015 年 8 月至 2018 年 9 月期间我院儿科因下呼吸道感染住院婴儿, 吸痰器留取痰液, 提取痰液中核酸并使用恒温扩增芯片法检测肺炎支原体。抽取静脉血测定血常规、C-反应蛋白 (CRP)、血清淀粉样蛋白 A (SAA) 和降钙素原 (PCT)。

**结果** 2342 名婴儿 (男婴 1498 名, 女婴 844 名) 中有 170 例检出肺炎支原体感染, 总感染率为 7.3%。其中男婴 111 例, 感染率为 7.4%, 女婴 59 例, 感染率为 7.0%。婴儿肺炎支原体感染 43.5% 发生在秋季, 26.5% 发生在夏季, 15.3% 发生在春季, 14.7% 发生在冬季。其中 70 例确诊为单纯肺炎支原体感染的婴儿中, 男婴 41 例, 女婴 29 例。行血常规检查的 63 名婴儿中, 51 例白细胞在正常范围内 (81.0%), 白细胞  $>12 \times 10^9/L$  者 12 例 (19.0%), 35 例婴儿中性粒细胞比例  $<40\%$  (55.6%), 36 例婴儿淋巴细胞比例  $>50\%$  (57.1%)。61 名婴儿中 CRP  $>10\text{mg/L}$  者 7 例 (11.5%)。56 名婴儿中 SAA  $>10\text{mg/L}$  者 20 例 (35.7%)。61 名婴儿中 PCT  $>0.05\mu\text{g/L}$  者 49 例 (80.3%)。

**结论** 婴儿肺炎支原体感染多发生在夏秋季节。婴儿单纯肺炎支原体感染时白细胞计数多数在正常范围内, 较多出现中性粒细胞比例降低, 伴淋巴细胞比例增高。患儿 CRP 和 SAA 增高者较少。PCT 增高患儿比例较高, 可作为潜在的肺炎支原体感染标志物。

## PU-1467

### 放置时间及温度对尿渗透压检测的影响研究

郭野  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 探讨标本放置时间和温度对尿渗透压检测结果的影响, 规范临床标本的留取及保存。

**方法** 利用全自动冰点渗透压测定仪测定 60 例北京协和医院门诊患者的尿液标本。尿液置于室温、4℃、-20℃条件下分装保存, 分别在 0h、2h、4h、8h、12h、24h、36h、48h、60h、72h 各测量一次尿渗透压值, 比较渗透压值得变化情况。

**结果** 室温放置时, 尿渗透压 0h 测定结果与 8h 内测定结果均无显著差异 ( $p>0.05$ ); 4℃放置时, 尿渗透压 0h 测定结果与 48h 内测定结果均无显著差异 ( $p>0.05$ ); -20℃放置时, 尿渗透压 0h 测定结果与 72h 内测定结果仍无显著差异 ( $p>0.05$ )。

**结论** 尿液标本室温放置超过 8 小时会影响渗透压值, 室温放置时要在 8h 内检测; 4℃放置时要在 48h 内检测; -20℃放置时 72h 内检验结果仍然无显著变化

#### PU-1468

### 云南省 1134 例使用含 EFV 和 NVP 方案抗病毒治疗失败 HIV/AIDS 患者基因型耐药差异性分析

李健健,董兴齐  
云南省传染病医院

**目的** 比较 HIV 抗病毒治疗药物 EFV 与 NVP 在治疗失败后基因型耐药突变位点及相关人口学信息的分布差异性。

**方法** 采用 In house 基因型耐药检测方法, 通过反转录巢式聚合酶链反应 (RT-nested-PCR) 扩增血浆病毒载量大于 1000copies/ml 于失败患者 Pol 区基因, 将序列提交至斯坦福大学耐药检测网站上进行比对后获得耐药报告, 通过多重对应分析方法, 比较 EFV 和 NVP 相关突变与人口学相关性差异。

**结果** 使用含 EFV 和 NVP 治疗失败患者共 1134 例, K103N/S、V106I/M、V179D/E、Y181C/I/V、Y188LHC 及 G190A/S/E 等为 NNRTIs 常见突变方式。单因素分析显示, 接受含此两种药物方案治疗的情况下, 耐药发生在患者治疗时长、性别、突变出现及传播途径的差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 与病毒载量及 CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞计数的差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。

**结论** 男性静脉药瘾使用 EFV 方案感染者治疗早期 (<12 月) 极易出现 V179D/E 及 V106I/M 突变, 在治疗中期 (13-24 月) 则易出现 K103N/S, 对男性静脉药瘾者的服药依从性应给予更多的关注, NVP 更易在长期治疗 (>25 月) 中出现, 相对于 EFV, 更易出现 Y181C/I/V、Y188LHC 及 G190A/S/E 的突变方式, 应密切关注女性经性传播感染者长期使用 NVP 过程中的耐药发生。

#### PU-1469

### 北京协和医院 1076 例泌尿系结石成分分析

郭野  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 分析北京协和医院泌尿系统结石成分特点, 为临床治疗和预防提供理论依据。

**方法** 采用红外光谱法回顾性分析 2015 年 7 月-2019 年 2 月就诊的 1076 例泌尿系统结石患者结石进行化学成分, 结合性别、年龄、结石部位、结石类型研究其分布特点。

**结果** 泌尿系统结石男女比例存在差异为 2.15:1; 发病部位分析显示上尿路结石发病率更高, 上、下尿路结石患者比例为 22.9:1; 51-60 岁年龄段患者比例最高, 41-50 岁年龄段次之; 结石单一成分以草酸钙检出率最高, 为 37.9%, 混合成分主要以草酸钙-碳酸磷灰石为主, 占 40.5%。

**结论** 红外光谱法分析泌尿系结石, 有助于了解结石成因、临床治疗及预防有重要意义。

## PU-1470

## 抗环瓜氨酸肽抗体的检测在类风湿性关节炎 诊断中的意义

汪建茹  
襄阳市第一人民医院

**目的** 探讨抗环瓜氨酸肽（CCP）抗体在类风湿性关节炎（RA）中的诊断意义

**方法** 采用酶联免疫吸附法（ELISA）检测抗 CCP 抗体，其结果和类风湿因子（RF）免疫散射比浊法检测的结果进行比较。

**结果** 抗 CCP 抗体在 RA 诊断中其敏感性较 RF 低，特异性较 RF 高。抗 CCP 抗体在 RF 阳性组的检出率 89.5%，显著高于 RF 阴性组的检出率 30.8%，抗 CCP 抗体和 RF 检测结果的符合率达 85.7%，两者总体的检出率有关联

**结论** 抗 CCP 抗体是检测 RA 的一项特异性很高的指标，抗 CCP 抗体与 RF 联合检测能提高 RA 血清学的阳性率。

## PU-1471

## 云南省 2014-2016 年抗病毒失败 HIV/AIDS 基因型耐药情况调查

李健健,董兴齐  
云南省传染病医院

**目的** 调查云南省 16 个州市 2014-2016 年接受抗病毒失败患者 HIV/AIDS 患者基因型耐药变异、耐药程度及突变位点分布情况。

**方法** 采用横断面研究方法，收集患者耐药相关流行病学信息。通过 In house 方法，运用 RT-PCR 扩增患者 HIV-1 pol 基因序列，测序后进行比对分析，阐明三类抗病毒药物耐药情况。

**结果** 2014-2016 年全省发生耐药突变 1368 例（58.8%）。粗略估计 HIV-1 总体耐药率为 1.6%（1368/84146）。16 个地市均有耐药毒株出现，总体耐药率以昭通市最高为 4.5%，治疗失败人群耐药率最高为德宏达到 72.9%（100/145），核苷类抑制剂（NRTIs）、非核苷类抑制剂（NNRTIs）以及蛋白酶抑制剂（PIs）的耐药率分别为 51.1%(699/1368)、91.2%（1248/1368）、9.6%（132/1368）；三类药物出现频率最高的突变位点依次为 NRTIs -M184V（71.1%），NNRTIs-K103N（43.7%），PIs-K20I（24.2%）。

**结论** 目前云南省的 HIV-1 耐药呈现低流行水平，耐药率在各地市的分布存在一定差异，三类药物中以 NNRTIs 和 NRTIs 耐药为主，全省总体耐药情况与 2008-2012 年结果比较变化明显。我们应加强抗病毒治疗的管理和基因型耐药的检测，降低耐药发生率，控制耐药毒株发生和传播。

## PU-1472

## 外周血涂片提示诊断胸椎管内浆细胞瘤 1 例

徐蓓,胡恩亮  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 血细胞分析仪在临床工作中的广泛应用，提高了工作效率和检验质量，同时为临床提供了更多、更好的科学参数，然而对于原始幼稚细胞、异型淋巴细胞、有核红细胞等异常细胞只有提示作

用,红细胞和白细胞形态异常改变及其内容物、血液寄生虫等都无法检测,所以血细胞分析仪对形态学异常的细胞仅作为筛选检查,不能取代人工细胞形态学分类镜检

**方法** 血细胞分析仪在临床工作中的广泛应用,提高了工作效率和检验质量,同时为临床提供了更多、更好的科学参数,然而对于原始幼稚细胞、异型淋巴细胞、有核红细胞等异常细胞只有提示作用,红细胞和白细胞形态异常改变及其内容物、血液寄生虫等都无法检测,所以血细胞分析仪对形态学异常的细胞仅作为筛选检查,不能取代人工细胞形态学分类镜检

**结果** 在镜检工作过程中,人工分类时应严格按照操作程序先在低倍镜下浏览全片,寻找有无异常细胞,再用油镜识别分类,避免漏诊<sup>[2]</sup>。近期外周血涂片显微镜低倍镜发现浆细胞样可疑细胞提示诊断胸椎管内浆细胞瘤 1 例,报道如下。

**结论** 在镜检工作过程中,人工分类时应严格按照操作程序先在低倍镜下浏览全片,寻找有无异常细胞,再用油镜识别分类,避免漏诊<sup>[2]</sup>。近期外周血涂片显微镜低倍镜发现浆细胞样可疑细胞提示诊断胸椎管内浆细胞瘤 1 例,报道如下。

## PU-1473

# 一种凝血真空采血管的研制和临床应用

顾国龙,谢智光,丁凯宏,刘婷,伍松姣,徐文丽  
广西中医药大学附属瑞康医院

**目的** 介绍自制的不需限定采血量和红细胞比容(HCT)的凝血真空采血管(新式管)的原理和临床使用的可行性。

**方法** 用新式管和常规使用的凝血真空采血管(普通管)采集 180 例 HCT 0.20~0.55 患者血液;用新式管、普通管和采血量(ml)=抗凝剂量(ml)÷0.185÷(1-HCT)准备的采血管(校正管)采集 50 例 HCT 小于 0.20 和 50 例 HCT 大于 0.55 患者血液,共 280 例。分成 HCT 小于 0.20 组(n=50)、HCT 0.20~0.55 组(n=180)和 HCT 大于 0.55 组(n=50),其中 78 例 HCT 0.20~0.55 患者的标本根据标本量分成小于 1.5 ml 组(n=39)和大于 2.5 ml 组(n=39)用 Sysmex CA7000 血凝仪与 Siemens 试剂和 Stago Compact Max 血凝仪与配套试剂对标本进行血浆凝血酶原时间(PT)、血浆活化部分凝血活酶时间(APTT)、血浆凝血酶时间(TT)、血浆纤维蛋白原(Fbg)、血浆 D-二聚体(DD)、血浆纤维蛋白(原)降解产物(FDP)测定,用 SPSS17.0 软件进行数据分析。

**结果** HCT 小于 0.20 组和 HCT 大于 0.55 组中新式管和校正管与普通管间凝固法和磁珠法的 PT、APTT、TT、Fbg 结果和比浊法的 DD、FDP 结果差异均有极显著性意义(P<0.01);新式管与校正管间凝固法和磁珠法的 PT、APTT、TT、Fbg 结果和比浊法的 DD、FDP 结果差异均无显著性意义(P>0.05)。HCT 0.20~0.55 组新式管与普通管间凝固法和磁珠法的 PT、APTT、TT、Fbg 结果和比浊法的 DD、FDP 结果差异均无显著性意义(P>0.05)。三组普通管、新式管、校正管的 PT、APTT、TT、Fbg 结果凝固法与磁珠法间差异均无显著性意义(P>0.05)。小于 1.5 ml 组和大于 2.5 ml 组中新式管与普通管间凝固法和磁珠法的 PT、APTT、TT、Fbg 结果和比浊法的 DD、FDP 结果差异均无显著性意义(P>0.05);新式管和普通管 PT、APTT、TT、Fbg 结果凝固法与磁珠法间差异均无显著性意义(P>0.05)。

**结论** 新式管可用于所有 HCT 患者和采血量不合格标本的检测,能在实验室广泛使用。



## PU-1474

## 铅诱导 GHD 儿童矮小发生的机制研究

徐焰<sup>1</sup>,刘明朝<sup>2</sup>,任丽芬<sup>1</sup>,徐蓓<sup>1</sup>,秦庆<sup>1</sup>,郝晓柯<sup>1</sup>

1.空军军医大学西京医院,710000

2.预防医学院军队劳动与环境卫生学教研室

**目的** 通过生长激素缺乏症(GHD)儿童矮小发生与体内胰岛素样生长因子 1(IGF-1)水平、血铅含量之间的相关性研究,以及铅暴露大鼠模型 IGF-1 相关信号分子的改变,为阐明铅诱导儿童矮小的发生及其致病机制研究提供科学依据,为铅暴露致儿童矮小的监测、防治提供可行途径。

**方法** 依据相应诊断标准纳入 880 例西京医院儿科生长发育门诊就诊矮小患儿,通过生长激素激发试验结果将患儿分为 GHD 和 ISS(特发性矮小)组,检测并比较不同组别、性别患儿身高、体重、血清 IGF-1 和血铅水平;醋酸铅饮水法建立生长发育期大鼠铅中毒模型,利用血铅含量确定建模成功;蛋白印迹(Western blot)分析确证染铅大鼠脑组织 IGF-1 相关信号通路分子 MAPK、PI3K/AKT 的变化。采用均值 t 检验方法和非参数 Mann-Whitney 检验方法进行统计学分析。

**结果** 880 例矮小患儿中 GHD 组患儿身高、体重、IGF-1 水平低于 ISS 组患儿,而血铅水平明显高于 ISS 组,均存在统计学差异( $p < 0.05$ );铅暴露后大鼠血铅含量逐渐增加,染铅 6 周时趋于稳定,与对照组相比具有统计学差异( $p < 0.05$ );铅暴露导致信号通路 MAPK、AKT 中信号分子 ERK1/2、JNK、p38、AKT473、AKT308 磷酸化增加显著( $p < 0.05$ )。

**结论** GHD 患儿血铅水平较 ISS 患儿增加显著( $p < 0.05$ )而 IGF-1 水平则降低显著( $p < 0.05$ ),提示 GHD 矮小儿童 IGF-1 水平减低可能与血铅水平升高相关;铅暴露诱导信号分子 ERK1/2、JNK、p38、AKT473、AKT308 磷酸化增加,提示铅可能通过增加 MAPK 和 AKT 等 IGF-1 相关信号通路分子的磷酸化从而影响了 IGF-1 介导的 GH 促生长作用,进而导致儿童 GHD 及矮小的发生。

## PU-1475

## PLAC8 在口腔肿瘤组织中的表达及临床意义

吴军录,孙祖俊,李冬

同济大学附属同济医院,200000

**目的** 探讨口腔肿瘤组织中胎盘特异蛋白 8(PLAC8)的表达及其临床意义。

**方法** 采用免疫组织化学 EnVision 法检测 80 例口腔组织芯片中 PLAC8 的表达情况,分析其表达与患者临床病理参数关系;应用 Western blot 方法检测 8 例口腔组织标本中 PLAC8 的表达情况。

**结果** PLAC8 主要表达在细胞质中,在口腔恶性肿瘤、良性肿瘤、增生组织、癌旁组织、炎症组织及正常组织中阳性表达率分别为 95.65%、87.5% ( $P=0.374$ )、33.00% ( $P=0.000$ )、40.00% ( $P=0.000$ )、60.00% ( $P=0.006$ )、40.00% ( $P=0.000$ );与恶性肿瘤组织相比,非肿瘤组织 PLAC8 的阳性差异有统计学意义;PLAC8 在口腔恶性肿瘤中的高表达与患者的远处转移 ( $P=0.048$ ) 有关,与患者的性别 ( $P=0.699$ )、年龄 ( $P=0.901$ )、病理类型和分化程度 ( $P=0.545$ )、浸润深度 ( $P=0.749$ )、TNM 分期 ( $P=0.144$ ) 无相关性,表达差异无统计学意义;癌旁组织中 PLAC8 表达的积分光密度值(integrated optical density, IOD)为  $0.44 \pm 0.12$ ,与癌旁组织相比,炎症组织的 IOD 为  $1.22 \pm 0.22$ ,差异有统计学意义 ( $t=4.32$ ,  $P=0.042$ ),增生组织的 IOD 为  $1.28 \pm 0.26$ ,差异有统计学意义 ( $t=4.53$ ,  $P=0.040$ ),肿瘤组织的 IOD 为  $3.64 \pm 0.32$ ,差异有统计学意义 ( $t=7.18$ ,  $P=0.000$ )。

**结论** PLAC8 在口腔肿瘤组织中的异常表达,可能在口腔肿瘤的发生、发展过程中起着重要作用,可能调控了口腔恶性肿瘤的远处转移,因此可作为肿瘤诊疗潜在标志物。

## PU-1476

**MICA-129 Met/Met is a contribution factor to the susceptibility of colorectal cancer**Weifeng Ding<sup>1</sup>, Jian Shi<sup>1</sup>, Shaoqing Ju<sup>1</sup>, Xiaodong Zhou<sup>2</sup>

1. Affiliated Hospital of Nantong University

2. University of Texas-McGovern Medical School, Houston, TX, USA

**Objective** The human major histocompatibility complex class I chain-related gene A (MICA) is a highly polymorphic gene that regulates immune surveillance and eliminates the tumor cells through activation of its receptor, NKG2D. The aim of this study is to examine a single nucleotide polymorphism (SNP) of this gene at codon 129 (MICA-129) in association with colorectal cancer (CRC).

**Methods** We examined the MICA-129 polymorphism in 104 CRC patients and 536 healthy controls with PCR sequencing. Specific MICA-129 SNP was analyzed for association with CRC susceptibility, clinical phenotypes and selected CRC-associated microsatellite instability, -driver gene mutation, -immune checkpoint PD-L1 and -diagnosis biomarker CA19-9, CEA.

**Results** The MICA-129 heterozygous A/G (Met/Val) was decreased in the CRC patients with the ulcerated subtype ( $P=0.0489$ ,  $OR=0.59$ ), lymph node involvement ( $P=0.0217$ ,  $OR=0.46$ ), and the late stage (III/IV;  $P=0.0169$ ,  $OR=0.46$ ). The MICA-129 homozygous allele A/A (Met/Met) was increased in those CRC patients with high tumor invasion depth (T3/4;  $P=0.0261$ ,  $OR=2.10$ ), driver genes mutation ( $P=0.0363$ ,  $OR=2.65$ ) and KRAS mutation ( $P=0.0392$ ,  $OR=2.23$ ). Additionally, the MICA-129 Met/Val variant decreased in CA19-9 positive CRC patients and the MICA-129 Met/Met variant elevated in CEA positive CRC ( $P=0.0330/OR=0.22$  and  $P=0.0034/OR=2.99$ , respectively).

**Conclusions** The MICA-129 heterozygous allele was a protective against CRC and associated with clinical outcomes of CRC. The homozygous allele A/A was a risk factor to CRC.

## PU-1477

**Selective inhibition of mitochondrial calpain reduces ischemia/reperfusion-induced myocardial injury**

Dong Zheng

the First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China, 215006

**Objective** Ischemia/reperfusion (I/R) injury contributes to heart failure post myocardial infarction and donor heart malfunction and rejection. Calpain has been implicated in promoting myocardial I/R injury. We investigated whether targeted inhibition of mitochondrial calpain would reduce myocardial I/R injury in vitro and in vivo.

**Methods** Transgenic mice with inducible cardiac-specific over-expression of mitochondrial-targeted calpastatin was generated (Tg-mtCAST/tTA). Myocardial ischemia/reperfusion and cardiomyocytes hypoxia/reoxygenation models were constructed. Apoptosis and necroptosis were determined. Mitochondrial reactive oxygen species (ROS) production, ATP synthase activity and the protein levels of ATP5A1, p-RIP3/RIP3 and p-MLKL/MLKL were analyzed in cardiomyocytes.

**Results** In cultured cardiomyocytes, H/R increased the protein levels of calpain-1 and ROS generation in mitochondria, induced apoptosis, and promoted necroptosis as evidenced by increased LDH release, decreased cell viability and up-regulation of phosphorylated RIP3 and MLKL proteins. These adverse effects of H/R were attenuated by over-expression of mitochondrial-targeted calpastatin. Mechanistically, the elevation of calpain-1 in mitochondria was associated with a reduction of ATP5A1 protein and ATP synthase activity in H/R-stimulated cardiomyocytes, which was reversed by up-regulation of mitochondrial-targeted calpastatin.

Furthermore, over-expression of ATP5A1 or incubation with mitochondria-targeted antioxidant mito-TEMPO prevented apoptosis and necroptosis in H/R-treated cardiomyocytes. In mouse I/R model, Tg-mtCAST/tTA mice exhibited smaller infarct size and less cell death in hearts after I/R as compared to their wild-type littermates.

**Conclusions** Selective over-expression of mitochondrial-targeted calpastatin reduces myocardial I/R injury by preventing ATP5A1 activity and ROS generation. Thus, targeted inhibition of mitochondrial-targeted calpain may be a new strategy to limit I/R injury in hearts.

## PU-1478

### 临床常用蛇毒类凝血酶制剂对相关凝血指标的影响分析

颜楠

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 通过观察与探讨泌尿外科相关疾病术后用于止血的注射用白眉蛇毒血凝酶（邦亭）与耳鼻咽喉头颈外科用于改善微循环障碍治疗突发性耳聋的东菱迪芙（巴曲酶），二者在用药治疗前后有显著差异的凝血指标纤维蛋白原含量（FIB）与纤维蛋白/纤维蛋白原降解产物（P-FDP）水平的变化为临床提供用药指导参考，并对因该两种药物导致严重低纤维蛋白血症可能发生出血风险的病人向临床医生做出提示。

**方法** 选择我院泌尿外科与耳鼻咽喉头颈外科 2017 年 1 月～2017 年 10 月收治的因泌尿系统相关疾病术后使用邦亭止血的患者 40 例和突发性耳聋使用巴曲酶改善微循环的患者 30 例，并且分为泌尿外科组与耳鼻喉科组。泌尿外科组，分别于患者未手术未使用邦亭治疗前、手术后、使用邦亭治疗后检测常规六项凝血指标并做好记录并观察其水平变化；耳鼻咽喉科组，分别于患者使用巴曲酶治疗前后检测常规六项凝血指标并做好记录并观察其水平变化。

**结果** 泌尿外科组，泌尿外科患者未手术未使用邦亭止血治疗前与手术后、使用邦亭止血治疗后的凝血相关指标结果比较。FIB、D 二聚体（D-Dimer）、FDP 水平在治疗后与未手术未用药治疗前比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；FIB 与 FDP 在治疗后与手术后、未手术未用药治疗前结果比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；耳鼻咽喉头颈外科组，突发性耳聋患者使用巴曲酶改善微循环治疗前后检测凝血相关指标结果比较。其中 FIB 与 FDP 在用药治疗前后结果比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** FIB 与 FDP 水平在用药前后的显著差异变化可以为临床提供用药指导参考。并且可以帮助提醒临床医生在使用蛇毒类凝血酶制剂时一定要掌握其适应症及使用剂量并且严密观察临床表现及凝血功能,避免导致严重的低纤维蛋白血症引起的出血风险。

## PU-1479

### 血液检验在贫血鉴别诊断中的应用效果观察

马丽芳

阳信县中医医院

**目的** 探讨贫血患者应用血液检验对疾病鉴别诊断的效果。**方法** 本研究选取 2015 年 5 月-2016 年 10 月我院收治的 48 例地中海贫血患者和 44 例缺铁性贫血患者为研究对象，并选取同期的 35 例健康体检者为对照组。比较三组对象的血液检查指标及符合率等。

**方法** 于清晨空腹取 3 组研究对象的 2ml 肘静脉血，将采集的全血血液样本均注入至专用的血常规抗凝管中，通过轻摇试管使检测血液使样本和抗凝管中的抗凝剂进行混匀，使用全自动的血液分析仪和配套的检测试剂对血样进行分析

**结果** 地中海组和缺铁性组患者的平均红细胞体积（MCV）、平均血红蛋白含量（MCH）、红细胞血红蛋白含量（Hb）水平明显低于其对照组，数据比差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；地中海组血红细胞计数（RBC）、平均红细胞容积比值（RBC/MCV）、平均血红蛋白含量（MCH）及 Hb 水平平均明显高于缺铁性组，数据比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；但平均红细胞体积（MCV）、红细胞体积分布宽度（RDW）水平明显低于缺铁性组，数据比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。地中海组贫血患者血液检验的敏感度（95.83%）、特异性（64.58%）及符合率（79.17%）与缺铁性组的敏感度（93.18%）、特异性（65.91%）与符合率（81.82%）比较，差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。

**结论** 血液检验对贫血患者诊断的符合率较高，且具有较高的灵敏度和特异性。

## PU-1480

### 妊娠期检测 HCG 的应用价值

周婷婷

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 妊娠期是指受孕后至分娩前的生理时期，但受手人们生活习惯、个体差异等因素的影响，异位妊娠的发病几率逐年增高。异位妊娠是临床妇科常见性疾病，且是导致流产和大出血的主要因素，若患者得不到及时救治，可危及患者生命<sup>[1]</sup>。另外，异位妊娠初期，无明显症状，常规的超声检查根本无法识别，耽误孕妇的最佳治疗时机。为提高其检测效果，本研究以 HCG 为突破口进行深入研究，探究妊娠期检测 HCG 的应用价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2018 年 12 月期间 45 例异位妊娠孕妇和 45 例正常孕妇的血液标本进行回顾分析，分为观察组和对照组（ $n=45$ ），两组血液标本均实施血 HCG 检测，并对检测后 5-7 周的 2 组孕妇血液标本血 HCG 的变化进行对比。

**结果** 对两组孕妇的第 5 周血液标本进行检测，检测结果无明显差异，不具备统计学意义（ $P<0.05$ ）。对两组孕妇血液标本进行第 6、7 周的血 HCG 检测，对照组的血 HCG 值显著低于观察组，结果出现明显差异，具备统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 与异位妊娠孕妇比较，观察组从第 5 周后，HCG 明显成倍数增长，且提示异位妊娠胚胎未着床子宫，无法得到充足的营养，发育受到限制。妊娠期利用血 HCG 检测，能有效识别异位妊娠，发现异常及早采取措施，保证孕妇安全。

## PU-1481

### 关于体检人群 CA72-4 阳性率高的原因分析

肖含

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 胃癌作为第二大癌症，仅次于肺癌。经调查胃癌在日本和中国较为普遍，主要是饮食原因所致，胃癌发病的速度极快，因此通常的治疗只能减缓癌症的扩散速度，而不是治愈。故胃癌相关指标的筛查作为很多单位的单位员工体检必查项目。在 5 月份单位体检中共 141 例样本出现 25 例 CA72-4 阳性结果，经调查其中有 12 人左右存在不同程度的胃功能异常，2 人在前一天食用菌类。其中有 11 人无任何症状，胃功能正常。但是 CA72-4 仍是阳性。故本次主要探讨正常体检人群 CA72-4 阳性率高的原因分析。

**方法** 采用罗氏电化学发光检测法,在 5 月份单位体检中共抽取 141 例标本进行 CA72-4 的检测,统计 CA72-4 出现阳性的标本数量。对阳性样本进行进一步的原因分析。

**结果** 在 5 月份单位体检中共 141 例样本出现 25 例 CA72-4 阳性结果,经调查其中有 12 人左右存在不同程度的胃功能异常,2 人在前一天食用菌类。其中有 11 人无任何症状,胃功能正常。

**结论** 1.血清 CA72-4 升高除胃癌外还可见于胰腺炎、肝硬化、肺病、风湿病、妇科病、卵巢良性疾病、卵巢囊肿、乳腺病等;

2.药物导致 CA72-4 出现假阳性,例如非甾体抗炎药、糖皮质激素等;

3.菌类导致 CA72-4 假性升高;

4.经过调查,与部分专家沟通,因 CA72-4 是根据欧美人群建立的参考区间,参考区间选取的人群不同,存在一定的差异。故认为也存在参考区间不适用导致的中国正常人群出现 CA72-4 阳性结果。

## PU-1482

### 女性 Muller 管恶性肿瘤一例

杨丽华,郑善奎

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 本文通过介绍一例 Muller 管肿瘤病例发现过程,说明染色在胸腹水常规检查中的重要性,特别是胸腹水图文报告对于临床诊断的重要性。

**方法** 本病例对腹水常规进行染色,发现腹水中有大量恶性转移癌细胞,报告给临床并建议胸腹水送病理并建议请肿瘤科专家会诊,从而明确诊断。

**结果** 经过病理诊断,该病人是一例恶性腹水转移腺癌。进一步确诊为来源于女性 Muller 管恶性肿瘤。检验人员在确诊病情当中发挥了至关重要的作用。

**结论** 经过病理诊断,该病人是一例恶性腹水转移腺癌。进一步确诊为来源于女性 Muller 管恶性肿瘤。检验人员在确诊病情当中发挥了至关重要的作用。

## PU-1483

### UF1000i、AX4030 联合显微镜检测尿液红细胞 结果的分析

杨丽华,王刚强,郑善奎

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 分析尿液流式分析仪 UF1000i、尿液干化学分析仪 AX4030 和显微镜三种方法在检测尿液红细胞中的检出率,探讨这三种方法一致性和差别。

**方法** 通过回顾性研究,对本院 2017 年 11、12 月两个月 61 天的标本结果进行分析,比较三种方法红细胞检出率的一致性。

**结果** 门诊尿液标本大多数来自泌尿外科、肾脏内科、临床免疫科、方便门诊。11 月份镜检率是 10.23%,12 月份镜检率是 16.08%。对于红细胞的检出,沉渣检测仪的阳性率高于干化学方法,干化学方法高于镜检检查法。UF1000i 和显微镜镜检检查两种方法检测红细胞的差异有显著性。AX4030 和 UF1000i 两种方法检测红细胞的差异有显著性。UF1000i 和 AX4030 两种方法检测红细胞的结果的差异有显著性

**结论** UF1000i、AX4030 和显微镜在尿液红细胞的检出率方面存在差异,在实验室工作中,我们应该联合三种方法一起,提高检出率,减少假阳性,提高工作效率。

## PU-1484

## 血清淀粉样蛋白 A 测定试剂盒（散射比浊法） 性能验证及评价

赵晓君,朱宇清,陈子齐,朱岭峰,陆银华,曹丹如,方慧玲,王梓蒙  
上海市临床检验中心

**目的** 对血清淀粉样蛋白 A(SAA)测定试剂盒（散射比浊法）的性能进行验证及评价。

**方法** 参考美国临床和实验室标准协会相关文件、《医学实验室质量和能力认可准则在临床化学检验领域的应用说明》、中华人民共和国卫生行业标准等对医学实验室检测系统性能评价的相关要求，对 SAA 测定试剂盒（散射比浊法）的性能进行验证，包括精密度、正确度、线性范围、以及生物参考区间等。

**结果** 精密度验证：应用 Aristo 特定蛋白分析仪进行检测，SAA 低值和高值质控品批内精密度 CV% 分别为 3.35%、1.91%，日间精密度 CV% 分别为 2.54%、3.52%，应用 Astep PLUS 检测，批内精密度 CV% 分别为 2.23%、2.12%，日间精密度 CV% 分别为 3.10%、4.09%，结果的变异系数均在试剂厂家声明的范围内；正确度验证：将 Aristo 特定蛋白分析仪 SAA 检测结果与西门子 SAA 结果进行比对，进行相关回归分析，相关系数  $r^2=0.992$ ，预期相对偏倚 11.79%，配对 t 检验分析两者之间无统计学差异，Astep PLUS 结果与西门子 SAA 结果相关回归分析， $r^2=0.997$ ，预期相对偏倚为 5.5%，结果无统计学差异，用 Aristo 对相同来源的血清样本和全血样本 SAA 结果比对，无统计学差异，结果进行相关回归分析  $r^2=0.997$ ，预期相对偏倚为 7.51%，用 Astep PLUS 进行检测，无统计学差异，相关回归分析  $r^2=0.998$ ，预期相对偏倚为 2.06%。线性范围验证：用 Aristo 检测，血清样本 SAA 检测预期值与实测值偏倚分别为 -16.6%、-2.12%、3.13%、2.67%、4.06% 以及 8.20%，线性回归方程  $y=1.069x-5.967$ ， $r^2=0.995$ ，用 Astep PLUS 检测，偏倚分别为 -13.75%、0.51%、3.45%、0.70%、-4.31% 以及 -5.23%，线性回归方程  $y=1.053x-4.731$ ， $r^2=0.998$ ，偏倚均小于 20%， $r^2>0.95$ ；生物参考区间验证：两台特定蛋白分析仪 SAA 检测结果均只有 1 例超过参考区间，符合  $\leq 2$  例超出参考区间的规定。

**结论** 血清淀粉样蛋白 A(SAA)测定试剂盒（散射比浊法）性能良好，各项特征均与厂家声明相符，可适用于本实验室临床常规检测。

## PU-1485

## 神经性皮炎患者血清部分免疫学和生化指标水平 与季节性相关性研究

佟如  
山西医科大学第二医院（山西红十字医院），030000

**目的** 对比分析不同季节神经性皮炎患者血清免疫和生化功能指标的差异，为临床治疗提供指导。

**方法** 收集 2015 年 1 月-2018 年 2 月就诊的 100 例神经性皮炎患者，其中秋冬季节患者 50 例（A 组），年龄在 25-67 岁间，平均为  $(47.2\pm 2.9)$  岁，病程在 1-6 年间，平均为  $(4.0\pm 0.7)$  年；春夏季节患者 50 例（B 组），年龄在 22-64 岁间，平均为  $(46.6\pm 3.4)$  岁，病程在 4 个月-8 年间，平均为  $(4.2\pm 1.1)$  年，分别测定两组患者血清部分免疫指标 IgA、IgG、IgM，抗氧化指标 SOD 及生化指标 ALT、AST、COR 的差异。

**结果** A 组和 B 组患者血清中的 IgA、IgM、IgG 的浓度值分别为  $1.01\pm 0.04$ ， $1.09\pm 0.28$ ， $7.36\pm 0.05$ ，和  $1.13\pm 0.35$ ， $1.42\pm 0.36$ ， $7.80\pm 0.11$  (g/L)，A 组和 B 组血清中的 IgA、IgG、IgM 的浓度差异具有统计学意义 ( $t=4.817$ ， $10.233$ ， $51.498$ ，均  $P<0.05$ )；A 组和 B 组患者血清中的 AST、ALT 的浓度值分别为  $63.25\pm 11.85$ ， $133.74\pm 13.28$  和  $53.60\pm 12.07$ ， $92.64\pm 11.35$  (U/L)，A 组和 B 组

血清中的 AST、ALT 的浓度差异具有统计学意义 ( $t=8.068$ ,  $33.272$ , 均  $P<0.05$ ) ; A 组和 B 组患者血清中的 COR、SOD 浓度值分别为  $32.04\pm 3.37$ ,  $167.10\pm 3.65$  (ng/ml) 和  $23.15\pm 0.66$ ,  $176.36\pm 5.92$  (U/L) , A 组和 B 组血清中的 COR、SOD 的浓度差异具有统计学意义 ( $t=36.611$ ,  $18.830$ , 均  $P<0.05$ ) 。

**结论** 秋冬季节空气温度较低, 经冷刺激后会降低神经性皮炎患者免疫功能和抗氧化能力, 因此寒冷季节神经性皮炎患者需有针对性的改善免疫功能, 促进治疗效果。

## PU-1486

### 脑脊液常规检验中的意外发现-新型隐球菌性 脑膜炎一例

杨丽华,杨若凡,杨麦贵  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 脑脊液常规是检验科普通的常规项目之一, 但是在脑脊液中发现霉菌却并不多见, 隐球菌性脑膜炎在临床就更少见了。

**方法** 本文是在脑脊液常规检查时在镜下看到了到霉菌, 经过瑞姬染色, 查阅资料后进一步墨汁染色阳性, 最后确诊是新型隐球菌性脑膜炎。

**结果** 看似普通的工作, 只要认真对待, 勤于思考, 勇于实践, 就会发现蛛丝马迹, 将简单无序的检验结果和临床症状有机结合起来, 就能让检验结果和数字变得有迹可循。如

**结论** 如果能够发出图文并茂的报告, 临床就能更直观的认识病情了。

## PU-1487

### The efficiency evaluation and endocytosis exploration of cationic liposome delivery systems optimized by different condensed agents

Weifeng Ding, Shaoqing Ju, Jian Shi  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** DNA condensed agents can improve the transfection efficiency of the cationic liposome delivery system. However, various condensed agents have distinct transfection efficiency and cellular cytotoxicity. The object of this study was to screen the optimal agents with the high transfection efficiency and low cytotoxicity from four polymer compressive materials, polyethylenimine (PEI), chitosan, poly-L-lysine (PLL), and spermidine.

**Methods** DNA was pre-compressed with these four agents and then combined to cationic liposomes. Subsequently, the entrapment and transfection efficiency of the obtained complexes were investigated. Finally, the particle sizes, cytotoxicity, and endocytosis fashion of these copolymers (Lipo-PEI, Lipo-chitosan, Lipo-PLL, and Lipo-spermidine) were examined.

**Results** It was found that these four copolymers had significantly lower cytotoxicity and higher transfection efficiency (51.0%, 41.9%, 22.4%, and 57.6%, respectively) than those in the control groups. The transfection efficiency of Lipo-PEI and Lipo-spermidine copolymers were better than the other two copolymers. In 293T cells, nystatin significantly inhibited the transfection efficiency of Lipo-PEI-DNA and Lipo-spermidine-DNA (46.33% and 32.68%, respectively), which suggest that the endocytosis pathway of Lipo-spermidine and Lipo-PEI copolymers was probably caveolin-dependent.

**Conclusions** Our study indicated that these dual-degradable copolymers especially liposome-spermidine copolymer could be used as the potential biocompatible gene delivery carriers.

PU-1488

## 异常凝血酶原（PIVKA）与甲胎蛋白(AFP)联合应用诊断原发性肝癌的价值

李姗姗

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 我国目前肝癌防治形势严峻，三分之二的肝癌发现时为中晚期，1 年生存率仅 30-40%，提高对早期肝癌的筛查和诊断率尤为重要。肝脏恶性肿瘤可分为原发性和继发性两大类。原发性肝脏恶性肿瘤，又称原发性肝癌，起源于肝脏的上皮或间叶组织，是我国高发的，危害极大的恶性肿瘤；后者称为肉瘤，与原发性肝癌相比较较为少见。故探讨异常凝血酶原（PIVKA）与甲胎蛋白(AFP)联合应用诊断原发性肝癌的价值。

**方法** 采用雅培化学发光微粒子免疫检测法，分别对 30 例原发性肝癌患者、30 例良性肝病疾病患者和 50 例健康进行血清 AFP 和 PIVKA 测定。

**结果** 除原发性肝癌（HCC）之外肝病患者血清 PIVKA-II 水平轻度升高，但 HCC 患者血清 PIVKA-II 水平却显著升高；HCC 患者血清中 PIVKA-II 阳性率为 55%，与 AFP 无相关性，二者对诊断 HCC 具有互补性，联合二者用于辅助诊断 HCC，灵敏度可提高至 71%；2、PIVKA-II 血清半衰期约 40-72 小时，比 AFP 短 3-5 天，能更及时反映 HCC 的疗效；

**结论** PIVKA 与 AFP 联合检测明显提高了对早期原发性肝癌诊断的敏感性,为临床提供了重要的诊断依据。

PU-1489

## Genetic testing and genotype-phenotype correlation analysis of 152 patients with thoracic aortic aneurysm and dissection in northwestern China

Liu Yang, Jinjie Li, Yanjun Diao, Yijuan Xin, Xiaoke Hao  
Department of Laboratory Medicine, Xijing Hospital

**Objective** Thoracic aortic aneurysm and dissection (TAAD) is a life-threatening pathology and remains challenging worldwide. Up to 40% of TAAD cases are hereditary with complex heterogeneous genetic backgrounds. The purposes of this study are to determine the diagnostic rate of patients with TAAD, investigate the molecular pathological spectrum of TAAD by next-generation sequencing (NGS), and explore the future preclinical prospects of genetic diagnosis in TAAD high-risk groups

**Methods** In our study, NGS was used to screen 15 known causative genes of TAAD in 152 patients from northwestern China. The gene panel we used contains 15 genes known to be associated with Marfan syndrome and its related aortic diseases. Missense mutations were analyzed for pathogenicity according to the ACMG guidelines. If findings showed a pathogenic genetic variant, first degree relatives began a cascade screening process to screen for the same variant that had been found in the index case.

**Results** In our study, NGS was used to screen 15 known causative genes of TAAD in 152 patients from northwestern China. Overall, 109 variants were detected in 85 patients, among which 53 (34.86%) patients were identified with pathogenic/likely pathogenic variants and 27 (17.76%) patients were carrying variants of uncertain significance (VUS). The incidence of missense mutations was the highest, followed by frameshift mutations. In this study, 33 patients had a family history (21.71%), and the positive rate of genetic testing was higher (81.82%, 27/33) in TAAD patients with a family history than in patients without a family history.



**Conclusions** In the diagnosis of TAAD, NGS can be more time-efficient and cost-effective in identifying pathogenic variants. We found 109 variants in 152 patients, 65 of which were novel variants that we first discovered, which broadened the spectrum of genetic backgrounds for thoracic aneurysms and dissections. Additionally, our study also found genotype/phenotype correlations and that there are other modifiers to the disease phenotype, which requires confirmation in larger cohorts of patients with TAAD.

## PU-1490

### MICA alleles are associated with colorectal cancer especially for MSI and KRAS mutation subtypes

Weifeng Ding<sup>1</sup>, Shaoqing Ju<sup>1</sup>, Xiaodong Zhou<sup>2</sup>

1. Affiliated Hospital of Nantong University

2. University of Texas-McGovern Medical School, Houston, TX, USA

**Objective** The human major histocompatibility complex class I chain-related gene A (MICA) regulates tumor immunosurveillance and eliminates the tumor cells through activation of its receptor, NKG2D. As a highly polymorphic gene, its genetic association with colorectal cancer (CRC) has not been explored. In this study, we will analyze MICA polymorphism in CRC to find the potential immune-therapeutic target of CRC.

**Methods** We examined MICA alleles in 104 CRC patients and 536 healthy controls for genetic association studies, and analyzed sequence data for potential somatic mutation of MICA gene at coding exon 2-5 in 89 CRC tumor tissues by comparing to their paracancerous tissues. Specific MICA single nuclear polymorphisms and alleles were analyzed for association with CRC susceptibility, clinical outcomes and selected CRC-associated microsatellite instability, -driver gene mutation, -immune checkpoint PD-L1 and -diagnosis biomarker CA19-9, CEA and CYFRA21-1.

**Results** Our study found that no somatic mutation of MICA gene occurred in CRC tumor tissues compared to the paracancerous tissues. The results of disease association showed that MICA \*009:01 or \*049 allele was protective to CRC ( $p=0.0049$ ,  $OR=0.35$ ). In addition, different clinical presentations also were associated with specific MICA alleles. In particular, MICA \*045 allele was dramatically increased in the ulcerated CRC ( $p=0.0028$ ); MICA \*027 was associated with the later stage (III/IV stage) of UICC (Union for International Cancer Control), ( $p=0.044$ ); MICA \*012:01 allele was significantly increased in the CRC patients carrying KRAS codon 12 mutation ( $p=0.027$ ,  $OR=3.33$ ), and together with MICA \*A4, dramatically increased in the CRC patients with MSI (microsatellite instability) ( $p=0.0026/OR=7.59$  and  $p=0.011/OR=4.93$ , respectively); \*A5.1 of MICA gene was decreased in medium or low differentiation state of CRC ( $p=0.019$ ).

**Conclusions** MICA alleles are important genetic factors for CRC, especially for MSI and KRAS mutation subtypes of CRC.

## PU-1491

## FTS 对糖尿病病情控制监测价值的研究

杨麦贵<sup>1</sup>, 杨铮<sup>2,6</sup>, 杨阳<sup>3</sup>, 岳波<sup>4</sup>, 刘冬阳<sup>5</sup>, 徐焰<sup>1</sup>, 刘家云<sup>1</sup>, 马恒<sup>2</sup>, 韩岩<sup>6</sup>, 马越云<sup>1</sup>

1.空军军医大学西京医院,710000

2.基础医学院生理与病理生理学教研室

3.北京陆军解放军第 252 医院

4.西京医院耳鼻咽喉头颈外科

5.成都军区总医院儿科

6.中国人民解放军总医院整形修复科

**目的** 探讨血清果糖胺(FTS)对糖尿病病情控制监测作用的价值研究。

**方法** 按 WHO 制定的糖尿病 (DM) 诊断标准确诊 80 例, 其中 I 型糖尿病 (I DDM) 30 例, II 型糖尿病 (NIDDM) 50 例, 采用日立 7180 全自动生化分析仪及配套试剂分别检测受试者和健康正常对照者空腹血清血糖(FBG)、糖化血红蛋白 (HbA1c), 722 分光光度 NBT 改良比色法测定 FTS。

**结果** I DDM FBG 为 (8.86±0.5) mmol/L、HbA1c (8.52±0.6) %、FTS 为 (7.92±2.6) mmol/L, NIDDM FBG 为 (8.47±0.4) mmol/L、HbA1c (7.22±0.3) %、FTS 为 (6.21±2.9) mmol/L 两组均明显高于对照组 FBG (4.86±0.5) mmol/L、HbA1c (4.35±0.4) %、FTS 为 (2.46±0.3) mmol/L, (p<0.05)。

**结论** 糖尿病病情控制监测方法的选择对糖尿病的治疗、发展、合并症的预防等都具有非常重要的价值, 实验证明 FTS 优于目前用的 HbA1c 法, 它简便快速、准确不需特殊设备, 日内变化小, 不受饮食、运动、药物等影响, 方便于患者, 易于广泛开展普及。

## PU-1492

太原市健康成人血细胞分析各项指标参考范围  
调查与分析

郭书云

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 调查太原市健康成人血细胞分析报告指标的参考范围, 探讨各指标男女性别之间的差异是否具有统计学意义, 并分析本研究结果与卫生部行业标准 WS/T 405-2012 血细胞分析参考区间 (简称 WS/T 405-2012) 的符合性。

**方法** 使用 SPSS22.0 统计学软件对 2017 年在我院体检的 11563 例健康体检人群血细胞分析的 19 项报告参数进行统计学分析, 并与行标参考区间比较分析。

**结果** 19 项报告参数中只有 Lym 绝对值在男女两组差异不具有统计学意义 (P>0.05); 其他 18 项报告参数指标男女两组差异均有统计学意义。

**结论** 太原地区应该有选择性的引用行标的参考值范围, 并根据需要建立适用于该地区或本实验室的参考区间。

## PU-1493

## The Malignant Behavior of Hepatocarcinoma cells Promoted by Hepatitis B virus X protein by Activating NF- $\kappa$ B to Promote p65 into the Nuclear Upregulated Calmodulin Small Subunit

shukai sun, Peng Zhao, Qingwu Tian, Jing Li, Yue Zhai  
The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** To study the mechanism of hepatocarcinoma cell migration promoted by Hepatitis B virus X protein by activating NF- $\kappa$ B to promote p65 into the nuclear-upregulated calpain small subunit (Capn4).

**Methods** The expression change of Capn4 in HBx HepG2-X was detected using real-time PCR and Western blot; The expression of HBx in a HepG2-X cell line was silenced by siRNA and the change of Capn4 in pSilencer-HBx was detected using real-time PCR and Western blot; The construction of HepG2-X (Capn4 siRNA) cell line by siRNA technique, HepG2, HepG2-P, HepG2-X, HepG2-X (Control siRNA), HepG2-X (HBx siRNA) and HepG2-X (Capn4 siRNA) migration distance of each cell line were compared using a monolayer cell repair test; Immunofluorescence staining was used to observe the effect of the HepG2-X cell line HBx on NF- $\kappa$ B active subunit p65; The effect of HepG2-X (p65 siRNA) constructed using a siRNA technique on expression of Capn4 in HepG2-X cell was analyzed by Western blot; Western blots were used to detect the effect of NF- $\kappa$ B p65 specific inhibitor PDTC on Capn4 expression in HepG2-X cells.

**Results** Compared with HepG2 and HepG2-P, Capn4 expression levels were significantly increased at both mRNA and protein levels in HepG2-X; pSilencer-HBx inhibited the gene transcription of Capn4 in a dose-dependent manner compared with the blank control group and pSilencer control group at mRNA and protein levels; The migration ability of HepG2-X cell line was significantly higher than that of HepG2 and HepG2-P cell lines and the migration ability of HepG2-X (HBx siRNA) and HepG2-X (Capn4 siRNA) cell lines was significantly lower than that of HepG2-X cell line at 48h after scratching. The NF- $\kappa$ B active subunit p65 was mostly concentrated in the cytoplasm in the HepG2 and HepG2-P cell lines, while p65 was concentrated in the nucleus mostly in the HepG2-X cell line, and the nuclear and cytosolic phosphorylation of p65 was significantly increased; NF- $\kappa$ B p65 specific siRNA p65 inhibited Capn4 expression in HepG2-X cells in a dose-dependent manner; NF- $\kappa$ B p65 specific inhibitor PDTC inhibited Capn4 expression in HepG2-X cells in a dose-dependent manner.

**Conclusions** Hepatitis B virus X protein promotes the migration of hepatoma cells by activating NF- $\kappa$ B to promote p65 into the nuclear-upregulated calmodulin small subunit.

## PU-1494

## 活体细胞检测在缺血性心脑血管疾病中的应用价值

杨麦贵<sup>1</sup>, 杨铮<sup>2,6</sup>, 杨阳<sup>3</sup>, 岳波<sup>4</sup>, 刘冬阳<sup>5</sup>, 刘家云<sup>1</sup>, 马恒<sup>2</sup>, 韩岩<sup>6</sup>, 马越云<sup>1</sup>

1. 空军军医大学西京医院, 710000

2. 基础医学院生理与病理生理学教研室

3. 北京陆军解放军第 252 医院

4. 西京医院耳鼻咽喉头颈外科

5. 成都军区总医院儿科

6. 中国人民解放军总医院整形修复科

**目的** 观察探讨 598 例缺血性心脑血管病患者及 100 例健康体检者血液红细胞 (RBC) 形态、血小板聚集性及纤维丝的状态。

**方法** 应用 BX53 相差显微镜系统观察检测患者及健康者血液中 RBC 形态及血小板聚集等的变化。

**结果** 598 例缺血性心脑血管病患者 RBC 形态、血小板聚集性及纤维丝结果 ( $9.3 \pm 4.6$ ) %、( $62.2 \pm 22.6$ ) %及 ( $\pm \sim +$ ) 数值均显著高于正常对照组 ( $1.1 \pm 0.6$ ) %、( $26.5 \pm 7.8$ ) %及 (-), ( $P < 0.01$ )。

**结论** BX53 相差显微镜系统对诊断缺血性心脑血管病具有直观、真实、干扰因素少、用血量少所得信息多等优点, 是种较新而适用的检测手段。

## PU-1495

### 烧伤科患者感染金黄色葡萄球菌的预后影响因素分析

杨璐, 李璐

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 探讨昆明医科大学第二附属医院烧伤科患者感染金黄色葡萄球菌不同部位的分布及耐药率对比, 为临床治疗金黄色葡萄球菌感染提供科学依据。

**方法** 本研究回顾性分析昆明医科大学第二附属医院 2014 年 6 月 1 日至 2018 年 6 月 1 日检出的 356 例感染金黄色葡萄球菌感染的烧伤患者的临床资料, 根据患者感染部位的来源不同, 调查患者临床信息, 分析烧伤科患者感染金黄色葡萄球菌的预后影响因素。

**结果** 影响我院的预后影响因素有: 烧伤总面积越大、III 度以上烧伤面积越大、发生过 MODS 的烧伤科患者感染金黄色葡萄球菌时预后越差。

**结论** 可从影响我院烧伤科患者感染金黄色葡萄球菌的预后相关因素来预估患者的病情变化。

## PU-1496

### 177 例 ICU 患者耐碳青霉烯类肠杆菌科易感因素及预后影响因素分析

杨璐, 李思琪

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 分析昆明医科大学第二附属医院重症医学科耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 感染患者的易感因素及预后相关影响因素, 为 CRE 的防治及感染患者预后判断提供依据。

**方法** 采用回顾性方法选取昆明医科大学第二附属医院 2014 年 7 月 1 日至 2018 年 7 月 1 日重症医学科感染耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 患者, 并选取同时期碳青霉烯类敏感肠杆菌科细菌 (CSE) 感染患者及非发酵菌细菌感染患者各 177 例作为对照组, 收集包括年龄、性别、菌株来源、是否合并其他微生物感染、抗生素使用情况等资料, 分析患者的 CRE 易感因素, 通过比较生存及死亡患者资料, 分析影响 CRE 感染患者预后的危险因素。

**结果** 研究共纳入 CRE 感染患者 177 例, 132 例存活, 45 例死亡, 死亡率 25%; CRE 对碳青霉烯类抗生素的耐药率均在 90% 以上, 对大多数临床常用抗菌药物呈高度耐药; CRE 的易感因素包括高龄 ( $\geq 60$  岁)、菌株检出时机 (入住 ICU 后检出)、菌株来源 (来源于呼吸道)、菌株检出时入院天数 (入院天数 10-29 天)、联合使用抗生素; Logistic 回归分析结果显示, 年龄  $\geq 60$  岁、既往高血压病史是重症医学科 CRE 感染患者预后的独立影响因素。

**结论** 高龄、入住 ICU、呼吸道感染、长时期住院、联合使用抗生素是 CRE 的易感因素, 年龄  $\geq 60$  岁、既往高血压病史是医院感染患者死亡的独立影响因素。

## PU-1497

## 尿液本-周蛋白两种初筛方法的比较研究

杨麦贵<sup>1</sup>,杨铮<sup>2,6</sup>,杨阳<sup>3</sup>,岳波<sup>4</sup>,刘冬阳<sup>5</sup>,韩岩<sup>6</sup>,杨丽华<sup>1</sup>,秦庆<sup>1</sup>,马越云<sup>1</sup>,马恒<sup>2</sup>,郝晓柯<sup>1</sup>

1.空军军医大学西京医院,710000

2.基础医学院生理病理学教研室

3.北京陆军解放军第252医院

4.西京医院耳鼻咽喉头颈外科

5.成都军区总医院儿科

6.中国人民解放军总医院整形修复科

**目的** 探讨评价热沉淀-溶解改良法与对-甲苯磺酸(TSA)法在尿本-周蛋白(BJP)检测中的价值比较。

**方法** 选自该医院门诊、住院患者尿样,采用免疫固定电泳法和临床确诊多发性骨髓瘤(MM)尿BJP阳性患者150例,同时先用加热醋酸法进行尿蛋白定性,在分别用热沉淀-溶解改良法和TSA法检测尿BJP对结果进行比较分析。

**结果** 150例确诊的MM尿液BJP阳性者,热沉淀-溶解改良法检出尿BJP阳性103例,阳性率为68.7%,TSA法检出尿BJP阳性104例,阳性率为69.3%,经统计学比较分析两种方法结果没有明显差异( $p>0.05$ )。

**结论** 热沉淀-溶解改良法不需试剂和强酸的影响,略优于TSA法,作为初筛实验仍为有效,简便快速的检测方法,特别适合于基层医疗单位广泛开展普及。

## PU-1498

左、右半结肠癌患者的红细胞参数水平比较  
及预测价值研究

杨滇宇,李冬,孙祖俊

同济大学附属同济医院,200000

**目的** 近年来研究显示,左、右半结肠癌具有不同的染色体变异及表观遗传改变,其肿瘤生物学行为特性表现不同。同时,左、右半结肠癌在临床表现上也存在明显差别。本研究旨在探讨红细胞参数在左、右半结肠癌患者中的表达及预测价值。

**方法** 采用病例回顾性分析方法,选择同济大学附属同济医院2014年7月至2018年3月经病理组织学确认为结肠癌患者68例,收集病人的病史资料和术前全血红细胞参数数据。各指标经K-S检验正态性,正态分布参数以 $\bar{x}\pm s$ 表示,差异比较用t检验,偏态分布参数以median(min~max)表示,差异比较用Mann-Whitney U检验,ROC曲线分析评价诊断效能。

**结果** 右半结肠癌组患者的HB水平( $104\pm 24\text{g/L}$ )显著低于左半结肠癌组( $121\pm 20\text{g/L}$ ),差异有统计学意义( $P<0.01$ )。右半结肠癌组患者的RBC水平( $3.81\pm 0.58\times 10^{12}/\text{L}$ )显著低于左半结肠癌组( $4.26\pm 0.56\times 10^{12}/\text{L}$ ),差异有统计学意义( $P<0.01$ )。右半结肠癌组患者的HCT水平( $32.6\pm 6.1\%$ )显著低于左半结肠癌组( $37.3\pm 5.2\%$ ),差异有统计学意义( $P<0.01$ )。右半结肠癌组患者的RDW水平( $13.4(11.9\sim 21.7)\%$ )显著高于左半结肠癌组( $13.0(11.7\sim 19.5)\%$ ),差异有统计学意义( $P<0.05$ )。多因素logistic回归分析显示,HCT是鉴别左、右半结肠癌的独立预测因子( $P<0.01$ )。受试者工作特征曲线(ROC)分析表明,HCT鉴别左、右半结肠癌的曲线下面积(AUC)为0.714(95%CI=0.591~0.838),当阈值为最佳界值38.1%时,其鉴别的敏感度和特异度分别为53.5%和84.0%。

**结论** 左、右半结肠癌患者中的红细胞参数存在差异,右半结肠癌有更严重的贫血倾向;HCT作为独立的预测因子,对右半结肠癌的术前鉴别和预后评估有一定的临床价值。

PU-1499

## 337 例烧伤患者感染铜绿假单胞菌预后相关危险因素分析

杨璐,杨晗  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 对昆明医科大学第二附属医院烧伤患者感染铜绿假单胞菌预后的相关危险因素进行分析。

**方法** 采用回顾性分析选取昆明医科大学第二附属医院 2014 年 6 月 1 日—2018 年 6 月 1 日感染铜绿假单胞菌烧伤患者的一般资料,分析可能对感染铜绿假单胞菌的烧伤患者预后造成影响的因素,包括:年龄、性别、菌株来源、是否合并多种微生物混合感染、烧伤面积及烧伤程度;抗菌药物使用情况等。比较死亡患者和存活患者一般资料情况,分析影响感染铜绿假单胞菌烧伤患者预后的危险因素。

**结果** 研究期间共纳入感染铜绿假单胞菌的烧伤患者 337 例,317 例存活,20 例死亡,死亡率 5.93%; Logistic 回归方程结果显示:烧伤总面积、III 度烧伤面积、铜绿假单胞菌的检出部位、有无 MODS 是感染铜绿假单胞菌烧伤患者死亡的独立影响因素 ( $P<0.05$ )。且铜绿假单胞菌对氨苄西林、头孢唑林、头孢曲松耐药率高达 100%,对阿莫西林/克拉维酸、头孢噻肟、复方新诺明耐药率分别为 99.7%、99.7%和 99.4%,对头孢吡肟、亚胺培南、阿米卡星、环丙沙星、左旋氧氟沙星敏感性较好。

**结论** 烧伤总面积、III 度烧伤面积、铜绿假单胞菌的检出部位、合并 MODS 是感染铜绿假单胞菌烧伤患者死亡的独立影响因素。

PU-1500

## HIV/AIDS 合并巨细胞病毒感染患者的病毒学及免疫学特征分析

刘家法,董兴齐  
云南省传染病医院

**目的** 调查 HIV/AIDS 患者合并巨细胞病毒 (Human Cy-tomegalovirus, HCMV) 感染的发病率及不同样本检出率,分析外周血不同 T 淋巴细胞亚群与 HCMV 感染的相关性。

**方法** 采用 PCR-荧光法和流式细胞技术分别检测 HIV/AIDS 患者各类样本 (血、痰、粪、尿及脑脊液等) 的 HCMV-DNA 及血液中不同 T 淋巴细胞计数。

**结果** 665 例 HIV/AIDS 患者中,97 例 HCMV-DNA 检测结果大于 1000 copies/ml,检出率为 14.59%。结果显示,低  $CD4^+$  T 淋巴细胞是 HIV/AIDS 合并 HCMV 感染的危险因素 ( $OR=1.007>1$ ,  $95\%CI=1.003\sim1.011$ ,  $P<0.001$ )。 $CD4^+$  T 淋巴细胞  $\leq 150$  个/ $\mu l$  占混合感染的 86.6% (84/97),此时 HCMV 感染率为 20.05% (84/419),与  $CD4^+$  T 淋巴细胞  $>150$  个/ $\mu l$  时比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=27.115$ ,  $P<0.001$ )。合并 HCMV 感染后, HIV/AIDS 患者  $CD3^+$ 、 $CD4^+$  和  $CD8^+$  T 淋巴细胞与 HCMV-DNA 病毒载量呈负相关,其中  $CD8^+$  T 淋巴细胞下降趋势最明显。此外,不同样本 HCMV 阳性检出率差异有统计学意义 ( $t=39.434$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** HIV/AIDS 病人易合并 HCMV 感染,应密切关注艾滋病病人  $CD4^+$ 、 $CD8^+$  T 淋巴细胞计数及  $CD4^+/CD8^+$  比值变化,尽早确诊治疗可获得显著效果。

## PU-1501

## 正常新生儿脐带血血常规参数参考范围调查报告\*

雷明德  
重庆市东南医院

**目的** 建立区域内健康新生儿脐带血血常规参考范围。

**方法** 收集本院 1543 例健康新生儿脐带血，用日本 sysmex 公司生产 XT-1800i 和 XS500i 血常规分析仪进行脐带血血常规检测，正反定复核婴儿血型，对检测结果进行汇总分析。

**结果** 男性血常规 WBC、PLT、中性粒细胞参考范围低于女性，其中 WBC、RBC、Hb、中性粒细胞具有显著差异；剖宫产分娩方式血常规参考范围均低于顺产，其中各项指标均有显著差异；母婴血型相合的血常规 WBC、PLT、中性粒细胞参考范围低于母婴血型不合，其中 RBC、Hb、HCT 有统计学差异。

**结论** 健康新生儿血常规参考范围在男女性别上存在差异，在分娩方式上也存在差异，在母婴血型是否相合对血常规参考范围具有一定的参考价值，应建立区域内脐带血血常规参考范围。

## PU-1502

## 中国多中心光滑念珠菌复合体流行病学研究

侯欣<sup>1</sup>, 王贺<sup>1</sup>, 肖盟<sup>1</sup>, 徐英春<sup>1</sup>  
1. 中国医学科学院北京协和医院, 100000  
2. 中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 综合评估基因水平和蛋白水平技术对光滑念珠菌复合体菌种的鉴定能力并分析其抗真菌药物敏感性。

**方法** 本研究选取了 CHIF-NET 2010-2014 11 家监测中心收集的非重复光滑念珠菌 411 株及所有参与医院收集的 12 株尼瓦利亚念珠菌 (*Candida nivariensis*) 和 1 株布加拉念珠菌 (*Candida bracarensis*)。比较表型方法、基因测序和 MALDI-TOF MS 对光滑念珠菌复合体的鉴定能力，并测定菌株对 9 种抗真菌药物的 MIC。用 MLST 和微卫星检测方法，对 411 株光滑念珠菌进行分子分型；收集 CHIF-NET 2015 所有血流感染分离的光滑念珠菌 158 株，剖析 PDR1 和 MSH2 在临床菌株中的突变率并分析其与氟康唑敏感性、分子型别的关系。

**结果** 尼瓦利亚念珠菌和布加拉念珠菌属于罕见菌种，占总体分离念珠菌属 <0.2%，表型方法不能正确鉴定。Vitek MS IVD 和 Bruker Biotyper MS 无法将这两种菌准确鉴定至种水平；Vitek MS RUO，Bruker ClinProTools 软件和自建库能够提高 MALDI-TOF MS 对这两种菌的鉴定能力。

光滑念珠菌氟康唑耐药率为 16.5%，伏立康唑、伊曲康唑和泊沙康唑非野生型 (non-WT) 分别为 28.7%，6.8% 和 7.3%。2 株菌 (0.5%) 对棘白菌素耐药。5 年间，光滑念珠菌对氟康唑的耐药率增长了近 2 倍，伏立康唑 non-WT 增长了近 7 倍。尼瓦利亚念珠菌和布加拉念珠菌对 9 种抗真菌药物的 MIC 均较低。

MLST 将 411 株光滑念珠菌分为 35 个序列型 (ST)，包括 24 个新型别，以 ST7 (66.4%) 和 ST3 (9.5%) 为主。微卫星分析将 411 株菌分为 79 个基因型。氟康唑耐药株 PDR1 突变率显著高于剂量依赖性敏感株，PDR1 基因型与菌株型别无关。MSH2 基因型与菌株药物敏感性无明显相关性，但与 ST 和微卫星型别相关，所有 ST7 和 T18 型菌株均含有 V239L 突变，此外 1 株还存在 K583N 突变；所有 ST10 菌株都有 P208S/N890I 突变。

**结论** 本研究证实了尼瓦利亚念珠菌和布加拉念珠菌的准确鉴定依赖于分子生物学的方法。我国光滑念珠菌对氟康唑和伏立康唑的耐药率/non-WT 呈现明显的升高趋势。临床分离光滑念珠菌以 ST7 和 ST3 为主，微卫星分型的分辨率高于 MLST。PDR1 基因型与菌株氟康唑耐药有关，MSH2 基因型与分子型别有明显相关性。

## PU-1503

## 1 例横纹肌溶解综合征心肌酶检测的影响因素报道

孙静静,秦明,孙长虹,杜珺  
潍坊市坊子区人民医院,261000

**目的** 探讨该例横纹肌溶解综合征心肌酶检测的影响因素。

**方法** 查心肌酶谱示肌酸激酶 (CK) 38630.0U/L, 肌酸激酶同工酶 (CK-MB) 1840.0U/L, 肾功能示肌酐 (CREA) 112.0 $\mu$ mol/L, 尿素 (UREA) 4.09mmol/L。尿常规: 蛋白 4+, 潜血 3+, 胆红素 2+。血常规: RBC  $5.72 \times 10^{12}$ /L、HGB 177.40g/L。本例患者入院第一次采血时原始血清心肌酶 CK、CK-MB、LDH、HBDH 检测结果均超出各项目的线性范围, 且 CK-MB 结果明显高于 CK。依次做 2、4、6、8、10 倍稀释, 找出最佳稀释倍数, 从而报告一个相对较准确的结果给临床参考。

**结果** 该例患者无肾功损害, 治疗后心肌酶持续下降。

	CK (U/L)	CK-MB (U/L)	LDH (U/L)	$\alpha$ -HBDH (U/L)	UREA (mmol/L)	CREA ( $\mu$ mol/L)
4.10	38630.0	1840.0	2640.0	710.0	4.09	112.0
4.11	50320.0	1500.0	1510.0	450.0	3.46	105.0
4.12	11882.0	1888.0	1930.0	710.0	2.85	95.0
4.14	7825.0	1748.0	1028.0	477.0	3.39	85.0

**结论** 考虑该例横纹肌溶解综合征心肌酶结果的影响因素主要有两点: (1) 超出项目的线性范围, 主要为 CK、LDH、HBDH 三个项目。(2) 提供的抗体无法完全抑制亚基含量, 导致计算出错误的结果: CK-MB 检测原理为比色测定 CK-MB 活性的免疫抑制酶动力学法。在抗 CK-M 亚基的抗体存在的条件下, 样本中的全部 CK-MM 活性和 50% 的 CK-MB 活性被抑制, 而 CK-MB 和 CK-BB 中 B 亚基的活性不受影响。当血清中 CK-MB 的含量超出了抗 CK-M 亚基的抗体所能抑制的含量时, 剩余未被抑制的 CK-MB 与 CK-BB 之和乘以 2 倍得出了错误的 CK-MB 活性结果, 由此出现了 CK-MB 结果明显高于 CK 的情况, 因此需依次做 2、4、6、8、10 倍稀释, 找出最佳稀释倍数, 从而报告一个相对较准确的结果给临床参考。

## PU-1504

## 颅脑外伤患者细菌学耐药性分析

杨海燕  
中国人民解放军陆军第 72 集团军医院

**目的** 通过对颅脑外伤患者抗感染药物耐药进行回顾性分析, 提出合理使用抗感染药物的方法和对策。

**方法** 集 2016-2018 年期间颅脑外伤患者细菌学培养标本, 对 107 例细菌学培养阳性菌株开展抗感染药物耐药性统计分析。

**结果** 致病菌主要以革兰阴性菌检出率为主, 占 64.49% (69/107), 其中大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌和鲍曼不动杆菌位居前三位, 占比分别为 23.36% (25/107)、19.63% (21/107) 和 10.28% (11/107)。革兰阳性菌占比为 35.51% (38/107), 金黄色葡萄球菌、凝固酶阴性葡萄球菌和肺炎链球菌分别为 19.63% (21/107)、7.48% (8/107) 和 5.61% (6/107)。

**结论** 颅脑外伤细菌耐药性较为严重, 应根据实验室结果规范用药。



## PU-1505

## SOX9 promotes nasopharyngeal carcinoma cell proliferation, migration and invasion through BMP2 and mTOR signaling

bin xiao, Weiyun Zhang, Jingrun Lu, Weiwei Li, Chun Deng, Yongyin He, Ting Lei, Zhaozhui Sun, Linhai Li  
Guangzhou General Hospital of Guangzhou Military Command of PLA

**Objective** SRY-related high-mobility-group box 9 (SOX9) is a member of the SOX family of transcription factors. Accumulating evidence has shown that SOX9 plays a significant role in various malignancies. However, the role of SOX9 in nasopharyngeal carcinoma (NPC) remains unknown.

**Methods** SOX9 expression data was obtained from the Oncomine database(<https://www.oncomine.org/resource/login.html>). mRNA expression in NPC cell lines and the NP69 nasopharyngeal epithelial cell was measured by qPCR. The effects of over- and under-expression of SOX9 on cell capabilities to survive, migrate and invade were determined by colony formation, transwell migration and wound healing assay. To validate whether SOX9 could regulate the expression of BMP2, we downloaded the mRNA expression data of SOX9 and BMP2 from Oncomine, and analyzed the correlation with linear regression analysis. Then, we performed CHIP-sequencing (CHIP-seq) and a dual luciferase reporter gene assay respectively to investigate whether SOX9 modulated the expression of BMP2 through binding directly to its promoter. Finally, we performed western blots to evaluate the effect of SOX9 expression on the activation of mTOR pathway through BMP2.

**Results** Up-regulation of SOX9 was observed in both NPC tissues and different NPC cells. Overexpression of SOX9 promoted NPC cell proliferation, migration and invasion. Conversely, knock down of SOX9 inhibited NPC proliferation, colony formation, migration and invasion. Mechanistically, SOX9 bound directly to the promoter region of BMP2 and increased BMP2 expression. In addition, overexpression of SOX9 activated the mTOR pathway partly through BMP2.

**Conclusions** Collectively, these results identify a novel role for SOX9 as a potential therapeutic marker for the prevention and treatment of NPC.

## PU-1506

## Establish reference interval for thyroid hormones and evaluate the incidence of thyroid disorders in Beijing

Yutong Zou  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Given the high prevalence of thyroid disorders especially subclinical thyroid diseases, reliable and accurate diagnosis and evaluation are very important. In this study, we aimed to establish reference interval (RI) for thyroid hormones (THs) and furthermore, using the RIs to evaluate the prevalence of subclinical thyroid diseases in Beijing.

**Methods** During January 1, 2014 to December 31, 2018, a total of 25021 individuals with complete basic information, as well as thyroid ultrasound and biochemistry results were collected from Hospital Information System (HIS) and Laboratory Information System (LIS) of PUMCH. Individuals with positive TPO-Ab and TG-Ab or any thyroid disease were eliminated, and Tukey test was applied. Eventually, 24306 euthyroid individuals remained and were analyzed anonymously.

THs, TPO-Ab and TG-Ab were measured by ADVIA Centaur XP automatic chemiluminescence immunoassay analyzer (Siemens Healthineers, Erlangen, Germany) with the corresponding reagents, calibration materials and quality control materials. Height and weight were measured by well-trained nurses and doctors, and body mass index (BMI) was calculated as weight divided by height squared. Alanine transaminase (ALT), creatinine (Cr), triglycerides (TG), total cholesterol (TC) and glucose (Glu) were measured using Roche C8000 automatic biochemical analyzer with corresponding reagents, calibrators and quality control materials.

**Results** The RIs for TSH, FT4, FT3, TT4, TT3 were 0.72-4.31mIU/L, 12.35-20.02pmol/L, 3.90-5.94pmol/L, 66.41-131.40nmol/L, 1.20-2.16nmol/L, respectively, and there were significant differences between male and female (all  $p < 0.001$ ). According to the RIs calculated in this study, 7.2% of male and 10.4% of female in the five years were diagnosed with subclinical thyroid diseases, which were different from the incidences calculated by manufacturer.

**Conclusions** Sex-specific RIs were established for TSH, FT4, FT3, TT4 and TT3. The incidences of subclinical thyroid diseases calculated by our study were much higher than that from manufacturer ( $p < 0.05$ ) and deserved more attention.

## PU-1507

### 院内念珠菌血症患者临床特点及病原菌分析

罗莹, 张文, 国承杰  
淄博市中心医院, 255000

**目的** 探讨念珠菌血症患者的临床特点、病原种类、药敏试验及治疗预后。

**方法** 回顾性分析山东淄博市中心医院 2011 年 1 月至 2018 年 12 月期间住院念珠菌血症患者的临床资料, 描述其危险因素、临床特点、念珠菌种类分布、药敏情况及治疗转归。

**结果** 住院念珠菌血症患者主要来源于 ICU (35.9%), 多为老年患者 (>60 岁, 75.7%)。白念珠菌是最常见的分离菌株 (40.8%), 其次是热带念珠菌 (20.4%)、近平滑念珠菌 (20.4%)、光滑念珠菌 (10.7%) 和克柔念珠菌 (3.9%)。2011 年到 2018 年间, 白念珠菌的分离率呈现先增高后降低的趋势, 近年非白念菌株检出比例上升。念珠菌对唑类药物的耐药主要表现在热带念珠菌和光滑念珠菌, 白念珠菌和近平滑念珠菌对唑类的敏感性亦呈现下降趋势。念珠菌血症患者 30d 粗死亡率为 39.8%, 多因素回归分析显示高龄 ( $OR=1.091$ ,  $P=0.001$ ) 和糖尿病 ( $OR=9.709$ ,  $P=0.005$ ) 是独立危险因素, 针对性的抗真菌治疗 ( $OR=0.142$ ,  $P=0.008$ ) 可改善患者预后。

**结论** 对住院高危患者采取积极治疗基础疾病、减少侵入性操作等措施可减少念珠菌血症的发生, 及时针对性的应用抗真菌药物可改善患者预后。

## PU-1508

### 湖南省儿童医院结核病住院患儿的流行病学特征 及 T-SPOT.TB 结果分析

向仕婷  
湖南省儿童医院

**目的** 分析结核病住院患儿的临床流行病学特征及结核感染 T 细胞斑点试验(T-SPOT.TB)在不同儿童结核病类型中的临床应用价值, 为结核病的防治提供依据。

**方法** 回顾性收集湖南省儿童医院 2008 年 1 月 1 日~2017 年 12 月 30 日结核病住院患儿的性别、年龄、结核病分类、T-SPOT.TB 检测结果等临床资料, 利用卡方检验对年度间结核病住院患儿的一般情况进行比较, 将结核病住院患儿分为肺结核组和肺外结核组, 利用卡方检验比较不同年龄段

患儿肺外结核类型构成,同时对 2015~2017 年 T-SPOT.TB 检测肺结核和肺外结核的阳性率进行比较。

**结果** 2008~2017 年湖南省儿童医院共收治诊断为结核病的住院儿童 707 例,男孩 448 例(占 63.4%),女孩 259 例(占 36.6%);城市患儿 312 例(占 44.1%),农村患儿 395 例(占 55.9%);年龄范围 1~16 岁,1~岁组 169 例(占 23.9%),3~岁组 211 例(占 29.8%),6~岁组 259 例(占 36.6%),12~岁组 68 例(占 9.6%);肺结核 229 例(占 32.4%),肺外结核 478 例(占 67.6%)。2008~2017 年间结核病住院患儿性别、城乡、年龄分布差异无统计学意义( $P>0.05$ ),主要分布在 3~、6~岁儿童组。2008~2017 年间结核病住院患儿结核类型分布差异有统计学意义( $P<0.05$ ),肺外结核占比呈下降趋势。各年龄段患儿肺外结核类型构成差异有统计学意义( $P<0.05$ ),1~、3~、6~岁组肺外结核前三位分别为淋巴结结核、结核性脑膜炎、骨结核,12~岁组肺外结核前三位分布分别为淋巴结结核、肠结核、结核性脑膜炎。肺结核组 T-SPOT.TB 试验阳性率(82.26%)高于肺外结核组 T-SPOT.TB(52.86%),差异有统计学意义( $P<0.001$ )。

**结论** 2008~2017 年,湖南省儿童医院结核病住院患儿数量总体呈下降趋势,结核多见于 3~12 岁儿童。肺结核患儿 T-SPOT.TB 检测结果阳性率高于肺外结核患儿。

## PU-1509

### Establishing and verifying a very rapid inductively coupled plasma-mass spectrometry method for determination of iodine in amniotic fluid, breast milk and cerebrospinal fluid

Yutong Zou

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Given that both maternal iodine insufficiency and excess can cause adverse effects such as bad cognitive performance, delayed physical development and even higher mortality on fetal and children, the determination for maternal iodine is very important. Some studies have pointed out that amniotic fluid iodine concentration (AFIC) and breast milk iodine concentration (BMIC) maybe better reflect the amounts mothers can offer to their offspring than maternal urine iodine concentration (UIC). And the cerebrospinal fluid iodine concentration (CSFIC) may be also associated with the characteristics of the whole body. In this study, we established and evaluated a very rapid inductively coupled plasma-mass spectrometry (ICP-MS) method for determination of AFIC, BMIC and CSFIC.

**Methods** Nine pooled samples including amniotic fluid, breast milk and CSF of three different concentrations of residual samples were collected in Peking Union Medical College Hospital (PUMCH). The linearity, detection limit, precision, recovery, carryover and matrix effect for the ICP-MS method were thoroughly evaluated according to the evaluation protocol EP-10-A2 approved by Clinical & Laboratory Standards Institute guidelines (CLSI). Furthermore, we also evaluated the distribution of AFIC, BMIC and CSFIC in clinical patients from PUMCH.

**Results** The correlation coefficient (R) was higher than 0.99 (0.995-1.000). LOD was  $0.233\mu\text{g/L}$ , and LOQ was  $0.778\mu\text{g/L}$ . The average within-run coefficient variation (CV%) was 1.55%-1.79%, 1.86%-4.01%, 1.84%-4.00%, and the within-laboratory CV was 3.28%-9.22%, 7.23%-8.04%, 3.21%-7.83% for amniotic fluid, breast milk and CSF, respectively. The recovery rates were all between 97.691% and 109.799%. Moreover, the median iodine concentration for amniotic fluid, breast milk and CSF in clinical patients from PUMCH was  $176.3\mu\text{g/L}$ ,  $136.0\mu\text{g/L}$ ,  $81.8\mu\text{g/L}$ , respectively.

**Conclusions** A very rapid and accurate ICP-MS method was established in this study and deemed satisfying for determination of iodine in amniotic fluid, breast milk and CSF.

## PU-1510

## Prevalence and Characteristics of Genotyping Drug-Resistance among HIV-1 Patients Infected URFs Strains from 2016 to 2017 in Yunnan Province, China

刘家法,董兴齐  
云南省传染病医院

**目的** To investigate the prevalence and characteristics of drug resistance among HIV-1 unique recombinant forms (URFs) infected patients with virologic failure in Yunnan.

**方法** The plasma samples were collected from antiretroviral therapy (ART)-failure experienced individuals from 2016-2017 in Yunnan Province, China. HIV-1 genotyping drug resistance (DR) was implemented using in-house assay. HIV pol gene fragments were obtained using reverse transcription nested PCR, and then the amplification products were identified by agarose gel electrophoresis.

**结果** A total of 130 URFs pol sequences derived from 1121 samples were obtained. The proportion of HIV-1 URFs strains was 11.6% in the ART-failure individuals from 2016-2017 in Yunnan. The overall URFs drug-resistance ratio was 56.9%.

**结论** The prevalence of HIV-1 URFs drug resistance in the ART-failure patients of the Yunnan province likely keeps them in a relatively middle-endemic tendency. A total of 130 URFs pol sequences derived from 1121 samples were obtained. The proportion of HIV-1 URFs strains was 11.6% in the ART-failure individuals from 2016-2017 in Yunnan.

## PU-1511

## Molecular epidemiology and antimicrobial resistance of Clostridium difficile in Shandong Province, China

Ying Luo<sup>1</sup>, Wen Zhang<sup>1</sup>, Jin-Wei Cheng<sup>2</sup>, Meng Xiao<sup>2</sup>, Gui-Rong Sun<sup>3</sup>

1.Zibo Central Hospital

2.Peking Union Medical College Hospital

3.The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** The incidence and severity of Clostridium difficile infection (CDI) have markedly increased over the past decade. However, there is very limited epidemiological data on CDI in China so far, specifically no data in Shandong Province. The aim of this study was to evaluate diagnostic algorithm for CDI and to gain data on molecular epidemiology of CDI in the Shandong Province of China.

**Methods** Nonrepetitive unformed fecal specimens (n=504) were investigated by the glutamate dehydrogenase (GDH), C. difficile toxin A&B (CDAB) tests and toxigenic culture. Furthermore, 85 isolates were characterized by toxin gene detection, multilocus sequence typing, ribotyping and antimicrobial susceptibility testing.

**Results** The algorithm of combining GDH and CDAB tests could define diagnosis of 54.2% CDI cases and excluded 90% of nonCDI. Further adding the toxigenic culture to the algorithm enhanced the detection sensitivity to 100%. Toxigenic strains comprised 84.7% of isolates, including A+B+CDT- (71.8%, 61/85), A-B+CDT- (11.8%, 10/85) and A+B+CDT+ (1.2%, 1/85) isolates. RT046/ST35 (13.9%, 10/72), RT014/ST2 (12.5%, 9/72), and RT017/ST37 (12.5%, 9/72) were the more common genotypes among toxigenic C. difficile strains. The clinical severity score of A-B+CDT- toxin genes genotype (3.50±0.85) was significantly higher than the A+B+CDT- type (2.59±0.93) (P<0.05). RT046/ST35 isolates were highly prevalent and had high clinical severity scores (3.80±0.92). Variations in resistance from different sequence types (STs) were

observed. Toxigenic strains showed higher resistance rates to erythromycin, clindamycin and ciprofloxacin compared to nontoxigenic strains ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** The epidemiology of *C. difficile* in Shandong Province differed from other regions in China. Comprehensive optimized diagnosis strategy and continuous surveillance should be established and applied in order to curb the spread of toxigenic *C. difficile* strains, especially for hospitalized patients.

## PU-1512

### 云南省一株 CRF01\_AE/B/C 独特重组毒株近全长基因序列分析

刘家法,李健健  
云南省传染病医院

**目的** 调查云南省新发现的 1 个 HIV-1 独特型重组毒株的基因结构和重组特点。

**方法** 在云南省 2016 年 HIV 基因型耐药检测样本中,发现 1 例患者体内 HIV-1 毒株 pol 区存在重组片段,运用 RT-PCR 的方法分别扩增该病毒基因的 3'半分子和 5'半分子,扩增产物测序后获得该毒株近全长基因序列。使用 RIP、jpHMM 和 Simplot3.5 软件进行重组分析,同时采用 MEGA6.06 软件共同构建 Neighbor-joining 系统进化树对该毒株的同源关系进行分析。

**结果** 共获得长度为 8590bp 的 HIV-1 近全长基因序列,断点分析表明该序列由 CRF01\_AE、B 和 C 亚型片段组成,其中 CRF01\_AE 作为骨架,插入 B 和 C 亚型片段,对应 HIV HXB2 的位置分别是 791~1171 为 CRF01\_AE,1172~2652 为 C,2653~2977 为 B,2978~9380 为 CRF01\_AE。

**结论** 云南省近年来发现了部分由 CRF01\_AE、B 和 C 亚型交叉重组形成的新型毒株,而我们发现这个毒株重组类型和重组方式多样且复杂,说明 3 种亚型在云南省内流行重组频繁,对于 HIV-1 当前流行情况和变化趋势具有重要意义,应加强分子流行病学监测。

## PU-1513

### 细胞活性检测甲臞溶解剂的优选研究

杨麦贵<sup>1</sup>,杨铮<sup>2,6</sup>,杨阳<sup>3</sup>,岳波<sup>4</sup>,刘冬阳<sup>5</sup>,韩岩<sup>6</sup>,马恒<sup>2</sup>,郝晓柯<sup>1</sup>

1.空军军医大学西京医院,710000

2.基础医学院生理病理学教研室

3.北京陆军解放军第 252 医院

4.西京医院耳鼻咽喉头颈外科

5.成都军区总医院儿科

6.中国人民解放军总医院整形修复科

**目的** 探讨噻唑蓝 (MTT) 比色法甲臞溶解液在细胞检测中效果最佳者的比较选择。

**方法** 取制备好的 C<sup>57</sup> 小鼠脾细胞悬液,滴种于 96 孔培养板上,每种甲臞溶解液均设 3 个复孔。每孔加 PHA 100μl,同时设细胞自发转化孔对照,置 37℃ 5% CO<sub>2</sub> 培养箱 48h,培养结束前 4h,轻轻吸弃上清 100μl,加 MTT 10μl 于细胞中后继续培养,终止时的培养液,分别以常用的酸性异丙醇、二甲亚砜 (DMSO)、10%SDS-0.01mol/L HCL、12.5%SDS-45%DMF、20%SDS-50%DMF 五种溶解液作用于 PHA 刺激 C<sup>57</sup> 小鼠脾细胞观察其效果。

**结果** 选择优良的 MTT 比色法甲臞溶解剂,pH2.0 的 20%SDS-50%DMF 溶解细胞效果最佳,溶解力强,能将细胞内所形成的甲臞结晶颗粒完全溶解,不出现蛋白沉淀,不需除去上清和剧烈震荡,简化了操作程序,显色稳定,特别适于大样本检测,改进的 pH 值可完全避免酚红对结果的干扰。

**结论** pH2.0 的 20%SDS-50%DMF 是一种良好的甲臍溶解液, 具有溶解力强, 显色稳定, 操作简便快速等的优点, 可广泛推广应用。

## PU-1514

### XN-9000 血细胞检测流水线致白细胞形态变异的探讨

杨麦贵<sup>1</sup>, 杨铮<sup>2,1</sup>, 杨阳<sup>3</sup>, 岳波<sup>4</sup>, 刘冬阳<sup>5</sup>, 马越云<sup>1</sup>, 刘家云<sup>1</sup>, 程晓东<sup>1</sup>, 郑善奎<sup>1</sup>, 樊爱琳<sup>1</sup>, 胡恩亮<sup>1</sup>, 马恒<sup>2</sup>, 郝晓柯<sup>1</sup>

1. 空军军医大学西京医院, 710000

2. 基础医学院病理生理学教研室

3. 北京陆军解放军第 252 医院

4. 西京医院耳鼻咽喉头颈外科

5. 成都军区总医院儿科

**目的** 探讨 XN-9000 血细胞检测流水线系统致白细胞形态变异的机理。

**方法** 采用 XN-9000 血细胞检测流水线系统对选自西京医院门诊 238 例受试者, 其中经临床及骨髓穿刺细胞学确诊的淋巴细胞性白血病 26 例、粒细胞性白血病 17 例和单核细胞性白血病 15 例, 均用乙二胺四乙酸 (EDTA)-K<sub>2</sub>(2.0mg/ml) 专用管采血 2ml, 在 1h 内完成检测、仪器推片、瑞-姬染色、DI-60 全自动阅片机阅片及手工推片、瑞-姬染色, 两位经验丰富的主管检验师显微镜检查分类比较。

**结果** 238 例无异型淋巴细胞受试者 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血仪器自动推片分别自动染色和手工染色分类 II 型异型淋巴细胞 (8.60±2.40) % 明显高于手工推片手工染色和自动染色 (4.62±2.50) % 有明显差异 (P<0.01), 正常组、粒细胞性白血病和单核细胞性白血病患者组抗凝血, 经仪器自动推片及染色, 检出异型淋巴细胞均为 (3.43±0.47) % 与手工推片染色 (3.23±0.73) % 比较没有差异 (P>0.05), 淋巴细胞性白血病患者组淋巴细胞形态有明显的改变拟异型淋巴细胞的仪器推片为 (85.20±5.60) % 与手工推片 (3.50±0.90) % 有明显差异 (P<0.01), 淋巴细胞体积增大, 外形不规则, 着色不均, 边缘蓝色较深, 胞核不规则, 细致膨胀, 淡紫红色, 主要拟为假性 II 型 (不规则型/单核细胞型) 异型淋巴细胞, 见图 5, 其它白血病患者组白细胞形态均有变异失去圆形或椭圆形仪器推片均为 (72.05±5.40) % 与手工推片 (3.30±0.78) % 有明显差异 (P<0.01) (均为同一管血)。

**结论** XN-9000 血细胞检测流水线系统对 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血活化膨胀的白细胞无法调整推片力度加之白血病患者血液细胞密度高阻力大而致细胞形态改变, 使淋巴细胞拟为 II 型异型淋巴细胞, 影响临床对疾病的诊断, 手工推片可据血液细胞活化膨胀及细胞密度情况随意调整角度、速度及力度, 所以细胞形态不易改变, 确切机制还有待进一步研究。当拟 II 型异型淋巴细胞较多时, 必须手工推片、染色及显微镜检查确证后方可发报告。

## PU-1515

### 9 株奴卡菌的细菌学鉴定及病例分析

杨佩红, 徐修礼, 周柯, 康蓓佩

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 了解奴卡菌的细菌学鉴定方法, 回顾分析奴卡菌感染病例, 提高实验室对奴卡菌的鉴定能力及对奴卡菌病的认识。

**方法** 收集 2016 年~2018 年本院分离的非重复患者的 9 株奴卡菌, 观察其不同生长时期菌落形态的差异, 分别用 VITEK MS 质谱鉴定仪、基因测序分析对其鉴定到种, 分析两种鉴定方法的一致性; 回顾分析 9 例奴卡菌感染病例, 为流行病学提供依据。

**结果** 2年间我院共分离出9株非重复患者的奴卡菌,其中乔治教堂奴卡菌4株;豚鼠耳炎奴卡菌2株;北京奴卡菌、皮疽奴卡菌、巴西奴卡菌各1株。选择48小时内未生长成干燥样菌落的奴卡菌用VITEK MS质谱鉴定仪鉴定;用16SrRNA通过PCR扩增和基因序列分析对9株奴卡菌鉴定;质谱鉴定仪、基因测序分析对9株奴卡菌鉴定结果的一致性为100%。9例奴卡菌感染患者中,表现为肺部感染,均有低蛋白血症、免疫抑制剂及激素使用史的患者为6例;脑脓肿患者1例;心脏移植术后足部脓肿患者1例;免疫功能正常的肺部感染患者1例。9例奴卡菌感染患者中,7例患者及时选择磺胺类药物对症治疗,临床感染明显改善。

**结论** 质谱鉴定仪、基因测序分析为奴卡菌鉴定推荐的理性方法;奴卡菌感染的患者多为免疫力低下人群,但免疫功能正常患者也可感染奴卡菌,应值得临床关注;磺胺类药物仍为奴卡菌感染的首选药物且临床效果显著。

## PU-1516

### 国内外侵袭性真菌病非培养诊断技术的现状及进展

杨玉琪

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 真菌广泛存在于自然环境中,将近20万种,大多数在正常情况下不会对人体造成直接感染。

**方法** 但对于免疫缺陷近年来,随着皮质激素、免疫抑制剂、各种广谱类抗生素的大量应用,以及器官移植、各种侵入性检查和治疗技术的开展,临床深部真菌感染日益增多且趋向复杂化,常导致致死性感染,病死率极高,对患者健康造成极大威胁。或者长期接受免疫抑制治疗的患者,真菌造成的感染却是其常见的并发症之一

**结果** 早期、快速诊断是侵袭性真菌感染患者得到有效治疗,降低死亡率的关键因素。

**结论** 目前,非培养技术既是一门传统技术,也是一门新兴技术,它是现在国内外侵袭性真菌病诊断研究的热点,其技术路线主要是基于免疫学原理的血清学方法和以PCR技术为基础的分子生物学方法。血清学诊断主要包括抗体检测及抗原、代谢产物检测两大类。

## PU-1517

### 重症监护病房铜绿假单胞菌分子流行特点研究

杨玉琪,郝晓柯,马越云,徐修礼,周珊

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 了解医院重症监护病房铜绿假单胞菌的分子流行特点,分析其基因同源相关性,为有效控制院内感染的发生发展提供实验室依据。

**方法** 收集医院2016年2-9月ICU病房分离的112株铜绿假单胞菌,采用多位点序列分型(multilocus sequence typing, MLST)技术,PCR扩增7个管家基因片段,并进行测序分析,结果与PubMLST数据库进行比对,使用eBURST软件对ST数据进行亲缘关系分析。

**结果** 112株铜绿假单胞菌被分为26个ST基因型,其中6个ST基因型是新发现的基因型。16个ST基因型中,医院ICU病区的主要流行基因型为ST244、ST274和ST235基因型,分别占34.25%、28.43%和12.90%。与全国其他地区比较,在我院临床株中发现2种其他地区没有的ST型别,112株菌株在系统进化树上形成12个主要分支。

**结论** 医院ICU病区的铜绿假单胞菌具有基因同源相关性,并呈现出集中分布的趋势。

## PU-1518

## 储存条件对尿液外泌体 RNA 含量的影响

南阿妮,刁艳君,杨柳,马越云,苏明权,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨不同的储存条件对尿液外泌体 RNA 含量的影响。

**方法** 采用 ExoQuick-TC™ 沉淀试剂盒提取外泌体,用纳米粒子跟踪分析技术(NTA)检测外泌体浓度及粒径分布,透射电镜(TEM)观察外泌体形态,用实时荧光定量聚合酶链反应(qRT-PCR)检测 20 例前列腺癌患者尿液外泌体经过反复冻融(新鲜、1、3、5 次)及 9 例前列腺癌患者尿液外泌体在-80℃冷冻不同时间(新鲜、1 周、2 周、1 个月)外泌体 RNA 标志物 Let-7c (microRNA)和 PSA (mRNA)的表达量,并用 Wilcoxon 秩和检验对组间差异进行统计分析。

**结果** NTA 检测外泌体经过反复冻融后其颗粒浓度逐渐降低,5 次冻融后颗粒明显减少;透射电镜下观察外泌体经过反复冻融后部分被破坏。经反复冻融后其 RNA 含量逐渐降低,5 次冻融后外泌体 RNA 标志物 Let-7c (microRNA)和 PSA (mRNA)的表达量与新鲜时有明显差异,P 值分别为 0.019 和 0.018。而外泌体在-80℃冷冻 1 个月后其 RNA 含量保持稳定。

**结论** 外泌体在-80℃短时间冷冻后其 RNA 含量保持稳定,但应尽量避免反复冻融。

## PU-1519

## 普通裂褶菌致肺部感染实验室诊断研究

张鹏亮,贺文芳,周磊,孔美娟,刘昊,徐修礼,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨普通裂褶菌致肺部感染的实验室诊断方法,为临床诊断提供实验室支持依据。

**方法** 连续两次收集患者肺泡灌洗液进行真菌培养,通过真菌菌落和镜下形态及 ITS 测序鉴定菌株;用 YEAST ONE 和 FUNG 3 进行药敏试验。

**结果** 普通裂褶菌用沙保弱培养基和马铃薯培养基在 28℃和 35℃均生长良好,3~5 天生长白色绒毛样菌落;经乳酸棉酚蓝和真菌荧光染色,镜下均可见菌丝有钉状突起和闭锁联合结构;15~20 天可在培养基可见子实体;ITS 测序为普通裂褶菌;体外药敏试验 MIC 分布于 0.25~256ug/ml 间,伊曲康唑和泊沙康唑 MIC 值最低(0.25 ug/ml),氟康唑 MIC 值最大(256 ug/ml)。

**结论** 普通裂褶菌为条件致病菌,感染少,易误诊漏诊,熟悉形态,准确鉴定,正确选药,才能有效诊疗。

## PU-1520

## 1280 例精液结果分析及疾病分布探讨

夏珂  
陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 通过对 1280 例男性患者首次精液常规检测结果进行回顾性分析,探讨临床上导致精液异常的疾病分布以及男性不育症患者的精液异常情况,为临床上男性不育等男科疾病的诊疗提供依据。

**方法** 对某医院首次进行精液常规检测的 1280 例患者,利用 SQA-V 自动化精子质量分析系统进行精液常规检测。

**结果** 1280 例患者中,精液检测结果完全正常患者 479 例,异常 801 例。801 例精液异常患者中精液总量异常占 15.4%;精液 PH 值异常占 12.1%;精子总活动力异常占 63.4%;前向活动精子率异



常占 78.5%；形态正常精子率异常占 41.1%；精子密度异常占 34.6%；液化时间延长的比例占 8.2%。801 例精液异常的患者中，532 例患者已被临床确诊为男性不育症，188 例存在前列腺炎，147 例有精索静脉曲张，140 例罹患泌尿生殖系统感染，51 例存在性功能障碍，28 例存在生殖系统炎症，18 例存在泌尿生殖系统器质性病变，7 例有内分泌系统疾病，12 例为其他疾病患者。814 例临床已诊断明确的男性不育患者的精液进行常规分析，其中完全正常者 283 例(34.8%)，异常 531 例(65.2%)，各参数分析显示，精液总量异常 84 例(10.3%)；精液 PH 异常 60 例(7.4%)；精子总活动力异常 343 例(42.1%)；前向活动精子率异常 430 例(52.8%)；形态正常精子率异常 244 例(30.0%)；精子密度异常 198 例(24.3%)；液化时间延长 47 例(5.8%)。

**结论** 所有患者的精液异常主要表现在精子活力的下降及高畸精子率，与不育症患者精液异常表现一致。精索静脉曲张，前列腺炎等泌尿系统感染对男性生育有较大的影响，临床上应该及时采取有效的治疗。

## PU-1521

### 冠心病患者血清 Hcy、FA、VitB12 水平、WBC 计数及 HP 感染与冠心病发生关系的研究

张小宁,吴永昌,张涛,刘杨,彭道荣  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨冠心病(CHD)患者血清同型半胱氨酸(Hcy)、叶酸(FA)、维生素 B12(VitB12)水平、WBC 计数及幽门螺杆菌(HP)感染与冠心病发生关系及清除 HP 在预防和治疗冠心病(CHD)中的必要性。

**方法** 对 91 例冠心病患者和 98 例健康对照者进行血清 Hcy、FA、VitB12 水平、WBC 计数及 HP-IgG 抗体检测，并对检测结果进行统计分析。

**结果** 冠心病患者 H.pylori 感染率(45.05%)明显高于健康对照组(28.57%)；冠心病患者血清 Hcy 和 WBC 计数 [ ( 24.56±16.08 )  $\mu\text{mol/L}$  和 ( 7.17±2.10 )  $\times 10^9/\text{L}$  ] 明显高于健康对照组 [ ( 17.93±13.99 $\mu\text{mol/L}$  和 ( 5.76±1.66 )  $\times 10^9/\text{L}$  ]，FA、VitB12 水平 [ ( 5.34±3.17 )  $\text{ng/mL}$ 、( 224.61±150.51 )  $\text{pg/mL}$  ] 显著低于健康对照组 [ ( 16.22±10.13 )  $\text{ng/mL}$ 、( 400.14±166.65 )  $\text{pg/mL}$  ]，两组比较差异有统计学意义。冠心病患者 Hp-IgG (+) 与 HP-IgG (-) 比较，Hcy、WBC 计数 [ ( 29.26±17.51 )  $\mu\text{mol/L}$  和 ( 7.17±2.10 )  $\times 10^9/\text{L}$  ] 升高非常显著。VitB12 水平 [ ( 204.58±175.54 )  $\text{pg/mL}$  ]，下降显著。而 FA 水平，HP-IgG (+) 与 HP-IgG (-) 组比较则无统计学意义。

**结论** 冠心病患者 HP 感染率高。HP 感染可能会造成冠心病 Hcy 水平升高，影响 Hcy 的代谢，促进了冠心病的发生和发展。清除 HP 是预防冠心病行之有效的方法。

## PU-1522

### A robust regression model for predicting glycated hemoglobin A1c by combining glycated albumin and red blood cell

Yuping Zeng, He He, Jun Zhou, Mei Zhang, Hengjian Huang, Zhenmei An  
Sichuan University, West China hospital

**Objective** There is an inconsistency between glycated hemoglobin A1c (HbA1c) and blood glucose under hematology, liver, and kidney diseases. However, glycated albumin (GA) can more

accurately reflect glycemic control. Therefore, we aimed to construct a model to accurately predict HbA1c by GA.

**Methods** 3416 physical examination population were enrolled for analysis. Study population were divided into four groups: GA>14 and HbA1c>6.1 (group 1), GA>14 and HbA1c≤6.1 (group 2), GA≤14 and HbA1c>6.1 (group 3), GA≤14 and HbA1c≤6.1 (group 4). Group1 and group 4 were included for further modeling. Spearman correlation analysis was performed to identify correlations between HbA1c and other variables. Then the model was constructed by stepwise multivariate linear regression in the training set and was ultimately validated in the validation set.

**Results** There were 874 subjects in group 1, 1746 in group 4, 148 in group 2 and 648 in group 3. Strong correlations were observed between HbA1c and GA. And there were weak correlations between HbA1c and red blood cell (RBC). By stepwise multivariate linear regression, an optimal predictive model was constructed:  $HbA1c = 0.25GA + 0.34RBC + 1.09$  (adjusted  $R^2 = 0.85$ ,  $p < 0.001$ ). Spearman correlation analysis of predicted HbA1c and actual HbA1c was performed to verify the robustness of the model, and coefficient was both 0.77 ( $p < 0.001$ ) in the training set and validation set.

**Conclusions** Some patients have inconsistent HbA1c and GA. The robust regression model constructed and validated by our study was practical to predict and correct HbA1c especially when discordant GA and HbA1c levels.

## PU-1523

# ADVIA2120i 血细胞分析仪有核红细胞报警提示的性能评价及临床应用

王炳龙

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 分析 ADVIA2120 i 血液分析仪对有核红细胞 (NRBC) 报警提示的可信性, 并评价其临床适用性。

**方法** 应用 ADVIA2120 i 血液分析仪对 1132 例外周血标本进行 NRBC 检测, 同时以人工镜检法为金标准, 评价仪器法检测 NRBC 的准确性。分析 NRBC 仪器法与人工镜检法及两者与血红蛋白 (HGB) 的相关性。同时, 以 NRBC 仪器法绝对值和 HGB 作为相关参数进行 ROC 曲线分析, 确定 NRBC 最佳阈值并对其进行验证, 提升 NRBC 检测的临床应用价值。

**结果** ADVIA2120i 血液分析仪对有核红细胞报警提示的敏感性为 90.51%, 特异性 46.51%, 阳性预测值为 21.54%, 阴性预测值为 96.79%, 假阳性率 53.49%; NRBC 仪器法与人工镜检法有较好的相关性( $r=0.9221$ ); 同时 NRBC 检测仪器法及人工镜检法均与 HGB 有一定的相关性( $r_{\text{仪器法}}=0.522$ ,  $r_{\text{镜检法}}=-0.4084$ )。ROC 曲线分析, 无贫血时 NRBC 报警复检阈值设为  $0.80 \times 10^9$ , ROC 曲线下面积为 0.674, 敏感性和特异性分别为 0.375 和 0.981; 轻度贫血下 NRBC 报警复检阈值设为  $0.21 \times 10^9$ , ROC 曲线下面积为 0.749, 敏感性和特异性分别为 0.875 和 0.504; 中度贫血下 NRBC 报警复检阈值设为  $0.20 \times 10^9$ , ROC 曲线下面积为 0.756, 敏感性和特异性分别为 0.775 和 0.570; 重度和极重度贫血下 NRBC 报警复检阈值设为  $0.32 \times 10^9$ , ROC 曲线下面积为 0.853, 敏感性和特异性分别为 0.765 和 0.846。

**结论** ADVIA2120i 血液分析仪对有核红细胞报警提示具有一定的可信性, 但其阳性预测值不高且假阳性率较高。根据 NRBC 绝对值及 HGB 分层对其进行优化后, 提高阳性预测值并在保证检验质量的前提下明显降低假阳性率, 大大提高临床工作效率。

## PU-1524

**Sandwich-type chemiluminescence immunoassay for rapid detection of a chronic heart failure marker cardiotrophin-1**

Ying Ping

The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

**Objective** Cardiotrophin-1(CT1), a member of the interleukin-6 superfamily, is a cytokine that can induces cardiomyocytes hypertrophy and dysfunction. Amount studies indicate that CT1 plasma levels can serve as a diagnostic, staging, and prognostic biomarker of cardiovascular diseases, particularly heart failure. Nevertheless, traditional detection methods of CT1 are time-consuming and expensive. The objective of this study is to establish a novel method to detect plasma CT1 and then evaluated its clinical application for heart failure diagnosis.

**Methods** We constructed a one-step paramagnetic particles-based chemiluminescence immunoassay (MPs-CLIA) to detect CT1 in plasma. Cardiotrophin-1 sandwiched between a biotin-labeled monoclonal antibody (Ab-Bio) and an acridine ester labelled anti-CT1 antibody (Ab-ACE), and captured by paramagnetic particles modified with streptavidin (MP-SA) to promote the oriented immobilization on a solid phase. Luminescence signal is generated by oxidation with diluted sodium hydroxide/hydrogen peroxide activated ACE, the chemiluminescence intensity yield is linearly related to the CT1 concentration. The established method was finally applied to detect plasma CT-1 of 100 chronic heart failure patients and 40 controls, and further explore its clinical value

**Results** the proposed MPs-CLIA presented a linear relationship ranged from 7.8pg/ml~200ng/mL with the detection limit of 2.33pg/ml. The recoveries of spiked human serum samples at low (100pg/ml)、medium (500pg/ml) and high (800pg/ml) levels of CT-1 were 104% ,108%,110% respectively. The intra-analysis correlation coefficient (CVs) about 3 samples enrolled were 6.69%, 3.34%, 3.54%, and inter- analysis correlation coefficient (CVs) were 7.6%, 3.9%, 4.3%. The proposed method exhibited good precision, high sensitivity, acceptable stability and reproducibility to detect plasma level of CT1.

**Conclusions** The proposed MPs-CLIA method allows rapid, successful and easy quantification of CT1 in plasma samples, facilitating the determination of large batch of samples.

## PU-1525

**探讨西北地区 PAI-1(4G/5G)基因在不同人群中的分布**张莹,程晓东,胡玉皎,王昊,周铁成,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 分析西北地区 PAI-1(4G/5G)基因在不同人群中的分布情况,为携带 PAI-1(4G/5G)基因 4G 型的手术患者提供数据支持和用药指导。

**方法** 收集 1360 例血液样本,使用荧光探针原位杂交技术检测 PAI-1(4G/5G) 基因位点,分析西北地区 PAI-1(4G/5G)基因在不同人群中的分布情况,评估健康体检者、剖腹产患者、烧伤患者、心脑血管疾病患者间携带 PAI-1(4G/5G)基因 4G 型的差异。

**结果** 242 例健康体检者中, 5G5G (野生型) 64 例 (26.44%), 4G5G (杂合突变型) 105 例 (43.39%), 4G4G (纯合突变型) 73 例 (30.17%)。

401 例剖腹产患者 5G5G (野生型) 60 例 (14.96%), 4G5G (杂合突变型) 195 例 (48.63%), 4G4G (纯合突变型) 146 例 (36.41%)。499 例烧伤患者 5G5G (野生型) 100 例 (20.04%), 4G5G (杂合突变型) 226 例 (45.29%), 4G4G (纯合突变型) 173 例 (34.67%)。120 例心脑血管疾病患者 5G5G (野生型) 13 例 (10.83%), 4G5G (杂合突变

型) 63 例 (52.50%), 4G4G (纯合突变型) 44 例 (36.67%)。健康体检者与剖腹产患者、烧伤患者、心脑血管疾病患者间携带 PAI-1(4G/5G)基因 4G4G 型的比率均有统计学差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 通过对西北地区 PAI-1(4G/5G)基因在不同人群中分布情况的了解,对携带 PAI-1(4G/5G)基因 4G 型的人群预防血液高凝状态的发生有一定的指导意义,对于手术患者发生静脉血栓、脑卒中的风险的预防更是有着重要意义。

#### PU-1526

### Identification of prognostic markers for hepatocellular carcinoma by weighted gene co-expression network analysis

Yuping Zeng, He He, Hengjian Huang, Zhenmei An  
Sichuan University, West China hospital

**Objective** Hepatocellular carcinoma (HCC) is characterized by increased mortality and poor prognosis. We aimed to identify potential HCC prognostic markers by weighted gene co-expression network analysis (WGCNA), an algorithm more optimal to investigate phenotype-related co-expression module genes in public databases.

**Methods** Prognosis-related gene modules were firstly established by WGCNA for GSE54236. The Gene Ontology and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes of interested modules were enriched. Differential expression genes (DEGs) were analyzed in GSE60502, GSE64041, and GSE45114. Then intersection genes of module genes and DEGs were obtained by Venn diagrams. Kaplan-Meier overall survival curves and disease-free survival curves of intersection genes were further validated using Gene Expression Profiling Interactive Analysis.

**Results** 153 genes in the red module were significantly associated with prognosis by WGCNA. Pathway enrichment analysis revealed that they were mainly involved in the cell cycle and cell division. The intersection genes, identified as both red module genes and DEGs, were CCNB2, TOP2A, and ASPM. Expression of TOP2A (HR: 1.7, P-value  $< 0.001$ ) and ASPM (HR: 1.8, P-value  $< 0.001$ ) had statistical significance between the high and low expression groups in the overall survival analysis, while CCNB2 expression (HR: 1.4, P-value: 0.052) was not statistically significant. However, CCNB2 (HR: 1.5, P-value: 0.006), TOP2A (HR: 1.7, P-value  $< 0.001$ ), and ASPM (HR: 1.6, P-value: 0.003) expression was statistically significant in the disease-free survival analysis.

**Conclusions** In conclusion, TOP2A, ASPM, and CCNB2 are promising prognostic markers and therapeutic targets for HCC.

#### PU-1527

### The development and evaluation of chemiluminescent immunoassay for detection S100A1 in acute myocardial infarction patients

Xiaoying Li<sup>1,2</sup>, Zhenping Liu<sup>1</sup>, Yiyun Wang<sup>1</sup>, Tao Sun<sup>1</sup>, Hongbo Shan<sup>3</sup>, Weiqun Zhang<sup>2</sup>, Zhihua Tao<sup>1</sup>

1. The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

2. Linan District People's Hospital

3. Adicon Clinical Laboratory

**Objective** A rapid, high-efficiency and specific chemiluminescent immunoassay for S100A1 quantification was established with its practical application evaluated using acute myocardial infarction patients.

**Methods** The biotin labeled S100A1 monoclonal antibody can combine with S100A1 and acridinium ester labeled anti-S100A1 monoclonal antibody simultaneously to form a complex containing sandwich structure. This complex was then purified using magnetic beads coated with streptavidin. Finally, the S100A1 concentration can be measured from the signal due to the decomposed process of acridinium ester with the function of H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Blood samples from 60 acute myocardial infarction patients were tested with the results compared with TNT, CK, CKMB, AST and LDH.

**Results** The detection limit of S100A1 chemiluminescent immunoassay was down to 0.13ng/ml, with 95% from 0.27-0.51ng/ml. There was no cross reaction with troponin, creatine kinase and myoglobin. The monitoring data of acute myocardial infarction showed that S100A1 protein was superior to TNT and LDH. The difference was statistically significant ( $p < 0.05$ ), similar to CK and CKMB, and better than AST. There was no statistical difference between CK, CKMB and AST.

**Conclusions** A rapid, high-efficiency and specific chemiluminescent immunoassay for S100A1 quantification was established with great potential for monitoring the efficacy of acute myocardial infarction.

## PU-1528

# 基于 DNA 杂交链式反应的电化学核酸传感器的构建 及其在 MRSA 检测中的应用

阳莎,詹新宇

陆军军医大学西南医院

**目的** 利用纳米金 (AuNPs) 大比表面积、优良导电性能, 结合 DNA 杂交链式扩增反应 (HCR) 体外核酸恒温扩增的优点, 构建一种新型的双增敏电化学核酸传感器, 并将其应用于 MRSA *mecA* 基因的高灵敏检测。

**方法** 1. 利用循环伏安法和交流阻抗法对电化学核酸传感器构建过程进行了表征分析。

2. 用示差脉冲伏安法 (DPV)、溶出伏安法对电化学核酸传感器的电化学响应信号进行分析检测。

3. 对电沉积纳米金时间、发卡结构核酸 (H<sub>2</sub>、H<sub>3</sub>) 浓度、核酸扩增反应时间为进行了优化。

**结果** 1. 电沉积纳米金表征鉴定及优化

分析研究了沉积纳米金 10 ~ 60 s 内, 裸电极表面纳米金的表征情况, 明确了在 30s 时为最优电沉积时间。并用投射电子显微镜 (TEM) 对电沉积纳米金形貌进行了表征鉴定, 表明了通过电沉积纳米金能对玻碳电极片表面积起到增大的效果。

2. 电化学核酸传感器的构建、检测过程表征分析

用循环伏安法和交流阻抗法对电化学核酸传感器构建的每一步进行了表征鉴定, 交流阻抗实验结果与循环伏安法所获得的结果一致, 均充分表明电化学核酸传感器构建成功。

3. 发卡结构核酸 (H<sub>2</sub>、H<sub>3</sub>) 浓度的优化

分析研究了发卡结构核酸浓度在 0.1 ~ 5 mM 范围内, 电流响应强度的变化。在 0.1 ~ 1 mM 内, 随着发卡结构核酸浓度的增加, 电流响应逐步增强; 在 1 ~ 5 mM 内, 响应趋于平稳, 将 1.0 mM 作为发卡结构核酸的最佳浓度。

4. 核酸扩增放大反应时间的优化

分析研究了核酸扩增反应时间在 10 ~ 60 min 内, 电化学响应强度的变化。在 5 ~ 40 min, 随着反应时间的增加, 电化学响应强度逐步增强; 40 ~ 100 min 强度趋于平稳, 变化幅度不大。明确将 40 min 作为核酸扩增反应的最佳反应时间。

**结论** 1. 确定最佳电沉积时间为 30 s, 最佳发卡结构核酸 (H<sub>2</sub>、H<sub>3</sub>) 浓度为 1.0 mM, 核酸扩增反应的最佳反应时间为 40 min。

2. 所构建的电化学核酸传感器电沉积纳米金后, 能增加比表面积且提高了传感器的灵敏度。

3. 所构建的电化学核酸传感器采用 HCR 反应后, 使得传感器的灵敏度明显得到了提高。

4. 将纳米金材料与 HCR 反应相结合后, 所构建的电化学核酸传感器的灵敏度得到极大提高, 可实现对微量致病菌的高灵敏检测。

## PU-1529

### 评估半导体激光杀灭白念珠菌的效果

陈新飞, 安普根, 肖盟, 徐英春  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 找到杀死唑类耐药白色念珠菌的最适能量强度

**方法** 试验采用株 1 分离自临床的唑类耐药白念珠菌和 ATCC90028 标准菌株。将单个菌落在 YPD 中在 37℃ 的恒温摇床中培养 6 小时, 每 2 小时测量吸光度。比较唑类耐药白色念珠菌与标准菌株生长曲线。将 200ul 菌液加入到 96 孔板中。在孔上方 1cm 处以不同能量用半导体激光照射光激光器。从激光照射孔中取出 10ul 菌液加到 10ml YPD 培养基中, 37℃ 培养, 记录生长曲线。

**结果** 两株白色念珠菌约 6h 均达到对数生长期, 10h 达到平台期。且唑类耐药白念珠菌比标准菌株生长快。5 种能量 (0W, 0.2W, 0.5W, 0.8W, 1W) 激光照射菌株, 个组间念珠菌生长速率无都显著差异

**结论** 耐药白念珠菌的生长速度快于标准菌株。低能量梯度半导体激光对标准和耐药白念珠菌无明显杀伤作用

## PU-1530

### 艰难梭菌耐药性及耐药机制的研究进展

陈新飞<sup>1</sup>, 范欣<sup>2</sup>, 肖盟<sup>1</sup>, 徐英春<sup>1</sup>  
1. 中国医学科学院北京协和医院, 100000  
2. 首都医科大学附属朝阳医院

**目的** 对目前艰难梭菌的耐药性及耐药机制最新研究进行述, 评

**方法** 检索大量文献, 总结文献报道的艰难梭菌的耐药机制

**结果** 艰难梭菌感染通常是由于抗生素破坏肠道正常菌群, 而没有杀灭艰难梭菌, 从而造成以艰难梭菌增殖为主的菌群失调<sup>[2]</sup>。许多抗生素, 如: 氨苄西林, 阿莫西林, 头孢菌素, 克林霉素等, 被认为与增加艰难梭菌感染有关。常规治疗初发和复发的艰难梭菌感染需要使用能够杀灭艰难梭菌的抗生素, 包括甲硝唑, 万古霉素等。美国感染疾病协会和欧洲临床微生物感染协会推荐基于艰难梭菌感染的严重性, 有选择的使用抗生素<sup>[3]</sup>。包括高毒性核糖体 027 型菌株在内的, 多耐药艰难梭菌的出现和流行, 逐渐成为艰难梭菌感染治疗的另一个难题<sup>[4,5]</sup>。艰难梭菌感染治疗失败的一个重要因素是: 艰难梭菌形成的孢子能够抵抗抗生素的治疗。

**结论** 就艰难梭菌而言, 使用抗生素是一把双刃剑。由于艰难梭菌感染在某种程度, 它们的发病率随着某些抗生素的使用增加而增加; 选择合适的抗生素, 对艰难梭菌有更好的杀菌效果。因此, 合理用药很关键。目前, 由于抗生素可能会增加耐药性, 用于治疗艰难梭菌感染的抗生素很受限。明确艰难梭菌的耐药机制, 是预防艰难梭菌感染的关键。除了正确使用抗菌药物和避免过度使用这些药物外, 还需要对艰难梭菌的耐药性进行长期监测, 同时还需要进一步研究艰难梭菌的耐药机制, 同时开发有效的抗菌新药物。

## PU-1531

## 基于新型立体 DNA 镊子的 microRNA 检测方法的建立

周琳,陈鸣

陆军军医大学西南医院

**目的** 构建新型立体 DNA 镊子,能够针对待测 microRNA 进行自主的开合,实现 microRNA 的高灵敏高特异的检测。

**方法** 设计并构建新型立体 DNA 镊子,结合现有 DNA 镊子的优点,将结构改构为 DNA 四面体结构,使其可以更加稳定的存在,从而能够更加灵敏特异的检测 microRNA。以 microRNA-155 为例,其在淋巴细胞性白血病细胞中高表达,通过提取外周血细胞中的 microRNA,与立体 DNA 镊子共孵育,即可依据荧光强度判定 microRNA-155 的含量,通过条件优化,确认最佳反应时间和反应温度,通过收集淋巴细胞白血病患者于正常人的外周血标本各 50 例,通过与逆转录 PCR 结果相比较,评估该方法应用于临床标本的检验效果。

**结果** 成功设计并构建新型立体 DNA 镊子,其可以在外周血中稳定存在 24 小时以上。通过将该新型 DNA 镊子与 microRNA-155 共孵育 1 小时以后,可以实现 microRNA-155 的高敏特异检测,通过温度和时间的优化之后,其检测灵敏度可达到 32nM,并且可以实现对单碱基突变的特异识别。将该 DNA 镊子应用于临床标本后,其结果与逆转录 PCR 结果相比,准确度可达到 95%以上。

**结论** 基于新型立体 DNA 镊子的 microRNA 检测技术,建立在 DNA 纳米机器的基础之上,结构更加稳定,可以实现对特定 microRNA 的自主开合。相较于逆转录 PCR 等传统检测方法,其检测速度更快,操作更加简单,结果灵敏准确,在 microRNA 检测领域具有一定的应用前景。

## PU-1532

## 基于适配子型电化学生物传感器的循环肿瘤细胞检测初步研究

詹新宇

陆军军医大学西南医院

**目的** CTC (循环肿瘤细胞, Circulating Tumor Cell) 是存在于外周血中的各类肿瘤细胞的统称。由于这些细胞在外周血中稀少,所以 CTC 的量化在技术上仍然具有挑战性。循环肿瘤细胞检测在肿瘤发生、发展、早期转移、疗效监测和制定个体化治疗方案等方面都有重要的临床意义。因其在在外周血中数量少,检测难度大,至今没有统一的检测标准。现有的 CTCs 检测技术包含富集和鉴定两方面。富集方法主要有密度梯度离心法、免疫磁珠分离法、芯片富集技术等。鉴定方法主要有免疫磁珠分离法、聚合酶链反应(PCR)技术法、CTCs 芯片检测法等。本研究以 K562 细胞为原型,通过特异性的适配子跟细胞表面的靶物资结合,运用了循环伏安法、示差脉冲伏安法和交流阻抗方法来对循环肿瘤细胞进行表征以及定量检测。

**方法** 1. 流式细胞术分析 aptamer1 和 random2,进行适配子可行性的检测。

2. 电化学传感器的制备。用循环伏安法(CV)、示差脉冲伏安法(DPV)和交流阻抗(EIS)等方法来对传感器的每一步修饰进行表征。

3. 传感器性能考察及样本检测:考察传感器的分析性能,如检测线性范围、最低检测限、特异性、重复性和稳定性等。利用简单的信号转导机制输出电化学信号,用示差脉冲伏安法(DPV)检测电化学信号。

**结果** 1. 用不同的方法对电化学生物传感器的制备过程进行表征, 不同方法共同验证电极的成功修饰和制备。

2. 运用流式分析: 确定所选特异性检测序列具有较高的特异性和灵敏度, 具有检测意义。

3. 电化学生物传感器各项性能: 可灵敏地检测 K562 细胞; 线性范围为  $10^2$ — $10^5$  cells/ml; 最低检测限为 100 cells/ml; 重复和稳定性良好。

**结论** 本研究中的电化学生物传感器利用简单的信号转导机制显著地简化了电化学生物传感器的制备和检测过程。更重要的是, 这种电化学生物传感器只需改变其相应的适配子序列就可以方便地应用于其他核酸链的检测。因此, 这种电化学生物传感器在生物医学研究、食品安全、早期临床诊断和环境监测中都具有很大的应用潜力。

## PU-1533

### 抗菌药物管控刻不容缓

陈新飞,侯欣,肖盟,徐英春  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 细菌耐药已成为全球共同面临的严峻挑战

**方法** 检索文献, 阐述抗菌药物管控刻不容缓的必要性

**结果** 我国细菌耐药情况较为严重, 遏制耐药面临的挑战也更加严峻。WHO 于 2017 年 2 月发表了首份“抗菌药物耐药重点病原体”名单, 其中 1 类重点病原体包括: 碳青霉烯类耐药鲍曼不动杆菌、碳青霉烯类耐药铜绿假单胞菌、碳青霉烯类耐药产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (extended-spectrum-lactamases, ESBLs) 肠杆菌科细菌<sup>[3]</sup>。全国细菌耐药监测网 CHINET 监测结果显示, 鲍曼不动杆菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率从 2008 年的 48.10%和 49.3%, 分别上升至 2016 年的 68.6%和 71.4%; 铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率从 2008 年的 24.5%上升至 2016 年的 28.7%; 肺炎克雷伯菌对亚胺培南的耐药率从 2008 年的 1.5%上升至 2016 年的 14.4%<sup>[4, 5]</sup>。随着抗菌药物在临床的广泛应用, 多重耐药和泛耐药菌株日益增多, 碳青霉烯类耐药的革兰阴性杆菌, 尤其是肺炎克雷伯菌和鲍曼不动杆菌检出率的快速上升, 给临床抗感染治疗带来了极大挑战, 目前已成为感染领域中的严重问题<sup>[6]</sup>。

**结论** <10%; 另外对耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌的检出率也由 69%大幅下降至 38.4%, 但未来仍需要加强抗菌药物管理, 继续采取有效措施, 积极践行遏制细菌耐药行动, 为实现健康中国的宏伟目标而奋斗。

## PU-1534

### 新疆伊犁地区 13437 例孕妇产前传染病 4 项检测结果分析

潘贞贞,吴文礼  
新疆生产建设兵团第四师医院

**目的** 分析新疆伊犁地区不同民族孕妇乙肝、丙肝、梅毒及艾滋病 4 种血源性传染病的感染状况, 为有效控制传染病的传播提供科学依据。

**方法** 选择 2013 年 1 月~2019 年 3 月在我院门诊进行围产期检查的汉族和维吾尔族孕妇为研究对象, 分别检测乙肝五项、丙型肝炎抗体 (抗-HCV)、梅毒螺旋体抗体 (TP-AB) 和人类免疫缺陷病毒抗体 (抗-HIV), 均采用酶联免疫吸附试验 (ELISA)。

**结果** 共检测 13437 名孕妇, 年龄在 16~47 岁之间, 本地区汉族和维吾尔族孕妇 4 种传染病标志物阳性检出率为 6.97% (936/13437)。乙肝表面抗原 (HBsAg) 总阳性率为 6.44%



(865/13437)，其中汉族 HBsAg 阳性率为 6.63% (836/12608)，维吾尔族 HBsAg 阳性率为 3.63% (29/829) ( $\chi^2=12.673$ ,  $P=0.000$ )；抗-HCV 总阳性率为 0.16% (21/13437)，其中汉族抗-HCV 阳性率为 0.15% (19/12608)，维吾尔族抗-HCV 阳性率为 0.24% (2/829) ( $\chi^2=0.034$ ,  $P=0.853$ )；TP-AB 总阳性率为 0.34% (46/13437)，其中汉族 TP-AB 阳性率为 0.24% (30/12608)，维吾尔族 TP-AB 阳性率为 1.93% (16/829) ( $\chi^2=65.280$ ,  $P=0.000$ )；抗-HIV 总阳性率为 0.03% (4/13437)，其中汉族抗-HIV 阳性率为 0% (0/12608)，维吾尔族抗-HIV 阳性率为 0.48% (4/829) ( $P=0.000$ )。41~47 岁年龄段 HBsAg 阳性率最高，为 9.77% (17/174)；16~20 岁年龄段抗-HCV 阳性率最高，为 1.32% (5/379)；36~40 岁年龄段 TP-AB 阳性率最高，为 1.04% (10/957)；31~35 岁年龄段抗-HIV 阳性率最高，为 0.12% (3/2498)。

**结论** 孕妇传染病检测有利于传染病的早发现、早预防、早治疗，减少院内感染，有利于优生优育提高人口素质。

## PU-1535

# 非小细胞肺癌胸水脱落肿瘤细胞检测体系的建立及其临床应用研究

胡嘉华<sup>1,2</sup>, 赵建华<sup>1,2</sup>

1.江苏省临床检验中心

2.江苏省肿瘤医院, 210000

**目的** 以非小细胞肺癌患者恶性胸腔积液中分离获得的脱落肿瘤细胞为研究对象，探索优化样本质量在基因检测中的有效性和实用性，并通过建立体外原代肿瘤细胞系研究其药物敏感性检测的临床应用价值，为肿瘤个体化治疗方案的选择提供依据。

**方法** (1) 收集经病理组织学确诊为非小细胞肺癌的患者的恶性胸腔积液，使用密度梯度离心法进行初步分离，通过短暂体外培养进一步去除非肿瘤细胞成分建立原代肿瘤细胞系；巴氏染色法进行形态学鉴定；MTT 试验检测细胞系对肺癌常规化疗药物的半数抑制浓度 (IC<sub>50</sub>) 并计算 IC<sub>50</sub> 绝对预测值 (R)，结合临床实际治疗疗效进行对比分析；

(2) 运用阴性-磁性分离法去除胸水中的白细胞以纯化肿瘤细胞，使用流式细胞法鉴定肿瘤细胞；使用 castPCR 法检测 EGFR 基因的变异状况 (DelEGFR19、L858R 和 T790M)，并经 Sanger 测序法验证。

**结果** (1) 恶性胸腔积液样本经预处理后，体外培养均能获得稳定传代的原代肿瘤细胞系；培养 4 代后光学显微镜下观察肿瘤细胞纯度接近 100%，且巴氏染色证实其具有腺癌细胞的特征；MTT 试验结果显示，与常规 IC<sub>50</sub> 相比，R 值能进一步缩小疗效评估的有效范围；与临床实际疗效的对比结果显示 R 值在预测疗效为疾病稳定 (0.5-2.0) 或疾病进展 (>2.0) 时，总体一致性达到 77%。

(2) 恶性胸腔积液样本经流式检测的结果显示：富集前，53.6% 的胸水样本中未检出肿瘤细胞，而在能检出肿瘤细胞的样本 (46.4%) 中，靶细胞含量中位值为 0.64%，其中 3 例标本 (10.7%) 的含量大于 10%；富集后，全部样本中均能检测出肿瘤细胞且其含量中位值上升至 40.8% ( $P=0.001$ )，仅 1 例标本 (3.6%) 中肿瘤细胞含量低于 10%。CastPCR 检测结果显示：富集前，EGFR 基因突变阳性率为 28.6% (8/28)；富集后，阳性率上升至 42.9% (12/28)，且 DelEGFR19、L858R 和 T790M 检出率分别提升 50%、50%、33.3%；同时，阳性基因突变可经 Sanger 测序验证的样本数分别为：富集前 75% (6/8)，富集后 91.7% (11/12)。

**结论** (1) 非小细胞肺癌患者胸水中脱落肿瘤细胞的体外原代培养及其药敏检测在预测临床常规化疗疗效中具有参考价值。

(2) 通过预处理技术富集胸水中的脱落肿瘤细胞对于提高样本质量以优化基因检测结果具有良好的实用价值。

## PU-1536

## 基于 RNA 测序研究过表达 Ajuba 对 T47D 细胞 基因表达谱的影响

徐北惠<sup>1</sup>, 李琪<sup>2</sup>, 邹秀群<sup>2</sup>, 徐洪<sup>2</sup>, 侯照远<sup>2</sup>, 王家敏<sup>2</sup>, 倪培华<sup>3</sup>

1.上海交通大学医学院附属第九人民医院, 200000

2.上海交通大学医学院生物化学与分子细胞生物学系

3.上海交通大学医学院附属瑞金医院检验系

**目的** 探究 AJUBA 基因对于雌激素受体阳性乳腺癌细胞 T47D 基因表达的影响。

**方法** 构建 AJUBA 稳定过表达的 T47D 细胞系。载体对照和实验组分别提取 RNA 进行 RNA-SEQ 测序, 将所得序列映射到人类基因组并进行转录组重建, 样品标准化后寻找实验组和对照组之间的差异基因, 利用生物信息学方法进一步对所得的差异基因进行基因本体论分析 (即 GO 分析) 和 KEGG 通路富集性分析, 同时挑选部分基因用 QPCR 技术进行基因表达验证。

**结果** 实验组与对照组细胞相比共找到 568 个差异基因, 其中上调基因 239 个, 下调基因 329 个。GO 分析中, 注释到分子功能、生物学过程和细胞组成的上调差异基因分别有 3 个, 23 个, 8 个; 下调差异基因分别有 21 个, 35 个, 9 个。KEGG 分析中上调基因显著富集通路有 2 个, 下调基因显著富集通路有 4 个。

**结论** Ajuba 过表达可以影响 T47D 细胞的一系列生物学过程和多条信号通路, 可能在乳腺癌发生发展中起重要作用。

## PU-1537

## 利用 Kappa 检验分析两种方法检测 尿液比重的一致性

韩启福

青海省人民医院, 810000

**目的** 探讨折射仪法和尿干化学法检测尿比重的准确性, 分析两种方法检测尿比重的一致性。

**方法** 收集随机尿液标本 351 份, 分别用折射仪和 UC-3500 两种仪器检测随机尿液标本的比重, 统计整理数据后以折射仪结果为靶值验证 UC-3500 的准确性, 再将检测结果进行分级, 用 Kappa 检验比较不同方法检测尿液比重的一致性。

**结果** UC-3500 与折射仪 (参考方法) 相比较有较高的准确性和较好相关性, 两种方法的一致性检验 Kappa 系数为 0.946、Kendall 系数为 0.969、Pearson 系数为 0.9997, 说明两种方法检测尿液比重项目具有较高的一致性。

**结论** 折射仪与 UC-3500 测得尿比重均具有较高准确性, 在评价肾脏浓缩功能时, 建议使用折射仪法或 UC-3500 测定尿比重。

PU-1538

## Rapid and Accurate Detection of Molecular Markers for Myeloproliferative Neoplasms Based on Digital LAMP

Guojun Cao<sup>1,2</sup>, Jinze Li<sup>3</sup>, Yajun Qiu<sup>3</sup>, Zhiqi Zhang<sup>3</sup>, Wei Zhang<sup>3</sup>, Lianqun Zhou<sup>3</sup>, Guan Ming<sup>1,2</sup>

1. Huashan Hospital, Fudan University

2. Huashan Hospital North, Shanghai Medical College, Fudan University

3. Key Laboratory of biomedical detection technology, Suzhou Institute of Biomedical Engineering and Technology, Chinese Academy of Sciences

**Objective** According to the diagnostic criteria of the WHO updated in 2016, the gene mutations of JAK2, CALR and MPL had been used as an important reference index for the diagnosis of classical myeloproliferative neoplasm (MPN), which was of great significance to improve the laboratory diagnosis rate of MPN. The aim of this study was to establish a digital LAMP (dLAMP) platform for rapid, high throughput and absolute quantitative detection of MPN molecular markers by integrating the advantages of LAMP (rapid), microfluidics (high throughput) and digital PCR (absolute quantification).

**Methods** A kind of "single-channel" and "multi-channel" (four-channel) silicon-based high-throughput capillary array chips were designed and fabricated simultaneously. In order to improve the sample injection effect, the surface of silicon chip was hydrophobically modified, and the inner wall of micropore was hydrophilically treated. Besides on the basis of traditional LAMP reagent formulation, "additives" were introduced to improve the performance of existing LAMP reagent so as to make it suitable for nanoscale amplification reaction. Amplification completed, the chip was transferred to the in-house platform for results observation and photography. To determine the accuracy of the in-house dLAMP detection platform, results consistency of the in-house dLAMP platform and commercial digital PCR platform was compared.

**Results** Duo to the chemical modification of the chip surface and the inner wall of micropores, the filling rate of the chips increased from 85.5% to 95.8%. The injection effect was improved significantly. The "single channel" chip and "multi-channel" chip could meet the requirements of single and multi-index detection at one time respectively. Additives such as formamide and nanoparticles were of great significance in improving the detection performance of nanoliter level LAMP reaction system. The lowest detection sensitivity of CALR-1 mutation burden was 0.5%, that of CALR-2 mutation burden was 0.1%, that of JAK2 V617F mutation burden was 0.5%, and that of CALR reference system was  $2 \times 10^{-1}$  copies/ $\mu$ L. The digital LAMP systems had good repeatability. The coefficient of variation within batches could be controlled within 10%, and the coefficient of variation between batches could be controlled within 20%. The result of digital LAMP platform had no significant statistical difference between that of commercial digital PCR platform ( $P > 0.05$ ).

**Conclusions** A new dLAMP detection platform with a scalable throughput was established. And a complete set of LAMP reagents were developed. Besides the software used for result analysis was developed by our research group. The new established detection system could achieve rapid, high throughput and absolute quantitative detection of molecular markers (MPN or other diseases). The detection system could not only realize the rapid detection of single or four indicators, but also upgrade the detection flux according to the needs of the experiments. The dLAMP detection system established in this study can be used not only for rapid detection of MPN, but also for other diseases in the future.

PU-1539

## 某高校 2015-2017 年新生 HBsAg、抗-HIV 及尿液吗啡检测情况分析

卢恩昌  
襄阳职业技术学院

**目的** 通过检测某高校 2015-2017 年入学新生血清中乙型肝炎病毒表面抗原（HBsAg）和人类免疫缺陷病毒抗体（抗-HIV 抗体）情况以及尿液中是否含有吗啡情况，了解入学新生乙型肝炎病毒和人类免疫缺陷病毒的感染情况以及尿液中吗啡的检出情况，为学校加强学生管理和监控重点学生提供资料

**方法** 通过酶联免疫吸附试验（ELISA）对 2015-2017 年新生进行 HBsAg 和抗-HIV 进行检测，应用胶体金方法进行尿液吗啡检测。

**结果** HBsAg 阳性 120 例，阳性率为 2.3%，HBsAg 阳性检出情况有逐年下降趋势，阳性检出情况男生明显比女生高，差异有统计学意义。尿液吗啡阳性的被检出 13 例，抗-HIV 为全阴性

**结论** 高校学生 HBsAg、抗-HIV 及尿液吗啡相关毒品检测，对了解和掌握高校学生公共卫生及身体素质状况，加强学生公共卫生安全教育有着重要意义。

PU-1540

## 用定量方法验证定性检测胆红素、蛋白质、葡萄糖 等项目的准确性探讨

韩启福  
青海省人民医院,810000

**目的** 用贝克曼 AU5831 生化分析仪验证 Sysmex UC-3500 尿干化学分析仪胆红素、蛋白质、葡萄糖等项目的准确度，探讨两种方法的一致性。

**方法** 用贝克曼 AU5831 生化分析仪检测血清中胆红素、蛋白质、葡萄糖高值样本，按尿液干化学分析仪等量级的半定量值进行比例稀释，将稀释好的不同浓度梯度的样本当做标准参考液在尿液分析仪上检测 20 次，评估尿干化学分析胆红素、蛋白质、葡萄糖等项目的准确度，收集本院住院患者新鲜尿液标本 205 份，分别用尿干化学分析仪和生化分析仪检测，用 Kappa 检验分析两种方法的一致性。

**结果** 用两种不同的方法检测胆红素、蛋白质、葡萄糖等项目的结果具有较好的相关性和一致性，尿液分析仪的结果准确性和重复性较好。

**结论** 在没有尿液干化学分析检测项目的标准液情况下，可以用生化分析仪进行验证尿液分析仪部分项目的准确度。可做为尿干化学分析准确度评估的替代方案。

PU-1541

## 尿沉渣与干化学联合检测尿液红细胞\白细胞的 临床价值讨论

谭彩虹  
谷城县人民医院,441000

**目的** 讨论比较尿沉渣和干化学联合对尿红、白细胞的检测价值

**方法** 选取 500 份尿液进行本实验,所有尿液标本都使用尿沉渣与干化学两种方法进行检测,并对结果进行比较分析

**结果** 用尿沉渣与干化学法检测尿白细胞的阳性率,差别无统计学意义( $p>0.05$ ),检测红细胞的阳性率,差别有统计学意义( $p<0.01$ )

**结论** 使用尿沉渣与干化学法检测尿红、白细胞具有良好的互补性,同时使用该两种方法可大大提高检验的工作效率和结果的准确性。

## PU-1542

### 尿红细胞形态检测及在肾病诊断中的临床意义

汪莹

咸宁市中心医院,437000

**目的** 尿液检测对泌尿系统疾病的诊断及疗效观察有重要的临床价值,尿液红细胞检查不仅对各种肾、泌尿系统疾病,如外伤、炎症、结石、结核、肿瘤等疾病的诊断有意义,

**方法** 而且对各种原发性或继发性急性和慢性肾小球肾炎或肾病的诊断和鉴别诊断也有一定的诊断价值

**结果** 当前尿红细胞检测技术主要有显微镜检查(镜检)、尿沉渣分析仪、干化学分析和单克隆抗体免疫法,正确选用并合理分析评价检测结果,对疾病诊断十分关键

**结论** 本文综合阐述这几种方法的应用和影响因素,并探讨尿红细胞形态在临床诊断中的重要意义。

## PU-1543

### 25 例高原红细胞增多症患者网织红细胞 相关参数探讨分析

韩启福,阿祥仁

青海省人民医院,810000

**目的** 分析并探讨网织红细胞相关参数在高原红细胞增多症诊断中的应用。

**方法** 选择我院 2017 年 4 月至 2019 年 3 月明确诊断为高原红细胞增多症男性患者 25 例作为实验组,25 例男性体检健康者作为对照组,将上述人员作为本次研究对象,采集静脉抗凝全血用血液分析仪检测网织红细胞相关参数,整理数据后用 SPSS22.0 软件比较分析两组研究对象的网织红细胞相关参数变化。

**结果** 观察两组人员的各项网织红细胞参数发现,HPAC 组和对照组 Ret%、MFR 两项参数差异无统计学意义( $P>0.05$ );RBC、Ret#、IRF、LFR、HFR、Ret-He 等参数差异有统计学意义( $P<0.05$ )。HAPC 组的 RBC、HGB、IRF、HFR、Ret-He 等参数明显高于对照组,RET#、MFR 两项参数在 HAPC 组和正常对照组的中位数相近,Ret%、LFR 两个参数正常对照组反而高于 HAPC 组。

**结论** 对 HAPC 患者进行网织红细胞检测后,判断 RET 的成熟度,有助于认识发现红细胞发育成长情况,尤其是 Ret#、IRF、LFR、HFR、Ret-He 等参数较敏感,将这些参数用来诊断并鉴别高原红细胞增多症有较高的价值。

## PU-1544

## 益生菌制剂 VSL#3 对结肠癌细胞 HT-29 TLR4-NF- $\kappa$ B 通路调节作用的研究

张孟爽

菏泽市立医院,274000

**目的** VSL#3 是一种益生菌混合物,含有 8 种常见的肠道益生菌,对溃疡性结肠炎的诱导缓解有效。TLR4-NF- $\kappa$ B 信号通路的激活与溃疡性结肠炎的发生密切相关。本研究的目的是深入探讨 VSL#3 对结肠黏膜炎症免疫调控机制,为溃疡性结肠炎的治疗提供新的靶点和思路。

**方法** 益生菌 VSL#3 与结肠癌细胞 HT-29、内毒素 LPS 共同孵育,分三组:空白对照组(A组): HT-29 结肠癌细胞、模型组(B组): HT-29+LPS、益生菌治疗组(C组): HT-29+LPS+VSL#3,提取结肠癌细胞的总 RNA 和总蛋白。用 qPCR 检测 TLR4、NF- $\kappa$ B、IL-1 $\beta$  和 TNF- $\alpha$  在 mRNA 水平的表达,Western blot 检测 TLR4、NF- $\kappa$ B、IL-1 $\beta$  和 TNF- $\alpha$  的蛋白表达,采用 IBM SPSS 24 统计软件包对数据进行分析。

**结果** ①HT-29 细胞中 TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$  和 IL-1 $\beta$  mRNA 的表达:模型组 TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$  和 IL-1 $\beta$  的表达最高,相对表达量分别为  $5.78 \pm 1.11$ 、 $2.03 \pm 0.16$ 、 $2.81 \pm 0.38$ 、 $1.09 \pm 0.02$ 。经过益生菌共同孵育一周后,与模型组相比,益生菌治疗组 TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$  mRNA 表达降低,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。②TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$  和 IL-1 $\beta$  蛋白在 HT-29 细胞中的表达:模型组 TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$  和 IL-1 $\beta$  蛋白表达水平最高,其相对表达量分别为  $1.24 \pm 0.18$ 、 $1.13 \pm 0.18$ 、 $0.6 \pm 0.09$ 、 $1.08 \pm 0.1$ ,经过与益生菌共同孵育一周后,TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$  和 IL-1 $\beta$  蛋白的表达有一定程度的降低,但与模型组比较差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。

**结论** 益生菌 VSL#3 可在 mRNA、蛋白水平上降低 TLR4-NF- $\kappa$ B 通路的上下游因子的表达,对 TLR4、NF- $\kappa$ B、TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$  有不同程度的干预和调控作用。益生菌 VSL#3 可能是通过抑制 TLR4-NF- $\kappa$ B 通路,发挥其抑制免疫减轻炎症反应的作用。

## PU-1545

## 自动粪便分析仪在医院实验室使用过程中的流程优化及经验

张春莹,熊明,谢恒,栗军,应斌武

四川大学华西医院,610000

**目的** 对 2016 年我院引进的自动粪便处理分析仪在我院实验室使用过程中的流程优化以及使用经验作一个简要的总结。

**方法** 使用仪器之前对粪便分析仪进行性能评价,评价内容包括理学特点比较,要求符合率  $\geq 80\%$ ,评估自动粪便分析仪检测粪便常规有形成分的临床应用价值及评价检测粪便隐血的效能;在使用过程中,首先对临床医生、护士及病人采用先试行再推广的方式进行更换实验方法的宣传,对使用过程中出现的问题进行总结和改进,同时多次与厂家沟通促进仪器功能及性能改进;使用一年后回顾 2016 年大便隐血试验阳性检出率、大便中白细胞和红细胞检出率、真菌孢子检出率、寄生虫检出率,并与 2015 年的手工法进行比较和总结评估。

**结果** 使用前粪便分析仪性能评价均达到要求,仪器法和镜检法对粪便有形成分检测的一致性较好,自动粪便分析仪在检测粪便常规标本方面具有较好的临床应用价值,且大便隐血试验灵敏度高,仪器操作无携带污染。使用中与临床进行良好的沟通,目前病人取样量和取样方式均符合要求的标准,临床医生和病人的接受度高,标本采样质量好。使用一年后回顾 2016 年粪便中有形成分检出率及隐血试验阳性率与 2015 年手工法检测结果基本一致。

**结论** 粪便常规检查方法成功从手工转换至自动化仪器处理,提高了生物安全质量,使操作过程更简单,检测结果更具有可比性。

## PU-1546

### 凝血功能指标与炎症反应指标检验对行 OPCAB 冠心病患者预后的预测价值

郭飞波

湖北省天门市第一人民医院

**目的** 探讨凝血功能指标与炎症反应指标检验对行非体外循环下冠状动脉旁路移植术(OPCAB)冠心病患者预后的预测价值

**方法** 选取本院收治的 110 例行 OPCAB 手术的冠心病患者作为研究对象,检测本组患者术前及术后各时期的凝血功能、炎症反应相关指标。根据患者预后分为预后良好组与预后不良组。对比两组的检测指标,分析凝血功能及炎症反应相关指标与患者预后的相关性

**结果** 者术后 4h、1d 的 hs-CRP、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$ 、APTT、TT 水平均显著高于术前 ( $P<0.05$ ),术后 1d、3d 的 hs-CRP、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$  水平均较术后 4h 明显降低,术后 1d、3d 的 PAI-1、D-D 水平明显高于术前 ( $P<0.05$ )。患者术前及术后 4h、1d、3d 的 PT、FIB 水平接近 ( $P>0.05$ )。预后良好组术后 24h 的 APTT、TT、PAI-1、D-D 水平均显著低于预后不良组 ( $P<0.05$ );预后良好组与预后不良组术后 24h 的 PT、FIB 水平接近 ( $P>0.05$ )。预后良好组的 hs-CRP、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$  水平均显著低于预后不良组 ( $P<0.05$ )。相关性分析结果显示,TT 水平与患者预后无相关性 ( $P>0.05$ );hs-CRP、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$ 、APTT、PAI-1、D-D 与患者预后均呈正相关 ( $P<0.05$ )

**结论** OPCAB 手术可引起机体炎症反应,并且 OPCAB 冠心病患者术后短期内会处于纤溶功能亢进与高凝状态,凝血功能与炎症反应指标异常是影响患者预后的危险因素

## PU-1547

### 山东地区汉族人群 SLITRK6 基因多态性与抽动秽语综合征遗传易感性关系的研究

张绪展

菏泽市立医院,274000

**目的** 探讨山东地区汉族人群 SLITRK6 基因多态性与抽动秽语综合征(TS)间的关联性。

**方法** 共有 295 例 TS 核心家庭成员纳入本次研究,采用 Taqman 探针实时荧光定量 PCR 技术对 TS 核心家系成员

SLITRK6 基因 rs3825413 和 rs7336083 位点多态性进行检测,采用传递不平衡检验(TDT)、单倍型相对风险分析

(HRR)和基于单倍型的单倍型相对风险分析(HHRR)评估 SLITRK6 基因的两个单核苷酸多态性位点(SNP)与

TS 的关联性。

**结果** TDT 和 HRR 结果均表明,SLITRK6 基因 rs3825413 和 rs7336083 位点与 TS 之间均不存在

明显关联。HHRR 结果同样表明,SLITRK6 基因 rs3825413 和 rs7336083 位点与 TS 之间差异无统计学意义。

**结论** SLITRK 6 基因 rs 3 8 2 5 4 1 3 和 rs 7 3 3 6 0 8 3 位点基因多态性与山东地区汉族人群 TS 的发病无明显关联,但仍需以更大样本量在不同种族中进行验证。

## PU-1548

### 循环肿瘤细胞与食管癌预后相关性的 Meta 分析

王淑玉

菏泽市立医院,274000

**目的** 食管癌是全球致死率排名第六的恶性肿瘤,循环肿瘤细胞(CTC)的检测正在成为预测癌症患者预后的新策略。

**方法** 我们进行了全面的文献检索,通过计算机检索 EMbase、PubMed、EBSCO、OVID、Cochrane Database、CNKI、万方、维普等中英文数据库,收集循环肿瘤细胞与食管癌相关研究。使用 Stata12.0 软件进行 Meta 分析,根据纳入和排除标准,提取数据和并进行评估。

**结果** 本研究共纳入 13 项合格文献研究,共有 979 例食管癌患者,其中包括 424 例 CTC 阳性和 684 例 CTC 阴性病例。Meta 分析表明,CTC 的存在是与无进展/无病生存期相关的[危险比(HR) = 2.32, 95%置信区间(CI) = 1.57-3.43,  $p < 0.001$ ],此外,CTCs 阳性组患者总生存期(OS)短于 CTCs 阴性组患者[HR = 2.64, 95%CI = 1.69-4.14,  $p < 0.001$ ]。进一步的亚组分析表明,CTC 阳性患者在不同亚组中也表现出较差的无进展/无病生存率和较差的总生存期。

**结论** 总之,我们的荟萃分析提供了强有力的证据,即外周血中检测 CTC 是食管癌患者不良结局的独立预后指标。

## PU-1549

### 热休克蛋白 HSPs 研究新进展

童伟

襄阳市第一人民医院

**目的** 热休克蛋白广泛存在原核和真核有机体中,是机体细胞在一些应激条件诱导下而高效表达的一组具有高度保守性的应激蛋白

**方法** HSPs 与细胞的功能有关,参与细胞蛋白的跨膜转运,蛋白结构的折叠、延伸与装配,可与多种蛋白形成复合体来调节靶蛋白的作用而又不改变靶蛋白的结构,因此也被称作“分子伴侣”

**结果** 由于 HSPs 的特殊生物学特性,已经成为当今世界的热门研究课题之一。

**结论** 本文主要概述近年来 HSPs 的研究新进展,并着重介绍其在生物体内的作用效应。

## PU-1550

### 粪便标本溶组织内阿米巴 Real-Time PCR 检测方法的建立

张春莹<sup>1</sup>,庞华胜<sup>1</sup>,匡紫微<sup>1</sup>,孟妍明<sup>1</sup>,马莹<sup>1</sup>,刘成桂<sup>1,2</sup>

1.四川大学华西医院,610000

2.成都市妇女儿童中心医院

**目的** 建立粪便标本溶组织内阿米巴 Real-Time PCR 检测方法,并评价 Real-Time PCR 方法在临床粪便标本中检测溶组织内阿米巴的应用价值。

**方法** 基于溶组织内阿米巴 SSU rRNA 基因设计特异性引物,使用 Real-Time PCR 检测方法对溶组织内阿米巴标准株 DNA 进行扩增,建立溶组织内阿米巴感染的 Real-Time PCR 技术;同时收集临



床腹泻病人粪便标本 221 例, 分别采用镜检法检测病原体、ELISA 方法检测原虫抗原、Real-Time PCR 扩增粪便标本中的溶组织内阿米巴 DNA, 比较三种方法的检测性能。

**结果** 成功建立粪便溶组织内阿米巴 Real-Time PCR 检测方法, 模板 DNA 最低检测限为 0.05 fg/ul; Real-Time PCR 技术可用于临床腹泻病人粪便标本溶组织内阿米巴检测, 检测灵敏性和特异性好, 优于镜检法和 ELISA 法。

**结论** 本研究为建立临床溶组织内阿米巴感染的 Real-Time PCR 检测方法提供了可靠的实验基础, 同时也为临床检测其他致腹泻原虫的分子生物学检测方法提供参考。

## PU-1551

### 妊高征孕妇凝血功能测定的临床意义

李慧杰

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨妊高征孕妇凝血功能的变化及临床意义

**方法** 检测 24 例妊高征孕妇血浆凝血酶原时间 (PT)、部分凝血活酶时间 (APTT) 及纤维蛋白原 (FIB) 含量, 并与 36 例正常孕妇和 40 例正常非孕妇比较分析。

**结果** 妊高征患者与正常孕妇相比较, PT、APTT 均缩短, 差异有显著性 ( $P<0.05$ ); 妊高征患者 FBG 明显高于正常孕妇 ( $P<0.001$ )

**结论** 正常妊娠的凝血功能多项指标与正常人有差异; 产前做凝血功能检测对预防和治疗妊高征有重要意义。

## PU-1552

### 实时荧光 PCR 在 HLA-B\*5801 等位基因检测中的性能评价

吴洁,伊洁,甘勇,徐英春

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 评价采用实时荧光 PCR 方法检测人 HLA-B\*5801 等位基因的精密度、准确性和最低检出限。

**方法** 选择 HLA-B\*5801 阳性和阴性样本各 2 例, 每一样本每批内测定 5 次, 连续测定 2 天, 共重复测定 10 次, 评价方法的精密度。选取 20 例已知 HLA-B\*5801 阳性和阴性样本, 实时荧光 PCR 方法进行检测, 同时与金标准 DNA 测序法的结果进行比对, 评价方法的准确性。进一步选取其中 1 例 HLA-B\*5801 阳性 DNA 样本进行梯度稀释后再行检测, 评价方法的最低检出限。

**结果** 4 例样本批内重复性检测阳性和阴性符合率为 100%; 实时荧光定量 PCR 法与 DNA 测序法检测结果符合率为 100%, 其中 HLA-B\*5801 阳性 8 例, 阴性 12 例; 实时荧光 PCR 的最低检测限为 2.5ng/ $\mu$ L DNA。

**结论** 实时荧光 PCR 可方便、快捷地检测 HLA-B\*5801 等位基因, 准确度高, 重复性好, 适用于临床常规样本的检测。

PU-1553

## 妊娠期糖尿病相关实验室检查

张帆  
襄阳市第一人民医院

**目的** 妊娠期糖尿病可显著增加孕妇及胎儿的疾病发生率及死亡率

**方法** 严重影响孕产妇及新生儿的健康

**结果** 早期诊断并有效治疗 GDM 对于改善妊娠结局具有积极意义

**结论** 本文主要探讨妊娠期糖尿病相关实验室检查及其意义。本文主要探讨妊娠期糖尿病相关实验室检查及其意义。

PU-1554

## The Multifunctional Silver Particles for the Antimicrobial Actions and Potential Treatment of Fungal Keratitis

Jieying Ding, Kangde Sun, Fuxiang Chen, Jing Ruan  
Shanghai Ninth People's hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** Silver particles have drawn extensive attention as considerable antimicrobial agents because of their characteristic including broad antibacterial spectrum, durable antibacterial property, low toxicity and large specific surface area. The objective of this study is to develop novel silver nanoparticles to achieve the enhanced antimicrobial actions and to demonstrate their possibility to treat fungal keratitis.

**Methods** We synthesized a new AgMFs particles and tested its characterization by Scanning electron microscope (SEM). AgMFs were tested for antimicrobial activity by minimum inhibitory concentrations (MICs) in *Candida smooth* (CGL), *candida albicans* (CAL), *staphylococcus aureus* (SAU), *escherichia coli* (ECO). The viability of cells as determined using the CCK8 Retinal cells assay method.

**Results** We synthesized a new AgMFs particles. From the SEM images, we can see that AgMFs particles exhibited a relative regular spherical structure as a whole and showed a meso-flowers shape inside. Additionally, we verified that synthesized AgMFs particles showed slower release characteristics of Ag<sup>+</sup>, which might contribute to effective and longer antimicrobial action. The experiment results of the cytotoxicity to retina cells and antimicrobial effect suggested that AgMFs particles exhibited significant antimicrobial actions and could be the potential medical materials for treating fungal infection at the safety concentration of 16-25 µg/mL.

**Conclusions** In summary, this research demonstrated that the AgMFs possessed obvious antimicrobial actions and might be a prospective eye ophthalmic dressing candidate for treating the fungal keratitis.

## PU-1555

## 三种方法检查肺泡灌洗液对涂阴肺结核诊断效果评价

曹鸿远

咸宁市结核病防治院,437000

**目的** 探究涂片荧光染色找抗酸杆菌(以下简称涂片)、结核菌培养、结核分枝杆菌核酸检测等三种方法检查纤维支气管镜肺泡灌洗液(BALF)对涂阴肺结核的诊断效果

**方法** 对咸宁市结核病防治院痰涂片阴性疑似肺结核住院患者 162 例,以 BALF 为标本,分别使用涂片、结核菌培养、结核分枝杆菌核酸检测等方法进行检查,同时进行临床诊断.以临床诊断为参考标准,统计各种方法诊断涂阴肺结核的敏感度、特异性、阳性预测值、阴性预测值

**结果** 涂片、培养、核酸检测涂阴肺结核敏感度分别为 12.0%(17/142)、28.2%(40/142)、40.8%(58/142),特异度分别为 85.0%(17/20)、90.0%(18/20)、100.0%(20/20),阳性预测值分别为 85.0%(17/20)、95.2%(40/42)、100%(58/58),阴性预测值分别为 12.0%(17/142)、15.0%(18/120)、19.2%(20/104);涂片法与核酸检测检出速度为 2~4 小时,培养法为 3~8 周。

**结论** 以纤维支气管镜肺泡灌洗液为标本,在涂阴肺结核病原学诊断上敏感度和特异性以核酸检测为最高,其次依次为培养法、涂片法;在检出速度上,涂片法与核酸检测大致相当且都快于培养法,综合运用三种检查措施可以较好的提高涂阴肺结核病原学诊断的敏感度和特异性,但与临床的期望值仍有一定差距

## PU-1556

## 散射比浊法和免疫固定电泳在 M 蛋白病分型中的应用

聂明

武汉大学人民医院,430000

**目的** 利用免疫固定电泳和散射比浊法结合观察单克隆丙种球蛋白病患者血清及尿液中 Ig 和  $\kappa$ ,  $\lambda$  含量以及  $\kappa/\lambda$  比率变动来为 M 蛋白病分型

**方法** 单克隆丙种球蛋白病(MG)的突出特点是患者血清或尿液中存在异常增多的 M 蛋白

**结果** M 蛋白可以是 IgG, IgA, IgM, IgD, IgE, 也可以是  $\kappa$ ,  $\lambda$  轻链中的任何一型。

**结论** 用免疫固定电泳和散射比浊法结合可以做确证实验,在 M 蛋白的分型和鉴定,以及临床辅助诊断与治疗,预后都有重要意义。

## PU-1557

## 高良姜素对人头颈部鳞癌细胞的生长抑制作用及其机理

朱丽萍,罗清琼

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 探讨高良姜素在体内和体外实验中对人头颈部鳞癌细胞的抗肿瘤作用及其机制

**方法** 通过 MTT 法检测人头颈部鳞癌细胞 WSU-HN4、WSU-HN6 和 WSU-HN13 经不同浓度高良姜素处理后细胞增殖能力的变化;通过流式细胞术分析高良姜素对人头颈部鳞癌细胞周期和细胞凋亡的影响;通过 Western Blot 方法检测高良姜素对人头颈部鳞癌细胞中 p21、cyclin D1、Bax 和 Bcl-2 等细胞周期、细胞凋亡相关蛋白的表达或磷酸化水平的影响;建立人头颈部鳞癌的裸鼠荷瘤

模型,给荷瘤小鼠腹腔注射高良姜素,观察记录肿瘤的体积和体重,并监测小鼠的体重、生化指标和小鼠的生存情况,初步评价高良姜素的抗肿瘤作用和生物安全性。

**结果** 体外实验中高良姜素以时间和剂量依赖性方式抑制人头颈部鳞癌细胞的增殖,并通过影响 cyclinD1、CDK4、CDK6 和 p21 等细胞周期相关蛋白的表达诱导细胞周期阻滞在 G0/G1 期,通过上调促凋亡蛋白 Bax 和下调抗凋亡蛋白 Bcl-2、Bcl-xl 的表达诱导细胞凋亡。在体内实验中高良姜素能够抑制裸鼠荷瘤模型中肿瘤的生长,并能明显增加肿瘤组织中凋亡细胞的比例,下调 cyclinD1 蛋白的表达。

**结论** 本研究从细胞和动物实验入手,首次证实高良姜素对人头颈部鳞癌细胞的生长抑制作用,体外和体内实验结果表明,高良姜素通过诱导细胞凋亡和 G0/G1 期细胞周期阻滞的方式明显抑制人头颈部鳞癌细胞的增殖和生长。因此,高良姜素可作为一种新的人头颈部鳞癌辅助治疗药物,并具有广阔的临床应用前景。

## PU-1558

### Development and Evaluation of the Method for Detecting Metallo-carbapenemases among Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae

Quanfeng liao

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital of Sichuan University

**Objective** A simple EDTA synergistic carbapenem inactivation method (esCIM) based on the simplified carbapenem inactivation method (sCIM) and EDTA synergistic carbapenem inactivation test (eCIM) detected the levels of metallo- $\beta$ -lactamases (MBLs) carbapenemase.

**Methods** The esCIM method uses EDTA-impregnated antibiotic disk to detect carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (CPE) directly instead of inoculating the disk in the trypticase soy broth (TSB). To determine the sensitivity and specificity of esCIM, 167 carbapenemase-resistant Enterobacteriaceae (CRE) isolates were collected, of which, 161 were CPE strains confirmed by PCR.

**Results** The carbapenemase genes included blaKPC (50.9%), blaNDM (36.6%), blaIMP (6.8%), blaVIM (3.1%), and blaOXA-181 (0.6%). Three isolates carried two different types of genes (blaKPC and blaNDM), and the remaining six CRE strains lacked the carbapenemase genes. The phenotypic evaluations were performed using both esCIM and eCIM. The esCIM performs better than eCIM in the detection of blaNDM and blaIMP, and the positive rate of eCIM was 83% and 55% for blaNDM and blaIMP, respectively. However, in the case of esCIM, the rate increased to 97% and 73%, respectively. For all MBLs, the sensitivity of esCIM and eCIM observed was 91% and 76%, respectively, while the specificity of the two methods was 100%.

#### Conclusions

esCIM could be performed easily and interpreted quickly.

## PU-1559

### 实时荧光定量 RT-PCR 和血清学方法联合

丁世锐

襄阳市第一人民医院

**目的** 探讨实时荧光定量 RT-PCR 和血清学方法联合应用检测风疹病毒

**方法** 采用实时荧光定量 RT-PCR 及酶联免疫吸附试验对临床标本进行检测

**结果** 在 58 份临床标本中, 实时荧光定量 RT-PCR 法检测阳性率为 100%, 酶联免疫吸附试验风疹 IgM 抗体阳性率为 82.8%

**结论** :实时荧光定量 PCR 法适合用于疾病的早期诊断和鉴别诊断, 可作为酶联免疫吸附试验的一个补充诊断方法。

## PU-1560

### 手足口病及实验室几项检测结果的相关性

陈欣  
湖北省谷城县人民医院

**目的** 对谷城县人民医院 2017 年 8 月-2018 年 4 月确诊为手足口病(HFMD)患儿的 cTnI,CK-MB 水平及外周血片异淋, C 反应蛋白的检测结果进行分析, 从而探讨手足口病与它们的相关性。同时可了解谷城县 HFMD 流行病学,并为今后制定调整 HFMD 防治措施提供参考。

**方法** 检测从 2017 年 8 月-2018 年 4 月八个月期间 125 例手足口患儿的血清 cTnI ,CK-MB 水平, 外周血片异型淋巴细胞, C 反应蛋白, 同时选择同期 60 例健康体检儿童的相关指标作为对照组。

**结果** 手足口患儿血清 cTnI,CK-MB,外周血片异型淋巴细胞检出率, C 反应蛋白均高于对照组。

**结论** 因为部分手足口病患儿存在不同程度的心肌损伤, cTnI ,CK-MB 水平可以作为手足口病患儿合并心肌损伤诊断依据和观察病情及判断预后的有效指标, 而 CRP 是手足口病早期诊断敏感而非特异性的指标, 手足口病患儿外周血片异型淋巴细胞比例显著增高, 尤其是 I 型淋巴细胞增高, 对手足口病的诊断及预后有一定的临床意义。

## PU-1561

### 松滋市术前及输血前感染性标志物检测结果分析

赵春艳  
松滋市人民医院,434000

**目的** 调查分析松滋市术前及输血前患者感染性疾病的状况

**方法** 采用微粒子化学发光法对我院 2013 年 1 月到 2015 年 12 月 21031 例术前及输血前患者进行乙肝两对半(HBV-M)、丙型肝炎病毒抗体(anti-HCV)、梅毒螺旋体抗体(anti-TP)、人类免疫缺陷病毒抗体(anti-HIV)的检测。

**结果** HBsAg、anti-HCV、anti-TP、anti-HIV 阳性率依次为 6.11%、2.23%、3.04%、0.13%; 总阳性率为 11.5%。

**结论** 11.5%的患者在术前及输血前已患有乙肝、丙肝、梅毒、艾滋病这些感染性疾病。进行术前及输血前感染性标志物的检测, 有利于了解患者的状况和病情; 有利于医护人员的自我保护, 降低职业暴露的风险。

## PU-1562

### 通山县人民医院外科手术感染病原菌的耐药性分析

陈刚  
通山县人民医院,437000

**目的** 了解通山县人民医院外科手术感染病原菌的耐药状况, 为临床医师抗感染治疗提供科学依据

**方法** 采集外科感染的伤口分泌物进行细菌培养；培养与鉴定严格按照《全国临床检验操作规程》，采用常规方法进行；药敏试验采用 K-B 法，结果按美国国家临床实验室标准化研究所（CLSI）2012 年规则进行评价

**结果** 166 株病原菌中分离率第一的是铜绿假单胞菌，占 25.9%（43/166）；第二是金黄色葡萄球菌，占 23.5%（39/166）；第三是大肠埃希菌占 18.7%（31/166）。药敏试验显示：我院外科感染病原菌对常用抗菌药物产生了一定的耐药性。

**结论** 通山县医院也应采取有效的医院感染管理措施，预防与控制外科医院感染。

## PU-1563

### 外周血 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 联合检测对儿童上呼吸道细菌感染诊断及病情评估的价值

秦伟伟

汉川市人民医院,432000

**目的** 探究外周血 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 联合检测对儿童上呼吸道细菌感染诊断及病情评估的价值，为其临床应用提供理论依据

**方法** 选取体检合格儿童 106 名与我院 106 例上呼吸道细菌感染儿童进行了临床对照实验研究。根据是否感染分为健康组和患者组，比较两组研究对象 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 水平的统计学差异；比较并分析患者组儿童 CPIS 评分对 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 影响的统计学意义；多因素回归分析各因素对患者病情的综合影响。

**结果** 健康组外周血 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 水平显著低于患者组（ $P<0.05$ ）。患者组 CPIS 评分小于 6 分患者外周血 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 水平显著低于 CPIS 评分大于 6 分患者（ $P<0.05$ ）。NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 与 CPIS 评分呈正相关，相关系数及概率依次为：NEUT-X（ $r=0.341$ ， $P=0.162$ ）、Hs-CRP（ $r=0.748$ ， $P=0.336$ ）、PCT（ $r=0.428$ ， $P=0.206$ ）。以患者 CPIS 评分为因变量，以 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 为自变量。拟合多元线性回归方程，各自变量对应变量影响大小依次为：Hs-CRP（OR=1.55）、外周血 NEUT-X 参数（OR=1.28）、PCT（OR=0.86）。

**结论** 采用外周血 NEUT-X 参数、Hs-CRP、PCT 三者联合检测方法相对于三者单一检测对儿童上呼吸道细菌感染诊断及病情评估的效果较好。

## PU-1564

### 咸宁市无偿献血者血液核酸检测结果初步探讨

邓丽娟

咸宁市中心血站

**目的** 探讨咸宁市无偿献血者通过核酸检测对血液安全的作用，为血液安全做进一步屏障

**方法** 收集 2017 年 1-6 月份咸宁市无偿献血者 8537（人）份的核酸检测结果作回顾性分析，分别对核酸阳性标本进行送检多种方法进行检测，分析，评价我站核酸检测对血液安全的意义

**结果** 8537 份标本核酸 HBV-DNA 阳性率 0.13%， $P<0.05$ 。差异有显著性。我站核酸检测 11 份 HBV 阳性标本送检后 8 份 HBV-DNA 检测出，而 3 份未检出。但乙肝两对半将 11 份标本均不同程度检测出阳性结果。

**结论** 核酸检测可以提高血液的安全性，降低输血风险，不仅能检测 HBV、HCV、HIV 外，还可以检测到献血者中出现的隐匿性 HBV 感染，在本次送检中由于稳中有各种原因未将全部阳性标本检

测出来。但在乙肝两对半中 HBcAb 检测在 HBV-DNA 阳性标本中的阳性率高达 100%，故笔者认为 HBcAb 检测可做为血液复查的补充方法之一。

## PU-1565

### 心力衰竭患者血清前白蛋白水平检测及临床意义

陆欢平,陆逸彬,潘晓骅

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 观察心力衰竭患者的前白蛋白水平,研究其与心功能分级的相关性,为早期诊断和鉴别诊断该病提供依据。

**方法** 回顾选取 2017 年 1 月至 2018 年 6 月于我院住院的慢性心力衰竭患者 122 例为观察组 1,并按照 NYHA 心功能分级分为 I~IV 亚组;急性心肌梗死合并心力衰竭患者 34 例为观察组 2;随机选取普通体检患者 50 例为对照组 1、急性心肌梗死患者 33 例为对照组 2。分别观察上述四组患者的血清前白蛋白、心肌肌钙蛋白 I(cTnI)和 N 末端 B 型利钠肽原(NT-proBNP)水平差异,观察慢性心力衰竭亚组内病变不同程度与血清前白蛋白水平的关系。

**结果** 慢性心力衰竭组、急性心肌梗死合并心力衰竭组的血清前白蛋白水平较体检患者组有显著下降 ( $P<0.05$ );慢性心力衰竭组血清前白蛋白水平低于急性心肌梗死合并心力衰竭组 ( $P<0.05$ );急性心肌梗死合并心力衰竭组血清前白蛋白水平低于急性心肌梗死对照组 ( $P<0.05$ );慢性心力衰竭 I、II 亚组之间前白蛋白水平无显著差异 ( $P>0.05$ ),但随着疾病恶化,前白蛋白水平呈逐步降低趋势 ( $P<0.05$ )。

**结论** 慢性心力衰竭患者的血清前白蛋白水平有明显的下降,且其降低的幅度与病变的严重程度相关;血清前白蛋白水平在预测急性心肌梗死后是否并发心力衰竭有重要价值。

## PU-1566

### 线性探针技术快速检测耐多药结核病的应用价值

吴雪景

咸宁市结核病防治院,437000

**目的** 探讨线性探针技术(HAIN)在耐多药结核病中的应用价值

**方法** 收集 315 例结核病患者罗氏培养菌株,同时采用线性探针技术和传统比例法结核菌药敏试验两种方法检测利福平和异烟肼的耐药性,以传统结核菌药敏试验为金标准,分析 HAIN 诊断耐药结核病的敏感性和特异性

**结果** 与比例法相比较,线性探针技术检测利福平和异烟肼的灵敏性分别为 94.12%、99.62%;特异性分别为 93.70%、99.20%;耐多药的检出率 9.80%,两种方法进行 Kappa 一致性比较,  $Kappa=0.974(P<0.0001)$ ;比传统比例法快速,6 小时内可得到报告

**结论** 线性探针技术检测利福平、异烟肼耐药性与比例法具有高度一致性,有较高的敏感性和特异性,而且操作简便、结果准确,报告时间短,对耐多药结核病的早期诊断具有积极、可靠的应用价值。

## PU-1567

**Sysmex XN-350 对胸水细胞学计数及其分类的评价**

张卫,李卓

First Affiliated Hospital of Xi'an Medical College

**目的** 分析 Sysmex XN-350 和手工法在胸水标本的计数及细胞分类上的差异,在保证检验质量的同时缩短 TAT 时间。

**方法** 收集西安医学院第一附属医院 2018 年 7 月~2018 年 10 月住院患者的胸水标本用 Sysmex XN-350 血液分析仪对样本进行白细胞计数和分类,再用改良牛鲍计数板对样本进行白细胞的计数,标本离心后涂片、染色镜检分类。结果汇总后利用统计学方法进行分析。

**结果** 对于白细胞数大于  $100 \times 10^6/L$  的标本,结果比较无统计学意义( $P > 0.05$ );而白细胞数小于或等于  $100 \times 10^6/L$  的标本,差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),在白细胞分类上,中性粒细胞、嗜酸性粒细胞、嗜碱性粒细胞、淋巴细胞两种方法相近,在单核细胞分类上差别较大,仪器法比手工法要高。

**结论** 在一定条件下(白细胞高于  $100 \times 10^6/L$ ), Sysmex XN-350 分析仪可用于脑脊液的白细胞计数,但是对于细胞数较少(白细胞小于  $100 \times 10^6/L$ )的标本应手工法复检。

## PU-1568

**Identification of microRNA-mRNA networks involved in cisplatin-induced renal tubular epithelial cells injury**Jie Wu, Li Dandan, Li Jiayao, Yin Yicong, Li Pengchang, Qiu Ling, Chen Limeng  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Cisplatin is a widely used chemotherapeutic drug that often causes acute kidney injury (AKI) in cancer patients. The mechanism of cisplatin-induced renal damage is not completely understood. Here we performed an integrative network analysis of miRNA and mRNA expression profiles to shed light into the underlying mechanism of cisplatin-induced renal tubular epithelial cell injury.

**Methods** Here we performed an integrative network analysis of miRNA and mRNA expression profiles to shed light into the underlying mechanism of cisplatin-induced renal tubular epithelial cell injury. Furthermore, qRT-PCR and western blot were applied to validate several differential expressed miRNAs and mRNAs expression.

**Results** Microarray analysis identified 47 differentially expressed miRNAs, among them 26 were upregulated and 21 were downregulated. Moreover, integrating dysregulated miRNAs target prediction and altered mRNA expression enabled us to identify 1181 putative target genes for further bioinformatics analysis. Gene ontology (GO) analysis revealed that the putative target genes were involved in apoptosis process and regulation of transcription. Pathway analysis indicated that the top upregulated pathways included MAPK and p53 signaling pathway, while the top downregulated pathways were PI3K-Akt and Wnt signaling pathway. Further network analysis showed that MAPK signaling pathway and apoptosis with the highest degree were identified as core pathways, hsa-miR-9-3p and hsa-miR-371b-5p as the most critical miRNAs, and CASK, ASH1L, CDK6 etc. as hub target genes. In addition, the expression level change of selected five microRNAs (hsa-miR-4299, hsa-miR-297, hsa-miR-3135b, hsa-miR-9-3p, and hsa-miR-371b-5p) and two mRNAs (CASK and CDK6) were validated in cisplatin-induced HK-2 cells. Furthermore, a similar trend of expression level change was observed in NRK-52E cells by cisplatin treatment.

**Conclusions** Our results provide the molecular basis and potential targets for the treatment of cisplatin-induced renal tubular cell injury.



PU-1569

## 南京地区血栓弹力图参考范围的研究

张敏

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 建立南京地区健康成年人血栓弹力图(TEG)正常参考值。

**方法** 研究对象: 2017.4-5 进行健康体检的成年人, 肝肾功能正常, 排除孕妇、有出血病史或血栓病史者、服用影响凝血药物者(阿司匹林、氯吡格雷、华法林、双嘧达莫等)人群。共收集 45 例健康成年人标本(枸橼酸盐抗凝血) 3 ml, 进行 TEG 检测。主要检测四项指标: R(凝血因子反应时间, 是指凝血过程开始到凝血酶激活所需的时间; K(即从凝血开始至描记图振幅达到 20 mm 的时间, 反映纤维蛋白原功能); Angle(是从血凝块形成点至描记图最大曲线弧度作切线与水平线的夹角, 反映纤维蛋白原功能); MA(最大振幅, 表示血凝块绝对强度, 反映血小板功能)。

**结果** 45 名健康成年人 TEG 各参数均值为 R: 5.631min, K: 1.709min, Angle: 65.944, MA: 63.062mm。标准差分别为 1.331、0.506、5.578、3.822, 按照参考范围制定标准, 参考值分别为 R: 3.024-8.238 min, K: 0.717-2.701 min, Angle: 55.012-76.878, MA: 55.573-70.551mm。本研究所得参考值与厂家提供参考值有一定差异。

**结论** 不同地区、不同环境的人群 TEG 参考值可能略有不同, 实验室有必要根据当地人群特点建立自己地区的正常参考值。此外, 本研究例数较少, 应扩大调查例数后再进行进一步分析。

PU-1570

## 小儿哮喘患者血清中 IL-33 和 TSLP 水平检测及临床意义\*

朱建光

咸宁市中心医院,437000

**目的** 探究白介素-33(IL-33)和胸腺基质淋巴细胞生成素(TSLP)在小儿哮喘患者中的作用

**方法** 选择我院 2016 年 1 月至 2018 年 1 月期间收治的哮喘患儿 120 例和 120 例健康儿童作为对照组, 应用 ELISA 法检测哮喘患儿治疗前、后血清 IL-33、TSLP 水平, 分析两者与 IgE 的相关性

**结果** 急性发作哮喘患儿血清中 IL-33 和 TSLP 水平均显著高于治疗后及正常对照组, 差异有统计学意义( $P < 0.05$ ), IL-33、TSLP 与 IgE 正相关

**结论** 在儿童哮喘的发生、发展中, IL-33 和 TSLP 起重要作用, 可以用于临床指导儿童哮喘的诊断及治疗。

PU-1571

## lncRNA KCNQ1OT1 在人白色脂肪细胞分化过程及肥胖人群脂肪组织中的表达研究

陈辰,陈亚军

南京市妇幼保健院,210000

**目的** 探讨长链非编码 RNA(long noncoding RNA, lncRNA) KCNQ1OT1 在人白色脂肪前体细胞分化过程中的表达情况, 以及在肥胖人群脂肪组织中的表达变化, 明确 KCNQ1OT1 与肥胖的相关性, 为阐明 KCNQ1OT1 在人脂肪细胞分化过程及肥胖中的作用提供线索。

**方法** 通过定量 PCR, 检测 KCNQ1OT1 在两种内参基因 (PPIA/GAPDH) 下, 于人白色脂肪细胞分化第 0, 1, 3, 5, 9, 12 天的表达水平; 应用 qPCR 检测 KCNQ1OT1 在肥胖和正常人群白色脂肪组织中的表达变化; 采用 Pearson 相关分析探讨 MEG3 与人群 BMI、血清甘油三酯 (TG) 及胆固醇 (CHOL) 的相关性。

**结果** 1 KCNQ1OT1 在脂肪细胞分化第 1、3、5、9 和 12 天的表达量分别为  $6.36E-05 \pm 0.00$ 、 $1.88E-03 \pm 0.00$ 、 $1.13E-03 \pm 0.00$ 、 $4.91E-04 \pm 0.00$ 、 $3.50E-04 \pm 0.00$  (PPIA);  $3.94E-05 \pm 0.00$ 、 $8.61E-04 \pm 0.00$ 、 $8.61E-04 \pm 0.00$ 、 $9.96E-04 \pm 0.00$ 、 $3.12E-04 \pm 0.00$ 、 $3.12E-04 \pm 0.00$ , 与第 0 天相较, 均呈上升趋势, 且变化差异有显著性 ( $p < 0.05$ ), 在分化前期 (第 1 天、第 3 天) 增长尤为明显。2. KCNQ1OT1 在肥胖人群内脏脂肪组织中的表达量为  $3.37E-03 \pm 0.002$  (PPIA) /  $3.37E-03 \pm 0.002$  (GAPDH), 较正常人显著增加, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 3. KCNQ1OT1 与人群 BMI 呈正相关, 相关系数为  $r=0.656$  (PPIA) 和  $r=0.554$  (GAPDH), ( $P < 0.05$ )。KCNQ1OT1 与人血清甘油三酯呈正相关, 相关系数为  $r=0.578$  (PPIA) 和  $r=0.627$  (GAPDH), ( $P < 0.05$ )。

**结论** 1、KCNQ1OT1 在白色脂肪细胞分化过程中呈增高趋势 2、KCNQ1OT1 在肥胖人群脂肪组织中的表达增高 3、KCNQ1OT1 与 BMI、血清 TG 等肥胖相关指标呈正相关。提示其可能作为人脂肪细胞分化重要调控因素及肥胖防治的潜在靶标。

## PU-1572

### 运用 PDCA 循环法提高急诊血常规 TAT 合格率的研究

张卫, 李卓

First Affiliated Hospital of Xi'an Medical College

**目的** 探讨提高急诊血常规检验 TAT 合格率的方法。

**方法** 采用 Lis 回溯调查和分析 2018 年 1~12 月我院急诊血分析的 TAT, 查找不达标原因, 按照 PDCA 法, 通过计划、实施、检查、处理 4 个阶段, 制定改进计划, 提高改进措施, 不断规范操作流程, 同时统计改善后 2018 年 7~12 月的急诊血常规 TAT 合格率, 比较实施前后血常规 TAT 达标率的变化。

**结果** 实施 PDCA 循环后, 我院急诊血常规 TAT 合格率明显提高, 从实施前的平均 78.5%, 缩短至实施后的平均 91.17%, 提高了 12.67%, 实施前后差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 应用 PDCA 循环进行持续质量改进, 可以有效缩短血常规 TAT, 促进疾病诊疗效率。

## PU-1573

### 医疗集团化管理背景下临床检验分析前质量精细化管理

黄常洪, 张扬男, 李晓丽, 李秋

郴州市第一人民医院, 423000

**目的** 研究临床实验室分析前阶段精细化管理对样品质量的影响

**方法** 我们以申报 ISO 15189 认可为契机, 以 ISO15189 全面质量管理体系为导向, 以信息化管理为手段, 以加强各级员工培训为措施, 通过落实分析前质量管理制度 10 项, 对样品质量进行了为期 3 年 (从 2016-2018 年) 的提升。

**结果** 显著提高了检验样品的质量, 降低了检验样品不合格率。不合格率从 5.86% 下降到 1.69%。

**结论** 提高了检验样品的质量, 降低了检验样品不合格率

PU-1574

## 孝感地区不同献血次数人群淋巴细胞亚群 和免疫球蛋白调查研究报告

艾文彬

孝感市第一人民医院,432000

**目的** 探讨孝感地区不同献血次数人群淋巴细胞亚群和免疫球蛋白含量的变化

**方法** 分别用 BD C6 Accuri 流式细胞仪和 Aristo 全自动特定蛋白仪对三组人群（献血次数<5 次者、献血 5-10 次者、献血>10 次者）外周血 T 淋巴细胞亚群和血浆中 IgG、IgM、IgA 的含量进行测定,以均数±标准差表示实验结果,用一元方差分析（one way ANOVA）分析各组间均数的差异

**结果** 研究显示三组人群 CD3、CD4、CD8 T 淋巴细胞数量 差异无统计学意义,免疫球蛋白 IgA、IgG 含量差异无统计学差异,而 IgM 含量差异有统计学意义

**结论** 研究显示三组人群 CD3、CD4、CD8 T 淋巴细胞数量 差异无统计学意义,免疫球蛋白 IgA、IgG 含量差异无统计学差异,而 IgM 含量差异有统计学意义

PU-1575

## 鼠疫耶尔森菌 CO92 株 SurA 基因缺失株 的构建与分析

张卫

First Affiliated Hospital of Xi'an Medical College

**目的** 为了研究鼠疫耶尔森菌 CO92 株 SurA 基因的功能,需构建鼠疫耶尔森菌 CO92 株 SurA 基因缺失株

**方法** 首先克隆 SurA 基因上下游同源臂以及卡那霉素抗性基因（Km），采用 Overlap 方法将三段基因拼接,双酶切后与自杀质粒 pEX18Tc 连接,通过 TSS 法转入大肠埃希菌 SM10λpir 中。带有重组质粒的大肠埃希菌 SM10λpir 和鼠疫耶尔森菌 CO92 株经过接合转移,蔗糖筛选后,Km 基因置换出 SurA 基因。将同剂量 ΔSurA 缺失株和野生株接种于肉汤培养基内,定期测定 OD600 值,绘制生长曲线,并观察两种对 SDS 的抵抗力。将同菌量的 ΔSurA 缺失株和野生株通过皮下注射方式注射到小鼠体内,通过观察小鼠的生长状态、体重、生存时间、脏器系数、以及脏器洗涤液的含菌量等方面来比较 ΔSurA 缺失株和野生株的毒力,从而分析 SurA 基因在鼠疫耶尔森菌 CO92 株中所起的作用。

**结果** 结果显示 ΔSurA 缺失株和野生株相比,生长较慢,对 SDS 更加敏感。在接受了同菌量的 ΔSurA 缺失株和野生株后,野生株感染组小鼠出现厌食、体重减低、生存时间较短、脏器系数较大、脏器洗涤液含菌量大等特点,ΔSurA 缺失株则未出现上述症状。

**结论** SurA 基因是鼠疫耶尔森菌 CO92 株重要的毒力因子,对菌株的繁殖速度,致病性和抵抗力有重要意义。

## PU-1576

## 孝感地区献血人群 T 淋巴细胞亚群数量与免疫球蛋白水平分析及临床意义研究

刘曙平

孝感市第一人民医院,432000

**目的** 通过对孝感地区 353 例义务捐献全血及血小板献血人群 CD3CD4CD8T 淋巴细胞数量及 IgA、IgG、IgM 水平,评价长期多次捐献全血及血小板对人体细胞免疫及体液免疫功能的影响。

**方法** CD3CD4CD8 淋巴细胞水平测定采用流式细胞技术,免疫球蛋白 IgA、IgG、IgM 测定采用透射免疫比浊法

**结果** 1. 献血组与正常对照组比较, T 淋巴细胞 CD3、CD4 有显著性差异 ( $P<0.05$ ), T 淋巴细胞 CD8 无显著性差异 ( $P>0.05$ )。2. 献血组与正常对照组比较, 免疫球蛋白 IgA、IgG 及 IgM 无显著性差异 ( $P>0.05$ ) 3. 精神分裂组与正常对照组比较, T 淋巴细胞 CD3、CD4、CD8 无显著性差异, 免疫球蛋白 IgA、IgG 及 IgM 无显著性差异

**结论** 1.献血人群 CD3CD4T 淋巴细胞略低于正常人群,但仍在正常水平,免疫球蛋白 IgA、IgG 及 IgM 水平无显著性差异,献血对人体的细胞免疫及体液免疫影响较小。2.精神分裂症患者与正常对照组比较细胞免疫及体液免疫水平无差异

## PU-1577

## 血浆 D-二聚体在肺癌诊断与治疗中的应用

夏浩海

通山县人民医院,437000

**目的** 探讨血浆 D-二聚体检测对肺癌的诊断与治疗中的价值

**方法** 选取 2015 年 1 月至 2017 年 12 月收治并确诊的 109 例原发性肺癌患者和 67 例健康查体人员的静脉血,采用 sysmex CA-7000 全自动凝血分析仪对血浆 D-二聚体进行检测

**结果** 肺癌患者 D-二聚体高于对照组 ( $P<0.05$ ), 转移患者 D-二聚体明显高于肺癌局限者 ( $P<0.05$ )

**结论** D-二聚体在肺癌辅助诊断及治疗方案的确定具重要的价值。

## PU-1578

## 脂蛋白相关磷脂酶 A2 临床价值研究进展

徐五星

赤壁市人民医院(原蒲圻市人民医院),437000

**目的** 脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lipoprotein associated phospholipase A2, Lp-PLA2) 是血管特异的炎性因子,是由炎性细胞产生的  $\text{Ca}^{2+}$  依赖性的炎性介质

**方法** Lp-PLA2 水解产物可以促进内皮细胞、巨噬细胞和白细胞上调表达、释放黏附分子和细胞因子,在动脉粥样硬化过程中发挥着重要作用,在心血管疾病的诊治中,磷脂酶 A2 (PLA2) 的特异性使之成为近几年来研究的重点和热点

**结果** Lp-PLA2 作为心血管疾病危险因素得到了大量的组织病理学、临床试验及流行病学研究的证实。但目前对于 Lp-PLA2 的心血管疾病风险预测价值仍存有一定的争议,如新近研究指出对于正常、低危人群以及服用降脂药物的人群, Lp-PLA2 不具有风险预测价值

**结论** 本文将就目前有关 Lp-PLA2 在心血管疾病的价值、争议以及特异性抑制剂的研究进展做一综述

## PU-1579

### 某医院第三季度尿培养病原菌分布及耐药分析

杨紫旋

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 分析尿路感染患者的细菌分布及耐药状况,为临床合理选用抗菌药物提供依据。

**方法** 按照标准操作规程,对 2018 年第三季度的 1027 份尿标本进行接种培养,通过梅里埃 VITEK-2 COMPACT 全自动微生物鉴定分析仪对菌株进行鉴定分析及药敏检测。

**结果** 对于送检的 1027 份尿标本中,共分离病原菌 339 株,其中以革兰阴性杆菌为主,为 242 株占 71.4%,革兰阳性球菌 71 株占 20.9%,真菌 22 株占 6.5%;分离率最高的前四位病原菌依次为大肠埃希菌 139 株(41.0%),肺炎克雷伯杆菌 32 株(9.4%),尿肠球菌 26 株(7.7%),奇异变形杆菌 20 株(5.9%);大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌对于喹诺酮类的耐药率 45.2%~73.3%,对三代头孢耐药率 48.4~68.5%;尿肠球菌对于各种药物的耐药率明显高于粪肠球菌,未检出对于万古霉素耐药的菌株。

**结论** 尿培养阳性的主要致病菌是以大肠埃希菌为代表的革兰阴性杆菌为主,对于喹诺酮类和三代头孢耐药严重。

## PU-1580

### 血培养阳性病原菌特征分析

佚名

襄阳市第一人民医院

**目的** 回顾性分析襄阳市第一人民医院 2018 年血培养阳性标本中病原菌的分布及耐药情况,为预防控制血流感染及指导临床用药提供依据

**方法** 采用美国 BD 公司 BACTEC9120 型和 BACTEC FX 型血培养仪对血培养标本进行培养,珠海迪尔 DL-96 细菌鉴定系统对分离的病原菌进行菌种鉴定和药敏试验

**结果** 共收到血培养申请 13425 套,检出病原菌 1150 株。其中,检出革兰阳性菌 670 株(58.26%),排名前三位的是葡萄球菌、肠球菌和肺炎链球菌;检出革兰阴性菌 466 株(40.52%),排名前三位的是大肠杆菌、肺炎克雷伯菌和铜绿假单胞菌;检出真菌 14 株(1.22%)。其中,多重耐药菌中,耐碳青霉烯大肠杆菌 3 株(1%),耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌 8 株(10.5%),耐碳青霉烯铜绿假单胞菌 4 株(16%),耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 24 株(30%)。28 个科室检出病原菌,儿科、成人 ICU、儿科 ICU、肾内科、肿瘤科检出率最高,眼科、耳鼻喉科及口腔科检出率较低

**结论** 不同科室血培养阳性率不同,不同细菌对不同抗生素的耐药率也有差异,今后应加强对血培养结果的监测,尤其是阳性检出率较高科室和耐药率较高抗生素,控制血流感染,合理使用抗生素,提高临床的诊疗效率和治疗效果。

## PU-1581

## 血细胞分析仪应用于原始细胞筛检的多参数模型构建初探

刘雨涵

四川大学华西临床医学院,610000

**目的** 探讨血细胞分析仪进行外周血细胞分析检测时与原始细胞筛检相关的参数,通过机器学习初步构建原始细胞筛检模型。

**方法** 随机选取 2018 年 1 月 1 日至 2018 年 6 月 30 日 4961 例标本(镜检结果原始细胞阳性为 302 例,阴性为 4659 例)进行研究,通过对仪器报告参数及检测参数共 64 项进行统计分析,选出相关参数构建原始细胞筛检模型,得出样本原始细胞出 p 值。根据公式计算原始细胞检测后概率,通过与人工镜检结果比较以评估模型的临床应用效能。

**结果** 随机使用门诊及住院非血液病患者样本(排除已确诊并治疗的血液病患者)989 例对模型进行盲法验证。该 989 例标本镜检结果原始细胞阳性 64 例,阴性 925 例,与模型预测结果进行比较,分析计算模型灵敏度为 100%,特异度为 53.2%,假阳性率为 46.8%、假阴性率为 0,正确分类频率为 56.2%,召回率为 1、精确度为 68.1%,F1 分数为 81.1%。用此模型对血液内科住院的血液病患者 493 例样本进行盲法验证,该 493 例标本镜检结果原始细胞阳性 69 例,阴性 424 例,与模型预测结果进行比较,计算模型灵敏度为 68.1%,特异度为 52.4%,假阳性率为 47.6%、假阴性率为 31.9%,正确分类频率为 54.6%,召回率 68.1%、精确度为 58.9%,F1 分数为 63.2%。

**结论** 治疗后患者血细胞检测参数发生改变使模型筛检原始细胞能力降低,该模型不适用对血液病患者标本进行原始细胞筛选。

## PU-1582

## 血清 MAO、5'-NT、GGT 检测在原发性肝癌中的价值

刘少平

天门市第一人民医院,431700

**目的** 分析血清单胺氧化酶(MAO)、5'-核苷酸酶(5'-NT)、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶(GGT)检测在原发性肝癌中的价值

**方法** 选择天门市第一人民医院 2015 年 2 月~2018 年 6 月收治的 43 例原发性肝癌患者,52 例良性肝病患者,及 35 例健康体检者,比较各组血清 MAO、5'-HT、GGT 水平,并分析血清 MAO、5'-HT、GGT 水平在检测原发性肝癌中的价值

**结果** 原发性肝癌组血清 MAO、5'-HT、GGT 水平高于良性肝病组,良性肝病组血清 MAO、5'-HT 及 GGT 水平高于健康对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。血清 MAO 曲线下面积为 0.718、敏感度和特异度分别为 0.571 和 0.418;5'-NT 曲线下面积为 0.717、敏感度和特异度分别为 0.558 和 0.476;GGT 曲线下面积为 0.714、敏感度和特异度分别为 0.738 和 0.334;联合检测曲线下面积为 0.884、敏感度和特异度分别为 0.401 和 0.881,联合检测曲线下面积大于单个指标检测

**结论** 血清 MAO、5'-NT 及 GGT 是反映肝功能损伤程度的敏感指标,联合检测可为原发性肝癌的诊断提高可靠依据

## PU-1583

## 肠道菌群参与 3-甲基腺嘌呤改善 CCl<sub>4</sub> 介导的小鼠肝纤维化

范银银,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 探讨肠道菌群在 3-甲基腺嘌呤(3-MA)改善 CCl<sub>4</sub> 介导小鼠肝纤维化过程中的作用。

**方法** 15 只小鼠随机分为正常对照组、肝纤维化组和实验组,用 CCl<sub>4</sub> 构建肝纤维化模型,实验组第三周开始额外给予 3-MA。8 周后处死小鼠并取其血液、肝组织及肠道内容物,分析血清转氨酶、肝组织病理及肠道菌群情况。

**结果** 实验组较肝纤维化组血清丙氨酸转氨酶 (ALT)、天冬氨酸转氨酶 (AST) 水平明显下降 ( $P<0.01$ ),肝组织病变程度减轻。PCoA 及 NMDS 分析能将三组小鼠肠道菌群鉴别区分。肝纤维化组较正常对照组肠道群落 Alpha 多样性降低,毛螺菌丰度显著下降,放线菌门、脱硫弧菌等肠道菌丰度显著升高 ( $P<0.05$ )。实验组较肝纤维化组肠道群落 Alpha 多样性增高,毛螺菌、Blautia 菌丰度明显增高,双歧杆菌丰度减低;较正常对照组乳酸杆菌丰度明显增高 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肠道菌群在 3-MA 改善 CCl<sub>4</sub> 介导的小鼠肝纤维化过程中起着积极作用。

## PU-1584

## 血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 在肺癌中的临床表达及意义

余卉

天门市第一人民医院,431700

**目的** 探讨血清神经元特异性烯醇化酶(neuron-specific enolase,NSE)、细胞角蛋白 19 片段抗原(CYFRA21-1)、鳞癌抗原(SCC)在肺癌中的临床表达及意义

**方法** 选取 2015 年 2 月至 2018 年 6 月的 49 例肺癌患者,选取同期进行健康体检者 45 例,肺良性病变组 41 例。观察三组血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 含量,肺癌组不同 TNM 分期血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 含量,各病理类型血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 含量。

**结果** 肺良性病变组、肺癌组血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 含量显著高于健康对照组 ( $P<0.05$ );肺癌组各期血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 含量均具有统计学意义 ( $P<0.05$ );腺癌、小细胞肺癌、鳞癌 NSE、CYFRA21-1、SCC 含量均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** 血清 NSE、CYFRA21-1、SCC 检测对肺癌的诊断及分期具有一定的辅助作用,三种肿瘤标志物联合检测可互补,提高准确率,为临床判断及治疗提供科学可靠的依据。

## PU-1585

## 羊水染色体制备技术的改进

朱瑞琪

襄阳市第一人民医院

**目的** 探索一中操作简便、成功率高、具有可重复性的羊水染色体制备方法

**方法** 与常规制备方法不同,改良羊水细胞培养环境及其收货时间,取 2018 年 6 月~12 月 50 例 18~24 孕周有产前诊断指征的孕妇,进行培养、制片及 G 显带分析

**结果** 50 例羊水培养成功率 98%，培养时间 7~11 天，平均每例分裂相>100 个。

**结论** 本方法染色体制备形态好，成功率高，对异常胎儿能及早终止妊娠，具有可重复性和推广价值。

## PU-1586

### 医院多学科协作对多重耐药菌感染防控工作

徐水清

咸宁市第一人民医院,437000

**目的** 为降低多重耐药菌检出率与医院感染率，对医院多学科协作模式参与多重耐药菌的感染防控工作的干预措施进行临床效果分析

**方法** 对医院多学科协作参与多重耐药菌感染防控工作的干预措施前后，患者住院期间多重耐药菌检出率及院内感染发生率进行回顾性统计分析。

**结果** 采取干预措施后，医院各相关学科通过多方团结协作，多重耐药菌的检出率从 29.51%下降到 17.29%，医院感染率也得到有效控制，从 24.36%下降到 6.77%。

**结论** 多学科协作对医院多重耐药菌感染防控工作的干预效果显著，抗菌药物得到合理使用，消毒隔离防护措施得到有效落实，多重耐药菌的检出率及医院感染率明显降低，患者的住院时间也缩短了。

## PU-1587

### 乙肝疫苗接种对新生儿乙肝表面抗原检测结果的影响

赵春艳

松滋市人民医院,434000

**目的** 分析探讨乙肝疫苗接种对新生儿血清乙肝表面抗原（HBsAg）检测结果的影响。

**方法** 用化学发光法和酶联免疫吸附试验检测接种乙肝疫苗后新生儿血清中的 HBsAg，有反应性的于两周后重抽标本复查

**结果** 两周后重抽复查，HBsAg 均<0.03IU/ml。

**结论** 乙肝疫苗的接种可使少数新生儿 HBsAg 呈弱反应性结果，而非乙肝病毒感染。

## PU-1588

### 婴幼儿腹泻病原微生物检验结果分析

陈志芳

湖北省嘉鱼县人民医院

**目的** 对婴幼儿腹泻病原微生物检验结果进行分析，总结引起婴幼儿腹泻的主要病原微生物

**方法** 回顾性分析 235 例婴幼儿腹泻患者的临床资料，对其自然排便腹泻粪进行检验

**结果** 本组研究对象 235 例患儿中，共计 144 例检测出病原微生物阳性，阳性率为 61.28%。针对不同年龄段患儿比较其阳性率，各个阶段患儿的阳性率差异具有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。轮状病毒感染例数 93 例，比例为 39.57%，轮状病毒感染比例显著高于其它原微生物感染比例差异具统



计学意义 ( $p < 0.05$ )。婴幼儿腹泻病原微生物检验结果的临床分析, 差异具统计学意义 ( $p < 0.05$ ) )

**结论** 病原微生物感染与患儿的年龄有直接关系, 轮状病毒是婴儿腹泻的主要病原菌, 临床上要在实验室检验的基础上实施针对性的诊断与治疗。

## PU-1589

### 婴幼儿重症肺炎免疫球蛋白和白细胞介素-6 测定价值研究

杨进波

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 探讨婴幼儿重症肺炎免疫球蛋白和白细胞介素-6 (IL-6) 测定的临床价值

**方法** 选取临床确诊的婴幼儿重症肺炎 (观察组) 47 例及健康体检婴幼儿 (对照组) 39 例, 分别测定其血清免疫球蛋白 IgA、IgG、IgM 和补体 C3、C4, 以及 IL-6 水平, 并对测定数据进行对比分析

**结果** 观察组 IgA 为  $(1.86 \pm 0.51)$  g/L、IgM 为  $(1.31 \pm 0.67)$  g/L, 非常显著高于对照组的  $(0.97 \pm 0.42)$  g/L 和  $(0.77 \pm 0.43)$  g/L ( $P < 0.01$ ); 观察组 C3 为  $(0.61 \pm 0.11)$  g/L、C4 为  $(0.47 \pm 0.21)$  g/L, 显著低于对照组的  $(0.91 \pm 0.23)$  g/L 和  $(0.63 \pm 0.17)$  g/L ( $P < 0.05$ )。观察组 IL-6 水平为  $(187.96 \pm 33.26)$  pg/ml, 非常显著高于对照组的  $(104.03 \pm 41.56)$  pg/ml ( $P < 0.01$ )。

**结论** 免疫球蛋白和 IL-6 测定对婴幼儿重症肺炎有重要临床价值。

## PU-1590

### 脂多糖干预对大鼠周围神经损伤后瓦勒变性的影响

熊乐

襄阳市第一人民医院

**目的** 探讨脂多糖对于大鼠坐骨神经损伤瓦勒变性早期髓鞘碎片清除的影响

**方法** 将 50 只 Wistar 大鼠随机分成假手术组 (10 只), 模型组 (20 只) 和脂多糖 LPS 组 (20 只), LPS 组及模型组横断大鼠右侧坐骨神经后, 行神经外膜端端吻合; 假手术组仅游离出坐骨神经, 然后关闭切口。LPS 组大鼠在神经断端显微注射 LPS ( $2$  g/L)  $1$   $\mu$ L, 模型组及假手术组大鼠注射同等体积生理盐水。于术后 1.5 h、24 h 和 7 d 取术侧坐骨神经。实时定量 PCR (qRT-PCR) 检测坐骨神经中白介素  $1\beta$  (IL- $1\beta$ ) mRNA、单核细胞趋化蛋白-1 (MCP-1) mRNA 水平; 免疫荧光法检测坐骨神经中 CD68<sup>+</sup>巨噬细胞的表达; HE 染色观察坐骨神经的病理变化; 油红 O 染色观察坐骨神经髓鞘程度; LFB 染色观察坐骨神经髓鞘变化; 坐骨神经功能指数 (SFI) 评价大鼠运动功能的恢复情况。

**结果** 实时定量 PCR 显示, 与假手术组相比, 术后 1.5 h 模型组 IL- $1\beta$  mRNA 和 MCP-1 mRNA 的表达均明显升高 ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ), 与模型组相比, 术后 1.5 h LPS 组 IL- $1\beta$  mRNA 和 MCP-1 mRNA 的表达明显升高 ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ )。术后 24 h 模型组 IL- $1\beta$  mRNA 和 MCP-1 mRNA 的表达均明显升高 ( $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ), 与模型组相比, 术后 24 h LPS 组 IL- $1\beta$  mRNA 和 MCP-1 mRNA 的表达明显升高 ( $P < 0.01$ ,  $P < 0.01$ )。免疫荧光可见, 与模型组相比, 术后 7 d LPS 组中 CD68<sup>+</sup>细胞表达显著上调 ( $P < 0.05$ )。术后 7 d 坐骨神经 HE 染色可见, LPS 组坐骨神经断端较多炎性细胞浸润, 许旺细胞增殖活跃, 模型组神经断端炎性细胞和许旺细胞较少。术后 7 d 坐骨神经 ORO 染色可见, 与模型组相比, LPS 组断端远侧髓鞘程度较高。术后 7 d 坐骨神经 LFB 染色可

见,模型组和 LPS 组坐骨神经断端均出现脱髓鞘反应,但与模型组相比,LPS 组神经断端残余髓鞘碎片明显减少 ( $P<0.05$ )。SFI 显示,与模型组相比,LPS 组大鼠在术后 10、20、30、40 和 50 d 分别不同程度升高,术后 20 d 明显增高,差异有显著性( $P<0.05$ )。

**结论** 脂多糖通过激活固有免疫系统加快大鼠坐骨周围神经损伤后瓦勒变性早期髓鞘碎片的清除。

## PU-1591

### 重症监护病房鲍曼不动杆菌定植状况 及危险因素研究

宋涛  
襄阳市第一人民医院

**目的** 了解湖北省襄阳市第一人民医院 ICU 病房鲍曼不动杆菌的定植情况,探讨其定植的危险因素,为临床治疗及控制院内感染提供依据

**方法** 对 2018 年 1 月至 2018 年 12 月入住 ICU 病房 $\geq 24$ h 的患者进行主动筛查,采集患者鼻前庭、腋窝、腹股沟及直肠拭子标本进行细菌培养及药敏试验,同时记录病例调查表。并采用单因素分析和多元 Logistic 回归分析,对鲍曼不动杆菌医院定植的危险因素进行探讨

**结果** 331 例有效患者纳入研究,有 69 名 (20.8%) 患者存在鲍曼不动杆菌定植,多因素 logistic 回归分析结果显示,ICU 鲍曼不动菌定植的独立危险因素包括:入 ICU 抗生素使用种类、入 ICU 前抗生素使用天数和 ICU 侵入性操作与 MDRO 感染相关。

**结论** 本院 ICU 鲍曼不动杆菌定植率较高,对其危险因素研究分析,有助于治疗和预防感染

## PU-1592

### Fungi cell wall zymosan promotes proliferation, *Candida albicans* adhesion and IL-1 $\beta$ production of oral squamous cell carcinoma

XU CHEN, Qingqiong Luo, Jieying Ding, Meng Yang, Fuxiang Chen

Department of Laboratory Medicine, Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine (SJTUSM)

**Objective** Oral squamous cell carcinoma (OSCC) is the most common type of head and neck squamous cell carcinoma (HNSCC), and increasing evidence shows that oral microbiota is important for the maintenance of normal oral environment, and also for the development of oral disease. It has been observed that oral carriage of *Candida albicans* is higher in patients with OSCC or leukoplakia than those without oral pathology, but it remains ambiguous the association between *Candida albicans* and oral cancer.

**Methods** Cell proliferation assay was performed with MTT and CCK-8 to evaluate the effect of zymosan on OSCC cell lines, and potential mechanism was explored by quantitative real-time PCR, immunofluorescence assay and western blot. Cell adhesion test was conducted to determine the adhesion of *Candida albicans* to OSCC cells, and related gene expression and protein was detected. Also, the proinflammatory cytokines including IL-6, IL-8, TNF- $\alpha$  and IL-1 $\beta$  were detected by ELISA.

**Results** In present study, fungi cell wall zymosan promotes proliferation of oral squamous cell carcinoma (OSCC) cells lines including WSU-HN4, WSU-HN6 and CAL27. The results of real-time PCR and immunofluorescence assay indicated that TLR2 was expressed on OSCC cells, and that TLR2 was highly expressed when treated with zymosan, and the results of RT-PCR and western blot indicated that zymosan could contribute to the proliferation of OSCC in vitro by

activating NF- $\kappa$ B via TLR2/MyD88 pathway. By cell adhesion test, number of *Candida albicans* per oil field was significantly increased in ZYM-treated OSCC cells compared to controls. When treated with zymosan, OSCC cells secreted significantly more IL-1 $\beta$ , which was a hint of an inflammatory response inside the OSCC.

**Conclusions** Fungi cell wall zymosan promotes proliferation, *Candida albicans* adhesion and IL-1 $\beta$  production of oral squamous cell carcinoma.

## PU-1593

### 自体富血小板血浆治疗膝关节骨性关节炎的疗效观察

朱传新

咸宁市第一人民医院,437000

**目的** 探讨自体富血小板血浆 (PRP) 对膝关节骨性关节炎 (KOA) 的治疗机制及作用。

**方法** 对照组: A 组玻璃酸钠 (HA) 220 人, 外膝眼行 HA 2.0mL 关节腔注射。治疗组: B 组 PRP230 人, 外膝眼行 PRP4.0mL 关节腔注射。3 周 1 次, 共 4 次。观察 2 月、3 月后膝关节疼痛、肿胀、运动, 关节软组织的组织结构

**结果** A 组 HA 与 B 组 PRP 与治疗前比较, 两组疼痛、肿胀、运动, 关节软组织的组织结构都有所缓解, 两组相比: 2 月前差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 3 月后差异有明显统计学意义 ( $P < 0.05$ )

**结论** PRP 对 KOA 具有较为明显的治疗及缓解作用

## PU-1594

### 干细胞因子 SALL4 在卵巢癌中的表达及作用机制研究

王斐<sup>1</sup>, 徐丹菲<sup>2</sup>, 吴玥<sup>2</sup>, 裴雨晴<sup>2</sup>, 崔巍<sup>2</sup>

1. 中国医学科学院北京协和医院, 100000

2. 中国医学科学院肿瘤医院, 100000

**目的** 研究干细胞因子 SALL4 在不同人群不同亚型卵巢癌中的表达模式及作用机制。

**方法** 采用 microarray 和免疫组织化学染色方法从基因和蛋白两个水平分析干细胞因子 SALL4 在卵巢癌中的表达水平, 通过卵巢癌细胞系和卵巢上皮细胞恶性转化模型分析 SALL4 在卵巢癌发生发展中的作用机制。

**结果** 染色体 20q12-q13 区域扩增常见于卵巢癌患者, 提示这一区域在卵巢癌的发生中具有重要作用。而干细胞因子 SALL4 定位于 20 号染色体 q13.13-q13.2, 可能是这一区域扩增的一个重要靶基因, 从而在卵巢癌的发生和发展过程中起到重要作用。我们对两个独立的卵巢癌群体分析发现, 与正常卵巢上皮细胞相比, SALL4 在卵巢上皮性肿瘤细胞中的表达水平显著升高, 免疫组织化学染色结果进一步证实了 SALL4 表达于超过 20% 的卵巢癌, 但不表达于正常卵巢上皮细胞。卵巢上皮细胞恶性转化模型进一步显示 SALL4 在恶性转化中期即显著升高, 而通过 shRNA 下调 SALL4 表达水平则导致细胞凋亡和生长阻滞, 提示 SALL4 在卵巢癌的发生发展中可能具有重要作用。

**结论** 干细胞因子 SALL4 作为一种新型的癌胚抗原在部分卵巢癌的发生发展中具有重要作用。

## PU-1595

## 外周血涂片检出马尔尼菲篮状菌 2 例

王庚,赵天赐,张小江,吴卫  
中国医学科学院北京协和医院,100000

马尔尼菲篮状菌 (*Talaromyces marneffe*, TM) 原名马尔尼菲青霉菌, 是罕见的温度依赖性双相真菌, 感染发病率低, 常发生于免疫抑制、免疫功能低下或缺陷者。马尔尼菲篮状菌病是由 TM 感染的真菌病。据泰国一回顾性研究显示 245 例侵袭性真菌病中, 26 例 (10.6%) 为 TM 感染, 已成为侵袭性真菌病最常见的霉菌型致病菌。国内一研究显示, 北京地坛医院 12 例感染 TM 的 HIV 患者, 主要来自中国的南部和西南部地区。近年来, 在非流行地区也有感染 TM 的病例报道。因此, 正确认识此病及早期诊断对治疗马尔尼菲篮状菌病非常重要。现报道 2 例因初诊血小板计数减少行外周血涂片镜检时查出的马尔尼菲篮状菌病例 2 例。

## PU-1596

## 艰难梭菌感染治疗进展

高琰,苏建荣  
首都医科大学附属北京友谊医院,100000

**目的** 艰难梭菌感染的特点是肠道菌群失调和随之而来轻度腹泻或严重伪膜性结肠炎。然而, 频繁的复发的艰难梭菌感染挑战传统的抗生素治疗。本文将总结一下当前最新的艰难梭菌感染治疗策略。

**方法** 通过关键词“艰难梭菌”, “中药”, “抗生素”, “治疗”检索中国知网, 万方, 百度学术及 Pubmed 数据库, 阅读大量文献。

**结果** 目前, 几个新的治疗方法已经推出了解决复发的艰难梭菌感染, 包括 bezlotoxumab, SYN-004 (ribaxamase), RBX2660, 和粪便菌群移植。中医是一个古老医疗系统已经积累成千上万的经验。中医以症状为治疗导向, 是一个多组分和多靶向的治疗模式。这古老医疗系统显示优势超过传统的医疗, 特别是在治疗复杂的障碍, 包括的艰难梭菌感染。中药能够通过恢复肠道菌群干预治疗 CDI 和其他疾病。然而, 更严格的设计的基本的研究和随机对照试验需要进行评价中药的机制和效果。

**结论** 最后, 得出结论认为中医和西医结合治疗可以解决复发艰难梭菌感染。

## PU-1597

## 芍药苷抑制骨髓源性树突状细胞的成熟及功能

张晗,罗清琼,丁洁颖,朱丽萍,陈福祥  
上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 探讨芍药苷 (PF) 对树突状细胞 (DC) 表型及功能的影响。

**方法** 分离 C57BL/6 小鼠骨髓细胞, 体外加入粒单-集落刺激因子 (GM-CSF) 和白介素-4 (IL-4) 诱导骨髓源性 DC, 培养过程中加入不同浓度的 PF 共培养。利用 CCK-8 实验检测 PF 对细胞活力的影响; 流式细胞术检测不成熟 DC 表面共刺激分子 CD80、CD40 和 MHC II 的表达; FITC-Dextran 细胞摄取实验检测不成熟 DC 的吞噬功能; 混合淋巴细胞实验检测 PF 对成熟 DC 诱导同种异型淋巴细胞增殖的影响。

**结果** PF 不影响细胞活性, 无明显毒性作用。PF 可抑制不成熟 DC 表面共刺激分子 CD80、CD40 和 MHC II 的表达, 抑制不成熟 DC 的吞噬功能。此外, PF 还可明显抑制成熟 DC 介导的混合淋巴细胞反应。

**结论** PF 能够明显抑制 DC 的成熟和功能, 这为 PF 在自身免疫病治疗中的应用提供了实验依据。

## PU-1598

### miRNA-326 调控晶状体浑浊的机制研究

任含笑

山东大学第二医院, 250000

**目的** 探讨 miR-326 调控 betaB2 晶体蛋白在白内障发生、发展中的作用机制, 为老年性白内障的早期干预提供靶点和治疗新途径。

**方法** 采用基因芯片筛选可能调控 betaB2 的 miRNA 分子, 并进行 betaB2 基因 KO 鼠和 WT 鼠之间以及老年性白内障患者与正常人血清之间的差异 miRNA 的筛查。明确 miR-326 的下游靶基因。通过体外荧光素酶报告基因系统验证 miR-326 调控 betaB2 表达的作用靶点。并验证靶点对 betaB2 的调控作用。通过细胞增殖、周期、凋亡等明确晶状体上皮细胞中 miR-326 对 betaB2 表达以及细胞生物学功能的调控作用。

**结果** betaB2 基因敲除后 miR-326 的表达显著降低; 荧光素酶报告基因实验证实 miR-326 的靶基因为 FGF1; miR-326 模拟物转染 HLEC-B3 细胞后 FGF1 和 betaB2 的表达量均降低, 而转染 miR-326 抑制体后 FGF1 和 betaB2 晶体蛋白的表达同步升高。

**结论** 本研究证实 miR-326 通过与靶基因 FGF1 的 3'-UTR 结合而特异性抑制 FGF1 的表达, 从而抑制 betaB2 晶体蛋白的表达。通过 miR-326 的抑制载体靶向上调 FGF1 的表达, 进而促进 betaB2 晶体蛋白的表达, 促进该蛋白在晶状体中发挥特殊结构蛋白及类伴侣蛋白作用, 以利于稳定晶状体正常功能、延缓晶状体老化, 为老年性白内障的“未病先防”提供理论及实验依据。

## PU-1599

### 急性早期前体 T 淋巴细胞白血病/淋巴瘤分型预后意义的初步探讨

廖红艳, 蒋能刚

四川大学华西医院, 610000

**目的** 分析我国急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴瘤 (T-ALL/LBL) 患者的临床特征, 探究急性早期前体 T 淋巴细胞白血病/淋巴瘤 (ETP-ALL) 分型的预后意义。

**方法** 回顾性分析 2008 年 1 月至 2014 年 12 月间在四川大学华西医院就诊的 126 例 T-ALL/LBL 患者临床资料, 基于白血病细胞的免疫表型将其分为三组: ETP-ALL/LBL (CD1a<sup>-</sup>, CD8<sup>-</sup>, CD5<sup>-</sup>/<sub>dim</sub> 以及一种或多种干细胞和髓系相关抗原表达)、近似 ETP-ALL/LBL (near-ETP-ALL/LBL) (除 CD5<sup>+</sup>外其他同 ETP-ALL 表型特征) 及非 ETP-ALL/LBL (non-ETP-ALL/LBL) 组, 对患者的实验室指标及预后相关因素进行分析。

**结果** 126 例 T-ALL/LBL 患者中男女比例为 2.5:1, 中位年龄为 25 (14~77) 岁, ETP-ALL/LBL 亚型的比例高达 47.6%。T-ALL 患者首次化疗完全缓解 (CR<sub>1</sub>) 率显著高于 T-LBL 患者 (64.4%对 30.8% [WYQ1],  $P = 0.03$  [WYQ2]); 初诊外周血 WBC  $> 50 \times 10^9/L$  的患者 CR<sub>1</sub> 率显著高于 WBC  $\leq 50 \times 10^9/L$  的患者 (78.4% 对 50.9%,  $P = 0.010$ )。相较于 non-ETP-ALL/LBL 组, ETP-ALL/LBL 组患者发病年龄更大 ( $P < 0.001$ )、外周血 WBC 更低 ( $P < 0.001$ )、病程中中枢神经系统浸润率更低 (10.0%对 30.2%,  $P = 0.009$ )。ETP-ALL/LBL 组患者 CR<sub>1</sub> 率显著低于 non-

ETP-ALL/LBL 组 (37.3%对 84.6%,  $P < 0.001$ ) ; ETP-ALL/LBL 组患者较 non-ETP-ALL/LBL 组患者总生存期短, 但差异无统计学意义 ( $P = 0.073$ ) 。T 系抗原 CD1a<sup>+</sup>组、CD8<sup>+</sup>组、CD4<sup>+</sup>组的 CR<sub>1</sub> 率均比相应的阴性组高 ( $P$  值分别为 0.002、0.000、0.001) , 而髓系抗原 CD33<sup>+</sup>组、CD56<sup>+</sup>组 CR<sub>1</sub> 率均比相应的阴性组低 ( $P$  值分别为 0.035、0.035) 。

**结论** 中国青少年和成人 T-ALL 患者中 ETP-ALL/LBL 亚型比例高, ETP-ALL/LBL 属于成人 ALL 的高危亚型, 需要更精确的诊断及新的治疗策略来改善预后。

## PU-1600

### 活动期系统性红斑狼疮骨髓形态学分析

廖红艳, 郑沁  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 对系统性红斑狼疮 (SLE) 骨髓形态进行分析, 探讨在 SLE 其于诊断 SLE 中的意义。

**方法** 回顾性分析 73 例活动期 SLE 患者骨髓象、外周血象及自身抗体结果。

**结果** 患者血液系统受累表现明显, : 73 例患者中 67 例患者 (91.884%) 例患者骨髓增生明显活跃或活跃, 70 例患者 (95.96%) 粒系增生活跃, 35 例患者 (487.9%) 例淋巴细胞相对减少, 10 例患者 (13.74%) 例红系增生活跃或明显活跃, 42 例患者 (587.5%) 例巨核细胞增多, 但血小板有所减低。在外周血象中, 20 例患者 (27.4%) 例患者白细胞减少, 4751 例患者 (64.470%) 例患者有不同程度的贫血, 21 例患者 (28.89%) 例患者血小板减少。血小板减少组的骨髓巨核细胞数目显著低于血小板正常组, 差异有统计学意义 ( $P=0.028$ ) 。外周血中血小板减少与骨髓中巨核细胞数目关联。

**结论** SLE 累及多器官, 骨髓可能为 SLE 的靶器官之一; 血液系统受累较为普遍, 骨髓形态学检查对其有十分重要的诊断意义。

## PU-1601

### 63 例医院获得性铜绿假单胞菌血流感染的临床特征及耐药性分析

宋贵波, 苟茂琼  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨医院获得性铜绿假单胞菌血流感染的临床特征及耐药情况, 为临床预防和治疗铜绿假单胞菌血流感染提供有效参考。

**方法** 收集昆明医科大学第一附属医院各科室 2014 年 1 月-2018 年 12 月发生医院获得性铜绿假单胞菌血流感染患者的临床资料, 使用 SPSS 17.0 统计学软件, 根据患者血流感染危险因素进行预后相关单因素及多因素分析, 单因素分析分别比较不同危险因素对预后影响是否存在差异性, 多因素采用 logistic 回归分析。

**结果** 2014 年 1 月-2018 年 12 月铜绿假单胞菌血培养阳性并符合研究标准的共 63 例, 男性 40 例 (63.5%), 女性 23 例 (36.5%), 其中 20 株 (31.7%)

分布于血液内科、11 株 (17.5%) 分布于重症监护室、9 株 (12.7%) 分布于泌尿外科, 其他涉及的科室还包括移植科、肿瘤放疗科、儿科、骨科等; 感染患者中, 22 例 (34.9%) 血液系统疾病, 11 例 (17.5%) 心脑血管疾病, 9 例 (14.3%) 恶性实体瘤; 63 株血流感染铜绿假单胞菌中检出 11 株多重耐药菌 (17.5%), 对亚胺培南、美罗培南的耐药率, 分别为 27.6%、20.7%。预后单因素相关分析显示: 恶性实体瘤 ( $\chi^2=7.448$ ,  $P=0.006$ )、侵入性操作 ( $\chi^2=6.461$ ,  $P=0.011$ )、感染前使用过抗菌药物 ( $\chi^2=5.730$ ,  $P=0.017$ )、入住 ICU ( $\chi^2=5.071$ ,  $P=0.024$ ) 与铜绿假单胞菌血流感染的预后

相关; logistic 多因素回归分析显示感染前使用过抗菌药物( $OR=25.817$ ,  $P=0.044$ )、侵入性操作( $OR=28.131$ ,  $P=0.048$ )为铜绿假单胞菌血流感染预后不良的独立危险因素。

**结论** 医院获得性铜绿假单胞菌血流感染预后差,严重的基础疾病、入住 ICU、感染前使用抗菌药物、侵入性操作是其预后的危险因素,合理使用抗菌药物及减少不必要的侵入性操作有利于降低铜绿假单胞菌血流感染的机会,而改善预后。

## PU-1602

### 石墨烯量子点调控肿瘤放射增敏作用研究

王英<sup>1</sup>,陈福祥<sup>1</sup>,阮静<sup>1</sup>,葛盛芳<sup>1</sup>

1.Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

2. Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**目的** 本研究采用具有良好生物相容性和富含氧基团的纳米材料石墨烯量子点(GQDs),探讨其对结直肠癌细胞的放射增敏作用,并对辐射增敏的机制进行初探,为纳米材料作为放射增敏剂在临床应用中奠定研究基础。

**方法** 制备 GQDs 并通过 CCK8 法筛选出 GQDs 的安全浓度;应用激光共聚焦显微镜观察 GQDs 在肿瘤细胞内的分布;采用 CCK8 和克隆形成实验检测 GQDs 与辐射共同处理后细胞活性和克隆的形成;采用流式细胞技术检测各处理组细胞凋亡率;利用透射电子显微镜观察细胞损伤情况以及 GQDs 亚细胞定位情况;采用流式细胞技术检测各处理组细胞周期阻滞;利用 DCFH-DA、MITOSOX Red 探针分别检测辐照后细胞内 ROS 和线粒体 ROS 的产生;采用蛋白免疫印迹技术检测照射后反映 DNA 损伤程度的  $\gamma$ H2AX 的表达。

**结果** CCK8 实验筛选出 GQDs 的使用浓度为  $50\mu\text{g/mL}$ ;透射电镜和激光共聚焦显微镜结果显示 GQDs 分布在细胞质内;GQDs 可以协同辐照抑制 SW620 和 HCT116 细胞的增殖,并促进细胞凋亡发生,增加细胞的损伤;研究发现 GQDs 可协同射线产生活性氧,引起 DNA 双链断裂,导致细胞发生 G2/M 期细胞周期阻滞。

**结论** 本研究在细胞水平证明了 GQDs 具有放射增敏作用,可以协同射线杀伤肿瘤细胞,最终达到抑制肿瘤生长的目的。提示 GQDs 可作为一种新型放射增敏剂。

## PU-1603

### Associations between anti-NXP2 antibody and demographics, clinical characteristics and laboratory results of patients with dermatomyositis: A systematic meta-analysis

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Anti-nuclear matrix protein 2 (NXP2) is a specific biomarker in patients with dermatomyositis (DM). Results from several studies that examined the relationship between anti-NXP2 antibody and the demographics, clinical characteristics, and laboratory results of DM patients have been conflicting. The purpose of this study was to identify the relationship, if any, of anti-NXP2 antibody with demographics, clinical characteristics, and laboratory results of DM patients.

**Methods** PubMed, Web of Science, Embase, and the Cochrane Library databases were searched for studies without language restrictions conducted before January 31, 2019. Stata 12.0 software was used to calculate pooled odds ratios (ORs) or weighted mean differences (WMDs)

and corresponding 95% confidence intervals (CIs) to determine the relationship between anti-NXP2 antibody and patient characteristics.

**Results** Eleven studies comprising 2,047 cases were included in this meta-analysis. Anti-NXP2 antibody was associated with the following characteristics of patients: edema (OR = 3.90, 95% CI = 2.01–7.55,  $P < 0.001$ ), muscle weakness (OR = 10.69, 95% CI = 4.67–24.47,  $P < 0.001$ ), myalgia/myodynia (OR = 2.97, 95% CI = 1.97–4.46,  $P < 0.001$ ), ILD (OR = 0.25, 95% CI = 0.15–0.40,  $P < 0.001$ ), dysphagia (OR = 4.00, 95% CI = 2.71–5.90,  $P < 0.001$ ), calcinosis (OR = 3.74, 95% CI = 1.91–7.30,  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** Our meta-analysis indicated anti-NXP2 antibody is related to edema, muscle weakness, myalgia/myodynia, ILD, calcinosis in patients with DM.

## PU-1604

### 12 例侵袭性 NK 细胞白血病临床病例分析

廖红艳, 蒋能刚  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 探讨侵袭性 NK 细胞白血病 (Aggressive NK Cell Leukemia, ANKL) 患者的临床特点、骨髓细胞形态学、免疫表型及免疫组化特点情况。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月-2016 年 12 月在我院确诊的 12 例 ANKL 患者的临床特点、骨髓细胞形态学、免疫表型及病理结果。

**结果** 12 例骨髓涂片中可见大颗粒淋巴细胞。流式细胞学示 ANKL 的免疫表型均为 CD2(+)sCD3(-)CD5(-)CD56(+), 6 例 CD7(+), 3 例 CD16(+). 6 例病例免疫组化中结果均为: EBER1/2 (+)、粒酶 B (+)。

**结论** 骨髓细胞形态学、免疫表型和免疫组化对于 ANKL 的及时诊断和鉴别诊断具有重要意义。

## PU-1605

### Anti-Melanoma Differentiation-Associated Gene 5 in Chinese Patients With Dermatomyositis

Liubing Li  
Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** The goal of our study was to determine anti-MDA5 autoantibody in Chinese patients with dermatomyositis (DM).

**Methods** Patients, disease controls and healthy controls were identified in Peking Union Medical College Hospital. Anti-MDA5 was measured by serum enzyme-linked immunosorbent assay.

**Results** We identified 191 DM patients (64.9% women, mean age 48.3 years), 92 disease controls (64.3% women, mean age 49.2 years) and 129 healthy controls (63.8% women, mean age 44.2 years). The frequencies of anti-MDA5-positivity in the 3 cohorts (MDA-5 positive: DM 13.1%, disease control 4.3% and healthy control 0%, respectively). Anti-MDA-5-positivity was significantly associated with ILD, since 50% of MDA-5-positive subjects had ILD versus 25.5% of MDA-5-negative subjects ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Anti-MDA-5 antibody is significantly associated with ILD in Chinese DM patients.



## PU-1606

## 无菌部位感染的念珠菌分布特点及耐药性分析

吴思颖

四川大学华西医院,610000

**目的** 回顾性探讨无菌部位感染常见念珠菌的分布及耐药特点,为临床真菌感染性疾病提供病原学诊断和合理使用抗真菌药物的依据。

**方法** 收集 2017 年 5 月至 2018 年 6 月四川大学华西医院临床无菌部位中分离的念珠菌 190 株,使用念珠菌显色琼脂平板和质谱仪进行菌种鉴定;采用微量肉汤稀释法真菌药敏试剂盒进行药敏试验。

**结果** 从无菌部位分离的念珠菌中,白色念珠菌最多,占 57.2%,其次分别是热带念珠菌和光滑念珠菌,分别为 14.2%和 12.6%。科室分布以外科(25%)和 ICU(20%)为主,主要分离自血液(31%)、引流液(15%)和腹水(13%)。药敏测试结果分析,光滑念珠菌和热带念珠菌对唑类药物的耐药率相对较高,白色念珠菌对唑类药物的耐药率均小于 10%。除了近平滑念珠菌,棘白菌素类抗真菌药物耐药率明显低于唑类抗真菌药物。

**结论** 无菌部位感染的念珠菌仍以白色念珠菌为主,好发于外科病区 and ICU。棘白菌素类药物敏感性较好,临床应根据药敏结果合理使用抗真菌药物。

## PU-1607

## BRD4 抑制前列腺癌发生神经内分泌转化

王丽丽

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨溴结构域蛋白 BRD4 在前列腺癌的神经内分泌转化过程中发挥的作用,为神经内分泌型前列腺癌的治疗提供理论参考,同时对人们应用 BRD4 治疗前列腺癌的潜在风险提供依据。

**方法** 1.通过生物信息分析已有数据库结果,分析前列腺癌细胞系 LNCAP 及其他细胞在 BRD4 抑制剂的作用下,会发生哪些细胞功能和基因表达的变化;2.实验验证 BRD4 抑制剂(JQ1/Ibet-762)对 LNCAP 细胞 AR、PSA、REST、SYP 等基因表达的影响;3.实验验证去雄培养有或者无 BRD4 抑制剂存在条件下 LNCAP 细胞形态变化特点。

**结果** 1.生物信息分析发现,BRD4 抑制剂发挥“橡皮擦”的作用,能够降低 LNCAP 细胞原有的细胞标识基因的表达;抑制 BRD4 活性可促进 LNCAP 细胞发生神经内分泌命运的转化;2. BRD4 抑制剂(JQ1/Ibet-762)以剂量依赖和时间依赖的方式下调 LNCAP 细胞 AR、PSA、REST 基因表达,上调 SYP、SOX2、CHGA、CHGB 等神经内分泌相关基因的表达;3.去雄培养能够使 LNCAP 细胞形态发生类似神经细胞的改变,BRD4 抑制剂处理后,上述改变更加显著。

**结论** BRD4 促进前列腺癌细胞维持现有细胞特征;BRD4 抑制剂下调前列腺癌重要信号通路 AR 的活性,同时上调神经相关通路活性,促进 LNCAP 细胞发生类似神经细胞的形态改变。因此在应用 BRD4 抑制剂治疗前列腺癌时应警惕发生神经内分泌型转化的风险。

## PU-1608

## Analysis of myositis auto-antibodies in Chinese patients with cancer-associated myositis

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Cancer-associated myositis (CAM) has poor prognosis and causes higher mortality. Generally, myositis-specific auto-antibodies (MSAs) and myositis-associated auto-antibodies (MAAs) have been shown to be useful biomarkers for its diagnosis.

**Methods** In the present study, focus was given in assessing the presence, prevalence and diagnostic values of myositis auto-antibodies in Chinese patients displaying CAM diagnosis. The sera collected from 49 CAM patients, 108 dermatomyositis/polymyositis (DM/PM) patients without cancer, 105 disease controls and 60 healthy controls were detected for the presence of 16 autoantigens (Jo-1, OJ, EJ, PL-7, PL-12, MDA5, TIF1 $\gamma$ , Mi-2 $\alpha$ , Mi-2 $\beta$ , SAE1, NXP2, SRP, Ku, PM-Scl75, PM-Scl100, Ro-52) using a commercial Euroline assay.

**Results** The frequency of anti-TIF1 $\gamma$  was significantly higher in CAM patients than in DM/PM patients without cancer (46.94% vs. 14.81%,  $P < 0.001$ ). Importantly, the sensitivity and specificity for this MSA was 46.94% and 85.19%, respectively, with a positive predictive value (PPV) and negative predictive value (NPV) of 58.97% and 77.97%, respectively. These helped to differentiate CAM patients from DM/PM patients without cancer. However, there was no difference in other MSAs and MAAs between CAM and DM/PM patients without cancer.

**Conclusions** The present study indicated that anti-TIF1 $\gamma$  levels could serve as important biomarkers for CAM diagnosis, and help in distinguishing between CAM and DM/PM patients without cancer.

## PU-1609

## 以舌体僵硬为表现的轻链相关淀粉样变性 1 例并文献复习

李芳

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 通过对轻链相关淀粉样变性的临床资料分析, 提高对原发性淀粉样变性的认识高度。

**方法** 回顾性分析一例以舌体僵硬为首表现老年男性患者, 观察其舌体组织学、骨髓穿刺、免疫固定电泳、血尿轻链、骨髓流式、FISH 及心脏超声等相关检查并结合文献复习。

**结果** 舌体活检可见粉染均质的物质沉积, 骨髓活检组织内血管壁内及血管周围均质嗜酸性均质物质沉积, 同时可见异常浆细胞呈间质-结节分布, 血尿游离轻链 Kappa 异常增高, 血尿免疫固定电泳可见 Kappa 异常单克隆条带

**结论** 原发淀粉样变性作为一种全身系统性疾病, 应对患者进行全面的评价以防漏诊和误诊, 临床疑似病例的最终确诊需组织学证据。

## PU-1610

## 急性 HIV 感染者临床和分子流行病学特征研究

张可依,魏彬,石明巧,黄曦悦,李冬冬,陶传敏  
四川大学华西医院,610000

**目的** 通过对急性 HIV 感染者(Acute HIV-1 Infector, AHI)临床特征、分子型别和原发耐药特点进行分析,为 AHI 的准确检出和早期识别提供参考,同时为艾滋病防治提供有效建议。

**方法** 回顾性分析 2012 年至 2017 年四川大学华西医院所有 AHI 临床及流行病学资料。进行核酸提取、PCR 及基因测序,采用 ChromasPro1.33、BioEdit、MEGA4.0 等软件进行系统发生分析,采用美国斯坦福大学耐药数据库分析耐药突变位点和种类。

**结果** AHI 共有 47 例,占初筛阳性的 0.61%。中位年龄为 26 岁,男性占 91.49%,同性传播占 46.81%。主要就诊科室为便民/通科门诊、皮肤科、急诊科,主要临床症状/体征为发热、头痛、皮疹、咳嗽咳痰、咽痛,合并感染主要为单纯疱疹病毒、梅毒、扁桃体炎、肺部感染;48.94% AHI 无明显临床症状或体征,以 Fiebig II/III 期为主,易被漏诊。电化学发光免疫分析阳性、酶联免疫吸附或胶体金阴性的 AHI 有 24 例(51.06%),被第三代 HIV 抗体检测试剂漏检。AHI 中以 Fiebig II 期和 IV 期为主,分别为 17 例(36.17%)和 24 例(51.06%)。Fiebig II 期感染者电化学发光法检测值低于 Fiebig IV、V 期,HIV-1 RNA 和 HIV-1 P24 Ag 则最高。34 例 AHI 测序显示主要 HIV-1 型别为 CRF07\_BC(64.71%)、CRF01\_AE(26.47%)、CRF55\_01B(5.88%)和 CRF08\_BC(2.94%)。34 例 AHI 中 6 例存在原发耐药突变(17.65%)。PR 区发现 1 例蛋白酶抑制剂(PIs)主要耐药突变 M46I 和 1 例 PIs 次要耐药突变 Q58E,RT 区发现 4 例非核酸类逆转录酶抑制剂(NNRTIs)耐药突变,分别为 V179E 2 例、E138A 1 例和 V179D 1 例。

**结论** AHI 中青年男性同性传播占比较大,应持续关注 HIV 感染同性传播问题。第三代 HIV 抗体检测试剂存在 AHI 漏检,建议推广第四代 HIV 抗原抗体联合检测试剂。HIV-1 CRF55\_01B 型在四川地区报道少见,应关注其流行变化。AHI 原发耐药突变比例较大,应加大 HIV 耐药监测。

## PU-1611

耐吡咯类阴道白假丝酵母菌锌簇转录因子 Cap1、Mrr1  
与外排泵基因 MDR1 相关性研究

李倩璐  
广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 了解 VVC 患者阴道分泌物中分离株对常用吡咯类药物的敏感性以及 VVC 患者中白假丝酵母菌锌簇转录因子 Cap1、Mrr1 和外排泵基因 MDR1 的表达水平与吡咯类药物耐药的关系,并分析三种因子之间是否存在协同耐药。

**方法** 收集 2018 年 6 月至 2018 年 11 月广州医科大学附属第一医院 387 名 VVC 患者阴道分泌物标本,通过沙氏培养基、CHROMagar 显色平板对本标本进行培养。运用微量肉汤稀释法对分离出 180 株白假丝酵母菌进行克霉唑、氟康唑、特康唑、咪康唑药物敏感性检测。从中选取耐药株和敏感株作对照,提取 RNA 逆转录合成 cDNA,RT-PCR 方法得到 Mrr1、Cap1、MDR1 基因表达量,分析其 mRNA 表达水平与吡咯类耐药的关系。

**结果** VVC 患者阴道分泌物中真菌培养鉴定结果阳性 263 株,阳性率为 68.0%;其中白假丝酵母菌 180 株(68.44%),热带念珠菌 6 株(2.28%),克柔念珠菌 4 株(1.52%),光滑念珠菌 42 株(15.97%),其他的菌主要是 31 株(11.79%)。白假丝酵母菌对氟康唑、克霉唑、咪康唑、特康唑耐药性分别为 10.0%,2.8%,2.8%和 2.2%,存在交叉耐药现象;耐药株组 Cap1、MDR1、Mrr1 表达水平与敏感株组比较有统计学意义( $P < 0.05$ );Cap1 与 MDR1 呈明显正相关,而 Mrr1 与 MDR1 没有统计学差异。

**结论** 白假丝酵母菌是 VVC 感染主要致病菌,对克霉唑、咪康唑较敏感,两者可作为治疗 VVC 一线用药,特康唑可作为一个新用药选择; Cap1 与 MDR1 基因在耐药中发挥重要作用, Mrr1 基因耐药作用还需作进一步研究; 转录因子 Cap1 或通过调控 MDR1 基因发挥耐药作用。

## PU-1612

### 贝克曼 ACCESS2 化学发光仪 BNP 项目检测不出案例分析

金呈强,陈明凯

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨一例贝克曼 ACCESS2 化学发光仪 BNP 项目检测不出案例并为解决此类问题提供参考意见。

**方法** 患者,男性,52岁,20天前出现腹胀、纳差、恶心,无呕吐,伴头部麻木不适,无头痛、头晕,无胸闷、胸痛,无发热、咳嗽,无腹痛、腹泻,2周前出现双下肢乏力,3天前出现反复鼻出血,于当地医院诊断为“多发性骨髓瘤、硬膜下血肿、鼻出血”,为求进一步诊治来我院就诊,急诊以“多发性骨髓瘤”收入院。患者既往有痔疮、胸椎手术病史,平素身体一般,否认有糖尿病、高血压、冠心病病史,无乙肝病史及其密切接触者。入院后完善各项检查,按照骨髓瘤进行标准化治疗。入院第7天,患者出现发热,最高温度 38.2℃,夜间出现憋喘,不能平卧,咳粉红色泡沫痰,为排除心衰,遂使用 EDTA-K 抗凝真空管抽血急查 B 型钠尿肽项目。该标本送至急诊化验室使用贝克曼 ACCESS2 化学发光仪进行该项目的检测,工作人员检测前目测该标本为合格标本。

**结果** 第一次上机后仪器未出结果,且出现报警“探针检测到凝块”,工作人员使用微量吸管挑取标本未发现凝块,重新离心后上机,仍然报警“探针检测到凝块”。使用生理盐水进行稀释处理后进行第三次上机,结果显示 355pg/ml。

**结论** 该案例提示我们使用贝克曼化学发光仪检测 BNP 或其他项目出现报警“探针检测到凝块”的情况,检验科工作人员应考虑该患者有可能为骨髓瘤患者,应采取稀释法进行检测。出现这种情况,笔者分析由于该患者为骨髓瘤患者,血液内出现大量的免疫球蛋白(Ig),高浓度的球蛋白干扰了仪器探针的灵敏度,导致仪器报警,误认为是凝块所致。

## PU-1613

### 血性标本对 HPV 基因型检测的影响研究

金呈强

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨血性标本对人类乳头状瘤病毒(HPV)基因型检测的影响。

**方法** 收集 2019 年 5 月 1 日-5 月 21 日来我院进行 HPV 基因分型检查的血性阴道分泌物标本 63 例,同时收集非血性阴道分泌物标本 234 例作为对照组,采用凯普导流杂交分型检测技术进行检测,观察两组 HPV 基因型的阳性率。

**结果** 63 例血性标本 19 例 HPV 基因亚型阳性,阳性率为 30.16%,234 例非血性标本 72 例 HPV 基因亚型阳性,阳性率为 30.77%,两者无统计学差异( $P<0.05$ )。血性标本中有 8 例为复检患者标本,与以往检查结果 5 例相一致。

**结论** 血性标本在采用凯普导流杂交分型检测技术进行检测时对 HPV 基因型检测结果无影响。

## PU-1614

## 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌临床感染特征及耐药基因的研究

陆书华

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 研究我院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌临床感染特征、药物敏感性及其耐药基因分型,探讨快速诊断 CRE 方法,建立一套耐药基因初筛体系,为本院预防和治疗 CRE 感染及医院多重耐药菌管理提供依据。

**方法** 收集 CRE 菌株 93 株;采用 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏系统进行细菌鉴定及药敏实验,并通过全自动快速微生物质谱检测系统(VITEK-MS)确证菌株;采用 sCIM 表型确证试验进行碳青霉烯酶检测;采用 Xpert Carba-R 检测并鉴别碳青霉烯酶分型;使用 PCR 技术扩增碳青霉烯酶耐药基因并进行测序分型。

**结果** 我院 CRE 标本主要分离自痰液,其次是血液,然后是尿液;CRE 菌株主要分布在重症监护病房;CRE 菌种对临床常用的数 10 种抗菌药物均显耐药,对替加环素均敏感。sCIM 试验检测碳青霉烯酶表型阳性 79 株,PCR 基因扩增结果 38 株携带 NDM 耐药基因,31 株 NDM 耐药基因,6 株携带 IMP 耐药基因 4 株同时携带 KPC、NDM 耐药基因,未检出 VIM 及 OXA-48 耐药基因。

**结论** 本院耐碳青霉烯的肠杆菌科细菌对多种临床常用抗菌药物同时耐药,但对替加环素具有良好的体外敏感性,碳青霉烯耐药基因肺炎克雷伯主要为 KPC 型,大肠埃希菌主要为 NDM 型。应加强对该类菌株的监控,防范其在院内的爆发流行。

## PU-1615

## 高敏 C 反应蛋白与血清铁蛋白和 GDM 的相关性研究

张向晖,靳超

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 许多研究提示 SF、CRP 的水平增高与 GDM 的发病有关系。铁是人体必需的微量元素之一,适当的体内含量对维持细胞正常生理功能有着非重要的作用,但是过量铁可影响胰岛素的合成,减少肌肉组织对葡萄糖的利用率,与糖尿病的发生发展有着密切的联系。同时 C 反应蛋白(CRP)作为人体急性时相反应中最主要、最敏感的炎症因子,也被认为是 GDM 的发病原因之一。但国内较少研究 SF 与 CRP 的联合检测在妊娠糖尿病中的作用。本文通过研究孕妇血清中 SF 与 CRP 的水平,探讨其在 GDM 发生发展中可能的作用。

**方法** 采用己糖激酶法、乳胶免疫比浊法分别检测血糖和 hs-CRP 水平,试剂分别由德国 Centronic GmbH 公司、日本积水医疗株式会社公司提供,仪器为日立 7600-120 全自动生化分析仪。采用化学发光微粒子免疫检测法检测 SF 水平,试剂由美国雅培公司提供,仪器为雅培 i2000 化学发光分析仪。测定 86 例妊娠期糖尿病孕妇(GDM 组)及 120 例糖耐量正常的孕妇(NGT 组)SF、hs-CRP 水平。采用 SPSS 13.0 软件进行统计分析。

**结果** GDM 组和 NGT 组年龄、身高及孕周差异均无统计学意义。GDM 组的孕前 BMI 高于 NGT 组( $P<0.05$ )。GDM 组 SF、hs-CRP 明显高于 NGT 组( $P$  值分别为 0.031、0.007)。GDM 组和 NGT 组 SF 均与 hs-CRP 呈正相关(GDM 组:  $r=0.352$ 、 $P=0.003$ ; NGT 组:  $r=0.285$ ,  $P=0.001$ )。

**结论** SF、hs-CRP 可能参与了 GDM 患者的发病过程,可作为 GDM 的预测因子,亦可作为 GDM 防治的新思路。GDM 严重威胁孕妇和胎儿的健康,唯有早期筛查、早期干预、早期治疗才能降低其危害性。在妊娠期进行简便、快捷的 SF 和 hs-CRP 检测对 GDM 的早期发现有着重要的意义,应予以重视。

## PU-1616

## Downregulated circPAPPA suppresses proliferation and invasion in trophoblast cell HTR8-S/Vneo through Stat3 pathway

Wenbai Zhou

Changzhou Maternity and Child Health Care Hospital affiliated to Nanjing Medical University.

**Objective** Preeclampsia (PE) is one of the main causes of maternal death which could cause severe maternal and neonatal complications with multisystem disturbance syndrome. However, the exact pathogenesis of this disease still remains unclear. Circular RNAs (circRNAs) are a kind of noncoding RNAs which have been proven to participate in numerous physiological processes, but the exact functions and mechanisms of circRNAs are not fully clear in PE. In this study, we discuss hsa\_circ\_0088227(circPAPPA), a circRNA originates from pregnancy associated plasma protein A (PAPPA) gene which we previous screened and identified in PE.

**Methods** Placental samples were analyzed using QPCR, and then the HTR8 cells were reinfected with si-circRNA, CCK8, Edu was used to detect cell proliferation, and transwell invasion assays were performed regarding biological functions. Western blot was used to detect expression of molecular expression of related signaling pathways.

**Results** The knockdown of circPAPPA in HTR8-S/Vneo trophoblast cell led to decreased proliferation and increased apoptosis, and in vitro Transwell assay also showed a reduction in migration and invasion. Furthermore we preliminarily explored the relevant possible molecular mechanism, and found after knockdown of circPAPPA, the protein expression of both Stat3 and p-Stat3 were significantly reduced, also the expression of its downstream pathway molecules, survivin, bcl-2, and mmp2 were decreased.

**Conclusions** This suggests that the effect of circPAPPA on trophoblast cell function may be associated with Stat3 signal pathway. Our study provides a new molecular theoretical basis for the occurrence and development of PE.

## PU-1617

## Preliminary screening of type IV secretion system in divergent geographic sources of *Clostridium difficile*

Na Li<sup>1</sup>, Hongbing Jia<sup>2</sup>, Wen Zhang<sup>3</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, The Affiliated Hospital of Binzhou Medical University

2.2 Department of Clinical Laboratory, China-Japan Friendship Hospital

3. Key Laboratory for Infectious Disease Prevention and Control, National Institute for Communicable Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention

**Objective** Varying geographic sources and sequence types of *Clostridium difficile* (C. difficile) were preliminarily screened to investigate the distribution profiles of three core genes of T4SS (VirB4m, VirB6 and VirD4) in C. difficile colony, aiming to add evidence to elucidating the molecular polymorphism.

**Methods** A total of 33 C. difficile strains of different sources were screened from 37 strains. C. difficile strains of different sources were inoculated and prepared for genome extraction. C. difficile toxins A and B were subject to identification and multilocus sequence typing (MLST) analysis. Then, the T4SS gene was performed by PCR amplification and sequencing analysis.

**Results** Among 37 strains, 25 were toxin A- and toxin B-positive and 12 were toxin A-negative and toxin B-positive. MLST detected 11 strains with sequence type (ST) 37, 10 with ST 2, 6 with ST 35, 7 with ST 3, 1 with ST 54, 1 with ST 1 and 1 with ST 119. The detection rate of VirB4, VirB6 and VirD4 is extremely high in T4SS. SNP was detected in a minority of strains. C.

difficile strains with identical ST shared the same SNP loci of T4SS and those with different ST differed in SNP loci.

**Conclusions** These findings provide evidence for subsequent identification of T4SS distribution, epidemiological investigation, polymorphism analysis and the correlation between T4SS and cytotoxicity and enterotoxigenicity in *C. difficile*.

## PU-1618

### GPI 抗原在类风湿关节炎临床诊断中的价值

王玉洁

威海卫人民医院威海市骨科医院,264200

**目的** 检测类风湿关节炎(RA)病人血清中葡萄糖-6-磷酸异构酶抗原(GPI 抗原)的水平,探讨 GPI 抗原在 RA 临床诊断中的价值

**方法** 选择 RA 病人 60 例,其他自身免疫性疾病病人(非 RA 组)42 例,及健康体检者 45 例(对照组)。采用 ELISA 法测定血清中 GPI 抗原和抗环瓜氨酸肽抗体(抗 CCP 抗体)的水平,采用免疫散射比浊法测定血清中类风湿因子(RF)的水平

**结果** RA 组病人血清中 GPI 抗原、抗 CCP 抗体和 RF 水平及阳性率明显高于对照组及非 RA 组( $F=3.67\sim 4.32$ ,  $q=3.58\sim 4.48$ ;  $\chi^2=4.46\sim 52.20$ ;  $P<0.05$ )。RA 组 GPI 抗原、抗 CCP 抗体及 RF 单一指标诊断 RA 的灵敏度差异无显著性( $P>0.05$ );但 GPI 与抗 CCP 抗体诊断 RA 的特异度明显高于 RF( $\chi^2=8.47, 7.46$ ,  $P<0.01$ )。GPI 抗原、抗 CCP 抗体以及 RF 联合诊断 RA 灵敏度有所下降,与单项指标比较差异有显著性( $\chi^2=4.43\sim 9.41$ ,  $P<0.05$ ),但是联合诊断 RA 的特异度和阳性预测值明显高于 RF 单项指标( $\chi^2=9.70, \chi^2=7.43$ ,  $P<0.05$ )

**结论** GPI 抗原在 RA 诊断中具有较高的特异度,与抗 CCP 抗体及 RF 联合检测,可以提高 RA 诊断的特异度及阳性预测值

## PU-1619

### 山东省泰安市 5138 例女性 HPV 感染 与基因分型结果分析

赵嫚

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨泰安地区女性 HPV 感染情况与基因亚型分布,为该地区宫颈癌的预防及治疗和疫苗的研发提供数据资料。

**方法** 收集该院 2013 年 1 月到 2016 年 10 月门诊及住院的女性患者宫颈脱落细胞共 5138 例,运用导流杂交基因芯片技术进行 23 种 HPV 基因分型检测,并结合年龄信息作统计分析,并对 HPV 基因亚型感染情况进行对比分析。

**结果** 5138 例标本中检测出 HPV 阳性者 907 例,感染率为 17.65%。高危亚型阳性率从高到低前 5 位依次是 HPV 16(11.66%)、52(11.73%)、58(7.55%)、53(6.67%)和 59(6.27%),低危型以 HPV 81 为主(6.94%)。各年龄组之间 HPV 感染率比较,差异有统计学意义( $P<0.001$ ),大于或等于 66 岁年龄组总感染率最高(23.17%),其次是小于或等于 20 岁年龄组(22.94%)。

**结论** 泰安地区女性 HPV 感染具有明显的亚型和年龄异质性,提示宫颈癌的筛查和防治应同时考虑 HPV 分型和年龄因素。

## PU-1620

## 1 型糖尿病小鼠体内树突状细胞亚群及 CD4<sup>+</sup> Treg 细胞变化的初步研究

张善龙

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨在天然免疫水平上 1 型糖尿病 (Type 1 diabetes mellitus, T1DM) 小鼠各 DC 亚群的变化, 以及各 DC 亚群在 STZ 的作用下对 CD4<sup>+</sup> Treg 细胞的调节性功能的变化, 以期明确各 DC 亚群在 STZ 诱导的 T1DM 中的发病机制和预防中的作用, 丰富以 DC 亚群为基础的免疫治疗的理论体系, 为 T1DM 免疫细胞的临床应用提供理论基础。

**方法** 应用链脲佐菌素 (Streptozotocin, STZ) 构建 T1DM 小鼠模型, 分别取 T1DM 小鼠的脾脏 (Spleen, SP)、肠系膜引流淋巴结 (Mesenteric lymph node, MLN) 制备单细胞悬液, 进行荧光抗体染色, 采用流式细胞术技术动态检测 DC 亚群变化情况, 分析 DC 及其亚群占 SP、MLN 总细胞的比例、观察 CD4<sup>+</sup>T 细胞中 FoxP3<sup>+</sup>调节性 T 细胞 (Regulatory T cells, Treg) 的表达水平

**结果** STZ 处理后第 15 天时 T1DM 小鼠的 SP 体积明显减小, SP 中的 CD11C<sup>hi</sup>CD11b<sup>-</sup>的 LyDC、CD11C<sup>hi</sup>CD11b<sup>+</sup>的 MyDC 和 CD11C<sup>int</sup>CD11b<sup>-</sup>的 pDC 以及 F4/80<sup>+</sup>CD11b<sup>int</sup>的巨噬细胞的比例明显降低, 同时 Ly6C<sup>hi</sup>CD11b<sup>+</sup>的单核细胞和 Ly6C<sup>int</sup>CD11b<sup>+</sup>的中性粒细胞的比例明显增加。STZ 处理同样使 MLN 的 Resident DC、Migratory DC 和 pDC 的比例明显降低。STZ 处理后 SP 的 CD4<sup>+</sup>FoxP3<sup>+</sup>Treg 比例明显增高。

**结论** T1DM 小鼠体内 SP 中 LyDC、MyDC 和 pDC 比例明显降低, MLN 中 Resident DC、Migratory DC 和 pDC 比例明显降低。提示 DC 亚群的变化与 T1DM 的发病有关。T1DM 小鼠体内 SP 的 CD4<sup>+</sup>FoxP3<sup>+</sup>Treg 比例明显增高, 这一结果提示在糖尿病小鼠疾病模型中, Treg 可能通过控制 cDC 亚群向胰岛的迁移而防止自身免疫病的发生。

## PU-1621

## 血清抗心磷脂抗体和单个核细胞 Tim-1 对 APLA 阴性习惯性流产免疫治疗失败患者中的研究

李晋

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 分析血清抗心磷脂抗体 (ACA) 和单个核细胞 Tim-1 对 APLA 阴性习惯性流产行淋巴细胞免疫治疗失败患者中表达。

**方法** 连续选择入我院首次诊断并接受淋巴细胞免疫治疗的 APLA 阴性习惯性流产患者共 58 例, 根据治疗结果分为成功组 31 例和失败组 27 例, 采用 ELISA 法对比血清 APLA 和 ACA 阳性率, 血清 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$  和 IFN- $\gamma$  水平, 流式细胞术检测血清 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>调节性 T 细胞 (Treg) 比例, 荧光定量 RT-PCR 法检测 Tim-1 mRNA 表达水平。

**结果** 两组治疗后 APLA 阳性率比较无差异。失败组治疗前和治疗后的 ACA 阳性率均明显高于成功组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。治疗后两组的血清 IL-6 和 IL-10 水平较前升高, TNF- $\alpha$  和 IFN- $\gamma$  水平较前降低, 且成功组改善明显大于失败组, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。两组治疗后 Treg 比例较前升高, 且成功组明显高于失败组; 失败组治疗前和治疗后的 Tim-1 mRNA 表达水平均明显高于成功组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清抗心磷脂抗体和单个核细胞 Tim-1 的高表达也可能通过影响 T 淋巴细胞免疫导致 APLA 阴性习惯性流产患者的免疫治疗失败。



## PU-1622

## 常规生化检测项目生物学变异及参考变化值的研究

邹翠敏

威海卫人民医院威海市骨科医院,264200

**目的** 计算本地区 23 项生化检测项目的生物学变异数据, 评估各项的参考变化值、个体指数及参考上下限和医学决定水平处的 95% 离散范围, 分析其以人群参考上下限和医学决定水平的点估计值作为疾病诊断及预后的局限性。确定基于生物学变异及本实验室测定精密度的参考结果变化值的评价标准。

**方法** 参考国内外同行的生物学变异实验设计和计算方法, 通过对 26 名本院健康的检验科工作人员中短期的采集标本以及用健康体检人员的新鲜混合血清为对照血清进行检测, 计算各项的中短期生物学变异数据, 以及由其衍生出的参考变化值 RCV、个体化指数 II、参考值和医学决定水平处的 95% 离散范围。

**结果** 计算了 23 项生化检验项目的中短期生物学变异数据以及由其衍生出的 RCV、II 及参考值和医学决定水平处的 95% 离散范围。

**结论** 以威海本地人群中短期的采样标本计算出的生物学变异数据与 James Westgard 网站上欧美的生物学变异数据部分项目有一定的差异。使用人群参考范围及医学决定水平的点估计值作为疾病诊疗及预后的指标有一定的局限性。本文计算的生物学变异数据以及由其衍生出的 RCV、II 和参考上下限及医学决定水平处的 95% 离散范围, 可以更科学地对检验结果进行分析和评价, 为临床疾病的诊疗提供更为客观真实的参考数据

## PU-1623

抗菌药物管理与重症监护病房中致病菌  
耐药率的变迁

李晋

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 分析抗菌药物管理前后重症监护病房 (ICU) 中致病菌耐药率的变化趋势, 以及抗菌药物使用强度与致病菌耐药率的相关性。

**方法** 回顾性收集 2010 至 2014 年泰山医学院附属医院抗菌药物使用强度和致病菌的耐药率。利用 ARIMA 模型进行抗菌药物使用强度和细菌耐药率的互相关分析。

**结果** ICU 总体抗菌药物使用强度呈下降趋势, 从 2010 年的 163.46 DDDs/100 人<sup>·</sup>d<sup>-1</sup> 和 2011 年的 190.01 DDDs/100 人<sup>·</sup>d<sup>-1</sup> 逐年下降至 2014 年的 68.20 DDDs/100 人<sup>·</sup>d<sup>-1</sup>。喹诺酮类、咪唑类、碳青霉烯类、氨基甙类、其他  $\beta$ -内酰胺类、大环内酯类抗生素的使用强度下降明显。与之相伴随的是, 2010 至 2014 年主要致病菌对主要抗菌药物的耐药性存在较大范围的改善, 并与抗菌药物使用量减少存在一定的正相关。但 2014 年与 2013 年相比较, 主要致病菌耐药状况的改善并不显著。反而出现细菌耐药率的增长, 包括铜绿假单胞菌对环丙沙星以及鲍曼不动杆菌对阿米卡星、亚胺培南、美罗培南的耐药率。

**结论** 抗菌药物管理实施前后的 5 年, ICU 中抗菌药物消耗明显下降, 主要致病菌的耐药性得到一定程度改善。但 2014 年耐药性的改善有放缓甚至反弹的趋势, 应当引起重视。

## PU-1624

## 泌尿生殖道支原体检测及药敏监测效果评价

李秀秀

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 了解泌尿生殖道支原体感染情况，分析其药敏监测效果，为临床合理用药提供有效依据。

**方法** 通过支原体培养鉴定药敏试剂盒对泰安地区 612 例受检对象进行检查，分析支原体感染发生率，根据药敏结果了解解脲支原体与人型支原体的耐药性。

**结果** 612 例受检对象共检出支原体感染的患者 272 例，阳性率为 44.44%。其中解脲支原体（*Ureaplasma urealyticum*, Uu）阳性患者有 213 例，阳性率为 34.80%；人型支原体（*Mycoplasma homini*, Mh）阳性患者人数为 39 例，阳性率 6.37%；Uu+Mh 混合感染患者有 20 例，阳性率为 3.27%。药敏结果显示：单纯对解脲支原体感染药敏试验，其敏感性最高的抗生素分别为强力霉素、美满霉素以及交沙霉素，敏感度最低的抗生素为甲砒霉素、克林霉素、罗红霉素与左氧氟沙星；此外，人型支原体感染与混合感染发生率尽管低于解脲支原体感染，但是二者的耐药率却高于单纯解脲支原体感染。

**结论** 随着社会的发展，泌尿生殖道支原体感染的发生率逐渐提高，由于抗生素的滥用，病原菌和支原体对各种抗生素耐药性出现很大程度的提升。因此，定时检测泌尿生殖道支原体的感染并了解其耐药性，对于指导临床用药以及控制耐药性菌株的产生具有重要意义。

## PU-1625

## 自身免疫性疾病患者检测 PAI-1(4G/5G), ABCB1(3435T&gt;C)在预防甲强龙治疗发生股骨头坏死风险的应用

张莹,程晓东,胡玉皎,王昊,周铁成,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 检测化学药物甲强龙的耐药位点 PAI-1(4G/5G) 和 ABCB1(3435T>C)，为使用甲强龙治疗的患者提供精准的用药指导，避免股骨头坏死风险的发生。

**方法** 收集 94 例血液样本，使用荧光探针原位杂交技术对甲强龙耐药位点 PAI-1(4G/5G) 和 ABCB1(3435T>C) 进行检测和分析，评估不同患者甲强龙药物使用的可行性。

**结果** 94 例患者中，PAI-1(4G/5G)位点检测结果 5G5G（野生型）的患者 20 例（21.28%），检测结果 4G5G（杂合突变型）的患者 43 例（45.74%），检测结果 4G4G（纯合突变型）的患者 31 例（32.98%）；ABCB1(3435T>C) 位点检测结果 TT（野生型）的患者 17 例（18.09%），检测结果 TC（杂合突变型）的患者 44 例（46.81%），检测结果 CC（纯合突变型）的患者 33 例（35.10%）。12.77%的患者进行激素甲强龙冲击治疗时引起股骨头坏死的风险为低风险，60.64%的患者进行激素甲强龙冲击治疗时引起股骨头坏死的风险为中等风险，26.59%的患者进行激素甲强龙冲击治疗时引起股骨头坏死的风险是高风险。使用卡方检验，激素甲强龙化学药物两个耐药位点间检测结果对于评估股骨头坏死的风险度没有差异。

**结论** 在进行糖皮质激素甲强龙冲击治疗前给患者作甲强龙化学药物耐药基因检测，根据检测结果精准用药，可以使 26.59%的患者避免股骨头坏死风险的出现，为患者提供安全的用药指导。

## PU-1626

**马凡综合征患者 FBN1 基因的遗传检测**

张岳,郝晓柯

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 马凡综合征 (Marfan syndrome, MFS) 是一种常染色体显性遗传的结缔组织遗传病, 通常涉及心血管系统、骨骼和眼, 主动脉瘤/夹层的破裂是其死亡的主要原因。

**方法** FBN1 基因的检测对于 MFS 的早期干预和治疗十分重要。在本研究中, 我们对 90 名患有主动脉瘤/夹层的患者进行了 15 个主动脉相关基因组合检测, 并通过 Sanger 测序对先证者家属进行突变位点的验证。

**结果** 总共确定了 29 种致病和可能致病性突变, 包括 25 种 FBN1 突变, 3 种 ACTA2 突变和 1 种 TGFB2 突变。

**结论** 大多数 TAAD 患者具有 FBN1 突变, 其中错义突变居多。检测发现了 1 种与无义介导的 mRNA 降解相关的 FBN1 突变, 扩展了 FBN1 突变谱, 为我们认识 MFS 的基因型-表型相关性提供了资料。

## PU-1627

**糖尿病患者检测糖化血红蛋白 HbA1c 和血管紧张素 A II 的临床意义**

张志平,卢宝弼,徐焰

空军军医大学西京医院,710000

**目的** 探讨糖化血红蛋白 (HbA1c) 和空腹血浆内皮素 (ET-1) 对糖尿病及其合并高血压的患者的诊断价值。

**方法** 检测 50 例糖尿病患者和 48 例糖耐量正常者空腹血浆内皮素和糖化血红蛋白水平, 以糖耐量正常者检测结果为对照组。

**结果** 糖尿病组 HbA1c 水平 ( $7.642 \pm 1.302$ )% 与对照组 ( $5.477 \pm 0.526$ )% 比较差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。糖尿病组空腹血浆血管紧张素 A II 水平 ( $118.452 \pm 14.229$ ) pg/ml 显著高于对照组 ( $36.492 \pm 6.383$ ) pg/ml ( $P < 0.01$ )。

**结论** 糖尿病患者存在糖代谢紊乱, 高血压患者血管紧张素 A II 升高, 通过 HbA1c 和空腹血浆血管紧张素 A II 的测定可以对糖尿病患者进行病程监测, 并对合并高血压的患者早期发现、早期防治。

## PU-1628

**HBV-DNA 阳性患者与血清小而密低密度脂蛋白胆固醇等血脂水平的相关性分析**

杨勇

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 研究 HBV-DNA 阳性患者血清小而密低密度脂蛋白胆固醇 (small dense low-density lipoprotein cholesterol, sdLDL-C) 等血脂水平的变化, 探讨 HBV-DNA 阳性时血清 sdLDL 等血脂水平变化的临床意义。

**方法** 选取临床 HBV-DNA 阳性患者 33 例, 正常查体人员 50 例。取空腹血检测 HBV-DNA、sdLDL-C、LDL、HDL、sdLDL-C/ LDL。采用 t 检验进行统计学分析。

**结果** HBV-DNA 阳性组 sdLDL-C、LDL、HDL、sdLDL-C/ LDL 水平显著低于正常查体组 ( $P<0.05$ ), 差异有统计学意义。

**结论** HBV-DNA 阳性患者 sdLDL-C、LDL、HDL、sdLDL-C/ LDL 水平明显低于健康人群并能间接反应肝细胞的功能状态, 可作为临床诊断、鉴别诊断及判断预后的参考依据。

## PU-1629

### 近五年我院病原菌分布特点及其耐药性分析

郑恬, 徐修礼

空军军医大学西京医院, 710000

**目的** 了解近 5 年医院感染病原菌菌群分布及耐药性变化, 为临床感染控制和指导合理用药提供依据。

**方法** 常规培养分离细菌, 应用 VITEKII Compact 和 Phoenix100 全自动细菌鉴定药敏分析仪对菌株进行鉴定及药敏试验; 补充药敏试验采用 K-B 纸片扩散法, 按 CLSI 规定的标准进行。试验结果应用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 2014-2018 年从患者感染标本中共分离获得病原菌 39226 株, 感染标本主要为痰、尿液、血液及分泌物, 四者之和在 2014-2018 年度各占的比例分别为 81.45%、85.62%、83.42%、79.57%、78.47%; 主要革兰阴性菌以大肠杆菌、鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌为主, 其总和占各年度的分离率分别为: 50.46%、46.62%、57.47%、40.72%和 46.09%。主要革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌、屎肠球菌、粪肠球菌为主, 其总和占各年度分离率分别为: 24.79%、28.44%、24.04%、24.28%和 18.08%; 产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (ESBLs) 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌各年度检出率分别为 65.76%、73.82%、71.92%、63.26%、65.47%和 37.57%、49.59%、61.00%、41.25%、60.25%。

**结论** 医院感染病原菌耐药现象普遍存在, 医院内感染标本的来源主要以痰标本、尿标本、分泌物及血液为主。主要病原菌以大肠杆菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌肺炎克雷伯菌为主, 非发酵菌多药耐药现象严重, 耐碳青霉烯类药物的肠杆菌有增加趋势, 产 ESBLs 肠杆菌科和耐甲氧西林葡萄球菌的检出率仍高居不下, 临床能够选择的抗生素越来越有限。我们应利用有效的资源加强对抗生素的耐药监测, 以指导临床合理的用药。

## PU-1630

### 军医大学本科生鼻腔定植金黄色葡萄球菌和其他可培养菌群的筛查

周柯<sup>1</sup>, 孙菲<sup>2</sup>, 徐修礼<sup>1</sup>, 刘家云<sup>1</sup>, 马越云<sup>1</sup>, 郝晓柯<sup>1</sup>

1. 空军军医大学西京医院, 710000

2. 西京医院耳鼻咽喉头颈外科

**目的** 人体鼻腔定植的金黄色葡萄球菌 (SA) 和其它共生菌群可在特定情况下可转化为机会致病菌引发感染, 开展鼻腔定植菌筛查对于感染防治和医院感染控制具有重要意义。

**方法** 通过在我院 161 名健康军医大学本科生进行鼻前庭标本采集, 以微生物自动化系统接种于各类细菌培养基进行细菌培养和菌落观察, 并进行质谱鉴定和必要的抗菌药物敏感性试验。

**结果** 共检出鼻腔定植菌株 549 株, 包括葡萄球菌、链球菌、棒杆菌、梭状芽孢杆菌、芽孢杆菌、微球菌、嗜血杆菌、奈瑟菌、莫拉菌、铜绿假单胞菌, 以及大肠埃希菌、克雷伯菌、柠檬酸杆菌、肠杆

菌和沙雷菌等肠杆菌科细菌。该类人群鼻腔 SA 定植率为 25.5%，耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA）定植率为 4.3%，SA 菌株对青霉素、红霉素和克林霉素耐药率较高。

**结论** 军医大学本科生鼻腔定植菌群以正常菌群为主，需注意定植的 SA 和其它条件致病菌导致自身感染和医院感染的可能性。

## PU-1631

### 富氢水预处理对预防大鼠肝脏缺血再灌注损伤的病理学研究

孟令国

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 探讨富氢水预处理后大鼠肝脏缺血再灌注损伤的病理学改变。

**方法** 健康雄性 SD 大鼠 30 只，质量 220~250g，采用随机数字表法分为 3 组（n=10），假手术组（Sham 组）、缺血再灌注组（IR 组）和富氢水组（HS 组）。Sham 组仅暴露肝门，不夹闭动、静脉；IR 组采用夹闭左、中叶肝肝动脉支 60min（保留门静脉血流），然后恢复灌注，制备大鼠肝缺血再灌注模型；HS 组于手术前 3 天口服 2%富氢水（40ml.kg<sup>-1</sup>.d<sup>-1</sup>），其余两组口服同等剂量生理盐水。各组于再灌注 6h 抽取下腔静脉血样并取肝组织，光镜下观察肝组织病理学变化。

**结果** Sham 组未见明显肝细胞坏死改变，肝小叶及肝细胞索结构完整，中央静脉、肝窦均正常。IR 组肝脏再灌注后 6h，肝细胞广泛变性，可见肝细胞灶性及片状坏死，肝中央静脉、肝窦间淤血，汇管区大量炎细胞聚集，部分肝小叶组织结构破坏。HS 组与 IR 组相比，细胞坏死程度均减轻，肝细胞可见不同程度的水肿变性和空泡状变性，未见成片状细胞坏死，肝小叶结构完整，未见显著组织结构破坏，病理损害明显减轻。

**结论** 富氢水预处理可减轻大鼠肝脏的缺血再灌注损伤。

## PU-1632

### CK-MB 与 H-FABP 联合检测对于心肌梗死早期诊断的应用价值研究

张旭光

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探讨血清中心型脂肪酸结合蛋白（H-FABP）和肌酸激酶同工酶（CK-MB）对早期心肌梗死诊断的应用价值

**方法** 选取我院 2019.1~2019.5 急诊科 200 例出现胸痛可疑心肌梗死患者为患者组，健康体检中心 200 健康体检者为对照组。在出现症状 6 小时内抽取静脉血样，分离血清后用电化学发光法检测 CK-MB 和 H-FABP 水平，并在 8 小时再次抽血进行检测。可疑心肌梗死患者中，根据其随后临床症状，确诊心肌梗死 55 例。采用受试者工作曲线(ROC)分析两项指标在早期心肌梗死诊断中的价值，探讨早期心肌梗死患者血清 CK-MB 与 H-FABP 之间的相关性

**结果** 心肌梗死组患者血清 CK-MB 及 H-FABP 水平明显高于对照组，差异有统计学意义（P<0.05）。心肌梗死患者血清 CK-MB 和 H-FABP 水平随着病情发展明显提高，差异有统计学意义（P<0.05）。根据 ROC 曲线分析可得 CK-MB、H-FABP 诊断心肌梗死的最佳临界值为 CK-MB 6.6ng/ml 和 H-FABP 20.98mg/L，其 ROC 曲线下面积分别为 0.896 和 0.913，诊断敏感性分别为 86.05%和 91.62%，特异性分别为 85.32%和 89.69%。两项指标联合检测敏感性明显高于单独检测，差异具有统计学意义（P<0.05）

**结论** 早期心肌梗死患者血清中 CK-MB 及 H-FABP 水平呈高表达,联合检测血清 CK-MB 与 H-FABP 水平有助于心肌梗死的早期诊断和治疗,在临床有比较广阔的应用前景

## PU-1633

### 一种基于电化学基因传感技术的呼吸道病原体快速检测技术的研

周磊<sup>1</sup>,程强<sup>1</sup>,黄桃生<sup>2</sup>,蒋析文<sup>2</sup>,徐修礼<sup>1</sup>,郝晓柯<sup>1</sup>

1.空军军医大学西京医院,710000

2.中山达安基因

**目的** 由于目前我国尚缺乏快速、廉价的呼吸道病原多重核酸快检技术,因此开展病原体多重核酸快检技术的研究对于呼吸道传染病的快速诊断和早期防控具有重要意义。

**方法** 首先,利用多重不对称 PCR 和二茂铁标记电化学基因芯片技术建立 17 种呼吸道病原体(甲型和乙型流感、副流感 1-4 型、腺病毒、呼吸道合胞病毒 A 和 B、人偏肺病毒、鼻/肠道病毒、以及冠状病毒 HKU1、OC43、NL63 和 229E)快速核酸检测方法,然而对 300 例疑似呼吸道感染的患者进行咽拭子(Copan 公司)标本采集,进而使用电化学多联检的方法对临床样本进行检测,并以 FilmArray RP 和 Luminex RVP 为对照,进行临床性能验证。

**结果** 17 种呼吸道病原体的电化学基因杂交检测的平均检测限为 1000 拷贝/ml,其中(IVA、PIV2-4 型、RSV B 型、CoV 四个型别、HMPVM 和 HRV)的检测限为 100 拷贝/ml。并分别利用 17 种病毒的单一引物来检测 17 种病毒的混合模板,以及混合引物检测单一病毒模板来验证特异性,结果显示该检测方法具有高度特异性,无论是混合样本还是混合引物均只能检测特异性的靶基因。

**结论** 本研究建立呼吸道病原体多重核酸电化学基因芯片杂交检测方法具有高灵敏、高特异性的优势,且由于电化学基因芯片比多重定量 PCR 和传统核酸杂交技术的检测成本更低,因此,该检测技术具有极大的临床应用前景。

## PU-1634

### 烧伤病患者多重耐药菌检测及耐药性研究

吴乐乐

山东第一医科大学第二附属医院

**目的** 目的研究烧伤患者病原菌的分布情况,并分析其耐药性

**方法** 145 株烧伤患者的创面中经过培养共检测出的阳性菌株进行分离培养鉴定及药敏试验,对菌株分布特点及耐药性进行分析。

**结果** 145 株烧伤患者的创面中经过培养共检测出的阳性菌株,共 24 个菌种。检测出的菌株中铜绿假单胞菌占总菌株的 35.2%,其次为金黄色葡萄球菌总菌株的 11.7%。在药敏试验中发现,对铜绿假单胞菌耐药性最高的药物是左旋氧氟沙星,敏感性最高的药物为阿米卡星。产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的奇异变形杆菌和大肠埃细菌分别占 70.0%和 75.0%。结论本院烧伤感染细菌以铜绿假单胞菌和金黄色葡萄球菌为主

**结论** 选取合适的抗生素,对患者进行抗感染治疗,有利于患者创面的恢复。

## PU-1635

## 基因检测在遗传性胸主动脉瘤/夹层中的应用

李金洁,杨柳,刁艳君,李蕊,苏明权,马越云,郝晓柯  
空军军医大学西京医院,710000

**目的** 胸主动脉瘤/夹层 (thoracic aortic aneurysm and dissection, TAAD) 是一种危害极大的主动脉搏扩张性疾病, 其中约 20% 的病例有遗传倾向。

**方法** 遗传性 TAAD 起病隐匿, 病情凶险, 急性期病死率高。早期发现及适当干预可大大降低死亡率, 但这些患者在致命性意外发生前往往无明显症状, 给临床诊治带来困难。

**结果** 随着人类基因组计划的完成及二代测序的快速发展, 基因检测在遗传性 TAAD 的诊治中得以应用。2018 年 ClinGen 主动脉专家组对遗传性 TAAD 相关基因进行临床相关性分层, 将 FBN1、ACTA2、TGFB1/2 等在内的 11 个基因分类为临床相关性 A 类, 表明这几个基因可广泛应用于临床诊断。

**结论** 基因检测可在患者症状完全表现之前明确诊断, 显示出无可比拟的优势; 基因检测还可指导临床医生进行手术时机的选择及预后判断; 遗传性 TAAD 的主要遗传方式为常染色体显性遗传, 因此, 基因检测结果还可指导患者进行生殖选择, 通过早期孕检或移植前胚胎诊断等方法, 避免将疾病遗传给下一代。

## PU-1636

## Polymorphism and plasma levels of apolipoprotein E and the risk of aneurysmal subarachnoid hemorrhage in a Chinese population: a case-control study

Xiaofeng Liu<sup>1,2</sup>, Weiwu Zhan<sup>1</sup>, Qiumei Wu<sup>1</sup>, Fengqing Wang<sup>1</sup>, Bin Yang<sup>1,2</sup>, Qishui Ou<sup>1,2</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University, Fuzhou 350005, China

2. Gene Diagnostic Laboratory, the First Affiliated Hospital of Fujian Medical University, Fuzhou 350005, China

**Objective** To determine the relationship between APOE polymorphism and the incidence of aSAH in Chinese Fujian Han population and explore the possible mechanism of ApoE in the pathogenesis of aSAH. To determine the relationship between APOE polymorphism and the incidence of aSAH in Chinese Fujian Han population and explore the possible mechanism of ApoE in the pathogenesis of aSAH.

**Methods** A total of 131 patients newly diagnosed with aSAH were selected as aSAH group and 137 healthy subjects were selected as the control group. All the samples were analyzed for blood lipids and serum ApoE levels, and ApoE genotype was determined by a commercial chip and further confirmed with Sanger sequencing. An adjusted multivariate logistic regression analysis was carried out to estimate the effects of APOE polymorphism on the risk of aSAH.

**Results** The serum TC, HDL-C and ApoA1 levels in aSAH were significantly lower than those in the controls (All  $P < 0.05$ ). The distribution of  $\epsilon 2/\epsilon 3$  genotype and  $\epsilon 2$  allele frequency was significantly higher in aSAH than the healthy controls (All  $P < 0.05$ ). The multivariate logistic regression identified ApoE  $\epsilon 2$  was independently associated with aSAH (OR=2.083; and 95% CI=1.045-4.153,  $P=0.037$ ). The serum ApoE in aSAH were significantly higher than controls ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** APOE polymorphism might be associated with the incidence of aSAH in Chinese Fujian Han population. ApoE  $\epsilon 2$  may be a risk factor for the incidence of aSAH, which may be related with the impacts of ApoE genotypes for the serum lipids, especially for the plasma levels of ApoE.

## PU-1637

## 没药倍半萜化合物抑制前列腺癌细胞增殖的作用机制研究

王小玲

山东大学第二医院,250000

**目的** 前列腺癌在我国发病率近年来呈上升趋势,潜伏期长,恶性程度高,死亡率高,其发病机制及生物学特性复杂。临床上的治疗药物各有其作用特点,但效果不佳,因此寻找高效、靶向性强的抗前列腺癌药物仍然是治疗前列腺癌亟待解决的问题。我们对分离得到的两个倍半萜化合物(ST)进行了抗肿瘤活性分析,其中对前列腺癌细胞的抑瘤活性较为突出,本文就该类化合物抑制前列腺癌细胞增殖的作用机制进行了初步探讨。

**方法** 通过 RT-PCR、Western Blot、荧光素酶活性分析、细胞免疫荧光、免疫共沉淀等检测了 ST 对前列腺细胞增殖的作用机制。

**结果** ST 能在 mRNA 和蛋白水平诱导 p21<sup>WAF/CIP1</sup> 的表达,同时降低细胞周期蛋白 cyclinD 的表达,降低 cyclinD 启动子的表达活性。Western Blot 结果显示,ST1、ST2 均能在雄激素存在的情况下显著降低 AR 的表达、并减少 AR 向细胞核定位;荧光素酶活性分析表明,ST 能抑制 AR 启动子的表达活性;细胞免疫荧光结果也证实 ST 化合物对 AR 表达的抑制作用。ST 化合物能非常显著的抑制 PSA 启动子和 hk2-ARE 元件报告基因的表达活性;降低 PSA 蛋白水平。免疫共沉淀显示化合物降低 AR 与 AR 辅助激活因子 SRC-1 和 ARA70 蛋白间相互作用。

**结论** 我们分离得到的两个倍半萜单体化合物可以抑制前列腺癌细胞的增殖,其作用机制可能通过阻滞细胞周期、抑制 AR 的表达、抑制 AR 与辅助激活因子的相互作用,从而降低 AR 的功能,抑制细胞增殖。本项研究结果为没药抗肿瘤活性的研究提供了资料,也为前列腺癌的药物治疗开阔了思路。

## PU-1638

## Candida Isolates Causing Refractory or Recurrent Oropharyngeal Candidiasis in 11 Hospitals in China

Shuying Yu

Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** We studied the species distribution and antifungal susceptibilities of Candida isolates causing refractory or recurrent oropharyngeal candidiasis (OPC) in a multicenter study in China (2013-2016).

**Methods** Species identification was performed using the Bruker Biotyper (Bruker Daltoniks, Germany) matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) system supplemented by internal transcribed spacer (ITS) sequencing as required. Antifungal susceptibilities were determined by Clinical and Laboratory Standards Institute document (CLSI) M27-A3 broth microdilution methodology.

**Results** A total of 558 non-duplicate Candida isolates comprising 10 species were obtained from 535 patients. Candida albicans was the most common species (89.6%), followed by C. glabrata (5.2%), C. tropicalis (2.9%) and C. parapsilosis (0.7%). Azoles were active against C. albicans with susceptibility rates of 96% and 95.8% for fluconazole and voriconazole, respectively. MIC<sub>50</sub> values of C. albicans to fluconazole, voriconazole, itraconazole and miconazole were 1 µg/ml, 0.03 µg/ml, 0.25 µg/ml and 0.12 µg/ml, respectively, higher than those in previous studies of which OPC patients (corresponding MIC<sub>50</sub> values of 0.25 µg/ml, 0.015 µg/ml, 0.06 µg/ml and 0.03 µg/ml). Except for itraconazole, the MIC<sub>50</sub> and MIC<sub>90</sub> values of 58 non-C. albicans to other azoles



were 2 to 3-fold higher than *C. albicans*. Miconazole, amphotericin B, nystatin and 5-flucytosine had good in vitro antifungal activity for all isolates.

**Conclusions** The study provides valuable data on the species distribution and antifungal susceptibility of oropharyngeal *Candida* isolates from geographically-diverse areas of China. *C. albicans* remains the most common species but with increasing rates of azoles resistance.

#### PU-1639

### Exosomal miR-25-3p derived from hypoxia tumor mediates IL-6 secretion and stimulates cell viability and migration in breast cancer

Zhengmin Li, Lei Zhang, Zongshan Zhang, Jingxian He, Jing Guo, Fuyuan Wang, Jie Zou, Poshu Xu  
Central China Fuwai Hospital

**Objective** Hypoxia is a major driver for tumor progression, exosomal miRNAs from hypoxia tumor cells are involved in the internal modulation between cancer cell and tumor microenvironment. Whereas, the underlying mechanism of exosomal miR-25-3p involved in the progression of breast cancer remains to be clarified.

**Methods** The protein levels of HIF-1 $\alpha$ , CD81, CD63, Tubulin, IL-6, p-STAT3, STAT3 were determined by western-blot. MiR-25-3p and IL-6 mRNA expression profiles were measured by RT-qPCR. MTT and Transwell assays were employed to assess the viability and migration of breast cancer cells. The activity of NF- $\kappa$ B was detected by ELISA. Moreover, xenograft model was established to verify the effects of HIF-1 $\alpha$  and miR-25-3p in tumor growth in vivo.

**Results** An enhanced abundance of miR-25-3p in hypoxia tumor-derived exosomes was observed in a HIF-1 $\alpha$ -dependent manner. Hypoxia exosomes markedly stimulated the viability and migration of normoxia breast cancer cells, which was reversed by miR-25-3p depletion. MiR-25-3p-lacked exosomes derived from hypoxia cancer cells inhibited the expression of IL-6 and NF- $\kappa$ B from THP-1 and RAW264.7 cells in a TLR7/8-dependent way, which in turn weakened breast cancer cell viability and migration. Moreover, miR-25-3p knockdown dramatically receded HIF-1 $\alpha$ -induced tumor growth in vivo via inactivation of IL-6/STAT3 signaling pathway, reflected by the lowered protein expression of IL-6 and p-STAT3.

**Conclusions** MiR-25-3p-lacked exosomes derived from hypoxic tumor cells rescued breast cancer aggressiveness through inhibiting cell viability and migration by regulation of IL-6 secretion from macrophages, prompting a novel insight into the deeper mechanism of tumor outcome, as well as providing a potential therapeutic strategy for breast cancer.

#### PU-1640

### 4 种型号便携式血糖仪与东芝 2000FR 全自动生化仪 血糖结果的比对

孙静静<sup>1</sup>, 李海涛<sup>2</sup>, 秦明<sup>1</sup>, 杨海燕<sup>1</sup>, 孙长虹<sup>1</sup>

1. 潍坊市坊子区人民医院, 261000

2. 山东省潍坊市疾病预防控制中心

**目的** 对比四种型号的便携式 (POCT) 血糖仪与东芝 2000FR 全自动生化分析仪测定血糖值的差异, 为选购和使用血糖仪提供参考。

**方法** 选取 50 例高、中、低浓度血糖值将 A、B、C、D 型共 11 台血糖仪与全自动生化分析仪进行比对分析, 判断四种型号的血糖仪是否符合要求。

结果 A、B 型偏差符合 POCT 血糖仪应用准则。C、D 型血糖仪偏差不符合。

结论 实验结果表明 A、B 型血糖仪性能符合相关要求。

## PU-1641

### 基于 DNA Walker 信号扩增检测 CYP2C19\*2 等位基因的电化学生物传感器

张文清

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

目的 建立基于 DNA Walker 信号扩增检测 CYP2C19\*2 等位基因的超灵敏电化学生物传感器。

方法 1.确定 CYP2C19\*2 基因序列，选择合适靶标长度。设计能够与靶标特异性结合的捕获探针、Walker 探针以及能被切口酶特异性切割的信号探针。通过聚丙烯酰胺凝胶电泳分析证实各探针与靶标之间的相互作用及切口酶切割效果。2.在金电极上构建电化学生物传感器，实现 CYP2C19\*2 靶标基因的快速、高效检测。具体来说，通过交流伏安法（ACV）证实传感器的可行性及靶标信号的检测，电化学阻抗法（EIS）和循环伏安法（CV）来表征传感器的制备及 DNA walker 调控的循环扩增反应。3.优化实验参数：捕获探针、信号探针的浓度及比例；靶标及 Walker 探针的孵育时间；切口酶的酶切时间。4.测试电化学生物传感器性能：线性范围、检测限、特异性、检测临床标本。

结果 1. ACV、EIS、CV 均证实了该电化学生物传感器的可行性，特异性较好。2. 捕获探针、信号探针的最佳比例为 1:20，浓度分别为 1 $\mu$ M、50nM；3. 靶标及 Walker 探针的最佳孵育时间为 2.5h。4. 切口酶的最佳酶切时间为 2h。5. 电化学生物传感器的线性范围为 5.0 fM to 10 pM，检测限为 1.6 fM，检测人类血清样本回收率为 98%。

结论 成功构建了用于超灵敏检测 CYP2C19\*2 靶标基因的 DNA Walker 级联信号放大的电化学生物传感器。

## PU-1642

### 希森美康全自动血细胞分析仪不确定度评估

苏杨

四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 评估实验室内多台 Sysmex 血细胞分析仪在量值溯源性建立之后的不确定度。

方法 以配套校准物校准 Sysmex XE-2100（LJ-24）血细胞分析仪手动进样模式，建立规范操作检测系统。规范操作检测系统对一健康人新鲜全血进行定值，以定值新鲜全血对 Sysmex XE-2100（LJ-12）校准。对 Sysmex XE-2100（LJ-12）血细胞分析仪测定 WBC,RBC,HGB,HCT,PLT 的结果进行溯源，每溯源一步就产生一个不确定度分量，对各个不确定度分量进行评估，然后计算合成不确定度和扩展不确定度。

结果 实验室内 Sysmex XE-2100（LJ-12）建立了溯源性后正确评估了该仪器的不确定度。取包含因子  $k=2$ ，该五个项目在中值质控水平上的扩展不确定度分别为  $U_{rel}(\text{WBC 中})=0.44\times 10^{-9}/\text{L}$ ； $U_{rel}(\text{RBC 中})=0.178\times 10^{-12}$ ； $U_{rel}(\text{HGB 中})=2.72\text{g/L}$ ； $U_{rel}(\text{HCT 中})=1.96\%$ ； $U_{rel}(\text{PLT 中})=18.88\times 10^{-9}/\text{L}$ 。

结论 两台仪器建立溯源性后，我们通过分析寻找各项因素及运用数理统计方法，对 Sysmex XE-2100（LJ-12）血细胞分析仪测定 RBC,WBC,HB,HCT,PLT 的测量不确定度进行了较为全面和合理的评定。

## PU-1643

## Clinical, Phenotypic and Molecular Characteristics of Invasive Pulmonary Aspergillosis Caused by *Aspergillus lentulus* in China

Shuying Yu, Yingchun Xu

Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Invasive aspergillosis (IA) has become a major problem among immunocompromised patients. *Aspergillus lentulus* was first described in 2005 as an opportunistic human pathogen responsible for fatal infections of IA. We aimed to investigate the clinical, phenotypic and molecular characteristics of proven or probable IA caused by *A. lentulus* in immunocompromised patients in China.

**Methods** A panel of six non-duplicate *A. lentulus* isolates recovered from respiratory tract of patients with proven or probable IA under the China Hospital Invasive Fungal Surveillance Net (CHIF-NET) program during August 2016 to July 2017. Accurate identification and phylogenetic analysis of all the isolates were based on multi-locus sequence typing (MLST) of five genes. Seven microsatellite markers employed for *A. lentulus* genotyping. The identification of all the isolates were further explored using two MALDI-TOF MS systems. The in vitro susceptibility to nine antifungal drugs was determined by CLSI M27-A3 broth microdilution methodology.

**Results** All the patients had severe immune disease who have been treated by immunosuppressive drugs and four of them were known that received prior antifungal therapy. All seven of the isolates slow sporulating grew at 28 °C and 35 °C, but not grew at all at 48 °C on Sabouraud dextrose agar. All the atypical isolates grew as fluffy white colonies mainly consisting of hyphae interspersed with sporadic gray-green spores after 7 days of incubation. Microscopic examination on day 3 to day 21 show stipes, head and conidia is nearly identical to *A. fumigatus sensu stricto*. All isolates clustered together in a clade distinct from other members of the *A. fumigatus*. MC1, MC3, MC5 and MC6a might be employed for *A. lentulus* genotyping. Two cytochrome P450 14- $\alpha$  sterol demethylases encoded by *cyp51A* and *cyp51B* genes of *A. lentulus* were identified. Vitek MS systems identified the six isolates to species level while Bruker Biotyper had no identification. Echinocandins exhibited high in vitro activities against the all *A. lentulus* isolates. While all isolates had high MIC value to azoles and polyenes, especially to voriconazole with MIC from 8 to 16  $\mu\text{g/ml}$ .

**Conclusions** This is the first investigation about clinical, phenotypic and molecular characteristics of proven or probable IA caused by *A. lentulus* in immunocompromised patients in China.

## PU-1644

## 全自动生化分析仪检测尿 17-酮类固醇的性能评价

程勇

首都医科大学宣武医院, 100000

**目的** 分析全自动生化仪检测尿-17 酮类固醇(17-KS)的指标及与手工方法的性能差异。

**方法** 选取 110 例患者, 根据病情将其分为高血压组(50 例)、嗜铬细胞瘤组(30 例)及库欣综合征组(30 例); 另随机抽取 30 名健康受试者作为健康对照组, 选取 30 名高血压待确诊患者作为待确诊组。分别评价生化仪法和手工法 17-KS 检测的正确度、精密度、线性范围和抗干扰等指标, 且对 5 组临床样本检测进行比较。

**结果** 生化仪法检测 17-KS 的正确度、精密度、线性范围和抗干扰等相关指标优于手工法; 手工法和生化仪法检测 BIO-RAD 定值质控品的相对偏差分别为 8.43% 和 4.23%, 生化仪法临床标本检测

的异常率略高于手工法。生化法检测嗜铬细胞瘤阳性率高于手工法,其差异有统计学意义( $\chi^2=4.59$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 生化仪法 17-KS 检测比传统的手工法有更好的检测能力,生化仪法及试剂检测可为临床提供准确的检验数据。

## PU-1645

### 再发性尿路感染(rUTIs)中 尿路致病性大肠杆菌(UPEC)的分型研究

王晨

the first hospital of China Medical University

**目的** 比较尿路致病性大肠杆菌和肠内大肠杆菌之间药物敏感性、体外生物成膜、不同毒力因子的携带率以及种系发生分型的差异性,分析 UPEC 与肠内大肠杆菌的分子流行相关性。

**方法** 收集上海市第六人民医院 2010 至 2013 年 6 个月内发生 2 次尿路感染或 1 年内发生 3 次尿路感染的非重复患者 62 人,共获 UPEC128 株,进行分子流行病学分型,得到复发组和新发感染组各 64 株。选取 2012 至 2014 年期间体检患者粪便中大肠杆菌 66 株,对其进行种系发生分型并检测毒力因子携带情况来比较各组间差别。

**结果** 复发组 UPEC 耐药率为环丙沙星(93.7%)、氨苄西林(89.1%)、哌拉西林(89.1%)、头孢唑啉(87.5%)、亚胺培南(0%)、美洛培南(0%)、磷霉素(6.3%),刚果红阳性率 46.88%,结晶紫染色阳性率 1.56%,种系发生型以 B2 型和 D 型为主,毒力因子的携带率分别为 79.69%, 98.43%, 76.56%, 64.06%和 14.06%;新发感染组 UPEC 耐药率为氨苄西林(93.8%)、哌拉西林(93.8%)、头孢唑啉(82.8%),哌拉西林/他唑巴坦(10.9%)、亚胺培南(0%)、美洛培南(1.6%)敏感,刚果红阳性率 35.94%,结晶紫染色阳性率 1.56%,种系发生型以 B2 型和 D 型为主,毒力因子的携带率分别为 71.88%, 100%, 87.50%, 60.94%, 12.50%;粪便组大肠杆菌耐药率为氨苄西林(60.6%)、哌拉西林(59.1%)、阿米卡星(0%)、哌拉西林/他唑巴坦(3%)、亚胺培南(1.5%)、美洛培南(0%)、头孢吡肟(12.1%)、磷霉素(4.5%),刚果红阳性率 25.76%,结晶紫染色阳性率 6.06%,种系发生型以 B1 和 D 型为主,毒力因子携带率分别为 46.97%, 100%, 53.03%, 22.72%, 7.58%。

**结论** 复发组 UPEC 对环丙沙星、氨苄西林、哌拉西林、头孢唑啉耐药率较高,对亚胺培南、美洛培南、磷霉素较敏感。新发感染组对氨苄西林、哌拉西林、头孢唑啉耐药率较高,对哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南、美洛培南较敏感。体外生物成膜在复发组和新发感染组没有明显差异。复发组和新发感染组种系发生型均以 B2 和 D 型最为常见,粪便大肠杆菌的种系发生型以 B1 和 D 型为主;复发感染组和新发感染组的毒力因子的携带率无明显差异,其中 chuA、iutA、iroN 的携带率高于粪便中大肠杆菌。

## PU-1646

### 全自动血细胞分析仪计算值检测项目的质量管理与评价

栾虹,张青杨,刁莹莹,王银玲,郑军

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 应用六西格玛(6 $\sigma$ )理论设计全自动血细胞分析仪计算值检测项目的室内质控规则,评价其分析性能,促进检验质量改进。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2019 年 1 月平均红细胞体积(MCV)、平均红细胞血红蛋白含量(MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC)项目 7 个批号的室内质控数据及 2018 年第二次卫生部正确度验证室间质评数据,以我国卫生行业标准 WS/T406-2012 的允许总误差作为质量目

标,使用 Bio-Rad 公司 Unity Real Time 软件设计室内质控规则;计算各项目的质量目标指数(QGI),提出质量改进方法。

**结果** MCV、MCH、MCHC 项目  $\sigma$  值分别为 3.16、4.77、4.40,质控规则分别为 1-3S/2-2S/R-4S/4-1S/8-X N=2, 1-3.5S N=2, 1-3S/2-2S/R-4S/4-1S/8-X N=2。MCV、MCH 项目 QGI>1.2,需要优先改进准确度;MCHC 项目 QGI<0.8,需要优先改进精密度。

**结论** 应用 6 $\sigma$  理论能够为全自动血细胞分析仪计算值检测项目设计个性化的质控方案,评价检验过程的分析性能,为实验室质量水平的持续改进奠定基础。

## PU-1647

### 外周血未成熟血小板分数(IPF)在ITP诊断中的应用

刁莹莹,陈迪

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨外周血未成熟血小板分数(IPF)在ITP诊断中的应用,建立IPF正常人群参考区间,进而明确其临床应用价值。

**方法** 使用全自动血液分析仪 Sysmex XN-1000 对首发症状为血小板减少的 170 例成人患者( $\geq 18$  周岁)和 66 例儿科患者( $< 18$  岁)进行血常规和血小板相关参数的检测[成人组:特发性血小板减少性紫癜(ITP) 87 例,再生障碍性贫血(AA) 57 例,骨髓增生异常综合征(MDS) 5 例,全血细胞减少 21 例;]另外从门诊体检患者中抽取 145 例正常人作为本实验对照组进行正常血常规及血小板参数相关(MPV,PLT,IPF%,IPF#,P-LCR,PDW)等项目的检测。

**结果** 一般资料和分组情况:170 例成人患者( $\geq 18$  岁)分为:ITP(87),AA(57),MDS(5),全血细胞减少(21)。不同疾病类型及本实验检测各参数间有统计学意义( $P < 0.05$ )、性别差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。IPF%与 ITP 疾病相关性高于其他组

**结论** IPF%与 ITP 疾病有很高的相关性,可用于辅助临床诊断 ITP 疾病;血小板相关参数等项目与血小板减少性疾病密切相关,可辅助临床分析导致血小板的病因。

## PU-1648

### 脐血与成人外周血中淋巴细胞分泌细胞因子能力的分析

安佳佳

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探讨脐血与成人外周血中淋巴细胞分泌细胞因子能力的关系。

**方法** 2011 年 6 月—2014 年 6 月,从该院选取 60 例健康产妇志愿者和召集 60 例正常志愿者,分为观察组和对照组作为临床研究对象。取 60 例健康产妇志愿者分娩后的脐带血进行研究,同时对 60 例正常志愿者的外周血进行研究,将两组志愿者的淋巴细胞分泌细胞因子能力进行对比,并分析讨论。

**结果** 观察组和对照组志愿者在经过淋巴细胞分泌细胞因子能力的观察后,其中观察组淋巴细胞分泌细胞因子能力低于对照组(如脐血和成人外周血 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$ 、TNF- $\alpha$ 、IL-2、IL-4 的 t 值分别为 46.7382、65.2677、54.9043、18.4046, $P < 0.05$ )。

**结论** 脐血与成人外周血中淋巴细胞分泌细胞因子能力相比较,在一定范围内充质干细胞和淋巴细胞分泌细胞因子能力有关,对植物血凝素诱导的淋巴细胞增殖具有抑制作用。

## PU-1649

## PDW 与冠状动脉综合征病变的相关性

王健

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 分析研究血小板分布宽度与急性冠状动脉综合征的相关性。

**方法** 研究包括 2017 年 8 月至 2018 年 10 月滨州医学院附属医院心内科收治入院 210 名诊断急性冠状动脉综合征的患者和 86 名对照组患者, 以上均做冠状动脉造影检查, 根据结果分为 A 组(冠状动脉单支病变组) 75 例, B 组(冠状动脉双支病变组) 72 例, C 组(冠状动脉多支病变组) 63 例, 以及来我院体检的健康人群作为正常对照组 86 例。患者均进行了 PC、PDW、TC、LDL-C、HDL-C、TG 检测。

**结果** 与对照组比较, A 组、B 组和 C 组 PDW 升高 ( $P<0.01$ ), 差异有统计学意义。PDW 与冠状动脉病变程度呈正相关 ( $P<0.01$ )。

**结论** PDW 对与 ACS 的早期诊断具有较好的临床价值。

## PU-1650

## 甲状腺功能指标自动审核模块的建立与应用

王波,张明亮

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 建立甲状腺功能指标自动审核规则, 通过实验室信息管理系统(LIS)与自动化分析仪的接口软件实现甲状腺功能检测结果的自动审核。

**方法** 根据临床要求、甲状腺功能指标的临床意义、检验结果间的逻辑关系及结果的回顾性验证等要求, 形成嵌入 LIS 的甲状腺功能的结果自动筛查模块, 比较使用前后的工作效率。

**结果** (1)共设定报警提示、甲状腺功能、少见模式判断提示、历史审核提示 4 大类共 44 条审核规则。(2)对 17840 份血清标本的测试结果自动筛查, 自动筛查通过率可达 65.8%。(3)比较人工与系统自动审核 500 份临床样本, 由一名资深技师(工作经验 $\geq 3$  年者)审核需要耗时 120min, 筛选出 34 例需复查或确认的项目, 而系统自动审核耗时 $<10$ min, 筛选出 39 例需要复查或确认的项目, 人工漏审 5 例。

**结论** 甲状腺功能自动审核模块功能的应用, 提示 LIS 可实现自动化检验项目结果的自动筛查, 有效地改善工作流程, 减少人工差错, 提高工作效率, 使报告实现自动化、智能化的审核。

## PU-1651

## 5 种脑脊液酶在帕金森病诊断价值的初步研究

刘辰庚

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 初步研究脑脊液损伤性标志物: 天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 ( $\alpha$ -HBDH) 和氧化应激状态标志物: 谷胱甘肽过氧化物酶 (GPx) 和谷胱甘肽还原酶 (GR) 检测对帕金森病的诊断价值。

**方法** 利用日立 7600 全自动生化分析仪和思龙 722s 型分光光度计检测帕金森病患者脑脊液与对照组脑脊液的 AST、LDH、 $\alpha$ -HBDH、GPx 和 GR 5 种酶的活性水平。

**结果** 帕金森病患者脑脊液的 AST、LDH、 $\alpha$ -HBDH 酶活性均有不同程度升高,与对照组比较具有统计学意义( $P < 0.05$ ),帕金森患者相对于对照组 AST、LDH、 $\alpha$ -HBDH、GPx 和 GR 的诊断界值分别为 20.45 U/L、44.32 U/L、20.10 U/L、11.20 U/L 和 2.13 U/L ( $P < 0.05$ ),其中损伤性标志物中 LDH 具有最好的敏感度和特异度,氧化还原标志物中 GR 具有最好的敏感度和特异度。

**结论** 通过对帕金森病患者脑脊液中 5 种酶的分析比较,脑脊液上述 5 种酶的检测可作为参考指标在帕金森病的诊断中发挥作用。

## PU-1652

### 安徽地区正常孕妇不同孕期甲状腺功能参考区间研究

王波,张明亮

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 分析安徽地区不同孕期妇女游离甲状腺素(FT4)、促甲状腺激素(TSH)变化的特点,建立不同孕期甲状腺功能的参考区间,为孕妇甲状腺疾病的临床诊断、疾病监测提供参考。

**方法** 选择安徽各地区身体健康的不同孕期的孕妇 6828 例为研究对象,按孕周分为孕早期、孕中期、孕晚期 3 组,同时收集 1372 例健康非妊娠期女性的甲状腺功能指标作为对照组,采用 Roche Cobas 8000 e 602 电化学发光免疫分析仪检测 FT4、TSH,建立无甲状腺疾病孕妇不同孕周的正常参考区间,分析不同孕周各组 FT4、TSH 与对照组之间差异,参考值范围用(P50)及双侧限值(P2.5、P7.5)表示。

**结果** 血清 FT4、TSH 在孕早期参考区间分别为 12.45~22.85pmol/L、0.04~4.90 $\mu$ IU/mL,明显高于对照组 FT4 (13.21~21.14pmol/L)、TSH (0.51~4.13 $\mu$ IU/mL) ( $P < 0.05$ ),孕中期参考区间分别为 10.14~19.26pmol/L、0.490~5.12 $\mu$ IU/mL,明显高于对照组 ( $P < 0.05$ ),孕晚期参考区间分别为 9.24~16.46pmol/L、0.68~6.26 $\mu$ IU/mL,明显高于对照组 ( $P < 0.05$ );孕期各组之间比较差异也均有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 正常妊娠期女性在不同孕期甲状腺功能(FT4、TSH)不同,且与非妊娠育龄妇女均有明显的差异,因此建立安徽地区孕早期、孕中期、孕晚期孕妇的甲状腺激素指标的参考区间具有临床意义。

## PU-1653

### 优生十项血清标志物(TORCH-IgM/IgG)自动审核模块的建立与应用

张敏,梅圣学,方红英,徐雪梅,魏琦,常中宝,袁征

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 建立优生十项血清标志物(TORCH-IgM/IgG)自动审核规则,通过实验室信息系统(LIS)与自动化分析仪的接口软件实现 TORCH 检测结果的自动审核。

**方法** 根据临床要求、TORCH 指标的临床意义、检验结果间的逻辑关系及结果的回顾性验证等要求,形成嵌入 LIS 的 TORCH 结果自动筛查模块,比较使用前后的工作效率。

**结果** (1)设定 TORCH IgM 阳性提示、定性与定量结果不一致提示、与历史结果不符审核提示 3 大类共 25 条审核规则。(2)对 15444 份血清标本的测试结果自动筛查,自动筛查通过率为 96.9%。(3)由一名熟练操作检验技师对 100 份临床标本进行检测,应用筛查模块前后,每份报告从标本上机到报告发送,平均耗时由 3.5 h 下降至 1.5 h。

**结论** TORCH 自动审核模块功能的应用,提示 LIS 可实现自动化检验项目结果的自动筛查,有效地改善工作流程,提高工作效率,避免因人为疏忽造成遗漏复查。

## PU-1654

## 迈克全自动化学发光仪 i3000 测定促甲状腺激素的性能验证

王波,张明亮

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 通过检测促甲状腺激素 (TSH) 对迈克 i3000 全自动化学发光仪进行性能验证及评价, 探讨迈克 i3000 全自动化学发光分析仪临床应用的可行性。

**方法** 按照 CNAS-CL02: 2012《医学实验室质量和能力认可准则》的要求及相关文献, 同时结合实际工作情况, 通过一系列实验设计, 对迈克 i3000 的精密度、正确度、线性、参考区间进行检测, 与罗氏 Cobas E602 全自动化学发光仪进行方法学比对, 完成性能验证及评价。

**结果** TSH 低值、高值批内精密度分别为 2.4%、4.0%, 均 $\leq 1/4$  卫生部室间质评 TEA, 批间精密度分别为 5.5%、3.4%, 均 $\leq 1/3$  卫生部室间质评 TEA, 符合要求; 正确度能力验证实验成绩 100%, 符合要求; TSH 线性范围为 0.01-110.93 $\mu$ U/mL, 与试剂盒线性范围相符, 线性良好; 参考区间验证中, TSH 项目均未发现离群值; 与罗氏 Cobas E602 全自动化学发光分析仪的相关性良好 (相关系数 0.9963)。

**结论** 迈克 i3000 全自动化学发光仪的检测性能良好, 满足实验室常规检测工作的需求。

## PU-1655

## 日常样品检测结果对仪器和试剂质量监控的评估

钟政荣,王瑛,蒋筠斐

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 通过分析术前八项日常样品的阳性检测率能否实现对仪器和试剂的质量监控。

**方法** 收集 2018 年 8 月至 2019 年 1 月共 6 个月在 HISCL 5000 化学发光仪上术前八项 (包括 HBsAg、HBsAb、HBcAb、HBeAg、HBeAb、HCVAb、HIVAg+Ab、TPAb) 检测结果, 按照月份和试剂批号进行分组, 分别计算各组各指标的 (初筛) 阳性率以及变异系数, 分析不同月份和不同批号之间结果的一致性。

**结果** HBsAg、HBsAb、HBcAb、HBeAg、HBeAb、HCVAb、HIVAg+Ab、TPAb 所有月份平均阳性率 (%) 分别为  $8.81\pm 1.01$ 、 $44.94\pm 3.69$ 、 $46.24\pm 2.29$ 、 $1.68\pm 0.48$ 、 $23.82\pm 3.12$ 、 $1.33\pm 0.44$ 、 $0.34\pm 0.31$ 、 $2.65\pm 0.29$ , 变异系数 (CV, %) 分别为 11.44、8.20、4.95、28.47、13.10、33.40、91.59、10.48; 术前八项所有批号的平均阳性率 (%) 分别为  $8.46\pm 0.50$ 、 $43.09\pm 5.08$ 、 $47.29\pm 2.00$ 、 $1.95\pm 0.76$ 、 $25.08\pm 2.68$ 、 $1.32\pm 0.48$ 、 $0.48\pm 0.22$ 、 $2.54\pm 0.25$ , CV (%) 分别为 5.90、11.78、4.23、39.01、10.7、36.68、46.39、10.04; CV 小于 15% 的项目有 HBsAg、HBsAb、HBcAb、HBeAb、TPAb。

**结论** 对于阳性率高的项目, 日常样品每月和每批试剂的阳性检测率可以动态监测对仪器和试剂的质量控制。



## PU-1656

## 结直肠癌中游离 DNA 里 Septin9 基因甲基化的意义

刘杨

陆军军医大学西南医院

**目的** 研究血浆 Septin9 甲基化对结直肠癌诊断和治疗监测的意义。

**方法** 通过荧光定量 PCR 检测受检者外周血中游离的 Septin9 是否发生异常甲基化。收集入组结直肠癌病例和健康对照人群的血液样本进行血浆 Septin9 甲基化和血清癌胚抗原(CEA)检测, 分析血浆 Septin9 甲基化与血清 CEA 对结直肠癌的诊断阳性率、治疗前后的动态变化以及两者与病例的临床病理因素之间的相关性。

**结果** 共收集 25 例结直肠癌病例和 20 例健康人群血液样本进行检测和分析。结直肠癌患者中血浆 Septin9 甲基化阳性率为 72.8%, 显著高于正常健康人群( $P=0.001$ ); 经过手术切除或化疗后, 血浆 Septin9 甲基化转阴率分别为 73.0%、14.6%, 两者比较差异有统计学意义( $P=0.010$ ); 血浆 Septin9 甲基化与患者性别、年龄、肿瘤部位及 TNM 分期等临床因素无相关性。收取 15 组确诊结直肠癌患者术前术后各测一次 Septin9 和 CEA, 其中 11 例术前 Septin9 阳性, CEA 仅 4 例术前阳性, 术后 14 例 S9 阳性患者 12 例转阴, 另外 2 例未转阴的患者确认为结直肠癌转移。血浆 Septin9 甲基化与 CEA 联合检测的阳性率为 82.9%, 明显高于单独检测血清 CEA 水平( $P=0.034$ )。

**结论** 血浆 Septin9 甲基化可作为结直肠癌的诊断和监测的潜在指标, 联合检测 Septin9 甲基化和血清 CEA 水平可显著提高结直肠癌的诊断阳性率。

## PU-1657

## Verification of Transthyretin in Bladder Cancer Patients and Functional Research in Human Bladder Cancer Cell Line

Ting Lei

beijing shijitan hospital

**Objective** In our previous study, using 2-D electrophoresis combined with MALDI-TOF / TOF MS, we identified transthyretin (TTR) was down regulation in the urine of bladder cancer patients compared to normal controls. The aim of this work was to verify the expression of transthyretin and research the function of transthyretin in Pumc-91 human bladder cancer cell line.

**Methods** In this paper, qRT-PCR, western blot, immunohistochemistry were applied to verify the expression of TTR in bladder cancer patients' tissue and control adjacent at mRNA and protein levels respectively. Clone technology was utilized to build pcDNA3.1-TTR eukaryotic expression vector and research the proliferation and migration on Pumc-91 human bladder cancer cell line.

**Results** TTR were down regulation both at mRNA and protein levels in bladder cancer tissue than adjacent control tissue. Both were statistically significant difference ( $P<0.05$ ). Immunohistochemistry validated that the TTR was located in cyto-plasm and membrane. It was notably decreased in bladder cancer tissue compared to cystitis. Furthermore, we successfully built the pcDNA3.1-TTR eukaryotic expression vector. It exerted antiproliferative and antimetastatic roles in Pumc-91 cell line.

**Conclusions** We concluded that TTR was down regulation in bladder cancer and it potentially involved in bladder cancer progression and metastasis.

## PU-1658

## Study on the detection of specific low concentration proteins

Ting Lei  
beijing shijitan hospital

**Objective** We attempted to use the method of immunomagnetic beads (IMB) coupled with capillary electrophoresis (CE) to detect specific low concentration proteins that have or have not standards.

**Methods** To explore the feasibility of the method, fibrinopeptide A (FPA) with standard and apolipoproteinA-I (ApoA-I) without standard were taken for example. For FPA with standard, FPA immunomagnetic beads were prepared in accordance with the manufacturer's instructions and verified by capillary electrophoresis.

**Results** The specific low concentration proteins, FPA with standard and ApoA-I without standard, can be detected by the method of immunomagnetic beads coupled with capillary electrophoresis.

**Conclusions** The method of immunomagnetic beads coupled with capillary electrophoresis can rapidly and sensitively detect the specific low concentration proteins solution.

## PU-1659

## Research on STAT3 Signaling Pathway in Drug Resistance Bladder Cancer Cell Line

Ting Lei  
beijing shijitan hospital

**Objective** Looking for the method of reducing the tumor metastasis and recurrence is an urgent matter to treatment of bladder cancer. STAT3 signaling pathway is related to the proliferation, apoptosis and metastasis of tumor cells

**Methods** When the activity of STAT3 signaling pathway was inhibited, we studied the expression of STAT3 and its downstream molecules, and analyzed the effects on cell proliferation and metastasis in drug resistance bladder cancer cells. qRT-PCR and Western Blot were implemented to research the expression level of JAK2, STAT3, p-STAT3, MMP2 and Cyclin D1 in Pumc-91 and Pumc-91/ADM cell lines respectively.

**Results** The effects of AG490 on the expression of STAT3, p-STAT3, MMP2 and Cyclin D1 in Pumc-91 were evaluated using qRT-PCR and western blot. Compared to Pumc-91, an obvious decrease of JAK2, p-STAT3 and increase of MMP2 were shown in Pumc-91/ADM cell line. After inhibition of STAT3 signaling pathway, the mRNA and protein levels of STAT3, p-STAT3, MMP2 and Cyclin D1 obviously decreased in test group. The proliferation and migration of Pumc-91/ADM were suppressed by inhibiting of STAT3.

**Conclusions** STAT3 pathway regulates the proliferation and migration of bladder cancer drug resistant cells by modulating the expression of Cyclin D1 and MMP2.

## PU-1660

## Genetic polymorphisms of delta like non-canonical Notch ligand 1 (DLK1) influence the susceptibility to Antituberculosis drug-induced hepatotoxicity(ATDH)

tangyuheng liu

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University, Sichuan Province, P. R. China

**Objective** Antituberculosis drug-induced hepatotoxicity(ATDH) is a serious threat for tuberculosis patients' health and life. Antituberculosis drug-induced hepatotoxicity(ATDH) is closely related to inflammatory response and steatosis of hepatocytes and activating the Notch signaling pathway may play a important role in this process. Delta-like 1 homolog (DLK1), the best studied noncanonical Notch ligand, has been shown to act as an inhibitor of Notch signaling in vitro. This study is designed to investigate DLK1 SNPs in association with susceptibility to Antituberculosis drug-induced hepatotoxicity(ATDH) in a Western Chinese Han population.

**Methods** Ten single-nucleotide polymorphisms (SNPs) within or near to DLK1 were studied by the iMLDRTM genotyping technology assay in 746 TB patients including 116 ATDH cases and 628 non-ATDH cases enrolled in 2016–2018.

**Results** Significant difference in the allele distribution of rs11160604 in the DLK1 gene was observed between the case and control groups, and G allele of rs11160604 was associated with an increased risk for ATDH (odds ratio: 1.77, 95%CI: 1.25-2.51,  $P = 0.001$ ). However, no significant difference was observed in the allele and genotype distributions of the other nine SNPs of the DLK1 (rs7149242, rs7141210, rs7155375, rs876374, rs57098752, rs2400940, rs12431758, rs4900472, rs6575802) between the case and control groups. In addition, there was no association between DLK1 polymorphisms and clinical characteristics. Rs11160604 might fall in putative functional regions and might be eQTLs for the DLK1 according to the Genotype-Tissue Expression (GTEx) Project.

**Conclusions** Our findings indicate that that the G allele of rs11160604 of DLK1 gene might serve as a hazard for the development of ATDH in the Western Chinese Han population.

## PU-1661

## 膀胱癌尿液差异蛋白生物信息学分析

雷婷

首都医科大学附属北京世纪坛医院

**目的** 对膀胱癌患者和正常对照尿液中的差异蛋白进行信息学分析。

**方法** 应用 swiss-prot、ProtParam、Uniprot、Gene Ontology、KEGG 等数据库对前期研究中筛选出的 14 个膀胱癌尿液差异蛋白分别从蛋白、基因、核酸水平进行基本理化性质、分子功能、参与生物进程、细胞组分、代谢途径等方面的综合分析。

**结果** 14 个膀胱癌尿液差异蛋白具有各自不同的理化属性, 其基因产物具有蛋白结合、转运蛋白活性、氧结合及抗氧化活性的分子功能; 参与了转运和细胞骨架合成等生物进程。筛选的差异蛋白中大部分具有相似的本体注解, 其中 APOA1 参与了膀胱癌分子通路途径中的 PPAR 信号通路。

**结论** 结合生物信息学分析和大量文献检索, 对筛选出的 14 个尿液差异蛋白进行了初步的验证, 为下一步的靶蛋白研究提供方向。结合 KEGG 和 GeneCoDis 建立了基因、蛋白与疾病间可能存在的相互关系, 为进一步研究膀胱癌的发病机制提供了思路。

## PU-1662

## 采用室内不同系统间比对及日浮动均值法发现的氯离子系统偏低问题

高冉,夏良裕,高学慧,张瑞丽,卢双玉,禹松林,李洪雷

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 在我室 2018 年下半年的生化项目室内比对结果分析过程中,我们发现其中一台检测仪器(简称 C)的氯离子检测结果与比较方法仪器(简称 A)的氯离子结果一致性很差,C 仪器的氯离子结果较 A 仪器氯离子检测结果相比普遍偏低。通过一系列的回顾分析我们最终查找到了比对不通过的原因。

**方法** 为寻找两台仪器氯离子检测结果不一致的原因,我们依次回顾近期两台仪器室内质控情况、我室 2018 年多种室间质评结果及分析报告、查询伯乐全球质控数据、回顾 2018 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 25 日时间段内每个工作日内检测标本的氯离子均值。

**结果** 两台仪器氯离子质控结果良好,其中 C 仪器的氯离子质控结果稳定在内。2018 年上半年 A 仪器的多种室间比对中氯离子结果成绩优异,相同的室间质评标本在 C 仪器上的检测结果在相同仪器的分组内成绩优异。2018 年 6 月份 CAP 2018C-B (General Chemistry/Therapeutic Drugs) 比对结果中氯离子成绩优异 ( $SDI + 0.2 \sim -0.9$ ); 2018 年 10 月份 CAP 2018C-C (General Chemistry/Therapeutic Drugs) 比对结果中氯离子结果比对通过但是普遍偏低 ( $SDI - 1.7 \sim -2.9$ )。自 2018 年 9 月 19 日起,每日常标本的氯离子均值较以往显著下降,再次证明 C 仪器对氯离子的检测存在系统误差,且不能通过更换氯离子电极和重新定标纠正。联系厂家技术支持工程师,在工程师的建议和指导下更换氯离子参比电极,并再次与 A 仪器进行氯离子的新鲜血比对实验。比对结果通过率 100%,百分偏倚  $0 \sim -1.03\%$ 。

**结论** C 仪器氯离子系统偏低是因为氯离子参比电极日久老化,没有定期更换造成的。在老化电极的状态下累积新批号质控的氯离子靶值偏低,掩盖了后续氯离子质控结果系统偏倚的这一问题。最终借助室内比对和日浮动均值发现了这一问题。

## PU-1663

## 不同程度烧伤患者凝血功能变化及意义

赵乔妹

北京世纪坛医院,100000

**目的** 探讨不同程度烧伤患者凝血指标包括血浆凝血酶原时间(PT)、凝血酶时间(TT)、活化部分凝血酶时间(APTT)和纤维蛋白原含量(FIB)、D-二聚体(DD)以及血小板(PLT)计数的变化情况,为临床治疗方案的选择提供参考。

**方法** 回顾性分析 2017 年 4 月至 2018 年 12 月第一次烧伤并在本院接受治疗的 183 例烧伤患者,根据其烧伤程度分为轻度、中度、重度及特重度烧伤组,对每组凝血指标包括 PT, APTT, FIB, TT 以及 DD 和 PLT 进行检测,比较各组患者同类指标水平的差异;根据重度及特重度烧伤患者入院后是否发生 DIC 将患者分成 DIC 组和非 DIC 组,分析两组患者入院时的 FIB, PLT 及 DD 水平,比较两组结果是否有差异。

**结果** 随着烧伤程度的加重,从轻度组到特重度组烧伤患者凝血指标及 DD 水平逐步增高, PLT 水平逐步降低。其中特重度组的凝血指标及 DD 水平最高,轻度组最低,特重度组的 PLT 水平最低,而轻度组的 PLT 水平最高,四组之间两两比较结果如下:轻度组与中度组相比,DD 结果有显著差异,其他指标不存在差异;与重度组比较,PT、APTT、TT、DD 以及 PLT 有差异,FIB 无差异;与特重度组相比,PT、APTT、FIB、TT、DD 以及 PLT 均有差异;中度组与重度组比较,DD 有差异,其他指标无差异;与特重度组相比 PT、APTT、FIB、TT、DD 以及 PLT 均有

差异;重度组与特重度组相比, FIB、DD 结果有显著差异, 其他指标无差异。在 DIC 组中患者的血小板水平低于非 DIC 组( $P < 0.05$ ), 而 FIB 及 DD 水平高于非 DIC 组( $P < 0.05$ )。

**结论** 不同程度的烧伤患者的凝血指标、DD 及 PLT 水平存在较大差异, 尤其重度及特重度烧伤患者烧伤面积较大, 及时监测患者凝血系统及纤溶系统指标, 对患者病情判断、预防弥散性血管内凝血(DIC) 的发生具有重要临床价值。

PU-1664

## 尿液蛋白质组学在儿科的临床应用

罗陈烁

北京世纪坛医院,100000

**目的** 尿液长期以来都是作为诊断疾病的一种重要的检验样本类型, 具有着收集样本简易、非侵入性、样本收集量大、生化稳定性好, 成分相对于血液来说相对简单的特点, 在各种疾病的检验应用中作用十分显著

**方法** 蛋白质组学, 是一种诠释了蛋白质所携带的信息的最有效的方法, 在进行正常人群个体间和不同生理条件下尿蛋白质变化范围的研究可以为鉴定疾病标志物提供参考标准, 从而帮助研究者发现由疾病引起的蛋白的变化, 儿童时期是机体处于机体生长发育的阶段, 不论是个体差异, 性别差异和年龄差异都非常巨大, 在儿科学中, 无法以单一标准对儿童的疾病和健康状态进行评估。

**结果** 幼儿的尿液包含着转录、翻译、细胞生长和代谢过程的蛋白质, 这些在成人的尿液中并不常见, 对于小儿疾病中尿液蛋白质组中发生的各种变化的临床意义研究者还没有很确切的定论

**结论** 就近些年来国内外对尿液蛋白质组学在儿科中的研究进展进行综述

PU-1665

## 坊子区育龄女性叶酸代谢障碍相关基因遗传多态性分布研究

孙静静,秦明,马淑霞,付占萍

潍坊市坊子区人民医院,261000

**目的** 了解潍坊市坊子区育龄妇女叶酸代谢障碍相关基因遗传多态性,为指导该地区育龄女性合理补充叶酸提供数据支持。

**方法** 选取 2018 年 1 月 1 日-2018 年 5 月 30 日来坊子区人民医院进行检查的育龄期女性 158 例,采集研究对象静脉血斑(直径 2cm),采用微基因“人类 MTHFR 和 MTRR 基因多态性检测试剂盒”测定 5,10-亚甲基四氢叶酸还原酶(MTHFR)C667T、A1298C 位点和甲硫氨酸合酶还原酶(MTRR)A66G 位点的基因型,对所得数据进行分析。

**结果** 采集坊子区育龄期女性 158 例样本,统计全部样本中检测的 MTHFR C667T 位点中,其中野生型(CC)、杂合突变型(CT)及纯合突变型(TT)分别占 14.6%、46.8%和 38.6%,突变基因 T 的基因频率为 62.0%;MTHFR A1298C 位点中野生型(AA)、杂合突变型(AC)及纯合突变型(CC)分别为 71.5%、25.3%和 3.2%,突变基因 C 的基因频率为 15.8%;MTRR A66G 位点中野生型(AA)、杂合突变型(AG)及纯合突变型(GG)分别为 50.0%、46.8%和 3.2%,突变基因 G 的基因频率为 26.6%。坊子区育龄女性存在叶酸代谢障碍的育龄女性高达 39.2%(62/158)。

**结论** 坊子区超过 39%以上的育龄女性携带高风险基因, 临床医生应基于叶酸代谢基因多态性检测, 给予相应叶酸补充指导, 避免因叶酸代谢障碍导致叶酸补充不足从而导致不良妊娠结局, 以及新生儿缺陷。

## PU-1666

## 降钙素原在新生儿感染诊断及病情监测中的价值

梁健伟,周玮,闪全忠  
清华大学第一附属医院

**目的** 新生儿感染作为临床上比较常见的疾病,病原菌主要为细菌,但是往往找不到感染灶。血清学指标 C 反应蛋白敏感性和特异性并不理想。本次研究选取在本院儿科住院且检测 PCT 的新生儿,评价其在新生儿感染中的诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2017 年 12 月在北京清华大学第一附属医院儿科住院的 348 例新生儿的临床资料,其中重症感染患儿 77 例,局部感染患儿 271 例。选取 35 例非感染性疾病患儿作为对照。3 组患儿一般资料比较差异无统计学意义,  $P>0.05$ 。上机检测 PCT 和 CRP。使用 SPSS19.0 统计学软件对所有数据进行分析。

**结果** 重症感染组、局部感染组和对照组的 PCT 和 CRP 结果经 Kruskal-Wallis 检验,各组间 PCT 和 CRP 结果差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。依据 PCT 分为高值组:  $PCT\geq 2\text{ng/mL}$ ; 中值组:  $0.5\text{ng/mL}\leq PCT<2\text{ng/mL}$ ; 低值组:  $PCT<0.5\text{ng/mL}$ 。高值组、中值组和低值组间住院周期差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。根据 ROC 曲线得到 PCT 诊断新生儿重症感染的曲下面积为 0.856。当  $PCT\geq 0.5\text{ng/mL}$  时,其诊断灵敏度和特异度分别为 72.9%和 97.1%;当  $PCT\geq 2\text{ng/mL}$  时,其诊断灵敏度和特异度分别为 37.8%和 99.7%。

**结论** PCT 鉴别感染的能力较强,并且其浓度水平与机体感染的程度相关,可快速初步诊断感染类别,持续监测可观察感染的加重或转归。CRP 作为临床常规使用的感染指标,在新生儿感染中有一定的指导价值,本研究显示其可作为辅助指标,配合 PCT 使用。PCT 的水平反映了疾病的严重程度,较重疾病的转归需求时间高于一般性疾病,同时显示新生儿感染是一种临床较重疾病,住院周期略高于其他一般性非感染疾病。临床怀疑新生儿细菌感染时应及时进行 PCT 的检测。

## PU-1667

## Nucleophosmin-1 (NPM1) silencing reduces drug resistance and promotes the tumorigenicity in cisplatin-resistant bladder cancer

Chenshuo Luo  
Beijing Shijitan Hospital, Capital Medical University

**Objective** The drug resistance of bladder cancer, especially chemotherapeutic drug resistance is a serious problem of clinical treatments. A clinical representative parameter that reflects the degree of drug resistance and monitor cancer progress in bladder cancer is needed to explore.

**Methods** The NPM1 gene expression of T24 cells and T24 cells was analyzed by real-time quantitative PCR and Western blot. According to the results of the experiment, we inhibited the expression of NPM1 gene by lentivirus. And the efficiency of lentivirus infection was verified by fluorescence microscope and Western blot. At the cellular level, we used CCK-8 and flow cytometry assay to find the change of cisplatin resistance of the tumor, after that wound-healing assay, transwell invasion assay were used to analyze the changes in oncology.

**Results** NPM1 expression of T24 cells was observed to be up-regulated compared with T24 cells. We based on the results of the above mentioned analysis, we established a stable NPM1 knockdown T24 cell line. At the cellular level, we found that NPM1 knockdown could improve the sensitivity of T24 to cisplatin. Using the flow cytometry, we verified that NPM1 silencing sensitized T24 cells to cisplatin-induced apoptosis and induced cell cycle arrest in S phase. Suppression of NPM1 increased cell mobility and the ability of matrigel invasion of T24 cells in vitro, it also promoted tumorigenicity in nude mice models.

**Conclusions** The differential expression of NPM1 protein can reflect epigenetic characteristics of drug resistant bladder cancer. NPM1 silencing may indicate high sensitivity to cisplatin and rapid tumor progress of drug resistant bladder cancer. There are many NPM1 related proteins involved in the formation of drug resistance and the progression of cancer.

## PU-1668

### 转甲状腺素蛋白在结直肠肿瘤患者血清中的差异表达

胡慧慧

北京世纪坛医院,100000

**目的** 探讨转甲状腺素蛋白（transthyretin）与结直肠肿瘤恶性度的相关性。

**方法** 收集 12 例正常人，12 例结直肠息肉与 47 例结直肠恶性肿瘤患者血清。所有患者均按性别、年龄、肿瘤分期进行分组。利用 Western-blot 的方法检测转甲状腺素蛋白（TTR）的差异表达。

**结果** 在血清中，TTR 在结直肠恶性肿瘤中的表达下调。在正常人与结直肠恶性肿瘤，结直肠息肉与结直肠恶性肿瘤患者中，TTR 的表达差异具有统计学意义（ $p<0.001$ ,  $p<0.001$ ）。TTR 在 pT1（I 期）与 pT4（IV 期）血清样本中的表达具有差异（ $p=0.004$ ），其它组别之间的差异无统计学意义（ $p>0.05$ ）。

**结论** TTR 表达与结直肠肿瘤恶性度存在相关性。

## PU-1669

### 新生儿病理性黄疸合并感染相关指标检测研究

孟倩

首都医科大学附属北京世纪坛医院

**目的** 探讨新生儿病理性黄疸合并感染相关检验指标的变化，为该病的诊断与评价提供理论依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月—2018 年 12 月我院新生儿科收治的新生儿病理性黄疸合并感染的患儿 29 例，同期无感染的新生儿病理性黄疸患儿 30 例作为对照。比较两组患儿炎症因子、血常规、肝肾功能、心肌酶、电解质、凝血功能等检验指标变化情况。并分析炎症因子与各器官功能异常检验指标的相关性。

**结果** 白细胞（WBC）、C 反应蛋白（CRP）、PCT（降钙素原）在感染组患儿高于非感染组（ $P<0.05$ ）。血清 CK（肌酸激酶）、乳酸脱氢酶（LDH）、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶（HBDB）、肌酐（Cr）、尿素氮（BUN）、尿酸（UA）、FIB（纤维蛋白原）在感染组患儿高于非感染组（ $P<0.05$ ）。WBC、CRP、PCT 分别与 Cr、Bun 成正相关；WBC、CRP 与 FIB 成正相关；WBC 与 CK、LDH、HBDB 成正相关。

**结论** WBC、CRP、PCT 可作为新生儿感染性黄疸诊断的有效指标。对于新生儿病理性黄疸患儿，感染因素可能对心肌功能造成一定损伤、对肾功能和凝血功能产生一定影响；在临床上对感染性黄疸新生儿应及时尽早进行诊断和全面评估，以降低并发症的风险。

## PU-1670

## 妊娠合并亚甲减孕妇分娩方式对新生儿甲状腺激素的影响

蔡佳

首都医科大学附属北京世纪坛医院

**目的** 探讨妊娠合并亚临床甲状腺功能减退孕妇的分娩方式对新生儿甲状腺激素的影响。

**方法** 随机选择妊娠合并亚临床甲状腺功能减退孕妇活产的足月新生儿 107 例, 包括平产 76 例, 剖宫产 31 例。测定其脐带血促甲状腺激素 (thyrotropin, TSH)、总三碘甲状腺原氨酸 (total triiodothyronine, TT3) 和总甲状腺素 (total thyroxine, TT4) 水平并统计分析。

**结果** 统计分析结果表明, 妊娠合并亚临床甲状腺功能减退孕妇平产和剖宫产的新生儿脐带血 TSH 水平的差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ), TT3 和 TT4 水平的差异均无统计学意义 ( $p>0.05$ )。

**结论** 经阴道分娩时宫缩及产道挤压使胎儿血清 TSH 水平升高, TT3 和 TT4 水平无明显差异。

## PU-1671

## 血液相关指标与系统性红斑狼疮活动性分析

刘丹

首都医科大学附属北京世纪坛医院

**目的** 探讨白细胞 (White Blood Cell, WBC)、红细胞 (Red Blood Cell, RBC)、血小板 (Platelet, PLT)、血红蛋白 (Hemoglobin, HB)、淋巴细胞绝对值 (Absolute Lymphocyte Value, Lym#)、平均血小板体积 (Mean Platelet Volume, MPV) 与系统性红斑狼疮 (Systemic Lupus Erythematosus, SLE) 病情活动性关系。

**方法** 随机收集 2017 年 12 月-2018 年 11 月我院风湿免疫科 SLE 病人样本 37 例, 根据 SLE 活动指数 (Systemic Lupus Erythematosus Disease Activity Index, SLEDAI) 分为活动组与非活动组, 同时收集同期健康体检者 22 例作为对照组, 检测样本的血常规相关指标 Lym#、MPV、WBC、RBC、HB、PLT 及血清补体 3 (Serum Complement 3, C3)、红细胞沉降率 (Erythrocyte Sedimentation Rate, ESR), 比较各指标之间的相关性。

**结果** SLE 活动组与对照组比较, Lym#、C3、MPV、PLT、RBC、HB 均小于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 两组间 WBC 无差异 ( $P>0.05$ ); SLE 非活动组与对照组间比较, Lym#、RBC、HB 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 二组间 WBC、PLT、C3、Lym# 无差异 ( $P>0.05$ ); SLE 活动组与非活动组比较, 活动组 MPV、Lym#、C3、WBC、PLT、HB 均低于非活动组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), ESR 高于非活动组 ( $P<0.05$ ), 两组间 RBC 无统计学差异 ( $P>0.05$ )。WBC、RBC、HB、PLT、Lym#、MPV 与 SLE 活动性指标 SLEDAI、ESR 呈负相关, 与 C3 呈正相关。

**结论** WBC、RBC、HB、PLT、Lym#、C3、ESR 可作为系统性红斑狼疮活动性的观察指标



PU-1672

## Seasonality of lipids, lipoproteins, apolipoproteins and ratios of ApoB/ApoA1, TG/ HDL-C, and non-HDL-C/HDL-C in the Capital region of China

Ran Gao,Ling Qiu,Xiqi Cheng,Chaochao Ma,Xiuzhi Guo  
Pecking Union Medical College Hospital

**Objective** As for lipid parameters such as ApoB, ApoA1, LDL cholesterol (LDL-C), HDL cholesterol (HDL-C), Lp(a) and FFA there is no clear evidence to illuminate the seasonal variation and difference between different age groups.

**Methods** We extracted anonymized data of health examination population from a common clinical laboratory information system in PUMCH laboratory database from 01/Jan/2014 to 31/Dec/2017. A total of 1,031,930 tests with 8 lipid parameters (cholesterol, triglyceride, LDL cholesterol, HDL cholesterol, apolipoprotein A1, apolipoprotein B, lipoprotein(a), FFA) are extracted from this laboratory database and explored in this study. We calculated the values of the 8 lipid parameters and the ratios of APOB/APOA1, TG/ HDL, non\_HDL/HDL to investigate their age and seasonal trends by gender. We investigated whether there were difference in lipid profile between old male who were older than 65 years and young male. We also compared the results of each lipid parameter according to the average Chinese women menopause age of 51 years old. The differences of gender, age-groups and seasonal variation were investigated by Two-way ANOVA to compare quantile regression models.

**Results** All distributions of test results of 8 lipid parameters are non-normal distributed ( $P<0.05$ ). Statistical significance was observed in age group classification and gender with p value of  $<0.01$ . Test results in parameters of HDL-C, ApoA1, Lp(a), FFA were higher in female than in male in each age-group. However, as for TG, TC, LDL-C, and ApoB, there were differences between age groups in male and female. Except Lp(a), test results of other lipid parameters are statistically significant differences among four seasons ( $P<0.01$ ) as well as among 12 months ( $P<0.01$ ). The test value of APOB, Lp(a), FFA, TC, LDL-C, HDL-C, and TG with statistical difference ( $P<0.01$ ) between upper and under65\_year\_age in male. The test value of APOB, Lp(a), FFA, TC, LDL-C, HDL-C, and TG with statistical difference ( $P<0.01$ ) between upper and under65\_year\_age in male. Women with age after 51 years old had higher lipid parameters levels than before 51 years old ( $P<0.01$ ) except HDL-C ( $P<0.01$ ). The values of APOB/APOA1, TG/ HDL, and non\_HDL/HDL were higher in male than that in female ( $P<0.01$ ) and increased with age before 60 years old while declined after 60 years old. Grouped according to TG cut points, strong positive correlation was observed between LDL-C and APOB, ( $R^2=0.83-0.91$ ,  $P<0.001$ ) except when  $TG\geq 5.65\text{mmol/L}$ .

**Conclusions** Seasonal variation existed in all of the studied lipid parameters. The lipid profile phenomenon was different between male under 65 years age and male upper 65 years age. Correspond well to previous studies, premenopause women had lower lipid levels than postmenopause women except HDL-C. Strong positive correlation was observed between LDL-C and ApoB, except when  $TG\geq 5.65\text{mmol/L}$ .

## PU-1673

## Heteroresistance to vancomycin in vanM-type *Enterococcus faecium*

Ying Zhou<sup>1</sup>, Xiaogang Xu<sup>2</sup>, Xiaofei Jiang<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Huashan Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University, Shanghai, China

2. Institute of Antibiotics, Huashan Hospital, Fudan University, and Key Laboratory of Clinical Pharmacology of Antibiotics, National Health and Family Planning Commission, Shanghai, China

**Objective** The vancomycin heteroresistance in enterococcus exists objectively but is not easily detected by routine methods, and not clearly understood. Here, we characterized a vanM-type vancomycin-heteroresistant *Enterococcus faecium* clinical strain and the potential mechanism at the origin of this resistance level heterogeneity in a vanM-type *E. faecium* clinical strain.

**Methods** Antimicrobial susceptibility testing, pulsed-field gel electrophoresis (PFGE), multilocus sequence typing (MLST), polymerase chain reaction (PCR) and sequence analysis of the van gene cluster, southern blot, and quantitative real-time PCR were performed.

**Results** The original *E. faecium* isolate hVREm7 was susceptible to vancomycin by broth microdilution or Etest. However, Etest showed subcolonies present in the clear inhibition zone that had a vancomycin minimum inhibitory concentration (MIC) >256 mg/L. The original isolate and its three vancomycin resistant variants belong to the same PFGE pulsotype and the same MLST type (ST262). All the four strains contained an unaltered vanM cluster which possessed a 109-bp deletion in the transposases IS1216 and the vanRM intergenic region compared with the architype vanM element. Remarkably, this deletion may affect the promoter function of the vanRM and decay its expression. In the three variants vanM was detected in both chromosomal and extra-chromosomal DNA, while in the original isolate vanM was only present extra-chromosomally. Notably, the size of the vanM-bearing extra-chromosomal DNA fragments in the three variants differed from their parental strain. Quantitative real-time PCR showed that both the vanM copy number and expression level in the variant strain VREm7-1 increased.

**Conclusions** The clinical isolate hVREm7 keeps heterogeneity compared with the original vanM-type VRE may associated with the variable promoter activity of the vanM gene cluster, besides the increased copy number and augmented expression of the vanM gene contribute to the increased resistance to the vancomycin in *E. faecium*.

## PU-1674

## 正己烷职业暴露人群尿液中吡咯加合物及相关指标分析

何俊秋

北京世纪坛医院, 100000

**目的** 探讨正己烷职业接触人群尿液与血液多项生物监测指标的差异, 分析其内在相关性, 为该人群的健康监护提供依据。

**方法** 用溶剂解吸气相色谱法测定工作场所空气中正己烷浓度; 采用酶标仪比色法测定受检者尿液中吡咯加合物的含量; 全自动生化分析仪进行血清主要生化指标检测; 全自动血细胞分析仪进行全血细胞计数分析; 采用 SPSS 20.0 软件进行均数 *t* 检验、秩和检验、双变量 Person 相关分析。

**结果** 正己烷职业接触组和对照组车间空气中正己烷时间加权平均浓度 (TWA) 分别为  $32.6 \pm 6.9 \text{ mg/m}^3$  和  $<0.15 \text{ mg/m}^3$ , 两组工人尿液中吡咯加合物浓度为  $(1.91 \pm 0.29) \text{ nmol/mL}$  和  $(1.17 \pm 0.18) \text{ nmol/mL}$ , 两个指标在两组中均有统计学差异 ( $p < 0.05$ )。职业接触组血清总胆红素 (TBIL)、间接胆红素 (IBIL)、碱性磷酸酶 (ALP)、钾离子 ( $\text{K}^+$ ) 分别是

(15.76±5.29)μmol/L、(11.87±4.14)μmol/L、(64.1±14.9)U/L、(4.34±0.33)mmol/L，对照组上述 5 项指标分别为(11.89±4.1)μmol/L、(8.36±3.92)μmol/L、(43.34±9.68)U/L、(4.49±0.41)mmol/L，两组比较 (t 检验)，各指标差异均有统计学意义 (P<0.05)。接触组平均红细胞血红蛋白浓度 (MCHC)、大血小板比例(P-LCR)、单核细胞绝对值 (MONO#)、嗜酸性细胞绝对值 (EOS#) 指标分别为(337.3±9.37)g/L、(28.93±1.17)%、(0.35±0.09)×10<sup>9</sup>/L、(0.163±0.079)×10<sup>9</sup>/L，与对照组指标(341.7±13.58)g/L、(27.45±0.99)%、(0.39±0.11)×10<sup>9</sup>/L、(0.129±0.083)×10<sup>9</sup>/L 比较，差异均有统计学意义(P<0.05 t 检验)；尿液中吡咯加合物水平与 TBIL、IBIL、ALP 呈正相关，相关系数 r 分别为 0.577、0.566、0.431；与 MCHC 呈负相关，相关系数 r 为-0.433；与 EOS#呈正相关，相关系数 r 为 0.517。

**结论** 正己烷职业接触人群尿中吡咯加合物浓度，血清 TBIL、IBIL、ALP、K<sup>+</sup>浓度与非接触人群相比有显著性差异，建议作为正己烷职业接触者健康监护的监测指标；其中尿液吡咯加合物浓度与血液多项功能指标存在相关关系。

## PU-1675

### Relationship between infertility and semen quality: analysis of 4479 men in fertility clinics

Juanjuan Chen  
Beijing Shijitan Hospital

**Objective** To explore the main causes of male infertility and prevention of male infertility age.

**Methods** A semen sample was obtained from 4479 male patients presenting for infertility problems, between May 31, 2012 and June 6, 2016. Intervention(s): Standard World Health Organization procedures (the 5th ed.) for semen analysis.

**Results** Statistical analysis results of 4479 subjects showed the main findings are as follows: the mean age of these subjects peaked at (34.01 ± 6.17) years. Asthenozoospermia should be the largest cause of infertility man, accounting for 28% of all subjects. The largest proportion of abnormalities in 4479 samples was total progress motility.

**Conclusions** 34-year-old married men with infertility have reproductive demand more urgent. Analysis of 4479 semen analysis found that the cause of male infertility mainly due to asthenozoospermia caused by lowered total progress motility, rather than azoospermia and oligozoospermia.

## PU-1676

### The Expression of ApolipoproteinA1 and its correlation with infiltration of Urologic Neoplasm

Huihui Hu  
Beijing Shijitan Hospital

**Objective** To explore the differential expression of apolipoproteinA1 in urologic neoplasm patient compared with normal control human, as well as investigates whether apolipoproteinA1 correlated with infiltration of urologic neoplasm.

**Methods** A total of 59 tissue sections of surgically-resected urologic neoplasm and 6 cases of normal tissue sections were collected. 14 cases of urine samples from transitional cell carcinoma patients and 6 cases urine samples from normal human were also applied in this experiment. We also selected 6 cases of fresh bladder transitional cell carcinoma tissues. The expression of apolipoproteinA1 between urologic neoplasm and normal control were detected by Western blot, Immunohistochemistry and qRT-PCR. The method of Immunohistochemistry was applied to

examine the differences of apolipoproteinA1 expression between infiltration and non-infiltration urologic neoplasm tissue section groups.

**Results** Compared with none expression in normal control, ApolipoproteinA1 exhibited higher level in urologic neoplasm patient's urine and fresh bladder transitional cell carcinoma tissues ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** There were statistical differences of apolipoproteinA1 between infiltration and non-infiltration urologic neoplasm tissue section groups.

## PU-1677

### ApolipoproteinA1; Urologic Neoplasm; Infiltration; Tissue Sample; Urine; Immunohistochemistry

jia cai  
beijing shijitan hospital

**Objective** The aim of this study is to evaluate the methods based on creatinine (Cre) and retinol binding protein-4 (RBP4) to normalize the urinary free triiodothyronine (uFT3) during pregnancy.

**Methods** The serum specimens of 30 healthy pregnant women were sampled at 9-12, 14-17, 23-26 and 37-40 weeks of gestation, simultaneously along with spot urine specimens. Statistical analysis was done to analyze the variation of urinary Cre (uCre) and RBP4 (uRBP4) during pregnancy. After correction with uCre, the correlations between serum free triiodothyronine (sFT3) and uFT3, sFT3 and uFT3/uCre were analyzed respectively during pregnancy.

**Results** There was a decline in the median level of uCre during pregnancy ( $p < 0.05$ ), while no obvious variation was detected for the uRBP4 ( $p > 0.05$ ). Although there was no correlation between sFT3 and uFT3,  $r = 0.16$  ( $I^2 = 71.3\%$ , 95% CI: -0.11 ~ 0.44), there was negative correlation between sFT3 and uFT3/uCre,  $r = -0.40$  ( $I^2 = 69.4\%$ , 95% CI: -0.60 ~ -0.20).

**Conclusions** The median level of uRBP4 was more constant than uCre during pregnancy. Normalization of the uFT3 with uRBP is better than that with uCre during pregnancy.

## PU-1678

### 血性宫颈脱落细胞标本对荧光定量 PCR 法检测 HPV-DNA 的影响

王克迪, 苏建荣 sujianrong  
首都医科大学附属北京友谊医院, 100000

**目的** 通过比较血红蛋白含量不同的宫颈脱落细胞标本中 HPV-DNA 定性和定量结果, 探讨血红蛋白对 HPV-DNA 检测结果的影响程度, 为临床工作提供参考依据。

**方法** 选取 2019 年 1 月就诊于北京友谊医院妇科门诊的女性患者宫颈脱落细胞标本作为研究对象, 其中 10 例未溶血, 且 HPV-DNA 检测为阳性的标本作为 HPV 阳性组, 10 例未溶血, 且 HPV-DNA 检测为阴性的标本作为 HPV 阴性组, 再制备成血红蛋白含量不同的 5 组, 即 A 组 (Hb=0g/L)、B 组 (Hb=2.5g/L)、C 组 (Hb=5g/L)、D 组 (Hb=10g/L) 和 E 组 (Hb=20g/L), 采用荧光定量 PCR 法对 HPV-DNA 进行定性和定量检测, 并进行组间比较。

**结果** 定性检测结果显示, HPV 阳性组中, B 组和 C 组的 HPV-DNA 结果均为阳性, 符合率为 100%, D 组和 E 组中, HPV-DNA 分别有 7 个和 0 个阳性结果, 符合率分别为 70% 和 0。HPV 阴性组中, HPV-DNA 结果在 B-E 组均为阴性, 符合率为 100%。定量检测结果显示, HPV 阳性组中, B 组和 C 组中所有样本 HPV-DNA 扩增 Ct 值的偏倚均  $< 7.5\%$ , D 组和 E 组中, 分别有 40% 和

90%样本 HPV-DNA 扩增 Ct 值的偏倚超过 7.5%。HPV 阴性组中, HPV-DNA 扩增 Ct 值偏倚均 <7.5%。

**结论** 血性宫颈脱落细胞标本在一定程度上会影响 HPV-DNA 检测结果, 严重血性标本应预先处理后再进行检测。

## PU-1679

### 全血细胞分析仪商业质控品均值与标准差设定的探讨

李静

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 确立实验室血液质控品合理控制限, 建立质控品批次与批次的关联

**方法** 我们采用四种不同的方法确定均值与标准差, 在临床试验中采用不同型号不同厂家的血液分析仪对四种方法进行评估。

**结果** 实验证明, 连续每天测定一次质控品共 10 天, 计算 10 次质控的均值为, 并利用前 5 批次同项目、同水平的加权 CV%计算出标准差, 这种方法设定的控制限更适用于本实验室的常规工作。

**结论** 采用这种方法调整控制限后, 不但利用了加权 CV%, 保证了实验室每批质控品测定结果的相关性, 而且相对延长了每批质控品靶值累积的时间, 能较好的反映质控品不稳定状态, 降低了单纯依赖商用质控品标准差造成的假在控。

## PU-1680

### 融合式教学法在血栓与止血检验见习带教中的效果分析

李蕾

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 探讨 TBL+PBL+CBL 融合式教学法结合 ISO15189 相关要素在血栓与止血检验临床见习带教中的效果。

**方法** 选择首都医科大学 2014 级临床医学专业五年制学生 63 例, 七年制学生 59 例为研究对象, 随机分为传统教学组和实验教学组。传统教学组采用讲授式教学模式 (lecture-based learning, LBL), 实验教学组采用 TBL+PBL+CBL 教学方法并结合 ISO15189 进行授课。观察教学效果及学生对教学方法的满意度。

**结果** 实验组理论知识、操作技能和检验综合分析能力得分均显著高于传统组 ( $P < 0.05$ )。实验组专业知识掌握程度、学习兴趣、团队协作、表达沟通能力、动手能力、ISO15189 融入见习认可度等均显著高于传统组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 在血栓与止血检验见习带教中, 融合式教学法结合 ISO15189 有利于提高教学效果, 值得在实验诊断学的临床见习中推广。

## PU-1681

## 间接法建立上海地区游离甲状腺素和促甲状腺激素 检验项目参考范围

刘晓文,沈隽霏,吴文浩,王蓓丽,潘柏申,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 间接法建立上海地区甲状腺功能游离甲状腺素(FT4)和促甲状腺激素(TSH)指标的人群参考范围,并同厂商提供的参考范围进行比较,以验证间接法建立人群甲状腺功能指标参考范围的可靠性。

**方法** 选择 2015 至 2017 年在中山医院进行健康体检人群的游离甲状腺素和促甲状腺激素数据,通过 K-S 检验其数据的正态性;非正态数据使用 BOX-COX 转换成近似正态,通过四分位间距法剔除离群值后设立参考范围。通过非参数检验比较其结果在性别以及年龄间是否存在差异,同厂商给定的参考范围比较其参考变化值(Reference change value, RCV)。

**结果** 间接法建立的参考范围 FT4 为男性 13.2-21.6pmol/L,女性 12.6-20.3pmol/L;TSH 为男性 0.63-4.9μIU/ml,女性为 0.55-5.04μIU/ml。其结果与厂商提供的参考范围无差异,且更为精确。

**结论** 间接法建立参考范围方法是可靠的,它具备经济简便且更贴近受检人群的特点,适合广大临床实验室推广自建实验室的甲状腺功能参考范围。

## PU-1682

## 血清外泌体 lncRNA 应用于结直肠癌患者诊断的研究

于淼

1.山东省立第三医院

2.山东大学,250000

3.山东大学附属山东省肿瘤医院,检验科,

**目的** 研究结直肠癌患者血清外泌体 lncRNA,来判断其是否具有诊断价值,从而应用于结直肠癌患者的临床诊疗。

**方法** 研究对象按照随机抽取的方式入组,病例组为经过临床确诊为结直肠癌的患者,患者均有组织病理或细胞病理证实,临床分期根据术后病理或详细的影像学检查,按指南 TNM 分期标准进行分期,对照组为非癌症健康志愿者。整理病例组和对照组研究对象的临床资料,收集病例组和对照组研究对象的血清标本,提取外泌体并保存。电化学发光法检测血清中的 CEA,CA199,CA724 含量,qPCR 法检测标本中的 lncRNA。统计学 t 检验,ROC 曲线分析结果。

**结果** 结直肠癌患者血清外泌体 lncRNA FOXD2-AS1 和 AC017076.5 表达显著上调( $P<0.001$ ),表达水平与肿瘤大小、TNM 分期显著相关。ROC 曲线分析 lncRNA FOXD2-AS1 和 AC017076.5,诊断效能要高于 CEA、CA19-9,CA72-4 等传统肿瘤标志物。

**结论** 本研究揭示了结直肠癌患者血清外泌体中 FOXD2-AS1 和 AC017076.5 的存在,证实了其可能是潜在的诊断结直肠癌的生物标志物。

## PU-1683

**MALDI-TOF MS 鉴定丝状真菌的影响因素分析**

李颖

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 评估菌株培养条件、培养天数以及结果判定截断值（Cut-off Value，COV）三个因素对 MALDI-TOF MS 鉴定丝状真菌能力的影响。

**方法** 将 78 株受试丝状真菌分别接种到两种培养基及两个培养温度共 4 种组合的培养条件下进行培养，并于不同培养天数对其进行 BrukerMALDI-TOF MS 分析，根据鉴定率的差异筛选菌株 MALDI-TOF MS 鉴定用最佳培养条件及培养天数；下调 MALDI-TOF MS 结果判定 COV，分析其对 Bruker MALDI-TOF MS 丝状真菌鉴定率的影响。

**结果** 培养基种类在 MALDI-TOF MS 鉴定丝状真菌方面几乎无影响，培养温度以 28℃为宜，以培养 2-3 天菌落进行 MALDI-TOF MS 分析可得到较高种水平鉴定率；将 MALDI-TOF MS 种水平鉴定 COV 由>2.0 降至>1.7 可使受试丝状真菌的种水平鉴定率由 32.1% 提升至 85.9%且不增加错误鉴定率。

**结论** 通过对 MALDI-TOF MS 鉴定丝状真菌过程中涉及的三个灵活因素进行分析，优化检测参数，可显著提升 MALDI-TOF MS 对丝状真菌的鉴定能力。

## PU-1684

**胆道闭锁患儿接受 kasai 手术及移植手术早期围期前后对腺苷脱氨酶、降钙素原、D-二聚体的评价**

刘运东

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨接受肝门空肠吻合术（kasai 手术）后移植的胆道闭锁患儿手术早期围期与接受 kasai 手术 ADA、PCT、D-二聚体临床诊断价值，为 Kasai 手术对术后早期肝移植的影响提供可靠的鉴别检测方法。

**方法** 接受 kasai 手术后移植患儿（A 组）和进行 kasai 手术患儿（B 组）以及健康婴儿（C 组）为对照组进行相关实验室检查结果评价。

**结果** 移植组和 Kasai 组术前检测结果血中 PCT、ADA、D-二聚体水平均明显高于对照组，差异具有统计学意义（ $P<0.01$ ）；肝移植围手术期移植组血清 ADA 先缓慢上升，于术后 1 天达到峰值，后缓慢回落，于术后 10 天左右恢复正常；PCT 于无肝前期开始上升，新肝期达到峰值，后缓慢下降，10 天左右仍高于正常值；D-二聚体于无肝期开始急剧上升，新肝期有小幅回落，后又急剧上升，于术后 1 天达到峰值后缓慢下降，术后 10 天左右恢复至正常值水平，差异均具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。Kasai 组术后检测结果血中 PCT、ADA、D-二聚体水平均明显高于对照组，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ），相对于术前血中 PCT、ADA、D-二聚体水平有下降。

**结论** 接受 kasai 手术胆道闭锁患儿及移植手术患儿血中 ADA、PCT、与 D-二聚体的数值随患儿术后病情的改善明显降低，可作为移植患儿手术围期感染、出血、恢复的监测指标，协助预测患儿术中前后的风险和预后。

## PU-1685

## 卡马西平对小儿癫痫患者血清钠的影响

刘辰庚

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 探讨卡马西平、苯巴比妥、苯妥英钠和丙戊酸钠对癫痫患儿血清钠的影响。

**方法** 随机选取分别服用上述四种药物的癫痫患儿和成人癫痫患者各 180 例, 并随机选取性别年龄匹配的儿童和成人健康对照, 测定其血药谷浓度时的血清钠水平。

**结果** 服用卡马西平的患儿, 其血药浓度谷水平时的血清钠浓度均显著低于小儿对照组、服用苯巴比妥的小儿癫痫组和服用卡马西平的成人癫痫组 ( $P < 0.05$ )。服用苯妥英钠、苯巴比妥和丙戊酸钠的小儿癫痫患者, 其血药浓度谷水平时的血清钠浓度与小儿对照组间无统计学差异 ( $P > 0.05$ )。服用卡马西平的患儿, 其血药浓度谷水平时的血清钠阳性率 (低于生物参考区间下限) 均显著高于表面健康对照组和其他药物组和成年癫痫患者 ( $P > 0.05$ )。当血清钠离子浓度截断值为 132.1mmol/L 时, 对小儿癫痫的高血清卡马西平具有较好的诊断效率 (灵敏度为 83.70%, 特异度为 87.65%)。

**结论** 本研究结果提示服用卡马西平的小儿癫痫患者, 在用药期间, 除应监控血药浓度外还应密切关注血清钠的变化趋势, 以预防药物不良反应的发生。

## PU-1686

## 间接法建立胆红素参考范围

吴群,沈隽霏,吴文浩,王蓓丽,潘柏申,郭玮

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 间接法建立胆红素参考区间, 并与其行业标准参考区间进行比较, 验证间接法可靠性。

**方法** 提取 2017 年 1 月至 12 月健康体检人群数据, 通过偏度-峰度值检验数据的正态性, 非正态数据使用 BOX-COX 转换成近似正态, 通过四分位距法剔除离群值, 使用 Mann-Whitney U 检验验证男女是否需要分组后使用 Hoffman 法获得参考区间, 与直接法结果进行比较, 以各项目参考变化值 (reference change value, RCV) 作为标准。

**结果** TBIL 男性、女性和 DBIL 男性相对偏差均小于 RCV ( $< 26\%$ ,  $21\%$ ,  $8\%$ ), 认为和直接法报道的参考区间无显著差异; 而 DBIL 女性参考区间上限与直接法报道的参考区间存在微小差异 ( $< 8\%$ )。

**结论** 间接法建立参考区间的可行性被进一步证实并且适合广大临床实验室推广和应用。

## PU-1687

## 脑脊液谷胱甘肽氧化酶在阿尔茨海默病中的诊断价值

刘辰庚

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 通过检测阿尔茨海默病 (AD) 患者脑脊液 (CSF) 中肌酸激酶 (CK) 和谷胱甘肽过氧化物酶 (GPx) 等活性初步研究其在 AD 诊断中的价值。

**方法** 使用酶学方法检测轻度认知障碍 (MCI)、痴呆期 AD (DAT) 患者、血管性痴呆患者 (疾病对照组) 及健康对照组受试者 CSF 的 CK、GPx 等酶学指标。



**结果** DAT 受试者 CSF 的 CK 显著高于 MCI 组、正常对照组和血管性痴呆组 ( $P < 0.05$ )；MCI 受试者 CSF 的 GSSG 水平显著高于健康对照组和血管性痴呆组 ( $P < 0.05$ )；DAT 受试者的 GSSG 水平显著高于健康对照组、血管性痴呆组和 MCI 组 ( $P < 0.05$ )，其 GPx、GR 和 GSH 显著低于健康对照组、血管性痴呆组和 MCI 组 ( $P < 0.05$ )；使用生物参考区间时，CK 和 GPx 具有较高的阳性率和阴性率。

**结论** AD 患者 CSF 中的 CK 等损伤性酶学标志物及 GR 等氧化还原酶学标志物在 AD 的早期诊断和疾病分期中具有一定价值。

## PU-1688

### 溶血和脂血对抗凝及纤溶功能检测的影响

李蕾

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 探讨标本溶血和脂血对血浆中抗凝蛋白和纤溶系统的影响。

**方法** 用真空采血管采取住院患者空腹静脉血 50 例各两管，无黄疸、脂血、溶血，即刻以 3000r/min 离心 10 分钟，立即测定 ATIII、PC、PS、D-Dimer、FDP 水平，作为对照组。然后每管分装 3 份，同时制备不同浓度溶血和脂血样本，分别测定上述抗凝和纤溶指标，与对照组结果进行比较。

**结果** 不同程度溶血标本与对照组相比，轻中度溶血对抗凝活性和纤溶系统水平的影响无统计学差异；重度溶血组 ATIII 活性显著升高 ( $P < 0.05$ )，PC 活性显著降低 ( $P < 0.05$ )，而 PS 活性、D-Dimer、FDP 水平无明显影响。不同程度脂血组与对照组相比，轻中度脂血对抗凝活性和纤溶系统水平的影响无统计学差异；重度脂血组 ATIII 活性显著降低 ( $P < 0.05$ )，PC、PS 活性、D-Dimer、FDP 水平显著升高 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 为保证抗凝蛋白活性和纤溶系统水平，应严格控制分析前质量控制。

## PU-1689

### 儿童肺炎支原体核酸检测阳性病例的分析

赵静

北部战区总医院

**目的** 肺炎支原体肺炎是临床上较为常见的儿童呼吸道感染疾病，分析我院儿童肺炎支原体核酸 (MP—DNA) 及耐药突变检测阳性病例的临床特征，为临床辅助诊断和治疗儿童肺炎支原体肺炎提供重要的依据。

**方法** 对 2017-2018 年门诊及住院患者中有呼吸道感染症状者，进行咽拭子采样，提取 DNA 后用荧光 PCR 法进行肺炎支原体核酸及其抗大环内酯类抗生素耐药突变位点即 23SrRNA2063 (A: G) 和 2064 (A: G) 突变位点的定性检测。

**结果** 738 例呼吸道感染患儿中肺炎支原体核酸检测阳性 156 例，阳性率为 21.1%；肺炎支原体 2063/2064 突变 137 例，突变率为 87.8%。

**结论** 肺炎支原体主要通过呼吸道传播，对大环内酯类药物耐药肺炎支原体引起的呼吸道感染有逐年增多的趋势，由于我院 2017-2018 年由肺炎支原体感染的患者大多都检测出抗大环内酯类抗生素的耐药突变点，说明这些患者对大环内酯类药物均出现不同程度的耐药。建议我院临床治疗儿童肺炎支原体肺炎时尽可能避免使用大环内酯类抗生素，而选择其他类别抗生素。因此，支原体核酸检测对儿童呼吸道感染诊断有重要价值，进行肺炎支原体核酸检测，对预防该疾病加重和临床合理用药有重要意义。

## PU-1690

## 慢性肾病患者高敏心肌肌钙蛋白 T 动态增高的病因研究

李小玲,罗薇  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨慢性肾病 (chronic kidney disease, CKD) 患者高敏心肌肌钙蛋白 T (high sensitivity troponin, hs-cTnT) 动态增高的病因。

**方法** 纳入 2016 年 1 月至 2018 年 1 月四川大学华西医院肾脏内科 CKD 住院患者为研究对象, 患者因胸痛在 12 小时内测定两次 hs-cTnT 和其它实验室指标, 两次 hs-cTnT 水平增高>50%为病例组, 水平增高<50%为对照组, 收集患者实验室检查结果和临床资料, 寻找 CKD 患者 hs-cTnT 动态增高的原因。

**结果** 病例组高血压 51 (70.8%)、低蛋白血症 46 (63.9%)、贫血 52 (72.2%)、消化道出血 23 (31.9%) 患者所占比显著高于对照组; 病例组肾功能指标 (Urea、Crea、URIC、Cyc-C) 和感染指标 (WBC、PCT) 表现为大幅升高 ( $P<0.05$ ), 呼吸功能指标 ( $PCO_2$ 、 $PO_2$ ) 表现为  $PO_2$  降低 ( $P<0.05$ ),  $PCO_2$  无改变, 对照组则无此变化; 病例组 hs-cTnT 变化率为 85.12 (57.17, 138.28) 显著高于对照组的 21.31 (15.35, 41.14) ( $P<0.05$ )。病例组 Urea、Crea、URIC、Cyc-C、WBC、PCT、 $PO_2$  的变化率均高于对照组, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。

**结论** CKD 患者具有病史 (高血压、低蛋白血症、贫血、消化道出血) 以及肾功能的减退、加重的感染、 $PO_2$  下降是 CKD 患者 hs-cTnT 大幅升高的主要原因。

## PU-1691

## The reason analysis of unqualified samples and preventive measures

黎七绮  
重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** To enhance the level of quality control before analysis, find the distribution and reasons for the unqualified samples.

**方法** according to different projects and different times, of the unqualified samples from 2016 to 2017 was made statistical analysis, to calculate the unqualified samples in the proportion of all specimens, and to find out the reasons and times of the unqualified samples. Corresponding countermeasures. was taken for these reasons.

**结果** the unqualified samples were obvious in the tests of the blood routine and clotting, the main reasons were lack of the volume of samples and improper way of mixing the samples. unqualified samples were improved after the training of those department that has the most problems,

**结论** to train the nursing staff with the knowledge of sample-collection regularity and make clinical communication promptly could well reduce the error before analysis caused by the sample collection.

## PU-1692

## 单纯血小板升高的慢性髓细胞白血病 1 例报道

朱建锋,王蓓丽,潘柏申,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 鉴别诊断血小板孤立性增多的 CML。

**方法** 慢性髓细胞白血病 (chronic myeloid leukemia, CML) 表现为外周血白细胞显著升高, 并出现较多幼粒阶段细胞以及嗜酸、嗜碱细胞增多为特征, 体格检查时有脾肿大等, 其诊断标准为 BCR/ABL1 基因阳性。而白细胞总数正常, 孤立性血小板增多的情况很少见。本文报道 1 例以血小板孤立性增多的 CML。并对该患者的血常规、临床表现、细胞遗传学资料进行了研究分析。

**结果** 通过文献复习发现孤立性血小板增多型 CML 与典型 CML 之间潜在的显著差异, 这类患者常无或鲜有脾肿大, 外周白细胞总数和分类基本正常, 而血红蛋白水平更高; 遗传学显示 BCR/ABL1 融合基因两者相似。

**结论** 报道单纯血小板升高的慢性髓细胞白血病 1 例。

## PU-1693

## 不典型结核病 1 例分析

李娜  
北部战区总医院

**目的** 肺结核目前在全球仍是最严重的呼吸系统传染性疾病, 典型性肺结核根据典型的临床症状体征和肺部影像表现及痰涂片和痰培养阳性易于诊断。由于不典型肺结核缺乏典型的临床症状和体征, 易被其他疾病的症状所掩盖, 加之胸部影像学缺乏特征, 痰检阴性等原因而造成误诊。<sup>[1]</sup>目前结核杆菌的检测方法有抗酸杆菌涂片镜检、分支杆菌的分离培养、分支杆菌菌种鉴定、结核抗体检测、IFN- $\gamma$  释放试验 (IGRAs) 检测、核酸检测等。细菌学检查是发现结核病传染源的主要途径和手段, 是确定结核病诊断和化疗方案的重要依据。但由于敏感性低或所需时间过长等原因, 致使结核病细菌学检查一直不满足临床诊治的需求, 存在延误诊断和误诊的情况, 同时也耽误了患者得到及时治疗的时间, 影响治疗效果。

**方法** 一、病例介绍

患者主因“发现尿检异常 20 余年, 间断浮肿半年”为主诉入本院肾脏病科。查体显示: 颈软, 气管居中, 双肺呼吸音清, 未闻及明显干湿啰音。住院期间化验痰培养示生长上呼吸道正常菌群; 二次呼吸道病原菌核酸监测均显示结核分枝杆菌复合群 [Mtb] 阳性; 流感嗜血杆菌 [Hin] 阳性; 分支杆菌菌属鉴定提示结核分枝杆菌复合群阳性; 结核感染 T 细胞检测 [T-SPOT.TB] 阴性; 血清学结核杆菌抗体阴性; 连续三次涂片抗酸染色阴性, 无咳嗽咳痰, 无发热, 无咯血、盗汗, 无恶心、呕吐, 无反酸、呕血, 无关节红肿疼痛等结核菌感染症状。肺 CT 示双肺支扩伴感染。

**结果** 二、讨论

本例为老年患者, 主要诊断为慢性肾小球肾炎, 糖尿病等。肺 CT 示双肺支扩伴感染, 为明确是否存在肺结核病, 经纤维支气管镜取材进行痰标本结核杆菌核酸检测结果为阳性。最后确诊为: 肺结核。不典型肺结核, 特别是发生于肺下野者, 仅在肺结核病例中占 1%~7%, 比较多见于老人、免疫功能低下、长期服用皮质醇激素或患有糖尿病者。支气管内膜结核通过肺内播散, 可形成下野结核。本例患者 63 岁, 不典型结核, 临床上可以并无全身或局部症状, 也可有高热、寒战, 痰结核。在内科, 肺结核误诊率高, 其原因有二: 一方面, 近年来, 由于老龄患者增多, 药物滥用等原因, 不典型结核病较以往多见; 另一方面, 内科医师, 特别是综合医院里的内科医师, 对结核病警惕性不高, 诊断经验不足, 临床思维局限, 对常见而多发的结核病, 往往熟视无睹。

结论 见附件

PU-1694

## 妊娠妇女地中海贫血一例报道

唐文佳,邵文琦,潘柏申,王蓓丽,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 鉴别诊断妊娠女性的地中海贫血。

**方法** 通过查阅病史、血常规检测、铁代谢项目检测、血红蛋白电泳及基因检测。

**结果** 血常规(补铁两周后): RBC  $4.00 \times 10^{12}/L$ , Hb 77g/L, HCT 25.7%, MCV 64.3fl, MCH 19.3pg, MCHC 300g/L, PLT  $404 \times 10^9/L$ , WBC  $15.45 \times 10^9/L$ , RET 4.5%。铁代谢: 血清铁  $5 \mu\text{mol/L}$ , 总铁结合力  $54 \mu\text{mol/L}$ , 不饱和铁结合力  $6 \mu\text{mol/L}$ , 转铁蛋白饱和度 89%, 可溶性转铁蛋白受体  $4.21 \text{mg/L}$ , 铁蛋白  $139.9 \text{ng/ml}$ , VitB12  $610.7 \text{pg/ml}$ , 叶酸  $>20 \text{ng/ml}$ 。显微镜检查: 高倍镜下可见红细胞大小不一, 部分中央淡染区显著扩大, 另可见部分异性红细胞及红细胞碎片, 血红蛋白电泳及基因检测: HbA 87.8%, HbF 6.8%, HbA2 5.4%。地中海贫血基因分型显示 CD41-42 位点突变基因杂合子。

**结论** 地中海贫血是一种常见的珠蛋白异常性疾病, 但其小细胞低色素的临床表现与极易与缺铁性贫血混淆, 需重视鉴别诊断。

PU-1695

## 脓肿诺卡菌引起的肺部感染一例

任微  
北部战区总医院

**目的** 诺卡菌为严格需氧菌, 生长缓慢, 现报道一例因脓肿诺卡菌感染引起的肺部感染病例, 经过及时调整用药, 治疗后双肺干湿罗音消失, 体温恢复正常。

**方法** 收集临床病例。

**结果** 肺诺卡菌病是少见而致命的机会性感染, 多为外源性感染并伴有基础性疾病<sup>[1]</sup>。由于诺卡菌菌丝呈分枝状, 肺部吸入是主要传染途径, 亦可侵入破损皮肤或消化道进入人体引起感染, 不呈内源性感染。临床表现多样, 缺乏特异性, 可出现肺结核或化脓性肺炎的肺部症状, 肺部病灶还可血源播散, 导致转移性脑脓肿、脓胸、腹膜炎或皮下脓肿等情况发生, 病理表现为化脓性肉芽肿样病变, 病变组织或脓液中还可见色素颗粒, 即硫磺样颗粒<sup>[2]</sup>。回顾此病例总结如下: (1) 肺部存在咳嗽、咳痰等临床症状; (2) 实验室检查及影像学表现。

**结论** 肺诺卡菌病临床表现多样, 缺乏特异性, 需与肺部多种疾病鉴别, 如普通细菌性肺脓肿、侵袭性肺部真菌感染、肺结核、肺部肿瘤、放线菌病等, 若并发颅内播散需与结核性脑脓肿、脑转移性肿瘤等鉴别。诺卡菌病的诊断应结合肺组织有创性检查, 如纤维支气管镜等, 患者的临床症状体征、实验室检查、影像学检查、病理学检查、患者的易感因素等情况, 特别是细菌学培养及鉴定的结果进行综合性判断。

## PU-1696

## 青海地区缺血修饰白蛋白与冠心病的相关性研究

李德琴

青海省人民医院,810000

**目的** 探讨缺血修饰白蛋白(Ischemia modified albumin,IMA)在急性心肌缺血早期的诊断意义及其在缺血程度评估方面的作用。

**方法**

将 127 例冠心病患者分为 3 组,其中稳定型心绞痛(SA)组 39 例,不稳定型心绞痛(UA)组 60 例,急性心肌梗死(AMI)组 28 例,检测各组 IMA 及肌钙蛋白 I (cTnI)水平,与 40 例健康体检者(对照组)进行比较,结合临床资料进行分析;另对 127 例冠心病患者于住院 2 周内行冠状动脉造影检查,采用 Gensini 评分系统对每支血管病变程度进行定量评分,根据得分情况,分析心肌缺血程度与 IMA、cTnI 的相关性。

**结果** 冠心病组 IMA 水平高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ );SA 组 IMA、cTnI 水平低于 UA 组、AMI 组( $P<0.05$ );冠状动脉狭窄程度与 IMA 及 cTnI 水平进行相关性分析,差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** IMA 对于急性心肌缺血具有早期诊断价值,可评估冠心病患者心肌损伤程度,但不能反映冠状动脉病变的狭窄程度。

## PU-1697

## 肿瘤标志物国产化学发光检测系统能力验证评价

陆银华

上海市临床检验中心

**目的** 验证江苏泽成公司的全自动化学发光检测系统肿瘤标志物的性能

**方法** 采用泽成公司全自动化学发光测定仪 CA1200、配套试剂、校准品,分别验证 AFP、CEA、CA125、CA153、CA19-9。分别测定配套的 AFP、CEA、CA125、CA153 及 CA19-9 的高、低值质控品,计算批内和日间不精密度;取已知高、低浓度质控品各一份,按 5L、1H+4L、2H+3L、3H+2L、4H+1L、5H 配制成 6 个浓度系列样本,分别分析各项的线性范围;收集每个项目临床患者血清标本各 40 份,用 CA1200 检测系统和参比系统罗氏 Cobas e411 电化学发光分析仪同时进行肿瘤项目的检测,用配对 t 检验和相关回归分析比较两个系统的一致性。

**结果** CA1200 检测系统的 AFP、CEA、CA125、CA153 及 CA19-9 日间不精密度,低值分别为 7.16%、5.94%、6.86%、6.34%和 6.92%,高值分别为 6.74%、5.76%、7.28%、5.48%和 4.53%;6 个浓度系列样本的预期值和实测均值的相对偏倚,AFP 分别为:9.8%、-9.5%、-0.4%、2.1%、-3.3%、-0.2%;CEA 分别为 9.6%、-0.6%、9.8%、-8.9%、0.9%、-1.1%;CA125 分别为 2.2%、1.8%、-1.0%、2.2%、2.8%、-8.6%;CA153 分别为 -3.7%、3.1%、7.7%、6.1%、-0.5%、-4.2%;CA19-9 分别为 -3.0%、-2.6%、5.1%、-2.2%、-2.8%、-3.9%,结果均小于 25%的最大允许误差;AFP、CEA、CA125、CA153 及 CA19-9 预期值与实测均值相关系数分别为 0.9966、0.9939、0.9679、0.9928 和 0.9977,说明五个项目两者之间相关性极好,呈线性关系;采用 SPSS 19.0 对 CA1200 检测系统与 Cobas e411 参比系统检测结果进行配对 t 检验,  $P>0.05$ ,两者之间的检测结果无显著性差异,且两者之间的相关系数均 $\geq 0.95$ ,说明 CA1200 PCT 检测系统与参比系统 Cobas e411 检测结果有可比性。

**结论** 泽成公司的全自动化学发光检测系统肿瘤标志物五项性能其精密度、线性范围、一致性比符合实验室质量要求,可用于临床实验室常规检测。

## PU-1698

## 生痰二氧化碳嗜纤维杆菌致粒细胞缺乏患者血流感染一例

田丽  
北部战区总医院

**目的** 生痰二氧化碳嗜纤维杆菌属于人类口腔的正常菌群，为条件致病菌。它与青少年和成年人的牙周炎有关。该菌可造成免疫力正常或免疫缺陷（主要是粒细胞减少症）患者的败血症及其他感染，如心内膜炎、子宫内膜炎、骨髓炎、脓肿、腹膜炎和角膜炎等。

**方法** 患者，女，49岁，已婚，于2018年11月16日出现发热症状，体温最高达38.5℃，伴咽痛，伴咳嗽咳痰，为黄痰，伴头痛头晕，伴恶心呕吐，自行口服“安乃近”及退热药后体温可降至正常，此后间断发热，上诉症状逐渐加重，门诊血常规检测显示：白细胞计数： $0.31 \times 10^9/L$ ，为进一步治疗入我院。

**结果** 入院当日检测血培养：抽取静脉血分别注入需氧瓶和厌氧瓶，即刻送检。在BD BACTTEC FX血培养仪培养培养约50小时后，厌氧瓶报警阳性，抽取阳性血瓶直接进行革兰染色，镜下可见束状排列的革兰阴性细长梭状杆菌（如图1）。抽取阳性血瓶里的血接种到血琼脂和中国蓝琼脂平板上，然后放入37度，5%CO<sub>2</sub>培养箱中培养。经24h培养后，在血平板上菌落细小；经过2~4天培养后，菌落直径达到2~4mm；呈凸起或扁平状，菌落呈规则或因滑行运动边缘呈扩散生长，常粘附于琼脂表面（如图2），中国蓝平板上不生长。经布鲁克MALDI-TOF基质辅助激光解吸电离-飞行时间质谱仪鉴定为生痰二氧化碳嗜纤维杆菌。采用法国梅里埃VETIK 2 COMPACT鉴定系统NH板卡鉴定为二氧化碳嗜纤维杆菌属。

**结论** 依据血培养结果调整抗生素为美罗培南，后患者体温开始下降直至正常，继续当前刺激粒细胞恢复及抗感染治疗，12月1日复查患者白细胞计数正常，体温正常，痊愈出院说明治疗有效，所用药物与文献报道的药敏结果一致。

## PU-1699

## Rapid and quantitative analysis of exosomes by a chemiluminescence immunoassay using superparamagnetic iron oxide particles

Yiyun Wang<sup>1</sup>, Zhenping Liu<sup>1</sup>, Xuchu Wang<sup>1</sup>, Yibei Dai<sup>1</sup>, Xiaoying Li<sup>1</sup>, Shifan Gao<sup>1,2</sup>, Pan Yu<sup>1</sup>, Qinyan Lin<sup>1</sup>, Zihao Fan<sup>1</sup>, Ying Ping<sup>1</sup>, Danhua Wang<sup>1</sup>, Xuedan Lin<sup>1</sup>, Zejie Zheng<sup>2</sup>, Weiwei Liu<sup>1</sup>, Zhihua Tao<sup>1</sup>

1.The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

2.College of Information Science & Electronic Engineering, Zhejiang University,

**Objective** Since the discovery of exosomes, their potential diagnostic value has been the focus of considerable research. However, the lack of a rapid and simple technique for the quantitative analysis of exosomes greatly limits the application of exosomes in clinical research.

**Methods** In this study, we describe a newly developed one-step chemiluminescence immunoassay for the rapid quantitative analysis of exosomes from biofluids. Our new technique, named ExoNANO, adopts a double-antibody sandwich strategy using anti-CD63 antibody-conjugated superparamagnetic iron oxide particles (SIOPs) and acridinium ester (ACE)-labeled anti-CD9 antibodies. SIOPs have narrow size distribution and high magnetic susceptibility, and ACE has excellent chemiluminescent properties such as low background signal and no need for a catalyst.

**Results** We demonstrated that ExoNANO allows the quantitative analysis of exosomes in the range of  $2.92 \times 10^5$  to  $2.80 \times 10^8$  particles/ $\mu L$ , with a limit of detection of  $2.63 \times 10^5$  particles/ $\mu L$ .

**Conclusions** Using ExoNANO, we quantified exosomes in cell culture medium and clinical biofluids such as serum, saliva, ascitic fluid, and cerebrospinal fluid. We believe that

ExoNANO might pave the way for therapid isolation and quantitative analysis of exosomes for routine clinical applications.

## PU-1700

### AA、MDS、IDA 患者血清促红细胞生成素水平变化 及与 Hb、RBC 的关系

赵天赐

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 探讨再生障碍性贫血(AA)、骨髓增生异常综合征(MDS)、缺铁性贫血(IDA)患者血清促红细胞生成素(EPO)的水平变化及与血红蛋白(Hb)、红细胞(RBC)的关系。

**方法** 选取 AA 患者 20 例、MDS 患者 20 例、IDA 患者 20 例, 采用 ELISA 法测定患者血清 EPO 水平, 并与 20 例健康对照组比较, 同时检测患者 Hb、RBC, 分析血清 EPO 水平与 Hb、RBC 的相关性。

**结果** 18 例 AA、15 例 MDS、17 例 IDA 患者血清 EPO 水平均明显高于健康对照组 ( $P$  均  $< 0.05$ ) ; AA 组患者 EPO 水平与 Hb、RBC 均呈负相关 ( $r$  分别为 -0.81、-0.73,  $P$  均  $< 0.05$ ) 、MDS 组患者 EPO 水平与 Hb、RBC 均呈负相关 ( $r$  分别为 -0.71、-0.70,  $P$  均  $< 0.05$ ) 、IDA 组患者 EPO 水平与 Hb、RBC 均呈负相关 ( $r$  分别为 -0.81、-0.63,  $P$  均  $< 0.05$ ) 。

**结论** AA、MDS、IDA 患者血清 EPO 水平明显升高, 且三组患者血清 EPO 水平与 Hb、RBC 呈明显负相关关系。

## PU-1701

### 肾功能不全患者肺部感染迟缓曲霉 1 例

王继红

北部战区总医院

**目的** 患者女, 77 岁, 2 个月前无明显诱因出现乏力、纳差, 伴双下肢浮肿, 自服中药汤剂治疗, 上述症状未见好转。2018 年 8 月 22 日以肾功能不全收入我院肾内科。2018 年 9 月 26 日凌晨因“乏力、纳差 2 月, 加重伴呼吸困难 4 天、双下肢浮肿”就诊于我院急诊科门诊。

**方法** 微生物鉴定过程

**结果** 1.治疗建议: 2018 年 10 月 10 日, 患者痰涂片查见真菌菌丝, 与临床管床医生沟通内容如下: 疑似曲霉菌属, 不考虑污染, 因患者长期透析同时应用糖皮质激素治疗, 是侵袭性曲霉菌病的危险因素, 建议结合患者临床表现、GM 试验结果及影像学及早做出诊断并尽早开始抗真菌治疗, 2016 IDSA (美国感染病学会) 曲霉菌病治疗指南推荐使用伏立康唑作为主要治疗药物 (强烈推荐; 证据级别高), 对于确诊为 IPA (侵袭性肺曲霉菌病) 的患者, 可考虑使用伏立康唑和棘白菌素的联合抗真菌治疗 (较弱推荐; 证据级别中等) [5]。

2.临床用药: 2018 年 10 月 12 日, 患者肺部感染加重合并心衰, 安排行连续性血液净化减轻容量负荷, 并考虑联合伏立康唑抗感染, 但费用高, 患者家属需商议后决定是否应用此药。

**结论** 实验室人员应提高鉴定水平, 熟悉和掌握不同丝状真菌的特点, 通过菌落形态、镜下形态 (有隔菌丝、曲霉头、双层瓶梗、闭囊壳、壳细胞等特殊镜下结构) 结合多种鉴定手段 (分子学方法和质谱技术等) 综合分析, 并及时与临床沟通, 结合该类患者患病的危险因素 [6] 及各种辅助检查, 才能做到早期、准确的病原诊断, 协助临床及时正确诊治。

## PU-1702

## 脚骨脆内生真菌代谢产物的生物活性研究

王小玲

山东大学第二医院,250000

**目的** 对脚骨脆内生真菌 *Leptosphaeria* sp. L1201 的代谢产物进行生物活性研究。

**方法** 通过 MTT 进行细胞增殖活性筛选。

**结果** 对得到的 20 个化合物进行抗肿瘤活性筛选,经活性筛选发现化合物 alternariol 对 Hep G2 和 Hela 肿瘤细胞株具有中等的细胞毒活性。

**结论** 分离得到的化合物中,化合物 alternariol 对 Hep G2 和 Hela 肿瘤细胞株具有中等的细胞毒活性,可以进一步研究其作用机制,相关实验正在进行中。

## PU-1703

## Klinefelter 综合征患者性激素水平分析

赵天赐

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨血清雌二醇 (E2)、促卵泡激素 (FSH)、黄体生成素 (LH)、睾酮 (T) 水平变化规律对筛查诊断 Klinefelter 综合征 (KS) 患者的应用价值。

**方法** 选取 Klinefelter 综合征患者 40 例作为实验组,同期正常核型男性不育患者 40 例作为对照组,所有患者均为雄性激素治疗前进行血清性激素水平检测,并进行对比。

**结果** 实验组血清 FSH、LH 水平均显著高于对照组, T 水平低于对照组,差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 实验组 37 例患者血清 FSH、LH 两项指标同时升高;对照组 2 例患者血清 FSH、LH 两项指标同时升高。以 FSH、LH 两项指标同时升高作为筛查 Klinefelter 综合征的诊断标准,其灵敏度为 92.5%,特异度为 95%。实验组 27 例患者 T 水平降低。

**结论** FSH 和 LH 两项指标同时升高是 Klinefelter 综合征患者血清性激素变化的主要特征,FSH 和 LH 两项指标同时升高可作为 Klinefelter 综合征的初步筛查指标。

## PU-1704

## 男性不育患者解脲脲原体感染与精子质量的相关性

赵天赐

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨男性不育症患者解脲脲原体 (UU) 感染与精子质量的相关性。

**方法** 对 2018 年 1 月-6 月送检的 480 例男性不育症患者根据精液解脲脲原体 (UU) 结果分为阳性和阴性 2 组,比较 2 组精液参数,包括精液量、精子密度、精子活力、精子形态等。

**结果** UU 阳性组患者精液量、A 级活力精子数、D 级活力精子数、精子颈部形态异常、精子多部位形态异常和阴性组比较,差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。精子密度、B 级活力精子数、C 级活力精子数、精子正常形态、精子头部异常形态、精子尾部异常形态和阴性组比较,差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** UU 感染对男性不育症患者的精液常规和精子形态学检查的主要参数产生不良影响,应引起临床高度重视。对男性不育症患者进行 UU 检测,可提高疗效。



## PU-1705

## 术前中性粒细胞与淋巴细胞比值对结肠癌预后影响的 Meta 分析

赵天赐

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨中性粒细胞与淋巴细胞比值（NLR）与结肠癌患者预后的关系。

**方法** 检索 PubMed、Embase、Cochrane Library、中国生物医学文献数据库、维普、万方等数据库建库至 2018 年 4 月公开发表的关于 NLR 与结肠癌预后关系研究的中英文文献，筛选后的文献数据用 Review Manager 5.3 软件进行统计分析，发表性偏倚采用漏斗图进行分析评价。

**结果** 纳入 21 项符合标准的研究，共计 10918 例结肠癌患者。Meta 分析结果显示，NLR 升高的结肠癌患者，其总体生存期（OS）（HR=1.73，95% CI: 0.64-6.31，P=0.21）、无复发生存期（RFS）（HR=1.32，95% CI: 1.19-1.58，P<0.01）、无病生存期（DFS）（HR=3.44，95% CI: 1.69-7.62，P<0.01）。

**结论** 术前 NLR 可能是结肠癌患者预后的生物标志物，而且 NLR 升高的结肠癌患者预后较差，临床上应重视 NLR 指标，使结肠癌患者及时得到预后评估和合理治疗。

## PU-1706

## 中性粒细胞核左移和白细胞计数在细菌感染筛查中的价值

赵天赐

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨中性粒细胞核左移和白细胞计数在细菌感染筛查中的意义。

**方法** 使用 SIMENS ADVIA BAYER 2120 全自动血液分析仪，对 2018 年 1 月-5 月送检的 94 例血培养阳性患者的中性粒细胞核左移仪器报警和白细胞计数结果，进行统计分析。

**结果** 中性粒细胞核左移仪器报警和白细胞计数（WBC<4.0×10<sup>9</sup>/L 或 WBC>10.0×10<sup>9</sup>/L）的敏感性分别为 74.5%和 47.7%，特异性分别为 90.6%和 70.1%；中性粒细胞核左移仪器报警对于革兰阴性杆菌和革兰阳性球菌的敏感性和特异性差异均无统计学意义。

**结论** 中性粒细胞核左移和白细胞计数对于细菌感染的筛查起到一定的作用。

## PU-1707

## 基于深度学习的检验医学图像处理研究进展

赵天赐

中国医学科学院北京协和医院,100000

近年来，医学成像技术的飞速发展和普及应用使得医学图像分析进入了大数据时代，传统的利用医学成像设备进行筛查诊断的工作量巨大，并且由于患者的不断增多，往往伴随着病人病理学的个体差异、医生长时间辛苦的阅片工作和医生的主观评价等缺点，导致假阳性率高，致使产生误诊。深度学习技术在计算机视觉领域的巨大成功让医学图像实现计算机辅助筛查诊断成为可能。本文介绍了深度学习及其在医学图像处理领域的研究进展，总结了深度学习在医学图像分析中面临的挑战和可能的应对措施，并对应用前景进行了展望。

PU-1708

## SV2A 基因真核表达质粒构建及在 HEK293T 细胞中的表达

张晓敏

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 构建鼠突触囊泡蛋白 2A (SV2A) 基因的真核表达质粒, 并瞬时转染 HEK293T 细胞, 对其表达进行鉴定, 为建立稳定表达 SV2A 的细胞模型, 进一步研究 SV2A 的生物学功能, 以及其在相关神经系统疾病中的作用机制和检测试剂盒的研发奠定了实验基础。

**方法** 以 APP/PS1 小鼠海马组织的 cDNA 为模板, 扩增得到长 2240bp 的 SV2A 基因编码序列, 将此序列插入到真核表达载体 p3XFLAG-CMV-10 多克隆位点区域中, 得到真核表达质粒 p3XFLAG-CMV-10-SV2A, 转化后挑取单克隆菌落经聚合酶链式反应 (PCR) 鉴定后送公司测序, 将构建成功的重组质粒转染至 HEK293T 细胞系中, 利用蛋白质免疫印迹 (Western blot) 检测 SV2A 基因的表达情况。

**结果** 成功扩增出 SV2A 基因片段, 大小为 2240bp, 经双酶切、连接、转化和筛选得到 p3XFLAG-CMV-10-SV2A 重组质粒, 通过基因测序鉴定显示重组质粒中插入的基因序列与 Genbank 中的序列一致, 转染 HEK293T 细胞 48h 后, Western blot 显示 SV2A 基因表达上调。

**结论** 成功构建了 p3XFLAG-CMV-10-SV2A 真核表达质粒并在 HEK293T 细胞中得到表达, 为进一步研究 SV2A 的生物学功能, 以及其在相关神经系统疾病中的作用机制和检测试剂盒的研发奠定了实验基础。

PU-1709

## 炎症小体过表达与肺癌的基础免疫学机制探讨

宗金宝,杜卫华,田清武,孙桂荣

青岛大学附属医院

**目的** 探索炎症小体 NLRP3 过表达在非小细胞肺癌细胞系 H1299 中产生的抗肿瘤免疫效果, 研究肺癌细胞系 H1299 表面 NLRP3 表达及免疫相关的各种细胞因子表达情况, 探索 NLRP3 在肺癌发生发展过程中的作用机制及下游信号传导通路的变化。

**方法** 利用 western blot 检测分析正常和非小细胞肺癌组织 NLRP3 的表达差异; 利用 LPS+ATP 刺激 H1299 细胞活化 NLRP3 炎症小体, 观察 NLRP3 炎症小体活化后对其增殖 (CCK8)、迁移 (划痕试验)、侵袭 (Transwell) 能力的影响; 通过阻断或降低 NLRP3 的表达, 观察 NLRP3 炎症小体对增殖、迁移、侵袭能力的影响; 构建 NLRP3 真核表达载体 (拟初步选择逆转录病毒载体 pMSCV), 通过包装病毒感染方式在 H1299 细胞中过量表达, 观察 NLRP3 炎症小体对增殖、迁移、侵袭能力的影响。利用 LPS+ATP 刺激 H1299 细胞活化 NLRP3 炎症小体, 观察 NLRP3 炎症小体活化后对其表面免疫抑制分子 PDL1、CTLA-4 等表达的影响; 在 LPS+ATP 刺激 H1299 细胞培养体系中加入 IL-1R 阻断剂, 阻断 NLRP3 炎症小体下游产物 IL-1 $\beta$  的作用后, 观察 H1299 细胞 PDL1、CTLA-4 的表达变化。

**结果** 本研究从基础免疫学水平上开展炎症小体在肺癌细胞系中发挥的作用进行评价, 揭示了 NLRP3 在肺癌发生发展过程中的作用, 肺癌 H1299 细胞系中 NLRP3 过表达和敲低对 H1299 细胞 PDL1 的表达有一定的影响, 过表达 NLRP3 微弱上调了 PDL1 表达, 尚需蛋白水平验证。NLRP3 过表达明显抑制肺癌细胞系 H1299 的增殖, 转移, 促进凋亡。

**结论** 研究结果将对 NLRP3 在临床应用中的免疫学效应机制进行深入揭示和论证, 同时在炎症和肿瘤免疫学机制探讨方面提供新的有力的理论依据和思路。

## PU-1710

**13194 份脑脊液标本病原菌的检测与耐药性分析**

乌晗斯  
北部战区总医院

**目的** 调查本院 2016-2018 年 13194 份脑脊液标本，病原菌的检出率及耐药性分析，为临床诊断和合理用药提供依据。

**方法** 收集本院 2016-2018 年 13194 份脑脊液标本，采用培养基三区划线培养和培养瓶培养的方式对脑脊液标本进行病原菌的检测。使用 Bruker MALDI-TOF 质谱鉴定系统对阳性标本进行鉴定，使用 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定仪、BD Phoenix-100 system 全自动微生物鉴定/药敏系统、K-B 药敏纸片扩散法进行鉴定和药敏实验。

**结果**：从 13194 份脑脊液标本中分离出 486 株阳性菌株，总的阳性率 3.7%，其中革兰阴性菌株 341 株（70.2%），革兰阳性菌株 128 株（26.3%），真菌菌株 17 株（3.5%）；排名前 5 位的病原菌依次为肺炎克雷伯菌 62 株（12.8%），鲍曼不动菌属 61 株（12.6%），铜绿假单胞菌 53 株（10.9%），粘质沙雷菌 51 株（10.5%），表皮葡萄球菌 41 株（8.4%）；肺炎克雷伯菌对氨苄西林/舒巴坦、莫西沙星、哌拉西林、头孢呋辛、头孢曲松的耐药率达 80.0%以上，诺氟沙星、氧氟沙星、替卡西林/克拉维酸、头孢噻肟、头孢唑林的耐药率为 100%。鲍曼不动杆菌对大部分头孢类抗生素敏感性较差，环丙沙星、美罗培南、亚胺培南耐药率达 84.0%以上，哌拉西林、哌拉西林/他唑巴坦、氨苄西林/舒巴坦耐药率达 100%。铜绿假单胞菌对替卡西林/克拉维酸的耐药率达 50.0%，头孢呋辛、头孢替坦、头孢唑林的耐药率为 100%。粘质沙雷菌对四环素、头孢噻肟的耐药率达 100%。表皮葡萄球菌对青霉素、红霉素、苯唑西林的耐药率达 70.0%以上，氨苄西林的耐药率为 100%。

**结论** 我院从脑脊液标本中检出的病原菌以革兰阴性菌为主，检出率最高的为肺炎克雷伯菌和鲍曼不动菌属，本次研究对中枢神经系统感染的经验用药提供建议和参考。

## PU-1711

**RIPK2 polymorphisms and susceptibility to tuberculosis in a Western Chinese Han population**

Jiajia Song, Tangyuheng Liu, Lin Jiao, Zhenzhen Zhao, Binwu Ying  
West Chian Hospital

**Objective** Host genetic factors play an important role in susceptibility to Mycobacterium tuberculosis (MTB) infection and tuberculosis (TB). RIPK2 is a critical adapter protein for signal propagation of NOD2, dysregulation of which leads to defects in bacterial detection. To investigate the role of RIPK2 on the susceptibility of tuberculosis, we conducted a large sample size case-control study in a Western Chinese Han population.

**Methods** Five single-nucleotide polymorphisms (SNPs) within or near to RIPK2 were genotyped in 1359 TB cases and 1534 controls using the improved multiplex ligation detection reaction method in a case-control study.

**Results** Of the five variants, rs39509 was observed to be associated with TB risk in the allelic effects ( $P = 0.015$ ), additive ( $P = 0.020$ ) and recessive model ( $P = 0.005$ ) after Bonferroni correction. Rs39509 might fall in putative functional regions and might be eQTL for the RIPK2 and long non-coding RNA RP11-37B2.1 according to the Genotype-Tissue Expression (GTEx) Project.

**Conclusions** Our findings firstly exhibit that the G allele of rs39509 in nearGene-3 region of RIPK2 might serve as a hazard for TB in this Western Chinese Han population. Further validation

studies on a variety of ethnic populations and function experiments are needed to confirm the roles of the variants identified.

## PU-1712

### 两种降钙素原检测系统对脓毒血症检测能力的临床比较分析

解宏杰

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 通过与 VIDAS 30 的比对, 评估瑞莱 TZ-301 与 VIDAS 30 检测降钙素原 (PCT) 的性能。

**方法** 收集 2016 年 5 月北京协和医院门诊及住院患者血清标本共 261 例, 分为 5 个区间, 其中 PCT<0.05ng/ml 57 例, 0.05-0.5ng/ml 86 例, 0.5-2ng/ml 55 例, 2-10ng/ml 44 例, >10ng/ml 19 例, 分别进行相关性分析、检测能力分析 & 区间一致性分析。

**结果** 总体数据的相关系数为 0.987, 斜率为 0.785, 截距为 0.235; 各区间数据相关系数为 (0.695~0.973), 斜率为 (0.758~0.948), 截距为 (-0.085~1.976), 敏感性为 (72.7~87.7) %、特异性为 (88.6~100.0) %; 261 例标本中共有 52 个区间分类不一致标本, 其中正偏倚有 12 个, 负偏倚有 40 个, 主要集中于 0.05-0.5 及 0.5~2 区间。

**结论** 瑞莱 TZ-301 检测 PCT 与 VIDAS 有较好的相关性, 各检测区间的特异性较高, 区间分类不一致的标本主要以负偏倚为主。

## PU-1713

### 25 例布鲁菌病患者的临床回顾性分析

张苗

北部战区总医院

**目的** 分析布鲁菌病的临床特点, 以提高临床医生对本病的诊断及治疗水平。

**方法** 回顾性分析我院 2015 年 1 月至 2018 年 12 月 25 例布鲁菌病患者的临床表现及用药治疗情况。收集病例中临床症状及治疗情况。

**结果** 布鲁菌病临床表现复杂, 病情轻重不一, 可侵犯全身多个系统, 常表现为发热, 乏力, 关节疼痛。有牲畜(羊)接触史 2 例。饮用未加工羊奶 1 例。18 例(72%)患者表现典型, 主要有发热, 腰腿疼痛, 关节疼痛, 大汗乏力。其中 2 例(8%)不能正常行走, 7 例(28%)表现不典型。实验室检查: 布鲁杆菌抗体或布氏杆菌凝集试验, 收集布鲁菌患者血培养中均培养出布鲁菌。

**结论** 布鲁病临床症状较为多样化, 典型症状病例占多数, 但延误诊断较高。因此布鲁菌病的早期发现, 早期诊断及早期治疗尤为重要。布鲁菌实验室诊断仍以血培养和血清凝集实验为主; 血培养, 穿刺液等分离出布鲁杆菌是诊断布鲁菌的金标准。

## PU-1714

## In Vitro Antibacterial Activity of Omadacycline (ZL-2401) Against Common Bacterial Isolates in Skin and Lung Infection Recently Collected from Hospitals in China

Meng Xiao<sup>1</sup>, Lan Chen<sup>2</sup>, Jun Deng<sup>1,2</sup>, Reinhart Harald<sup>2</sup>, Ying-Chun Xu<sup>1</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. Zai Lab (Shanghai) CO., Ltd

**Objective** Omadacycline (ZL-2401) is a semisynthetic derivative of minocycline and the first agent of the aminomethylcycline class. It has a broad spectrum of activity which includes Gram-positive and Gram-negative bacteria, and atypical pathogens. It had been approved by the United States FDA for the treatment of acute bacterial skin / skin structure infections (ABSSSI) and community-acquired bacterial pneumonia (CABP) in 2018. The objective of this study was to evaluate and confirm the antibacterial activity of omadacycline against recently isolates from Chinese patients with community-acquired infections.

**Methods** Non-repetitive strains were collected from patients hospitalized at 18 teaching hospitals in Mainland China between 2014 - 2017. Susceptibility testing was done by broth microdilution methods at PUMCH Peking Union Medical College Hospital (PUMCH). The collection focused on bacteria commonly found in ABSSSI and CABP infection, such as *Staphylococcus aureus* (N=197), *Streptococcus pneumoniae* (N=59),  $\beta$ -hemolytic streptococci (N=27), viridans Group streptococci (N=25), *Haemophilus influenzae* (N=23) and *Moraxella catarrhalis* (N=31) as well as isolates with drug-resistant phenotypes such as penicillin-R, methicillin-R and erythromycin-R strains.

**Results** Omadacycline showed potent activity against all Gram-positive pathogens: *S. aureus* MICs were low regardless of susceptibility to methicillin (MRSA: N=97, MIC<sub>90</sub>, 0.5 mg/L; MSSA: N=100, MIC<sub>90</sub>, 0.25 mg/L). Omadacycline was very potent against  $\beta$ -haemolytic streptococci (MIC<sub>90</sub>, 0.25 mg/L), viridans group streptococci (MIC<sub>90</sub>, 0.25 mg/L), and Enterococci (MIC<sub>90</sub>, 0.25 mg/L). Regarding common CABP pathogens, Omadacycline was highly active against *Streptococcus pneumoniae* regardless of penicillin-resistance (MIC<sub>90</sub> for PSSP, PISP and PRSP of 0.125, 0.064 and 0.064 mg/L, respectively) despite the fact that less than 10% of these strains were susceptible to tetracycline. *H. influenzae* (MIC<sub>90</sub>, 1mg/L) and *Moraxella catarrhalis* (MIC<sub>90</sub>, 0.25 mg/L) were fully susceptible to Omadacycline.

**Conclusions** Omadacycline showed potent in vitro activity against bacterial pathogens commonly causing ABSSSI and CABP infections. The susceptibility of Chinese isolates was similar to those obtained in studies conducted outside China, Omadacycline has excellent activity against problem pathogens, such as *S. aureus*, including MRSA, penicillin-R and tetracycline-R *S. pneumoniae*, enterococci and *Haemophilus*.

## PU-1715

## 2014 年-2018 年我院碳氢霉烯耐药的肺炎克雷伯菌的临床特点及耐药监测

赵汐婷

北部战区总医院

**目的** 监测我院 2014 年-2018 年碳氢霉烯耐药的肺炎克雷伯菌的分离情况及抗菌药物的耐药状况，为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 利用 WHONET5.6 统计我院 2014 年-2018 年碳氢霉烯耐药的肺炎克雷伯菌的分离情况及耐药率，SPSS24.0 软件进行统计学分析。

**结果** 2014 年-2018 年共分离到肺炎克雷伯菌 3311 株, 标本分布前 5 位的标本类型分别为痰液 (2318, 70.0%)、尿液 (267, 8.1%)、血液 (219, 6.6%)、引流液 (167, 5.0%) 和分泌物 (92, 2.8%), 分离得到的肺炎克雷伯菌对替加环素耐药率为 2.9%, 对亚胺培南耐药率为 3.9%, 对美罗培南耐药率为 5.3%, 对头孢替坦耐药率为 5.4%, 对厄他培南耐药率为 6.0%, 对阿米卡星耐药率为 6.7%, 对哌拉西林 / 他唑巴坦耐药率为 10.1%。2014 年-2018 年分离得到的碳氢霉烯耐药的肺炎克雷伯菌共 169 株, 占 5.1%, 标本分布前 5 位的标本类型分别为痰液 (131, 77.5%)、尿液 (13, 7.7%)、引流液 (5, 3.0%)、血液 (5, 3.0%) 和脑脊液 (4, 2.4%)。2014 年-2018 年分离得到的碳氢霉烯耐药的肺炎克雷伯菌对  $\beta$ -内酰胺类药物耐药率均达 90% 以上, 对氟喹诺酮类药物耐药率均达 70% 以上, 对氨基糖苷类药物耐药率均达 60% 以上, 对替加环素耐药率为 3.0%, 对氯霉素耐药率为 21.9%, 对米诺环素耐药率为 26.5%, 对四环素耐药率为 56.9%, 对甲氧苄啶 / 磺胺甲噁唑耐药率为 60.8%。

**结论** 肺炎克雷伯菌对多种抗菌药物的耐药趋势相对稳定。碳氢霉烯耐药的肺炎克雷伯菌对四环素类相对敏感, 对替加环素耐药率最低; 对  $\beta$ -内酰胺类药物耐药率最高, 均达 90% 以上。碳氢霉烯耐药菌株呈增长趋势, 对临床治疗构成严重威胁, 应加强对多重耐药菌株的监测, 抗菌药物合理使用, 为临床使用抗菌药物提供依据。

## PU-1716

### SAA 对不同肥胖程度儿童病毒性肺炎的诊断价值研究

任金来

滨州医学院附属医院, 256600

**目的** 研究肥胖对 SAA 诊断儿童病毒性肺炎的影响, 减少因肥胖造成的误诊为临床诊疗提供帮助。

**方法** 收集滨医附院急诊儿童 400 名, 其中肥胖儿童 200 名, 正常体重儿童 200 名, 采集静脉血 2ml, 检验标本的 SAA 值, 并记录。跟踪调查, 记录确诊为病毒性肺炎的病例, 整理数据, 统计分析, 计算准确率、误诊率。

**结果** 在 200 名肥胖儿童中病毒性肺炎患病率为 23.5%, 依据 SAA 诊断病毒性肺炎的准确率为 39.3%, 误诊率为 60.7%; 在 200 名正常体重儿童中病毒性肺炎的患病率为 22.0%, 依据 SAA 诊断病毒性肺炎的准确率为 93.3%, 误诊率为 6.7%。

**结论** SAA 诊断肥胖儿童病毒性肺炎误诊率较高。

## PU-1717

### 国产 Clin-TOF-II 质谱系统对酵母菌鉴定效能评估

肖盟<sup>1</sup>, 范欣<sup>2</sup>, 徐英春<sup>1</sup>

1. 中国医学科学院北京协和医院, 100000

2. 首都医科大学附属北京朝阳医院, 100000

**目的** 评估国产基质辅助激光解析电离飞行时间质谱 Clin-TOF-II MS 系统对于临床酵母菌的鉴定效能。

**方法** 本研究纳入的菌株覆盖 25 个菌种, 总计 156 株, 均选自中国侵袭性真菌监测网。所有入组菌株均通过 ITS 区扩增测序, 准确鉴定至种水平。与此同时, 采用直接涂抹法对入组菌株进行 Clin-TOF 质谱鉴定。

**结果** 本次评估中 Clin-TOF 质谱系统对酵母菌准确鉴定率能够达到 95.5% (149/156)。其中, 念珠菌属鉴定准确率为 96.8% (122/126)。11 株新型隐球菌中有 1 株鉴定错误。另外, 本次评估纳入的近平滑念珠菌复合体中的 2 株似平滑念珠菌 (*C. metapsilosis*) 以及光滑念珠菌复合体中的 1 株 *Candida nivariensis* 都准确鉴定到了种水平。

**结论** Clin-TOF MS 系统在酵母样真菌鉴定方便已经可以基本满足临床需求。然而对于某些菌种的指纹图谱仍然需要进一步的优化和完善。

## PU-1718

### HPV 整合引起的宿主靶基因功能异常参与宫颈癌的发生

张瑞阳,陈福祥

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** 本研究通过综合分析 HPV 病毒宿主整合序列,探究 HPV 在人类基因组上的整合特点,并通过对 HPV 整合影响的宿主靶基因的功能注释分析,探明 HPV 整合靶基因在宫颈癌发生中所起的作用。

**方法** 文献检索收集 HPV 整合位点。通过 GO 及 KEGG pathway 数据库对整合靶基因进行功能注释分析。Real-time PCR 检测整合靶基因在宫颈癌组织及细胞系中的表达,流式细胞术检测细胞周期分布,EdU 掺入实验检测细胞增殖。

**结果** 通过文献检索收集到 499 个 HPV 整合位点。通过对这些整合位点分析,我们发现 HPV 整合在人类基因组中染色体上的分布有热点区域,并且整合易发生在基因内部尤其是外显子区、基因密集区域和转录活跃区等与基因功能密切相关的区域,这样的整合特点为 HPV 整合影响宿主基因的表达和功能提供了前提条件。随后通过对整合靶基因进行功能条目和信号通路聚类分析发现,这些基因显著富集于肿瘤相关功能条目和信号通路,如“血管生成”、“细胞分化”、“转录调控”、“细胞增殖”、“基因表达”、“细胞死亡调控”、“细胞粘附”、“ErbB 信号通路”、“mTOR 信号通路”、“癌症信号通路”等与肿瘤发生发展相关的条目。可见,受 HPV 整合影响的整合靶基因与宫颈癌密切相关。进一步对 HPV 整合片段与整合靶基因的互作机制研究发现,HeLa 细胞中整合的 HPV 片段与下游靶基因 MYC 存在远程调控作用,且通过 CRISPR-Cas9 技术敲除整合的 HPV 片段可以下调 MYC 基因的表达,引起 HeLa 细胞发生凋亡,进一步证明了整合靶基因在宫颈癌中的重要作用。最后,为了从整合靶基因中筛选出更多的宫颈癌相关基因,通过对整合靶基因进行定量分析发现,部分整合靶基因在宫颈癌组织中异常表达。对异常低表达的整合靶基因 MPPED2 进行功能研究发现,其可作为抑癌基因抑制宫颈癌细胞的细胞周期转换及细胞增殖。

**结论** HPV 整合可通过影响整合位点周围宿主靶基因功能参与宫颈癌的发生。

## PU-1719

### 构建一种基于 Nano/ALISA 技术的特异性检测 伤寒沙门菌的免疫生物传感器

钟毓红

浙江大学医学院附属第二医院,310000

**目的** 结合纳米技术,利用适配体代替抗体,建立一种基于纳米/适配体联合免疫吸附法的新型沙门菌快速检测方法。

**方法** 对已有的适配体序列进行截短设计,将截短后的适配体通过碳化二亚胺法与磁性颗粒偶联,并选用间隔 DNA 封闭磁性颗粒的空余位点。修饰巯基的适配体通过金硫键与纳米金连接,羊抗鼠 IgG 则通过金硫键、静电力与纳米金粒子偶联,构建二抗-纳米金-报告基团偶联体,并用透射电子显微镜和原子力显微镜进行表征。该免疫生物传感器以 Nano/ALISA 技术作为一种新型的多级信号放大手段,反应体系中产生显色或荧光信号的蛋白质催化底物生成一定的颜色或荧光进行检测。

**结果** 成功获得具有结合伤寒沙门菌功能的适配体截短序列;成功构建一种基于 Nano/ALISA 技术的免疫生物传感器,并经透射电镜证实,其不需要特殊仪器,操作简便,检测时间短,仅需 30

min; 灵敏度较高, 检出限为  $10^2$  CFU/ml, 线性范围为  $10^3 \sim 10^8$  CFU/ml; 稳定性高, 对  $10^3$  CFU/ml 菌液检测的相对标准偏差为 4.09%; 特异性强, 与鼠伤寒沙门菌、甲型副伤寒沙门菌、乙型副伤寒沙门菌、大肠埃希菌、宋内志贺菌、福氏志贺菌等无交叉反应。该免疫生物传感器应用于实际临床标本的检测, 阳性预测值与阴性预测值分别为 100%, 98.3%, 能满足临床标本的初筛作用。

**结论** 本研究成功制备纳米金偶联体, 构建基于 Nano/ALISA 技术的特异性检测伤寒沙门菌的免疫生物传感器。该技术成本低廉、操作简单、灵敏度高、特异性强, 这一首次提出以适配体、病原菌和纳米金构成三明治结构用于特异性检测病原菌的新型免疫学方法, 为病原菌的检测提供了一种新的思路。

## PU-1720

### The Prognosis analysis of EphA3 and androgen receptor in prostate cancer treated with radical prostatectomy

Xiuzhi Duan<sup>1</sup>, Xiaoming Xu<sup>1</sup>, Binbin Yin<sup>2</sup>, Bong Hong<sup>1</sup>, Weiwei Liu<sup>1</sup>, Qian Liu<sup>1</sup>, Zhihua Tao<sup>1</sup>

1.The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

2.Women's Hospital School of Medicine Zhejiang University

**Objective** This study aimed to preliminarily assess the relationship between erythropoietin-producing hepatocellular carcinoma receptor A3 (EphA3) and androgen receptor (AR) protein expression levels and prognosis in prostate cancer (PCa) to better understand the role of EphA3 in the progression and prognosis of PCa.

**Methods** We investigated the expression of EphA3 and AR in human PCa by immunohistochemistry.

**Results** EphA3 and AR were both significantly upregulated in PCa, with expression mainly in the nucleus. The high level of AR expression was 48.4% of 64 tumor samples which was more than that in the adjacent tissue samples (15.6%) ( $P < 0.01$ ). The high level of EphA3 expression in the PCa samples was greater (54.7%) than that in the adjacent tissue samples (20.3%) of 64 ( $P < 0.01$ ); The high levels of EphA3 and AR expression in the PCa tissue samples were both correlated with the pathological stage, bladder and rectal invasion, distant metastasis and preoperative PSA level (both  $P < 0.05$ ). The survival time of patients with high level of AR expression was significantly shorter ( $P < 0.01$ ). The high level of EphA3 in PCa patients suggests a poor prognosis ( $P < 0.05$ ). biochemical recurrence, distant metastasis, the final scores of EphA3 and AR expression were significantly correlated with the prognosis of PCa ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Increased EphA3 expression is an independent prognostic factor for a poor outcome and decreased survival in PCa.

## PU-1721

### 903 株血液标本分离大肠埃希菌的分布及其耐药性变迁

王凤霞

滨州医学院附属医院, 256600

**目的** 了解某地区住院患者血液标本分离大肠埃希菌的临床分布及其对抗菌药物的耐药性变迁。

**方法** 回顾性分析本医疗中心 2011 年 1 月—2017 年 12 月住院患者血液标本分离大肠埃希菌且符合血流感染诊断的非重复标本。应用质谱仪、Walkaway96 全自动微生物鉴定及药敏仪对菌株进行鉴定和药敏试验, K-B 法作为补充, 依据 CLSI 2017 年标准判定结果。应用 WHONET5.6 软件和卡方检验进行数据分析。



**结果** 共收集非重复大肠埃希菌 903 株，耐碳青霉烯类大肠埃希菌（CRE）的检出率为 0.3%（3/903），2011-2017 年大肠埃希菌对庆大霉素、阿米卡星、妥布霉素等 11 种抗菌药物的耐药率差异具有统计学意义。此外，儿童组、成人组和老年组菌株对左氧氟沙星、环丙沙星和头孢唑啉的耐药率差异具有统计学意义；ICU 与住院非 ICU 菌株对所测试抗菌药物的耐药率差异均无统计学意义。

**结论** 黄三角地区住院患者血液标本分离大肠埃希菌分布广泛，对常用抗菌药物耐药情况不同，临床应根据药敏试验结果合理选择抗菌药物。

## PU-1722

### 左足软组织感染伴嗜冻菌、大芬戈尔德菌混合菌血症一例

栾亮  
北部战区总医院

革兰阳性厌氧球菌广泛分布于人类口腔、上呼吸道、胃肠道、女性泌尿生殖系统和皮肤的机会致病菌。嗜冻菌、大芬戈尔德菌都为革兰阳性厌氧球菌，对营养要求苛刻，是一类被临床严重低估的致病菌。随着分子生物学技术和质谱技术的临床应用，让临床对革兰阳性厌氧球菌的认识有所提高，但国内相关报道相对较少。本文报道了一例左足软组织金黄色葡萄球菌感染伴嗜冻菌、大芬戈尔德菌混合菌血症病例，并对病例进行分析和文献综述。

## PU-1723

### 2010-2017 年戊型肝炎病毒感染状况分析

陈瀑  
重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 分析戊型肝炎病毒感染的实验室指标和临床特点，为提高戊型肝炎诊治水平提供相关依据。

**方法** 对重庆医科大学附属第一医院 2010-2017 年感染戊型肝炎病毒的患者进行回顾性分析，收集患者戊型肝炎病毒感染指标，肝功能相关指标，病史，输血史及其他临床资料。

**结果** 1.2010 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日期间检查戊型肝炎病毒标志物的总人数为 17143 例，HEV-IgG 或 HEV-IgM 阳性人数为 1476 例，感染率 8.61%（1476/17143）；戊型肝炎病毒感染的人数呈上升趋势，以 2017 年感染率最高（12.98%），其中 IgG 的感染率逐年上升，IgM 感染率保持稳定。2.每一个年龄段都可以感染戊型肝炎病毒，感染患者的平均年龄为  $49.16 \pm 15.86$  岁，最常见的感染者是年龄在 40~60 岁的人群；男性感染戊型肝炎数量要多于女性，男：女=1.37：1。3.戊型肝炎病毒可以发生在各个季节感染，无明显季节高峰。4.762 例 HEV-IgG 或（和）HEV-IgM 阳性完整病例有输血史的人数为 165 例，占 21.65%（165/762），222 例确诊戊型肝炎，以 HEV-IgG，HEV-IgM 和两者同时阳性分为三组，分析 TB、ALT、AST、ALP、GGT 指标，三组均有显著性差异（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 2010 年以来戊型肝炎感染率逐年上升，戊型肝炎病毒感染与性别，年龄，输血有关。

## PU-1724

## 血清 IL-34 水平与原发性胆汁性胆管炎的相关性分析

唐笛娇

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 白细胞介素-34 (IL-34)被认为是集落刺激因子-1 受体(CSF-1R)介导单核吞噬细胞生物学的替代配体,能刺激骨髓细胞培养中巨噬细胞克隆以及维持外周血中单核细胞的水平。近年来,IL-34被发现与多种自身免疫性疾病相关。原发性胆汁性胆管炎(Primary biliary cholangitis, PBC)是一种多因素自身免疫性疾病,其特点是过度免疫和炎症反应而引起的慢性进行性肝脏疾病。本研究旨在探讨 IL-34 与 PBC 的相关性,以及 IL-34 水平与 PBC 进展的关系。

**方法** 选取 49 例确诊为 PBC 并且血清线粒体 M2 抗体 (Serum anti-mitochondrial antibody type 2, AMA-M2)阳性的患者和 50 名健康健康体检者。通过酶联免疫吸附法 (ELISA)检测血清中的 IL-34 浓度和 AMA-M2 定量,采用化学发光法检测细胞因子(IL-1, IL-2, IL-6, IL-8, IL-10 and TNF- $\alpha$ )浓度,收集患者的其它疾病、临床体征和症状等临床资料。

**结果** 与健康对照组相比, PBC 患者血清 IL-34 水平显著升高 [ $395.44 \pm 80.89 \text{ pg/ml}$  vs  $38.56 \pm 7.78 \text{ pg/ml}$ , ( $P < 0.01$ )], 并且血清 IL-34 水平与 AMA-M2 浓度呈正相关。PBC 患者血清 IL-2, IL-6, TNF- $\alpha$  浓度 (IL-2: ( $1007.63 \pm 457.76$ )  $\text{pg/ml}$ ; IL-6: ( $6.57 \pm 2.43$ )  $\text{pg/ml}$ ; TNF- $\alpha$ : ( $16.53 \pm 14.74$ )  $\text{pg/ml}$ ) 比健康对照组显著增加。

**结论** PBC 患者中血清 IL-34 水平升高并且与特异性抗体 AMA-M2 呈正相关。血清 IL-34 可能与 PBC 疾病的发生发展有一定的相关性。

## PU-1725

FCM 分析血小板活化对坏死性小肠结肠炎  
疗效监测的意义

王娟

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探讨 FCM 检测血小板活化功能在新生儿坏死性小肠结肠炎 (NEC) 诊疗中的临床意义

**方法** 以活化的 GP IIb/IIIa 复合物(PAC-1, 作为识别 FIB-R 的 McAb)、P-选择素(CD62P)作为分子标志物,FCM 荧光分析 NEC 典型患儿及其恢复期的微量全血 PAC-1、CD62P 血小板表面阳性表达百分率的变化。

**结果** 可见 NEC 典型患儿经内科保守治疗 2~3 周后, PAC-1 和 CD62P 表达率较之治疗前都有所降低 ( $p < 0.05$ ,  $< 0.01$ )。

**结论** FCM 三色荧光标记检测 PAC-1、CD62P 的阳性表达率能为新生儿 NEC 疗效监测提供可靠但非特异性实验室数据,对 NEC 诊疗有一定的临床意义。

## PU-1726

## 重庆高龄产妇甲状腺功能及甲状腺过氧化物酶检测分析

唐笛娇

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探讨高龄妊娠早期孕妇甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)和促甲状腺素(TSH)筛查的重要性。探寻孕妇血清 TSH、FT4 及 TPOAb 水平与年龄因素的关系, 筛查高龄孕妇亚临床甲状腺功能异常的患病率, 为妊娠合并甲状腺疾病的诊疗积累一定研究数据和诊治经验。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2019 年 1 月在重庆医科大学附属第一医院金山医院产科建档的 35 岁以上高龄孕妇血清 200 例和 30 岁以下孕妇血清 150 例, 采用罗氏 e602 电化学发光的方法进行甲功 TSH、T3、T4、FT3、FT4 和 TPOAb 检测, 对其筛查指征进行比较。

**结果** 筛查 200 例高龄妊娠早期妇女的亚临床甲减、低甲状腺素(T4)血症患病率和 TPOAb 阳性率分别为 8%、20%和 18%; 对照组 30 岁以下孕妇组上述三者概率分别为 3.3%、6.6%和 4%, 差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。200 例高龄孕妇按临床诊断分为甲状腺功能减退组 1 组 56 人(包括亚临床甲减和低甲状腺素(T4)血症)和非甲状腺功能减退组 2 组 144 人, 1 组 TPO 阳性率显著高于 2 组( $P<0.05$ )。按 TPO 检测结果, 分为 TPOAb 异常组 36 人和 TPOAb 正常组 164 人, TPOAb 异常组高于 TPOAb 正常性组, 差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 高龄孕妇比正常年龄孕妇妊娠期更容易合并甲减, 应当提前预防。高龄孕妇 TPOAb 异常者甲状腺功能紊乱明显增加。

## PU-1727

## Epidemiology and Antifungal Susceptibility Patterns of Invasive Fungal Infections from 2012 to 2014 in a Teaching Hospital in Central China

Shuying Yu, Yingchun Xu

Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** As a participant organization of the national China Hospital Invasive Fungal Surveillance Net (CHIF-NET) program, the present study sought to describe the epidemiology and antifungal susceptibility patterns of yeast isolates obtained from invasive fungal infection patients presented to the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University in central China.

**Methods** A total of 434 yeast isolates recovered from blood and other sterile body fluids were defined by the matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry supplemented by DNA sequencing as required. Antifungal susceptibilities were determined by Sensititre YeastOne™ YO10 methodology.

**Results** *C. albicans* remained the most common species (33.9%) but with significantly decreased frequency from 37.2% to 27.7%. *C. tropicalis* as the second pathogen, its overall isolation rate reached up to 25.1%, followed by the *C. parapsilosis* complex (17.3%), *C. glabrata* (9%) and *C. pelliculosa* (6.7%), with other species comprising 8% of isolates. All three echinocandins exhibited potent in vitro activities against the vast majority of *Candida* isolates. Azoles demonstrated potential in vitro activities against *C. albicans* (>95% susceptibility rate) and *C. parapsilosis* complex (>95% susceptibility rate), while serious azole resistance mainly observed in *C. tropicalis* and *C. glabrata* with resistance rate to fluconazole and voriconazole of 11.9%, 9.1% and 7.7%, 28.2%. Noteworthily, *C. pelliculosa* had extremely high incidence rate in newborns and dramatically rates of resistance to fluconazole and voriconazole of 55.2% and 41.4%.

**Conclusions** The present study provided valuable local surveillance data on the epidemiology and antifungal susceptibilities of invasive yeast species isolated from the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, which was essential for guiding the selection of adequate antifungal therapy.

## PU-1728

### 湖南省 3 万例女性叶酸代谢能力分析

余艳,周梅华,龚强,代冰,何媛,彭千  
长沙金域医学检验所

**目的** 分析湖南省女性叶酸代谢能力水平,将女性孕期缺乏叶酸的风险,分为“未见风险”、“低度风险”、“中度风险”、“高度风险”,指导女性在备孕及孕期根据自身的叶酸代谢能力水平,合理补充叶酸,避免“未见风险”人群过量补充叶酸,同时避免“低度风险”、“中度风险”和“高度风险”人群因叶酸缺乏导致新生儿出生缺陷或自发性流产等。

**方法** 收集例 3 万例女性外周血标本,提取基因组 DNA 并进行质控, DNA 质量合格后,采用实时荧光定量 Q-PCR 分析方法,分别测定其 5,10-亚甲基四氢叶酸还原酶(MTHFR)基因的 C677T、A1298C 位点和甲硫氨酸合成酶还原酶(MTRR)基因 A66G 位点的基因型,根据现有文献的数据所总结的公式,确定其叶酸代谢能力水平。

**结果** 3 万例女性中, MTHFR 基因 C677T、A1298C 位点和 MTRR 基因 A66G 位点基因型不同,叶酸代谢能力不同,并据此将女性在孕前缺乏叶酸的风险,分为“未见风险”、“低度风险”、“中度风险”、“高度风险”四个等级,人群占比分别为 21%、24%、27%、28%。

**结论** 湖南省女性,基因型不同,导致叶酸代谢能力不同,不同女性应在孕前进行相关叶酸代谢能力基因检测,明确其孕期缺乏叶酸的风险,并据此指导合理补充叶酸。

## PU-1729

### miRNAs 调控心肌纤维化的研究进展

于奇  
吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 心血管疾病是当今世界慢性疾病之首,而心肌纤维化是大多数心血管疾病发展到一定阶段的共同病理改变。心肌纤维化是心肌组织结构中细胞外基质蛋白过度积累的过程。心肌纤维化的病理生理发生机制是十分复杂的,其病理过程可能涉及到肾素-血管紧张素-醛固酮系统、免疫系统、炎症、细胞凋亡及细胞信号调节等,其基因治疗目前处于起步阶段。

**方法** 微小 RNAs 是一类由 18~26 个核苷酸组成的内源性单链非编码小分子 RNA,人类目前已经检测出了 1000 多个。miRNAs 主要以结合各类 mRNA 的 3'端非编码区(3'-UTR)来调控靶基因,降低反转录效率和 mRNA 水平。每个 miRNA 可多个靶基因,多个 miRNA 也可调节同一基因,从而实现基因的调控作用。微小 RNAs 作为一种能调控多个靶点的上游调控因子,自然越来越被关注。近年来,许多研究发现 miRNAs 通过多种信号通路及机制调控心肌纤维化的发生和发展。现对已发现的几种 miRNA 在心肌纤维化中的作用进行了总结。

**结果** 1.目前,心肌纤维化机制尚不完全清楚,但较为明确的有以下 6 种机制:①转化生长因子- $\beta$ ②结缔组织生长因子③肾素-血管紧张素-醛固酮系统④炎症因子⑤缝隙连接蛋白⑥基质金属蛋白酶。

2.miRNAs 进化上高度保守,是一类由 18~26 个核苷酸构成的单链非编码小分子 RNA。在细胞核中,以基因组 DNA 为模板,经过 RNA 聚合酶 II 的作用转录生成原始 pri-miRNA 片段,再经双链 RNA 特异的核糖核酸酶 Drosha 切割生成长度大约为 70~100 碱基、具有发卡结构的 pre-miRNA。这些发卡结构的 RNA 通过核输出蛋白 exportin5 机制转运到胞质后,经 Dicer 酶切成

18~26 碱基长度的成熟双链 miRNAs。miRNA 的双链其中一条链被降解，另一条链则组成 miRNA 诱导的基因沉默复合物，作用于靶 mRNA 的结合位点，负责调控靶 mRNA 的转录、靶蛋白的翻译、靶基因的降解和在转录后水平抑制其表达。

3.2008 年，Da Costa Martins 等通过条件性删除 Dicer 酶诱发了小鼠心肌细胞肥大、心室显著纤维化，这表明 miRNA 的异常表达参与了心肌纤维化等病理改变。随后，miRNAs 作为一种能调控多个靶点的上游调控因子，受到越来越多的关注。

**结论** 已有研究证实，miR-21、miR-208 能够促进心肌纤维化，而 miR-29、miR-24、miR-133 等可以抑制心肌纤维化的进展。

## PU-1730

# Clinical and Molecular Characteristics of Tsukamurella tyrosinosolvens Causing an Infection Misdiagnosed as Mycobacteria Tuberculosis, and its Antimicrobial Susceptibilities

Shuying Yu, Yingchun Xu

Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Tsukamurella species are aerobic gram-positive organisms from the order Actinomycetales which are generally a weakly acid-fast, nonsporeforming rod and shares many features with Mycobacterium. This study aims to investigate one T. tyrosinosolvens isolate from patients with lung disease who was misdiagnosed as tuberculosis.

**Methods** Species identification was performed by sequencing of the five gene targets including 16S rRNA, ssrA, secA, rpoB, and groEL. Antifungal susceptibilities were determined by Clinical and Laboratory Standards Institute document (CLSI) M100 broth microdilution methodology

**Results** The T. tyrosinosolvens isolate obtained from a 51-year-old immunocompetent woman who was misdiagnosed as pulmonary tuberculosis and treated for nearly 4 years but showed no improvement in symptoms. The correct diagnosis was suspected only when the results of mycobacteria nucleic acid amplification tests were negative. The isolates grows best on blood agar as white, dry and rough colonies, with irregular spreading margins after 24 h of incubation at 37 °C. The performance of groEL gene sequencing for species-level identification of Tsukamurella was better than other four genes. The T. tyrosinosolvens isolate is resistant to rifampicin (>2 µg/ml), ceftazidime (>32 µg/ml), ampicillin (16 µg/ml), aztreonam (>128 µg/ml), erythromycin (>8 µg/ml), vancomycin (8 µg/ml), daptomycin (4 µg/ml) and colistin (>8 µg/ml). While it is susceptible to ceftaroline (0.25 µg/ml), ceftriaxone (1 µg/ml), imipenem (0.25 µg/ml), meropenem (1 µg/ml), linezolid (1 µg/ml), levofloxacin (0.5 µg/ml), moxifloxacin (0.25 µg/ml) and tigecycline (0.25 µg/ml). Based on our and previous study, fluoroquinolones is considered as an excellent antibiotic to treat this uncommon micro-organism.

**Conclusions** This study points to a possible emergence of T. tyrosinosolvens as a significant pathogen cause lung disease which was prone to misdiagnose as pulmonary tuberculosis in the immunocompetent patients. Molecular methods are needed for accurate identification and further molecular characterization of this species. Fluoroquinolone may be a successful oral antibiotic regimen.

## PU-1731

## 标本放置温度和时间对五种肺癌肿瘤标志物检测结果的影响

陈特

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 分析血清样本保存时间和温度对五种肺癌标志物（CEA、SCC、NSE、CY21-1 和 ProGRP）检测结果的影响。

**方法** 利用 Pearson 相关性分析 2014 年到 2017 年五种肺癌标志物分析前 TAT 与测定结果之间相关性；同时，分别收集五种肺癌标志物高低两个水平的血清样本各一个。将各血清样本同质化分装为 48 份，分别置于室温、4℃冰箱与-20℃冰箱中保存，每份样本连续 4 天内不同时刻分别测定两次取均值。分析该段时间内的标志物稳定性。

**结果** Pearson 相关性分析 CY21-1 和 NSE 分别在 0.01 水平（双侧）上显著相关。在四天内稳定性最好的是 CEA；CY21-1 的样本受温度和时间影响最大，其次为 NSE，再次为 ProGRP，且平均偏差均≥12.5%，超过了 1/2TEa。

**结论** 样本的保存温度和时间对五种肺癌标志物均有不同程度的影响。我们应重视分析前样本的保存对于肺癌肿瘤标志物结果的影响以及临床解释工作。

## PU-1732

## Evaluation of Bruker MS, VITEK MS, Clin-ToF-II MS, Autof MS 1000, M-Discover 100 and VITEK 2 ANC card for Identification Anaerobic Pathogens

Shuying Yu,Xinfei Chen

Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Anaerobic bacteria routine identification is time-consuming and expensive, and low accuracy. This study aimed to evaluate the accuracy of VITEK MS, Clin-ToF-II MS, Autof MS 1000, M-Discover 100 and VITEK 2 ANC card for Identification Anaerobic pathogens.

**Methods** A total of 241 isolates of anaerobic isolates were identified with the Bruker MS, VITEK MS, Clin-ToF-II MS, Autof MS 1000, M-Discover 100, and VITEK 2 ANC card. 16S rRNA gene sequencing as a reference method for identification.

**Results** In total, 80.1%, 90.0%, 95.4%, 90.5% and 75.5% of the isolates were identified by VITEK MS, Bruker MS, Autof MS 1000, M-Discover 100, Clin- ToF II MS at the species level vs 77.6% using the VITEK 2 ANC card. At the genus level, the accurate rates of identification Anaerobia were all greater than 93.36%. Autof MS and M-Discover 100 MS were provided accurate identification at species level (>90% of isolates) . The identification ability of anaerobic of four MALDI-TOF MS better than VITEK 2 ANC. Significantly, whether MALDI-TOF MS or VITEK 2 ANC all disidentified some strains.

**Conclusions** All the four MALDI-TOF MS systems provided high accurate rate on the identification of anaerobic pathogens. But extensive databases and accuracy algorithm arithmetic were required to improve the accuracy of anaerobic.

## PU-1733

## 住院患者念珠菌血症病原菌分布及耐药特征研究

郭莉娜

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 了解北京地区住院患者念珠菌血症的病原菌分布情况及体外药物敏感性,为念珠菌血症的治疗、改善预后及临床合理使用抗真菌药物提供病原学依据

**方法** 连续收集 32 家三级以上医院 2016.01~2017.12 期间分离自血流感染的念珠菌及临床相关的流行病学资料,标本来源为血和导管血,并统一寄送至中心实验室进行复核鉴定与药物敏感性测定。菌种鉴定采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)技术联合 DNA 测序方法进行准确鉴定。微量肉汤稀释法(CLSI M27-A3)测定临床常用 7 种抗真菌药物的体外敏感性,敏感性折点参考 CLSI M60 及 CLSI M59(ECVs)。

**结果** 456 株念珠菌经准确鉴定,包括白念珠菌 184 株(40.4%),近平滑念珠菌 105 株(23.0%),光滑念珠菌 85 株(18.6%),热带念珠菌 61 株(13.4%),菌膜念珠菌 7 株(1.5%),季也蒙念珠菌 4 株(0.9%),克柔念珠菌 3 株(0.7%),葡萄牙念珠菌 3 株(0.7%),希木龙念珠菌 2 株(0.4%),西弗念珠菌 1 株(0.2%),挪威念珠菌 1 株(0.2%)。其中 48.1% 的医院白念珠菌仍然是引起血流感染最常见的念珠菌;部分医院近平滑念珠菌或光滑念珠菌是最常见的血流感染念珠菌。约 32.0% 来自内科,28.3% 来自 ICU,17.1% 为外科,3.1% 为急诊病人。白念珠菌几乎是各科室最常见的血流感染念珠菌,对内科来说,光滑念珠菌是最常见的非白念珠菌;而对 ICU 和外科,除白念珠菌外,近平滑念珠菌最常见。氟康唑和伏立康唑对白念珠菌和近平滑念珠菌非常敏感,耐药性主要见于光滑念珠菌和热带念珠菌,对氟康唑二者耐药率分别为 9.4% 和 11.5%,而对伏立康唑分别为 11.8% 和 9.8%;米卡芬净、卡泊芬净、两性霉素 B 对所检测念珠菌有非常好的体外抗菌活性。

**结论** 白念珠菌仍然是引起念珠菌血症最常见的病原体,约 40.4%,而非白念珠菌比例明显高于白念珠菌,约 59.6%。近年来由非白念珠菌引起的院内念珠菌血症有增多的趋势,多数国内外报道支持该研究结论。本研究中近平滑念珠菌是血流感染最常分离的非白念珠菌,与 CHIF-NET 结论一致,而欧美研究多显示光滑念珠菌最常见。光滑念珠菌和热带念珠菌唑类耐药问题对临床抗真菌治疗提出了挑战,也提示未来持续监测其耐药性的必要性。

## PU-1734

## 现场快速检测在感染性疾病领域的应用

杨洋,肖盟,徐英春

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 现今,实验室检验在感染性疾病的防、诊、治过程中均起着举足轻重的作用。近年来,现场快速检测(point-of-care testing, POCT)作为一个新兴的检测领域,受到越来越多的关注。

**方法** 本文对 POCT 在感染性疾病领域中的开展价值、技术特点以及应用现状进行简单综述。

**结果** POCT 的特点使其在感染性疾病诊断方面具有:为重症感染针对性治疗提供快速、准确的依据,提高感染性疾病的诊疗效率,协助医疗机构内的院感控制工作等优势。应用于感染性疾病诊断的 POCT 的较成熟应用领域包括化脓链球菌、新型隐球菌、HIV、性传播疾病、流感、结核分枝杆菌及医院感染控制等相关病原的快速检测方向。

**结论** POCT 技术的应用,已经给实验室、临床乃至社会带来了重大的变化。随着技术的进步,更多先进的快速检验技术,例如针对感染症候群的小型自动化分子生物学快测平台,已准备进入 POCT 应用阶段。然而我们同样需要意识到,POCT 检测在质量控制、应用场景等方面仍存在诸多挑战。未来仍需要更多科学研究以及卫生经济学评价工作,支持 POCT 领域的持续性创新发展。

## PU-1735

## 多发性骨髓瘤患者中蛋白 C、血管性血友病因子联合检测的临床意义

陈熙

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探讨血浆蛋白 C (PC)、血管性血友病因子 (vWF) 水平的变化在多发性骨髓瘤 (MM) 患者的治疗和预后过程中的临床意义。

**方法** 以 ISS 分期标准分组, 观察 59 例多发性骨髓瘤患者血浆中总 vWF:Ag 含量及 PC 活性变化情况。

**结果** 三组观察对象的 vWF:Ag 含量均高于对照组 ( $P<0.05$ ), 男性 vWF:Ag 含量高于女性 ( $P<0.05$ ); PC 活性水平随疾病进展而逐渐降低, 其中 II 期与 III 期 MM 患者的 PC 活性水平低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。PC 活性水平随着年龄的增加而降低, III 期 MM 患者的 PC 和 vWF 水平呈正相关 ( $r=0.363$ ,  $P<0.005$ )。

**结论** vWF:Ag 和 PC 在一定程度上可反应多发性骨髓瘤患者的疾病严重程度, 且两者水平具有相关性, 对 MM 的治疗和预后有一定的评估意义。

## PU-1736

## 基于双足 DNA walker 检测外泌体源性 microRNA 的电化学传感器的研究

汤晓琦

陆军军医大学西南医院

**目的** 外泌体源性 microRNA 作为人类肿瘤新型分子诊断标志物, 是近年来液体活检的研究热点之一。建立高灵敏度和高特异度的外泌体源性 microRNA 检测技术对肿瘤的早期诊断和预后判断均具有重要意义。

**方法** 因此, 我们设计了一种基于双足 DNA walker 检测外泌体源性 miR-21 的双信号电化学传感器。当 miR-21 存在时, 双足 DNA walker 被启动, 它将沿着 DNA 轨道“行走”而引起轨道构象改变, 最终导致靶标依赖信号与非靶标依赖信号之比发生改变。除了 DNA walker 的信号级联放大作用, 我们还引入金纳米颗粒进一步放大目标信号。而且, 通过以非靶标依赖的电化学信号作为背景校正信号, 该传感器具有足够的稳定性以用于乳腺癌细胞系和血清中外泌体 miR-21 的检测。另外, 锁核酸修饰的位点介导链置换反应具有相当突出的识别能力, 大大提高了该传感器的特异性, 使其甚至能区分出单碱基错配的靶标。

**结果** 通过两次放大, 该化学传感器呈现了超高的灵敏度, 最低检测限为 65aM。

**结论** 优秀的灵敏度、特异度和再现性, 以及成本低, 操作简便等优点使本研究中的化学传感器成为一种颇具前景的外泌体源性 microRNA 放大检测方法, 将来有望应用于肿瘤患者的 POCT。



PU-1737

## Invasive Infections due to *Trichosporon*: Species Distribution, Genotyping, and Antifungal Susceptibilities from a Multi-center Study in China

Lina Guo

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing, China

**Objective** To investigate the species distributions, genotypes and antifungal susceptibilities of a large number of invasive *Trichosporon* isolates recovered via the China Hospital Invasive Fungal Surveillance Net (CHIF-NET), a multicenter surveillance program for invasive fungal diseases (IFDs), from 2009 to 2016.

**Methods** A total of 133 clinical *Trichosporon* isolates were collected from 47 centers (33 university hospitals, 7 military hospitals, 4 provincial hospitals, and 3 municipal hospitals) distributed in 15 provinces, two autonomous regions and four municipalities. The isolates were identified to species level by sequence analysis of the ITS region, IGS1 region and D1/D2 domain. The 108 *T. asahii* isolates were genotyped by IGS1 sequences alignment with data deposited in Genbank. All 133 isolates were simultaneously identified by both Vitek MS system (IVD Knowledgebase v.2.0, bioMérieux) and Bruker Autoflex Speed TOF/TOF MS system (with Biotyper v.3.1 software, Bruker Daltonics GmbH, Germany). All the isolates were tested for in vitro susceptibilities against seven antifungal agents.

**Results** Among these isolates *T. asahii* (108, 81.2%) was the leading species, followed by *T. dermatis* (7, 5.3%), *T. asteroides* (5, 3.8%), *T. inkin* (5, 3.8%), *T. dohaense* (3, 2.3%), and one (0.7%) each of *T. faecale*, *T. jirovecii*, *T. mucoides*, *T. coremiiforme* and *T. montevidense*. Both the VITEK MS (bioMérieux, Marcy l'Etoile, France) and Bruker Biotyper MS (Bruker Daltonics GmbH, Germany) platforms gave a high level (>97.5%) of correct identification when the species were present in the database. Geometric mean (GM) of amphotericin B MICs for *T. asahii* was 2-fold higher than for non-*asahii* *Trichosporon*. High fluconazole MICs ( $\geq 8 \mu\text{g/ml}$ ) were observed in 25% (27/108) of *T. asahii* and 16% (4/25) of non-*asahii* *Trichosporon* isolates. Itraconazole MICs were  $\leq 0.5 \mu\text{g/ml}$  for 89.5% of the isolates. Voriconazole was the most potent antifungal agent in vitro, with GM of  $0.09 \mu\text{g/ml}$ . Genotyping of the isolates using the IGS1 sequences alignment revealed that genotype1 was most common (41.7%), followed by genotype 4 (31.5%), 3 (23.1%), 5 (0.9%), 6 (0.9%) and 7 (1.8%).

**Conclusions** Our data of species distribution, genotypes and antifungal susceptibilities may contribute to a better understanding of the epidemiology of invasive *Trichosporon* infections throughout China.

## PU-1738

## 评估国产利奈唑胺对葡萄球菌和肠球菌体外抗菌活性

于淑颖,徐英春

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 以进口利奈唑胺（原研药）为对照，评估国产利奈唑胺（仿制药）的体外抗菌活性及与进口利奈唑胺的一致性。

**方法** 收集 6 家医院分离的各 50 株 MRSA、MSSA、MRCNS、MSCNS、VRE 临床分离菌株，采用 CLSI 推荐的微量肉汤稀释法进行细菌药物敏感性试验。

**结果** 国产利奈唑胺对金黄色葡萄球菌、凝固酶阴性葡萄球菌和 VRE 的 MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 分别为 2 和 4 µg/ml，1 和 2 µg/ml 以及 2 和 2 µg/ml，全部研究菌株对国产利奈唑胺呈现敏感状态。国产和进口利奈唑胺仅在对 MSSA 的 MIC<sub>50</sub> 上相差一个稀释梯度，两者对其他葡萄球菌和 VRE 的 MIC 范围、MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 完全一致。国产和进口利奈唑胺对全部研究菌株抗菌药物敏感性结果的分类一致性（CA）和基本一致性（EA）均高达 100%，两者对全部研究菌株的 MIC 值完全一致或相差不超过±1 个稀释梯度。除了 MRCNS 对替考拉宁的敏感率为 88%，葡萄球菌对替加环素、达托霉素、万古霉素和替考拉宁的敏感率均高达 100%。VRE 菌株对替加环素和达托霉素呈现 100% 的敏感率，而对替考拉宁的敏感率仅为 50%。相比之下，全部菌株对左氧氟沙星的敏感性明显低于其他抗生素。

**结论** 国产利奈唑胺对多重耐药葡萄球菌及肠球菌具有极好的体外抗菌活性，且与进口利奈唑胺的体外抗菌活性高度一致。

## PU-1739

## 国产卡泊芬净对曲霉菌的体外活性评估

于淑颖,徐英春

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 以进口卡泊芬净（原研药）为对照，评估国产卡泊芬净（仿制药）对曲霉菌的体外抗菌活性及与进口卡泊芬净的一致性。

**方法** 利用北京协和医院分离的 75 株侵袭性曲霉菌，采用 CLSI 推荐的微量液基稀释法对 8 种抗真菌药物进行体外敏感性试验。

**结果** 棘白菌素类药物的 MEC 值总体低于唑类药物的 MIC 值，而米卡芬净的 MEC<sub>50</sub> 和 MEC<sub>90</sub> 比卡泊芬净低出 2 个梯度。除了 1 株黄曲霉的 MIC 值为 4 µg/mL，两性霉素 B 对其余 74 株菌株的 MIC 值≤2 µg/mL。全部菌株对伏立康唑和泊沙康唑均敏感，分别有 16 株烟曲霉，2 株黄曲霉和 5 株黑曲霉对伊曲康唑耐药。国产卡泊芬净和进口卡泊芬净对 11 株曲霉菌的 MEC 值存在不一致，但国产卡泊芬净仅较卡进口泊芬净低一个浓度梯度。卡泊芬净和米卡芬净对超过 76% 的曲霉菌 24h 和 48h 的药敏测定结果完全一致。

**结论**

相较于唑类药物和两性霉素 B，卡泊芬净对曲霉菌具有很好的体外抗真菌活性，且国产卡泊芬净与进口卡泊芬净的体外抗菌活性高度一致。

## PU-1740

## 112 家医院血清总蛋白生化分析检验结果比对

湛海兰

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 助推检验结果互认,提升实验室能力,为响应国家政策,重庆医科大学附属第一医院检验科作为重庆市质控中心,连续多年开展新鲜血比对工作,摸底重庆市基层医院检验状况,为进一步实现结果互认做准备。其中首批推进互认的项目有 14 项,其中就包括血清总蛋白。总蛋白目前在重庆市各大医院检测情况如何将是本文重点阐述的内容。

**方法** 由质控中心统一准备新鲜血清标本共 5 份,包括低、中、高 3 个层次 5 个浓度,参加互认的 112 家实验室(均为二级以上医院)在相同时间相同地点取回样本并在要求的时间内进行检测和上报,同时上报方法、检测仪器。

**结果** 本次参加互认的实验室共 112 家单位上报了总蛋白检测结果:(1)编号 1 号、5 号为高值标本,在未通过标本中占比 48.0%,两个号同时未通过共 6 家,占比 40%,表明未通地单位对总蛋白高值标本的检测能力不足;(2)使用非封闭系统 12 家,占不符合比例 80.0%,封闭系统不符合 3 家,占不符合的 20%,相比之下认为封闭系统可能检测结果更为准确;(3)仪器与试剂不配套有 10 家,占比 66.7%,建议尽量使用仪器和试剂来自相同厂家的产品;(4)检测值均偏于靶值一侧的医院有 10 家,占比 66.7%,可能是仪器未规范校准导致系统存在偏倚,认为这些单位需要进行干预,错误可能来源于系统偏倚导致的测量不准确。(5)本次比对 TP 未通过单位中有 7 家是新参加比对单位,约占 TP 未通过单位的一半。新单位能力有待考证,需要得到更多的能力指导。

**结论** 重庆地区为开展互认工作所做的摸底工作有序、有效,为更好的开展正式互认工作打下了坚实的基础,在总蛋白检测能力上各医院存在不同程度的差异,找到了差异所在和原因,质控中心开展的互认工作对基层检验工作指导意义确切。

## PU-1741

## 维生素 D 与儿童呼吸道感染的相关性研究

秦婷婷,范文廷,顾兵,马萍

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨维生素 D 水平与小儿呼吸道感染的相关性。

**方法** 以 2018 年 1 月 1 日~2018 年 12 月 31 日于某院就诊的社区获得性肺炎的儿童及正常体检儿童作为研究对象,其中小儿气管肺炎患儿 533 例作为观察组,另采用随机数字法收集在某院儿童保健门诊健康体检儿童 120 例作为对照组,两组儿童均符合入组与排除标准,通过观察两组儿童血清维生素 D 水平,探讨维生素 D 水平与小儿社区获得性肺炎发生的相关性及与免疫球蛋白(IgG、IgA、IgM)水平之间的相关性。

**结果** 肺炎组小儿维生素 D 水平明显低于正常对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。两组 IgA、IgM 和 IgG 水平比较,差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 小儿社区获得性肺炎患者血清维生素 D 水平低于健康儿童,低水平维生素 D 儿童易发生小儿肺炎,血清维生素 D 水平与小儿肺炎的发生有一定的相关性,且与肺炎的严重程度有关,对婴幼儿肺炎患儿补充维生素 D 可提高免疫功能,提高血清维生素 D 水平可预防肺炎的发生。

## PU-1742

**强直性脊柱炎与 HLA-B27 的相关研究**

强直性脊柱炎与 HLA-B27 的相关研究  
滨州医学院附属医院,256600

**目的** 研究探讨滨州地区强直性脊柱炎 (ankylosing spondylitis AS) 与人类白细胞抗原 B27 (human leukocyte antigen B27 HLA-B27) 的相关性以及和年龄性别有无相关性, 以期在早期的诊断中起到指导作用。

**方法** 选取滨州医学院附属医院 240 例进行 HLA-B27 抗原检测的门诊及住院患者, 采用流式细胞仪对其标本进行检测

**结果** 在 240 例患者中 HLA-B27 阳性人数为 61 人, 阳性率为 25.4%, 阴性率为 74.6%, HLA-B27 抗原阳性率男性明显高于女性, 且在 30 岁以下阳性率为 38.3%, 明显高于其他年龄段。61 名 HLA-B27 阳性患者中确诊为强直性脊柱炎的人数为 50 人, 176 名阴性患者中确诊强直性脊柱炎的人数为 3 人, HLA-B27 对诊断强直性脊柱炎的灵敏度为 94%, 特异度为 93.2%, 正确率为 93.3%。

**结论** 由此得出 HLA-B27 与强直性脊柱炎有一定的相关性, 并且与年龄和性别有关, 而且并非 HLA-B27 检测结果阳性就诊断为强直性脊柱炎, 也非 HLA-B27 检测结果阴性就不是强直性脊柱炎, 检测 HLA-B27 有助于强直性脊柱炎的早期发现, 早期治疗。

## PU-1743

**Clinical and molecular characteristics of hospital-acquired Clostridium difficile infection in Chongqing, Southwest China**

Wei Dai

Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

**Objective** Background This study was aimed to elucidate clinical and epidemiological features of hospital-acquired Clostridium difficile infection (HA CDI) and antibiotic associated diarrhea (AAD) in Chongqing, Southwest China.

**Methods** Case-case-control study was launched to identify clinical incidence and risk factors of HA CDI and AAD. Clostridium difficile (C. difficile) strains were tested for PCR ribotyping (RT) and multilocus sequence typing (MLST), toxin genes and antimicrobials susceptibility.

**Results** Among 259 suspicious patients, 122 were confirmed as AAD and 38 were identified with HA CDI. The incidence of AAD was 5.77 per 104 admissions, while that of HA CDI was 1.80 per 104 admissions. The severity of HA CDI was moderate. Chronic renal diseases and cephalosporins use prior to the onset of diarrhea were independent risk factors for patients to acquire HA CDI, while prior use of PPIs predicted the acquisition of non-C. difficile AAD. 55 unduplicated strains were assigned into 17 STs and 15 ribotypes (RT). Of 38 toxigenic isolates, 34 (89.5%) A+B+CDT-isolates, 3 (7.9%) A-B+CDT- isolates, 1 (2.6%) A+B+CDT+ isolates were found. RT449/ST2 and RT012/ST54 were the predominant toxigenic genotypes. Eight (14.5%) isolates were multidrug resistance (MDR), while none were resistant to vancomycin, metronidazole or tigecycline. A-B-CDT-strains were more resistant than A+B+CDT- strains.

**Conclusions** Different genotypes of C. difficile strains were witnessed in Chongqing, hinting that evolving insight into the surveillance of HA CDI is necessary. Adequate awareness of patients at high risk of HA CDI acquisition is advocated and cautious adoption of PPIs should be highlighted.

## PU-1744

## 检验科不合格标本原因分析及处理措施

李小琴

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 结合临床实践经验,分析检验科不合格标本(不含微生物标本)原因并提出改进措施,提高检验质量,确保结果的准确性。

**方法** 回顾性分析本院 2017 年 1 至 12 月不合格标本,并对不合格标本进行原因分析;对 2017 年住院标本不合格率前 10 位的科室,2018 年每月初重点沟通反馈不合格标本情况,统计分析 2018 年 1 至 12 月不合格标本数据,并与 2017 年做统计学分析。分别统计 2017 年及 2018 年的标本类型错误率、标本容器错误率、标本采集量错误率及抗凝标本凝集率并进行比较。按照标本来源对比分析门诊标本、体检标本、住院标本的不合格情况。

**结果** 2017 年不合格标本率(不含微生物标本)为 0.15%(3698/2426176),2018 年不合格标本率为 0.13%(3337/2589404),二者比较差异有统计学意义( $P<0.01$ )。门诊标本比较差异无统计学意义( $P>0.05$ ),住院标本比较差异有统计学意义( $P<0.01$ ),体检标本比较差异有统计学意义( $P<0.01$ );2017 年及 2018 年的标本类型错误率、标本采集量错误率及抗凝标本凝集率比较差异有统计学意义( $P<0.05$ ),标本容器错误率比较差异无统计学意义( $P>0.05$ );2018 年重点沟通反馈科室不合格标本率较 2017 年均有所下降,4 个科室差异有统计学意义( $P<0.05$ ),6 个科室差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 引起检验标本不合格的原因较多,通过定期及时向医护人员沟通反馈不合格标本情况,并对重点科室进行重点沟通,提出预防及改进措施,可以降低检验标本的不合格率,提高临床检验质量。

## PU-1745

## 共抑制受体 TIGIT 的基础与临床研究进展

邓垂文

北京协和医院风湿免疫科,风湿免疫病教育部重点实验室

**目的** 共抑制受体,又称免疫检查点受体,在调节免疫应答、维持机体免疫稳态中发挥着重要的作用。以共抑制受体为治疗靶点的生物制剂已研发并推广至临床应用。TIGIT 是近年发现的新的共抑制受体之一,因与经典共抑制受体 CTLA-4 有许多相似之处而备受关注。

**方法** 本综述拟对 TIGIT 相关基础和临床研究进展进行小结。

**结果** 共抑制受体是肿瘤、感染和自身免疫病研究领域的热点,在相关疾病中表达异常并参与疾病的发生、发展。

**结论** 共抑制受体 TIGIT 及其相关分子组合成为机体免疫调节系统的免疫检查点之一,在维持免疫稳态和自我耐受中发挥着重要的作用。TIGIT 相关免疫检查点的紊乱与自身免疫病等疾病密切相关,可能参与了疾病的发生和发展。深入研究 TIGIT 相关免疫检查点与疾病的相关性,将有助于理解其在疾病诊断、预后评价、靶向治疗和治疗监测中的意义。

## PU-1746

## 氨曲南/阿维巴坦对产两种碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的体外活性及诱导抗性

牛司强

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 氨曲南和阿维巴坦联合治疗由产金属酶肺炎克雷伯菌引起感染的报道少见,本研究旨在评价氨曲南和阿维巴坦联合应用对产双碳青霉烯酶(金属酶及另外一类碳青霉烯酶)肺炎克雷伯菌的体外活性及诱导抗性的机制。

**方法** 用肉汤微稀释法测定氨曲南的 MIC,对 5 株产金属酶(MBL)的肺炎克雷伯菌进行了体外诱导筛选,并进行下一代全基因组测序和基因克隆,探讨诱导耐药机制。

**结果** 我们检测了 70 株产生 MBL 的肺炎克雷伯菌分离株的 MIC,包括 15 株双产碳青霉烯酶菌。与单用氨曲南的药效相比,添加阿维巴坦(4 $\mu$ g/ml)可使产生碳青霉烯酶的肺炎克雷伯菌的药效提高 128 倍以上。1 株 NDM-1、Oxa-48、CTX-M-15 和 CMY-16 阳性的 ST101 肺炎克雷伯菌经体外诱导后对氨曲南/阿维巴坦耐药,全基因组测序表明该耐药突变体丢失了 *ndm-1* 基因,但在 CMY-16 中存在膜孔蛋白 *ompk35/36* 缺陷和氨基酸替代(*tyr150ser*, *asn346his*)。重组菌株构建证实了点突变(*tyr150ser*, *asn346his*)是氨曲南/阿维巴坦易感性降低的主要原因。

**结论** 氨曲南和阿维巴坦联合应用可能有助于治疗产生 MBL 的肺炎克雷伯菌感染。然而我们的研究表明,在 MBL 和 AmpC 共产菌株中氨曲南/阿维巴坦耐药的可能性是存在的,临床实践中应注意出现耐药的可能性。

## PU-1747

## 金纳米簇模拟酶可视化免疫传感器诊断弓形虫病

袁仕善,张玉娟,刘苗,杨盛清,唐小异

湖南师范大学

**目的** 克隆和表达弓形虫截短型主要表面抗原 1(tSAG1),建立诊断弓形虫病的金纳米簇模拟酶可视化免疫传感器。

**方法** 采用 PCR 自弓形虫速殖子基因组 DNA 中扩增 SAG1 基因 205 至 957 位核苷酸序列,构建原核表达质粒 pET-28a(+)-tSAG1,表达和纯化 tSAG1;谷胱甘肽法制备金纳米簇,与羊抗人 IgG 连接;将 tSAG1 包被微孔板,与人血清抗体结合后,再与金纳米簇-羊抗人 IgG 作用;加入柠檬酸三钠溶液及吗啉乙磺酸-水合物溶液稀释的过氧化氢反应 30min,再加入氯金酸溶液反应 1h,测定 550nm 处的光密度值;采用非参数检验分析各测定值,按小于或等于正常人血清 OD<sub>550</sub> 的均值-2 个标准差判定为阳性,计算灵敏度、特异度、预测值和诊断效率。

**结果** 构建了原核重组表达质粒 pET-28a(+)-tSAG1;表达纯化获得有免疫活性的 tSAG1;基于金纳米簇模拟酶性质构建的可视化免疫传感器检测弓形虫抗体的敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值、诊断效率分别为 80.00%、90.00%、88.89%、81.82%和 85.00%。

**结论** 基于 tSAG1 的金纳米簇模拟酶可视化免疫传感器检测弓形虫抗体可用于人弓形虫病的诊断。

## PU-1748

## 雌激素受体基因多态性与妊娠期糖尿病的相关性研究

翟玉娥,孙树凯,田清武,赵鹏,申井利  
青岛大学附属医院

**目的** 观察雌激素受体 (ER)  $\alpha$  和  $\beta$  基因多态性与妊娠期糖尿病 (GDM) 的关系。

**方法** 392 例 GDM 患者和 308 例糖耐量正常对照孕妇均来自 2016 年 5 月至 2017 年 12 月期间在淄博妇幼保健院糖筛门诊就诊的孕妇, GDM 诊断依据参照 2010 年美国糖尿病学会 (ADA) GDM 诊断标准, 采用 PCR-RFLP 方法对 ER $\alpha$  和  $\beta$  基因 (Xba I、Pvu II、Rsa I、Alu I 酶切位点) 多态性进行检测, 并采用 SHEsis 在线计算平台进行单体型分析。

**结果** 两组间 ER $\alpha$  Xba I 和 Pvu II 酶切位点以及 ER $\beta$  Rsa I 酶切位点的基因型及等位基因分布频率无显著差异 ( $P>0.05$ ); 而 ER $\beta$  Alu I 酶切位点的基因型及等位基因分布频率存在显著差异 ( $P<0.05$ ), 携带有 a 等位基因的个体发生 GDM 的风险是 A 的 1.559 倍 (95%CI: 1.161~2.095;  $P<0.01$ )。R-a 单体型在 GDM 组所占频率显著高于对照组 (OR=1.562, 95%CI: 1.162~2.099)。

**结论** GDM 的遗传易感性与 ER $\alpha$  基因多态性无关, 而与 ER $\beta$  基因多态性存在关联性, R、a 等位基因可能是其易感等位基因。

## PU-1749

## 检验医学在“治未病”诊疗中的应用

张鹏,李琦,徐佳  
中国中医科学院西苑医院,100000

**目的 摘要** 中医“治未病”理论对健康的整体把握以及预见性在健康促进中独具优势。

**方法** 但“治未病”的概念过于笼统,“未病”具体健康状态的界定较为含糊,诊断“未病”的依据往往显得不甚明晰,且中医“治未病”背后的辨证识机论治侧重于宏观调控。

**结果** 检验医学可提供客观准确的实验数据,有助于从微观角度发现疾病的病前、病传、病复状态。

**结论** 本文从“治未病”的“未病先防”、“既病防变”和“愈后防复”三个层面<sup>[1]</sup>探讨检验指标在“治未病”不同层面的应用。

## PU-1750

## Evaluation of the Sysmex UF-5000 automated urinalysis analyzer

Qi Li<sup>1</sup>,Jia Xu<sup>1</sup>,Yufeng Tang<sup>1</sup>,Xue Wen<sup>1</sup>,Pan Guo<sup>1</sup>,Zhenbao Song<sup>1</sup>,Fengmei Wang<sup>1</sup>,Peng Zhang<sup>1</sup>,Xiaohong Shang<sup>1</sup>,Chengbin Wang<sup>1</sup>  
1.Xi Yuan Hospital CACMS  
2.The PLA General Hospital

**Objective** In this study, our aim was to evaluate the performance of the Sysmex UF-5000 Automated Urine Formed Element Analyzer (UF-5000), which is a next-generation urine automated analyzer produced by the Sysmex Corporation.

**Methods** Two hundred sixty-nine samples were collected and examined using the UF-5000, the Sysmex UF-500i Automated Urine Formed Element Analyzer (UF-500i) and a visual microscopic

examination (VME) method for this study. There were 13 instrument test parameters, including five quantitative parameters and nine qualitative parameters.

**Results** For leukocytes (WBCs), erythrocytes (RBCs), epithelial cells (ECs) and CASTs, we observed a good correlation among the three methods. In addition, we observed that there was a good agreement among the three methods by the intraclass correlation coefficient (ICC) and a Bland-Altman plot, except for the ECs and CASTs. For qualitative items, the overall coincidence rate between the UF-5000 and VME were good and the  $\kappa$  values were all satisfactory.

**Conclusions** We conclude that the UF-5000 tested in this study showed more consistent results with VME than did the UF-500i. Furthermore, the UF-5000 has high applicability in screening urine for formed elements in the clinical setting.

## PU-1751

### 肠道菌群与糖尿病的相关性与治疗

岳志敏

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 近年来,糖尿病已经成为危害各行各业男女老少的一种疾病了,糖尿病的发病率却得不到控制,逐年上升。相关研究表明,糖尿病与肠道菌群有着密切的关系,肠道菌群的改变与糖尿病密不可分,通过饮食,益生菌,药物等方面可以改变肠道菌群,从而改善糖尿病,肠道菌群对糖尿病的防治有着重要意义。

**方法** 研究显示,糖尿病及其并发症除了与饮食、遗传、运动等有关外,肠道菌群也是一个很重要的影响因素。通过相关文献表明无论是 1 型糖尿病还是 2 型糖尿病的患者,其肠道内的菌群组成都发生了一些改变,证明了糖尿病的发生与肠道菌群存在一定的关系,并进一步推断了肠道菌群引起糖尿病的可能机制。

**结果** 引起 1 型糖尿病的机制主要涉及 3 个方面:异常的肠道菌群间的相互作用及其代谢产物、肠道黏膜通透性增高以及肠道内免疫应答的改变,引起 2 型糖尿病的机制可能与胰岛素抵抗、肠促胰岛素分泌有关。对血液和尿液等临床样本代谢组学分析显示,肠道菌群相关的其他代谢产物,如马尿酸、3 羟基马尿酸、甲基黄嘌呤等在糖耐量受损的患者里明显降低。这些研究的结果,进一步支持、验证了肠道菌群在糖尿病和糖尿病前期状态中的致病作用。

**结论** 目前研究的结果表明糖尿病患者中出现菌群失调现象,主要表现在肠道菌群的相对含量和多样性变化,进而引起物质代谢紊乱、免疫过程改变、炎症反应等引起糖尿病的发生及发展过程。目前主要治疗方法有以下几种,服用降糖药二甲双胍、阿卡波糖、胰高血糖素样肽-1 类似物 (GLP-1);饮食干预,高膳食纤维、地中海饮食;益生菌—粪菌移植;抗生素干预;香蕉粉干预。

## PU-1752

### 尿沉渣细菌定量细菌计数与尿液细菌培养对尿路感染的临床比较分析

秦婷婷,马萍

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨 UF-1000i 全自动尿液有形成分分析仪对尿液细菌计数及微生物尿液细菌培养对于尿路感染的诊断鉴别价值。

**方法** 选择新鲜尿液标本 280 例作为研究对象,将筛查方式分为对照组与试验组,对照组采用尿沉渣细菌定量计数对尿液标本进行筛查,试验组采取尿液细菌培养方法对尿液标本进行筛查诊断。对检查结果进行对比、分析。



**结果** 尿液细菌培养的筛查方式比尿沉渣细菌定量计数的筛查方式更为有效,且检查结果更为准确.两组差异有统计学意义( $P<0.05$ )。UF-1000i 全自动尿液分析仪对于尿路感染的诊断特异度为 85.1%, 敏感度为 71.7%。

**结论** UF-1000i 全自动尿液分析仪检测简易、快速, 细菌检测有助于及时辅助尿路感染临床诊断, 可作为临床筛查的手段。

## PU-1753

### 中草药通过自噬对前列腺癌双重调控的研究进展

徐佳,张鹏,李琦

中国中医科学院西苑医院,100000

**目的** 前列腺癌是最常见的恶性肿瘤之一, 在全球男性癌症相关死亡中排名第二, 激素治疗是对前列腺癌患者最有效的初始治疗, 但大多数肿瘤最终会对激素治疗产生耐药性, 进展为去势抵抗性前列腺癌, 增加治疗难度。

**方法** 近年, 自噬被认为在肿瘤发生和转移中起重要作用, 有关自噬对前列腺癌双重调控机制的研究越来越多, 自噬的生物学效应可能会随着疾病的分期发生变化。

**结果** 本文将自噬对前列腺癌双重作用机制的研究进行整理与阐述,

**结论** 并对中草药通过自噬影响前列腺癌发生发展的作用进行简要综述, 为进一步研究中草药、自噬、前列腺癌间的关系及确定去势抵抗性前列腺癌治疗的新靶点提供理论依据及思路。

## PU-1754

### 解脲脲原体 DNA 检测方法评价及人群感染情况分析

宗曾艳

1.深圳市罗湖区人民医院

2.安徽理工大学

**目的** 对实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 方法检测解脲脲原体核酸 (UreaplasmaUrealyticum DNA, UU) 进行方法学评价, 同时分析深圳市罗湖区人民医院 2018 年 1 月-12 月就诊患者生殖道 UU 感染情况

**方法** 依据性能评价相关要求文件及厂家声明, 对检测方法重复性、准确度、测定下限和抗干扰能力进行验证。检测 2018 年我院门诊和住院患者 UU 标本并统计分析

**结果** 该试剂盒检测结果重复性总阴阳性符合率均 $>95\%$ ; 准确度符合率为 100%; 最低检测限符合率 100%; 常见生殖道感染微生物不会产生交叉反应, 4%的内源性红细胞对检测结果没有干扰; 总的 UU 阳性率为 59.8%; 女性 UU 检出率显著高于男性 ( $\chi^2=525.613$ ,  $P<0.01$ ), 女性 $<30$ 岁检出率较高, 与 $>30$ 岁年龄组具有显著差异( $P<0.01$ )

**结论** qRT-PCR 检测方法灵敏度高, 重复性好, 抗干扰力强, 检测下限符合要求, 可用于临床检测; 本研究为 UU 感染诊断和治疗提供参考依据

## PU-1755

全自动化学发光法检测 17 $\alpha$ -羟孕酮的性能评价

单志鸣

1.郑州儿童医院

2.郑州大学附属儿童医院

**目的** 对安图生物 AutoLumo A2000 检测系统应用磁微粒化学发光法检测 17 $\alpha$ -羟孕酮的分析性能进行评价,验证其检测系统性能是否能够满足临床应用。

**方法** 参考美国临床实验室标准化协会 (CLSI) 系列文件制定评价方案,评价仪器精密度:选用室内质控品高低两个水平进行检测,每天 9 点测定 QC1 和 QC2 两次,15 点测定 QC1 和 QC2 两次,连续测定 10 天,共测得 40 组数据,根据测定结果统计分析批内和批间精密度;分析灵敏度:选择零水平浓度样本重复测定 20 次,统计测量结果的发光值,计算其平均值 ( $\bar{x}$ ) 和标准差 (SD),计算  $\bar{x}+2SD$  的发光值,将发光值带入  $\ln\text{-log}$  拟合的标准曲线方程中,求出对应的浓度值,即为灵敏度;线性范围验证:取 17 $\alpha$ -羟孕酮高值 (H) 和低值 (L) 血清各 1 份,按 4H+0L、3H+1L、2H+2L、1H+3L 和 0H+4L 配制成 5 个浓度,形成系列浓度血清进行测定,以稀释后的理论值为 X,实测值为 Y,在坐标图上计算回归方程:  $Y=\alpha X+\beta$ ,验证线性范围,判断标准为  $\alpha$  值在 0.97~1.03 范围内,线性相关系数  $R^2\geq 0.9900$ ;干扰试验:配制干扰物(1)血红蛋白 100、50、25mg/dL 三个浓度;(2)三酰甘油(TG)6、4、2g/dL 三个浓度;(3)胆红素:25、12.5、6.25g/L 三个浓度;(4)测定分析:选择已知浓度低水平样本和高水平样本各 3 份,每份样本分成 3 份,加入干扰物后每份样本测定 5 次计算分析干扰值:干扰值=各组均值-未加干扰物相应组的均值,干扰值在对照组 1.96s(95%可信区间)范围内为无显著干扰。

**结果** 分析批内精密度验证结果为 9.70%;分析批间精密度验证结果为 9.87%;分析灵敏度为 0.005ng/ml;线性相关系数  $R^2$  为 0.9998,浓度在 0.05~35ng/ml 范围内线性良好;参考区间偏差为-4.34%;干扰物 TBil 浓度高达 25g/L、TG 浓度高达 6g/dL 时,测定的 17 $\alpha$ -羟孕酮高、低水平样本的干扰值均在干扰限度值 (1.96s) 范围内,均不构成干扰。当 Hb 高于 50mg/dL 时,测定结果变异系数明显增大。

**结论** 研究结果显示,磁微粒化学发光测定 17 $\alpha$ -羟孕酮的精密度,灵敏度,线性范围验证均符合要求。综上,AutoLumo A2000 检测系统测定 17 $\alpha$ -羟孕酮的方法学性能良好,能够满足临床检测的需要。

## PU-1756

## 深圳市罗湖区儿童 EB 病毒感染状况及流行病学分析

王萌萌<sup>1,2</sup>,宗曾艳<sup>1,2</sup>

1.深圳市罗湖集团检验中心

2.安徽理工大学

**目的** 对 2018 年全年深圳市罗湖医院集团住院儿童进行 EB 病毒核酸流行病学分析,了解深圳市罗湖区儿童 EB 病毒感染情况;

**方法** 通过回顾深圳市罗湖医院集团 2018 年全年住院患儿 1616 例,对患儿的性别、年龄及感染季节,疾病类型等进行统计分析

**结果** 1616 例疑似 EBV 感染患儿 PCR 定量结果显示总体感染率为 23.37%,其中男性为 23.4%,女性为 28.7%。各个年龄组之间,差异具有统计学意义( $P<0.01$ ),其中学龄组 (6-12 岁) 阳性率最高 (45.1%)。秋季感染率最高 (32.0%),四季差异有统计学意义 ( $\chi^2=20.693, P<0.001$ ),支气管肺炎是 EBV 病毒感染引起的最常见疾病,发生率高达 40.19%;

**结论** 深圳市罗湖区儿童 EBV 感染率较资料报道偏低,秋季感染率最高。且随年龄增长感染有上升趋势,感染无性别差异。相关疾病主要以支气管肺炎为主,无相关重症疾病感染

## PU-1757

## siBCL-2 联合维生素 K2 抑制肝癌细胞 smmc-7721 机制的初步研究

姚玉亭

上海交通大学医学院附属第九人民医院,200000

**目的** siBCL-2 联合维生素 K2 能够协同抑制肝癌细胞 smmc-7721。siBCL-2 的作用机理主要在于通过抑制 BCL-2 基因过表达来增强细胞凋亡, VK2 能够通过调节细胞内 p53 的表达来抑制细胞增殖。本研究拟通过对 BCL-2 和 p53 基因介导的细胞凋亡及细胞周期的检测初步探索联合治疗导致细胞生长抑制的机制。

**方法** 用 FCM 和 Annexin-V 观察分析 siBCL-2 联合 VK2 作用 smmc-7721 细胞后细胞周期的变化以及早期凋亡情况; 用 Western blot 检测细胞株中 p53, p21, BAX 蛋白的表达; 用 Real time PT-PCR 检测细胞株中自噬相关基因 Map1lc3b 的表达; 以期初步探讨 siBCL-2 联合 VK2 对 smmc-7721 细胞增殖抑制的分子机制。

**结果** siBCL-2 转染 36 小时和 VK2 加药 24 小时后, 联合治疗组导致 smmc-7721 细胞 G2 期阻滞, 但并不引起早期凋亡。Western blot 检测, 联合治疗组显著提高细胞内 p53 和 p21 蛋白的表达, 对 BAX 的表达没有影响。Real time PT-PCR 分析, 联合治疗组能够显著提高自噬相关基因 Map1lc3b 在基因水平的表达。

**结论** 化学合成的 siBCL-2 能够抑制细胞中 BCL-2 的表达并使 p53 表达上调。同时联合化疗药物 VK2 的作用, 可进一步使 p53 下游激活产物 p21 蛋白的上调更加迅速和明显, 从而导致细胞周期的 G2 期阻滞, 抑制肿瘤生长。siBCL-2 联合 VK2 并不引起细胞凋亡, 但能够显著提高自噬相关基因 Map1lc3b 在基因水平的表达。

## PU-1758

## 应用血清 IgG4 检测诊断 IgG4 相关性肾病的病例分析

安云飞, 蔡蓓, 李立新

四川大学华西医院, 610000

**目的** IgG4 相关疾病 (IgG4-RD) 是一种全身性、免疫介导的不明原因纤维炎性疾病, 其特征涉及多种器官的独特病理特征。早期识别 IgG4-RD 对于避免永久性器官功能障碍和残疾非常重要。

**方法** 该患者是 47 岁, 男性住院病人。主要症状为腰背部不适 1+ 年。

体格检查: 可触及多个淋巴结, 如双侧耳, 下颌下, 颈前, 双侧腋窝, 腹股沟等, 最大约 2×3 cm。

常规生化结果: TP 107.3 g/L, ALB 28.6 g/L, GLB 78.7 g/L, ALT 247 IU/L, AST 318 IU/L, TBIL 22.8 ummol/L, DBIL 19.4 ummol/L, WBC 7.69 10<sup>9</sup>/L, LYM% 19.1, RBC 3.5 10<sup>12</sup>/L, Ca 199 81.99 U/ml, IGG 56.60 g/L, IGA 613 mg/L, IGM 680 mg/L, KAP 48.80 g/L, LAM 29.50 g/L, eGFR 61.05 ml/min/1.73m<sup>2</sup>。

骨髓细胞学分析表现为造血细胞增殖低下。

骨髓流式细胞术显示: 淋巴细胞分散且小焦点, 表面分子表现为 CD20 (+, p), CD3 (+, p), CD5 (+, p), Cyclin D1 (-), CD5 (-)。浆细胞表达 CD138 (+), IgK (+) 或 Igλ (+)。

**结果** 腹股沟淋巴结病理组织分析: 淋巴结正常结构, 淋巴组织增生伴淋巴滤泡形成, 髓鞘细胞浸润较多。

细胞免疫表型显示淋巴细胞表达 CD20 (+, p), CD3 (+, p), CD5 (+, p), CD30 (+, 少数转化细胞)。

浆细胞 CD138 (+), IgK (+, p), Igλ (+, p); IgG4 (+, 焦点区域 60-70/HPF)。

流式细胞分析未检测到 T, B 和 NK 细胞的异常表达细胞群。

肾脏的组织病理学分析: 肾小球病变伴有轻度硬化, 主要由肾小管间质性肾炎引起。免疫组织化学结果显示, 间质浸润浆细胞是 Kappa (部分细胞+) 和 Lambda (部分细胞+), IgG4 (+, 焦点区域 40-50 / HPF)。

血清 IgG4 浓度为 70.6g / L。

**结论** IgG4 相关性疾病现在被认为是多系统疾病, 几乎可以影响任何实体器官。临床中受影响器官体积增大同时伴有血清 IgG4 水平增高, 这与组织学表现为受累器官 IgG4 浸润具有很强的相关性和一致性。血清 IgG4 检测作为一种无创的检测手段可以作为诊断 IgG4 相关疾病的有效方法应用于临床。

## PU-1759

### Effect of dabigatran on routine coagulation indexes in patients with NVAF

Qi Li  
Xi Yuan Hospital CACMS

**Objective** The Aim of this study was to explore the distribution of coagulation indexes in patients after taking dabigatran and to analyze the effect of coagulation before and after treatment with dabigatran.

**Methods** Methods Taking 100 patients with Nonvalvular atrial fibrillation (NVAF) from Xiyuan Hospital of China Academy of Chinese Medical Sciences as research subjects, during the period from January 2017 to December 2018, taking dabigatran 110 mg twice a day. To collect clinical data of patients, including age, gender, serum creatinine concentration and routine coagulation index results, and analyzed by statistical methods.

**Results** Results Blood coagulation indexes of patients were skewed distribution after taking dabigatran. Our study revealed that Activated partial thromboplastin time (APTT) was significantly different in age and gender. There was significant difference for Antithrombin III (ATIII) in gender, D-dimer was significantly different in serum creatinine concentration ranges, and the difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). Meanwhile, it was also found that TT was greater than 150 seconds, the TT level of the age  $>75$  group was statistically significantly increased ( $P < 0.05$ ). After dabigatran treatment, D-dimer and Fibrin and Fibrinogen degradation products (FDP) had a good correlation ( $r=0.9934$ ;  $P < 0.01$ ), while APTT had a correlation with prothrombin time (PT) ( $r=0.5578$ ;  $P < 0.01$ ), other indexes have no correlation. Before and after dabigatran treatment, there were differences in PT, PTA, INR ( $P < 0.05$ ), the significant differences in APTT and TT ( $P < 0.01$ ), and the difference was statistical significance.

**Conclusions** Conclusions 1. Patients with NVAF, who older than 75 years old, or male, or blood creatinine concentration greater than  $90\mu\text{mol/l}$  are more sensitive to dabigatrinide and have a higher risk of bleeding. 2. After taking dabigatran, D-dimer has a good correlation with FDP, and APTT has correlation with PT. 3. Before and after taking dabigatran, PT, APTT and TT were significantly different in all

## PU-1760

### 人附睾蛋白 4 (HE4) 检测对卵巢癌的诊断价值

温怀凯, 李期凤  
温州医科大学附属第二医院, 325000

**目的** 探讨血清人附睾蛋白 4 (HE4) 检测对卵巢癌诊断的临床价值。

**方法** 总结分析 2018 年 2 月至 2018 年 9 月在温州医科大学附属第二医院、育英儿童医院治疗的卵巢癌及卵巢良性肿瘤患者 90 例, 根据病理活检结果, 分别分为卵巢癌组 45 例 (年龄 29~67 岁)、卵巢良性肿瘤组 45 例 (年龄 15~67 岁); 同期选择 45 例健康体检者作为对照组, 年龄 15~75 岁。采用电化学发光法检测各组血清 HE4 和 CA125 水平, 比较 HE4、CA125 单项检测与联合检测诊断卵巢癌的敏感性和特异性。

**结果** 通过对三组的检测结果分析, 发现卵巢癌组血清 HE4 和 CA125 表达水平显著高于卵巢良性肿瘤组和对照组, 存在显著性差异, 具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 血清 HE4 单项检测对卵巢癌诊断的敏感性和特异性均高于 CA125 单项检测, 而 HE4 与 CA125 联合检测诊断卵巢癌的敏感性高于单项检测, 联合检测能大大提高卵巢癌检测阳性率, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** HE4 是鉴别卵巢癌与卵巢良性疾病的良好指标, 并且是用于诊断卵巢癌的较好的血清肿瘤标志物之一, 联合检测 HE4 和 CA125 可提高卵巢癌诊断的敏感性, 提高卵巢癌的检出率, 它具有重要的应用价值, 值得在临床推广。但是, 血清学指标的检测, 受诸如仪器方法、人为操作、患者个体差异等因素影响而存在一定误差, 在实际应用中, 要引起重视。

PU-1761

## Influence of Sample Standing Time and Placement Method on Thromboelastography Detection

Qi Li

Xi Yuan Hospital CACMS

**Objective** Our goal is to explore the influence of different sample standing times and storage methods on the test results for thromboelastography (TEG) to provide a fundamental data for quality control.

**Methods** We collected anticoagulant samples from 63 healthy volunteers into sodium citrate buffered blood collection tubes and stored at room temperature for 15 minutes before TEG is recorded. Anticoagulant samples mixed with the activator for 3 minutes prior to testing was used as the control group. TEG test results for the anticoagulant samples tested after mixing with the activator and activated for 15 minutes, 30 minutes, 60 minutes and 120 minutes as well as anticoagulant samples stored at room temperature (20-25°C) for 1.5 hours, 2 hours, 4 hours, 8 hours and 24 hours and cold storage (4-8°C) for 4 hours, 8 hours are compared with the control samples.

**Results** There was no significant difference for the detection results between the immediate detection and the blood samples mixed with activator for 15 minutes ( $P<0.05$ ), but a significant difference for the detection results was observed when the activators mixed with blood samples longer than 15 minutes. The detection results for the blood samples stored at room temperature (20-25°C) within 2 hours and the results of immediate detection have no significant difference ( $P>0.05$ ). There was a significant difference for the detection results between the blood samples stored at 4-8°C for 4 hours and 8 hours compared to the samples stored at room temperature ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** According to our experimental results, to ensure the accuracy of the test results for thromboelastography, it is recommended that (1) blood samples should be stored at room temperature (20-25°C) and analyzed within 2 hours, (2) blood samples should be tested within 15 minutes after the samples were added into the vials containing an activator, (3) blood samples should not be refrigerated (4-8 °C) for TEG test.

## PU-1762

## 血管内皮生长因子、角蛋白 18、CEA、CA199、CA724 在胃癌诊断中的成本-效果分析

白玉

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 利用成本-效果分析探讨血管内皮生长因子(VEGF)、细胞角蛋白 18 片段(CK18)、癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 19-9(CA19-9)和糖类抗原 72-4(CA72-4)联合检测对胃癌的诊断价值。CEA 和 CA19-9、CA72-4 作为临床诊断胃癌的常用肿瘤标志物,已被许多研究证实。CK18 是细胞角蛋白家族成员之一,在原发胃癌及淋巴结转移灶中均有较高水平的表达,尤其在胃腺癌中,对病理无转移的患者,CK18 即可有淋巴结表达。VEGF 是所有肿瘤血管生成因子中唯一一种直接刺激内皮细胞(EIs)分裂增值的高度特异性的血管 EIs 有丝分裂原,它可以直接参与诱导肿瘤血管的生成。成本-效果分析(Cost-Effectiveness Analysis)是以特定的临床目的(如生理参数、功能状态等)为衡量指标,通过成本与效果的比值来表示获得单位效果所需的成本。在一系列检测或治疗方案比较中,如果最终效果相同或相近,选择成本效果比值最小的方案是更为合理的。本研究对检测的 5 种肿瘤标志物应用成本-效果分析,探讨在提高胃癌诊断同时又可减轻患者经济负担的检查项目组合,为临床诊断和医保提供依据,对合理使用国家、个人医疗资源费用意义重大。

**方法** 检测已确诊胃癌患者 120 例,胃良性病变者 70 例,健康体检者 95 例的血清 VEGF、CK18、CEA、CA19-9、CA72-4 含量,进行成本-效果分析。

**结果** 肿瘤标志物的联合检测,可以提高胃癌诊断的灵敏度和特异性,在试验中 5 种组合灵敏度最高(68.70%),特异性也较好(79.39%)。每增加单位效果的灵敏度所需追加的成本以 CK18、CA72-4 组合最低。

**结论** VEGF、CK18、CEA、CA19-9、CA72-4 组合灵敏度最高,对胃癌辅助诊断的价值也最大。CK18、CA72-4 组合为成本-效果比最小,适用于胃癌的高危人群筛查。

## PU-1763

## 探讨血清游离轻链在心肌淀粉样变性诊断中的应用价值

安云飞<sup>1</sup>,王晰晗<sup>2</sup>,蔡蓓<sup>1</sup>,李立新<sup>1</sup>

1.四川大学华西医院,610000

2.四川大学华西临床医学院,610000

**目的** 探讨血清游离轻链在心肌淀粉样变性诊断中的应用价值。

**方法** 本研究为回顾性分析,纳入 2015 年 1 月 1 日-2018 年 11 月 30 日期间四川大学华西医院内科限制性心肌病医疗组 129 例。筛选出具有较完整肾功能、心肌标志物、血清蛋白电泳、免疫固定电泳、血清游离轻链等实验室检查结果的病例共计 43 例。其中男 25 例,女 18 例,年龄 24~83 岁,平均年龄 60.5 岁,所有患者根据最终临床诊断分成两组。临床诊断为心肌淀粉样变的患者为病例组,共计 20 例;临床诊断为其他类型心脏疾病的患者为对照组,共计 23 例。收集纳入患者的临床基本资料如年龄、性别以及实验室指标中的肌酐(Cr)、估算肾小球滤过率(eGFR),肌红蛋白(Myo)、肌酸激酶(CK-MB)、NT-proBNP、肌钙蛋白(cTnI);血清蛋白电泳(SPEP)、免疫固定电泳(IFE)、血清游离轻链比值(dFLC)等进行统计分析。

**结果** 病例组与对照组肾功能实验室检查中的肌酐(Cr)、估算肾小球滤过率(eGFR)无明显差异,病例组肌红蛋白(Myo)、N 末端 B 型尿钠肽(NT-proBNP)、肌钙蛋白(cTnI)增高,但无统计学意义( $P>0.05$ )。病例组的血清蛋白电泳(SPEP)、免疫固定电泳(IFE)阳性率明显高于对照组,且差异有统计学意义( $P<0.05$ )。病例组的血清游离轻链比值(dFLC)明显高于对照组,且差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 将血清蛋白电泳、血清免疫固定电泳、血清游离轻链检测作为心肌淀粉样变性诊断与鉴别诊断的无创诊断指标进行临床应用。其中血清游离轻链比值 (dFLC) 的诊断特异度和灵敏度都较好, 诊断效能最佳。血清游离轻链联合血清蛋白电泳与免疫固定电泳检测可有效提高心肌淀粉样变性疾病的诊断效能。

PU-1764

## IL-27 对冠心病患者分型及诊断意义的研究

张琳,程妍,张俊峰,许军秀  
郑州大学第五附属医院

**目的** 分析程序性死亡配体-1 (PD-L1) 在冠状动脉硬化性心脏病患者外周血单个核细胞 (PBMC) 中的表达变化, 探究 IL-27 在冠心病发病机制及患者分型中的影响作用。

**方法** 选取郑州大学第五附属医院心血管内科收治的冠状动脉硬化性心脏病患者 30 例, 按照 WHO 关于冠心病诊断标准, 将患者分为稳定型心绞痛、不稳定型心绞痛、急性心肌梗死三组, 三组均经冠状动脉造影证实。采集三组人群外周抗凝血, 分离单个核细胞进行细胞培养。根据是否加入人重组 IL-27 共培养, 每组又分为 IL-27 共培养组和无 IL-27 组。应用流式细胞技术检测淋巴细胞表面 PD-L1 蛋白的表达情况, 分析 IL-27 是否会引起冠心病患者淋巴细胞表面 PD-L1 蛋白表达水平的改变。

**结果** 流式细胞仪检测结果显示, IL-27 共培养组的外周血淋巴细胞表面 PD-L1 蛋白表达水平高于无 IL-27 组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 且其 PD-L1 蛋白表达水平在急性心肌梗死组最高, 不稳定型心绞痛组略高于稳定型心绞痛组, 但是差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 冠心病患者体内淋巴细胞表面的 PD-L1 蛋白的表达可能在动脉粥样硬化斑块形成过程中起作用, PD-L1 蛋白表达水平越高, 冠心病患者冠状动脉受累程度越严重。且 IL-27 共培养组的各项指标均高于无 IL-27 组, 说明 IL-27 可能通过影响人外周血淋巴细胞表面 PD-L1 蛋白水平的表达从而在冠心病的发病机制中起作用。检测冠心病患者体内 IL-27 以及 PD-L1 蛋白的表达水平, 可能对临床上冠心病的诊断、分型以及治疗有辅助作用。

PU-1765

## PRKCI decreases the level of cell autophagy via PIK3CA/AKT-MTOR signaling

Liuqing Qu  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Objective: Autophagy is involved in various pathologies, including cancer formation and progression. Our study attempts to uncover the relationship of PRKCI and autophagy.

**Methods** Methods: In this study, we successfully constructed two novel PRKCI mutants, which induced autophagy and exhibited dominant negative effects. What is more, we monitored autophagy by using western blot, confocal microscopy and polyQ degradation assay, ect.

**Results** Results: It was found that PRKCI overexpression attenuates autophagosome formation. Conversely, PRKCI knockdown induces complete autophagic flux.

**Conclusions** Conclusion: We demonstrated that PRKCI is a negative regulator of autophagy in U2OS cells. Our studies found that PRKCI overexpression impairs autophagy, while PRKCI knockdown expression promotes autophagy. Our studies prove that PRKCI regulates autophagy through the PIK3CA/AKT-MTOR pathway.

## PU-1766

**心肌梗死后患者血浆中 IL-10 及 IL-35 水平的变化**

张宗山,李正民,张垒,王晓宇  
华中阜外医院

**目的** 急性心肌梗死(acute myocardial infarction, A—MI)可以引起炎症反应的各个表现,常伴随组织坏死和炎性细胞浸润,本论文主要探讨心肌梗死后患者血浆中 IL-10 及 IL-35 水平的变化。

**方法** 研究多种炎性介质参与梗死的过程,其中包括补体激活,白细胞介素释放,中性粒细胞聚集、浸润,急性期反应蛋白形成等

**结果** 急性心肌梗死是冠状动脉急性、持续性缺血缺氧所引起的心肌坏死,常伴有血浆中 IL-10 及 IL-35 水平的增高。

**结论** 急性心肌梗死是约半数以上的急性心肌梗死患者,在起病前 1~2 周有前驱症状,常伴有血浆中 IL-10 及 IL-35 水平的增高。

## PU-1767

**精益六西格玛管理在缩短门诊生化检验 TAT 时间中的应用**

莫殿军,张晓兰,崔文博  
赤峰学院附属医院

**目的** 将精益六西格玛引入门诊生化检验流程优化中,探索流程优化新路径为新形势下门诊生化检验流程优化提供参考。

**方法** 成立项目实施小组,确定以缩短我院门诊生化检验 TAT 时间的中位数和第 90 百分位数分别到 120 和 240 分钟以下为目标,利用实验室管理系统(LIS)对门诊生化检验标本进行实时监测。运用精益六西格玛,采用“定义—测量—分析—改进—控制”流程,对门诊生化检验全过程的数据进行收集、统计、分析,找到影响工作效率的瓶颈环节,确定消除实验室浪费、提高工作效率的方法,提出改善措施和解决方案,建立标准的操作规范及监管制度,定期进行检查和数据分析,监督措施落实及持续性,评估改进效果。

**结果** 应用精益六西格玛管理工具,通过完善 LIS 功能、提升实验室自动化程度、改进工作流程、提高工作人员岗位意识,有效地减少了非增值时间。使得我院门诊生化检验 TAT 时间的中位数和第 90 百分位数分别由改进前的 263 分钟和 376 分钟缩短到了 118 分钟和 217 分钟,为患者和医院都节约了时间。与此同时,患者和临床对检验科检验结果时效性的满意率由改进前的不足 50%提升到了 90%以上,检验检测效率和服务质量显著提高。

**结论** 精益六西格玛管理有助于减少临床检验 TAT 时间,提高检验检测效率,提升检验服务质量,提高患者和临床满意度。标本不合格率、血培养污染率、危急值通报及时率等其他医疗质量控制指标,也可以应用精益六西格玛管理工具进行持续改进。



## PU-1768

## Molecular analysis of enterovirus herpes virus in CSF and serum paired sample in children with suspected encephalitis

Sai Li,Liya Mo,Liping Li  
Hunan children's Hospital

**Objective** Objective To explore the positive rate of enterovirus and herpes virus detection in cerebrospinal fluid (CSF) and serum of children with suspected encephalitis.

### Methods

Method 365 pairs of CSF and serum specimens of suspected encephalitis children were collected in Hunan Children's Hospital from August, 2017 to February, 2018 Enterovirus (EV) and herpesvirus (HSV) were detected by one-step nested reverse transcription-PCR(RT-PCR) and real-time fluorescent quantitative PCR(qPCR) respectively. Morbidity of the two types virus and the period of existence in all kinds of samples were analyzed in children with suspected encephalitis.

**Results** Results 21.5% (75 cases) of the 365 children with suspected encephalitis were confirmed as Enterovirus encephalitis, and 9.3% (57cases) were confirmed as Herpes Simplex Virus Encephalitis (HVE) .

The Echovirus 6 (echo 6) infection was the predominant one in 75 children with enteroviral, accounting for 10.7% of 365 children. Then encephalitis of EV71 (6.3%), echo11(1.4%), Coxsackie virus A group 6 (CA6, 0.8%) and echo 30(0.28%), echo 9(0.28%), echo 4(0.28%) .

The Human herpesvirus 6 (HHV6) infection was the predominant one in 57 cases of herpesvirus encephalitis, accounting for 5.5% in 365 children. Followed by Cytomegalovirus (CMV, 4.9%), EB virus (Epstein Barr virus, EBV, 1.9%), Herpes simplex virus 1 (HSV1, 1.6%), Herpes simplex virus 2 (HSV2, 1.4%), Varicella zoster virus, VZV, 0.2%)

The longest time of Echo 6 and EV71 being positive in CSF and blood samples was 2 days and 7 days after the onset, respectively. But 3 days and 26 days for CMV, 2days and 12 days for HSV1, 7 days and 8 days for HHV6, and HHV6 could be positive more than 15 days in sputum.

### Conclusions

Conclusion the Echo 6, EV71 of EV, HHV6 and CMV of HSV are the main pathogens causing viral encephalitis in Hunan province in winter. The difference types of specimens could be selected according to the time of onset reasonably.

## PU-1769

## Ider(17)(q10)t(15;17) (q22; q21) with false negative RT-PCR analysis for PML-RARA in a case of acute promyelocytic leukemia

Yongming Liu,Limei Yu,Lina Chu,Yanhong Zhang,Hui Xiao,Li Ma,Weihua Wang,Riming Liu  
Yantai Yu Huang Ding Hospital

**Objective** We present a rare case of acute promyelocytic leukemia had Ider(17)(q10)t(15;17) (q22; q21), confirmed by fluorescence in situ hybridization, whereas the RT-PCR analysis for PML-RARA was false negative.

**Methods** A 26-year-old man was brought to our hospital with the chief complaint of periumbilical pain and bleeding gums for 7 days in December 2018. Bone marrow aspiration, flow cytometry analysis with the bone marrow, FISH and RT-PCR analysis for PML-RARA was performed at the initial diagnosis and during the treatment. RT-PCR analysis showed a false negative result,

therefore the sequence analysis of PML-RARA were conducted. Mutational analysis of AML related genes using high-throughput DNA sequencing technique was also performed.

**Results** This patient was diagnosed as low-risk APL with the rare karyotype of 46, XY, der (15)t(15;17) (q22;q21), ider(17)(q10)t(15;17)(q22;q21), which was further verified with FISH. RT-PCR analysis showed a false negative result, sequencing of this sample confirmed there is fusion between PML exon 6 and RARA intron 2 (variant form). According to the sequence analysis result, the new probes was designed and the RT-PCR analysis showed a positive result. Mutational analysis of AML related genes yielded negative findings in genes such as AML1, ASXL1, CEBPA, DNMT3A, FLT3, KIT, NPM1, TP53 and U2AF1. After completing induction chemotherapy with ATRA and arsenic trioxide, this patient was under MMR and HCR without any clinical symptoms or signs till now.

**Conclusions** RT-PCR is considered the most sensitive tool for diagnosing PML-RARA-positive leukemia. However, the false negative rate of RT-PCR for diagnosing PML-RARA is about 1%. FISH is a highly specific confirmatory test for diagnosis of APL, it is not easy to analyze low level signal patterns, such as 2-5%. Therefore, RT-PCR and FISH is recommended to be performed as parallel test for diagnosis of APL. The ider (17) (q10) t(15;17) (q22;q12) was found in about 1% of the reported secondary cytogenetic abnormalities in APL patients. The role of ider(17)(q10)t(15;17) (q22;q12) in APL is still an ongoing investigation and limited by the small number of published cases. In our experience, the clinical outcomes of this patient may be owed to 3 points, classified in the low-risk group, the early usage of arsenic trioxide combine with ATRA and vigorous supportive treatment to maintain  $PLT \geq 30 \times 10^9/L$  and  $FIB > 1500 \text{ mg/L}$ .

## PU-1770

# ICP-MS 法测定儿童全血中 5 种微量元素 检测结果分析

李飞

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 运用电感耦合等离子体质谱法(ICP-MS)直接测定儿童全血中 Cu、Zn、Ca、Mg、Fe 五种微量元素含量,为长春地区儿童的合理膳食提供理论依据。

**方法** 采集空腹静脉血 1-2ml,采用 0.1%TritonX-100 和 0.1% $\text{HNO}_3$  对血样稀释 20 倍混匀后直接用等离子体质谱仪进行分析。收集长春地区 2018 年在吉林金域进行体检的儿童全血微量元素数据,按年龄分为 3 组:0~1 岁、1~3 岁和 3~6 岁,分析不同年龄段儿童全血 5 种微量元素情况。

**结果** Cu、Zn、Ca、Mg、Fe 方法的检出限分别为 1.5ug/L, 0.0mg/L,0.1mg/L,0.0 mg/L,0.4mg/L;精密度<3.9%,加标回收率为 94.9-104.3%。三组儿童全血中 Fe、Zn、Ca 的含量差异显著 ( $P < 0.05$ ), Mg、Cu 的含量无显著差异 ( $P > 0.05$ );在 1572 例 0~6 岁儿童中,缺锌人数最多,占总检测人数 30.5%;缺铁人数占总检测人数 7.3%,缺钙人数占总检测人数的 5.8%,缺铜、镁元素的儿童最少;0-1 岁婴幼儿铁、锌元素缺乏率较高,1-3 岁幼儿钙元素缺乏率较高,但 3 组儿童微量元素缺乏率比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 随着儿童年龄的增长,其体内微量元素含量也会发生变化,婴幼儿(0~1 岁)主要存在锌、铁元素缺乏较高情况,1-3 岁幼儿钙元素缺乏情况相对比较明显,应该推进合理补充钙、铁、锌元素的膳食计划,并且增加人们对锌、铁元素的认识,积极宣传补锌、补铁,提高家长对微量元素的认知与重视;同时,ICP-MS 法可同时测定全血中多种微量元素的含量,方法操作简便、稳定、灵敏,准确度高,可用于临床大数据量分析。

PU-1771

## Mini-VIDAS 和 VIDAS PC 全自动荧光免疫分析仪使用探索

严莉

宜宾市第一人民医院,644000

**目的** 统计仪器使用前三年 Mini-VIDAS 和 VIDAS PC 全自动荧光免疫分析仪工作中的常见故障; 介绍故障排除方法及使用体会, 以供同行参考。

**方法** 仪器为法国梅里埃 Mini-VIDAS 和 VIDAS PC 全自动荧光免疫分析仪, 试剂均为法国梅里埃公司配套试剂。分别统计 2 台仪器前三年常见故障及故障率, 同时总结常见故障排除方法及使用体会。

**结果** Mini-VIDAS 全自动荧光免疫分析仪三年的故障发生数以第一年的故障数最高, 为 43 次, 且以温度故障发生率最高, 占全年总故障的 46.51%。经过对仪器安装环境的改进及相应日常使用操作的进一步熟练, 后两年的故障发生数呈逐年下降趋势。VIDAS PC 故障数较 Mini-VIDAS 全自动荧光免疫分析仪明显降低, 三年总故障数为 15 次, 其中温度故障 4 次, 机械故障 6 次, 其他故障 5 次。

**结论** Mini-VIDAS 全自动荧光免疫分析仪适合标本量相对较小的基层医院或大型医院用于某些项目的急诊快速检测, VIDAS PC 全自动荧光免疫分析仪适合标本量较大的大型医院, 各医院根据自身条件及相关需求选择合适的仪器。同时, 检验人员应对该仪器做好日常使用维护和能够排除常见故障, 才能确保检测结果的准确性, 更好为临床服务。

PU-1772

## Hsa\_circ\_0080145: a potential predictor biomarker contributes to cell proliferation and apoptosis in colorectal carcinoma

Wei Gao, Guoqiu Wu

Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** Circular RNAs have been reported to regulate tumorigenesis and served as a tumor target. The functional role and underlying molecular mechanism of circular RNA hsa\_circ\_0080145 in colorectal cancer (CRC) were still remain unclear. The purpose of this work was to consider the pattern of hsa\_circ\_0080145 expression, function and its biological significance in CRC.

**Methods** Thirty cases of CRC tissues and four CRC cell lines of hsa\_circ\_0080145 mRNA expression were analyzed by RT-PCR. Small interfering RNA (siRNA) were transferred into CRC cells to target hsa\_circ\_0080145. MTT assays and flow cytometer were used to analyze the effect of hsa\_circ\_0080145 on CRC cell growth and apoptosis in CRC cell lines. We also inspected the changes of Bcl-2 and Bax, which is responsible for cell proliferation and apoptosis. The restraint of hsa\_circ\_0080145 knockdown on phosphorylation of Akt was verified by western blot.

**Results** The outcomes indicated that hsa\_circ\_0080145 was distinctly overexpressed in all four CRC cell lines. As hsa\_circ\_0080145 was upregulated in CRC cell lines, RT-PCR demonstrated that hsa\_circ\_0080145 expression in CRC tissues was overexpressed compared with normal cases. Clinical pathological detection confirmed that high hsa\_circ\_0080145 expression were highly associated with CRC volume, and the serum content of hsa\_circ\_0080145 was significantly elevated comparing with healthy control group ( $P < 0.05$ ). Hsa\_circ\_0080145 level also increased in distinguishing CRC compared with normal group ( $P < 0.01$ ). In addition, Kaplan-Meier analysis found that increased hsa\_circ\_0080145 resulted in poor survival ( $P < 0.05$ ).

Further experiments illuminated that loss of hsa\_circ\_0080145 expression repressed tumor proliferation and resulted in apoptosis in vitro. Importantly, we demonstrated that Akt signaling inactivation after loss of hsa\_circ\_0080145 in CRC.

**Conclusions** This study supported the first evidence that hsa\_circ\_0080145 was a promising biomarker and a novel target for treatment of CRC in humans. Hsa\_circ\_0080145 may be served as a potential target for cancer therapeutics via regulation of Akt signaling pathway.

#### PU-1773

### 同型半胱氨酸、血尿酸、超敏 C 反应蛋白联合检测 在心血管疾病中的临床应用

郭先锋,王琳

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 探讨联合检测同型半胱氨酸(Hcy)、血尿酸(UA)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)水平对心血管疾病的临床意义。

**方法** 分别采用酶循环法(Hcy)、尿酸酶-过氧化物法(UA)和颗粒增强免疫透射比浊法(hs-CRP)检测急性心肌梗死(AMI)病人 46 例,冠状动脉病变(ACS)病人 50 例,我院体检中心健康体检者 50 名为对照组的血清 Hcy、UA、hs-CRP 水平,并进行比较。

**结果** AMI 组与 ACS 组、健康体检组血清 Hcy、UA、hs-CRP 检测比较差异有统计学意义( $P<0.01$ )。AMI 组与 ACS 组、健康体检组两两相比三项指标的检测相比差异均有统计学意义( $P<0.01$ )。急性心肌梗死病人血清 Hcy、UA、hs-CRP 水平最高。

#### 结论

血清 Hcy、UA、hs-CRP 水平与心血管疾病的发病有密切相关性,采用 3 项指标联合检测对临床心血管疾病的早期预防、辅助诊断及疗效观察可提供可靠的参考诊断数据。

#### PU-1774

### 三种试验方法(纸片法卫星试验,经典卫星试验, APINH 方法)对流感嗜血杆菌鉴别对比的探讨

王涛

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 对比分析三种试验方法对流感嗜血杆菌鉴别对比的探讨。

**方法** 利用 16SrDNA 纸片法, V+X 卫星试验、经典卫星试验, APINH 方法查出 1246 例呼吸道感染患者中,运用其患者的血液,痰液等标本分别接种于血琼脂平板,巧克力平板,中国蓝平板。35℃ 温箱培养 24h 之后,观察菌落的生长状况,对怀疑为流感嗜血杆菌的菌株,进行分离单个菌落培养,以此获得纯种菌落。之后通过三种不同的方法确认是否为流感嗜血杆菌,以 16SrDNA 的检测结果为金标准,对其他三种试验鉴定结果进行分析,进而对流感嗜血杆菌及其他菌属进行鉴别对比,以此分析三种试验方法哪种试验方法更可靠。

**结果** 检测结果如下,流感嗜血杆菌阳性率为: V+X 卫星试验 80.05%,经典卫星试验 63.89%, APINH 方法 94.44%。

**结论** 通过对三种试验方法的对比,为确保检验结果准确性, APINH 是流感嗜血杆菌鉴定的推荐方法,可以更好的提高流感嗜血杆菌的检出率。

## PU-1775

## NCI60 癌症细胞系转录因子蛋白质组学研究

周泉,李林海

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 转录因子在肿瘤发生发展及抗肿瘤药物治疗中具有重要的作用。NCI-60 癌细胞系是研究肿瘤生物学和用于体外药物筛选的经典工具。现有研究已经对 NCI-60 细胞系的各个层面,例如基因组,转录组,甲基化和蛋白质组等的研究,但是对转录因子在蛋白质组层面的研究尚有空白。本研究通过大规模转录因子富集方法与质谱技术联用,探究 NCI-60 细胞系转录因子表达谱,并结合已有药敏数据,筛选与抗肿瘤药耐药性相关的转录因子。

**方法** 利用 catTFRE 技术富集 NCI-60 细胞系核蛋白提取物中具有活性的转录因子,经过酶切后使用液相色谱联用质谱进行检测,确定每种转录因子的表达量。使用 CellMiner 中 NCI-60 细胞系对抗癌药物的 IC50 值,针对某一种特定药物,通过对敏感组和耐药组细胞转录因子表达量的比较,筛选可能与药物的耐药性或者敏感性相关的转录因子。另外,使用弹性网回归分析,在全局层面进行敏感性/耐药性转录因子的筛选。

**结果** 在 NCI60 人肿瘤细胞系的 59 种细胞中,共鉴定到转录因子 849 个,平均每种细胞系 380 个。按照其定量值分布可分为 3 类,485 个特异表达的转录因子;162 个普遍存在均匀分布;185 个普遍存在但是表达量分布不均匀。通过对单一药物分组比较,筛选出转录因子 IKZF1 与洛莫司汀和道诺霉素等药物的敏感性有关。通过弹性网分析,结果显示共有 1,237 个转录因子与药物之间的相关关系具有显著性,包括了 158 种药物和 137 种转录因子。

**结论** 本研究初步建立 NCI-60 细胞系转录因子蛋白质组学图谱,并从转录因子层面对 NCI-60 细胞系进行分析。初步筛选出与癌症治疗药物敏感性与抵抗性相关的转录因子。我们的数据表明,转录因子在癌症细胞中的表达情况,可以用于预测细胞对药物敏感性或者耐药性的一个生物指标,为之后的基础研究或者临床应用提供有效的支持。

## PU-1776

单核细胞高密度脂蛋白比对 ST 段抬高心肌梗死患者 PCI 术后  
心血管不良事件的预测价值

曹盛吉,冯丹

大连医科大学附属第一医院,116000

**目的** 近来,单核细胞与心血管疾病的相关性引起研究人员的关注,高密度脂蛋白已被证实是急性冠状动脉综合征致死率的独立预测因子。单核细胞高密度脂蛋白比(MHR),单核细胞计数除以血液高密度脂蛋白水平,已成为一种新的炎症和氧化应激的指标。我们旨在调查 MHR 与 ST 段抬高心肌梗死患者经皮冠状动脉介入治疗(PCI)后主要不良心血管事件(MACEs)的发生情况,为 AMI 危险分层提供一个新的临床标志物。

**方法** 对 2015 年 9 月—2016 年 3 月在我院接受经皮冠状动脉介入治疗(PCI)的 STEMI 患者 111 例,其中男性 82 人,平均年龄  $60.06 \pm 12.47$  岁,女性 29 人,平均年龄  $72.45 \pm 9.35$  岁。分别在入院即刻采取肘前静脉血分别用于检测外周血白细胞及单核细胞计数、C 反应蛋白(CRP)等,并在 24 小时内完成血脂、肝功能检测,入院 7 天内完成心脏彩超检查用于左心室的功能评价,并记录左室射血分数(LVEF)。详细调查记录患者的临床资料,分析各类因素与 ST 段抬高心肌梗死患者 PCI 术后心血管不良事件的相关性。

**结果** 1、本研究将收集到的 111 例 STEMI 患者根据其单核细胞高密度脂蛋白比的比值进行分组,分为三组。三组间两两对比分析显示,主要不良心血管事件的发生存在显著差异( $P < .01$ ),并且随

着 MHR 升高, MACEs 发生呈上升趋势。2、随着 MHR 水平增加, 白细胞和单核细胞计数、TnI 呈增高趋势, 总胆固醇和高密度脂蛋白呈下降趋势, 并差异有统计学意义( $P<0.05$ )。3、对相应指标进行单因素及多因素 Logistic 回归分析发现, MHR 的水平是主要不良心血管事件的独立危险因素, 是 STEMI 经 PCI 术后不良心血管事件的独立预测因子( $P<0.05$ )。4、对 MHR 的 ROC 曲线分析显示: 曲线下面积达到 77%, 有一定的预测价值, 并有统计学意义( $P<0.01$ )。

**结论** 单核细胞高密度脂蛋白比是对 ST 段抬高心肌梗死患者 PCI 术后心血管不良事件的独立预测因子。

## PU-1777

### Trichosporon dohaense, a Rare Pathogen of Human Invasive Infections, and Literature Review

Shuying Yu, Yingchun Xu

Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** *Trichosporon dohaense* is a rare fungal species which has not been described in human invasive infections. In this study, we investigated two *T. dohaense* isolates from patients with invasive infections in two hospitals in China, as part of the China Hospital Invasive Fungal Surveillance Net (CHIF-NET) program.

**Methods** Species identification was performed by the matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry supplemented by DNA sequencing as required. Antifungal susceptibilities were determined by Clinical and Laboratory Standards Institute document (CLSI) M27-A3 broth microdilution methodology.

**Results** Both patients were under immunocompromised conditions. On chromogenic agar, *T. dohaense* isolates were dark blue, similar to the color of *C. tropicalis*, but the characteristic moist colony appearance was quite different from *T. asahii*. The two isolates were misidentified as *Trichosporon asahii* and *Trichosporon inkin* by the VITEK 2 YST system. The rDNA internal transcribed spacer (ITS) region and D1/D2 domain sequences of the two *T. dohaense* isolates were 100% identical to *T. dohaense* type strain CBS10761<sup>T</sup>. Intergenic spacer region 1 sequence also clearly distinguished the species. Of three matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) systems, Bruker Biotyper and Autobio MS correctly identified the two isolates to species level, while Vitek MS systems misidentified them as *Trichosporon ovoides* or *Trichosporon asteroides*. Echinocandins exhibited no in vitro activities against the two *T. dohaense* isolates. In addition, the isolates exhibited intermediate susceptibility to fluconazole with minimal inhibitory concentration (MICs) of 8 and 16  $\mu\text{g/ml}$ , and itraconazole, voriconazole, posaconazole (MICs 0.25-1  $\mu\text{g/ml}$ ). *T. dohaense* demonstrated susceptibility to amphotericin B with MIC of 1  $\mu\text{g/ml}$ . The MICs of fluconazole and voriconazole in our study were higher than the MIC<sub>50</sub> of 62 *T. asahii* isolates (4 and 0.064  $\mu\text{g/ml}$ ) in the CHIF-NET program.

**Conclusions** In conclusion, this case study points to a possible emergence of *T. dohaense* as an opportunistic human invasive fungal pathogen, and the reduced susceptibility should be noted.

## PU-1778

### 术前传染病筛查核酸检测临床应用评价

李广波

上海市东方医院同济大学附属东方医院, 200120

**目的** 评价术前筛查三项 (HBV、HCV、HIV) 核酸检测在临床应用的可行性。

**方法** 留取常规检测术前筛查三项的临床样本标本，血清量大于 1mL 的样本 500 例，用全自动核酸提取仪及配套的磁珠法提取试剂抽提样本核酸，提取完成立即检测乙型肝炎病毒、丙型肝炎病毒、人类免疫缺陷病毒（1 型）核酸检测试剂盒检测病毒核酸。比较常规化学发光检测抗原、抗体筛查与核酸检测结果。结果不一致的标本用罗氏 CobasAmpliPrep/CobasTaqMan 病毒载量检测系统检测病毒载量

**结果** 三项病原体核酸检测共检出 14 例 HBV DNA 阳性标本，其中 8 例 HBsAg 阴性，未检出 HCV RNA 和 HIV RNA 阳性不一致标本。8 例 HBsAg 阴性样本检测 HBV DNA 载量，2 例未检测到 HBV DNA，5 例检测到 HBV DNA 阳性，载量小于 20IU/mL，1 例 HBV DNA 载量 23.6IU/mL。8 例 HBsAg 阴性样本中 1 例乙肝五项结果全阴，2 例 HBcAb 阳性，3 例 HBeAb 和 HBcAb 双阳性，2 例 HBcAb 和 HBsAb 低值双阳性。

**结论** 术前三项核酸检测优于常规化学发光检测。核酸检测有利于检测出窗口期和免疫系统异常的感染者，有利于临床对输血患者及手术病人的评估和管理，便于患者后续的复查及追踪。

## PU-1779

### 220 例高胆红素血症新生儿溶血病血清学检测

邓建东

湖南航天医院

**目的** 分析高胆红素血症新生儿溶血病（HDN）的血清学检测结果。

**方法** 择取我院 2013 年 9 月-2015 年 12 月收治的高胆红素血症患儿 220 例纳入本次实验研究，对所有患儿均进行直接抗人球蛋白实验、吸收放散实验、游离抗体实验。**结果** 所有患儿中显示 10 例为直接抗人球蛋白实验阳性，59 例为吸收放散实验阳性，43 例为游离抗体实验阳性；对所有患儿进行临床诊断后显示 130 例患儿为新生儿溶血病，其中检出 A 型患儿与 B 型患儿占据百分比分别为 48.46%与 51.54%，无其他血型的患儿，分析 A 型与 B 型患儿的性别所占百分比无明显差异， $P>0.05$ 。

**结果** 所有患儿中显示 10 例为直接抗人球蛋白实验阳性，59 例为吸收放散实验阳性，43 例为游离抗体实验阳性；对所有患儿进行临床诊断后显示 130 例患儿为新生儿溶血病，其中检出 A 型患儿与 B 型患儿占据百分比分别为 48.46%与 51.54%，无其他血型的患儿，分析 A 型与 B 型患儿的性别所占百分比无明显差异， $P>0.05$ 。

**结论** 临床上可采用“三项试验”对新生儿溶血病进行临床检测，为疾病的诊疗提供相关的参考依据。

## PU-1780

### Family-based analysis combined with case-controls study implicate roles of PCNT in Tourette syndrome

Longqiang Xu, Wenmiao Liu

The Affiliated Hospital of Qingdao University,

**Objective** Tourette syndrome (TS) is a childhood-onset neuro-developmental disorder characterized by the presence of multiple motor and vocal tics for at least one year and the genetic factor plays an important role in its etiology. As Pericentrin (PCNT) binds to disruption-in-schizophrenia 1 (DISC1) and involves in a risk factor for many mental illness, we aim to investigate the effect of polymorphisms of PCNT on a risk of TS in the Chinese Han population.

**Methods** A total of five tag SNPs (rs17371795, rs2839227, rs2839228, rs6518291 and rs9983522) in PCNT were screened in 407 TS nuclear families trios and 506 health persons by the TaqMan assays Real-Time. A common case-control study was designed to recognize differences in the genetic distributions of those polymorphisms of PCNT in TS children and

controls by Pearson's Chi-square. Additionally, we conducted a family based association study including transmission disequilibrium test (TDT), Haplotype relative risk (HRR) and Haplotype-based haplotype relative risk (HHRR) for these SNPs.

**Results** The allele frequencies revealed a significant difference of rs17371795, rs2839227 and rs2839228 between TS patients and controls (for rs17371795:  $\chi^2=9.577$ ,  $P=0.002$ ,  $OR=0.691$ ,  $95\%CI=0.547-0.874$ ; for rs2839227:  $\chi^2=10.488$ ,  $P=0.001$ ,  $OR=0.682$ ,  $95\%CI=0.540-0.860$ ; for rs2839228:  $\chi^2=4.187$ ,  $P=0.028$ ,  $OR=0.775$ ,  $95\%CI=0.618-0.973$ ) and genotypic distributions showed a positive association only in rs17371795 and rs2839227 (for rs17371795:  $\chi^2=9.137$ ,  $P=0.010$ ; for rs2839227:  $\chi^2=9.671$ ,  $P=0.008$ ). However, there was no over-transmission of the allele in a family-based association for these SNPs.

**Conclusions** Our study suggest genetic variability at PCNT locus may be associated with TS risk in the Chinese Han population.

## PU-1781

### 关于开展结直肠癌筛查检验项目便潜血数值化检测的应用

黄阿莉

北华大学附属医院,132000

**目的** 大肠癌等大肠疾病患者早期无临床症状,且进展缓慢(从早期癌症发展到进展期癌症大约需要10年时间)如果能早期发现,手术切除后,90%患者深知不需要化疗,预后五年生存率高于90%,现关于免疫乳胶颗粒(数值法)与化学法及免疫胶体法三种检测方法进行比较。

**方法** 三种检测方法比较(见表)

化学法免疫胶体金法免疫乳胶颗粒法 IFOBT

(数值法)

样本采集采便繁琐,

不能定量采便困难,

不能定量采便简单、卫生

可以定量

检测结果定性定量

保存时间2小时2小时常温7天,冷藏14天

检测原理化学反应胶体金颗粒,单克隆抗体乳胶颗粒,多克隆抗体

准确性低中高

医疗安全保障差,直接接触样本差,直接接触样本安全不接触仰恩,干净卫生

适用范围门诊,住院门诊,住院,集团体检

影响因素饮食,药物无

**结果** 通过对上述三种不同检测方法比较,应用数值化免疫法可检测在便里的微量血液,既对人红细胞的血红蛋白有特异性,有更好的检出率,三者之间差异有统计学意义(100%Vs、84.2%、 $P<0.01$ ),对于大肠息肉的阳性率免疫法比化学法亦有更好的检出率(38.66%Vs、10.8%、 $P<0.01$ ),提示免疫法对于肠道微量出血具有较高的敏感性。在炎症性肠病和非特异性肠炎的病人中两种方法的阳性率均无明显差异( $P<0.01$ ),而炎症性肠病和检查肠癌同为出血性疾病,考虑炎症性肠病患者的出血量比较多,化学检出率亦较高,免疫法便潜血对结直肠癌、大肠息肉、炎症性肠病的阳性率(分别为100%、41%、100%),明显高于化学法;对以上三种疾病的阳性率(分别为87%、11%、52%),而且IFOBT阳性值与息肉最大长径,数目呈明显正相关,且随腺癌绒毛成分递增而增大,提示IFOBT可在一定程度上有望降低结直肠癌的发病率和死亡率,是大规模集体普查结直肠癌较简便易行的筛选方法。

**结论** 开展全自动数值化定量粪便隐血实验(IFOBT)有重大意义。

1, 定量数值化的检测结果,可以对出血量进行准确客观判断。

2, 对高危人群能够有效地发现和及时的治疗。



- 3, 有效的配合内窥镜的精密检查治疗, 提高内视镜的检出率, 治愈率上升。
- 4, 早发现, 早治疗。
- 5, 这种非侵入性, 无创伤, 无痛苦, 快速简单, 准确方法, 且有效避免交叉感染的诊断方法是用于健康体检很好的选择, 受试人群广泛。

## PU-1782

### 探讨肺癌患者外周血中髓源性抑制细胞的临床意义

彭蓉蓉

溧阳市人民医院,213000

**目的** 研究肺癌患者外周血中髓源性抑制细胞(myeloid-derived suppressor cells, MDSCs)比例的变化, 分析其与 T 淋巴细胞亚群的关系, 探讨其临床意义。

**方法** 选取 20 名健康体检者和 30 例肺癌患者, 收集其外周血; 此外, 选择其中 15 例术后 30d 的肺癌患者, 收集其外周血。用流式细胞术检测外周血中 HLA-DR<sup>+</sup>CD33<sup>+</sup>CD11<sup>+</sup>MDSCs 的比例和 T 淋巴细胞亚群的比例, 并分析两者的相关性。

**结果** 与健康对照相比, 肺癌患者外周血中 HLA-DR<sup>+</sup>CD33<sup>+</sup>CD11<sup>+</sup> MDSCs 的比例明显增高 ( $P<0.05$ )。肺癌患者组 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>T 细胞比值均明显低于健康对照 ( $P<0.05$ ), 但 CD8<sup>+</sup>T 细胞比例则高于健康对照 ( $P<0.05$ )。肺癌患者术后外周血中 MDSCs 比例明显低于术前 ( $P<0.05$ )。淋巴结转移患者外周血中 MDSCs 比例明显高于无淋巴结转移患者 ( $P<0.05$ ), III~IV 期肺癌患者明显高于 I~II 期患者 ( $P<0.05$ )。肺癌患者外周血中 MDSCs 比例与 CD4<sup>+</sup>T 细胞比例呈负相关 ( $r=-0.5244$ ,  $P<0.05$ ), 与 CD8<sup>+</sup>T 细胞比例呈正相关 ( $r=0.4449$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 肺癌患者外周血中 MDSCs 的比例增高, 与 T 淋巴细胞亚群数量相关, 可能对机体免疫具有抑制作用。

## PU-1783

### 从单细胞到类器官的微流控芯片抗肿瘤药物筛选

刘大渔, 林冬果, 李佩文

华南理工大学附属广州市第一人民医院

**目的** 体内与体外环境的差异以及肿瘤细胞的异质性是抗肿瘤药物筛选面临的重大挑战。针对上述问题, 作者课题组发展了一系列基于微流控芯片的抗肿瘤药物筛选技术。

在单细胞层面, 我们针对肿瘤干细胞异质性发展了一种单细胞克隆形成实验, 用于肿瘤干细胞特异性药物筛选。该研究的原理是肿瘤干细胞能够在单细胞状态下生存并形成克隆, 而非肿瘤干细胞则会在单细胞状态下发生失巢凋亡。将利用这种方法分选的肿瘤干细胞暴露于抗肿瘤药物, 能够有效抑制单细胞克隆形成的药物则具有肿瘤干细胞特异性。

在类器官层面, 我们针对微环境的细致仿真发展了一种包含实质、间质和血管内皮层的肿瘤类器官阵列。结合移液工作站的使用, 该芯片系统可以实现包括细胞进样、培养、药物作用和检测的全过程。我们利用该芯片系统尝试了正交组合抗肿瘤药物筛选, 意在仿真微环境条件下实现高效的抗肿瘤药物筛选。

**方法** 见附件

**结果** 见附件

**结论** 研究发展了基于微流控芯片的单细胞和类器官层面抗肿瘤药物筛选方法。利用微流控芯片单细胞技术可以甄别肿瘤干细胞异质性, 实现肿瘤干细胞的分选和肿瘤干细胞特异性药物筛选; 利用微流控芯片类器官技术可以最大程度地仿真体内微环境, 从而在仿真条件下获得肿瘤细胞对于药物

的反应结果。上述微流控芯片抗肿瘤药物筛选技术具有高通量、操作简便、仿真度高和分辨力强的优势，可以为肿瘤个体化精准用药提供有利的工具。

## PU-1784

### Establishing reference intervals for urine and serum iodine levels: a nationwide multicenter study of a euthyroid Chinese population

Songlin Yu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Urinary iodine (UI) is commonly used for evaluating iodine status, whereas serum iodine (SI) is more closely correlated with bioavailable iodine. However, no reliable reference intervals (RIs) for clinical use are available. We aimed to establish RIs for SI, UI, and a ratio of UI to urinary creatinine (U-Cre) applicable to Chinese population.

**Methods** This multicenter cross-sectional study enrolled 930 apparently healthy adults from six representative cities in China (Beijing, Dongying, Guiyang, Urumqi, Shenzhen, and Qiqihar) in 2017. Thyroid ultrasonography and thyroid function tests, including antithyroid antibody tests, were performed to exclude individuals with latent thyroid diseases. An iodine intake-related questionnaire survey was performed. SI and UI were measured using inductively coupled plasma-mass spectrometry. Factors possibly affecting iodine levels were evaluated using multiple regression analysis.

**Results** Post-exclusion, the final analysis included 894 individuals. Seafood intake frequency was positively correlated with SI (standardized partial regression coefficient=0.23) but not with UI and UI/U-Cre. Serum SI was positively correlated with serum TT4 (Spearman correlation coefficient:0.40), TT3 (0.23), and FT4 (0.18). SI and UI showed no age- or sex-specific variations. Significantly higher UI/U-Cre values were observed in Qiqihar than in Beijing, Guizhou, and Shenzhen. Shenzhen showed the lowest UI levels among all evaluated cities. We derived RIs for SI, UI, and UI/U-Cre with/without partitioning by city.

**Conclusions** We established RIs for UI and SI among healthy Chinese individuals without thyroid nodule nor dysfunction.

## PU-1785

### 一例粘多糖贮积症 I 型病例报道及遗传学分析

李国强,胥雨菲,姚如恩,王剑

上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心,200120

**目的** 粘多糖贮积症 I 型 (Mucopolysaccharidosis type I, MPS I) 是一种常染色体隐性遗传的溶酶体病, 患者可表现为频繁的上呼吸道感染、身材矮小、皮肤厚、面容丑陋、角膜混浊、脐疝、肝脾大、驼背和关节活动受限等。该病由位于人类染色体 4p16.3 的  $\alpha$ -L-艾杜糖醛酸酶 ( $\alpha$ -L-iduronidase, IDUA) 基因突变导致。目前此类疾病国内报道不多, 本研究对国内一例 MPS I 患者进行临床表型和基因突变研究, 以期提高临床医师对本疾病的认知。

**方法** 在签署知情同意后, 抽取患者及母亲的静脉血, 提取基因组 DNA, 运用高通量测序技术以及 Sanger 测序, 分析验证患者的致病基因。

**结果** 患者为 6 岁男孩, 主要表现为肝大、多发骨骼畸形、爪形手、双腿不直。测序结果表明患者 IDUA 基因存在复合杂合突变 (c.536 C>G,p.Thr179Arg; c.1898 C>T,p.Ser633Leu), 根据 ACMG 发布的序列变异解读指南, 这两个突变均为可能致病性变异。

**结论** 根据临床表型和基因测序结果, IDUA 基因突变是该患者的遗传学病因。

PU-1786

## 密码子优化提高 PD-L1 在毕赤酵母中表达产量 及抗原性分析

王清  
青岛大学附属医院

**目的** 虽然有大量的资料证实了密码子优化可以提高毕赤酵母表达,但是也有不同的观点,表达量的多少,除了宿主对密码子的偏好之外,还有其它原因如表达的目的片段不同,载体的类型等等。本研究表达 PD-L1,用于制备抗体、检测方法外,还通过野生型和合成基因表达的量的差别,进一步验证优化密码子对表达的影响

**方法** 根据 Gene Bank 公布的 PD-L1 mRNA 序列进行分析,按照 P.pastoris GS115 表达系统密码子偏好,优化基因序列,合成 PD-L1 基因经同义密码子修改后,所编码蛋白质的氨基酸序列并未发生变化。根据基因序列的分析结果,人工合成 PD-L1,连接毕赤酵母表达载体 pPIC9K。用电穿孔法转化 P. pastoris GS115,在 MD 平板上筛选重组克隆,用 G418 快速筛选高拷贝转化子,阳性克隆经甲醇诱导表达后,培养上清用十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)鉴定。重组蛋白的免疫原性经 Western blot。

**结果** 表达产物分子量约 34KD,优化后的人 PD-1 基因在 3 株 P. pastoris 转化菌种得到了高效表达,表达量占分泌总蛋白 80%以上,产物浓度为 750~910mg/L,明显高于未优化的 P. pastoris 转化菌种。Western blot 和动物实验显示重组蛋白较好的免疫原性。

**结论** 密码子优化后 cys C 在 P. pastoris 中获得高效分泌表达,可用于制备抗血清和诊断试剂标准品

PU-1787

## Glycated Albumin Regulates Renal Injury-Associated Molecules and Toll-like Receptor Signaling Pathway and the Intervention Effect of Oleanolic Acid

Nan Duan, Haixia Li, Chenwei Huang  
Peking University First Hospital

**Objective Objective** To investigate the effects of glycated albumin (GA) and oleanolic acid (OA) on the expression of kidney injury molecule-1 (KIM-1), neutrophil gelatinase-associated lipocalin (NGAL) and Toll-like receptor signaling pathway in human proximal tubular epithelial cells (HK-2 cells).

**Methods Methods** The HK-2 cells were treated with GA, GA and OA for 24h. The mRNA expressions of KIM-1, NGAL, p38 mitogen activated protein kinase (MAPK), interleukin-1 receptor-associated kinase 4 (IRAK4), Toll-like receptor (TLR) 1, TLR2, TLR7 and TLR9 were detected by real-time PCR. The releases of KIM-1 and NGAL in the supernatants were detected by ELISA. The protein productions of p38 MAPK, IRAK4, TLR-1, TLR-2, TLR7 and TLR9 were measured by western blotting.

**Results Results** Compared with control group, GA could significantly up-regulate the mRNA and the protein levels released in supernatants of KIM-1 and NGAL ( $P < 0.05$ ), and promoted the expression of p38 MAPK, IRAK4, TLR-1, TLR2 mRNA and protein in HK-2 cells ( $P < 0.05$ ). Adding OA could significantly inhibit these effects ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions Conclusion** GA can up-regulate the expression and release of KIM-1 and NGAL, and activate the Toll-like receptor signaling pathway, suggesting that GA could play an important role in regulating renal injury. OA had effective intervention effect on GA.

## PU-1788

## Clinical manifestation and genetic mutations in two cases of Dent disease and one case of Fanconi syndrome

Nan Duan, Haixia Li, Lu Pang  
Peking University First Hospital

**Objective** Dent disease is an X-linked form of progressive renal disease characterized by hypercalciuria, low molecular weight (LMW) proteinuria and proximal tubular dysfunction, caused by mutations in CLCN5 (Dent disease 1) or OCRL (Dent disease 2) genes, respectively. Fanconi syndrome is a consequence of decreased water and solute resorption in the proximal tubule of the kidney. The appearance of Fanconi syndrome caused by proximal tubular dysfunction such as Dent disease usually occurs in early stage of the disease.

**Methods** The clinical and laboratory data of three boys were analyzed retrospectively. Genomic DNA was extracted from the peripheral blood of the patients and genetic analyses of these cases were performed.

**Results Case presentation:** Our three cases were boys of 3-year-old, 10-year-old and 14-year-old. Proteinuria was showed as the first impression in all cases. All three boys presented with LMW proteinuria and elevated urine microalbumin. Case 1 revealed mutation in exon 11 of the CLCN5 gene [NM\_001127899; c.1444delG (p.G483Vfs\*21)] and was diagnosed as Dent disease 1. Case 2 carried the homozygous deletion mutation in exon 3 and 4 in the OCRL gene NM\_000276.3, and this boy was diagnosed as Dent disease 2. Genetic analysis of Case 3 showed a p.R63W mutation in the HNF4A gene (c.187C>Tchr20-43034835\*1p.R63W) that is responsible for Fanconi syndrome.

**Conclusions** Urine protein electrophoresis should be performed for patients with proteinuria. When patients have LMW proteinuria and/or hypercalciuria, definite diagnosis and identification of Dent disease and Fanconi syndrome requires further genetic analyses.

## PU-1789

## Circulating Exosomal lncRNA POU3F3 As Potential Biomarker for esophageal squamous cell carcinoma

Suzhen Yan, Lutao Du, Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) is one of the most common malignant cancers worldwide especially in Eastern Asia and the prognosis of ESCC remain poor. Exosomes are bioactive vesicles secreted by cells into surrounding body fluids, and have major impact in cancer development. Recent studies have demonstrated that long non-coding RNAs (lncRNAs) were present in the circulating exosomes of cancer patients and have shown great potential as powerful and non-invasive tumor markers. The aim of our study was to identify serum exosomes lncRNA expression in patients with ESCC for diagnosis and prognosis prediction.

**Methods** Exosomes were isolated from serum of ESCC and healthy subjects by ExoQuick precipitation kit and confirmed by transmission electron microscopy, Western blot, flow cytometer and NanoSight analysis. Then, 31 lncRNAs which previously found to be differently expressed in esophageal cancer were selected as candidate targets to investigate in 34 ESCC and matched adjacent normal tissues via quantitative real-time PCR. Identified lncRNAs were further confirmed in serum exosomes on training and validation sets.

**Results** Consequently, lncRNA POU3F3 was finally identified by qRT-PCR for the diagnosis of ESCC. The results showed that the expression levels of lnc-POU3F3, was significantly higher in ESCC serum exosomes than in normal controls ( $p < 0.001$ ), and no other lncRNAs showed significant differential expression between ESCC and normal control samples. Furthermore, the

expression level of lncRNA POU3F3 was significantly higher in patients with advanced stage. The areas under the receiver operating characteristic curve (AUC) of the POU3F3 were 0.717 and 0.707 for the training and validation stages, respectively. In addition, Kaplan–Meier analysis showed that patients with high levels of POU3F3 had significantly lower survival rate ( $p < 0.001$ ). In multivariate Cox regression analysis, POU3F3 was independently associated with tumor prognosis of ESCC ( $p=0.004$ ).

**Conclusions** Our study identified serum exosomes lncRNA POU3F3 as a biomarker for ESCC diagnosis and demonstrated POU3F3 as an independent prognostic factor for ESCC prognosis prediction.

## PU-1790

### 出凝血筛选试验流水线的应用及优化

寿玮龄,陈倩,张建平,吴卫  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 西门子 Aptio 2 自动化流水线、Sysmex CS-5100 全自动凝血分析仪和实验室信息系统 (LIS) 组成自动化系统可帮助实验室实现出凝血检测智能化管理。探讨流水线应用过程中程序和流程的改进对出凝血筛查项目检测质量的改进。

**方法** 本实验室结合实际工作情况和出凝血检测质量管理要求,通过改造纯水管理系统,优化 Centralink 中间件软件和实验室信息系统,实现在样本管理,样本检测流程,急诊样本优先上线检测,指定检测仪器,LIS 界面颜色区分,超时提醒,在线复检等方面的智能化管理,并有效结合凝血分析仪自动换瓶质控功能

**结果** 在样本量逐渐增加的情况下,减少了人工分拣等工作,满足出凝血筛选试验检测的要求,提高了工作效率和质量。

**结论** 同时结合智能化管理系统,建立出凝血筛查试验的复检规则,实现智能化审核是实验室的下一步工作。

## PU-1791

### SLCO1B1 基因多态性与老年人服用他汀类药物在心血管疾病预防作用的相关探讨

雷秀霞  
广州市第一人民医院,510000

**目的** 他汀类药物被广泛应用于心血管疾病的预防与治疗,但疗效存在个体差异,甚至出现副作用。SLCO1B1 基因多态性被认为是他汀类药物药效及不良反应发生的因素之一。目前缺乏关于老年人应用他汀类药物的安全性及有效性相关研究。

**方法** 回顾性选择 2016 年 10 月至 2018 年 11 月在广州市第一人民医院行 SLCO1B1 基因多态性检测的无血缘关系的汉族人群 6146 例为研究对象,对其进行 SLCO1B1 388A> G 和 521T> C 多态性基因分型。从中选取年龄大于 50 岁且服用他汀类药物的患者 233 例及 2289 例病案完整的不分年龄段患者,回顾性统计相关疾病患病情况。在 233 例患者中选取 57 例连续服用他汀类药物大于 4 周且年龄大于 70 岁的老年患者作为服药组,另外选取 61 例无服药患者作为对照组,同时分析两组患者血浆肌酸肌酶 (CK),丙氨酸氨基转移酶 (ALT),天冬氨酸氨基转移酶 (AST),甘油三酯 (TG),总胆固醇 (TC),低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 和高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C) 基线水平,及服药 4 周后上述各指标水平。

**结果** Logistic 回归分析结果显示, 年龄大于 50 岁的老年患者组年龄、糖尿病可能是冠心病的独立危险因素, 而 2289 例病不分年龄段患者组高血压、年龄、糖尿病均为冠心病的独立危险因素。服药组服药后与对照组相比, TC 和 LDL-C 具有显著差异 ( $P<0.05$ )。服药组中, 不同 SLCO1B1 基因 521T>C 多态性患者服用他汀类药物前后血脂变化百分比无显著差异 ( $P>0.05$ ); 而在 388A>G 中, 具有 A 等位基因的患者服药 4 周后, 其血清 TC 和 LDL-C 水平显著下降, 变化百分比差异比较具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 老年人群中, 常规或低剂量服用他汀类药物, SLCO1B1 基因 521T>C 多态性对他汀类药物的降脂效果无显著影响; 应用他汀类药物对老年人群的心血管疾病一二级预防可能是有效及安全的。

## PU-1792

### 阿里地区世居藏族人群血管性血友病因子抗原水平研究

寿玮龄, 吴卫, 李洪雷, 王丹晨, 邱玲  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 探讨阿里地区世居藏族人群血管性血友病因子抗原水平。

**方法** 收集阿里地区世居表观健康藏族人群枸橼酸盐抗凝样本 452 例, 进行血管性血友病因子抗原 (vWF: Ag) 检测, 分析其不同性别、年龄和 ABO 血型中的分布, 并与 121 名平原地区表观健康人进行对比分析。

**结果** 452 名表观健康世居藏族人群 vWF: Ag 水平为  $98.81\pm36.32\%$ , 成年藏族男性 vWF: Ag 水平为  $104.27\pm31.52\%$ , 女性为  $94.48\pm39.29\%$ , 两者之间差异有统计学意义 ( $t=2.870$ ,  $P=0.004$ )。在不同年龄段中, 50 岁以下人群结果在不同分组中递增, 20~30 岁和 40~50 岁之间差异有统计学意义 ( $F=19.68$ ,  $P=0.000$ ), 余各年龄段间差异无统计学意义; >50 岁组结果小于 40~50 岁组。O 型血型人群 vWF: Ag 为  $86.56\pm37.51\%$ , A+B+AB 型人群为  $105.39\pm33.95\%$ , 差异有统计学意义 ( $t=5.417$ ,  $P=0.000$ )。HCT<55.0% 人群 (386/452) vWF: Ag 水平为  $98.55\pm38.12\%$ ; HCT>55% 人群 (66/452) 为  $100.99\pm24.09\%$ , 两者之间差异无统计学意义 ( $t=-0.472$ ,  $P=0.637$ )。

**结论** 高海拔地区世居藏族人群 vWF: Ag 水平在不同年龄、ABO 血型中的表现与低海拔地区基本一致, 存在性别差异, 男性高于女性。不同实验室应建立或验证本实验室的参考范围。

## PU-1793

### 四川等六省区不同民族健康成人血小板参考范围调查

丁莹莹  
北京协和医院西院, 100000

**目的** 调查分析六省区健康成人 (17-65 岁) 血小板水平, 比较相互间差异并初步建立相应的参考范围。

**方法** 随机抽取六省区 (四川、黑龙江、湖南、内蒙古、云南、宁夏回族自治区) 17-65 岁成人, 采集受试者清晨空腹静脉血, 用 Sysmex XT-1800i 全血细胞分析仪进行检测。采用 SPSS 20.0 软件分析比较血小板数值在各民族、地区间的差异。

**结果** 六省区之间血小板参考范围相互比较结果均为  $p<0.01$  即存在显著性差异, 其中四川省血小板参考范围与其他省区相比明显偏低; 不同民族之间比较结果同样均为  $p<0.01$  存在显著性差异; 同一省区汉族与人数排名第二的少数民族之间比较结果均为  $p<0.05$  存在差异。

**结论** 不同地区不同民族人群之间血小板参考范围存在一定的差异, 本文初步建立了六大省区、不同民族以及同一省区不同民族之间血小板的参考范围。

## PU-1794

## 丙氨酸氨基转移酶测定试剂盒（丙氨酸底物法） 临床评价报告

丁莹莹

北京协和医院西院,100000

**目的** 通过临床样本的测试, 验证 Siemens 生产的丙氨酸氨基转移酶测定试剂盒（丙氨酸底物法）是否和已经获得国家注册证的 Siemens Healthcare Diagnostics Inc.（以下简称 Siemens）生产的丙氨酸氨基转移酶测定试剂盒（比色法）的测定结果具有良好的等效性, 并根据测得的结果进行评估, 以确认待评价试剂在临床使用上的安全性和有效性。

**方法** 根据《免于进行临床试验的体外诊断试剂临床评价资料基本要求（试行）》中的相关规定, 进行临床评价。

**结果** 其研究结果将作为 Siemens 生产的丙氨酸氨基转移酶测定试剂盒（丙氨酸底物法）临床评价资料在注册时提交。

**结论** 结果显示同一份血清样本分别用 Siemens 生产的丙氨酸氨基转移酶测定试剂盒（丙氨酸底物法）和已经获得国家医疗器械注册证 Siemens 生产的丙氨酸氨基转移酶测定试剂盒（比色法）进行测定得到的两组数据: 待评价试剂和对比试剂的测定值的 Pearson 相关系数（R）为 0.9894, 回归系数的 95%可信区间为 0.978~1.035, 常数的 95%可信区间为-5.842 ~ 3.689, 两组数据具有良好的的一致性和较高的符合率。

综上所述, 临床应用中两者之间具有等效性。

## PU-1795

## 临床患者中 UU、CT、NG、MG 感染情况分析报告

杜娟

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 通过回顾分析 6 年来, 就诊于北京协和医院相关科室临床患者中沙眼衣原体（CT）、淋病奈瑟菌（NG）、解脲脲原体（UU）、生殖支原体（MG）的感染状况, 为临床诊治提供实验室依据。

**方法** 采用实时荧光核酸恒温扩增检测技术（SAT）进行 CT-RNA、NG-RNA、UU-RNA、MG-RNA 的检测并分析相关结果。

**结果** 2013 年 1 月至 2018 年 12 月六年期间, 临床送检 CT-RNA、UU-RNA、NG-RNA、MG-RNA 检测共计 12804 人次, 患者人群主要集中在 30~40 岁和 20~30 岁两个年龄段。UU-RNA、CT-RNA、NG-RNA、MG-RNA 的检测总数分别为 11271 例、10739 例、8932 例、4246 例, 阳性率分别为 42.88%、8.43%、3.78%、5.44%。UU-RNA 女性阳性率明显高于男性, 在女性人群中, 尤其以 20~30、30~40、40~50 三个年龄段阳性率最高; 男性人群中, 呈现出阳性率随着年龄增长而降低的趋势。CT-RNA、NG-RNA、MG-RNA 男性检出率明显高于女性, 除 NG-RNA 在 20 岁以下女性中阳性检出率为 0 以外, 其余项目均呈现 20 岁以下青年人群阳性率最高, 并随着年龄增大, 阳性率呈现下降的整体趋势。混合感染较常见的是 CT-RNA+UU-RNA、UU-RNA+MG-RNA 两种情况, 这两种混合感染最常高发的年龄段是 20 岁以下青年人。男性患者中, 尿道拭子 NG-RNA 检出率明显高于尿液样本; 女性患者中, 宫颈拭子 UU-RNA 检出率明显高于尿液样本, 而尿液样本 CT-RNA 检出率明显高于宫颈拭子样本。

**结论** CT、NG、MG 较易感染男性, UU 则易感染女性; 男性尿道拭子 NG-RNA 检出率明显高于尿液样本; 女性宫颈拭子 UU-RNA 检出率明显高于尿液样本, 女性尿液样本 CT-RNA 检出率明显高于宫颈拭子; 20 岁以下青年人群送检例数不多, 但阳性率却最高, 应引起关注。

PU-1796

## C 反应蛋白和白细胞联合检测在诊断小儿呼吸道感染中的相关研究

刘圣勋

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探讨 C-反应蛋白 (C-reaction protein, CRP) 测定与白细胞计数联合检测在小儿的呼吸道感染诊断中的敏感作用。

**方法** 选取有呼吸道感染的儿童 80 例、无呼吸道感染的儿童 80 例, 分为 A、B 两组。取 A、B 两组的末梢血, 采用实验组合对照组的对比实验方法进行分组实验, 再利用免疫比浊法分析 CRP 和电阻率法分析白细胞的技术分析方法得到实验数据, 最后利用统计学的分析方法分析实验数据。

**结果** 感染组 CRP、WBC 明显高于对照组, 差异非常显著 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 小儿上呼吸道感染时, CRP 的测定水平可作为判定炎症的缓急程度和转归的一种良好标志物, 与 WBC 联合检测有助于疾病的早期诊断, 可指导临床医生用药。

PU-1797

## 0~8 岁儿童巨细胞病毒感染现状

宋子威<sup>1</sup>, 张微<sup>2</sup>, 刘志坚<sup>1</sup>, 李颖<sup>1</sup>, 李世宝<sup>1</sup>

1. 徐州医科大学附属医院, 221000

2. 徐州市泉山社区卫生服务中心

**目的** 调查徐州地区儿童巨细胞病毒 (HCMV) 感染状况及流行特点。

**方法** 以 2017 年 1 月至 2018 年 12 月来院就诊的疑似 HCMV 感染患儿为研究对象, 共 1095 例, 采用实时荧光定量聚合酶链反应 (FQ-PCR) 技术检测患儿尿液或其母亲乳汁的 HCMV-DNA 载量。

**结果** 1095 例患儿中, 348 例患儿尿液阳性, 阳性率为 31.78%。阳性患儿中, 男童 219 例, 阳性率 32.40%; 女童 129 例, 阳性率 30.79%, 男女童阳性率比较差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 0.3088$ ,  $P = 0.5784$ )。169 例不足 1 月龄患儿中仅 1 例 HCMV 阳性; 1 月龄之后阳性率逐渐升高, 在 5~6 月龄升至最高, 为 55.74%, 1~6 月龄三个年龄段阳性率两两比较差异均有统计学意义 ( $\chi^2$  分别为 15.4292、59.5166、14.4485,  $P$  均小于 0.001); 7~12 月龄阳性率与之前变化不大 ( $\chi^2 = 0.0768$ ,  $P = 0.7817$ ); 后随年龄增长逐渐降至 4.88% ( $\chi^2 = 19.7096$ ,  $P < 0.001$ )。进一步分析发现不同季节间患儿 HCMV 阳性率差异也无统计学意义 ( $\chi^2 < 0.001$ ,  $P > 0.995$ ), 农村患儿阳性率明显高于城镇患儿 ( $\chi^2 = 18.3343$ ,  $P < 0.001$ )。HCMV 感染可累及多个脏器, 患儿易出现呼吸道感染、肝炎综合征、造血系统受损等一种甚至多种临床表现。

**结论**

徐州地区儿童 HCMV 感染率较高, 感染高峰集中在 5~12 月龄左右, 需要加强母婴 HCMV 感染的防控工作。婴幼儿感染 HCMV 可引起多系统受累及一系列临床表现, 当患儿出现原因尚不明确上述症状时, 及时进行 HCMV-DNA 检测对早期诊断具有重要意义。



## PU-1798

## Contribution of mitochondrial ND6 14502T>C mutation to the phenotypic manifestation of Leber's hereditary optic neuropathy with m.14484T>C mutation.

Min Liang<sup>1,2,3</sup>, Xuan Wang<sup>2,3</sup>, Cuifang Hu<sup>2,3</sup>, Yanchun Ji<sup>2,3</sup>, Minxin Guan<sup>2,3</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

2. Attardi Institute of Mitochondrial Biomedicine, Wenzhou Medical University

3. Institute of Genetics, Zhejiang University School of Medicine

**Objective** Mitochondrial modifiers are proposed to modify the phenotypic expression of primary LHON-associated mitochondrial DNA (mtDNA) mutations. The objective of this study was to explore the biochemical evidence for the LHON susceptibility allele (m.14502T>C, p.58I>V) in the ND6 gene modulated the phenotypic expression of primary LHON-associated m.14484T>C mutation.

**Methods** We performed functional assays using the cybrid cell models, generated by fusing mtDNA-less po cells with enucleated cells from LHON patients carrying both m.14484T>C and m.14502T>C mutations, only m.14502T>C or m.14484T>C mutation and a control belonging to the same mtDNA haplogroup.

**Results** The severe mitochondrial dysfunctions were observed in cell lines bearing both m.14502T>C and m.14484T>C mutations than those carrying only m.14484T>C or m.14502T>C mutation. In particular, the m.14502T>C mutation perturbed assemble and activity of complex I. Furthermore, more reductions in the levels of mitochondrial ATP and increasing production of reactive oxygen species were also observed in mutant cells bearing both m.14502T>C and m.14484T>C mutation. The cells bearing both m.14502T>C and m.14484T>C mutation promoted apoptosis, evidenced by elevated release of cytochrome c into cytosol and increased levels of apoptosis-activated proteins: caspases 9, 3, 7 and Poly ADP ribose polymerase in the cybrids carrying both m.14502T>C and m.14484T>C mutation, as compared with single site mutation cybrids.

**Conclusions** Our findings provided new insights into the pathophysiology of LHON that were manifested by interaction between primary and secondary mtDNA mutations.

## PU-1799

## Diverse effects of different Akkermansia muciniphila genotypes on brown adipose tissue inflammation and whitening in a high-fat-diet murine model

Lulu Deng, Zihao Ou, Yongzheng Peng

Zhujiang Hospital, Southern Medical University

**Objective** 1. To explore the differences of different *A.muciniphila* genotypes on metabolic protective effects in HFD (high-fat diet) mice;

2. To explore the differences of different *A.muciniphila* genotypes on BAT (brown adipose tissue) activities;

3. To explore the mechanisms by which *A.muciniphila* regulates the activities of BAT.

**Methods** 60 eight-week-old weeks of SPF C57BL/6 mice were randomly divided into 6 groups, including a high-fat diet + *A.muciniphila* I group, high-fat diet + *A.muciniphila* II group, high-fat diet + PBS group, normal diet + *A.muciniphila* I group, normal diet + *A.muciniphila* II group and normal diet + PBS group, respectively. Each mouse in the *A.muciniphila* group was given a dose of  $5 \times 10^9$  cfu/200  $\mu$ L per day, while mice in the control group were given the same volume of sterile

PBS per day. The body weight and food intake of the mice were measured and recorded weekly. The whole animal experiment lasted 16 weeks. After mice were sacrificed, serum, liver, colon, scapular brown fat tissue, inguinal and epididymal white fat tissue were collected and analyzed.

**Results** 1. A.muciniphila I could obviously improve the impaired fasting glucose and glucose tolerance in HFD mice, and II did not have these effects.

2. A.muciniphila I obviously improved the hyperlipidemia and liver steatosis in HFD mice, and II only showed the reduction in serum TC (total cholesterol) level.

3. A.muciniphila I and II could reduce the expanded adipocytes in WAT (white adipose tissue) and inhibit BAT whitening in mice induced by HFD.

4. A.muciniphila I and II maintained the BAT activities and relieved BAT inflammation in HFD mice; but I played a stronger role and II was a bit weak.

5. A.muciniphila I and II were able to repair the damaged intestinal barrier in mice induced by HFD, but only I showed the improvement of endotoxemia in mice.

**Conclusions** We found that A.muciniphila I gavage improved the impaired fasting blood glucose, glucose tolerance, hyperlipidemia and liver steatosis in HFD mice, however, the effect of A.muciniphila II is not significant. Further research suggested that the relevant mechanism might be A.muciniphila I intervention significantly inhibited BAT inflammation and whitening induced by HFD, by repairing the intestinal barrier and relieving endotoxemia, and maintained thermogenic activity in BAT. A.muciniphila II did not display the same results as A.muciniphila I in HFD mice, but had stronger effects in the normal chow diet (NCD) mice. Therefore, this study mainly reveals the distinct functions of different A.muciniphila genotypes on diet-induced obesity, suggesting that different A.muciniphila genotypes may play inequitable roles in pathological conditions through distinct action pathways. The ability of A.muciniphila to alleviate BAT whitening also provides a possible mechanism for future research into improving host metabolism of A.muciniphila.

## PU-1800

### 胱抑素 C 检测在肾功能损害诊断中的应用价值

唐发清<sup>1</sup>, 谭功军<sup>2</sup>, 曾雅<sup>2</sup>

1. 湖南省肿瘤医院/中南大学附属肿瘤医院

2. 珠海市人民医院&暨南大学附属珠海医院

**目的** 探讨胱抑素 C (Cystatin C, Cys C) 在肾功能损害中的应用价值。

**方法** 采用实验室对照研究, 选取 2013 年 4 月至 2013 年 10 月在珠海市人民医院就诊, 并被确诊为肾脏疾病患者 59 例 (男 29 例, 女 30 例, 年龄 18~88 岁) 和 60 名健康对照者进行血清、尿 CysC 及相关指标检测, 建立受试者工作特征曲线 (ROC) 评价系统, 比较血清、尿 CysC 分别在肾小球滤过率和肾小管损害中的应用价值。实验数据采用 SPSS17.0 统计软件进行非参数秩和检验、ROC 曲线分析。

**结果** 在肾小球滤过率的诊断上, 疾病组血清 Cys C、Urea 及 Crea 较正常对照组升高明显, 差异有显著性意义,  $p < 0.01$ , ROC 曲线下面积分别为 0.975、0.953 及 0.959; 在肾小管损伤的诊断上, 疾病组尿 Cys C、 $\beta_2$ -MG 水平较对照组升高明显, 差异有统计学意义,  $p < 0.01$ , Cys C、 $\gamma$ -GT、 $\beta_2$ -MG 指标的 ROC 曲线下面积分别为 0.93、0.58 及 0.95。

**结论** Cys C 在反映肾功能损害中具有优越价值, 能较好地对肾小球、肾小管功能进行判断, 对肾脏疾病诊治及预后估计具有重要意义。

## PU-1801

## The Role of microRNAs in Nasopharyngeal Carcinoma

fa qing tang<sup>1</sup>,Gongjun Tan<sup>2</sup>,Xiaowei Tang<sup>3</sup>

1.Hunan Cancer Hospital

2.Zhuhai Hospital, Jinan University

3.Central South University

**Objective** Nasopharyngeal carcinoma (NPC), a distinct type of head and neck cancer, is prevalent in Southeast Asia and southern China. microRNAs (miRNA) are involved NPC pathogenesis. In this present, all miRNAs were estimated to clarify the role of miRNA in NPC development

**Methods** The role of all the known miRNAs involved in the signaling pathway implicated in NPC were summarized, and miRNAs potential used in NPC diagnosis, therapy and therapeutic evaluation were also analyzed.

**Results** An increasing body of evidence indicates that microRNAs (miRNAs) play an important role in the development and progression of NPC; in particular, 32 miRNAs are involved in NPC tumorigenesis, progression, and metastasis.

**Conclusions** The causal involvement of miRNAs in NPC and their possible use as biomarkers has been extensively studied with promising results, demonstrating the diagnostic and therapeutic potential of miRNAs in NPC.

## PU-1802

## 免疫印迹技术在幽门螺杆菌感染分型诊断中的临床应用价值探讨

李贞贞

胜利油田中心医院,257000

**目的** 根据胃部病变患者和无症状健康人群的幽门螺杆菌五分型试验结果分析, 借以评价幽门螺杆菌的感染情况, 探讨免疫印迹技术在幽门螺杆菌分型诊断中的应用价值, 并分析与临床各种胃部疾病的关系, 为临床诊断与治疗提供依据。

**方法** 选取 2019 年 1 月~2019 年 5 月本院收治的 224 例确诊的胃部疾病(包括胃炎、胃十二指肠溃疡、胃癌、胃淋巴瘤和非溃疡性消化不良等)患者和 226 例无症状的健康查体人群, 应用免疫印迹技术检测其血清中的幽门螺杆菌细胞毒素(CagA)、空泡毒素(VacA)和尿素酶亚单位 A、B 抗体。根据 Hp 抗体的表达情况将 Hp 感染分为 I 型和 II 型, 结合 14C 呼气试验和胃镜检查进行分析。

**结果** 胃部疾病组 Hp I 型阳性率、Hp II 型阳性率及阴性率分别为 56%、23%和 21%, 与健康查体组(Hp I 型阳性率、Hp II 型阳性率及阴性率分别为 29%、10%和 61%)的差异显著, 具有统计学意义( $P<0.05$ ,  $P<0.05$ ,  $P<0.01$ ), 并且发现随病变由良性到恶性, CagA/ VacA 的表达呈上升的趋势。此外, I 型 Hp 感染患者中, 慢性胃炎、胃溃疡、胃癌、胃淋巴瘤和非溃疡性消化不良等胃部疾病的发生率明显高于 II 型感染者, 差异显著,  $P<0.05$ , 具有统计学意义。

**结论** 胃部疾病与幽门螺杆菌的感染密切相关, 应用免疫印迹技术可以用于对 Hp 感染分型诊断, 为临床治疗及判断预后提供一定依据, 还可科学指导用药, 减少耐药菌株的产生, 提高治疗效果。

## PU-1803

## miRNA-200a 靶向 BRD4 对非小细胞肺癌 上皮间质转化的影响

田晓静  
常州中医医院

**目的** 探讨 miRNA-200a 靶向 BRD4 对非小细胞肺癌 (NSCLC) 上皮间质转化 (EMT) 的影响及其可能的作用途径。

**方法** 收集 2017 年 9 月至 2018 年 11 月我院手术切除的 NSCLC 组织和癌旁组织标本 65 例, 采用 RT-PCR 检测 miRNA-200a 在 NSCLC 组织和癌旁组织中的表达水平; 构建 miRNA-NC 和 miRNA-200a 稳定细胞系, 采用生物信息学和荧光素酶报告基因分析 miRNA-200a 和 BRD4 的靶向关系; pcDNA 空载和 pcDNA-BRD4 过表达载体分别转染 miRNA-NC 和 miRNA-200a 细胞, 采用 Western blot 检测 miRNA-200a 靶向 BRD4 对 E-cadherin 和 Vimentin 蛋白的影响; 采用 Transwell 分析 miRNA-200a 靶向 BRD4 对 NSCLC 细胞侵袭能力的影响。

**结果** miRNA-200a 在 NSCLC 组织中的相对表达水平显著低于癌旁组织, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。双荧光素酶报告基因结果显示, 在过表达 BRD4-WT 的细胞中, miRNA-200a 组细胞的相对荧光素酶活性显著低于 miRNA-NC 组细胞 ( $P<0.05$ ); 而在过表达 BRD4-MUT 的细胞中, miRNA-200a 组和 miRNA-NC 组细胞的相对荧光素酶活性无显著性差异 ( $P>0.05$ )。Western blot 结果显示, 与 miRNA-NC 组比较, miRNA-200a 组细胞 BRD4 和 Vimentin 的蛋白表达水平显著下降, E-cadherin 的蛋白表达显著增加 ( $P<0.05$ ); 与 miRNA-200a+pcDNA 组比较, miRNA-200a+BRD4 组细胞中 Vimentin 的蛋白表达水平明显回升, E-cadherin 的蛋白表达显著回落, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。Transwell 实验显示, 与 miRNA-NC 组 ( $83.66\pm9.25$  个) 比较, miRNA-200a 组 ( $32.73\pm6.02$  个) 细胞的侵袭个数显著下降 ( $P<0.05$ ); 与 miRNA-200a+pcDNA 组 ( $35.06\pm5.89$  个) 比较, miRNA-200a+BRD4 组 ( $60.02\pm7.28$  个) 细胞的侵袭个数明显回升, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** miRNA-200a 在 NSCLC 组织中高表达, 过表达 miRNA-200a 可靶向下调 BRD4 的表达, 从而抑制 NSCLC 中 BRD4 诱导的 EMT 和侵袭迁移。

## PU-1804

## B 族链球菌核酸检测试剂 (PCR-荧光探针法) 的性能评价

张睿,徐英春,吴洁,窦亚玲,叶阿里,孔令君,杨启文  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 确保正确的选择定性分子检验的检测方法, 并在方法使用前进行充分、有效的评价, 以保证 B 族链球菌 (Group B Streptococci, GBS) 核酸检测 (PCR-荧光探针法) 试剂和方法的可靠性和临床应用的可行性。

**方法** 临床 GBS 菌株 20 例 ( $10^5$ CFU/ml,  $10^4$ CFU/ml 各 10 例), 阴道-直肠分泌物拭子 56 例, 同一样本分别采用 A 和 B 两家试剂盒检测 (PCR-荧光探针法)。以培养和基因测序结果为金标准, 对两家试剂盒阳性符合率、阴性符合率、总符合率、重复性、最低检测下限、可报告范围、携带污染、检测 GBS 特异性和抗干扰能力等各方面进行验证和评价。

**结果** 准确性实验: 两家试剂盒检测 GBS 菌株结果与培养结果总符合率、阳性符合率和阴性符合率均为 100%; 56 例临床拭子准确性试验: A 试剂总符合率为 92.86%, 阳性符合率为 76.47%, 阴性符合率为 100%; B 试剂总符合率、阳性符合率和阴性符合率均为 100%。两家试剂盒检测 GBS

(浓度为  $10^5\text{CFU/ml}$ 、 $10^4\text{CFU/ml}$ 、 $10^3\text{CFU/ml}$  各 1 例, 重复检测 10 次) Ct 值的变异系数 C.V 均不超过 5%, 三个浓度标本的变异系数: B 试剂较 A 试剂为高。两家试剂盒均符合无携带污染验证要求。两家试剂盒最低检测下限均为  $10^3\text{CFU/ml}$ 。检测样本中分别加入 5 例其他干扰菌株(A 族链球菌, 肺炎链球菌, 草绿色链球菌, 粪肠球菌, 大肠埃希菌, 浓度  $10^5\text{CFU/ml}$ )后, 两家试剂盒均符合特异性和抗干扰实验要求。

**结论** 两家试剂因 B 试剂总符合率、阳性符合率和阴性符合率均大于 95%, 其他性能验证指标均相当, 所以 B 家生产的 B 族链球菌核酸检测试剂盒达到了国内临床检测试剂所要求的主要性能指标, 可以满足临床样本的检测标准, 可用于临床使用。

## PU-1805

### 淋巴瘤的乙型肝炎病毒感染率的研究与分析

郝晓霞

北京协和医院西院,100000

**目的** 了解淋巴瘤患者的乙型肝炎病毒 (HBV) 感染情况, 探讨 HBV 感染与淋巴瘤发病的关系。

**方法** 对 2014 年第 1 季度北京肿瘤医院淋巴瘤内科收治的新诊淋巴瘤患者与胸外一科收治的新诊肺癌患者的临床资料进行回顾性分析, 比较两组患者不同性别、年龄及病理类型时 HBV 血清学标志物 (HBsAg、抗-HBs、HBeAg、抗-HBe 和抗-HBc) 的阳性率, 同时与 2006 年全国 HBV 血清流行病学调查结果进行比对。采用全自动化学发光微粒子免疫分析法检测患者血清样本乙型肝炎病毒表面抗原 (HBsAg)、乙型肝炎病毒表面抗体 (抗-HBs)、乙型肝炎病毒 e 抗原 (HBeAg)、乙型肝炎病毒 e 抗体 (抗-HBe) 及乙型肝炎病毒核心抗体 (抗-HBc)。

**结果** (1) 2006 年全国 HBV 血清流行病学调查结果经过年龄校正后三组间抗-HBc 阳性率的差异有统计学意义 ( $P=0.003$ )。 (2) 将淋巴瘤患者、肺癌患者、普通人群分别分为 15~19 岁、20~29 岁、30~39 岁、40~49 岁、50~59 岁、 $\geq 60$  岁共 6 个组。与肺癌和普通人群相比, 30~39 岁和 40~49 岁的淋巴瘤患者 HBsAg 阳性率、抗-HBs 阳性率及抗-HBc 阳性率呈升高趋势, 但差异无统计学意义 ( $P$  值均  $>0.05$ )。 (3) 男性与女性淋巴瘤患者 HBsAg 阳性率、抗-HBs 阳性率、HBeAg 阳性率、抗-HBe 阳性率和抗-HBc 阳性率分别为 5.3% vs 14.5%、61.8% vs 40%、1.3% vs 3.6%、19.7% vs 23.6% 和 44.7% vs 49.1%, 除抗-HBs 阳性率存在显著差异以外 ( $P=0.013$ ), 其余标志物差异均无统计学意义 ( $P$  值均  $>0.05$ )。 (4) 三组不同病理类型 B-NHL、T/NK 细胞来源非霍奇金淋巴瘤及霍奇金淋巴瘤患者的性别差异经  $\chi^2$  检验, 有统计学意义 ( $P=0.008$ )。

**结论** 淋巴瘤患者抗-HBc 阳性率明显高于全国普通人群, HBV 感染与淋巴瘤发病的关系值得进一步研究。

## PU-1806

### 血小板/淋巴细胞比值在溃疡性结肠炎诊断中的价值研究

程迎迎, 李鹏飞, 朱小飞, 高峰

江苏省中医院, 210000

**目的** 探讨血小板/淋巴细胞比值 (platelet-lymphocyte ratio, PLR) 在溃疡性结肠炎 (ulcerative colitis, UC) 诊断中的价值, 比较 PLR 与临床常用炎症指标单独和联合应用诊断 UC 患者的效能。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月在江苏省中医院住院的 UC 患者 99 例, 另选取同期肠易激综合征 (irritable bowel syndrome, IBS) 患者 72 例作为对照组。收集患者临床资料, 检测比较对照及 UC 患者 PLR 差异, 采用 ROC 曲线的方法计算 PLR 最佳临界值及曲线下面积, 并与临床常用指标白细胞 (white blood cell, WBC)、C 反应蛋白 (C-reaction protein, CRP)、红细胞沉降率

(erythrocyte sedimentation rate, ESR)、血小板(platelet, PLT)进行比较,分析 PLR 等指标对诊断 UC 的效率差异。

**结果** UC 组患者外周血中 PLR 明显高于 IBS 组 (209 vs 131,  $p<0.01$ ) ; PLR 用于诊断 UC 的 cut-off 值为 161, 灵敏度和特异度分别为 74%和 62%, 曲线下面积 (area under curve, AUC) 为 0.758 (95%CI: 0.685~0.832), 优于 WBC(AUC: 0.687, 95%CI: 0.604~0.770)和 PLT(AUC: 0.745, 95%CI: 0.670~0.819), 稍逊于 ESR(AUC: 0.780, 95%CI: 0.711~0.848)和 CRP(AUC: 0.835, 95%CI:0.775~0.896); PLR 联合 CRP 的诊断价值(AUC: 0.855, 95%CI: 0.800~0.911)优于独立的 PLR 和 CRP。

**结论** 与对照组相比, PLR 在 UC 患者外周血中的水平升高, 差异具有统计学意义。PLR 诊断 UC 的效率优于常用指标 WBC 和 PLT, 其与 CRP 联合应用可提高 UC 的诊断效能, 可以作于诊断 UC 的额外标志物。

## PU-1807

### 结核分枝杆菌耐药基因突变特征及与耐药相关性研究

蒋燕成,陈紫萱,张建明,张志珊  
福建医科大学附属泉州市第一医院

**目的** 旨在分析抗结核一线药物利福平、异烟肼耐药基因 *rpoB*、*katG*、*inhA* 的突变特征, 以获得泉州地区结核分枝杆菌耐药的分子流行病学资料。并通过分析耐药基因突变位点与药物 MIC 的相关性, 快速获得耐药水平以便于制定治疗方案和阐明耐药机制, 指导临床用药。

**方法** 收集泉州市第一医院 2017 年-2019 年 3 月 31 日耐利福平、异烟肼的结核分枝杆菌, 通过将菌种进行复苏。采用 DNA 微阵列芯片技术, 快速检测结核分枝杆菌耐药性。结合 Sensititre MYCOTBI MIC 法, 分析基因突变类型与结核药物 MIC 的关系。对药敏结果和基因芯片结果不相符合的标本进行测序, 分析是否有新的耐药位点。

**结果** 51 株耐药结核分枝杆菌菌种, 其中有 1 株耐利福平单耐药结核分枝杆菌, 2 株耐异烟肼单耐药结核分枝杆菌, 48 株耐利福平、异烟肼耐多药结核分枝杆菌。23 株耐多药结核分枝杆菌菌株进行 MIC 值药敏实验。发现 *rpoB* 密码子 531、526、516 突变类型对利福平产生高耐药水平; *katG* 对异烟肼产生高耐药水平, *inhA* 对异烟肼产生低耐药水平。将 48 株耐多药结核分枝杆菌 (MTB) 通过 DNA 微阵列芯片法进行基因型检测。发现 *rpoB* 中最常见的突变类型是 531 (C→T) 突变型, 异烟肼中最常见的是 *katG*315 (G→T), 其次是 *inhA*-15 (C→T)。

**结论** 泉州地区利福平最常见的突变类型是 *rpoB*531 (C→T) 突变型, 异烟肼中最常见的是 *katG*315 (G→T), *rpoB* 密码子 531、526、516 突变类型对利福平产生高耐药水平; *katG* 对异烟肼产生高耐药水平, *inhA* 对异烟肼产生低耐药水平。

## PU-1808

### 血细胞分析时血小板数量异常原因分析及处理

赵彤  
沈阳市妇婴医院,110000

**目的** 探讨 84 例血小板数量异常的原因及处理。

**方法** 选取本院 2019 年 5 月 1 日至 5 月 21 日门诊和住院 84 例血小板数量异常的患者作为研究对象, 常规采集全血用 EDTA—K2 抗凝剂抗凝进行检测。根据血细胞分析仪血小板聚集报警信息提示, 血小板数量出现异常者进行涂片, 瑞氏染色镜检, 手工血小板计数进行确认。

**结果** 84 例血小板数量异常原因分析。2 例采集标本过程不顺利, 采集标本量过少, 抗凝剂比例过高导致血小板计数假性减低; 2 例采血量相对较多, 抗凝剂相对不足, 出现凝块或肉眼看不见的微

小凝块导致血小板计数假性减低；1 例标本采集后混匀抗凝不充分，形成血液凝块导致血小板计数假性减低；9 例 EDTA—K2 依赖性假性血小板减少；23 例大血小板干扰导致血小板计数假性减低；22 例小红细胞、红细胞碎片导致血小板计数假性升高；20 例新生儿肺炎导致血小板计数升高；5 例严重感染，早产导致血小板计数减低。

**结论** 血液分析仪已是国内外临床检验最常用的筛检仪器之一。为临床不同层次需求提供了有效的血细胞检测参数，被广泛地应用于临床血常规分析中。但由于血小板易于粘附、聚集、破坏等特点。妊娠期间血液稀释，血小板消耗增加或存在机体血小板合成功能受损等，以及新生儿感染等都会导致血小板数量上的异常。仪器自身检测原理的局限，也不能完全排除非血小板有形成分，故此检测数量异常影响因素较多，需要从多方面因素进行分析，并且要引起重视，避免产生异常结果。当测定血小板数量明显异常时，必须综合分析血小板异常的因素，通过人工计数和显微镜观察血涂片予以确认，确保检验结果准确性，为临床提供准确可靠的结果。

## PU-1809

### 两种基质辅助激光解析电离飞行时间质谱系统对临床常见革兰阳性球菌的鉴定能力评价

尹麒龙

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 评价两种基质辅助激光解析电离飞行时间质谱系统(Bruker MALDI-TOF MS 和 Vitek MALDI-TOF MS) 对临床常见革兰阳性球菌的鉴定能力。

**方法** 收集徐州医科大学附属医院 2015 年 11 月至 2016 年 3 月分离自门诊和住院患者痰液、血液、尿液、粪便、脑脊液和分泌物等临床标本中的革兰阳性球菌 163 株，分别使用两种基质辅助激光解析电离飞行时间质谱系统 (Bruker MALDI-TOF MS 和 Vitek MALDI-TOF MS) 进行鉴定,鉴定结果不一致的菌株采用细菌 16S rRNA 基因测定技术进行确定。

**结果** Bruker MALDI-TOF MS 和 Vitek MALDI-TOF MS 鉴定结果相比较，在种的水平上一致率为 98.1%(160/163),在属的水平上一致率为 100% (163/163)。3 株鉴定结果不一致的菌株经 16S rRNA 基因测序确认，Bruker MALDI-TOF MS 和 Vitek MALDI-TOF MS 鉴定符合率分别为 0.0% (0/3) 和 66.7%(2/3)。

**结论** 两种基质辅助激光解析电离飞行时间质谱系统(Bruker MALDI-TOF MS 和 Vitek MALDI-TOF MS)对临床常见革兰阳性球菌均有较好的鉴定能力；但是本研究仅 3 株鉴定结果不一致，没有充分的证据比较两种鉴定系统的准确性高低。

## PU-1810

### 二级医院检验科质量管理调研考核结果的思考

田小平

连云港市第一人民医院,222000

**目的** 分析二级医院检验科质量管理中存在的问题，探讨解决的办法。

**方法** 按照《江苏省医院检验科建设管理规范》标准的质量管理部分，组织本市检验质控中心专家对全市 20 家二级医院（含民营）检验科进行质量管理调研考核，共分为五组，每组含有公立医院（含中医院）和民营医院，对照标准进行打分，形成调研考核报告。

**结果** 民营医院的综合评分低于公立医院，有检验科缺乏或基本无质量管理体系，工作人员偏少；有医院一个检验科两套人马，有中医院生化免疫部分外包、本院仅负责常规检验；LIS 系统功能落后较为普遍，急需提档升级；个别二级民营医院的质量管理流程和做法令人眼前一亮。

**结论** 在国家医疗改革和分级诊疗的背景和要求下，二级医院将是解决看病难看病贵的关键环节，保证这些医院检验科的质量和水平与三级医院一致，特别是所开展项目要求的一致性，是推行分级诊疗的基础保障。从我们调研的情况来看，医院领导层的重视应该是保证检验科质量水准的关键词因素，同时受医院的工作量、业务范围的影响；对检验科的人、财、物的合理投入是保证质量的基础；同时加强检验科主任和技术主管的培训，更新知识和理念，采用规范管理方法是实施质量保障的另一个基础；上级行政和业务管理部门定期的监督和核查，则是保证检验质量持续改进的动力。

## PU-1811

### 循环肿瘤细胞联合 CEA、CA19-9 在结直肠癌诊断中的临床应用

欧阳航, 吴一波, 蒋燕成, 陈紫萱, 吴聪莲  
福建医科大学附属泉州第一医院

**目的** 探讨外周血循环肿瘤细胞（circulating tumor cells, CTC）联合癌胚抗原（carcinoembryonic antigen, CEA）与 CA19-9 检测在结直肠癌辅助诊断中的临床应用。

**方法** 收集福建医科大学附属泉州第一医院 2017 年至 2018 年确诊结直肠癌病例组 54 例及健康对照组 16 例。CTC 的富集与鉴定采用差相-荧光原位杂交法（subtraction enrichment and immunostaining-fluorescence in situ hybridization, SE-iFISH），血清中 CEA 与 CA19-9 采用化学发光法检测。统计学方法采用卡方检验、二项逻辑回归建立模型进行受试者工作曲线（ROC）分析。

**结果** 结直肠癌组患者 CTC 阳性率为 90.7%（49/54），显著高于健康对照组的 6.3%（1/16）（ $\chi^2=39.134$ ,  $P<0.001$ ）。CTC 联合 CEA、CA19-9 时，检测灵敏度由单独应用 CEA、CA19-9 的 33.3%、25.9% 分别提升到 92.6%、96.3%。ROC 曲线分析，CTC 检测 AUC 为 0.922，高于单独检测 CEA 与 CA19-9 的 0.667（ $Z=5.328$ ,  $P<0.0001$ ）、0.598（ $Z=5.340$ ,  $P<0.0001$ ）。当 CTC 联合 CA19-9 检测时，灵敏度达到最高的 96.3%，AUC 面积达到 0.952，高于单独使用 CTC 的诊断效能（ $Z=1.989$ ,  $P=0.0467$ ）。CTC 阳性率与患者性别、年龄、癌变部位、肿瘤分期、分化程度无关。

**结论** CTC 联合 CA19-9 检测时诊断效能最高，优于单独及其他组合方式，在结直肠癌诊断中有较高的临床应用价值。

## PU-1812

### 胰腺肿瘤患者血小板与淋巴细胞比值升高与患者不理想预后结局的相关性

刘善利, 刘斌, 崔伟华, 秦宇杰, 董娜  
昌乐县人民医院, 261000

**目的** 已有研究报道胰腺肿瘤患者血小板与淋巴细胞比值（platelet-to-lymphocytes ratio, PLR），中性粒细胞与淋巴细胞比值（neutrophil-to-lymphocyte ratio, NLR）和红细胞分布宽度（red blood cell distribution width, RDW）与中期生存期和肿瘤分期相关。但是这些分子与胰腺肿瘤长期预后的关系还未知。在本研究中我们研究了这些分子和长期预后的关系。



**方法** 收集 2010 年 8 月至 2017 年 1 月在昌乐县人民医院手术的胰腺肿瘤 182 例。收集 2011 年 1 月至 2017 年 1 月 150 例健康志愿者并检测 PLR, NLR 和 RDW。收集胰腺癌患者术前血生化, CT 结果和病理结果。分析 PLR, NLR 和 RDW 是否可作为独立的长期预后指标。

**结果** 与健康对照人群相比, 胰腺癌患者 PLR, NLR 和 RDW 均显著升高。受试者工作特征曲线 (area under the curve, AUC) 分析结果显示 PLR, NLR 和 RDW 的最佳截点分别是 150, 1.73 和 13.2。总生存期分析显示 PLR $\geq$ 150 的胰腺患者术后五年总生存期低于 PLR $<$ 150 的患者(中位时间, 24 个月 和 37.5 个月,  $P=.005$ ), RDW $\geq$ 13.2 的患者低于 RDW $<$ 13.2(中位时间, 27 个月和 37.5 个月,  $P=.018$ )。单变量和多变量 Cox 回归分析术前 5 年总生存期数据显示 PLR $\geq$ 150 与总生存期是独立性相关( $HR=2.451$ , 95% CI 1.215–4.947;  $P=.012$ )。无病生存期分析显示 PLR $\geq$ 150 的胰腺癌患者 5 年无病生存期低于 PLR $<$ 150 的患者(中位时间, 24 个月 和 38 个月,  $P=.002$ ), RDW $\geq$ 13.2 的患者低于 RDW $<$ 13.2。单变量和多变量 Cox 回归分析术前 5 年总生存期数据显示 PLR $\geq$ 150 与 5 年无病生存期是独立性相关( $HR=2.712$ , 95% CI 1.367–5.379;  $P=.004$ )。

**结论** 本研究发现血液生物指标 PLR $\geq$ 150 是胰腺癌患者独立危险预测因子, 可作为术后长期预后的指标。本研究可以为胰腺癌患者提供一种方便可行的预后评估。

## PU-1813

# 早幼粒细胞白血病分子遗传学机制及临床诊疗策略研究进展

王玉娇

山东省千佛山医院,250000

**目的** 对急性早幼粒细胞白血病 (acute promyelocytic leukaemia, APL) 的遗传学机制及实验室检测和临床诊疗策略进行综述, 以期对 APL 的临床诊疗提供更全面的帮助。

**方法** 急性早幼粒细胞白血病 (acute promyelocytic leukaemia, APL) 是急性髓系白血病的一种特殊亚型, 约 97% 的 APL 患者体内可检出由第 15 号染色体上的 PML (promyelocytic leukemia) 基因和第 17 号染色体上的维甲酸受体 (retinoic acid receptors, RAR $\alpha$ ) 基因发生断裂易位而形成的 PML-RAR $\alpha$  融合基因, 其编码的融合蛋白可阻止细胞分化, 使骨髓中堆积大量的异常早幼粒细胞。全反式维甲酸 (all-trans retinoic acid, ATRA) 联合三氧化二砷 (arsenic trioxide, ATO) 可以靶向作用于 PML-RAR $\alpha$  融合蛋白从而发挥治疗作用, 已成为对 APL 患者靶向治疗的范例。然而近些年, 研究者利用逆转录酶聚合酶链式反应 (reverse transcriptase polymerase chain reaction, RT-PCR)、荧光原位杂交技术 (fluorescence in situ hybridization, FISH) 及二代测序技术 (next generation sequencing, NGS) 在少部分变异型 APL 患者中检出不同于 PML-RAR $\alpha$  的新的融合基因或 APL 基因突变。研究发现部分罕见的 RAR $\alpha$  融合基因对 ATRA 反应不敏感, 因此, APL 对维甲酸联合砷剂治疗产生的耐药机制成为了 APL 治疗的新挑战, 针对 APL 新的治疗策略亟待开发。

**结果** 本文针对 APL 的临床特征及形态学分析、出凝血检测、免疫表型分析、融合基因检测及常规染色体核型分析、荧光原位杂交等实验室检查方法进行了总结, 并对近年来发现的 APL 的新亚型、发病的分子遗传学机制及不同亚型 APL 的耐药机制与治疗策略进行了综述, 以期对 APL 的临床诊疗提供更全面的帮助。

**结论** 综上所述, 近年来的研究使我们对 APL 的发病的分子遗传学机制、实验室检测及临床诊断和治疗策略有了更深入全面的认识, 为 APL 的更全面科学的诊疗提供了科学支持。

## PU-1814

## 血栓弹力图在儿童脓毒症诊治中的临床疗效分析

刘斌,刘善利,崔伟华,赵令强,陈加峰  
山东省昌乐县人民医院

**目的** 分析血栓弹力图在儿童脓毒症诊治中的临床疗效。

**方法** 将 2017 年 6 月~2018 年 6 月期间本院收治的 61 例脓毒症患者作为实验对象,依据结合显性 DIC 评分结果将其分为试验 1 组(DIC 评分 $\geq 5$ 分,  $n=31$ )、试验 2 组(DIC 评分 $< 5$ 分,  $n=30$ ),同期选取 30 例健康体检者作为对照组,3 组研究对象均开展常规凝血功能及 TEG 检测,对比分析 3 组研究对象的凝血功能指标、TEG

指标及 TEG 指标诊断试验指标。

**结果** 凝血功能指标:对比试验 2 组和对照组,试验 1 组患儿的 PLT 降低,PT、APTT 升高,  $P<0.05$ ;对比对照组,试验 2 组的 PLT 无明显差异,  $P>0.05$ ,PT、APTT、FBG 升高,  $P<0.05$ 。TEG 指标:对比对照组,试验 1 组患儿的 R、K 时间升高,  $\alpha$  角、MA 值及 CI 值降低,  $P<0.05$ 。对比对照组,试验 2 组患儿的 K 时间降低,  $\alpha$  角、MA 值及 CI 值升高,  $P<0.05$ ;TEG 指标诊断试验指标的敏感度、特异度、阳性预测值及阴性预测值均较高。

**结论** 血栓弹力图可全面、准确地分析脓毒症患者自身的凝血情况,同时与 DIC 评分具有明显的 相关性,血栓弹力图监测可对评价脓毒症患者的严重程度、凝血状态,血栓及出血的发生风险,进而指导临床展开治疗,临床借鉴价值高。

## PU-1815

## Prevalence of Nontuberculous Mycobacteria in a Tertiary Hospital in Beijing, China, January 2013 to August 2017

Jingjing Huang,Ying Zhao,Yingchun Xu  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** To investigate the species distribution of nontuberculosis mycobacteria (NTM) in August 2017 were collected, species identification was carried out by DNA microarray chip on these specimens.

**Methods** From January 2013 to August 2017, species identification was carried out by DNA microarray chip on 116 clinical specimens from Peking Union Medical College Hospital, China, which the results of Mycobacterium tuberculosis or NTM testing were positive.

**Results** There were a total of 1031 specimens from 1028 patients in which mycobacterial species were detected, among which NTM accounted for 31.5% (325/1031), increasing from 16.5% in 2013 to 42.6% in 2017. The trends of decreasing proportion of MTB and increasing proportion of NTM were statistically significant ( $P<0.001$ ). Among the 116 specimens used to identification, 81.9% were from respiratory tract, and 5.2% and 4.3% were from lymph nodes and pus respectively. Mycobacterium intracellulare and Mycobacterium chelonae / Mycobacterium abscessus were the most frequently detected pathogens (33/116, 28.4%), followed by M. gordonae (15/116, 12.9%), M. avium (12/116, 10.3%), M. kansasii (11/116, 9.5%), etc. Among the 113 patients, 43.4% were male and 56.6% were female; Patients at ages over 45 years accounted for 67.3%.

**Conclusions** The proportion of NTM in mycobacterial species in Peking Union Medical College Hospital was increasing rapidly during the past five years. Middle-aged and elderly patients are more likely to be infected, and especial female. Mycobacterium intracellulare and Mycobacterium chelonae/ Mycobacterium abscessus were the most frequently detected NTM pathogens. The identification of NTM is quite importance to diagnosis and treatment.

## PU-1816

## Identification, Antifungal Susceptibility and ITS typing of *Rhodotorula mucilaginosa* in China (August 2010 to July 2015): A Multi-Center Study

Jingjing Huang, Yingchun Xu  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** *Rhodotorula mucilaginosa* is a rare opportunistic yeast. In China, relatively little is known of identification of *R. mucilaginosa* and of its antifungal susceptibility patterns and rDNA ITS typing.

**Methods** Here we studied 50 non-duplicate *R. mucilaginosa* isolates from 50 patients at 18 hospitals participating in the National China Hospital Invasive Fungal Surveillance Net program (CHIF-NET; 2011-2015). Molecular rDNA ITS sequencing and matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight (MALDI-TOF) MS identification methods were compared for their performance in species identification. Antifungal susceptibility testing was performed using Sensititre YeastOne™ YO10 methodology. Phylogenetic analysis of ITS sequences among fifty *R. mucilaginosa* isolates was conducted with Neighbor-Joining method by MEGA software.

**Results** All isolates were identified correctly by the Vitek MALDI-TOF MS system (bioMérieux) and the Clin-TOF MS system (Bioyong Technology Company Inc). The Bruker MS system (Bruker Daltonics) also correctly identified all *R. mucilaginosa* isolates but using a lowered ( $\geq 1.700$ ) cut-off score for species assignment. MICs of  $\geq 256 \mu\text{g/mL}$  for fluconazole were seen for all 50 isolates, whilst MICs of  $\geq 4 \mu\text{g/mL}$  for voriconazole,  $\geq 1 \mu\text{g/mL}$  for itraconazole and  $\geq 2 \mu\text{g/mL}$  for posaconazole were seen for 74.0, 96.0, and 88.0% of isolates, respectively. All sequences can be divided into 4 ITS types compared to the reference sequence NR\_073296.1 from *R. mucilaginosa* CBS316. In these ITS types, five different loci were detected existing SNPs.

**Conclusions** The study has provided a global picture of the identification, antifungal susceptibility and phylogenetic situation of *R. mucilaginosa* in China during the period of the study. Highly resistance for azoles agents of *R. mucilaginosa* should be noticed.

## PU-1817

## Influence of population selection on the reference intervals of thyroid-stimulating hormones, free thyroxine, and free triiodothyronine

Danchen Wang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** This study aimed to determine the influence of population selection (thyroid nodules) on the reference intervals (RIs) of thyroid-stimulating hormone (TSH), free thyroxine (FT4), and free triiodothyronine (FT3) in apparently healthy Chinese individuals using 4-year clinical big data.

**Methods** Data at Peking Union Medical College Hospital from 2014 to 2017 years were collected in this cross-sectional study. Thyroid ultrasound results of all these participants were include normal and thyroid nodes which was defined as A population ( $n=13831$ ). Further excluded the person whose thyroid results showed that he or she had thyroid nodes which population was defined as B population ( $n=5873$ ), thus the B population was thyroid ultrasound normal subjects. Regression analysis was performed to determine the factors that might affect the serum thyroid hormone levels.

**Results** Women had higher serum TSH concentration than men; By contrast, women had lower serum FT4 and FT3 concentrations than men. TSH, FT4, and FT3 concentrations decreased with increasing age, which was observed in both populations. Sex was the major influencing factor, with  $r_p$  values of 0.098 for TSH, -0.289 for FT4, and -0.341 for FT3 in A population and 0.161 for TSH, -0.283 for FT4, and -0.301 for FT3 in B population. TSH had no association with population selection; however, FT4 and FT3 had a significant association with population selection. The 2.5th to 97.5th percentile of TSH in A population was much wider than that in B population in both men and women. The distributions of FT4 and FT3 in B population (2.5th to 97.5th) were much narrower than that in A population.

**Conclusions** Population selection significantly affected the RIs of FT4 and FT3 but not that of TSH. However, nodules should be excluded when establishing RIs of thyroid hormones.

## PU-1818

# Impact of Different Culture Conditions for the Identification of *Candida krusei* Clinical Isolates by Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry System

Jingjing Huang, Yingchun Xu  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** To investigate the effects of different culture media, incubation time, culture temperature and gas environment for the identification of *Candida krusei* by Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS).

**Methods** Twenty-five strains of *Candida krusei* were collected from 17 hospitals of China Hospital Invasive Fungal Surveillance Net (CHIF-NET) program. Seven culture medias were tested, including Sabouraud dextrose agar supplemented with chloramphenicol (SDA-C), CHROMagar (CCP), trypticase soy agar supplemented with 5% sheep blood (BAP), chocolate agar supplemented with vancomycin (CAP-VA), China blue lactose rosolic acid agar (CBA/R) and MacConkey agar (MAC). All isolates were identified by sequencing of the rDNA internal transcribed spacer (ITS) region as "gold standard". Isolates were incubated at 28°C and 35°C for 24 or 48 hours, and then identification was carried out by two MALDI-TOF MS systems.

**Results** 100% (175/175) isolates incubated for 24 hours and 48 hours were identified correctly. In comparison, Bruker Biotyper correctly identified 98.86% (173/175) isolates incubated for 24 hours and 87.43% (153/175) isolates incubated for 48 hours. All strains inoculated on SDA-C medium were correctly identified by both MALDI-TOF MS systems, but at 28°C compared to 35°C the accuracy of the species level of identification is high which grown on SDA-C. The correct identification rates of strains grown on CAP-VA and MAC media(96%), when incubated for 24 hours, were lower than those of other media(100%) by Bruker Biotyper. With 48 hours' incubation, the correct identification rates by Bruker Biotyper were 100%, 96%, 88%, 80%, 68% and 80% for strains grown on SDA, CHROMagar, BAP, CAP-VA, CBA/R and MAC, respectively.

**Conclusions** The correct identification rate of 24-hour incubated strains was higher than the rate of 48-hour incubated strains by Bruker MS. Compared with cultured at 35°C, the identification of *Candida krusei* strains grown at 28°C was more accurate. SDA-C was the most suitable media for MALDI-TOF MS identification in our study. The results were reliable for Bruker Biotyper MALDI-TOF MS system with score values of  $\geq 1.700$ .

## PU-1819

**基于血培养结果对两种降钙素原检测系统的比较分析**

解宏杰

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 基于血培养结果对两种降钙素原检测系统的比较分析

**方法** 收集 200 例血培养阳性及阴性的患者标本分别在两种检测系统上检测。以 PCT 结果为 0.5ng/ml 为临界值做一致性分析, 计算阳性、阴性符合率及总体符合率, 并对不一致样本具体分析; 对两种检测系统的检测结果拟合线性回归方程, 计算相关系数  $r$ ; 以血培养为标准对其中一种检测系统做受试者工作曲线分析, 计算曲线下面积、敏感度、特异度及最佳 cutoff 值。

**结果** 两种检测系统的阳性符合率为 91.7%, 阴性符合率为 99.3%, 总体符合率为 97.0%; 200 例样本中共有 6 例结果不一致样本, 根据血培养分析疑似为随机事件; 两种检测系统拟合线性回归方程后相关系数  $r=0.987$ ; 根据 ROC 曲线, 敏感度为 91.4%, 特异度为 100%, 最佳 cutoff 值接近 0.5ng/ml。

**结论** 对于血培养阴性及阳性患者标本两种降钙素原检测系统的结果显著相关, 敏感度、特异度及符合率均较高。

## PU-1820

**一例罕见的血常规白细胞计数假性减低标本的分析及思考**

赵也

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** XN-2000 和 XE-5000 血常规仪器在检测易碎白细胞和难溶红细胞时各通道检测出截然不同的白细胞数值, 本文探讨究竟哪个通道可以给出正确数值及造成此现象的原因。

**方法** 应用 XN-2000 和 XE-5000 血液分析仪对本组遇到的一例特殊血常规样本进行多角度多通道的散点图分析。

**结果** XN-2000 得出该样本白细胞计数  $2.02 \times 10^9/L$  (首次) 和  $9.76 \times 10^9/L$  (reflex 复查) 两种结果, XE-5000 得出该样本  $13.28 \times 10^9/L$  (BASO 通道) 和 WBC-D (DIFF 通道)  $9.50 \times 10^9/L$  两种结果, 而人工计数板人工计数结果为  $9 \times 10^9/L$ 。

**结论** XN-2000 及 XE-5000 血液分析仪在检测易碎白细胞和难溶红细胞时首次不会给出正确的白细胞计数结果, 需要检测人员多加注意防范, 给予临床和患者准确的报告。

## PU-1821

**miR-494-3p 通过靶向调控 PRR14 表达参与食管鳞状细胞癌发生发展的分子机制**

王成, 钟锦莎, 丁梦, 田亚萍, 汪俊军, 张春妮

中国人民解放军东部战区总医院, 210000

**目的** 探讨 miR-494-3p 通过调控 PRR14 (proline rich 14) 蛋白表达参与食管鳞状细胞癌 (ESCC) 发生发展的分子机制。

**方法** 收集 ESCC 组织及癌旁正常组织 20 对, Western blot 和免疫组化检测组织中 PRR14 蛋白表达变化情况; 实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测 PRR14 信使 RNA (mRNA) 表达水平; 生物信息学方法预测可调控 PRR14 表达的 miRNA, 分析 PRR14 蛋白和 mRNA 水平与 miRNA 表达相

关性, 荧光素报告试验证实 miRNA 与 PRR14 调控关系; 运用 RNAi 技术敲除 ESCC 细胞株 (TE-10 和 ECA109) PRR14 基因表达后, 利用 CCK8、EDU、克隆形成实验检测细胞的增殖能力, 利用 Trans well, 划痕实验和流式细胞术检测 PRR14 对细胞侵袭和凋亡的影响; 进一步通过瞬时转染或慢病毒稳转过表达或抑制 miRNA、miRNA 过表达同时靶基因功能回复实验 (ORF 过表达) 重复上述检测指标。

**结果** Western blot 和免疫组化结果显示, 与癌旁正常组织相比, PRR14 蛋白在 ESCC 组织中显著高表达 ( $P < 0.05$ ); qRT-PCR 显示, PRR14 mRNA 水平在 ESCC 组织中表达升高 ( $P < 0.05$ ); 生物信息学分析结果表明, miR-494-3p 可调控 PRR14 表达, 且 miR-494-3p 在 ESCC 组织中表达显著降低, 与 PRR14 蛋白和 mRNA 水平呈显著负相关 ( $P < 0.05$ ); 荧光素报告试验证实 miR-494-3p 可与 PRR14 3'UTR 结合并调控其表达; RNA 干扰、miRNA 过表达及回复实验显示, 敲除 PRR14 或过表达 miR-494-3p 可抑制 TE-10、ECA109 细胞增殖, 侵袭能力, 并促进细胞凋亡。

**结论** miRNA-494-3p 可通过调控 PRR14 蛋白表达抑制 ESCC 增殖、侵袭能力和促进细胞凋亡, miRNA-494-3p-PRR14 调控通路可能是治疗 ESCC 的一种新方法。

## PU-1822

### 脂肪因子在继发性甲旁亢中的变化研究

周允, 曹永彤  
中日友好医院

**目的** 对难治性 SHPT 患者血清全段甲状旁腺激素 (intact parathyroid hormone, iPTH) 和脂肪因子水平进行相关性分析。

**方法** 选取拟行甲状旁腺切除术 (parathyroidectomy, PTX) 治疗的终末期肾病患者 70 例, 收集患者临床资料, ELISA 测定血清 TNF- $\alpha$ 、IL-6、总脂联素 (total adiponectin, APN) 和高分子量脂联素 (high molecular weight adiponectin, HMW APN)、Chemerin 和 Adipsin 水平, 采用 Pearson 法对其相关性进行分析。

**结果** 70 例患者中, 男性 40 例, 女性 30 例, 平均年龄  $47.5 \pm 12.5$  岁 (24~69 岁); PTX 前血清 iPTH  $1212 \pm 709$  ng/L (328~3585 ng/L), WBC 计数  $6.27 \pm 1.57 \times 10^9/L$  ( $3.75 \sim 9.96 \times 10^9/L$ ), SOD  $149 \pm 29$  U/ml (86~215 U/ml), TNF- $\alpha$   $115 \pm 75$  pg/ml (2~397 pg/ml), IL-6  $35 \pm 22$  pg/ml (2~181 pg/ml), APN  $15.1 \pm 9.6$   $\mu$ g/ml (1.6~43  $\mu$ g/ml), HMW APN  $4.9 \pm 3.7$   $\mu$ g/ml (0.2~20  $\mu$ g/ml), Chemerin  $210 \pm 42$  ng/ml (135~307 ng/ml), Adipsin  $16.8 \pm 0.5$   $\mu$ g/ml (15.2~17.7  $\mu$ g/ml)。Pearson 相关分析表明, SHPT 患者血清 iPTH 水平与年龄、WBC 计数、TNF- $\alpha$ 、APN、HMW APN 无显著相关性, 与 SOD ( $p=0.005$ )、Chemerin ( $p=0.002$ ) 呈显著正相关, 与 IL-6 ( $p=0.048$ )、Adipsin ( $p=0.000$ ) 及 HMW APN/APN 比值 ( $p=0.046$ ) 呈显著负相关。

**结论** 难治性 SHPT 患者 PTX 前血清 iPTH 水平与血清 SOD 和脂肪因子 Chemerin、IL-6、Adipsin 水平以及 HMW APN/APN 比值密切相关, 提示脂肪因子家族可能参与了 SHPT 患者内环境稳态的调控。这将为阐明 SHPT 患者的微炎症状态提供新认识, 为 SHPT 并发症的防治提供新见解, 而其内在机制也值得进一步探讨。

PU-1823

## 鲁西南地区男性 HPV 感染亚型的研究

金呈强

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨鲁西南地区男性 HPV 感染亚型分布情况, 对男性 HPV 感染的防控提供参考依据。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年 463 例男性 HPV 检查结果。

**结果** 鲁西南地区男性感染 HPV 亚型最多的是 6 型 (阳性率 19.87%), 其次是 16 型 (阳性率 10.80%) 和 11 型 (阳性率 10.37%)。感染 HPV 亚型最少的是 45 型 (阳性率 0.43%), 其次是 44 型 (阳性率 0.65%)。

**结论** 鲁西南地区男性感染 HPV 的亚型以低危亚型 6 型为主, 高危亚型 16 型占到感染阳性率的第二位, 感染阳性率最低的是 44 型和 45 型。

PU-1824

## $\beta$ -1,3-glucan/CR3/SYK Pathway-Dependent LC3B-II Accumulation Enhanced the Fungicidal Activity in Human Neutrophils

ding Li

Tianjin medical university cancer institute and hospital

**Objective** Since molecular genotyping has been established for the *Candida* species, studies have found that a single *Candida* strain (endemic strain) can persist over a long period of time and results in the spread of nosocomial invasive candidiasis without general characteristics of horizontal transmissions. Our previous study also found the existence of endemic strains in a cancer center in Tianjin, China.

**Methods** In the current study, we performed further investigation on endemic and non-endemic *Candida albicans* strains, with the aim of explaining the higher morbidity of endemic strains.

**Results** In an in vivo experiment, mice infected with endemic strains showed significantly shorter survival time and higher kidney fungal burdens compared to mice infected with non-endemic strains. In an in vitro experiment, the killing percentage of neutrophils to endemic strains was significantly lower than that to non-endemic strains, which is positively linked to the ratio of LC3B-II/I in neutrophils. An immunofluorescence assay showed more  $\beta$ -1,3-glucan exposure on the cell walls of non-endemic strains compared to endemic strains. After blocking the  $\beta$ -glucan receptor (CR3) or inhibiting downstream kinase (SYK) in neutrophils, the killing percent to *C. albicans* (regardless of endemic and non-endemic strains) and the ratio of LC3B-II/I of neutrophils were significantly decreased.

**Conclusions** These data suggested that the killing capability of neutrophils to *C. albicans* was monitored by  $\beta$ -1,3-glucan via CR3/SYK pathway-dependent LC3B-II accumulation and provided an explanation for the variable killing capability of neutrophils to different strains of *C. albicans*, which would be beneficial in improving infection control and therapeutic strategies for invasive candidiasis.

## PU-1825

## 电解质危急值情况分析

何远

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

**目的** 分析了解 2018 年本院检验科电解质危急值报告现状，分布情况，为科室完善危急值报告制度及规范化处理提供参考信息，为危急值报告的规范化管理提供参考依据。

**方法** 通过上海杏和软件公司研发的实验室信息管理系统（Lis）对电解质危急值发生率、科室分布情况、分布区间利用 spss19.0 统计软件及 Office2010 进行数据处理，并对其处理结果进行回顾性分析。

**结果** 电解质危急值 2018 年共报告 1994 例，发生率为 0.56%，报告的项目为钾离子、钠离子；其中钾离子报告次数最多；电解质危急值发生最多的病区分别为肾内科，急诊科，肝胆科。

**结论** 危急值报告是检验科与临床科室沟通的重要信息，有利于及时挽救为重患者的生命，危急值项目的选择及危急值分界线的确立应该依据医院工作性质、科室临床需求、检测系统不同及征求临床医生建议后再确定，并应该定期征求临床科室意见，及时根据需要调整危急值报告分界线，并在临床实践过程中定期进行监督和评估。

## PU-1826

## Prognostic Value of PD-L1 expression in patients with colorectal cancer: a meta analysis

xianlan Wu

First Affiliated Hospital of Army Medical University(Third Military medical University)

**Objective** It's reported that programmed cell death ligand1 (PD-L1) expression was correlated with poor prognosis in various cancers. However, the relationship between PD-L1 expression and the survival of patients with colorectal cancer remains inconclusive and controversial. So we aimed to explicate the prognostic value of PD-L1 in colorectal cancer patients using meta-analysis.

**Methods** The research databases PubMed, Embase, Medline, and the Cochrane Library were interrogated to obtain all relevant articles up to August 8, 2017. Make an inclusion and exclusion criteria and include the articles meeting the inclusion criteria. The quality of included studies was assessed by the Newcastle-Ottawa quality assessment scale. Review Manager 5.3 (Cochrane) and Stata 12.0 software were used for statistical analysis.

**Results** A total of 4037 patients were enrolled in our studies. The results of meta-analysis showed that there was no significant correlation between PD-L1 expression and OS(HR,1.08 ;95%CI,0.71-1.66;P=0.71) or RFS(HR,1.29 ;95%CI,0.51-3.25;P=0.59; I<sup>2</sup>=75%) or DFS(HR,1.31 ;95%CI,0.53-3.23;P=0.55; I<sup>2</sup>=90%) in colorectal cancer. But the subgroup analysis showed that positive expression of PD-L1 was associated with poor OS in colorectal cancer patients from Asian (HR, 1.60; 95%CI, 1.20-2.14; P=0.001; I<sup>2</sup>=0%). The relationship between PD-L1 expression and clinicopathological characteristics showed that PD-L1 expression was increased in patients with lower T stage (T<sub>3-4</sub> vs T<sub>1-2</sub>;OR=0.6; 95%CI, 0.52-0.83;P=0.0004), with lower N stage(N<sub>0</sub> vs N<sub>1-2</sub>; OR=1.28; 95%CI, 1.06-1.55;P=0.01), with Vascular invasion – negative (yes vs no: OR=0.74; 95%CI, 0.59-0.92;P=0.008), with MSI/MMR-deficient(OR=3.30; 95%CI, 1.09-10.03;P=0.04). Sensitive analysis found that the result of meta-analysis in Asian region were robust. no publication bias was found among studies reporting OS、RFS、DFS.

**Conclusions** The meta-analysis indicated that positive expression of PD-L1 could serve as a good predictor for poor prognosis of Asian patients with colorectal cancer; PD-L1 was a significant positive prognostic marker in early stage colorectal cancer.



## PU-1827

## Serum tumor-associated glycoprotein 72, a helpful predictor of lymph nodes invasion in esophagogastric junction adenocarcinoma.

Yue Xu<sup>1</sup>, Yongkang Chen<sup>2</sup>

1.National Cancer Centre

2.Beijing Cancer Hospital

**Objective** Disruption of cell-cell junction and adhesion to vessels are crucial steps in tumor metastasis. Tumor-associated glycoprotein 72 (TAG-72) is a crucial membrane mucin in gastroesophageal mucosa for microenvironment contact with cells. Thus, the TAG-72 value may be an indicator of the malignant involvement of lymph nodes in esophagogastric junction adenocarcinoma (EGAC) patients.

**Methods** Of the 183 patients suspected as gastroesophageal neoplasms, 129 were subsequently diagnosed as EGAC, and 54 were subsequently diagnosed as benign gastroesophageal diseases by imageological or/and histological examination. After we obtained preoperative serum TAG-72 values, the relationship between serum TAG-72 and lymphatic metastasis status, extent of invaded lymph nodes and clinical stage was tested using Spearman correlation analysis and  $\chi^2$  tests.

**Results** Compared with those in patients who suffered either benign gastroesophageal diseases or preinvasive carcinoma, the median serum TAG-72 values were statistically higher in EGAC patients with positive lymph nodes (Kruskal-Wallis test;  $P < 0.001$ ). Serum TAG-72 values were significantly correlated with Lymph Node Ratio (LNR) (Spearman correlation;  $P < 0.001$ ). Using corresponding ROC (95% CI = 0.621-0.783,  $P < 0.0001$ ), serum TAG-72 values with an optimal cut-off (2.2 kU/mL) showed a sensitivity of 0.632 and a specificity of 0.690 for predicting malignant lymph node involvement in EGAC.

**Conclusions** These results suggest that the serum TAG-72 value is a clinically helpful predictor of lymph nodes invasion in resectable EGAC.

## PU-1828

## Hepatitis B virus X protein modulates chemokine CCL15 upregulation in hepatocellular carcinoma

Yueguo Li

Tianjin medical university cancer hospital and institute

**Objective** Hepatitis B virus X protein (HBx) plays important roles in the development of hepatocellular carcinoma (HCC). CCL15 could be a specific proteomic biomarker of HCC with tumorigenesis and tumor invasion. The purpose of this study was to investigate the relationship between HBx and CCL15 expression in HCC tissue and in vitro.

**Methods** HBV-positive HCC pathological tissue samples and corresponding adjacent non-tumor liver tissues were collected. The expression of HBx and CCL15 was analyzed by immunohistochemistry, real-time polymerase chain reaction (PCR) and western blot analysis in tissues or in vitro

**Results** The CCL15 mRNA and protein expression levels in HCC samples were significantly higher than those of adjacent non-tumor liver tissues. The CCL15 expression was positively correlated with HBx expression in HBV-positive HCC samples. The up-regulation of HBx induced CCL15 expression in vitro. The high expression score of CCL15 was significant associated with the poor prognosis of HCC patients.

**Conclusions** The CCL15 expression was significantly correlated with HBx in HCC patients. The CCL15 may serve as a novel target in HBV-associated HCC therapy.

## PU-1829

### Diagnosis and prognostics significance of sPSG9 in colorectal hepatic metastases

Shusheng Hu, Li Ren

Clinical Laboratory Department, Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

**Objective** The aim of this study was to determine whether serum Pregnancy-specific glycoprotein 9 (PSG9) is an independent diagnosis and prognostic factor in colorectal hepatic metastases.

**Methods** We collected clinical and pathological information from 125 colorectal cancer (CRC) patients in the Tianjin Medical University Cancer Hospital from April 2014 to September 2014. The expression of serum PSG9 was evaluated using Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA), while 102 healthy volunteers were regarded as the control group. The associations of PSG9 expression with clinic pathological features were clineated. Moreover, Kaplan-Meier analysis was carried out to examine the association of PSG9 expression with the survival rate. Receiver operating characteristics curves were generated to compare the values of PSG9 in discriminating CRC hepatic metastases from CRC patients.

**Results** Serum PSG9 (sPSG9) level in CRC-M1 (4.870 μg/ml, 2.385 ~ 6.820 μg/ml) were significantly increased as compared to in CRC-M0 or healthy. The expression of sPSG9 was associated with cancer stages, cancer metastasis ( $P < 0.001$ ). Additionally, the 3-year survival rate was significantly lower in sPSG9 high expression patients than that in lower patients (Log-rank,  $P < 0.001$ ). The ROC curves showed that, the area under the curve (AUC) of sPSG9 was 0.774, which indicated that sPSG9 remarkable diagnostic potential to differentiate between CRC-M0 and CRC-M1.

**Conclusions** The elevated sPSG9 could play important roles in cancer hepatic metastasis, and sPSG9 may be used as a predictor of hepatic metastasis in colorectal cancer.

## PU-1830

### 北京协和医院 54771 例粪便常规检查中肠道寄生虫感染

张峰, 李静, 司永珍, 尚雪松, 郭野

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 探讨肠道寄生虫在北京协和医院患者中的感染率。

**方法** 2018 年 1 月至 2019 年 2 月来我院就诊并检测粪便常规及寄生虫检查的门诊和住院病人 54771 例, 采集新鲜粪便标本, 用直接涂片法检查标本中的寄生虫虫卵、幼虫、成虫及原虫滋养体和包囊。

**结果** 54771 例受检者中, 寄生虫阳性标本 199 例, 阳性率为 0.36%。男性 90 例, 女性 109 例, 年龄分布为 6—90 岁。检查出 11 种肠道寄生虫, 其中感染人芽囊原虫 148 例, 占阳性标本 74.4%, 感染蓝氏贾第鞭毛虫 20 例, 占阳性标本 10.1%, 感染微小内蜒阿米巴 13 例, 占 6.5%, 感染脆弱双核虫 9 例, 占 4.5%, 感染结肠阿米巴 8 例, 占 4%, 感染哈门氏阿米巴, 梅氏唇鞭毛虫和人肠毛滴虫各 3 例, 粪类圆形线虫, 蛔虫, 鞭虫各 1 例。

**结论** 肠道寄生虫感染在我院受试者中,以肠道原虫居多,人芽囊原虫、蓝氏贾第鞭毛虫感染占我院肠道寄生虫感染的 84.4%。肠道寄生虫检查工作不容忽视,应加强对肠道寄生虫检查的重视,提高肠道寄生虫的检出率,做好肠道寄生虫病的防治工作。

#### PU-1831

### 14 例先天性甲状腺功能减退症患儿 TSHR、PAX8、TTF1、TTF2、NKX2.5 基因二代测序分析

陈晓宇,秦晓松,刘建华,刘勇  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 研究先天性甲状腺功能减退症 (Congenital hypothyroidism, CH) 患儿已知候选基因 TSHR、PAX8、TTF1、TTF2 和 NKX2.5 的基因突变情况,并初步分析基因突变的类型和特点,为新生儿的早期筛查和临床基因诊断的开展提供参考数据。

**方法** 提取 14 例 CH 患儿的基因组 DNA,对 TSHR、PAX8、TTF1、TTF2、NKX2.5 基因的全部外显子基因进行 PCR 扩增;再利用二代测序方法对上述基因扩增产物进行测序。

**结果** 9 例 CH 患儿检测到了突变位点,其中在 TSHR 基因上发现了 5 种可疑致病的基因突变, p.R450H、p.C408R、p.A275T、p.R531W 及 p.C462R。在 PAX8 基因上发现了 2 种可疑为致病的基因突变, p.R133Q 和 p.I92T。在 TTF1 基因和 TTF2 基因上分别发现了 1 种可疑致病基因突变, p.A533V 和 p.R808P。在 NKX2.5 基/因上未发现可疑致病基因突变。

**结论** CH 患儿的已知候选基因 TSHR、PAX8、TTF1 和 TTF2 上均存在基因突变并且进一步扩大了 TSHR 基因的突变谱,但其基因型与表现型的具体关系尚不能明确,仍需要大量的功能实验加以验证。

#### PU-1832

### 先天性甲状腺功能减退症患儿 GNAS 和 THRA 基因突变分析

陈晓宇,刘勇,刘建华、,秦晓松  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 对 70 例先天性甲状腺功能减退症 (CH) 患儿的 GNAS 基因和 THRA 基因进行二代测序分析,并初步探讨 GNAS 和 THRA 基因突变型与 CH 患儿的临床表现型之间的关系。

**方法** 选取 70 例通过新生儿筛查确诊为 CH 的患儿,采集外周血并进行 DNA 样本提取,利用二代测序技术对 GNAS 和 THRA 基因进行突变筛查,利用生物信息学软件分析基因突变的致病性。

**结果** 70 例 CH 患儿中,3 例检出 9 种 GNAS 基因的错义突变 (包括 3 种已知基因突变和 6 种新突变),而在 4 例患儿中仅检测出一种 THRA 基因多态 c.508A>G (p.I170V),6 种 GNAS 基因的新突变经过生物信息学软件预测致病的可能性大。3 例携带 GNAS 基因突变的患儿存在不同程度的甲状腺功能低下表现。

**结论** GNAS 基因突变与 CH 的发病有关,患儿的临床表现存在较大的异质性,THRA 基因未检测出基因突变,GNAS 和 THRA 基因所致的 CH 比较罕见,筛查的 GNAS 基因突变致病的可能性大。

## PU-1833

## Mutation screening of DUOX2 gene in children with congenital hypothyroidism

Xiaoyu Chen, Yong Liu, Jianhua Liu, Xiaosong Qin  
Shengjing Hospital of China Medical University

**Objective** The aim of this study was to screen DUOX2 mutations in Chinese patients with congenital hypothyroidism (CH) and to research the relationship between DUOX2 genotype and clinical phenotype.

**Methods** Eighty-six patients with CH were recruited in this study from northeastern region of China. Peripheral venous blood samples were collected from the patients and genomic DNA was extracted from peripheral blood leukocytes. PCR and next-generation sequencing (NGS) were used to analyze all exons of DUOX2. Detailed medical data were collected, and the relationship between DUOX2 genotype and the clinical phenotype of CH was preliminarily investigated.

**Results** NGS analysis of DUOX2 gene identified a total of 20 different gene variants in 26 patients (30.2%), among which 16 were known to be pathogenic or likely to be pathogenic, and four were suspected to be of uncertain significance. Three mutations (p.K530X, p.L1343F and p.R1110Q) were highly recurrent in our patient cohort. By using protein homology modeling method, the analysis of its three-dimensional structure suggested that the mutations p.336\_337del and p.T1107fs caused the change of the protein.

**Conclusions** In our study, the mutation prevalence of DUOX2 gene was found at 30.2 %, which was consistent with the gene variants in Asian populations. Variant p.K530X was found with the highest prevalence among the study participants. Children with DUOX2 single allele heterozygous mutation or compound heterozygous mutation exhibited different morphological developments of the thyroid.

## PU-1834

## 探讨流式检测中性粒细胞 CD64 指数在鉴别类风湿性关节炎患者合并感染的预警价值

钟玉霞, 曾静  
南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 分析检测中性粒细胞 CD64 的表达及 CD64 指数对类风湿性关节炎 (rheumatoid arthritis, RA) 患者合并感染的预警价值。

**方法** 选择在我院就诊的类风湿病 (RA) 患者, 根据临床诊断分为 RA 稳定期组、RA 活动期组、RA 合并感染组, 另设健康对照组; 采用流式细胞术检测外周血中性粒细胞 CD64 的表达, 同时计算 CD64 指数; 另外同步采用速率免疫比浊法检测血清 CRP; 电化学发光法检测血清中的 IL-6; 自动血沉仪法检测外周血的 ESR, 比较上述指标在各组间的差异。

**结果** 与健康对照组相比, RA 患者中性粒细胞 CD64、CRP、ESR、IL-6 四项炎性指标均明显升高, 且 RA 活动期或 RA 合并感染较 RA 稳定期患者升高更为显著, 差异有统计学意义; CRP、ESR、IL-6 这三项指标在 RA 患者活动期组与 RA 合并感染组间差别无统计学意义; 中性粒细胞 CD64 在 RA 合并感染患者表达明显高于 RA 非感染患者以及健康对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 早期检测患者外周血中性粒细胞 CD64 的表达对 RA 合并感染患者具有一定的鉴别诊断价值, 其他炎性指标 CRP、ESR、IL-6 仅能反映 RA 患者所处炎性状态, 无法用于区分 RA 活动期和 RA 合并感染状态; 外周血中性粒细胞 CD64 表达水平升高可作为类风湿性关节炎患者感染的预警信号。

## PU-1835

## 他克莫司血药浓度和外周血 T 淋巴细胞亚群绝对数 的相关性分析

钟玉霞<sup>1</sup>,莫炳强<sup>1</sup>

1.南方医科大学珠江医院,510000

2.南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 本研究主要通过观察肾移植患者术后服用他克莫司后,外周血 T 淋巴细胞亚群绝对数的变化,分析它们的相关性。帮助临床评估肾移植术后患者的免疫状态,指导免疫抑制药物的合理应用。

**方法** 收集 2016 年 1 月—2018 年 2 月珠江医院器官移植科 48 个病人 422 例肾移植术后接受他克莫司+霉酚酸+强的松三联免疫抑制抗排斥的受者的他克莫司血药浓度和外周血 T 淋巴细胞亚群绝对数的数据,并作 Pearson 相关性分析。把霉酚酸和强的松的用药剂量对外周血 T 淋巴细胞亚群绝对数作调节效应的分析。

**结果** 他克莫司血药浓度与外周血 CD4+T 淋巴细胞绝对数无相关性 ( $P>0.05$ ),与 CD8+T 淋巴细胞绝对数和 CD4+T/CD8+T 比值具有相关性 ( $P<0.05$ )。

**结论** 他克莫司血药浓度不能单独作为他克莫司药物使用的监控指标,需联合检测 T 淋巴细胞亚群特别是 CD4+T 淋巴细胞亚群以检测患者的免疫状态,对个体化检验和临床用药治疗方案调整意义更大。

## PU-1836

## 热休克蛋白 90 $\alpha$ 在膀胱癌中的表达和意义

季健

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 研究热休克蛋白 90 $\alpha$  (HSP90 $\alpha$ ) 在膀胱癌中的表达和意义。

**方法** 收集血浆标本侵袭性膀胱癌组 55 例,非侵袭性膀胱癌组 52 例及健康对照组 64 例,应用荧光实时定量 RT-PCR 法检测血浆 HSP90 $\alpha$  的 mRNA 表达量,并应用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测血浆 HSP90 $\alpha$  表达量;收集侵袭性膀胱癌组织 32 例、非侵袭性膀胱癌组织 25 例及正常膀胱粘膜组织 20 例,应用免疫组织化学技术检测 HSP90 $\alpha$  的表达。

**结果** 荧光实时定量 RT-PCR 法显示膀胱癌组血浆 HSP90 $\alpha$  的 mRNA 表达量显著高于健康对照组 ( $P<0.01$ ),并且与膀胱癌浸润程度密切相关 (侵袭性膀胱癌组 vs. 非侵袭性膀胱癌组  $P<0.01$ )。

ELISA 检测示膀胱癌组血浆 HSP90 $\alpha$  表达量显著高于健康对照组 ( $P<0.01$ ),但与膀胱癌浸润程度无明显相关 (侵袭性膀胱癌组 vs. 非侵袭性膀胱癌组  $P>0.05$ )。免疫组织化学检查显示 HSP90 $\alpha$  在膀胱癌组织及正常膀胱粘膜组织中均表达,但膀胱癌组织阳性细胞百分率显著高于正常膀胱粘膜组织 ( $P<0.01$ ),而侵袭性膀胱癌组织与非侵袭性膀胱癌组织间无显著差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** HSP90 $\alpha$  在膀胱癌中高表达,提示其在膀胱癌的发生发展过程中起重要作用,可作为膀胱癌靶向治疗的分子靶标。

## PU-1837

## 骨髓细胞形态学检查在非霍奇金淋巴瘤骨髓侵犯中的价值评估

朱建锋,郭玮,潘柏申,王蓓丽  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 本研究用于评估骨髓涂片细胞学检查在判断非霍奇金淋巴瘤骨髓侵犯的准确性,以及骨髓涂片和活检在检测非霍奇金淋巴瘤骨髓侵犯中的价值。

**方法** 我们回顾性分析了 159 例非霍奇金淋巴瘤患者的骨髓涂片与骨髓活检结果,比较两种方法的敏感性、特异性、一致性及临床相关性。

**结果** 骨髓涂片与骨髓活检检查非霍奇金淋巴瘤骨髓累及的符合率为 83.6%,骨髓涂片敏感性和特异性分别为 53.8%和 98.1%。仅考虑惰性非霍奇金淋巴瘤,骨髓涂片的敏感性与特异性分别为 73.7%和 92.0%,而侵袭性非霍奇金淋巴瘤检出敏感性和特异性分别为 42.4%和 100%。

**结论** 实验结果显示骨髓涂片检查是判断淋巴瘤骨髓侵犯的一种有效检查方法。尽管它不能完全代替骨髓活检,但对于活检结果阴性的标本,骨髓涂片仍有少量阳性检出率。因此,骨髓涂片检查具有快速、便捷、经济等优点,可作为活检的补充检查。

## PU-1838

## 脑卒中合并消化道出血的相关危险因素回顾性分析

钟玉霞,周绍松  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 回顾性的分析脑卒中合并消化道出血的相关危险因素,并且分析各因素间的交互作用,从而为指导脑卒中合并消化道出血的预防提供理论依据。

**方法** 通过回顾性分析 2013 年 1 月-2017 年 12 月本院神经内科收治脑卒中患者资料,根据是否合并消化道出血分为出血组和对照组,将患者性别、年龄、病变类型、高血压、糖尿病、肺部感染、吸烟、饮酒、意识状态(GCS 评分)因素纳入考察指标。对不同因素下卒中合并消化道出血的发病率进行分析比较,另外运用 Logistic 二元回归方程分析脑卒中合并消化道出血的独立危险因素。

**结果** 对脑卒中合并消化道出血的危险因素的单因素分析显示:出血性脑卒中合并消化道出血发病率(47.54%)远高于缺血性脑卒中患者(17.64%);非清醒状态患者合并消化道出血的发病率(68.42%)高于清醒状态的患者(22.47%);伴肺部感染患者合并消化道出血发病率(59.45%)高于无肺部感染患者(19.37%);饮酒者消化道出血发病率(60.00%)高于不饮酒者(24.17%);上述三项因素,组间比较有统计学意义( $P < 0.05$ )。另外脑卒中患者是否合并消化道出血风险与考察因素中的性别、年龄、高血液、糖尿病、吸烟无明显相关性, ( $p > 0.05$ )。对有统计学意义的考察指标进行多因素 Logistic 回归分析,影响脑卒中合并消化道出血危险因素相关性排序:非清醒状态>缺血性卒中>饮酒>伴肺部感染。

**结论** 医生应警惕非清醒状态、缺血性卒中、有饮酒史或合并肺部感染的脑卒中患者,此类患者更容易出现消化道出血或消化道损伤,对于此类患者医生应采取积极预防治疗措施,以防因消化道出血或消化道损伤引起病情的进一步加重。

## PU-1839

**PCR-HRM 法筛查成骨不全一家系患者基因突变及分析**

白雪,常小丽,官士珍,王毅  
天津市天津医院 [天津市河西区]

**目的** 研究成骨不全 (osteogenesis imperfecta, OI) 一家系患者基因突变情况, 并分析基因型和临床表型的相关性。

**方法** 收集 OI 一家系患者的临床资料, 包括患者的临床体征、家族史, 绘制家系图, 分析患者的遗传方式。采集 OI 家系患者及 50 名正常对照者的血液标本, 提取 DNA。采用 PCR-高分辨率熔解曲线分析 (high-resolution melting, HRM) 法筛查研究对象 COL1A1/COL1A2 基因突变情况。PCR-HRM 法引物设计覆盖 COL1A1/COL1A2 基因的所有编码区以及相邻的外显子-内含子交界处。观察 OI 患者与正常对照者 HRM 熔解曲线及熔解温度 (T<sub>m</sub>) 值的差异, 判断 OI 患者 COL1A1/COL1A2 基因异常区域。根据基因的异常区域, 设计长片段引物, 通过基因扩增及基因测序确定突变位点。并研究 OI 患者基因型与临床表型的相关性。

**结果** 家系图分析表明该 OI 家系符合显性遗传特征。PCR-HRM 法显示先证者、先证者弟弟及先证者母亲均在 COL1A1 基因 19 外显子区 HRM 域熔解曲线及 T<sub>m</sub> 值与正常对照者存在差异, 而先证者父亲与正常对照者无差异。基因测序验证表明, 先证者、先证者弟弟及先证者母亲均在 COL1A1 基因 19 外显子处发生突变, 突变为 cDNA 的第 1243 位碱基 C 突变为 T, 即为: c.1243 C>T, 该突变导致第 415 位的精氨酸 (Arg) 形成终止密码子 (TGA)。即为 p.(Arg415\*)。而先证者父亲与正常对照者 COL1A1 基因测序无此突变。先证者母亲病情最轻为 I 型 OI, 先证者临床表型介于 I 型与 IV 型 OI 之间, 先证者弟弟临床表型为 IV 型 OI。

**结论** PCR-HRM 法筛查 OI 患者 COL1A1/COL1A2 基因突变是一种有效的新方法。该家系 COL1A1 基因 19 外显子发生突变 c.1243 C>T, p.(Arg415\*)。该 OI 家系的临床表型与基因型有关联, 但也存在差异。提示患者的个人体质以及其他外界因素可能会对患者的临床表型有影响。

## PU-1840

**血培养致病菌与污染菌鉴别分析**

赵丽娜,龚雨晨  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 统计并分析苏州大学附属第一医院 2017 年度血培养结果, 了解致病菌与污染菌的检出及分布情况。

**方法** 对血培养阳性报警瓶的检出菌、采血模式、血培养阳性报警时间、降钙素原的结果进行统计分析, 结合临床资料分析致病菌与污染菌的情况。

**结果** 2017 年度 6114 名患者送检血培养, 共送检 26157 瓶, 在 26157 瓶送检标本中血培养仪报警 2210 瓶, 血培养仪器报警阳性率为 8.45%, 转种血平板培养后, 阳性 2010 例 (90.95%), 无菌生长 200 例 (9.05%)。在所有检出菌中最常见的是凝固酶阴性葡萄球菌 (CNS) 443 例 (22.04%), 其次是肺炎克雷伯菌 440 例 (21.89%), 大肠埃希菌 308 例 (15.32%) 等, 凝固酶阴性葡萄球菌也是主要污染菌。单瓶送检阳性率为 68.7%, 单套送检阳性率为 73.2%, 双套送检阳性率为 93.9%, 三套送检阳性率为 96.9%。在 2010 例检出的细菌中, 48h 内病原菌阳性报警率为 88.55%。在 12h 内检出的有 825 例 (41.04%), 在 12h-24h 内检出的有 591 例 (29.40%), 在 24h-48h 内检出的有 364 例 (18.11%), 在 48h-72h 内检出的有 141 例 (7.01%), 在 72h-96h 内检出的有 61 例 (3.03%), 超过 96h 检出的有 28 例 (1.39%)。

**结论** 凝固酶阴性葡萄球菌等皮肤常见菌易引起血培养污染, 采血套数的增加可以提高血培养阳性率, 辅助鉴别污染菌, 并在一定程度上降低污染率。血培养阳性报警时间在不同的检出菌中存在差异, 污染菌血培养阳性报警时间和致病菌相比明显更久, 这一指标可以辅助鉴别污染菌。

## PU-1841

### 含 Auer 小体样物质的非髓系肿瘤 2 例报道并文献复习

朱建锋, 郭玮, 潘柏申, 王蓓丽  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** Auer 小体为髓系肿瘤的一个细胞形态学标志物。本研究报道 2 例非髓系肿瘤细胞(急性 T 淋巴瘤母细胞性淋巴瘤/白血病, 脾脏淋巴瘤)胞浆中发现 Auer 小体样物质, 并文献复习进一步探讨 Auer 小体与 Auer 样物质形态学特点、性质以及在血液疾病中的诊断意义。

**方法** 通过形态学、组化染色、免疫分型与遗传学检查研究 2 例非髓系肿瘤并文献复习, 评估肿瘤性淋巴细胞胞浆中 Auer 小体样物质。

**结果** 2 例非髓系肿瘤免疫分型符合淋巴瘤表型; 形态学 Auer 小体样物质与真正 Auer 小体相似, 尤其在例 1 Auer 小体样物质出现在原始细胞中时, 很难与真正的 Auer 小体区别。

**结论** Auer 小体是髓系与非髓系肿瘤鉴别诊断、以及 MDS 分型中一个重要的形态学依据, 但因其他少数非髓系肿瘤也会出现 Auer 样物质, 必须依靠其他流式细胞分析、免疫组织化学染色、遗传与分子生物学检查等综合判断之后, 才能对血液系统疾病做出准确诊断。

## PU-1842

### 血清降钙素原检测在心力衰竭合并感染患者应用

牛爱军  
山东大学第二医院, 250000

**目的** 探讨血清降钙素原检测在心力衰竭合并感染中的临床应用价值。

**方法** 采用罗氏公司 Cobas E601 电化学发光免疫分析仪, 对 59 例单纯感染患者, 63 例单纯心力衰竭患者, 65 例心力衰竭合并感染患者及 100 例健康人群血清 PCT 水平进行检测, 其中 65 例心力衰竭合并感染患者按心力衰竭级别又分为 II 级 21 例, III 级 23 例, IV 级 21 例。

**结果** 三组疾病组 PCT 水平均显著高于正常对照组 ( $P$  均  $<0.01$ ); 其中单纯心力衰竭组 PCT 水平显著高于正常对照组 ( $t=11.95$ ,  $P<0.01$ ), 心力衰竭合并感染组 PCT 水平显著高于单纯感染组 ( $t=7.27$ ,  $P<0.01$ )。以  $0.05$  ng/ml 作为诊断界值, PCT 的诊断敏感性和阴性预测值随着心力衰竭的级别增长而呈逐渐上升趋势, 而阳性预测值呈逐渐下降趋势。

**结论** 验证了心力衰竭可引起机体 PCT 水平升高的事实。以 PCT  $0.05$  ng/ml 作为诊断界值时, 其对单纯感染患者及不同级别心衰患者的诊断效能明显不同, 提示临床医生在通过 PCT 水平进行诊断及判断患者病情时, 要考虑患者是否合并有心衰以及考虑心衰的程度来选择不同的 PCT 界值, 同时这对于医生判断患者何时开始使用和停止使用抗生素也至关重要。



## PU-1843

## 检验科与临床的沟通至关重要

黄小斌

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 加强检验科与临床科室的沟通,才能减少因沟通不畅等人为或可避免因素干扰对检验结果的影响,保证检验结果的准确性,为临床诊断和治疗提供客观的依据

**方法** 2 检验科与临床沟通的重要性

2.1 主动与临床科室靠拢,加强与临床医生的沟通

2.2 护理人员采集标本对检验质量至关重要,有必要加强相互之间的联系

3 加强检验科与临床之间的沟通

3.1 定期与临床科室进行业务交流

3.2 在院内开展分析前质量管理培训,让医生与护士了解检验分析前的影响因素

3.3 制定临床检验项目指南,方便临床医生和护士

3.4 建立检验咨询门诊,直接服务于患者和临床医护人员

3.5 对临床检验人员严格要求

3.6 培养高素质的检验医师

**结果** 要完善医学检验工作,必须加强检验技师与临床医师的沟通与合作。

**结论** 不断加强检验与临床的沟通,让医生与护士走近检验,了解检验,取得临床的支持和理解,让检验更好服务于临床和患者。同时对结果进行确认、解释,提供咨询服务.为临床医生选择项目提出建议,让检验真正为临床服务。

## PU-1844

## Relationship between hypoxia and carcinoembryonic antigen and upregulated carcinoembryonic antigen is associated with poor prognosis in breast cancer patients

Yahui Liu, Li Ren

Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

**Objective** Hypoxia is present in many solid tumors and is a prognostic factor for poor tumorigenesis. Here, we investigated whether carcinoembryonic antigen (CEA) plays a role in the hypoxic microenvironment of breast cancer.

**Methods** We researched the expression of CEA in breast tumor tissues and the corresponding paracancerous tissues. Furthermore, Western blotting was used to detect the expression levels of CEA in breast cancer cells cultured under hypoxia or normoxia. The expression levels of CEA, hypoxia-inducible factor-1 $\alpha$  and carbonic anhydrase IX in tumor tissues were detected by immunohistochemical staining. In addition, the correlations between CEA and clinical parameters and prognosis of breast cancer patients were analyzed by statistical analysis.

**Results** We found that CEA mRNA expression of tissues in breast cancer patients were significantly increased compared to the corresponding paracancerous tissues. Furthermore, the expression levels of CEA in breast cancer cells cultured under hypoxic conditions were elevated compared with those cultured under normoxic conditions. Immunohistochemical staining demonstrated that the expression of CEA in tumor tissues was increased with HIF-1 $\alpha$ , and the area of CA-IX expression could be seen with CEA distribution. In addition, the clinical parameter analysis found that serum CEA was significantly associated with malignant clinical features. We also found that elevated CEA expression was related to poor prognosis in breast cancer patients.

**Conclusions** CEA expression was elevated in the breast cancer hypoxic microenvironment, and the data suggested a rationale for the use of CEA in breast cancer diagnosis, assessment and prognosis.

## PU-1845

### 苏州市某三甲医院 2017 年临床分离菌耐药性监测

赵丽娜,张险峰,朱琼芳,陈旭,任亚璐,徐杰  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 了解苏州大学附属第一医院 2017 年临床分离菌对临床常用抗菌药物的敏感性和耐药性,为临床合理用药提供参考和依据。

**方法** 采用纸片扩散法和自动化仪器进行细菌体外药敏试验,按照美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) 2017 年标准判读药敏结果,并用 WHONET5.6 软件进行统计分析。

**结果** 2017 年共分离 9106 株非重复菌株,其中革兰阳性菌 2549 株,占 28.0%,革兰阴性菌 6557 株,占 72.0%。金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌中甲氧西林耐药株 (MRSA 和 MRCNS) 的检出率分别为 53.8%和 71.6%。MRSA 和 MRCNS 对绝大多数测试药物的耐药率均明显高于甲氧西林敏感株 (MSSA 和 MSCNS)。MRSA 中有 94.0%菌株对甲氧苄啶-磺胺甲唑敏感;MRCNS 中有 76.4%的菌株对四环素敏感。未发现万古霉素耐药株。肠球菌属中粪肠球菌对多数测试抗菌药物 (除外四环素) 的耐药率均显著低于屎肠球菌,粪肠球菌检出 1 株利奈唑胺耐药菌株,屎肠球菌检出 5 株万古霉素耐药菌株。除肺炎克雷伯菌外,多数肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素仍高度敏感,耐药率低于 6%。2015 年肺炎克雷伯菌对亚胺培南的耐药率为 6.4%,2016 年 22.8%,2017 年 25.2%,与此同时,肺炎克雷伯菌的分离率也从 2015 年的第二位跃居 2016 及 2017 年的第一位。mCIM 试验显示 CR-KPN 99.17%产碳青霉烯酶。

**结论** 临床分离菌耐药率呈增长性趋势,尤其是碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌,应继续加强抗菌药物应用管理,做好医院感染防控工作。

## PU-1846

### 两种线性评价方案的比较

林斐然,刘文彬,欧元祝,虞啸炫,唐立萍  
上海市临床检验中心

**目的** 探讨 EP6-A 和改良的 Doumas 两种线性评价方案临床实用性和区别。

**方法** 用 11 种同型半胱氨酸循环酶法检测试剂于日立 7180 全自动生化分析上检测同型半胱氨酸项目,分别对 11 组梯度值样本测定 3 次,采用 EP6-A,改良的 Doumas 两种方案对 11 组同型半胱氨酸线性检测值进行评价,比较结果异同。

**结果** 11 组数据统计结果显示,EP6-A 方案有 4 组可直接判断为线性,4 组因差异小于预设允许偏倚,判断为临床可接受的线性,B、H、I3 组为非线性。改良 Doumas 方案有 B、H2 组判断为非线性,其余 9 组为线性。EP6-A 和改良 Doumas 方案评价结果有 10 组数据是一致的。

**结论** EP6-A 和改良的 Doumas 两种线性评价方案评价结果有差异。改良的 Doumas 评价方案统计方法上更为简便,EP6-A 评价方案综合了不精密度检验、多项式回归分析,并与临床目标相结合,更为全面、客观。

## PU-1847

## 精神分裂症患者血清同型半胱氨酸水平分析

闫先侠

山东省精神卫生中心,250000

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸(Hcy)水平变化与精神分裂症之间的关系。**方法** 采用免疫散射比浊法对 63 精神分裂症患者及 60 例健康对照者血清 Hcy 水平进行了检测。

**方法** 采用免疫散射比浊法对 63 精神分裂症患者及 60 例健康对照者血清 Hcy 水平进行了检测。

**结果** 精神分裂症患者组血清 Hcy 水平 ( $25.34 \pm 12.62 \mu\text{mol/L}$ ) 及高同型半胱氨酸血症 (HHcy) 发生率 (55.6%) 均显著高于健康对照组 ( $11.21 \pm 3.97 \mu\text{mol/L}$ ) 和 (5.0%) ( $P$  均  $< 0.01$ )；两组中男性血清 Hcy 水平分别为 ( $27.51 \pm 15.34 \mu\text{mol/L}$ ) 和 ( $12.84 \pm 3.15 \mu\text{mol/L}$ ) 均显著高于女性 ( $19.18 \pm 12.62 \mu\text{mol/L}$ ) 和 ( $9.67 \pm 2.01 \mu\text{mol/L}$ ) ( $P < 0.05$  及  $P < 0.01$ )；经典抗精神病药物治疗组血清 Hcy 水平 ( $29.23 \pm 16.75 \mu\text{mol/L}$ ) 及 HHcy 发生率 (70.0%) 均显著高于非典型抗精神病药物治疗组 ( $20.89 \pm 13.03 \mu\text{mol/L}$ ) 和 (42.4%) ( $P < 0.05$ )。

**结论** 精神分裂症患者中存在血清 Hcy 代谢异常，血清 Hcy 升高可作为精神分裂症的实验室辅助诊断指标之一；血清 Hcy 水平存在性别间差异，临床应用时应分别设立不同参考区间，而且比较精神分裂症患者血清 Hcy 水平时应注意区分；非典型抗精神病药物可能通过调节 Hcy 代谢并降低血清 Hcy 水平来改善患者认知功能。

## PU-1848

## 葛根素对肝癌细胞化疗敏感性的影响

吴镇

山东大学第二医院,250000

**目的** 本研究探讨葛根素 (PU) 对 HepG2 人肝癌细胞 (HCC) 细胞对化疗药物敏感性的影响，以确定其可能的作用机制

**方法** 用不同浓度的 PU 和顺铂 (CDDP) 单独或联合治疗 HepG2 细胞。MTT 法测定不同药物对 HepG2 细胞的抑制作用。倒置显微镜观察细胞形态。Western blot 检测 B 细胞淋巴瘤 2 (Bcl-2) 和 Bax 蛋白的表达。PU 和 CDDP 单独或联合抑制 HepG2 细胞增殖。

**结果** CDDP 联合 PU 对 HepG2 细胞的抑制作用明显高于单药治疗 ( $P < 0.01$ )。此外，与单药组相比，细胞形态明显改变，细胞凋亡率和 bax 蛋白表达显著增加 ( $P < 0.01$ )。联合用药组 Bcl-2 蛋白表达明显降低 ( $P < 0.01$ )。

**结论** PU 能提高 HCC 对化疗药物的敏感性，增强化疗药物对细胞增殖的抑制作用，协同诱导 HepG2 细胞凋亡。其机制可能与 bax 蛋白上调和 bcl-2 蛋白下调有关。

## PU-1849

## 苏州市某三甲医院 2018 年临床分离菌耐药性监测

朱琼芳,徐杰,张险峰,陈旭,任亚璐,赵丽娜

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 了解苏州大学附属第一医院 2018 年临床分离菌对临床常用抗菌药物的敏感性和耐药性，为临床合理用药提供参考和依据。

**方法** 采用纸片扩散法和自动化仪器进行细菌体外药敏试验,按照美国临床和实验室标准化协会(CLSI)2018年标准判读药敏结果,并用WHONET5.6软件进行统计分析。

**结果** 2018年共分离8402株非重复菌株,其中革兰阳性菌2236株,占26.6%,革兰阴性菌6166株,占73.4%。金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌中甲氧西林耐药株(MRSA和MRCNS)的检出率分别为52.1%和73.5%。MRSA和MRCNS对绝大多数测试药物的耐药率均明显高于甲氧西林敏感株(MSSA和MSCNS)。MRSA中有96.3%菌株对甲氧苄啶-磺胺甲唑敏感;MRCNS中有77.2%的菌株对四环素敏感。凝固酶阴性葡萄球菌对万古霉素100%敏感,但发现7株利奈唑胺耐药菌株。肠球菌属中粪肠球菌对多数测试抗菌药物(除外四环素)的耐药率均显著低于屎肠球菌,屎肠球菌检出3株万古霉素和替考拉宁耐药菌株,另检出2株利奈唑胺耐药和2株利奈唑胺中介菌株。粪肠球菌检出1株利奈唑胺耐药菌株和1株利奈唑胺中介菌株。除肺炎克雷伯菌外,多数肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素仍高度敏感,耐药率低于4%。2015年肺炎克雷伯菌对亚胺培南的耐药率为6.4%,2016年22.8%,2017年25.2%,2018年24.5%,与此同时,肺炎克雷伯菌的分离率也从2015年的第二位跃居2016、2017和2018年的第一位。

**结论** 临床分离菌耐药率呈增长性趋势,尤其是碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌,应继续加强抗菌药物应用管理,做好医院感染防控工作。

## PU-1850

# Gα13 负向调控 VE-cadherin 介导的细胞粘附连接机制的研究

冯少婷

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 血管完整性对于维持肺体液平衡十分重要。其中,肺内皮通透性的变化在很多疾病,如动脉硬化、肿瘤、急性肺损伤等急性以及慢性炎症的发病过程中起着重要的作用。本研究通过对 VE-cadherin 和 Gα13 之间作用关系的研究,阐明粘附连接中聚合与不聚合的信号调节通路,可为阐明分子如何调节内皮细胞通透性及调控血管过度渗漏提供理论依据。

**方法** 1.利用小干扰 RNA 使人肺微血管内皮细胞的 Gα13 表达水平降低,通过检测 TER(跨内皮电子阻抗)和免疫荧光检测粘附连接处的 VE-cadherin 表达水平变化等分析内皮连接的完整性。

2.通过琼脂糖珠分离细胞表面以及生物素标记内源化蛋白,构建 Gα13 突变型,检测不同突变型表达后 VE-cadherin 在内皮粘附连接处的表达情况。

3.过表达 Gα13 野生型,分别通过检测 p120-cadherin 与 VE-cadherin 免疫共沉淀情况;或者小干扰 RNA 使 Gα13 表达降低后,人肺微血管内皮细胞分别表达 VE-cadherin 不同突变型,经 TNF 刺激后检测跨细胞电阻观察 VE-cadherin 及其突变型对人肺微血管内皮细胞通透性的影响。

**结果** 1.结果: Gα13 小 RNA 干扰后 VE-cadherin 在人肺微血管内皮细胞粘附连接处表达增强,跨细胞电阻增高。Gα13 特异性基因敲除小鼠的肺微血管内皮细胞 VE-cadherin 表达明显增高,敲除 Gα13 增加了小鼠内皮屏障对于炎症因子的防御功能。

2.Gα13 缺失可以增加细胞表面的 VE-cadherin 表达量,同时降低 VE-cadherin 内化;组成性活化的 Gα13(Q226L)突变,诱导 VE-cadherin 内化,粘附连接破坏。

3.在人肺微血管内皮细胞过表达组成性突变型 Gα13, p120-catenin 与 VE-cadherin 解离,VE-cadherin 内化;弱化 Gα13 表达水平,可促进 p120 与 VE-cadherin 聚和;人肺微血管内皮细胞通透性受 VE-cadherin 及其 Y658 磷酸化状态的影响:VE-cadherin 沉默:通透性增强,但可被 VE-cadherin 的 WT 或 Y658F 突变体(磷酸化抵抗)重新封闭。而 Y658E 只能部分封闭内皮通透性。

**结论** α13 与 VE-cadherin 结合,继而诱导 Src 活化,VE-cadherin 在 658 位酪氨酸磷酸化, p120-catenin 参与 VE-cadherin 的内化,破坏粘附连接解聚。

## PU-1851

**血清胃泌素释放肽前体对小细胞肺癌的临床价值研究**

周云丽,王宁

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** Pro-GRP 是一种称为胃泌素释放肽 (GRP) 的神经肽激素的前体, 常由小细胞肺癌细胞产生。本研究使用化学发光测定法对 Pro-GRP 进行测定, 将胃泌素释放肽前体 (Pro-GRP) 与其他肺部肿瘤标志物对比, 探讨 Pro-GRP 在肺癌诊断和治疗监测中的临床价值。

**方法** 从天津医科大学肿瘤医院收集 96 例小细胞肺癌 (SCLC) 患者、63 例非小细胞肺癌 (NSCLC) 患者、76 例正常对照者的外周血, 检测 Pro-GRP、SCC、NSE、CEA、Cyfra21-1 等肺部肿瘤标志物在血清中的水平, 同时收集相关病例资料, 进行统计分析。SCLC 局限期患者 76 例, 广泛期患者 24 例。进行化疗一周期前后比较的 SCLC 患者共有 87 例, 均在化疗第一周期结束后对化疗后 SCLC 患者血清中 Pro-GRP 相对含量分析。

**结果** 与正常对照组和 NSCLC 组相比, SCLC 患者血清中 Pro-GRP、NSE 的相对含量均显著增高, 其差异具有统计学意义。Pro-GRP 的相对含量与 SCLC 的临床分期相关: 局限期 SCLC 患者的 Pro-GRP 水平明显低于广泛期 SCLC 患者 ( $P<0.05$ )。ROC 曲线显示 Pro-GRP 诊断 SCLC 患者的灵敏度为 84.5%, 特异性为 98.6%, 明显高于 NSE 对 SCLC 的诊断 (灵敏度 77.6%, 特异性 79.5%)。SCLC 患者化疗前后血清中 Pro-GRP 水平明显下降 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 Pro-GRP 检测在 SCLC 的临床分期、诊断和治疗监测均有较高的临床价值。

## PU-1852

**碳青霉烯类抗菌药物耐药的肺炎克雷伯菌对替加环素的耐药性及耐药基因的研究**

廖凤慧

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 自替加环素(TGC)应用于临床以来, 陆续出现 TGC 耐药的碳青霉烯类抗菌药物耐药的肺炎克雷伯菌(CRKP)的相关报道。本研究为了了解 CRKP 对 TGC 以及其他常用抗生素的耐药情况, 了解 TGC 不敏感的 CRKP 对耐药基因 *acrA*、*acrB*、*tolC*、*oqxA*、*oqxB*、*tetX*、*tetX1*、*tetX2* 基因的携带情况。

**方法** 取保存于中国医科大学附属第一医院微生物室中的 40 株非重复 CRKP。用全自动微生物分析系统 BD Phoenix 100 测定 CRKP 的对临床常用药物的耐药性研究。用 MTS 法、BMD 法、全自动微生物分析系统 BD Phoenix 100、纸片法检测 CRKP 对 TGC 的耐药性。通过诱导, 获得 TGC 耐药的 CRKP, 应用 PCR 技术检测 TGC 不敏感的 CRKP 对 *tetX*、*tetX1*、*tetX2*、*acrA*、*acrB*、*tolC*、*oqxA*、*oqxB* 基因的携带情况。

**结果** 1. CRKP 对阿米卡星、环丙沙星、左旋氧氟沙星、诺氟沙星、氨曲南的敏感率低于 10%, 对氨苄西林/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦、头孢他定、头孢西丁、头孢曲松、头孢呋辛、头孢吡肟、头孢哌酮/舒巴坦、庆大霉素、妥布霉素、呋喃妥因敏感率为 0, 对复方新诺明的敏感率低于 50%。2. 四种方法检测对 TGC 的耐药性, BD Phoenix 100、纸片法的结果与 MTS 法的结果相比,  $P<0.05$ , 差异有统计学意义。而 BMD 法与 MTS 法的结果相比,  $P>0.05$ , 差异无统计学意义。3. 对两株 TGC 不敏感的 CRKP 诱导, 诱导 1 周后, MIC 即为 4ug/ml, 转变为耐药菌株。4. PCR 扩增产物电泳条带图可见 *acrA* 和 *acrB* 在 4 株菌中均有条带显示, 且条带位置与目标产物的大小基本一致, 表明两种基因在 4 株菌中是阳性的, *oqxA*、*oqxB*、*tolC*、*tetX*、*tetX1*、*tetX2* 均无条带显示, 表明此 4 株菌没有此六种基因的携带。将产物测序结果输入 NCBI 数据库比对, 显示, *acrA* 和 *acrB* 与目标基因的相似度分别是 97%与 99%。

**结论** 1、CRKP 对临床常用抗菌药物的敏感性极低,但对 TGC 的敏感性较高,TGC 可作为治疗 CRKP 的首选药物。2、用纸片法和自动化仪器测定 TGC 敏感性时,敏感结果可直接报告,若出现不敏感结果,建议用 MTS 法或 BMD 法进行结果的复核。3、在体外,低浓度的 TGC 连续刺激可诱导 CRKP 对 TGC 的 MIC 持续增高。4、acrA、acrB 与 TGC 耐药可能有相关性。

## PU-1853

### 甜菜碱在血清乳酸脱氢酶中稳定性及其机制研究

虞啸炫,欧元祝,唐立萍,刘文斌,林斐然,葛丹红,龚敬凯  
上海市临床检验中心

**目的** 研究甜菜碱在不同温度下对血清 LDH 的稳定作用,找到血清 LDH 最适合运输和保存的稳定条件,应用于正确度控制品和标准物质的研制。

**方法** 分五组配制不同浓度甜菜碱与血清 LDH 样品混合液,并对血清 LDH 样品混合液进行 LDH 同工酶电泳分析及 LDH 活性检测。所得结果与基线结果进行变化率统计。

**结果** 第二组、第三组、第四组其浓度范围在 0.5-1.25mol/L 的甜菜碱与 LDH 样品混合液活性回收率在 98.36-101.41%,第五组有略微升高,其回收率在 95.16-103.48%。2-8 度保存样品 4 周,其产生变化率最大不超过 1.79%。 -20 度以下保存样品第三周变化率为 56.14-65.34%。4 周-20 度样品保存,LDH 同工酶中比例 LDH1、LDH2 升高,LDH3 比例接近基线值,LDH4、LDH5 比例接近为 0%。

**结论** 添加甜菜碱至浓度范围为 0.5-1.25mol/L 的血清 LDH 样品 2-8 度至少能稳定 4 周, -20 度以下保存样品不稳定。

## PU-1854

### 多台 Sysmex UF-5000i 全自动尿沉渣分析仪间校准 后结果一致性研究

李焱鑫  
四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 研究评估和提高尿液沉渣分析中多台 UF-5000i 尿沉渣分析仪检测结果一致性的方法。

**方法** 使用新鲜尿液分别制备高纯度的红细胞尿液、白细胞尿液、上皮细胞尿液、管型尿液。同时每台尿沉渣分析仪(UF-5000i)已经仪器配套校准物校准,并依照 EP9-A 完成新鲜样本的比对。随后,每台尿沉渣分析仪的激光光学指标(灵敏度)进行微调,在微调前后将制备的纯态尿液在多台仪器上进行检测,统计分析四项检测指标的差异。

**结果** 与仪器微调前相比,RBC 值微调后一台仪器与靶机的相关系数略降低,其余两台无变化。WBC 值两台仪器与靶机的相关系数改善显著。EC 和 BACT 两个指标在微调后各仪器的相关系数均发生了显著的提高。通过 Bland-Altman 法分析,四项指标经微调后结果一致性改善显著。数据间的离散程度在不同浓度时不同,浓度越高(>1000),四个指标的数据间偏离程度均小于 0.1,而浓度较低时(0-10),数据间的偏离程度明显增大,甚至达到 3.5 倍(WBC)。

**结论** 使用配套校准物校准后,多台尿沉渣分析仪检测新鲜尿液样本结果的一致性存在差异;通过调整激光光学参数可显著提高多台仪器间结果的一致性。同时,不同浓度范围内的数据偏差宜采用不同的判断方法和标准,从而更合理的评估数据偏差。

## PU-1855

## 嵌合型 9p 四体病例报道及文献复习

李辉斌

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 9p 四体综合征是一种罕见的染色体综合征,大多数儿童出现特定的颅面部异常包括前额宽、眼睑下垂、低耳位、喙鼻等合并其他临床表现:严重的智力障碍和生长发育迟缓,高血压、先天性心脏病等。通过对一患儿的病例分析及文献及病例报道回顾,探讨对此综合征的临床诊断及干预措施。

**方法** 将患儿的外周血和皮肤分别进行染色体 G 显带分析、荧光原位杂交分析和染色体微阵列序列分析。

**结果** 病例:患儿,男,2岁10月,重度脑积水,精神运动发育迟缓,双侧耳位偏低,右侧耳廓瘢痕,右手通贯掌;会发“ma”等单音词、会独走,步态欠稳,双下肢负重欠佳,双足外翻。

遗传学检查:

外周血核型: 47,XY, +psu idic(9)(q12); 外周血 FISH 结果: nuc ish(9p)x4,(9q)x2[42]/(9p,9q)x2[8]

皮肤核型: 47,XY,+psu idic(9)(q12)[28]/46,XY[22]; 皮肤 FISH 结果: nuc ish(9p)x4,(9q)x2[9]/(9p,9q)x2[41]

外周血染色体微阵列 CMA 结果:

arr [hg19] 9p24.3q11(48,827-47,206,245)x4。

**结论** 我们发现了一个嵌合型 9p 四体综合征患儿的新病例,将其遗传学检查和临床表现与之前报道过的病例相比较,可以为这种罕见的染色体综合征的临床定义提供额外的支持。

## PU-1856

## 肠球菌常用药物的药敏分析及 VRE 的筛选和鉴定

张险峰,徐杰,赵丽娜,韩清珍,毛菊珍

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 对肠球菌常见药敏结果进行分析,筛选出耐万古霉素肠球菌,对其耐药基因、毒力基因进行检测,并进行 MLST 分型。

**方法** 对 2014 年 10 月至 2015 年 10 月间苏州大学附属第一医院鉴定并收集的所有肠球菌进行药敏分析,利用纸片扩散法筛选出耐万古霉素肠球菌(VRE),并进行 VRE 耐药基因、毒力基因及分型的鉴定,一株室间质控耐万古霉素的肠球菌也加入到实验中。设计耐药基因 vanA、vanB、ace(6')-le-aph(2'')-la、tetM、tem,毒力基因 cylL-L、cylL-S、cylL-A、esp、acm、gelE、asa1、cpd、ace 和管家基因 adk、atpA、ddl、gdh、gyd、pstS、purK 的引物,并通过 PCR 技术对 DNA 片段进行扩增,电泳分析 PCR 产物。

**结果** 共发现有 9 株临床菌株对万古霉素耐药,检出率为 1.54%,且均为屎肠球菌;全部 10 株 VRE 均对万古霉素和替考拉宁耐药,而对利奈唑胺敏感,检测其耐药基因发现均为 VanA 型,ace(6')-le-aph(2'')-la 阳性率为 87.5%,tetM 阳性率为 75.0%,未检出 tem 基因。其中 8 株 VRE 毒力基因 acm 阳性率为 100%,esp 阳性率为 87.5%,其他毒力基因未检出。其中 8 株 VRE 的 MLST 分型结果提示有 5 株为 ST78,有 1 株为 ST17,有 2 株为 ST203。

**结论** 本院医院感染肠球菌中屎肠球菌占比略大,VRE 的检出率较高,且对万古霉素耐药的均为屎肠球菌。本实验 VRE 均检出 vanA 耐药基因,与对万古霉素和替考拉宁均耐药的药敏结果相一致,携带毒力因子阳性率较高,其中 8 株 VRE 中共有 3 种 ST 型,存在着变异和进化的关联。

PU-1857

## 浓缩尿与非离心尿非定量有形成分沉渣定量 计数板换算关系初探

李焱鑫,熊志刚

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 探讨浓缩尿与非离心尿非定量有形成分沉渣定量计数板换算。

**方法** 取含草酸钙结晶的新鲜尿液使用尿沉渣计数板定量对非离心尿和离心尿草酸钙结晶计数。

**结果** 两方法的相关系数为 0.978, 线性方程为  $Y_{\text{离心法}} = 28.243X_{\text{非离心法}} + 125.897$ ; 获得近似的定量结果与等级值结果的对应关系。

**结论** 草酸钙结晶适用于尿沉渣计数板的评价; 可保证所报告结果与现行国家报告标准的一致性和可读性, 提高样本检测效率。

PU-1858

## 铁代谢相关生化指标在缺铁性贫血诊断 及鉴别诊断中的应用

侯立安,程歆琦

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨常见的铁代谢指标及不同指标的联合应用在缺铁性贫血诊断和鉴别诊断中的应用价值。

**方法** 选取缺铁性贫血(iron deficiency anemia, IDA)、单纯慢性病贫血(Anemia of chronic disease, ACD)和慢性病合并缺铁性贫血(chronic diseases with iron deficiency anemia, CIDA)以及健康对照(normal control)四组标本, 同时检测四组标本的常用铁代谢指标: 可溶性转铁蛋白受体(soluble transferrin receptor, sTfR)、血清铁蛋白(Serum ferritin, SF)、血清铁(Serum Iron, SI)、不饱和铁结合力(Unsaturated iron binding capacity, UIBC)和转铁蛋白(Serum transferrin, TRF), 进行独立样本非参数检验并做 ROC 曲线, 判断不同指标的诊断价值。

**结果** SF、sTfR、UIBC 和 sTfR/SF 在四个疾病组之间均有差异( $P < 0.05$ )。IDA 诊断中, SF、sTfR/SF 及 sTfR/IgSF 所对应的 ROC 曲线下面积最大分别为 0.96, 0.96 和 0.95。四组标本中, 缺铁性贫血(IDA)和慢性病合并缺铁性贫血组(CIDA)的 sTfR 含量明显高于其他两组( $P < 0.05$ ), 其 IDA 的诊断 Cut-off 值为 2.5 mg/L。sTfR/IgSF 在 ACD 和 Normal 组差异不明显( $P = 1.00$ ), 机体存在缺铁性贫血时 sTfR/SF 及 sTfR/IgSF 的值较高。

**结论** 临床对缺铁性贫血的诊断不应单以某一指标的变化下结论, 应该综合多项指标加强对缺铁性贫血的诊断和鉴别诊断, 以免漏诊和误诊。

PU-1859

## 基于双信号辅助的电化学传感器超灵敏检测循环 肿瘤细胞的研究

王杨,陈鸣

陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 建立一种基于双信号辅助的电化学传感器检测白血病 K562 细胞。



**方法** 利用适配子与 K562 细胞亲和力强的特点，将亚甲蓝标记的适配子和二茂铁标记的互补链杂交并固定在金电极上。当存在 K562 细胞时，细胞与适配子结合，并从电极上释放。结合细胞前后亚甲蓝/二茂铁的比值与细胞的浓度相关。通过优化检测的条件达到最优的信号比值，并验证检测限，线性范围和特异性。

**结果** 该传感器的检测限 30 cells/mL，线性范围  $1 \times 10^2$ - $1 \times 10^6$  cells/mL，表明该方法灵敏度高。利用该方法同时检测 K562 细胞和 HL-60 细胞，亚甲蓝/二茂铁的比值差异有统计学意义 ( $p < 0.01$ )，表明该方法特异性强。

**结论** 成功建立了基于双信号辅助的超灵敏检测循环肿瘤细胞的电化学传感器，为循环肿瘤细胞的诊断提供了一种新方法。

## PU-1860

### PIVKA-II 在原发性肝癌诊断价值评估

齐发梅,魏莲花,袁秀梅,周爱花,颜丽,张宇钧,石福娜  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 了解异常凝血酶原 (PIVKA-II)、甲胎蛋白 (AFP)、甲胎蛋白异质体 (AFP-L3)、癌胚抗原 (CEA) 在原发性肝癌与肝外转移性肝癌诊断中的临床应用价值。

**方法** 选择 2016—2018 年在甘肃省人民医院已确诊住院的原发性肝癌 (60 例)，肝外转移性肝癌 30 例作为病例组，经严格按排除法筛选健康体检人群 30 例作为正常对照组。PIVKA-II、AFP、CEA 采用美国雅培 I2000 微粒子化学发光仪测定，AFP-L3 采用 ELISA 定量法测定。

**结果** 在原发性肝癌及肝外转移性肝癌中的秩均值与正常对照组及两病例组中均有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。在原发性肝癌及肝外转移性肝癌中 PIVKA-II 阳性率最高为 78.3%；AFP 次之为 76.7%，与继发性肝癌中的阳性率有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。CEA 在继发性肝癌中阳性率最高，阳性率为 63.3%。在原发性肝癌中，并联 PIVKA-II 或 AFP 阳性率达 90.0%，PIVKA-II 或 AFP-L3 阳性率为 95%，AFP 或 AFP-L3 阳性率为 90.0%。在继发性肝癌中，并联 PIVKA-II 或 AFP-L3 阳性组，阳性率只有 56.7%；各组合阳性率在原发性肝癌及转移性肝癌中阳性率无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** PIVKA-II、AFP-L3、AFP 是诊断原发性肝癌理想的标志物，联合检测可互为补充，提高阳性诊断率。

## PU-1861

### Evaluation for Analytical and Iron Deficiency Anemia Diagnosis Performance of Three Soluble Transferrin Receptor Measurement Systems: a Retrospective Study

Lian Hou, Xinqi Cheng  
Peking union medical collage hospital

**Objective** To investigate the application value of soluble transferrin receptor (sTfR) kits based on three different methods for the diagnosis of iron deficiency anemia (IDA).

**Methods** The sTfR concentrations in two groups of patient specimens with high-level and low-level sTfR concentrations and in quality control materials were measured four times a day for five consecutive days to evaluate the precision of the three methods. We selected patients with IDA, anemia of chronic disease (ACD), or chronic diseases with iron deficiency anemia (CIDA) and apparently healthy subjects. sTfR kits based on three different methods were used to measure the serum sTfR concentrations in all subjects. The cut-off points for an IDA diagnosis using these

three assays and their corresponding clinical sensitivities and specificities were calculated by receiver operating characteristic (ROC) analysis

**Results** For the diagnosis of IDA, the cut-off points of sTfR measured by the chemiluminescent, immunoturbidimetric, and immunonephelometric assays were 2.5, 55.0, and 2.5 mg/L, respectively. The corresponding sensitivities were 80.7%, 83.8%, and 73.2%, the specificities were 84.2%, 83.1%, and 91.5%, and area under the curve were 0.65, 0.67, and 0.65, respectively. The sTfR concentrations measured by the different methods were significantly higher in the IDA and CIDA groups than in the other two groups ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** The sTfR kits based on the three different measurement methods presented promising analytical performances and met the clinical requirements for sensitivity and specificity, but the different measurement methods had markedly different cut-off points for an IDA diagnosis.

## PU-1862

### 浸润性乳腺癌患者血清 HER2 检测的临床研究

贾丽

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 1、研究 IHC 法检测组织 HER2 与 ELISA 法检测血清 HER2 的结果差异是否有统计学意义。

2、研究 CA153、CEA、CA125、ER、PR，正常与异常分组中，血清 HER2 的差异是否有统计学意义。

3、研究是否远处转移分组中，血清 HER2 的差异，及血清 HER2 正常与异常分组中，患者年龄的分布差异。

**方法** 1、研究对象：收集 2016 年 6 月至 2017 年 4 月天津肿瘤医院乳腺癌患者的全血标本 348 例，病理资料完整。同时收集健康体检血清 91 例。

2、应用 SPSS24.0 进行数据处理。

(1) 应用配对卡方检验，分析 IHC 法与 ELISA 法所测 HER2 结果的差异。

(3) 应用独立样本的 T 检验，分析 CA153、CA125、CEA、ER、PR 阴性与阳性分组中，血清 HER2 结果的差异。

(4) 应用秩和检验，分析 IHC 法所测 HER2 结果的阳性、疑似阳性、阴性分组中，血清 HER2 的差异。

**结果** 1、在临床早期（1 期和 2 期）中两种方法的结果， $P<0.01$ ，差异有统计学意义。

2、在临床中晚期（3 期和 4 期）中两种方法的结果， $P=0.844$ ，差别无统计学意义。

3、不同组织 HER2 状态，血清 HER2 的差异  $P=0.011$ ，有统计学意义。

4、在 CA153、CEA、CA125 的阳性与阴性分组中，在  $\alpha=0.05$  的水准，两组血清 HER2 的差异有统计学意义。然而在 ER、PR 阳性与阴性分组中，在  $\alpha=0.05$  的水准，两组血清 HER2 的差异无统计学意义。

5、组织 HER2 疑似阳性与阴性中， $P<0.01$ ，两组血清 HER2 的差异有统计学意义。在组织 HER2 阳性与疑似阳性分组中， $P=0.55$ ，两组血清 HER2 的差异无统计学意义。

6、是否远处转移分组中， $P=0.213$ ，两组血清 HER2 的差异无统计学意义。

**结论** 1、在中晚期乳腺癌患者中，血清 HER2 的检测方法与 IHC 法相符，可为判断肿瘤进展、靶向药物治疗提供有价值的信息。并且临床晚期患者不能进行手术时，行血清 HER2 测定，指导靶向化疗。

2、当 CA153、CEA、CA125 浓度超出正常范围时，一部分患者的血清 HER2 浓度也会升高，因此血清 HER2 可以作为乳腺癌标志物的补充，提供更多临床信息。

3、组织 HER2 疑似阳性时，进行血清 HER2 的测定有一定的临床价值。

## PU-1863

## In vitro selection of aztreonam-avibactam resistance in dual-carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae*

siqiang niu

Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

**Objective** The combination of aztreonam and avibactam (ATM-AVI) has been proposed for the treatment of infections caused by MBL-producing Gram-negative bacteria, including *Klebsiella pneumoniae*, and ATM-AVI resistance has been rarely reported.

**Methods** This study aimed to examine the in vitro selection of ATM-AVI resistance among MBL-producing *K. pneumoniae* and to understand the mechanism of induced resistance.

**Results** The MICs of aztreonam were determined without and with avibactam (4 µg/ml) using broth microdilution. Single-step and multistep selections were conducted on 5 MBL-producing *K. pneumoniae*, including four dual-carbapenemase-producers. Next generation sequencing and gene cloning were performed to investigate the mechanism of induced resistance.

**Conclusions** We examined the MIC of 70 MBL-producing *K. pneumoniae* isolates, including 15 dual-carbapenemase-producers. Compared with the potency of aztreonam alone, the addition of avibactam (4 µg/ml) resulted in a >128-fold improvement in potency against dual-carbapenemase-producing *K. pneumoniae*. One NDM-1, OXA-48, CTX-M-15 and CMY-16 positive ST101 *K. pneumoniae* strain was induced to resistant to ATM-AVI with the MIC > 128 µg/ml. WGS showed that the resistant mutant lost the blaNDM-1 gene, but had OmpK35/36 defects and amino acid substitution in CMY-16. Construction of recombinant strains confirmed that the point mutations (Tyr150Ser, Asn346His) were primarily responsible for the decreased susceptibility to ATM-AVI.

## PU-1864

## Altered plasma proteins released from platelets and endothelial cells are associated with human patent ductus arteriosus

Xi Zhang<sup>1</sup>, Haitao Hou<sup>2</sup>, Zhinan Zhai<sup>1</sup>, Min Hou<sup>1</sup>

1. Tianjin Chest Hospital

2. TEDA International Cardiovascular Hospital

**Objective** Patent ductus arteriosus is the third most common congenital heart disease and resulted from the persistence of ductal patency after birth. Ductus arteriosus closure involves functional and structural remodeling, controlled by many factors. The changes in plasma protein levels associated with PDA closure are not known. Here we for the first time demonstrate six key differential plasma proteins in human patent ductus arteriosus patients using proteomic technology and present a model to illustrate the constriction and closure of ductus arteriosus.

**Methods** Differentially expressed proteins were analyzed by using isobaric tags for relative and absolute quantification and validated by enzyme-linked immunosorbent assay in new samples. The proteomic data have been deposited to the ProteomeXchange Consortium via the PRIDE partner repository with the data set identifier PXD008568.

**Results** We found 74 upregulated and 98 downregulated proteins in the plasma of patients with PDA. Five decreased proteins (platelet factor 4, fibrinogen, von Willebrand factor, collagen, and mannose binding lectin - associated serine protease - 2) and one increased protein (fibronectin) may increase the risk of patent ductus arteriosus. Those proteins are closely related to platelet activation and coagulation cascades, complement mannan-binding lectin, and other systemic signaling pathways.

**Conclusions** Our findings for the first time indicate that the differential proteins involved in different pathways may play key roles in the nonclosure of the ductus arteriosus in humans and may be developed as biomarkers for diagnosis. All those findings may be served as the basis of understanding the etiology and pathogenesis of patent ductus arteriosus.

## PU-1865

### CCL2 和 IGFR-1 在乳腺癌组织中的表达及意义

王银玲

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 检测 CCL2 和 IGFR-1 在乳腺浸润性导管癌组织中的表达,并探讨其相对表达量在乳腺癌的诊断、进展及预后中的意义。

**方法** 应用实时荧光定量 PCR 的方法检测 36 例乳腺浸润性导管癌患者的癌组织及癌旁正常组织的 CCL2 及 IGFR-1mRNA 的表达。

**结果** 乳腺癌组织的 CCL2mRNA 和 IGFR-1mRNA 的相对表达量均显著高于癌旁正常组织 ( $P<0.05$ ); III 期+IV 期乳腺癌组织中 CCL2mRNA 及 IGFR-1mRNA 的相对表达量均显著高于 I 期+II 期的相对表达量 ( $P<0.05$ ); 淋巴结转移阳性的乳腺癌组织中 CCL2mRNA 及 IGFR-1mRNA 的相对表达量均显著高于无淋巴结转移组 ( $P<0.05$ ); 生存期 $<5$  年的乳腺癌患者的 CCL2mRNA 及 IGFR-1mRNA 相对表达量均显著高于生存期 $>5$  年的乳腺癌患者。

**结论** CCL2mRNA 和 IGFR-1mRNA 的高表达与乳腺癌的发生、发展及预后密切相关,可辅助临床诊断乳腺癌及判断预后,并期望能为临床提供新的治疗靶点。

## PU-1866

### 中国健康青少年人群 HUA 的发病率及其相关危险因素的研究

程歆琦,刘荔,刘茜,吴洁,邱玲

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 高尿酸血症 (Hyperuricemia, HUA) 是引起痛风等各类代谢性疾病的危险因素。因此,我们对全国六省的健康青少年人群的血清尿酸水平 (Serum uric acid, SUA) 和 HUA 的发病率及其相关危险因素进行了研究。

**方法** 随机选取中国 6 省区 8-18 岁健康青少年 14022 例,对其 SUA、血糖、血脂、肝功能、肾功能等生化指标进行了检测,同时根据国际准则对高 UA 水平、高血压、肥胖进行了定义和分层。

**结果** 不同性别、省市、居住地和民族的健康青少年的 SUA 水平有显著性差异。HUA 总体患病率为 15.5%。健康青少年男性的 HUA 发病率高于女性 (17.5% vs. 13.5%,  $P<0.001$ )。随着年龄的增长,男性 HUA 发病率上升,而女性下降,两者分别在 15-17 岁和 11-13 岁达到最大值。云南省健康青少年 HUA 发病率最高 (21.1%),且大城市中心的 HUA 发病率高于其他地区 (21.1%)。不同民族之间 HUA 患病率比较,朝鲜族最高 (21.2%),蒙古族和回族最低 (分别为 7.6% 和 6.4%),与汉族 HUA 发病率比较,差异均具有统计学意义。与 HUA 未患病的健康青少年相比, HUA 患病的人群的 ALT、TP、ALB、GLB、GGT、CR、TG、CHO、LDL、CA、CK、AMY 和 BUN 等生化指标均有明显上升。logistic 逐步回归模型筛选出 6 个 HUA 的危险因素,包括性别,居住地,民族,肥胖,体育锻炼和高血压。调整了这些因素之后,男性 HUA 比值比为女性的 1.41 倍。大城市中心 HUA 的比值比分别为大城市郊区、中小城市和农牧区的 1.52、1.33 和 1.79 倍。土家族、蒙古族和回族青少年 HUA 的比值比分别是汉族的 1.55(1.02-2.35)、0.44(0.32-0.59)、0.29(0.20-0.43) 倍。

**结论** 中国健康青少年 HUA 的发病率与经济发展和生活习惯均有关, 因此应加强改善生活质量, 加强 HUA 预防措施, 降低 HUA 风险。

## PU-1867

### 血清 PSA 与组织 PSAmRNA 水平相关性的探讨

谢怡怡

浙江大学医学院附属第二医院,310000

**目的** 研究前列腺良性增生组织 (BPH) 和癌组织 (PCa) 中 PSA mRNA 表达水平的变化, 并探讨外周血前列腺特异性抗原(PSA)水平与良恶性疾病前列腺组织生成 PSA 能力的相关性。

**方法** 本研究选取 2015 年 12 月至 2016 年 6 月于我院行 B 超引导下经直肠前列腺 (TRUS) 12 点穿刺活检的 83 例患者, 按病理诊断分为良性增生患者 51 例, 前列腺恶性肿瘤患者 32 例, 其中恶性肿瘤患者包括 Gleason5-6 分 7 例, Gleason7-8 分 21 例和 Gleason9-10 分 4 例。将所有穿刺组织按照病理回报结果分为良性增生组 617 例和恶性组 112 例; 根据 Gleason 分级, 将所有恶性组织分为 3 组, Gleason5-6 分, Gleason7-8 分和 Gleason9-10 分组, 采用 Real-time RT-PCR 技术检测其 PSAmRNA 和 GAPDH 的表达量。分别比较不同组之间血 PSA 和组织 PSAmRNA 相对表达量的差异; 用 Spearman 检验分析 PCa 患者和 BPH 患者血 tPSA 水平和组织 PSA mRNA 相对表达量的相关性。

**结果** 1.前列腺癌患者与良性增生患者中血 tPSA 的水平分别为 10.1(6.3-18.6)ng/ml 和 8.0(5.9-11.9)ng/ml, PCa 患者显著高于 BPH 组( $P=0.002$ )。前列腺癌不同 Gleason 评分组间差异无统计学意义( $P=0.455$ )。

2.前列腺癌组织和良性增生组织中 PSAmRNA 中位相对表达量分别为 2242.48 (202.71-9730.08), 2138.47 (269.22-8254.61), 前者高于后者但两者差异无统计学意义 ( $P=0.632$ )。Gleason5-6 分, Gleason7-8 分和 Gleason9-10 分组的 PSAmRNA 中位相对表达量分别为 2440.10 (186.75-16348.21), 6271.24 (519.24-10506.72) 和 2138.47 (269.22-8254.61), Gleason9-10 分组 PSAmRNA 的表达量显著下降( $P=0.008$ )。

3.PCa 患者与 BPH 患者中 PSAmRNA 相对表达量与血 tPSA 水平均无相关性。

**结论** 组织 PSAmRNA 不能作为前列腺癌的诊断指标, 且外周血 PSA 水平与 PSA 的生成能力无相关性, 但前列腺癌分化差的组织 PSA 生成能力显著下降。

## PU-1868

### 成人乙型和甲型流感病毒患者外周血白细胞和淋巴细胞亚群的特征分析

钟玉霞,梁少聪

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 探究成人乙型和甲型流感患者外周血白细胞和淋巴细胞亚群的特征, 为成人乙型和甲型流感患者的免疫状态判定提供依据。

**方法** 采用全血细胞分析法和流式细胞分析法分别检测经 PCR 确诊的 26 例乙型流感患者和 18 例甲型流感患者的外周血白细胞及淋巴亚群, 并与 18 例健康人比较。

**结果** 成人乙型和甲型流感患者外周血白细胞总数正常, 单核细胞计数明显升高, 淋巴细胞计数明显降低; 成人乙型和甲型流感患者 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>细胞绝对计数与健康对照组相比显著降低; 成人甲型流感患者 CD19<sup>+</sup>细胞绝对计数与健康对照组相比显著降低, 差异有统计学意义。

**结论** 乙型和甲型病毒感染主要引起 T 淋巴细胞降低, 从而引起病人免疫功能下降。对于本身免疫功能低下人群感染流感病毒应检测其淋巴亚群以衡量患者的免疫功能并及时采取治疗措施以防止因免疫功能过低而引起继发感染。

## PU-1869

### 甲亢患者甲状腺功能与肝功能生化指标相关性分析

陈思

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 通过对甲状腺功能亢进患者甲状腺激素水平及肝功能进行分析, 以探索甲状腺功能与肝功能之间的相互关系。

**方法** 选取甲状腺功能亢进症患者 80 例作为观察组,同时选择甲状腺功能正常人群 80 例作为对照组,两组患者均进行甲功三项和肝功能生化指标检测,比较两组甲状腺功能和肝功能生化指标变化情况。

**结果** 和对照组相比,观察组的血清游离甲状腺素(FT4)、血清游离三碘甲腺原氨酸(FT3)水平均较高,差异具有统计学意义( $P<0.05$ );观察组的肝功能指标丙氨酸转氨酶(ALT)、天冬氨酸转氨酶(AST)、碱性磷酸酶(ALP)、总胆红素(TB)均明显高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 甲亢患者甲状腺激素水平与其肝功能损伤程度有相关性, 对甲亢患者激素水平与其肝功能检测, 可及早判断其肝功能损害程度, 以便及时进行相应治疗。

## PU-1870

### 育龄期女性缺铁性贫血患者 Erythroferrone 和铁代谢参数的变化

许联红,张颖,胡蝶

常州市武进人民医院江苏大学附属武进医院,213000

**目的** 检测育龄期女性缺铁性贫血患者血清 erythroferrone 水平, 并探讨其与铁代谢各参数的相关性。

**方法** 研究包括住院育龄期女性缺铁性贫血患者 35 例, 年龄相匹配的女性健康对照人群 32 例。采用全自动电化学发光仪检测血清铁蛋白水平, 亚铁嗉比色法测定血清铁, 血清铁调素和 erythroferrone 水平采用 ELISA 方法进行测定。应用 SPSS 软件进行组间变量比较, 分别应用 t 检验和秩和检验分析; 变量间的相关性应用 Spearman 相关性分析。

**结果** 育龄期女性缺铁性贫血患者血清铁蛋白、血清铁、铁调素均显著低于健康对照组 ( $P<0.001$ ); 患者组和对照组血清 erythroferrone 水平分别为 ( $1.24\pm 1.56$ ) ng/mL 和 ( $1.45\pm 1.55$ ) ng/mL, 两组间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。血清 erythroferrone 水平与血红蛋白、血清铁、铁蛋白及铁调素均不存在相关性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 育龄期女性缺铁性贫血患者 erythroferrone 水平无明显变化, 提示 erythroferrone 在育龄期缺铁性贫血中可能不参与铁代谢调控过程。

## PU-1871

## 长春地区 0-6 岁儿童全血中钙结果分析

高洪宇

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 通过检测吉林省长春地区 0-6 岁儿童全血中钙元素的含量,更加充分的掌握长春地区儿童全血中钙元素的含量情况,为儿童预防疾病,科学并且合理的膳食提供相应的数据支持及指导。

**方法** 选取 2018 年在吉林金域检测的 2817 例表现正常的儿童的全血钙微量元素数据,按照年龄分为 3 组:分别为 0-1 岁、1-3 岁及 3-6 岁。采用原子吸收光谱法来进行微量元素钙的检测,仪器选用博晖 BH5100 原子吸收光谱仪;分析各组儿童钙元素检测结果,并讨论钙元素对儿童生长发育的影响。数据分析采用 SPSS22.0 统计学软件进行,以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 0-1 岁儿童共 957 例、1-3 岁儿童共 874 例、3-6 岁儿童共 986 例,分析不同年龄段儿童钙微量元素水平,结果发现不同年龄段儿童的钙元素的平均值之间差异显著,且有统计学意义 ( $P < 0.05$ );整体钙缺乏率为 10.08%,其中 0-1 岁儿童的钙缺乏率为 4.60%、1-3 岁儿童的钙缺乏率为 10.76%、3-6 岁儿童的钙缺乏率为 14.81%,各组之间缺乏率差异性显著有统计学意义( $P < 0.05$ );不同性别儿童钙的缺乏率无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 不同年龄段的儿童生长发育特点和喂养习惯不同,导致体内钙元素含量有所变化,长春地区 0-6 岁儿童全血中钙元素缺乏率随着年龄的增长呈现递增趋势,该年龄段的孩子需要注意钙的补充及摄取,在饮食上多食用奶类、豆制品类及坚果类等含钙量丰富的食物,多食用能促进钙吸收的食物,同时补充维生素 D,提倡儿童进行户外活动,增加日照时间。

## PU-1872

## 吉林省学龄前儿童全血中锌检测结果分析

王伟佳

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 锌是人体内重要的营养素,当儿童缺锌或锌摄入不足时,可出现生长迟缓、食欲低下。本研究通过调查长春地区学龄前儿童全血锌的水平及缺乏情况,以便更好地提供营养指导。

**方法** 选取 2018 年吉林金域检测的 3084 例 0-6 岁儿童全血锌微量元素检测数据,根据年龄分为 4 组,0-1 岁共 1154 例、1-2 岁共 842 例、2-4 岁共 1035 例、4-6 岁共 773 例。仪器与试剂: BH5100 原子吸收光谱仪,标准液、质控品和稀释液均为厂家配套。样品的采集与检测:肝素抗凝管采取 2ml 静脉血或 100 $\mu$ L 末梢血,混匀,吸取 40 $\mu$ L 加入专用的稀释液中充分混匀并进行检测。

**结果** 数据采用 SPSS22.0 统计学软件分析,以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。分析不同年龄段儿童锌微量元素水平,结果发现不同年龄段儿童的锌元素的平均值之间差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ),儿童锌的整体缺乏率为 44.2%。不同年龄段的锌缺乏率,在各年龄组间锌缺乏率均有显著性差异 ( $P < 0.05$ ),其中在 4-6 岁年龄组中儿童锌缺乏率最高为 50.7%,其次是 1-2 岁为 35.9%;在不同性别间的分布水平差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ),而且男孩缺锌的情况要高于女孩,这可能与男女生长发育有关,但目前造成这种差异尚不明确。

**结论** 在儿童成长过程中,元素锌的缺乏率随着年龄的增长有逐渐递增的趋势,缺锌现象比较普遍,应当引起家长和社会的重视,在各个年龄阶段都需要定期监测体内锌的含量,并不是只有在婴幼儿时期才需补充锌,合理的应用膳食,维持体内锌的平衡,才能保证儿童的健康成长。

PU-1873

## 扫描式葡萄糖监测技术解析

程歆琦

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 血糖监测是糖尿病治疗和管理过程中的重要组成部分, 监测结果不仅有助于评估糖尿病患者糖代谢紊乱的程度, 制定降糖方案, 还能反映降糖治疗的效果并指导治疗方案的调整。本文将简要回顾传统血糖监测技术发展中的问题, 重点阐释新近出现的扫描式葡萄糖监测 (flash glucose monitoring, FGM) 技术的原理及注意事项。

**方法** 一、传统的血糖监测技术回顾

二、FGM 的核心技术原理

**结果** 1. 传感器外膜技术

2. 连线酶技术的特点

3. 工厂校准

研究表明, FGM 传感器满足工厂校准的要求, 准确性较高, 平均相对误差 (mean absolute relative difference, MARD) 达到 10%, 而目前一般 CGM 准确性上市标准为 MARD<15%。

**结论** FGM 技术实现了更精准、更人性、更便捷的血糖监测。其低电位反应、不依赖氧气的连线酶以及限制性的外膜技术使传感器拥有了更优异的抗干扰性能, 提升了产品的精准性。同时, 具有良好生物相容性的外膜、快速水化及稳定性好的连线酶等特性更是传感器在人体内长时间稳定工作的重要基础。新科技改善了糖尿病患者沉重的生活方式, 极大地提高了患者的生活质量。

PU-1874

## HCY、NT-PRO-BNP 与 D-D 在急性脑梗死患者 诊疗变化和临床意义

崔燕<sup>1</sup>, 高悦<sup>2</sup>

1. 浙江大学医学院附属第二医院, 310000

2. 江苏大学医学院医学技术学院

**目的** 探讨 HCY、NT-PRO-BNP、D-二聚体在急性脑梗死患者中的诊断价值及临床意义。

**方法** 选择急性脑梗死患者 150 例作为病例组, 再选择同等例数的非脑梗死患者作为健康对照组, 运用 SPSS 18.0 统计学软件进行 t 检验, 比较以上三个指标与该疾病的相关性, 与此同时还进行了 TOAST 分型及病程分型, 比较不同类型及不同分期脑梗死患者各个指标的相关性变化。

**结果** 1. HCY、NT-PRO-BNP、D-D 水平病例组水平显著高于对照组 ( $P<0.05$ ), 差异具有统计学意义; 2. 心源性脑梗死患者 DD、NT-Pro-BNP 明显高于大动脉粥样硬化型脑梗塞; 3. 急性脑梗死患者 HCY 水平明显高于亚急性脑梗死患者。

**结论** 急性脑梗死患者 HCY、NT-PRO-BNP、D-D 水平明显增高, 对患者病情进展及评估预后具有重要价值; HCY 与脑梗死急性发作具有相关性; DD 与 NT-Pro-BNP 升高与心源性脑梗发生具有一定的临床相关性。监测此三项指标对患者的临床用药及病情观察具有重要临床意义。



## PU-1875

## 吉林省 0-10 岁儿童血铅检测结果分析

廉春晖

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 铅是一种具有神经毒性的重金属元素,可作为铅中毒诊断和治疗的检测指标之一,可引起肾上腺皮质功能减退,损伤生殖细胞及性功能,高血压、贫血、胃肠功能紊乱,儿童智力下降和行为异常、瘫痪、精神混乱、脑震荡和脑部创伤。本研究讨论吉林省 0-10 岁儿童血铅情况及其影响因素。

**方法** 选取 2018 年在吉林金域检测的表现健康的 0-10 岁儿童 3905 例,根据年龄,分为 3 组,分别为 0-1 岁(1436 例),1-5 岁(1267 例),5-10 岁(1202 例)。根据性别分为 2 组,分别为女童(1684 例),男童(2199 例)。

**结果** 采用 SPSS22.0 统计学软件进行数据分析,以  $P<0.05$  为差异有统计学意义;分析不同年龄段儿童铅元素检测结果均值之间有显著差异( $P<0.05$ );分析不同年龄段儿童铅元素超标情况,三组铅元素超标率分别为 0.84%、0.24%、0.25%,三组差异无统计学意义( $P>0.05$ );分析不同性别儿童铅元素过高情况,女童及男童超标率分别为 0.65%及 0.32%,不同性别间的差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 吉林地区 2018 年 0-1 岁儿童铅超标情况多于其他年龄段儿童;女童铅元素超标多于男童;导致儿童发生血铅超标情况的主要因素包括啃咬玩具或者手指、食品中含有较高的铅含量、每天花费在路上的时间较长导致吸入过多尾气、家庭装修中使用到大量的铅含量材料等若干种,铅对儿童神经产生的毒害作用是不可逆转的,必要时需要采取适当的措施防止儿童发生铅中毒现象。

## PU-1876

## 肠道门诊分离致病性弧菌的流行病学特征分析

周妍妍,南征,闫东辉,苏建荣

首都医科大学附属北京友谊医院,100000

**目的** 了解肠道门诊分离致病性弧菌的流行病学特征。

**方法** 收集 2017 年北京友谊医院 4~10 月肠道门诊分离到的弧菌及弧菌感染相关资料。质谱鉴定弧菌种类,分析弧菌相关性腹泻临床特征,及比较 2 种培养基分离弧菌的效率。

**结果** 从 2038 份腹泻标本中分离出弧菌 144 株,阳性检出率为 7.1%。4-10 月间,每个月均检出弧菌相关性腹泻,6-8 月为发病高峰,占 75.7% (106/140)。患者年龄均  $>15$  岁,最大年龄为 85 岁,15-29 岁患者占 25.7% (36/140),30-59 岁患者占 59.3% (83/140), $\geq 60$  岁的患者占 15.0% (21/140)。有 5 例混合感染,其中 2 例副溶血弧菌与霍乱弧菌,2 例副溶血弧菌和河流弧菌,1 例沙门氏菌与河流弧菌混合感染。弧菌相关性腹泻中,分离率最高的是副溶血弧菌,其次为河流弧菌,非 O1/O139 型霍乱弧菌和弗尼斯弧菌。弧菌相关性腹泻患者 65.0%有腹痛,52.1%为水样便,且 40.0%患者粪便镜检有白细胞。2038 份腹泻标本中,报告粪便动力阳性的腹泻患者一共有 142 例,其中 67 例与弧菌相关,另有 43 例与气单胞菌、类志贺邻单胞菌相关,可见,77.5%粪便镜检动力阳性的是弧菌及弧菌相关菌种。氨苄西林血平板联合庆大霉素培养基比单用庆大霉素培养基筛选弧菌,分别增加了副溶血弧菌,河流弧菌,霍乱弧菌和弗尼斯弧菌 31.1%,66.7%,30.0%,50.0%的分离率。

**结论** 北京友谊医院肠道门诊分离的致病性弧菌由副溶血弧菌,河流弧菌,非 O1/O139 型霍乱弧菌和弗尼斯弧菌构成。弧菌相关性腹泻患者主要相关特征为腹痛、水样便、粪便镜检有白细胞、动力阳性。氨苄西林血平板联合庆大霉素培养基能提高致病性弧菌的检出率。

## PU-1877

## 0-10 岁儿童及青少年全血中铁检测

孔令娜

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 检测长春地区表现健康的 0-10 岁儿童及青少年全血中铁，了解本地区 0-10 岁儿童及青少年铁缺乏情况并更好的提供营养指导。

**方法** 方法：选取 2018 年在吉林金域检测的表现健康的 0-10 岁儿童及青少年 3224 例，根据年龄分为三组，分别为 0-1 岁，1-5 岁，5-10 岁。采用原子吸收光谱法检测全血中铁元素含量，使用博辉微量元素分析仪 BH5100，根据朗伯-比尔定律，通过标准曲线方法检测样本中铁的含量，数据采用 SPSS22.0 统计学软件分析。

**结果** 1、在不同年龄段儿童及青少年铁元素检测中 0-1 岁组 891 人，1-5 岁组 1188 人，5-10 岁组 1145 人，分析不同年龄段儿童铁微量元素水平，结果发现不同年龄段儿童铁元素的平均值之间差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )；2、不同年龄段儿童铁元素缺乏率分别为：0-1 岁 56.4%，1-5 岁 29.5%，5-10 岁 13.6%，分析不同年龄段儿童铁的缺乏率，对比参考标准值，发现不同年龄段儿童铁元素的缺乏率差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )；3、分析不同性别儿童铁缺乏率差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 在长春地区 0-10 岁儿童及青少年的全血铁检测中，0-1 岁的婴幼儿缺铁率远远大于其他年龄段的儿童，随着年龄的增长，缺铁的情况逐渐降低，在不同性别儿童中，铁缺乏率无显著差别。铁元素的缺乏可能是由儿童饮食内容单一、含铁食物摄入不足或者儿童先天储备不良等引起，随着儿童年龄的增加，饮食的丰富化，缺铁的情况得到改善，但还是应当引起家长和社会的重视，合理膳食，合理补充微量元素，预防疾病的发生。

## PU-1878

## 艰难梭菌感染危险因素分析

何秀丽

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探讨艰难梭菌感染 (Clostridium difficile infection, CDI) 的相关危险因素，为临床医师对艰难梭菌 (Clostridium difficile, CD) 的有效预防与控制措施提供有益的参考与借鉴。

**方法** 收集该院 2014 年 6 月-2015 年 12 月艰难梭菌感染患者的相关危险因素病历资料进行回顾性分析，选取艰难梭菌的感染患者为病例组，无艰难梭菌的感染患者为对照组，对照组包括稀便对照组和正常粪便对照组。主要从年龄 ( $\geq 65$  岁)、期间使用的抗生素、抑酸剂和肾功能不全以及免疫抑制剂治疗等，通过与不同对照组的多因素 logistic 回归分析艰难梭菌感染的独立危险因素。

**结果** 完成对 49 例阳性病例组，75 例稀便对照组以及 75 例正常粪便对照组的分析。多因素分析显示：入住 ICU ( $OR 6.52$ , 95%CI 1.09-38.86,  $p=0.039$ )，外科手术 ( $OR 4.76$ , 95%CI 1.13-20.06,  $p=0.034$ )，肾脏疾病 ( $OR 7.12$ , 95%CI 1.54-32.92,  $p=0.012$ ) 是 CDI 的独立危险因素。其中暴露于头孢类抗生素和患有低蛋白血症是病例组与每个对照组比较分析时都有意义的独立危险因素，然而对胃酸抑制剂分析无显著差异。

**结论** 调查表明及时控制病情，合理的抗生素管理制度可以有效地减轻高危患者艰难梭菌感染的负担。

## PU-1879

## Tim-3 is an inhibitory receptor on NK cells in HIV-infected individuals but not affects the production of IFN- $\gamma$ in NFAT pathway

Xi Chen, Yao Tian, Zining Zhang, Yongjun Jiang, Hong Shang

NHC Key Laboratory of AIDS Immunology (China Medical University), Department of Laboratory Medicine,  
The First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** Tim-3 was initially identified on terminally differentiated CD4<sup>+</sup>T cells and cytotoxic CD8<sup>+</sup>T cells and was reported to negatively interfere with cytokine production, tumor proliferation, and HIV and hepatitis C virus (HCV) infection. Although Tim-3 on NK cells has been reported, research results of its expression and function remained controversial. Furthermore, some researchers have identified that Galectin-9 (Gal-9) was the ligand of Tim-3, while others have shown that the function of Gal-9 was independent of Tim-3. Because of the discordance in the different research work on function of Tim-3 on NK cells, the relationship between Tim-3 and Gal-9, and the level of Tim-3 on NK cells in HIV-infected individuals, a further investigation is needed to identify the role of Tim-3 and Gal-9 on NK cell function.

**Methods** 41 subjects were enrolled including 28 chronic HIV-infected subjects and 13 HIV antibody-negative normal controls. Flow Cytometry Analysis were performed to detect surface expression of CD3, CD4, CD56, CD16, Tim and Gal-9. IFN- $\gamma$  and CD107a Assays were performed to detect The proportion of IFN- $\gamma$  and CD107a stimulated with rIL-12 and rIL-15 for 24 hours. Further experiments about blockade of anti-Tim-3 or anti-Gal-9 were performed, and we also detect the of influence of rhGal-9 to Tim-3. Reverse transcription and quantitative real-time PCR were performed to detect the level of mRNA.

**Results** The phenotypic analyses demonstrated that Tim-3 expression was downregulated on NK cells in HIV infection, and Gal-9, as the ligand of Tim-3, its surface expression was elevated and associated with the HIV disease progression. Functional assays indicated that Tim-3 mediated suppression of NK cell CD107a degranulation while it had no effect on IFN- $\gamma$  production, and Gal-9 also influenced NK cell function. Pathway analyses suggested that Tim-3 could only inhibit ERK/MAPK pathway but fail to suppress NFAT pathway, thus insufficiently inhibiting IFN- $\gamma$  production in NK cells. Collectively, our findings provide the potential strategy for immune therapy with the characteristics of Tim-3 receptor.

**Conclusions** In this study, we found that Tim-3 played an inhibitory role on NK cells and was down-regulated on NK cells during HIV infection, however, it failed to affect IFN- $\gamma$  production in NK cells, the potential mechanism of which was that Tim-3 could not influence the NFAT pathway. Our data also showed that Gal-9, as a ligand of Tim-3, could influence cytotoxic function and its increased expression was linked to advanced HIV disease progression.

## PU-1880

## HIV 感染者转录因子 TCF/LEF 的表达与 CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD8<sup>+</sup>T 细胞及病毒载量的相关性研究

郑杰夫,殷林波,宋成博,傅雅静,姜拥军,张子宁

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 检测 HIV 感染者转录因子 TCF/LEF 的表达水平,并探讨其结果与 CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD8<sup>+</sup>T 细胞及病毒载量的关系。

**方法** 方法: 研究选取 16 例感染一年后的 HIV 感染者 (CD4<sup>+</sup>T 计数 < 350 cells/ $\mu$ l, 快速进展者[RP]组)、6 例感染  $\geq 10$  年,以采供血途径传播为主,采血点没有接受 ART 治疗的 HIV 感染者

(CD4+T 计数 > 500 cells/ $\mu$ l, 长期不进展者[LTNP]组)和 19 例健康人作为对照组,应用 Roche480 检测患者及健康人 TCF/LEF 转录因子的表达水平,分析上述所有人的 CD4+T 细胞、CD8+T 细胞及病毒载量的结果,与回报的 TCF/LEF 转录因子的表达结果进行比较。

**结果** 结果: RP 组、LTNP 组及健康对照组 TCF/LEF 转录因子的表达水平依次增高,其中健康对照组 LEF 的表达水平显著高于 RP 组与 LTNP 组 ( $P < 0.05$  及  $P < 0.01$ ),健康对照组 TCF 的表达水平高于 LTNP 组 ( $P < 0.01$ ); TCF 的表达水平与 CD4+T 细胞计数呈正相关 ( $P < 0.05$ ),与病毒载量呈负相关 ( $P < 0.05$ ); HIV 感染者 CD4+CD8+T 细胞中的 LEF 表达水平高于健康人 ( $P < 0.01$ ),健康人 CD4+CD8+T 细胞中的 TCF 的表达水平高于 HIV 患者 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 结论: HIV 感染者 TCF/LEF 转录因子的表达水平降低,与 HIV 病情显著相关,可提示其通过刺激 TCF/LEF 转录因子的表达功能可显著降低病毒载量,对未来 HIV 感染的治疗提供帮助。

## PU-1881

### 基于全生命周期成本测算的检验设备采购实践

山其君,程歆琦

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨检验设备全生命周期成本测算的模式,实现检验设备采购科学化、精细化管理目标。

**方法** 用检验设备全生命周期设备、维修、试剂、耗材等替代设备价格,作为检验设备采购中的成本核算,提供决策支持。

**结果** 降低设备采购价,同时降低检验设备运行成本和管理成本。

**结论** 全生命周期成本测算模型,为检验设备采购决策提供更加科学、精细的支持依据。

## PU-1882

### 基于链特异性转录组测序技术研究群体感应在鲍曼不动杆菌生物膜形成中的作用

张康见<sup>1</sup>,王传新<sup>1</sup>,毛海婷<sup>1</sup>,杜鲁涛<sup>1</sup>,魏军<sup>2</sup>,王利新<sup>2</sup>,乔霞<sup>2</sup>

1.山东大学第二医院,250000

2.宁夏医科大学总医院

**目的** 通过对生物膜和浮游状态鲍曼不动杆菌 ATCC 17978 进行链特异性测序,借助于生物信息技术,研究其生物膜形成与群体感应之间的关系,进而寻找抑制鲍曼不动杆菌生物膜形成的靶点,为临床治疗鲍曼不动杆菌生物膜形成相关感染提供新的启发。

**方法** 对浮游状态和生物膜状态下的鲍曼不动杆菌标准菌株 ATCC 17978 的菌体进行 RNA 提取、cDNA 文库构建并进行转录组测序。收集临床分离的鲍曼不动杆菌,应用 96 孔板生物膜半定量法进行生物膜定量、结晶紫染色定性, MIC 实验和药敏纸片法进行菌株耐药性检测。然后以临床分离的鲍曼不动杆菌为样本对转录组测序结果中的与群体感应、生物膜形成和鲍曼不动杆菌耐药性相关的差异表达基因的表达水平及其可能参与的细胞组分、代谢过程和具备的生物学功能进行验证。

**结果** 临床分离的鲍曼不动杆菌具有较强的生物膜形成能力,产膜率达到了 68%,而当其形成生物膜后耐药性显著提高。通过对浮游状态和培养时加了一种群体感应分子 N-Dodecanoyl-DL-homoserine lactone (C12-HSL)所产生生物膜进行 RNA-seq 测序,根据基因在不同样品中的表达量,识别差异基因 504 个,以前者样本为对照,其中上调 264 个,下调 240 个。对结果进行分析后,我们发现其中与群体感应相关基因 A1S\_0109 (homoserine lactone synthase)、A1S\_0112

(acyl-CoA synthetase/AMP-acid ligases II); 生物膜形成相关基因 A1S\_2840 (outer membrane protein A)、A1S\_2218 (protein CsuA/B)、A1S\_2217(protein CsuA)、A1S\_2216 (protein CsuB)、A1S\_2215 (protein CsuC)、A1S\_2214 (protein CsuD)均明显上调。通过临床标本对这些基因进行验证,两者结果一致。

**结论** 测序结果中群体感应与生物膜形成相关基因表达水平一致。生物膜状态相对于浮游状态下鲍曼不动杆菌群体感应基因的高表达,提示群体感应与鲍曼不动杆菌生物膜形成具有正相关性。

## PU-1883

### 健康查体人群内因子抗体阳性率和血清维生素 B12 缺乏率调查

高学慧,程歆琦

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 观察健康查体人群血清内因子抗体 (IFAb) 阳性率、维生素 B12 缺乏率,并分析其与年龄、性别、HGB、RBC、平均红细胞体积 (MCV) 等的相关性。

**方法** 以 2015 年 5—6 月北京协和医院健康查体人群共计 1 427 人为研究对象,采用化学发光免疫学方法,使用 Beckman Dxl800 全自动免疫分析仪及其配套试剂检测上述个体血清 IFAb 和维生素 B12 水平,比较查体人群中不同性别、不同年龄个体 IFAb 阳性 (IFAb $\geq$ 1.2 Au/ml) 率和维生素 B12 缺乏 ( $\leq$ 145 ng/L) 率的差异及其相关性。

**结果** 1 427 例正常查体人群中,共检出内因子抗体阳性者 66 例 (4.63%);  $\geq$ 40 岁人群 IFAb 阳性率显著高于 $<$ 40 岁人群 (5.66%对 1.48%,  $\chi^2=7.46$ ,  $P=0.006$ )。  $\leq$ 40 岁组、40~59 岁和 $\geq$ 60 岁组维生素 B12 缺乏率分别为 2.22%、2.51%和 5.50% ( $\chi^2=8.55$ ,  $P=0.014$ )。查体人群中男性和女性组 IFAb 阳性率 (5.15%对 4.04%,  $\chi^2=0.99$ ,  $P=0.320$ ) 和维生素 B12 缺乏率 (3.83%对 2.69%,  $\chi^2=1.44$ ,  $P=0.230$ ) 差异均无统计学意义。多元线性回归结果显示 IFAb 阳性者 HGB 比 IFAb 阴性者平均低 3.05 g/L,但是 IFAb 对 RBC 和 MCV 均无影响。而维生素 B12 是否缺乏与查体人群的 HGB、RBC 和 MCV 均无相关性。

**结论** 查体人群中 IFAb 阳性率和维生素 B12 缺乏率均随着年龄的增长而增加,但维生素 B12 缺乏的发生晚于 IFAb 阳性的出现。IFAb 阳性与否对 HGB 有显著影响,可以一定程度上弥补维生素 B12 检测的局限性。在中、老年人群中开展 IFAb 和维生素 B12 水平筛查是必要的。

## PU-1884

### Unusual findings of acute myeloid leukemia with inv(3)(q21;q26.2) or t(3;3)(q21;q26.2): A multicenter study

Xubo Gong

The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

**Objective** AML with inv(3)(q21;q26.2) or t(3;3)(q21;q26.2) [inv(3)/t(3;3)] was very rare. Currently, most reports of AML-inv(3)/t(3;3) were from Western countries, few reports were from Asian countries. Racial differences in patients with AML-inv(3)/t(3;3) are still unknown.

**Methods** Between January 1996 and April 2018, a total of 37 AML cases with inv(3)/t(3;3) were studied retrospectively. They were collected from 2229 primary AML cases performed with conventional cytogenetic analysis (37/2229, 1.66%).

**Results** Here some differences were found by comparing our data with those from Western countries. In our series, AML with inv(3)(q21;q26.2) had a lower incidence than that with t(3;3)(q21;q26.2) (11 vs 26 cases). Our patients seemed to be more younger (median, 43 years),

have lower hemoglobin concentrations (median, 73 g/L) and higher platelet count (median,  $351 \times 10^9/L$ ). A higher incidence of acute monoblastic and monocytic leukemia (45.9%) was observed in our patients. Immunophenotypic studies showed that CD38 (30.8%) was not so frequently expressed as that in the earlier reports. Mutations analysis showed a high frequency of NRAS mutations (45.0%), followed by SF3B1 (15.0%), GATA2 (15.0%), FLT3-ITD (10.0%), C-Kit/D816 (5.0%), and CEBPA (5.0%), without mutation of NPM1(Exon12) or JAK2V617.

**Conclusions** Ethnic differences do exist between the Chinese and Western patients with AML-inv(3)/t(3;3), and more attention should be paid involving different ethnic populations and geographic regions.

## PU-1885

### EGFR 介导 FRK 抑制 $\beta$ -catenin 入核影响脑胶质瘤细胞凋亡作用的研究

石琼,张道为,宋旭,马萍  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 研究 FRK 是否通过 EGFR 抑制  $\beta$ -catenin 入核,从而影响胶质瘤细胞的凋亡。

**方法** 1.将 FRK 质粒转染入脑胶质瘤 U251 细胞中,Western blot 检测过表达 FRK 对细胞浆,细胞核和整个细胞中  $\beta$ -catenin 水平的影响,验证 FRK 是否影响  $\beta$ -catenin 入核。2. Western blot 检测过表达 FRK 对 EGFR 和磷酸化的 EGFR-Y1173 水平的影响。3.转染 EGFR(WT)和 EGFR(Y1173F)质粒,流式细胞仪检测细胞凋亡情况,研究 EGFR(WT)、EGFR(Y1173F)对脑胶质瘤 U251 细胞凋亡的作用。4. 共转 FRK 和 EGFR(WT)、EGFR(Y1173F)质粒,分别检测细胞浆,细胞核和整个细胞中  $\beta$ -catenin 水平,验证 FRK 是否通过影响 EGFR-Y1173 磷酸化从而抑制  $\beta$ -catenin 入核。5. 共转 FRK 和 EGFR(WT)、EGFR(Y1173F)质粒,流式细胞术检测细胞的凋亡情况,检测 FRK 是否通过影响 EGFR-Y1173 磷酸化从而促进胶质瘤的凋亡。

**结果** 1. 与对照组相比,过表达 FRK 降低细胞核内  $\beta$ -catenin 蛋白水平,但不改变细胞内总的  $\beta$ -catenin 蛋白水平。2. 与对照组相比,过表达 FRK 增加 EGFR-Y1173 磷酸化水平 ( $P < 0.05$ ),而对 EGFR 总蛋白水平无影响。3. 流式细胞术结果显示:过表达 EGFR(WT)、EGFR(Y1173F)质粒,细胞凋亡均减少 ( $P < 0.05$ )。4. 与对照组相比,过表达 FRK 抑制了  $\beta$ -catenin 的核转位,EGFR 促进了  $\beta$ -catenin 的核转位,且转染 EGFR (Y1173F) 质粒组的作用比转染 EGFR (WT) 的效果更明显,此外,转染 EGFR (Y1173F) 质粒逆转了过表达 FRK 对  $\beta$ -catenin 核转位的抑制作用 ( $P < 0.05$ )。5. 流式细胞术结果显示:与对照组相比,过表达 FRK 促进了细胞凋亡,EGFR 抑制了细胞凋亡,且转染 EGFR (Y1173F) 质粒组的作用比转染 EGFR (WT) 的效果更明显,此外,转染 EGFR (Y1173F) 质粒可逆转过表达 FRK 对胶质瘤细胞的促凋亡作用 ( $P < 0.05$ )。

**结论** FRK 可以通过促进 EGFR-Y1173 磷酸化抑制  $\beta$ -catenin 入核,从而促进胶质瘤细胞凋亡。

## PU-1886

### 重庆市健康成人血清铁蛋白参考区间调查

侯玉磊  
重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 了解重庆市成人血清铁蛋白参考区间。

**方法** 回顾分析 2000 例健康体检者血清铁蛋白结果,比较男女两组血清铁蛋白差异,比较不同年龄段铁蛋白参考区间差异,建立重庆市健康成人血清铁蛋白参考区间,选取 40 名健康人进行验证参考区间验证。

**结果** 重庆市健康男性血清铁蛋白浓度显著高于女性{332.05 (223.55, 478.4) ng/ml vs 77.1 (39.65, 129.9) ng/ml,  $P=0.00$ }；重庆市健康男性血清铁蛋白参考区间为 106.9 ng/ml~836.5ng/ml；女性血清铁蛋白参考区间为 12.1ng/ml~271.3 ng/ml，并通过验证。

**结论** 重庆市健康成人男、女参考区间与文献报道存在差异，建议重庆市应该建立适合本地区人群的血清铁蛋白参考区间。

## PU-1887

### Prognostic role of neutrophil-lymphocyte ratio in patients with non-hodgkin lymphoma

Xiaopeng Zhao, Lin Cui, Li Ren  
Tianjin Medical University Cancer Institute & Hospital

**Objective** Recent studies have shown that the presence of systemic inflammation correlates with poor survival in various cancers. The aim of this study was to evaluate the predictive value of neutrophil/lymphocyte ratio (NLR) in the patients with non-hodgkin lymphoma.

**Methods** The clinical data of 241 non-hodgkin lymphoma patients admitted in the Tianjin Medical University Cancer Institute and hospital were analyzed retrospectively. According to the ROC curve, the cut-off value of NLR was determined, and all patients were divided into the high and low NLR groups. The overall survival and progression-free survival of two groups were compared by Kaplan-Meier survival curves separately. Finally, the relation of NLR with overall survival (OS) and progression-free survival (PFS) were analyzed by univariate and multivariate COX regression.

**Results** The optimal cut-off value for NLR was 2.96. It revealed that patients with high preoperative NLR ( $NLR \geq 2.96$ ) had significantly worse overall and progression-free survival compared with those with low NLR ( $NLR < 2.96$ ) ( $P=0.001$ ,  $P=0.006$ ). There was no statistically difference between low NLR group and high NLR group in terms of age and gender. But there was significantly difference in B symptoms ( $p=0.020$ ), Ann Arbor stage ( $p=0.001$ ), levels of LDH ( $p=0.000$ ), extranodal involvement ( $p=0.013$ ), IPI/IPS score ( $p=0.005$ ) between this two groups. It implied that NLR was related to the above characteristics. NLR at the diagnostic was found to be an independent predictor for OS by univariate and multivariate analysis. Meanwhile, the age of the patients was proved to be an independent predictor for OS by multivariate analysis, and the clinical stage was found to be an independent predictor for PFS by multivariate analysis.

**Conclusions** The preoperative NLR could provide additional prognostic information for non-hodgkin lymphoma patients. Further investigation is warranted to clarify the mechanisms explaining the observed associations between elevated NLR and poor outcomes in non-hodgkin lymphoma.

## PU-1888

### 虾致敏患者中屋尘螨、蟑螂、蚕蛾和蟹致敏情况分析

廖陈喜, 孙宝清  
广州医科大学附属第一医院, 510000

**目的** 本研究旨在分析虾致敏患者中屋尘螨、蟑螂、蚕蛾和蟹过敏原的阳性分布及合并致敏情况，为临床诊断提供相关过敏原信息。

**方法** 采用 ImmunoCAP 系统检测 212 例来自广州医科大学附属第一医院生物资源库的虾致敏 (specific IgE (sIgE)  $\geq 0.35$  KU/L) 患者血清的屋尘螨、蟑螂、蚕蛾及蟹过敏原 sIgE。

**结果** 虾致敏患者中, 合并屋尘螨、蟑螂、蚕蛾及蟹过敏原 sIgE 致敏的阳性率分别为 88.7%、89.2%、92.0%及 85.4%, 75.0%患者同时合并五种过敏原 sIgE 阳性, 仅 4 例患者单独对虾致敏。过敏性皮肤疾病患者的虾[2.66 KU/L (1.02, 6.11) vs. 1.61 KU/L (0.70, 3.67)]、蟑螂[3.78 KU/L (0.98, 6.91) vs. 1.56 KU/L (0.85, 3.17)]、蚕蛾[4.70 KU/L (2.98, 9.62) vs. 2.85 KU/L (1.16, 7.01)]及蟹[2.35 KU/L (0.83, 4.18) vs. 1.30 KU/L (0.59, 3.14)]的 sIgE 浓度均显著高于过敏性呼吸疾病患者(均  $P < 0.05$ )。此外, 7-14 岁患者虾、屋尘螨、蟹 sIgE 浓度最高, 随后三者 sIgE 浓度随着年龄的增长而呈现下降趋势。最优尺度分析结果显示, 虾、蟑螂、蚕蛾及蟹过敏原间存在联系(Cronbach's Alpha =93.8%)。

**结论** 虾致敏患者大多对屋尘螨、蟑螂、蚕蛾以及蟹过敏原同时致敏, 五种过敏原 sIgE 浓度在皮肤和呼吸过敏性疾病及年龄的分布不同。

## PU-1889

### 肺癌患者凝血指标变化及其临床意义

石琼,刘敏,马萍

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨肺癌患者凝血功能指标的变化及其临床意义。

**方法** 选择我院 2016 年 1 月—2018 年 12 月均经病史、临床表现、CT 和病理检查确诊的肺癌患者 98 例作为研究对象, 另选我院同期 60 例健康体检者作为健康对照组, 检测凝血酶原时间 (PT)、部分凝血酶原时间 (APTT)、纤维蛋白原 (FIB)、凝血酶时间 (TT)、D-二聚体 (D-D) 和抗凝血酶-III (AT-III) 的变化。

**结果** 与健康对照组相比, 肺癌患者的 PT、APTT、TT 均明显延长, FIB、D-D 明显增高, 而 AT-III 明显减低。

**结论** PT、APTT、TT 结果延长, 表明肺癌患者凝血功能紊乱; FIB、D-D 结果增高可致血栓形成和肺癌的转移, 提示凝血功能指标的检测对于肺癌患者的治疗有一定的临床意义。

## PU-1890

### 肿瘤治疗方案及 D 二聚体引导预防患者输血后静脉血栓的形成

王晓燕

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 研究影响肿瘤患者输血后血栓发生率的因素, 为临床静脉血栓的预防和治疗提供数据支持。

**方法** 回顾性收集 2033 例实体肿瘤疑似血栓患者的临床资料, 对输血后血栓组和非血栓组进行比较, 使用单因素的 K-M 分析和多因素 Cox 回归进行分析。

**结果** 输血组的血栓发生率为 37.7%, 显著高于未输血组 ( $P < 0.001$ )。输血患者中静脉血栓组和未发生血栓组比较, 血型和输血前血红蛋白浓度均有显著性差异 ( $P < 0.001$  和  $P = 0.034$ ), 而输血种类和输血量没有显著性差异。单因素 K-M 生存分析中, 手术治疗后的血栓发生率显著高于化疗的血栓发生率 (70.6% VS.11.1%;  $P < 0.0001$ )。D 二聚体高于 1600ng/ml 的患者的血栓发生率显著高于 D 二聚体低于 1600 组 (48.5% VS.14.3%,  $P = 0.0045$ )。在多因素 Cox 回归分析中, 治疗方案和 D 二聚体分组都是血栓的独立风险因素 (HR, 6.294; 95% CI, 1.951-20.301,  $P = 0.007$ ; HR, 5.799; 95% CI, 1.475-22.809,  $P = 0.012$ )。

**结论** 血栓的发生与治疗方案密切相关, 而与输血种类和输血量没有显著关系。提示癌症手术后严重贫血并进行输血治疗, 且 D 二聚体大于 1600 的疑似血栓患者高发血栓。



## PU-1891

**Value of fecal TU-M2PK detected with colloidal gold method in diagnosis of colorectal cancer**Yu Du<sup>1</sup>, Yang Zhenxi<sup>2</sup>

1. Affiliated Beijing Friendship Hospital of Capital Medical University

2. Tumor Hospital of Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** To study the value of fecal TU-M2PK detected with colloidal gold method in screening and early diagnosis of colorectal cancer.

**Methods** Fecal TU-M2PK markers in 39 early colorectal cancer patients, 108 persons at high risk of colorectal cancer and 107 colorectal benign controls were detected with M2PK Quick colloidal gold rapid detection reagent produced in Germany ScheBo Company and analyzed.

**Results** The sensitivity and specificity of fecal TU-M2PK were 64.1% and 85.3% in screening and early diagnosis of colorectal cancer. The serum TU-M2PK level was significantly higher in colorectal cancer patients than in persons at high risk of colorectal cancer and colorectal benign controls, and in persons at high risk of colorectal cancer than in colorectal benign controls ( $\chi^2=18.113, P<0.001$ ;  $\chi^2=35.031, P<0.001$ ;  $\chi^2=4.245, P<0.05$ ).

**Conclusions** It is simple, rapid, accurate to detect the fecal TU-M2PK markers with M2PK Quick colloidal gold rapid detection reagent with a good repeatability, which is easy to be accepted by the patients and can thus be used in screening and early diagnosis of colorectal cancer in a large population.

## PU-1892

**Periostin and CA242 as potential diagnostic serum biomarkers complementing CA19.9 in detecting pancreatic cancer**

董冬

天津医科大学肿瘤医院, 300000

**目的** 胰腺导管腺癌 (PDAC) 是一种高度恶性的肿瘤, 然而目前用于指导疾病诊治的生物标志物还很少。CA19.9 是 PDAC 最常用的生物标志物, 但对于疾病的检测不够灵敏和特异。本研究旨在评估血清 periostin (POSTN) 和 CA242 作为补充 CA19.9 检测胰腺癌的潜在诊断生物标志物的可行性。

**方法** 本研究血液样本取自 362 名参与者, 包括 213 名不同阶段 PDAC 的患者, 75 名良性胰腺疾病患者和 74 名健康对照, 并将所有样品随机分成训练集和验证集。通过 ELISA 或自动免疫测定法测量血清样本中 CA19.9, CA242, POSTN 以及癌胚抗原的水平。

**结果** 接受者操作特征曲线分析 (ROC 曲线) 显示在验证组中, 由 CA19.9, POSTN 和 CA242 组成的联合标志物组能够显著提高 CA19.9 的诊断性能, 不仅体现在区分早期 PDAC 和健康对照上, 而且体现在区分早期 PDAC 和良性胰腺疾病患者上。此外, POSTN 还能够用从健康对照以及良性疾病患者中区分 CA19.9 阴性的 PDAC 患者。

**结论** 该研究表明, 对于早期胰腺癌患者, POSTN 和 CA24 能够提高 CA19.9 的诊断能力, 具有潜在的临床应用价值。

PU-1893

## 376 例原发性胆汁性肝硬化患者自身抗体检测结果分析

郑冰,陆靖波,王之青

上海交通大学医学院附属仁济医院(西院),200000

**目的** 探讨抗核抗体(anti-nuclear antibody,ANA)、抗线粒体抗体(anti-mitochondrial antibody,AMA)和自身免疫性肝病 IgG 类抗体在原发性胆汁性肝硬化(Primary biliary cirrhosis,PBC)诊断中的价值。

**方法** 采用间接免疫荧光法(indirect immunofluorescence assay,IFA)检测 376 例 PBC 患者血清中 ANA、AMA,采用免疫印迹法(immunoblotting test, IBT)检测其自身免疫性肝病 IgG 类抗体。

**结果** 376 例 PBC 患者:男性 43 例(11.44%),女性 333 例(88.56%)。ANA 单一核型中,检出率前三位为胞浆颗粒型 47.33%、着丝点型 16.67%和核颗粒型 12.67%;ANA 混合型中,检出率前三位为胞浆颗粒型 86.06%、核膜型 49.04%和核颗粒型 25.48%。AMA-M2 及 M2-3E IBT 法灰度值随 AMA IFA 法荧光滴度升高而升高。AMA-M2、M2-3E、AMA IFA 法同时阴性的 46 例 PBC 患者中检测阳性率较高的自身免疫性肝病 IgG 类抗体为 gp210(30.77%)、Ro52(30.77%)、PML(15.38%)和 Sp100(12.82%)。

**结论** PBC 患者 ANA 阳性检出率女性高于男性;ANA 胞浆颗粒型的检出率最高;AMA IFA 法荧光滴度越高,AMA-M2 及 M2-3E IBT 法灰度值越高;AMA、AMA-M2 与 M2-3E 检测阴性时,gp210 可作为 PBC 辅助诊断的依据之一。

PU-1894

## The level of serum microRNA-375 in type 2 diabetes mellitus patients and type 2 diabetes mellitus patients of first-degree relatives with type 2 diabetes mellitus: a clinical study

Xu Wu

the Third Hospital of Yunnan Province, China.

**Objective** To explore the clinical significance of diabetes-related serum miR-375 among the T2DM patients and first-degree relatives of individuals with type 2 diabetes mellitus patients (FD-T2DM)

**Methods** 53 subjects were recruited to this study: 18 cases of healthy individuals with normal glucose tolerance (NGT), 10 cases of diagnosed T2DM patients (T2DM), 13 cases were first-degree relatives of type 2 diabetes patients with normal glucose tolerance (FD-NGT), 12 cases were first-degree relatives of type 2 diabetes patients with type 2 diabetes (FD-T2DM). Serum miRNAs were determined by real-time RT-PCR. Expression levels of miR-375 was analysed among the four groups.

**Results** The results suggested that during the pathogenesis of T2DM miR-375 has not changed significantly from FD-NGT, but in T2DM and FD-T2DM, miR-375 was significantly up-regulated compared with NGT and FD-NGT.

**Conclusions** we have demonstrated that diabetes-related miR-375 was detectable by real-time RT-PCR in serum samples from NGT, T2DM, FD-NGT, and FD-T2DM subjects, and its expression level was all significantly elevated in T2DM and FD-T2DM patients, while NGT and FD-NGT subjects featured similar expression levels and signatures of miR-375, suggesting that

expressing patterns of diabetes-related miR-375 had not changed dramatically in normal glucose tolerance individuals and normal glucose tolerance individuals of first-degree relatives with type 2 diabetes mellitus, who are more susceptible with T2DM

## PU-1895

### 碳青霉烯耐药变栖克雷伯菌的临床流行病学 及耐药基因分析

黄洪,周宏伟

浙江大学医学院附属第二医院,310000

**目的** 了解变栖克雷伯菌在临床的流行情况和耐药性,并对碳青霉烯耐药菌株的常见耐药基因进行检测,揭示其耐药机制。

**方法** 采用 MALDI-TOF MS 从临床分离的 1323 株克雷伯菌中鉴定出 26 株变栖克雷伯菌。微量肉汤稀释法检测 26 株变栖克雷伯菌对常见抗生素的药敏情况,采用特异性 PCR 对碳青霉烯耐药变栖克雷伯菌检测常见耐药基因,并对其进行多位点序列分型(MLST)。从碳青霉烯类耐药菌株中挑选 1 株分离自脑脊液的泛耐药变栖克雷伯菌进行全基因组测序分析。

**结果** 26 株变栖克雷伯菌药敏结果显示,对亚胺培南和美罗培南的耐药率均为 15.4% (4/26),对替加环素的不敏感率为 11.5% (3/26),对阿米卡星和庆大霉素的敏感率最高,为 96.2%,对三、四代头孢菌素的耐药率为 23.1%。4 株碳青霉烯类耐药变栖克雷伯菌均携带 bla<sub>IMP-4</sub>、qnrB/qnrA 以及 bla<sub>TEM</sub>,并且其中 1 株同时携带 bla<sub>NDM-1</sub>;在 3 株耐药菌株中检测到磷霉素耐药基因 fosA。其 MLST 分型为 ST357 (3 株) 和 ST1737 (1 株)。对脑脊液分离的泛耐药菌株 (No. 100165) 的全基因组测序分析预测该基因组含有两个质粒,一个为 ~160Kb 的与 LMG 23571 (GenBank: CP013986.1) 质粒相似的 IncFII/FIB(k) 型质粒,另一个为与 ~260Kb 的类 pIMP4\_LL34 (GenBank: CP025964.1) IncHI1B/ FIB 型质粒,质粒上除了携带上述耐药基因外,还携带了多种耐药基因:氨基糖苷类 (strB, strA, armA, aac3-IId, aadA2), 大环内酯类 (msrE, mphE), 氯霉素类 (catA2), 磺胺类 (sulI), 四环素类 (tetA), 甲氧苄氨嘧啶 (dfrA16), 但未发现致病基因。

**结论** MALDI-TOF MS 可以准确的鉴定变栖克雷伯菌;碳青霉烯类耐药变栖克雷伯菌的主要 ST 型为 ST357;产 IMP-4 和 NDM-1 金属  $\beta$ -内酰胺酶是造成菌株碳青霉烯类耐药的主要原因;全基因组测序分析不仅可以检测出泛耐药菌株携带的多种耐药基因和致病基因,而且还可以进行微生物进化分析,推动微生物分类学发展。

## PU-1896

### ARMS Taqman real-time PCR for genotyping Factor V Leiden mutation

Pan Yu

The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

**Objective** Factor V Leiden (FV<sub>Leiden</sub>) is a missense mutation in the factor V (FV) gene at G1691A, and being a common genetic risk for venous thrombosis. Currently, there are several PCR-based methods to detect FV<sub>Leiden</sub> mutation; however, these methods have disadvantages such as cumbersome steps, potentially hazardous gels. Therefore, we developed a simple, sensitive, specific method, called ARMS Taqman real-time PCR, for detecting FV<sub>Leiden</sub> mutation.

**Methods** The principle of primer design for ARMS PCR is that intentional introduction of mismatched nucleotide at the penultimate 3' position. SNV amplification efficiency is reduced, but wildtype amplification is almost completely inhibited. Then, specific taqman-probe was designed to

detect amplicon. We assessed the basic performance efficiency of this method, and confirmed its clinical applicability.

**Results** ARMS Taqman real-time PCR was used to detect 687 random samples, the results showed 686 cases of wild type and 1 heterozygote. Afterwards, 124 randomly picked wild type cases and 1 heterozygote were reexamined by bidirectional sequencing, considered as "Gold standard method". The results of bidirectional sequencing were fully consistent with the results of the ARMS Taqman real-time PCR.

**Conclusions** The ARMS Taqman real-time PCR is an ideal detecting system for genotyping factor V Leiden mutation in clinical application.

## PU-1897

### 细菌性血流感染患者血清中炎症因子、凝血指标的水平检测 对诊断疾病和评估预后的应用意义

任亚璐

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 探究细菌性血流感染所致全身性炎症反应患者血清中炎症因子（PCT、CRP）、凝血指标（PT、APTT、TT、FIB、ATIII、D-D）的水平检测对诊断疾病和评估预后的应用意义。

**方法** 选取 82 例 2017-2018 年我院急诊 ICU 收治的血流感染所致全身性炎症反应患者为对象，根据细菌种类进行分组，将革兰阳性菌分为 A 组（32 例），格兰阴性菌分为 B 组（50 例），并随机选取同期 50 例体检健康者为 C 组，均给予炎症因子、凝血指标的水平检测，对其临床资料进行回顾分析，对比各指标水平，使用统计学进行分析。

**结果** B 组患者的 PCT、CRP 水平均高于 A 组、C 组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；A 组患者的 PCT、CRP 水平均高于 C 组，差异显著，具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。B 组患者的血浆 D-二聚体、凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间，均高于 A 组、C 组，差异显著，具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。A 组患者的血浆 D-二聚体、凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间，均高于 C 组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。B 组患者的纤维蛋白原、抗凝血酶 III 水平与 A 组相比，无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。C 组抗凝血酶 III 水平高于 A 组、B 组，差异显著，具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 血流感染所致全身性炎症反应患者的血清炎症因子与凝血指标均出现异常，且与菌种存在相关性，可用于患者的早期诊断与预后评估，促进患者的治疗。

## PU-1898

### DAT 阳性的 DEL 血型鉴定及其家系分析

徐慧英, 廖昭平

浙江大学医学院附属第二医院, 310000

**目的** 对 1 例 DEL 血型合并直接抗人球蛋白试验阳性患者进行血型鉴定并分析其遗传规律。

**方法** 采用常规血清学试剂对先证者及其家系成员 RhD 血型进行血清学分析，使用 PCR-SSP 方法对 RHD 基因 10 个外显子及侧翼序列进行扩增及测序并分析其杂合性。对先证者家系进行调查并分析 DEL 血型遗传规律。

**结果** 先证者 DAT 强阳性，RHD 基因 9 外显子存在 1227G>A 等位基因（RHD\*DEL1），其母亲为 RHD\*DEL1 携带者。RHD 合子型鉴定为 RHD\*/RHD<sup>-</sup>，提示该个体单倍型为 CD<sup>1227A</sup>e/ Cde。

**结论** 先证者为 DEL 型（RHD\*DEL1）。

## PU-1899

**2014~2018 年粪肠球菌和屎肠球菌的耐药性监测**

徐杰,张险锋,赵丽娜  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 了解近五年肠球菌的临床分布特点和耐药性变化情况,为临床治疗相关感染提供依据。

**方法** 回顾性分析医院 2014 年 1 月至 2018 年 12 月该院患者分离的肠球菌种类及其耐药性。采用全自动细菌鉴定系统进行鉴定,药敏试验以纸片法,采用 WHONET5.6 软件分析菌株耐药率。

**结果** 不同标本中分离了 665 株粪肠球菌和 1044 株屎肠球菌,标本主要来源于尿液。粪肠球菌和屎肠球菌对常用的抗生素耐药率较高,对万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁的耐药率低。近五年的结果显示粪肠球菌对青霉素、氨苄西林、替考拉宁、环丙沙星、利奈唑胺、万古霉素、高浓度庆大霉素、四环素的耐药率分别为 13.7%、11.7%、0.2%、34.3%、1.4%、0.2%、19.8%、82.4%,屎肠球菌对青霉素、氨苄西林、替考拉宁、环丙沙星、利奈唑胺、万古霉素、高浓度庆大霉素、四环素的耐药率分别为 92.3%、89.4%、1.5%、91.5%、1.2%、1.5%、41.8%、47.4%。

**结论** 在临床标本中,肠球菌最常见的是尿道感染;两者对万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁的耐药率均较低;屎肠球菌对青霉素、氨苄西林、环丙沙星的耐药率高于粪肠球菌,而对四环素的耐药率低于粪肠球菌,在临床治疗时,应根据不同的菌种选择性用药。

## PU-1900

**肢端肥大症患者垂体瘤术后内分泌激素水平的改变  
及对预后的判断**

邵春青,赵晖,司学众,黄泽玉,杨薇,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨肢端肥大症患者垂体瘤手术前后激素水平变化以及与预后的相关性。

**方法** 回顾性分析 47 例肢端肥大症患者在经鼻蝶入路垂体瘤切除术治疗的临床资料,并根据肿瘤大小将其分为微腺瘤组(直径<10 mm)和大腺瘤组(直径≥10 mm),动态观察两组患者手术前后血清生长激素(GH)、胰岛素样生长因子 I(IGF-1)、泌乳素(PRL)水平的变化,并对患者随访分析手术前后激素水平与手术疗效的相关性。

**结果** 手术后两组患者血清 GH、IGF-1 水平均有明显下降;大腺瘤组术后 PRL 水平明显降低;且手术后,微腺瘤组 IGF-1 水平明显低于大腺瘤组。手术总有效率为 78.7%,术前 GH 水平是影响手术有效率的危险因素(OR=5.056, 95%CI: 0.896~28.534, P<0.05)。与手术无效组相比,手术有效组术后 GH 水平明显降低。

**结论** 手术切除垂体生长激素腺瘤可以有效降低肢端肥大症患者内分泌激素水平,监测患者手术前后内分泌激素水平的改变有助于了解患者的手术治疗效果。

## PU-1901

## Sox2 inhibits Wnt- $\beta$ -catenin signaling and metastatic potency of cisplatin-resistant lung adenocarcinoma cells

Kangjian Zhang<sup>1</sup>, Chuanxin Wang<sup>1</sup>, Haiting Mao<sup>1</sup>, Aijun Niu<sup>1</sup>, Jun Wei<sup>2</sup>, Lixin Wang<sup>2</sup>, Juan Shi<sup>1</sup>

1. The Second Hospital of Shandong University

2. The General Hospital of Ningxia Medical University

**Objective** Lung cancer remains one of the most common cancer-associated mortalities worldwide, and platinum-based doublet chemotherapies are recommended as the first-line treatment for advanced non-small cell lung cancer (NSCLC). However, the frequent development of multidrug resistance, to cisplatin regimens in particular, is a major cause of chemotherapy failure in patients with aggressive NSCLC. Wnt/ $\beta$ -catenin signaling and sex-determining region Y box 2 (Sox2) have been implicated in the development and progression and resistance to epidermal growth factor receptor-targeting therapy in lung cancer. The present study aimed to explore the effects of Wnt/ $\beta$ -catenin and Sox2 signaling on the chemoresistance of cisplatin-resistant lung cancer cells.

**Methods** This study explored the effects of Wnt/ $\beta$ -catenin and Sox2 signaling on the chemoresistance of cisplatin-resistant lung cancer cells by assessing the effects of Sox2 on Wnt/ $\beta$ -catenin signaling activity, cell migration, invasion and clonogenicity, and susceptibility to cisplatin in lung adenocarcinoma A549 cells and cisplatin-resistant A549/DDP cells.

**Results** The results demonstrated that an enforced expression of Sox2 led to inhibition of Wnt/ $\beta$ -catenin signaling activity, potentially by upregulating glycogen synthase kinase 3  $\beta$  in A549 and A549/DDP cells. An overexpression of Sox2 promoted cell migration and invasion, in addition to enhancing the clonogenic capacity in A549 cells. Notably, knockdown Sox2 using short hairpin RNA led to an enhanced susceptibility of A549 and A549/DDP cells to cisplatin, along with increased cell apoptosis.

**Conclusions** The present study thus suggests that Sox2 may be an important regulator in development of chemoresistance of lung cancer cells and may be a novel therapeutic target for treatment chemoresistant lung cancer.

## PU-1902

## 黄杆菌属细菌的临床特点及耐药性分析

徐杰,赵丽娜,张险峰

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 了解医院黄杆菌相关感染的分布及其耐药性,为临床合理用药提供相关依据。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月~2018 年 12 月医院感染黄杆菌的数据,采用 Vitek MS 质谱系统进行鉴定,药敏采用扩散法,采用 WHONET5.6 软件分析菌株耐药率。

**结果** 2017 年 1 月-2018 年 12 月分离出 70 株黄杆菌,其中产吡啶金黄杆菌 36 株 (51.4%)、脑膜脓毒性伊丽莎白菌 29 株 (41.4%)、粘金黄杆菌 5 株 (7.2%)。黄杆菌对左旋氧氟沙星、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、米诺环素具有较高的敏感性,而对碳青霉烯类、头孢菌素类耐药率较高。产吡啶金黄杆菌科室的分布主要是神经外科 (25%),脑膜脓毒性伊丽莎白菌科室的分布主要是血液内科 (44.2%)。产吡啶金黄杆菌主要来源于尿液 (52.8%);脑膜脓毒性伊丽莎白菌主要来源于痰液 (41.4%)。

**结论** 黄杆菌对多种抗菌药物耐药,不同种类的金黄杆菌属对不同的抗菌药物耐药性有很大的差异,临床应参照药敏结果合理选用抗菌药物。

## PU-1903

**GUSB 基因复合杂合突变导致黏多糖贮积症的家系分析**

王增阁,姚如恩,郁婷婷,胥雨菲,李国强,卿彦荣,王剑  
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心,200120

**目的** 收集并分析一个患有黏多糖贮积症家系的临床表型与基因变异特征,并探索相关基因 GUSB 剪切位点突变 c.1244+3G>C 产生的新转录本。

**方法** 收集上海儿童医学中心初步诊断为黏多糖贮积症的一个家系临床资料及实验室检查结果,并提取患儿、姐姐及其父母外周血 DNA。采用全外显子基因测序技术对患儿的外周血基因组 DNA 进行测序,用 Ingenuity 软件对结果进行分析,并对检出的致病性变异位点进行 Sanger 测序验证。同时,针对 GUSB 设计特异性引物,通过 PCR 扩增检测剪切位点突变产生可能的新的转录本。

**结果** 患儿,男,9岁,临床表现为面容特殊、舌大,伴胸廓畸形、脊柱前凸、手足畸形、双侧四肢及肢关节畸形等多发性畸形。生化结果  $\beta$ -葡萄糖醛酸酶 3.89 nmol/h.mg,远低于正常范围。其姐 11 岁,症状类似。测序结果发现患儿存在 GUSB 基因的复合杂合突变 (c.1324G>A, c.1244+3G>C),都尚未见报道。通过特异性 PCR 扩增后,发现 c.1244+3G>C 会导致 GUSB 外显子 7 号全部与外显子 8 号前 52bp 丢失,产生新的转录本。两个变异位点分别来源于患儿的父亲及母亲。

**结论** 黏多糖贮积症临床表现为特殊面容、舌大,并伴有多发性骨骼畸形。GUSB 基因复合杂合突变 (c.1324G>A, c.1244+3G>C) 是其潜在的治疗原因。

## PU-1904

**均相酶免法测定甘胆酸的性能评估及临床应用评价**

刘波  
浙江大学医学院附属第二医院,310000

**目的** 评价应用均相酶免法在全自动生化仪上测定甘胆酸 (Glucocholic acid, CG) 的性能并探讨其临床应用价值。

**方法** 依据美国国家临床和实验室标准协会 (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) EP5-A2、EP17-A、EP6-A、EP28-A3 标准文件对均相酶免法测定 CG 精密度、空白限、检出限、定量检出限、线性范围及参考区间进行评估。与同位素稀释质谱法进行方法学比对判断均相酶免法测定 CG 结果的准确性。

**结果** 该方法测定甘胆酸的批内不精密度为 2.6%~6.3%,总不精密度为 3.7%~8.9%;空白限为 0.13mg/L,检测限为 0.20mg/L,定量检测限为 0.47mg/L;线性范围为 0.15 ~38.29mg/L ( $R^2=0.9994$ );样本回收率为 85.97%;健康生物参考区间 $\leq 0.74$ mg/L;均相酶免疫法与同位素稀释质谱法有良好的相关性,相关系数  $r=0.975$ 。

**结论** 均相酶免法测定 CG 有良好的精密度、检测限和线性范围,可满足临床检测需求;CG 对慢性肝病及妊娠胆汁淤积症诊断有重要的参考价值。

## PU-1905

## 两种判定鞘内合成方法的应用评价

马瑞敏,马淼,邵春青,刘志伟,吕虹,司学众,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 通过分析神经系统疾病患者脑脊液（CSF）标本中抗体来源，对两种判定鞘内合成的检测指标进行应用评价。

**方法** 选取 2013 年 12 月至 2017 年 7 月首都医科大学附属北京天坛医院 366 份配对送检血清和 CSF 标本，分别检测 5 种神经系统疾病相关病毒的 IgG 和 IgM 抗体、清蛋白含量及脑脊液寡克隆区带（CSF-OCB）。根据血脑屏障（BBB）完整程度将患者分为 BBB 正常组（190 例）、轻度损伤组（66 例）、中度损伤组（85 例）和重度损伤组（23 例），计算各组 24h 鞘内 IgG 合成率（IgG syn）、IgG 指数（IgG I），以 CSF-OCB 结果为金标准，分析 IgG syn、IgG I 与其符合程度。

**结果** IgG I 在 BBB 轻、中、重度受损时，与 CSF-OCB 的阴性符合率（分别为 95.24%、82.14%、71.43%）高于阳性符合率（分别为 33.33%、51.72%、55.56%），可作为排除鞘内合成的指标；IgG syn 在 BBB 正常或轻度受损时，与 CSF-OCB 的阴性符合率（分别为 77.06%、90.48%）高于阳性符合率（分别为 40.74%、37.50%），可用于排除鞘内合成，而在中度或重度受损时，与 CSF-OCB 则表现为阳性符合率（分别为 58.62%、88.89%）高于阴性符合率（分别为 57.14%、21.43%），可用于明确鞘内合成情况的存在。

**结论** 根据患者 BBB 完整程度选择判定鞘内合成的检测方法，可为临床明确诊断提供帮助。

## PU-1906

苏州地区近五年化脓性肝脓肿的临床特征  
及微生物病原学分析

徐杰,王贝贝,赵卫峰  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 通过探讨苏州地区近五年化脓性肝脓肿（Pyogenic liver abscess, PLA）的临床、流行病学、微生物病原学、治疗及预后等，为临床医生提供更多 PLA 的诊断及治疗依据。

**方法** 对 2013 年 9 月至 2018 年 9 月期间苏州大学附属第一医院收治入院的共 189 例 PLA 患者的临床资料进行综合分析。

**结果** PLA 好发于男性（64.5%），脓肿多单发于肝右叶（82%），最常见的临床表现是发热（91.9%），腹痛仅占 40.1%。最常见的实验室异常是 C 反应蛋白升高（100%），白细胞升高者占 64%。共检出 115 株菌株，其中肺炎克雷伯菌占主导地位（71,61.7%），其次是大肠埃希菌（21,18.3%）。肺炎克雷伯菌除对氨苄西林、替卡西林、氨苄青霉素耐药外，对其他大多数抗菌药物敏感。糖尿病是肺炎克雷伯菌-化脓性肝脓肿（KP-PLA）的危险因素，而胆系疾病和恶性肿瘤更常见于大肠埃希菌-化脓性肝脓肿（EC-PLA）。大多数患者的治疗方案是抗菌药联合影像学引导下经皮肝穿引流。

**结论** PLA 临床表现特异性低，病原学检测和影像学检查可以明确诊断。肺炎克雷伯杆菌已超过大肠埃希菌而成为 PLA 的首位致病菌，抗菌药联合引流为治疗首选方案。



## PU-1907

## Identification of Novel Serological Biomarkers for Systemic sclerosis Diagnosis Using Protein Array

Chenxi Liu, Yongzhe Li  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Systemic sclerosis (SSc) is a systemic autoimmune disorder which leads to vasculopathy, tissue fibrosis and autoantibodies. For SSc, biomarkers mean a lot to diagnosis in the clinics. To undertake this challenge, we employed the HuProt arrays, each comprised of 20,000 unique human proteins, to identify SSc-specific autoantibodies using a Two-Phase strategy established previously.

**Methods** In Phase I, we profiled the autoimmunity on the HuProt arrays with 90 serum samples collected from 40 SSc patients, diagnosed autoimmune patients who suffer from rheumatoid arthritis (RA; n=6), systemic lupus erythematosus (SLE; n=7), Sjogren's syndrome (SS; n=7), dermatomyositis (DM; n=5), polymyositis (PM, n=5) and 20 healthy subjects, and identified 113 candidate autoantigens that were significantly associated with SSc. To validate these candidates, in Phase II we constructed a focused array with these 113 candidate SSc-associated antigens, and use it to profile a much larger cohort, comprised of serum samples collected from 400 SSc patients, 160 autoimmune patients (i.e. 36 RA, 37 SLE, 37 SS, 25 DM and 25 PM), 40 chronic disease controls and 100 healthy controls. In Phase III, we used Western blot analysis to validate the serum of validated proteins with high signal values (value > 3 standard deviations from the mean of the healthy group).

**Results** This allowed us to validate Small Nuclear Ribonucleoprotein Polypeptide A (SNRPA) as a SSc-specific autoantigen in SSc. The results showed that the positive rate of anti-SNRPA antibody in patients with SSc was 11.25%, significantly higher than 3.33% in all control groups and 0% in normal controls. The association of anti-SNRPA with SSc patients was further validated using the traditional Western blotting analysis.

**Conclusions** In conclusion, anti-SNRPA antibody serves a novel autoantibody for SSc and helps the clinical diagnosis of SSc. The association between anti-SNRPA autoantibodies and clinical features should be further studied.

## PU-1908

## Development of a Magnetic beads chemiluminescence immunoassay for human Neutrophil gelatinase-associated lipocalin

Shufang Qu<sup>1,2</sup>, Ying Ping<sup>1</sup>, Danhua Wang<sup>1</sup>, Yibei Dai<sup>1</sup>, Zhenping Liu<sup>1</sup>, Yiyun Wang<sup>1</sup>, Zhihua Tao<sup>1</sup>  
1. The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine  
2. Yinzhou No.2 Hospital, Ningbo

**Objective** Previous studies have shown that blood and urine neutrophil gelatinase-associated lipocalin (NGAL) can be used as a diagnostic indicator for early detection of acute kidney injury (AKI). It is particularly necessary to establish a rapid, sensitive and specificity detection method to detect the level of NGAL.

**Methods** A "double-antibody sandwich" strategy was established by using biotin labeled anti-NGAL monoclonal antibody and acridinium ester labeled anti-NGAL monoclonal antibody. Subsequently, magnetic beads coated with streptavidin combined with the double-antibody complex. The concentration of NGAL in serum samples was detected by our chemiluminescence immunoassay and compared with commercial detection method.

**Results** The limit detection for NGAL concentration of our method is 9.88ng/ml, and the linear range is 30-3000ng/ml, requiredserumsamplevolume 1.6 $\mu$ l. The intra-CV of the method were 9.40%, 5.63% and 4.55% for threedifferentconcentrations ofNGAL, and the inter-CV were 14.90%, 14.15% and 11.03% respectively. The recoveries of low, medium and high antigen concentrations were 106.01%, 94.99% and 98.58%, respectively.

**Conclusions** We constructeda NGAL detection kit with good specificity and high sensitivity.Additionally, this method can be used for automatic simultaneous detection of batch specimens, which is expected to be popularized and applied in automatic detection.

## PU-1909

### 载脂蛋白 E 基因多态性与脑梗患者年龄和血脂的相关性研究

刘淑静,陈柯霖,张丽敏,司学众,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨载脂蛋白 E (ApoE) 基因多态性与脑梗患者年龄和血脂的关系。

**方法** 收集脑梗患者,采用 PCR 荧光探针法检测 ApoE 基因型,根据 ApoE 基因型分为 E2 组 (E2E2, E2E3)、E3 组 (E3E3)、E4 组 (E3E4)。检测血脂甘油三酯 (TG)、胆固醇 (CHO)、高密度脂蛋白 (HDL)、低密度脂蛋白 (LDL)、载脂蛋白 A1 (ApoA1) 和载脂蛋白 B (ApoB)。定性资料分析应用  $\chi^2$  检验,定量资料应用 t 检验,  $P < 0.05$  差异有统计学意义。

**结果** 共收集 2017 年 1 月至 2017 年 12 月北京天坛医院脑梗患者 221 例,各个基因型的频率为: E2E2 型 1.3%; E2E3 型 8.1%; E3E3 型 76.0%; E3E4 型 14.0%; E4E4 型 0; E2E4 型 0.5%。年龄分组中 E4 组中低年龄患者所占比例 (22.6%) 高于 E3 组中所占比例 (9.5%),  $P = 0.037$ , 差异具有统计学意义。E2 组 CHO ( $3.54 \pm 1.40$ ) mmol/L 和 LDL ( $2.13 \pm 0.81$ ) mmol/L 低于 E3 组 CHO ( $3.77 \pm 0.93$ ) mmol/L 和 LDL ( $2.20 \pm 0.78$ ) mmol/L, P 值分别为 0.007、0.020。E3 组和 E4 组血脂水平在低年龄组无统计学差异; E4 高年龄组 TG、CHO、LDL、ApoB 分别为 ( $1.74 \pm 0.57$ ) mmol/L、( $4.25 \pm 1.23$ ) mmol/L、( $2.61 \pm 1.04$ ) mmol/L、( $0.89 \pm 0.30$ ) mmol/L, 高于 E3 组 ( $1.35 \pm 0.53$ ) mmol/L、( $3.80 \pm 0.90$ ) mmol/L、( $2.23 \pm 0.76$ ) mmol/L、( $0.79 \pm 0.24$ ) mmol/L, P 值分别为 0.033、0.009、0.008 和 0.034。

**结论** ApoE 基因多态性与脑梗发病年龄和血脂水平存在相关性。E2 基因对于血脂降低有一定作用; E4 基因与低年龄脑梗密切相关,并与高年龄患者血脂升高相关。

## PU-1910

### 生长激素释放肽在慢性心衰预后的预测价值

王洪刚  
潍坊市人民医院,261000

**目的** 测定慢性心力衰竭 (心衰) 患者血浆生长激素释放肽 (ghrelin) 浓度,观察其变化规律,探讨 ghrelin 在诊断及判断心衰严重程度中的作用;随访心衰患者预后,研究 ghrelin 浓度与心衰患者预后的关系,探讨其预示心衰预后的价值。

**方法** 选择课题研究期间潍坊市人民医院住院慢性心衰患者 145 例为心衰组,男 83 例,女 62 例,年龄 ( $69.80 \pm 7.98$ ) 岁;依据 NYHA 分级分为 II 级组 (48 例)、III 级组 (57 例)、IV 级组 (40 例) (I 级无患者);心衰患者随访 2 年。同期选择健康体检者为正常对照组 55 例,男 30 例,女 25 例,年龄 ( $68.52 \pm 6.92$ ) 岁,选自健康查体人群的随机个体。所有数据采用 t 检验、F 检验或两变量间相关分析,以  $P < 0.05$  为有统计学意义。

**结果** 1、心衰组患者血浆 ghrelin 浓度 ( $1.66\pm 0.28\mu\text{g/l}$ ) 显著低于正常对照组 ( $2.27\pm 0.26\mu\text{g/l}$ ) ( $P<0.001$ )，145 例慢性心衰患者平均随访 ( $637\pm 97$ ) d，发现发生心血管事件组 ghrelin 水平明显低于不发生事件组 ( $P<0.01$ )，全模型多元 logistic 回归分析示，ghrelin 和是否发生事件明显相关，ghrelin 每变化 1 个单位，心血管事件发生风险增加 7 倍；发生死亡组 ghrelin 水平明显低于非死亡组 ( $P<0.05$ )；2、ghrelin 水平与左心室大小、射血分数呈负相关，与血脂、血糖等均无相关关系 ( $P>0.05$ )。

**结论** 1、心衰患者 ghrelin 水平显著低于正常人；心功能不全越严重，ghrelin 水平越低。ghrelin 可能成为诊断心衰，以及判断心衰严重程度的新指标。2、血浆 ghrelin 水平对心衰患者发生心血管事件或死亡的预测具有一定的价值。ghrelin 可能是预测心衰预后的新指标。3、ghrelin 水平与左心室大小、射血分数呈负相关，与血脂、血糖等均无相关关系。

## PU-1911

### 同型半胱氨酸、叶酸、维生素 B12 水平及 MTHFR 基因多态性与脑梗死相关性研究

刘竞争,陈燕,方芳,邵春青,司学众,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸 (Hcy)、叶酸 (FA)、维生素 B<sub>12</sub>(VB<sub>12</sub>)水平及 MTHFR 基因多态性与脑梗死的相关性。

**方法** 选择首都医科大学附属北京天坛医院神经内科住院脑梗死患者 70 例作为实验组，选择同期来我院进行体检的健康志愿者 30 例作为对照组。并采用循环酶法检测血清同型半胱氨酸水平，化学发光免疫法检测血清叶酸、维生素 B<sub>12</sub> 水平，采用荧光实时定量 PCR 检测实验组中血清同型半胱氨酸高于正常值患者的亚甲基四氢叶酸还原酶 (MTHFR) 基因多态性。

**结果** 实验组中脑梗死患者血清 Hcy 水平 68.6%高于正常值 ( $\geq 15\mu\text{mol/L}$ )，实验组血清 Hcy 水平为  $23.25\pm 8.17\mu\text{mol/L}$ ，对照组血清 Hcy 水平为  $7.09\pm 2.25\mu\text{mol/L}$ ，两者结果差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；实验组血清 FA 水平 ( $6.23\pm 2.19\text{ng/ml}$ ) 和 VitB<sub>12</sub> 水平 ( $329.89\pm 125.79\mu\text{mol/L}$ ) 和对照组血清 FA 水平 ( $10.57\pm 5.70\text{ng/mL}$ )、VitB<sub>12</sub> 水平 ( $598.85\pm 142.56\mu\text{mol/L}$ )，差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。实验组血清 Hcy 水平与 FA 及 VitB<sub>12</sub> 水平均呈负相关。2.高血清 Hcy 患者的 MTHFR C677T 多态位点 CC、CT 和 TT 基因型频率分布分别为 CC 野生型 8%，TT 突变型为 39.5%，CT 突变型 52.5%；MTHFR A1298C 多态位点基因型频率分布分别为 AC 突变型 33.3%，AA 野生型为 66.7%。

**结论** MTHFR C677T 突变和血清高同型半胱氨酸水平及脑梗死发病密切相关。

## PU-1912

### The application of CRISPR/Cas9-based genome editing in studying the mechanism of pandrug resistance in *Klebsiella pneumoniae*

Qiaoling Sun,Hongwei Zhou,Yanyan Hu,Rong Zhang  
The Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

**Objective** In this study, a CRISPR/CAS9-mediated genome editing method was used to study the functions of genes mgrB, tetA and ramR in mediating colistin and tigecycline resistance in carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*.

**Methods** The deletion of the chromosomal mgrB gene in the K. pneumoniae Y4 strain and the chromosomal ramR gene in the K. pneumoniae Y17 strain were performed using the two-plasmid pCasKP-pSGKP genome editing system. The inactivation of the plasmid-borne tetA gene in the K. pneumoniae Y17 strain was achieved by mutating W301 (tgg) to a premature stop codon (taa) using the pBECKP base editing system.

**Results** The inactivation of the tetA gene drastically increased the bacterial susceptibility to tigecycline while the deletion of the ramR gene reduced the susceptibility sharply. The deletion of the mgrB gene resulted in a significant decrease on the bacterial susceptibility to colistin.

**Conclusions** This study proved tetA or ramR mutant gene were the key factor that contributed to the tigecycline resistance, deletion of mgrB gene was involved in colistin resistance and CRISPR/CAS9-based genetic editing could be effectively adopted in K. pneumoniae and should be further utilized for genetic characterization..

## PU-1913

### 基于太赫兹超材料生物传感器和重组酶介导恒温扩增反应的金黄色葡萄球菌 DNA 快速无标记检测

杨成<sup>1</sup>, 周鸿<sup>2</sup>, 胡东林<sup>2</sup>, 周琳<sup>1</sup>, 王杨<sup>1</sup>, 府伟灵<sup>1</sup>, 陈鸣<sup>1</sup>

1. 陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

2. 重庆大学光电工程学院

**目的** 构建新型太赫兹超材料生物传感器, 结合重组酶介导的恒温扩增反应实现金黄色葡萄球菌 DNA 的快速无标记检测。

**方法** 基于太赫兹反射检测模式, 设计线宽 3 $\mu$ m 的超材料开口谐振环, 利用 COMSOL 软件仿真分析所构建的太赫兹超材料器件谐振频率; 在硅片上光刻显影后应用等离子刻蚀图形化硅片表面, 再利用磁控溅射技术, 在硅片表面上沉积 200nm 厚度的高纯度金完成器件制备; 测量器件基础频率, 将恒温扩增所需的一条引物修饰巯基并固定在器件金膜表面, 测量器件频率漂移, 用 6-巯基己醇封闭后扩增 0.001nmol/L、0.01nmol/L、0.1nmol/L、1nmol/L、10nmol/L 和 100nmol/L 的金黄色葡萄球菌核酸提取物, 测量器件频率漂移; 计算所研究方法线性范围和灵敏度并用其他细菌核酸提取物进行特异性测试。

**结果** 器件基础频率为 1.281THz, 固定 10nmol/L 巯基引物后频率漂移 16GHz 为 1.265THz, 扩增不同浓度金黄色葡萄球菌核酸提取物反应完成后频率漂移分别为 5GHz、17GHz、26GHz、34GHz、43GHz、58GHz, 所研究方法线性范围为 0.01nmol/L-100nmol/L, 最低检测限为 0.01nmol/L; 对其他细菌核酸提取物无反应且可在 1 小时内完成检测。

**结论** 成功构建了新型太赫兹超材料生物传感器并应用重组酶介导恒温扩增技术实现了金黄色葡萄球菌 DNA 的快速无标记检测。

PU-1914

## Impact of anti-staphylococcus antibiotics on leucocidin ED gene transcription in *Staphylococcus aureus* strain Newman

Han Yang<sup>1</sup>, Su Xu<sup>2</sup>, Qingzhong Liu<sup>1</sup>

1. Shanghai General Hospital

2. Huashan Hospital

**Objective** The study aimed to assess the influence of antibiotics commonly used for the treatment of staphylococcus infections on the transcription of leucocidin ED gene (lukED) and agr regulatory RNA molecule RNAlII in *S. aureus* strain Newman in vivo and in vitro.

**Methods** Broth microdilution method was used to detect the MICs of 11 antibiotics (cefazolin, gentamicin, erythromycin, tigecycline, rifampicin, daptomycin, ciprofloxacin, clindamycin, vancomycin, linezolid and Trimethoprim-sulfamethoxazole) for *S. aureus* Newman isolate. Newman was grown in vitro with sub-MICs (1/8, 1/4 and 1/2 MIC) of 11 antibiotics, and after 3 h and 5 h, lukE, RNA III, rot and rpiRc mRNA levels were detected by relative quantitative RT-PCR (qRT-PCR). Female Balb/c nude mice between 4 to 6 weeks old were injected subcutaneously with 100  $\mu$ l phosphate buffered saline (PBS) containing  $3 \times 10^8$  colony forming units (CFU)/ml fresh Newman strain to form the abscess. After 48 h of infection, mice were injected intraperitoneally with 150  $\mu$ l of either, 10 mg/kg clindamycin, 10 mg/kg linezolid, 25 mg/kg cefazolin, 30 mg/kg vancomycin, 4 mg/kg daptomycin, 1.6 mg/kg tigecycline or PBS as a control. After 8 h, we cut the abscess issue, and enumerated bacterial CFUs. Then the abscesses were put into liquid nitrogen quickly, followed by grinding for extraction of RNA, and lukE, RNA III, rot and rpiRc mRNA levels were detected by relative quantitative RT-PCR (qRT-PCR).

**Results** By real-time polymerase chain reaction (RT-PCR) analysis, our data demonstrated that in vitro lukE transcription was dramatically reduced by cefazolin, erythromycin, rifampicin, linezolid and tigecycline, but significantly stimulated by different subinhibitory concentrations (sub-MICs) of vancomycin, clindamycin, gentamicin, daptomycin, ciprofloxacin and trimethoprim-sulfamethoxazole. In the murine abscess model, expression after vancomycin (increase) and tigecycline (decrease) challenge was sustained, however, those of cefazolin had an opposite trend; expression after clindamycin, daptomycin and linezolid challenge was unaffected. The results showed that the in vitro variations in RNAlII transcript under 7 antibiotics (vancomycin, clindamycin, ciprofloxacin, trimethoprim-sulfamethoxazole, cefazolin, rifampicin and tigecycline) influence were consistent with those in lukE transcript at some sub-MICs and/or time points. In vivo data of 6 representative antibiotics also indicated the consistence of both genes' expression. We speculate that the effect of antibiotics on the expression of lukE may be related to the regulatory loci agr.

**Conclusions** In conclusion, variations in lukED expression stimulated by exposure to subinhibitory antibiotics was observed, tigecycline was able to reduce the lukE gene expression both in vivo and in vitro effectively, and the changes caused by some antibiotics involved with regulator agr (RNAlII) activity. Moreover, our findings may also provide a clue to choose appropriate antimicrobial drugs for the treatment of infections caused by lukED-positive *S. aureus*.

## PU-1915

## Removal of bioactive molecules from stored red blood cells by amberchrom CG 300C mitigate the inhibition of T cells in vitro

Shifang Yu<sup>1</sup>, Qiang Li<sup>2</sup>

1. The Second Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

2. The First Affiliated Hospital of Zhejiang Chinese Medical University

**Objective** Red blood cells (RBCs) undergo numerous changes during storage and may induce adverse effects after transfusion. The multiple bioactive molecules accumulated in the stored RBCs regulate the immune response of patients after transfusion, resulting in organ injury of certain recipients, such as the injured, critically ill or peri-operative patients. Our study evaluated the effect of amberchrom CG 300C on removing bioactive molecules from stored RBCs.

**Methods** The stored RBCs were filtered by amberchrom CG 300C, and the concentration of bioactive molecules in supernatant were detected by ELISA. Then, the supernatant (before or after filtration) were co-cultured with peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) and analyzed the proliferation rate of T-cells by FACS. Meanwhile, further detected Th1/Th2 related cytokines and observed the effect of Th1/Th2 cytokines balance.

**Results** After 35 days storage, multiple bioactive molecules accumulated in supernatants of stored RBC (Compared with day 0, TGF- $\beta$ , TNF- $\alpha$ , IFN- $\gamma$ , IL-4, IL-6, IL-10, IL-8, MCP-1, RANTES, sCD40L, ubiquitin, sHLA-I and sFasL increased respectively 9.06-fold, 1.37-fold, 3.89-fold, 1.53-fold, 1.36-fold, 1.25-fold, 6.92-fold, 3.88-fold, 1.61-fold, 6.00-fold, 32-fold, 9.79-fold and 3.50-fold). Compared with pretreatment, major cytokines dramatically decreased after filtration by amberchrom CG 300C (such as TNF- $\alpha$ , IFN- $\gamma$ , IL-6, IL-10, IL-8, MCP-1, RANTES, ubiquitin and sHLA-I), especially the TGF- $\beta$ , IL-4, sCD40L and sFASL were not detectable. When the supernatant (filtered or unfiltered group) were co-cultured with PBMCs. Compared with unfiltered group, the proliferation rate of T-cells in filtered group was higher (filtered (67 $\pm$ 25%) vs unfiltered (31 $\pm$ 17%),  $P < 0.01$ ), the mRNA expression of Th2 cytokines such as IL-4, IL-6 and IL-10 was decreased ( $p < 0.01$ ), however the mRNA expression of Th1 related cytokines TNF- $\alpha$  were significantly increased ( $p < 0.01$ ), meanwhile the IFN- $\gamma$  and IL-2 showed no significant difference between two groups ( $P > 0.05$ ).

**Conclusions** Our results show that amberchrom CG300C resin, which is commercially available, possess the sufficient potential as an adsorbent of bioactive substances from stored RBCs and mitigate the inhibition of T cells in vitro that maybe have important clinical implications for attenuating TRIM.

## PU-1916

## XN9100 全自动血细胞分析流水线管理系统的应用

张鑫垚

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 探讨全自动血细胞分析流水线管理系统的应用方法, 为临床检验提供便捷的服务。

**方法** 使用 XN9100 型全自动血细胞分析流水线管理系统, 使用前按照国家及国际的相关标准对设备的精密度、携带污染率、准确度、正确度、线性、内部操作检测系统仪器间比对, 白细胞分类技术、参考范围进行性能验证, 结果与设备厂家声称的性能及国家制定的相关行业标准要求进行比较。

**结果** XN-9100 全自动血细胞分析流水线管理系统按照国家及国际的相关标准验证, 各项指标均符合要求, 检测结果可用于临床常规标本的检测, 同时借助医院信息系统、科室信息系统与设备自带软件系统的整合, 科室建立了一套全血细胞分析工作流程, 保证医疗工作的顺利进行。

**结论** 全自动血液分析设备的自动化系统不仅为检验科的细胞学检验提供了便捷, 同时还可缩短患者等候检验报告的时间。

## PU-1917

### 格林-巴利综合征患者神经系统感染病毒 抗体谱分析

刘杰, 王利娟, 马瑞敏, 张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院, 100000

**目的** 了解格林-巴利综合征 (Guillain-Barré syndrome, GBS) 患者的神经病毒抗体谱分布特征, 探讨 GBS 与病毒感染之间的关系。

**方法** 对首都医科大学附属北京天坛医院 2013-2017 年 54 例确诊为 GBS 患者的血清及脑脊液进行神经系统感染病毒抗体检测, 从性别、年龄、急慢性等方面对病毒抗体阳性率进行分析。

**结果** 54 例 GBS 患者血清和脑脊液中不同抗体的检出率存在较大差异, 其中 CMV-IgG 抗体在血清 (98.1%) 及脑脊液 (68.5%) 中的检出率最高。血清中检测到 HSV1+2 IgM 抗体阳性 2 例, 脑脊液中 HSV1+2 IgM 抗体阳性 1 例 (其中 1 例为血清和脑脊液双阳性), 血清 EBEB-IgM 阳性 1 例。结果显示急性组患者血清中 RUBIGG 抗体和 TOXIGG 抗体阳性率 (92.5%, 37.5%) 显著高于慢性患者 (71.4%, 7.1%) ( $P < 0.05$ )。

**结论** HSV 和 EB 病毒可能与 GBS 的发病具有相关性。相较于慢性 GBS, RUB 和 TOX 的前驱感染可能与急性 GBS 更具有相关性。但仍需进一步相关研究证实。

## PU-1918

### Westgard 西格玛规则和标准化西格玛性能验证图在化学 发光检测项目中的应用

向时庆, 冯晓敏  
陆军军医大学第一附属医院

**目的** 目的 探讨利用 Westgard 西格玛规则及标准化西格玛性能验证图评价 Unicel DXI800 化学发光检测项目的性能, 制定合适的质控规则, 确保检验结果的准确性。

**方法** 方法 选择我科 2018 年度参加卫生部临检中心组织的室间质评计划 6 个内分泌项目 (E2、PROG、PRL、TESTO、LH、FSH) 的上报数据及同年度累积的室内质控数据, 分别计算本实验室均值与组均值结果的相对偏差作为偏移 (Bias)、累积变异系数作为本室的变异系数 (CV), 以卫生部临床检验中心室间质量评价标准作为允许总误差 (TEa), 计算出每个项目的西格玛值 ( $\sigma$ ), 利用室间质评网站提供的工具, 绘制标准化的西格玛性能验证图, 指导质控规则的选择, 促进检验质量持续改进。

**结果** 结果 FSH 和 LH 两个项目  $5 \leq \sigma \leq 6$  优秀, PROG 和 TESTO 两个项目  $4 \leq \sigma \leq 5$  良好, PRL  $3 \leq \sigma \leq 4$  临界, E2 的  $\sigma$  值是 2.91 欠佳。

**结论** Westgard 西格玛规则不仅可以客观地评价实验室检测项目的性能, 而且可以根据实验室要求, 制定适用的质控规则, 同时可以利用标准化西格玛性能验证图, 真实地了解检验项目的性能水平。对检验质量的改进起到了很大的帮助。

## PU-1919

## 乙醇脱氢酶在鲍曼不动杆菌群体感应及生物膜形成中的作用

张康见<sup>1</sup>,王传新<sup>1</sup>,毛海婷<sup>1</sup>,张旭华<sup>1</sup>,魏军<sup>2</sup>,王利新<sup>2</sup>,乔霞<sup>2</sup>

1.山东大学第二医院,250000

2.宁夏医科大学总医院

**目的** 多重耐药鲍曼不动杆菌(multiple drug-resistant *Acinetobacter baumannii*, MDR-AB)是导致临床感染治疗失败的主要原因之一。而群体感应 (quorum sensing, QS)在抗生素耐药形成中发挥重要的作用,但其具体机制仍未明晰。固本研究通过对浮游和生物膜状态下的鲍曼不动杆菌进行转录组测序,获得一系列差异表达基因,经生物信息学技术分析候选差异表达基因可能参与调控的细菌细胞组分、参与的代谢过程和具备的生物学功能。

**方法** QRT-PCR 验证测序结果。建立群体感应分子检测体系,分析 C<sub>12</sub>-HSL 对生物膜形成的影响。以微孔板法定量,结晶紫染色和扫描电镜定性检测其生物膜的形成能力。

**结果** 转录组测序结果分析发现 A1S\_0109、1S\_0112~ A1S\_0114 及乙醇脱氢酶基因 A1S\_2098 与群体感应系统相关并表达上调。QRT-PCR 验证差异表达基因的表达情况,结果与测序数据一致。群体感应分子 C<sub>12</sub>-HSL 的加入使鲍曼不动杆菌生物膜的形成能力增强,且细菌运动性亦增强。双硫仑(200μM)处理后,鲍曼不动杆菌生物膜内细菌乙醇脱氢酶的活性减弱,群体感应相关基因的表达下调,生物膜形成能力下降。双硫仑对鲍曼不动杆菌生物膜形成的抑制作用在临床分离株中同样有效。

**结论** 鲍曼不动杆菌生物膜的形成与群体感应系统相关。群体感应增强,鲍曼不动杆菌的生物膜形成能力和细菌运动性增强。乙醇脱氢酶在鲍曼不动杆菌生物膜形成中发挥重要作用。双硫仑处理后鲍曼不动杆菌乙醇脱氢酶活性减弱,同时群体感应基因表达下调,生物膜形成能力下降。

## PU-1920

脑脊液寡克隆区带及鞘内 IgG 合成相关指标分析  
在多发性硬化诊断中的应用

陈柯霖,李国歌,康熙雄,张国军

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨脑脊液寡克隆区带(CSF-OCB)及鞘内 IgG 合成相关指标分析在多发性硬化(multiple sclerosis,MS)诊断中的意义。

**方法** 回顾性分析 2014.1-2017.12 于北京天坛医院确诊的 77 例多发性硬化患者的临床资料,选取同期的非多发性硬化对照组,其中 97 例视神经脊髓炎(neuromyelitis optica,NMO)患者,67 例格林巴利综合征(Guillain-Barré syndrome, GBS)患者,86 例神经系统炎性疾病(neurological inflammatory diseases, NID)患者,243 例神经系统非炎性疾病(non-inflammatory neurological diseases,NIND)患者,采用琼脂糖凝胶等电聚焦法测定脑脊液特异寡克隆区带,速率散射比浊法定量检测免疫球蛋白 IgG 和清蛋白(Alb)水平,利用公式计算 IgG 指数、24h IgG 合成率,进行分析。

**结果** (1)多发性硬化组 CSF-OCB 阳性率明显高于对照各组(P<0.05)。(2)多发性硬化组与视神经脊髓炎组、NID 组、NIND 组的 IgG 指数有统计学差异(P<0.05)。(3)多发性硬化组与视神经脊髓炎组及 NIND 组的 24hIgG 合成率有统计学差异(P<0.05)。

**结论** 明确 CSF-OCB、IgG 指数、24hIgG 合成率,尤其是 CSF-OCB 在多发性硬化患者诊断和鉴别诊断中有重要的临床意义。



## PU-1921

## 羧肽酶 N1 作为潜在标志物在乳腺癌中的临床应用价值

崔冉亮

天津医科大学肿瘤医院检验科

**目的** 探索新型乳腺癌血清标志物 CPN1 的临床应用价值以及评估 CPN1 用于与 CA153 联合诊断的效能。

**方法** 收集淋巴结转移乳腺癌 70 例，未转移乳腺癌的 73 例以及正常人血清 25 例。采用罗氏电化学发光法进行血清中 CA153 的测定，酶联免疫法测定血清 CPN1 浓度。采用 SPSS 17.0、GraphPad Prism 8.0.2 进行统计学分析。

**结果** ①CPN1 在乳腺癌组与正常组中浓度存在明显差异，前者显著高于后者 ( $p<0.0001$ )。CPN1 在转移乳腺癌患者与非转移乳腺癌中浓度存在明显差异，前者显著高于后者 ( $p<0.0001$ )。②在乳腺癌患者中，血清 CPN1 与肿瘤大小、临床分期及 CA153 的浓度 ( $r=0.376$ ,  $p<0.0001$ ) 呈现正相关。

③ROC 曲线分析显示 CPN1 诊断乳腺癌的最佳临界值为 32.8 pg/mL，曲线下面积为 0.886，灵敏度和特异度分别为 84.00% 和 87.4%。CPN1 诊断转移乳腺癌的最佳临界值为 66.121 pg/mL，曲线下面积为 0.887，灵敏度和特异度分别为 87.7% 和 88.6%。CPN1 相对于 CA153 不仅对乳腺癌 ( $AUC_{CA153}=0.702$  vs  $AUC_{CPN1}=0.886$ ,  $P<0.0001$ ) 以及转移乳腺癌 ( $AUC_{CA153}=0.629$  vs  $AUC_{CPN1}=0.887$ ,  $P<0.0001$ ) 的诊断能力更高，而且 CA153 与 CPN1 联合检测可提高对乳腺癌诊断效能 ( $AUC_{CA153+CPN1}=0.916$ ) 和诊断转移与非转移乳腺癌 ( $AUC_{CA153+CPN1}=0.895$ ) 的效能。

**结论** CPN1 可以作为一项诊断乳腺癌和评估乳腺癌患者转移的新型肿瘤标志物。CPN1 可作为补充 CA153 阴性的补充实验，与 CA153 联合检测准确度更高，具有一定的临床应用价值。

## PU-1922

## 儿童过敏性哮喘药物治疗和免疫治疗的 HETES 水平变化分析

郑佩燕,孙宝清

广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 过敏性哮喘是一种主要由过敏原触发的慢性气道炎症性疾病。其病理生理机制尚未完全阐明。代谢组学是发现新的生物标志物和分析疾病病理生理学的有力工具。探讨常规药物治疗和特异性免疫治疗对过敏性哮喘患者血清花生四烯酸代谢的影响。

**方法** 哮喘组 49 例，健康对照组 15 例。血清采集、样品预处理、衍生化，用于非靶向脂质代谢组学检测，采用超高效液相色谱-飞行四倍时间/质谱(UHP-Q-TOF/MS)进行分析。

**结果** 采用 ESI 模型检测了 278 种脂质代谢产物 ( $R^2=0.556$ ,  $q^2=0.953$ )。差异代谢物分析显示哮喘组花生四烯酸代谢物(尤其是 HETES)明显高于健康组 ( $P<0.05$ )。从 ROC 曲线可以看出，曲线下最大面积的差异代谢物为 12(S)-HPETE ( $AUC=0.941$ ,  $95\%CI=0.941\sim1.000$ )。因此，大多数目标代谢物(包括 5-、12-和 15-HPETE、5-、8-和 11-HETE)在常规药物治疗 1 年和 3 年后明显减少，这些重要代谢物水平先升高后下降，0Y 高于 3Y，1Y 水平在皮下注射免疫治疗(SCIT)中最高。代谢途径富集分析表明，差异代谢产物集中于花生四烯酸代谢途径，该途径主要与炎症反应和氧化应激有关。常规药物治疗后靶代谢物水平明显降低 ( $P<0.05$ )，LOX 介导的花生四烯酸代谢途径明显下调 ( $P<0.05$ )。

**结论** HETES 是哮喘潜在的生物标志物, Gpx4 可能在调节哮喘患者血清中 HETES 含量方面发挥重要作用, 可作为变应原免疫治疗过程中治疗监测的生物学指标。相应的代谢酶(COX 和 LOX)不仅参与哮喘的病理生理过程, 而且可能是变应原免疫治疗的治疗靶点。

## PU-1923

### 化学发光微粒子免疫分析检测梅毒螺旋体特异性抗体 在临床筛查中的应用

王琳

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 对化学发光微粒子免疫分析法(CMIA)筛查梅毒螺旋体特异性抗体(Syphilis)阳性率进行评价。

**方法** 运用 CMIA 检测苏州大学附属第一医院 2018 年 8 月~2019 年 2 月期间 63467 例样本, 筛查出 Syphilis 阳性样本, 进行梅毒螺旋体抗体明胶颗粒凝集试验法(TPPA)进行验证。用 SPSS17.0 统计软件对两种方法检测结果进行  $\chi^2$  检验,  $P < 0.05$  为差异具有统计学意义。

**结果** 63467 例样本中, CMIA 法筛查出 1245 例 Syphilis 阳性样本, 1245 例样本经 TPPA 法验证 1066 例阳性、179 例阴性。CMIA 法 S/CO 值  $\geq 10$  共 644 例样本, 经 TPPA 法验证阳性率 100%, S/CO 值  $< 10$  的样本中, 随着 S/CO 值越小, TPPA 法阳性比例越低, 其中 S/CO 值在 1~3 之间的阳性率 50.4%; 179 例 TPPA 法验证阴性的样本中, S/CO 值在 1~3 之间的占 73.7%。将年龄 20~60 岁、 $\geq 60$  岁两组中用 TPPA 法验证为假阳性的例数进行  $\chi^2$  检验,  $P > 0.05$  无统计学差异; 用  $\chi^2$  检验检测男女组间 Syphilis 假阳性, 女性假阳性率显著高于男性 ( $\chi^2 = 8.074$ ,  $P = 0.0045$ ); 不同临床科室之间假阳性有显著差异, 其中口腔科、妇产科、呼吸科和血液科假阳性率 (27.3%、22.4%、22.2%和 19.8%) 显著高于其他科室。

**结论** CMIA 在筛查 Syphilis 特异性高, TPPA 试验可作为实验室筛查 Syphilis 的一种有效的验证试验。本实验室对 CMIA 筛查 Syphilis 后 S/CO 值  $\geq 10$  的样本无需进行 TPPA 验证, 可直接发阳性报告, 对部分内科临床科室, 如: 口腔科、妇产科、呼吸科和血液科的 Syphilis 筛查报告要高度重视假阳性。

## PU-1924

### 血脂联合 CA153、CA125、CEA 检测在乳腺癌发生 及转移中的相关性研究

魏倩

天津医科大学肿瘤医院, 300000

**目的** 初步了解乳腺癌患者血脂代谢的特点, 分析血脂和 CA153、CA125、CEA 水平与乳腺癌发生、淋巴结转移的关系以及二者之间的相关性, 并进一步探讨血脂与肿瘤标志物联合检测的临床意义。

**方法** 随机选取 2015 年 9 月至 2017 年 1 月天津市肿瘤医院病例 239 例, 分为健康对照组、良性乳腺疾病组、乳腺癌无腋窝淋巴结转移组和乳腺癌腋窝淋巴结转移组。收集各组清晨空腹静脉血, 采用化学发光和电化学发光法分别测定 TC、TG、HDL、LDL、CA153、CA125、CEA 水平。

**结果** 2、恶性组 TC、TG、LDL-C 显示出的水平均高于正常组和良性组, 差异具有统计学意义; 恶性组 HDL-C 水平低于正常组和良性组差异具有统计学意义。3、恶性组 CA125、CA153、CEA 的水平高于正常组差异具有统计学意义, 同时恶性组三项标志物的水平均高于良性组, 其中 CEA 差异性显著具有统计学意义。4、恶性淋巴转移组 TC、TG、LDL-C 水平均高于恶性非淋巴转移组, 其中 TG 差异性显著具有统计学意义。此外恶性淋巴转移组 HDL-C 水平低于恶性非淋巴转移

组表现为降低趋势,差异没有统计学意义。5、恶性淋巴转移组 CA125、CA153、CEA 水平均高于恶性非淋巴转移组,其中比较 CA153 水平( $p<0.05$ )差异性显著具有统计学意义。6、HDL-C 水平分别与 CA125、CA153、CEA 呈负相关,此外本研究中的血脂相与肿瘤标志物均表现为正相关趋势。7、CA153、CA125、CEA 的联合检测 ROC 下曲线面积为 0.792,敏感度为 67.00%,血脂相 TC、TG、HDL-C、LDL-C 联合肿瘤标志物 CA153、CA125、CEA 检测的 ROC 下曲线面积为 0.818,敏感度为 73.48%,与三项肿瘤标志物水平的联合检测相比较具有更高的敏感度。

**结论** 1、乳腺癌患者恶性组 TC、TG、LDL、CA153、CA125、CEA 水平均高于正常组,各项结果均具有统计学差异;恶性组 HDL 水平低于正常组;结果具有统计学差异。2、乳腺癌患者淋巴转移组的血脂 TG 水平和 CA153 水平与非转移组相比明显升高,差异具有统计学意义。3、乳腺癌患者 HDL-C 水平与 CA153、CA125、CEA 水平呈负相关性。4 乳腺肿瘤标志物和血脂联合检测可作为乳腺癌诊断的辅助指标。

## PU-1925

### 抗胃壁细胞抗体和抗内因子抗体与贫血的相关性研究

樊春红

北京大学人民医院,100000

**目的** 探讨抗胃壁细胞抗体(APCA)和抗内因子抗体(AIFA)及实验室检测指标与贫血患者病因的相关性。

**方法** 回顾分析 2009 年 3 月至 2010 年 7 月我院血液科门诊及住院的 206 例贫血患者和 30 例健康体检对照者中抗胃壁细胞抗体和抗内因子抗体等指标,两抗体采用间接免疫荧光法;铁蛋白、VB12 采用罗氏 E170 电化学发光法;HB 采用希斯美康 SysmexXE-2100 全自动血液分析仪;血清铁采用日立全自动化学分析仪 008 检测并分析。

**结果** 在健康人和贫血患者分组比较抗胃壁细胞抗体和抗内因子抗体,患者组 AIFA 的阳性率是 39.3%, $\chi^2=17.961$ ,  $P<0.001$ , APCA 的阳性率是 34.5%,  $\chi^2=11.972$ ,  $P<0.001$  有统计学意义;比较 AIFA 和 APCA 阳性率与性别比较  $P>0.05$  无统计学意义;铁蛋白降低组中 AIFA 阳性率是 20.3%,铁蛋白正常组中 AIFA 阳性率是 79.7%,  $\chi^2=27.697$ ,  $P<0.001$  有统计学意义;VB12 降低组中 AIFA 阳性率是 57.4%, VB12 正常组中 AIFA 阳性率是 42.6%,  $\chi^2=11.988$   $P=0.001$  有统计学意义;VB12 降低组中 APCA 阳性率是 50.8%, VB12 正常组中 APCA 阳性率是 49.2%,  $\chi^2=3.823$ ,  $P=0.05$ , 有统计学意义;血清铁降低组中 AIFA 阳性率是 48.8%, 血清铁正常组中 AIFA 阳性率是 51.2%,  $\chi^2=7.596$ ,  $P=0.006$  有统计学意义;铁蛋白、VB12、血清铁降低组中 AIFA 和 APCA 任一阳性的阳性率分别是 37.5%、47.7%、72.1%,全阳性的阳性率分别 64.3%、28.2%、40%;VB12、血清铁降任一阳性组的阳性率 47.7%、72.1%高于全阳性组的阳性率 28.2%、40%。

**结论** AIFA 和 APCA 的检测不仅有利于对贫血病因分析,而且有助于对疾病的诊断和治疗提供重要的临床依据。

## PU-1926

### 伤口感染金黄色葡萄球菌的分布及耐药性分析

杨雅琼,王学民,董晖,周彤

天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 了解骨科创伤患者伤口感染金黄色葡萄球菌的分布及其耐药性变迁,为临床合理使用抗菌药物提供依据,控制骨科患者伤口感染的发生和发展。

**方法** 回顾分析自 2016 年 1 月至 2018 年 12 月间天津医院各临床科室送检的伤口分泌物中黄色葡萄球菌的分离及耐药情况,应用 VITEK2-compacts 全自动细菌鉴定仪进行细菌鉴定及药敏试验,

对青霉素敏感黄色葡萄球菌采用硝基噻吩法检测可诱导  $\beta$ -内酰胺酶；MRSA 采用头孢西丁纸片检测 *mecA* 基因介导的苯唑西林耐药；通过 D-试验检测否有金黄色葡萄球菌对红霉素耐药诱导的克林霉素耐药情况。

**结果** 2015 年 1 月-2017 年 12 月伤口感染患者送检的伤口分泌物中共分离出 1517 株致病菌，其中革兰阳性菌 790 株（52.08%），革兰阴性菌 727 株（47.92%）。其中优势菌为金黄色葡萄球菌 322 株（21.23%），在革兰阳性菌中占 40.76%。其次为粪肠球菌 136 株（8.97%）、表皮葡萄球菌 128 株（8.44%）和铜绿假单胞菌 117 株（7.71%）等，未检出真菌感染。从药敏结果来看，金黄色葡萄球菌对青霉素和红霉素耐药率较高，耐药率分别为 95.3%和 69.9%，耐药率较低的抗菌药物有左旋氧氟沙星、环丙沙星、莫西沙星和利福平，耐药率分别为 9.3%、9.0%、6.8%和 2.5%。三年来共检出 MRSA 74 株（23.0%），D-试验阳性菌株 72 株（22.4%），产  $\beta$ -内酰胺酶菌株 307 株（96.2%），未检出异质性万古霉素中介金黄色葡萄球菌（h-VISA）、万古霉素中介金黄色葡萄球菌（VISA）以及万古霉素耐药金黄色葡萄球菌（VRSA），同时也未检出对奎奴普丁/达福普丁和利奈唑胺耐药的菌株。

**结论** 骨科患者伤口感染的主要病原为金黄色葡萄球菌，对其耐药特点进行综合分析，有助于临床医生应根据药敏结果及感染情况合理选择抗菌药物，临床治疗除万古霉素外，也可优先考虑利奈唑胺、奎奴普丁/达福普丁、利福平和莫西沙星进行治疗，减少耐药菌株的产生。

## PU-1927

### Curcumin inhibits NF- $\kappa$ B maybe through PI3K pathway

Wei Chen,Biqiong Ren  
The Second People's Hospital of Hunan Province

**Objective Objective:** To investigate whether Curcumin inhibits NF-KB through PI3K pathway.

**Methods METHODS:** HepG2 cells were divided into two groups. When the cell fusion degree was 70%-80%, one group was not treated, and the other group was co-cultured with 80 uM Curcumin. After 24 hours, the levels of expression of PI3K, NF-kB protein and mRNA were detected by Western and q-PCR.

**Results RESULTS:** Compared with the untreated HepG2 cells, the expression both of PI3K, NF-kB protein and mRNA of HepG2 cells co-cultured with Curcumin were significantly inhibited and the levels of PI3K and NF-kB protein and mRNA in the Curcumin co-culture group were significantly lower than those in the untreated HepG2 cells ( $p < 0.01$ ).

**Conclusions Conclusion:** Our results indicate that Curcumin can significantly down-regulate the expression of PI3K and NF-kB in the levels of mRNA and protein. Curcumin down-regulate NF-kB effect of liver cancer cell growth maybe through PI3K pathway.

## PU-1928

### 检测外周血促黄体生成素对垂体瘤的临床诊断价值

景刚  
山西医科大学第二医院,030000

**目的** 目前有关垂体瘤的诊断方面，以鞍区的核磁共振(MRI)检查为主，但由于其灵敏性和特异性较低，往往延误患者的最佳治疗时间，导致其预后不佳<sup>[5]</sup>。本研究拟开展外周血促黄体生成素（Luteinizing hormone, LH）检查<sup>[6]</sup>，希望从激素水平着手，进一步增加早期垂体瘤患者的确诊率，改善预后。

**方法** 所有受试者空腹采集静脉血 4 ml, 离心血清后及时分装, -80℃ 保存, 待检。采用化学发光免疫分析法测定血清促黄体生成素的含量, 检测时严格按照试剂说明书进行操作。

**结果** 2 组患者 LH 水平比较, 差异有统计学意义。对照组 LH 水平对照组和病例组男性的 LH 激素水平差异有统计学意义,  $P < 0.05$ , 女性差异无统计学意义,  $P > 0.05$ 。

**结论** 外周血 LH 的检查在垂体瘤的诊断以及判断有无分泌功能方面起到一定的作用, 可与影像学检查互补, 进而为垂体瘤早期诊断治疗提供实验室依据, 提高对该类疾病的确诊率, 使更多的患者能早期得到治疗。

## PU-1929

### Effects of Klotho polymorphisms on Preeclampsia risk in a case-control study

Yan Lin

The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** Preeclampsia (PE) is a serious disorder of human pregnancy and always is accompanied with multi-organ disorder, which severely threatens the health of both the mothers and the offspring. The oxidative stress and genetic factors involves in the development of PE. The Klotho encodes Klotho protein that is capable of increasing resistance to oxidative stress. Thus, we designed this case-control study to investigate the association between Klotho polymorphisms and the susceptibility to PE in Chinese Han women.

**Methods** Two single nucleotide polymorphisms (SNPs) (rs1207568 and rs564481) in Klotho were selected to be genotyped in 1002 PE patients and 1384 normal controls with TaqMan allelic discrimination real-time PCR technology.

**Results** Two single nucleotide polymorphisms (SNPs) (rs1207568 and rs564481) in Klotho were selected to be genotyped in 1002 PE patients and 1384 normal controls with TaqMan allelic discrimination real-time PCR technology. There were no significant differences in genotypic or allelic frequencies at both polymorphic sites between PE patients and controls (rs1207568:  $\chi^2 = 2.386$ ,  $p = 0.303$  by genotype,  $\chi^2 = 2.357$ ,  $p = 0.125$ , OR=1.127, 95%CI 0.968–1.312 by allele; rs564481:  $\chi^2 = 1.195$ ,  $p = 0.550$  by genotype,  $\chi^2 = 0.018$ ,  $p = 0.894$ , OR=1.010, 95%CI 0.875–1.165 by allele). Furthermore, we divided the cases into mild vs severe and early-onset vs late-onset subgroups and then analyzed the relationships between these subgroups and the control group respectively. As a consequence, no significant differences were found for both SNPs in each case.

**Conclusions** These results suggested that the genetic variants of rs1207568 and rs564481 in Klotho may not play a pivotal role in the pathogenesis of PE in Chinese Han women.

## PU-1930

### Validation of NEDD8 as a New Therapeutic Target in Esophageal Cancer

Shiwen Wang, Jingrong Xian, Hu Zhao, Yanmei Zhang  
Huadong Hospital, Affiliated to Fudan University

**Objective** The incidence and mortality of esophageal cancer in China ranks first in the world. Therefore, there is an urgent need to identify new anti-ESCC molecular targets and develop novel therapeutic strategies for the treatment of esophageal cancer. The incidence and mortality of esophageal cancer in China ranks first in the world. Therefore, there is an urgent need to identify new anti-ESCC molecular targets and develop novel therapeutic strategies for the treatment of esophageal cancer.

**Methods** ① Data from The Cancer Genome Atlas (TCGA) database were used to determine the expression level and the overall survival of NEDD8 in esophageal cancer. ② Stable cells with NEDD8 knockout by CRISPR-Cas9 system in Kyse450 and EC1 cells were generated, and the knockout efficiency was confirmed by western blot. The expression level of NEDD8-conjugated Cullins, as well as the CRLs substrates in NEDD8-knockout cells were determined. ③ The effect of NEDD8 knockout on the malignant phenotypes of esophageal cancer cells using ATP-lite luminescence assay, colony formation, transwell migration and invasion, respectively. ④ Cell cycle profile and apoptosis of NEDD8-knockout cells were analyzed by PI staining and FACS, and the classical hallmark of apoptosis were detected by western blot.

**Results** We found that NEDD8 is overactivated in esophageal cancer and confers a worse patient overall survival, which indicated NEDD8 as a potent target in esophageal cancer. Furthermore, NEDD8 depletion significantly suppressed tumor growth and progression in human esophageal cancer cells, Kyse450 and EC1. Mechanistic studies revealed that NEDD8 depletion induced the accumulation of a panel of tumor-suppressive CRLs substrates (e. g. p21, p27 and Wee1) via blocking their degradation, triggering cell cycle arrest at G<sub>2</sub> phase, thus inducing apoptosis in human esophageal cancer cells.

**Conclusions** Taken together, our study discovers the key role of NEDD8 in regulating the malignant phenotypes of human esophageal cancer cells and further validates NEDD8 as a therapeutic target in esophageal cancer.

## PU-1931

### 骨科患者伤口分泌物病原菌分布及耐药性分析

王学民,周彤,董晖,杨雅琼  
天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 了解骨科患者伤口分泌物病原菌的分布及其耐药性,为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 应用 VITEK-2 Compacts 全自动细菌鉴定仪进行细菌鉴定及药敏试验,特殊药敏试验需使用 K-B 法。

**结果** 2018 年 1~12 月骨科患者伤口分泌物中共分离出 882 株致病菌,其中革兰阳性菌 423 株 (47.96%),革兰阴性菌 395 株 (44.78%)。革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌(18.03%),粪肠球菌 (8.05%),表皮葡萄球菌(6.69%),屎肠球菌(3.74%)为主,革兰阴性菌中铜绿假单胞菌(9.25%)位居首位,其后依次为鲍曼不动杆菌 (8.28%),阴沟肠杆菌阴沟亚种 (5.78%),肺炎克雷伯菌肺炎亚种 (4.76%),大肠埃希菌 (4.54%)。革兰阴性优势菌中鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌耐药性较强,鲍曼不动杆菌除对呋喃妥因 100%耐药外,对亚胺培南,哌拉西林,头孢他啶,头孢吡肟,环丙沙星,妥布霉素等多种药物的耐药性也均超过 50%。铜绿假单胞菌对呋喃妥因耐药率高于 90%,妥布霉素、庆大霉素的耐药率也超过 15%。对美罗培南、亚胺培南的耐药率较低,均为 5.88%。金黄色葡萄球菌对多种抗菌药物的耐药性较强,万古霉素,利奈唑胺,呋喃妥因,替加环素,喹努普汀/达福普汀的敏感性均为 100%,对阿莫西林,红霉素,克林霉素耐药率也超过 40%,苯唑西林的耐药率高于 20%。

**结论** 骨科患者伤口分泌物感染的主要病原菌为金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌,且细菌耐药性较强。临床医生应根据药敏结果合理使用抗菌药物,减少耐药菌株的产生。

## PU-1932

## 恒温芯片法在十三种呼吸道病原菌核酸检测中的临床应用价值

龙军<sup>1</sup>, 黄土珍<sup>1,2</sup>, 谭小艳<sup>1</sup>

1. 南方医科大学珠江医院, 510000

2. 广东医科大学

**目的** 探讨恒温芯片法在十三种常见呼吸道病原菌核酸检测中的临床应用价值。

**方法** 收集 2018 年 5 月至 2019 年 3 月于南方医科大学珠江医院疑似下呼吸道感染的住院患者的痰液或肺泡灌洗液标本, 利用恒温芯片法检测十三种呼吸道病原菌, 比较该方法与培养法的异同; 并将检出的阳性结果进行分组, 比较三组患者年龄、抗感染治疗的时间、总入院时间、用药前后体温等指标。

**结果** 用恒温芯片法共检测了 136 例疑似下呼吸道感染患者的痰液或肺泡灌洗液标本, 阳性率为 41.18%(56/136), 其中单一感染 28 例(20.59%), 多种病原菌混合感染 28 例(20.59%), 恒温芯片法阳性率明显高于培养法。两种方法之间检测结果的一致性较差, 但它们用于检测铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌的一致性较好。

**结论** 恒温芯片法检测 13 种常见呼吸道病原菌的核酸, 操作简便, 可以在同一时间进行检测, 并且具有高的检测率。这不仅方便快速临床诊断和针对性的治疗, 而且还可以减少广谱抗生素的滥用。

## PU-1933

## RET 及 RDW 在肺癌转移中的诊断价值

王琳

天津医科大学肿瘤医院, 300000

**目的** 本论文旨在研究网织红细胞计数 (RET) 和红细胞分布宽度 (RDW) 数值, 在提示肺癌患者转移程度中的应用价值。

**方法** 收集天津医科大学附属肿瘤医院 2017 年 1 月至 2019 年 6 月确诊为肺癌的患者病历资料 and 全血 RET 和 RDW 的数据, 采用回顾性分析法, 对符合研究条件的 375 例患者根据分期、有无转移进行分组, 并对其中 281 例有转移的患者根据转移程度分组, 对有远端转移患者根据远端转移器官数进一步分组。两组间的数据比较用 Mann-Whitney U 检验, 多组间的数值比较用 Kruskal-Wallis H 检验, RET 和 RDW 与临床参数间的相关性用 Spearman 相关性分析。

**结果** 在肺癌患者的不同分期中, III 期 IV 期组的全血 RET 及 RDW 水平均明显高于 I 期 II 期组, 肺癌患者有转移组 RET 及 RDW 明显高于无转移组, 有远端转移组的 RET 及 RDW 明显高于近端转移组, 多个远端转移器官组 RET 及 RDW 显著高于仅有 1 个转移器官组, RET 及 RDW 与肺癌患者的分期、转移是否发生、远端转移以及转移器官数器官个数有一定的相关性。

**结论** RET 和 RDW 在肺癌转移中有一定的临床诊断价值。

## PU-1934

**髓样分化因子 88 L265P 基因突变的研究进展**

胡玉懿,陈朴,郭玮,潘柏申  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 阐述髓样分化因子 88 L265P 基因突变的研究进展。

**方法** 从 MYD88 的结构、基本功能、在信号传导通路中的作用以及 MYD88 L265P 基因突变与疾病的关联等方面进行综述。

**结果** 髓样分化因子 88 (myeloid differentiation factor, MYD88) 可介导多种 Toll 样受体 (Toll-like receptors, TLRs)、白介素-1 受体 (interleukin-1 receptor, IL-1R) 以及白介素-18 受体 (interleukin-18 receptor, IL-18R), 是细胞内传递信号的关键衔接蛋白, 在固有免疫中发挥显著作用。MYD88 L265P 突变导致 MYD88 蛋白 Toll-IL-1 受体域 (TIR) 的 265 位氨基酸发生改变。该突变可通过加强 NF- $\kappa$ B 等转录因子促进 JAK-STAT3 信号通路传导, 介导 IL-6、IL-10 以及 IFN- $\beta$  等炎症因子的产生。

**结论** MYD88 依赖通路在多种病原体致病过程中发挥作用, 与肿瘤、感染性疾病、自身免疫性疾病等有较明确的关系, 且 MYD88 依赖通路被认为是这些疾病治疗的关键靶点。

## PU-1935

**高分辨率熔解曲线分析在 SNP 筛查的价值研究**

常小丽<sup>1</sup>,张天可<sup>2</sup>,白雪<sup>1</sup>,王毅<sup>1</sup>  
1.天津市天津医院  
2.天津人民医院

**目的** 研究高分辨率熔解曲线分析 (HRM) 在单核苷酸多态性 (SNP) 位点筛查中的价值。

**方法** 采用 HRM 的方法筛查 COL1A1 及 COL1A2 基因部分 SNP 位点, 基因测序验证。

**结果** HRM 法筛查出 COL1A1 基因的第 15、37 外显子及内含子区域标准熔解曲线与野生型比较存在差异, 测序验证 COL1A1 基因的 15i 存在变异 c.1002+52A>G、1002+77A>G; 28i 存在变异 c.1930-14 T>C; 37i 存在变异 c.2560 - 18C>G; 即为 rs2141279、rs2734281、rs2696247、rs2075559。COL1A2 基因第 3、6、25、28、28i、32、47 外显子及内含子区域标准熔解曲线与野生型比较存在差异, 测序验证分别为: c.87T>C、c.246T>C、c.1446A>C、c.1645 C >G、c.1665+15 A> G、c.1878 G> T、3135 C>T, 即为 rs1801182、rs1800222、rs412777、rs42524、rs421587、rs1800238、rs1800248。HRM 的标准熔解曲线能清晰分辨出 Snp 位点杂合子, 在野生型对照存在下, 同样能分辨出纯合子。

**结论** PCR-HRMA 是筛查 SNP 位点的经济有效的方法, 对于 SNP 的分析研究具有重要价值。

## PU-1936

**Application of eHSP70 and CRP in Auxiliary diagnosis and risk monitoring of H type hypertension**

Yong Li,Biqiong Ren  
Brain Hospital of Hunan Province

**Objective** Objective To explore the application of eHSP70 and CRP in the uxiliary diagnosis and risk monitoring of H-type hypertension.



**Methods** Methods Serum samples of healthy people, normal hypertension and H-type hypertension were collected. The levels of eHSP70 in serum were detected by ELISA. Serum CRP and blood lipid were detected by automatic biochemical analyzer. Whole blood white blood cell count (WBC) was detected by automatic blood analyzer.

**Results** Results Compared with healthy control group, eHSP70, CRP, WBC and triglyceride were significantly

increased in normal hypertension and H-type hypertension group ( $P < 0.05$ ), and cholesterol was not significantly different. The levels of eHSP70 and CRP in H-type hypertension group were significantly higher than those in normal hypertension group ( $P < 0.05$ ), and those in high-risk group ( $Hcy > 20$ ) and low-risk group ( $10 < Hcy < 20$ ) were also significantly higher ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** CONCLUSION: Serum eHSP70 and CRP in patients with H-type hypertension were significantly elevated and positively correlated with the degree of risk, which could be used as laboratory indicators for clinical auxiliary diagnosis and risk monitoring of H-type hypertension.

## PU-1937

### 炎症相关细胞因子在 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤中的研究进展

马艳婷,陈朴,郭玮,王蓓丽  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 探讨炎症相关细胞因子在 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤中的研究进展。

**方法** 围绕炎症及其相关细胞因子水平与 MPN 发病、进展和治疗的相关性作一综述。

**结果** 经典的费城染色体阴性 MPN (Ph- MPNs) 包括真性红细胞增多症 (Polycythemia Vera, PV)、原发性血小板增多症 (Essential Thrombocythemia, ET) 和原发性骨髓纤维化 (Primary Myelofibrosis, PMF)。这三种疾病之间存在一定的连续性。近年来研究发现炎症因素尤其是相关细胞因子水平与 MPN 症状严重程度和发展为更为棘手的骨髓造血环境胶原增生、甚至是急性髓细胞性白血病密切相关。MPN 的治疗关键在于缓解临床症状,并在发现疾病有转化趋势时及时干预,既往药物主要包括羟基脲、 $\alpha$  干扰素和沙利度胺等。随着一些新药尤其是靶向制剂(如鲁索替尼)的开发应用,人们越来越将治疗的焦点放在减轻导致肿瘤发生的分子生物学异常负荷以及纠正过度炎症反应,延缓疾病进展方面。

**结论** 炎症相关细胞因子水平检测作为一种非侵入性的便捷手段,在辅助诊断 Ph- MPNs 以及监测疾病进展、预后判断、评估疗效方面均具有重要的临床应用价值,甚至可能成为潜在的治疗靶点。

## PU-1938

### 血小板在肿瘤发生和发展中所扮演的重要角色

邬升超,王蓓丽,程韵枫,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 探讨血小板在肿瘤发生和发展中所扮演的重要角色。

**方法** 通过文献检索查阅血小板与肿瘤发生和发展相关的基础研究成果。

**结果** 除常见的参与凝血功能的作用以外,越来越多的研究表明血小板可增加肿瘤细胞的侵袭能力、促进肿瘤微环境内的血管生成、参与到增加肿瘤细胞的粘附与捕获和辅助肿瘤细胞逃避免疫监视。基于上述理论,选择抗血小板治疗来阻断血小板与肿瘤联系的基础研究成果也再一次印证了它们之间的紧密联系,这些证据为我们打开了肿瘤防治的新思路。

**结论** 本文通过阐述血小板与肿瘤发生和发展相关的基础研究成果,列举与抗血小板治疗有关的几类抑制剂的研究情况,旨在为后续的相关基础和临床研究提供参考。

## PU-1939

**血浆 ctDNA 的检测及其在结直肠癌诊疗中的应用**

陈馨宁, 郭升超, 郭玮, 王蓓丽  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 研究血浆 ctDNA 的检测及其在结直肠癌诊疗中的应用。

**方法** 围绕血浆 ctDNA 生物学特征、检测手段及其在结直肠癌诊疗中的应用作一综述。

**结果** 全球范围内结直肠癌的发病率和死亡率仍在增加。一方是因为缺乏合适的早期筛查的手段, 肠镜在患者中的依从率并不理想; 另一方面是由于治疗方式的局限性, 部分患者的病灶无法通过手术根治, 化疗放疗效果存在不确定因素而靶向治疗也有一定适应人群。临床迫切需要合适的生物标志物和高灵敏、高特异性的检测手段来助力结直肠癌患者的精准治疗。

**结论** 通过分子诊断技术, 分析患者血浆循环肿瘤基因 (circulating tumor DN, ctDNA), 对患者的早期筛查、预后和化疗药物反应进行分析, 从而指导临床治疗。

## PU-1940

**Effects of curcumin and Turmeric extract on coagulation function in thrombus model rats**

Yuan Chen<sup>1</sup>, Biqiong Ren<sup>1</sup>

1.The Second People's Hospital of Hunan Province

2.Department of Clinical Laboratory Medicine of Clinical Medical College of Hunan University of Chinese Medicine

**Objective** To study the effects of curcumin and turmeric extract on coagulation function in rats with thrombotic model, and to prepare for further study of its mechanism.

**Methods** The thrombus model of rats was established by physical method. The plasma of rats was obtained by intragastric administration of curcumin and turmeric extract for 14 days. APTT, FIB, TT and AT3 were detected by Automatic Coagulation Analyzer.

**Results** The plasma APTT of thrombotic model rats was significantly prolonged ( $p = 0.011$ ), and the plasma APTT of thrombotic model rats was shortened ( $p = 0.02$ ,  $p < 0.001$ ) by low and high doses of curcumin, while the APTT was further prolonged by turmeric extract ( $p < 0.001$ ,  $p = 0.019$ ). Curcumin and turmeric extract had no significant effect on plasma FIB ( $p < 0.001$ ), curcumin gavage decreased TT ( $p = 0.03$ ,  $p = 0.001$ ), but turmeric extract did not; curcumin tends to decrease AT3, and turmeric extract had an effect of increasing AT3.

**Conclusions** Curcumin has no anticoagulant effect, but turmeric extract shows strong anticoagulant effect, suggesting that the mechanism of activating blood circulation and removing blood stasis of turmeric extract is related to anticoagulant effect, and the mechanism of curcumin action needs to be further explored.

## PU-1941

**MTHFR 基因多态性和疾病易感性之间的关系**

周琰, 潘柏申, 郭玮  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 研究 MTHFR 基因多态性和疾病易感性之间的关系。

**方法** 通过文献检索回顾 MTHFR 基因多态性在不同疾病发生中的易感性以及药物毒性方面的影响。

**结果** 亚甲基四氢叶酸还原酶 (5,10-methylenetetrahydrofolate reductase, MTHFR) 是叶酸和同型半胱氨酸代谢途径的关键酶。MTHFR 基因 677C> T 和 1298A> C 基因多态性和多种疾病相关：包括心血管疾病、神经退行性病变，自身免疫疾病、糖尿病，神经系统疾病和癌症等。

**结论** MTHFR 基因多态性和多种疾病的易感性相关，同时还存在药物毒性方面的影响。

## PU-1942

### 血清异常凝血酶原在原发性肝细胞癌中的诊断价值

冯红蕾

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 通过测定血清中异常凝血酶原(Prothrombin induced by vitamin K absence or antagonist-II, PIVKA-II)水平，研究 PIVKA-II 在原发性肝细胞癌 (hepatocellular carcinoma, HCC) 早期诊断、临床分期、疗效监测中的价值。

**方法** 通过比较血清 PIVKA-II 水平在 HCC 患者与健康志愿者、肝脏良性疾病患者、其他消化道肿瘤患者之间的差异，研究 PIVKA-II 在 HCC 早期诊断中的价值；比较 PIVKA-II 与 HCC 临床病理特征（包括年龄、性别，肿瘤直径和数目、肿瘤大体分型、分化程度、TNM 分期、淋巴结侵犯、远端转移等）的关系，研究 PIVKA-II 评价 HCC 进展程度的应用价值；通过比较 PIVKA-II 在 HCC 患者术前术后血清中的含量，分析 PIVKA-II 对于 HCC 疗效评估的指导意义。

**结果** PIVKA-II 在 HCC 患者血清中特异性升高（相对于健康受试者、肝脏良性疾病患者和其他消化道肿瘤患者）；PIVKA-II 在 HCC 患者术后血清中的水平相对于术前明显降低；PIVKA-II 在不同临床病理特征 HCC 患者血清中的水平存在差异，与肿瘤大小数目，分化程度，浸润和转移相关，能反应 HCC 进展程度，可作为 HCC 临床分期的辅助诊断依据。

**结论** PIVKA-II 可作为 HCC 诊断的特异性肿瘤标志物应用于临床，一定程度上可以反映 HCC 的临床病理信息，对于 HCC 疗效评估也有一定的指导意义。

## PU-1943

### 不同 CRP 水平的肺炎患者凝血指标的变化研究

金亚雄,牛倩,廖娟,江虹

四川大学华西医院,610000

**目的** 肺部感染除病原微生物的直接侵害外，酸中毒、缺氧及毒素可以引起血管内皮细胞的损害及多种炎症介质的释放，从而发生血小板异常聚集、血液粘滞度异常和微血栓形成，出现血小板和凝血因子的进行性消耗，使机体出现凝血功能障碍，引发机体一系列出血倾向，最严重时可引发 DIC<sup>[7]</sup>；同时，炎症可以激活凝血，炎症引起的凝血反应进一步对机体的炎症反应产生正反馈作用。因此，炎症反应中凝血功能的变化可能为全面了解肺炎的发展提供了新线索。本研究旨在分析肺炎患者炎症指标 C 反应蛋白 (C-reactive protein, CRP) 与凝血指标 (PT、APTT、FIB、TT) 的相关性，以及不同 CRP 水平的肺炎患者凝血指标的表达差异来评价凝血功能的变化在肺炎病程发展中的临床意义。

**方法** 收集我院诊断为肺炎的患者 160 例，根据入院第一次 CRP 的水平分为 4 组 [对照组 (<10mg/l)、低水平组 (10-50mg/l)、中水平组 (50-100mg/l) 和高水平组 (>100mg/l)]，比较各组患者凝血指标的差异，并分析 CRP 水平与凝血指标的相关性。

**结果** CRP 高水平和中水平组肺炎患者的 PT、APTT 和 FIB 均明显高于低水平组和对照组 ( $P<0.05$ )，而 TT 在各组患者间的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )；相关性分析显示，PT、APTT、FIB 与 CRP 水平均呈正相关关系 ( $r=0.351$ 、 $P<0.05$ ； $r=0.418$ 、 $P<0.05$ ； $r=0.433$ 、 $P<0.05$ )，TT 与 CRP 水平无明显相关关系 ( $r=-0.159$ 、 $P>0.05$ )。

**结论** PT、APTT 及 FIB 与 CRP 相关及在不同 CRP 水平组中表达存在差异,若把凝血相关指标与炎性指标、血气分析及 CURB-65 评分联合运用可能可以更精确的反映病情严重程度;在抗炎的治疗中加入抗凝治疗有益于控制及延缓肺炎的病程;动态监测凝血指标对判断疗效具有潜在价值。

#### PU-1944

### 不同性状痰样本对抗酸菌涂片及 MGIT960 液体培养结果影响分析

侯艳杰,许鑫鑫  
黑龙江省传染病防治院

**目的** 探讨不同性状痰标本对抗酸菌涂片及 MGIT960 液体培养结果的影响。

**方法** 收集临床 1077 例肺结核患者的晨痰标本,根据痰标本外观性状,将其分为干酪痰、血痰、黏液痰和唾液四组,记录四组痰标本涂片及 MGIT960 液体培养结果,应用  $\chi^2$  检验,比较不同性状痰样本涂片及培养结果的差异,以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 1077 例肺结核患者标本,干酪痰 213 例、血痰 32 例、黏液痰 814 例、唾液 18 例,涂片阳性例数分别为 161 例、18 例、272 例、4 例;阳性率分别为 75.59%、56.25%、33.42%、22.22%;MGIT960 液体培养阳性例数分别为 171 例、18 例、389 例、7 例,阳性率分别为 80.28%、56.25%、47.79%、38.89%。应用  $\chi^2$  检验,涂片  $\chi^2=128.82$ ,培养  $\chi^2=73.66$  均  $P<0.05$ ,差异有统计学意义。干酪痰、血痰、黏液痰、唾液 MGIT960 液体培养平均报阳时间分别为 9.9 天、9.5 天、14.4 天、17.6 天,  $H=81.43$   $P<0.05$  差异有统计学意义。

**结论** 痰标本的外观性状及质量是否合格直接影响涂片、MGIT960 液体培养的阳性检出率及检出时间。病人在医生指导下,采取正确的方法留取合格痰液,是实验室检查结果正确与否的先决条件和有力保障。

#### PU-1945

### Evaluation of serum exosomal lncRNAs as potential diagnostic and prognostic biomarkers for esophageal squamous cell carcinoma

Suzhen Yan, Lutao Du, Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) in exosomes have been recognised as stable biomarkers in cancers. The aim of this study was to identify serum exosomes lncRNA signatures for diagnosis and prognosis of esophageal squamous cell carcinoma (ESCC).

**Methods** Exosomes from serum of ESCC and healthy subjects were isolated and identified. Twenty-four lncRNAs were detected in ESCC vs. adjacent tissues using quantitative real-time PCR. A exosomal four-lncRNA signature (UCA1, POU3F3, ESCCAL-1 and PEG10) on basis of dys-regulated lncRNAs was established in 404 exosomes (training set) and validated with additional 222 individuals (validation set).

**Results** The four-lncRNA panel was evaluated with AUC of 0.833 and 0.844 for training and validation stage. The AUCs for TNM stage I-II and III were 0.807 and 0.935, significantly higher than SCCA. Kaplan-Meier analysis indicated that patients with high levels of UCA1 and POU3F3 had lower survival rate. POU3F3 was independently associated with ESCC prognosis in Cox regression analysis.

**Conclusions** Exosomal lncRNAs in serum were identified as novel and reliable biomarkers for ESCC diagnosis and prognosis.

## PU-1946

### 雅培 Abbott i2000 和罗氏 Cobas e601 肿瘤标志物项目 检测结果比对与偏倚评估

赵芳

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 按 ISO 15189 要求对美国 Abbott i2000 型全自动免疫分析仪（简称 i2000）和瑞士 Roche cobas e601 型全自动免疫分析仪（简称 e601）上相同检测项目进行方法比较和偏倚评估，以评估检测结果的一致性。

**方法** 以 E601 免疫分析仪作为参考仪器，Abbott i2000 免疫分析仪作为实验仪器，参照按 ISO 15189 文件建立标准比对方案，每年两次（2015~2018）用临床患者空腹检测后血清标本为待测标本，测定共计八个项目的肿瘤标志物的检测结果。将比对结果进行线性回归分析，以卫健委允许总误差的 1 / 2 作为标准，对 2 台生化仪检测结果的偏差和临床可接受性进行评估。

**结果** 两台分析仪 AFP、PSA-T、PSA-F 和 CA15-3 结果一致，并具有良好的相关性， $y=0.8279x+4.7062$ (AFP),  $r^2=0.9977$ (ASP) $y=0.7758x+2.0211$ (PSA-T),  $r^2=0.9922$ (PSA-T) ;  $y=1.069x+0.0272$ (PSA-F),  $r^2=0.9806$ (PSA-F);  $y=1.1966x-5.8749$ (CA15-3),  $r^2=0.9202$ (CA15-3); CA19-9、Cyfra211、CA125 和 CEA 不具有可比性，但 Cyfra211、CA125 和 CEA 具有良好的相关性，CA19-9 既不具有可比性也无良好的相关性。

**结论** 尽管当前肿标项目参考范围趋于一致，但两套肿标系统的一致性还是不能符合卫健委允许总误差的 1 / 2 的标准，期待未来肿标项目能在溯源性和方法学标准性不断改进。

## PU-1947

### 血清免疫学检验对侵袭性肺曲霉病的早期诊断 价值的研究

王鹤,褚云卓,廖凤慧

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨 1, 3- $\beta$ -D-葡聚糖（G 试验）、半乳甘露聚糖（GM 试验）、烟曲霉 IgG 抗体检测及联合检测在侵袭性肺曲霉病（IPA）中的早期诊断价值。

**方法** 收集 2016 年 11 月-2018 年 9 月份中国医科大学附属第一医院及沈阳医学院附属中心医院临床诊侵袭性肺曲霉病(IPA)患者 26 例及同时期随机抽取临床诊断非 IPA 患者 52 例作为对照组，检测研究对象血清中 G 试验、GM 试验、烟曲霉 IgG 抗体的水平，计算各个试验项目的早期诊断价值。

**结果** IPA 患者中 GM 试验及烟曲霉 IgG 抗体检测阳性率 46.15%及 65.38%明显高于非 IPA 患者的阳性率 11.54%与 23.08% ( $X^2=11.70$   $p=0.001$ ;  $X^2=13.28$   $p=0.000$ )；差异有统计学意义；IPA 患者中 G 试验阳性率 38.46%虽然也高于非 IPA 患者的阳性率 30.77% ( $X^2=0.46$   $p=0.497$ )，但差异无统计学意义；GM 试验检测有较高特异性和 PPV，烟曲霉 IgG 抗体检测有较高敏感性和 NPV；三者串联可将诊断特异性及 PPV 提高到 100%、100%；三者并联可将其敏感性及 NPV 提高到 88.46%、88.89%。

**结论** GM 试验及烟曲霉 IgG 抗体检测对 IPA 患者具有早期诊断价值；串联检测可提高 IPA 患者早期诊断特异性；并联检测可提高 IPA 患者的敏感性，可用于早期筛查。

## PU-1948

## 伤患者伤口感染阴沟肠杆菌的临床分布情况 及其耐药性

王立新,王毅  
天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 了解骨伤患者伤口感染阴沟肠杆菌的临床分布情况及其耐药性,为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 收集某医院 2015 年 1 月-2018 年 12 月 5278 份临床患者伤口分泌物中分离出的 245 株阴沟肠杆菌,剔除重复菌株,采用 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析仪联合纸片扩散法进行抗菌药物敏感性试验,对其科室分布、药敏结果进行分析。

**结果** 四年间共分离出病原菌 3631 株,检出病原菌中细菌分布前五位分别是:金黄色葡萄球菌(20.38%)、铜绿假单胞菌(10.85%)、粪肠球菌(7.66%)、表皮葡萄球菌(7.13%)、阴沟肠杆菌(6.75%)。分离出的 245 株阴沟肠杆菌在临床上主要分布在矫形病区(33.47%)其次是足踝病区(23.67%)、膝关节病区(14.29%)和上肢病区(6.12%)、脊柱病区(2.04%)、手显病区(2.04%)、血管外病区(1.63%)、心胸外病区(0.82%)。药敏结果表明,阴沟肠杆菌对头孢曲松耐药率较高,耐药率 $\geq 26.58\%$ ;对氨曲南、头孢他啶、哌拉西林耐药率在 21.52%~25.68%之间,但呈上升趋势;对碳青霉烯类药物美罗培南、亚胺培南耐药率在 0~5.26%之间,存在上升趋势;对阿米卡星耐药最低,四年内维持在 0~1.27%之间。四年间左氧氟沙星和复方新诺明耐药情况呈上升趋势,妥布霉素的耐药情况存在下降的趋势,米诺环素和环丙沙星四年间耐药率都存在不同程度的波动。

**结论** 伤口分泌物中分离的阴沟肠杆菌耐药情况日趋严重,临床应根据其耐药特点选用合适的抗菌药物治疗,以防止多重耐药株和泛耐药株的传播。加强医院对感染的控制,医护人员加强对自身的防护,保持室内空气流通,严格按照无菌技术操作理念执行操作规程,从而更好的为患者提供医疗保障。

## PU-1949

## 140 株血源性金黄色葡萄球菌中 hVISA 的检出率、分布特点 及 MRSA 的分子特征

王博文,张智洁,刘勇  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 本研究探讨金黄色葡萄球菌中 hVISA 的检出率、分布特点及 MRSA 的分子特征,为临床上对万古霉素的耐药监测提供理论依据。

**方法** 对盛京医院 2010 至 2012 年分离的血源性金黄色葡萄球菌 140 株。琼脂二倍稀释法测定苯唑西林和万古霉素的 MIC,使用 GRDEtest 法对待测菌株进行 hVISA 的检测,使用多重 PCR 及琼脂糖凝胶电泳进行 SCCmec 分型和 agr 分型。

**结果** MRSA 中 hVISA 检出率为 44.4%,hVISA 在万古霉素 MIC>1 的金黄色葡萄球菌中所占比例最高。MRSA 的 hVISA 检出率明显高于 MSSA。SCCmecIII型和 agr1 型是盛京医院 MRSA 的主要型别。SCCmecII型和 agr2 型在 hVISA 中所占的比例高于其在 VSSA 中的比例。

**结论** 盛京医院 hVISA 检出率较高,可能与住院患者病情较重有关。hVISA 在万古霉素 MIC>1 的金黄色葡萄球菌中所占比例最高。SCCmecIII型和 agr1 型是盛京医院 MRSA 的主要型别,沈阳地区 SCCmecII型也占较高比例,与全国性大样本研究结果一致,接下来可以深入研究其基因型。SCCmecII型和 agr2 型在 hVISA 中所占的比例高于其在 VSSA 中的比例。可以推测 SCCmecII型

和 *agr2* 型与万古霉素的耐药性增加可能存在一定的关系。了解 hVISA 的发生率、SCCmec 分型和 *agr* 分型特点, 为积极开发新的抗菌药物提供理论依据, 从而切断 MRSA 的传染源和传播途径, 预防其爆发流行, 并有利于进一步阐明 hVISA 的耐药分子机制。

## PU-1950

### 16S rRNA 序列测定分析研究结肠腺瘤性息肉患者肠道菌群的变化

陈辞言, 杜艳  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨结肠腺瘤性息肉 (Colorectal adenomatous polyps, CAP) 患者粪便和息肉组织中肠道菌群的变化找到具有特征性的菌群和代谢产物, 为进一步探究肠道菌群在 CAP 向结肠癌发生发展进程中发挥的作用奠定理论基础。

**方法** 实验分组: ①选取 30 例 CAP 患者 (CAPm 组), 留取其粪便和息肉组织, 其中管状腺瘤 23 例、绒毛-管状腺瘤 6 例、绒毛状腺瘤 1 例, 留息肉组织; ②选取 30 例健康志愿者 (HCm 组), 均为无疾病健康人群, 留取其粪便和健康肠黏膜组织。

**16S rRNA 分析:** 提取粪便和组织中基因组 DNA, 对细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区扩增后进行高通量测序, 获取 Clean Data、拼接序列、进行物种分类和丰度分析。

**结果** 粪便样本共获得 2880532 条高质量序列, 平均每条序列长度 417bp 左右, 且文库覆盖率达 99.9% 以上。

CAPs 组和 HCs 组比较中  $\alpha$  多样性和  $\beta$  多样性两组间均无差异。细菌门类的比较中, 仅有蓝藻门在两组间存在差异。在属水平, 有 6 个菌属 (欧文氏菌属、Weissella、柠檬酸杆菌、乳杆菌属、Peptoniphilus 和拟杆菌属) 在两组间差异有统计学意义。

组织样本共获得 3113984 条高质量序列, 平均每条序列长度 420bp 左右, 且文库覆盖率达 99.9% 以上。

CAPm 组和 HCm 组比较中  $\alpha$  多样性差异无统计学意义,  $\beta$  多样性可观察到两组间存在差异。菌门分析中拟杆菌门、纤维杆菌门、螺旋体门、柔膜菌门、Thermi、衣原体门、黏胶球形菌门和 OD1 在两组间差异有统计学意义。有 68 个菌属在两组比较中差异有统计学意义, 其中拟杆菌属、埃希氏菌属、瘤胃球菌属、Blautia、Dorea 在 CAPm 组中丰度降低, 假单胞菌属、乳球菌、土芽孢杆菌属、Solibacillus 和不动杆菌属丰度升高。

**结论** CAP 患者粪便中的优势菌属有柠檬杆菌属、拟杆菌属。

CAP 患者息肉组织中的优势菌属有假单胞菌属、乳球菌、土芽孢杆菌属、Solibacillus 和不动杆菌属。

## PU-1951

### 分离自血培养肺炎克雷伯菌的毒力及临床特征分析

管红艳, 刘婧娴, 刘瑛  
上海交通大学医学院附属新华医院, 233000

**目的** 探讨分离自血培养肺炎克雷伯菌的毒力及患者临床特征。

**方法** 收集 2016 年 10 月-2018 年 3 月分离自血培养的肺炎克雷伯菌。采用高黏液表型试验筛选 HMKP, wzi 方法进行荚膜分型, PCR 方法检测 hvKP 常见的 *rmpA*、*magA*、*aerobactin*、*rmpA2*、*iucA*、*iutA*、*iroN*、*kfu*、*allS*、*wcaG*、*uge*、*ycf*、*entB*、*ybtS*、*ureA*、*fimA*、*fimH*、

mrkA、mrkD、pLVPK、silS、terW 等 22 种毒力基因。采用 MLST 方法对菌株进行基因分型，收集并分析患者的相关临床资料。

**结果** 2016 年 10 月-2018 年 3 月共收集 80 株分离自血培养的肺炎克雷伯菌，其中 9 株为 HMKP。荚膜血清分型以 K14.K64 为主（24/80）。magA、allS、iucA、iroN、kfu、wcaG、rmpA2、iutA、pLVPK、terW、silS 基因在 hvKP 中检出率明显高于 cKP，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。80 株肺炎克雷伯菌以 ST11 型为主（43/80），K14.K64 型菌株以 ST11 型为主，K1 型以 ST23 型为主，K2 型以 ST380 型为主。与 cKP 相比，hvKP 引起的血流感染以社区获得性为多，科室分布以急诊 ICU 为主，糖尿病患者比例高，患者住院时间短，预后好。

**结论** 本研究检出的 hvKP 毒力增强可能与荚膜多糖、气杆菌素、沙门菌素的高表达及携带 pLVPK 毒力质粒有关。ST11 型是引起血流感染肺炎克雷伯菌的主要流行株。对于血培养检出 K1 型和 K2 型肺炎克雷伯菌的患者，临床医生应警惕其是否合并肺炎克雷伯菌引起的肝脓肿，预防侵袭性感染的发生。

## PU-1952

### 地中海贫血基因型与外周血红细胞碎片的相关性研究

李轶勋,杨雪婷,王丽英,柴雪芳,李庆  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨地中海贫血患者基因型与外周血细胞分析中红细胞碎片（Fragmented red cells, FRC）参数（FRC%）的相关性，探寻该参数在地中海贫血筛查中的应用价值。

**方法** 收集 2018 年至 2019 年 512 例来院进行地中海贫血基因筛查的患者标本，利用血液细胞分析仪进行外周血红细胞碎片的检测，并采用 PCR-溶解曲线法检测其地中海贫血基因携带情况。利用统计学方法对不同基因型的 FRC% 参数进行统计分析。

**结果** 地中海贫血基因阴性（野生型）组 325 例，其 FRC% 的值为 0%~2.46%，中位数为 0%。基因阳性组分为  $\alpha$  杂合缺失型； $\alpha$  纯合缺失型； $\alpha$  纯合突变型； $\alpha$  杂合突变型； $\beta$  杂合突变型。 $\alpha$  纯合缺失突变型有  $--^{SEA}/\alpha CS$ ， $--^{SEA}/-^{3.7}\alpha$ ， $-^{3.7}\alpha/Aqs$  三种。FRC% 范围为 3.26%~4.794%。 $\alpha$  型杂合缺失突变型中的以  $\alpha\alpha/-^{3.7}\alpha$  型和  $\alpha\alpha/--^{SEA}$  型较为多见，其 FRC% 分别为 0%~6.24%，和 0.23%~9.2%，中位数分别为 0.55% 和 1.74%； $\beta$  杂合突变型中以  $\beta+$  型 CD26 G>A， $\beta+$  型 IVS II-654 C>T， $\beta 0$  型 CD41-42(-TCTT)， $\beta 0$  型 CD17 A>T 多见，其 FRC% 分别为 0%~1.74%，0.46%~7.34%，0.614%~6.97%，0.47%~5.73%；中位数分别为 0.53%，2.1%，3.64%，1.945%。

**结论** 绝大部分地中海贫血基因阴性的患者外周血检测不到红细胞碎片。而携带地中海贫血基因的患者大部分都可检测到红细胞碎片。且  $\alpha$  地中海贫血中以杂合突变  $\alpha\alpha/--^{SEA}$  型的红细胞碎片的比例较高可达 9.2%， $\beta$  地中海贫血中  $\beta+$  型 IVS II-654 C>T 和  $\beta 0$  型 CD41-42(-TCTT) 的红细胞碎片比例的中位数最高。当外周血细胞分析中 FRC% 参数 > 2% 时强烈提示可能携带上述类型的地中海贫血基因，该参数可作为地中海贫血的筛查的指标之一。

## PU-1953

### 血清 14-3-3 $\eta$ 在早期类风湿关节炎中的诊断价值

官士珍,白雪,王毅,冯凯强,张宏静,董梅  
天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 评价血清 14-3-3 $\eta$  对早期类风湿关节炎（rheumatoid arthritis, RA）的诊断性能。



**方法** 选取早期 RA 患者 30 例, 年龄、性别相匹配的疾病对照组和健康对照组各 40 例。用酶联免疫吸附试验检测所有受试者的血清 14-3-3 $\eta$  和抗环瓜氨酸肽抗体 (anti-cyclic citrullinated peptide antibody, anti-CCP) 水平, 散射免疫比浊法检测类风湿因子 (rheumatoid factor, RF) 水平。用受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC 曲线) 分析 14-3-3 $\eta$  的诊断效能。用约登指数分析 14-3-3 $\eta$ 、anti-CCP 和 RF 联合使用对早期 RA 的诊断效能。

**结果** 早期 RA 患者血清 14-3-3 $\eta$  蛋白浓度为 2.83 (1.98, 5.07) ng/ml, 明显高于健康对照组[0.17 (0.11, 0.30) ng/ml,  $U=6.000$ ,  $P<0.001$ ]和疾病对照组[1.66 (1.21, 2.74) ng/ml,  $U=320.000$ ,  $P=0.001$ ]。将早期 RA 组与所有对照组相比, ROC 曲线下面积为 0.864 (95%可信区间: 0.796-0.932), 最佳 cutoff 值为 1.44 ng/mL, 敏感性为 90.0%, 特异性为 73.8%。anti-CCP、RF 单独使用时的敏感性分别为 70.0%、66.7%, 当 anti-CCP 或 RF 与 14-3-3 $\eta$  联合检测时敏感性超过 96%, 三者联合时的敏感性达到 100%, 特异性大约 70%。

**结论** 14-3-3 $\eta$  蛋白能够明显提高 RA 患者的早期诊断率。

## PU-1954

### HE4 在女性卵巢癌的应用研究

俞晓晨,孙妍

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨 HE4 (人附睾蛋白 4) 在女性卵巢癌中的研究新进展。

**方法** 分析 HE4 在早期卵巢癌, 在鉴别卵巢良恶性疾病中的应用。

**结果** 1 正常卵巢组织不表达 HE4, 而在卵巢癌中高表达 HE4, 特异性高。

2 HE4 在卵巢癌早期和晚期表达均可升高。

3 HE4 可以监测卵巢癌患者的预后。

4 HE4 与 CA125 联合应用可以辅助鉴别卵巢的良恶性疾病。

5 HE4 不受女性月经周期及激素的影响, 比较稳定。

**结论** HE4 是卵巢癌检测的良好标志物, 与 CA125 联合应用可以提高卵巢癌检测的敏感性和特异性。

## PU-1955

### 血清磷脂酶 A2 受体抗体检测在特发性膜性肾病中应用及临床意义

万青,时彦,王春玲,李丽

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 目的 探讨磷脂酶 A2 受体 (PLA2R) 抗体在成人特发性膜性肾病 (IMN) 中的诊断作用和病情活动监测价值。

**方法** 对 2016 年 3 月至 2018 年 4 月期间东南大学附属中大医院 PLA2R 检测 602 例标本进行回顾性分析, 其中肾脏活检明确诊断的 IMN 患者 60 例, 肾脏活检确诊为其他类型的肾脏病患者 135 例为对照组, 包括有 45 例糖尿病肾病、24 例高血压肾病、27 例 IgA 肾炎、24 例系膜增生性肾炎、15 例狼疮性肾炎的患者为阴性对照。分析 ELISA 法检测血清 PLA2R 的敏感性及其特异性。此外将 IMN 患者 PLA2R 抗体浓度与 24 小时尿蛋白量、血清 IgG、IgA、IgM、补体 C3、补体 C4、IgG4、血清肌酐、血清白蛋白等临床指标进行相关性分析, 探讨血清 PLA2R 检测的临床价值。

**结果** (1) 60 个确诊的 IMN 患者中有 39 个血清 PLA2R 阳性, 阳性率为 65%, 135 个对照组阳性患者只有 2 个阳性, 其余 PLA2R 均为阴性, 特异性达到 98.52%。(2) 血清 PLA2R 与 24 小

时尿蛋白量成正相关,  $P = 0.001$ , 相关系数  $r_p = 0.523$ , 两者相关性密切。(3) 与膜性肾病 PLA2R 阴性组比较, PLA2R 阳性组患者 24 小时尿蛋白量显著增加 ( $P=0.003$ ), 血清 IgG4 水平显著降低 ( $P = 0.038$ ), 但其他指标没有统计学意义。

**结论** 血清 PLA2R 检测特异性高, 可作为 IMN 的诊断指标。动态监测血清 PLA2R 与 24 小时尿蛋白量可以反应病情变化及评估临床疗效。

## PU-1956

### 粘液型铜绿药敏试验方法探讨

俞晓晨, 孙妍

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 探讨临床常见的粘液型铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*, PA) 药敏试验 (K-B 法) 操作和报告。

**方法** 对分离得出的 15 株粘液型 PA 进行体外药敏试验 (K-B) 法, 分别选择 M-H 平板和血平板, 且记录不同时间点 (24h、48h、72h) 的结果。并将结果进行对比。

**结果** 不同时间药敏环直径不同; 血平板和 M-H 平板制作药敏结果有差异。

**结论** 1 黏铜 MH 平板上 24h 报结果不可信, 因为黏铜生长不良

2 原有研究体外药敏试验都表明黏铜的药敏耐药性要低于普通铜绿, 但是体内的抗菌效果不佳, 除了粘液的原因, 是否读取药敏的时间过短是其中原因之一。

3 药敏结果黏铜偏敏感, 可能和做药敏实验时挑起了大量的粘液, 从而使实际的菌液浓度偏低所致。

## PU-1957

### 利福平对依非韦伦血药浓度的影响

杨翠先, 董兴齐

云南省传染病医院

**目的** 依非韦伦是 HIV/TB 患者广泛使用的一线抗逆转录病毒药物, 推荐治疗浓度 1-4 $\mu$ g/mL, 过高或过低均可产生不良反应。利福平是目前主要治疗结核病的药物之一, 能够诱导部分肝药酶, 加速这些酶底物的消除。依非韦伦联合利福平用药时, 由于利福平对依非韦伦药动力学的影响, 依非韦伦的推荐剂量并不适用所有的患者。现就国内外利福平对依非韦伦血药浓度的影响、依非韦伦的血药浓度与疗效等相关研究进行综述

**方法** 依非韦伦是 HIV/TB 患者广泛使用的一线抗逆转录病毒药物, 推荐治疗浓度 1-4 $\mu$ g/mL, 过高或过低均可产生不良反应。利福平是目前主要治疗结核病的药物之一, 能够诱导部分肝药酶, 加速这些酶底物的消除。依非韦伦联合利福平用药时, 由于利福平对依非韦伦药动力学的影响, 依非韦伦的推荐剂量并不适用所有的患者。现就国内外利福平对依非韦伦血药浓度的影响、依非韦伦的血药浓度与疗效等相关研究进行综述

**结果** 依非韦伦是 HIV/TB 患者广泛使用的一线抗逆转录病毒药物, 推荐治疗浓度 1-4 $\mu$ g/mL, 过高或过低均可产生不良反应。利福平是目前主要治疗结核病的药物之一, 能够诱导部分肝药酶, 加速这些酶底物的消除。依非韦伦联合利福平用药时, 由于利福平对依非韦伦药动力学的影响, 依非韦伦的推荐剂量并不适用所有的患者。现就国内外利福平对依非韦伦血药浓度的影响、依非韦伦的血药浓度与疗效等相关研究进行综述

**结论** 依非韦伦是 HIV/TB 患者广泛使用的一线抗逆转录病毒药物, 推荐治疗浓度 1-4 $\mu$ g/mL, 过高或过低均可产生不良反应。利福平是目前主要治疗结核病的药物之一, 能够诱导部分肝药酶, 加速这些酶底物的消除。依非韦伦联合利福平用药时, 由于利福平对依非韦伦药动力学的影响, 依非韦伦

的推荐剂量并不适用所有的患者。现就国内外利福平对依非韦伦血药浓度的影响、依非韦伦的血药浓度与疗效等相关研究进行综述

## PU-1958

### 妇科患者高危型 HPV 感染情况的研究

冯凯强,白雪

天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 研究天津地区妇科患者高危型人乳头瘤病毒(human papillomavirus, HPV)感染情况, 并进行分析。

**方法** 收集天津医院妇科门诊及妇科住院患者宫颈分泌物标本 2097 份, 采用荧光 PCR 法筛查妇科患者 14 种高危型 HPV 的感染情况, 14 种高危型 HPV 包括: HPV16、18、31、33、35、39、45、51、52、56、58、59、66 及 68 型。

**结果** 2097 例妇科患者宫颈分泌物标本中检测出 435 例高危型 HPV 感染, 检出率为 20.74%。检出率前 5 位的型别为: 高危型 HPV 16、52、58、51、56 型, 感染率分别为: 5.58%、4.72%、3.91%、2.34%、2.19%。其中单一型别感染率为 52.48%, 二重型别的感染率为 29.12%, 多重型别的感染率为 18.40%, 高危型 HPV 的单一型别感染率最高 ( $\chi^2=170.82$ ,  $P<0.01$ )。高危型 HPV 重度感染率为 8.96%、中度感染率为 49.28%、轻度感染率为 41.76%, 中度感染率最高 ( $\chi^2=258.57$ ,  $P<0.01$ )。5 个不同年龄组高危型 HPV 感染情况:  $\leq 30$  岁组的感染率为 23.95%、31~40 岁组感染率为 18.96%、41~50 岁组感染率为 18.12%、51~60 岁组感染率为 20.31%、 $\geq 60$  岁组感染率为 23.49%, 年龄组间高危 HPV 感染率比较无显著性差异 ( $\chi^2=9.08$ ,  $P>0.05$ )。

**结论** 天津地区妇科患者高危型 HPV 感染率为 20.74%, 感染前 5 位的型别为: HPV16、52、58、51、56 型。以单一型别的感染率为最多, 严重程度的感染率以中度为最高。不同年龄组患者高危 HPV 感染率无显著性差异。

## PU-1959

### 白细胞计数、C-反应蛋白及中性粒细胞比率 与患者细菌感染的相关性分析

黄津,李晶

天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 探讨 C 反应蛋白(CRP)、白细胞(WBC)计数和中性粒细胞比率( GRANR)三者中能早期、灵敏的鉴别细菌感染的疾病的问题。

**方法** 选取天津医院 100 例患者, 进行血培养或者分泌物培养, 再应用全自动血液分析仪-SYSMEX XE5000 测定 WBC 计数和 GRANR, 应用 NycoCard Reader II 特种蛋白金标检测仪测定 CRP。

**结果** 100 例患者中 50 例细菌培养阳性, 为感染组; 50 例细菌培养阴性, 为未感染组。感染组 CRP 水平:  $(39.62\pm 31.55) \times 10^9/L$ , 未感染组 CRP 水平:  $(7.36\pm 5.23) \times 10^9/L$ , 两组比较有显著性差异,  $t=7.34$ ,  $P<0.001$ 。感染组 WBC 计数:  $(9.16\pm 4.17) \text{ mg/L}$ , 未感染组 WBC 计数:  $(6.14\pm 2.06) \text{ mg/L}$ , 两组比较有显著性差异,  $t=4.72$ ,  $P<0.001$ 。感染组 GRANR 水平:  $(72.91\pm 10.09) \%$ , 未感染组 GRANR 水平:  $(58.42\pm 12.17) \%$ , 两组比较有显著性差异,  $t=6.87$ ,  $P<0.001$ 。CRP 的 ROC 曲线下面积为 0.956, WBC 计数的 ROC 曲线下面积为 0.744; GRANR 的 ROC 曲线下面积为 0.828。

**结论** CRP、WBC、GRANR 是细菌感染性指标。以细菌培养阳性作为细菌感染的标准, 比较 CRP、WBC 及 GRANR 对细菌感染的敏感性显示: CRP 的敏感性最高, WBC 计数的敏感性最差。虽细菌培养作为细菌感染的金标准, 但其具有所需时间长的缺点, 故对于细菌感染的早期诊断, CRP 具有较大意义。

## PU-1960

### 人血清白蛋白与艾滋病抗病毒疗效关系的研究

杨翠先,董兴齐  
云南省传染病医院

**目的** 探讨人血清白蛋白水平 (Human serum albumin, HSA) 与抗病毒疗效的关系。

**方法** 收集云南省传染病专科医院艾滋病抗病毒治疗门诊随访抗病毒治疗失败的 HIV/AIDS 患者, 以性别、年龄、抗病毒治疗时间和治疗方案等条件进行匹配, 采用 1:1 配对病例对照研究。

**结果** 根据匹配条件共获得 182 对患者, 男性占 65.38% (238/364), 女性占 34.62% (126/364)。基线和治疗后病例组的 HSA 水平均低于对照组差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ ), 而抗病毒治疗过程中两组 HSA 水平变化不明显 ( $p > 0.05$ )。HAS 水平与 HIV-RNA 病毒载量间有负相关关系 ( $r_s = -0.223$ ,  $p = 0.002$ )。

**结论** 抗病毒治疗失败与低血清白蛋白水平有关, HIV/AIDS 患者在临床治疗过程中, 应加强血清白蛋白的监测。

## PU-1961

### HISCL5000 全自动免疫分析仪检测乙肝表面抗原的性能验证

李恒,方琳  
天津市天津医院

**目的** 验证和评价 HISCL5000 全自动免疫分析仪检测乙肝表面抗原 (HBsAg) 的性能。

**方法** 本底计数测定, 使用仪器自带程序, 用空管进行本底计数 20 次, 记录光亮指数; 精密度测定, 选取两个水平的质控品, 每天重复测定 4 次, 连续测定 5 天, 计算批内批间精密度; 检出限测定, 使用原厂质控品 (HBV-026 的 L1 浓度、VR-023 的 L1 浓度), 稀释至厂家标称的检出限浓度附近 20%, 连续检测 20 次, 要求按比例稀释定标物, 连续检测 20 次, 19 次检出为符合; 线性验证, 选取一份接近预期上限的高值全血样本/中值样本/低值样本, 分别按血样: 稀释液为 100%、80%、60%、40%、20%、0% 的比例进行稀释与理论值作比较, 计算  $y = ax + b$ , 验证线性范围; 内部比对符合率, 与本实验室目前正在使用的检测方法进行比较, 检测在常规实验条件下进行, 两种方法同时完成。要求阴性不能为阳性, 阳性不能为阴性, 满足要求的标本数量应  $\geq 80\%$ ; 室间比对符合率, 随机抽取至少 20 份样本, 在本台仪器和外院同型号仪器上检测后, 记录检测结果, 观察结果符合率。阴阳性符合标本数量应  $\geq 80\%$ 。

**结果** 20 次本底计数发光值均小于 1000, CV 小于 5%; 精密度验证结果, 水平 1 批内精密度为 2.5%, 批间精密度为 2.7%, 水平 2 批内精密度为 1.8%, 批间精密度为 2.2%; 检出限测定, 检出率为 100%; 内部比对符合率为 99.46%; 室间比对符合率为 100%。

**结论** HISCL5000 全自动免疫分析仪检测乙肝表面抗原 (HBsAg) 的性能符合仪器设计要求, 验证合格。

## PU-1962

## EB 病毒通过表观遗传学调控 EBV 相关胃癌及 EBV 阳性细胞系中 PD-L1 的表达

李静,何宏,姜忠信,刘梦阳,王清

青岛大学附属医院

**目的** EB 病毒是一种重要的 DNA 病毒,与多种 B 细胞或上皮细胞来源的肿瘤的发生密切相关。EBV 致癌作用主要是通过表观遗传学影响自身和受感染细胞的基因和蛋白表达从而影响其相应的生物学行为实现的。以 CTLA-4/B7 和 PD-1/PD-L1 负性调控通路为基础的免疫抑制剂肿瘤免疫疗法是近年来肿瘤治疗研究领域的热点,提高其有效率是关键。本研究旨在探讨 EBV 阳性胃癌和相应细胞系中 EBV 调控 PD-L1 表达的机制,为提高肿瘤免疫治疗有效率提供理论基础。

**方法** 通过原位杂交和免疫组化检测到 EBV 阳性胃癌和阴性胃癌组织中 PD-L1 表达,并采用高通量测序及实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 技术检测 EBV 阳性和阴性胃癌组织和细胞系中 PD-L1 的表达情况;MSP 检测 EBV 阳性肿瘤组织和细胞系中 PD-L1 基因 CpG 位点甲基化状态,并对 PD-L1 基因启动子区含 24 个 CpG 位点的 CpG 岛进行 BSP 检测。

**结果** (1) 通过原位杂交和免疫组化检测到 EBV 阳性胃癌组织中有大量的 PD-L1 表达,而 EBV 阴性胃癌低很多 ( $p<0.05$ ); (2) 高通量测序及实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 技术检测 EBV 阳性和阴性胃癌组织和细胞系中 PD-L1 的表达情况,发现 EBV 阳性胃癌组织和细胞系中 PD-L1 的表达显著增高 ( $708.3 \pm 77.4$ ,  $p<0.001$ ); (3) MSP 检测结果显示,EBV 阳性肿瘤组织和细胞系中 PD-L1 基因 CpG 位点呈低甲基化状态 (U 型),而 EBV 阴性肿瘤组织和细胞系则成高甲基化状态 (M 型),对 PD-L1 基因启动子区含 24 个 CpG 位点的 CpG 岛进行 BSP 检测的结果进一步验证了 MSP 的结果 ( $0.083\% \pm 79.1\%$ ),差异均具有统计意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** EBV 相关胃癌和细胞系中 EBV 通过调控 PD-L1 基因启动子区甲基化状态调控 PD-L1 表达,本研究为从 PD-L1 表观遗传的角度调控其在肿瘤中的表达从而提高肿瘤免疫治疗的效果提供了理论基础。

## PU-1963

## 抗凝剂引起血小板减少的成因

杨秋月,张娜

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 血液学一般检查最常用的检测仪器是血细胞分析仪,它以检测速度快、精确度高、操作简便的优势为临床提供着有用的实验指标,对疾病的诊断和治疗有重要的意义。

**方法** 血细胞计数用 EDTAK2 作抗凝剂,用量为 EDTAK2H<sub>2</sub>O 1.5 mg/ml~2 mg/ml 血液。近年来因 EDTA 引起血小板聚集发生血小板假性减少并不少见,下面是 1 例血小板减少患者,经试验分析为 EDTA 依赖性假性血小板减少 (EDTAPTCT)。

**结果** 采用抽血后立即检测、手工计数血小板及血涂片镜检或采用其他种类抗凝剂来鉴别。

**结论** 有文献报道,当 EDTA 依赖性血小板减少时,可用其他抗凝剂作血小板计数,可避免血小板假性减少。

## PU-1964

## HIV/TB 患者抗逆转录病毒治疗疗效的影响因素 及基因型耐药分析

杨翠先,董兴齐  
云南省传染病医院

**目的** 分析 HIV 合并肺结核 (HIV/TB) 患者抗结核治疗 (ATT) 对抗逆转录病毒治疗 (ART) 疗效的影响因素和 HIV-1 基因型耐药情况。

**方法** 采用历史队列研究方法, 收集 2014 年 1 月至 2017 年 12 月云南省传染病专科医院确诊的 HIV/TB 患者的人口学、临床资料和 HIV-1 病毒载量, 对可能影响 HIV-1 复制的因素和基因型耐药进行分析。

**结果** 共入组 197 例 HIV/TB 患者, 联合治疗 24 周后 47 例患者 HIV-RNA 大于检测下限 (20 拷贝/mL)。二元 logistic 回归分析发现入组时的 ALB、抗酸杆菌涂片、CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T、CD4T/CD8T、ART 和 ATT 方案与 HIV-1 复制无关, 而 ART 与 ATT 联合治疗与 HIV-1 复制独立相关, ATT 8 周内接受 ART 是抑制 HIV-1 复制的保护因素。22 例患者的 HIV-RNA 大于 400 拷贝/mL, 抗病毒治疗失败率 11.17% (22/197), 其中 21 例患者 HIV-RNA 大于 1000 拷贝/mL 进行基因型耐药检测, 15 例基因扩增阳性, 9 例发生耐药, 耐药率 60% (9/15)。主要 NRTIs 相关的突变为 M184V (26.67%), 主要 NNRTIs 相关的突变为 V179D (26.67%) 和 V106M (20.00%), 未产生 PIs 主要突变。

**结论** 联合治疗能有效抑制 HIV/TB 患者的 HIV-1 病毒载量, 且未加速患者 HIV-1 基因型耐药的产生。尚未接受抗逆转录病毒治疗的双感患者在启动抗结核治疗 8 周内开始抗逆转录病毒治疗有利于抑制 HIV-1 病毒载量。

## PU-1965

## NGAL 和 NAG 在慢性肾脏疾病中的临床价值研究

隋立,李军霞  
天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 探讨尿中性粒细胞明胶酶相关载脂蛋白 (neutrophil gelatinase-associated lipocalin, NGAL) 和尿 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶 (N-acetyl- $\beta$ -D-glucosaminidase, NAG) 在慢性肾脏疾病 (chronic kidney disease, CKD) 中的临床价值。

**方法** ①研究对象: 选取天津医院肾内科被确诊的 90 例 CKD 的患者。按其疾病类型将其分为慢性肾衰竭组 (CRF 组) 30 例、肾病综合征组 (NS 组) 30 例和肾炎组 30 例。随机选择同期的 80 名健康体检者为对照组, 与 CKD 三个疾病组进行对比。②所选取的实验组和对照组分别通过胶乳增强免疫比浊法检测尿 NGAL 水平, 同时运用 MPT 底物法进行尿 NAG 的检测 (样本要求为相同时间取得的实验对象尿液样本)。通过采集实验对象静脉血检测得到 Scr 水平计算肾小球滤过率 (glomerular filtration rate, GFR)。③选取另一尿液标志物 24h 尿蛋白定量进行检测, 并将实验组与对照组进行比较, 分析不同疾病患者尿 NGAL、NAG、24h 尿蛋白定量之间的差异及诊断价值, 对比统计学差别, 并评估三个指标与 GFR 的相关性。

**结果** ①CRF 组、NS 组和肾炎组尿 NGAL、NAG、24h 尿蛋白水平均高于健康对照组 ( $P<0.01$ ), 经比较各组之间三个指标水平的差异均有统计学意义, CRF 组水平差异最大 ( $P<0.05$ ), 且 NS 组水平高于肾炎组。三组疾病组 GFR 水平随肾病严重程度数值逐渐减低。②在每组 CKD 疾病组中, 尿 NGAL 和 NAG 水平与 GFR 均呈负相关 (均  $P<0.05$ ), NGAL 在三组中与 GFR 的相关性更高, 24h 尿蛋白定量水平与 GFR 无明显相关性 ( $P>0.05$ )。③尿 NGAL、

NAG、24h 尿蛋白定量诊断 CKD 的曲线下面积分别为 0.954、0.927、0.881。其中尿 NGAL 对 CKD 的诊断敏感性、特异性和准确度最高,分别为 88.89%、98.75%、93.53%。

**结论** ①尿 NGAL 和 NAG 可作为诊断 CKD 的灵敏、特异的指标。特别是尿 NGAL 在 CKD 诊断中具有较高的诊断价值。②尿 NGAL 和 NAG 在判断 CKD 患者疾病严重程度上具有一定的临床价值。

## PU-1966

### 1 例艾滋病合并荚膜组织胞浆菌感染患者的病原学特点及流行病溯源

李正伦,张米  
云南省传染病医院

**目的** 总结艾滋病合并荚膜组织胞浆菌感染患者的实验室检查、生物学、流行病学特点,为临床诊断及治疗提供依据。

**方法** 对 1 例艾滋病(AIDS)合并组织胞浆菌病感染患者的骨髓样本涂片检查及分离培养,培养物提取核酸后运用 PCR 技术扩增后测序,结合实验室资料及相关病历资料综合分析。

**结果** 通过骨髓涂片检出感染的芽生孢子,初步怀疑患者为荚膜组织胞浆菌感染,培养 4 周后依据菌落形态、染色特征、小培养鉴定为荚膜组织胞浆菌。扩增测序得到 556bp 特异性序列,与 GenBank 中参考序列比对同源性达到 99%,通过系统进化树分析发现,该菌株虽与马来西亚的菌株具有较高同源性,但并非来源于国外流行地区。

**结论** 本株荚膜组织胞浆菌是近年来本省第一例用测序后比对的方法报道的在 AIDS 患者中合并感染的真菌。在 AIDS 人群中组织胞浆菌病发病率较高,涂片和培养的方法较适用初步诊断,确诊和流行溯源还需要通过序列分析的方法。云南省流行的荚膜组织胞浆菌主要是国内的流行感染株,与东南亚流行菌株有较高的同源性。

## PU-1967

### 直方图中间型细胞异常情况浅析

杨秋月,徐海燕  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 血细胞计数已普遍使用于各医院实验室,尤其是三分类的血球计数仪更为普遍。这种计数仪的原理是电阻抗法,此原理是基于细胞在测试系统中产生的脉冲大小,与仪器内设定的阈值比较而得出的数据。

**方法** 用 EDTAK2 抗凝静脉血,其含量为 1.5 mg/ml 全血。将 EDTAK2 配成 150 g/L 的溶液,预先制备具塞塑料抗凝管,于每日清晨抽静脉血 0.5 ml 混匀抗凝,室温放置,并于 0.5—5.0 h 内测定。

**结果** 白细胞直方图中间细胞异常的分析,由于仪器型号不同,试剂不同等原因可能/一定会存在一定的差异。关键在于出现中间细胞异常时的合理处理,涂片染色镜检是最好的方法。

**结论** 在中间细胞正常时,若临床提示,如过敏症,传单增等疾病时,临检人员也应涂片镜检,以免异常细胞漏检。

## PU-1968

## HIV/AIDS 合并金黄色葡萄球菌感染的实验室检查特点分析

李正伦,李健健  
云南省传染病医院

**目的** 探讨艾滋病患者合并感染金黄色葡萄球菌的实验室检测生物学特点,为临床诊断及治疗提供实验室依据。

**方法** 收集 2014 年 1 月~2018 年 3 月,云南省传染病医院感染科合并金黄色葡萄球菌感染的 88 例艾滋病患者样本,采用回顾性分析方法,对其分离培养、药敏结果,全血样本 T 淋巴细胞亚群计数结果,结合实验室资料进行综合分析。

**结果** 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)检出率为 18.2%(16/88),所有菌株中青霉素敏感率不足 5%,喹诺酮类、利福平、氨基糖苷类敏感性较高(>75%),磺胺类、四环素类也有较好敏感性(>60%),利奈唑胺、奎奴普丁/达福普汀、替加环素、万古霉素未见耐药。艾滋病合并金葡菌感染所致的呼吸道感染比例最高为 50%,其次是伤口感染者占 26.1%,第三位是血液感染占 12.5%,引起疖、痈局部化脓性感染标本占 11.4%;HIV/AIDS 患者合并感染金葡菌后 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数和 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值与单纯 HIV 感染患者无明显差异;其 IL-6 和 CRP 在伤口分泌物、脓液、痰液和血液样本中的差异无统计学意义;PCT 在患者分泌物、脓液中的检出率与痰液和血液中的检出率存在统计学差异。

**结论** HIV 合并感染的金黄色葡萄球菌对喹诺酮类、青霉素类和大环类脂类药物的耐药率较无 HIV 感染的菌株为高。金黄色葡萄球菌合并感染并不能明显影响艾滋病患者的 T 淋巴细胞免疫功能。金葡菌引起艾滋病患者败血症时,导致中性粒细胞绝对计数、CRP、PCT 的增高程度有助于与其他部位感染的鉴别,而引起 PCT 明显升高的是分泌物、脓液中检出金葡菌的患者。

## PU-1969

## 尿常规显微镜手工法与分析仪检验分析

徐海燕,张娜  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 手工法检验尿常规结果分析,进一步了解分析仪和传统的显微镜手工法在尿液分析中的优缺点,使检验工作者在实际工作中正确对待两种方法的应用,指导检验人员科学地把两种结合起来。

**方法** 用尿液分析仪检测只记录,尿蛋白、白细胞、红细胞结果,微量以上为阳性,微量以下为阴性。然后用加热醋酸法检测尿蛋白,再用离心试管取 10 ml 混匀的尿液以 1 500 r/min 离心 5 min,倾去上清液,留取 0.2 ml 沉渣,涂片镜检,记录尿蛋白、红细胞和白细胞结果,微量以上为阳性,微量以下为阴性。

**结果** 两种方法合理应用,取长补短,遇到可疑情况,还应及时询问病人,查找原因。

**结论** 以便为临床疾病的诊断和治疗提供正确检验结果。



## PU-1970

## 采血小板不良反应的原因及分析

徐海燕,杨秋月

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 提高血小板采集数量和质量,从而降低输血传播疾病的概率和输血反应率。随着血细胞分离机性能的不断改进,可从献血者血循环中一次采集 1~2 个治疗单位的血小板,这样,既可解决机采供者的短缺,缓解对医院供不应求的矛盾,还可节约耗材、试剂,降低成本。

**方法** 采集前将供者血小板计数、性别、身高、体重等数据输入机内设定程序,抗凝剂 ACD-A:全血为 1:11,预采血小板产品单治疗量 $\geq 2.5 \times 10^{11}/L$ ,容积:单治疗量 220 ml。严格执行机采血小板操作规程。

**结果** 医护人员应具备熟练的采血技术,并选择粗大、弹性好的静脉。

**结论** 保证一次穿刺成功,以减少献血者疼痛,缩短采集时间。

## PU-1971

## 两种不同方法制造简易大鼠挤压伤模型的探讨

程姗姗,俞媛,白雪,王毅

天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 研究在相同的挤压面积下,不同的挤压时间与不同的挤压重量大鼠的病理生理反应,摸索不同方法制造简易大鼠挤压伤模型的可行性。

**方法** 无特定病原体(special pathogenfree, SPF)级雄性 SD 大鼠 18 只,随机分为实验组 A (n=6)、实验组 B (n=6)和对照组(n=6)。其中实验组 A 挤压重量 8kg,挤压时间 6h;实验组 B 挤压重量 4kg,挤压时间 12h。实验组两组于解压再灌注 3 小时后观察大体情况;取血检测血生化指标;膀胱穿刺尿液观察肌红蛋白尿发生率;取受压部位肌肉组织进行组织病理学评估。对照组仅做基础麻醉,不做挤压处理。取材及检测项目同实验组。

**结果** 实验组所有大鼠受压肢体明显紫红、肿胀。实验组 A、B 两组大鼠血清谷丙转氨酶、尿素、肌酐、钾离子、钠离子、氯离子、钙离子、镁离子、无机磷与对照组比较均有显著性差异( $P<0.05$ )。其中血清谷丙转氨酶、尿素、肌酐、钾离子、镁离子、无机磷与对照组相比呈明显上升趋势,血清钠离子、氯离子、钙离子与对照组相比呈明显下降趋势。实验组 A 组的肌酐、钙离子与 B 组比较有显著性差异( $P<0.05$ )。所有实验组大鼠均出现肌红蛋白尿。实验两组局部受压组织肌肉病理切片显示不同程度的病理损伤。

**结论** 挤压重量 $\geq 8kg$ ,挤压时间 $\geq 6h$ 以及挤压重量 $\geq 4kg$ ,挤压时间 $\geq 12h$ 均可成功制造简易大鼠挤压伤模型。实验者可根据自身实验条件选择不同的造模方法,即适当增加挤压重量,缩短挤压时间;亦或是减少挤压重量,延长挤压时间,均可得到较为满意的大鼠挤压伤模型,以便于挤压伤相关实验的研究。

## PU-1972

## 哈尔滨医科大学附属肿瘤医院血培养标本分离病原菌的分布、报警时间及耐药性分析

王杰,卢莹莹

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 了解血培养阳性仪器报警时间与病原菌种类的关系;分析哈尔滨医科大学附属肿瘤医院血培养病原菌的耐药性,指导临床合理用药。

**方法** 采用自动化仪器结合纸片扩散法(KB法)进行药敏试验,结果按 CLSI 2018 年版标准判读结果,多次培养是同一种菌的患者仅收集第一次资料,分析统计血培养阳性病原菌分布及其药敏情况。

**结果** 我院 2017 年 1 月-2018 年 12 月共收集 15,549 份血培养标本,在血培养阳性报警的标本中共收集 648 株致病菌株,其中,革兰阴性菌有 346 株(占 53.40%)、革兰阳性菌有 283 株(占 43.67%)、厌氧菌有 13 株(占 2.01%)及真菌有 6 株(占 0.93%)。产 ESBLs 的肠杆菌分离率为 41.89%,发现 2 株耐碳青霉烯类的肠杆菌科细菌。金黄色葡萄球菌中,MRSA 占 25%,凝固酶阴性葡萄球菌中,MRSA 占 66.32%。48h 内 89.19%致病菌阳性报警,病原菌阳性报警时间中位数不同,报警速度从快到慢依次是肠杆菌科细菌(21.41h)、肠球菌属(22.57 h)、链球菌属(22.85h)、葡萄球菌(25.16 h)、非发酵菌(29.5h)、真菌(39.68 h)、厌氧菌(39.68h)。与肠杆菌比较有统计学意义的是:葡萄球菌( $p=0.001$ )、非发酵菌( $p=0.004$ )、真菌( $p=0.046$ )、厌氧菌( $p=0.023$ ),无统计学意义为:肠球菌( $p=0.89$ )、链球菌( $p=0.316$ )。革兰阴性菌以大肠埃希菌 176 株(占 27.16%)和肺炎克雷伯杆菌 70 株(占 10.80%)为主,革兰阳性菌以凝固酶阴性葡萄球菌 214 株(占 33.02%)为主。从病原菌的耐药性来看,大肠埃希菌对头孢哌酮/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南、美罗培南具有较高的敏感率分别为 5.2%、9.8%、0.6%、0.6%。肺炎克雷伯菌除了对氨苄西林天然耐药外,对头孢噻肟、头孢呋辛、复方新诺明耐药率分别为 31%、31%、32.5%,对其他检测抗生素的耐药率均低于 30.0%,对亚胺培南、美罗培南的耐药率皆为 1.3%。凝固酶阴性葡萄球菌属对万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺敏感率为 100%。

**结论** 不同病原菌属在血培养仪中报警时间存在差异,依据该特点,结合血培养报阳曲线、涂片染色、感染部位的易感菌群及当地血流感染的流行病学资料,可初步推断血流感染病原菌属,为临床早期合理用药提供初步依据。

## PU-1973

## 2015 年-2017 年哈尔滨医科大学附属肿瘤医院细菌耐药性监测

吕博文,钱景荣

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 探究哈尔滨医科大学附属肿瘤医院临床分离菌株对抗菌药物的耐药性及敏感性。

**方法** 采用自动化仪器法结合纸片扩散法对临床分离的菌株进行药敏试验,按 CLSI 2017 年版标准判读结果。

**结果** 2015 年 1 月-2017 年 12 月共收集哈医大附属肿瘤医院临床分离菌株 9880 株,其中革兰阳性菌 1050 株,占 10.6%,革兰阴性菌 8830 株,占 89.4%,最常见为肺炎克雷伯菌,占总分分离菌株的 29.7%;甲氧西林耐药金黄色葡萄球菌(MRSA)、甲氧西林耐药凝固酶阴性金黄色葡萄球菌(MRCNS)检出率分别为 14.9%、67.2%,MRSA、MRCNS 对  $\beta$  内酰胺类、大环内酯类及喹诺酮类抗生素耐药率明显高于甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌(MSSA)、甲氧西林敏感的凝固酶阴性金黄色葡萄球菌(MSCNS),发现 MRSA 对复方新诺明耐药率低于 MSSA,MRSA、MRCNS 对

利福平敏感率分别高达 90.2%、86.2%，未发现对万古霉素、利奈唑胺耐药的葡萄球菌属；179 株肠球菌属中，除利奈唑胺外，屎肠球菌对所述抗菌药物耐药率均高于粪肠球菌，发现 1 株万古霉素耐药屎肠球菌，同时发现了少数对利奈唑胺耐药的肠球菌；链球菌属中，青霉素耐药肺炎链球菌（PRSP）检出率为 3.3%，链球菌属对红霉素、克林霉素的耐药率较高，分别为 89.1%、52.5%；肠杆菌科细菌占有所有分离菌株的 59.5%，大肠埃希菌、克雷伯菌属、变形杆菌属中产 ESBLs 酶的菌株检出率分别为 46.8%、14.7%、10.1%，产 ESBLs 酶的菌株对抗菌药物耐药率均高于非产 ESBLs 酶的菌株，值得庆幸，我院鲍曼不动杆菌对所测试抗菌药物的耐药率低， $\beta$  内酰胺酶抑制剂复方制剂、碳青霉烯类抗生素及氨基糖苷类抗生素仍为该菌属感染的有效治疗药物。

**结论** 细菌耐药问题仍是十分严峻，尤其是耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌（CRE）及耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌（CRAB）正逐年增多，治疗药物选择的受限，耐药形势不容乐观。

## PU-1974

### 高尔夫球形貌 PLGA 微球合成的初步研究

张彤,王毅

天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 本研究旨在初步考察 PLGA 浓度及滴速对制备微球形貌的影响，以期通过形成具有表面拓扑结构的微球增加表面积，从而提高微球表面积及表面修饰能力，使其在药物载体、细胞载体及检验诊断应用中获得更好的效果。

**方法** 采用单乳-溶剂挥发法，将 PLGA 溶于二氯甲烷制备不同浓度溶液，按不同速度将 PLGA 溶液滴注于外水相 1% 的 PVA（聚乙烯醇）水溶液中，桨式搅拌 400 rpm 挥发溶剂合成不同粒径及表面形貌的 PLGA 微球。通过扫描电镜（SEM）进行表征，ImageJ 软件测量微球粒径、表面凹坑尺寸。

**结果** 在 1 mL/min 滴速情况下，PLGA 溶液浓度为 15 mg/mL 时制得微球平均粒径为 44 $\mu$ m，凹坑平均直径 1.9  $\mu$ m；当 PLGA 溶液浓度为 63 mg/mL 时，制得微球平均粒径为 136  $\mu$ m，凹坑平均直径 0.8  $\mu$ m。在 PLGA 溶液浓度为 15 mg/mL 情况下，将滴速从 1 mL/min 降至 0.3 mL/min 时制得微球平均粒径为 72  $\mu$ m，凹坑平均直径 1.1  $\mu$ m。**结论** 实验结果表明，相同滴速，随着 PLGA 浓度的增加，微球粒径增大，表面凹坑直径缩小。当 PLGA 浓度一定时，随着滴速的降低，微球粒径增加，表面凹坑直径缩小。PLGA 微球的形貌与溶液浓度，滴注时针头直径、滴注速度、外水相搅拌速度、外水相体系大小等均息息相关。

**结论** 本研究仅初步探讨了 PLGA 溶液浓度、滴速对微球形貌形成的影响，通过以上规律调整实验条件，利于制备适合实验需求粒径和凹坑尺寸的 PLGA 微球。

## PU-1975

### 尿蛋白电泳判断肾损伤类型的临床应用价值

初开秋

青岛大学附属医院

**目的** 研究十二烷基硫酸钠-琼脂糖凝胶（SDS-AGE）非浓缩尿蛋白电泳对蛋白尿的诊断价值。

**方法** 采用 SDS-AGE 非浓缩尿蛋白电泳技术对 537 例肾脏病患者的尿标本进行分析。

**结果** 537 例蛋白尿标本，肾小球型蛋白尿占 317 例，肾小管型蛋白尿占 17 例，混合型蛋白尿 143 例，生理性蛋白尿 60 例。

**结论** SDS-AGE 非浓缩尿蛋白电泳的检测对判断肾脏损伤类型及程度具有重要的临床应用价值。

## PU-1976

## PLGA 多孔微球用于提高非病毒载体对悬浮细胞转染的研究

张彤,王立新,白雪  
天津市天津医院[天津市河西区]

**目的** 探索构建一种可以提高非病毒载体对悬浮细胞转染效率的过滤截留柱系统。

**方法** 用复乳-溶剂挥发法联合碳酸氢铵致孔剂合成 PLGA 多孔微球,仿层析理论以多孔微球为填料,构建悬浮细胞截留柱。采用脂质体 Lipofectamine® 2000 包裹 eGFP 质粒转染 K562 细胞,以基因转染复合物为流动相,对柱内截留细胞进行转染。以传统转染方式为对照,流式细胞仪检测比较两种方式转染效率。分别从微球粒径、孔径,细胞接种方式考察以上因素对细胞截留及转染效率的影响。

**结果** 重力条件下,平均粒径 307 $\mu$ m 的 P<sub>6.3</sub> 微球组,细胞截留效率 17.86 %。平均粒径 144 $\mu$ m 的 P<sub>2.5</sub> 微球组,细胞截留效率 67.43%,两组间差异显著 ( $P<0.05$ );且微球孔径需小于细胞直径 (20 $\mu$ m),可避免细胞进入微球内而无法被有效释放。若在挤压条件下进行过滤,P<sub>2.5</sub> 微球组截留率下降为 47.5%,低于重力条件下截留效率 ( $P<0.05$ )。因此重力比挤压方式更利于细胞截留。在重力条件下,再次比较平均粒径 100 $\mu$ m,孔径 4 $\mu$ m 的 P<sub>5</sub> 微球组和 P<sub>2.5</sub> 和 P<sub>5</sub> 两种微球 1:1 混合作为填料组的截留效率:P<sub>5</sub> 组细胞截留率 93.46%,P<sub>2.5</sub>/P<sub>5</sub> 组细胞截留率 92.20%,两组间没有显著差异 ( $P>0.05$ )。但 P<sub>2.5</sub>/P<sub>5</sub> 组流出时间为 5.67 分钟显著短于 P<sub>5</sub> 组 10.67 分钟 ( $P<0.05$ )。最后以 P<sub>2.5</sub>/P<sub>5</sub> 柱在重力作用下转染,流式细胞仪检测结果显示,过滤截留系统的转染效率为 7.6%,显著高于传统方式转染效率 4.2% ( $P<0.05$ )。

**结论** 改变对悬浮细胞的转染方式,可以促进非病毒载体对悬浮细胞的转染。

## PU-1977

## 国内多地区 2 型糖尿病患者体液免疫水平变化的比较

杜月娟,董彩博  
大庆油田总医院集团龙南医院,163000

**目的** 为明确国内多地区 2 型糖尿病患者人群中体液免疫指标变化情况,探讨其变化规律及在 2 型糖尿病发生发展中的作用。

**方法** 各实验室均应用速率散射免疫比浊法测定体液免疫指标,使用 SSPS 软件、采用 t 检验分析数据, $P<0.05$  为有统计学意义。

**结果** 在五个地区中,单纯型 2 型糖尿病组与对照组相比,IgM 均为上升的趋势,但均未产生统计学上的意义;IgA 均为上升的趋势,且均有统计学上的意义;IgG 均为下降趋势,仅在昆明地区没有统计学意义;补体 C3 仅在甘肃地区呈下降趋势,且在昆明、甘肃两个地区无统计学意义;补体 C4 在仅在昆明地区呈下降趋势且无统计学意义。

**结论** 在 2 型糖尿病发生发展过程中,体液免疫指标的 IgA 可能更适合反映机体的体液免疫系统情况。

## PU-1978

## 血清肺炎支原体 IgM 检测在儿童呼吸道感染中的意义

邹映东,林云,张兴宗,李亚波,周芳,陈凤  
云南省中医医院

**目的** 探讨肺炎支原体血清 IgM 检测结果在儿童呼吸道感染中的意义。

**方法** 回顾性分析 3676 例呼吸道感染患儿肺炎支原体血清 IgM 检测结果,按性别、年龄、季节分组分别统计分析。

**结果** 3676 例呼吸道感染患儿肺炎支原体血清 IgM 检测结果,共检出阳性 1865 例,总阳性率为 50.73%,其中男性检出 940 例,占 45.34%,女性检出 925 例,占 57.70%,男女患儿差异具有统计学意义 ( $X^2=55.2466$ ,  $P<0.001$ )。不同年龄分组的检测结果中,差异有统计学意义 ( $X^2=202.8784$ ,  $P<0.001$ ),以 1~3 岁幼儿组阳性率最高为 60.35%,其次为 3 岁~6 岁的学龄前儿童组占 56.93%、学龄期/青春期组阳性率占 50.70%,自出生~1 岁以下婴儿组阳性率最低为 27.37%;其中,其中,婴儿组与各年龄组间的比较均存在差异;幼儿组与学龄期/青春期组存在差异,而与学龄前组间差异无统计学意义;学龄前组与学龄期/青春期组存在差异。不同季节分组的检测结果差异具有统计学意义 ( $X^2=26.73$ ,  $P<0.001$ ),以春季阳性率最高为 56.16%,夏季次之为 53.79%,其次为冬季的 47.91%和秋季的 45.95%;其中,春季与冬季和秋季间存在差异,而与夏季间差异无统计学意义,夏季与秋季间存在差异,而与冬季差异无统计学意义,秋季与冬季间差异无统计学意义。

**结论** 肺炎支原体感染是儿童上呼吸道感染的主要病原体,女患儿阳性率高于男患儿,感染年龄段以 1~3 岁的幼儿和 3~6 岁的学龄前儿童为主;在季节上,呈现出地域性特点,春季和夏季易感。

## PU-1979

## 布鲁菌感染患者血清 miRNA 表达谱的改变

张翠平<sup>1</sup>,王成<sup>1,2</sup>,福泉<sup>3</sup>,丁梦<sup>1,2</sup>,张辰宇<sup>2</sup>,张春妮<sup>1,2</sup>

1.中国人民解放军东部战区总医院,210000

2.南京大学生命科学院

3.内蒙古医科大学附属医院

**目的** 本研究分析布鲁菌感染者血清 miRNA 表达谱,筛选鉴定出显著升高的 miRNA,评价其对布鲁菌感染的辅助诊断价值。

**方法** 运用 Illumina SBS 测序技术对布鲁菌病患者和正常对照组成的两份混合血清样本中的总 RNA 进行测序分析,初筛在患者血清中含量升高的 miRNA。再运用 qRT-PCR 技术对初筛的 miRNA 在单个样本中进行复筛(29 例患者和 27 例正常对照)和验证(44 例患者和 38 例正常对照)。

**结果** 布鲁菌病患者血清 miRNA 表达谱较之对照发生了改变,106 种上调和 248 种下调。对初筛上调倍数最高的 3 种 miRNA(miR-15a-3p、miR-7-2-3p 和 miR-103b)进行单样本的 qRT-PCR 复筛和验证,发现 miR-103b 在患者血清中明显升高,变化倍数大于 2 倍( $P<0.05$ ),ROC 曲线下面积 AUC 为 0.714。单因素逻辑回归分析显示 miR-103b 的回归系数为 2.807,OR 为 16.557。

**结论** 布鲁菌病患者血清 miRNA 表达谱呈现异常改变,miR-103b 含量显著升高,对布鲁菌感染具有一定的诊断准确性,可能是布鲁菌病潜在的危险因素和辅助分子诊断指标。

## PU-1980

## 耐碳青霉烯类弗劳地枸橼酸杆菌的耐药基因分析

尧静<sup>1</sup>, 林云<sup>1</sup>, 杜娜<sup>1</sup>, 杜艳<sup>2</sup>

1. 云南省中医医院/云南中医学院第一附属医院, 650000

2. 昆明医科大学第一附属医院检验科, 云南省实验诊断研究所, 云南省检验医学重点实验室

**目的** 对临床分离的耐碳青霉烯类弗劳地枸橼酸杆菌 (CRCF) 进行产酶情况及耐药基因分析, 为控制 CRCF 感染提供依据。

**方法** 收集昆明某三甲医院 2012 年 1 月-2014 年 12 月耐碳青霉烯类弗劳地枸橼酸杆菌 21 株, 通过全自动微生物鉴定药敏分析仪 VITEK-2 对菌株进行鉴定及药敏测定; 改良 Hodge 试验(MHT)、金属酶(MBL)和超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)表型确证试验分析菌株产酶情况; 聚合酶链反应(PCR)和测序分析检测菌株耐药基因的携带情况。

**结果** 药敏结果显示菌株对青霉素类、头孢菌素类、酶抑制剂及碳青霉烯类抗生素呈现高水平耐药, 对氨基糖苷类和喹诺酮类也呈现出不同水平的耐药; 改良 Hodge 试验、金属酶和超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)表型确证试验的阳性率分别为 85.7%、85.7%和 14.3%; 基因检测结果显示 KPC-2、IMP、VIM、SME、OXA-48、NDM-1、TEM、SHV 和 CTX 等耐药基因的阳性率分别为 28.6%、33.3%、0%、0%、0%、81.0%、76.2%、28.6%和 23.8%, 携带两种或以上耐药基因的阳性率为 95.2%。

**结论** 该院耐碳青霉烯类弗劳地枸橼酸杆菌以携带 NDM-1 基因为主, 多种耐药基因共存为其显著特点, 耐药严重, 应引起高度重视。

## PU-1981

## IgG4 相关疾病实验室检查简介

王超, 关秀茹

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** IgG4 相关疾病 (IgG4-related disease, IgG4-RD) 是一组新定义的, 全身多器官受累的自身免疫性疾病。多表现为受累器官的炎症和纤维化, 以产 IgG4 浆细胞浸润以及血清 IgG4 水平增高为特点。IgG4 抗体的正常功能是参与免疫耐受形成并与慢性、反复性抗原暴露相关, 它可以减轻炎症, 可以通过抑制 IgE 的活性对抗 I 型超敏反应, 通过阻止免疫复合物形成来对抗 II 型、III 型超敏反应。该病发生机制仍不明确, 一些学者认为某些内源性或外源性特异性抗原的出现可刺激产 IgG4 的 B 细胞发生应答, 进而引起该疾病发生, 还有一些研究人员发现该疾病的发生可能与基因改变相关。IgG4-RD 的实验室检查主要是血清 IgG4 水平及其发病机制为基础展开的血清标志物及组织病理检查。IgG4-RD 由于某些表现类型常容易被误诊, 如表现为局部炎症肿块时经影像学检查不易区分, 常容易被误诊为肿瘤性疾病, 且 IgG4-RD 的器官病理学与其他与该疾病类似的一些疾病, 如韦格纳肉芽肿、结节病、组织细胞增多症和恶性肿瘤等可能具有类似特征, 包括 IgG4 阳性浆细胞浸润。因此, 整合基础研究寻找到可靠的、无创的用于诊断该疾病的血清标志物至关重要。

**方法** 查阅、整理文献

**结果** 总结各位学者的研究, 发现除血清 IgG4 外, 嗜酸粒细胞和血清 IgE 水平、血清 Tfh2 细胞及 IL-4、IL-21 水平、循环浆母细胞计数、可溶性 IL-2 受体、与 IgG4-RD 纤维化病变相关血清标志物 CCL18 和 GDF-15 水平均与 IgG4-RD 发病相关, 有望成为 IgG4-RD 诊断的血清标志物。

**结论** 随着在疾病的发病机制方面研究逐渐增多, 有助于疾病诊断的血清标志物也在不断涌现, 但鉴于各种标志物检测的局限性以及受检样本量较少, 这些标志物还未能应用于临床。但这些标志物的提出为我们以后的研究提供了新方向。

## PU-1982

## 尿白蛋白检测指标临床诊断效能评价

李蓉

云南省中医医院/云南中医学院第一附属医院,650000

**目的** 探讨现行微量白蛋白尿临界点,晨尿、随机尿尿白蛋白肌酐比(albumin/creatinine ratio, ACR)、尿白蛋白浓度(urinary albumin concentration, UAC)单次的检测在2型糖尿病早期肾损伤中的诊断效能。

**方法** 以24小时尿白蛋白排泄率(24 hours urinary albumin excretion, 24h UAE)为金标准,分析患者晨尿、随机尿ACR、UAC与24小时UAE的相关性,评价现行临界点晨尿、随机尿尿白蛋白检测指标的诊断效能,使用ROC曲线分析得出晨尿、随机尿ACR、UAC的最佳临界值。

**结果** 晨尿、随机尿ACR、UAC与24小时UAE均具有较高的相关性,除晨尿UAC  $r=0.796$ 外,均大于0.8;现行晨尿、随机尿微量白蛋白临界点,单次检测结果的特异度除晨尿UAC=51%外,均低于50%,ROC曲线分析:晨尿最佳临界点,UAC:14.55 mg/L(灵敏度:51.4%,特异度80.6%),ACR:男12.26 mg/g(灵敏度:60%,特异度86.7%),女12.27 mg/g(灵敏度:72.2%,特异度83.9%);随机尿最佳临界点,UAC:11.45 mg/L(灵敏度:66.7,特异度80.6%),ACR:男17.83 mg/g(灵敏度:52%,特异度81%),女23.01 mg/g(灵敏度:61.1%,特异度83.9%)。

**结论** 本次实验结果表明,2010《中国2型糖尿病指南》推荐的ACR的临界值及KDIGO给出的UAC的临界值对2型糖尿病患者微量白蛋白尿诊断效能低,漏诊率高。应降低该临界值提高检测指标的特异度及ACR、UAC的对2型糖尿病患者微量白蛋白尿的临床诊断效能,相较其它检测指标晨尿ACR的灵敏度和特异度最高,诊断效能最佳,但晨尿、随机尿尿白蛋白检测只能作为筛查实验,确诊仍需使用24小时UAE。

## PU-1983

## Discovery of a novel 3-lncRNAs signature to predict prognosis of bladder cancer

Yifan Wang

The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Current tumor-node-metastasis (TNM) stage is unable to accurately predict the overall survival (OS) in bladder cancer (BC) patients. Increasing evidence suggests long non-coding RNAs (lncRNAs) are aberrantly expressed in cancers with potential as biomarker for cancer prognosis. In this study, we aimed at developing a lncRNA signature to improve prognosis prediction of BC.

**Methods** Systematic and integrative investigation of RNA-Seq based data from The Cancer Genome Atlas (TCGA) herein was performed to determine differently expressed lncRNAs. Univariate Cox regression and robust likelihood-based survival models were used to screen best-fit overall survival (OS) related lncRNAs. We constructed a lncRNA signature that were significantly associated with the OS in the training dataset by multivariate Cox regression model. The prognostic performance of this formula was then validated in the validation dataset and the entire dataset and further compared with the traditional TNM stage. Gene ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes analyses (KEGG) were executed to evaluate the potential function of these lncRNAs in the signature. Furthermore, we established a novel prognostic nomogram combining the lncRNA signature and clinical characteristics to predict 3- and 5-year OS of BC. The performance of the nomogram was internally validated by assessing concordance index and calibration plots.

**Results** A total of 826 differently expressed lncRNAs were obtained in 414 BC tissues compared with 19 normal tissues. Univariate Cox regression and robust likelihood-based survival models revealed that 3 lncRNAs were closely related to the overall survival of BC. A prognostic score model of 3 lncRNAs signature was identified as: Risk Score =  $(0.2276 \times \text{EXP}_{\text{RNF144A-AS1}}) + (0.4361 \times \text{EXP}_{\text{AC019211.1}}) + (0.1162 \times \text{EXP}_{\text{ST8SIA6-AS1}})$ . This risk model could act as an independent prognostic indicator for BC (HR = 2.698,  $p < 0.001$  with univariate analysis, HR = 2.126,  $p = 0.011$  with multivariate) and was screened to effectively distinguish high-risk patients in all the training, validation and entire dataset, regardless of TNM stage (all  $p\text{-value} < 0.05$ ). The area under the time-dependent receiver operating characteristic curves (AUC) of the signature revealed that 3-lncRNAs signature had favorable discrimination performance for BC patients (AUC= 0.7, 0.67, 0.68 respectively). Functional enrichment analysis indicated that the 3-lncRNAs were potentially involved in extracellular matrix binding and extracellular matrix structural constructural. Furthermore, we established a novel prognostic nomogram combining the 3-lncRNAs signature and clinical characteristics to predict 3-and 5-year OS of BC. Concordance index rate and calibration plots showed that the nomogram fitted well.

**Conclusions** Our 3-lncRNAs signature is a reliable prognostic biomarker for prediction of overall survival of BS. The novel prognostic nomogram would be useful for acquiring relevant prognostic information for individualized treatment decisions in BC patients.

## PU-1984

### 碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 NDM-1 基因的检测及定位分析

杜娜<sup>1</sup>, 林云<sup>1</sup>, 尧静<sup>1</sup>, 杜艳<sup>2</sup>

1. 云南省中医医院

2. 昆明医科大学第一附属医院检验科, 云南省实验诊断研究所, 云南省检验医学重点实验室

**目的** 对产 NDM-1 酶肠杆菌科细菌的耐药基因进行定位分析, 探讨其水平转移方式。

**方法** 收集昆明市某三甲医院 2015 年 7 月-2016 年 3 月碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 5 株(2 株肺炎克雷伯菌, 1 株阴沟肠杆菌, 1 株弗氏柠檬酸杆菌, 1 株大肠杆菌), VITEK 2 全自动鉴定药敏仪进行菌种鉴定和药敏试验; 改良 Hodge 试验和金属酶表型确证试验检测细菌的产酶情况; 聚合酶链反应(PCR)检测 CRE 菌株携带的 NDM-1 基因并对其进行测序分析; S1 核酸酶-脉冲场凝胶电泳(S1-PFGE)和 Southern 杂交对 NDM-1 基因进行定位分析。

**结果** 5 株细菌对青霉素类、头孢菌素类、碳青霉烯类抗生素的耐药率为 100%, 对其他抗生素也呈现不同程度的耐药; 3 株菌 Hodge 试验阳性, 5 株菌金属酶试验阳性, 3 株菌 NDM-1 基因阳性; NDM-1 基因分析发现其位于约 33.3 kb 大小的质粒上。

**结论** 质粒可携带 NDM-1 基因在不同种细菌间传播。

## PU-1985

### IBD 相关抗体 IgA 和 IgG 型 GAb、pANCA、PAb 和 ASCA 检测的临床价值研究

胡惠静, 吴晓岩, 许兴路, 杜英

黑龙江省医院实验诊断部

**目的** 研究炎症性肠病 (IBD) 相关抗体抗小肠杯状细胞抗体 (GAbs)、抗中性粒细胞胞浆抗体 (pANCA)、抗胰腺腺泡抗体 (PAb) 和抗酿酒酵母抗体 (ASCA) 检测的临床价值。



**方法** 收集 2016 年 11 月至 2019 年 1 月在黑龙江省医院进行 IBD 相关抗体检测的患者 125 例,按临床诊断分成溃疡性结肠炎(UC)组 72 例、克罗恩病(CD)组 19 例、IBD 类型待定(IBDU)组 16 例和结肠息肉组 18 例。空腹采集静脉血,采用间接免疫荧光法检测 IgA 和 IgG 型 GAb、pANCA、PAb 和 ASCA 抗体在患者血清中的表达。

**结果** 结肠息肉组四种抗体阳性率极低,且全阴性患者在结肠息肉组占 61.1%,与各组比较差异有统计学意义,故本实验以此为对照组。GAb-IgG 在 UC、CD、IBDU 组的阳性率分别为 54%、42.1%、75%,与对照组比较,IBDU 组差异显著;pANCA-IgA 为 30.6%、0、18.8%,UC 组差异显著;pANCA-IgG 为 50%、10.5%、25%,UC 组差异显著;ASCA-IgA 为 22.2%、42.1%、43.8%,CD 组和 IBDU 组差异显著;GAb-IgA、PAb-IgA、PAb-IgG、ASCA-IgG 阳性率低,与对照组比较,各组差异无统计学意义。GAb-IgA 对 UC 的敏感性、特异性、阳性及阴性预测值分别为 6.9%、100%、100%、21.2%,GAb-IgG 为 54.2%、66.7%、86.7%、26.7%,pANCA-IgA 为 30.6%、100%、100%、26.5%,pANCA-IgG 为 50%、100%、100%、33.3%。PAb-IgA 对 CD 的敏感性、特异性、阳性及阴性预测值分别为 10.5%、100%、100%、51.4%,PAb-IgG 为 10.5%、94.4%、66.7%、50%,ASCA-IgA 为 42.1%、100%、100%、62%,ASCA-IgG 为 26.3%、100%、100%、56.3%。

**结论** UC 组 pANCA-IgA 和 pANCA-IgG 阳性率高,CD 组 ASCA-IgA 阳性率高,IBDU 组 GAb-IgG 和 ASCA-IgA 阳性率高。pANCA-IgG 对 UC 的诊断效能最好,ASCA-IgA 对 CD 的诊断效能最好。IBD 相关抗体检出提示了 IBD 可能。

## PU-1986

### 血清肿瘤标志物检测在小细胞肺癌诊断中的应用

张兴宗,林云,张清文,文晓燕  
云南省中医医院

**目的** 探讨血清肿瘤标志物胃泌素释放肽前体(ProGRP)和神经元特异性烯醇化酶(NSE)检测在小细胞肺癌(SCLC)诊断中的应用价值。

**方法** 选取本院 2015 年 8 月~2018 年 2 月肿瘤科、心肺科 SCLC 患者组 370 例,非小细胞肺癌(NSCLC)患者组 610 例,肺部良性疾病患者组 1070 例,同时期健康体检者 120 例为对照组,对 4 组受试者采用罗氏电化学发光法检测的血清 ProGRP、NSE 含量进行统计分析。

**结果** SCLC 患者组 ProGRP、NSE 含量明显高于 NSCLC 组、肺部良性疾病组及对照组( $P < 0.05$ );NSCLC 组血清 ProGRP 和 NSE 水平明显高于肺良性疾病组及对照组( $P < 0.05$ );ProGRP 诊断 SCLC 的灵敏度和特异度高于 NSE( $P < 0.05$ );ProGRP 和 NSE 联合检测 SCLC 的灵敏度显著高于 ProGRP 和 NSE 的单项检测( $P < 0.05$ );约登指数 ProGRP 单项检测为 0.805, NSE 单项检测为 0.537,联合检测为 0.821,表明 ProGRP 检测筛查效果高于 NSE 检测,两项联合检测筛查效果又高于单项检测。

**结论** ProGRP、NSE 在 SCLC 诊断中发挥着重要作用,联合检测能提高 SCLC 检出率,对早期诊断,鉴别诊断具有重要临床应用价值。

## PU-1987

## 布鲁菌感染患者血清 piRNA 表达谱的改变

张翠平<sup>1</sup>,王成<sup>1,2</sup>,福泉<sup>3</sup>,丁梦<sup>1,2</sup>,张辰宇<sup>2</sup>,张春妮<sup>1,2</sup>

1.中国人民解放军东部战区总医院,210000

2.南京大学生命科学院

3.内蒙古医科大学附属医院

**目的** 布鲁菌病作为一种自然疫源性疾病,严重危害我国内蒙、东北、西北等地区牧民健康。本研究分析布鲁菌感染者血清中 piRNA 表达谱,筛选鉴定出显著升高的 piRNA,评价其对布鲁菌感染的辅助诊断价值。

**方法** 运用高通量的光合成测序(SBS)技术分析对 29 名布鲁菌病患者和 29 名年龄性别相匹配的正常对照组成的两份混合血清分别提取 RNA、测序,初筛布鲁菌患者血清中明显升高的 piRNA;然后用实时荧光定量 PCR 技术(RT-qPCR)对初筛的 piRNA 在单个血清样本中进行复筛(30 例布鲁菌病患者,30 例正常对照)和验证(50 例布鲁菌病患者和 40 例正常对照),筛选鉴定出布鲁菌病患者血清中显著升高的 piRNA;ROC 曲线评价其临床价值。

**结果** SBS 技术发现,与正常对照相比,布鲁菌病患者血清中 79 种 piRNA 含量明显降低,7 种 piRNA 含量高于正常 2 倍。RT-qPCR 技术对这 7 种含量升高的 piRNA 进行复筛和验证显示,其中 3 种 piRNA 包括 piR-000753、piR-001312 和 piR-016742 在患者血清中的含量显著且稳定地高于对照组(升高倍数 3~5 倍,  $P < 0.01$ )。ROC 曲线分析显示,这 3 种 piRNA ROC 曲线下面积 AUC 在 0.698 ~ 0.783 之间。将它们组合在一起,对布鲁菌病诊断的 AUC 为 0.772,特异性 86%,阳性预测值 90%。

**结论** 布鲁菌病患者血清 piRNA 表达谱呈现异常改变,piR-000753、piR-001312 和 piR-016742 在患者血清中含量显著升高,三者组合在一起对布鲁菌感染具有较高的诊断特异性和阳性预测值,是潜在的辅助分子诊断指标,该研究结果有望为布鲁菌病的诊断提供一条新途径。

## PU-1988

## 应用 ROC 曲线评价三种 APTT 试剂对 LAC 的初筛价值

李琳,毕莉

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨三种 APTT 试剂作为狼疮抗凝物质(LAC)初筛实验的临床价值。

**方法** 收集自 2017 年 11 月 1 日至 2018 年 3 月 31 日期间哈尔滨医科大学附属第一医院就诊 63 例 LAC 阳性患者作为观察组,同时期的 58 例 LAC 阴性患者作为对照组。采用三种试剂对其血浆进行 APTT 检测,并对结果进行分析比较。

**结果** 与对照组相比,观察组的三种试剂的 APTT 均较高并都有显著的统计学差异。ROC 曲线分析结果显示,三种试剂 ACTIN、FSL、SynthAsil 的线下面积分别为 0.726、0.777、0.800,均 $>0.7$ 而且 P 值都 $<0.0001$ ;诊断敏感度分别为 0.581、0.613、0.468。

**结论** APTT 依然是最为经济有效的狼疮抗凝物质阳性初筛试验。三种试剂中 SynthAsil 试剂对于 LAC 阳性的诊断效能最高。

## PU-1989

**C19orf12 是二甲双胍肿瘤抗代谢治疗的敏感性标志物**赵猛<sup>1</sup>,刘冉<sup>2</sup>,任丽<sup>1</sup>,姚智<sup>2</sup>

1.天津医科大学肿瘤医院,300000

2.天津医科大学,300000

**目的** 代谢改变是肿瘤重要特征之一。靶向其代谢改变的药物治疗也是目前的研究热点之一。多项回顾性研究与临床前研究提示二甲双胍具有良好的抗肿瘤治疗前景。然而也有研究显示二甲双胍并未显示出显著的抗癌作用。这些矛盾的研究结果可能源于对二甲双胍治疗敏感性因素的研究缺乏。前期我们发现线粒体跨膜蛋白 C19orf12 调控肿瘤细胞代谢状态。本研究旨在明确 C19orf12 是否为二甲双胍抗肿瘤治疗敏感性因素,并初步评价其作为二甲双胍敏感性治疗生物标志物。

**方法** 全代谢组及代谢流分析 C19orf12 对肿瘤代谢的影响。以非小细胞肺癌为模型,研究 C19orf12 对肿瘤二甲双胍敏感性的影响。改变肿瘤细胞中 C19orf12 的表达丰度,通过细胞活力实验,细胞增殖实验,细胞凋亡实验,检测 C19orf12 对二甲双胍介导的肿瘤抑制作用的影响进行评价。通过裸鼠皮下成瘤实验,评价 C19orf12 对二甲双胍抑瘤作用的影响。并利用 KI67 染色, CASPASE 染色评价其对细胞增殖与凋亡的影响。通过收集的临床肿瘤样本分析 C19orf12 表达与葡萄糖和乳酸含量的关系,评价 C19orf12 与肿瘤进展及肿瘤代谢状态的相关性。

**结果** 在体外,相比对照细胞,低表达 C19orf12 的肿瘤细胞对二甲双胍敏感性降低,增殖下降。在体内,口服二甲双胍显著抑制了肿瘤的生长。而低表达 C19orf12 的肿瘤却表现出显著的二甲双胍不敏感。临床样本研究显示, C19orf12 在多种肿瘤组织中上调表达同时与肿瘤进展呈现正相关关系,并且高表达 C19orf12 的细胞表现出显著的预后不良。而对乳酸及葡萄糖的分析发现, C19orf12 高表达肿瘤表现显著低葡萄糖及高乳酸含量。提示肿瘤发生瓦博格效应。

**结论** 综上,我们的研究显示 C19orf12 的表达与肿瘤进展及预后不良呈现显著的相关关系。同时 C19orf12 调控肿瘤细胞对二甲双胍的敏感性。提示 C19orf12 是一个潜在的进展及预后生物标志物,同时可能是二甲双胍的敏感性标志物。其作为生物标志物的应用价值应进一步评价。

## PU-1990

**急性粒细胞性白血病中的 NOTCH 基因变异很少**

毕莉,李琳

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 在 12 例急性粒细胞白血病患者与 8 例急性粒细胞性白血病细胞株中寻找 Notch1 基因变异。

**方法** 从各个细胞中提取 DNA。在 Notch1 基因的 HD 领域的 3 处、TAD 领域的 1 处、PEST 领域的 2 处设定引物(引物见表 1),对于抽出的 DNA 进行 nested PCR,并且应用银染色 SSCP 法寻找 DNA 的异常。对可以确定有变异的 DNA 样本,进行 direct sequence 检测,来确认此样本的 DNA 碱基配列的具体排列方式。之后,在从细胞中抽取蛋白质应用 SDS-PAGE 法进行电泳后,应用抗 Notch1 抗体、抗  $\beta$ -ACTIN 抗体以及抗 Notch 活性断片抗体,进行免疫印迹法实验。并从发现有 Notch 变异的 AML 细胞中提取 mRNA,应用定量 RT-PCR 法进行解析,应用  $\beta$ -ACTIN mRNA 的量作为内部标准, HES1 基因的 mRNA 与  $\beta$ -ACTIN mRNA 的发现量之间的比例来确定 HES1 基因的活化度。

**结果** 1、在 20 个 AML 细胞中,患者 9 的细胞内, PEST 领域的 DNA-SSCP 结果中发现有变异的条带出现。通过 direct sequence 法对此 PCR 产物的碱基配列的验证发现,第 7316 号碱基由 C 变成了 T(图 2)、第 2439 号氨基酸也由脯氨酸变成了白氨酸。然而在本病例完全缓解的细胞中此变异消失。由此可以推断此变异不是 SNP。而且患者 9 是属于 AML 中的 M4 分型 流式细胞分析法骨

髓球系抗原添加后,发现了 CD2 和 CD4, Southern Blot 法可以确定不能使 TCR $\beta$  基因再构成,此病例不是 T-细胞性肿瘤。

2、应用免疫印迹法在患者 9 中,发现了活性 Notch 蛋白断片的条带,并且也发现了 Jagged1 蛋白(图 3)。

3、应用定量 RT-PCR 法患者 9 的细胞在没有 Notch 信号刺激下, HES1 的 mRNA 与  $\beta$ -ACTIN 的 mRNA 发现量之比是  $6.8 \times 10^{-5}$ , 可以认为 Notch 蛋白具有活性化。本例细胞在受到 Notch 信号蛋白(Jagged1 与 Delt1)的刺激下, HES1 的 mRNA 与  $\beta$ -ACTIN 的 mRNA 发现量之比是分别是  $1.4 \times 10^{-4}$  与  $6.2 \times 10^{-4}$ 。

**结论** 总之, AML 的 Notch1 基因变异与 T-ALL 有所不同, 20 例中只发现 1 例就可以证明 AML 的变异率是非常低的。然而我们查找变异的范围只限于 T-ALL 变异高频率发生的部位, 也不排除 AML 在其他部位发生变异的可能。

## PU-1991

### NPM1A in plasma is a potential prognostic biomarker in acute myeloid leukemia

Yujie Gao  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** The aim of the study was to investigate whether nucleophosmin type A mutation (NPM1A) in plasma was associated with the prognosis of patients with acute myeloid leukemia (AML).

**Methods** Plasma NPM1A levels were investigated in 80 AML patients, 22 patients with benign hematopathy and 12 healthy donors by qRT-PCR. Additionally, the relationship between NPM1A levels and clinic characteristics were evaluated by Chi-square test. Kaplan-Meier method was used to analyze overall survival (OS) and relapse-free survival (RFS), and univariate and multivariate analyses were performed with Cox proportional hazard model.

**Results** Plasma levels of NPM1A in AML patients were significantly higher than those in benign hematopathy patients and healthy controls, respectively (both  $P < 0.001$ ). Additionally, high NPM1A level was significantly associated with higher WBC and platelet count (both,  $P < 0.05$ ). Moreover, survival analysis revealed that patients with high NPM1A levels had worse OS ( $P < 0.001$ ) and RFS ( $P < 0.001$ ). Multivariate analysis identified NPM1A as an independent prognostic predictor for AML (OS: HR=8.214, 95% CI: 2.974-22.688,  $P < 0.001$ ; RFS: HR=4.640, 95%CI: 1.825-11.795,  $P = 0.001$ ).

**Conclusions** Results reveal that NPM1A in plasma could serve as an ideal tool for predicting the prognosis of patients with AML.

## PU-1992

### 2 型糖尿病周围神经病变的危险因素研究\*

乐娟  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 探究糖尿病性周围神经病变(DPN)的相关危险因素

**方法** 收集 DPN 患者 130 例; 2 型糖尿病(T2DM)患者 96 例; 以及健康人 96 例为对照组。比较三组糖化血红蛋白(HbA1c)、尿素(Ur)、肌酐(Cr)、总胆固醇(TC)、三酰甘油(TG)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)游离三碘甲状腺素(FT3)、游离甲状腺素(FT4)、促甲状腺素性(TSH)的水平。

**结果** 与对照组相比, T2DM 组和 DPN 组的 HbA1c、TC、TG 水平均显著上升, FT3 水平显著下降, 且具有统计学意义; 与 T2DM 组相比, DPN 组的 HbA1c、TSH 水平显著上升, 且具有统计学意义。通过对有统计学差异的指标进行单因素和多因素 Logistics 回归分析得出, HbA1c、TSH 为 DM 合并 DPN 的危险因素

**结论** 血清 HbA1c、TSH 水平与 T2DM 患者周围神经病变的发生存在显著关系, HbA1c、TSH 水平升高患者发生周围神经病变的风险增加。

## PU-1993

### $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压风险的相关性研究

李迪

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 研究每日膳食  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压的关系。

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN), Mann-Whitney U 比较两组均值的差异, 卡方检验比较率的差异, 多重线性回归中使用后退法筛选血压的独立预测因子, Logistic 回归分析膳食  $\alpha$ -胡萝卜素与高血压之间的关系, 限制性三次样条分析两者的非线性关系。

**结果** 在纳入研究的 2798 例中老年女性中, 有 459 例 (16.4%) 患有高血压。高血压组  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量 0.14 (0.09-0.28) mg/天 低于对照组 0.17 (0.09-0.33) mg/天, 差异具有统计学意义 ( $P=0.002$ ), 但高血压组与对照组  $\beta$ -胡萝卜素差异不具统计学意义 ( $P>0.05$ )。多重线性回归结果表明在调整了其他混杂因素后,  $\alpha$ -胡萝卜素是血压的独立预测因子, 其摄入量与血压呈反比, 每天每增加 1mg 摄入量, 收缩压相应下降 6.92mmHg, 舒张压相应下降 2.15mmHg。 $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压风险呈负相关关系, OR 及其 95%CI 置信区间为 0.570 (0.358-0.906), 以膳食  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量  $<0.09$  mg/天 为参照组,  $\geq 0.32$ mg/天 组高血压风险显著降低, OR 及其 95%CI 分别 0.658 (0.492-0.880), 趋势检验 P 值为 0.005, 这种负相关关系在调整了年龄后仍然存在。在充分调整潜在混在因素年龄、种族、家庭总收入、TC、TG、HDL、LDL 和脉搏后, 总  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压风险的 OR 及其 95%CI 置信区间为 0.591 (0.373-0.936),  $\geq 0.32$ mg/天 组高血压风险依然低于参照组, OR 及其 95%CI 为 0.696 (0.515-0.940)。限制性三次样条分析表明  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压风险整体呈“L”形曲线。

**结论**  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压之间存在负相关关系, 但由于是横断面研究, 不能断定  $\alpha$ -胡萝卜素摄入量与高血压的因果关系。

## PU-1994

### 急性胰腺炎患者的血浆 DD 变化及意义

董丽梅, 李琳

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 通过对急性胰腺炎患者体内中等长度 DD 片段的检测, 进一步证实 AP 患者止凝血系统的变化及意义。

**方法** 选择 94 例急性胰腺炎患者 (其中 MAP42 例、SAP52 例), 健康对照组 50 例。收集血常规, 凝血指标 (PT), 活化的部分凝血活酶时间 (APTT), 纤维蛋白原 (FIB) 及 D-二聚体 (D-dimer), 生化指标 (肝、肾功能、血糖、血钙), 血气分析, 血、尿淀粉酶, 腹部 B 超以及腹部 CT 检查等情况, 计算出入院 24 h 内的 APACHE II 评分。组间比较采用 t 检验, 两因数之间的相关性用直线相关分析。

**结果** 1. SAP 患者中凝血、纤溶系统被激活, 2. APACHE II 评分较为繁琐而且耗时较长, 而中等片段的 DD 指标可以更好地反映病情以及未来的预后。3. 关注急性胰腺炎患者止凝血系统的变化, 有

助于了解 AP 患者微循环障碍情况,为临床纠正凝血功能紊乱,改善预后提供依据,以提高 AP 治愈率。

**结论** 1.SAP 患者中凝血、纤溶系统被激活, 2. APACHE II 评分较为繁琐而且耗时较长,而中等片段的 DD 指标可以更好地反映病情以及未来的预后。3.关注急性胰腺炎患者止凝血系统的变化,有助于了解 AP 患者微循环障碍情况,为临床纠正凝血功能紊乱,改善预后提供依据,以提高 AP 治愈率。

## PU-1995

### 手足口病毒和白细胞分类的相关性探讨

谢兴凤<sup>1</sup>,张旭<sup>2</sup>

1.绵阳市中心医院,621000

2.四川绵阳四〇四医院

**目的** 探讨本地区就诊手足口病患儿血常规的特点以及其在预测病情方面的价值。

**方法** 收集 2015 年 4 月至 2018 年 7 月确诊的手足口病患儿基本信息,以及他们在患病期间的血常规检测结果,主要是白细胞、中性粒细胞、淋巴细胞和单核细胞[琳 1],对 EV71 阳性、CVA16 阳性和正常组的结果进行差异性分析,并采用 ROC 曲线评价各指标对 EV71 阳性、CVA16 阳性的预测价值。

**结果** 共收集手足口病患儿 7409 例,病毒检出率均是男性高于女性,以幼儿阶段(1-3 岁)检出率最高,学龄前阶段(4-6 岁)次之。EV71 和 CVA16 阳性者,白细胞、中性粒细胞、淋巴细胞和单核细胞均比正常组升高(P 值分别为 0.031、0.000、0.038 和 0.000),且 CVA16 组的单核细胞值高于 EV71 组(P=0.000),差异有统计学意义。淋巴细胞在 EV71 和 CVA16 中的曲线下面积和 95%CI 分别为 0.865 (0.832-0.897) 和 0.865 (0.840-0.889) [琳 1],单核细胞的曲线下面积分别为 0.617 和 0.672。

**结论** 白细胞、中性粒细胞、淋巴细胞和单核细胞对 CVA16 和 EV71 感染有一定的诊断指导价值,其中淋巴细胞的感染预测价值最高,单核细胞次之;在鉴别 CVA16 和 EV71 感染时,单核细胞具有一定的预测价值。

## PU-1996

### 酒依赖患者血浆同型半胱氨酸含量的变化

董丽梅,李琳

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨酒依赖患者血浆同型半胱氨酸(Hcy)含量的变化,及 Hcy 相关的某些因素。

**方法** 酒依赖患者 20 人,对照组 20 人进行血 Hcy 的测定,同时测定血叶酸(叶酸)、维生素 B12(Vit B12)的浓度。

**结果** ①酒依赖患者血 Hcy 显著高于对照组(P<0.01)②酒依赖患者叶酸及 Vit B12 水平低于对照组(P<0.05)。③Hcy 浓度与叶酸、Vit B12 水平之间存在相关性(P<0.05)。

**结论** 酒依赖患者 Hcy 浓度明显升高,血清叶酸、Vit B12 水平降低, Hcy 浓度的升高可能与患者叶酸、Vit B12 代谢障碍有关。

## PU-1997

## 贵州省 7 家医院 2017 年 10 月-2018 年 9 月细菌耐药情况 比较及某院细菌耐药性监测报告

刘宝

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 比较贵州省细菌耐药监测网 2017 年 10 月-2018 年 9 月七家成员单位耐药情况和分析某院细菌耐药性监测结果。

**方法** 根据耐药监测网监测方案,使用标准纸片扩散法或自动化仪器检测法,根据 CLSI 2017 年标准判断结果,用 WHONET 5.6 软件及 SPSS 23.0 进行统计分析。

**结果** 七家成员单位共分离出病原菌 58565 株,其中重复菌株占 24.12%,去重后菌株 44440 株;革兰阴性菌中大肠埃希菌的分离率最高;革兰阳性菌中金黄色葡萄球菌分离率最高。耐碳青霉烯类大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的平均检出率为 1.20%和 5.68%;耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌的平均检出率为 15.13%和 47.18%;耐甲氧西林金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌平均检出率为 32.34%和 81.38%。某院细菌耐药监测结果显示,大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对头孢菌素、青霉素类、喹诺酮类药物耐药性较高;鲍曼不动杆菌对除替加环素的其他药物耐药性普遍较高;铜绿假单胞菌对头孢哌酮/舒巴坦、阿米卡星有较高敏感性;未发现金黄色葡萄球菌对利奈唑胺、万古霉素耐药的菌株。

**结论** 长期和连续性的监测不同地方的细菌耐药性有助于了解当地病原菌的构成及细菌耐药性的变迁。我们在做好细菌耐药监测工作的同时应加强实验室与临床的沟通,为临床上合理使用药物提供理论依据,最大限度地发挥出细菌耐药性监测工作的价值。

## PU-1998

## 妊娠贫血患者进行血常规检验分析

刘小丽

沈阳市妇婴医院,110000

**目的** 针对处于妊娠期存在贫血的患者实施血常规检验,对其临床价值进行分析。

**方法** 本研究取 2018 年 2 月至 2019 年 2 月作为研究阶段,在这个阶段中选择我院接收的 56 例妊娠贫血患者作为研究组对象,再与同一时间选择正常妊娠孕妇 56 例作为对照组对象,分别对这两组研究对象实施血常规检验,对比两组各项检验指标水平。

**结果** 在平均红细胞体积、红细胞血红蛋白含量、血红蛋白、红细胞计数这几个方面,研究组低于对照组;在红细胞平均血红蛋白浓度方面,研究组低于对照组。 $p<0.05$ 。

**结论** 对疑为妊娠期贫血的患者可以进行血常规检查,有利于鉴别其是否出现妊娠期贫血,采取针对性的治疗措施。

## PU-1999

## 睾酮、脱氢表雄酮与更年期过渡期女性胆石症的关联分析

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨更年期过渡期女性睾酮水平与胆石症的关系。

**方法** 筛选美国妇女健康研究 (Study of Women's Health Across the Nation, SWAN) 40-55 岁更年期过渡期女性 2127 例, 根据是否有胆石症分为胆囊结石组 ( $n=129$ ) 和对照组 ( $n=1998$ ), 检测研究对象的血清睾酮 (T)、脱氢表雄酮 (DEHA) 及其他临床指标。总体均值比较使用 Mann-Whitney U 检验, Logistic 回归探讨 T 与 DEHA 是否为胆石症的独立危险因素, 限制性三次样条函数拟合 T、DEHA 与胆囊结石 OR 值的非线性关系, 亚组分析探究不同组中 T、DEHA 与胆囊结石风险的关系。

**结果** 结石组倾向于有更高的 T, 收缩压, 体重, BMI, 腰围, 髀围, 甘油三酯, C-反应蛋白, 和更低的 DHEA, 性激素结合球蛋白, 高密度脂蛋白 ( $P<0.05$ )。绝经前期的与绝经早期相比有更高的 T 水平和更低的 DHEA 水平 ( $P<0.05$ )。经过充分调整协变量后, T 和 DEHA 水平与胆囊结石的发生相关, OR 分别为 1.010 (1.005-1.015) 和 0.994 (0.991-0.997)。T 在  $53\geq\text{Age}>48$ , 黑种人, 白种人, 有或无高血压, 有或无高胆固醇血症,  $\text{BMI}<24\text{ kg/m}^2$ , 绝经前和绝经前期亚组中  $\text{OR}>1$ , 是胆囊结石的危险因素; DEHA 在  $48\geq\text{Age}\geq42$ , 黑种人, 白种人, 无高血压, 无高胆固醇血症,  $\text{BMI}\geq24\text{ kg/m}^2$ ,  $\text{BMI}<24\text{ kg/m}^2$ , 绝经前或绝经前期亚组中  $\text{OR}<1$ , 是胆囊结石的保护因素。T 在总组和  $\text{BMI}<24\text{ kg/m}^2$  组有统计学意义, P 值分别为 0.0006 和 0.0027,  $R^2$  分别为 0.022 和 0.023; DEHA 在总组和无高血压组中有统计学意义, P 值分别为  $<0.0001$  和  $<0.0001$ ,  $R^2$  分别为 0.022 和 0.023。多因素 Logistic 回归中, T、种族、BMI、TSH 是胆囊结石的独立危险因素, OR (95%CI) 分别为 1.012 (1.007-1.016), 1.178 (1.029-1.349), 1.145 (1.064-1.232) 和 1.030 (1.005-1.057); DEHA、脉搏是胆囊结石的独立保护因素, OR (95%CI) 分别为 0.994 (0.991-0.997) 和 0.948 (0.910-0.989)。

**结论** 睾酮是胆石症的独立危险因素; 脱氢表雄酮是胆石症的独立保护因素。

## PU-2000

### 骨髓增生异常综合症患者中的 NOTCH1 基因变异

毕莉, 董丽梅

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** Notch1 基因变异出现在半数以上的 T-ALL 患者中, 对 T-ALL 的发生发展有着重要的意义。我们希望通过本试验在骨髓增殖异常综合症 (MDS) 患者中寻找 Notch1 基因变异。

**方法** 应用 nested-PCR 法, 银染色-SSCP, direct sequencing 法分析。

**结果** 在患者 1 的白血病细胞中发现, 在地 27 号外显子的第 5097 个对偶基因的 G 变异为 A。然而这个变异是在基因库中可查找的 SNP。

**结论** 在 MDS 患者中没有发现 Notch1 基因的变异。

## PU-2001

### 基于随机森林的空腹血糖受损诊断模型 建立及验证

李迪

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 构建基于随机森林的空腹血糖受损诊断模型。

**方法** 收集信息化数据库中血糖介于 3.89-6.99 mmol/L 之间患者的人口统计学、生活方式及临床数据构成训练集 501 例, 验证集 341 例。其中 3.89-6.11mmol/L 的患者纳入到血糖正常组, 6.12-6.99mmol/L 的患者纳入到空腹血糖受损组。用随机森林在训练集数据中对变量进行重要性排序,



筛选变量并构建空腹血糖受损诊断模型同时进行内部验证。用验证集数据对比模型的预测结果与真实结果的差异。

**结果** 训练集与验证集的临床特征中各个变量均得到良好匹配 ( $P>0.05$ )。根据平均准确度下降程度 (Mean Decrease Accuracy) 对自变量预测空腹血糖受损的价值进行排序, 并用 10\*十折交叉验证对排序后的变量进行筛选, 最终筛选出 CCR (内生肌酐清除率) 和吸烟状态作为模型变量。多维标度法 (Multidimensional Scaling, MDS) 直观展示模型分类能力, 可知绝大部分样本得到良好的区分, 少数样本难以区分开。用 ROC 曲线评价模型对空腹血糖受损的诊断能力, 曲线下面积高达 97.5%。利用袋外数据误差评价模型效能, 模型对空腹血糖受损错误识别的概率为 5.7%, 血糖正常错误识别概率为 0%, 平均出错概率 3.0%。在验证集数据中进一步验证模型性能, 其中 165 例空腹血糖受损人群中, 模型正确识别了 152 例 (92.12%); 176 例血糖正常人群中, 正确识别了 130 例 (73.86%)。绘制 ROC 曲线, AUC 为 0.962。

**结论** 利用随机森林分类器构建的高效空腹血糖受损诊断模型能为糖尿病的筛查工作提供参考。

## PU-2002

### 基于随机森林模型的急性心肌梗死诊断模型 建立及验证

李迪

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 利用随机森林建立及验证急性心肌梗死诊断模型

**方法** 检测武汉大学人民医院心内科住院的 205 例心绞痛或急性心肌梗死患者的血清生化及生物标志物指标。用随机森林对指标进行预测急性心肌梗死的重要性排序。根据袋外数据 (OOB) 误差, 赤池信息量 (AIC) 和贝叶斯信息量 (BIC) 对排序指标进行筛选并构建诊断模型; 多维标度法 (MDS) 观察模型对急性心肌梗死和心绞痛的区分能力; 用验证集数据对于模型的预测结果与真实结果。

**结果** 22 个指标根据平均准确度下降程度 (Mean Decrease Accuracy) 和平均 Gini 指数下降程度 (Mean Decrease Gini) 进行了重要性排序。用 OOB 误差、AIC 准则和 BIC 准则最终筛选出 C-反应蛋白、中性粒细胞绝对值和血糖纳入模型。通过 MDS 法观察到多半样本得到良好的区分, 但部分样本仍难以区分开。在外部验证中, 31 例急性心肌梗死患者有 26 例 (83.87%) 被正确识别; 在 23 例心绞痛患者中有 19 例 (82.61%) 被正确识别

**结论** 基于随机森林的诊断模型建立能较好区分急性心肌梗死与心绞痛。

## PU-2003

### 正确采集检验标本的重要性

李梅, 董莉芹

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 疾病诊疗治疗过程中临床医生拿到与病人病情不符的检验结果时, 最先想到的是检验工作人员是否正确检验标本, 而忽略了检验标本前的准备工作和标本的正确采集。

**方法** 检验标本均由护理人员采集、送检。检验者按有关收取标本的规定对检验标本进行查对验收, 并通过观察标本外观、询问采集时间、检测分析、复查及联系医护人员等途径发现和确定不合格标本并详细登记。

**结果** 为临床提供准确、可靠的实验诊断依据, 更好地为患者服务。

**结论** 因此, 为确保检验结果的准确性和客观性, 临床医护人员应更多的了解和学习标本采集的注意事项, 加强基本功和理论知识的培训, 加强责任心。

#### PU-2004

### A new protein from Pneumococcal LytA autolysin, obtained by genetic engineering technique and preliminary study on in vitro antibacterial activity

Xingfeng Xie<sup>1</sup>, Hong Luo<sup>2</sup>

1. Mianyang Central Hospital

2. Department of Clinical Immunology and Microbiology, Dalian Medical University

**Objective** To detect in vitro antibacterial activities of a kind of new recombinant proteins LytA' from *Streptococcus pneumoniae* ATCC49619 obtained by prokaryotic expression system and compare with penicillin G at the same time.

**Methods** The *lytA* gene was amplified from the *pneumoniae* by PCR and inserted into prokaryotic expressing vector PGM-T to construct PGM-T/*lytA* recombinant plasmid. The short fragment rLytA' was obtained through digesting PGM-T/*lytA* with BamHI and HindIII. Then expressing plasmid pET-32a(+)/*lytA*' which had been well constructed and sequentially confirmed was transformed into *E. coli* BL21 and induced by IPTG to express the fusion protein. The fusion proteins were purified by electroeluting of bag filter, detected by SDS-PAGE. Finally, the recombinant proteins were detected MIC and used for in vitro antibacterial experiment relating to *Streptococcus pneumoniae* ATCC49619.

**Results** The recombinant plasmid PGM-T/*lytA* and PET-32a(+)/*lytA*' were constructed successfully. The recombinant proteins were well expressed and showed expected antibacterial activities. rLytA' and penicillin G antibacterial activities began to significantly take effect at 3h( $P=0.005$ ,  $P=0.018$ ) comparing with control group and last 7h( $P=0.002$ ,  $P=0.003$ ). Moreover, rLytA' antibacterial activities not only was gradually enhance, but also was significantly higher than penicillin G at 7h( $P=0.021$ ).

**Conclusions** rLytA' has rapid and long-lasting antibacterial activity. It may be worthy of therapy for *Streptococcus pneumoniae* infection, and effect may be superior to penicillin G.

#### PU-2005

### 临床检验血细胞的注意点

李梅, 董莉芹

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 抗凝剂对血细胞形态影响很小, 因此适用于血细胞计数, 特别是血小板计数。

**方法** 血液标本在室温中必须 6 h 内上机检测, 上机前一定要将血液标本颠倒混匀至少 8 次, 如需制备血涂片, 应在采血后 3 h 内涂制。无论多先进的血液分析仪, 只能当作一种过筛手段, 不能完全替代目视法显微镜镜检, 因为仪器还不能准确区分幼稚细胞、异常淋巴细胞、有核红细胞等。

**结果** 一般医院显微镜档次偏低, 分辨率低, 维修和正确使用欠缺, 提高显微镜档次更好发挥光镜的观察效应; 但要做到准确分类

**结论** 目前还存在不少困难, 个别细胞的分类标准至今尚未全国统一

## PU-2006

## 隐血粪便检测方法

李梅, 董莉芹

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 隐血干扰因素多, 灵敏性和特异性较差, 而近年来发展的单克隆抗体法检测粪便隐血不受饮食限制, 快速、简便、准确, 方便临床。

**方法** 用单克隆抗体法对 5 种浓度的人和动物的血红蛋白液进行检测, 结果单克隆抗体法隐血试验, 可测出样本中微量的血红蛋白( $0.2\mu\text{g/ml}$ ), 这使得单克隆法对人体无症状的消化道微量出血更敏感。

**结果** 从试验结果也可看出, 单克隆抗体法仅特异性地针对人血红蛋白, 其他动物肉类对此试验无干扰作用。含过氧化物酶的新鲜蔬菜, 铁剂、维生素 C 及对化学法有干扰作用的某些药物对此法的结果均无影响。此法比愈创木酯法(化学方法)的灵敏度也要高很多

**结论** 它可以检测出  $0.2\mu\text{g/ml}$  的血红蛋白( $0.03\text{mgHb/g}$  粪便), 也就是说, 它可检测出粪便中微量的血红蛋白, 如前所述, 这对胃肠道出血性疾病的早期诊断是非常重要的。

## PU-2007

## 黑龙江省鸡西地区女性人乳头瘤病毒(HPV)感染的流行病学分析

刘文玉, 刘志国

鸡西矿业集团总医院, 158100

**目的** 了解黑龙江省鸡西地区成年女性人乳头瘤病毒(HPV)感染比率及其年龄分布情况。

**方法** 采用潮州凯普生物化学有限公司生产的人乳头瘤病毒(HPV)核酸分型检测试剂盒(荧光 PCR 法), 对 2018 年 9 月至 2019 年 3 月期间 2126 名来我院就诊的成年女性进行 23 个型 HPV 感染核酸分型筛查。

**结果** 黑龙江省鸡西地区 2126 例成年女性感染 HPV 958 例, 感染率为 45.06%, 其中高危型 HPV 感染率 29.92%, 低危型 HPV 感染率 10.95%, 疑似高危 HPV 感染率 4.19%, 高危型中 16、52 型为主要致病亚型, 占总感染率的 40.01%, 低危型中 6、42 型占总感染率的 21.42%。958 例感染 HPV 的标本中, 单一感染 593 例, 占总感染例数 61.90%, 多重感染 365 例, 占总感染例数 38.10%。按年龄分组中, 中老年女性组(41~60 岁)的 HPV 感染率最高, 占 56.47%。年轻女性组(21~40 岁)的 HPV 感染率占 31.21%。

**结论** 黑龙江省鸡西地区成年女性 HPV 高危感染率占总感染率 66.4%, 感染率以 16 型感染最多, 是宫颈鳞癌的发病主要因素。其中中老年女性为宫颈癌发病的主要患者, 因此应该尽早加强对成年女性的 HPV 感染的筛查。

## PU-2008

## 竞争风险分析与传统生存分析在进展期前列腺癌患者中的比较

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 对比竞争风险分析与传统生存分析在进展期前列腺癌两种治疗方式中结果的差异。

**方法** 回顾性分析 SEER 数据库中 49 464 例初诊进展期前列腺癌患者的临床资料。保守性观察组中, 年龄<65, 年龄≥65, 白种人, 黑种人, 其他人种, 病理分级 I, II, III, IV, TNM 总分期 III, IV, 未婚, 已婚, 离异分别占 34.4%, 65.6%, 78.0%, 13.9%, 8.1%, 0.5%, 8.8%, 89.8%, 0.9%, 22.3%, 77.7%, 14.9%, 68.2%, 16.9%; 根治性手术组中分别占 58.3%, 41.7%, 82.6%, 10.2%, 7.2%, 0.5%, 17.8%, 81.4%, 0.4%, 80.5%, 19.5%, 10.6%, 79.9%和 9.5%。

**结果** 对于全因死亡的累积风险计算, Kaplan-Meier (K-M) 法与 Fine&Gray 法相比是一致的; 而对于原因别累积风险的计算, K-M 法比 Fine&Gray 法偏高, 且随着累积风险的增高, 差异增大。在亚组分析中, 当累积风险在 0.015 以下时, 两种方法基本一致 (如总体累积风险在两个组中都为 0.010); 而随着累积风险的增加, K-M 法计算出的累积风险逐渐高于 Fine&Gray 法, 差异逐渐变大 (stage IV 亚组的 10 年累积风险之差最大, 为  $0.700-0.621=0.079$ )。在危险因素分析中, Cox 比例风险回归模型所得的 HR 值与 Fine&Gray 竞争风险回归模型相比有不同程度的差异。

**结论** 在前列腺癌特异的累积风险中, 传统的 K-M 法在累积风险较小时与 Fine&Gray 法结果较为一致; 在累积风险较大时, K-M 法存在较大偏差。在危险因素分析中, Cox 回归与竞争风险回归有不同程度差异。为能得到准确的研究结论指导临床诊疗工作, 对于原因别死亡, 推荐使用 Fine&Gray 法。

## PU-2009

## 哈尔滨医科大学附属第一医院 ICU 细菌分布和耐药性分析

俞晓晨, 宋熙瑶

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 分析本院 2018 年 ICU 分离菌的总体情况及其耐药性。

**方法** 使用梅里埃全自动细菌鉴定/药敏鉴定仪对临床有意义的分离菌进行鉴定和药敏试验, 细菌药敏结果根据 2017 版临床和实验室标准协会 CLSI-M100 文件判读。

**结果** 2018 年本院共培养出 2603 株分离菌, 约占全院分离菌的 25% (2603/10401)。占前五位的分别为鲍曼不动菌 (694 株, 占 26.7%)、肺炎克雷伯菌 (281 株, 占 10.8%)、金黄色葡萄球菌 (181 株, 占 7.0%)、铜绿假单胞菌 (161 株, 占 6.2%)、大肠埃希菌 (126 株, 占 4.8%)。与去年 (2017 年 2008 株) 相比, 菌株数量明显增加。而前 5 位细菌分布变化不大。2017 年分别为鲍曼不动菌 (653 株, 占 32.5%)、肺炎克雷伯菌 (265 株, 占 13.2%)、金黄色葡萄球菌 (163 株, 占 8.1%)、铜绿假单胞菌 (133 株, 占 6.6%)、大肠埃希菌 (120 株, 占 6.0%)。

**结论** 2018 年 ICU 细菌耐药率与往年相比略有不同。总体而言, 鲍曼不动杆菌在菌株去重之后, 依然超过 1/4, 且耐药严重, 但可能很多细菌为定植株。另外, 肺炎克雷伯菌紧随其次, 而且肺炎克雷伯菌毒性大, 所以更应引起临床重视。

## PU-2010

## 结核抗体 IgG 检测在辅助诊断结核病中的应用价值

吴景秋,蔚鸣,张宝庆,闫朋  
黑龙江省传染病防治院

**目的** 探讨结核抗体 IgG 检测（简称“IgG 检测”）在结核病辅助诊断中的应用价值。

**方法** 收集黑龙江省传染病防治院 2017 年 7 月至 2018 年 5 月期间，具有 IgG 检测、抗酸杆菌涂片（简称“涂片”）镜检、结核分枝杆菌液体培养（简称“液体培养”）、CT 扫描表现及临床诊断等资料的住院及门诊患者，共计 1494 例，其中继发性肺结核 1020 例（肺结核组）、肺外结核 54 例（肺外结核组）和排除结核病的其他肺部疾病 420 例（其他肺病组），对比分析不同患者的临床资料。

**结果** 1020 例肺结核患者和 54 例肺外结核患者的 IgG 检测阳性率分别为 73.33%（748/1020）、62.96%（34/54），高于涂片镜检[分别为 43.24%（441/1020）、20.37%（11/54）]和液体培养[分别为 61.37%（626/1020）、29.63%（16/54）]（ $\chi^2=190.02$ ,  $P<0.001$ ； $\chi^2=20.15$ ,  $P<0.001$ ； $\chi^2=33.18$ ,  $P<0.001$ ； $\chi^2=12.07$ ,  $P=0.001$ ）

**结论** IgG 检测易于收集标本，操作简单、快速，价格低廉，具有较高的敏感度和特异度，对结核病、尤其是对菌阴肺结核和肺外结核检出具有较高的辅助诊断价值。

## PU-2011

## RUNX1 promotes tumor growth and metastasis in human head and neck squamous cell carcinoma

Xiaodong Feng, Limin Lun, Qing Wang  
The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** Runt-related transcription factors are essential regulators of a diverse range of developmental processes and have roles in proliferation, differentiation, apoptosis and cell lineage specification. The present study was designed to investigate the expression and function of the runt-related transcription factor 1 (RUNX1) in head and neck squamous cell carcinoma (HNSCC).

**Methods** RUNX1 expression in HNSCC tissues and cell lines were determined by real-time PCR and Western blot. Immunohistochemistry was used to examine the expression of RUNX1 and N-cadherin in the paraffin-embedded HNSCC tissues. The proliferation of HNSCC cells was detected by the CCK8 assay and cell colony formation ability of the HNSCC cells was also evaluated. Tumor cell migration or invasion was measured by the transwell assay and related protein markers were determined by Western blot. A mouse xenograft model was established to investigate the HNSCC tumor growth in vivo.

**Results** In clinical analyses, mRNA and protein expression of RUNX1 were increased in tissues of HNSCC patients. This increased expression of RUNX1 was significantly correlated with the tumor size ( $P=0.019$ ), N stage ( $P=0.036$ ) and American Joint Committee on Cancer (AJCC) stage ( $P=0.021$ ). Cox proportional hazard models showed that RUNX1 expression was an independent prognostic indicator for overall survival in HNSCC patients (HR 5.572; 95% CI 1.860–9.963;  $P<0.001$ ). Moreover, suppression of RUNX1 inhibited HNSCC cells proliferation, migration and invasion. Further investigation indicated that expressions of N-cadherin and vimentin in HNSCC cells were decreased, while E-cadherin expression was increased after RUNX1 knockdown.

**Conclusions** Our data suggest that the increased expression of RUNX1 in HNSCC was associated with tumor growth and metastasis. RUNX1 may be considered as a sensitive biomarker for tumor recurrence risk and prognosis in patients with HNSCC.

## PU-2012

## 川芎嗪对脂多糖引起的 BV2 细胞活化的抑制作用及其机制探讨

李鹏飞,张莉,程迎迎  
江苏省中医院,210000

**目的** 探讨川芎嗪(Tetramethylpyrazine, TMP)对小鼠小胶质细胞株 BV2 细胞活化的抑制作用及其分子机制。

**方法** 通过脂多糖(lipopolysaccharide, LPS)诱导 BV2 神经炎症模型,观察 TMP 的抗炎作用。首先,利用不同浓度的 TMP (10、25、50  $\mu$ M)预处理 BV2 细胞 2h,再用 LPS(100 ng/mL)诱导 24h。Cell Counting Kit-8 (CCK-8)法评估 TMP 对 BV2 细胞的安全作用剂量。其次, Griess 法检测 BV2 细胞上清中 NO 的含量。最后, 荧光定量 PCR 分析细胞中诱导型一氧化氮合酶 (iNOS)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、白介素-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ )、白介素-6 (IL-6) mRNA 表达水平。ELISA 法检测细胞中 TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$ 、IL-6 的含量。

**结果** TMP 在浓度低于 50  $\mu$ M 时对 BV2 细胞并无细胞毒性 ( $p>0.05$ )。与正常对照相比, LPS 显著诱导 BV2 细胞中 NO 及细胞因子 TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$ 、IL-6 的表达 ( $p<0.001$ ), TMP 可显著抑制 BV2 细胞中 LPS 引起的 NO ( $p<0.05$ ) 和 iNOS ( $p<0.001$ ) 的表达。进一步, 荧光定量 PCR 分析结果表明, TMP 明显抑制 LPS 诱导的 BV2 细胞 TNF- $\alpha$  ( $p<0.05$ )、IL-6 ( $p<0.001$ ) 和 IL-1 $\beta$  ( $p<0.001$ ) mRNA 的表达。ELISA 法检测结果显示, TMP 能显著抑制 LPS 诱导的 BV2 细胞中 TNF- $\alpha$  ( $p<0.01$ )、IL-6 ( $p<0.01$ ) 和 IL-1 $\beta$  ( $p<0.001$ ) 蛋白含量。

**结论** TMP 可显著抑制小胶质细胞活化,降低神经炎症,可能作为临床上治疗神经炎症性疾病的药物。

## PU-2013

## 妊娠期妇女 CT、UU、NG、HPV 感染的检测分析

王振明  
潍坊市人民医院,261000

**目的** 探讨妊娠期妇女高危型人乳头状瘤病毒 (HR-HPV)、沙眼衣原体 (CT)、解脲脲原体 (UU) 和淋病奈瑟菌 (NG) 检测的临床意义。

**方法** 采用反向斑点杂交技术及实时荧光核酸恒温扩增检测技术,检测妊娠期妇女宫颈分泌物中的 HR-HPV、CT、UU、NG。

**结果** 585 例妊娠期妇女中, HR-HPV 的感染率为 8.21%; CT、UU、NG 的感染率分别为 1.88%、20%、0.20%。HR-HPV、CT、UU 在 <25 岁组的感染率,明显高于其他年龄组,差异有统计学意义。

**结论** 妊娠期妇女生殖道感染率较高,应采用敏感、特异的方法对妊娠期妇女的 HR-HPV、CT、UU、NG 感染进行常规筛查工作。

## PU-2014

## MicroRNA-22 suppresses cell proliferation, migration and invasion in oral squamous cell carcinoma by targeting NLRP3

Xiaodong Feng, Limin Lun, Qing Wang  
The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** MicroRNAs (miRNAs) have been implicated as important regulators of carcinogenesis and tumor development. Recently, microRNA-22 (miR-22) has been reported to be a cancer-related miRNA in several types of tumors. In this study, we aimed to investigate the role of miR-22 in oral squamous cell carcinoma (OSCC).

**Methods** Expression levels of miR-22 were assessed via quantitative real-time PCR in 21 pairs of human OSCC and adjacent normal tissues and in 5 human OSCC cell lines. Lentiviral miR-22 overexpression and inhibitor models were performed in WSU-HN6 and SCC25 cells, the effects on cell growth, migration and invasion were evaluated by MTT and transwell assay. We have searched for miR-22 targets and identified the hypothesis that miR-22 could suppress tumor progression of OSCC by targeted regulating NLRP3 inflammasome expression.

**Results** We found that miR-22 expression was significantly decreased in OSCC tissues compared with that in the adjacent noncancerous tissues. Furthermore, lentivirus-mediated miR-22 overexpression markedly reduced OSCC cell viability, migration and invasion, whereas miR-22 inhibitor promoted these parameters. Mechanistically, NLR family pyrin domain containing 3 (NLRP3) was identified as a direct target of miR-22. miR-22 expression was inversely correlated with NLRP3 expression both in OSCC tissues and cell lines. Moreover, overexpression of miR-22 in OSCC cells could reverse the tumor-promoting effect of the activated NLRP3 inflammasome and vice versa.

**Conclusions** Our results indicate that miR-22 may play a suppressive role in OSCC by targeting NLRP3, which offer new insights into the molecular mechanisms of the growth and metastasis of OSCC.

## PU-2015

## 结核感染 T 细胞斑点试验联合腺苷脱氨酶检测诊断结核性胸膜炎的价值

吴景秋, 蔚鸣  
黑龙江省传染病防治院

**目的** 分析结核感染 T 细胞斑点试验 (T-SPOT.TB) 联合腺苷脱氨酶 (ADA) 检测诊断结核性胸膜炎的价值。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2017 年 12 月黑龙江省传染病防治院确诊或临床诊断为结核性胸膜炎的 145 例患者和非结核性胸膜炎 59 例患者进行回顾性分析。204 例患者均于治疗前进行了胸腔积液 T-SPOT.TB 和 ADA 检测及外周血 T-SPOT.TB 检测; 并对胸腔积液 T-SPOT.TB、胸腔积液 ADA、外周血 T-SPOT.TB 单独检测, 以及胸腔积液 T-SPOT.TB 与胸腔积液 ADA 联合检测的结果进行比较。

**结果** 胸腔积液 T-SPOT.TB 诊断结核性胸膜炎的敏感度 (98.62%, 143/145) 高于外周血 T-SPOT.TB (88.97%, 129/145) 和胸腔积液 ADA (87.59%, 127/145), 差异均有统计学意义 ( $\chi^2=11.61$ ,  $P<0.001$ ;  $\chi^2=13.75$ ,  $P<0.001$ ); 胸腔积液 ADA 检测的特异度 (91.53%, 54/59) 均高于胸腔积液 T-SPOT.TB (64.41%, 38/59) 和外周血 T-SPOT.TB (61.02%, 36/59), 差异均有统计学意义 ( $\chi^2=12.63$ ,  $P<0.001$ ;  $\chi^2=15.17$ ,  $P<0.001$ ); 将胸腔积液 T-

SPOT.TB 与 ADA 联合检测与胸腔积液 T-SPOT.TB 进行比较, 诊断结核性胸膜炎的敏感度由 98.62% (143/145) 降低至 86.21% (125/145), 差异有统计学意义 ( $\chi^2=15.94$ ,  $P<0.001$ ), 但特异度由 64.41% (38/59) 升高至 100.00% (59/59), 差异有统计学意义 ( $\chi^2=25.55$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 胸腔积液 T-SPOT.TB 检测结核性胸膜炎具有较高的敏感度和特异度, 胸腔积液 T-SPOT.TB 和 ADA 联合检测可明显提高诊断的特异度。

## PU-2016

# Characterization of beta lactamases in bloodstream infection Escherichia coli: blaADC-162 and blaCMY-2 via an IncF plasmid to dissemination among 2 bacterial

Linlin Xiao

Shanghai no.6 people's hospital

**Objective** To describe the molecular characteristics of beta lactamases in bloodstream infection Escherichia coli, and genotypic pattern of blaCMY-2 and blaADC-162.

## Methods

In this study, total 50 bloodstream infection Escherichia coli isolates obtained from Shanghai Sixth People's Hospital South Campus during 2015-2018 were subjected to beta lactamases detection using phenotypic and molecular methods. Sequencing to verify all beta lactamase genes, Multilocus sequence typing (MLST) was used to analyze the phylogenetic relationships of bloodstream infection Escherichia coli isolates. Furthermore, conjugation experiments and plasmid replicon typing to verify the transferability of plasmids carrying blaCMY-2 and blaADC-162 genes.

**Results** Eight beta lactamase subtypes were detected in 50 strains of bloodstream infection Escherichia coli, of them, blaTEM-1(21/50) was the most common beta lactamase gene, other beta lactamase found were blaCTX-M-14(8/50), blaOXA-27(5/50), blaCTX-M-27(3/50), blaCTX-M-65(1/50), blaADC-162(1/50), blaCMY-2(1/50), blaADC-162(ST95-A) and blaCMY-2(ST95-B2) have not previously been reported in bloodstream infection Escherichia coli. In 21 isolates, beta lactamase genes were located on conjugative plasmids which belonging to incompatibility groups FrepB(n=7), FIA(n=1), FIC(n=2), K(n=8), N(n=1) and I(n=1), blaCTX-M was found to be associated with the common elements ISEcp1, IS903 and IS26, but with special sequences(region V, region Y and region W) for ISEcp1 in 14 isolates.

**Conclusions** To the best of our knowledge, This study provides the first evidence for the molecular characteristics of the beta lactamase genes from Escherichia coli in bloodstream from aging patients. Beta-lactamase genes were detected at a relatively high level in aging patients with bloodstream Escherichia coli. Plasmid replicon analysis showed that beta lactamase genes horizontal dissemination was mainly mediated by IncK and IncF plasmids that could encode multidrug resistance genes. Additionally, this study represents the first report of ISAbal-blaADC-162-tnpA and ISEcp1-blaCTX-M-14-IS903-blaCMY-2-bla-sugE in Escherichia coli, furthermore, IncF plasmid mediated blaADC-162 and blaCMY-2 gene dissemination among bacterial.



## PU-2017

## 每日膳食反式脂肪酸摄入量与双相情感障碍在中年女性中的关系

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究每日膳食反式脂肪酸摄入量与双相情感障碍的关系。

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN), 双相情感障碍通过自评问卷的方式评估, 膳食摄入量由 1995 年版饮食频率调查问卷估算, Mann-Whitney U 比较两组均值的差异, 卡方检验比较率的差异, Logistic 回归分析膳食反式脂肪酸与偏头痛之间的关系, 限制性三次样条分析两者的非线性关系。

**结果** 在纳入研究的 2363 例中老年女性中, 有 393 例 (16.63%) 患有双相情感障碍。双相情感障碍的患者倾向于有更高的脉搏 ( $P=0.019$ )、BMI ( $P<0.001$ ) 和更低的 HDLC ( $P<0.001$ ), 差异具有统计学意义。此外, 双相情感障碍组每日膳食反式脂肪酸摄入量高于对照组 ( $P<0.001$ ), 差异具有统计学意义。总膳食反式脂肪酸摄入量与双相情感障碍呈正相关关系, OR 及其 95%CI 置信区间为 1.063 (1.041-1.084), 以膳食反式脂肪酸摄入量 $<3.14$  g/天为参照组, 5.05-7.93 组合 $\geq 7.93$  组双相情感障碍风险显著增高, OR 及其 95%CI 分别 1.729 (1.249-2.392) 和 2.412 (1.763-3.301), 趋势检验  $P$  值为 $<0.001$ 。这种正相关关系在调整后仍然存在。在充分调整潜在混在因素年龄、种族、家庭总收入、脉搏、BMI 后, 5.05-7.93 组合 $\geq 7.93$  组双相情感障碍风险依然高于参照组, OR 及其 95%CI 分别 1.561 (1.122-2.170) 和 2.183 (1.581-3.013)。随着膳食反式脂肪酸摄入量的增高, 双相情感障碍风险先缓慢增长, 在每日摄入量 4g 左右时快速增长, 摄入量超过 10g 后再次进入缓慢增长期, 整体呈“S”形曲线。

**结论** 膳食反式脂肪酸摄入量与双相情感障碍之间存在正相关关系, 但由于是横断面研究, 不能断定膳食反式脂肪酸摄入量与双相情感障碍的因果关系

## PU-2018

## 抗 dsDNA 抗体检测的临床应用分析

金美丽,任蕾,张艳芬,牟凤云

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 比较酶联免疫吸附试验、间接免疫荧光与印迹法三种方法检测抗 dsDNA 抗体临床应用评价以及结果评价。

**方法** 三种方法同时检测 72 例 SLE 患者, 59 例其他自身免疫性疾病患者 (如干燥综合征 类风湿性关节炎等), 254 例非自身免疫性疾病患者 (如脑梗死、肺炎、冠状动脉粥样硬化等) 血清中的抗 dsDNA 抗体。采用 SPSS 20.0 统计软件, 用 ROC 曲线分析其诊断性能, 三种检测方法采用一致性 Kappa 检验。

**结果** SLE 患者检测抗 dsDNA 抗体三种方法中以 ELISA 方法检测敏感性最高为 52.6%, 其次为 IIF (38.4%), 最低为印迹法 (21.9%)。三种方法同时检测可提高 SLE 诊断的敏感性 (62.5%)。IIF 与印迹法 (Kappa 0.436)、IIF 与 ELISA 法 (Kappa 0.404, ) 一致性中等, ELISA 与印迹法一致性不够理想 (Kappa 0.372)。

**结论** 三种方法检测抗 dsDNA 抗体对 SLE 诊断敏感性不尽相同, 但均具有诊断中等水平的诊断性和较好的特异性。三种方法检测结果不尽相同的原因: 抗原来源不同, 印迹法与 ELISA 抗原来源于鲑鱼睾丸提取物中高度纯化的天然双链 DNA; IIF 抗原来源于绿蝇短膜虫内动基体为天然双链 DNA, 抗原呈现形式不同, 反应条件不同。故临床应该选择应用二种或三种方法同时检测。

## PU-2019

## 白细胞介素增强结合因子 2 是潜在的小细胞肺癌肿瘤标志物

任丽,赵猛,柳雅慧,常娇  
天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 小细胞肺癌 (SCLC) 发病率约占肺癌的 10-15%。由于其发现后多已发生转移, SCLC 的治疗效果较为不理想。因此明确其发病机制并寻找治疗靶点是改善其治疗效果的前提。代谢改变是肿瘤的特征之一。靶向代谢改变的研发也是研究热点之一。白细胞介素增强结合因子 2(ILF2)是同时具有 DNA 与 RNA 结合活性的蛋白因子。近期研究显示其在多种肿瘤中上调表达,而在 SCLC 中表达改变及生物学功能尚不清晰。本研究旨在明确 ILF2 在 SCLC 进展中的作用及其对肿瘤代谢的调控作用,并初步评价其作为生物标志物的可能。

**方法** 通过组织芯片及临床样本分析 ILF2 在 SCLC 中的表达改变。通过克隆形成实验,体外增殖实验及小鼠皮下成瘤实验评价 ILF2 对 SCLC 细胞增殖能力的影响。通过对葡萄糖,乳酸等代谢物及细胞外酸化率 (ECAR) 及耗氧率 (OCR) 的检测分析 ILF2 对 SCLC 细胞代谢状态改变的影响。通过 RNA-seq 分析 ILF2 低表达对 SCLC 表达谱的影响并探索其调控的分子机制。

**结果** ILF2 在 SCLC 中表达上调并随着肿瘤进展而表达增强。ILF2 可以促进肿瘤细胞的集落形成数量,体外增殖及体内成瘤能力。ILF2 抑制细胞葡萄糖的摄取及乳酸的分泌,并降低 ECAR 增加 OCR。RNA-seq 分析发现 ILF2 与 E2F1 具有共同的调控靶基因。进一步验证显示 ILF2 与 E2F1 相互结合。抑制 E2F1 的表达可以逆转 ILF2 介导的肿瘤增殖增强。

**结论** 综上,我们的研究显示 ILF2 是一个促癌基因,通过与 E2F1 相互结合调控肿瘤代谢促进肿瘤增殖。同时 ILF2 在 SCLC 中上调表达提示其可能为一个潜在的肿瘤进展标志物。

## PU-2020

## 每日膳食微量元素摄入量与偏头痛的在中老年女性中的关系

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究每日膳食微量元素摄入量与中老年女性偏头痛的关系

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN), 偏头痛通过参与者自评问卷的方式评估,膳食摄入量由 1995 年版饮食频率调查问卷估算, Mann-Whitney U 比较两组均值的差异,卡方检验比较率的差异, Logistic 回归分析膳食微量元素与偏头痛之间的关系,限制性三次样条分析两者的非线性关系

**结果** 偏头痛组每日膳食中钙 ( $P=0.006$ )、磷 ( $P=0.008$ )、锌 ( $P=0.012$ )摄入量高于对照组,差异具有统计学意义。此外,偏头痛组高于 RDA 推荐膳食锌摄入量的人群多于对照组 ( $P=0.008$ )。在未调整模型中,每日膳食钙、磷、钠、钾和锌的摄入量与偏头痛的发生呈正相关, OR 值及 95%CI 分别为 1.001 (1.000-1.001), 1.000 (1.000-1.001), 1.000 (1.000-1.000), 1.000 (1.000-1.000)和 1.042 (1.013-1.072), 这种关系在 model1 中调整后仍然存在。在调整年龄、家庭总收入、BMI、TC、TG、LDLC、HDL C 后,每日膳食钙、磷和锌摄入量与偏头痛风险呈正相关, OR 值及 95%CI 分别为 1.001 (1.000-1.001), 1.000 (1.000-1.000)和 1.032 (1.002-1.063)。高于 RDA 标准的每日膳食锌摄入量与低于标准相比有更高的可能患有偏头痛, OR 及 95%CI 为 1.79 (1.16-2.76)。这种关系在充分调整混杂因素后仍然存在 OR 及 95%CI 为 1.61 (1.02-2.55)。限制性三次样条显示每日膳

食钙、磷、铁、钠、钾、锌和镁摄入量与偏头痛间风险的  $P$  值分别为 0.040, 0.036, 0.583, 0.161, 0.206, 0.038 和 0.415。

**结论** 每日膳食微量元素中的钙、磷和锌摄入量与偏头痛存在正相关关系。但由于是横断面研究，不能断定摄入量与偏头痛的因果关系

## PU-2021

### 甲状腺切除后患者血小板参数的变化及意义

关雪,袁迪

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 现在甲状腺疾病十分常见，尤其在女性患者<sup>[1]</sup>。甲状腺激素作用于整个机体系统，凝血过程和纤溶系统也与甲状腺激素密切相<sup>[2-3]</sup>。因此本研究通过对比甲状腺切除术后甲状腺素正常患者和正常对照组的血小板参数，研究甲状腺对于凝血及血小板活化的影响。

**方法** 选取 52 名行甲状腺切除术患者并且给与左甲状腺治疗维持甲状腺素正常，21 名健康成人作为对照组。清晨空腹抽取肘静脉血。对所有样本进行 T3, T4, TSH 以及血小板相关系数检测。严格按仪器操作规程由专业人员操作。在仪器进入稳定状态下进行定标，做两个水平质控后进行样品检测。采用 SPSS19.0 统计软件进行统计学处理，进行  $t$  检验， $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 两组之间甲状腺机能没有明显差异，两组之间血小板相关指数没有明显差异 ( $p>0.1$ )。

**结论** 甲状腺切除术后若维持甲状腺功能正常并不能影响血小板活化，甲状腺疾病患者维持甲状腺机能正常可以预防血栓发生。

## PU-2022

### 每日膳食脂类摄入量与骨关节炎在中老年女性中的关系

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究膳食脂类摄入量与骨关节炎在中老年女性中的关系

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN)，骨关节炎通过参与者自评问卷的方式评估，膳食摄入量由 1995 年版饮食频率调查问卷推算得出，Mann-Whitney U 比较两组均值的差异，Logistic 回归分析膳食脂类与关节炎之间的关系，限制性三次样条分析两者的非线性关系

**结果** 患有骨关节炎的女性倾向于有更高的年龄、BMI、TG 和 CRP，和更低的 HDLC，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。骨关节炎组有更高的膳食总热量 ( $P=0.032$ )，膳食蛋白质 ( $P=0.042$ )，膳食脂肪 ( $P=0.002$ )，膳食饱和脂肪 ( $P<0.001$ )，膳食油酸 ( $P=0.004$ )，膳食亚油酸 ( $P=0.006$ )和膳食总胆固醇 ( $P=0.012$ )。每日总膳食脂肪、膳食饱和脂肪、膳食油酸、膳食亚油酸和膳食总胆固醇的摄入量与骨关节炎的风险呈正相关关系，这种关系在调整了年龄后依然存在。在充分调整混杂因素年龄，BMI，SBP，TG，HDLC，CRP，膳食总热量，膳食蛋白质后，膳食亚油酸与骨关节炎的相关性无统计学意义，总膳食脂肪、膳食饱和脂肪、膳食油酸和膳食总胆固醇的 OR 及 95%CI 分别为 1.007 (1.001-1.013)，1.021 (1.005-1.038)，1.014 (1.000-1.027)和 1.001 (1.000-1.002)。在未调整模型中，总膳食脂肪、膳食饱和脂肪、膳食油酸、膳食亚油酸和膳食总胆固醇的最高四分位的骨关节炎风险高于参照，OR 及其 95%CI 分别为 1.508 (1.154-1.971)，1.550 (1.178-2.040)，1.387 (1.063-1.809)，1.684 (1.280-2.215)和 1.380 (1.061-1.795)，并且在调整年龄后，这种相关性仍然存在。但充分调整潜在混杂因素后，膳食油酸和膳食总胆固醇与骨关节炎的发生无相关性，总膳食脂肪、膳食饱和脂肪、膳食亚油酸和膳食总胆固醇与骨关节炎有关

**结论** 膳食脂类与骨关节炎风险呈正相关关系。但由于是横断面研究，不能断定膳食脂类与骨关节炎的因果关系，因此需要前瞻性研究进一步证实。

## PU-2023

## 监测 ESRD 患者 RDW 变化预测不良心血管事件的研究

关雪,刘浩

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 研究 RDW 升高是否是 ESRD (血液透析) 患者心血管事件的一个独立的风险因素。

**方法** 选取行血液透析之前 RDW 为正常值患者 152 名, 分为 RDW 升高组和 RDW 降低组, RDW 的变化通过患者 RDW 和时间的相关系数  $r$  进行体现,  $r>0$  的视为 RDW 升高组 ( $n=83$ );  $r<0$  视为 RDW 降低组 ( $n=69$ )。测定两组患者总胆固醇 (CHO), 甘油三酯 (TG), 低密度脂蛋白 (LDL) 和 C-反应蛋白 (CRP)。对所有结果进行统计学分析, 数据用  $\bar{x}\pm s$  表示, 组间比较采用方差分析, 对 RDW 值与时间进行相关性分析, RDW 变化频率与血脂指标进行相关性分析。采用 SPSS19.0 统计软件进行统计学处理,  $p<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** ① RDW 升高组 RDW 变化频率与血脂水平及 CRP 呈正相关关系 ( $p<0.05$ ), 在 RDW 降低组 RDW 频率与血脂水平及 CRP 相关性没有统计学意义 ( $p>0.05$ )。③追踪 83 例 RDW 升高组患者心电图结果发现其中有 67 例出现异常心电图。

**结论** 监测 RDW 变化可以预测 ESRD 患者的不良心血管事件的发生率。

## PU-2024

## 每日铁摄入量与痴呆在中老年女性中的关系

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究每日铁摄入量与痴呆的关系。

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN), 痴呆通过参与者或其家属自评问卷的方式评估, 膳食摄入量由 1995 年版饮食频率调查问卷估算, Mann-Whitney U 比较两组均值的差异, 卡方检验比较率的差异, Logistic 回归分析膳食微量元素与偏头痛之间的关系, 限制性三次样条分析两者的非线性关系

**结果** 在纳入研究的 2764 例中老年女性中, 有 974 例 (35.24%) 患有痴呆。痴呆组在种族、TG 上有差异。此外, 痴呆组每日铁摄入量高于对照组 ( $P<0.001$ ), 且痴呆组高于 RDA 推荐铁摄入量的人群多于对照组 ( $P<0.001$ ), 但总热量、蛋白质、碳水化合物脂肪摄入量在两组之间差异无统计学意义。总铁摄入量与痴呆呈正相关关系, OR 及其 95%CI 置信区间为 1.022 (1.017-1.028), 以铁摄入量  $<10.6$  mg/d 为参照组,  $\geq 26.7$  组痴呆风险显著增高, OR 及其 95%CI 为 1.785 (1.429-2.230), 趋势检验 P 值为  $<0.001$ 。这种正相关关系在调整了年龄的 model1 和充分调整潜在混杂因素的 model2 中仍然存在。高于 RDA 标准的每日铁摄入量与低于标准相比有更高的可能患有痴呆, OR 及 95%CI 为 1.359 (1.159-1.594)。这种关系在调整了年龄后依然存在, 在充分调整协变量年龄、种族和 TG 后, 这种关系仍然存在, OR 及 95%CI 为 1.361 (1.160-1.597)。限制性三次样条回归表明铁摄入量 5th 到 25th, 25th 到 75th, 75th 到 95th 区间的 P 值分别为 0.024, 0.021 和 0.015, 回归系数分别为 0.057, -0.807 和 1.398, 铁摄入量与痴呆之间关系具有统计学意义。随着铁摄入量的增高, 痴呆风险先趋于平稳, 而后逐渐升高, 在超过每日铁最大摄入量 50mg 后, 风险增加速度明显加快

**结论** 每日铁摄入量与痴呆之间存在正相关关系。但由于是横断面研究, 不能断定铁摄入量与痴呆的因果关系。

## PU-2025

## 每日总维生素 B12 摄入量与焦虑症在华裔中年女性中的关系

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究维生素 B12(vitamin B12)与焦虑症在华裔中年女性中的关系。

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN)。焦虑症通过参与者自评量表的方式评估, vitamin B 的每日摄入量由 1995 年版饮食频率调查问卷推算, Fisher 精确概率法比较组间率的差异, Mann-Whitney U 比较两组变量总体均值的差异, Logistic 回归分析 vitamin B12 与焦虑症之间的关系, 限制性三次样条分析两者的非线性关系。

**结果** 焦虑组倾向于有更高的脉搏和总胆固醇, 差异具有统计学意义 ( $P$  分别为 0.034, 0.009)。焦虑组女性的每日总 vitamin B12 摄入量高于对照组 ( $P=0.027$ ), 在焦虑组中, 符合 vitamin B12 RDA 标准的女性少于对照组, 差异具有统计学意义( $P=0.023$ )。总 vitamin B12 摄入量与焦虑症呈负相关关系, 且低水平 vitamin B12 摄入量人群发生焦虑症的风险更高 ( $OR=10.25$ ; 95%CI: 1.28-82.22)。在调节了年龄后, 这种关系依然存在。在充分调整潜在混杂因素年龄、脉搏和总胆固醇后, 总 vitamin B12 摄入量仍然与焦虑症负相关  $OR=0.36$ , 95%CI:0.15-0.84。此外, 低水平 vitamin B12 摄入量的焦虑症风险更高  $OR=19.42$ , 95%CI: 2.08-180.98。符合 vitamin B12 摄入量 RDA 标准的人群发生焦虑症的风险低于 vitamin B12 摄入量不足人群( $OR=0.12$ , 95%CI: 0.02-0.98)。在调整协变量后, 这种关系依然存在 ( $OR=0.08$ , 95%CI: 0.01-0.66)。限制性三次样条表明, 随着 vitamin B12 摄入量的增高, 焦虑症发生风险先处于平台期, 随后逐渐下降。

**结论** 总 vitamin B12 摄入量与焦虑症呈负相关关系。由于是横断面研究, 因此 vitamin B12 可能是焦虑症的保护因素; 而低水平 vitamin B12 也可能是焦虑症所致。

## PU-2026

## 血小板新型参数在心血管疾病中的临床价值

关雪,袁迪  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨血小板新型参数——平均血小板内容物浓度 (MPC) 平均血小板内容物含量 (MPM) 大血小板 (L-PLT) 的变化对于心血管疾病诊断的意义, 以及与其它血脂指标关系。

**方法** 选取 206 名健康成人, 测定其血小板新型参数, 用统计学方法对数据进行分析, 确定血小板新型参数正常参考范围。选取 37 名血小板新型参数增高患者及 60 名动脉粥样硬化患者和 100 名正常健康成人测定其血清缺血修饰白蛋白 (IMA)

**结果** ①血小板新型参数正常参考范围 MPC:21.67-28.51(g/L)、MPM:1.85-3.25(Pg) L-PLT $\leq 15(\times 10^9/L)$ 。②动脉粥样硬化患者 MPC、MPM、L-PLT 均明显高于正常对照组( $p=0.000$ ), 动脉粥样硬化患者血清 TG、CHO、LDL-C、hs-CRP 均明显高于正常对照组( $p=0.000$ ), 动脉粥样硬化患者血清 IMA、HDL-C 明显低于正常对照组( $p=0.000$ )。③对动脉粥样硬化组结果分析得出: L-PLT 与 TG、CHO、LDL-C、hs-CRP 呈正相关关系 ( $r=0.542$ ; 0.628; 0.610; 0.760); L-PLT 与 IMA、HDL-C 呈负相关关系 ( $r=-0.815$ ; -0.857)。

**结论** 血小板新型参数 MPC、MPM、L-PLT 在辅助诊断以 AS 为基础的缺血性心血管病中有一定的临床价值

## PU-2027

## 膳食热量构成与痴呆在中老年女性中的关系

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究每日膳食热量结构与痴呆在中老年女性中的关系

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN), 痴呆通过参与者或其家属自评问卷的方式评估, 膳食摄入量由 1995 年版饮食频率调查问卷估算, Mann-Whitney U 比较两组均值的差异, 卡方检验比较率的差异, Logistic 回归分析膳食微量元素与偏头痛之间的关系, 限制性三次样条分析两者的非线性关系。

**结果** 与对照组相比, 痴呆组在种族 ( $P<0.001$ )、TG ( $P=0.049$ ) 上有差异。痴呆组人群每日摄入的蛋白质热量低于对照组 ( $P<0.001$ ), 而甜食热量高于对照组 ( $P=0.001$ )。在未调整模型中, 蛋白质热量和酒精热量与痴呆的发生呈反相关, OR 及其 95%CI 分别为 0.961 (0.939-0.983) 和 0.983 (0.965-1.000), 而甜食热量与痴呆风险呈正比, OR 及其 95%CI 为 1.010 (1.003-1.017), 这种关系在调整了年龄后依然存在。在充分调整混杂因素年龄、种族和 TG 后, 蛋白质热量和甜食热量与痴呆的关系在充分调整混杂因素后仍然内在, OR 及其 95%CI 分别为 0.966 (0.943-0.989) 和 1.010 (1.003-1.016)。限制性三次样条回归表明, 随着蛋白质热量所占比例的升高, 痴呆风险先快速下降, 而后趋于平稳; 随着甜食热量所占比例的升高, 痴呆风险先快速上升, 随后放缓并由下降的趋势; 随着甜食热量/蛋白质热量的升高, 痴呆风险快速升高, 随后处于平台期

**结论** 本文研究发现每日膳食中蛋白质热量占比与痴呆风险呈负相关, 甜食热量占比与痴呆风险呈正相关。但由于是横断面研究, 不能断定铁摄入量与痴呆的因果关系。

## PU-2028

## 胃黏膜屏障功能研究现状

郭太

北京协和医院西院,100000

**目的** 最近的研究发现胃黏膜屏障, 除了胃黏膜上皮细胞上皮与细胞和细胞之间的紧密连接外, 还包括由胃表面活性磷脂形成的疏水层和粘液凝胶层的完整性和连续性, 以及调节上述结构和成分的一系列生理, 化学, 生物和免疫因素和活性介质。目前的研究表明构成胃粘膜屏障功能的各种因素可以被看作是一个互连和相互作用的网络系统, 胃粘膜的解剖结构构成网络的基本骨架。当胃粘膜屏障功能减弱时, 有害因素的作用增加, 它会导致胃病。因此, 深入研究胃粘膜屏障功能无疑是预防和治疗胃病的重要手段。在本文中, 从以下几个方面对胃粘膜屏障功能研究。

**方法** 归纳总结

**结果** 一氧化氮、前列腺素、胃肠肽激素、表皮生长因子、三叶因子、热休克蛋白、新型气体信号分子  $H_2S$  等都是胃粘膜屏障的影响因素。

**结论** 现今阶段胃粘膜屏障功能的研究已取得一定的进展, 胃粘膜保护机制作用复杂, 涉及到的保护因子有, 一氧化氮、前列腺素、胃肠肽激素、表皮生长因子、三叶因子、热休克蛋白、新型气体信号分子  $H_2S$  等。胃病作为一种常见病, 我们不但要加强研究胃粘膜屏障功能, 更要去预防胃病, 提高胃病的治愈率。因此, 我们还有很长一段路要走, 为人们的健康保驾护航。

## PU-2029

## 生长停滞特异性蛋白 6 在急性心肌梗死患者中 临床应用价值研究

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究血清生长停滞特异性蛋白 6 (Gas6) 水平变化与急性心肌梗死的关系。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2016 年 6 月在武汉大学人民医院心内科住院的心绞痛患者 103 例作为对照组; 平均年龄  $60.20 \pm 9.35$  岁; 收集急性心肌梗死患者 102 例作为试验组, 平均年龄  $58.85 \pm 9.80$  岁。利用酶联免疫法检测血清 Gas6 水平。协方差分析比较 IgGas6 在心绞痛组和急性心肌梗死组中总体均值的差异, Spearman 法分析 Gas6 与冠心病危险因素的相关性, Logistic 回归分析 Gas6 与急性心肌梗死风险的关系, 限制性三次样条函数拟合 Gas6 与急性心肌梗死 OR 值的非线性关系, 亚组分析探究不同组中 Gas6 与急性心肌梗死风险的关系, 列线图模型的建立及验证提供急性心肌梗死的预测模型, 决策曲线分析模型给予患者带来的净利益大小。

**结果** 急性心肌梗死组 Gas6 水平高于心绞痛组( $P < 0.05$ )。血清 Gas6 水平与糖尿病、C-反应蛋白 (CRP)、白细胞计数 (WBC)、中性粒细胞绝对值 (NEU)、血糖 (glu)、肌酐 (Cr) 和雌二醇 (estradiol) 呈正相关 ( $P < 0.05$ ), 相关系数分别为 0.194, 0.179, 0.176, 0.172, 0.180, 0.119, 0.274; Gas6 水平与雄激素/雌激素之比呈负相关  $r = -0.280$ 。在调整了不同协变量的四种模型中, logistic 回归表明总 Gas6 水平是急性心肌梗死的危险因素 ( $P < 0.05$ ), 且高水平 Gas6 组发生急性心肌梗死的风险在四种模型中均高于低水平组 ( $OR > 1$ )。限制性三次样条函数拟合血清 Gas6 水平与急性心肌梗死发生风险 (logOR) 的非线性关系, 发现在四种模型中, 随着 Gas6 水平的升高急性心肌梗死的发生风险总体上均升高。Gas6 在  $age < 60$ ,  $age \geq 60$ , 有高血压, 无高血压, 无糖尿病和三种倾向性分层亚组中均具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ,  $OR > 1$ )。列线图预测模型的 C-指数为 0.862, 十折交叉验证 AUC 为 0.843。列线图模型在决策曲线中的高于传统 Gensini 评分, 指导临床决策对患者的净利益更大。

**结论** Gas6 可能是急性心肌梗死的独立危险因素; 基于 Gas6 的预测模型对于急性心肌梗死风险有良好的预测能力, 并能在指导临床决策时给予患者较大净利益。

## PU-2030

## 乙肝病毒表面大蛋白在肝纤维化早期诊断中的 应用价值

董娟, 刘浩

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 探讨乙肝病毒表面大蛋白 (LHBs) 在乙型肝炎肝纤维化早期诊断中的应用价值。

**方法** 选取 HBeAg(-) 患者 60 例 (其中肝炎患者 28 例, 肝硬化患者 32 例), HBeAg(+) 患者 60 例 (其中肝炎患者 32 例, 肝硬化患者 28 例), 检测其 LHBs 水平及肝纤维化指标水平 (HA、LN、PC-III 和 IV-C), 分析各指标的变化特点及相关性。

**结果** ① LHBs 水平 HBeAg(-) 组明显低于 HBeAg(+) 组 ( $t = 3.34$ ;  $P = 0.001$ )。② 其中 HBeAg(-) 肝炎组 LHBs 水平明显低于肝硬化组 ( $t = 6.59$ ;  $P = 0.005$ ), 而 HBeAg(+) 肝炎组 LHBs 水平与肝硬化组 LHBs 水平差异没有统计学意义 ( $t = 0.64$ ;  $P = 0.523$ ); 对于四项纤维化指标 (透明质酸、层粘连蛋白、III 型前胶原、IV 型胶原) 水平, HBeAg(-) 和 HBeAg(+) 肝硬化组均明显高于两者的肝炎组 ( $P < 0.05$ )。③ 线性相关分析: HBeAg(-) 组 LHBs 与 HA 和 PC-III 之间存在线性相关 ( $P < 0.05$ ); HBeAg(+) 组 LHBs 和肝纤维化指标之间不存在线性相关 ( $P > 0.05$ )。④ 应用非条件

Logistic 回归分析 HBeAg(-)组的 LHBs 以及部分肝功能指标, 得出预测 HBeAg(-)患者肝纤维化的方程:  $0.036\text{LHBs} + 0.005\text{ALT} - 0.003\text{AST} + 3\text{ALB} + 0.012\text{ALP}$  ( $p=0.02$ )。

**结论** ① LHBs 可以反映肝细胞的损伤状况,其检测水平随肝细胞损伤加重而增加。② LHBs 可以作为乙型肝炎疾病活动和病毒复制的一个指标。③血清 LHBs 可以作为 HBeAg(-)患者纤维化发生的预测指标。④ $0.036\text{LHBs} + 0.005\text{ALT} - 0.003\text{AST} + 3\text{ALB} + 0.012\text{ALP}$  可以用来预测 HBeAg(-)患者纤维化。

## PU-2031

### 载脂蛋白 B 与抑郁症状及工作能力受损的相关性研究

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究载脂蛋白 B 与抑郁症状患者工作能力受损的关系。

**方法** 本研究数据来自美国妇女健康研究 (SWAN), 血压由体检中心的医务人员经三次测量取平均值得出, 抑郁状态通过 CES-D 量表算出评分, Mann-Whitney U 比较两组均值的差异, 卡方检验比较率的差异, 多重线性回归中使用后退法筛选血压的独立预测因子, Logistic 回归分析载脂蛋白 B 与工作能力受损之间的关系, 限制性三次样条分析两者的非线性关系。

**结果** CES-D 评分 $\geq 16$ 组女性更年轻 ( $P<0.001$ ), 家庭总收入 ( $P<0.001$ )、HDLc ( $P<0.001$ )、脂蛋白 A1 ( $P<0.009$ )、载脂蛋白 A1 更低 ( $P<0.004$ ), 舒张压 ( $P=0.030$ )、BMI ( $P<0.001$ )、TG ( $P<0.001$ )、LDLc ( $P=0.014$ )和载脂蛋白 B ( $P<0.001$ )更高, 情绪所致的工作量减少和工作粗心比例更高 ( $P<0.001$ )。载脂蛋白 B 是 CES-D 评分的独立预测因子, 其水平与 CES-D 评分呈正比, 载脂蛋白 B 每增加 1 mg/dl, CES-D 评分增加 0.04 (0.01)。载脂蛋白 B 与情绪问题所致工作量减少和情绪问题所致工作粗心呈正相关关系, OR 及其 95%CI 置信区间分别为 1.005 (1.002-1.008)和 1.004 (1.001-1.007), 这种正相关关系在调整了年龄、种族、家庭总收入后仍然存在。在充分调整潜在混在因素年龄、种族、家庭总收入、TG、HDLc、LDLc、DBP、BMI、脂蛋白 A1 和载脂蛋白 A1 后, 这种正相关关系有加强的趋势, 载脂蛋白 B 与情绪问题所致工作量减少和情绪问题所致工作粗心的 OR 及其 95%CI 置信区间分别为 1.009 (1.001-1.017)和 1.009 (1.001-1.017)。随着载脂蛋白 B 水平的升高, 情绪问题所致的工作量减少和工作粗心风险均逐渐升高, 总体上呈线性关系。

**结论** 载脂蛋白 B 与抑郁状态患者工作能力受损之间存在正相关关系, 但由于是横断面研究, 不能断定因果关系。

## PU-2032

### 尿液干化学结果影响因素的探讨

董莉芹,刘兆杰

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 工作中我们认为所用仪器应掌握影响尿液干化学测定结果的多种因素及解决的方法。只有这样才能达到测定结果准确, 以便发挥仪器应有的效能。

**方法** 新鲜尿液中酸碱度及蛋白质的变化直接影响比重的测定, 尿蛋白浓度增高, 病人尿比重偏高, 尿试带实际上是测的尿中离子浓度尿比重偏高, 尿纸条检测的是离子强度, 尿液中的非离子化合物 (如葡萄糖、造影剂等) 对测定结果也有一定影响。

**结果** pH 随温度的升高而降低; 尿液中含有比色素还原能力更强的物质时, 可见尿糖结果偏低, 甚至可以出现假阴性; 尿液中酸碱度及蛋白质的变化直接影响比重的测定; 药物对尿中蛋白质的测定都有影响; 当各种因素导致红细胞破裂时, 可引起干化学结果和镜检结果不一致; 细菌繁殖可以导



致丙酮消失；用维生素 C 或亚硝酸盐时，可使尿胆红素、尿胆原测定出现假阴性结果；尿细菌生长，亚硝酸盐检测出现假阳性结果；尿中以淋巴细胞为主，白细胞检测会出现假阴性结果；当尿中有其他还原剂时，可使维生素 C 检测结果偏高。

**结论** 根据我们在多年的工作中对尿十项的经验总结，日常工作中易受尿液标本中化学成分干扰，所以对待特殊病人的尿液标本应该将试带与手工操作相结合，对于化学全阴性标本应采用显微镜检查，以免漏检。

## PU-2033

### 冠心病合并甲状腺功能减退的危险因素分析

刘欢  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 分析冠心病合并甲状腺功能减退的危险因素。

**方法** 选取 2016 年 1 月~2017 年 6 月于武汉大学人民医院就诊且确诊为冠心病的患者 357 例，将其中 156 例冠心病合并甲状腺功能减退患者纳入实验组，201 例单纯冠心病患者纳入对照组。检测所有受试对象血清中 FT3、FT4、TSH、血脂四项、血糖、hs-CRP 水平。

**结果** 与对照组相比，实验组中 FT3、FT4、HDL-C 水平降低，LDL-c、TSH、和葡萄糖水平升高，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。甲状腺功能指标与血脂四项、葡萄糖和 hs-CRP 的相关性分析显示， $P<0.01$  水平上，FT3 与 TC、hs-CRP 呈明显负相关 ( $r=-0.174$ ,  $r=-0.207$ )；FT4 与 TC、TG 呈明显负相关 ( $r=-0.281$ ,  $r=-0.186$ )；TSH 与 TC 呈明显正相关 ( $r=0.296$ )。在  $P<0.05$  水平，FT3 与 HDL-c 呈明显正相关 ( $r=0.128$ )；FT4 与 HDL-C 呈明显正相关 ( $r=0.147$ )；TSH 与 TG、HDL-C、LDL-C 呈明显正相关 ( $r=0.161$ ,  $r=0.164$ ,  $r=0.140$ )。多元线性回归分析结果显示，调整 TG、HDL-C、LDL-C、glucose、hs-CRP 后，TC 水平与 FT3、FT4 呈明显负相关 ( $\beta = -0.339$ , 95% CI (-0.343, -0.057),  $P=0.006$ ;  $\beta = -0.135$ , 95% CI (-0.135, -0.014),  $P=0.016$ )，与 TSH 呈明显正相关 ( $\beta = 0.348$ , 95% CI (2.839, 15.916),  $P=0.005$ )。

**结论** 对于高 TC 水平的冠心病患者要监测患者的甲状腺功能的改变，该类患者发生甲状腺功能减退的风险较大。

## PU-2034

### 2016~2018 年胆道疾病患者胆汁病原菌谱与耐药监测

汪倩钰  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解武汉大学人民医院胆道疾病患者胆汁中检出病原菌的分布和耐药情况，为临床提供病原学诊断和合理使用抗菌药物的依据

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月至 2018 年 12 月临床胆汁标本中分离的病原菌，通过 Phoenix-100 全自动微生物鉴定药敏系统进行鉴定和药敏分析。

**结果** 共分离出 1251 株病原菌，其中革兰氏阳性菌 504 株(40.29%)、革兰氏阴性菌 685 株(54.75%)、真菌 62 株(4.96%)。前六位病原菌依次为大肠埃希菌、屎肠球菌、粪肠球菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、阴沟肠杆菌，分别占 19.90%、16.55%、8.79%、8.31%、3.84%、3.52%。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的 ESBLs 检出率分别为 44.98%和 18.27%。碳青霉烯类耐药的大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、阴沟肠杆菌的检出率为 0.80%、2.88%和 4.55%。碳青霉烯类耐药的鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌检出率分别为 54.55%和 29.17%。

**结论** 胆道感染以肠杆菌科细菌为主要病原菌, 肠球菌属细菌感染较多, 碳青霉烯类耐药的细菌应引起临床高度重视, 根据药敏结果合理选用抗生素。

## PU-2035

### 2016-2018 年儿童呼吸道感染病原菌谱与耐药监测

汪倩钰

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 了解武汉大学人民医院儿童呼吸道感染的病原菌种类、分布特点和耐药情况, 为临床提供病原学诊断和合理使用抗菌药物的依据

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月至 2018 年 12 月临床儿童痰标本中分离的病原菌, 通过 Phoenix-100 全自动微生物鉴定药敏系统进行鉴定和药敏分析

**结果** 从 17174 份痰标本中共分离出 2584 株病原菌(来自 2395 份标本), 阳性率为 13.95%。其中革兰阴性菌 1577 株(61.03%), 革兰阳性菌 967 株(37.42%), 真菌 40 株(1.55%)。最常见的病原菌依次为流感嗜血杆菌(33.90%)、肺炎链球菌(33.55%)、卡他莫拉菌(19.20%)和金黄色葡萄球菌(3.63%)等。2331 例感染阳性患儿中有 250 例混合感染, 以流感嗜血杆菌合并肺炎链球菌感染发生率最高。各月份的病原菌检出率以冬春季较高, 夏秋季较低。1 月~3 岁年龄段患儿病原菌检出率最高。肺炎链球菌和金黄色葡萄球菌对万古霉素、利奈唑胺和替拉考宁敏感率均为 100%, 流感嗜血杆菌除对氨苄西林和复方新诺明敏感率较低, 对其他药物敏感率均较高

**结论** 儿童呼吸道感染病原菌以流感嗜血杆菌、肺炎链球菌和卡他莫拉菌为主, 且常见混合型感染。不同季节、不同年龄段病原菌检出率不同, 不同病原菌耐药性有不同特点, 临床应依据结果合理选用抗生素。

## PU-2036

### The high possibility of misdiagnosis of hepatitis E: if only rely on serological assays detection

Qiang Zhang

Branch of Tianjin Third Central Hospital

**Objective** Clinical diagnosis of hepatitis E viral (HEV) infection mainly rely on serological assays, and the current status of misdiagnosis of HEV infection in China was uncertain.

**Methods** Patients with clinically suspected HEV infection were tested for the presence of HEV IgM and IgG and HEV antigen as well as HEV RNA. Serology was performed using five commercial HEV ELISA assays: Wantai, Kehua, Lizhu, Intec and Genelabs IgM and IgG. HEV RNA was detected using real-time RT-PCR assays. In addition, Serum samples collected from inpatients with Auto immune disease, early infected by Cytomegalovirus or Epstein-Barr virus and healthy people, were parallel detected by the five HEV ELISA kits to evaluate the specificity of each ELISA kit.

**Results** Patients with clinically suspected HEV infection were tested for the presence of HEV IgM and IgG and HEV antigen as well as HEV RNA. Serology was performed using five commercial HEV ELISA assays: Wantai, Kehua, Lizhu, Intec and Genelabs IgM and IgG. HEV RNA was detected using real-time RT-PCR assays. In addition, Serum samples collected from inpatients with Auto immune disease, early infected by Cytomegalovirus or Epstein-Barr virus and healthy people, were parallel detected by the five HEV ELISA kits to evaluate the specificity of each ELISA kit.

**Conclusions** The diagnosis of hepatitis E may be missed if relied on serological assays detection only. For providing optimum specificity and sensitivity in the diagnostic process, a combination of nucleic acid and serological testing is needed.

## PU-2037

### 无菌体液真菌感染的临床分布特点及耐药性分析

汪倩钰  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解武汉大学人民医院住院患者无菌体液中检出真菌的临床分布特点和耐药情况,为临床提供病原学诊断和合理使用抗真菌药物的依据。

**方法** 回顾性分析 2016 年 4 月至 2018 年 6 月临床无菌体液标本中分离的 222 株真菌,通过 MALDI TOF 质谱仪进行鉴定,用 Thermos 真菌药敏板进行药敏分析。按照 2016 年 CLSI 标准判读药敏试验结果。

**结果** 222 株真菌中白色念珠菌占 35.6% (79 株)、近平滑念珠菌占 20.1% (45 株)、热带念珠菌占 18.1% (40 株)、光滑念珠菌占 15.8% (35 株)、新型隐球菌占 4.5% (10 株)、其他占 5.9% (13 株)。样本来源主要为血液 (45%)、腹水 (21.2%)、导管尖端 (13.5%) 等。检出前 3 位的科室为重症医学科 (31.9%)、胰腺外科 (15.7%)、肾病内科 (8.1%)。分离的菌株对药物的敏感性分别为 5-氟胞嘧啶 97.3%、伊曲康唑 71.6%、氟康唑 87.8% (除克柔念珠菌对其天然耐药)、伏立康唑 91.9%、两性霉素 B 99.5%、棘白菌素类抗真菌药 100% (除新型隐球菌对其天然耐药)。

**结论** 临床无菌体液标本中检出的真菌以白色念珠菌为主,近平滑念珠菌、热带念珠菌、光滑念珠菌均较多。药敏结果显示,热带念珠菌和季也蒙念珠菌对唑类药物耐药率较高,除葡萄牙念珠菌外,其他念珠菌对伊曲康唑呈现不同程度的耐药,棘白菌素类药物抗菌活性最强。

## PU-2038

### 孕妇和新生儿无乳链球菌感染情况及耐药性分析

汪倩钰  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解孕妇和新生儿无乳链球菌的感染情况及耐药率,为临床早期筛查、预防感染、合理用药提供参考依据。

**方法** 对武汉大学人民医院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月孕妇阴道分泌物和新生儿血液、脑脊液、咽拭子、痰液等标本进行分离培养和鉴定,统计分析无乳链球菌的感染情况和药敏结果。

**结果** (1) 5532 份孕妇阴道分泌物中,共分离培养出 285 株无乳链球菌,阳性率为 5.15%。此外,有 5 株无乳链球菌来自新生儿。(2) 比较 GBS 阳性组与阴性组的妊娠结局,胎膜早破、早产、新生儿 GBS 感染和总数 (不良妊娠结局) 的差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。(3) 无乳链球菌药敏结果显示未出现对青霉素、万古霉素、利奈唑胺、头孢噻肟、头孢吡肟、阿莫西林、美洛培南耐药的菌株,而克林霉素、红霉素、左氧氟沙星和四环素的耐药率分别为 67.4%、83.2%、44.9% 和 80.4%。

**结论** 孕妇无乳链球菌阳性率为 5.15%,新生儿感染较少。无乳链球菌感染使孕妇发生胎膜早破和早产的风险增大,应重视对孕妇无乳链球菌感染的筛查,根据药敏结果选用抗菌药物干预治疗,以保证母婴健康。

## PU-2039

**急性巨核细胞白血病一例**

高海燕,王丹,王兰芳  
哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 提高对急性巨核细胞白血病的认识及对最新 2016 版 WHO 的诊断分型标准的学习。

**方法** 对一例急性巨核细胞白血病的临床诊治经过进行分析,并复习相关文献。结果:该患者确诊为急性巨核细胞白血病(即 FAB 分类中的 AML-M7)。

**结果** 该患者确诊为急性巨核细胞白血病(即 FAB 分类中的 AML-M7)。

**结论** 急性巨核细胞白血病病例较为罕见,需通过 MICM 分型标准进行诊断。

## PU-2040

**The Mechanism of Clostridium Butyricum and short-chain fatty acids alleviate mouse insulin resistance and inflammation induced by High-Fat Feeding**

Xuejiao Zhang  
Department of Immunology, Key Laboratory of Immune Microenvironment and Disease

**Objective** Obesity is currently one of the most serious public health problems worldwide because of its increasing prevalence and contribution to serious metabolic disorders, including type 2 diabetes. Gut microbiota transplantation experiments suggest a causal relationship between the gut microbiota and obesity development. We explored whether obesity-associated gut microbial species Clostridium Butyricum linked to changes in metabolic disorders as well as the effect of its fermentation product short chain fatty acid (SCFAs) among the procedure.

**Methods** The male C57BL/6J mice were fed chow diet or high-fat diet (HFD) for 14 weeks followed by 8 weeks intragastrical administration of Clostridium Butyricum or sodium chloride. The systemic inflammation was assessed by immunohistochemistry, flow cytometry and real-time PCR. The richness of the bacterial community was detected by 16S rRNA gene sequencing and OTUs ( $\alpha$ -diversity). The effects of SCFAs on insulin resistance and GPR41/43 signaling were tested by western blot.

**Results** Gastrointestinal treatments by Clostridium Butyricum significantly alleviated systemic inflammation, insulin resistance, lipid ectopic deposition and intestinal flora disorder caused by HFD. Clostridium Butyricum treatment altered the composition of the intestinal microbiota of HFD fed mice, which accompanied by improved intestinal barrier function, lowered gut inflammation. These effects were positively associated with the activation of GPR41/43 signaling.

**Conclusions** Clostridium Butyricum and SCFAs alleviate insulin resistance and inflammation caused by HFD may via activating the GPR41/43 signaling.

## PU-2041

**喹诺酮耐药流感嗜血杆菌的分子流行特征分析研究**

陈定强  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 喹诺酮耐药流感嗜血杆菌(QRHI)在世界范围有广泛的报导,但我国 QRHI 的临床特征和流行情况仍很不清楚,本文拟对临床分离的流感嗜血杆菌分离株进行耐药性和流行特点开展研究。

**方法** 收集广州地区 2016-2017 年流感嗜血杆菌临床分离株共 402 株，用纸片扩散法测定萘啶酸和环丙沙星的耐药性，这两种药物的非敏感菌株进一步用 E-test 方法确认两种药物的耐药性。对环丙沙星敏感性下降（MIC $\geq$ 0.125 mg/L）或萘啶酸耐药（MIC $\geq$ 32 mg/L）的菌株进行喹诺酮耐药决定区（QRDR）的基因测序，并用多位点序列分型（MLST）法进行序列型（ST）分型。收集相关菌株的患者临床信息，进行多因素分析。

**结果** 筛选获得 7 株环丙沙星敏感性下降的菌株（1.7%）以及 2 株环丙沙星敏感/萘啶酸耐药的菌株（0.5%）。临床特征分析发现，QRHI 感染与入侵性操作（P=0.011），感冒症状（P=0.019）以及近 3 个月曾使用喹诺酮药物（P=0.003）有显著的关联性。喹诺酮耐药基因测序结果发现 QRHI 菌株中携带 *gyrA* 基因的 Ser-84-Leu 突变或 *parC* 基因的 Ser-84-Ile 突变，其中 4 株同时携带这两个突变。MLST 分析发现 ST12（1 株）、ST408（4 株）、ST422（2 株）、ST836（1 株）和 ST1791（1 株）等 5 种 ST 型，其中 ST1791 为世界范围首次发现的 ST 型。

**结论** QRHI 在广州地区流行率较低，其耐药性与 *gyrA* 和 *parC* 基因的 QRDR 区域突变显著相关，多种临床因素可与 QRHI 感染有关，ST408 为最常见的 ST 型。

## PU-2042

### B 淋巴细胞在原发性胆汁性肝硬化患者外周血的表达

吴华仙

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 原发性胆汁性肝硬化（Primary Biliary Cirrhosis, PBC）是一类进展缓慢的肝脏自身免疫性疾病。临床常见抗线粒体抗体（Antimitochondrial antibody, AMA）阳性、高水平的碱性磷酸酶等异常实验室指标；并伴有慢性胆汁淤积、非化脓性肝内胆管破坏等主要病理表现。中、晚期 PBC 患者的内科治疗没有满意的效果，且治疗手段比较单一。因此，对 PBC 的早期诊断治疗是非常必要的。目前，寻求新的治疗靶点是 PBC 研究的热点。

PBC 的发病机制目前尚不明确，遗传、环境以及免疫等因素均可诱导 PBC 的发病。但过度的自身免疫应答反应始终是 PBC 发病的重要机制之一。早期研究发现 PBC 的病灶区聚集大量 CD20<sup>+</sup>B 及 CD138<sup>+</sup>B 细胞，证实了效应性 B 细胞在诱导 PBC 发病中的重要作用<sup>[9]</sup>。然而，对于 B 细胞在 PBC 中的具体作用仍存在着争议。以往，诸多研究证实 B 细胞可以通过分泌抗体，呈递抗原等促进 PBC 疾病的发展。然而，近期有研究提出 B 细胞或许具有负向免疫调节作用，抑制 PBC 的发展。利妥昔单抗是一种抗 CD20 的单克隆抗体，具有清除体内 B 细胞的作用。据相关研究资料显示，在利用利妥昔单抗进行 PBC 的治疗时，将近 40% 的病患因 B 细胞的缺失而导致炎症性肠病（inflammatory bowel disease, IBD）<sup>[10]</sup>。此外，在 PBC 小鼠模型中，B 细胞清除的小鼠的病情更容易恶化，并且伴有 IBD 的并发症<sup>[11, 12]</sup>。可见，PBC 患者体内可能存在着具有抑制免疫应答的 B 细胞。

**方法** 观察 B 淋巴细胞在 PBC 患者外周血中的表达情况。分析该群细胞与疾病的相关性，为 PBC 免疫机制的研究及未来治疗策略的开发提供新的实验依据。

**结果** 1. 外周血中 CD19<sup>+</sup>B 细胞所占比例情况：PBC 组为（12.210 $\pm$ 6.204）%，HC 组为（8.469 $\pm$ 3.399）%；且具有显著差异（P=0.009）。

**结论** PBC 患者体内的 B 淋巴细胞较正常人高，对于 PBC 的治疗 B 淋巴细胞是重要的治疗手段。

## PU-2043

**CRE 对多粘菌素 B 的敏感性及其两种检测方法的差异**

李焕芹,杜艳  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 分析碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌(carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, CRE)对多粘菌素 B 的敏感性,为临床合理用药提供依据;通过 E-test 法与微量肉汤稀释法比较 CRE 对多粘菌素 B 的药敏结果差异,为临床实验室选择药敏方法提供依据。

**方法** 收集昆明医科大学第一附属医院 2018.1-2018.12 分离的 CRE 菌株 230 株, E-test 法和微量肉汤稀释法(Broth microdilution, BMD)检测 CRE 对多粘菌素 B 的敏感性,分析两种药敏方法之间的差异性。

**结果** 230 株 CRE 菌株 E-test 方法的敏感率为 96.52%, 耐药率为 3.48%; 微量肉汤稀释法的敏感率为 95.65%, 耐药率为 4.35%; 两种方法的基本一致率为 95.65%; 分类一致率为 99.13%; 极大误差为 0.86%。

**结论** 多粘菌素 B 对 CRE 有很好的抗菌活性, E-test 法操作简便, 和微量肉汤稀释法一致性好, 可以应用于常规临床药敏试验。

## PU-2044

**创伤患者的血细胞分析的指导作用**

王琳琳  
哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 由于创伤急救技术的不断提高和急救系统不断完善, 严重创伤患者伤后急速病死率已明显下降, 但是伤后危及生命的并发症的发生率和各种伤残率却无明显减少。正确判断多发伤患者的创伤严重程度和预后是目前危重病医学领域中创伤诊治方面所面临的一个重要课题, 亦是进一步降低多发伤患者病死率的关键。本研究试图通过观察多发伤患者外周血血细胞参数的动态变化, 探讨其在多发伤发生、发展及预后中的作用。

**方法** 多发伤患者 34 例, 于创伤后 24h 内采集静脉血, 作为第 1 天标本, 并分别在入院后的第 3 天和第 7 天清晨空腹采血。工作特征曲线(ROC 曲线)分析曲线下面积(AUC); AUC 0.5~0.7 诊断价值较低, 0.7~0.9 中等诊断价值, 0.9 以上有较高诊断价值。采用 SPSS 11.5 统计软件, 数据以 ( $\bar{x} \pm s$ ) 表示, 多组均数间的比较采用单因素方差分析。

**结果** 本研究显示, WBC、HB、PC/WBC 比值在第 1、3、7 天差异有显著性, 另外, PC/WBC 比值均数逐步上升。本研究利用 ROC 曲线下面积评价外周血血细胞参数在评估多发伤患者预后不良时的准确性, 结果显示, PC/WBC 在第 3 天 AUC 为 0.820 (0.634~1.006), 第 7 天为 0.948 (0.844~1.051)。

**结论** 应用血细胞参数对创伤患者进行评价具有广阔的前景。并且观察 PC/WBC 在第 3 天和第 7 天的 AUC 对临床诊疗具有较高的应用价值。

## PU-2045

## 尿液仪器与手工细胞学检测方法的比较

王琳琳,刘琰

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 临床上最常用的重要的检测项目之一,主要用于泌尿生殖系统疾病、肝胆疾病、代谢性疾病及其他系统疾病的诊断和鉴别诊断、治疗监测及健康普查。干化学分析仪已广泛应用于临床,流式技术的沉渣分析仪也逐步应用于临床。本文探讨流式尿沉渣定量分析仪、Clinitek 200 尿干化学分析仪、涂片显微镜镜检进行对照研究

**方法** 我院来诊患者随机 200 例,用一次性洁净尿杯收集患者尿液 15 ml 左右,先进行尿干化学测定,再进行涂片显微镜镜检,最后做尿沉渣定量分析(用双盲法判读),操作由丰富临床经验的专业技术人员在 1 h 内完成。流式尿沉渣定量分析仪测定红细胞(RBC)、白细胞(WBC)的正常值为 RBC 0 个/ $\mu$ l~1 个/ $\mu$ l, WBC 0 个/ $\mu$ l~3 个/ $\mu$ l, Clinitek 200 尿干化学分析仪 RBC、WBC 正常值为阴性,涂片显微镜镜检正常值为 RBC 0 个/ $\mu$ l~1 个/HP, WBC 0 个/ $\mu$ l~2 个/HP,超出正常值范围则视为阳性。

**结果** 三种方法检测 RBC、WBC 的检出率较一致,对 RBC 而言检出率高低分别为 Clinitek 200>sysmex1000i>涂片镜检,对 WBC 而言检出率高低分别为 sysmex1000i >Clinitek 200>涂片镜检。

**结论** 在临床应用上把 3 种方法有机地结合起来,干化学的快捷简便和流式沉渣定量的准确性及自动化、手工镜检的金标准,从而可增加检测结果的敏感度和准确性,为临床对泌尿系、循环系、内分泌系的清晰鉴别诊断、疗效观察及预后观察提供可供参考的实验数据。

## PU-2046

## 尿液传统方法与仪器的比较分析

刘琰,王琳琳

哈尔滨市医科大学附属第一医院

**目的** 手工法检验尿常规结果分析,进一步了解分析仪和传统的显微镜手工法在尿液分析中的优缺点,使检验工作者在实际工作中正确对待两种方法的应用,指导检验人员科学地把两种结合起来。

**方法** 我们对 500 份尿样分别用两种方法进行检测对其结果分析,一种方法用尿液分析仪检测记录尿蛋白、白细胞、红细胞结果,微量以上为阳性,微量以下为阴性。另一种方法用加热醋酸法检测尿蛋白,再用离心试管取 10 ml 混匀的尿液以 1 500 r/min 离心 5 min,倾去上清液,留取 0.2 ml 沉渣,涂片镜检,记录尿蛋白、红细胞和白细胞结果,微量以上为阳性,微量以下为阴性。

**结果** 分析仪检测尿蛋白和白细胞的阳性率(8.85%和 10.20%)不及手工法阳性率(9.10%和 11.85%)高,但分析仪检验红细胞的阳性率(11.85%)高于手工法红细胞阳性率(9.80%)。阳性结果不能相吻合,两种方法虽然存在一定的差异,但经统计学处理( $P>0.05$ )差异无显著性。

**结论** 结果说明两种方法均可作为临床使用。分析仪检测尿蛋白阳性率低于手工法阳性率,分析仪检测白细胞阳性率不如显微镜检测尿中白细胞阳性率高。但分析仪对尿中红细胞的检测比显微镜阳性率高。两种方法合理应用,取长补短,以便为临床疾病的诊断和治疗提供正确检验结果

## PU-2047

## 长沙地区体检健康成年人血清未饱和铁结合力、总铁结合力、转铁蛋白饱和度参考区间的建立

庄思琪

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 调查长沙地区体检健康成年人血清铁(SI)、血清未饱和铁结合力(UIBC)水平,计算血清总铁结合力(TIBC)、转铁蛋白饱和度(TS),从而验证 WS/T404.4—2018 血清铁参考区间,并建立 UIBC、TIBC、TS 参考区间,为临床提供诊断依据

**方法** 选择 387 例长沙地区体检健康成年人作为研究对象,其中男性 167 例,女 220 例,分别按年龄段 20-29 岁、30-39 岁、40-49 岁、50-59 岁、60-69 岁分为 5 组。使用红菲绕啉直接法检测 SI 及 UIBC,计算 TIBC 及 TS,依据美国临床和实验室标准协会(CLSI) C28-A3 要求,验证 SI 参考区间,并以非参数法建立 UIBC、TIBC、TS 参考区间。

**结果** 验证结果表明现行《WS/T 404 临床常用生化检验项目参考区间》规定的血清铁国家标准区间适用于长沙市人群;血清 UIBC、TIBC 在男女性中均符合正态分布,男性 UIBC 为  $(33.89 \pm 8.66)$   $\mu\text{mol/L}$ ,女性为  $(37.56 \pm 8.58)$   $\mu\text{mol/L}$ ,差异有统计学意义( $P=0.000$ ),需按性别分组建立参考区间;男性 TIBC 为  $(57.00 \pm 6.66)$   $\mu\text{mol/L}$ ,女性为  $(57.56 \pm 7.10)$   $\mu\text{mol/L}$ ,差异无统计学意义( $p=0.434$ ),不需按性别分组建立参考区间;血清 TS 在男性中符合正态分布,为  $(0.3513 \pm 0.1005)$ ,在女性中不符合正态分布,差异有统计学意义( $P=0.000$ ),需按性别分组建立参考区间。TIBC、UIBC、TS 五个年龄组间两两比较均无显著性差异,均不需要根据年龄段分组。长沙地区体检健康成年人血清 TIBC 的参考区间为  $45.22 \sim 73.44$   $\mu\text{mol/L}$ ,血清 UIBC 的参考区间,男性为:  $15.96 \sim 54.36$   $\mu\text{mol/L}$ ;女性为:  $23.37 \sim 58.18$   $\mu\text{mol/L}$ ,血清 TS 的参考区间,男性为:  $20.94 \sim 67.12$  (%);女性为:  $16.58 \sim 54.37$  (%)。

**结论** 国家标准血清铁参考区间可以适用于长沙市人群;初步建立了长沙地区体检健康成年人血清 TIBC、UIBC、TS 的参考区间

## PU-2048

## 影响血型分析的因素探讨

刘琰,鲁平

哈尔滨市医科大学附属第一医院

**目的** 血型鉴定正确与否,直接影响临床输血抢救及血源组织工作。根据笔者近年来的统计,有几例血型检查结果出现错误。

**方法** 实验中温度过高或过低、时间太长、水分蒸发时容易出现串线状现象。某些肝肾疾病,传染病或红细胞沉降速度增快的病人,血中纤维蛋白原或球蛋白增高或输代血浆血中含大量高分子右旋糖酐,都能使红细胞形成串钱状,被误认为凝集。

**结果** 血型检查质量管理措施:根据本科的工作和实际工作中出现的情况,对血型检查从采集标本到发生报告都要严格把关,一切按正规操作。实验中温度过高或过低、时间太长、水分蒸发时容易出现串线状现象。某些肝肾疾病,传染病或红细胞沉降速度增快的病人,血中纤维蛋白原或球蛋白增高或输代血浆血中含大量高分子右旋糖酐,都能使红细胞形成串钱状,被误认为凝集。

**结论** 所用的器材应洁净干燥(等渗盐水洗涤),防止溶血。红细胞悬液以 5%为最好,不低于 2%。夜间应在显微镜下观察结果,冬季应注意温度避免冷凝干扰结果。有关药物因素与其他因素有待于进一步探讨。



PU-2049

## 妊娠晚期孕妇 PT、APTT 的检测及临床意义

马晓波

云南省昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨妊娠晚期孕妇凝血功能检测的临床意义。

**方法** 采用 STA-R Evolution 全自动凝血分析仪测定 198 例妊娠晚期孕妇(研究组)及 100 例健康育龄未孕妇女(对照组)的凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)，并进行分析比较。

**结果** 观察组的 PT、APTT 均较对照组明显缩短 (P 值<0.01)。

**结论** 妊娠晚期妇女血液 PT、APTT 较健康正常女性明显缩短，检测其凝血功能，对预防或早期治疗产后出血及弥散性血管内凝血(DIC)有一定的帮助。

PU-2050

## AAV8 directs long-lasting and stable antibody expressing in vitro against HIV-1

youxiang Sun<sup>1,2,3</sup>, Yuxian He<sup>2,3</sup>

1.The Affiliated Hospital of Qingdao University

2.NHC Key Laboratory of Systems Biology of Pathogens, Institute of Pathogen Biology, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

3.Center for AIDS Research, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** Passively transferred elite monoclonal neutralizing antibodies such as VRC01, 3BNC117 and 10-1074 in animal models have been displaying promising efficacy in HIV-1 prevention and therapy. However, due to the limited life cycle of antibodies, it needs repeated injections to maintain sufficient antibody concentration in vivo, and it would cause a great consumption for patient in future clinical application. Realizing those specified antibodies initiatedly produced by individuals maybe a sound strategy to defend HIV-1 infection.

**Methods** In our study, we applied adeno-associated virus 8 (AAV8) as antibody expressing vector, encoding the full sequence of VRC01, 10-1074 or luciferase between its rep and cap genes.

**Results** Post the recombinant AAV vectors infection of 293T and Huh7.5.1 cells, we detected antibody expression in cell culture as soon as 24 hours by ELISA, and we identified the specific heavy and light chains through western-blotting test. None the less, we discovered the vectored antibody expression in cell culture could last at least to 196 hours in vitro. Pseudo-viral HIV-1<sub>JRFL</sub> based neutralizing test displayed that the antibody containing cell cultures possessed approved neutralizing activity against HIV-1, suggesting the potential protection of the vectored antibodies in vitro.

**Conclusions** Our study verified that AAV8 was able to direct long-lasting and stable antibody expressing in vitro and the antibody based transgenic strategy is worth being further explored as an alternative approach to defend HIV-1 infection.

## PU-2051

**基质金属蛋白酶（MMPs）与动脉粥样硬化的新进展**

俞晓晨,宋熙瑶

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 了解基质金属蛋白酶的性能,为其在临床上的应用提供可能。

**方法** 基质金属蛋白酶（Matrix metalloproteinases, MMPs）是一组具有相似结构和功能的蛋白水解酶。MMPs 通常以无活性的酶原形式分泌,在激活因子的作用下被激活。MMPs 的活性由总蛋白酶抑制剂,组织抑制因子（TIMPs）加以调节。

**结果** 不同 MMPs 对动脉粥样硬化的作用不同。

**结论** 使用 MMP 特异的抑制剂来抑制 MMP 的有害作用,这也是将来治疗动脉粥样硬化的一个新靶点。

## PU-2052

**乳糜血对血细胞检测的影响及排除方法的研究**

曹盛吉,马晓露,孙晓明

大连医科大学附属第一医院,116000

**目的** 研究乳糜血对血细胞检测结果的影响,并探讨去除此种影响的方法。

**方法** 随机选取 200 例（男 108 例,女 92 例）非乳糜血标本进行血常规检测;将标本用脂肪乳进行血浆置换,混匀后进行血常规检测;将标本随机分为生理盐水组和血常规稀释液 EPK 组,每组 100 例,分别将乳糜血标本用等量生理盐水和 EPK 进行血浆置换两次,并分别进行血常规检测。用 SPSS19.0 对各组数据进行统计分析。

**结果** 1.乳糜血标本的白细胞计数（WBC）、血红蛋白含量（Hb）、血细胞比容（Hct）、平均红细胞容积（MCV）、平均红细胞血红蛋白量（MCH）、平均红细胞血红蛋白浓度（MCHC）与原始血标本检测值之间有显著差异（ $P<0.05$ ）;2.生理盐水组和 EPK 组血浆置换一次的检测值与原始血标本检测值有显著差异（ $P<0.05$ ）,而置换两次的检测结果与原始结果之间无显著差异;3.红细胞计数（RBC）在各组之间均无显著差异。

**结论** 1.严重乳糜血会对白细胞计数（WBC）、血红蛋白含量（Hb）、血细胞比容（Hct）、平均红细胞容积（MCV）、平均红细胞血红蛋白量（MCH）、平均红细胞血红蛋白浓度（MCHC）的检测产生干扰;2.用生理盐水或血常规稀释液 EPK 进行血浆置换两次后可消除此种干扰。

## PU-2053

**心型脂肪酸结合蛋白在急性心肌梗死中的应用**

王一多,金英玉,蒋丽鑫

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 研究心型脂肪酸结合蛋白对于指导临床诊断急性心肌梗死方面拥有重要意义

**方法** 对比在急性心肌梗死早期心型脂肪酸结合蛋白与肌钙蛋白、肌红蛋白的灵敏性及特异性

**结果** 在急性心肌梗死早期心型脂肪酸结合蛋白比肌钙蛋白、肌红蛋白出现的更早,心型脂肪酸结合蛋白在体内的升高浓度更加明显

**结论** 心型脂肪酸结合蛋白在诊断急性心肌梗死中将是一种新兴的分子标志物

## PU-2054

## 两种化学发光法检测抗双链 DNA 抗体的性能评价

晋晶

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 评价两种全自动、定量和随机上样化学发光法(chemiluminescent immunoassay, CLIA)检测系统检测抗双链 DNA 抗体的临床应用价值,为临床抗双链 DNA 抗体检测方法的选择提供参考。

**方法** 对临床 40 例系统性红斑狼疮患者及 31 例非自身免疫病患者的血清样本分别采用苏州浩欧博磁微粒全自动化学发光自身抗体检测系统和美国 INOVA 公司 BIO-FLASH 全自动化学发光检测系统采用 CLIA 平行检测抗双链 DNA 抗体,与传统的间接免疫荧光法(immunofluorescent assay, IFA)检测抗双链 DNA 抗体结果进行比较。对上述检测结果进行统计学分析。

**结果** 两种 CLIA 检测系统与 IFA 对抗双链 DNA 抗体的检测表现出良好的符合率,其中,浩欧博磁微粒全自动化学发光检测系统检测抗双链 DNA 抗体与 IFA 总符合率为 88.7%,阳性符合率 85.7%,阴性符合率 90%。BIO-FLASH 全自动化学发光检测系统检测抗双链 DNA 抗体与 IFA 总符合率为 87.3%,阳性符合率 100%,阴性符合率 82%。

**结论** 与 IFA 比较,两种 CLIA 检测系统在检测抗双链 DNA 抗体均具有良好的符合率。CLIA 检测系统在抗双链 DNA 抗体检测上不仅提供了客观的检测数据,与传统 IFA 结果相比,同时具有较高的检测通量,实现了自动化。建议实验室开展抗双链 DNA 抗体检测方法选择时,应同时结合样本临床信息以及方法学自身特点、实验室自身条件等因素进行严格的判断和评价。

## PU-2055

## TNFSF15 与系统性红斑狼疮的易感性研究

王娴默<sup>1</sup>,涂建成<sup>2</sup>,范文<sup>1</sup>

1.荆州市第一人民医院,434000

2.武汉大学中南医院,430000

**目的** 研究 TNFSF15 的基因多态性与 SLE 的易感性之间的关系。

**方法** SLE 患者和健康对照均使用聚合酶链反应-限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)检测 TNFSF15 的 3 个独立单核苷酸多态性(SNPs),用于分析这 3 个单核苷酸多态性与 SLE 风险的关系。

**结果** rs3810936 T 等位基因携带者 SLE 低风险(T vs C, OR = 0.619, 95%CI = 0.411~0.933, P = 0.003), rs4979462 T 等位基因携带者 SLE 高风险(T vs C, OR = 1.66, 95%CI = 1.243 - 2.218, P < 0.001)。TNFSF15 的 rs3810936 和 rs4979462 的基因型与蝴蝶斑,关节炎,浆膜炎,肾炎,血液学紊乱,免疫学紊乱及 SLE 患者 ANA 阳性显著相关(all P < 0.05)。CCT 和 CTT 单倍型是 SLE 的风险因素,CCC 和 TTT 是 SLE 的保护因素(all P < 0.05)。Logistic 回归分析显示 TNFSF15 的 rs3810936 和 rs4979462,冻疮和潮湿的居住环境历史与 SLE 的危险独立相关(all P < 0.05)。

**结论** 研究结果表明, TNFSF15 (rs3810936 和 rs4979462) SNPs 有易感 SLE 风险,这明显与 SLE 的临床表型相关。

**结论** 研究结果表明, TNFSF15 (rs3810936 和 rs4979462) SNPs 有易感 SLE 风险,这明显与 SLE 的临床表型相关。

## PU-2056

## 不同年龄组别血中胱抑素 C 水平相关性分析

袁国明  
哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 研究和了解血清胱抑素 C（半胱氨酸蛋白酶抑制剂 C cys-c）不同年龄组别含量的相关性。

**方法** 将 154 名 25-81 岁健康男性根据年龄分为四组分别测其血清中 cys-c 含量，对其结果进行统计学分析。

**结果** 对同一性别不同年龄段间比较发现血清 cys-c 浓度在 25-40，41-59 岁 2 个年龄组之间差异无统计学意义（P 值分别为 0.823，0.95），但在 59 岁以后，随着年龄的增大，血清 cys-c 浓度逐渐上升，且各个年龄组之间差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ， $P < 0.01$ ）。

**结论** 血清 cys-c 是反映肾小球滤过率的一个指标，在健康人群中同一性别血中 cys-c 浓度 25-55 岁之间没有显著差别，但在 59 岁以后，随着年龄的增大，血清中 cys-c 浓度逐渐上升。

## PU-2057

## 外周血中性粒细胞-淋巴细胞比值和 C 反应蛋白

郑力辉,苏丽菊,柴淼,张萌,张丽鑫,高春波  
哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 探讨中性粒细胞-淋巴细胞比值(NLCR)和 C 反应蛋白(CRP)在细菌性社区获得性肺炎(CAP)早期诊断和鉴别诊断中的临床价值。

**方法** 检测 40 例细菌性肺炎，40 例肺炎支原体肺炎，40 例病毒性肺炎及 40 例健康体检者的 NLCR、白细胞总数、中性粒细胞数、淋巴细胞数和 CRP 含量，并对检测结果进行统计学分析。

**结果** 细菌性 CAP 的 NLCR 和 CRP 显著高于支原体组、病毒组和正常对照组( $P < 0.05$ )。ROC 曲线分析显示 NLCR 和 CRP 在细菌性 CAP 诊断中的 ROC 曲线下面积分别为 0.911 和 0.896，对细菌性 CAP 的诊断均具有良好的敏感度和特异性。

**结论** 周血 NLCR 比值和 CRP 含量对细菌性 CAP 的早期诊断和鉴别诊断有重要的临床意义。

## PU-2058

## 尿液结晶检验与临床的研究

王黎光  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 通过对尿液结晶检验原理与方法的研究，更深层次的去了解尿液结晶的原因、检测方法以及预示的身体疾病方面的内容。

**方法** 选取 200 例尿液结晶检测结果。并将其进行整合，按照一定的方法对其进行分类研究。选取不同种类的尿液结晶检测结果进行全面的分析。

**结果** 200 例尿液结晶检测结果与对应的并发症吻合度较高。

**结论** 可以通过尿液结晶检测的方法进行一些疾病的检查。

## PU-2059

## 超敏 C 反应蛋白、乳酸和肌红蛋白联合检测心肌炎的应用价值

张岩

胜利油田中心医院,257000

**目的** 探讨高灵敏度 c 反应蛋白(hs-CRP)、乳酸(LAC)和肌红蛋白(Mb)联合检测在急性病毒性心肌炎(AVM)诊断中的价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 1 月在我院接受治疗的 76 例确诊为病毒性心肌炎的 AVM 患者作为观察组,同时选取同期在我院接受体检的 76 例健康人作为对照组,空腹状态下抽取静脉血。对抽取的血液样本离心,ELISA 检测血清中 hs-CRP 含量,全自动医学分析仪检测 LAC 和 Mb 含量。SPSS 分析数据并绘制 hs-CRP、LAC 和 Mb 受试者工作曲线(ROC 曲线),并进行统计学分析,计算单独检测和联合检测的曲线下面积。

**结果** 与健康组相比,血清 hs-CRP、LAC、Mb 均高于对照组( $P<0.05$ )。ROC 曲线分析显示,血清 hs-CRP、LAC、Mb 联合检测敏感性明显高于单独检测,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** hs-CRP、LAC、Mb 联合检测对 AVM 的早期诊断具有较高的价值,值得临床推广应用。

## PU-2060

## 急性颅脑损伤患者检测血清 S100B 蛋白的临床意义

郝潇蕾

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨血清 S100B 蛋白对急性颅脑损伤患者的诊断意义

**方法** 选取本院脑外科住院的颅脑损伤患者和健康体检者,采用金磁微粒免疫层析方法检测血清中 S100B 蛋白的水平。

**结果** 急性颅脑损伤患者血清 S100B 蛋白水平与健康对照组比较,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 检测血清 S100B 蛋白水平作为评估急性颅脑损伤患者病情严重程度及预后具有重要意义。

## PU-2061

## 电化学发光免疫分析法检测低 S/CO 值梅毒特异性抗体的临床应用

黄焕源,王春霞

兰州市第一人民医院

**目的** 探讨电化学发光免疫分析法(Electrochemical luminescence immunoassay, ECLIA)在检测低 S/CO 值梅毒特异性抗体中的临床应用。

**方法** 收集 2017 年 9 月至 2019 年 3 月在本实验室用电化学发光免疫分析法检测梅毒螺旋体特异性抗体结果为阳性的低值( $1 \leq S/CO < 5$ )血清样本 236 例,用梅毒螺旋体血凝试验(Treponema pallidum haemagglutination assay, TPHA)和荧光螺旋体抗体吸收试验(Fluorescent treponemal antibody absorption (FTA-ABS) test)进行验证,结合临床资料,计算电化学发光免疫分析法在检测低 S/CO 值梅毒螺旋体特异性抗体中的灵敏度和特异性。

**结果** 针对 236 份低 S/CO 值 ( $1 \leq S/CO < 5$ ) 血清样本, 电化学发光免疫分析法的敏感性为 100.00%, 特异性为 81.59%。

**结论** 电化学发光免疫分析法检测梅毒螺旋体特异性抗体的敏感性很高, 适合临床大样本筛查, 但对于低 S/CO 值的标本 ( $1 \leq S/CO < 5$ ), 应结合梅毒螺旋体血凝试验和荧光螺旋体抗体吸收试验及临床资料进行确诊。

## PU-2062

### 科宝 XS 全自动尿液有形成分分析仪的临床应用评价

宋妍妍

哈尔滨市第一医院, 150000

**目的** 对科宝 XS 全自动尿液有形成分分析仪在临床使用中检测结果可靠性进行评价。

**方法** 选取门诊新鲜随机尿标本, 对仪器的批内精密度、重复性、线性、识别准确率、携带污染率进行评测。

**结果** 高、低值标本批内精密度白细胞为 0.48%, 2.4%; 红细胞为 0.46%, 4.3%。白细胞在 0 ~ 1058 个/ $\mu$ l 线性范围间的相关系数为 0.999, 红细胞在 0 ~ 894 个/ $\mu$ l 线性范围内的相关系数为 0.997。经不离心标本人工镜检对比, 仪器识别准确率分别为红细胞 93%, 白细胞 97%, 管型 62%。红、白细胞的携带污染率均为 0%。

**结论** 科宝 XS 全自动尿液有形成分分析仪检测性能较好, 且不需要离心, 检测结果直观、可信度高, 具有较好的临床应用价值。

## PU-2063

### CBS 基因多态性在疾病中的研究进展

王志刚, 张祎, 李欣, 高淑芹

哈尔滨医科大学, 150000

**目的** 胱硫醚  $\beta$  合酶 (CBS) 基因位于人 21 号染色体长臂 2 区 2 带 3 亚带 (21q22.3), 全长 23753bp, 它编码的蛋白 (胱硫醚  $\beta$  合酶) 是催化同型半胱氨酸转硫途径第一步的关键酶。

**方法** CBS 基因缺陷可导致胱氨酸-合酶缺乏 (CBSD), 从而导致同型胱氨酸尿症。近些年来, 随着测序技术的发展, CBS 基因的多态性与疾病相关性的研究越来越多。

**结果** 本文重点讨论 CBS 基因多态性在疾病的发生发展中起到的作用, 并对近些年来文献中报道的 CBS 基因多态性相关的疾病研究进展进行简要综述

**结论** 本文重点讨论 CBS 基因多态性在疾病的发生发展中起到的作用, 并对近些年来文献中报道的 CBS 基因多态性相关的疾病研究进展进行简要综述

## PU-2064

### Nrf2 介导同型半胱氨酸在脂肪细胞的脂解抑制作用

王志刚, 李欣, 张祎, 高淑芹

哈尔滨医科大学, 150000

**目的** 研究 Nrf2 在同型半胱氨酸 (Hcy) 抑制脂肪分解中的作用及其分子机制。

**方法** 体外实验采用小鼠 3T3-L1 前脂肪细胞诱导分化成脂肪细胞, 再在细胞培养液中加入 Hcy 模拟高同型半胱氨酸血症 (HHcy) 模型。利用 Nrf2 siRNA 转染脂肪细胞, 或用 Nrf2 的激活剂表没食

子儿茶素没食子酸酯 (EGCG) 和叔丁基对苯二酚 (t-BHQ) 处理脂肪细胞。体内实验取 10 只 C57BL/6 小鼠, 分为对照组和 Hcy 组, Hcy 组饮用水中补充 Hcy 4 周, 建立 HHcy 小鼠模型。另取 10 只 C57BL/6 小鼠, 分为对照组和 EGCG 组, EGCG 组腹腔注射 EGCG 4 周。分别检测脂肪细胞和小鼠血浆中甘油三酯 (TG) 含量的变化, 验证是否发生脂肪沉积。利用甘油和 FFA 检测试剂盒, 分别测定细胞培养液和小鼠血浆中甘油和游离脂肪酸 (FFA) 含量, 验证脂解作用是否发生抑制。用 Real-time PCR 检测 Nrf2 及其下游靶基因的 mRNA 表达水平。利用 Western blot 检测 Nrf2 的蛋白表达水平和激素敏感性脂肪酶 (HSL) Ser565 的磷酸化水平。

**结果** Hcy 处理脂肪细胞后, 细胞内 TG 沉积, 甘油和 FFA 含量降低。同时, Hcy 能明显增加 Nrf2 的表达和激活。利用 Nrf2 siRNA 处理能够缓解 Hcy 诱导的甘油的释放。相反的, Nrf2 的激活剂能增加 TG 沉积, 并抑制甘油的释放。Hcy 喂养小鼠四周后, 小鼠脂肪组织 Nrf2 的表达明显增加, 血浆甘油和 FFA 明显降低。与对照组相比, EGCG 组小鼠血浆甘油水平明显降低。此外, Hcy 能增加细胞 HSL Ser565 的磷酸化水平, 而 Nrf2 的敲减能抑制 Hcy 诱导的 HSL Ser565 位点的磷酸化水平。

**结论** Nrf2 介导 Hcy 在脂肪细胞的脂解抑制作用。Nrf2 在 HHcy 相关的脂类代谢障碍中的关键作用为这些疾病的诊断和治疗提供了新的候选分子靶标。

## PU-2065

### 传染病院检验科生物安全管理及防护措施探讨

岳治国, 崔峰婷

黑龙江省第四医院黑龙江省结核病防治院, 150000

**目的** 探讨传染病院检验科生物安全的管理及防护措施。

**方法** 面加强生物安全知识培训, 制定系统的生物安全操作规范, 配备相应的生物安全设施, 对样本制定严格的管理制度。

**结果** 传染病院检验科应该严格的按照制定的生物安全操作规范进行管理, 制定好相应的防护设施和措施, 减少实验室的生物安全隐患, 避免生物安全事故的发生。

**结论** 对传染病院检验科生物安全进行严格系统的规范化管理, 减少检验人员工作的风险, 减少有害微生物的外泄, 从而全面提升检验科生物安全管理与防护质量。

## PU-2066

### 网织红细胞在乳腺癌治疗期间的变化及其临床意义

王诗淳<sup>1</sup>, 宋光宇<sup>2</sup>

1. 天津医科大学肿瘤医院, 300000

2. 天津协和华美医学诊断技术有限公司

**目的** 通过对乳腺癌患者治疗期间 HFR (高荧光强度网织红细胞数)、MFR (中荧光强度网织红细胞数)、LFR (低荧光强度网织红细胞数) 以及 WBC (白细胞数)、PLT (血小板数) 进行记录并分析, 了解这些相关指标在化疗治疗前后的变化情况, 探讨网织红细胞于乳腺癌患者化疗治疗效果监测中的临床应用价值。

**方法** 采集 2016—2018 年天津医科大学附属肿瘤医院的 60 例乳腺癌患者的外周静脉全血用 XN2000 血细胞分析仪分析, 检测各患者化疗治疗前后 HFR、MFR、LFR、WBC 和 PLT, 并将结果与 40 名健康对照组进行对比分析。

**结果** 患者化疗治疗前后 HFR、MFR、LFR 以及与正常值相比均有明显的变化, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ) 而 WBC 和 PLT 受各种生理因素和病理因素的影响较大, 在化疗治疗前后呈现无规律的变化, 其差异不具有统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** HFR、MFR 以及 LFR 在化疗治疗期间不同的时间都呈现有一定趋势的变化,对于评价乳腺癌患者化疗治疗效果以及治疗效果的监测具有极大的临床价值,而网织红细胞的数量能反映骨髓造血抑制程度,因此也逐渐作为评价乳腺癌患者骨髓抑制和恢复开始的灵敏指标而被临床广泛使用,对临床医师治疗方案的制定以及调整具有很大的指导意义。

## PU-2067

### 同型半胱氨酸水平与血小板聚集功能的相关性

张云平,毕莉

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨冠心病患者同型半胱氨酸水平(Homocysteine, HCY)与血小板聚集功能之间的关系。

**方法** 检测 136 例冠心病患者及正常的健康体检者 87 例的 HCY 及以二磷酸腺苷(ADP)和花生四烯酸(AA)为诱导剂的血小板聚集功能,进行统计对比分析。

**结果** 冠心病组的 HCY 水平、血小板聚集功能与对照组比较有显著差异( $P<0.05$ );高 HCY 患者组血小板聚集功能与正常 HCY 患者组比较有显著差异( $P<0.05$ )。

**结论** HCY 水平增高可引起血小板聚集功能增强,是冠心病反复发作的高危因素。

## PU-2068

### 抗缪勒管激素的临床应用

高丹丹,赵静媛

齐齐哈尔市建华区中医院,161000

**目的** 抗缪勒氏管激素(AMH)的水平能够精确反映窦卵泡的数量和质量,也就是卵巢储备功能。

**方法** 通过检测 AMH 能够预测卵巢反应性,判断卵巢储备功能,反应女性生育能力,并且能够诊断与卵巢相关的一些疾病

**结果** 因此成年女性的 AMH 水平能够评估女性的卵巢相关储备功能,AMH 由发育中的窦卵泡中分泌,因此能够直接反映女性卵巢储备。

**结论** 临床研究也表明 AMH 能够准确反映女性生育能力和卵巢反应性,是目前评估卵巢功能的最佳指标之一。它在辅助生殖、妇科内分泌、肿瘤、发育等领域有着重要的应用。

## PU-2069

### 染色体的多态性与生殖异常关系分析

陈琳,王伟,李卓

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 分析生殖中心门诊中不孕不育及自然流产患者染色体多态性的情况。

**方法** 择我院生殖中心患者 1041 例进行外周血淋巴细胞培养,常规 G 显带后进行染色体核型分析,必要时行 C 显带或 N 显带。结果:1041 例患者中检测异常的患者 137 例,异常检出率为 13.16%,其中染色体多态 112 例,多态检出率为 10.76%,其中 9 号染色体臂间倒位 11 例,副缢痕增长(包括 1、9、和 16 号染色体)45 例,大 Y 染色体 8 例,小 Y 染色体 22 例,D、G 组随体增加 4 例,双随体 12 例,随体减少 6 例,随体柄增长 1 例,2 号染色体臂间倒位 1 例,着丝粒增加 1 例,患者中均有不孕不育、流产、死胎、畸胎等临床效果。



**结果** 1041 例患者中检测异常的患者 137 例,异常检出率为 13.16%,其中染色体多态 112 例,多态检出率为 10.76%,其中 9 号染色体臂间倒位 11 例,副缢痕增长(包括 1、9、和 16 号染色体)45 例,大 Y 染色体 8 例,小 Y 染色体 22 例,D、G 组随体增加 4 例,双随体 12 例,随体减少 6 例,随体柄增长 1 例,2 号染色体臂间倒位 1 例,着丝粒增加 1 例,患者中均有不孕不育、流产、死胎、畸胎等临床效果。

**结论** 常规外周血淋巴细胞染色体多态性与不良生殖效应有密切联系,包括不孕不育、死胎、生育畸形儿、习惯性流产等密切相关。

## PU-2070

### 细菌 L 型检测在女性泌尿生殖系统感染性

苗岩,杨威,吴艳娜

哈尔滨市红十字中心医院,150000

**目的** 研究细菌 L 型与感染性疾病的关系,根据细菌 L 型生理、生化特点,寻找特异性强、敏感性高、简便、快速的细菌 L 型检验方法

**方法** 制定出适用于临床治疗细菌 L 型抗菌素谱,应用于妇产科感染性疾病的诊断与治疗

**结果** 为临床感染性疾病的诊断和抗生素的合理应用提供重要依据。

**结论** 研究细菌 L 型与感染性疾病的关系,根据细菌 L 型生理、生化特点,寻找特异性强、敏感性高、简便、快速的细菌 L 型检验方法,制定出适用于临床治疗细菌 L 型抗菌素谱,应用于妇产科感染性疾病的诊断与治疗,为临床感染性疾病的诊断和抗生素的合理应用提供重要依据。

## PU-2071

### 血清淀粉样蛋白 A 与疾病的关系及研究进展

杜建明,陈琳

哈尔滨市红十字中心医院,150000

**目的** 血清淀粉样蛋白 A (serum amyloid A protein, SAA) 是一种急性时相反应蛋白, SAA 属于多基因编码的多形态蛋白家族,是组织淀粉样蛋白 A 的前体物质。

**方法** 在机体发生炎症 48~72 h 内有明显升高,能及时反映机体炎症反应。目前随着对 SAA 的不断深入研究,发现 SAA 不仅能反映机体的炎症反应,对其它众多疾病也有较好的监测作用。

**结果** 目前随着对 SAA 的不断深入研究,发现 SAA 不仅能反映机体的炎症反应,对其它众多疾病也有较好的监测作用。

**结论** 本文就 SAA 的结构组成、合成代谢及其在各种疾病中的应用进行综述。

## PU-2072

### 降钙素原联合超敏 C-反应蛋白检测在新生儿感染性疾病诊断中的价值

杜志婷,陈琳

哈尔滨市红十字中心医院,150000

**目的** 研究降钙素原联合超敏 C-反应蛋白检测在新生儿感染性疾病诊断中的价值

**方法** 选取我院 2018 年 6 月—12 月收治的新生儿 120 例, 分为两组, 感染组 60 例, 非感染组 60 例, 分别对两组新生患儿治疗前的血清降钙素原和超敏 C 反应蛋白含量进行定量测定, 对检测结果进行分析。

**结果** 感染组血清降钙素原与超敏 C-反应蛋白含量显著高于非感染组。差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )

**结论** 降钙素原联合超敏 C-反应蛋白检测能快速鉴别新生儿非细菌感染和细菌感染, 对临床诊断治疗有重要价值。

## PU-2073

### 血清同型半胱氨酸联合尿微量白蛋白检测 对烧伤患者肾脏损伤的意义

刘延玲, 郭亚巍, 穆业波  
哈尔滨市第五医院, 150000

**目的** 重度烧伤能够导致机体内大量液体由创面外渗造成低血容量性休克, 因此引发缺血、缺氧性损害可造成全身许多脏器的损伤, 其中肾脏损伤是较早出现的并发症。

**方法** 重度烧伤由于休克不能及时复苏所致肾脏功能衰竭, 已成为烧伤患者死亡的主要原因之一。

**结果** 然而早期的肾脏损伤没有临床症状, 进展缓慢, 传统的评价肾脏的实验室指标难以准确判断。此项研究联合检测血清 HCY 及尿 mALB 在早期烧伤患者体内的含量变化,

**结论** 探讨它们在严重烧伤引起的早期肾脏损伤中的意义。

## PU-2074

### Gamma heavy chain disease associated with T large granular lymphocytic leukemia

Pengchang Li, LING QIU, JIANHUA HAN, QIAN DI, JUNBAO ZHANG, WEI SU, WEI JI  
PUMCH

**Objective** Abstract: BACKGROUND: Gamma heavy chain disease (gHCD) is a rare lymphoproliferative disorder characterized by the production of a truncated immunoglobulin heavy chain. Fewer than 200 cases have been reported in the literature. gHCD is associated with a variety of underlying lymphoproliferative disorders. Large granular lymphocyte (LGL) leukemia is another rare lymphoproliferative disorder. It is rare that two kind of rare disease happened in the same patient.

**Methods** METHODS: The aim of this report is to show a rare case of gamma heavy chain disease in a 31 year old female patient with large granular lymphocytic leukemia focusing on the laboratory presentation. The gel electrophoresis, capillary electrophoresis, immunotyping, blood smear, bone marrow TCR gene rearrangements and phenotype can aid in the diagnosis of this case.

**Results** RESULTS: The clinical, biochemical, haematological, and histological findings help to diagnose gamma heavy chain disease associated with T large granular lymphocytic leukemia.

**Conclusions** CONCLUSIONS: gHCD and LGL leukemia share some similar clinical features. It could result in a diagnostic dilemma. The pathogenesis of gHCD and LGL currently remains unclear, however, the different diagnostic method may contribute to a clearer understanding of its clinicopathological features.

## PU-2075

## A cathepsin B-dependent cleavage product of serum amyloid A1 identifies patients with chemotherapy-related cardiotoxicity

Fangfang Zhang

Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

**Objective** Improvements in long-term cancer survival rates have resulted in an increase in the prevalence of chemotherapy-linked cardiac failure, but cardiac injuries sustained during treatment may not be detected until long after therapy. New guidelines recommend monitoring cardiac function for chemotherapy-induced injury, however, cancer patients developing treatment-related cardiovascular injury differ from those with primary cardiac dysfunction, limiting the utility of traditional biomarkers of cardiac injury. In this study we examined plasma levels of peptides produced by cathepsin B, which is released during chemotherapy-induced cardiac injury, for their ability to function as cardiotoxicity biomarkers.

**Methods** Plasma samples were collected at MD Anderson Cancer Center in Houston, Texas from July 2014 to August 2014 from cancer patients who received or declined to receive chemotherapy. Nanotrap fractionation was applied to enrich low-molecular weight plasma peptides from 40 cancer patients treated with or without chemotherapy, plasma peptides associated with cardiotoxicity, but not other cardiac injuries, were identified by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS), and sequenced by LC-MS/MS. Their dependence on serum cathepsin B activity was determined using enzyme inhibition experiments. Candidate biomarkers were also examined for their correlation with standard markers of cardiac injury.

**Results** More than 400 peptide peaks were identified, including 27 that were  $\geq 2$ -fold enriched in cardiotoxicity versus non-cardiotoxicity samples, and only 4 of these peaks ( $m/z$ , 1525.8, 1030.52, 1115.66 and 1177.66) exhibited significant difference ( $p < 0.01$ ). Because three of the peptides ( $m/z$ , 1030.52, 1115.66, and 1177.66) could not be successfully sequenced, further analysis was only performed on the 1525.8  $m/z$  peptide. We found that a peptide ( $m/z$  1525) derived from serum amyloid A1 (SAA1) was significantly increased in the plasma of cardiotoxicity patients, and that its production was inhibited when plasma samples were pretreated with cathepsin B specific inhibitors. Plasma SAA-1525 also correlated with other markers of cardiac injury but more strongly with cardiotoxicity than them and cathepsin B.

**Conclusions** Analysis of plasma SAA-1525 concentration may hold potential as a rapid and minimally invasive method to inexpensively monitor subclinical injury both during and after chemotherapy allowing timely intervention to mitigate further cardiac damage.

## PU-2076

## Serum Amyloid A, A Potential Bio-marker Both In Serum And Tissue, Correlates With Ovarian Cancer Progress

Ze Li, Li Ren

Tianjin medical university cancer institute and hospital

**Objective** Ovarian cancer is a clinically common malignant tumor for women with high morbidity. A new bio-marker is requested to diagnose ovarian cancer. In the present study, we explored the clinical value and the role of SAA in ovarian cancer.

**Methods** In the present study, we explored the clinical value and the role of SAA in ovarian cancer. The results by Logistic regression analysis revealed that there were significant correlation between the level of serum SAA and clinical stage and lymph node and distant metastasis.

**Results** Our results reveal that serum level of SAA in ovarian cancer group was significantly higher than normal group and ovarian benign disease group.

**Conclusions** In summary, our results demonstrated that SAA may be a potential bio-marker for diagnosis and follow-up of ovarian cancer.

## PU-2077

### 丙型肝炎病毒对脂代谢相关指标表达的影响

徐楚

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究丙型肝炎病毒（HCV）在体内外对脂代谢相关指标表达的影响。

**方法** 收集武汉大学人民医院 2017 年 9 月至 2018 年 9 月 HCV 感染者的标本 114 例和健康体检者标本 96 例，采用全自动生化分析仪检测血脂指标，包括甘油三酯（TG）、总胆固醇（TCH）、高密度脂蛋白（HDL）、低密度脂蛋白（LDL），小而低密度脂蛋白（sdLDL）、脂蛋白 a[L(a)]、载脂蛋白 A1（ApoA1）、和载脂蛋白 B（ApoB）的血清水平；采用实时荧光定量聚合酶链反应（RT-qPCR）检测 HCV 感染的 Huh7.5.1 细胞和对照细胞中脂肪酸合成酶（FASN）、乙酰 CoA 羧化酶（ACACA）、羟甲基戊二酸单酰 CoA 还原酶（HMGCR）、ApoA1、ApoB 和低密度脂蛋白受体（LDLR）mRNA 的表达量。

**结果** HCV 感染者血清 TCH、HDL、LDL、ApoA1 和 ApoB 水平均低于健康对照组（分别为  $2.98 \pm 0.51$  vs  $4.24 \pm 0.43$ ， $0.87 \pm 0.16$  vs  $1.24 \pm 0.21$ ， $1.75 \pm 0.24$  vs  $2.64 \pm 0.37$ ， $0.94 \pm 0.18$  vs  $1.47 \pm 0.26$ ， $0.67 \pm 0.31$  vs  $0.98 \pm 0.14$  mmol/L），差异有统计学意义（ $P$  均  $< 0.05$ ）；两组的血清 TG、dsLDL 和 L(a)水平差异无统计学意义（ $P$  分别为 0.69，0.51 和 0.92，均  $> 0.05$ ）。HCV 感染的 Huh7.5.1 细胞中 ApoA1 mRNA 表达水平较对照细胞低，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；FASN、ACACA、HMGCR、ApoB 和 LDLR 的 mRNA 表达水平均较对照细胞高，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** HCV 感染能够上调肝细胞内脂肪酸和胆固醇合成相关酶类基因 mRNA 水平，在体内和体外影响机体脂代谢。

## PU-2078

### PIVKA-II、AFP 联合检测对 HBV 感染相关肝细胞癌诊断价值的探讨

陈娟娟

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨异常凝血酶原（PIVKA-II）与血清甲胎蛋白（AFP）、乙型肝炎病毒（HBV）DNA 载量的相关性，评价 PIVKA-II、AFP 联合检测对 HBV 感染相关肝细胞癌的诊断价值。

**方法** 分别采用化学发光酶免疫法、电化学发光法和荧光定量 PCR 技术对 HBV 感染相关的 34 例肝癌患者、68 例良性肝病（对照组）进行术前或治疗前 PIVKA-II、AFP 和 HBV DNA 载量水平测定，探讨 PIVKA-II 与 AFP、HBV DNA 载量的相关性，并用受试者工作特征（ROC）曲线分析 AFP 和 PIVKA-II 联合检测在 HBV 感染相关肝癌诊断中的临床价值。

**结果** 肝癌组 PIVKA-II 和 AFP 水平均比对照组高（ $P < 0.05$ ），两组 HBV DNA 载量水平比较差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。肝癌组 PIVKA-II 与 AFP、HBV DNA 载量之间均无相关性， $r$  值分别为 0.251 和 0.269（均  $P > 0.05$ ）；对照组 PIVKA-II 与 HBV DNA 载量无相关性， $r$  值为 -0.095（ $P > 0.05$ ），与 AFP 成弱正相关， $r$  值为 0.261（ $P < 0.05$ ）。根据 ROC 曲线，PIVKA-II 和 AFP 单独诊断肝癌的曲线下面积（AUC）分别为 0.856 和 0.785，灵敏度和特异度分别为 88.2%、

73.5%和 73.5%、72.1%；两者联合诊断肝癌的 AUC 为 0.878，灵敏度为 82.4%，特异度为 80.9%。

**结论** HBV 感染相关肝病患者 PIVKA-II 水平与 HBV DNA 载量无相关性，可能与 AFP 有弱正相关性。PIVKA-II 诊断 HCC 的价值明显优于 AFP，PIVKA-II 与 AFP 联合检测有助于提高 HCC 的检出率。

## PU-2079

### 武汉地区 SLCO1B1 与 ApoE 基因多态性分布及其对他汀类药物个体化使用的风险评估

陈娟娟

武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解武汉地区 SLCO1B1、ApoE 基因多态性分布，探讨其对他汀类药物个体化用药的风险评估。

**方法** 利用 PCR-荧光探针技术定性检测 2018 年 1—7 月武汉大学人民医院住院部 347 例心血管疾病患者全血中 SLCO1B1 和 ApoE 基因型。根据受检者的年龄和性别特征分析 SLCO1B1 和 ApoE 基因型分布特点，并与其他地区心血管疾病患者的数据进行比较

**结果** 受检人群中 SLCO1B1 低风险基因型（\*1a/\*1a+\*1a/\*1b+\*1b/\*1b）、中等风险基因型（1a/\*5+\*1a/\*15+\*1b/\*15）、高风险基因型（1a/\*5+\*1a/\*15+\*1b/\*15）分别占 76.9%（267/347）、21.4%（74/347）、1.7%（6/347）；ApoE 保护类基因型（E2/E2+E2/E3）、大众类基因型（E2/E4+E3/E3）、风险类基因型（E3/E4+E4/E4）分别占 12.4%（43/347）、67.4%（234/347）、20.2%（70/347）。SLCO1B1 和 ApoE 基因型组合在年龄组和性别间的分布差异均无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。与广州地区心血管疾病患者相比，武汉地区 ApoE 基因型组合分布差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 武汉地区 347 例心血管疾病患者 SLCO1B1 和 ApoE 基因多态性分别以低风险基因型和大众类基因型为主，且两种基因型各组合均不受年龄、性别的影响，但 ApoE 基因型组合分布可能有地域特征。

## PU-2080

### 心境障碍女性患者血浆白蛋白、总胆红素、尿酸水平研究

郭晓倩

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨心境障碍女性患者血浆白蛋白、总胆红素、尿酸水平变化及临床意义

**方法** 纳入 117 例心境障碍女性患者(其中抑郁发作 53 例、躁狂发作 64 例)作为研究对象；选择 42 名同期女性健康体检者作为正常对照。对比分析血浆白蛋白、总胆红素、尿酸水平。

**结果** 心境障碍患者组白蛋白水平 $[(42.02 \pm 2.85) \text{g/L}]$ 低于对照组 $[(44.65 \pm 2.68) \text{g/L}]$ ，差异有统计学意义（ $t = -5.225, P < 0.01$ ）；抑郁组患者白蛋白水平 $[(41.12 \pm 2.64) \text{g/L}]$ 低于躁狂组 $[(42.76 \pm 2.81) \text{g/L}]$ ，且二者均低于对照组（ $t = -6.432, -3.448; P < 0.05$ ）；抑郁组血浆总胆红素 $[(10.49 \pm 4.72) \mu\text{mol/L}]$ 低于对照组 $[(12.34 \pm 3.78) \mu\text{mol/L}]$ （ $t = -2.059, P < 0.05$ ）；躁狂组尿酸水平 $[(320.33 \pm 78.46) \mu\text{mol/L}]$ 高于抑郁组 $[(278.85 \pm 65.62) \mu\text{mol/L}]$ 和对照组 $[(286.05 \pm 49.37) \mu\text{mol/L}]$ （ $t = 3.062, 2.760; P < 0.05$ ），而抑郁组尿酸水平和正常组差异无统计学意义（ $t = -0.590, P > 0.05$ ）

**结论** 心境障碍女性患者存在抗氧化能力降低和氧化应激损伤,躁狂发作女性患者还可能存在着嘌呤代谢紊乱。

## PU-2081

### 结核分枝杆菌甲基转移酶 Rv3204 刺激结核感染人群 外周血 IFN- $\gamma$ 水平研究

王晓春  
安徽理工大学医学院

**目的** 拟靶向结核分枝杆菌 (M.tb) 基因组的甲基转移酶基因 Rv3204, 设计构建重组质粒 pET28a-Rv3204, 进行原核表达、纯化、鉴定及纯化。以全血 IFN- $\gamma$  分析实验技术 (WBIA) 检测被抗原 Rv3204 诱导的淮南市 M.tb 感染者外周血淋巴细胞分泌的 IFN- $\gamma$  水平, 同时进行比较分析。

**方法** 首先以分子克隆技术构建重组原核表达质粒 pET28a-Rv3204, 并在 E.coli BL21 (DE3) 中转化, 以 IPTG 诱导表达后进行特异性鉴定, 经镍亲和和导析柱纯化重组蛋白。同时由淮南市肿瘤医院传染科提供受试者, 依据相应结核病临床诊断标准筛选 M.tb 感染组 (包括活动性结核病患者和潜伏感染者) 及健康人群, 以全血 IFN- $\gamma$  分析试验 (WBIA) 检测由重组蛋白 rRv3204 刺激不同人群外周血淋巴细胞所产生的抗原特异性 IFN- $\gamma$  水平及差异。

**结果** 成功构建重组质粒 pET28a-Rv3204, 经 SDS-PAGE 和 Western blot 鉴定其正确表达并成功纯化; 以重组蛋白 rRv3204 刺激受试人群外周血样本, 诱导 M.tb 感染组外周血 T 淋巴细胞产生的 IFN- $\gamma$  水平显著高于健康人群组。

**结论** 重组蛋白 rRv3204 可被淮南市 M.tb 感染者 T 细胞特异性识别, 具有较好的免疫原性; 能诱导强烈的抗原特异性 CD4<sup>+</sup>Th1 型免疫应答, 可作为候选靶抗原应用于诊断、预防型结核病疫苗的进一步研究。

## PU-2082

### 血、尿轻链检测在肾脏疾病中的应用

郭晓倩  
武汉大学人民医院, 430000

**目的** 探讨血、尿轻链含量检测在肾脏疾病鉴别诊断中的应用价值

**方法** 选取我院 2015 年 10 月-2016 年 8 月期间收治的 24 例多发性骨髓瘤患者, 78 例慢性肾脏病患者, 其中慢性肾功能不全 48 例、肾病综合症患者 25 例作为观察组, 并随机选择同期健康体检者 30 例作为对照组, 分别检测其血清 IgG 及血、尿轻链含量, 比较其差异。

**结果** 血清  $\kappa$ 、 $\lambda$  水平异常在多发性骨髓瘤 (83.33%、75%)、慢性肾脏疾病 (72.60%、56.16%) 患者间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。而  $\kappa/\lambda$  比值异常, 在两组 (95.83% vs. 36.99%) 患者间差异具有显著性 ( $P<0.01$ )。肾病综合症组血清 IgG、 $\kappa$ 、 $\lambda$  [(4.12 $\pm$ 1.62)g/L、(4.14 $\pm$ 1.20)g/L、(2.37 $\pm$ 0.86)g/L] 含量低于慢性肾功能不全组 [(9.78 $\pm$ 2.39)g/L、(5.98 $\pm$ 1.16)g/L、(3.57 $\pm$ 0.73)g/L], 且二者均低于对照组 [(11.41 $\pm$ 1.74)g/L、(9.13 $\pm$ 1.67)g/L、(4.65 $\pm$ 0.91)g/L] ( $P<0.05$ ); 尿  $\kappa$ 、 $\lambda$  含量, 肾病综合症组 [0.312 (0.06, 0.84) g/L, 0.232 (0.05, 0.48) g/L] 显著高于慢性肾功能不全组 [0.07 (0.03, 0.15)g/L, 0.05 (0.05, 0.11) g/L] 和正常对照组 [0.019 (0.0185, 0.0199) g/L, 0.05 (0.05, 0.05) g/L], 慢性肾功能不全组高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清轻链  $\kappa/\lambda$  比值在鉴别诊断骨髓瘤性肾病和慢性肾脏疾病具有较高的准确性。血、尿轻链水平的变化, 对于诊断不同类型的肾脏疾病, 判断病情, 评估肾小管的损伤具有重要的临床意义。

## PU-2083

**Graves 病导致肝损害的相关危险因素**

乐娟  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究 Graves 病造成的肝损害有关危险因素。

**方法** 收集武汉大学人民医院于 2013 年 1 月—2016 年 12 月收治并诊断为 Graves 病的患者 183 例。其中,肝功能受损组 93 例,肝功能正常组 90 例,检测分析两组游离三碘甲状腺原氨酸 (FT3)、游离甲状腺素 (FT4)、促甲状腺激素 (TSH)、甲状腺过氧化物酶抗体 (TPOAb)、促甲状腺素受体抗体 (TRAb)、甲状腺球蛋白抗体 (TGAAb)。

**结果** 肝功能受损为 1 级、2 级、3 级的患者人数分别为 70 人 (75%)、22 人 (24%)、1 人 (1%)。患有 Graves 病合并肝功能受损的最常见肝功能异常指标依次为碱性磷酸酶 (ALP, 73.33%)、谷丙转氨酶 (ALT, 47.31%)、谷草转氨酶 (AST, 43.01%),  $\gamma$ -谷氨酰转氨酶 (GGT, 30.34%), 总胆红素 (TBIL, 19.75%)。肝功能受损组 FT3、FT4、TRAb 三项指标高于肝功能正常组,且具有统计学意义。

**结论** Graves 病导致肝损害的相关危险因素为 T3、FT4、TRAb。

## PU-2084

**冠心病及冠心病合并高血压患者红细胞系指标变化及临床意义**

乐娟  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究红细胞系统指标在冠心病 (CHD) 及 CHD 合并高血压 (HBP) 患者的变化及临床意义

**方法** 收集 CHD 患者 200 例;CHD 合并 HBP 患者 274 例,并按照患者血压水平将其分为三个亚组;以及同时期同科室因胸闷胸痛等症状进行冠状动脉造影技术排除 CHD 的患者 200 例为对照组。比较三组红细胞计数 (RBC-C)、血红蛋白 (HB)、红细胞比积 (PCV)、红细胞平均体积 (MCV)、红细胞平均血红蛋白含量 (MCH)、红细胞平均血红蛋白浓度 (MCHC)、红细胞分布宽度标准差 (RDW-SD)、红细胞分布宽度变异系数 (RDW-CV) 的水平差异,并探究 CHD 合并不同严重程度 HBP 患者以上指标的变化趋势

**结果** 与对照组相比,CHD 组、CHD 合并 HBP 组 RBC-C、HB、PCV、MCV、MCHC 水平均低于对照组,而 RDW-SD、RDW-CV 水平高于对照组,且具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。随着 HBP 级别的升高,RBC-C、HB、PCV、MCV、MCH、MCHC 的水平降低,呈现明显下降趋势;而 RDW-SD、RDW-CV 的水平随之升高,呈现明显的上升趋势。

**结论** RBC-C、HB、PCV、MCV、MCHC、RDW-SD 与 CHD 及 CHD 合并 HBP 的发生发展关系密切,对于诊断评估 CHD 患者,及 CHD 合并 HBP 有一定的价值。

## PU-2085

**糖尿病合并急性心力衰竭的危险因素研究\***

乐娟

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探究糖尿病 (Diabetes Mellitus, DM) 合并急性心力衰竭 (Acute Heart Failure, AHF) 的危险因素。

**方法** 收集 AHF 患者 196 例; 其中合并 2 型糖尿病 (Type 2 Diabetes Mellitus, T2DM) 患者 60 例为 DM 组; 其余 136 例未合并 DM 为 NDM 组。比较两组患者多种心功能指标、肝功能指标、肾功能指标、血脂指标以及红细胞系统指标的水平。

**结果** 各项指标水平通过 T 检验的比较后, 两组年龄、抽烟(≥10 年)、心功能分级、合并高血压 (High Blood Pressure, HBP)、合并高脂血症 (Hyperlipidemia, HLP)、肌酐 (Creatinine, Cr)、总胆固醇 (Total Cholesterol, TC)、总甘油三酯 (Total Triglyceride, TG)、低密度脂蛋白胆固醇 (Low-Density Lipoprotein Cholesterol, LDL-C)、红细胞平均容量 (Mean Corpuscular Volume, MCV)、红细胞平均血红蛋白量 (Mean Corpuscular Hemoglobin, MCH)、红细胞平均血红蛋白浓度 (Mean Corpuscular Hemoglobin Concentration, MCHC)、红细胞分布宽度标准差 (Red Cell Distribution Width-Standard Deviation, RDW-SD)、(Red Cell Distribution Width-Coefficient Of Variation, RDW-CV) 的水平有显著的差异性, 并具有统计学意义。通过对有统计学差异的指标进行单因素 Logistics 回归分析得出, 心功能分级、HBP、HLP、TC、TG、LDL-C、MCV、MCH 为 AHF 合并 DM 的危险因素, RDW-SD、RDW-CV 为保护因素。进一步对以上指标进行多因素 Logistics 回归分析表明, 心功能分级、TC、LDL-C 为 AHF 合并 DM 的危险因素。

**结论** 心功能、TC、LDL-C 与 AHF 合并 DM 的发生发展有着密切的关系, 显著增加了 AHF 合并 DM 的风险。

## PU-2086

**Neuregulin-/ERBB 信号通路在心血管系统中的研究进展**

刘欢

武汉大学人民医院,430000

**目的** 神经调节蛋白-1 (Neuregulin-1, NRG-1) 通过受体酪氨酸激酶 (Receptor Tyrosine Kinase, RTK), 如 ERBB 受体对心肌细胞的生长、增殖和迁移起着不可替代的作用

**方法** 近年来的相关体内和体外研究显示, NRG-1 在整个生命过程中都参与对心肌生理的调节, 重组 NRG-1 具有治疗心血管疾病的潜在能力, 且正在动物模型和临床研究中探索

**结果** 针对 ERBB 的抗癌治疗所致的心肌毒性暗示 ERBB 信号通路对心脏功能的维持有重要的作用。

**结论** 本文就近年来关于 NRG-1/ERBB 信号通路在心血管系统中的研究进展作一综述。



## PU-2087

**急性心肌梗死合并心功能不全患者的相关危险因素分析**

刘欢

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究与急性心肌梗死 (acute myocardial infarction, AMI) 患者心功能不全相关的危险因素, 进而预测疾病发展进程。

**方法** 选取 2014 年 1 月-2015 年 6 月于武汉大学人民医院就诊的 130 例 AMI 合并心功能不全患者作为心功能不全组; 选择同期 110 例未合并心功能不全的 AMI 患者作为非心功能不全组。两组实验对象的一般临床特征和 AMI 标志物如肌酸激酶同工酶 (creatin kinase isoenzyme, CK-MB)、肌红蛋白 (myoglobin, MYO)、肌钙蛋白 I(cardiac troponin I, cTnI)和血浆氨基末端脑钠肽前体 (N-terminal pro-B-type natriuretic peptide, NT-proBNP) 水平, 采用 SPSS19.0 统计学软件进行分析。采用单因素和多因素 Logistic 回归分析 AMI 患者发生心功能不全的相关危险因素

**结果** 心功能不全组患者的年龄、合并高血压和 (或) 糖尿病的发生率、CK-MB、NT-proBNP 和 Glu 水平均高于非心功能不全组, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 单因素 Logistic 回归分析显示, 患者的年龄、CK-MB、Glu 水平、高血压和糖尿病均与 AMI 患者心功能不全的发生相关; 多因素 Logistic 回归分析显示, Glu 升高是 AMI 患者并发心功能不全的独立危险因素 ( $OR=1.141$ ,  $95\%CI: 1.004-1.297$ ,  $P=0.043$ )。

**结论** AMI 患者合并心功能不全的发生率较高, 且受多种临床因素影响, Glu 水平升高是 AMI 患者发生心功能不全的危险因素

## PU-2088

**血清 CK-MB、MYO、cTnI 和血浆 NT-proBNP 联合检测  
诊断急性心肌梗死的临床价值#**

刘欢

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究急性心肌梗死 (acute myocardial infarction, AMI) 患者血清中肌酸激酶同工酶 (creatin kinase isoenzyme, CK-MB)、肌红蛋白 (myoglobin, MYO)、肌钙蛋白 I(cardiac troponin I, cTnI)和血浆氨基末端脑钠肽前体 (N-terminal pro-B-type natriuretic peptide, NT-proBNP) 水平的改变及四项指标的联合检测对诊断 AMI 的临床价值。

**方法** 采用化学发光免疫技术测定 208 例 AMI 患者及 115 例非 AMI 对照者 CK-MB、MYO、cTnI 及血浆 NT-proBNP 水平。采用 SPSS19.0 统计学软件进行分析

**结果** 心梗组患者血清中 CK-MB、MYO、cTnI 和血浆 NT-proBNP 水平均比对照组高, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); CK-MB 水平与 MYO、cTnI 水平呈明显正相关 ( $r=0.537$ ,  $r=0.226$ ); CK-MB、MYO、cTnI 和 NT-proBNP 单项检测时的灵敏度分别为 75%、84.62%、79.8%和 86.06%, 特异度分别为 81.74%、69.54%、94.78%和 84.35%; CK-MB 和 MYO、CK-MB 和 cTnI、MYO 和 cTnI 两项联检的灵敏度分别为 86.06%、82.21%、85.58%, 特异度分别为 65.22%、77.39%、67.83%; CK-MB、MYO 和 cTnI 三项联检时的灵敏度为 87.50%, 特异度为 63.48%; CK-MB、MYO、cTnI 和 NT-proBNP 四项联检可将灵敏度提高至 92.79%, 特异度为 69.57%。

**结论** 血清 CK-MB、MYO、cTnI 和血浆 NT-proBNP 联合检测有利于 AMI 的早期诊断, 可为临床提供相应诊疗依据, 从而降低急性期的死亡率。

## PU-2089

## 红细胞分布宽度和 D-二聚体联合评估对类风湿性关节炎患者病情活动度的评估价值

徐楚

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨红细胞分布宽度 (Red blood cell distribution width, RDW) 和 D-二聚体 (D-dimer, DD) 在类风湿性关节炎 (Rheumatoid arthritis, RA) 病情活动中的监测价值

**方法** 选择 2016 年 1 月—2017 年 7 月在武汉大学人民医院住院, 确诊为 RA 的患者 104 例, 并收集与疾病相关的临床资料 (关节疼痛、肿胀以及患者对疾病的总体评价)。根据 RA 疾病活动评分 (Disease activity score in 28 joints, DAS28) 规则对患者的病情活动度进行评分, 将 DAS28 $\leq$ 2.6 分计为病情缓解组,  $>2.6$  分计为病情活动组。收集同期年龄性别匹配的健康体检人员 95 例作为对照组, 检测血常规、DD、红细胞沉降率 (Erythrocyte sedimentation rate, ESR)、C 反应蛋白 (C-reactive protein, CRP)、类风湿因子 (Rheumatoid factor, RF) 和抗环瓜氨酸肽 (Cyclic citrullinated peptide, CCP) 抗体水平。比较各组 RDW 和 DD 水平, 并对 RDW 和 DD 与其它指标的相关性进行分析, 探讨两者在 RA 病情活动中的监测价值。

**结果** RA 患者组 RDW 和 DD 水平明显高于健康对照组 ( $P<0.05$ ), 且病情活动组 DAS28、RDW、DD、CRP、ESR、RF 和抗 CCP 抗体水平均明显高于病情稳定组 ( $P<0.05$ )。RA 患者 RDW 与 DAS28、CRP 和 ESR 均有相关性,  $r$  值分别为 0.767, 0.402 和 0.426 ( $P$  均 $<0.05$ ); DD 与 DAS28、CRP 和 ESR 均有相关性,  $r$  值分别为 0.522, 0.616, 0.648 ( $P$  均 $<0.05$ )。根据受试者工作特征 (Receiver Operating Characteristic, ROC) 曲线, RDW 和 DD 单独检测诊断 RA 的曲线下面积 (Area under the curve, AUC) 分别为 0.797 和 0.953, 二者联合诊断 RA 的 AUC 为 0.966

**结论** RA 患者 RDW 和 DD 水平与疾病的活动存在显著相关性, 且两项指标联合检测对 RA 病情活动有一定的监测价值。

## PU-2090

## 湖北地区女性人乳头瘤病毒感染流行病学分析

周漫

武汉大学人民医院,430000

**目的** 对湖北地区女性 HPV 感染进行流行病学分析, 为该地区宫颈癌的预防和筛查提供流行病学资料。

**方法** 采集 9007 例女性宫颈脱落细胞, 用基因芯片法检测 HPV 分型, 使用 SPSS 23.0 软件统计分析人群的 HPV 感染率、感染模式、感染基因型及其检出率, 以及各年龄段感染率等。

**结果** 湖北地区女性人群的 HPV 总感染率为 21.05%; 优势型别为 HPV16、52、58、53、18; 感染模式以单一高危型为主, 在多重感染中又以两重感染为主。在单一型别感染中 HPV16、52 检出率最高。 $\leq 30$  岁的女性 HPV 感染率最高 (27.66%),  $\geq 61$  岁 HPV 感染率最低 (13.99%), 各年龄段间的 HPV 感染率差异具有统计学意义 ( $P<0.001$ )。各年龄段女性均以 HPV16、52 和 58 检出率最高, 且各年龄段高危型检出率差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 不同年龄段的 HPV 感染率、感染模式、基因型的检出情况都有一定差异。HPV 感染呈年轻化且有区域性特征。

## PU-2091

**武汉市汉族女性 MTHFR C677T 基因多态性分布研究**

周漫

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨武汉市汉族女性亚甲基四氢叶酸还原酶 (MTHFR) C677T 基因多态性的分布特征, 为本地区育龄女性个性化孕期保健奠定遗传学基础

**方法** 通过横断面调查研究武汉市 1438 例汉族女性 MTHFR C677T 基因型, 采用统计学方法分析 MTHFR C677T 基因多态性分布特征在不同年龄、地域之间的差异。

**结果** 武汉市 MTHFR 677CC/CT/TT 基因型频率分别是 37.1%、47.3%、15.6%, 本地区汉族女性 MTHFR C677T 基因型频率及等位基因频率与其他非湖北省城市 (乌鲁木齐、延边、长春、廊坊、烟台、郑州、湘潭、九江、镇江、南宁、琼海) 比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 与湖北省内其他城市 (建始、荆州) 相比无显著差异 ( $P > 0.05$ )。MTHFR C677T 基因多态性分布在各年龄组间差异无统计学意义 ( $P = 0.118$ )。

**结论** 武汉市女性 MTHFR C677T 基因多态性分布与其他地区相比有一定差异, 具有地区特征性。

## PU-2092

**Serum Deoxyribonuclease 1-like 3 is a potential biomarker for diagnosis of ankylosing spondylitis**Yifan Sun<sup>1</sup>, Wang Linchun<sup>2</sup>, Zhu Shengbo<sup>2</sup>, Xie QingQing<sup>2</sup>, Ouyang Bohui<sup>2</sup>

1. Affiliated Liutie Central Hospital of Guangxi Medical University

2. Third Affiliated Hospital of Guangxi University of Chinese Medicine

**Objective** Ankylosing spondylitis (AS) is an autoimmune disease with high disability rate, and it is sometimes difficult to distinguish from generalized osteoarthritis (GOA). Deoxyribonuclease 1-like 3 (DNASE1L3) was associated with a variety of autoimmune diseases. However, the serum DNASE1L3 level in AS and GOA remain unreported. Herein, this study was designed to gauge serum DNASE1L3 level in patients with AS and GOA, and to discern the utility of serum DNASE1L3 as a biomarker for assessing the severity of patients with AS.

**Methods** The study population consisted of 60 patients with AS, 60 patients with GOA and 60 control subjects. Serum DNASE1L3 levels were measured using enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) assay. Disease activity were assessed with Bath Ankylosing Spondylitis Disease Activity Index (BASDAI) in AS patients.

**Results** Our data showed that serum DNASE1L3 levels were significantly higher in patients with AS than that of the healthy controls and patients with GOA. Serum DNASE1L3 levels in patients with AS were positively correlated with BASDAI scores, C3 and CRP. Furthermore, serum DNASE1L3 showed higher discriminatory accuracy in the diagnosis of AS from GOA (AUC = 0.780, sensitivity = 78.33% and specificity = 83.33%)

**Conclusions** Elevated Serum DNASE1L3 levels in patients with AS were significantly associated with the clinic features and disease activity. DNASE1L3 could be a serum biomarker with a positive diagnostic value in patients with AS, and which could be used as a differential diagnostic indicator for GOA and AS.

## PU-2093

**血清 PCT、hs-CRP 在成人脑膜炎诊断中的应用价值**

周漫

武汉大学人民医院,430000

**目的** 检测成人化脓性脑膜炎、病毒性脑膜炎及结核性脑膜炎患者血清降钙素原 (PCT)、超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 水平, 探讨其在脑膜炎鉴别诊断中的价值。

**方法** 收集神经内科脑膜炎患者 141 例 (病脑组 53 例, 结脑组 51 例, 化脑组 37 例) 为观察组, 其他患者 37 例为对照组, 比较各组血清 PCT、hs-CRP 水平及诊断价值。

**结果** 化脑组患者血清 PCT、hs-CRP 含量均显著高于病脑组、结脑组和对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 病脑组、结脑组与对照组患者血清 PCT 含量相比差异无显著性。病脑组患者血清 hs-CRP 水平明显高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。经 ROC 曲线分析, 血清 PCT 诊断化脓性脑膜炎的临床价值高于 hs-CRP, 两者联合诊断成人化脓性脑膜炎时灵敏度可达 93.4%。

**结论** 血清 PCT、hs-CRP 作为化脓性脑膜炎与其他类型脑膜炎早期鉴别诊断的指标, 有较好的应用价值。

## PU-2094

**HDAC7 Ubiquitination by the E3 Ligase CBX4 Is Involved in Contextual Fear Conditioning Memory Formation**

Xu Jing

Department of Clinical Laboratory, The second hospital of Shandong University

**Objective** Histone acetylation, an epigenetic modification, plays an important role in long-term memory formation. Recently, histone deacetylase (HDAC) inhibitors were demonstrated to promote memory formation, which raises the intriguing possibility that they may be used to rescue memory deficits. However, additional research is necessary to clarify the roles of individual HDACs in memory.

**Methods** In this study, we demonstrated that HDAC7, within the dorsal hippocampus of C57BL6J mice, had a late and persistent decrease after contextual fear conditioning (CFC) training (4 –24 h), which was involved in long-term CFC memory formation. We also showed that HDAC7 decreased via ubiquitin-dependent degradation. CBX4 was one of the HDAC7 E3 ligases involved in this process. Nur77, as one of the target genes of HDAC7, increased 6 –24 h after CFC training and, accordingly, modulated the formation of CFC memory.

**Results** Finally, HDAC7 was involved in the formation of other hippocampal-dependent memories, including the Morris water maze and object location test. The current findings facilitate an understanding of the molecular and cellular mechanisms of HDAC7 in the regulation of hippocampal-dependent memory.

**Conclusions** The current findings demonstrated the effects of histone deacetylase 7 (HDAC7) on hippocampal-dependent memories. Moreover, we determined the mechanism of decreased HDAC7 in contextual fear conditioning (CFC) through ubiquitin-dependent protein degradation. We also verified that CBX4 was one of the HDAC7 E3 ligases. Finally, we demonstrated that Nur77, as one of the important targets for HDAC7, was involved in CFC memory formation. All of these proteins, including HDAC7, CBX4, and Nur77, could be potential therapeutic targets for preventing memory deficits in aging and neurological diseases.

## PU-2095

**结核感染 T 细胞斑点试验在脊柱结核诊断中的应用研究**

吴青  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨结核感染 T 细胞斑点试验 (tuberculosis infection of T-cell spot test T-SPOT.TB) 在脊柱结核诊断中的应用价值。

**方法** 回顾性分析 2017 年 8 月至 2018 年 7 月武汉大学人民医院收治的 43 例疑似脊柱结核病例, 收集患者病史信息、临床表现及诊断、影像学及病理检查、涂片查抗酸杆菌、结核分枝杆菌培养及 PCR 基因检查结果和 T-SPOT.TB 检测结果。结合最终临床诊断, 对比分析 T-SPOT.TB 检测在脊柱结核诊断中的应用价值。

**结果** 43 例疑似脊柱结核患者分为确诊脊柱结核组 19 例, 排除脊柱结核组 24 例。T-SPOT.TB 检测的阳性例数是 23 例, 阴性例数是 20 例。T-SPOT.TB 检测的敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 100.0%、83.3%、82.6%、100.0%

**结论** T-SPOT 检测诊断脊柱结核的敏感性、特异性均较高。可用于辅助诊断脊柱结核, 阴性结果有助于排除脊柱结核。

## PU-2096

**武汉地区儿童急性呼吸道感染常见病毒流行研究**

吴泽刚  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 本研究主要是分析武汉地区 12 岁及以下儿童急性呼吸道感染常见病毒感染, 了解这些病原体在武汉地区的流行情况

**方法** 收集本院儿科 12 887 例伴有 ARI 症状住院患儿的咽拭子标本, 采用免疫荧光法检测其中 7 种呼吸道病毒(ADV、RSV、FluA、FluB、PIV1、PIV2、PIV3)。

**结果** 12 887 例样本中, 3 413 例检测出阳性(26.5%), 其中, RSV 的检出率最高(1 600 例, 12.4%), 其次为 FluA 和 FluB, 分别为 674 例(5.2%)和 404 例(2.8%)。RSV 和 FluA 主要流行于冬春季; FluB 主要流行于春季; ADV 夏季较其他季节检出率稍高; 而 PIV 主要流行于春夏季。7 种呼吸道病毒 ADV、FluA、FluB、RSV、PIV (包括 1, 2 和 3 三种亚型) 呼吸道病毒检出率在各年龄组之间差异有统计学意义( $P<0.05$ ), RSV 和 PIV 在  $<1$  岁组中检出率明显高于其他组, 而 FluB 的检出率在  $<1$  岁组中明显低于其他组, 3~6 岁组中 ADV 和 FluA 占的比例较高。同时检出 2 种或 2 种以上病原体有 17 例(0.13%), 混合感染中, 以 RSV+PIV3 混合感染最多(5 例, 0.04%)。

**结论** 武汉地区引起儿童 ARI 的呼吸道病毒主要是 RSV; 各种呼吸道病毒感染呈现出一定季节性; 不同年龄段 7 种呼吸道病毒的检出率有一定差异

## PU-2097

**蛋白磷酸酯酶 2A 通过 MAPK 信号通路抑制宫颈癌细胞侵袭**

郑红云  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 蛋白质磷酸化的修饰同时受到蛋白磷酸激酶和蛋白磷酸酯酶的双重调节。越来越多的蛋白磷酸激酶参与了肿瘤的发生发展, 但蛋白磷酸酯酶 2A (protein phosphatase 2A, PP2A) 与肿瘤的相

关机制研究相对较少,尤其是 PP2A 在宫颈癌中的作用报道较少。本研究拟探讨 PP2A 在宫颈癌细胞侵袭中的作用及其可能机制。

**方法** 通过药物或基因调节 PP2A 水平,采用小室穿孔实验,观察其对 Hela 细胞侵袭的影响;蛋白免疫印迹观察其对 MAPK 信号通路的作用

**结果** 研究发现上调 PP2A 可显著抑制 Hela 细胞侵袭,而下调 PP2A 则显著促进 Hela 细胞侵袭;同时激活 PP2A 可去磷酸化丝裂原激活的蛋白激酶家族(p-JNK, p-p38 和 p-ERK MAPK)及金属蛋白酶 9(MMP-9)。该研究结果表明 PP2A 可能通过去磷酸化 MAPK 信号通路下调 MMP-9 起调节宫颈癌细胞侵袭的作用。

**结论** 采用药物或基因手段激活 PP2A 后可显著抑制宫颈癌细胞的侵袭,该作用通过去磷酸化 p-JNK, p-p38 和 p-ERK/MAPK 信号通路和下调 MMP-9 蛋白水平起作用。该研究可为宫颈癌的发展提供新的分子机制,亦可为宫颈癌临床药物的开发提供新的靶点。

## PU-2098

### Protection of paeonol against epirubicin-induced hepatotoxicity: A metabolomic study

Xu Jing

Department of Clinical Laboratory, The second hospital of Shandong University

**Objective** Paeonol (PAE) extracted from the Moutan Cortex, possesses hepatoprotective activity against epirubicin (EPI)-induced liver damage. This study evaluated the protective effect of PAE on EPI-induced hepatotoxicity and explored the underlying metabolomic mechanism.

**Methods** The breast tumor-bearing mice were randomly divided into three groups : control, EPI and EPI + PAE treatment. Mice were received a tail i.v. injection of EPI every other day for 3 cycles or/and intragastrically (i.g.) administered PAE daily for 6 days. HE staining, Biochemical detection were used to determine the degree of damage. GC-MS technique was established to determine the metabolites. PLS-DA and PCA were used to investigate metabolic changes. HE staining and biochemical detection results showed that EPI caused serious liver damage while PAE ameliorated it. Mass spectrogram, PLS-DA and PLS-DA analysis demonstrated that lipid, amino acid and energy metabolisms involving seven metabolites were changed obviously by EPI and reversed by PAE. Additionally, PAE inhibited EPI-induced activation of AMPK/mTOR signalling pathway.

**Results** Our results demonstrated the hepatoprotective effect of PAE on EPI-induced hepatotoxicity in mice, provided potential biomarkers for early assessment of EPI-induced liver injury and illuminated the metabolic mechanism underlying PAE-related hepatic protection.

**Conclusions** The results demonstrate potential biomarkers for early assessment of EPI-induced hepatotoxicity and illuminate the metabolic mechanism underlying PAE-related hepatic protection.

## PU-2099

### Cobas8000 流水线的优化对标本 TAT 时间的影响

王永涛

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过从各方面优化生化流水线来缩短病人标本的 TAT 时间和减少标本采集的数量

**方法** 随着实验室信息化和自动化的快速发展,对于大型医院来说,自动化流水线已经从“花瓶”转变为“实用品”和“必需品”。自动化流水线能够有效整合资源、加快检测速度、节省人力、缩短 TAT、减少生物危险、减少实验室差错等优点已经深入人心,越来越多的实验室即将或者已经购置了流水线系统,对它充满期望。然而,天下没有免费的午餐,要充分挖掘流水线的功能,使它发挥最大的

功效, 需要我们付出时间和努力。本文就山东大学第二医院临床生化科的 Cobas8000 的优化进行简单阐述, 并通过样本在实验室的 TAT 时间的缩短来证明优化的效果。1.检测项目的合理组合。2.实验室流程的改进。3.辅助设备的使用问题及解决。4.非线上仪器的使用。5.信息系统的问题及改进。6.多台仪器间标本的分配问题。7.线上离心和线下离心的合理搭配和使用。8.自动审核功能的建立和使用。比较优化前后实验室内的 TAT 时间和平均病人采血管数量。

**结果** 优化后, 实验室内的 TAT 时间较大幅度的缩短, 平均病人采血管数量也有所减少。

**结论** 检验科各类流水线越来越多, 只有通过合理的优化, 才能充分发挥其功能, 为了临床和病人服务。

## PU-2100

### 基于 Nanopore 测序技术的菌血症病原菌及其耐药基因和毒力基因快速诊断

杨启文

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 血流感染是一种严重的临床急性感染, 包括菌血症、败血症, 并可引发感染性休克。由于缺乏快速、及时的诊断方法, 死亡率高达 20%-50%。基于传统的血培养阳性样本进行微生物学检测是临床血流感染诊断的金标准。然而, 传统方法耗时太长, 远不能满足临床需求。

**方法** 本研究开发了基于 Nanopore 测序技术对血流感染样本进行快速致病菌识别以及耐药和毒力因子快速鉴定的诊断方法。选择 1 株病人血液中分离出的肺炎克雷伯菌, 对该菌株进行 illumina 二代测序和 nanopore 测序, 获得全基因组标准序列信息, 并进行 MALDI-TOF 细菌鉴定以及标准微量肉汤稀释法药敏试验。使用该菌株制备模拟菌血症血液(5-30CFU/ml), 需氧瓶阳性血培养液样本以及厌氧瓶阳性血培养液样本, 对三份血样分别进行 nanopore 实时测序, 序列信息与菌株的全基因组序列信息和鉴定药敏表型进行比对, 评估在不同测序时间点的生物信息获得情况。

**结果** 未培养的含菌(5-30CFU/ml)血液样本直接提取 DNA 进行测序, 4-6 小时可实现病原菌的快速鉴定, 但耐药基因和毒力因子检出较少。血培养阳性样本提取 DNA 进行测序, 4-6 小时(测序 2 小时)即可实现病原菌快速识别以及耐药基因和毒力因子的快速鉴定, 且鉴定的耐药基因和毒力因子与基于纯菌分离株完成图序列预测的耐药基因和毒力因子吻合度较高, 分别为 82%和 96%。

**结论** Nanopore 测序技术可实现对原始血液标本以及阳性血培养液标本的快速病原菌鉴定及耐药性/致病性检测, 为临床及时选择药物治疗菌血症病人提供参考依据, 有重要的临床价值。

## PU-2101

### 湖北地区 1108 例男性不育患者的 Y 染色体微缺失分析

郑红云

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨男性不育患者与 Y 染色体微缺失之间的关系

**方法** 针对 6 个 Y 染色体特异序列标签位点设计引物, 采用 PCR 方法检测男性不育患者的 Y 染色体微缺失情况。

**结果** 1108 例男性不育患者中共检出 Y 染色体微缺失 45 例, 总缺失率为 4.06%; 其中 2 例患者发生 AZFa(sY84、86)微缺失, 缺失率为 0.18%; 3 例患者发生 AZFb(sY127、134)微缺失, 缺失率为 0.27%; 38 例患者发生 AZFc 微缺失(sY254、255), 缺失率为 3.43%; 2 例患者发生 AZF(b+c)(sY127、sY134、sY254、sY255)联合缺失, 缺失率为 0.18%; Y 染色体微缺失构成比分别为 AZFa, 4.45%; AZFb, 6.67%; AZFc, 84.45%; AZF(b+c), 4.45%

**结论** 男性不育患者发生 Y 染色体微缺失的主要类型是 AZFc 区 sY254 和 255, Y 染色体微缺失依然是造成男性不育的常见病因之一。

## PU-2102

### 新型石墨烯场效应晶体管生物传感器用于检测 miRNA

蔡冰洁

武汉大学人民医院,430000

**目的** 建立一种快速简便、高灵敏度、高特异性的基于新型纳米材料石墨烯的场效应晶体管生物传感器用于 miRNA 的检测

**方法** 将还原的氧化石墨烯滴涂在场效应晶体管上组装成石墨烯场效应晶体管生物传感器, 然后固定 DNA 探针在传感器上, 加入 miRNA 与 DNA 杂交并检测电信号。

**结果** DNA 修饰的新型石墨烯场效应晶体管检测 miRNA 的灵敏度可以高达到 100 fM, 并能识别单碱基错配和非互补的 miRNA, 且能够重复使用。因此, 该新型石墨烯场效应晶体管传感器具有超高的灵敏度和特异性, 表明其可应用在疾病诊断中

**结论** DNA 修饰的新型石墨烯场效应晶体管检测 miRNA 的灵敏度可以高达到 100 fM, 并能识别单碱基错配和非互补的 miRNA, 且能够重复使用。因此, 该新型石墨烯场效应晶体管传感器具有超高的灵敏度和特异性, 表明其可应用在疾病诊断中

## PU-2103

### 武汉市某医院临床病原微生物的分布及耐药性监测\*

冯丽娜

武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解武汉大学人民医院临床分离病原微生物的分布及对常用抗菌药物的敏感性, 为临床预防性使用抗菌药物及医院感染控制提供理论依据

**方法** 采用全自动细菌鉴定药敏系统 BD-Phoenix-100 对所有分离菌株进行鉴定和药物敏感性测试, 操作规程及结果解释均参照美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) M100S-26 标准进行

**结果** 2017 年 2 月至 2018 年 2 月武汉大学人民医院共分离临床病原微生物 8380 株, 其中革兰阳性菌 3398 株, 占 40.5%, 革兰阴性菌 4982 株, 占 59.5%。革兰阳性菌中检出率最高的为葡萄球菌属, 其次为肠球菌属; 革兰阴性菌中检出率最高的为肠杆菌科细菌, 其次为非发酵革兰阴性杆菌。产 ESBLs 大肠埃希菌的检出率为 44.6%, 对复合制剂氨苄西林/舒巴坦和阿莫西林/克拉维酸处于中介的菌株分别占 37.9%和 30.2%。MRSA 的检出率为 40.0%, 未分离出对万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药的菌株。CRAB 的检出率为 70.7%, CRAB 和 CRPA 对粘菌素的敏感度超过 99.0%, CRE 对替加环素的敏感度为 100%。

**结论** 我院临床重要耐药菌株的检出率较高, 耐药菌株的出现为临床抗感染治疗带来挑战, 应积极采取感染控制措施



## PU-2104

## 武汉地区大动脉粥样硬化型缺血性脑卒中患者 SLCO1B1 基因的分布

韩瑞玲

武汉大学人民医院,430000

**目的** 分析 SLCO1B1 基因 388A>G 和 521T>C 多态性位点在武汉地区大动脉粥样硬化型缺血性脑卒中 (large artery atherosclerosis-subtype ischemic stroke, LAA-IS) 患者中的分布。

**方法** 选取武汉大学人民医院神经内科治疗的 185 例 LAA-IS 患者作为研究对象, 通过聚合酶链反应-荧光探针方法对其外周血样本中 SLCO1B1 基因的 388G>A 和 521T>C 位点进行检测并统计分析其基因分型分布。

**结果** 根据 SLCO1B1 基因多态性分型, 185 名 LAA-IS 患者中 SLCO1B1 基因 388A>G 位点纯合野生型占 8.6%, 杂合突变型占 40.5%, 纯合突变型占 50.8%; 521T>C 位点纯合野生型占 77.8%, 杂合突变型占 21.0%, 纯合突变型占 1.1%。

**结论** 武汉地区 LAA-IS 患者中分布有较多的突变型 SLCO1B1 基因

## PU-2105

## 慢性肾脏病患者血清超敏 C 反应蛋白水平变化

胡慧霞

武汉大学人民医院,430000

**目的** 观察慢性肾脏病 (CKD) 患者血清超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 及胱抑素 C (CysC) 水平变化, 分析 hs-CRP 对 CKD 的诊断价值。

**方法** 检测 78 例 CKD 患者 (CKD 组) 血肌酐 (SCr)、hs-CRP 和 CysC 水平, 并计算肾小球滤过率 (GFR)。以 101 例同期体检健康者作为对照 (对照组)。比较 CKD 组和对照组 SCr、hs-CRP、CysC 水平的差异; 绘制 ROC 曲线, 评价 SCr、hs-CRP、CysC 对 CKD 的诊断价值; 并通过 Pearson 相关检验分析 CKD 患者 hs-CRP 与 GFR 的相关性。

**结果** CKD 组患者 SCr、hs-CRP 和 CysC 水平均高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); CKD 患者 hs-CRP 与 GFR 水平呈负相关 ( $r=-0.356$ ,  $P<0.001$ ); SCr、hs-CRP、CysC 三指标诊断 CKD 的 ROC 曲线下面积分别为: 0.997、0.846、0.970

**结论** CKD 患者超敏 C 反应蛋白含量明显增加, 且与肾损伤程度成正相关, 对诊断慢性肾脏病有一定的辅助价值, 可用来评估病情的严重程度。

## PU-2106

## 湖北地区 CYP2C19 基因多态性分布研究

乔斌

武汉大学人民医院,430000

**目的** 调查湖北地区 CYP2C19 基因多态性分布情况及其对临床的指导意义, 为个体化治疗提供依据

**方法** 选取 2015 年 1 月至 2016 年 3 月在武汉大学人民医院住院病人 900 例, 采用基因芯片法检测患者 CYP2C19 基因型, 同时收集其临床资料, 包括年龄、性别、体重、诊断等相关指标进行分析

**结果** 900 例患者，其中男性 594 例（66%），女性 306 例（34%）；共检出 6 种 CYP2C19 基因型，其中\*1/\*2(636 GG,681 GA)基因型患者最多，占 42.3%；其余依次为\*1/\*1(636 GG,681 GG)基因型患者（36.6%），\*2/\*2(636 GG,681 AA)基因型患者（13.0%），\*1/\*3(636 GA,681 GG)基因型患者（5.1%），\*2/\*3(636 GA,681 GA)基因型患者（2.8%），\*3/\*3(636 AA,681 GG)基因型患者（0.2%）。表型中 IM 型最高，占 47.4%；其次为 EM 型和 PM 型，分别占 36.6%和 16.0%。等位基因 CYP2C19\*1 的频率最高，占 60.3%，等位基因 CYP2C19\*2 CYP2C19\*3 的频率分别为 35.6%和 4.2%。

**结论** 湖北地区 CYP2C19 基因型以\*1/\*2(636 GG,681 GA)基因型为主，表型 IM 型最多，等位基因以 CYP2C19\*1 最常见。

## PU-2107

### HAX-1 overexpression in multiple myeloma is associated with poor survival

Xiaoli Feng

Clinical laboratory center of the second hospital of Shandong university

**Objective** HAX-1 has been shown to be involved in multiple cellular processes, including apoptosis, calcium homeostasis and cell migration, we want to explore the novel function of HAX-1 in multiple myeloma.

**Methods** public in silico transcriptomics (IST) database analysis, immunohistochemical staining, Flow cytometry, western blot

**Results** Using the public in silico transcriptomics (IST) database, we observed elevated expression of HAX1 in MM as well as in plasma cell leukaemia. Our analysis indicated a significant difference in survival between MM patients with high and weak expression of HAX-1. Silencing of HAX-1 expression in U266 cells was found to significantly decrease SDF-1-stimulated cell migration.

**Conclusions** Taken together, the current study suggests that high expression of HAX-1, a protein implicated in cell survival and cell migration, is associated with poor survival in MM patients, and we provide evidence that HAX-1 regulates MM cell migration, thus making HAX-1 a potentially important target for therapeutic intervention.

## PU-2108

### 一例 F9 基因新发错义突变致乙型血友病的临床表型及遗传学分析

王京伟

武汉大学人民医院,430000

**目的** 明确一个乙型血友病(HemophiliaB,HB)家系的遗传学病因，并分析基因型与表型的关系。

**方法** 用凝血仪检测先证者家系成员的凝血指标：凝血酶原时间（PT）、活化部分凝血酶时间（APTT）、凝血酶时间（TT）、纤维蛋白原(Fg)等，采用发色底物法检测 F9 基因活性，采用 PCR-Sanger 测序法分析 HB 的关键致病基因 F9 基因的编码区及侧翼序列进行突变分析，并通过逆转录 PCR 检测剪切突变对基因转录的影响，测序结果与 F9 基因的参考序列进行比对

**结果** 先证者红细胞及血红蛋白含量降低，生化未见明显异常，凝血功能示 PT 活动度下降，APTT 延长，D-二聚体增高，凝血因子IX活性明显下降；先证者母亲及女儿 APTT 及凝血因子IX活性分别有不同程度的延长和降低，其父亲、妹妹和哥哥的 APTT 及凝血因子IX活性正常。测序结果显示该家系先证者携带一个 F9 基因半合子错义突变 c.289T>G (p.Cys97Gly)，为首次发现的位点变

异，先证者母亲及女儿各携带杂合突变；先证者及其家系成员的凝血功能检测及临床症状均支持该位点变异为致病性变异

**结论** HB 基因第 7 外显子检测到 c.289T>G (p.Cys97Gly) 半合子变异，为未报道过的新突变，结合患者家族史级临床症状，该位点变异为致病性变异。

## PU-2109

### 超高效液相色谱-串联质谱检测血浆抗精神分裂药物浓度方法学的建立及药物浓度参考范围的评价

王少亭

武汉大学人民医院,430000

**目的** 利用超高效液相色谱-串联质谱 (Ultra high performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry, UPLC-MS/MS) 建立一种检测抗精神分裂药物浓度的方法，检测血浆阿立哌唑、氨磺必利、奥氮平、帕利哌酮和齐拉西酮的浓度，并且对药物浓度的参考范围进行评价。

**方法** 方法学建立及评价。根据美国食品药品监督管理局和美国临床实验室标准协会相关指南，评估所建立 UPLC-MS/MS 方法学的选择性、准确度、精密度、稳定性和线性范围。通过分析 253 份临床标本的检测结果，根据新版德国精神类药物浓度监控指南中推荐药物治疗的参考区间，评估中国患者的符合情况

**结果** 本研究建立的 UPLC-MS/MS 可同时检测五种抗精神分裂症药物浓度。阿立哌唑、氨磺必利、奥氮平、齐拉西酮和帕利哌酮的定量限 (LOQ) 分别为 3.0 ng/ml、0.1 ng/ml、0.3 ng/ml、9.0 ng/ml 和 0.3 ng/ml，具有较高的灵敏度。五种药物在相应浓度范围内线性相关系数均 $>0.9977$ ，日内及日间精密度均小于 11.1%，回收率为 86.2%~104.8%。所测临床标本中阿立哌唑 ( $255.5 \text{ ng/mL} \pm 121.8$ )、帕利哌酮 ( $37.9 \text{ ng/mL} \pm 20.0$ )、奥氮平 ( $45.8 \text{ ng/mL} \pm 21.9$ ) 和齐拉西酮 ( $70.2 \text{ ng/mL} \pm 41.8$ ) 的浓度区间与指南中推荐参考区间呈良好的一致性。对于氨磺必利，本研究所得浓度水平 ( $445.2 \text{ ng/mL} \pm 231.5$ ) 明显高于指南中推荐水平 (100-320 ng/mL)

**结论** 本研究成功建立了同时分析多种药物的 UPLC-MS/MS 方法，且可应用于临床抗精神分裂药物浓度监控。

## PU-2110

### 实时荧光定量 PCR 在慢性粒细胞白血病细胞 BCR-ABL 融合基因检测中的应用与意义

吴薇

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨实时荧光定量逆转录聚合酶链反应 (RQ-PCR) 技术检测慢性粒细胞白血病 (CML) 细胞的 BCR-ABL p210 融合基因的临床价值。

**方法** 应用 RQ-PCR 技术对 60 例 CML 患者骨髓细胞 BCR-ABL p210 融合基因进行定量检测分析。

**结果** 60 例 BCR-ABLp210 融合基因阳性的 CML 患者中，慢性期为 33 例，加速期为 13 例，急变期为 14 例，且 CML 急变期患者 BCR-ABLp210 转录本水平明显高于慢性期和加速期患者。经异基因造血干细胞移植治疗或经伊马替尼治疗 6 个月后，BCR-ABLp210 转录本水平均较 6 个月前明显降低。另外，这两种方法治疗 CML12 个月后的效果差异不明显，而采用其他酪氨酸激酶抑制剂治疗 CML12 个月后可达到相似的治疗效果。

**结论** RQ-PCR 技术监测 CML 患者细胞 BCR-ABLp210 融合基因表达有助于 CML 的诊断、治疗效果评价及微小残留的监测。

## PU-2111

### 甲状腺癌患者血清中 TG、CEA 与 NSE 的表达与临床意义

李翼

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 探讨甲状腺球蛋白 (TG)、癌胚抗原 (CEA)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)在甲状腺癌中的临床意义。

**方法** 采用化学发光法检测 35 例甲状腺癌患者、27 例甲状腺术后组与 30 例正常对照组的 TG、CEA 水平,用电化学法检测 NSE 水平,并将结果采用 SPSS 软件进行统计学分析。

**结果** 甲状腺癌患者组的 TG 水平明显高于甲状腺术后组与正常对照组 ( $P<0.01$ ), 甲状腺癌患者组的 CEA 水平与甲状腺术后组和正常对照组无明显差异 ( $P>0.05$ ), 甲状腺癌患者组的 NSE 水平明显高于甲状腺术后组与正常对照组 ( $P<0.01$ )。

**结论** 甲状腺球蛋白与神经元特异性烯醇化酶在甲状腺癌中有高水平的表达,对诊断甲状腺癌有重要的临床意义,对术后监测有重要作用。癌胚抗原对诊断甲状腺癌没有显著的临床意义。

## PU-2112

### The association of WNT16 polymorphism with the CD4<sup>+</sup> T cell count in the HIV-infected population

Li Xie<sup>1</sup>,Huang Yiyong<sup>2,3</sup>,Zhong Jianing<sup>2</sup>,Wei Huiping<sup>2,4</sup>,Chen Siyuan<sup>2</sup>,Jiang Kongmei<sup>1</sup>,Li Shan<sup>2</sup>,Qin Xue<sup>2</sup>

1.The Second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

2.The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

3. The Third Affiliated Hospital of Guangxi University of Chinese Medicine

4.The Third Affiliated Hospital of Sun Yat-Sen University·Yuedong Hospital

**Objective** WNT16 is one of the 19 members of the human WNT gene family, and it plays a positive role in CD4<sup>+</sup> T cell proliferation. We investigated the possible association of WNT16 rs3801385 and rs2707466 with the CD4<sup>+</sup> T cell count among the HIV-infected population in Guangxi, China.

**Methods** A total of 93 HIV-1-infected patients aged 20-75 years were separated into a CD4<sup>+</sup> T cell count  $\geq 200/\text{mm}^3$  group (60 cases) and a  $< 200/\text{mm}^3$  group (33 cases), and 76 healthy subjects were selected as the control group. All patients have not received any anti-AIDS treatment. The direct sequencing was used to detect two functional WNT16 polymorphisms.

**Results** After adjusting for age and gender, our results showed that rs2707466 A alleles and combined GA+AA genotypes were associated with maintaining CD4<sup>+</sup> T cell count of more than  $200/\text{mm}^3$  in the context of HIV infections compared to the control group (OR = 2.218, 95% CI 1.101 - 4.475,  $p = 0.026$ , and OR = 2.328, 95% CI 1.025 - 5.289,  $p = 0.044$ , respectively). When stratified by viral load, this positive association was significantly strengthened in the viral load group of less than 20 copies/ml. In contrast, there was no significant difference in any genotype and allele of rs3801385 between the patients and healthy controls.

**Conclusions** In conclusion, the results suggest that the rs2707466 A allele may have a positive effect on maintaining the CD4<sup>+</sup> T cell count after the HIV infection.

## PU-2113

**100 例 D-二聚体高值患者在临床各科室的分布及临床意义**刘谦<sup>1</sup>, 范厚臻<sup>1,2</sup>

1. 山东省临沂市中医医院

2. 山东省临沂市中医医院

**目的** 探讨 D-二聚体高值患者在临床各科室的分布及其临床意义。

**方法** 选取过去一年间我室所做的 100 例 D-二聚体高值患者进行分析, 测量采用免疫比浊法。

**结果** 在 D-二聚体高值患者中, ICU 这个重灾区高居榜首占了 22%, 紧跟其后的是外科、骨科的患者分夺 20% 和 14%, 消化科占 11%, 产科、儿科、心内科、脑病科、肾病科、肿瘤科各占 4%, 肺病科、血液科、急诊科各占 2%, 内分泌科、康复科、介入科各占 1%。

**结论** 高 D-二聚体与重症患者像一对孪生兄弟。它意外的高值, 警告我们重症患者的需求。

## PU-2114

**基于 Top-Down 法评定临检常规项目测量不确定度**

张娟, 李明勇, 李焱鑫, 蒋黎

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 分别以室内质量控制数据与室间质量评价 (EQA) 数据以及校准品评定白细胞 (WBC)、红细胞 (RBC)、血红蛋白 (Hb)、红细胞压积 (HCT)、血小板 (PLT) 的测量不确定度和探讨自上而下法 (Top-Down 法) 结合质控数据评定测量不确定度在临床血常规检验项目中的应用, 通过评价血液常规检验项目的测量不确定度, 使临床检验项目更好地服务于临床。

**方法** 利用实验室内部的分析仪器日常工作中得到的复现性和参加卫生部临床检验中心室间比对结果, 分析检测中的测量不确定度, 并计算合成不确定度和扩展不确定度。

**结果** 取  $k=2$  时, 包含概率  $P=95\%$ , WBC 低、中、高值的扩展不确定度分别为  $(3.06 \pm 0.27)$ 、 $(7.35 \pm 0.49)$ 、 $(18.32 \pm 1.32) \times 10^9/L$ ; RBC 低、中、高值的扩展不确定度分别为  $(1.37 \pm 0.08)$ 、 $(4.37 \pm 0.18)$ 、 $(5.21 \pm 0.16) \times 10^{12}/L$ ; Hb 低、中、高值的扩展不确定度分别为  $(58.97 \pm 3.09)$ 、 $(121.89 \pm 3.37)$ 、 $(157.87 \pm 9.73) g/L$ ; PLT 的扩展不确定度分别为  $(57.72 \pm 11.71)$ 、 $(223.17 \pm 31.35)$ 、 $(515.63 \pm 92.31) \times 10^9/L$ 。基于校准品 (中值) 及校准过程中的测量不确定度分别为 WBC  $0.424 \times 10^9/L$ , RBC  $0.15 \times 10^{12}/L$ , Hb  $3.4 g/L$ , HCT 1.62, PLT  $27.9 \times 10^9/L$ 。各项的扩展不确定度均包含于中华人民共和国卫生行业标准提出的临床血液学检验常规项目分析质量要求的允许总误差。

**结论** 利用实验室室间质量评价数据及校准品的不确定度对实验室血常规检测项目不确定度进行评定是合理可行的, 且此方法比利用室间质评进行不确定度评估更方便、可靠。通过对不确定度的评价, 可以提高实验室的检测水平, 有助于临床更好地理解、使用检验结果。

## PU-2115

## ASSOCIATION BETWEEN THROMBIN ACTIVATABLE FIBRINOLYSIS INHIBITOR AND BREAST CANCER (Part I Clinical investigation)

Chengwei Xu

Department of laboratory medicine, the second hospital of Shandong University, Jinan, China.

**Objective** The aim of this study was to investigate if thrombin activatable fibrinolysis inhibitor antigen and activity (TAFI Ag and TAFI Act) levels and TAFI Thr325Ile and Thr147Ala polymorphism could be a risk marker of breast cancer in Chinese Han patients.

**Methods** The plasma TAFI Ag and Act was determined using ELISA and chromogenic assay in 256 patients with breast cancer and 192 healthy controls. Besides fibrinogen and D-dimer levels were routinely measured, TAFI Thr325Ile (rs1926447) and Thr147Ala (rs3742264) polymorphism was genotyped in both patient and control groups using polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) analysis.

**Results** TAFI Ag and Act levels were significantly higher in breast cancer patients than in controls ( $100.6 \pm 15.2\%$  vs  $82.7 \pm 11.2\%$  and  $30.5 \pm 2.8 \mu\text{g/ml}$  vs  $23.5 \pm 1.6 \mu\text{g/ml}$ ,  $P < 0.001$  respectively). The plasma fibrinogen and D-dimer levels were also significantly increased in comparison with those in controls ( $3.7 \pm 1.2 \text{g/L}$  vs.  $2.6 \pm 1.4 \text{g/L}$  and  $598.5 \pm 115.3 \text{ng/mL}$  vs.  $125.2 \pm 55.4 \text{ng/mL}$ ,  $P < 0.001$ , respectively). TAFI Ag levels are correlated with metastasis of breast cancer ( $P < 0.001$ ). The Thr/Ile (CT) and Ile/Ile (TT) genotypes were more frequently in patients group compared with the control group [OR: 2.106; (95%CI: 1.379-3.217);  $P < 0.001$ ]. The high-risk T alleles frequency was also higher in patients compared with healthy controls [OR: 1.718; (95%CI: 1.316-2.243);  $P < 0.001$ ]. The polymorphism was significantly correlated with TAFI Ag levels in either group ( $P < 0.001$ ). The Ile/Ile (TT) genotype had the lowest TAFI Ag level, while the Thr/Thr (CC) had the highest one. Thr147Ala gene polymorphism in the case group and control group in the frequency distribution, as well as TAFI antigen level were no significant difference.

**Conclusions** The plasma TAFI levels and TAFI Thr325Ile genotypes were associated with breast cancer patients in Chinese Han populations and can be considered as the risk markers of breast cancer. Patients with breast cancer are at high risk of high coagulation state, which pathogenesis is complex involves both coagulation activation and fibrinolytic inhibition.

## PU-2116

## lncRNA 在肿瘤中的研究文献复习

冯潜

徐州医科大学附属医院, 221000

**目的** 长链非编码 RNA (long non-coding RNA, lncRNA) 是一类转录本长度超过 200nt、不编码蛋白的 RNA，这类 RNA 起初被认为是基因组转录的“噪音”，随着 2007 年 Hotair 功能的被发掘，lncRNA 的功能渐渐明晰。据计算，约有 93% 的转录本为 lncRNA<sup>1</sup>，lncRNA 通常位于细胞核和细胞质。但是 lncRNA 的基因转录水平一般低于蛋白质编码基因，序列保守性差，承受的进化压力小，但 promoter 序列通常比较保守。

**方法** lncRNA 与小分子 RNA 相比，序列更长、空间结构也较为复杂，参与表达调控的机制也更具有多样性和复杂性。尽管目前只有一小部分 lncRNA 的功能有相关报道，但可以明确的是 lncRNA 参与发育、分化、代谢等多方面的调控。lncRNA 能在表观遗传<sup>2</sup>、转录<sup>3</sup>及转录后<sup>4</sup>水平调控基因表达，参与 X 染色体沉默、基因组印记以及染色质修饰、转录激活与抑制、核内运输等多种重要的调控过程，与人类疾病的发生、发展和防治都有着密切联系。

**结果** 研究表明, lncRNA 的异常表达与肿瘤的诊断、复发及转移相关 5。lncRNA 以外泌体的形式分泌到细胞外, 体液中的 lncRNA 具有作为生物标志物的潜能, 指示肿瘤的进展与恶性程度, 指导个性化治疗。PCA3 是一个前列腺癌特异表达 lncRNA, 在前列腺癌患者尿液中异常升高, 已经用于临床前列腺癌诊断 6。血浆中稳定存在的 lncRNA 也有作为生物标志物的潜能, 比如胃癌患者血浆中 lncRNA H19 显著升高 7。在临床, 相同癌症患者接受相同的治疗方式, 但往往会表现出不同的临床后果, lncRNA 的差异表达是造成这一现象的原因之一 8。癌组织中 lncRNA 的异常表达通常与转移及预后较差相关。在胰腺癌中 lncRNA HULC 表达异常升高, 其异常高表达与肿瘤体积、高级别的淋巴结转移与血管浸润显著相关, HULC 水平与患者的总体生存率相关 9。

**结论** lncRNA 的作用模式大致可以分为四类: 信号 (signal), 诱饵 (decoy), 导向 (guide), 脚手架 (scaffold) <sup>12</sup>

## PU-2117

### Biallelic ERBB3 loss-of-function variants are associated with a novel multisystem syndrome without congenital contracture

niu Li,Yufei Xu ,Yi Zhang,Guoqing Li,Tingting Yu,Ru-en Yao,Yunfang Zhou,Yiping Shen,Lei Yin,Xiumin Wang,Jian Wang

Shanghai Children's Medical Center, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** Gain-of-function pathogenic variants of the Erb-B2 receptor tyrosine kinase 3 (ERBB3) gene contribute to the occurrence and development of a variety of human carcinomas through activation of phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K)/AKT and extracellular signal-regulated kinase (ERK) signaling. ERBB3 gene homozygous germline variants, whose loss of function may cause autosomal recessive congenital contractural syndrome, were recently identified. This study aims to identify the disease-causing gene in a Chinese pedigree with variable phenotypes involving multiple systems, including developmental delay, postnatal growth retardation, transient lower limb asymmetry, facial malformations, atrioventricular canal malformation, bilateral nystagmus and amblyopia, feeding difficulties, immunodeficiency, anemia, and liver damage, but without congenital contracture.

**Methods** Trio-whole exome sequencing (WES) was performed to identify the disease-causing gene in a 24-month-old Chinese female patient. The pathogenicity of the identified variants was evaluated using in silico tools and in vitro functional studies.

**Results** Trio-WES revealed compound heterozygous variants of c.1253T>C (p.I418T) and c.3182dupA (p.N1061Kfs\*16) in the ERBB3 gene. Functional studies showed that p.I418T resulted in normal expression of ERBB3, which was capable of interacting with ERBB2. However, the variant impaired ERBB3 phosphorylation, consequently blocking ERBB2 phosphorylation and AKT and ERK activation. The truncated protein resulting from the c.3182dupA variant also lacked the capacity to activate downstream signaling pathways.

**Conclusions** We report the first patient with a novel multisystem syndrome disorder without congenital contracture resulting from biallelic loss-of-function variants of ERBB3.

## PU-2118

## Elevated plasma MIP-1 $\beta$ predicts a poor response to pegylated-interferon alpha-2a therapy in patients chronically infected with hepatitis B

Xu Wang<sup>1</sup>, Chong Zhang<sup>2</sup>, Zining Zhang<sup>1</sup>, Yajing Fu<sup>1</sup>, Xiaowei Zhang<sup>1</sup>, Yao Li<sup>1</sup>, Linbo Yin<sup>1</sup>, Xiaoguang Xiao-Guang Dou<sup>2</sup>, Hong Shang<sup>1</sup>

1. The First Affiliated Hospital of China Medical University

2. Shengjing Hospital of China Medical University

**Objective** Treatment with interferon results in a good prognosis for only 20–30% of patients with chronic hepatitis B (CHB) infections. Identification of biomarkers that predict outcomes early during treatment is crucial for individualized clinical treatment. Such biomarkers would provide new strategies for immunotherapy.

**Methods** In this study, hepatitis B e antigen (HBeAg) positive patients receiving pegylated-interferon alpha-2a (PEG-IFN  $\alpha$ -2a) monotherapy were enrolled and divided into two groups based on hepatitis B virus (HBV) DNA decline. These groups were virology partial responders (PRs) with more than a 2 log<sub>10</sub> IU/mL HBV DNA decline and virology non-responders (NRs) with less than a 2 log<sub>10</sub> IU/mL HBV DNA decline after 24 weeks of treatment. Luminex multiplex analysis was used to continuously detect levels of soluble plasma markers in healthy controls and patients at 0, 4, 8, 12, and 24 weeks after treatment initiation. Receiver operating characteristic analysis (ROC) and Kaplan–Meier survival analysis were used to detect dynamic changes in cytokines and relationships with disease prognosis.

**Results** Multiple plasma cytokines were higher in patients than in healthy controls, suggesting a cytokine storm in patients with chronic HBV infection. Cytokine levels in PRs decreased significantly after PEG-IFN  $\alpha$ -2a treatment. PRs had more interlocked cytokine networks before treatment. MIP-1 $\beta$  levels in NRs were significantly higher than in PRs 4 – 12 weeks after treatment initiation. MIP-1 $\beta$  after 12 weeks of treatment was identified as a better prognostic response predictor by ROC analysis. The patients with high levels of plasma MIP-1 $\beta$  had a poor prognosis as judged by Kaplan–Meier analysis.

**Conclusions** After 12 weeks of treatment, high concentrations of plasma MIP-1 $\beta$  predict a poor PEG-IFN  $\alpha$ -2a therapeutic response in HBeAg-positive CHB patients. Plasma MIP-1 $\beta$  levels may provide a new means by which to predict drug efficacy.

## PU-2119

## ASSOCIATION BETWEEN THROMBIN ACTIVATABLE FIBRINOLYSIS INHIBITOR AND BREAST CANCER (Part II Experiment research)

Chengwei Xu

Department of laboratory medicine, the second hospital of Shandong University, Jinan, China.

**Objective** To investigate the effects of CPB2 gene silencing on thrombin activated fibrinolysis inhibitor (TAFI) expression and metastatic in the breast cancer cell line MDA-MB-231.

**Methods** Based on the sequence of CPB2, three siRNA were designed and chemically synthesized. They were transfected into the breast cancer cell line MDA-MB-231 with Lipofectamine™ 2000. The TAFI mRNA and protein levels were determined by reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) and Western blot. Cell invasive and metastasis ability and growth inhibition were determined by transwell assay and MTT assay.

**Results** siRNAs targeting CPB2 significantly down-regulated the mRNA and the protein level of TAFI ( $P < 0.05$ ), and the inhibition ratio range from 55.4% to 42.6%. The growth of breast cell line



MDA-MB-231 were inhibited ( $P<0.05$ ) and the invasive and metastasis ability were also significantly inhibited compared to the control group ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** CPB2-siRNA can significantly down-regulate TAFI expression in transcriptional and translational levels, inhibit cell growth, invasive and metastasis ability in the breast cell line MDA-MB-231. It can be used as a new target for the breast cancer in therapy of metastasis.

## PU-2120

### Detection of plasma coagulation-fibrinolytic system markers in lung cancer patients and its clinical values

Chengwei Xu

Department of laboratory medicine, the second hospital of Shandong University, Jinan, China.

**Objective** To explore the relationship of plasma thrombomodulin (TM), thrombin-antithrombin complex (TAT), plasmin-alpha 2 plasmin inhibitor complex (PIC) and tissue plasminogen activator-plasminogen activator inhibitor-1 complex (t-PAI-C) with lung tumors.

**Methods** The levels of plasma TM, TAT, PIC and t-PAI-C were determined by chemiluminescence enzyme immunoassay in 158 lung cancer patients (113 cases of NSCLC patients and 45 cases of SCLC patients), 53 with benign lung diseases (benign control group) and 60 healthy subjects (healthy control group). The difference of plasma TM, TAT, PIC and t-PAI-C between lung cancer group, benign control group and healthy control groups was evaluated, and the difference between tumor metastasis and non-tumor metastasis groups, and before and after surgery for lung cancer were analyzed as well.

**Results** The levels of TM, TAT, PIC and t-PAI-C in lung cancer group were higher than those in benign control group and healthy control group ( $P<0.01$ ). while the difference of the markers level between benign and healthy control group has no significance ( $P>0.05$ ). The levels of TM, TAT, PIC and t-PAI-C in SCLC lung cancer group were higher than those in two control group ( $P<0.01$ ). There was also statistical significance for TM, TAT, PIC and t-PAI-C between NSCLC lung cancer group and healthy control group ( $P<0.01$ ). In lung cancer tumor group, TM, TAT, PIC and t-PAI-C were higher in tumor metastasis group than those in non-tumor metastasis group ( $P<0.01$  or  $P<0.05$ ), while there was no statistical difference between two groups for t-PAI-C in SCLC patients ( $P>0.05$ ). The levels of TAT, TM, PIC and t-PAI-C after lung cancer surgery were significantly lower than those before surgery ( $P<0.001$ ).

**Conclusions** Malignant lung tumor patients have different degrees of vascular epithelial injury and coagulation-fibrinolytic system disorder. Plasma TM, TAT, PIC and t-PAI-C are valuable biologic markers of lung cancer for early-stage thrombosis diagnosis, also can be used as indicators for lung cancer progression, curative effect and prognosis.

## PU-2121

## Exploring the Whole Standard Operating Procedure for Phage Therapy in Clinical Practice

崔泽林,李莉

上海市第一人民医院,200000

**目的** In this paper, the whole operating procedure for phage therapy in clinical practice was explored and analyzed to comprehensively understand the success of using phage for the treatment of bacterial infectious disease in the future.

**方法** The procedure includes enrollment of bacterial infection patients for phage therapy, establishment of phage libraries, pathogenic bacteria isolation and identification, screening for effective phages against the pathogenic bacteria, phage formulation preparation, phage preparation administration strategy, and route, monitoring the efficacy of phage therapy, and detection of the emergence of phage-resistant strains.

**结果** Finally, we outlined the whole standard operating procedure for phage therapy in clinical practice. It is believed that phage therapy will be used successfully, especially in personalized medicine for the treatment of bacterial infectious diseases.

**结论** Hopefully, this procedure will provide support for phage therapy entrance into the clinic as soon as possible.

## PU-2122

## 应用 PDCA 循环法降低血细胞分析检测风险

张娟,蒋黎,喻华,李焱鑫

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** PDCA 循环是由美国质量管理统计学专家戴明于 20 世纪 60 年代初创立的一种管理方法。PDCA 分别为计划(Plan)、执行(Do)、检查(Check)、行动(Action)的英文缩写。本文旨在探讨运用 PDCA 循环管理法在降低我院检验科血细胞检测分析各环节的风险,提高本院住院及门诊病人以及临床医生对血常规检测结果的满意度的应用效果。

**方法** 对我院 2017 年 1 月-2018 年 1 月住院及门诊病人血常规检测相关投诉事件进行统计,并对事件产生的原因进行深入分析,随后采用 PDCA 循环管理法对整个血常规检验分析前、中、后各环节进行质量改进,分别强调检验分析前注重观察标本量、标本性状及选择检测模式;分析中加强识别应用血细胞分析五分类法散点图、直方图的临床意义及相关仪器报警信息,加强血细胞形态学培训及创新性量化考核血细胞形态;分析后注重报告合理性分析,加强异常结果及时与临床及病人沟通等方式,并比较 PDCA 循环管理方法实施前后的病人投诉率和临床满意度。

**结果** 经过 PDCA 循环管理后血常规检测相关病人投诉率明显降低,由对策实施前的 $\geq 4$ 次/年降低为对策实施后的 0 次/半年,临床满意度由 89.3%上升到 97.6%。在后期的效果确认和维持阶段,血常规检测效果一直维持在较理想水平。截至目前,尚未接到任何病人投诉及临床不满意的反馈。

**结论** 采用 PDCA 循环管理法可有效降低血细胞分析检测各环节的风险,有效保证检验分析前、中、后各阶段标本检测的质量,提高检验结果准确性,增强检验人员业务能力和责任心,提升临床满意度,具有良好的效果。

## PU-2123

## 2 型糖尿病人群肠道微生态分析

刘谦

山东省临沂市中医医院

**目的** 研究生活水平的提高,生活方式的改变,使得 2 型糖尿病人群肠道微生态发生变化,益生菌数量的降低,致病菌数量的增加,使肠道微环境遭到破坏影响到肠道菌群的功能。

**方法** 总结最近的相关研究。

**结果** 2 型糖尿病人群肠道菌群在种类上有变化和数量上有差异。

**结论** 通过调整肠道菌群的结构能更好地减轻糖尿病的发生和发展。

## PU-2124

## 常见自身免疫性疾病血液学异常分析

张娟,李明勇,贺元,李玉芹

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨系统性红斑狼疮 (Systemic lupus erythematosus, SLE)、类风湿关节炎 (Rheumatoid arthritis, RA) 以及干燥综合征 (Sjogren syndrome, SS) 患者外周血常规、骨髓象及铁染色特点,探讨三种常见自身免疫性疾病的共性与差异,为临床提供可靠的实验室依据。

**方法** 收集 2010 年 1 月-2018 年 4 月在四川省人民医院确诊且同时进行外周血常规和合格的骨髓分析的自身免疫性疾病患者共 461 例,其中系统性红斑狼疮患者 173 例,类风湿关节炎患者 154 例,干燥综合征患者 134 例,分别进行外周血常规、骨髓象及铁染色结果回顾性总结分析。

**结果** SLE、SA、SS 发病平均年龄及中位数分别为 39.54/40, 54.96/57, 51.27/51 岁。SLE 发病年龄最小,差异均具有统计学意义 ( $P<0.0001$ ,  $P<0.0001$ )。WBC、HGB 在 SLE 组最低,其次为 SS 组;PLT 在 SS 组最低,差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ ),MCV、RDW 在三组间均不具有统计学意义 ( $P>0.05$ )。三种自身免疫性疾病外周血均可发生一系及以上减少。其中,SS 组最易发生单系 WBC, PLT 减少, SLE 组最易发生贫血及 WBC+HGB, WBC+PLT, WBC +HGB+PLT 减低,差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。骨髓象分析显示,三组患者骨髓增生程度主要以明显活跃或活跃为主。铁染色结果显示,细胞内铁大致正常,细胞外铁均减少,其中以 SS 组减少最为严重。淋巴细胞在三种疾病中均明显减少,其它系变化未见明显异常。

**结论** SLE 患者发病年龄、WBC、HGB 最低,而 SS 组 PLT 最低,SS 组最易发生单系 WBC, PLT 减低, SLE 组最易发生贫血,且在两系及以上减低中, SS 组最易发生 WBC+HGB, WBC+PLT, WBC +HGB+PLT 减低,差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。三种自身免疫性疾病均可发生血细胞减少,骨髓均可有不同程度的病态造血。因此,加强自身免疫性疾病患者的外周血常规及骨髓象的监测,了解外周血常规各项指标及骨髓中各类细胞的数量及形态变化,可加深对疾病的发病机理探讨。

## PU-2125

## 两种基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术对临床非发酵革兰阴性杆菌的鉴定能力评价

王莹宇,顾兵

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 评价两种基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (Bruker-MS 和 Vitek-MS) 技术对临床分离非发酵革兰阴性杆菌的鉴定。

**方法** 收集徐州医科大学附属医院 2015 年 12 月至 2016 年 4 月分离自门诊和住院患者痰液、血液、尿液、粪便、脑脊液和分泌物等临床标本中的非发酵革兰阴性杆菌 110 株。分别使用 Bruker-MS 和 Vitek-MS 进行鉴定。

**结果** 在 110 株非发酵 G<sup>-</sup>杆菌中, Bruker-MS 属和种的鉴定率均为 100%; Vitek-MS 属和种的鉴定率分别为 100%和 95.5%。两种方法鉴定结果相比较, 在属的水平上一致 110/110 (100%) 株, 在种的水平上一致 96/110 (87.3%) 株。

**结论** 对该组常见细菌, 两种质谱仪鉴定结果, 均呈现出优异的鉴定水平, 适合用于临床非发酵 G<sup>-</sup>杆菌的常规鉴定。

## PU-2126

## Staphylococcus aureus phage JD007 lysate does not induce mast cell degranulation

Zelin Cui,Yuting Liang 梁玉婷,Li Li 李莉  
Shanghai General Hospital

**Objective** With the dissemination of multi-drug resistant bacteria worldwide, phage therapy is a current focus. Bacteriophages are viruses that contain protein and DNA/RNA; however, whether they can cause type I hypersensitivity reactions during infection treatment is unknown. Mast cells are critical in type I hypersensitivity reactions. Staphylococcus aureus phage JD007 is reported to have potential therapeutic uses. To assess whether lysate from phage JD007 that infects S. aureus can induce a type I hypersensitivity reaction,

**Methods** mast cell degranulation by the lysate is evaluated in this study.  $\beta$ -hexosaminidase and histamine release assays were performed to assess mast cell (BMMC and MC/9) degranulation, and toluidine blue staining was used to observe mast cell degranulation morphology. Consistent with the morphological alterations, the lysate did not induce mast cell degranulation by  $\beta$ -hexosaminidase and histamine release assays.

**Results** We conclude that the lysate from phage JD007 that infects S. aureus does not induce mast cell degranulation, thus phage JD007 does not induce a type I hypersensitivity reaction during phage therapy.

**Conclusions** This result provides a comprehensive safety assessment of phage therapeutic agents.

PU-2127

## Uncertain aspects of using bacteriophages as food preservatives

Zelin Cui, Li Li  
Shanghai General Hospital

**Objective** Bacteriophage (phage) can kill bacteria, phage has been approved by the Food and Drug Administration (FDA) using as food additives for preservation. Traditional chemical food preservatives could inhibit the growth of bacteria and keep their number in a safe range.

**Methods** Phage is different from traditional food additive; it could kill bacteria during the process of amplification in bacteria and limit bacteria numbers in a safe threshold in food. While this suggests that it may lead to a higher content of bacterial residues in food; especially when food was contaminated with toxin-producing bacteria. Furthermore, bacterial metabolism re-modulation and toxin production during the process of phage infecting bacteria are still unclear. What's more, phage can be seen as a mutation factor to bacteria, it could mediate the undesired genes horizontal transfer among bacteria, and it could also package its host bacterial genomic fragments into its new synthesized particle as well, making gene lateral transduction.

**Results** Additionally, phages added in food could also disturb the normal bacteria cultural based detection results, making the results lower than the truth. These aspects should be considered cautiously.

**Conclusions** This paper reviewed the uncertain aspects of using phage as a food preservative which may bring potential risks. Hopefully, providing useful information for using phages as food preservatives in the future.

PU-2128

## Sysmex XN-9000 血细胞分析系统自动审核规则的建立与验证

张娟,熊志刚,华诗,范小明,牟勇,游莉,吴昊,何敏,李焱鑫,蒋黎  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 建立一套 Sysmex XN-9000 血细胞分析系统的自动审核规则, 并对该套规则有效性进行验证。

**方法** 参照国际血液学组织提出的“41 条复检规则”和我室制定的 24 条复检规则以及 Sysmex XN-9000 全自动血细胞分析仪的技术水平, 通过检测 1226 例新鲜抗凝 (EDTA-K2 抗凝) 全血样本, 建立初步的样本审核规则并录入 labman 样本审核系统; 随机选取 450 例临床样本对规则的假阳性、假阴性、真阳性、真阴性及自动审核通过率等指标进行验证, 测试自动审核通过率, 人工审核所占比例及镜检审核所占比例。

**结果** 对初步的审核规则验证结果表明, 假阴性率小于 2%, 假阴性的样本主要为中晚幼粒细胞低值 (幼稚细胞比例在 3% 以内)、红细胞形态异常及血小板形态异常等情况, 假阴性样本中不存在原始细胞增多及幼稚细胞比例 3% 以上的样本, 总体临床风险较小; 假阳性率较高, 接近 18%, 影响了自动审核通过率。根据假阳性分析结果对规则进行了调整, 规则调整后, 假阴性率与调整前基本一致, 但假阳性率有明显降低, 且自动审核通过率有较大的提升。采用确定的规则运行了 1 万多例样本, 自动审核通过率为 76.4%。而导致自动审核不通过的主要因素为 IMG% 增高、未成熟细胞报警及 WBC 超出设定的范围等因素; 采用该套系统后, 平均 TAT (turnaround time) 缩短了 4.1 分钟。

**结论** 采用 Sysmex XN-9000 血细胞分析系统及配套的 Labman 样本审核软件对样本进行分析及自动审核, 制定严谨的自动审核规则, 可以保证较低假阴性前提下, 实现大部分样本自动审核 (自动

审核通过率可达 75% 以上），提高检验科的工作效率。同时检验工作人员可以将更多的时间与精力用于异常样本复检上，从而使血常规报告的质量大为提高。

## PU-2129

### Characterization and complete genome sequencing of wide-host range bacteriophage JD419, a unique morphology infecting *Staphylococcus aureus*

Zelin Cui, Li Li  
Shanghai General Hospital

**Objective** Phage therapy has been refocused recently with the dissemination of methicillin-resistant *S. aureus* worldwide and appearance vancomycin-resistant *S. aureus* in some districts. In this paper, a novel host-range virulent phage JD419 with an elongated capsid is characterized with complete genomic sequencing, using 454 pyro-sequencing.

**Methods** It can kill 64.3% of *S. aureus* with different types including MRSA isolated from different hospitals in Shanghai, China.

**Results** Its viral activity can be kept stable between a pH of 6.0-8.0 or a temperature below 50°C for 1 hour. Its complete genome was 45509 bp in length and 65 ORFs were predicted; there were not any virulent genes or antibiotic resistant genes predicted.

**Conclusions** Our study suggests that *Staphylococcus* phage JD419 could have the potential for use in diagnostic, prophylaxis and therapy involved in *S. aureus*.

## PU-2130

### 藏、彝族与汉族不育男性精液质量情况分析

温子娜, 卢奋坚, 贾红军, 邱青虹, 何晨程, 郑渠, 钟影  
成都市锦江区妇幼保健院, 610000

**目的** 探讨藏、彝族与汉族不育男性的精液质量状况。

**方法** 选择 2017 年 1 月至 2017 年 12 月间在我院生殖医学中心初诊的 259 例少数民族（藏族 87 例，彝族 172 例）不育男性和 200 例汉族不育男性，对其精液样本进行常规检测，采用 SPSS 统计软件进行结果分析，两组间数据比较采用 t 检验，数据以均数±标准差(±s)表示。

**结果** （1）藏族、彝族和汉族不育男性之间的年龄无统计学差异（ $p>0.50$ ）。（2）藏族不育男性的精子浓度显著低于彝族和汉族（ $p<0.002$ ），彝族与汉族之间的精子浓度无显著差异（ $p>0.50$ ）。（3）藏族不育男性的前向运动精子百分比显著低于彝族（ $p<0.05$ ）和汉族（ $p<0.001$ ），彝族的前向运动精子百分比显著低于汉族（ $p<0.001$ ）；藏族的精子活动率低于彝族，但差异无统计学意义（ $p>0.50$ ），藏族、彝族的精子活动率显著低于汉族（ $p<0.001$ ）。

（4）藏族与彝族不育男性的精子存活率无显著差异（ $p>0.20$ ），但两者的精子存活率显著低于汉族（ $p<0.001$ ）。（5）藏族与彝族不育男性的正常形态精子百分比无显著差异（ $p>0.50$ ），但均显著低于汉族（ $p<0.001$ ）。

**结论** 汉族、藏族、彝族不育男性的精液质量存在差异，藏族与彝族男性的精液参数均显著低于汉族，其中藏族的精液质量最差。精子活力和正常形态精子百分比下降是影响少数民族男性生育力的主要因素。

## PU-2131

## 血栓弹力图用于外科术后患者凝血状态的精准监测价值

张娟<sup>1</sup>,伍晓莉<sup>2</sup>,李焱鑫<sup>1</sup>,赵太强<sup>1</sup>

1.四川省人民医院,610000

2.西南医科大学医学检验系

**目的** 评价血栓弹力图(thromboelastogram, TEG)监测外科术后患者凝血状态的临床价值。

**方法** 系统性回顾四川省人民医院 2018 年 10 月至 2019 年 2 月因各种病理因素进行了外科手术治疗且术后 48h 均进行了血栓弹力图检测的患者资料(99 例)和 2018 年 10 月至 2019 年 2 月进行了血栓弹力图检测且各指标均正常的患者资料(222 例),搜集 TEG 的凝血反应时间(R 值)、凝血形成时间(K 值)、凝固角(Angle,  $\alpha$  值)、血栓最大振幅(MA 值)、MA 确定后 30min 内纤维蛋白溶解率(LY30)、凝血指数 CI(coagulation index,)等参数结果,比较病例组和正常对照组 TEG 的差异。同时根据病例组诊断的不同,可分为肺癌术后组(35 例)、肝癌术后组(25 例)、肾移植术后组(22 例)和食道癌术后组(17 例),比较正常组与肝癌术后组、肺癌术后组、肾移植术后组、食道癌术后组的 TEG 各参数是否有差异。

**结果** 正常对照组和病例组在 R、K、 $\alpha$  和 CI 上均存在显著的差异性( $P<0.05$ ),正常对照组和病例组在 MA、EPL 和 LY30 上都不存在显著的差异性( $P>0.05$ );在正常对照组与肝癌术后组、肺癌术后组、食道癌术后组、肾移植术后组 TEG 各参数的比较中,R 值、K 值、 $\alpha$  值、MA 值、CI 值均有显著性差异( $P<0.05$ );女性的 TEG 参数 R、K、 $\alpha$ 、MA 和 CI 在正常对照组、肺癌术后组、肝癌术后组、食道癌术后组、肾移植术后组类别上,分布相同( $P>0.05$ );男性的 TEG 参数 R、K、 $\alpha$ 、MA 和 CI 在正常对照组、肺癌术后组、肝癌术后组、食道癌术后组、肾移植术后组类别上,分布具有显著性差异( $P<0.05$ )。在正常对照组和食道癌术后组的比较中,TEG 参数 R、K、 $\alpha$ 、CI 均有显著性差异( $P<0.05$ ),且食道癌术后组 R、K、和 CI 均小于正常对照组, $\alpha$  大于正常对照组;在正常对照组和肾移植术后组的比较中,K、 $\alpha$ 、和 CI 均有显著性差异( $P<0.05$ )且肾移植术后组的 K 值小于正常对照组, $\alpha$  值和 CI 值均大于正常对照组。

**结论** 外科术后患者体内处于高凝状态,应用血栓弹力图能监测患者的高凝状态及预判血栓动态形成;正常对照组和肝癌术后组的凝血状态不同,应制定个体化治疗方案;相较于肝癌术后组、肺癌术后组,应用 TEG 监测食道癌术后组和肾移植术后组凝血状态及预判血栓动态形成的临床价值更高。

## PU-2132

## ANA 和 ENA 两者联合检测在 SLE 患者诊断中的临床意义

赵靖

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探讨 SLE 患者血清中 ANA 和 ENA 两者联合检测临床意义

**方法** 统计我院 2017 年 3 月~2018 年 3 月住院病人临床诊断为 SLE 患者 200 例,并对其实验室检查中 ANA、ENA 进行分组,并以健康体检人群中 90 例作为对照组进行统计学分析

**结果** 在 200 例 SLE 患者中 ANA、ENA 阳性率分别为:88%、39%,均高于对照组;ANA 和 ENA 在 SLE 患者中的阳性率特点为:ANA>抗 ENA;健康对照组中 ANA 和 ENA 阳性率特点为:ANA>ENA。两者联合检测,大大提高了 SLE 检测特异性

**结论** 对患者体内自 ANA、ENA 联合检测不仅提高了对 SLE 诊断的敏感性和特异性,而且对疾病的活动转归有指导意义,为临床诊断提供一种新思维和方法

## PU-2133

## 应用上游法获得活动精子行 DNA 碎片率检测的临床意义

温子娜,刘德一,董梅,卢奋坚,贾红军,郑渠,钟影  
成都市锦江区妇幼保健院,610000

**目的** 目前常规检测精子 DNA 碎片指数 (DFI) 都是采用精液精子, 由于精液里含有很多不活动、退化或凋亡的精子, 这些非活动和凋亡的精子会提高 DNA 碎片率而导致临床误诊为活动精子 DNA 碎片率增加。在体内和体外精子与卵子受精过程中, 只有活动精子才能参与受精, 非活动和凋亡的精子不具有生育力。因此, 本研究旨在探讨常规检测精液精子 DFI 是否能够准确反映活动精子的 DFI。

**方法** 选择来生殖医学中心门诊就诊的 200 例男性, 手淫法采集精液标本, 精液分析按世界卫生组织第 5 版方法。活动精子采用上游法获取。采用标准吖啶橙染色和流式细胞仪法分别检测精液精子和活动精子的 DFI。用 SPSS 统计软件进行结果分析, 两组间数据比较采用 Spearman 相关性分析和四格表检验分析。

**结果** (1) 精液精子 DFI 与精子存活率 (Spearman  $r = -0.540$ ,  $p < 0.001$ )、活动率 (Spearman  $r = -0.539$ ,  $p < 0.001$ ) 及正常形态精子百分率 (Spearman  $r = -0.252$ ,  $p < 0.001$ ) 呈显著负相关。(2) 200 例样本的精液精子检测结果显示, 分别有 25.5% (51/200) 的样本 DFI  $\geq 20\%$  和 10% 的样本 (20/200) DFI  $\geq 30\%$ ; 而上游活动精子检测结果显示只有 3.5% 的样本 (7/200) DFI  $\geq 20\%$  和 2.5% 的样本 (5/200) DFI  $\geq 30\%$ 。(3) 活动精子标本检测到高 DFI ( $>20\%$  或  $>30\%$ ) 的比例 (2.5-3.5%) 远远低于精液精子检测到高 DFI 的比例 (10-25.5%)。两组之间有非常显著的统计学差异 ( $p < 0.001$ )。

**结论** 精液精子活动率及存活率与精子 DFI 呈显著负相关, 进一步证实非活动精子和死精子会提高 DFI 值, 提示精液精子的 DFI 不能准确反映活动精子的真实 DFI。精液精子检测到的高 DFI 比例是活动精子的 5~8 倍。如果用精液精子 DFI 来诊断男性不育的精子因素就会带来很大的误诊。因此, 应用上游法获得活动精子行 DNA 碎片率检测比精液精子更具有临床诊断意义和生殖生理的科学逻辑。

## PU-2134

## 解脲支原体和生殖支原体在不孕不育患者中的感染情况分析

何晨程,温子娜\*,贾红军,吕俊霖,邱青虹,郑渠,钟影,卢奋坚  
成都市锦江区妇幼保健院生殖学中心

**目的** 研究解脲支原体 (*Ureaplasma urealyticum*, UU) 和生殖支原体 (*Mycoplasma genitalium*, MG) 在不孕不育患者中的感染情况, 为临床诊治生殖道感染所致的不孕不育提供实验室依据。

**方法** 选取于 2018 年 1 月 1 日至 2019 年 4 月 30 日来本院不孕不育门诊就诊的 59195 例不孕不育患者 (男性 30649 例, 女性 28546 例), 采用荧光定量 PCR 法对其分泌物进行 UU DNA 和 MG RNA 检测, 并对检测结果进行统计学分析, 计算  $p$  值, 以  $p < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 上述检测样本中 UU 阳性率为 15.87% (9393 例), 其中男性 UU 阳性率为 24.72% (2322 例), 女性 UU 阳性率为 75.27% (7071 例); MG 阳性患者阳性率为 0.19% (1106 例), 其中男性 MG 阳性率为 66.79% (738 例), 女性 MG 阳性率为 33.21% (367 例)。男性 MG 阳性率显著高于女性 ( $p < 0.05$ ), 而女性 UU 阳性率显著高于男性 ( $p < 0.05$ )。



**结论** UU 和 MG 在不孕不育患者中的感染率差异较大,临床上需同时做好男、女性不孕不育患者这两种生殖道病原体感染的筛查。

## PU-2135

### 老年脑梗死患者外周淋巴细胞亚群变化及其临床诊断能力分析

戴晓莉

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 探讨老年脑梗死患者外周淋巴细胞亚群变化及其临床诊断能力分析。

**方法** 前瞻性研究,选择老年脑梗死住院患者 195 例和健康志愿者 158 例,流式细胞术检测淋巴细胞亚群百分比和绝对值,利用 ROC 曲线分析其对脑梗死发生的鉴别诊断能力,同时利用 Spearman 法研究其与 NIHSS 评分的相关性。

**结果** 与对照组相比,脑梗死组外周血 Th、B 细胞百分比明显增高,而 NK 细胞百分比、Th、Tc、NK 细胞绝对值明显下降,其中 B 细胞百分比、NK 细胞百分比和 NK 细胞绝对值对脑梗死具有较高的临床诊断价值,ROC 曲线下面积分别为 0.718(95%CI: 0.664~0.771)、0.810(95%CI: 0.765~0.855)和 0.895(95%CI: 0.860~0.929),同时 Th 细胞百分比( $r=0.402$ ,  $P<0.05$ )、NK 细胞百分比( $r=-0.233$ ,  $P<0.05$ )、Tc 细胞绝对值( $r=-0.323$ ,  $P<0.05$ )和 NK 细胞绝对值( $r=-0.545$ ,  $P<0.05$ )与 NIHSS 评分具有一定的相关性。

**结论** 老年脑梗死患者外周血淋巴细胞亚群百分比和绝对值发生明显变化,对疾病的诊断有一定价值,且与疾病的严重程度有关,为临床针对免疫细胞的靶向治疗及治疗评价提供依据。

## PU-2136

### 心房颤动相关基因及其心电图改变

李冰,卢慧,谷娅楠

大连医科大学附属第一医院,116000

近年来分子生物学的发展不仅为深入阐明房颤的分子机制提供了理论基础,而且为实现房颤的基因诊断和针对性、特异性治疗带来了新的思路 and 希望。房颤相关变异基因不但与房颤的发生密切相关,也可导致多种类型的电紊乱,一个单一的突变可引起不同的表型或其组合。而找出这些电活动紊乱所对应心电图的变化与特异性基因位点的关系则显得尤其适用于临床。

## PU-2137

### 化学发光法与免疫印迹法对 1 型糖尿病相关胰岛自身抗体的检测效能评价

康欢欢

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 通过免疫印迹法 (Western blot, WB)和化学发光法 (chemiluminescent method, CLIA)检测 1 型糖尿病患者体内糖尿病相关自身抗体谷氨酸脱羧酶抗体 (glutamic acid decarboxylase antibody, GADA)、胰岛细胞抗体 (islet cell antibodies, ICA)、胰岛素抗体 (insulin antibodies, IAA)、蛋白质酪氨酸磷酸酶抗体 (protein tyrosine phosphatase antibody, IA2A) 和锌抗 8 抗体 (zinc anti 8

antibody, ZnT-8A) 的水平并与健康对照者对比, 来比较两种方法对 5 种胰岛自身抗体的检出率, 评价两种方法对 1 型糖尿病的诊断性能, 旨在探索对糖尿病自身抗体检测更优的, 更适用于临床 1 型糖尿病诊断的技术方法。

**方法** 将研究对象分为两组, 实验组 1 型糖尿病组和对照组健康对照组, 1 型糖尿病组 150 例, 健康对照组 120 例。分别采用免疫印迹法和化学发光法检测 GADA、ICA、IAA、IA2A 及 ZnT-8A 水平, 通过卡方检验和 ROC 曲线分析标志物 GADA、ICA、IAA、IA2A 及 ZnT-8A 与 1 型糖尿病的关系并比较免疫印迹法和化学发光法对这些标志物的检出率。

**结果** 化学发光法检测 1 型糖尿病组 IAA、GADA、IA2A、ICA 及 ZnT-8A 水平阳性率分别为 15.3%、56.7%、36%、41.3%、26.7%, 免疫印迹法检测 1 型糖尿病组 IAA、GADA、IA2A、ICA 及 ZnT-8A 水平阳性率分别为 2.7%、12.7%、18.7%、0.7%、15.3%, 二者之间的差异有统计学意义,  $P < 0.05$ 。通过卡方检验及 ROC 曲线结果分析综合显示化学发光法比免疫印迹法对糖尿病 5 种抗体的检测灵敏度更高, 并且抗体联合检测时阳性率更高。

**结论** 通过检测糖尿病相关自身抗体可以辅助 1 型糖尿病的诊断; 化学发光法比免疫印迹法对糖尿病自身抗体的检测灵敏度高, 对 1 型糖尿病的诊断性能更好, 并且联合检测可以提高阳性检出率。

## PU-2138

### let-7i 对乳腺癌细胞化疗耐药性的影响

浦春

皖南医学院弋矶山医院

**目的** 探讨 let-7i 对人乳腺癌耐药细胞(MCF-7/DDP、MCF-7/ADR)对化疗药物耐药性的影响。

**方法** RT-PCR 和 CCK-8 的方法检测乳腺癌细胞(MCF-7)和 MCF-7/DDP、MCF-7/ADR 细胞中 let-7i 的相对表达及其化疗敏感性的差异; CCK-8 法和平板克隆实验检测过表达或抑制 let-7i 后其对阿霉素的化疗敏感性的变化; RT-PCR 和 Western blot 检测过表达 let-7i 后抗凋亡蛋白 Bcl-2、原癌基因 K-RAS 的水平变化

**结果** 相比于 MCF-7 细胞, let-7i 在乳腺癌耐药细胞中的表达下调, 且与化疗耐药性负性相关; 相比于阴性对照组, 过表达 let-7i 可以提高乳腺癌耐药细胞的存活率和集落形成能力; 过表达 let-7i 后显著抑制了耐药细胞中 Bcl-2 和 K-RAS 的表达。

**结论** let-7i 在乳腺癌耐药细胞中表达下调, 与乳腺癌的化疗耐药负性相关。

## PU-2139

### 上海地区 2008-2017 十年间金黄色葡萄球菌感染情况动态分析

戴颖欣, 刘俊兰, 李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院), 200120

**目的** 通过流行病学调查研究, 分析上海地区 2008-2017 十年间金黄色葡萄球菌感染特征的动态变化, 揭示近年来我国 MRSA 感染发生率持续下降的内在原因。

**方法** 收集上海某综合性教学医院 2008-2017 年间的金葡菌共 3695 株。收集菌株临床信息, 包括菌株来源(医院获得性、社区获得性)、患者年龄、性别以及样本种类等。所有菌株通过梅里埃 Vitek 2 系统进行抗菌药物敏感性试验, 检测的抗菌药物包括头孢西丁、青霉素、庆大霉素、头孢唑林、红霉素、磷霉素、利福平、甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、左氧氟沙星、利奈唑胺和万古霉素。抽提金葡菌 DNA, 通过 PCR 反应进行 MLST 和 spa 分型。综合分析金葡菌临床信息、药敏谱、基因型别等各方面动态变化及其相互之间的内在联系。

**结果** 呼吸道感染的金葡菌分离率从 76%（2008）下降到 52%（2017）。2008 到 2017 年，MRSA 的比例明显下降(从 83.5%下降到 54.2%， $p < 0.0001$ )。金葡菌对除磷霉素外所有抗生素的年耐药率显著下降( $p < 0.05$ )；甲氧苄啶-磺胺甲恶唑和利福平对 MRSA 和 MSSA 都表现出较好的抗菌活性，红霉素和青霉素抗菌活性最差；MRSA 对除青霉素、万古霉素和利奈唑胺外的所有抗生素年度耐药率呈显著下降趋势。HA-MRSA 主要流行株 ST239-t030 和 ST239-t037 的分离率显著降低，2008-2017 年分别为 20.3%至 1%和 18.4%至 0.5%，均被不断增长的克隆株 ST5-t2460 取代(从 0%到 17.3%，2008-2017)。2008 到 2017 年，CA-MRSA 克隆株 ST59 和 ST398 的分离率有所上升(分别从 1.0%到 5.8%和 1.8%到 10.5%)。

**结论** 本研究显示曾在中国占主导地位的 ST239-t030 和 ST239-t037 两种克隆均显著下降，HA-MRSA ST5 一直以来总体比例维持较稳定水平，其中 ST5-t2460 克隆自 2010 年出现以来分离率迅速上升，逐步取代 ST239-t030 和 ST239-t037。金葡菌感染治疗过程中，预防策略和抗生素的使用通过选择压力来驱动克隆之间的竞争，相较 ST239 克隆，新出现的克隆似乎具有更强的适应性和竞争力，从而导致 ST239 克隆的边缘化。最后综合本研究得出结论，曾经占主导地位的 HA-MRSA ST239 克隆株显著减少，是导致近十年来 MRSA 感染发生率显著下降的主要原因。

## PU-2140

### 血球分析仪红细胞压积检测低渗性低钠血症标本 与参考方法比较研究

尚雪松

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 抗利尿激素分泌不当（SIADH）是低渗性低钠血症（hypotonic hyponatremia）的常见原因之一，由于低渗透性导致细胞发生形变，可能导致自动化分析仪体积检测不准确，进而红细胞的相关指标也会受到影响。本实验主要目的是通过 MCHC 这一红细胞指数提示存在检测误差并着重分析干扰原因。以保证红细胞压积检测结果的准确。

**方法** 使用 SYSMEX XN 电阻抗法、SIEMENS 2120 激光散射法、手动 PCV 三种方法对所收集的临床正常样本与病理性低渗性低钠血症样本进行检测分析比较。

**结果** 43 例临床样本，其中包括 22 列对照样本和 21 列低渗性低钠血症样本。SYSMEX XN SIEMENS 2120、检测 22 例正常样本红细胞压积检测结果分别与参考方法 PCV 结果比较无统计学意义（ $P > 0.05$ ）；SYSMEX XN 检测低渗性低钠血症样本结果差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；SIEMENS 2120 在检测低渗性低钠血症样本与 PCV 比较无统计学意义（ $P > 0.05$ ）其手动 PCV 明显高于自动化分析仪。

**结论** SYSMEX XN 在检测病理性低渗性低钠血症样本时，结果与参考方法存在方法学上的差异。SIEMENS 2120 检测结果差异表现良好。在使用自动化血球分析仪检测低渗性低钠血症样本时较参考方法偏低，尽管自动化分析方法提供了快速方便，压积检测对患者安全至关重要。为了确保临床检验结果的准确性，我们建议执行手动 PCV 进行确认测试。

## PU-2141

## 碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌对替加环素不同体外药敏试验方法学评估

杨柳,刘建华,张智洁,刘勇,秦晓松  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 比较不同药敏试验方法检测替加环素对碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌 (Carbapenem-resistant *klebsiella pneumoniae*, CRKP) 的敏感性, 对不同体外药敏试验的方法学进行评价。初步了解辽宁地区 CRKP 对替加环素的耐药情况, 为临床合理用药提供依据。

**方法** 回顾性收集辽宁省内多家大型三甲医院 2011 年 1 月至 2016 年 12 月分离的 CRKP 共 269 株, 采用微量肉汤稀释法、K-B 纸片扩散法、Vitek-2 仪器法及 E 试验法检测替加环素对 CRKP 的敏感性。

**结果** 微量肉汤稀释法、E 试验法、Vitek-2 仪器法测定替加环素 MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 分别为 0.5/1 $\mu$ g/mL、0.25/0.5 $\mu$ g/mL、0.5/4 $\mu$ g/mL。按美国食品与药品监督管理局 (FDA) 和欧洲药敏试验委员会 (EUCAST) 两种折点分别判读, 微量肉汤稀释法测得 CRKP 对替加环素的敏感率为 97.4%/93.3%, 中介率为 2.2%/4.1%, 耐药率为 0.4%/2.6%。E 试验法敏感率最高, 为 100%/98.9%, Vitek-2 法耐药率最高, 为 8.6%/13.4%, K-B 纸片扩散法的中介率最高, 为 11.9%/46.5%。与微量肉汤稀释法比较, E 试验法的基本一致率 (EA) 和分类一致率 (CA) 均  $\geq 90\%$ , 但存在重大误差 (VME), 分别为 0.4%/1.9%; Vitek-2 法 EA 仅为 61.7%, CA 为 87.4%/72.1%, 且大误差 (ME) 为 6.3%/7.4%, 无 VME; K-B 纸片扩散法 CA 仅为 85.9%/46.5%, 小误差 (mE) 为 1.9%/2.6%, ME 为 0.7%/5.6%。

**结论** 辽宁地区绝大多数 CRKP 对替加环素仍保持较高的敏感性。对于 CRKP, E 试验法、Vitek-2 仪器法和 K-B 纸片扩散法均不适合单独检测替加环素敏感性, 可考虑用 K-B 纸片扩散法和 Vitek-2 法进行筛查, 若结果不一致, 应参考微量肉汤稀释法。

## PU-2142

## 系统性硝化应激与原发性闭角型青光眼相关性的研究

高燕婷<sup>1</sup>, 雷苑<sup>2</sup>, 曹文俊<sup>2</sup>, 李莉<sup>1</sup>  
1. 上海市第一人民医院, 200000  
2. 复旦大学附属耳鼻喉科医院, 200000

**目的** 通过检测原发性闭角型青光眼 (primary angle closure glaucoma, PACG) 患者血清中硝化产物硝化酪氨酸 (nitrotyrosine, NT) 及抗氧化物水平, 探讨系统性硝化应激与 PACG 发病之间的相关性。

**方法** 收集 60 例确诊的 PACG 为实验组, 同时收集与病例组年龄性别相匹配的 60 例健康体检者为对照组。采用竞争法 ELISA 检测血清 NT 水平, 运用罗氏全自动生化分析仪检测血清尿酸和总胆红素水平。PACG 与对照间血清 NT 水平的比较采用独立样本 t 检验, 不同严重程度亚组间的比较采用单因素方差分析。采用多因素 Logistic 回归分析探讨血清 NT 水平同 PACG 发病之间的相关性。

**结果** 与对照组相比较, PACG 患者血清 NT 水平显著升高 (1793.99 $\pm$ 420.07 nmol/L vs. 1301.34 $\pm$ 411.62 nmol/L,  $p < 0.001$ ), 同时 PACG 组血清总胆红素水平也显著升高 ( $p = 0.034$ )。但两组间血清尿酸水平并不具有显著的差异性 ( $p = 0.055$ )。单因素方差分析显示, 血清 NT 水平在轻度、中度、重度 PACG 三组间的差异不具有统计学意义 ( $p = 0.992$ )。多因素 Logistic 回归分析显示, 高水平的血清 NT 是 PACG 发病的危险因素 (OR=1.003, 95%CI: 1.002-1.004,  $p < 0.001$ )。

**结论** 血清高 NT 水平与 PACG 紧密相关, 是 PACG 发病的危险因素之一。同时, PACG 外周系统中存在抗氧化水平的异常, 提示系统性硝化应激可能参与 PACG 的发病机制。

## PU-2143

### NLRP3 通过 PTEN-AKT 通路促进神经胶质瘤的恶性增殖与侵袭

殷小凤, 张琼  
南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 胶质瘤是发病率最高的成人颅内恶性肿瘤, 而其发病机制尚未完全明确。NLRP3 与多种肿瘤的发生发展密切相关, 但其作用与机制在不同报道中并不一致。胶质瘤中 NLRP3 的表达情况与作用机制尚未见报道, 为探究 NLRP3 在胶质瘤中的作用, 本研究检测了人胶质瘤组织中 NLRP3 的表达情况, 并就 NLRP3 对胶质瘤细胞增殖、凋亡、迁移与侵袭的作用及可能的分子机制进行探讨。

**方法** 1. 应用免疫组化技术检测 39 例胶质瘤组织中 NLRP3、ASC、caspase-1 及 IL-1 $\beta$  的表达水平差异, 数据采用 Spearman 秩相关分析, 以  $P < 0.05$  为差异具有统计学意义。2. 构建特异性敲低细胞内 NLRP3 的 si-RNA 序列及过表达 NLRP3 质粒载体, 分别转染胶质瘤细胞 SHG44 及 A172, Western Blot 验证其有效性后, 经克隆形成、CCK-8、EdU 细胞增殖检测实验、流式细胞术、划痕实验、Transwell 细胞迁移及侵袭实验, 研究 NLRP3 低表达/高表达胶质瘤细胞增殖、凋亡、迁移与侵袭功能的变化; 通过 Western Blot 技术, 检测 ASC、caspase-1、IL-1 $\beta$ 、EMT 相关的 E-Cadherin、ZO-1、Claudin-1、N-Cadherin、vimetin 及转录因子 Snail 以及 PTEN-AKT 通路分子是否因细胞内 NLRP3 表达水平的改变而发生变化, 从而对 NLRP3 影响胶质瘤细胞功能的分子机制进行初步研究。

**结果** 1. NLRP3、ASC、caspase-1、IL-1 $\beta$  的组织表达水平与胶质瘤病理级别呈显著正相关; 2. 在胶质瘤细胞中过敲低可 NLRP3 抑制胶质瘤细胞的增殖、促进凋亡、抑制迁移与侵袭, 过表达可 NLRP3 促进胶质瘤细胞的增殖、抑制凋亡、促进迁移与侵袭; 3. 敲低可 NLRP3 下调 EMT 相关分子及下调 PTEN-AKT 磷酸化水平, 过表达可 NLRP3 上调 EMT 相关分子及下调 PTEN-AKT 磷酸化水平。

**结论** NLRP3 与神经胶质瘤的病理等级呈正相关, 可促进神经胶质瘤细胞的恶性增殖与侵袭能力, NLRP3 的作用可能与 NLRP3 炎性小体活性的变化以及 NLRP3 调控胶质瘤细胞 EMT、PTEN-AKT 通路有关。

## PU-2144

### 足月新生儿呼吸窘迫综合征血清维生素 A、降钙素原和皮质醇水平及其与临床分级的相关性分析

黄瑛, 廖乾秀  
成都市第一人民医院

**目的** 探讨分析足月新生儿呼吸窘迫综合征 (NRDS) 患儿血清 VA、降钙素原 (PCT) 和皮质醇 (Cor) 水平及其与临床分级的相关性。

**方法** 回顾性研究。选择 2014 年 1 月至 2018 年 9 月来成都市第一人民医院新生儿监护病房诊治的足月 NRDS 患儿 52 例为观察组, 又根据 NRDS 分级标准分为 I-II 级组 38 例, III-IV 级组 14 例; 另选择 58 名健康足月新生儿为对照组。对比分析两组血清 PCT、Cor、VA 水平, 对比分析 NRDS 不同临床分级的 PCT、Cor、VA 水平, 分析可能的相关性。

**结果** 观察组患儿的血清 PCT 和 Cor 水平明显高于对照组, 血清 VA 水平明显低于对照组, 差异有统计学意义 ( $t=10.697$ 、 $6.942$ 、 $-7.312$ ,  $P<0.05$ )。III-IV 级 NRDS 患儿的血清 VA、Cor 水平与 I-II 级患儿相比, 差异无统计学意义 ( $t=1.796$ 、 $-0.928$ ,  $P>0.05$ ) ; III-IV 级 NRDS 患儿的血清 PCT 水平明显高于 I-II 级患儿, 差异有统计学意义 ( $t=-9.651$ ,  $P<0.05$ ) , 观察组患儿血清 VA、PCT、Cor 水平间均无明显相关性, 均有  $P>0.05$ 。

**结论** 足月 NRDS 患儿的血清 PCT 和 Cor 水平明显升高, 血清 VA 水平明显降低, 三者之间没有明显的相关性, PCT 可以作为临床分级的实验室指标

## PU-2145

### Outbreak of NDM-5-producing *Klebsiella pneumoniae* ST337 isolates causing neonatal infection in China

Ziyan Kong

Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CR-KP) have emerged worldwide and also being a major threat to children and Neonate. Here, we describe a nosocomial outbreak of NDM-5- producing *Klebsiella pneumoniae* in neonatal unit of a teaching hospital in China.

**Methods** We collected 12 carbapenem-resistant K pneumoniae strains from 12 newborns and the clinical data were retrieved from electronic medical records. Strain identification was performed by Bruker Matrix-Assisted Laser Desorption/ Ionization Time of Flight Mass Spectrometry. We characterized these strains for their antimicrobial susceptibility, multilocus sequence types, and clone relationships using VITEK-2 compact system, multilocus sequence typing, and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). Resistant genes were detected by using PCR and sequencing. Plasmid conjugation experiment was carried out to determine the transferability of carbapenem resistance. PCR-based replicon typing (PBRT), S1 nuclease-PFGE, and Southern blotting were conducted for plasmid profiling.

**Results** The study included twelve clinical strains of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolated from twelve neonates, collected from September 2015 to September 2016 in a teaching hospital in Xuzhou, Jiangsu Province, China. Ten patients had neonatal pneumonia, three had neonatal respiratory distress syndrome, and two neonatal sepsis. All twelve K. pneumoniae isolates were resistant to carbapenems and susceptible to fluoroquinolones, aminoglycosides, colistin and tigecycline. All these isolates harbored bla<sub>NDM-5</sub>. Moreover, other resistance genes, bla<sub>TEM-1</sub> and bla<sub>SHV-11</sub>, were detected. All twelve carbapenem-resistant K pneumoniae strains belonged to the ST 337 type and originated from the same clone. Plasmids harboring bla<sub>NDM-5</sub> gene from the donor carbapenem-resistant K pneumoniae strains were successfully transferred to the recipient EC600 through conjugative assays. S1-PFGE and Southern blot hybridization showed that NDM-5-producing K. pneumoniae carried bla<sub>NDM-5</sub> on a ~45 kb IncX3 type plasmid. The outbreak was effectively controlled by reducing the potential infection sources. All the 12 neonates were recovered after receiving various antimicrobial therapies including moxalactam, ceftazidime cefotaxime, amoxicillin, sulbactam, amoxicillin/potassium clavulanate and piperacillin-tazobactam. Although the source of this outbreak was not clear, comprehensive measures were carried out and the outbreak was effectively controlled.

**Conclusions** This is the first report of an outbreak of bla<sub>NDM-5</sub>-carrying K. pneumonia in the neonatal infection. ST337 of NDM-5-producing *Klebsiella pneumoniae* are the resistant clone spread in the neonatal unit, which is the not common carbapenem- resistant K pneumoniae type in China. This study suggest that we need to pay more attention to the emerging threat of bla<sub>NDM-5</sub> dissemination in a neonatal unit and make effective infection control measures to prevent bla<sub>NDM-5</sub> from becoming epidemic in the future.

## PU-2146

## Difference in serum cytokine levels in patients with gouty arthritis

Tie Zhang

1Laboratory of China-Japan Friendship Hospital, Sakura Garden East Street, Beijing 100029, P.R. China.

**Objective** Objective: To analyze the changes of serum inflammatory cytokines and anti-inflammatory cytokines in patients with gouty arthritis (GA).

**Methods** Methods: The clinical data and serum samples of patients with gouty arthritis and healthy volunteers from July 2018 to January 2019 in China-Japan Friendship Hospital were collected. The serum cytokine levels of GA patients and volunteers were determined by chemiluminescence method. SPSS 17.0 statistical software was used to compare the differences in cytokine levels between the two groups.

**Results** Results: The levels of serum Interleukin-1 $\beta$ (IL-1 $\beta$ ), Tumor Necrosis Factor- $\alpha$ (TNF- $\alpha$ ), Interleukin-6 (IL-6), Interleukin-8(IL-8) and Interleukin-4 (IL-4) in patients with acute GA were significantly higher than those in the control group ( $P<0.05$ ). Compared with patients with acute GA, the levels of serum IL-1 $\beta$ , TNF- $\alpha$ , IL-6, IL-8 and IgE in patients with remission GA were significantly lower( $P<0.05$ ), whereas the levels of IL-10 and IFN- $\gamma$  were significantly higher( $P<0.05$ ).

**Conclusions** Conclusion: Collectively, our studies show that the serum levels of -1 $\beta$ , TNF- $\alpha$ , IL-6, IL-8, and IL-4 in patients with GA were significantly elevated and may be involved in the pathogenesis of GA.

## PU-2147

## 血清标志物 Urea, Creat, CysC 和 NGAL 诊断早期糖尿病肾病的临床价值

王晶

绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨血清尿素 (Urea)、肌酐 (Creat)、胱抑素 C (CysC)、中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 对早期糖尿病肾病诊断的临床价值。

**方法** 将 118 例于我院确诊为 2 型糖尿病的患者, 根据尿微量白蛋白与肌酐比值 (ACR) 分为微量白蛋白正常组 (A 组 41 例) 和微量白蛋白尿组 (B 组 37 例), 同时选取 40 例体检结果正常者作为对照组。检测各组受试者血清 Urea, Creat, CysC 及 NGAL 水平, 并对检测结果进行比较分析。

**结果** 微量白蛋白正常组和微量白蛋白尿组血清 Urea, Creat, CysC 及 NGAL 水平均较健康对照组升高, 但血清 Creat 水平在各组间比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); A 组血清 Urea 水平与其余两组比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), B 组与健康对照组比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); B 组血清 CysC 和 NGAL 水平与其余两组比较差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。血清 CysC 和 NGAL 在糖尿病早期肾损伤的诊断中灵敏度和特异度较高, 其中 NGAL ROC 曲线下面积最大。

**结论** 血清 CysC 和 NGAL 在早期糖尿病肾病的诊断中具有较高价值。

## PU-2148

## 炎症因子对慢阻肺患者高凝状态的预测价值

薛冰蓉

绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨中性粒细胞相对值 (Neut%)、超敏 C 反应蛋白 (hsCRP) 及降钙素原 (PCT) 对慢性阻塞性肺疾病 (COPD) 患者高凝状态的预测价值。

**方法** 采用回顾性分析 2017 年 1 月至 2018 年 12 月已确诊的 COPD 住院患者 451 例, 入院时常规检测血细胞分析、hsCRP、PCT 和 D-二聚体 (D-D)。依据不同年龄 D-D 排除静脉血栓栓塞症 (VTE) 的临界值为界限, 将患者分为高凝状态组 (236 例) 和非高凝状态组 (215 例)。采用 Pearson 相关分析上述炎症因子与 D-D 的相关性, 交叉表分析各炎症因子对 COPD 患者高凝状态的风险程度, 受试者工作曲线分析各炎症因子对 COPD 患者高凝状态的预测价值。

**结果** 451 例 COPD 患者的 Neut%、hsCRP 和 PCT 结果与 D-D 结果呈正相关 ( $r$  分别为 0.494、0.568 和 0.651, 均  $P < 0.001$ ) ; 三项炎症因子预测高凝状态的 OR 分别为 5.467、5.884 和 11.821, 判断界值分别为 86.34%、8.84mg/L 和  $0.117\mu\text{g/L}$ , 尤登指数分别为 0.407、0.494 和 0.520。

**结论** Neut%、hsCRP 和 PCT 三项炎症因子可能是 COPD 患者发生 VTE 的危险因素; 当任意一项结果升高时, 临床医生应对患者进行 VTE 的进一步确诊并及时干预。

## PU-2149

## 徐州地区 98096 例患者 HCV 抗体检测结果分析

张永根

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 了解徐州某三甲医院住院患者丙肝感染情况, 为早期防治丙型肝炎提供依据。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 2017 年 12 月我院 98096 例住院患者 HCV 感染情况, 用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 法对住院患者血清 HCV 抗体进行检测。

**结果** 98096 例患者 HCV 抗体阳性患者 736 例, 阳性率 0.75%, 47048 例男性中 HCV 抗体阳性 360 例, 阳性率 0.77%, 51048 例女性 HCV 阳性患者 376 例, 阳性率 0.74%, 性别间阳性率差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ) ; 年龄分组中青年组共 69715 例, 阳性 487 例, 阳性率为 0.70%, 中年组共 23141 例, 阳性 204 例, 阳性率 0.88%, 老年及以上共 5240 例, 阳性 45 例, 阳性率为 0.86%。

**结论** 继续加强对公众丙型肝炎防治健康教育工作, 及早控制感染源, 切断传播途径, 防止丙型肝炎病毒的蔓延和传播。

## PU-2150

## 某三甲医院不同院区间肺炎链球菌耐药性分析

韩春华

青岛大学附属医院

**目的** 比较青岛大学附属医院两个院区肺炎链球菌的耐药性差异, 为指导临床用药提供理论依据。

**方法** 回顾性分析两个院区 2015-2018 年 10 月间分离的肺炎链球菌, SPSS 22.0 软件分析耐药性。



**结果** 本部院区分离肺炎链球菌 233 株, 西海岸院区 231 株。菌株对红霉素、四环素和复方新诺明的耐药率均超过 50%; 对青霉素的耐药率分别为 25.79%、18.18%, 均高于全国平均水平 2.2%; 对头孢噻肟、头孢曲松、氯霉素、莫西沙星和左氧氟沙星的耐药率低, 未发现厄他培南、利奈唑胺和万古霉素耐药株; 本部院区对阿莫西林、复方新诺明、红霉素、氯霉素、美罗培南、青霉素、四环素、头孢曲松、头孢噻肟、莫西沙星耐药率分别为 14.49%、69.67%、90.99%、5.58%、6.74%、25.79%、85.41%、10.53%、9.44%、0.43%, 黄岛院区耐药率分别为 7.56%、57.88%、95.67%、10.64%、2.16%、18.18%、78.35%、5.61%、4.33%、4.02%。

**结论** 两院区肺炎链球菌对大环内酯类、四环素类、复方磺胺类药物耐药率极高, 不适用临床治疗; 两院区肺炎链球菌的耐药性差异大, 应根据药敏结果合理应用抗菌药。

## PU-2151

### The senescence-associated secretory phenotype induced by ID1-p16 axis contributes to sorafenib resistance in hepatocellular carcinoma

LEILEI NIU

Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University

**Objective** The efficacy of sorafenib is largely limited by the emergence of primary and/or acquired resistance. senescence-associated secretory phenotype (SASP)-mediated chemoresistance has attracted increasing attention but never revealed in HCC. In this study, we investigated the effect of SASP on sorafenib resistance in HCC.

**Methods** The cytotoxicity of sorafenib in five HCC cell lines was determined by MTT assay. HCC cells or tissues were stained with senescence-associated  $\beta$ -galactosidase. secreted IL6 proteins were measured using ELISA. nude mice xenograft assay was also employed.

**Results** Initially, we noticed that HCC cells with a strong SASP exhibited a low sensitivity to sorafenib. Further in vivo and in vitro studies demonstrated that such a primary resistance was resulted from ID1-mediated activation of p16/IL6 axis. Overexpression of ID1 or IL6 blocking in sorafenib-resistant HCC cells could significantly increase the cytotoxicity of sorafenib. Moreover, SASP contributed to the formation of acquired resistance in cells received long-term exposure to sorafenib. In acquired sorafenib-resistant cells, ID1 low expression, p16/IL6 axis up-regulation and AKT phosphorylation activation were observed. A reduced cytotoxicity of sorafenib was detected when sorafenib-sensitive cells incubated with conditioned media from the resistant cells, accompanied by the stimulation of AKT phosphorylation. The reversal of sorafenib resistance could be achieved through ID1 overexpression, IL6 blocking and AKT pathway inhibition.

**Conclusions** Our study reveals that ID1-induced SASP is responsible for sorafenib resistance, which will be a novel strategy to prevent the drug resistance.

## PU-2152

### 血清胱抑素 C 与乳腺恶性肿瘤的相关性研究

徐东兵, 任梦予

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 探讨乳腺恶性肿瘤与血清胱抑素 C 水平的相关性。

**方法** 选取乳腺恶性肿瘤患者 565 例; 乳腺良性疾病患者 155 例, 其中乳腺增生 63 例, 乳腺腺病 92 例。另选择 1463 例健康体检者作为对照组。清晨空腹采集静脉血, 分离血清测定血清胱抑素 C

水平。检测仪器为日立(Hitachi)7600 全自动生化分析仪。使用 SPSS 11.0 软件分别计算三组数据的均值及标准差, 方差分析用于三组数据差异的显著性判断。

**结果** 血清胱抑素 C 水平在对照组、乳腺良性疾病组、乳腺恶性肿瘤组间呈逐渐增高趋势; 结果分别为  $0.64\pm 0.08$ 、 $0.69\pm 0.10$ 、 $0.73\pm 0.13$ ; 三组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。乳腺恶性肿瘤组的血清胱抑素 C 水平高于乳腺良性疾病组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。乳腺良性疾病组的血清胱抑素 C 水平高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清胱抑素 C 水平可能与乳腺恶性肿瘤相关。

## PU-2153

### 智能审核规则在实验室信息系统中应用的探讨

刘文翰

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 归纳和分析实验室信息系统中智能审核若干规则的制定和应用效果。

**方法** 查找中国医科大学附属盛京医院 2015 年 3 月 1 日-2015 年 3 月 31 日检测的血清生化、肝炎病毒血清学标志物、甲功系列标本共 62394 例, 分别统计门诊标本和病房标本智能审核通过率, 将未通过智能审核的标本按照其违背的智能审核规则进行分类整理, 评估目前所应用的智能审核规则并提出适当的改进意见。

**结果** 病房标本和门诊标本智能审核通过率分别为 57.20%和 86.31%, 智能审核未通过的 13792 例, 违背单一规则 5708 例 (41.39%), 其中违背 A 类规则的 810 例 (5.87%), 违背 B 类规则 4898 例 (35.51%); 违背多规则 8084 例 (58.61%), 均为违背 B 类规则。

**结论** 目前我室建立的智能审核规则可以满足临床需求, 结合本单位实际情况通过对智能审核功能的不断完善可以进一步提高智能审核通过率。

## PU-2154

### 乙酰肝素酶介导的凝血功能紊乱在膜性肾病中的意义

吕喆,秦晓松,刘建华

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 本实验通过比较膜性肾病(Membranous nephropathy,MN)患者组及健康对照组血清中乙酰肝素酶(Heparanase,HPA)、组织因子(Tissue factor,TF)、组织因子途径抑制物(Tissue factor pathway inhibitor,TFPI)的含量差异,并结合一般生化、凝血指标,来进一步探讨 MN 凝血功能紊乱产生的可能原因。

**方法** 本研究共分为两组: MN 及健康对照组。MN 组 92 例; 健康对照组 40 例。根据血清白蛋白(Albumin,Alb)的含量,将 MN 组中  $Alb<20g/L$  分为 A 组 46 例;  $Alb>20g/L$  分为 B 组 46 例。采用酶联免疫吸附试验(双抗体夹心法)测定血清中 HPA、TF、TFPI 的水平,通过比较各组间 HPA、TF、TFPI 及 TF/TFPI 的表达量,经统计分析各实验指标在健康组及 MN 组之间及 MN A 组、B 组之间的统计学差异,进而探究 HPA 途径与 MN 凝血功能异常之间的关系。

**结果** 1、MN 组与健康对照组相比,HPA、TF 水平及 TF/TFPI 比值显著高于健康对照组,两组具有统计学差异,  $P<0.05$ ; TFPI 水平两组间不具有统计学意义。

2、MN A 组与 B 组相比,TT、FIB、DD、24h 尿蛋白定量、Cr、TC、CYSC 水平显著高于 MN B 组,具有统计学意义,  $P<0.05$ ; RBC、PLT、APTT、PT、TG 在 MN A 组与 B 组中无统计学差异。

3、HPA 在 MN A 组高于 MN B 组,  $P<0.05$ , 两组间具有统计学差异; TF、TFPI 及 TF/TFPI 比值在 MN A 组与 B 组无统计学差异。

**结论** 1、HPA、TF 可能参与膜性肾病患者凝血功能紊乱的形成，同时膜性肾病患者凝血紊乱的形成可能与 TF、TFPI 失衡相关。

2、HPA 与凝血功能紊乱的严重程度相关。

## PU-2155

### 高敏肌钙蛋白 I 联合 H-FABP 对非 ST 段抬高急性冠脉综合症的早期诊断意义

丘江

湖北江汉油田总医院

**目的** 探讨高敏肌钙蛋白 I 与心型脂肪酸结合蛋白（H-FABP）在非 ST 段抬高急性冠脉综合征（NSTEMI-ACS）早期鉴别诊断中的价值和意义。

**方法** 选取 2017 年 7 月至 2018 年 12 月就诊于我院急诊科、心内科收治的胸痛患者 137 例作为观察组，在入院即刻、入院后 4h 分别测普通肌钙蛋白 I、高敏肌钙蛋白 I、心型脂肪酸结合蛋白、心电图等，分析其对 NSTEMI-ACS 的诊断价值。

**结果** 在入选的 98 例 NSTEMI-ACS 患者中，在 4 小时内就诊的，无论是对于 NSTEMI-AMI，还是不稳定心绞痛（UA），hs-cTnI 与 H-FABP 联合的诊断阳性率、对心肌损伤的敏感性均要高于传统心肌标志物

**结论** 高敏肌钙蛋白 I 与 H-FABP 联合检测在早期诊断 NSTEMI-ACS 的灵敏度、特异度等方面意义重大，值得推广。

## PU-2156

### 肠道菌群及血脂水平与妊娠高血压风险的相关性研究

赵冉

上海市临床检验中心

**目的** 通过对妊娠高血压（子痫/子痫前期）患者肠道菌群结构分析，深入研究妊娠高血压患者肠道菌群的异常变化，构建妊娠高血压（子痫/子痫前期）特异的肠道菌群图谱；同时，结合患者血清生化指标的变化，最终筛选出妊娠高血压（子痫/子痫前期）特征生物标志物，最终用于疾病早期风险评估、实时监控和辅助诊疗。

**方法** 选择妊娠高血压患者及正常孕妇（对照）入组，采集血清标本进行生化指标检测；同时采集粪便样本，利用 Illumina MiSeq 2x300 bp 高通量测序、实时荧光定量 PCR 进行肠道菌群分析。测序结果进行质控及分析，得到每个样品的菌群多样性和丰度指数，结合 SILVA 等数据库将所测序列进行生物信息学比对，对各组微生物种类进行分类学比较，筛选妊娠高血压特征功能菌群。采用 SPSS 统计软件配对 t 检验，比较各菌群及血脂各项水平差异，进一步验证各标志菌群、血清学指标作为妊娠高血压特异生物标志物的可能性。

**结果** 妊娠高血压患者与健康妊娠孕妇肠道菌群结构存在显著差异，相对丰度差异较多的代表性菌属有 Subdoligranulum 菌属、Alistipes 菌属、Blautia 菌属、粪球菌属、梭杆菌属（ $P<0.05$ ）。与健康人相比，多种细菌种类也有显著变化。此外，妊娠高血压患者脂类代谢发生明显改变，子痫前期及重度子痫前期患者血清 TG、TC、LDL-C 水平均明显高于对照组和妊娠期高血压组，而 HDL-C 相对减低。

**结论** 肠道菌群和妊娠高血压之间存在相关性。肠道菌群及孕妇脂类代谢共同影响疾病的发生。肠道菌群失调及血脂代谢紊乱程度可作为评估妊娠期糖尿病前期或子痫风险的早期诊断生物标志物和干预靶标。

## PU-2157

### 循环肿瘤 DNA 在乳腺癌中的临床应用

王乐乐

山东大学第二医院,250000

**目的** 目前,液体活检的三驾马车为 ctDNA, CTC 和外泌体。其中 ctDNA 的发展相较于另外两个更有优势。ctDNA 主要来源于肿瘤中癌细胞凋亡和 / 或坏死。ctDNA 在个体总 cfDNA 的比例主要取决于肿瘤负荷和增殖速率等因素。ctDNA 的取样和分析已经用于转移性非小细胞肺癌 (NSCLC), 检测 EGFR 突变。在乳腺癌患者中我们通过检测治疗前和治疗过程中患者 ctDNA 水平, 来评估 ctDNA 对乳腺癌患者临床结局的预测价值。

**方法** 我们通过探索加验证的方法研究多名乳腺癌患者的 ctDNA 动态变化。在探索组内, 我们通过 CAPP-Seq 密切研究 (治疗过程中) 患者的 ctDNA 动态变化, 进而确定反应相关的阈值。在两个独立验证组中, 我们对上述阈值进行评估。最后我们评估 ctDNA 对存在确定风险因素 (包括国际预后指数及过渡期的 PET-CT 结果) 的患者的预后价值。

**结果** 在治疗前期 90% 以上的患者存在 ctDNA; 一线和二线治疗中, 治疗前的 ctDNA 均具有预后价值。在探索组中 ctDNA 水平变化迅速。在第一个验证组中, 在治疗第 24 个月时, 接受一线治疗且达到 EMR / MMR 的患者的预后更好; EMR 也对接受二线疗法的患者较好的临床结局具有预测价值。在第二个验证组中, 我们对 EMR, MMR 的预后价值进一步确认。在纳入国际预后指数及 PET-ET 的多因素分析中, 分子反应 (EMR, MMR) 是乳腺癌患者的预后因子。

**结论** 治疗前的 ctDNA 水平及分子反应是乳腺癌的预后因子。这些风险因子有利于开发风险导向的个体化治疗方法。

## PU-2158

### 乳腺癌患者血清瘦素、可溶性瘦素受体以及脂类表达的水平及临床意义

王妍<sup>1</sup>, 姚伟<sup>2</sup>, 陈钊城<sup>2</sup>, 卢旭强<sup>2</sup>, 黄钦贤<sup>2</sup>

1. 西安医学院第一附属医院, 710000

2. 汕头市第二人民医院, 515000

**目的** 探讨乳腺癌患者的血清瘦素 (Lp)、可溶性瘦素受体 (sLR) 以及脂类的表达水平及其临床意义。

**方法** 检测 89 例乳腺癌患者 (观察 A 组)、111 例乳腺良性疾病患者 (观察 B 组) 以及 100 例健康女性 (对照组) 的血清瘦素、可溶性瘦素受体以及脂类水平, 并进行对比分析。

**结果** 观察组 A 组 Lp 水平显著高于观察组 B 组及对照组 ( $P < 0.01$ ), sLR 水平显著低于观察组 B 组及对照组 ( $P < 0.01$ ), TG 水平显著高于观察组 B 组及对照组 ( $P < 0.01$ ), HDL-C 水平显著低于观察组 B 组及对照组 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 瘦素、可溶性瘦素受体、脂质水平均与乳腺癌具有密切的关系, 检测上述指标将有助于乳腺癌高危人群的筛选, 从而进行早期干预。而女性加强锻炼, 避免肥胖, 将有助于乳腺癌发病率的降低。

PU-2159

## HHT 可诱导 PSMD11 蛋白合成并调节胰腺癌干细胞特性

王乐乐

山东大学第二医院,250000

**目的** 胰腺导管腺癌（PDAC）是美国癌症相关死亡的第三大主要原因。PDAC 患者的 5 年死亡率仍低于 8.2%。胰腺癌发现难转移等特点使得发现新的靶向治疗药物迫在眉睫。我们前期研究发现胰腺癌细胞发生急性凋亡与短寿命中心蛋白质组中 PSMD11 蛋白的迅速降解密切相关。PD98059 激活 MEK/ERK1/2 信号通路可以抑制由 HHT 引发的 PSMD11 蛋白的合成。理解 HHT 对 PSMD11 蛋白起作用的机制对于胰腺导管腺癌及其他癌症的靶向治疗可能会有很大的作用。研究发现高蛋白酶体活性的人胚胎干细胞与 PSMD11 蛋白增加有关。提示 PSMD11 蛋白也有可能通过调节胰腺癌干细胞来影响胰腺癌细胞的生长和增殖。因此深入理解胰腺导管腺癌的作用机制对胰腺癌的靶向治疗具有十分重要的意义。

**方法** 我们首先在转基因工程鼠中验证 HHT 对胰腺癌的作用。确定 HHT 对 PSMD11 蛋白的作用及 PSMD11 蛋白对胰腺肿瘤的作用。其次我们验证 HHT 通过抑制 PSMD11 蛋白抑制 KRAS 突变细胞增殖并调节癌干细胞特性。最后我们对 HHT 抑制 PSMD11 蛋白的下游信号进行筛选，并验证对肝转移模型的影响。

**结果** 胰腺癌发现难转移等特点使得发现新的靶向治疗药物迫在眉睫。我们前期研究发现胰腺癌细胞发生急性凋亡与短寿命中心蛋白质组中 PSMD11 蛋白的迅速降解密切相关。PD98059 激活 MEK/ERK1/2 信号通路可以抑制由 HHT 引发的 PSMD11 蛋白的合成。后期的研究还需进一步完善。

**结论** 理解 HHT 对 PSMD11 蛋白起作用的机制对于胰腺导管腺癌及其他癌症的靶向治疗可能会有很大的作用。研究发现高蛋白酶体活性的人胚胎干细胞与 PSMD11 蛋白增加有关。提示 PSMD11 蛋白也有可能通过调节胰腺癌干细胞来影响胰腺癌细胞的生长和增殖。因此深入理解胰腺导管腺癌的作用机制对胰腺癌的靶向治疗具有十分重要的意义。

PU-2160

## 可溶性甘露糖受体在 HBV 相关慢加急性肝衰竭中的表达及临床意义

李太平

安徽医科大学第二附属医院,230000

**目的** 探讨可溶性甘露糖受体（sMR）在 HBV 相关慢加急性肝衰竭（HBV-ACLF）患者中的临床价值。

**方法** 选择 43 例 HBV-ACLF 患者、43 例慢性乙型肝炎（CHB）患者及 20 例健康对照组（HCs）为研究对象，采用 ELISA 法检测血清中 sMR 与 MMP-2 表达水平，电化学发光法检测血清 PCT 与 IL-6 表达水平，同时检测肝功能相关指标并记录入院的终末期肝病模型（MELD）评分。

**结果** HBV-ACLF 患者、CHB 患者及 HCs 血清 sMR 含量分别为（114.94±49.65）、（80.75±34.45）和（26.51±8.62）pg/mL，组间差异均有显著统计学意义（ $P<0.01$ ）；HBV-ACLF 患者血清 MMP-2、PCT 及 IL-6 含量均明显高于 HCs，差异具有显著统计学意义（ $P<0.01$ ）；HBV-ACLF 早期、中期及晚期的 sMR 表达水平分别为（79.42±25.10）、（113.56±14.35）和（158.15±59.13）pg/mL 差异具有显著统计学意义（ $P<0.01$ ）；sMR 表达水平与 MELD 分数、HBV-DNA 及 TBIL 水平呈正相关（ $r_s=0.533、0.497、0.894$ ），与 PTA 呈负相

关 ( $r_s=-0.938$ ) ; sMR、MMP-2、PCT、IL-6 及 MELD 评分的 ROC 曲线下面积分别为 0.976/0.436/0.551/0.582/0.702; sMR>99.84pg/mL 的 HBV-ACLF 患者一个月生存率为 33.8%, sMR<99.84pg/mL 的 HBV-ACLF 患者一个月生存率为 77.1%。

**结论** HBV-ACLF 患者血清 sMR 水平明显高于 CHB 患者和 HCs; sMR 与患者肝脏炎症损伤、病情严重程度及死亡率明显相关, 对评估患者预后具有重要意义。

## PU-2161

### 葡萄球菌核酸酶样结构蛋白 1 在应激刺激下 参与加工小体的聚集

邵洁

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探讨葡萄球菌核酸酶样结构蛋白 1 (SND1) 在应激刺激下如何参与加工小体 (P-body) 的聚集以及如何调节应激反应。

**方法** 利用免疫荧光实验和激光共聚焦显微镜观察 HeLa 细胞中的 SND1 蛋白与 Ago2 蛋白和 Dcp1 蛋白在应激刺激下是否形成共定位加工小体。利用 RNA 干扰技术敲除 HeLa 细胞中 SND1 蛋白表达并利用 Western Blotting 检测蛋白表达水平, 从而观察 SND1 低表达是否对加工小体的聚集产生影响。

**结果** SND1 蛋白在应激刺激下与 Ago2 蛋白和 Dcp1 蛋白结合共同参与加工小体聚集。SND1 低表达不会抑制 Ago2 聚集到加工小体, 但会减少加工小体的数量。

**结论** SND1 蛋白在应激刺激下与 Ago2 蛋白和 Dcp1 蛋白结合共同参与加工小体聚集, 从而调节细胞应激反应。

## PU-2162

### 基于拆分探针和指数等温扩增的 microRNA-182 可视化传感检测新方法

罗洁

贵州省第二人民医院(原:贵州省安宁医院),550000

**目的** 建立基于拆分探针和指数等温扩增的 miRNA-182 快速检测方法。

**方法** 本研究基于核酸链杂交的热力学原理和拆分能减弱热稳定性的思想, 提出一种拆分的分子探针以特异识别 miRNA-182。通过简化引物设计、简化实验操作, 探针与靶 miRNA182 结合后, 基于指数等温扩增技术产生大量辣根过氧化物模拟酶-G4 联体, 催化底物 ABTS 显色, 通过比较不同浓度样本的显色吸光度值, 实现信号转化输出。

**结果** 该传感新方法检测 miRNA-182 的最低检测限为 60 aM, 线性范围多达 6 个数量级, 并且在拆分探针环形区域为 9 个碱基时特异性最佳, 具有能够区分单碱基错配的能力, 显著的提高反应特异性。

**结论** 本研究基于拆分分子探针和指数等温扩增技术, 结合具有辣根过氧化物模拟酶活性的功能核酸, 探索和建立了一种操作简单、等温、高效、特异和可视化, 适于床旁检测的传感新方法, 为 miRNA-182 传感检测提供了有力的潜在分析工具。

## PU-2163

## 长沙地区真菌性外耳道炎病原学及耐药分析

章迪

中南大学湘雅三医院,410000

**目的** 通过收集中南大学湘雅三医院真菌性外耳道炎患者的外耳道分泌物，探究长沙地区真菌性外耳道炎病原菌分布和耐药情况。

**方法** 收集 2018 年 12 月至 2019 年四月中南大学湘雅三医院 109 例疑似真菌性外耳道炎患者外耳道分泌物，送至检验科微生物室镜检和培养，并通过 Sensititre 真菌药敏板进行药敏情况分析。

**结果** 共收集到临床疑似真菌性外耳道炎患者外耳道分泌物样本 109 株，通过镜检及微生物学培养，确诊 98 例为真菌性外耳道炎。其中培养出酵母样真菌 5 例，丝状真菌 93 例。经培养得到的 98 株真菌中，土曲霉 48 株，黄曲霉 26 株，烟曲霉 10 株，黑曲霉 9 株，酵母样真菌全部为念珠菌，其中白色念珠菌 4 株。热带念珠菌 1 株。药敏结果显示两性霉素 B 100% 耐药，伏立康唑 80% 敏感，伊曲康唑、泊沙康唑 100% 敏感。

**结论** 长沙地区真菌性外耳道炎病原菌主要以丝状真菌为主，唑类药物（伏立康唑、伊曲康唑、泊沙康唑）敏感性高，可用于真菌性外耳道炎的治疗。

## PU-2164

两种抗生素作用于耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌  
的体外联合药敏研究

章迪

中南大学湘雅三医院,410000

**目的** 本研究运用抗菌药物的体外联合药敏实验数据，来优化阿米卡星和多粘菌素 B 的联合用药方案，最终为临床实践提供病理学理论依据；

**方法** 本实验采用微量肉汤稀释法和棋盘法，对结果进行比色分析，记录单药 MIC 及最佳组合效应时各自的 MIC，计算 FIC 指数。从 30 株肺炎克雷伯菌临床分离株中筛选获得 20 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌（KPC）。阿米卡星和多粘菌素 B 作用于这 20 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌（KPC），其中 10 株阿米卡星的 MIC 值均大于 16，由于高耐药率的菌株所占比较大，故选取 2 株阿米卡星的 MIC 值小的耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌（KPC）做联合药敏，做数据分析；

**结果** 阿米卡星、多粘菌素 B 作用于耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌（KPC），高耐药率（MIC 值>16）分别达 50%、5%；

**结论** 联合药敏结果比色分析数据，计算 FIC 指数，发现联合阿米卡星与多粘菌素 B 有协同作用，可作为临床用药参考

## PU-2165

## Association between interferon-gamma gene +874 T/A polymorphism and human tuberculosis susceptibility: a comprehensive meta-analysis

Shuai Zhang

The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** Polymorphisms in interferon-gamma (IFN- $\gamma$ ) gene may be associated with tuberculosis (TB) by affecting human immunity. Numerous studies assessing the association of +874 polymorphism in IFN- $\gamma$  gene and TB risk have shown inconsistent results. Therefore, we conducted a meta-analysis to clarify the true effect of +874 polymorphism on TB.

**Methods** Through searching of PubMed, Web of science, China National Knowledge Infrastructure (CNKI) databases, a total of 34 articles including 36 independent studies were selected. The pooled odd ratios (ORs) along with their corresponding 95% confidence interval (CI) were used to estimate the strength of association. Meta-regression, subgroup analyses, Galbraith plots, sensitivity analyses, and publication bias analyses were also performed.

**Results** Combined analyses revealed a significant association of the A allele of +874 polymorphism with TB in all five models (allelic comparison: OR = 1.28, 95%CI = 1.15–1.42,  $P < 0.00001$ ; homozygote comparisons: OR = 1.50, 95%CI = 1.19–1.88,  $P = 0.0005$ ; heterozygote comparisons: OR = 1.13, 95%CI = 1.01–1.28,  $P = 0.04$ ; dominant model: OR = 1.31, 95%CI = 1.17–1.46,  $P < 0.00001$  and recessive model: OR = 1.39, 95%CI = 1.20–1.59,  $P < 0.00001$ ), three of which were robust enough to pass the false-positive report probability (FPRP) analyses. In subgroup analyses, increased TB risk was also found in large-sample-size subgroup, high quality subgroup and elderly subgroup.

**Conclusions** In conclusions, the A allele of +874 polymorphism in IFN- $\gamma$  gene could increase susceptibility to TB, which might be a risk factor for the occurrence and development of TB.

## PU-2166

## 乳腺癌细胞中 miR-370-3p 对细胞迁移作用分析

王凌霞, 杨欢

苏州大学附属第二医院, 215000

**目的** 检测乳腺癌细胞内 miR-370-3p 的表达水平并分析其对细胞迁移作用。

**方法** 培养正常乳腺上皮细胞 MCF-10A 以及乳腺癌细胞 MCF-7 和 MDA-MB-231, 并提取细胞中的 RNA, 采用实时荧光定量 PCR 技术对细胞内 miR-370-3p 进行定量检测。脂质体转染寡核苷酸片段 NC-mimics 及 mi R-370-3p-mimics、NC-inhibitor 及 mi R-370-3p-inhibitor 至两种乳腺癌细胞 MCF-7 和 MDA-MB-231, 定量 RT-PCR 检测转染后两种细胞中 mi R-370-3p 的表达水平, Transwell 实验观察转染后细胞迁移能力, western blot 检测转染后细胞上皮间质转化(EMT) 指标。

**结果** 乳腺癌细胞 MCF-7 和 MDA-MB-231 中 mi R-370-3p 表达量高于正常乳腺上皮细胞 MCF-10A。mi R-370-3p-mimics 转染组 mi R-370-3p 的表达水平明显高于 NC-mimics 转染组, 差异有统计学意义。mi R-370-3p-inhibitor 转染组 mi R-370-3p 的表达水平明显低于 NC-inhibitor 转染组, 差异具有统计学意义。mi R-370-3p-mimics 转染组迁移细胞数量明显高于 NC-mimics 转染组, 差异有统计学意义。mi R-370-3p-inhibitor 转染组迁移细胞数量明显低于 NC-inhibitor 转染组, 差异有统计学意义。与 NC-mimics 转染组比较, mi R-370-3p-mimics 转染组上皮细胞钙粘蛋白(E-cadherin)表达减弱, 神经钙粘蛋白(N-cadherin)和波形蛋白(Vimentin)表达增强。与 NC-



inhibitor 转染组比较, mi R-370-3p-inhibitor 转染组 E-cadherin 表达增强, N-cadherin 和 Vimentin 表达减弱。

**结论** mi R-370-3p 在乳腺癌细胞中的表达量高于正常乳腺上皮细胞。mi R-370-3p 过表达可促进乳腺癌细胞的迁移; mi R-370-3p 低表达可能抑制乳腺癌细胞的迁移;mi R-370-3p 可能通过 EMT 转化增强乳腺癌细胞的迁移能力。

## PU-2167

### 脆弱拟杆菌血培养特殊生长曲线的研究

周友全,褚敏君

云南省肿瘤医院(昆明医科大学第三附属医院)

**目的** 通过对脆弱拟杆菌血培养的特殊生长曲线规律及影响因素进行探讨, 为临床及时正确诊断及治疗菌血症提供依据。

**方法** 将已知菌株的菌悬液稀释成不同浓度,定量加入厌氧血培养瓶中进行纯菌液及模拟菌血症培养, 检测脆弱拟杆菌的报阳时间和生长曲线特点。

**结果** 脆弱拟杆菌在血培养瓶内生长过程中, 由于酸性代谢产物及碱性代谢产物的生成变化, 其生长曲线呈现驼峰型。其中纯菌液培养呈现双峰, 模拟菌血症培养呈现单峰。但这种驼峰型生长会受到菌量和采血量影响。

**结论** 在今后临床采集血培养标本时, 为保证检测结果能快速准确地回报, 应注意采血时机及采血量。通过观察血培养生长曲线可以初步预判细菌类型。

## PU-2168

### 一种外周血循环肿瘤细胞的形态学分析新技术 在临床中的应用

孙懿,罗佳龄,李莉

上海市第一人民医院,200000

**目的** 探讨一种基于物理学特性富集外周血循环肿瘤细胞的形态学分析新技术在肿瘤诊疗中的临床应用。

**方法** 收集 159 例肿瘤患者, 于术前收集外周血 5ml, 使用一种基于物理学特性的新技术富集外周血循环肿瘤细胞于玻片上, 然后进行瑞氏染色, 显微镜下进行肿瘤细胞形态学鉴定并计数。然后使用 CD45 单克隆抗体和 CD31 单克隆抗体进行免疫组化, 进一步验证所富集外周血循环肿瘤细胞。

**结果** 该新技术从处理标本到制片完成, 平均用时  $158 \pm 29$  分钟。根据形态学观察, 我们总结外周血循环肿瘤细胞的形态判读标准为: ①细胞核异型性, ②核质比大于 0.8, ③细胞直径(长端)大于  $15\mu\text{m}$ , ④核深染且着色不均匀, ⑤核膜增厚出现凹陷或皱褶, 使核膜呈锯齿状, ⑥细胞核染色质边移(核偏位), 或巨大核仁, 或异常核分裂。CTC 符合 4 个或 4 个以上参数, 判读为 CTC。此类细胞进行进一步免疫组化验证, 均为 CD45 阴性且 CD31 阴性, 符合肿瘤细胞特征。按照此判读标准, 44 例肺癌患者中, 18 例外周血查见循环肿瘤细胞, 检出率 49.90%; 19 例胃癌患者中, 7 例外周血中查见循环肿瘤细胞, 检出率 39.84%; 34 例肠癌患者中, 13 例外周血查见循环肿瘤细胞, 检出率 38.25%; 5 例肝癌患者中, 1 例外周血查见循环肿瘤细胞, 检出率 25%; 7 例前列腺癌患者中, 4 例外周血查见循环肿瘤细胞, 检出率 75.14%; 14 例甲状腺癌患者中, 2 例外周血查见循环肿瘤细胞, 检出率 14.28%; 10 例乳腺癌患者中, 4 例外周血查见循环肿瘤细胞, 检出率 40%。

**结论** 基于物理学特性富集外周血循环肿瘤细胞新技术快速便捷，可以通过形态分析快速判读和计数多种癌症患者外周血循环肿瘤细胞。

## PU-2169

### HCV-RNA 荧光 PCR 定量误差的浓度依赖性与定量数学模型的关系

杨辉,马亮,丛笑,刘倩,于洋,曹永彤  
中日友好医院

**目的** 根据 real-time PCR 定量原理，探讨不同浓度的检测样本影响精密度改变的原因，推导定量偏差与样本浓度相关参数的函数公式，并进行验证。

**方法** 使用 5 个已赋值的 HCV-RNA 标准品与 6 个血清样本，LightCycler480II 核酸扩增仪重复检测 8 次，用 Ct 值计算浓度 C，比较 Ct 值与浓度 C 的精密度；根据 real-time PCR 定量数学模型，推导 Ct 值与浓度 C 的误差传递公式；根据误差传递公式，用 Ct 值的偏差预测浓度 C 的定量偏差，用 5 个已赋值的 HCV-RNA 标准品与 6 个血清样本进行验证。

**结果** 检测 5 个标准品和 6 个血清核酸样本，重复 8 次，分析不同浓度检测对象的 CV，高浓度区精密度较稳定，中低浓度区，浓度越低，CV 越大；根据荧光实时 PCR 的定量模型 ( $\ln C = a + k \times Ct$ )，可以推导出 C 的偏差  $CV_2$  和 Ct 的偏差  $CV_1$  有一个函数关系，即  $(1 + CV_2) = (1 + e)^{-Ct \times CV_1}$ ；当  $CV_1$  不大于 5% 时，可以推导出  $CV_2 = k \times Ct \times CV_1$ （本实验中 k 为 -0.66）；根据 Ct 值和  $CV_1$  预测 5 个标准品和 6 个血清核酸浓度偏差  $CV_2$  的分布范围，与实际  $CV_2$  比较，两个公式都验证成功；两个公式均能说明，低浓度样本的 Ct 值增大，均可导致浓度的定量误差变大。

**结论** real-time PCR 荧光实时 PCR 的 Ct 值误差，能被定量模型放大为浓度误差，浓度越低，Ct 值越大，误差就越大；浓度 C 的定量偏差和 Ct 值有可量化的函数关系，根据该特征，可以解释 real-time PCR 定量误差的浓度依赖性。

## PU-2170

### 糖尿病周围神经病变患者血清心磷脂酰基转移酶 1 及髓鞘碱性蛋白的检测及临床意义研究

任建航  
吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 通过测定血清髓鞘碱性蛋白 (MBP)、心磷脂酰基转移酶 1 (ALCAT1) 在正常人、单纯糖尿病患者、糖尿病合并周围神经病变患者血清中的含量，以分析 MBP 以及 ALCAT1 与糖尿病周围神经病变的关系，从而探讨血清 MBP、ALCAT1 与糖尿病周围神经病变发生发展中的意义。

**方法** 选取 2019 年 3 月-2019 年 5 月在我院检测的 2 型糖尿病患者共 112 例，根据有无神经病变分为单纯糖尿病组 56 例 (DM 组)，合并周围神经病变患者 56 例 (DPN 组)，另选取同时期我院体检中心健康体检者 50 例 (NC 组) 为正常对照组作为研究对象。记录入选对象的基本信息，测量身高、体重，计算 BMI；采集静脉血，测定空腹血糖、糖化血红蛋白、超氧化物歧化酶、高密度脂蛋白、总胆固醇、甘油三酯、尿酸、血清胱抑素-C，采用酶联免疫吸附反应 (ELISA) 法测定血清中 ALCAT1、MBP 的含量，应用统计软件对数据进行分析，以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 1、DM 组、DPN 组血清的 MBP 水平明显高于 NC 组；2、DM 组、DPN 组的 ALCAT1 水平明显高于 NC 组；

DPN 组血清 MBP、ALCAT1 水平明显高于 DM 组；

血清 MBP 水平与病程、HbA1c、FPG 呈正相关；血清 ALCAT1 与病程、FPG、HbA1c 呈正相关；

4、多因素 Logistic 回归分析显示：病程（OR=1.324，95%CL 1.176~1.489）、MBP（OR=1.708，95%CL 1.088~2.683）、ALCAT1（OR=1.004，95%CL 1.001~1.006）为 DPN 发生的独立危险因素。

结论 1、血清 MBP、ALCAT1 在单纯糖尿病组、糖尿病周围神经病变组均较正常对照组升高；血清 MBP、ALCAT1 在糖尿病周围神经病变组较单纯糖尿病组升高；

2、糖尿病病程较长，血糖控制差的患者，血清 MBP、ALCAT1 均可出现升高；

3、血清 MBP、ALCAT1 与可能参与了糖尿病周围神经病变的发生发展过程，或许可作为糖尿病周围神经病变的预测因子。

#### PU-2171

### 碳纳米管@金属有机骨架电化学传感器的构建及其在内分泌干扰物四溴双酚 A 快速检测中的应用研究

周廷廷

青岛大学医学院附属医院,266000

目的 构建一种基于新型碳纳米管@金属有机骨架复合材料的电化学传感器，以实现对内分泌干扰物四溴双酚 A（Tetrabromobisphenol A, TBBPA）的快速灵敏检测。

方法 本研究首先在甲醇介质中均匀分散羧基碳管，并在机械搅拌的条件下加入 2-甲基咪唑与硝酸钴，二者在碳管表面发生反应，形成新型导电复合材料碳纳米管@金属有机骨架。以该复合材料为电化学原件、以乙炔黑为电极基底制备电化学传感器，充分优化影响检测效果的电极组成、电解液选择等电化学条件，得到最佳检测 TBBPA 的条件，在最优条件下对血中内分泌干扰物四溴双酚 A 进行快速检测。

结果 各种表征包括电镜图、FT-IR、XRD、EDS 等结果表明复合材料碳纳米管@金属有机骨架成功制备；吸附实验结果表明复合材料对 TBBPA 的最大吸附容量为  $92.12 \text{ mg g}^{-1}$ ，且 TBBPA 在其表面吸附速率较快，能够在 20 min 内达到动态吸附平衡。新制备的电极可实现对 TBBPA 的快速灵敏检测，检测用时为十分钟，在  $0.01 \mu\text{mol L}^{-1}$ ~ $1.5 \mu\text{mol L}^{-1}$  范围内线性曲线分为两段：在浓度范围  $0.01$ ~ $0.1 \mu\text{mol L}^{-1}$  内，线性方程为  $I (\mu\text{A}) = 0.03293 \text{ CTBBPA } (\mu\text{mol L}^{-1}) - 0.18713$  ( $r^2 = 0.9993$ )；在浓度范围  $0.1$ ~ $1.5 \mu\text{mol L}^{-1}$  内，线性方程为  $I (\mu\text{A}) = 0.02108 \text{ CTBBPA } (\mu\text{mol L}^{-1}) + 1.64903$  ( $r^2 = 0.9964$ )，检测限为  $4.23 \text{ nmol L}^{-1}$ 。

结论 研究表明新型复合材料制备成功且对 TBBPA 具有较好的吸附能力，以其为电化学原件制备的电化学传感器对 TBBPA 具有较宽的检测线性范围和较低的检测限，该新型传感器有望应用于血清中 TBBPA 的快速检测。

#### PU-2172

### 孕中期母血清抑制素 A 变化与母体并发症的关系研究

杨建林,鲁玲,李彬

昆明医科大学第一附属医院

目的 探讨孕中期母血清抑制素 A 的变化与中晚期孕母体妊娠期并发症的相关性。

方法 收集每一位孕妇基本资料及超声资料，采集 1685 例孕妇孕中期外周血，采用化学发光法测定血清抑制素 A 的浓度，通过产前筛查软件校正每一位孕妇中位数值，计算 MOM 倍数，追踪每一个孕妇孕期并发症与妊娠结局，分类统计每一种并发症的抑制素 A 的变化情况，选择没有任何并发症

并正常妊娠的孕妇作为对照，同时合并有多种并发症的孕妇不计入统计。Origin 统计分析各类妊娠期并发症与抑制素 A 的变化相关性。

**结果** (1) 在孕中期，妊娠期高血压疾病、胆汁淤积综合症的孕妇血清抑制素 A 浓度和 MOM 值倍数明显高于对照组，差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。 (2) 妊娠期血小板减少症、GBS 感染孕妇血清抑制素 A 浓度与 MOM 值倍数明显低于对照组，差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。 (3) 妊娠期糖尿病、甲状腺减低症与抑制素 A 的浓度及 MOM 值倍数变化无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 孕中期母血抑制素 A 水平与母体妊娠期高血压、胆汁淤积症、GBS 感染、妊娠期血小板减少症相关，而与妊娠期糖尿病、妊娠期甲状腺减低症无相关性。孕期关注监测母体血清抑制素 A 变化，可以及时发现孕期并发症，提前预防降低孕期并发症对孕产妇和胎儿的伤害。

## PU-2173

### 唐氏综合征的研究进展

杨建林

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 阐述唐氏综合征致病机理的研究进展

**方法** 收集近年来的文献资料，对唐氏综合征的致病机理做一个论述。

**结果** 唐氏综合征临床特征异常是由于基因过度表达所致，导致其智力低下、特殊面容、易患白血病、阿尔茨海默氏病等可能的基因做一个综述。

**结论** 唐氏综合征是最常见的先天常染色体疾病，比正常人细胞核型多出一条 21 号染色体，可导致先天性畸形、特殊面容、智力低下、生长发育迟缓，目前导致发育异常的原因尚不明确，本文意在研究进展做一个综述。21 号染色体过渡编码 microRNAs (miR-99a, let-7c, miR-125b-2, miR-155, miR-802)，导致 SNX27 蛋白减少，钙调磷酸酶调节蛋白 1 和细胞粘附分子(Down syndrome cell adhesion molecule, DSCAM)表达增加影响记忆功能。21 号染色体长臂中央区相关基因和 DYRK1A 基因过度表达淀粉样前体蛋白 (Amyloid precursor protein, APP) 都与阿尔茨海默氏病相关。CRLF2 与 JAK2 高表达与唐氏综合征患者易得白血病相关。CRELD1 基因过度表达细胞黏附分子 (Down syndrome cell adhesion molecule, DSCAM) 与先天性心脏病相关。最新研究显示，在唐氏综合征多能干细胞中，插入 Xist 基因到 21 号染色体 DYRK1A 基因座上，非编码的 XIST-RNA 引起了 21 号染色体异染色质的修饰，21 号染色体被转录沉默并且 DNA 甲基化，21 号染色体最终形成巴尔体。

## PU-2174

### 血栓与止血分子标志物检测在血栓性疾病中的研究进展

宋娜娜

武汉大学人民医院, 430000

**目的** 血栓性疾病是指血栓形成以及血栓栓塞两种病理过程引起的疾病

**方法** 其发病率高居各类疾病之首，且呈现逐年上升趋势，已成为威胁人们生命安全的主要疾病

**结果** 若能够尽早发现、及时诊断并采取有效治疗，可提高患者生存质量，为预后提供有效保障。

**结论** 临床上认为血栓以及止血分子标志物在血栓性疾病中具有一定应用价值，因此本文展开综述，分析血栓、止血因子标志物以及检测方式等。

## PU-2175

**3206 株肠杆菌科细菌的临床分布及耐药性分析\***

冯丽娜

武汉大学人民医院,430000

**目的** 分析临床分离肠杆菌科细菌的临床分布及耐药性,为临床合理使用抗菌药物提供理论依据。

**方法** 分析 2014 年 1 月至 2015 年 6 月武汉大学人民医院分离的肠杆菌科细菌分布特点及药敏结果,分离的所有肠杆菌科细菌均采用全自动细菌鉴定药敏系统 BD-Phoenix-100 进行鉴定。

**结果** 共检出 3206 株肠杆菌科细菌,其中主要为大肠埃希菌 1821 株(56.8%)、肺炎克雷伯菌 652 株(20.3%)、阴沟肠杆菌 201 株(6.3%)、产气肠杆菌 104 株(3.2%),肠杆菌科细菌以尿液标本分离率最高(1666, 52.0%),其次为痰标本(463, 14.4%)、血液标本(343, 10.7%)和分泌物标本(258, 8.0%),科室分布以泌尿外科(599, 18.7%)和肾内科(380, 11.9%)为主。肠杆菌科细菌敏感性最高的抗菌药物为亚胺培南和美罗培南,尤其是大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌,耐药率均低于 3.0%,阿米卡星和哌拉西林/他唑巴坦亦保持了良好的抗菌活性。

**结论** 肠杆菌科细菌在泌尿外科和肾内科分布比较集中,对抗菌药物呈现不同程度的耐药,碳青霉烯类抗生素亚胺培南和美罗培南仍是最敏感的抗肠杆菌科细菌药物,但已有耐药株的出现,临床应采取有效的防控措施从而减少耐药菌株的出现和播散流行。

## PU-2176

**解析细胞内 DNA 识别受体在系统性红斑狼疮发病机制中的作用**刘昱东<sup>1,2</sup>, Nickie L Seto<sup>2</sup>, Carmelo Carmona-Rivera<sup>2</sup>, Celine Berthier<sup>3</sup>, Mariana J Kaplan<sup>2</sup>

1.北京大学人民医院,100000

2.美国国立卫生研究院

3.密歇根大学医学院

**目的** 系统性红斑狼疮(SLE)是一种以机体免疫耐受失调,免疫复合物形成和沉积而导致组织器官损伤的系统性自身免疫病。在 SLE 发病过程中,细胞加速死亡及 DNA 清除缺陷,导致 SLE 患者体内存在过度积累的游离 DNA,而这些自身 DNA 可以刺激机体产生 IFN-I,导致 SLE 的免疫失衡。细胞内 DNA 识别受体主要为 Toll 样受体 9 (TLR9) 和 cGAMP 合成酶(cGAS)-干扰素基因刺激因子(STING),目前对于这两个受体在 SLE 发病过程中的作用机制仍不明确。

**方法** 野生型小鼠(WT)、TLR9 敲除(TLR9KO)小鼠、STINGKO 小鼠双耳内侧均予涂抹含 5% Imiquimod 的乳膏,每周三次直至处死小鼠时为止。处死小鼠后,分析小鼠的炎症水平、器官受累,内皮受损程度,血清自身抗体水平和先天性和适应性免疫应答水平。狼疮肾炎(LN)患者(n=25)以及健康对照患者(n=9)肾组织单细胞 RNA 测序检测相关基因表达水平。

**结果** 与 Imiquimod 处理的 WT 小鼠相比,Imiquimod 处理的 TLR9KO 小鼠表现出更严重的狼疮样表型,表现为更严重的脾肿大情况、肾组织损伤(免疫复合物肾沉积加剧,Th1 细胞和树突细胞肾浸润增加),以及血管内皮细胞损伤。这一表型与 TLR9 缺陷导致 TLR7 表达增加和免疫激活有关。与 TLR9KO 小鼠形成鲜明对比的是,Imiquimod 处理的 STINGKO 小鼠其狼疮样表型较 WT 小鼠显著减轻,表现为脾肿大情况显著减轻以及肾组织免疫复合物沉积显著降低。单细胞测序结果显示,与健康对照相比,STING 在 LN 患者肾组织显著升高(p=0.0014),其表达水平与 IFN 分析显著相关(p=0.0044)。

**结论** 我们的研究表明 TLR9 在狼疮的发病过程中起到保护作用,尤其是对于血管内皮损伤和肾损伤,而细胞内另一个 DNA 识别受体 STING 在狼疮发病过程中起到致病作用。我们的研究为深入理解 SLE 发病机制及针对性治疗提供实验依据。

PU-2177

## 2013 年至 2015 年某院血培养阳性病原菌的分布与耐药监测

郭静

武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解武汉大学人民医院连续三年血培养阳性病原菌的分布和耐药情况，为临床医生合理用药提供参考依据

**方法** 回顾性分析 2013 年到 2015 年我院血培养分离得到的病原菌，通过全自动微生物鉴定药敏系统 BD-Phoenix-100 进行鉴定，按照 2014 年 CLSI M100-S24 标准判读药敏试验结果

**结果** 三年间血培养共分离出 1468 株病原菌，其中革兰阳性菌 685 株（46.7%），革兰阴性菌 783 株（53.3%）；血培养病原菌检出率较高的科室有 ICU、肾病内科、神经内科等；最常见的革兰阳性菌为金黄色葡萄球菌、粪肠球菌和屎肠球菌，在金黄色葡萄球菌中，MRSA 的分离率为 35.3%，未发现对利奈唑胺、替考拉宁耐药的菌株，对万古霉素亦保持着 97.9% 的敏感率；最常见的肠杆菌科细菌为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌，其次为阴沟肠杆菌和产气肠杆菌，除了少数肠杆菌科细菌对亚胺培南、美罗培南中介外，其余菌株均对这两种抗生素敏感，对阿米卡星和左氧氟沙星的敏感率亦在 85% 以上；铜绿假单胞菌对多种常用抗生素均保持较高敏感性，而鲍曼不动杆菌对各项常用抗菌药物耐药率则较高。

**结论** 大肠埃希菌和金黄色葡萄球菌仍然是血流感染中的主要病原菌，未发现对利奈唑胺、替考拉宁耐药的金黄色葡萄球菌，但常规剂量使用这两种药物疗效不明显且易产生耐药性；亚胺培南和美罗培南依然是针对肠杆菌科较敏感的抗生素，但已出现部分中介菌株，因此临床上要根据药敏试验结果合理选用抗菌药物，以降低抗菌药物选择压力。

PU-2178

## 新生儿红细胞比容对凝血指标的影响

郭晓倩

武汉大学人民医院,430000

**目的** 以新生儿为例，探讨红细胞比容对常规凝血项目的影响

**方法** 纳入 134 例新生儿（男性 91 例，女性 43 例）。记录新生儿妊娠年龄、出生体重、分娩方式等基础资料，并检测总胆红素、血红细胞计数、血红蛋白、红细胞比容及常规凝血指标（PT、APTT、TT、FIB）水平。根据红细胞比容水平进行分组，对比分析凝血指标差异。并将红细胞比容与有关凝血指标进行相关性分析。

**结果** 新生儿红细胞比容均值为：0.51，较正常偏高。PT、APTT、TT 在三组中呈升高趋势，差异具有统计学意义（ $X^2=7.888, 7.136, 10.310$ ;  $p=0.019, 0.028, 0.006$ ）。Pearson 相关分析显示：红细胞比容与 PT（ $r=0.216$ ;  $p=0.012$ ）、APTT（ $r=0.212$ ;  $p=0.014$ ）、TT（ $r=0.239$ ;  $p=0.005$ ）呈正相关，与 FIB（ $r=-0.175$ ;  $p=0.043$ ）呈负相关。

**结论** 红细胞比容增高或降低的患者，应进行抗凝剂的校正，以确保检测结果的准确性

## PU-2179

## 武汉地区冠心病患者氯吡格雷药物代谢相关基因 CYP2C19 的多态性分布分析

韩瑞玲

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨武汉地区冠心病介入患者氯吡格雷代谢相关基因 CYP2C19 多态性的分布

**方法** 选取 2014 年 1 月~2014 年 12 月武汉大学人民医院心内科进行介入治疗 (PCI) 治疗的 316 例冠心病患者作为研究对象。通过基因芯片法检测氯吡格雷代谢相关的 CYP2C19\*1, \*2, \*3 基因, 并将患者按 CYP2C19 基因型别分为不同代谢类型: 强代谢型 (\*1/\*1)、中间代谢型 (\*1/\*2, \*1/\*3)、弱代谢型 (\*2/\*2, \*3/\*3, \*2/\*3), 分析各基因型的比例及性别在各基因型上的差异

**结果** 根据 CYP2C19 基因多态性位点功能代谢分型, 携带 CYP2C19\*1 的强代谢型 (\*1/\*1) 占 43.4%, 携带 CYP2C19\*2 或\*3 的中间代谢型 (\*1/\*2 和\*1/\*3) 及弱代谢型 (\*2/\*2, \*2/\*3 和\*3/\*3) 分别占 42.4%, 16.8%。不同性别在 CYP2C19 基因分型上差异无统计学意义。

**结论** 武汉地区冠心病介入患者中分布有较多的 CYP2C19 氯吡格雷代谢功能缺失基因。

## PU-2180

## 湖北地区 14-96 岁健康人群 sdLDL-C 生物水平 参考区间的建立

黄允

武汉大学人民医院,430000

**目的** 调查统计湖北地区 14-96 岁健康人群血清小而密低密度脂蛋白胆固醇 (sdLDL-C) 水平分布, 建立生物水平参考区间。

**方法** 收录本地区健康人群 1217 例, 女性 615 例 (1 组: 15-29 岁; 2 组: 30-39 岁; 3 组: 40-49 岁; 4 组: 50-59 岁; 5 组: 60-69 岁), 男性 602 例 (6 组: 14-32 岁; 7 组: 33-42 岁; 8 组: 43-52 岁; 9 组: 53-62 岁; 10 组: 63-96 岁)。检测统计上述人群血清 sdLDL-C 水平, 并与检测试剂盒提供的参考区间做对比, 再根据 sdLDL-C 在本地区人群的分布建立实验室参考区间。

**结果** 湖北地区 14-96 岁健康人群 sdLDL-C 水平分布情况如下, 女性: 1 组 (M=0.4600mmol/L), 2 组 (M=0.5300mmol/L), 3、4 组 (M=0.6000mmol/L), 5 组 (M=0.7150mmol/L); 男性: 6 组 (M=0.5500mmol/L), 7 组 (M=0.6100mmol/L), 8 组 (M=0.5800mmol/L), 9 组 (M=0.6300mmol/L), 10 组 (M=0.6400mmol/L); 男性<50 岁 sdLDL-C 水平显著高于同年龄段女性 (P=0.01)。年龄>50 岁人群 sdLDL-C 水平无性别差异, 但女性 60 岁以后 sdLDL-C 水平增幅比同龄男性要高。本地区 sdLDL-C 生物水平参考区间如下: 女性 15-29 岁 (0.3100-0.8788mmol/L), 30-39 岁 (0.3410-0.9300mmol/L), 40-59 岁 (0.3500-1.0400mmol/L), 60-96 岁 (0.3748-1.1752mmol/L); 男性 14-32 岁 (0.3235-0.9160mmol/L), 33-96 岁 (0.3700-1.2100mmol/L)。

**结论** 湖北地区人群 sdLDL-C 水平实际范围与试剂参考区间存在差异, 本参考区间的建立可以为湖北地区实验室提供参考。

## PU-2181

## 影响凝血检验准确性的因素

王燕静

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 研究分析常见影响凝血四项检验结果的因素,并提出合理化建议,从而能够控制这些因素对实验造成的不利影响,起到提高检验数据的准确度,以提高检验工作质量。

**方法** 选择在我院 2018 年 12 月 1 日至 12 月 31 日期间的实验血标本 1000 例,对其检测各种因素对凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原的影响。

**结果** 样本血量不足、样本血量过多、离心时间、样本放置时间都具有明显差异。差异都具有统计学意义,  $P<0.05$ 。样本血量在 1.6ml 和 2.0ml 时,凝血酶原时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原差异有统计学意义,  $P<0.05$ 。凝血酶时间无统计学意义。样本血量在 1.4ml 和 1.2ml 时,凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原均有统计学意义,  $P<0.05$ 。样本血量过多凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原均有统计学意义。室温下放置 4h,凝血酶时间、活化部分凝血酶时间与即刻测定有显著差异,  $P<0.05$ 。凝血酶原时间、纤维蛋白原差异无统计学意义。室温放置 8h 和 24h,凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原差异均有统计学意义,  $P<0.05$ 。标本离心 5min 与 10min 相比,凝血酶原时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原差异有统计学意义,  $P<0.05$ 。凝血酶时间无统计学意义。标本离心 15min 和 20min 与 10min 相比,凝血酶原时间、凝血酶时间、活化部分凝血酶时间和纤维蛋白原差异无显著性。溶血标本对凝血四项的检测差异显著,具有统计学意义,  $P<0.05$ 。

**结论** 凝血试验前对标本的处理及标本量的控制对保证结果的准确性非常关键,在日常工作中要严格控制各环节,减少误差,提高实验结果的准确性以提高我们的检验工作质量。

## PU-2182

## Tetra-ARMS PCR 检测丙型肝炎患者 IL-28B rs12979860 基因多态性

姜树朋

武汉大学人民医院,430000

**目的** 评价四引物扩增受阻突变体系 PCR (Tetra-ARMS PCR) 检测 IL-28B rs12979860 基因多态性在丙型肝炎患者抗病毒治疗中的应用

**方法** 选取 2015 年 05 月至 2016 年 07 月于我院就诊的慢性丙型肝炎患者 275 例,提取外周血 DNA,建立 Tetra-ARMS PCR 检测体系,与 Sanger 测序法对比验证,检测本地区丙型肝炎患者 IL-28B rs12979860 基因多态性分布情况。

**结果** Tetra-ARMS PCR 检测体系成功建立,与 Sanger 测序法的符合率 100%,rs12979860 基因的 C/C 型、C/T 型和 T/T 型的分布频率分别为 86.5%、12.0%、1.5%。在 C/C 型组与 C/T 或 T/T 型组中,年龄分布、性别分布、HCV 基因 1b 型比例均无统计学差异 ( $P>0.05$ );患者肝硬化比例和持续病毒学应答比例比较具有统计学差异 ( $P<0.05$ ),在 C/T 或 T/T 组中肝硬化比例较高,在 T/T 组中持续病毒学应答比例较高

**结论** 本研究建立的 Tetra-ARMS PCR 技术是一种操作简单、成本低廉、快速有效的基因多态性检测方法,对于丙型肝炎患者 IL-28B rs12979860 基因多态性基因分型具有很好的临床应用价值。



## PU-2183

## 应用高分辨溶解曲线分析技术检测 ALDH2 和 ADH1B 基因多态性

姜树朋

武汉大学人民医院,430000

**目的** 建立高分辨率溶解曲线分析体系检测 ALDH2 和 ADH1B 基因多态性。

**方法** 针对 ALDH2 和 ADH1B 基因序列设计短片段引物, 在核酸扩增后, 使用 Eva Green 染料分析不同 PCR 产物, 并与 Sanger 测序法相比较

**结果** 采用 HRM 法在同一程序下, 90min 内即可成功检测出 ALDH2 rs671 和 ADH1B rs1229984 各种基因型, 且其结果与 Sanger 测序一致。

**结论** 采用 HRM 法检测 ALDH2 和 ADH1B 基因多态性快速简单、经济有效, 值得推广。

## PU-2184

## 肝损害对血 $\beta_2$ 微球蛋白诊断效率的影响

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨肝损害对血  $\beta_2$  微球蛋白诊断肾功能损害效率的影响

**方法** 收集 2015 年 10 月-2016 年 10 月入院的感染科、肾病内科患者 254 例作为患者组, 根据肝肾功能分为肝损害组 87 例, 肾损害组 113 例, 肝肾损害组 54 例。收集健康体检者 85 例作为对照组。检测患者组和对照组的血清肌酐 (Cr)、血清  $\beta_2$  微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG) 并计算其比值

**结果** ALT 水平与血清  $\beta_2$ -MG 无相关性 ( $r=0.046$ ,  $P=0.674$ ), AST 水平与血清  $\beta_2$ -MG 水平具有相关性 ( $r=0.251$ ,  $P=0.020$ ), ASL/ALT 比值 (DeRitis 比值) 与血清  $\beta_2$ -MG 水平具有相关性 ( $r=0.633$ ,  $P=0.000$ ); 肝损害组  $\beta_2$ -MG 水平高于对照组 ( $Z=-9.418$ ,  $P=0.000$ ), Cr/ $\beta_2$ -MG 低于对照组 ( $Z=-2.779$ ,  $P=0.005$ ); 肝肾损害组 Cr/ $\beta_2$ -MG 低于肾损害组, 但差异无统计学意义 ( $Z=-1.487$ ,  $P=0.137$ )。无肝损害时, ROC 曲线 AUC 为 0.970, 临界值为 2.61ug/L, 标准误为 0.012, 95%置信区间为 0.946-0.994, 此时特异性为 0.988, 敏感度为 0.852; 肝损害时, ROC 曲线 AUC 为 0.832, 临界值为 4.26ug/L, 标准误为 0.04, 95%置信区间为 0.755-0.910, 此时特异性为 0.862, 敏感度为 0.741。

**结论** 肝损害主要影响血清  $\beta_2$ -MG 对轻微肾损害患者的诊断。

## PU-2185

## 一例胎儿染色体嵌合体的产前诊断

李锋

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨微阵列比较基因组杂交技术(array-CGH), 羊水染色体及脐血染色体在产前诊断胎儿染色体低比例嵌合体中的应用价值。

**方法** 产前诊断发现 1 例羊水 array-CGH 结果为纯合子的 Y 长臂缺失, 但羊水染色体检查结果为正常核型和异常核型的嵌合体, 因此进一步做脐血染色体检查确诊。

**结果** 经脐血染色体确诊, 确实存在嵌合体, 但嵌合体比例与羊水染色体不一致。

**结论** 对于产前诊断嵌合问题，尤其是低比例的嵌合体，array-CGH 不是低比例嵌合体的确诊方法，可根据脐血核型分析和超声结果，为孕妇提供正确的遗传咨询。当羊水核型分析或羊水 CGH 检查存在染色体数目异常的嵌合体的疑问，都应行脐带血染色体检查确诊。

## PU-2186

### ANA 与慢性乙型肝炎病程及肝功能和血脂关系的研究

牛志立

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨抗核抗体（ANA）对慢性乙型肝炎病程以及肝功能和血脂的影响

**方法** 选择 2016 年 3 月 2017 年 2 月武汉大学人民医院慢性乙型肝炎和慢性重型乙型肝炎患者 184 例，其中男性 120 例，女性 64 例。对照组共 39 名，其中男性 18 例，女性 21 例。肝功能和血脂指标由 Siemens ADVIA 2400 全自动生化仪测定，HBV DNA 载量由 ABI 公司生产的 VII7 荧光定量分析仪测定，抗核抗体采用间接免疫荧光法检测。

**结果** ANA 阳性率（男：47.5%，女性：75%）在慢性重型乙型肝炎不同性别患者组间比较，差异有统计学意义（ $\chi^2=4.106$ ， $P<0.05$ ）。ANA 阳性率（仅 HBV：35 例、合并药物诱导肝损伤：3 例、合并胆汁淤积型肝炎：10 例、合并自身免疫性肝炎：7 例、合并 II 型糖尿病：2 例、合并戊肝：1 例）在慢性乙型肝炎不同合并症患者组间比较，差异有统计学意义（ $\chi^2=18.923$ ， $P<0.05$ ）。肝功能指标 ALT、AST 和 TBA 以及血脂指标 TG 在 ANA 阴性、ANA 阳性的慢性乙型肝炎和健康组间比较，差异有统计学意义（ $Z_{ALT}=50.929$ ， $Z_{AST}=36.32$ ， $Z_{TBA}=27.27$ ， $F_{TG}=7.431$ ， $P<0.05$ ）。肝功能指标 ALT、AST 和 TBA 以及血脂指标 TG、TCH、HDL 和 LDL 在 ANA 阴性、ANA 阳性的慢性重型乙型肝炎和健康组间比较，差异有统计学意义（ $Z_{ALT}=63.91$ ， $Z_{AST}=63.91$ ， $Z_{TBA}=51.40$ ， $F_{TG}=9.99$ ， $F_{TCH}=5.92$ ， $F_{HDL}=34.47$ ， $F_{LDL}=17.52$ ， $P<0.05$ ）

**结论** ANA 与疾病的合并症和严重程度具有一定关系，并影响肝功能和血脂的水平。

## PU-2187

### 男性精神分裂症患者血清皮质醇和硫酸脱氢表雄酮水平与精神症状的相关性研究

彭锐

武汉大学人民医院,430000

**目的** 研究男性精神分裂症患者血清皮质醇和硫酸脱氢表雄酮水平（DHEA-S）与精神症状的相关性

**方法** 研究共纳入男性精神分裂症患者 120 例与年龄匹配的健康自愿者 110 例，对他们的临床基本信息（包括发病年龄、病史、阳性和阴性症状评分及非典型抗精神药物使用情况）进行收集；检测了治疗前后血清中皮质醇、DHEA-S 水平，并计算了两者之间的比值；分析了皮质醇、DHEA-S 水平及比值与精神症状的相关性。

**结果** 治疗前患者血清中皮质醇、DHEA-S 水平及比值显著高于正常对照组（ $P<0.01$ ）；治疗后患者血清中皮质醇、DHEA-S 水平显著低于治疗前，差异有统计学意义（ $P<0.01$ ），而比值未发生明显变化；相关性分析发现血清中皮质醇、DHEA-S 水平及比值与阴性症状评分呈正相关。

**结论** 皮质醇和 DHEA-S 水平紊乱可能是导致精神分裂症发病的原因，它们可以作为疾病诊断和治疗有效性监测的生物标志物

## PU-2188

## 血清促甲状腺激素和血脂水平变化与抑郁持续时间的相关性研究

彭锐

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨不同病史抑郁患者血清促甲状腺激素和甲状腺激素与血脂水平的相关性。

**方法** 共纳入年龄大于 18 周岁抑郁患者 400 例, 病史 $<3$  年分为一组 (A 组), 病史 $\geq 3$  年分为一组 (B 组), 入院前所有患者接受障碍定式临床检测 (SCID) 并同时记录患者病史, 检测患者血清中总胆固醇 (TCH)、甘油三酯 (TG)、高密度脂蛋白 (HDL-C)、低密度脂蛋白 (LDL-C)、脂蛋白 A (Lp(a))、超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)、游离甲状腺素 (FT4)、游离三碘甲腺原氨酸 (FT3) 和促甲状腺激素 (TSH) 的水平, 并计算 TCH/HDL-C 比值

**结果** B 组患者血清中 TG 和 TCH/HDL-C 比值相对于 A 组患者显著升高, 而 HDL-C、FT4 和 TSH 水平则相对于 A 组患者显著降低, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 相关性分析表明 TSH 水平与 TCH 和 LDL-C 水平呈明显的正相关, FT4 水平与 TCH/HDL-C 比值呈明显的负相关, FT3 水平与 TCH、HDL-C 和 LDL-C 水平也分别表现出明显的负相关; 多重线性回归分析表明血清 TG 和 TSH 水平与抑郁患者发病史相关。

**结论** 抑郁患者血清中低的 TSH 水平与脂质代谢紊乱相关, 并且 TG 和 TSH 水平与患者的抑郁症病史也呈明显相关性。

## PU-2189

## 髓系特异性精氨酸脱亚胺酶 4 (PAD4) 在动脉粥样硬化发病过程中的病理机制

刘昱东<sup>1,2</sup>, Carmelo Carmona-Rivera<sup>2</sup>, Nickie L Seto<sup>2</sup>, Mariana J Kaplan<sup>2</sup>

1. 北京大学人民医院, 100000

2. 美国国立卫生研究院

**目的** 越来越多的证据表明, 中性粒细胞胞外俘获网 (NETs) 可能在促进人和小鼠模型中的动脉粥样硬化斑块形成以及疾病发展中具有重要作用。然而 NET 促进动脉粥样硬化的病理机制目前仍不明确。

**方法** 本研究通过在 LysMCre-PAD4flox 系统在 Apoe 敲除 (ApoeKO) 小鼠中交配出髓系细胞特异性 PAD4 敲除小鼠 (PAD4LysMCre+ApoeKO) 来研究 NETs 在促进动脉粥样硬化的病理过程中的作用。

**结果** 我们发现 NETs, 而不是巨噬细胞胞外俘获网 (METs), 存在于动脉粥样硬化的斑块。NETs 在给予小鼠高脂饮食 3 周后便可在动脉粥样硬化斑块中检出, 且其大小随疾病发展而增加。PAD4LysMCre+ApoeKO 小鼠其动脉粥样硬化的严重程度与对照小鼠 (PAD4LysMCre-ApoeKO 小鼠) 相比显著减轻, 表现为斑块大小减轻, 炎性细胞 (巨噬细胞、中性粒细胞、TH17 细胞、IL-17+ $\gamma\delta$  T cells) 以及炎性细胞因子 (IL-1 $\beta$ ) 和炎性趋化因子 (CCL2、CXCL1、CXCL2) 浸润显著减少, 而与此相应的是 PAD4LysMCre-ApoeKO 小鼠的 NETs 形成显著减少。进一步的机制研究表明髓系 PAD4 导致 NETs 的形成, 而 NETs 可以刺激斑块内巨噬细胞产生 IL-1 $\beta$  以及 CCL2、CXCL1、CXCL2。IL-1 $\beta$  对于 TH17 细胞、IL-17+ $\gamma\delta$  T cells 至关重要, 而 CCL2、CXCL1、CXCL2 可以进一步招募巨噬细胞以及中性粒细胞进入斑块, 从而进一步促进动脉粥样硬化的发展。

**结论** 本研究明确了 PAD4 以及 NETs 对于动脉粥样硬化发生的病理机制，同时也为对于动脉粥样硬化针对性治疗，如应用特异性 PAD4 抑制剂，提供实验依据。

## PU-2190

### 降钙素原和正五聚蛋白 3 在新生儿休克诊断中的应用

任 玮

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨 PCT 和 PTX3 对诊断新生儿休克的临床应用价值

**方法** 选取 2017 年 4 月至 10 月收治的 50 例新生儿休克患者，检测 PTX3、PCT、WBC 计数、CRP、SAA、乳酸和碱剩余水平。同期选取本院 50 例无休克的新生儿高胆红素血症患者作为对照组。非正态分布的计量资料采用非参数检验分析和 PTX3 与 PCT、Apgar 评分的相关性分析，受试者工作特征（ROC）曲线分析其诊断新生儿休克的性能

**结果** 休克组的 PCT、PTX3 和 SAA 水平均显著高于对照组，休克组的碱剩余水平显著低于对照组；而休克组的 WBC 和 CRP 水平均高于对照组，但差异无统计学意义（ $P>0.05$ ），休克组的乳酸水平低于对照组，差异也无统计学意义（ $P>0.05$ ）。当  $PTX3=1.12\text{ ng/ml}$  时，PTX3 诊断新生儿休克的 ROC 曲线下面积值为 0.788 (95%CI 为 0.621~0.955)，均高于 PCT、SAA 和碱剩余（ $AUC=0.780$ 、 $0.678$  和  $0.372$ ）。PTX3 和 PCT 呈显著正相关，Apgar 评分与 PTX3、PCT 呈显著负相关。

**结论** PCT 和 PTX3 对诊断新生儿休克有很好的指导意义，PTX3 可能更迅速地反映机体炎症和器官功能障碍。

## PU-2191

### 瑞舒伐他汀对 ApoE 基因型冠心病患者血脂调控影响的临床研究

柯 峰

襄阳市中心医院

**目的** 运用 PCR-荧光探针技术，检测冠心病患者 ApoE 基因型以及瑞舒伐他汀对不同 ApoE 基因患者血脂调控的影响，探讨冠心病的发病机制及瑞舒伐他汀对其预后的影响

**方法** 选取 2017 年 1-12 月襄阳市中心医院内科收治的冠心病住院患者 112 例作为冠心病组，另取同期健康体检者 50 例作为健康对照组，通过 PCR-荧光探针技术测定 ApoE 基因型，同时测定冠心病组服用瑞舒伐他汀治疗前及治疗 12 周后的血脂水平，分析基因型与调脂疗效的关系。

**结果** 冠心病患者中 ApoE E3/4、E4/4 基因型和  $\epsilon 4$  等位基因频率显著高于健康对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）； $\epsilon 4$  等位基因组，血脂 TC 和 LDL-C 水平显著高于其他等位基因组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；瑞舒伐他汀治疗 12 周后，ApoE E2/2+ E2/3、E3/3 与 E3/4+ E4/4 等位基因组比较，治疗后患者血浆中的 TC、LDL-C 和 HDL-C 水平差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** ApoE 基因型 E3/4、E4/4 及  $\epsilon 4$  等位基因有可能参与了冠心病的发生、发展过程，瑞舒伐他汀对 ApoE E2/2+ E2/3、E3/3 等位基因组冠心病患者降脂效果更好，而对 E3/4+ E4/4 等位基因组冠心病患者效果不确切

## PU-2192

## 一种新博卡病毒的鉴定与分析

王佳丽,王静林  
云南省传染病医院

**目的** 为了了解云南松鼠肠道内携带病毒,并对其中 1 株新博卡病毒( bocavirus)进行鉴定和序列分析。

**方法** 采用高通量测序的方法对 1 只昆明市采集松鼠的肠道及内容物和心肝脾肺进行病毒宏基因组学分析。

**结果** 从这只昆明采集松鼠的肠道及内容物获得 3.72GB 数据,数据分析结果显示可能与大约有 23 科病毒相匹配的序列,其中在样本中与 Parvoviridae 科博卡病毒相匹配的病毒序列丰度非常高,占全部 reads 的 16%,而在心肝脾肺中未寻找到 Parvoviridae 科博卡病毒相匹配的病毒序列。通过对这些肠道及内容物中 Parvoviridae 科博卡病毒相匹配的病毒序列进行从头组装得到一条 5469nt 长的病毒基因组序列(命名为 Kunming squirrel virus, KMSQV),编码 NS1、NP 和 VP1 /VP2 蛋白;该病毒 NS1、NP1 和 VP1 基因氨基酸序列同源性与博卡病毒 Himalayan marmot bocaparvovirus 2 最高分别为 63%、71%和 68%,NS1 蛋白基因氨基酸序列同源性低于 85%(病毒新种判断标准);遗传进化分析发现 KMSQV 病毒在博卡细小病毒属病毒构建的系统进化树上形成独立的进化分支。

**结论** KMSQV 是博卡细小病毒属的一种新种病毒,这也是首次在松鼠中检测到博卡细小病毒属病毒,该研究为啮齿类动物携带病毒多样性的研究以及为研究博卡病毒遗传多样性和宿主范围提供了重要的基础数据。

## PU-2193

## 中国中部地区乳腺癌遗传易感基因 BRCA1/2 高通量测序情况分析

孙思  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 分析中国中部女性遗传性乳腺癌患者 BRCA1/2 基因遗传变异情况,探究中国人群乳腺癌易感基因 BRCA1/2 的遗传变异热点,为临床乳腺癌风险评估提出可靠依据

**方法** 对自 2013 年 6 月~2016 年 6 月武汉大学人民医院乳甲外科收治的具有乳腺癌家族史的女性患者 62 例,无家族史正常女性志愿者 60 例,利用 Life Tech Ion Proton 高通量测序技术对 BRCA1/2 基因进行测序分析,并用 sanger 测序法验证。

**结果** 在 62 例有家族史乳腺癌患者中,BRCA1 基因突变率为 25.8% (16/62),BRCA2 基因突变率为 33.9% (21/62),BRCA1/2 有害变异率为 11.3% (7/62)。乳腺癌家族史患者组与正常组对比分析,家族史乳腺癌患者组 BRCA1/2 基因变异率(45.2%)显著高于正常对照组(31.7%)。通过家系分析和数据比对发现 BRCA1c.4986+1G>T 和 BRCA2 5773C>T 为中国人群遗传性乳腺癌有害变异。

**结论** 家族遗传性乳腺癌患者 BRCA1/2 基因变异率显著高于正常人群。通过家系遗传分析并利用高通量测序技术可以有效地筛选出乳腺癌 BRCA1/2 基因的有害变异,为乳腺癌的风险评估提供可靠的临床依据

## PU-2194

**HLC-723 G8 糖化血红蛋白分析仪性能评价**

汤冬玲

武汉大学人民医院,430000

**目的** 评价日本 TOSOH 公司 HLC-723G8 糖化血红蛋白分析仪的精密性、正确度及线性范围等性能。

**方法** 对 HLC-723 G8 测定 HbA1c 的精密性、正确度、线性进行评价。

**结果** HLC-723 G8 测定 HbA1c 高、低两水平批内精密度的 CV 分别为 0.94%、0.69%，总精密度的 CV 分别为 1.26%、0.99%；HLC 723 G8 与 VARIANT 1I 测定 HbA1c 结果呈明显相关；在 5.1%-16.3%之间验证参考区间为线性

**结论** HLC-723 G8 糖化血红蛋白分析仪测定 HbA1c 性能良好，可用于糖尿病的早期筛查。

## PU-2195

**浙江省低尿酸血症患病率研究**姚娜<sup>1</sup>,叶德力<sup>2</sup>,夏骏<sup>2</sup>

1.浙江省杭州市余杭区中医院

2.浙江省人民医院,310000

**目的** 研究浙江省低尿酸血症不同人群的患病率以及与临床生化、尿液指标的相关性。

**方法** 统计分析浙江省人民医院 2017 年 9 月至 2018 年 8 月之间 197934 例患者，包括住院 54828 例（男 28786 例，女 26042 例），门诊 63103 例（男 30048 例，女 33055 例），体检 80003 例（男 45610 例，女 34393 例）的不同人群分组的低尿酸血症患病率、低尿酸血症高发的疾病分类以及与临床血液生化、尿液生化结果的相关性。

**结果** 低尿酸血症患病率女性均高于男性，分别为住院（5.67%vs4.40%, $P<0.001$ ）、门诊（0.29%vs0.19%, $P=0.012$ ）、体检（0.05%vs0.02%, $P=0.011$ ）。通过对 2406 例低尿酸血症患者研究发现其临床主要诊断高发疾病为恶性肿瘤（25%）、肾脏疾病（11%）等。结合血液生化、尿液生化结果分析得出，低尿酸血症与血液中胆固醇（ $P=0.004$ ）、低密度脂蛋白胆固醇（ $P=0.035$ ）、肾小球滤过率（ $P=0.026$ ）具有相关性，与尿液尿酸/尿肌酐（ $P=0.04$ ）、尿转铁蛋白/尿肌酐（ $P=0$ ）、尿微量白蛋白/尿肌酐（ $P=0$ ）、尿免疫球蛋白/尿肌酐（ $P=0$ ）具有相关性。

**结论** 低尿酸血症的患病率女性高于男性。血液生化、尿液生化部分项目与低尿酸血症的发生有关。

## PU-2196

**湖北汉族 RhD 阴性住院患者 Rh 表型分布特征调查**

徐朴

武汉大学人民医院,430000

**目的** 了解湖北地区汉族 RhD 阴性住院患者 Rh 表型分布特征

**方法** 采用 3 个不同批号的抗-D 血清对筛查的 RhD 阴性患者标本进行确认，对确认的 612 例 RhD 阴性患者标本用 Rh 分型试剂检测 Rh 表型

**结果** 在 612 例 RhD 阴性患者中, A 型和 O 型女性人群显著多于男性, 共检出 7 种 Rh 表型, 其中 ccee 的表型频率为 62.1%, Ccee 的表型频率为 27.6%, CCee 的表型频率为 6.5%、ccEe 的表型频率为 1.6%, CcEe 的表型频率为 1.5%, ccEE 和 CcEE 的表型频率均为 0.3%。

**结论** 湖北地区汉族 RhD 阴性住院患者中, A 型和 O 型女性多于男性, Rh 表型频率以 ccee 表型为最高, 以 ccEE 和 CcEE 表型为最低, 这对临床 RhD 阴性患者安全输血具有重要意义。

## PU-2197

### 稳定高表达 TGF- $\beta$ 1 的大鼠心肌细胞 H9c2 细胞株的构建及鉴定

许淑文

武汉大学人民医院,430000

**目的** 构建及鉴定稳定高表达 TGF- $\beta$ 1 的大鼠心肌细胞 H9c2 细胞株

**方法** 利用 RNA 干扰技术提取 pEGFP-TGF- $\beta$ 1 质粒后采用 ABI3130 基因测序仪进行测序鉴定, 将鉴定后的质粒转染到大鼠心肌细胞 H9c2 细胞株, 利用 G418 筛选转染的 H9c2 细胞, 通过 RT-PCR 和 western-blotting 技术对转染后的 H9c2 细胞进行鉴定。

**结果** pEGFP-TGF- $\beta$ 1 质粒测序结果包含 TGF- $\beta$ 1 序列, 筛选后的高表达组和对照组 U87 细胞转染效率分别为 85%和 93%。RT-PCR 结果显示: pEGFP-TGF- $\beta$ 1 质粒转染组的 TGF- $\beta$ 1 mRNA 表达量显著高于对照组; western-blotting 结果显示: pEGFP-TGF- $\beta$ 1 质粒转染组的 TGF- $\beta$ 1 蛋白表达量显著高于对照组

**结论** 本研究所构建的大鼠心肌细胞 H9c2 细胞株能稳定高表达 TGF- $\beta$ 1, 可用于后续 TGF- $\beta$ 1 在大鼠心肌细胞的生物学作用及相关信号通路的研究

## PU-2198

### 慢性丙型肝炎患者外周血单个核细胞中干扰素刺激基因及相关信号通路基因表达的研究

杨晓燕

武汉大学人民医院,430000

**目的** 观察慢性丙型肝炎 (chronic hepatitis C, CHC) 患者外周血单个核细胞 (Peripheral blood mononuclear cells, PBMC) 中干扰素刺激基因 (Stimulator of interferon genes, STING)、维甲酸诱导基因 1 (retinoic acid inducible gene 1, RIG-1), 以及 I 型干扰素 a (Interferon-a, IFN-a) 和 b (IFN-b) mRNA 的表达, 为治疗 CHC 提供新思路。

**方法** 选择 2016 年 1 月至 2017 年 1 月在武汉大学人民医院感染科未经治疗的慢性丙肝患者 113 例, 以及同期进行体检的健康人 94 例, 通过实时荧光定量 PCR 检测 STING, RIG-1 样受体, 以及 IFN-a 和 IFN-b mRNA 表达, 用  $2^{-\Delta\Delta CT}$  的方法计算相对表达量, 并对计算结果进行统计学分析

**结果** CHC 患者外周血中 STING, RIG-1, IFN-a 和 IFN-b mRNA 的表达分别是健康对照组的 0.018 倍、0.361 倍、0.578 倍、0.573 倍, 两组间的比较差异均有统计学意义 ( $t=8.28, 4.26, 2.18, 2.07$ ,  $P$  值均  $<0.05$ ); 健康人 STING 与 IFN-a mRNA, IFN-b mRNA 表达呈正相关性 ( $r=0.487, 0.207$ ,  $P$  值均  $<0.05$ ); CHC 患者 STING 与 IFN-a mRNA, IFN-b mRNA 表达无相关性 ( $r=0.174, 0.091$ ,  $P$  值均  $>0.05$ ); 健康人 STING 与 RIG-1 mRNA 表达呈低正相关性 ( $r=0.222$ ,  $p<0.05$ ), CHC 患者 STING 与 RIG-1 mRNA 表达无相关性 ( $r=-0.029$ ,  $p>0.05$ )

**结论** 与健康人相比, CHC 患者 STING, RIG-1, IFN-a 和 IFN-b mRNA 表达均降低, 且在健康人中 STING 基因与 RIG-1 及干扰素基因存在正相关性, 而 CHC 中无相关性。

## PU-2199

### 冠心病患者血清乳凝集素、超敏 C 反应蛋白等指标 与其严重程度相关性研究

周方元  
武汉大学人民医院, 430000

**目的** 检测不同病变程度的冠心病 (coronary heart disease, CHD) 患者及冠脉造影阴性者血清乳凝集素 (lactadherin)、超敏 C 反应蛋白 (High sensitive C reactive protein, hs-CRP) 及血脂等指标, 探讨其与 CHD 病变程度的关系

**方法** 356 例内科行冠脉造影的患者, 根据造影结果分为 CHD 组 (n=222) 和冠脉造影阴性组, 即对照组 (n=134)。其中 CHD 组根据造影结果, 又分为单支病变组 (n=25)、双支病变组 (n=54) 和多支病变组 (n=143)。同时以 Gensini 评分计算 CHD 患者病变程度。检测各组乳凝集素、hs-CRP 和血脂等指标, 分析各指标与病变支数、Gensini 积分之间的关系

**结果** 与对照组相比, CHD 组的乳凝集素水平显著降低 ( $t=5.049$ ,  $P<0.01$ ) 而 hs-CRP 水平显著升高 ( $t=5.828$ ,  $P<0.001$ ); 与单支病变组相比, 双支病变组的乳凝集素水平和高密度脂蛋白胆固醇 (High-density lipoprotein, HDL-C) 水平显著降低 ( $t$  分别为 2.635、2.777,  $P$  均  $<0.01$ ), 多支病变组的乳凝集素和 HDL-C 水平显著降低 ( $t$  分别为 7.606、2.437,  $P$  均  $<0.05$ ), 而 hs-CRP 水平显著升高 ( $t=2.773$ ,  $P<0.01$ ); 与双支病变组相比, 多支病变组的乳凝集素水平显著降低 ( $t=3.868$ ,  $P<0.001$ ) 而 hs-CRP 水平显著升高 ( $t=2.858$ ,  $P<0.01$ ); 血清乳凝集素水平与 Gensini 评分、hs-CRP 呈显著负相关 ( $r$  分别为 -0.599、-0.313,  $P$  均  $<0.01$ ), hs-CRP 与 Gensini 评分呈显著正相关 ( $r=0.368$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** 乳凝集素水平降低、hs-CRP 水平升高与 CHD 的严重程度密切相关, 乳凝集素越低、hs-CRP 越高, 则 CHD 的病变程度越严重。

## PU-2200

### Exosomal circRNAs: biogenesis, effect and application in human diseases

Yangxia Wang, Ting Sun, Junfen Ma, Liang Ming  
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To explore a new biomarker for clinical diagnosis and therapeutic targets.

**Methods** Collecting and analyzing recently published literatures.

**Results** Exosomes have emerged as critical mediators of intercellular communication, both locally and systemically, by regulating a diverse range of biological processes between cells. Circular RNA (circRNA) is a novel member of endogenous noncoding RNAs with widespread distribution and diverse cellular functions. Recently, circular RNAs have been identified for their enrichment and stability in exosomes.

**Conclusions** we outline the origin, biogenesis and function of exosomal circRNAs as well as their roles in various diseases. Although their precise roles and mechanisms of gene regulation remain largely elusive, exosomal circRNAs have potential applications as disease biomarkers and novel therapeutic targets.



## PU-2201

## Deficient IL-2 produced by activated CD56<sup>+</sup> T cells contributes to impaired NK cell-mediated ADCC function in chronic HIV-1 infection

Zhe Xie

Department of clinical laboratory, South branch of Shanghai General hospital, Shanghai, China

**Objective** Antibody-dependent cellular cytotoxicity (ADCC), which mainly mediated by natural killer (NK) cells, may play a critical role in human immunodeficiency virus type-1 (HIV-1) disease progression. However, the potential mechanisms that affecting NK-mediated ADCC response are still not well elucidated.

**Methods** Antigen-antibody complex model of Ab-opsonized P815 cells was adopted to induce a typical non-specific ADCC response. The capacities of HIV-1 specific NK-ADCC were measured by using the combination model of gp120 protein and plasma of HIV-1 elite controllers. The levels of plasma cytokine were measured by ELISA. Anti-IL-2 blocking antibody was used to analyze the impact of activated CD56<sup>+</sup> T cells on NK-ADCC response.

**Results** IL-2, IL-15, IFN- $\alpha$  and IFN- $\beta$  could effectively enhance the non-specific and HIV-1-specific NK-ADCC responses. Compared with healthy controls, HIV-1-infected patients showed decreased plasma IL-2 levels, while no differences of plasma IFN- $\alpha$ , IL-15 and IFN- $\beta$  were presented. IL-2 production was detected from CD56<sup>+</sup> T cells activated through antibody-dependent manner. The capability of NK-ADCC could be weakened by blocking IL-2 secretion from activated CD56<sup>+</sup> T cells. Although no difference of frequencies of CD56<sup>+</sup> T cells was found between HIV-1-infected patients and healthy controls, deficient IL-2 secretion from activated CD56<sup>+</sup> T were found in chronic HIV-1 infection.

**Conclusions** The impaired ability of activated CD56<sup>+</sup> T cells to secreting IL-2 might contribute to the attenuated NK cell-mediated ADCC function in HIV-1 infection.

## PU-2202

## 长沙地区体检健康成年人血清不饱和铁结合力、总铁结合力、转铁蛋白饱和度参考区间的建立

庄思琪

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 调查长沙地区体检健康成年人血清铁 (SI)、血清未饱和铁结合力 (UIBC) 水平, 计算血清总铁结合力 (TIBC)、转铁蛋白饱和度 (TS), 从而验证 WS/T404.4—2018 血清铁参考区间, 并建立 UIBC、TIBC、TS 参考区间, 为临床提供诊断依据。

**方法** 选择 387 例长沙地区体检健康成年人为研究对象, 其中男性 167 例, 女 220 例, 分别按年龄段 20-29 岁、30-39 岁、40-49 岁、50-59 岁、60-69 岁分为 5 组。使用红菲绕啉直接法检测 SI 及 UIBC, 计算 TIBC 及 TS, 依据美国临床和实验室标准协会 (CLSI) C28-A3 要求, 验证 SI 参考区间, 并以非参数法建立 UIBC、TIBC、TS 参考区间。

**结果** 验证结果表明现行《WS/T 404 临床常用生化检验项目参考区间》规定的血清铁国家标准区间适用于长沙市人群; 血清 UIBC、TIBC 在男女性中均符合正态分布, 男性 UIBC 为 (33.89 $\pm$ 8.66)  $\mu$ mol/L, 女性为 (37.56 $\pm$ 8.58)  $\mu$ mol/L, 差异有统计学意义 ( $P=0.000$ ), 需按性别分组建立参考区间; 男性 TIBC 为 (57.00 $\pm$ 6.66)  $\mu$ mol/L, 女性为 (57.56 $\pm$ 7.10)  $\mu$ mol/L, 差异无统计学意义 ( $p=0.434$ ), 不需按性别分组建立参考区间; 血清 TS 在男性中符合正态分布, 为 (0.3513 $\pm$ 0.1005), 在女性中不符合正态分布, 差异有统计学意义 ( $P=0.000$ ), 需按性别分组建立参考区间。TIBC、UIBC、TS 五个年龄组间两两比较均无显著性差异, 均不需要根据年龄段分

组。长沙地区体检健康成年人血清 TIBC 的参考区间为 45.22~73.44  $\mu\text{mol/L}$ ，血清 UIBC 的参考区间，男性为: 15.96~ 54.36  $\mu\text{mol/L}$ ；女性为: 23.37~ 58.18  $\mu\text{mol/L}$ ，血清 TS 的参考区间，男性为: 20.94~ 67.12 (%)；女性为: 16.58~ 54.37 (%)。

**结论** 国家标准血清铁参考区间可以适用于长沙市人群；初步建立了长沙地区体检健康成年人血清 TIBC、UIBC、TS 的参考区间

## PU-2203

# PCT、SAA、CRP 及 WBC 联合检测在儿童感染性疾病诊断中的价值研究

蒋福国

潍坊市人民医院,261000

**目的** 探讨血清降钙素原 (PCT)、血清淀粉样蛋白 (SAA)、C-反应蛋白 (CRP) 及白细胞计数联合检测在儿童感染性疾病诊断中的价值。

**方法** 将住院患儿分为细菌感染组 (A 组)、病毒感染组 (B 组)，同时设定健康对照组 (C 组)。PCT 采用梅里埃 VIDAS 型全自动免疫分析仪免疫发光法测定，血清 SAA 采用上海奥普金标数码定量分析仪，CRP 使用罗氏全自动生化分析仪 P800 以免疫比浊法测定，WBC 由希森美康 XN-9000 五分类血细胞分析仪测定。四指标均采用原装配套试剂盒并严格按说明书操作，检测试剂、质控品均在有效期内使用。A 组、B 组、C 组(均未使用抗菌药物)抽取两管静脉血，一管用分离胶促凝管做 PCT，另一管用 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝做血常规、SAA、CRP。比较各组 PCT、SAA、CRP 和白细胞计数的指标水平，并分析其诊断敏感性和特异性。

**结果** A 组 PCT、SAA、CRP、WBC 明显高于 B 组、C 组( $P < 0.05$ )；B 组 PCT、WBC 与 C 组比较无统计学意义( $P > 0.05$ )，SAA、CRP 高于 C 组有统计学意义( $P < 0.05$ )；PCT、SAA、CRP、WBC 诊断细菌感染的敏感性分别为 93.3%、84.9%、85.3%、83.8%；特异性分别为 83.3%、58.5%、56.6%、69.6%。

**结论** PCT、SAA、CRP、WBC 四项检测指标，各有优缺点，联合检测，能及早对儿童感染性疾病进行诊断及鉴别诊断，以指导临床合理使用抗菌药物，避免抗菌药物滥用，减少细菌耐药性产生。同时，还可以有效缩短患儿住院时间，降低患儿医疗费用，加大床位利用率，避免医疗资源的浪费。

## PU-2204

# 尿肝素结合蛋白在尿路感染诊断中的应用

彭一枝

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 研究尿液中肝素结合蛋白 (heparin-binding protein,HBP) 尿路感染诊断中的应用价值。

**方法** 收集 2018 年 7 月到 10 月在中南大学湘雅二医院住院的患者 154 例，分为 UIT 组 (73 例)、疑似 UTI 组 (31 例)、非 UTI 组 (50 例)，同时选取 50 例健康体检者对照组。测定患者尿液中的镜下 WBC、亚硝酸盐 (nitrite,NTI)、白细胞酯酶 (Leukocyte esterase,LEU)、白介素-6 (interleukin-6, IL-6)、HBP 和降钙素原 (procalcitonin, PCT) 水平，对结果进行分析。

**结果** UTI 组 U-HBP 的检测结果显示与非 UTI 组、健康对照组的检测结果，UTI 组 IL-6 的检测结果显示与非 UTI 组、健康对照组的检测结果，UTI 组 PCT 的检测结果显示与疑似 UTI 组、非 UTI 组、健康对照组的检测结果，UTI 组镜下 WBC 的检测结果显示与非 UTI 组、健康对照组的检测结果，UTI 组 LEU 的检测结果显示与非 UTI 组、健康对照组的检测结果，UTI 组 NIT 的检测结果显示与疑似 UTI 组、非 UTI 组、健

康对照组的检测结果之间比较差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。将检测所得 U-HBP、IL-6、PCT 和镜下 WBC、LEU 和 NIT 的结果绘制 ROC 曲线,中段尿中 HBP、IL-6、PCT、镜下 WBC、LEU 和 NIT 六个指标曲线下面积 (Area Under Curve, AUC) 分别为 0.729、0.728、0.232、0.741、0.744 和 0.638。根据尤登指数确定最佳 CutOff 值根据尤登指数为最大值的原则确定四个指标最佳 CutOff 值分别为:  $\text{CutOff}_{\text{U-HBP}} = 96.9 \text{ ng/ml}$ 、 $\text{CutOff}_{\text{U-IL-6}} = 4.975 \text{ pg/ml}$ 、 $\text{WBC} = 1$  (WBC:0=0-2 个/视野; 1=2-9 个/视野; 2=+; 3=2+; 4=3+; 5=4+)、 $\text{LEU} = 1+$ 、 $\text{NIT} = \text{阳性}$ , 其敏感度 (%), 特异度 (%), 阳性预测值 (%) 与阴性预测值 (%) 分别是: 60.27、79.39、61.97、78.20; 90.41、52.67、52.8、53.64; 84.93、59.54、53.91、87.64; 83.56、63.36、55.96、87.37; 32.88、94.66、77.42、71.68。

结论 HBP 的应用价值与 U-IL-6、WBC、LEU 相比没有明显优势, 需要进一步研究分析。

## PU-2205

### 血流感染常见病原菌拉曼光谱检测新技术研究

李佳, 顾兵

徐州医科大学附属医院, 221000

**目的** 血流感染是临床常见的感染性疾病, 其涉及的病原菌种类繁多。患者病情加剧可发展为败血症伴发休克症状。因此, 快速准确地鉴定细菌对指导临床治疗十分重要。本文将利用表面增强拉曼光谱 (SERS) 技术, 首先针对常见的致病菌开展光谱测量与分析, 探讨它们生化物质组成在光谱上反映出的异同, 并在此基础上结合多元统计分析, 寻求快速鉴别致病菌的有效方法。

**方法** 本研究创新性地利用聚乙烯亚胺(PEI)修饰的磁性纳米颗粒( $\text{Fe}_3\text{O}_4 @ \text{PEI}$ )富集血样中的细菌, 然后将  $\text{Fe}_3\text{O}_4 @ \text{PEI} @ \text{bacteria complex}$  在普通平板和药敏平板上培养。最后, 将单菌落的 SERS 光谱与已建立的标准细菌 SERS 光谱进行比较, 并应用正交偏最小二乘法判别分析(OPLS-DA)化学计量方法, 对不同病原菌及其耐药菌株进行鉴定。基于 OPLS-DA, 分别比较了不同病原菌 SERS 谱的差别, 使用主成分得分图对每种分类方法的模型进行分类效能评估, 使用十折交叉验证方法对模型泛化能力进行评估, 通过拉曼光谱位移和强度的不同对所对应的拉曼峰的归属进行查找, 进而对不同病原菌代谢物质差异查找原因。

**结果**  $\text{Fe}_3\text{O}_4 @ \text{PEI}$  纳米颗粒具有广谱捕获细菌的能力, 因为其表面带正电荷, 通过静电吸引与革兰阳性和阴性细菌的细胞壁上的负电荷相互作用。从而获得良好的细菌捕获效率 (金黄色葡萄球菌为 97.65%, 鲍氏不动杆菌为 62.71%, 铜绿假单胞菌为 98.43%)。基于 OPLS-DA 比较 *S. aureus*, *A. baumannii* 和 *P. aeruginosa* 的 SERS 谱差异, 三种病原菌的主成分得分值在得分图上往三个方向延伸, 分类趋势明显。十折交叉验证后训练集和测试集的平均值分别为 99.92% 和 98.34%; 基于 OPLS-DA 分别比较 MSSA 和 MRSA, CRAB 和 CSAB, CRPA 和 CSPA 之间差别, 得分图中分离趋势明显。经十次交叉验证后, 训练集和测试集的平均正确率均不低于 95%。

**结论** 我们利用 PEI 修饰的磁性纳米粒子快速分离病原体, 构建了多重鉴定系统。然后, 我们同时在普通/药物敏感平板上培养细菌。通过生长出的单个菌落 SERS 指纹谱结合 OPLS-DA, 对病原菌及其耐药株进行鉴定。整个检测系统不需要复杂的样品预处理, 操作简单, 无需专业操作, 成本相对较低。

## PU-2206

## 玻璃体液 G 试验和 GM 试验联合检测诊断真菌性 眼内炎的临床研究

王朱健, 吉建, 曹文俊  
复旦大学附属眼耳鼻喉科医院, 200000

**目的** 探讨 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖检测(G 试验)和半乳甘露聚糖抗原检测(GM 试验)在眼内真菌感染诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2019 年 1 月间真菌培养结果阳性确诊为真菌性眼内炎患者 14 例作为观察组, 并选取同期确诊为病毒、寄生虫或细菌性眼内炎且真菌培养结果阴性的患者 20 例作为对照组, 两组均行眼玻璃体液的 G 试验和 GM 试验检测, 对比测定结果的差异。

**结果** 真菌感染组患者玻璃体液测定 G、GM 试验水平均显著高于对照组( $P<0.05$ )。G 试验的敏感度为 50.0%(7/14), 特异度为 90.0%(18/20), GM 试验的敏感度为 71.4%(10/14), 特异度为 95.0%(19/20)。真菌感染组患者眼玻璃体液 G 和 GM 同时阳性的比例为 28.6%(4/14); G 或 GM 至少有一个阳性的比例为 85.7%(12/14); 对照组患者 G 和 GM 同时阴性的比例为 90.0%(18/20), G 或 GM 至少有一个阴性的比例为 95.0%(19/20)。

**结论** 玻璃体液进行 G 试验和 GM 试验联合检测在真菌性眼内炎的诊断中具有重要临床应用价值。

## PU-2207

## 小菌落变异体在临床导管感染中的作用及其形成机制

刘俊兰  
上海交通大学医学院附属仁济医院(东院), 200120

**目的** 葡萄球菌属的小菌落变异体 (small colony variant, SCV) 导致的慢性持续性和反复感染为临床抗感染治疗带来了巨大挑战, 已有研究多使用的是具有 SCV 特征的单基因突变株, 如 hemB 基因的突变株, 因此难以准确反映临床 SCV 的特点, 了解临床 SCV 的特点及其形成机制能够为临床提供更有效的治疗策略。

**方法** 收集临床导管样本 1022 例, 分析得到的表皮葡萄球菌稳定型 SCV 耐药性变化, 基因组序列改变以及分析营养缺陷性和生物膜形成能力; 并初步研究导管感染中形成 SCV 的原因并在小鼠导管模型中制定用药方案以减少 SCV 的产生。

**结果** 临床导管标本中有约 10% 的培养阳性率, 葡萄球菌是临床导管感染中最常见的病原菌 (50/122), 且主要以表皮葡萄球菌为主 (32/50)。而约 80% (41/50) 的葡萄球菌导管感染中能检出 SCV, 且大部分为不稳定型 SCV (33/41)。稳定型 SCV 在耐药性上无显著改变, 仅检测到部分有苯唑西林的耐药性变化, 也无已知的与 SCV 形成相关的如血红素, 二氧化碳等营养缺陷性。稳定型 SCV 在基因组水平上有序列改变, 且突变基因多与肽聚糖代谢, 有机磷酸代谢相关。高浓度的万古霉素对 SCV 的形成起到一定作用, 且与作用时间成正比。导管生物膜中的表皮葡萄球菌在培养 48 小时后可见一定比例的 SCV 产生。SCV 在小鼠导管模型中形成的局部感染较正常菌落症状更轻, 在无抗生素作用下存活量无显著差异, 有抗生素的选择压力下则更易存活, 易导致感染复发。

**结论** 临床导管分离的 SCV 多表现出与既往研究中的典型研究菌株不一样的特点, 在体内环境多种因素的作用下, SCV 往往是异质性的, 其突变涉及到多个基因的改变, 多个代谢通路都可能对其形成造成了影响。尽管 SCV 的毒力更弱, 但抗生素对其有一定的筛选作用, 则容易导致感染的反复发作, 控制用药剂量及给药方法对减少 SCV 形成有重要意义。

## PU-2208

## RHD 阴性 DEL 表型血清学分析及临床意义探讨

耿瑞曼

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 本课题将对中 99 例 RHD 阴性血进行表型鉴定,同时将 C 抗原阳性的 RH 阴性血标本进行吸收放散实验,检测 C 抗原阳性的标本中 DEL 表型的数量,分析 C 抗原与 D 抗原的相关性,为 RH 血型系统的鉴定和阴性患者输血管理提供理论基础和指导。

**方法** 首先选取已经阴性确认实验确认为 Rh 阴性血的样本,包括中南大学湘雅二医院需要进行血型鉴定的病人样本和长沙市及周边血站送至本院的 RhD 阴性献血员的样本,对所有样本采用盐水介质法进行表型鉴定,再对所有的 C 抗原阳性的样本进行吸收放散实验,测定其中 DEL 表型数量,分析结果。

**结果** 在 99 例 RH 阴性样本中, CcEe 占 1.01%, ccEE 占 0.00%, Ccee 占 38.39%, ccee 占 54.55%, CCee 占 3.03%, ccEe 占 3.03%; 共 79 份样本经输血前检查鉴定血型,其中 A 型血占 35.44%, B 型血占 21.52%, O 型血占 39.24%, AB 型占 3.80%。在 42 例 C 抗原阳性的样本中,经吸收放散实验确证为 DEL 型的占 76.19%。

**结论** RH 血型系统 C 抗原与 D 抗原存在高度相关性,初步判断可以通过 C 抗原的有无来判断 D 抗原存在的可能性。

## PU-2209

## 血清前白蛋白在肾功能损伤中的临床应用

杨文秀<sup>1</sup>,赵娟娟<sup>1</sup>,蔡冬竹<sup>2</sup>

1.贵州医科大学附属医院临床检验中心

2.贵州医科大学医学检验学院 2015 级

**目的** 探讨血清前白蛋白(PA)在肾功能损伤中的临床应用。

**方法** 用免疫透射比浊法检测 217 例健康体检者和 217 例肾病患者血清 PA 的变化。用酶法检测血清肌酐(Cr)的变化,并由 CKD-EPI 公式计算估计的肾小球滤过率(GFR)。根据计算出的 GFR 将实验组中的 217 例肾病患者分为四组分别如下:肾功能正常组 [ $GFR > 90\text{mL}\cdot\text{min}^{-1} (1.73\text{m}^2)^{-1}$ ] 61 例;肾功能轻度受损组 [ $60\text{mL}\cdot\text{min}^{-1} (1.73\text{m}^2)^{-1} \leq GFR < 89\text{mL}\cdot\text{min}^{-1} (1.73\text{m}^2)^{-1}$ ] 47 例;肾功能中度受损组 [ $30\text{mL}\cdot\text{min}^{-1} (1.73\text{m}^2)^{-1} \leq GFR < 59\text{mL}\cdot\text{min}^{-1} (1.73\text{m}^2)^{-1}$ ] 49 例;肾功能重度受损组 [ $GFR < 30\text{mL}\cdot\text{min}^{-1} (1.73\text{m}^2)^{-1}$ ] 60 例,采用 SPSS18.0 统计软件对各组结果进行分析。

**结果** 四组 PA 水平均高于健康对照组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),且 PA 在四组中任意两组之间的比较差异均有统计学意义( $P < 0.05$ ),而血清肌酐(Cr)含量变化在肾功能正常组和肾功能轻度受损组之间差异没有统计学意义( $P > 0.05$ ),在肾功能中度受损组和肾功能重度受损组之间差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清前白蛋白可作为反映肾功能损伤的较理想指标,是评价肾病患者肾功能受损程度的重要参数。肾病患者 PA 水平升高,可提示后期肾损伤程度加重。

## PU-2210

## 住院患者血液分析和 CRP 同管检测效率的分析

李秋晨,张如霖,陈沐,王帼奋,黄凯峰,柯群,李莉  
上海交通大学附属第一人民医院,200080

**目的** 针对血液分析与 C 反应蛋白 (C-reactive protein, CRP) 同管检测的新变化, 对比整体检测效率, 分析影响因素, 提出改进方案, 提高效率和质量。

**方法** 选择我院南、北院区 2016-2018 年血液分析、CRP 检测样本, 采用四种流程: 设备 1 检测后再经专人免疫荧光法检测 CRP, 设备 2 两台血液分析与 CRP 一体机同时检测, 设备 3 两台血液分析仪 (A 与 B) 配置一台 CRP 分析仪流水线, 设备 4 三台血液分析仪 (2 台 A 与 1 台 B) 配置二台 CRP 分析仪流水线。检测病房同管 EDTA-Na<sub>2</sub> 抗凝标本, 分析检测过程、检测效率, 采用 MEDIAN 函数计算检验中时间的中位数。

**结果** 设备 1 检测 100 个标本的中位时间为 2274 (690-3858) 秒, 检测 200 个标本中位时间为 3874 (690-7058) 秒, 设备 2 检测 100 个标本的中位时间为 1650 (180-3120) 秒, 检测 200 个标本中位时间为 3150 (180-6120) 秒, 设备 3 检测 100 个标本的中位时间为 2452 (670-4234) 秒, 检测 200 个标本中位时间为 4252 (670-7834) 秒, 设备 4 检测 100 个标本的中位时间为 1567 (670-2464) 秒, 检测 200 个标本中位时间为 2467 (670-4264) 秒。

**结论** 四种检验流程对应临检发展过程中 CRP 同管标本量不断增加的变化, 自动化程度越高的设备检测时间中位数越短、人力成本越低, 检验科面对标本量不断增长现状, 必须不断改进内部流程, 提高检测效率, 能更好地服务临床。

## PU-2211

运用 PBM 成功救治抗-Fya 抗体阳性的  
风湿性心脏病患者 1 例

张雪莹  
中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 患者血液管理 (patient blood management, PBM), 是以患者病情转归为中心, 基于循证医学和多学科联合的方法, 以提高患者疗效为目的, 为使输血患者得到最优的管理并且保证血液临床输注效果所采取的系列措施的统称。随着输血医学的发展, 为了尽量保证输血安全, 患者血液管理正在得到大力推广。

**方法** 患者男, 38 岁, 因反复胸闷、气促、咳嗽入院, 行心脏彩超检查提示“风湿性心脏瓣膜病”, 经诊断为风湿性心脏瓣膜病、房颤、心功能三级, 输血前检查发现特殊抗体抗-Fya 抗体阳性, 而 Fya 抗原在国人中的阴性率极低 (0.14%, 上海献血者人群) 中国人仅有 0.2% 人群此类抗体阳性, 强行输血结果非配合性输注会导致产生溶血, 运用患者血液管理方法, 经过会诊讨论, 运用患者血液管理方法, 选择使用术前自体储血及术中自体回收的方式解决备血问题, 最终选择给患者输自体血。

**结果** 由于特殊抗体抗-Fya 抗体的存在导致围手术期输血困难, 传统的输血规则不再适用, 运用 PBM 能尽量保证输血安全及必需的血液成分供应, 改善患者的预后与转归, 且降低医疗费用。

**结论** 由于特殊抗体抗-Fya 抗体的存在导致围手术期输血困难, 传统的输血规则不再适用, 运用 PBM 能尽量保证输血安全及必需的血液成分供应, 改善患者的预后与转归, 且降低医疗费用。

## PU-2212

## 普门 PA-990 特定蛋白分析仪 C 反应蛋白性能验证

郭聪慧

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 对普门 PA-990 特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白的性能进行验证和评价。**方法**：根据美国临床实验室标准化协会（CLSI）标准，结合工作实际，对普门 PA-990 特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白的携带污染率、精密度、线性范围、临床可报告范围、参考区间等主要性能进行验证和评价，并将实验结果与贝克曼 IMMAGE-800 免疫分析仪（靶机）检测 C 反应蛋白结果进行正确度比较

**方法** 对普门 PA-990 特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白的性能进行验证和评价。**方法**：根据美国临床实验室标准化协会（CLSI）标准，结合工作实际，对普门 PA-990 特定蛋白分析仪检测 C 反应蛋白的携带污染率、精密度、线性范围、临床可报告范围、参考区间等主要性能进行验证和评价，并将实验结果与贝克曼 IMMAGE-800 免疫分析仪（靶机）检测 C 反应蛋白结果进行正确度比较

**结果** 1)携带污染率：PA-990 的 6 个通道的携带污染率分别为 0.20%、0.03%、0.08%、0.08%、0.19%，符合携带污染率 $\leq 0.5\%$ 的要求。2)精密度：自动进样检测结果变异系数分别为 4.80%（低值），5.40%（中值），1.52%（高值）；开放进样检测结果变异系数分别为 6.05%（低值），6.57%（中值），3.44%（高值），均符合厂家要求。3)线性范围：1.43~191.56mg/L 4)临床可报告范围：参考线性范围 5)正确度：PA-990 自动及手动进样的全血 CRP 结果均与 IMMAGE-800 有良好的一致性。6)参考区间：正常成年人和正常儿童均为 $<0.499\text{mg/L}$ 。7)测量不确定度：水平 3 各通道在 95%其水平的测量不确定度分别为（ $21.00\pm 5.36$ ）mg/L、（ $21.00\pm 6.42$ ）mg/L、（ $21.00\pm 5.53$ ）mg/L、（ $21.00\pm 10.32$ ）mg/L、（ $21.00\pm 5.92$ ）mg/L、（ $21.00\pm 5.39$ ）mg/L。水平 5 各通道在 95%其水平的测量不确定度分别为（ $130.00\pm 11.94$ ）mg/L、（ $130.00\pm 9.30$ ）mg/L、（ $130.00\pm 11.39$ ）mg/L、（ $130.00\pm 11.39$ ）mg/L、（ $130.00\pm 10.14$ ）mg/L、（ $130.00\pm 9.02$ ）mg/L。包含因子均为。

**结论** 普门 PA-990 特定蛋白分析仪测定 CRP 的各项性能指标均能达到厂家声明的性能，结果准确、稳定，符合实验要求，满足实验室和临床需要。

## PU-2213

耐碳青霉烯的肺炎克雷伯菌的临床分布  
及耐药性变迁研究

李晓哲

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 了解济宁医学院附属医院耐碳青霉烯类的肺炎克雷伯菌的临床分布与药物敏感性及其基因分型，为临床治疗该菌感染及医院多重耐药菌管理提供依据。

**方法** 收集临床分离的耐碳青霉烯的肺炎克雷伯菌。采用 VITEK2 Compact 全自动微生物鉴定药敏系统进行鉴定及药敏试验，E-test 试验及 K-B 法检测替加环素对菌株的体外抗菌活性。采用 sCIM 试验进行碳青霉烯酶表型检测，聚合酶链反应（PCR）法检测 KPC、NDM、VIM、IMP 以及 OXA-48 共 5 种主要的碳青霉烯酶耐药基因并行测序验证。

**结果** 42 株耐碳青霉烯的肺炎克雷伯菌对所测试的数 10 种抗菌药物均显耐药，对替加环素均敏感。sCIM 试验检测碳青霉烯酶表型阳性 36 株（85.71%），聚合酶链反应（PCR）法检测结果 22 株（52.38%）为 NDM-1 型耐药基因，10 株（23.81%）为 KPC-2 型耐药基因，4 株（9.52%）同时表达 KPC-2 和 NDM-1 型耐药基因，6 株（14.29%）表型未测出。

**结论** 本院耐碳青霉烯的肺炎克雷伯菌对数 10 种临床常用抗菌药物同时耐药, 但对替加环素具有良好的体外敏感性, 其碳青霉烯耐药基因主要为 NDM-1 型, 其次为 KPC-2 型。应加强对该类菌株的监控, 防范其在院内的爆发流行。

## PU-2214

### 肝癌高危人群的早期筛查及健康管理模式探讨

明心亮,涂建成  
武汉大学中南医院,430000

**目的** 肝癌是在慢性肝炎或肝硬化等慢性病基础上逐渐演变形成的, 是一个多因素、多步骤的发展恶化过程。我国是乙型肝炎大国, 肝癌的发病率、死亡率都高于世界平均水平, 但我国肝癌的早期筛查率却较低。其中的重要原因是甲胎蛋白联合超声作为肝癌高危人群筛查的主要手段, 在灵敏度及特异度方面均有不足, 仍然有较高漏诊率。因此, 急需探讨新的肝癌高危人群的早期筛查及健康管理模式。

**方法** 近年来, 健康管理发展迅速, 有可能为肝癌高危人群的早期筛查及健康管理模式提供新的思路。本文结合各国肝癌临床实践指南, 对欧美国家与亚太国家肝癌危险因素进行对比, 分析欧美国家与亚太国家在肝癌高危人群中早期筛查标志物、影像学筛查诊断中存在的分歧, 以期建立肝癌高危人群早期筛查新体系。

**结果** 针对肝癌不同风险因素及病因, 提出肝癌高危人群早期筛查及其健康管理模式理念, 确定肝癌高危人群健康管理策略, 对肝癌高危人群进行层次管理, 运用合适的健康管理干预方法, 以实现肝癌的早期预防及诊断治疗目标。

**结论** 肝癌高危人群早期筛查新体系结合血清, 血浆等体液循环代谢标志物, 通过筛选和优化肿瘤标志物检测组合, 使用现有的临床和实验室参数建立诊断模型及预测肝癌风险评分系统, 并结合电子健康记录临床提醒这一类综合决策支持工具, 可能对肝癌高危人群的筛查率有显著提高, 也有助于完善肝癌高危人群监测以及肝癌临床实践指南早期筛查应用的改进。

## PU-2215

### 维生素血液浓度监测项目开展的临床意义

靳超  
济宁医学院附属医院,272000

**目的** 国家卫生部 2007 年已明确将个体化用药血药浓度检测项目列入临床检测目录, 血药浓度检测的必要性引起了国家和医院的高度重视, 从而带动临床研究热潮和临床检测的巨大需求。本文对维生素血液浓度监测项目开展的临床意义进行一综述。

**方法** 通过国内外相关文献进行归纳整理归纳分析。

**结果** 维生素是维持人体生命活动所必需的一类微量有机物质, 是保持人体健康的重要活性物质, 一旦缺乏就会引发相关的维生素缺乏症, 对人体健康造成损害。维生素不能在体内合成, 或者所合成的量难以满足机体的需要, 所有必需由外界供给。一般情况下, 合理饮食就可以满足人体维生素需要, 但对于不健康饮食及病理性维生素缺乏和一些特殊人群而言, 必须合理补充适量维生素。

**结论** 人体六大营养素基本上都在大生化检查中已经开展, 而作为人体内非常重要而又易缺乏的维生素还没有有效的检测, 通过该项目可以实现对人体六大营养素的全面检测, 为临床的诊疗起到全面的指导作用, 各临床科室, 包括儿科、产科、保健科、ICU、心内科、胃肠、肿瘤科等科室对于维生素检测都有强烈的临床需求, 这也证实了开展此项目的必要性。维生素药物怎么更加合理科学的使用, 需要通过科学的血药浓度监测真正实现维生素的安全、合理、有效的个体化补充。



## PU-2216

## 星童 Pylon 3D 免疫分析仪降钙素原免疫荧光定量检测系统的性能验证和评价

靳超

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 对降钙素原(PCT)免疫荧光定量检测系统进行方法学性能验证和评价。

**方法** 对降钙素原(PCT)免疫荧光定量检测系统的批内精密度、灵敏度、线性范围、参考范围和正确度进行验证,观察这些指标是否符合实验室质量目标或厂商声明的性能要求。

**结果** 批内测定低水平浓度、高水平浓度的 CV 值分别为 7.61%和 6.62%,均小于厂家最大允许误差,批内精密度验证通过;在 20 例测试对象的数据中,有 1 个数值超出检测下限(0.04ng/mL)以外,接受实验室采纳的参考范围;斜率  $b=1.0077$ ,  $r=0.9994>0.975$ ,说明预期值与测量值之间的相关性很好,线性范围验证通过;在 20 例测试对象的数据中,有不超过 1 个数值在初始采纳的参考范围(0.06ng/mL)界限以外,接受实验室采纳的参考范围;

**结论** 星童 Pylon 3D 免疫分析仪在 PCT 项目上血清样本的比对结果显示两者有较好的相关性。

## PU-2217

## 分离胶采血管对孕酮检测结果的影响分析

胡灿,王丹丹

中国医科大学附属第二医院,110000

**目的** 通过与不含分离胶的普通采血管做比对,观察含分离胶采血管对孕酮检测的影响程度,以及孕酮含量在两种管内随时间的变化趋势。

**方法** 采集患者静脉血,分别置于普通血清采血管和分离胶采血管内,离心后 2h 内,在贝克曼库尔特 UniCel DxI 800 免疫分析系统检测两种采血管血清孕酮含量,随后保存在 2~8℃条件下并在第 24h、48h、72h 重新进行检测。

**结果** 两种真空采血管内孕酮含量在 72 小时内随时间变化没有明显差异。两种管间孕酮含量在低值组(<10ng/ml)中没有区别,而中值组(10-20ng/ml)和高值组(>20ng/ml)分离胶采血管中孕酮检测结果低于普通采血管。

**结论** 孕酮含量在两种真空采血管内 2~8℃保存 72 小时可以保持稳定,但使用分离胶采血管采集血液可使孕酮测定值偏低,临床实验室应根据自身情况合理选择真空采血管类型。

## PU-2218

## 甲、乙型流感患者血常规结果分析及临床意义

王云杰

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 探究甲、乙型流患者病毒感染初期血常规结果特点,为临床流感的诊断治疗提供依据。

**方法** 实验组:收集 2018-2019 年来西安医学院第一附属医院门诊及住院经咽拭子采样,甲型、乙型流感病毒阳性的患者;对照组:本院体检科健康者 30 名。回顾性分析血常规各项结果指标。

**结果** 结果甲流感染组淋巴细胞比例(LY%)无明显变化( $P>0.05$ ),血小板(PLT)数目显著减少( $P<0.05$ )。

**结论** 甲型流感患者初期淋巴细胞比例并无明显变化, 因此不能仅凭血常规的各项参数结果来判断是否为流感, 应当结合患者临床症状以及胶体金法检测结果, 提高对流感诊断的准确率

## PU-2219

### 帚枝霉性角膜炎的临床和实验室检查分析

鹿秀海, 杨扬, 张莉, 李素霞, 王婷, 高华  
山东省眼科医院, 250000

**目的** 探讨帚枝霉性角膜炎的临床表现和病原学特点。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2018 年 12 月期间, 山东省眼科医院收治的 9 例帚枝霉性角膜炎患者的临床和实验室检查资料, 对帚枝霉感染性角膜炎的临床表现、诱发因素和病原学特点进行回顾性分析。

**结果** 9 例患者中检出 5 株地生帚枝霉 (*Sarocladium terricola*), 2 株紧密帚枝霉 (*Sarocladium strictum*), 1 株 *sarocladium zeae* 和 1 株基利帚枝霉 (*Sarocladium kiliense*)。共焦显微镜和角膜刮片细胞学检查均发现分隔菌丝, 阳性率为 100%。菌丝直径多小于 2 $\mu$ m, 且该菌在角膜内以菌丝和分生孢子两种形式共存。菌落生长比较缓慢, 形态多样, 呈白色、粉白色到浅黄色绒毛状至束状外观。体外药物敏感性试验结果显示帚枝霉对两性霉素 B、氟康唑、伊曲康唑、泊沙康唑、伏立康唑的最低抑菌浓度 (minimum inhibitory concentration, MIC) 分别为 0.25~8、8~>256、0.25~>16、0.5~2、0.25~1 $\mu$ g/ml, 其几何均数分别为 2.16、22.6、0.31、1.25、0.68 $\mu$ g/ml。

**结论** 帚枝霉在角膜内以菌丝和分生孢子两种形态共存; 伏立康唑和泊沙康唑对帚枝霉的抗菌活性较好; 及时的病灶清创配合伏立康唑的使用, 对治疗帚枝霉感染性角膜炎有良好的预后效果。

## PU-2220

### 腹泻患者难辨梭菌临床检测方法比较研究

肖艳艳  
中国医科大学附属盛京医院, 110000

**目的** 收集临床腹泻患者粪便标本, 用 3 种方法对难辨梭菌 (*clostridium difficile*, CD) 及其毒素进行检测, 并对 3 种检测方法进行临床应用评估。

**方法** 收集 2016 年 12 月至 2018 年 08 月中国医科大学附属盛京医院疑似难辨梭菌感染 (*Clostridium difficile* infection, CDI) 的 2 岁及 2 岁以上住院腹泻患者粪便标本 150 例, 同时采用毒素培养法、VIDAS 酶免疫分析法、GeneXpert 实时荧光定量 PCR 检测法进行临床检测: 毒素培养法, 采用培养基分离培养 CD, 对阳性菌株提取 DNA 并采用多重 PCR 法检测 CD 毒素 (毒素 A/B 和二元毒素) 基因; VIDAS 酶免疫分析法, 采用 VIDAS 谷氨酸脱氢酶 (glutamate dehydrogenase, GDH) 酶联免疫荧光法和 VIDAS 毒素 A/B 酶联免疫荧光法分别检测 CD GDH 抗原和 A/B 毒素; GeneXpert 实时荧光定量 PCR 检测法检测 CD 基因 (毒素 B/二元毒素/tcdC 碱基对缺失)。

**结果** 150 例腹泻患者粪便标本中, 毒素培养法检测出毒素阳性菌株 26 株 (17.33%), 均为 A、B 毒素同时阳性, 未发现产二元毒素阳性菌株。与厌氧培养法相比, VIDAS GDH 酶联免疫荧光法的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 100.0%、97.4%、91.9%、100.0%。VIDAS GDH 酶联免疫荧光法曲线下面积为 0.987, 两者曲线下面积检验无统计学差异 ( $Z=1.747$ ,  $P>0.05$ )。与毒素培养法相比, 1~79 例标本 GeneXpert 实时荧光 PCR 法的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 100.0%、96.8%、88.9%、100.0%; VIDAS 酶免疫分析法的上述指标分别为 55.6%、100.0%、100.0%、88.4%。GeneXpert 实时荧光定量 PCR 检测法、VIDAS 酶免疫分析法曲线下面积分别为: 0.984、0.813, GeneXpert 实时荧光定量 PCR 检测法与毒素培养法

曲线下面积检验无统计学差异 ( $Z=1.426$ ,  $P>0.05$ ), VIDAS 酶免疫分析法与毒素培养法曲线下面积检验存在统计学差异 ( $Z=3.000$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** VIDAS 酶免疫分析法是 CDI 初筛的良好指标。GeneXpert 实时荧光定量 PCR 检测法操作简单、快速, 结果判断准确, 具有较好的临床应用价值。

## PU-2221

# S100B 蛋白的研究进展及临床应用

曾凡鹏

徐州市中心医院, 221000

**目的** 探讨 S100B 蛋白的研究进展及临床应用

**方法** 综述

**结果** S100B 蛋白是一种可溶性小分子钙结合蛋白, 约 96% 表达于脑胶质细胞。正常生理情况血清中 S100B 蛋白浓度较低, 但在一些脑损伤所导致的病理状态下 (如颅脑外伤、脑卒中、感染等) 则可透过血脑屏障而急性升高, 且其升高的程度与神经系统疾病的严重程度及预后密切相关, 被认为是中枢神经系统的特异性蛋白质。

**结论** 检测血清中 S100B 蛋白水平可反映脑组织的损伤情况, 区分不同类型的脑损伤。S100B 蛋白可作为检测有无脑组织损伤的标志物, 是判断脑损伤程度比较客观的指标, 其水平越高脑损伤程度越重, 其对于评估颅脑损伤的预后具有较高的特异性和敏感性。因此, 监测血清中 S100B 蛋白水平的变化可真实准确地反映脑损害情况, 且具有简单、方便、快速等优点。

## PU-2222

# Comparative study of Clostridium difficile clinical detection methods in hospitalized patients with diarrhoea

YANYAN XIAO

Department of Clinical Laboratory, Shengjing Hospital of China Medical University

**Objective** To evaluate the clinical application of three methods for detecting *Clostridium difficile* (*C. difficile*) in fecal samples.

**Methods** One hundred and fifty fecal specimens were collected and tested for *C. difficile* using three methods: 1) The toxigenic culture (TC): culturing and isolation of *C. difficile* using three agars, and detection of toxin genes by multiplex PCR; 2) The VIDAS enzyme immunoassay (EIA): the VIDAS *C. difficile* glutamate dehydrogenase (GDH) assay and toxin A/B assay were used to detect GDH antigen and A/B toxin; and 3) The GeneXpert *C. difficile* PCR assay was used to detect *C. difficile* toxin B genes. TC was used as a reference to evaluate the performance of the VIDAS EIA and the GeneXpert *C. difficile* PCR assay.

**Results** Of 150 specimens, 26 carried both A and B toxin genes, and none of the samples were positive for the binary toxin gene. Toxin-producing *C. difficile* was found in 17.33% (26/150) of the samples. Thirty-seven GDH-positive samples were detected using the VIDAS *C. difficile* GDH assay, and 15 toxin-positive samples were detected using the VIDAS *C. difficile* toxin A/B assay. The GeneXpert PCR assay was used to detect *C. difficile* in 79 specimens simultaneously, and a total of 18 positive specimens were detected.

**Conclusions** The VIDAS GDH assay is useful for initial screening of *C. difficile*. The GeneXpert *C. difficile* PCR assay is a simple and quick method that is advantageous for detecting *C. difficile* in clinical settings.

## PU-2223

## 血清乳酸脱氢酶水平在霍奇金淋巴瘤（HL）与非霍奇金淋巴瘤（NHL）疾病诊断中的价值

吴春美,田广通,徐莉华,董海新,金呈强

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨非霍奇金淋巴瘤(non-Hodgkin's lymphoma,NHL)和霍奇金淋巴瘤(Hodgkin lymphoma,HL)患者血清乳酸脱氢酶(Lactate dehydrogenase,LDH)检测临床意义。

**方法** 统计我院 2015 年 10 月至 2018 年 10 月 217 例住院淋巴瘤患者(其中 NHL 患者 196 例,HL 患者 21 例)血清 LDH 并对临床资料进行回顾性分析,同时选择健康体检者 49 例血清 LDH 作为对照组。

**结果** NHL 患者 LDH 含量为 $(294.47 \pm 173.45)$ U/L,HL 患者 LDH 含量为 $(206.48 \pm 55.98)$ U/L,健康对照组 LDH 含量为 $(171.51 \pm 23.69)$ U/L。NHL 患者组 LDH 结果高于对照组及 HL 患者组,均有显著性差异(均  $P < 0.05$ ),而 HL 患者组与正常对照组无显著性差异( $P > 0.05$ ),HL 患者和 NHL 患者组的 LDH 阳性率有显著性差异( $\chi^2=217$ ,  $P < 0.05$ )。NHL 患者组女性与男性 LDH 含量无统计学差异( $t=0.324$ ,  $P > 0.05$ ),但女性比男性 LDH 阳性率高,两者有显著性差异( $\chi^2=196$ ,  $P < 0.05$ )。

**结论** NHL 患者组 LDH 结果高于 HL 患者组,NHL 患者 LDH 阳性率比 HL 患者高。NHL 患者的 LDH 值无性别差异,但女性的阳性率高于男性。血清 LDH 含量在 NHL 患者与 HL 患者辅助诊断及鉴别诊断中具有一定的临床参考价值。

## PU-2224

## 攀枝花地区成人健康体检人群血小板及其相关参数生物参考区间的建立与评价

李家明

攀枝花钢铁(集团)公司职工总医院,617000

**目的** 探讨攀枝花地区成人健康体检人群血小板及血小板相关参数的生物参考区间,为临床诊疗提供更切合实际的依据。

**方法** 采用回顾性分析方法,收集 2017 年 4~10 月我院体检中心健康体检者的静脉血 9259 例,用全自动血液分析仪检测,随机抽取符合要求的体检健康人群 1026 例,按不同性别和年龄组分组,进行统计分析,以均数  $\bar{x} \pm s$  表示健康体检人群的结果,男女两组间采用两大样本均数比较的  $u$  检验,三个年龄组间的两两比较采用  $q$  检验,大型血小板比率 P-LCRP 比较采用两样本率比较的  $\chi^2$  检验,  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。生物参考区间采用  $\bar{x} \pm 1.96s$  同时与相关标准比较,并验证新建立的参考区间。

**结果** 本地区健康成人血小板计数男女有差异:男:  $156-320 \times 10^9/L$ 、女:  $164-336 \times 10^9/L$ ;血小板相关参数(MPV、PCT、PDW-SD、P-LCR)生物参考区间男女无差别:MPV:  $9.5-13.5 fL$ 、PCT:  $0.18-0.36 \times 10^9/L$ 、PDW-SD:  $9.2-19.8$ 、P-LCR:  $21.3-48.7\%$ ;验证实验:观测值落在参考区间外的比例为 4%,符合要求。

**结论** 不同地区人群的血小板及其相关参数的生物参考区间存在差异,建立适合本地区的生物参考区间有现实价值,很有必要。

## PU-2225

## T 细胞型非霍奇金淋巴瘤患者血清中乳酸脱氢酶（LDH）的含量变化及临床意义

田广通,吴春美,徐莉华,董海新,金呈强

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 分析 T 细胞型非霍奇金淋巴瘤（T 细胞型 NHL）患者血清中乳酸脱氢酶（LDH）的含量变化及其检测的临床意义。

**方法** 分析我院 2016 年 5 月至 2018 年 10 月 28 例住院 T 细胞型非霍奇金淋巴瘤患者血清 LDH 含量的变化，并结合临床资料进行回顾性分析。

**结果** T 细胞型 NHL 患者血清中 LDH 含量为（ $342.9 \pm 192.0$ ）U/L，明显高于正常对照组（ $181.7 \pm 26.7$ ）U/L（ $t=4.352$ ， $P<0.05$ ）。28 例 T 细胞型 NHL 患者中有 10 例含有治疗前后结果，此 10 例患者治疗前血清中 LDH 含量为（ $442.3 \pm 214.3$ ）U/L，治疗后 LDH 含量为（ $315.6 \pm 196.6$ ）U/L，正常对照组 LDH 含量为（ $181.7 \pm 26.7$ ）U/L，三组之间有显著性差异（ $F=61.307$ ， $P=0.00$ ），治疗前 LDH 含量高于治疗后 LDH 含量（ $P<0.05$ ），治疗后 LDH 含量仍高于正常对照组（ $P<0.05$ ）。

**结论** 血清中 LDH 的水平测定对于 T 细胞型 NHL 患者具有重要临床意义，可以作为 T 细胞型 NHL 的辅助诊断指标，亦可作为动态评估患者病情的参考指标。

## PU-2226

## SAT 法与 PCR 法检测解脲脲原体的比较

刘岩

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 比较分析用实时荧光恒温扩增法（SAT）和 PCR 法同时检测解脲脲原体时，二者的结果之间是否存在统计学差异。

**方法** 收集我院门诊患者的泌尿生殖道分泌物拭子标本 95 共份（男女不限），分别采用实时荧光恒温扩增法和 PCR 法检测标本中是否存在解脲脲原体。

**结果** 1、采用 SAT 法检测的结果中 33 例为阳性，62 例为阴性，其阳性率为 34.74%（33/95）。

2、采用 PCR 法检测的结果中 32 例为阳性，63 例为阴性，其阳性率为 33.68%（32/95）。

3、二者的阳性率十分接近，其中有 3 例采用 SAT 法为阳性的标本 PCR 法结果为阴性，有 2 例采用 SAT 法为阴性的标本 PCR 法结果为阳性，二者间差异不显著（ $P>0.05$ ）。

**结论** SAT 法和 PCR 法同时检测解脲脲原体时，二者的结果间无明显差异。

## PU-2227

## 尿蛋白质组学在特发性膜性肾病生物标志物的探究与临床应用转化

林宝旭

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 特发性膜性肾病是以大量蛋白尿为临床表现的独特性肾小球疾病,探究能够更早、更灵敏的提示该疾病发生发展的蛋白标志物是当前研究的热点。尿液蛋白质组蕴含肾脏相关疾病潜在的信息,作为疾病生物标志物的理想来源。蛋白质组学飞速的发展大大提高了对尿液蛋白质组分析的能力,国内外实验室对特发性膜性肾病尿液蛋白标志物已取得突破性探索,有助于探究疾病发病机制、潜在治疗靶点及构建更加精准的疾病诊断和治疗体系等临床应用转化。因此,该综述介绍了尿蛋白质组的研究进展及已知的正常尿液蛋白质组和特发性膜性肾病尿液蛋白标志物,并对未来的发展进行了展望。

**方法** 蛋白质组学飞速的发展大大提高了对尿液蛋白质组分析的能力,国内外实验室对特发性膜性肾病尿液蛋白标志物已取得突破性探索,有助于探究疾病发病机制、潜在治疗靶点及构建更加精准的疾病诊断和治疗体系等临床应用转化。因此,该综述介绍了尿蛋白质组的研究进展及已知的正常尿液蛋白质组和特发性膜性肾病尿液蛋白标志物,并对未来的发展进行了展望。

**结果** 特发性膜性肾病是以大量蛋白尿为临床表现的独特性肾小球疾病,探究能够更早、更灵敏的提示该疾病发生发展的蛋白标志物是当前研究的热点。尿液蛋白质组蕴含肾脏相关疾病潜在的信息,作为疾病生物标志物的理想来源。蛋白质组学飞速的发展大大提高了对尿液蛋白质组分析的能力,国内外实验室对特发性膜性肾病尿液蛋白标志物已取得突破性探索,有助于探究疾病发病机制、潜在治疗靶点及构建更加精准的疾病诊断和治疗体系等临床应用转化。因此,该综述介绍了尿蛋白质组的研究进展及已知的正常尿液蛋白质组和特发性膜性肾病尿液蛋白标志物,并对未来的发展进行了展望。

## PU-2228

## SXT 诱导性金黄色葡萄球菌小菌落突变株的转录组特征

何春燕

上海市第一人民医院,200000

**目的** 探索 SXT 诱导形成的 SASCVs 的可能机制;了解 SXT 诱导形成的 SASCVs 代谢、毒力及其调控特点。

**方法** 1.收集上海及浙江省共 5 所医院临床分离的的无菌体液 SA 共 30 株(菌株编号为 1-30),用 240 $\mu$ g/ml SXT 的脑心浸液肉汤(BHI)过夜摇菌,连续数天获得稳定 SCVs 表型。2.采用质谱技术和 16sRNA 测序鉴定诱导的 SCVs 是否为 SA;采用高压脉冲场凝胶电泳分型技术(PFGE)分析诱导的 SCVs 与亲本株间基因的同源性;采用多位点序列分型(MLST)、附属基因调节子(agr)分型技术对 SCVs 及亲本株进行分子分型分析;采用 SXT 药敏试验(纸片扩散法、微量肉汤稀释法)、胸腺嘧啶补偿试验、生长曲线测定鉴定 SCVs 的表型。3.对 SCVs 及亲本株进行全基因组测序。4.对 SCVs 和亲本株进行转录组分析,并挑选差异表达水平最高的基因采用实时荧光定量 PCR(qRT-PCR)验证转录组的结果。

**结果** 1.经过数天 SXT 诱导传代试验的重复,最终有 4 株(2、15、28、29 号菌株)临床菌株出现 SCVs 表型。它们的亲本株均分离自血培养阳性标本。2.16sRNA 测序以及质谱鉴定结果确认这些 SCVs 和亲本株均为 SA;PFGE 结果显示这些 SCVs 确实来源于相应的野生株;从生长曲线看,15 号亲本株的生长速度要远远快于相应 SCVs。3.对 15 号亲本株及其 SCVs 进行全基因组

测序发现,与亲本株相比,SCVs 仅发生少数点突变事件,且多为同义突变。4. 转录组分析显示 SCVs 的甘油酯代谢显著上调,与此同时,SCVs 的糖酵解/糖异生、丙酮酸代谢显著下调。

**结论** 本研究表明 SXT 长期作用 SA 可诱导和(或)选择出 SASCVs。这种 SCVs 形成的机制主要是表型变异。转录组分析发现同亲本株相比, SASCVs 的很多基因在表达水平都发生了改变,涉及各种代谢通路,其中差异表达最显著的是糖酵解、丙酮酸代谢和甘油酯代谢。这些差异表达基因可能与 SASCVs 的形成、与宿主的相互作用及致病机制具有密切关系。进一步研究有必要探索潜在的调控机制,以期 SASCVs 的治疗提供策略。

## PU-2229

### 肾移植术后患者医院感染病原菌与耐药性分析

王宏伟

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 分析肾移植术后引起患者医院感染的主要病原菌,并分析病原菌耐药性,有针对性地清除医院感染病原菌。

**方法** 选取 43 例肾移植后医院感染患者,对其临床资料进行回顾性分析,总结医院感染病原菌与耐药性情况。

**结果** 本组患者共检出病原菌 100 株,其中革兰阴性菌 78 株,革兰阳性菌 16 株,真菌 6 株;患者感染部位占比最高为呼吸道,其次是手术切口,同时泌尿道及胃肠道也有一定比例分布;革兰阴性菌对哌拉西林、头孢呋辛、环丙沙星、头孢曲松的耐药性比较高,对亚胺培南、美罗培南的耐药性较低;革兰阳性菌对青霉素、红霉素、克林霉素、左氧氟沙星等均有较高耐药性,对万古霉素、利奈唑胺无耐药性。

**结论** 肾移植术后患者发生医院感染几率较高,易感部位为呼吸道和手术切口,主要病原菌为革兰阴性菌,多数细菌对抗生素具有多重耐药性,应加强病原菌监测,结合药敏试验结果,正确选用抗菌药物,避免耐药菌株对医院感染治疗的不利影响。

## PU-2230

### Long non-coding RNA RP11-463O9.5 promotes ox-LDL-induced lipid accumulation through inhibiting caveolin-1 expression in vascular smooth muscle cells

Yuanjun Xu

Nanfang Hospital Affiliated to Southern Medical University

**Objective** Atherosclerotic cardiovascular disease is considered as the leading cause of deaths and disability throughout the world. Recently, long non-coding RNAs have been identified as critical regulators in numerous biological processes, but the role and underlying molecular mechanism of lncRNAs in the development of atherosclerosis still remains elucidated.

**Methods** Quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) and RNA fluorescence in situ hybridization (RNA-FISH) were applied to assess the expression level of lncRNA RP11-463O9.5 in clinical samples and cells. Lentivirus-mediated RP11-463O9.5 overexpression was performed to explore the effect of RP11-463O9.5 on cholesterol homeostasis in human aorta vascular smooth muscle cell (HA-VSMCs) exposed to oxidized low-density lipoprotein (ox-LDL). Involvement of caveolin-1 signaling pathway was validated by qRT-PCR and western blot.

**Results** We found that the expression level of RP11-463O9.5 was increased in atherosclerotic plaques and ox-LDL-stimulated HA-VSMCs. Enforced expression of RP11-463O9.5 significantly promoted cholesterol accumulation in HA-VSMCs following the treatment of ox-LDL.

Mechanistically, over-expression of RP11-46309.5 down-regulated caveolin-1 expression at mRNA and protein levels, and knockdown of caveolin-1 exacerbated the effect of RP11-46309.5 on lipid accumulation in ox-LDL-stimulated HA-VSMCs.

**Conclusions** Our findings indicate that RP11-46309.5, a valuable biomarker of atherosclerosis, promotes cholesterol accumulation in ox-LDL-stimulated HA-VSMCs, hinting the potential target of RP11-46309.5 for atherosclerosis therapy.

## PU-2231

### Screening, Identification of Tropomyosin, a Candidate vaccine Molecule of *Schistosoma japonicum*

Tieqiu Yin<sup>1</sup>, Shi-ping Wang<sup>2</sup>, Bi-qiong Ren<sup>1</sup>

1. The Second People's Hospital of Hunan Province

2. Department of Parasitology, Xiangya School of Medicine, Central South University

**Objective** We envisaged utilizing the specific immune recognition ability of SjscFv of *S. japonicum* to find the targeting components of the adult worm antigen, to provide a new way on vaccine research of the *Schistosoma japonicum* natural molecules.

**Methods** 1. Construction and identification of pET28a(+)/SIEA26-28 kDa-scFv recombinant plasmids, and expression, purification the fusion protein. 2. The *S. japonicum* adult worm antigen was fully separated by different range immobilized pH gradient two-dimensional gel electrophoresis, and the targeting points immunoreaction with the fusion protein were confirmed by Western blot; 3. NanoLC-ESI-MS/MS mass spectrometry analysis and database retrieves of the specific binding of proteins; 4. Structural and functional analysis of *S. japonicum* tropomyosin which has good vaccine application prospects by bioinformatics analysis.

**Results** 1. The gene fragment in the new constructed prokaryotic expression plasmid of expected length was successfully amplified. 0.05 mmol/L IPTG was able to efficiently induce the expression of the fusion protein at 20 °C overnight, and its molecular weight is about 35 kDa. The concentration of the purified fusion protein can reach to 0.402 mg/ml and Western blot analysis showed it has good activity;

2. Narrow range strips pH 4~7 can isolate protein better than pH 3~10 strips by two-dimensional gel electrophoresis. 2DE-WB immune targeting analysis present three specific spots of SjAWA and pET28a (+)/SIEA26-28 kDa-scFv;

3. The three spots identified by NanoLC-ESI-MS/MS mass spectrometry analysis are all muscle-related proteins of *S. japonicum*, such as paramyosin, myosin, tropomyosin and actin. The most marked spot (protein 2) consist of *S. japonicum* tropomyosin uniquely, which we think that is the targeting of SjscFv;

4. The tropomyosin relative molecular weight: 28778.69, isoelectric point pI: 5.27, consistent with experimental results; two parallel polypeptide chains consists of alpha helix conformation and each tropomyosin form the continuous chain end to end which was conducive to combine with the thin filaments of actin protein. It is a good vaccine candidate molecule with a hydrophilic protein without significant hydrophobic regions, the peptide chain in the outer membrane and a wealth of epitopes.

**Conclusions** 1. It is further confirmed that SIEA26-28 kDa-scFv can specifically identify adult *S. japonicum* antigen in 26-28 kDa band.

2. The study represents the first attempt to use 2DE-WB combined with NanoLC-ESI-MS/MS technology screening and identification of *S. japonicum* antigen on the vaccine candidate molecules. The SjscFv targeting components of SjAWA were muscle structural proteins (paramyosin, myosin, tropomyosin and actin) of *S. japonicum*.

3. Tropomyosin of *S. japonicum* is an expectant vaccine candidate by structural and functional analysis.



## PU-2232

## 四川东北部地区拟行 PCI 术冠心病患者 CYP2C19、ApoE 基因多态性分布研究

方莉,喻晓倩,蒋兴亮

川北医学院附属医院,637000

**目的** 研究四川东北部地区拟行 PCI 术的冠心病患者的 CYP2C19、ApoE 基因多态性的分布特点,并探讨基因多态性与血小板聚集率水平、血脂水平的关系。

**方法** 收集 2019 年 1 月至 2019 年 5 月于我院心内科就诊的拟行 PCI 术的初诊冠心病患者,用 PCR-微阵列芯片法检测 CYP2C19 基因多态性、实时荧光 PCR 法检测 ApoE 基因多态性、血小板聚集实验(比浊法)(ADP 诱导)检测血小板聚集率、酶法测定 TG、TC,直接法测定 HDL-C、LDL-C, VLDL-C 通过计算所得。根据基因频率法计算各基因型、等位基因和表现型分布的频率,比较基因多态性与血小板聚集率水平、血脂水平的相关性。

**结果** CYP2C19\*1/\*1 (26.32%) 和 CYP2C19\*1/\*2 (55.27%) 所占比例最多,等位基因\*1 所占比例最多 (57.89%), 中代谢型所占比例最多 (60.53%); ApoE E3/E3 所占比例最多 (65.80%), 等位基因 E3 所占比例最多为 78.95%, 大众类基因所占比例最多为 71.05%; CYP2C19\*1/\*1 表型与 CYP2C19\*2/\*2,\*2/\*3,\*3/\*3 表型血小板聚集率差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); APOE E2/E2、E2/E3 表型与 ApoE E3/E3、E2/E4 表型的 HDL-C 水平差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 四川东北部地区拟行 PCI 术的冠心病患者 CYP2C19 及 ApoE 基因分布与中国正常人群相似,CYP2C19 与 ApoE 基因多态性检测可指导临床合理用药。CYP2C19 基因多态性可能参与冠心病等心血管疾病的发生、发展。

## PU-2233

## 不同促甲状腺激素参考区间应用于厦门地区健康成人的临床价值探讨

尹向飞

厦门医学院附属第二医院

**目的** 通过比较不同促甲状腺激素(TSH)参考区间(我室现行 TSH 参考区间(0.27-4.2mIU/L)、通用参考区间(0.4-4.0mIU/L))以及部分专家推荐参考区间(0.3-3.0mIU/L)的临床诊断效能,获得适用本地区人群的 TSH 参考区间。

**方法** 回顾我院 2015 年-2018 年 1994 例健康体检人群的甲状腺功能检测数据,在 Roche e601 平台检测各项数据,以 FT3、FT4、TPO-Ab、TG-Ab、TR-Ab(这五项以下简称 AT)检测结果是否全部在参考区间之内判为阴性或阳性结果,根据 TSH 参考区间不同分成三组,比较各组间的诊断真阳性率、假阳性率、真阴性率和假阴性率。

**结果** 现行参考区间、通用参考区间和推荐参考区间在判断甲状腺功能正常的诊断性能方面三者均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。但在 TSH 异常的阳性人群中发现,“推荐参考区间”判断亚临床甲减(仅 TSH 升高而其它检测指标正常)的比例显著高于其它两个参考区间 ( $P$  均  $< 0.001$ ),同时将 AT 阳性的病例诊为甲状腺功能异常的比例显著低于其它两个参考区间 ( $P$  均  $< 0.001$ ); 在 TSH 在 3.01-4.2mIU/L 的人群中(共 304 例),AT 阴性但 TSH“推荐参考区间”诊为阳性共 196 例(占 64.47%); AT 阳性但 TSH“现行参考区间”判为阴性共 108 例(占 35.53%)。

**结论** 单纯下调 TSH 参考上限(0.3-3.0mIU/L)后并没有提高甲状腺功能正常人群的筛检性能,反而可能会使约 64.5%的人群有过度诊断为亚临床甲减的担忧。在现有的甲状腺功能检测条件下,我室现用的 TSH 参考区间和通用参考区间适用于本地区人群有着接近的诊断性能。

## PU-2234

### 快速检测游离 EGFR 基因突变的新方法

刘元斌

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 寻找一种新的,高效快速检测游离 EGFR 基因突变的方法。

**方法** 这项研究描述了利用多种分子诊断学技术相结合的方式快速检测 EGFR 基因突变的新方法。相比 DNA 测序的检测方法,该方法是基于等位基因特异性扩增 (ASA),重组酶聚合酶扩增 (RPA),肽核酸 (PNA),和 SYBR Green I,我们称之为 AS-RPA-PNA-SYBR (ARPS) 系统。

**结果** 使用这种方法,在细胞系水平 5 分钟内即检测出了 EGFR 19Del (2) 突变,同样在 10 分钟内检测出了 EGFR L858R 点突变;利用优化的 ARPS 系统检测临床标本,15 分钟即可很好的得到检测结果,并与临床信息和测序结果相一致。

**结论** 在这项研究中,使用 ARPS 系统检测 EGFR 基因突变的结果数据与由聚合酶链式反应 (PCR) 和 DNA 测序方法相一致,并且更快速,过程简单,方便使用。因此,利用该 ARPS 系统新方法检测基因突变,用以评估临床样品中 EGFR 基因突变有着可靠和实用的优势,并可在桥式 PCR 技术基础上更进一步检测循环肿瘤 DNA (ctDNA),在未来的床旁检测 (POCT) 和体液检测研究和应用中有很大的前景。

## PU-2235

### Dysfunction of Siglec-9neg NK in CHB

Di Zhao

qilu hospital of shandong university

**Objective** Siglec-9 is a MHC-independent inhibitory receptor selectively expressed on CD56<sup>dim</sup> NK cells with mature phenotype. Its role in chronic infection diseases has not been investigated yet. Here we for the first time studied the association of NK Siglec-9 with chronic hepatitis B (CHB) infection.

**Methods** Flow cytometry was performed to evaluate the expression of Siglec-9 and other receptors on peripheral NK cells. Immunofluorescence staining was used to detect Siglec-9 ligands on liver biopsy tissues. Siglec-9 blocking assay was carried out and cytokine synthesis and CD107a degranulation was detected by flow cytometry.

**Results** Flow cytometry analysis showed that compared to healthy donors, CHB patients had decreased Siglec-9<sup>+</sup> NK cells, which reversely correlated with serum HBeAg level and HBV DNA titer. NK Siglec-9 expression in patients achieving SVR (no detectable viraemia) after anti-viral therapy recovered to the level of normal donors. Immunofluorescence staining revealed that liver biopsy tissues from CHB patients had high expression of Siglec-9 ligands. neutralization of Siglec-9 by blocking antibody restores cytokine synthesis and cytotoxic capability of NK cells from CHB patients.

**Conclusions** Enrichment of dysfunctional Siglec-9<sup>neg</sup> NK cells might represent a novel mechanism for virus-induced NK anergy and Siglec-9 blockade might be of potentially translational significance.

## PU-2236

## Detection of circulating tumor cells in peripheral blood by a novel two-step tumor cell enrichment-identification system that combines the isolation by size of tumor cells technology and the immunofluorescence technique

Yingjie Chen, Chuanxin Wang

Department of Clinical Laboratory, Second Hospital of Shandong University

**Objective** Objective: To develop and validate a two-step enrichment-identification system for circulating tumor cells (CTCs) by improving the isolation by size of tumor cells (ISET) technology and combining it with an immunocytochemistry (ICC) technique.

**Methods** Methods: The peripheral blood (PB) samples from 23 patients with late stage (III/IV) tumors was used to validate the ISET technology used in combination with the identification techniques of ICC and wax block-immunohistochemistry (IHC). Comparison of the diagnostic performance of the ISET-ICC system with that of CTC-biopsy and CellSearch™ methods was performed using samples from 74 patients with six different types of cancer.

**Results** Results: Adding a red blood cell (RBC) lysis step and increasing the filter membrane pore size to 10  $\mu\text{m}$  reduced the filtration time of the ISET method by 3-fold. The two-step enrichment-identification ISET filtration-based method combined with ICC detection provided [A1] a CTC-positive rate of 65.2%. We also showed that the ISET-ICC system can be combined with the cell wax block-IHC method to increase the reliability of EMT-CTC identification. The developed ISET-ICC technology showed a significantly higher CTC-positive rate (17.6%; 13/74) for the study cohort of 74 cases with various cancer types than the only Federal Drug Administration (FDA)-approved CellSearch™ method (12.2%; 9/74;  $\chi^2 = 10.21$ ,  $p = 0.007$ ). In addition, the accuracy of the different CTC diagnostic methods is tumor-type dependent. Moreover, we noted a correlation between the CTC-positive rate and the tumor stage.

**Conclusions** Conclusion: We have established an improved ISET-ICC system that can successfully detect different CTC types in various cancer types that shows a higher accuracy compared with the CellSearch™ system.

## PU-2237

## White Blood Cell Segmentation by Color-Space-Based K-Means Clustering

Yingjie Chen, Chuanxin Wang

Department of Clinical Laboratory, Second Hospital of Shandong University

**Objective** White blood cell (WBC) segmentation, which is important for cytometry, is a challenging issue because of the morphological diversity of WBCs and the complex and uncertain background of blood smear images. This paper proposes a novel method for the nucleus and cytoplasm segmentation of WBCs for cytometry.

**Methods** A color adjustment step was also introduced before segmentation. Color space decomposition and k-means clustering were combined for segmentation.

**Results** A database including 300 microscopic blood smear images were used to evaluate the performance of our method. The proposed segmentation method achieves 95.7% and 91.3% overall accuracy for nucleus segmentation and cytoplasm segmentation, respectively.

**Conclusions** Experimental results demonstrate that the proposed method can segment WBCs effectively with high accuracy.

PU-2238

## 托法替布对 pristane 诱导的狼疮肾炎小鼠 治疗作用的研究

林佳忆<sup>2,1</sup>, 曹颖平<sup>2</sup>

1.福建省泉州市第一医院

2.福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** SLE (Systemic Lupus Erythematosus, 系统性红斑狼疮) 是一种多器官损害的自身免疫病, 生存质量差、病死率高, 狼疮肾炎是主要的死因之一。当前药物治疗 SLE 只能控制炎症、缓解疾病发展。托法替布是第一代针对 JAK 的小分子化合物, 通过抑制 JAK 磷酸化调节促炎因子活性。本实验旨在探讨托法替布治疗 SLE 的效果, 研究全身炎症及狼疮肾炎等症状的改善情况。

**方法** 8-10 周龄雌性 BALB/c 小鼠分为 5 组, 即生理盐水对照组 (SC) 和 pristane 对照组及治疗组 (T: 托法替布, MP: 甲泼尼龙, T+MP: 托法替布联合甲泼尼龙)。每 4 周测量关节直径及检测尿蛋白浓度。第 22 周治疗组开始治疗, 第 32 周治疗结束时检测血清抗 ds-DNA 抗体、IL-6、IFN- $\gamma$  水平、脾脏 Treg 细胞比例, Foxp3、JAK/STAT 下游基因表达及肾脏损伤情况。

**结果** 与 SC 组相比, PC 组小鼠尿蛋白浓度升高、脾脏肿大, 脚部关节红肿、直径增大, 血清抗 ds-DNA 抗体、IL-6、IFN- $\gamma$  浓度升高, Treg 比例升高。HE 染色显示肾小球弥漫性增生、局灶性硬化, 肾小球评分升高, PAS 染色显示大量紫红色物质沉积肾小球内。经过治疗后 T、MP、T+MP 脾脏缩小、关节直径减小, 血清抗 ds-DNA 抗体、IL-6、IFN- $\gamma$  浓度、Treg 比例降低。HE 染色显示肾小球评分下降, PAS 染色显示紫红色物质减少, T+MP 组下降幅度最大。T+MP 组 SOCS3 水平平均明显升高。

**结论** 1. 托法替布可降低 IL-6、IFN- $\gamma$  细胞因子水平, 改善全身炎症情况, 减轻狼疮小鼠狼疮肾炎;

2. 托法替布联合甲泼尼龙治疗的疗效优于托法替布或甲泼尼龙;

3. JAK/STAT 通路下游分子——SOCS3 可能参与托法替布治疗狼疮肾炎过程, 下调炎性细胞因子分泌。

PU-2239

## Preventive Effects of “allergen conjugated Celastrol loaded nanoparticles” on Mouse Model of Allergic Airway Inflammation

Xia Peng, Li Li

Shanghai General hospital

**Objective** Allergen specific immunotherapy (SIT) is the only strategy that could relief allergic symptoms for duration time. However, the risk of inducing local and/or systemic side effects, which may be due to the activation of sensitized mast cells and basophils, hindered the broad clinical application of SIT. To overcome these questions, we designed a new kind of vaccine “allergen conjugated celastrol loaded nanoparticles” with mast cells and basophils-apoptosis effect for SIT.

**Methods** Celastrol loaded carboxyl-functioned nanoparticles were constructed. The allergen was conjugated on nanoparticles. The particle size and morphology of nanoparticles were determined by dynamic light scattering (DLS) and Transmission electron microscopy (TEM). The drug encapsulation efficiency and drug loading percentage were evaluated using reversed phase high performance liquid chromatography. Then the allergen conjugated celastrol loaded nanoparticles (allergen-NPs-celastrol) were injected s.c. to allergen induced mouse model of allergic asthma. The allergen specific antibody in serum, and histamine and cytokines in BALF were detected by

enzyme-linked immunosorbent assays. The eosinophil number in BALF was counted and inflammatory cells infiltration in lung tissues was analyzed by H&E staining.

**Results** Our results showed that allergen-NPs-celastrol was about 129.2 nm with spherical like shape. The celastrol encapsulation efficiency was 99.89 %, and the drug loading percentage was 4.76 %. The in vivo results showed that treatment with allergen-NPs-celastrol could decrease allergen specific IgE and histamine levels, and Th2 cytokine levels, inflammatory cells infiltration in the lung tissues. In the meanwhile, it could increase the allergen specific IgG1 and IgG2a levels, and decrease IgE/IgG2a ratio.

**Conclusions** These results showed that allergen-NPs-celastrol were successfully constructed and efficacy in alleviating allergic inflammation. It may become potential strategy for allergy SIT.

## PU-2240

### 血清淀粉样蛋白 A 在系统性红斑狼疮 疾病活动性 评估中的应用价值

马长成

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 研究系统性红斑狼疮疾病中, 血清淀粉样蛋白 A 检测对不同疾病活动度患者病情评估的指导意义和应用价值。

**方法** 选取盛京医院 2017 年 6 月~2018 年 9 月收治的 219 例系统性红斑狼疮患者 (SLE 组) 和 133 例门诊健康体检者 (对照组), 根据 SLEDAI 疾病活动性评分标准将 SLE 组进行评分, 按照分值分为轻度活动组 (50 例,  $1 \leq \text{SLEDAI} \leq 5$ )、中度活动组 (83 例,  $6 \leq \text{SLEDAI} \leq 10$ )、重度活动组 (65 例,  $11 \leq \text{SLEDAI} \leq 19$ )、极重度活动组 (21 例,  $\text{SLEDAI} \geq 20$ ), 比较 SLE 组与对照组间 SAA 及其他指标的差异, 另统计分析不同疾病活动度患者中 SAA、CRP、ESR、补体 C3、C4 及 dsDNA 水平的变化, 探讨 SAA 与其他指标相比, 在疾病活动性评估中的应用价值。

**结果** SLE 组中患者血清 SAA 水平 16.43 (6.83, 56.55) 显著高于对照组 5.00 (5.00, 6.415), 差异有统计学意义 ( $Z=-10.538$ ,  $P<0.001$ ); SLE 组血清 SAA 水平与 SLEDAI 疾病活动性评分呈现正相关 ( $r=0.269$ ,  $P<0.01$ ), 在不同疾病活动组之间存在统计学差异 ( $P=0.001$ ), 对于区分轻度-重度活动度、轻度-极重度活动度有意义; SLE 患者 SAA 与 ESR、CRP、dsDNA 呈正相关 ( $r=0.422, 0.548, 0.157$ ,  $P<0.001, <0.001, =0.02$ ), 与 C3、C4 无显著性相关 ( $r=-0.05, 0.071$ ,  $P=0.461, 0.296$ )。

**结论** SAA 在 SLE 患者中表达水平升高, 与疾病活动程度有较好相关性, 可结合 ESR、C3、C4 及 dsDNA 作为评估病情活动的敏感指标, 为病情严重程度评估及后续治疗方案的选择提供依据。

## PU-2241

### The clinical value of the combined detection of sEGFR, CA125 and HE4 for epithelial ovarian cancer diagnosis

Ying Li

Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** To investigate the clinical value of combined detection of soluble epidermal growth factor receptor (sEGFR), cancer antigen 125(CA125) and human epididymis protein 4 (HE4) in diagnosis of epithelial ovarian cancer (EOC).

**Methods** From December 2017 to October 2018, serum samples were collected from 86 inpatients in our hospital, including 30 cases of preoperative epithelial ovarian cancer samples, 9 cases of matched postoperative epithelial ovarian cancer samples, 30 cases of benign ovarian

neoplasms samples and 17 cases of healthy subjects. sEGFR was detected by enzymelinked immunosorbent assay (ELISA), CA125 and HE4 were detected by electrochemiluminescence immunoassay (ECLIA). ROC curve analysis was used to assess the diagnostic value of sEGFR, CA125 and HE4.

**Results** The level of sEGFR in EOC group was significantly higher than that in the benign group ( $p<0.05$ ) and the healthy group ( $p<0.05$ ), simultaneously, it was lower in postoperative EOC group than that in the corresponding preoperative EOC group ( $p<0.05$ ). The sensitivity of sEGFR, CA125 and HE4 were 53.30%, 93.30% and 60%, respectively. The specificity of sEGFR, CA125 and HE4 were 80.85%, 85.11% and 97.87% separately. The sensitivity and specificity of combined detection were 83.30% and 100%. The AUC of sEGFR, CA125 and HE4 were 0.666, 0.955 and 0.921, respectively. And the AUC of combined detection was 0.965.

**Conclusions** Our study confirms that combined detection of sEGFR, CA125 and HE4 could improve the diagnostic efficiency of ovarian cancer, suggesting that sEGFR could be a potential biomarker for the diagnostic of ovarian cancer.

## PU-2242

### IL-12 与慢乙肝不同血清学标志物模式的相关性研究

延娅娅

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 乙型肝炎是由乙型肝炎病毒 (HBV) 感染引起的肝脏炎症性病变, 其可迁延数年, 最终引起肝硬化、肝癌等一系列严重的肝脏疾病。本课题拟通过检测在不同血清学标志物模式慢乙肝患者血清中 IL-12 的含量, 进而探讨其水平高低对乙型肝炎转归的影响, 为慢性乙肝的临床治疗提供指导和实验依据。

**方法** (1) 一般资料 随机选取乙肝血清学模式为 135 阳性模式组 20 例, 145 模式 21 例, 245 模式 22 例, 25 模式 20 例, 健康体检者 24 例作为正常对照组。

(2) 研究方法 实验组与对照组患者均于清晨、空腹状态下, 采集肘静脉血 5ml, 用 ELISA 法检测 IL-12。

(3) 统计分析 所有定量数据均以均数标准差()形式表示, 使用统计软件 SPSS24.0 对数据进行统计分析, 两组间比较采用独立样本 T 检验, 多组间比较采用单因素方差分析, 以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 各组血清 IL-12 结果分别是: 135 阳性模式组 ( $0.41\pm0.36$ ) ng/ml、145 阳性模式组 ( $2.46\pm4.67$ ) ng/ml、245 阳性模式组 ( $19.42\pm14.10$ ) ng/ml、25 阳性模式组 ( $20.66\pm18.01$ ) ng/ml、对照组 ( $3.00\pm1.72$ ) ng/ml。经方差分析  $F=19.618, P=0.000$ 。135 阳性模式组与 245 阳性、25 阳性、对照组比较均降低 ( $P=0.000$ ); 145 阳性模式组与 245 阳性、25 阳性比较均降低 ( $P=0.000$ )。

**结论** 血清 IL-12 水平升高, 有利于慢性乙肝患者血清学模式由表面抗原阳性模式向阴性模式转归。

## PU-2243

### 影响儿童抗凝血酶 III 活性检测的因素分析

胡静雯, 秦晓松

中国医科大学附属盛京医院, 110000

**目的** 抗凝血酶 III(AT-III)是由肝脏、血管内皮细胞分泌的一种 58KU 的单链糖蛋白, 半衰期为 2.69 d, 属于广谱丝氨酸蛋白抑制物家族中的重要成员之一。AT-III在人体内起着重要的抗凝调节作用, 约占血浆抗凝系统总活性的 70%-80%, 它参与维系体内凝血系统与抗凝血系统的动态平衡, 同时

也是高凝状态评估的良好指标。近年来, 儿科医生发现 AT-III的活性检测在评估儿童血栓形成、脓毒症及肾病综合征等方面都有非常好的临床价值。本文主要针对影响儿童抗凝血酶III活性检测的因素分析做一综述。

## PU-2244

### 甲状旁腺激素与糖尿病肾性贫血的关系及其应用价值

王科勇

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 探讨甲状旁腺激素水平与糖尿病肾病贫血的关系及其在贫血治疗过程中的影响。

**方法** 收集 2016 年—2018 年于我院就诊的糖尿病肾病患者 96 例, 非糖尿病肾病患者 83 例, 按 CKD 标准将其分为 4 组。分别测定其甲状旁腺激素 (PTH)、肾功 (BUN, CREA)、红细胞计数 (RBC)、血红蛋白 (Hb) 以及网织红细胞比率 (Ret%), 比较两类患者贫血的发生率, 糖尿病肾性贫血患者 PTH 和肾功能、贫血程度的关系, 以及 PTH 对于 rhEPO 治疗的影响。

**结果** 发现糖尿病患者的肾性贫血发生率高于非糖尿病患者, 且 HGB 和 RBC 水平均低于非糖尿病患者 ( $p<0.01$ ); 各组糖尿病肾性贫血患者, PTH 与 Hb ( $r=-0.874$ ,  $p=0.0086$ ) 和 RBC ( $r=-0.801$ ,  $p=0.0102$ ) 均有显著相关性, 其 PTH 水平随着 CKD 分级而升高, 而 RBC、Hb 则随之降低, 并且 PTH 与 HGB、RBC 有显著相关性; 经过 EPO 治疗的患者, 将所有患者分为高 PTH 组 (PTH>8 pmol/L) 和低 PTH 组 (PTH<8 pmol/L)。数据显示, Hb 与 RBC 治疗前后变化水平与 PTH 负相关, 且 Ret%随着 PTH 水平升高而降低。

**结论** 随着糖尿病患者肾功能损伤加重, PTH 水平逐渐升高, 与贫血程度显著负相关。通过纠正 PTH 水平, 有利于提高 rhEPO 对于贫血的治疗效果。

## PU-2245

### Hypofibrinogenemia caused by hemocoagulase for injection: A retrospective study

Jingwen Hu, Xiaosong Qin

Shengjing hospital, China Medical University

**Objective** Introduction: Hemocoagulase for injection (based on the venom of *Agkistrodon halys Pallas*) is widely used for treating bleeding in patients; however, adverse reactions associated with this treatment are increasing. This retrospective study aimed to summarize the clinical laboratory characteristics of hemocoagulase-induced hypofibrinogenemia.

**Methods** We retrospectively collected clinical data from 27 enrolled patients, including clinical manifestations, hemostatic and fibrinolytic parameters, dose of hemocoagulase, and treatment. We then analyzed differences in fibrinogen, D-dimer, and the degradation products of fibrin and fibrinogen (FDP) before, during, and after the use of hemocoagulase for injection.

**Results** Fibrinogen levels were significantly different before and during the use of hemocoagulase for injection ( $P<0.05$ ); FDP levels were significantly different during the use of hemocoagulase and when fibrinogen levels were more than 1.5 g/L ( $P<0.05$ ). However, D-dimer levels were not significantly changed before and after hemocoagulase use ( $P=0.485$ ). Based on Pearson's correlation analysis, the dose of hemocoagulase was independent of changes in fibrinogen before and during its application; there was also no association between the dose of hemocoagulase and changes in FDP levels during hemocoagulase use.

**Conclusions** Strict monitoring of both clotting and fibrinolysis parameters is necessary when hemoptysis patients are treated with hemocoagulase for injection. Specifically, when patients

present with low fibrinogen levels, high FDP levels, a hemocoagulase dose of more than 12 KU, clinicians should be aware of the potential for hypofibrinogenemia and consider discontinuation of this treatment.

## PU-2246

### 197 例慢性乙型肝炎患者 HBV 基因分型和耐药研究

杨勇卫,陈锡莲,邹志强,林青,曲人亮,石建凤,刘静静,张帅,张雪利  
烟台市奇山(传染病)医院

**目的** 探讨烟台地区慢性乙型肝炎患者所感染的 HBV 基因型、耐药位点和基因变异情况,以指导临床用药。

**方法** 收集 2018 年 10 月至 2019 年 4 月在烟台市奇山(传染病)医院收治的慢性乙型肝炎患者 197 例,应用 PCR-反向点杂交法分析其感染的 HBV 基因分型、突变位点和拉米夫定、替比夫定、恩替卡韦和阿德福韦酯四种 NA 类药物的药物耐受情况。

**结果** 197 例慢乙肝患者中 75 例患者存在抗病毒药物耐受(耐药率约为 38.07%),HBV 基因分型 C 型 192 例(97.46%),B 型 3 例(1.52%),非 B/C/D 型 2 例(1.02%);rtL180M 突变 40 例,rtM204V 突变 36 例,rtM204I 突变 25 例,rtT184L 突变 7 例,rtT184A 突变 3 例,rtT184I 突变 3 例,rtT184S 突变 1 例,rtA181V 突变 8 例,rtA181T 突变 3 例,rtS202G 突变 13 例,rtN236T 突变 8 例,rtV207I 突变 2 例,rtM250V 突变 1 例;以上位点突变导致其中 70 例患者(93.33%)产生拉米夫定耐药,69 例患者(92.00%)产生替比夫定耐药,24 例患者(32.00%)呈现恩替卡韦耐药,19 例患者(25.33%)呈现阿德福韦酯耐药。

**结论** 烟台地区慢性乙型肝炎患者所感染的 HBV 以 C 型为主,B 型偶见,其他型别罕见,拉米夫定和替比夫定在烟台地区耐药率很高,恩替卡韦和阿德福韦酯可能适用于多数烟台地区慢乙肝患者的抗病毒治疗,根据患者基因型和耐药位点情况联合用药对慢乙肝患者的诊疗和预后有重要指导意义。

## PU-2247

### 抗凝血酶基因突变多态性研究

邹杰,李正民  
华中阜外医院

**目的** 研究抗凝血酶基因突变的多态性。

**方法** 通过对人类基因突变数据库(HGMD)进行检索以及对近几年国内外有关遗传性抗凝血酶缺陷症的文献报道进行分析和总结。

**结果** 发现遗传性抗凝血酶缺陷症的基因突变多为点突变;引起 I 型抗凝血酶缺陷症的基因突变大多为不同位点突变,引起 II 型抗凝血酶缺陷症的基因突变大多为重复位点突变。

**结论** 抗凝血酶缺陷症的基因突变大多数为杂合突变,部分位点存在单核苷酸的多态性基因。



PU-2248

## 六西格玛和质量目标指数在血细胞分析仪质量管理中的应用

赵启波,徐家凤

昭通市第一人民医院,657000

**目的** 应用六西格玛(6 $\sigma$ )和质量目标指数(QGI)对我室 Sysmex-XE2100 全自动血细胞分析仪相关项目进行科学的质量管理,对仪器性能做出正确评价,指导选择室内质控规则和质量改进方案。

**方法** 收集 2018 年本实验室室内质控(IQC)数据,用 IQC 数据计算变异系数(CV)水平,用配套校准物(定值可溯源至参考方法)校准仪器时与靶值的偏移,计算不准确度(Bias%),依据我国卫生行业临床血液学常规项目分析质量要求(ws / T 406—2012)标准,评价本实验室血细胞分析仪中的 WBC、RBC、HBG、HCT、PLT 等项目的分析性能,并计算检验项目的西格玛( $\sigma$ )值和质量目标指数(QGI),查找导致性能不佳的主要原因,对仪器进行整体评价。

**结果** 所参评项目均能达到 3 $\sigma$  以上水平,其中 WBC 达到 7.36 $\sigma$ ,QGI=0.53,推荐室内质控规则为 1<sub>3s</sub>(N=2,R=1),精密度和准确度均无需改进;RBC 达到 6.29 $\sigma$ ,QGI=1.14,推荐室内质控规则为 1<sub>3s</sub>(N=2,R=1),精密度和准确度均无需改进;HBG 达到 5.86 $\sigma$ ,QGI=0.80,推荐室内质控规则为 1<sub>3s</sub>2<sub>2s</sub>R<sub>4s</sub>(N=2,R=1),精密度和准确度均需改进;HCT 达到 5.53 $\sigma$ ,QGI=0.12 推荐室内质控规则为 1<sub>3s</sub>2<sub>2s</sub>R<sub>4s</sub>(N=2,R=1),精密度需要改进;MCH 达到 8.1 $\sigma$ ,QGI=0.29,推荐室内质控规则为 1<sub>3s</sub>(N=2,R=1),精密度和准确度均无需改进;MCHC 达到 5.39 $\sigma$ ,QGI=0.71 推荐室内质控规则 1<sub>3s</sub>2<sub>2s</sub>R<sub>4s</sub>(N=2,R=1),精密度需要改进;PLT 达到 6.09 $\sigma$ ,QGI=1.21 推荐室内质控规则为 1<sub>3s</sub>(N=2,R=1),精密度和准确度均无需改进。

**结论** 6 西格玛( $\sigma$ )和质量目标指数(QGI)是对血细胞分析仪整体性能评价重要指标,能指导选择室内质控规则和质控频次,改进项目准确度和精密度,判断各个检测参数质量水平。

PU-2249

## 血液 C 反应蛋白和血沉与纤维蛋白原及 D-二聚体在强直性脊柱炎疾病活动度的变化分析

佟坤宇<sup>1</sup>,佟坤宇<sup>1</sup>

1.天津市第一中心医院,300000

2.天津市第一中心医院,300000

**目的** 观察血液 C 反应蛋白(CRP)、血沉(ESR)、纤维蛋白(FIB)和 D-二聚体(DD2)在强直性脊柱炎(AS)疾病活动度中的变化及相关性,为 AS 的早期发现,早期预防提供参考。

**方法** 选取 2017 年 1 月~2019 年 1 月来我院就诊及住院的 AS 的患者 120 例。按 BASDAI 评分对病情进行评价,分为病情缓解期组 60 例和病情活动期组 60 例。选择同期健康体检者 60 名作为对照组。采用特定蛋白分析仪检测 CRP 的水平;动态血沉压积测试仪检测 ESR 的水平;全自动血凝仪检测纤维蛋白原的水平;全自动荧光免疫分析仪检测 D-二聚体的水平。比较各组患者 C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体水平的差异。

**结果** 三组治疗前 C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体水平间存在显著差异(P<0.05),AS 患者活动期组、缓解期组 C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体水平明显高于对照组,并且随着病情的缓解,C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体水平不断下降;活动期组 AS 患者经治疗 3 个月后,与治疗前比较,C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体水平存在显著性差异(P<0.05);活动期组与缓解期组 C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体水平阳性率存在显著性差异(P<0.05),并且随着病情的缓解,阳性率在下降;经 Searman 相关性分析,血液炎

性指标 C 反应蛋白和血沉与纤溶指标纤维蛋白原和 D-二聚体水平与 BASDAI 间存在显著相关性 ( $P<0.05$ )。

**结论** 炎症和纤溶指标在强直性脊柱炎疾病活动中发挥着重要作用, C 反应蛋白、血沉、纤维蛋白原和 D-二聚体可用于反映 AS 疾病的活动程度及治疗情况。

## PU-2250

### 2011-2016 年非发酵菌耐药状况分析与检测方法研究

何京

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 监测医院各科室非发酵菌的菌群分布及耐药情况, 并对检测产碳青霉烯酶菌株的方法进行评价, 为院内感染控制提供科学依据和方法。

**方法** 采用 WHONET 5.6 软件对我院 2011-2016 年间非发酵菌的构成、科室分布及耐药率进行统计, 并对碳青霉烯类抗生素耐药菌株行碳青霉烯失活法(CIM)、Carba NP 试验(CNP)、快速 Carba NP 试验(RCNP)以检测菌株是否产碳青霉烯酶。

**结果** 共分离非发酵菌 4526 株, 其中铜绿假单胞菌占 48% (2194/4526), 鲍曼不动杆菌占 44% (1989/4526); 非发酵菌在 ICU 分布最多, 其次为胸心外科, 分别占 36% (1617/4526)、16% (688/4526); 从 ICU 分离的铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌对亚胺培南、美罗培南的耐药率均 $>50\%$ , 胸心外科的耐药率低于 ICU; 2011-2016 年铜绿假单胞菌对碳青霉烯类抗生素的耐药率逐渐降低, 而鲍曼不动杆菌的耐药率无明显改变; CIM、CNP、RCNP 检测产碳青霉烯酶菌株的敏感度、特异度均较高, 一致性较好

**结论** 我院非发酵菌以铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌为主, 且耐药情况较为严重, 采用 RCNP 筛选碳青霉烯类抗生素耐药菌株, 可提高院内感染的监测效率, 有效控制耐药基因的传播。

## PU-2251

### 2016 年肠杆菌科细菌分布及耐药性分析

何京

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 评估我院肠杆菌科细菌的临床分布及其对常见药物的耐药情况; 探讨改良碳青霉烯失活法采用不同孵育时间在检测产碳青霉烯酶肠杆菌科细菌中的应用价值, 分析“0.5+9h 孵育模式”的临床可行性

**方法** 以 1179 株肠杆菌科细菌为研究对象, 采用法国梅里埃 VITEK-2 compact 全自动微生物分析仪鉴定和药敏分析, WHONET5.6 软件分析数据, 采用不同孵育时间的改良碳青霉烯失活法检测碳青霉烯酶

**结果** 2016 年我院肠杆菌科细菌以大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌为主, 分别占 55%、32%; 肠杆菌科细菌检出率最高的科室为 ICU, 占 19%, 其次为肾脏内科, 占 16%; ICU 分离出的大肠埃希菌对亚胺培南、美罗培南的耐药率分别为 17.6%、16.4%; 而肺炎克雷伯菌对常用的抗菌药物均有较高的耐药率, 其中对亚胺培南、美罗培南的耐药率分别为 58.8%、56.8%; 肾脏内科分离出的大肠埃希菌对亚胺培南、美罗培南的耐药率均为 0%, 肺炎克雷伯菌对美罗培南的耐药率最低, 为 5.0%; 2016 年我院共检出 152 株碳青霉烯类抗生素耐药肠杆菌科细菌, 其中以肺炎克雷伯菌为主, 占 84%。采用“0.5+9h 孵育模式”行改良碳青霉烯失活法对分离出的碳青霉烯类抗生素耐药肠杆菌科细菌进行检测, 可有效检出 KPC、NDM 型碳青霉烯酶, 结果同传统孵育时间无差别

**结论** 不同种属肠杆菌科细菌在不同科室中的分布和耐药情况不同,进行抗感染治疗时应综合分析,合理使用抗菌药物;采用“0.5+9h 孵育模式”行改良碳青霉烯失活法可在 1 个工作日内检测出碳青霉烯酶,作为院内感染监测的初级报告,提高院内感染控制效率。

## PU-2252

### Carba NP 试验用于检测不同培养基分离的产碳青霉烯酶菌株的对比研究

冯军花

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 探讨 Carba NP 试验对于不同培养基生长的产碳青霉烯酶菌株的敏感度,为临床实验室检测提供参考依据。

**方法** 将 221 株临床分离病原菌作为研究对象,其中包括肺炎克雷伯菌 58 株,大肠埃希菌 47 株,鲍曼不动杆菌 58 株,铜绿假单胞菌 58 株,采用 6 种培养基培养 24 小时,行 Carba NP 试验进行碳青霉烯酶检测。

**结果** 血平板、中国蓝、麦康凯、MH 平板、营养琼脂平板上生长菌株 Carba NP 试验的敏感度分别为 93.58%、86.24%、82.57%、87.16%、77.98%,对于在含锌离子的营养琼脂平板上生长菌株的敏感度为 91.74%。

**结论** 采用血平板上生长的菌株行 Carba NP 试验能够准确、快速的检测出产碳青霉烯酶菌株,尽量避免采用中国蓝、麦康凯、MH 平板和营养琼脂平板。

## PU-2253

### 71 例儿科肺炎克雷伯杆菌败血症耐药性分析

马玲,张旭华,刘婷,牛瑜,毛海婷

山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨小儿肺炎克雷伯杆菌败血症的临床特点及耐药性,为临床诊断和合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析山东大学第二医院 2016 年 1 月-2018 年 12 月中血培养证实为肺炎克雷伯杆菌感染引起的新生儿及儿科败血症患者,共 71 例,收集其临床及细菌耐药资料。

**结果** 小儿肺炎克雷伯杆菌感染败血症的常见临床表现为呼吸道症状,喂养部耐受及发热等。患儿对替加环素及阿米卡星敏感率均>90%,对亚胺培南、美罗培南、厄他培南及左氧氟沙星敏感率均>80%,对头孢吡肟、头孢唑啉、头孢呋辛、头孢曲松、头孢噻肟、氨苄西林/舒巴坦耐药性严重,其中产 ESBLs 耐药率高于非产 ESBLs。

**结论** 小儿肺炎克雷伯杆菌败血症临床表现无特殊性。临床上治疗肺炎克雷伯杆菌感染应多选用敏感的替加环素、阿米卡星及碳青霉烯类抗生素等,合理有效地控制感染,并减少耐药菌株的产生。

## PU-2254

## 亚胺培南、美罗培南、厄他培南在碳青霉烯类抑制法中的效果评价

何京

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 评价碳青霉烯类抑制法检测产碳青霉烯酶菌株的效果,并探讨亚胺培南、美罗培南、厄他培南三种药敏纸片在碳青霉烯类抑制法中的应用价值。

**方法** 利用改良 Hodge 试验、Carba NP 试验、碳青霉烯类抑制法对 264 株临床分离菌行碳青霉烯酶检测,比较三种方法的敏感度和特异度;采用亚胺培南、美罗培南和厄他培南分别行碳青霉烯类抑制法,对比分析三种药敏纸片检测结果的差异。

**结果** 改良 Hodge 试验敏感度 75.00% (108/144), 特异度 85.00% (102/120), Kappa 值 0.593; Carba NP 试验敏感度 91.67% (132/144), 特异度 97.50% (117/120), Kappa 值 0.886; 碳青霉烯类抑制法敏感度 94.44% (136/144), 特异度 97.50% (117/120), Kappa 值 0.916; 采用 McNemar  $\chi^2$  检验对三种方法与 PCR 检测的阳性率进行比较, $\chi^2$  值分别为 92.06, 204.72 和 218.29, 其中碳青霉烯类抑制法的 P 值为 0.227, 大于 0.05, 与 PCR 检测结果无差异。亚胺培南、美罗培南、厄他培南纸片 ROC 曲线下面积分别为 0.927, 0.948, 0.948。

**结论** 相比改良 Hodge 试验和 Carba NP 试验,碳青霉烯类抑制法检测产碳青霉烯酶菌株的敏感度和特异度较高,检测结果一致性强。碳青霉烯类抑制法中使用美罗培南或厄他培南准确性较高,亚胺培南会造成假阳性结果,在碳青霉烯类抑制法中,应尽量避免使用亚胺培南。

## PU-2255

## 快速 Carba NP 试验用于检测产碳青霉烯酶菌株的应用价值

何京

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 探讨用研磨代替孵育的快速 Carba NP 试验(RCNP)检测产碳青霉烯酶菌株的可行性,并评价其临床应用价值。

**方法** 采用快速 Carba NP 试验对 264 株革兰阴性杆菌进行筛查,并与改良 Hodge 试验(MHT)、碳青霉烯类抑制法(CIM)及 Carba NP 试验(CNP)进行比较。

**结果** 改良 Hodge 试验的敏感度和特异度分别为 85.4% (123/144)、87.5% (105/120), Kappa 值 0.726; 碳青霉烯类抑制法的敏感度和特异度分别为 96.5% (139/144)、97.5% (117/120), Kappa 值 0.939; Carba NP 试验的敏感度和特异度分别为 93.8% (135/144)、97.5% (117/120), Kappa 值 0.909; 快速 Carba NP 试验的敏感度和特异度分别为 90.3% (130/144)、99.2% (119/120), Kappa 值 0.886。采用 McNemar  $\chi^2$  检验对 Carba NP 试验与碳青霉烯类抑制法、快速 Carba NP 试验进行比较, $\chi^2$  值分别为 244.58、218.51, P 值均小于 0.01。

**结论** 快速 Carba NP 试验通过用研磨代替孵育,15min 内即可发现产酶菌株,较 Carba NP 试验更为快速、廉价,在院内感染监测中发挥重要作用。

## PU-2256

## Conditioned taste aversion memory extinction temporally induces insular cortical BDNF release and inhibits neuronal apoptosis

Ling Ma, Xuhua Zhang, Haiting Mao

Clinical Laboratory Center, The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Memory extinction has been reported to be related to psychiatric disorders, such as post-traumatic stress disorder (PTSD). Brain-derived neurotrophic factor (BDNF) secretion and synthesis have been shown to temporally regulate various memory processes via activation of tropomyosin-related kinase receptor B (TrkB) receptors. However, whether memory extinction induces BDNF synthesis and secretion on the basis of its localization is not understood. Here, we aim to investigate activity-dependent BDNF secretion and synthesis in the insular cortex (IC) in the setting of conditioned taste aversion (CTA) memory extinction.

**Methods** Rats were subjected to CTA memory extinction and BDNF antibody (or a same volume of vehicle) was microinjected into the IC immediately after the extinction testing. Real-time polymerase chain reaction and in situ hybridization were used to detect BDNF gene expression. BDNF protein levels were identified by enzyme-linked immunosorbent assay. In addition, the phosphorelated TrkB levels normalized to total TrkB were evaluated using immunoprecipitation and immunoblotting. Total Erk, phosphorelated Erk and apoptosis-related protein, caspase-3, were detected by western blot.

**Results** We found that blocking BDNF signaling within the IC disrupts CTA extinction, suggesting that BDNF signaling in the IC is necessary for CTA extinction. In addition, temporal changes of BDNF gene expression and protein levels in the IC were noted during extinction. Moreover, we found that TrkB phosphorylation increased prior to the enhanced BDNF expression, suggesting that CTA extinction induces rapid activity-dependent BDNF secretion in the IC. Finally, we found decreased expression of caspase-3 in the IC after CTA extinction.

**Conclusions** These results demonstrate that CTA memory extinction temporally induces BDNF release and synthesis in the IC and inhibits neuronal apoptosis.

## PU-2257

## 动脉粥样硬化兔血清硫脑苷脂与血小板聚集功能关系的探讨

李晓彤

河北医科大学第四医院, 050000

**目的** 动脉粥样硬化 (atherosclerosis, AS) 是当今社会严重威胁人类健康和生命的最普遍的疾病之一, 高脂血症是 AS 的主要危险因素, 因此, 应重视对高脂血症及 AS 的研究与防治。

**方法** 普通级健康雄性新西兰大白兔 10 只, 随机分为两组, 每组 5 只。对照组给与持续正常饮食, 模型组给与高脂饮食, 高脂饲料中含胆固醇 0.5% 和猪油 5%, 每只兔子每天限制饮食量为 150g。两组分别于高脂喂养前、一个月末、两个月末、三个月末、四个月后测量体重, 血脂水平, 血清硫脑苷脂水平以及血小板聚集功能。四个月后, 处死动物, 收集两组兔子主动脉, 制作病理切片并染色, 显微镜下观察结果。

**结果** 持续高脂饮食诱发兔动脉粥样硬化模型建立成功; 与对照组相比, 模型组血清总胆固醇 (total cholesterol, TC)、低密度脂蛋白胆固醇 (low density lipoprotein cholesterol, LDL-C) 水平显著升高; 苏木精-伊红 (hematoxylin and eosin, HE) 染色显示: 模型组可见主动脉内膜显著增厚, 充满泡沫细胞, 血管腔明显狭窄; 冰冻切片油红 O 脂肪染色显示: 模型组主动脉内壁积聚大量脂肪组

织;与对照组相比,模型组血小板聚集率、血清硫脑苷脂水平均显著升高;模型组血小板聚集率随时间的延长,呈现出先升高后降低的趋势,但相较于喂养前显著升高;模型组血清硫脑苷脂水平随时间延长而持续升高;模型组血清硫脑苷脂与血小板聚集率水平呈显著负相关。

**结论** 在兔高脂血症所致动脉粥样硬化的过程中,血清硫脑苷脂含量的变化可能在一定水平上反映了动脉粥样硬化的进程,并可能成为未来心血管病的新型预测因子;在此过程中,血小板的高反应性有下降趋势,提示血清硫脑苷脂水平的逐渐升高可能在一定程度上抑制了血小板的聚集功能。

## PU-2258

### 以血性心包积液中查出狼疮细胞的 1 例报告

沙晓雯

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 心包积液里查出狼疮细胞提高 SLE 的生存率

**方法** 心包积液常规细胞学检查查出狼疮细胞,抗核抗体阳性

**结果** 免疫学和找到狼疮细胞对临床提供具有重要诊断意义

**结论** 早起诊断 SLE 心包炎,对预后,降低心脏病发生率和死亡率有着积极意义

## PU-2259

### 上海地区不同年龄社区人群鼻腔菌群动态变化

刘倩,李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 探索不同年龄社区人群鼻腔菌群变化与机体免疫系统成熟的关系。

**方法** 收集上海地区不同年龄段社区人群的鼻腔棉拭子样本,取一部分进行分离培养菌种鉴定,另一部分抽提基因组 DNA 进行 16srRNA 多样性测序分析。

**结果** 对不同年龄人群鼻腔可培养菌分析发现,可培养菌为厚壁菌门葡萄球菌属为主,其中金黄色葡萄球菌携带率和分离率均随着年龄增长而逐渐降低,而表皮葡萄球菌在青年人群鼻腔占明显优势,其他凝固酶阴性的葡萄球菌在老年人鼻腔占优势。多样性分析结果发现,各组人群总体趋势类似,均是厚壁菌门占明显优势,属水平分析发现,儿童组莫拉菌属比例最高,相比较而言,免疫力最强的青年组人群中,葡萄球菌属占明显优势,结合可培养菌分析结果,我们推测,表皮葡萄球菌在塑造正常人群免疫过程中发挥功能。

**结论** 人体鼻腔菌群在宿主抵抗呼吸道病原体感染中发挥功能,表皮葡萄球菌参与塑造人体免疫系统的成熟。

## PU-2260

### 39 例儿科金黄色葡萄球菌败血症耐药性分析

马玲,张旭华,刘婷,牛瑜,毛海婷

山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨小儿金黄色葡萄球菌败血症的临床特点及耐药性,为临床诊断和合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析山东大学第二医院 2016 年 1 月-2018 年 12 月中血培养证实为金黄色葡萄球菌感染引起的新生儿及儿科败血症患者,共 39 例,收集其临床及细菌耐药资料。

**结果** 小儿金黄色葡萄球菌感染败血症常见的症状是多发性肺部浸润, 脓肿及胸膜炎, 喂养不耐受及发热等。在检出的 39 株菌落中, 耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌占 38.5%, 对青霉素、红霉素及头孢西丁耐药性严重, 均>70%, 对克林霉素耐药性达 46.2%, 对左氧氟沙星、环丙沙星、庆大霉素、莫西沙星、达托霉素耐药性均<10%。检出菌对万古霉素及利奈唑胺均敏感。

**结论** 小儿金黄色葡萄球菌败血症临床表现无特殊性。由于喹诺酮类药物对儿童副作用较大, 当患儿感染金黄色葡萄球菌时, 如果该菌株对头孢类敏感, 应首选头孢类抗生素; 若为耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌感染, 应选用敏感的万古霉素及利奈唑胺, 合理有效地控制感染。

## PU-2261

# SYSMEX XN-350 血球仪在脑脊液和胸腹水白细胞计数中的可行性探讨

孟荣

西安医学院第一附属医院, 710000

**目的** 目的探讨 SYSMEX XN-350 血液分析仪(简称 SYSMEX XN-350)的体液模式在脑脊液和胸腹水白细胞计数中应用的可行性。

**方法** 1. 手工计数 计数镜检法分别由 2 名有经验的检验师操作, 用改良 Neubauer 计数板在显微镜下计数红细胞和有核细胞, 并计算均值。浑浊等标本用等渗盐水稀释后进行计数。所有的标本需严格按《全国临床检验操作规程》中体液细胞计数的方法进行。

2. 仪器计数 测定前将 SYSMEX XN-350 血液分析仪的进样分析模式改为体液模式, 待仪器模式调整完毕后将标本充分混匀放入仪器内进行检测, 每份标本测定两次, 结果取平均值。注意仪器每日进行质控以保证仪器状态良好, 选择体液检测模式, 手工颠倒 10 次混匀标本, 手工进样(大约 200  $\mu$ L) 进行计数。

3. 统计学方法 采用 SPSS17.0 软件进行配对 t 检验和线性回归分析,  $P < 0.05$  为差异具有统计学意义, 采用 Kappa 检验进行一致性分析。

**结果** 100 例标本分别用手工镜检法和仪器法进行细胞计数, 以手工镜检结果为参考标准, XN-350 与手工技术平均值分别为 835.2 和 857.2; 标准差分别为 241.5 和 260. 检测体液中高、中和低值有核细胞的变异系数(CV) 均低于仪器设定标准, 重复性好; 与手工显微镜镜检法相比, SYSMEX XN-350 所测结果差异无统计学意义( $P > 0.05$ ); XN350 分析仪 WBC 和 RBC 测定结果与手工计数法有良好的相关性 ( $r > 0.98$ ), 各项指标的验证结果均符合厂商的技术指标要求。

**结论** XN350 分析仪 WBC 和 RBC 测定结果与手工计数法有良好的相关性

## PU-2262

# 凝血功能指标在热射病中的临床应用

邢丽丽

西安医学院第一附属医院, 710000

**目的** 评价凝血功能指标在热射病中的临床应用

**方法** 选取 2015 年 7 月到 2018 年 7 月在本医院急诊科接受治疗的 30 例热射病患者, 按预后分为存活组(22 例)及死亡组(8 例), 对比两组 D-二聚体(DD)、纤维蛋白(原)及其降解产物(FDP)、纤维蛋白原(FIB)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶原时间(PT)、血小板计数(PLT)。结果: 观察生存组和死亡组患者血小板、纤维蛋白原比较差异无统计学意义, 但死亡组患者 PT 和 APTT 明显高于生存组( $p = 0.021$ ); DD、FDP 亦明显高于生存组( $p = 0.035$ ), 差异有统计学意义。结论: 凝血功能相关指标可以作为热射病预后判断因子。

**结果** 生存组和死亡组患者血小板、纤维蛋白原比较差异无统计学意义,但死亡组患者 PT 和 APTT 明显高于生存组 ( $p=0.021$ ); DD、FDP 亦明显高于生存组 ( $p=0.035$ ), 差异有统计学意义。

**结论** 本研究结果显示,死亡组 PT、APTT、DD、FDP 均显著高于生存组,证实凝血功能障碍是热射病患者死亡的高危因素。因此,在《热射病规范化诊断与治疗专家共识》中强调热射病治疗早期急诊医生需注意纠正凝血功能紊乱,主要包括补充凝血因子和抗凝治疗。

## PU-2263

### EB 病毒抗体和 DNA 联合检测在儿童 EB 病毒感染中的应用价值

李颖

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨联合检测 EB 病毒抗体和 EB 病毒 DNA 在儿童 EB 病毒感染中的应用价值。

**方法** 选取 145 例疑似 EB 病毒感染的患儿,分别抽取外周全血和血清,采用实时荧光定量 PCR 检测 EBV-DNA、化学发光法检测 EBV 的 CA-IgM、CA-IgG、EA-IgG 和 NA-IgG 抗体。

**结果** 145 例疑似 EBV 感染患儿根据抗体反应模式分为 EBV 感染组 135 例和未感染组 10 例,感染组中 EBV-CAIgM 阳性率为 16.30%,EBV-NAIgG 阳性率为 80.74%,EBV-DNA 阳性率为 82.96%。EBV-CAIgM 及 EBV-DNA 阳性率随年龄增长呈上升趋势,其中 1~3 岁组的 EBV-CAIgM 及 EBV-DNA 阳性率较分别是 15.09%、90.57%;4~8 岁组的 EBV-CAIgM 及 EBV-DNA 阳性率较分别是 20.00%、86.67%,但>8 岁患儿 EBV-CAIgM 及 EBV-DNA 阳性率有所下降。

**结论** EB 病毒抗体检测有助于明确 EBV 感染的分期,对临床诊断和治疗具有指导意义,联合 EBV-DNA 检测能够提高检出率,减少漏诊。

## PU-2264

### PCT、IL-6 和 CD64 指数在小儿肺部细菌性感染诊断中的价值

张立营

四川省宜宾市第一人民医院

**目的** 分析血清学炎症感染指标降钙素原 (PCT)、白细胞介素-6 (IL-6) 和中性粒细胞 CD64 指数在小儿肺部细菌性感染诊断中的临床价值。

**方法** 收集 338 例小儿肺部感染患者,经血培养、分泌物和肺泡灌洗液培养等病原学检查确认细菌性感染 192 例,非细菌性感染肺炎患儿 146 例,同时选取呼吸系统健康儿童 60 例作为对照组,三组均做 PCT、IL-6 和 CD64 指数检查,比较这三者在小儿肺部细菌性感染诊断中的价值。

**结果** 小儿非细菌性肺炎感染组和对照组 PCT、IL-6 浓度水平和 CD64 指数结果明显低于细菌性感染组( $P<0.05$ ),非细菌性感染组和健康对照组之间三个血清学指标无明显差异( $P>0.05$ ),PCT 和 CD64 指数诊断小儿细菌性肺炎感染的敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值高于 IL-6( $P<0.05$ ),二者无明显差别( $P>0.05$ )。

**结论** 小儿肺部细菌性感染患者血清 PCT、IL-6 和 CD64 指数明显高于其它两组,PCT 和 CD64 指数诊断细菌性感染标志物具有很好的敏感性及特异性,优于 IL-6。PCT 和 CD64 指数二者联合检测对细菌性感染的诊断具有重要意义。



## PU-2265

## 多项肿瘤标志物联合 D-二聚体在肺癌中的诊断意义

郭金虎,羽晓瑜,杨术生,方欢英,吴文娟  
上海市东方医院南院

**目的** 探讨鳞状细胞癌相关抗原 (SCC)、癌胚抗原 (CEA)、细胞角蛋白 19 (CYFRA21-1) 和神经元特异性烯醇化酶 (NSE)、胃泌素释放肽前体 (ProGRP) 等肿瘤标志物指标及 D-二聚体 (D-dimer) 联合检测在肺癌中的诊断意义。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 4 月在我院就诊的肺部疾病患者作为研究对象, 分为肺癌组与良性疾病组。另外选取同时间段在我院体检的健康人群作为健康对照组, 采用电化学发光法检测所有研究对象的血清 SCC,CEA,CYFRA21-1,NSE,ProGRP 的含量并且通过全自动血凝分析仪分析研究对象的 D-dimer 水平。分析以上各检测指标单独及联合检测对肺癌诊断的意义。

**结果** 肺癌组 SCC,CEA,CYFRA21-1,NSE,ProGRP, D-dimer 显著高于对照组和良性疾病组, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ), 肺癌组血清肿瘤标志物指标水平及 D-二聚体升高更为显著。

**结论** 多项肿瘤标志物联合 D-二聚体检测可显著提高肺癌诊断的灵敏度和准确度, 其在肺癌的诊断中有一定的临床意义。

## PU-2266

## 血常规参数在登革热诊疗中的应用研究

梁少聪  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 通过对登革热患者不同阶段的血常规结果进行分析, 探究患者的血常规参数变化特点, 为登革热的临床诊疗提供更多有效信息。

**方法** 收集 2017 年 8 月至 11 月来我院进行登革热血清学检测的就诊患者, 排除血液病、器官移植等情况。根据登革热抗原、IgM 抗体、IgG 抗体结果将 209 例对象分为阳性组 133 人和阴性组 76 人。进一步将阳性组分为仅抗原阳性组 DF-Ag, 共 52 人; 抗原和抗体 (IgM 和/或 IgG) 同时阳性组 DF-AgAb, 共 73 人; 仅抗体 (IgM 和/或 IgG) 阳性组 DF-Ab, 共 8 人。进一步分析各组的血常规结果特点。

**结果** 1、阳性组和阴性组间的多个血常规项目结果存在统计学差异, 包括白细胞系统、红细胞系统和血小板系统。2、阳性组中各亚组的血常规结果有不同的变化规律。其中白细胞方面: DF-Ab 组的 WBC、Neu 高于其余两组; DF-Ag 组的 Neu% 高于其余两组, Lym 和 Lym% 低于其余两组。DF-AgAb 组的 HFLC、HFLC% 高于其他与两组。红细胞方面: 各项目上三组均无统计学差异。血小板方面: DF-AgAb 组的 PLT 及 PCT 均低于其他与两组, 其余参数在三组间无统计学差异。3、对阳性组和阴性组的血常规参数进行 ROC 分析, 结果发现白细胞方面的 AUC 普遍在 0.7 以上, 尤其以 WBC (AUC=0.86) 和 Neu (AUC=0.83) 最高。红细胞方面各参数 AUC 分布在 0.60-0.70 之间。血小板方面 PLT 及 PCT 的 AUC 均为 0.80。

**结论** 登革热患者的血常规结果与其他发热患者比较, 呈现一定的变化特点。而不同血清学结果下的登革热患者血常规参数也有一定的变化规律, 以及 WBC、Neu、PLT、PCT 等指标在协助诊断登革热时具有较好的性能。

PU-2267

## 不同 Wnt 分子在抑郁行为中的作用及其机制研究

许宁

山东大学第二医院,250000

**目的** 探究不同 Wnt 分子在抑郁行为中作用及其机制。

**方法** 1. 选取慢性束缚应激(CRS) 作为实验模型, 研究小鼠海马脑区 Wnt 分子在抑郁行为中作用。

2. 通过 Real-time PCR 及 Western blot 分别检测 CRS 后小鼠海马脑区不同 Wnt 分子 mRNA 及蛋白的表达变化特征。

3. 通过慢病毒特异性敲除海马脑区 Wnt2 或 Wnt3, 观察 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路, 神经再生及抑郁样行为的改变。

4. 通过慢病毒过表达 Wnt2 或 Wnt3, 观察对 CRS 引起的抑郁样行为的影响。

5. 注射抗抑郁药盐酸氟西汀, 观察对 Wnt2 或 Wnt3 分子的影响; 特异性敲除 Wnt2 或 Wnt3 后注射盐酸氟西汀, 观察抑郁样行为的变化。

**结果** 1. CRS 训练引起小鼠腹侧海马而非背侧海马脑区 Wnt2 及 Wnt3 特异性表达减少。

2. 基础状态下, 慢病毒特异性干扰腹侧海马脑区 Wnt2 或 Wnt3 引起 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路及神经再生的损伤, 并导致抑郁样行为的产生。

3. 慢病毒过表达 Wnt2 或 Wnt3 能纠正 CRS 引起的抑郁样行为。

4. Wnt2 和 Wnt3 能引起 CREB 的激活; Wnt2 与 Wnt3 之间存在 CREB 依赖的正反馈。

5. 注射盐酸氟西汀能引起 Wnt2 与 Wnt3 表达的升高; 敲除 Wnt2 或 Wnt3 阻断盐酸氟西汀的抗抑郁作用。

**结论** 腹侧海马脑区 Wnt2 和 Wnt3 在 CRS 引起的抑郁样行为中发挥抗抑郁作用。

PU-2268

## 硫脑苷脂在各系统疾病中的研究新进展

李晓彤

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 硫脑苷脂 (3-O-磺基半乳糖神经酰胺), 作为一种酸性鞘糖脂, 广泛存在于人体多种组织、器官中, 也存在于血清中的各种脂蛋白、血小板以及红细胞的表面。硫脑苷脂含有一个 18 或 20 个碳原子的鞘氨醇骨架, 鞘氨醇的氨基组份可以被脂肪酸残基酰化。

**方法** 由于脂肪酰链的长度、饱和程度以及羟基化程度有所不同, 硫脑苷脂显示出结构组成上的差异, 其结构具有组织特异性。硫脑苷脂在多个系统中都扮演着重要角色, 其代谢异常会导致多种疾病发生, 深入研究其在各个系统中的病理生理学作用对预防和治疗某些疾病具有重大意义。

**结果** 此外, 硫脑苷脂的检测也日益受到关注, 传统的衍生分析方法除了步骤冗繁外, 样品消耗量也较大, 近几年来, 随着软电离质谱技术的发展, 为包括硫脑苷脂在内的鞘糖脂结构鉴定提供了新的技术平台, 质谱法具有用量少、快速、灵敏、高通量等特点。

**结论** 现就硫脑苷脂在神经系统、血栓形成与心血管疾病、自身免疫性疾病、肿瘤与感染以及检测方法等方面的研究新进展进行综述, 旨在为临床预防和治疗各类相关疾病提供新思路。

PU-2269

## 神经肽 Apelin-13 在痛觉调控中的作用及其机制研究

许宁

山东大学第二医院,250000

**目的** 探究 apelin-13 在脊髓上水平痛觉调控的作用及其机制。

**方法** 1. 选取热甩尾实验作为实验模型, 研究侧脑室注射不同剂量 apelin-13 对痛觉的影响。

2. 侧脑室注射 APJ 受体抑制剂 apelin13(F13A), 观察对 apelin-13 引起的镇痛作用的影响。

3. 侧脑室注射不同亚型阿片受体抑制剂, 观察对 apelin-13 引起的镇痛作用的影响。

4. 侧脑室同时注射 apelin-13 及吗啡, 观察 apelin-13 对吗啡引起的镇痛作用的影响。

**结果** 1. 侧脑室注射 apelin-13 产生剂量及时间依赖的镇痛效应。

2. APJ 受体抑制剂 apelin13(F13A)阻断 apelin-13 引起的镇痛效应, 表明 APJ 受体介导 apelin-13 引起的镇痛作用。

3. 纳洛酮,  $\beta$ -FNA 及 naloxonazone 完全阻断 apelin-13 的镇痛作用; 而 NTI 及 nor-BNI 对 apelin-13 的镇痛作用没有影响, 表明  $\mu$  阿片受体介导 apelin-13 引起的镇痛作用。

4. 侧脑室注射 apelin-13 能增强吗啡引起的镇痛作用, 并且这一作用能被纳洛酮逆转。

**结论** 1. 神经肽 apelin-13 在脊髓上痛觉调控中发挥镇痛作用。

2. Apelin-13 的镇痛作用是通过激活 APJ 受体及内源性阿片系统介导的。

PU-2270

## CAP 线性和校准验证报告解释

罗开宏,何詠,张玫,黄亨建

四川大学华西医院,610000

**目的** 1988 年的临床实验室修正法案 (CLIA'88) 和后来的改进法案都要求实验室进行线性和校准验证程序证实测试系统持续的准确性<sup>[1]</sup>。不管是综合性大医院的实验室还是一些基本测试的检验所, 要求所有在美国的实验室都要满足 CLIA'88 的要求。其中线性和校准验证调查提供了证明检测系统和后续测试结果是否达到质量标准的一种方法。美国病理学家学会 (CAP) 旨在满足 CLIA'88 的要求下, 提供一个全面的线性和校准验证调查计划<sup>[2]</sup>。同样使用 CAP 线性和校准验证的实验室也满足 CAP 的实验室认可要求, 因此线性和校准验证计划的使用提供了实验室的双重好处。然而, 许多实验室的管理者和实验室人员在收到线性和校准验证调查报告后不能完全阅读明白调查报告。为什么收到一个“差异的等级评定”报告? 所测项目是线性关系但验证没有通过的含义? 能做些什么来解决这个问题?

**方法** 本文结合实验室历年参加线性和校准验证调查的结果

**结果** 校准验证/线性调查促使参与的实验室执行校准验证和方法线性评估, CAP 校准验证和线性调查结果中会产生验证 (Verification) 和差异 (Differences) 的等级评定。

**结论** 说明如何理解线性和校准验证的关系, 如何解释线性和校准验证调查结果, 如何理解评估结果的含义和解决问题结果的方法。

## PU-2271

**某妇产医院 2016 至 2018 年临床用血情况分析**

王美茹  
沈阳市妇婴医院,110000

**目的** 采用回顾性方法分析某妇产专科医院近 3 年妇产科手术临床用血情况, 了解该院临床用血的合理性, 为正确评估及提升该院临床用血管理水平提供依据。

**方法** 提取该院妇产科 2016 至 2018 年手术病历, 手术时间、患者年龄、体重、合并症不限; 除外人工流产、清宫、诊刮、活检、宫颈环扎等小手术。全部病例按时间段(年)分组, 对手术例数、临床上血制品的使用量等数据进行调查统计。分析 2016 至 2018 年该院使用血液制品的总体趋势。

**结果** 2016 至 2018 年妇科手术例数分别为 8280、9972、10612 例, 产科为 18977、16977、24023 例; 近 3 年红细胞悬液使用情况妇科为 668、645.5、559 U, 产科为 592、433.5、248.5 U; 血浆使用情况妇科为 5650、1300、1000ml, 产科为 21100、14100、9350ml。

**结论** 近 3 年该院妇科手术呈逐年递增趋势, 均与前一年比较, 妇科手术增长率为 20.4%、6.0%, 产科 2017 年较 2016 年下降 10.5%, 可能与该院严格控制剖宫产率相关, 2018 年较 2017 年增长 41.5%, 一方面是全面二胎时代的到来, 另一方面与该院不断加强医务人员技能水平培训, 扩大宣传相关。2016 至 2018 年该院红细胞悬液、血浆使用量均呈逐年递减趋势, 均与前一年比较, 妇科红细胞悬液使用下降率为 3.4%、13.4%, 产科为 26.8%、43.2%; 妇科血浆使用下降率为 76.9%、23.1%, 产科为 33.2%、33.6%。这与该院输血科的工作人员在工作中贯彻合理用血原则, 严格掌握对患者进行输血的适应证有关。此外, 与改变临床医生使用血制品的观念、改良止血技术及使用更有效的止血药物等也密不可分。可见, 该医院对血制品的管理较规范, 对血制品的使用情况较合理。

## PU-2272

**胃泌素释放肽前体在肾功能不全患者中的变化及意义**

凌芸,丁红梅,王敏,张源达,杨淑娴  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 评估胃泌素释放肽前体(ProGRP)与肾功能的关系, 探讨其在肾功能不全患者中的临床意义。

**方法** 选取我院收治的肾科住院病人 178 例为研究对象; 分别检测 ProGRP 和肌酐(Cr)水平, 估算肾小球滤过率(eGFR), 依据 eGFR 数值将患者分为五期。分析 ProGRP 与 Cr, eGFR 的相关关系, 并对不同时期的 ProGRP 水平进行比较。

**结果** 肾功能不全患者的 ProGRP 水平随着肾功能水平的下降而逐渐升高, 且各级之间比较差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 本研究探讨了 ProGRP 与肾功能的关系, 发现其水平随着肾功能不全患者疾病的进展而明显增加, 预示着它有可能可以作为监测肾功能的重要指标。

## PU-2273

## 碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌（CRE）耐药性 与其抗菌药物使用的相关性分析

舒文

上海市第一人民医院,200000

**目的** 抗菌药物的使用是细菌耐药性产生的主要原因之一。本研究的目的是探讨耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌中抗菌药物的使用与其耐药性的关系，从而为临床合理使用抗菌药物，降低细菌耐药性提供依据。

**方法** 对我院 2011 年至 2015 年分离的碳青霉烯耐药肠杆菌进行药敏试验，采用 whonet 软件处理药敏数据。同时收集临床使用的抗菌药物种类及用量，统计学分析其与耐药性的相关性。

**结果** 2011 年到 2015 年，肠杆菌科细菌检出率逐年升高，而 CRE 的检出率趋于稳定。CRE 菌株对各类抗菌药物的耐药性明显高于碳青霉烯类敏感的肠杆菌科细菌。碳青霉烯类药物使用量呈逐年升高趋势，使用量的增加与头孢他啶在 CRE 中的耐药率呈显著负相关（ $P<0.05$ ），而与 CRE 检出率及 CRE 菌株对其他抗菌药物的耐药性无相关性。

**结论** 合理使用抗菌药物可以减少细菌耐药的发生，但碳青霉烯类药物的使用并不是 CRE 产生及 CRE 对其他抗菌药物耐药性增高的主要原因。

## PU-2274

## IGFBPL1 在动脉粥样硬化中的功能与临床研究

肖蕾

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 研究胰岛素生长因子结合蛋白样受体 1 (insulin like growth factor binding protein like 1, IGFBPL1)对体外培养的人主动脉平滑肌细胞 (smooth muscle cell, SMC) 脂质代谢的影响，寻找早期诊断动脉粥样硬化的新标志物。

**方法** 1) 用基因芯片在动脉粥样硬化斑块组织中筛选到目的基因 IGFBPL1；(2) 不同浓度梯度 (0, 25, 50, 100mg/ml) 的 ox-LDL 处理人主动脉平滑肌细胞后，用 qPCR 和 Western Blot 检测 IGFBPL1 的表达量；(3) 过表达和干扰 IGFBPL1 后，用 qPCR 和 Western Blot 检测其下游基因的表达情况；(4) 回复实验验证 ox-LDL 与 IGFBPL1 共同影响下游基因的表达情况。

**结果** 基因芯片结果得出 IGFBPL1 基因在动脉粥样硬化斑块组织中显著下降。在人主动脉平滑肌细胞，qPCR 和 Western Blot 检测到 IGFBPL1 随 ox-LDL 呈浓度梯度依赖性下降，其下游基因 LDLR 的表达情况随着 IGFBPL1 的过表达/干扰而显著增高/降低，并在回复实验中得到验证。

**结论** IGFBPL1 在动脉粥样硬化中显著下降并浓度和时间依赖性地受 ox-LDL 的调节，并引起下游靶基因 LDLR 的改变。

## PU-2275

## 贵州地区布依族与汉族人群地中海贫血基因突变类型分析

余姝妮

贵州省人民医院,550000

**目的** 分析比较贵州地区布依族与汉族  $\alpha$ -地中海贫血和  $\beta$  地中海贫血(以下简称  $\alpha$ -地贫、 $\beta$ -地贫)基因突变类型，为贵州地区少数民族人群地贫的筛查和诊断提供参考数据。

**方法** 通过收集 2018 年 1 月至 2019 年 1 月来我院就诊的地贫可疑患者 3294 例（布依族 680 例、汉族 2614 例），采用跨越断裂位点聚合酶链反应(Gap-PCR)方法和反向点杂交(reverse dot blot,RDB)方法分别检测  $\alpha$ -珠蛋白基因 4 种常见的缺失型突变(--SEA、 $-\alpha^{4.2}$ 、 $-\alpha^{3.7}$ 、--Thai)和 3 种常见的非缺失型突变( $\alpha^{CS}\alpha$ 、 $\alpha^{QS}\alpha$ 、 $\alpha^{WS}\alpha$ )。

**结果** 在 680 例布依族人群样本中，检出 435 例地中海贫血阳性样本，阳性率 64.0%。其中  $\alpha$ -地贫 221 例，占 50.8%； $\beta$ -地贫 220 例，占 50.6%； $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫 14 例，占 3.2%。在 2614 例汉族人群样本中，检出 1200 例地中海贫血阳性样本，阳性率 45.9%。其中  $\alpha$ -地贫 529 例，占 44.1%； $\beta$ -地贫 660 例，占 55.0%； $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫 11 例，占 0.92%。

**结论** 贵州地区布依族人群阳性率与汉族人群  $\alpha$ -地贫、 $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫阳性率均有显著差异，而  $\beta$ -地贫阳性率无明显差异。

## PU-2276

### 血清腺苷脱氨酶（ADA）活性与冠心病的关系：一项基于 9929 例参与者的回顾性病例-对照研究

玄超<sup>1</sup>,田婷婷<sup>1</sup>,凌演演<sup>1</sup>,何国伟<sup>2,3</sup>,田清武<sup>1</sup>,伦立民<sup>1</sup>

1.青岛大学附属医院

2.泰达国际心血管病医院,300450

3.俄勒冈健康和科学大学

**目的** 甲硫氨酸循环一碳代谢生化过程中的多种底物，代谢物，酶和辅因子等均与心血管疾病的发生有密切关系。同型半胱氨酸、尿酸、非对称二甲基精氨酸等可以导致内皮功能损伤，是心血管疾病的独立危险因素。L-精氨酸、腺苷、叶酸等可以保护内皮功能是心血管系统的保护性因素。腺苷脱氨酶（Adenosine Deaminase, ADA）参与腺苷的代谢，其与冠心病的关系目前仍处于医学假说阶段。本研究旨在通过大样本回顾性病例-对照研究探索血清 ADA 活性与冠心病的关系。

**方法** 基于医院的回顾性病例对照研究（2012 年 12 月-2018 年 7 月）共纳入冠心病患者 5212 例和年龄、性别匹配的没有冠心病症状的对照患者 4717 例。血清 ADA 活性的测定采用过氧化物酶法。

**结果** 与对照组相比（ $11.71 \pm 4.20 \text{ U/L}$ ），冠心病组血清 ADA 活性显著降低（ $10.08 \pm 3.57 \text{ U/L}$ ，unpaired t-test,  $P < 0.001$ ）。心肌梗死组血清 ADA 活性（ $9.77 \pm 3.80 \text{ U/L}$ ， $n=1873$ ）与稳定性心绞痛（ $10.26 \pm 3.70 \text{ U/L}$ ， $n=1332$ ）和不稳定性心绞痛组（ $10.25 \pm 3.22 \text{ U/L}$ ， $n=2007$ ）相比显著降低（one-way ANOVA,  $P < 0.001$ ）。经多因素校正后，血清 ADA 活性仍与冠心病呈显著负相关性（OR = 0.852, 95%CI: 0.839-0.865,  $P < 0.001$ ）。此外，血清 ADA 活性与血糖水平呈正相关（ $r=0.237$ ,  $P < 0.001$ ），并在糖尿病患者中显著升高（ $11.27 \pm 4.04 \text{ U/L}$ ， $P < 0.001$ ）。

**结论** 本研究首次证明了冠心病患者特别是心肌梗死患者血清 ADA 活性显著下降。这可能与冠心病状态时机体为维持腺苷水平保护冠脉内皮功能和心血管系统有关。ADA 活性测定已广泛应用于临床实验室，揭示其活性与冠心病状态的关系对疾病的预防、控制和治疗有一定意义。

## PU-2277

## Circulating Tregs and their related cytokines and functional subpopulations in patients with chronic HBV infections

Chen Liu, Lijuan Xu, Yan Long, Changsheng Xia, Ying Song, Hui Wang  
Peking University People's Hospital

**Objective** This study was designed to investigate the levels of circulating regulatory T cells and their functional subpopulations and related cytokines in chronic hepatitis B patients and inactive HBV carriers.

**Methods** Peripheral blood of 24 HBV inactive carriers, 26 chronic hepatitis B patients and 34 healthy controls were collected and analyzed by flow cytometry for CD4+FoxP3+, CD4+CD25+FoxP3+, CD4+CXCR5-FoxP3+ regulatory T cells and CD4+CXCR5+FoxP3+ follicular regulatory T cells. The levels of IL-10, TGF $\beta$  and IL-21 in plasma were determined by ELISA. The proportion of functional subpopulations in regulatory T cells was analyzed by staining of Helios, CD45RA and FoxP3, TIGIT and CD226, and the correlations between Treg cells and clinical indicators related to HBV infection were explored.

**Results** The proportion and total number of CD4+FoxP3+, CD4+CD25+FoxP3+ and CD4+CXCR5-FoxP3+ regulatory T cells in peripheral blood of CHB patients were significantly increased, and CD4+CXCR5-FoxP3+ follicular regulatory T cells were also significantly higher than inactive carriers and healthy controls, but CD4+CXCR5+FoxP3-follicular helper T cells did not differ significantly among three groups. The levels of TGF $\beta$  and IL-10 in plasma of CHB patients were significantly higher than those of healthy controls, but there was no change in IL-21 levels. The proportions of Helios+FoxP3+, CD45RA-FoxP3<sup>hi</sup>, CD226-TIGIT+ and TIGIT+ functional subpopulations in CD4+CXCR5-FoxP3+ Treg cells in CHB patients were significantly increased, while the proportions of CD45RA+FoxP3<sup>int</sup>, CD226+TIGIT- and CD226+ subpopulations were significantly lower. Circulating CD4+CXCR5-FoxP3+Treg in CHB patients was positively correlated with HBsAg, HBeAg and HBV DNA.

**Conclusions** In patients with CHB, circulating follicular regulatory T cells were elevated while follicular helper T cells and IL-21 levels were unchanged. The circulating regulatory T cells of CHB patients not only increased in level, but also had a higher proportion of cell subsets with stronger immunosuppressive function, and Treg-associated cytokines IL-10 and TGF $\beta$  were also increased. Positive correlations between Treg and HBV-related clinical indicators suggest that upregulated levels and function of Treg may result in persistent chronic infection of HBV by inhibiting the antiviral immune responses. An in-depth examination of the functional subset of Treg helps to better judge the function of regulatory T cells in patients and reflects the inhibition of antiviral immunity in the body.

## PU-2278

## 发现一个马凡综合征 FBN1 基因新突变 c.649T > C

荣伽玲, 郑芳  
武汉大学中南医院, 430000

**目的** 对来我院就诊的一个马凡综合征 (Marfan syndrome, MFS) 家系中的先证者及其他成员进行致病性突变筛查, 在基因和蛋白水平寻找该家系致病的可能原因, 进而为患者进行遗传咨询和优生优育提供依据。

**方法** 收集马凡综合征家系患者的临床资料, 采集并提取先证者及其他家系成员的外周静脉血基因组 DNA, 经芯片捕获高通量测序技术进行测序筛查突变位点, Sanger 法测序对突变位点进行验证并进行相关生物信息学分析。

**结果** 芯片捕获高通量测序结果显示在先证者及其姑姑 FBN1 基因 7 号外显子上存在一个相同的错义突变位点 c.649T>C (p.Trp217Arg)。查询相关数据库 (HGMD, UMD-FBN1, NCBI-Clinvar 以及 ExAC), 目前尚无关于该突变位点致病性的报道。经生物信息学分析, 在线软件预测该突变致病性的可能性很大, 可使蛋白质二级结构和氨基酸疏水性发生改变。

**结论** 该家系患者 FBN1 基因存在一个突变位点 c.649T > C, 该突变可能会使原纤维蛋白-1 结构和功能改变从而导致马凡综合征患者发病。

## PU-2279

### 乙肝病毒感染与抗平滑肌抗体相关性分析

马跃飞<sup>1</sup>, 贺勤<sup>2</sup>, 詹富国<sup>1</sup>, 林锦骝<sup>1</sup>, 黄金兰<sup>1</sup>, 欧启水<sup>1</sup>

1. 福建医科大学附属第一医院, 350000

2. 福建医科大学医学技术与工程学院

**目的** 探讨乙肝病毒感染患者病毒复制活动情况、疾病进程与血清抗平滑肌抗体 (ASMA) 的相关性。

**方法** 回顾性分析我院 2014 年 6 月至 2018 年 6 月间慢性乙型肝炎 (CHB) 患者肝病自身抗体阳性率。分析 CHB 合并 ASMA 阳性患者的临床资料和实验室数据, 筛选 51 例患者纳入研究为实验组。随机选择期间自身抗体检测阴性的慢乙肝患者 50 例作为对照组。对比分析两组的临床表现、肝功能、乙肝病毒复制活动情况和疾病进程的差异。

**结果** (1) 1337 例 CHB 患者中, 245 (18.32%) 例肝病自身抗体检测阳性; 抗核抗体 (ANA)、抗平滑肌抗体 (ASMA)、抗线粒体抗体 (AMA) 和抗肝肾微粒体抗体 (LKM) 的阳性率分别为 13.46%、5.01%、0.60% 和 0.07%。HBV-DNA 阳性组和 HBV-DNA 阴性组自身抗体阳性率差异无统计学意义。(2) 实验组和对照组患者的年龄、性别构成、HBsAg 感染年限等差异无统计学意义。实验组的临床症状多以黄疸、腹痛为主, 可合并肝外免疫现象 ( $P < 0.05$ ); 实验组中肝硬化、肝癌患者占 43.1%, 高于对照组 22.0% ( $\chi^2 = 5.128$   $P = 0.024$ )。(3) 实验组 TP 和 ALB 低于对照组 ( $t = -2.170, P = 0.032$ ;  $t = -5.244, P = 0.000$ ), TBIL、ALP、TBA 和 PT 高于对照组 ( $Z = -2.799, P = 0.005$ ;  $Z = -2.833, P = 0.005$ ;  $Z = -3.709, P = 0.000$ ;  $Z = -3.232, P = 0.001$ ), 差异均有统计学意义; 两组 HBsAg、HBeAg 和 HBV-DNA 对数值 ( $Z = -0.842, P = 0.400$ ;  $Z = -1.106, P = 0.310$ ;  $Z = -0.874, P = 0.382$ ) 差异无统计学意义。(4) 实验组中肝炎、肝硬化和肝癌患者的 ASMA 滴度差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 0.199$   $P = 0.906$ )。

**结论** ASMA 阳性的 CHB 患者多以黄疸、腹痛为起病原因, 可伴有肝外免疫现象, 发展为肝硬化肝癌比例较高。ASMA 的产生与 HBV 病毒载量、复制活动性不相关; ASMA 滴度与病程不相关。

## PU-2280

### 冠心病患者血清补体 C1q、HCY 结果分析

肖春梅

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 探讨冠心病患者血清补体 C1q、HCY 水平变化及临床意义。

**方法** 收集我院住院治疗冠心病 (CHD) 患者 136 例, 根据 CHD 临床类型将患者分为稳定性心绞痛 (SAP) 组 40 例, 不稳定性心绞痛 (UAP) 组 60 例、急性心梗 (AMI) 组 36 例。选择同期健康体检正常人 50 例作为对照组。检测所有研究对象的 C1q、HCY, 对结果进行分析。

**结果** 136 例 CHD 患者 C1q、HCY 水平均高于正常对照组 ( $p < 0.05$ ); UAP 组、AMI 组 C1q、HCY 水平高于 SAP 组和对照组 ( $p < 0.05$ ), SAP 组与对照组比较差异无统计学意义 ( $p > 0.05$ ); UAP 组、AMI 组血清 HCY、C1q 异常检出率均高于对照组和 SAP 组 ( $p < 0.05$ ),



SAP 组与对照组比较差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )；UAP 组、AMI 组组间比较差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。

**结论** 血清 C1q、HCY 水平与 CHD 发生及病情进展相关，监测 CHD 患者血清 C1q、HCY 水平，对动态观察患者病情发展及严重程度有指导意义。

## PU-2281

### 血清学检测指标在鉴别原发性肝癌与转移的诊断价值

董晓微

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 研究分析原发性肝癌与转移采用血清学检测指标鉴别的临床诊断价值。

**方法** 选取 2016 年 3 月~2018 年 10 月在我院接受治疗的 180 例肝癌患者，所有患者均采血检测血清学检测指标，通过病理组织学类型，将患者分为三组，即为原发性肝癌组 (N=60)、原发性肝癌转移组 (N=60) 以及无肝癌转移对照组 (N=60)，比较三组的血清学检测指标。

**结果** 原发性肝癌组与原发性肝癌转移组、无肝癌转移对照组，血清学指标检测结果比较有差异，具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 对血清学检测指标，在原发性肝癌与原发性肝癌转移的临床鉴别诊断中，具有一定应用价值。

## PU-2282

### 478 例糖尿病合并尿路感染患者的病原菌的分布及耐药性分析

李雯雯

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 本文研讨了 478 例糖尿病合并尿路感染患者的病原菌的分布及其耐药性，为临床控制糖尿病患者尿路感染用药提供依据

**方法** 回顾分析了 478 例糖尿病合并尿路感染标本的病原菌，用 VITEK-2 细菌分析仪进行细菌鉴定，用 K-B 法或 MIC 法进行药敏监测

**结果** 478 例感染的病原菌中，以革兰阴性杆菌为主 (73.2%)，明显高于革兰阳性球菌 (21.2%) 及真菌 (5.7%)；不同的病原菌对抗生素的耐药性有所差别。

**结论** 糖尿病患者容易并发复杂性尿路感染，且病原菌构成多样，耐药性强，应加强控制及合理用药。

## PU-2283

### 恒温扩增芯片技术在下呼吸道感染性疾病精准检测中的临床应用研究

魏晓楠

烟台市毓璜顶医院

**目的** 利用恒温扩增芯片技术对烟台-威海地区 4438 例下呼吸道感染患者进行 13 种病原体检测，探讨其流行病学特征，评价应用价值。

**方法** 收集下呼吸道感染患者的深部痰液 4438 例及肺泡灌洗液 246 例, 采用恒温扩增芯片技术检测病原体, 对病原体感染分布情况进行统计分析。

**结果** 本地区 2017 年呼吸道病原体核酸检测 (恒温扩增芯片法) 总阳性率为 66.00% (2929/4438), 其中单一感染占 35.80% (1589/4438), 混合感染占 30.19% (1340/4438), 以流感嗜血杆菌为主, 检出率为 29.13% (1293/4438), 其次为肺炎链球菌及肺炎支原体, 检出率分别为 24.70% (1096/4438)、17.69% (785/4438)。

**结论** 恒温扩增芯片法能够快速扩增肺部感染患者痰液中常见致病菌核酸, 对感染病原菌进行精准医学分子诊断检测鉴定, 可为临床提供快速可靠的实验室诊断依据, 通过恒温扩增芯片技术, 可初步掌握烟台-威海地区呼吸道系统感染的流行病学特点和发病率, 并为临床诊断和治疗提供参考依据。

## PU-2284

### High pre-operative platelet-leukocyte aggregate are associated with infection after cardiac valve replacement: a prospective cohort study

Si Chen, Liu Chaonan, Zhou Jing  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective Aims** Infection is one of most common complications after surgery. Platelet-leukocyte aggregates (PLAs) formed by the interaction of platelet and leukocyte, involved in the progress of inflammation, which is the main response in infection. We conducted a prospective cohort study to explore potential prognostic value of PLA to predict infection in patients receiving valve replacement not only during hospitalization, but after discharge within 3- year follow-up.

**Methods Methods** Patients receiving elective on-pump valve replacement for rheumatic heart diseases between November 1, 2011 and September 30, 2012 were included. PLA was determined before surgery. Primary outcome was lung infection.

**Results Results** The cohort included 244 subjects, with 7 lost to follow-up. A total of 30 experienced infection, in which 26 suffered lung infection. The level of platelet-leukocyte aggregate associated with a statistically significant increase in lung infection (). The incidence of infection was higher in low- and high- group of PLA (low-, medium- and high- group of PLA are 11.1%, 3.7% and 17.0%), and showed a significant difference ( $p=0.020$ ). In univariate Cox regression analysis that divided PLA into trisection, infection was significantly influenced by high group of PLA (HR for medium PLA, 95%CI: 1.43 to 17.28;  $p=0.012$ ), but no significantly influence was found in low group of PLA (HR for medium PLA, 0.32; 95%CI: 0.90 to 1.18;  $p=0.087$ ). Kaplan-Meier survival analysis showed lung infections-free survival was shorter in patients with higher and lower PLA levels compared with patients with medium PLA levels ( $p=0.022$ , log rank).

**Conclusions Conclusions** Patients with high and low PLA levels have higher incidence of lung infection compared with medium PLA level. And high level PLA predicts increased lung infection in patients receiving valve replacement for rheumatic heart diseases.

## PU-2285

## 某院 2012-2018 年老年患者临床分离菌的分布特点及耐药性分析

吴亚丽

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 了解某院 2012-2018 年老年患者临床分离菌的分布特点及其对抗菌药物的耐药性。

**方法** 采用纸片扩散法或自动化仪器微量肉汤稀释法进行细菌药敏试验,按照美国临床和实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)2014 年标准判读结果

**结果** 共收集临床分离菌 27781 株,其中老年患者 11892 株,占整体人群 42.8%。其中革兰阳性菌 2375 株,占 20.0%;革兰阴性菌 8633 株,占 72.6%;真菌 865 株,占 7.3%。住院患者分离菌株 10871 株,占 91.4%;门诊患者分离菌株 1025 株,占 8.6%。呼吸道标本是病原菌的主要分离来源,共 6527 株,占 54.9%;其次为尿液,分离 3079 株,占 25.9%;脓液分泌物 795 株,占 6.7%;血液 770 株,占 6.5%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的检出率分别为 39.2%和 77.4%,未发现万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药的葡萄球菌株。除四环素外,屎肠球菌对其他抗菌药物耐药率均高于粪肠球菌,两者均未检出万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药的菌株。肺炎链球菌中,对大环内酯类抗菌药物的耐药率超过 90%,青霉素耐药的肺炎链球菌(PRSP)检出率为 1.8%。大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、奇异变形杆菌中产(ESBLs)菌株分别占 60%、20%和 30%,碳青霉烯类抗菌药物依然对肠杆菌科细菌保持良好的抗菌活性,耐药率均<4%,其次为阿米卡星和酶抑制剂复合制剂。肺炎克雷伯菌对亚胺培南、美罗培南的耐药率分别为 2.6%和 3.2%。铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 12.4%和 7.5%。鲍曼不动杆菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率均达到 70%。

**结论** 老年患者临床分离菌的分布特点与耐药性不同于全国平均水平,经验用药应参考老年人群耐药监测数据,根据药敏试验结果合理选用抗菌药物。

## PU-2286

## Long Noncoding RNA LINC02418 Regulates MELK Expression by Acting as a ceRNA and may Serve as a Diagnostic Marker for Colorectal Cancer

Yinghui Zhao,Lutao Du,Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Some types of long noncoding RNAs (lncRNAs) are aberrantly expressed in human diseases, including cancer. However, the overall biological roles and clinical significance of most lncRNAs in colorectal cancer (CRC) are not fully understood. This study aimed to investigate the significance of some lncRNAs in CRC.

**Methods** First, The Cancer Genome Atlas (TCGA) was analyzed to identify differentially expressed lncRNAs between CRC tissues and noncancerous tissues. We then examined the relevance of the significantly differentially expressed lncRNA to the CRC outcomes in CRC tissues, cell lines and the peripheral serum. A series of biochemical and molecular biological assays were conducted to elucidate the functional mechanism of a lncRNA of interest in CRC.

**Results** We identified that LINC02418 was highly expressed in CRC tissues, cell lines and the peripheral serum. Next, we evaluated the effect of LINC02418 on CRC tumorigenesis and its regulatory functions of absorbing microRNA and indirectly stimulating protein expression by acting as a ceRNA. Mechanistically, LINC02418 acted as a ceRNA to upregulate MELK expression by absorbing miR-1273g-3p. In addition, the diagnostic performance of exosomal

LINC02418 was evaluated by the receiver operating characteristic curve (ROC) and the area under the curve (AUC). Exosomal LINC02418 could distinguish the patients with CRC from the healthy controls (AUC = 0.8978; 95% confidence interval (CI) = 0.8644-0.9351).

**Conclusions** Collectively, we determined that LINC02418 was significantly overexpressed in CRC and that the LINC02418-miR-1273g-3p-MELK axis played a critical role in CRC tumorigenesis. Finally, exosomal LINC02418 is a promising, novel biomarker that can be used for the clinical diagnosis of CRC.

## PU-2287

### H-FABP 在消化道肿瘤化疗相关心脏毒性 早期诊断中的价值

宋佳音

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探讨以 5-氟尿嘧啶 (5-FU) 为基础的不同化疗方案在消化道肿瘤化疗中心脏毒性的发展情况;探讨心型脂肪酸结合蛋白 (H-FABP) 在消化道肿瘤化疗相关心脏毒性早期诊断中的价值,为临床进行有效的防护治疗提供依据。

**方法** 选择入院前无心脏病的消化道肿瘤患者 100 例,其中 FOLFOX (奥沙利铂+亚叶酸钙+氟尿嘧啶)/XELOX (奥沙利铂 +卡培他滨) 组 56 例, FOLFIRI (伊立替康+亚叶酸钙+氟尿嘧啶) 组 36 例, 贝伐单抗+FOLFOX/XELOX 组 8 例。分别在化疗 1, 3 和 6 周期后观察各组之间的心脏毒性事件发生情况,同时采用胶乳免疫比浊法和化学发光法来检测三组化疗后 24 小时以内血清 H-FABP 和肌红蛋白 (Mb) 的水平以及进行 12 导联心电图检测,评价 H-FABP 在化疗相关心脏毒性发生时的早期诊断价值。

**结果** 3 组患者在年龄、病理分型,临床分期,转移等差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。三个化疗组的心电图异常发生率在化疗第一周期开始升高,与治疗前比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 各组心脏毒性反应在化疗 6 个周期后的严重程度明显高于化疗 1 个周期后,且差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 各组 6 周期化疗后心脏毒性血清 H-FABP 和 Mb 阳性检出率均高于心电图的阳性检出率,差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 各组的心脏毒性反应随着药物累积剂量增加而增高,但在各组相同时间点比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 在消化道肿瘤治疗中,以 5-FU 为主的三组化疗方案导致的心脏毒性主要是心肌缺血;作为检测指标的 H-FABP 具有一定早期诊断的价值,它阳性检出率高于心电图,可更有效的帮助临床开展化疗相关心脏毒性事件的早期预防,诊断和治疗。

## PU-2288

### ABO 血型与胆囊癌患者预后的关系

李慧

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 分析与胆囊癌发病相关的临床特征,探讨 ABO 血型及其他相关因素与胆囊癌患者预后的关系。

**方法** 回顾性分析天津医科大学肿瘤医院 2012 年 12 月-2017 年 12 月采用根治性手术治疗,并且病理证实为胆囊腺癌的 111 例患者的临床病理资料和血型分布。其中 A 型血 24 例(占 21.6%)、B 型血 34 例(占 30.6%)、O 型血 39 例(占 35.1%)、AB 型血 14 例(占 12.7%),分析其临床特征,并对所有患者进行随访。采用卡方检验分析各影响因素与血型分布的相关性,用 Kaplan-Meier 法描绘不同血型分布的总生存和无病生存率,COX 比例风险模型分析各因素对预后的影响。

**结果** 111例胆囊腺癌患者,其中男性43例(占38.7%),女性68例(占61.3%);年龄25~84岁,平均年龄为57岁;AB型和B型患者的总生存率和无病生存率明显高于A型和O型患者( $\chi^2$ 分别为12.734、12.632,均 $P<0.05$ )。多因素回归分析显示,ABO血型与胆囊癌患者的预后显著相关(Cox回归分析显示:B型 vs. A型 HR=0.190, 95%CI: 0.059~0.615; O型 vs. A型 HR=0.859, 95%CI: 0.403~1.833; AB型 vs. A型 HR=0.281, 95%CI: 0.123~0.641)。

**结论** ABO血型是影响胆囊癌患者预后的一个独立因素。

## PU-2289

### 21例原发性肝癌患者EDTA依赖性假性血小板减少症的临床分析

肖潇,高春芳  
上海东方肝胆外科医院

**目的** 分析乙二胺四乙酸依赖性血小板减少症(EDTA-PTCP)在肝癌患者中的临床特点,讨论可能引起EDTA-PTCP的原因。

**方法** 统计东方肝胆外科医院2016年1月到2016年12月,21例肝癌EDTA-PTCP患者的临床表现、既往史、现病史、治疗方法、使用药物等情况,分析这些因素与EDTA-PTCP的关系。

**结果** 医院2016年1月至12月共计收入肝癌患者约13500例中出现EDTA-PTCP共21例,其中男18例(85.7%),女3例(14.3%)。入院治疗前出现EDTA-PTCP比例占33%(7/21,多数既往接受过治疗),治疗后发生率67%(14/21);在我院接受化疗9.5%(2/21),介入治疗38.1%(8/21),肿瘤切除52.4%(11/21)。药物治疗中使用洋托拉唑4例,埃索美拉唑2例,奥拉利铂1例,碘油1例。21例患者中6例入院仅测血常规1次并检出EDTA-PTCP(28.57%);15例检出2次以上(71.43%),其中持续时间 $\leq 2$ 周60.0%(9/15)。将检出2次以上的患者分为短期治疗组(手术切除)11例, $\leq 2$ 周80.0%(8/10);长期治疗组(介入治疗和化疗)5例, $\leq 2$ 周20.0%(1/5),两组间比较差异有统计学意义(80.0%比20.0%, $\chi^2=10.5, P<0.01$ )。

**结论** 肝癌患者EDTA-PTCP的发生与性别、常见病、治疗方式可能无关,与治疗药物及其持续的时间可能有关。80%肝癌肿瘤切除患者EDTA-PTCP持续时间 $\leq 2$ 周,与手术后恢复时间保持一致;80%肝癌介入和化疗的患者持续时间 $\geq 2$ 周,而化疗一般周期较长甚至需要1个月以上,说明药物在体内时间越长,EDTA-PTCP持续时间越长。

## PU-2290

### Mechanism and application of antimicrobial peptide TS

Rui Zhang  
Zhongda Hospital of Southeast University

**Objective** Recombinant antimicrobial peptide s-thanatin (TS), synthesized by substituting the amino acid, have shown strong antimicrobial activity against a number of bacteria including gram-positive and gram-negative bacteria and fungi. The purpose of this study was to explore the secondary structure, antimicrobial activity and physicochemical properties of antimicrobial peptides, and to reveal the antimicrobial mechanism from the cellular and molecular levels.

**Methods** The antimicrobial activity of antimicrobial peptides TS against clinically common strains of Escherichia coli, S. aureus, K. pneumoniae, P. aeruginosa and A. baumannii was detected by the minimum inhibitory concentration assay. Circular dichroism (CD) spectra of TS were detected

to study the secondary structure of it. *E. coli* was treated with antimicrobial peptide TS, and the efficiency of its penetration into the cell membrane and the integrity of the bacterial cell membrane were detected by flow cytometry. In addition, the effect of peptide TS on bacterial cell membrane was further verified by  $\beta$ -galactosidase assays and potassium ion release assay. Liposomes coated with calcitonin were prepared from phospholipids of different components for the combination experiment of peptide TS and lipopolysaccharide (LPS) to simulate the effect of polypeptides on cell membrane. Through confocal laser scanning microscopy and transmission electron microscope (TEM), the dynamic interaction between antimicrobial peptide TS and *E. coli* was precisely observed and the position of the interaction was determined. Proteomics was used to study the effect of antimicrobial peptide TS on *Escherichia coli* membrane protein.

**Results** The peptide has an anti-parallel  $\beta$ -sheet constrained by disulfide bonds in membrane-like conditions but a random coil pattern in PBS. The results of flow cytometry shown that peptide TS could cause cell membrane damage to a certain extent in a short period of time (30 min), especially for *E. coli*, and further verified by experiment  $\beta$ -galactosidase assays and potassium ion release assay. Peptide TS can combine with LPS to cause cell membrane lysis and kill bacteria, and has no cytotoxicity to mammalian cells. The confocal laser scanning microscopy reveal that fluorescence is mainly concentrated on the cell membrane. Moreover, the cell membrane of the peptide-treated bacteria is very irregular, showing a chaotic cell membrane morphology, and the cell membrane ruptures and releases its contents through TEM. Western blot show that certain bacterial proteins can bind specifically to TS, which need further analysis by mass spectrometry (MS).

**Conclusions** The current results show that peptide TS can interact with bacterial cell membrane and play a bactericidal role by cell lysis. TS not only can be used for clinical infection treatment, but has a great application prospect in the rapid detection of *Escherichia coli* infection due to its high anti-*E. coli* activity and sensitivity.

## PU-2291

### Association of LEPR polymorphisms with predisposition and inflammatory response in anti-tuberculosis drug-induced liver injury: a pilot prospective investigation in Western Chinese Han population

Zhenzhen Zhao, Ying Binwu

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Previous studies have proposed leptin/leptin receptor (LEPR) pathway has a potential role in the oxidative stress induction as well as in immune and inflammatory responses; however, the effects of leptin/LEPR signaling on anti-tuberculosis drug-induced liver injury (ATLI) remain unexplored. Here, we aimed to investigate the potential relationships between LEPR polymorphisms and ATLI risk and clinical characteristics.

**Methods** In total, this prospective study included 745 tuberculosis subjects with isoniazid and rifampin co-administration from West China. Six candidate single nucleotide polymorphisms (SNPs) in LEPR gene were genotyped by using a custom-by-design 48-Plex SNPscan kit. All subjects were monitored for six months to assess the occurrence of ATLI. Genetic association analysis at both the single-SNP and haplotype levels was performed. Significant SNPs were further explored in relation to clinical features and inflammatory response of ATLI cases.

**Results** ATLI was identified in 118 of 745 subjects with a prevalence rate of 15.84%. Significant differences were observed in the allele and genotype distribution of LEPR rs2025804 in ATLI cases compared to non-ATLI controls (allele: OR = 1.64, 95% CI = 1.15 - 2.32, adjusted-p = 0.036; dominant model: OR = 1.73, 95% CI = 1.14 - 2.61, adjusted-p = 0.054; additive model: OR = 1.64, 95% CI = 1.15 - 2.34, adjusted-p = 0.036). Haplotype AA comprising of rs2025804 and

rs2104564 was associated with a 1.58-fold increased predisposition to ATLI with  $p = 0.013$ . Furthermore, among ATLI patients, individuals carrying minor allele-containing genotypes in rs10889551, rs2025804 and rs2104564 loci had higher levels of C-reactive protein as compared to those homozygous major allele carriers, at  $p$  of 0.002, 0.057 and 0.012, respectively.

**Conclusions** Our study first shows that LEPR polymorphisms may increase the risk for ATLI and may influence the inflammatory response in ATLI patients among Western Chinese Han tuberculosis patients.

## PU-2292

### Upregulation of LncRNA BCYRN1 promotes tumor progression and enhances EpCAM expression in human gastric carcinoma

Hao Ren  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Brain cytoplasmic RNA 1(BCYRN1), a long non-coding RNA, plays a critical role in various diseases, including some cancers. However, the expression of BCYRN1 and its roles in gastric carcinoma (GC) still remain unidentified. The aim of the present study was to investigate the expression and clinical value of BCYRN1 in GC patients.

**Methods** This study employed RT-qPCR to detect expression of BCYRN1 in 85 paired GC samples and adjacent normal tissues, and performed in vitro studies to explore effects of BCYRN1 in GC cells on cell proliferation, apoptosis and migration.

**Results** We found BCYRN1 was significantly upregulated in GC samples, and its expression was positively correlated with advanced TNM stage ( $p=0.0012$ ) and tumor size ( $p=0.027$ ). Functionally, BCYRN1 knockdown by siRNA could inhibit cell proliferation, induce G1/G0 cell cycle arrest, increase apoptosis and impair migratory ability of AGS cells. Moreover, the results of RT-qPCR and western blotting indicated that knockdown of BCYRN1 notably decreased the expression of epithelial cell adhesion molecules (EpCAM). Otherwise, overexpression of BCYRN1 in GC cells (BGC-823 and SGC-7901) could reverse the effects of BCYRN1 knockdown.

**Conclusions** Our data indicate for the first time that BCYRN1 acts as an oncogenic lncRNA in GC progression and may be a potential therapeutic target in GC.

## PU-2293

### Emergence of hypervirulent Clostridium difficile ribotype 027 in China: imported from abroad in two different ways traced by whole genome sequencing

Juanxiu Qin, Min Li  
Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiaotong University

**Objective** The aim was to investigate an imported outbreak of Clostridium difficile ribotype 027(RT027) infection in two departments of a teaching hospital in China.

**Methods** We obtained epidemiologic data from chart review of cases. Laboratory analyses were performed including MLST, PCR ribotyping, whole genome sequencing, toxin A/B production and sporulation ability.

**Results** The outbreak was associated with severe disease in 3 out of 5 patients. It was after Patient 2 (P2) entered the hospital that the other four patients had subsequent diarrhea. Thirteen RT027 isolates were also found around P2's environment. P2 had had diarrhea during

hospitalization in United States and was subsequently transferred to this hospital. Based on the genome phylogenetic relationship, the RT027 isolates from Shanghai were more closely related to those from the US, which is consistent with his travel history. Particularly, isolates from the former outbreaks in Beijing and current cases in Shanghai were clustered into previously described lineages of fluoroquinolone-resistant *C. difficile* RT027, FQR1 and FQR2. Compared with several major epidemic strains in China (ST37, ST54 and ST2), the toxin production and spore formation of RT027 isolates were significantly higher. Followed by a series of control measures, the RT027 isolates were not detected again in the following three months.

**Conclusions** We firstly identified an imported outbreak of *C. difficile* RT027 infection in China. Interventions were done to prevent further spread successfully. Furthermore, this study provides initial epidemiological evidence that the 027 strains have emerged in China via different path that deserves continuous surveillance in China.

#### PU-2294

### TB-IGRA screening, risk markers, and treatment analysis of latent tuberculosis infection in HIV-negative silicosis patients in Western China: A pilot prospective study

Zhenzhen Zhao, Xuerong Chen

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective** The challenge of whether to screen and treat target for latent TB infection (LTBI) among the silicosis population in TB- high-burden countries currently remains to be addressed.

**Methods** Our study enrolled 92 silicosis patients free of HIV infection to perform the TB-IGRA screening test and complete blood cell count at enrollment and subsequently monitor the development of active TB.

**Results** At beginning of study, 45 silicosis subjects exhibited the positive TB-IGRA response, and the proportion of LTBI was 48.91% (45/92). We observed that the LTBI group showed a significantly elevated monocyte percentage in peripheral blood (p-value of 0.006 with Bonferroni correction) in contrast with the LTBI-free group. The AUC for monocyte rates derived from the ROC was 0.714 (0.604–0.825), which correlated with a sensitivity of 71.80% and specificity of 63.60%. A total of 19 patients received LTBI therapy, which accounted for 42.22% of the overall LTBI patients. At the end of the 18-month follow-up, eight TB-IGRA-positive individuals underwent LTBI therapy, and four TB-IGRA-negative responders were determined to suffer from active TB. The favorable effects attributable to LTBI treatment for active TB development were not identified.

**Conclusions** Our results first suggested that the elevated peripheral monocyte frequency might perform as a potentially useful marker to recognize those silicosis patients with higher risk for LTBI in Western China. Further, larger sample studies are required to verify our results.

#### PU-2295

### 某医院 288 例手术部位感染多重耐药菌耐药分析

马翠萍

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 分析手术部位多重耐药菌感染菌种类型及耐药情况, 采取有效措施预防术后切口感染。

**方法** 对本院 2017 年和 2018 年收到的 1160 例发生手术部位感染的阳性标本进行细菌分离鉴定及药物敏感实验, 统计分析多重耐药菌 (MDROS) 检出类型、构成比及耐药性。



**结果** 1160 例阳性标本检出 MDROs 288 例, 占 24.8%。依次检出产 ESBLs 的大肠埃希菌、耐甲氧西林凝固酶阴性的葡萄球菌、耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌、多重耐药的鲍曼不动杆菌、产超广谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBLs) 肺炎克雷伯杆菌、多重耐药的铜绿假单胞菌、耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌, 构成比由高到低分别为 34.4%、26.4%、15.3%、10.8%、7.3%、3.1%、2.8%, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=305.57$ ,  $P<0.001$ )。检出多重耐药菌的科室以骨科、普外科、ICU 检出最多。检出的多重耐药的阴性杆菌除鲍曼不动杆菌外其他细菌对于碳青霉烯类耐药率低。耐甲氧西林的凝固酶阴性的葡萄球菌对大多数抗菌药物耐药性高于耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌, 差异具有统计学意义 ( $P$  均  $<0.005$ )。未发现对万古霉素耐药的阳性球菌。

**结论** 了解本院手术部位多重耐药菌感染情况, 为临床提供资料, 预防和控制科室多重耐药菌的感染。

## PU-2296

### Curcumin b06 promotes the apoptosis of prostate cells by regulating androgen receptor

Hongchao Pan, Zhong Chen, Wenzhi Cao  
SimpleGene Clinical Laboratory Limited

**Objective** Curcumin is a kind of Dione compound extracted from the rhizomes of some plants of the family Curcuma and Araceae. Modern medical research shows that curcumin has the functions of lowering blood lipid and anti-oxidation and it is also known to exhibit anti-inflammatory and anti-tumoral activities in various cancer cells. Accumulative studies indicated that curcumin may induce apoptosis of cancer cells; however, the mechanisms underlying its apoptotic and anticancer effects remain to be elucidated.

**Methods** In this study, the cytotoxicity of curcumin was measured by MTT assay, and the exact molecular mechanisms of curcumin induced apoptosis in prostate cancer cells was assessed by flow cytometry and western blot. The expression levels of androgen receptor proteins and apoptosis related proteins caspase-3, caspase-8, bax in LNCap cells or tissues of mice were examined by qRT-PCR and western blot.

**Results** Our findings revealed that curcumin could induce an androgen receptor-mediated apoptosis in prostate cancer cells by increasing the expression of caspase-3, caspase-8 and bax. Moreover, animal experiments showed that curcumin could significantly inhibit the growth of prostate tumor and induce cell apoptosis in the prostate tumor in vitro.

**Conclusions** Our results indicated that curcumin may serve as a promising anti-cancer agent by inducing an androgen receptor mediated cell death which is at least partially dependent on androgen receptor.

## PU-2297

### 55 例 Ig4 升高患者相关性疾病的临床分析

马兰  
宁夏回族自治区人民医院

**目的** 讨论血清免疫球蛋白 IgG4 (IgG4) 测定在 IgG4 相关疾病 (IgG4-RD) 中的应用; 并统计受累器官, 增加对 IgG4 相关疾病特点的认识。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 12 月来宁夏人民医院各科室就诊有详细临床资料和明确诊断的成人 IgG4-RD 患者 55 例作为疾病组, 同时选取 58 例其他疾病对照组, 包括 50 例类风湿关节炎患者和 8 例系统性红斑狼疮患者, 60 例健康体检对照组。采用散射比浊法检测血清 IgG4, 比较各组 IgG4 水平, 分析 IgG4-RD 组与其他个组之间的差异; 并对患者进行分析。

**结果** 55例患者中有45例血清IgG4水平显著高于国际制定的标本1.35g/L, 占总数的81.80%。其他疾病对照组有8例患者血清IgG4升高, 占总数的13.8%。健康体检对照组正常, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。其他疾病对照组和健康体检对照组比较, 差异无统计学意义( $P>0.05$ )。最常见的受累器官包括胰腺和唾液腺, 其次发生于泪腺、胆管、肾、肝脏、肺等。

**结论** 血清IgG4对IgG4-RD诊断及鉴别诊断的价值。IgG4-RD是一组多系统自身免疫性疾病。

PU-2298

## LncRNA and predictive model for improving the diagnosis of clinically diagnosed pulmonary tuberculosis

Xuejiao Hu<sup>1</sup>, Hao Bai<sup>1</sup>, Xuerong Chen<sup>2</sup>, Yannhong Zhou<sup>1</sup>, Xiaojun Lu<sup>1</sup>, Zhaolei Zhang<sup>3,4,5</sup>, Binwu Ying<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

2.Department of Respiratory and Critical Care Medicine, West China Hospital, Sichuan University

3.The Donnelly Centre for Cellular and Biomolecular Research, University of Toronto, Toronto, ON, Canada

4.Department of Computer Science, University of Toronto, Toronto, ON, Canada

5.Department of Molecular Genetics, University of Toronto, Toronto, ON, Canada

**Objective** Clinically diagnosed pulmonary tuberculosis (PTB), defined as PTB cases with symptomatic illness and negative *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) pathogenic evidence, is emerging as a clinical concern. We investigated the potential of long non-coding RNAs (lncRNAs) and corresponding predictive models to diagnose these patients.

**Methods** We enrolled 1372 subjects (including clinically diagnosed PTB patients, non-TB disease controls and healthy controls) in three cohorts: the Screening, Selection and Validation Cohort. Candidate lncRNAs in peripheral blood mononuclear cell samples were identified using microarray and qRT-PCR. Logistic regression models were developed using lncRNAs and/or electronic health records (EHRs) between clinically diagnosed PTB patients and non-TB disease controls in the Selection Cohort. Different models were evaluated by c-statistic and decision curve analysis, and the optimal model was presented as a nomogram and a Web-based app, which was externally evaluated in the large Validation Cohort. The biological function of the selected lncRNAs was interrogated using ELISA, lactate dehydrogenase release analysis and flow cytometry.

**Results** Three differentially expressed lncRNAs (ENST00000497872, n333737, n335265) were identified in the clinically diagnosed PTB patients. As can be seen in Figure 1, the optimal model (i.e. nomogram) incorporated these three lncRNAs and six EHR variables (age, hemoglobin, weight loss, low-grade fever, CT calcification and TB-IGRA); the nomogram showed a c-statistic of 0.89, sensitivity of 0.80 and specificity of 0.85 in the Validation Cohort, which demonstrated better discrimination and higher clinical net benefit than the model solely based on EHRs. The nomogram app is available at <https://xuejiao.shinyapps.io/shiny/>. Functional analyses indicated that ENST00000497872 may regulate inflammatory cytokine production, cell death and apoptosis during *Mycobacterium tuberculosis* infection (see Figure 2).

**Conclusions** LncRNAs and the user-friendly nomogram with reliable performance could facilitate the early identification of PTB cases among suspected patients with negative pathogenic evidence.

## PU-2299

## 男性健康体检人群血红蛋白与血尿酸关系探讨

贺岩

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 探讨男性健康体检人群血常规参数—血红蛋白（Hb）浓度与血尿酸（SUA）的关系。

**方法** 选取 2018 年 6 月~2018 年 12 月在宁夏人民医院体检中心进行健康体检的 20 岁以上成年男性 1865 例，按年龄分为：20~29 岁，30~39 岁，40~49 岁，50~59 岁及≥60 岁共 5 个年龄段，根据体检者 Hb 浓度，将各年龄段中 Hb≥170g/L 体检者设为观察人群，120≤Hb≤160g/L 体检者为对照人群。采用 Sysmex XE-5000 全自动血细胞分析仪及西门子 ADVIA 2400 全自动生化分析仪检测 Hb 及 SUA,并进行统计学处理。

**结果** 在不同年龄段中，观察人群 SUA 水平与对照人群比较，差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）；不同年龄段中观察人群高尿酸（HUA）血症检出率与对照人群比较，除≥60 岁组外，其他各年龄段差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** Hb 升高与 SUA 水平存在密切关系，男性健康体检者关注 Hb 的同时应及时了解 SUA 的变化，二者从不同角度反映机体代谢的异常，临床上应引起重视。

## PU-2300

## 同位素稀释液相质谱法检测血清肌钙蛋白 I

王建新,李亚男

南通大学附属医院,226000

**目的** 建立基于特征肽段的血清肌钙蛋白 I 高效液相色谱-同位素稀释串联质谱检测方法。

**方法** 血清中的肌钙蛋白 I 由免疫磁珠吸附富集，经过尿素变性、还原、乙酰化、胰酶消化、固相萃取柱纯化等一系列处理后，采用 SymmetryShield C18 柱分析，以含 0.1%甲酸水溶液和含 0.1%的甲酸乙腈溶液为流动相，梯度分离目标肽段，流速 0.2mL/min，温度 35℃，采用电喷雾正离子模式扫描，在多反应监测模式下进行测定，使用同位素内标进行定量。

**结果** 目标蛋白在 15min 内准确测定；最低检测限为 2.5ng/mL，定量限为 8.3ng/mL，在 10ng/mL~600ng/mL 浓度范围内线性良好，相关系数为 0.99；批内精密度≤3.28%、批间精密度≤6.43%；样本回收率在 102.54%~107.95%之间；携带污染率较小。

**结论** 本方法准确度、精密度较好，为进一步研究血清标准物质奠定基础。

## PU-2301

## APOA1 基因表达与消化道肿瘤免疫细胞浸润水平的相关性研究

王颖<sup>1,2</sup>,张晓艳<sup>2</sup>,高春芳<sup>1</sup>

1.上海东方肝胆外科医院

2.同济大学

**目的** 肿瘤微环境（Tumor microenvironment, TME）内的免疫调节在肿瘤发生发展过程中具有重要作用，影响着肿瘤细胞的增殖、分化、转移以及免疫逃逸。了解肿瘤与宿主免疫系统之间的相互作用，对于发现预后生物标志物，减少耐药性和开发新疗法至关重要。

**方法**

本研究从肿瘤基因组图谱数据库 TCGA 中获取了 1874 例消化道肿瘤（食道癌、胃癌、肝癌、胆管癌、胰腺癌和肠癌）的转录组和甲基化组学数据，运用一种基于 Web 的肿瘤浸润免疫细胞综合分

析工具 (Tumor Immune Estimation Resource, TIMER), 来研究消化道肿瘤免疫相互作用的分子特征。本文共分析了六种肿瘤浸润免疫细胞 (Tumor-infiltrating immune cells, TIIC), 包括 B 细胞、CD8 + T 细胞、CD4 + T 细胞、巨噬细胞、嗜中性粒细胞和树突细胞。通过纯度校正的部分斯皮尔曼相关性算法和统计学显著性来评估基因表达与肿瘤免疫渗透水平之间的相关性。

**结果** 本研究基于文本挖掘 (Text-mining) 整合组学分析共筛选了 300 个免疫调节相关基因, 发现 APOA1 基因在肝癌及胆管癌中表现出特异的表达模式。在单一肿瘤的研究中发现, APOA1 基因不仅在肝癌 ( $p=0.000105$ ) 和胆管癌 ( $p<0.0001$ ) 组织中表达量发生显著差异, 在胃癌 ( $p<0.0001$ ) 和食道癌 ( $p=0.00515$ ) 中也存在基因表达的差异。我们进一步计算了 APOA1 基因表达与免疫浸润水平间的相关性, 结果发现在肝癌中, APOA1 基因的表达与六种 TIIC 之间呈显著的负相关趋势 ( $p$  值均小于 0.005)。此外, Kaplan Meier 生存曲线分析显示, APOA1 基因高表达的患者中位生存时间比低表达的生存时间更长。

**结论** 总的来说, 本研究结果表明 APOA1 与消化道肿瘤的发生发展及预后密切相关, 且可能在肝癌的免疫调控中发挥负向调节的重要作用, 未来也许可以成为诊断标志物和分子靶向治疗的一种新方法。

## PU-2302

### 血栓和出血性疾病中血栓弹力图与常规凝血功能

锁慧萍

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 观察在出血性疾病和血栓中常规凝血功能和血栓弹力图指标检测的相关性。

**方法** 本次的 60 例研究对象均选自本院 2018 年 1 月-2019 年 1 月期间出血性疾病和血栓患者, 对其进行常规凝血功能指标和血栓弹力图检测, 分析两者的相关性。

**结果** 常规凝血功能指标和血栓弹力图检测各项参数测定值都符合非正太分布, 检验结果呈显著性差异 ( $P<0.05$ ); 另外, R 值和 Fg、APTT、PT 有关 ( $r=-0.271, 0.521, 0.485, P=0.036, 0.000, 0.000$ ), 和 Plt 无关 ( $r=-0.225, P=0.081$ ), 其中相关性最明显的就是 APTT; K 值和 Plt、Fg 有关 ( $r=-0.521, -0.608, P=0.000, 0.000$ ), 和 APTT、PT 无关 ( $r=0.134, 0.152, P=0.241, 0.307$ ), 其中相关性最明显的是 Plt; Angla 角和 Fg、APTT、PT、Plt 等都有关 ( $r=0.725, -0.392, -0.375, 0.763, P=0.000, 0.003, 0.004, 0.000$ ), 其中相关性最明显的是 Plt; MA 值和 APTT、Plt、Fg 有关 ( $r=-0.275, 0.828, 0.762, P=0.032, 0.000, 0.000$ ), 和 PT 无关 ( $r=-0.175, P=0.176$ ), 其中相关性最明显也是 Plt。

**结论** 常规凝血功能指标和血栓弹力图之间存在一定关联性, 可针对凝血功能异常的反应重点不尽相同, 不能互相代替, 需要和临床需求有机联合, 优化两者组合, 为临床诊断相关疾病和用药检测提供有效的参考数据。

## PU-2303

### Quantitative single cancer cell metastasis sorting and evaluation via a flexible micro-channel platform

Xuejiao Hu, Binwu Ying

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective** The migrating cells in pathophysiological processes, including cell development, homeostasis and disease occurrence, encounter structured environments and is forced to overcome various physical obstacles. Notably, the sophisticated phenotypic and functional heterogeneity of cancer cells plays an important role in tumor progression and therapeutic

resistance. Until now, the dynamic quantitative analysis of confined cell migration remains poorly understand, and there is an urgent need to investigate the mechanical properties of cells in the controlled microenvironment.

**Methods** To mimic cancer metastasis process and interrogate its underlying mechanism, we developed a quantitative single cell migration platform with diverse confined micro-constrictions to regulate cell mechanical properties, such as stiffness and locomotion. Utilizing different specially-engineered micro-channels, we can easily monitor the cancer cell intrinsic behaviors and cell deformation conditions when cells go through narrow spaces or tissue barriers during the metastasis process. We used breast cancer MDA-MB-231 cell line to validate the feasibility of the chip. We also collected circulating tumor cells (CTCs) from breast cancer patients' blood by using the Xviva Chip developed by our collaborations from University of Toronto, and further loaded CTC cells in our chip for sorting to explore potential metastasis biomarkers.

**Results** With high-throughput loading method and a stable nutrient gradient environment (Figure 1), the loaded MDA-MB-231 cells performed deformed morphologies corresponding to differently twisted microchannels, which validated our chip's practicability. By a competent migration manner (Figure 2), the top 10 CTCs with the highest migration ability were sorted and collected for subsequent single-cell sequencing.

**Conclusions** We created a novel migration chip with flexibly designed micro-channels, which can quantitative sort out the most aggressive metastasis candidate cells and guarantee the accuracy of subsequence single-cell sequencing analysis. This platform could aid in cancer migration biomarker detection and further mechanism exploration.

## PU-2304

### 血栓弹力图分析前影响因素的探讨

马跃飞,林锦骝,吴文楠,欧启水,戴琳孙  
福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 探讨分析前因素对血栓弹力图(TEG)检测的影响。

**方法** 采集健康志愿者和住院患者标本,分析检测时间、标本状态如溶血/脂血/稀释、标本采集量和人员等因素对TEG检测的影响。

**结果** 标本溶血和脂血导致反应时间(R)降低、凝块形成时间(K)升高、最大切角( $\alpha$ )降低、最大振幅(MA)降低,除脂血标本的K值外,各参数差异有统计学意义( $P<0.05$ )。R、K、 $\alpha$ 在5min~30min内呈现趋势性变化。MA在60min内成“ $\wedge$ ”型波动。R在30min后、MA在1h后、K和 $\alpha$ 在2h后检测结果差异无统计学意义。与正常标本采集量2.0ml相比,标本量2.3ml时K值升高,差异有统计学意义( $P=0.009$ ),其他参数在1.7~2.3ml均无显著变化。标本倍数稀释后的检测真值与按稀释倍数推算的计算值存在较大偏倚。不同实验人操作时各参数的变异系数(CV)均高于同一实验人员。

**结论** 溶血、脂血和标本稀释对结果影响较大,TEG应在1~4h内检测,不同实验人应严格遵循相同的操作程序。

## PU-2305

### 平均网织红细胞体积在孕妇缺铁诊治中的应用

束国防  
东南大学附属中大医院,210000

**目的** 探讨平均网织红细胞体积(MRV)在孕妇缺铁诊治中的临床应用价值。

**方法** (1)选 20 位健康志愿者,在第 1、4、7、15、21、30d 检测 MRV 等指标。(2)以铁蛋白(SF)  $<12\mu\text{g/L}$  为缺铁标准,选我院 282 例缺铁孕妇为研究组,442 名非缺铁孕妇为对照组。检测两组 MRV、网织红细胞血红蛋白量 (RHE)、红细胞分布宽度标准差 (RDWSD)、红细胞平均体积 (MCV)、红细胞平均血红蛋白含量 (MCH)、红细胞平均血红蛋白浓度 (MCHC)、红细胞压积(HCT)、网织红细胞百分比 (RET%) 及 SF 等参数,并用 ROC 曲线评价上述参数在孕妇缺铁中的应用价值。(3)选取 49 例缺铁孕妇,统计其治疗前、后 MRV 和 SF 的变化。

**结果** (1)与第 1d 比较,20 位健康者 MRV 在第 4、7、15、21、30d 差异均无统计学意义 ( $P > 0.10$ ),  $t$  值分别为 0.544、1.644、1.482、1.482、1.239; (2)研究组 MRV、RHE、RDWSD、MCV、MCH、MCHC、HCT、RET%及 SF 均显著低于对照组,  $t$  值分别为 16.971、16.829、7.356、7.367、7.807、4.726、3.659、2.799、15.57、20.734,差异均有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。指标 MRV、RHE、RDWSD、MCH、MCV、MCHC、HCT、RET%诊断缺铁在 ROC 曲线下的面积分别为 0.840、0.815、0.676、0.654、0.639、0.602、0.571、0.550; (3) 49 例缺铁孕妇口服铁剂治疗后 MRV 均比治疗前增大,治疗前、后两组间的差异有统计学意义 ( $102.888 \pm 4.241$ ;  $96.061 \pm 6.043$ ,  $t=9.037$ ,  $P < 0.001$ )。

**结论** MRV 在健康人中较稳定,在孕妇缺铁诊断和治疗中,相对于血常规其它指标有较高的临床应用价值。

## PU-2306

### 针对化学发光法检测血清 25 (OH) D 的方法学探讨

杨恺

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 对化学发光法检测血清 25 (OH) D 进行性能验证,确保检测性能达到临床常规检测的基本要求。用化学发光法检测昆明地区健康汉族人群 25 (OH) D,并分析该人群 25 (OH) D 状态及其低下的危险因素,进一步探讨本实验室使用的国际参考标准是否适用于当地人群,并进一步建立适合昆明汉族人群的参考区间,同时对此参考区间进行评价。

**方法** 1.根据 CLSI EP15-A2 文件、CLSI EP9-A2 文件、CLSI EP7-A2 文件及相关参考书籍推荐方法,验证化学发光法检测 25 (OH) D 的精密度、线性范围、正确度及抗干扰性能。

2.检测昆明地区 1426 名健康汉族人群 25 (OH) D,根据国际推荐的参考区间标准,评估该人群 25 (OH) D 状态,并分析其低下的危险因素。

3.评估本实验室使用的国际推荐的参考区间是否适用于当地人群。

4.根据 CLSI C28-A3 文件建立昆明地区汉族人群 25 (OH) D 参考区间。

5.使用 38 名骨密度及 PTH 检查均正常的昆明健康汉族人群验证新建立的参考区间。

**结果** 化学发光法检测血清 25 (OH) D 精密度实验,结果显示高水平 25 (OH) D 样本的重复性 CV 达到 1.15%,总不精密度为 1.38%,低水平重复性为 7.23%,总不精密度 CV 为 9.33%;线性范围为 10~380nmol/L,线性方程为  $Y = 0.999X - 0.044$ ,  $R^2 = 0.999$ ;两种方法学比对结果显示:化学发光法与液相色谱串联质谱法检测 25 (OH) D 呈线性相关(直线回归方程为  $Y = 0.1013X - 0.218$ ,  $R^2 = 0.998$ );干扰试验结果显示,高浓度的游离胆红素 ( $\geq 15.76\text{mg/dl}$ )、结合胆红素 ( $\geq 18.9\text{mg/dl}$ )、血红蛋白 ( $\geq 439.2\text{mg/dl}$ ) 对低水平的 25 (OH) D 存在负干扰,而对高值并不影响,血清乳糜  $\leq 1550\text{mg/dl}$  对 25 (OH) D 的检测无干扰。

**结论** 应用化学发光法检测血清 25 (OH) D 的结果能够确保检测性能达到临床常规检测的基本要求。

## PU-2307

## 妊娠期不同铁状态下网织红细胞参数的比较

束国防

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 比较妊娠期妇女不同铁状态下网织红细胞参数的差异。

**方法** 采用迈瑞 BC-6900 全自动血液分析仪测定 736 例不同铁状态下妊娠期女性和 101 例健康女性的网织红细胞的百分率 (RET%)、网织红细胞的绝对值 (RET#)、未成熟网织红细胞指数 (IRF)、低荧光强度网织红细胞百分率 (LFR)、中荧光强度网织红细胞百分率 (MFR)、高荧光强度网织红细胞百分率 (HFR)、网织红细胞平均体积 (MRV) 和网织红细胞血红蛋白含量 (RET-He)，同时测定其铁蛋白含量；以铁蛋白(SF)<12μg/L 为缺铁标准，Hb<110g/L 为贫血标准，将妊娠期女性分成正常妊娠组、缺铁非贫血组、缺铁贫血组和贫血非缺铁组。比较各组间网织红细胞参数的差异。

**结果** 1.正常妊娠期女性与非妊娠女性比较，以上 7 项网织红细胞参数差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )，正常妊娠组与缺铁非贫血组比较，7 项参数差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )；2.正常妊娠组与缺铁贫血组比较，RET#、IRF、LFR、MFR、MRV、RET-He 6 项参数差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；3.正常妊娠组与贫血非缺铁组比较，RET%、IRF、LFR、MFR 4 项参数差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；4.缺铁非贫血组与缺铁贫血组比较，仅 MRV 和 RET-He 2 项参数差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；5.缺铁非贫血组与贫血非缺铁组比较，RET%、MRV 和 RET-He 3 项参数差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；6.缺铁贫血组与非缺铁贫血组比较，RET%、RET#、MRV 和 RET-He 4 项参数差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 妊娠期女性网织红细胞各项参数不仅与正常非妊娠女性存在显著差异，也与贫血或缺铁非贫血的妊娠期女性有明显差异，应建立妊娠期女性的正常网织红细胞参考值，有利于对妊娠期女性的生理或病理的诊治。

## PU-2308

## 荧光原位杂交 (fluorescence in situ, FISH)，核基质蛋白 22 (nuclear matrix protein, NMP22) 及其联合模式在膀胱癌筛查中诊断效能比较的系统评价和 meta 分析

梁勤东

成都大学附属医院

**目的** 许多研究报道联合 FISH 和 NMP22 能够提高膀胱癌诊断的灵敏度和特异度。然而，这些报道结果却不尽相同。鉴于此，我们进行了这次系统评价与 meta 分析来评估 FISH，NMP22 及其联合模式在膀胱癌的诊断效能。

**方法** 系统检索 Pubmed, Embase, Cochrane Library, Web of Science, CNKI 及万方数据库，检索日期截止 2018 年 10 月。选择合适的研究并提取原始数据进行 meta 分析，分别计算 FISH，NMP22 及其联合模式的合并灵敏度 (sensitivity, SEN)、特异度 (specificity, SPE)、似然比 (likelihood ratio)、诊断比值比 (diagnostic odds ratio, DOR)，并绘制合并的受试者工作曲线 (summary receiver operating characteristic, SROC)。所有的统计结果都通过 STATA 12.0 和 MetaDisc 1.4 统计软件计算得来。

**结果** 共有 7 篇文献符合要求纳入本研究。FISH、NMMP22 及其联合模式的合并 SEN 分别为 0.79 (95% CI: 0.75 – 0.83), 0.76 (95% CI: 0.71 – 0.81)及 0.82 (95% CI: 0.75 – 0.88); SPE 分别为 0.85 (95% CI: 0.76 – 0.91), 0.70 (95% CI: 0.55 – 0.81)及 0.90 (95% CI: 0.70 – 0.97); DOR 分别为

22.215 (95% CI: 10.695 – 46.144), 7.365 (95% CI: 3.986 – 13.610)及 41.940 (95% CI: 13.546 – 129.853); SROC 曲线下面积分别为 0.86 (95% CI: 0.82 – 0.88), 0.79 (95% CI: 0.76 – 0.83)及 0.90 (95% CI: 0.87 – 0.92)。

**结论** 我们的系统评价结果说明 FISH 和 NMP22 联合模式在膀胱癌的筛查中的诊断效能可能高于两者作为单一指标的诊断效能。

## PU-2309

### 血、尿 $\beta_2$ -微球蛋白的联合检测对肾脏损伤部位定位的诊断价值

闫俊霞

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 探讨血、尿  $\beta_2$ 微球蛋白的联合检测对肾脏损伤部位定位的诊断价值。

**方法** 收集 2015 年 1 月-2018 年 1 月我院收治的 110 例肾病患者作为研究对象。将肾病患者按损伤部位分为肾小管损伤组 53 例、肾小球损伤组 57 例，另外取同期健康体检者 70 例作为对照组。测定各组血、尿  $\beta_2$ 微球蛋白的水平，同时测定各组尿微量白蛋白和 24h 尿总蛋白的水平。

**结果** 与正常对照组比较，肾小管损伤组尿  $\beta_2$ 微球蛋白显著升高，差异有统计学意义( $P<0.05$ )，血  $\beta_2$ 微球蛋白升高不明显，差异无统计学意义( $P>0.05$ )。而肾小球损伤组中，血  $\beta_2$ 微球蛋白显著升高，差异有统计学意义( $P<0.05$ )，尿  $\beta_2$ 微球蛋白升高不明显，意义无统计学意义( $P>0.05$ )。而肾损伤患者的尿微量白蛋白和 24h 尿总蛋白的含量在肾小管损伤组和肾小球损伤组都显著升高( $P<0.05$ )，无法鉴别损伤部位。

**结论** 通过检测肾病患者血和尿中  $\beta_2$ 微球蛋白的水平，给临床鉴别肾小管损伤或肾小球损伤提供依据，有助于临床早期对疾病做出诊断，争取最佳的诊疗时机，把患者的损伤减少到最小。

## PU-2310

### 枸杞多糖对 $H_2O_2$ 致人视网膜色素上皮细胞氧化损伤的预防作用

张立平

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 探讨枸杞多糖(Lycium barbarum polysaccharide, LBP)体外对过氧化氢( $H_2O_2$ )所致人视网膜色素上皮细胞(human retina pigment epithelium cells, ARPE-19)氧化损伤的作用

**方法** 选取  $600\mu\text{mol/L}$   $H_2O_2$  处理细胞 1h 建立体外 ARPE-19 细胞氧化损伤模型；以不同浓度的枸杞多糖分别预处理细胞不同时间(24h、48h 和 72h)，再用  $600\mu\text{mol/L}$   $H_2O_2$  处理细胞 1h，采用 MTT、流式细胞术及黄嘌呤氧化酶法和硫代巴比妥酸显色法分别测定  $H_2O_2$  损伤组和枸杞多糖不同处理组细胞存活率、细胞凋亡率、活性氧(reactive oxygen species, ROS)水平和超氧化物歧化酶(superoxide dismutase, SOD) 比活力及丙二醛(malondialdehyde, MDA) 含量。

**结果** 与  $H_2O_2$  损伤组相比，在  $12.5\text{mg/L}$ ~ $500\text{mg/L}$  浓度范围内，随着枸杞多糖剂量增大，ARPE-19 细胞存活率显著提高，当 LBP 浓度大于  $50\text{mg/L}$  时，ARPE-19 细胞存活率极显著提高( $P<0.01$ )，SOD 活力极显著大于损伤组( $p<0.01$ )，MDA 含量极显著低于损伤组( $p<0.01$ )；与  $H_2O_2$  损伤组相比，枸杞多糖( $25\text{mg/L}$ ~ $250\text{mg/L}$ )预处理使细胞凋亡率极显著降低( $P<0.01$ )，显著降低胞内 ROS 水平( $P<0.05$ )。



**结论** 枸杞多糖预处理能明显抑制  $H_2O_2$  诱导的细胞存活率下降,拮抗  $H_2O_2$  引起的 ROS 生成,抑制 SOD 活性降低和 MDA 含量的增加。提示枸杞多糖预处理可减弱氧化应激对 ARPE-19 细胞造成的凋亡和氧化损伤,其预防作用机制与提高细胞抗氧化应激能力、抑制胞内 ROS 的产生有关。

## PU-2311

### 乙型肝炎患者外周血 T 细胞亚群变化 研究进展

毛雪

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 探讨 T 细胞亚群的变化在乙型肝炎 (HBV) 病毒的机制和治疗过程中的临床意义。

**方法** 通过在知网、万方、Pubmed 等平台查阅相关文献资料共计 73 篇,通过对文献的分析和汇总,作出简要的综述

**结果** 通过查阅相关文献得出以下结果:(1) CD8+T 细胞可以调节机体免疫功能,杀伤乙型肝炎病毒,当然其杀伤能力不仅仅是对于乙肝病毒,也是造成肝脏损伤的主要原因。(2) CD4+T 细胞是辅助 T 细胞,协助 B 细胞进行分化和产生抗体,有利于病毒的清除。(3) CD4+/CD8+是监测机体在细胞免疫功能以及反映机体免疫状态的十分重要的指标,有利于检测乙型肝炎患者机体的免疫状态,从而调整诊疗方案。(4) CD4+CD25+ T 细胞数量的增多,可能导致了免疫功能下调,从而导致病毒复制活跃与革除过弱,加重了肝脏炎症损伤。

**结论** 监测 T 淋巴细胞亚群的变化对于乙型肝炎发病机制的研究和诊疗方案确立有重要的临床意义。

## PU-2312

### PCT 和 CRP 在早期诊断新生儿感染性疾病中的价值

游莉<sup>1</sup>,吴倩<sup>2</sup>

1.四川省人民医院,610000

2.成都医学院检验医学院

**目的** 探讨降钙素原 (Procalcitonin, PCT) 和 C 反应蛋白 (C-reactive protein, CRP) 在早期诊断新生儿感染性疾病中的价值,为新生儿感染性疾病选择一组适合临床使用的辅助诊断方法。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 4 月在四川省人民医院治疗的患有感染性疾病的新生儿 80 例,重症感染组 40 例,局部感染组 40 例,同时选取 40 例非感染性疾病患儿作为对照 (非感染组),检测各组患儿血清 PCT 和 CRP 水平。

**结果** 重症感染组血清中 PCT 和 CRP 水平明显高于局部感染组和非感染组 ( $P < 0.05$ );局部感染组 PCT 与 CRP 水平明显高于非感染组 ( $P < 0.05$ );重症感染组和局部感染组患儿治疗后 PCT 与 CRP 水平均低于治疗前 PCT 与 CRP ( $P < 0.05$ );重症感染组患儿治疗后 CRP 水平明显高于局部感染组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** PCT 与 CRP 联合检测对新生儿感染性疾病中有临床价值,值得临床加以运用。

## PU-2313

**LOC152742 as a biomarker in the diagnosis of pulmonary tuberculosis infection**

Hongchao Pan,Zhong Chen,Wenzhi Cao  
SimpleGene Clinical Labratory Limited

**Objective** Long intergenic noncoding RNAs (lncRNAs) is a kind of RNA molecules with the length more than 200nts. They do not encode proteins but regulate gene expression at various levels (epigenetic regulation, transcriptional regulation, post-transcriptional regulation, etc.) in the form of RNA. Tuberculosis is a chronic infectious disease caused by Mycobacterium tuberculosis. It is reported that the infection rate of tuberculosis is increasing year by year, which greatly endangers human's health. Therefore, accurate diagnosis of tuberculosis is particularly important. LOC152742 as one of lncRNAs has been reported that was increased significantly in tuberculosis infection and its roles in antimycobacterial responses remain to be elucidated. Our study aimed to reveal the changes of LOC152742 expression in tuberculosis patients.

**Methods** In this study, the expression levels of LOC152742 in sputum, plasma of normal individuals, active tuberculosis patients, obsolete tuberculosis patients and BCG individuals were analyzed by qRT-PCR and the sensitivity, specificity of the candidate biomarker LOC152742 were obtained. At the same time, the expression levels of LOC152742 in pulmonary epithelial cells and macrophages cells infected with H37Ra or H37Rv were detected by qRT-PCR.

**Results** Our study revealed that LOC152742 in sputum and plasma had a higher specificity in active tuberculosis compared with that in Obsolete tuberculosis and BCG individuals. Additionally, LOC152742 in pulmonary epithelial cells macrophages infected with H37Ra or H37Rv was increased significantly compared with un-infected groups.

**Conclusions** The findings Indicated that LOC152742 may potentially act as a novel biomarker for active tuberculosis diagnostic and therapeutic purposes.

## PU-2314

**妊娠晚期 B 族链球菌感染和耐药情况及其对妊娠的影响**

施维  
安庆市立医院,246000

**目的** 针对安庆地区孕晚期孕妇的 B 型链球菌 (group B streptococcus, GBS) 的感染情况进行筛查, 并对培养出阳性的 GBS 菌株进行耐药性检测, 并探讨其对母婴预后的影响。

**方法** 收集 608 例孕 35-41 周孕妇, 取阴道下段及直肠分泌物的标本以普通培养法、显色平板法和实时荧光定量 PCR 法检测 GBS 的感染情况, 并对阳性菌株进行药敏实验。以早产、胎膜早破、新生儿感染和新生儿窒息作为不良妊娠的入选指标, 比较 GBS 阴性组与 GBS 阳性组的不良妊娠。

**结果** 共 608 例围产期孕妇中检测为 GBS 阳性的有 65 例, 感染率为 10.6%。GBS 对青霉素、头孢噻肟、万古霉素 100%敏感, 对左氧氟沙星、红霉素、克林霉素和阿奇霉素的耐药率分别为 36.2%、48.2%、37.9%、29.3%。GBS 感染组孕妇不良妊娠的发生率均高于 GBS 阴性组孕妇, 其中早产率、胎膜早破率及新生儿感染率的差异有统计学意义 (P 值均<0.05)。

**结论** 联合实时荧光定量 PCR 法和显色平板法可显著提高 GBS 检出率并可进行药敏实验。GBS 感染可导致胎膜早破、早产以及新生儿感染等不良妊娠发生率增加, 应对 GBS 感染的孕妇及新生儿及时采取干预措施, 具有一定的临床应用价值。

## PU-2315

## Long non-coding BDNF-ASRNA BDNF-AS acts as prognostic factor and functionally regulates cancer proliferation migration and cell cycle through CDC4 in colon cancer

Hongchao Pan,Zhong Chen,Wenzhi Cao  
SimpleGene Clinical Labratory Limited

**Objective** Various long non-coding RNAs (lncRNAs) have been found to be aberrantly expressed in colon cancer. In this study, we characterized the biomarker-like property and functional regulations of lncRNA BDNF-AS in human colon cancer.

**Methods** In patients diagnosed with colon cancer, their clinicopathological properties and overall survival were analyzed based on the endogenous BDNF-AS gene levels among primary tumors. In colon cancer cell lines, SW480 and lovo cells, BDNF-AS was downregulated by lentiviral transfection. Its effect on colon cancer proliferation, migration, cell cycle in vitro and tumorigenicity in vivo were assessed. Associated substrate gene of BDNF-AS, cell division control protein 4 (CDC4), was evaluated by dual-luciferase reporter assay, qRT-PCR and western blot, respectively. CDC4 was then inhibited in BDNF-AS-downregulated colon cancer cells to further assess its direct involvement in BDNF-AS mediated cancer regulation.

**Results** Clinical analysis showed that high expression level of BDNF-AS among patients primary tumors was closely correlated with patients advanced clinical stage and short overall survival. In SW480 and Lovo cells, lentivirus-mediated BDNF-AS downregulated suppressed cancer proliferation, invasion, cell cycle in vitro, and tumorigenicity in vivo. CDC4 was confirmed to be the downstream target of BDNF-AS, and inversely regulated by BDNF-AS in colon cancer. Genetic knockdown of CDC4 in colon cancer cells markedly reversed the anti-cancer regulations of BDNF-AS downregulation on cancer proliferation, migration and cell-cycle.

**Conclusions** BDNF-AS is proved to be a potential prognostic factor and oncogenic regulator in colon cancer, likely through the inverse regulation on its downstream target gene of CDC4.

## PU-2316

## Bacterial Isolates of Vaginal Gram Positive Cocci Infection among Pregnant People in Western China

Yuanting Tang,Fan Yu,Liyuan Mu,Zhengqiang Hu,Yongmei Jiang  
Department of Laboratory Medicine, West China Second University Hospital, Sichuan University

**Objective** To analyze the pathogens of the gram positive cocci infection in Pregnant People of western China.

**Methods** This study included 7640 pregnant women( $\geq 35$  weeks gestation)While the pregnancy vaginal microbiome was infected by gram positive cocci from West China Second University Hospital in China, between 2015 and 2018. then Microculture and microorganism identification of 246 cases were determined.

**Results** A total of 7640 pregnant women ( $\geq 35$  weeks gestation) took a leucorrhea routine examination. It is found that 246 cases of pregnancy vaginal microbiome was infected by gram positive cocci (3.22%), Among these women were infected with GBS(21.54%), Enterococcus feces(4.47%), Coagulase negative Staphylococci(4.07%), Viridans Streptococci (2.03%) or S. aureus(0.41%). Then analysis of clinical factors for maternal gram positive cocci infection showed by the age, multiple birth, birth weight distribution, delivery mode, neonatal outcome and apgar scores which did not vary significantly between pathogen groups ( $p > 0.05$ ).The GBS infected

women were more likely to have an abortion than others( $p<0.05$ ), which had less apgar scores( $p<0.05$ ).

**Conclusions** GBS were found as the most common pathogens which has a worse pregnancy outcome according to this study. This study reveals new insights of the pregnancy vaginal microbiome and has important implications for pregnant women whose leucorrhea routine examination showed the gram positive cocci infection.

## PU-2317

### The mechanism of short chain fatty acids-regulated glucose metabolism in skeletal muscle cells

Bang li Deng<sup>1</sup>, Wen yan Niu<sup>\*1,2</sup>

1.Clinical Laboratory of Metabolic Diseases Hospital of Tianjin Medical University

2.Department of immunology of Tianjin Medical University

**Objective** The skeletal muscle is one of the main peripheral tissues of glucose metabolism, which play important role in maintaining glucose homeostasis of the body. Skeletal muscles uptaking glucose mainly dependent on glucose transporter 4 (GLUT4) on cell surface. The increasing of GLUT4 on cell surface is called GLUT4 translocation, leading to increasing glucose uptake to regulate blood glucose level. Activation of AMPK promotes GLUT4 translocation. Prolonged AMPK activation rises the expression of GLUT4 protein, thereby increasing GLUT4 translocation. Metabolism disorder is related with inflammation and insulin resistance. In inflammatory condition, the phosphorylation of JNK, NF- $\kappa$ B and protein expression of SOCS3 are increased. Chronic interaction between inflammatory and insulin resistance induces type 2 diabetes, which involves skeletal muscle. Short chain fatty acids (SCFAs, mainly include acetic acid, propionic acid, butyric acid) produced by gut microbiota from dietary fiber and resistant starch in food can reduce body weight, improve insulin sensitivity and anti-inflammation. However, the detailed molecular mechanism is not clear yet. Here we utilize sodium acetate, sodium propionate and sodium butyrate to explore the possible contribution of SCFAs in GLUT4 translocation and inflammation in muscle cells.

**Methods** L6-GLUT4myc myoblasts were seeded onto 12-well plates. Different doses of sodium acetate, sodium propionate, sodium butyrate were added for 24 hours, respectively. The GLUT4myc levels on cell surface were detected by ELISA. GLUT4 expression, phosphorylation of AMPK were measured by immunoblotting. Palmitic acid (PA) was used to mimic inflammatory model. Co-incubate L6-GLUT4myc myoblasts with PA and sodium acetate, sodium propionate, sodium butyrate together for 24 hours, respectively. Then phosphorylation of JNK, NF- $\kappa$ B and protein expression of SOCS3 were detected by immunoblotting.

**Results** Sodium acetate, sodium propionate, sodium butyrate significantly increased cell surface GLUT4myc levels, as well as the expression of GLUT4 ( $p<0.05$ ,  $p<0.001$ ,  $p<0.001$ ). They also promoted phosphorylation of AMPK ( $p<0.01$ ,  $p<0.001$ ,  $p<0.001$ ). In addition, PA elevated not only phosphorylation of JNK ( $p<0.05$ ) and NF- $\kappa$ B ( $p<0.001$ ), but also increased the expression of SOCS3 ( $p<0.05$ ). While sodium acetate, sodium propionate, sodium butyrate significantly inhibited phosphorylation of JNK induced by PA ( $p<0.05$ ,  $p<0.05$ ,  $p<0.05$ ), sodium propionate and sodium butyrate reduced NF- $\kappa$ B phosphorylation caused by PA ( $p<0.05$ ,  $p<0.05$ ), sodium propionate decreased the up-regulation of SOCS3 protein expression induced by PA ( $p<0.05$ ).

**Conclusions** In L6 skeletal muscle cells, SCFAs increase phosphorylation of AMPK and the expression of GLUT4, promote GLUT4 translocation, reduce the expression and activation of inflammatory molecules. Our study put forward new views on the prevention and treatment of type 2 diabetes.

## PU-2318

## 高分辨率熔解曲线法检测血管紧张素 II 1 型受体 A1166C 基因多态性

刘媛媛,曹永彤

中日友好医院

**目的** 建立血管紧张素原 1 型受体 (AGTR1) 基因 A1166C (rs5186) 新型、快速和高效的检测方法,并探讨该多态性与中国汉族人群糖尿病肾病 (DKD) 的相关性。

**方法** 病例对照研究。选择 2018 年 2 月至 2019 年 1 月中日友好医院收治的 T2DM 合并 DKD[DKD(+)]患者 236 例和 T2DM 不伴 DKD[DKD(-)]患者 244 例为研究对象。收集受试者的血液样本及相关临床病史资料。用高分辨率熔解曲线法对受试者 ATGR1 基因 rs5186 进行分型,抽样测序验证其准确性。应用 SPSS17.0 统计软件包对实验数据进行分析。结合临床资料,利用方差分析比较各基因型临床指标的差异。统计学分析比较受试者的临床生化指标和 AGT 基因不同基因型及等位基因频率。

**结果** 高分辨率熔解曲线法与抽样测序结果保持一致。临床资料比较,DKD (+) 组病程、吸烟比例、BMI、SBP、Scr 水平高于 DKD (-) 组,eGFR、Ccr 低于 DKD (-) 组,差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。DKD (+) 组受试者 CC 基因型及 C 等位基因频率显著高于 DKD (-) 组 (均  $P<0.05$ )。多因素 Logistic 回归分析显示,显性和加性遗传模型在 DKD (+) 和 DKD (-) 组中的差异均有统计学意义 (校正后,显性遗传模型:  $P=0.010$ ;加性遗传模型:  $P=0.007$ )。与 AA 型及 AC 型相比,CC 基因型显著提升了 DKD 的患病风险 (校正后均  $P<0.05$ )。

**结论** AGTR1 基因 rs5186 多态性与 2 型糖尿病患者 DKD 的发病显著相关,携带 AGTR1-C 等位基因的 T2DM 患者有更高的 DKD 发病风险。

## PU-2319

## 肾素血管紧张素系统基因多态性与 2 型糖尿病肾病的相关性研究

刘媛媛,周允,姜永玮,曹永彤

中日友好医院

**目的** 建立 RAS 中上述四基因多态性新型、快速和高效的检测方法,并探讨该多态性与中国汉族人群 DKD 的相关性,以及基因间的叠加效应对 DKD 的影响。

**方法** 进行病例-对照试验。选择 2017 年 12 月至 2019 年 1 月中日友好医院收治的 T2DM 合并 DKD 患者 200 例[DKD (+) 组]和 T2DM 不伴 DKD 患者 200 例[DKD (-) 组]为研究对象,收集受试者的血液样本及相关临床病史资料。用改进的三条引物 PCR-毛细管电泳法对 ACE 进行基因分型,用高分辨率熔解曲线法对 AGT、ATGR1 及 ACE2 进行基因分型。应用 SPSS17.0 统计软件包对实验数据进行分析。

**结果** 1. 建立了上述基因多态性新型的检测方法。

2. DKD (+) 组受试者 ACE、ACE2、AGTR1 基因多态性与 DKD (-) 组相比差异有统计学意义 (均  $P<0.05$ ),而 AGT 基因 MM 基因型和 M 等位基因频率与 DKD (-) 组中比较无显著差异 (MM 基因型:  $\chi^2=0.88$ ,  $P=0.643$ ; M 等位基因:  $\chi^2=0.007$ ,  $P=0.93$ )。

3. 对四个基因多态性的联合分析显示,IGMC、DGMC 及 DAMC 等位基因频率在 DKD (+) 组中更高 (均  $P<0.05$ ),而 IAMA 频率在 DKD (-) 组中更低 (校正后  $P=0.016$ )。以 IATA 为基点进行多元回归分析结果显示,携带 IGMC、DGMC 及 DAMC 与 DKD 发病风险呈正相关,而 IAMA 与 DKD 发病风险呈负相关 ( $OR=0.47$ , 95% CI = 0.23~0.97,  $P=0.022$ )。

0.23~0.97,  $P=0.022$ )。

**结论** 1.建立了上述多态性的新型、快速、高效的检测方法,为科研及临床该项目的检查提供了方法学依据。

2. ACE I/D、ACE2 G8790A 及 AGTR1 A1166C 多态性与 DKD 的发病风险相关,携带 ACE-D 等位基因或 AGTR1-C 等位基因的 T2DM 患者有更高的 DKD 发病风险,携带 G 等位基因的男性 T2DM 患者更易进展为 DKD。ACE-DD 型 DKD 的独立危险因素。AGT M235T 多态性与 DKD 发病风险不相关。

3. 在对以上基因进行联合分析时,发现上述基因可能对 DKD 的影响存在广泛的基因-基因交互作用,携带 IGM C、DGM C 及 DAM C 基因的患者更易进展为 DKD,而同时携带 IAMA 基因的可能为保护性因素。多个位点联合突变可能是 DKD 发病的危险因素。

## PU-2320

# Comprehensive study of the genetic basis and evolutionary trend of infrequent multidrug-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* strains

Xinmiao Jia<sup>1</sup>, Dingxia Shen<sup>2</sup>, Guannan Ma<sup>3</sup>, Cuidan Li<sup>3</sup>, Chuan Qin<sup>3</sup>, Dongsheng Zhou<sup>4</sup>, Qiwen Yang<sup>5</sup>, Yingchun Xu<sup>5</sup>, Fei Chen<sup>3</sup>

1. Central Research Laboratory, Peking Union Medical College Hospital

2. Center of Clinical Laboratory Medicine, Chinese General Hospital of PLA

3. CAS Key Laboratory of Genome Sciences & Information, Beijing Institute of Genomics Chinese Academy of Sciences

4. State Key Laboratory of Pathogen and Biosecurity, Beijing Institute of Microbiology and Epidemiology

5. Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Several infrequently pernicious multidrug-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (MDR-HvKP) strains were discovered recently, although HvKP and MDR-KP strains usually showed non-overlapping genotypes/phenotypes and different evolutionary trends. MDR-HvKP is undoubtedly one of the most severe threatens/challenges to global public health. We comprehensively analyzed the genetic basis and evolutionary trend for the infrequent MDR-HvKP strains, so as to understand, prevent and control the deadly infection.

**Methods** We identified two MDR-HvKP strains from two community-infection patients and conducted virulence and multidrug-resistance phenotypic characterization. They were subjected to Pacbio sequencing, and subsequent analysis of virulence, resistance genes and mobile genetic elements (MGEs). The evolution trend towards MDR-HvKP was further investigated by phylogenetic tree.

**Results** We first reported the complete genomes of MDR-HvKP, and further analyzed the genetic basis for relationship between genotypes and "MDR-hypervirulence" phenotypes. These two MDR-HvKP possess most virulence-genes in classical virulence-plasmids and novel high-pathogenic islands, whilst harboring *bla*<sub>KPC-2</sub> and *bla*<sub>CTX-M-24</sub> in two novel transposons respectively. Importantly, we revealed the fusion evolutionary tendency towards MDR-hypervirulence in two ways: HvKP and MDR-KP could evolve into MDR-HvKP by acquiring drug-resistant plasmids/genes or virulence plasmids/genes through horizontal gene transfer (HGT) events. Particularly, we identified a rare plasmid with virulence and *bla*<sub>CTX-M-24</sub> gene.

**Conclusions** Our findings provide important insights into the genetic basis for MDR-HvKP formation. The fusion trend towards MDR-HvKP will pose unprecedented threats/challenges to public health. MGEs may accelerate the fusion evolutionary trend towards MDR-HvKP through HGT events. This is a dangerous tendency and should be closely monitored.

## PU-2321

## 一例凝血因子XII缺乏症的分析及相关文献复习

殷雨梅

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 通过对一例凝血因子XII缺乏症的分析，提高对该疾病的认识，并探讨该病的实验室检查、临床表现、及诊断。

**方法** 通过对我院发现的一例凝血因子XII缺乏症患者的临床资料及实验室检查的分析，对该疾病做出诊断，并结合相关文献对该疾病进行探讨。

**结果** 患者无出血等临床表现，单纯 APTT 延长，且 APTT 可被正常人混合血浆纠正，凝血因子XII活性（FXII:C）减低，其他病理性抗凝物及凝血因子抑制物均阴性，考虑遗传性凝血因子XII缺乏症。

**结论** 凝血因子XII缺乏症常无典型临床表现，主要依靠实验室检查来诊断，此类患者需定期随访，以减低风险。

## PU-2322

## 沃芬 ACL TOP 700 凝血六项的可比性性能验证

孟静

山东大学第二医院,250000

**目的** 通过实验室内部与靶机的比对，验证全自动凝血分析仪器(ACLTOP700)的性能指标能否满足实验室需求，保证检验结果的准确性和一致性。

**方法** 每天收集 5 份新鲜血标本，连续检测 4 天，共 20 份标本，样本中分析物浓度应有一半在生物参考区间内，另一半在生物参考区间外但在线性范围内。同时在比对设备和靶机上进行检测，在 4h 之内检测完毕。

**结果** 实验室内部比对凝血六项检测指标，其中活化部分凝血活酶时间（APTT）、凝血酶原时间（PT）、纤维蛋白原（FIB）、凝血酶时间（TT）、D-二聚体（D-D）均比对通过（>85%），纤维蛋白（原）降解产物（FDP）项目比对未通过，合格率为 75%。通过寻找原因，FDP 的比对合格率最终达到 95%。

**结论** 通过实验室内部比对，不仅可以保证检验结果的准确性和一致性，而且使检验工作人员对仪器的性能和保养有了更加深入的了解，从而有助于保证患者结果的准确性。

## PU-2323

## 流式细胞术检测急性白血病微小残留病变 68 例临床分析

张静

宁夏回族自治区人民医院

**目的** 研究流式细胞术检测急性白血病微小残留病变的临床应用价值

**方法** 应用四色流式细胞术对 2017 年 2 月至 2018 年 11 月在本院血液科确诊后的 68 例急性白血病患者骨髓标本进行微小残留病变检测

**结果** 急性髓细胞白血病 50 例，急性淋巴细胞白血病 18 例，男性患者多于女性患者。白血病相关免疫表型髓系异常以跨期表达多见，淋系异常以表达过量多见。诱导化疗后不同时间运用流式细胞术监测 MRD，有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 运用流式细胞术检测急性白血病微小残留病变对监测评估病情、评价疗效、提早预防复发和调整治疗方案有重要意义。

## PU-2324

### 脂代谢异常与肝细胞肝癌的相关研究

葛鹏<sup>1</sup>,臧凤琳<sup>1</sup>,吴文彬<sup>2</sup>

1.天津医科大学肿瘤医院,300000

2.山西医科大学汾阳学院

**目的** 此研究是对肝细胞肝癌患者体内的血脂水平分析,重点研究 apoB、高密度胆固醇(HDL-C)、低密度胆固醇(LDL-C)、与肝细胞肝癌肿瘤大小、是否伴有肝硬化的相关关系。

**方法** 收集天津市肿瘤医院 2017 年 1 月至 12 月确诊为肝细胞肝癌的住院患者,用全自动生化分析仪分别测定患者血清中 apoB、高密度胆固醇(HDL-C)、低密度胆固醇(LDL-C)水平并进行统计分析。

**结果** 是否伴有肝硬化患者与 HDL-C、LDL-C 差异比较无统计学意义 ( $p>0.05$ ),与 apoB 差异比较有统计学意义 ( $p<0.05$ ); 肝细胞肝癌患者肿瘤大小与 HDL-C 差异比较无统计学意义 ( $p>0.05$ ),与 apoB、LDL-C 差异比较有统计学意义 ( $p<0.05$ )。

**结论** (1) 肝细胞肝癌肿瘤大小与 apoB、LDL-C 表达具有相关性,且大细胞肝癌患者的 LDL-C 水平比小细胞肝癌患者的 LDL-C 水平明显增高;(2) 是否伴有肝硬化患者与 apoB 表达具有相关性,伴有肝硬化患者的 apoB 水平比未伴有肝硬化患者的 apoB 水平明显降低。

## PU-2325

### Relationship between rs2285666 polymorphism of angiotensin converting enzyme 2 gene and type 2 diabetic kidney disease(DKD) in males

Yuanyuan Liu,Yongtong Cao

China-Japan Friendship Hospital Clinical Laboratory

**Objective** To explore the relationship between rs2285666 polymorphism of angiotensin converting enzyme 2 (ACE2) gene in Han Chinese patients with type 2 diabetic kidney disease(DKD).

**Methods** From July 2017 to March 2019, a total of 543 T2DM participants were selected from China-Japan Friendship Hospital, including 264 female and 279 male cases. Male cases were divided into two groups: diabetes without DKD[DKD(+)] group, n=134] and with DKD [DKD(-)] group, n=145]. Female cases were divided into two groups: diabetes without DKD[DKD(+)] group, n=138 and with DKD [DKD(-)] group, n=126].The high resolution melting (HRM) Method was established in this study to detect the ACE2 genotype. The relevant clinical data and the frequencies of genotype and allele of ACE2 gene rs2285666 polymorphism between two groups were statistically analyzed.

**Results** Between the patients with DKD and the patients without, DKD(+) group had significantly higher smoker ratio, BMI, SBP, Scr, and lower Ccr and eGFR ( $P<0.01$ ). Frequency of the G allele in males was significantly higher in DKD(+) group than in DKD(-) group ( $P<0.05$ ). Multivariate logistic regression analysis found that G allele was an independent risk factor for DKD in males( $P<0.05$ ).Rs2285666 was associated with DKD in female additive model ( $P<0.05$ ).



**Conclusions** Rs2285666 polymorphism of ACE2 gene was associated with the incidence of DKD in male T2DM patients. Male T2DM carrier of G allele of the ACE2 gene and GG genotype of female T2DM patients had higher DKD risk.

## PU-2326

### 广东省醛固酮与肾素比值参考区间的建立

余琳,刘忠民,林勇平  
广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 建立广东地区醛固酮肾素比值的参考区间

**方法** 收集来自广东省体检个体中符合要求的参考个体,检测其醛固酮与肾素,并求出比值,建立参考区间。应用 Mann-Whitney U 检验对性别分组进行统计学差异性分析,应用 Kruskal-Wallis H 检验对年龄分组(18-29 岁组, 30-39 岁组, 40-49 岁组, 50-63 岁组)进行统计学差异性分析。

**结果** 收集符合纳入标准的检测样本数据进行分组和统计学分析,得到相应的参考区间。性别分组无统计学意义( $P>0.05$ )。年龄分组中 18-29 岁组、30-39 岁组和 40-49 岁组两两组间差异无统计学意义( $P>0.05$ ),但这三个组均与 50-63 岁组差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 首次建立广东地区醛固酮肾素比值的参考区间: 2.74-16.45 (立位, 18-49 岁), 2.84-18.24 (立位, 50-63 岁), 性别差异无统计学意义。

## PU-2327

### 血清非对称二甲基精氨酸水平与 2 型糖尿病患者 大血管病变的相关性

杨华,何禄林,杨晓东,刘云涛  
三峡大学附属仁和医院

**目的** 观察 2 型糖尿病(T2DM)患者血清非对称二甲基精氨酸(ADMA)水平,探讨其与 2 型糖尿病患者大血管病变的关系及临床意义。

**方法** 100 名 T2DM 患者,根据是否存在大血管病变分为大血管病变组(MVC 组,  $n=52$  例)和单纯 T2DM 组(T2DM 组,  $n=48$  例),另选取同期在我院体检的 50 例健康者为对照组(NC 组)。采用 ELISA 法检测 3 组受检者血清非对称二甲基精氨酸水平,并进行比较。

**结果** 血清非对称二甲基精氨酸水平在 NC 组、T2DM 组、MVC 组分别为( $38.46\pm3.46$ )、( $45.21\pm5.14$ )、( $62.45\pm4.12$ )  $\mu\text{mol/L}$ ,组间两两比较,差异有统计学意义( $P<0.01$ )。相关分析显示,血清 ADMA 水平与病程、SBP、TG、LDL-C、FPG、HbA<sub>1c</sub>、HDL-C 相关( $r=0.249$ 、 $0.257$ 、 $0.337$ 、 $0.363$ 、 $0.261$ 、 $0.294$ 、 $-0.328$ ,  $P<0.05$  or  $P<0.01$ )。回归分析显示,剔除混杂因素后,血清 ADMA 水平仍与糖尿病大血管病变直接相关( $P<0.05$ )。

**结论** T2DM 合并大血管病变患者血清 ADMA 是糖尿病的危险因素之一,对预测糖尿病合并大血管并发症有一定的意义。

## PU-2328

## 三例 Y 染色体重排导致性发育障碍患儿的遗传学分析

王红英

苏州大学附属儿童医院,215000

**目的** 探讨三例罕见 Y 染色体重排导致的性发育障碍患儿的临床和遗传学致病机制,为临床诊疗和遗传咨询提供依据。

**方法** 对三例身材矮小、性发育异常患儿联合应用外周血 G 显带核型分析、多重 PCR 检测 Y 染色体 SRY 基因及无精症因子(azoospermia factor, AZF)a、b、c 区域缺失情况、SRY 基因全基因测序、全基因组染色体微阵列分析(chromosomal microarray analysis, CMA)、荧光原位杂交(fluorescence in situ hybridization, FISH)等遗传学技术进行检测分析。

**结果** 结合多种检测技术手段综合分析,三例患儿的染色体核型最后确定为,患儿 1: 46,X,t(X;Y)(p22.3;q11.2); 患儿 2: mos 45,X,der(7)pus dic(Y:7)(p11.3p22)del(7)(p21.2p21.3)del(7)(p12.3p14.3)[56]/45,X[44]; 患儿 3: mos 45,X[50]/46,X,idic(Y)(q11.22)[42]/47,X,idemx2[4]/47,XY[2]。

**结论** 通过运用多种遗传学技术对三例性发育障碍患儿进行了精准的分析,初步诊断患儿为 Y 染色体重排导致的性发育障碍,为临床明确诊疗和遗传咨询提供了重要依据。

## PU-2329

## 甘肃陇南地区 617 例 3-7 岁儿童 25-羟基维生素 D 营养状况研究

王慧敏,边富宁,何琪,卢丽莎

成县妇幼保健院

**目的** 分析探讨甘肃省陇南地区儿童 25-羟基维生素 D(25-(OH)D)营养状况,为该地区儿童 25-羟基维生素 D 合理补充提供依据。

**方法** 对 2019 年来本院体检的 617 名 3-7 岁学龄前儿童,将其按照年龄分为 3 岁组(共 28 例)、4 岁组(共 208 例)、5 岁组(共 134 例)、6 岁组(共 241 例)、7 岁组(共 6 例),其中男生 355 例,女生 262 例,利用直接化学发光的方法,检测 25-(OH)D 结果并进行分析。

**结果** 617 例儿童血清 25-(OH)D 平均浓度为 22.77ng/ml,低于正常参考范围(30-100ng/ml),缺乏人数占总人数的 73.9%(456/617),其中轻度缺乏( $20\text{ng/ml} \leq 25\text{-(OH)D} < 30\text{ng/ml}$ )占 61.3%(378/617),中度缺乏( $10\text{ng/ml} \leq 25\text{-(OH)D} < 20\text{ng/ml}$ )占 12.6%(78/617),未发现重度缺乏儿童,正常儿童( $30\text{ng/ml} \leq 25\text{-(OH)D} < 100\text{ng/ml}$ )占 26.1%(161/617)。男生 25-(OH)D 缺乏率为 65%(231/355),平均浓度为 23.56ng/ml,女生 25-(OH)D 缺乏率为 67%(175/262),平均浓度为 22.16ng/ml。3-7 岁各年龄组缺乏率分别为 50%、57%、78%、84%、100%。

**结论** 研究表明本地区 3-7 岁儿童 25-羟基维生素 D 平均水平偏低,随着年龄的增长缺乏率有上升趋势,各年龄儿童都应合理补充 25-羟基维生素 D。

## PU-2330

## Application of PAX1 gene methylation detection in cervical cancer screening

Chao Yuan, Ling Liu, Yalun Fang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** To detect the methylation modification of the promoter region of paired box family gene 1 (PAX1) in cervical cancer patients, thus to explore the clinical application value of PAX1 gene methylation detection in cervical cancer screening.

**Methods** From June 2017 to April 2019, 606 cervical exfoliated cell specimens were collected in the Second Hospital of Shandong University. Of which, 224 cases were cervical intraepithelial neoplasia grade 3 (CIN3) and cervical cancer, 382 cases were CIN2, CIN1 and healthy individuals based on cervical pathology. The level of PAX1 gene methylation in specimens were detected using the PAX1 gene methylation test kit. Receiver operating characteristic curve (ROC) analysis was used to evaluate the capability of PAX1 gene methylation for distinguishing CIN3 and cervical cancer from CIN2, CIN1 and healthy individuals.

**Results** The level of PAX1 gene methylation in CIN3 and cervical cancer was significantly increased compare with CIN2, CIN1 and healthy individuals. The sensitivity and specificity of PAX1 gene methylation for detecting CIN3+ were 76.2% (95% CI: 69.4%-82.5%) and 90.6% (95%CI: 86.1%-93.3%) respectively.

**Conclusions** These findings support the utility of PAX1 methylation as an auxiliary biomarker in cervical cancer screening. It can be combined with cytology to improve the diagnosis rate.

## PU-2331

## 常规体检在宫颈癌筛查中的意义

余鑫, 晏沙沙  
云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院, 650000

**目的** 探索基于常规体检项目（血常规、尿常规及血清生化指标）建立支持 向量机的宫颈癌智能模型在宫颈癌筛查中的意义。

**方法** 通过文献快速筛选可能与宫颈癌相关的血常规指标 6 项：白细胞数（WBC）、血小板数（PLT）、淋巴细胞计数（LYM）、中性粒细胞计数（NEU）、中性粒细胞计数/淋巴细胞计数（NLR）、血小板数/淋巴细胞计数（PLR）；通过小样本初筛实验筛选血清生化及尿常规指标，选出与宫颈癌相关的指标 7 项：尿比重（SG）、酸碱度（PH）、总蛋白（TP）、尿酸（UA）、钙离子（Ca）、铁离子（Fe）、镁离子（Mg）；回顾性分析本院 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日期间 40 例初诊为宫颈癌患者和 40 例健康人的上述 13 项指标，比较单项指标在宫颈癌组和健康对照组间的差异，筛选具有显著性特征的指标（ $P < 0.05$ ），建立基于支持向量机的筛查模型。分析发现 WBC、NEU、NLR、PLR、TP、Ca 6 项指标在宫颈癌组和健康对照组间存在显著性差异（ $P < 0.05$ ）。用这 6 项指标进行特征变量组合，建立支持向量机模型。

**结果** 在训练数据中，该模型敏感性为 0.91，特异性为 0.82，在验证数据中，敏感性为 0.75，特异性为 0.83。通过 ROC 曲线计算，对照组和实验组曲线下面积（AUC）均为 0.933，大于 0.9。综上所述该模型具有较高的预测价值。

**结论** 该筛查模型有助于确定更精确的高危人群，提高宫颈癌液基细胞学、HPV DNA 检测的阳性率。

## PU-2332

## 血清前蛋白转化酶枯草溶菌素 9 水平与肥胖和 2 型糖尿病的相关性研究

吴静,杨华,杨晓东,刘云涛  
宜昌市三峡大学附属仁和医院

**目的** 探讨血清前蛋白转化酶枯草溶菌素 9 (PCSK9) 水平与肥胖和 T2DM 的相关性。

**方法** 100 名健康体检者 (NGT) 根据 BMI 分为体重正常组 (A 组,  $n=50$ ,  $BMI < 24\text{kg/m}^2$ ) 和超重肥胖组 (B 组,  $n=50$ ,  $BMI \geq 24\text{kg/m}^2$ ) ; 将 100 名新诊断 T2DM 患者 (T2DM 组) 根据 BMI 分为体重正常组 (C 组,  $n=50$ ,  $BMI < 24\text{kg/m}^2$ ) 和超重肥胖组 (D 组,  $n=50$ ,  $BMI \geq 24\text{kg/m}^2$ ) 。采用酶联免疫法测定各组血清前蛋白转化酶枯草溶菌素 9 水平。

**结果** 血清前蛋白转化酶枯草溶菌素 9 水平在 A、B、C、D 组分别为 ( $25.76 \pm 13.11$ )、( $41.64 \pm 11.93$ )、( $60.19 \pm 17.98$ )、( $91.82 \pm 24.37$ ) ng/ml, 组间两两比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。T2DM 患者 PCSK9 与 BMI、FBG、TC、TG、LDL-C、FIns、HOMA-IR、HDL-C 相关 ( $r=0.469$ 、 $0.279$ 、 $0.314$ 、 $0.363$ 、 $0.347$ 、 $0.251$ 、 $-0.338$ ,  $P < 0.01$ )。多元回归显示, BMI、HOMA-IR 是 PCSK9 的独立相关因素 ( $\beta=4.114$ 、 $0.446$ ,  $P < 0.05$ )。

**结论** T2DM 患者 PCSK9 与 BMI、HOMA-IR 关系密切, 可能参与了肥胖及 T2DM 的发生发展。

## PU-2333

## 维生素 D 与自身免疫性甲状腺炎

岳潇潇  
中国医科大学附属盛京医院, 110000

**目的** 维生素 D 是一种类固醇分子, 其主要作用是调节骨代谢和钙磷平衡, 此外也对免疫系统调节起重要作用。最近的研究表明, 维生素 D 缺乏不仅与自身免疫性甲状腺炎 (Autoimmune thyroid disease, AITD) 如桥本氏甲状腺炎 和 Graves'病之间存在关联, 也与其他多种自身免疫性疾病以及癌症相关

**方法** 活性维生素 D 通过与维生素 D 受体 (Vitamin D receptor, VDR) 结合而对人体的多个组织和系统发挥作用

**结果** 目前有一些研究表明, 维生素 D 水平和 VDR 的遗传多态性与 AITD 发病率相关, 且用维生素 D 治疗自身免疫性疾病患者可取得一定的成效。但是, 对与维生素 D 与 AITD 的关系和维生素 D 的作用机制, 仍然存在争议。

**结论** 本综述将讨论维生素 D 的作用, 维生素 D 与 AITD 的联系, 以及其用于治疗 AITD 的现状

## PU-2334

## Expression and purification of human epididymis protein 4 in E.coli

王翠, 明亮  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** To obtain recombinant HE4 protein through genetic engineering and purification.

**方法** HE4 gene was optimized and amplified by genetic engineering, then the fragments of HE4 acquired from that were ligated into the vector pET32a(+) and transformed into E.coli BL21(DE3), the recombinant HE4 protein was purified by Nickel ion affinity chromatography.

**结果** The prokaryotic expression system of the HE4 application was constructed successfully. SDS-PAGE showed that the recombinant protein was about 30 KD and the purified recombinant HE4 protein was achieved.

**结论** The recombinant HE4 protein was successfully obtained through genetic engineering and protein purification technology.

## PU-2335

### 非小细胞肺癌患者血清 LINC00189 表达及其临床意义

袁超

山东大学第二医院,250000

**目的** 检测非小细胞肺癌患者血清中 LINC00189 表达水平, 评估其表达水平与临床病理参数的关系, 并探讨其临床诊断价值。

**方法** 利用 Kaplan-Meier Plotter 分析 LINC00189 表达水平与肺癌患者生存率关系, 实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测癌组织与相应癌旁组织中 LINC00189 的表达以及体检健康者及非小细胞肺癌患者血清中 LINC00189 的表达水平, 分析其与非小细胞肺癌患者临床病理参数的相关性, 并用 ROC 曲线分析其诊断效能。

**结果** Kaplan-Meier Plotter 结果表明 LINC00189 表达水平与肺癌患者的生存率呈负相关。我们收集了 40 例新鲜的 NSCLC 组织, qRT-PCR 的方法检测了癌组织与相应癌旁组织中 LINC00189 的表达, 结果表明, 癌组织中 LINC00189 的表达水平显著高于癌旁组织。LINC00189 在非小细胞肺癌患者血清中的平均含量较体检健康者均明显升高( $P < 0.01$ ), 且与淋巴结转移、浸润深度和 TNM 分期相关( $r$  分别为 0.523、0.462 和 0.417,  $P$  均  $< 0.01$ ); 非小细胞肺癌患者血清 LINC00189 的 ROC 曲线下面积为 0.836, 95% 可信区间(CI)为 0.747~0.894, 当 cut-off 值为 1.818 时, 其诊断非小细胞肺癌的敏感性为 75.4%, 特异性为 76.8%。

**结论** LINC00189 在非小细胞肺癌患者癌组织及血清中呈高表达, 且与淋巴结转移、浸润深度和 TNM 分期相关, 具有非小细胞肺癌诊断潜在应用价值。

## PU-2336

### 空腹血糖正常情况下高甘油三酯者与正常甘油三酯者

束国防

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 对空腹血糖正常的高甘油三酯者(TG)与正常 TG 者进行高脂餐后的血糖进行比较。

**方法** 选择 18 例高甘油三酯者与 26 例 TG 正常者, 试验当日清晨采集空腹血后 5 分钟内喝完高脂混合膳。并采集餐后 0.5、1、2、4、6 和 8h 静脉血样本, 及时离心进行血糖检测, 空腹血加做 TG。

**结果** 正常 TG 组与高甘油三酯组空腹 TG 分别为  $1.07 \pm 0.34$  与  $2.63 \pm 1.34$  (mmol/L), 两组差异有统计学意义 ( $t=4.453, P < 0.001$ ); 18 例高 TG 组有 3 例出现糖耐量受损, 占 16.7%, 而 26 例 TG 正常组无一例糖耐量受损, 高 TG 组明显高于 TG 正常组。

**结论** 对于空腹血糖正常者, 如果 TG 增高, 应做糖耐量试验, 以便能够及早排除或发现糖耐量受损和空腹血糖调节受损。

## PU-2337

## 长链非编码 RNA MIAT 在乳腺癌血小板中的表达及临床意义

张开炯,吴立春,叶波,张莉,宋晓玉

四川省肿瘤医院,610000

**目的** 探讨长链非编码 RNA MIAT 在乳腺癌患者血小板中的表达情况及其对乳腺癌的潜在诊断价值。

**方法** 选取四川省肿瘤医院收治的 187 例女性乳腺癌和 200 例健康对照组作为研究对象,抽取受试者 EDTA-2K 抗凝全血 2ml,低速离心法获得血小板沉淀并提取总 RNA。采用实时荧光定量 PCR (RT-PCR) 的方法检测 MIAT 在血小板中的表达水平,分析血小板 MIAT 与乳腺癌患者临床病理特征相关性。同时采用电化学发光免疫测定法检测受试者血浆中 CEA、CA153 水平,并采用受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic, ROC) 分析血小板 MIAT 相对于血浆传统标记物 CEA 和 CA153 对乳腺癌诊断价值及 3 项指标联合后诊断价值。

**结果** MIAT 在乳腺癌患者血小板中的表达水平显著高于健康对照组( $p=0.015$ ),且血小板中 MIAT 的表达水平与乳腺癌 TNM 分期( $p=0.041$ )和淋巴结转移( $p=0.039$ )具有相关性,而与乳腺癌患者的年龄、绝经期、病理类型、雌激素、孕激素等无明显关系( $p>0.05$ )。MIAT 的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.892,灵敏度和特异性分别为 92.60%和 86.10%,其对乳腺癌的诊断效能高于传统标记物 CA153 (AUC=0.670) 和 CEA (AUC=0.524),且三项指标联合后诊断效能(AUC=0.925)和特异度(96.5%)高于 MIAT 单独检测。

**结论** MIAT 在乳腺癌患者血小板中显著高表达,其可能为乳腺癌诊断潜在的新型生物标志物。

## PU-2338

## 多重 PCR 检测血流感染常见病原菌的临床应用

井发红

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 建立一种能够应用于临床检测血流感染患者常见病原菌的多重 PCR 方法。

**方法** 针对血流感染 7 种主要病原菌鲍曼不动杆菌、大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌、表皮葡萄球菌及屎肠球菌设计多重 PCR 体系,对其敏感性及特异性进行验证,然后对临床标本进行检测并与培养方法进行比较。

**结果** 采用优化后的多重 PCR 体系对 200 份血液标本和 60 份穿刺引流液标本进行检测,血液标本中共检出 21 例阳性,其中表皮葡萄球菌 5 例,大肠埃希菌 3 例,屎肠球菌 3 例,鲍曼不动杆菌 3 例,金黄色葡萄球菌 3 例,铜绿假单胞菌 2 例,肺炎克雷伯菌 2 例;穿刺引流液标本中共检出 24 例阳性,其中大肠埃希菌 5 例,表皮葡萄球菌 5 例,屎肠球菌 4 例,鲍曼不动杆菌 2 例,铜绿假单胞菌 3 例,金黄色葡萄球菌 3 例,肺炎克雷伯菌 2 例;经统计学分析表明多重 PCR 的敏感性高于培养方法。

**结论** 利用多重 PCR 体系可以在一个反应中同时检测 7 种血流感染常见病原菌,且具有较高的特异性和灵敏度,可同时检测、鉴别出多种病原菌,在临床混合感染的鉴别诊断上具有其独特的优势。该方法稳定可靠,成本低,操作简单、快速,整个检测过程受污染风险小,具有很高的临床应用价值。

## PU-2339

**全自动生化分析仪检测血清胱抑素 C 的分析性能评价**

薛云松

云南省第二人民医院,650000

**目的** 对在雅培 C16000 全自动生化分析仪上用胶乳凝集法检测胱抑素 C 试剂的分析性能进行评价。

**方法** 参考国际,国内有关性能评价的文件和报道,结合工作实际,对全自动生化分析仪测定胱抑素 C 的精密度,正确度,线性范围,最大允许稀释度,抗干扰性能,生物参考区间等性能进行验证和评价。

**结果** 胱抑素 C 在不同浓度水平的批内和天间不精密度都小于规定的不精密度要求;6 个不同浓度的校准品检测结果与靶值的相对偏倚均小于允许偏倚,与已经认可通过的其他实验室的相同检测系统进行样本的比对结果  $r^2$  为 0.9995,回归方程  $Y=1.0013X+0.0115$ ;线性范围为 0.14-9.91mg/L;最大允许稀释度为 20 倍,最大可报告范围为 198.26mg/L;不同浓度游离胆红素,结合胆红素,乳糜,血红蛋白对胱抑素 C 的检测不产生影响;生物参考区间验证结果均在设定的范围之内。

**结论** 雅培全自动生化分析仪测定胱抑素 C 的分析性能与厂家声明基本一致,符合临床的要求,可以应用与临床。

## PU-2340

**磷脂酶 A2 受体及抗体在膜性肾病中的研究进展**

于瑶

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 对近几年 PLA2R 在膜性肾病中的应用进行综述

**方法** 查阅近些年关于膜性肾病和 PLA2R 关系的文献

**结果** PLA2R 在膜性肾病诊断,治疗检测,预后等诸多方面有重要意义

**结论** PLA2R 在膜性肾病诊断,治疗检测,预后等诸多方面有重要意义

## PU-2341

**血浆 D—D, FDP 及血清 hs—CRP 检测对多发性腔隙性脑梗死的临床意义**

闫文萍,牛莉莉,张英

昌吉州人民医院,831100

**目的** 通过对多发性腔隙性脑梗死患者血浆 D-二聚体(D-D),纤维蛋白原降解产物(FDP)及血清超敏 C 反应蛋白 (hs—CRP)浓度水平的检测,探讨三项指标与多发性腔隙性脑梗死发病的相关性。

**方法** 选择健康体检者 40 例,经临床确诊为多发性腔隙性脑梗死患者 88 例,采用 SYSMEX 全自动凝血分析仪分别检测其血浆 D-D, FDP 及血清 hs—CRP 浓度水平。

**结果** 多发性腔隙性脑梗死组 D-D, FDP, hs—CRP 检测结果分别为:  $0.95 \pm 1.24 \text{ mg/l}$  ~  $3.33 \pm 11.49 \text{ mg/l}$ 。和  $8.65 \pm 20.39 \text{ g/l}$ 。;健康体检组 D, FDP 和 hs—CRP 检测结果分别为:  $0.32 \pm 0.37 \text{ mg/l}$  ~  $0.047 \pm 0.16 \text{ mg/l}$ 。和  $0.87 \pm 0.78 \text{ g/l}$ 。。经统计学分析,  $t$  值分别为 6.7, 12.4 和 8.7, 其  $P$  值均  $< 0.05$ , 两组之间 D-D, FDP 和 hs—CRP 三项指标差异有

统计学意义。同时发现 D-D 检测结果患者组高于正常参考范围的阳性率, 高于 FDP 的阳性率且  $P < 0.05$ ,  $72 = 22.45$ , 差异有统计学意义。

**结论** 血浆 D-D, FDP 及血清 hs—CRP 检测结果高于正常参考范围时与多发性腔隙性脑梗死发病密切相关, 三项指标对多发性腔隙性脑梗死的诊断和治疗监测有非常重要的临床意义。

## PU-2342

### 93 例儿童肺炎链球菌侵袭性感染临床特征及耐药性分析

高凯杰, 杨俊文, 方盼盼, 阙蔚鹏, 金志鹏, 杨俊梅  
郑州大学附属儿童医院、河南省儿童医院

**目的** 研究分析儿童侵袭性感染肺炎链球菌患儿临床情况、血清型分布及耐药情况, 为儿童侵袭性肺炎链球菌性疾病诊治、临床合理应用抗菌药物提供依据

**方法** 回顾性分析 2016 年~2018 年郑州大学附属儿童医院收治侵袭性肺炎链球菌感染 93 例患儿病历资料, 对肺炎链球菌进行荚膜肿胀实验血清分型、药敏试验、PCR 法测定大环内酯类耐药基因表达情况

**结果** 93 例患儿中男 55 例、女 38 例; 年龄范围为 27 日龄~13 岁, 中位年龄为 1 岁 11 月龄, 以 3 岁以下 (68 例, 73.1%) 为主; 108 株肺炎链球菌分离标本类型主要为血液 (70 株, 64.8%)、脑脊液 (26 株, 24.1%) 等。93 例 IPD 患儿感染类型主要包括脓毒血症 (66 例, 71.0%)、化脓性脑膜炎 (40 例, 43.0%) 等; 临床表现主要为发热 (33 例, 35.5%)、咳嗽 (31 例, 33.3%)、精神萎靡 (20 例, 21.5%); 有基础疾病者 25 例 (26.9%)、并发症患儿 33 例 (35.5%)。93 例患儿中 10 例死亡, 病死率 10.8%, <1 岁、器官功能衰竭等并发症、白细胞降低、CRP 及 PCT 显著升高等为患儿死亡主要危险因素。108 株肺炎链球菌可分为 18 个血清型, 以 19F (31 株, 28.7%)、19A (17 株, 15.7%)、6B (12 株, 11.1%)、14 (10 株, 9.3%)、23F (8 株, 7.4%) 为主; 肺炎链球菌疫苗 PCV7、PCV10、PCV13、PPV23 血清型覆盖率分别为 59.3%、59.3%、95.4%、94.4%。108 株肺炎链球菌对青霉素耐药率达 17.1%, 其他  $\beta$ -内酰胺类抗生素耐药率略低, 对甲氧苄啶-磺胺甲噁唑、四环素耐药率 (64.4%、90.3%) 较高, 对红霉素、克林霉素全部耐药; 1 岁以下婴儿组肺炎链球菌耐药率显著高于其他年龄组, 中枢神经系统分离肺炎链球菌耐药率高于其他部位分离菌株, PNSP 对  $\beta$ -内酰胺类抗生素耐药率均高于 PSSP。108 株肺炎链球菌对大环内酯类抗生素耐药机制主要为由 *ermB* 基因、*mef* 基因

**结论** 儿童侵袭性肺炎链球菌感染主要累及 3 岁以下婴幼儿, 侵犯血流、中枢神经系统等部位, 血清型主要以 19F、19A、6B、14、23F 等为主, 对青霉素耐药性持续升高, 1 岁以下婴儿组及中枢神经系统分离肺炎链球菌耐药性较高, 肺炎链球菌对大环内酯类抗生素耐药机制主要为 *ermB* 基因及 *mef* 基因

## PU-2343

### 血清总 IgE 和嗜酸性粒细胞检测在过敏性皮肤病中的作用分析

张英, 闫文萍, 牛莉莉  
昌吉回族自治州人民医院

**目的** 分析血清总 IgE 和嗜酸性粒细胞检测在过敏性皮肤病中的作用。

**方法** 抽取 2018 年 1 月至 2019 年 1 月我中心收治的过敏性皮肤病患者 30 例作为研究组, 另选取健康体检者 30 例作为对照组, 两组患者均采用血清总 IgE 和嗜酸性粒细胞检测, 对比两组患者的检测结果, 分析血清总 IgE 和嗜酸性粒细胞检测作用。



**结果** 研究组血清总 IgE 和嗜酸性粒细胞检测值均高于对照组, 两组比较存在统计学差异 (  $P < 0.05$  )。

**结论** 血清总 IgE 和嗜酸性粒细胞检测能够为过敏性皮肤病的诊断和综合治疗提供依据。

#### PU-2344

### The inflammatory response modulated by lincRNACox2 in macrophages infected by Mycobacterium tuberculosis

Hongchao Pan,Zhong Chen,Wenzhi Cao  
SimpleGene Clinical Laboratory Limited

**Objective** Tuberculosis is a kind of infectious disease caused by mycobacterium tuberculosis. It has been reported that the infection rate of tuberculosis is increasing in recent year which greatly endangers human's health. Long intergenic non-coding RNAs (lincRNAs) are long non-coding transcripts (>200nt) from the intergenic regions of annotated protein-coding genes. LincRNA-Cox2 has been reported is an early-primary response gene controlled by nuclear factor-kB (NF-kB) signaling in macrophages while the role of LincRNA-Cox2 in macrophages infected by mycobacterium tuberculosis has been rarely elaborated.

**Methods** Functionally, lincRNA-Cox2 is required for the activation of NF-kB to regulate inflammatory responses induced by genes stimulated by Mycobacterium tuberculosis. In this study, inflammatory response factors such as TNF- $\alpha$ , IFN- $\gamma$ , IL-6, Cox2, iNOS and NF-kB, Stat3 increased significantly in macrophages induced by Mtb determined by ELSIA, qRT-PCR and western blot.

**Results** The results showed that inflammatory response factors such as TNF- $\alpha$ , IFN- $\gamma$ , IL-6, Cox2, iNOS and NF-kB, Stat3 increased significantly in macrophages induced by mycobacterium tuberculosis.

**Conclusions** Our study indicated that a new regulatory function for NF-kB induced by lincRNACox2 for the transcription of inflammatory response genes in macrophages through the modulation of epigenetic chromatin remodeling.

#### PU-2345

### 恶性肿瘤患者联合检测凝血功能及 FDP、D—二聚体对诊断的应用

牛莉莉,张英,闫文萍  
昌吉回族自治州人民医院

**目的** 探究凝血功能、纤维蛋白原降解产物 (FDP)、D—二聚体 (D—D) 的联合检测对恶性肿瘤的诊断意义。

**方法** 择取 100 例患者为观察组, 以同期接受体检的 100 例健康受检者为对照组, 两组研究对象分别进行凝血功能、FDP、D—D 的联合检测。

**结果** 观察组凝血酶原时间 (PT)、国际标准化比值、凝血酶时间、活化部分凝血酶原时间、纤维蛋白原 (FIB) 的检测结果均高于对照组 ( $P < 0.05$ ), 各指标的阳性率也均高于对照组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 联合检测凝血功能、FDP 与 D—D 对恶性肿瘤的诊断具有一定的帮助。

## PU-2346

## 应用 MALDI-TOF MS 技术 监测医院消毒灭菌效果方法的建立和应用评价

肖晓光

大连医科大学附属第一医院,116000

**目的** 建立基质辅助激光解析电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 技术快速监测医院消毒与灭菌效果的方法, 优化医院消毒与灭菌效果监测流程, 以加强医院消毒质量监测的管理, 防止院内感染的发生。

**方法** 对医院 2017 年 4 月至 2018 年 3 月所有有细菌和真菌生长的样品同时进行 MALDI-TOF MS 技术和传统微生物检测方法进行检测, 评估 MALDI-TOF MS 技术与传统微生物检测方法的符合率。

**结果** 2018 年 3 月至 2019 年 4 月我院院内感染监测样本共 6578 例, 鉴定出细菌种类 47 种, 共 630 株, 检出率为 9.6%, 前 3 位的菌属分别是葡萄球菌属 (1 属 11 种 174 株) 占 27.6%、芽孢杆菌属 (1 属 7 种 162 株) 占 25.7%、微球菌属 (1 属 1 种 81 株) 占 12.9%。MALDI-TOF MS 技术及传统微生物鉴定方法对 G+球菌、G+杆菌、G-球菌、G-杆菌和真菌鉴定符合率分别为: 94.0%、90.6%、95.2%、97.2%和 83.3%。对于灭菌效果监测样本, 如果含有多种病原菌, 肉汤增菌后直接检测准确率只有 56.3%, 当几种菌量相差不大时, MALDI-TOF MS 技术可检出其中全部菌种, 但当几种菌量相差较大时, MALDI-TOF MS 技术仅可检出其中的优势菌。

**结论** MALDI-TOF MS 技术可以快速、准确地监测医院的消毒与灭菌效果, 缩短检测时间, 但不能完全替代传统微生物检测方法, 可使用传统微生物检测和 MALDI-TOF MS 技术同时对医院物品消毒与灭菌效果进行检测, 以更加及时地发现院内感染的高风险因素, 预防院内感染的发生。

## PU-2347

## 胶体金免疫层析法和免疫荧光层析法测定粪便钙卫蛋白在炎症性肠病中的应用

黄玉婷

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 炎症性肠病 (IBD) 是一组慢性非特异性胃肠道炎症性疾病, 主要包括溃疡性结肠炎 (UC) 和克罗恩病 (CD) 两类。近年来, IBD 患者人数逐渐增多, 诊断金标准为内镜检查, 而粪便钙卫蛋白 (FC) 在 IBD 的诊断中应用越来越广泛。FC 含量与中性粒细胞数目成正相关, 因此可以特异性地反映肠道炎症情况。通过比较 FC 胶体金免疫层析法和免疫荧光层析法两种测定方法, 探索不同方法测定 FC 在炎症性肠病 (IBD) 中的应用价值。

**方法** 收集 30 例临床疑似 IBD 患者粪便样本, 经内镜检查确诊 25 例, 分别用胶体金免疫层析法和免疫荧光层析法检测 FC 含量。胶体金免疫层析法选用北京美康基因科学股份有限公司的钙卫蛋白测定试剂盒, 免疫荧光层析法选用广州津润生物科技有限公司的粪便钙卫蛋白测定试剂盒。根据试剂盒说明书分别检测患者 FC, 并计算检测方法的灵敏度。

**结果** 以 50  $\mu\text{g/g}$  为 Cutoff 值时, 胶体金免疫层析法检测 FC 的灵敏度是 82.1%, 免疫荧光层析法检测 FC 的灵敏度是 67.9%, 二者的线性相关性较差。

**结论** FC 能有效反映 IBD 患者的疾病活动情况, 对 IBD 的诊断具有重要意义。本研究显示, 胶体金免疫层析法和免疫荧光层析法相比, 胶体金免疫层析法具有更高的灵敏度, 而二者相关性较差, 应纳入更多确诊病例加以验证以得出更加可信的结果。

## PU-2348

## Antibody-free Rapid Diagnosis of Malaria in Whole Blood with Surface-enhanced Raman Spectroscopy using Nanostructured Gold Substrate

Wei Wang<sup>1,2</sup>, Ruiling Dong<sup>1</sup>, Jianan He<sup>3</sup>, Pin Yi<sup>2</sup>, Siu-kai Kong<sup>4</sup>, Ho-Pui Ho<sup>5</sup>, Dayong Gu<sup>3</sup>, Jacky Fong-Chuen Loo<sup>5</sup>, Wen Wang<sup>1</sup>, Qian Wang<sup>1</sup>

1.Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University

2.Department of Laboratory Medicine, Shenzhen Second People's Hospital

3.Shenzhen International Travel Health Care Center and Shenzhen Academy of Inspection and Quarantine

4.Biochemistry Programme, School of Life Sciences, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong SAR

5.Department of Biomedical Engineering, The Chinese University of Hong Kong, Hong Kong SAR

**Objective** The aim of this study is to establish a rapid antibody-free diagnostic method of malaria infection with *P. falciparum* and *P. vivax* in whole blood with Surface-enhanced Raman Spectroscopy using Nanostructured Gold Substrate.

**Methods** The blood sample collected from the patient was first lysed and centrifuged before dropping on the gold nano-structure (AuNS) substrate. Malaria diagnosis was performed by detecting Raman peaks from Surface Enhanced Raman Spectroscopy (SERS) with a 532 nm laser excitation.

**Results** Raman peaks at 1370  $\text{cm}^{-1}$ , 1570  $\text{cm}^{-1}$ , and 1627  $\text{cm}^{-1}$ , known to have high specificity against interference from other mosquito-borne diseases such as Dengue and West Nile virus infection, were selected as the fingerprint markers associated with *P. falciparum* and *P. vivax* infection. The limit of detection was  $10^{-5}$  dilution, corresponding to the concentration of parasitized blood cells of 100/mL. A total number of 25 clinical samples, in which five from *P. falciparum* infection, ten from *P. vivax* infection and ten from healthy volunteers, were evaluated to support its clinical practical use. The whole assay on malaria detection took 30 minutes to complete.

**Conclusions** While the samples analyzed in this work have strong clinical relevance, we have clearly demonstrated that sensitive malaria detection using AuNS-SERS is a practical direction for rapid in-field diagnosis of malaria infection.

## PU-2349

## Gas41 基因对肺癌细胞化疗敏感性的影响

房雅伦

山东大学第二医院,250000

**目的** 阐明肺癌细胞株 Gas41 基因对 JQ1 和顺铂药物的敏感性的影响。

**方法** 选择肺癌 A549 细胞系作为研究对象。通过基因敲除技术构建 Gas41 基因敲除的 A549 细胞系, 利用 Western-blot 技术检测 Gas41 蛋白表达量, 验证敲除结果。用含 1.5mmol/L 嘌呤毒素的 1640 培养基对 Gas41 基因敲除 A549 细胞系进行传代培养, 获得稳定细胞株。对 A549 细胞系、Gas41 基因敲除 A549 细胞系分别采用不同浓度梯度 JQ1、顺铂进行处理, 分别在第 12、24、48h 加入 CCK-8 放入酶标仪内测定吸光值。测量 JQ1、顺铂刺激后 24h、48h 和 72h 后肺癌的细胞活力。分别用 JQ1 和顺铂处理 A549 细胞系、Gas41 基因敲除 A549 细胞系, 用流式细胞术检测细胞凋亡; 探究其对化疗药物的抵抗力差异。

**结果** 敲除 Gas41 基因后, A549 细胞株对 JQ1 和顺铂药物的敏感性增强。

**结论** GAS41 基因沉默可以抑制肺癌细胞的增殖、迁移和侵袭, 可以增加肺癌细胞的化疗敏感性。

## PU-2350

## 血清低密度脂蛋白、脂联素与糖尿病、冠心病的相关性研究

孙昭辉<sup>1</sup>, 孙希雅<sup>2</sup>

1. 山东大学第二医院, 250000

2. 兰州大学第一临床医学院

**目的** 研究血清低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、脂联素 (adiponectin, ADP) 在冠心病患者的相关性。

**方法** 收集健康对照者 50 例, 年龄 (52±6) 岁; 单纯冠心病患者 60 例, 年龄 (58±12) 岁; 糖尿病患者 46 例, 年龄 (51±9) 岁; 单纯性肥胖病人 32 例, 年龄 (40±6) 岁。采用酶联免疫试验测定血清 ADP 水平。同时测定血糖 (Glu)、总胆固醇 (TC)、甘油三酯 (TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、LDL-C、胰岛素 (Ins) 的水平。数据采用 SPSS 软件处理。

**结果** 冠心病组 ADP [(3.90±1.36) μg/ml]、糖尿病组 ADP [(4.70±2.16) μg/ml]、单纯性肥胖组 ADP [(3.80±2.16) μg/ml] 与正常对照组 [(9.88±3.52) μg/ml] 之间的差异均具有统计学意义 (p<0.01)。发现, 肥胖患者 ADP 水平明显低于非肥胖者 (P<0.01), 与肥胖相关的冠心病、糖尿病患者血清 ADP 水平亦明显低于非肥胖患者 (P<0.01)。临床测定研究提示, ADP 血清水平与 LDL-C、TG、空腹 Ins 等呈负相关 (多因素回归分析, r=-0.276, P<0.05), 差异有统计学意义。而与 TC、ApoA1、Apo-B 无相关关系。

**结论** 血清 LDL、ADP 水平与冠心病关系密切, 是冠心病发生发展的危险因素。在肥胖相关性疾病患者血清中的水平下降。

## PU-2351

## A Rapid and Automated Method for Screening of FVIII Inhibitors in Hemophilia A Patients

Qiang Li  
Nanfang Hospital

**Objective** Coagulation factor VIII (FVIII) inhibitors are the most significant complication in the treatment of hemophilia A. Activated Partial Thromboplastin Time (APTT) correction test is commonly used as a screening method, and the methods including Bethesda, Nijmegen, Chromogenic and fluorescence immunoassay (FLI) are mainly used to quantify FVIII inhibitors. But all of these methods are manual, time-consuming and laborious. The purpose of this study is to develop a rapid and automated method for screening of FVIII inhibitors.

**Methods** Protocols of immediate APTT correction test (APTT-I) and post-incubation APTT correction test (APTT-P) were set on the SYSMEX CA1500 automated coagulation analyzer. A total of 360 patients with hemophilia A and 94 patients with lupus anticoagulant were detected by the automated method and Bethesda method. A positive inhibitors value for Bethesda was defined as ≥0.6 BU/mL. APTT-D and APTT-CI were calculated to evaluate the diagnostic efficiency of the automated method in this study and the anti-interference ability of lupus anticoagulant.

**Results** The optimal CUT-OFF values that were 1.6 seconds for APTT-D and 0.55 for APTT-CI were obtained based on the analysis of receiver operating characteristic curve (ROC). Areas under the ROC curve of APTT-D and APTT-CI were 0.939 (95% Confidence Interval, CI: 89.7-98.0%) and 0.941 (95% CI: 89.8-98.3%), respectively. The positive rates of Bethesda, APTT-D, APTT-CI and APTT-D combined APTT-CI were 22.50%, 23.33%, 23.33% and 22.50%, respectively. The sensitivities of APTT-D, APTT-CI and APTT-D combined APTT-CI were 87.65%,

88.89% and 87.65%, 95.34%, 95.70% and 96.42% for specificity, 96.38%, 96.74% and 96.42% for negative predictive values (NPV), 84.52%, 85.71% and 87.65% for positive predictive values (PPV), 93.61%, 94.17% and 94.44% for diagnose accordance rates (DAR), respectively. The statistical analysis of paired chi-square test and consistency test showed that the positive rates of APTT-D, APTT-CI and APTT-D combined APTT-CI were not significantly different from that of the Bethesda method, P Values of which were 0.678, 0.664 and 1.00 and the Kappa Values were 0.819, 0.835 and 0.841, respectively. 3.19% (3 of 94) patients with lupus anticoagulant were positive for FVIII inhibitors.

**Conclusions** The method established and validated in this study is a fully-automated, simple, rapid and accurate method for screening of FVIII inhibitors, which can be applied to medical laboratory widely. In addition, we believe that the automated method can also be used to screen for the other intrinsic coagulation factor inhibitors.

## PU-2352

### NIPT 在胎儿染色体非整倍体疾病产前检测中的临床应用

袁超

山东大学第二医院,250000

**目的** 分析比较非侵入性产前检测(NIPT)及羊水染色体核型分析的结果,探讨 NIPT 在胎儿染色体非整倍体疾病产前检测中的临床应用价值。

**方法** 对唐筛高危或临界人群采集外周血,采用高通量测序仪对其进行测序分析(NIPT);对染色体非整倍体高风险孕妇取羊水细胞进行核型分析。对测序结果和羊水细胞核型结果以及出生前后随访结果进行对比分析。

**结果** 在 2016 年 4 月至 2019 年 3 月,共检测 3282 例样本,其中合格样本 3269 例,单胎样本 2931 例,双胎样本 129 例,体外受精(IVF)样本 209 例。43 例(1.39%)高风险样本中,含 T21 19 例, T18 6 例, T13 1 个,性染色体异常 16 例,其他染色体异常 1 例。将 NIPT 单胎样本检测结果对高龄( $\geq 35$  岁)、低龄( $< 35$  岁)、超声异常、唐筛高危、唐筛临界等指标分类统计,各群体阳性率分别是 1.50%、1.23%、1.95%、1.28%、1.01%。将 NIPT 单胎高龄样本检测结果进行分析,发现 35-40 岁、41-45、 $\geq 46$  的阳性率分别是 1.21%、3.28%、12.9%。双胎样本中,阳性率为 0.9%,阳性样本后期跟踪均发现 B 超异常。整体来说,NIPT 对与 T21、T18、T13 的检测灵敏度、特异性分别高达 99.87%和 99.79%,对于性染色体非整倍体的灵敏度、特异性分别为 99.67%和 99.71%。

**结论** NIPT 用于妊娠期间常见胎儿染色体非整倍体 T21、T18、T13 的检测,是准确且可靠的。NIPT 对性染色体以及其他染色体非整倍体,染色体微重复微缺失的检测有很大的拓展空间。

## PU-2353

### 质谱技术在微生物鉴定中的应用

苏广明

哈尔滨医科大学,150000

**目的** 讨论质谱技术在微生物鉴定中的优势。

**方法** 本文对质谱技术在微生物鉴定中的研究进行综述。

**结果** 质谱技术在细菌真菌鉴定及细菌耐药性检测方面具有快速,准确,操作简单,高通量的优势。

**结论** 质谱技术是应用前景广阔的新型病原体鉴定技术，其在大量研究中不能正确地鉴定菌株是因为数据库中的标准菌株图谱存在缺陷，数据不够充分导致的。扩大标准质谱图库，研究开发耐药性检测模式将使质谱技术愈加完善，以其固有的优势可以节省检验的时间和成本，提高准确性。

#### PU-2354

### IL-35, a novel biomarker for protecting breast cancer cell survival via induction of autophagy in hypoxia/serum deprivation

Xi Chen, Shengnan Hao, Jia Liu, Hui Zhao, Xue Kong, Fang Wang, Haiting Mao  
the second hospital of Shandong University

**Objective** IL-35, a new member of IL-12 family, plays an important role in tumorigenesis and tumor immunity. However, it remains unknown that the impact of IL-35 on the survival of breast cancer cells (BCCs) under hypoxia and serum deprivation (H/SD) environment.

**Methods** the expression of IL-35 and its receptor was examined by immunocytochemistry, immunofluorescence and flow cytometry. The survival and autophagy of BCCs were analyzed in different concentrations of IL-35 under H/SD condition. Then we examined the relationship between pro-survival and pro-autophagic effects of IL-35 on BCCs. The level of cell survival was assessed by CCK-8, cell cycle, Annexin V-FITC/PI staining and western blot of cyclin D1, cyclin E1, caspase 3, Bcl-2 and Bax protein. Autophagy flux was analyzed by multiple autophagy related proteins and substrates. Cell autophagy was identified by monodansylcadaverine (MDC) staining and western blot detection of the autophagy markers of LC3B, p62. The signal pathway was detected by western blot.

**Results** we demonstrated that IL-35 and its receptor were detectable on BCCs. Exogenous IL-35 protected BCCs from undergoing apoptosis and induced autophagy during H/SD condition, while blockade autophagy inhibiting the pro-survival effect of IL-35. Furthermore, IL-35 rescued BCCs from H/SD condition-induced apoptosis via induction of autophagy through activation of PI3K/AKT/mTOR pathway.

**Conclusions** This study provides a new insight into the effect of IL-35 for the survival of breast cancer cells under H/SD condition that extends its pro-tumor property.

#### PU-2355

### A Chinese family with factor X deficiency was caused by a compound heterozygosis of two novel mutations Ala274Glu and Gly244Arg in factor X

Qiang Li  
Nanfang Hospital

**Objective** Factor X (FX) is a vitamin K-dependent plasma protein which occupies a pivotal position in blood coagulation. We report two novel mutations in FX in a Chinese pedigree.

**Methods** In this study, the phenotype and genotype of the proband and family members were studied. Polymerase chain reaction amplification and direct sequencing of the entire FX coding sequence and of exon-intron junctions were performed for this peculiar defect.

**Results** The proband experienced scalp hematoma and coagulation abnormalities in his infancy stage. The laboratory pattern of the proband was characterized by a severe reduction of FX activity, which was suggesting a true efficiency. The FX activities of both of the proband's mother and father showed approximate half of those of the normal. Additionally, the proband's

prothrombin time and activated partial thromboplastin time were prolonged and were easily corrected by the addition of normal plasma. Molecular analysis disclosed that the proband was compound heterozygote with p.Ala274Glu and p.Gly244Arg. A transversion C to A in exon 7 resulting in the replacement of Ala274 by Glu was found in the proband and in the father, whereas a substitution of Gly for Arg at position 244 was present in the proband and in the mother.

**Conclusions** The missense mutations in F<sub>X</sub>, analyzed by SIFT and PolyPhen-2, were predicted to be probably damaging. The loss-of-function mutations in our study lead to haploinsufficiency, giving rise to distinct phenotypic states.

## PU-2356

### 血小板活化功能与形态学参数在心血管疾病中的诊断意义

房雅伦

山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨血小板相关指标在心血管疾病诊断及预后中的价值。

**方法** 选取山东大学第二医院心内科心血管疾病(血栓倾向)患者 30 例作为实验组,经全自动血细胞分析仪、多参数血小板功能分析仪和流式细胞仪分别检测血小板计数(PLT)、平均血小板体积(MPV)、血小板压积(PCT)和血小板分布宽度(PDW)、CD62p、PAC-1、血小板聚集率(MAR)。选取 60 例心血管疾病患者,检测其用药前后 PLT、MPV、PCT、PDW、MAR 值。

**结果** 心血管疾病患者(实验组)MPV、CD62P、PAC-1 指标与健康人(对照组)相比差异具有统计学意义( $P<0.05$ );心血管疾病患者治疗后其 MAR(AA 诱导)、PDW 值明显低于用药前( $P<0.05$ )。

**结论** 血小板形态学参数和活化功能指标对临床心血管疾病(血栓倾向)患者的病情诊断及预后具有一定的指导价值。

## PU-2357

### 肿瘤抑制因子 PDCD4 对结肠炎相关结肠癌发生发展的影响

王臻旸

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 利用 Pdc4 基因敲除 ( $Pdc4^{-/-}$ ) 小鼠以葡聚糖硫酸钠 (DSS) 诱导急性结肠炎及用氧化偶氮甲烷联合葡聚糖硫酸钠 (AOM/DSS) 诱导结肠炎相关性结肠癌模型,研究其在结肠炎和结肠炎相关肿瘤中的作用及机制。

**方法** 野生型 C57BL/6 和  $Pdc4^{-/-}$  小鼠分别饮用 4% DSS 7 天诱导急性结肠炎;腹腔注射致癌剂 AOM 和多次循环饮用 2.5%DSS 61 天诱导结肠炎相关性结肠癌。根据临床症状计算疾病活动指数 (DAI)。BrdU 法及 Ki-67 染色测细胞增殖。ELISA 和实时定量荧光 PCR 检测细胞因子表达。免疫荧光染色检测 STAT3 活化。在小鼠结肠癌 CT26 细胞中沉默 PDCD4 表达,加入外源性 IL-6 和 STAT3 抑制剂,western-blot 检测 PDCD4 对 IL-6/STAT3 通路活化的作用,CCK8 法检测其对该通路相关细胞增殖的影响。

**结果**  $Pdc4^{-/-}$  小鼠急性结肠炎较野生型明显加重,DAI 和病理学炎症指数明显升高 ( $P<0.001$ 、 $P<0.01$ );野生型小鼠癌组织 PDCD4 表达显著下调, $Pdc4^{-/-}$  小鼠肿瘤相关指标重于野生型小鼠,瘤体数明显增加 ( $P<0.01$ )。结肠癌早期  $Pdc4^{-/-}$  小鼠肠道组织 BrdU 及 Ki-67 阳性细胞数增

加 ( $P<0.001$ )。机制上,  $Pdcd4^{-/-}$ 小鼠肠道组织培养上清中 IL-6 和 TNF- $\alpha$  明显升高 ( $P<0.001$  和  $P<0.05$ ), 血清 IL-6 升高 ( $P<0.05$ ), IL-6 下游信号通路 STAT3 在结肠炎以及结肠癌的早、晚期阶段活化增强。体外实验中 PDCD4 表达缺失促 IL-6/STAT3 通路活化和上皮细胞过度增殖, STAT3 抑制剂可逆转此过程。

**结论** PDCD4 通过抑制 IL-6/STAT3 通路抑制结肠炎和结肠炎相关结肠癌, 其缺失导致该通路活化增强, 加重炎症和结肠上皮细胞增生, 促发结肠炎相关性结肠癌。

## PU-2358

### 2016-2018 年临床分离铜绿假单胞菌的 耐药情况分析

焦芳艳,尹铁球,黄露萍,李勇

湖南省第二人民医院/湖南中医药大学附属人民医院(原:湖南省脑科医院),410000

**目的** 分析 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日湖南省脑科医院该院铜绿假单胞菌的临床分布情况、耐药情况以及耐药菌株 I 类整合子基因。

**方法** 以 2016—2018 年临床送检各类标本中分离出 795 株铜绿假单胞菌作为分析对象,就铜绿假单胞菌的临床分布情况以及耐药情况统计分析,2018 年 ICU 分离的 13 株多重耐药菌株采用 PCR 扩增检测 I 类整合子。

**结果** 铜绿假单胞菌分布科室主要为神经外科 (24.53 %), 其次为呼吸内科 (22.26%) 以及重症医学科 (13.21 %); 铜绿假单胞菌对临床常用的 20 种抗生素耐药率和敏感率 0-100% 不等, 多重耐药呈上升趋势; 13 株多重耐药菌株 6 株 I 类整合子阳性。

**结论** 及时统计细菌分布情况、药物的耐药率、敏感率及其分析, 可以为临床合理用药提供依据, 控制感染。

## PU-2359

### 临床肝癌患者 PD-L1 表达水平与索拉非尼 药效的相关研究

牛蕾蕾,王传新

山东大学第二医院,250000

**目的** 肝癌发病率位居全球癌症前列, 临床试验表明多靶点激酶抑制剂索拉非尼 (sorafenib) 是唯一可以有效延长中晚期肝癌患者总生存期的药物, 遗憾的是, 大多数肝癌患者对索拉非尼存在原发性耐药, 大大降低了索拉非尼的临床疗效和利用率, 加之该药价格昂贵, 因此, 找到可以指示索拉非尼药效的肿瘤分子标记物变得尤为重要。

**方法** 在本研究中, 我们搜集了 54 例于 2010-2012 年间经手术切除后接受索拉非尼化疗的肝癌患者的临床资料, 利用免疫组化技术检测肝癌组织中 PD-L1 的表达水平, 并将染色结果划分为阴性, 弱阳性, 阳性与强阳性, 将阴性与弱阳性的肿瘤组织定义为 PD-L1 低表达, 阳性与强阳性的肿瘤组织定义为 PD-L1 高表达, 利用生存分析观察索拉非尼在 PD-L1 表达水平不同的肝癌患者中的疗效。

**结果** 约 27.8%(15/54) 的患者肿瘤组织为 PD-L1 低表达, 72.2%(39/54) 的患者肿瘤组织为 PD-L1 高表达。在 PD-L1 低表达组, 患者总生存期为 15.6 个月; 而在 PD-L1 高表达组, 患者总生存期为 12.7 个月。生存分析结果显示该差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。



**结论** PD-L1 或许可以作为潜在的肿瘤分子标记物, 有助于临床医生将对索拉非尼 敏感的患者从中筛选出来, 进而接受有效的治疗, 检测肿瘤组织中 PD-L1 的表达可 以预测患者对索拉非尼的敏感性。

## PU-2360

### CHSS3 及 TBX4 在胰腺癌组织中的表达和意义

赵林林

山东大学第二医院,250000

**目的** 研究 CHSS3 及 TBX4 在胰腺癌组织和正常胰腺组织中的表达情况,研究其与胰腺癌患者的年龄、性别、肿瘤部位、病理分级、临床分期和淋巴结转移的关系及临床意义。

**方法** 采用 Elivision Plus 法对 48 例手术切除的胰腺癌组织和 20 例癌旁正常胰腺组织中 CHSS3 及 TBX4 的表达进行检测,结合临床病理特点进行分析。结果 CHSS3 及 TBX4 蛋白在胰腺癌中阳性表达率为 61%、70%, 明显高于其在正常组织中的阳性表达率 20%、35%,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。

**结果** 胰腺癌组织中 CHSS3 呈高表达,且两者呈正相关,联合检测二者在胰腺癌中的阳性表达,有助于研究胰腺癌的发生、发展。二者在癌组织中的表达明显高于正常胰腺组织,且与癌组织的分化程度、临床分期及淋巴结转移有关,随着胰腺癌临床分期和组织分化程度进展及淋巴结转移而增高。表明二者可能与胰腺癌浸润、转移及生长有关。

**结论** 胰腺癌组织中 CHSS3 呈高表达,且两者呈正相关,联合检测二者在胰腺癌中的阳性表达,有助于研究胰腺癌的发生、发展。二者在癌组织中的表达明显高于正常胰腺组织,且与癌组织的分化程度、临床分期及淋巴结转移有关,随着胰腺癌临床分期和组织分化程度进展及淋巴结转移而增高。表明二者可能与胰腺癌浸润、转移及生长有关。

## PU-2361

### FGF15, the biomarker for hepatic glucose metabolism after SG in a diabetic rat model

Xi Chen, Shengnan Hao, Jia Liu, Hui Zhao, Xue Kong, Fang Wang, Haiting Mao  
the second hospital of Shandong University

**Objective** Fibroblast growth factor 15 (FGF15) is expressed and secreted from distal ileum and can regulate hepatic glucose metabolism in an endocrine manner. Both BAs and FGF15 are increased after bariatric surgery.

**Methods** The obese diabetic rat models were induced by high-fat-diet and streptozotocin and matched into SHAM group and SG group. The weight-loss and anti-diabetic effects of SG were evaluated at week 12 post-surgery. Then we examined the levels of TBA together with the FXR-agonistic BA subspecies in systemic serum and portal vein at week 12 post-surgery. After sacrificing, we stained and detected the hepatic glycogen content by PAS Stain Kit and Glycogen Assay kit, and examined the expression levels of key enzymes for hepatic gluconeogenesis by RT-PCR. Finally, the histological expression of ileal FXR、FGF15 and hepatic FGFR4 with its corresponding signal pathways involved in glucose metabolism were detected.

**Results** At week 12 after surgery, the glycogen content and the percentage of PAS-positive cells in liver were significantly higher in SG-operated rats than in SHAM group. Moreover, mRNA levels of G6Pase and PEPCK were significantly declined in SG group. TBA levels of serum and portal vein in SG group were significantly higher than in SHAM group at week 12 post-surgery. According to the RT-PCR and immunohistochemistry results, both mRNA and protein expression

levels of ileal FGF15 and hepatic FGFR4 were significantly higher in SG group at week 12 after surgery. Also, FXR mRNA level was also considerably elevated in SG-operated rats compared with the SHAM group. western blot results showed that the phosphorylation of ERK1/2 was increased and the phosphorylation of GS was depressed in SG-operated rats. In addition, the declined phosphorylation degree of CREB and decreased expression of PGC-1 $\alpha$  illustrated the inhibition of CREB-PGC-1 $\alpha$  pathway in SG group.

**Conclusions** In conclusion, elevated BAs after SG induced FGF15 expression in distal ileum by activating their receptor FXR. Moreover, the action of promoted FGF15 on hepatic glycogen synthesis and gluconeogenesis further contributes to the anti-diabetic effects of SG.

## PU-2362

### 一例急性肌肉损伤引起心肌酶谱极度增高的案例分析

秦玲, 李卓

西安医学院第一附属医院, 710000

**目的** 心肌酶是存在于心肌的多种酶的总称, 包括天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、乳酸脱氢酶 (LD 或 LDH)、肌酸激酶 (CK) 及同工酶、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 ( $\alpha$ -HBD) 等, 急性心肌梗死时因心肌细胞坏死而释放出心肌内多种酶, 因此测定血清中心肌酶对诊断急性心肌梗死和评价溶栓后效果有一定的价值<sup>1</sup>

**方法** 与病人沟通 与临床交流

**结果** 横纹肌溶解症

**结论** 横纹肌溶解症

## PU-2363

### CrisprCas9 系统敲除 TBX4 表达对胰腺癌 PANC-1 细胞增殖及分化的影响

赵林林

山东大学第二医院, 250000

**目的** 利用 CrisprCas9 慢病毒干扰系统敲除 TBX4 表达, 检测其对胰腺癌 PANC-1 细胞增殖及分化的影响。

**方法** 利用 Q-PCR 方法初步检测 TBX4 基因在多种胰腺癌细胞系中的表达情况。选取 PANC-1 细胞系, 利用 CrisprCas9 系统稳定敲除 TBX4 的表达, 通过 western blot, Q-PCR 等技术检测 SDC1 敲除效率。进一步利用 CFSE 法检测敲除 TBX4 后对胰腺癌细胞增殖的影响; 通过流式鉴定细胞表面标志, 以判断细胞是否分化; 通过观察细胞形态, 与正常 PANC-1 细胞进行对比。

**结果** TBX4 基因在 PANC-1 细胞中高水平表达。Western blot 和 Q-PCR 方法检测发现 CrisprCas9 系统显著降低了 TBX4 蛋白及相关 mRNA 在 PANC-1 细胞中表达水平。CFSE 实验证实敲除 TBX4 后, 细胞的增值能力明显下降; 与正常 PANC-1 细胞形态对比, 敲除 TBX4 的胰腺癌细胞形态比较均一。

**结论** CrisprCas9 慢病毒干扰系统可以稳定敲除 TBX4 的表达, 并显著抑制 PANC-1 细胞的活力。TBX4 可能是与胰腺癌细胞分化相关的基因。

PU-2364

## Acute Myeloid Leukemia With Myelodysplasia-Related Changes Associated With 5q Deletion Accompanied by Paraproteinemias

Chen Liu  
Hebei Medical University

**Objective** To report a case of AML-MRC with 5q deletion accompanied by paraproteinemia, and to impress the comprehension and knowledge of the clinical laboratory staff.

**Methods** We used hematology analyzer to count peripheral blood cell and used microscope to observe bone marrow smears and cytochemical staining. Flow cytometry, fine-needle aspiration biopsy, immunofixation electrophoresis, 'Bence-Jones' protein test, fusion gene test for leukemia and fluorescence in situ hybridization (FISH) for MDS was conducted.

**Results** There were 1% of blasts in the peripheral blood smear. The bone marrow aspiration showed leukemic blasts occupying 31.5% of nucleated cells. Dyserythropoiesis with binucleate, nuclear budding, and megaloblastoid changes were also observed in bone marrow smear. Micromegakaryocytes and single round nuclear megakaryocytes can be seen. Plasmacytes account for 0.5% of nucleated cell and multinucleated plasmacytes also can be seen. Immunophenotypic by flow cytometry revealed 21.5% of blasts expressing CD38 41.2%, CD34 4.1%, CD123dim 25.2%, CD117 91.3%, CD7 15.6%, CD13 4.1%, CD33 88.5% and HLA-DR 11.7%. Immunofixation electrophoresis showed IgA-LAM type paraprotein in serum and urine. 'Bence-Jones' protein test was moderate intensity. Forty-three Fusion gene test for leukemia was negative. FISH for MDS showed 5q deletion in 87% of cells.

### Conclusions

Using the 2008 WHO classification criteria, the diagnosis of AML-MRC was confirmed. Currently, the diagnosis of AML-MRC is based on a history of either MDS or MDS-related clinical features, such as dysplasia or cytogenetic abnormalities. Our results suggest that AML-MRC with 5q deletion accompanied by paraproteinemias was assigned on account of morphology, cytogenetics and clinical manifestation. Apart from recognizing the pathogenic molecular and secondary AMLs, identification of morphologic dysplasia can help predict prognosis. AML-MRC had notably worse overall survival (OS), progression-free survival (PFS), and lower complete remission (CR) rate than AML-NOS independent of age or cytogenetic risk stratification. According to the three risk factors of the Mayo risk model: (1) paraprotein more than 15g/L, (2) non-IgG type paraprotein, and (3) serum FLCR abnormality, the 20-years progression rate of patients without risk factors is 5%, and the rate of one risk factor is 21%, and the rate of two risk factors is 37%, and the rate of three risk factors is 58%. Using the Mayo risk model the progression and conversion rate of the monoclonal gammopathy of undetermined significance (MGUS) can be evaluated for timely diagnosis and early treatment. Quantitative detection of paraprotein helps distinguish benign and malignant disorders easily. Clinically, lymphatic disease combined with paraproteinemias is more common, however, myeloid disease associated with myelodysplasia-associated changes with 5q deletion accompanied by paraproteinemias is relatively rare. There is no uniform treatment regimen for AML-MRC. The pathogenesis of AML-MRC need further investigate deeply.

## PU-2365

## 血凝仪 TOP700 与 TOP300 结果比对

马瑜婷, 李卓

西安医学院第一附属医院, 710000

**目的** 探讨同一实验室同一厂家不同型号的全自动血凝分析仪检测凝血酶原时间 (PT), 部分凝血酶原时间 (APTT), 凝血酶时间 (TT), 纤维蛋白原 (FIB), 纤维蛋白原降解产物 (FDP) 与 D-二聚体 (DD) 结果的可比性和一致性

**方法** 参加室间质评且成绩优秀的血凝仪为参比仪器, 随机采取 50 份患者新鲜血浆, 在 ACL TOP700 与 ACL TOP300 上检测并进行结果比对

**结果** 两台血凝仪 6 项检测项目的结果变异系数 (CV) 均小于 5%, 相关系数 (r) 值均大于 0.975, 结果具有良好的相关性。

**结论** 两台血凝仪的可比性与一致性较好, 可满足临床需要。

## PU-2366

## 自身免疫性肝炎患者 TPMT、ITPA 和 NUDT15 基因多态性与硫唑嘌呤代谢物浓度和毒性的相关研究

苗强, 邹远高, 周燕红, 白杨娟, 李壹, 严琳, 张君龙, 王兰兰

四川大学华西医院, 610000

**目的** 研究自身免疫性肝炎患者硫嘌呤甲基转移酶 (TPMT)、三磷酸肌酐焦磷酸酶 (ITPA) 和 NUDT15 基因多态性对硫唑嘌呤 (AZA) 治疗时导致的骨髓抑制及其代谢物浓度的影响。

**方法** 纳入在我院确诊为自身免疫性肝炎并采用硫唑嘌呤治疗的患者 113 例, 收集患者相关临床资料。采用 PCR 的方法进行 TPMT\*3C (rs1142345)、ITPA (rs1127354) 和 NUDT15 (rs116855232) 单核苷酸多态性检测, 采用超高效液相色谱串联质谱法检测患者全血硫唑嘌呤代谢物 6-硫鸟嘌呤核苷酸 (6-TGN) 浓度。

**结果** 有 40 (35.4%) 例患者发生了不同程度的骨髓抑制, 骨髓抑制患者与对照组比较身体质量指数 (BMI) 和 NUDT15 基因型分布均存在明显差异 ( $P=0.003$ ,  $P=0.012$ )。NUDT15 单核苷酸变异与患者的白细胞减少显著相关 [ $P=8.26 \times 10^{-7}$ ; OR: 7.5; 95% CI: 3.08–18.3], 与中性粒细胞减少也存在明显相关性 [ $P=3.54 \times 10^{-6}$ ; OR: 8.05; 95% CI: 2.96–21.9], 而 TPMT\*3C 和 ITPA 基因型变异与骨髓抑制的相关指标并无明显的相关性 ( $P>0.05$ )。通过比较存在有 TPMT\*3C、ITPA 或 NUDT15 等位基因变异的突变组与野生型组相关指标, 发现突变组白细胞与中性粒细胞明显降低 [4.99 (4.03, 6.66) VS 6.39 (4.64, 7.72),  $P=0.003$ ; 2.82 (2.21, 4.04) VS 3.67 (2.75, 5.22),  $P=0.002$ ]。同时发现 ITPA CC 和 CA、AA 基因型患者硫唑嘌呤治疗的维持剂量分别为 1.09 (0.89, 1.48)  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$  和 0.95 (0.83, 1.17)  $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$  ( $P=0.036$ ), 而 TPMT\*3C 和 NUDT15 基因型间未见明显差异。硫唑嘌呤代谢物 6-TGN 全血浓度在骨髓抑制与正常患者间无明显差异 ( $P=0.556$ ), 在突变患者与正常患者间也未见明显差异 ( $P=0.262$ ), 但发现自身免疫性肝炎患者 6-TGN 浓度的范围远低于炎症性肠病中已建立的 6-TGN 监测范围。

**结论** 自身免疫性肝炎患者 TPMT\*3C、ITPA 和 NUDT15 单核苷酸变异尤其是 NUDT15 中 T 风险等位基因与硫唑嘌呤治疗导致的骨髓抑制中白细胞和中性粒细胞的减少密切相关。全血 6-TGN 浓度在反应硫唑嘌呤毒性作用中具有局限性。

PU-2367

## Competitive immunoassay quantitation of AFB<sub>1</sub> in peanuts by using quantum dots and magnetic nanoparticles

Miaoqing Cheng

BINZHOU MEDICAL UNIVERSITY HOSPITAL

**Objective** With the development of life quality and economy, people pay more attention to their food safety and environment pollution. However, many accidents related to biotoxin happened these years. Aflatoxins is common carcinogens can be detected in polluted corns and peanuts, which has strong pathogenicity to human beings and domestic animals. The currently widely-used trace detection methods for the carcinogens include HPLC, TLC, GC, HPLC-MS, ELISA and so on. While every method has its obvious disadvantages such as high cost, time-consuming, complicated pre-purification procedures, need to equip with professional person and easy to obtain false-positive results. To overcome these shortcomings, a rapid, high performance and good accuracy method for trace detection is urgently needed.

With their outstanding characteristics, such as surface effect, quantum size effect, superparamagnetism and small size effect, magnetic nanoparticles have been widely used in many fields, for example, targeted drug delivery, bio-separation, environmental/food microbiology detection, magnetic hyperthermia. Fluorescent quantum dots also have some superior fluorescence properties, including able to tuning of the emission wavelength, broad excitation spectra, narrow emission spectra, and negligible photobleaching, and can be widely used as fluorescently labeled probes. And the modified quantum dots have a good biocompatibility and a relatively low toxicity to organisms.

In this paper, a novel competitive fluorescence immunoassay for quantitation of trace biotoxins based on antigen-antibody immunoreaction has been developed, which has not only a wider detection range, but also a higher detection sensitivity.

**Methods** The antibody labeled with magnetic nanoparticle (MNP) reacted with the isolated antigen existed in the samples at first. Then the quantum dot (QD) modified antigen compete for the extra binding site of the antibody on the surface of MNP. With the increase of isolated antigen amount, less binding site on the surface of MNP-Ab can be occupied by QD-Ag, and the fluorescence intensity produced by QDs became lower. The change in the fluorescence intensity provide a novel method for quantitation of the target.

**Results** The strong carcinogen AFB<sub>1</sub> was selected as model analyte. The novel competitive fluorescence immunoassay had a limit of detection of 0.01 ng/mL.

**Conclusions** the limit of detection for this new method is lower than the conventional method such as HPLC-MS and Rapid-test kits. Moreover this method demonstrates many advantages such as time-consuming, low cost, not require operator with much professional knowledge and easily to be applied for other trace substances detection only by using corresponding antibody and antigen, especially in-vivo testing for some toxin as well as some biomarker.

PU-2368

## 血清 HE4、CA125 和 ROMA 指数对卵巢肿瘤良恶性评价及疗效判断的初步分析

暴旭广

南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 探讨血清人附睾上皮分泌蛋白 4 (HE4)、CA125 和卵巢癌风险预测值 (ROMA 指数) 卵巢肿瘤良恶性评价及对卵巢癌患者预后疗效判断的临床意义。

**方法** 收集珠江医院 2018 年 1 月~2019 年 3 月经手术病理学确诊为卵巢肿瘤的患者 91 例, 其中卵巢癌患者 31 例, 良性肿瘤患者 60 例, 另外收集 30 例健康体检者, 测定其血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数值。

**结果** 卵巢癌组血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数值明显高于良性肿瘤组 ( $P<0.01$ ); 卵巢癌患者组治疗后血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数值化疗后均低于术前 ( $P<0.05$ ); 复发或转移后, 患者血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数值均不同程度升高, 结果有统计学差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 联合检测血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数来评价卵巢肿瘤的良恶性以及卵巢癌治疗后的评估方面具有重要的临床意义, 血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数在卵巢癌患者复发或转移中有监测意义。

## PU-2369

### 长链非编码 RNA 作为动脉粥样硬化检测的生物标志物的研究

耿春晖

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 动脉粥样硬化 (atherosclerosis, AS) 是冠心病、脑梗死、外周血管病的主要原因。

**方法** 近几年来, 越来越多的证据表明, 非编码 RNA (non-coding RNA, ncRNA) 在组织稳态和病理生理状态的调节中起重要作用。除了小的非编码 RNAs (如 microRNAs) 外, 还存在一些长度大于 200 个核苷酸的脱氧核糖核酸, 即长链非编码 RNA (long non-coding RNA, lncRNA), 会干扰不同阶段的基因表达和信号通路。

**结果** 随着研究进展, 已经发现 lncRNA 在动脉粥样硬化中扮演重要角色。lncRNA 与动脉粥样硬化发生、发展过程中的每个环节都有着密切的联系。

**结论** 本文主要综述了 lncRNA 作为 AS 检测的生物标志物的研究。

## PU-2370

### Analysis of results of renal calculus composition and urine physical and chemical indexes

Zhipeng Yang

The Second Hospital Of Shandong University

**Objective** To explore the proportion of different types of stones in patients with kidney stones in Xinjiang, and to analyze the relationship between stone composition and urine physicochemical properties and protein composition.

**Methods** Through a case-control study, 355 patients with kidney stones who were hospitalized in the Xinjiang Uygur Autonomous Region People's Hospital from March 2014 to November 2016 were enrolled in the same period, and non-urinary tract diseases were hospitalized and excluded from other diseases or complications of the 30 cases of renal impairment in the control group. The composition of the stones was analyzed. The main components of the stones were divided into oxalate group, carbonic acid group, uric acid group and phosphate group. The physicochemical properties and protein composition of 24h urine were analyzed by ion selective electrode method, enzymatic and immunoturbidimetric assay. The difference between the two samples was analyzed by t test, and the differences between the two groups were analyzed by F-test and LSD-t test. The difference was statistically significant with  $P<0.05$ .

**Results** Compared with the control group (30 cases), urine pH ( $5.33\pm 0.32$ ) was significantly lower in the oxalate group (244 cases), urinary calcium and uric acid [ $(7.68\pm 0.35)$  mmol/24h,

( $3.48 \pm 0.23$ )mmol/24h](all  $t$  values $>5.874$ ,  $P<0.05$ ). The urine pH ( $6.98 \pm 0.77$ ) was increased in the phosphate group(23 cases), and the urinary magnesium( $3.02 \pm 0.29$ )mmol/24h was significantly lower ( $10.56 \pm 0.63$ )mmol/24h, and the level of urinary calcium( $7.96 \pm 0.569$ ) mmol/24h increased (all  $t$  values $>9.436$ ,  $P<0.05$ ). There were 23 patients with calcineuria ( $P<0.05$ ). The urine pH level in the uric acid group (61 cases) was as low as( $4.97 \pm 0.48$ ), and 49 patients were accompanied by excessive acidification (80.3%) and uric acid ( $4.14 \pm 0.37$ ) mmol /L( $t=6.876$ ,  $P<0.05$ ), and the urine pH ( $6.86 \pm 0.68$ ) was higher in the phosphate group ( $n=23$ ) than in the control group ( $0.653 \pm 0.148$ )mg/L, urinary  $\alpha 1$ -microglobulin( $1.53 \pm 0.56$ )mg/dl and urinary  $\beta 2$ -microglobulin ( $0.585 \pm 0.088$ )mg/L in the oxalate group ( $t=8.442$ ,  $P<0.05$ ).

**Conclusions** There may be a correlation between changes in renal stone composition and corresponding urine metabolic changes.

## PU-2371

### 系统性红斑狼疮早期肾损害不同诊断指标 临床比较及意义

杨志鹏

山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨不同血清指标单独及联合检测在狼疮肾炎诊断中的临床意义。

**方法** 纳入 2017 年 9 月——2018 年 8 月于新疆维吾尔自治区人民医院风湿免疫科确诊的新发狼疮肾炎住院患者 50 例为观察组, 同期系统性红斑狼疮(肾脏未累及)住院患者 50 例为病例对照组, 同期健康体检者 50 例为正常对照组。3 组均采用免疫比浊法检测血清补体 C1q、补体 C3、补体 C4、免疫球蛋白 IgG, 采用 ELISA 法检测血清抗 C1q 抗体、抗核小体抗体水平, 采用受试者工作特征曲线(ROC 曲线)分析评价各检测指标单独及联合检测在狼疮肾炎诊断中的应用价值, 差异性分析采用  $t$  检验, 以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 观察组血清补体 C1q ( $118.00 \pm 30.50$ mg/L)、补体 C3 ( $0.775 \pm 0.182$ g/L) 及补体 C4 ( $0.070 \pm 0.013$ g/L) 水平明显低于病例对照组和健康对照组, 阳性率(分别为 80.0%、70.0%、84.0%)则明显升高( $P<0.05$ ); 观察组血清免疫球蛋白 IgG ( $22.11 \pm 4.87$ g/L)、抗 C1q 抗体 ( $89.30 \pm 20.34$ Au/ml) 及抗核小体抗体 ( $76.85 \pm 18.34$ Ru/ml) 水平和阳性率(分别为 76.0%、88.0%、90.0%)均明显高于病例对照组和健康对照组( $P<0.05$ ), 血清补体 C1q、补体 C3、补体 C4、免疫球蛋白 IgG、抗 C1q 抗体、抗核小体抗体单独检测诊断狼疮肾炎的曲线下面积(AUC)分别为 0.819、0.705、0.742、0.702、0.851、0.894; 血清补体 C1q、补体 C4、免疫球蛋白 IgG、抗 C1q 抗体、抗核小体抗体联合检测诊断狼疮肾炎的 AUC 为 0.997。

**结论** 各血清指标单独检测均有较好的敏感性, 具有一定的诊断效能, 联合应用多项血清指标具有更高的诊断价值, 对 LN 的诊断及治疗有重要临床意义。

## PU-2372

### LncRNA-SNHG15 与相关肿瘤的诊断、转移和预后关系的荟萃分析

田润华,宋军莹,颜廷斐,王文环,王中军,郭辉,韩斌  
青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 分析长链非编码 RNA-小核仁宿主基因 15(LncRNA-SNHG15)在乳腺癌、甲状腺癌等肿瘤组织中的表达差异, 研究其作为广谱肿瘤标志物的临床应用价值。

**方法** 1. 检索 Pubmed, Cochrane Library, Springer Link 数据库中所有涉及 LncRNA-SNHG15 的文献。2. 设立排除与纳入标准对符合要求的检索文献进行数据提取。3. 应用 Revman 5.3 和 Stat 12 等软件进行数据分析, 设立风险比 (HR) 和 95% 置信区间 (95% CL) 以评估 LncRNA-SNHG15 与相关肿瘤转移、预后及进展的关联性及关联强度。

**结果** 在符合要求的文献中, 对 7 项涉及乳腺癌、甲状腺癌、胃癌、肝癌和非小细胞癌等 540 名患者的数据提取分析结果显示, 1. 上述肿瘤患者体内 LncRNA-SNHG15 表达增高且有淋巴结转移 (HR:1.8; 95% CL:1.47~2.22,  $P<0.00001$ ); 2. LncRNA-SNHG15 表达增高者生存率下降, 预后不良 (HR:1.89; 95% CL:1.09~2.69,  $P<0.00001$ ); 3. 持续增高患者, 患者病情进行性恶化 (HR:1.73; 95% CL:1.44~2.08,  $P<0.00001$ )。

**结论** LncRNA-SNHG15 作为新的广谱肿瘤标志物可用于乳腺癌、甲状腺癌、胃癌、肝癌和非小细胞癌等肿瘤的诊断, 且在上述肿瘤的发生、发展、治疗监测和预后中都有一定的临床应用价值。

#### PU-2373

### Simultaneous Determination of Eight Trace Elements in Whole Blood by ICP-MS: Application to Uremic Patients undergoing Long-term Hemodialysis

徐蓓<sup>1</sup>, Jiafu Feng<sup>1</sup>, Yamei Zhang<sup>1</sup>, Lin Yu<sup>1</sup>, Yan Chen<sup>2</sup>, Min Zeng<sup>3</sup>

1. Mianyang Central Hospital

2. Department of Pharmacy, Sichuan Cancer Hospital & Institute, Sichuan Cancer Center, School of Medicine, University of Electronic Science and Technology of China

3. Department of Pharmacy, Evidence-Based Pharmacy Center, West China Second University Hospital, Sichuan University

**目的** To develop an improved ICP-MS method for simultaneous analysis of whole blood concentrations of Ca, Mg, Cu, Zn, Fe, Mn, Se and Pb in uremic patients receiving long-term HD.

**方法** 124 eligible uremic patients receiving HD and 77 healthy subjects were recruited and Ca, Mg, Cu, Zn, Fe, Mn, Se and Pb levels were determined by ICP-MS.

**结果** An improved ICP-MS method had been successfully established and validated. Uremic HD patients showed significantly higher blood levels of Ca, Mg, Zn and Pb than healthy controls and lower concentrations of Cu, Fe, Se and Mn.

**结论** Monitoring of blood levels and supplementation of some trace elements may be indicated in uremic HD patients

#### PU-2374

### Diagnostic value of SCCA, Cyfra21-1 and GDF15 in oral squamous cell carcinoma

Meng Yang<sup>1</sup>, Jieying Ding<sup>1</sup>, Siwei Mao<sup>2</sup>, Qingqiong Luo<sup>1</sup>, Fuxiang Chen<sup>1,2</sup>

1. Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai JiaoTong University School of Medicine

2. School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University

**Objective** To detect the diagnostic value of SCCA, Cyfra21-1, and GDF15 in oral squamous cell carcinoma (OSCC).

**Methods** Two hundred oral squamous cell carcinoma patients and two hundred healthy control serum samples were collected. The value of SCCA and Cyfra21-1 were measured by automatic



chemiluminescence immunoassay analyzer. GDF15 was examined via enzyme-linked immunosorbent assay.

**Results** The diagnostic values of the three candidate biomarkers were summary as follows: SCCA (AUC: 0.5411; cut-off: 0.624 ng/ml), Cyfra21-1 (AUC: 0.8356; cut-off: 2.123 ng/ml), and GDF15 (AUC: 0.7094; cut-off: 106.8 pg/ml).

**Conclusions** Our data indicate that comparing with SCCA and GDF15, Cyfra21-1 is a potential diagnostic biomarker of oral squamous cell carcinoma.

## PU-2375

### 乙型肝炎肝硬化患者免疫功能测定及临床意义

王永仿, 恽志华, 许联红, 张颖, 李小虹  
常州市武进人民医院/江苏大学附属武进医院

**目的** 检测乙型肝炎肝硬化患者免疫功能相关指标, 综合分析其变化及相关临床意义。

**方法** 采用流式细胞术分别测定 70 例乙型肝炎肝硬化患者(肝硬化组)和 35 例健康体检志愿者(对照组)外周血淋巴细胞中 CD3<sup>+</sup>T、CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T、CD16<sup>+</sup>56<sup>+</sup>NK、CD19<sup>+</sup>B 细胞的百分率及 CD4<sup>+</sup>T/CD8<sup>+</sup>T 比值, 免疫散射比浊法检测血清免疫球蛋白 IgG、IgA、IgM 和补体 C3、C4 的含量。

**结果** 肝硬化组患者外周血淋巴细胞中 CD3<sup>+</sup>T、CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T、CD16<sup>+</sup>56<sup>+</sup>NK、CD19<sup>+</sup>B 细胞百分率及 CD4<sup>+</sup>T/CD8<sup>+</sup>T 比值分别为 61.08%±8.67%、32.25%±7.67%、25.70%±7.12%、9.36%±4.29%、18.65%±7.72%、1.35±0.62; 血清免疫球蛋白 IgG、IgA、IgM 和补体 C3、C4 的含量分别为 15.17±4.69g/L、3.12±1.29 g/L、1.79±0.78g/L、0.86±0.33 g/L、0.21±0.09 g/L。与对照组相比, 肝硬化组外周血淋巴细胞中 CD3<sup>+</sup>T、CD4<sup>+</sup>T、CD16<sup>+</sup>56<sup>+</sup>NK 细胞百分率、CD4<sup>+</sup>T/CD8<sup>+</sup>T 比值及血清 C3、C4 含量显著降低, 且差异具有统计学意义(P<0.01 或 P<0.05); 外周血 CD19<sup>+</sup>B 细胞百分率、血清 IgG、IgA、IgM 含量则显著高于对照组(P<0.01 或 P<0.05); 而 CD8<sup>+</sup>T 细胞百分率与对照组相比无统计学差异(P>0.05)。

**结论** 乙型肝炎肝硬化患者体内存在细胞免疫、体液免疫以及非特异性免疫紊乱表现, 综合评价乙型肝炎肝硬化患者的免疫功能具有重要的临床参考价值。

## PU-2376

### CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells from HIV-infected individuals negatively regulate IFN- $\gamma$ production by autologous CD8<sup>+</sup> T cells

Meichen Ma, Xiaowan Yin, Xue Zhao, Chenxi Guo  
The First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** The percentage of human CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> natural killer (NK) cells is increased during chronic infection with human immunodeficiency virus (HIV); however, the biological role of CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells in HIV infection is unclear.

**Methods** We assessed IL-10 and TGF- $\beta$  production by CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells from HIV-infected individuals, and discovered that this NK cell subset has a negatively regulatory effect on autologous CD8<sup>+</sup> T cells.

**Results** Our results demonstrate that the percentage and absolute number of CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells were increased after HIV infection, and that CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells could produce more interleukin 10 (IL-10) and transforming growth factor- $\beta$  (TGF- $\beta$ ) than CD56<sup>dim</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells. CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells could inhibit IFN- $\gamma$  production by autologous CD8<sup>+</sup> T cells, and this

inhibition could be partially reversed by anti-IL-10, anti-TGF- $\beta$ , or anti-PD-L1 monoclonal antibodies.

**Conclusions** The percentage and absolute number of CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells were increased during HIV infection, and CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells could inhibit IFN- $\gamma$  production by CD8<sup>+</sup> T cells. Possible mechanisms underlying this inhibition include high production of IL-10 and TGF- $\beta$  by CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells as well as elevated PD-L1 expression on these cells. Using anti-IL-10 or anti-TGF- $\beta$  antibodies or blocking the PD-1/PD-L1 interaction between CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells and CD8<sup>+</sup> T cells could partially reverse the inhibitory effects of CD56<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup> NK cells during HIV infection

## PU-2377

### 毛细管电泳技术在多发性骨髓瘤诊断中的应用

曹方方

青岛大学附属医院

**目的** 探讨毛细管电泳免疫分型技术在多发性骨髓瘤诊断中的应用价值

**方法** 采用毛细管电泳免疫分型技术对我院 2017 年 1 月至 2019 年 4 月临床疑似由单克隆免疫球蛋白增多引起的肾病、血液病等初诊患者 1071 例进行血清检测及结果分析, 判断是否有单克隆免疫球蛋白存在及单克隆球蛋白的类型。

**结果** 单克隆免疫球蛋白增多者 513 例,阳性率 47.9%,其中 IgG- $\kappa$  型 190 例(37.0%),IgG- $\lambda$  型 121 例(23.6%),IgA- $\kappa$  型 50 例(9.7%),IgA- $\lambda$  型 52 例(10.1%),IgM- $\kappa$  型 40 例(7.9%),IgM- $\lambda$  型 10 例(1.9%),游离  $\kappa$  轻链型 8 例(1.6%),游离  $\lambda$  轻链型 26 例(5.1%),双克隆型 10 例(2.3%),其它型 6 例(1.2%)。最终临床诊断为多发性骨髓瘤 487 例, 诊断为淋巴瘤 26 例。

**结论** 毛细管电泳免疫分型技术对单克隆免疫球蛋白增多为特征的多发性骨髓瘤及淋巴瘤等疾病的诊断具有较高的敏感性及特异性。

## PU-2378

### 我院 2018 年度神经外科多重耐药情况分析

张旭华,刘婷

山东大学第二医院,250000

**目的** 分析我院 2018 年度神经外科送检标本中病原菌种类分布和耐药情况, 为神经外科感染控制提供数据支持。

**方法** 按照我院微生物科提供的标本采集手册, 规范采集各类标本接种培养, 使用 MicroScan Walkaway-96 Plus 全自动细菌鉴定及药敏分析仪对可能病原菌进行鉴定和药敏试验, 使用 WHONET 5.6 软件统计, 分析神经外科病原菌菌株种类分布和耐药情况等。

**结果** 2018 年度神经外科共分离出病原菌 241 株, 其中鲍曼不动杆菌 60 株, 肺炎克雷伯菌 50 株, 铜绿假单胞菌 36 株, 金黄色葡萄球菌 22 株, 大肠埃希菌 14 株, 嗜麦芽窄食假单胞菌 13 株, 黏质沙雷菌 11 株等。多重耐药分析结果显示, 鲍曼不动杆菌多重耐药率为 85%, 铜绿假单胞菌耐药率为 33%, 肺炎克雷伯菌 (CRE) 耐药率为 28%, 阴沟肠杆菌耐药率为 42.9%, 金黄色葡萄球菌耐药率为 18.2%。

**结论** 我院神经外科分离出的病原菌第一位为鲍曼不动杆菌, 占比为 24.9%, 第二位为肺炎克雷伯菌, 占比为 20.7%, 这两种主要菌的耐药情况非常严重, 其中鲍曼不动杆菌耐药率达到了 85%。CRE 的耐药比率达到了 28%, 远远高于我院的平均水平。就神经外科患者而言, 存在多种特点, 侵入性操作、病情危重、机体抵抗力弱、住院时间长、抗生素大量使用等, 直接引起多重耐药现象的产生。

## PU-2379

## 西安某医院临床分离嗜麦芽窄食单胞菌的临床分布及毒力基因检测

井发红

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 了解嗜麦芽窄食单胞菌的临床感染特点、药敏性以及毒力基因携带情况,为嗜麦芽窄食单胞菌的感控提供数据支持。

**方法** 收集本院 2017 年 1 月—2018 年 12 月分离的嗜麦芽窄食单胞菌 79 株,剔除重复菌株,对其临床感染特点进行总结分析,用纸片扩散法测定 3 种抗菌药物(左氧氟沙星、甲氧苄啶-磺胺甲噁唑、米诺环素)的敏感性;采用改良微孔板法分析其生物膜形成能力;PCR 检测四种主要毒力基因(*Stmpr1*, *Stmpr2*, *smf-1*, *Smlt3773locus*)携带率。

**结果** 临床分离的 79 株嗜麦芽窄食单胞菌主要来自痰标本 62 份(78.5%),肺泡灌洗液 6 份,分泌物 8 份,尿液 3 份;分离率最高的科室是呼吸及重症医学科 29 例(36.7%),其次是神经外科 28 例(35.4%),其余来自全科医学科、内分泌科、肾病血液科及骨科等;嗜麦芽窄食单胞菌感染患者中,男性居多 51 例(64.5%);患者在分离到嗜麦芽窄食单胞菌前均应用过 1~6 种抗生素,平均每例使用 3 种,使用 3 种及以上的患者占 64.5%,主要的抗菌药物为头孢菌素类 82.3%(65/79)、碳青霉烯类 53.1%(42/79)和含酶抑制剂复合制剂 63.3%(50/79)。79 株菌株对左氧氟沙星、甲氧苄啶-磺胺甲噁唑的耐药率分别为 12.6%和 3.8%,未发现对米诺环素耐药菌株;生物膜形成试验结果显示:生物膜形成能力平均值为  $D_{492}=0.50\pm0.42$ ,不同性别患者无明显差异。毒力基因检测显示:*Stmpr1*、*Stmpr2*、*smf-1*、*Smlt3773locus* 的阳性率较高,分别为 75.9%(60/79)、91.1%(72/79)、93.7%(74/79)和 44.3%(35/79)。

**结论** 嗜麦芽窄食单胞菌检出患者以男性居多,感染患者大多有多种抗菌药物应用史,毒力基因携带率较高。

## PU-2380

## CKD 非透析患者 25(OH)D<sub>3</sub>、骨密度情况及相关因素分析

邵茁

中日友好医院

**目的** 了解 CKD 人群 25(OH)D<sub>3</sub>、骨密度情况、二者关系及影响因素,为预防及治疗 CKD 相关骨代谢疾病提供依据及参考。

**方法** 对 128 例住院 CKD 患者的临床资料进行回顾性分析。分别测定骨密度情况、血清 25(OH)D<sub>3</sub> 水平及其他临床指标,评价 CKD 患者各部位骨密度情况及低骨量发生率,分析 25(OH)D<sub>3</sub> 水平与骨密度的关系,并将骨密度与其他临床指标进行相关分析,应用 Logistic 方程寻找低骨量(骨量减少及骨质疏松)的影响因素。

**结果** 128 例 CKD 非透析患者中,CKD5 期患者股骨颈、桡骨骨密度低于对照组及 CKD 余各期患者。CKD 各期患者股骨颈低骨量的发生率存在差异( $\chi^2=8.635$ ,  $P=0.035$ )。趋势卡方检验显示随着 CKD 分级的进展,股骨颈低骨量的发生率有升高的趋势( $\chi^2=7.196$ ,  $P=0.007$ )。其中 CKD5 期患者股骨颈低骨量的发生率高于健康对照,差异具有统计学意义。在 25(OH)D<sub>3</sub>≥15ng/ml 人群( $n=22$ )中,25(OH)D<sub>3</sub> 水平与桡骨骨密度 Z 值存在相关性( $R=0.424$ ,  $P=0.049$ ),在 25(OH)D<sub>3</sub>≥10ng/ml 组( $n=50$ )中,二者亦存在相关性( $R=0.328$ ,  $P=0.020$ ),在 25(OH)D<sub>3</sub>≥10ng/ml 组对于二者进行偏相关分析,在控制了 iPTH 的影响后,25(OH)D<sub>3</sub> 水平与桡骨

骨密度 Z 值的偏相关分析相关系数为 0.326, 不具有统计学意义( $P=0.074$ )。单因素相关分析显示, 腰椎骨密度 T 值与年龄、性别、BMI、24 小时尿蛋白相关, Logistic 回归方程显示, 年龄、性别、BMI 是腰椎低骨量的影响因素。股骨颈骨密度 T 值与年龄、性别、心脑血管疾病、BMI、Hb、CRP、ALB、eGFR、TC、24 小时尿蛋白相关, Logistic 回归方程显示, 年龄、性别、BMI 是股骨颈低骨量的影响因素。桡骨骨密度 T 值与年龄、DM、心脑血管疾病、CRP、FIB、BMI、ALP、eGFR 相关, Logistic 回归方程显示, 年龄、ALP 是桡骨低骨量的影响因素。

**结论** CKD 患者 25(OH)D<sub>3</sub> 水平处于较低状态, 维生素 D 不足及缺乏发生率极高, 白蛋白、BAP、DM、P 是维生素 D 缺乏的独立危险因素。CKD5 期患者股骨颈骨密度下降, 随着 CKD 分级的进展, 股骨颈低骨量的发生率有升高的趋势。未发现 25(OH)D<sub>3</sub> 及骨密度之间相关性。年龄、性别、BMI、ALP 是低骨量发生的独立危险因素。

## PU-2381

### The different responses of degranulated mast cells to new stimulation in vitro

Huanjin Liao, Li Li

Department of Laboratory Medicine, Shanghai General Hospital

**Objective** To study the response of degranulated mouse bone marrow derived-mast cells (BMMCs) to different activators in vitro, and analyze the changes of the morphology, bioactive mediators and intracellular granule.

**Methods** Morphology and cytoplasmic granule of MCs were observed by toluidine blue staining. MCs activation was detected by  $\beta$ -hexosaminidase release assay. Flow cytometry was used to studying the expression of CD117, Fc $\epsilon$ RI and intracellular granule of MCs. MCs viability were assessed by CCK8 assay.

**Results** Part of  $\beta$ -hexosaminidase were released after MCs activation, other granule however remains in the cell, which were further confirmed by toluidine blue staining and flow cytometry. We also found that  $\beta$ -hexosaminidase were not released from degranulated MCs re-activated by the same concentration of antigen or antigen combined antibody, for the level of unoccupied Fc $\epsilon$ RI receptor decreased after first activation. However, MCs could be continuously activated by C48/80 to release  $\beta$ -hexosaminidase until the granule exhaustion. CCK8 assay showed that the activity of MCs increased after repeated stimulation of antigen or combine with antibody, while decreased slightly after multiple stimulation of C48/80. Degranulated MCs activated by antigen could be also re-activated by C48/80 to release  $\beta$ -hexosaminidase, and degranulated MCs activated by C48/80 could be re-activated by antigen to release  $\beta$ -hexosaminidase.

**Conclusions** The different response of degranulated MCs depends on the activators that activated MCs via different signal pathway. To study on the response of degranulated mast cells is helpful for us to fully understand the biological characteristics of degranulated MCs and its function in allergic diseases.

**Key words:** mast cell; degranulated; responses; stimulation

## PU-2382

### 血清 NGAL 检测对冠心病患者发生 CKD 的临床评价

杨渝伟, 陈小红, 俸家富  
绵阳市中心医院, 621000

**目的** 探讨不同年龄阶段冠心病 (CAD) 患者血清 NGAL 单独或联合检测对 CKD 发生的诊断价值。

**方法** 收集单纯 CAD 患者 1071 例 (CAD 组)、CAD 并发 CKD 患者 775 例 (CKD 组) 和健康对照 543 例 (HC 组), 按中青年期、老年期和长寿期年龄段划分, 分析 6 个常用肾功能指标水平对各期患者 CKD 发生的诊断性能。

**结果** CKD 组 NGAL 水平高于 HC 和 CAD 组 (均  $P<0.01$ ), 但不具有在后二组中呈现出的年龄增长趋势 ( $z=0.479$ ,  $P=0.632$ )。相应地, NGAL 与 CKD 发生的偏相关系数在中青年、老年期和长寿期患者中依次减少 ( $r_p=0.455\rightarrow0.294\rightarrow0.118$ )。6 个常用肾功能指标中, 仅 NGAL (除长寿期外)、eGFR 和 ACR 与不同年龄患者 CKD 发生的关系密切 (均  $P<0.05$ )。三者单独检测筛查 CKD 时, eGFR 的性能在老年期和长寿期均高于 ACR ( $z=7.842$  和  $9.757$ , 均  $P<0.001$ ) 和 NGAL ( $z=7.144$  和  $12.550$ ,  $P<0.001$ ); 而在中青年期, NGAL 与 eGFR 的性能相当 ( $z=1.940$ ,  $P=0.052$ ), 均高于 ACR ( $z=3.487$  和  $4.856$ , 均  $P<0.001$ )。三者联合应用筛查 CKD 时, 三联检的性能在中青年期 ( $z=3.507$ ,  $P=0.002$ ) 和老年期 ( $z=2.109$ ,  $P=0.035$ ) 均高于传统二联检, 但其灵敏度仅在中青年期有所提升 ( $\chi^2=5.264$ ,  $P=0.022$ )。

**结论** 肾脏损伤对 NGAL 水平的影响远远高于心肌细胞分泌和/或生理性肾功能下降的影响, 导致 CKD 患者的 NGAL 年龄增长趋势不同于单纯 CAD 患者和健康人群。这种差异可能是 NGAL 在老年或长寿 CAD 患者 CKD 诊断价值不佳的原因所在。因此, NGAL 仅可作为中青年患者筛查 CKD 的有效补充指标, 该期 CKD 防治宜重视患者 NGAL 的改变。

## PU-2383

### The clinical application of seven tumor-associated autoantibodies in the diagnosis of non-small cell lung cancer

Menglei Ding, Liu Lu, Lieying Fan  
Shanghai Dongfang Hospital Affiliated Tongji University

**Objective** Lung cancer is the leading cause of death in cancer, Early diagnosis and treatment is one of the effective means to decrease mortality. However, the current detection and screening methods are not perfect. This study was designed to evaluate the clinical value of seven combined tumor-associated autoantibodies (7-TAAB) in the diagnosis of non-small cell lung cancer (NSCLC).

**Methods** The 81 newly diagnosed patients with NSCLC who were treated from February 2017 to June 2018 were enrolled. 46 patients with benign pulmonary diseases and 55 healthy subjects were selected as the control group. ELISA was used to detect the concentration of seven TAABs of p53, PGP9.5, SOX2, GAGE7, GBU4-5, MAGE A1 and CAGE in the serum of the tumor group and the control group. The levels of lung cancer tumor markers NSE, SCC and CYFRA21-1 in serum were also detected in all enrolled subjects.

**Results** The serological levels of 7-TAAB in the NSCLC group were higher than that of the control group, and there was a significant statistical difference, with the sensitivity of 66.67% and the specificity of 80.2%. The positive rate of 7-TAAB in NSCLC subgroups with early stage was higher than that of traditional lung cancer tumor markers (7-TAAB: 52.94%, NSE: 8.82%, CYFRA21-1: 0.00%), and it was more sensitive to NSCLC patients with poor prognosis, such as advanced stages, moderately poorly differentiation and lymph node metastasis. The AUC of 7-TAAB was 0.734, with a sensitivity of 66.67% and a specificity of 80.2%. In coordination with 7-TAAB, NSE and cyfra21-1, the AUC was 0.903, with a sensitivity of 78.2% and a specificity of 90.1%.

**Conclusions** 7-TAAB can effectively distinguish NSCLC patients from the control population, and the positive rate of 7-TAAB in early NSCLC patients is superior to that of traditional serum tumor markers. The combination of 7-TAAB, NSE and CYFRA21-1 can improve the diagnostic efficacy of NSCLC patients.

## PU-2384

## 肿瘤标志物联合检测在诊断结直肠癌中的应用价值评估

杨星,屈秀明  
北川羌族自治县人民医院

**目的** 分析肿瘤标志物在结直肠癌诊断中的临床应用价值,为临床诊断提供相关参考依据。

**方法** 选取 2015 年 1 月—2019 年 3 月在我院进行手术和治疗的结直肠癌患者 70 例作为试验组,经病理确诊,其中结肠癌患者 39 例,直肠癌患者 31 例。同时选取在本院进行体检的健康者 40 例,作为对照组。检测两组血清肿瘤标志物癌胚抗原 (CEA)、糖类抗原 125 (CA125)、糖类抗原 199 (CA199) 水平,同时比较两组血清肿瘤标志物水平及各个肿瘤标志物在两组的阳性率。

**结果** 试验组血清 CEA、CA125、CA199 含量均高于对照组,且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );试验组 CEA、CA125、CA199 各自阳性率均高于对照组,且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );试验组血清 CEA、CA125、CA199 联合检测的阳性率高于单项检测结果,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 结直肠癌患者血清中 CEA、CA199 和 CA125 水平明显升高,可作为检测结直肠恶性肿瘤的敏感指标,联合检测有助于及早诊断,评估治疗疗效,监测术后复发或转移,判断预后,对于结直肠肿瘤患者具有重要临床指导意义。

size:10r0t0\_doi-kerning:1.0000pt;" >CA199 含量均高于对照组,且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );试验组 CEA、CA125、CA199 各自阳性率均高于对照组,且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );试验组血清 CEA、CA125、CA199 联合检测的阳性率高于单项检测结果,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

## PU-2385

## PLCB1 通过激活 ERK 通路促进胶质瘤的增殖和侵

赵鹏  
青岛大学附属医院

**目的** 磷脂酶 C,  $\beta 1$  (PLCB1) 在肿瘤的细胞传导和信号激活过程中起着重要作用,然而 PLCB1 在神经胶质瘤中的作用机制尚不清楚。本研究旨在探讨 PLCB1 表达是否与胶质瘤细胞 U87 增殖和侵袭相关,并初步探讨了其对 ERK 通路的影响。

**方法** 对 50 例神经胶质瘤组织及癌旁非肿瘤组织通过 qPCR、免疫组化分析、Western-blot 检测 PLCB1 表达; PLCB1 siRNA 转染神经胶质瘤细胞 U87 后, CCK-8 分析检测转染后细胞增殖情况; Transwell 实验和划痕实验检测转染后细胞侵袭和迁移情况; Western-blot 检测 ERK 蛋白的表达。

**结果** 在 50 例神经胶质瘤组织中, PLCB1 的表达水平明显高于其癌旁组织 ( $P<0.01$ )。CCK-8 分析结果显示 PLCB1 siRNA 可以明显抑制神经胶质瘤 U87 的增殖 ( $P<0.05$ ); Transwell 实验结果表明 PLCB1 siRNA 可以显著抑制神经胶质瘤细胞侵袭 ( $P<0.05$ ); 划痕实验表明 PLCB1 siRNA 可以明显抑制神经胶质瘤细胞迁移 ( $P<0.05$ ); Western-blot 实验结果显示 PLCB1 可以激活 ERK 蛋白的表达 ( $P<0.05$ )。

**结论** PLCB1 蛋白在胶质瘤组织中高表达, PLCB1 通过激活 ERK 通路促进胶质瘤细胞的增殖与侵袭, PLCB1 可能是预测神经胶质瘤的潜在标志物。

## PU-2386

**Sysmex-XN-550 全自动血细胞分析仪的性能验证**

邓凤  
北川县人民医院,621000

**目的** 对 Sysmex-XN-550 全自动血细胞分析仪的性能进行初步验证及评估。

**方法** 依据《实验室质量和能力认可准则》和 WS/T40-2012《临床血液学检验常规项目分析的质量要求》对 Sysmex-XN-550 全自动血细胞分析仪分别进行本底计数、携带污染率、批内精密度、日间精密度、正确度、线性、及实验室内结果的可比性验证。

**结果** Sysmex-XN-550 全自动血细胞分析仪本底计数、携带污染率、批内精密度、日间精密度、正确度、线性及实验室内结果的可比性均符合要求

**结论** Sysmex-XN-550 各项性能指标均符合行业标准，能满足临床需求。

## PU-2387

**NGAL 和 HCY 在白蛋白尿/非白蛋白尿 DKD 中的临床评价**

杨渝伟,俸家富,彭玲  
绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 和同型半胱氨酸 (HCY) 分别在白蛋白尿/非白蛋白尿糖尿病肾脏疾病 (ADKD/NADKD) 中的应用价值。

**方法** 收集健康对照 169 例、单纯糖尿病患者 803 例和糖尿病肾脏疾病 (DKD) 患者 618 例，按 ACR 水平分为 NADKD 实验组和 ADKD 实验组。比较 NGAL 和 HCY 与其它肾功能/脂代谢指标在不同水平白蛋白尿 DKD 中的关系，并分析 NGAL 和 HCY 对不同白蛋白尿水平 DKD 的风险程度和诊断性能。

**结果** 23/143 例 (16.1%) NADKD 患者 eGFR 超过 60ml/min/1.73m<sup>2</sup>，其 ACR 判断界值为 10.89mg/gCr。NGAL 与 NADKD 关联度最高 ( $r_p=0.337$ ,  $P<0.001$ ) 而 HCY 最低 ( $r_p=0.089$ ,  $P=0.006$ )；对于 ADKD，eGFR 关联度最高 ( $r_p=-0.239$ ,  $P<0.001$ )，但仅显著高于 NGAL ( $Z=2.481$ ,  $P=0.013$ )。在传统实验室三联检 (ACR+eGFR) 基础上，纳入 NGAL 即可明显改善对 NADKD 的诊断性能 ( $AUC=0.928$  vs.  $0.880$ ,  $P<0.001$ ) 和诊断灵敏度 ( $Se=85.3\%$  vs.  $76.9\%$ ,  $P<0.001$ )；但对于 ADKD，则还需再纳入 HCY 才能达到相同的效果。分层分析证实，NGAL 对 NADKD 的风险高于 HCY ( $OR=17.949$  vs.  $8.046$ )，且在传统两联检正常时最具风险 ( $OR=28.411$ )；而 HCY 对 ADKD 的风险高于 NGAL ( $OR=16.008$  vs.  $7.526$ )，且在传统两联检异常时最具风险 ( $OR=33.451$ )。

**结论** NADKD 与肾小管损伤和脂质异常的关联程度不同于 ADKD，表明二者发生机制不完全相同。对于 eGFR>60ml/min/1.73m<sup>2</sup> 的疑似 NADKD 患者，当 ACR>10mg/gCr 时，应关注 NGAL 的变化。

## PU-2388

## EFHD1mRNA 在乳腺癌患者外周血单个核细胞中的表达及临床应用

欧阳航,江贤栋

福建医科大学附属泉州第一医院

**目的** 研究 EFHD1mRNA 在乳腺癌患者外周血单个核细胞中表达情况与乳腺癌患者临床病理资料的相关性关系,探讨 EFHD1 基因与乳腺癌患者疾病的进展与预后的联系,建立无创的外周血生物标志物监控患者肿瘤的方法,从而尽早发现乳腺癌患者,及时治疗,降低乳腺癌的死亡率。

**方法** 收集 39 例乳腺癌患者和 11 例健康人外周血 2ml,分离出外周血单个核细胞后提取 RNA,采用 RT-qPCR 检测标本中 EFHD1 基因的表达情况,统计学分析 EFHD1 与临床病理资料的相关性。

**结果** 高肿瘤负荷组 EFHD1 的阳性率多于无或低肿瘤负荷组,两者之间有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。乳腺癌患者的 EFHD1 基因表达情况与是否有淋巴结转移密切相关 ( $X^2=4.631, P < 0.05$ ),而与乳腺癌患者年龄、ER、PR、Her2 表达与否无关。

**结论** 乳腺癌高肿瘤负荷者 EFHD1 的阳性率多于无或低肿瘤负荷者。乳腺癌患者的 EFHD1 基因表达量与是否有淋巴结转移存在一定的相关性。乳腺癌患者外周血中的 EFHD1 基因的表达患者年龄、ER、PR、Her2 表达与否、无明显相关性。

## PU-2389

## 高血压患者 RDW-CV 的变化及其潜在的临床应用价值

李思进,陈星,任碧琼

湖南省第二人民医院/湖南中医药大学附属人民医院(原:湖南省脑科医院),410000

**目的** 探讨高血压患者红细胞分布宽度变异系数(RDW-CV)与健康人群差异以及年龄性别等因素的关系。

**方法** 回顾性分析高血压患者 1467 例 RDW-CV 结果,其中男性 713 例(占 48.6%),女性 754 例(占 51.4%),健康对照人群 243 例,其中男性 112 例(占 46.1%),女性 131 例(占 53.9%);将患者年龄分为 < 40 岁、41-50 岁、51-60 岁、61-70 岁、>70 岁五个年龄段。统计学分析高血压患者与健康人群之间、高血压患者不同性别及不同年龄段之间 RDW-CV 的差异,并进行分析。

**结果** 健康人组的中位数为 13.00% (IQR0.9),高血压组的中位数为 13.40% (IQR1.9),经非参数检验分析,两组间的差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ ) 高血压组大于健康人群组;不同性别之间的 RDW-CV 无统计学意义 ( $P = 0.266 > 0.05$ );同年龄段,不同性别之间仅 61-70 岁年龄段 RDW-CV 差异有统计学意义,男性显著高于女性 ( $P = 0.000 < 0.05$ );女性各年龄组 RDW-CV 之间的差异有显著意义 ( $P < 0.001$ ), < 40 岁和 > 70 岁段的 RDW-CV 值明显高于其他年龄段。而男性各年龄组 RDW-CV 差异无统计学意义 ( $P = 0.206 > 0.05$ )。

**结论** 高血压患者 RDW-CV 明显高于健康人,女性患者的变化较为明显,这些特点在高血压诊断上有着潜在的临床应用价值,其机制有待进一步研究。



## PU-2390

## 反应曲线在生化检测中的应用讨论

周晓锋,吕强

绵阳市北川县人民医院

**目的** 探讨反应曲线在生化检测中的应用并进行讨论。

**方法** 选取 2018 年 2 月到 2019 年 2 月在本院进行生化检测的 50 例患者作为研究对象,按照随机分组的方法将患者分为观察组与对照组。其中,对照组 25 例患者,采用常规生化检验与检验报告进行;观察组 25 例患者,在对照组的基础上采用反应曲线进行。观察两组患者的检验准确率与检验时间。

**结果** 在本次探究中,通过对两组患者的观察可以发现,观察组的检验准确率明显低于对照组,观察组的检验时间明显短于对照组,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 在生化检测的过程中采用反应曲线可以明显地提高检验的准确率,同时可以缩短检验时间,提高了检验的效率,效果理想。

## PU-2391

## 动脉粥样硬化患者血清视黄醇结合蛋白 4、同型半胱氨酸和血脂的关系

袁勇

昆明市延安医院,650000

**目的** 研究视黄醇结合蛋白 4 (RBP4)、同型半胱氨酸 (HCY)、血脂与动脉粥样硬化的关系,并进一步研究动脉粥样硬化患者中 RBP4、HCY、血脂之间的相互关系。

**方法** 根据超声测量颈动脉中层内膜厚度,将入选病例分为正常组 (39 例) 和增厚组 (197 例),抽取入选病例静脉血测定 RBP4、HCY、血脂,统计比较正常组和增厚组 RBP4、HCY、血脂的差异,对增厚组的测定项目进行相关和回归分析,分析各检测项目之间的相互关系。

**结果** 与正常组相比,增厚组的 RBP4、HCY、甘油三酯 (TG) 和低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 显著升高 ( $P<0.05$ ),而高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C) 和载脂蛋白 A1 (APOA1) 则显著减低 ( $P<0.05$ )。相关分析得出:RBP4 与血脂的 TG、HDL-C 和 APOA1 有相关关系;血脂项目间 CHOL 与 LDL-C 和 APOB 有相关关系, TG 与 HDL-C 和 APOA1 有相关关系。将 RBP4 作为因变量与其有相关性的项目作为自变量进行回归分析他们之间的关系,得到 RBP4 与 TG 线性回归方程为:  $RBP4=32.07TG-15.30(P<0.05)$ , 相关系数  $R=0.745 (P<0.05)$ ; RBP4 与 HDL-C 和 APOA1 均用三次方程曲线回归有最好的相关性,回归方程分别为:  $RBP4=-190.84HDL^3+963.61HDL^2-1493.03HDL=746.06(P=0.000<0.05)$  和  $RBP4=-342.66APOA1^3+1571.76APOA1^2-2372.02APOA1+1212.93(P=0.000<0.05)$ , 相关系数分别为  $R=0.861 (P<0.05)$  和  $R=0.670 (P<0.05)$ 。将 RBP4 作为因变量,其余项目作为自变量进行逐步法多重线性回归的到回归方程为:  $RBP4=40.27+29.43TG-40.18APOA1 (P<0.05)$ 。

**结论** RBP4、HCY 及血脂与动脉粥样硬化的发生有关, RBP4 与血脂有相关关系,而 HCY 与 RBP4 和血脂无相关关系,在动脉粥样硬化的发生和发展过程中与 RBP4 无相互作用。

## PU-2392

## 尿沉渣光学显微镜法与尿分析仪器法对比

李泳霖

北川羌族自治县人民医院

**目的** 对尿液有形成分图像分析法及尿液干化检验一体机龙鑫 7680 分析仪，与离心尿沉渣尿光学显微镜镜检法两种方法，分析各自方法的优缺点

**方法** 收集晨尿液标本 100 份，取其结果中的红、白细胞数据进行分析。

**结果** 离心尿沉渣光学显微镜镜检法比仪器检测方法稳定可靠。

**结论** 实验室必须把两种方法结合起来检验，才能保证检验速度和质量的同是避免误检和漏检，为临床泌尿系统疾病及邻近生殖系统疾病的筛查及鉴别提供重要依据。

## PU-2393

## 北川羌族自治县地区 58 例肛周脓肿细菌培养及药敏分析

张正龙

北川羌族自治县人民医院

**目的** 研究肛周脓肿细菌培养及药敏试验结果。

**方法** 统计我院肛肠科 2018 年 1 月到 2018 年 12 月，58 例 肛周脓肿疾病患者，细菌培养及药敏试验结果

**结果** 检出菌株数共 58 株，其中革兰阴性菌共 50 株，占 86.2% 包括大肠埃希菌 36 株，占 62.1 %；肺炎克雷伯菌 8 株，占 13.8%；阴沟肠杆菌 3 株，占 8.6%；产气肠杆菌 2 株，占 3.5%；奇异变形杆菌 1 株，占 1.7%。革兰阳性菌共 8 株，占 13.8%，均为凝固酶阴性葡萄球菌。培养中，革兰阴性菌共 50 株，其中培养出的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌分别有 14 株和 1 株携带超广谱酶内酰胺酶。对药物的敏感株和敏感度分别为：氨苄西林，8 株（16%）、阿莫西林/克拉维酸，34 株（68%）、替卡西林，13 株（26%）、哌拉西林，26 株（52%）、哌拉西林/他唑巴坦，47 株（94%）、头孢噻吩，20 株（40%）、头孢唑林，20 株（40%）、头孢呋辛，27 株（54%）、氨曲南，36 株（72%）、头孢西丁，35 株（70%）、头孢克肟，29 株（58%）、头孢噻肟，32 株（64%）、头孢吡肟，44 株（88%）、庆大霉素，34 株（68%）、亚胺培南，50 株（100%）、美罗培南，50 株（100%）、左氧氟沙星，35 株（70%）、头孢哌酮 / 舒巴坦，48 株（96%）、头孢他啶，40 株（80%）、妥布霉素，38 株（76%）四环素，22 株（44%）、阿米卡星，45 株（90%）。药敏试验结果经统计显示药物哌拉西林/他唑巴坦、阿米卡星、亚胺培南、美罗培南、头孢吡肟、头孢他啶和头孢哌酮 / 舒巴坦的敏感率较高。

**结论** 肛周脓肿治疗时，需结合细菌培养和药敏试验结果，该地区 肛周脓肿的常见致病菌多由，大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌等革兰氏阴性菌感染所致是。应根据细菌药物敏感性试验结果选择抗生素结论，合理选择抗菌药物，以便降低耐药性，促使患者更快更好的获得康复。

## PU-2394

## 上海市医务人员锐器伤及其院内感染发生现况调查

林佳冰,高晓东,崔扬文,孙伟,沈燕,郭玮,史庆丰,陈翔,胡必杰  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 了解上海市医护人员发生锐器伤的主要危险环节与因素,为降低医务人员锐器伤提供措施改进的数据支持。

**方法** 研究采用网络填报的形式,上海市院内感染质控中心于2016年7月期间对上海市81所二级以上医院内所有可能接触锐器的医务人员进行调查,调查内容包括2016年6月锐器伤发生率、常见地点、操作流程、常见器具、常见暴露源等情况,数据采用SPSS20.0统计软件进行分析。

**结果** 本次研究共调查医护人员61309人,发生锐器伤人数为935人(1.53%),锐器伤总人次为1140次,上报人次为292人次(25.61%),溯源人次为815人次(71.49%)。其中,不同工作类别发生锐器伤人数不同,差异有统计学意义( $\chi^2=100.013$ ,  $P<0.001$ ),发生锐器伤比例最高的是实习生(4.12%),其次为护士(1.69%)。二、三级医院中,不同工作人员发生锐器伤情况不同,差异均有统计学意义( $\chi^2=48.398$ ,  $P<0.001$ ;  $\chi^2=75.985$ ,  $P<0.001$ ),在二、三级医院中,均以实习生发生锐器伤率最高(5.94%; 4.76%),其次均为护士(2.02%; 2.08%)。相同工作类别中,三级医院后勤人员发生锐器伤(1.21%)高于二级医院(0.40%),差异有统计学意义( $\chi^2=6.675$ ,  $P=0.010$ )。医护人员发生锐器伤最常见地点为普通病房(36.05%),最常见器具为一次性注射器(32.11%)。医务人员最易发生锐器伤工作年限均为 $<5$ 年,且发生锐器伤情况随着工作年限的增加,呈现下降的趋势。没有参加培训的护士、医生及后勤人员发生锐器伤比例(4.40%; 4.95%; 4.03%)均高于参加培训的护士、医生及后勤人员(1.58%; 1.03%; 0.67%),差异有统计学意义( $P<0.001$ )。三甲及二甲医院锐器伤暴露源感染中以乙肝感染为主(12.62%; 6.42%)。乙肝及梅毒感染暴露源最容易发生于手术刀割伤或手术缝线操作流程中(24.42%; 32.00%)。

**结论** 上海市医务人员发生锐器伤比例较高,工作过程中存在多个锐器伤的危险因素,且存在较多接触血源性病原体的风险,需要引起医疗机构引起关注。

## PU-2395

## 我室两台血细胞分析仪自动进样模式日常检测结果比对分析

陈婕  
西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 比对分析我室2台血细胞分析仪自动进样模式检测5个重要检验指标,白细胞,红细胞,血红蛋白,红细胞压积,血小板的结果的准确性及一致性。

**方法** 以我室参加省临检、卫生部室间质评仪器XN3000为参比仪器,以自动进样模式为标准,收集标本后分别在2台仪器上进行自动进样模式检测,分析每台仪器白细胞WBC、红细胞RBC、血红蛋白HGB、血小板PLT、红细胞压积HCT五个项目检测数据,评价2台仪器自动进样模式检测下主要指标的可比性。

**结果** XN-3000与XN2800两台仪器白细胞WBC、红细胞RBC、血红蛋白HGB、血小板PLT、红细胞压积HCT这5个指标均值计算偏差,除压积HCT外,其余结果均在允许误差范围内,且相关性均较好。

**结论** 2台仪器自动进样模式结果均可靠,具有可比性,均可用于临床。

## PU-2396

**Serum exosome concentration as a differential diagnostic marker for pulmonary tuberculosis and non-small cell lung cancer**

安泰学,孙德华

南方医科大学南方医院,510000

**目的** Currently available diagnostic tools are unable to satisfactorily differentiate between pTB and NSCLC. While serum exosome level increases dramatically in tumorigenesis, we hypothesized it to be different in pTB, considering the associated hypo-immunity and cell breakdown, contrary to cancerous cell growth.

**方法** Recruited volunteers were divided into four groups: healthy individuals (n = 22) and patients with pTB (n = 55), early stage- (n = 15), and advanced stage NSCLC (n = 75). Exosomes were precipitated from serum and characterized. Exosome concentration and diameter were determined using nanoparticle tracking analysis

**结果** Exosome levels were lower in patients with pTB and sizes were smaller in patients with advanced stage NSCLC. The distinction efficiency of exosomal concentration as a marker was significantly higher than that of classic markers such as CEA, CRP, and WBC

**结论** Our results suggest serum exosome levels are significantly different across patients with pTB or NSCLC, and healthy individuals. Exosome levels may serve as a biomarker for differential diagnosis of two diseases helping clinicians in reducing the incidence of misdiagnosis.

## PU-2397

**Risk factors for pelvic lymph node metastasis in endometrial cancer**Guirong Sun,Yujie Li,Peishan Cong,Pan Wang,Chong Peng,Mingjun Liu  
The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** To evaluate the risk factors for pelvic lymph node metastasis (LNM) in patients with endometrial cancer (EC), so as to provide valuable clinical guidance for making decision of lymphadenectomy reasonably and guide the individualized treatment of patients.

**Methods** Clinicopathological characteristics and preoperative laboratory results of 393 patients with EC, who underwent total hysterectomy, bilateral salpingo-oophorectomy and pelvic lymphadenectomy with or without para-aortic lymphadenectomy in the Affiliated Hospital of Qingdao University from January 2014 to February 2019, were retrospectively analyzed. Univariate analysis used mann-whitney U test or chi-square test, and multivariate analysis used logistic regression model.

**Results** Pelvic lymphadenectomy was performed in all 393 EC patients enrolled by this study, among them, 305 (77.6%) patients undergoing para-aortic lymphadenectomy at the same time. 50 (50/393, 12.7%) cases were detected to have LNM, including 30 cases of isolated pelvic LNM, 15 cases of both pelvic and para-aortic LNM and 5 cases of isolated para-aortic LNM, respectively. Univariate analysis showed that increased preoperative levels of serum human epididymis protein 4 (HE4), serum carbohydrate antigen 125 (CA125), monocyte to lymphocyte ratio (MLR) and platelet to lymphocyte ratio (PLR), decreased absolute lymphocyte count, non-endometrioid histology, grade 3 tumor, deep myometrial invasion, vaginal or para-uterine involvement, adnexal involvement and positive peritoneal cytology were the risk factors for pelvic LNM in EC (All  $p < 0.05$ ). Multivariate analysis revealed that preoperative serum HE4  $> 132$  pmol/L [odds ratio (OR) 3.50, 95% confidence interval (CI) 1.42 - 8.64,  $p = 0.007$ ], serum

CA125 > 27.6 U/mL (OR 6.73, 95%CI 2.59 - 17.48,  $p = 0.000$ ), non-endometrioid histology (OR 20.43, 95%CI 7.69 - 54.31,  $p = 0.000$ ) and myometrial invasion  $\geq 1/2$  (OR 6.67, 95%CI 2.71 - 16.42,  $p = 0.000$ ) were independent risk factors for pelvic LNM in EC. According to the results of multivariate analysis, 1-2 risk factors increased 10.4% risk of pelvic LNM, 3 risk factors with 58.8% the risk, whereas 4 risk factors with 85.7% the risk.

**Conclusions** Higher preoperative levels of serum HE4 and CA125, non-endometrioid histology and deep myometrial invasion are independent risk factors for pelvic LNM in EC, which can be used in preoperative or intraoperative periods to evaluate the status of pelvic LNM and to help doctors to make the scientific decision on lymphadenectomy.

## PU-2398

### 同型半胱氨酸协同血脂异常对心血管疾病 危险性研究

李磊

四平市第一人民医院,136000

**目的** 通过对体检人群连续五年血清同型半胱氨酸、甘油三脂、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白指标的检测,观察探讨同型半胱氨酸和血脂指标与心血管疾病发生的关系。为防治心血管疾病和指导临床治疗提供参考依据。

**方法** 研究对象选取 2014 年 1 月-2019 年 1 月五年内连续在该院体检的人员。体检时均已排除伴有严重肝肾功能不全、严重感染、贫血、肿瘤、自身免疫系统疾病、近期口服影响同型半胱氨酸水平的食物和药物以及近期有外伤史和手术史。将这些人员分为三组,一组为同型半胱氨酸与血脂指标正常;二组为血脂正常同型半胱氨酸增高组;三组为血脂异常同型半胱氨酸增高组。分析同型半胱氨酸血症与血脂指标在不同性别和年龄层的分部,以及心血管疾病发生率。所有数据均应用 SPSS 22.0 进行统计分析。

**结果** 1、同型半胱氨酸与血脂指标正常组,女性占比 74%,男性占比 26%,年龄分布为  $35 \pm 12$ ,同型半胱氨酸水平(Hcy: $7.35 \pm 2.56$ )、甘油三脂水平(TG: $1.02 \pm 0.27$ )、总胆固醇水平(TC: $2.53 \pm 1.14$ )、高密度脂蛋白水平(HDL: $1.76 \pm 0.45$ )和低密度脂蛋白水平(LDL: $2.57 \pm 0.61$ ),且五年内无一例有心血管疾病发生。2、血脂正常同型半胱氨酸增高组,女性占比 53%,男性占比 47%,年龄分布为  $39 \pm 14$ ,同型半胱氨酸水平(Hcy: $22.39 \pm 3.54$ )、甘油三脂水平(TG: $1.12 \pm 0.44$ )、总胆固醇水平(TC: $3.28 \pm 2.01$ )、高密度脂蛋白水平(HDL: $1.27 \pm 0.34$ )和低密度脂蛋白水平(LDL: $2.38 \pm 0.71$ ),五年内有 6 例因心痛胸闷就诊确诊为冠心病。3、血脂异常同型半胱氨酸增高组,女性占比 32%,男性占比 68%,年龄分布为  $61 \pm 21$ ,同型半胱氨酸水平(Hcy:  $25.14 \pm 5.48$ )、甘油三脂水平(TG: $3.27 \pm 2.85$ )、总胆固醇水平(TC: $7.56 \pm 2.11$ )、高密度脂蛋白水平(HDL: $1.06 \pm 0.42$ )和低密度脂蛋白水平(LDL: $2.78 \pm 1.54$ ),五年内出现中风住院治疗 2 例,确诊为冠心病 8 例。对三组进行统计分析,差异具有统计学意义( $P < 0.001$ )。高血脂高同型半胱氨酸血症组患冠心病高于其他组。

**结论** 1、高血脂高同型半胱氨酸增加了心血管事件发生风险。2、同型半胱氨酸是心血管疾病发病的一个独立危险因子。3、男性、高龄是高同型半胱氨酸血症的影响因素。

## PU-2399

## 上海市医院临床病原学标本送检及耐药菌检出情况 及其变化趋势

林佳冰,高晓东,崔扬文,孙伟,沈燕,郭玮,史庆丰,陈翔,胡必杰

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 调查上海市 66 所二级以上医院 2017 年患者临床病原学送检及耐药菌检出现状及 2015 年-2017 年变化趋势,为促进临床病原学标本正确送检、降低耐药菌提供数据支持。

**方法** 采用网络填报的形式,分别对上海市 66 所二级以上医院 2015 年及 2017 年患者抗菌药物使用、病原学送检及耐药菌的检出进行回顾性调查,数据采用 SPSS 20.0 统计软件进行分析。

**结果** 2017 年上海市医院出院患者抗菌药物平均使用率为 46.18%,低于 2015 年出院患者抗菌药物平均使用率 46.93% ( $\chi^2=225.869$ ,  $P<0.001$ ),三级医院 2017 年抗菌药物使用率 (33.86%) 较 2015 年有所上升 (33.77%) ( $\chi^2=4.141$ ,  $P=0.042$ );二级医院 2017 年抗菌药物使用率 (12.32%) 较 2015 年有所下降 (13.17%) ( $\chi^2=644.862$ ,  $P<0.001$ )。2017 年与 2015 年的血培养平均送检瓶数均超过了 2 瓶/人次。CRAB、MRSA、ESBL-KP 和 CRPA 2017 年检出率分别为: 57.76%、52.46%、34.56% 和 27.76%,检出率较 2015 年均上升,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); ESBL-ESC 和 VRE 2017 年检出率分别为 50.84% 和 0.71%,检出率较 2015 年均下降,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。与 2015 年相比,2017 年 ESBL-ESC、MRSA、CRAB、ESBL-KP 及 CRPA 中痰标本的构成比下降,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。不同标本类型多重耐药菌检出变化趋势中,2017 年痰标本中的 ESBL-ESC、ESBL-KP、CRAB、CRPA、MRSA 的检出率均较 2015 年有所下降,差异有统计学意义 ( $P<0.001$ );血标本中 ESBL-ESC、ESBL-KP、CRAB、CRPA、MRSA、VRE 的检出率均较 2015 年上升,差异有统计学意义 ( $P<0.001$ );尿标本中 ESBL-ESC、CRAB、MRSA、VRE 的检出率均较 2015 年有所下降,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 需加强正确的临床病原学标本送检情况,重视无菌部位病原学送检率,针对性的对三级医院抗菌药物使用加大规范与管理,延缓多重耐药菌的产生。

## PU-2400

## The dose-response relationship between Gamma-glutamyl transferase and risk of Diabetes Mellitus using publicly available data: a longitudinal study in japan

Wei Zhao,Yongtong Cao  
china-japan friendship hospital

**Objective** The purpose of this study was to examine the association between baseline serum gamma-glutamyl transferase (GGT) and incident diabetes and to explore their dose-response relationship in a cohort of Japanese adults.

**Methods** Data were drawn from the NAGALA (NAGALA in the Gifu Area, Longitudinal Analysis) study between 2004 to 2015, including hierarchical information on participants  $\geq 18$  years of age without diabetes, preexisting diabetes, heavy alcohol drinking or other liver diseases (eg, hepatitis B/C). The final analytic sample included 15 464 participants, 373 of who were diagnosed as diabetes mellitus with a maximum 13-year follow-up. The risk of incident diabetes according to baseline serum GGT was estimated using multivariable Cox proportional hazards models and a two-piecewise linear regression model was developed to find out the threshold effect.

**Results** Being in the highest quintile versus the lowest quintile of GGT levels was associated with an almost twofold increased risk of incident diabetes mellitus (Hazard ratio 1.83 (95% CI 1.06,

3.15)), independent of age, gender, smoking status, alcohol intake, BMI, SBP, triglycerides, fatty liver, ALT, AST, fasting plasma glucose. A nonlinear dose-response relationship was observed and the risk of developing diabetes mellitus increased when serum GGT level was less than 24 IU/L (HR 1.04 (1.02, 1.07),  $P=0.0017$ ). Besides, the association was more significant in non-smoking participants than ex- or current-smokers ( $P$  for interaction=0.0378).

**Conclusions** Serum GGT level was significant predictors of subsequent risk of diabetes mellitus when serum GGT level was less than 24 IU/L.

## PU-2401

### 雅培 i2000 SR 与迈克 i3000 对乙型肝炎病毒标志物检测结果的比对分析

马女杰

北川县人民医院,621000

**目的** 通过与雅培 i2000 SR 全自动化学发光免疫分析仪(以下简称雅培 i2000 SR)检测结果进行比对,评价迈克 i3000 全自动化学发光免疫分析仪(以下简称迈克 i3000)的临床应用可行性。

**方法** 用迈克 i3000 与雅培 i2000 SR 分别对来自我院临床病人的 56 份血清进行检测,每份血清均检测 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb 五个项目。比较两台仪器对 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb 五个项目检测结果的符合率。

**结果** 迈克 i3000 与雅培 i2000 SR 对 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb 检测,结果的符合率分别为 100%、91.1%、100%、92.9%、94.6%。检测结果差异无统计学意义( $P<0.5$ )

**结论** 迈克 i3000 与雅培 i2000 SR 检测乙型肝炎标志物的结果符合均满足要求,能够为临床诊断和治疗提供可靠依据。

## PU-2402

### 慢性乙型肝炎患者外周血 IL-1 和 IL-6 及 TGF- $\beta$ 1 检测及其意义

刘钱,府伟灵

陆军军医大学西南医院

**目的** 检测慢性乙型肝炎(CHB)患者外周血细胞因子白细胞介素 IL-1、IL-6 及转化生长因子 TGF- $\beta$ 1 的水平,并探讨其临床意义。

**方法** 采用酶联免疫吸附试验(ELISA)检测 108 例 CHB 患者和 30 例健康体检者(对照组)外周血中细胞因子 IL-1、IL-6 及 TGF- $\beta$ 1 水平。

**结果** CHB 轻中度组、CHB 重度组及肝硬化组血清 IL-1 水平分别为(319.96 $\pm$ 367.26)ng/L、(308.47 $\pm$ 402.77)ng/L、(432.49 $\pm$ 591.65)ng/L, IL-6 水平分别为(95.73 $\pm$ 4107.93)ng/L、(69.52 $\pm$ 66.49)ng/L、(111.41 $\pm$ 113.41)ng/L, TGF- $\beta$ 1 水平分别为(42.40 $\pm$ 56.57) $\mu$ g/L、(138.85 $\pm$ 178.55) $\mu$ g/L、(135.32 $\pm$ 179.44) $\mu$ g/L,均明显高于正常对照组[(139.52 $\pm$ 193.44)ng/L、(29.73 $\pm$ 21.27)ng/L、(15.30 $\pm$ 14.51) $\mu$ g/L,  $P$ 均 $<0.05$ ];血清 IL-1、IL-6 水平与不同 HBV DNA 载量有关,而 IL-1、IL-6 及 TGF- $\beta$ 1 水平与不同的 HBeAg 状态无关。CHB 各组 IL-1 与 IL-6 呈强正相关( $r=0.932$ ,  $P<0.001$ ), IL-1 与 TGF- $\beta$ 1 呈弱正相关( $r=0.227$ ,  $P=0.014$ ); IL-6 与 TGF- $\beta$ 1 呈弱正相关( $r=0.217$ ,  $P=0.018$ )。

**结论** IL-1、IL-6 及 TGF- $\beta$ 1 均参与 CHB 的发病过程,其持续升高可能与 CHB 患者慢性感染状态有关。

## PU-2403

## 干化学法与免疫比浊法测定尿白蛋白的比对分析

魏红

北川县人民医院,621000

**目的** 研究干化学法与免疫比浊法测定尿白蛋白的比对分析。

**方法** 选取 2018 年 1 月~2019 年 1 月我院采集的随机尿样本 420 例, 同时进行干化学法与免疫比浊法测定尿白蛋白, 将两种方法检测结果进行比对分析。

**结果** 当干化学白蛋白呈 50~100mg/l 时, 免疫比浊法检测结果集中于检测上限, 而当干化学白蛋白超过 100mg/l, 免疫比浊法检测值下降; 且经 logistics 回归分析, 当浊度增加一个级别, 则差异出现可能性上涨 1.571 倍

**结论** 当干化学法不高出 50mg/l 且呈非阴性时, 需以免疫比浊法为准; 干化学检测结果高于 50mg/l 的检测样本, 不应单纯检测其初始数值, 而是应该进行至少 10 倍以上稀释再检测, 同时规避脓尿、血尿及高色素尿样本检测

## PU-2404

## Effectiveness of digital PCR for MYD88 L265P detection in vitreous fluid for primary central nervous system lymphoma diagnosis

Yanchun Ma<sup>1</sup>, Kun Chen<sup>1</sup>, Tianlin Ding<sup>2</sup>, Xinju Zhang<sup>3</sup>, Ming Guan<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Huashan Hospital, Fudan University, Shanghai

2. Department of Hematology, Fudan University Hua Shan Hospital, Shanghai, China

3. Central laboratory, Fudan University Hua Shan Hospital, Shanghai, China

**Objective** Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a rare type of primary extranodal lymphoma (PEL). Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is a common sub-type of PCNSL. MYD88<sup>L265P</sup> mutation has been reported in PCNSL cases. In this study, we examine the validity of droplet digital PCR (ddPCR) in the detection of MYD88<sup>L265P</sup> mutation.

**Methods** A total of 44 PCNSL, 15 DLBCS not otherwise specified (DLBCL-NOS), and 13 other PELs patients were enrolled and their demographic features were analyzed. MYD88<sup>L265P</sup> mutation was detected by qPCR as well as ddPCR and MYD88 protein expression was examined by immunohistochemistry in 55 tissue samples, 25 vitreous fluid (VRF) and 28 cerebrospinal fluid (CSF) samples.

**Results** There was no significant difference in the gender or median age among the enrolled patients ( $P>0.05$ ). MYD88<sup>L265P</sup> mutation was observed in 50.9% of lymphoma tissue samples (28/55). Among them, 21 cases were PCNSL (21/29, 72.4%), 2 were DLBCL-NOS (2/15, 13.3%), and 5 other-PELs (5/11, 45.5%). Among the PCNSL patients, qPCR and ddPCR identified MYD88<sup>L265P</sup> mutation in 72% (21/29) tissue samples. In the CSF, ddPCR demonstrated superior mutation detection sensitivity than qPCR (58% vs 15%,  $p<0.05$ ). Positive MYD88 protein expression was observed in PCNSL (18/29, 62.1%) and other PELs (5/11, 45.5%) tissue samples. MYD88<sup>L265P</sup> mutation was significantly associated with MYD88 protein overexpression in PCNSL brain tissue samples ( $p=0.013$ ).

**Conclusions** MYD88<sup>L265P</sup> mutation is a powerful marker for PCNSL diagnosis. Detecting MYD88<sup>L265P</sup> mutation in CSF and VRF samples by ddPCR is a promising non-invasive tool to confirm PCNSL diagnosis.



## PU-2405

## 中国 29 省大型综合医院手术室引流瓶（袋）使用 及医院废液处置现况调查

陈翔,胡必杰,高晓东,郭玮,史庆丰

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 随着手术量的日益增多、负压引流技术在医疗机构诊疗活动中应用日益广泛,手术引流废液的规范处置成为我们关注的问题。

**方法** 通过问卷调查的形式,调查各省大型医院医院引流装置的使用及废液的处置情况。

**结果** 本次共调查 325 所医疗机构,其中有效问卷 295 份,覆盖 29 省。结果显示,对于常规手术术中引流,95.59%的医疗机构使用一次性引流袋(瓶),30.17%的医疗机构使用可复用引流瓶。而对于大废液量手术,使用一次性引流袋(瓶)和可复用引流瓶的医疗机构明显减少,65.42%的医疗机构使用塑料桶/铁桶进行废液的引流。86.02%的复用引流瓶有手术室自行清洗消毒,47.16%的一次性引流袋被直接扔入医疗废物袋,52.84%则用各种方式倒出废液后丢弃。60.66%的医疗机构将废液直接倾倒入下水道。废液的处置以护士和护工为主。272 所医疗机构对于大废液量手术存在不同程度的困扰,288 所医疗机构认为目前的废液引流状况亟待改进。

**结论** 目前中国大型综合医院大部分的手术室废液处置存在不合理,需要进一步规范,有必要的可以出台政策法规或行业标准。

## PU-2406

## 我院 2018 年度心外科多重耐药情况分析

张旭华,刘婷

山东大学第二医院,250000

**目的** 分析我院 2018 年度心外科送检标本中病原菌种类分布和耐药情况,为心外外科感染控制提供数据支持。

**方法** 按照我院微生物科提供的标本采集手册,规范采集各类标本接种培养,使用 MicroScan Walkaway-96 Plus 全自动细菌鉴定及药敏分析仪对可能病原菌进行鉴定和药敏试验,使用 WHONET 5.6 软件统计,分析心外科病原菌菌株种类分布和耐药情况等。

**结果** 2018 年度心外科共分离出病原菌 115 株,其中鲍曼不动杆菌 49 株,肺炎克雷伯菌 13 株,嗜麦芽窄食假单胞菌 6 株,溶血葡萄球菌 6 株,黏质沙雷菌 6 株等。多重耐药分析结果显示,鲍曼不动杆菌多重耐药率为 98%,铜绿假单胞菌耐药率为 75%,肺炎克雷伯菌(CRE)耐药率为 76.9%金黄色葡萄球菌耐药率为 25%。

**结论** 心外科分离出的病原菌第一位为鲍曼不动杆菌,占比为 42.6%,第二位为肺炎克雷伯菌,占比为 11.3%,这两种主要菌的耐药情况非常严重,其中鲍曼不动杆菌耐药率达到了 98%。CRE 的耐药比率达到了 76.9%,远远高于我院的平均水平。近年来我院心外科高风险高难度手术量日渐增多,手术往往创伤较大,手术时间持续较长,术后留置各类导管较多或时间较长,这些因素大大增加了感染风险,另外我院心外科抗生素使用不合理情况普遍存在,进一步增加了患者出现耐药菌株的可能。

## PU-2407

## 四川遂宁地区表观健康成年人群血浆 TSGF 参考区间的建立

曹丹,肖光军  
遂宁市中心医院,629000

**目的** 建立四川遂宁地区表观健康成年人群血浆肿瘤特异性生长因子 (Tumor Specific Growth Factor, TSGF) 的参考区间。

**方法** 通过 2000 例 20~88 岁表观健康成人血浆 TSGF 的检测结果,以非参数法建立血浆 TSGF 的参考区间[0~第 95 百分位数]。

**结果** 表观健康成年人群血浆 TSGF 浓度呈偏态分布 ( $P<0.01$ )。按性别分组后,男性和女性均呈偏态分布 ( $P<0.01$ ),两者间比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。按年龄段分组,女性各年龄段间比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ),而男性仅 20~29 岁组与 30~39 岁组、 $\geq 60$  岁组与 40~49 岁组和 50~59 岁组差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ),其余各组间差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ),但各组中位数与总体区间中位数的差异 $<25\%$ ,不建议男性按年龄段分组。由此得出四川遂宁地区表观健康成年人群血浆 TSGF 的参考区间:男性/女性:0~64U/ml。

**结论** 初步建立了四川遂宁地区表观健康成年人群血浆 TSGF 的参考区间,为临床合理运用 TSGF 作为恶性肿瘤早期筛查指标提供依据。

## PU-2408

## 血清淀粉酶和脂肪酶及超敏 C-反应蛋白的联合检测 在临床中的应用

孟宪玲  
北华大学附属医院,132000

**目的** 检测血清中血清淀粉酶和脂肪酶及超敏 C 反应蛋白的含里有助于临床对急慢性胰腺炎的诊断及治疗。

**方法** 淀粉酶 (AMY) 测定方法为 CHP-麦芽三糖为底物测定法。脂肪酶 (LPS) 为速率法,超敏 C-反应蛋白 (CRPH) 采用免疫比浊法。

**结果** 淀粉酶和脂肪酶及超敏 C-反应蛋白 (CRPH) 在急性胰腺炎患者血清中检测值明显增高于正常对照组 ( $P<0.01$ )。尿淀粉酶在急性胰腺炎患者血清中检测值明显高于正常对照组, ( $P<0.001$ ), 尿淀粉酶和脂肪酶在慢性胰腺炎患者血清中检测值与正常对照组有差异,但不显著 ( $p>0.05$ )。超敏 C-反应蛋白 (CRPH) 在慢性胰腺炎患者血清中检测值与正常对照组有差异 ( $P=0.057$ ), 肝病和肾病患者血清中淀粉酶和超敏 C-反应蛋白 (CRPH) 检测值与正常对照组有显著差异 ( $p<0.01$ ), 而脂肪酶检测值较正常对照组无差异 ( $p>0.05$ )。

**结论** 淀粉酶和脂肪酶及超敏 C-反应蛋白在急性胰腺炎患者血清中检测值

## PU-2409

## Preliminary study of circRNF13 as a serum molecular marker for nasopharyngeal carcinoma

Yali Song, Ting-Ting Zeng  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** With the rapid development of life sciences, more and more studies have confirmed that non-coding RNA plays an important role in the development of malignant tumors. In view of the key role of circRNA in nasopharyngeal carcinoma, we intend to find effective tumor molecular markers from circRNA in order to find the target genes related to nasopharyngeal carcinoma. The molecular markers of potential malignant tumors in the blood have high clinical value. Therefore, we use the serum molecular markers of malignant tumors as a breakthrough to explore high-specificity serum molecular markers of nasopharyngeal carcinoma.

**Methods** Through the previous research of our group, we screened 4 circRNAs: circRNF13, circMAN1A2, circCOG2 and circPVT1. Then, we collected 100 whole blood samples from patients with nasopharyngeal carcinoma; collected 121 normal human whole blood samples as a control group, and then separated the serum, and extracted serum RNA using QIAGEN kit, using Thermo's reverse transcription reagent. Perform RT-PCR. We used the SYBR-qPCR experimental method for preliminary detection, and designed the TaqMan probe, which was further verified by the specific method of TaqMan-qPCR. We evaluated the effect of clinical parameters on the expression levels of circRNF13, circMAN1A2, circCOG2, and circPVT1 in nasopharyngeal carcinoma.

**Results** Among the four circRNAs, we found that circRNF13 was up-regulated in the serum of patients with nasopharyngeal carcinoma, and thus circRNF13 may be a serum molecular marker for nasopharyngeal carcinoma.

**Conclusions** The expression of circRNF13 is up-regulated in the serum of patients with nasopharyngeal carcinoma, which may be used as a serum molecular marker for nasopharyngeal carcinoma.

## PU-2410

## 葡萄球菌激酶 SAK 促进社区获得性金黄色葡萄球菌毒力的分子机制

王亚楠  
上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 明确葡萄球菌激酶 SAK 在高毒力 CA-SA 感染早期,在增强宿主纤溶和抑制 CA-SA 生物被膜形成,逃逸宿主固有免疫杀伤过程中的作用;为补充和完善金葡菌致病因子的调控网络、明确社区获得性金葡菌高毒力分子机制提供新的实验依据。

**方法** 检测不同临床菌株分泌到上清中的 SAK 量,并比较不同培养时间 SAK 的分泌量变化。构建 sak 基因敲除株,并检测 sak 基因敲除是否会影响细菌的生长和生物膜的形成水平。通过小鼠肺炎模型等进一步明确 SAK 在高毒力 CA-SA 侵袭性感染中的作用。收集 CA-SA 野生株与 sak 基因敲除株的培养上清,以及纯化的 SAK 活性蛋白分别与体外培养的人 A549 细胞相互作用,检测 SAK 蛋白是否会影响宿主细胞活性。同上与体外培养的人 THP-1 细胞进行相互作用后,通过 RT-PCR 检测 SAK 对巨噬细胞表达炎症因子的作用。

**结果** SAK 在 CA-SA 流行株 ST398 和 ST59 上清中表达明显高于 HA-SA 流行株 ST239 和 ST5。细菌表型分析发现 sak 表达高的 CA-SA 流行株生物被膜形成能力明显低于 sak 表达低的 HA-SA 流行株 ( $P < 0.05$ )。sak 基因敲除不会影响 ST398 的生长和生物膜的形成。小鼠肺炎模型结果表明

感染野生型 ST398 的小鼠，与感染 sak 基因敲除株的小鼠相比，其肺部的充血水肿明显更严重。感染野生型 ST398 的小鼠肺湿重显著高于感染了 sak 基因敲除株的小鼠。体外实验表明，sak 基因敲除株培养上清作用于 A549 细胞后，与野生株相比对细胞活性的影响较低 ( $P<0.05$ )，而野生型 ST398 可促使 THP1 细胞表达更高水平的炎症因子，且 SAK 活性蛋白也可激活细胞因子的表达，并呈剂量依赖性。

**结论** SAK 可特异性的作用于人纤溶酶原，促进纤溶酶原转变为纤溶酶，从而发挥溶解纤维蛋白的作用。高毒力 CA-SA 流行株 ST398 和 ST59 可能通过高表达 SAK 从而抑制了生物被膜的起始附着以及促进已形成的生物被膜构架的破坏，促进细菌在宿主体内的播散。推测 SAK 作为金葡菌自身分泌的纤溶酶原激活物，在早期肺炎感染过程中通过增强纤溶作用导致细菌侵袭性感染能力增强，促进病原体在体内的播散，从而加剧感染的严重程度。此外，SAK 可抑制细胞活性，激活免疫系统表达高水平的炎症因子，SAK 的高表达对 CA-SA 的毒力起到了重要的促进作用。

## PU-2411

### 肝肾阴虚及寒湿痹阻型类风湿性关节炎客观化研究

曾召琼

湖南中医药大学第一附属医院,410000

**目的** 通过分析临床实验室指标并进行统计分析，探索肝肾阴虚证及寒湿痹阻证类风湿性关节炎(Rheumatoid arthritis, RA)与各常用实验室指标间的关系，为 RA 中医证型客观化提供参考。

**方法** 收集 2018 年 1 月-2019 年 3 月于湖南中医药大学第一附属医院风湿免疫科就诊并明确为类风湿性关节炎肝肾亏虚证和寒湿痹阻证的患者共 136 例，另收集同期于体检科进行体检的健康者 40 人。

**结果** 1) RA 肝肾阴虚症患者年龄显著低于 RA 寒湿痹阻症患者 ( $P<0.05$ )；2) RA 寒湿痹阻症、肝肾阴虚证与正常对照者比较，ESR、CRP、RF、ALB、GLB、A/G、HDL 水平均有显著性差异 ( $P<0.05$ )，其中，肝肾阴虚证 CRP 水平显著高于寒湿痹阻证 ( $P<0.05$ )，两中医证型间其他指标比较均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** RA 不同证型与多种实验室指标相关，年龄可能是影响寒湿痹阻证和肝肾阴虚证分布的因素之一，C 反应蛋白可能作为寒湿痹阻证与肝肾阴虚证辨证分型的潜在指标，为中医证型客观化提供依据，但其检验效能还需进一步探讨。

## PU-2412

### 引流液 or 其它

沙晓雯

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 通过引流液标本外观来分析是否胆汁

**方法** 离心沉渣涂片发现有胆红素结晶，之后做了碘环试验，又将引流液做了胆红素，胆汁酸的测定，并询问临床医生

**结果** 此引流液就是胆汁

**结论** 引流液未标明是胆汁，通过试验来证明是胆汁，纠正了实验标本类型的错误，提高了检验质量意识。

## PU-2413

## NT-proBNP、血钠、尿酸联合检测在心力衰竭诊断中的应用价值

钱忠萍

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 通过每一级心力衰竭患者血钠、血浆中 NT-proBNP 浓度和尿酸浓度水平的分析,来确定患者 NT-proBNP、血钠、尿酸与心功能分级的关系,从而评估 NT-proBNP、血钠、尿酸在心力衰竭诊断中的应用价值,为心力衰竭早期诊断和治疗提供依据。

**方法** 选取 2017 年 10 月至 2018 年 11 月于苏州大学附属第一医院收治的慢性心力衰竭患者,符合条件的患者共 80 例。其中男性患者 34 例,女性患者 46 例。患者按心功能(NYHA 分级)状态分为 3 组,II 级组,III 级组,IV 级组,按照美国纽约心脏病协会 NYHA 分级方法,NYHA II 级的有 39 例,NYHA III 级的有 32 例,NYHA IV 级的有 9 例,各组患者一般资料差异无统计学意义( $P>0.05$ )。测定每一级心力衰竭患者 NT-proBNP、血钠、尿酸水平。NT-proBNP 浓度的测量用电化学发光法定量测量,血尿酸、血钠采用全自动生化分析仪测定。

**结果** 1、NT-proBNP 含量随着 NYHA 心功分级的增加显著升高( $P<0.05$ )。2、血钠含量随着 NYHA 心功能分级的增加而显著降低,同时血钠水平与 NT-proBNP 浓度呈负相关。3、尿酸含量随着 NYHA 心功分级的增加而显著升高,尿酸含量与 NT-proBNP 呈正相关。

**结论** 心力衰竭患者随着心功能(NYHA 分级)状态等级的增加,NT-proBNP、尿酸各指标均显著升高,血钠含量显著降低。NT-proBNP、血钠、尿酸各指标与慢性心力衰竭患者心脏的收缩和舒张功能均有关系,可以作为心功能恶化的预测指标,而且可以反映心功能障碍的严重程度。

## PU-2414

## 2 型糖尿病 9 项肿瘤标志物的水平与 HbA1c 相关性研究

林振忠,陈雅斌

泉州市第一医院,362000

**目的** 研究 2 型糖尿病 9 种肿瘤标志物的水平,及其与 HbA1c 的相关性。

**方法** 197 例 2 型糖尿病患者根据 HbA1c 水平分为控制理想组(A 组)、控制一般组(B 组)、控制不理想组(C 组)、控制差易并发症组(D 组)。检测并比较糖尿病组和健康对照组,以及糖尿病组内各组血清 CA19-9、AFP、CEA、CA724、CYFRA21-1、NSE、CA125、CA153 和 HE4 的水平差异。Spearman 相关分析上述比较有显著差异的肿瘤标志物与 HbA1c 水平或年龄、性别是否存在相关性;并用 logistic 线性回归分析升高的肿瘤标志物可能的危险因素。

**结果** 糖尿病组和健康对照组比较,血清 CA19-9、CEA、CA125 和 HE4 水平明显升高,差异具有统计学意义。但糖尿病组内 4 组间比较血清 CA19-9、CEA D 组水平显著高于 A、B、C 三组;血清 CA125 D 组水平明显高于 A、B 组,但和 C 组无差异;血清 HE4 B 组水平明显高于 A 组,其余各组之间无差异。相关性分析显示血清 CA19-9、CEA、CA125 与 HbA1c 水平存在相关性;血清 HE4 水平变化与 HbA1c 无相关。logistic 线性回归分析显示 HbA1c 是血清 CA19-9、CEA、CA125 升高的独立危险因素

**结论** 2 型糖尿病患者血清 CA19-9、CEA、CA125 和 HE4 水平可出现异常升高,且其中血清 CA19-9、CEA、CA125 升高水平与 HbA1c 水平密切相关。临床诊疗时应注意该现象与恶性肿瘤的区别。

## PU-2415

## 重症监护病房与普通病房血液和尿液标本中病原菌分布及耐药性比较

刘璐

陆军军医大学西南医院

**目的** 了解我院重症监护病房(ICU)与普通病房的病原菌分布及耐药性特点,为临床合理用药提供参考。

**方法** 收集我院 2017 年 7 月至 2018 年 6 月入住 ICU 和普通病房患者的血液和尿液标本,共分离细菌 9632 株,其中 ICU 855 株(尿液 394 株、血液 461 株),普通病房 8777 株(尿液 5024 株、血液 3751 株)。对所收集标本进行菌种鉴定和药物敏感性试验,并进行数据统计。

**结果** ICU 血液标本中占比前 3 的病原菌分别是凝固酶阴性葡萄球菌(30.15%)、大肠埃希菌(15.61%)和肺炎克雷伯菌(14.93%),尿液标本中占比前 3 的病原菌分别是大肠埃希菌(28.54%)、肺炎克雷伯菌(23.19%)和屎肠球菌(11.55%);普通病房血液标本中占比前 3 的病原菌分别是凝固酶阴性葡萄球菌(36.83%)、大肠埃希菌(22.74%)及肺炎克雷伯菌(5.29%),尿液标本中占比前 3 的病原菌分别是大肠埃希菌(49.69%)、屎肠球菌(13.77%)及肺炎克雷伯菌(9.12%)。药敏结果显示,在相同类型标本中,大肠埃希菌在 ICU 与普通病房患者的耐药性差异无统计学意义,而 ICU 凝固酶阴性葡萄球菌、肺炎克雷伯菌的部分抗菌药物耐药率均显著高于普通病房( $P<0.05$ )。

**结论** ICU 病原菌多为条件致病菌和多重耐药菌,其耐药性不断增强。

## PU-2416

## IgE、IgE 受体及其自身抗体在慢性荨麻疹患者中的表达水平及临床意义

尹悦,高闯,党宏,许雯,彭霞,梁玉婷,廖焕金,李莉

Shanghai General Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine,

**目的** 分析 IgE、可溶性 IgE 高亲和力受体(sFcεR I α)、抗 IgE、抗 FcεR I 自身抗体在慢性荨麻疹(CU)血清中的表达水平及临床意义。

**方法** 收集首诊 43 例 CU 患者及 51 例健康体检者的血清样本及临床资料。采用免疫比浊法检测 IgE 水平,使用自建 ELISA 法检测抗 IgE、抗 FcεR I, sFcεR I α 水平,分析四种分子的相关性及对 CU 的诊断意义。

**结果** CU 患者血清 IgE、抗 IgE、抗 FcεR I 水平显著高于健康对照组( $P<0.001$ ), sFcεR I α 亦有上升趋势,但无统计学意义( $P>0.05$ )。IgE、抗 IgE、抗 FcεR I 对 CU 的诊断性能相近( $AUC=0.72$ ),优于 sFcεR I α( $AUC=0.61$ )。IgE 与 sFcεR I α、抗 IgE 与抗 FcεR I 水平呈正相关。

**结论** CU 患者血清 IgE、抗 IgE 及抗 FcεR I 水平显著升高。肥大细胞活化相关分子具有成为 CU 诊断指标的潜能。

PU-2417

## Unique protein profiles of extracellular vesicles as diagnostic biomarkers for early and advanced non-small cell lung cancer

Taixue An, Dehua Sun, Lei Zheng  
Nan Fang Hospital

**Objective** Sensitive and specific biomarkers are required for lung cancer diagnosis and prognosis. The present study screened for abnormal Extracellular vesicles (EVs) proteins in non-small cell lung cancer (NSCLC) using a quantitative proteomics strategy involving LC-MS/MS to identify ideal biomarkers for NSCLC diagnosis.

**Methods** EVs were enriched from the sera of early and advanced NSCLC patients and healthy controls and from cell culture supernatants of lung adenocarcinoma and bronchial epithelial cell lines.

**Results** In the sera and supernatants, 279 and 632 differentially expressed proteins, respectively, were associated with signaling pathways including extracellular membrane-receptor interaction, focal adhesion, and regulation of the actin cytoskeleton. Thirty-two EV proteins were identified at the intersection of differentially expressed proteins between the NSCLC groups and cell lines. Based on bioinformatics analysis, in silico immunohistochemical and PRM verification, fibronectin was selected for following in vitro studies and validation with an independent cohort.

**Conclusions** Fibronectin on EVs was estimated to perform well in the diagnosis of NSCLC patients based on AUC, showing great potential for clinical use and demonstrating the efficacy of this method for EV-associated biomarker screening.

PU-2418

## Lentivirus-mediated expression of EBV-miR-BART11 promotes monocyte-macrophage differentiation and maturation

Yali Song, Ting-Ting Zeng  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Pluripotent hematopoietic stem cells are further limited in their pedigree potential to produce mature terminal differentiation cells. The hematopoietic differentiation process is considered to follow a well-developed gene expression pattern. Transcription factors play a key role in the identification and maturation of hematopoietic cells. In the case of monocyte differentiation, the transcription factor FOXP1 is essential for monocyte differentiation and macrophage function, and our previous data suggest that EBV-encoded miR BART11 down-regulates FOXP1 expression, so it is possible to speculate that BART11 may play a role in mononuclear cell differentiation. In view of the difficulty of transfection in monocyte, we used the lentiviral pLenti6 / V5-D-TOPO expression system as a tool for gene transfection to further determine the relationship between BART11 and FOXP1 during mononuclear-macrophage differentiation, and the effects of BART11 and FOXP1 on monocyte differentiation.

**Methods** Lentiviral vector particles expressing BART11 precursor or full-length FOXP1 cDNA were generated using the pLenti6 / V5-D-TOPO expression system. We then examined the expression of FOXP1 in THP-1 and HL60 cells in vitro via bone marrow mononuclear cell differentiation system. The expression of FOXP1 and BART11 in PMA-induced mononuclear cell differentiation was then detected by infecting THP-1 and HL60 cells with FOXP1 or BART11 lentiviral vector.

**Results** We examined the transient expression of FOXP1 in the differentiation of THP-1 monocytes into macrophages induced by PMA. The results showed that FOXP1 was down-regulated in monocyte-to-macrophage transformation. Lentiviruses encoding FOXP1 or BART11 infected THP-1 and HL60 cells were treated with PMA to induce differentiation. The results showed that BART11 down-regulated FOXP1 at mRNA and protein levels. In addition, we found that FOXP1 expression hinders PMA-induced THP-1 and HL60 cell differentiation, and BART11 overexpression promotes this process. Since FOXP1 is essential for monocyte differentiation and macrophage function, BART11 may also play a role in monocyte differentiation. To investigate the role of FOXP1 and BART11 in PMA-induced monocyte differentiation, THP-1 and HL60 cells were infected with lentiviral vector to overexpress FOXP1 or BART11. The data show that overexpression of FOXP1 prevents PMA-induced cell proliferation and morphological macrophage-like differentiation, whereas the higher expression of BART11 promotes this progression.

**Conclusions** BART11-3p and BART11-5p directly target FOXP1 expression. BART11 promotes the differentiation and maturation of human monocyte-macrophages by down-regulating FOXP1. Lentiviral vector is an effective tool for gene transfer and expression in monocyte.

## PU-2419

### H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 对 BeWo 细胞 syncytin-1 表达的影响

庄学伟

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 采用过氧化氢 (hydrogen peroxide, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) 作为外源性自由基生成系统, 观察其对 BeWo 细胞 syncytin-1 基因表达的影响, 从细胞及分子水平探讨氧化应激在子痫前期发病中作用及其可能的机制。

**方法** 实时荧光定量 PCR 法检测不同浓度 (50μmol/L、100μmol/L 和 200μmol/L) 外源性 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 对培养的 BeWo 细胞 syncytin-1 基因表达的影响。

**结果** 50μmol/L、100μmol/L 和 200μmol/L H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 三组中 100μmol/L 的 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 对 syncytin-1 基因表达影响最大, 外源性 100μmol/L H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 组与对照组相比, syncytin-1 表达 24h 升高, 48 小时达峰值, 72 小时降低。

**结论** H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 可影响 syncytin-1 基因的表达, 氧化应激可能是子痫前期发病机制之一。

## PU-2420

### 血清胃蛋白酶原检测对萎缩性胃炎和胃癌的临床价值

史进方, 韩小磊

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 通过检测萎缩性胃炎和胃癌病人外周血血清 PGI(Pepsinogen, 胃蛋白酶原)、PGII, 计算 PGR (PGI/PGII), 探讨血清 PGI、PGII 和 PGR 对萎缩性胃炎和胃癌的诊断价值及其对胃癌分期和复发的临床意义。

**方法** 萎缩性胃炎组 122 例, 胃癌组 117 例 (胃癌 I 期组 13 例、胃癌 II 期组 47 例、胃癌 III 期组 41 例、胃癌 IV 期组 16 例), 胃癌术后稳定组 26 例, 术后复发组 11 例, 健康对照组 120 例, 检测外周血血清 PGI、PGII, 计算 PGR。

**结果** 萎缩性胃炎组、胃癌组与健康对照组相比 PGI、PGR 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ ), PGII 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 胃癌组与萎缩性胃炎组相比, PGI、PGR 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ ), PGII 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 胃癌 I 期组、II 期组、III 期组、IV 期组血清 PGI 依次降低,



PGII、PGR 变化不大；胃癌术后复发组血清 PGI、PGII 与术后稳定组相比反而异常升高 ( $P<0.01$ )，PGR 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** PGI、PGR 可以作为萎缩性胃炎和胃癌的诊断指标，PGI 对胃癌分期具有一定的临床价值，术后血清 PGI 和 PGII 转而升高提示胃癌有复发风险。

## PU-2421

### 神秘的腹腔引流液

沙晓雯

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 直肠癌术后患者的引流液常规检查

**方法** 直肠癌患者术后的引流液常规细胞学检查

**结果** 涂片细胞溶解，可见大量细菌，可见胆红素结晶，可见脂滴状物，由此推断病人存在肠瘘可能。

**结论** 检验诊断为临床查找患者腹腔重度感染原因提供了诊断依据，免除了腹腔探查手术寻找病因的方案，提供了精准的优质检验服务。

## PU-2422

### 金黄色葡萄球菌 ClpP 蛋白酶对白念珠菌致病性的作用及机理

孔雯娜

上海市东方医院（同济大学附属东方医院）

**目的** 观察不同的金黄色葡萄球菌培养基上清滤液对白念珠菌菌丝和生物膜形成的抑制作用，明确金黄色葡萄球菌培养基上清滤液中抑制白念珠菌菌丝形成的物质成分，以期阐明金黄色葡萄球菌重要毒力因子调控白念珠菌致病性和药物敏感性的分子机制，为复杂感染防控提供新靶点和策略。

**方法** ①选取 2 株标准菌株和 13 株临床分离的金黄色葡萄球菌，分别用其培养基上清滤液作用白念珠菌标准菌株 SC5314，观察对白念珠菌形态转换的作用。选取具有代表性表型作用菌株进一步研究其培养基上清滤液对白念珠菌生物膜形成的影响。②通过蛋白酶 K 和蛋白浓缩管截留处理的方式，初步判断金黄色葡萄球菌培养基上清滤液中对白念珠菌菌丝有抑制作用的物质特性，并通过基于 Label free 的蛋白质组学定量分析来明确有菌丝抑制作用和无菌丝抑制作用的金黄色葡萄球菌上清液中的差异蛋白，将差异蛋白体外诱导表达后作用于白念珠菌菌丝进行筛选，找到对白念珠菌菌丝生长有抑制作用的蛋白。③通过基因插入突变和回补实验，从基因层面验证该蛋白的作用。通过 qRT-PCR 实验，研究该抑制物对白念珠菌菌丝有关基因表达水平上的影响，通过构建生物膜模型，研究该抑制物对白念珠菌生物膜形成的影响。最后采用 YeastOne 真菌药敏试验，将抑制物与临床上常用的 9 种抗真菌药物联合应用，观察其与抗真菌药物的协同或拮抗作用。

**结果** ①15 株金黄色葡萄球菌中有 12 株的培养基上清滤液对白念珠菌的菌丝形成具有明显的抑制作用，有 3 株对白念珠菌菌丝的抑制作用较弱。②蛋白质组学筛选后初步判断该物质是金黄色葡萄球菌的 ClpP 蛋白酶。③构建金黄色葡萄球菌 clpP 基因的功能缺失株和回补株也验证了 ClpP 蛋白酶对白念珠菌菌丝的抑制作用。表达纯化 ClpP 蛋白作用白念珠菌发现可以下调白念珠菌菌丝形成相关基因 Ece1、Efg1、Als3 和 Hwp1，对生物膜的形成也有抑制作用，并且与阿尼芬净、卡泊芬净、氟康唑、伊曲康唑、泊沙康唑、米卡芬净具有协同作用，可以降低抗真菌药物对白念珠菌的最低抑菌浓度。

**结论** 金黄色葡萄球菌 ClpP 蛋白酶可抑制白念珠菌酵母-菌丝态表型转换和生物膜形成,下调白念珠菌菌丝形成相关基因的表达;药敏试验表明 ClpP 蛋白酶可以降低抗真菌药物对白念珠菌的最低抑菌浓度,与抗真菌药物具有协同作用。

## PU-2423

### 肺癌患者外周血 CD4<sup>+</sup> T 细胞和单核细胞免疫分子表达水平研究

邢应如<sup>1</sup>,胡东<sup>2</sup>,胡万发<sup>1</sup>

1.安徽理工大学附属肿瘤医院

2.安徽理工大学医学院

**目的** 了解肺癌患者外周血 CD4<sup>+</sup> T 细胞亚群的 GrzB、PerF 和 CD28 分子分布,单核细胞膜粘附分子表达水平。

**方法** 随机选取正常体检者 10 例作为对照组,其中男 6 例,女 4 例,年龄 71.7±11.2 岁(M±SD),选取肺癌患者 12 例为观察组,其中男 9 例,女 3 例,年龄 66±7.43 岁,两组年龄无显著差异。留取 EDTA 抗凝血 2ml,流式细胞仪检测 CD4<sup>+</sup> T 细胞膜外 CD28 分子和膜内颗粒酶 B、穿孔素表达水平,检测单核细胞膜粘附分子 CD86、CD80 和 CD40 表达水平。SPSS17.0 统计软件比较二组差异,P<0.05 有统计学显著差异。

**结果** 正常对照组外周血 CD4<sup>+</sup> T 细胞中,CD28<sup>-</sup>、GrzB<sup>+</sup>和 PerF<sup>+</sup>细胞分别为 12.41±8.74%、9.05±3.22%、3.00±2.77%,单核细胞膜外 CD86、CD80 和 CD40 分子表达的荧光强度分别为 43.69±5.21、72.49±39.1、45.16±12.74;肺癌观察组外周血 CD4<sup>+</sup> T 细胞中,CD28<sup>-</sup>、GrzB<sup>+</sup>和 PerF<sup>+</sup>细胞分别为 30.05±18.71%、18.69±10.93%、13.75±11.01%,单核细胞膜外 CD86、CD80 和 CD40 分子表达的荧光强度分别为 42.54±11.18、26.8±7.6、25.27±8.49;CD4<sup>+</sup>T 细胞表达较高水平的 GrzB 和 PerF;肺癌患者外周血 CD4<sup>+</sup> T 细胞中 CD28<sup>-</sup>、GrzB<sup>+</sup>和 PerF<sup>+</sup>细胞显著高于正常对照组(P<0.05),肺癌患者外周血单核细胞膜外 CD80 和 CD40 分子表达水平显著低于正常对照组(P<0.001)。

**结论** 肺癌患者外周血 CD4<sup>+</sup> CD28<sup>-</sup>T 细胞增多和单核细胞 CD80、CD40 分子水平显著降低,提示辅助性 T 细胞和单核细胞的粘附功能降低可能是肺癌患者产生肿瘤免疫抑制的重要途径,CD4<sup>+</sup> T 细胞的 GrzB 和 PerF 表达水平升高可能是肺癌患者的炎性损伤途径。

## PU-2424

### 高分辨溶解曲线法在慢性淋巴细胞白血病患者 NOTCH1 基因突变检测中的应用研究

徐晶晶

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** NOTCH1 基因突变状态与慢性淋巴细胞白血病(chronic lymphocytic leukemia, CLL)患者的化疗耐药、疾病进展、预后不良直接相关。明确 CLL 患者的 NOTCH1 突变状态,对于指导临床医生用药选择和预后判断具有重要的临床意义。

**方法** 以诊断明确的 133 例 CLL 初诊患者为研究对象,取抗凝骨髓液 1mL,常规经淋巴细胞分离液密度梯度离心分离出单个核细胞,并用 CD19<sup>+</sup>磁珠分选 CD19<sup>+</sup>细胞,并经流式细胞仪检测,留取 CD5<sup>+</sup>CD19<sup>+</sup>细胞≥95%的细胞,提取基因组 DNA。分别以高分辨率熔解曲线(High-resolution melting, HRM)法和直接测序法分析同一份 CLL 样本,比较两种方法在 NOTCH1 突变状态检测

上的差异性。分别制备携带 50%、20%、10%、5% 和 1% NOTCH1 (c.7541\_7542delCT) 突变量的样本, 用于分析 HRM 法和直接测序法的敏感性。

**结果** 采用 HRM 法检测发现, 133 例 CLL 样本中共有 8 例 (6.02%) 患者存在与野生型样本完全不同的溶解曲线模式, 即存在 NOTCH1 突变, 其中经测序法验证, 以 c.7541\_7542delCT 突变为代表的共有 7 例, 以 c.7535\_7536insC 突变为代表的共有 1 例。直接测序法检测发现, NOTCH1 突变率为 6.02% (8/133), 且阳性标本与 HRM 法检测结果完全一致。两种方法的敏感性分析结果显示, 直接测序法对 NOTCH1 突变的检出敏感性为 10%, 检测周期 (turn-around-time, TAT) 为 3 天, 而 HRM 法能够达到 1% 的敏感性, 并将 TAT 缩短至 0.5 天。

**结论** 本研究成功建立了在 CLL 中检测 NOTCH1 基因突变状态的高效、快速、可靠的 HRM 检测体系, 可用于 CLL 患者疾病状态和预后判断的高通量筛查!

## PU-2425

### 云南曲靖市 631 例肺癌患者临床特征分析

王宁,尹春琼,孙继芹  
云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 分析 631 例肺癌患者的病理类型、性别、年龄、地域分布、吸烟、肺部疾病史等临床特征变化。

**方法** 回顾分析我院 2015 年至 2018 年 6 月收治的 631 例肺癌患者的临床资料。

**结果** 1、631 例肺癌患者中腺癌 378 例、占 59.90%, 鳞癌 197 例、占 31.22%, 小细胞肺癌 44 例、占 6.97%, 其他: 12 例、占 1.90%; 2、肺癌男、女比例为 1.79:1, 男性多于女性; 女性以腺癌为主, 男性鳞癌患者明显高于女性; 3、肺癌患者平均发病年龄 61.91 岁; 女性平均 61.17 岁、男性平均 62.62 岁, 高发年龄为 51-70 岁, 男性发病年龄高于女性; 4、肺癌患者地域分布为: 麒麟区、宣威、富源、沾益最为高发。5、本组肺癌吸烟率 46.27%, 其中鳞癌、小细胞肺癌的吸烟率较高, 分别为 76.85%、69.23%, 腺癌吸烟率相对较低, 占 34.13%; 吸烟与肺癌的病理学类型具有相关性; 6、本组病例中既往有慢性肺部疾病史的共 101 例, 占 16.01%。

**结论** 1、腺癌已超过鳞癌成为最多发的病理类型, 2、不同性别肺癌的病理类型存在差异, 女性肺癌 86% 以上为肺腺癌, 94% 以上的肺鳞癌为男性; 3、肺癌高发年龄为 51-70 岁; 4、麒麟区、宣威、富源、沾益是曲靖市肺癌最为高发地区; 5、吸烟者肺癌病理类型以鳞癌、小细胞癌为主, 非吸烟者以腺癌为主; 6、慢性肺部疾病史、高危职业可以明显增加患肺癌的风险。

## PU-2426

### 辽宁省男男同性恋人群 HIV-1 主要流行株特征研究

安明晖,栾红,韩晓旭,尚红  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 男男同性恋人群 (men who have sex with men, MSM) 是我国 HIV-1 感染增长最迅速的人群, 并且感染后疾病进展快。我国是 HIV-1 流行毒株最复杂国家之一, 2 个 CRF01\_AE 和 1 个 CRF07\_BC 簇是 MSM 人群最主要的 HIV-1 毒株。本研究探讨 MSM 人群 HIV-1 主要流行毒株的特征和致病机制。

**方法** 采用深度测序方法获得辽宁 MSM 人群急性期感染者 HIV-1 包膜蛋白 V3 区序列, 以 1.32% 的测序错误率对原始序列处理后构建系统进化树确定感染亚型及准种构成, 通过在线工具 Geno2Pheno 预测毒株共受体使用情况, 通过 PSSM 和 N-glycan 确定 V3 区电荷数和糖基化位点数目, Geno2Pheno 中假阳性率 (false positive rate, FPR) 越小, V3 区电荷数越多, 以及 V3 区糖基化位点越少, 毒株越可能利用 CXCR4 受体。

**结果** 系统进化分析确定 56 例 HIV-1 纯亚型毒株感染病例, 平均感染天数为 34 天 (16-93 天), 基线点平均病毒准种数为 11 个 (2-23 个), 24 例有至少 2 个采样点, 最长随访时间达 33 个月。56 例感染者中 13 例属于 CRF01\_AE 第 1 簇, 36 例属于 CRF01\_AE 第 2 簇, 7 例属于 CRF07\_BC 簇。基线点序列分析发现: 与 CRF07\_BC 相比, CRF01\_AE 准种的 FPR 小 ( $p<0.001$ ), V3 区电荷数少 ( $p<0.001$ ), V3 区糖基化位点少 ( $p<0.05$ )。在 CRF01\_AE 中, 第一簇的 FPR 更小 ( $p<0.001$ ), 但 V3 区电荷数和糖基化位点多 ( $p<0.001$ ), 进一步以 FPR $<5\%$  为界, 第一簇中有 54% 的毒株可能利用 CXCR4 受体, 但第二簇只有 3% 利用 CXCR4 受体。24 例具有多个采样点序列分析发现, 22 例基线利用 CCR5 受体的毒株中有 9 例的 FPR 随感染时间减少, 提示可能发生嗜性转换。

**结论** CRF01\_AE 是辽宁 MSM 人群 HIV-1 主要流行株, 以第二簇为主。MSM 人群 HIV 感染者疾病进展快可能与感染 X4 嗜性或易于向 X4 嗜性转换的毒株有关。

## PU-2427

### Study on the Role of Epstein-Barr Virus and Helicobacter Pylori in the Inflammation-Cancer Evolution of Gastric Cancer

Yali Song, Ting-Ting Zeng  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Chronic tissue damage caused by Helicobacter pylori (Hp)-driven inflammation is considered to be a major risk factor for the development of gastric cancer. Epstein-Barr virus (EBV) infection is also associated with gastric cancer. In this study, we aimed to explore the role of EBV in the "inflammatory-cancer" evolution process of gastric cancer and the increased infection risk of Hp.

**Methods** We retrospectively analyzed the expression of EBV, Hp and inflammatory factors, such as IL-6, IL-8, IL-10 and TNF- $\alpha$  in 200 patients with stomach cancer and 100 patients with gastritis in southwest China. Gastric patients were categorized according to the updated Sydney classification and analyzed for clinical baseline conditions. The association between EBV, Hp infection status, and severity of inflammation was also analyzed.

**Results** We found a significant association between EBV and Hp positive precancerous lesions and intestinal type gastric cancer. Coinfection with EBV and Hp was also significantly associated with increased secretion of inflammatory cytokines.

**Conclusions** Our study shows that EBV and Hp are involved in the induction of severe inflammation and increase the risk of intestinal type gastric cancer.

## PU-2428

### M 蛋白检测在浆细胞病中的诊断意义

刘爱平, 刘瑞来, 胡尧, 方京冲, 刘琴, 张弢  
复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 提高对血清免疫固定电泳 M 蛋白阳性病例的诊断与鉴别诊断, 减少漏诊与误诊。

**方法** 收集 2007 年 9 月至 2018 年 9 月华山医院 M 蛋白免疫固定电泳阳性患者 211 例, 分析病种分布并对不同 M 蛋白阳性疾病谱构成进行比较。

**结果** 211 例患者中, IGA 型 64 例, 其中  $\kappa/\lambda$  为 25/39, 统计出现频率最高的 3 种疾病分别为多发性骨髓瘤, POEMS 综合征和 MGUS; IGG 型 78 例, 其中  $\kappa/\lambda$  为 38/40, 统计出现频率最高的 3 种疾病分别为多发性骨髓瘤, MGUS 和浆细胞瘤; IGM 型 25 例, 其中  $\kappa/\lambda$  为 18/7, 统计出现频率

最高的 3 种疾病分别为 MGUS，非霍奇金淋巴瘤和华氏巨球蛋白血症；IgD 型 7 例，其中  $\kappa/\lambda$  为 2/5，统计出现频率最高的 3 种疾病分别为：多发性骨髓瘤和特指器官淀粉样变性，浆细胞性白血病；游离轻链阳性共 37 例，其中  $\kappa/\lambda$  为 21/16，疾病前三名分别为多发性骨髓瘤，MGUS 和慢性淋巴细胞白血病。

**结论** 免疫固定电泳阳性患者不同种类 M 蛋白所对应的疾病谱不同，需结合临床特征综合考虑。

## PU-2429

### 代谢组学分析在妊娠糖尿病与子痫前期研究中的应用

马亚楠,张磊,李倪,张健东  
天津市第三中心医院,300000

**目的** 应用质谱技术比较妊娠糖尿病与子痫前期患者血清代谢轮廓的差异，建立疾病区分模型并寻找差异性的特征代谢物，为疾病的发生发展和诊疗提供新的思路。

**方法** 实验对象为 2018 年 3 月至 2018 年 8 月在天津市第三中心医院就诊的 25 例妊娠糖尿病患者（GDM 组）和 20 例子痫前期患者（PE 组），另选择同期产检的正常妊娠孕妇（P 组）25 名作为对照组，应用超高效液相色谱与质谱联用仪（UPLC-MS）对所有血清样本进行分析，统计并筛选出存在统计学差异的特征代谢物离子，并进行鉴定分析。

**结果** 成功构建了 GDM 组和 PE 组血清代谢轮廓模型，筛选并鉴定出 9 种差异特征代谢物，分别是溶血磷脂酰胆碱类物质 LPC 18:0、LPC 22:6、LPC 16:0、14-甲基十六烷酸、二十二酸、棕榈酸、神经鞘氨醇、植物鞘氨醇和 1，25-二羟基维生素 D3-26，23 内酯。其中 6 种代谢物在 GDM、PE 和正常妊娠三组间差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ），即 LPC 22:6、二十二酸、棕榈酸、神经鞘氨醇和 1，25-二羟基维生素 D3-26，23 内酯。

**结论** 构建代谢轮廓判别模型具有很强的区分 GDM 组和 PE 组患者的能力，筛选出的特征代谢物能够早期反映患者脂类及钙磷等代谢的紊乱状态，为探讨疾病的发生发展和诊治提供参考和帮助。

## PU-2430

### 网织血小板计数及 JAK2V617F 基因突变在骨髓增殖性肿瘤 并发血栓性疾病的应用

伏俊,任静  
广元市中心医院

**目的** 探究网织血小板及 JAK2V617 基因突变检测在骨髓增殖性肿瘤（MPN）并发血栓性疾病的临床应用。

**方法** 收集 2015 年 3 月至 2019 年 3 月广元市中心医院收治的骨髓增殖性肿瘤患者及同期的健康对照组，根据是否发生血栓分为研究对象共 3 组：病例组为确诊为 MPN 且没有血栓并发症的患者；血栓组为同期确诊为 MPN 并发动脉或静脉血栓形成者；对照组为同期健康体检者；检测病例组及血栓组 JAK2V617 基因突变，同时检测所有研究对象外周血网织血小板，并分析其相关性。

**结果** 1. 血栓组 JAK2V617 基因突变阳性率高于病例组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。2. 血栓组网织血小板计数高于病例组及对照组，且病例组 JAK2V617 网织血小板计数高于对照组差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。3. 网织血小板与血栓有正相关关系、JAK2 基因突变与血栓存在正相关关系。

**结论** 网织血小板数值升高、JAK2V617 基因突变阳性与 MPN 患者发生血栓率成正比，JAK2 基因突变及网织血小板成为评估 MPN 患者血栓早期发生的检查手段。

## PU-2431

**HERVWE1 在子痫前期胎盘组织的定量分析**

庄学伟

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 检测正常孕妇及子痫前期患者胎盘中人内源性逆转录缺陷病毒 (human endogeneous retrovirus, HERV)W 家族的包膜蛋白基因 HERVWE1 的表达情况,探讨 HERVWE1 基因在子痫前期发病机制中的作用。

**方法** 采用采用 real time-PCR 和 Western blot 法检测正常孕妇和子痫前期患者胎盘中 HERVWE1 基因和蛋白表达情况

**结果** 以 GAPDH 为内参照基因,子痫前期组胎盘中 HERVWE1 和 HCS mRNA 表达水平与正常组相比明显降低,差异有统计学意义( $P<0.05$ ); GCMA 和 ASCT2 两组比较差异无统计学意义( $P>0.05$ )。Western blot 结果显示 HERVWE1 蛋白在 3P 表达比 3N 弱。

**结论** 子痫前期患者胎盘 HERVWE1 表达明显降低,异常的 HERVWE1 表达与子痫前期发病有关,但其受体 ASCT2 与子痫前期发病无关。

## PU-2432

**TB-IGRA 试验在结核病诊断中的价值**

虞珊珊,谭琪,赵泓喆,范列英

上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 评价外周血的结核分枝杆菌  $\gamma$ -干扰素释放试验(interferon gamma release assay, TB-IGRA)在结核病诊断中的作用。

**方法** 回顾性分析 2018 年 8 月 1 日至 2019 年 3 月 14 日在同济大学附属东方医院住院怀疑为结核病患者 89 例,其中最终确诊结核病患者 28 例,非结核病患者 61 例。所有患者进行 TB-IGRA 检测、腺苷脱氨酶(adenosine deaminase, ADA)检测以及痰涂片抗酸染色检查。计算 TB-IGRA 和 ADA 检测的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值以及三种检测方法阳性率,绘制受试者工作特征曲线(Roc),计算曲线下面积,比较 TB-IGRA、ADA 检测、痰涂片抗酸染色检查以及联合诊断在结核病诊断中的作用。

**结果** TB-IGRA 检测的灵敏度为 89.29% (25/28), 特异度为 81.97% (50/61), 阳性预测值为 69.44% (25/36), 阴性预测值 94.34% (50/53)。ADA 检测的灵敏度为 75.00% (21/28), 特异度为 75.41% (46/61), 阳性预测值为 58.33% (21/36), 阴性预测值为 86.79% (46/53), 对比 ADA 单项检测有统计学意义( $P<0.05$ )。TB-IGRA、ADA 检测和痰涂片抗酸染色检查对结核病敏感性分别为 89.29%、75.00%和 53.57%, 计算 ROC 曲线下面积, TB-IGRA 检测曲线下面积(0.913)高于 ADA 检测(0.768)和痰涂片检查(0.768), 联合三项检查 ROC 曲线下面积最大(0.934)。

**结论** TB-IGRA 可以辅助临床诊断结核病或排除结核病, TB-IGRA 联合 ADA 及痰涂片抗酸染色检查有助于结核病的早期诊断。

## PU-2433

## 某地区 IVD 在基层医疗机构开展情况调查分析

冯宁

黔西南州人民医院,562400

**目的** 为了解基层医疗机构 IVD 开展情况, 为加强基层医疗机构 IVD 建设管理提供依据。

**方法** 根据国家相关标准规范, 采用现场调查及问卷调查两种方式, 内容涉及基层医疗机构性质、质量控制情况、与 IVD 供应商合作情况、继续教育等相关内容。

**结果** IVD 在基层医疗机构开展状况参与调查二级医院有 11 家, 基层一级医院有 26 家, 民营医院有 29 家, 二级医疗机构及民营二级医院均有检验专职人员占比 100% (11/11, 2/2), 一级医院检验专职人员占比 19.23% (5/26), 民营医院占比 27.59% (7/29); 一级医院质量开展情况, 参加省级以上室间质评的一级医院占比为 30.77% (8/26), 民营医院占比为 13.79% (4/29)。

**结论** 加强基层医疗机构 IVD 建设与管理, 规范质量控制与目标管理, 是目前急需持续改进的问题。

## PU-2434

## Down-regulation of lncRNA OGFRP1 inhibits NSCLC progression through PI3K/AKT pathway

Xuewei Zhuang, Yi Zhang

Shandong University Qilu Hospital

**Objective** To evaluate the function of lncRNA OGFRP1 in non-small-cell lung cancer (NSCLC).

**Methods** We screened the most effective si-lncRNA (si-OGFRP1) to down-regulate the expression of lncRNA OGFRP1 in A549 cells. CCK8 assay indicated that si-OGFRP1 significantly inhibited cell proliferation in A549. Flow cytometry detection demonstrated that si-OGFRP1 inhibited cell cycle arrest and induced apoptosis in A549. Apoptosis associated gene expression was found down-regulated by western blotting assay. Transwell assay indicated that si-OGFRP1 inhibited A549 cell migration and invasion. Then we examined the expression of key proteins in PI3K/AKT pathway by western blotting.

**Results** The expression of lncRNA OGFRP1 in NSCLC patients was elevated by 2 fold compared to that in normal controls ( $P < 0.05$ ). The OD value of si-OGFRP1 group was 1.121 after 96 h transfection, which was significantly reduced than that in siNC group (1.435). We could see that cell density of si-OGFRP1 group was lower than siNC group and many cells lost their normal cell morphology to turn into round. Compared to nearly complete covering the well in siNC group, the wound width in si-OGFRP1 group remained relatively greater ( $P < 0.05$ ). The relative migrated area at 24 h also suggested a significant difference between siNC and si-OGFRP1. Down-regulation of lncRNA OGFRP1 decreased phosphorylation level of AKT without changing AKT expression, which further changed down-stream proteins expression or phosphorylation level, such as P70 S6K, P53, cyclinD1, Raf, ERK.

**Conclusions** we demonstrated that down-regulation of lncRNA OGFRP1 inhibited the progression of NSCLC by repressing PI3K-AKT signaling pathway.

## PU-2435

**乙肝五项与 HBV-DNA 定量检测结果对比分析**

陶娅琳,毛德超,孙继芹  
云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 探究乙肝五项与 HBV-DNA 定量检测结果对于乙型肝炎检测及防治的作用。

**方法** 统计我院 2017 年 1 月-2018 年 12 月入院诊治的 2297 例乙肝五项阳性患者, 比较其乙肝五项与 HBV-DNA 定量检测结果的相关性, 总结疾病的特点。

**结果** 2297 例患者的乙肝五项存在不同的阳性指标,根据 HBsAg 和 HBsAb 阴阳性将不同模式分为 A、B、C 三组, A 组在乙肝五项水平比较和 HBV-DNA 定量结果比较中, 均具有差异性 ( $P<0.01$ );2297 例乙肝患者中, 717 例 HBV-DNA 检测结果阳性, 其中 A 组病毒拷贝量最高, 病毒复制能力最强, 传染力大较强。

**结论** 乙肝五项的检测可准确反应病毒携带状态, HBV-DNA 定量检测结果可准确反应病毒的复制情况, 研究乙肝五项与 HBV-DNA 检测结果相关性为乙肝患者的诊断与治疗提供可靠依据。

## PU-2436

**线粒体自噬在非小细胞肺癌放疗耐受中的作用及机制研究**

昌明晖,宋兴国,宋现让  
山东省肿瘤医院,250000

**目的** 本研究以非小细胞肺癌为研究对象, 拟验证细胞内线粒体是放射线的主要靶点, 线粒体自噬是癌细胞耐受辐射的主要手段, 并深入探索癌细胞耐受辐射的相关调控机制, 为临床上克服放疗耐受提供理论依据和干预靶点。

**方法** 构建 A549、SPC-A1、H520 等非小细胞肺癌辐照耐受细胞系, 采用体内外辐照敏感性检测我们建立的辐射耐受模型。采用电镜, 免疫荧光, Western blot, PCR 等分子生物学技术对 A549、SPC-A1、H520 等非小细胞肺癌辐照耐受细胞系进行线粒体及溶酶体功能, 线粒体形态, 线粒体自噬状态的检测, 同时 Western Blot 检测相关分子通路。

**结果** 我们发现在非小细胞肺癌细胞 H460 内随着 X 射线剂量的增多, 细胞内线粒体的损伤明显增强。非小细胞肺癌细胞 A549 在 X 射线照射后, 透射电镜观察 X 射线能够诱导线粒体自噬的发生。非小细胞肺癌细胞 A549 进行 X 射线照射后, 克隆形成实验发现, 线粒体自噬诱导剂尼克酰胺能明显增强辐照耐受, 而自噬抑制剂 Baf.A1 能降低辐照耐受。

**结论** 本研究发现放射线可以引起线粒体损伤, 进而诱导线粒体自噬, 确立了线粒体自噬在辐照耐受中的重要作用, 发现癌细胞可通过线粒体自噬提高癌细胞对辐射的耐受能力。

## PU-2437

**结直肠癌肝转移患者中循环肿瘤 DNA、原发灶和转移灶中的体细胞突变比较**

周鹏  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 检测结直肠癌肝转移患者中循环肿瘤 DNA、原发肿瘤和转移瘤配对标本的体细胞突变情况。



**方法** 12 例转移性结直肠癌（MCRC）患者肝转移瘤切除术后，分别获取了每例患者的游离 DNA（cfDNA），原发肿瘤，转移性肝组织，正常肿瘤邻近结肠或肝组织以及全血。研究靶向 NGS 方法鉴定 ctDNA 中的体细胞突变的可行性，并与 OnTarget 分析中所体现的同步阻力改变技术以及数字 PCR（dPCR）选择突变的突变等位基因富集之前的 NGS 进行了比较。所有组织和 cfDNA 样本都进行了 IonPGM（离子个人基因组仪）测序，对 CRC 特异性的 21-基因组进行了标准化分析和改进的调用管道分析。此外，用 OnTarget 法和 dPCR 法分析 cfDNA、全血和正常组织 DNA 在相应原发和/或转移性肿瘤组织中的特异性突变。

**结果** 10 例患者检测到了 APC、ATM、CREBBP、FBXW 7、KRAS、KMT2D、PIK3CA 和 TP 53 基因突变，改进的调用管道 NGS 分析方法优于标准化 NGS 分析方法。应用此方法，血浆中变异等位基因频率的范围以 1% 至 10% 不等，导致 ctDNA 与原发肿瘤（39%）和转移灶（55%）之间的一致性有限。通过 OnTarget 测定（80%）和数字 PCR（93%）评估 ctDNA 对 KRAS，PIK3CA 和 TP53 突变的一致性，ctDNA 与组织之间的一致性显著改善。此外，在大多数患者的具有正常形态的肿瘤邻近组织中观察到突变，而在全血中未观察到这些突变。

**结论** 在转移性结直肠癌患者中，对 cfDNA 的 NGS 是可行的，但对检测组织中存在的所有体细胞突变的敏感性有限。在 NGS 之前使用数字 PCR 和突变等位基因富集对体细胞突变的检测更为敏感。

## PU-2438

### 苏州地区 HIV 感染者耐药基因突变位点分析

宋艳辉

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 对苏州地区 HIV 感染者 pol 基因区耐药位点进行分析，了解其耐药位点发生突变的数量、位置及意义，明确苏州地区 HIV 感染者的耐药突变发生情况，从而为艾滋病的预防和治疗方案的制订提供相应的参考。

**方法** 收集经苏州市疾病预防控制中心确认的 411 例 HIV 阳性血清标本，根据实验室 In-house 检测流程提取病毒 RNA，采用一步法逆转录 PCR、巢式 PCR 对 411 例 HIV 阳性标本进行基因扩增并测序，最终得到 216 例 pol 基因区序列，使用斯坦福大学 HIV 耐药数据库对 216 例 HIV 感染者 pol 基因区进行耐药位点分析。

**结果** 结果表明 216 例 HIV 感染者中有 36 例产生了不同程度的耐药，耐药率为 16.67%。对蛋白酶抑制剂 PI 产生的耐药突变位点为 V82S、M46L，次要抗性突变为 T74P、M46V、G73R、I50M；对核苷类逆转录酶抑制剂 NRTI 产生的耐药突变位点为 A62V、T215THNP；对非核苷类逆转录酶抑制剂 NNRTI 产生的耐药突变位点为 31 个，分别是 E138A、E138Q、V179D、V179E、V106I、V108、IL100I、P225H、M230L。耐药病毒亚型以 CRF01-AE 亚型为主。

**结论** 此次 HIV 感染者 pol 基因区耐药位点分析表明苏州地区 HIV 感染者的耐药突变发生率和实际耐药率都较低，耐药突变大多发生于逆转录酶区且主要是对 NNRTI 类药物产生耐药，多数为潜在低水平耐药。尽管苏州地区 HIV 耐药率较低，但我们仍应建立对患者耐药性监测的长效机制，最大程度的降低 HIV 耐药的发生。

## PU-2439

## BV 不孕患者阴道分泌物中沙眼衣原体感染情况分析

李莎,吕俊霖,邓锦轩,郑渠,温子娜  
成都西囡妇科医院

**目的** 分析细菌性阴道病 (Bacterial vaginosis, BV) 不孕患者阴道分泌物中沙眼衣原体 (Chlamydia trachomatis, CT) 的感染情况, 探讨 BV 与 CT 是否具有共生性

**方法** 对 2019 年 3~4 月来我院门诊初诊的 4530 例不孕患者的阴道分泌物进行 BV 检查, 根据检查结果分为 BV 阳性组和 BV 阴性组, 采用实时荧光定量聚合酶链反应法 (FQ-PCR) 检测两组的 CT DNA, 对检测结果进行统计学分析, 计算  $p$  值, 以  $p < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** BV 阳性组 (195 例) 和 BV 阴性组 (4335 例) 的 CT 阳性率分别为 5.6% (11 例) 和 4.2% (181 例), 差异无统计学意义 ( $p > 0.05$ )。

**结论** 沙眼衣原体具有严格的细胞内寄生的生物学特性, BV 的存在与 CT 的生长无明显一致性。临床上对于不孕患者的生殖道感染, 应同时筛查 BV 和 CT。

## PU-2440

## ApoE 基因型对他汀类药物调脂疗效的影响

何思颖<sup>1</sup>, 杜鹏辉<sup>2</sup>, 张磊<sup>1</sup>, 杨娜<sup>1</sup>, 郑芳<sup>1</sup>  
1. 武汉大学中南医院, 430000  
2. 中国地质大学 (武汉) 医院

**目的** 探讨载脂蛋白 E (apolipoproteins e, ApoE) 基因型对于他汀类药物调脂效果的影响。

**方法** 收集 2016 年 9 月~2017 年 4 月于武汉大学中南医院就诊的血脂异常伴他汀类用药记录患者 223 例, 收集其全血、血清样本和临床资料。Sanger 测序确定 ApoE 基因型, 用药前后分别检测血清总胆固醇 (total cholesterol, TC)、三酰甘油 (total triglyceride, TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (high density lipoprotein cholesterol, HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (low density lipoprotein cholesterol, LDL-C) 和脂蛋白 a (lipoprotein a, Lp(a)) 水平。将受试者归为 E2 (e2/e2&e2/e3), E3 (e3/e3&e2/e4), E4 (e3/e4&e4/e4) 3 个表型组, 方差分析比较各组“血脂变化率”, 并联合药物分类及吸烟饮酒状况分析。

**结果** 表型组分析显示 3 组在 TC、TG、HDL-C 和 LDL-C 的血脂变化率有差异且差异具有统计学意义 (分别有  $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ,  $P = 0.009$ ,  $P = 0.001$ ), Lp (a) 差异无统计学意义 ( $P = 0.324$ )。各表型对不同种类他汀药物敏感性存在差异趋势。吸烟饮酒对 TC 降脂效果存在影响, 其变化率在表型组间的差异有统计学意义 ( $P = 0.032$ )。

**结论** ApoE 基因型影响他汀类药物调脂能力, 各表型用药者 TC, TG, HDL-C 和 LDL-C 水平均改善, 改善程度 E2 型>E3 型>E4 型, 吸烟饮酒对 ApoE2 型患者的他汀药物降 TC 效果影响显著。

## PU-2441

## BST-2 在肝细胞癌发展中的功能研究

赵艳华, 丰妹, 王中浩, 李冬冬, 陶传敏  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 研究 BST-2 对肝细胞癌 (Hepatocellular Carcinoma, HCC) 中的生物学功能, 预期为 HCC 的诊断和治疗提供潜在的靶点。

**方法** 通过质粒转染及 siRNA 干扰的方法构建 BST-2 肝癌过表达和敲减细胞系。利用 MTT 生长实验、划痕愈合实验、Transwell 侵袭和迁移实验, 调查 BST-2 对肝癌细胞增殖和侵袭转移方面的影响。利用慢病毒载体构建过表达 BST-2 的肝癌细胞系, 通过裸鼠肝脏原位移植瘤的方法在体内环境中研究 BST-2 对皮下瘤和肝脏原位移植瘤生长、肿瘤在肝内转移及肺转移的影响。

**结果** MTT 生长实验结果显示过表达 BST-2 的 Huh7<sup>BST-2</sup> 细胞的增殖速度减慢 ( $P<0.05$ ), 敲减 BST-2 的 HepG2<sup>siBST-2</sup> 细胞的增殖速度增强 ( $P<0.05$ )。划痕愈合实验结果显示, 过表达 BST-2 的 Huh7<sup>BST-2</sup> 细胞的迁移运动明显下降 ( $P<0.01$ ), 敲减 BST-2 的 HepG2<sup>siBST-2</sup> 细胞的迁移运动能力明显增强 ( $P<0.001$ )。Transwell 结果显示, 过表达 BST-2 的 Huh7<sup>BST-2</sup> 细胞的迁移和侵袭能力降低 ( $P<0.05$ )。敲减 BST-2 后的 HepG2<sup>siBST-2</sup> 细胞迁移和侵袭能力增强 ( $P<0.05$ )。裸鼠肝脏原位移植瘤实验显示过表达 Huh7<sup>BST-2</sup> 组肝脏原位移植肿瘤体积明显比 Huh7<sup>NC</sup> 组减小 ( $P=0.017$ )。Huh7<sup>BST-2</sup> 组裸鼠肝内和肺脏转移率低于 Huh7<sup>NC</sup> 组 (50% vs 83.33%)。

**结论** 本研究通过体外实验和体内实验证明了 BST-2 抑制肝癌细胞生长和转移的功能, 为 HCC 的靶向治疗提供了一个新策略。

## PU-2442

### 胎儿染色体非整倍体无创产前基因检测的重复性验证

宋艳辉

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 随着 NIPT 等技术不断成熟完善, 相关检测已成为医生和孕妇双方的首选。特别是随着新一代高通量基因测序技术的不断成熟, 新的技术平台为 NIPT 检测大规模推广应用提供了新的动力。NIPT 是一种非侵入性的产前检测技术, 目前主要方式是采集孕妇外周血, 并从中提取胎儿游离 DNA, 采用二代测序的方法判断胎儿基因型和发育状况。相较于传统的血清学检查, NIPT 对于 21/18/13 三体综合征检测的灵敏度和特异性, 均达到了非常高的水平。为确定新开展的胎儿染色体非整倍 (T21、T18、T13) 无创产前基因检测是否满足临床检测要求, 对其中的重复性进行性能验证。

**方法** 在已进行 NIPT 检测的样本中筛选 68 例 NIPT 结果为阴性的样本。随机分为 2 组进行混合, 对混合后二个不同 DNA 浓度水平的样本 E1、E2 进行重复性验证。根据核酸提取试剂说明书、二代测序文库试剂盒说明书、文库定量试剂盒说明书以及测序反应试剂盒上的操作步骤进行实验, 对下机数据进行分析, 根据下机数据的 UR% 计算 CV%。

**结果** E1 的 Unique reads 平均值为 7.34M, Mapped reads 平均值为 9.84M; E2 的 Unique reads 平均值为 6.77M, Mapped reads 平均值为 9.09M。E1 的 UR% 为 74%-75%; E2 的 UR% 为 74%-76%。根据 UR% 计算 E1 与 E2 的 CV% 均为 1%。

**结论** 实验结果表明样本 E1、E2 的 CV% 均  $<5\%$ , 重复性验证通过。

## PU-2443

### Up-regulation of plasma acylcarnitines are associated with poor immune recovery in HIV-infected individuals

Shi Qian, Xi Chen, Tong Wu, Yu Sun, Xiaolin Li, Zining Zhang, Yajing Fu, Junjie Xu, Xiaoxu Han, Haibo Ding, Hong Shang, Yongjun Jiang

The First Affiliated Hospital, China Medical University

**Objective** The reasons for poor immune recovery of HIV-infected individuals after antiretroviral therapy (ART) remain unclear. We aimed to identify plasma biomarkers for immune recovery in HIV-infected individuals following ART.

**Methods** Twenty HIV-infected individuals were recruited and were followed up for 8 years during ART. Plasma samples from HIV-infected individuals, including immunological non-responders (INR, CD4<sup>+</sup> T cell rise < 100 cells/ $\mu$ l) and immunological responders (IR, CD4<sup>+</sup> T cell rise > 300 cells/ $\mu$ l) after 2 years of ART were analyzed using untargeted metabolomics to identify biomarkers for immune recovery, and the mechanisms underlying poor immune recovery.

**Results** Among 330 detected metabolites, 18 were significantly increased in INR compared with IR, with the main differences among the acylcarnitines. Specifically, stearyl carnitine (SC), palmitoyl carnitine (PC), oleoacyl carnitine (OC), and myristoyl carnitine (MC) were negatively associated with CD4<sup>+</sup> T cell counts and could promote CD4<sup>+</sup> T cell apoptosis ex vivo. In addition, ROC curves for the combination of MC, PC, and SC showed high sensitivity and specificity ( $p = 0.002$ , AUC = 0.91) for distinguishing INR from IR. Finally, survival analysis indicated that levels of MC ( $p = 0.043$ ) and PC ( $p = 0.004$ ) could predict the CD4<sup>+</sup> T cell counts in patients undergoing long term ART therapy.

**Conclusions** The lipid metabolites MC, PC, and SC are associated with low CD4<sup>+</sup> T cell counts. This represents a new insight into the reasons for poor immune recovery in some patients receiving ART.

## PU-2444

### 重症监护病房多重耐药菌的感染分布及耐药性分析

刘元元

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 了解我院重症监护病房分离的多重耐药菌的分布情况和药敏状况, 为临床感染监测和治疗提供依据。

**方法** 收集回顾 2018 年 1 月 1 日-2019 年 1 月 1 日我院上报至感染监测部门的多重耐药菌的病原菌种类、分布及标本来源, 并对 MIC 法检测到的多重耐药菌的药物敏感性进行统计分析。

**结果** ICU 共分离出 1369 株细菌, 其中多重耐药菌 563 株, 占 41.1%, 多重耐药菌中, 按分离率高低, 依次为: 耐碳氢酶烯类鲍曼不动杆菌 (51.2%)、产 ESBLs 肺炎克雷伯菌 (21.1%)、产 ESBLs 大肠埃希菌 (9.9%)、耐碳氢酶烯类肺炎克雷伯菌 (9.8%)、耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (5.7%)、耐碳氢酶烯类大肠埃希菌 (1.6%)、多重耐药铜绿假单胞菌 (0.5%)、耐碳氢酶烯类阴沟肠杆菌 (0.2%); 痰液、肺泡灌洗液、血、引流液、尿是最常见的送检标本。排名前五位的多重耐药菌中, 耐碳氢酶烯类鲍曼不动杆菌对抗生素敏感性由高到低依次为米诺环素 (98.6%)、替加环素 (96.1%)、阿米卡星 (71.7%)、复方新诺明 (30.0%), 产 ESBLs 肺炎克雷伯菌为头孢替坦 (99.2%)、亚胺培南 (98.3%)、阿米卡星 (95.0%)、哌拉西林/他唑巴坦 (74.8%), 产 ESBLs 大肠埃希菌为亚胺培南 (100%)、阿米卡星 (98.2%)、头孢替坦 (94.6%)、哌拉西林/他唑巴坦 (91.1%), 耐碳氢酶烯类肺炎克雷伯菌为阿米卡星 (85.5%)、庆大霉素 (83.6%)、头孢替坦 (71.7%)、左旋氧氟沙星 (70.9%), 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌为万古霉素 (100%)、利奈唑胺 (100%)、复方新诺明 (84.4%)、庆大霉素 (68.8%)。

**结论** 我院 ICU 病房多重耐药菌感染严重, 主要是耐碳氢酶烯类鲍曼不动杆菌、产 ESBLs 肺炎克雷伯菌、产 ESBLs 大肠埃希菌、耐碳氢酶烯类肺炎克雷伯菌、耐甲氧西林金黄色葡萄球菌。多重耐药菌对常用抗生素耐药严重, 建议根据药敏结果选择合适的抗生素, 一旦确定, 及早隔离, 以减少扩散和传播。

## PU-2445

## HPV 分型定量检测及其临床意义探讨

蔡贞

南方医科大学南方医院,510000

鉴于 HPV 在女性感染的普遍性以及 HPV 感染与宫颈癌的高度相关性, HPV 检测已成为宫颈癌筛查的重要方法。越来越多的研究者开始探究 HPV 不同亚型及病毒载量在宫颈高级别病变筛查、预警及预后判断中的作用, 本文总结了 HPV 分型及定量检测的研究数据, 并对其临床意义进行了探讨

## PU-2446

## 10 例新生隐球菌脑膜炎患儿的临床分析

旷凌寒,江咏梅

四川大学华西第二医院,610000

**目的** 探讨新生隐球菌性脑膜炎患儿的临床特征, 以提高该病的诊治水平及预后。

**方法** 回顾性分析四川大学华西第二医院收治的 10 例诊断为新生隐球菌性脑膜炎患儿的临床资料。

**结果** 80.00% (8 例) 隐球菌性脑膜炎患者以头痛为首发症状; 脑脊液糖 ( $2.70 \pm 0.93 \text{ mmol/L}$ ) 降低尤为显著; 所有患者均有不同程度的颅内压增高, 病原学脑脊液墨汁染色阳性患者 7 例 (占 70.00%), 隐球菌培养阳性患者 10 例 (占 100.00%), 两性霉素 B (AmpB) 联合 5-氟胞嘧啶 (5-FC) 治愈好转率 100% (10/10), AmpB + 5-FC + 氟康唑治疗的 2 例患者后期均调整为两性霉素 B (AmpB) 联合 5-氟胞嘧啶 (5-FC)。

**结论** 隐球菌性脑膜炎早期误诊率较高, 脑脊液墨汁染色、脑脊液培养试验有助于确诊; 两性霉素 B 联合 5-氟胞嘧啶仍是目前经典的抗真菌治疗方案, 早期控制真菌及颅高压是改善预后关键。

## PU-2447

## Maspin 基因在肺癌细胞 SPC-A1 中的作用机制研究

周琨

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨 Maspin 对于非小细胞肺癌细胞生物学有何影响及其作用机制。

**方法** PCR 扩增人类 maspin 编码区全长, 并构建 Maspin 过表达载体, 转染 SPC-A1 细胞。药物筛选出稳定高表达 Maspin 蛋白的细胞株, 并通过 qRT-PCR 和 Western Blotting 鉴定。通过 xCelligence 系统实时动态的观测了转染后 SPC-A1 细胞的生长, 迁移和侵袭情况。利用 Western Blotting 和 qRT-PCR 的方法对此细胞生物学变化的相关基因进行分析, 探讨相应的作用机制。

**结果** 成功构建过表达 Maspin 的载体 MSCV-Maspin, 并获得稳定高表达 Maspin 的 SPC-A1 细胞株 SPC-A1-Maspin。SPC-A1-ctrl 对照细胞和 SPC-A1-Maspin 细胞生长曲线存在差异, 过表达 Maspin 抑制了 SPC-A1 的细胞生长, 并且此抑制作用与磷酸化 Akt 下调相关。过表达 Maspin 并未影响 SPC-A1 细胞的迁移和侵袭能力, 并且 SPC-A1-Maspin 与对照细胞中 uPA, uPAR, MMP9, MMP2 和 Integrin  $\beta 1$  的表达水平也无显著差异。

**结论** Maspin 通过下调磷酸化 Akt 抑制了 SPC-A1 的生长, 但是并未影响 SPC-A1 的迁移和侵袭能力。

PU-2448

## 新型分子标志物 microRNA-25 在胰腺癌诊断的应用价值评估

蔡贞,吴梦,郑磊

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 研究 miR-25 在胰腺癌患者血清中的表达水平,探讨 miR-25 对于胰腺癌诊断和鉴别诊断应用的价值。

**方法** 分别收集病理确诊的胰腺癌患者血液样本 14 例,急、慢性胰腺炎患者血液样本 12 例和其他疾病患者血液样本 24 例,利用荧光 PCR 法对检测血清中的 miR-25 的表达水平,分析不同组别间患者血清的 miR-25 表达水平,评估 miR-25 作为胰腺癌标志物的临床诊断及鉴别诊断价值。

**结果** miR-25 的血清拷贝数在胰腺癌患者中显著高于胰腺炎患者和其他疾病患者,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。14 例胰腺癌患者中 9 例 microRNA-25 阳性 (64 %),胰腺炎组及其他疾病对照组均为阴性。而 14 例确诊胰腺癌患者中 2 例为术后一周标本,可能造成其 microRNA-25 表达下调,故校正后 microRNA-25 胰腺癌诊断灵敏度为 75%,特异性为 100%。

**结论** miR-25 在胰腺癌患者血清中具有显著较高的表达水平,可以作为胰腺癌诊断与鉴别诊断的肿瘤标志物,并对疗效判断有一定的参考价值。

PU-2449

## C57 小鼠 MHC 表达与 Lewis 肺癌发展关系的研究

庄学伟,张义,王洪春

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 通过动物实验探讨以外周血单个核细胞 MHC 为代表的宿主 MHC 表达在肿瘤发展和转移中的作用以及 Th1/Th2 漂移与肿瘤的相关性。

**方法** 50 只 C<sub>57</sub>BL/6J 纯系小鼠随机分为: A 组即正常对照组, B 组即荷瘤对照组, C 组即环磷酰胺组+荷瘤组, D 组即干扰素- $\gamma$ +荷瘤组, E 组即荷瘤+干扰素- $\gamma$  组。用药前采用流式细胞仪测外周血淋巴细胞表面 H-2K<sup>s</sup> 和 H-2D<sup>b</sup> 表达。然后对 C 组和 D 组分别腹腔注射环磷酰胺和干扰素- $\gamma$  7 天,其余两组用等量生理盐水。再测外周血淋巴细胞表面 H-2K<sup>s</sup> 和 H-2D<sup>b</sup> 表达后,接种 Lewis 肺癌细胞株, C 组和 D 组停药而改用等量生理盐水,同时 E 组开始腹腔注射干扰素- $\gamma$  7 天。14 天后处死再测外周血淋巴细胞表面 H-2K<sup>s</sup> 和 H-2D<sup>b</sup> 表达;用 ELISA 法测各组各时期血浆细胞因子 IL-2、IL-4、TNF- $\alpha$ 。

**结果** ①环磷酰胺和干扰素- $\gamma$  影响小鼠外周血淋巴细胞 H-2K<sup>s</sup> 表达。②接种肿瘤后,环磷酰胺组瘤重明显重于对照组,有显著差异 ( $P<0.01$ );干扰素及治疗组瘤重明显轻于对照组,有显著差异 ( $P<0.01$ )。③接种肿瘤后,与接种对照组相比,环磷酰胺组肺转移灶数明显多于对照组,有显著差异 ( $P<0.01$ );干扰素组及治疗组肺转移灶数无显著差异 ( $P>0.05$ )。④接种肿瘤后, Th1 型细胞因子 (IL-2) 降低和 Th2 型细胞因子 (IL-4) 升高, TNF- $\alpha$  显著升高 ( $P<0.01$ )。

**结论** 肿瘤发生前宿主 MHC 状态与肿瘤发生发展密切相关,宿主 MHC 表达下降促进肿瘤的生成进展,宿主 MHC 表达增强时,肿瘤形成、发展和转移受到抑制。肿瘤发生后, Th1/Th2 模式向 Th2 漂移,机体的抗肿瘤免疫应答受抑制。

## PU-2450

## 下呼吸道感染病原菌分布及对抗生素的耐药性分析

杨静

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 为临床合理用药提供依据

**方法** VITEK-2 compact 全自动微生物鉴定系统进行鉴定及药敏

**结果** 5470 例下呼吸道感染患者的痰液标本分离出 1083 株菌株,以革兰阴性菌为主,占 77.93%,革兰阴性菌主要为肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌和大肠埃希菌;革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌为主,其中 MRSA 占 37.3%。

**结论** 下呼吸道感染以革兰阴性菌为主,不同菌株对不同抗菌药物的耐药性不同,临床应及时了解病原菌分布及耐药情况,合理使用抗菌药物。

## PU-2451

## 国产生化血清非定值质控品的性能评估

刘瑞来,关明

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 评价一国产生化血清非定值质控品的瓶间差、开瓶稳定性及互换性。

**方法** 瓶间差:连续测定多瓶质控品结果的批间不精密度,并剔除同一瓶质控品连续测定结果的批内不精密度,计算质控品的瓶间差。开瓶稳定性:按厂商说明书要求复溶,并分别计算在 2 分~8 分条件下保存 7 天,及在-20℃条件下保存 30 天的不精密度。互换性:计算该质控品与国外同类产品在不同仪器上的同一个项目的不精密度。

**结果** 生化血清非定值质控品中,所有评估项目的瓶间不精密度,均符合临床生物化学检验常规项目分析质量指标(WS/T 403-2012)内规定的 CV%要求。所有评估项目,在 2℃~8℃条件下保存 7 天及在-20℃条件下保存 30 天的不精密度,均符合临床生物化学检验常规项目分析质量指标(WS/T 403-2012)内规定的 CV%要求。生化血清非定值质控品相比其它同类产品,与真实患者样本的互换性更优。

**结论** 国产生化血清非定值质控品的瓶间差、开瓶稳定性均符合要求,与真实患者样本的互换性较优,除了可以满足临床实验室常规开展室内质控外,相比同类产品更适用于作为室内质控室间化的比对材料。

## PU-2452

## 常见肿瘤标志物的生物学变异的研究

钱净,代雷阳,施茜,杨丽琼,胡大春

昆明市第一人民医院,650000

**目的** 研究常见肿瘤标志物,癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 19-9(CA19-9)、糖类抗原 72-4(CA72-4)、甲胎蛋白(AFP)、糖类抗原 15-3(CA15-3)、糖类抗原 125(CA125)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)、细胞角蛋白 19 片段(CA21-1)和总前列腺抗原(TPSA)的生物学变异。**方法** 通过问卷调查,募集 55 位健康成年人志愿者,采用相关生物学变异文献的研究方法,研究常见肿瘤标志物的个体内生物学变异(CV<sub>I</sub>)、个体间生物学变异(CV<sub>G</sub>)、参考变化值(RCV)及个体指数(II)。

**方法** 通过问卷调查, 募集 55 位健康成年人志愿者, 采用相关生物学变异文献的研究方法, 研究常见肿瘤标志物的个体内生物学变异 ( $CV_I$ )、个体间生物学变异 ( $CV_G$ )、参考变化值 ( $RCV$ ) 及个体指数 ( $II$ )。

**结果** AFP、CEA、CA19-9、CA72-4、CA15-3、CA125、NSE、CA21-1 及 TPSA 9 项肿瘤标志物的个体内生物学变异为 8.1%-21.3%、个体间生物学变异为 18.7%-37.5%、参考变化值为 79.7%-490.0%及个体指数为 0.3-0.9 之间。不同肿瘤标志物项目的生物学变异不同, 同一项目的不同志愿者的生物学变异也有不同; 健康成年人志愿者常见肿瘤标志物的平均个体内生物学变异, 其中 CA15-3、AFP 等较小分别为 8.1%、8.8%, NSE、CA21-1 等较大分别为 20.3%、21.3%, 其余项目介于两者之间; 个体间生物学变异, 其中 CA15-3、CA72-4 较小分别为 18.7%、19.4%, CA19-9、CA125 较大分别为 37.5%、32.6%, 其余项目介于两者之间; 健康成年人志愿常见肿瘤标志物的参考变化值差异较大但个体指数比较接近。

**结论** 本研究得出了常见肿瘤标志物项目在我国实验室情况下基于国人的生物学变异数据; 建立的基于昆明地区人群常见肿瘤标志物的生物学变异数据, 与西班牙临床化学和分子病理学协会发布的数据库基本一致, 但也有少部分项目存在差异; 使用生物学变异数据对于评估肿瘤标志物的群体参考区间、参考变化值及临床应用有重要价值。

## PU-2453

### 冷凝集素对血常规参数的影响及解决 处理方法探讨

黄琬淇<sup>1,2</sup>, 尹正<sup>1,2</sup>

1.中国医科大学附属盛京医院,110000

2.中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨冷凝集素对血细胞分析参数的干扰以及处理方法

**方法** 临床收集冷凝集患者 EDTA-K2 抗凝静脉血, 根据标本的外观, 将其分为无变化, 果冻状, 沙粒状。通过比较 37℃水浴法加热法前后, 血浆置换法, 以及预稀释法用 Beckman Coulter DXH 800 全自动血液分析仪对标本各种方法处理前后的血细胞参数进行检测, 以手工镜检为金标准进行对照实验验证以上方法能否消除冷凝集素的影响, 并采用统计学方法对检测参数进行评价。

**结果** 直接上机检测, 冷凝集现象可导致 RBC、HCT 结果假性减低, MCH、MCHC 结果增高, 并出现红细胞直方图, 散点图异常, 仪器报警提示 RBC 凝集及双峰 RBC 分布, 但 WBC, PLT, Hb 结果无明显变化。对其进行温浴, 血浆置换及预稀释处理后, 即刻上机检测, 可使红细胞凝集现象有所改善, 从而得到正确的红细胞系列参数。

**结论** 冷凝集现象可导致多个血细胞检测参数失真, 传统 37℃水浴法检测对于高效价冷凝集处理效果不明显, 血浆置换法和预稀释法对红细胞系列参数则能起到明显改善结果, 从而使血细胞各项检测参数结果得以校正, 为临床提供准确参考数值。



## PU-2454

## Incrna-ghet1 作为中国癌症预后预后预测因子的价值： 一项荟萃分析

张昀源,田清武

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 越来越多的证据表明,高表达水平的胃癌高表达转录 1 (ghet1),一种长的非编码 RNA (Incrna),与癌症预后有关,并可作为癌症患者的一个有价值的生物标志物。本荟萃分析的目的在于分析现有数据,以揭示 GHET1 在癌症预后和肿瘤进展方面的潜在临床应用。

**方法** 通过全面搜索电子数据库,对 2019 年 3 月 10 日或之前出版的研究进行文献收集。这些数据库包括科克伦图书馆、PubMed、EMBASE、科学网、Springer、Science Direct 和三个中文数据库:CNKI、Weipu 和 Wanfang。我们分析了七项符合规定标准的研究。

**结果** 综合结果表明,在多发性癌症中,ghet1 表达水平升高与总体生存率(OS) (HR=2.40, 95%CI:1.87-3.08, P<0.001) 和肿瘤进展(III/IV 与 I/II:HR=1.80, 95%CI:1.48-2.18, P<0.001) 高度相关。中国癌症患者 GheT1 表达升高也与淋巴结转移相关(HR=2.44, 95%CI:1.86-3.20, P<0.001)。

**结论** 目前的研究结果表明,在多发性肿瘤患者中,ghet1 表达水平的升高与 OS、肿瘤进展和 LNM 较差有关,并且可能是中国癌症患者有用的预后生物标志物。

## PU-2455

## MicroRNA profiling of cerebrospinal fluid from patients with intracerebral haemorrhage

qinghai shi,Jianfeng Fu

General Hospital of Xinjiang Military Command

**Objective** Differential expression profiles of free microRNAs (miRNAs) in cerebrospinal fluid (CSF) from patients with intracerebral haemorrhage (ICH) and controls were analysed to identify miRNA markers associated with ICH-induced brain injury.

**Methods** Five patients with acute ICH were enrolled alongside five control inpatients without CNS diseases. CSF specimens were collected during initial lumbar puncture after admission, total free RNAs were extracted from CSF, and miRNAs were detected by Agilent Human miRNA V21.0 chip experiments. Differential expression profiles were statistically analysed.

**Results** Principal component analysis of miRNA microarray data confirmed that case and control groups were distinct, and biological repeats were homogeneous. After normalisation of chip data, differential miRNAs were screened using fold change and Student's t-tests; 77 miRNAs were up-regulated (fold change >2), and 44 miRNAs were down-regulated (fold change <0.5).

**Conclusions** ICH patients display distinct miRNA expression profiles in CSF, suggesting that miRNAs may be auxiliary diagnostic biomarkers for ICH.

## PU-2456

**Mir-421 in plasma as a potential diagnostic biomarker for precancerous gastric lesions and early gastric cancer**

Jianlin Chen, Lihua Wu, Yifan Sun, Yin Qi, Xianhua Chen, Liang Siqun, Meng Qingyan, Long Haihua, Li Fangying, Luo Changjun, Xiao Xiaorong

Affiliated Liutie Central Hospital of Guangxi Medical University

**Objective** MicroRNA (miR)-421 plays a key role in cancer progression. It has been reported that circulating miR-421 may be a potential tumor marker for the diagnosis of several cancers. However, the role of miR-421 in plasma as a potential biomarker in the diagnosis of precancerous gastric lesions (Pre) and early-stage gastric cancer (GC) remains poorly understood. In this study, we investigated miR-421 in plasma as a novel potential biomarker for the detection of precancerous gastric lesions and early-stage (GC).

**Methods** The miRNA content was determined by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR). MiR-421 content in all subjects was normalized by endogenous miRNA (miR-16). The diagnostic value of miR-421 for Pre and GC was assessed by comparing receiver operating characteristic (ROC) analysis with traditional tumor markers, including CEA, CA125, CA153, CA211 and CA50. The correlation between the expression of miR-421 and the pathological characteristics of Pre and GC was analyzed.

**Results** Elevated expression of miR-421 in plasma can robustly distinguish the normal population from Pre and GC cases, especially in the early stages of gastric cancer cases (all  $p < 0.05$ ). The ROC analyses showed that the area under the ROC curve (AUC), sensitivity, accuracy and Youden index of miR-421 were superior to traditional tumor markers (CEA, CA125, CA153, CA211, and CA50) in GC diagnosis, while its specificity was higher than CEA, CA153 and CA50 (all  $p < 0.05$ ). MiR-421 in plasma had higher AUC value than AFP, CA153, CA211 and CA50 in the diagnosis of Pre (all  $p < 0.05$ ), while specificity, accuracy and Youden index of miR-421 was only lower than CA211. The efficiency of miR-421 in the diagnosis of GC was significantly higher than that of CA211 and CA50, and it was significantly higher than CA153, CA211 and CA50 in the diagnosis of Pre (all  $p < 0.05$ ). In addition, up-regulation of miR-421 occurred initially in precancerous gastric lesions as well as in the early stage of GC.

**Conclusions** Overexpression of plasma miR-421 is a novel biomarker for the detection of precancerous lesions and early gastric cancer.

## PU-2457

**Effects of miR17-92 cluster on BMP9-induced osteoblast lineage commitment program**

Xian Chen, Qingwu Tian, Limin Lun, Qing Wang, Yunyuan Zhang

The affiliated hospital of qingdao university

**Objective** Mesenchymal stem cells (MSCs) are multipotent progenitor cells that can undergo self-renewal and differentiate into multiple lineages. Osteogenic differentiation from MSCs is a well-orchestrated process and regulated by multiple signaling pathways. We previously demonstrated that BMP9 is one of the most potent osteogenic factors. However, molecular mechanism through which BMP9 governs osteoblastic differentiation remains to be fully understood. Increasing evidence indicates microRNA may play important regulatory roles in many physiological and/or pathologic processes. In this study, we investigate the role of miR 17-92 cluster in BMP9-regulated osteogenic differentiation of MSCs.

**Methods** Using piggybac system to over-express the miR17-92 individual members, in vivo and in vitro osteogenesis experiment to investigate their function in BMP9 induced osteogenic differentiation from MSCs. RT-PCR to detect the expression of osteogenic marker and miR17-92

individual members. Bioinformatics analysis and luciferase reporter assay were used to identify and validate miR-17 target genes, then addressing in vivo and in vitro osteogenesis experiment to see whether over-express the target gene of miR-17 can reverse the function of miR-17 in BMP9 induced osteogenesis from MSCs.

**Results** One member of miR17-92 cluster miR-17 exhibit negative regulatory effects on BMP9 induced osteogenesis in Vivo and in Vitro, sponge miR-17 can attenuate the osteogenic differentiation function of miR-17 from MSCs. Rb1 is the direct target gene of miR-17, over-express Rb1 can reverse the osteogenesis ability of from MSCs.

**Conclusions** miR17 exhibit negative regulatory effects on BMP9 induced osteogenesis In Vivo and in Vitro, this function can be reversed by its direct target Rb1 gene.

## PU-2458

### 抗-HCV,HCV RNA 检测在丙型肝炎中的应用价值探讨

吕金娥,陶娅琳,马丽娟  
云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 探讨抗-HCV 浓度,HCV RNA 载量检测在丙型病毒性肝炎诊断中的应用价值。

**方法** 选择 2018 年 5 月-2018 年 12 月检验科收集的 143 例抗-HCV(S/CO $\geq$ 1)初筛实验阳性的血清标本,分别采用酶联免疫吸附法(ELISA)及荧光定量聚合酶链反应法(PCR)、日立 7600 全自动生化分析仪,进行抗-HCV、HCV RNA 病毒载量、ALT 检测。

**结果** 143 例抗-HCV 初筛阳性患者中,99 例 HCV RNA 阳性(69.23%),且随着 S/CO 比值的增高 HCV RNA 检出的阳性率增加,差异有统计学意义( $P<0.01$ );99 例 HCV RNA 阳性患者中 93 例抗-HCV 的 S/CO $>10$ ,但随着 S/CO 的增大,HCV RNA 病毒载量高低水平出现的阳性率没有增加( $P>0.05$ );HCV RNA 阳性患者 ALT 的异常率(46.46%)高于阴性患者(20.45%),差异具有统计学意义( $P<0.05$ );44 例 HCV RNA 阴性(30.76%)患者中有 33 例的 S/CO $>10$ ,且有 9 例 ALT 异常。

**结论** ELISA 法检测血清抗-HCV 诊断丙型肝炎与荧光定量 PCR 检测法均存在假阳性或假阴性情况;荧光定量 PCR 法的阳性率低于 ELISA 法;在临床诊断中 ELISA 法抗-HCV 初筛阳性的样本应同时进行 HCV RNA 及 ALT 的联合检测,以避免漏诊、误诊,也为临床抗病毒的有效评估提供可靠的实验室依据。

## PU-2459

### $\gamma\delta$ T 细胞增多,反应性或肿瘤性?

欧阳涓  
中山大学附属第一医院,510000

**目的**  $\gamma\delta$  T 细胞增多可以见于移植后、各种炎症及自身免疫性疾病,而  $\gamma\delta$  T 细胞克隆性增殖可以见于某些类型 T 细胞淋巴瘤。仅凭临床表征和形态学检测,反应性和肿瘤性  $\gamma\delta$  T 细胞很难鉴别,本研究通过纳入多参数流式免疫分型分析来区分反应性和肿瘤性  $\gamma\delta$  T 细胞,为临床正确施治和精准判断预后提供依据。

**方法** 骨髓形态学评估及活检组织免疫组化分析:CD3 抗体用于评估骨髓侵犯模式。骨髓免疫分型采用 Canto PLUS 10-color 流式细胞仪。检测组合包括 CD2, CD3, CD4, CD5, CD7, CD8, CD10, CD16, CD19, CD20, CD22, CD34, CD56, CD57, CD79a, CD117, HLA-DR, TCR  $\alpha\beta$  及 TCR  $\gamma\delta$ 。荧光原位杂交(FISH)检测患者 i(7)(q10)状态;PCR 检测 TCR  $\gamma$ 、TCR  $\beta$  基因重排,PET/CT 用于评估肿瘤部位及代谢情况。

**结果**  $\gamma\delta$  T 细胞淋巴瘤骨髓流式免疫分型: CD3 (+), CD5 (-), CD7 (+), CD2 (+), CD4 (-), CD8 (-), CD16(+), CD56(+), CD57(-), TCR $\alpha\beta$ (-), TCR $\gamma\delta$ (+); LGL ( $\gamma\delta$  T variant) 骨髓流式免疫分型: CD3 (+), CD5 (dim), CD7 (+), CD2 (+), CD4 (-), CD8 (dim), CD16(dim), CD56(dim), CD57(+), TCR $\alpha\beta$ (-), TCR $\gamma\delta$ (+); 本研究也纳入正常/反应性增多的  $\gamma\delta$  T 细胞患者作为对照 其表型 CD3 (bri), CD5 (dim), CD7 (+), CD2 (+), CD4 (-), CD8 (dim), CD16(-), CD56(dim/-), CD57(-), TCR $\alpha\beta$ (-), TCR $\gamma\delta$ (+); 骨髓图片两者形态有各自特点; 活检显示两患者骨髓侵犯的模式不同;  $\gamma\delta$  T 细胞淋巴瘤的 FISH 检测提示 i(7q) (46%); 分子检测提示 两者 TCR 基因重排均为阳性。 $\gamma\delta$  T 细胞淋巴瘤 PET-CT 提示肝、脾弥漫性肿大, 代谢增高; LGL ( $\gamma\delta$  T variant) PET-CT 提示: 全身 PET-CT 显像未见明确恶性肿瘤所致高代谢病灶。

**结论** 参数流式细胞免疫分型可以帮助做出鉴别反应性和肿瘤性  $\gamma\delta$  T 细胞。此外, 结合临床过程、病理学特点及细胞遗传学检测, 流式免疫分型在各种  $\gamma\delta$  T 细胞肿瘤的诊断和分型诊断发挥重要作用。

## PU-2460

### 蛋白 S, 蛋白 C, C 反应蛋白在脑缺血性疾病中病情发展及预后评估

张婉, 来亚杰  
中日友好医院

**目的** 研究 Pc 和 Ps 活性、CRP 与急性缺血性脑血管病之间的关系。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 12 月中日医院 300 例急性脑血管病人及 168 例健康标本进行对照, 使用免疫比浊法进行 Pc、Ps、CRP 检测。

**结果** 在缺血性中风组, Pc、Ps 活性分别为  $115.8\% \pm 125\%$  和  $112.6\% \pm 138\%$  明显低于出血性中风组的  $119.2\% \pm 13.3\%$  和  $112.1\% \pm 16.5\%$ , 对照组的  $120.2\% \pm 12.8\%$  和  $122.4\% \pm 15.8\%$ ,  $P < 0.01$ 。进一步比较发现, 小于 45 岁的缺血性中风组的 Pc、Ps 分别为  $54.67\% \pm 8.9\%$ ,  $40.49\% \pm 9.1\%$  明显低于其他各组, PS 在 45 岁以上的缺血性中风组为  $119.2\% \pm 15.6\%$ , 明显低于对照组的  $122.4\% \pm 45.8\%$ ,  $p < 0.01$ , 其余各组间无显著差异。CRP 总发生率 66%, 其中缺血性中风组为 7.14% (46 / 644), 出血性中风组为 62.5% (10 / 160),  $p > 0.05$ , 45 岁以下缺血性中风组 APCR 的发生率 46.3% (25 / 54), 明显高于其他各组。

**结论** PC、Ps 活性降低是缺血性脑血管病发生的重要因素, 特别与 45 岁以下的缺血性中风的发生密切相关

## PU-2461

### TIM-3 在非小细胞肺癌表达及其预后价值研究

庄学伟, 张义  
山东大学齐鲁医院, 250000

**目的** 检测非小细胞肺癌组织 TIM-3 和肿瘤浸润淋巴细胞 (TILs) 表达情况, 探讨免疫分子在非小细胞肺癌微环境分布及其预后价值。

**方法** HE 染色法检测 TILs, 免疫组化法检测 TIM-3 在非小细胞肺癌组织表达, 分析 5 年存活组和 5 年内死亡组表达差异。

**结果** TIM-3 和 TILs 在非小细胞肺癌组织都有表达; 与 5 年存活组相比, 5 年内死亡组 TIM-3 表达高, 差异有显著意义 ( $P < 0.05$ ), TILs 细胞表达低, 但表达两组差异无显著意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** TIM-3 在肿瘤细胞和免疫细胞皆有表达, 5 年生存组低于 5 年死亡组, TIM-3 高表达预后差, 是独立预后因子。

## PU-2462

### 上海地区临床儿童分离的鲍曼不动杆菌菌株的分子特征

王星, 黄卫春, 傅启华

上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心, 200120

**目的** 本研究分析上海地区临床上儿童来源的鲍曼不动杆菌的分布特点及流行特征、耐药性和耐药相关基因的携带情况, 为临床上控制和治疗院内鲍曼不动杆菌的感染提供线索。

**方法** 收集上海儿童医学中心在 2017 年 8 月至 2018 年 1 月期间临床分离的鲍曼不动杆菌 88 株, 其中 3 株来自医院环境, 所有菌株用 VITEK 2 仪器检测其对 18 种抗生素的敏感性, MLST 分型方法分析其基因型, 对耐药菌株采用 PCR 技术检测耐药相关基因 (AmpC, IMP, VIM, OXA-23, OXA-51) 的携带和突变 (gyrA) 情况。

**结果** 88 株鲍曼不动杆菌菌株中, 60 株是耐碳青霉烯类菌株 (CRAB), 通过 MLST 分型可分成 ST208 型 (95%) 和 ST373 型 (5%), 且 ST208 型对 18 种抗生素均耐药, 均携带有 AmpC, OXA-23 和 OXA-51 基因且 gyrA 基因的 QRDR 区域存在突变 (Ser83Leu); 28 株是碳青霉烯类敏感的菌株 (CSAB), 可分成 25 种不同的 ST 型, 包含 4 个已知的 ST 型和 21 种新的 ST 型。3 株医院环境样本来源的鲍曼有 2 株是 ST208 型。

**结论** 上海地区临床儿童中分离的鲍曼不动杆菌中, CRAB 的基因型相对较少, 以 ST208 为主; CSAB 的基因型相对较多, 背景较为复杂; 且 CRAB 中多重耐药十分严重。ST208 携带有 AmpC, OXA-23 和 OXA-51 基因且 gyrA 基因的 QRDR 区域存在突变 (Ser83Leu) 可能是导致其多重耐药, 成为主要流行株的原因; 同时其在环境样本中检测出, 存在院内感染的可能性, 应引起临床的足够重视。

## PU-2463

### Relations of between Promoter Hypomethylation and Increased Expression of Syncytin-1 in Non-small Cell Lung Cancer

Xuewei Zhuang, Yi Zhang

Shandong University Qilu Hospital

**Objective** In this study, fluctuation of syncytin-1 expression in non-small cell lung cancer (NSCLC) and relative para-cancerous tissues during its prognosis as a plausible pathological mechanism of NSCLC is discussed by statistical analysis of syncytin-1 gene methylation and expression levels.

**Methods** Syncytin-1 expressions in NSCLC and its relative para-cancerous tissues were verified by immunohistochemistry method. Differentiation of between 5-year survival and death group was analyzed. Survival ratio was calculated by Kaplan-Meier survival curve. Death risk assessment was executed by Cox risk regression model. 5-LTR methylation level of syncytin-1 promoter was detected by EpiTYPER method.

**Results** Syncytin-1 expression in NSCLC tissue is higher rather than para-cancerous tissues in significant differences with  $P < 0.01$  and in 5-year survival group is lower than death in significant difference with  $P < 0.01$  respectively. 2 Based on the average survival period of higher syncytin-1 expression group is significantly lower than the lower one with  $P < 0.01$ , clinical stage and syncytin-1 positive ratio were considered as top risk factors according to Cox ratio risk regression

model analysis. 3 The total methylation ratio of NSCLC tissues is lower than para-carcinoma tissues with no significant difference but the CpG-2 site methylation ratio of NSCLC tissue is lower than para-carcinoma tissues in significant difference with  $P<0.05$ .

**Conclusions** The low expression level of syncytin-1 is qualified to be an important prognosis standard. Hypomethylation of the syncytin-1 promoter region in non-small cell lung cancer promotes the expression of its gene.

#### PU-2464

### The regulation of lnc NOS2P3-miR-939-5p axis in the regulation of chronic heart failure and its early diagnostic value

Cuncun Chen, Ming Zong, Liu Lu, Lieying Fan  
Shanghai Eastern hospital affiliated to Tongji University

**Objective** To investigate the long non-coding RNA lnc-NOS2P3-miR-939-5p axis regulated inflammation induced apoptosis of HUVEC and H9C2 cells according to the targets iNOS and TNF $\alpha$  by influencing the synthesis of NO. Which was the critical pathogenesis of chronic heart failure (CHF).

**Methods** The effects of miR-939-5p on apoptosis and cardiac function of myocardium and endothelial cells were detected by in vitro and in vivo. cDNA microarray and software to screen the target gene and verify it. Intracellular detection of lncRNA-NOS2P3 sequence-specific regulation of miR-939-5p expression; confirmed the influence of NOS2P3 on myocardial and endothelial cell apoptosis and the target genes; The expression of miR-939-5p was validated and evaluated as the clinical value of early warning markers of CHF.

**Results** miR-939-5p could inhibit the apoptosis of cytokines IL-1 $\beta$  and IFN $\gamma$  in human vascular endothelial cells (HUVEC). iNOS was predicted to be the target gene of miR-939-5p by cDNA microarray and western blot detection of iNOS expression can be regulated by miR-939-5p. lncRNA chip and predictive software (DIANA-LNCBASE) showed that lncRNA NOS2P3 might act as a ceRNA to regulate the expression of miR-939-5p. Quantitative analysis of serum miR-939-5p expression in CHF patients by q-PCR showed that the expression of miR-939-5p was significantly up-regulated in different NYHA grades, and the level of I-II was significantly higher than that of patients with grade III-IV.

**Conclusions** Our results suggest that lncRNA NOS2P3 can mediate NO synthesis by miR-939-5p to regulate the synthesis of NO and regulate the apoptosis of myocardium and endothelial cells, and then regulate chronic heart failure, which may be used as lncRNA-miRNA network in early warning of CHF.

#### PU-2465

### 安徽省金寨县乡镇卫生院临床检验实验室 现状调查及对策

李江  
中日友好医院

**目的** 通过调查安徽省金寨县乡镇卫生院临床检验实验室的状况，为区域医疗基地建设提供依据和参考。

**方法** 根据医学检验实验室基本标准（试行）、《医学检验实验室管理规范（试行）》和《医学实验室质量和能力评定准则》（CNAS-CL02）建立调查问卷，结合走访调研、电话随访对安徽省

金寨县区域医疗基地内的 2 家县级医院和 22 个乡镇卫生院的临床检验实验室的基本状况进行调查。

**结果** 22 个乡镇卫生院的临床检验实验室的面积从 20 到 130 平方米不等, 差异较大。2019 年较 2016 年检验工作人员数量变化不大, 初级以下职称占比依然较高 (80.0% vs. 68.2%,  $P=0.303$ ), 非检验专业人员占比依旧较大 (42.2% vs. 47.7%,  $P=0.757$ )。2018 年度和 2017 年度样本量较前一年增长分别为 47.53% 和 38.22%。仪器设备的数量和性能都有提升。室内质量控制常规开展, 操作有待规范, 室内质评参与率低, 质量管理体系不完整。

**结论** 安徽省金寨县乡镇卫生院的临床检验实验室的设施不断改善, 仪器设备数量和性能不断提升, 但人员结构有待改善和专业能力需要加强, 检验质量管理体系有待完善。

## PU-2466

### BC-6800Plus PLT-8X 模式对低值血小板的检测能力评估

沈怡敏

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 分析 Mindray BC-6800Plus 血液细胞分析仪 PLT-8X (血小板多倍体统计量) 模式对低值血小板的检测能力。

**方法** 收集血小板 (PLT)  $\leq 50 \times 10^9/L$  的样本 40 例, 在 BC-6800Plus 血液细胞分析仪的 PLT-8X 模式下分别检测 10 次, 计算 PLT-8X 与阻抗法血小板 (PLT-I) 检测结果的不精密度, 并对其不精密度值进行配对 t 检验; 另外, 收集  $PLT \leq 100 \times 10^9/L$  的抗凝静脉全血样本 67 例, 在 Mindray BriCyte E6 流式细胞仪上使用异硫氰酸荧光素 (FITC) 标记的 CD41 和 CD61 单克隆抗体进行 3 次检测, 取均值作为参考值, 然后将标本分别在 BC-6800Plus 血细胞分析仪 PLT-8X 模式下进行 1 次测试, 应用 Passing-Bablok 回归分析和 Bland-Altman 偏差分析的方法计算其回归方程及其在医学决定水平 (5、10、20、 $50 \times 10^9/L$ ) 处的预期偏倚。

**结果** 绘制 BC-6800Plus 仪器上检出的 PLT-8X 和 PLT-I 的精密度扩展图 (Precision Profile), 其不精密度 (CV%) 随着 PLT 计数值的降低而升高, 其幂函数分别为  $y=0.1946X^{-0.599}$ ,  $y=0.4126X^{-0.57}$ , 结果显示 PLT-8X 的不精密度显著小于 PLT-I ( $P<0.0001$ ); BC-6800Plus 血细胞分析仪上 PLT-8X 与流式参考方法 PLT 结果的 Passing-Bablok 回归方程为  $y=1.049x-0.9807$ , 相关系数为 0.992, 在血小板不同医学决定水平 5、10、20、 $50 \times 10^9/L$  处的预期偏倚 (Bias) 分别为 0.7、0.5、0.0、 $1.5 \times 10^9/L$ 。

**结论** BC-6800Plus 全自动血液细胞分析仪的 PLT-8X 模式对外周抗凝静脉全血中低值血小板具有非常良好的精密度和准确度, 有助于对血小板缺乏症患者外周血血小板的准确定量, 从而更加有效的辅助医生进行准确的临床决策。

## PU-2467

### Syncytin-1 表达与非小细胞肺癌预后的关系

庄学伟<sup>1</sup>, 张义<sup>1</sup>, 王传新<sup>1,2</sup>

1. 山东大学齐鲁医院, 250000

2. 山东大学第二医院, 250000

**目的** 检测非小细胞肺癌组织 syncytin-1, CD4<sup>+</sup>, CD8<sup>+</sup>T 细胞表达情况, 探讨免疫分子在非小细胞肺癌微环境分布及其预后价值。

**方法** 免疫组化法检测 syncytin-1, CD4<sup>+</sup>和 CD8<sup>+</sup>T 细胞在非小细胞肺癌组织表达, 分析 5 年存活组和 5 年内死亡组表达差异。

**结果** Syncytin-1,CD4<sup>+</sup>T,CD8<sup>+</sup>T 细胞在非小细胞肺癌组织都有表达; 与 5 年存活组相比, 5 年内死亡组 syncytin-1 表达高, 而 CD8<sup>+</sup>T 细胞阳性率表达低, 差异有显著意义( $P<0.05$ ), CD4<sup>+</sup> T 细胞表达两组差异无显著意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** Syncytin-1, CD8<sup>+</sup>T 细胞在非小细胞肺癌组织表达, 可作为判断预后的指标, CD8<sup>+</sup> T 细胞表达高预后好, 而 syncytin-1 表达高则预后不良。

## PU-2468

### 伤寒沙门菌引起化脓性脑膜炎一例

董秀涛

山东省千佛山医院,250000

**目的** 提醒临床医生在疾病诊断治疗过程注意少见菌引起的罕见感染, 更应该注重细菌学培养结果和药敏试验, 在无准确的细菌学报告之前经验性应用抗生素往往会导致抗感染治疗的失败。

**方法** 通过回顾性研究整理病人资料及相关检验检查结果, 结合病人病情, 针对引起化脓性脑膜炎的病原菌进行鉴定, 分析该菌的感染途径、药敏试验及其针对性治疗经过。

**结果** 伤寒沙门菌除了主要引起人类消化道疾病外, 在免疫力低下人群中, 更能引起人体其他部位的罕见感染, 临床在诊断治疗过程中应该多方面考虑, 重点进行细菌学检验报告与药敏试验, 结合药敏试验结果进行针对性治疗, 真正做到合理使用抗生素。

**结论** 伤寒沙门菌感染临床症状复杂, 可分为胃肠型、类伤寒型、败血症型以及无症状感染型, 近十余年来, 伤寒沙门菌感染病例逐渐增加, 人群对该菌普遍易感, 尤其是免疫力低下的儿童及老年人, 更是感染的高危人群, 本病例主要是伤寒沙门菌感染引起的脑膜炎, 该病人为老年患者, 免疫力低下, 病原菌易于扩散, 形成弥漫性化脓性脑炎, 该病人在有脑部外伤得情况下, 导致了伤寒沙门菌的机会感染, 临床医生在没有细菌学报告及药敏实验的情况下, 经验性使用碳青霉烯类抗菌药物, 治疗效果不佳, 部分药物不能通过血脑屏障达不到治疗效果, 最终在细菌学报告的指导下, 临床及时调整了用药, 该病人达到了满意的治疗效果。

## PU-2469

### MCHr、%HYPOr 参数在孕妇缺铁性贫血诊断中的临床价值研究

沈怡敏

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 研究网织红细胞平均血红蛋白含量 (MCHr)、低血红蛋白浓度网织红细胞比例 (%HYPOr) 等指标在孕妇缺铁性贫血 (IDA) 中的临床诊断价值。

**方法** 选取 179 例门诊孕妇, 收集抗凝全血样本在迈瑞 BC-6800Plus 血细胞分析仪检测, 分为 IDA 组、缺铁但未贫血组、非缺铁性贫血组、正常孕妇组四组, 对网织红细胞 (RET) 相关新参数 (MCHr、MCVr、%HYPO、%HYPOr) 在不同分组之间的差异进行方差分析, 应用 Dunnett-t 检验进行组间比较。比较网织红细胞新参数与传统红系参数诊断孕妇 IDA 的效能。

**结果** IDA 组、缺铁但未贫血组以及非缺铁性贫血组 HYPO%及%HYPOr 明显高于正常孕妇, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 而 MCHr 和 MCVr 显著低于正常孕妇组, 且差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。同时, IDA 组的%HYPOr 参数较缺铁但未贫血组显著升高 ( $P=0.036$ ), IDA 组的 MCHr、MCVr 较缺铁但未贫血组 ( $P=0.0005$ 、 $P=0.0034$ )、非缺铁性贫血组 ( $P=0.0009$ 、



P=0.0052)均显著偏低;从 ROC 比对分析来看,当 MCHr 临界值为 35.9pg 时,诊断 IDA 的灵敏度和特异性分别为 0.803 和 0.620,ROC 曲线下面积为 0.760;当%HYPOr 临界值为 3.2%时,诊断 IDA 的灵敏度和特异性分别为 0.817 和 0.509,ROC 曲线下面积为 0.746,优于传统红系参数 MCV、MCH 等指标。

**结论** MCHr、%HYPOr 等网织红细胞新参数有助于临床辅助判断孕妇铁代谢的状态,并在孕妇缺铁性贫血的筛查中具有较高的灵敏度和曲线下面积,且方法实现简便、快速、低廉,可用于孕妇人群缺铁性贫血的广泛筛查。

## PU-2470

### Twist 1 基因在骨骼肌细胞胰岛素敏感性中的作用

葛肖肖,逯素梅  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨转录因子 Twist 1 和 PPAR $\gamma$  在骨骼肌细胞胰岛素敏感性中的作用。

**方法** 体外培养小鼠 C2C12 成肌细胞分化为肌管细胞,棕榈酸诱导构建骨骼肌细胞胰岛素抵抗(IR)模型。葡萄糖消耗实验和葡萄糖摄取实验鉴定 IR 模型制备情况,免疫荧光染色、Real-time PCR、western blot 综合分析 Twist 1 和 PPAR $\gamma$  在骨骼肌细胞 IR 模型中的表达水平。用基因重组技术构建靶向干扰 Twist 1 基因的慢病毒载体 LV3/Twist 1-感染 C2C12 细胞以及采用 PPAR $\gamma$  激动剂匹格列酮和抑制剂 T0070907 作用 C2C12 细胞后建立 IR 模型,葡萄糖消耗实验和葡萄糖摄取实验检测干扰 Twist 1 和 PPAR $\gamma$  表达变化对骨骼肌细胞胰岛素敏感性的影响,免疫荧光染色检测葡萄糖转运体 4 (GLUT4)由胞浆到胞膜的转运情况,western blot 检测 PPAR $\gamma$ 、Twist 1 和 GLUT4 的表达水平。

**结果** 对照组相比,IR 组葡萄糖消耗和摄取能力均减弱(P<0.05),PPAR $\gamma$  和 Twist 1 的转录水平及蛋白表达均显著升高(P<0.05)。与对照组 NC-LV3/IR 组相比,Twist 1-/IR 组骨骼肌细胞葡萄糖消耗和葡萄糖摄取上调显著(P<0.05),免疫细胞化学染色也显示细胞膜上的 GLUT4 表达增加,PPAR $\gamma$  蛋白水平下调(P<0.05)。PPAR $\gamma$  激动剂吡格列酮组与对照组比较,其 Twist 1 蛋白表达水平上调且上调程度有统计学差异(P<0.05),免疫细胞化学染色也显示细胞膜上的 GLUT4 分子数量增加,而抑制剂 T0070907 组相较于对照组,Twist 1 表达水平显著下调且有明显差异(P<0.05),免疫细胞化学染色也显示细胞膜上的 GLUT4 表达减少。

**结论** 棕榈酸可成功诱导骨骼肌细胞胰岛素抵抗。转录因子 Twist 1 在胰岛素抵抗的骨骼肌细胞中呈现高表达,干扰 Twist 1 表达可明显改善骨骼肌细胞胰岛素抵抗状态,且 Twist 1 和 PPAR $\gamma$  在胰岛素抵抗的骨骼肌中存在一定的正向调控关系。

## PU-2471

### 微卫星不稳定性在食道癌中的临床应用研究

袁超  
山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨微卫星不稳定性(MSI)在食道癌患者中临床应用价值。

**方法** 选取食道癌病例 180 例,利用免疫组织化学法检测 MLH1、MSH2、MSH6、PMS2 蛋白表达状态,将 180 例个体样本的癌旁组织作为正常组织对照。对全部病例的正常癌旁组织和癌组织同时采用 PCR—毛细管电泳法直接检测 MSI 状态,比较免疫组化方法与分子手段检测的一致性,以及 PCR—毛细管电泳法检测 MSI 的敏感度和特异性。

**结果** PCR—毛细管电泳法与免疫组织化学法两种方法检测结果的一致率为 91.67%(165/180)。PCR—毛细管电泳法检测 MSI 肿瘤的敏感度及特异性分别为 98.18%(162/165)、99.39%(164/165)，其微卫星稳定型 (MSS) 占比 16%，低度微卫星不稳定型 (MSI-L) 占比 3%，高度微卫星不稳定型 (MSI-H) 占比 81%。与 PCR—毛细管电泳法结果不一致的 15 例均为至少一种蛋白局灶阳性。

**结论** 采用 PCR—毛细管电泳法检测微卫星表型的方法灵敏度高，特异性强，尤其可以对肿瘤细胞核阳性表达的可疑病例进行有效检测验证。采用 PCR—毛细管电泳法可以直接对 MSI 进行准确分型（微卫星稳定型、低度微卫星不稳定型、高度微卫星不稳定型），但免疫组化不能明确区分 MSS 和 MSI-L。

## PU-2472

### 唐氏综合征实验筛查进展及问题

王丽娜

中日友好医院

**目的** 如何选择高效价比的筛查方案，更好地对高龄孕妇进行产前筛查和诊断，既可以检出染色体异常的胎儿，又尽量减少有创检查，提高产前筛查和诊断效率

**方法** 临床常见的多采用孕中期三联联合筛查

**结果** 目前北京地区对 35 岁以上的初次怀孕的孕妇直接进行产前诊断，而生育过健康胎儿的 35 岁以上孕妇则在征求孕妇同意的原则下可以先行无创 DNA 筛查，而后根据筛查结果再决定是否进行产前诊断。对 35 岁以下未有不良孕史的孕妇先进行常规血生化筛查，筛查灰区孕妇，再根据后续无创 DNA 筛查结果来决定是否进行产前诊断。而筛查高危的孕妇则直接进行产前诊断。北京地区的产前筛查和产前诊断已经考虑到不同年龄及孕妇的实际情况，也算是在孕妇个体化产前筛查和诊断策略上一个极大的进步

**结论** 孕妇血清学标志物筛查已被证实可在孕期有效检出 DS 患儿，便于大规模筛查，又为高危孕妇进一步做羊膜腔穿刺进行细胞染色体检查提供了必要依据，从而减少了盲目性，又降低了漏检率，是预防 DS 患儿出生的重要途径。因此为减少出生缺陷有必要推广产前筛查，使之成为每一个孕妇产前常规检查项目。在此基础上，再结合具体情况，选择最佳筛查方案，以提高检出率，降低假阳性率，减少有创检查，则是今后着重研究的方向

## PU-2473

### 一例不同试纸条对肾移植病人尿液胆红素结果的探讨

刘冬梅

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 使用配套的试纸条与配套全自动尿液分析仪进行尿液干化学检测，探讨肾移植病人服用抗排斥药物后引起的爱威试纸条 (AVE-11AH) 胆红素模块的假阳性原因。

**方法** 分别使用爱威 (AVE-11AH) 和 (AVE-11CH) 试纸条在爱威 AVE-766 全自动尿液干化学分析仪检测尿液干化学检验；使用迪瑞试纸条手工检测，与标准显色模块比对。

**结果** 爱威 (AVE-11AH) 试纸条胆红素模块呈阳性，爱威 (AVE-11CH) 试纸条胆红素模块呈阴性，迪瑞试纸条胆红素模块也呈阴性。该病人血清总胆红素和直接胆红素、间接胆红素结果均在正常范围，病人无临床表现。判断爱威 (AVE-11AH) 试纸条胆红素模块呈假阳性。

**结论** 门诊号为 X600829177-0 肾移植病人(男性、45 岁),尿液分析使用爱威 AVE-766 全自动尿液干化学分析仪检测；检测中发现使用爱威试纸条 (AVE-11AH) 出现胆红素 3+ 的阳性结果，与临床不符。该移植病人使用环孢素、布零丁宁、莱福米他定、NT 卡维片、强的松及控制高血压等药物

治疗。据报道病人接受大量氯丙嗪治疗、镇痛消炎类药物、阿司匹林、氨基比林或尿液中含有盐酸苯偶氮吡啶的代谢药物可使尿液胆红素模块呈假阳性。该肾移植病人服用的药物代谢后尿液中含有使爱威（AVE-11AH）试纸条胆红素模块呈阳性物质，造成胆红素假阳性。而使爱威（AVE-11CH）试纸条和迪瑞试纸条胆红素模块成阴性不受药物代谢干扰。

## PU-2474

### 乳腺脓液培养病原菌分布及其金黄色葡萄球菌的药敏分析

邵天波<sup>1</sup>, 罗英<sup>2</sup>

1. 昆明医科大学第一附属医院

2. 云南省勐海县中医院检验科

**目的** 分析乳腺炎脓液培养的细菌分布及其金黄色葡萄球菌的耐药情况，为临床用药提供指导。

**方法** 回顾性分析该院乳腺科 2016 年 1 月-2017 年 12 月送检的乳腺脓液培养的致病菌分布特点及其主要病原菌金黄色葡萄球菌的耐药情况。

**结果** 培养分离出 106 株病原菌，金黄色葡萄球菌（*Sau*）57 株，占 54%，其中  $\beta$ -内酰胺酶阳性 55 株，占 96.5%，18 株为耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA），占 31.58%。MRSA 对青霉素、苯唑西林的耐药率为 100%，对红霉素、克林霉素的耐药率为 72.2%、61.1%，未发现耐万古霉素、替卡拉宁、复方新诺明、利奈唑胺、奎奴普汀/达福普汀菌株；非耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌（MSSA）青霉素的耐药率为 97.4%，对左氧氟沙星、环丙沙星、莫西沙星的敏感率均为 92.3%，未发现耐万古霉素、替卡拉宁、利奈唑胺、苯唑西林、奎奴普汀/达福普汀菌株。

**结论** 乳腺脓液分离的病原菌大多为金黄色葡萄球菌，耐甲氧西林金黄色葡萄球菌感染率达 31.58%，青霉素和苯唑西林耐药率为 100%，该药已不适合作为乳腺炎治疗的经验用药。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌感染的检出及占据比例也很高，且具有明显多重耐药性，更应根据药敏结果合理使用抗生素。

## PU-2475

### 阴道加德纳菌阳性病人的感染性指标的相关性分析

刘冬梅

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 探讨阴道加德纳菌感染病人与炎症性指标如血细胞分析中 WBC、N%；尿常规中 NIT、LEU、BLD；血清中 HSCRP 的指标相关性。

**方法** 统计苏州大学附属第一医院 2016 年 6 月至 2018 年 5 月共 24 例阴道加德纳菌培养阳性的病例，其中 13 例为尿培养阳性，11 例为分泌物培养阳性。统计 24 例阳性病人的尿常规中 NIT、LEU、BLD 三项指标、血细胞分析中 WBC、N%、和血清中 HSCRP 的结果。

**结果** 24 例阴道加德纳菌阳性病人尿常规中：NIT 全部为阴性；LEU 阳性率为：54.2%，BLD 阳性率为：70.8%。血细胞分析：WBC 升高占 45.8%，N%比例升高占 33.3%。血清中 HSCRP 升高占 41.6%。

**结论** 阴道加德纳菌（GVA）是加德纳菌属种仅有的一个菌种，是属于革兰氏阳性需氧杆菌。是女性非特异性细菌性阴道病最重要的病原菌之一。也是尿路感染的主要病原菌之一。24 例阴道加德纳菌感染阳性病人不同程度出现尿路感染，尿液常规检测中 LEU 和 BLD 的阳性率达到了 54.2% 和 70.8%。血细胞分析中 WBC、N% 升高的阳性率达到了 45.8%、33.3%。血清中 HSCRP 升高占

41.6%。血清中 HSCRP 升高的阳性率，血细胞分析中 WBC、N%升高的阳性率比尿液常规中阳性率比例稍下降，可能与临床使用抗菌素有关。

## PU-2476

### 合胞素在急性髓系白血病患者表达及化疗对其表达的影响

庄学伟<sup>1</sup>,张义<sup>1</sup>,王传新<sup>1,2</sup>

1.山东大学齐鲁医院,250000

2.山东大学第二医院,250000

**目的** 研究合胞素在急性髓系白血病患者表达及化疗对其表达的影响

**方法** 初诊急性髓系白血病患者 20 例，其中男 17 例，女 25 例，年龄 25~62 岁；其中包括 M1 2 例，M2 4 例，M3 3 例，M4 5 例，M5 例。首次及第二次化疗前分别收取其外周血标本。健康对照 20 例。实时定量 PCR 法检所有病例及对照单个核细胞合胞素表达。

**结果** 1、与健康对照组相比，化疗前急性髓系白血病患者外周血单个核细胞合胞素表达明显升高（ $P < 0.05$ ）；2、首次化疗后，急性髓系白血病患者外周血单个核细胞合胞素表达较化疗前表达显著下调（ $P < 0.05$ ），但仍高于健康对照水平（ $P < 0.05$ ）；3、进一步分析发现，未获完全缓解患者（ $n=6$ ）合胞素表达水平显著高于缓解患者（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 急性髓系白血病患者外周血单个核细胞合胞素表达水平明显升高，化疗后随着肿瘤负荷下降，其表达水平下调，且未缓解患者水平高于缓解患者，提示合胞素在急性髓系白血病中发挥重要作用，有望成为白血病诊断治疗中的新型标志物。

## PU-2477

### 术前 NLR、PLR 结合 CEA 表达水平与结直肠癌 TNM 分期相关性分析

付海龙,王一斐

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 研究结直肠癌患者术前 NLR（preoperative neutrophil-lymphocyte ratio, NLR）、PLR（platelet to lymphocyte ratio, PLR）和 CEA（Carcino-embryonic antigen, CEA）与结直肠癌 TNM 分期的相关性，评估 NLR、PLR、CEA 对于结直肠癌分期的预测价值。

**方法** 运用回顾性分析方法，收集了 2018 年 7 月至 2019 年 4 月间在苏州大学附属第一医院行结直肠癌手术的病例资料，运用 SPSS 软件对数据进行 F 检验、秩和检验等统计学处理分析。

**结果** 96 例结直肠癌患者中 I 期 9 例、II 期 36 例、III 期 32 例、IV 期 19 例，平均年龄分别为  $63.22 \pm 9.03$ 、 $63.25 \pm 12.84$ 、 $65.00 \pm 11.03$ 、 $63.32 \pm 7.40$ ，NLR 的中位数分别为 1.79、2.87、2.05、2.67，PLR 的中位数分别为 129.57、161.94、158.14、151.41，CEA 的中位数分别为 2.89、4.24、3.76、17.8。组间比较发现不同分期期间的 NLR 水平与 CEA 水平差异有统计学意义；年龄与 PLR 无统计学差异。对 96 例病例进行 T、N、M 分期，组间比较发现不同 T 分期和 N 分期期间的 NLR、PLR 和 CEA 表达水平无统计学差异（ $P > 0.05$ ）；不同 M 分期期间的 CEA 的表达水平存在统计学差异（ $P = 0.001$ ）。相关性分析结果发现 CEA 水平与结直肠癌 TNM 分期呈现明显正相关。

**结论** NLR、CEA 与结直肠癌 TNM 分期有明显正相关，可以作为临床术前评估结直肠癌 TNM 一个比较好的指标。

## PU-2478

## 缺血性脑卒中患者急性期血压变化规律及影响因素的研究

庄学伟

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 研究缺血性脑卒中患者首诊血压及入院 72h 内血压的自然变化规律,探讨其相关的影响因素,以期对卒中急性期血压管理提供临床循证依据,合理的指导治疗和判断预后。

**方法** 前瞻性研究 109 例发病 48h 内收入我院急诊室的缺血性脑卒中患者,进行首诊血压及入院后 72h 的动态血压监测,并研究相关影响因素。首诊血压值 $\geq 140/90\text{mmHg}$  即为病室血压升高。按血压值分为血压升高组与血压正常组,再将血压升高组分为有高血压病史与无高血压病史 2 个亚组,比较两组的血压水平。使用美国国立卫生研究院卒中评分(NIHSS)评价患者入院时的神经功能缺损情况,格拉斯哥昏迷评分法(GCS)评价患者入院时的昏迷程度,看其与血压高低水平的相关性。

**结果** (1)缺血性脑卒中患者急性期约有 86.2%的患者出现病室血压升高,血压高于正常值水平或原有高血压病患者的血压高于病前基础血压水平;

(2)既往高血压病史、年龄、高盐饮食、意识状态、神经功能缺损严重程度是卒中发病后血压升高重要的影响因素( $P<0.05$ );而性别、体重指数、睡眠时间、脑卒中病史、心脏病史、糖尿病史、吸烟饮酒等对发病后的血压影响不大。

(3)缺血性脑卒中急性期入院 0 小时至 72 小时内(未给予降压药治疗),血压大多自发下降至稳定水平。其中,收缩压(SBP)在入院 0 小时至 12 小时下降较快,而舒张压(DBP)在入院后 0 小时至 24 小时下降较快,提示发病后 12 小时血压的波动较大,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 缺血性卒中患者的血压水平受多种因素的影响,年龄、既往高血压病史、意识状态、神经功能缺损严重程度、高盐饮食是血压升高重要的影响因素。

## PU-2479

## 降钙素原检测在肺部炎症患者临床诊断及治疗的应用价值探讨

牛健

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 本研究通过分析比较不同致病因素引起肺部炎症患者的降钙素原(PCT)检测结果,试图探讨 PCT 检测在肺部炎症患者中的早期诊断及治疗的应用价值。

**方法** 回顾性分析 2018 年 6 月 1 日至 2019 年 3 月 31 日苏州大学附属第一医院收治的 311 名诊断为肺部炎症患者的临床资料,将患者分为非感染组和感染组,其中感染组又分为革兰染色阳性菌感染组、革兰染色阴性菌感染组和真菌感染组,同时分析比较各组之间 PCT 检测结果差异,使用受试者工作特征(ROC)曲线对各组 PCT 测试结果进行分析。所有数据均使用 SPSS 软件进行统计分析。

**结果** 在收治的 311 名患者中,男性患者 221 名,中位数年龄 67 岁(IQR: 57 岁-78 岁);女性患者 90 名,中位数年龄 71 岁(IQR: 61 岁-84 岁)。与非感染组相比,感染组( $0.56\text{ ng/mL}$ ; IQR:  $0.30\text{-}1.66$ ) PCT 检测结果明显高于非感染组( $0.32\text{ ng/mL}$ ; IQR:  $0.25\text{-}0.45$ ;  $p<0.01$ );与革兰染色阴性菌感染组( $0.51\text{ ng/mL}$ ; IQR:  $0.26\text{-}2.21$ ;  $p<0.01$ )相比,革兰染色阳性菌感染组( $0.60\text{ ng/mL}$ ; IQR:  $0.38\text{-}1.45$ ;  $p<0.05$ )和真菌感染组( $0.83\text{ ng/mL}$ ; IQR:  $0.25\text{-}4.58$ ;  $p<0.05$ ) PCT 检测结果均有显著性差异。对非感染组和感染组 PCT 结果进行 ROC 曲线分析,结果显示 AUC 为

0.709 (95%CI: 0.653-0.765,  $p<0.001$ ) , 最佳切点为 0.56 ng/mL, 其特异度、灵敏度分别为 90.2%和 50.2%。

**结论** PCT 检测结果可有效区分肺部炎症的致病因素, 为临床的早期诊断及治疗提供依据。

## PU-2480

# Quantitative proteomic profiling of tissue-derived EVs identified a novel diagnostic biomarker for early detection of lung cancer

Han Zhang, Taixue An, Lei Zheng

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Lung cancer is usually found at an advanced stage, although diagnosis at an early stage is unequivocally associated with better long-term survival. Therefore, there is an urgent need to develop early diagnosis methods to improve these outcomes. Extracellular vesicles (EVs) represent an ideal source of biomarkers due to their role in cellular communication and their ability to carry protein aggregates. Detection of cancer-associated EVs in body fluids from patients could serve as a non-invasive liquid biopsy for diagnosis and monitoring of cancer. Here, we screened based on EVs from tissue and validated in blood, discovered biomarkers may combine good specificity and practicability in clinical practice.

**Methods** Tissue-derived EVs were purified from lung carcinoma tissues and para-carcinoma tissues ( $n=13$ ). Purified Tissue-derived EVs were analyzed by LC-MS/MS, protein profiles of two groups were compared and Caveolin-1 was picked out in differentially expressed proteins. A statistically valid biomarker Caveolin-1 was further evaluated by high-sensitivity flow cytometry in 310 serum samples (91 early stage lung cancer patients, 65 advanced stage lung cancer patients, 69 lung benign disease and 85 healthy controls). In cell line experiments, Caveolin-1 on EVs were blocked by antibody, and the migration of EVs stimulating cancer cells was evaluated by transwell assay.

**Results** Quantitative proteomic profiling revealed that many differentially expressed proteins in lung carcinoma tissues with high fold change/low false discovery rates compared to para-carcinoma tissues derived EVs. Combined bioinformatics analysis and western blotting verification, significant downregulation of Caveolin-1 on EVs was observed in lung cancer patients comparing with healthy controls. Subsequently, Caveolin-1 on EVs was evaluated in 310 serum samples. ROC analysis demonstrated that Caveolin-1 on EVs are able to differentiate early lung cancer patients from healthy controls, with the AUC of 0.961. Additionally, early lung cancer patients can be distinguished from lung benign disease patients by using Caveolin-1 levels on EVs, with the AUC of 0.886. In contrast, traditional lung cancer biomarkers (Cyfra21-1, CEA, SCC, NSE) were inferior in distinguishing between patients with lung cancer and healthy controls, with the AUC of 0.612. Moreover, we analyzed a total of 32 samples from lung cancer patients who performed surgery at two time points; prior to surgery, after surgery. Caveolin-1 levels on EVs isolated from NSCLC patients either prior to or after surgery reveals increased levels post-operatively. Furthermore, we observed the biological function of Caveolin-1 on EVs with cell line. When cancer cells were co-cultured with EVs, the movement of cancer cells stimulated by antibody blocked EVs was increased.

**Conclusions** Our study indicated Caveolin-1 on EVs can inhibit cancer cell movement. Cancer cell promote the movement of other cells by reducing Caveolin-1 on EVs. Caveolin-1 significantly decreased in cancer tissues and patients' serum. Caveolin-1 may serve as a potential biomarker for the diagnosis in early lung cancer.

## PU-2481

## 59 例抗中性粒细胞胞浆抗体（ANCA）阳性患者的临床分析

耿娅萍,白志瑶,尹春琼  
云南曲靖市第二人民医院

**目的** 回顾分析我院三年来抗中性粒细胞胞浆抗体（ANCA）阳性患者的实验室检测结果和临床表现，以提高 ANCA 相关性疾病的诊断水平，同时降低漏诊、误诊率。

**方法** 应用间接免疫荧光法（IIF）检测 2015 年 7 月—2018 年 9 月我院住院及门诊 ANCA 检测共 2042 人次，阳性分为核周型抗中性粒细胞胞浆抗体（P-ANCA）、胞浆型抗中性粒细胞胞浆抗体（C-ANCA）和不典型抗中性粒细胞胞浆抗体（不典型 P-ANCA 和不典型 C-ANCA），采用欧盟免疫印迹法检测抗髓过氧化物酶（MPO）抗体和抗蛋白酶 3（PR3）抗体。

**结果** 2042 例患者共检出 ANCA 阳性 59 例，阳性率 2.89%，其中 P-ANCA 41 例（2.01%），c-ANCA 3 例（0.15%），不典型 ANCA 15 例（0.73%）。59 例阳性患者中男性检出 29 例（2.5%），女性检出 30 例（3.4%），男女患者差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）；各年龄组间 ANCA 无统计学意义（ $P>0.05$ ），荧光核型以 P-ANCA（41 例，占 69.49%）为主，其次是不典型 ANCA（15 例，占 25.43%），c-ANCA 最少（3 例，占 5.08%），靶抗原 MPO 阳性 22 人，PR3 阳性 5 人，MPO 和 PR3 双阳 17 人，MPO 和 PR3 均为阴性有 15 人。

**结论** ANCA 的检测对血管炎、免疫性疾病的诊断及与慢性炎症的鉴别诊断提供了重要依据，我院开展此项目后大大提高了对该类疾病诊治的能力，减少了免疫性疾病的误诊、漏诊率。

## PU-2482

## UF-4000 尿液沉渣定量分析仪临床应用性能评价

江帆  
重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 对 Sysmex UF-4000 尿液沉渣定量分析仪相关性能进行验证，评估其临床应用价值。

**方法** 验证红细胞，白细胞，上皮细胞，管型，细菌等项目批内精密度，批间精密度，携带污染率，线性及可报告范围，临床参考区间。

**结果** UF-4000 红细胞，白细胞，上皮细胞，管型，细菌的批内精密度，批间精密度符合厂家申明，携带污染率在厂家给定范围内，临床可报告范围分别为：0.9-7104.7 个/uL，3.05-13135.25 个/uL，0.8-170.1 个/uL，1.48-22.965 个/uL，3.5-8344.75 个/uL，参考区间验证结果符合要求。

**结论** UF-4000 尿液沉渣定量分析仪各项性能均符合要求，具有较高的临床应用价值。

## PU-2483

## IL-34 诱导肺成纤维细胞 IL-6、IL-8 表达机制研究

赖晓霏  
重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探究 IL-34 诱导肺成纤维细胞 IL-6、IL-8 表达的分子机制。

**方法** 体外培养原代人肺成纤维细胞，给予外源性重组 IL-34 刺激，检测 IL-6、IL-8 mRNA 和蛋白的变化及 MAPK、PI3K-Akt、JAK 及 NF- $\kappa$ B 信号通路的活化；MAPK、PI3K-Akt、JAK 及 NF- $\kappa$ B 信号分子抑制剂预先处理细胞，观察 IL-34 刺激 IL-6、IL-8 mRNA 和蛋白的变化。

**结果** IL-34 可以诱导肺成纤维细胞中 IL-6、IL-8 表达上调及 MAPK、PI3K-Akt、JAK、NF- $\kappa$ B 信号通路的活化；特异性信号分子抑制剂可以逆转 IL-34 诱导肺成纤维细胞中 IL-6、IL-8 mRNA 和蛋白表达的升高。

**结论** IL-34 可以诱导肺成纤维细胞中 IL-6、IL-8 表达上调，MAPK、PI3K-Akt、JAK、NF- $\kappa$ B 多种信号通路参与了 IL-34 诱导 IL-6、IL-8 表达的信号转导过程。

## PU-2484

### 成人特发性膜性肾病的实验室诊断模型

李涛

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 建立适用于广州地区成人特发性膜性肾病患者的非侵入性诊断模型，并验证该模型的诊断效能。

**方法** 收集行肾穿检查确诊者 115 例，以及血清学检查结果，包括抗磷脂酶 A2 受体抗体 (PLA2R)、血肌酐 (Cr)、血尿素 (UREA)、IgG、IgM、IgA、24h 尿蛋白总量、尿酸 (UA)。对血清学指标与病理诊断之间进行二元 logistic 回归分析，得出诊断模型。另收集病例 20 例进行验证。

**结果** (1) 分析建立的诊断模型为： $\ln P / 1-P = -3.704 - 0.015 \times (\text{PLA2R}) + 0.030 \times (\text{Cr}) - 0.134 \times (\text{UREA}) + 0.046 \times (\text{IgG}) + 0.547 \times (\text{IgA}) + 0.001 \times (\text{UA})$ ，回归分析病例拟合总体符合率 85.2%，显著性为  $0.033 < 0.05$ ，说明模型建立具有统计学意义。ROC 曲线中的最佳截断点 (Cut-off 值) 的特异性为 0.841，敏感度为 0.891。(2) 20 例验证病例与病理学结果完全一致病例数为 14 例，病例验证符合率为 70%。

**结论** 针对成人特发性模型肾病建立了一个有效的非侵入性诊断模型，可有效减少该类患者的肾脏穿刺需求。

## PU-2485

### 不同厂家血气分析仪的结果比对分析

李德涛

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 根据国家对 POCT 仪器管理的要求，为确保全院血气分析仪的一致性，提高血气分析仪结果的可靠性。特对医院使用的 GEmPremier3000 和雅培 I-STAT 共 23 台血气分析仪进行比对分析。

**方法** 采用美国实验仪器公司提供的两个批号质控物 Contril 9 作为比对标本，浓度包括低 L938、中 N938、高 H938 高 H936、低 L936 五个水平。各科室由血气分析仪日常操作人员由检验科领回质控，按常规病人标本检测方法对比对标本进行检测，并于当日回报结果，并附原始记录。按仪器分为两组评价五个指标：pH、pO<sub>2</sub>、pCO<sub>2</sub>、iCa<sup>2+</sup>、HCO<sub>3</sub><sup>-</sup>。检验科 GEM 3000 血气分析仪常规参加卫计委室间质评，为本次比对的标准仪器。每个项目以 CLIA'88 要求的最大允许误差为准。每个标本的每个项目都在允许范围则认为该标本比对合格，每台仪器≥4 个标本比对合格则认为该仪器比对通过，否则比对未通过。

**结果** 本次比对血气分析仪共 23 台，23 台合格，通过率为 100%。

**结论** 两组血气分析仪在 pO<sub>2</sub>、pCO<sub>2</sub>、iCa<sup>2+</sup>以及 HCO<sub>3</sub><sup>-</sup>检测上均存在较大程度的差异，雅培 ISTAT 血气分析仪在检测过程中如出现以上指标较大异常时，应采用检验科 GEM 3000 血气分析仪进行检测核实；如结合血气分析仪检测结果对病情或治疗效果进行评估，应采用相同型号血气分析仪进行检测，并以检验科 GEM 3000 血气分析仪结果为标准。



## PU-2486

## Clinical application of serum PCT,hs-CRP and SAA in distinguishing Gram-negative sepsis from Gram-positive and fungal sepsis

朱星成

云南省曲靖第二人民医院检验科

**目的** To evaluate whether procalcitonin (PCT), high sensitive C reactive protein (hs-CRP) and serum amyloid A(SAA) levels can serve as distinguishing marks between gram-positive, gram-negative and fungal infection, and provide the experimental base for infectious disease diagnosis and treatment.

**方法** One hundred and twenty-eight septic patients with positive blood cultures were assessed, PCT, hs-CRP and SAA were measured and analyzed on the same date of blood culture, to analyze the relationship in the different infection groups about each index, to analyze the result by ROC method.

**结果** The diagnostic criteria was set at 8.71ng/ml of the ROC curves with a sensitivity of 59.7% and specificity of 75.6% for distinguishing G+ and G- bacterial infection.

**结论** Significantly higher PCT levels could differentiate G-bacterial, G+bacterial infection and fungal infection. In contrast to hs-CRP and SAA, PCT is a good discriminative biomarker in different bloodstream infections, can serve as a distinguishing marker between Gram-negative (G-), Gram-positive (G+) and fungal sepsis.

## PU-2487

## 根据 CLSI EP09--A3 文件对 2 种仪器检测 HbA1c 的可比性分析

李伟,吴文礼,李燕,马琳琳

新疆生产建设兵团第四师医院

**目的** 探讨毛细管电泳法与离子交换高效液相色谱法 (High Performance Liquid Chromatography, HPLC) 检测糖化血红蛋白 (HbA1c) 的可比性及偏移程度, 为患者、临床医生及实验室提供准确可靠的数据。

**方法** 参照美国临床和实验室标准协会 (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) 2013 年 8 月颁布的最新版本 EP09-A3 文件《用患者样本进行方法比对及偏移评估: 批准指南-----第三版》要求设计试验方法, 对爱科莱 ADAMS™ A1c HA-8180 全自动糖化血红蛋白分析仪所用的离子交换高效液相色谱法 (HPLC) 与 Sebia CAPILLARYS 2 FLEX PIERCING 糖化血红蛋白电泳仪所用的毛细管电泳法进行 HbA1c 比对试验, 以 HPLC 方法为参考方法, 毛细管电泳法为试验方法, 分别在上述 2 种 HbA1c 检测系统中, 检测 50 份患者标本, 记录实验数据, 依据 EP09--A3 指南, 用目测法和广义极端学生化偏差 (Extreme Studentized Deviate, ESD) 法检查离群值, 并绘制散点图、数值偏差图、百分比偏差图, 用 Bland--Altman 图及 Passing--Bablok 回归模型进行方法学比对和偏移评估。

**结果** 爱科莱 ADAMS™ A1c HA-8180 和 Sebia CAPILLARYS 2 FLEX PIERCING 检测 HbA1c 的结果分别为 7.35 (6.40, 9.40) %和 7.30 (6.30, 9.20) %, 差异无统计学意义 ( $P=0.69$ ); 目测法及 ESD 法均未发现离群值, HbA1c 差值呈比例变化 (恒定 CV); 2 种糖化血红蛋白检测仪 HbA1c 结果比较, 经 Passing--Bablok 回归分析, 无系统差异、比例差异和随机差异, 2 种仪器间

偏移在临床可接受范围内  $1/2CLIA'88TEa(\pm 4\%)$ ; HbA1c 在 10%和 16%两个医学决定水平点处的预估偏移均在临床可接受水平内。

**结论** 爱科莱 ADAMS™ A1c HA-8180 和 Sebia CAPILLARYS 2 FLEX PIERCING2 种仪器检测 HbA1c 结果具有可比性, 偏移也在临床可接受范围内, 能够为临床提供稳定、可靠的 HbA1c 结果。

## PU-2488

### 升高的脂质代谢物通过抑制 T 细胞功能促进 HIV 感染者的疾病快速进展

殷林波, 张子宁

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** HIV-1 感染快速进展者 (RPs) 占 HIV 感染患者的 10-15%, 在原发感染后 CD4 T 细胞计数急剧下降并迅速进展为 AIDS。本文通过分析 HIV 感染不同疾病进展患者的血浆代谢组学, 探索用于早期鉴定这些患者的新型生物标志物。

**方法** 在这项研究中, 招募了 42 名 HIV 感染患者, 包括 22 例快速进展者和 20 例典型进展者, 通过对这些患者的血浆进行代谢组学检测。基于我们先来自 RP 和 TP 的外周血单核细胞 (PBMC) 的转录组数据, 分析 RP 和 TP 之间差异表达的代谢相关途径, 体外实验分析差异的代谢物对机体免疫功能的影响及其机制。

**结果** 首先, 我们发现 HIV 感染的 RP, TP 和 NC 的血浆代谢组的改变映射到与色氨酸代谢, 氧化还原稳态, 脂质氧化和能量代谢相关的途径。其次, 我们在 RP 和 TP 中共鉴定出 33 种差异表达的代谢物 ( $P < 0.05$ ), 通过无监督的层次聚类将大多数 RP 与 TP 区分开来。通过 ROC 分析确定, 11 种脂质代谢物具有 91.9% 的准确度预测快速疾病进展; 再者, 脂质代谢的失调能够激活 PPARG 途径抑制 T 细胞分泌 IFN- $\gamma$  的能力; 最后, 脂质代谢的失调能够通过 P53 途径抑制 T 细胞的增殖。

**结论** 我们的研究表明, 11 种脂质代谢物的可区分早期 HIV 感染中 HIV 感染的 RP 和 TP, 其可作为 HIV 感染的早期干预的生物标志物。失调的脂质代谢能够抑制 T 细胞的抗病毒功能, 可能有助于 HIV 感染患者的疾病快速进展。

## PU-2489

### UF-4000 尿沉渣分析仪细菌快速检测功能的临床应用价值

黎颖

重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 评估 Sysmex UF-4000 尿液沉渣定量分析仪细菌快速检测功能的临床应用价值。

**方法** UF-4000 细菌分型与手工革兰染色对比, 已知菌株菌悬液上机检测, 两种方法验证 UF-4000 细菌分型与传统方法结果的一致性。

**结果** 79 例手工革兰染色镜检的标本中, 与 UF-4000 分型符合的有 69 例, 其符合率为 84.8%, 细菌数量在 0-10000 范围内 UF-4000 细菌提示的 59 例标本中, 与手工革兰染色镜检结果相符合的有 52 例, 其符合率为 88%。除去部分符合标本在 UF 提示细菌分型的 68 例标本中与革兰染色结果符合的有 63 例, 其符合率为 93%。已知菌株配制成菌悬液在 UF-4000 上检测时, 9 种不同细菌, UF-4000 细菌提示结果均与尿培养结果相符合, 该仪器 WBC, BACT 经时稳定性进行评估, 得出 UF-4000 对尿有形成分——白细胞, 细菌 2 小时经时变化检测稳定性符合要求。

**结论** UF-4000 细菌检测性能评价结果良好, 具有较高的临床应用价值。

#### PU-2490

### EGF is highly expressed in hepatocellular carcinoma (HCC) and promotes motility of HCC cells via fibronectin

Zongcai Liu<sup>1,2</sup>, Haifang Wang<sup>1</sup>

1.Nanfang Hospital, Southern Medical University,

2.Guangzhou Women and Children's Medical Center, Guangzhou Medical University,

**Objective** Better understanding of metastasis process would allow for the development of effective approaches to treat hepatocellular carcinoma (HCC). Recent literature has highlighted the fundamental role of interaction between tumor cells and their microenvironment components in tumor metastasis. Aberrant expression of epidermal growth factor (EGF) induces highly malignant HCC, and activated EGF/EGFR signaling is correlated with an aggressive phenotype and intrahepatic metastasis. Thus, EGF in the tumor microenvironment may influence the behavior of HCC cells. In this study, for the first time, we studied the expression of EGF in HCCs, and the potential role of EGF in the motility of HCC cells and the underlying mechanisms.

**Methods** Immunohistochemistry was performed to study the expression of EGF in HCCs. Western blotting, immunofluorescence, qRT-PCR, wound healing scratch and invasion assay, and chromatin immunoprecipitation assays were used to study the role of EGF in the motility of HCC cells in vitro.

**Results** It was demonstrated that EGF was highly expressed in HCCs and positively associated with higher tumor grade. In addition, EGF promoted the migration and invasion of HCC cells mainly via induction of fibronectin (FN) in vitro. Mechanistically, EGF simultaneously increased the nuclear translocation and PKC mediated phosphorylation of p65 which could bind to the -356 bp to -259 bp fragment of FN promoter, leading to a markedly increased activity of FN promoter in HCC cells.

**Conclusions** These results highlight the potential role of EGF in promoting HCC metastasis, demonstrate a novel pathway for regulation of FN expression and provide potential targets for HCC prevention and treatment.

#### PU-2491

### 炎症因子与白血病相关性研究及临床意义探讨

袁媛, 徐龙强, 陈升杰, 王锡波, 姜忠信, 曹方方, 韩斌, 杜宁, 尹晓琳  
青岛大学附属医院

**目的** 通过检测白血病患者标本中 CRP、D-二聚体、IL-6、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$ 、T 细胞亚群及血小板、纤维蛋白原的表达, 以及数量的变化, 并与正常人血液标本进行对比、分析。以探讨以上炎症因子与白血病的相关性。

**方法** 分析我院收治的 64 例白血病患者血液标本, 男 34 例, 女 30 例, 平均年龄 42 (10~70 岁), 全部患者均经免疫学及骨髓细胞学确诊, 且符合 FAB 分型标准。另收集我院体检中心正常人血液标本 64 例, 男 34 例, 女 30 例, 平均年龄 35 (23~50 岁), 作为对照组。运用西门子 BNP 特定蛋白分析仪测得 CRP 的结果; 运用 ACLTOP700 全自动血凝仪检测 D-二聚体和纤维蛋白原的水平; 希思美康血细胞分析仪测得血小板计数; 运用 ELISA 检测试剂盒检测 IL-6、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$  细胞因子表达水平; 运用流式细胞术检测以上标本的 CD3、CD4、CD8、CD4/CD8、NK、CD19 等细胞亚群的变化。

**结果** CRP、D-二聚体表达明显高于正常人(  $P < 0.01$ ); PLT、FIB 的表达及数量显著低于对照组(  $P < 0.01$ ); 且 CD3、CD4、CD8 阳性 T 细胞水平均明显低于正常人(  $P < 0.01$ ); 在急、慢性白血病及再生障碍性贫血中 IL-6、IL-8、IL-10、TNF- $\alpha$  均高于对照组, MDS 中炎症因子的增高与对照组相比变化并不显著。

**结论** 白血病的病程发展与炎症因子及抗炎因子的表达水平存在相关性。本文拟以炎症因子和抗炎因子之间相互作用和动态平衡, 这样一个全新的角度来分析白血病的发生、发展, 将有助于发掘白血病的“促炎治疗”策略, 使未来开展个体化治疗成为可能。此外, 还可探讨新的检测手段, 并为新型检测试剂盒的开发奠定理论基础。

## PU-2492

### PKG I 抑制卵巢癌细胞迁徙的机制研究

穆春艳

徐州医科大学

**目的** 探讨 PKG I 对卵巢癌细胞 EGF/EGFR 起始的 PLC $\gamma$ -1 信号通路的抑制作用。

**方法** 选取卵巢癌上皮细胞株 SKOV3 和 A2780, 细胞贴壁后以无血清培养基再培养 12 小时, PKG I 激活剂 cGMP 分别以 0、50、150、250 及 500  $\mu\text{mol/L}$  作用 1 小时, 随后各组分别加入 EGF 150  $\mu\text{g/L}$  作用 5 分钟, 作为实验组。无 cGMP、EGF 加入者作为对照组。提取细胞总蛋白, 用 Western Blot 方法检测 EGF/EGFR 起始的 PLC $\gamma$ -1 信号通路的相关蛋白的表达水平。

**结果** Western Blot 结果显示, 对于 EGF/EGFR 引起的 PLC $\gamma$ -1 磷酸化, 随着 cGMP 浓度增加, 出现 p-PLC $\gamma$ -1 水平下降。

**结论** PKG I 对卵巢癌细胞 EGF/EGFR 起始的 PLC $\gamma$ -1 信号通路的具有抑制作用, 在高浓度时抑制作用明显。检测血液或组织中 PKG I 水平将有助于卵巢癌的诊断。

## PU-2493

### 比较 YeastOne 和 CLSI M27 微量肉汤稀释法检测热带念珠菌对三种抗真菌药物敏感性的一致性

张旻

上海市东方医院南院

**目的** 比较 YeastOne 和 CLSI M27 微量肉汤稀释法检测热带念珠菌对氟康唑、伏立康唑和阿尼芬净三种药物敏感性的一致性, 指导实验室优化判读标准及临床用药。

**方法** 使用 YeastOne 和微量肉汤稀释法对 94 株热带念珠菌进行氟康唑、伏立康唑和阿尼芬净三种药物的药敏试验, 培养 24h 后读取 MIC 值, 根据 CLSI M60 判读标准进行判读, 计算 MIC<sub>50</sub>、MIC<sub>90</sub>, 以及 YeastOne 对于微量肉汤稀释法的基本一致率(EA)、分类一致率(CA)、次要偏差(mE)、较大偏差(ME)和重大偏差(VME)。对药敏结果分类不一致的菌株进行 etest 试验进行复核。

**结果** 氟康唑、伏立康唑、阿尼芬净 YeastOne MIC 范围分别是 0.5- $\geq 256$ , 0.015-8,  $\leq 0.015$ -0.5; MIC<sub>50</sub> 分别为 4, 0.25, 0.12; MIC<sub>90</sub> 分别为 256, 8, 0.25。氟康唑、伏立康唑、阿尼芬净微量肉汤稀释法 MIC 范围分别是 0.12- $\geq 128$ , 0.015-8,  $\leq 0.015$ -0.5; MIC<sub>50</sub> 分别为 0.5, 0.03, 0.03; MIC<sub>90</sub> 分别为 128, 2, 0.06。YeastOne 氟康唑、伏立康唑、阿尼芬净相对于微量肉汤稀释法的 EA 分别为 61.7%, 59.6%, 59.6%; CA 分别为 70.2%, 73.4%, 95.7%; ME 分别为 9.6%, 8.5%, 0; VME 分别为 0, 0, 1.1%; 伏立康唑和阿尼芬净 mE 均为 2.1%。Etest 结果与微量肉汤稀释法更相近。

**结论** 使用 YeastOne 方法读取 MIC 较微量肉汤稀释法偏高, 氟康唑及伏立康唑分类一致率较差, 可能导致假耐药, 临床实验室需优化判读标准以更好地指导临床用药。

## PU-2494

### Multicenter study of oxacillin-susceptible MRSA (OS-MRSA)

Tianming Li, JunLan Liu, Ni Zhong, Min Li  
Renji Hospital Affiliated to Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** To investigate the incidence and biological characteristic of the oxacillin-susceptible, mecA positive MRSA (OS-MRSA) from clinical isolates of *S. aureus*, and to provide guideline for clinical prevention and treatment of *S. aureus* infection.

**Methods** From February 2017 to September 2018, 956 consecutive and non-repetitive *S. aureus* were collected from 10 hospitals, and antibiotic susceptibility tests were analyzed by automatic microbial analyzer VITEK2 compact. oxacillin-resistant *S. aureus*(MRSA) and oxacillin-susceptible *S. aureus*(MSSA) were determined by the phenotypic results. Disk diffusion method with Cefoxitin were performed and the broth microdilution method was used to determine the minimum inhibitory concentration (MIC) of oxacillin. In addition, the results of antibiotic susceptibility tests of the three methods above were compared. PCR was used to detect the mecA gene, and OS-MRSA was identified by comparing phenotypic and genetic analysis results. MLST and spa typing were used for typing OS-MRSA.

**Results** 599 MSSA and 357 MRSA were classified based on the clinical phenotype. According to automatic microbial analyzer VITEK2 compact, 312 isolates were identified oxacillin-MIC $\leq$ 0.25, 241 isolates were oxacillin-MIC 0.5, 46 isolates were oxacillin-MIC 1-2 and 357 isolates were oxacillin-MIC $\geq$ 4. For isolates which oxacillin-MIC were  $<1$  or  $\geq 4\mu\text{g/ml}$ , the results of determination of susceptibility of Vitek 2 to oxacillin were basically consistent (99% ) with that of oxacillin microbroth dilution method (OXA-BMD). Moreover, for isolates which oxacillin-MIC were 1-2 $\mu\text{g/ml}$ , 96% isolates were consistent. In this study, 17 OS-MRSA were identified, among which 13 isolates were oxacillin-MIC 1-2. High resistance to cefoxitin were found in OS-MRSA, which was about 88% (Disk diffusion method). Among 17 OS-MRSA, ST59 was the predominant sequence type, accounting for 59%. In addition, 65% OS-MRSA were isolated from child (age less than 13 years old) .

**Conclusions** The rate of OS-MRSA in Shanghai from 2017 to 2018 was 1.8%(17/956), the predominant sequence type was ST59-t172, and 65% OS-MRSA were isolated from child (age less than 13 years old)

## PU-2495

### 热带念珠菌 FKS 基因单位点突变导致棘白菌素敏感性降低

张旻  
上海市东方医院南院

**目的** 热带念珠菌是引起真菌感染的常见病原体。棘白菌素作为临床抗真菌治疗的一线用药, 主要抑制真菌细胞壁  $\beta$ -1, 3-D 葡聚糖合成酶活性。近年来, 源自念珠菌血症的热带念珠菌对唑类药物的耐药率明显升高, 对阿尼芬净、卡泊芬净和米卡芬净等棘白菌素类药物也出现了耐药现象。本文旨在揭示热带念珠菌棘白菌素耐药对临床疗效的影响, 及导致棘白菌素耐药的分子机制。

**方法** 对上海市细菌真菌耐药监测网筛查出的一株引流液来源的棘白菌素类耐药的热带念珠菌进行 FKS 热点区域 HS1 和 HS2 序列扩增及比对, 查找突变位点。通过构建酿酒酵母 FKS 敲除株、酿酒酵母 FKS 敲除株回补株及酿酒酵母 FKS 突变株等, 从耐药表型、 $\beta$ -1, 3-D 葡聚糖合成酶动力学等方面, 验证该突变位点的功能。

**结果** 在氨基酸 654 位点亮氨酸突变为色氨酸 (L654W)。

**结论** 热带念珠菌 FKS HS1 的氨基酸替换 (L654W) 导致了棘白菌素敏感性降低

## PU-2496

### 新生儿脐部感染金黄色葡萄球菌的流行病学研究

李天铭<sup>1</sup>, 王星<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属仁济医院, 200000

2.上海儿童医学中心

**目的** 了解上海地区新生儿脐部感染金黄色葡萄球菌的分子学分型、相关毒力基因携带和耐药情况。

**方法** 收集 2013 年 1 月至 2017 年 12 月上海交通大学医学院附属儿童医学中心金黄色葡萄球菌脐部感染病例 61 例, 并进行临床资料采集分析。采用头孢西丁纸片法和 *mecA* 基因检测鉴定耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)或甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌(MSSA); 对所有菌株进行多位点序列分型(MLST)及葡萄球菌 A 蛋白(*spa*)序列分型, 并对 MRSA 菌株进行葡萄球菌盒氏染色体(SCCmec)分型; 采用 PCR 方法检测 *pvl*、*hla*、*hly*、*hlg*、*icaA*、*clfA*、*sdrCDE*、*lukEM*、*eta*、*etb*、*arcA*、*tsst-1* 及 *sea*、*seb*、*sec*、*sem*、*sen* 等基因; 采用纸片检测菌株对 17 种抗生素药物敏感性。

**结果** 61 例金黄色葡萄球菌脐部感染患儿中, 分离出 28 株 MRSA 和 33 株 MSSA。MRSA 分离株的流行克隆是 ST59-MRSA-SCCmecIV-t172(14/28 株, 50%), MSSA 分离株的流行克隆同样是 ST59-t172 (8/33, 24.3%)。共检测出 34 种序列型(ST 型别), 以 ST59 为主(29/61 株, 47.5%); 26 种 *spa* 型别, 其中 t172 为主要型别 (22/36.1%)。在 28 株 MRSA 中, 仅有 2 种 SCCmec 分型, 其中以 SCCmec IV 型为主 (23/28, 82.1%)。所有菌株对利奈唑胺、夫西地酸、万古霉素、奎奴普丁-达福普汀和替加环素均敏感、对青霉素、头孢西丁、苯唑西林、克林霉素、红霉素的耐药率分别为 90.2%、45.9%、44.3%、34.4%、34.4%。*hla*、*icaA*、*clfA*、*sdrC* 基因的携带率为 100%, 而所有菌株均无 *lukM* 和 *arcA* 基因。ST59 菌株均携带 *hla*、*hly*、*sdrE*、*seb*、*sek* 和 *seq*。

**结论** 上海地区新生儿脐部感染金黄色葡萄球菌临床分离株经验性治疗不宜首选红霉素和克林霉素。ST5-t172 是 MRSA 和 MSSA 的主要流行克隆株。

## PU-2497

### 某三甲医院 ICU 病原菌分布与耐药性分析

李晓凤

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 了解 ICU 病房感染常见的病原菌种类及耐药性, 为抗菌药物的合理应用提供依据。

**方法** 选取 2016 年 1 月—2017 年 12 月医院 ICU 病区的 20386 份标本进行细菌分离及鉴定, 并患者的病原菌分布及药敏试验结果。

**结果** 共分离出病原菌 1971 株, 其中革兰阴性菌 1420 株, 占 72.04%; 革兰阳性菌 450 株, 占 22.83%; 真菌 101 株占 5.12%。革兰阴性菌中肺炎克雷伯菌和鲍曼不动杆菌检出率较高, 鲍曼不动杆菌敏感药物较少, 该菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率均在 95%以上; 148 株肠球菌属中屎肠球

菌 118 株,对万古霉素和利奈唑胺耐药率分别为 4.3%和 0.8%。未发现万古霉素、利奈唑胺耐药的金黄色葡萄球菌。

**结论** 我院 ICU 患者感染病原菌以革兰阴性菌为主,革兰阴性菌中以鲍氏不动杆菌和肺炎克雷伯菌为主,肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类的耐药率均>30%。革兰阳性菌中,金黄色葡萄球菌和屎肠球菌在 ICU 病区较为常见,MRSA 分离率为 53.9%。应加强对 ICU 病区的院感控制重点监测耐药菌的情况,合理使用抗菌药物,减少医院感染及耐药菌产生。

## PU-2498

### Syncytin 对小鼠淋巴瘤细胞 EL4 细胞凋亡的影响及其机制探索

孙鹭,范欣,徐亚,井敏敏  
云南省第一人民医院,650000

**目的** 研究人类内源性病毒 W 家族囊膜蛋白基因 syncytin 对白血病细胞凋亡的影响及其信号机制。

**方法** 我们通过对小鼠淋巴瘤细胞 EL4 细胞瞬转和稳转 syncytin,显微镜观察细胞形态变化,利用流式细胞仪检测细胞凋亡、细胞周期及线粒体膜电位情况,用试剂盒检测 PKC 和 Caspase 活性。

**结果** syncytin 过表达后细胞形态和 PKC 活性无明显改变,细胞凋亡明显增加,线粒体膜电位去极化增加, Caspase-3 活性增强。

**结论** syncytin 可诱导小鼠淋巴瘤细胞 EL4 细胞线粒体途径细胞凋亡,在白血病的发生发展过程中发挥重要作用。

## PU-2499

### 结直肠癌血清外泌体 circRNAs 特异表达谱及诊断模型

谢艳  
山东大学第二医院,250000

**目的** 结直肠癌是人类主要恶性肿瘤之一,其发病率和死亡率分别位于第三位和第四位。每年有 120 万新确诊的病例,并且有超过 60 万名患者死于结直肠癌。早期结直肠癌多无临床症状,其诊断主要通过对无症状和高危人群进行筛查,结肠镜检查是诊断的金标准,但因其费用较高且患者接受度较低。因此我们需要寻找灵敏度和特异度都高的肿瘤标志物来发现早期结直肠癌,目前还没有关于血清外泌体中 circRNA 与结直肠癌关系的研究,本论文旨在研究 circRNA 作为结直肠癌血清外泌体肿瘤标志物的应用价值。

外泌体(exosome)是细胞主动向胞外分泌的大小均一的囊泡样小体,具有抗肿瘤免疫、促血管新生等生理功能。不同类型的细胞可以释放出外泌体,正常生理状态下血液、尿液、支气管灌洗液中也能分离到外泌体。

**方法** 本论文设计用 5 对健康和结直肠癌患者的血清外泌体进行 circRNA 测序检查从而得到结直肠癌患者血清外泌体中异常表达的 circRNA,在这些 circRNA 中挑选出特异表达相对更明显的 circRNA 用实时定量 PCR 的方法对 circRNA 在 100 对健康和结直肠癌患者尿液中的表达丰度进行验证,最终筛选出几个与结直肠癌相关的 circRNA,利用多元回归 logistic 方法建立结直肠癌尿液 circRNA 诊断模型的计算公式,经 ROC 曲线分析得出该模型对结直肠癌诊断的敏感性和特异性。将这个模型在另外 40 对健康和结直肠癌患者血清中进行验证,利用筛选阶段建立的联合诊断模型经 ROC 曲线分析验证该模型对结直肠癌的诊断特异性和敏感性从而为结直肠癌的早期诊断提供依据。

**结果** 得到特异性和敏感性较高的 circRNA 分子

**结论** 外泌体中的成分，像蛋白质和 miRNAs，与大多数人类恶性肿瘤的发病机制密切相关，它们可能作为疾病诊断、预后的生物标志物和治疗应用。

## PU-2500

### 间接免疫荧光法和酶联免疫吸附法检测（筛查）抗核抗体（ANA）结果一致性的比较

吴柯颖,毕胜

云南省第一人民医院,650000

**目的** 比较间接免疫荧光法（indirect immunofluorescent assay, IIF）与酶联免疫吸附法（enzyme immunosorbent assay, Elisa）检测抗核抗体（ANA）结果的一致性，以及两种方法联合检测在自身免疫性疾病中的诊断价值。

**方法** 收集 2014 年 9 月至 2015 年 3 月云南省第一人民医院门诊及住院患者的血清，同时使用间接免疫荧光法与酶联免疫吸附法对患者血清进行 ANA 检测，对存在阳性结果的标本加以免疫印迹法分型，最后对检测结果进行对比分析。

**结果** 检测 3199 份患者血清中，ANA 阳性 1200 例，阳性率为 37.5%；其中间接免疫荧光法阳性 902 例，阳性率为 28.20%；酶联免疫吸附法阳性 906 例，阳性率为 28.32%。

**结论** 在所有阳性结果中，两种方法检测结果都为阳性的 608 例，占 19.01%，间接荧光法阳性而 ELISA 法阴性者 294 例，占 9.19%；间接荧光法阴性而 ELISA 阳性者 298 例，占 9.32%；经卡方检验  $P < 0.005$ ，可认为两种方法检测 ANA 的准确性和灵敏度不等，由此我们认为，同时使用两种方法联合检测抗核抗体对提高其结果的准确性灵敏度，避免漏检十分必要。

## PU-2501

### hsa\_circ\_0061585 在结直肠癌发生发展中的作用

谢艳

山东大学第二医院,250000

**目的** 结直肠癌是人类主要恶性肿瘤之一，其发病率和死亡率分别位于第三位和第四位。每年有 120 万新确诊的病例，并且有超过 60 万名患者死于结直肠癌。早期结直肠癌多无临床症状，其诊断主要通过对无症状和高危人群进行筛查，结肠镜检查是诊断的金标准，但因其费用较高且患者接受度较低。因此我们需要寻找灵敏度和特异度都高的肿瘤标志物来发现早期结直肠癌，目前还没有关于血清外泌体中 circRNA 与结直肠癌关系的研究，本论文旨在研究 circRNA 作为结直肠癌血清外泌体肿瘤标志物的应用价值。

**方法** 1.GEO 数据库分析和结直肠自表达相关的 circRNA，在组织和细胞中验证其表达

2.circRNA 的细胞功能实验

3.预测和该 circRNA 相互结合的 miRNA

4.miRNA 的功能试验

**结果** 1.hsa\_circ\_0061585 在结直肠癌组织和细胞中低表达

2.hsa\_circ\_0061585 与细胞迁移和侵袭能力相关

3.mir-27 在细胞中高表达

4. mir-27 与细胞迁移和侵袭相关

**结论** hsa\_circ\_0061585 通过与 mir-27a 的海绵吸附作用，抑制结直肠癌的发生发展



## PU-2502

## 人工受孕人群与正常育龄妇女阴道环境对比分析

张翠,孙武

云南省第一人民医院,650000

**目的** 比较人工受孕人群与正常育龄妇女阴道环境之间的差异, 为人工受孕手术的术前评价提供依据。

**方法** 收集本院人工受孕患者 22382 例(观察组)与同期 2892 例正常育龄妇女(对照组), 取阴道后穹窿处分泌物进行阴道分泌物有形成分分析+干化学检测, 对两组检测结果进行  $\chi^2$  检验。

**结果** 观察组与对照组在白细胞酯酶、白细胞、清洁度方面, 差异均有显著的统计学意义( $P<0.01$ ), 而唾液酸苷酶、线索细胞、加特纳球杆菌方面, 差异均无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 人工受孕人群与正常育龄妇女阴道环境之间有差异, 观察组总体的阴道环境情况比对照组好。

## PU-2503

## 预测卵巢储备功能检测指标的临床价值

邓庆

成都西囡妇科医院

**目的** 在试管助孕周期中选择一种或多种可靠的指标指导临床, 用于预测卵巢功能最优化的指标, 以提高 IVF-ET 的成功率。

**方法** 采用回顾性分析方法, 根据用药剂量和天数周期获卵数 $\leq 5$  个为卵巢反应不良组, 获卵数 $>6$  个为卵巢反应正常组。比较不同组各项基础雌二醇(E2)水平、基础卵泡刺激素(FSH)、卵泡刺激素/黄体生成素(FSH/LH)、孕酮(P)、抗缪勒氏激素(AMH)、基础窦卵泡数(AFC)各项指标不同年龄段的差异性

**结果** 1. 不同年龄组卵巢储备各参数比较, 基础 FSH、E2、FSH/LH、AMH、AFC、获卵数、Gn 的用量和天数, 26~30 岁组与 31~35 岁组上述各项指标间差异无统计学意义( $P>0.05$ ); 36~40 岁组与 41~45 岁组比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ ); 26~30 岁组及 31~35 组与 36~40 岁组比较, 除 E2 值差异无统计学意义( $P>0.05$ )外, 其他各项差异均有统计学意义( $P<0.05$ ); 26~30 岁组及 31~35 岁组与 41~45 岁组间比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

2. 单一因素预测卵巢反应 OR 值在基础血清 FSH、AMH、E2、年龄、AFC、FSH/LH、均有统计学意义( $P<0.05$ )。基础血清 AMH 水平和 AFC 是预测卵巢储备功能最好的独立指标。血清基础 FSH、FSH/LH、E2、AFC、AMH 对 IVF-ET 结局有影响, 但是不能对 IVF 结局做出预测; 无指标可以单独对 IVF-ET 结局做出预测。

**结论** 年龄大于 35 岁者获卵率与妊娠率明显降低, 年龄大于 35 岁是卵巢储备功能下降的界定指标。但年龄不能作为一个独立的卵巢储备功能的预测指标。基础 AMH 水平和 AFC 是预测卵巢储备功能的最可靠的独立指标, 且基础 AMH 水平、FSH/LH 比值可以对获卵数做出预测。E2 值随年龄增加而增高, 但在 40 岁以前无明显变化, 年龄超过 40 岁明显增高。年龄、基础 FSH、FSH/LH、E2、AFC、AMH 对 IVF-ET 结局均有影响, 但是不能对 IVF 结局做出预测。因此在 IVF-ET 技术过程中, 可联合多个指标综合地评价卵巢的储备功能, 指导选择个性化促排卵方案, 改善妊娠结局。

## PU-2504

## 载脂蛋白 E 基因多态性与初发急性缺血性脑卒中的相关性及对近期预后的影响

姜永玮

中日友好医院

**目的** 探讨载脂蛋白 E (Apolipoprotein E, ApoE) 基因多态性与初发急性缺血性脑卒中 (acute ischemic stroke, AIS) 的相关性, 及其对预后的预测价值。

**方法** 选择 2016.1-2018.1 收治的 445 例初发 AIS 住院患者及 363 例体检者为研究对象。全自动生化仪检测患者血脂、血糖等相关生化指标, 采用实时荧光定量 PCR 的方法检测 ApoE 基因型。AIS 患者按照中国急性缺血性脑卒中指南治疗。并于住院 24h 内和出院 6 个月后, 使用改良 Rankin 量表 (Modified Rankin Scale, mRS) 进行评估。采用 Logist 回归的方法, 分析 ApoE 基因型与 AIS 预后的相关性。

**结果** 在初发 AIS 患者中, ApoE E4 基因型频率显著高于对照组 (26.96% vs.16.19%,  $P<0.05$ ); 入院即刻 mRS $>2$  组的患者中, ApoE E4 频率显著高于 mRS  $\leq 2$  组的患者 (33.51% VS. 21.78%,  $P<0.05$ )。出院后 6 个月, 短期预后不良患者 (mRS $>2$ ) ApoE E4 频率显著高于预后较好的患者 (mRS $\leq 2$ , 42.31%vs.23.70%,  $P<0.05$ )。

**结论** ApoE E4 基因型与初发 AIS 风险增加及严重性密切相关, 并且该基因型可能是 AIS 短期预后不良的预测因素。

## PU-2505

## 碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌中毒力基因分布特征研究

刘淑敏

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 了解昆明医科大学第一附属医院碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP) 中毒力基因流行特征

**方法** 收集 2018 年临床送检的 CRKP 菌株, 并通过 PCR 检测常见的毒力基因, 分析其携带特征

**结果** ①对 2018 年收集的 53 株 CRKP 临床菌株的 CRP 基因进行扩增, 阳性率 91%, 即 CRP 调控子在大部分的 CRKP 中阳性表达。②对 53 株 CRKP 的毒力基因扩增, 显示铁摄取系统基因 entB 阳性率 96%, ybtS 基因阳性率 98%, aerobactin 基因阳性率 0, iutA 基因阳性率 13.2%, I 型菌毛 FimH 阳性率 79.2%, 粘液表型调节基因 A(rmpA)阳性率 0, 荚膜血清型 K1 (2%) 和 K2 (9%) 阳性率较低

**结论** 铁摄取系统毒力基因 entB 和 ybtS 的合成是 CRKP 菌株主要毒力机制。

## PU-2506

## HIV 感染前后个体趋化因子改变的光谱及其在疾病进展预测中的应用

尹晓婉

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 比较了 HIV 感染队列中 54 例感染者感染之前和之后 40 种趋化因子/细胞因子的水平。

**方法** 使用 Bio-Plex Pro™ Human Chemokine Panel 40-Plex (BIO-RAD) 测定血浆中的趋化因子/细胞因子水平。由制造商提供的趋化因子/细胞因子标准品一式两份检测并在每个平板上运行。使用 Bio-Plex 200 系统 (BIO-RAD) 获得所有数据。将低于/高于最小/最大检测阈值的趋化因子/细胞因子水平报告为每种趋化因子/细胞因子的最小/最大阈值。

**结果** 我们发现在 PHI 期间有 16 种趋化因子显著改变, 其中 12 种上调, 4 种下调。其中上调最显著的分别是 CXCL9、CXCL10、CXCL11, 我们分析了三种趋化因子之间的相互作用, 发现其呈两两正相关; 其中 CXCL10 水平与病毒载量 (VL) 呈正相关, 趋化因子 CXCL9、CXCL11 与感染一年后 CD4<sup>+</sup> T 细胞计数呈负相关。此外, 按病毒载量以及 CD4<sup>+</sup> T 细胞计数高低分组可以看到, CXCL9、CXCL10 在采样点及 setpoint 点病毒载量高的组明显升高, 趋化因子 CXCL9、CXCL10、CXCL11 在感染一年后 CD4<sup>+</sup> T 细胞计数低的组明显升高。通过对五例感染着感染年后动态因子观察我们可以看到 CXCL9、CXCL10、CXCL11 波动情况几乎与病毒载量波动情况一致。最后, 我们开发了一个预测模型,  $X = -1.724 + 0.007 \times CXCL9 + 0.004 \times CXCL10 - 0.033 \times CXCL11$ , 其中  $X > 0.521$  即可同时对 HIV 感染者病毒载量及 CD4<sup>+</sup> T 细胞计数进行预测。

**结论** 我们确定了 HIV 感染之前和之后趋化因子改变的光谱。这些发现表明 PHI 血浆趋化因子水平与疾病进展相关, 并且可以作为 HIV 临床疾病进展新的预测指标及方法。

## PU-2507

### 肠癌患者 D-dimer 医学决定限在血栓风险预测及肿瘤预后评估中的价值

陈颖, 卢仁泉, 郭林

复旦大学附属肿瘤医院, 200000

**目的** 正常人参考范围的血浆 D-二聚体上限不能作为肠癌患者静脉血栓栓塞的预测依据, 因此确立 D-dimer 的医学决定限对肠癌患者有着重要意义。除了将 D-dimer 的医学决定限纳入预测因子外, 同时结合其他临床危险因素, 共同建立肠癌患者的血栓风险评分系统提高预测效能, 从而发挥 D-dimer 在血栓风险预测及肿瘤预后评估中的价值。

**方法** 对 2015 年 1 月至 2018 年 1 月期间在我院治疗的 345 例肠癌患者临床资料进行回顾性分析, VTE 由影像学检查 CUS/CTA 确诊。收集治疗前血浆 D-dimer 进行数据统计。采用 ROC 曲线、单因素分析、Logistic 多因素回归分析以及生存曲线分析 D-dimer 医学决定限在肠癌患者血栓风险预测及肿瘤预后评估中的价值。

**结果** D-dimer 水平临界值为 1.715 μg/mL, 对应的敏感性为 77.9%, 特异性为 75.7%。D-dimer 高于决定限可作为血栓事件的独立影响因素。此外, 还有远端转移、输血史、多种化疗方案以及血小板计数, 联合 D-dimer 决定限共同构建血栓风险评分系统。验证结果显示, 本文评分系统预测效能 (曲线下面积 AUC 为 0.813), 优于 Khorana 评分 (AUC 为 0.703)。D-dimer 分组下, OS (P=0.026) 差异有统计学意义; 血栓风险评分分组下, PFS (P=0.011)、OS (P=0.029) 差异均有统计学意义。

**结论** 治疗前 D-dimer 水平 1.715 μg/mL 可作为肠癌患者血栓风险预测的医学决定限。D-dimer 医学决定限以及血栓风险评分系统, 适用于血栓高危患者筛查, 以及肠癌患者的预后评估。

## PU-2508

**甲状腺功能 (FT3, FT4, TSH) 的生物学变异研究**

王朔,赵敏,穆润清,张歆,云科,尚红  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** TSH, FT<sub>4</sub> 和 FT<sub>3</sub> 是甲状腺疾病诊治的重要标志物, 生物学变异对他们的临床应用有重要价值。本研究进行甲状腺功能的生物学变异研究。

**方法** 根据 Fraser and Harris 的方法, 募集 25 名健康个体, 每周同一时间抽血, 连续 4 周, 收集血清于-80℃冰箱中, 同一批次内双次检测。

**结果** TSH、FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub> 的个体内/个体间生物学变异分别是 18.21%/45.15%、5.24%/6.25%、3.56%/6.81% ; 个体指数 (II) 分别为: 0.41、1.17、0.62; 参考改变值 (RCV) 分别是 50.78%、20.28%, 11.78%。

**结论** 我们检测了基于中国人群的 TSH、FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub> 的生物学变异, 个体指数小, 应用 RCV 评价检测结果很重要。

## PU-2509

**全基因组测序在医院感染控制领域的应用**

史庆丰,胡必杰,郭玮,高晓东  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 总结全基因组测序在医院感染控制领域的应用情况。

**方法** 对 WGS 在医院感染暴发调查、流行的追溯、未知病原体的鉴定、毒力和耐药分析以及进化等领域进行系统性调查分析。

**结果** 医院获得性感染严重威胁住院患者的生命健康, 传统分子流行病学研究无法对医院内流行的细菌进行精确的区分和有效的追溯, 且无法判断它们之间传播流行的可能性和途径, 给医院感染控制带来巨大的挑战。全基因组测序分析 (whole genome sequencing, WGS) 作为一种高分辨、高通量测序方式, 通过检测目标细菌遗传信息的全基因组序列, 并比较其单核苷酸多态性差异、抗菌药物耐药性、毒力基因及进化等相关信息, 为医院感染追溯和针对性控制提供有效依据。

**结论** 本文概述 WGS 技术及其在医院感染暴发调查、流行的追溯、未知病原体的鉴定、毒力和耐药分析以及进化等领域的应用现状, 为今后的医院感染控制提供新的思路和解决途径。

## PU-2510

**间接免疫荧光法检测抗核抗体对抗中性粒细胞胞浆抗体判读结果的影响**

滕春燕,肖霞  
吉林大学第二医院,130000

**目的** 目前, 国际指南建议临床常规检测抗 ANCA 一般选用间接免疫荧光法 (indirect immunofluorescence, IIF) 作为筛查试验, 选用酶联免疫吸附法 (Enzyme linked immunosorbent assay, ELISA) 检测抗髓过氧化物酶 (MPO) 抗体及抗蛋白酶 3 (PR3) 抗体作为 ANCA 确认实验, 可大大提高诊断的特异性。由于国内部分实验室只采用 IIF 法检测 ANCA 的总抗体, 抗核抗体 (antinuclear antibody, ANA) 的干扰常会造成 ANCA 假阳性结果。特别是仅采用甲醛及乙醇固定的中性粒细胞作为基质检测的试剂, 更容易受到 ANA 干扰而导致 ANCA 结果

的误判。均质型 ANA 对 ANCA 的判读影响最为显著, 因此本文探讨了均质型 ANA 对 ANCA 结果判读的影响以及如何纠正和鉴别 ANA 的干扰。

**方法** 收集均质型 ANA 影响到 ANCA 结果判定的患者血清 140 例, 同时采用免疫印迹法检测血清中存在与 ANA 相关的特异性抗体。

**结果** 均质型 ANA 干扰 ANCA 结果判读以抗组蛋白抗体 (ANuA) 最多见, 占 65.2%, 其次分别为抗双链 DNA (dsDNA) 抗体和抗核小体抗体 (AHA), 依次占 57.7%和 54.3%。24.6%的患者血清中抗 dsDNA 抗体、ANuA 及 AHA 三种抗体均阳性, 其他抗体阳性仅占 12.5% (以 Sm 抗体、U1RNP 抗体较多)。

**结论** 均质型 ANA 可干扰核周型 ANCA 的结果判断, 进一步稀释样本、同时结合抗 dsDNA 抗体、ANuA 及 AHA 等特异性抗体结果有助于排除 ANA 干扰。

## PU-2511

### 一种新型次氯酸消毒液对纤维支气管镜 消毒效果的评估

钱麟,史庆丰,许华,郭玮,王春灵  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 评价一种新型次氯酸消毒液对纤维支气管镜的消毒效果, 并临床观察该消毒液的有效性和实效性。

**方法** 将 44 根使用后的纤维支气管镜严格按照操作流程清洗后, 使用次氯酸消毒液分别进行机洗 5min 和 3min 的消毒, 并采用滤膜法、倾注法和 ATP 荧光检测法对纤维支气管镜的外表面和内腔表面进行消毒效果的监测和评价。

**结果** 次氯酸消毒液作用 5min 和 3min 的消毒效果合格率均为 100%, 连续使用 1 周后, 有效浓度仍维持在 80mg/L 以上。

**结论** 该新型次氯酸消毒液作用 3min 即可对纤维支气管镜产生良好的消毒效果, 提高了工作效率, 并具备良好的安全性和稳定性。

## PU-2512

### 浙江地区 2226660 例女性 HPV 感染状况分析

孟帅,普智飞,李晓博,姜育荣  
杭州迪安医学检验中心有限公司

**目的** 分析浙江 11 个地区 (杭州、湖州、嘉兴、金华、丽水、宁波、绍兴、台州、温州、舟山、衢州) 人乳头瘤病毒 (HPV) 感染状况及基因型分布。

**方法** 2014 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日送检本中心 2226660 例女性宫颈脱落细胞, 采用荧光 PCR 熔解曲线法检测其 HPV 基因分型, 分析所有受检者 HPV 基因型分布及各地区差异。

**结果** 所有受检者中共检出 HPV 阳性 467947 例, 感染率 21.00%。浙江地区最常见的四种 HPV 亚型为 HPV16(2.97%)、52(3.09%)、58(2.95%)。

**结论** 应加强浙江地区女性 HPV 的筛查力度, 特别是 HPV16、52、58 四种最常见基因型的筛查, 临床诊断中应特别关注。

## PU-2513

## Bone Marrow Molecular Markers Associated with Relapsed/Refractory Activated B-Cell-Like Diffuse Large B-Cell Lymphoma

Di Wang, Yi-Qun Che

National Cancer Center/ National Clinical Research Center for Cancer/ Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** Activated B-cell-like diffuse large B-cell lymphoma (ABC-DLBCL) is a common subtype of non-Hodgkin's lymphoma and is very likely to infiltrate the bone marrow. Over 30% of patients are converted to relapsed/refractory DLBCL after first-line rituximab combined with cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone therapy, with a poor prognosis. Our aim was to identify molecular markers that might be utilized to predict relapsed/refractory ABC-DLBCL patients.

**Methods** we collected bone marrow aspirate smears from 202 patients with ABC-DLBCL and detected expression of bone marrow molecular marker proteins by immunocytochemistry.

**Results** Signal transducer and activator of transcription (Stat)3, nuclear factor (NF)- $\kappa$ B p65, Syk, Bruton's tyrosine kinase (BTK), and Bcl2 proteins were strongly expressed in bone marrow aspirate smears of ABC-DLBCL patients. The same smear could present positive expression of multiple proteins simultaneously. Positive combinations of protein expression were associated with resistance. The most significant finding was that the Stat3+NF- $\kappa$ B+ group developed resistance, which was significantly higher than that of the Stat3-NF- $\kappa$ B-group (80 vs. 14%). There was a significant difference in two-year relapse-free survival between protein-positive and protein-negative combinations of Stat3-NF- $\kappa$ B ( $P = 0.005$ ), Bcl2-Stat3 ( $P = 0.009$ ), Bcl2-Pax5 ( $P = 0.003$ ), and BTK-Syk ( $P < 0.001$ ). Thus, we detected key molecules in multiple signaling pathways in bone marrow aspirate smears.

**Conclusions** the results provide further clinical evidence of ABC-DLBCL drug-resistant molecules and provide a theoretical basis for rational second-line treatment after drug resistance.

## PU-2514

## 上海地区幽门螺杆菌体外耐药性分析

黄声雷, 潘柏申, 胡必杰, 郭玮, 李华茵, 周春妹  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 了解上海地区幽门螺杆菌 (Hp) 对常见四种抗菌药物 (甲硝唑、克拉霉素、阿莫西林和左氧氟沙星) 的耐药现状, 通过比较当地 Hp 对常见抗菌药物耐药性和目前根除治疗推荐的用药方案, 为临床医生选择合适抗菌药物, 调整治疗方案提供依据, 并提高上海地区 Hp 的根除率。

**方法** 收集 2014 年 3 月—2016 年 1 月因消化道症状来上海复旦大学附属中山医院消化科就诊并接受胃镜检查的快速尿素酶试验阳性患者的胃粘膜组织标本, 在微需氧环境下进行 Hp 的分离培养、形态学鉴定 (革兰染色)、生化鉴定 (过氧化氢酶试验) 和分子生物学 16sRNA 鉴定 (16sRNA), 采用 E-Test 纸片扩散法分析 Hp 对甲硝唑、克拉霉素、阿莫西林和左氧氟沙星 4 种一线抗菌药物的耐药性。

**结果** 215 份快速尿素酶试验阳性患者的胃粘膜组织标本共分离培养 166 株 Hp, 检出率为 72.6%。Hp 对甲硝唑、克拉霉素、阿莫西林和左氧氟沙星的耐药率分别为 65.1%、26.5%、7.8% 和 31.9%, 其中对甲硝唑+克拉霉素均耐药 43 株占 25.9%; 对甲硝唑+左氧氟沙星均耐药 46 株占 27.7%; 对甲硝唑+阿莫西林+克拉霉素均耐药 13 株 7.8%, 对甲硝唑+克拉霉素+左氧氟沙星均耐药 42 株占 25.3% 对四种抗菌药物均耐药 13 株占 7.8%。对不同性别、年龄、疾病类型分

离的 Hp 进行抗菌药物的耐药率比较发现, 其中非老年组分离的 Hp 对甲硝唑的耐药率 (70.9%) 高于老年组 (53.6%), 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。消化道溃疡组分离的 Hp 对甲硝唑的耐药率 (78.6%) 明显高于慢性胃炎组 (60.5%), 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。其它各项比较均无统计学差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 上海地区的 Hp 株对甲硝唑的耐药率较高超过 50%, 对克拉霉素和左氧氟沙星的耐药率均大于 25%, 且存在双重和多重耐药的情况, 对阿莫西林耐药率较低。因此甲硝唑不应作为根除 Hp 治疗的一线药物, 对克拉霉素和左氧氟沙星建议在含铋剂四联方案或药敏试验指导下选用。阿莫西林耐药率较低, 可在经验治疗中首选。建议上海地区临床微生物室应常规开展 Hp 耐药监测, 为临床合理选择并及时调整治疗方案, 提高本地区 Hp 根除率提供参考。

## PU-2515

### The mechanism and clinical study of FABP5-ABCG1 pathway on cholesterol metabolism mediated by ox-LDL in atherosclerosis

Li Ding

Southern Medical University, Nanfang Hospital

**Objective** Atherosclerosis (AS) is one sort of complex chronic disease which based on lipid metabolism disorders such as cholesterol. China Cardiovascular Disease Report 2017 pointed out that the mortality of cardiovascular disease ranked first among all diseases in our country, while AS is the main cause of different kinds of cardiovascular diseases. Although the pathogenesis of AS is extremely complicated, dyslipidemia is usually a vitally important risk factor in promoting the development of AS. Oxidized low density lipoprotein (Ox-LDL) is an important pathogenetic factor of AS. It can induce the cholesterol metabolism disorders so that the foam cells can be formed and then result in the formation of plaques. Therefore, it is significantly important to explore the mechanism of cholesterol metabolism imbalance induced by Ox-LDL so that we can prevent and treat AS.

**Methods** The microarrays were used to screen out the differentially expressed genes in advanced atherosclerotic plaques compared with normal arterial intimaes. The enzyme-linked immunosorbent assays (ELISA) were performed to estimate the clinical diagnosis efficacy of FABP5 for atherosclerosis patients compared to healthy subjects. In addition, the RNAi technology, quantitative real-time PCR (qRT-PCR), western blotting were used to figure out the pathogenesis mechanisms or functions of FABP5 in AS cholesterol dysbolism.

**Results** In our study, we found that the mRNA expression of fatty acid binding protein 5 (FABP5) in human intimal plaque tissues was significantly higher than that in normal human intimal tissue (multiple of difference was 210.79%) by gene chips and bioinformatics analysis. The clinical verification showed the serum FABP5 level in AS patients was higher than that in normal controls ( $P=0.021$ ). The results in our further study showed that Ox-LDL could significantly up-regulate the protein and mRNA expression of FABP5 in human aortic smooth muscle cells (HASMCs) and the up-regulation trend was in a concentration dependent manner. The expression of a great amount of genes related to cholesterol metabolism were detected by Q-PCR after transfecting the interference lentivirus vectors of FABP5 into HASMCs and we found that the protein and mRNA expression of ATP binding cassette transporter G1 (ABCG1) were significantly up-regulated in HASMCs when FABP5 was interrupted. It is universally acknowledged that ABCG1 can promote intracellular cholesterol efflux so as to maintain the cholesterol metabolic balance.

**Conclusions** Therefore, we suggest that the FABP5-ABCG1 pathway is involved in the regulation of intracellular cholesterol metabolism induced by Ox-LDL which can result in promoting the progress of AS. FABP5-ABCG1 pathway may become a novel potential target in regulating lipid metabolism, preventing and treating AS.

## PU-2516

## 评估荧光 PCR 熔解曲线方法直接检测临床样本中幽门螺杆菌对克拉霉素的耐药性

黄声雷,潘柏申,胡必杰,郭玮,李华茵,周春妹

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 本研究通过荧光 PCR 熔解曲线方法直接检测样本中 Hp 的克拉霉素耐药基因,了解上海地区 Hp 耐克拉霉素基因的分布特征。

**方法** 收集 2016 年 3 月-9 月,复旦大学附属中山医院接受胃镜检查的快速尿素酶试验阳性患者的胃粘膜组织标本 80 例,使用荧光 PCR 熔解曲线法直接检测样本中 Hp 特异性 23SrRNA 的区域并对扩增的核酸进行荧光标记,通过检测荧光变化绘制其熔解曲线的方法,来确定幽门螺旋杆菌 23SrRNA 突变情况。采用 DNA 测序技术对 Hp 克拉霉素耐药基因 23SrRNA 的 PCR 产物核苷酸序列进行分析,分析敏感株与耐药株各个基因的突变点。

**结果** 检测 Hp 阳性的患者临床诊断包括慢性浅表性胃炎 36 例、慢性萎缩性胃炎 21 例、慢性糜烂性胃炎 4 例、胃溃疡 6 例、胃癌 2 例和胃粘膜息肉 1 例。80 份快速尿素酶试验阳性患者的胃粘膜组织标本使用荧光 PCR 熔解曲线法共检测 69 例样本 Hp 阳性,11 例 Hp 阴性。69 例 Hp 阳性的标本中 24 例标本存在 23SrRNA 第 2142 或 2143 位点的变异。本次试验中男性组和女性组的 Hp23SrRNA 第 2142 或 2143 位点突变率分别为 29.4%和 40.0%,差异无统计学意义。将患者按年龄分为老年和非老年组, Hp23SrRNA 第 2142 或 2143 位点突变率分别为 36.4%和 34.0%,差异有统计学意义。将患者按照不同消化道疾病分为慢性浅表性胃炎组、慢性萎缩性胃炎组和溃疡组,结果显示浅表性胃炎组、萎缩性胃炎组和溃疡组的 Hp23SrRNA 第 2142 或 2143 位点突变率分别为 33.3%、40.9%和 33.3%,差异无统计学意义。使用 DNA 测序法共检测 64 株 Hp 阳性,阳性率为 80.0%。在 64 株 Hp 阳性的标本中 23 例标本检测到 23srDNA 耐药基因的突变,突变率占 35.9%。23 株 Hp 突变株均为单位点突变,其中 2142 位点突变率为 0%,2143 位点突变率为 100%。两种方法检测 23srDNA 的阳性符合率、阴性符合率和总符合率分别为 100%、68.8%和 92.5%;检测 Hp23SrRNA 的阳性符合率、阴性符合率和总符合率分别为 87.0%、95.1%和 92.2%。

**结论** 上海地区克拉霉素耐药 Hp 菌株基因型以 23SrRNA 基因的 A2143G 突变占主导地位, Hp 克拉霉素的耐药基因突变率在 60 岁以上老人中的较高。荧光 PCR 熔解曲线法可直接检测胃粘膜活检组织中 Hp 及其 23SrRNA 突变基因,该方法耗时短且结果准确。

## PU-2517

## Clinical features and treatment of patients with lung adenocarcinoma with bone marrow metastasis

Di Wang,Yi-Qun Che

National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** Bone marrow metastasis occurs in lung adenocarcinoma patients with a poor prognosis due to the late course and lack of definitive treatments, although reports on this are limited. This study analyzed the clinical manifestation, laboratory examination, treatment, and prognosis of patients with lung adenocarcinoma with bone marrow metastasis.

**Methods** All patients were confirmed to have bone marrow infiltration by bone marrow aspiration. The clinical data of 12 patients with lung adenocarcinoma with bone marrow metastasis were analyzed retrospectively. The prognostic factors were analyzed by Kaplan-Meier statistics.



**Results** The common biomarker abnormalities in 12 patients were elevated carcinoembryonic antigen in 12 cases (100%), elevated lactate dehydrogenase in 9 cases (75%), increased alkaline phosphatase and anemia in 8 cases each (66.7%), and thrombocytopenia in 4 cases (33.3%). After diagnosis of bone marrow metastasis, 5 patients were treated with platinum-based chemotherapy, 3 patients received chemotherapy and targeted drug tyrosine kinase inhibitor (TKI) therapy, 2 patients received simple TKI therapy, and 2 patients received only best supportive care (BSC) therapy. The median duration of survival after the diagnosis of bone marrow involvement was 422 days. The survival time of patients receiving TKI therapy after bone marrow metastasis was significantly better than that of patients receiving only BSC and chemotherapy ( $\chi^2=4.636$ ,  $P=0.031$ ).

**Conclusions** The survival period of patients with lung adenocarcinoma with bone marrow metastasis is short, and targeted drug TKI treatment can prolong the survival time for patients with EGFR mutation-carrying lung adenocarcinoma with bone marrow metastasis.

## PU-2518

### EB 病毒核酸及相关抗体检测的临床应用

延娅娅

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** EB 病毒在人群中广泛感染, 且为终生携带, 患者一般没有临床症状, 一旦进入活动期, 可引起相应的疾病。儿童感染 EB 病毒, 临床表现复杂多样, 病情轻重各异, 没有典型表现, 临床容易造成漏诊、误诊。该病毒可累及多脏器系统, 出现严重并发症而危及生命, 故早期诊断、早期治疗非常重要。随着检验技术的不断成熟, EBV 核酸的定量检测, 结合常规的血清学免疫学抗体检测结果, 不仅有利于在病毒感染初期及时检出致病原, 而且对 EBV 感染的动态监测、预后评估也有重要的临床意义。本文就 EB 病毒的核酸和相关抗体检测研究进展作一综述。

**关键词:** EB 病毒; 抗体检测; 核酸检测

**方法** 回顾性研究

**结果** 血清学检测是诊断 EBV 感染的有效方法, 能在一定程度上反映疾病的发展趋势, 但只能作为病毒感染的指标, 不能准确反应出体内 EBV 感染的复制情况, 而用 q PCR 定量分析可以准确测定出病毒载量。由于血浆 EBV DNA 仅存在于病毒血症期, EBV 感染 2 周后开始迅速下降, 尤其在退烧后可能检测不到, 但 EBV VCA-Ig M 水平反而逐渐升高, 故联合检测 EBV VCA-Ig M 及血清 EBV DNA 可提高 EBV 现症感染的诊断率。

**结论** 血清学检测是诊断 EBV 感染的有效方法, 能在一定程度上反映疾病的发展趋势, 但只能作为病毒感染的指标, 不能准确反应出体内 EBV 感染的复制情况, 而用 q PCR 定量分析可以准确测定出病毒载量。由于血浆 EBV DNA 仅存在于病毒血症期, EBV 感染 2 周后开始迅速下降, 尤其在退烧后可能检测不到, 但 EBV VCA-Ig M 水平反而逐渐升高, 故联合检测 EBV VCA-Ig M 及血清 EBV DNA 可提高 EBV 现症感染的诊断率。

## PU-2519

### M 蛋白血症的检测及临床分析

王芊, 华川, 郭旭

中国人民解放军陆军第八十二集团军医院(原解放军第 252 医院)

**目的** 对 2018 年我院检测血清蛋白电泳检出的 M 蛋白阳性患者进行分析, 并结合其结合其免疫球蛋白、免疫固定电泳结果进行分析, 以探讨其在 M 蛋白血症检测中的意义及临床应用价值。

**方法** 血清蛋白电泳采用 sebia 全自动毛细管蛋白电泳仪分析其是否含有 M 蛋白峰, 免疫固定电泳采用 sebia 蛋白电泳仪, 分析其在相应泳道是否有免疫特异沉淀, 免疫球蛋白检测采用 beckman Immage800 散射比浊进行检测分析。

**结果** 在 43070 例血清蛋白电泳检测中, 其中门诊 166 例, 住院 42895 例, 体检 9 例。共检出 M 蛋白阳性例数 253 例, 检出率为 0.59%。其中肿瘤血液科、心内科、神内科、呼吸科、神内科、骨关节外科为检出率较高科室。肿瘤血液科 M 蛋白检出率为 3.41%; 心内科 M 蛋白检出率为 0.48%; 神经内科共 M 蛋白检出率为 0.45%; 呼吸科 M 蛋白检出率为 0.71%; 神经外科 M 蛋白检出率为 0.58%; 普通外科 M 蛋白检出率为 0.48%; 骨关节外科 M 蛋白检出率为 0.55%。在血清蛋白电泳检出的 253 例 M 蛋白中, 在 b 区和 g 区均有分布。其中 b1 区 2 例, b2 区 23 例, b 区 19, g 区 209 例。血清蛋白电泳结果出现 M 蛋白, 进行进一步检查不重复病例共 54 例。其中肿瘤血液科 35 例, 肾内科 6 例, 脊柱外科 4 例, 神经内科 4 例, 耳鼻喉科 1 例, 呼吸科 2 例, 心胸外科 1 例, 心内科 1 例。免疫固定电泳分型结果为检出 IgGK 型 20 例, 占 37.04%, IgGL 型 14 例, 占 25.93%, IgAK 型 9 例, 占 16.67%, IgAL 型 6 例, 占 11.11%, IgMK 型 2 例, 占 3.70%, 轻链 L 型 1 例, 占 1.85%, IgGL 伴随 L 型 1 例, 占 1.85%, IgDL 伴随 L 型 1 例, 占 1.85%。

**结论** 我院 M 蛋白血症病人就诊原因可见于多种疾病, 骨痛、胸痛、感染、发热、蛋白尿等多为其就诊原因, 除肿瘤科外, 骨科、心内科、呼吸科、肾内科等检出率也较高。全院 M 蛋白检出率为 0.59%, 但由于我院免疫固定电泳送检比例较低, 故在我院病例中, IgG 型最常见, 约占 62.97%, 其次为 IgA 型, 约占 27.78%, IgM 型占 3.70%, 轻链 L 型占 1.85%。因此, M 蛋白为诊断 MM 疾病以及判断临床分期的重要性指标之一, 值得进一步深入研究。

## PU-2520

### Autolumis3000 微粒子化学发光分析仪在梅毒抗体筛查中特异性分析

邵淑丽<sup>1</sup>, 李秋静<sup>1</sup>, 耿建利<sup>1</sup>, 刘鹏<sup>1</sup>, 曲业敏<sup>1</sup>, 宋宇<sup>1</sup>, 王晓伟<sup>2</sup>, 姚继承<sup>2</sup>, 王明义<sup>1</sup>

1. 威海市立医院, 264200

2. 威海威高生物科技有限公司

**目的** 评价威高 Autolumis3000 微粒子化学发光分析仪在梅毒螺旋体 (TP) 特异性抗体的筛查试验中特异性。

**方法** 对 TP 特异性抗体的检测结果进行回顾性分析。采用威高 Autolumis3000 梅毒特异性抗体检测试剂, 对 2018 年 3 月至 2019 年 3 月期间 36854 份患者血清标本进行检测。对初筛结果阳性标本附加甲苯胺红不加热血清试验 (TRUST), 采用梅毒螺旋体明胶凝集试验 (TPPA) 进行复检, 并对 TPPA 试验复检结果为阴性的样本采用免疫印迹法 (WB) 进行确证。数据的统计分析采用 SPSS 软件。

**结果** 36854 份血清标本中, 共筛检出抗-TP 抗体阳性标本 544 份。TRUST 试验复检阳性 314 份, 阴性 230 份。经 TPPA 试验复检后, 检出阳性标本 526 份, 阴性标本 18 份; 对 18 份 TPPA 阴性结果的血清标本, 采用 WB 试验确证, 检测结果为阳性 2 份, 不确定样本 5 份, 阴性 11 份。

**结论** Autolumis3000 微粒子化学发光法检测梅毒特异性抗体的特异性为 99.97%, 对初筛阳性标本选用 TPPA 试验作为补充试验进行复检, 可有效提高梅毒检出的准确性。

## PU-2521

## 安徽北部地区人乳头瘤病毒在宫颈癌、宫颈上皮内瘤变和无症状妇女中的流行和基因型分布

木朝宇,张晓梅,徐珍,范德胜,刘培明,胡亚翎

淮北矿工总医院集团

**目的** 调查安徽北部人乳头瘤病毒宫颈癌、宫颈上皮内瘤变和无症状妇女中的感染流行和基因型分布,以了解该地区 HPV 的感染状况和基因型分布,为了临床接种 HPV 疫苗有效控制宫颈癌提供参考依据。

**方法** 本研究分析了 2017 年 3 月至 2019 年 3 月淮北矿工总医院集团以及下属 16 家分院,27 个矿区保健站(分布于淮北,宿州,亳州等地)的住院、门诊和体检筛查 HPV 感染的 6382 例宫颈脱落细胞标本(年龄 19-90 岁,平均 46.01 岁)。采用 PCR-反向点杂交法进行 26 种 HPV 基因亚型检测,包括 16 种高危型和 10 种低危型,宫颈活检和 TCT 结果由本院病理科提供。采用 SPSS19.0 软件进行数据分析。

**结果** 6832 例样本中,HPV 阳性率 16.36% (1044/6832),单一亚型阳性占比 67.05% (700/1044),多重亚型阳性占比 32.95% (344/1044),HPV 高危亚型感染率 80.46% (840/1232),低危亚型感染率 19.54% (392/1232)。HPV-52 (12.24%), -16 (10.07%) 和 -58 (7.15%) 是主要基因型,其次是 HPV-44 (6.50%), -40 (5.34%), -51 (4.85%), -56 (4.54%), -39 (4.10%)。在 HPV 阳性女性中,14.4% (150/1044) 的病例显示 TCT 和宫颈活检异常,包括 LSIL (50.00%, 75/150)、HSIL (27.33%, 41/150) 和 CC (22.67%, 34/150)。CPLs 和 CC 患者中,HPV-16 (24.77%), -52 (11.68%), -58 (9.35%) 是主要基因型。不同年龄亚组分析显示 41-50 岁组 HPV 感染率最高 (37.93%, 396/1044),其次 HPV-16, -52, -58 以及 CPLs 和 CC 也主要集中在 41-50 岁组,其占比分别为 41.36%、35.03%、33.91% 和 43.33%。

**结论** 安徽北部地区 HPV 感染率 16.35%, 高危 HPV 以 52、16、58、为主要基因型,低危 HPV 以 44、40、42 为主要基因型。41~50 岁人群应作为 HPV 感染、CPLs 和 CC 的重点筛查对象。

## PU-2522

## 红细胞分布宽度在结直肠癌术前患者中的临床价值

万芙蓉

山东省千佛山医院,250000

**目的** 本研究的目的是研究结直肠癌(CRC)患者术前红细胞分布宽度(RDW)的临床价值。

**方法** 回顾性分析 2011 年 1 月至 2015 年 4 月我院接受根治性手术切除的 240 例 CRC 患者的临床资料。以 110 名患有结肠息肉的患者和 48 名健康志愿者收集数据以用作对照分析的对照。比较 RDW 组患者的临床病理特征。并比较术前和术后 RDW 值。进行 Kaplan-Meier 分析和 Cox 回归建模以预测总体存活率(OS)和无病生存率(DFS)。

**结果** 结果显示 CRC 患者的 RDW 水平显著高于结肠息肉患者和健康对照组。CRC 的最佳 RDW 截止点为 13.45%。RDW 升高与肿瘤发生远处转移呈显著相关。年龄较大的 CRC 患者在手术前后, RDW 水平没有显著差异( $P > 0.05$ )。RDW 增加的 CRC 患者 OS 和 DFS 率明显较差,特别是转移性 CRC 患者( $P < 0.05$ )。而且术前外周血中中性粒细胞与淋巴细胞比值升高的患者在 CRC 中的 DFS 时间减少( $P = 0.053$ ),但这种差异不显著。

**结论** 使用术前 RDW 来预测 CRC 患者预后简便可行。

## PU-2523

## Correlation analysis of mesenchymal–epithelial transition factor protein and human epidermal growth receptor 2 protein expression in 1479 cases of lung adenocarcinoma in China

Di Wang, Yi-Qun Che

National Cancer Center/ National Clinical Research Center for Cancer/ Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** To investigate the correlation between mesenchymal–epithelial transition factor (C-Met) and human epidermal growth receptor 2 (HER2) protein expression in primary lung adenocarcinoma tissues.

**Methods** A total of 1479 resected primary lung adenocarcinoma patients were enrolled in the present study for detecting of C-Met and HER2 protein by immunohistochemistry, and correlation analysis was made between the above two biomarkers and related clinicopathological features.

**Results** Both C-Met and HER2 proteins were found to stain highly positive in lung adenocarcinomas, and a positive correlation was found between them ( $\chi^2 = 118.5$ ,  $P = 2.707 \times 10^{-21}$ ). In addition, HER2 protein expression was correlated with sex, pathological stage, lymph node metastasis, and major subtypes; and C-Met was correlated with sex ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** The expression of C-Met and HER2 protein in lung adenocarcinoma is highly correlated, and whether it is synergistic in the targeted therapy of lung adenocarcinoma deserves further study.

## PU-2524

## 昆明地区汉族人群华法林基因检测对临床应用剂量的影响

徐敏

昆明市延安医院, 650000

**目的** 评价昆明地区汉族人群 CYP2C9 和 VKORC1 基因检测对华法林用药剂量的影响。

**方法** 按照设定的标准选取昆明市延安医院 2018 年 6 月—2019 年 4 月服用华法林患者 163 例, 所有患者均使用华法林抗凝治疗。本试验采用 PCR-荧光探针法对 CYP2C9 和 VKORC1 基因进行检测, 根据患者年龄、体重、身高及基因型和国际华法林药物基因组联合会 (IWPC) 模型确定患者华法林预测剂量, 并根据国际标准化比值 (INR) 监测结果调整华法林至合适剂量。比较华法林不同基因型给药剂量的差异以及实际稳定剂量与预测剂量的相关性。

**结果** 患者 CYP2C9\*3 基因以 AA 型为主, 157 例, 96.32%, AC 型为 6 例, 3.68%; VKORC1—1639 基因 AA 型 132 例, 80.98%, GA 型 29 例, 17.79%, GG 型 2 例, 1.23%; 不同基因型给药剂量的差异明显 ( $P < 0.05$ ); 华法林预测剂量与稳定剂量之间存在相关性 ( $P < 0.001$ ,  $r = 0.898$ )

**结论** 不同基因型的华法林给药剂量存在差异性, 患者预测剂量与稳定剂量存在相关性 ( $r = 0.898$ ); 基因检测所得的预测剂量具有较高的准确性; CYP2C9 和 VKORC1 基因检测在指导华法林用药中具有一定参考价值。

## PU-2525

## 1995-2008 年中国大陆不同地区幽门螺杆菌耐药率分析及变迁研究

黄声雷,潘柏申,胡必杰,郭玮,李华茵,周春妹

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 分析中国大陆幽门螺杆菌耐药现状和变化趋势及不同地区间耐药性的差异,为临床合理选择抗菌药物,避免耐药菌产生提供可靠的依据。

**方法** 根据最新 CLSI 和 EUCAST 颁布的幽门螺杆菌药敏方法和折点标准,从中国生物医学文献服务系统、中国知网、维普中文科技期刊数据库、万方数据库和 Pubmed 数据库检索并筛选幽门螺杆菌对常用抗菌药物耐药率的文献,并统计不同地区和不同年份的幽门螺杆菌耐药率差异及变化趋势。

**结果** 截止到 2018 年 12 月 31 日,共纳入 38 篇符合要求的关于中国大陆地区的幽门螺杆菌耐药情况的文献。中国大陆地区 2000-2017 年 24858 株幽门螺杆菌对克拉霉素的耐药率为 32.0%(95%CI:26.5%—37.5%),由高到低依次为:贵州 55.5%、河南 51.3%、北京 46.0%、福建 38.9%、吉林 38.6%、湖北 32.8%、山东 22.9%、浙江 21.4%、广东 21.2%和上海 21.0%。中国大陆地区 1995-2018 年 4009 株幽门螺杆菌对甲硝唑的耐药率为 59.8%(95%CI:50.3%—69.2%),耐药率由高到低依次为:河南 87.2%、浙江 75.9%、广东 68.9%、北京 64.3%、山东 52.3%、上海 46.7%、吉林 42.6%和黑龙江 30.0%。中国大陆地区 2005-2017 年 22040 株幽门螺杆菌对左氧氟沙星的耐药率 29.0%(95%CI:21.6%—36.6%),耐药率由高到低依次为:河南 67.4%、北京 49.1%、山东 35.4%、吉林 33.7%、浙江 23.4%和贵州 7.4%。中国大陆地区 2009-2015 年 7627 株幽门螺杆菌对四环素的耐药率 2.2%。耐药率由高到低依次为:贵州 23.4%、北京 6.6%、山东 2.3%和浙江 0%。中国大陆地区 2009-2015 年 1789 株幽门螺杆菌对阿莫西林的耐药率 4.0%。耐药率由高到低依次为:北京 5.1%、山东 2.3%和浙江 0%。

**结论** 我国幽门螺杆菌对多种常用抗菌药物的耐药率处于全球较高水平,且近年来呈不断上升趋势,临床治疗前应进行幽门螺杆菌体外药敏试验。采用正确试验方法和判断标准才能获得更准确药敏结果,才能为临床有效地防止抗菌药物滥用、控制耐药率的升高和减少根除失败的发生提供可靠的依据。

## PU-2526

## Expression and clinical significance of programmed death ligand 1 in nasopharyngeal carcinoma

Di Wang,Yi-Qun Che

National Cancer Center/ National Clinical Research Center for Cancer/ Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** Nasopharyngeal carcinoma (NPC) has the highest incidence of all types of head and neck cancer in China. The present study aimed to investigate the association between the expression of programmed death ligand 1 (PD-L1) in NPC tissues and clinicopathological features, as well the outcomes for NPC patients.

**Methods** In addition, the association between tissue expression of PD-L1 and immune components in peripheral blood was assessed. The expression of PD-L1 was determined by immunohistochemistry, while immune indexes were determined by ELISA and flow cytometry.

**Results** The positive expression rate of PD-L1 in NPC patients was 29.2%, and the PD-L1 expression levels were associated with distant metastasis ( $P=0.010$ ) and the T-stage of the

primary tumor ( $P=0.032$ ). The expression of PD-L1 was associated with the distant metastasis-free survival of NPC patients ( $P=0.006$ ). In addition, a statistically significant association of PD-L1 expression with Epstein-Barr virus viral capsid antigen IgA (EBV VCA-IgA;  $P=0.046$ ) and with CD3-CD19+ cells ( $P=0.014$ ) was identified.

**Conclusions** These results indicated that PD-L1 may be a potential prognostic biomarker for NPC patients, and that EBV VCA-IgA and CD3-CD19+ cells may be useful for predicting PD-L1 expression when its levels cannot be detected due to the lack of a tumor tissue sample.

## PU-2527

### 慢性肺脓肿性的病原学二代测序技术应用 ——病例报告一例

姚雨濛,潘珏,郭玮,胡必杰  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 汇报慢性肺脓肿性的病原学二代测序技术应用案例 1 则。

**方法** 在传统微生物学检测手段以外,对包括血、痰液、脓液、肺组织等多种类型的临床标本应用了病原学二代测序 (Metagenomic next generation sequencing, mNGS) 技术以评估致病菌、指导临床治疗。

**结果** 临床中对肺脓肿真正致病病原体的检测常具有挑战性,常规微生物学方法价值有限。本文报告一例病程超过 5 年的慢性、难治性肺脓肿病例,在传统微生物学检测手段以外,对包括血、痰液、脓液、肺组织等多种类型的临床标本应用了病原学二代测序 (Metagenomic next generation sequencing, mNGS) 技术以评估致病菌、指导临床治疗。本例患者的血需氧及厌氧培养均阴性,肺脓肿的引流脓液、咳出坏死组织以及手术所切除肺组织细菌培养仅提示咽颊炎链球菌生长,而多种呼吸道标本应用 mNGS 检出了以普氏菌属为主的大量多种微生物。同时,在迁延的病程中观察到,检出病原体构成随着抗菌药物治疗及病程变化发生转变,检出的普氏菌丰度逐渐降低,而卟啉单胞菌属、布雷德菌属、微小单胞菌属、消化链球菌属、弯曲菌属、真杆菌属等细菌丰度增加。

**结论** 提示病原学二代测序技术在慢性肺脓肿等难治性感染病种的应用价值。本例慢性肺脓肿病例最终通过联合抗生素治疗与胸外科手术得到治愈。

## PU-2528

### 二代测序技术快速检测耶氏肺孢子菌感染患者 12 例临床分析

王萌冉,缪青,马玉燕,金文婷,郭玮,潘珏,胡必杰  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 耶氏肺孢子菌肺炎是由肺孢子菌引起的间质性浆细胞性肺炎,为条件性肺部感染性疾病,较多见于 HIV 感染患者,但近 10 年来随着激素以及免疫抑制剂等药物的应用增多,耶氏肺孢子菌感染在非 HIV 感染患者中的比例有明显升高。本病潜伏期为 4-8 周,主要症状为进行性加重的咳嗽、气促、呼吸困难,未经治疗者可快速进展至呼吸衰竭,但由于本病症状缺乏典型性,且肺部体征较少,部分早起患者肺部影像学可无明显的典型弥漫性肺间质浸润表现,确诊依赖病原学诊断。但传统的呼吸道标本检测手段对于耶氏肺孢子菌的阳性率极低,故而快速早期识别耶氏肺孢子菌感染可以为患者早期干预提供临床依据,并且显著改善患者预后。

**方法** 本研究纳入了 2018 年 1 月-2018 年 6 月复旦大学附属中山医院感染病科以及 ICU 病房收治的 12 例临床高度怀疑,并最终通过微生物二代测序手段证实的,耶氏肺孢子菌感染的非 HIV 感染者,并对其进行临床资料分析。

**结果** 所有 12 例患者均为耶氏肺孢子菌感染患者,临床表现最多见的包括干咳(77.8%)、胸闷(66.7%)、气促(55.6%)、咳痰(44.4%)、呼吸困难(33.3%)。12 例患者中有 8 例(66.7%)患者具有近期内激素应用史;实验室指标异常多无特异性,主要包括白细胞升高(66.7%)、炎症标志物升高(55.6%)、CD4 / CD8 比例降低(33.3%)等,同期送检传统实验室涂片检查无耶氏肺孢子菌阳性(0%),12 例患者均在 72 小时内经二代测序检测出耶氏肺孢子菌阳性(100%);影像学检查多表现为两肺弥漫的肺间质渗出性改变(66.7%);治疗方面复方磺胺类药物治疗有效(66.7%)。

**结论** 非 HIV 感染的耶氏肺孢子菌感染患者多具有激素及免疫抑制等应用史,早期多无明显特异性症状,相比于传统的培养方法,微生物二代测序技术对于耶氏肺孢子菌的检测具有更加快速、准确的优势,对于临床早期识别、早期干预耶氏肺孢子菌感染患者具有重要意义,并且可以显著改善患者预后。

PU-2529

## Update on laboratory detection methods for brucellosis

Fengfeng Zhao,Guofang Shu

Department of Clinical Laboratory of Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** The persistent worldwide prevalence of human brucellosis causes serious public health concerns and economic loss to communities. The multisystem involvement and the protean and unusual clinical presentations of the disease pose significant diagnostic challenges. The clinical features are non-specific and can overlap with a wide spectrum of other infectious and non-infectious diseases, leading to brucellosis being labelled the 'disease of mistakes'. Protracted chronicity and serious complications can result and mislead physicians onto a path of costly laboratory and radiological investigations.

**Methods** To reach a diagnosis clinicians must use a wide range of non-specific routine haematological and biochemical tests in addition to Brucella-specific assays. The latter are microbiological (culture), serological (e.g. slide or tube agglutination, Coombs test, immunocapture agglutination, Brucellacapt, immunochromatographic lateral flow, enzyme-linked immunosorbent assays and the indirect fluorescent antibody test) and molecular (e.g. polymerase chain reaction (PCR) and real-time PCR).

**Results** Each of these tests has advantages and limitations, and thus requires careful interpretation. Since brucellosis can have several presentations and phases(acute, subacute, chronic, relapsed, active and inactive), the search for reliable, discriminatory diagnostic and prognostic markers, especially for monitoring disease evolution, are ongoing.

### Conclusions

Although much progress has been made, further challenges remain to the accurate diagnosis of this historic but still common global zoonotic disease.

## PU-2530

## HPV 联合超薄液基 (TCT) 对早期防治及治疗宫颈癌的作用及价值

张雪娇

吉林金域医学检验所

**目的** 分析 HPV 联合超薄液基 (TCT) 对早期防治及治疗宫颈癌的作用及价值。

**方法** 选择 2017 年至 2018 年送检于我所在的检测中心检查的患者 221 例为研究对象, 分别于 HPV 病毒检测、超薄液基 (TCT) 检测及组织病理活检, 将患者检测的 HPV 结果与超薄液基 (TCT) 及组织活检结果进行对比分析, 同时结合患者的临床资料进行分析。

**结果** 221 例患者中组织病理活检阳性患者 96 例, 其中 HPV 阳性占 80 例, 阳性检出率为 83.33%, 超薄液基 (TCT) 阳性检出 69 例, 阳性检出率 71.18%; 两者联合检出阳性病例 86 例, 阳性检出率为 89.58%。联合 HPV 和超薄液基 (TCT) 检查的灵敏度最高。宫颈癌是第一个被明确病因的癌症, 即 HPV 感染。尽管 HPV 感染普遍存在, 宫颈癌确相对少见。几乎所有的宫颈癌患者都有 HPV 感染, 但是通常大多数 HPV 感染并不引起任何疾病, 多数人感染 HPV 却从不知道自己已经感染过。HPV 感染是否一定并发宫颈细胞学异常, 并不是, 多数 HPV 感染并没有细胞学异常, 大约 30% 的 HPV 感染会产生相应的细胞病理学改变, 通常非典型的变化, 多数 HPV 感染在两年内消失。因超薄液基 (TCT) 可以保存患者被刷取下来的细胞学形态, 且创伤小, 经过细胞制片技术的处理, 在显微镜下可以直观的观察细胞的病变情况, 再结合 HPV 的检测结果, 如二者均为阳性, 其组织活检结果多数为阳性。

**结论** HPV 联合超薄液基 (TCT) 对早期防治及治疗宫颈癌, 采用超薄液基 (TCT) 与 HPV 联合检测的方法, 能够明显提高宫颈上皮内瘤变的检出率, 可以更早的对宫颈上皮内瘤变进行治疗, 预防宫颈癌。

## PU-2531

## 宏基因二代测序技术在活动性结核病中的诊断价值

金文婷<sup>1</sup>, 潘珏<sup>1</sup>, 缪青<sup>1</sup>, 马玉燕<sup>1</sup>, 张尧<sup>1</sup>, 黄英男<sup>1</sup>, 姚雨濛<sup>1</sup>, 苏逸<sup>1</sup>, 王青青<sup>1</sup>, 王萌冉<sup>1</sup>, 李冰<sup>1</sup>, 鲍容<sup>1</sup>, 吴红龙<sup>2</sup>, 林阳<sup>2</sup>, 高晓东<sup>1</sup>, 胡必杰<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属中山医院, 200000

2. 华大基因

**目的** 评估宏基因二代测序技术 (mNGS) 在诊断活动性结核中的诊断价值。

**方法** 本研究共纳入复旦大学附属中山医院感染病科于 2017 年 4 月 1 日至 2018 年 3 月 31 日共 820 例标本, 根据临床诊断分为结核病和非结核病, 其中 125 例为结核病例 (15.2%); 695 例为非结核病例 (84.8%), 不同类型的标本均同步送检传统微生物检测和 mNGS。

**结果** 以分枝杆菌培养 (MGIT960 液体培养技术) 结果为标准, mNGS 检测结核的总体敏感性和特异性分别为 59.1% (26/44) 和 93.8% (728/776)。mNGS 总体阳性率高于分枝杆菌培养 (51.2% 比 36.7%,  $P < 0.05$ ), 不同标本类型阳性率有所不同, 痰标本 mNGS 并没有优势 (54.5% 比 63.6%,  $P > 0.05$ ), 肺泡灌洗液 (57.1% versus 31.6%,  $P > 0.05$ ) 和浆膜腔积液 (44.1% versus 22.9%,  $P < 0.05$ ) mNGS 阳性率更高, 虽因样本量较小, 浆膜腔积液并没有统计学差异。125 例结核标本中, 根据 WHO 结核病指南, 分为确诊病例 (61 例) 和临床诊断病例 (64 例)。在缺乏病原学证据的临床诊断病例中, 26 例 (40.6%) 通过 mNGS 额外检测到结核分枝杆菌复合群。并且 mNGS 可将诊断时间从 2-6 中缩短到 32-36 小时。

**结论** mNGS 在可作为活动性结核的早期辅助诊断工具, 尤其在菌阴肺结核和结核性浆膜腔积液患者中。



## PU-2532

## 某大型三甲教学医院 2011-2018 年急性胰腺炎患者病原菌分布与耐药性分析

梁涛

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 对急性胰腺炎（AP）住院患者病原微生物分布与耐药性进行回顾性分析，浅析病原菌分布与其耐药情况，为临床用药提供指导。

**方法** 选取 2011 年 1 月至 2018 年 12 月 309 名 AP 住院患者 1435 份微生物标本数据进行统计分析，使用 WHONET 5.6 软件进行病原菌构成与耐药性分析。

**结果** 309 名 AP 患者的 1435 份标本主要来自血培养（26%）、痰液（23%）、引流液（9%）、腹腔积液（7%）、尿液（7%）、导管血（6.5%）等。分离首次非重复菌株 551 株，前五位为：鲍曼不动杆菌（15%）、大肠埃希菌（10%）、屎肠球菌（9%）、铜绿假单胞菌（8%）、肺炎克雷伯菌（8%）。革兰阴性菌 298 株（54.1%），革兰阳性菌 179 株（32.5%），真菌 74 株（13.4%）。鲍曼不动杆菌对妥布霉素、左旋氧氟沙星、复方新诺明的耐药率 $<80\%$ ，对其他抗菌药物均有较高耐药率。大肠埃希菌对哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南、呋喃妥因、阿米卡星的耐药率 $<10\%$ 。铜绿假单胞菌对阿米卡星、左旋氧氟沙星、头孢吡肟的耐药率 $<10\%$ 。屎肠球菌对万古霉素、利奈唑胺、奎奴普汀/达福普汀、替加环素的耐药率 $<30\%$ 。肺炎克雷伯菌对哌拉西林/他唑巴坦、头孢替坦、亚胺培南、阿米卡星的耐药率 $<30\%$ 。

**结论** 急性胰腺炎感染患者病原菌以革兰阴性菌为主；鲍曼不动杆菌占比最高，耐药率较高。革兰阳性菌以肠球菌与葡萄球菌为主，其对万古霉素、利奈唑胺、替加环素耐药率极低。临床应根据鉴定与药敏试验结果，合理应用抗菌药物。

## PU-2533

## 成人金黄色葡萄球菌血流感染 133 例的危险因素及预后分析

卯建

昆明医科大学第一附属医院医学检验科

**目的** 探讨我院 133 例成人血流感染金黄色葡萄球菌的相关危险因素及对患者预后的影响。

**方法** 对 2013 年 1 月至 2017 年 12 月确诊为血流感染金黄色葡萄球菌 133 例院内获得性感染患者进行回顾性调查分析。

**结果** 133 例患者中甲氧西林耐药金黄色葡萄球菌 MRSA 血流感染检出率为 27.1%（36/133），甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌 MSSA 检出率为 72.9%（97/133）。除青霉素、四环素、复方新诺明外，MRSA 组对常用抗菌药物的耐药率均高于 MSSA 组（ $P$  均 $<0.05$ ），未发现对万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药株。MRSA 组年龄 $\geq 65$  岁、呼吸衰竭、住院急诊、入住 ICU、手术、使用有创呼吸机、导尿管、中心静脉导管显著高于 MSSA 组（ $P$  均 $<0.05$ ）；MRSA 组病死率高于 MSSA 组（25% VS 5.2%），差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；MRSA 组预后不良发生率高于 MSSA 组（46.7% VS 26.7%）（ $P<0.05$ ），差异有统计学意义；MRSA 组总住院时间长于 MSSA 组（24d VS 16d），差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），多因素分析结果显示：年龄 $\geq 65$  岁、入住 ICU 是预后不良的独立危险因素。

**结论** MRSA 血流感染增加患者住院时间，年龄 $\geq 65$  岁、入住 ICU 是预后不良的独立危险因素，MRSA 感染所致的病死率较 MSSA 高。

PU-2534

## 西安市莲湖区育龄妇女 MTHFR C677T 基因多态性分布研究

王青

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 本研究通过检测西安市莲湖区育龄妇女 MTHFR 基因多态性分布特征,对本地区该基因突变情况进行初步分析,制定个性化的叶酸补充方法,指导育龄孕妇根据 MTHFR 基因型合理补充叶酸,从而降低孕期疾病风险和新生儿的出生缺陷率。

**方法** 选取 2017 年 9 月~2018 年 9 月西安医学院第一附属医院进行孕前检查和孕期检查的育龄女性例。纳入标准:经知情同意,夫妻双方无家族遗传疾病、血液系统或免疫系统疾病、急慢性疾病,年龄 20~45 岁。仪器与试剂 Fscan 48E 多通道荧光定量分析仪 西安天隆科技有限公司 测序反应通用试剂盒(叶酸代谢能力基因检测),采集所有受检者静脉 2 ml、EDTA 抗凝全血,严格按照说明书操作,测出叶酸代谢相关 SNP 位点的基因型。采用 SPSS18.0 统计分析所有数据资料,计数资料采用  $\chi^2$  检验,对获得的 MTHFR 基因分布频率分别与文献已报到的陕西、江苏、湖北、四川、云南、湖南、江西、广东、广西、海南、黑龙江、山东、河南、河北、天津地区相比较

**结果** 西安市莲湖区育龄妇女 MTHFR C677T 基因 CC 型、CT 型和 TT 型频率分别为 21.70%, 48.62% 和 29.68%

西安市莲湖区与文献报道的全国其他地区 MTHFR C677T 基因型比较结果表明,西安市莲湖区与陕西、天津、黑龙江 MTHFR C677T 基因多态性分布差异无统计学意义( $P > 0.05$ ),与其他地区比较,差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 通过研究 MTHFR C677T 基因多态性分布特征。我国地域辽阔,纬度跨度大,各地温湿度和生活习惯有较大差异,要根据地域性遗传特征制定个体化叶酸补充方案。在制定方案时不能使用统一模式、执行统一标准,要根据该地区遗传特征,因地制宜、因人而异,进行个体化干预。通过研究本地区 MTHFR C677T 基因多态性分布可为本地区为育龄妇女提供个性化的叶酸补充方法,从而降低新生儿的缺陷率。

PU-2535

## 军团菌、金葡菌混合感染所致化脓性关节炎病例报道并文献复习

黄英男,马玉燕,金文婷,胡必杰,郭玮,潘珏  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 军团菌属主要引起肺部感染,引起肺外感染非常少见。我们报道一例米克戴德军团菌(*Legionella micdadei*)和金葡菌混合感染的化脓性关节炎感染病例。

**方法** 本例为首次报道的由米克戴德军团菌引起的化脓性关节炎,而其与金葡菌混合感染、并通过二代测序完善病原学诊断及半定量监测。

**结果** 患者为 54 岁男性,有系统性红斑狼疮病史,口服糖皮质激素期间出现右侧掌指关节红肿疼痛,关节脓液培养提示金黄色葡萄球菌,病原体宏基因组二代测序(meta-genomic Next Generation Sequencing, mNGS)提示米克戴德军团菌和金葡菌,前者经 16S rRNA 确认。口服左氧氟沙星后,患者症状和实验室检查明显改善。复查关节脓液培养及二代测序,病原体种类与第一次均相同,但病原测序中细菌相对丰度较第一次测序明显下降,与患者症状及实验室检查的变化趋势一致。回顾既往军团菌关节炎病例,搜索文献,连同本例共计 11 例。本例为首次报道的由米克

戴德军团菌引起的化脓性关节炎，而其与金葡菌混合感染、并通过二代测序完善病原学诊断及半定量监测，本例更是首例报道。

**结论** 在感染领域，二代测序耗时短，准确性高，可作为传统培养的重要补充，成为病原学诊断和病情监测的有力武器。

PU-2536

## 203 例非 HIV 感染及器官移植患者隐球菌病的治疗和预后

苏逸,郭玮,胡必杰

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 了解非 HIV 感染及器官移植的隐球菌病的治疗现状和预后。

**方法** 对 203 例 2012-2017 年我院诊断为确诊或可能的 203 例非 HIV 感染及器官移植隐球菌病患者的性别、年龄、确诊方式、治疗方法、疗程及预后进行回顾性统计分析。

**结果** 所有 203 例患者中，有 196 例肺隐球菌病患者，7 例播散性隐球菌病患者。肺隐球菌病患者中，男性 127 例（64.80%），女性 69 例（35.20%），男性平均年龄 49.57 岁，女性平均年龄 54.52 岁，通过培养确诊 5 例（2.55%），病理确诊 112 例（57.14%），仅血清乳胶凝集试验阳性的为 79 例（40.31%）。143 例行内科治疗的肺隐球菌病患者，已有 104 例内科药物治疗完成，其中 74 例治愈（71.15%），27 例好转（25.96%），1 例持续（0.96%），2 例最终手术切除（1.92%）；治疗完成的患者中，使用氟康唑治疗有效的为 77 例（74.04%），使用伏立康唑治疗有效的 9 例（8.65%），使用伊曲康唑有效的 2 例（1.92%），使用两性霉素 B 或两性霉素 B 脂质体有效的 13 例（12.50%）。53 例患者为外科手术后确诊的肺隐球菌病，术后予以抗真菌治疗的患者 27 例（50.94%）；23 例（43.40%）术后未予治疗，随访均未复发；3 例失访（5.66%）。7 例播散性隐球菌病患者，2 例治愈，2 例仍在治疗，3 例失访。77 例使用氟康唑治疗有效的非 HIV 感染及器官移植的肺隐球菌病患者，起始用药剂量及维持用药剂量多样；14 例隐球菌病使用两性霉素 B 或两性霉素 B 脂质体治疗有效，有 8 例（57.14%）出现肾功能损害。

**结论** 非 HIV 感染及器官移植的肺隐球菌病使用三唑类、两性霉素 B 或脂质体治疗有效，极少复发，预后良好。

PU-2537

## 血清及支气管肺泡灌洗液 GM 试验在侵袭性肺曲霉病早期诊断中的价值分析

辛娜,井发红,李敬梅,李卓

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 分析血清及支气管肺泡灌洗液（BALF）半乳甘露聚糖（GM）试验在侵袭性肺曲霉病（IPA）早期诊断中的价值。

**方法** 收集经诊断及临床诊断的侵袭性肺曲霉病（IPA）25 例为病例组，同期就诊的非肺曲霉病患者 75 例为对照组。采用 GM 试剂盒，严格按照试剂盒说明书对 BALF 和血清样本进行 GM 试验。比较血清及 BALF 两种不同标本 GM 试验 I 值的差异，通过 ROC 曲线评估在不同诊断阈值下血清及 BALF GM 试验诊断 IPA 的价值。

**结果** 两组组内及组间血清及 BALF 标本 GM 试验 I 值差异均有统计学意义（均 $< 0.05$ ）。当血清 GM I 值设定为 0.5 时，敏感性为 40%，特异性为 96%；当 BALF GM I 值设定为 0.8 时，敏感性为

92%，特异性为 65.3%。BALF GM 中存在较高的假阳性。以 BALF GM 和血清 GM 结果做 ROC 曲线，曲线下面积分别为 0.791 及 0.837。

**结论** 血清和 BALF 标本 GM 试验在 IPA 的早期诊断中各有优势，血清 GM 试验特异性较高，BALF GM 试验灵敏度较高，在临床应用中应将两者互相结合，更好的发挥 GM 试验的诊断价值。

## PU-2538

### 多重耐药鲍曼不动杆菌血流感染的危险因素和预后分析

卯建  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨我院多重耐药（MDR）鲍曼不动杆菌血流感染的危险因素及对患者预后的影响。

**方法** 采用病例对照的研究方法，回顾性收集 2013 年至 2018 年 MDR 鲍曼不动杆菌血流感染患者 111 例，以同期非多重耐药（NMDR）鲍曼不动杆菌血流感染患者 31 例作为对照，进行危险因素和预后分析。

**结果** 142 例患者中多重耐药鲍曼不动杆菌（MDRAB）检出率为 78.2%（111/142），非多重耐药鲍曼不动杆菌（NMDRAB）检出率为 21.8%（31/142）。鲍曼不动杆菌对常用抗菌药物耐药率高，除替加环素外，MDRAB 组的耐药率均高于 NMDRAB 组，差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）。MDRAB 组病死率高于 NMDR 组（43.2% VS 3.2%），差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；MDRAB 组预后不良发生率高于 NMDR 组（69.4% VS 12.9%），差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；多因素分析结果显示呼吸衰竭、初始抗生素治疗不当是 MDR 鲍曼不动杆菌血流感染的独立危险因素。呼吸衰竭、使用导尿管、初始抗生素治疗不当、肺部感染是影响鲍曼不动杆菌血流感染预后的独立危险因素。

**结论** MDR 鲍曼不动杆菌血流感染所致的病死率较 NMDR 鲍曼不动杆菌病死率高。呼吸衰竭、初始抗生素治疗不当是 MDR 鲍曼不动杆菌血流感染的独立危险因素。呼吸衰竭、使用导尿管、初始抗生素治疗不当、肺部感染是影响鲍曼不动杆菌血流感染预后的独立危险因素。

## PU-2539

### 心脏植入电子装置感染的回顾性研究及相关因素分析

王青青,胡必杰,郭玮,宿燕岗,缪青,金文婷,潘珏  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 分析心脏植入性电子装置感染（cardiac implantable electronic device infections, CIEDI）患者的临床特征、治疗方案及相关危险因素。

**方法** 回顾性分析 2008 年 1 月 1 日至 2011 年 5 月 31 日我院住院治疗 CIEDI 患者的临床资料，予以疾病分类，并对其临床特征、治疗方案、预后进行统计学分析；同时分析与中期预后有关的危险因素。

**结果** 2008 年 1 月 1 日至 2011 年 5 月 31 日我院住院治疗的 CIEDI 患者 43 名，男性 28 例（65%），年龄  $70\pm 13$ ，患糖尿病 11 例（26%），慢性阻塞性肺疾病、肾功能不全各 1 例（2%），心功能不全 3 例（7%）；距上次起搏器手术时间  $35\pm 31$  月，36 例（84%）为初次发生 CIEDI，根据 2014 年 BSAC 指南中对 CIEDI 定义，37 例（86%）为非复杂囊袋感染，2 例（5%）为确诊电极导线感染，早期植入后炎症反应、复杂囊袋感染分别 1 例（2%）；27 例（63%）植入有 2 根导线，13 例（30%）植入有 1 根导线，26 例（60%）此次感染前未曾行囊袋切开术；10 例（23%）予以二代头孢治疗，8 例（19%）予以三代头孢治疗，6 例（14%）予以喹诺酮类治疗，使用两种及以上抗生素者 5 例（12%），抗菌药物治疗时长  $9\pm 6$  天；CIEDI 患者中有 15 例（35%）行囊袋清创+去除发生器+其他部位重置发生器，13 例（30%）仅药物治疗，有 30 例（70%）患者在出院时痊愈，11 例（26%）出院后随访未愈，其中 10 例于出院后 1 年内再次接受治疗，1 例死亡。经统计

学分析发现, CIEDI 患者预后与是否行血、组织培养显著相关, 血或组织培养阳性者预后差 ( $p<0.05$ ), 而囊袋切开次数、治疗方案及用药时长均与预后无关; 年龄、基础疾病、近期用药情况均与距离上次起搏器手术时间长短无明显相关 ( $p$  均  $>0.05$ )。

**结论** 本中心 CIEDI 患者以非复杂囊袋感染为主, 囊袋清创+脉冲发生器重置术仍是其主要处理方式; CIEDI 患者的血、组织培养结果可有助于评估预后。

## PU-2540

### 血培养标本病原菌分布及其耐药性分析

何天娇

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 本文旨在监测和分析我院 2017 年 1 月到 2018 年 8 月血培养中的主要病原菌及其耐药性, 为临床合理用药提供参考

**方法** 对我院 2017 年 1 月到 2018 年 8 月的血培养标本进行回顾性分析, 采用 K-B 或 MIC 法对分离的主要病原菌进行药敏试验, 使用 WHONET5.6 软件对病原菌的分布和药敏结果进行分析

**结果** 5395 份血培养标本共分离出病原菌 295 株, 阳性率为 5.47% (295/5395), 其中革兰阴性菌 177 株, 占 60%; 革兰阳性菌 114 株, 占 39%; 真菌 4 株, 占 1%。其中, 排名前 5 位的病原菌依次为: 大肠埃希菌, 占 27%、肺炎克雷伯菌, 占 14%、人葡萄球菌, 占 10%、表皮葡萄球菌, 占 8%, 以及产酸克雷伯菌, 占 8%。我们检出了对碳青霉烯类药物耐药的肠杆菌科细菌, 未检出对万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺耐药葡萄球菌

**结论** 我院血培养阳性标本细菌检出以革兰阴性菌为主。大肠埃希菌仍是血流感染的最主要致病菌, 因此, 临床医师应提高血培养送检率、合格率, 动态监测细菌的耐药性, 合理应用抗菌药物

## PU-2541

### 宏基因二代测序技术检测皮肤软组织感染患者病原体的敏感性及其临床意义

王青青, 缪青, 胡必杰, 潘珏, 郭玮, 徐晓玲

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 评价宏基因二代测序技术 (mNGS) 在皮肤软组织感染 (SSTI) 病例和不同类型 SSTI 中诊断病原体的敏感性和准确性。

**方法** 对 2017 年 4 月 1 日至 2018 年 11 月 15 日期间住院且临床诊断为 SSTI 患者病变部位样本分别进行 mNGS 和培养检测。SSTI 的分类依据美国传染病学会 (IDSA) 制定的 SSTI 分类标准。计算 mNGS 对识别 SSTI 病原体的阳性率, 并与培养作对比; 分析 mNGS 检测不同类型 SSTI 病原体的阳性率及病原体差异。

**结果** 对 45 例 SSTI 患者行 mNGS 检测及培养。mNGS 检测出 SSTI 病原体的阳性率为 71.1%, 高于培养 (71.1% vs 46.7%,  $p=0.055$ )。入组的 SSTI 包括脓疱 8 例, 皮下脓肿 17 例, 蜂窝组织炎 5 例, 坏死性肌炎 3 例, 脓肌炎 12 例。值得注意的是, 脓疱标本中 mNGS 阳性率高于培养 (100% vs 12.5%), 皮下脓肿标本中 mNGS 阳性率为 70.6%, 高于培养 47.1% ( $p=0.029$ )。在 mNGS 阳性病例中病毒感染 7 例; 厌氧菌感染 7 例, 而在培养阳性病例中厌氧菌感染仅占 2 例。值得提出的是, 相较于培养而言, mNGS 可以在一个 SSTI 病例中识别出更多种类的病原体 ( $p=0.03$ )。

**结论** 对于 SSTI 患者, mNGS 检测病原体的敏感性高于培养, 尤其在脓疱和皮下脓肿患者中。建议将 mNGS 应用于疑似病毒或厌氧菌感染的 SSTI 患者。

PU-2542

## Development of a preoperative prediction nomogram for lymph node metastasis in colorectal cancer based on a novel serum miRNA signature and CT scans

Ailin Qu<sup>1,2</sup>, Yongmei Yang<sup>1</sup>, Chuanxin Wang<sup>2</sup>

1. Qilu Hospital, Shandong University

2. The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Preoperative prediction of lymph node (LN) status is of crucial importance for appropriate treatment planning in CRC patients, which is also an urgent clinical problem to be solved. In this study, we sought to develop and validate a non-invasive nomogram model by systematically and comprehensively screening LN metastasis-specific miRNAs, to preoperatively predict LN metastasis in CRC patients.

**Methods** In the discovery stage, serum samples pooled from ten patients without LN metastasis (LN- group) and ten with LN metastasis (LN+ group) were subjected to high-throughput sequencing (HTS) to identify differentially expressed miRNAs. In the training stage, candidate miRNAs were firstly examined by RT-qPCR in serum samples from 108 LN- and 110 LN+ patients (training set). Subsequently, differentially expressed miRNAs were further confirmed in another cohort of 98 LN- and 100 LN+ patients (the validation set). A miRNA-based panel for LN status prediction was constructed using the logistic regression model in the training set based on the differentially expressed miRNAs. ROC curve was employed to assess the performance of miRNA-based panel for LN status prediction. We used a multivariable logistic regression model to identify the preoperative clinical risk factors that were significantly correlated with LN status and then combined them with the miRNA-based panel to construct an inclusive nomogram model in the training set. ROC curve, calibration curve and decision curve analysis (DCA) were employed to assess the discriminative ability, consistency and clinical utility of the nomogram, respectively.

**Results** In the discovery stage, 30 candidate miRNAs were identified to be differentially expressed between LN- group and LN+ groups. There were four differentially expressed miRNAs (miR-122-5p, miR-146b-5p, miR-186-5p and miR-193a-5p) between LN- and LN+ patients in the training set (all  $P < 0.05$ ). A risk score formula of miRNA-based panel was built to predict LN status as follows:  $\text{Logit}(P = \text{LN metastasis}) = -1.916 + \text{miR-122-5p} \times 0.495 + \text{miR-146-5p} \times 0.869 + \text{miR-186-5p} \times 0.899 + \text{miR-193a-5p} \times (-0.377)$ . The AUC for the 4-miRNA panel were 0.907 in the training set and 0.870 in the validation set, which were both significantly higher than that of CT-reported LN status (both  $P < 0.05$ ). Moreover, the miRNA panel showed a good discriminatory ability in the CT-reported LN negative subgroup, with AUC values of 0.797 in the training set and 0.764 in the validation sets. Logistic regression analysis revealed the 4-miRNA panel and the CT-reported LN status were both independent risk predictors of LN status (both  $P < 0.05$ ). A nomogram model that incorporated the above two independent predictors was developed in training set. The calibration plot of our nomogram showed the bias-corrected line lay close to the 45-degree line, implying a good agreement between prediction and observation. ROC analysis yielded an AUC of 0.913, which implied the discrimination performance was favorable. DCA showed that using the nomogram to predict LN status adds more benefit than the "treat-all" or "treat-none" scheme. It also showed higher net benefit than CT-reported LN status.

**Conclusions** Our nomogram is a reliable prediction model that can be conveniently and efficiently used to improve the accuracy of preoperative prediction of LN metastasis in patients with CRC.

## PU-2543

## 外周血淋巴细胞亚群在原发性干燥综合征患者病情监测中的应用价值分析

王柏山  
辽宁中医药大学附属医院

**目的** 检测原发性干燥综合征患者血液淋巴细胞亚群水平, 探讨其在原发性干燥综合征疾病发生发展中的作用。

**方法** 选择 73 例临床确认原发性干燥综合征患者作为 pSS 组, 40 健康体检标本作为对照组。采用流式细胞方法检测淋巴细胞亚群, 免疫透射比浊法检测免疫球蛋白 G(IgG)。依据 pSS 疾病活动指数(ESSDAI), 将 pSS 组分成活动期组和非活动期组, 不同组间淋巴细胞亚群检测结果比较采用 t 检验进行统计学分析。

**结果** pSS 组 IgG、ESR、CD19<sup>+</sup>结果明显高于正常对照组, CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值 pSS 组低于正常对照组。淋巴细胞亚群检测结果与 IgG、ESR 结果不存在相关性 ( $P>0.05$ )。活动期组 CD19<sup>+</sup>检测结果明显高于非活动期组患者的结果并具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 原发性干燥综合征患者血液中存在淋巴细胞亚群数量紊乱, CD19<sup>+</sup>有助于原发性干燥综合征疾病活动期的辨别。

## PU-2544

## 补体凝集素途径相关标志物与 2 型糖尿病肾脏疾病的关系研究

张晋, 刘建华, 王丹丹, 刘勇, 秦晓松  
中国医科大学附属盛京医院, 110000

**目的** 检测补体系统凝集素途径相关标志物 ficolin-3、MASP-2、MAp44 及膜攻击复合物 C5b-9 在健康对照者、单纯 2 型糖尿病患者及 2 型糖尿病肾脏疾病患者血清中的表达水平, 并分析四种标志物与 2 型糖尿病肾脏疾病之间的关系, 从而探索补体系统凝集素途径与 2 型糖尿病肾脏疾病发病机制之间的关系。

**方法** 研究对象分为 A、B、C 三组, 其中 A 组为健康对照组, 共 41 例; B 组为单纯 2 型糖尿病组 (UACR<30mg/g), 共 178 例; C 组为 2 型糖尿病肾脏疾病组 (UACR≥30mg/g), 共 86 例。采用 ELISA 双抗体夹心法检测三组人群的血清 ficolin-3、MASP-2、MAp44 及 C5b-9 水平。通过组间比较和 Logistic 回归分析分析标志物 ficolin-3、MASP-2、MAp44 及 C5b-9 与 2 型糖尿病肾脏疾病之间的关系。

**结果** 1、血清 ficolin-3 水平在 C 组 ( $22.94\pm 11.00 \mu\text{g/mL}$ ) 和 B 组 ( $21.70\pm 8.91 \mu\text{g/mL}$ ) 中高于 A 组 ( $13.47\pm 6.02 \mu\text{g/mL}$ ),  $P<0.05$ ; 血清 MASP-2 水平在 C 组 ( $98.74\pm 50.47 \text{ ng/mL}$ ) 中低于 A 组 ( $148.65\pm 56.46 \text{ ng/mL}$ ) 和 B 组 ( $134.27\pm 57.32 \text{ ng/mL}$ ),  $P<0.05$ ; 血清 MAp44 水平中位数在 C 组 [2.08 (1.32-2.83)] 中高于 A 组 [1.59 (1.31-1.82)] 和 B 组 [1.67 (1.33-2.12)],  $P<0.05$ ; 血清 C5b-9 水平在三组间无统计学差异; MASP-2/MAp44 中位数在 C 组 [0.05 (0.03-0.08)] 中低于 A 组 [0.10 (0.06-0.13)] 和 B 组 [0.08 (0.05-0.12)],  $P<0.05$ 。

2、Logistic 单因素回归分析结果显示, 年龄、病程、收缩压、空腹血糖、胱抑素 C、肾小球滤过率、MASP-2、MAp44、C5b-9 及 MASP-2/MAp44 与 2 型糖尿病肾脏疾病相关。

3、Logistic 多因素回归分析结果显示, 病程、空腹血糖、胱抑素 C 及 MASP-2/MAp44 是 2 型糖尿病肾脏疾病的独立相关变量。**结论** 补体系统凝集素途径的活化可能参与 2 型糖尿病肾脏疾病的发生。

**结论** 补体系统凝集素途径的活化可能参与 2 型糖尿病肾脏疾病的发生。

## PU-2545

### 2272 例女性 HPV 感染状况分析及临床分析

任鹏,李梦君,章宝芝,邵璇璇,贾建安  
中国人民解放军联勤保障部队第九〇一医院

**目的** 研究本地区 HPV 感染感染状况及其基因型分布, 分析不同基因型感染的临床意义。

**方法** 收集我院妇科门诊 2018 年 4 月-2019 年 5 月 2272 例女性患者 HPV 检测结果, 结合 TCT 检测、宫颈活检结果, 分析 HPV 感染状况、HPV 基因型分布, 以及 HPV 不同感染情况的临床意义。

**结果** 2018 年 4 月-2019 年 5 月 2272 例进行 HPV 检测的女性患者, HPV 检测阳性 537 例, 感染率 23.64%, HPV 感染率随年龄增长呈上升趋势; 高危型感染者 498 例 (21.92%, 498/2272), 低危型感染者 39 例 (1.72%, 39/2272), 高危型中 HPV52 型 (5.37%, 122/537)、HPV16 型 (4.89%, 111/537)、HPV58 型 (3.61%, 82/537)、HPV51 型 (2.73%, 62/537)、HPV68 型 (2.55%, 58/537) 位于前五位, 低危型中 HPV6 型 (1.19%, 27/537); 多重感染 198 例 (36.87%, 198/537)。HPV16 型感染者中, TCT 阳性检出 10 例 (9.01%, 10/111), 宫颈活检结果: 宫颈癌确诊 4 例 (3.60%, 4/111, 其中非角化鳞状细胞癌 1 例, 鳞状细胞癌 3 例), 鳞状上皮高级别上皮内病变 12 例 (10.81%, 12/111), 鳞状上皮低级别上皮内病变 3 例 (2.7%, 3/111)。TCT 阳性检出比例、癌前病变比例, 高危型与低危型感染者比例差异不显著。多重感染者中, TCT 阳性检出 8 例 (4.04%, 8/198), 宫颈活检结果: 宫颈癌确诊 1 例 (0.51%, 1/198, 鳞状细胞癌 1 例), 鳞状上皮高级别上皮内病变 17 例 (8.59%, 17/198), 鳞状上皮低级别上皮内病变 8 例 (4.04%, 8/198)。

**结论** HPV 感染阳性率随年龄增长, 患者宫颈病变程度与 HPV 感染型别相关, 与 HPV 多重感染不相关。

## PU-2546

### RA 患者 Ets-1 的基因多态性与血清 RANKL 水平相关

黄卓春,王兰兰  
四川大学华西医院,610000

**目的** 类风湿性关节炎 (Rheumatoid arthritis, RA) 是常见的自身免疫性疾病之一。本课题组前期的研究显示, 转录因子 Ets-1 (E26 transformation specific sequence 1) 的基因多态性与 RA 疾病相关。本研究进一步分析 Ets-1 基因多态性与 RA 患者骨代谢指标的关系, 以期初步揭示 Ets-1 是否参与了 RA 患者的骨代谢异常。

**方法** 共纳入 254 例确诊的 RA 患者, 采用 PCR-HRM 方法检测 Ets-1 基因 rs73013527 位点的多态性。患者血清 N 端骨钙素 (N-MID OST, N-MID osteocalcin) 和 I 型胶原 c 端交联端肽 ( $\beta$ -CTX, the C-terminal cross-linked telopeptide of type I collagen) 采用电化学发光方法检测, 骨碱酶 (B-ALP, bone-specific alkaline phosphatase) 采用微粒子发光方法检测, RANKL (receptor activator for nuclear factor- $\kappa$ B ligand) 采用 ELISA 方法检测。采用等位基因和疾病模型来分析 RA 患者 Ets-1 基因多态性与 N-MID OST、 $\beta$ -CTX、B-ALP、RANKL 的相关性。

**结果** 等位基因分析显示, RA 患者 Ets-1 基因 rs73013527 多态性与血清 RANKL 水平相关, 携带等位基因 T 的患者血清 RANKL 水平更高。显性疾病模型和隐性疾病模型的分析也证实了上述结果。而等位基因和疾病模型分析显示, RA 患者 Ets-1 基因 rs73013527 多态性与血清 N-MID OST、 $\beta$ -CTX、B-ALP 水平不相关。



**结论** 本研究显示, RA 患者 Ets-1 基因 rs73013527 多态性与血清 RANKL 水平相关, Ets-1 可能参与了 RA 疾病的骨代谢异常。

## PU-2547

### 2019 年第一季度医学检验科标本 TAT3 分析改进

徐新立

山东省济宁市第一人民医院

**目的** 选择急诊血常规、门诊血常规和住院血常规检验标本, 分析科室接收标本与至检验结果发出间隔时间 (TAT3) 的延迟原因, 提出改进措施, 缩短 TAT, 完善实验室质量管理体系, 提高患者和临床医生满意度。

**方法** 调取 2018 年四个季度和 2019 年第一季度选择急诊血常规、门诊血常规和住院血常规检验标本, 进行 TAT 的统计分析。

**结果** 1 标本量逐渐增加, 标本由 2018 年第一季度到 2019 年不断增加, 其中 2019 年比 2018 年平均每天门诊、住院、急诊血常规标本量增长分别为 19.7%、21.2%和 32.5%。

2 对于急诊门诊血液标本, 与普通门诊和住院门诊相比, 报告审核中存在危急值所占比例较多, 因此需要进行复查, 或与临床进一步沟通, 因此报告该部分标本需要进行标本复查, 导致 TAT3 延长。

3 部分对于 TAT3 时间较长, 可能是由于部分样本审核时间过晚未能及时审核。其中存在少量样本, 审核时间超过 2h, 经过调查, 主要是由于人员交接班时出现, 没有完全做好交接。

4 住院 TAT3 时间报告时间延长, 主要由于住院血常规项目包含: 网织红细胞计数+血常规、血常规 (大五分类)+异常白细胞形态检查、血常规+网织红细胞、血常规+血沉和血常规 CRP, 一般是两种检验项目的组合, 至少需要检测两次标本, 或者对标本进行推片镜检, 因此, 需要时间长。

**结论** 总之, 通过进行 TAT 的分析与改进, 急诊门诊血常规 TAT3 已经达到预期目标, 但是门诊和住院血常规需要进一步缩短 TAT3。

## PU-2548

### 不同抗凝剂对降钙素原检测的影响

李桂英, 王燕

成都大学附属医院

**目的** 探讨不同抗凝剂对降钙素原检测的影响

**方法** 收集 48 例病人的血清和血浆, 将标本分为红管组 (干燥管), 紫管组 (EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝剂), 蓝管组 (3.2%枸橼酸钠抗凝剂 1:9 抗凝), 利用厦门万泰凯瑞生物技术有限公司生产的降钙素原测定试剂盒 (化学发光微粒子免疫检测法) 以及 Caris200 全自动化学发光免疫分析仪 (M180365) 进行检测, 同时选取 12 例标本 (含高、中、低值) 分别在 0h、1h、2h、4h、6h 进行 PCT 检测。为保证检测结果的有效性, 同时采用 mindrayBC-6600 全自动血细胞分析仪检测中性粒细胞绝对值以及占外周血百分比

**结果** 1) 从数据上分析紫管比蓝管和红管结果高, 且值越高, 差异越大 ( $P < 0.05$ ), 差异有统计学意义; 2) 红管检测降钙素原优于紫管和蓝管。3) 分析 12 例数据发现, 在 6 小时以内, PCT 的相对偏差  $< 15\%$ , 结果稳定; 3) 从 0 小时相关性数据分析, 红管和蓝管的相关性较好, 红管和紫管的相关性较差。

**结论** 用 Caris200 全自动化学发光免疫分析仪和厦门万泰凯瑞生物技术有限公司生产的降钙素原测定试剂盒 (化学发光微粒子免疫检测法) 检测 PCT 只能用红管或蓝管, 建议在 6 小时内检测。

PU-2549

## 中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白预示 缺血性卒中的性能

刘运双

绵阳市中心医院,621000

**目的** 评价中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 预示缺血性卒中 (IS) 的性能。

**方法** 实验纳入 IS 病人 222 例, 以 156 例健康体检者为健康对照。测定实验对象的血清 NGAL、超敏 CRP (hsCRP)、总胆固醇 (TC)、三酰甘油 (TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、载脂蛋白 A1 (apoA1)、载脂蛋白 B (apoB)、同型半胱氨酸 (HCY)。使用 SPSS 19.0 和 Med Cal 12.7 统计软件对测定结果进行统计学分析。

**结果** IS 病人的 NGAL ( $P < 0.001$ )、TC ( $P < 0.001$ )、LDL-C ( $P = 0.001$ ) 和 HCY ( $P < 0.001$ ) 明显高于健康对照, apoA1 ( $P = 0.022$ ) 明显低于健康对照, 差异有统计学意义, IS 病人的 hsCRP、TG 和 HDL-C 与健康对照的差异无统计学意义。IS 病人血清 NGAL 与 hsCRP ( $r = 0.289$ ,  $P < 0.001$ )、HCY ( $r = 0.258$ ,  $P < 0.001$ ) 呈正相关, 与 TC ( $r = -0.269$ ,  $P < 0.001$ )、LDL-C ( $r = -3.00$ ,  $P < 0.001$ ) 和 apoB ( $r = -0.195$ ,  $P = 0.003$ ) 呈负相关, 与其它脂类指标无相关性。一元线性回归结果显示, hsCRP ( $P < 0.001$ )、TC ( $P = 0.001$ )、LDL-C ( $P < 0.001$ )、apoA1 ( $P = 0.005$ )、apoB ( $P = 0.027$ ) 和 HCY ( $P < 0.001$ ) 对 NGAL 的影响具有统计学意义。多元线性回归结果显示, hsCRP ( $P = 0.022$ ) 和 HCY ( $P < 0.001$ ) 对 NGAL 的影响具有统计学意义。以 149.9 mg/L 为判断值, 血清 NGAL 预示 IS 的灵敏度和特异性分别为 51.4% 和 100.0%, AUC=0.792。

**结论** NGAL 是一个预示 IS 的生物标记物。

PU-2550

## 运用 PDCA 循环缩短下呼吸道标本细菌 培养 TAT 时间

何天娇

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 对下呼吸道标本 (包括气管与支气管分泌物抽吸液、支气管肺泡灌洗液、纤支镜冲洗液或支气管保护性刷子) 进行培养, 分离鉴定其中的病原微生物并进行体外药物敏感试验, 可给临床呼吸系统感染性疾病的诊疗提供实验室依据, 运用 PDCA 循环缩短下呼吸道标本细菌培养 TAT 时间

**方法** 遵循“PDCA 循环原理”, 采用管理工具“FOCUS-PDCA”对该案例进行持续整改, 效果明显

**结果** 从制度及流程的完善, 到加强内部培训及监督检查, 下呼吸道标本培养 TAT 有了很大的改善, 与之前相比, 培养 5 天后发报告的结果明显减少, 能够及时有效的为临床大夫提供药敏结果, 为临床诊疗工作提供了很大的帮助

**结论** 遵循“PDCA 循环原理”, 采用管理工具“FOCUS-PDCA”对该案例进行持续整改, 效果明显, 但是仍需要继续加强人员内部培训, 提高接种率、分利率, 及时进行考核; 加强与临床沟通, 及时向临床宣教, 引起足够重视; 定期做好细菌鉴定及药敏分析仪的保养和维护, 延长仪器使用寿命, 做好室内质控, 室间质评, 保证检验结果真实可靠

## PU-2551

## TLR2 通路相关 SNP 与 NTM 易感性的相关性

缪青<sup>1</sup>, 姚雨濛<sup>1</sup>, 潘珏<sup>1</sup>, 金文婷<sup>1</sup>, 马玉燕<sup>1</sup>, 张尧<sup>1</sup>, 黄英男<sup>1</sup>, 苏逸<sup>1</sup>, 王青青<sup>1</sup>, 王萌冉<sup>1</sup>,  
李冰<sup>1</sup>, 鲍容<sup>1</sup>, 吴红龙<sup>2</sup>, 高晓东<sup>1</sup>, 胡必杰<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属中山医院, 200000

2. 华大基因

**目的** 非结核分枝杆菌 (Non-tuberculosis Mycobacteria, NTM) 作为除结核分枝杆菌以外的其他分枝杆菌类型, 亚洲人群发病率已增长到约 39.6 例/十万人年。在我国, 随着工业化进程的不断加快及医疗卫生水平的持续提高, NTM 的发病率已逐渐升高。

**方法** 从 30 例临床诊断 PNTM 以及 40 例对照人群的基因突变差异分析数据当中筛选出与 TLR 信号通路相关的 SNP 位点, 使用宏基因二代测序技术, 结合患者临床预后, 进行统计分析。

**结果** 筛选出约 20-40 个与 TLR 信号通路相关的 SNP 位点, 其中包括 TLR2、IL-12、INF- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$ 、IL-10、IL-28、IL-10、MYD88、IFNGR1、VNTR 等相关突变 SNP 位点。与对照组相比, NTM 患者肺泡灌洗液转录组测序结果提示, TLR2 呈低表达 (FDR  $q < 0.001$ ); GSEA 分析提示, 差异基因群显著富集于 TLR2 相关信号通路 (FDR  $q < 0.001$ ), 提示巨噬细胞 TLR2 相关信号通路发生改变可能参与 PNTM 中相关炎症反应。

**结论** TLR2 通路相关基因的基因多态性 (SNPs) 机制, 可直接影响 TLR2-IL12/TNF $\alpha$  相关炎症通路的激活水平, 最终决定了人群对 NTM 的易感性个体差异。

## PU-2552

## 宏基因二代测序技术在肺曲霉病诊断中的应用

张尧, 缪青, 金文婷, 马玉燕, 郭玮, 苏逸, 姚雨濛, 胡必杰, 潘珏

复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 肺曲霉病的临床表现多样, 且缺乏特异的诊断指标, 具有较高的死亡率, 为临床的诊断和治疗带来挑战。宏基因二代测序技术 (Metagenomic Next Generation Sequencing, mNGS) 作为一种新兴的病原学检测技术, 具有快速、准确等特点。然而, 临床上关于 mNGS 在肺曲霉病检测中的应用经验相对有限。

**方法** 根据纳入/排除标准, 我们回顾性分析了 2017 年 4 月至 2018 年 5 月间 33 例肺曲霉病患者, 比较 mNGS 与传统实验室诊断方法对肺曲霉病的诊断价值。

**结果** 共有 41 个样本纳入分析。患者及样本构成见表 1。与培养结果相比, 21/41(51.2%)的样品 mNGS 和培养均为阳性, 5/41(12.2%)的样品 mNGS 和培养均为阴性。在所用样本中, mNGS 阳性率为 80.5%, 培养阳性率为 53.6%。在培养阴性的样品中, mNGS 阳性率为 70.6%。在痰标本和 BALF 中, mNGS 阳性率高于培养阳性率, 分别为(82.1% vs. 57.1%)和(75.0% vs. 50.0%)。与 GM 试验相比, mNGS 阳性率较高(80.8% vs. 45.7%); 在 GM 试验阴性的患者中, mNGS 阳性率为 73.7%。在慢性肺曲霉病患者中, mNGS 的阳性率比曲霉特异性 IgG 高(65.0% vs. 25.0%)。

**结论** 在肺曲霉病患者中, mNGS 的阳性率高于传统的实验室诊断方法。在传统检测阴性的患者中, mNGS 仍表现出较高的阳性率。这提示 mNGS 对于慢性肺曲霉病的诊断具有较高的敏感性。但是, 准确的数据还需要进一步更大规模的队列研究来证实。

## PU-2553

## 血清 microRNAs 对胃癌淋巴结转移的预测及预后监测价值研究

蒋秀梅,张义

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 构建可用于胃癌淋巴结转移预测的血清 4-miRNA panel, 并评估血清 miRNAs 对胃癌淋巴结转移阳性患者预后的监测价值。

**方法** 测序阶段, 选取 10 例胃癌淋巴结转移阳性患者、10 例胃癌淋巴结转移阴性患者和 10 例对照者血清, 进行高通量 miSeq 测序分析, 筛选差异表达候选 miRNAs。训练阶段, 采用 103 例胃癌淋巴结转移阳性患者、103 例胃癌淋巴结转移阴性患者和 73 例对照者血清, RT-qPCR 验证候选 miRNAs 的表达, 构建血清 4-miRNA panel。验证阶段, 选取 90 例胃癌淋巴结转移阳性患者和 90 例胃癌淋巴结转移阴性患者, 验证血清 4-miRNA panel 对胃癌淋巴结转移预测价值, 评估影响胃癌淋巴结转移阳性患者预后的因素。

**结果** 通过 miSeq 测序, 初步筛选出 19 个 miRNAs。训练阶段, 4 个 miRNAs (miR-501-3p, miR-143-3p, miR-451a 和 miR-146a) 在三组间的表达差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。建立基于差异表达 miRNAs 的胃癌淋巴结转移预测 panel,  $\text{logit} (p = \text{胃癌淋巴结转移阳性患者}) = -1.2020 + (0.3963 \times \text{miR-501-3p}) + (0.3768 \times \text{miR-143-3p}) + (0.2494 \times \text{miR-451a}) + (0.2106 \times \text{miR-146a})$ 。血清 4-miRNA panel 预测胃癌淋巴结转移的 AUC 为 0.891。验证人群预测特异度达 87.78%, 预测灵敏度达 63.33%。低表达 miR-451a 和 miR-146a 的胃癌淋巴结转移阳性患者五年生存率均明显低于高表达患者 ( $p$  均  $< 0.05$ )。多变量 Cox 比例风险回归模型分析显示, miR-451a ( $p = 0.028$ ) 和肿瘤病理分期 ( $p = 0.011$ ) 可作为胃癌淋巴结转移阳性患者的独立预后指标。

**结论** 血清 4-miRNA panel (miR-501-3p, miR-143-3p, miR-451a 和 miR-146a) 可有效鉴别胃癌淋巴结转移阳性患者和阴性患者, 血清 miR-451a 可用于独立评估胃癌淋巴结转移阳性患者的预后, 有望成为胃癌淋巴结转移阳性患者的新型预后标志物。

## PU-2554

## Diagnostic Performance Evaluation of Serum Complement Component 1q and Cystatin C in Early Diabetic Kidney Disease

Jiafu Feng, Lingying Fan, Yamei Zhang, Yunshuang Liu, Yuwei Yang  
Mianyang Central Hospital

**Objective** Diabetes mellitus (DM) is a chronic life-threatening disease and its incidence is increasing. Diabetic kidney disease (DKD) is the most common microvascular complication in DM patients, which seriously affects the life quality of DM patients. In laboratory medicine, searching for biomarkers related to DKD, especially early DKD (EDKD), may provide new directions for DKD diagnosis and treatment. Therefore, in this study, we investigated the diagnostic value of serum complement components 1 q (C1q), neutrophil gelatinase-associated lipocalin (NGAL), cystatin C (CysC), creatinine (SCr) and urea (SUR) for early diabetic kidney disease (EDKD).

**Methods** A total of 546 individuals were enrolled, including 136 patients in simple diabetes mellitus group (SDM group), and 109 patients in EDKD group and 301 healthy controls (HC group). According to UACR and eGFR, patients were divided into single T2DM group (SDM;  $n = 136$ ; T2DM patients with  $\text{UACR} < 20 \text{ mg/g}$  and  $\text{eGFR} \geq 90 \text{ mL/min/1.73m}^2$ ) and EDKD group ( $n = 109$ ; T2DM patients with  $30 \leq \text{UAE} < 300 \text{ mg/g}$  and  $\text{eGFR} \geq 60 \text{ mL/min/1.73m}^2$  or  $\text{UAE} < 30 \text{ mg/g}$  and  $60 \leq \text{eGFR} < 90 \text{ mL/min/1.73m}^2$ ). CysC, NGAL, C1q, SUR and SCr were measured

corresponding kits. The eGFR was calculated according to the formula  $eGFR=78.64 \text{ CysC}^{-0.964}$ . UACR is the ratio of urine albumin to urine creatinine.

**Results** Compared with SDM group and HC group, the levels of serum SUr, SCr, C1q, CysC and NGAL in EDKD group were significantly increased (all  $P<0.01$ ). Spearman correlation analysis showed that EDKD (T2DM patients with  $30 \leq \text{UAE} < 300 \text{ mg/g}$  and  $eGFR \geq 60 \text{ mL/min/1.73m}^2$  or  $\text{UAE} < 30 \text{ mg/g}$  and  $60 \leq eGFR < 90 \text{ mL/min/1.73m}^2$ ) was significantly related to C1q, CysC, or NGAL and the correlation was strongest for CysC while weakest for NGAL. Partial correlation analysis showed that the correlation still exists after adjustment using UACR, eGFR, age, gender, SUr and SCr as control variables. After Fisher Z conversion of C1q, CysC and NGAL, their Z-scores and the risk of EDKD occurrence was analyzed. The results shown that the Odds Ratio (OR) was in the order of  $\text{CysC} > \text{C1q} > \text{NGAL}$ , and all the three indices were risk factors for EDKD, before or after adjustment with age, SUr and SCr. Subsequently, we analyzed the correlation of C1q, CysC, or NGAL with classic renal function indices, including UACR, eGFR, SUr and SCr. There was no significant correlation of C1q with SCr or SUr ( $P > 0.05$ ), and correlation of CysC or NGAL with the four classic renal function indicators was statistically significant (all  $P < 0.05$ ).

According to results of ROC curve analysis, the diagnostic performance of CysC ( $\text{AUC}=0.813$ ), C1q ( $\text{AUC}=0.789$ ) or NGAL ( $\text{AUC}=0.770$ ) was much higher than that of SCr ( $\text{AUC}=0.681$ ) or SUr ( $\text{AUC}=0.650$ ) (all  $p < 0.05$ ). Moreover, C1q +CysC ( $\text{AUC}=0.896$ ,  $\text{Se}=77.98\%$ ,  $\text{Sp}=89.4\%$ ,  $\text{YI}=0.675$ ) had the optimal diagnostic performance. However, combination of C1q+CysC+NGAL ( $\text{AUC}=0.909$ ,  $\text{Se}=88.99\%$ ,  $\text{Sp}=80.32\%$ ,  $\text{YI}=0.693$ ) or C1q+CysC+NGAL+SCr ( $\text{AUC}=0.912$ ,  $\text{Se}=87.16\%$ ,  $\text{Sp}=83.98\%$ ,  $\text{YI}=0.711$ ) did not further improve the diagnosis performance for EDKD (all  $p > 0.05$ ).

**Conclusions** C1q, NGAL and CysC have good diagnostic performance for EDKD, which may be further improved by the C1q+CysC combination. In contrast, it is difficult to differentiate the early damage of renal function in patients with T2DM by the traditional renal function test index-SCr and/or its resulting eGFR. Therefore, diagnosis using C1q, NGAL, CysC or the combination of C1q+CysC will enable the early diagnosis and early treatment of EDKD, delaying the development of DM.

## PU-2555

### microRNA-31 对 HIV 感染 T 细胞活化的调控机制研究

宋成博,陈亚利,张子宁

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 人类免疫缺陷病毒(human immunodeficiency virus, HIV)感染人体会导致 T 细胞早期活化受损, T 细胞是机体免疫系统充分发挥细胞免疫及免疫调节作用的主要成分, 也是 HIV 感染中最重要的效应细胞, HIV 感染早期 T 细胞能否有效活化是影响疾病进程的关键。实验室前期研究发现 HIV 感染早期 miR-31 低表达并抑制 T 细胞早期活化, 过表达 miR-31 后 T 细胞早期活化增强, 但 miR-31 影响 T 细胞活化的机制尚不清楚。因此本课题对 miR-31 影响 T 细胞早期活化的机制进行探究。

**方法** 1、生信分析寻找 miR-31 调控 T 细胞活化的靶基因。2、Jurkat 细胞中电转实验组质粒 GFP-pMax-miR-31 及对照组质粒 GFP-pMax-mock 并培养 24h 以过表达 miR-31; 293T 细胞通过转染 miR-31 特异性 mimics 类似物过表达 miR-31。3、293T 细胞通过 miR-31 特异性抑制剂 antagomir 转染并培养 72h 进行敲减。4、收取细胞提取总 RNA 和 miRNA 并反转录以对靶基因及 miR-31 进行 qRT-PCR 检测。5、流式检测 miR-31 过表达后 Jurkat 细胞的 ERK1/2 磷酸化水平。

**结果** 1、miR-31 靶向调控 DUSP7。生信分析确立负调控 T 细胞活化的 miR-31 靶基因 DUSP7, 293T 细胞中过表达 miR-31 后 DUSP7 mRNA 水平显著下调, 敲减 miR-31 后 DUSP7 表达显著上调。2、过表达 miR-31 调控 Ras-MAPK 信号通路促进 ERK1/2 磷酸化。靶基因 DUSP7 为 Ras-MAPK 信号通路中已知的负调控因子, Jurkat 细胞过表达 miR-31, TCR 刺激 15 分钟后检测发现 ERK 磷酸化水平显著升高。

**结论** 1、miR-31 靶向作用于 Ras-MAPK 信号通路中的负调控因子 DUSP7。2、过表达 miR-31 能够调控 Ras-MAPK 信号通路促进 ERK1/2 磷酸化来促进 T 细胞有效活化。

## PU-2556

### 乙型肝炎血清标志物水平与肝纤维化 严重程度之间的关系

荆敏

河南省肿瘤医院,450000

**目的** 血清乙型肝炎血清标志物水平和肝纤维化程度的关系仍不清楚。因此,本研究旨在调查定量的乙型肝炎血清标志物水平与肝纤维化之间的关系,来评估慢性乙型肝炎患者肝纤维化的程度。

**方法** 收集 2012 年 1 月 3 日到 2016 年 10 月 31 日经浙江大学附属第一医院感染科确诊的 249 例 CHB 患者,全部病人入院前未进行过抗病毒治疗。进行肝组织活检术当天留取静脉血标本。用 Scheuer 分类对肝组织学进行分期。

**结果** 年龄、凝血酶原时间、纤维化评分-4 以及 HBV DNA、HBsAg、HBeAg 和胆碱酯酶水平在不同程度肝纤维化之间均有显著差异。HBeAg(+)患者中,与无显著纤维化(阶段 S0-1)相比,明显纤维化(阶段 S2-4)血清 HBsAg、HBeAg 和 HBV DNA 水平更低。Logistic 回归分析表明,在 HBeAg(+)患者中,定量的 e 抗原水平和凝血酶原时间是明显肝纤维化的独立预测指标;定量的 e 抗原预测明显纤维化的曲线下面积为 0.732 (95% CI 0.651-0.812),临界值为 2.23 log10 PEIU/ml。HBeAg(+)患者中血清 HBsAg 和 HBeAg 水平呈显著正相关( $r=0.572$ ,  $p<0.0001$ ),血清 HBVDNA 和 HBeAg 水平呈正相关( $r=0.603$ ,  $p<0.0001$ ),HBsAg 和 HBV DNA 水平呈明显正相关( $r=0.623$ ,  $p<0.0001$ );HBsAg 和 HBV DNA 预测 HBeAg(+)患者显著纤维化的曲线下面积分别为 0.755 (95% CI 0.674-0.835)和 0.708 (95% CI 0.626-0.791),临界值为 4.15 log10 IU/ml 和 7.74 log10 IU/ml。

**结论** HBeAg(+)患者中血清 HBeAg 水平和凝血酶原时间可作为判断明显肝纤维化的预测指标。HBeAg(+)的慢性乙型肝炎患者 HBeAg、HBsAg 和 HBV DNA 水平与肝纤维化严重程度呈负相关,中度至重度纤维化患者的 HBeAg、HBsAg 和 HBV DNA 水平低于轻度纤维化或没有纤维化患者。

## PU-2557

### ISO 15189 在临床微生物学检验技术教学管理中的应用

卯建

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨 ISO 15189 质量管理体系在临床微生物学检验技术专业进修医生教学管理中的应用,以提高检验医学专业的教学质量,培养高素质、复合型检验医学专业人才,不断持续改进检验医学教学质量。

**方法** 本研究拟参照国内外医学实验室广泛认可的 ISO 15189 质量管理体系培训和管理进修医生。首先,通过鼓励教师间经验交流、参加讲课比赛,提高教学质量;鼓励教师参加相关学术会议,并参与检验新项目的开展与科研项目的申报,强化师资队伍建设。其次,完善进修医生管理制度,优化进修医生档案管理细则,定期组织培训学习,进行问题式教学和立体化教学,完善导师带教制,规范结业鉴定。

**结果** 本科室培养的进修医生工作能力均较强,临床微生物学专业教学质量得到明显提高。

**结论** 应用 ISO 15189 质量体系管理的进修医生能够掌握 ISO 15189 的各要素,可以发现并解决临床工作中常见的专业问题,同时具备一定的科研能力。

PU-2558

## 运用 FOCUS-PDCA 提高化学危险品管理水平

李华丽

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 通过科学的管理方法,规范化学危险品的管理,提高化学危险品出入库登记准确率,保障化学危险品安全及准确地使用于临床工作。

**方法** 按照 FOCUS-PDCA 程序,对化学危险品出入库登记存在问题进行分析、制定改进措施,完善管理制度,建立化学危险品档案,不断规范化学危险品出入库的管理,实现持续改进。

**结果** 通过 FOCUS-PDCA 的应用,化学危险品出入库登记准确率从 12.5%提升至 78.9%;提高了工作人员对化学危险品的认识,并对试剂的化学作用熟知程度明显增加,确保化学危险品能够安全、及时、准确的服务于临床工作。

**结论** FOCUS-PDCA 对于规范化学危险品的出入库记录、分类、和储存起到良好效果,对实现医疗质量和安全持续改进有着重要的作用,值得推广。

PU-2559

## Genome-wide identification of a novel miRNA-based signature to predict recurrence in patients with gastric cancer

Yongmei Yang,Ailin Qu,Yi Zhang  
Qilu Hospital, Shandong University

**Objective** Gastric cancer (GC) is a highly heterogeneous disease and it is difficult to accurately predict outcomes even within the same clinical stage. The ability to predict the precise prognosis of an individual patient is critical for selection of appropriate treatment plan and follow-up strategies, while the current staging system for GC has shown insufficient prediction for prognosis of patients. Hence, the identification of novel markers, which could predict survival and relapse in GC, would greatly optimize the treatment planning and benefit patients. Recent advancements in transcriptome profiling have provided compelling evidence of small non-coding RNA (such as miRNA, piRNA and snoRNA) dysregulation in cancers, highlighting the potential of these molecules as diagnostic and prognostic biomarkers. MiRNAs, in particular, have been shown promising prognostic associations with major cancer outcomes. However, due to the limited number of miRNAs or patients involved, or different miRNA expression profiling platforms in GC study, these studies lack a normalized standard. In the current study, by using a systematic and comprehensive-biomarker discovery and validation approach, we attempted to build a miRNA-recurrence classifier (MRC) to improve prognostic prediction of GC.

**Methods** Data for selected samples of 446 gastric cancer patients and 45 normal controls were downloaded from The Cancer Genome Atlas (TCGA) Cancer Genome (<https://portal.gdc.cancer.gov/>, accessed on June 12, 2017). The dataset acquired above contained 1881 noted miRNA expression data. The downloaded clinicopathological information and follow up data were matched to the miRNA expression profiles. Using univariate and multivariate Cox regression analysis, a miRNA signature was developed in the training set from TCGA (GC, N=372), which was validated by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) in an independent patient cohort (N=88) of formalin fixed paraffin-embedded (FFPE) tissues. A nomogram incorporating both the miRNA signature and clinical-related factors was constructed to predict GC prognosis.

**Results** We identified 312 differentially expressed miRNAs between GC tissues and normal controls by analyzing high-throughput data from TCGA. An eleven-miRNA signature was developed, which could significantly predict recurrence-free survival (RFS) in the training set ( $P<0.0001$ ). An independent clinical cohort validated that MRC-derived high-risk patients succumb to significantly poor RFS in GC ( $P<0.0001$ ). The AUC of this signature was significantly larger than that of Tumor Node Metastasis (TNM) stage in the TCGA (0.733 versus 0.589 at 3 years,  $P=0.004$ ; 0.802 versus 0.635 at 5 years,  $P=0.005$ ) and validation cohort (0.835 versus 0.689 at 3 years,  $P=0.003$ ). The nomogram integrating both MRC and clinical-related variables (T, N, M) did well in the calibration plot and was possessed of favorable discrimination performance (AUC=0.754).

**Conclusions** In conclusion, this novel miRNA-based signature is superior to currently used clinicopathological features for identifying high-risk GC patients. It can be readily translated into clinical practice with formalin-fixed paraffin-embedded specimens for specific decision-making applications.

## PU-2560

### 济南地区皮肤过敏患者常见过敏原分析及意义

张法

山东省千佛山医院,250000

**目的** 分析济南地区皮肤过敏患者常见过敏原感染情况,为本地区的过敏性疾病进行临床诊断、预防和治疗提供指导依据。

**方法** 采用酶联免疫吸附法对 1000 例过敏性皮肤患者进行食入性过敏原检测,统计各种过敏原阳性率,并对阳性检出量过敏原进行排序。

**结果** 本地区食入性过敏原阳性率最高的是蛋清/蛋黄其次是牛奶

**结论** 蛋清/蛋黄、牛奶是济南地区最主要的过敏原。关注这些过敏原有助于预防过敏性疾病。

## PU-2561

### 无创 DNA 检测技术在胎儿染色体非整倍体疾病 产前筛查中的应用

刘艳霞

南方医科大学

**目的** 通过对本院 2146 例无创 DNA 产前筛查 (NIPT) 的结果进行回顾性分析,探讨无创 DNA 产前筛查技术在胎儿染色体非整倍数疾病—21 三体综合征、18 三体综合征、13 三体综合征、以及性染色体非整倍数疾病的临床应用价值和意义。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2019 年 1 月本院报告的 2146 例 NIPT 样本进行回顾性分析。本研究采用华大基因二代测序 BGI500 平台测序检测,结合生物信息学分析,对 21 三体、18 三体、13 三体以及性染色体非整倍数疾病进行产前筛查。对其中 NIPT 高风险的孕妇,充分知情选择后,进一步进行羊水/脐血穿刺的染色体核型分析并随访。

**结果** 在 NIPT 筛查的 2146 例标本中,NIPT 结果提示高风险的为 17 例,阳性率为 0.084%。其中,21-三体高风险、18-三体高风险、13-三体高风险和性染色体疑似异常分别为 4 例、2 例、1 例和 9 例。其中 11 例进行染色体核型分析,诊断结果为 21-三体 4 例、18-三体 2 例、13-三体 1 例、性染色体异常 1 例,阳性预测值分别为 100%、100%、100%和 25%。采用 Fisher 精确检验,比较 NIPT 筛查与染色体核型分析两种方法对胎儿染色体非整倍数疾病的检验效能,结果显示两者无统计学差异 ( $P=0.810>0.05$ )。



**结论** 无创 DNA 产前筛查技术对 21 三体综合征、18-三体综合征和 13-三体综合征的检测的符合率较高，但是对性染色体异常疾病检测的符合率偏低。迄今为止，无创 DNA 检测仍只能作为一项产前筛查技术，NIPT 提示高风险的孕妇仍需通过进一步采用染色体核型分析进行产前诊断，以确保产前检测的准确性。

## PU-2562

### 宏基因二代测序在感染性心内膜炎病原学诊断中的应用

蔡思诗<sup>1</sup>, 潘珏<sup>1</sup>, 金文婷<sup>1</sup>, 缪青<sup>1</sup>, 马玉燕<sup>1</sup>, 张尧<sup>1</sup>, 黄英男<sup>1</sup>, 姚雨濛<sup>1</sup>, 苏逸<sup>1</sup>, 王青青<sup>1</sup>, 王萌冉<sup>1</sup>, 李冰<sup>1</sup>, 鲍容<sup>1</sup>, 吴红龙<sup>2</sup>, 林阳<sup>2</sup>, 高晓东<sup>1</sup>, 胡必杰<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属中山医院, 200000

2. 华大基因

**目的** 我们对复旦大学附属中山医院的 6 名感染性心内膜炎患者的心脏瓣膜赘生物手术标本进行宏基因二代测序，并将其结果同这些患者既往的血培养结果进行比较，探讨宏基因二代测序技术在感染性心内膜炎中的临床应用价值。

**方法** 该研究囊括了从 2018 年 6 月 1 日至 2018 年 11 月 31 日因感染性心内膜炎在复旦大学附属中山医院住院并进行心脏瓣膜手术的 6 名患者。这些患者既往均有阳性的血培养结果。心脏外科手术中切除的瓣膜赘生物标本被收集，经过无菌研磨处理，制备成匀浆，用于宏基因二代测序。

**结果** 所有 6 名患者瓣膜赘生物的宏基因二代测序结果均与既往血培养结果一致。

**结论** 宏基因二代测序可应用于感染性心内膜炎的病原学诊断，在微生物培养技术之外提供新的检验方法和支持，协助临床抗感染治疗方案的制定。

## PU-2563

### 血清 TK1、VEGF、CYFRA21-1、NSE 检测 在肺癌中的诊断价值研究

李世荣

潍坊市人民医院, 261000

**目的** 探讨胸苷激酶 1 (TK1)、血管内皮生长因子 (VEGF)、细胞角蛋白 19 片段 (CYFRA21-1) 及神经特异性烯醇化酶 (NSE) 联合检测诊断肺癌的价值。

**方法** 选取 2017 年 7 月-2018 年 6 月肺癌患者 85 例，同时期确诊为肺部良性病变患者 50 例及体检健康的对照者 40 例。检测肺癌组、肺良性疾病组及健康对照组血清 TK1、VEGF、CYFRA21-1、NSE 含量。采用免疫印迹增强化学发光法检测血清 TK1 含量、酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测 VEGF 含量、罗氏电化学发光技术检测 CYFRA21-1 和 NSE 含量。采用受试者工作特征曲线 (ROC) 统计各指标诊断肺癌的曲线下面积 (ROC-AUC)、敏感度和特异度

**结果** 肺癌组患者血清中 TK1、VEGF、CYFRA21-1 及 NSE 含量分别为 (3.39±2.43) pmol/L, (477.08±163.51) pg/ml, (13.99±4.88) ng/ml, (26.30±7.71) ng/ml, 均显著高于肺良性疾病组和健康对照组，差异具有统计学意义 (P<0.05)；利用 ROC 曲线评价分析各指标诊断肺癌，TK1 ROC-AUC 为 0.891，敏感度为 53.56%，特异度为 93.574%，均显著高于 VEGF (47.34%, 89.73%)、CYFRA21-1 (28.80%, 79.16%) 及 NSE (35.22%, 88.72%) 单独检测；TK1、VEGF、CYFRA21-1、NSE 联合检测时 ROC-AUC 为 0.983，敏感度为 92.17%，均高于 TK1、VEGF、CYFRA21-1、NSE 单独检测，虽然特异度有所下降，但是仍高达 75.68%。

**结论** 血清 TK1 对肺癌诊断具有较高价值，TK1 与 VEGF、CYFRA21-1、NSE 联合检测可提高肺癌诊断的敏感度，对肺癌的辅助诊断具有重要意义。

## PU-2564

## 运用品管圈提高危急值及时接报率的效果评价

梁志强

济宁市第一人民医院,272000

**目的** 危急值管理是医学检验科质量管理的非常重要内容,利用品管圈方法,以解决危急值报告发出后,危急值存在不及时接报问题,从而提高检验科危急值管理水平。

**方法** 将检验科危急值的管理过程按照 PDCA 方法的四个阶段展开,于 2018 年 11 月成立品管圈小组,通过调查科室、查阅 LIS 系统和危急值登记本的方法,分析存在问题,设定目标和制定工作计划,并实施相关对策,于 2019 年 5 月分析确认品管圈实施效果,提出改进。

**结果** 2018 年第三第四季度及 2019 年第一、二季度,危急值及时接报率逐渐增加,其中 2019 年第一季度较 2018 年第四季度的增幅达 10.34%,2019 年第二季度较上一季度增幅为 9.47%。

**结论** 通过 PCDA 方法管理后,危急值电脑及时接报率提高幅度为 10.05%。PDCA 循环法在纠正检验科在危急值制度执行中存在问题以保证制度执行到位和促进质量持续改进方面具有重要意义。

## PU-2565

## microRNA-31 对 HIV 感染 T 细胞活化的调控作用研究

宋成博,陈亚利,张子宁

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 人类免疫缺陷病毒(human immunodeficiency virus, HIV)感染人体后会导致严重的细胞免疫损伤。T 细胞的有效活化是增殖、分化,并进一步发挥细胞免疫效应的基础,但是 HIV 感染使得 T 细胞免疫功能在感染早期就出现了功能障碍,且目前对于 HIV 感染早期有效活化受损的相关研究较少。microRNA 可以精确而有效地调控 T 细胞的免疫应答,而 HIV 感染会使其表达谱发生变化。实验室前期研究发现 HIV 快速进展者感染早期 miR-31 低表达。因此我们对 miR-31 与 HIV 感染后有效活化受损的关系进行探究。

**方法** 研究对象:选取 HIV 抗体阴性健康人,血常规及肝功正常,排除肿瘤性疾病及自身免疫性疾病等。实验方法包括:1、PBMC 中电转实验组质粒 GFP-pMax-miR-31 及对照组质粒 GFP-pMax-mock 并培养 24h 以过表达 miR-31。2、使用 miR-31 特异性抑制剂 antagomir,以 500nmol 为转染终浓度,转染并培养 72h 进行敲减。3、收取细胞提取 miRNA 并反转录以进行 qRT-PCR 检测。4、流式检测 CD4+T 细胞及 CD8+T 细胞表面早期活化指标 CD69 的表达。

**结果** 1、与健康人相比,HIV 感染者中 miR-31 的表达显著降低。2、miR-31 敲减后 T 细胞早期活化水平降低。与对照组相比,CD4+T 细胞和 CD8+T 细胞中 miR-31 有效敲减后细胞表面 CD69 表达显著下调。3、过表达 miR-31 后 T 细胞早期活化恢复。与对照组相比,miR-31 过表达后 CD4+T 细胞和 CD8+T 细胞表面 CD69 表达显著上调。

**结论** 1、HIV 感染者中 miR-31 明显低表达。2、miR-31 低表达抑制 T 细胞早期活化,恢复 miR-31 的表达可以恢复 T 细胞的早期活化

## PU-2566

## 类风湿关节炎患者中 ALB/FIB 和 CRP/ALB 与 Th17 细胞的相关性研究

何毓珏<sup>1</sup>, 吴柏灯<sup>2</sup>, 林锦骝<sup>1</sup>

1. 福建医科大学附属第一医院, 350000

2. 福建医科大学, 350000

**目的** 白蛋白 (ALB) 与纤维蛋白原 (FIB) 的比率 (AFR) 和 C-反应蛋白 (CRP) 与白蛋白的比率 (CAR) 可作为一种炎症标志物, 但其在类风湿关节炎 (RA) 中的作用还不完全清楚。本研究旨在探讨 AFR / CAR 与 RA 中自身抗体和 Th17 细胞的相关性。

**方法** 本研究纳入在福建医科大学附属第一医院就诊的 196 例 RA 患者, 200 例系统性红斑狼疮 (SLE) 患者及 200 例健康体检者 (HC)。通过信息系统回顾性分析 RA 患者和 SLE 患者 FIB, ALB, CRP, 抗环瓜氨酸肽抗体 (anti-CCP), 类风湿因子 (RF) 和血沉 (ESR) 等指标的结果。通过流式细胞术检测 RA 患者外周血 Th17 细胞的比例, 并用 RT-qPCR 检测 TNF- $\alpha$ , IL-6 和 IL-17A 的相对表达量。通过 GraphPad Prism 7.0 进行 RA 中 AFR 和 CAR 与外周血 Th17 细胞比例, CRP, ESR, TNF- $\alpha$ , IL-6 和 IL-17A 的相关性分析。

**结果** 与 SLE 患者 ( $P < 0.001$ ) 和健康对照 (HC) 相比, RA 患者的 AFR 水平显著下降 ( $P < 0.001$ ), CAR 水平显著上升 ( $P < 0.001$ ), AFR 与 CRP ( $r = -0.7103$ ), ESR ( $r = -0.6542$ ), RF ( $r = -0.2219$ ), Th17 细胞 ( $r = -0.5952$ ), IL-17A ( $r = -0.4681$ ) 呈负相关, CAR 与 CRP ( $r = 0.9899$ ), ESR ( $r = 0.605$ ), RF ( $r = 0.1867$ ), Th17 细胞 ( $r = 0.6818$ ), TNF- $\alpha$  ( $r = 0.3388$ ), IL-17A ( $r = 0.2046$ ) 呈正相关。

**结论** 在 RA 中, AFR 水平降低, CAR 水平升高, AFR 和 CAR 与 RA 患者中的 CRP、ESR、RF 和 Th17 细胞比例相关, 可作为判断 RA 炎症的潜在指标。

## PU-2567

## 宏基因二代测序用于检测诺卡菌感染的 8 例案例： 快速精准

马玉燕, 缪青, 金文婷, 张尧, 王萌冉, 王青青, 郭玮, 潘珏, 胡必杰  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 汇报宏基因二代测序用于检测诺卡菌感染的 8 例案例。

**方法** 宏基因二代测序技术是目前较为敏感的可快速同时检测多种病原体的新型检测手段。

**结果** 免疫抑制患者的诺卡菌感染并不少见且死亡率较高, 近年来发现越来越多的免疫正常患者尤其是有肺结构基础疾病如 COPD 患者会出现诺卡菌感染。诺卡菌生长缓慢, 感染后症状缺乏特异性, 容易造成误诊漏诊; 常规抗感染效果不佳, 疗程较长。宏基因二代测序技术是目前较为敏感的可快速同时检测多种病原体的新型检测手段。我们对 8 例诺卡菌肺炎或脑膜炎临床案例进行分析; 8 例患者均通过宏基因二代测序检测出诺卡菌基因序列, reads 数 1 条至 7274 条不等, 仅 5 例传统微生物弱抗酸涂片和/或培养阳性, 较传统微生物检测方法更敏感; 平均检测时间是 3 天, 较传统微生物培养更快; 可检测痰、灌洗液、肺组织、脑脊液、血等多种标本类型; 另外, 2 例患者同时还检测出 PCP、曲霉、EBV 等合并感染病原体; 指导临床更早的更改为有效的抗感染方案。

**结论** 宏基因二代测序技术可快速精准检测诺卡菌且可同时检测出合并感染的病原体。

## PU-2568

## Genetically elevated circulating homocysteine concentrations increase the risk of diabetic kidney disease in Chinese diabetic patients

Liang Ma, Qian Liu, Yongwei Jiang, Hui Yang, Xiao Cong, Yongtong Cao  
China-Japan Friendship Hospital

**Objective** Diabetic kidney disease (DKD) is a devastating and frequent complication of diabetes mellitus. Here, we first adopted MTHFR gene C677T polymorphism as an instrument to infer the possible causal relevance between circulating homocysteine and DKD risk in a Chinese population, and next attempted to build a risk prediction model for DKD.

**Methods** This is a hospital-based case-control association study. Total 1107 study participants were diagnosed with type 2 diabetes mellitus, including 547 patients with newly diagnosed and histologically confirmed DKD. MTHFR gene C677T polymorphism was determined using the TaqMan method.

**Results** Carriers of 677TT genotype (14.55  $\mu\text{mol/L}$ ) had significantly higher homocysteine concentrations than carriers of 677CT genotype (12.88  $\mu\text{mol/L}$ ) ( $P < 0.001$ ). Carriers of 677TT genotype had 1.57-fold increased risk of DKD (odds ratio: 1.57, 95% CI: 1.21 to 2.05,  $P = 0.001$ ) relative to carriers of 677CT genotype after adjusting for confounders. Mendelian randomization analysis revealed that the odds ratio for DKD relative to diabetes mellitus per 5  $\mu\text{mol/L}$  increment of circulating homocysteine concentrations was 3.86 (95% confidence interval: 1.21 to 2.05,  $P < 0.001$ ). In the Logistic regression analysis, hypertension, homocysteine and triglyceride, were significantly associated with an increased risk of DKD, and they constituted a risk prediction model with good test performance and discriminatory capacity.

**Conclusions** Our findings provide evidence that elevated circulating homocysteine concentrations were causally associated with an increased risk of DKD in Chinese diabetic patients.

## PU-2569

## 某三甲教学医院 5 年肺炎克雷伯菌耐药变迁分析

周春妹, 黄声雷, 沈佳瑾, 胡必杰, 郭玮  
复旦大学附属中山医院, 200000

**目的** 了解我院临床分离的肺炎克雷伯菌的分布特点和耐药变迁情况。

**方法** 收集 2014-2018 年临床分离的肺炎克雷伯菌, 剔除重复菌株, 采用 VITEK MS 鉴定, 使用自动化仪器法和纸片扩散法进行药物敏感性试验, 用 2018 年 CLSI 推荐的 mCIM 和 eCIM 方法检测部分 CRKP (耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌) 的碳青霉烯酶分类。

**结果** 5 年内共获得肺炎克雷伯菌 2218 株, 其中 CPKP 为 569 株, CPKP 的检出率从 2014 年的 16.6% 上升至 2018 年的 36.7%, 线性回归统计分析, 耐药率和时间成线性正相关 ( $R^2 = 8.897$ ,  $P < 0.05$ )。标本类型中, KPN 中 CRKP 检出率较高的是深静脉导管, 占 57.14%, 其次是痰标本占 36.76%, 尿液标本中占 25.48%。送检的病房中, KPN 中 CRKP 检出率最高的是急诊监护室 68.12%, 其次是呼吸监护室占 67.19%, 急诊有 53.33%, 急诊病房 49.50%, 肝外监 42.42%。CRKP 对常见抗菌药物的耐药率明显高于非 CRKP, 但对粘菌素和替加环素的耐药率两者间无差异。117 株 CRKP 碳青霉烯酶的检测结果为产丝氨酸碳青霉烯酶 86 株 (73.50%), 产金属  $\beta$ -内酰胺酶 21 株 (17.94%), 未检测到碳青霉烯酶 10 株 (8.54%)。

**结论** 我院 CRKP 的检出率逐年上升, 医院应加强对抗菌药物的临床应用管理, 提高感染防控措施, 防止 CRKP 的快速流行。

## PU-2570

## 碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌在重症监护病房患者中的定植和流行

周昭彦,胡必杰,鲍容,高晓东,潘珏,郭玮,潘柏申  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 明确 CRE (肺炎克雷伯菌 CRKP 和大肠埃希菌 CREC) 在 ICU 患者中的携带率和获得率,并评估 CRE 的耐药机制。

**方法** 2011 年 3 月至 2013 年 4 月间,在外科 ICU 患者入院时和每周两次进行直肠和口咽部 CRE 主动筛查监测,分析 ICU 患者 CRE 的入院携带率、感染/定植获得率和院内临床标本培养阳性率。并采用多重 PCR 方法检测临床标本中分离的 CRE,所查基因为 Ambler 分类中 A、B 和 D 群的 7 种碳青霉烯酶基因。

**结果** 共收集 2164 例患者 4649 份筛查标本。0.2% 患者 (6/2164) 入住 ICU 时定植 CRE。31% 患者至少被筛选两次。其中,54 (2.5%) 位患者入住 ICU 期间获得 CRE。首次发现 CRE 定植 60 位患者 (包括入院携带和 ICU 获得) 中,23.3% (14/60) 通过临床标本的微生物培养而发现,46 例由主动筛选培养发现,占 76.7%。在 14 株临床标本分离的 CRKP 和 CREC 中,7 株携带碳青霉烯酶: 3 株为 blaKPC, 1 株为 blaNDM, 3 株为 blaIPM, 其余 7 株对碳青霉烯类抗生素耐药的机制可能是 AmpC 或超广谱内酰胺酶与不渗透特性的联合作用。

**结论** 日益增高的 CRE 获得率与 CRE 在 ICU 患者中的传播密切相关,有必要积极采取措施切断 CRE 传播途径。相当大比例的 CRE 定植是由主动筛查检出而并非由临床标本培养鉴定,主动筛查对于预防潜在的 CRE 感染具有重要意义。

## PU-2571

## A New Method to Isolate Exosomes for miRNA Expression Research

Lijuan Yu, Lin Lei, Weixiao Fan, Ani Nan, Yue Zhang, Xiaoke Hao  
Department of Clinical Laboratory Medicine, Xijing Hospital, Air Force Medical University

**Objective** Exosomes are small vesicles of about 30–140 nm in diameter that are secreted from cells by exocytosis after fusion of multivesicular bodies with plasma membrane and are involved in communication among cells both in physiological and in pathological conditions. Many studies in recent years highlighted that exosomes secreted by tumor cells presented specific over-expressed miRNAs, which are associated with the immunosuppression of antitumor responses or tumor growth and metastasis progression or with the transmission of drug resistance to sensitive cells. Recently, it has been shown that the microRNA levels in exosomes are more correlated with the clinical-pathological variables than vesicle-free microRNAs (miRNAs) in biofluids; therefore, there is an increasing interest in these specific evaluations. However, these measurements can be affected by experimental problems that not always are evaluated and/or by inadequate procedural choices. In particular, exosome isolation procedures are crucial to avoid contaminations and increase production. The extraction methods used mainly include ultracentrifuge method, immunomagnetic bead method and liquid chromatography. Ultracentrifuge method due to the high cost and the low penetration rate limit its use. Immunomagnetic beads and liquid phase chromatographic methods are also inefficient and difficult to be widely used. It's urge to establish a new method to isolate exosomes for miRNA expression research.

**Methods** To establish a new method using stirring ultrafiltration and PEG precipitation to isolate exosomes from the culture supernatant of prostate cancer cells.

**Results** The culture supernatant of cancer cells was collected and centrifuged at low speed to remove residual cells and cell debris. Then the clarified supernatant was purified by 100 K stirring ultrafiltration tube at 3500g for 10min. After that, the biofluid was sedimented by PEG at least 12 hours at +4°C. Centrifuge the PEG/biofluid mixture and resuspend the exosome pellet in 200 µl sterile 1X PBS. Transmission electron microscope was used to identify the morphology of exosome. NTA was performed to confirm the size of exosome. Western blotting analysis was used to examine CD63, CD9, CD81, Alix and GM130 protein expression. The exosomal total RNA was extracted. RNA quality evaluation and concentration was analyzed. qPCR of 15 microRNAs was performed and compared with exosomal miRNA from ultracentrifuge(UC) isolation.

**Conclusions** Stirring ultrafiltration connected with PEG precipitation successfully isolated exosome from prostate cancer cells culture supernatant. Morphology of the isolated exosome was round or elliptic, with the diameter being about 100nm. Results of western blotting analysis is showed positive expression of CD63, CD9, CD81, Alix and negative expression of GM130. RNA concentration analysis showed a higher concentration than UC isolation. ( $P < 0.05$ ). The relative expression of 15 miRNAs in exosomes was higher expression than UC isolation ( $P = 0.012$ ).

## PU-2572

### Application strategies of serum HBV DNA detection in HBV infection patients: a retrospective study of 5611 specimens

can liu, Wu Wennan, Huang Er, Ou Qishui  
The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** The detection of HBV DNA plays a critical role in determining the level of viral replication in HBV infected patients. However, how to select appropriate HBV DNA detection method, low-sensitivity (ls) and hypersensitivity (hs), remains unclear.

**Methods** HBsAg, HBeAg, ALT, AST and hs HBV DNA titers in serum of 5611 cases with suspected HBV infection were reviewed. Besides, the dynamic changes of HBV DNA and HBsAg in 85 chronic hepatitis B (CHB) patients receiving PegIFN $\alpha$  or entecavir (ETV) were observed.

**Results** The positive rate of HBV DNA was 32.8%, of which low viral load (20~500 IU/ml) accounted for 51.8%. In the 5611 cases, when the HBsAg < 1000 IU/ml, the proportion of low viral load was 76.3%. Moreover, in patients receiving antiviral treatment, when HBsAg < 2000 IU/ml (PegIFN $\alpha$ ) or HBsAg < 3500 IU/ml (ETV), the proportion of patients with low viral load was 79.5% or 78.0%, respectively. We developed a strategy of serum HBV DNA detection in HBV infection patients. When HBsAg was negative, HBV DNA detection should be unnecessary. When HBsAg was 0.05~1000 IU/ml, hs HBV DNA should be detected in patients with abnormal level of ALT, AST or HBeAg. While HBsAg was  $\geq 1000$  IU/ml, ls HBV DNA was recommended. Moreover, the cut-off value of HBsAg increased during antiviral therapy of CHB patients.

**Conclusions** Hs HBV DNA is of great value in HBV infected patients with low viral load. HBV DNA detection methods should be selected reasonably according to the levels of HBsAg, HBeAg, ALT and AST.

## PU-2573

### 医学检验科门诊生化标本 TAT 分析与改进

江玉凤  
济宁市第一人民医院, 272000

**目的** 随着社会的发展, 人们对医疗质量和水平的要求也越来越高。标本周转时间 (TAT), 已成为患者和临床医生越来越关注的问题。TAT 是指医生工作站申请检验申请单到收到报告之间的时间,

其中任何一个环节的延误,都将影响患者的诊断和治疗,甚至造成严重后果。本研究以门诊生化检验标本 TAT 为研究对象,分析 TAT 延迟的原因,提出改进措施,缩短 TAT,进一步完善实验室质量管理体系,提高患者和临床医生满意度。

**方法** 1 TAT1: 医生开具检验单到标本采集之前时间; TAT2: 标本采集至标本签收之间时间; TAT3: 实验室接收标本至检验结果的发布之间时间。

2 统计各个时间录入不规范、不完整及标本不合格标本数,及其所占比例。

3 对临床科室、医学检验科检验项目 TAT1、TAT2、TAT3 各个阶段持续改进进行统计分析。

**结果** 门诊生化项目检验 TAT 统计: TAT1: 医生开具检验单到标本采集之前时间 45min; TAT2: 标本采集至标本签收之间时间 15min; TAT3: 实验室接收标本至检验结果的发布之间时间 135min。标本不合格率较低,为 5.0%。针对临床科室和检验科影响 TAT 各环节进行改进,统计时间为一个月, TAT 平均时间明显下降,与采取措施前相比较,具有显著性差异  $P<0.05$ 。

**结论** 对医院而言: 缴费窗口少,机器高峰时使用,需要排队,因此在高峰时间段需要固定人员协助缴费。此外优化空间布局,加强周围标识,加派专职人员负责高峰时间段人员分流,也有助于缩短 TAT。对医学检验科而言: 存在设备配置不足、分析速度慢、仪器故障、仪器维护保养、报告审核不及时等问题。因此,科室要优化工作流程,提高人员素质,优化信息系统,增加仪器、定期维护保养仪器等多方面减少造成 TAT 延迟。检验结果回报时间是患者及临床医生关心的重要问题,随着检验科自动化和信息化发展,医学检验科 TAT 时间会缩短、标本的不合格率都会大大降低。

## PU-2574

### 甲状腺功能正常的冠心病患者血清游离甲状腺素水平 与肺动脉高压及肺动脉收缩压相关

吴冰洁,凌雁,潘柏申,高鑫  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 本研究旨在探究甲状腺功能正常的冠心病人群甲状腺激素水平与肺动脉高压 (PH) 及肺动脉收缩压 (PASP) 的相关性。

**方法** 本研究为横断面研究,受试者为 2013 年 3 月至 2013 年 11 月期间入院经冠状动脉造影术确诊的冠心病患者。排除数据不全、甲亢、甲减、心衰及慢性阻塞性肺病史,共 811 例受试者纳入分析,其中女性 185 例,男性 626 例。完成标准化问卷、人体学参数采集、血清游离三碘甲状腺原氨酸 (FT<sub>3</sub>)、游离甲状腺素 (FT<sub>4</sub>)、促甲状腺素 (TSH) 及心脏多普勒彩色超声检查。根据心脏多普勒彩色超声测定 PASP。

**结果** 86 例受试者 PASP>40mmHg, 诊断为 PH。与非 PH 组比, PH 患者 FT<sub>4</sub> 水平显著升高,差异具有统计学意义 (PH 组:  $16.07 \pm 2.55$  mmol/L vs. 非 PH 组:  $15.30 \pm 2.08$  mmol/L,  $P=0.002$ )。多元 Logistic 回归分析显示,校正性别,年龄,体重指数,收缩压,左室射血分数,高血压史及用药史 (钙通道阻断剂, ACE 抑制剂, 血管紧张素 II 受体拮抗剂和硝酸酯类药物), PH 与 FT<sub>4</sub> 水平独立相关 (OR=1.12, 95%CI 1.01-1.25,  $P=0.03$ ), 与 FT<sub>3</sub> (OR=1.18, 95%CI 0.79-1.82,  $p=0.45$ ) 及 TSH (OR = 0.97, 95%CI 0.84-1.12,  $p=0.70$ ) 无相关性。多元线性回归分析显示 FT<sub>4</sub> 水平是 PASP 的独立影响因子 ( $\beta=0.27 \pm 0.12$ ,  $P=0.03$ ), 而 FT<sub>3</sub> ( $\beta=-0.53 \pm 0.49$ ,  $P=0.28$ ) 和 TSH ( $\beta=0.00 \pm 0.15$ ,  $P=0.99$ ) 水平与 PASP 无相关性。

**结论** 本研究提示在甲状腺功能正常的冠心病人群中, 血清 FT<sub>4</sub> 水平是 PH 的独立危险因素, FT<sub>4</sub> 与 PASP 独立相关。

## PU-2575

## 细胞焦亡相关基因在类风湿关节炎患者中的表达情况研究

何毓珏<sup>1</sup>,洪小颖<sup>2</sup>,林锦骝<sup>1</sup>

1.福建医科大学附属第一医院,350000

2.福建医科大学,350000

**目的** 本文通过研究类风湿关节炎（Rheumatoid Arthritis, RA）患者外周血中细胞焦亡相关基因 GSDMD 和 GSDME、IL-1 $\beta$  和 IL-18、NLRP3 和 NLRC4 的基因表达情况，分析细胞焦亡相关基因与 RA 患者血清中类风湿因子（Rheumatoid factor, RF），血沉（ESR），抗环瓜氨酸（Anti-CCP）抗体和 C-反应蛋白（CRP）的相关性，探讨诊断、治疗和研究 RA 可能的方向。

**方法** 收集来自福建医科大学附属第一医院就诊的 40 例 RA 患者外周血标本，以 20 例健康对照组外周血标本作为对照，提取 RA 患者外周血中的 RNA，实时荧光定量 PCR 检测 GSDMD、GSDME、IL-1 $\beta$ 、IL-18、NLRP3、NLRC4 基因表达水平情况，同时通过信息系统收集 RF，抗 CCP 抗体，ESR，CRP 等实验室指标的结果。

**结果** （1）表达情况：RA 患者组外周血中 GSDMD、GSDME、IL-1 $\beta$ 、IL-18、NLRP3、NLRC4 相对表达水平高于健康对照组，具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；（2）相关性：RA 患者血清中抗 CCP 抗体的检测结果与细胞焦亡相关基因 IL-1 $\beta$ 、IL-18、NLRP3、NLRC4 呈正相关（ $R^2=0.2423$ 、 $0.2114$ 、 $0.1487$ 、 $0.1495$ ， $P<0.05$ ），RA 患者外周血 GSDMD、GSDME 的相对表达水平与 RF、ESR、抗 CCP 抗体、CRP 这些临床指标均无统计学意义（ $P$  均 $>0.05$ ），RA 患者血清中 ESR 与 CRP 的检测结果与细胞焦亡相关基因的相对表达水平均无统计学差异（ $P$  均 $>0.05$ ）。

**结论** 细胞焦亡相关基因 GSDMD、GSDME、IL-1 $\beta$ 、IL-18、NLRP3、NLRC4 在 RA 中的相对表达水平比健康对照组中高，其与 RA 常用临床诊断指标具有一定的相关性，检测细胞焦亡基因的表达有望成为 RA 新的诊断指标。

## PU-2576

## 尿肾功能相关指标检测在多发性骨髓瘤肾功能损伤中的临床意义

龙幼敏

广州市第一人民医院,510000

**目的** 探讨尿肾功能相关指标 N-乙酰- $\beta$ -D-葡萄糖苷酶（NAG）、尿微量白蛋白（MA）、肌酐（CREA）、MA/Cr（M/C）、尿 KAP 轻链（KAPU）、尿 LAM 轻链（LAMU）、尿 a1 微量球蛋白（a1-MG）、尿免疫球蛋白 G（IUG），对多发性骨髓瘤合并肾功能损伤的临床意义。

**方法** 选取多发性骨髓瘤（MM）患者 49 例作为实验组，同时取肾病综合征（NS）患者 57 例、正常健康（CTL）体检者 51 例分别作为阳性对照组和阴性对照组，回顾性分析三组实验对象尿肾功能检测指标，并评估在多发性骨髓瘤肾功能损伤中的临床意义。

**结果** NS 组的 NAG、MA、M/C、IUG 明显高于 MM 组（ $P<0.05$ ），且两组均明显高于 CTL 组（ $P<0.05$ ）。MM 组的 KAPU、LAMU 明显高于 NS 组（ $P<0.05$ ），且两组均明显高于 CTL 组（ $P<0.05$ ）。MM 组、NS 组、CTL 组的尿 CREA 指标两两之间均无统计学差异。MM 组、NS 组的 a1-MG 明显高于 CTL 组，差别有统计学意义（ $P<0.05$ ），但 a1-MG 在 MM 组和 NS 组之间无统计学意义。而尿  $\kappa/\lambda$  指标在鉴别 MM 和 NS 上无明显意义（ $P>0.05$ ）。



**结论** MM 患者极易并发肾功能损伤, 其尿 NAG、MA、M/C、IUG、KAPU、LAMU 指标均有明显升高, 且与 NS 有明显差异, 可初步诊断多发性骨髓瘤肾功能损伤, 尿 CREA 和  $\kappa/\lambda$  指标对多发性骨髓瘤肾病的评价意义不大。

#### PU-2577

### Usefulness of Mean Platelet Volume for Differential Diagnosis of Biliary and non-Biliary Acute pancreatitis

Fengfeng Zhao, Guofang Shu  
Department of Clinical Laboratory of Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** To explore whether the mean platelet volume (MPV) can be used as a reference index for the differential diagnosis of bile-derived acute pancreatitis from non-bile-derived acute pancreatitis.

**Methods** From August 2016 to May 2017, 132 inpatients with acute pancreatitis were diagnosed as acute pancreatitis in the Hospital affiliated to Southeast University, including 62 cases of biliogenic pancreatitis and 70 cases of non-biliogenic pancreatitis. The MPV values of blood routine were analyzed and compared.

**Results** There was significant difference in MPV between the two groups ( $P < 0.05$ ). The working characteristic curve (ROC) of the subjects showed that the area under the MPV curve was 0.773 (95% CI: 0.793-0.895) for distinguishing bile pancreatitis from non-bile pancreatitis. When the cut-off value of MPV was 8.41, the sensitivity and specificity of differential diagnosis of bile pancreatitis were 80.4% and 71.6%, respectively.

**Conclusions** MPV can be used as a simple and practical reference index to distinguish bile from non-bile acute pancreatitis.

#### PU-2578

### Prediction value of serum HBV large surface protein in different phases of HBV infection and virological response of chronic hepatitis B patients

can Liu, Wu Wennan, Shang Hongyan, Lin Sheng, Ou Qishui  
The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** Serum HBV large surface protein (HBV-LP) is an envelope protein that has a close relationship with HBV DNA level. This study is to explore the prediction value of HBV-LP in different phase of HBV infection and during antiviral therapy in chronic hepatitis B (CHB) patients.

**Methods** A retrospective study was conducted in 2033 individuals, which included 1677 HBV infected patients in different phases and 356 healthy controls. HBV-LP, HBV serum markers and HBV DNA were detected by ELISA, CMIA and qRT-PCR, respectively. 85 CHB patients receiving PegIFN $\alpha$  or ETV were divided into virological response (VR) and partial virological response (PVR). The dynamic changes of HBV DNA and HBV-LP were observed.

**Results** The level of HBV-LP in 2033 individuals was shown as: HBeAg-positive hepatitis > HBeAg-positive infection > HBeAg-negative hepatitis > HBeAg-negative infection > healthy controls. HBV-LP was positive in all patients whose HBV DNA > 1.0 E+06 IU/ml. When HBsAg was < 0.05 IU/ml or > 1000 IU/ml, HBV DNAs were all negative if HBV-LP < 1.0 S/CO. When HBsAg was between 0.05 IU/ml and 1000 IU/ml, the consistency of HBV-LP with HBV DNA was 100% in case of HBV-LP > 4.0 S/CO in HBeAg-positive patients and HBV-LP > 2.0 S/CO in HBeAg-negative ones. During antiviral therapy, baseline HBV-LP was lower in VR patients than that in

PVR patients. The optimal cut-off points to predict VR by baseline HBV-LP were 32.4 and 28.6 S/CO for HBeAg-positive and HBeAg-negative hepatitis patients, respectively.

**Conclusions** HBV-LP may be a useful marker for distinguishing the different phases of HBV infection. Moreover, baseline HBV-LP level can be used for predicting VR of CHB patients.

## PU-2579

### 结核性和癌性胸腔积液胸腔积液中潜在生物标志物的蛋白质组学分析

史静

重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 探讨恶性胸腔积液 (MPE) 抗结核性胸腔积液 (TPE) 的潜在生物标志物。

**方法** 采用同位素标签相对绝对定量法 (ITRAQTM) 和液相色谱-质谱 (LC-MS/MS) 法分析 TPE 和 MPE 样品的蛋白质组。酶联免疫吸附试验进一步验证候选蛋白。

**结果** 鉴定出 410 种差异蛋白。酶联免疫吸附试验显示, MPE 中纤维连接蛋白 (FN) 和组织蛋白酶 G (CSTG) 的水平明显高于 TPE, 但白三烯-A4 水解酶 (LTA4H) 的水平较低。经 ROC 分析, FN 的 RUC 值为 0.26, LTA4H 的 RUC 值为 0.67, CTSG 的 RUC 值为 0.35, 这些候选标记组合的 RUC 值为 0.77。

**结论** FN、LTA4H 和 CTSG 是 MPE 抗肿瘤药物 TPE 的潜在生物标志物。这三个指标的结合显示出较高的诊断能力。

## PU-2580

### Multifunction dendritic DNA assembly for enzyme-free amplified tumor cells sensing and imaging

Ye Zhang, Shihua Luo, Lei Zheng

Southern Medical University, Nanfang Hospital

**Objective** Multimode cancer cell analysis are significant for early clinical diagnosis. However, the tedious operation and instability of multimode-analysis compromise their analytical performance. Herein, we developed a multifunction dendritic DNA assembly strategy that enabled enzyme-free amplification and time-saving multimode-analysis of tumor cells.

**Methods** In the presence of target tumor cells, the multifunction dendritic DNA assembly was activated and produced multifunction products, including dendritic DNA products and assistant DNA products. Dendritic DNA products bound to their target cells for the visualization. Assistant DNA products were released into the solution by the dendritic DNA assembly and were used for the amplified detection of tumor cells.

**Results** Under optimized conditions, the demonstrated method could detect as low as 45 cells mL<sup>-1</sup> (S/N = 3), with a linear range of 100 to 10,000 cells mL<sup>-1</sup>. In clinical hydrothorax samples, the proposed method exhibited high reliability with a recovery of 93 to 116%. The specificity and biocompatibility of designed strategy were further verified by tumor cell imaging and mutational analysis.

**Conclusions** Thus, this approach may be efficacious for cancer early diagnostics and expanded DNA nanostructure applications for clinical diagnosis.

## PU-2581

## 蛋白酶体 PSME1 与 PSMA7 在 HBV 感染不同阶段的诊断价值研究

刘灿,林锦骝,黄金兰,欧启水

The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**目的** 探讨蛋白酶体 (Proteasome, PSM) 在乙型肝炎病毒 (HBV) 感染不同阶段的单独及联合诊断价值, 为临床抗病毒药物的启用提供合适的实验室依据。

**方法** 收集 HBV 感染不同阶段的血清标本 158 例 (I: HBeAg 阳性慢性感染组, 30 例; II: HBeAg 阳性慢性肝炎组, 33 例; III: HBeAg 阴性慢性感染组, 32 例; IV: HBeAg 阴性慢性肝炎组, 31 例) 及健康对照组 (HC) 32 例, 先将每组各 20 例血清标本送至上海吉凯基因科技有限公司进行蛋白组学检测, 以筛选具有差异性的指标, 再用酶联免疫吸附实验法 (ELISA) 验证蛋白组学实验所筛选的差异性指标, 最后联合传统血清学指标, 如 HBV DNA、HBsAg、HBeAg、抗-HBe、ALT 等, 利用 ROC 曲线法对单独和联合诊断价值进行比较分析。

**结果** 蛋白组学筛查发现 PSME1 与 PSMA7 在 I 期与 II 期 (PSMA7>PSME1>PSMA2>PSMB3>PSMA6>PSMA4)、III 期与 IV 期 (PSME1>PSMA7>PSMA6>PSMB3>PSMA2>PSMA4) 的变化倍数最大。分别检测 HBV 感染不同阶段中 PSME1 与 PSMA7 的含量, 结果显示, 对于 PSME1, 含量 (ng/ml) 由高到低依次为 IV ( $4.56\pm 2.59$ )> II ( $2.82\pm 2.01$ )> I ( $1.66\pm 1.06$ )> III ( $1.46\pm 1.01$ )> HC ( $1.42\pm 1.06$ ),  $P<0.05$ ; 对于 PSMA7, 含量 (ng/ml) 由高到低依次为 II ( $6.71\pm 3.21$ )> IV ( $6.02\pm 2.58$ )> III ( $4.46\pm 1.55$ )> HC ( $4.53\pm 1.46$ )> I ( $3.67\pm 1.59$ ),  $P<0.05$ 。PSME1、PSMA7 与 ALT 的相关系数分别为 0.424、0.375 ( $P<0.05$ )。ROC 曲线分析显示 HBeAg、HBsAg、HBV DNA、PSME1、PSMA7 区分 I 期与 II 期的曲线下面积 (AUC) 分别为 0.540、0.692、0.515、0.597、0.748, HBeAg、PSME1、PSMA7 区分 III 期与 IV 期的 AUC 分别为 0.629、0.877、0.621。PSME1 与 PSMA7 联合区分 I 期与 II 期的 AUC 为 0.828, 区分 III 期与 IV 期的 AUC 为 0.913。

**结论** PSME1 与 PSMA7 在 HBV 感染的不同阶段具有显著差异, 其联合有望成为区分 HBV 感染不同阶段的新指标为抗病毒治疗的启动提供新的实验室依据。

## PU-2582

## 成人继发性肾上腺皮质功能减退症醋酸可的松替代剂量的探讨

凌雁,潘柏申,李晓牧

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 成人肾上腺皮质功能减退症的传统替代剂量为氢化可的松 20-30mg/天 (或醋酸可的松 25-37.5mg/天)。近年来的研究表明传统替代剂量可能明显高于生理需要量, 且替代过量与死亡率增高显著相关。按体表面积计算可的松的替代剂量可能更佳 (氢化可的松  $6-12\text{mg}/\text{m}^2$  体表面积或醋酸可的松  $7.5-15\text{mg}/\text{m}^2$  体表面积)。本研究的目的是探讨成人继发性肾上腺皮质功能减退症患者醋酸可的松的合适替代剂量。

**方法** 收集 14 例继发性肾上腺皮质功能减退症患者的临床资料。晨 8 时服用 25mg 醋酸可的松, 测定每位患者服药前及服药后 30 分钟, 60 分钟, 90 分钟, 120 分钟, 180 分钟的血皮质醇浓度。

**结果** 14 例患者中 8 例为男性, 6 例为女性, 年龄范围 21-75 岁, 平均年龄  $55.6\pm 13.5$  岁。导致肾上腺皮质功能减退的原因包括垂体瘤, 垂体 Rathke 囊肿, 垂体占位术后等。服药前基线血皮质醇的浓度范围为 4.7-269.5nmol/L, 平均浓度为 85.3nmol/L。服药后峰值血皮质醇浓度范围为 514.1-

1021nmol/L, 平均浓度为 708.3nmol/L。50%患者的血皮质醇峰值出现在服药后 2 小时, 其余患者血皮质醇峰值出现在 90 或 180 分钟。基线血皮质醇浓度与服药后血皮质醇峰浓度不相关。服药后 60 分钟, 90 分钟, 120 分钟, 180 分钟的平均血皮质醇浓度范围为 479.9-604.4nmol/L, 平均浓度为 604.4nmol/L。按 7.5mg/m<sup>2</sup> 体表面积计算, 本组患者醋酸可的松替代剂量的范围为 10.7-16.5mg/天, 平均剂量为 12.7 mg/天。按 15mg/m<sup>2</sup> 体表面积计算, 本组患者醋酸可的松替代剂量的范围为 21.4-32.9 mg/天, 平均剂量为 25.5 mg/天。

**结论** 继发性肾上腺皮质功能减退症患者服用 25mg 醋酸可的松后的血皮质醇浓度高于生理浓度。按体表面积计算, 多数患者替代剂量小于 25mg 醋酸可的松/天。服用醋酸可的松后的血皮质醇峰值均在服药后 90 分钟之后, 服药时间较常规晨 8 时提前 1-2 小时可能更符合生理。未来需要更进一步的研究明确肾上腺皮质功能减退症患者的合适替代剂量及理想的服药时间。

## PU-2583

### 半侧颜面短小综合征 (CFM) 荧光 PCR 产前检测试剂盒研发

张臣, 吴国球

东南大学附属中大医院, 210000

**目的** 为孕妇产前检测半侧颜面短小畸形综合征提供参考依据。

**方法** 本试剂盒以检测对象 (孕妇) 外周血中胎儿游离 DNA 为检测样本, 试剂盒结合特异性引物和 TaqMan 探针技术, 用实时荧光 PCR 方法检测 DNA 样品中的 CFM 相关易感基因 SHROOM3、SEMA7A、NRP2、ROBO1、GBX2 的突变定性检测。

**结果** 完成了 100 例半侧颜面短小畸形患者和 100 例正常健康对照样本的检测, 该批 Taqman 探针的特异度为:  $94 / (94 + 6) * 100\% = 94\%$ , 灵敏度为:  $92 / (92 + 8) = 92\%$ , 准确度 =  $(94 + 92) / 100 = 94\%$ 。

**结论** 本试剂盒仅为孕妇产前检测 CFM 综合征发生的可能提供参考, 具体临床应用时须结合实际情况进行判断, 必要时结合后三维超声影像诊断做进一步确诊, 不能以本试剂盒检测结果作为临床诊断的唯一依据。

## PU-2584

### TRIM21 抗体检测的回顾分析与临床意义探讨

史静

重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 探讨抗 TRIM21(Ro52)抗体在自身免疫性疾病中的临床意义, 分析 TRIM21 抗体与相关指标联合检测对疾病的诊断价值, 为研究其诊疗价值和下一步的致病机制研究奠定基础。

**方法** 回顾性分析。收集重医附一院检验科免疫室 2013.11-2018.12 进行抗核抗体谱检测的患者的相关信息, 整理分析 TRIM21 抗体与患者性别、年龄、临床诊断与其他检测指标的相关性。

**结果** 抗 TRIM21 抗体阳性率约为 10%(2543 例), 而阳性患者中女性 (9%) 明显多于男性 (1%)。女性患者的阳性率 15% 明显高于男性 4% (卡方值 = 740.712,  $P < 0.05$ )。总体年龄  $46 \pm 15.8$ 。抗 TRIM21 抗体阳性患者中最多患者为系统性红斑狼疮患者 (22.28%), 其次是类风湿性关节炎 (5.85%)、干燥综合征 (5.57%)、间质性肺炎患者 (3.25%), 13.9% 的患者患有 2 种及两种以上自身免疫性疾病。在非自身免疫性疾病患者中以肿瘤、肾炎、肾功能不全等为主。大部分患者伴有高血压、肺部感染等疾病 (分别占 13.18% 和 10.12%)。抗 TRIM21 抗体阳性患者

中 89.07%的患者 ANA 抗体同时阳性, 69.41%患者抗 Ro60 抗体阳性, 24.26%患者抗 u1-nRNP 抗体同时阳性, 15.81%患者抗 SSB 抗体阳性。

**结论** 1.女性抗 TRIM21 抗体阳性率高于男性 2.抗 TRIM21 抗体阳性患者 40-50 岁居多 3.TRIM21 抗体可出现在多种疾病中, 包括自身免疫性疾病与非自身免疫性疾病。但更多患者为 SLE、SS、RA 和间质性肺炎。4.抗 TRIM21 阳性患者大多同时合并出现其他抗 ENA 抗体阳性, 以 ANA、抗 SSA 抗体为主。联合抗 TRIM21 抗体、ANA、抗 SSA 抗体分析有助于自身免疫性疾病的诊断与分类。

## PU-2585

### 碳青霉烯酶类耐药黏质沙雷菌引起神经外科重症监护室医院感染暴发的研究

马金龙

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 探讨神经外科重症监护室碳青霉烯酶类抗菌药物耐药黏质沙雷菌的耐药机制。**方法** 6 株分离自神经外科重症监护室患者的黏质沙雷菌采用梅里埃 VITEK 2 Compact 系统进行鉴定和药敏; PCR 扩增和产物测序确认菌株携带的耐药基因; 脉冲场凝胶电泳和质粒接合试验分析菌株的同源性和质粒转移特性

**方法** 1.2.1 菌株的鉴定和药敏

1.2.2 耐药基因的检测

1. 2.3 脉冲场凝胶电泳

1.2.4 质粒接合试验和 S1 核酸酶切电泳

**结果** 6 株黏质沙雷菌药敏表型一致, 对头孢曲松、氨曲南、厄他培南、亚胺培南和美罗培南耐药; 每一株菌都携带 bla<sub>KPC-2</sub>、bla<sub>SRT-1</sub>、aac(6')-Ic 和 fosA7 耐药基因; 这 6 株菌的脉冲场凝胶电泳带型完全相同, 并可携带 bla<sub>KPC-2</sub> 基因的质粒成功转移到大肠埃希菌 J53Azi<sup>R</sup>

**结论** 携带 bla<sub>KPC-2</sub>、bla<sub>SRT-1</sub>、aac(6')-Ic 和 fosA7 耐药基因黏质沙雷菌的克隆播散是神经外科重症监护室医院感染暴发的原因。经检索, 这是国内外首次报道, 应引起注意。

## PU-2586

### 下午与早晨血皮质醇比值在皮质醇增多症诊断中的价值

凌雁,潘柏申,李晓牧

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 皮质醇分泌昼夜节律消失是皮质醇增多症的显著特点。午夜血皮质醇水平、午夜唾液皮质醇水平以及血皮质醇昼夜节律均可用于皮质醇增多症的诊断, 这些测定均是基于皮质醇增多症患者皮质醇分泌失去昼夜节律, 皮质醇的分泌全天维持高水平的现象。本研究拟评估下午与早晨血皮质醇比值 (SeC AMR) 在皮质醇增多症中的诊断价值, 并将其与午夜血皮质醇 (SeC Midnight) 以及午夜与早晨血皮质醇比值 (SeC MMR) 进行比较。

**方法** 本研究为诊断研究, 共纳入 27 例未经治疗的皮质醇增多症患者和 120 例对照。病例组包括 7 例 Cushing's 病和 20 例肾上腺源性皮质醇增多症。对照组包括 13 例无功能肾上腺偶发瘤, 43 例 2 型糖尿病, 18 例原发性高血压, 以及 46 例疑诊但最终排除皮质醇增多症的患者。测定所有受试者 8AM, 4PM, 和 12MN 的血皮质醇水平以及午夜口服 1mg 地塞米松后的 8AM 血皮质醇水平 (SeC overnight)。

**结果** SeC AMR 高于 0.81 诊断皮质醇增多症的敏感性为 76.92%，特异性为 87.50%。该切点在区分患者与各对照亚组时有相似的敏感性和特异性。SeC AMR 的 ROC 曲线下面积为 0.88，SeC Midnight 为 0.90，SeC MMR 为 0.88，SeC overnight 为 0.99。SeC AMR 与 SeC Midnight 的 ROC 曲线下面积无显著性差异。SeC AMR 与 SeC MMR 的 ROC 曲线下面积也无显著性差异。SeC Midnight、SeC MMR、SeC overnight 的诊断敏感性和特异性分别为 73.08%和 90.83%，84.62%和 81.67%，100%和 96.77%。SeC AMR 与 SeC Midnight 的诊断敏感性和特异性无显著差异。SeC AMR 与 SeC MMR 的诊断敏感性和特异性也无显著差异。SeC overnight 诊断敏感性和特异性高于 SeC AMR，SeC Midnight 和 SeC MMR。

**结论** 本研究结果提示 SeC AMR 与 SeC Midnight 以及 SeC MMR 对皮质醇增多症有相似的诊断价值，但需要进一步的大样本研究来证实。

## PU-2587

### 自制超薄型琼脂糖凝胶板电泳分离检测血清乳酸脱氢酶 多种形式酶方法的建立

申春艳,于嘉屏,陆桂琴  
上海迪安医学检验所

**目的** 自制超薄型琼脂糖凝胶板，建立电泳分离检测血清乳酸脱氢酶多种形式酶的方法。LDH 同工酶是多种形式酶中的一类，与巨分子 LDH、肝脏醇脱氢酶这三类分子可通过自制超薄型琼脂糖凝胶板来区分。

**方法** 选取检验科检测的新鲜患者血清，用自制琼脂糖凝胶板分离检测 LDH 同工酶，采用自建 LDH 同工酶琼脂糖凝胶电泳方法和 Sebia 电泳仪配套的 LDH 同工酶电泳试剂盒测定方法分别对血清样本进行比较分析，两组数据比较采用 t 检验，比对结果作相关分析，计算线性回归参数。对 LDH 同工酶方法学性能包括精密度、正确度、线性范围、参考区间进行确认和建立。

**结果** 5 种 LDH 同工酶图谱分离清晰，批内 CV 值均小于 8.77%，批间 CV 值均小于 12.08%，胶板间 CV 值均小于 7.89%。LDH1 在 13.48 U/L~287.65U/L，LDH2 在 18.19 U/L~575.67U/L，LDH3 在 19.42 U/L~504.62U/L，LDH4 在 8.00 U/L~342.27U/L，LDH5 在 13.88 U/L~199.79U/L 的范围内呈线性，斜率趋近于 1。与 Sebia 配套电泳试剂盒的结果比较，5 种同工酶在两方法间的差异无统计学意义（ $t=0.0281\sim0.5674$ ，P 值均 $>0.05$ ），相关系数  $r=0.9494\sim0.9855$ 。建立的成人参考区间为 LDH1（15.7%~34.3%），LDH2（26.8%~38.9%），LDH3（18.8%~28.1%），LDH4（5.7%~13.7%），LDH5（2.7%~15.3%）。

**结论** 自制超薄型琼脂糖凝胶板电泳分离检测血清 LDH 同工酶的方法性能良好。自制的琼脂糖板厚度为 $<0.8\text{mm}$ ，电泳通电顺畅，酶孵育与显色时间缩短，且显色完全，同工酶谱分离的效果很好，谱带清晰。显色干燥后的胶片可长期保存。LDH 多种形式酶琼脂糖凝胶板电泳分离方法的建立，有助于对 LDH 升高的患者作进一步的鉴别诊断，其应用前景十分广阔。

## PU-2588

### CRE 主动筛查及其快速基因检测

孙继德  
重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 对 CRE 感染率比较高的科室进行主动筛查，为医院院感监控提供理论依据。

**方法** 采集各 ICU 及血液内科住院患者的肛周拭子标本，按美国 CDC 推荐方案，将拭子标本接种于含 10 $\mu\text{g}$  美罗培南的 5mL 胰蛋白酶大豆肉汤 (TSB) 中，35 $^{\circ}\text{C}$  环境下过夜培养。随后取 100 $\mu\text{L}$  肉

汤移种至麦康凯平板上，35℃环境下再次培养过夜。最后，挑取乳糖发酵的菌落进一步鉴定和确证。最后用 Genexpert 检测 CRE 的基因型。

**结果** 共采集 105 例患者肛周拭子标本，筛查出 20 例 CRE，检出率为 19.1%。3 株大肠埃希菌为 NDM 型，12 株肺炎克雷伯菌为 KPC 型，弗氏柠檬酸杆菌、解鸟氨酸拉乌尔菌和神户肠杆菌各 1 株，均为 NDM 型，1 株大肠埃希菌和 1 株肺炎克雷伯菌未鉴定出型别。NDM 型 CRE 集中在血液内科和神外 ICU，KPC 型 CRE 集中在重症 ICU 和呼吸内科 ICU。

**结论** CRE 主动筛查能早期发现定植菌，早期采取干预措施能有效减少感染。我院 CRE 定植仍以 KPC 和 NDM 型为主。

## PU-2589

### 丙肝病毒核心抗原与抗体 联合检测在丙型肝炎诊断中的价值分析

秦淑国

皖北矿务局总医院,234000

**目的** 对丙肝病毒核心抗原（HCV-cAg）与丙肝抗体（HCV-Ab）联合检测在丙型肝炎诊断中的应用价值进行分析和探讨。

**方法** 在我院 2015 年 5 月-2016 年 12 月期间收治门诊及住院病患者作为研究对象，所有患者均接受 HCV-cAg 与 HCV-Ab 联合检测，用 ELISA 法检测 HCV-Ab，化学发光法检测 HCV-cAg。当两者单项阳性或同时阳性时，采用 PCR 法进一步进行丙型肝炎病毒 RNA（HCV-RNA）检测，重点分析 107 例阳性结果患者单独抗体检测、单独抗原检测以及联合检测的阳性率，以及与 HCV-RNA 的符合性。

**结果** 接受研究的患者中，HCV-cAg 与 HCV-Ab 联合检测结果为阳性者总计 107 例，其中抗体阳性 101 例，抗原阳性 20 例，抗体阳性 101 例中抗原同时阳性 14 例，抗体阴性时抗原阳性 6 例，抗原阳性 20 例中 HCV-RNA 均为阳性，HCV-RNA 检测确证阳性者 61 例。

**结论** HCV-cAg 与 HCV-Ab 联合检测在丙型肝炎诊断中有较高应用价值，是提高丙肝检出率、避免漏检的重要途径，值得临床广泛使用；抗原阳性与 HCV-RNA 有很好的一致性，可以作为现症感染的重要依据。

## PU-2590

### 以高钙血症及肾功能不全为首发表现的结节病合并干燥综合征一例病例报道并文献复习

陈丹丹<sup>1,2</sup>, 李晓牧<sup>1</sup>, 郭玮<sup>1</sup>, 高鑫<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属中山医院, 200000

2. 上海市心血管病研究所

**目的** 旨在通过对结节病合并干燥综合征的临床表现、辅助检查及病理特点的分析来帮助了解该类疾病的发病特点，提高对此病的诊断水平，减少误诊。

**方法** 分析 1 例以高钙血症及肾功能不全为表现的结节病合并干燥综合征患者，并结合相关文献病例资料进行回顾性分析。

**结果** 35 例患者被纳入分析（34 例来自文献报道，1 例来自本文），其中 85.7% 为女性患者，14.3% 为男性患者，干燥综合征平均诊断年龄为 52.2 岁，而结节病平均诊断年龄为 52 岁。在 23 例(65.7%)患者中，以口干、眼干为首发症状，仅有 12 例(34.3%)患者的临床表现非特异性。在 11 例提供实验室检查结果的病例中，ACE 升高的比例占到 6/11(54.5%)。仅有 2 例患者有高钙血症报

道, 2 例患者有肾功能不全的表现。免疫相关检查结果, ANA 阳性比例为 23/29(79.3%), RF 阳性比例为 11/29(37.9%), anti-Ro/SS-A 阳性比例为 18/29(62.1%), anti-La/SS-B 阳性比例占到 9/28(32.4%)。肺部影像学(胸片或肺部 CT)中, 纵隔淋巴结肿大比例占到 24/28(85.7%), 而肺部病变为 8/28(28.6%)。病理诊断为非干酪样肉芽肿表现患者中, 其中 11 例肺活检证实, 9 例腮腺活检, 7 例纵隔淋巴结活检, 3 例皮肤活检, 4 例肝脏活检, 乳腺、肌肉和肾脏活检各 1 例。在干燥综合征诊断中, 眼科测试阳性比例为 22/33(66.7%), 唾液腺造影术阳性为 22/33(66.7%)。有 31 例患者外分泌腺活检阳性。

**结论** 以高钙血症和肾功能不全为首发的结节病合并干燥综合征诊断难度较高, 在统计中发现对于患者血钙及尿钙水平检测比例较低, 容易导致误诊, 甚至漏诊。同时对于肺外表现起病的该类疾病应该进行病理组织活检以明确诊断。

## PU-2591

### 解析颌面部重大出生缺陷队列的多组学特征谱并构建风险预测和动物模型以揭示控制机体对称发育的信息流

张臣, 吴国球

东南大学附属中大医院, 210000

**目的** 为揭示颌面部重大出生缺陷不对称类发育疾病的发病机制, 建立精准诊疗方案和风险预测模型, 我们将基于半侧颜面短小畸形, 以神经嵴细胞及其迁移和分化过程中的生物信息流为突破来探索控制对称发育的机制。

**方法** 使用已经建立的半侧颜面短小畸形的机体对称性先天发育缺陷类疾病样本库, 将环境因素、基因组、转录组、表观遗传组等垂直数据整合分析, 探索疾病的关键因子和发病机制, 通过染色体拓扑学构象研究、细胞和小鼠模型研究, 揭示对称发育的机制, 并构建风险预测模型, 从根源上阐释病因并做好一级预防。

**结果** 本研究团队找到了 12 个风险基因, 这些基因提示“神经嵴细胞扰乱”是半侧颜面短小的真正病因学解释, 该研究是本领域目前最重要的研究结果。本研究的结果揭示了以半侧颜面短小畸形为代表的机体不对称类先天畸形的发病机制, 同时将结合互联网医疗平台、颌面部诊疗平台、信息科学大数据平台, 为我国高危发病人群提供了更具针对性和有效性的防控措施。

**结论** 本研究为该类疾病的早期诊断和治疗及预防关口前移提供科学依据, 为面部结构重建的软骨组织工程学研究提供指导, 为其他对称发育类疾病提供样板。

## PU-2592

### 乙醛脱氢酶 2 基因多态性与冠心病的相关性研究

明凯华

广州市第一人民医院, 510000

**目的** 探讨广东地区乙醛脱氢酶 2 (ALDH2) 基因多态性与冠心病及其亚组心绞痛、心肌梗死的相关性。

**方法** 收集 251 例来自广州市第一人民医院 2015 年 9 月~2018 年 9 月冠心病患者作为冠心病组, 再从冠心病组中选取 140 例心绞痛患者作为心绞痛亚组以及 35 例心肌梗死患者作为心肌梗死亚组, 并将同时排除冠心病等心脏病的 649 例患者作为对照组。记录所有患者的基本资料, 通过免疫法和酶法测定患者的心肌指标(包括 cTnI、MB、CK-MB 和 BNP)及 Glu; 通过基因芯片技术(Gene chip technology)检测 ALDH2 的基因多态性。



**结果** 所有组别 ALDH2 基因型分布均经过遗传平衡检验, 且满足 Hardy-Weinberg 平衡; 冠心病组, 心绞痛亚组, 心肌梗死亚组基因型与对照组相比, 基因型分布无明显异变, 差异均无显著性 ( $p$  值分别为 0.618、0.568、0.888); 通过多因素 Logistic 回归分析, 研究发现年龄是冠心病, 心绞痛, 心肌梗死的危险因素, 年龄升高可增加发病风险; 而 ALDH2 基因型不是三种病的危险因素, 性别是心肌梗死的危险因素。另外, 本研究发现心绞痛亚组病人中 BNP 正常组和异常组组间比较有显著性差异 ( $p=0.017$ )。

**结论** ALDH2 基因型不是冠心病、心绞痛、心肌梗死疾病的危险因素; BNP 是心绞痛的一个危险指标, 且呈正相关。

## PU-2593

### 173 例先天性心脏病患者术前血常规 7 项参数的分析

陈同庆  
安徽省第二人民医院

**目的** 了解不同先天性心脏病患者术前血常规 7 项参数特点, 进一步探讨其对先心病患者的诊疗价值

**方法** 将 173 例确诊为先天性心脏病住院手术 (包括介入手术) 患者按照疾病种类不同分成 5 组: 房间隔缺损(VSD)、室间隔缺损(ASD)、室间隔缺损合并房间隔缺损(ASD+VSD)、动脉导管未闭(PDA)、法洛氏三联症 (TOF); 回顾性分析患者入院首次血常规参数结果: 红细胞 (RBC)、血红蛋白(HGB)、红细胞比容(HCT)、红细胞平均体积(MCV)、红细胞平均血红蛋白含量 (MCH)、红细胞平均血红蛋白浓度 (MCHC)、红细胞体积分布宽度 (RDW%), 与健康对照组进行比较; 用 SPSS10 统计软件进行数据分析。

**结果** ASD 组 HCT 低于对照组 ( $p<0.01$ ); ASD 组 RBC 异常升高的发生率要高于对照组 ( $p<0.01$ ), 其 MCV 要高于对照组 ( $p<0.01$ ); ASD+VSD 组 Hb 值低于对照组 ( $p<0.05$ ), MCV 要高于对照组 ( $p<0.01$ ); PDA 组 MCHC 要低于对照组 ( $p<0.01$ ); TOF 组 RBC、Hb、HCT 均高于对照组 ( $p<0.01$ ), 该组 RBC、Hb、HCT 异常升高发生率要均高于对照组 ( $p<0.01$ ); 5 组患者 RDW%与对照组差别无统计学意义 ( $p>0.05$ )。

**结论** 先心病患者血常规部分参数与正常人存在不同程度的差异, 该参数对先心病患者的诊断及术前准备有一定的参考价值。

## PU-2594

### Anti-inflammatory effect of glucocorticoid conjugates with reduced side effects

Lu Zhang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Among locations developed most recently for drug delivery, three systems which achieved favorable anti-inflammatory activity, design rational and easy formulation process will be introduced, also their manners in vitro/vivo studies will be detailedly described.

**Methods** Approach of chemical modification is a promising method which enhances anti-inflammatory effect and accessibility at inflammatory site through changing physical and chemical properties of drugs.

**Results** Among locations developed most recently for drug delivery, three systems which achieved favorable anti-inflammatory activity, design rational and easy formulation process will be introduced, also their manners in vitro/vivo studies will be detailedly described.

**Conclusions** Among locations developed most recently for drug delivery, three systems which achieved favorable anti-inflammatory activity, design rational and easy formulation process will be introduced, also their manners in vitro/vivo studies will be detailedly described.

## PU-2595

### 联合 SAA、CRP、PCT 和 IL-6 检测对小儿急性期感染诊断的应用价值分析

黄华泥  
赤壁市人民医院

**目的** 探究临床上使用 SAA、CRP、IL-6 和 PCT 联合检测对于诊断小儿急性期感染的应用价值。

**方法** 随机选取 2016 年 5 月份至 2019 年 3 月份的 284 例病毒感染的小儿患者和 213 例细菌感染的小儿患者，分别使用免疫散射比浊法和电化学发光法分别检测其急性感染期以及恢复期的血清中 SAA、PCT、CRP 和 IL6 水平，并选取 80 名健康体检儿童进行对比。

**结果** 细菌感染组急性期与健康组血清 SAA、PCT、CRP 和 IL-6 水平均有显著差异 ( $P < 0.01$ )；病毒感染组急性期与健康组血清 SAA、PCT 和 IL-6 水平有显著差异 ( $P < 0.01$ )，细菌感染组与病毒感染组血清 CRP 水平有显著差异 ( $P < 0.01$ )，血清 SAA 和 PCT 水平无差异 ( $P > 0.05$ )，PCT 和 IL-6 水平没有显著性差异 ( $P > 0.05$ )，病毒感染组 SAA/CRP 的比值要显著高于细菌感染组患儿 ( $P < 0.01$ )。治疗恢复期，两组间血清 SAA、PCT、CRP 和 IL-6 水平均降低至较低范围，无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。此外，细菌感染组急性期 SAA、PCT、CRP、IL-6 水平之间呈正相关 ( $r = 0.936$ ,  $P < 0.01$ )，病毒感染组急性期 SAA、PCT、CRP、IL-6 水平之间没有显著的相关性 ( $r = 0.050$ ,  $P > 0.05$ )。

**结论** 联合检测血清 SAA、CRP、PCT 和 IL-6 的有利于患儿急性感染的鉴别诊断；可用来确定继续应用或停用抗生素的一项预测指标，临床上应引起足够重视；血清中 SAA/CRP 的比值比单独检测有更大的临床应用价值。

## PU-2596

### 原发性高血压合并无功能肾上腺意外瘤患者代谢综合征患病情况研究

徐晶,潘柏申,李晓牧  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 本研究针对原发性高血压合并无功能肾上腺意外瘤患者，以原发性高血压无肾上腺占位患者为对照，研究两组患者代谢综合征发病情况的差异，分析代谢综合征与皮质醇分泌水平的相关性。

**方法** 共纳入 2014 年-2015 年，于中山医院内分泌科就诊的原发性高血压合并无功能肾上腺意外瘤患者 56 例 (NFAI 组)，原发性高血压肾上腺形态正常患者 58 例 (EH 组)。收集身高、体重、腹围、血压等体格检查参数，测定电解质、血脂谱、空腹及餐后 2 小时血糖水平，及隔夜 1mg 地塞米松试验后 (ONDST) 皮质醇水平。代谢综合征诊断标准根据 CDS2004 标准诊断。采用 SPSS 软件进行统计学分析。

**结果** NFAI 组患者舒张压，BMI，腹围，2hPG，甘油三酯，ONDST 后皮质醇水平显著高于 EH 组患者；56 例 NFAI 组患者中，22 例 (39.2%) 合并代谢综合征，显著高于 EH 组患者 (14 例，

24.1%,  $P < 0.05$ )。根据有无代谢综合征, 分别将 NFAI 组和 EH 组患者分为代谢综合征组 (MS 组) 和非代谢综合征组 (NMS 组), NFAI 组患者中 MS 亚组患者 ONDST 后皮质醇水平显著高于 NMS 亚组患者。NFAI 组患者以代谢综合征组分个数分组, 比较各组 ONDST 后皮质醇水平, 结果提示, 随着 NFAI 组患者代谢综合征组分异常数量增加, ONDST 后皮质醇水平逐渐升高。

**结论** 原发性高血压合并无功能肾上腺意外瘤 (NFAI) 患者代谢综合征患病率为 39.2%, 其代谢综合征患病与 ONDST 后皮质醇水平呈显著相关。

## PU-2597

### The Level of N6-methyladenosine in Peripheral Blood RNA: A Novel Predictive Biomarker for Gastric Cancer

Lichen Ge<sup>1</sup>, Nan Zhang<sup>1</sup>, Zhuojia Chen<sup>3</sup>, Jiayi Song<sup>4</sup>, Yingmin Wu<sup>2</sup>, Zhuoling Li<sup>1</sup>, Feng Chen<sup>2</sup>, Jia Wu<sup>1</sup>, Dandan Li<sup>1</sup>, Cheng Wang<sup>1</sup>, Jiexin Li<sup>2</sup>, Jun Du<sup>2</sup>, Hongsheng Wang<sup>2</sup>, Junjun Wang<sup>1</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Jinling Hospital, Medical School of Nanjing University, Nanjing 210002, China

2. Department of Microbial and Biochemical Pharmacy, School of Pharmaceutical Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510006, China

3. Sun Yat-sen University Cancer Center; State Key Laboratory of Oncology in South China; Collaborative Innovation Center for Cancer Medicine, Guangzhou 510060, China

4. Department of Clinical Laboratory, Nanjing Hospital of Traditional Chinese Medicine, The Third Affiliated Hospital of Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing, 210000, China

**Objective** Dysregulation of N<sup>6</sup>-methyladenosine (m<sup>6</sup>A) is associated with various human diseases including cancer. This study aimed to evaluate the level of m<sup>6</sup>A in peripheral blood RNA as a biomarker for gastric cancer (GC) diagnosis.

**Methods** Peripheral blood samples were collected from 205 individuals including 100 GC patients, 30 patients with benign gastric disease (BGD), and 75 healthy controls (HC). The levels of m<sup>6</sup>A of total RNA and expression of m<sup>6</sup>A related enzymes were analyzed. The mechanisms responsible for GC induced m<sup>6</sup>A were further investigated by in vitro and in vivo models.

**Results** The m<sup>6</sup>A levels in peripheral blood RNA were significantly increased in GC group as compared to that in BGD or HC group. The area under the ROC curve (AUC) for m<sup>6</sup>A in GC group was 0.929 (95% CI, 0.88-0.96), which is markedly greater than that of carcinoembryonic antigen (CEA) and carbohydrate antigen (CA) 199. The combination of CEA and CA199 with m<sup>6</sup>A improved the AUC to 0.955 (95% CI, 0.91-0.98). The expression of m<sup>6</sup>A demethylase FTO and ALKBH5 was significantly down-regulated in GC group as compared to that in HC group. The combination of FTO and ALKBH5 with m<sup>6</sup>A levels improved the AUC to 0.973 (95% CI, 0.93-0.99) for GC patients. Co-culture with GC cells increased the m<sup>6</sup>A of RNA in blood cells. Further, xenograft model enhanced the m<sup>6</sup>A of peripheral blood RNA of mice. Consistently, the expression of FTO and ALKBH5 was decreased both in vitro and in vivo.

**Conclusions** The level of m<sup>6</sup>A in peripheral blood RNA is a promising non-invasive diagnostic biomarker for GC patients.

## PU-2598

### sTREM-1 在败血症早期诊断和预后中的价值研究

孙珊

重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 探讨 sTREM-1 对败血症早期诊断和预后的价值, 以及探讨其是否可以辅助判别败血症的严重程度。

**方法** 本研究共纳入 90 例患者。其中 60 例败血症患者,以血培养阳性为金标准,按照败血症严重程度又分为一般败血症组、严重败血症组和败血症休克组;30 例非败血症患者又分为局部感染组和健康无感染组。所有研究对象在送检血培养的同时留取患者血清。采用上海恒远生物公司 ELISA 试剂盒进行血清 sTREM-1 测定;采用法国生物梅里埃公司的 minividas 进行降钙素原测定。所有数据统计采用 spss17.0 软件进行分析。

**结果** 败血症组 sTREM-1 与 PCT 水平明显高于非败血症组 ( $P<0.01$ ),当 sTREM-1 的 cut-off 值为 125.80pg/ml 时,ROC 曲线下面积为 0.883,灵敏度 87.2%,特异性为 86.7%,明显优于 PCT;而且死亡组 sTREM-1 的测定值明显高于好转组 ( $P<0.01$ );局部感染组 sTREM-1 水平明显高于健康无感染组 ( $P<0.05$ );但败血症休克组、严重败血症组和一般败血症组之间 sTREM-1 的水平差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )

**结论** sTREM-1 可以作为败血症早期诊断和预后的指标,并且明显优于 PCT,并且对辅助诊断局部感染也具有一定意义,有潜力作为一种新的败血症指标运用于临床。

## PU-2599

### 2013-2018 年 948 株血流感染病原菌构成及耐药性分析

廖娟

福建中医药大学附属人民医院

**目的** 监测我院 2013 年至 2018 年检出的血流感染病原菌构成情况及耐药状况,为我院血流感染预防和经验用药提供依据。

**方法** 对 2013 年至 2018 年分离的血流感染病原菌菌株种类及其耐药情况进行回顾分析,利用 WHONET5.6 软件对结果进行统计分析。

**结果** 共检出 948 株血流感染病原菌,检出革兰氏阴性菌 502 株,占 52.9%;革兰氏阳性菌 413 株,占 43.6%;真菌 33 株,占 3.5%。本研究检出的大肠埃希菌 203 株,其中产 ESBL 菌株 79 株;检出肺炎克雷伯菌 134 株,产 ESBL 菌株 16 株,耐碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌 13 株;检出阴沟肠杆菌 24 株,对常见药物均较敏感;非发酵菌主要见于铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌和嗜麦芽窄食单胞菌,其中多重耐药铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌的检出率分别是 6.7%和 40%。革兰氏阳性菌以凝固酶阴性葡萄球菌为主,其次是金黄色葡萄球菌和肠球菌属,其中 MRCS 和 MRSA 检出率分别为 82.7%和 40.3%,未检出对万古霉素、利奈唑胺和替加环素耐药的葡萄球菌;未见对万古霉素、利奈唑胺和替加环素耐药的粪肠球菌和屎肠球菌,其中屎肠球菌对大多数抗生素的耐药性均高于粪肠球菌;真菌对常见真菌药物均敏感。

**结论** 我院 2013 年至 2018 年血流感染病原菌菌谱广泛,对抗菌药物的耐药性相差较大,临床医生应该根据药敏试验结果合理用药。

## PU-2600

### 嗜血细胞综合征与 EB 病毒感染的相关分析

李林燕

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨嗜血细胞综合征与 EB 病毒感染的相关分析

**方法** 选取 2014 年 12 月~2017 年 8 月本院收治的嗜血细胞综合征(HPS)患者 31 例,对其 EB 病毒感染情况进行回顾性分析。

**结果** 31 例患者中 EB 病毒阳性有 22 例。

**结论** EBV- HPS 是 HPS 中常见的一种类型, 在临床工作中应该引起高度重视。

**PU-2601**

## 肿瘤微环境 TCF12 促乳腺癌细胞化疗耐受

唐曦

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 乳腺癌是女性发病率和死亡率最高的恶性肿瘤之一。肿瘤微环境在肿瘤生物学进化中具有重要意义, 因而微环境靶向治疗成为新的抗癌策略。癌相关成纤维细胞 (CAFs) 是肿瘤微环境中占比最大的细胞群体。CAFs 在癌细胞恶性增殖、侵袭转移、细胞外基质重塑、血管新生、药物耐受中扮演重要角色。探索 CAFs 的促癌进展机制有助于发现潜在的乳腺癌治疗靶点。我们前期发现 CAF 细胞中 TCF12 表达明显增高, 与乳腺癌患者生存率呈显著负相关, 本研究旨在探索 TCF12 与乳腺癌细胞化疗耐受的相关性, 揭示 TCF12 促癌化疗耐受的分子机制并为化疗耐受提供新的分子标志。

**方法** 基因过表达干扰技术构建 TCF12 过表达的正常成纤维细胞 (NFs) 及 TCF12 敲除的 CAFs; 利用 3D 共培养技术、流式细胞仪检测癌细胞凋亡; WB、qRT-PCR、人重组分泌因子或中和抗体验证 TCF12 促癌化疗耐受的机制。

**结果** NFs、CAFs 分别与癌细胞 MCF-7 进行共培养, 添加化疗药物多西他赛, CAFs 共培养组中癌细胞的凋亡率明显低于 NFs 共培养组; CAFs 中 TCF12 表达增高, 促进分泌因子 CXCL12 表达, 继而上调癌细胞中的 c-Myc 表达; CAFs 与癌细胞共培养组中, 干扰 CXCL12, 多西他赛导致的癌细胞凋亡率增高。

**结论** CAFs 中 TCF12 高表达, 促 CXCL12 分泌增加, 上调乳腺癌细胞中的 c-Myc 表达, 促乳腺癌细胞对多西他赛的化疗耐受。微环境中 TCF12 高表达是潜在的乳腺癌化疗耐受预测因子, 同时为 CAF 靶向治疗提供理论依据。

**PU-2602**

## 肾损伤微环境对后肾移植物发育的作用研究

李开霖<sup>13</sup>, 管勇<sup>13</sup>, 孙超<sup>13</sup>, 赵升田<sup>23</sup>

1. 山东大学第二医院, 250000

2. 山东省立医院, 250000

3. 山东省肾脏再生医学省级重点实验室

**目的** 探究发现一种可以促进后肾移植物生长发育的微环境, 并探索其机制, 为后肾移植在肾脏再生和肾损伤治疗中的应用提供研究基础

**方法** 将受体大鼠共分为 4 组, 分别为正常大鼠, 单侧肾切除大鼠, 急性肾损伤 (AKI) 大鼠, 慢性肾衰竭 (CKD) 大鼠, 分别将胚胎期 15 天的胚胎后肾植入到受体大鼠的肾被膜下, 术后 3 周取出移植物, 观察移植物的生长发育情况和血管化情况。

**结果** 我们发现肾损伤 (AKI 和 CKD) 的大鼠植入的后肾生长状态好于单侧肾切除组和正常大鼠组, 移植物的体积更大, 血运更丰富, 检测发现肾小球的数量显著增加, 肾小球的直径显著增大, 移植物的肾血流量显著增加。

**结论** 肾损伤后的肾内微环境可以促进异体移植入的胚胎后肾生长, 为制作结构更完整、功能更全面的再生肾脏提供了新思路。

## PU-2603

## 血栓弹力图在不同冠心病类型 PCI 术后患者中的临床应用

张鹏

皖南医学院弋矶山医院

**目的** 血栓弹力图在各类冠心病患者 PCI 术后的临床应用价值。

**方法** 选择 2016 年 6 月-2018 年 1 月弋矶山医院诊断为冠心病并接受 PCI 术治疗的 100 位患者，女性 34 例，男性 66 例，年龄在 38-87 岁，结合冠心病的不同类型，将其划分为三组：急性心肌梗死（*acutemyocardialinfarction*, AMI），不稳定型心绞痛（*unstableanginapectoris*, UAP）稳定型心绞痛（*angina pectoris*, AP），通过对 AP、UAP、AMI 三种冠心病类型 PCI 术后患者进行 TEG 检测，比较三组患者使用抗血小板药物后的血小板抑制率、凝血状态以及 TEG 参数，分析氯吡格雷对不同冠心病类型患者的疗效是否存在差异。

**结果** UAP 组和 AMI 组中的 K 值和 R 值和 AP 组比较，降低比较明显，而角度值和 MA 值都比 AP 组高（ $P < 0.01$ ）；UAP、AMI 和 AP 组用药后凝血状态无统计学差异；AMI、UAP 和 AP 三组之间的氯吡格雷疗效有显著差异（ $\chi^2=7.526$ ,  $P=0.023$ ）。单因素方差分析三组患者的血小板聚集抑制率表明，三组患者的血小板聚集抑制率（IPA）无统计学差异。在 100 例 PCI 术后冠心病患者中，有 37 例患者产生氯吡格雷抵抗，其中 AMI 组 8 例，占比 22.9%；UAP 组 18 例，占比 38.3%；AP 组 11 例，占比 61.1%；和非氯吡格雷抵抗（Non-CR）相比而言，差异较大（ $P=0.023$ ,  $\chi^2=7.526$ ）。

**结论** 不同冠心病类型患者对氯吡格雷的反应性不同，血栓弹力图能够对 PCI 术后患者的血小板抑制率和凝血状态进行监测，从而对抗血小板药物治疗进行指导，具有较高的临床应用价值。

## PU-2604

## 质谱技术在临床检验的应用及难点解析

戴锦娜,代娣,郭晓临,尚红

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨质谱技术在临床检验应用的优势和难点，规范开展质谱检验项目，满足日益增长的临床需求。

**方法** 本文回顾了质谱技术在临床上的发展历程，系统阐述了与传统检验技术相比，质谱技术在临床检验上的优势，以开发的儿茶酚胺、治疗药物监测等自建项目为例，分析了在实际应用中遇到的难点，剖析问题的成因并探讨解决的方法，为质谱技术在临床检验上的规范应用打下良好的基础。

**结果** 在过去的 20 多年间，从新生儿遗传代谢病筛查、微生物快速鉴定，到类固醇激素检测、治疗药物监测、组学分析、质谱手术刀等，质谱技术在临床上的应用日趋广泛。质谱技术与免疫等传统检验技术相比，在灵敏度和特异性上有着巨大的优势，而且通过自建项目可以更加灵活、及时的满足临床需求。但在临床的实际应用中，也存在着一些亟需解决和规范的问题，包括：技术壁垒问题（仪器复杂、手工操作、成品试剂盒稀少、多需要自建方法、操作人员要求水平高等）、质量保证问题（分析前、中、后及质控品）和结果判读问题（检测项目多、报告复杂、解读难度大等），解决这些瓶颈问题将有效促进质谱检验项目的规范开展。

**结论** 质谱技术在疾病诊断和疗效评估等方面已经发挥着重要的作用，在未来临床质谱蓬勃发展的道路上，需要当代检验人时刻自省、慎行，规范运用好这项技术，为患者服务。

## PU-2605

## 2002-2016 年辽宁省男男性行为者 HIV 原发耐药特征研究

赵彬,韩晓旭,丁海波,安明晖,楚振兴,王琳,张旻,刘静,张子宁,尚红  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 获得辽宁省男男性行为者 (MSM) HIV 感染者 HIV 病毒亚型及原发耐药毒株流行情况。

**方法** 收集 2002-2016 年辽宁地区 MSM 人群未经治疗的 HIV 感染者血浆样本,进行基因型耐药检测,分析 HIV 流行亚型,原发耐药情况以及携带耐药毒株人群的人口学以及临床特征,构建基于 pol 区序列分子传播网络,探寻原发耐药毒株在网络中的传播情况。

**结果** 在 1,913 例 HIV 感染者中,CRF01\_AE (77.6%), CRF07\_BC (11.4%) 和 B (7.2%) 三种基因亚型最常见。2014-2016 年 CRF01\_AE 所占比例较 2002-2013 年度下降显著 (83.5% vs.72.7%,  $p<0.0001$ ), 而 CRF07\_BC (7.3% vs.14.8%,  $p<0.0001$ ) 和其他亚型 (2.4% vs.5.4%,  $p=0.0014$ ) 上升明显, B 则无明显改变。原发耐药毒株占 6.1% (117/1913)。2014-2016 年诊断的感染者原发耐药水平上升显著 (4.4% vs.7.5%,  $p=0.0056$ ), 主要由 CRF01\_AE 亚型感染者中针对非核苷类逆转录酶抑制剂 (NNRTI) 耐药突变比例上升引起。多因素分析发现有原发耐药的 CRF01\_AE 亚型感染者中, 2014-2016 年新发/近期感染者所占比例较 2002-2013 年有所下降 (72.7% vs. 27.3%,  $p=0.078$ )。分子传播网络结果显示仅有 33.3% (39/117) 耐药毒株处于网络中, 耐药突变毒株在 CRF01\_AE 与 B 亚型传播网络中呈散在分布, 未见其集中出现在某一传播簇中。

**结论** 辽宁省 MSM 人群中 HIV 流行毒株日益复杂, 针对 NNRTI 的原发耐药上升明显, 但并未出现大规模集中传播。应加强治疗前 HIV 耐药检测, 提高治疗成功率, 防止耐药株传播。

## PU-2606

## 同型半胱氨酸在脑血管疾病检测中的临床意义

方宗信  
合肥市第一人民医院/安徽医科大学第三附属医院,230000

**目的** 比较脑血管疾病患者和健康成人血清中同型半胱氨酸(Hcy)水平的分布特点,为防治高同型半胱氨酸血症提供依据。

**方法** 选择本院 59 例脑血管病患者 (脑血管病组) 以及 108 例健康成人 (对照组), 分别检测其血清中 Hcy 水平, 分析 Hcy 水平与脑血管疾病风险因素的相关性。

**结果** 与对照组相比, 脑血管病组 Hcy 水平显著升高 ( $P<0.05$ ); 脑血管病组, 55 岁以上者高 Hcy 率显著高于 55 岁以下者, 而女性高 Hcy 比例显著低于男性, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 高 Hcy 以中度增高为主。

**结论** 血清 Hcy 水平升高可能会加速脑血管疾病的发展。

## PU-2607

## 独立医学实验室 15189 体系建设之投诉 管理实践探讨

方丽娟,谭燕彬  
江西迪安华星医学检验实验室

**目的** 探讨第三方实验室如何处理来自临床医师、患者、员工或其他方的投诉或反馈意见,为临床诊疗提供更好的服务。

**方法** 充分利用信息化手段、跨部门联动、多种方式并驾齐驱,重视客户发出的声音,迅速响应解决问题。

**结果** 推进 15189 体系建设,加强投诉管理,举一反三,最大化促进患者、院方、独立实验室三方共赢。

**结论** 质量求生存,技术促发展,服务是保障,畅通独立第三方实验室与临床沟通,重视投诉管理,可实现将供需双方无缝对接,更好的为患者服务。

## PU-2608

## 3 例 Von Hippel-Lindau 综合征及家系报道

张晶,李晓牧,潘柏申,高鑫  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** Von Hippel-Lindau 综合征是由抑癌基因 VHL 突变引起的一种常染色体显性的遗传性疾病,可以表现为多种良性或恶性肿瘤,根据临床表现主要分为 VHL 1 型(不包括嗜铬细胞瘤或副神经节瘤)和 VHL 2 型(包括嗜铬细胞瘤或副神经节瘤)。本研究针对 3 例临床诊断为 Von Hippel-Lindau 综合征患者及其家系进行临床和分子遗传学研究。

**方法** 收集该家系的病史资料、实验室检查结果及影像学资料,并采集该家系成员的外周血提取 DNA 进行 VHL 基因直接测序。

**结果** 该家系中先证者的影像学表现为双侧肾上腺占位,先证者的弟弟和父亲者均为纵膈占位,先证者的哥哥表现正常。这 3 个有占位的患者血浆中甲氧基去甲肾上腺素均明显升高、甲氧基肾上腺素正常,而先证者的哥哥血浆中甲氧基肾上腺素和甲氧基去甲肾上腺素均正常。基因诊断提示这 3 个患者 VHL 基因 3 号外显子均发生杂合突变 c.500G>A,编码的氨基酸由精氨酸变为谷氨酰胺(p.Arg167Gln),而先证者的哥哥并未发现 VHL 基因突变。先证者术后病理证实为双侧肾上腺嗜铬细胞瘤,先证者的弟弟术后病理证实为后纵膈副神经节瘤,而先证者的父亲目前暂未行手术治疗。

**结论** 该家系符合 Von Hippel-Lindau 综合征的遗传特点,VHL 基因突变是导致该家系患者发病的根本原因。我们首次在中国人群的 VHL 综合征 2 型患者中发现了 VHL 基因的 c.500G>A 突变,并且在同一家系中具有相同的 VHL 基因突变的不同患者可以有不同的临床表型,其中两位患者出现罕见的后纵膈副神经节瘤。对于 VHL 综合征的患者应该注重对家系成员的筛查以及基因诊断。



## PU-2609

## D-二聚体检测对肺癌的临床应用价值分析

武标

无锡市第二人民医院（南京医科大学附属无锡第二医院）,214000

**目的** 探讨 D-二聚体测定在肺癌辅助诊断中的临床应用。

**方法** 以 40 例在我院就诊的肺癌患者为观察组，40 例健康人为对照组，观察二组受检者 D-二聚体水平，ROC 曲线分析 D-二聚体诊断肺癌的诊断效能；Kappa 检验分析 D-二聚体对肺癌患者诊断结果与病理诊断结果的一致性。

**结果** 观察组 D-二聚体含量为 $(1.15 \pm 0.65)$ ，与健康对照组 $(0.126 \pm 0.068)$ 比较，差异有统计学意义( $t = 3.017$ ,  $P = 0.003$ )；ROC 曲线下面积(AUC)=0.903，D-二聚体取截断值为 0.23 mg/L 时，诊断肺癌的敏感度为 77.5%、特异度为 97.5%；D-二聚体对肺癌诊断与病理诊断具有良好的一致性（Kappa=0.75,  $P = 0.000$ ）。

**结论** D-二聚体含量与肺癌密切相关，可以用于肺癌的辅助诊断。

## PU-2610

## 高速离心消除脂血对肝功能项目检测干扰的分析

解春宝

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 观察高速离心前后脂血样本中 9 项肝功能结果的差异，分析高速离心是否能消除脂血对肝功能项目检测的影响。

**方法** 随机收集 50 例脂血标本，经常规离心后用日立 008 全自动生化分析仪检测 9 项肝功能项目：总蛋白（TP）、白蛋白（ALB）、天门冬氨酸氨基转移酶（AST）、丙氨酸氨基转移酶（ALT）、碱性磷酸酶（ALP）、 $\gamma$ -谷氨酰基转肽酶（GGT）、总胆汁酸（TBA）、总胆红素（TBIL）、直接胆红素（DBIL）。经高速离心后吸弃上层乳糜微粒取下层清亮血清再次检测以上项目。比较高速离心前后结果的差异。

**结果** 50 例脂血标本 TP、ALB、AST、ALT、TBA、DBIL 六项肝功能项目经高速离心后结果差异无统计学意义，而 ALP、GGT、TBIL 三项经高速离心处理后检测结果差异有统计学意义。

**结论** 提示高速离心可以消除脂血对部分肝功能检测项目的影响。

## PU-2611

## 尿常规细菌与尿培养结果对比探讨

马庆海

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨尿常规中有形成分细菌数量与尿培养结果的一致性。

**方法** 以 1000 例门诊患者中段尿标本作为研究对象，在留取标本前对患者进行注意事项沟通，保证标本的合格性，标本留取后立即采用 UF-1000i 的细菌通道进行尿有形成分细菌分析检测和微生物培养，借助 Sysmex UF-1000i 检测的细菌结果，微生物尿培养结果（对 82 例阳性结果）进行比较。

**结果** 以微生物的尿培养细菌生长数量结果的为金标准，来比对 UF-1000i 检测的细菌结果革兰氏阳性球菌和革兰氏阴性杆菌的数量其一致性为 88.3%和 95.0%（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 在患者留取标本前,一定要进行有效的沟通,提示注意事项,保证标本的合格,避免标本污染,减少 TAT 和病人的诊疗等待时间;UF-1000i 的细菌通道检测阳性结果对门诊患者的诊疗有较好的参考价值,特别是对革兰阴性杆菌有更高的参考价值。

## PU-2612

### 全自动血细胞分析仪检测红细胞碎片的性能评价

王丽英,李铁勋,柴雪芳,夏春燕,沈旭,文清钦  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 评价 SYSMEX XN 系列全自动血细胞分析仪对红细胞碎片的检测性能,并与“金标准”的显微镜镜检法进行比较,探讨该方法运用于快速筛查的可行性。

**方法** 参考中华人民共和国卫生行业标准 WST 406-2012《临床血液学检验常规项目分析质量要求》对 SYSMEX XN 系列全自动血细胞分析仪检测红细胞碎片的携带污染率、重复性、线性、准确度、灵敏度、特异度等指标进行评价。所有数据采用 Excel 进行分析整理。

**结果** SYSMEX XN 系列全自动血细胞分析仪检测红细胞碎片的携带污染率为 0.11%,重复性实验各浓度及其变异系数分别为  $42.15 \times 10^9/L$  (CV:8.75%)、 $83.42 \times 10^9/L$  (CV:6.38%)、 $228.74 \times 10^9/L$  (CV:4.57%)、 $796.89 \times 10^9/L$  (CV:7.31%); 线性范围验证:线性回归直线方程分别为  $Y=0.872X+49.666$  ( $0 \sim 300 \times 10^9/L$ ),  $Y=0.9939X+10.961$  ( $300 \sim 700 \times 10^9/L$ ), 线性相关系数分别为  $R=0.95$  和  $R=0.99$ , 仪器法和手工法测定红细胞碎片结果比较,其相关系数为  $R=0.94$ ,灵敏度和特异度分别为 92%和 81%。

**结论** SYSMEX XN 系列全自动血细胞分析仪检测红细胞碎片的携带污染率低,线性范围宽,灵敏度高,但是其重复性和特异度有待提高。此方法可用于外周血红细胞碎片的快速筛查,但阳性标本须进一步镜检复核。

## PU-2613

### Elevated red blood cell distribution width as a potential biomarker for the diagnosis and prognosis of colorectal cancer

Yanfang Song  
Peoples Hospital Affiliated to Fujian University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** The aims of the study were to investigate the role of RDW as a biomarker in the diagnosis and prognosis of colorectal cancer (CRC).

**Methods** Methods. We evaluated 724 newly diagnosed CRC patients, 456 colorectal adenomas (CA), and 689 healthy controls from June 2015 to October 2017 at Fujian Medical University Union Hospital. All participants' data at initial diagnosis were collected.

**Results** The level of RDW was significantly higher in CRC groups compared with both the CA and control groups ( $P<0.001$ ). Receiver-operating characteristic (ROC) analysis showed that, the area under the ROC curve (AUC) for RDW, CEA and CA19-9 was 0.635, 0.757 and 0.651, respectively. When a RDW cut-off value of 13.95 was applied, we could distinguish CRC patients from healthy participants with a sensitivity of 41% and a specificity of 89 %. The diagnostic value of RDW alone is lower than CEA alone or CA19-9 alone, but combined detection of RDW, CEA and CA19-9 can improve the diagnostic performance of CEA and CA19-9 in discriminating CRC patients from healthy participants with a sensitivity of 66% and a specificity of 85%. Importantly, the level of RDW was significantly associated with TNM stage, pT stage, pM stage and tumor size among CRC patients.

**Conclusions** RDW might be as a potential biomarker for auxiliary diagnosis and prognosis of CRC.

## PU-2614

### The diagnostic value of pre-operative inflammatory markers in patients with glioma: a multicenter cohort study

Jinlan Huang

Department of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** Glioma is the most common form of brain tumor with high lethality. This study aimed to elucidate the efficiency of pre-operative inflammatory markers including neutrophil lymphocyte ratio (NLR), derived neutrophil lymphocyte ratio (dNLR), platelet lymphocyte ratio (PLR), lymphocyte monocyte ratio (LMR), prognostic nutritional index (PNI) and their paired combinations as tools for the preoperative diagnosis of glioma with a particular interest on its most aggressive form, glioblastoma (GBM).

**Methods** A total of 750 patients with glioma (grade I, n=81; grade II, n=208; grade III, n=169; grade IV (GBM), n=292), 44 patients with acoustic neuroma, 271 patients with meningioma, 102 patients with non-lesional epilepsy and 682 healthy participants were enrolled in this retrospective study. The levels of NLR, dNLR, PLR, LMR and PNI were compared in patients suffering from glioma, acoustic neuroma, meningioma, non-lesional epilepsy and healthy controls by non-parametric tests. The correlations between NLR, dNLR, PLR, LMR, PNI and tumor grade were analyzed. The receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was performed to evaluate the diagnostic significance of NLR, dNLR, PLR, LMR, PNI and their paired combinations for glioma, particularly for GBM.

**Results** Compared with healthy participants, patients with acoustic neuroma, meningioma, or non-lesional epilepsy, patients with glioma had higher levels of pre-operative NLR, dNLR and PLR as well as lower levels of LMR and PNI. Subgroup analysis revealed a positive correlation between NLR, dNLR, PLR and tumor grade whereas a negative correlation between LMR, PNI and tumor grade in glioma. For glioma diagnosis, the area under curve (AUC) obtained from ROC curve was 0.722 (0.697-0.747) for NLR, 0.696 (0.670-0.722) for dNLR, 0.576 (0.549-0.604) for PLR, 0.760 (0.738-0.783) for LMR, 0.672 (0.646-0.698) for PNI. The best performance was obtained by combination of NLR plus LMR and dNLR plus LMR, with AUC of 0.777 and 0.778 respectively. Additionally, NLR (AUC:0.860 ; 95%CI: 0.832-0.887 ), dNLR(AUC: 0.840 ; 95%CI: 0.810-0.869 ), PLR(AUC: 0.678 ; 95%CI: 0.641-0.715 ), LMR(AUC: 0.837 ; 95%CI: 0.811-0.863 ) and PNI(AUC: 0.740 ; 95%CI: 0.706-0.773 ) had significantly predictive value for predicting GBM when compared with healthy controls, patients with acoustic neuroma, meningioma, or non-lesional epilepsy. When compared to glioma patients with grade I, II or III, the AUC was 0.811(95%CI: 0.778-0.844) for NLR, 0.797(95%CI: 0.763-0.832) for dNLR, 0.662(95%CI: 0.622-0.702) for PLR, 0.743(95%CI: 0.707-0.779) for LMR, 0.661(95%CI: 0.622-0.701) for PNI. For paired combinations, NLR plus LMR demonstrated the highest accuracy.

**Conclusions** NLR-LMR combination demonstrates a noninvasive biomarker with relatively high sensitivity and specificity for glioma diagnosis, GBM diagnosis and differential diagnosis of GBM from low-grade glioma.

## PU-2615

## 云南省红塔区婴幼儿末梢血细胞参数参考区间调查

赵滢  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 建立本实验室 8 月龄、18 月龄、30 月龄婴幼儿的末梢血血细胞参数参考区间，正确评价本地体检婴幼儿的体检结果。

**方法** 依据 WS/T 402-2012《临床实验室检验项目参考区间的制定》文件，对 864 例 8 月龄、18 月龄、30 月龄体检婴幼儿末梢血血细胞参数按年龄、性别分组统计分析。

**结果** 不同性别和月龄组间的项目间存在统计学意义差别，在同一月龄中，18 月龄组的 MID%，30 月龄组的 MID、RBC、MCV、RDW-SD 存在统计学意义差别外，其余参数性别间不存在统计学意义差异；所检项目除 LYM%、MID%、GRAN%、HGB、MCHC 外呈偏态分布。

**结论** 需考虑根据不同性别和年龄，建立各自参考区间，以对不同年龄婴幼儿体检的结果进行正确评价。

## PU-2616

## 一株产 NDM-5 高毒力高耐药肺炎克雷伯菌临床和分子特征分析

沈震,高倩倩,秦娟秀,张灏旻,李敏  
上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 筛选携带毒力质粒的碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP)，并分析一株产 NDM-5 高毒力高耐药肺炎克雷伯菌的临床和分子特征。

**方法** 以高毒力肺炎克雷伯菌毒力质粒携带的 aerobactin (iucABCDiutA)、salmochelin (iroBCDN)、rmpA 和 rmpA2 为分子标志，收集我院 2016 年 1 月至 2017 年 12 月住院病人分离的 CRKP 非重复菌株，采用 PCR 筛选携带毒力质粒的 CRKP 菌株。采用微量肉汤稀释法进行药敏试验，并收集菌株相关临床资料。以社区获得性肝脓肿相关 ST23 型菌株 RJ-Y2980 和院内获得性血流感染相关 ST11 型 CRKP 菌株 RJ-Y1400 分别作为高毒力及普通肺炎克雷伯菌对照，采用血清抵抗、中性粒细胞吞噬和 BALB/c 小鼠腹腔感染模型评估菌株毒力，并采用 Nanopore 三代测序技术组装细菌全基因组完成图。

**结果** 2016 年 1 月至 2017 年 12 月共分离碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌非重复菌株 214 株，54 株携带毒力质粒，其中 53 株产 KPC-2，仅一株 RJ-Y9645 为 NDM-5 阳性。RJ-Y9645 分离自一位因乙型肝炎肝硬化失代偿行肝移植术后的 52 岁男性病人外周血中，为 ST35 型。药敏结果显示，该菌株对头孢他啶、头孢曲松、氨苄西林/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南和美罗培南耐药，对氨曲南、左氧氟沙星、环丙沙星、阿米卡星、庆大霉素、替加环素和多粘菌素敏感。RJ-Y9645 抵抗血清杀伤和中性粒细胞吞噬能力显著强于普通的 ST11 型 CRKP 菌株 RJ-Y1400，通过腹腔注射对 BALB/c 小鼠的半数致死量 LD<sub>50</sub> 为 10<sup>5</sup> cfu。全基因组测序表明，RJ-Y9645 携带一个与经典毒力质粒 pLVPK (GenBank 注册号 AY378100) 相似度高达 99% 的毒力质粒 pVir-Y9645。该质粒为 IncHI1B/IncFIB 型，全长 181kb，携带 salmochelin (iroBCDN) 和 rmpA，但与 pLVPK 相比，丢失了毒力基因 aerobactin (iucABCDiutA) 和 rmpA2。耐药基因 bla<sub>NDM-5</sub> 位于另一个质粒 pY9645-NDM5 上，该质粒全长 46kb，与前期报道的 pP768-NDM5 (GenBank 注册号 MF547510) 质粒序列完全一致。

**结论** 该菌株同时具备高耐药和高毒力表型，且表型分别由不同的质粒介导，临床应密切关注该类携带毒力质粒的耐药肺炎克雷伯菌。

## PU-2617

**Transient removal of CD46 sensitizes breast tumor cells to complement attack combination with curcumin**

Wen Jiang, Yun Luan, Jue Wang, Qian Xin  
Second Hospital of Shandong University

**Objective** Background. Wang et al has developed a technology, which is based on a small recombinant protein, Ad35K++, that induces the internalization and subsequent degradation of complement regulatory protein (CRP) CD46. Curcumin, a chemical compound extracted from the rhizomes of *Curcuma longa* L. has been verified as an anticancer compound against several types of cancer. In preliminary studies, we have demonstrated the utility of Ad35K++ in transient removal of CD46 from the cell surface. Then we found that treatment of Ad35K++ increased the sensitivity of the breast cancer cells induced by curcumin to CDC.

**Methods** Methods. Flow cytometry, ELISA, Western blotting and MTT methods were performed for molecular expression, cell proliferation and cytotoxicity assays.

**Results** Results. Apoptosis triggered by curcumin and Ad35K++ was visualized. The increased cytolytic activity of curcumin and Ad35K++ was associated with the down-regulation of Bcl-2 and up-regulation of Bax that led to the cleavage of caspase-3 and increased cleaved PARP in breast cancer cells. Further studies demonstrated that curcumin and Ad35K++ treatment resulted in the increased expression of C3b, which is mediated by downregulated CD46.

**Conclusions** Conclusion. These results show that the combination of Ad35K++ and curcumin can augment the anti-tumor effect of CDC on human breast cancer cells and suggest their promising applicability as a new candidate for the therapy against human breast cancer in the future.

## PU-2618

**Susceptibility changes of Escherichia coli and Klebsiella pneumoniae isolates from Chinese intra-abdominal infections to antimicrobials from 2011 to 2015**

Hui Zhang, Yingchun Xu, Qiwen Yang, Yao Wang, Ge Zhang, Jingjia Zhang, Simeng Duan, Yang Yang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** To explore the susceptibility trends of antimicrobials and resistance increasing to carbapenems against Enterobacteriaceae isolates acquired from intra-abdominal infection (IAI) patients in China from 2011 to 2015

**Methods** MIC<sub>90</sub> and MIC<sub>50</sub> values of cefepime (FEP), ertapenem (ETP), imipenem (IPM) and piperacillin-tazobactam (TZP) from *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* IAI isolates were determined

**Results** A total of 8,477 Gram-negative bacterial pathogens were collected from 21 medical centers in China. The majority of IAI pathogens were *E. coli* (3,854, 45.5%) and *K. pneumoniae* (1,670, 19.7%) of which 1,990 (23.5%) were collected from community acquired (CA) and 6,186 (73.0%) from hospital acquired (HA) IAIs.

MIC<sub>90</sub> values for piperacillin-tazobactam were 64 µg/mL in 2015 with fluctuations from 16-64 µg/mL through the years for *E. coli*, but was stably ≥ 64 µg/mL from 2011 to 2015 for *K. pneumoniae* isolates. While susceptibilities to ETP and IPM and AMK were high for *E. coli* isolates throughout the study, *K. pneumoniae* isolates from abscesses, colon and peritoneal fluid collected from medicine and surgery ICUs showed an increasing trend of carbapenem resistances in 2015

**Conclusions** In 2015 there was a trend of enhanced carbapenem MIC<sub>90</sub> values, particularly for *K. pneumoniae* IAI isolates obtained from patients in ICUs

## PU-2619

### 两套胆红素检测系统结果比对分析

解春宝

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨某实验室胆红素两套不同检测系统检测结果的可比性，为实现胆红素测定结果的一致性提供依据。

**方法** 以 Abbott C16000 全自动生化分析仪及重氮法试剂组成的检测系统为参比系统（X），以 Olympus AU 5400 全自动生化分析仪及钒酸盐法试剂组成的检测系统为待评系统（Y）。测定患者新鲜血清中总胆红素（TBIL）和直接胆红素（DBIL）的准确度和精密度。对 X 和 Y 两种系统的胆红素结果进行比较并进行计算其相对偏差（SE%）。以《WS/T 403-2012 临床生物化学检验常规项目分析质量指标》文件规定的允许误差或根据生物学变异确定的偏倚为判断依据，研究两套系统测定胆红素结果的可比性和一致性。

**结果** Olympus AU 5400 和 Abbott C16000 全自动生化分析仪测定 TBIL、DBIL 结果的准确度和精密度符合要求，参比系统和待评系统间的误差或相对偏差在临床可接受水平内。

**结论** 两套生化分析仪检测胆红素结果具有较好的可比性和一致性，可满足临床需求。

## PU-2620

### The long non-coding RNA PTTG3P promotes cell growth and metastasis via up-regulating PTTG1 and activating PI3K/ AKT signaling in hepatocellular carcinoma

Jinlan Huang

Department of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** Dysfunctions of long non-coding RNA (lncRNAs) have been associated with the initiation and progression of hepatocellular carcinoma (HCC), but the clinicopathologic significance and potential role of lncRNA PTTG3P in HCC remains largely unknown.

**Methods** We compared the expression profiles of lncRNAs in 3 HCC tumor tissues and adjacent non-tumor tissues by microarrays. In situ hybridization (ISH) and quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) were applied to assess the level of PTTG3P and prognostic values of PTTG3P were assayed in two HCC cohorts (n=46 and 90). Artificial modulation of PTTG3P (down- and over-expression) was performed to explore the role of PTTG3P in tumor growth and metastasis in vitro and in vivo. Involvement of PI3K/AKT signaling and its downstream signals were validated by qRT-PCR and western blot.

**Results** We found that PTTG3P was frequently up-regulated in HCC and its level was positively correlated with tumor size, TNM stage and poor survival of patients with HCC. Enforced expression of PTTG3P significantly promoted cell proliferation, migration, and invasion in vitro, as well as tumorigenesis and metastasis in vivo. Conversely, PTTG3P knockdown had opposite effects. Mechanistically, over-expression of PTTG3P activated PI3K/AKT signaling and its downstream signals including cell cycle progression, cell apoptosis and epithelial-mesenchymal transition (EMT)-associated genes.

**Conclusions** Our findings suggest that PTTG3P, a valuable marker of HCC prognosis, promotes tumor growth and metastasis via activation of PI3K/AKT signaling in HCC and might represent a potential target for gene-based therapy.

## PU-2621

### 骨髓细胞形态学检查在多发性骨髓瘤、骨髓转移癌、反应性浆细胞增多症中诊断和鉴别诊断的临床价值

石洪琼  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 目的 通过骨髓细胞形态学检查,明确多发性骨髓瘤(Multiple myeloma,MM)骨髓转移癌(Bone marrow metastasis tumor, BMMT)、反应性浆细胞增多症(Reactive plasmacytosis,RP)

**方法** 方法 回顾分析 2016-2018 年,本院已确诊的 86 例 MM、16 例 BMMT 及 25 例 RP 骨髓细胞形态学特点和实验室相关检验指标,归纳总结三种疾病的病变细胞在骨髓中的异同点

**结果** 结果 骨髓涂片中 MM 骨髓瘤细胞核异形性明显,胞浆易见伪足、可散在或成簇分布,但胞浆不易融合成团,成熟红细胞多呈缙钱状排列;BMMT 的转移癌细胞胞体大,核仁大,浆深染,核染色质排列紊乱、胞核或胞浆易发生融合,易成团分布在髓片边缘或尾部;RP 多以形态正常的成熟浆细胞增多为主,浆细胞比例多不超过有核细胞的 20%,多呈散在分布,浆细胞形态规整,胞核异形性不明显,成熟红细胞缙钱状排列不明显。三者细胞经过仔细观察基本上可加以区别。实验室相关检查指标中,多发性骨髓瘤球蛋白患者伴有球蛋白,尿酸升高,免疫球蛋白升高,血、尿轻链升高,M 蛋白阳性。骨髓转移癌碱性磷酸酶及肿瘤标记物中的 CEA、AFP 多出现结果明显升高。骨髓转移癌、反应性浆细胞增多症球蛋白多为正常或降低

**结论** 结论 多发性骨髓瘤(MM)是浆细胞系统的恶性肿瘤,常见于中老年人,其临床表现复杂多样,在骨髓涂片中浆细胞数量及形态特征呈现多样化,骨髓形态学检验是其诊断的金标准,并具有费用低,检验周期短等优点。因此,加强对骨髓瘤细胞、转移癌细胞、正常浆细胞的形态学识别能力,抓住主要特征,通过骨髓细胞形态检查并结合实验室相关指标综合分析,将 MM BMMT、RP 加以鉴别,提高多发性骨髓的检出率和确诊率,减少漏诊或误诊。

## PU-2622

### 糖化白蛋白/糖化血红蛋白比值与 1 型糖尿病患者血糖波动幅度的相关性

王柏荣,徐晶,洪梦杨,潘柏申,李晓牧  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 探讨糖化白蛋白/糖化血红蛋白比值与 1 型糖尿病患者血糖波动幅度的相关性。

**方法** 入选 2013-2014 年于复旦大学附属中山医院首诊的 1 型糖尿病住院患者共 110 例。收集其一般临床资料,及糖化血红蛋白(HbA1c)、糖化白蛋白(GA)、二氧化碳结合力(CO<sub>2</sub>CP)、空腹 C 肽、负荷后 C 肽(精氨酸试验)及谷氨酸脱羧酶抗体(GADA)滴度水平等实验室检查数据,采集每个患者出院前 3 日的每日 7 次指尖血糖(包括三餐前、三餐后 2 小时及睡前)值,并以此计算出平均血糖波动幅度(MAGE)、最高-最低血糖差( $\Delta$  BG)值。采用 SPSS13.0 统计学软件进行数据统计分析。

**结果** 110 例 1 型糖尿病患者中,男性 40 例(36.4%),女性 70 例(63.6%),平均年龄 47.9 $\pm$ 15.3 岁,平均 BMI22.5 $\pm$ 3.7kg/m<sup>2</sup>。其中有 7 例患者属暴发型 1 型糖尿病(6.4%)。pearson 相关分析结果提示 GA/HbA1c 比与空腹 C 肽、负荷后 C 肽呈显著负相关,与 MAGE、 $\Delta$  BG 水平

均呈显著正相关 ( $P<0.05$ )；多元线性逐步回归分析提示 GA/HbA1c 比与负荷后 C 肽、MAGE、 $\Delta$  BG 独立相关 ( $P<0.05$ )。logistic 回归分析结果显示 HbA1c、GA/HbA1c 与暴发型 1 型糖尿病独立相关 ( $P<0.05$ )。根据 GA/HbA1c 比水平三分位数分组，随着 GA/HbA1c 比水平升高，空腹 C 肽、负荷后 C 肽水平逐步下降，MAGE、 $\Delta$  BG 逐步升高，差别均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** GA/HbA1c 与 1 型糖尿病患者的血糖波动及胰岛功能密切相关，对暴发型 1 型糖尿病有预测价值。

## PU-2623

### 临床分离的洋葱伯克霍尔德菌耐药谱分析

解春宝

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 回顾性分析本院临床分离的洋葱伯克霍尔德菌的药物敏感情况，指导临床合理使用抗生素。

**方法** 收集本院 2015 年 7 月-2016 年 6 月期间临床分离的洋葱伯克霍尔德菌，采用法国生物梅里埃公司的全自动微生物分析仪 VITEK-2 进行菌株鉴定，以及 VITEK-2 配套药敏试验复合板进行药敏检测，分析其耐药谱。

**结果** 共收集了 30 株洋葱伯克霍尔德菌，且均呈现多重耐药谱。对碳青霉烯类抗生素亚胺培南的耐药率为 96.7%。对一代头孢菌素类抗生素头孢唑林的耐药率较高，为 100%。对氨基糖苷类抗生素的耐药率均为 96.7%。对氨苄西林和呋喃妥因的耐药率也高达 100%。对三代（头孢他啶）和四代（头孢吡肟）头孢菌素类抗生素的敏感性较高，其敏感率分别为 100%、96.7%。对复方制剂哌拉西林/他唑巴坦和复方新诺明的敏感性较高。

**结论** 本院分离的洋葱伯克霍尔德菌呈现多重耐药谱，需对其耐药机制进一步研究。

## PU-2624

### 结核分枝杆菌抗原检测（胶体金法）在结核培养中的临床应用评价

赵萍萍<sup>1</sup>, 夏文颖<sup>2</sup>

1. 皖北煤电集团总医院

2. 江苏省省人民医院

**目的** 评估结核分枝杆菌抗原检测（胶体金法）在结核分枝杆菌培养中的临床应用价值。

**方法** 收集南京医科大学第一附属医院（江苏省人民医院）2016 年 6 月至 2018 年 6 月的结核培养标本 875 例，BACTEC MGIT 320 仪器培养，仪器培养阳性后，培养液分别进行抗酸染色、结核分枝杆菌核酸检测（PCR 方法）和结核分枝杆菌抗原检测（胶体金法），以 PCR 方法作为金标准。

**结果** 875 例结核培养标本经仪器培养后，145 例标本培养阳性，抗酸涂片阳性为 101 例，结核分枝杆菌抗原检测阳性 62 例，PCR 检测阳性 64 例，以 PCR 方法为金标准，结核分枝杆菌胶体金法的敏感性和特异性分别为 97.0% 和 100%，阳性预测值和阴性预测值分别为 100% 和 97.7%，与 PCR 方法结果一致性检验 Kappa 值为 0.972 ( $P<0.01$ )。

**结果** 结核分枝杆菌抗原（胶体金法）检测方法在结核培养检测中具有很好的临床诊断应用价值

**结论** 结核分枝杆菌抗原（胶体金法）检测方法在结核培养检测中具有很好的临床诊断应用价值



## PU-2625

## Anti-cancer effect of Marchantin C via inducing cancer cellular senescence with reduced senescence-associated secretory phenotype

Xiulei Zhang

The Second hospital of Shandong University

**Objective** Low dosage of chemotherapeutics, which induces cellular senescence with low toxicity, is an effective option for cancer therapy.

**Methods** The antitumor activities of Mar-C were evaluated by MTT and colony formation in vitro cytotoxicity assay, and xenograft and allograft in vivo model. Antitumor mechanisms of Mar-C were dissected through SA- $\beta$ -gal staining, Q-PCR, immunoblotting, immunofluorescence, protein array and siRNA knocking-down.

**Results** Here we report the anti-lung cancer activity of marchantin C (Mar-C), a natural compound, low concentrations below IC<sub>50</sub> in vitro and in vivo. In vitro, Mar-C induced the senescence of different lung cancer cells instead of apoptosis as reported in the previous study and showed little toxicity on normal human fibroblasts at the low concentrations. Mechanistically, DNA damage by Mar-C activated the senescent-associated p53-p21/Rb signal pathway and the regulator of SASP: NF- $\kappa$ B. Q-PCR and protein array indicated that Mar-C-modulated expression level of inflammatory cytokines was lower than that of doxorubicin (DOX)-induction. In vivo study, Mar-C exhibited an inhibitory activity on tumor growth with little bodyweight loss and significantly prolonged the survival time of tumor-bearing mice. And the combined use of Mar-C and curdlan sulfate (CS), an immunomodulator, showed a synergistic effect on tumor inhibition. Taken together, the results indicate that low concentration of Mar-C displays inhibitory activity on lung cancer cells with low cytotoxicity in vitro, and Mar-C has well anti-tumor activity in vivo.

**Conclusions** This study provides a foundation that Mar-C might be developed as a desirable antitumor drug against lung cancer with unprecedented value over doxorubicin.

## PU-2626

## 服用扶正抗癌方前后非小细胞肺癌患者 CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 NKG2D 与其细胞毒活性的相关性分析

吴姗姗,王柏山,严峰,张宁,张程,李志静

辽宁省中医院/辽宁中医药大学附属医院,110000

**目的** 探索服用扶正抗癌方后非小细胞肺癌 (NSCLC) 晚期患者 CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 NKG2D 与其细胞毒活性的相关性。

**方法** NSCLC 晚期患者共 31 例, 依据服用扶正抗癌方前后分为治疗前和治疗后组, 流式细胞术检测外周血 CD8<sup>+</sup>T 细胞绝对值、CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 NKG2D、NKG2A、CD107a、颗粒酶 B 和 IFN- $\gamma$ 。

**结果** 连续服用扶正抗癌方一个月, CD8<sup>+</sup>T 细胞的绝对数量以及 CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 NKG2D 和分泌 IFN- $\gamma$  均显著升高, NKG2D<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 与 IFN- $\gamma$ <sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 的百分比呈正相关。NKG2D<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 的百分比的升高与治疗后生存质量评价等级的提升有关。

**结论** 扶正抗癌方使 NSCLC 晚期患者 CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 NKG2D 和分泌 IFN- $\gamma$  明显提升, 有助于改善患者的生存质量和预后。

## PU-2627

## 真假肌酐

王梅华,陈莺,张敬喜  
福建医科大附属协和医院

**目的** 通过临床提供的信息找到两种检测方法肌酐结果差距大根源。

**方法** 高度疑似 DIC 的出血性危重病号,新入院患者首次肌酐 $>800\mu\text{mol/L}$  必须报告危急值,该患者在 Beckman Coulter DXC 800 生化分析仪 MC 部分上,碱性苦味酸速率法检测的肌酐结果 $818\mu\text{mol/L}$ 。;但在强生 VITROS 5600 干式生化分析仪上复查肌酐,酶法检测只有 $637\mu\text{mol/L}$ ,两者偏差超出允许范围。

**结果** 日常工作中,检验与临床交流不可缺少,该病例我们通过临床提供的信息找到两种检测方法肌酐结果差距大根源。先前在外院双下肢瘀斑、出血点,牙龈出血,鼻出血,血尿,予以止血(止血敏)、输血小板、丙球冲击、地塞米松等治疗。血小板减少性紫癜常用药止血敏是酚磺乙胺的别名,酚磺乙胺是还原性物质对酶法肌酐有明显的负干扰。酚磺乙胺药代动力学提示,静脉给药 1h 后作用达高峰,作用持续 4~6h;其易从胃肠道吸收,口服后 1h 起效;其大部分以原形从肾脏排泄,小部分从胆汁、粪便排出。由于该病人肾功能损害影响排泄,导致其对酶法肌酐的负干扰显著,疑团就解开了。

**结论** 肌氨酸氧化酶法的指示系统是 Trinder 反应,是目前商品化试剂常采用的测定原理,但是内源性肌酸干扰依然存在,并且增加了样品中还原性物质(如维生素 C、还原型谷胱甘肽等)对氧化反应的干扰。碱性苦味酸法测定肌酐特异性也不高,一些肌酐的同类物及衍生物如胍基乙酸内酰胺,5—甲基胍基乙酸内酰胺以及乙酰乙酸、丙酮酸、胆红素、乙内酰脲等物质均能和苦味酸发生反应,这些物质称为“假肌酐”,可导致肌酐测定结果假性偏高。随着检测技术的发展,国外肌酐的定值方法已经采用气质、液质两种同位素稀释质谱法,期待不久的将来能用于临床特异性的鉴别。

## PU-2628

## 罗氏 cobas8000 生化分析仪 ALT/AST 线性和临床可报告范围验证

张真铭  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 验证丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶(AST)2个血清酶项目在罗氏 cobas8000 生化分析仪上的线性和可报告范围。

**方法** 参照 CLSI EP6-A 文件的方法对 ALT、AST 进行线性和可报告范围验证。

**结果** 线性范围和临床可报告范围均符合要求。

**结论** 线性范围符合试剂说明书给定的线性范围;临床可报告范围的最大稀释倍数可满足临床需要。

## PU-2629

**Galectin-3、CEA、Tch 联合检测对腹水的诊断价值**

肖明兵

南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨联合检测半乳糖凝集素-3 (Galectin-3)、癌胚抗原 (CEA)、总胆固醇 (Tch) 对不同性质腹水进行鉴别诊断的临床价值。

**方法** 分别使用时间分辨荧光免疫检测法、化学发光免疫分析法及 CHOD-PAP 法检测 44 例恶性腹水、55 例良性腹水中 Galectin-3、CEA 及 Tch, 分析比较三者对腹水性质的诊断价值。

**结果** 恶性腹水组中 Galectin-3、CEA、Tch 水平均显著高于良性腹水组 ( $P<0.05$ )；根据 ROC 曲线, 当确定三者诊断界值分别为  $0.62 \mu\text{g/L}$ 、 $4.90 \mu\text{g/L}$  及  $1.20 \text{ mmol/L}$  时, 对恶性腹水的诊断敏感性分别为 61.4%、36.4%、68.2%, 特异性分别为 80.0%、100%、83.6 %; 三者之间无相关性 ( $P>0.05$ ), 联合检测在保证对恶性腹水诊断敏感性的同时, 可保持高特异性。

**结论** Galectin-3 及 Tch 对恶性腹水诊断敏感性优于 CEA, 但 CEA 有较高的诊断特异性, 联合检测可提高对良恶性腹水的鉴别诊断水平。

## PU-2630

**甲亢 Graves 病患者骨质疏松患病情况  
及其骨转换指标的特征**

黄灵,郭玮,李晓牧

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 探讨甲状腺功能亢进症 Graves 病(GD)患者中骨质疏松的患病情况及甲状腺激素游离 T3 (fT3) 与骨转换指标血清骨钙素(OCN), I 型胶原 N-末端前肽 (PINP), 血清碱性磷酸酶 (ALP), I 型胶原交联 C-末端末端肽(b-CTX), 的关系。

**方法** 对 163 例 GD 患者用电化学发光法测 fT3,OCN,PINP,ALP,CTX, 用双能 X 线吸收骨密度仪 (DEXA)测定腰椎正位, 左侧股骨近端的骨密度。

**结果** (1) 在校正了性别, 年龄, BMI 后, 随着骨代谢异常程度的加重, 从正常骨量, 骨量减少, 到骨质疏松, 患者的 OCN ( $p=0.014$ ), PINP ( $p=0.004$ ),  $\beta$ -CTX ( $p=0.002$ ), 水平逐渐增高, 差别均具有统计学意义, ALP 水平有逐渐升高的趋势 ( $p=0.070$ ) 差别无统计学意义。(2) 校正性别, 年龄, BMI 后 OCN,PINP,ALT,  $\beta$ -CTX 与 fT3 呈正相关, OCN ( $r=0.332$ ,  $p=4 \times 10^{-5}$ ), PINP ( $r=0.306$ ,  $p=2 \times 10^{-4}$ ), ALP ( $r=0.117$ ,  $p=0.160$ ),  $\beta$ -CTX ( $r=0.392$ ,  $p=9 \times 10^{-7}$ ) (3) 根据 fT3 水平按四分位数分组, 校正性别, 年龄, BMI 后, OCN ( $p=0.002$ ), PINP ( $p=0.001$ ),  $\beta$ -CTX ( $p=2 \times 10^{-5}$ ) 呈逐渐上升的趋势, 有统计学意义, ALP 呈升高趋势 ( $p=0.258$ ), 无统计学意义。

**结论** 甲亢 Graves 病患者具有较高的骨质疏松患病率, 高骨转换速率是 Graves 病合并骨质疏松患者的显著特征, fT3 水平是影响 Graves 病患者骨转换速率的重要因素。

## PU-2631

**CEA、CA199 及 CA724 对胃癌的诊断价值**

江枫

南通大学附属医院,226000

**目的** 比较 CEA、CA199 及 CA724 对胃癌的诊断价值,为临床正确评价这三项指标的临床意义提供参考。

**方法** 随机抽取 2018 年 5 月~2019 年 3 月就诊于南通大学附属医院的 50 例胃癌患者(胃癌组)、50 例胃息肉患者(胃息肉组)及 52 例体检健康者(正常人组)为主要研究对象,采用电化学发光免疫分析法分别测定三组研究对象血清中 CEA、CA199 及 CA724 水平,将测定结果进行对照分析。

**结果** CEA 水平在胃癌组升高,且与胃息肉组及正常人组均存在统计学差异( $P$  均 $<0.05$ )。CA199 及 CA724 水平在胃癌组升高最明显,但与胃息肉组相比差异无统计学意义( $P$  均 $>0.05$ )。以正常人组检测结果为对照,对 CEA、CA199 及 CA724 对胃癌诊断价值行 ROC 曲线分析,CEA 具有最优的诊断效能,而 CA199 及 CA724 的诊断效能均不及 CEA。CA199 及 CA724 在胃息肉组及正常人组中均具有较高的假阳性率,且其阳性率在胃癌组与胃息肉组间比较无明显差异( $P$  均 $>0.05$ )。

**结论** 在这三项肿瘤标志物中,CEA 对胃癌诊断价值最高,而 CA724 和 CA199 作为胃癌标志物时假阳性率较高,并不适合作为胃癌的标志物。

## PU-2632

**不同稀释液对 LDH、CK、CK-MB 和 AST 检测指标的影响**

赵明

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨不同稀释液对 LDH、CK、CK-MB 和 AST 指标的影响

**方法** 利用美国强生公司生产的 VITROS 5600 干化学分析仪,对我院 35 例健康体检者的血清,采用蒸馏水( $H_2O$ )、生理盐水(0.9%NaCl)和小牛血清(7%BSA)三种不同稀释液 2 倍稀释后,与原液同时检测其心肌酶—LDH、CK、CK-MB 和 AST 的指标

**结果** 35 例健康体检者血清,1 例 AST、LDH 原液均超出线性范围,2 例(运动员)CK 原液超出线性,3 例健康体检者其 LDH、CK、CK-MB 和 AST 2 倍稀释后均未超出线性范围。扣除 3 例健康体检者原液超出线性范围的血清标本,32 例健康体检者血清标本,用三种不同稀释液 2 倍稀释后与原液之间比对:CK、AST 检测指标三种稀释液之间均无显著性差别;CK-MB 检测指标生理盐水与小牛血清均无显著性差别,二者与蒸馏水之间均有显著性差别;LDH 检测生理盐水与蒸馏水之间无显著性差别,二者与小牛血清之间则均有显著性差别,且小牛血清稀释值偏高

**结论** 干化学法检测超出线性范围的心肌酶指标,应选择对结果无显著性差别且经济的稀释液,即 AST、CK、LDH 用蒸馏水,而 CK-MB 用生理盐水。

## PU-2633

## 细胞形态学联合血液指标鉴别诊断骨髓增生异常综合征与巨幼细胞性贫血

陈蓉艳

福建中医药大学附属人民医院

**目的** 根据 2016 年 WHO 分型新标准,从临床特点、常用的血液指标以及细胞形态学对骨髓增生异常综合征(MDS)和巨幼细胞性贫血(MA)进行分析及鉴别。

**方法** 回顾性分析本院 26 例 MDS 和 28 例 MA 患者的血常规数据、血清铁蛋白(SF)、乳酸脱氢酶(LDH)、维生素 B12(B12)检测结果,用独立 t 检验比较两组之间有无统计学差异。对 26 例 MDS 及 15 例 MA 患者的骨髓及血细胞形态进行分析,用  $\chi^2$  检验比较两组之间有无统计学差异。

**结果** MDS 组和 MA 组的 RBC、MCV 差异具有显著性意义,而 Hb、RDW 差异不具有显著性意义;MDS 组和 MA 组的 LDH、B12 差异具有显著性意义,而 SF 差异不具有显著性意义。在外周血细胞形态中 MDS 组和 MA 组的原始细胞、巨红细胞差异具有显著性意义;在骨髓细胞形态中 MDS 组和 MA 组的原始细胞( $\geq 5\%$ )、核浆发育不平衡、(类)巨幼变幼红细胞、环形铁粒幼细胞、小巨核细胞、单圆核巨核细胞差异具有显著性意义;MDS 组和 MA 组在骨髓细胞形态三系病态造血比例超出 10%上差异不具有显著性意义。

**结论** 联合外周血及骨髓细胞形态学、血液指标,有利于鉴别 MDS 和 MA。

## PU-2634

## 唾液酸苷酶阳性细菌性阴道炎常见病原谱及支原体耐药性分析

沈轶骊

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 了解唾液酸苷酶阳性细菌性阴道炎常见病原谱特点及支原体耐药性。**方法** 对 2018 年 8 月~10 月细菌性阴道炎分泌物标本白带常规、唾液酸苷酶五联检、常规培养病原体质谱鉴定及支原体耐药性进行分析。

**方法** 对 2018 年 8 月~10 月细菌性阴道炎分泌物标本白带常规、唾液酸苷酶五联检、常规培养病原体质谱鉴定及支原体耐药性进行分析。

**结果** 共检出 238 例细菌性阴道炎患者,清洁度分级多为清洁度(+)、清洁度(2+),分别为 38.24%、30.67%;阴道分泌物五联检中白细胞酯酶阳性 220 例,阳性率为 92.44%;常规培养病原谱分析为 A、B、C、D 四个群,A 群念珠菌阴道炎型(13.45%);B 群阴道加德纳菌阴道炎型(32.77%);C 群革兰氏阴性杆菌阴道炎型(46.22%);D 群无乳链球菌阴道炎型(7.56%);支原体鉴定与药敏结果显示,细菌性阴道炎的检出率高,阳性率 86.13%,Uu、Mh 对四环素类药物敏感性较高,对大环内酯类及喹诺酮类药物耐药性较高,Mh 的耐药性比 Uu 高。

**结论** 细菌性阴道炎存在念珠菌型、阴道加德纳菌型、革兰氏阴性菌型和无乳链球菌型等复杂的类型,Mh 表现出日趋严重的多重耐药性倾向;应引起重视,根据病原学特征与常见抗菌药物敏感性试验做出正确病情判断和采取有效治疗措施。

## PU-2635

## 2 型糖尿病合并胰岛素自身免疫综合征 33 例 临床特点分析

邵伟,郭玮,李晓牧  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 分析 2 型糖尿病应用外源性胰岛素治疗后合并胰岛素自身免疫综合征患者的临床特点。

**方法** 纳入复旦大学附属中山医院 2018-02 至 2019-02 月期间收治的 2 型糖尿病患者 33 例, 所有患者明确诊断为 2 型糖尿病, 起病时无胰岛素自身抗体阳性病史, 目前均接受皮下胰岛素注射治疗, 近期测得血清胰岛素抗体阳性, 诊断为外源性胰岛素相关胰岛素自身免疫综合征。收集患者相关病史及相关实验室检查结果。

**结果** 33 例患者中男性 22 例, 女性 11 例, 年龄 35-86 岁, 平均 (50.2±11.1) 岁, 糖尿病病程 2-35 年, 平均 (14.5±8.2) 年。胰岛素应用时间 1 个月-28 年, 其中 17 例注射预混人胰岛素, 2 例注射短效人胰岛素, 11 例注射预混胰岛素类似物, 3 例注射短效胰岛素类似物, 胰岛素应用总量平均值 (35.9±16.1) 单位; 33 例患者中, 9 例以低血糖起病, 1 例以往合并免疫系统疾病 (格林巴利), 2 例合并肾癌。精氨酸试验胰岛素 0 分钟基础值 30.7-1000uU/ml, 平均 (156±166.4) uU/ml, 胰岛素 4 分钟/0 分钟比值 波动 0.90-1.84, 平均 (1.13±0.37), 胰岛素 0 分钟 (uU/ml) /C 肽 0 分钟 (ng/ml) 比值 21.3-909.2, 平均 (118.5±174.8)。

**结论** 2 型糖尿病患者应用外源性胰岛素后可能诱导胰岛素自身免疫综合征, 部分患者出现明显的低血糖症。胰岛素自身免疫综合征患者胰岛功能出现特征性改变, 精氨酸刺激后, 胰岛素分泌无明显峰值, 呈现“高平”曲线; 基线胰岛素/C 肽比值水平显著升高。

## PU-2636

## 阴性富集和荧光原位杂交技术检测食管癌循环肿瘤细胞 及临床意义研究

付娆,李阳,张婷婷,田旭东,吴亚平,杨大伟  
聊城市人民医院,252000

**目的** 本研究采用阴性富集和荧光原位杂交 (FISH) 技术研究外周血循环肿瘤细胞 (CTCs) 在食管良恶性疾病中的应用, 分析 CTCs 与食管癌临床各参数之间的相关性。

**方法** 首先将三种不同分化程度的食管癌细胞系 (EC-9706、TE-1、EC-1) 加入到健康志愿者的外周血中, 考察阴性富集方法对食管癌细胞的回收率。同时采用 FISH 检测 EC-9706、TE-1、EC-1 及正常食管上皮细胞系 HET-1A 四种细胞系异倍染色体的表达情况。进一步收集 273 例食管癌首诊患者, 30 例食管良性疾病患者及 82 例健康志愿者的血样, 采用阴性富集、免疫化学 CD45 染色和 FISH 对 CTCs 进行计数和鉴定, 绘制 ROC 曲线评估该方法在食管癌诊断中的特异性和灵敏性, 并对其中 20 名食管癌患者进行治疗随访。

**结果** 三种食管癌细胞系其平均回收率在 78%-80% 之间, 三种食管癌细胞的异倍体率为 91%-93%, 而正常食管上皮细胞异倍体表达为阴性, 证明阴性富集和 FISH 方法可以检测食管癌细胞。在进一步的临床研究中, 对食管癌患者和对照组进行分析, 发现食管癌患者的 CTCs 的数目显著高于健康人和食管良性疾病患者。以 1 个 CTC 为 Cut-off 值, 该方法的敏感度和特异性分别为: 76.9% 和 93.7%。CTCs 检测的阳性率与患者的年龄、性别、肿瘤深度均无明显关系 ( $P>0.05$ ); 淋巴结转移患者的 CTCs 数目明显高于无转移组, IV 期患者检出的 CTCs 数量明显高于 I、II、III 期, 均具有统计学差异。其中随访的 16 位患者随着治疗进行其 CTCs 数目下降并且趋于稳定, 4 位患者因转移复发 CTCs 数目明显增多。

**结论** 阴性富集和 Fish 方法可以成功应用于食管癌患者外周静脉血中 CTCs 的检测,且在鉴定食管良恶性方面有较高的灵敏性。同时 CTCs 数目的变化也很好的体现了患者的治疗效果及病情发展。

## PU-2637

### 血清中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 在急性胰腺炎中临床应用

葛玲,吴丽颖  
淮北市人民医院,235000

**目的** 探讨血清中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 在急性胰腺炎 (AP) 疾病中的临床应用

**方法** 选取淮北市人民医院 2017 年 5 月-2018 年 1 月 74 例急性胰腺炎患者作为研究对象,根据临床症状、腹部超声影像、实验室检查、临床诊断等将轻症胰腺炎 (MAP) 患者 34 例分为轻症组,重症胰腺炎 (SAP) 患者 40 例分为重症组,另选择 20 名健康体检者作为对照组,测定三组受试者血清中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL)、尿素氮 (BUN)、肌酐 (Cr)、C-反应蛋白 (CRP)、淀粉酶 (AMY) 浓度水平,分析血清 NGAL 水平与急性胰腺炎感染程度的关系。通过对患者 ROC 曲线分析,确定血清 NGAL、AMY 对胰腺炎的诊断性能评价。

**结果** 重症胰腺炎组 (SAP) 血清 NGAL、AMY、CRP 平均浓度分别为 $(495.65\pm 319.27)$ ng/ml、 $(422.42\pm 413.44)$ U/L、 $(80.04\pm 68.74)$ mg/L;轻症胰腺炎组 (MAP) 血清 NGAL、AMY、CRP 平均浓度水平分别为 $(229.82\pm 82.94)$ ng/ml、 $(316.29\pm 134.84)$ U/L、 $(49.43\pm 58.32)$ mg/L。重症组和轻症组血清 NGAL、AMY、CRP 水平均明显高于对照组血清 NGAL、AMY、CRP 水平,差异均有统计学意义 ( $P<0.01$ );重症组血清 NGAL 水平显著高于轻症组血清 NGAL ( $P<0.01$ ),血清 AMY 和轻症组 AMY 比较,无统计学意义 ( $P>0.05$ )。血清 NGAL 取 240ng/ml 作为诊断急性胰腺炎的最远截点值,其灵敏度为 90%,特异度为 55.4%。血清 AMY 取 250U/L 作为诊断急性胰腺炎的最远截点值,其灵敏度为 83.3%,特异度为 63.9%。

**结论** 血清中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 与胰腺炎的发生有关,在一定程度上可以反应急性胰腺炎的感染程度,测定血清 (NGAL) 水平有助于急性胰腺炎的早期辅助诊断和治疗。

## PU-2638

### Genetic abnormalities of deoxycytidine kinase (DCK) gene in human acute myeloid leukemia cells with acquired resistance to cytosine arabinoside

Bin Yin

Department of Laboratory Medicine, The Affiliated Wuxi No.2 People's Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** to explore the hidden mechanism of the acquisition of cytosine arabinoside (Ara-C) resistance in leukemia cells

**Methods** We generated four Ara-C -resistant AML cell lines containing 1.8 X K562, 9.9 X K562, 3 X SHI-1 and 12X SHI-1, then, and we analyzed mRNA expression and genetic abnormalities of DCK in human acute myeloid leukemia cells with gradient resistance to Ara-C and their corresponding parental K562 cells and SHI-1 cells, as well as analysis of its role in leukemia cells

**Results** We found that the aberrant expression and genetic mutations of DCK as well as its role in inducing resistance to Ara-C in human acute myeloid leukemia cells with gradient resistance to Ara-C

**Conclusions** This finding may offer new insight for diagnosis of AML patient acquisition of Ara-C resistance.

## PU-2639

### 不同稀释液对心肌酶检测指标的影响

赵明

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨不同稀释液对心肌酶检测指标的影响

**方法** 利用美国强生公司生产的 VITROS 5600 干化学分析仪, 对我院 41 例急性心肌梗塞患者的血清, 采用蒸馏水 ( $H_2O$ )、生理盐水 (0.9%NaCl) 和小牛血清 (7%BSA) 三种不同稀释液, 分别进行 2 倍、4 倍和 8 倍倍比稀释后, 检测其心肌酶—LDH、CK、CK-MB 和 AST 的指标, 按照不同稀释液同一稀释倍数之间分别进行配对结果比对。

**结果** 41 例患者血清, 1 例 AST 8 倍稀释超出线性, 4 例 CK 8 倍稀释超出线性, 7 例 LDH 8 倍稀释超出线性 (其中包含 4 例 CK8 倍稀释超出线性的血清), 扣除 8 例 LDH 和 1 例 AST 8 倍稀释超出线性的血清标本, 33 例血清标本用三种不同稀释液与同一稀释倍数之间比对: CK、AST 检测指标三种稀释液之间均无显著性差别; CK-MB 检测指标生理盐水与小牛血清均无显著性差别, 二者与蒸馏水之间均有显著性差别; LDH 检测生理盐水与蒸馏水之间无显著性差别, 二者与小牛血清之间则均有显著性差别, 且小牛血清稀释值偏高;

**结论** 干化学法检测超出线性范围的心肌酶指标, 应选择对结果无显著性差别且经济的稀释液, 即 AST、CK、LDH 用蒸馏水, 而 CK-MB 用生理盐水。

## PU-2640

### HE4 和 CA125 在卵巢癌诊断中应用价值的对比分析

程龙<sup>1</sup>, 李婉君<sup>2</sup>, 李小宁<sup>1</sup>

1. 皖南医学院附属医院/皖南医学院弋矶山医院, 241000

2. 皖南医学院

**目的** 分析肿瘤标志物人附睾分泌蛋白 4 (HE4) 和糖类抗原 125 (CA125) 在卵巢癌诊断中的应用价值, 并比较两者对卵巢癌诊断意义的优越性。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2016 年 12 月本院肿瘤妇科经病理学诊断确诊的 60 例卵巢癌患者 (卵巢癌组) 及 96 例妇科良性肿瘤患者 (妇科良性肿瘤组) 为研究对象, 采用化学发光微粒子免疫方法检测所有研究对象的血清 HE4 和 CA125 水平, 并对比分析两者对卵巢癌的诊断价值。

**结果** ① 卵巢癌组患者血清中 CA125、HE4 水平和 ROMA 指数均较卵巢良性肿瘤组显著升高, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); ② 血清 HE4 在诊断绝经前和绝经后卵巢癌特异性时均较 CA125 高, 而血清 CA125 在诊断绝经后卵巢癌敏感性时较 HE4 高, 差异均具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); ③ 血清 HE4 对诊断早期卵巢癌的阳性率也较 CA125 高, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** ① 血清 HE4 对绝经前后均具有良好的特异性, 而 CA125 仅对绝经后具有良好的敏感度; ② 在诊断卵巢癌过程中, 血清 HE4 对早期卵巢癌诊断阳性率高于 CA125, 具有良好的诊断效能。



## PU-2641

## LncRNA SNHG1 通过 EMT 促进非小细胞肺癌细胞迁移和侵袭

邓仕华,吴东明,刘腾,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 探讨长链非编码 RNA (LncRNA) SNHG1 对非小细胞肺癌 (NSCLC) 细胞迁移和侵袭的影响

**方法** 利用 GEO 数据库数据集资料分析 SNHG1 在肺癌组织与正常组织中的表达,同时分析 SNHG1 表达量与肺癌患者总生存期的关系;过表达及干扰 NSCLC 细胞中 SNHG1 的表达,qRT-PCR 检测 SNHG1 的表达效率,细胞划痕实验、transwell 迁移及侵袭实验分别检测 SNHG1 对 NSCLC 细胞迁移和侵袭的影响。通过 western blot(WB) 检测上皮细胞标志蛋白 E-钙粘蛋白(E-cadherin)、间质细胞标志蛋白 N-钙粘蛋白(N-cadherin) 及波形蛋白(vimentin) 而评价上皮间质转化(epithelial-mesenchymal transition, EMT)发生情况

**结果** 多个 GEO 数据集分析表明 SNHG1 在肺癌组织中明显高表达且与患者的总生存期呈负相关(图 1);过表达 SNHG1 后 NSCLC 细胞的迁移及侵袭能力显著增加,上皮标志蛋白(E-cadherin)降低,间质标志蛋白(N-cadherin, vimentin)增加(图 2);而干扰 SNHG1 则得到相反的结果(图 3)。

**结论** LncRNA SNHG1 可通过 EMT 促进 NSCLC 细胞迁移和侵袭,提示 LncRNA SNHG1 有望成为非小细胞肺癌治疗的新靶点。

## PU-2642

## IL-26 在脓毒症中的免疫病理作用及机制研究

涂红梅

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 明确 IL-26 在脓毒症中发挥的作用,在此基础上,进一步阐明 IL-26 在脓毒症中发挥作用的机制,并为脓毒症的诊断及治疗提供新方向。

**方法** 重庆医科大学附属第一医院收集脓毒症患者和健康体检者血清标本,用 ELISA 方法检测 IL-26 的表达水平;然后通过盲肠结扎穿刺术 (CLP) 建立小鼠脓毒症模型,腹腔注射 IL-26 重组蛋白,通过生存率实验、细菌载量测定、组织切片 HE 染色以及常见生化指标的检测确定 IL-26 在脓毒症中发挥的损害或者保护作用;通过牛鲍计数板计数腹腔灌洗液中有核细胞的数量,ELISA 的方法检测免疫细胞相关的趋化因子,并经免疫磁珠方法分选培养巨噬细胞和中性粒细胞,进行吞噬杀伤实验,ELISA 方法检测血和腹腔灌洗液中炎症细胞因子的水平,阐明 IL-26 重组蛋白发挥作用的机制。

**结果** IL-26 在脓毒症患者体内高表达;在 CLP 脓毒症模型中,与对照组相比,IL-26 重组蛋白处理组小鼠生存率显著降低,但细菌载量也明显降低。进一步组织 HE 染色结果却显示其肝、脾、肺和肾等器官均存在更严重的组织损伤。与此同时,反映生化指标肌酐 (Crea) 显著升高,丙氨酸转氨酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST) 虽然没有差异,但有升高的趋势;IL-26 蛋白处理组腹腔灌洗液中细胞总数显著增高,趋化因子 CCL-2 和 CXCL-1 也显著升高,但对巨噬细胞的吞噬杀伤功能并无显著影响。同时,IL-26 重组蛋白处理组小鼠血和腹腔灌洗液中炎症细胞因子 IL-6、IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$  显著升高。

**结论** 虽然 IL-26 抑制了脓毒症感染期间细菌的生长,但是过度的炎症反应加重了组织器官的损伤,增加了小鼠的死亡率,从而在脓毒症中发挥损害作用。

## PU-2643

## 不合格标本的拒收原因与纠正措施

赵明

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 通过对临床基础检验室不合格标本的数量及拒收原因的分析,采取有效的电子信息化管理纠正措施,优化实验室检验前管理,保证检验前质量控制,缩短结果汇报时间,提高检验工作效率。

**方法** 对 2017 年临床基础检验室不合格标本的拒收原因、数量、不合格标本比率及不合格标本分类纠正措施,进行回顾性分析。

**结果** 2017 年临床基础检验室标本量为: 957314 份,不合格标本数量为: 3699 份,不合格标本比率为: 0.39%; 根据不合格标本拒收原因统计: 采样问题为 2470 份,占不合格标本比率为 66.8%; (其中: 样本无采集时间的为 1503 份,占采样问题的比率 60.9%、标本凝固的为 618 份,占采样问题比率的 25%,样本量不足为 127 份,占采样问题比率的 5.1%,采样容器错误的为 112 份,占采样问题比率的 4.5%,其他为 110 份,占采样问题比率的 4.5%); 送检问题为: 707 份,占不合格标本的 19.1%; 其中(非本检验室检测样品为 675 份,占送检问题比率的 95.5%,其他 32 份,占送检问题比率的 4.5%); 医嘱问题为 522 份,占不合格标本的 14.1%; (其中: 医嘱停止的为 286 份,占医嘱问题比率 54.8%; 样本号已使用 165 份,占医嘱问题比率 31.6%; 医嘱错误 29 份,占医嘱问题比率 5.6%; 其他为 42 份,占医嘱问题比率 8.0%)。

**结论** 临床基础检验室对不合格样本送检问题、采样问题、医嘱问题纠正措施: 采取电子信息化管理,及时电子拒收,便于医护人员及时查阅纠正。(对于非本检验室检测样品,又属于本检验科其他实验室的直接送达); 采样问题是临床基础检验室不合格标本频次最多的问题,需要加强对医护人员培训,同时对样本不合格率高的科室,由检验前管理组与护士长有效沟通并实施绩效考核方法纠正。以此保证检验前的质量控制,缩短 TAT (total analysis time),提高检验效率。

## PU-2644

## 抗核抗体 Hep-2 细胞核型中 AC-29 的临床应用

陶月

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 探讨新核型 AC-29 的临床应用。

**方法** 选取四例南京大学医学院附属鼓楼医院检验科的临床标本,免疫印迹法检测抗核抗体谱(IgG),间接免疫荧光法检测抗核抗体 IgG,观察并记录结果。

**结果** 四例标本中,抗 scl-70 抗体均为阳性,抗核抗体核型均为 DNA 拓扑异构酶 I 核型(AC-29)。

**结论** AC-29 是 ICAP 新定义的一种核型,国内检验人员应努力学习其荧光显微镜下表现,了解其临床意义,为临床提供准确的检验报告。

## PU-2645

## The UbL-UBA Ubiquilin4 protein functions as a tumor suppressor in gastric cancer by p53-dependent and p53-independent regulation of p21

Shengkai Huang, Yan Li, Xinghua Yuan, Mei Zhao, Hong Lin, Qiao Zhang, Wenjie Wang, Dongdong Li, Xin Dong, Changzhi Huang

National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing, 100021, China

**Objective** Ubiquilin 4 (UBQLN4) is a component of the ubiquitin-proteasome system and regulates the degradation of many proteins implicated in pathological conditions. The aim of this study was to determine the biological function and mechanisms of Ubqln4 in gastric cancer.

**Methods** We first examined the expression level of Ubqln4 in 94 pairs of gastric cancer and paired adjacent normal tissues using immunohistochemistry. MTT and colony formation assays showed that cell growth and colony formation activities in vitro, and tumor growth assays were using in vivo. Biological mechanisms of Ubqln4 were determined by DNA expression microarray, mass spectrometry, Co-immunoprecipitation and western blot.

**Results** We demonstrated that Ubqln4 was downregulated in human gastric cancer tissues and inhibited tumorigenesis in vitro and in vivo. Ubqln4 regulated p21 levels not only through p53-dependent mechanisms, but also through a p53-independent pathway by binding to RNF114, an E3 ubiquitin ligase of p21.

**Conclusions** These data establishes a novel tumor suppressive function for Ubqln4 in gastric cancer that involves regulation of p21 through multiple pathways.

## PU-2646

## 早发型与晚发型重度子痫前期患者肝肾功能损害分析

王明辉

青岛大学医学院附属医院, 266000

**目的** 分析早发型与晚发型重度子痫前期患者肝肾功能损害程度。

**方法** 选择重度子痫前期 (preeclampsia, PE) 患者 108 例为研究对象, 其中包括早发型重度 PE 组 (早发组) 64 例和晚发型重度 PE 组 (晚发组) 44 例, 并随机选取正常妊娠妇女 (正常组) 42 例为对照组。检测各组肝肾功能指标总蛋白 (TP)、白蛋白 (ALB)、谷草转氨酶 (AST)、谷丙转氨酶 (ALT)、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶 (GGT)、尿素 (UREA)、肌酐 (Cr)、尿酸 (UA)、胱抑素 C (Cys C)、尿蛋白, 比较各组间差异, 分析肝肾功能受损情况。

**结果** 1、早发组、晚发组与对照组三组 TP、ALB、ALT、AST、GGT、UREA、Cr、UA、Cys C、尿蛋白检测结果行 F 检验差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。2、早发组、晚发组与对照组三组 TP、UREA、Cr、UA、尿蛋白检测结果两两比较差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。3、早发组 ALT、AST、GGT 高于晚发组, 而 ALB 低于晚发组, 几组数据比较差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 但晚发组与对照组这几组比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。4、早发组和晚发组 Cys C 两者比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 但均高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 早发组重度 PE 和晚发组重度 PE 对肝肾功能都有一定的损害, 早发组 PE 对肝肾功能的损害更大。

## PU-2647

## Molecular detection of *Helicobacter pylori* antibiotic resistance in clarithromycin and levofloxacin

Chonghou Lok

Beijing Tsinghua Changgung Hospital, School of Clinical Medicine, Tsinghua University. Beijing, PR. China

**Objective** The purpose of this study is to isolate and identify *Helicobacter pylori* from patients with gastroduodenal diseases in Beijing Tsinghua Changgeng Hospital and to analyze its drug resistance.

**Methods** 1) *Helicobacter pylori* was isolated from gastric mucosa tissue samples of patients with gastroduodenal diseases, and *Helicobacter pylori* strains were isolated and cultured and identified by biochemical tests.

2) The drug resistance of the isolated strains was analyzed by PCR (Clarithromycin: A2142G, A2142C, A2143G, A2223G; Levofloxacin: N87I, N87K, N87Y, D91G, D91N, D91Y).

**Results** Among the 73 positive samples, 52.05% of the *Helicobacter pylori* isolates were resistant to clarithromycin and 33.33% to levofloxacin.

**Conclusions** Preliminary studies show that the bacteria are resistant to antibiotics in the Changping District of Beijing, and provide evidence for the rational use of antibiotics in the clinic.

## PU-2648

## Sphere-forming culture enriches liver cancer stem cells and reveals Stearoyl-CoA Desaturase 1 as a potential therapeutic target

Zhi-Min Meng<sup>1</sup>, Xiao-Lu Ma<sup>1</sup>, Yun-Fan Sun<sup>2</sup>, Bei-Li Wang<sup>1</sup>, Bai-shen Pan<sup>1</sup>, Jian Zhou<sup>2</sup>, Jia Fan<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>, Xin-Rong Yang<sup>2</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** The role of sphere-forming culture in enriching subpopulations with stem-cell properties in hepatocellular carcinoma (HCC) is unclear. The present study investigates its value in enriching cancer stem cells (CSCs) subpopulations and the mechanism by which HCC CSCs are maintained.

**Methods** HCC cell lines and fresh primary tumor cells were cultured in serum-free and ultra-low attachment conditions to allow formation of HCC spheres. In vitro and in vivo experiments were performed to evaluate CSC characteristics. Expression levels of CSC-related genes were assessed by qRT-PCR and the correlation between sphere formation and clinical characteristics was investigated. Finally, gene expression profiling was performed to explore the molecular mechanism underlying HCC CSC maintenance.

**Results** We found that both cell lines and primary tumor cells formed spheres. HCC spheres possessed the capacity for self-renewal, proliferation, drug resistance, and contained different subpopulations of CSCs. Of interest, 500 sphere-forming Huh7 cells or 200 primary tumor cells could generate tumors in immunodeficient animals. Sphere formation correlated with size, multiple tumors, satellite lesions, and advanced stage. Further investigation identified that the PPAR $\alpha$ -SCD1 axis plays an important role in maintenance of the CSC properties of HCC sphere cells by promoting nuclear accumulation of  $\beta$ -Catenin. Inhibition of SCD1 interfered with sphere formation, down-regulated expression of CSC-related markers, and reduced  $\beta$ -Catenin nuclear accumulation.

**Conclusions** Sphere-forming culture can effectively enrich subpopulations with stem-cell properties, which are maintained through activation of the PPAR $\alpha$ -SCD1 axis. Therefore, we

suggest that targeting the SCD1-related CSC machinery might provide a novel insight into HCC treatment.

## PU-2649

### 核酸序列依赖扩增技术检测隐球菌的方法建立和评价

杨蜜,夏云

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 建立核酸序列依赖扩增技术 (NASBA) 检测隐球菌 RNA 的方法, 提高隐球菌感染诊断的准确性。

**方法** 设计一对具有隐球菌属特异性的引物, 构建 NASBA 扩增隐球菌 RNA 的方法并评价该方法的灵敏度和特异性。按欧洲癌症研究和治疗组织/侵袭性真菌感染协作组和美国变态反应和感染病研究院真菌病研究组 (EORTC/MSG) 2008 年修订的侵袭性真菌病定义标准收集隐球菌感染的阳性病例和排除隐球菌感染的阴性病例, 分别应用隐球菌荚膜多糖抗原检测 (胶体金法)、普通聚合酶链式反应技术 (PCR) 及本研究建立的 NASBA 方法进行检测。应用配对诊断试验设计、McNemar 检验分别对 3 种方法进行比较以评价其诊断效能。

**结果** NASBA 产物电泳结果显示仅新型隐球菌 RNA 扩增产物出现了特异性条带, 而其他对照菌 (烟曲霉、串珠镰刀菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌、大肠埃希菌、白色念珠菌、近平滑念珠菌) 均没有出现电泳条带; NASBA 结合电泳检测结果表明该方法灵敏度可达 10 cfu/mL。NASBA、荚膜多糖抗原胶体金法及 PCR 灵敏度分别是 87.5%(95%CI=66.53%~96.71%)、100%(95%CI=82.83%~100%)、66.67%(95%CI=44.69%~83.57%), 特异性分别是 94.59%(95%CI=80.47%~99.06%)、81.08%(95%CI=64.29%~91.44%)、78.37%(95%CI=61.34%~81.58%)。

**结论** 应用 NASBA 检测隐球菌 RNA 具有快速、准确高、操作简便的优点。并且整个实验过程无须特殊仪器, 适合在普通的临床实验室开展, 有望成为新的隐球菌感染的常规诊断方法。

## PU-2650

### Establishment and validation of a cytokine index to predict recurrence of hepatocellular carcinoma

Wenhao Wu<sup>1</sup>, Beili Wang<sup>1</sup>, Xiaolu Ma<sup>1</sup>, Junfei Shen<sup>1</sup>, Jie Zhu<sup>1</sup>, Shuangjian Qiu<sup>2</sup>, Baishen Pan<sup>1</sup>, Jian Zhou<sup>2</sup>, Jia Fan<sup>2</sup>, Xinrong Yang<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** we aimed to establish and validate the value of a cytokine index to predict early recurrence of HCC.

**Methods** A total of 208 patients with newly diagnosed HCC at Zhongshan Hospital, Fudan University, from December 2012 to August 2014 were enrolled in our retrospective study. All patients were randomly divided into the training cohort (100 patients) and validation cohort (108 patients). Six cytokines[Interleukin-1, soluble interleukin-2 receptor(sIL-2R), Interleukin-6, Interleukin-8, Interleukin-10, and tumor necrosis factor- $\alpha$ (TNF- $\alpha$ )] were tested in each patient. Only sIL-2R and TNF- $\alpha$  have difference between the patients with recurrent HCC and non-recurrent group in the preliminary experiment.

**Results** Our cytokine index was defined as IOC (multiply sIL-2R by TNF- $\alpha$ ) and the cutoff value was determined as 3500 by X-tile. In the training cohort, the recurrence rate of the high IOC group (IOC >3500) was significantly higher than that of the low IOC group (IOC  $\leq$ 3500) (P<0.05). To further investigate the ability of IOC to predict early clinical relapse of HCC, we found that the

recurrence rates of the high IOC group (79%, 76%, 79%, and 68%) were significantly higher than those of the low IOC group (22%, 29%, 28%, and 24%) among four subgroups (AFP $\leq$ 400ng/ml, BCLC 0+A, single tumor, tumor size $<$ 5cm). Multivariate Cox proportional hazards models suggested that IOC  $>$ 3500 was an independent risk factor ( $P<0.001$ ; HR: 3.781; 95% CI: 2.046–6.985) of recurrence and metastasis in HCC patients after radical resection. Similar results were also observed in the validation cohort. Furthermore, higher recurrence rates were also found in the high IOC group (66%, 66%, 73%, and 72%), which were significantly higher those in the low IOC group (47%, 39%, 47%, and 48%). Univariate analysis showed that only IOC  $>$ 3500 ( $P=0.003$ ; HR: 2.116; 95% CI: 1.290–3.469) was significantly associated with early recurrence.

**Conclusions** IOC is an independent risk factor of recurrence in HCC patients who undergo radical resection, which can be used as a potential biomarker to detect early recurrence in HCC patients.

## PU-2651

### 鲍曼不动杆菌体内获得替加环素耐药的基因组分析

张建港,李荷楠,尹玉瑶,王若冰,孙世俊,靳龙阳,王启,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 鲍曼不动杆菌对替加环素的耐药机制主要以外排泵为主,但是否有其他的机制,仍需进一步研究。本研究选取了临床上同一患者治疗期间的 2 株鲍曼不动杆菌分离株 AB1 和 AB15,前者对替加环素敏感,分离时间在患者使用替加环素治疗之前;而后者对替加环素耐药,分离时间在患者使用替加环素治疗之后。本研究旨在通过二代测序技术对二者的基因组进行分析,探索该患者的鲍曼不动杆菌分离株体内获得替加环素耐药的机制。

**方法** 采用微量肉汤稀释法(仅限替加环素和粘菌素)和琼脂稀释法测定临床常用抗生素对鲍曼不动杆菌分离株的最低抑菌浓度(MIC),判定标准参考美国临床和实验室标准协会(CLSI)2017 年出版的相关指南。使用试剂盒提取、纯化分离株 AB1 和 AB15 的基因组 DNA,使用超微量分光光度计测定基因组 DNA 的浓度和纯度,并借助二代测序平台对 AB1 和 AB15 进行测序。

**结果** 与替加环素耐药相关的常见基因 *trm*、*adeR*、*adeS*、*adeABC*、*adeIJK*、*adeN*、*adeL*、*adeFGH* 和 *rpsJ*, AB1 和 AB15 均没有差别。ResFinder 数据库比对结果显示,常见抗生素耐药相关基因 *aadA1*、*aph(6)-Id*、*armA*、*bla<sub>OXA-23</sub>*、*bla<sub>OXA-66</sub>*、*bla<sub>TEM-1D</sub>*、*mph(E)*、*msr(E)*、*sul1*、*tet(B)*, AB1 和 AB15 亦没有差别。序列比对分析结果显示,AB15 的 *gspJ* 基因发生了框内的插入突变(插入了 3 个碱基 TAA)。该突变可能会导致 *gspJ* 基因功能的异常,以致 *gspJ* 蛋白异常表达。另外,AB15 基因组中一个编码过氧化氢酶类血红素结合蛋白的基因发生了 1 个碱基的替换(C $\rightarrow$ T),导致了该基因提前获得终止子,可能会导致该蛋白的异常缩短。

**结论** 我们推测,过氧化氢酶类血红素结合蛋白和 *gspJ* 蛋白的异常表达可能与鲍曼不动杆菌体内获得替加环素耐药有关,但具体的耐药机制仍需要后续的研究来进一步确证。

## PU-2652

### PCT 测定在脓毒血症早期诊断及预后评估方面的临床意义

付虎<sup>1</sup>,陈浩<sup>2</sup>  
1.成都市第一人民医院,610000  
2.四川省公路医院

**目的** 本研究通过分析不同程度以及不同病原菌感染导致的脓毒血症患者血清中的 PCT 水平差异,探讨其在脓毒血症早期诊断及预后评估中的应用价值。

**方法** 根据患者的病情的严重程度,分为脓毒血症组 32 例、严重脓毒血症组 26 例、脓毒血症休克组 20 例。78 例脓毒血症患者中有 16 例死亡。另选取同期因外科疾病住院的无感染指征患者 60 例作为对照组。所有患者入院后即抽取静脉血,分别进行血培养、PCT、血清 PCT、C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、白细胞计数、中性粒细胞比例(neutrophil, NEU)检测,各组进行比较分析。应用 SPSS19.0 软件进行统计分析,计量资料以均数 $\pm$ 标准差( $\bar{x}\pm s$ )表示,比较采用 t 检验,计数资料采用  $\chi^2$  检验,  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** (一)不同疾病程度脓毒血症患者与对照组检测指标比较

脓毒血症组、严重脓毒血症组、脓毒血症休克组血清 PCT、CRP 水平、白细胞计数以及 NEU 均高于对照组( $P<0.05$ );脓毒血症组、严重脓毒血症组、脓毒血症休克组血清 PCT、CRP 水平依次升高,具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 本研究结果发现脓毒血症组、严重脓毒血症组、脓毒血症休克组与对照组 PCT 水平差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。比较发现,血清 PCT 水平在脓毒血症休克组明显高于严重脓毒血症组( $P<0.05$ ),在严重脓毒血症组明显高于脓毒血症组( $P<0.05$ )。以上结果表明,血清 PCT 的水平不仅能够用于诊断脓毒血症,而且其与脓毒血症病情严重程度成正比。此外,本研究还将生存组与死亡组进行比较分析,比较发现,死亡组的血清 PCT 水平明显高于生存组,两组水平差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。因此, PCT 可以作为判断脓毒血症严重程度以及预后评估的重要指标。

## PU-2653

### NLR、PLR 和 MPV 评估新诊断结直肠癌患者的意义

张颖

常州市武进人民医院江苏大学附属武进医院,213000

**目的** 结直肠癌(CRC)的全身炎症可通过中性粒细胞淋巴细胞比(NLR)、血小板淋巴细胞比(PLR)和平均血小板体积(MPV)反映。本研究旨在探讨术前 NLR、PLR 和 MPV 作为评估新诊断 CRC 患者肿瘤的有效性。

**方法** 对 86 名 CRC 患者和 70 名健康志愿者,进行血细胞分析。NLR 的计算方法是用绝对中性粒细胞计数除以绝对淋巴细胞计数;PLR 的计算方法为血小板绝对计数除以淋巴细胞绝对计数。采用 ROC 曲线评价 NLR、PLR、MPV 的诊断效果。

**结果** ROC 曲线分析显示,与健康对照组相比, NLR 和 PLR 在 cutoff 值为 2.07 (AUC=0.760, Se=74.1%, Sp=73%)和 118 (AUC=0.85, Se= 73.5%, Sp=80%)的 CRC 患者中具有较高的诊断价值。三种联合标志物的诊断效果优于单独标志物(AUC=0.89, Se=92%, Sp=70%)。

**结论** NLR、PLR 和 MPV 可能是诊断和早期识别不同阶段 CRC 的有用标志物;另外,两者联合使用具有较强的诊断价值。

## PU-2654

### 四川省申请 IVF 与妊娠妇女 TORCH 感染的检测分析

杨敬虞<sup>1</sup>,邓庆<sup>1</sup>,张晓娅<sup>1</sup>

1.成都西囡妇科医院

2.成都西囡妇科医院

3.成都西囡妇科医院

**目的** 通过大样本研究四川地区申请 IVF 的不孕妇女及妊娠妇女 TORCH 感染状况数据分析,探讨 TORCH 血清学筛查在辅助生殖技术领域的必要性。

**方法** 采用深圳市新产业生物 Maglumi4000 全自动化学发光免疫分析仪及配套检测试剂法对 3244 例申请试管婴儿妇女及 5612 例正常妊娠妇女进行 TORCH 八项抗体检测结果比较, 两组人群各项检测指标的阳性率及相关性。

**结果** 申请 IVF 不孕组弓形虫、风疹病毒、巨细胞病毒、单纯疱疹病毒的 IgM 抗体阳性率分别为 0.55%、0.65%、0.92%、1.51%, IgG 抗体阳性率分别为 7.55%、87.1%、93.1%、93.8%; 正常妊娠妇女组弓形虫、风疹病毒、巨细胞病毒、单纯疱疹病毒的 IgM 抗体阳性率分别为 0.50%、0.78%、1.05%、1.71%, IgG 抗体阳性率分别为 7.00%、86.4%、92.8%、94.5%。

**结论** 无论在不孕组或正常妊娠组中, HSV-IgM 阳性率均为最高, 与其他 3 种病原体相比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 两组 TORCH 各项指标总体感染率比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 因此针对四川地区申请试管婴儿妇女及孕妇进行 TORCH 筛查具有重要意义和价值。

## PU-2655

### Study on the genotype of mycobacterium tuberculosis isolates from patients with tuberculosis of Chongqing and its drug resistance

yishu tang

The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

**Objective** To detect the infection and drug resistance of Mycobacterium tuberculosis (MTB) in Chongqing, and provide scientific basis for the prevention and treatment of tuberculosis.

**Methods** DNA were collected from all new suspected patients, in Chongqing from January 2014 to September 2017, Genechip technology was used to identify Mtb strain. Genechip technology was also used to detect mutations in the KatG gene and inhA gene.

**Results** Genechip revealed that the Mtb infected male accounted for 73.98% and female accounted for 26.12%. The total drug resistance rate of rifampicin and isoniazid were 11.2%(122/110771). The highest mutation site was 531(TCG) locus (37.5%, 27/72). The most common mutation site was 315(AGC) locus.

**Conclusions** Our report demonstrated the infected ratio and the drug resistant types of Mtb in Chongqing district.

## PU-2656

### Soluble Programmed Death-ligand 1 indicate poor prognosis in hepatocellular carcinoma patients undergoing transcatheter arterial chemoembolization

Li-hua Lv<sup>1</sup>, Xiao-Lu Ma<sup>1</sup>, Xu-Dong Qu<sup>3</sup>, Wen-Jing Yang<sup>1</sup>, Bei-Li Wang<sup>1</sup>, Min-Na Shen<sup>1</sup>, Yan Zhou<sup>1</sup>, Chun-Yan Zhang<sup>1</sup>, Yun-Fan Sun<sup>2</sup>, Jian-Wen Chen<sup>2</sup>, Bo Hu<sup>2</sup>, Zi-Jun Gong<sup>2</sup>, Xin Zhang<sup>2</sup>, Bai-Shen Pan<sup>1</sup>, Jian Zhou<sup>2</sup>, Jia Fan<sup>2</sup>, Xin-Rong Yang<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhongshan Hospital, Fudan University; Key Laboratory of Carcinogenesis and Cancer Invasion, Ministry of Education

3.Department of Intervention Radiology, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** Soluble Programmed Death-ligand 1 (sPD-L1) is associated with hepatocellular carcinoma (HCC) prognosis after resection or radiotherapy. However, its value in patients received transcatheter arterial chemoembolization (TACE) remained elusive. Present study aimed to determine the prognostic significance of sPD-L1 in TACE subgroup.



**Methods** 114 HCC patients with HBV-background who received TACE from 2012 to 2013 were recruited. sPD-L1 levels were determined by enzyme-linked immunosorbent assay. We evaluated prognoses according to mRESIST criteria and analyzed prognostic values by Cox regression and Kaplan-Meier analysis. We further evaluated correlations between sPD-L1 and systemic inflammation index (SII), soluble interleukin-2 receptor (sIL-2R), IL-10, hepatitis B virus (HBV)-DNA loads, and C-reactive protein.

**Results** Significantly elevated sPD-L1 levels in patients who developed HCC progression ( $P=0.002$ ) and death ( $P<0.001$ ). Patients with higher pre-treatment sPD-L1 levels had a significantly shorter time to progression (10.50 vs. 18.25 months,  $P=0.001$ ) and decreased overall survival (16.50 vs. 28.50 months,  $P=0.003$ ). In low-recurrence-risk subgroups, sPD-L1 levels retained prognostic value ( $P<0.050$ ). Importantly, multivariate regression confirmed that pre-treatment sPD-L1 level was an independent predictor for both progression [hazard ratio (HR) 1.82;  $P=0.032$ ] and survival (HR 1.84;  $P=0.009$ ). Moreover, sPD-L1 levels positively correlated with SII ( $r=0.284$ ,  $P=0.002$ ), sIL-2R ( $r=0.239$ ,  $P=0.010$ ), IL-10 ( $r=0.283$ ,  $P=0.002$ ), HBV-DNA loads ( $r=0.229$ ,  $P=0.014$ ), and CRP ( $r=0.237$ ,  $P=0.011$ ).

**Conclusions** sPD-L1 level is a prognostic indicator of poor outcomes after TACE. High sPD-L1 indicated increased immune activation in an immunosuppressive environment that hindered anti-tumor response activity. Lowering sPD-L1 levels may provide a novel avenue for preventing HCC progression post-TACE.

## PU-2657

### 阴道分泌物病原学检测分析

黄秋菊, 辜学萍  
旺苍县人民医院, 628000

**目的** 了解阴道炎患者阴道分泌物病原体感染状况, 对这些阴道病患者的阴道分泌物进行及时、准确的检测、分析, 以帮助临床合理有效治疗。

**方法** 回顾性分析我院 2015 年 11 月至 2016 年 11 月诊断为阴道炎患者的临床资料, 采集其阴道分泌物进行相关病原体常规检查, 滴虫及霉菌的检测用生理盐水涂片进行, BV(细菌性阴道病)的检测采用 BV 特异性胺试验快检法进行。

**结果** 3863 患者中, 共检出 BV 阳性 383 例, 阳性率为 9.91%, 霉菌阳性 930 例, 阳性率为 24.07%, 滴虫阳性 258 例, 阳性率为 6.68%。滴、霉混合阳性 20 例, 阳性率为 0.52%; 20-30 岁有 1750 例, 阳性率 45.30%, 31-50 岁有 1610 例, 阳性率 40.63%, 51 岁以后有 503 例, 阳性率 13.02%。

**结论** 阴道炎是危害妇女健康的常见疾病, 临床上要对患者阴道分泌物同时进行滴虫、霉菌及 BV 检测, 以更全面的反映患者病原体感染情况。

## PU-2658

### 新疆布鲁氏菌病患者多种细胞因子免疫反应水平临床研究

蔺志强, 何雯雯, 张弛  
新疆维吾尔自治区第六人民医院

**目的** 探讨新疆地区急、慢性布鲁氏菌病患者细胞因子 IL-4、IL-6、IL-10、IL-17、TNF- $\alpha$ 、INF- $\gamma$  和有关临床生化指标的免疫反应水平及变化意义。

**方法** 采用血培养、琥红平板和试管凝集试验等技术对我院住院患者 191 例及正常对照人群进行实验诊断, 同时用多重微球流式免疫荧光发光法和生化技术检测多种细胞因子及炎症因子等指标, 应用 Stata 15.0 软件进行  $\chi^2$ 、t 检验和多因素 Logistic 逐步回归分析。

**结果** (1) 布鲁氏菌病感染在新疆主要为维族(84 例、43.98%)、哈族(44 例、23.04%)、汉族(43 例、22.51%)、回族(11 例、5.76%)等,职业主要为农、牧民、兽医等。(2) 病例组中 IL-4、IL-6、IL-10、IL-17、IFN- $\gamma$  和 TNF- $\alpha$  的免疫水平均高于对照组( $P<0.05$ )。(3) 急性组 IL-6、IL-10、IL-17、IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  及 PCT 和 CRP 表达水平明显高于慢性组( $P<0.05$ ),而慢性组血培养阳性率明显高于急性组( $P<0.001$ ),且慢性组布鲁氏菌病患者合并有布病脊柱炎和关节炎的患病率明显高于急性组( $P=0.035$ )。(4) 布病感染发病程度的抗体滴度大小与细胞因子免疫反映水平,仅有 IL-6 的表达在高滴度组明显高于低滴度组( $P<0.001$ ),血培养阳性率、RF、血沉、PCT 及 CRP 水平在高滴度组明显高表达( $P<0.001$ )。(5) 布鲁氏菌病患者细胞因子免疫变化的相关性,在单因素分析中这 6 种细胞因子都是布鲁氏菌病患病情度的危险因素;多因素 Logistic 回归分析显示 IL-6 和 INF- $\gamma$  水平是布鲁氏菌病患病情度的独立危险因素。

**结论** 细胞因子 IL-4、IL-6、IL-10、IL-17、IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  及 PCT、CRP、血培养等指标不仅能反映急、慢性布鲁氏菌病患者免疫病程及与布鲁氏菌病患病情严重程度密切相关,而且 IL-6 和 INF- $\gamma$  表达水平具有独立的临床评估诊断作用。

## PU-2659

### “五声”化温馨服务在门诊采血中心的应用研究

于淇

山东大学第二医院,250000

**目的** 研究“五声”化温馨服务在门诊采血中心的应用效果,为提升门诊采血中心患者满意度提供参考。

**方法** 选择我院 2017 年 12 月~2018 年 12 月在门诊采血中心采血患者 200 例进行分析,随机将患者分为研究组和对照组各 100 例,对照组进行常规采血行为,研究组在此基础上予以“五声”化温馨服务,对比两组患者采血后的满意度。

**结果** 对比分析,研究组患者服务总满意率为 93.5%显著优于对照组患者总满意率为 73.25%,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 在门诊采血中心予以“五声”化温馨服务能够提升患者满意度,提升门诊科室的服务形象,服务质量因此得到提高,促进医患关系和谐,映现了以患者为中心的优质服务理念,值得推广和应用。

## PU-2660

### 探究 ANA、SSA、SSB、RO-52 联合唇腺活检在干燥综合征诊断中的临床意义

尹春琼,王宁,白志瑶

云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 目的 探究联合抗核抗体(ANA)、抗干燥综合征抗原 A(SSA)抗体、抗干燥综合征抗原 B(SSB)抗体、RO-52 抗体、唇腺活检病理检测对干燥综合征(sjogren syndrome, SS)患者诊断的临床意义。

**方法** 方法 选取本院 2015 年 1 月至 2019 年 1 月门诊及住院确诊 SS 患者 76 例。采用间接免疫荧光法(IIF)检测 ANA;免疫印迹法(LIA)检测抗 SSA、抗 SSB 和 RO-52 抗体、联合唇腺活检病理检测观察阳性率,并对结果进行回顾性分析。

**结果** 结果 76 例 SS 患者其中 ANA 阳性 69 例, 占 90.7%; SSA 阳性 58 例, 占 76.31%; SSB 阳性 45 例, 占 71.05%; SSA/SSB 阳性, 12 例占 15.78% ; RO-52 阳性 52 例, 占 68.42%; 唇腺活检病理检测阳性 64 例, 占 84.21%。

**结论** 结论 SS 检测项目中 ANA 缺乏特异性, 在许多结缔组织病表达率高, 但 SSA、SSB、RO-52、SSA/SSB、联合唇腺活检病理检测对 SS 具有很强的特异性, 在其他结缔组织病较少表达, 对临床诊断 SS 指导意义更高。

PU-2661

## Dissecting the spatial heterogeneity of single circulating tumor cells reveals immune evasion through MAX regulated CCL5 overexpression in hepatocellular carcinoma

Yun-Fan Sun<sup>1</sup>, Liang Wu<sup>2</sup>, Xinrong Yang<sup>1</sup>, Wei Guo<sup>3</sup>, Sheng Liu<sup>2</sup>, Shiping Liu<sup>1</sup>, Jian Zhou<sup>1</sup>, Jia Fan<sup>1</sup>

1.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute of Fudan University, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.BGI-Shenzhen, Shenzhen, Beishan Industrial Zone, Shenzhen, 518083, China

3.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University, Shanghai 200032, P. R. China

**Objective** The prognosis of hepatocellular carcinoma (HCC) is closely associated with recurrent and metastatic disease which has been proposed to be initiated by circulating tumor cells (CTCs). However, the transcriptomic plasticity and immune evasion mechanism of CTCs during systemic circulation are not well defined. Here, we determined intra- and inter-vascular transcriptional heterogeneity within the circulatory system using single-cell RNA-sequencing CTCs isolated from four key vascular sites along the dissemination route in ten HCC patients.

**Methods** Blood was drawn from 4 different vascular sites, including hepatic vein (HV), peripheral artery (PA), peripheral vein (PV) and portal vein (PoV) of 10 localized HCC patients. Single CTCs were isolated by negative enrichment and robotic micromanipulator, followed by single-cell full-length RNA sequencing. After filtering, 113 CTCs with qualified data remained were subjected to further bioinformatics analysis.

**Results** Our scRNA-seq data revealed remarkable intra- and inter-vascular heterogeneity among CTCs from four vascular sites. We determined CTC transcriptional dynamics during transportation through consecutive vascular compartments and revealed their adaptation mechanisms under biomechanical stress during circulation. We further classified CTCs from different vascular sites into two subsets, namely dormant CTCs and activated CTCs. Dormant CTCs were associated with a non-cycling state and upregulation of EMT/angiogenic signatures, and showed stronger prognostic ability for early recurrence than activated CTCs did. These findings enable a deeper understanding of the spatial transcriptional pattern of CTCs and highlights the role of dormant CTCs in HCC metastasis. Furthermore, we discovered an immune escape mechanism by which CTCs recruited regulatory T cells (Tregs) via expression of CCL5, consequently promoting the formation of an immunosuppressive microenvironment favorable for their survival in the bloodstream and seeding in secondary organs. We proved that MAX, activated through the p38 pathway, was the key transcriptional factor regulating CCL5 overexpression, which was validated by ChIP, luciferase reporter gene and in vitro/vivo knockdown assays. And we further determined that Tregs-derived TGF- $\beta$ 1 can heighten MAX expression, thus amplifying the CCL5 expression.

**Conclusions** Collectively, our results reveal a previously unappreciated spatial heterogeneity of CTCs and a CTC immune-escape mechanism, which may aid in designing new anti-metastasis therapeutic strategies in HCC.

## PU-2662

## Lactic Acid Produced by Glycolysis Contributed to Staphylococcus aureus Aggregation Induced by Glucose

Zhen Luo<sup>1</sup>, Meilin Chen<sup>2</sup>, Ti Chen<sup>1</sup>, Pengfei She<sup>1</sup>, Yong Wu<sup>1</sup>

1.The Third Xiangya Hospital of Central South University

2.Xiangya School of Medicine, Central South University

**Objective** High concentration of glucose induces Staphylococcus aureus (S. aureus) aggregation, but the mechanism of this is still unclear.

**Methods** The aggregation of Staph aureus was analyzed by aggregation assays. Extracellular Polysaccharide was analyzed by phenol-sulfuric acid.

**Results** The aggregation of S. aureus strains was induced by high concentration of glucose (>7.8 mM), and which was dose- and time-dependent. In addition, the large amount of lactate acid produced during S. aureus aggregation, induced by glucose, resulted in decreased pH value. Lactic acid, the end product of glycolysis, could quickly induce S. aureus aggregation. Except for lactic acid, acetic acid and HCl also induced S. aureus aggregation. In addition, the aggregation of S. aureus strains induced by glucose or lactic acid was completely inhibited in Tris-HCl buffer (pH 7.5), and inhibition of glycolysis by 2-deoxyglucose significantly decreased S. aureus aggregation. The aggregation induced by glucose was dispersed by periodate and proteinase K

**Conclusions** Lactate acid produced by glycolysis contributed to S. aureus aggregation induced by high concentration of glucose.

## PU-2663

## 1203 例孕期妇女血清 25-羟维生素 D 水平分析

王欣

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 检测孕期妇女血清 25-羟维生素 D 的水平, 探讨孕期妇女维生素 D 的营养状况。

**方法** 选取 2018 年 1 月-12 月吉林大学第一医院产科门诊及住院孕妇 1203 例, 采用化学发光法检测不同孕龄、不同季节孕妇 25-羟维生素 D 的水平。

**结果** 1203 例孕妇的血清 25-羟维生素 D 平均 (42.69±13.26) ng/ml。维生素不足的 456 例 (37.9%), 春、夏、秋和冬季维生素 D 缺乏的检出率分别为 5.33%、4.62%、10.59%和 17.36%, 其中以冬季为最高。

**结论** 长春地区孕妇的维生素 D 的缺乏率仍然较高, 可能与东北冬季比较寒冷, 人们户外活动的时候相应减少有关。其不但会影响孕妇自身的健康, 也会对腹中胎儿健康造成影响, 因此应针对这种情况有针对性的加强宣传防治, 及早补充维生素 D 并相应增加户外活动。

## PU-2664

## Clonal hematopoiesis mutations in plasma cfDNA RAS/BRAF genotyping of metastatic colorectal cancer

Fei Huang<sup>1</sup>, Beili Wang<sup>1</sup>, Minna Shen<sup>1</sup>, Shengchao Wu<sup>1</sup>, Huiqin Jiang<sup>2</sup>, Yiyi Yu<sup>2</sup>, Qian Yu<sup>1</sup>, Yihui Yang<sup>1</sup>, Ying Zhao<sup>1</sup>,  
Yiwen Zhou<sup>1</sup>, Baishen Pan<sup>1</sup>, Tianshu Liu<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Medical Oncology, Center of Evidence Based Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** Clonal hematopoiesis (CH) leads to blood-derived somatic mutations in KRAS, NRAS and BRAF. Our aim is to identify the prevalence of CH-derived mutations in these three genes in metastatic colorectal cancer (mCRC) patients and reveal the practical clinical implication of these mutations on plasma cell-free DNA (cfDNA) genotyping.

**Methods** We analyzed KRAS, NRAS and BRAF genotypes in plasma and matched tumor tissues of 236 mCRC patients through next-generation sequencing (NGS). Suspected CH mutations were defined as those only present in plasma with variant allelic frequencies (AFs) <5% and were confirmed by paired peripheral blood cells (PBCs) using droplet digital PCR (ddPCR). The hemopoietic lineage harboring a CH-derived mutation was analyzed through flow cytometry.

**Results** We identified suspected CH mutations in twenty patients (8.4%, 20/236). Three of these patients (1.27%, 3/236) had a CH-derived KRAS mutation. Two of them had a KRAS G12X and the third had a KRAS Q61H. We did not detect CH-derived NRAS or BRAF mutations. Patients harboring a CH-derived mutation previously received chemotherapy treatment. In one CH-derived KRAS G12X case, the mutation was enriched in lymphocytes and persisted in cfDNA over the course of 4 months of therapy.

**Conclusions** We confirmed the existence of CH-derived KRAS mutations in a small proportion of mCRC patients. This should be noted to prevent misclassification as tumor somatic mutations when performing cfDNA sequencing.

## PU-2665

## 新疆少见输入性非洲恶性疟和三日疟原虫感染报告

新疆少见输入性非洲恶性疟和三日疟原虫感染报告, 蒯志强, 秦莹  
新疆维吾尔自治区第六人民医院

**目的** 本文报道了新疆地区某院输入性恶性疟和三日疟各 2 例患者临床病史、实验室诊断特点、治疗、预防情况。

**方法** 实验室快速法检测疟原虫阳性 3 例, 阴性 1 例; 薄血膜涂片镜检可见恶性疟和三日疟不同阶段环状体、裂殖体、配子体等多种形态特点。

**结果** 炎症细胞因子检测 C-反应蛋白增高、IL-6、IL-10、IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  均明显增高数倍, 血沉加快, 而血象变化不大。

**结论** 用蒿甲醚与青蒿琥酯标准治疗明显好转。

## PU-2666

**Analysis of 116 anti-GBM antibody-positive patients: is this antibody a potential marker for predicting CKD4-5?**

xi Li,Aifang Huang,Juanjuan Xu,Jian Wang  
First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

**Objective** Anti-GBM antibodies are frequent and specific autoantibodies in patients with anti-glomerular basement membrane disease. Some studies have investigated a group of diseases related to the presence of anti-GBM antibody. However, the predictive effect of anti-GBM antibodies on advanced end stage renal failure is unclear. To assess the risk of end stage renal failure (CKD4-5) in anti-GBM antibody-positive patients and to analyze their clinical features and laboratory characteristics.

**Methods** Consecutive patients (n=116) with anti-GBM antibody positivity were collected in a large cohort during 5 years in our hospital and were retrospectively analysed. In addition, we identified further clinical and laboratory characteristics of anti-GBM antibody-positive patients, indicating the relative risk of existence of CKD4-5.

**Results** Forty-eight (41.4%) anti-GBM antibody-positive patients were suffering from CKD4-5. Rapidly progressive glomerulonephritis (37.5%) and chronic renal insufficiency (35.4%) were more frequently diagnosed in anti-GBM antibody-positive patients with CKD4-5. Logistic regression modelling revealed that anti-GBM antibody-positive patients presenting with anaemia, oliguria/anuria and smoking have a greater probability of predicting CKD4-5 and are considered high-risk patients, as compared with anti-GBM antibody-positive patients with none of the mentioned clinical criteria.

**Conclusions** In our cohort of anti-GBM antibody -positive patients, an overall increased risk of suffering from CKD4-5 was noticed. Regular screening tests including clinical and laboratory values are justified in anti-GBM antibody positive patients who exhibit the mentioned clinical criteria.

## PU-2667

**血液来源的高毒力肺炎克雷伯菌临床及分子特征分析**

肖代雯,杨永长,姜伟,喻华  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 分析血液来源高毒力肺炎克雷伯菌(hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*, HvKP)的临床及分子特征,为其临床诊疗奠定基础。

**方法** 收集 2014 年 10 月到 2015 年 10 月我院微生物实验室培养鉴定的血液来源肺炎克雷伯菌 37 株,查阅整理其临床资料,利用粘液丝实验检测细菌的高粘液表型筛选高毒力菌株,PCR 扩增检测主要的荚膜血清型及毒力因子,结果进行统计分析。

**结果** 37 株血液来源的肺炎克雷伯菌中,有 15 株粘液丝试验阳性,即 HvKP 阳性率为 40.54% (15/37)。除氨苄西林和呋喃妥因外,15 株 HvKP 菌株对临床常用的抗生素大多是敏感的。与普通菌株相比,HvKP 菌株引起社区获得性感染( $P=0.017$ )和化脓性感染( $P=0.004$ )病例数明显增多。HvKP 菌株 K1/K2/K57 荚膜血清型检出率为 86.67%(13/15),*rpmA* 基因和 *Aerobactin* 基因在 HvKP 菌株中的阳性率也在 86.67%(13/15)以上。

**结论** 血液来源的 HvKP 菌株对大多数临床常用的抗生素都是敏感的,但较普通菌株更容易引起社区获得性感染和化脓性感染,HvKP 菌株以 K1/K2/K57 荚膜血清型为主,大部分携带了 *rpmA* 和 *Aerobactin* 毒力基因,为 HvKP 菌株感染的临床诊疗提供了依据。

## PU-2668

## 2014 至 2017 年四川省儿童患者细菌耐药监测数据分析

肖代雯,黄湘宁,殷琳,刘鑫,龙珊珊,张凯,刘爱波,喻华  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 对 2014 至 2017 年四川省儿童患者 ( $\leq 14$  岁) 的主要病原菌及耐药性进行分析, 为临床抗生素的合理使用提供依据。

**方法** 2014 至 2017 年四川省耐药监测网成员单位对儿童临床分离的病原菌进行鉴定, 采用纸片扩散法或自动细菌鉴定系统测定细菌的耐药性, 所有上报数据经 WHONET5.6 软件进行汇总、处理和分析。

**结果** 2014 至 2017 年, 四川省儿童组革兰阳性菌分离率占前三位的分别为金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、凝固酶阴性葡萄球菌。革兰阴性菌中占前三位的细菌分别是大肠埃希菌、流感嗜血杆菌和肺炎克雷伯菌。分离的病原菌主要来自痰液, 占 70.6%~74.3%。甲氧西林耐药的金黄色葡萄球菌从 21.5% 上升到 24.8%。甲氧西林耐药的凝固酶阴性的葡萄球菌先升后降, 2014 年为 69.4%, 2015 至 2017 年从 81.7% 降至 78.2%, 未检出对万古霉素、利奈唑胺耐药的葡萄球菌属菌株。对万古霉素耐药的粪肠球菌从 0.9% 降至 0。非脑脊液分离的青霉素耐药的肺炎链球菌检出率范围为 1.1%~3.2%。亚胺培南耐药铜绿假单胞菌近三年呈下降趋势, 从 10.2% 降至 6.6%, 略高于 2014 年 6.1%; 亚胺培南耐药鲍曼不动杆菌的检出率从 46.1% 降至 14.7%。亚胺培南耐药大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的检出率分别从 0.4% 升至 1.1%, 1.5% 升至 7.7%。头孢噻肟耐药大肠埃希菌从 47.9% 降至 39.9%。氨苄西林耐药流感嗜血杆菌从 40.9% 上升至 69.4%。

**结论** 近四年来, 对亚胺培南耐药的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌, 甲氧西林耐药的金黄色葡萄球菌及氨苄西林耐药流感嗜血杆菌都呈上升趋势, 应加强临床抗生素合理应用的管理, 减少或延缓耐药株的出现。

## PU-2669

## 2 型糖尿病肾病患者血清同型半胱氨酸、胱抑素 C 及尿微量白蛋白的变化及相关性研究

张春明

辽宁省中医院/辽宁中医药大学附属医院, 110000

**目的** 研究血清同型半胱氨酸 (Hcy)、胱抑素 C (cysc) 及尿微量白蛋白 (mAlb) 的变化与 2 型糖尿病早期肾病 (DN) 的关系及临床诊断价值。

**方法** 对 140 例 2 型糖尿病 (T2-DM) 患者及 38 例 DN 患者分别进行血清 Hcy、cysc 及尿 mAlb 检测分析, 同时测定血清肌酐 (CREA) 水平。另选 36 例健康体检者为对照组

**结果** T2-DM 组 Hcy、cysc 及尿 mAlb 水平均高于对照组 ( $P < 0.05$ )。T2-DM 各组间 Hcy、cysc 及尿 mAlb 水平有明显差异 ( $P < 0.05$ )；Hcy、cysc、mAlb 分别与 CREA 水平呈正相关 ( $r = 0.623$ 、 $0.565$ 、 $0.642$ 、 $0.694$ )  $P < 0.05$ ；且三项联合检测阳性率达 87.86% 明显高于单项检测

**结论** 血清 Hcy、cysc 及尿 mAlb 随 DN 的发生及进展逐渐增高, 可作为早期诊断 DN 的有效指标。三者联合检测对于监测 DN 的发生和病情发展有重要意义。

## PU-2670

## Exosomes from breast cancer cells promote angiogenesis in tumor microenvironment which can be facilitated by IL-35

Jia Liu

The second hospital of Shandong University

**Objective** Tumor angiogenesis is indispensable for breast cancer metastasis which is achieved by intercellular communication between endothelial cells and cancer cells. Here, we explored the participation of exosomes secreted by breast cancer cells in modulating angiogenesis and whether IL-35 play a role in facilitating this process.

**Methods** Differential centrifugation, transmission electron microscopy and nanoparticle tracking analysis were used to isolate and identify exosomes. Laser confocal microscopy was applied to observe the internalization of exosomes by primary human umbilical vein endothelial cells (HUVEC). The proliferative activity of HUVEC was assessed by CCK8. Cell cycle was analyzed by flow cytometry. An in vivo chick embryo chorioallantoic membrane (CAM) model was further constructed to assess the angiogenic role of exosomes. Microarray analysis was used to detect the mRNA expression profile of exosomes.

**Results** We firstly characterized the exosomes from breast cancer cell lines and visualized the internalization of these exosomes by HUVEC. Breast cancer cell derived exosomes enhanced the proliferation and tube formation of HUVEC and promoted angiogenesis in CAM model. Further analysis showed that IL-35 accelerated tumor angiogenesis by altering the mRNA expression profile of exosomes secreted from breast cancer cells.

**Conclusions** These findings suggested that IL-35 promote angiogenesis in breast cancer through regulating the content of exosomes secreted by breast cancer cells, which can be internalized by HUVEC.

## PU-2671

## Multomics analyses reveal m.14487T>C is insufficient to cause mitochondrial deficiency: a caution for the solely use of m.14487T>C in the diagnosis of mitochondrial disease

Hezhi Fang<sup>1</sup>, Yanling Yang<sup>2</sup>, Jianxin Lyu<sup>1</sup>

1. Wenzhou Medical University

2. Peking University First Hospital

**Objective** The m.14487T>C mutation is recognized as a diagnostic mutation of mitochondrial disease during the past 16 years, emerging evidence suggests that mutant loads of m.14487T>C and disease phenotype are not closely correlated.

**Methods** Immortalized lymphocytes were generated by Co-culturing the Epstein-Barr virus and lymphocytes from m.14487T>C-carrier-Chinese patient with Leigh syndrome. 15 cytoplasmic hybrid (cybrid) cell lines were generated by fusing mtDNA lacking 143B cells with platelets donated by patients. Mitochondrial function was systematically analyzed at transcriptomic, metabolomic, and biochemical level.

**Results** Unlike previous reports, we found the assembly of mitochondrial respiratory chain complexes, mitochondrial respiration, and mitochondrial OXPHOS function was barely affected in cybrid cells carrying homoplasmic m.14487T>C mutation. Mitochondrial dysfunction associated transcriptomic and metabolomic reprogramming were not detected in cybrid carrying homoplasmic



m.14487T>C. However, we found that mitochondrial function was impaired in patient-derived immortalized lymphocytes.

**Conclusions** Our data revealed that m.14487T>C mutation is insufficient to cause mitochondrial deficiency; additional modifier genes may be involved in m.14487T>C associated mitochondrial disease. Our results further demonstrated that a caution should be taken by solely use of m.14487T>C mutation for molecular diagnosis of mitochondrial disease.

## PU-2672

### 呼吸道感染患儿非细菌病原体 IgM 抗体检测结果分析

蔡瑜

合肥市第一人民医院

**目的** 了解合肥地区 14 岁以下呼吸道感染儿童非典型病原体感染情况。

**方法** 方法 收集 2018 年 1 月至 12 月呼吸道感染儿科住院患者 724 例血清标本，应用间接免疫荧光法（IFA）对九种呼吸道病原体血清 IgM 抗体联合检测，对阳性病例进行回顾性临床分析。

**结果** 结果 724 例患者检出阳性病例 273 例，总阳性率 37.71%，共检出 MP（29.70%）、INFB（5.80%）、RSV（4.56%）、ADV（0.55%）和 PIVs（0.14%）5 种病原体。其中混合感染阳性 22 例，占阳性病例 8.06%（22/273），以 MP 合并 INFB 最为常见。不同性别组间病原体阳性率差异无统计学意义（ $\chi^2=3.555$ ， $P=0.059$ ）。不同年龄段患儿总阳性率分别为 27.14%、53.19%、54.20%、48.48%，各组间差异有统计学意义（ $\chi^2=44.82$ ， $P<0.001$ ）。四个季节病原体总阳性率差异有统计学意义（ $\chi^2=9.36$ ， $P=0.025$ ）。

**结论** 结论 肺炎支原体是合肥地区患儿呼吸道疾病感染的主要病原体，且大多病原体感染具有年龄和季节分布特点。这对于临床诊疗过程中使用适当的抗感染药物防止临床上抗生素的滥用提供一定科学依据。

## PU-2673

### Human chorionic gonadotropin and IL-35 contribute to the maintenance of peripheral immune tolerance during pregnancy through mediating the generation of IL-10+ or IL-35+ Breg cells

Jia Liu

The second hospital of Shandong University

**Objective** Regulatory B cells (Breg cells) play critical roles in modulating immune responses during autoimmune diseases and infection. Here we explored the participation of two main Breg subsets, including IL-10<sup>+</sup> Breg (B10) and IL-35<sup>+</sup> Breg cells, in maintaining successful pregnancy.

**Methods** Flow cytometry analysis was applied to compare the percentage of B cells in the serum and mice spleen. Mice models were constructed using CBA/J and DBA/2 mice. CCK8 were performed to analyze the proliferation of B cells. Real time RT-PCR and flow cytometry analysis were performed to analyze their expression of IL-10 and IL-35.

**Results** We first observed an elevated percentage of B10 cells in peripheral blood from first-trimester pregnant women compared with non-pregnant controls. Serum from pregnancy induced the augmentation of B10 cells in PBMCs from non-pregnant women. Then we demonstrated that there were significant augmentation of B10 cells and an obvious increase of IL-10 level in normal pregnant mice compared to that in abortion-prone pregnant mice and virgin mice. Further analysis showed that both hCG and IL-35 suppressed the proliferation of mice splenic CD19<sup>+</sup> B

cells. IL-35 induced the expansion of both mice splenic B10 and IL-35<sup>+</sup> Breg cells while hCG only mediated the generation of B10 cells. Subsequent study in mice demonstrated that the activation of STAT1 and STAT3 in B cells caused by IL-35 and the activation of STAT3 caused by hCG were the predominant mechanism of B10 and IL-35<sup>+</sup> Breg cells augmentation.

**Conclusions** These findings suggested that IL-35 and hCG from pregnant serum induced the amplification B10 and IL-35<sup>+</sup> Breg which played a vital regulatory role in during pregnancy.

## PU-2674

### 10 株快速生长分枝杆菌的鉴定及临床分析

张燕,周万青  
南京鼓楼医院

**目的** 对临床分离的 10 株快速生长分枝杆菌进行种型鉴定和临床分析。

**方法** 对南京鼓楼医院 2013-2017 年收集的 10 株快速生长分枝杆菌进行革兰染色、抗酸染色和弱抗酸染色, 通过 16S rRNA 和 ropB 基因测序进行种型鉴定, 并结合临床分析。

**结果** 10 株分离株均为血平板上 7 天内生长良好的抗酸阳性和弱抗酸阳性菌, 经 16S rRNA 和 ropB 基因测序鉴定分别为富西亚分枝杆菌 4 株, 鼻疽分枝杆菌 2 株, 产粘液分枝杆菌 2 株, 脓肿分枝杆菌 1 株和猪分枝杆菌 1 株。临床根据病情不同采用了异烟肼、利福平、乙酰丁胺、克拉霉素和阿米卡星联合用药, 或采用拜复乐或来可信进行治疗, 俞后较好。

**结论** 快速生长分枝杆菌虽致病性较弱, 但可引起免疫力低下患者感染。随着感染病例的增多, 已成为一类重要的临床病原菌, 因此准确的鉴定结果对临床用药十分重要。

## PU-2675

### Associations of Fasting Blood Glucose, HbA1c, and Glycosylated Serum Protein Levels with Coronary Atherosclerosis Disease

Fei Ding, Guixing Li  
Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Traditionally, lipids play an important role in the development of atherosclerosis. With the progress of study, the role of glucose in the pathogenesis of atherosclerosis has greatly attracted scholars' attention. The aim of this study was to analyze the levels of glucose (GLU), glycosylated hemoglobin (HbA1c), glycated serum protein (GA), triglyceride (TG), total cholesterol (CHOL), low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C), and high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C) in patients with coronary atherosclerosis disease (CAD) and study the trends with the age, in order to explore the risk factors that may affect the occurrence of CAD.

**Methods** A total of 1464 patients diagnosed with CAD by coronary angiography from January 2016 to January 2018 in a Chinese medical center were enrolled as the CAD group who met the defined inclusion criteria, and 1478 cases came from another medical center during January 2017 and January 2018 were selected as the control group. The concentration levels of GLU, HbA1c, GA, TG, CHOL, HDL-C, and LDL-C in the two groups were determined and compared, and correlation and univariate and multivariate regression analyses were performed as well.

**Results** The levels of GLU [7.09 (5.84, 9.11) vs. 5.34 (4.90, 5.92)], HbA1c [6.64 (5.70, 7.62) vs. 5.38 (4.95, 5.79)], and GA [15.31 (11.19, 19.51) vs. 11.98 (10.55, 13.53)] in the CAD group were higher than those in the control group (both  $P < 0.05$ ). However, the levels of CHOL [4.14 (3.50, 4.90) vs. 4.98 (4.38, 5.62)], HDL-C [1.12 (0.93, 1.35) vs. 1.41 (1.20, 1.65)] and LDL-C [2.45 (1.91,

3.13) vs. 2.93 (2.40, 3.46)] in the CAD group were lower than those in the control group (both  $P<0.05$ ). The GLU level in the CAD group was increased with age; while the levels of CHOL and LDL-C were decreased with age (both  $P<0.05$ ), and only the GLU level was increased with age in the control group. Spearman's correlation analysis showed that GLU, HbA1c, and GA levels were positively correlated with CAD ( $r=0.516$ ,  $r=0.522$ ,  $r=0.336$ ; both  $P<0.001$ ), while CHOL and HDL-C, and LDL-C levels were negatively correlated with CAD ( $r=-0.385$ ,  $r=-0.425$ ,  $r=-0.246$ ; both  $P<0.001$ ). The increase of GLU, HbA1c, and GA levels were closely associated with the occurrence of CAD (both  $P<0.05$ ). The multivariate regression analysis revealed HbA1c as an independent variable that was significantly associated with the CAD [odds ratio (OR) = 3.925;  $P<0.05$ ].

**Conclusions** The study showed that glucose is a major risk factor for CAD, while hyperlipidemia is not an important cause of CAD.

## PU-2676

### 宿州地区丙型肝炎病毒基因型检测及分析

秦淑国

皖北矿务局总医院,234000

**目的** 对宿州地区 90 例丙型肝炎病毒患者进行基因型检测与分析,探讨本地区丙肝基因型分布及其与药物治疗、预后之间的关系。

**方法** 2013 年 10 月-2017 年 4 月期间,以感染科收治的丙型肝炎病毒患者为研究对象,共计 90 例。抽取患者静脉血分离血清,采用 PCR 荧光探针法进行丙肝病毒基因型检测与分析。

**结果** 90 例丙型肝炎患者以 1b 型基因感染为主,占比 51.1%;血源性感染是患者的主要感染途径,占比 69.60%;患者慢性肝炎为主要临床表现,占比 70.40%。

**结论** 宿州地区丙型肝炎病毒感染基因型以 1b 型为主,占 51.1%、其次为 2a 型,占 8.8%,其他基因型占 40%。基因型与药物治疗及预后密切相关,不同病毒基因型的丙肝患者有着不同的临床表现和感染途径,通过基因型检测可以避免盲目用药,对不同基因型患者治疗的进一步规范以及预后康复的进一步改善有重要意义。

## PU-2677

### SP-100 推片机对血细胞形态学复检的影响

王科勇

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 分析 SP-100 全自动推片机不同推片角度对淋巴细胞形态学复检的影响。

**方法** 随机选取 60 例住院及门诊患者淋巴细胞百分率 $>60\%$ 的 EDTA 抗凝全血标本,每份样本手工制备血涂片两张,同时使用推片机在 10 度、15 度、20 度推片角度状态下分别制备血涂片一张并染色。对所有血涂片的淋巴细胞进行计数,包括形态异常的淋巴细胞和异型淋巴细胞,以人工涂片为标准进行比较分析。

**结果** 通过分析自动涂片与人工涂片的复检结果,结果显示,随着推片角度增大,异常形态的淋巴细胞逐渐增多,同时导致异型淋巴细胞计数假性升高。手工推片异常形态淋巴细胞为  $(4.4\pm1.7)\%$ , 10 度为  $(7.8\pm2.4)\%$ , 15 度为  $(9.1\pm3.4)\%$ , 20 度为  $(13\pm5.5)\%$ , 采用配对 t 检验进行统计分析,  $p<0.01$ ,有显著差异。对于异型淋巴细胞计数,手工推片为  $(2.8\pm1.7)\%$ , 10 度为  $(4.0\pm2.1)\%$ , 15 度为  $(5.3\pm2.4)\%$ , 20 度为  $(7.3\pm2.2)\%$ ,  $p<0.01$ 。

**结论** 不同推片角度会对仪器涂片的淋巴细胞形态产生影响,从而干扰血细胞形态学复检,因此在日常工作中需要优化涂片参数,减小对复检的影响。

## PU-2678

## Lipoprotein-associated phospholipase A2 in cardiac disease: a potential early biomarker of unstable coronary artery disease

Huidan Li, Jiayong Li  
Shanghai General Hospital

**Objective** Lipoprotein-associated phospholipase A2 (Lp-PLA2) is a serine lipase that enhances the instability of the atherosclerotic plaques. Most of these reports focus on the utility of Lp-PLA2 in risk prediction of cardiovascular disease (CVD) among general people or the prognostic value in established coronary heart disease (CHD) patients. Few studies on the diagnostic use of Lp-PLA2 level in patients with acute coronary syndrome (ACS). The aim of this study was to examine the Lp-PLA2 activity and its diagnostic potential in early period of unstable coronary disease.

**Methods** A total of 262 consecutive patients referred for acute chest pain presented to the emergency department of Shanghai General hospital participated. Of this number, 67 were diagnosed with ST-elevation myocardial infarction (STEMI) and 167 as unstable angina (UA). For the STEMI patients, based on the cTnI values at admission, they were divided into cTnI negative (n=25) and positive (n=43) groups. As comparison groups, 185 stable coronary artery disease (CAD) patients were also enrolled. Blood samples were obtained directly after admission in the STEMI and UA groups. The values of Lp-PLA2 and lipids were measured by automatic biochemical analysis system. And the diagnostic value of Lp-PLA2 was determined based on receiver operating characteristic curves.

**Results** The median (interquartile ranges) levels of Lp-PLA2 enzyme activity was significantly higher in the ACS and UA groups than in the control CAD group [333.8 (278.1, 417.1), 359.7 (292.6, 427.0), and 274.2 (212.8, 338.7) U/L, respectively;  $p < 0.0001$ ]. However, it did not differ remarkably between the STEMI and UA groups ( $p < 0.56$ ). Similarly, among STEMI patients, there was no pronounced difference of Lp-PLA2 activity between cTnI negative [297.3 (244.0, 408.9) U/L] and cTnI positive [344.8 (288.9, 418.7) U/L] groups ( $p = 0.52$ ). In the three groups combined, there was a strong and highly significant correlation between the concentration of LDL-c and Lp-PLA2 activity ( $r = 0.60$ ;  $P < 0.0001$ ). When ROC analysis was performed with reference to Lp-PLA2 in the ACS group, the AUC was 0.719 (95% CI: 0.671- 0.768) with the standard error of 0.025, and the optimal Lp-PLA2 cut-off value was 306.4 U/L, with a sensitivity of 67% and specificity of 69%.

**Conclusions** The activity of Lp-PLA2 was significantly elevated during the early stage of both STEMI and UA. The obtained statistic data suggest that high Lp-PLA2 activity may represent a novel marker of unstable coronary disease.

## PU-2679

## 探讨 Lp (a) 对急性心肌梗死发生的预测价值

何挚, 束国防, 芦慧霞  
东南大学附属中大医院, 210000

**目的** 本研究通过观察 Lp (a) 与急性心肌梗死的相关性, 探讨 Lp (a) 对于急性心肌梗死 (AMI) 的预测价值, 为冠心病中高危患者的识别和预防提供帮助。

**方法** 选择 2016 年 1 月 1 日至 12 月 31 日在本院心内科住院的 1336 名患者为研究对象, 采集临床资料, 检测 Lp (a)、TC、TG、HDL、LDL 等指标。根据研究对象 Lp (a) 水平的四分位值分为 A、B、C、D 四组: A 组 Lp (a)  $\leq 159$ mg/L, 共计 336 人; B 组,  $159$ mg/L  $< \text{Lp (a)} \leq 305$ mg/L,

共计 332 人；C 组， $305\text{mg/L} < \text{Lp(a)} \leq 562\text{mg/L}$ ，共计 334 人；D 组， $\text{Lp(a)} > 562\text{mg/L}$ ，共计 334 人。比较各组 AMI 患病率，探讨 Lp(a) 与 AMI 发病的关系。

**结果** 各组 AMI 患病率比较，A 组 (8.6%) 和 B 组 (10.5%) 差异无统计学意义 ( $P=0.432$ )；C 组 (28.7%) 显著高于 A、B 组 ( $P<0.001$ )；D 组 (57.5%) 显著高于 A、B、C 组 ( $P<0.001$ )。

**结论** 随着 Lp(a) 水平的升高，AMI 的患病率逐渐升高，且体内高水平的 Lp(a) 浓度对于 AMI 具有一定的预测作用。

## PU-2680

### 探讨急性心肌梗死及心绞痛患者临床相关危险因素

何挚,束国防,芦慧霞

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 对临床急性心肌梗死 (AMI) 及心绞痛 (AP) 发生的危险因素进行调查分析，为此类疾病的预防提供循证依据。

**方法** 选择本院 1336 名住院患者为研究对象，采集详细病史资料，检测 Lp(a)、TC、TG、HDL、LDL 等指标。按研究对象的临床诊断标准，分为 AMI 组，共 352 例；AP 组，共 456 例；经冠脉造影检查确诊无上述两种疾病者为对照组，共 528 例。

**结果** 糖尿病不是两种疾病的危险因素；对于 AMI，性别 ( $P=0.663$ )、吸烟 ( $P=0.068$ ) 不是其独立危险因素，年龄、TC、LDL、TG、高血压、Lp(a) 为独立危险因素，HDL 为保护因素 ( $P<0.001$ ,  $OR=0.114$ )；对于 AP，LDL ( $P=0.897$ )、TG ( $P=0.060$ ) 不是独立危险因素，年龄、TC、高血压、Lp(a) 为独立危险因素，HDL 为保护因素 ( $P<0.001$ ,  $OR=0.256$ )。

**结论** AMI 及 AP 发病有多个危险因素，其中年龄、高血压、TC、Lp(a) 是独立的危险因素，且 Lp(a) 具有最好的风险评估作用，HDL 为保护因素。

## PU-2681

### 连云港地区健康成年人血清血管内皮生长因子 生物学参考区间的确立

张哲雄

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 探讨连云港地区健康成年人血清中血管内皮生长因子的生物学参考区间。

**方法** 选取 198 例健康成年人不同年龄组的血清标本，根据不同性别、不同年龄组分别进行比较，用双抗体夹心法进行血管内皮生长因子水平的测定，并利用 SPSS 统计学软件进行统计学分析。

**结果** 血管内皮生长因子在不同性别之间差异有显著性 ( $P<0.05$ )，不同年龄组之间差异无显著性 ( $P>0.05$ )。其男性生物学参考区间为  $18.36-158.6\text{pg/ml}$ ，女性生物学参考区间为  $16.11-121.46\text{pg/ml}$ 。

**结论** 根据不同性别，建立了连云港地域血清中血管内皮生长因子的生物学参考区间，为临床的相关疾病诊断提供了适合本实验室的参考指标。

PU-2682

## PBL 教学法在医学检验专业教学中的应用研究

张靖

山西医科大学第二医院（山西红十字医院）,030000

**目的** 将医学知识设置成复杂而有意义的问题情境，让学生通过小讨论、相互合作来解决情境中的真实问题，从而学习和掌握情境背后的医学知识，提高学生解决问题的能力，树立自主学习和终身学习的意识

**方法** PBL 教学法的授课过程分三步，即导言、“认识病人”和评估与反馈。

**结果** PBL 教学法的实施首先需要顶层的设计，校各级领导的决心和支持。其次，需要资金资助。改建专用教室，建设网络评估系统，建立开放式体系，广泛听取意见，全体教师和学生的共同参与。再次，需要建立 PBL 小组。由基础和临床老师共同组建，负责撰写案例、培训教师、传播 PBL 的教学理念、定期召开 PBL 导师会议及意见反馈。最后，师资培养。邀请权威专家进行座谈，提供访问及国外培训机会。若能配备合理的激励政策，PBL 教学法的开展将会如鱼得水。

**结论** PBL 教学法适用于医学检验专业的教学，且前景广阔。

PU-2683

## 广东省规范化性病实验室梅毒血清学室间质量评价的调查研究

廖仪文<sup>1,2</sup>, 郑和平<sup>1,2</sup>

1.南方医科大学

2.南方医科大学皮肤病医院

**目的** 梅毒是由苍白密螺旋体感染引起的性传播疾病，近年来发病率不断上升，建立可持续的梅毒控制计划已成必然。广东省率先开展规范化性病实验室的评价与管理工作，我们通过对全省性病实验室进行室间质量评价的调查研究，了解各实验室的梅毒检测能力，明确性病实验室规范化管理的效果。

**方法** 通过广东省性病实验室信息管理系统向各实验室发布一份调查问卷，主要关于 2017 年参加全国或全省梅毒项目的室间质量评价 EQA 结果，调查对象为来自广东省 21 个地级市的 872 家性病实验室，包括非规范化性病实验室、一级、二级、三级规范化性病实验室及各级中心实验室，各实验室网络填报的结果都将上传到广东省性病实验室信息管理系统，用于进一步的数据分析。

**结果** 共 872 家性病实验室参与调查，全部回报结果，包括非规范化性病实验室 440 家，规范化性病实验室 432 家，规范化性病实验室的等级为一级 221 家，二级 202 家，三级 9 家。来自广州市的实验室数量最多，为 189 家，其次为江门市（98 家）。其中 782 家实验室参加了国家或省级临检中心的室间质量评价（EQA），非规范化性病实验室、一级、二级、三级性病实验室的参与率分别为 85.2%、91.4%、97.0%、100%。调查的项目包括非特异性梅毒血清学定性和定量试验、特异性梅毒血清学定性试验三个项目。梅毒非特异性抗体定性的通过率分别为 28.0%（非规范化实验室）、59.4%（一级）、88.8%（二级）、100%（三级）。梅毒非特异性抗体定量的通过率分别为 14.9%（非规范化实验室）、42.6%（一级）、69.9%（二级）、77.8%（三级）。梅毒特异性抗体定性的通过率分别为 30.1%（非规范化实验室）、57.9%（一级）、94.9%（二级）、100%（三级）。一级、二级、三级性病实验室的通过率均高于非规范化性病实验室，且合格率随着等级增加而增加。

**结论** 性病实验室的规范化管理有助于提高梅毒检测的室间质量控制水平，即有助于提高梅毒的血清学检测能力，并为探索提高梅毒及其它性病实验室检测能力的方法提供思路。

## PU-2684

## 肺癌患者 EGFR 突变与 WFDC2 编码蛋白相关性分析

罗佳龄

上海市第一人民医院,200000

**目的** 通过检测肺癌患者 WFDC2 编码蛋白的血清水平, 结合肺癌患者表皮生长因子受体 (EGFR) 突变情况, 探讨两者之间的相关性。

**方法** 选取 203 例非小细胞肺癌患者的石蜡组织样本, 提取 DNA 后采用实时荧光定量聚合酶链反应 (ARMS-PCR) 技术检测 EGFR 突变, 同时用酶联免疫法检测这些患者血清中 WFDC2 编码蛋白水平, 比较两者的临床特征相关性。

**结果** 非小细胞肺癌患者中 EGFR 突变率为 39.9%, 并与血清 WFDC2 编码蛋白水平有相关性 ( $p < 0.01$ ), EGFR 突变患者的 WFDC2 编码蛋白血清水平与年龄、性别均无相关性 ( $p > 0.05$ ), 但与非小细胞肺癌的临床分期相关 ( $p < 0.05$ )。

**结论** EGFR 突变的肺癌患者 WFDC2 编码蛋白水平高于非突变者, 且 WFDC2 编码蛋白水平越高, 患者临床分期越晚。

## PU-2685

## Clinical relevance of lnc-AC145676.2.1-6 and lnc-TGS1-1 and their variants in western Chinese tuberculosis patients

Hao Bai, Binwu Ying

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Tuberculosis (TB) remains a global public health problem, and improvements in timely and effective diagnosis are urgently needed. Long non-coding RNAs (lncRNAs) are novel transcripts that may play important roles in many diseases, including tuberculosis diseases. Our study aimed to explore the potential of lnc-AC145676.2.1-6 and lnc-TGS1-1 and their variants as biomarkers in TB diseases.

**Methods** lnc-AC145676.2.1-6 and lnc-TGS1-1 were selected from lncRNA microarrays, which showed a downward trend in healthy controls, latent TB infection individuals and TB patients. The expression level of lncRNAs were analyzed by using qRT-PCR in 940 peripheral blood samples, from 467 active tuberculosis patients (TB) and 473 healthy controls (HC). And the SNP genotyping work was performed using a custom-by-design 2x48-Plex SNPscan™ Kit. Then, logistic regression analyses were conducted to evaluate the associations of lncRNA expression with clinical information of TB patients, including laboratory results and common adverse drug reactions.

**Results** lnc-AC145676.2.1-6 and lnc-TGS1-1 expression were both obviously down-regulated in TB patients [TB vs HC: 0.77 (0.31-1.27) vs 1.39 (0.35-3.16),  $P < 0.001$ ; 0.23 (0.08-0.58) vs 1.17 (0.36-2.66),  $P < 0.001$ , respectively]. And lower expression level of lnc-TGS1-1 was associated with the presence of thrombocytopenia in TB patients after anti-tuberculosis treatment [Presence vs Absence: 0.06 (0.04-0.32) vs 0.25 (0.08-0.59),  $P = 0.033$ ]. However, no significance association were found between lnc-AC145676.2.1-6 rs111352767, lnc-TGS1-1 rs4737420 and the predisposition to TB diseases (all  $P > 0.05$ ). Interestingly, the homozygous CC genotype of rs4737420 was correlated with the decreased risk for the arise of leukopenia compared with those with T allele (TT/CT genotype) under the dominant model (OR = 0.20, 95% CI = 0.04-0.93,  $P = 0.023$ ).

**Conclusions** Lnc-AC145676.2.1-6 and lnc-TGS1-1 could serve as potential diagnostic biomarkers for tuberculosis diagnosis. Lnc-TGS1-1 and its variant rs4737420 may be the indicators of predicting anti-TB drug adverse reactions. Larger validation studies with different populations are warranted to confirm these findings.

## PU-2686

### 凝血功能指标对危重症患儿的诊断价值

岳玉林

南京市儿童医院（南京医科大学附属儿童医院）,210000

**目的** 观察危重症患儿入院后 24 小时内凝血酶原时间（PT）、活化部分凝血活酶时间（APTT）、纤维蛋白原（FIB）、D-二聚体（DD）、抗凝血酶（AT-III）和血小板（PLT）指标，探讨凝血功能对危重症患儿的临床诊断价值。

**方法** 分析 2017 年 10 月至 2018 年 10 月南京医科大学附属儿童医院重症监护病房（ICU）住院患儿资料，确定 78 例存活，35 例死亡患儿为研究对象，选取同时间段内 30 例健康体检儿童为对照组，结合凝血功能指标进行统计学分析。

**结果** 危重症患儿 PT、APTT、FIB、DD、AT-III 和 PLT 受试者工作特征（ROC）曲线下面积（AUC）分别为 0.859、0.744、0.868、0.968、0.552 和 0.836；死亡危重症患儿 AUC 分别为：0.541、0.527、0.617、0.664、0.611、0.597；危重症患儿危重程度与 PT 和 DD 呈正相关，与 AT-III 呈负相关，与 APTT、FIB 和 PLT 不具有相关性；死亡组的 PT、FIB 和 DD 检测结果高于存活组，而 APTT、AT-III 和 PLT 检测结果在存活组和死亡组间不具有统计学差异；多元进入回归分析危重症患儿死亡与 PT、APTT、FIB 和 DD 相关， $R^2=0.378$ ， $F=10.762$ ， $P<0.01$ 。

**结论** 危重症患儿 PT、APTT、FIB、DD 和 PLT 指标明显异常，PT、DD 和 AT-III 指标可用于判断其危重程度，PT、APTT、FIB 和 DD 指标对临床评价危重症患儿预后具有一定的指导价值。

## PU-2687

### 粪类圆线虫被误诊为钩虫感染经验总结

庞冲敏<sup>1</sup>，段爱军<sup>1,2</sup>

1.贵阳市公共卫生救治中心

2.河南省固始县河南信合医院

**目的** 本文通过 1 例粪类圆线虫（*Strongyloides stercoralis*）感染被误诊为钩虫（Hookworm）感染，按钩虫治疗后病情恶化的病例。对粪类圆线虫与钩虫的病原体进行对比鉴定，对治疗药物进行调整，提供预防治疗粪类圆线虫感染有效方法。

**方法** 对粪类圆线虫与钩虫的病原体进行表格对比鉴定

**结果** 通过粪类圆线虫与钩虫病原体的对比鉴，有效鉴别防治粪类圆线虫及钩虫。

**结论** 提供预防治疗粪类圆线虫感染有效方法。



## PU-2688

**Tim-3 在系统性红斑狼疮和肾透明细胞癌 中的明显作用**

郑红英

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** Tim-3 被认为是 T 细胞免疫球蛋白家族的一员, 它可以激活或者沉默基因, 但是 tim-3 在介导 SLE 和肿瘤转移的作用机制还没有搞清楚。我们曾经报道过关于即时 pcr 技术观察到的外周血单核细胞中高表达 tim-3, 同时 SLE 患者的信使 RNA 中的转录因子 GATA-3 序列比健康控制组的表达增高。我们根据 TCGA 癌症数据库的生物信息发现不同类型的癌症中 tim-3 的表达均异常。另外, 在肾透明细胞癌的 TCGA 数据库中的 tim-3 高表达预示着患者五年生存率不良。分别在 RNA 和蛋白质水平上我们可以发现在不同的透明细胞癌细胞株中 tim-3 高表达。两种透明细胞癌细胞株中相关的 tim-3 siRNA 抑制试管中的细胞迁移和浸润。然而, 这种抑制能在一定程度上被附加的 GATA 片段沉默所抑制。RNA 和蛋白质水平 GATA 翻译表达的下调, 以及 tim-3 和 GATA-3 的负性相关表明下游 GATA 的抑制是作为 tim-3 引发透明细胞癌细胞株中癌细胞转移的重要机制。我们的实验揭示了 tim-3 在激发 SLE 中发挥的作用以及揭示了透明细胞癌细胞通过激活或者抑制 GATA-3 所具有的浸润潜能, 从而表明了 tim-3 可能是治疗 SLE 和肾透明细胞癌的潜在治疗靶点。

**方法** Si RNA 介导的 RNA 干预

定量即时 PCR 技术

蛋白质印迹法

创伤愈合实验

Transwell 浸润实验

统计学分析

**结果** 32 例活动性 SLE 样本中发现了 tim-3 与 GATA-3 的表达有相关性( $R=0.4771$ ;  $P<0.001$ )

32 例 ccRCC 样本中发现 tim-3 和 GATA-3 的 RNA 表达具有负性相关( $R=0.7669$ ;  $P<0.001$ )。

Tim-3 促进肾透明细胞癌细胞侵入由于 GATA-3 抑制。

**结论** SLE 患者的外周血单核细胞上 GATA-3 高表达与 tim-3 具有相关性。

tim-3 介导的肾透明细胞癌的转移可能与 GATA-3 的抑制有关。当前实验的目的是为了进一步研究调查更多的临床肾透明细胞癌样本中 tim-3 与 GATA-3 相互关系的重要临床意义, 并讨论 tim-3 导致上皮间充质转化 (EMT) 和转移的可能机制。

## PU-2689

**昆明地区某三甲医院儿童 细菌性下呼吸道感染主要病原菌  
分布变化及耐药性分析**

陈号,姚瑶

昆明市延安医院,650000

**目的** 分析昆明市某三甲医院儿童患者下呼吸道感染细菌性感染常见细菌的分布及耐药情况, 为临床治疗提供可靠依据。

**方法** 对昆明市某三甲医院儿科病房 2016 年 1 月—2018 年 12 月疑诊为下呼吸道感染的 2731 例儿童痰进行细菌培养和药敏试验, 采用法国梅里埃 VITEK-2 compact 全自动细菌鉴定及药敏分析系统进行细菌鉴定及药敏试验, 以纸片扩散法 (KB 法) 作为药敏补充。采用 WHONET5.6 微生物实验室数据处理软件对 2016-2018 三年所检出的病原菌进行分布统计及耐药性分析。

**结果** 送检的 2731 例痰液标本, 阳性结果 877 例, 阳性率 32.11%, 剔除重复菌株, 共检出细菌 735 株。金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、大肠埃希菌、流感嗜血杆菌、肺炎克雷伯菌以及卡他莫拉菌是三年间检出的主要病原菌, 共 618 株。近三年来, 下呼吸道感染常见细菌的检出率逐渐升高,

尤其是社区获得性肺炎常见病原菌的检出率明显上升；儿童下呼吸道感染常见病原菌对部分药物的耐药率居高不下，甚至出现新的耐药趋势。

**结论** 儿童下呼吸道感染的常见细菌对常用抗生素耐药率仍处于较高水平，应加强重视，临床治疗要结合药敏试验结果，合理选择抗生素。

## PU-2690

### 浅论医学检验科不合格标本的原因及改进策略

王加强  
四川省人民医院,610000

**目的** 为了提高医院的检验技术以及诊断正确率，本文主要针对医学检验科不合格标准的原因以及改进措施进行探讨，希望能进一步推动我国医学领域的发展。

**方法** 在本次研究中，我们为了获取真实有效的数据信息，选取了本院检验科 2016 年 6 月份到 2018 年 6 月份存在的 680 份不合格标本进行探讨。在进行数据分析过程中，需要以探讨不合格原因为最终目的，因此我们需要对收集到的标本信息进行分类探讨，并且比较不同标本之间数据的差异性。

**结果** 痰液不合格，尿液不合格，血液不合格这三种不合格标本的类型是在医院检验科中常见的不合格标本类型。一般情况下导致这些标本不合格的情况主要是因为患者存在溶血现象或者医务人员在采集标本时收集的标本量相对较少，除此之外收集到的标本出现凝固现象，标本数据填写不规范以及标本受到污染等原因也会导致这种标本出现不合格现象。

**结论** 通过对收集到的不合格标准进行分析，我们发现造成标本不合格的原因十分复杂，为了减少该现象的出现，必须要制定出科学合理的措施，保证检验人员在进行标本提取以及标本保存过程中均按照医院规定的标准进行操作。除此之外还需要加强对检验人员进行技能的培训以及思想观念的培训，这样才能进一步提高标本的合格率。

## PU-2691

### 血浆 D-二聚体和大肠癌分期相关性的研究

刘蕊<sup>1</sup>,杨庆虹<sup>2</sup>,牛文彦<sup>1</sup>  
1.天津医科大学代谢病医院,300000  
2.天津市人民医院,300000

**目的** 探究血浆 D-二聚体水平与大肠癌分期的相关性，以为疾病的诊断与分期提供切实可靠的理论依据。

**方法** 选取大肠癌患者 121 例并按 Dukes 分期法将其划分为四组，选取 30 例同期体检的健康人员作为正常对照组，检测上述各组人员血浆 D-二聚体浓度，运用 F 检验的统计学方法进行多组间比较，运用 LSD-t 检验的统计学方法进行组间比较。

**结果** Dukes A 期、Dukes B 期、Dukes C 期、Dukes D 期大肠癌患者体内血浆 D-二聚体浓度依次为  $(0.50 \pm 0.21)$  mg/L、 $(0.93 \pm 0.36)$  mg/L、 $(1.05 \pm 0.38)$  mg/L、 $(2.04 \pm 0.38)$  mg/L；对照组人员血浆 D-二聚体浓度为  $(0.33 \pm 0.08)$  mg/L。大肠癌各组与正常对照组比较显示，Dukes B 期、Dukes C 期、Dukes D 期患者血浆 D-二聚体水平显著高于对照组 ( $P < 0.01$ )；大肠癌患者组间比较发现，除 Dukes B 期与 Dukes C 期两组不具备明显统计学差异外 ( $P > 0.05$ )，其余各组浓度比较均具备统计学差异 ( $P < 0.01$ )；与前三期相比，Dukes D 期患者体内该检测指标的浓度明显升高。

**结论** 血浆 D-二聚体含量与大肠癌的分期存在相关性，检测其含量可辅助对大肠癌进行分期。

## PU-2692

**Study of Serum GP73 combined with AFP heterogenous as a marker for the screening of Hepatocellular Carcinoma**

CHRISTIAN CEDRIC BONGOLO, SOURAKA TAPARA DRAMAN MAMAN, JIANCHENG TU

Department of Laboratory Medicine, Clinical Laboratory Medicine and Center for Gene Diagnosis, Zhongnan Hospital of Wuhan University, Wuhan

**Objective** Hepatocellular Carcinoma (HCC) has one of the highest mortality rate in the world. accounting for about 80% of liver cancer . Despite advances in the diagnosis of liver cancer, 40% of HCC patients have been diagnosed as advanced or metastatic disease, and therefore novel biomarkers are required for an effective diagnostic. Alpha-fetoprotein (AFP) has been used as a monitoring indicator of HCC, when most patients were diagnosed with advanced stage and clinical symptoms . However, the effectiveness of AFP as a diagnostic tool for small hepatocellular carcinoma is limited. It is well known that patients with active hepatitis or cirrhosis without HCC, has elevated levels of AFP which can reflect necrosis and regeneration of liver tissue, which is also the main reason for the low specificity of AFP diagnosis in high-risk population . Selection of two or more tumor markers can improve the sensitivity of detection to a certain extent without reducing specificity. Therefore, joint detection of multiple markers has become a hot topic in HCC research. Many research studies have confirmed that GP73 may play critical roles in numerous cancer development and progression. It is also involved in biological processes such as proliferation, differentiation, infiltration, and metastasis of HCC. In view of this, GP73 can provide us with minimally invasive and sensitive biomarkers for HCC screening and early diagnosis. The aim of this study is to measure the expression of Golgi protein 73 (GP73) combined with alpha-fetoprotein heterogenous in patients with low-concentration alpha-fetoprotein (AFP) hepatocellular carcinoma .

**Methods** quantitative real-time PCR (qRT-PCR) was performed to detect the expression of GP73 in 131 HCC patients with low concentration AFP hepatopathy . The types of liver diseases were divided into hepatitis group (n=38 cases), cirrhosis group (n= 45 cases) and hepatocellular carcinoma group (n=48 cases) Then, we analyzed and compared the expression of GP73 in 131 HCC patients and 85 healthy controls to explore its diagnostic value.

**Results** the serum levels of GP73 and AFP heterogenous were positive in patients with hepatocellular carcinoma. The diagnostic specificity, sensitivity and accuracy of combined detection of GP73 and AFP heterogenous in patients with hepatocellular carcinoma were significantly higher than those in hepatitis, cirrhosis and control groups ( $P < 0.05$ ). The accuracy of GP73 and AFP heterogenous was significantly higher compared to GP73 and AFP alone ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** In summary, our findings suggest GP73 combined with AFP heterogenous can be used to diagnose low concentration AFP hepatocellular carcinoma. The combined detection of the two markers has higher specificity, sensitivity and accuracy.

## PU-2693

**心力衰竭家兔肌浆网兰尼碱受体的变化**

张晓录, 黄葆华

烟台毓璜顶医院, 264000

**目的** 探讨家兔慢性心力衰竭(心衰)时心肌肌浆网兰尼碱受体(RyR2)表达和其释钙功能的改变。

**方法** 16只家兔随机分为2组, 假手术组、心衰组各8只, 通过超容量负荷联合压力负荷建立家兔心衰模型, 术后7周观察左心室结构、血流动力学的变化及 SERCA2 的表达和功能的改变。

**结果** 与假手术组比较, 心衰组左心室重量指数、左心室舒张末压显著升高( $P<0.05$ ), 左心室短轴缩短率及左室射血分数明显降低( $p<0.05$ ); 心衰组 RyR2 表达和其释钙功能显著低于假手术组( $P<0.05$ )。

**结论** RyR2 表达和其释钙功能降低可能是心力衰竭发生的机制之一。

PU-2694

## Glucose, PCSK9, Modified Lipoprotein Upregulates Scavenger Receptor Expression and Causes Atherosclerosis: A Case-Control Study

Fei Ding, Guixing Li

Department of Laboratory Medicine, West China Hospital, Sichuan University

**Objective Background:** Cardiovascular diseases based on atherosclerosis(AS) have always been the highest incidence and mortality of urban and rural residents in China, and they are also increased year by year. The traditional prevention and treatment measures based on lipid theory have not significant results. The objective of this study was to explore the levels of glucose, lipids, modified lipoprotein, HMG CoA reductase, proprotein convertase subtilisin/kexin type 9 (PCSK9) and scavenger receptors (CD36 and LOX-1) in patients with AS. Analyzed the factors that affect the formation of modified lipoprotein and the expression of PCSK9. To analyze the independent risk factors of the onset of AS and to explore the mechanism of the formation of foam cells. It is indicated that the lipid-lowering therapy needs to inhibit the expression of PCSK9 and reduce the formation of modified lipoprotein.

**Methods Methods:** According to inclusion and exclusion criteria, the AS group enrolled 200 patients and 200 cases were selected as the control group. Basic clinical information of patients was collected, coronary angiography results and the degree of coronary artery stenosis (Gensini scores). We collected fasting peripheral blood from patients and performed complete blood count, liver and kidney function, blood lipids and glucose in the Experimental Medicine Department of West China Hospital Sichuan University. The ox-HDL, ox-LDL, gly-HDL, gly-LDL, HMG CoA reductase and PCSK9 were determined by ELISA. We used flow cytometry to detect the CD36 and LOX-1 on the surface of monocytes. The concentration of the indexes in the two groups were compared. Correlation and regression analyses were performed as well.

**Results Results:** The baseline indexes in the AS group were poor. The levels of CHOL (3.99 vs 4.71 mmol/L) and HDL-C (1.04 vs 1.49 mmol/L) in the AS group were lower than those in the control group. The levels of FBG (7.61 vs 4.63 mmol/L), HbA1c (6.6 vs 5.5 %), PCSK9 (286.14 vs 185.22 ng/mL), the relative fluorescence intensity of CD36 (5447 vs 3377), ox-HDL (92.03 vs 42.41 ng/mL), ox-LDL (24.30 vs 12.63  $\mu$ g/mL), gly-HDL (11.70 vs 1.54 ng/mL), gly-LDL (37.30 vs 13.01 ng/mL) were significantly higher than those in the control group ( $P<0.05$ ). The remaining indexes were not statistically different between the two groups. Correlation analysis showed that the levels of modified lipoprotein were positively correlated with the levels of FBG and HbA1c; the levels of PCSK9 were positively correlated with the levels of modified lipoprotein and the Gensini score. Regression analysis showed that the independent risk factors for the onset of AS were the concentration of FBG, HbA1c, PCSK9 and CD36 relative fluorescence intensity.

**Conclusions Conclusion:** PCSK9 inhibits the LDL receptor (LDL-R) pathway by reducing the number of LDL-R, prolonging the presence of LDL in the blood. Hyperglycemia promotes the formation of modified lipoproteins which up-regulate the expression of scavenger receptors. They lead the formation of foam cells and promote the occurrence of AS. Hyperglycemia, PCSK9 and SRs CD36 are independent risk factors for the onset of AS.

## PU-2695

## 尿 NGAL 测定在肾移植后患者急性肾损伤中的变化及意义

姜洁纯

天津市第一中心医院,300000

**目的** 目前经过研究发现尿中中性粒细胞相关凝胶载脂蛋白 (NGAL) 可在肾脏发生微小损伤变化时其数值发生相应改变且数值变化大小和肾脏损伤程度呈正相关。因此近几年 NGAL 作为一种无创、快速且准确的生物学标志物一直备受临床关注。本研究评价了尿 NGAL 对肾移植手术后患者急性肾损伤早期诊断的意义及应用价值。

**方法** 这项研究纳入了 2016 年 12 月至 2019 年 3 月期间在天津第一中心医院移植科接受肾移植手术的患者。前瞻性收集这些患者术前及术后 2、4、6、8、12h、24h 的静脉血液及尿液标本。分别对采集标本进行尿 NGAL 及血肌酐 (scr) 的检测。根据患者的术后 scr 数值变化情况,将患者分为 AKI 组和非 AKI 组,用患者的 ROC 曲线评价描述尿 NGAL 对肾移植手术后患者急性肾损伤的早期诊断价值。

**结果** 1.54 例患者有 13 例发生急性肾损伤,发生率为 24%。

2.AKI 组 scrF 峰值出现在术后 12 小时。

3.AKI 组患者尿 NGAL 水平术后较术前有上升 ( $p<0.05$ ),在 2h 达到峰值。尿 NGAL 在术后 4、6、8、12h、24h 各时间点均保持较高水平。

4.术后 2h 尿 NGAL 诊断 AKI 的 ROC 曲线下面积为 0.904, 95%的可信区间为 0.869-0.974,与 0.5 相比,具有统计学意义。

**结论** 肾移植手术后急性肾损伤 scr 诊断较尿 NGAL 诊断滞后约 10h,术后 2h 尿液 NGAL 可指导临床判断是否发生急性肾损伤发生,将尿 NGAL 作为早期诊断肾移植手术后急性肾损伤的生物学标志物。

## PU-2696

## 浅论溃疡性结肠炎内镜下评分与临床及实验室炎症指标相关性

冀承杰

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 探讨患有溃疡性结肠炎的病人在光学仪器内镜下评分和临床、实验室炎症指标的联系紧密度。

**方法** 选取 50 位患有溃疡性结肠炎的患者作为研究对象,同时选取 50 位身体健康者与其进行对比,并为他们分别命名为 UC 组、对照组。从外周血炎症的各项指标以及临床活动性评分方面进行分析,之后将测得的指标信息结合内镜下评分,判断二者的关联程度。

**结果** 溃疡性结肠炎患者身体内的白细胞 (WBC)、血小板 (PLT)、C 反应蛋白 (CRP) 等要比正常者体内的相应指标更高一些,而血红蛋白 (Hb) 指标的比较结果则显示健康者的测量值更高 ( $P<0.05$ )。经过分析研究,内镜下评分与白细胞 (WBC) 含量、血沉 (ESR)、C 反应蛋白 (CRP) 含量有着密切的联系,且属于正相关;内镜下评分与清蛋白 (Alb) 也有着紧密的联系,但和白细胞等不同的是,他们二者之间是负相关的关系 ( $P<0.05$ )。内镜下评分与血小板、血红蛋白二者之间互不影响,不存在直接联系 ( $P>0.05$ )。

**结论** 诊断溃疡性结肠炎患者的病情是否有所好转,可以通过观察患者体内白细胞、血沉、C 反应蛋白、清蛋白的变化来得到结论。

## PU-2697

## 不同稀释液对胰岛素稀释测定的影响评估

李洪雷

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探讨采用不同基质稀释液及不同稀释倍数在胰岛素稀释检测时所引入的结果差异。

**方法** 收集北京协和医院 2017 年 8 月至 11 月内 19 例胰岛素水平为 200-300 mU/L 的高值血清样本, 采用 4 种不同基质的稀释液 (A:SIEMENS 配套稀释液、B:纯水、C:生理盐水、D:胰岛素低值血清) 对样本进行 3 种不同倍数 (1:2; 1:5; 1:10) 稀释, 比较检测结果的差异。

**结果** 采用原装稀释液稀释 2、5、10 倍稀释后检测值与原始数值无差异 ( $p=0.244$ ); 采用纯水、生理盐水及低值血清稀释 2、5、10 倍稀释后检测值与原始数值有统计学差异 ( $p<0.05$ )。A-D 4 种基质稀释液 3 种不同倍数 (1:2; 1:5; 1:10) 稀释后的回收率分别为 86.4%-104%, 73.2%-99.3%, 76.4%-101.3%及 84.2%-99.7%。

**结论** 血清胰岛素浓度大于检测线性范围上限 (300 mU/L) 时, 推荐采用生理盐水进行稀释并确定其最高稀释倍数为 5 倍, 临床可报告范围达到 0.5-1500 mU/L, 此范围可满足日常临床需求。

## PU-2698

## An Observational Study: Is N-Acetylcysteine helpful in performance improvement of Mycoplasma IST2 testing through sample homogenization?

xinru Mao<sup>1</sup>, Ruicheng Wang<sup>2</sup>, Cancan Cheng<sup>3</sup>, Xiaomao Yin<sup>4</sup>

1.Clinical Laboratory, Nanfang Hospital of Southern Medical University, Guangzhou, China

2.Clinical Laboratory, Zhongshan Guzhen People's Hospital, Zhongshan, China

3.Clinical Laboratory, Guangzhou Panyu Central Hospital, Guangzhou, China

4.Department of Blood Transfusion, The Fifth Affiliated Hospital of Southern Medical University, Guangzhou, China

**Objective** Culture is still the gold standard for the detection of genital mycoplasma which could cause urogenital infections in humans. Mycoplasma IST2 is a commercial kit widely used for the detection of *M. hominis* and *ureaplasma* species. Its accuracy was partially impaired because clinical specimens are usually mixed with purulent or transparent mucus. We aimed to solve this problem through sample homogenization by N-acetylcysteine (NAC) treatment.

**Methods** Eleven endocervical swab samples with purulent or transparent mucus were collected from 11 female patients with suspected mycoplasma infection. Mycoplasma IST2 testing kit was used for mycoplasma culture and AST for control group and NAC-treated group.

**Results** Genital mycoplasma was detected in 10 of 11 samples for both groups. The colony number in 6 out of 11 specimens (54.5%) was more than  $10^4$  CFU/ml of genital mycoplasma for NAC-treated group, while only one of 11 (9.1%) for control group. The results of antimicrobial susceptibility testing for NAC-treated group were highly similar to those for control group.

### Conclusions

Our results demonstrate that NAC is helpful in sample homogenization and NAC treatment can improve the diagnostic performance of Mycoplasma IST2 testing.

## PU-2699

**恶性肿瘤患者合并胆道感染的病原菌分布和耐药性分析**

张秀色

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 分析 2010-2017 年恶性肿瘤患者胆汁中分离病原菌的分布及耐药性,为临床合理应用抗生素提供帮助。

**方法** 细菌、真菌鉴定及细菌药敏试验均采用 Vitek2-Compact 系统,真菌药敏试验采用 ATB FUNGUS 试剂盒,采用 Whonet 5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 2010-2017 年 678 份胆汁培养阳性标本共分离出 80 种 1079 株病原菌。胆道感染患者主要分布于肝胆肿瘤科(223, 47.1%)、胰腺肿瘤科(103, 21.8%)、介入治疗科(73, 15.4%)、生物治疗科(22, 4.7%)和消化肿瘤内科(17, 3.6%)。革兰阴性菌、革兰阳性菌和酵母菌的构成比为 48.6%(524/1079)、44.5%(480/1079)、6.9%(75/1079)。革兰阳性菌对万古霉素、替加环素、利奈唑胺高度敏感。凝固酶阴性葡萄球菌(CNS)和金黄色葡萄球菌耐甲氧西林(MRCNS 和 MRSA)分别占 47.6%和 33.3%。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌产 ESBLs 率分别为 46%和 24.8%。革兰阴性菌对碳青霉烯类、阿米卡星及哌拉西林/他唑巴坦高度敏感。所有真菌对常用抗真菌药物的耐药率均较低。

**结论** 恶性肿瘤患者胆汁中分离的病原菌种类复杂,定期进行耐药性分析能够为临床合理使用抗生素提供帮助。

## PU-2700

**西藏阿里地区碘营养状态调查**

李洪雷

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 探究西藏阿里地区表观健康人群尿碘水平,以及尿碘与其他指标的相关性。

**方法** 横断面研究。2016 年 9 至 11 月随机整群抽取的西藏阿里地区日土县、葛尔县 509 名表观健康志愿者,对其中的 466 名志愿者同时检测尿碘以及尿生化。

**结果** 男性和女性尿碘水平差异无统计学意义,且各年龄组不同性别的尿碘水平的差异均无统计学意义。各年龄组间尿碘水平差异无统计学意义。阿里地区碘营养缺乏占 31.5%,碘营养充足占 59.0%,碘营养过剩占 9.5%。总人群尿碘的中位数为 141.6(83.7, 210.4) mg/L。尿碘水平与 FT3、FT4、TSH 的相关性均无统计学意义。

**结论** 西藏阿里地区碘营养状态存在一定程度缺乏。

## PU-2701

**胱抑素 C 计算肾小球滤过率联合  $\beta_2$  微球蛋白诊断  
糖尿病肾病的临床意义**

邢桂媛

天津市公安医院,300000

**目的** 探讨用胱抑素 C 计算肾小球滤过率联合  $\beta_2$  微球蛋白对诊断糖尿病肾病的临床意义。

**方法** 收集天津市公安医院 2018 年 3 月至 2019 年 5 月 80 例已诊断为 2 型糖尿病肾病病人(DN)的临床资料,按 Cockcroft t-Gault 方程计算的肾小球滤过率(CG-GFR)结果分为糖尿病肾病肾小球滤过

功能正常组 (B 组) {CG-GFR>90 ml / [min· ( 1. 73m<sup>2</sup> )]}和糖尿病肾病肾小球滤过功能异常组 (C 组) {CG-GFR<90 ml / [min· ( 1. 73m<sup>2</sup> )]}两组并选择 40 例健康体检者作为对照组 (A 组), 分别测定三组对象血清中胱抑素 C(Cys-C)、β<sub>2</sub> 微球蛋白 (β<sub>2</sub>-MG)、血肌酐 (Scr) 浓度并据胱抑素 C 计算 GFR (Cys-GFR), 比较各组结果。

**结果** B 组、C 组 β<sub>2</sub>-MG、Cys-C, Cys-GFR 水平明显高于对照组, 差异具统计学意义 (P<0.05), B 组的 Scr 水平与 A 组之间无差异 (P>0.05), 无统计学意义; eGFR-CysC, Cys-C, β<sub>2</sub>-MG, Scr 在 ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.922, 0.859, 0.778, 0.588, 其中 eGFR-CysC 面积最大, β<sub>2</sub>-MG 和 Cys-C 次之, Scr 最小, 差异有统计学意义 (P<0.05); B 组的 β<sub>2</sub>-MG 及 Cys-GFR 联合检测时阳性检出率高于单项检测的阳性检出率, 差异有统计学意义 (P<0.05)。

**结论** 结果: β<sub>2</sub>-MG、CysC 对 DN 早期诊断比 Scr 更敏感更可靠; eGFR-CysC 对 DN 的诊断效能比 Cys-C 高; 将 β<sub>2</sub>-MG 与 eGFR-CysC 联合检测在诊断糖尿病肾病早期阶段有较高的检出率, 在糖尿病肾病早期筛查和诊断方面有一定参考价值。

## PU-2702

# Functional analysis of potential negative Col10a1 regulator, Tbx5, identified by the transcription factor affinity prediction (TRAP) program

Huiqin Bian<sup>1</sup>, Longwei Qiao<sup>1,2</sup>, Ting Zhu<sup>1</sup>

1. Jiangsu University

2. Suzhou Hospital affiliated to Nanjing Medical University

**Objective** Hypertrophic chondrocyte and its specific marker, the type X collagen gene (COL10A1), are two critical components of late endochondral ossification during skeletal development. COL10A1 gene mutation and abnormal COL10A1 expression are frequently accompanied by abnormal chondrocyte hypertrophy in multiple skeletal disorders, suggesting that COL10A1 gene regulators are essential for chondrocyte hypertrophy during skeletal development and disease.

**Methods** Using the transcription factor (TF) affinity prediction (TRAP) program, we identified many additional TFs that show varied binding affinity with this enhancer. The function of these candidate Col10a1 regulators was investigated using primary and two chondrogenic cell models. Transient overexpression of Tbx5 and knocking-down of Tbx5 was conducted in MCT cells and we also generated a Tbx5-expressing ATDC5 stable cell line. We have also generated transgenic mouse lines in which Tbx-5 gene was driven by the hypertrophic chondrocyte-specific Col10a1 enhancer. Such that, we will be able to delineate the in vivo function of Tbx5 upon Col10a1 upregulation and chondrocyte hypertrophy.

**Results** We have shown that 12 TFs were significantly up-regulated, while 4 TFs (Lhx4, Tbx5, Mef2C, Hb9) down-regulated in hypertrophic MCT cells that show high level of Col10a1. The differential expression of candidate TFs, including Hoxa3, Isx, Evx2, Dlx5, Tbx5, Egr2, Mef2a, Hb9, Barhl2, Gklf4, Sox17, and Crx, was confirmed in ATDC5 cells and in primary chondrocytes. We have found that many of these TFs are important for chondrocyte hypertrophy and are associated with multiple skeletal disorders. Notably, Tbx5 was down-regulated upon Col10a1 upregulation. Transient overexpression of Tbx5 decreased Col10a1 expression, while knocking-down of Tbx5 leads to increased level of Col10a1 upon chondrocyte hypertrophy. Compared with controls, Tbx5 overexpression significantly decreased Col10a1 expression and a weaker alkaline phosphatase staining was observed in cells stably transfected with Tbx5.

**Conclusions** These data support that Tbx5 is a potential negative Col10a1 regulator. Intriguingly, Tbx5, as well as Gklf, Gli, and other TFs, shows similar Runx2 binding sites, suggesting a coordinate mechanism in controlling Col10a1 expression and may help to identify novel therapeutic targets for skeletal diseases that show abnormal chondrocyte hypertrophy.



## PU-2703

## Sysmex XN-9000 全自动血细胞分析流水线复检规则及 3R 规则在综合医院应用的评估

张如霖

上海市第一人民医院,200000

**目的** 建立本实验室的 Sysmex XN-9000 全自动血细胞分析流水线的复检规则及 3R 规则并进行验证评估,以提高工作质量和效率。

**方法** 依据国际血液学学会推荐的“41 条复检规则”和国内 XE-2100 血液分析仪复检标准制定协作组推荐的“23 条复检规则”及 XN-9000 的性能初步建立本实验室的复检规则及 3R 规则,在此规则指导下对 1032 例样本进行分析,统计涂片复检率,对此规则进行评估并不断优化,规则建立后,选择 500 例样本(主要为血液病和肿瘤化疗患者病例)进行验证,评价规则的可行性和有效性。

**结果** 初步建立了本实验室的 25 条血常规复检规则及 sysmex XN-9000 的 11 条 3R 规则,对评估检测结果进行统计分析,真阳性率 21.70% (224 例),假阳性 4.85% (50 例),真阴性 72.00% (743 例),假阴性 1.45% (15 例),无病理性细胞漏检。对验证检测结果进行统计分析,结果显示准确率为 93.70%;推片复检率为 18.99% (196 例),假阳性率 4.85% (50 例),假阴性 3.00% (15 例)。

**结论** 本复检规则下假阴性率为 3.00%,符合国际规定的标准(小于 5.00%),所建立的复检规则和 3R 规则有效地提高了检测效率,减少了漏检率、误检率,符合本实验室质量及工作效率的要求。

## PU-2704

## 心肌酶谱联合 CRP 在诊断手足口病中的价值

张旭,卢秀兰,蒲琴,王晶

四川绵阳四〇四医院

**目的** 对手足口病(hand-foot-and-mouth disease, HFMD)患儿进行流行病学分析以及心肌酶谱和 hs-CRP 结果的分析,为临床诊断及预防控制提供一定的帮助。

**方法** 用统计学方法对手足口病患儿的病原学检测结果进行分析,采用单因素方差分析比较 EV71 阳性,CA16 阳性及通用型阳性患儿的各个指标的差异,绘制 CK-MB、hs-CRP 诊断手足口病的 ROC 曲线。

**结果** EV71 阳性率为 8.26% (608/7365),CA16 的阳性率为 21.75% (1602/7365),通用型的阳性率为 84.53% (6226/7365)。EV71 阳性病例及 CVA16 阳性病例的 LDH-L、HBDH、CK-MB 与病毒阴性病例比较差异有统计学意义,均为不同程度的升高;GOT、CK 组间差异无统计学意义,无明显升高。CK-MB 诊断 EV71 与 CA16 阳性患儿曲线下面积均>0.7,但 hs-CRP 诊断 EV71 曲线下面积<0.7。

**结论** 手足口病患儿感染主要集中在春末夏初及秋季,CA16 感染较 EV71 多。LDH-L、HBDH、CK-MB 及 hs-CRP 可作为手足口病早期诊断的指标,且 hs-CRP 联合 CK-MB 诊断手足口病的效能较好。

## PU-2705

## 浅论肠炎宁胶囊与美沙拉嗪联合治疗溃疡性结肠炎临床效果

冀承杰

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 分析和研究肠炎宁胶囊与美沙拉嗪联合治疗溃疡性结肠炎临床效果。

**方法** 选择了我院在 2015 年至 2017 年期间进行治疗的溃疡性结肠炎患者 60 名作为此次研究的对象,对患者进行随机的分配,将研究对象分成两组,观察组与对照组,两组的人数相同,每一组分别采用不同的方法,其中一组主要运用的是传统的治疗模式,另一组是在传统的治疗模式的基础上,采用了优质的治疗模式,对患者实施肠炎宁胶囊的治疗,对他们的治疗过程以及结果进行记录,分析和比较两组患者的临床效果。

**结果** 通过对患者进行分析和研究表明,两组在治疗后,在传统治疗模式的基础上进行肠炎宁胶囊治疗的一组比进行传统治疗的一组的效果明显,前者患者的满意度,临床治疗效果高于后者,两组治疗之后的结果具有明显的差异,具有统计学意义。

**结论** 在对溃疡性结肠炎患者进行治疗时,不仅要运用传统的治疗模式,还要在此基础上,运用比较优质的治疗模式,对患者实施肠炎宁胶囊的治疗,从而提升他们对治疗的满意度,以及提升他们的生活质量,提升临床有效概率,通过研究表明,此次所研究方法值得进行推广和使用。

## PU-2706

## 供体 Rap1A rs494453 基因多态性与肝移植后肝癌复发风险的关系

张如霖

上海市第一人民医院,200000

**目的** 评估供者和受体 Rap1A rs494453 基因多态性与肝移植后肝细胞癌复发风险的相关性。

**方法** 对 2005 年 7 月至 2015 年 6 月接受治疗的 74 例肝细胞癌患者进行回顾性分析。我们在供者和受者中进行单核苷酸多态性 (Rap1A rs494453) 基因分析,并评估多态性与肿瘤复发风险之间的关联。

**结果** 供体 Rap1A rs494453 多态性与肝癌复发相关,多因素 Logistic 回归分析表明,米兰标准、微血管浸润和供体 Rap1A rs494453 基因型是肝癌复发的独立危险因素。Kaplan-Meier 生存曲线显示,携带供者 GG/AG 的患者的无复发生存率和总生存率明显低于 AA 患者。COX 比例风险回归模型表明,TNM 分期、米兰标准、微血管浸润和供体 Rap1A rs494453 基因型是影响肝移植患者临床转归的独立因素。

**结论** 供体 Rap1A rs494453 多态性与肝移植术后肝癌复发的危险性相关,对预测肝移植术后肝癌复发有潜在的临床价值。

## PU-2707

## 我国 4 大产地温石棉的可吸入纤维粉尘致 Wistar 大鼠肺损伤及 P53、P16

曾娅莉<sup>1</sup>, 崔琰<sup>3</sup>, 邹文蓉<sup>1</sup>, 马骥<sup>1</sup>, 霍婷婷<sup>2</sup>, 董发勤<sup>2</sup>, 张青碧<sup>3</sup>, 高洁<sup>1</sup>

1. 四川绵阳四〇四医院

2. 西南科技大学

3. 西南医科大学

**目的** 检测我国 4 大主矿区温石棉的可吸入纤维粉尘对 Wistar 大鼠肺组织有无损伤及肿瘤抑癌基因 p53 和 p16 的表达, 以揭示我国温石棉纤维粉尘的生物安全性。

**方法** 选取我国主要产地的 4 大矿区的温石棉, 制备成粒径小于 10 $\mu$ m 的可吸入粉尘, 采用非暴露式气管滴注法使粉尘染毒 Wistar 雄性大鼠, 分别于 1、3 及 6 m 时称重并处死, 迅速分离肺组织, 观察肺形态并称重, 计算肺脏系数。HE 染色法光学显微镜观察肺组织病理改变, RT-PCR 法测定 p53, p16 基因表达。

**结果** (1) 4 大矿区温石棉纤维粒度基本小于 10  $\mu$ m, 符合可吸入粉尘标准, 研磨后粉尘的结构和活性基团无破坏。(2) 染毒组 Wistar 大鼠的体重明显减轻, 肺重量显著增加, 肺脏系数变大, 具有统计学意义( $P<0.05$ )。(3) 染毒组 Wistar 大鼠肺组织均发生严重病理改变, 出现不同程度的充血、水肿、炎性细胞浸润和少量纤维增生。(4) Wistar 大鼠染毒 1m, 除芒崖组肺 P53 和 P16 基因降低外, 其余各组不同程度的升高, 染毒 6 m 各粉尘组肺 P53 与 P16 基因表达均显著性降低, 与对照组比较具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 我国 4 大矿区温石棉可吸入性纤维粉尘均不同程度和方式损伤 Wistar 大鼠肺组织; 随着染毒时间延长, Wistar 大鼠肺抑癌基因 P53 与 P16 的表达显著降低, 推测我国 4 大矿区温石棉的可吸入纤维粉尘具有致肺癌的风险。

## PU-2708

## 初步探究非抗凝剂引起的血小板假性减少的原因及机制

俞萍丽

福建医科大学附属协和医院, 350000

**目的** 初步探究非抗凝剂依赖的血小板聚集原因及机制

**方法** 对 2018 年 1 月-2019 年 4 月收集的, 在 EDTA、枸橼酸抗凝以及末梢采血都发生血小板假性减少, 镜下可见聚集的 12 份标本, 收集同一时间检测的其血浆中的总蛋白 TB、白蛋白 ALB、球蛋白 GLB、白球比 A/G、免疫固定电泳以及凝血四项 (PT、APTT、FIB、TT) 的资料; 检测血浆中血小板聚集过程释放的血栓素 B2(TXB2) 的浓度; 通过流式细胞术检测患者血小板活化指标 CD62p、PAC-1; 分离患者血浆与正常 O 型血血小板孵育, 显微镜下观察血小板聚集情况, 并通过流式细胞术检测血小板活化指标 CD62p、PAC-1。

**结果** 患者血浆中的 ALB、A/G、TXB2 含量与正常人比较具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 患者血清免疫固定电泳阳性 12 例有 5 例为阳性, 阳性病例中以 IgM 阳性为主; 患者抗凝血血小板被明显活化, CD62p 平均阳性率为 13.87%, 与对照组相比明显增高 ( $P<0.05$ ); 将患者血浆与正常人 O 型血血小板孵育发生血小板聚集, 且血小板活化指标 CD62p 明显增高 (17.1%) ( $P<0.05$ )。

**结论** 非抗凝剂依赖的血小板聚集可能与血浆中增高的两种球蛋白具有一定的相关性, 而聚集机制可能为血小板受刺激后, 生成血栓烷 A2, 活化 CD62P, 从而促进血小板聚集。

## PU-2709

## Primary plasma cell leukaemia with “Spindle-shaped” morphology

Juan Zhang, Mingyong Li, Yuan He

clinical laboratory of sichuan academy of medical science & & & sichuan provincial people's hospital

**Objective** To report a strange case of plasma cell leukaemia with “Spindle-shaped” morphology which has not yet been reported .

**Methods** Magnetic resonance imaging showed no obvious abnormality. The complete blood count and peripheral blood smears , Biochemical investigations ,Coagulation tests results, Humoral immunity, flow cytometry, Carbohydrate antigens, 43 leukaemia-related fusion genes and karyotyping analysis were made.

**Results** Magnetic resonance imaging showed no obvious abnormality. The complete blood count showed hemoglobin 71g/L, RBC  $2.32 \times 10^{12}/L$ , leukocytes  $34.96 \times 10^9/L$ , neutrophils  $8.041 \times 10^9/L$  and platelets  $32 \times 10^9/L$ . Peripheral blood smears revealed medium-to-large atypical lymphoid cells (32%) with spindle morphology. Biochemical investigations showed increased creatinine  $221.9 \mu\text{mol}/L$ , uric acid(UA)  $1098 \mu\text{mol}/L$ , LDH 2989 U/L, normal serum calcium  $2.25 \text{ mmol}/L$ . Coagulation test results revealed decreased fibrinogen  $0.81 \text{ g}/L$ . Humoral immunity: IgG  $6.32 \text{ g}/L$ (7.0-16.0), IgA  $0.34 \text{ g}/L$ (0.7-4.0), IgM  $0.196 \text{ g}/L$ (0.4-2.8), complement C3c  $0.866 \text{ g}/L$ (0.9-1.8), C4  $0.746 \text{ g}/L$ (0.1-0.4),  $\kappa$  light chains  $0.76 \text{ g}/L$ (1.7-3.7),  $\lambda$  light chains  $1.33 \text{ g}/L$ (0.9-2.1),  $\kappa/\lambda$  0.57. Immunofixation electrophoresis showed a trace amount of IgG- $\lambda$  M protein. On flow cytometry, the side scatter/CD45 gated cell cluster lacked expression of CD19, CD20, CD10, or CD117 but expressed CD38, CD138 and CD56 (partly expressed) and  $\lambda$  light-chain restriction (Fig.1B). The results of karyotyping analysis showed super complex karyotypes of multiple chromosomal aberrations ( $40>41, XX, add(1)(p13), add(3)(q25), add(3)(q29), -4, der(4;15)(q10;q10), inv(7)(p15p22), add(8)(q24), add(9)(q34), add(9)(q34), ?del(10)(p13), -13, add(13)(q34), -14, add(15)(p11), add(17)(p11), add(18)(p11), add(19)(q13), -22[cp20]$ ). Carbohydrate antigen125 (CA125)  $>1000 \text{ U}/\text{mL}$  (normal range  $<35$ ), ferritin  $291.45 \text{ ng}/\text{mL}$  (normal range  $<204$ ), Cytokeratin19 (CYFRA21-1)  $6.92 \text{ ng}/\text{mL}$  (normal range  $<2.08$ ). Screening for 43 leukaemia-related fusion genes showed negative expression. A bone marrow aspiration revealed plasma cell clones accounted for 86.5% of total nucleated cells, most of which showed “Spindle-shaped” morphology (Fig.1A). Based on the clinical, biochemical, and radiologic parameters, and combined with the morphology and flow cytometry findings, a diagnosis of primary plasma cell leukaemia (PCL) was made.

**Conclusions** The present case highlights the importance of recognizing rare plasma cell variants, as well as the continuing value of morphological evaluation. The clinical significance or the cause of this morphologic change is not well characterized in current literature.

## PU-2710

## 梭菌毒素蛋白表达与艰难梭菌感染分级的相关性研究

王艺霏

四川绵阳四〇四医院

**目的** 探讨梭菌毒素蛋白表达与艰难梭菌感染（CDI）分级的相关性。

**方法** 选取 2017 年 3 月到 2018 年 10 月我院采集的 260 份腹泻便样本，通过 Techlab Cdiff Quik Check Complete 试剂盒与艰难梭菌毒素基因试剂盒对艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原（GDH）、艰

难梭菌毒素蛋白与艰难梭菌毒素基因进行检测,观察艰难梭菌毒素蛋白阳性与阴性患者的 CDI 严重程度分级情况、艰难梭菌毒素蛋白阳性与阴性患者指标情况及艰难梭菌 GDH 检测结果。

**结果** 艰难梭菌毒素蛋白阳性与阴性患者的 CDI 分级及患者的各指标差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 梭菌毒素蛋白表达可为判断 CDI 等级提供较为可靠的数据保障。

## PU-2711

### 革兰阴性杆菌与真菌感染患者血小板参数变化的对比分析

姜波

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨革兰阴性杆菌、真菌感染对血小板的影响,为临床感染性疾病诊断、病情评估、预防治疗提供试验依据。

**方法** 收集 2018 年 1 月-2018 年 12 月昆明医科大学第一附属医院革兰阴性杆菌感染患者 30 例、真菌感染患者 30 例的病例资料;另选择同期健康体检者 60 例病历资料为对照组,比较血小板参数,包括血小板数量、血小板平均体积 (MPV)、血小板压积 (PCT)、血小板体积分布宽度(PDW)四项的变化,从而探讨革兰阴性杆菌、真菌感染对血小板的影响。

**结果** 试验组患者均出现血小板数量减低、MPV 增大、PCT 减低、PDW 增大,与对照组比较,差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ),比较革兰阴性杆菌、真菌感染患者血小板数量、PCT、MPV、PDW 的变化具有统计学差异( $P<0.05$ ),革兰阴性杆菌感染患者变化尤为明显;各试验组血小板数目与 MPV 均呈显著负相关,且相关系数均有降低,其中革兰阴性杆菌下降最明显。

**结论** 革兰阴性杆菌、真菌感染会造成血小板数量减低、MPV 增大、PCT 减低、PDW 增大,且革兰阴性杆菌感染患者变化较明显。血小板计数简便易操作,能较正确、敏感地反映出感染状态,可借助血小板计数及相关参数检测为临床感染性疾病的诊断及鉴别诊断提供有效参数。

## PU-2712

### 中草药抑制白色念珠菌机制的研究进展

魏莲花,李可可

甘肃省人民医院,730000

近几年随着免疫抑制剂、广谱抗生素、甾体类激素等药物的广泛应用,临床上由白色念珠菌引起一系列的 systemic 感染和药物的耐药问题也越来越突出。中医在中药材用于治疗真菌感染方面有着丰富的经验。现今越来越多的中国学者将视线转移到中医医药理论经典和中药资源,现对四味有清热解毒功效中草药的复方、单味及其活性成分抗白念珠菌作用机制进行综述

## PU-2713

## Circulating insulin-like growth factors and colorectal cancer A mendelian randomization study

Yang Li,Rui Liu  
Tianjin union medical center

**Objective** To examine whether genetically predicted variation in circulating insulin like growth factor 1 is associated with risk of colorectal cancer, using a Mendelian randomization study design.

**Methods** We conducted a Mendelian randomization (MR) study (figure 1)(1) using a one-sample design: we have identified gene variants that affect the level of circulating IGF-1 by previous extensive reports, first(2-4). In a case-control study, we examined the association between serum circulating IGF-1 levels and gene variants (i.e., rs35767, rs5742612 and rs2288377), which are located at transcription promoter region and assessed genotype-outcome associations for each identified genetic variant.

**Results** In the present study, it has showed that the variant rs35767 in the IGF-1 promoter region increased IGF-1 concentration levels by 8.22mmol/L per risk allele (T) (p-trend=0.031). Mendelian randomization analysis demonstrated that the risk of colorectal cancer increased by 4.27% for each additional t allele at rs35767.

**Conclusions** Patients with high IGF-1 levels were at increased risk for colorectal cancer. The three SNPs (i.e., rs35767, rs5742612 and rs2288377), which were strongly associated with serum IGF-1 levels in healthy individuals, holds a strong predictive power for risk of CRC. These findings were compatible with the hypothesis that the link between IGF-1 and the risk of CRC was causal.

## PU-2714

## 血清中 IGFBP7 预测肺腺癌患者淋巴转移的临床研究

陈冲  
天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 寻找预测肺腺癌患者是否存在淋巴转移的血清肿瘤标志物,并探讨 IGFBP7 预测肺腺癌淋巴转移的诊断价值。

**方法** 应用 ELISA 法检测收集的 30 例原位肺腺癌患者、30 例肺腺癌转移患者和 30 例炎性假瘤患者标本的外周血中 IGFBP7 的含量,同时检测常规肺癌肿瘤标志物-CEA 和 CYFRA21-1、纤溶血浆标志物 D-二聚体和炎症相关血清标志物-NLR、PLR 和 CRP/ALB 比值等实验室指标,并对实验数据进行统计学分析。

**结果** 肺腺癌转移组的 IGFBP7 含量 ( $7104.31 \pm 2309.97$  ng/L) 明显高于原位肺腺癌组 ( $4678.79 \pm 668.81$  ng/L) ( $P < 0.001$ ),同时转移组的 D-二聚体含量 ( $3207.42 \pm 2061.85$  ng/mL) 明显高于原位肺腺癌组 ( $1895.29 \pm 1813.25$  ng/mL),而 CEA、CYFRA21-1、NLR、PLR 和 CRP/ALB 比值均没有统计学差异;同时发现肺癌患者血清 IGFBP7 表达量与性别、年龄、NLR、PLR、CRP/ALB、CEA 和 CYFRA211 均没有相关性,仅有病理分期和淋巴结转移情况密切相关 ( $P < 0.001$ )。利用 ROC 曲线分析得出,IGFBP7 的曲线下面积是 0.901 明显高于其他实验室指标 ( $P < 0.05$ ),血清中 IGFBP7 预测肺腺癌患者淋巴转移有良好的诊断正确度,同时发现 IGFBP7 的 cut-off 值为 5181.7ng/mL,即血清 IGFBP7 高于 5181.7ng/mL 预测为肺腺癌存在淋巴转移。

**结论** 血清中 IGFBP7 表达量能够预测肺腺癌是否发生淋巴转移,可以作为预测肺腺癌是否发生淋巴转移的肿瘤标志物。

## PU-2715

## 金黄色葡萄球菌表面蛋白表达基因 *ebh* 分子流行特征及致病性研究

李可可

甘肃省人民医院,730000

**目的** 了解金黄色葡萄球菌 *ebh* 基因兰州地区分离株中的分布,同时探究其对细菌耐药性、生物膜、致病性及与克隆株播散中关系。为进一步研究该表面蛋白提供有价值的研究数据及信息。

**方法** 收集甘肃省人民医院 2016 年 12 月-2017 年 7 月各类临床标本分离出的金黄色葡萄球菌,随机筛选 84 株菌株,采用纸片扩散法(K-B 法)测定菌株的药物敏感性,用 PCR 对其 *mecA* 基因进行检测。筛选出的 48 株临床分离株及 12 株健康人群分离株的 *ebh* 基因进行 PCR 扩增,将阳性扩增产物测序与在线数据库进行比对;使用刚果红培养基分析在对金黄色葡萄球菌生物膜生成进行检测;检测不同菌株在人血清中凝聚率的变化。应用 MALDI-TOF MS 飞行质谱仪对 *ebh* 阳性株及阴性株的主要蛋白特征进行建树,确定菌株的流行情况及之间的亲缘关系。

**结果** 临床分离的 84 株金黄色葡萄球菌药敏结果显示,所有菌株对大部分抗菌药物都存在不同程度的耐药。药敏纸片法初步筛选出对头孢西丁耐药的菌株 39 株,表型法判定为 MRSA 的检出率为 46.4%。

利用 PCR 对 84 株菌株的 *mecA* 基因进行检测,结果显示 *mecA* 基因阳性率为 53.6%(45/84);选经 PCR 鉴定的 MRSA 株及 MSSA 株各 24 株,检出 *ebh* 阳性检出率为 39.6%(19/48),其中 MRSA 株中,阳性率为 45.8%(11/24);MSSA 株中阳性率为 33.3%(8/24)。MRSA 和 MSSA 阳性携带率无显著性差异( $P>0.05$ )。

分别对 *ebh* 基因阳性 MRSA 株及 *ebh* 基因阴性株进行刚果红培养基培养进行产生物膜的筛选,其中 19 株 *ebh* 基因阳性株产生物膜株数为 17 株,11 株 *ebh* 基因阴性株产生物膜株数为 4 株。

人血浆凝集实验表明 *ebh* 阳性菌株较阴性菌株能更好的在人血浆中产生聚集,从而产生更强的致病性。

对 *ebh* 阳性株及阴性株利用 MALDI-TOF MS 进行生物学分型表明,*ebh* 阳性株之间有较好的亲缘型。

**结论** 1.金黄色葡萄球菌 *ebh* 基因产物可能是其毒力因子之一,但在其在 MRSA 与 MSSA 中携带率无统计学差异。

2.*ebh* 基因可能与生物膜的产生的关系尚无法确定。

3.*ebh* 基因可能在人血流感染中发挥重要作用。

4.MALDI-TOF MS 飞行质谱仪进行生物学分型揭示兰州地区金黄色葡萄球菌变化规律,为进一步研究甘肃省金葡分离株的进化规律提供了有效数据和基础信息。

## PU-2716

## 圣乔治教堂诺卡氏菌引起肺部感染 1 例

张星,曾祺,韩宏艳,邓昆

重庆医科大学附属第三医院

**目的** 诺卡菌为临床少见病原菌,能引起免疫功能低下者感染,如化脓性肺部感染。诺卡菌实验室检出困难,因为痰涂片革兰染色片厚菌易被覆盖,染液冲洗不彻底留下的染液渣子干扰菌的观察;痰培养中受呼吸道其它优势菌生长的掩盖。为了提高对这一少见菌致肺部感染的认识,增加诺卡菌的检出率,现将本院 1 例原发性肺部感染圣乔治教堂诺卡氏菌病例进行分析报道。

**方法** 患者，男，65岁，反复在受凉后出现咳嗽、咳痰、气促，入我院治疗。临床送痰涂片及痰培养检查。痰涂片检查采用革兰染色和弱抗酸染色；痰培养检查接种于哥伦比亚血琼脂培养基、麦康凯琼脂培养基及嗜血杆菌巧克力琼脂选择培养基，35℃培养。对分离出的菌进行生化鉴定及飞行时间质谱(Clin-ToF-II)鉴定。

**结果** 痰涂片检查革兰染色见革兰阳性杆菌，粗细长短不一，着色不均成虚线样的菌体(图1)。弱抗酸染色找到抗酸阳性的菌体(图2)。血平板35℃培养72h见表面干燥有皱褶样凸起菌落生长(图3)。由于菌落在生理盐水中难以研磨开，使得VITEK 2 Compact系统鉴定失败。质谱鉴定结果为圣乔治教堂诺卡氏菌，置信度为29(≥25)，结果可信(图4)。临床予以泰能、利奈唑胺等抗感染治疗及其它对症治疗后，患者炎性指标下降，病灶吸收，患者病情好转，巩固治疗后出院。

**结论** 实验室检出困难的诺卡菌可引起免疫功能低下者感染，检验科工作人员认真的工作与带教态度对降低临床不常见细菌感染的漏诊有着重要的意义。对于少见菌的鉴定应结合多种方法共同分析。

## PU-2717

### 应用微球检测技术分析外周血 FAM19A5 蛋白含量

郑璨<sup>1</sup>,陈迪新<sup>2</sup>,黄诗扬<sup>3</sup>,李莉<sup>1</sup>,王应<sup>3</sup>

1.上海市第一人民医院,200000

2.广州医药研究总院有限公司药物非临床评价研究中心

3.北京大学医学部免疫系基因中心

**目的** 外周血中 FAM19A5 蛋白的含量与心脑血管疾病和肥胖密切相关，然而现有检测技术无法完成对其浓度的测定。本研究旨在设计，构建并开发新的微球检测技术，实现对外周血中 FAM19A5 蛋白浓度的测定，并探讨微球检测技术在微量蛋白检测中的临床应用价值。

**方法** 按照 Latex 微球蛋白包被技术将 FAM19A5 兔多抗包被于载体微球，并加入等体积 10% BSA 混匀后室温封闭 30 分钟备用。选择 20 例正常人外周血标本，离心后将待测血清样本稀释 2000 倍，每管 50 μl。标准品为纯化定量后的 FAM19A5 重组蛋白，用 5% BSA 的 PBS 稀释液倍比稀释，浓度为 0-64000 ng/ml。向待测血清样本和标准品中加入预处理的微球，每管 2 μl，混合均匀后室温振荡 2 小时，3000 g，5 分钟离心后弃上清。用 50 μl 的检测抗体稀释液（山羊抗 FAM19A5 多克隆抗体：0.5 mg/ml，1: 250 稀释至 5% BSA 的 PBS 溶液）重悬微球，室温缓慢振荡 1 小时，3000 g，5 分钟离心后弃上清。用 50 μl 的荧光二抗（PE 标记的抗山羊 IgG 抗体，1/1000 稀释至 PBS 溶液）重悬微球，避光孵育 30 分钟，3000 g，5 分钟离心后弃上清。300 μl 的 PBS 溶液重悬微球。使用 FACSVerse 流式细胞仪检测，通过 Median 以及标准品的浓度拟合标准曲线，通过标准曲线计算待测血清的 FAM19A5 蛋白浓度。

**结果** 本研究成功构建了微球检测系统，检测下限达 10 pg/ml，并首次检测到正常人外周血中 FAM19A5 蛋白的浓度，约为 60 ng/ml。

**结论** 微球检测技术可用于临床检测外周血 FAM19A5 蛋白，并为其他微量蛋白检测提供新的技术思路，具有重要应用价值。



## PU-2718

## 国产全自动血培养系统及配套血培养瓶性能评估

张戈,徐英春,肖盟  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 通过与美国 BD BACTEC FX200 全自动血培养系统的比较,对国产 LABSTAR 全自动血培养系统进行性能评估。

**方法** 两种血培养系统分别使用标准菌株模拟样本和临床样本,分别对需氧瓶和厌氧瓶进行评估。将标准菌株和疑似血流感染的临床样本按要求分别注入两种产品配套血培养瓶内进行培养,对比评估国产 LABSTAR 与对照产品结果的一致率,及阳性结果报警的时间差异。

**结果** 模拟样本评估结果:需氧瓶组评估 23 例模拟样本,两个血培养系统全部报阳,阳性报警时间无统计学差异。厌氧瓶组评估 14 例模拟样本,同时报阳的 11 例报警有统计学差异。临床样本评估结果:需氧瓶组 531 例,25 例报阳结果相同,报警时间有统计学差异,培养结果总体一致率为 96.4 % ;厌氧瓶组 361 例,8 例报阳结果相同,报警时间有统计学差异,培养结果总体一致率为 95.8%。

**结论** 国产 LABSTAR 全自动血培养系统与对照美国 BD BACTEC FX200 全自动血培养系统培养结果一致率高,但阳性结果报警时间偏长。

## PU-2719

## The effect of overexpression of PRL-3 induced-changes in Stathmin and its phosphorylation on biological activity of K562 and U937 cells

Yao Tang<sup>1</sup>,Jinyuan Zheng<sup>1</sup>,Yanfeng Lin<sup>1</sup>,Yan Xue<sup>1</sup>,Wei Wu<sup>2</sup>,Donghong Lin<sup>1</sup>,Jianping Xu<sup>1</sup>  
1.Fujian Medical University  
2.Quanzhou Medical College

**Objective** The aim of the present study is to investigate the effects of lentivirus mediated-PRL-3 overexpression on biological properties of U937 and K562 leukemia cells and to explore its molecular mechanisms.

**Methods** In this study, western blot was used to assess the expression level of PRL-3 and Stathmin in six AML cell lines ( Kasumi-1, HL-60, NB4, U937, K562 and K562/G01) . Then we selected U937 and K562 cells to construct the recombined lentivirus vector targeting PRL-3 gene overexpression. We used puromycin to select stable transfection cell lines, and identified the interference effects by qPCR and Western blot. We detected the mRNA and protein expression of PRL-3 and Stathmin in K562 and U937 cells after PRL-3 overexpression. Cell viability was measured by MTS assay, colony formation assay was performed, cell cycle and apoptosis were measured by FCM, migration and invasion capacity was performed by transwell assay. Western blot was used to detect the changes of Stathmin phosphorylation, the STATs signaling and MMP2 and MMP9.

**Results** The PRL-3 overexpressing lentiviral vector was successfully constructed and identified. Stable green fluorescence was observed after transfection for 48 hours of U937 and K562 cells, and then stable expression cell lines were Screened by puromycin. There was positive correlation between PRL-3 and Stathmin. The expression of Stathmin increased with the overexpression of PRL-3 in U937 and K562 cells. We found that it promoted cell growth and colony formation, increased the proportion of cells in the S phase and the capability of cell migration and invasion, meanwhile the total apoptotic ratio was decreased in U937 cell. There was no similar phenomenon observed in K562 cell. Moreover, the phosphorylation level of Stathmin Ser16, 25, 38, 63 was reduced, the phosphorylation level of STAT3 and STAT5 and the protein levels of

MMP2 and MMP9 were up-regulated in U937 cell. But only Stathmin Ser25 phosphorylation protein expression was down-regulated in K562 cell, MMP2 and MMP9 were up-regulated while STAT3, STAT5 phosphorylation were no significant change.

**Conclusions** After overexpression of PRL-3, the expression of Stathmin could be up-regulated. The dephosphorylation of Stathmin protein led to its aberrant activation in acute myeloid leukemia (AML) cells. Then it could feedback activation of STAT3 signaling pathway, which increased cell proliferation and decreased cell apoptosis. increased cell migration and invasion ability in vitro. This points to a role of PRL-3 in the progression of AML, and PRL-3 could be a possible new treatment target.

## PU-2720

### Correlation analysis of Lp-PLA2, HCY, HsCRP and biochemical parameters in patients with ischemic stroke

Shuang Wang<sup>1</sup>, Yuan Han<sup>2</sup>, Chao Huang<sup>2</sup>, Xu Li<sup>2</sup>, Xingyang Wang<sup>2</sup>, Yi Liu<sup>2</sup>, Biao Zhang<sup>2</sup>, Wenyan Niu<sup>1</sup>

1. Metabolic Disease Hospital of Tianjin Medical University

2. Tianjin Huanhu Hospital

**Objective** To investigate the levels of serum lipoprotein-associated phospholipase A2 (Lp-PLA2), homocysteine (HCY), high sensitive C reactive protein (hsCRP) and biochemical parameters in acute ischemic stroke and to explore the correlation among them.

**Methods** From October 2015 to May 2016, 240 patients with acute ischemic stroke diagnosed by CT / MRI were enrolled from Tianjin Huanhu Hospital. First, we compared the serum levels of Lp-PLA2, HCY, hsCRP and biochemical parameters between normal control group and acute ischemic stroke group. Then, 240 patients were divided into four groups according to the quartile of Lp-PLA2 levels. Differences of clinical and biochemical parameters among four groups were compared and correlation and ordinal logistic regression analysis were performed to identify the risk factors correlation with Lp-PLA2.

**Results** Serum levels of Lp-PLA2, HCY, hsCRP, Glu, CHO and LDL significantly increased in acute ischemic stroke patients compared with normal control group, while HDL significantly decreased. Based on the quartile of Lp-PLA2 levels, there were significant differences in age, HCY, hsCRP, Glu, TG, CHO, LDL and FIB among four groups ( $P < 0.05$ ). There were significant correlation between Lp-PLA2 and HCY, hsCRP, Glu, CHO, LDL as well as FIB ( $P < 0.05$ ). Moreover, ordinal logistic regression results showed that there were independent correlation between Lp-PLA2 and Glu, hsCRP as well as LDL in patients with ischemic stroke ( $P < 0.05$ ) with the OR value were 1.07, 1.14 and 2.60, respectively.

**Conclusions** Serum Lp-PLA2 in patients with ischemic stroke was independent correlation to the stroke risk factors of Glu, hsCRP and LDL, respectively. And, the effects of Glu, hsCRP and LDL should be taken into account during the acute ischemic stroke treatment with Lp-PLA2 as targets.

## PU-2721

### 2017-2018 年四川凉山彝族自治州第二人民医院 HIV 检测结果分析

王瑾

四川省人民医院, 610000

**目的** 根据四川省凉山彝族自治州第二人民医院检验科检测艾滋病病毒的初筛确诊结果分析凉山州艾滋病感染人群特点。

**方法** 酶联免疫初筛阳性标本送疾控中心确诊实验

**结果** 2017 年 1 月-2018 年 12 月期间, 全院累计报告 HIV 初筛阳性 1083 例。男性占 60.48%, 彝族占 90.30%。HIV 确诊实验阳性 831 例, 男性占 60.77%, 彝族占 90.01%, 大学以下文化程度比例 95.67%。

**结论** 无论是初筛实验还是确诊实验, 男性比例均高于女性, 且彝族比例最高, 文化程度低, 未来我省对凉山州艾滋病防治工作还不能懈怠, 应注意宣传资料方式方法改变。

## PU-2722

### Ubiquitin specific peptidase 5 promotes ovarian cancer cell proliferation through deubiquitinating HDAC2

Jun Wu  
Shanghai General Hospital

**Objective** To study the expression and oncogenic roles of ubiquitin specific peptidase 5 (USP5) in ovarian cancer.

**Methods** Bioinformatic analysis, cell culture, Immunohistochemistry staining, Western blotting

**Results** In the current study, we demonstrated that USP5 expression was up-regulated in ovarian cancer specimens and cell lines compared with noncancerous specimens and normal cell line, respectively. USP5 overexpression was positively correlated with tumor size, tumor stage and poor prognosis of patients with ovarian cancer. Disruption of USP5 profoundly repressed cell proliferation by inducing cell cycle G0/G1 phase arrest in two ovarian cancer cell lines with relative high levels of USP5 (OVCAR3 and CAOV3). In addition, USP5 knockdown inhibited xenograft growth in nude mice. Knockdown of USP5 obviously decreased HDAC2 (histone deacetylase 2) expression and increased p27 (an important cell cycle inhibitor) expression in vitro and in vivo. The effect of USP5 overexpression on cell proliferation, cell cycle transition and p27 expression was mediated by HDAC2. Moreover, USP5 interacted with HDAC2, and disruption of USP5 enhanced the ubiquitination of HDAC2. A positive correlation between the protein expression of USP5 and HDAC2 protein was observed in ovarian cancer tissues.

**Conclusions** In summary, our data suggest the oncogenic function of USP5 and the potential regulatory mechanisms in ovarian carcinogenesis.

## PU-2723

### 血清补体 C1q 肿瘤坏死因子相关蛋白在系统性红斑狼疮患者中的表达及临床意义

王心怡  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 补体 C1q 肿瘤坏死因子相关蛋白 (Complement-C1q/tumor necrosis factor-related proteins, CTRPs) 家族是新近发现的一类脂肪因子。CTRP 家族参与调解能量代谢、免疫反应等多种生理病理过程, 目前在系统性红斑狼疮 (SLE) 中未见相关研究。本研究的目的是探讨 CTRP 家族成员 (CTRP1, CTRP3 和 CTRP9) 在 SLE 患者血清中的表达及其临床意义。

**方法** 本研究收集 SLE 患者 60 例为实验组, 同时按年龄, 性别匹配正常对照组 60 例。查阅病志统计 SLE 患者的红斑狼疮相关指标 (C3, C4, CRP, IgG, 24 小时尿蛋白定量), 系统性红斑狼疮活动度评分 (SLEDAI)。ELISA 方法检测血清中 CTRP1、CTRP3 以及 CTRP9 表达水平, 分析其与 SLE 活动指标的相关性。

**结果** CTRP1 和 CTRP3 在 SLE 患者血清中的表达显著高于正常对照组 ( $p<0.05$ )，而 CTRP9 的表达水平在两组之间无明显的统计学差异 ( $p>0.05$ )。在 SLE 患者中，CTRP1 水平与 CRP 和 IgG 的水平呈正相关，而与 C3、C4 呈负相关 ( $p<0.05$ )。CTRP1 和 CTRP3 与 SLEDAI 呈正相关 ( $p<0.05$ )。表明 CTRP1 和 CTRP3 与疾病的活动度呈正相关。CTRP1 和 CTRP3 与 24 小时尿蛋白定量水平呈正相关 ( $p<0.05$ )，表明 CTRP1 和 CTRP3 与疾病的肾损害程度呈正相关。

**结论** CTRP1 和 CTRP3 在 SLE 患者血清中表达升高，提示其参与了 SLE 的发生发展过程。CTRP1 及 CTRP3 表达与狼疮活动度及肾损害程度呈正相关，表明其在疾病免疫调节和炎症反应中起到关键作用。CTRP 可能是 SLE 发病的潜在靶点，同时测定血清 CTRP 水平可以评估疾病的发展程度。

## PU-2724

### IL-35 在乳腺肿瘤组织中的表达及其临床意义

郝胜男,陈茜,刘佳,赵汇,袁超,任含笑,毛海婷  
山东大学第二医院,250000

**目的** IL-35 (Interleukin-35) 是近年来新发现的免疫抑制细胞因子，属于 IL-12 细胞因子家族，由 EB13 (Epstein-Barr virus-induced gene3) 和 p35 两个亚基组成，主要由 Tregs 和 Bregs (regulatory B cells) 表达和分泌。但 IL-35 在乳腺肿瘤细胞中的表达模式和临床意义是什么？尚不明确。为回答这些问题，我们的研究纳入了 86 例乳腺肿瘤患者进行 IL-35 表达水平的检测，对 IL-35 表达水平与临床病理和预后的关系进行评估，并建立乳腺肿瘤的预后风险模型。

**方法** 入组 86 例乳腺肿瘤患者，通过免疫组化的方法在连续切片中检测 EB13 和 p35 两个亚基的表达；并对两个亚基表达的相关性进行分析。分析 IL-35 表达水平与临床病理特征的关系。分析 IL-35 的表达水平与患者总生存 (overall survival, OS) 和无进展生存 (progression-free survival, PFS) 的关系；根据统计的临床病理特征，进行单因素分析确定可能影响患者预后的因素；进一步进行多因素 Cox 回归分析，明确肿瘤细胞表达的 IL-35 是否为影响乳腺肿瘤预后的独立因素，建立患者的预后风险模型。

**结果** 对 86 例乳腺肿瘤患者的组织标本检测结果显示，IL-35 的两个亚基 EB13 和 p35 均表达于乳腺肿瘤细胞的胞浆中，并且两个亚基呈现共表达的模式，相关性分析结果证明了两个亚基的表达强度呈明显相关。对乳腺肿瘤细胞 IL-35 表达水平与患者其他临床病理特征进行相关性分析发现，乳腺肿瘤细胞高表达 IL-35 与肿瘤细胞低分化、ER 阴性、PR 阴性和 Her-2 阳性明显相关。乳腺肿瘤细胞高表达 IL-35 导致患者较差的 PFS 和 OS。单因素分析结果显示，肿瘤细胞 IL-35 表达水平、患者的年龄、TNM 分期、肿瘤细胞分化程度、PR 状态、ER 状态、Her-2 状态和淋巴结累及均与患者的预后显著相关；Cox 多因素回归分析结果表明，IL-35 高表达是乳腺癌患者的独立不良预后因子。

**结论** 乳腺肿瘤细胞能够表达抑制性细胞因子 IL-35，并且 IL-35 的表达与患者肿瘤分期、淋巴结累及等重要的临床病理学特征相关。肿瘤细胞表达的 IL-35 是影响患者预后的独立因素。

## PU-2725

### Performance characteristics of the Mindray chemiluminescence AMH assay

Jingjing Zhao,Zheng Lei  
nanfang hospital

**Objective** to define the performance characteristics of the chemiluminescence method for AMH detection on Mindray system.

**Methods** Intra-assay and total imprecision, analytical sensitivity, linearity, interferences studies and method comparison vs Roche assay were evaluated using pools of human serum according to CLSI protocols. Additionally, male and female reference intervals were established using serum specimens collected from otherwise healthy groups and patients with polycystic ovarian syndrome(PCOS)

**Results** Intra-assay and total imprecision showed a CV of <4% and 7% respectively for high and low serum levels. LOB, LOD and LOQ were determined to be 0.007ng/mL, 0.01 ng/mL and 0.03 ng/mL respectively. The assay displayed a good linearity over the range from 0.01 ng/mL to 23 ng/mL. Method comparison vs Roche analyzer, performed on 411 samples ranging 0.014ng/mL-22.1ng/mL, obtaining  $R^2=0.9713$  as regression coefficient. The slope and intercept of the regression equation were 0.9687 and 0.3419, respectively. For the interferences, triglyceride (up to 3000mg/dL, bilirubin(up to 50 mg/dL), hemoglobin(up to 500 mg/dL) and total protein(up to 10g/dL) did not show any significant interference. Reference intervals showed the expected AMH decline with age in healthy women and increased serum levels in women with PCOS.

**Conclusions** The Mindray AMH assay demonstrated acceptable analytical performance under routine conditions and is suitable for determining AMH levels in serum samples.

## PU-2726

### Genetic polymorphisms of Nuclear factor kappaB1 (NF- $\kappa$ B1) influence the susceptibility to anti-tuberculosis drug induced liver injury (ATDILI)

Jingwei zhang<sup>1</sup>, Zhenzhen Zhao<sup>2</sup>

1.Chengdu Second People's Hospital

2.West China School of Medicine, Sichuan University, Chengdu, China

**Objective** Nuclear factor kappaB (NF- $\kappa$ B) may make an essential contribution to liver homeostasis and injury-healing processes. Meanwhile, it has regulatory effect on genes related to liver injury anti-tuberculosis drugs induced liver injury(ATDILI), but the mechanism is unclear. So the aim of the present study was to explore the possible association between NF- $\kappa$ B1 gene polymorphisms with risk of ATDILI in Chinese population.

**Methods** A total of 746 tuberculosis patients(118 with ATDILI and 628 without ATDILI) were prospectively enrolled. Five selected SNPs (rs78872571, rs4647992, rs60371688, rs1598861 and rs3774959) were genotyped by a custom-by-design 2x48-Plex SNP scan TM Kit. The frequencies of allele, genotype and genetic model of the variants were compared between patients with or without ATDILI, differences were also analyzed in subgroups. The odds ratio (OR) with corresponding 95% confidence interval (CI) was calculated.

**Results** T allele polymorphisms of rs78872571 and rs4647992 were associated with the susceptibility to ATDILI (OR 1.91; 95%CI: 1.06-3.43,  $p=0.028$  and OR 1.81; 95%CI: 1.06-3.10,  $p=0.029$ , respectively). Both variants showed excellent negative predictive values (96.33% and 95.38%, respectively) but low sensitivities (6.77% and 8.05%, respectively). The allele, genotype and genetic model frequencies were similar in the two groups for rs60371688, rs1598861 and rs3774959 (all  $P>0.05$ ). Subgroup analyses showed that the T variant (rs78872571) was associated with ATDILI grade of severity; the T variant (rs4647992) was associated with ATDILI susceptibility in female and elderly groups more significantly.

**Conclusions** Our study firstly implied the T variants at rs78872571 and rs4647992 loci of NF- $\kappa$ B1 gene may be associated with risk of ATDILI in Chinese population.

## PU-2727

## 乳腺肿瘤细胞来源的 IL-35 通过诱导产生新型调节性 T 细胞-iTr-35 促进肿瘤演进

郝胜男,陈茜,刘佳,赵汇,袁超,任含笑,毛海婷

山东大学第二医院,250000

**目的** 调节性 T 细胞 (regulatory T cells, Tregs) 是重要的免疫抑制性 T 细胞亚群, 在肿瘤和自身免疫病等免疫相关疾病中发挥着重要作用。IL-35, 主要由 Tregs 细胞产生, 并能够诱导 CD4<sup>+</sup>T 细胞成为产生 IL-35 的诱导型调节性 T 细胞 (IL-35-producing regulatory T cells, iTr-35), 从而发挥免疫抑制作用。本研究旨在探索乳腺肿瘤细胞来源的 IL-35 对 T 细胞增殖、iTr-35 分化、T 细胞表面受体、T 细胞分泌的细胞因子表达谱的影响及其相关的分子机制。

**方法** 通过 qRT-PCR 和 ELISA 方法检测乳腺肿瘤细胞系中 IL-35 表达水平。通过 CCK-8 方法, 检测乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 对 T 细胞增殖的影响。通过 qRT-PCR、Western blotting、流式细胞术等方法检测乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 诱导的 iTr-35 的表型和 EBI3、p35 的表达。通过液相悬浮芯片检测乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 诱导后, T 细胞的细胞因子表达谱的变化。利用流式细胞术检测乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 诱导后, T 细胞表面抑制性受体的表达变化。通过 Western blotting 方法检测乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 诱导产生 iTr-35 的信号通路和相关转录因子。

**结果** 乳腺肿瘤细胞系均在 mRNA 水平和蛋白水平上表达和分泌 IL-35, 其中 MDA-MB-231、MCF-7 表达水平较高。乳腺肿瘤细胞来源的 IL-35 能显著抑制 T 细胞的增殖。乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 能够诱导产生 iTr-35。乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 诱导后的 T 细胞能够分泌更高水平的抑制性细胞因子 IL-10。乳腺肿瘤细胞来源 IL-35 通过激活 T 细胞内的 STAT1/STAT3 通路诱导 iTr-35 的产生, 但对 STAT4 通路无影响。

**结论** 乳腺肿瘤细胞能够分泌高水平的 IL-35, 并且这种肿瘤源性的 IL-35 通过激活 T 细胞 STAT1/STAT3 信号通路, 抑制 T 细胞增殖, 并诱导被抑制的 T 细胞转化为 iTr-35, 促进被抑制的 T 细胞表达抑制性受体、分泌高水平的抑制性细胞因子, 参与肿瘤免疫耐受微环境的形成。

## PU-2728

## Microarray profiling analysis and validation of novel long non-coding RNAs and mRNAs as potential biomarkers and their functions in atherosclerosis

Jingjing Zhao  
nanfang hospital

**Objective** Long non-coding RNAs (lncRNAs) have been implicated in the development and progression of atherosclerosis. However, the expression and mechanism of action of lncRNAs in atherosclerosis are still unclear and the full impact of this field on cardiovascular biology has yet to be realized.

**Methods** Using microarrays, we found that 11,576 lncRNAs and 8358 mRNAs were differentially expressed in human advanced atherosclerotic plaques compared with human normal arterial intima. Gene Ontology (GO) functional enrichment and pathway analyses were applied to explore the potential functions and pathways that may be involved in the pathogenesis of atherosclerosis. A total of 236 lncRNAs and 488 mRNAs were selected for further Ingenuity Pathway Analysis (IPA), including biological function enrichment, canonical pathway analysis and upstream regulator analysis. Additionally, co-expression analysis was performed to show the relationship between lncRNAs and target genes. Moreover, qRT-PCR tests of most selected lncRNAs and mRNAs with high fold changes were consistent with the microarray data. We also

performed ELISA to investigate the corresponding proteins levels of selected genes and showed that serum levels of secreted phosphoprotein 1 (SPP1); CD36; ATPase, H(+) transporting, lysosomal V0 subunit D2 (ATP6V0D2); chitinase 3-like 1 (CHI3L1); myosin heavy chain 11 (MYH11) and brain-derived neurotrophic factor (BDNF) were differentially expressed in patients with acute coronary syndrome, chronic coronary heart disease and heart failure compared with healthy subjects. The levels of these proteins correlated with a number of biochemical parameters used in the diagnosis of cardiovascular diseases. Logistic regressions were performed to estimate the odds of these selected proteins to explain the risk of cardiovascular disease. And after correction for known cardiovascular risk factors, these were an additive predictor of coronary disease status. Furthermore, receiver operating characteristic (ROC) analysis showed a favorable diagnostic performance.

**Results** Using microarrays, we found that 11,576 lncRNAs and 8358 mRNAs were differentially expressed in human advanced atherosclerotic plaques compared with human normal arterial intima. Gene Ontology (GO) functional enrichment and pathway analyses were applied to explore the potential functions and pathways that may be involved in the pathogenesis of atherosclerosis. A total of 236 lncRNAs and 488 mRNAs were selected for further Ingenuity Pathway Analysis (IPA), including biological function enrichment, canonical pathway analysis and upstream regulator analysis. Additionally, co-expression analysis was performed to show the relationship between lncRNAs and target genes. Moreover, qRT-PCR tests of most selected lncRNAs and mRNAs with high fold changes were consistent with the microarray data. We also performed ELISA to investigate the corresponding proteins levels of selected genes and showed that serum levels of secreted phosphoprotein 1 (SPP1); CD36; ATPase, H(+) transporting, lysosomal V0 subunit D2 (ATP6V0D2); chitinase 3-like 1 (CHI3L1); myosin heavy chain 11 (MYH11) and brain-derived neurotrophic factor (BDNF) were differentially expressed in patients with acute coronary syndrome, chronic coronary heart disease and heart failure compared with healthy subjects. The levels of these proteins correlated with a number of biochemical parameters used in the diagnosis of cardiovascular diseases. Logistic regressions were performed to estimate the odds of these selected proteins to explain the risk of cardiovascular disease. And after correction for known cardiovascular risk factors, these were an additive predictor of coronary disease status. Furthermore, receiver operating characteristic (ROC) analysis showed a favorable diagnostic performance.

**Conclusions** The microarray profiling analysis and validation of differentially-expressed lncRNAs and mRNAs in atherosclerosis not only provide new insights into the pathogenesis of this disease, but may also reveal new biomarkers for its diagnosis and treatment.

## PU-2729

### LncRNA-PLAC2 down-regulates RPL36 expression and blocks cell cycle progression in glioma through a mechanism involving STAT1

Jingjing Zhao  
nanfang hospital

**Objective** LncRNA-PLAC2 down-regulates RPL36 expression and blocks cell cycle progression in glioma through a mechanism involving STAT1

**Methods** However, the mechanism of action of lncRNAs in glioma development remains unclear. Here we report that the lncRNA PLAC2 induces cell cycle arrest by targeting ribosomal protein (RP)L36 in glioma. RPL36 promoted cell proliferation and G1/S cell cycle progression. Mass spectrometry analysis revealed that signal transducer and activator of transcription (STAT)1 interacted with both lncRNA PLAC2 and the RPL36 promoter.

**Results** We also found that the nucleus PLAC2 bind with STAT1 and interact with RPL36 promoters but the cytoplasmic lncRNA PLAC2 inhibited STAT1 nuclear transfer, thereby decreasing RPL36 expression, inhibiting cell proliferation, and inducing cell cycle arrest.

**Conclusions** These results provide evidence for a novel cell cycle regulatory network in glioma comprising the lncRNA PLAC2 along with STAT1 and RPL36 that can serve as a therapeutic target for glioma treatment.

## PU-2730

### 真空采血管临床应用评价

虞培娟,孙燕,郭钰然

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 依据《ISO15189 医学实验室质量和能力认可准则》及临床工作需要,对本科室使用的两种品牌(BD 和拱东)真空采血管进行应用评价,确认真空采血管性能指标满足临床工作需要,并探讨不同品牌真空采血管检验结果的一致性。

**方法** 依据《WS/T 224-2018 真空采血管的性能验证》程序,对不同品牌、型号真空采血管的外观、抽吸量、管体强度、血清分离管纤维蛋白挂壁、溶血情况和抗凝效果进行评价,并进行细菌培养确认真空管是否无菌。将两种不同品牌紫色真空采血管和黄色真空采血管分别进行血常规和生化结果比较,以及黄色真空采血管和绿色真空采血管进行干式生化结果比较。

**结果** 本次实验中,两种品牌真空采血管的外观、管体强度均无异常。所有真空管均未发现纤维蛋白挂壁现象。所有抗凝真空管均未发现血液凝固或有凝块现象。所有真空采血管细菌培养均无菌生长。除拱东紫管真空采血管抽吸量偏差大于 10% (17.60%) 外,其余均在允许范围内。两种品牌(BD、拱东)的紫色采血管均存在 1 例溶血情况,其他采血管均无异常。在两种品牌黄色真空管生化结果一致性实验中发现,42 项生化指标除 VLDL ( $R^2=0.82$ )、CK-MB( $R^2=0.41$ )、ASO( $R^2=0.14$ )、C4( $R^2=0.75$ )外两者相关系数在可接受范围内( $R^2>0.975$ )。而两种品牌紫色真空管血常规结果一致性差,相关系数均超出可接受范围。黄色采血管与绿色采血管干式生化除 Na ( $R^2=0.37$ )、K ( $R^2=0.82$ ) 外,相关系数均可接受。

**结论** 除部分生化指标和拱东紫色采血管仍需进一步验证外,其他真空采血管均适用于本科室的临床使用。

## PU-2731

### 降钙素原检测在感染性疾病中的临床应用

侯柏春

北华大学附属医院,132000

**目的** 探讨降钙素原(PCT)、超敏 C-反应蛋白(hs-CRP)及血清淀粉样蛋白(SAA)对局部和全身细菌感染的鉴别价值。

**方法** 通过测定局部细菌感染患者 92 例、全身细菌感染患者 120 例及非感染患者 34 例的 PCT、hs-CRP 和 SAA 值,分析 PCT、hs-CRP 和 SAA 在各感染组间的关系,并应用 ROC 曲线及 logistic 回归方程进行分析。

**结果** 局部细菌感染组、全身细菌感染组及非感染组间 PCT、hs-CRP 和 SAA 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。局部细菌感染组与全身细菌感染组间 PCT、hs-CRP 和 SAA 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。全身细菌感染组 PCT、hs-CRP 和 SAA 浓度水平高于其他两组,局部细菌感染组高于非感染组。PCT 用于诊断全身细菌感染及其与局部细菌感染加以鉴别的敏感度、特异度、曲线下面积(AUC)明显高于 hs-CRP 和 SAA。采用 logistic 回归分析,回归方程式为: $\log(p/1-$



$p=0.117+0.16\times PCT+0.01\times hs-CRP$ ,方程中 PCT 的偏回归系数(B)为最大,表明 PCT 对局部感染与全身细菌感染有较高的鉴别诊断效能

**结论** 血清 PCT、hs-CRP 和 SAA 可用于全身细菌感染性疾病的诊断。与 hs-CRP 和 SAA 相比,PCT 是一个较好的全身细菌感染的诊断指标,有效地对局部感染和全身细菌感染加以鉴别,且对判断病情轻重及预后有一定的价值,可以指导临床早期用药。

## PU-2732

### 探究血清游离轻链在感染性多发性骨髓瘤患者中的价值

陶安福,宁茜,王红妍  
天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 研究血清游离轻链在感染性多发性骨髓瘤患者中的价值。

**方法** 收集标本,检测血清游离轻链,统计不同血清游离轻链分组病历中的相关感染指标,统计多发性骨髓瘤分型情况,比较血清游离轻链在不同类型多发性骨髓瘤中的差异。

**结果** CRP $\geq 8\text{mg/L}$  时,血清游离轻链检测多发性骨髓瘤的灵敏度为 72%,假阴性率为 28%;作 ROC 曲线显示 cut off 值为 12.60mg/L 时,血清游离轻链诊断多发性骨髓瘤的敏感度和特异度最佳。当 CRP $\geq 12.60\text{mg/L}$  时,血清游离轻链检测多发性骨髓瘤的灵敏度为 92.86%,假阴性率为 7.14%,灵敏度有明显升高,假阴性率显著降低。

**结论** 建议临床针对感染性患者采用 12.60mg/L 作为血清游离轻链诊断多发性骨髓瘤的临界值,可降低诊断结果假阴性的出现。

## PU-2733

### Human parvovirus B19-induced acute arrest of hematopoiesis

Juan Zhang,Yuqin Li,Yuan He,Mingyong Li  
clinical laboratory of sichuan academy of medical science & sichuan provincial people's hospital

**Objective** To introduce a rare case of human parvovirus B19-induced acute arrest of hematopoiesis

**Methods** A full blood count ,polymerase chain reaction (PCR) for parvovirus B19 DNA and bone marrow aspiration were made.

**Results** A full blood count showed leucopenia (leucocytes  $2.65\times 10^9/\text{L}$ ), severe anemia (haemoglobin concentration  $45\text{g/L}$ , MCV  $59.9\text{fl}$ ), thrombocytopenia (platelet count  $7\times 10^9/\text{L}$ ) and decreased reticulocyte ratio (0.41%, reticulocyte count was  $0.0115\times 10^{12}/\text{L}$ ). The hemoglobin level had been  $102\text{g/L}$  8 weeks earlier, white-cell and platelet counts were normal. The serum vitamin B12 and folic acid levels were normal. A polymerase chain reaction (PCR) for parvovirus B19 DNA was positive. A bone marrow aspirate showed small numbers of giant proerythroblasts, which with obvious strumae, uncondensed chromatin, and distinct nucleolus (top and bottom), and basophilic and vacuolated cytoplasm (bottom right). Based on these findings, the diagnosis made was acute arrest of hematopoiesis induced by human parvovirus B19 infection. The patient was treated with red-cell transfusions and intravenous immune globulin. By the time of hospital discharge, the hemoglobin level had increased, and at a 6-week follow-up, the pancytopenia had completely resolved.

**Conclusions** Parvovirus B19 is a virus with tropism for erythroid precursors, and the infection should be suspected in immunocompromised patients(Marika, &Katja, 2018 ). The presence in the bone marrow aspirate of giant proerythroblasts with a maturation arrest is typical of parvovirus infection. PCR is helpful in confirming the diagnosis.

#### PU-2734

### 肝病患者纤维蛋白溶解系统关键因子检测的意义

马琳琳

北华大学附属医院,132000

**目的** 研究肝病患者血浆中继发性纤维蛋白溶解系统中重要标志物 D-二聚体 (D-D) 和纤维蛋白原 (FIB) 指标的变化及其临床意义

**方法** 采用美国 ACL –ELITEPRO 全自动凝血仪检测 35 例健康体检者和 94 例不同肝病患者血浆中 FIB 和 D-D 含量

**结果** 健康体检正常组相比, 各肝病组 FIB 含量降低, 顺序为急性肝炎组>健康对照组>慢性肝炎组>肝癌组>肝硬化组, 急性肝炎组和慢性肝炎组差别不显著, 肝硬化组和肝癌组差别显著 ( $p<0.05$ ); D-D 含量升高顺序为健康对照组<急性肝炎组<慢性肝炎组<肝癌组<肝硬化组, 各肝病组差异均有统计学意义。肝癌组和肝硬化组分别与急性肝炎组、慢性肝炎组和肝硬化组 FIB 和 D-D 含量比较均有显著差异。

**结论** 血浆 FIB 和 D-D 可客观地反应肝病严重程度相一致。这对于临床肝脏疾病的诊断、治疗以及判断预后提供重要依据。

#### PU-2735

### 近 5 年某三甲医院 5 种重要临床分离菌的耐药性监测

谢瑞玉,谢强

安徽省滁州市第一人民医院

**目的** 收集并分析某三甲医院 5 种重要临床分离菌的耐药性变迁,为临床合理选用抗菌药物提供参考。

**方法** 各类临床分离菌采用 MicroScan WalkAway 96 PLUS 进行鉴定和药敏实验, 采用 WHONET5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 2012-2016 年, 每年的临床分离菌数量分别为 1531 株、1434 株、1697 株、1499 株和 1441 株。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌中产超广谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBL) 菌株检出率呈逐年下降趋势。在上述时期内大肠埃希菌对碳青霉烯类抗菌药物耐药率基本稳定; 肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类耐药率呈上升趋势。铜绿假单胞菌对包括亚胺培南和美罗培南在内的所有监测的抗菌药物耐药率均有所下降。鲍曼不动杆菌对碳青霉烯类的耐药率由 32.8% 逐步上升至 82.3%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的检出率由 2012 年的 45.2% 逐年下降至 2016 年的 37.5 %。

**结论** 本院近 5 年肺炎克雷伯菌和鲍曼不动杆菌对碳青霉烯类的耐药率逐年上升, 临床应引起足够的重视。

## PU-2736

## 2012-2016 年某三甲医院大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的耐药性监测

谢瑞玉,谢强  
安徽省滁州市第一人民医院

**目的** 分析 2012-2016 年我院临床分离的大肠埃希菌 1513 株和肺炎克雷伯菌 1176 株对常用抗菌药物耐药性的变迁情况。

**方法** 采用 MicroScan WalkAway 96 PLUS 全自动微生物鉴定及药敏分析系统对大肠埃希菌与肺炎克雷伯菌进行鉴定和药敏试验,应用 WHONET5.6 软件对药敏结果进行统计。

**结果** 2012-2016 年从临床送检的标本中共分离出大肠埃希菌 1513 株和肺炎克雷伯菌 1176 株,两种细菌对常用抗菌药物耐药率呈持续高水平趋势,对阿米卡星、哌拉西林/他唑巴坦以及碳青霉烯类抗菌药物的耐药率相对较低;近五年两种菌的 ESBLs 检出率总体呈下降趋势,产 ESBLs 株对测试药物的耐药率均高于非产 ESBLs 株。

**结论** 临床分离的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌耐药严重,尤其是耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(CRE)的检出率逐年增高,应引起重视。

## PU-2737

## 2014-2017 年安徽省滁州市儿童医院临床分离菌的耐药性监测

谢瑞玉,谢强  
安徽省滁州市第一人民医院

**目的** 了解滁州市儿童医院 2014 年 1 月-2017 年 12 月常见病原菌的临床分布及耐药情况。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月-2017 年 12 月从各类临床标本中分离菌的分布及耐药性。

**结果** 四年间共分离细菌 1538 株,其中革兰阳性菌 723 株,占 47.0%;革兰阴性菌 815 株,占 53.0%。细菌排名前五位的细菌分别是:大肠埃希菌(19.4%)、金黄色葡萄球菌(19.4%)、克雷伯菌属(13.4%)、凝固酶阴性葡萄球菌(11.8%)和肺炎链球菌(7.3%)。葡萄球菌属中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的检出率分别为 38.5%和 76.2%。葡萄球菌属对达托霉素、利奈唑胺和万古霉素全敏感。肠球菌属中屎肠球菌对多数测试药物的耐药率显著高于粪肠球菌。肺炎链球菌对青霉素全敏感。大肠埃希菌、克雷伯菌属(肺炎克雷伯菌和产酸克雷伯菌)和奇异变形杆菌产超广谱  $\beta$  内酰胺酶(ESBLs)菌株的检出率分别为 46.2%、29.7%和 70.6%。肠杆菌科细菌对阿米卡星最敏感,680 株肠杆菌科细菌共检出 17 株耐碳青霉烯类的肠杆菌科细菌(CRE),其检出率为 2.5%,CRE 菌株对氨基糖苷类抗菌药物的敏感率最高。铜绿假单胞菌和不动杆菌属对碳青霉烯类最敏感。

**结论** 四年间临床分离菌以大肠埃希菌和金黄色葡萄球菌为首位,其次为克雷伯菌属,病原菌对临床常用抗菌药物表现出不同程度的耐药,临床应根据药敏结果合理选用抗菌药物,以减少耐药菌株的出现。

## PU-2738

**棘白菌素类药物对烟曲霉菌体外药敏实验的研究**

郑毅,谢小芳,杜鸿,周惠琴,王敏,许荣琴,刘婷婷  
苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 使用微量肉汤稀释法评价棘白菌素类药物对烟曲霉菌临床分离株的体外药敏试验, 为开展其他丝状真菌体外药敏试验奠定基础。

**方法** 收集分离自苏州大学附属第二医院呼吸科病人的十株曲霉菌, 使用乳酸酚棉蓝染色结合飞行时间质谱仪的方法对分离菌株进行鉴定。用微量肉汤稀释法进行十株曲霉菌对棘白菌素类药物(卡泊芬净, 阿尼芬净, 米卡芬净)的体外药敏试验。依据 CLIS M38 文件规定判断各菌株对不同药物的 MEC 值。

**结果** 卡泊芬净对 10 株烟曲霉的 MEC 值分布如下: 5 株的 MEC=0.25 $\mu$ g/ml (5/10), 3 株的 MEC=0.125 $\mu$ g/ml (3/10), 2 株的 MEC=0.5 $\mu$ g/ml (2/10); 对于米卡芬净, MEC 分布如下: 7 株的 MEC=1 $\mu$ g/m (7/10), 2 株的 MEC=0.5 $\mu$ g/ml (2/10), 1 株的 MEC=2 $\mu$ g/ml (1/10); 对于阿尼芬净, MEC 分布如下: 6 株的 MEC=0.5 $\mu$ g/ml (6/10), 3 株的 MEC=1 $\mu$ g/m (3/10), 另有一株结果无法判读。

**结论** 卡泊芬净对于烟曲霉菌的最低有效浓度最低, 阿尼芬净对于烟曲霉菌的最低有效浓度次之, 米卡芬净对于烟曲霉菌的最低有效浓度最高, 推测卡泊芬净的抑菌效果优于另外两种药物。

## PU-2739

**2013-2016 年某三甲医院临床分离的 1489 株非发酵菌的耐药性监测**

谢瑞玉,谢强  
安徽省滁州市第一人民医院

**目的** 分析 2013-2016 年我院临床分离的 1489 株非发酵菌对常用抗菌药物耐药性的变迁情况。

**方法** 采用 MicroScan WalkAway 96 PLUS 全自动微生物鉴定及药敏分析系统对临床分离菌株进行鉴定和药敏试验, 应用 WHONET5.6 软件对药敏结果进行统计。

**结果** 2013-2016 年从临床送检的标本中共分离非发酵菌 1489 株, 检出前四位的依次是铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、其他不动杆菌属和嗜麦芽窄食单胞菌, 分别占 41.2%, 33.5%, 6.6%和 6.0%; 非发酵菌分离标本主要来源于痰液 (48.6%) 和分泌物 (27.3%); 科室分布主要来源于 ICU (48.6%) 和呼吸科 (27.3%)。临床分离的非发酵菌普遍耐药, 以鲍曼不动杆菌的耐药情况最严重, 对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 64.5%和 66.1%; 铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 24.1%和 22.8%。

**结论** 临床分离的非发酵菌耐药严重, 应加强对本院非发酵菌的耐药性监测, 合理使用抗菌药物以控制耐药菌株的传播。

## PU-2740

**外科病人术前肝脏耐受力实验室评估**

杨志立,蔡应木\*  
汕头大学医学院第一附属医院,515000

**目的** 探讨外科病人术前肝脏耐受力实验室评估方案。

**方法** 以各型肝炎患者 648 例、手术患者 30 例、健康对照组 305 例为研究对象。检测各项肝功能指标：1、反映肝损伤指标：天门冬氨酸氨基转移酶（AST）、丙氨酸氨基转移酶（ALT）、碱性磷酸酶（ALP）、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶（GGT）；2、反映肝转运功能指标：总胆红素（TBIL）、总胆汁酸（TBA）；3、反映肝合成功能指标：前白蛋白（PA）、胆碱酯酶（CHE）、白蛋白（ALB）共九项指标比对验证。4、文献遴选出的新型指标：天门冬氨酸氨基转移同工酶（mAST）、谷氨酸脱氢酶（GLDH）、高迁移率族蛋白 B1（HMGB1）。采用 t 检验、ROC 曲线分析及组间 ROC 曲线比较等方法进行分析比较，筛选出敏感的指标并分析其 CO 值，初步形成肝脏耐受力筛查方案，并对该方案进行临床验证。

**结果** 肝病组与对照组及肝病各亚组中各项指标检测水平差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；各亚组中各项指标异常率与对照组比较差异均有统计学意义，且 Child A、B 组 GGT、PA、CHE 的异常率明显高于 ALP、ALT、ALB 且差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。ROC 曲线结果显示 AST（U/L）、GGT（U/L）、CHE（KU/L）、PA（mg/L）、TBA（ $\mu\text{mol/L}$ ）诊断价值较高，其在 Child（A、B、C）的诊断点分别为（55、169、217）、（43、122）、（7.56、5.78、3.51）、（190、136、56）、（13.7、60.4、119.6）。在手术患者术前术后各项指标检测水平的比较中，AST、CHE、PA、mAST、GLDH 相比较差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 在肝病评估中 AST、GGT、CHE、PA、TBA 价值较高，在评估手术患者肝脏耐受力中 AST、CHE、PA、mAST、GLDH 评估价值较高。根据各指标 CO 值作出以下建议：1.当  $\text{AST} > 169 \text{ U/L}$ 、 $\text{GGT} > 43 \text{ U/L}$ 、 $\text{CHE} < 5.78 \text{ KU/L}$ 、 $\text{PA} < 136 \text{ mg/L}$ 、 $\text{TBA} > 60.4 \mu\text{mol/L}$  时，可行手术但术前术后应及时进行保肝治疗；2.当  $\text{AST} > 217 \text{ U/L}$ 、 $\text{GGT} > 122 \text{ U/L}$ 、 $\text{CHE} < 3.51 \text{ KU/L}$ 、 $\text{PA} < 56 \text{ mg/L}$ 、 $\text{TBA} > 119.6 \mu\text{mol/L}$  时，不可行手术。现有的肝功能评估指标较新指标敏感度较低，建议将 AST、CHE、PA、mAST、GLDH 纳入评估体系。

## PU-2741

# 凝血功能检测对急性胰腺炎疾病严重程度判断 及与预后的相关性

侯丹凤

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨凝血功能检测对急性胰腺炎疾病严重程度判断及与预后的相关性

**方法** 选择 2017 年 12 月~2018 年 12 月中国医科大学附属第一医院急诊科收治的急性胰腺炎（AP）患者 105 例为研究对象，根据分类诊断标准，将纳入患者分为轻症组（MAP）和重症组（SAP），其中 MAP 组患者 58 例，SAP 组患者 47 例，同时选择同期于我院健康体检人群 50 例作正常对照组。比较各组人群凝血功能相关指标，凝血酶原时间（PT）、部分活化凝血酶原时间（APTT）、纤维蛋白原浓度（FIB）、D-二聚体（D-Dimer）差异及与急性生理与慢性健康评分 II（APACHE II）的相关性。

**结果** 凝血功能结果中 MAP 组和健康对照组在 PT、APTT、FIB、D-Dimer 的比较，差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。而 SAP 组的 PT、APTT、FIB、D-Dimer 结果均明显高于 MAP 组和对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在 APACHE II 评分方面，SAP 组高于 MAP 组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。Pearson 相关分析显示，MAP 组患者的 PT、APTT、FIB、D-Dimer 与 APACHE II 评分无相关性（ $P > 0.05$ ）；SAP 组患者的 PT、APTT、FIB、D-Dimer 与 APACHE II 评分呈正相关（ $r = 0.61、0.46、0.56、0.32$ ； $P < 0.05$ ）。

**结论** 急性胰腺炎患者凝血功能检测对疾病严重程度判断有意义，MAP 组凝血功能基本正常，SAP 组凝血功能异常且与疾病预后相关性

PU-2742

## 安徽省滁州市第一人民医院 2017 年临床分离菌的耐药性监测

谢瑞玉,谢强  
安徽省滁州市第一人民医院

**目的** 了解本院 2017 常见病原菌对临床检测抗菌药物的耐药情况。

**方法** 各类临床分离菌使用 MicroScan WalkAway 96 PLUS 对其进行鉴定和药敏实验,采用 WHONET5.6 软件对结果进行统计分析。

**结果** 2017 年共分离病原菌 2968 株,其中革兰阳性菌 812 株,占 27.4%;革兰阴性菌 2156 株,占 72.6%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的检出率为 43.1%,耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的检出率分为 77.9%。葡萄球菌对万古霉素、达托霉素和利奈唑胺全敏感。肠球菌中粪肠球菌和屎肠球菌对万古霉素、利奈唑胺和达托霉素全敏感。肺炎链球菌主要来源于儿童的痰标本,对青霉素全敏感。大肠埃希菌、克雷伯菌属(肺炎克雷伯菌和产酸克雷伯菌)和奇异变性杆菌产 ESBLs 的检出率分别为 54.4%、24.3%和 36.8%,产超广谱  $\beta$  内酰胺酶(ESBLs)菌株对监测药物的耐药率明显高于非产 ESBLs 菌株。铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 17.8%和 17.0%。不动杆菌属(鲍曼不动杆菌占 86.7%)对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 63.9%和 50.3%。

**结论** 2017 年我院分离的革兰阴性菌耐药严重,其中肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类的耐药率仍较高,给临床抗感染治疗带来极大挑战。

PU-2743

## 抗 CCP 抗体、RF 以及与 CRP、ESR 在类风湿关节炎诊断中的价值

王珍玉  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 为了集中研究抗环瓜氨酸肽(CCP)抗体、类风湿因子(RF)、血沉(ESR)以及 C 反应蛋白,这四个检查项目在类风湿关节炎(RA)的诊断和治疗意义。

**方法** 选择 RA 患者 88 例为 RA 组,非 RA 疾病患者 105 例为非 RA 组,其中 94 例为健康对照组。抗 CCP 抗体检测 测抗 CCP 抗体用德国欧蒙(杭州)医学实验诊断有限公司生产的抗 CCP 抗体试剂盒,采取的测定方式为:酶联免疫吸附法。按照正确的规范进行操作。血清先稀释,后比色,再绘制标准曲线,依照曲线反其道而行,测浓度。RF 检测 使用 SIEMENS BNII 仪器运用免疫比浊法进行检测。血沉(ESR)和 C 反应蛋白(CRP)的测定 血沉的测定方法为:细胞自然沉降法,测定后血沉数值大于等于 20 mm/h 被认为增高;而 CRP 的测定方法为:速率散射比浊法,测定后 CRP>15 mg/L,则为升高。

**结果** 单纯检测抗 CCP 抗体的特异度结果为 89.5% (94/105),而同时检测抗 CCP 抗体和类风湿因子两项时,不论是一种或是合并的两种灵敏度最高能达到 98.9% (87/88)。抗 CCP 抗体对 RA 的敏感度为 88.6% (78/88),特异度为 98.1% (103/105),RF 对 RA 的敏感度为 78.4% (69/88),特异度为 91.4% (96/105);对比可知,其中类风湿性关节炎组比非 RA 组高(P 均<0.05),不论是在抗 CCP 抗体、类风湿因子的数值结果上,又或是两者联合测定的结果,其阳性概率均比非 RA 组高;类风湿性关节炎组类风湿因子在诊断类风湿性关节炎的敏感性较抗 CCP 抗体高,特异性较抗 CCP 抗体低。而当两者一起检测时,可以明显地看到诊断的灵敏度和预测结果判断程度都显著增高。C 反应蛋白和血沉两个测量指标在类风湿性关节炎的诊断中同样具有一定的价

值.抗 CCP 抗体阳性与阴性组比较而言,其中血沉、C 反应蛋白差异有统计学价值,而与 C 反应蛋白有非常突出的差别( $P<0.05$ )。

**结论** 为了更好地诊断出类风湿性关节炎,发现抗环瓜氨酸肽抗体与类风湿因子两个测定指标同时检测,在一定程度上能有效提高类风湿性关节炎的检出水平。就灵敏度而言,抗环瓜氨酸肽抗体与类风湿因子相比,数值比较低,但反过来,它的特异度却比类风湿因子的特异度高。同时,与抗 CCP 抗体阴性组比较而言,可发现,在血沉、C 反应蛋白检测项目中,抗 CCP 抗体阳性数据差异有统计学意义,其中与 CRP 有显著差异( $P<0.05$ )。

## PU-2744

### 肝功能异常患者血清拉曼光谱检测分析的临床应用研究

李娜

天津市北辰区中医医院

**目的** 通过检测分析肝功能异常患者和健康对照者血清拉曼光谱的变化规律,探究拉曼光谱在评价肝功能异常患者血清检测中的临床应用价值。

**方法** 本研究共设立实验组和健康对照组,实验组共收集肝功能异常患者 50 例,以谷丙转氨酶(ALT)、谷草转氨酶(AST)、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶(GGT)、碱性磷酸酶(ALP)4 个指标中 3 个异常为判断标准;健康对照组样本 51 例,以常规肝功能生化诊断标志物的检测数据全部正常为判断依据。分别收集实验当日空腹标本,3400r/10min 离心,分装于专用冻存管内,  $-80^{\circ}\text{C}$  冻存;检测当日,标本速溶,于玻片上晾干,使用 HORIBA XploRA PLUS 共聚焦拉曼光谱仪进行检测分析,每个样本检测 3 个不同点,检测完成后将原始光谱图进行归一化处理后分析。

**结果** 从归一化处理对比图中发现,实验组和健康对照组光谱基本相似;但也有一些差异,即在拉曼位移  $951\text{cm}^{-1}$ ,  $1002\text{cm}^{-1}$ ,  $1446\text{cm}^{-1}$  和  $1662\text{cm}^{-1}$  处,肝功能异常样本的峰强略强于健康对照组样本。同时,在拉曼位移  $953\text{cm}^{-1}$  和  $1447\text{cm}^{-1}$  处,肝功能异常样本相较于健康对照样本向左偏移。之后,我们对光谱结果进行了主成分分析(principal Component Analysis, PCA),结果发现两类样本有一定的区分度,但仍区分得不好。为了更好的区分,进一步做了正交偏最小二乘判别分析(Orthogonal partial least squares-discriminate analysis,OPLS-DA),得到模型参数  $R^2X=0.866$ ,  $R^2Y=0.303$ ,  $Q^2=0.22$ ,两组样本区分度略好于 PCA 结果,虽然 OPLS-DA 的区别结果好于 PCA 的结果,但区分的效果仍不是很好,并且该模型对应的  $Q^2$  的值较小(低于 0.5,但仍处于 0.2-0.4 的可信范围内),表明该模型预测能力较差。

**结论** 拉曼光谱在评价肝功能异常患者血清模型中的应用效果不佳。

## PU-2745

### HCMV 潜伏向再激活感染转变体内 HCMV-miRNA 表达差异及对疾病的预示

周万青<sup>1</sup>,王成<sup>2</sup>,张辰宇<sup>3</sup>,张春妮<sup>2</sup>

1.南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

2.解放军东部战区总医院临床检验科

3.南京大学生命科学院,医药生物技术国家重点实验室

**目的** 人巨细胞病毒(HCMV)有高潜伏感染率,但在再激活时对免疫功能低下患者造成严重后果。本研究旨在比较分析潜伏期感染患者和再激活感染患者血清中 HCMV-miRNA 表达谱,评估其对再激活感染监测和预防的价值。

**方法** 选取 60 名再激活感染者和 60 名年龄-性别匹配的潜伏感染者，两组各 24 例入选为筛选组，另各 36 例为验证组。RT-qPCR 测定筛选组 22 种 HCMV miRNA，再在验证组中验证。qPCR 检测患者全血样本中 HCMV DNA；ELISA 检测血清 HCMV IgG 和 IgM。动态观察评估抗病毒治疗期间差异表达 hcmv-miRNA 的监测有效性和疾病预测能力。

**结果** 与 HCMV 潜伏感染者相比，再激活感染者血清中 16/22 个 HCMV miRNA 升高，其中 8 个 miRNA (miR-US29-3p、-US25-2-5p、-US25-2-3p、-UL148D、-US25-1、-UL36、-US25-1-3p、-US4-5p) 显著升高 (倍数变化>2,  $P<0.01$ )。miR-US25-1-3p 水平与 HCMV DNA 拷贝呈正相关 ( $r=0.297$ ,  $P=0.022$ )。

**结论** HCMV 感染者从潜伏期到再激活期时循环 HCMV-miRNA 谱发生改变，其中 hcmv-miR-US25-1-3p 可用于预测自身免疫病患者潜伏期向再激活的转换及抗病毒治疗的监测。

## PU-2746

# MLKL 参与 ox-LDL 诱导内皮细胞 NLRP3 炎性小体激活与机制研究

吴茜

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 动脉粥样硬化是一种慢性的进展性疾病，常起始于血管内皮细胞损伤、内皮功能障碍。血管内皮损伤后，可导致一系列炎症反应和内皮功能紊乱，其具体发病机制复杂，是由多种危险因素共同作用导致。动脉粥样硬化是导致心脑血管疾病的非常重要的原因。NLRP3 炎性小体的活化是细胞对内源或外源性危险信号的一种应答反应，NLRP3 炎性小体活化会产生并释 IL-1 $\beta$ 、IL-18 等炎症因子，促进 AS 的发生发展，但其具体调控机制尚不清楚。

**方法** 1、探讨 ox-LDL 对 NLRP3 炎性小体活化的影响

2、探讨 MLKL 是否参与 ox-LDL 诱导的 NLRP3 炎性小体启动步骤及机制

**结果** 分别用 0, 25, 50, 100mg/ml ox-LDL 处理人脐静脉内皮细胞 24 小时，免疫印迹法结果显示，NLRP3、caspase-1、pro-IL-1 $\beta$  和 IL-1 $\beta$  的蛋白表达浓度依赖性提高，细胞培养上清中 IL-1 $\beta$  的分泌及 LDH 的释放也随着增加。

分别用 0, 25, 50, 100mg/ml ox-LDL 处理人脐静脉内皮细胞，荧光定量 PCR 及免疫印迹法结果显示，ox-LDL 可浓度依赖性升高 MLKL 的表达。过表达 MLKL 后，ox-LDL 上调的 NLRP3 和 pro-IL-1 $\beta$  的蛋白表达水平进一步增强。干扰 MLKL 后，ox-LDL 上调的 NLRP3 和 pro-IL-1 $\beta$  的蛋白表达被抑制。EC 中过表达 MLKL 后，CD36 的 mRNA 及蛋白水平表达均上调，且 Dil-ox-LDL 的摄取增加。

过表达 MLKL 后，ox-LDL 活化的 caspase-1 和 IL-1 $\beta$  的蛋白水平进一步增强，培养上清中 LDH 释放含量进一步增加；干扰 MLKL 后，ox-LDL 诱导的 caspase-1 和 IL-1 $\beta$  的活化及 LDH 的释放被抑制；抑制 K<sup>+</sup>离子外流后，MLKL 及 ox-LDL 对 NLRP3 炎性小体下游 IL-1 $\beta$  蛋白活化的影响被抑制。

**结论** ox-LDL 处理 EC 后，可浓度依赖性增强 NLRP3 炎性小体的活化。

MLKL 通过上调 CD36，并进一步增强 ox-LDL 的摄取，从而增强 ox-LDL 诱导的 NLRP3 炎性小体的启动，即上调 NLRP3 和 pro-IL-1 $\beta$  的表达。

MLKL 通过促进 K<sup>+</sup>离子外流激活 ox-LDL 诱导的 NLRP3 炎性小体的组装和活化。



## PU-2747

## 不同方法检测糖化血红蛋白的结果比对与分析

薛云松

云南省第二人民医院,650000

**目的** 探讨同一实验室内采用不同方法检测糖化血红蛋白的结果是否具有可比性,为临床诊断治疗糖尿病提供可靠的实验室检测数据。

**方法** 以罗氏 Cobas C111 全自动生化分析仪及原装试剂,校准品,质控品等组成的用免疫比浊法检测的系统为参比系统,作为比较方法(X);以日立 7600 全自动生化分析仪及日本积水医疗株式会社生产的酶法检测的试剂,校准品,质控品等组成的系统为待评系统,作为实验方法(Y)。参考美国临床实验室标准化委员会颁布的 EP9-A2 文件,在罗氏 Cobas C111 检测系统和日立 7600 检测系统均处于正常工作的状态下,检测同一份新鲜肝素抗凝全血。对两种方法检测的结果进行比较并计算相对偏倚,以室内质量评价允许误差范围的 1/2 作为判断标准,判断偏倚是否可接受。

**结果** 在糖化血红蛋白的医学决定水平为 10%时,相对偏倚为 0.32%,在糖化血红蛋白的医学决定水平为 16%时,相对偏倚为 1.59%;均小于室内质量评价允许误差范围的 1/2。

**结论** 采用罗氏 Cobas C111 检测系统和日立 7600 检测系统不同方法检测糖化血红蛋白所获得的结果具有可比性,两台仪器均可谓临床提供可接受的糖化血红蛋白检测结果。

## PU-2748

## 病牛沙门菌致盆腔脓肿 1 例

周辉

南京鼓楼医院

**目的** 沙门菌属是肠杆菌科中的一个菌属,可分离自人和动物,有 2600 多个血清型,抗原复杂,是危害人和动物健康的重要致病菌。病牛沙门菌是较为罕见的非伤寒型沙门菌,在动物、环境、食物及人类均有检出,曾在美国及欧洲一些国家引起暴发流行,患者多为肠道内感染,感染流行与被污染的食物如火腿、沙拉等有关。而由病牛沙门菌引起的肠道外感染较为罕见,仅在 1991 年英国报道了 1 例胰腺脓肿患者术后引流液检出该菌。我们于 2018 年 8 月在一例盆腔脓肿患者腹水中检出病牛沙门菌 1 株

**方法** 血清凝集

**结果** 检出病牛沙门菌

**结论** 检出病牛沙门菌

## PU-2749

## UGP2 介导内皮细胞凋亡和 AS 的影响及机制研究

何鑫

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 实验目的:探讨干扰尿苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶 2 (UGP2) 对内皮细胞凋亡的影响。

**方法** 实验方法:使用 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 处理内皮细胞建立凋亡模型,使用 siRNA-UGP2 干扰载体处理内皮细胞构建 UGP2 敲减模型,使用流式细胞仪检测各组细胞凋亡率以及 ROS 表达情况,Western blot 方法检测各组细胞中 UGP2 及 cleaved-caspase3 的含量。

**结果** 实验结果：首先使用 0mM, 0.25mM, 0.5mM, 1mM 浓度梯度的 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 处理内皮细胞 24h 后经 qRT-PCR、Western Blot 检测 UGP2 的 mRNA 及蛋白表达，发现 UGP2 随 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 处理浓度梯度依赖性的下调；然后使用 1mM 的 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 处理内皮细胞 0h, 6h, 12h, 24h 后经 qRT-PCR、Western Blot 检测 UGP2 的 mRNA 及蛋白表达，发现 UGP2 随 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 处理时间梯度依赖性的下调。人脐静脉内皮细胞经 siRNA-UGP2/siRNA-NC 转染后进行细胞增殖和凋亡功能学检测实验，发现干扰 UGP2 后可以促进内皮细胞凋亡。同时使用转染 siRNA 后的内皮细胞分别进行活性氧（ROS）含量检测和 Western Blot 检测凋亡相关蛋白 cleaved-caspase3 的蛋白表达情况，发现干扰 UGP2 后 ROS 和 cleaved-caspase3 的表达上调。

**结论** 实验结论：人脐静脉内皮细胞中，UGP2 可以通过调控活性氧的产生抑制细胞凋亡。

## PU-2750

### 循环 DNA 高甲基化检测诊断乳腺癌：Meta 分析

黄姣祺,张阳,赵祥,刘羽,府伟灵  
重庆陆军军医大学第一附属医院（西南医院）

**目的** 评价循环 DNA 甲基化对乳腺癌的诊断价值。

**方法** 检索 PubMed、EMBASE、Web of Science 等外文数据库，搜集国外公开发表的有关循环 DNA 高甲基化对乳腺癌诊断方面的相关文献，按照纳入、排除标准筛选，所有纳入的文献研究均进行严格的质量评价及相关资料信息的提取，使用 Meta 分析的方法对各研究数据合并效应值及 95%可信区间，进行统计学分析及异质性检验，并检测敏感性及发表偏倚，综合评价循环 DNA 甲基化诊断乳腺癌的准确性。

**结果** 共纳入文献 20 篇，乳腺癌患者 1513 例，对照 1244 例；经过统计分析显示，检测单基因的研究敏感度为 48%，特异度为 97%，综合受试者工作特性曲线下面积为 88%。以多基因联合诊断的研究敏感度为 67%，特异度为 97%，综合受试者工作特性曲线下面积为 84%。

**结论** 循环 DNA 甲基化对乳腺癌具有较高诊断价值，在乳腺癌的诊断中具有较好的灵敏度和特异度。

## PU-2751

### Unusual cause of pancytopenia: bone marrow smear showing Histoplasma capsulatum

Juan Zhang,Yuan He  
clinical laboratory of sichuan academy of medical science & sichuan provincial people's hospital

**Objective** To introduce an unusual cause of pancytopenia: bone marrow smear showing Histoplasma capsulatum.

**Methods** Blood cell count,BM examination,BM and bronchoalveolar lavage culture were made.

**Results** On admission, she had new-onset pancytopenia with a white blood cell count of  $2.16 \times 10^9/l$  (normal range,  $3.5-9.5 \times 10^9/l$ ), hemoglobin 7.9 g/dl (normal range, 11.5-15g/dl), and a platelet count of  $81 \times 10^9/l$  (normal range,  $101-320 \times 10^9/l$ ). Initial peripheral blood smear showed left shift with toxic granulation. Biochemical studies showed markedly elevated ferritin (14740 mg/l), decreased fibrinogen (148 mg/dl) and total protein (58.2 g/l). Computed tomography showed bilateral pulmonary micronodular infiltrates and splenomegaly. Bone marrow aspirate (Wright-Giemsa stain) showed numerous histiocytes with intracellular and extracellular fungal organisms morphologically consistent with histoplasmosis. These organisms stained bright pink on periodic acid-Schiff stain. The patient was promptly started on amphotericin B and responded

rapidly to the treatment. Finally, BM and bronchoalveolar lavage cultures confirmed *Histoplasma capsulatum*.

**Conclusions** BM examination, in conjunction with clinical and laboratory findings, is crucial for timely intervention. A diligent BM search for fungal microorganisms is also warranted because BM can sometimes be the only location to obtain the diagnosis. Timely diagnosis of disseminated histoplasmosis requires a high index of clinical suspicion owing to the high mortality associated with it. Bone marrow studies may aid in the diagnosis and should be considered in the appropriate clinical scenario.

## PU-2752

### 异基因造血干细胞移植后伴噬血现象两例合并文献复习

丁静,刘伟玲,万理萍,李莉,白萍  
上海市第一人民医院,200000

**目的** 分析异基因造血干细胞移植后伴噬血现象的诊断、临床特征。

**方法** 报道两例异基因造血干细胞移植后伴噬血现象患者,并复习相关文献,讨论可能的病因。

**结果** 病例一:入院诊断免疫缺陷病,造血干细胞移植 13 天后粒系植入,血红蛋白、血小板始终偏低,凝血功能差,消化道出血,巨细胞病毒性肠炎,肺部感染,骨髓细胞形态学可见噬血现象。病例二:入院诊断急性单核细胞白血病(AML-M5),造血干细胞移植后 14 天粒系植入,移植 42 天后三系降低,发热,铁蛋白高,骨髓细胞形态学可见噬血现象,嵌合率进行性下降。

**结论** 异基因造血干细胞移植后伴噬血现象非常罕见,且进展迅速,预后不良,噬血现象常为感染所致。当造血干细胞移植后骨髓出现噬血现象,应积极排查感染、检测原发病是否复发、同时应检测患者及父母相关基因,尽早治疗争取更好的预后。

## PU-2753

### Identification of Aurora kinase A and FOXM1 as biomarkers for paclitaxel resistance in triple negative breast cancer

Na Yang,Banglao Xu  
Guangzhou First People's Hospital

**Objective** To investigate the molecular mechanism and biomarker of the acquired chemoresistance in triple negative breast cancer patients.

**Methods** Western blot was used to detect the expression of Aurora-A and FOXM1. Flow cytometry analyzed the cell cycle of the cells. Cell viability was measured by MTT assay. immunohistochemical assay was used to determine the expression of protein in tissue sample.

**Results** We observed that paclitaxel resistant TNBC cells exhibited high expression of Aurora kinase A (Aurora-A) and FOXM1. Overexpression of Aurora-A offer TNBC cells an additional growth advantage and protection against paclitaxel. We found that Aurora-A stabilizes FOXM1 by attenuating its ubiquitin in TNBC. Specifically, Aurora-A stabilizes FOXM1 in late M phase and early G1 phase of the cell cycle, which promotes proliferation of TNBC cells. Knockdown of Aurora-A significantly suppressed cell proliferation in TNBC cell lines and can be rescued by FOXM1 overexpression. Moreover, Aurora-A and FOXM1 could be simultaneously targeted by thiothrepton. Combination of thiothrepton and paclitaxel treatment reverses paclitaxel resistance and significantly inhibiting cell proliferation.

**Conclusions** In conclusion, Aurora-A and FOXM1 can be used as biomarker of resistance in triple negative breast cancer. our study reveal additional mechanism through which Aurora-A

regulates FOXM1 and provide a new therapeutic strategy to treat paclitaxel resistant triple negative breast cancer.

#### PU-2754

### Lentivirus mediated PPP2R3A-silencing affects biological function of rat myocardial cells

Guibo Song

Department of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, Yunnan Province, the People's Republic of China

**Objective** Protein phosphatase 2A (PP2A), comprised of catalytic, scaffolding, and regulatory (B) subunits, are responsible for the dephosphorylation events in the human heart. There is a multitude of B subunit family members, including PPP2R3A, targeting the PP2A holoenzyme to different myocardial compartments to participate in the cardiac pathological and physiological processes. Previous research has implied that PPP2R3A was involved in normal myocardium formation and efficient cardiac contractile function in zebrafish. Here, we sought to investigate the role of PPP2R3A in cardiac myocytes.

**Methods** PPP2R3A-silenced primary myocardial cell of neonatal rats and H9c2 cells were established by infecting shRNA lentiviral particles. RT-PCR and western blot were used to determine the expression of PPP2R3A and silencing efficiency. The cell viability was analyzed by CCK-8 kit, then the cell cycles and apoptosis assays were detected by flow cytometry.

**Results** PPP2R3A-silencing rat primary cardiomyocytes and H9c2 cells were established successfully, and the expression of PPP2R3A was downregulated significantly as confirmed by RT-PCR and Western blot. PPP2R3A silencing can inhibit the myocardial cell proliferation, arrest the cell cycle in the S phase and promote the cardiomyocytes apoptosis.

**Conclusions** A series of studies have discovered that PPP2R3A was closely associated with the heart failure and arrhythmia. Our data further confirmed PPP2R3A plays an important role in the cardiomyocytes, and its characteristic changes in expression could act as potential biomarkers in heart failure and arrhythmia.

#### PU-2755

### Characteristics of three different phenotype strains of *Escherichia coli* including a capnophilic small colony variant form isolated from a patient with bacteremia in China

Shuo Gao,Zhifeng Zhang,Hui Zhou,Hong Zhu,Yan Zhang,Han Shen,Wanqing Zhou  
Nanjing Drum Tower Hospital, the Affiliated Hospital of Nanjing University Medical School

**Objective** Small colony variants (SCV) are a slow-growing subpopulation bacteria characterized by their atypical colony morphology and distinct biochemical properties. Here we investigated the characteristics of three different phenotype strains of *Escherichia coli* including a capnophilic small colony variant form isolated from a patient with bacteremia in China.

**Methods** An 64-year-old woman suffered from febrile bacteremia after percutaneous nephrolithotomy. Three different phenotype strains of bacteria were isolated from blood culture of the patient. The sample was cultured on sheep blood agar plate (BAP) at 35 °C aerobic environment with or without 5% CO<sub>2</sub> for 24 h. Three strains were identified by VITEK 2 system (Sysmex-bioMérieux, Marcy-l'Étoile, France). Antimicrobial susceptibility testing was performed

by VITEK 2 system and KB test (Oxoid Ltd, UK). Auxotrophy tests of thymidine, hemin, thiamine and menadione were performed. Whole genome sequencing analysis was performed to inspect the different genes for the three phenotype strains.

**Results** The three strains are all identified as *Escherichia coli* with different phenotype of wild type, capnophilic and capnophilic small colony variant. The growth of the SCVs was not enhanced with supplement of thymidine, hemin, thiamine and menadione. Resistance analysis showed that the three strains has similar results. With the exception of sensitivity to Cefoxitin and Imipenem, three strains were resistant to most of other antimicrobials. Whole genome sequencing results showed that no genetic mutational variations were observed among the three strains. Multilocus sequence typing (MLST) sequencing showed that three strains of *Escherichia coli* all belongs to ST457.

**Conclusions** We report an strain of *Escherichia coli* with coexpressed small colony and capnophilic phenotypes in one isolate. The mechanism of capnophilic SCV need to be further studied. The research on transcription level and protein level will explore new ideas for the development of more effective methods of SCV identification and treatment.

## PU-2756

### Relation of neutrophil-to-lymphocyte ratio and platelet-to-lymphocyte ratio to survival in patients with laryngeal squamous cell carcinoma

Xi Zhang<sup>1</sup>, Liufang Zhao<sup>2</sup>, Yuqing Pan<sup>3</sup>, Jingfang Li<sup>1</sup>, Wei Yang<sup>1</sup>, Qiong Shi<sup>1</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Cancer Hospital of Yunnan Province, the Third Affiliated Hospital of Kunming Medical University

2. Department of Head and Neck Surgery, Cancer Hospital of Yunnan Province, the Third Affiliated Hospital of Kunming Medical University

3. Department of Clinical Laboratory, the First Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Yunnan Institute of Experimental Diagnosis, Yunnan Key Laboratory of Laboratory Medicine

**Objective** Although previous researches have demonstrated that preoperative complete blood count (CBC) and inflammation-associated blood cell markers may correlate with prognosis in patients with laryngeal squamous cell carcinoma (LSCC). However, the independent prognostic value of neutrophil-to-lymphocyte ratio (NLR) and platelet-to-lymphocyte ratio (PLR) based on multivariate analysis still remains controversial and needed be elucidated. we investigated the possible effect and particular prognostic importance of NLR and PLR in LSCC.

**Methods** Information including preoperative CBC parameters, clinical/ pathological materials and 5-year follow-up data were obtained retrospectively in 151 LSCC patients underwent primary surgery from December 2008 to October 2015. Cutoffs for NLR and PLR were optimized by receiver operating characteristic (ROC) curve. Overall survival (OS) was confirmed by Cox proportional hazards models and Kaplan-Meier method. Survival curves were obtained by Kaplan-Meier survival analysis and compared by log-rank test. Correlation of NLR and PLR with clinic/pathological parameters was analyzed using non-parametric tests.

**Results** In our study, PLR with cutoff 97.72 and NLR with cutoff 2.22 had independent prognostic significance for OS, while both PLR-high and NLR-high predicted a poor prognosis. In addition, NLR was strongly associated with cervical lymph node metastasis, preoperative neutrophil/Lymphocyte count, platelet distribution width (PDW) and stage, whereas PLR was also strongly associated with cervical lymph node metastasis, preoperative neutrophil/Lymphocyte count and PDW.

**Conclusions** Preoperative NLR and PLR can be used as independent factors affecting the survival of laryngeal cancer patients after operation, and have an important significance for the prognosis evaluation of laryngeal cancer.

## PU-2757

## 阵发性睡眠性血红蛋白尿伴 2 型糖尿病一例 合并文献复习

丁静,白萍,刘伟玲,李甲勇  
上海市第一人民医院,200000

**目的** 分析阵发性睡眠性血红蛋白尿 (paroxysmal nocturnal hemoglobinuria,PNH) 合并糖尿病的诊断及临床特征。

**方法** 报道一例酱油色尿就诊、合并糖尿病病史患者,复习相关文献,讨论基础疾病 PNH 对糖尿病的影响,正确解读溶血性疾病患者糖化血红蛋白、糖化清蛋白、血糖结果。

**结果** 患者奚某,女性,59岁,2型糖尿病多年,2018年7月因晨尿呈酱油色至上海市第一人民医院南院(松江)急诊部就诊,经血常规:RBC  $1.96 \times 10^{12}$ , HGB 64.0g/L, HCT 0.22, MCV 112.6fl, MCH 32.5pg, MCHC 289g/L, RDW 23.8%, WBC  $4.6 \times 10^9$ , 分类正常, PLT  $167 \times 10^9$ ; 尿常规:酱油色,质清,隐血+++ ,镜检 RBC 无,尿糖+++;干化学生化:GLU(随机) 10.6mmol/L, TBIL 56.4 $\mu$ mol/L, BU 35.2 $\mu$ mol/L, BC 0.5 $\mu$ mol/L, AST 100 U/L, LDH>2150U/L, BUN 8.5 mmol/L。后逐步检查生化:糖化白蛋白 GA% 20.7%, 糖化血红蛋白 HBA1C 3.4%, 补体 C3 1.06 g/L, 补体 C4 0.38 g/L, 补体活性 CH50 53.24 U/mL;流式细胞检测提示 PNH;外周血涂片易见棘形红细胞;coomb's 试验(-),糖水试验(-)

**结论** 该患者流式细胞的结果结合其他实验室结果、临床症状符合 PNH 诊断。基础疾病 PNH 造成的慢性溶血会导致红细胞大量破坏,进而导致随机血糖、尿糖、糖化血红蛋白的假性降低,应结合病史、糖化白蛋白评估其真实血糖水平,及时胰岛素治疗,避免糖尿病酮症酸中毒等急性并发症,并注意基础疾病的诊治。

## PU-2758

## 非结核分枝杆菌胸膜炎临床特征分析

程娟,刘光福,潘兆宝  
潍坊市第二人民医院,261000

**目的** 近年来,随着医务工作者对非结核分枝杆菌 (NTM) 认识的提高、菌种鉴定技术的进步以及免疫缺陷性疾病和免疫抑制剂使用增多等因素,NTM 相关疾病、特别是 NTM 肺病的发病率逐渐上升。然而国内外 NTM 胸膜炎的报道极少。本研究的目的是为了阐述 NTM 胸膜炎的临床特征及愈后情况。

**方法** 对本院近两年胸腔积液分枝杆菌液体培养、菌种鉴定的病例进行回顾性分析,分析胸腔积液分枝杆菌培养的阳性率、菌种分布情况。胸腔积液至少一次培养出 NTM,伴随发热、胸痛等临床表现,同时血清炎症指标升高则诊断为 NTM 胸膜炎。分析 NTM 胸膜炎病例的临床特征、治疗方案和愈后情况。

**结果** 本院近两年胸腔积液分枝杆菌液体培养共 874 例,分枝杆菌阳性 204 例(阳性率 23.3%),其中结核分枝杆菌(TB) 196 例,NTM 8 例,包括 7 例胞内分枝杆菌、1 例堪萨斯分枝杆菌。8 位 NTM 胸膜炎病人包括 5 名男性、3 名女性,年龄中位数 59.5 岁(25-78 岁),4 位病人曾诊断肺结核,5 位病人具有糖尿病、肿瘤、结缔组织病、心功能不全等伴随疾病,1 位病人具有气胸的表现。影像学表现均以条片影和结节影为主。胸水腺苷脱氨酶(ADA)水平中位数为 48.85 U/L (2.6-89.7 U/L),乳酸脱氢酶(LDH)中位数 719.7 (67.7- 3699.3 U/L)。8 位病人都采用了胸腔闭式引流,6 位病人使用了抗结核分枝杆菌药物联合其他抗生素的治疗方案,4 位病人使用了糖皮质激素治疗,其余病人使用了不同程度的抗生素治疗。所有病人的胸腔积液减少或完全清除。8

位病人中 2 位因肿瘤放弃治疗出院, 1 位病人因心功能不全转院行心脏手术, 1 位回当地医院继续治疗, 其余 4 位病人治疗好转出院。

**结论** 非结核分枝杆菌胸膜炎的病例并不罕见, 需引起临床医生的注意。胸水腺苷脱氨酶水平升高并不是结核性胸膜炎特有表现, 拿到病原学证据才是诊断的“金标准”。

## PU-2759

### 昆明地区 25324 例育龄期妇女 TORCH 感染状况分析

王珏, 肖雪, 钱源, 段勇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 分析本地区育龄妇女优生十项 (TORCH) 的筛查结果, 了解目前昆明地区 TORCH 的感染状况, 为提高生育质量提供参考。

**方法** 以 2015 年 1 月至 2019 年 1 月在昆明医科大学第一附属医院进行筛查的 25324 例育龄期妇女为研究对象, 采用酶联免疫技术 (ELISA) 检测血清 TORCH 特异性抗体 IgG 及 IgM 并进行统计分析。

**结果** 所筛查育龄妇女的弓形虫 (TOX)、风疹病毒 (RV)、单纯疱疹病毒 I/II (HSV I/II)、巨细胞病毒 (CMV) IgG 抗体阳性率分别为: 2.19%、82.42%、78.02%、12.08%、94.51%; 其 IgM 抗体阳性率分别为: 0.22%、1.24%、1.23%、3.25%、2.23%。

**结论** 本地区有一定比例的育龄妇女感染 TORCH, 而 RV-IgG 和 CMV-IgG 阳性率较高, 应加强育龄期妇女产前筛查 TORCH 力度, 降低先天性 TORCH 感染风险, 提高人口素质。

## PU-2760

### GINS2 酵母双杂交诱饵质粒的构建及自激活检测

潘玉卿<sup>1</sup>, 张曦<sup>2</sup>  
1. 昆明医科大学第一附属医院  
2. 云南省肿瘤医院·昆明医科大学第三附属医院检验科

**目的** 构建人 GINS2 诱饵质粒并行自激活作用检测, 为阐明 GINS2 及其相互作用蛋白在急性早幼粒细胞白血病中的作用奠定基础

**方法** 以 pCDNA3.1-GINS2 质粒为模板, 采用聚合酶链反应 (PCR) 扩增获得其全长片段, 分别在序列两端添加 Sfi I 的酶切位点后克隆至载体 pGBKT7, 构建诱饵质粒 pGBKT7-GINS2。经酶切与测序鉴定成功后, 将其与对照质粒共转化至酵母细胞 AH109 中恒温培养 4 天, 提取转化的酵母蛋白行 Western blot 法检测诱饵蛋白的表达情况, 随机挑取 6 个菌落行 HIS3、ADE2 和 LacZ 共 3 个报告基因的自激活效应检测。

**结果** 酵母双杂交诱饵质粒 pGBKT7-GINS2 经酶切及测序鉴定后证明构建正确。通过对报告基因的检测证明诱饵质粒无毒性及自激活效应。Western blot 法检测融合蛋白的表达与预期一致, 其能在 AH109 酵母细胞中稳定表达。

**结论** 成功构建人 GINS2 酵母双杂交诱饵质粒, 其表达蛋白对酵母 AH109 无毒性及自激活效应, 可用于后续蛋白筛选实验。

## PU-2761

## Kidney Injury among Older Adult: A Community-Based Study in North China

Yujie Cao, Riu Liu  
Tianjin Union Medical Center

**Objective** Chronic kidney disease (CKD) is a global problem and is a common disorder in older people. This study was performed to estimate the prevalence of kidney injury and the associated risk factors among older adults in the Chinese community.

**Methods** This was a community-based study in north China, and 1605 elderly were selected for the study and a cross-sectional study was conducted. Of these, 666 subjects (protein negative,  $eGFR > 60 \text{ mL/min/1.73m}^2$ ) were randomly selected for  $eGFR$  for a 3-year follow-up. The prevalence of kidney injury and degree of risk distribution were calculated and factors associated with renal outcomes analyzed by logistic regression.

**Results** Of 1605 subjects, the prevalence of CKD was estimated as 33.21%, and 7.66% had declined renal function and 29.71 % had glomerular injury. Moreover, 6.01% had low  $eGFR$  at the end of the 3-year follow-up in 666 subjects. The prevalence of low, moderately increased, high, and very high kidney damage risk was 66.79%, 26.36%, 5.54%, and 1.3%, respectively. And the prevalence of kidney injury increased markedly with age, BMI and triglyceride and waist circumference (TG and WC) phenotype. The OR of individuals of hyperlipidemia, hypertension, hyperglycemia and obesity to cause the kidney injury were  $> 1$ .

**Conclusions** The prevalence of kidney injury is high among the elderly in north China community and its prevalence increases in parallel with age, BMI and TG and WC phenotype, and most elderly are at low risk degree. Hyperlipidemia, hypertension, hyperglycemia and obesity are risk factors for kidney damage.

## PU-2762

## Large malformed nuclear and flamboyant plasma cells in a patient of refractory multiple myeloma

Juan Zhang, Yuan He

clinical laboratory of sichuan academy of medical science & sichuan provincial people's hospital

**Objective** To introduce a rare case of refractory multiple myeloma.

**Methods** Bone mineral density (BMD) scans and CT scans, complete blood count, complete blood count, Fluorescence in situ hybridization (FISH) and Bone marrow smearing were made.

**Results** Bone mineral density (BMD) scans and CT scans revealed thoracic fractures. The complete blood count showed hemoglobin 77g/L, RBC  $2.36 \times 10^{12}/L$ , leukocytes  $4.32 \times 10^9/L$  and platelets  $219 \times 10^9/L$ . Humoral immunity showed IgG 4.33 g/L (7.0-16.0), IgA 42.8g/L (0.7-4.0), IgM 0.186g/L (0.4-2.8),  $\kappa$  light chains 14.6g/l (1.7-3.7),  $\lambda$  light chains 0.5g/l (0.9-2.1),  $\kappa/\lambda$  29.2. On  $\bar{c}$ , the side scatter/CD45 gated cell cluster lacked expression of CD19, CD20, CD10, or CD117 but expressed CD38, CD138 and CD56 (partly expressed) and  $\kappa$  light-chain restriction. Serum protein electrophoresis and immunofixation electrophoresis revealed M-component immunoglobulin A (IgA)- $\kappa$  paraprotein. Fluorescence in situ hybridization (FISH) displayed IGH(14q32) rearrangement, 1q21 site amplification. Bone marrow smear showed accumulation of mature and immature plasma cells up to 36.5%. These plasma cells are large in size and vary widely in morphology, most of which showed malformed nuclear and flamboyant morphology. Based on the above results, the patient was eventually diagnosed with immunoglobulin A  $\kappa$  type, stage III group A multiple myeloma (MM).



**Conclusions** Plasma cell myeloma presents highly diverse morphologies, especially in refractory MM (Sarid N et al, 2016). The rare morphology of plasma cells is often misleading. Meanwhile, plasma cell neoplasms with large size, malformed nuclear and flamboyant morphology have not been described. The present case highlights the importance of recognizing rare plasma cell variants, as well as the continuing value of morphological evaluation.

## PU-2763

### 染色体荧光原位杂交技术及核型分析在产前诊断中的对比研究

王珏,肖雪,钱源,段勇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨与羊水细胞染色体核型分析相比,荧光原位杂交(fluorescence in situ hybridization,FISH)技术在产前诊断中的应用价值。 探讨与羊水细胞染色体核型分析相比,荧光原位杂交(fluorescence in situ hybridization,FISH)技术在产前诊断中的应用价值。

**方法** 对 2015 年 1 月至 2018 年 3 月昆明医科大学第一附属医院 972 例孕妇抽取羊水体外培养后进行染色体核型分析,其中所有羊水标本同时应用 FISH 技术直接对间期核细胞进行 13、18、21、X、Y 的染色体数目检测。

**结果** (1)972 例中,共完成羊水细胞核型分析 970 例,诊断成功率为 99.8%(970/972),其中异常染色体核型占 5.14%(50/972),报告时间平均为(25.32±4.23)d。(2) FISH 检测 972 例患者,FISH 诊断成功率为 100%,共发现染色体异常 39 例,占 4.01%(39/972); (3)在染色体数目的诊断上,972 例的 FISH 检测与染色体核型分析的一致率为 100%,包括唐氏综合征患儿 25 例, 18-三体综合征患儿 8 例, 13 三体综合征患儿 3 例, 特纳综合征患儿 2 例, 克氏综合征患儿 1 例, 平均报告时间为 5d。

**结论** (1)FISH 技术应用于产前诊断染色体数目异常,成功率高,准确可靠,较常规核型分析方法有效缩短报告时间。(2)对于可能存在染色体结构异常的患者,单纯使用 FISH 将发生漏诊。(3)FISH 不能完全替代常规染色体核型分析,疑有染色体结构异常者,必须同时行羊水细胞染色体核型分析。

## PU-2764

### 拉曼光谱在胞外囊泡检测中的应用

王素  
南京鼓楼医院

**目的** 综述拉曼光谱在 EVs 检测中的应用、重要意义以及其可改进之处。细胞外囊泡 (Extracellular vesicles, EVs) 由多种细胞分泌,存在于人体多种体液中,如:血浆、尿液、唾液、脑脊液、乳汁等,根据其粒径大小及来源可分为三个亚型,即:外泌体 (Exosomes, 30~200nm)、微囊泡 (Micro vesicles, 200~1000nm) 和凋亡小体 (The apoptotic body, >1000nm),其携带着源细胞核酸、蛋白、脂质等成分,参与细胞间通讯,与多种疾病的发生以及肿瘤的转移密切相关,因此在作为肿瘤标志物方面, EVs 引起研究人员的关注,成为正在发展的液体活检技术的检测靶标且优势明显,但目前对 EVs 的表征研究局限性较大, NTA 侧重浓度与粒径大小的分析,流式细胞术或是其他一些技术对 EVs 的组成分析需要通过抗体标记且检测多集中在 EVs 表面的几种蛋白,研究已知肿瘤患者的 EVs 与健康人的 EVs 不论在数量上还是在表面蛋白的表达上都有明显的差别,这表明 EVs 作为肿瘤标志物,对早期癌症诊断具有重要作用,因此,对 EVs 以及单个 EVs 异质性的检测与分析具有重要作用。拉曼光谱是一种基于光子与分子振动相互作用引起的激光非弹性散射的技术,自发现以来,应用于多种领域,近年其在生物医学研究方面的得到广泛应用,并且随着技术的

发展, 拉曼光谱出现多种变型, 如结合了光捕获技术的光镊拉曼光谱、表面增强拉曼光谱, 共振拉曼光谱等等, 技术联合应用使得其检测的灵敏度、信噪比等得到进一步的提高, 同时也推广了拉曼光谱的应用范围。

**方法** 参阅文献, 进行分类总结

**结果** 用拉曼光谱检测 EVs 获得其指纹图谱, 利用主成分分析可对 EVs 进行异质性分析, 并且对 EVs 进行分类。拉曼光谱的检测通量具有局限性, 每次检测耗时较长。

**结论** 拉曼光谱可通过检测 EVs 对早期肿瘤进行诊断, 具有重要的应用价值。该技术无需对样品进行特殊处理, 操作简单, 检出率较高。同时其检测技术可进一步改进,

## PU-2765

### 羟苯磺酸钙对血清肌酐测定干扰的初步探索

何维芝

昆明医科大学

**目的** 初步探索羟苯磺酸钙对实验室血清肌酐测定常规方法的干扰。

**方法** 参照《中华人民共和国卫生行业标准》WS/T 416-2013 干扰实验指南, 对昆明医科大学第二附属医院检验科实验室常用方法测定血清肌酐进行口服实验和体外配对差异实验及剂量效应实验, 来初步探索羟苯磺酸钙对肌氨酸氧化酶法和碱性苦味酸法测血清肌酐的影响。

**结果** 口服实验结果, 肌氨酸氧化酶法: 服药前均值为 68.500umol/L, 服药后均值为 45.800umol/L, 配对 t 检验  $P < 0.001$ , 差异有统计学意义; 碱性苦味酸法服药前均值为 68.000umol/L, 服药后均值为 78.000umol/L, 配对 t 检验  $P < 0.001$ , 差异有统计学意义。体外配对差异实验结果显示羟苯磺酸钙对肌氨酸氧化酶法存在负干扰, 而对碱性苦味酸法干扰在实验室可接受范围; 肌氨酸氧化酶法剂量效应实验结果: 低值肌酐样本, 干扰效应回归曲线方程  $Y = -0.1578X^2 + 5.6424x - 0.9891$  ( $R = 0.9936$ ); 正常值肌酐样本, 干扰效应回归曲线方程  $Y = 0.2156X^2 - 7.2732x - 1.0663$  ( $R = 0.9921$ ); 而高值肌酐样品, 干扰剂量效应回归方程  $Y = -0.0036X^2 - 0.3337x - 0.0277$  ( $R = 0.9993$ )。羟苯磺酸钙对不同肌酐浓度血清样本的干扰程度不同, 其中低值、正常值浓度肌酐血清样本受到的干扰大于高常浓度肌酐血清样本。

**结论** 羟苯磺酸钙对肌氨酸氧化酶法检测血清肌酐存在明显负干扰, 浓度越高, 干扰越大; 羟苯磺酸钙对碱性苦味酸法检测血清肌酐的干扰在本实验室可接受范围内; 羟苯磺酸钙主要对较低浓度肌酐的血清产生干扰效应。针对羟苯磺酸钙对检测血清肌酐的干扰, 建议各临床实验室在分析血清肌酐时结合而胱抑素 C、尿素等指标整体分析, 避免有可能是药物导致结果降低, 从而对患者情况做出错误判断。

## PU-2766

### 抗 ANA、dsDNA、ENA 抗体谱在自身免疫疾病中的临床价值研究

杨玲

惠州市第一人民医院

**目的** 对各类自身免疫疾病中 ANA 抗体、ENA 抗体与 dsDNA 抗体的阳性状况以及诊断意义展开探讨, 同时分析并验证这些抗体的相关性以及敏感性。

**方法** 收集 2014~2018 年在惠州第一人民医院所有自身免疫病患者的风湿三项的结果, 归入实验组, 然后再分为 SLE (系统性红斑狼疮) 组, MTCD (混合型结缔组织病) 组、PSS (系统性硬皮病) 组、SS (干燥综合征) 组以 PM (皮炎) 组, 回顾性分析上述各组病人自身抗体测定结果,

同时设对照,对照为门诊体检的 100 例人员,ANA,ENA,dsDNA 抗体的检测均采用 ELISA 法,对其结果进行敏感性分析并探讨各抗体与疾病的相关性,以及抗体间的相关性。

**结果** ANA,ENA,dsDNA 抗体联合检测结果阳性可出现于多种临床自身免疫性疾病中。惠州市第一人民医院 2014~2018 年所有自身免疫性疾病的患者 ANA,ENA,dsDNA 抗体阳性率依次是 37.6%、11.2%以及 10%,统计分析所得 P 值都在 0.05 以下,表明存在显著差异;在各实验组内,ANA 抗体阳性率最高的是 SLE 组,达 88.7%;RNP 抗体阳性率最高的是 MCTD 组,达 100%;SSA 与 SSB 这两项指标在 SS 组内相对较高,依次是 59%以及 50%;Scl-70 抗体阳性率在 SSC 组较高,达 80%;PM 组内阳性率最高的抗体为 Jo-1,达 87.5%。上述结果与其他研究结果相符。

**结论** 各种自身抗体的阳性率同各类免疫疾病存在一定联系,此外,各抗体间也互相影响。其次,患自身免疫性疾病病人机体内部,分布着诸多自身抗体抗体,即“免疫泛化现象”,对三类抗体实施联合测定,根据抗体间相关性,可以通过互补提高自身抗体的检出率,有助于自身免疫性疾病的诊断和鉴别。

## PU-2767

### 荧光原位杂交技术在诊断患儿染色体嵌合中的应用研究

王珏,肖雪,段勇,钱源  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨与外周血细胞染色体核型分析相比,荧光原位杂交(fluorescence in situ hybridization,FISH)技术在诊断患儿染色体嵌合中的应用价值。

**方法** 对 2015 年 1 月至 2018 年 3 月昆明医科大学第一附属医院 35 例新生儿科送检的外周血体外培养后进行染色体核型分析,其中所有外周血标本同时应用 FISH 技术直接对间期核细胞进行 13、18、21、X、Y 的染色体数目检测。

**结果** (1)35 例中,共完成羊水细胞核型分析 34 例,诊断成功率为 97.1%(34/35),其中异常染色体核型占 2.94%(1/34),报告时间平均为(25.32±4.23)d。(2) FISH 检测 35 例患者,FISH 诊断成功率为 100%,共发现染色体异常 2 例,占 5.71%(2/35);(3)在染色体数目的诊断上,34 例的 FISH 检测与染色体核型分析的一致率为 100%,其中有 1 例比较特殊,患儿为 XX、XY、X0 的嵌合体,由于其 XX 嵌合比例较低,核型结果未发现其 XX 的嵌合体,该患儿核型最终由 FISH 结果进行诊断为 45,X0[300],XY[80],XX[30],平均报告时间为 5d。

**结论** (1)FISH 技术应用于产前诊断染色体数目异常,成功率高,准确可靠,较常规核型分析方法有效缩短报告时间。(2)对于可能存在染色体嵌合的患者,使用 FISH 可通过较多的细胞计数来判断其嵌合比例,这对于核型分析来说可避免由于细胞计数的不足导致的漏判或错判,也可避免由于培养细胞过程中优势细胞的生长过多而导致遗漏劣势细胞。(3)FISH 不能完全替代常规染色体核型分析,疑有染色体结构异常者,必须同时行外周血细胞染色体核型分析。

## PU-2768

### Hypermethylation of GSTP1 promoter predicts short-term prognosis in acute-on-chronic hepatitis B liver failure

Chengxi Sun  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** To evaluate the methylation level of GSTP1 promoter in acute-on-chronic hepatitis B liver failure and determine its predictive value for prognosis.

**Methods** One hundred and five patients with acute-on-chronic hepatitis B liver failure, 86 with chronic hepatitis B (CHB) and 30 healthy controls (HC) were retrospectively enrolled. GSTP1 methylation level in peripheral mononuclear cells (PBMC) was detected by MethyLight. Clinical and laboratory parameters were obtained.

**Results** GSTP1 methylation levels were significantly higher in patients with acute-on- chronic hepatitis B liver failure (median 16.84%, interquartile range 1.83–59.05%) than those with CHB (median 1.25%, interquartile range 0.48–2.47%;  $P < 0.01$ ) and HC (median 0.80%, interquartile range 0.67–1.27%;  $P < 0.01$ ). In acute-on- chronic hepatitis B liver failure group, nonsurvivors showed significantly higher GSTP1 methylation levels ( $P < 0.05$ ) than survivors. GSTP1 methylation level was significantly correlated with total bilirubin ( $r = 0.29$ ,  $P < 0.01$ ), prothrombin time activity ( $r = -0.24$ ,  $P = 0.01$ ) and model for end-stage liver disease (MELD) score ( $r = 0.26$ ,  $P = 0.01$ ). When used to predict 1- or 2-month mortality of acute-on-chronic hepatitis B liver failure, GSTP1 methylation showed significantly better predictive value than MELD score [area under the receiver operating characteristic curve (AUC) 0.89 vs. 0.72,  $P < 0.01$ ; AUC 0.83 vs. 0.70,  $P < 0.05$  respectively]. Meanwhile, patients with GSTP1 methylation levels above the cut- off points showed significantly poorer survival than those below ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Aberrant GSTP1 promoter methylation exists in acute-on-chronic hepatitis B liver failure and shows high predictive value for short-term mortality. It might serve as a potential prognostic marker for acute-on-chronic hepatitis B liver failure.

## PU-2769

### Anti-restriction protein KlcA<sub>HS</sub> enhances carbapenem resistance

Wei Liang

Department of Laboratory Medicine , the Second People's Hospital of Lianyungang, Jiangsu, China

**Objective** The KlcA<sub>HS</sub> gene was identified as coexisting with the bla<sub>KPC-2</sub> gene in the backbone region of a series of bla<sub>KPC-2</sub>-harboring plasmids. The purpose of the present study was to determine the association between the KlcA<sub>HS</sub> and bla<sub>KPC-2</sub> genes

**Methods** KlcA<sub>HS</sub> deletion and complementation experiments were employed to evaluate the association between KlcA<sub>HS</sub> and carbapenem minimal inhibition concentrations (MICs). Reverse transcription-quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR) was used to detect changes in the expression levels of bla<sub>KPC-2</sub> upon knocking out the KlcA<sub>HS</sub> gene in a bla<sub>KPC-2</sub>-harboring plasmid.

**Results** The imipenem MIC of the transformants harboring DKlcA<sub>HS</sub>pHS10842 was lower (16 µg/ml) than that of the transformants harboring wild-type pHS10842 (32 µg/ml), while the kanamycin MIC of the transformants harboring pET24a was lower (1,024 µg/ml) than that of the transformants harboring pET24a-KlcA<sub>HS</sub> (2,048 µg/ml). The imipenem MICs of the two NM1049 Escherichia coli strains carrying plasmids pHS092839 or DKlcA<sub>HS</sub>pHS092839 exceeded 16 µg/ml, while the ertapenem MIC of the host strains harboring DKlcA<sub>HS</sub>pHS092839 was 4 µg/ml compared with the 38 µg/ml observed in the host strains carrying pHS092839. The RT-qPCR results demonstrated that the messenger RNA expression levels of bla<sub>KPC-2</sub> in the transformants carrying DKlcA<sub>HS</sub>pHS092839 were significantly downregulated ( $P=0.007$ ) compared with the transformants carrying pHS092839.

**Conclusions** These findings revealed that KlcA<sub>HS</sub> could elevate the MIC values of various antibiotics by upregulating the expression levels of bla<sub>KPC-2</sub>. As such, KlcA<sub>HS</sub> could confer increased resistance to carbapenems in the host strains. The survival probability of clinical pathogens may be enhanced by the presence of the KlcA<sub>HS</sub> gene in antibiotics used at large scale.

## PU-2770

## 乙肝常见模式伴 HBc-IgM 阳性者血清中 HBV-DNA、AST 及 ALT 的水平变化分析

任俊羽<sup>1</sup>, 余波<sup>2</sup>

1. 无

2. 昆明医科大学第二附属医院

**目的** 本文通过研究 HBc-IgM 为阳性的乙肝患者血清中 HBV-DNA、AST 及 ALT 的水平较 HBc-IgM 阴性者有无变化, 从而探讨抗 HBc-IgM 与 HBV-DNA 在人体内复制及肝细胞受损之间的关系。

**方法** 针对昆明医科大学第二附属医院 2018 年 2 月-9 月共 272 例乙肝病毒感染者检测其乙肝血清标志物, AST 和 ALT 水平及 HBV-DNA 的复制量。并根据患者感染模式不同分为 A 组大三阳组、B 组小三阳组和 C 组其他模式, 并根据每种模式下乙肝核心 IgM 抗体为阳性还是阴性又分为两个小组 (A1, A2、B1, B2、C1, C2)。其中, 男性共 198 例, 女性共 74 例。

**结果** HBV-DNA 复制率及复制水平两个指标, A1 与 A2 组均高且差异均无统计学意义, B1 组均高于 B2 组, C1 组均高于 C2 组; 抗-HBc IgM 阳性及阴性时, HBV-DNA 的复制率及复制水平 A1>B1 和 C1; A2>B2 和 C2, 差异有统计学意义。AST、ALT 在 >160U/L 区间内, HBc IgM 为阳性时, 各组的人数占比均升高, 而抗-HBc IgM 阴性者则无该特征; 抗-HBc IgM 阳性时, AST、ALT 检测值处于 ≤40U/L (正常) 区间内的人数占比均呈现大三阳、小三阳及其他模式依次递减的趋势。但抗-HBc IgM 阴性时, 该趋势刚好相反; 而抗-HBc IgM 阳性时 41-80U/L 的区间内, 三种模式下 AST、ALT 的人数占比基本呈现递增的趋势, 而抗-HBc IgM 阴性时的趋势也刚好相反。

**结论** 在大三阳模式下, HBV-DNA 的复制率及复制水平均较高, 更容易在患者体内复制且与抗 HBc-IgM 是否为阳性无关; 而在小三阳与其他模式下, HBV-DNA 仅更容易在 HBc IgM 阳性者体内复制; 抗 HBc-IgM 阳性时大三阳的 HBV-DNA 复制率及复制水平均高于小三阳和其他模式; 抗 HBc-IgM 阴性时亦然。此外抗-HBc IgM 阳性的乙肝患者可能更容易出现较重的肝细胞受损; 大三阳患者在抗-HBc IgM 阳性时更不容易出现肝组织轻微损伤情况 (如: AST、ALT:41-80U/L)。但抗-HBc IgM 阴性时的大三阳患者情况则正好相反。

## PU-2771

## The Hypermethylation of GPARB1 gene predicts prognosis of acute-on-chronic hepatitis B liver failure

Chengxi Sun

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** To evaluate TGR5 promoter methylation in PBMCs of ACHBLF patients, CHB patients and HCs for prediction prognosis of acute-on-chronic hepatitis B liver failure.

**Methods** We enrolled 76 consecutive ACHBLF patients, 80 chronic hepatitis B (CHB) patients and 30 healthy controls (HCs). Methylation status of TGR5 promoter in peripheral mono-nuclear cell (PBMC) was detected by methylation-specific polymerase chain reaction (MSP). The mRNA level of TGR5 was determined by quantitative real-time polymerase chain reaction (RT-qPCR).

**Results** We found that the frequency of TGR5 promoter methylation was significantly higher in ACHBLF (35/76, 46.05%) than CHB patients (5/80, 6.25%;  $\chi^2 = 32.38$ ,  $P < 0.01$ ) and HCs (1/30, 3.33%;  $\chi^2 = 17.50$ ,  $P < 0.01$ ). TGR5 mRNA level was significantly lower ( $Z = -9.12$ ,  $P < 0.01$ ) in participants with aberrant methylation than those without. TGR5 methylation showed a sensitivity of 46.05% (35/76), specificity of 93.75% (75/80), positive predictive value (PPV) of 87.5% (35/40) and negative predictive value (NPV) of 64.66% (75/116) in discriminating ACHBLF from CHB patients. ACHBLF patients with methylated TGR5 showed significantly poor survival than those without ( $P < 0.01$ ). When used to predict 3-month mortality of ACHBLF, TGR5 methylation [area

under the receiver operating characteristic curve (AUC) = 0.75] performed significantly better than model for end-stage liver diseases (MELD) score (AUC = 0.65;  $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Our study demonstrated that aberrant TGR5 promoter methylation occurred in ACHBLF and might be a potential prognostic marker for the disease.

## PU-2772

### 特发性膜性肾病预后危险因素的研究进展

骆琳, 吴丽娜

中国医科大学附属盛京医院, 110000

**目的** 特发性膜性肾病 (idiopathic membranous nephropathy, IMN) 起病隐匿, 预后差异显著, 约 1/3 可自发缓解, 30%~40% 治疗无效发展为终末期肾病 (end-stage renal disease, ESRD)。在疾病早期是否可以通过患者的自然情况、实验室检查指标及病理指标对 IMN 患者进行危险分层, 以期对不同危险分层的患者采取适宜的治疗方案, 既可降低低危患者由于不必要的治疗而带来的医疗风险和额外的治疗费用; 又可避免高危患者由于采用不恰当的治疗方案而导致治疗失败, 进展至 ESRD 阶段。

**方法** 多数学者认为患者自然情况 (种族、年龄、高血压、吸烟、性别) 与 IMN 预后相关; 实验室检测中, 常规检测指标 (胆固醇、血糖、血清白蛋白、血红蛋白)、肾损伤相关指标 (GFR、24 小时尿蛋白、尿免疫球蛋白 G、 $\beta_2$  微球蛋白、 $\alpha_1$  微球蛋白、N-乙酰-D-氨基葡萄糖苷酶、嗜中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白、尿肾损伤分子-1) 以及细胞命运决定因子、尿纤维蛋白原、尿白细胞介素-8、生长分化因子-15、微小 RNA 等都是影响 IMN 预后的因素; 在肾脏病理指标中, 与肾小球相关的肾小球密度、补体沉积情况、合并新月体及局灶节段性肾小球硬化样变, 以及与肾小管相关的小管间质损伤程度、间质细胞群也会影响到 IMN 的疾病进展。

**结果** 此外, M 型磷脂酶 A2 受体及其抗体、1 型血小板反应蛋白 7A 域抗体以及裂隙膜分子 Nephrin 和自噬体表达情况都是影响 IMN 预后的特异性的因子。

**结论** 我们希望通过血清学和尿液这种微创甚至无创的检查方法在疾病早期准确预判疾病发展, 从而指导临床进行有效治疗。

## PU-2773

### miR-152 对 SHI-1 细胞增殖、转移及致瘤性的调控机制

武坤, 袁峰, 祝艳翠

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探究 miR-152 对人急性单核细胞白血病细胞系 SHI-1 增殖、转移及致瘤性的调控机制。

**方法** 将购买的 SHI-1 细胞系进行 miR-152 过表达或抑制处理并设置阴性对照组 (NC 组)。CCK-8 法检测各组细胞活力。划痕愈合实验检测各组细胞迁移能力。Transwell 检测各组细胞侵袭能力。Western blot 检测各组细胞 Cyclin D1、Caspase-3、MMP-2、TIMP-2、E-cadherin、N-cadherin 的表达。Annexin V-FITC/PI 双染检测各组细胞凋亡情况。裸鼠成瘤实验检测各组细胞的致瘤性。

**结果** 与 NC 组相比, miR-152 agomir 组细胞活力显著下降, 细胞迁移和侵袭能力也显著下降 (均  $P < 0.05$ ), 而 miR-152 antagomir 组的细胞活力以及细胞迁移和侵袭能力则显著上升 (均  $P < 0.05$ )。与 NC 组相比, miR-152 agomir 组细胞 Cyclin D1、MMP-2、N-cadherin 蛋白水平显著下调 ( $P < 0.05$ ), 但 Caspase-3、TIMP-2 和 E-cadherin 表达在上述组中明显升高。同时, 细胞凋亡增强, 裸鼠致瘤性降低 ( $P < 0.05$ )。miR-152 antagomir 组 Cyclin D1、MMP-2 和 N-cadherin

被显著诱导, 但该组 Caspase-3、TIMP-2 和 E-cadherin 的蛋白表达显著下调。同时, 细胞凋亡减少, 裸鼠致瘤性增强 ( $P<0.05$ )

**结论** miR-152 能抑制 SHI-1 细胞系增殖、转移及致瘤的能力, 同时诱导细胞凋亡, 其机制可能与 miR-152 调控 MMP-2 以及 TIMP-2 等侵袭转移相关因子存在关联。为急性淋巴白血病治疗提供了理论基础。

## PU-2774

### HIV 抗体阳性致加样针携带污染的发现及对策

高志芬

成都中医药大学附属医院, 610000

**目的** 分析全自动化学发光免疫分析仪检测 HIV 抗体产生携带污染对检测结果的影响, 并寻找解决方案。

**方法** 收集 2018 年 1-12 月疑似污染源标本 9 例, 新采污染源标本 9 例, 被污染标本 11 例, 新采被污染标本 11 例, 采用增加一次 75% 的酒精冲洗, 污染源标本和被污染标本的新旧标本同时用化学发光、ELISA 检测, 测得结果进行比较, 分析全自动化学发光免疫分析仪测定 HIV 抗体携带污染对标本结果的影响。

**结果** 9 例 HIV 抗体阳性标本产生的携带污染连续污染了后续的 1-2 个标本结果, 并且还对 2 例后续标本本身进行污染, 增加一次 75% 酒精洗涤程序, 可以消除这种现象。

**结论** 全自动化学发光免疫分析仪测定 HIV 抗体产生的携带污染, 影响后续标本检测结果的准确性, 增加一次 75% 酒精清洗能够消除携带污染。

## PU-2775

### 蝶形微流控芯片即时检验呼吸道病原体的研究

汪骅, 李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院), 200120

**目的** 研制一款蝶形微流控芯片, 结合环介导等温扩增 (loop-mediated isothermal amplification, LAMP) 技术实现临床样本中呼吸道病原体的即时检验。

**方法** 建立芯片外 LAMP 检测肺炎支原体及肺炎链球菌的方法。测序分析及酶切验证 LAMP 产物, 确定方法的准确性。根据蝴蝶翅膀的对称性, 采用仿真计算流体力学软件 ANSYS Fluent 和 AutoCAD 软件设计蝶形微流控芯片, 软光刻技术制作 SU-8 阳模, 模塑法制作聚合物/纸微流控芯片。分析功能化微流控芯片检测病原体的灵敏度。比较芯片法与酚氯仿法提取病原体基因组 DNA 的效率。采用芯片法与常规 PCR 法、实时荧光定量 PCR 法及培养法检测 63 例儿童咽拭子及肺泡灌洗液中肺炎支原体 (Mp) 及肺炎链球菌 (Sp), 进行方法学对比分析。

**结果** LAMP 检测 Mp 及 Sp 具有高特异性。分别采用 MseI 和 BtsI mutI 限制性核酸内切酶消化 Mp 和 Sp 的 LAMP 产物, 均得到主要三条特异性 DNA 片段。LAMP 产物测序分析进一步验证了方法的准确性。蝶形芯片包括 DNA 提取区, 流体控制区及基因等温扩增、可视化检测区。功能化 LAMP 芯片检测 Mp 及 Sp 基因组 DNA 的检出限均为 20 fg。芯片法与酚氯仿法提取临床样本及培养的病原体的基因组 DNA 量无显著差异。蝶形芯片在 15 分钟内完成病原体 DNA 提取, 提取效率与酚氯仿法无显著差异。蝶形芯片检测 Mp 与实时定量荧光 PCR 比较, 灵敏度和特异度分别为 96.9% 和 100%。Sp 培养法及传统 PCR 检测法与芯片法比较, 检出率分别为 40% 和 60%。

**结论** 本研究自制了一款集病原体核酸提取、扩增及可视化检测于一体的蝶形微流控芯片, 结合等温扩增技术实现了病原体的快速、高灵敏度、高特异性检测。

## PU-2776

## 浅析一例由反复感染引起多次严重粒细胞缺乏症

陈虹,王兴力,赵婷  
黑河市第一人民医院检验科

**目的** 2019年1月-3月间黑河市第一人民医院发现一例多次严重粒细胞缺乏症患者,通过一系列检查结果及临床用药情况,此患者出现多次严重粒细胞缺乏的主要原因是感染。通过特殊病例的总结积累检验经验,为检验同行提供更直观有效的交流。

**方法** 发现特殊病例,跟踪随访患者检验结果及临床用药,监测病人入院时、入院后、出院时检验结果及临床症状进行分析后,得出结论。

**结果:** 患者第一次入院时检验结果: WBC: $0.33 \times 10^9/L$  NEUT#:  $0.02 \times 10^9/L$  HGB:116g/L PLT: $79 \times 10^9/L$  (我院),PCT:6.49ng/ml CRP:101.4mg/L,骨髓涂片结果:骨髓增生低下。

**结果** WBC: $8.75 \times 10^9/L$  NEUT#:  $5.28 \times 10^9/L$  HGB:114g/L PLT: $337 \times 10^9/L$ , PCT:0.18ng/ml CRP: $<10\text{mg/L}$ 。患者第二次入院时血常规结果: WBC: $0.23 \times 10^9/L$  NEUT#:  $0.01 \times 10^9/L$  HGB:101g/L PLT: $64 \times 10^9/L$  (我院),PCT:6.57ng/ml CRP:196.23mg/L。第二次出院时血常规结果: WBC: $6.20 \times 10^9/L$  NEUT#:  $3.65 \times 10^9/L$  HGB:104g/L PLT: $385 \times 10^9/L$ , PCT:0.16ng/ml CRP: $<10\text{mg/L}$ 。患者多次发病急骤,入院时出现严重粒细胞缺乏症(中性粒细胞绝对值 $<0.5 \times 10^9/L$ ),骨髓暂时受到抑制,经积极抗感染及升粒细胞治疗,出院时检验结果均在正常范围,临床症状缓解。

**结论** 反复感染引起多次严重粒细胞缺乏症及一过性骨髓抑制为特例,经积极有效的抗感染及升粒细胞治疗后可康复。

## PU-2777

## WNK1 基因 rs11611246 位点多态性与云南汉族儿童急性淋巴细胞白血病关联性

武坤,苏艳丹,曾云,杨金荣  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 分析云南汉族人群急性淋巴细胞白血病(ALL)患儿 WNK1 基因 rs11611246 位点多态性,并探讨此基因位点多态性与 ALL 发病关系。

**方法** 选择云南医科大学第一附属医院 2012 年 1 月~2019 年 1 月收治的首诊 ALL 患儿 86 例为研究对象,另选择同期健康患儿 95 例为健康对照组,收集相关资料,采用 TaqMan-MGB 探针等位基因分型技术分析 rs11611246 位点多态性,免疫印迹法检测 ALL 患者骨髓 Wnk1 蛋白表达,并进行统计学分析。

**结果** ALL 患儿与健康儿童 rs11611246 位点 GG 型、GT 型、TT 型等位基因均符合 Hardy-Weinberg 遗传平衡规律,GG 型基因会显著增加儿童 ALL 患病风险,OR: 2.002, 95%CI: 1.517~2.853,  $P=0.012$ ,合并分析后发现 G 等位基因 ALL 发病风险是 T 等位基因 2.189 倍,95%CI: 1.583~2.971,  $P=0.008$ 。GG 型基因与“出生后居室装修”、“放射性物质接触”有协同交互作用,  $P<0.05$ 。GG 型、GT/TT 型患儿第 1 疗程诱导治疗完全缓解率无显著差异,但是 GG 型患儿 5 年无复发生存率、5 年无事件生存率及 5 年总生存率显著低于 GT/TT 型患儿,  $P<0.05$ 。GG 型患儿骨髓细胞 Wnk1 蛋白表达显著低于 GT 型、TT 型,  $P<0.05$ 。

**结论** WNK1 基因 rs11611246 位点多态性与儿童 ALL 易感性相关,与部分环境因素呈协同交互作用,对患儿预后有一定影响。



## PU-2778

## Interaction of hnRNP K with MAP1B-LC1 promotes TGF- $\beta$ 1-mediated epithelial to mesenchymal transition in lung cancer cell

liping li<sup>1</sup>, Miaojuan Chen<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, The Third Affiliated Hospital of Nanchang University, Jiangxi, Nanchang

2.3. Guangzhou Institute of Pediatrics, Guangzhou Women and Children's Medical Center

**Objective** Epithelial-to-mesenchymal transition (EMT) is a highly regulated and complex molecular and cellular process, which plays a critical role in promoting metastasis in many cancer. However, the precise molecular mechanism of EMT remains unclear. Our previous study showed that hnRNPs are positive regulation nodes in the metastasis-related network and the association of hnRNP K in A549 cells with EMT.

**Methods** In this study, we demonstrated that hnRNP K were highly expressed in NSCLC, and NSCLC with higher expression of hnRNP K were more frequently rated as high-grade tumors.

**Results** MAP1B-LC1/LC1 was identified and validated as one of the proteins interacting with hnRNP K. Knockdown of MAP1B-LC1 repressed E-cadherin upregulation, vimentin downregulation and actin filament remodeling, decreased cell migration and invasion during TGF- $\beta$ 1-induced EMT in A549 cells. We also found that MAP1B-LC1 downregulation inhibited hnRNP K-mediated EMT induced by TGF- $\beta$ 1 and the formation of stress fibers.

**Conclusions** On the whole, the findings of this study suggested that hnRNP K is an important regulator of the TGF- $\beta$ 1-induced EMT process in A549 cells, which is mediated by interacting with MAP1B-LC1. These finding improves our understanding on the mechanism of TGF- $\beta$ 1-induced EMT in lung cancer.

## PU-2779

## Diagnostic value of the ratio of $\gamma$ -GT/AST, PIVKA-II and AFP in hepatitis B virus-related hepatocellular carcinoma

wang qiang

Affiliated Hospital of North Sichuan Medical college

**Objective** To evaluate the serum levels of the ratio of  $\gamma$ -GT/AST, PIVKA-II and AFP in HBV-related hepatocellular carcinoma(HCC), and the diagnostic value of single and combined detection of those three biomarkers in HBV-related HCC.

**Methods** The serum levels of the ratio of  $\gamma$ -GT/AST, PIVKA-II and AFP in 176 patients with HBV-related HCC and 359 patients with CHB were detected and calculated. Receiver operating characteristic(ROC) curve was used to analyze and compare the diagnostic efficacy of individual and combined use of various biomarkers for HBV-related HCC.

**Results** The levels of the ratio of  $\gamma$ -GT/AST, PIVKA-II and AFP in early-stage HCC, HCC, HCC(HBV DNA+) and HCC(HBV DNA-) groups were higher than those in corresponding CHB control groups( $P < 0.001$ ). The serum levels of PIVKA-II and AFP were positively correlated with the tumor size of HCC( $r = 0.529$ ,  $P < 0.001$  and  $r = 0.270$ ,  $P < 0.001$ ), but not with the ratio of  $\gamma$ -GT/AST( $r = 0.073$ ,  $P = 0.336$ ). ROC curve analysis showed that the areas under the receiver operating characteristic (AUROC) curves of the ratio of  $\gamma$ -GT/AST in early-stage HCC, HCC (HBV DNA+) and HCC (HBV DNA-) were 0.755(95%CI 0.701-0.809), 0.802(95%CI 0.751-0.854) and 0.705(95%CI 0.632-0.779), respectively, and there was no significant difference with the AUROC in HCC [0.779(95%CI 0.740-0.819)] ( $P = 0.485$ ,  $P = 0.483$  and  $P = 0.085$ ). When combined with the ratio of  $\gamma$ -GT/AST in diagnosing early-stage HCC, HCC and HCC (HBV DNA+), PIVKA-II could obtain larger AUROC, as 0.859(95%CI 0.811-0.908) vs 0.839(95%CI 0.782-0.896), 0.925(95%CI

0.900-0.949) vs 0.914(95%CI 0.884-0.943) and 0.958(95%CI 0.931-0.985) vs 0.954(95%CI 0.923-0.985), respectively, and combined with the ratio of  $\gamma$ -GT/AST in diagnosing early-stage HCC, HCC, HCC (HBV DNA+) and HCC (HBV DNA-), AFP could obtain larger AUROC, as 0.758(95%CI 0.698-0.818) vs 0.628(95%CI 0.552-0.703), 0.837(95%CI 0.801-0.873) vs 0.744(95%CI 0.695-0.792), 0.868(95%CI 0.824-0.913) vs 0.757(95%CI 0.689-0.825) and 0.840(95%CI 0.784-0.895) vs 0.828(95%CI 0.768-0.888), respectively. When PIVKA-II and AFP combined with the ratio of  $\gamma$ -GT/AST in diagnosing HCC(HBV DNA-), the AUROC was the largest as 0.884 (95% CI 0.837-0.932).

**Conclusions** the ratio of  $\gamma$ -GT/AST is a good biomarker in HBV-related HCC diagnosis, and the ratio of  $\gamma$ -GT/AST may have more advantages than PIVKA-II and AFP in HBV-related early-stage HCC diagnosis. The combination with the ratio of  $\gamma$ -GT/AST can help to improve the diagnostic value of PIVKA-II and AFP in HBV-related HCC.

## PU-2780

### 血常规指标的早期筛查急性心肌梗死的临床意义研究

李丽萍,杨惠清

南昌市第一医院/江西医学院第三附属医院,330000

**目的** 分析血常规指标与急性心肌梗死(AMI)的关系,为患者的临床诊疗、严重程度评估及预后评价提供线索。

**方法** 收集2018年1月至2018年12月本院的AMI患者的资料,根据心电图及临床表现将患者分为ST段抬高型心肌梗死(STEMI)和非ST段抬高型心肌梗死(NSTEMI)两组,同时选取156例非AMI患者作为对照组,比较血常规指标与三组患者临床指标的相关性。

**结果** 279例患者纳入研究,其中男性152例,女性127例,平均年龄 $68.57\pm 13.43$ 。与对照组(156例)比较,STEMI组(75例)、NSTEMI组(48例)的白细胞计数( $9.39\pm 3.38$ 、 $7.95\pm 2.35$  vs  $6.47\pm 2.22$ ,  $P<0.001$ )、中性粒细胞绝对值( $7.28\pm 3.28$ 、 $5.86\pm 2.17$  vs  $4.45\pm 2.21$ ,  $P<0.001$ )、单核细胞绝对值( $0.53\pm 0.32$ 、 $0.45\pm 0.21$  vs  $0.45\pm 0.18$ ,  $P=0.035$ )、中性粒细胞百分比( $75.52\pm 11.39$ 、 $73.15\pm 9.86$  vs  $66.64\pm 11.16$ ,  $P<0.001$ )和中性粒细胞与淋巴细胞比值(NLR)( $6.64\pm 4.85$ 、 $5.24\pm 4.23$  vs  $3.67\pm 3.10$ ,  $P<0.001$ )均明显增高,而有更低的淋巴细胞百分比( $16.99\pm 9.73$ 、 $19.20\pm 8.93$  vs  $23.92\pm 9.03$ ,  $P<0.001$ )、嗜酸性粒细胞与白细胞比值(ELR)[(0.001,0.017)、(0.006,0.019) vs (0.007,0.028)]和血小板平均体积与白细胞比值(PLR)( $1.23\pm 0.48$ 、 $1.44\pm 0.43$  vs  $1.71\pm 0.56$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 血常规指标如白细胞计数、中性粒细胞绝对值、单核细胞绝对值、中性粒细胞百分比、淋巴细胞百分比、NLR、ELR、PLR与急性心肌梗死显著相关,对预测患者疾病程度及预后具有临床意义,其中白细胞计数、中性粒细胞绝对值是急性心肌梗死的预测因子。

## PU-2781

### 上段输尿管结石经皮肾镜取石医院感染的病原菌分布特点、危险因素及预防对策分析

王健

成都市第三人民医院,610000

**目的** 探讨上段输尿管结石经皮肾镜取石术后发生医院感染的病原菌分布特点及危险因素。

**方法** 选择本院 2015 年 5 月至 2018 年 5 月收治的上段输尿管结石并进行经皮肾镜取石术的 646 例患者为研究对象。术后收集所有患者中段尿液，对尿液中的病原菌进行分离鉴定。并应用 Logistic 回归分析术后感染发生的危险因素。

**结果** 646 例患者术后发生感染 50 例，感染发生率 7.74% (50/646)。50 例感染患者共检出病原菌 156 株，其中革兰阴性菌构成比最高，为 77.6%，其次为革兰阳性菌 (21.8%) 和真菌 (0.6%)。多因素 Logistic 分析结果显示，高龄、手术时间长、合并糖尿病、结石直径大为经皮肾镜取石术后发生感染的危险因素 ( $P<0.05$ )。

**结论** 经皮肾镜取石术后患者感染的病原菌以革兰阴性菌为主。高龄、手术时间长、合并糖尿病、结石大小等均为引起上段输尿管结石经皮肾镜取石术后感染发生的危险因素，医护人员术前应做好全面的评估和准备工作，术中规范操作，围术期加强对感染的预防。

## PU-2782

### 流式细胞术在急性淋巴细胞白血病 MRD 的应用研究

程沈菊,武坤,罗珊  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 通过流式细胞术对急性淋巴细胞白血病 MRD 检测，分析几种抗原的表达情况，探讨化疗结束后 MRD 水平与复发率的关系。

**方法** 选取 2017 年 2 月至 2019 年 1 月期间我院血液科收治的 238 例急性淋巴细胞白血病患者作为研究对象，将患者分为初诊和复诊两组，应用流式细胞术进行检测，分析化疗结束后 MRD 水平与复发率的关系。

**结果** 在初诊的 24 名患者中 MRD 阳性率为 100% (24/24)，而在 214 名复诊患者中，MRD 阳性率为 36.92% (79/214)，阴性率为 58.88% (126/214)。初诊 MRD 阳性患者复发率为 95.83% (23/24)，缓解率为 4.17% (1/24)，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。复诊 MRD 阳性患者复发率为 81.01% (64/79)，缓解率为 18.99% (15/79)；复诊 MRD 阴性患者复发率为 8.73% (11/126)，缓解率为 91.27% (115/126)，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 使用流式细胞术检测急性淋巴细胞白血病 MRD 可以预测患者的复发，检测 MRD 表面抗原的变化可以更好的配合临床的治疗和用药。

## PU-2783

### 监测相关医疗质量控制指标对临检急诊标本质量改进的作用

钟康颖,曾婷婷  
四川大学华西医院,610000

**目的** 临床检验专业医疗质量控制指标（以下简称为质量指标）是对一组固有特征满足要求的程度的衡量，它可用于监测和评价检验全过程中各个关键步骤的性能满足要求的程度。国家卫生计生委于 2015 年发布了 15 项质量指标，包含了检验全过程中的各项重要质量指标。我室持续监测与临检急诊标本相关的 7 项质量指标，通过量化每个月的质量水平，继而有针对性地进行持续改进，提高急诊标本的检验质量。

**方法** 2019 年之前，我科急诊标本分别在各专业组进行检测，2019 年 1 月成立临检急诊组，所有急诊标本由急诊组接收及处理。统计四川大学华西医院实验医学科 2018 年 1 月到 2019 年 2 月临检急诊标本的标本类型错误率、标本容器错误率、标本采集量错误率、抗凝标本凝集率、结果报告时间 (TAT) 达标率、危急值通报率、室内质控项目变异系数不合格率共 7 项质量指标。

**结果** 2018 年和 2019 年标本类型错误率、标本容器错误率、标本采集量错误率分别为 0.01%、0.00%、0.01%；抗凝标本凝集率 2018 年为 0.16%，2019 年下降为 0.15%。我室急诊凝血标本 TAT 为 60min，血常规、小便、大便急诊标本为 30min。2018 年血常规、凝血常规、小便、大便 TAT 达标率分别为 85.63%、87.65%、82.75%、72.05%，2019 年 TAT 达标率分别为 89.46%、88.46%、88.43%、83.86%。2018 年和 2019 年危急值通报率分别为 94.76%、95.67%。2018 年和 2019 年室内质控项目变异系数不合格率分别为 1.87%、1.4%。

**结论** 2019 年与 2018 年全年的平均不合格标本比率均控制在 0.00%-0.16%之间，达到一个较高的水平。通过增设急诊岗，由专人管理仪器和急诊室运营，使急诊标本 TAT 达标率、危急值通报率、室内质控项目变异系数不合格率有了提高，尤其 TAT 的达标率有了明显提高。综上所述，通过对相关质量指标的连续有效的监测、分析，科室不断增强对质量指标的关注力度，可以提升检验结果的可靠性、时效性，通过对质量指标的监管和改进，必将促进检验科质量管理持续改进。

## PU-2784

### A20 抑制肝癌细胞迁移的机制

李娜

山东大学第二医院,250000

**目的** 肝癌恶性程度高病死率高而且手术后依然具有较高的转移率，癌细胞的转移是一个多步骤多因素的复杂过程，在这过程中，有一些分子发挥着重要作用，比如 A20 分子，A20 是一种重要的免疫负调控分子，因此，我们推测 A20 是否可以抑制肝癌细胞的运动能力以及通过怎样的机制抑制肝癌细胞的运动能力。

**方法** 首先，选取肝癌病人的组织切片，运用免疫组化技术检测 A20 在癌和癌旁组织的表达是否有区别。再通过转染质粒使肝癌细胞高表达 A20 或低表达 A20，运用 transwell 小室方法进行细胞迁移和侵袭实验，观察 A20 是否可以抑制肝癌细胞的运动能力。然后再采用 PCR 和 Western-blot 方法检测 A20 对肝癌细胞 EMT 相关分子的影响。再进一步运用 Western-blot 和小干扰的方法检测 A20 通过怎样的机制影响 EMT 相关分子的变化。

**结果** 免疫组化结果显示癌旁组织中 A20 的表达明显高于癌组织。体外实验结果显示，在 TNF- $\alpha$  刺激下，当 A20 表达高时，能抑制肝癌细胞的迁移和侵袭能力。当干扰 A20 表达后，肝癌细胞的迁移和侵袭能力增强，未刺激组无论 A20 表达高低与否，对于肝癌细胞的运动能力没有影响。A20 能抑制 TNF- $\alpha$  诱导的肝癌细胞 EMT 进程，即在蛋白和 RNA 水平均能上调 E-cad，下调 N-cad，随后阻断 NF-KB 信号通路，发现 A20 抑制 EMT 相关分子的现象消失。

**结论** A20 与肝癌细胞的转移具有相关性。A20 能抑制 TNF- $\alpha$  诱导的肝癌细胞的侵袭和迁移。A20 主要通过 NF- $\kappa$ B 信号通路影响肝癌细胞的侵袭和迁移。

## PU-2785

### 白色念珠菌与血液中 Galectin-3 表达水平的关系并对慢性心力衰竭患者影响的探讨

杨正凯,全振华

黑龙江中医药大学附属第一医院,150000

**目的** 通过检测血液中 Galectin-3 的表达水平，探讨白念珠菌与血液中 Galectin-3 的关系并对慢性心力衰竭患者的影响。

**方法** 采集临床 CHF 患者及白色念珠菌深部感染的 CHF 患者，用 ELISA 法检测循环血中 Galectin-3 水平，对检测结果进行统计学分析。

**结果** 通过检测发现临床 CHF 患者的血清 Galectin-3 表达水平低于白色念珠菌深部感染的 CHF 患者组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 白色念珠菌感染通过上调循环血中的 Galectin-3 的表达水平, 而诱发并加重 CHF 的症状, 从而加强临床医生对 CHF 合并念珠菌感染患者的重视程度, 减少心脏猝死事件的发生, 利于 CHF 患者的治疗及恢复。

## PU-2786

### TNF- $\alpha$ 与 IFN- $\gamma$ 协同诱导肝癌细胞表达 B7-H1 分子

李娜

山东大学第二医院,250000

**目的** B7-H1 是一种重要的免疫负调控分子, 可以抑制 T 细胞功能, 促进肿瘤细胞的免疫逃逸。所以, 研究肝癌细胞中 B7-H1 升高的机制对于肝癌的治疗具有重要意义。本实验旨在研究肝癌微环境中细胞因子 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  对于肝癌细胞表面 B7-H1 分子表达的影响及其机制的探究。

**方法** 本实验按照研究目标分成四大部分:

(1) 选择四种不同的肝癌细胞系, 采用实时荧光定量 PCR、流式细胞术和 Western-blot 方法检测 IFN- $\gamma$  对于肝癌细胞 B7-H1 分子表达的影响。

(2) 采用实时荧光定量 PCR 以及流式细胞术方法检测 TNF- $\alpha$  与 IFN- $\gamma$  是否可以协同诱导肝癌细胞在 RNA 以及蛋白质水平表达 B7-H 分子。

(3) 进一步运用信号通路抑制剂和小干扰实验检测 TNF- $\alpha$  与 IFN- $\gamma$  协同诱导肝癌细胞表达 B7-H1 分子的机制。

(4) 采用动物实验以及肿瘤细胞与 T 细胞的共培养实验证明二者协同诱导的 B7-H1 分子是否具有免疫抵抗作用。

**结果** 在四种肝癌细胞中 IFN- $\gamma$  都可以诱导 B7-H1 分子的表达, 并且 TNF- $\alpha$  与 IFN- $\gamma$  可协同诱导肝癌细胞 B7-H1 分子的表达, 二者协同诱导的机制是 TNF- $\alpha$  通过 NF- $\kappa$ B 信号通路增强 IFNGR1 和 IFNGR2 的表达, 进一步促进 IFN- $\gamma$  信号通路的活化。动物实验以及肿瘤细胞与 T 细胞共培养实验证明 TNF- $\alpha$  与 IFN- $\gamma$  协同诱导肝癌细胞表达的 B7-H1 分子具有免疫抵抗作用, 可以促进肿瘤细胞的免疫逃逸。

**结论** 肝癌微环境中 TNF- $\alpha$  与 IFN- $\gamma$  可以协同诱导肝癌细胞表达 B7-H1 分子, 诱导表达的 B7-H1 分子具有免疫抵抗作用。所有实验研究可能提供一些靶分子, 针对这些靶分子的治疗可以减少肿瘤微环境中 TNF- $\alpha$  和 IFN- $\gamma$  诱导的肝癌细胞中 B7-H1 分子的表达, 进而有助于临床肝癌的治疗。

## PU-2787

### 2014-2017 年全国腹水标本来源细菌耐药监测报告

储丹丹

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 了解我国腹水标本中病原菌分布特点及耐药情况, 为临床合理选用抗菌药物提供依据。

**方法** 全国细菌耐药监测网 (CARSS) 各医院按统一方案和标准, 采用纸片扩散法或自动化仪器法进行细菌药敏试验。

**结果** 2014-2017 年共检出腹水来源非重复细菌 149615 株, 每年分离菌株数呈上升趋势。检出率前 4 位的菌种为大肠埃希菌 (32.9%)、肺炎克雷伯杆菌 (8.9%)、屎肠球菌 (7.0%) 和表皮葡萄球菌 (5.7%)。肠杆菌科细菌对头孢他啶、头孢噻肟、左氧氟沙星有较高耐药率, 对亚胺培南和阿米卡星耐药率较低, 但肺炎克雷伯杆菌对亚胺培南和阿米卡星的耐药率明显高于其他肠杆菌科细菌。非发酵菌中铜绿假单胞菌对阿米卡星耐药率较低, 为 4.7%, 鲍曼不动杆菌对头孢菌素、碳

青霉烯类、喹诺酮类均高度耐药，耐药率达 44.3%~69.4%，对米诺环素也有 24.3%的耐药率。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA）检出率逐年降低，未发现对利奈唑胺、万古霉素、替考拉宁耐药的菌株。MRSA 对所有抗菌药物的耐药率均显著高于甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌（MSSA）。肠球菌属检出最多的是粪肠球菌和屎肠球菌。除利奈唑胺外，粪肠球菌对其他抗菌药物的整体耐药率低于屎肠球菌。

**结论** 我国腹水来源细菌分布广泛，以大肠埃希菌、肺炎克雷伯杆菌为代表的革兰阴性杆菌为主，检出率逐年上升。腹水来源菌株耐药现象较为普遍，但近 4 年细菌耐药增长趋势较为稳定，个别菌株对特定抗菌药物的耐药率呈逐年下降趋势。大肠埃希菌、肺炎克雷伯杆菌、鲍曼不动杆菌等仍需重点监测。临床应根据药敏试验结果合理选用抗菌药物。

## PU-2788

### 同型半胱氨酸和脂蛋白（a）联合检测与冠心病的相关性研究

刘家汝

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 近年来，随着人们生活水平的提升，心脏病的发病率也越来越高。冠状动脉硬化性心脏病（冠心病）作为临床常见的心血管疾病，其高发病率和死亡率已经严重威胁到人类的健康和生命安全[1]。

**方法** 若在临床中无法通过相关手段早期发现冠心病患者的症状进行并实施治疗，会对患者造成极其严重的影响[2]。

**结果** 随着医学领域对冠心病的研究日益深入，在冠心病的临床诊断方面取得了巨大的进展[3]。许多研究表明，血浆中同型半胱氨酸和脂蛋白的水平与冠心病患者的血管功能和动脉粥样硬化的发生与发展有着密切联系，对以上两项血清生化指标进行联合检测在冠心病的早期诊断中具有重要的意义。

**结论** 现从 Hcy、Lp(a)对冠心病病变的作用机制及其诊断的临床意义进行综述。

## PU-2789

### 流式细胞术检测中性粒细胞碱性磷酸酶在再生障碍性贫血中的优越性及临床应用

朱立梅,张丽

连云港市第一人民医院,222000

**目的** 评价流式细胞术（FCM）检测中性粒细胞碱性磷酸酶（NAP）水平在再生障碍性贫血（AA）中的优越性及临床应用

**方法** 应用流式细胞术和化学染色法检测初诊全血细胞减少患者 100 例，确诊 AA 患者 40 例，作为疾病组，非 AA 原因但外周全血细胞减少患者 60 例作为疾病对照组，比较并分析两种检测方法在再障诊断中的敏感性、特异性和预测值，利用 ROC 曲线分析 NAP 在全血细胞减少患者中预测 AA 的价值

**结果** 化学染色法以积分大于 75 为阳性结果（+），小于等于 75 为阴性结果（-），流式检测 NAP 结果以大于 2460 AB/c 为阳性（+），小于等于 2460 AB/c 为阴性（-），流式细胞术检测 36 例 AA 患者中有 6 例化学法检测为阴性，其余检测结果相同，两法结果符合率为 85%，化学染色法检测 AA 敏感性（75%）、特异性（79.1%）、阳性预测价值（56.6%）、阴性预测价值（93.3%），流式细胞术检测 AA 的敏感性、特异性、阳性预测价值、阴性预测价值分别是

90.0%、93.7 %、89.6%、96.3%%，ROC 曲线分析结果表明，NAP 诊断 AA 的 ROC 曲线下面积为.9493，最佳切点 6388 AB/c

#### 结论

流式细胞仪检测 NAP 表达比传统细胞化学染色法测定 NAP 活性积分在敏感性、特异性和适用性方面都有很大的提高，流式检测 NAP 的方法完全优越于 NAP 的化学染色法，外周血 NAP 检测可作为 AA 诊断的辅助指标应用于临床。

## PU-2790

### 乳腺癌线粒体 ND5 基因突变研究

杜月娟, 魏佳

大庆油田总医院集团龙南医院,163000

**目的** 本研究通过检测乳腺癌、良性乳腺肿瘤散发病例中线粒体 ND5 基因变异发生情况。分析线粒体 ND5 基因突变与乳腺癌相关性及其在乳腺肿瘤发生发展中的作用。结合乳腺癌患者临床资料探索存在于线粒体 ND5 基因上的肿瘤早期预警的分子标记。

**方法** 收集乳腺癌、良性乳腺肿瘤组织标本，同时采集患者外周血，对乳腺癌和良性乳腺肿瘤组织中的线粒体 ND5 变异情况进行扩增、测序并分析。运用生物软件对 ND5 基因发生的错义突变进行保守性分析和跨膜结构预测，探讨 ND5 基因突变致瘤的分子生物学机制。

**结果** 本研究在乳腺癌和乳腺良性肿瘤组织中均检测到线粒体 ND5 基因突变，在 74 例乳腺癌患者中，有 12 例（16.22%）检测到 ND5 基因突变共 21 个，全部为点突变，其中错义突变 12 个；在 74 例良性乳腺肿瘤患者中，有 12 例（16.22%）检测到基因突变共 25 个，全部为点突变，其中错义突变 8 个。乳腺癌中检测到的 12 个错义突变其中 6 个（50.0%）使其编码的氨基酸性质质发生了改变，在良性乳腺肿瘤中检测到的 8 个错义突变其中 2 个（25.0%）使其编码的氨基酸性质质发生了改变。

**结论** 本研究表明 mtDNA ND5 基因突变与乳腺癌和良性乳腺肿瘤发生可能存在一定相关性，与良性乳腺肿瘤相比，乳腺癌 mtDNA ND5 基因发生错义突变比率要高于良性肿瘤。

## PU-2791

### CRP、mALb、LP(a)联合检测在冠心病诊断中的应用价值

王延群,雷敏

哈尔滨市第五医院,150000

**目的** 就 CRP、mALb、LP(a)的联合检测在心血管病中的诊断价值进行探讨。

**方法** 选择我院 2016-2018 年被诊断为冠心病的住院患者作为冠心病组，其中，男性 36 人，女性 29 人，年龄（61.4±17.7）岁。对照组为来我院体检的健康人群，同时排除患有冠心病、高血压、糖尿病、免疫系统疾病及脂代谢异常等疾病，其中，男性 22 人，女性 18，年龄（62.7±15.2）岁。清淡饮食 3 天，空腹 10 小时，清晨采集静脉血 5ml，3500rpm，离心 10 分钟，取血清。同时留取晨尿 10ml。CRP 采用免疫比浊法，mALb 采用免疫比浊法，LP(a)采用免疫比浊法，所用仪器为日立 7600 全自动生化分析仪，试剂为配套试剂。数据采用 SPSS17.0 软件进行统计学分析，计量资料以均数±标准差表示，组间比较采用独立样本 t 检验，P<0.05 认为差异有统计学意义。

**结果** 冠心病组的 CRP、mALb、LP(a)水平明显高于对照组，P<0.05，差别有统计学意义；冠心病组的 CRP、mALb、LP(a)检测的阳性率分别为 61%、57%、58%，三者联合检测的阳性率为 89%，后者阳性率明显高于单独一项的阳性率，P<0.05，差别有统计学意义。

**结论** 联合检测 CRP、mALb、LP(a)可以提高冠心病的阳性率,对冠心病的早期诊断、早期干预和预后具有重要的应用价值。

## PU-2792

### 临床用抗菌药物联合对耐碳氢霉烯类肺炎克雷伯菌的体外抗菌作用研究

曹玲<sup>1</sup>,张红艳<sup>2,1</sup>

1.南昌大学第三附属医院

2.南昌大学医学院

**目的** 价临床几种常用抗菌药物对耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌 (Carbapenem Resistant Klebsiella Pneumoniae, CRKP) 的体外活性,将这些药物组合成七种不同的组合方式,并比较这七种联合用药的方案是否优于单药的给药方案。为指导临床医生合理应用抗菌药物,有效治疗 CRKP 感染提供理论依据。

**方法** (1) 应用全自动细菌鉴定药敏分析系统及 PCR 技术鉴定出 7 株临床分离出的非重复 CRKP 及其耐药基因情况并测序 (2) 应用微量肉汤稀释法测各个抗菌药物对 CRKP 的最低抑菌浓度 (minimal inhibitory concentration, MIC), 进一步用棋盘法测不同组合的联合抑菌指数 (fraction inhibitory concentration index, FICI)。

**结果** 结果 (1) 7 株菌株均为产 KPC 的肺炎克雷伯菌,测序结果也证实为 KPC 基因 (2) 多黏菌素 B 分别与亚胺培南、米诺环素、替加环素、多西环素的联合应用,均以相加作用为主;亚胺培南和米诺环素联合应用,以无关作用为主;亚胺培南分别与多西环素、替加环素的联合应用均以拮抗作用为主。

**结论** 以多黏菌素 B 为基础的联合用药 (联合亚胺培南/替加环素/米诺环素/多西环素) 对 CRKP 有更好的抗菌活性,而以亚胺培南联合米诺环素/多西环素/替加环素时抗菌活性未改变或者降低。

## PU-2793

### 68 例 Castleman 病的临床分析

李文辉

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 通过分析总结 68 例 Castleman 病 (CD) 患者的临床表现、实验室检查特点、组织病理学类型、治疗方法及预后,提高对 CD 的认识。

**方法** 回顾性分析哈尔滨医科大学附属肿瘤医院 2008 年 10 至 2018 年 8 月经组织病理学确诊的 68 例 CD 患者的临床及实验室资料,以电话方式随访全部患者,使用 SPSS22.0 统计软件对相关数据进行统计血分析。

**结果** 68 例 CD 患者中位年龄为 37.5 岁。临床诊断为单中心型 CD (UCD) 57 例 (83.3%), 诊断为多中心型 CD (MCD) 11 例 (16.2%)。病理学类型为透明血管型 43 例 (63.2%), 浆细胞型 27 例 (39.7%)。68 例 CD 患者的 5 年总生存率 (OS) 为 93.4%。在 57 例 UCD 患者中, 53 例 (92.3%) UCD 患者行完全手术切除作为一线治疗, 而 MCD 患者的治疗策略存在差异性。UCD 患者的预后优于 MCD 患者, 5 年 OS 分别为 79.6% 和 60.1%。所有 CD 患者, log-rank 检验结果发现 7 个显著危险因素分别是男性、浆细胞型、B 型症状、骨髓细胞学异常、低蛋白血症、LDH 升高。应用 Cox 回归模型对各预后因素进行分析, 结果显示低蛋白血症是 CD 独立的不良预后因素。



**结论** CD 确诊主要依靠病理检查, CD 可发生于任何年龄段, 不同临床分型临床表现有很大差异。UCD 患者常无明显临床症状, 多表现为单一淋巴结肿大, 实验室检查多正常, 主要治疗方式以手术切除为主, 且预后较好。MCD 患者常表现为全身多部位淋巴结肿大, 临床症状复杂, 可累及多脏器、多系统其中包括肾脏, 导致不同肾脏病理类型, 需要综合治疗

PU-2794

## E3 泛素连接酶 CUL4B 减缓压力诱导细胞早衰的进一步研究

韦钊

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 细胞衰老对个体健康而言是一把双刃剑。活性氧在多种类型的细胞衰老中广泛上调, 并促进细胞衰老进程, 揭示细胞衰老进程中 ROS 的调控机制对于细胞衰老相关疾病的治疗具有重要潜在价值。我们的前期研究论证了 CUL4B 对 ROS 的调控作用, 以及 CUL4B 减缓压力诱导细胞衰老的作用机制。进一步研究揭示细胞早衰进程中 CUL4B 的上游调控机制以及其中存在的反馈环仍非常重要。

**方法** 我们以压力刺激的 NHF 细胞衰老为模型, 通过病毒包装技术构建低表达和过表达 CUL4B 的细胞系, 并使用多种细胞系进一步验证。检测 CUL4B 对 p53 蛋白及其靶基因的调控作用; 通过 IP 检测 CUL4B 与 p53 蛋白的结合。预测 CUL4B 上游调控元件, 通过 RT-PCR 初步验证上游调控元件是否影响 CUL4B 的转录水平, 并通过 ChIP 实验以及荧光素酶报告基因实验验证上游转录因子对 CUL4B 的转录结合。

**结果** CUL4B 在压力诱导的细胞衰老中显著下调。CUL4B 低表达强化压力诱导的细胞衰老, 且该过程依赖于 ROS 水平的升高。压力刺激下, CUL4B 低表达促进 p53 磷酸化和靶基因表达。压力刺激后 CUL4B 与 p53 蛋白相互结合, 并且 CUL4B 低表达减少了 p53 的泛素化。预测到有重要转录因子结合在 CUL4B 转录起始区域, 并进一步验证了表达相关性。可能存在 p53-CUL4B 负反馈环。CUL4B 调控一系列 ROS 相关基因, 这种调控的具体机制仍有待研究。

**结论** 前期研究已证实压力刺激后 CUL4B 介导 p53 泛素化, 促进 p53 蛋白降解。进一步研究结果表明, CUL4B 受重要转录因子调控, 且两者间存在重要反馈环。CUL4B 调控一系列抗氧化基因及促氧化基因的转录水平, 预测存在共同的靶点, CUL4B 通过调控这一靶点影响一系列 ROS 相关基因。

PU-2795

## 胱抑素 C 在急慢性肾脏疾病中的应用现状

王滢, 黄小燕

广东省人民医院珠海医院(珠海市金湾中心医院)

近年来研究显示, 血清胱抑素 C 是反映肾小球滤过率一个比较理想的内源性标志物, 与血清肌酐相比, 胱抑素 C 可以更加准确、特异的反映肾小球滤过率改变的情况, 对于早期发现肾小球滤过率的损伤以及评估患者的预后具有重要意义。

## PU-2796

## 探讨检验科不合格标本造成的影响因素和对策

刘杨,葛忠辉,公衍蕾  
黑龙江省红兴隆中心医院

**目的** 对不合格标本造成的影响因素和对策进行总结、探讨和分析。

**方法** 以我院 2017 年 1 月-2019 年 2 月临床检验中出现的 106 例不合格标本案为研究对象, 分类统计。对比分析原因并提出相关对策。

**结果** 通过对不合格标本的分析, 以及对检验结果的影响, 提出针对性的解决方案, 有助于规范理财检验标准, 降低错误率, 从而提高临床的诊断准确度

**结论** 通过对不合格标本的分析, 以及对检验结果的影响, 提出针对性的解决方案, 有助于规范理财检验标准, 降低错误率, 从而提高临床的诊断准确度

## PU-2797

## 乙型肝炎病毒五项的检测分析

仇婷婷  
黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 探究乙型肝炎病毒五项的检测分析方法, 总结出最有效的检测方法, 为下一步进行乙肝病毒的治疗打好基础。

**方法** 将我院 30 例疑似乙肝的病例进行乙肝五项检测, 并对确诊的患者进行及时有效的治疗。

**结果** 通过对于这些患者的全面检查, 我们确定出 21 位患者乙肝五项检验结果呈阳性, 其余 9 例都是阴性。我们对着 21 例阳性的患者进行了及时有效的针对性治疗, 通过治疗之后, 有 20 名患者有明显的好转, 1 名患者的病情没有明显的改善。

**结论** 乙肝病毒性肝炎虽然很难的以完全的治愈, 但是我们可以通过及时的临床检验和治疗, 坚强患者的病情, 提升患者的生活质量。

## PU-2798

## 免疫固定电泳技术在临床应用中的价值

郭萍  
黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 探讨血清免疫固定电泳技术在临床应用中的价值。

**方法** 结合临床实际情况, 本文阐述了免疫固定电泳技术的概况, 对该技术的临床应用情况进行汇总分析。

**结果** 在多发性骨髓瘤, 骨髓瘤肾病等疾病的鉴定分型中突出了免疫固定电泳技术的重要价值。

**结论** 血清免疫固定电泳技术特异性敏感性较高, 对多发性骨髓瘤, 骨髓瘤肾病等疾病的诊断治疗及预后评估具有重要的临床应用价值。

## PU-2799

## 肺炎支原体分离鉴定培养基检验法与 IgM 抗体 胶体金法对比

李春红

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 肺炎支原体鉴定方法有很多种，对培养法与胶体金法进行对比，探讨不同方法的特点。

**方法** 采用培养法和胶体金法对 300 例下呼吸道感染患者进行培养与检测。

**结果** 肺炎支原体培养法 300 例患者中有 150 例阳性标本，阳性率为 50%，而胶体金法 IgM 抗体检测 300 例患者中有 148 例阳性感染，阳性率为 49.3%，两者比较差异无统计学意义。

**结论** 两种检测 Mp 各有其优缺点，均是诊断肺炎支原体感染的良好指标，临床医生可考虑联合应用，及早诊断与治疗，以预防肺炎支原体肺外感染疾病。

## PU-2800

## QuantiFERON-TB Gold 实验检测结核分枝杆菌感染的 辅助体外诊断方法分析

闫晓琳

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 建立一种全血中分离检测结核分枝杆菌感染的新方法。

**方法** 对 50 例患者在人全血中检测结核分枝杆菌特异性抗原刺激 T 细胞所分泌的 r-干扰素含量。

**结果** QuantiFERON-TB Gold 实验方法可以很有效地检测出结核阳性病例

**结论** QFT 为大样本量临床筛查而设计，可为临床提供快速、准确的诊断。

## PU-2801

## 血清总胆汁酸与心脑血管疾病的关系

于乐

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 探讨血清总胆汁酸水平与心脑血管疾病的关系。

**方法** 选取脑中风病组 48 例、冠心病组 45 例，健康对照组 60 例，日立 LST-008 型自动生化分析仪上检测血清总胆汁酸及血脂指标。所有受试者空腹 10-12 小时，次日晨采集静脉血标本。

**结果** 脑中风病、冠心病组的血总胆汁酸高于健康对照组。脑中风组、冠心病组甘油三酯（TG）、胆固醇（CHO）、低密度脂蛋白胆固醇（LDL-c）高于健康对照组，而高密度脂蛋白胆固醇（HDL-c）低于对照组。

**结论** 胆汁酸是胆固醇在体内的主要代谢产物<sup>[1]</sup>，胆汁酸与血脂的代谢有密切关系，血脂代谢紊乱可使胆汁酸水平发生变化，胆汁酸与心脑血管疾病的发生有一定的关系。

## PU-2802

## 减肥健身运动导致的运动性横纹肌溶解 1 例

赵强

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 运动是增强体质，锻炼身体、减少过剩身体脂肪的有效手段之一

**方法** 高强度的运动是可以导致身体机能重大伤害的，剧烈运动可以导致运动性横纹肌溶解，严重者可以出现急性肾损伤（AKI），甚至多器官损伤衰竭直至死亡

**结果** 本文分析了临床收治的一名因剧烈健身运动导致心肌酶异常升高、潜血阳性、肌红蛋白尿的横纹肌溶解的患者。

**结论** 本文分析了临床收治的一名因剧烈健身运动导致心肌酶异常升高、潜血阳性、肌红蛋白尿的横纹肌溶解的患者。

## PU-2803

## 搞好生化检验质量控制的几点体会

赵强

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 探讨搞好生化检验质量控制的几点体会。

**方法** 首先对生化检验质量控制的重要性进行分析，并分析了影响生化检验质量控制的因素，最后对搞好生化检验质量控制的体会进行总结分析。

**结果** 生化检验质量控制能为临床诊断提供科学依据，因此应加强对生化检验的质量控制。临床中针对生化检验质量控制，应建立科学化、标准化的检查分析流程，并对生化检验过程中容易发生错误的地方加以关注和重视，加强有针对性的方法措施，最终来提高生化检验的质量控制。

**结论** 生化检验质量控制能为临床诊断提供科学依据，因此应加强对生化检验的质量控制。临床中针对生化检验质量控制，应建立科学化、标准化的检查分析流程，并对生化检验过程中容易发生错误的地方加以关注和重视，加强有针对性的方法措施，最终来提高生化检验的质量控制。

## PU-2804

## 高光谱成像系统在白细胞分类中的应用

郭平<sup>1</sup>,王剑飏<sup>1</sup>,王倩<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

2.上海市多维度信息处理重点实验室

**目的** 白细胞分类作为常用的实验室检查在各类疾病的诊治方面具有重要临床价值。但传统镜检方式耗时费力且易受主观因素影响。近年来人工智能在医学领域的应用已引起高度关注。本文旨在通过基于高光谱成像系统的细胞识别分析方法评价其在白细胞分类中的价值。

**方法** 收集 300 例健康成人 EDTA-K2 抗凝全血标本，自动推染片机推片染色。利用高光谱成像系统采集中性粒细胞、淋巴细胞、单核细胞、嗜酸性粒细胞、嗜碱性粒细胞高光谱图像共 2200 幅，其中 500 幅用于建立形态学及光谱标准，1700 幅用于分类准确度评价。提取包括圆近似度、曲率、对角线长度、灰度标准差在内的白细胞形态特征，提取白细胞光谱曲线。将形态及光谱特征输入支持向量机进行“有监督学习”，完成后进行白细胞分类，以人工镜检为标准评价单独应用形态学特征、组合应用形态学特征与联合应用形态光谱特征条件下分类的准确性。

**结果** 单独应用形态学特征对中性粒细胞、淋巴细胞、单核细胞、嗜酸性粒细胞、嗜碱性粒细进行分类的平均准确性分别为 69.0%, 70.4%, 74.7%, 63.7%, 66.0%。组合应用形态学特征进行分类准确性最低的是嗜酸性粒细胞 75.3% (256/340), 最高的是淋巴细胞 82.4% (280/340); 联合应用形态与光谱特征进行分类准确性最低的是单核细胞 89.4% (304/340), 最低的是嗜碱性粒细胞 63.5% (216/340)。

**结论** 联合应用形态与光谱特征能获得较高的分类准确性。机器学习和自动化算法在降低主观因素影响的同时可减轻人员工作强度。基于高光谱成像系统的细胞识别分析方法具有巨大发展潜力。

## PU-2805

### miR-133 enhances human ovarian cancer endothelial progenitor cell angiogenesis via FOXC1 signaling pathways

苏亚娟,王慧妍,崔佳琳,孙铁华  
哈尔滨医科大学附属第三医院,150000

**目的** Endothelial progenitor cells (EPCs) contribute to tumor angiogenesis and growth.

**方法** Circulating EPCs from 32 patients with ovarian cancer and 20 healthy control subjects were cultured. miRNA profiles from EPCs with ovarian cancer patients and healthy control subjects were compared, and several miRNAs were found to be aberrantly expressed in EPCs with ovarian cancer samples. Among the miRNAs, miR-133 was significantly differentially expressed in EPCs with ovarian cancer patients.

**结果** Our results demonstrate that miR-133 functions as an upstream regulator of VEGF/I $\alpha$ 1 expression, and its protein levels were low in EPCs with ovarian cancer patients.

**结论** Our data provide evidence that the down-regulation of miR-133 may contribute to EPCs angiogenesis with ovarian cancer by increasing FOXC1 expression, which suggests its potential targets for treatment of ovarian cancer because of their contribution to angiogenesis.

## PU-2806

### 血小板聚集功能检测对服用抗血栓药物患者的影响

李斌,张迎春,魏焕兵  
齐齐哈尔医学院附属第二医院检验科

**目的** 应用血小板聚集功能检测结果来监测药物治疗后, 患者是否达到抗血栓的疗效。

**方法** 选取临床诊断脑梗塞患者 40 例, 其中 20 例长期服用阿司匹林的就诊患者为患者组, 20 例未用药的就诊患者为对照组。所有人均已排除血液疾病, 血小板计数 (100-300)  $\times 10^9/L$ , 凝血功能正常。

**结果** 患者组 20 例中有 12 例血小板最大聚集率 (61-80) %, 属于血小板聚集功能轻度抑制; 8 例大于等于 81%, 属于血小板聚集功能无抑制。对照组 20 例中均大于等于 90%, 其中有 6 例大于等于 110%, 属于高血栓风险。40 人经过联合用药 (氯吡格雷+阿司匹林) 治疗后, 再测血小板聚集功能均小于等于 40%, 表现血小板聚集功能显著抑制。

**结论** 患者组 20 例中有 12 例血小板最大聚集率 (61-80) %, 属于血小板聚集功能轻度抑制; 8 例大于等于 81%, 属于血小板聚集功能无抑制。对照组 20 例中均大于等于 90%, 其中有 6 例大于等于 110%, 属于高血栓风险。40 人经过联合用药 (氯吡格雷+阿司匹林) 治疗后, 再测血小板聚集功能均小于等于 40%, 表现血小板聚集功能显著抑制。

## PU-2807

## 缺血性修饰白蛋白、hs-CRP 和纤维蛋白原联合检测 对冠心病早期诊断的意义

张迎春,魏焕兵,李昂  
齐齐哈尔医学院第二附属医院,161000

**目的** 探讨缺血修饰白蛋白 (ischemia modified albumin, IMA)、超敏 C-反应蛋白 (highly sensitive C-reactive protein, hs-CRP) 和纤维蛋白原 (fibrinogen, FIB) 的联合检测对冠心病患者早期诊断的意义。

**方法** 选取 50 例确诊为冠心病的住院患者, 并将他们分为 3 组: 稳定性心绞痛组 18 例、不稳定心绞痛组 18 例、急性心肌梗死组 14 例、并且选取 20 例同时期健康体检对象作为对照组, 共四组。进行缺血修饰白蛋白、超敏 C-反应蛋白、纤维蛋白原检测, 观察各项指标的变化。结果 缺血修饰白蛋白、超敏 C-反应蛋白、纤维蛋白原与冠心病的发病相关, 可以作冠心病的预测指标。各组 IMA、hsCRP、FIB 检测结果显示: 冠心病组高于对照组, 急性心肌梗死组高于不稳定心绞痛组、不稳定心绞痛组高于稳定心绞痛组, 具有显著差异。稳定性心绞痛组、不稳定心绞痛组、急性心肌梗死组患者血清 IMA、hsCRP、FIB 联合检测的阳性率高于单项检测的阳性率, 差异具有统计学意义。

**结果** 缺血修饰白蛋白、超敏 C-反应蛋白、纤维蛋白原与冠心病的发病相关, 可以作冠心病的预测指标。各组 IMA、hsCRP、FIB 检测结果显示: 冠心病组高于对照组, 急性心肌梗死组高于不稳定心绞痛组、不稳定心绞痛组高于稳定心绞痛组, 具有显著差异。稳定性心绞痛组、不稳定心绞痛组、急性心肌梗死组患者血清 IMA、hsCRP、FIB 联合检测的阳性率高于单项检测的阳性率, 差异具有统计学意义。

**结论** 缺血修饰白蛋白, 超敏 C-反应蛋白, 纤维蛋白原联合检测对冠心病的早期诊断有着重要价值。

## PU-2808

## IMA、同型半胱氨酸、肌钙蛋白联合检测对诊断 心肌梗死的应用

赵玮,任明,张迎春  
齐齐哈尔医学院第二附属医院,161000

**目的** 探讨缺血修饰白蛋白 (IMA)、肌钙蛋白 (troponin, cTn)、同型半胱氨酸 (homocysteine, Hcy) 联合检测对心肌梗死 (AMI) 的诊断评价。

**方法** 回顾性分析我院 2015 年 12 月 1 日至 2017 年 12 月 1 日就诊的 80 名心肌梗死患者及 60 名健康体检者的 IMA、肌钙蛋白、同型半胱氨酸三项指标, 计算单项和联合检测的灵敏度和特异度, 绘制 ROC 曲线计算 ROC 曲线下面积。

**结果** 单项指标检测, IMA 对 AMI 的灵敏度最大为 96.7%, 高于肌钙蛋白和同型半胱氨酸。Hcy 的 ROC 曲线下面积最大 (面积: 0.900; 95% 可信区间 0.849~0.952), IMA、cTn 和 Hcy 三项指标联合检测灵敏度特异度最大, 且 ROC 曲线下面积最大。说明联合 cTn、IMA 和 Hcy 检测心肌梗死的临床应用价值高于单项指标对心肌梗死的临床应用价值。

**结论** 在对心肌梗死的诊断过程中 cTn、IMA 和 Hcy 的检测结果有一定的临床意义, 对心肌梗死的鉴别和诊断价值有限, 三项指标联合检测对心肌梗死的诊断价值优于单独检测。

## PU-2809

## 腺苷脱氨酶、视黄醇结合蛋白、胆碱酯酶联合检测在不同肝病中应用的临床价值分析

刘杨,葛忠辉  
黑龙江省红兴隆中心医院

**目的** 研究分析腺苷脱氨酶（ADA），视黄醇结合蛋白（RBP）、胆碱酯酶（CHE）检测在肝脏疾病中的临床价值。

**方法** 选择 2017 年 1 月至 2018 年 1 月期间在本院就诊的 120 例肝脏疾病患者，选取本院体检的 50 例健康志愿者作为对照组。

**结果** ADA 在肝硬化中的阳性率最高，在慢性活动性肝炎中阳性率紧随其次，在肝癌中的阳性率最低；RBP 在肝硬化中的阳性率最高，在慢性迁延性肝炎中的阳性率最低；CHE 在肝硬化中的阳性率最高，在急性肝炎中的阳性率最低。

**结论** 急性肝炎组、慢性活动性肝炎组、慢性迁延性肝炎组、肝硬化组、肝癌组的 ADA、RBP、CHE、比较，差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）。结论 ADA、RBP、CHE 联合检测，可对肝脏疾病早期诊断、疗效评估、预后判断具有一定的指导意义。

## PU-2810

## NLR、PLR、LMR 对卵巢良恶性肿瘤的诊断价值

徐娜  
云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院,650000

**目的** 探究术前外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值（NLR）、血小板/淋巴细胞比值（PLR）、淋巴细胞/单核细胞比值（LMR）对卵巢良恶性疾病的诊断价值及其与卵巢肿瘤是否癌变的关系。

**方法** 收集 2013 年 1 月—2018 年 10 月在云南省肿瘤医院初次就诊并手术的 174 例卵巢癌患者和 101 例卵巢良性肿瘤患者的 NLR、PLR、LMR 水平，分析三者在卵巢良恶性疾病和卵巢癌分期中的差异，并绘制 ROC 曲线，分析曲线下面积、敏感度、特异度、确定临界值。

**结果** 卵巢癌组的 NLR、PLR、CA125 水平较卵巢良性肿瘤组明显升高，LMR 水平较卵巢良性肿瘤组明显降低，均具有统计学差异（ $P<0.05$ ）；卵巢癌组 III 期+IV 期患者血清 CA125 及 PLR 水平明显高于 I 期+II 期患者，差异有统计意义（ $P<0.05$ ）；ROC 曲线显示 NLR、PLR、LMR 曲线下面积分别为 0.712、0.654、0.682，临界值分别为 3.04、209.45、4.94；logistic 回归分析显示年龄、NLR、LMR 对卵巢癌有影响。

**结论** NLR、PLR、LMR 对卵巢良恶性的诊断有辅助价值，PLR 与卵巢癌的分期有关，年龄、高 NLR、低 LMR 是卵巢癌的危险因素。

## PU-2811

## 不同固定剂及通透时间长短对 Vero 细胞内 LC3 蛋白 免疫荧光染色结果的影响

孙越

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 探索对 vero 细胞特定蛋白免疫荧光染色过程中, 使用不同固定剂及通透时间对染色结果的影响。

**方法** 选择非洲绿猴肾细胞 (Vero 细胞) 进行传代培养; 将细胞接种于无菌爬片, 待细胞处于对数生长期时, 分别使用甲醇、无水乙醇及 4%多聚甲醛对 Vero 细胞进行固定; 再将每组细胞分为三组, 使用通透剂聚乙二醇辛基苯基醚 (Triton-X100) 分别对细胞进行 0min、5min 和 10min 处理; 使用抗人微管相关蛋白-1-轻链-3 蛋白 (LC3 蛋白) 抗体及荧光二抗对细胞进行 LC3 蛋白免疫荧光染色, 最后进行核染色及封片处理, 使用荧光共聚焦显微镜对染色结果进行观察及比较。

**结果** 4%多聚甲醛固定剂组, 可见 LC3 蛋白弥散分布于 Vero 细胞内, 胞核亦可见蛋白染色; 不同通透时间下 LC3 蛋白染色结果未见区别;

甲醇固定剂组, 可见 LC3 蛋白弥散分布于 Vero 细胞胞浆内, 胞核内无蛋白染色, 胞浆和胞核分界清楚; 且随着通透时间的延长, 蛋白染色强度逐渐加强;

无水乙醇固定剂组, 可见 LC3 蛋白弥散分布于 Vero 细胞内, 胞核内无蛋白染色, 胞浆和胞核分界清楚; 随着通透时间的延长, 蛋白染色强度逐渐加强, 且在通透时间为 15min 时, 可见细胞核仁处有高强度 LC3 蛋白荧光染色。

**结论** 人微管相关蛋白-1-轻链-3 蛋白 (LC3 蛋白) 在人体细胞骨架构成、相关膜转运及代谢等生物学过程中均起重要作用, 其主要分别于细胞胞浆中。本实验通过使用不同固定剂及通透时间对细胞进行处理, 发现在对 Vero 细胞进行 LC3 蛋白免疫荧光染色时, 4%多聚甲醛固定结果较差, 蛋白胞浆胞核分布模糊; 无水乙醇固定染色结果适中, 但通透时间过长 (超过 15min) 时, 核仁亦可见染色而使结果出现偏差; 甲醇固定组染色结果最清晰, 胞浆胞核分界清楚, 且染色结果不受通透时间长短影响。

## PU-2812

## 宫颈薄层细胞学对预防宫颈癌的价值

经晶

吉林金域医院检验所有限公司

**目的** 宫颈癌是我国女性常见的恶性肿瘤之一, 35-64 岁女性为宫颈癌高发期, 宫颈癌已成为我国女性第二大恶性肿瘤, 仅次于乳腺癌。经资料显示我国女性宫颈癌的发病率以每年 2%-3%的速度增长, 并呈年轻化趋势, 是危害我国女性身体健康的重要疾病之一, 而宫颈癌是目前可以通过筛查提前发现、提前预防的癌症之一, 故探讨宫颈薄层细胞学对预防宫颈癌的价值。

**方法** 1.选择 2017-2018 年来我司接受宫颈癌筛查的妇女 20000 例, 进行薄层液基细胞学 (TCT) 检查, 其中 8500 例为 2017 年标本, 11500 例为 2018 年标本, 年龄 35-64 岁。2.用宫颈管细胞刷刮取宫颈内及宫颈鳞柱上皮交界处细胞, 保存、制片、染色。3.宫颈细胞学诊断参考 TBS 诊断标准, 分为正常, 非典型鳞状上皮 (ASCUS), 低级别鳞状上皮内瘤变 (LSIL), 高级别鳞状上皮内瘤变 (HSIL), 鳞状细胞癌 (SCC), 非典型腺细胞 (AGUS), 原位腺癌 (AIS), 腺癌 (AUC) 等。

**结果** 在 20000 例 TCT 细胞学检查中, 发现异常结果 1216 例 (6.08%), 其中非典型鳞状细胞 677 例 (3.39%), 低级别上皮内瘤变 407 例 (2%), 高级别鳞状上皮内瘤变 102 例 (0.5%),



鳞状细胞癌 8 例, 非典型腺细胞 15 例, 原位腺癌 5 例, 腺癌 2 例。阳性病例中 982 例进行阴道镜并活检, LSIL391 例, HSI,196 例, SCC25 例, AIS9 例, AUC15 例。

**结论** 宫颈薄层液基细胞学 (TCT) 操作简单、无创、可重复造作性强, 是预防宫颈癌的重要手段, 检出发病人群, 提高治愈率, 有效降低死亡率。

## PU-2813

### 采用两种不同方法的试剂盒进行血清 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖试验的比对

张晓丽

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖是念珠菌、曲霉菌、镰刀菌细胞壁的一种成分, 血清 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖检测是一种诊断深部真菌感染的有效方法。通常有两种测定 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖的方法: 一是经碱处理后的自动比色法; 另一种是去污剂稀释、加热后的动态浊度法。本研究的目的是比对两种检测方法的一致性, 分析两种方法产生不一致结果的原因。

**方法** 方法是使用 164 例患者血液标本, 分别采用丹娜和安度斯两个厂家的试剂进行试验比对, 分析导致结果不一致的原因。根据检测结果和患者临床症状、影像学结果可将患者分为三组: 证实的真菌感染组、疑似真菌感染组和无真菌感染组。

**结果** 结果是两种检验方法一致性为 86.8%, 但是比色法的结果相对浊度法偏低, 两种方法都有假阳性的结果。还需要进一步的分析研究, 哪一种方法更能反映患者体内真菌感染情况。

**结论** 两种检测方法各有其优缺点, 但在阴性预测率和阳性检出率方面无显著差异。

## PU-2814

### 妊娠期外阴阴道念珠菌病易感因素研究

杨旭,郑金芬

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 研究导致妊娠期妇女外阴阴道念珠菌病 (vulvovaginal candidiasis, VVC) 感染的相关易感因素, 为预防和减少妊娠期妇女外阴阴道念珠菌病的发生提供科学依据。

**方法** 随机选取 2018 年 9 月—2019 年 4 月就诊于昆明医科大学第二附属医院妇科、产科门诊或住院分娩确诊外阴阴道念珠菌病的妊娠期妇女。将妊娠期妇女结合临床症状和实验室检查分为妊娠期 VVC 组和妊娠期健康组两组, 两组之间通过卡方检验, 秩和检验, 多因素 Logistic 回归分析分析得出 VVC 易感因素。

**结果** 妊娠期妇女精神压力大, 初次性生活年龄、性伴侣患有生殖器念珠菌病、卫生纸从后往前擦拭、性交方式特殊、性交前后清洗外阴、经常感冒、经常锻炼、使用避孕套、过敏体质、孕期经常使用护垫、孕期每天清洗阴部、性交前后清洗外阴、与他人共用浴巾、孕前感染 VVC、孕次、产次、妊娠周期、孕期性生活等因素明显高于对照组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 妊娠期 VVC 感染与多种因素有关, 应加强妇女卫生习惯和 VVC 认识宣教, 积极预防、减少 VVC 发生。

## PU-2815

## Downregulation of serum exosomal miR-223 is closely associated with clinical diagnosis of multiple myeloma

Hui Cong

affiliated hospital of nantong university

**Objective** Multiple myeloma (MM) is the incurable second largest hematological malignant tumor characterized by abnormal proliferation of plasma cells. The abundance of miRNA in serum exosomes has been confirmed, thus it has high application value as a new non-invasive diagnostic method. The purpose of this study was to investigate whether serum exosomal miR-223 can be used as a new biomarker for the diagnosis of MM and to evaluate its clinical significance.

**Methods** Multiple myeloma (MM) is the incurable second largest hematological malignant tumor characterized by abnormal proliferation of plasma cells. The abundance of miRNA in serum exosomes has been confirmed, thus it has high application value as a new non-invasive diagnostic method. The purpose of this study was to investigate whether serum exosomal miR-223 can be used as a new biomarker for the diagnosis of MM and to evaluate its clinical significance. In this study, the expression of serum exosomal miR-223 was detected from 124 subjects (68 patients with MM and 56 healthy controls) by RT-qPCR. The results showed that the expression level of MM serum exosomal miR-223 was considerably lower than that of the normal control group ( $P < 0.0001$ ). The expression of serum exosomal miR-223 could roughly judge the progress of MM and was closely related to the abnormal expression of albumin ( $P = 0.0431$ ) and the presence or absence of bone damage ( $P = 0.001$ ). The AUC of serum exosomal miR-223 was 0.853, which was significantly higher than other indicators. Furthermore, the combination of serum exosomal miR-223 and  $\beta_2M$  is the most sensitive strategy among all individual or joint detection indicators. These results showed that serum exosomal miR-223 can be used as a novel tumor biomarker to improve the diagnostic efficiency of MM.

**Results** Multiple myeloma (MM) is the incurable second largest hematological malignant tumor characterized by abnormal proliferation of plasma cells. The abundance of miRNA in serum exosomes has been confirmed, thus it has high application value as a new non-invasive diagnostic method. The purpose of this study was to investigate whether serum exosomal miR-223 can be used as a new biomarker for the diagnosis of MM and to evaluate its clinical significance. In this study, the expression of serum exosomal miR-223 was detected from 124 subjects (68 patients with MM and 56 healthy controls) by RT-qPCR. The results showed that the expression level of MM serum exosomal miR-223 was considerably lower than that of the normal control group ( $P < 0.0001$ ). The expression of serum exosomal miR-223 could roughly judge the progress of MM and was closely related to the abnormal expression of albumin ( $P = 0.0431$ ) and the presence or absence of bone damage ( $P = 0.001$ ). The AUC of serum exosomal miR-223 was 0.853, which was significantly higher than other indicators. Furthermore, the combination of serum exosomal miR-223 and  $\beta_2M$  is the most sensitive strategy among all individual or joint detection indicators. These results showed that serum exosomal miR-223 can be used as a novel tumor biomarker to improve the diagnostic efficiency of MM.

**Conclusions** Multiple myeloma (MM) is the incurable second largest hematological malignant tumor characterized by abnormal proliferation of plasma cells. The abundance of miRNA in serum exosomes has been confirmed, thus it has high application value as a new non-invasive diagnostic method. The purpose of this study was to investigate whether serum exosomal miR-223 can be used as a new biomarker for the diagnosis of MM and to evaluate its clinical significance. In this study, the expression of serum exosomal miR-223 was detected from 124 subjects (68 patients with MM and 56 healthy controls) by RT-qPCR. The results showed that the expression level of MM serum exosomal miR-223 was considerably lower than that of the normal control group ( $P < 0.0001$ ). The expression of serum exosomal miR-223 could roughly judge the progress of MM and was closely related to the abnormal expression of albumin ( $P = 0.0431$ ) and the presence or absence of bone damage ( $P = 0.001$ ). The AUC of serum exosomal miR-223

was 0.853, which was significantly higher than other indicators. Furthermore, the combination of serum exosomal miR-223 and  $\beta_2$ M is the most sensitive strategy among all individual or joint detection indicators. These results showed that serum exosomal miR-223 can be used as a novel tumor biomarker to improve the diagnostic efficiency of MM.

## PU-2816

### 试探性研究老年肿瘤患者输注去白悬浮红细胞后外周血 T 淋巴细胞亚群变化

王勇  
昌乐县人民医院,261000

**目的** 检测老年肿瘤患者红细胞输注前后外周血 T 淋巴细胞亚群的变化, 试探性研究输血对肿瘤患者免疫抑制的特点及临床意义。

**方法** 随机选取 12 例符合输血指征的红细胞输注后 60~70 岁肿瘤患者进行研究, 采用细胞玻片法分别测定其输血前及输血后 1d、5d 的外周血 T 淋巴细胞亚群 (CD3+、CD4+、CD8+ 细胞) 绝对计数, 并进行统计学分析, 比较组间差异。

**结果** 输血后 1d, CD3+、CD4+、CD8+、CD4+/CD8+ 较之输血前均有明显降低且有统计学意义 ( $p<0.01$ ); 输血后 5d, CD3+ 较之输血前有所降低且有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 但较之输血后 1d 已有所恢复但无统计学意义 ( $p>0.05$ ); 输血后 5d, CD4+ 较之输血前已无显著差异, CD8+ 较之输血前仍有明显降低且有统计学意义 ( $p<0.01$ ), CD4+/CD8+ 较之输血前已回升且无显著差异。

**结论** 红细胞输注对肿瘤患者的免疫功能存在影响, 其 T 淋巴细胞亚群变化存在异常。但本实验数据样本偏小, 且由于连续追踪性研究的条件限制, 检测 T 淋巴细胞亚群绝对计数的变化对研究老年肿瘤患者输血后的免疫抑制仍需进一步探讨实验。

## PU-2817

### 补体 C1q/肿瘤坏死因子相关蛋白家族的研究进展

贾铁文  
山西医科大学第二医院,030000

**目的** 探讨补体 C1q/肿瘤坏死因子相关蛋白家族 (CTRP) 的临床应用

**方法** 无

**结果** 无

**结论** 补体 C1q/肿瘤坏死因子相关蛋白 (complement C1q/TNF related protein, CTRP) 是一类脂肪因子蛋白超家族, 在结构上与脂联素 (adiponectin, APN) 高度同源, 迄今为止, 已发现有 15 个 CTRPs 家族成员 (CTRP1-CTRP15)。CTRP 家族在结构上包括一个羧基末端与补体 C1q 同源的球形结构域, 一个胶原样结构域, 一个氨基末端的信号肽, 一个短的可变结构域。CTRPs 家族在功能上与脂联素类似, 通过参与调控糖脂代谢; 通过促进炎症因子的释放参与动脉粥样硬化的发生; 通过介导血管紧张素 II 对醛固酮的生成参与高血压的发生等等。因 CTRP 家族在组织表达上更为广泛, CTRP 家族的每个成员都有其各自独特的功能和组织表达, 近年来备受关注。

## PU-2818

## 芦荟苷和芦荟大黄素对三种细胞色素 P450 亚型酶活性的影响

胡明慧  
青岛大学附属医院

**目的** 研究芦荟苷和芦荟大黄素对大鼠 CYP1A2、CYP2C9 和 CYP3A4 活性的影响。

**方法** 随机数表法将大鼠随机分为芦荟苷、芦荟大黄素低和高剂量组、空白对照组。连续给药 14d 后给予混合探针药物, 24 h 内尾静脉取血。建立肝微粒体孵育系统, HPLC 测定各探针药物及其对应代谢产物浓度。

**结果** 芦荟苷和芦荟大黄素的低、高剂量组中, 咖啡因的  $C_{max}$ 、 $AUC_{0-\infty}$  和  $t_{1/2}$  明显升高( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ), 甲苯磺丁脲的  $C_{max}$ 、 $AUC_{0-\infty}$  和  $t_{1/2}$  明显降低( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ), 氨苯砜的  $C_{max}$ 、 $AUC_{0-\infty}$  明显升高( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ),  $t_{1/2}$  升高不明显。芦荟苷和芦荟大黄素低、高剂量组中, 非那西丁和睾酮的代谢产物生成量明显降低( $P < 0.01$ ), 而甲苯磺丁脲的代谢产物生成量明显升高( $P < 0.01$ )。

**结论** 芦荟苷和芦荟大黄素对大鼠 CYP1A2 和 CYP3A4 活性有抑制作用, 对 CYP2C9 活性有诱导作用。

## PU-2819

## 无菌部位分离的棒状杆菌属细菌的流行病学特点 和药物敏感性分析

孙伟  
首都医科大学附属北京友谊医院, 100000

**目的** 了解临床无菌部位标本中分离出的棒状杆菌属细菌的流行病学特点和药物敏感性情况, 为临床合理使用抗菌药物提供实验室依据。

**方法** 收集 2017 年 1 月 1 日至 2018 年 6 月 30 日, 首都医科大学附属北京友谊医院临床无菌部位标本中分离培养获得的棒状杆菌属细菌共 71 株, 分析其流行病学特点, 并参照 CLSI M45-A 文件, 采用琼脂稀释法检测 71 株棒状杆菌对 13 种推荐使用抗菌药物的药敏情况。

**结果** 71 株棒状杆菌中, 以纹带棒状杆菌占比最大 (56.34%)。66.20% 的菌株分离宿主年龄在 50-100 岁之间。其中, 61.98% 的分离宿主来自泌尿、医保、门急诊留观及重症等 4 个病区。所有菌株对万古霉素敏感, 对环丙沙星的耐药率最高 (达 67.6%), 并且有 59.15% (42/71) 的菌株存在多重耐药现象。

**结论** 棒状杆菌属细菌为临床重要的机会致病菌, 以纹带棒状杆菌最为常见, 主要受累患者为免疫力低下的老年人或者接受有创操作的患者。医护人员日常工作中应当注意手卫生, 减少该菌在患者之间传播的可能性。并且由于棒状杆菌存在多重耐药问题, 临床医生应当结合菌种鉴定情况和药物敏感性特点, 合理选用抗菌药物, 提高治疗效果。

## PU-2820

## TTDA 蛋白与胶质瘤临床相关性分析及其调控细胞凋亡的具体机制研究

白焕兰

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探讨蛋白 TTDA 是否有作为诊断标志物的可能? TTDA 影响胶质瘤发生发展的具体机制。

**方法** 采用基因芯片分析、生物信息学分析、实时荧光定量 PCR、蛋白质印迹法、免疫组织化学染色、胸腺嘧啶核苷类似物 (EDU) 检测法、TUNEL 检测法、JC-1 染色法等实验方法进行研究。

**结果** 基因芯片筛选人脑胶质瘤组织和癌旁组织中差异表达的蛋白, 发现人脑胶质瘤组织中 TTDA 上调。对 TCGA 数据库中胶质瘤基因表达数据进行生存分析发现, TTDA 高表达组生存周期显著短于低表达组。荧光实时定量 PCR、蛋白质印迹及免疫组织化学染色结果均显示在人脑胶质瘤组织中 TTDA 蛋白表达显著上调。胶质瘤细胞中过表达 TTDA 抑制细胞的凋亡, 促进细胞增殖; 而 RNAi 敲减胶质瘤细胞 TTDA 后, 细胞的增殖显著受抑, 凋亡显著增加。JC-1 染色结果显示敲减 TTDA 的胶质瘤细胞中线粒体膜电位减少, 而过表达 TTDA 后结果反之。蛋白质印迹法检测证实, 胶质瘤细胞中 TTDA 表达下调, Bcl2 的表达也显著下降, 而 p53、Bax、Active-caspase3 的表达均显著上升; TTDA 蛋白表达上调时, Bcl2 的表达亦增加, p53、Bax、Active-caspase3 的表达则显著减少。回复试验表明胶质瘤细胞中 TTDA 蛋白主要通过抑制 p53、Bax 和促进 Bcl2 表达, 进而抑制 Caspase3 蛋白活化, 从而抑制细胞的凋亡。

**结论** 胶质瘤组织中 TTDA 蛋白表达升高, 与肿瘤增殖显著相关。TTDA 蛋白通过 P53-BCL2/BAX 通路抑制胶质瘤细胞凋亡。TTDA 可能作为胶质瘤的潜在诊断标志物。

## PU-2821

## 长沙地区健康人群高敏肌钙蛋白参考区间的建立

黄猛

青岛大学附属医院

**目的** 建立长沙地区健康人群高敏心肌钙蛋白 (hs-cTnT) 的参考区间。

**方法** 按照 CLSI 文件 C28-A3《医学实验室参考区间的定义、建立和确认》中参考区间研究模式及参考人群筛选标准的要求, 采用罗氏 Cobas® e601 电化学发光分析仪测定 1740 名 (其中男 868 名, 女 872 名) 长沙 18~89 岁健康人群 hs-cTnT 水平。以非参数百分位数法计算长沙健康人群 hs-cTnT 的参考区间。

**结果** 长沙健康人群 hs-cTnT 水平无性别差异; 长沙市健康人群 hs-cTnT 参考区间: 18-29 岁为 0~45.43pg/ml, 30-39 岁为 0~35.95pg/ml, 50-59 岁为 0~39.64pg/ml, 60-89 岁为 0~55.43pg/ml。

**结论** 长沙健康人群 hs-cTnT 水平需按照年龄划分制定参考区间, 本研究初步建立了长沙健康人群 hs-cTnT 的参考区间。

## PU-2822

## Association of homocysteine and gene polymorphisms with diabetic nephropathy

Jinyan Zhao, Junfen Wang, Wen Xu, Lihui Lin, Li Li  
Shanghai General Hospital

**Objective** To investigate the association between Homocysteine (HCY) and its metabolic enzyme gene polymorphisms and diabetic nephropathy, explore the susceptibility genes of diabetic nephropathy, and provide experimental evidence for early prevention of diabetic nephropathy.

**Methods** Blood samples and clinical data of 295 patients with type 2 diabetes were collected in this study. Among them, there were 112 diabetic nephropathy cases and 183 diabetic nephropathy cases. During the same period, 118 healthy control groups were collected to analyze the level of blood HCY, and the key to diabetic nephropathy and HCY metabolic pathways. Relationship between Enzyme Gene Locus Mutations and Genetic Susceptibility to Diabetic Nephropathy

**Results** Compared with the control group, the concentrations of HCY in the diabetic nephropathy group and the diabetic nephropathy group were all increased ( $P=0.0001$ ), and the HCY levels between the two groups were statistically different ( $P=0.008$ ); blood HCY levels and serum creatinine The level was positively correlated,  $r_2 = 0.304$ ,  $P = 0.0001$ ; the median HCY level of MTHFR C677T mutation in the TT homozygote was 14.00 (11.00-19.60)  $\mu\text{mol/L}$ , which was significantly higher than the CC homozygote without homozygote and the HCY level of the CT heterozygote. ( $P<0.01$ ); however, there was no significant difference in HCY levels between MTHFR A1298C and MS A2756G genotypes; multivariate Logistic regression analysis showed that the relative risk of diabetes in patients with high HCY hyperlipidemia was 1.387 (95% CI :1.215 - 1.583,  $P = 0.0001$ ). The relative risk of diabetes in the MTHFR C677T genotype was 1.555 (95% CI: 1.085 - 2.230,  $P = 0.016$ ).

**Conclusions** There is a certain correlation between plasma HCY levels and diabetic nephropathy. MTHFR C677T homozygous mutation causes plasma HCY levels to increase, which may be an important factor in causing diabetic and its chronic complications of diabetic nephropathy.

## PU-2823

## 小分子抑制剂 LG 对通过 AR/AR-V7 抑制去势抵抗型前列腺癌

马硝惟

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 去势抵抗型前列腺癌 (CRPC) 是一种致死型前列腺癌, 我们试图寻找 CRPC 的新型小分子抑制剂并改善其临床预后。

**方法** 我们通过分子杂交的方法研发了一种小分子化合物“LG”, 在体内体外抗肿瘤模型中验证 LG 的抗肿瘤活性。通过分子生物学的方法在在人类 CRPC 细胞系中研究其抗 CRPC 的分子机制。毒性实验通过健康小鼠进行。

**结果** LG 在体外实验中展现出对雄激素受体 (AR) 阳性的 CRPC 细胞的抗肿瘤活性。机制研究显示 LG 具有通过热休克蛋白 27(HSP27)及热休克蛋白 90 (HSP90) 介导的蛋白降解途径, 抑制雄激素受体 (AR) 及雄激素受体 7 (AR-v7) 的作用。在体内实验中 LG 展现出抑制肿瘤生长的作用, 延长了荷瘤小鼠的存活时间及可控的毒性特点。

**结论** 这些结论支持了 LG 是一种潜在的 CRPC 治疗药物

## PU-2824

## 健康成年人血浆 presepsin 正常值参考区间调查

黄猛  
青岛大学附属医院

**目的** 建立健康成年人血浆 presepsin 正常值参考区间。

**方法** 按照美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) C28-A3 文件中参考区间研究模式及参考人群筛选标准的要求, 测定 1 250 例 20~89 岁健康成年人血浆 presepsin 水平。以非参数百分位数法计算健康成年人血浆 presepsin 的参考区间, 并进行验证。

**结果** 不同性别及年龄健康成年人群 (20~<30、30~<60、60~<90 岁 3 个年龄组) 的血浆 presepsin 参考区间: 男性分别为 50~195、47~170、41~142 pg/mL; 女性分别为 43~173、44~162、38~137 pg/mL。

**结论** 本研究初步建立健康成年人血浆 presepsin 的参考区间。

## PU-2825

## Accuracy of Analysis of cfDNA for Detection of Single Nucleotide Variants and Copy Number Variants in Breast Cancer

Xin Yang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Gene variants are dependable and sensitive biomarkers for targetspecific therapies in breast cancer (BC). However, detection of mutations within tissues has many limitations. Plasma circulating free DNA (cfDNA) has been reported in many studies as an alternative tool for detection of mutations. But the diagnostic accuracy of cfDNA for most mutations in BC needs to be reviewed. This study was designed to perform comparative assessment of the diagnostic performance of cfDNA and DNA extracted from tissues for detection of single nucleotide variants (SNV) and copy number variants (CNV).

**Methods** True-positive (TP), false-positive (FP), false-negative (FN), and true-negative (TN) values were extracted from each selected study. Pooled sensitivity, specificity, positive likelihood ratio (PLR), negative likelihood ratio (NLR), and diagnostic odds ratio (DOR) were calculated. Subgroup analysis and single study omitted analysis were performed to quantify and explain the study heterogeneity.

rmance of cfDNA and DNA extracted from tissues for detection of single nucleotide variants (SNV) and copy number variants (CNV).

**Results** Twenty eligible studies that involved 1055 cases were included in this metaanalysis. SNV studies in early breast cancer (EBC) subgroup are not suitable for metaanalysis owing to high heterogeneity. However, in advanced breast cancer (ABC) subgroup, the pooled sensitivity and specificity of detection of SNVs were 0.78 (0.71-0.84) and 0.92 (0.87-0.95), respectively. The summary receiver operative curve (SROC) exhibited an area under the curve (AUC) of 0.91(0.88-0.93). The pooled results of studies involving subgroups of PIK3CA, TP53, and ESR1 indicate that the diagnostic value of different genes is different, such as AUC for PIK3CA and TP53 were reported to be 0.96 (0.94-0.98) and 0.94 (0.91-0.95), respectively, and ESR1 had the lowest diagnostic value of 0.80 (0.76-0.83). Owing to the low sensitivity and AUC in the cases of CNV, there is no value for cfDNA-based detection of CNV based on insufficient amount of CNV data.

**Conclusions** This meta-analysis suggests that the detection of gene mutations in cfDNA have adequate diagnostic accuracy and can be used as an alternative to the tumor tissue for detection of SNV but not for CNV in BC yet.

ion of SNVs were 0.78 (0.71-0.84) and 0.92 (0.87-0.95), respectively. The summary receiver operative curve (SROC) exhibited an area under the curve (AUC) of 0.91(0.88-0.93). The pooled results of studies involving subgroups of PIK3CA, TP53, and ESR1 indicate that the diagnostic value of different genes is different, such as AUC for PIK3CA and TP53 were reported to be 0.96 (0.94-0.98) and 0.94 (0.91-0.95), respectively, and ESR1 had the lowest diagnostic value of 0.80 (0.76-0.83). Owing to the low sensitivity and AUC in the cases of CNV, there is no value for cfDNA-based detection of CNV based on insufficient amount of CNV data.

## PU-2826

### 前列腺液中的微生态构成与前列腺癌相关

马硝惟

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 探索前列腺特异性抗原 (PSA) 升高病人前列腺液中的微生态构成

**方法** 我们通过 59 名 PSA 升高病人 (32 名前列腺癌, 27 名非前列腺癌) 的前列腺液中提取 16s 核糖体 RNA 进行高通量测序。

**结果** 与非前列腺癌组相比, 肿瘤组的微生物丰度出现降低。在非肿瘤组和肿瘤组中没有特异性微生物属出现。然而, 例如嗜碱菌属、肠杆菌属、乳杆菌属、克罗诺杆菌属、肉杆菌属、链球菌属等在两组直接存在显著差异。

**结论** 研究提示前列腺液中的微生态构成和前列腺癌之间可能存在病理生理学上的相关性。同时, 本研究发现, 微生物可能有利于维持前列腺微环境的稳定性, 也为 PSA 升高患者的诊断提供了新型生物标志物。

## PU-2827

### 三阴性乳腺癌肿瘤标记物研究进展

刘开芳

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 为了提高 TNBC 治疗疗效, 需要不断地寻找新的分子预测标志物及新的药物靶点, 本文主要就 TNBC 的主要标记物及其新出现的与疾病预后相关的标记物的研究进展进行综述;

**方法** 本文主要通过回顾性分析国内外临床资料数据, 从三阴性乳腺癌的发生、发展, 以及预后转移与肿瘤标记物的高表达相关性进行分析总结;

**结果** TNBC 是一种特殊类型的乳腺癌, 恶性程度高, 预后差, 有其独特的分子学及临床特性, 治疗有一定的难度。

**结论** 因此寻找可靠的分子标志物, 开展了针对这些靶点的研究, 更精准的对其进行分型, 对于辅助诊断, 提高预后判断准确性, 特异性, 敏感性, 增加 TNBC 的临床治疗有效率, 改善预后都具有重要意义。



## PU-2828

## Development of A Simple Sample Preparation Method for Direct Microbial Identification and Susceptibility Testing from Positive Blood Cultures

Hongwei Pan, Wei Li, Yong Li, Enhua Sun, Zhang Yi  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Rapid identification and determination of the antibiotic susceptibility profiles of the infectious agents in patients with bloodstream infections are critical for the following effective targeted antibiotic treatment choices. Few efforts have been done to develop combined methods for directly identification and antibiotic susceptibility test of bacteria in positive blood cultures. In this study, we aimed to develop an easier and cheaper combined method to directly identify and determine the antibiotic susceptibility profiles of the infectious agents in patients with bloodstream infections.

**Methods** We constructed a lysis-centrifugation-wash procedure to prepare bacterial pellet from positive blood culture. The bacterial pellet can be used directly for the identification by MALDI-TOF MS and antibiotic susceptibility testing by Vitek AST systems. Comparison between conventional laboratory culture-dependent bacteriological procedures and our developed protocol was then carried out to evaluate the method.

**Results** Using a gentle iron buffer solution, we successfully developed a simple lysis-centrifugation-wash procedure to prepare bacterial pellets from positive blood cultures. No more than 15 min are taken for the developed sample preparation process, which are faster than the conventional laboratory biological procedures as well as most of other reported protocols. Meanwhile, the prepared bacterial pellet can be use not only for MS identification, but also for antibiotic susceptibility test. Moreover, the protocol of our method is quite easy to carry out for the clinical laboratory technicians as described in the materials and methods. The correct rate of direct MALDI-TOF MS identification was 96.49% for gram-negative bacteria and 97.22% for gram-positive bacteria. For direct VITEK II antimicrobial susceptibility testing, category agreement of antimicrobials tested was 96.89% for gram-negative bacteria with 2.63% minor error, 0.24% major error, and 0.24% very major error of antimicrobials. Category agreement of antimicrobials tested was 92.81% for gram-positive bacteria with 4.51% minor error, 1.22% major error, and 1.46% very major error of antimicrobials. The results indicated that our direct antibiotic susceptibility analysis method worked well compared to the conventional culture dependent laboratory method. Overall, our study demonstrated a fast, easy and accuracy method for direct identification and antibiotic susceptibility testing of the bacteria in positive blood cultures.

**Conclusions** In summary, we demonstrated an easy, fast and accurate combine method for direct identification and AST analysis of bacteria in positive blood cultures. The rapid, actuary identification and AST results will better dictate the diagnostic measures taken of patients with bacteremia, which will significantly reduce mortality, morbidity and hospital costs.

## PU-2829

## 基因编辑肠道益生菌用于临床疾病的诊断

高冬芳  
山东大学第二医院, 250000

**目的** 生物标志物是指可以标记系统、器官、组织、细胞结构或功能的改变或可能发生的改变的生化指标, 具有非常广泛的用途。生物标志物可用于疾病诊断、判断疾病分期。而肠道生物标记物基本上是难以检测的, 消化产物或宿主或微生物组释放的某些疾病标志物物会在排泄之前被微生物组转化修饰或被宿主吸收。

工程化的肠道益生菌可以作为非侵入性的诊断方式检测肠道中的瞬时（或高度局部化）分子，在哺乳动物肠道中起诊断或治疗作用，但是在长期的肠道定植期间工程菌遗传回路的突变和不可预测功能的敏感性阻碍了实现这一技术的商业应用。

**方法** 我们选取炎症过程中产生的连四硫酸盐作为检测底物：四硫化物是活性氧（ROS）的瞬时产物，其在炎症期间产生。我们的目标是开发一种能够检测这种炎症标记并研究该菌株定殖能力的菌株。使用该工程诊断菌株，它保留了肠道暴露的记忆，可通过粪便检测进行分析，在连续 6 个月内在感染诱导的和遗传的炎症小鼠模型中检测到了连四硫酸盐。

**结果** 工程菌株中的合成遗传回路具有遗传稳定性，并且随着时间的推移起到预期的作用。

**结论** 这些菌株的持久性能证实了工程菌作为活体诊断剂的潜力。

## PU-2830

### IFN $\gamma$ -STAT1 信号通路在内毒素耐受中的作用机制研究

王鹏

山东大学第二医院,250000

**目的** 1) 明确 STAT1 分子在 IFN $\gamma$  打破内毒素耐受中，对促炎因子 IL-6 和 TNF- $\alpha$  的表达的作用。

2) 探讨 STAT1 分子对于 IFN $\gamma$  打破内毒素耐受的促炎因子标的的分子机制。

3) 分析研究 STAT1 的功能域，为设计合成 STAT1 为干预靶点的药物提供理论依据。

**方法** 本课题利用 RT-PCR、Western blotting、ELISA、报告基因、免疫共沉淀以及 CHIP 等实验方法，阐明 IFN $\gamma$ -STAT1 信号通路中的 STAT1 在打破内毒素耐受中的分子作用机制，为内毒素耐受的研究提供新认识，为调节临床感染与炎症反应提供理论基础。

**结果** 1.建立了 IFN $\gamma$  打破内毒素耐受的模型。2. IFN $\gamma$  打破内毒素耐受模型构建成功。3. IFN $\gamma$  刺激上调 IL-6 的表达。4. STAT1 干扰之后，下调 IFN $\gamma$  刺激引起的 IL-6 的表达。5. STAT1 分子与 P65 相互结合。

**结论** 这些结果提示，STAT1 可能特异性的参与 TLR4 介导的 NF- $\kappa$ B 的活化，从而调节 IFN $\gamma$  打破内毒素耐受。这些结果目前在国内外学术杂志上未见报道。但是，STAT1 是否通过与 NF- $\kappa$ B 相互作用，从而调节内毒素耐受现象中的炎性细胞因子如 TNF- $\alpha$  和 IL-6 表达的具体机制还不清楚，具体的分子机制还有待进一步研究。

## PU-2831

### 中药鸡骨香化学成分分析及抗肿瘤作用研究

林兆民

山东大学第二医院,250000

**目的** 以抗肿瘤活性为指导，从民间中药鸡骨香的干燥根中找寻具有肿瘤细胞增殖抑制作用的萜类化合物，并对其活性机制进行研究。

**方法** 以 MTT 法测试肿瘤细胞增殖抑制作用，以此活性结果为指导，分离过程中只选择活性部位，直至分到纯化合物。柱层析法分离并纯化化合物，包括正相硅胶，葡聚糖凝胶，反相硅胶，制备高效液相等柱层析，通过各种波谱方法确定化合物结构：核磁共振，高分辨质谱，紫外光谱，红外光谱等。

**结果** 从中药鸡骨香提取物中分离得到了 15 个萜类化合物，鉴定了其结构。进一步的抗肿瘤活性筛选结果显示部分化合物呈现出很好的活性。

**结论** 中药鸡骨香中含有具有抗肿瘤活性的萜类化合物，值得进一步进行研究，为药物研发打下基础。

## PU-2832

## 浆 presepsin 水平在类风湿关节炎合并感染者中的表达及临床意义

李孝鹏  
青岛大学附属医院

**目的** 探讨血浆可溶性白细胞分化抗原 14 亚型 (sCD14-ST, presepsin) 对类风湿关节炎伴感染者的诊断价值及临床意义。

**方法** 采用前瞻性研究方法, 选取 2016 年 1 月至 2016 年 10 月青岛大学附属医院风湿免疫科就诊的类风湿性关节炎 (rheumatoid arthritis, RA) 稳定期组患者 58 例、RA 活动期组 43 例及 RA 合并感染患者 33 例, 同时选择 44 例健康查体者作为对照组, 测定各组患者血浆 presepsin 的表达, 并分析其与 CRP、ESR 的相关性。ROC 曲线分析血浆 presepsin 鉴别诊断 RA 合并感染的敏感性和特异性。

**结果** RA 合并感染组血浆 presepsin 水平[1428 (972, 3606) pg/mL]明显高于 RA 稳定期组[158 (61, 306) pg/mL,  $Z=9.167$ ,  $P<0.05$ ]、RA 活动期组[172 (121, 352) pg/mL,  $Z=13.522$ ,  $P<0.05$ ]和健康对照组[246 (205, 479) pg/mL,  $Z=9.754$ ,  $P<0.05$ ]; RA 合并感染组患者血浆 presepsin 水平与 ESR 无相关性( $r$  值为 0.164,  $P>0.05$ ), 与 CRP 呈正相关( $r$  值为 0.362,  $P<0.05$ ); 且 RA 稳定期组、RA 活动期组患者 CDAI 与 CRP 呈正相关( $r$  值分别为 0.306、0.298,  $P$  均 $<0.05$ ), 与血浆 presepsin 无相关( $r$  值为 0.059,  $P>0.05$ ); ROC 曲线显示血浆 presepsin 水平对 RA 合并感染患者的鉴别诊断最佳截断值为 317 pg/mL 作为最佳诊断阈值, 曲线下面积为 0.962(95% CI: 0.928~0.983), 诊断 RA 合并感染的敏感度为 95.41%, 特异度为 85.00%, 阳性预测值为 85.20% (95% CI: 77.70%~91.00%), 阴性预测值为 95.30% (95% CI: 89.50%~98.50%)。

**结论** 血浆 presepsin 可作为鉴别 RA 合并感染与 RA 活动期的一个有效指标, 能够提高 RA 合并感染早期诊断。

## PU-2833

## microRNAs 在乳腺癌中的研究进展

李莎  
首都医科大学附属北京朝阳医院, 100000

**目的** 探讨 miRNAs 作为诊断和治疗靶点的潜在临床应用价值。

**方法** 总结关于 miRNAs 在乳腺癌中所起作用的重要发现

**结果** 越来越多的证据表明 miRNAs 在维持体内平衡方面发挥非常重要的作用, 且 miRNAs 异常表达与很多疾病的发生有关, 其中包括肿瘤。

**结论** 在很多肿瘤中, miRNAs 在肿瘤诱发、耐药性和转移方面起到了重要作用。

## PU-2834

## 基于血清胱抑素 C 水平评估肾小球滤过率的研究进展

戴宏斌, 李晓东, 崔红萍  
云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 在临床工作中主要运用肾小球滤过率对肾小球的滤过功能进行评价, 公认的肾小球滤过率金标准是菊糖清除率, 然而受潜在危险因素和其繁琐性的影响, 主要在研究过程中对其进行使用; 在

血清内, 由于多种因素会对血清内生肌酐清除率产生影响, 因此会对肾小球滤过功能进行过高的评估。因肌肉量、种族、年龄、性别、体质量及身长等相关因素不会对胱抑素 C 产生影响, 因此人们对这一新的评价指标广泛接受。本文主要通过血清胱抑素 C 水平评估肾小球滤过率的研究进展。

## PU-2835

### 毛狗骨柴化学成分检验分析及活性研究

林兆民

山东大学第二医院,250000

**目的** 以抗肿瘤活性为指导, 从民间中药毛狗骨柴的枝叶中找寻具有肿瘤细胞抑制作用的化合物, 并对其活性机制进行研究。

**方法** MTT 法测试肿瘤细胞抑制作用, 柱层析法分离并纯化化合物, 包括正相硅胶, 葡聚糖凝胶, 反相硅胶, 制备高效液相等柱层析, 通过各种波谱方法确定化合物结构: NMR, HRESIMS, IR, UV, CD 等。

**结果** 从毛狗骨柴的枝叶提取物中分离得到了 20 个化合物, 鉴定了其结构, 均为二萜类化合物。抗肿瘤活性筛选结果显示部分化合物呈现出很好的活性。

**结论** 中药毛狗骨柴中含有具有抗肿瘤活性的二萜类化合物, 值得进一步进行研究, 为药物研发打下基础。

## PU-2836

### 中国汉族男性良性前列腺增生患者白细胞端粒长度变短 但与端粒酶基因多态性无关

程广辉

山东大学第二医院,250000

**目的** 良性前列腺增生(BPH)是一种与年龄有关的疾病, 发生在>70%的男性>60 岁。由于端粒在衰老和年龄相关疾病中起着关键作用, 而某些端粒酶基因单核苷酸多态性(SNPs)通过端粒长度依赖或独立的机制被证明与年龄相关疾病的易感性有关。

**方法** 本研究测定了 390 例 BPH 患者和 285 例对照端粒酶基因(TERT 为 rs2736100 和 rs2736098, TERC 为 rs12696304)的白细胞端粒长度(LTL)和端粒长度相关的单核苷酸多态性(SNPs)。

**结果** 结果显示, 390 例 BPH 患者与 285 名年龄匹配的健康男性相比, BPH 患者的 LTL 明显缩短( $1.231\pm0.532$  vs  $0.899\pm0.322$ ,  $P<0.001$ ); 基因分型结果表明, 健康个体和良性前列腺增生个体的三个 SNP 频率相似。

**结论** 目前的发现表明, 较短的端粒而不是端粒酶 SNPs 参与 BPH 的发病机制。

## PU-2837

## Anti-inflammatory efficiency of NGR-modified micelles enhance containing shikonin:in vitro and in vivo

Chao Sun

The second hospital of shandong university

**Objective** Shikonin (SHK) has been proven to have a good anti-inflammatory effect. However, poor water solubility and low bioavailability limit its wide application in clinical practice. In this study, to overcome these drawbacks, we prepared novel NGR-modified PEG-PLGA polymeric micelles containing shikonin (NGR-SHI-PM) to evaluate their potential targeting to aminopeptidase N receptors expressed on DCs and its anti-inflammatory in vitro and vivo.

**Methods** NGR-SHI-PM was prepared by thin-film hydration method. It exhibited excellent physicochemical characteristics including particle size, zeta potential, encapsulation efficiency, and delayed release time. The in vitro targeting characteristics of NGR-modified PM on immature and mature DCs were then investigated. The anti-inflammatory activity of NGR-SHI-PM was evaluated in AR mouse model in vivo. The targeting activity of the NGR-SHI-PM was demonstrated by flow cytometry and confocal microscopy in vitro.

**Results** The targeting activity of the NGR-SHI-PM was demonstrated by flow cytometry and confocal microscopy in vitro. NGR-SHI-PM exhibiting greater anti-inflammatory effect in vitro, compared with non-targeted shikonin-loaded PM (SHI-PM). It could also inhibit DCs maturing by reducing the expression of CD80, CD86 and I-A/I-E, but did not affect the expression CD40.

**Conclusions** Therefore, these findings indicated that the strategy to use NGR-modified PM as carriers for targeted delivery of shikonin is a very promising approach to achieve AR targeted therapy.

## PU-2838

## Circulating Tfh-Tfr Index: a new predictor for recurrence of patients with hepatocellular carcinoma after resection

Jie Zhu<sup>1</sup>, Beili Wang<sup>1</sup>, Xiaolu Ma<sup>1</sup>, Shuangjian Qiu<sup>2</sup>, Baishen Pan<sup>1</sup>, Jian Zhou<sup>2</sup>, Jia Fan<sup>2</sup>, Xinrong Yang<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2. Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** T follicular helper (Tfh) cells and T follicular regulatory (Tfr) cells are newly identified as the subset of T cells, which are reported to play a vital role in the progression of cancer. Thus, we aim to investigate their clinical significance in Hepatocellular carcinoma (HCC).

**Methods** Tfh cells and Tfr cells were measured by flow cytometry. The new index was established based on the cohort of 110 patients who underwent curative resection. Its further prognostic value was assessed by using Kaplan-Meier survival estimate and log rank tests. An optimal cutoff point for the Tfh-Tfr Index stratified the HCC patients into high (>21.96) and low index (≤21.96) groups.

**Results** High index was significantly correlated with recurrence. Univariate and multivariate analyses revealed the Tfh-Tfr Index could be an independent predictor for recurrence, and prognostic for patients with negative  $\alpha$ -fetoprotein, single tumor, tumor size ≤5cm and Barcelona Clinic Liver Cancer stage 0+A. Moreover, Tfr-Tfh Index was found having correlation with HBV infection, lymphadenectasis and BCLC stage.

**Conclusions** Our result showed that Tfr-Tfh Index was a promising indicator of early recurrence in HCC patients. Patients with high Tfr-Tfh Index should be provided more advanced treatment.

## PU-2839

## 抗菌肽在肿瘤治疗中的应用

高冬芳

山东大学第二医院,250000

**目的** 抗菌肽 (Antimicrobial Peptides, AMPs) 广义上是指生物体为抵御外来病原体的入侵, 由生物细胞特定基因编码, 在生物体内组成型或诱导型表达的一类小分子内源肽, 构成生物天然免疫系统的重要成分。抗菌肽一般由 10-50 个氨基酸构成, 分子量低, 具有较好的水溶性。其等电点一般在 8.9-10.7 之间, 富含疏水及碱性的氨基酸残基, 所以多数抗菌肽带有正电荷并具有较好的两亲性。与传统的抗生素相比, 抗菌肽对微生物的作用具有广谱性、高特异性、高生物活性等特点, 并且在动物及人体内具有调节免疫的作用, 除了具有广谱的抗细菌活性, 还对真菌、原虫、病毒及癌细胞等均具有强有力的杀伤作用。这些都决定了抗菌肽具有极大的临床引用潜力, 其研究和应用已经成为了生物制药及临床医学领域的热点。目前, 已经有多重抗菌肽作为药物应用于临床医疗中。抗菌肽抗癌细胞的主要作用机制是接触性抑杀, 可分为以下四种方式: 插入质膜破坏其完整性, 使细胞内溶物外泄; 作用于线粒体, 线粒体出现空泡化和嵴脱落, 抑制细胞呼吸; 破坏核膜, 断裂染色体 DNA, 并抑制染色体 DNA 的合成; 断裂肿瘤细胞微管, 破坏细胞骨架完整性。由于肿瘤细胞与正常细胞在成分和结构上存在差异, 抗菌肽能特异性地杀死肿瘤细胞。此外, 抗菌肽还可以通过触发细胞凋亡和调节机体免疫机能, 增强体液免疫力来抗肿瘤。

虽然大量的研究结果显示, 抗菌肽在临床上的应用会为生物医药领域带来一场革命, 但是要将抗菌肽全面推向市场还面临着许多问题和挑战: 1) 抗菌肽的来源问题。2) 抗菌肽的活性与安全问题。3) 抗菌肽体内稳定性的问题。针对以上限制因素, 研究者们已经采取了一系列的技术手段来增加抗菌肽的应用价值。因此, 设计增加抗菌肽的半衰期及稳定性、提高其对于肿瘤细胞的识别能力, 减轻机体溶血反应, 并在原核系统中大量表达是目前要解决的关键问题。

**方法** 我们计划在目标抗菌肽序列的 C-端融合表达肿瘤导向肽 TMTP1, 以增加抗菌肽在临床应用中的靶向性, 减轻对正常细胞的损伤。并在此融合序列两端构建 SrtA 转肽酶位点, 环化多肽以提高抗菌肽在生物体内对蛋白酶的抗性, 延长抗菌肽在体内的半衰期。

**结果** 利用前期发现的来源于芽孢杆菌的纤维素酶催化结构域作为运输蛋白, 在大肠杆菌中融合表达抗菌肽-肿瘤导向肽复合体。收集纯化胞外融合蛋白后, 利用转肽酶 SrtA 的作用去除运输蛋白 Cel-CD, 并获得环化且融合有肿瘤导向肽的抗菌肽。

## PU-2840

## E3 连接酶 TRIM26 通过泛素化降解核内的 IRF3 负向调控 IFN- $\beta$ 的产生和抗病毒免疫反应

王鹏

山东大学第二医院,250000

**目的** TRIM26 作为 TRIM 家族中重要的一员, 之前在天然免疫中的研究是非常少的, 鉴于 TRIM 家族的相似结构特点, 考虑 TRIM26 作为一种 E3 连接酶是否会在天然免疫应答中起到泛素化修饰的作用, 是否参与到 TLR, RLR, NLR 以及 DNA 信号通路介导的 I 型干扰素的产生之中, 并对机体的抗病毒免疫起到调控作用, 同时验证 TRIM26 作用的靶分子以及是通过何种形式的泛素化形式起到相应的作用。

**方法** 1. 病毒感染对 TRIM26 的调控。2. TRIM26 负向调控 IFN- $\beta$  的产生和抗病毒免疫。3. TRIM26 靶分子的寻找。4. TRIM26 对靶分子的泛素化及作用。5. TRIM26 抗病毒的生理意义。

**结果** 1.病毒感染诱导 TRIM26 的表达,引起 TRIM26 的入核。2.TRIM26 负向调控 IFN- $\beta$  的产生和抗病毒免疫。3.TRIM26 靶分子是转录因子 IRF3。4.TRIM26 对靶分子 IRF3 的 K48 位泛素化及降解作用。5.核转位促进 TRIM26 对 IRF3 的降解作用。6.TRIM26 抑制病毒引起的 IFN- $\beta$  的产生, TRIM26 对病毒逃逸起到促进作用。

**结论** 1.首次揭示了 TRIM26 作为 E3 连接酶在天然免疫中的作用。2.首次证实了 TRIM26 特异性的靶向作用于核内的 IRF3。3.进一步完善了病毒的逃逸机制。4.为临床抗病毒药物的研发提供了新的思路。

## PU-2841

# 布地奈德衍生物的合成及抗炎作用研究

张璐

山东大学第二医院,250000

**目的** 本研究拟在布地奈德 C<sub>21</sub> 位羟基上连接 7 种亲水性小分子,合成了布地奈德-21-甘氨酸酯、布地奈德-21-苯丙氨酸酯、布地奈德-21-丙氨酸酯、布地奈德-21-二乙胺乙酸酯、布地奈德-21-二甲胺乙酸酯、布地奈德-21-N-甲基哌嗪乙酸酯和布地奈德-21-吗啉乙酸酯 7 种布地奈德衍生物,旨在提高布地奈德平衡溶解度的同时增加其抗炎活性。

**方法** 在合成上述布地奈德衍生物后,建立了布地奈德及其衍生物在不同介质中的高效液相色谱方法,并对其在蒸馏水中的平衡溶解度、体外/体内抗炎活性、在不同 pH 缓冲溶液、大鼠/人血浆、大鼠肺组织匀浆液中的稳定性进行了考察

**结果** 1.建立了测定布地奈德衍生物在不同 pH 缓冲溶液、大鼠/人血浆及大鼠肺组织匀浆液的高效液相色谱方法,测定了布地奈德衍生物在不同介质的含量。

2.测定了布地奈德衍生物在蒸馏水中的平衡溶解度,结果显示布地奈德-21-甘氨酸酯、布地奈德-21-丙氨酸酯和布地奈德-21-二甲胺乙酸酯的平衡溶解度分别相比于布地奈德提升了 180、149 和 16 倍,并具有显著性差异 ( $P < 0.01$ )。从而达到了增加布地奈德水溶性的预期。同时实验结果显示氨基酸酯的增溶作用更强。

3.本研究采用 A549 细胞为研究对象,以脂多糖作为刺激因子,建立体外炎症模型,观察不同浓度的布地奈德及布地奈德-21-甘氨酸酯、布地奈德-21-苯丙氨酸酯、布地奈德-21-丙氨酸酯、布地奈德-21-二乙胺乙酸酯和布地奈德-21-二甲胺乙酸酯对脂多糖诱导 A549 细胞生成 IL-6 的抑制情况。结果显示布地奈德及布地奈德-21-甘氨酸酯、布地奈德-21-苯丙氨酸酯、布地奈德-21-丙氨酸酯、布地奈德-21-二乙胺乙酸酯和布地奈德-21-二甲胺乙酸酯均可以在 1nM 浓度下对脂多糖诱导 A549 细胞生成 IL-6 达到 50%以上的抑制率。并且 1nM 布地奈德-21-甘氨酸酯、布地奈德-21-苯丙氨酸酯、布地奈德-21-丙氨酸酯、布地奈德-21-二乙胺乙酸酯、布地奈德-21-二甲胺乙酸酯均显著提高了布地奈德对 IL-6 的抑制率 ( $P < 0.01$ )。从而证明了上述布地奈德衍生物均在低浓度下具有良好的体外抗炎效果。

**结论** 结合布地奈德衍生物平衡溶解度、体内外抗炎效果与稳定性考察结果,本研究筛选了布地奈德-21-甘氨酸酯与布地奈德-21-丙氨酸酯作为最终潜力化合物。

## PU-2842

## 检测血 hs-cTnT、NT-proBNP、hs-CRP 对慢性心衰患者的临床价值

凌晨

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨血 hs-cTnT、NT-proBNP、hs-CRP 联合检测在慢性心衰患者中的临床应用价值。

**方法** 选取 2017 年 10 月至 2018 年 11 月于苏州大学附属第一医院就诊的慢性心衰患者 80 例作为实验组, 另外选取 80 名体检健康者作为对照组, 采用电化学发光法检测两组的 hs-cTnT、NT-proBNP 水平; 采用胶乳增强免疫比浊法检测两组的 hs-CRP 水平, 并应用 SPSS17.0 统计学软件进行 t 检验比较。

**结果** 实验组患者的 hs-cTnT、NT-proBNP、hs-CRP 水平明显高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 且 hs-cTnT、hs-CRP 的水平与 NT-proBNP 的水平成正相关; 治疗后实验组患者的 NT-proBNP、hs-CRP 水平明显低于治疗前, 但 hs-cTnT 水平没有明显变化, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 慢性心衰患者的 hs-cTnT、NT-proBNP、hs-CRP 水平显著升高, 三项指标联合检测能有效的诊断慢性心衰, 有一定的临床应用价值。

## PU-2843

## Xpert MTB/RIF 检测技术在肺结核诊断中的应用价值

熊梦园,李一荣

武汉大学中南医院,430000

**目的** 探讨 Xpert MTB/RIF 检测技术在肺结核中的诊断价值。

**方法** 选取 2017 年 9 月-2019 年 4 月于武汉大学中南医院住院可疑肺结核的患者 620 例作为研究对象。对采集到的患者痰、肺泡灌洗液、胸水进行涂片抗酸染色镜检及 Xpert MTB/RIF 检测, 统计检测结果, 以临床最终诊断结果为金标准来评估其诊断价值。

**结果** 620 例患者中, 男性 412 例 (66.45%), 女性 208 例 (33.55%)。共收集到 398 份痰液、165 份肺泡灌洗液及 57 份胸水, 174 例确诊为肺结核, 446 例为非肺结核, 其性别、年龄无显著差异 ( $P > 0.05$ )。以临床最终诊断结果为金标准, Xpert MTB/RIF 检测敏感度为 56.32%、特异度为 98.88%、阳性预测值为 95.15%、阴性预测值为 85.30%, 平均检出阳性率为 16.61%, Kappa 检验  $K > 0.40$ , 一致性较好; 涂片镜检敏感度为 11.49%、特异度为 100%、阳性预测值为 100%、阴性预测值为 74.33%, 阳性检出率为 3.23%, Kappa 检验  $K < 0.40$ , 一致性较差, 二者差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), Xpert MTB/RIF 检测技术优于涂片镜检, 同时可测得利福平耐药性检出率为 4.86%。Xpert MTB/RIF 检测各种标本阳性检出率: 肺泡灌洗液 > 痰 > 胸水, 各标本阳性率间的差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 与传统方法相比, Xpert MTB/RIF 检测技术可大幅度缩短检测时间, 并具有高灵敏度, 高特异性、操作简便等优点, 并且还可同时对利福平耐药性作出快速判断, 为临床诊断、选择耐药结核的治疗方案提供有效参考, 具有广阔的应用前景, 值得推广。



PU-2844

## 三种肾脏再生方法的对比分析

李开霖<sup>1,3</sup>,管勇<sup>1,3</sup>,刘晓立<sup>1,3</sup>,张旭峰<sup>1,3</sup>,孙超<sup>1,3</sup>,赵升田<sup>2,3</sup>

1.山东大学第二医院,250000

2.山东省立医院,250000

3.山东省肾脏再生医学省级重点实验室

**目的** 本研究旨在对比分析三种研究最广泛的再生方法的优缺点, 比较三种方法再生肾脏结构和功能的完整性, 探讨肾脏再生未来的研究趋势。

**方法** 脱细胞支架再灌注、后肾异体移植和类肾器官体外培养是肾脏再生研究比较广泛的三种方法, 脱细胞支架再灌注方法是首先利用 SDS 冲洗肾脏方法制作肾脏脱细胞支架, 然后向支架内灌注人脐静脉内皮细胞和小鼠胚胎干细胞; 后肾异体移植方法是指取胚胎期 13.5 天胎鼠的后肾移植到单侧肾切除成年大鼠的大网膜下, 经体内培养 2-4 周后, 鉴定结构和功能; 类肾器官体外培养是指在体外通过多种因子共同诱导人 iPS 细胞向肾系细胞分化, 同时在 Tranwell 膜或者基质胶上进行 3D 培养。

**结果** 后肾移植方法在肾系细胞量和细胞类型上有优势, 脱细胞支架再灌注方法则可以获得可手术移植的肾脏, 类肾器官体外培养可获得人源的肾脏类器官, 可以避免免疫排斥的问题, 但血管化不够。

**结论** 每一种肾脏移植的方法都有优缺点, 我们期待将来能有一种集众多优点于一身的肾脏再生方法, 成为肾脏组织工程的理想方案。

PU-2845

## 基于质谱分析的 25(OH)D2+D3 水平与儿童流感病毒感染之间的相关性

吴碧涛,任艳

绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨 $\leq 12$ 岁儿童流感病毒感染与其血清 25(OH)D2+D3 水平之间的相关性

**方法** 回顾性分析 2019 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 31 日于绵阳市中心医院门诊和住院诊治的进行流感病毒抗原筛查、并于筛查前后一周内经血清 25(OH)D2+D3 检测的儿童( $\leq 12$  岁)病例。采用固相免疫层析法检测患儿鼻咽拭子样本中甲型和乙型流感病毒抗原, 液相色谱串联质谱法检测患儿血清中 25(OH)D2、D3 水平

**结果** 共计检测 741 份样本, 阳性 263 例, 阳性率 35.49%。男性患儿 408 例, 阳性 154 例, 阳性率 37.75%, 女性患儿 333 例, 阳性 109 例, 阳性率 32.73%。经  $X^2$  检验, 男女性患儿流感病毒感染阳性率差异无统计学意义。对年龄进行分层分析后发现: 0~1 岁组 312 例, 其中阳性 84 例, 阳性率 26.92%; >1~3 岁组 230 例, 阳性 90 例, 阳性率 39.13%; >3~6 岁组 128 例, 阳性 59 例, 阳性率 46.09%; >6~12 岁组 71 例, 阳性 30 例, 阳性率 42.25%。经  $X^2$  检验, 各年龄组流感病毒感染阳性率差异有统计学意义( $X^2=19.04$ ,  $P<0.01$ ), 其中阳性率最高的为>3~6 岁组, 最低的为 0~1 岁组。经 Q-Q 概率图分析后发现流感病毒阳性与阴性组 25(OH)D2+D3 呈正态分布, 阴性组 25(OH)D2+D3 平均水平为  $28.40\pm 10.95$  ng/ml, 阳性组为  $27.32\pm 9.01$  ng/ml, 二者相比差异无统计学意义( $P>0.05$ )。25(OH)D2+D3 缺乏组 156 例, 阳性 52 例, 阳性率 33.33%; 不足组 295 例, 阳性 120 例, 阳性率 40.40%; 适宜组 288 例, 阳性 91 例, 阳性率 31.60%。经  $X^2$  检验, 各组阳性率之间差异无统计学意义( $X^2=5.36$ ,  $P=0.07$ )。采用非参行 Spearman 相关性分析, 结果显示患儿流感病毒感染与其血清 25(OH)D2+D3 水平之间无相关性( $R=0.039$ ,  $P=0.287$ )

**结论** 儿童流感病毒感染可能与其血清 25(OH)D2+D3 水平无关

PU-2846

## 腹膜透析液检出阿米巴 1 例报告

周毓菁

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 本文从 1 例慢性肾脏病 5 期行腹膜透析患者的腹透液中检测出阿米巴。

**方法** 患者因“腹膜透析 2 月，发现腹水浑浊”入院。腹水常规检查示：无色微混，有核细胞数  $205 \times 10^6/L$ ，嗜酸性粒细胞百分比 50%。患者无明显发热、恶心、腹痛、腹泻不适，万古霉素腹腔灌注治疗效果不明显。腹透液碘液染色找到阿米巴滋养体。形态呈圆形或类圆形，体积比白细胞稍大，伸出伪足样突起并缓慢移动，碘液染色后呈棕黄色，内含 2-4 个不等的不着色的胞核。停用万古霉素，予奥硝唑静脉给药治疗。

**结果** 腹透液有核细胞数逐渐降低，嗜酸性粒细胞也逐渐下降，两疗程后有核细胞数降至  $8 \times 10^6/L$ ，嗜酸性粒细胞百分比下降至 8%，镜检偶见阿米巴，予以出院。

**结论** 1、患者腹透液中有核细胞数持续在  $100-200 \times 10^6/L$ ，多次培养示无菌生长。降钙素原： $0.183ng/ml$ ，低于正常范围，提示细菌感染可能性低。万古霉素留腹治疗无效，腹透液中嗜酸性粒细胞比例很高，达 50% 左右，提示可能有寄生虫感染。2、腹透液镜检和碘液染色观察形态，根据其特点判断为阿米巴原虫滋养体。3、万古霉素治疗无效，改用奥硝唑治疗后，从有核细胞和嗜酸性粒细胞降低的程度及镜检找到虫体的几率下降判定其治疗有效。4、患者一般情况良好，从腹部 CT 和粪便常规检查排除溶组织阿米巴及结肠内阿米巴等致病性阿米巴感染的可能。因患者长期肾功能不全，免疫力比较低下，考虑为机会致病性阿米巴原虫感染。

PU-2847

## MGMT 基因位点 rs11016879 和 rs7069143 多态性与中国汉族人群食管腺癌的发病易感性相关

程广辉

山东大学第二医院,250000

**目的** 诸多证据表明在一些人群中 MGMT 基因在食管腺癌的发病过程中起到重要的作用，但是不包括中国汉族人群。本研究的目的是探索 MGMT 基因与中国汉族人群食管腺癌的发病易感性。

**方法** 通过对 MGMT 基因上的 3 个 SNP 位点在性别年龄匹配的 205 例病例和 216 例正常对照标本中进行了 TaqMan 探针分型，同时也通过实时定量 PCR 技术对 MGMT 基因在 102 例腺癌标本和 113 例正常对照标本中的表达进行了检测。

**结果** 实验结果表明，rs11016879 位点的等位基因分布(G/A, OR = 1.412, 95% CI = 1.053–1.894, P = 0.021)和 rs7069143 位点的基因型分布(CC/CT, OR = 1.580, 95% CI = 1.047–2.384, P = 0.029)在两组之间具有显著差异性存在；MGMT 基因的表达在两组之间也具有显著差异性存在(对照组,  $0.963 \pm 0.094$ ; 病例组,  $0.586 \pm 0.083$ ; P = 0.022)。

**结论** 综上所述，MGMT 基因与中国汉族人群的食管腺癌的发病易感性具有明显相关性。

## PU-2848

## CFL1 promotes proliferation and invasiveness and regulates NF- $\kappa$ B-mediated inflammatory factors in hepatocellular carcinoma

Chun-Yan Zhang<sup>1</sup>, Qian Dai<sup>1</sup>, Xiao-Lu Ma<sup>1</sup>, Wen-Jing Yang<sup>1</sup>, Li-Hua Lv<sup>1</sup>, Jie Zhu<sup>1</sup>, Yan Zhou<sup>1</sup>, Bai-shen Pan<sup>1</sup>, Bei-li Wang<sup>1</sup>, Xin-Rong Yang<sup>2</sup>, Wei Guo<sup>1</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhongshan Hospital, Fudan University

**Objective** Cofilin1 (CFL1) is an actin-binding protein that plays an essential role in cytoskeleton regulation. However, its function in hepatocellular carcinoma (HCC) is largely unknown. The aim of study was to investigate the role of CFL1 in HCC.

**Methods** We used qRT-PCR and western blot assays to detect CFL1 expression. The role of CFL1 in regulating HCC cell growth and invasion were assessed by forced expression and downregulation. A tissue microarray study containing 189 HCC cases was conducted to evaluate the clinical relevance and prognostic significance of CFL1.

**Results** The expression level of CFL1 in high metastasis cell lines was significantly higher than that in low metastasis lines ( $P < 0.05$ ). Knockdown of CFL1 reduced the proliferation and invasion activities of Huh7 and MHHC97H cells ( $P < 0.05$ ). Western blot revealed that the cytoplasmic level of the p65 subunit of NF- $\kappa$ B was significantly elevated along with reduced nuclear levels and NF- $\kappa$ B-targeted genes MMP9, BCL2, EZH2, COX2 and VCAM1 levels significantly inhibited in HCC cells silenced for CFL1. Immunohistochemistry in a primary tissue array revealed that CFL1 expression correlated with Tumor encapsulation and microvascular invasion ( $P < 0.05$ ). High CFL1 expression patients had significantly higher recurrence and deaths rates (recurrence: 72.9% vs. 42.9%, death: 20.8% vs. 51.1%) than low CFL1 expression patients ( $P < 0.001$ ).

**Conclusions** CFL1 regulate the proliferation and dissemination of HCC and TNF- $\alpha$  induced NF- $\kappa$ B nuclear translocation. CFL1 may serve as a prognostic marker in HCC and might be a promising therapeutic target for suppressing metastasis.

## PU-2849

## HIV-1 更高的基因多态性以及关键中和位点上的快速进化有利于广谱中和抗体的形成

田文, 沈书旭, 韩晓旭, 尚红  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 通过主动免疫的方式诱导产生广谱中和抗体仍是 HIV-1 疫苗研制领域的巨大挑战。尽管我们已经从 HIV-1 感染者体内分离出了几十种广谱中和抗体, 但哪些因素参与了广谱中和抗体的形成目前还未明确。

**方法** 我们选取了两例 HIV-1 慢性感染者, HA172 和 HA084, 他们基线血浆对自体基线病毒具有相似的中和应答强度。我们动态观察了这两例感染者从基线开始到随访两年时病毒的进化情况以及二者血浆针对自体病毒和异体病毒中和应答的变化情况。

**结果** HA172 和 HA084 在随访一年时血浆对自体基线病毒的中和应答均表现出逐渐增强的特点。HA172 最终形成了广谱中和应答, 其随访两年点血浆针对 9 株异体毒株 (Tier 2) 的中和宽度为 88.9% (8/9), 而 HA084 针对同一 panel 的中和宽度仅为 44.4% (4/9)。相比于 HA084, HA172 体内病毒在基线时具有更高的 env 基因多态性 (0.027 vs. 0.002,  $p < 0.001$ ), 在 V3 环及 V4 环表现出更强的正向免疫选择压力, 以及在 V1V2 区和 CD4 结合位点等广谱中和抗体识别表位上表现出快速的病毒进化。

**结论** 本研究揭示了在 HIV-1 慢性感染阶段, 更高的病毒基因多态性以及病毒在 V1V2 区和 CD4 结合位点的快速进化可能有利于广谱中和抗体的形成。

## PU-2850

### Analysis and clinical significance of serum IgG subtypes in multiple myeloma

Jingping Yin  
the First Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** To investigate the distribution and clinical significance of IgG subtypes in patients with multiple myeloma (MM).

**Methods** 40 healthy individuals were selected to detect IgG subtypes as normal controls. Retrospective analysis of the relationship between IgG subtypes and clinical features in 338 patients who visited the First Affiliated Hospital of Soochow University with multiple myeloma from September 1, 2017 to March 31, 2019.

**Results** In 338 patients with multiple myeloma (MM), the concentration of IgG1, IgG2, IgG3 and IgG4 level increased by 67 (19.8%), 23 (6.8%), 16 (4.7%) and 18 (5.3%), respectively, and decreased by 150 (44.4%), 184 (54.4%); 118 (34.9%) and 28 (8.3%), respectively. The concentration of IgG1, IgG2, IgG3, and IgG4 were simultaneously elevated in one patient and reduced in 6 patients, Meanwhile, the levels of IgG1, IgG3, and IgG4 were simultaneously elevated in two patients. However, the concentration of IgG1, IgG2, and IgG3 were simultaneously reduced in 46 patients, The mean concentration of IgG4 in patients with multiple myeloma was not significantly different from that in normal controls. The average level of IgG1 was significantly higher than that of the normal controls ( $P < 0.05$ ). The average level of IgG2 and IgG3 was significantly lower than that of the normal controls ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Distribution of IgG subtypes in the pathogenesis of multiple myeloma. Monitoring the changes of IgG subtypes in the diagnosis and treatment of multiple myeloma has certain clinical value.

## PU-2851

### The expression of CCR4 in pN0 gastric cancer and its invasion function via MMP9 production

Yongmei Yang, Yi Zhang  
Qilu Hospital, Shandong University

**Objective** Similar to most of cancers, gastric cancer is a highly aggressive malignancy which tends to invade surrounding tissue and metastasize to distant organs. It is well known that the interactions between chemokine receptors of tumor cells and their matching chemokines at the target organs represent critical steps in organ-specific metastasis. In fact, positive expression of chemokine receptors could also be identified even in some patients without metastatic tumors. While the clinical relevance of this data has not been fully established, and other roles of chemokine receptors in cancer progression except for chemotaxis have been rarely uncovered. In the present study, we aimed to investigate the expression profiles of CCR4 in gastric cancer cells of histologically node-negative (pN0) patients and its role in gastric cancer cell invasion. Furthermore, we tried to explore the mechanism underlying that cancer cell invasion with the finding that the forced expression of CCR4 in gastric cancer cells significantly enhanced MMP9 expression and activity.

**Methods** Tissue samples were obtained from 70 patients with pN0 gastric cancer, and immunohistochemistry or immunohistofluorescence analysis was performed on these tissues to detect CCR4 expression and its relation to histopathologic features and its related molecule, MMP9. Additionally, we overexpressed CCR4 in gastric cancer cell lines SGC-7901 and BGC-823 using lipofectamine, and the transfection efficiency was confirmed by a fluorescence microscope, real-time RT-PCR and FCM, respectively. In vitro Matrigel invasion assays were used to assess the effect of CCR4 on gastric cancer cell invasion. Real-time RT-PCR and gelatin zymography were used to detect the effect of CCR4 overexpression on production of MMP9.

**Results** The immunohistochemistry or immunohistofluorescence analysis revealed that CCR4 expression displayed different patterns and was significantly associated with serosal invasion (T3+T4,  $P<0.05$ ). CCR4 expression was positively correlated with MMP9 expression ( $P<0.05$ ). Matrigel invasion assays indicated that over-expression of CCR4 in gastric cancer cell lines SGC-7901 and BGC-823 significantly enhanced the invasive ability of these cells. Results from real-time RT-PCR and gelatin zymography showed a significant increase in MMP9 production induced by the forced expression of CCR4 in SGC-7901 and BGC-823 cells.

**Conclusions** In conclusion, we reported for the first time that CCR4 was closely associated with the depth of tumor invasion in pN0 gastric cancer. Furthermore, our data indicated that CCR4-induced MMP9 production may at least partially underlie the new mechanism for CCR4-mediated tumor invasion in gastric cancer. Our results suggest that antagonists of CCR4 might be useful candidates for controlling early events in tumor progression.

## PU-2852

### EB 病毒衣壳抗原 IgA 的检测的两种方法学比较

黄璐,张钧

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 比较酶联免疫吸附法与化学发光法检测 EB 病毒衣壳抗原 IgA (VCA-IgA) 的结果,探讨方法学之间的对比情况及其相关意义。

**方法** 采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 和化学发光免疫试验 (CLIA) 分别检测浙江大学医学院附属邵逸夫医院收治的 200 例人群血清标本中的 EB 病毒衣壳抗原 IgA (VCA-IgA)。

**结果** 酶联免疫吸附试验检测结果为阳性 7 例,阴性 193 例;化学发光试验检测结果为阳性 17 例,可疑 10 例,阴性 173 例,两种方法学检测结果总符合率为 89.00%,具有可比性。酶联免疫吸附法对于疾病组检测结果为阳性 8 例,可疑 0 例,阴性 12 例;无疾病组检测结果为阳性 9 例,可疑 10 例,阴性 161 例,两组检测结果比较,差异具有统计学意义 ( $P<0.001$ )。酶联免疫吸附法对于疾病组检测结果为阳性或可疑 8 例,阴性 12 例;无疾病组检测结果为阳性或可疑 19 例,阴性 161 例,两组检测结果比较,差异具有统计学意义 ( $P<0.001$ )。化学发光法对于疾病组检测结果为阳性 5 例,阴性 15 例;无疾病组检测结果为阳性 2 例,阴性 178 例,两组检测结果比较,差异具有统计学意义 ( $P<0.001$ )。

**结论** 酶联免疫吸附法与化学发光法具有可比性,化学发光法相较于酶联免疫吸附法具有更高的特异度和阳性似然比以及更低的阴性似然比;酶联免疫吸附法的所有可疑结果与鼻咽部疾病无相关性,反而降低了检测结果的特异度,但不排除对疾病的后期影响;化学发光法可以作为 EB 病毒衣壳抗原 IgA 的临床检测方法。

## PU-2853

## 2018-2019 年 109148 例梅毒螺旋体抗体实验室 检测结果分析

尹晶平

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 分析我院 2018 年 5 月 1 日至 2019 年 4 月 30 日 109148 例梅毒螺旋体抗体检测结果为梅毒螺旋体感染的流行病学调查及防治策略的制定提供依据。

**方法** 回顾分析 2018 年 5 月 1 日至 2019 年 4 月 30 日苏州大学附属第一医院就诊患者梅毒螺旋体抗体检测结果。采用磁珠微粒子化学发光法检测梅毒螺旋体特异性抗体（TP），TP 阳性标本再用梅毒螺旋体明胶凝集试验（TPPA）复查。利用甲苯胺红不加热血清反应素试验（TRUST）检测梅毒螺旋体非特异性抗体。

**结果** 初筛检测的 109148 例血清标本中，TP 抗体阳性为 2889 例，占比 2.65%。2889 例 TP 抗体阳性标本中 TPPA 阳性 2560 例（88.61%），阴性 329 例（11.39%）。共检测 TRUST 检测 1593 例，其中阳性 204 例，占比 12.81%。

**结论** 与已报道梅毒感染流行病学资料相比，梅毒螺旋体抗体阳性率总体呈增长趋势，防治工作有待进一步重视；TRUST 送检率偏低，应加强临床宣传，增加梅毒螺旋体特异抗体阳性患者 TRUST 检测已确定现症感染。

## PU-2854

## 南京地区 0~3 岁健康儿童血清 25-羟基维生素 D 水平分析

张立涛,张晓洁,黎青

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 维生素 D 缺乏被认为是一个公共健康问题。然而，中国儿童维生素 D 的营养状况尚不清楚。本研究旨在了解南京市 0~3 岁儿童维生素 D 水平。

**方法** 选取 2017 年 8 月至 2019 年 5 月在江苏省人民医院儿保科就诊的儿童作为研究对象。采用酶联免疫吸附试验测定血清 25-羟基维生素 D (25(OH)D) 浓度。维生素 D 状态定义为缺乏(25(OH)D < 50 nmol/L)、缺乏(25(OH)D: 50~75 nmol/L)和充足(25(OH)D ≥ 75 nmol/L)。采用广义估计方程模型和多元回归模型分析了相关变量与维生素 D 状态的关系。

**结果** 纳入 969 例 0~3 岁儿童。其中，23.3% 的儿童维生素 D 缺乏(缺乏和不足)，76.7% 的儿童维生素 D 充足。冬季低维生素 D 患病率为 29.7%，春季为 23.4%，高于夏季(21.4%)和秋季(19.9%)。临床访视儿童(32.1%)较健康体检儿童(17.6%)更容易受到低维生素 D 的影响。此外，年龄和季节分别与 25(OH)D 浓度独立且显著相关。

**结论** 新生儿及 0~3 岁儿童维生素 D 缺乏及不足状况普遍。这表明，中国儿童需要更多的阳光和维生素 D 强化食品

PU-2855

## Up-regulation of calpain-2 reduces doxorubicin-induced cardiotoxicity by inducing MAPK phosphatase-1

Dong Zheng

the First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China, 215006

**Objective** The anthracycline drug doxorubicin is an effective and frequently used first-line chemotherapeutic agent for many malignancies. However, doxorubicin can cause cumulative dose-dependent cardiotoxicity, leading to cardiomyopathy, a fatal condition. Doxorubicin interacts with DNA by intercalation and inhibits macromolecular biosynthesis. There are several ways in which doxorubicin is believed to cause cardiomyopathy, including oxidative stress, down-regulation of genes for contractile proteins, and p53 mediated apoptosis. However, the mechanisms by which doxorubicin induces cardiotoxicity remain not fully understood and no effective prevention is available for doxorubicin-induced cardiomyopathy. We recently reported that doxorubicin decreased the expression of calpain-1/2, while inhibition of calpain activity promoted doxorubicin-induced cardiotoxicity in mice. Moreover, up-regulation of calpain-2 but not calpain-1 reduced doxorubicin-induced apoptosis in cultured cardiomyocytes. These findings raised an intriguing possibility that up-regulation of calpain-2 may protect against doxorubicin-induced cardiotoxicity.

**Methods** The present study investigated whether elevation of calpain-2 could affect doxorubicin-triggered cardiotoxicity and the possible mechanisms.

Methods: Neonatal and adult mouse primary cardiomyocytes were cultured and stimulated with doxorubicin (1  $\mu$ M). Both transgenic mice and their relevant wild-type littermates were injected with doxorubicin (20 mg/kg, i.p.). Five days after doxorubicin injection, myocardial function was assessed by echocardiography. Apoptosis was determined by measuring caspase-3 activity, DNA fragmentation and annexin V staining. Oxidation stress was analysed by measuring MDA and ROS production using commercial assay kits. Necrosis was measured by Evans blue staining. Western blot analysis was conducted to determine the protein levels of calpain-1, calpain-2, p-AKT308 and 473, AKT, MKP-1 and GAPDH.

**Results** A novel line of transgenic mice with inducible cardiomyocyte-specific expression of calpain-2 was generated. Cardiomyocyte-specific up-regulation of calpain-2 reduced myocardial injury, and improved myocardial function and survival in doxorubicin-treated mice. Up-regulation of calpain-2 increased the protein levels of mitogen activated protein kinase phosphatase-1 (MKP-1) in cultured cardiomyocytes and mouse hearts. Over-expression of MKP-1 prevented, whereas knockdown of MKP-1 augmented doxorubicin-induced apoptosis in cardiomyocytes. Moreover, knockdown of MKP-1 offset calpain-2-elicited protective effects against doxorubicin-induced toxicity in cultured cardiomyocytes and mouse hearts. Mechanistically, up-regulation of calpain-2 promoted protein kinase B activation, leading to increased MKP-1 protein steady state levels by inhibiting its degradation.

**Conclusions** This study provides direct evidence that demonstrates a novel cardio-protective role for calpain-2 and MKP-1. This study also reveals a new mechanism by which calpain-2 increases MKP-1 protein. Thus, calpain-2/MKP-1 signaling may represent new therapeutic targets for doxorubicin-induced cardiotoxicity.

## PU-2856

**大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌的临床分布及耐药性监测**

陶肖燕,汤荣,刘庆中  
上海市第一人民医院,200000

**目的** 了解上海市第一人民医院 11 年间大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌的临床分布和耐药性变迁,为临床合理使用抗生素提供参考。

**方法** 回顾性分析 2007 年 1 月-2017 年 12 月期间就诊患者各类标本中所分离的大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌的病原菌鉴定和药敏分析。按照全自动细菌鉴定系统行菌种鉴定和药敏试验以纸片扩散法补充。

**结果** 11 年共分离出 5405 株大肠埃希菌和 2 684 株肺炎克雷伯杆菌。5 405 株大肠埃希菌中检出最多的标本种类分别为尿液 (66.5%,3 595/5 405)、痰液 (9.8%,527/5 405) 和血液 (5.2%,280/5 405),5 405 株大肠埃希菌 ESBLs 阳性菌株 3 215 株,阳性率 59.5%; 2 684 株肺炎克雷伯杆菌中检出最多的标本种类分别为痰液 (52.4%,1 406/2 684)、尿液 (18.7%,503/2 684) 和咽拭 (9.7%,260/2 684),2 684 株肺炎克雷伯杆菌中 ESBLs 阳性菌株 725 株,阳性率 27.0%。5 405 株大肠埃希菌中,女性检出率明显高于男性 (59.8%对 40.2%),而 2684 株肺炎克雷伯杆菌中男性检出率明显高于女性 (67.6%对 32.4%)。2007 年至 2017 年,大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌的检出量逐年递增,整体呈上升趋势。大肠埃希菌对氟喹诺酮类的耐药率 (70%左右) 显著高于肺炎克雷伯杆菌 (30%左右)。11 年间大肠埃希菌对碳青霉烯类的耐药率维持在 1%左右,而肺炎克雷伯杆菌对碳青霉烯类的耐药率在维持在 5%左右。大肠埃希菌和肺炎克雷伯杆菌的 ESBLs 阳性菌株对环丙沙星、左氧氟沙星、氨苄西林/舒巴坦和头孢吡肟的耐药率均明显高于其 ESBLs 阴性菌株。

**结论** 大肠埃希菌为尿液标本的主要菌群,肺炎克雷伯杆菌是痰液的主要菌群。对于产 ESBLs 肠杆菌科细菌,应结合药敏实验结果来合理选择抗生素,以延缓细菌耐药性的出现。

## PU-2857

**血清 NSE、hs-CRP、同型半胱氨酸及血浆 D-二聚体联合检测对脑梗死诊断研究分析**

张晓洁,张立涛,黎青  
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨在脑梗死诊断过程中,血清 NSE、hs-CRP、同型半胱氨酸 HCY 及血浆 D-二聚体联合检测的诊断价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2017 年 1 月接受治疗的 56 例脑梗死患者作为研究对象,以同期健康体检者 60 例为对照组。对两组受试者进行血清 NSE、hs-CRP、同型半胱氨酸及血浆 D-二聚体检测,并进行结果分析。

**结果** 脑梗死患者组血清 NSE、hs-CRP、同型半胱氨酸 HCY 及血浆 D-二聚体水平分别为 (18.85±4.69) ng/mL, (9.4±0.14) mg/L, (19.54±3.25) μmol/L 和 (0.82±0.15) mg/L,明显高于对照组,差距均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** 神经元特异性烯醇化酶(neuron-specific enolase, NSE)是参与糖酵解途径的烯醇化酶中的一种,存在于神经组织和神经内分泌组织中,NSE 在脑组织细胞的活性最高,当缺血、缺氧、中毒或损伤时,细胞膜的完整性受到破坏,NSE 便从中释放出来进入血液循环。D-二聚体可以作为纤溶亢进高凝状态的分子标志物,对于脑梗死疾病发展及转归有重要意义。hs-CRP、同型半胱氨酸 HCY 是动脉粥样硬化及血栓形成的独立危险因素。因此,血清 NSE、hs-CRP、同型半胱氨酸 HCY 及血浆 D-二聚体与脑梗死发生发展密切相关,联合监测有助于脑梗死的预防和诊断。



## PU-2858

## 孕妇乙肝病毒载量与血清标志物定量的相关性研究

张立涛,张晓洁,黎青

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨电化学发光法定量检测孕妇乙肝病毒血清标志物(HBV-M)与荧光定量 PCR 检测 HBV-DNA 的相关性。

**方法** 采用荧光定量 PCR 法和电化学发光免疫分析法测定 2017 年 3 月-2019 年 5 月江苏省人民医院产科门诊 345 例孕妇乙肝患者血清 HBV-DNA 和 HBV-M。

**结果** 按照 HBV-M 不同表现分成三组: I 组(HBsAg, HBeAg, HBcAb 三项阳性)、II 组(HBsAg, HBeAb, HBcAb 三项阳性)、III 组(HBsAg, HBcAb 阳性), 三组血清中 HBV-DNA 阳性率分别为 90.30%, 52.06%, 41.58%; I 组血清中 HBV-DNA 拷贝数显著高于 II 组与 III 组血清中 HBV-DNA 拷贝数( $P<0.01$ ), II 组与 III 组差异无显著性( $P>0.05$ ), 在 HBeAg 阳性血清中, 随着 HBV-DNA 拷贝数的下降, HBeAgCOI 值也趋于下降, 且差异有显著性( $P<0.01$ )。

**结论** 同时检测 HBV-M 和 HBV-DNA 可以对孕妇病情的发展进行跟踪, 随时监测, 为临床诊断和疗效观察提供依据, 两者互为补充。

## PU-2859

## 胃癌的整合转录组分析及生物信息学分析

张政,刘冬梅

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 初步探索分析胃癌组织和配对的癌旁组织的差异表达基因, 以期找到新的靶标分子作为胃癌的新型肿瘤标志物, 为临床上胃癌的早期诊断和药物靶向治疗提供新方向。

**方法** 从 GEO 公共数据库中检索基于 Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array 平台的胃癌组织芯片数据, 对原始数据进行 Robust Multi-array Average(RMA)归一化处理, 然后利用 R-package Combat 去除批次效应, 筛选胃癌组织与配对的癌旁组织 t 检验  $P<0.05$  的差异表达基因, DAVID 工具富集基因功能和通路, STRING 数据库构建差异表达基因的蛋白互作网络, 将数据导入 Cytoscape 软件, 计算网络拓扑特性, 筛选核心基因。

**结果** 通过整合 3 个数据集 GSE13911、GSE19826 和 GSE79973 共计 53 个胃癌组织和 53 个配对的癌旁正常组织的基因芯片表达谱数据, 一共筛选出 1165 个差异表达基因, 其中包括 631 个上调基因和 534 个下调基因, 并通过差异表达基因的功能富集分析和蛋白互作网络识别出了 3 个关键的上调基因: CDK1、CCNB1 和 BIRC5。

**结论** 与正常癌旁组织相比, CDK1、CCNB1 和 BIRC5 在胃癌组织中过表达, 可能是与胃癌恶性进展相关的关键基因, 可作为潜在靶点作进一步的功能研究以探讨 CDK1、CCNB1 和 BIRC5 在胃癌靶向治疗中的价值。

## PU-2860

## 抗 E+c 联合抗 Fya 抗体阳性患者致死病例回顾和思考

石玉珊

山东中医药大学附属医院,250000

**目的** 认识不规则抗体的临床意义, 知道科学合理用血。

**方法** 回顾性分析一例抗筛阳性患者的病历，分析抗筛产生的原因和临床意义。

**结果** 患者产生的抗体为三者联合，极其罕见，最终因为配血困难而死亡。

**结论** 不规则抗体阳性会加大配血难度，临床医师需要严格掌握输血适应症

## PU-2861

### hs-CRP、白细胞计数和中性粒细胞比值在儿科感染中的诊断价值

王晔

濮阳市中医院,213000

**目的** 通过比较 CRP、白细胞计数及中性粒细胞比值的检测结果，分析该指标在儿童感染性疾病中的意义，从而更好的为临床用药提供依据。

**方法** CRP 检验使用 QuickRead goCRP 仪器，采用免疫比浊法进行测定；白细胞计数采用希森美康 XN-1000 五分类全自动血球计数仪。将我院 120 例呼吸道感染患儿分为细菌感染组、病毒感染组，同时选取 25 例正常儿童作为对照组，检测比较 hs-CRP、WBC、N%各水平。同时分析三项指标联合检测的诊断价值。采用 SPSS17.0 统计软件进行分析，组间比较采用卡方检验，比较组间差异和组内差异。

**结果** 细菌组患儿中 56 例（71.7%）为 hsCRP、WBC、N%同时升高或 hsCRP 升高伴 WBC、N%其中一项升高，其中 34 例为 hs-CRP、WBC、N%同时升高，22 例为 hsCRP 升高伴 WBC、N%其中一项升高，42 例病毒组患儿中 30 例（71.4%）为 hs-CRP 正常、WBC 和 N%正常或下降。细菌组的 hs-CRP、WBC、N%均增高，且一般都是 hs-CRP、WBC、N%同时升高或者 hs-CRP 升高伴 WBC 或 N%升高。病毒组 hs-CRP、WBC 均为正常，N%下降。

**结论** hs-CRP、WBC、N%三项均升高以及 hs-CRP 升高伴 WBC 或 N%明显升高，提示细菌感染；而 hs-CRP、WBC 正常伴 N%下降，则考虑病毒感染。hs-CRP 与血常规中的白细胞计数及中性粒细胞比值联合检测有助于儿科医生对患儿病情进行初步诊断，减少不必要的抗生素的应用。

## PU-2862

### 一种新型核酸酶毒素-免疫蛋白系统在口腔病原菌中的作用机制

陈晓静

山东大学第二医院临床检验中心

**目的** 利用前期实验基础来验证牙龈卟啉单胞菌中 DUF2380 结构域蛋白的核酸酶功能，探讨其在牙龈卟啉单胞菌和福赛斯坦纳菌致病性及种群共生中发挥的作用，为筛选新的抗菌药物提供理论基础。

**方法** 自 NCBI 中下载 *P. gingivalis* 和 *T. forsythia* 基因组序列，选取 DUF2380 上下游 10 kb 左右序列，利用 ORF Finder 对编码基因进行预测，预测到的基因进行起始-终止位置分析，初步确定基因连接方式。对预测到的基因利用 SMART、Uniprot、PhySe<sup>2</sup> 软件进行功能预测。编码蛋白利用 Psipred、TASSER、VMD 进行同源模建、相互作用预测以及表面电势分析。提取空质粒、*P.gingivalis* 基因组 DNA 和 *E.coli* 基因组 DNA，进行定量。不同浓度的 PG-DUF2380 蛋白分别与环装质粒、基因组 DNA 在 37℃作用 2 h。选取 0 min、30 min、60min、120 min 的样品进行琼脂糖凝胶电泳分析。应用 MicroCal iTC200、BIACORE（Biomolecular Interaction Analysis）检测目的蛋白与各小分子之间的相互作用。

**结果** 生信分析发现同源蛋白主要分布在 *P. gingivalis* 和福赛斯坦纳菌 *Tannerella forsythia* 中, 福赛斯坦纳菌也是一种重要的牙周炎致病因子。将不含有 *Rhs* 模块, 只包含 DUF2380 结构域的 WP\_099840607.1 (命名为 PgKT) 构建到表达质粒上, 结果显示 PgKT 的表达明显抑制 *E.coli* 的生长, 具有细胞毒性。提取诱导培养 4h 后的 *E.coli* 菌体内的质粒, 进行电泳检测发现质粒发生降解。以 PgKT 下游蛋白 (命名为 PgKI) 为例进行验证, 实验结果证实 PgKI 能中和 PgKT 的细胞毒性作用, 部分缓解 PgKT 对 *E.coli* 造成的生长抑制。

**结论** 口腔病原菌采用一种新型的分泌方式将 DUF2380 核酸酶毒素释放到胞外行使功能, 而 *Rhs* 结构域的功能以及在分泌过程中发挥的作用也值得我们进一步研究。

## PU-2863

### 上海远郊地区近 3 年 0-12 岁儿童呼吸道感染病原分布特征研究

龚如涵

上海市第一人民医院,200000

**目的** 了解上海远郊地区儿童感染呼吸道病毒的情况和特点, 为制定呼吸道病毒感染的预防及治疗提供参考。

**方法** 利用直接免疫荧光法 (DFA) 检测呼吸道感染患儿鼻咽分泌物中流感病毒 A 型和 B 型、腺病毒、副流感病毒 (1、2 和 3 型) 以及呼吸道合胞病毒等 7 种常见呼吸道病毒的抗原。以回顾性研究的方式, 对 2016 至 2018 年上海市第一人民医院南院 (上海市远郊唯一三甲医院) 门诊、住院 2242 名患儿呼吸道感染病原体检测结果进行整理与分析, 调查主要包括: 患儿一般情况、呼吸道病毒种类、检出率、季节分布等。

**结果** 本研究中 2242 例患儿常见呼吸道病毒感染阳性率为 19.05%, 其中 1 月~24 月龄门诊和住院患儿呼吸道病毒检出率分别为 27.78%和 23.6%, 2 岁~5 岁门诊和住院患儿呼吸道病毒检出率分别为 26.32%和 13.82%。住院患儿排名前三位的感染病原体分别为呼吸道合胞病毒、副流感病毒 3 型和腺病毒, 检出率分别为 10.19%、5.52%和 1.84%。门诊患儿呼吸道合胞病毒检出率最高, 达 16.26%; 副流感病毒 3 型和腺病毒检出率均为 3.25%; 副流感病毒 1 型和流感病毒 A 型检出率均为 3.25%。呼吸道合胞病毒多发于秋冬季; 副流感病毒 3 型多发于春夏秋季; 流感病毒 A 型和 B 型多发生于春冬季; 腺病毒四季均有发生。

**结论** 上海市远郊地区儿童呼吸道常见病毒感染中, 呼吸道合胞病毒最为常见, 且多数病毒感染具有明显季节特征, 预防并早期诊疗对儿童呼吸道病毒感染十分必要。

## PU-2864

### 2 型糖尿病患者 IGF1 启动子区单核苷酸多态性与结直肠癌风险研究

王乐乐

天津市人民医院,300000

**目的** 流行病学调查显示 2 型糖尿病 (T2DM) 患者中结直肠癌发病率更高。鉴于两种疾病均有遗传学背景, 在共同危险因素基础上, 我们探讨 IGF1 基因启动子进化保守区 (evolutional conserved region, ECR) 单核苷酸多态性 (SNP) 与 T2DM 和结直肠癌易感性间的关系。

**方法** 采用病例-对照研究, 选取天津市人民医院诊断的结直肠癌合并 2 型糖尿病、单纯 CRC、单纯 T2DM 以及健康体检者共 1468 例。检测 IGF1 启动子区 3 个 SNP rs35767、rs5742612、rs2288377。调整性别、年龄, 采用非条件 logistic 回归计算 OR 值和 95%置信区间 (CI), 评价

SNPs 和本地汉族人群 T2DM 风险之间的关系。另外,在非 T2DM 及 T2DM 中分别评价 3 个 SNPs 和结直肠癌风险之间的关系。进一步在不同性别、解剖部位中,评价 SNPs 对疾病风险的影响。

**结果** T2DM 组与健康对照组相比,rs35767 位点 TT 基因型(TT/CC: OR=1.722, P=0.025)、rs5742612 位点 CC 基因型(CC/TT: OR=1.982, P=0.035)、rs2288377 位点 AA 基因型均与 T2DM 易感性增加有关(CC/TT: OR=1.982, P=0.035)。根据性别分组,仅在男性中出现相似结果,且有差异结果的 OR 值大于总体人群。对于 rs35767 位点,与健康对照组相比,CT 基因型及显性模型下单纯结直肠癌风险增加(CT/TT: OR=1.377, P=0.041; CT+TT/CC:OR=1.346, P=0.047),差异具有统计学意义。而在基线患 T2DM 人群中,其显性模型下结直肠癌风险降低。以常见单倍型 CTT 为参考,TTT 与 T2DM 易感性及单纯结直肠癌风险增加有关,而降低 T2DM 患者中结直肠癌风险。

**结论** IGF1 启动子 ECR 区 SNP rs35767-TT、rs5742612-CC、rs2288377-AA 及其组成的单倍型 TTT 与本地汉族人群 2 型糖尿病易感性增加有关,这可能成为该人群 T2DM 潜在的敏感位点。该 T2DM 易感性位点 rs35767 及单倍型 TTT 与单纯结直肠癌风险增加有关,但可降低 2 型糖尿病患者中结直肠癌风险。因此,评价基因-表型相互作用在结直肠癌风险研究中具有重要意义。

PU-2865

## 具有批长度的标准化西格玛性能验证图的构建及其初步应用

孙慧珍<sup>1,2</sup>,郭拥军<sup>3</sup>,刘向祎<sup>3</sup>,王治国<sup>1,2</sup>

1.北京协和医学院研究生院 国家卫生健康委临床检验中心

2.北京医院 国家卫生健康委临床检验中心

3.首都医科大学附属北京同仁医院检验科

**目的** 分析批长度是两次质控活动之间分析的患者样品数量,其合理设计对保证检验结果质量至关重要。本研究旨在构建具有批长度的标准化西格玛( $\sigma$ )性能验证图,并应用该工具评价九个特殊蛋白项目的检测性能以及为其选择合适的室内质量控制程序。

**方法** 将 2018 年 Westgard 提出的具有批长度的 Westgard 西格玛规则与标准化西格玛性能验证图结合,构建具有批长度的标准化西格玛性能验证图。收集北京同仁医院检验科九个特殊蛋白项目同一批号质控品半年的累积在控变异系数作为不精密度(CV%)的估计值,将该实验室参加 2018 年特殊蛋白室间质量评价计划中的百分差值作为其偏倚(Bias%)的估计值,采用国家卫生健康委临床检验中心 2018 年临床检验室间质量评价的评价标准作为允许总误差(TEa)。将各项目 CV 和 Bias 除以 TEa 的数据点绘制在具有批长度的标准化西格玛性能验证图上。

**结果** 构建的具有批长度的标准化西格玛性能验证图的横纵坐标分别为 CV/TEa 和 Bias/TEa,五条斜线将整个图形划分为六个区域,数据点落在不同区域内对应不同的检测性能(由  $\sigma$  描述)及推荐的质控程序。九个项目的性能均超过  $3\sigma$  水平,其中  $\sigma \geq 6$  的项目有 IgG、IgA、IgM、C4 和转铁蛋白(TRF),应选用  $1_{3s}$  规则,质控测定值的数量(N)为 2,批长度为 1000 个患者样品的质控程序;  $5 \leq \sigma < 6$  的项目为 C3,应选用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  规则, N=2,批长度为 450 个患者样品的质控程序;  $3 \leq \sigma < 4$  的项目有类风湿因子(RF)、抗链球菌溶素(ASO)和前白蛋白(PA),应选用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/6_x$  规则, N=6,批长度为 45 个患者样品的质控程序。

**结论** 构建的具有批长度的标准化西格玛性能验证图可直观显示检验项目的性能,涵盖了批长度的设计可帮助实验室选择更加完善的室内质量控制程序。

PU-2866

## 骨桥蛋白 SNPrs9138 和 rs11730582 与女性 SLE 发病风险的相关性研究

石凤,韦玉霞,庞晓霞  
右江民族医学院附属医院,533000

**目的** 探讨骨桥蛋白 SNPrs9138 和 rs11730582 与女性 SLE 发病风险及其临床表现的相关性研究。

**方法** 选取 200 例 SLE 作为病例组以及 200 例健康人作为对照组,比较 SLE 组和对照组、SLE 合并临床表现的 rs9138 和 rs11730582 位点的基因型和等位基因分布频率,并分析 OPN 基因单倍型频率。

**结果** 本研究发现 SLE 组和正常组、SLE 合并临床表现的 OPN 基因型和等位基因频率以及基因单倍型频率差异均无统计学意义。

**结论** 该研究人群中的 rs9138 和 rs11730582 位点可能与 SLE 的发病风险和临床表现无关。

PU-2867

## 利奈唑胺耐药头状葡萄球菌耐药性及相关临床特征分析

方芳,李雪寒,李一荣  
武汉大学中南医院,430000

**目的** 了解利奈唑胺耐药头状葡萄球菌的耐药机制以及其临床特征。

**方法** 收集我院分离的利奈唑胺耐药头状葡萄球菌共 7 株,PFGE 分析利奈唑胺耐药菌株的同源性;PCR 方法扩增 23SrRNA 基因、编码核糖体蛋白 L3 和 L4 的基因 rplC 和 rplD 及耐药基因 cfr,并进行测序以及病例资料的分析。

**结果** 从 5 位患者的标本中分离到 7 株利奈唑胺耐药头状葡萄球菌;这些临床分离株对苯唑西林、左氧氟沙星、庆大霉素等常用抗菌药物耐药,仅对糖肽类、利福平、四环素,奎努普汀/达福普汀敏感;7 株耐药菌的 23s rRNA 均存在突变,7 株均不携带 cfr 基因;PFGE 显示 7 株临床株属同一谱型;这 5 位患者来自于四个不同的科室,均有较严重的基础疾病,住院时间均较长。其中,3 例患者留置深静脉导管,1 例同时留置深静脉导管和透析导管,3 例患者分别使用过 4-11 天的利奈唑胺治疗。

**结论** 7 株头状葡萄球菌对利奈唑胺耐药是由于 23S rRNA 第 V 区 G2576T 和 C2104T 突变导致,其它功能区存在 C1472T 突变。利奈唑胺耐药头状葡萄球菌呈多重耐药表型,基础疾病、长期住院、长疗程使用利奈唑胺和留置深静脉导管可能是感染此类耐药菌的危险因素。

PU-2868

## 急诊检验不合格样本统计分析对策

赵波  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 对不合格样本进行统计、分析原因,寻找解决对策,降低不合格样本产生率,提高检验质量。

**方法** 对本科室急诊组 2016 年 5 月 5 日至 2017 年 7 月 17 日接收的不合格样本的特点及原因进行回顾性分析。

**结果** 本科室急诊组 2016 年 5 月 5 日至 2017 年 7 月 17 日共接收不合格标本 1488 份，不合格率为 0.58%；来源科室主要集中于急诊科、血液科、心内科、重症医学科和脑外科；不合格原因中血液溶血占 43.15%，血液凝固占 26.61%，标本量少占 17.14%；其中动脉血气分析标本的不合格率最高，为 1.74%，其次为凝血检测标本，不合格率为 1.18%。

**结论** 不合格标本产生的原因主要是采集者没有严格按照标准操作规程进行。检验科应建立相应制度，通过不断汇总分析、及时与临床医护人员沟通交流，有效降低标本不合格率，确保分析前质量。

## PU-2869

### 外泌体分离技术的进展

杨文静,吕丽华,朱丽娜,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 综述外泌体分离技术的研究进展。

**方法** Pubmed 文献检索外泌体分离技术相关文献。

**结果** 外泌体是由活细胞分泌到胞外环境中的一种膜囊泡，其在细胞-细胞通讯中发挥重要的生物学功能，与人类恶性肿瘤的发病机制密切相关，并有望作为疾病诊断和预后的生物标志物。简单，有效地对外泌体进行分离是当前进行外泌体领域研究的第一步，也是至关重要的一步。目前，利用外泌体的物理化学和生物化学性质，国内外已开发出许多用于分离外泌体的技术。

**结论** 本综述从外泌体分离技术的研究进展出发，将对外泌体的分离机制、性能、挑战和前景进行了系统概述。

## PU-2870

### 新生儿外周血有核红细胞检测的结果分析

葛高霞,蔡针针,王茸茸  
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 分析新生儿外周血有核红细胞（NRBC），来探讨其临床应用价值。

**方法** 观察本院住院的 1000 例新生儿患者，利用 XN-9000 血液分析流水线，测定新生儿静脉血 NRBC 的比例、绝对值计数。

**结果** 69.8%（698/1000）的新生儿外周血检出 NRBC,且与性别无关。诊断为新生儿窒息的患儿外周血 NRBC 检出率 98%；检出 NRBC 的患儿胎龄低于未检出 NRBC 的患儿（ $P<0.01$ ）；NRBC 的比例和绝对值，早产儿高于足月儿（ $P<0.01$ ），低体重高于体重正常的新生儿。

**结论** 早产儿、低体重儿、新生儿窒息的外周血 NRBC 比例和绝对值计数均会升高，测定新生儿外周血 NRBC 可以评估新生儿健康状况。

PU-2871

## 妊娠期糖尿病患者胎盘组织中 TMEM16A 的表达研究

王学翔,高晓林,徐帅  
山东大学第二医院,250000

**目的** 妊娠期糖尿病( gestational diabetesmellitus, GDM)是指妊娠期出现的糖尿病或者糖耐量异常, GDM 会导致围生期母婴妊娠结局不良和死亡风险升高, 但其发病原因尚未完全确定。TMEM16A 是一种钙依赖氯离子通道, 最近的研究表明, TMEM16A 在生殖细胞中表达且参与了包括卵巢雌激素分泌和排卵等在内的多个生殖过程。本文我们将研究 GDM 产妇胎盘组织中 TMEM16A 的表达情况。

**方法** 选取妊娠期糖尿病产妇 30 例作为实验组, 正常人产妇 30 例作为对照, 采用实时荧光定量 PCR (RT-PCR)、Western-blot 和免疫荧光染色技术检测 TMEM16A 在胎盘组织中的表达。同时以人绒毛膜癌细胞 JEG3 和人绒毛膜滋养层细胞 HTR-8 为模式细胞研究其具体作用机制。

**结果** 实验结果表明, 与正常对照组相比, 实验组妊娠期糖尿病产妇胎盘组织中 TMEM16A 的 mRNA 表达显著增加; 人绒毛膜癌细胞 JEG3 中 TMEM16A 的表达也显著高于人绒毛膜滋养层细胞 HTR-8。我们将进一步研究其具体的作用机制。

**结论** 妊娠期糖尿病患者胎盘组织中 TMEM16A 显著高表达。

PU-2872

## 血常规、血清生化及甲胎蛋白组合分析在胃肠癌筛查中的临床应用

张梦莹,黎青,蔡针针  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 评估血常规、血清生化及甲胎蛋白组合分析在胃肠癌筛查中的临床价值。

**方法** 按纳入排除标准筛选 2014 年 1 月~2018 年 4 月期间于我院就诊的胃肠癌患者 268 例设胃肠癌组, 另按 1:1 比例筛选同时间段于我院行健康体检的 268 例健康志愿者设正常对照组。对比两组血常规、血清生化及甲胎蛋白水平, 应用 ROC 曲线分析其组合分析在胃肠癌筛查中的临床价值。

**结果** 胃肠癌组血常规指标红细胞数(RBC)、血红蛋白(Hb)及血清生化指标总胆红素(TBil)、间接胆红素(InBil)、总蛋白(TP)、白蛋白(ALB)、白球比(A/G)、谷丙转氨酶(ALT)、 $\gamma$ -谷氨酰胺转氨酶(GGT)均显著低于正常组( $P<0.05$ ); 血常规指标白细胞计数(WBC)、血小板计数(PLT)及血清生化指标碱性磷酸酶(ALP)、甲胎蛋白(AFP)显著高于正常组( $P<0.05$ ); 直接胆红素(DBil)、谷草转氨酶(AST)、乳酸脱氢酶(LDH)两组比较差异无统计学意义( $P>0.05$ )。血常规指标 WBC、Hb、PLT、RBC 筛查胃肠癌的 AUC 值依次为 0.440、0.719、0.869、0.524; 血清生化指标 TBil、DBil、InBil、TP、ALB、A/G、ALT、ALP、GGT、AST、LDH、筛查胃肠癌的 AUC 值依次为 0.618、0.540、0.608、0.716、0.759、0.584、0.526、0.458、0.566、0.539、0.492; 血常规、血清生化、甲胎蛋白单一筛查筛查胃肠癌的 AUC 值依次为 0.886、0.861、0.573; 血常规联合 AFP、血清生化联合 AFP、血常规联合血清生化及血常规、血清生化联合 AFP 筛查胃肠癌的 AUC 值依次为 0.886、0.862、0.890、0.891, 以血常规、血清生化联合 AFP 联合筛查时 AUC 值最大, 提示筛查价值最高。

**结论** 血常规、血清生化及甲胎蛋白任意组合分析用于胃肠癌筛查均有一定准确性, 但单一肿瘤标志物 AFP 筛查准确性不佳。

## PU-2873

## 新生儿的末梢血与静脉血在血常规检验结果的比较分析

王敏,黎青,马亮,王雅曼

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 比较分析新生儿末梢血与静脉血的血常规检验结果的差异,为临床新生儿血常规检验的标准化操作提供理论和实验依据。

**方法** 选取在我院出生的健康足月新生儿 100 例,同时采集末梢血和静脉血在全自动血细胞分析仪上进行检测,并对检测结果中白细胞计数(WBC)、中性粒细胞计数(NE)、淋巴细胞计数(LY)、单核细胞计数(MO)、嗜酸性粒细胞计数(EO)、嗜碱性粒细胞计数(BA)、红细胞计数(RBC)、血红蛋白含量(HGB)、红细胞压积(HCT)、血小板计数(PLT) 10 项主要指标进行统计分析。

**结果** 新生儿末梢血与静脉血的 WBC、NE、RBC、HGB、HCT 和 PLT 6 项指标平均水平差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); LY、MO、EO、BA 4 项指标平均水平差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 新生儿末梢血并不能完全反映循环系统血液的整体情况,因此临床遇到结果存疑时,建议进行静脉采血复查,以免造成误诊。

## PU-2874

## 全国 262 家性病实验室淋球菌分离鉴定室间质评结果分析

戴秀芹

中国医学科学院皮肤病医院,210000

**目的** 室内质控可提高实验室检验的精确度,而室间质评可提高实验室检验的准确度。淋球菌分离鉴定是一项实践性较强的专业检验技术,通过室间质评活动能及时地发现各级性病医疗卫生机构对淋球菌的分离培养及鉴定技术存在的问题和差距,不断地提高各级性病实验室对淋球菌的分离鉴定的能力及水平。

**方法** 采用冷冻干燥法。将待发的质评样本选用固体培养基大量增菌后,洗脱到 10%灭菌脱脂牛奶中,制成冻干品,并对质评样本的状态进行检测,主要包括样本的均匀性、稳定性及无污染试验等,以保证质评样本的质量。

### 结果 考核结果

1. 结果回报 本次共对 272 家单位发放了室间质评考核样本,除了西藏外,全国 30 个省、自治区及直辖市的各级性病实验室共 262 家单位回报了结果,其结果的总回报率为 96.3%(262/272)。

2. 质评综合考核成绩 在 262 家参评单位中, $\geq 80$  分的有 252 家,合格率为 96.2%(252/262)。

3. 质评样本的正确率 在 262 家参评单位中,2 株非淋球菌的鉴定结果正确率分别为 90.8%、98.1%,2 株淋球菌的鉴定结果正确率分别为 98.1%、97.7%;鉴定结果正确率最低的是 1 和 3 号标本,1 号菌株是奈瑟氏菌属中易与淋球菌相混淆的一株菌。

**结论** 主要参评对象国家级淋球菌耐药监测点及省级中心实验室的淋球菌分离鉴定考核结果的合格率要比国家级性病监测点及省级综合性医院要高,其原因与统计占比有一定的关系,当然重点还是要加强部分国家级淋球菌耐药监测点及省级中心实验室对淋球菌分离鉴定的技术能力。国家级性病监测点也是目前我国性病监测疫情报告质量的一个重要组成部分,监测点对淋球菌的检测水平将直



接影响监测数据的上报质量。连续开展室间质评工作,可以提高各级性病实验室对淋球菌的检测质量,从而避免淋病的误诊或漏诊,以进一步提高我国性病病例报告的准确性。

## PU-2875

### 血游离轻链在急性肾损伤鉴别诊断的应用价值

佟威威

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨血清游离轻链在多发性骨髓瘤性急性肾损伤和其他类型急性肾损伤患者中用于实验室诊断和鉴别诊断的价值。

**方法** 肾脏疾病患者 116 例进行血清免疫固定电泳、血清游离轻链及  $\beta_2$ -微球蛋白定量。分析血清游离轻链测定在诊断和鉴别诊断原发性肾脏损伤性疾病以及 MM 继发性肾脏损伤性疾病中的临床应用价值。

**结果** 77 例 MM 患者中  $\kappa$  型 51.95% (40/77),  $\lambda$  型 48.05% (37/77), ISS 分期中 I 期 26 例 (33.77%), II 期 21 (27.27%), III 期 77 (100.00%)。 $\kappa/\lambda$  比值在 M 蛋白组和非 M 蛋白组差异显著,在 M 蛋白组和对照组之间差异显著, $\kappa$  型 M 蛋白组  $\kappa/\lambda$  比值显著升高, $\lambda$  型 M 蛋白组  $\kappa/\lambda$  比值显著降低 ( $P$  均 $<0.05$ )。I 期 MM 患者  $\kappa/\lambda$  比值都显著高于 II 期和 III 期 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清游离轻链检测在 MM 合并急性肾损伤中具有重要的辅助诊断价值,是早期筛查的重要实验室指标之一。

## PU-2876

### 炎症相关细胞因子及骨髓龕内肿瘤微环境在 MPN 发生发展中的作用

陈朴,陈禾惠,郭玮

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 综述炎症相关细胞因子及骨髓龕内肿瘤微环境在 MPN 发生发展中的作用。

**方法** 以骨髓增殖性肿瘤、炎症相关细胞因子、骨髓龕和肿瘤微环境为关键词检索文献。

**结果** 骨髓增殖性肿瘤 (myeloproliferative neoplasms, MPN) 是一类以一系或多系终末细胞 (成熟的粒细胞、红细胞及血小板) 增殖为主要特征的克隆性造血干细胞疾病。经典的费城染色体阴性的 MPN 包括真性红细胞增多症 (polycythemia vera, PV)、原发性血小板增多症 (essential thrombocythemia, ET) 和原发性骨髓纤维化 (primary myelofibrosis, PMF)。近些年,在 MPN 患者体内发现存在炎症相关细胞因子高表达和骨髓微环境调节因子的异常表达。此外,由于髓血屏障的存在,骨髓龕作为一个相对封闭的肿瘤微环境,其功能及成分的失调在 MPN 所有亚型的发生、发展中均发挥重要作用,与疾病的驱动基因突变、恶性克隆演化 (继发分子遗传学异常)、患者临床表型及预后均密切相关。

**结论** 本文系统地阐述了炎症相关细胞因子在 MPN 发病机制中的作用及其在骨髓微环境异常中所扮演的角色。

## PU-2877

**高危型 HPV 基因分型在宫颈病变组织中的分布特征分析**

张美娟,成祥君,马金霞

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 了解高危型人乳头瘤病毒(HPV)感染的基因分型,为 HPV 感染控制提供依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月~2017 年 12 月江苏某三甲医院妇科及妇科保健门诊就诊的 3594 名女性,取宫颈脱落细胞标本进行高危型 HPV 分型检测,了解高危型 HPV 感染状况以及亚型分布规律。

**结果** 在所收集的 3594 份标本中,共检出高危型 HPV 阳性 1407 例,阳性率为 39.15%。其中 HPV16 型阳性检出 211 例,检出率为 5.87%; HPV18 型阳性检出 45 例,检出率为 1.25%; 其他 12 种高危 HPV 亚型(HPV 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 和 68b)阳性共检出 994 例,检出率高达 27.66%。HPV 阳性率从高到低的年龄组分别是: ≥65 岁组(58.06%)、55~64 岁组(46.52%)、35~44 岁组(40.98%)、45~54 岁组(40.02%)、<25 岁组(35.03%)、25~34 岁组(35.00%)。在 1407 例 HPV 阳性检测结果中,多重感染 157 例,多重感染率为 11.18%,其中二重感染 154 例,三重感染 3 例。二重感染以 HPV16 型和其他 12 种高危 HPV 亚型混合感染为主,占 64.33%,而 HPV16 型和 18 型的混合感染较少,仅有 3 例。

**结论** 在宫颈组织病变的患者中,高危型 HPV 感染以非 16、18 型的其他 12 种高危 HPV 亚型为主,多重感染率最高的出现在 35~44 岁的人群。HPV 基因型检测对于宫颈恶性病变的早期防治有重要的指导意义。

## PU-2878

**血脂与血糖及肝功能检测对非酒精性脂肪肝患者临床意义探讨**

高雪辰

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探究血脂与血糖及肝功能检测对酒精性脂肪肝患者的临床意义。方法:选取一定数量的非酒精性脂肪肝患者,将其纳入到观察组。选取同时段的同样数量健康患者,将其纳入到对照组。结果:血糖、血脂指标水平比较观察组较对照组高,肝功能指标比较观察组较对照组高,差异明显。

**结论:** 在非酒精性脂肪肝检测中应用血脂与血糖及肝功能检测方法,患者的血糖及血脂及肝功能指标明显提高,展现出了较高的临床诊断价值,可在临床上大力推广使用。

**方法** 检查前,要求患者在三天内素食,检查当天应保持空腹状态。在空腹状态下,抽取患者 3ml 的血,对血清做离心分离,对患者的血糖、血脂及肝功能指标进行检查。需使用自动生化分析仪对患者进行检查,对患者的 TC、TG、GLU、LDL-C 进行测量,对患者的 ALT、GGT、AST 指标进行测量。使用彩超仪对患者的腹部进行检查,对两组患者的指标进行对比分析。检查后,给予患者后续治疗,对检查结果进行分析。

**结果** 患者组与对照组血糖、血脂指标(TC、TG、LDL-C)水平比较:血糖、血胆固醇、甘油三酯、低密度脂蛋白指标水平比较观察组较对照组高。

两组肝功能指标(ALT、GGT、AST)比较:谷丙转氨酶、谷氨酰转肽酶、谷草转氨酶比较观察组较对照组高。

**结论** 在非酒精性脂肪肝检测中应用血脂与血糖及肝功能检测方法,患者的血糖及血脂及肝功能指标明显提高,展现出了较高的临床诊断价值,可在临床上大力推广使用。

## PU-2879

## 肠道病毒 EV71 感染对 T 细胞凋亡的影响

张美娟,成祥君,马金霞

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨肠道病毒 EV71 感染对 T 淋巴细胞系 Jurkat 细胞凋亡的影响。

**方法** Jurkat 细胞完成传代后,在无菌条件下,取  $1 \times 10^6$  Jurkat 细胞一瓶, EV71 MOI=5 的毒种用吸管加入到培养瓶中,同时补加含 2%FBS 的 DMEM 培养基,在  $37^\circ\text{C}$ , 5 %CO<sub>2</sub> 条件下培养 24h。分别收集培养的细胞以及培养上清留作备用,同时设置不加病毒共培养的阴性对照。收集 EV71 感染/未感染的 Jurkat 细胞( $1 \times 10^6$ )后,加入 FITC 标记的 Annexin-V(20ug/ml)10 ul 和 PI(50 ug/ml)5 ul,室温避光 30 min,用 FACSscan 进行流式细胞术定量检测,同时设置阴性对照,用以分析感染后 Jurkat 细胞的凋亡;收集细胞,提取 RNA,逆转录成 cDNA,采用 realtime RCR 法检测颗粒酶 B(Grzb)的 mRNA 表达水平;同时用 ELISA 试剂盒检测培养上清 Grzb 的浓度。

**结果** EV71 感染能引起 T 淋巴细胞系 Jurkat 细胞凋亡增加,同时细胞中颗粒酶 B 的表达增加。

**结论** EV71 病毒感染能够诱导 T 细胞发生凋亡,可能是通过颗粒酶 B 通路发挥作用。

;mso-bidi-font-family:'Times New Roman';font-size:12.0000pt; mso-font-kerneing:1.0000pt;" >的表达增加。

## PU-2880

## 血浆 vWF 因子水平评估急性心梗的发生及预后

吴楠楠

天津胸科医院

**目的** 观察比较急性心梗(AMI)患者和健康居民之间血管性血友病因子(vWF)的差异,利用血管性血友病因子辅助诊断急性心梗发病情况以及是否进行心脏搭桥手术。

**方法** 回顾性分析 2018 年 7 月—2019 年 5 月期间,天津市胸科医院收治的急性心血管疾病而未搭桥患者(未搭桥组)109 例,急性心梗且搭桥患者 342 例(搭桥组)和同时期体检的 60 例健康居民(健康对照组)的临床资料。检测这些研究对象血浆 vWF:Ag,用 ROC 曲线评价 vWF:Ag 预测急性心梗发生以及预后的性能。用卡方检验评估急性心梗患者 vWF:Ag 与临床上病理因素的关联。

**结果** 搭桥组血浆 vWF: Ag 为 201% (139%, 250%), 未搭桥组血浆 vWF: Ag 为 97% (76%, 116%), 正常人对对照组血浆 vWF:Ag 为 123% (97%,148%)。3 组间 vWF: Ag 水平差异有统计学上的意义 ( $H=172.9$ ,  $P<0.05$ ); 其中搭桥组血浆 vWF: Ag 水平高于正常人组,差异有统计学上的意义 ( $U=4274.0$ ,  $<0.05$ ); 搭桥组血浆 vWF: Ag 水平高于未搭桥组,差异具有统计学意义 ( $U=4680.5$ ,  $P<0.05$ )。血浆 vWF: Ag 水平预测急性心梗发生的 ROC 曲线下面积为 0.797 (95%CI: 0.749—0.845), 将血浆中 vWF: Ag 医学决定水平设定为 155.5%时,预测急性心肌梗死的敏感性为 68.9%,特异性为 86.7%。急性心梗患者血浆 vWF: Ag 水平与高血压,糖尿病,年龄,脑梗病史有关联 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血浆 vWF 水平能较好地预测急性心肌梗死的发生,并可提供进行心脏搭桥手术的建议。

## PU-2881

## Hyper-acetylation contributes to the sensitivity of chemotherapy-resistant prostate cancer cells to histone deacetylase inhibitor Trichostatin A

Huanmin Niu  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** Therapeutic agents are urgently needed for treating metastatic castration-refractory prostate cancer (mCRPC) that is unresponsive to androgen deprivation and chemotherapy.

**Methods** ChIP analysis indicated that TSA increased H4K16 acetylation, promoting ER stress gene transcription. The changes in Ac-H4K16, HSPA5, ATF3 and ATF4 were further validated in TSA-treated animals.

**Results** Our screening assays demonstrated that chemotherapy-resistant prostate cancer (PCa) cells are more sensitive to HDAC inhibitors than paired sensitive PCa cells, as evidenced by cell proliferation and apoptosis in vitro and in vivo. Kinetic study revealed that TSA-induced apoptosis was significantly dependent on enhanced transcription and protein synthesis in early stages, which subsequently caused ER stress and apoptosis. Further study revealed the higher enzyme activity of HDACs and an increase in acetylated proteins in resistant cells. The higher nucleocytoplasmic acetyl-CoA in resistant cells was responsible for elevated global protein acetylation and a more vigorous growth state.

**Conclusions** These results strongly support the preclinical application of HDAC inhibitors for treating chemotherapy-resistant mCRPC

## PU-2882

## 妇科肿瘤术后泌尿系统感染的临床特点

成祥君,张美娟,马金霞,董宁  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 通过了解对妇科肿瘤患者术后尿路感染的临床特点分析,为临床预防及诊疗提供依据。

**方法** 收集 2016 年 12 月-2018 年 1 月 228 例妇科肿瘤患者临床资料,进行回顾性分析。228 例患者术后送检尿液标本进行分离培养,以美国 BD 公司的 Phoenix100 全自动细菌鉴定仪菌种鉴定和药敏试验,并对数据进行统计分析。

**结果** 228 例包括宫颈癌 158 例,卵巢癌 41 例,子宫内膜癌 29 例,共分离出的 122 株病原菌,检出率 53.5%,反复感染 35 例,其中革兰阴性杆菌占 84.4%、革兰阳性球菌占 10.7%、真菌占 4.9%;感染病原菌主要为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、粪肠球菌等,分别占 69.6%、5.7%、和 4.1%。大肠埃希菌对头孢噻肟和头孢吡肟的耐药率分别为 88.1%和 71.4%,对亚胺培南和美洛培南均敏感,对阿米卡星耐药率为 2.6%;肺炎克雷伯菌对亚胺培南和美洛培南的耐药率为 28.6%。

**结论** 妇科肿瘤术后感染主要以大肠埃希菌为主,其次为革兰阳性菌与真菌,病原菌产生广泛耐药,特别出现耐碳青霉烯类的肺炎克雷伯菌,应重视临床合理用药,使术后的泌尿系统感染得到有效的预防及控制。

erning:1.0000pt;" >, 分别占 69.6%、5.7%、和 4.1%。大肠埃希菌对头孢噻肟和头孢吡肟的耐药率分别为 88.1%和 71.4%,对亚胺培南和美洛培南均敏感,对阿米卡星耐药率为 2.6%;肺炎克雷伯菌对亚胺培南和美洛培南的耐药率为 28.6%。

## PU-2883

**磷酸化酶激酶  $\beta$  亚基(PHKB)与肿瘤的研究进展**

杨文静,金安莉,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 综述磷酸化酶激酶  $\beta$  亚基(PHKB)与肿瘤发生、发展之间的关系。

**方法** 以磷酸化酶激酶  $\beta$  亚基、糖原代谢和肿瘤为关键词进行文献检索,建立网络分析图,进行综述分析。

**结果** 糖原代谢被认为是癌症代谢重编程的关键途径,肿瘤细胞内糖原代谢重编程的特征表现为调控其合成与分解代谢的关键酶的表达或功能异常。糖原分解是机体内糖原代谢的主要方式之一,为肿瘤细胞的增殖提供能量,促进肿瘤的发生发展。磷酸化酶激酶是参与糖原分解过程的关键酶,其活性受到磷酸化酶激酶  $\beta$  亚基的调控。近年研究发现,磷酸化酶激酶  $\beta$  亚基在多种类型的肿瘤中异常表达,参与肿瘤细胞的增殖和凋亡,并与肿瘤的预后相关,有望成为一种预示肿瘤发生的新型生物分子标志物。

**结论** 磷酸化酶激酶  $\beta$  亚基有望成为一种预示肿瘤发生的新型生物分子标志物。

## PU-2884

**Ki-67 联合 CEA、CA153 在乳腺癌患者复发转移监测中的应用价值**

成祥君,张美娟  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨乳腺组织中 Ki67 表达与血清中 CEA, CA153 的浓度在监测乳腺癌患者术后复发转移中的应用价值。

**方法** 采用化学发光法检测 46 例乳腺癌复发转移患者及 108 例乳腺癌未复发转移患者血清 CEA, CA153 水平,免疫组化的方法检测两组乳腺癌患者乳腺组织中 Ki67 的表达,比较两组 CEA、CA153 水平及 Ki67 的表达情况,以及与患者的无进展生存期的关系。

**结果** 乳腺癌患者血清复发转移组 CEA、CA153 水平明显高于无复发转移组 ( $P \leq 0.05$ )。CA153 和 CEA 阳性频率与复发转移显著相关 ( $P < 0.001$ )。两组 Ki67 表达水平有显著性差异, Ki67 和 CA153 的表达显著相关, Ki67 高表达组的无病生存期明显短于低表达组。

**结论** 血清 CEA 和 CA153 对乳腺癌复发转移患者的敏感性均更高,可作为乳腺癌患者病情观察的参考指标,动态检测对监测疾病进展期、复发和转移有重要的指导意义。Ki67 联合 CA153 的表达水平可以预测患者的预后情况,可作为临床治疗方案的参考指标。

## PU-2885

**2015-2018 年广州市铜绿假单胞菌感染的临床特征分析**

杨羚,王群  
广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 我国铜绿假单胞菌临床菌株的多重耐药现象日益严重,为了给临床铜绿假单胞菌感染的防控提供实验依据,本研究收集了本院从 2015 年到 2018 年的铜绿假单胞菌株,并对其耐药特征和流行病学特征进行分析。

**方法** 临床菌株的药物敏感实验用全自动药物敏感测定系统或纸片扩散法完成。最低抑菌浓度（MIC）和抑菌圈直径的结果分析按照 CLSI 标准进行用 WHONET5.6 软件对菌株的临床信息进行分析。

**结果** 本研究收集了近四年我院 7550 株铜绿假单胞菌菌株，这些菌株主要来自呼吸科（31.87%）和重症监护室（30.03%）。大部分铜绿假单胞菌从痰液（标本总数量的 81.48%）中分离得到，说明此菌株与呼吸道感染密切相关。分离菌株来源第二位为尿液标本，占总数的 5.44%。本研究发现女性（68.71%）感染铜绿假单胞菌相对于男性更为常见，而且老人（大于 60 岁）更易感染铜绿假单胞菌（61.85%）。铜绿假单胞菌菌株表现出对多种抗生素的耐药性，耐药率因抗生素而异，包括多粘菌素（1.9%），阿米卡星（8.8%），妥布霉素（9.1%），庆大霉素（12.9%），头孢吡肟（17.1%），头孢他啶（21.6%），环丙沙星（21.6%），左旋氧氟沙星（24.6%），哌拉西林（21.3%），哌拉西林/他唑巴坦（17.9%），和头孢哌酮/舒巴坦（23.5%）。按年度变化来看，亚胺培南的耐药率不断增高，从 2016 年的 39.6% 增至 2018 年的 45%。在本研究所有收集的临床菌株中，多重耐药的铜绿假单胞菌菌株非常普遍，已经成为严重的临床问题。

**结论** 铜绿假单胞菌感染主要多见于在呼吸道感染疾病中，女性和老人对铜绿假单胞菌易感。本院的铜绿假单胞菌多重耐药性强，对多粘菌素、氨基糖甙类抗生素、头孢菌素类抗生素、喹诺酮类抗生素和碳青霉烯类抗生素表现为不同的耐药率。

## PU-2886

### CP-PGN protects against MRSA infection by MyD88-mediated moderate inflammatory reaction

Qingzhen Han  
the First Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** In our previous studies, it has been verified that a novel peptidoglycan of *Corynebacterium pyruvate* (CP-PGN) could resist the infection caused by Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) through TLR2 signaling pathway. Here, we study CP-PGN how to regulate anti-infective immunity by controlling MyD88 and the role of MyD88 in monitoring the progress of infection.

**Methods** Compared with MRSA-PGN, Pam3CSK2 and other ligands of TLR2, we study the relationship between CP-PGN intervention and MyD88 and the trend of MyD88 with the development of infection.

**Results** Exactly, peptidoglycan derived from MRSA(M-PGN) aggravated serious MRSA infection. In addition, CP-PGN as an agonist of TLR2 activated the macrophages and reversed MyD88 and TNF- $\alpha$  expression induced by infection, which was very helpful for the body to maintain moderate inflammatory response and avoid excessive damage. But, this dual effect of TLR2 ligands is first reported on macrophages, which seems to be challenging the well-known knowledge of Toll-like receptors (TLRs) network. Furthermore, these data clearly demonstrate that such down-regulation of MyD88 is mainly dependent on the basal level of MyD88 at the CP-PGN time-dependently exposure, which is vital to balance the immune disorders caused by infection.

**Conclusions** Overall, MyD88-mediated moderate inflammatory reaction may be a novel mechanism in CP-PGN against MRSA infection, since overexpression of MyD88 really leads to death from infection.

PU-2887

## MG132 transcriptionally suppresses anterior gradient 2 expression and facilitates its degradation by autophagy in human cancer cells

Huanmin Niu  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** Proteasome inhibitors as potential chemotherapeutic agents exert their antitumor effects via multiple mechanisms.

**Methods** Here, we observed that proteasome inhibitor MG132 suppressed anterior gradient 2 (AGR2) expression, a protein belonging to the protein disulfide isomerase (PDI) family that is overexpressed in multiple cancers, both at transcription and protein levels in cancer cells. MG132-mediated repression of AGR2 was independent of ROS generation, and the translation inhibition upon MG132-induced ER stress. T

**Results** Transcription factor E2F1, which was down-regulated by MG132, partially contributed to the reduction of AGR2 at mRNA level. Repression of AGR2 by cycloheximide (CHX), a protein synthesis inhibitor, was more evident in cells when combined with MG132, suggesting the involvement of protein degradation following MG132 treatment. Further investigation revealed that MG132-activated autophagy facilitated AGR2 degradation, and the reduced AGR2 was predominantly restored in cells using siRNA-targeting ATG5 or ATG7 gene, or by autophagy inhibitors. This finding was supported that activation of autophagy by rapamycin noticeably reduced AGR2 protein in cells.

**Conclusions** Our data provide a novel explanation that proteasome inhibitor suppresses AGR2 transcription and promotes its degradation, leading to a significant lowered AGR2 in cancer cells.

PU-2888

## 南京地区普通人群中中青年男性甲状腺功能血清学标志物的初步分析

蔡针针,葛高霞,王茸茸  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨南京地区普通人群中中青年男性甲状腺功能血清学标志物的异常情况,提高人们对男性甲状腺疾病的认识和警惕,为早期发现和预防治疗此类疾病提供参考。

**方法** 回顾性分析 2018 年 8 月至 2019 年 1 月在我院进行常规体检正常人群 847 例,其中男性 412 例,女性 435 例,分别行血清学指标(FT3,FT4,TSH,TPOAb,TGAb)检查并进行对比研究。

**结果** 男性人群甲状腺血清标志物结果异常率为 16.75%,女性人群甲状腺血清学标志物结果异常率为 30.11%

**face="宋体">女性** 435 例,分别行血清学指标(FT3,FT4,TSH,TPOAb,TGAb)检查并进行对比研究。

**结论** 甲状腺疾病早期因症状较轻而不易被发现,错过临床最佳治疗时机,因此,定期的全面健康体检是早期确诊甲状腺疾病的有效方式。目前认为甲状腺疾病的发病与以下几种因素有关:种族、性别、年龄、高血压、高血糖吸烟、碘摄入量、接触放射线、自身免疫、环境污染、职业类型及精神压力等。女性甲状腺血清标志物异常率明显高于男性,但男性甲状腺血清学指标的异常率也越来越高,因此我们在关注女性和中老年的同时对男性甲状腺的健康我们也应该同样给予更多的关注。

PU-2889

## miR-577 在糖尿病骨质疏松中的价值研究

张玫,杨礼丹,何詠,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨 miR-577 对糖尿病骨质疏松的诊断价值。

**方法** 纳入 2 型糖尿病合并骨质疏松患者 62 例、单纯 2 型糖尿病患者 54 例、骨质疏松患者 25 例和正常对照者 62 例,收集受试者一般资料,检测受试者骨密度,收集受试者空腹血清,骨代谢标志物、甲状旁腺激素、25 羟基维生素 D、钙、磷水平,RT-PCR 检测血清 miR-577 水平,比较各组 miR-577 的水平,利用偏相关分析 miR-577 与骨密度和骨代谢标志物的关系,利用受试者工作曲线评价 miR-577 对 2 型糖尿病合并骨质疏松及骨质疏松的诊断价值。

**结果** miR-577 水平在糖尿病骨质疏松组明显低于单纯糖尿病组、单纯骨质疏松组、对照组(all  $P<0.05$ )。校正年龄、性别、体重指数后,miR-577 与股骨颈骨密度(BMD)、Ward 三角 BMD 呈正相关,与骨代谢标志物 I 型胶原羧基末端肽(CTX),骨钙素 N 端片段(OST)无相关性与 PTH、25(OH)VD 也无相关性(all  $P>0.05$ )。校正年龄、性别、体重指数后,以糖尿病为对照组,miR-577 诊断糖尿病骨质疏松的曲线下面积为:0.892 (95%CI: 0.789-0.994,  $P=0.000$ )。以健康人为对照组,miR-577 诊断骨质疏松患者的曲线下面积为:0.804 (95%CI: 0.674-0.935, $P=0.000$ )。

**结论** miR-577 与骨密度呈正相关,miR-577 对糖尿病骨质疏松的有较好的诊断价值。

PU-2890

## HPV 病毒检测对宫颈 LCT 非典型鳞状细胞(ASCUS)病人的价值

张鸿  
吉林金域医学检验所

**目的** HPV 病毒检测对宫颈沉降式液基细胞学(LCT)中非典型鳞状细胞(ASCUS)的价值。

**方法** 选取 2017 年至 2019 年送检吉林金域医学检验所的患者 200 例为研究对象,分别于沉降式液基细胞学(LCT)检测、HPV 病毒检测及组织病理活检,对三者结果进行比对分析。

**结果** 200 例宫颈沉降式液基细胞学(LCT)中非典型鳞状细胞(ASCUS)的病人中,HPV 阳性 102 例,阳性率为 51%,阴性 98 例,占比 49%;宫颈鳞状上皮内病变 96 例,占比 48%,宫颈炎 104 例,占比 52%;二者均阳性为 93,占比为 46.5%,HPV 病毒感染与宫颈上皮内病变具有关联性。由于 LCT 的优点有特异度、敏感度较高等,主观判断性较强,同时因宫颈癌筛查人群多为健康妇女,随访难度大。所以既能及时筛查出高危人群又能减少女性心理负担和不必要的创伤尤为重要。因此非典型鳞状细胞(ASCUS)人群中,HPV 病毒检测阳性,预示宫颈产生病变风险增加,应进行阴道镜检查,从而做到早检查、早发现、早治疗;HPV 病毒检测阴性,预示宫颈产生病变的风险低,可以进行定期复查并随诊。

**结论** HPV 病毒检测对非典型鳞状细胞(ASCUS)患者的处理是非常经济实用、有效的方法。



## PU-2891

## Dynamic Monitoring Value of Plasma cell-free DNA in a case report of septic shock syndrome

Jingping Liu  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** The mortality for septic shock is relatively high. Dynamic monitoring of plasma cell-free DNA (cfDNA) can guide the treatment of septic shock.

**Methods** We herein present a typical case of septic shock syndrome caused by *Acinetobacter baumannii* and *Pantoea bacillus*. The patient complained of abdominal pain, fever and chills on admission to the Emergency Department. Dramatic decrease in WBC and procalcitonin (PCT) were observed after receiving continuous renal replacement (CRRT) and extracorporeal membrane oxygenation (ECMO). While plasma cfDNA levels were constantly high, peaking with 1366.40 ng/mL, measured by a duplex real-time PCR assay with internal control which was developed as a novel method for accurate quantification of cfDNA.

**Results** The patient was died of septic shock on HD 8, suggested that cfDNA could monitor disease progression better than PCT and other inflammatory factors in this case.

**Conclusions** CfDNA can be a promising marker that complement other inflammatory factors to monitor disease progression for patient with septic shock.

## PU-2892

## 血浆 ctDNA 的检测及其非小细胞肺癌诊疗中的临床应用

黄斐,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 系统性地阐述血浆 ctDNA 的检测及其非小细胞肺癌诊疗中的临床应用。

**方法** 以 ctDNA、肺癌和 NSCLC 为关键词进行文献索引。

**结果** 近年来非侵入性的“液体活检”技术被不断的开发和研究, ctDNA 作为新型的肿瘤生物标志物更是得到了研究者们广泛的关注。非小细胞肺癌 (NSCLC) 患者血浆 ctDNA 的突变分析及实时监测在 NSCLC 患者的早期诊断、治疗、耐药评估及预后检测均具有重要意义。对于 NSCLC 患者血浆 ctDNA 突变检测的方法已经较为全面, 目前常见的检测手段有: 突变阻滞扩增系统 (amplification refractory mutation system, ARMS)、BEAMing 技术、微滴式数字聚合酶链反应 (ddPCR)、新一代测序 (NGS)、基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF)。

**结论** 本文简要阐述和讨论了目前血浆 ctDNA 在 NSCLC 诊疗中的临床应用和检测方法。

## PU-2893

## Reticulocalbin-1 is overexpressed and facilitates cancer cell survival

Huanmin Niu  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** The pathophysiological roles of reticulocalbin 1(RCN1), an endoplasmic reticulum (ER)-Ca<sup>2+</sup> binding protein, are still largely unclear.

**Methods** Here, we firstly showed that RCN1 was overexpressed in clinical prostate cancer (PCa) samples compared to benign tissues in Chinese Han population, associated with the expression

of Cyclin B rather than Cyclin D1. Downregulation of endogenous RCN1 significantly suppressed PCa cell viability, and resulted in cell cycle arrest in either S-phase or G2/M phase in DU145 and LNCaP cells, respectively.

**Results** RCN1 deficiency caused ER stress as evidenced by induction of GRP78, activation of PERK, and phosphorylation of eIF2 $\alpha$  in PCa cells. Remarkably, loss of RCN1 mainly triggered DU145 cell apoptosis in a caspase-dependent manner, while caused necroptosis in LNCaP cells. Animal study confirmed that RCN1 deficiency suppressed cell proliferation and promoted cell death. Further investigation revealed that RCN1 depletion led to elevated PTEN and inactivation of AKT in DU145 cells. Silencing PTEN partially restored apoptotic cells in the absence of RCN1. In LNCaP cells, predominant activation of CaMKII appeared to be important in mediating necroptosis upon RCN1 depletion.

**Conclusions** Thus, RCN1 has a potential for promoting cell survival and could be useful target in cancer therapy.

## PU-2894

### The anxiolytic-like effects of ginsenoside Rg2 on an animal model of PTSD

Min Luo<sup>1</sup>, Zhuowei Gao<sup>1</sup>

1. Nanfang Hospital, Southern Medical University

2. Traditional Chinese Medicine School, Southern Medical University

**Objective** Post traumatic stress disorder (PTSD) is one of the mental illness. The antidepressant-like properties of ginsenoside Rg2 (GRg2) have been shown, while little is known about its anti-PTSD-like effects. In the present study, the PTSD-associated behavioral deficits in rats were induced following exposure to single prolonged stress (SPS).

**Methods** The present study evaluates the anti-PTSD-like effects of GRg2. The animal model (single prolonged stress, SPS) is selected. This model can be useful for modeling PTSD-like symptoms based on the facts that those who subject to multiple traumas, or a trauma early in life, are more susceptible to developing PTSD following a traumatic event. The SPS rat has an impairment in the recall of fear extinction learning may be an underlying cause of PTSD symptoms. Following the preparation of SPS model (the classical PTSD model in rodent), the anti-PTSD-like effects of GRg2 were assessed by various behavioral tests. After the behavioral tests, the significance of neurosteroids biosynthesis, HPA stress hormones and monoamines in the anti-PTSD-like activities of GRg2 was also evaluated.

**Results** The results showed that the decreased time and entries in the open arms in elevated plus maze test (EPMT) and increased freezing duration in contextual fear paradigm (CFP) were reversed by GRg2 (10 and 20 mg/kg) without affecting the locomotor activity. In addition, GRg2 (10 and 20 mg/kg) could block the decreased levels of progesterone, allopregnanolone, serotonin (5-HT), 5-Hydroxyindoleacetic acid (5-HIAA), corticotropin releasing hormone (CRH), corticosterone (Cort) and adrenocorticotrophic hormone (ACTH) in the brain or serum.

**Conclusions** In summary, GRg2 alleviated the PTSD-associated behavioral deficits with biosynthesis of neurosteroids, normalization of serotonergic system and HPA axis dysfunction.

## PU-2895

## 丙型肝炎诊断中 HCV-RNA, HCV 抗体和 ALT 联合检测的价值

李贵玲,曾进,谢鑫友  
浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 比较分析对丙型肝炎患者血清中丙型肝炎病毒核糖核酸(HCV-RNA)定量检测结果、丙型肝炎抗体(HCV-Ab)以及丙氨酸转氨酶(ALT)水平,探讨其相关性及潜在的临床意义。

**方法** 对 332 例疑似丙型肝炎的患者血清样本进行实时荧光定量 PCR(RT-PCR)检测 HCV 的 RNA 含量,酶联免疫吸附试验(ELISA)检测 HCV-Ab,全自动生化分析仪检测丙氨酸转氨酶(ALT)含量。

**结果** 332 例疑似丙型肝炎的标本均为 HCV-Ab 阳性、HCV RNA 阳性。**结论:**在疑似丙型肝炎患者血清样本中,随着 RNA 载量的逐渐上升,抗体拷贝数达到  $10^3$  及以上水平,抗体阳性百分率达到百分之百,而 ALT 平均值无明显变化,异常率呈现逐步上升趋势。检测患者中,ALT 数值异常与正常相比, RNA 拷贝数有明显提高,而抗体阳性百分数无明显区别。

**结论** 在早期诊断中,对疑似丙肝病毒患者应综合三项数据指标,系统性评估患者病情进程,从而进行针对性医疗。

## PU-2896

## 雅安地区血细胞计数正确度验证比对及分级诊疗模式下结果互认的探索

陈涛,何霞,黄滔,杨旭旭  
雅安市人民医院,625000

**目的** 雅安地区 22 家医院全血细胞计数正确度验证比对与分级诊疗模式下结果互认的探索。

**方法** 以雅安市人民医院为参考标准,利用新鲜血对雅安地区 22 家医院血细胞分析仪进行正确度验证,根据我国卫生行业标准 WST 406-2012 评价血常规各项目偏倚、不精密度,为实现区域内结果互认打下基础。

**结果** 22 家医院中仅有 11 家医院通过验证,合格率为 50%。WBC、RBC、HCT、HGB 四个项目合格率小于 80%,其中 WBC 在不同级别医院间检测差异有统计学意义,  $P < 0.05$ 。

**结论** 本次验证比对反应出雅安地区部分项目检测能力有待加强。为今后区域内二甲以上医院甚至全面实现检验结果互认打下了基础,为区域内检验质量的提升指明了方向和今后工作的重点。

## PU-2897

## 学龄前儿童末梢血常规白细胞及其分类的调查分析

马亮,葛高霞,王敏,李洁  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 建立适用于本实验室的健康学龄前儿童末梢血常规参数中的白细胞(WBC)、中性粒细胞百分比(NE%)、淋巴细胞百分比(LY%)、单核细胞百分比(MO%)、嗜酸性粒细胞百分比(EO%)、嗜碱性粒细胞百分比(BA%)的参考区间。

**方法** 收集自 2016 年 12 月至 2017 年 9 月在江苏省妇幼保健院儿童保健门诊进行正常体检的健康学龄前儿童（6 周岁以内）标本 500 例，使用 SYSMEX XS-500i 对样本进行血常规分析。根据收集的样本年龄分布将样本结果分别按性别（男、女）和年龄（3 岁、4 岁、5 岁、6 岁）分组，运用统计软件 SPSS22.0 对参数 WBC、NE%、LY%、MO%、EO%、BA% 进行正态分析并计算其参考区间，将各年龄段及性别的参考区间与现区间进行一致性检验并计算其 Kappa(K) 值。对各年龄段及性别的参考区间互相进行 t 检验以比较不同年龄段和性别的参考区间有无差异。

**结果** 同一年龄组不同性别间各参数参考区间的差异无统计学意义，不建议分组。白细胞不同年龄组参考区间差异无统计学意义，学龄前儿童白细胞新参考区间（ $3.66 \sim 12.65$ ） $\times 10^9/L$ ，对白细胞新参考区间与原参考区间（ $3.5 \sim 9.5$ ） $\times 10^9/L$  进行卡方检验，两个参考区间的一致性较差。中性粒细胞百分比不同年龄组间参考区间差异无统计学意义，学龄前儿童中性粒细胞百分比新参考区间 23.52%~66.44%，对新参考区间与原参考区间 40%~75% 进行卡方检验，两个参考区间的一致性较差。淋巴细胞百分比不同年龄组间参考区间差异无统计学意义，学龄前儿童淋巴细胞百分比新参考区间 24.36%~67%，对新参考区间与原参考区间 20%~50% 进行卡方检验，两个参考区间的一致性较差。单核细胞百分比不同年龄组间参考区间差异无统计学意义，学龄前儿童单核细胞百分比新参考区间 2.92%~9.36%，对新参考区间与原参考区间 3%~10% 进行卡方检验，两个参考区间的一致性较差。嗜碱性粒细胞百分比不同年龄组间参考区间差异无统计学意义，嗜酸性粒细胞百分比不同年龄组间参考区间差异无统计学意义。

**结论** 学龄前儿童末梢血常规白细胞及其分类的参考区间不能直接使用成年人的参考区间，而应当建立适用于本地区和本实验室的参考区间，以提高临床对儿童生理状态的正确评估。

## PU-2898

### T 细胞活化、分化及耗竭检测指标参考区间的建立及其临床意义

王悦,熊旋,张子宁,唐甜  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** T 细胞活化、分化及耗竭指标对于免疫相关疾病的发生、发展具有重要意义，但尚无适合中国人群的参考区间，本研究拟建立上述指标的参考区间。**方法** 选择 80 例成年健康人，全血细胞计数及肝、肾功能检查正常，用流式细胞仪检测 CD4+、CD8+T 细胞表面活化分子 HLA-DR，分化分子 CD45RA、CD45RO，耗竭相关分子 PD-1 以及调节性 T 细胞表达水平。并将人群按年龄等分组（青年组： $\leq 30$  岁、中年组：31~49 岁、老年组： $\geq 50$  岁），分析上述指标在不同年龄、不同性别及不同仪器平台间的差异。

**方法** 样本均在上午 7:00 ~ 9:00 采集，使用枸橼酸钠抗凝血常规管采集静脉血 3 mL，立刻进行血常规测定，筛选出血常规完全正常的样本，余下的样本随后立即进行流式细胞仪检测样本的制备。6 h 内进行样本制备并进行检测。分别用 BD FACSCanto 2、Beckman Navios 流式细胞仪对 CD4+、CD8+T 细胞表面 HLA-DR、CD38、CD45RA、CD45RO、CD28 及 PD-1 进行分析检测。

**结果** 1) 建立了上述研究指标的参考区间；2) 各种指标在不同性别间无显著差异；3) CD4+CD45RA+、CD4+CD28+、CD8+CD28+T 细胞在老年组的比值略低于青年组；CD8+ HLA-DR+ 随年龄的增长比值降低；CD4+CD45RO+T 细胞在老年组的比值略高于青年组；其他指标在各组间无差异；4) 各指标在两个主流检测平台的差异无统计学意义。

**结论** 建立了 T 细胞活化、分化及耗竭检测指标参考区间。

## PU-2899

## Visual display the risk factors of diabetes mellitus among tuberculosis inpatients from Western China

He He, Mei Zhang, Ying Binwu  
West china hospital of Sichuan University

**Objective** Recently, many studies have shown that diabetes is an independent risk factor for tuberculosis. The purpose of this study was to survey the clinical features and laboratory parameters in western China to identify potential high risk groups for tuberculosis with diabetes screening.

**Methods** We totally included 3,548 tuberculosis inpatients in West China Hospital, Sichuan University, from 2014 to 2016. The basic information and clinical and laboratory parameters of the subjects were compared between tuberculosis patients with diabetes and those without diabetes. Risk factors were analyzed.

**Results** The prevalence of diabetes among tuberculosis patients was 7.7% and increased with age, and 63.1% of patients with diabetes had HbA1c  $\geq 7\%$ . The prevalence of diabetes with tuberculosis in the Han patients was the highest (8.8%), which was 3 times that found in the Tibetan patients (3.0%). In the multivariate logistic analysis, increasing age (OR: 1.047(1.033-1.062,  $P < 0.01$ ), increasing blood pressure (OR: 1.735(1.101-2.734),  $P = 0.04$ ), proportion of cavity (OR: 2.167(1.272-3.656),  $P = 0.004$ ), increasing fasting glucose (OR: 2.248(1.997-2.555),  $P < 0.001$ ), increasing Erythrocyte sedimentation rate (OR: 1.007(1.001-1.012),  $P = 0.027$ ) and PTB(compare to EPTB) (OR: 2.426(1.425-4.104),  $P < 0.001$ ) were significantly associated with increased odds of DM in TB patients. The model evaluation was used ROC curve with the AUC=0.924 for optimal cutoff value of 0.052. re-sampling method was used to verify the regression model and the mean squared error was 0.00026.

**Conclusions** The prevalence of diabetes in tuberculosis is high and associated with more serious clinical and laboratory presentations, therefore, early screening of diabetes in tuberculosis patients at risk is recommended.

## PU-2900

## 血清 HBV RNA 的研究进展

黄斐,王梦娴,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 综述 HBV RNA 在乙型肝炎病毒感染患者中的研究进展。

**方法** 以 HBV RNA、cccDNA、慢性乙型肝炎和 NAs 为关键词进行文献检索,从生物学特征、检测方法、临床应用和药物治疗等方面进行阐述。

**结果** 乙型肝炎病毒(hepatitis B virus, HBV)的慢性感染是当前全球面临的主要难题,慢性乙型肝炎(chronic viral hepatitis B, CHB)是肝衰竭、肝硬化以及肝细胞癌的主要病因之一。目前可以运用于治疗慢性乙肝的药物主要有核苷类似物(NAs),但由于 NAs 并不能抑制共价闭合环状 DNA(covalently closed circular DNA, cccDNA)的转录,因此接受其治疗后停药的患者极易引起复发。cccDNA 是肝细胞内 HBV RNA 的转录模版,由于定量检测 cccDNA 依靠肝组织活检,对患者的伤害较大,因此并不适用于常规检测,所以当前迫切需要一种能反映肝细胞内 cccDNA 活性的血清学标志物。近来,有研究表明血清中的 HBV RNA 可以作为一种反映乙肝病毒感染进程,评价药物疗效及预后情况的新型血清标志物。在本综述中,将对定量检测血清 HBV RNA 的方法、HBV RNA 的分子及生物学特征进行总结,对血清 HBV RNA 与其他生物学标志物的相关性并对 HBV RNA 的临床意义进行评估。

**结论** 血清 HBV RNA 可作为一种潜在的新型标志物反映乙肝病毒感染进程。

## PU-2901

## Platelet to Platelet Distribution width Ratio can be a useful Marker for Differential Diagnosis of Adult-Onset Still's Disease and Sepsis

Jingping Liu, Yaman Wang, Jun Zhou  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** Adult-onset Still's disease (AOSD) is a rare, chronic and systemic inflammatory disorder. Even though firstly described in 1971, the diagnosis of AOSD is still exhausting, time-consuming and expensive. The currently study aims to evaluate the ability of platelet (PLT), plateletcrit (PCT), mean platelet volume (MPV) and platelet distribution width (PDW) and PLT to PDW ratio (PPR) in a cohort of patients with ASOD or sepsis.

**Methods** Serum samples were obtained from 82 AOSD patients and 48 sepsis patients. Platelet parameters were measured by Sysmex XE 2100 analyzers.

**Results** PPR and ferritin in AOSD patients were significantly higher than those in sepsis patients ( $22.18 \pm 11.12$  vs.  $13.80 \pm 8.97$ ,  $P < 0.001$ ;  $3972.90 \pm 5134.04$   $\mu\text{g/L}$  vs.  $518.92 \pm 382.50$   $\mu\text{g/L}$ ,  $P = 0.001$ , respectively) and they were independent factors to differentiate AOSD from sepsis (OR: 5.86, 95%CI 1.59-21.60,  $P = 0.008$ ; OR: 54.06, 95%CI 9.57-305.44,  $P < 0.001$ ; respectively). The AUC of PPR, ferritin and the combination of them were 0.733 (95%CI 0.646-0.820), 0.887 (95%CI 0.825-0.950), and 0.931 (95%CI 0.884-0.984) respectively.

**Conclusions** PPR can be used as a useful marker to differentiate AOSD from sepsis and the combined identification value of PPR and ferritin is much higher than that of any single factor.

## PU-2902

## 运用 GEO 数据集分析 Gal3ST-2 在肝细胞癌中的表达及临床意义

吴淡娟  
南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 研究 Gal3ST-2 在肝细胞癌中的表达情况, 预测并探讨 Gal3ST-2 参与肿瘤发生发展的可能机制及临床价值。

**方法** 从美国国立生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information NCBI) 的基因表达汇编 (Gene Expression Omnibus, GEO) 公共数据集收集肝细胞癌数据集, 下载 Gal3ST-2 基因表达谱资料及临床信息资料。分析 Gal3ST-2 表达与肝细胞癌临床病理学参数的相关性及对预后的影响。采用基因集富集分析 (GSEA) 方法预测 Gal3ST-2 的调控基因。

**结果** Gal3ST-2 表达水平与甲胎蛋白 (alpha fetoprotein, AFP) 含量 ( $P = 0.000$ )、T 分期 ( $P = 0.006$ )、分化程度 ( $P < 0.001$ ) 相关, 肿瘤恶性程度越高, Gal3ST-2 表达越高。Gal3ST-2 高表达患者总生存期明显短于低表达患者 ( $P < 0.001$ )。

**结论** 在肝细胞癌中, Gal3ST-2 高表达是一种预后不良因素, 可以作为预测患者转移发生、判断预后的有效生物标志物。

## PU-2903

**54 例肝硬化患者凝血功能检测结果的分析**

江家红,李洁

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 检测 54 例肝硬化患者的血浆凝血酶原时间(PT)、凝血酶时间(TT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、纤维蛋白原的含量(FIB)与正常对照进行比较,探讨其临床意义。

**方法** PT、TT、APTT、FIB 含量均采用凝固比浊法进行测定。

**结果** 肝硬化患者 PT、APTT、TT 较对照组明显延长( $P<0.01$ ), FIB 含量较对照组明显减少( $P<0.01$ )。

**结论** 肝硬化患者血浆凝血因子存在异常,患者纤溶系统受损,对肝硬化患者进行凝血功能的监测,有助于早期发现肝病造成的凝血机制障碍,对肝硬化患者出血的抢救和治疗有重要意义。

## PU-2904

**血清糖类抗原 125、附睾蛋白 4、降钙素原和 ROMA 值联合检测在卵巢癌诊断中的临床价值探讨**

董宁,张晓洁,张立涛,张美娟

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨血清糖类抗原 125(CA125)、附睾蛋白 4(HE4)、降钙素原(PCT)和 ROMA 指数联合检测对卵巢癌诊断的临床价值。

**方法** 采用电化学发光免疫分析 80 例卵巢癌(I 期 25 例, II 期 28 例和 III~IV 期 27 例)、70 例子宫卵巢良性疾病(26 例多囊卵巢综合症, 19 例卵巢巧克力囊肿和 25 例子宫肌腺症)和 60 名正常对照组血清 CA125、HE4、PCT 水平,计算出 ROMA 指数,比较三组血清 CA125、HE4、PCT 与 ROMA 指数联合检测诊断的阳性率,并比较二者水平变化,进行对比性分析。

**结果** 卵巢癌组与良性疾病组、健康组比较,病人的血清 CA125、HE4、PCT 水平及 ROMA 指数明显较高,两者有统计学差异( $P<0.05$ );健康者对照组与良性组病人比较,血清 CA125、HE4、PCT 水平及 ROMA 指数不具有统计学差异( $P>0.05$ )。卵巢癌组血清 CA125、HE4、PCT 和 ROMA 指数联合检测诊断的阳性率高达(84.87%),要显著高于单独应用血清 CA125、HE4、PCT 及 ROMA 指数的诊断阳性率,有明显统计学差异( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 CA125、HE4、PCT 及 ROMA 指数联合检测,可以提高卵巢癌的诊断阳性率,联合检测水平要明显优于四者单独检测,有广泛应用与推广价值。

## PU-2905

**非结核分枝杆菌的鉴定及耐药特点分析**

赵锋,许首芳,谢鑫友

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 观察分析非结核分枝杆菌的耐药特点。

**方法** 收集本院部分住院和门诊病人痰液,肺穿刺物、脓液、灌洗液等标本,通过抗酸染色显微镜检查法和罗氏培养基阳性初步判断分枝杆菌,在用血平板培养法分离菌种,采用 PCR 法扩增各菌株 16S rRNA 序列片段并进行测序及比对分析,明确为非结核分枝杆菌。采用药敏纸片法与分枝杆菌药敏检测试剂盒法进行药敏实验,并对药敏结果进行分析。

**结果** 分离 5 株非结核分枝杆菌，其中最多的为胞内分枝杆菌（3 株），药敏纸片法结果显示两株菌为全耐药，两株菌未生长。分枝杆菌药敏检测试剂盒法显示 5 株菌对利福平，利福布丁和加替沙星较为敏感，对亚胺/西司均为耐药。根据病历资料我们发现非结核分枝杆菌主要侵犯患者肺部引起非结核分枝杆菌肺病，非结核分枝杆菌肺病常发病于慢性肺病、体质较差或免疫系统功能低下者。

**结论** 非结核分枝杆菌对于大多数抗结核药物高度耐药。非结核分枝杆菌主要侵犯患者肺部引起非结核分枝杆菌肺病，非结核分枝杆菌肺病常发病于慢性肺病、体质较差或免疫系统功能低下者。

PU-2906

## 临床常见干扰因素对 ctDNA EGFR T790M 突变检测的影响

姜文容, 缪应新, 王诗雯, 王粟, 赵虎, 张艳梅  
复旦大学附属华东医院, 200000

**目的** 探讨临床常见干扰因素（甘油三酯、胆红素和血红蛋白）对 ARMS 法检测 ctDNA EGFR T790M 突变的影响，旨在为肺癌患者的个体化用药治疗提供参考依据。

**方法** 以 ARMS 法确认 T790M 为野生型的正常献血者混合血浆为空白对照血浆。以空白对照血浆为基础，添加不同浓度 T790M 质粒模拟突变型样本，根据试剂盒灵敏度选取 T790M 质粒浓度 10 拷贝/ $\mu$ L 作为临界阳性突变样本；根据试剂盒质控品选取 500 拷贝/ $\mu$ L 作为强阳性突变样本。以突变型血浆为基础，添加不同浓度干扰因素制备单干扰因素血浆样本，各干扰因素添加浓度最高值根据国家标准《WS/T 416-2013 干扰实验指南》附表 C“常见内源性干扰物的建议实验浓度”确认，血红蛋白为 4g/L；甘油三酯为 33g/L；胆红素为 0.2g/L；根据“干扰物剂量效应评价实验”制备 4 个梯度浓度单干扰因素血浆样本。各类血浆提取 ctDNA 后，使用 NanoDrop One 微量分光光度计检测 ctDNA 浓度与纯度；使用厦门艾德 P-T790M 突变检测试剂盒进行 T790M 突变检测；应用 SPSS 22.0 软件对检测结果进行统计学分析， $P < 0.05$  判为具有统计学差异。

**结果** 一、各干扰因素对 ctDNA 浓度的影响

ctDNA 浓度受各干扰因素影响较大。临界阳性突变样本所受干扰影响尤甚，各浓度不同干扰因素对其均产生干扰（ $P < 0.05$ ）；强阳性突变样本不受胆红素干扰影响（4 个浓度均  $P > 0.05$ ），但受甘油三酯影响较大（4 个浓度均  $P < 0.05$ ），部分浓度血红蛋白也可产生干扰。

二、各干扰因素对 ctDNA 纯度的影响

ctDNA 纯度判定采用 OD260/280。临界阳性突变样本不受干扰影响。强阳性突变样本不受胆红素干扰影响（4 个浓度均  $P > 0.05$ ），但受甘油三酯和血红蛋白影响明显（4 个浓度均  $P < 0.05$ ）。

三、各干扰因素对 T790M 突变检测外控 ct 的影响

该指标可反映检测 DNA 的降解程度，提示 DNA 质量。仅最高浓度甘油三酯存在影响（临界阳性和强阳性突变样本均  $P < 0.05$ ）。

四、各干扰因素对 T790M 突变检测突变  $\Delta$ ct 的影响

该指标可反映 T790M 突变丰度。临界阳性突变样本仅受最高浓度胆红素干扰影响。强阳性样本受血红蛋白干扰明显（3 个浓度  $P < 0.05$ ），但不受其他干扰因素影响。

**结论** 各临床常见干扰因素对 ARMS 法检测 T790M 突变存在影响，在临床实际检测中应尽量避免使用含较高浓度干扰因素的血浆。



PU-2907

## 液相色谱-串联质谱检测血浆血管紧张素 II 的方法的意义

陈方俊,吴佳峰,郭玮  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 综述液相色谱-串联质谱检测血浆血管紧张素 II 的方法的意义。

**方法** 以液相色谱-串联质谱、血管紧张素 II 和高血压为关键词检索文献,从血清标志物的生物学特性、检测方法和方法学进展、疾病相关性分析等方面进行综述。

**结果** 血管紧张素 II (Angiotensin II, Ang II) 作为人体内肾素-血管紧张素-醛固酮系统 (Renin-angiotensin-aldosterone system, RAAS) 中的主要活性成分在人体内发挥着重要的血压及内环境稳态相关的调节作用。其通过与血管紧张素 1 型受体 (Ang II type 1 receptor, AT1 受体) 的结合,可以介导血管的收缩,来使循环血压升高;也可以促进醛固酮 (Aldosterone, ALD) 的分泌来行使水电平衡调节的作用。血管紧张素 II 是体内最主要的控制和调节血压的物质之一。除了上述作用机制,血管紧张素 II 也在炎症机制、免疫机制、和心血管的生长调节方面发挥着重要作用。目前针对血管紧张素 II 的临床检测,需要结合肾素-血管紧张素-醛固酮系统的另外两项重要物质的检测:肾素活性和醛固酮浓度,来共同进行对高血压分型的辅助诊断及高血压病程评估。目前应用的血管紧张素 II 的临床实验室的检测方法,对于血浆丰度仅有 pg 级且病理状态下波动较大的血管紧张素 II 的检测多少存在一些不足。

**结论** 通过文献阅读对各种实验室检测方法进行对比,本次研究找到一种相对于现有方法而言,灵敏度、特异性和重复性更好的一种检测技术:液相色谱-串联质谱技术 (Liquid chromatography-tandem mass spectrometry, LC-MS/MS),并对 LC-MS/MS 相对于其他检测方法的优势进行了分析。

PU-2908

## Expression signatures of exosomal long non-coding RNAs in urine serve as novel non-invasive biomarkers for diagnosis and recurrence prediction of bladder cancer

Yao Zhan  
The second hospital of shandong university.

**Objective** Exosomes released by tumor cells contain oncogenic long non-coding RNAs (lncRNAs), which can reflect the pathophysiology of tumors. Studies showed that bladder cancer (BC) cells can secrete exosomes into urine and facilitate tumor progression. Therefore, exosome-shuttled bioactive lncRNAs have aroused great interest of researchers to study whether it is possible to use exosomal lncRNAs as novel diagnostic and prognostic indicators for cancer. However, only few urinary exosome (UE)-derived lncRNAs are characterized as potential biomarkers in BC patients. In this research, we intend to establish a UE-derived lncRNA model for detection of BC by extracting and analyzing the expression signatures of UE-derived lncRNAs, and to explore the predictive value of differentially expressed exosomal lncRNAs in the recurrence of BC.

**Methods** 1. Exosomes were extracted from urine of BC patients and healthy controls and confirmed using transmission electron microscopy (TEM), Western blotting analysis, nanoparticle tracking analysis (NTA) and flow cytometry.

2. Then, eight lncRNAs, including MALAT1, PCAT-1, SPRY4-IT1, UCA1, MEG3, H19, UBC1 and TUG1, were selected as candidate molecules according to their functional roles in tumorigenesis, development, and metastasis of BC.

3. During the training phase, exosomal lncRNAs were extracted from the urine samples of 104 patients with BC and 104 healthy controls. Then, qRT-PCR was used to analyze the expressions of the above 8 candidate lncRNAs, and lncRNAs that were abnormally expressed in the urinary exosomes of BC were screened out. Finally, the relative expressions ( $2^{-\Delta\Delta Ct}$ ) of the selected exosomal lncRNAs were put into multivariate logistic regression model to establish the diagnostic panel for BC. The diagnostic accuracy of the panel was evaluated by receiver-operating characteristic (ROC) curves.

4. During the validation phase, the differentially expressed UE-derived lncRNAs were further validated in another 80 patients with BC and 80 healthy controls, and the diagnostic efficiency of the panel was measured by ROC analysis. In addition, we also compared the diagnostic performance between the panel and urine cytology for BC detection.

5. To investigate the prognostic value of the differentially expressed lncRNAs for BC recurrence, a total of 80 patients with BC were followed-up, which were divided into the nonmuscle-invasive bladder cancer (NMIBC) group (50 cases) and the muscle-invasive bladder cancer (MIBC) group (30 cases). The median follow-up time was 57 months. Kaplan–Meier survival analysis was used to analyze the relationship between the differentially expressed lncRNAs and the recurrence-free survival (RFS) of BC patients in the two groups. Then, multiple variables including the selected exosomal lncRNAs, age of patients, gender of patients, tumor stage, tumor grade and lymph node metastasis were incorporated into the Cox proportional hazards regression model to find independent risk factors that could be used to predict recurrence of BC.

**Results** 1. In the training set, the expressions of eight candidate lncRNAs in 104 BC patients and 104 healthy controls were assessed by qRT-PCR. MALAT1, PCAT-1 and SPRY4-IT1 were significantly up-regulated in BC patients compared with the healthy controls (all at  $P < 0.001$ ). The diagnostic accuracy of MALAT1, PCAT-1 and SPRY4-IT1, measured by AUC, was 0.844, 0.832 and 0.760, respectively. A three-lncRNA panel based on this result was established for BC diagnosis:  $\text{Logit}(P) = 0.6577 - 0.0695 \times \text{MALAT1} - 0.0686 \times \text{PCAT-1} - 0.0015 \times \text{SPRY4-IT1}$ , and the diagnostic performance of the established three-lncRNA panel was 0.854 (95% CI = 0.799 – 0.899, sensitivity = 70.2% and specificity = 85.6 %).

2. These three lncRNAs were further verified in an independent validation set, containing 80 BC patients and 80 healthy controls. Similarly, the dysregulated expression trend was consistent between the training set and the validation set, revealing no significant difference. The corresponding AUCs of the three lncRNAs (MALAT1, PCAT-1 and SPRY4-IT1) were 0.785, 0.810 and 0.799, respectively. The AUC of the three-lncRNA panel for BC detection was 0.813 (95% CI = 0.744–0.870, sensitivity = 62.5% and specificity = 85.0%), which was significantly higher than that of the urine cytology (AUC=0.619, 95% CI = 0.539–0.694, sensitivity = 25% and specificity = 98.7%,  $P < 0.001$ ).

3. In the NMIBC group, Kaplan-Meier survival analysis showed that patients with up-regulated MALAT1 and PCAT-1 had a significantly lower RFS compared with their corresponding counterparts ( $P = 0.002$  and  $P < 0.001$ , respectively). Multivariate analysis revealed that exosomal lncRNA PCAT-1 and tumor stage were independent indicators for predicting recurrence of NMIBC ( $P = 0.018$  and  $P = 0.036$ , respectively). However, none of the three dysregulated lncRNAs were correlated with the recurrence of MIBC patients (all at  $P > 0.05$ ).

**Conclusions** We successfully established a three-lncRNA panel for BC diagnosis through extracting and analyzing UE-derived lncRNAs.

We identified that exosomal PCAT-1 could act as an independent risk factor for recurrence prediction of NMIBC.

Our study provides a new strategy to explore effective and reliable urinary biomarkers for detection and recurrence prediction of BC.

## PU-2909

## Mean Platelet Volume: A Biomarker In Discriminating Adult Onset Still's Disease And Sepsis

jun zhou

the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** Mean Platelet Volume , as a proportion of routine complete blood count tests, has been studied as a simple biomarker for inflammatory disease. The aim of our study was to investigate whether MPV could be a useful tool to distinguish Adult onset Still's disease(AOSD) from sepsis.

**Methods** We retrospectively reviewed 55 patients with AOSD and 46 sepsis patients diagnosed at the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University between January, 2015 to December 2018. Laboratory data including Complete blood counts, ferritin and C-reactive protein (CRP) level, and the neutrophil-to-lymphocyte ratio (NLR), Platelet-to-Lymphocyte(PLR) were collected and analyzed.

**Results** There were no significant differences in white blood cell counts, neutrophil counts and CRP between two groups. However, we found that AOSD patients showed higher ferritin, lymphocyte and Platelet counts, but lower MPV than sepsis patients (all  $P < 0.01$ ). In receiver operating characteristic (ROC) curve analysis of MPV for distinguish of sepsis, the area under the curve (AUC) was 0.772 (95% CI=0.674–0.852) with a cutoff value of 11.1fl. The cutoff value showed the sensitivity (56.10%) and specificity (88.89%), Meanwhile, the area under the receiver operating characteristic curve (AUC) of MPV was slightly lower than that of ferritin, but the difference was not significant.

**Conclusions** We suggest that MPV may be a useful tool to make a distinction between AOSD and sepsis, as a supplementary biomarker to ferritin.

## PU-2910

## 尿酸与糖尿病肾病病人肾脏功能减退的相关性分析

梁珊珊

四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨尿酸与糖尿病肾病病人肾脏功能减退的相关性。

**方法** 纳入 670 名就诊于四川大学华西医院, 并且诊断为糖尿病肾病的病人为研究对象, 记录其年龄、性别, 检测尿酸 (UA,  $\mu\text{mol/L}$ )、肌酐 (CREA,  $\text{mmol/L}$ )、甘油三酯 (TG,  $\text{mmol/L}$ )、总胆固醇 (TC,  $\text{mmol/L}$ )、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C,  $\text{mmol/L}$ )、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C,  $\text{mmol/L}$ )、尿素 (UREA,  $\text{mmol/L}$ )和糖化血红蛋白 (HbA1c,%) 水平。根据尿酸水平分为高尿酸血症组和正常尿酸组。对各检测指标进行组间比较, 并进行相关性分析, 分析尿酸与糖尿病肾病病人肾脏进展的相关性。

**结果** 研究人群中, 高尿酸组有 334 人, 正常尿酸组有 336 人。高尿酸组的肌酐、尿素氮高于正常尿酸组, 肾小球滤过率和糖化血红蛋白低于正常尿酸组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 尿酸水平与糖尿病肾病病人的肾小球滤过率成负相关 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 糖尿病肾病病人的尿酸水平与 eGFR 水平成负相关, 即尿酸水平越高, 肾脏功能越差。糖尿病肾病病人的日常管理中, 应重视尿酸水平的检测。

## PU-2911

## 临床检验患者数据百分位数在实验室间比对中的应用

何书康<sup>1,2</sup>, 章晓燕<sup>1</sup>, 王薇<sup>2</sup>, 赵海建<sup>2</sup>, 杜雨轩<sup>2</sup>, 王治国<sup>1,2</sup>

1. 北京协和医学院研究生院 国家卫生健康委临床检验中心

2. 北京医院 国家卫生健康委临床检验中心

**目的** 利用患者数据百分位数进行实验室间比对。

**方法** 通过国家卫生健康委临床检验中心开发的临床检验患者数据实验室间比对和监测平台, 收集全国综合医院的临床实验室 2016 年 7 月生化专业每日百分位数患者数据, 门诊和住院患者分别收集, 计算中位数相差最大的两组间的百分差值 (A 列, 中位数相差最大的两组差值/各组中位数均值), 2 倍的卫生行业标准允许偏倚 (B 列)、2 倍的适当生物学变异允许偏倚 (C 列), A 列与 B 列或 A 列与 C 列的比值 $\geq 2$  时, 表明不同组间明显缺乏可比性。检验项目包括钾、钠、氯、钙、镁、血糖、总蛋白、白蛋白、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、碱性磷酸酶 (ALP)、乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶 (GGT)、尿素、肌酐、尿酸、总胆红素、甘油三酯 (TG)、总胆固醇、淀粉酶 (AMY)、肌酸激酶 (CK)。

**结果** 共有 181 家临床实验室上报了患者数据。按照检测系统对患者数据进行分组, 配套系统采用方法+检测系统的分组方式, 国产试剂采用方法+试剂的分组方式, 每个检验项目可分为 7 至 13 组。实验室比对结果显示, 当使用卫生行业标准允许偏倚时, 门诊项目 ALT、AST、 $\gamma$ -GT、尿素、肌酐、总胆红素、甘油三酯和住院项目总蛋白、AST、LDH、肌酐、总胆红素的不同检测系统之间可能缺乏可比性; 对于适当的生物学变异允许偏倚, 门诊项目钠、氯、钙、总蛋白、肌酐和住院项目钾、钠、氯、钙、总蛋白、肌酐的不同检测系统之间可能缺乏可比性。

**结论** 利用患者数据百分位数可实现临床实验室间的比对, 其是经济可行的方式, 并可发现实验室之间的差异, 促进实验室改进可比性。

## PU-2912

TIPS 对肝硬化门静脉高压患者血小板的影响  
及其预后因素分析

梁珊珊

四川大学华西医院, 610000

**目的** 探讨经颈静脉肝内门体分流术 (TIPS) 对肝硬化门静脉高压患者血小板的影响及其预后因素的分析。

**方法** 收集 2015 年 12 月至 2018 年 8 月本院进行 TIPS 手术的 297 例肝硬化患者作为研究对象, 并分别检测 TIPS 术前 1 天和术后第 3 天的血小板计数。按照 TIPS 术前的血小板计数分 3 组, 血小板计数 $\leq 50 \times 10^9/L$  为 A 组 ( $n=107$ ),  $50 \times 10^9/L < \text{血小板计数} \leq 100 \times 10^9/L$  为 B 组 ( $n=124$ ), 所有纳入的人群 ( $n=297$ ) 为全部组。使用配对 t 检验比较 TIPS 手术前后的血小板计数。Logistic 回归分析用于研究年龄、性别、肝病病因及 TIPS 术前血小板计数对于 TIPS 手术前后血小板计数变化的影响。

**结果** 297 例患者 (全部组) 中有 107 例 (36.03%) 血小板计数显著增加, 平均增加百分比为 6.23%, 差异有统计学意义 ( $P=0.01$ )。A 组患者 TIPS 术前的血小板计数为  $(36.10 \pm 9.15) \times 10^9/L$ , 术后血小板计数为  $(47.65 \pm 18.52) \times 10^9/L$ , 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。B 组 TIPS 手术前后的血小板计数分别为  $(72.09 \pm 13.55) \times 10^9/L$  和  $(82.10 \pm 38.38) \times 10^9/L$ , 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。术前血小板计数与 TIPS 手术对血小板计数的影响呈负相关 ( $P < 0.05$ )。

**结论** TIPS 手术可改善与肝硬化相关的血小板减少症, 术前血小板计数越低, 这种改善效果越明显。

## PU-2913

## 非克雷伯菌属肠杆菌科细菌耐药机制研究

傅鹰,周希,谢鑫友

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 研究非克雷伯菌属肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素耐药产生的机制。

**方法** 运用 VITEK 细菌鉴定及药敏系统对分离菌株进行菌种鉴定及药敏分析;对于仪器法检测出来的碳青霉烯类耐药菌株,采用微量肉汤稀释法复核厄他培南和美罗培南的敏感性;通过碳青霉烯类抑制试验及金属酶筛选试验分别检测细菌是否产碳青霉烯酶及金属酶;PCR 扩增及测序检测 bla<sub>KPC</sub>、bla<sub>IMP</sub>、bla<sub>VIM</sub> 和 bla<sub>NDM-1</sub> 等碳青霉烯酶基因。

**结果** VITEK 药敏试验初筛出 33 株为碳青霉烯类耐药菌株,药敏复核结果为 17 株耐药肠杆菌科细菌,包括黏质沙雷菌 11 株、大肠埃希菌 4 株、产气肠杆菌 1 株、弗氏柠檬酸杆菌 1 株。碳青霉烯类抑制试验 8 株菌为阳性(47%),其中 2 株金属酶表型阳性;碳青霉烯酶基因筛选结果提示 5 株菌为 bla<sub>KPC</sub> 阳性(5/8, 63%)、1 株 bla<sub>NDM-1</sub> 阳性(1/8, 13%)、1 株 bla<sub>VIM</sub> 阳性(1/8, 13%),未扩增出 bla<sub>IMP</sub>。

**结论** 对于非克雷伯菌属肠杆菌科细菌,产碳青霉烯酶并非 CRE 菌株对碳青霉烯类耐药的主要机制,KPC 酶能解释一半菌株耐药产生的原因。

## PU-2914

## 通过间接法建立血清肌酐参考区间的探讨

刘洋洋,普智飞,黄建宏,吴晓琪,李晓博

杭州迪安医学检验中心

**目的** 通过对实验室信息管理系统(LIMS)数据库中血清肌酐(CREA)项目历史检测结果进行回顾性分析,并与现行卫生行业标准推荐的参考区间进行比较,探讨通过间接法建立血清肌酐参考区间的的方法和可行性。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月-2018 年 6 月共 203653 例体检人群血清肌酐项目检测结果,使用偏度-峰度值进行正态性检验,对非正态分布数据进行 Box-Cox 转换近似正态数据,采用 Dixon 及四分位间距两种方法剔除离群值数据,使用单因子方差分析检验不同性别及不同年龄组间统计学差异,使用非参数排序法计算 P2.5-P97.5 区间作为参考区间,并与卫生行业标准推荐参考区间进行比较分析。

**结果** 经偏度-峰度检验及正态转换后的数据,采用四分位距法剔除离群值共 4561 例,最终纳入统计数据共 199092 例,其中男性 81795 例,女性 117297 例,不同性别及不同年龄组间血清肌酐结果经单因子方差分析检验均具有统计学差异( $P>0.05$ ),故对不同性别、不同年龄组分别统计 P2.5-P97.5 区间,其中:男性 20-39 岁 63-103 $\mu\text{mol/L}$ 、40-59 岁 57-105 $\mu\text{mol/L}$ 、60-79 岁 56-108 $\mu\text{mol/L}$ 、>80 岁 59-136 $\mu\text{mol/L}$ ,女性 20-39 岁 42-76 $\mu\text{mol/L}$ 、40-59 岁 44-77 $\mu\text{mol/L}$ 、60-79 岁 44-86 $\mu\text{mol/L}$ 、>80 岁 48-120 $\mu\text{mol/L}$ 。

**结论** 基于实验室信息管理系统中体检人群血清肌酐历史检测结果,采用间接法建立的血清肌酐参考区间与卫生行业标准推荐的参考区间范围较相近,对于 80 岁以上人群,卫生行业标准中未有推荐参考区间,使用间接法建立参考区间有一定的价值。

## PU-2915

## 在骨髓增生异常综合征患者中分析产生抗 HLA 抗体的危险因素

何军,杨小静,陈璐瑶,袁晓妮,季开

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 在骨髓增生异常综合征(myelodysplastic syndrome, MDS)患者中分析抗人类白细胞抗原(human leukocyte antigen, HLA)抗体阳性的分布情况及产生抗 HLA 抗体的危险因素。

**方法** 回顾分析 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 29 日于苏州大学附属第一医院收治的 MDS 患者 180 例,明确患者疾病诊断及 IPSS 预后分层。采用流式液相芯片(Luminex)技术平台进行抗 HLA 抗体初筛,以实验室建立的平均荧光强度(MFI)值 $\geq 1000$  作为阳性的标准。通过 logistic 回归模型分析抗 HLA 抗体阳性与 MDS 疾病的危险因素。

**结果** 180 例入组 MDS 患者中,抗 HLA 抗体阴性患者 120 例(66.7%),抗 HLA 抗体阳性患者 60 例(33.3%),其中抗 HLA-I 类抗体阳性患者 23 例(12.8%),抗 HLA-II 类抗体阳性患者 10 例(5.5%),抗 HLA-I 类和 II 类抗体均阳性患者 27 例(15.0%)。在 66 例女性患者中,抗 HLA 抗体阳性 34 例(51.5%),14 例 IPSS 预后分层高危组患者中,抗 HLA 抗体阳性 10 例(71.4%)。对抗 HLA 抗体阳性多因素分析显示:有妊娠史女性( $P=0.001$ ,OR=6.043,95%CI 2.001-18.252)、输血史( $P=0.006$ ,OR=5.149, 95%CI 1.616-16.411)、病程 $\geq 2.0$  月( $P=0.024$ ,OR=2.91, 95%CI 1.147- 7.380)、IPSS 预后分层高危组( $P=0.013$ ,OR=8.224,95%CI 1.549-43.647)为抗 HLA 抗体阳性的危险因素。有妊娠史女性( $P=0.001$ , OR=22.824,95%CI 3.727-139.766)、输血史( $P=0.032$ ,OR=9.830,95%CI 1.212-79.717)、病程 $\geq 2.0$  月( $P=0.015$ ,OR=8.250,95%CI 1.516-44.882)、IPSS 高危组( $P=0.010$ ,OR=50.901,95%CI 2.557-1013.099)为抗 HLA-I+II 类抗体均阳性的危险因素。妊娠次数 $\geq 2$  次的女性为抗 HLA-I 类抗体阳性的独立危险因素( $P=0.015$ , OR=4.859, 95%CI 1.353-17.444)。

**结论** 在 MDS 女性患者中 IPSS 预后分层为高危组患者、疾病病程 $\geq 2.0$  月、既往有输血史和妊娠史的女性为抗 HLA 抗体阳性的高危因素。

## PU-2916

## 中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐水平变化分析

邱胜丰,李洁,夏晓红,陈颖,江家红

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究中晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐的水平变化,并探讨其意义。

**方法** 取我院 2016-2017 年期间 203 例健康妊娠妇女,按不同孕周分为中、晚孕 2 组,并随机选取 97 例成年健康未孕女性作为对照组,分别测定血清中尿素氮、肌酐水平。

**结果** 中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐差异无显著性( $P > 0.05$ ),中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐均较成年健康未孕女性下降明显,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐变化不明显,中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐均较成年健康未孕女性降低,可提示临床医生对中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐结果的特殊性予以考虑。同时建议建立中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐的正常参考范围。因而,不应以健康体检者测定指标的参考值范围去评价中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐的正常参考范围,应建立中、晚期妊娠妇女血清尿素氮、肌酐的正常参考范围,以便于临床更准确的判断病理妊娠,减少孕妇并发症的发生,降低胎儿的死亡率。

## PU-2917

## 三种快速手消毒液对血常规检测结果影响对比

夏晓红,葛高霞

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究末梢血采集过程中工作人员手卫生所使用的不同快速手消毒液对血常规的影响程度,指导临床选择影响血常规检测结果最小的快速手消毒液。

**方法** 75%酒精消毒液,凝胶手消,液体手消各 2ul、5ul、10ul、20ul 分别加至 40ul 全血中(同一份标本),行血常规检测,并对检测结果进行分析。

**结果** 血常规标本中混入不同体积的手消毒液,均可导致白细胞(WBC)、血小板(PLT)、红细胞(RBC)、血红蛋白(Hb)不同程度的升高或降低,其中凝胶手消对结果影响最大,仅 2ul 的凝胶手消就可使 WBC 结果成倍增长,10ul 更是使其增长了 27 倍,当混入的手消体积为 20ul 时,凝胶手消组及 75%酒精消毒液组 PLT 值变化较大,以凝胶手消组为著。

**结论** 血常规检测是临床最基本的检测项目之一,而手卫生是切断医院感染的重要方法。手消毒液残留量越大对血常规检测结果的影响越大,75%酒精消毒液和液体手消对血常规检测的影响相对小于凝胶手消。考虑到酒精的易挥发性和对皮肤黏膜的刺激性,优先考虑液体手消。

## PU-2918

## 超敏 CRP 参考区间的建立

谢传珍

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 建立本实验室的超敏 CRP 参考区间。

**方法** 选择健康体检者 244 例,利用本实验室 BNII 全自动特种蛋白分析仪建立超敏 CRP 的参考区间。

**结果** 健康者血清超敏 CRP 参考区间与年龄及性别差异均无统计学意义( $P>0.05$ ),本实验室超敏 CRP 成年人参考区间为(0.15-1.89 mg/L)。

**结论** 本地区健康者超敏 CRP 水平不受年龄、性别的影响,自建参考区间范围相对厂商提供的参考区间范围更窄,更适用于本地区人群。

## PU-2919

## 点尿估算人群 24 小时尿钠排泄量的应用与研究进展

沈隽霏,张伟涛,郭玮

复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 综述常用的点尿估算方法及其研究进展和应用。

**方法** 以点尿、钠摄入和心血管疾病为关键词在 Punmed 检索文献,研究 24 小时尿钠、点尿钠和钠摄入量之间的评估关系。评价钠摄入量和心血管疾病之间的关系。

**结果** 近年来,国内外大量研究证实,高钠摄入与心血管病存在一定联系,但之间的关系仍存在一定争议。据估算我国心血管病现患人数 2.9 亿,其中脑卒中 1300 万,冠心病 1100 万,高血压 2.7 亿。因此准确评估钠摄入量是研究钠摄入与心血管病之间关系的重中之重,对于我国心血管病的防治具有重大意义。目前常用的做法是通过采集单次点尿来评估 24h 钠排泄,点尿法有很多优点如样本很容易收集和储存,不会出现潜在的不足或过度收集的情况。

**结论** 点尿法估算人群尿钠排泄量反映钠摄入量的有效性和准确性仍存在很大争议。

## PU-2920

### 特敏荧光染色在少见真菌病诊断中的应用价值研究

赵锋,谢鑫友

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 实验室利用特敏荧光染色法对临床高度怀疑真菌感染的标本进行镜检, 期许通过识别不同的菌体形态, 为临床提供快速提示性诊断, 使患者得到合理的抗真菌治疗。

**方法** 临床高度怀疑真菌感染疾病 4 例患者标本分别为皮下组织活检、痰液、分泌物, 这些标本先接种培养, 余下制成涂片荧光染色。运用加荧光模块的显微镜对染色后的标本辨别菌体, 根据形态特征, 初步判断真菌类别。

**结果** 病例 1 女性患者, 皮下组织活检经荧光染色后可见卵圆形有明显横隔的孢子, 初步判断为马尼菲青霉菌; 病例 2 女性患者, 胸腔引流分泌物和痰液标本, 镜下可见宽大透亮、无分隔、飘带状, 直角的菌丝, 初步判断为毛霉菌类; 病例 3 男性患者, 皮下组织活检镜下可见细胞壁成透亮光圈, 卵圆形或椭圆形单细胞孢子, 内有孢子囊, 无芽生现象的菌体, 疑似无绿藻菌; 病例 4 男性患者, 蝶窦脓性分泌物可见典型的毛霉菌类形态。4 个病例的标本经真菌培养和 PCR 确认分别为马尼菲儿菌病、根霉病、无绿藻病、毛霉病。

**结论** 标本经特敏荧光染色背景黑暗, 菌丝或孢子发出明亮的蓝绿色荧光, 真菌轮廓通过调节白光和荧光易于识别, 能对致病真菌种类进行提示性诊断, 具有较好的临床价值。

## PU-2921

### 371 对双胞胎婴幼儿微量元素的调查分析

陈颖,邱胜丰,江家红

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究证实, 微量元素的缺乏与一些疾病的发生密切相关。目前, 微量元素对婴幼儿健康的影响已逐步受到重视, 微量元素的普查也成为婴幼儿健康检查的常规检查项目。近年来在婴幼儿群体的健康普查中, 多胞胎, 尤其是双胞胎婴幼儿人数逐渐增加。为了调查和分析本地区双胞胎婴幼儿的微量元素水平的变化。

**方法** 收集 2016—2017 年至本院健康体检的双胞胎婴幼儿 371 对作为研究组。随机收集 2016 年 2123 例非多胞胎婴幼儿作为对照组。根据年龄, 将其分为 5 组: 5-6 月(m)、7-12 月(m)、1 岁(y)、2 岁(y)、3 岁(y), 所有婴幼儿其末梢血标本均由专业人员按照标准操作规程进行采集, 其末梢血 Zn、Fe、Ca 等 3 种微量元素采用 BH5100 型原子吸收光谱仪检测。

**结果** 双胞胎与对照组婴幼儿各年龄组男女比例无统计学差异, 其血 Zn、Fe、Ca 等微量元素的均值与正常参考值相比均在正常范围之内。双胞胎与对照组婴幼儿各年龄组之间婴幼儿微量元素水平变化的分析显示: (1) Zn 元素, 双胞胎组 5-6m 婴幼儿其水平显著高于对照组, 2y 期间其水平显著高于对照组; (2) Fe 元素, 各年龄婴幼儿其水平均显著高于对照组; (3) Ca 元素, 7-12m 期间其水平显著高于对照组; 双胞胎与对照组各年龄组均有一定比例婴幼儿其微量元素水平在正常范围以外, 即存在缺乏率和偏高率, 两组相比, 存在显著差异

**结论** 双胞胎婴幼儿其血 Zn、Fe、Ca 等微量元素均值均在正常参考值, 但其正常值以及偏低率和偏高率的变化与非双胞胎婴幼儿相比均存在显著差异。从生殖生理学的角度出发, 双胞胎或多胞胎与单胞胎在生长发育方面可能存在差异, 其喂养和护理已受到临床的重视。我们在微量元素方面的普查结果证实双胞胎与单胞胎之间存在显著差异性, 其微量元素水平的变化特点可能主要与双胞胎婴幼儿的生长发育有关。双胞胎婴幼儿微量元素存在缺乏率与偏高率的现象, 表明目前有关微量元



素的补充措施还不够科学,显然,科学的喂养与微量元素补充措施应该建立在微量元素定期普查的基础上实施。为了达到双胞胎婴幼儿的科学喂养,定期进行微量元素普查是必须的。

## PU-2922

### A study of HLA-A,-B,-C,-DRB1and-DQB1 haplotype frequencies: use in donor selection for haploidentical transplantation

Jun He,Luyao Chen,Yang Li,Tengteng Zhang,Ying Li  
the First Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** To analyze family-based haplotype frequencies of HLA-A,-B,-C,-DRB1and-DQB1 in patients preparing to receive haploidentical transplantation and investigate the role of HLA haplotype frequencies in donor selection.

**Methods** The result of 3568 families who visited the First Affiliated Hospital of Soochow University between 2012 and 2017 and prepared for related haploidentical transplantation were collected and analyzed. The HLA genotyping was performed using sequence-based typing(PCR-SBT)and sequence-specific oligonucleotide probe (PCR-SSOP) methods. The family genetic analysis and haplotype frequencies were also investigated.

**Results** According to the integrity of family-based HLA haplotype frequencies, we divided that 3568 families into 3groups,including group1,that 1422 complete family-based HLA haplotype frequencies;group2,containing 1310 patients and one of their either parents or children and group3,that 836 patients and their HLA-5/10 matching sibling donor. Regardless of sorting,17 haplotypes among the top 20 haplotype frequencies of group1 were consistent with the top 20 of unrelated haplotype frequency table of China Marrow Donor Program<sup>[1]</sup>. Upon study of the whole related HLA haplotype frequencies, simulation haplotype analysis was used in parental or child donors ranging from 5 to 10 HLA loci matched or not less than 5 loci matched sibling donors of incomplete family-based HLA haplotype frequencies in clinical cases.

**Conclusions** The family-based complete haplotypes can be declared only when HLA haplotypes from parents, siblings or children were perfectly collected. According to simulation haplotype analysis of insufficient related donor haplotypes considering complete family haplotype table, better related donor can be selected for haploidentical transplantation.

## PU-2923

### 红细胞分布宽度对成人 Still 病活动性的诊断价值

王雅曼,周军  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨红细胞分布宽度(RDW)对成人 Still 病活动性的诊断价值

**方法** 选择 2105 年 1 月至 2018 年 9 月在江苏省人民医院就诊的 58 例 AOSD 患者,其中 AOSD 活动组 25 例,非活动性组 33 例,同时选取 76 例病人作为健康对照组。分别测定 WBC、HGB、RDW、CRP、PCT、ESR、肝功能等指标并进行比较。

**结果** 与健康对照组相比,AOSD 组 WBC、HGB、RDW、CRP、PCT、ESR、肝功能等水平均显著升高( $P<0.05$ ),差异有统计学意义。与 AOSD 非活动性组相比,WBC、CRP、PCT、ESR 及 Ferr 水平均显著升高( $P<0.05$ ),差异有统计学意义;而两组中 HGBPLT 肝功能等指标比较差异均无统计学意义( $P>0.05$ )。RDW 与 WBC、CRP、ESR、PCT、Ferr 均呈正相关( $P<0.05$ );进行单因素 Logistic 回归分析,当显著性水平  $\alpha=0.05$  时,RDW 与 AOSD 活动性相关( $P<0.05$ )。

结论 RDW 与 AOSD 活动性的改变密切相关。  
诊断价值

## PU-2924

### Genome-wide copy number variation analysis identified FGF23, ING4 and CCNE2 as potential biomarkers in lung cancer.

Qiuyue Xu, Yong Duan, Yanliang Zhang

Department of Clinical Laboratory, the First Affiliated Hospital of Kunming Medical University

**Objective** Lung cancer mortality in Xuanwei has been among the China's highest. This study screened out the characteristic copy number variations (CNVs) and genes that may related with lung cancer in Xuanwei.

**Methods** Array comparative genomic hybridization (aCGH) analysis was used to identify chromosomal imbalances in 8 lung cancer samples and matched paracancer samples. CNVs were validated by quantitative real-time PCR in 43 samples and mRNA expressions were detected by quantitative reverse real-time PCR in 33 samples. Comparison of the CNVs was provided from data in the public domain. Statistical analysis was performed to identify the relationships between clinical pathological and genetic data.

**Results** We identified 72 significant CNVs, including 45 amplified regions and 27 losses regions. The most frequent regions of amplification were 5p15.33-p15.32 (50%, 4/8), 8q22.1 (37.5%, 3/8), and 5p15.33 (37.5%, 3/8). The most frequent deleted regions were 13q21.1-q21.2, 18q21.1 and 18q21.32-q22.2 (37.5%, 3/8). A pattern of recurrent CNVs associated with lung cancer in Xuanwei was located within 13 regions and functionally associated with 20 unique genes. Comparing with published references showed that 9 common chromosomal imbalance regions were found both in lung cancer in Xuanwei and other cancer; 3 regions including 5q31.1-q33.1, 12p13.32-p13.31 and Xp11.23-11.1 have different trend; 4 regions including 5q31.1-q33.1, 12p13.32-p13.31, Xp11.23-11.1 and 4p16.3 have different trend. Losses of Xp11.3-p11.23 (25%) and FGF23 (66.7%) has not been previously recognized in lung cancer. CNVs of seven genes (CCNE2, ING4, FGF6, TFPI2, SMAD4, HGF, SLC6A3) were associated with clinic-pathological features ( $P < 0.05$ ). RT-qPCR analysis of FGF23, ING4 and CCNE2 demonstrated that the expressed trends were consistent with CNVs.

**Conclusions** Lung cancer in Xuanwei possess characteristic genomic copy number change profiles that may further our understanding of pathogenesis and may lead to the development of new diagnostic biomarkers of lung cancer in xuanwei.

## PU-2925

### 微粒子化学发光法在 HIV 抗体筛查试验中的应用

孙梅<sup>1</sup>, 李刚<sup>1</sup>, 王晓伟<sup>2</sup>, 姚继承<sup>2</sup>, 宋宇<sup>1</sup>, 曲业敏<sup>1</sup>, 王明义<sup>1</sup>

1. 威海市立医院, 264200

2. 威海威高生物科技有限公司

**目的** 分析微粒子化学发光法在 HIV 筛查试验中的应用价值。

**方法** 采用微粒子化学发光法对本院 2017 年 2 月至 2019 年 5 月期间所有筛查 HIV 抗体的患者进行初筛检测, 免疫印迹法(WB)对初筛阳性标本进行确证试验。

**结果** 84482 份血清标本中, 共筛检出有反应性血清 86 例, 除拒绝做确认的 9 例, 其余经 WB 方法进行确认后, 63 例为阳性, 2 例为不确定, 12 例为阴性。

**结论** 微粒子化学发光法检测 HIV 抗体的灵敏度较高, 对患者结果应结合临床资料及确认试验结果综合判断。

## PU-2926

### 血清铁、铁蛋白和转铁蛋白与妊娠期糖尿病的相关性分析

黎青, 王雅曼

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 探讨妊娠期糖尿病 (GDM) 患者与血清铁 (serum iron, SI)、血清铁蛋白 (serum ferritin, SF) 和转铁蛋白 (transferrin, TRF) 水平变化的关系及临床意义。

**方法** 选择 2018 年 1 月~2018 年 8 月该院孕周为 24~28 周妊娠期糖尿病孕妇 125 例作为妊娠期糖尿病组 (GDM 组), 血糖正常孕妇 170 例作为对照组。分别测定两组孕妇 SI、SF、TRF、Hb、MCV、MCH 和 MCHC 水平并进行比较。

**结果** 与对照组孕妇相比, GDM 组孕妇 SI、SF、TRF 水平均显著升高 ( $P<0.05$ ), 差异有统计学意义; 而两组孕妇 Hb、MCV、MCH 和 MCHC 比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ); SI、SF 及 TRF 与空腹血糖、1h 血糖、2h 血糖均呈正相关 ( $P<0.05$ ); 进行单因素 Logistic 回归分析, 当显著性水平  $\alpha=0.05$  时, SI、SF 和 TRF 水平与 GDM 的发生均有统计学意义 ( $P<0.01$ )。

**结论** 孕妇体内铁储存水平的升高与妊娠期糖尿病的发生密切相关。

## PU-2927

### 全国新生儿遗传代谢病串联质谱筛查氨基酸检测项目的西格玛水平分析

何书康<sup>1,2</sup>, 王薇<sup>2</sup>, 何法霖<sup>2</sup>, 杜雨轩<sup>2</sup>, 王治国<sup>1,2</sup>

1. 北京协和医学院研究生院 国家卫生健康委临床检验中心

2. 北京医院 国家卫生健康委临床检验中心

**目的** 六西格玛管理法是在传统质量管理基础上发展起来的, 在临床检验中可用于方法性能评价, 本研究对全国新生儿遗传代谢病串联质谱筛查氨基酸项目的检测性能进行西格玛水平的分析, 以发现检测中存在的问题, 提高临床实验室质量水平。

**方法** 利用国家卫生健康委临床检验中心开发的软件平台收集 2019 年 4 月全国临床实验室新生儿遗传代谢病串联质谱筛查氨基酸检测项目的室间质量评价 (EQA) 和室内质量控制 (IQC) 数据, 检测项目包括苯丙氨酸、瓜氨酸、甲硫氨酸、酪氨酸、亮氨酸和缬氨酸。用 EQA 数据评估偏倚, IQC 数据 (累计在控变异系数, CV) 评估不精密度水平, 并利用公式  $\sigma = (TEa - bias) / CV$  计算各个氨基酸检测项目的西格玛度量值, 其中, 允许总误差 (TEa) 为我国 EQA 评价标准, 各个氨基酸均为 25%。

**结果** 苯丙氨酸、瓜氨酸、甲硫氨酸、酪氨酸、亮氨酸和缬氨酸的参加实验室数目分别为 156、154、156、156、156 和 157。6 种氨基酸检测项目的  $\sigma$  水平分布相似, 只有极少数实验室的  $\sigma$  水平在 0 以下, 大部分实验室的  $\sigma$  水平在 0 到 3 之间, 比例均大于 50%, 其中缬氨酸项目的比例最高, 为 61.78%。3 $\leq\sigma<6$  的实验室约为 30% 至 40%, 对于所有氨基酸检测项目来说,  $\sigma\geq 6$  的实验室比例均小于 10%。

**结论** 六西格玛度量可直观地反映临床实验室的检测性能,  $\sigma$  值越大, 检测的分析性能就越好。本研究结果显示全国有 50% 以上的临床实验室的  $\sigma$  值在 3 以下, 因此实验室仍需进一步改善检测性能。

## PU-2928

### 血流感染病原菌临床分布及药敏特征

傅鹰, 黄旭程, 张钧

浙江大学医学院附属邵逸夫医院, 310000

**目的** 了解本院在 2012-2016 年间血培养阳性的病原体菌种分布及药敏特征, 为临床合理应用抗菌药物提供依据。

**方法** 采用 BACT / ALERT3D 血培养仪对血培养标本进行培养, 采用 VITEK compact2 及药敏仪将血培养阳性病原菌进行菌种鉴定及药敏分析; 药物敏感性统计结果分析采用 WHONET 5.6 软件。

**结果** 5 年间共分离病原菌 2716 株, 其中革兰阳性菌、革兰阴性菌以及真菌的比例依次占 51%、44.3% 和 4.7%。革兰阳性菌中分离率最高的三个菌种为: 凝固酶阴性葡萄球菌 (33.6%)、金黄色葡萄球菌 (5.3%) 和肠球菌 (4.1%); 革兰阴性菌中大肠埃希菌 (16.6%) 和肺炎克雷伯菌 (10.5%) 为主要的致病菌; 金黄色葡萄球菌中耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌 (MRSA) 比例为 40.5%、凝固酶阴性葡萄球菌 (CNS) 中耐甲氧西林 CNS (MRCNS) 占 74.8%。肠球菌属和葡萄球菌属等革兰阳性球菌对青霉素和红霉素耐药率比较高, 对万古霉素和利奈唑胺较为敏感, 未发现万古霉素耐药菌株; 大肠埃希菌对碳青霉烯类药物比较敏感, 而肺炎克雷伯菌的碳青霉烯类耐药率呈逐年上升趋势; 鲍曼不动杆菌呈多重耐药现象, 铜绿假单胞菌对氨基糖苷类和喹诺酮类药物有高敏感性。

**结论** 近五年来我院血流感染病原体分布革兰阳性球菌为主, 了解血流感染病原菌分布及耐药特点, 有助于抗生素在临床上的合理使用。

## PU-2929

### Clinical Performance Evaluation of the new hematology analyzer Mindray BC-6000

Jun Cao

the First Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** With the progression of blood analysis technology, hematology analyzers become more complex and diverse. How to choose a superb instrument is a challenge faced by the laboratories. In the essay, we studied whether the newest BC-6000 hematology analyzer meets the needs of a clinical hematology laboratory.

**Methods** Methods comparison was performed using 350 blood samples from patients between different measurement procedures; the basic analytical performance was also tested, include the throughput, carryover, precision, linearity in different modes. The flagging performances for blast, immature granulocytes and NRBC were compared with manual microscopy.

**Results** There were minimal carryover ( $<0.30\%$ ), and excellent actual blood linearity for all routinely used parameters concerned by the clinicians ( $R^2 \geq 0.997$ ). Repeatability and reproducibility were satisfactory at all testing levels. The functional sensitivity of leukocyte, platelets in the blood, and leukocyte, erythrocyte in body fluid were excellent at the 20% CV level. BC-6000 and XN displayed very high correlations for complete blood counts (CBC) parameters and displayed very high consistency for leukocytes differentials and NRBC compared with manual microscopy. BC-6000 showed excellent sensitivity and specificity flagging ability on blast

(82.9% and 82.4%) and NRBC (80.0% and 96.9%). For immature granulocytes, BC-6000 showed excellent sensitivity but common specificity flagging ability (91.7% and 65.6%).

**Conclusions** The clinical performance of BC-6000 is excellent, and the analyzer can provide timely and accurate reporting for most of the small to large-size laboratories.

## PU-2930

### 补体 C3、C4 在区分成人 Still 病和脓毒症中的价值

李洁,王雅曼,张立涛,江家红

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨补体 C3、C4 在成人 still 病和脓毒症鉴别诊断中的价值

**方法** 在我院 2014 年至 2018 年住院患者中收集了 50 名 AOSD 患者和 50 脓毒症患者,回顾性分析患者血清补体 C3、C4 的水平,并计算他们的均值、差异性。

**结果** 两组患者 C3、C4 水平相比,AOSD 患者血清 C3 水平显著高于脓毒症患者,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),但 AOSD 患者和脓毒症患者血清 C4 水平差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 血清 C3 水平对于成人 still 病和脓毒症鉴别诊断中具有一定的价值。

## PU-2931

### 血清胆汁酸测定在肝胆疾病诊断中的价值研究

周美霞,谢鑫友

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 探讨血清甘胆酸、总胆汁酸测定对肝胆疾病(包括非妊娠期肝胆疾病和妊娠期肝内胆汁淤积症)的诊断价值及意义。

**方法** 取 60 例非妊娠期肝胆疾病患者和 25 例正常对照组(非孕妇)。另选取妊娠期肝内胆汁淤积症(ICP)患者 30 例,以 40 例健康孕妇作为对照组。采用酶循环法检测血清总胆汁酸浓度,胶乳免疫比浊法检测血清甘胆酸浓度并进行比较分析。

**结果** 各类非妊娠期肝胆疾病组血清甘胆酸和总胆汁酸水平均显著高于正常对照组,差异有统计学意义( $P<0.01$ )。ICP 组血清甘胆酸和总胆汁酸水平均明显高于健康孕妇组,差异有统计学意义( $P<0.01$ )。在非妊娠期肝胆疾病患者和 ICP 患者中,甘胆酸与总胆汁酸水平均呈显著正相关性( $P<0.01$ )。ICP 组高龄孕妇比例高于对照组,且差异有统计学意义( $P<0.01$ )。ICP 组甘胆酸检测阳性率(96.7%)高于总胆汁酸阳性率(76.7%)。

**结论** 血清甘胆酸、总胆汁酸的测定对肝胆疾病的诊断有重要意义,可协助临床治疗和预后评估。在诊断和评估 ICP 中,甘胆酸的敏感度高于总胆汁酸。

## PU-2932

### Interferents of Automated Reticulocyte Analysis Integrated with Relevant Clinical Cases

Haoqin Jiang, Ji Wang, Kaijun Wang, Jianfei Gu, Jian Chen, Zhicheng Wang

Huashan Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University, Shanghai, China

**Objective** Reticulocyte count (RET) has been used for many years to estimate the erythropoietic activity of the bone marrow. Fully automated methods not only provide enhanced precision and

accuracy, but also enable reliable measurements of mRNA content and cellular indices. However, problems still exist, such as interference. The aim of the present study was to investigate the interferences of Sysmex XN 9000 reticulocyte analysis and ensure the accuracy of the results.

**Methods** We collected a total of 510 specimens from normal control patients and patients with 33 various diseases including anemias, leukemias, infectious diseases, immune diseases, kidney disease, 34 etc. Correlation of the agreement for reticulocytes between the new methylene blue (NMB) visual 35 microscopy method and automated reticulocyte counting was evaluated by paired sample method 36 according to the CLSI-ICSH document H44-A2-Methods for Reticulocyte Count. Blood smear 37 microscopic examination was carried out on the disturbed samples, and the interferences were 38 analyzed with the medical history, flagging algorithms, the warning information and the microscopic 39 examination.

**Results** A total of 44 (8.6%) cases exhibited interference. The main interferences of spuriously 41 high reticulocyte count were caused by parasites, such as malaria, as well as suspicious 42 autofluorescence due to drugs, while the main interferences of spuriously low reticulocyte count were 43 caused by RBC fragments.

**Conclusions** Detection of potential interferences may be accomplished through alarm 45 information and flagging algorithms incorporated into the instrument, and by examination of a blood 46 film to ensure absence of relevant interferences.

## PU-2933

### 疟疾伴嗜酸性粒细胞增高 1 例

苏洋

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 个案讨论

**方法** 个案讨论

**结果** 本例患者临床症状复杂，外周血白细胞总数急剧增高，呈现急性感染样血象，其中尤其以嗜酸性粒细胞增高最为显著。

**结论** 疟疾一直是热带及亚热带地区严重的寄生虫病，被列为重点防制的 10 种热带病之一。疟疾在地理上并非随机分布，具有很强的聚集性，研究人员发现，我国云南省德宏州是疟疾最为高发也是影响最为严重的地区。疟疾的典型症状是发热、寒战、肝脾肿大、外周血三系减低等。疟疾时，外周血白细胞总数一般正常或减少，单核细胞可见增多。本例患者临床症状复杂，外周血白细胞总数急剧增高，呈现急性感染样血象，其中尤其以嗜酸性粒细胞增高最为显著，考虑以下几种原因所致：

① 药物引起嗜酸性粒细胞增高 有研究者指出抗疟疾药能引起嗜酸性粒细胞增高,严重的甚至能危及生命

② 疟原虫虫体蛋白过敏 疟原虫感染机体后，虫体蛋白刺激机体 Th2 细胞产生大量的白介素 5(IL-5, 也被称为嗜酸性粒细胞分化因子)，促进骨髓释放嗜酸性粒细胞入血，导致外周血循环嗜酸性粒细胞增多；

③ 患者自身蛋白过敏 考虑主要因疟原虫在红细胞内进行裂体增殖，受感染的红细胞破裂后，释放出大量的裂殖子及代谢产物，相当数量的红细胞碎片及代谢产物等自体蛋白会被机体的免疫细胞识别为新的变应原，参与机体的免疫应答，T 淋巴细胞活性增强，促使其产生 IL-4、IL-5、IL-13，刺激骨髓嗜酸性粒细胞进入外周血。

④ 炎症反应 疟原虫感染机体后会出现炎症反应，有学者提出，一旦嗜酸性粒细胞到达炎症部位，可能会发生细胞凋亡并迅速被巨噬细胞清除。但若收到 IL-3、IL-5 或粒细胞-巨噬细胞集落刺激因子(GM-CSF)刺激，嗜酸性粒细胞的生存时间会延长，并对其它活化物质的反应加强。嗜酸性粒细胞表达多种膜受体和可溶性受体，这些受体对嗜酸性粒细胞功能的发挥有重要意义。

## PU-2934

## 1 例 Ph 染色体阳性 B 淋巴瘤细胞白血病患者 病例资料分析。

汪勇

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 1 例 Ph 染色体阳性 B 淋巴瘤细胞白血病患者病例资料分析。

**方法** 对 2019 年 5 月 1 例因腰痛在苏州大学附属第一医院就诊患者,经 BC-6800 全自动血细胞分析仪器进行白细胞分类、血小板计数,然而对患者进行血涂片观察、骨髓细胞学及细胞化学染色等检查,并对临床资料进行回顾、总结。

**结果** 患者经 BC-6800 全自动血细胞分析仪器分析白细胞分类正常、血小板减少,然而血涂片、骨髓细胞学及细胞化学染色等检查确诊为 B 系急性淋巴细胞白血病患者。

**结论** 对不明原因血小板减少、散点图提示异常的患者需仔细做好复检镜检工作,引起足够重视。

## PU-2935

## II 型糖尿病患者 IL-6、TNF 和 CA19-9 的变化

朱玉玮

天津市职业病防治院

**目的** 探讨 II 型糖尿病患者白介素-6(IL-6)、肿瘤坏死因子(TNF- $\alpha$ )、糖抗原 19-9(CA19-9)在糖尿病发生、发展过程中的变化。

**方法** 用 ELISA 分析法检测 40 例 II 型糖尿病患者及 40 例健康体检者 IL-6、TNF- $\alpha$  水平,血清 CA19-9 采用直接化学发光法测定。

**结果** II 型糖尿病患者血浆 IL-6、TNF- $\alpha$  和 CA19-9 明显高于正常对照组( $p < 0.01$ )。

**结论** IL-6、TNF- $\alpha$  和 CA19-9 在糖尿病的发生、发展过程中相互作用,观察其浓度变化对探讨糖尿病的发病机理、预防及指导用药均有重要价值。

## PU-2936

## 利用生物信息学技术挖掘诊疗肺癌的潜在靶标

龙婷婷,陶泽,江虹

四川大学华西医院,610000

**目的** 利用生物信息学方法分析肺癌组织与正常组织之间差异基因的表达及功能富集,挖掘潜在的肺癌诊疗靶标。

**方法** 提取 GEO 数据中肺癌相关的基因表达谱 (GSE19804),利用 R 语言分析原始数据,经标准化处理后统计肺癌组织与正常组织之间基因在表达上的平均改变倍数 (FC),满足  $|\log_2(FC)| \geq 1$  为差异表达基因 (Differentially Expressed Genes, DEGs)。采用 DAVID 软件进行基因本体 (GO) 分析和 KEGG 信号通路分析。蛋白互作网络由 STRING 软件生成,并由 Cytoscape 软件构建蛋白互作网络,同时提取网络中的主要功能模块及核心蛋白。

**结果** 通过生物信息学分析可知肺癌与正常组织间有 1970 个 DEGs,以下调基因为主,其中  $|FC|$  最大的是 AGER。这些 DEGs 主要与生物学过程密切相关,并在细胞外基质受体相互作用等 77 条信号通路中存在明显富集。GO 分析和 KEGG 信号通路富集处可能成为药物作用的分子机制。从 PPI 互作网络中挖掘出包括 EGFR 在内的 1770 个核心蛋白,有望成为肺癌诊疗的重要靶标。涉及的主

要功能模块包括趋化因子信号通路、细胞周期及癌症信号通路模块，干扰这些功能模块可阻碍肺癌细胞无限制的分裂和增殖，由此可研发干扰药物用于肺癌的治疗。

**结论** 生物信息学分析可增强我们对肺癌发生发展过程的认识，一些基因（如 *AGER* 和 *EGFR*）及信号通路有望成为诊断、监测或治疗肺癌的潜在靶标。

## PU-2937

### 血小板相关抗体与血小板输注无效的关联性研究

宋铁军,李喜红,张钧

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 探究产生 HLA/HPA 抗体与病人特征及抗体与血小板输注无效的关系。

**方法** 统计 2013-2017 年输注 2 次及 2 次以上血小板的 399 名患者的血小板输注记录，采用固相凝集法检测 HLA/HPA 抗体，统计 HLA/HPA 产生的阳性率，进一步分析 HLA/HPA 抗体与血小板输注次数及输注无效率的关系。

**结果** 399 名患者中，HLA/HPA 抗体阳性患者 56 名，阳性率 14.04%；血小板输注无效人数 77 人次，占 19.30%；HLA/HPA 抗体的产生和性别、孕产史及年龄无明显相关性，与疾病有相关性；血小板输注无效与 HLA/HPA 抗体的存在具有相关性。

**结论** 不同疾病对产生 HLA/HPA 抗体有影响；输血次数越多，HLA/HPA 抗体产生的概率越大，产生血小板输注无效的概率也越大，对于需多次反复输血治疗患者进行 HLA/HPA 抗体检测，抗体阳性患者给予配型血小板输注治疗，以达到最佳输注效果。

## PU-2938

### miR-155 敲除可显著缓解 MRL/lpr 狼疮小鼠的表型

辛倩

山东大学第二医院,250000

**目的** 多项研究表明 miR-155 可参与多种自身免疫性疾病的发生发展，且在 SLE 患者以及狼疮小鼠模型中的各器官组织中异常高表达，但其参与狼疮发生发展的机制尚未明确。为了探究 miR-155 在狼疮发病过程中发挥的作用，我们通过 MRL/lpr 狼疮小鼠模型探究了 miR-155 在 SLE 中的作用机制的研究。

**方法** 对小鼠肾脏组织进行 HE 和 PAS 染色，分析病理组织学变化。流式细胞术检测 B 细胞和 T 细胞各亚型的比例，ELISA 检测炎症相关细胞因子的变化，以评价狼疮小鼠的发病情况。通过对 miR-155<sup>-/-</sup>小鼠和野生小鼠的脾脏进行 Microarray 分析，结合荧光素酶实验和下游细胞实验，寻找 miR-155 新的靶基因。

**结果** miR-155<sup>-/-</sup> Fas<sup>lpr/lpr</sup> 小鼠与对照小鼠相比，脾肿大症状减轻，miR-155<sup>-/-</sup> Fas<sup>lpr/lpr</sup> 小鼠尿蛋白水平降低。病理组织学分析显示，Fas<sup>lpr/lpr</sup> 小鼠的肾小球增大，组织结构紊乱，有明显的炎性细胞浸润，肾小球毛细血管基底膜增厚。此外，免疫荧光实验证实，miR-155<sup>-/-</sup> Fas<sup>lpr/lpr</sup> 小鼠肾脏免疫复合物 IgM，IgA 和 C1q 的沉积减少，小鼠脾脏和淋巴结中活化的 CD4<sup>+</sup>T 细胞比例减少，且 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>细胞的比例明显下降，脾脏中 CD4<sup>+</sup>-CD8<sup>+</sup>细胞比例增多。为了进一步寻找 miR-155 新的靶基因，我们对 miR-155<sup>-/-</sup>小鼠和野生小鼠的脾脏进行 Microarray 分析。通过对 microarray 芯片结果上调基因与在线软件 miRecord 预测到的 miR-155 人和小鼠共有的靶基因进行联合分析，最终确定了 4 个基因—*Satb1*、*H3f3a*、*Sla*、以及 *S1pr1*。我们通过荧光素酶实验证实 miR-155 抑制 *S1PR1* 的表达，以上结果均表明 *S1PR1* 是 miR-155 的一个靶基因。



**结论** miR-155 的敲除可缓解 Fas<sup>lpr/lpr</sup> 小鼠的狼疮样表型。S1PR1 是 miR-155 的一个靶基因, miR-155 可以在细胞中 mRNA 和蛋白水平负向调控 S1PR1 的表达进而影响狼疮发病进程

#### PU-2939

### 一种沙门氏菌核酸快速扩增检测技术的建立

余蓓蓓,杨婷,张钧  
浙江大学附属邵逸夫医院

**目的** 建立一种特异、灵敏、简便的交叉引物恒温扩增技术快速检测沙门氏菌。

**方法** 根据 Genbank 上公布的沙门氏菌 *invA* 基因序列, 选择保守区域设计恒温扩增引物和探针, 并对反应体系和反应条件进行优化, 同时验证方法的特异性和灵敏度。

**结果** 本方法对 *invA* 基因检测具有高度特异性; 对 *invA* 阳性质粒 DNA 和菌液检测灵敏度分别达到了  $1.8 \times 10^1$  copy/ $\mu$ L 和  $6.2 \times 10^3$  cfu/mL; 对 20 份临床标本的检测阳性率与荧光 PCR 法相同, 大大高于传统培养法; 同时恒温扩增实验过程操作简便、反应迅速, 且无需使用昂贵仪器, 最快可在 1 h 内出检测结果。

**结论** 本研究建立的沙门氏菌核酸恒温扩增快速检测技术具有快速、灵敏和特异等优势, 适用于沙门氏菌腹泻病人的床边诊断以及食物中毒的现场快速检测。

#### PU-2940

### ITS 序列分析与 MALDI-TOF MS 质谱技术在丝状真菌鉴定中的应用与比较

张伟铮  
广东省中医院,510000

**目的** 目前, 丝状真菌常用的鉴定方法为镜检和菌落形态联合鉴定, 但不足之处是易受检验人员主观判断影响。分子生物学方法虽是“金标准”, 但其操作繁琐且对实验室条件和操作人员的技术水平要求较高, 不适合常规开展。另外, 丝状真菌生长缓慢限制了早期诊断, 尤其在侵袭性真菌感染 (invasive fungal infections, IFIs) 显得尤为突出。早期快速的诊断方法现已成为真菌感染研究领域的热点和难点, 对于患者及时治疗和死亡率的降低有十分重要的意义。

**方法** 本文采用 VITEK MALDI-TOF MS (基质辅助激光解析电离时间飞行质谱) IVD 数据库 (3.0 版本) 对临床分离的 254 株丝状真菌进行鉴定, 并以 ITS (Internal Transcribed Spacer 内转录间隔区) 序列分析为标准, 验证 MALDI-TOF MS 质谱技术鉴定丝状真菌的准确性。

**结果** MALDI-TOF MS 质谱技术可以对大部分丝状真菌实现快速、准确的鉴定, 其中对毛癣菌属 (100%)、丝孢酵母属 (100%)、毛霉菌属 (100%)、曲霉菌属 (96.5%) 准确率很高, 对犬小孢子菌 (75%)、镰刀菌属 (50%)、新月弯孢霉 (46.2%) 准确率较低, 对丝状真菌鉴定的总体准确率为 86.36%, 与 ITS 测序分析符合率为 83.97%。

**结论** MALDI-TOF MS 是一种快速、准确、通量高、成本相对较低的新型真菌检测方法, 该方法是传统手工鉴定方法的有力补充, 为真菌鉴定提供了新的选择, 将在临床实验室丝状真菌的快速鉴定中会发挥越来越重要的作用。

## PU-2941

## 应用高效液相色谱串联质谱法测定血清伏立康唑和万古霉素方法学研究

于海涛,张钧

浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 建立高效液相色谱-串联质谱(UHPLC-MS/MS)系统同时测定中伏立康唑与万古霉素浓度的方法,开展两种药物治疗药物监测。

**方法** 采用 Jasper TM HPLC 液相串联 AB SCIEX Triple Quad TM 质谱系统,以伏立康唑-D3 为内标,采用蛋白沉淀的前处理方法,使用 Kinetex 2.6  $\mu\text{m}$  Phenyl-Hexyl H18 100  $\text{\AA}$  色谱柱(3.00 mm $\times$ 50 mm),以 0.1%(V/V)甲酸-水和 0.1%(v/v)甲酸-甲醇为流动相,流速 0.8 ml $\cdot$ min $^{-1}$  进行梯度洗脱。质谱采用电喷雾离子源(ESI),以多反应监测(MRM)扫描模式,在正离子电离模式下进行测定。

**结果** 伏立康唑和万古霉素液相保留时间分别是 1.81 min 和 2.20 min,伏立康唑测定的线性范围为 0.1~20  $\mu\text{g/ml}$ ,相对回收率为 92.83%~109.3%,高、中、低日内精密度(RSD)<5.65%,日间精密度(RSD)<10.11%;万古霉素测定的线性范围为 0.1~100  $\mu\text{g/ml}$ ,相对回收率为 89.54%~103.67%,高、中、低日内精密度(RSD)<6.81%,日间精密度(RSD)<9.33%;两种药物测定的提取回收率,基质效应、稳定性均通过方法学验证。

**结论** 本研究建立的测定方法前处理步骤简单,可以同时高效快速准确地测定血清样本中伏立康唑和万古霉素的浓度,实现治疗药物监测。

## PU-2942

## Antibiotic resistance and molecular epidemiological characteristics of *Streptococcus agalactiae* isolated from pregnant women in Guangzhou, south China

Zhaomin Cheng

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** Pregnant women with *Streptococcus agalactiae* (*S. agalactiae*) colonization can cause postpartum intrauterine infections and life-threatening neonatal infections. Although Guangzhou is the third largest city on the mainland of China, comprehensive analysis of molecular epidemiological characteristics of colonizing *S. agalactiae* among pregnant women was rarely reported in recent study. To develop the prevention and control strategies for *S. agalactiae* infections in this region, molecular-based epidemiological investigation is necessary.

**Methods** In this study, 72 *S. agalactiae* strains were collected from pregnant women in Guangzhou. All strains were tested antibiotic susceptibilities by disk diffusion method, then erythromycin and clindamycin non-susceptible isolates were detected macrolides and clindamycin resistance genes, respectively. Resistance genes detection, molecular serotyping and major virulence genes determination were performed by polymerase chain reaction (PCR). The clonal relationship between the colonized strains was evaluated by multilocus sequence typing (MLST). Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) characteristic mass peak analysis was performed to discriminate specific sequence types (STs).

**Results** All strains were sensitive to penicillin, whereas 69.4% and 47.2% of strains were non-susceptible to erythromycin and clindamycin, respectively. Multi-drug resistance rate was 63.9%. All erythromycin non-susceptible strains harbored resistance genes, whereas only 52.9% of clindamycin non-susceptible strains possessed *linB* gene. Erythromycin resistance was mainly mediated by *ermB* or *mefA/E*, and was not found to be mediated by *ermTR* alone. Four serotypes

were identified, and the most common serotype was serotype III (52.8%), followed by Ib (22.2%), Ia (18.0%) and II (4.2%). All strains were divided into 18 STs, assigned to nine clonal complexes (CCs). Most of the major STs were distributed in specific serotypes, including ST19/serotype III, ST17/serotype III, ST485/serotype Ia, ST862/serotype III and ST651/serotype III. Analysis of virulence genes yielded eight clusters, of which bca-cfb-scpB-lmb (61.6%) was the predominant virulence gene profile. Nevertheless, each CC and serotype had a corresponding virulence gene profile. Of all STs strains distributed in this region, only ST17 strain had mass peak at 7620 Da.

**Conclusions** This study is beneficial to the epidemiological comparison of colonizing *S. agalactiae* in different regions, and the prevention for *S. agalactiae* infections in Guangzhou. It also provides a new way to rapidly identify some ST strains.

## PU-2943

### ID-MS 参考方法对血清肌酐检测试剂盒的正确度评价

张乔轩

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 通过采用参考测量程序评价目前血清肌酐检测试剂盒（酶法）检测血清肌酐含量的正确度并实现该试剂盒常规检测血清肌酐的溯源性。

**方法** 采用血清肌酐参考测量程序同位素稀释液相色谱质谱法测定国际参考实验室室间质量评价活动（IFCC-RELA）样本以验证参考方法的准确性及可靠性；采用参考方法和常规检测系统（该血清肌酐检测试剂盒与 Roche Cobas8000 C702 自动生化分析仪组成）分别测定 20 份不同浓度新鲜血清样本中的血清肌酐含量，及用参考方法赋值 1 份血清主校准品以校准常规检测系统并对试剂盒校准品进行靶值调整；按 EP 文件评价该试剂盒组成的常规检测系统的正确度。

**结果** 参考测量程序测定 IFCC-RELA 样本，其结果均在 IFCC 提供的等效限范围内；测定新鲜血清样本的结果的相对标准偏差小于 2.0%。常规检测系统在使用参考方法赋值主校准品进行靶值调整前不可以准确测量血清肌酐浓度，调整后可以准确测量。

**结论** 该肌酐检测试剂盒在进行校准品靶值调整后可以准确测量血清肌酐浓度，且可溯源到参考方法，符合临床应用要求。

## PU-2944

### 淋巴细胞与单核细胞比例以及 CEA 对胃癌预后判断的关系

汪勇

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 回顾分析我院胃癌患者，研究淋巴细胞与单核细胞比例（LMR）联合癌胚抗原（CEA）在胃癌患者中的预后关系。

**方法** 选取我院 2016 年到 2019 年至今的胃恶性肿瘤患者，将胃癌患者分为高 LMR 组和低 LMR 组，分析年龄、性别、肿瘤部位、浸润深度、是否手术、淋巴结转移、肺、肝、腹膜转移，化疗方案等临床病理特征的相关性，并分别收集术前与术后的 LMR 和 CEA。应用 SPSS 19.0 统计软件包进行统计学处理，计数资料两组比较采用  $\chi^2$  检验或四格表的 Fisher 确切概率法，以  $\alpha=0.05$  为检验水准， $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 比较两组患者临床资料，发现两组患者术前 LMR 与性别、年龄、肿瘤大小以及分化程度无关（ $P>0.05$ ），而与肿瘤位置、浸润深度、淋巴结转移和肺、肝、腹膜转移有关（ $P<0.05$ ）。胃癌术后 LMR 高的患者发生转移的概率小，与 CEA 有关并稳定在正常范围内，患者的预后更好。

**结论** LMR 仅与肿瘤的 TNM 分期有关, LMR 高的患者较 LMR 低的患者预后更好。LMR 可与癌胚抗原有关, 联合预测患者的预后。

## PU-2945

### 血清 IL-10、IL-17 血清 14-3-3 $\eta$ 的相关性研究 及其类风湿关节炎的诊断价值

曲昌华

烟台市烟台山医院,264000

**目的** 探讨血清 IL-10、IL-17 在类风湿关节炎 (RA) 中的诊断价值及其与血清蛋白的相关性。

**方法** 对 116 例类 RA 患者进行分析烟台山医院 (RA 组) 和健康受试者 116 例 (对照组)。采用 ELISA 检测血清中 IL-10、IL-17 和 14-3-3 $\eta$  的表达水平。应用 Pearson 分析法探讨 RA 患者血清 IL-10、IL-17 和 14-3-3 $\eta$  的表达水平及其与 ROC 曲线分析的相关性, 检测 IL-10、IL-17 及其联合检测在 RA 中的诊断价值。

**结果** RA 组患者血清 IL-10 水平显著降低, 血清 IL-17、14-3-3 $\eta$  水平均显著高于对照组 ( $p<0.001$ )。血清 RA 患者白细胞介素 10 水平与 14-3-3 $\eta$  水平呈负相关( $r=-0.582$ ,  $p<0.001$ )。RA 患者血清 IL-17 水平与 14-3-3 $\eta$  水平呈正相关 ( $r=0.482$ ,  $p<0.001$ )。RA 患者血清 IL-10 水平与 IL-17 呈负相关( $r=-0.468$ ,  $p<0.001$ )。IL-10 诊断类 RA 的 AUC 值为 0.671, 置信区间为 0.602-0.741, 为 87.315。IL-17 诊断 RA 的 AUC 为 0.856, 置信区间为 0.807-0.905, cutoff 值为 87.844。IL-10 联合 IL-17 诊断 RA 的 AUC 为 0.887。

**结论** RA 患者血清 IL-10 水平显著低于健康人, 血清中 IL-17 和 14-3-3 $\eta$  水平显著高于健康人。在诊断 RA 方面, IL-17 比 IL-10 具有更高的敏感性和特异性。白细胞介素 10 与白细胞介素-17 联合应用有利于提高 RA 的诊断水平, 为 RA 的诊断、治疗和发病机制提供了依据。

## PU-2946

### 四种同型半胱氨酸检测系统的分析性能评价 及标准化研究

林海标

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 验证四种国产同型半胱氨酸检测系统的分析性能, 并通过 ID/MS 参考方法探讨不同生产厂商检测系统的标准化研究。

**方法** 根据美国临床和实验室标准协会 (CLSI) 推荐的 EP5-A3、EP6-A、EP9-A3、EP15-A3、C28-A3 文件, 评价四种同型半胱氨酸检测系统批内精密度、日间精密度、线性评价、正确度、参考区间验证等分析性能; 采用 ID/MS 参考方法赋值新鲜冰冻血清样品用于 4 个不同检测系统同型半胱氨酸结果的可比性与准确性。并用参考方法赋值样品作校准品校准各系统。比较校准前后各系统间新鲜血清样本测定结果的变异与偏倚。

**结果** 四种检测系统的批内不精密度均小于  $1/4\text{Tea}$  (5%)、日间不精密度的变异系数均小于  $1/3\text{Tea}$  (6.7%), 精密度满足临床要求。检测系统 1 的线性回归方程为  $y = 0.9382x + 1.5167$ ,  $R^2 = 0.9951$ ; 检测系统 2 的线性回归方程为  $y = 0.9674x + 0.8833$ ,  $R^2 = 0.9947$ ; 检测系统 3 的线性回归方程为  $y = 1.002x - 0.6833$ ,  $R^2 = 0.997$ ; 检测系统 4 的线性回归方程为  $y = 1.025x - 0.9843$ ,  $R^2 = 0.987$ , 四个检测系统拟合线性方程  $R^2 \geq 0.975$ , 均能满足其声明的线性范围; 表观健康人群验证参考区间测量结果均小于  $15\mu\text{mol/L}$ ; 校准后, 各检测系统间新鲜血清测定结果的偏移

由-19.33 至 7.52%下降到-1.27 %至 4.00%。校准后,四个检测系统测定新鲜血清结果与参考方法的回归曲线的斜率和截距比校准前更接近 1 和 0。

**结论** 四种检测系统的分析性能评估良好, ID/MS 参考方法赋值冰冻人血清样本作为校准品可以改善不同检测系统测定结果的准确性和可比性。

## PU-2947

# 血管紧张素原基因多态性与心房颤动的相关性及临床价值研究

黄山  
贵州省临床检验中心

**目的** 探讨血管紧张素原相关基因(angiotensinogen, AGT) rs5046、rs2148582 单核苷酸多态性(Single nucleotide polymorphism, SNP)与心房颤动的遗传易感性及与 RAAS 表达的关系,为房颤的早期诊断提供临床依据

**方法** 分别收集正常对照组和行导管消融治疗的心房颤动患者血清,对 AGT 基因 rs5046、rs2148582 的多态性位点的序列进行扩增,焦磷酸测序技术检测 AGT 基因各个位点的基因分型分布;采用卡方检验对 AGT 基因 rs5046、rs2148582 多态性位点与心房颤动的风险进行关联分析

**结果** 对两组间 rs5046 位点的基因型分布频率进行非条件 Logistic 回归分析,有统计学意义;rs5046 位点不同心房颤动临床类型亚组(阵发性房颤、持续性房颤、永久性房颤)分析中,除永久性房颤组与对照组比较基因突变无统计学差异外,其余两组与对照组相比均有统计学差异

**结论** AGT 基因 rs5046 多态性位点与心房颤动易感性相关,其等位基因 T 可增加心房颤动的风险性

## PU-2948

# 昆明地区妇女 HPV 感染的流行病学特征

黄松苓,赵滢  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨昆明地区妇女宫颈人乳头状瘤病毒(human papillomavirus, HPV)感染的分子流行病学特征及其近三年变化趋势。

**方法** 收集昆明医科大学第一附属医院 2016 年 1 月—2019 年 1 月在妇科门诊和住院的进行 HPV 分型检测的患者 36304 例,统计分析感染分型特征。

**结果** HPV 感染率为 7.98%,其中高危型 HPV 感染占 93.81%。HPV 感染以单一感染(67.30%)为主,HPV52、58、16 型最常见,而在多重感染中,70.32%为二重感染,以 52 型合并其他高危型(58、16、53 型)感染最常见。不同年龄组的 HPV 感染率差异有统计学意义( $P<0.001$ ),其中 21~30 岁年龄组 HPV 感染者占比(9.92%)最高,其次为 31~40 岁年龄组(9.64%)和 41~50 岁年龄组(9.29%)。2016~2018 年 HPV 感染率由 2.57%上升至 14.67%。

**结论** 与国内已报道地区相比昆明地区 HPV 感染率较低,但是近三年增长较快。感染年龄分布集中于中年,基因分型分布有明显的地区特异性。研究结果对研制适合昆明地区妇女的特异性 HPV 疫苗,以及宫颈癌的筛查与防治具有参考价值。

## PU-2949

## CSF metabolomics identifying metabolomic characterization of different brain tumors

Kun Chen<sup>1</sup>, Ming Guan<sup>1</sup>, Gaoxiang Ma<sup>2</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Huashan Hospital North, Fudan University,

2. China Pharmaceutical university

**Objective** This work aims to reveal the metabolic phenotypes of different brain tumors and predict source of metastatic brain tumors using cerebrospinal fluid (CSF) metabolomics.

**Methods** A cohort of 163 histologically-proven patients with brain disorders was involved in this work. Comprehensive CSF metabolomics were determined by liquid chromatography-quadrupole time-of-flight spectrometric (LC-Q/TOF-MS) and multivariate statistical analyses. The diagnostic performance of the metabolic markers was evaluated using the receiver operating characteristic curves.

**Results** A total of 508 ion features were detected by the LC-Q/TOF-MS analysis. Differential metabolic signatures were screened and 27 metabolites can be recruited as diagnostic markers to discriminate the different brain tumor type. The area under the curve (AUC) was 0.91 for lung adenocarcinoma patients with brain metastases (MBT) versus lung adenocarcinoma patients without brain metastases (NMBT), 0.83 for primary central nervous system lymphoma (PCNSL) versus secondary central nervous system involvement of systemic lymphoma (SCNSL), 0.77 for PCNSL versus MBT, 0.87 for SCNSL versus MBT, 0.86 for MBT versus nontumorous brain diseases (NT), and 0.80 for PCNSL versus NT. Perturbed metabolic pathways between the comparisons related mainly to amino acids and citrate metabolism.

**Conclusions** CSF metabolomics identify significant metabolic differences between different brain tumors and shows great potential for the early diagnosis of brain tumors.

## PU-2950

## Association between mitochondrial DNA copy number and non-small cell lung cancer risk

Songling Huang

Department of Clinical Laboratory, the First Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, 650032, China

**Objective** Alterations of mitochondrial DNA (mtDNA) copy number is widely reported in various human cancers, including lung cancer, and is considered to be an important hallmark of cancers. This study was undertaken to investigate the possibility of variable mtDNA copy number in peripheral blood lymphocytes (PBLs) as a risk predictor for non-small cell lung cancer (NSCLC).

**Methods** Using real-time quantitative PCR approach, we examined mtDNA copy number in PBLs from 60 NSCLC patients and 60 matched controls.

**Results** We found that the mitochondrial DNA copy number in NSCLC patients was significantly higher than that in the control group (median: 1.28 to 0.97;  $P < 0.01$ ). We further assessed the association between mitochondrial DNA copy number and NSCLC risk using multivariate logistic regression. With the median of the control value as the cut-off point, it was found that the risk of NSCLC increased significantly in high mtDNA copy number compared with the low mtDNA copy number (the ratio of the adjusted ratio, 2.57; 95% confidence interval, 1.89-3.26). In trend analysis, we found that higher mitochondrial DNA copy number had a dose-response relationship with increased risk of NSCLC ( $P < 0.01$ ).

**Conclusions** These findings provide the first epidemiological evidence that high mitochondrial DNA copy number in PBLs is associated with increased risk of NSCLC.

## PU-2951

## 自动审核程序的风险评估及对策

邱骏

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨自建自动审核程序的风险评估方法及对策。

**方法** 自动审核通过计算机自动执行规则, 统一标准, 降低差错风险、提升人均效率和产能、缩短 TAT 时间; 同时也为以疾病为导向的整合报告解读提供可能。但是, 程序功能的提升也伴随着复杂度和风险的提升。自动审核程序构建和运行各个阶段的风险评估不可或缺。我科质量管理组与信息组管理组基于“性能、功能、体验”进行自动审核风险评估, 从规则执行负荷、规则执行有效性和程序故障防范等三个方面探讨审核规则执行效果, 必要时调整审核规则。

**结果** 审核规则以临床为导向、多项目的关联审核, 所有风险解决措施均依照“实施-评估-反馈-再决策”的模式确立。

**结论** 自动审核程序的风险评估与执行过程中的监控和调整, 对程序的顺利实施非常必要。同时随着数字化技术的发展, 自动审核将不仅用于实验室结果报告, 其中异常数据的分析、归纳, 还可帮助完善实验室的质量监控工具。

## PU-2952

## HHcy 和 mALB 联合检测对冠心病的诊断价值 中文摘要

黄松苓, 马松霞

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨血清高同型半胱氨酸 (HHcy) 和尿微量白蛋白 (mALB) 联合检测对冠心病的诊断价值。

**方法** 选取 2014 年 1 月至 2018 年 12 月在昆明医科大学第一附属医院心内科住院的 88 例冠心病患者, 另选取同一时期的非冠心病患者 88 例为对照组, 收集患者的一般资料, 同时分别测定血清 HHcy、血肌酐 (Cre)、血糖 (Glu)、三酰甘油 (TG)、总胆固醇 (TC)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 以及 Malb。

**结果** 冠心病组患者血清 HHcy、mALB 水平显著高于对照组, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 冠心病组 HHcy、Malb 两个指标单独检测阳性率及联合检测阳性率明显高于对照组, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。Logistic 回归分析结果显示: 血清 HHcy、mALB 为 CHD 的独立危险因素。ROC 曲线提示血清 HHcy 和 mALB 联合检测更有利于 CHD 的诊断。

**结论** HHcy 和 mALB 联合检测提高了冠心病的检测效率。

## PU-2953

## 抗 dsDNA 抗体荧光免疫层析检测技术研究

吴淡娟

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 建立一种利用荧光微球免疫层析技术检测人血清中抗 dsDNA 抗体的方法。

**方法** 以侧向流层析技术为基础, 利用生物素 (Biotin)-亲和素 (SA) 放大系统, 将 dsDNA 固定在硝酸纤维素膜膜上与荧光微球标记的鼠抗人 IgG 探针组成双夹心法, 通过荧光免疫分析仪对荧光强度进行对照分析实现人血清样本中抗 dsDNA 抗体的检测。

**结果** 该方法可以在 15 分钟内完成检测, 灵敏度 4.3IU/mL, 线性范围 10.0IU/mL-500.0IU/mL, 精密度 7.6%; 通过样本测试比对分析, 与广州南杰生物技术有限公司试剂盒之间具有很好的一致性, 符合率达到 97.5%, 其可较好的满足临床使用的要求。

**结论** 该方法可以在 15 分钟内完成检测, 灵敏度 4.3IU/mL, 线性范围 10.0IU/mL-500.0IU/mL, 精密度 7.6%; 通过样本测试比对分析, 与广州南杰生物技术有限公司试剂盒之间具有很好的一致性, 符合率达到 97.5%, 其可较好的满足临床使用的要求。

## PU-2954

### 凝血功能检测指标联合血栓弹力图在评价患者凝血功能中的应用

王燕

郑州大学第二附属医院, 450000

**目的** 探讨传统凝血功能指标与血栓弹力图指标间的相关性, 比较两种检测各指标间的相互影响。

**方法** 选择 117 例患者, 对凝血功能指标和血栓弹力图结果和血小板计数结果进行相关性分析, 并对相关的参数进一步做回归分析。

**结果** R 值与 APTT 呈正相关 ( $P < 0.05$ ); K 值与 FBG, PLT 呈负相关 ( $P < 0.01$ ); Angle、MA 值与 FBG, PLT 呈正相关 ( $P < 0.01$ )。R 值与 K 值呈正相关 ( $P < 0.01$ ), 与 Angle 值呈负相关 ( $P < 0.01$ ); K 值与 Angle、MA 值呈负相关 ( $P < 0.01$ ); Angle 值与 MA 值呈正相关 ( $P < 0.01$ )。回归分析显示, 对 R 值有意义的凝血指标是 APTT、PT, 对 K 值、Angle、MA 值有意义的指标是 FBG, PLT。

**结论** 传统凝血功能检测指标与血栓弹力图显著相关, 有检测一致性, 但吻合度一般, 不能相互替代。

## PU-2955

### In Vitro activity of apramycin against carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolates

Mingju Hao

Qianfo Mountain Hospital of Shandong Province

**Objective** The rapid increase of carbapenem-resistance *Klebsiella pneumoniae* (CR-Kp) bacteria has resurrected the need for re-investigation of existing drug classes in veterinary medicine. In this study, we evaluated the in vitro activity of apramycin against CRKp isolates.

**Methods** Broth microdilution method was used to evaluate the in vitro activities of apramycin and comparator antimicrobial agents against CR-Kp isolates collected from 3 Chinese hospitals. The in vitro activity of apramycin against CR-Kp was compared to amikacin, gentamicin. Multilocus Sequence typing (MLST), molecular capsule typing (wzi sequencing) and resistance genes including carbapenem and aminoglycoside were screened by PCR-based assays.

**Results** Apramycin demonstrated an MIC<sub>50</sub>/MIC<sub>90</sub> of 4/16 µg/mL against CR-Kp isolates. In contrast, the MIC<sub>50</sub>/MIC<sub>90</sub> for amikacin and gentamicin were >64/>64 µg/mL. Genetic analysis revealed that all isolates harbored blaKPC-2. 94.7% (36/38) of the strains resistant to amikacin and gentamicin carried rmtB RMT coding gene

**Conclusions** Apramycin demonstrated potent in vitro activity against CR-Kp, including kanamycin and gentamicin non-susceptible isolates. Apramycin appears worthy of further investigation for repurposing as a therapeutic antibiotics for the multi-drug resistant pathogen.



## PU-2956

**EBUS-TBNA 在非小细胞肺癌术前应用的价值**陈锐<sup>1</sup>,何剑<sup>2</sup>

1.复旦大学附属华山医院,200000

2.昆明市第一人民医院甘美国际医院

**目的** 探讨超声内镜引导下经支气管管针吸活检术(EBUS-TBNA)对非小细胞肺癌术前诊断和分期中的价值。

**方法** 回顾性分析 2015 年 4 月至 2017 年 4 月经外科手术明确诊断及分期的 IA-IIIa 期肺癌患者 138 例。术前胸部 CT 或 PET-CT 疑诊肺癌,且伴纵隔和肺门淋巴结短径直径 $\geq 5\text{mm}$ ,术前对肺门和纵隔淋巴结实施 EBUS-TBNA 采样;所采集的标本实施细胞学检查和组织病理学检查,以明确病理诊断和淋巴结分期。以外科手术病理为金标准,分析 EBUS-TBNA 对非小细胞肺癌术前诊断和分期的价值。

**结果** 138 例患者术后病理诊断:鳞癌 47 例,腺癌 91 例。EBUS-TBNA 标本病理诊断准确率 92.9%。灵敏度 91.4%,特异性 96.0%,阳性预测值 98.1%,阴性预测值 83.6%。术后分期:I 期 42 例,II 期 34 例,IIIa 期 62 例。术前分期诊断正确率 84.1%。所有患者均未出现严重并发症。

**结论** EBUS-TBNA 对非小细胞肺癌术前的病理诊断和淋巴结分期均具有较高的敏感性和特异性,是一种安全有效的分期诊断手段。

## PU-2957

**血小板减少性紫癜回顾性临床研究**

张胜

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 总结分析血小板减少性紫癜各临床类型的疾病特征、诊断治疗及预后转归情况,提高临床医生对该病诊疗的经验认识。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月至 2019 年 1 月苏州大学附属第一医院经诊治的血小板减少性紫癜患者的临床资料,包括首诊症状等临床表现、辅助检查资料、具体治疗方案及疗效预后随访等完整病程。

**结果** 共纳入资料完整的临床病例 62 例,其中获得性血栓性血小板减少性紫癜(TTP)17 例,免疫性血小板减少性紫癜(ITP)45 例。TTP 组:急性起病,均有血小板计数(Plt)减少和贫血,6 例(35.29%)有典型症状群,ADAMTS 13 活性降低( $<10\%$ )且抑制物均为阳性。多学科协助经血浆置换(PE)和(或)血浆输注(PI)联合激素治疗,14 例(82.35%)患者治疗后好转出院,随访至今无死亡报告,3 例要求转院回当地治疗后失访。ITP 组:41 例(91.11%)慢性起病,首诊症状主要为皮肤黏膜出血(淤点瘀斑)40 例,以双下肢为重,口腔牙龈渗血 21 例,偶有腹痛腹泻等消化道症状,女性可有月经量增多,伴有甲状腺功能异常 14 例,结缔组织病 10 例。其中检出血小板抗体、幽门螺杆菌感染及梅毒螺旋体各 23 例、9 例、1 例,肝炎标志物、抗核抗体谱、体液免疫异常各 26、17、13 例。经激素联合免疫抑制剂及降胆等对症支持治疗后均好转后出院,随访中有 5 例(11.11%)复发,无死亡病例。

**结论** ITP 为血小板减少性紫癜临床常见类型,但 TTP 急性起病且较 ITP 凶险,临床要在各类型治疗方法基础上根据出血、贫血、发热及器官功能异常等临床表现,联合 Plt、LDH、血小板抗体及 ADAMTS 13 活性及抑制物等实验室重要辅助检查结果鉴别诊断并制定个性化动态诊疗方案,提高疗效改善预后。

## PU-2958

## 血浆脂蛋白磷脂酶 A2 (Lp-PLA2)和 IL-6 的检测 在冠心病诊治中的研究

甄俊红

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 探讨细胞因子 IL-6、Lp-PLA2 水平在冠心病患者血中的变化规律。

**方法** 取 2017 年 10 月-2019 年 1 月我院收治的冠心病患者 120 例设为观察组,其中男 82 例,女 38 例,年龄 46-87 岁,平均  $(57.25 \pm 4.28)$  岁,根据疾病类型分为稳定性心绞痛组 ( $n=47$ )、不稳定性心绞痛组 ( $n=38$ )、急性心肌梗死组 ( $n=35$ ),同时取同期来我院体检的健康人 120 例作为对照组,其中男 84 例,女 36 例,年龄 45-78 岁,平均年龄  $54.25 \pm 3.58$  岁。观察组和对照组均取清晨空腹静脉血 5 毫升,测定血浆 IL-6、Lp-PLA2 浓度。比较四组间的 IL-6、Lp-PLA2 浓度水平,并分析二者的相关性。

**结果** 急性心肌梗死组、不稳定性心绞痛组、稳定性心绞痛组、对照组的 IL-6 (pg/ml)、Lp-PLA2 (ng/mL) 浓度依次为:  $8.83 \pm 3.02$ 、 $618.40 \pm 39.80$ ;  $7.47 \pm 2.53$ 、 $452.60 \pm 33.60$ ;  $5.96 \pm 1.38$ 、 $322.30 \pm 20.30$ ;  $2.30 \pm 1.15$ 、 $105.50 \pm 52.60$ 。观察组的 IL-6、Lp-PLA2 浓度显著高于对照组,急性心肌梗死组 > 不稳定性心绞痛组 > 稳定性心绞痛组,观察组各组间比较,差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。各组 IL-6 与 Lp-PLA2 水平呈正相关。

**结论** IL-6 可以做为心脑血管炎性指标的筛检项目。Lp-PLA2 可以监测动脉粥样硬化斑块的炎症程度及其稳定性,预测心脑血管栓塞性疾病的发生,评估心脑血管栓塞性疾病的病情,判断心脑血管栓塞性疾病的转归。

## PU-2959

## 异常凝血酶蛋白在 HBV 和 HCV-HCC 中的诊断价值

王成红

烟台市烟台山医院,264000

**目的** 研究血清异常凝血酶蛋白 (DCP) 在 HBV 和 HCV-HCC 及非病毒性肝炎感染性原发肝癌 (NBC-HCC) 中的表达情况,探讨 DCP 在我国病毒相关肝癌患者中的诊断价值。

**方法** 采用化学发光酶联免疫检测技术分别对 201 例肝癌组 (含 55 例 HBV 相关性肝癌 (HBV-HCC)、42 例 HCV 相关性肝癌 (HCV-HCC)、104 例 NBC-HCC) 和 223 例非肝癌组 (含 122 例慢性肝炎、51 例消化系统肿瘤患者血清和 50 例健康体检者) 血清中的 DCP 进行检测,采用 ROC 曲线法评价 DCP 在病毒相关肝癌中的诊断价值。

**结果** HCV 相关肝癌血清中的 DCP 含量显著低于 HBV 和 NBC-HCC ( $P < 0.01$ ),但均高于非肝癌组 ( $P < 0.01$ ),HBV 肝癌与 NBC-HCC DCP 含量无显著区别;在 HBV、HCV 和原发肝癌样本中的灵敏度分别为 81.82% (45/55)、59.52% (25/42)、79.81% (83/104),其中 HCV 相关肝癌血清中的检出率显著低于 HBV 和 NBC-HCC 组 ( $P < 0.001$ )。DCP 总检测灵敏度为 76.12% (153/201),特异性为 95.52% (213/223),ROC 曲线下面积为 0.8701;

**结论** DCP 对 HCV 相关肝癌的检测能力稍差,对 HBV 相关肝癌及 NBC-HCC 的临床诊断意义明显。

## PU-2960

## 中性粒细胞/淋巴细胞比值在溃疡性结肠炎诊断中的价值研究

程迎迎,李鹏飞,朱小飞,高峰

江苏省中医院,210000

**目的** 探讨中性粒细胞/淋巴细胞比值 (neutrophil-lymphocyte ratio, NLR) 在溃疡性结肠炎 (ulcerative colitis, UC) 诊断中的价值, 比较 NLR 与临床常用炎症指标单独和联合应用诊断 UC 患者的效能。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月在江苏省中医院住院的 UC 患者 99 例, 另选取同期肠易激综合征 (irritable bowel syndrome, IBS) 患者 72 例作为对照组。收集患者临床资料, 检测比较对照及 UC 患者 NLR 差异, 采用 ROC 曲线的方法计算 NLR 最佳临界值及曲线下面积, 并与临床常用指标白细胞 (white blood cell, WBC)、C 反应蛋白 (C-reaction protein, CRP)、红细胞沉降率 (erythrocyte sedimentation rate, ESR)、血小板 (platelet, PLT) 进行比较, 分析 NLR 等对诊断 UC 的效率差异。

**结果** UC 组患者外周血中 NLR 明显高于 IBS 组 (3.62 vs 2.19,  $p < 0.01$ ); NLR 用于诊断 UC 的 cut-off 值为 2.32, 灵敏度和特异度分别为 72% 和 71%, 曲线下面积 (area under curve, AUC) 为 0.758 (95%CI: 0.685~0.832), 优于 WBC (AUC: 0.687, 95%CI: 0.604~0.770) 和 PLT (AUC: 0.745, 95%CI: 0.670~0.819), 稍逊于 ESR (AUC: 0.780, 95%CI: 0.711~0.848) 和 CRP (AUC: 0.835, 95%CI: 0.775~0.896); NLR 联合 CRP 的诊断价值 (AUC: 0.867, 95%CI: 0.812~0.921) 优于独立的 NLR 和 CRP。

**结论** 与对照组相比, NLR 在 UC 患者外周血中的水平升高, 差异具有统计学意义。NLR 诊断 UC 的效率优于常用指标 WBC 和 PLT, 其与 CRP 联合应用可提高 UC 的诊断效能, 可以作于诊断 UC 的额外标志物。

## PU-2961

## 上海地区不同年龄段健康人群鼻腔定植金葡流行病学分析

程丹虹

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 利用生物信息学 (MLST)、K-B 药敏等方法, 了解上海地区金黄色葡萄球菌在健康人群鼻腔中定植情况, 分析三组不同年龄段健康人群鼻腔定植金葡的基因分型状况等分子流行病学特征, 流行趋势及耐药性, 为临床合理、有效的使用抗生素等药物提供依据。

**方法** 在幼儿园儿童 (154 例)、健康医学院成年人 (210 例) 及敬老院老年人 (158 例) 中采集鼻拭子, 分离培养金黄色葡萄球菌, 根据金葡复苏结果, 按随机原则, 最终确认儿童 60 例, 成年人 60 例, 老年人 60 例, 致病菌株 (ST398+ST188+ST59 等) 33 例做对照。共 213 株, 分析所有筛选菌株 MLST 及 SPA 分型及做溶血、药敏试验。根据 CLSIM1002018 版推荐的 K-B 法及标准对分离株进行药敏试验。

**结果** 筛选做测序的 180 株金葡共检测出 32 种 MLST 型, 最常见型别分别为 ST188 (34%), 和 ST398 (29%)。三组人群分别分析: 儿童及成年人、最多的都是 ST188, 其次是 ST398, 老人最高的是 ST188, 其次是 ST1, ST398。总体分析皆是 ST188 占比最多, 其次是 ST398、ST7、ST59、ST1、ST15。其中随着年龄增加, ST398、ST188 都下降, ST1、ST15、ST59 是增加的。所以重点关注 ST188 与 ST398; 对 180 株金葡的溶血试验表明, 溶血无论是总的、ST188、

ST398 都是三组间随着年龄的增加, 趋势明显下降; 耐药状况: 做了 CIP、SXT、GM、P、E、DA、OXA、FOX、RF、TET10 种 K-B 法药敏试验, 除 E 随年龄增加敏感性 (S) 逐渐降低外其他药物未见明显差别。其中 MRSA 三组总共 27 株 (15%)。

**结论** 健康人群鼻腔中金黄色葡萄球菌定植率较高, ST398, ST188 是常见的流行克隆, 应引起注意; 三组间溶血表型的差异提示做进一步关于表型背后机制的深入研究; 生物信息学方法——MLST 在金葡的分类鉴定及细菌生物学基础研究方面发挥着重要的作用。

## PU-2962

### Clinical epidemiological study on suspected acute myocardial infarction patients in outpatient and emergency department

Sheng Zhang

the First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China, 215006

**Objective** To investigate the clinical treatment of suspected acute myocardial infarction (AMI) patients in outpatient and emergency departments in suzhou area, and to provide reliable clinical epidemiological theoretical basis for the prevention and treatment of AMI in the future.

**Methods** Select the suspected acute myocardial infarction patients of the first affiliated hospital of Soochow university as the research object in 2018 year, constructing Excel database and using IBM SPSS 22.0 statistical software Statistics clinical datas and test results of hs-cTnT of suspected AMI retrospectively, further clarify the clinical population distribution features, clinic peak period and characteristics of hs-cTnT detection clinical value.

**Results** A total of 13,709 patients were admitted to the outpatient and emergency department for treatment mainly due to self-induced chest pain, chest tightness, palpitations, dyspnea and other discomfort. 3,585 cases (26.15%) with suspected AMI were detected, among male 2,170 cases (60.53%) and female 1,415 cases (39.47%), and the ratio of male to female was 1.5:1. The age ranged from 11 to 100 years old, and the median age was 72 years old. There were statistically significant differences among different age groups ( $P < 0.05$ ), among which 279 cases (7.78%) were young people ( $< 40$  years old). There was no statistically significant difference between the two groups ( $P < 0.05$ ). In the middle-aged and elderly population (3306 cases (92.22%)), especially 2757 cases (76.90%), the detection between the groups was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The seasonal detection was statistically significant ( $P < 0.05$ ), mainly in winter (especially 1-2 months) and spring (3-5 months), and the overall detection rate of male patients was always higher than that of female patients. The hs-cTnT level of the patients increased with age, and the level of male patients in the same age group was higher than that of female patients, and the hs-cTnT detection line of male patients ( $\geq 51$  years old) and female patients ( $\geq 61$  years old) was higher than the baseline level of the overall population.

**Conclusions** The detection rate of suspected AMI in the outpatient and emergency department of our hospital is relatively high, mainly in the middle-aged and elderly people over 40 years old, and the intensity and scope of seasonal hs-cTnT screening should be strengthened in high-risk groups with chest pain, palpitations and other self-conscious symptoms.

## PU-2963

## 呼伦贝尔农牧区人感染布鲁氏菌基因多态性研究

敖敏高娃

呼伦贝尔市人民医院,021000

**目的** 对于布鲁氏菌快速种型鉴定、病原的溯源分析以及菌株之间的差异与联系等方面以及研究布鲁氏菌病的传播与预防具有重要的指导意义。

**方法** 采用 MLVA 分型方法, 选择 LeFleche 等 [2] 提出的布鲁氏菌 MLVA-16 分型引物对分离到的 75 株羊种布鲁氏菌进行基因分型研究。

**结果** 对分离到的 75 株羊种布鲁氏菌进行分析。结果表明, panel 1 引物扩增结果显示菌株均为基因 42 型, 即“东地中海”型。

**结论** 呼伦贝尔地区目前流行的布鲁氏菌存在非常丰富的基因多态性, 以 A 群基因型( 62.7%) 为目前主要的流行基因型。从基因型多态性来看, 当地分离到的菌株显示出丰富的基因多态性现象。

## PU-2964

## 循环 microRNA-21 在急性冠脉综合征 (ACS) 发病机制中的研究进展

张娟

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 为阐明 ACS 病理机制方面提供理论依据, 并进一步为开辟 ACS 的靶向治疗奠定基础。

**方法** 回顾性分析

**结果** 本文将对循环 microRNA-21 在急性冠脉综合征 (ACS) 发病机制中的研究进展进行综述

**结论** 急性冠脉综合征(ACS, acute coronary syndrome)是一组由急性心肌缺血引起的临床综合征, 主要包括不稳定型心绞痛、非 ST 段抬高型心肌梗死、ST 段抬高型心肌梗死。近年研究调查显示, ACS 已成为人类致死率最高的疾病之一, 且发病率呈逐年上升的趋势。加强有效预防, 做到早期诊断、早期治疗、早期干预是降低 ACS 患者死亡率, 提高预后生活质量的重要举措。过去, 微型核糖核酸 (miRNAs) 的研究主要集中在人类肿瘤的生物学功能方面, 随着蛋白组学、基因组学及代谢组学的飞速发展, miRNAs 在 ACS 发生发展中的调控机制得到深入研究, 初步提示 miRNAs 表达水平的变化与心血管疾病的发生也密切相关, 包括参与了心肌缺血后再灌注损伤、动脉粥样硬化、血小板募集及脂质斑块的形成等进程。其中, 以血浆 miRNA 21 与 ACS 相关性的研究居多, 大量研究显示 miRNA-21 在预测冠状动脉侧支循环形成、预测斑块稳定改变等方面有重要价值, 其靶基因也已逐步被证实, 并有望成为未来冠心病诊疗的新靶点。为此, 本文将对循环 microRNA-21 在急性冠脉综合征 (ACS) 发病机制中的研究进展进行综述, 旨在为阐明 ACS 病理机制方面提供理论依据, 并进一步为开辟 ACS 的靶向治疗奠定基础。

## PU-2965

## 冠心病相关 SLC22A3 基因中新发现负性调控序列的性质与功能鉴定

何佳静,夏云

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 拟对课题组前期发现的冠心病相关 SLC22A3 基因 intron7 区域中的 2 段 DNA 负性调控序列的性质及功能进行研究,以明确其为沉默子还是绝缘子。

**方法** 利用生物信息学分析两段负性调控序列在所培养细胞系中的脱氧核糖核酸酶 I(DNaseI)敏感性,并以包含人 SLC22A3 基因全长序列的细菌人工染色体(bacterial artificial chromosome, BAC)为模板,PCR 扩增两负性调控序列,以 pGL3-Control 作为工具载体,将两段序列克隆入报告基因 Luciferase (LUC)的启动子与增强子之间以及增强子的下游,构建 4 组重组质粒,并以 pGL3-Control 质粒作为空白对照,与内参质粒 pRL-SV40 共转染人胚肾细胞 HEK293T,24h 后检测荧光素酶活性。

**结果** 两段负性调控序列均位于 DNase I 超敏位点,明确了其为顺式调控元件的性质。4 组重组质粒 pGL3-con-SLCi7-447X、pGL3-con-SLCi7-447S、pGL3-con-SLCi7-460X 及 pGL3-con-SLCi7-460S 荧光素酶活性分别为 (2.353±0.323)、(3.046±0.415)、(3.016±0.119)、(3.833±0.282),相较于空白对照 pGL3-Control (7.423±0.230),荧光素酶活性均明显降低 ( $P < 0.05$ )。

**结论** SLC22A3 基因的 intron7 区域中存在 2 个负性调控元件,其负性调控作用不受位置的影响,发挥沉默子调控功能,为进一步对冠心病相关 SLC22A3 基因的表达调控的研究提供了理论依据。

## PU-2966

## 实时荧光定量 PCR 检测乙型肝炎病毒 DNA 的方法学性能验证

张鸿娟

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 建立实时荧光定量 PCR 的方法学性能验证方案,并验证实时荧光定量 PCR 检测乙肝病毒 DNA 的方法学性能

**方法** 采用试剂厂家所提供的标准品和临床标本进行系列稀释,将所得到的循环阈值与浓度的对数进行直线回归,进行分析测量范围的性能验证;采用接近定量检测限的标本进行倍比稀释,每个浓度标本分为 16 份,分别进行 DNA 提取,以每份浓度样本的检出率和浓度的对数进行概率分析验证最低检出限;选择分析测量范围内高 ( $10^5$  IU/mL)、低 ( $10^3$  IU/mL) 两水平样本,每天平行测定 4 次,连续测量 5 天进行精密度验证。

**结果** 实时荧光 PCR 检测乙型肝炎病毒 DNA 的分析测量范围为  $1.2 \times 10^3$  IU/mL ~  $1.2 \times 10^7$  IU/mL;高、低浓度样本批内标准差(浓度取对数)分别为 0.156 和 0.235,总标准分别为 0.221, 0.238;最低检出限为  $5.2 \times 10^2$  IU/mL。

**结论** 建立的实时荧光定量 PCR 方法学性能验证的方案科学、实用具有可操作性。

## PU-2967

## 探讨淋巴单核细胞比值（LMR）在 AFP 阴性与 AFP 阳性肝细胞肝癌中的临床应用价值

王海霞

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探讨淋巴单核细胞比值（LMR）在甲胎蛋白（AFP）阴性与 AFP 阳性肝细胞肝癌（HCC）中的临床应用价值。

**方法** 根据《慢性乙型肝炎防治指南》的纳入排除标准以及肝细胞癌的诊断标准，选择我院住院病人 321 例，其中慢性乙型肝炎非复制期组 27 例，慢性 HBV 携带者组 50 例，非活动性 HBV 携带者组 26 例，HBeAg（+）慢性乙型肝炎组 31 例，HBeAg（-）慢性乙型肝炎组 37 例，慢性乙型肝炎肝硬化代偿期组 21 例，慢性乙型肝炎肝硬化失代偿期组 34 例，AFP 阳性 HCC 44 例，AFP 阴性 HCC 51 例。采用 SPSS19.0 软件对各组间 LMR、AFP、D-二聚体（DDI）、纤维蛋白降解产物（FDP）、谷草转氨酶和谷丙转氨酶（AST/ALT）比值进行组间差异性分析及相关性分析， $P<0.05$  具有统计学意义，并进行受试者工作曲线分析。

**结果** LMR 在 AFP 阳性组和 AFP 阴性组之间有显著性差异（ $P<0.05$ ），且具有相关性（ $P<0.05$ ），而在肝功能正常（慢性乙型肝炎非复制期、慢性 HBV 携带者与非活动性 HBV 携带者）组间、慢性乙型肝炎（HBeAg+与 HBeAg-）组间、慢性乙型肝炎肝硬化（代偿期与失代偿期）组间均无显著性差异（ $P>0.05$ ）；LMR 在 AFP 阳性组与 AFP 阴性组间 cut-off 值为 2.01（AUC=0.724）。此外，除 AST/ALT 外，LMR 与肝细胞肝癌的 DDI、FDP、ALB、AST/ALT 有同样具有显著性差异。

**结论** LMR 值在 AFP 阴性和 AFP 阳性的 HCC 中具有显著差异，结合其他相关指标可协助肝癌疾病进展程度以及抗凝治疗效果判断。

## PU-2968

## 狼疮肾炎患者 DDI、FDP 水平及其与疾病活动的相关性

王红旭

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探讨狼疮肾炎(lupus nephritis, LN)患者血浆 DDI、FDP 水平及其与 LN 疾病活动的相关性。

**方法** LN 患者 42 例，系统性红斑狼疮患者（不伴狼疮肾炎, SLE）38 例，慢性肾炎（非狼疮性, NE）患者 37 例，正常健康对照组 40 例。比较四组血浆 DDI、FDP 水平有无统计学差异并分析 LN 患者血浆 DDI、FDP 水平、进一步分析不同肾小球滤过率(eGFR)水平的 LN 患者 DDI、FDP 水平。

**结果** 显示:LN 患者血浆 DDI、FDP 水平较单纯 SLE 组、NE 组和健康对照组高（ $P<0.05$ ），而单纯 SLE 组、NE 组和健康对照组无显著差异。

**结论** 根据肾小球滤过率(eGFR)水平将 LN 患者分为  $eGFR \geq 60 \text{ mL}/(\text{min} \cdot 1.73 \text{ m}^2)$  组（A1）24 例、 $eGFR < 60 \text{ mL}/(\text{min} \cdot 1.73 \text{ m}^2)$  组（A2）18 例，两组血浆 DDI、FDP 水平有显著差异，A2 组显著高于 A1 组。

## PU-2969

## Prediction of mortality based on coagulation and fibrinolysis markers in patients with acute pancreatitis: a retrospective study.

Chaonan Liu, Jing Zhou  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** This study explored the predictive value of coagulation and fibrinolysis markers with acute pancreatitis (AP)-related mortality.

**Methods** We retrospectively reviewed and analyzed coagulation and fibrinolysis markers and clinical outcomes of the patients with AP.

**Results** A total of 273 patients with AP were enrolled, and 7 patients died. Uni- and multivariate logistic regression identified D-dimer level at admission, as well as the minimum of platelet number and AT III level, and the maximum of PT value, APTT value, D-dimer level and FDP level during hospitalization as independent risk factors for mortality. Furthermore, the OR of the difference of platelet, PT, APTT, TT, fibrinogen, D-dimer, FDP and AT III was substantially improved by grouping with intervals of  $10 \times 10^9/L$ , 2 sec, 5 sec, 3 sec, 0.5 g/L, 3mg/L FEU, 5 mg/L and 10%, respectively. Moreover, the predictive power of the difference of platelet, PT, APTT, TT, fibrinogen, D-dimer, FDP and AT III are similar to BISAP.

**Conclusions** In patients with AP, the dynamic changes of coagulation and fibrinolysis markers are good predictor for AP-related mortality, especially platelet number, PT and APTT values.

## PU-2970

## 抗核糖体 P 蛋白抗体与系统性红斑狼疮疾病相关性研究

王艳萍  
重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 比较抗核糖体 P 蛋白抗体 (ARPA)、抗 ds-DNA、抗 Sm、抗核小体抗体 (ANuA) 及抗组蛋白抗体 (Histone) 对系统性红斑狼疮 (SLE) 的诊断价值, 并研究各抗体之间的相关性; 探讨 ARPA 与 SLE 重要脏器受累的关系。

**方法** 回顾分析 820 例 SLE 患者临床资料, 分别统计 ARPA、抗 ds-DNA、抗 Sm、抗 ANuA 及抗 Histone 的阳性率, 同时收集 50 例其他自身免疫性疾病 (AID) 组和 50 例健康对照组血清, 用 IIF 测定抗 ds-DNA, 免疫印迹法检测其余 4 种抗体, 比较三组间各抗体阳性率是否存在差异。根据 ARPA 结果将 SLE 分为阳性和阴性组, 探讨 ARPA 阳性/阴性组各抗体间的相关性及与 SLE 中枢神经、肾脏、关节、肝脏及血液系统脏器受累的关系。

**结果** ARPA、抗 ds-DNA、抗 Sm、抗 ANuA 及抗 Histone 在 SLE 中的阳性率分别为 31.46%、39.02%、37.30%、34.76% 和 27.80%, 与 AID 组和健康对照组相比差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 但两两之间比较无统计学差异。ARPA 阳性和阴性组相比抗 ds-DNA、抗 ANuA 及抗 Histone 的阳性率没有差异, 抗 Sm 阳性率有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。ARPA 阳性组中神经系统损害、肝功能损害的发病率明显高于 ARPA 阴性组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** ARPA 对 SLE 诊断的特异性较高, 但灵敏度稍低, 多种抗体联合检测可提高 SLE 的检出率; ARPA 阳性与 SLE 患者中神经系统和肝脏受损有一定相关性。



PU-2971

## XT-4000i 血细胞分析仪在体液细胞计数中的应用价值分析

王慧娟

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 探讨 XT-4000i 血细胞分析仪(简称 XT-4000i)在体液细胞计数中的应用价值。

**方法** 将正常血标本进行生理盐水稀释,使红细胞的数量级别分别为  $10^{12}$ 、 $10^{10}$ 、 $10^9$ 、 $10^8$ 、 $10^7$ 、 $10^6$ ,用 XT-4000i 计数比较其与预测值的相关性;

**结果** XT-4000i 血细胞分析仪与稀释后的标本、手工法检 WBC 的结果具有较高的相关性。而 RBC $<3\ 000\times 10^6/L$  与手工法相关性较差; $>3\ 000\times 10^6/L$  相关性较好。

**结论** XT-4000i 在 RBC $>3\ 000\times 10^6/L$  时相关性较高,可以在临床体液细胞计数中应用。

PU-2972

## 急性髓系白血病中 S100A9 与 MDSCs 之间关系

武睿

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 研究急性髓系白血病中 S100A9 的浓度以及 MDSCs 数量的变化,进而探讨在急性髓系白血病中 S100A9 与 MDSCs 之间的相关性。

**方法** 收集重庆医科大学附属第一医院 AML 患者外周血血清 65 例(其中 M<sub>1</sub>3 例、M<sub>2</sub>17 例、M<sub>3</sub>10 例、M<sub>4</sub>9 例、M<sub>5</sub>19 例、M<sub>6</sub>7 例),运用 ELISA 方法检测患者外周血血清中 S100A9 的含量。同时收集正常人和 AML 患者外周全血各 20 例,运用流式细胞术检测正常人和 AML 患者外周全血中 MDSCs 的数量。进而对 S100A9 和 MDSCs 进行相关性分析。

**结果** AML 病人外周血血清中 S100A9 的浓度和外周全血中 MDSCs 的数量均显著高于正常人 ( $P<0.05$ ),且 AML 病人外周血血清中 S100A9 浓度的升高与其性别,化疗与否以及年龄均无相关性。此外, M1 和 M2 外周血血清中 S100A9 的浓度显著低于 M4 和 M5,具有显著性差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** AML 病人外周血血清中 S100A9 的浓度和外周全血中 MDSCs 的数量均显著高于正常人 ( $P<0.05$ ),急性髓系白血病中 S100A9 与 MDSCs 之间存在一定的相关性。

PU-2973

## 全新 ELISA 模式探讨-基于单链抗体的 ELISA 检测模式建立

邵艳宏<sup>1</sup>,鲍会静<sup>2</sup>

1.天津医科大学,300000

2.天津市南开医院整合医学检测实验室

**目的** 酶联免疫吸附实验 (enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA) 为目前患者血清抗原抗体检测方法之一。但是常规的 ELISA 方法所用原材料为单克隆抗体,而大部分人身体内含有异嗜性抗体,这些干扰抗体会使检查结果出现假阳性。单链抗体为可结合抗原最小单位,不受血清中干扰抗体的影响,因此本文应用单链抗体代替单克隆抗体,建立一种不受患者干扰抗体影响的全新 ELISA 检测模式,以期临床提供更准确的检测结果。

**方法** 卵巢癌为女性生殖道恶性肿瘤之一，早发现对于提高患者预后非常重要。间皮素为新近发现的卵巢癌标志物。本文将应用抗间皮素单链抗体建立全新 ELISA 检测模型。通过将抗间皮素单链抗体基因转化到感受态细胞 BL-21，加入 IPTG 诱导蛋白表达。将不同的单克隆菌落表达产物 SDS-PAGE 结果进行比较，选择表达结果好的单克隆菌落用于后续使用。目的蛋白采用 Ni 柱法进行纯化，将纯化后蛋白透析过夜复性。应用间接 ELISA 法进行抗体亲和力的检测。为了使检验结果更加准确可靠，我们进行了封闭剂，封闭时间，温度，抗原孵育时间的 ELISA 反应条件优化。并用一个已知浓度的标准品（间皮素）作一系列的稀释，能够检出的标准品的最低浓度。

**结果** (1) 通过原核表达系统获得纯度均一的 anti-MSLN 单链抗体

(2) 本方法所用 anti-MSLN 单链抗体亲和力达到 11 nM

(3) 已筛选出 ELISA 最佳反应条件以求得出更加准确可靠的检测结果。

(4) 经过优化的 ELISA 反应条件，本试剂盒的检出限达到 39 pg/ml。

**结论** 通过对感受态细胞的转化，成功表达出了特异性针对间皮素的单链抗体，并且通过相关实验测得其亲和常数达到 11 nM 级，为今后的实验奠定了良好的基础。建立了一种不受患者干扰抗体影响的全新 ELISA 检测方法，并且通过对其 ELISA 反应条件的优化，测得该试剂盒检出下限为 39 pg/ml。同时由于单链抗体制备工艺完全不同于单克隆抗体，因此较单克隆抗体，单链抗体具有高纯度、批间差异极小的特点。这些都为今后其在临床上的应用提供了保障。

## PU-2974

### 间接法建立电化学发光免疫法测定血清肺癌肿瘤标志物的生物参考区间

夏吉荣

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 间接法建立电化学发光免疫法测定癌胚抗原（CEA）、神经原特异性烯醇化酶（NSE）、细胞角蛋白 19 片段（CYFRA21-1）、胃泌素释放肽前体（proGRP）的生物参考区间。

**方法** 回顾性研究。收集 2014 年 1 月至 2017 年 12 月体检的成人血清 CEA、NSE、proGRP、CYFRA21-1 检测结果，剔除离群值后，纳入分析 CEA 220 538 例、NSE 22 338 例、proGRP 2 971 例、CYFRA21-1 39 677 例。按照性别及年龄进行分组，组间比较采用秩和检验，差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）的相邻各年龄组进行合并。各组经 K-S 检验均呈非正态分布，故利用非参数法建立肿瘤标志物的生物参考区间。

**结果** 血清 CEA、NSE、proGRP、CYFRA21-1 参考区间上限随年龄增加逐渐升高，CEA、NSE、CYFRA21-1 男女性别间差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。4 个项目中 NSE、proGRP、CYFRA21-1 的相对偏差小于 RCV（ $<37.13\%$ ， $16.26\%$ ， $62.47\%$ ），表明其自建区间与现行参考区间之间无明显差异。CEA 的相对偏差明显大于 RCV（ $>36.31\%$ ），提示自建参考区间与现行参考区间之间差异有统计学意义。

**结论** 间接法建立检验项目的生物参考区间是一种简单易行的方法，适用于广大临床实验室，为实验室参考区间的建立或验证提供了更适宜的途径。

## PU-2975

## 携带 blaKPC-2 基因肺炎克雷伯菌 ST11 型引起 儿童医院感染的研究

刘艳飞,赵辉,董丹丹,刘真真,贾楠,朱元祺

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 调查分析某儿童医院分离的对碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌的耐药基因和菌株间的同源性,为医院感染控制提供依据。

**方法** 收集非重复 9 株对碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌。菌株的鉴定和药敏试验采用梅里埃 Vitek-2 Compact 系统。碳青霉烯酶和超广谱  $\beta$ -内酰胺酶耐药相关基因通过 PCR 扩增和产物测序确定。多位点序列分型和脉冲场凝胶电泳及应用 BioNumerics 聚类软件分析菌株之间的同源性。

**结果** 除了磺胺甲恶唑/甲氧苄啶外, 9 株肺炎克雷伯菌对头孢菌素类、碳青霉烯类、氨基糖苷类和喹诺酮类抗生素都耐药。在 9 株菌中, 8 株为 ST11 型, 都携带 blaKPC-2、blaCTX-M-65、blaSHV-12 和 blaTEM-1B 耐药基因, 且相互间脉冲场凝胶电泳聚类分析有 92.8%~100% 的相似度; 另外 1 株为 ST278 型, 仅携带 blaKPC-2 基因, 与 8 株 ST11 型肺炎克雷伯菌的聚类分析相似度为 64.3%。

**结论** 携带 blaKPC-2、blaCTX-M-65、blaSHV-12 和 blaTEM-1B 基因的 ST11 型肺炎克雷伯菌的克隆播散是引起患儿医院感染暴发的原因。经检索, 这是国内外首次报道。

## PU-2976

## Precise prediction of mortality in acute pancreatitis patients based on peak urea level, leukocyte count and use of invasive ventilation: a retrospective study

Chaonan Liu, Jing Zhou

West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Acute pancreatitis (AP) is associated with high mortality around the world. Early, reliable prediction of mortality may improve patient management.

**Methods** We retrospectively reviewed medical records of 1,599 patients with AP treated at a single large hospital in southwest China. Models to predict mortality were derived from a subset of 1,062 patients (development dataset), and the models were then validated in the remaining 537 patients (validation dataset). Independent risk factors and prediction models for mortality were identified using logistic regression.

**Results** A total of 33 patients in the development dataset and 13 in the validation dataset died. Independent risk factors for mortality were found to be plasma urea levels, glucose levels and platelet counts at admission; as well as peak urea levels, leukocyte counts and use of invasive ventilation during hospitalization. Based on the development dataset, a mortality prediction model based only on urea level at admission gave an area under the curve (AUC) of 0.81, which did not improve by incorporating glucose level or platelet count at admission. (AUC 0.84,  $p = 0.47$ ). The best model took into account three in-hospital parameters: peak urea level, leukocyte count and use of invasive ventilation (AUC 0.97,  $p < 0.001$  vs. only urea level at admission).

**Conclusions** While mortality of AP patients can be predicted reasonably well based only on urea values at admission, predictions are more reliable when they take into account in-hospital data on peak urea level, leukocyte count and use of invasive ventilation.

PU-2977

## 乙型肝炎病毒 C 区基因突变试剂盒 的临床检测性能

王丽,房雅伦,于超,许宁,赵敬杰

山东大学第二医院,250000

**目的** HBV 在机体的免疫力压力和药物治疗影响下可出现变异,其中 C 区基因突变在慢乙肝中较为常见。本研究拟对国产乙型肝炎病毒(HBV) C 区基因突变检测试剂盒的检测性能进行评价。

**方法** 以罗氏公司的乙型肝炎病毒突变检测试剂盒作为对比(以下简称罗氏试剂),以北京鑫诺美迪基因检测技术有限公司的 B 乙型肝炎病毒(HBV) C 区基因突变检测试剂盒为考核试剂(以下简称鑫诺试剂),收集 2018 年 2 月至 10 月山东大学第二医院 569 例临床血清标本,通过荧光 PCR-毛细管电泳测序法,对 HBV C 区的前 C/BCP 区进行突变检测。

**结果** 569 例临床样本的检测中,鑫诺试剂的灵敏度、特异度分别为 94.50%、96.67%;罗氏试剂的灵敏度、特异度分别为 95.50%、97.17%。Kappa 值为 0.95, U 值为 31.16,  $P < 0.01$ ,两者具有较好的一致性。鑫诺的灵敏度和特异度与罗氏试剂无显著性差异( $P > 0.05$ )。

**结论** 鑫诺基因的乙型肝炎病毒(HBV) C 区基因突变检测试剂盒的灵敏度高、特异度好。通过检测 HBV C 区耐药基因突变点有助于帮助选择初治药物,判断治疗的效果,及时发现基因型耐药,从而采取预防措施,避免发生病毒反弹,利于临床及时调整用药方案,从而辅助临床诊断和指导临床用药,制定个体化抗病毒治疗方案。

PU-2978

## 呼吸道病原菌核酸检测对儿童肺炎诊断 的临床应用评价

王丽,房雅伦,靖旭,陈娜娜,赵敬杰

山东大学第二医院,250000

**目的** 环介导等温扩增技术是 Notomi 发明的一种核酸扩增技术,基于 LAMP 的检测方法具有检测时间短、灵敏度高和检测结果易于判读等优点,能辅助进行病原早期诊断。本研究拟采用环介导等温扩增技术的呼吸道病原菌核酸检测试剂盒对临床痰液样本进行检测,评价该试剂盒的检测效果和临床适应性。

**方法** 山东大学第二医院 2018 年收治的儿童肺炎患者 30 例,各病例的痰液样本分别使用细菌学方法和呼吸道病原菌核酸检测试剂盒进行,对两种检测方法的病原检出种类、数量和检测一致性进行对比。

**结果** 试剂盒检测结果和细菌学检测结果有较好的一致性,肺炎链球菌、肺炎克雷伯氏菌和流感嗜血杆菌检出率分别为 36.7%、13.3%和 10%。以上结果与 2006 年的全国性调查结果接近。对于临床上肺炎感染率最高的 3 种细菌,肺炎链球菌的检测总符合率为 83.3%,肺炎克雷伯氏菌的总符合率为 96.7%,流感嗜血杆菌的总符合率为 90.0%。

**结论** 呼吸道病原菌核酸检测试剂盒能一次检测肺炎相关的 8 种常见病原菌,操作简便,能快速获得检测结果,能大大缩短对未知病原的检测时间,在实际使用中更具有时效性,检测结果有临床价值,适用于临床的检测。

## PU-2979

## 115 例脑脊液寡克隆区带结果分析

黄惠芳

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨脑脊液寡克隆区带 (CSF-OCB) 的临床意义。

**方法** 对 2018 年 12 月 17 日至 2019 年 5 月 20 日在苏州大学附属第一医院临床检测中心检测的 115 例脑脊液寡克隆区带电泳结果进行回顾性分析。

**结果** (1) 115 例患者分别来自于: 神经内科 112 例, 特需病区 1 例 (急性格林巴氏综合征), 呼吸内科 1 例 (脑脊髓炎, 肺炎), 神经外科 1 例 (脑额叶占位); (2) 115 患者中, 男 62 例 (年龄 17-82 岁, 平均 48.2 岁), 女 53 例 (年龄 16-80 岁, 平均 45.3 岁), 其中 CSF-OCB 阳性病例为 5 例, 男 4 例 (年龄 51-72 岁, 平均 59 岁), 女 1 例 (年龄 34 岁); (3) 115 例患者疾病分三组: 多发性硬化 5 例, CSF-OCB 阳性 2 例, 阳性率 40.0%; 神经系统炎症性疾病 (包括脑炎, 神经炎, 急性格林巴氏综合征, 神经梅毒等) 30 例, CSF-OCB 阳性 2 例 (神经梅毒 1 例, 病毒性脑炎 1 例), 阳性率 6.67%; 神经系统非炎症性疾病 85 例 (包括头痛头晕, 癫痫, 颅内占位, 结缔组织病, 脑梗死等), CSF-OCB 阳性 1 例, 阳性率为 1.17%。

**结论** (1) 脑脊液寡克隆区带的测定可以定性地反映鞘内免疫球蛋白的合成, 在神经系统疾病的诊断中具有重大的临床意义, CSF-OCB 阳性大部分见于多发性硬化, 也可见于神经系统炎症性疾病和神经系统非炎症性疾病如神经梅毒, 脑炎, 结缔组织病等; (2) 多发性硬化、神经系统炎症性疾病和神经系统非炎症性疾病三组病例 CSF-OCB 阳性率在国内外文献中有不同的报道, 其中多发性的 CSF-OCB 阳性率国内的报道远低于国外文献报道, 本文由于病例例数较少, CSF-OCB 阳性率有待进一步积累数据统计分析; (3) CSF-OCB 阳性是否高发于中老年男性, 有待进一步积累数据统计分析。

## PU-2980

## PPP2R2C 基因突变与多器官衰竭相关性研究

邢骏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 多器官功能障碍(MODS)是急诊科(ER)及重症监护室(ICU)日常工作中的常见急重症疾病及重要死亡原因。氧化应激在多器官功能障碍综合征的发病过程中扮演了重要角色。重要原因之一是不断积累的 ROS 对细胞蛋白、脂质及 DNA 造成氧化损伤, 改变 Akt/mTOR 及 JNK/ERK1/2 通路磷酸化状态而引起细胞凋亡及衰老。PP2A 是四个重要的丝氨酸/苏氨酸磷酸酶之一, 具有高度的保守性, 广泛分布于哺乳动物的细胞中, 通过去磷酸化参与调控细胞活动。PPP2R2C 编码了蛋白磷酸酶 PP2A 调节 B 亚基 55 $\gamma$ 亚型。已有研究显示 PPP2R2C 基因突变或表达量异常与人类大脑、心脏以及肾脏多个重要器官功能异常有关。我们拟通过研究 PPP2R2C 基因突变引起多器官功能损伤的分子机制, 为临床多器官功能障碍综合征的预防和提前诊断提供新的理论依据。

**方法** 为了研究 PPP2R2C 在机体内的生理功能, 我们通过 CRISPR-Cas9 技术构建了稳定遗传的 PPP2R2C 突变系(PPP2R2C<sup>-/-</sup>)。

**结果** PPP2R2C<sup>-/-</sup>斑马鱼 PPP2R2C 转录水平表达完全抑制, PP2A 磷酸酶活性下降, ROS 升高。随着年龄的增加 PPP2R2C 突变系斑马鱼脑、心脏及肾脏相继出现  $\gamma$ -H2AX 表达量增加, 衰老相关半乳糖苷酶 (SA- $\beta$ -gal) 增多, 并于 1 岁时死于斑马鱼条件致病菌---分歧杆菌感染, 较相同饲养条件下野生型 Tublin 系斑马鱼生存周期缩短 2/3。p53 基因敲除 (PPP2R2C<sup>-/-</sup>P53<sup>-/-</sup>) 斑马鱼脑、心脏、肾脏 SA- $\beta$ -gal 染色阳性细胞较 PPP2R2C<sup>-/-</sup>斑马鱼明显减少, 生存周期延长。

**结论** 这些研究结果说明 PPP2R2C 基因突变通过氧化应激,加速机体衰老进程,从而造成多器官功能障碍。为临床预防、提前诊断以及使用抗氧化剂或氧自由基清除剂治疗多器官功能障碍综合征提供了理论支撑。

## PU-2981

### 急性白血病化疗后毛霉菌合并耐药菌感染

毛菊珍

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 患者青年男性,从事炒茶业,既往体健,无糖尿病、高血压等慢性病史,无感染史,无手术史,无食物药物过敏史。门诊以“右侧肋部疼痛 1 周,发现白细胞增多 6 天”收治入院。入院查体体温 38.8℃,患者诉一天前出现低热。入院诊断:1. 急性白血病,2. 发热待查?

**方法** 入院后抽取骨髓,肝素抗凝,形 MICM 分型。骨髓细胞形态:增生明显活跃,原幼细胞 91%;免疫分型:92.3%的幼稚细胞群体 CD7, CD34, CD10, CD56, cCD3, CD99 阳性, CD13, CD38 弱阳,为 T 淋系表达,早期前体型。入院后予以美罗培南、卡泊芬净抗感染,体温控制后予以 VP 联合 DAC+HAAG 诱导化疗。

**结果** 化疗+1d: 右侧鼻腔及上腭疼痛,低热。化疗+2d: 情况加重,持续高热,多次 G/GM 阴性, PCT 阴性;头颅 CT 示鼻腔异物及上颌窦炎,五官科镜下鼻腔内化脓性感染,调整抗生素:亚胺培南+达托霉素+两性霉素 B 局部冲洗。化疗+3d: 青紫范围扩大,肿痛破溃明显,持续高热;胸部 CT 结节性病灶,高通量测序提示毛霉菌,马拉色菌属,劳特罗普菌属;调整抗生素:两性霉素 B+亚胺培南+达托霉素+哌拉西林他唑巴坦+泊沙康唑。化疗+5d: 鼻腔出现黑色分泌物,肺部感染仍在进展,左鼻腔培养出毛霉菌,右鼻腔耐药铜绿假单胞菌,导管血耐药鲍曼不动杆菌。患者持续高热,血液动力学不稳定,鼻部皮肤及腭部溃烂持续加重,转氨酶、胆红素持续升高,患者家属放弃治疗。

**结论** 抗菌谱虽覆盖毛霉菌,但患者恶性血液病,持续重度粒缺,鼻脑型毛霉菌本身病死率高,都是本病例治疗效果不佳的重要原因。

## PU-2982

### 散射比浊法与免疫荧光干式定量法检测 C-反应蛋白的对比研究

丁洁

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 对比研究散射比浊法与免疫荧光干式定量法检测 C-反应蛋白的准确度和特异性,以明确临床检验项目更准确的结果。

**方法** 根据 C-反应蛋白检测试剂盒使用说明要求,随机采取 35 例合格的 EDTAK2 抗凝静脉全血标本离心后吸取适量血浆分别经特定蛋白分析仪(散射比浊法)与免疫荧光分析仪(免疫荧光干式定量法)进行 C-反应蛋白(包括超敏 C-反应蛋白, hs-CRP)的检测,检测结果进行配对 t 检验等统计学处理分析,  $P < 0.05$  有统计学差异。

**结果** 散射比浊法 C-反应蛋白平均值为 39.47 mg/L,标准差为 47.57;免疫荧光干式定量法测定平均值为 41.36 mg/L,标准差为 51.52,配对 t 检验检验结果:  $t = -1.997$ ,  $P = 0.054 > 0.05$ ,相关系数为 0.997。

**结论** 散射比浊法与免疫荧光干式定量法两者检测 C-反应蛋白结果差异没有显著的统计学意义,但是散射比浊法 C-反应蛋白测定平均值及标准差都低于免疫荧光干式定量法,可见总体精确度更高,重复性更好,但同时应根据临床实际情况选择。

#### PU-2983

### The comparison of Polymyxin B resistant rate in Carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolates and methodological comparison between Etest® and broth microdilution

xu chen  
the First Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** Polymyxin B has been considered as the last line of defense to the life-threatening infections with MDR Gram-negative pathogens, including carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* (CRPA). Here, to study the comparison of Polymyxin B resistant rate in Carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolates and methodological comparison between Etest® and broth microdilution.

**Methods** In the present study, we need to analyze the resistant trends of CRPA to Polymyxin B in Suzhou district, China. Additionally, a comparison analysis of Polymyxin B resistant rate from different parts of the world would be made to understand the resistant trends globally. Etest would be appraised for its reliability as clinical laboratories lack a reliable and efficient susceptibility test method for Polymyxin B.

**Results** Consequently, the susceptibility rate of Polymyxin B can reach 94.0%, which conforms to the results of United States, Europe, Africa and the majority of Asian countries. However, the Polymyxin B non-susceptible (resistant or intermediary) rate of Singapore can be reached 0.53 (95%CI: 0.12-0.93). In addition, the susceptibility rate of Polymyxin B was not significantly higher by Etest than BMD (98.0% vs. 96.0%,  $p=0.558$ ) in our study. Both essential agreement and categorical agreement can reach 98.0%.

**Conclusions** Polymyxin B resistant rate of CRPA isolates is relatively low in majority of countries with the exception of Singapore. And the Etest may be a potentially reliable method of measuring Polymyxin B of CRPA isolates in clinical laboratories.

#### PU-2984

### 一例强效血浆置换治疗血栓性血小板减少性紫癜疗效观察

李艳红,武坤,程沈菊  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 观察血栓性血小板减少性紫癜(TTP)患者经强效血浆置换术后的疗效和生存状况。

**方法** 2017年2月至3月,对我院血液科收治的1例血栓性血小板减少性紫癜患者行强效血浆置换术,并结合免疫抑制及营养支持等治疗。

**结果** 本例TTP患者经过连续11次的血浆置换,结合其他相关治疗,最终痊愈出院。出院后一年,复查血常规、生化及凝血功能等检查指标,均接近或达到正常水平,随访至2018年11月未复发。

**结论** TTP 患者病情危重，一旦确诊或高度怀疑，应尽早行强效血浆置换治疗，对降低死亡率，提高患者生存质量至关重要。

## PU-2985

### 基于阵列化电化学生物传感器直接快速检测克伦特罗的实验研究

熊瑜,王云霞

陆军军医(第三军医)大学第一附属医院

**目的** 构建阵列化电化学生物传感器，精准、快速检测药源性与食源性添加剂克伦特罗(clenbuterol, CLB)。

**方法** 利用 GR/金纳米管/CLB 抗体修饰传感器检测芯片，自主构建 CLB 电化学生物传感器，采用循环伏安法对检测芯片的修饰过程进行电化学表征，并对传感器的稳定性、特异性和灵敏度进行探索。

**结果** 该生物传感器对 CLB 有良好的电流响应，在最优的检测条件下 CLB 的氧化峰电流值变化与其浓度在 1mg/L~10pg/L 范围内呈良好的线性关系，检测限低至 1 pg/L。天内和天间重复性实验的平均 CV 值分别为 3.93%和 7.20%。回收率是 99.2%到 100.6%。电极孵育和扫描检测仅须 30 分钟即可完成，同时该传感器具有较好的特异性，抗干扰能力强。

**结论** 成功构建了阵列化 CLB 电化学生物传感器，建立了 CLB 极微量精准检测新方法，为临床药物滥用、食品安全等检测提供了简单、灵敏、特异、高通量的检测方案。

## PU-2986

### 乳腺癌治疗过程中激素受体状态的改变

公娉

山东大学第二医院,250000

**目的** 本研究旨在大数据统计分析山东省乳腺癌患者激素受体状态，研究乳腺癌患者雌激素受体(estrogen receptor, ER)、孕激素受体(Progesterone receptor, PR)等生物标志物在乳腺癌原发肿瘤、新辅助化疗、复发转移过程中的变化，探讨生物学特性改变的临床意义以及对预后的影响。

**方法** 回顾性分析 2005 年-2016 年于山东大学齐鲁医院收治的乳腺癌患者 5305 例，用免疫组织化学的方法进行同时检测患者手术前后、新辅助化疗前后、复发转移灶以及原发灶的 ER、PR、HER-2、Ki-67 等生物标志物的变化以及其生存情况，做出生存曲线。计量资料比较采用 t 检验，计数资料比较采用卡方检验(Chi-square test,  $X^2$  检验)，等级资料的比较采用 wilcon 秩和检验。Kaplan-Meier 法计算生存率及绘制生存曲线。以  $p < 0.05$  视为异有统计学意义。

**结果** 具体分析时，当 ER、PR 均为阳性的时患者的十年无病生存率最好(93.1%)，ER、PR 有一个指标阳性的患者次之，ER、PR 均为阴性的患者十年无病生存率最差(90%)，且有统计学意义( $p=0.04$ )。

**结论** 中国的乳腺癌患者激素受体状态阳性占大多数，激素受体阳性患者预后较好。



## PU-2987

## 凝血与纤溶标志物在肺癌患者血栓前状态的临床研究

张蕾

甘肃省人民医院,730000

**目的** 分析肺癌患者、肺部良性疾病患者、健康对照者之间凝血指标的差异,探寻血栓调节蛋白(TM),凝血酶-抗凝血酶 III 复合物(TAT),组织型纤溶酶原激活剂-抑制剂 1 复合物(t-PAIC),纤溶酶- $\alpha$ 2 纤溶酶抑制剂复合物(PIC)与常规凝血指标(AT、PT、APTT、FIB、D-二聚体、FDP)是否可用于肺癌患者和肺部良性疾病患者血栓前状态的鉴别诊断,并分析比较肺癌患者不同病理类型、化疗与未化疗、发生肺外转移与未发生肺外转移时凝血功能的变化情况。

**方法** 选取原发性肺癌患者 61 例、肺部良性疾病患者 61 例和健康对照者 61 例,分别作为肺癌组、肺部良性疾病组和健康对照组。根据肺癌组患者病理分型将其分为肺腺癌组、肺鳞癌组、小细胞肺癌组。根据 Khorana 评分,将肺癌组患者分成低危组、中危组和高危组。评价 TM、TAT、PIC、t-PAIC、AT、PT、APTT、FIB、D-二聚体、FDP 是否可以代表肺癌患者发生 VTE 的危险程度。

**结果** 1.肺癌组、肺部良性疾病组和健康对照组三组的 TM、TAT、PIC、t-PAIC、AT、APTT、FIB、D-二聚体、FDP 水平相比存在统计学差异。

2.肺腺癌组、肺鳞癌组和小细胞肺癌组三组的 TM、PIC、FIB、TT 水平相比存在统计学差异。

3.与未接受化疗的肺癌患者相比,已经接受化疗的肺癌患者 TAT 水平升高,差异存在统计学意义。

4.与未发生肺外转移的肺癌患者相比,已发生肺外转移的肺癌患者 D-二聚体、FDP 水平升高,差异存在统计学意义。

5.肺癌组患者先通过 Khorana 预测模型评分,将其分为中危组和高危组,上述标志物与 Khorana 预测模型分组结果一致,可作为肺癌患者发生 VTE 的危险评估指标。

**结论** 本研究结果显示 TM、TAT、PIC、t-PAIC、AT、APTT、FIB、D-二聚体、FDP 水平可用于预测肺癌患者的血栓前状态;根据 TM、PIC、FIB、TT 水平,可发现非小细胞肺癌患者相比小细胞肺癌患者更易发生血栓,肺腺癌患者相比肺鳞癌及小细胞肺癌患者更易发生血栓;根据 TAT 水平,可发现接受化疗的肺癌患者相比未接受化疗的肺癌患者更易发生血栓;根据 D-二聚体、FDP 水平,可发现已有肺外转移的肺癌患者相比未发生肺外转移的肺癌患者更易发生血栓;最后,通过比较在 Khorana 预测模型中 TM、TAT、FIB、D-二聚体、FDP 水平,表明它们可以作为评估肺癌患者发生 VTE 的危险程度的指标。

## PU-2988

## 乳腺癌治疗过程中内分泌治疗依从性的研究

公娉

山东大学第二医院,250000

**目的** 本研究旨在大数据统计分析山东省乳腺癌患者激素受体状态,研究乳腺癌患者雌激素受体(estrogen receptor, ER)、孕激素受体(Progesterone receptor, PR)等生物标志物在乳腺癌原发肿瘤、新辅助化疗、复发转移过程中的变化,探讨生物学特性改变的临床意义以及对预后的影响。

**方法** 回顾性分析 2005 年-2016 年于山东大学齐鲁医院收治的乳腺癌患者 5305 例,其中有完整的病理信息患者 4786 例。回顾性分析其临床病理资料,其中术前接受穿刺的患者 71 例,接受新辅助化疗的患者 301 例,原发肿瘤及转移部位均进行病理学检查的患者 39 例。应用内分泌治疗的患者 1839 例,统计分析应用内分泌治疗的患者服药的种类及其依从性情况。计量资料比较采用 t 检验,计数资料比较采用卡方检验(Chi-square test,  $X^2$  检验),等级资料的比较采用 wilcoxon 秩和检验。Kaplan-Meier 法计算生存率及绘制生存曲线。以  $p < 0.05$  视为有统计学意义。

**结果** 乳腺癌患者依从性为 62.7%

**结论** 乳腺癌患者依从性有待提高。

## PU-2989

### Caspase-1 信号通路介导的细胞焦亡在放射性肠炎中的作用

李静,吴东明,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 探讨 Caspase-1 信号通路介导的细胞焦亡 (pyroptosis) 在放射性肠炎 (radiation enteritis, RE) 中的作用

**方法** X 射线随机辐射处理 5 只小鼠建立放射性肠炎模型, 另取 5 只未处理小鼠为对照组。将体外培养的正常人肠上皮细胞 (HIEC) 用 Caspase-1 特异性抑制剂 (Z-YVAD-FMK, YVAD) 处理后辐射, 分为对照组、电离辐射 (ionizing radiation, IR) 组和 YVAD+IR 组。采用 HE 染色观察肠组织病理学改变。qRT-PCR 检测细胞及肠组织中 IL-6、IL-8、TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$ 、IL-18 的 mRNA 表达。ELISA 法检测血清及培养基中 IL-1 $\beta$  和 IL-18 含量水平。免疫组化检测肠组织中 NLRP3、Caspase-1 和 ASC 的表达情况。WB 法检测 Caspase1-p20、GSDMD-N、IL-1 $\beta$ 、IL-18 蛋白表达。Caspase-1 活性检测试剂盒检测 Caspase-1 活性。乳酸脱氢酶 (LDH) 检测试剂盒检测培养基中 LDH 释放量。CCK-8 法检测细胞活性

**结果** 辐射后小鼠肠组织隐窝结构丧失, 绒毛萎缩, 见图 1; IL-1 $\beta$ 、IL-18、IL-6、IL-8、TNF- $\alpha$  的 mRNA 表达增加 ( $P<0.01$ ), 见图 2; NLRP3、Caspase-1、ASC、Caspase1-p20、GSDMD-N、IL-1 $\beta$ 、IL-18 蛋白表达增加, 血清 IL-1 $\beta$  和 IL-18 含量增加 ( $P<0.01$ ), Caspase-1 活性增强 ( $P<0.01$ ), 见图 3。细胞水平上, 与 IR 相比, YVAD+IR 组中 Caspase-1、caspase1-p20、GSDMD-N、IL-1 $\beta$ 、IL-18 蛋白表达水平降低, Caspase-1 活性降低 ( $P<0.01$ ), 见图 4; IL-6、IL-8、TNF- $\alpha$ 、IL-1 $\beta$ 、IL-18 的 mRNA 表达降低 ( $P<0.01$ ), 培养基中 IL-1 $\beta$  和 IL-18 含量降低 ( $P<0.01$ ); LDH 的释放水平降低 ( $P<0.01$ ), 细胞活性增强 ( $P<0.01$ ), 见图 5。

**结论** 放射性肠炎主要表现为炎性损伤, 其机制可能与肠组织中 NLRP3 炎性小体诱导的 Caspase-1 依赖性细胞焦亡的参与相关。

## PU-2990

### 中国一线抗逆转录病毒治疗下 HIV 低病毒血症对病毒学失败影响的研究

张彤,丁海波,安明晖,王晓楠,尚红,韩晓旭

Key Laboratory of AIDS Immunology of National Health and Family Planning Commission

**目的** 部分艾滋病毒 (HIV) 感染者在抗逆转录病毒治疗 (ART) 过程中可检出低病毒血症 (LLV), 对病毒学失败 (VF) 的影响尚存争议。本研究旨在分析中国一线 HAART 方案下 LLV 与病毒学失败的关系及低 LLV 水平大于 200 拷贝/毫升的相关因素。

**方法** 2002-2018 年中国医大一院接受一线 HAART 一年以上的 HIV 感染者 2155 例, 回顾分析平均 3-6 个月一次的病毒载量 (pVL) 数据。据 pVL 升高水平分为 N、L、M、H 组, pVL 分别为  $<50$ copies/ml, 50-200copies/ml, 200-400copies/ml, 400-1000copies/ml, 利用 logistics 回归及生存分析探究 LLV 不同特征对 VF 风险的影响及发生高水平 LLV 的影响因素。

**结果** 与 N 组相比, H 组 (HR 1.97, 95%CI 1.70-2.92,  $p < 0.05$ )、M 组 (HR 1.25, 95%CI 1.07-1.45,  $p < 0.05$ ) VF 风险均增加而 L 组 (HR 0.92, 95%CI 0.74-1.13,  $p > 0.05$ ) 差别没有统计学意义。且与 N 组相比, H 组持续时间极短的病毒 blip 也会增加 VF 风险 (OR 2.57, 95%CI 1.15-5.82,  $p < 0.01$ ) ; M 组 pVL 持续时间  $\geq 6$  个月增加 VF 风险 (OR 5.86, 95%CI 1.62-21.13,  $p < 0.05$ ) ; L 组内不同持续时间 VF 发生率没有差别均  $< 1\%$ 。pVL 升高持续时间长, 检测频繁, 治疗时间长, 基线载量高等特征的患者易出现  $\geq 200$  拷贝/毫升水平的 LLV。

**结论** 以非 B 亚型为主、治疗资源匮乏的中国地区, 一线 HAART 下 LLV 水平越高、持续时间越长, 病毒学失败风险越高。HAART 过程中控制血浆 VL 至 200 拷贝/毫升以下是保证治疗效果的关键。

## PU-2991

### microRNA 海绵沉默人肝癌和骨肉瘤细胞中 microRNA-122 肿瘤抑制功能的研究

卞知玄<sup>1</sup>, 吴棋<sup>2</sup>, 孙奋勇<sup>2</sup>, 潘秋辉<sup>1</sup>

1.上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心, 200120

2.同济大学附属第十人民医院检验科

**目的** microRNA-122 (miR-122) 是一种高度丰富的肝脏特异性 miRNA, 占总肝脏 miRNA 表达的 70%, 与丙型肝炎病毒感染和复制有关, 调节肝脏代谢和肝细胞癌发生。miR-122 的过表达通过抑制血管生成影响肝细胞癌肝内转移, 并通过靶向调节参与转移的去整合素、金属蛋白酶 10 (ADAM10) 和 ADAM17 发挥其作用。

**方法** 在本研究中, 我们利用优于反义寡核苷酸抑制剂短期效应, 具有长期作用效果的 miR-SP 方法, 通过慢病毒介导产生 microRNA-122 海绵 (miR-122-SP), 并于 Huh7 肝癌细胞系和 U2OS 骨肉瘤细胞系中鉴定其沉默作用。通过细胞增殖实验、克隆形成实验、半胱天冬酶-3/7 活性实验、细胞侵袭实验和细胞划痕实验来检测 miR-122-SP 处理后细胞的增殖、侵袭和转移能力。并将感染 Huh7-ctrl 或 Huh7-miR-122-SP 慢病毒的细胞 ( $1 \times 10^5$ ) 皮下接种到雌性无胸腺裸鼠 (3-4 周龄) 体内, 每 4 天用游标卡尺测量植入的肿瘤体积, 在接种 4 周后通过颈椎脱臼处死小鼠, 对肿瘤进行称重。

**结果** miR-122-SP 有效地阻断异位 miR-122 并恢复靶向 CCNG1, Bcl-w 和解聚素和金属蛋白酶 10 的 miR-122 的表达。此外, miR-122-SP 过表达在 Huh7 人肝癌细胞、U2OS 骨肉瘤细胞中拯救了异位 miR-122 抑制增殖, 抑制细胞迁移和侵袭, 抑制 G1 期细胞周期和激活半胱天冬酶-3 / 7 的作用。同时, miR-122-SP 还敲低 Huh7 中内源性 miR-122 的表达并促进体内肿瘤发生。

**结论** 总之, 我们设计的 miR-122-SP 可以在体内外成功沉默 miR-122 抑制肿瘤发生的作用, 表明在低表达 miR-122 的肝癌模型中可通过 miR-122-SP 研究 miR-122 在肝脏发育和肿瘤发生方面的功能。

## PU-2992

## 新型超敏电化学学生物传感器快速侦检超级耐药菌的实验研究

张立群

陆军军医(第三军医)大学第二附属医院

**目的** 构建氧化锌(ZnO)/还原石墨烯氧化物(RGO)/金纳米笼(Au-NC)/超级耐药菌电化学学生物传感器,实现新德里金属- $\beta$ -内酰胺酶-1(NDM-1)DNA的超敏快速精准检测。

**方法** 利用 ZnO/RGO/Au-NC/LNA 特异性探针修饰传感器检测芯片,自主构建 NDM-1 电化学生物传感器。采用循环伏安、DPV 及交流阻抗等三种不同检测方法对传感器检测芯片表面的修饰过程进行电化学表征。

**结果** 该生物传感器对 NDM-1 有很好的电流响应,在最优的检测条件下 NDM-1 的氧化峰电流值变化与其浓度在 1 pg/L 至 100 $\mu$ g/L 时范围内呈良好的线性关系,检测限为 0.1 pg/L。特异性 LNA 探针可识别单个碱基错配,对直接检测复杂临床细菌样品中的 NDM-1 基因中的 DNA 分子具有较高亲和力,而无需 PCR 扩增。方法学比较表明,电化学学生物芯片与 PCR 检测结果的符合率为 100%。在存在干扰细菌(如大肠杆菌)的情况下,该检测方法具有很高的选择性和特异性。

**结论** 成功构建了 NDM-1 电化学生物传感器,建立了 NDM-1 极微量精准检测新方法,可为多重耐药菌的合理用药和个体化诊疗提供指导和依据。同时,可为该类耐药菌的高效筛查、遗传背景溯源和传播途径追溯等流行病学调查提供数据支撑。

## PU-2993

## 临床真菌血流感染的菌株分布及血小板参数在其诊断中的价值

郭浩林<sup>1</sup>,刘云<sup>2</sup>

1.南方医科大学南方医院,510000

2.海军军医大学长海医院

**目的** 总结近三年长海医院真菌血流感染患者的菌株分布特点;分析血小板参数在真菌血流感染诊断中的价值,为临床诊治提供参考依据。

**方法** 对 2015 年 1 月至 2017 年 12 月长海医院收治的 240 例真菌血流感染患者的临床病例进行回顾性分析,总结菌株的分布特点;剔除资料不完整病例后,200 例患者入组后续研究,收集相关血小板参数数据(包括血小板计数[PC],血小板压积[PCT],血小板分布宽度[PDW]和平均血小板体积[MPV]),总结血小板参数在诊断真菌血流感染中的价值。

**结果** 240 例病例中共分离出 264 株菌株,以近平滑念珠菌为主,检出率为 53.79%,角膜假丝酵母检出率为 13.63%,白色念珠菌检出率为 7.58%。检出菌株最高的科室为普外科 32.58%,其次是心血管外科 21.59%与胸外科 8.33%。在年龄分布方面,60 至 69 周岁的高龄患者占到了 84.09%,而 39 周岁以下患者只有 3.02%。在接受抗真菌治疗后,血小板计数[PC]、血小板压积[PCT]、血小板分布宽度[PDW]都有不同程度的增加,而血小板分布宽度[PDW]有略微减少。

**结论** 近平滑念珠菌是长海医院临床血流感染最为常见的菌种,普外科、心血管外科是念珠菌感染的高发病区,感染人群以老年人为主。我们应对强病原学检测提高重视。血小板参数可以为真菌血流感染诊断提供参考。可以作为辅助诊断早期真菌血流感染的指标。

## PU-2994

## 一例高毒力肺炎克雷伯菌引起肝脓肿的临床和病原学分析

陈典典

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 了解高毒力肺炎克雷伯菌引起肝脓肿的特点,为了临床能更好的认识该类感染,与其它疾病更准确的进行鉴别诊断,及早开展针对性抗感染治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析 2018 年 11 月我院血培养分离的 1 例高毒力肺炎克雷伯菌(致肝脓肿被误诊)菌株进行培养,鉴定,PCR 方法判断其毒力血清型和其他生物学特点及临床资料。

**结果** 患者因发热三天加重伴腹痛腹泻一天入院,有 2 型糖尿病史,否认有肝病史。体温升高、寒战送检血培养后需氧瓶 21.25h 报警阳性,涂片革兰染色为革兰阴性杆菌,培养后经 MALDI-TOF MS 鉴定为肺炎克雷伯菌,临床给予抗生素治疗。与临床沟通后用 PCR 方法判断该菌的血清型为 K2 型, rmpA 基因和 areo 基因为阳性,确诊为 K2 型高毒力肺炎克雷伯菌引起的肝脓肿。

**结论** K2 型高毒力肺炎克雷伯菌是引起肝脓肿中最常见的一种,高毒力肺炎克雷伯菌比经典肺炎克雷伯菌致病性更强,可以侵害免疫功能异常的患者,临床及时送检血培养和实验室快速准确的病原鉴定对临床诊疗极为重要。

## PU-2995

## 纸片扩散法分析嗜麦芽窄食单胞菌对常见抗菌药物敏感性

邱善敏,徐杰

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 了解纸片扩散法嗜麦芽窄食单胞菌对常见抗菌药物敏感性,为临床合理选用抗菌药物治疗嗜麦芽窄食单胞菌的感染提供参考。

**方法** 选取苏州大学附属第一医院 2015 年 12 月~2017 年 3 月期间临床和门诊患者样本的嗜麦芽窄食单胞菌分离株 96 株,分析菌株的标本类型、科室分布、年龄组成与性别差异,纸片法药敏试验分析这些菌株对 13 种抗菌药物的体外敏感性。

**结果** 从标本分布看,最主要的是痰液标本,共 62 株(64.6%),其次是咽拭子共 18 株(18.8%)和 6 株来自尿标本(6.3%);年龄与性别组成表现为 50-70 岁年龄段患者最多(37 例,38.5%),其次为 70 岁以上的患者(27 例,28.1%),男性患者占 68.8%,女性占 31.2%;科室分布呈现出血液科分布最多(21 株,21.9%),其次为 ICU(18 株,18.8%)与心血管内科(10 株,10.4%);选取的 96 株嗜麦芽窄食单胞菌对多粘菌素 B、米诺环素、替卡西林克拉维酸、头孢哌酮舒巴坦、左氧氟沙星、莫西沙星、环丙沙星、复方新诺明、替加环素、氯霉素、哌拉西林他唑巴坦、头孢他啶高度敏感,敏感率依次为 100.0%、100.0%、98.96%、96.88%、91.67%、91.67%、90.63%、89.58%、88.54%、85.42%、84.38%、84.38%、81.25%,阿米卡星的耐药率最高,为 67.71%。

**结论** 嗜麦芽窄食单胞菌对常见抗菌药物高度敏感,仅对氨基糖苷类阿米卡星耐药率较高,临床上可以基于药敏试验结果或药物敏感性回顾数据经验用药治疗嗜麦芽窄食单胞菌引起的感染。

## PU-2996

## 多发性骨髓瘤患者血液中 D-二聚体的检测 及其临床意义

杨瑞芳

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 多发性骨髓瘤的特征为骨髓浆细胞异常增生,并且伴有单克隆免疫球蛋白或轻链(M蛋白)过度生成,极少数患者可以是不产生 M 蛋白的未分泌型 MM。多发性骨髓瘤患者长伴有血液高凝状态。当血液处于高凝状态时血液中 D-二聚体含量升高。D-二聚体是纤维蛋白单体经活化因子 XIII 交联后,再经纤溶酶水解所产生的一种特异性降解产物,是一个特异性的纤溶过程标记物。D-二聚体来源于纤溶酶溶解的交联纤维蛋白凝块。D-二聚体的升高反映了体内存在着凝血及纤溶活性增强的重要分子标志物。

**方法** 收集 45 例多发性骨髓瘤患者的多项病历信息(均来自于天津医科大学附属肿瘤医院),20 名非血液系统病人病历信息作为对照组。使用 VIDAS 检测患者血液中 D-二聚体的含量。

**结果** 45 例多发性骨髓瘤患者与 20 例非血液系统病人对照组统计比较血液中 D-二聚体含量相比更高,有统计学意义。DS 分期, I 期 II 期合计 6 例, III 期 37 例, I 期+ II 期较 III 期更高,有统计学意义。ISS 分期, I 期 II 期 25 例, III 期 20 例, I 期+ II 期较 III 期无差别,无统计学意义。按是否使用万柯来治疗分组得出数据具,有统计学意义。

**结论** 我们得出结论患有多发性骨髓瘤,患病分期越高血液中 D-二聚体含量更高,预示着血液中凝血状态也更高。并且血液中其他凝血指标升高也证明这个观点,当血液处于高凝状态时,患者血液中容易形成血栓。此时提示临床医生及时用药降低血液的凝血状态。尤其是对于复发难治型患者应关注血液中 D-二聚体等凝血指标,防止血栓的发生。并且建议使用对于降低血液高凝状态效果更好的万柯硼替佐米。对于那些形成血栓风险较高的患者应该尽早使用万柯硼替佐米。我们会深入研究 D-二聚体在多发性骨髓瘤疾病变化过程中的机制,提前干涉,尽早用药。提醒临床医生今早使用万柯硼替佐米防止形成血栓,达到改善愈后效果的目的。

## PU-2997

## Cisplatin or carboplatin? Neutrophil to lymphocyte ratio may serve as a useful factor in small cell lung cancer therapy selection

Lu Zhang,Zhangchi Pan,Xiaobing Huang,Chunmei Shi,Yingping Cao  
Fujian Medical University Union Hospital

**Objective** The present study aimed to investigate the significance of the neutrophil to lymphocyte ratio (NLR) in peripheral blood of patients with small cell lung cancer (SCLC) when selecting a first-line treatment.

**Methods** A total of 73 patients with SCLC who had complete clinical data and sought treatment at Fujian Medical University Union Hospital between January 2014 and May 2016 were included. Data were retrospectively analyzed, utilizing a receiver operating characteristic curve to determine the NLR cut-off value.

**Results** Out of the 73 patients, 39 were classified as high-NLR ( $NLR \geq 3.80$ ) and 34 as low-NLR ( $NLR < 3.80$ ). Compared with the high-NLR group, patients in the low-NLR group had a longer progression free survival (PFS); however, there was no statistically significant difference in overall survival (OS) time. Patients with a high NLR had a significantly longer PFS ( $P=0.021$ ) and OS time ( $P=0.042$ ) when treated with a etoposide/cisplatin (EP) therapy regimen, compared with those treated with etoposide/carboplatin (EC). PFS was the longest in the high-NLR patients with

limited stage (LS;  $P=0.002$ ). Among the patients receiving the EC regimen, the PFS of the low-NLR group was significantly longer compared with the high-NLR group ( $P=0.003$ ). Patients in the low-NLR group who received thoracic radiotherapy had a longer PFS ( $P=0.011$ ), when comparing patients in the low NLR group who did not receive thoracic radiotherapy, and within this group the therapeutic effect of radiation was the greatest in LS patients. Compared with the high-NLR group, the low-NLR group patients who received cranial radiotherapy had a significantly longer PFS ( $P=0.039$ ).

**Conclusions** For the initial evaluation of patients with SCLC, pre-treatment NLR may be of significance for selecting first-line chemotherapy agents. As the present study was retrospective and investigated a limited number of patients, further research and prospective studies are warranted.

## PU-2998

# YBX1 与 G3BP1 相互作用调控 SPP1 信号通路促进 肾癌转移的机制研究

岳丹

天津医科大学,300000

**目的** 探讨 YBX1 与 G3BP1 相互作用通过 SPP1 激活 NF- $\kappa$ B 信号通路调控肾癌转移中的作用及其分子机制。

**方法** 以 ACHN 和 A498 肾癌细胞通过慢病毒介导的 RNA 干扰技术构建 YBX1、G3BP1 降表达的稳定细胞系；通过细胞黏附实验、迁移实验和 Matrigel 侵袭实验检测 YBX1 降表达对肾癌细胞黏附、迁移和侵袭的影响；通过 western blot 和免疫组化检测 YBX1、G3BP1 和 SPP1 在肾癌组织和癌旁组织中的表达情况，统计学分析 YBX1 的表达与 G3BP1 及 SPP1 表达的相关性；构建小鼠肾包膜下移植瘤模型，通过小动物活体成像观察原发肿瘤及肝、肺转移灶的荧光强度。通过 HE 染色检测肝、肺转移灶。免疫组化检测 G3BP1 降表达对 YBX1 和 SPP1 表达水平的影响。免疫荧光检测 YBX1 与 G3BP1 在小鼠移植瘤组织切片中的定位。

**结果** 与对照组相比较，YBX1 降表达后肾癌细胞的黏附、迁移和侵袭能力均明显降低（\*\*\* $P < 0.001$ ）。免疫共沉淀证实 YBX1 与 G3BP1 相互作用。免疫荧光发现 YBX1 与 G3BP1 在肾癌细胞的细胞质中有共定位。通过筛选差异表达基因并进行验证发现 YBX1 降表达后 SPP1 的 mRNA（\*\*\* $P < 0.001$ ）和蛋白水平均显著下调。与此同时，G3BP1 降表达后，SPP1 的 mRNA（\*\*\* $P < 0.001$ ）和蛋白水平也降低。与对照组相比较，YBX1 或 G3BP1 降表达后 p65 及 p-p65 的蛋白水平下调并抑制 NF- $\kappa$ B 的转录活性。与癌旁组织比较，YBX1、G3BP1 和 SPP1 在肾癌组织中表达升高（\* $P < 0.05$ ），并且 YBX1 的表达与 G3BP1 和 SPP1 的表达显著相关（\*\* $P < 0.01$ ）。G3BP1 降表达后，原发肿瘤及肝、肺转移灶的荧光强度降低。HE 染色显示肝、肺转移灶的数目显著减少（\*\* $P < 0.01$ ）。免疫组化发现，G3BP1 降表达组 YBX1 的表达水平不变，而 SPP1 的表达水平降低。免疫荧光显示 YBX1 和 G3BP1 在小鼠移植瘤模型中有共定位。

**结论** YBX1 与 G3BP1 相互作用通过 SPP1-NF- $\kappa$ B 信号通路调控肾癌细胞的转移，对深入研究肾癌增殖、转移及其分子机制起到重要作用。

## PU-2999

**多耐药高毒力肺炎克雷伯菌的耐药与毒力分析**

陈典典

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 了解多耐药高毒力肺炎克雷伯菌的生物学特点与临床特征, 对其耐药基因及毒力基因进行分析, 为临床能更好的认识多耐药高毒力的临床特点, 避免其暴发流行。

**方法** 回顾性分析 2016-2018 年我院分离的多耐药肺炎克雷伯菌进行培养, 鉴定, 耐药及毒力表型试验, PCR 方法对耐药基因和毒力基因检测, 把筛选出的多耐药高毒力肺炎克雷伯菌进行一般临床资料分析。

**结果** 临床表型试验的均为阳性的多耐药高毒力菌株为 20 株, 且 2016-2018 年多耐药高毒力的菌株呈递增趋势, 临床资料分析显示多耐药高毒力肺炎克雷伯菌感染常为多部位感染, 常伴有 2 型糖尿病等基础疾病。

**结论** 多耐药高毒力肺炎克雷伯菌是临床感染治疗上的新难题, 临床需对此类感染引起重视。检验和临床要积极沟通配合, 避免多耐药高毒力肺炎克雷伯菌暴发流行, 尽量为患者提供有效的诊疗方案。

## PU-3000

**MALDI-TOF MS 直接鉴定阳性厌氧血培养瓶中细菌的研究**

曹敬荣

首都医科大学宣武医院医院

**目的** 探讨基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 直接鉴定阳性厌氧血培养瓶中细菌的可行性和准确性, 评价不同前处理方法用于质谱快速鉴定的临床应用价值。

**方法** 收集 2017 年 8 月至 2018 年 8 月临床非重复阳性厌氧血培养瓶, 均经革兰染色镜检确认有菌生长。利用分离胶促凝管法和 0.5% SDS 法处理阳性血瓶并用 MALDI-TOF MS 直接鉴定, 与转种后菌落鉴定结果相比较, 分析鉴定准确率和一致性。

**结果** 共收集阳性厌氧血培养 240 瓶, 包括单菌阳性 234 瓶, 混合菌 6 瓶, 平均报阳时间为  $16.87 \pm 13.12$ h; 218 瓶 (90.83%) 可用 MALDI-TOF MS 直接鉴定, 4 瓶 (1.67%) 混合菌生长仅鉴定其中一种菌或无可靠鉴定结果。SDS 法和分离胶法对革兰阴性菌的鉴定准确率 (94.81% 和 94.16%) 显著高于革兰阳性菌 (87.50% 和 81.25%), 差异有统计学意义 ( $\chi^2=3.96, 9.53, p < 0.05$ ); SDS 法和分离胶法直接鉴定与菌落鉴定结果的一致率分别为 92.31% 和 89.74%。SDS 法前处理鉴定的准确率和鉴定分值  $\geq 2.0$  (94.17%, 69.23%) 均高于分离胶法 (90.83%, 65.81%); SDS 法厌氧菌的鉴定分值  $\geq 2.0$  的比率 (83.33%) 明显高于分离胶法 (58.33%)。

**结论** MALDI-TOF MS 可应用于临床常见厌氧血培养阳性菌的鉴定, SDS 法前处理对厌氧菌的快速鉴定有较高的准确率。



## PU-3001

## PSA 联合炎性标志物对前列腺癌的诊断价值

武倩<sup>1</sup>, 王晓琴<sup>1</sup>, 种朝阳<sup>3</sup>, 马燕粉<sup>1</sup>

1. 西安交通大学第一附属医院, 710000

2. 西安交通大学第一附属医院, 710000

3. 西安医学院第一附属医院, 710000

4. 西安交通大学第一附属医院, 710000

**目的** 探讨 PSA 及炎性标志物对前列腺肿瘤的诊断价值。

**方法** 收集西安交通大学第一附属医院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月收治的 100 例病理确诊为前列腺癌的病例资料, 同时收集我院体检中心正常体检者 100 例的详细临床资料作为对照组。比较前列腺癌组与正常对照组患者血液中 ALB、fPSA、tPSA、f 比 t、RBC、HGB、PLT、PCT、PDW、MPV、WBC、NEO、LY、MO、NLR、PLR 及 LMR 差异性及其与术后病理的相关性并绘制 ROC 曲线探讨 ALB、fPSA、tPSA、f 比 t、RBC、HGB、PLT、PCT、PDW、MPV、WBC、NEO、LY、MO、NLR、PLR 及 LMR 对前列腺癌的诊断价值。

**结果** 前腺癌组中患者年龄、PLT、WBC、MO 水平与正常对照组没有显著性差异 ( $P>0.05$ ); 前腺癌组中 fPSA、tPSA、PCT、MPV、NEO、NLR 及 PLR 值均高于正常对照组, 而 ALB、f 比 t、RBC、HGB、PDW、LY 及 LMR 值均低于正常对照组, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 高、低 NLR 组和高、低 PLR 组在远处转移情况差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而在年龄、Gleason 评分、原发肿瘤范围各临床指标均无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 绘制 ROC 曲线, 结果显示联合检测时诊断效率最高 (AUC: 0.998, 95%CI: 0.990-1.000,  $P<0.05$ )。

**结论** PSA、NLR、PLR 可以作为诊断前列腺癌及预后的生物学指标, 而 NLR 及 PLR 对前列腺癌的预测价值仍需多中心、大样本的随机对照研究证实。

## PU-3002

## 疑似苏黎世放线菌引起的先兆流产 1 例

彭群新, 徐杰

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 本文报道一例疑似苏黎世放线菌感染引起的先兆流产。

**方法** 患者, 女性, 30 岁, 已婚, 因“停经 23+6 周, 阵发性下腹痛 3 天”于 2018 年 7 月入院。既往月经规律, 末次月经为 2018-01-16, 早孕反应较重, 孕期无病感染。患者有停经史、不规则阴道出血及腹痛史, 妊娠呕吐较严重, 妇科检查患者侧附件可扪及包块、子宫大于停经月份, B 超提示有附件包块及盆腔积液、宫腔内落雪状或蜂窝状回声。既往于 2016 年 10 月孕 2 月自然流产, 2017 年 10 月 10 周胎停清宫流产物送检示 del (8) (p23.3-p23.1), 夫妻双方染色体复查均未见明显异常。本次妊娠早孕期予“阿司匹林、肝素”保胎治疗。3 天前无明显诱因阵发性腹痛, 无阴道见红流血, 自数胎动正常, 拟“先兆流产”收入我院。阴道拭子标本, 标本接种于哥伦比亚血平板, 于 35℃ 条件下需氧培养 48 小时后。

**结果** 平板上可见少量细小呈针尖大小、生长缓慢的菌落 (见图 1), 观察后可以初步排除常见阴性菌、阳性球菌与念珠菌等。菌落菌体直接涂布生物梅里埃 vitek MS 进行质谱鉴定, 2 个重复, 全部为苏黎世放线菌, 鉴定率为 99.9%。为进一步确认放线菌鉴定结果可靠性, 分别行革兰氏染色与弱抗酸染色, 呈革兰氏阳性、弱抗酸阴性, 菌体细长无分隔, 无孢子的丝状杆菌 (见图 2), 镜下染色和菌体特点, 再次确定菌株为放线菌, 质谱鉴定结果可靠。

**结论** 本例患者先兆流产的原因可能是前期存在死胎、清宫等创伤性操作，子宫内膜受损、放线菌送损伤处进入导致宫腔内感染并逆行性播散至盆腔及腹腔内，也可能与妊娠导致机体抵抗力低下有一定关系。

### PU-3003

## MALDI-TOF 快速鉴定 1 例层生镰刀菌血流感染 并文献复习

李文军

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 了解镰刀菌引起血流感染的特点，为临床和实验室认识该类感染并及早开展针对性抗感染治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析 2018 年 11 月我院血培养分离的 1 例层生镰刀菌的分离培养、鉴定等生物学特点和临床资料，并进行文献复习。

**结果** 老年男性患者因发热伴意识障碍 8 小时入院，有糖尿病等多种基础疾病，伴体温升高、寒战，送检血培养后需氧瓶 81.3h 报警阳性，涂片、革兰染色、镜检可见有隔丝状真菌生长，培养菌落最初为白色棉絮状，乳酸酚棉兰染色可见大量椭圆形小分生孢子及镰刀形状分隔的分生孢子，经 MALDI-TOF MS 鉴定为层生镰刀菌。临床给予全身抗真菌治疗后患者体温下降，由于高龄及多器官衰竭死亡。

**结论** 镰刀菌是土壤中常见的腐生菌，在免疫力低下患者可导致血流感染，临床及时送检血培养和实验室快速准确的病原鉴定对临床诊疗极为重要。

### PU-3004

## MALDI-TOF 快速鉴定 2 例互隔链格孢霉致眼部感染 并文献复习

李文军

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 了解链格孢霉引起眼部感染的特点，为临床和实验室认识该类感染并及早开展针对性抗感染治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析 2018 年 11 月-12 月我院角膜分泌物分离的 2 例互隔链格孢霉的培养鉴定及镜检等生物学特点和临床资料，并进行文献复习。

**结果** 两例患者均有眼部外伤史，因视物模糊加重入院，表现为结膜充血、畏光及分泌物增多。床旁行角膜刮片直接镜检和培养，显微镜下可见大量真菌菌丝和孢子，点种 SDA 平板 28℃ 培养观察菌落特点呈绒毛状、深褐色，背面黑色，菌落经乳酸酚棉兰染色可见大量分枝分隔菌丝及深褐色呈卵圆形或倒置棍棒状的分生孢子，表面粗糙城砖格状，孢子排列成长链状，顶部有鸟嘴状突起。菌落经 MALDI-TOF MS 鉴定为互隔链格孢霉。临床给予两性霉素 B 眼液、氟康唑眼液及那他霉素眼液局部交替滴用及全身抗真菌治疗，患者角膜白斑消失、症状好转出院。

**结论** 两例真菌性角膜炎和角膜溃疡均由互隔链格孢霉引起，为创伤后自体接种所致，临床标本分离率低，实验室快速准确的病原鉴定对临床诊疗和预后极为重要。

## PU-3005

## 某院五年念珠菌血流感染的病原菌分布与临床分析

曹敬荣

首都医科大学宣武医院

**目的** 探讨念珠菌血症患者的病原体分布和临床特点，为真菌血症的防治提供实验室依据。

**方法** 回顾性分析某院 2014 年 1 月至 2018 年 12 月五年间念珠菌血流感染患者的微生物学特点和临床资料，统计分析采用 SPSS19.0 软件，分析菌种分布与患者感染转归的关系。

**结果** 五年间共有 140 例患者发生念珠菌血症，由白念珠菌、近平滑念珠菌、热带念珠菌和光滑念珠菌引起的感染分别占 40.00%、25.71%、20.00%和 13.57%，其它念珠菌占 0.72%；血培养平均报阳时间（TTP）热带念珠菌最短（ $24.61 \pm 10.04\text{h}$ ），其次是近平滑念珠菌（ $35.21 \pm 14.78\text{h}$ ）和白念珠菌（ $41.20 \pm 16.43\text{h}$ ），光滑念珠菌最长（ $51.96 \pm 23.19\text{h}$ ）。感染患者年龄 16-92 岁（平均  $62.9 \pm 17.2$  岁），其中  $\geq 60$  岁者占 62.14%；主要分布在 ICU（55.71%）和外科（26.43%），基础疾病有胆道胰腺疾病（32.14%）、肺部疾病（31.43%）、颅脑疾病（22.83%）、糖尿病（17.86%）和恶性肿瘤（17.86%）等；患者住院时间 7-115 天（平均  $38.56 \pm 21.64\text{d}$ ），其中  $\geq 30\text{d}$  者占 62.14%；常见危险因素包括长期使用广谱抗菌药物（90.00%）和侵入性导管（82.14%）；住院期间死亡病例 57 例，粗死亡率为 40.71%。年龄、感染性休克和合并细菌血流感染为死亡的独立影响因素。

**结论** 念珠菌血症的病原菌以非白念珠菌为主，患者常合并严重基础病和多种危险因素，死亡率高。

## PU-3006

## 某院 4 年间引起血流感染的革兰阴性菌的分布与阳性报警时间分析

曹敬荣

首都医科大学宣武医院

**目的** 了解引起血流感染的革兰阴性菌的分布及阳性报警时间（TTP）特点，为临床及早开展针对性抗感染治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析 2015 年 1 月-2018 年 12 月某院血培养分离的革兰阴性菌的菌种分布、科室分布等信息，并对 TTP 特征进行分析。

**结果** 2015 年 1 月-2018 年 12 月血培养报警阳性瓶 1318 瓶，包括需氧阳性 815 瓶，厌氧 503 瓶，单一菌 1286 瓶，复数菌 32 瓶；共分离出革兰阴性菌 1332 株，分离前五位细菌为大肠埃希菌（36.19%）、肺炎克雷伯菌（29.43%）、鲍曼不动杆菌（9.91%）、铜绿假单胞菌（5.26%）和阴沟肠杆菌（3.53%）；分离革兰阴性杆菌的平均 TTP 为  $18.91 \pm 20.72\text{h}$ ，其中分离自厌氧瓶细菌的平均 TTP 为  $13.67 \pm 11.73\text{h}$  明显短于需氧瓶  $22.22 \pm 24.10\text{h}$ （ $p < 0.05$ ），肠杆菌科细菌平均 TTP 为  $16.53 \pm 16.34\text{h}$  明显短于非发酵菌的  $20.12 \pm 18.98\text{h}$ （ $p < 0.05$ ），专性厌氧菌和复数菌的平均 TTP 分别为  $31.43 \pm 24.10\text{h}$  和  $15.52 \pm 16.44\text{h}$ ；大肠埃希菌的平均 TTP 最短为  $14.72 \pm 13.34\text{h}$ ，其次是鲍曼不动杆菌（ $15.63 \pm 14.79\text{h}$ ）、铜绿假单胞菌（ $16.38 \pm 8.07\text{h}$ ）、肺炎克雷伯菌（ $17.62 \pm 18.15\text{h}$ ）、产气肠杆菌（ $19.44 \pm 19.57\text{h}$ ）和阴沟肠杆菌（ $20.33 \pm 15.91\text{h}$ ），TTP 最长为布鲁杆菌（ $101.66 \pm 21.69\text{h}$ ）；在 12h 内阳性报警  $\geq 40.00\%$  者有大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌、产气肠杆菌，洋葱伯克霍尔德菌在 12h 内报警阳性仅有 4.35%；除洋葱伯克霍尔德菌（26.09%）和专性厌氧菌（41.17%）外，24h 内报警阳性者均  $\geq 75\%$ ；不同菌种在 12h，24h 和 48h 内的阳性报警百分率的差别均有统计学意义。

**结论** 医院血流感染病原菌分布较广，临床医师重视血培养的送检，根据药敏结果及时调整抗菌药物的使用，避免抗菌药物滥用，尽量控制耐药菌的流行。

## PU-3007

### 2019 年 1 月至 2019 年 3 月南方医院静脉血血培养阳性标本病原菌分布及其耐药分析

加衣娜·达吾列提  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 调查 2019 年南方医院第一季度静脉血血培养阳性标本病原菌分布及其耐药情况，了解医院中阳性率较高的病原菌，有助于指导临床合理应用抗生素，观察患者病情进展及治疗效果，同时也能预防或控制病原菌传播。

**方法** 采集 2019 年 1 月至 2019 年 3 月疑似血流感染患者静脉血于相应的培养瓶中，放入 BD FX 血培养仪进行培养，仪器报阳后取出阳性培养瓶，颠倒混匀数次，将瓶口在酒精灯火焰上烧灼 10 秒灭菌，用无菌注射器取一定量培养液于玻片上进行涂片、革兰染色、镜检，并接种于一块血平板和一块巧克力平板，培养 18 到 24 小时后用 Vitek compact2 全自动细菌药敏分析仪、BD Phoenix100 全自动鉴定分析仪、真菌快速培养鉴定药敏试剂盒以及 K-B 法完成对病原菌的鉴定及药敏分析。

**结果** 2019 年 1 月至 2019 年 3 月共分离出 191 株，39 种病原菌，删去同一患者相同病原菌及药敏结果的病原菌，共有 185 株病原菌。其中有 58 株革兰阳性菌（31.4%），119 株革兰阴性菌（64.3%），8 株真菌（4.3%）。较为多见的病原菌为大肠埃希菌（22.7%），金黄色葡萄球菌（9.73%）以及肺炎克雷伯菌（9.19%）。分离率较高的科室有小儿科，血液科，重症医学科和介入科。

**结论** 病原菌主要为革兰阴性菌，其中所占比例较高的为大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌。革兰阳性菌中金黄色葡萄球菌，缓症链球菌，表皮葡萄球等较多见。从常见病原菌药敏结果看，革兰阴性菌对头孢唑啉、氨苄西林耐药率较高。革兰阳性菌对氨苄西林、苯唑西林及青霉素耐药率较高。而真菌对药物的耐药率都较低。临床用药时应充分考虑细菌耐药性且避免细菌传播。可以通过加强药政管理、严格执行消毒隔离制度、研制新药物等方法降低耐药性。

## PU-3008

### 引起血流感染的念珠菌的分布与阳性报警时间分析

曹敬荣  
首都医科大学宣武医院医院

**目的** 了解引起血流感染的念珠菌的分布及阳性报警时间（TTP）特点，为临床及早开展针对性抗感染治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析 2015 年 1 月-2018 年 12 月某院血培养分离的念珠菌的菌种分布、科室分布等信息，并对 TTP 特征进行分析。

**结果** 血培养阳性分离出念珠菌者 226 瓶，阳性检出率为 3.5%，单一菌阳性 216 瓶，复数菌 10 瓶；共分离出念珠菌 234 株，以白念珠菌（39.74%，93/234）、近平滑念珠菌（22.22%，52/234）、热带念珠菌（26.50%，62/234）和光滑念珠菌（8.97%，21/234）为主；所有念珠菌的平均 TTP 为 36.91±18.04h，其中热带念珠菌（25.85±12.00h）平均 TTP 最短，其次是近平滑念珠菌（34.27±13.55h）和白念珠菌（41.14±17.80h），光滑念珠菌（53.26±24.93h）TTP 最长；2015 年-2018 年每年的平均 TTP 分别为 40.57±16.82h、40.46±18.65h、32.78±15.59h、

33.74±18.97h; 在 24h 内阳性报警≥40.00%者有白念珠菌、近平滑念珠菌、热带念珠菌和光滑念珠菌; 不同菌种在 24h, 36h、48h 和 72h 内的阳性报警百分率的差别均有统计学意义。

**结论** 医院血流感染病原菌分布较广, 临床医师重视血培养的送检, 根据药敏结果及时调整抗菌药物的使用, 避免抗菌药物滥用, 尽量控制耐药菌的流行。

## PU-3009

### Vitek MS 对多重耐药鲍曼不动杆菌耐药性的初步分析

黄莉, 卢志锋, 傅俊方, 曹震, 龙军  
南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 研究基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(matrix assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF-MS)对耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌临床分离株进行耐药性分析的意义, 探究蛋白指纹图谱的聚类分析结果和菌株药敏特征之间的关系。

**方法** 收集 2016 年 1 月—2017 年 3 月南方医科大学珠江医院多重耐药鲍曼不动杆菌临床分离株, 利用 MALDI-TOF-MS 进行鉴定分析, 并在 MALDI-TOF MS RUO 模式下利用 SARAMIS 对鉴定结果可信度高于 90%的临床分离株进行聚类分析, 比较不同相似度的聚类群体的耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌的构成比。

**结果** 共收集了 129 株多重耐药鲍曼不动杆菌临床分离株, 其中 MALDI-TOF MS 鉴定可信度高于 90%的有 103 株; 根据 SARAMIS 对 103 株分离株的聚类分析结果, 取相似度为 80%为阈值界限, 分为相似度高与相似度低两群体; 耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌在两个群体的构成比经  $\chi^2$  检验有显著性差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 利用 MALDI-TOF-MS 的 SARAMIS 能对耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌的进行耐药性分析, 能够体现药敏特征的差异性, 为今后利用 MALDI-TOF MS 快速区分多重耐药不动杆菌提供可行依据。

## PU-3010

### 血清中 miR-92a 在小细胞肺癌中的表达

张潞<sup>1</sup>, 陈玲<sup>2</sup>, 王梅华<sup>1</sup>, 曹颖平<sup>1</sup>  
1. 福建医科大学附属协和医院, 350000  
2. 福建医科大学, 350000

**目的** 本研究旨在探讨人血清 miR-92a 在小细胞肺癌 (Small Cell Lung Cancer, SCLC) 早期诊断中的临床价值。

**方法** 实验研究选取初治小细胞肺癌患者 30 例和同龄健康对照者 30 例, 应用逆转录实验和实时荧光定量聚合酶链反应实验来检测小细胞肺癌患病组和健康对照组血清中 miR-92a 水平的表达差异, 并进行相应统计学分析。

**结果** 统计学分析数据显示, 小细胞肺癌患者组的血清中 miR-92a 的表达程度明显高于同龄健康对照者 ( $2.12\pm0.77$  vs  $1.52\pm0.49$ ,  $P=0.029$ )。

**结论** 小细胞肺癌患者组和健康对照组血清中 miR-92a 的表达差异提示: miR-92a 可能作为小细胞肺癌潜在的早期诊断分子标志物并对小细胞肺癌的预后起到作用。

## PU-3011

## 血小板相关干扰指标在自动审核体系中的应用

毛志刚,邓佳敏  
四川大学华西医院,610000

**目的** 通过绘制 ROC 曲线,得到当运用 XN-9000 的电阻抗法和荧光法通道进行血小板计数的结果存在显著差异时,对应四种影响因素 MCV(fL)、MicroR%、FRC%、IPF%的临界值,将所得临界值录入自动审核体系作为拦截标准,建立和完善血小板荧光法复查的复检规则。

**方法** 随机选择华西医 2019 年 2 月至 2019 年 3 月期间门诊及住院临床血常规标本 2133 例,应用 Sysmex-XN9000 血液分析流水线系统进行全血细胞分类计数,收集每一标本的 PLT-I( $10^9/L$ )、PLT-F( $10^9/L$ )、MCV(fL)、MicroR(%)、FRC(%)、IPF(%)分析结果,绘制受试者工作特征曲线。

**结果** MCV 的 ROC 曲线 AUC=0.606,cut-off 值=70.95fL,敏感性 41.9%,特异性 75.6%;MicroR(%)的 ROC 曲线 AUC=0.731,cut-off 值=14.15%,敏感性 88.3%,特异性 49.3%;FRC%的 ROC 曲线 AUC=0.705,cut-off 值=1.795%,敏感性 80.9%,特异性 53.2%;IPF(%)的 ROC 曲线 AUC=0.705, cut-off 值=15.85%,敏感性 56.3%,特异性 90.7%。

**结论** 初步得到了 PLT-I 结果不可靠时用 PLT-F 复查的拦截标准,完善了血小板系统自动审核体系的复检规则。

## PU-3012

## 临床化学室内质量控制数据分析对持续质量改进的作用

邱谷,张曙晴,戴世荣,沈晓雯,刘培龙  
南通市第二人民医院,226000

**目的** 探讨周期性室内质量控制数据分析总结对持续质量改进的作用。

**方法** 回顾 2014-2018 年以来本实验室临床化学室内质量控制数据,对当月所有测定项目的失控情况及准确度、精密度改变超出允许范围的原因进行分析总结。

**结果** 2014-2018 年临床化学失控共 295 项次,其中,违反  $1_{3s}$  失控占 40.7%,违反  $2_{2s}$  失控 39.0%,违反  $R_{4s}$  失控 15.3%,三者总计占 94.9%。质控品因素、校准不当、试剂因素是失控的主要原因,占 67.5%,与其它原因比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。5 年中当月均值与设定均值比较,偏差超出实验室允许范围共 26 项,当月标准差或变异系数与设定值比较有明显改变,超出实验室允许范围共 21 项,试剂(包括水质)因素、仪器耗材因素、质控品因素等是引起准确度和精密度改变超出允许范围的主要原因。5 年来临床化学室内质量控制失控率呈逐年下降趋势,参加室间质评项目合格率逐年提高。

**结论** 认真进行室内质量控制数据的周期性分析总结对发现、排除质量环节中的不满意因素和持续质量改进,保证临床检验结果稳定可靠十分重要。

## PU-3013

## TXNL-1 凋亡机制研究

赵金铭

山东大学第二医院,250000

**目的** 研究 TXNL-1 诱导细胞凋亡的机制。

**方法** 利用酵母双杂交筛选蛋白质相互作用,证实 TXNL1 参与凋亡,通过构建重组质粒、细胞培养和质粒转染、小干扰 RNA (siRNA) 测定、病毒和 DF-1 细胞的病毒感染、病毒噬斑测定、蛋白质印迹分析、定量实时 PCR (Q-PCR)、细胞免疫荧光染色、细胞凋亡的流式细胞术分析、统计分析

**结果** TXNL1 可以抑制细胞凋亡。

**结论** 作为一种细胞内抗氧化蛋白, TXNL1 可以调节活性氧的减少。TXNL1 的过表达抑制病毒复制,并且内源 TXNL1 的敲低促进病毒复制。TXNL1 可以抑制细胞凋亡。

## PU-3014

## Questionnaire Survey about Association between Preeclampsia and Incontinentia Pigmenti

xiaoyan sun

Xuanwu Hospital, Capital Medical University

**Objective** In this study, a questionnaire survey was conducted to find the relationship between preeclampsia (PE) and incontinentia pigmenti (IP)

**Methods** Using a questionnaire survey of 147 women whose children were diagnosed with IP, this study first investigated their clinical manifestations and complications during pregnancy. The manifestations included new-onset high blood pressure, new-onset proteinuria and edema after 20 weeks of gestation. The respondent women were divided into two groups according to whether the woman herself was also an incontinentia pigmenti patient, and then analyzed accordingly.

**Results** A total of 147, 45 mothers with IP were included in the study group and 102 mothers without IP in the control group. The NEMO/IKBK gene was normal for all non-IP mothers who had undergone NEMO/IKBK genetic testing (12/12), whereas NEMO/IKBK mutations were found in 72.7% (8/11) of the IP mothers. IP mothers pregnant with an IP fetus were at higher risk for hypertension, proteinuria, and edema during pregnancy as compared with non-IP mothers that carried an IP fetus. Out of these 147 mothers, 8 mothers with IP and 6 mothers without IP presented with new-onset hypertension during pregnancy ( $P=0.024$ ), 7 mothers with IP and 4 mothers without IP presented with new-onset proteinuria during pregnancy ( $P=0.013$ ), and 21 IP mothers and 27 non-IP mothers presented with edema in their pregnancy ( $P=0.016$ ). Totally 3 IP (6.7%) mothers and 2 non-IP (2.0%) mothers had the three clinical manifestations simultaneously, and they were all diagnosed as PE. PE was the most common complication in this questionnaire (8/147), there were 4 mothers of each group complicated with PE. Although no statistical difference was observed, more mothers in the study group appeared the three clinical manifestations concurrently (6.7% vs 2.0%;  $P=0.168$ ), were more likely to be diagnosed with PE (8.9% vs 3.9%;  $P=0.249$ ).

**Conclusions** Our study revealed that the simultaneous occurrence of IP in the mother and fetus increased the likelihood of clinical manifestations associated with PE during pregnancy.

## PU-3015

## 非 HIV 弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者经利妥昔单抗治疗后感染 马尔尼菲篮状菌一例

王艳芳,黄莉,傅俊方,邓间开,曹震,林丽娟

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 马尔尼菲篮状菌是一种温度双相真菌,主要流行于东南亚和我国南方地区,可引起局部或播散性马尔尼菲篮状菌感染。患者以 AIDS 人群为主,近年非 HIV 免疫抑制人群中也有明显增加。本文报道一例非 HIV 弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者经利妥昔单抗治疗一年后引起的马尔尼菲篮状菌播散性感染。

**方法** 患者,男,50岁,广东惠州人,弥漫大 B 细胞淋巴瘤(IV期)确诊1年余,慢性乙型病毒肝炎。1年前行利妥昔单抗联合 CHOP (R-CHOP) 方案治疗。本次入院后持续发热 38.5-39.3℃,胸片提示肺部感染,痰培养肺炎克雷伯菌。血常规提示中性粒细胞 83.1%,红细胞计数 3.99T/L,血小板计数降低(15G/L)。予美罗培南抗感染治疗,但各项感染指标持续升高:PCT 1周内从 5.54ng/ml 升高至 18.02ng/ml,CRP 从 110.2mg/L 升高至 172.3mg/L,HIV 抗原抗体阴性。真菌血清学检测:血清 GMI>3.0,隐球菌抗原阴性,真菌 D 葡聚糖 206.3μg/L。静脉血培养阳性,为典型的温度双相型真菌,伴有红色色素产生,鉴定为马尔尼菲篮状菌,并经真菌 ITS 测序进一步确认,予伏立康唑联合美罗培南抗感染治疗。由于病人肝功能恶化,虽经加强护肝治疗后,但仍未见明显好转,陆续出现肝、肾衰竭后,家属放弃治疗。

**结果** 既往认为马尔尼菲篮状菌感染是 HIV 的标志性机会感染。但近年非 HIV 免疫抑制患者如 γ-IFN 自身抗体阳性、血液恶性肿瘤、靶向药物治疗等人群中马尔尼菲篮状菌感染明显增多。其中,非 HIV 血液病肿瘤患者在抗 CD20 抗体(如利妥昔单抗等)或酶抑制剂靶向治疗 6-18 个月后,会出现马尔尼菲篮状菌感染。非 HIV 感染人群合并马尔尼菲篮状菌感染死亡率约 33%,略高于 HIV 感染人群。目前马尔尼菲篮状菌感染的诊断主要依赖培养,但血清学诊断同样具有重要价值。真菌 D 葡聚糖升高、GMI 阳性、PCT 及 CRP 迅速急剧升高均高度提示真菌感染。但均无法明确感染真菌种类,因此,急需马尔尼菲篮状菌特异性检测方法用于该人群的定期监测,以及时抗真菌治疗。

**结论** 对于长期生活在马尔尼菲篮状菌流行区,且不明原因发热的免疫抑制患者,尤其是血液恶性肿瘤患者经抗 CD20 单抗治疗后,需考虑马尔尼菲篮状菌造成严重感染的可能,及早检测各项真菌血清学指标。

## PU-3016

## SALL4 通过 TGF-β/SMAD 信号通路促进胃癌 的转移发展

张鹏

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 探讨人婆罗双树样基因 4 (spalt-like transcription factor 4,SALL4) 在胃癌转移和胃癌细胞 EMT 中的作用及机制,为阐明 SALL4 促胃癌转移作用提供理论基础和实验依据,并为胃癌分子诊断和治疗提供新的靶点。

**方法** 分别采用慢病毒介导 SALL4 干扰 shRNA 和 SALL4 过表达质粒转染人胃癌细胞 MGC803 和 HGC27,采用 qRT-PCR 验证 SALL4 基因敲减和过表达效率。采用平板克隆实验检测细胞增殖能力,采用划痕实验评价细胞运动能力,采用 Transwell 迁移和 Matrigel 侵袭实验评价细胞迁移以及侵袭能力,采用 qRT-PCR 和 Western blot 检测胃癌细胞中 EMT 相关基因和蛋白表达。通过基因



芯片筛选和 qRT-PCR 检测 SALL4 敲减后 MGC-803 细胞 TGF- $\beta$ 1 基因表达变化。在过表达 SALL4 同时采用 siRNA 干扰 TGF- $\beta$ 1, 阐明 TGF- $\beta$ 1 在 SALL4 促胃癌转移和 EMT 中的作用。通过裸鼠体内实验证明 MGC-803 中 SALL4 基因表达升高后, 裸鼠体内胃癌转移情况增加, 且小鼠死亡率增加。

**结果** 慢病毒介导 shRNA 转染 MGC-803 细胞后, qRT-PCR 和 western blot 结果显示 SALL4 表达降低。平板克隆实验和划痕实验结果显示细胞增殖和运动能力下降, Transwell 迁移和 Matrigel 侵袭实验结果显示细胞迁移和侵袭能力下降。qRT-PCR 和 western blot 结果表明 E-cadherin 基因和蛋白表达升高, N-cadherin、vimentin、slug 和 twist 基因和蛋白表达下降。相反, SALL4 过表达质粒转染 HGC-27 细胞后, SALL4 表达升高, 细胞增殖、运动、迁移和侵袭能力增强, E-cadherin 基因和蛋白表达下降, N-cadherin、vimentin、slug 和 twist 基因和蛋白表达上升。SALL4 基因敲减导致 TGF- $\beta$ 1 基因表达下调, 并得到 Western blot 结果证实。SALL4 基因敲减抑制而 SALL4 过表达促进 SMAD2/3 磷酸化。干扰 TGF- $\beta$ 1 基因表达导致 SALL4 促胃癌细胞迁移和侵袭以及 EMT 发生能力明显下降。

**结论** SALL4 通过激活 TGF- $\beta$ /SMAD 信号通路, 诱导胃癌细胞发生 EMT, 促进其转移能力。SALL4 调控 TGF- $\beta$ 1 是其在胃癌中发挥促转移作用的新机制。

## PU-3017

### 用餐对成人血沉的影响及其机制

于淼

吉林金域医学检验所有限公司

**目的 【摘要】目的:** 探讨用餐对成人血沉 (ESR) 的影响, 并探讨其可能机制。 **方法:** 随机选择 8 例成人分别于空腹抽血 (对照组) 和餐后一小时 (因血糖浓度最高) 抽血 (研究组), 用魏氏法进行 ESR 常规生化检测。 **结果:** 上述指标研究组与对照组比较明显增高 ( $P<0.05$ )。 **结论:** 用餐可加快成人血沉, 符合统计学意义, 但并未产生假阳性的结果, 虽不会对临床标本产生重大影响, 但为使结果更为准确可靠, 应于空腹抽血测定血沉 (ESR)。

**方法** 方法 血沉检测采用魏氏法分别于空腹和用餐后进行测定, 血标本采用枸橼酸钠抗凝 数据分析采用 SPSS16.0 软件进行分析

**结果** 结果

成年男、女性于空腹和餐后一小时检测的血沉 (mm/h) 值的比较

	n	1 h ESR (男)	1 h ESR (女)
空腹	8	3.5 $\pm$ 1.914	3.0 $\pm$ 2.986
餐后	8	6.0 $\pm$ 2.160	8.0 $\pm$ 2.160

各研究组与对照组比较  $P<0.05$

**结论** 本实验结果表明, 无论性别, 用餐均可显著加快血沉, 并有统计学意义, 但所有结果均为大于正常值上限, 不会造成假阳性结果的影响。然, 最好于空腹时测定血沉值, 一: 追求实验结果的准确性和精确度; 二: 由于本次实验对象均为健康成人, 其基础血沉值远小于正常值上限。而对于那些基础值较高的人, 用餐对其血沉的加快是否已达正常值上限, 我们并未获知, 这是本次实验的局限性和不足之处。

总的来说, 用餐后血糖增高, 加快血沉, 为避免实验结果的不准确, 我们应避免在用餐后测定血沉, 尤其是餐后一小时, 从而为临床提供更精确可靠的数据, 提高检验结果和临床病症相符的程度。

## PU-3018

## TXNL1 在顺铂诱导的细胞凋亡中的作用

赵金铭

山东大学第二医院,250000

**目的** 研究 TXNL1 在顺铂诱导的细胞凋亡中的作用。

**方法** 通过 Tunel 和克隆形成测定分别抑制 BGC823 和 SGC7901 细胞中 TXNL1 的表达

**结果** 对顺铂诱导的细胞凋亡和细胞死亡的抗性增加。相反, BGC823 / DDP 和 SGC7901 / DDP 细胞中 TXNL1 的过表达导致更高的顺铂诱导的细胞凋亡和细胞死亡。

**结论** TXNL1 是癌细胞顺铂耐药表型的可行调节剂和潜在的化学治疗靶标。

## PU-3019

## Vitamin D level in rheumatoid arthritis and its correlation with the disease activity

Tai-chang TAN, Cheng-jie JI, Jia-qiang WANG, Wu-bing LONG

Sichuan Academy of Medical Sciences &amp; Sichuan Provincial people's Hospital

**Objective Objective:** As well known, Rheumatoid Arthritis (RA) is one of the most prevalent autoimmune diseases. In addition to its well-documented involvement in mineral homeostasis, vitamin D seems to have broad effects on human health that go beyond the skeletal system. Prominent among these so-called nonclassical effects of vitamin D are its immunomodulatory properties. Due to the significance of the relationship between serum vitamin D levels and autoimmune diseases, this exploratory aimed to estimate the relationship between serum vitamin D status and its correlation with the disease activity in Southwest China patients with newly diagnosed RA.

**Methods Method:** Quantitative measurement of serum 25-OH vitamin D (25(OH)D) levels used the chemiluminescent immunoassay method, the disease activity was assessment based on Disease Activity Score of 28 joints -C- reaction protein (DAS28-CRP). In addition, the serum CRP levels, the duration of morning stiffness, and the number of joints with tenderness and swollen were calculated as well. The data were analyzed using the Pearson correlation coefficient.

**Results Results:** 85 patients(RA group) with newly diagnosed RA (male, 11, female 74, mean age  $50.35 \pm 17.08$  yrs) fulfilling ACR criteria for the classification of rheumatoid arthritis, whereas 85 age and gender matched healthy controls (male, 11, female 74, mean age  $50.66 \pm 16.89$  yrs) were included in this study. Serum vitamin D levels and DAS28-CRP scores were estimated at the first visit. The mean serum vitamin D levels were  $24.76 \pm 8.33$  ng/ml in the RA group and  $33.83 \pm 7.93$  ng/ml in the healthy control group. This difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). Seventy-eight patients (91.76%) belonging to the RA group had serum Vitamin D levels  $<30$  ng/ml, that means, they were Vitamin D deficient, whereas forty participants (47.06%) belonging to the control group had Vitamin D deficiency. In this study, 11 out of 85 of RA patients (12.94%) were in the remission group (DAS28 score  $<2.6$ ), 23 patients (27.06%) in the low disease activity group (DAS28 score 2.7–3.2), 33 patients (38.82%) in the moderate disease activity group (DAS28 score 3.3–5.1), and 18 patients (21.18%) in the high disease activity group (DAS28 score  $>5.1$ ). The mean serum Vitamin D levels were  $31.06 \pm 7.6$  ng/ml,  $30.18 \pm 5.3$  ng/ml,  $26.55 \pm 5.36$  ng/ml, and  $16.47 \pm 5.86$  ng/ml in the remission, low disease activity, moderate disease activity, and high disease activity groups, respectively, these differences were statistically significant ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions Conclusions:** It seems that hypovitaminosis D is common in the RA patients in this study. Vitamin D deficiency is more common in RA patients and may be one of the causes leading to development or worsening of this disease, and association was observed between

vitamin D levels and disease activity but multi-center studies on a larger group of patients will be needed to confirm this conclusion further.

Key words: rheumatoid arthritis, RA, 25hydroxyvitamin D, DAS28, DAS28-CRP, disease activity.

## PU-3020

### 粪便潜血检测定量检测在肠道肿瘤及其他疾病早期诊断中应用的研究

胡金曹

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 统计分析健康体检人员粪便潜血检测定量法的检测结果与肠道肿瘤及其他疾病的相关性。

**方法** 记录 2018 年 6 月至 2019 年 3 月在本院体检中心接受健康体检人员的粪便潜血检测定量法的检测结果,并跟踪其中阳性结果人员的肠镜检查及相关病理检查结果,统计分析粪便潜血检测定量法的检测结果,统计分析,得出相关性。

**结果** 共统计 13625 人次的粪便潜血检测定量法的检测结果,其中阳性 632 例,其中 125 例做了肠镜检查及病理检查,其中大肠癌、低级别上皮肉瘤变、息肉或腺瘤等肿瘤相关病变 66 例,肠炎及其他病患 34 例,无异常发现的 25 例。

**结论** 粪便潜血检测定量法的检测结果阳性与肠道肿瘤或肠炎等疾病有高度的相关性,在临床肠道疾病特别是肠道肿瘤相关疾病的早期筛查和诊断中有很好的临床应用价值。

## PU-3021

### Application of next-generation sequencing technology in noninvasive prenatal detection of fetal chromosomal deletion and duplication

yueli Wu,Linlin Zhang

the Third Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** to investigate the application effect and reliability of next-generation sequencing technology in noninvasive prenatal detection of fetal chromosomal deletion and duplication.

**Methods** collected 5170 cases of pregnant women of natural conception of singletons in August 2016 ~ August 2018 , noninvasive prenatal detection were performed in the pregnant women whose gestational age 12 ~ 22 weeks to detect the fetal chromosomal abnormalities. The pregnant women who were prompted high risk of fetal chromosomal deletion and duplication by the noninvasive prenatal detection were accepted prenatal genetic counseling. Chromosome karyotype analysis and microarray detection of amniotic fluid cell culture were performed at 18 ~24 weeks after informed consent of pregnant women and their families. To analyze the coincidence rate of noninvasive prenatal fetal chromosome detection with chromosome karyotype and microarray analysis results.

**Results** 27 cases of chromosomal duplication and deletion and 12 cases of sexual chromosomal abnormalities were detected by noninvasive prenatal testing in 5170 pregnant women, of which 38 cases received amniocentesis chromosome karyotype and microarray analysis. All of the 27 cases with chromosomal deletion and duplication indicated by noninvasive prenatal detection received amniocentesis, of which 11 cases of chromosomal abnormalities were detected, among which 9 cases were consistent with the results of chromosomal microarray (33.3%), and 2 cases were not conform to the results of microarray which indicated polymorphism. 11 of the 12 cases which indicated sexual chromosomal abnormalities by noninvasive prenatal examination

received amniocentesis, of which 7 cases of fetal sexual chromosomal abnormalities were detected, with a coincidence rate of 63.64%.

**Conclusions** Noninvasive prenatal detection by next-generation sequencing technology has clinical value in screening fetus chromosomal deletion and duplication. However, the clinical coincidence rate of detection of chromosomal deletion and duplication and sexual chromosomal abnormalities is not high, invasive prenatal diagnosis (chromosomal karyotype analysis or microarray analysis) must be performed when chromosomal abnormalities were indicated by noninvasive prenatal detection.

## PU-3022

### The study of a new small molecular of TLR2 inhibitor how to decrease pro-inflammatory factor expression for protecting brucella infection

Zhenzhan Kuang

Department of Medical Research, General Hospital of Southern Theatre Command of PLA

**Objective** Objective: Brucella is one of the most harmful pathogens to both human being and animals. And it have been found that Toll like receptor 2(TLR2) pathway plays an important role in the process of Brucella infection to macrophages. In this study, we try to find a new inhibitor of TLR2 to alleviate Brucella infection to macrophages.

**Methods** Methods: The computer simulation technology were employed to design a new molecular of TLR2 inhibitor based on the structure of TLR2-IN-C29. CCK8 experiment was used to evaluate the effect of the new molecular of TLR2 inhibitor to the survival of macrophage cells(THP1 cells). Flow cytometer assay was used to detect the apoptosis of macrophage cells which have been infected by Brucella under the treatment of the new molecular or not. Qpcr and westernblot were used to detect the expression of pro-inflammatory factors regulated by the TLR2 pathway.

**Results** Results: The new molecular of TLR2 inhibitor-C1 was successfully produced by the computer simulation technology. And it was verified that C1 was not significant to the survival of macrophage cells among the concentration of 10-150nM by CCK8 experiment. Importantly, the apoptosis of macrophage cells was improved after Brucella infection. And interestingly, apoptosis of macrophage cells induced by Brucella infection could be alleviated through the treatment of C1(50nM). Qpcr and westernblot assays showed that the expression pro-inflammatory factors such as TNF- $\alpha$ , IL12, IFN in macrophage cells was decreased after the treatment of C1.

**Conclusions** Conclusion: The C1 of TLR2 inhibitor can decrease the expression level of pro-inflammatory factors regulated by TLR2 pathway and inhibit the apoptosis of macrophage cells induced by Brucella infection. It can be concluded that C1 could alleviate the Brucella infection to macrophages through inhibit TLR2 pathway.

## PU-3023

### 囊泡转运在麻疹病毒溶瘤中的作用探究

夏茂

南京大学医学院附属鼓楼医院, 210000

**目的** 肿瘤已成为危及全人类生命的重大疾病, 其中非小细胞肺癌 (Non-small cell lung cancer, NSCLC) 是目前发病率与死亡率最高的恶性肿瘤之一。在肿瘤基因治疗领域, 运用病毒治疗肿瘤的溶瘤病毒治疗 (Oncolytic virotherapy) 备受瞩目。其中溶瘤麻疹病毒疫苗株 (MV-Edm) 因其

可靠的安全性和良好的溶瘤效果已经进入几项临床试验。明确调控 MV-Edm 瘤内复制及其溶瘤的相关机制对于有效促进病毒复制并提高其溶瘤效果非常关键。本研究首次探讨 MV-Edm 在 NSCLC 中,是如何利用 Rab27a 介导的囊泡转运来实现其溶瘤作用的,以通过 Rab27a 小 G 蛋白促进病毒外泌,导致肿瘤细胞形成合胞体的溶瘤机制。同时在阐明该机制时,探索新的药物靶点。

**方法** 利用 siRNA 抑制肿瘤细胞 Rab27a 表达,利用倒置显微镜和结晶紫染色观察 MV 感染肿瘤细胞形成合胞体的变化;利用 siRNA 抑制肿瘤细胞 Rab27a 表达,PCR 检测细胞上清与细胞内病毒 RNA;用 WB 检测不同肿瘤细胞 Rab27a 表达水平;Forskolin (促 Rab27a 表达药物)四种不同浓度分别处理肿瘤细胞,检测 Rab27a 表达水平;Forskolin 不同浓度梯度与病毒共同处理肿瘤细胞,倒置显微镜观察合胞体形成情况,QPCR 检测病毒 MV-N 基因与 IFN- $\beta$ 。

**结果** 抑制 Rab27a 表达之后,合胞体相对于 siCon 变小;抑制 Rab27a 表达之后,相对与 siCon 组,病毒外泌减少,病毒复制总量几乎无变化;A549、Hela 与 H1299 基础表达 Rab27a 水平不同;Forskolin 提高 Rab27a 表达水平,整体趋势表现随着药物浓度升高,Rab27a 表达水平越高;Forskolin 与 MV 共同处理肿瘤细胞,药物浓度越高,合胞体形成的越大,即溶瘤效果越好。

**结论** MV-Edm 感染肿瘤细胞使其形成合胞体发挥溶瘤作用,通过 Rab27a 介导的囊泡转运系统调控病毒的外泌,但不影响病毒的复制。抑制 Rab27a 表达和提高 Rab27a 表达,溶瘤效果明显下降和明显提高。Rab27a 可作为治疗靶点,Forskolin 可作为新的靶点药物。

## PU-3024

### COX-2 基因多态性及 HP 感染与大肠癌易感性的关系

邢培祥,王立水,杨发林  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 探讨环氧合酶-2 (COX-2) 基因多态性 (SNP) 及 HP 感染与大肠癌发生发展的关系。

**方法** 采用聚合酶链反应限制性片段长度多态性 (PCR-RFLP) 检测 COX-2-3618A/G 及 COX-2-765 G/C SNP,免疫组化检测 COX-2 表达,并以 ELISA 检测 HP 感染状态。通过病例-对照研究分析大肠癌与 COX-2-(3618,765)SNP 及 HP 感染的关系;以  $\chi^2$  检验行相关指标的比较,以比值比 (OR) 及 95% 可信区间 (95% CI) 估计相对风险。

**结果** (1) 大肠癌组及其各亚组均与 HP 感染无显著相关,且 HP 与 COX-2-(3618,765)SNP 间无显著协同致癌作用 ( $P$  值均  $>0.05$ )。(2) 大肠癌组 COX-2-3618AG 频率显著高于对照组 ( $\chi^2=7.41$ ,  $P<0.05$ ), -3618 AA 及其 A 频率均显著低于对照组 ( $\chi^2=6.98$ ,  $P<0.05$  及  $\chi^2=5.49$ ,  $P<0.05$ ); COX-2-765 SNP 频率与对照组比较无统计学意义 ( $P$  值均  $>0.05$ )。(3) 与 COX-2-3618AA 频率显著低于对照组相反,在结、直肠癌、管状腺癌、高、中分化管状腺癌亚组中 AG 频率显著高于对照组 ( $P<0.05$ )。(4) 低分化管状腺癌亚组中 COX-2-765C 频率显著高于对照组 ( $\chi^2=10.7$ ,  $P<0.05$ ,  $OR=1.7$ ,  $95\%CI=1.24\sim2.34$ )。(5) 大肠癌组、-3618G 及 AA, -765C 及 G 携带者大肠癌中 COX-2 表达阳性率均显著高于对照组 ( $P<0.01$ )。

**结论** COX-2-3618 及 -765 SNP 与大肠癌相关。

## PU-3025

### Mutation characteristics of multidrug-resistant tuberculosis-resistant drug resistance genes in Zunyi

MU LIN  
Guizhou Aerospace Hospital

**Objective** To analyze the molecular characteristics of drug-resistance associated genes of multi-drug resistant Mycobacterium tuberculosis (MDR-TB) in Zunyi.

**Methods** 659 patients with tuberculosis were screened by TB-DNA, TR-RNA and acid-fast staining (all positive results), and the drug resistance-related genes *rpoB* (rifampicin), *inhA* and *katG* were detected by PCR-reverse point hybridization, and analyze the characteristics of its gene mutations. The clinical data of 38 patients with multidrug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* infection were collected to explore its correlation with drug resistance.

**Results** Among the 659 patients with tuberculosis, 38 were resistant to multiple drugs, of which *ropB531* and *ropBS531L* were simultaneously mutated, the mutation rate was 52.63%, and *ropB526* and *ropBH526Y* were the second and second of the rifampicin-resistant mutation sites at 23.68% and 18.42%, respectively. Third. The mutation rate of isoniazid was highest at *KatG315M* (92.11%), often accompanied by *KatG315N* (78.95%) mutation, and the mutation rate of *inhA-15M* (18.42%) and *inhA-15N* (5.26%) was relatively low. And the relevant clinical data were not significantly correlated with the occurrence of multidrug-resistant tuberculosis.

**Conclusions** In the Zunyi area, the resistance-related genes of tuberculosis-resistant tuberculosis (rifampicin and isoniazid) were the most prominent, with *KatG315M* occurring the most, *KatG315N*, *ropB531* and *ropBS531L* simultaneously. Factors such as age, gender, and underlying disease are not directly related to the occurrence of MDR-TB infection.

## PU-3026

### 联合检测血浆 VWF 与 D-聚体、中性粒细胞/淋巴细胞比值 在血栓性疾病中的临床诊断价值研究

夏茂

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 探讨血浆血管性血友病因子 (Von WilleBrand factor, VWF)、D-二聚体 (D-Dimer, DD) 和外周血中性粒细胞与淋巴细胞比值 (NLR) 指标的联合检测在血栓性疾病 (Thrombotic disease, TD) 中的临床应用价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2019 年 1 月在南京大学附属鼓楼医院就诊的血栓性疾病患者 (血栓性疾病组, P 组) 和非血栓性疾病患者 (非血栓性疾病组, N 组) 作为研究对象, 每组 例。收集两组患者的年龄、性别, 并检测其 VWF 水平与 D-二聚体、白细胞计数、中性粒细胞计数、淋巴细胞计数, 计算 NLR, 比较两组患者的检测结果以及血栓性疾病组患者血清 VWF、D-二聚体和 NLR 的单一阳性检出率和联合阳性检出率。采用受试者工作特征 (ROC) 曲线评价。

**结果** 血栓性疾病组患者的血清 VWF 水平与 D-二聚体、NLR 均高于 N 组 ( $P<0.5$ ), 血栓性疾病组患者的血清 VWF 水平 ( ) 与 D-二聚体 ( )、NLR ( ) 单一阳性检出率均明显低于联合检测组 (均  $P<0.05$ )。

**结论** 血清 vWF、D- 二聚体和 NLR 升高与血栓性疾病的发生存在明显相关性, 两者联合检测用于诊断血栓性疾病的准确性更高, 有利于降低血栓性疾病的漏诊率和误诊率。

## PU-3027

### 人类内源性逆转录病毒囊膜蛋白 Syncytin 互作蛋白筛选

井敏敏, 司徒建文, 陶瑞, 范欣, 井申荣, 孙鹭  
云南省第一人民医院, 650000

**目的** 为了筛选与人类内源性逆转录病毒囊膜蛋白 Syncytin 具有相互作用的蛋白。

**方法** 通过分别构建诱饵质粒 Syncytin-pKT25 与基因组文库质粒,然后共转入报告菌株 DHM1 感受态细胞中,采用抗性筛选得到含有互作蛋白的菌株。

**结果** 结果发现,筛选到一条包括 31 个氨基酸的短肽。通过回复杂交和 Co-IP 验证,确定筛选到的蛋白与 Syncytin 是具有相互作用。

**结论** 实验结果初步表明,筛选到一条与 Syncytin 具有相互作用的氨基酸短肽 SJ-1。

## PU-3028

### 环介导等温扩增技术检测脑脊液样本中新型/格特隐球菌的性能评估与临床应用

田月如,关明

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 评估环介导等温扩增技术(LAMP)检测脑脊液样本中新型/格特隐球菌的性能。

**方法** 针对隐球菌 CAP10 基因设计引物,63℃扩增 45 分钟,分析其灵敏度、特异性、精密度、准确性及检测临床样本。灵敏度:将隐球菌 DNA 制成 10ng/ul, 1ng/ul ... 1fg/ul 的梯度样本并将纯培养隐球菌制成  $10^8$ ,  $10^7$  ...  $10^1$  CFU/ml 的梯度样本进行检测。特异性:制备 40 种(包括:细菌、酵母菌、丝状真菌、分枝杆菌、奴卡菌等)不同菌属纯培养 DNA、21 份含不同菌属脑脊液样本 DNA、健康人脑脊液及水进行检测。精密度:采用阳性样本(含 10fg/ul 隐球菌 DNA 的模拟样本)和阴性样本(健康人脑脊液样本)进行批内、批间精密度验证。准确性:采用 11 株涵盖新型/格特隐球菌所有血清型、基因型的标准菌株进行检测,将 LAMP 扩增产物进行测序分析验证检测结果准确性。临床样本检测:选取 85 份隐球菌胶体金免疫层析法滴度范围为 1:1-1:20480 的脑脊液阳性样本,抽取样本 DNA 做 LAMP 试验检测。

**结果** 灵敏度: LAMP 检测隐球菌 DNA 灵敏度为 10fg/ul, 含菌落样本为 100CFU/ml。特异性: 40 种不同菌属纯培养 DNA、21 份含不同菌属脑脊液样本、健康人脑脊液样本及水检测结果均为阴性。精密度: 批内: 20 份阳性样本均为阳性, 20 份阴性样本均为阴性。批间: 1 份阳性样本×20 天均为阳性, 1 份阴性样本×20 天均为阴性。准确性: 11 株隐球菌标准菌株 DNA 检测 100%阳性, 扩增产物经 Sanger 测序, 结果与数据库靶序列相符。临床样本检测: 阳性率为 98.8% (84/85)。

**结论** LAMP 技术检测脑脊液样本中新型/格特隐球菌灵敏度高、特异性高, 准确性高, 具有临床应用可信度。

## PU-3029

### 血栓弹力图在不同年龄组段孕晚期及合并妊娠糖尿病的临床应用分析

薛畅

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 正常妊娠妇女体内的凝血状态会发生一系列改变, 这种改变可有效减少产妇分娩时出血的危险, 但亦增加了血栓形成的风险。35 岁以上的高龄产妇面对的风险要比年轻育龄女性高。其中很重要的一个风险就是血栓。如何有效地监测孕产妇凝血功能, 以防发生产科并发症, 确保产妇生命安全是极为重要的。血栓弹力图是一种能从整体上动态反映凝血和纤溶过程的分析仪, 其能对血凝块形成的速度、强度稳定性及凝血因子尤其是纤维蛋白原、血小板数量和功能、纤维蛋白溶解等因

素进行全面评估。本研究比较无并发症高龄孕晚期产妇与正常年龄孕晚期产妇血栓弹力图各参数变化及其合并妊娠期糖尿病高龄孕晚期产妇的相关性,拟为临床提供良好的监测手段。

**方法** 选取佛山市第一人民医院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月期间收治的诊断为 40 例无并发症的高龄孕晚期产妇(35 岁以上),并采用同期收治的无并发症同意行血栓弹力图检测的正常年龄妊娠 40 例孕晚期产妇(30 岁以下)作为对照,比较两组间 R 值, K 值, Angle 值, MA 值, CI 值和 LY30 值。同理将 40 例无并发症的高龄孕晚期产妇与 40 例合并妊娠期糖尿病的高龄孕晚期产妇的 R 值、K 值、Angle 值、MA 值、CI 值、LY30 值进行配对 t 检验比较。

**结果** 与无并发症的正常年龄妊娠的孕晚期产妇相比,无并发症的高龄孕晚期产妇 R 值缩小( $t=0.751$ ,  $P>0.05$ ), K 值变小( $t=2.389$ ,  $P<0.05$ ), Angle 值变大( $t=2.258$ ,  $P<0.05$ ), MA 值变大( $t=2.424$ ,  $P<0.05$ ), CI 值变大( $t=2.545$ ,  $P<0.05$ ), LY30 值变小( $t=0.462$ ,  $P>0.05$ )。合并妊娠期糖尿病的高龄孕晚期产妇与无并发症的高龄孕晚期产妇相比, R 值略微增大( $t=2.087$ ,  $P<0.05$ ), K 值减小( $t=0.718$ ,  $P>0.05$ ), Angle 值增大( $t=0.489$ ,  $P>0.05$ ), MA 值增大( $t=1.234$ ,  $P>0.05$ ), CI 值减小( $t=0.131$ ,  $P>0.05$ ), LY30 值减小( $t=0.819$ ,  $P>0.05$ )。

**结论** 高龄孕晚期产妇血液呈现高凝趋势,血栓风险增加;合并妊娠期糖尿病的高龄孕晚期产妇血栓弹力图各项数据与无并发症的高龄孕晚期产妇无显著差异。

## PU-3030

### 三种方法检测抗双链 DNA 抗体的性能比对及临床应用

钏爱玲,毕胜

云南省第一人民医院,650000

**目的** 比较间接免疫荧光法(IIFA)、免疫印迹法(WB)和酶联免疫吸附法(ELISA)三种方法检测抗 dsDNA 抗体的特异度和灵敏度,寻找对临床最有价值的检测方法或联合检测方案。

**方法** 用 IIFA, WB 和 ELISA 三种方法检测 93 例系统性红斑狼疮患者、84 例其他自身免疫性疾病患者和 50 例健康人血清中的抗 dsDNA 抗体。

**结果** IIFA、WB 和 ELISA 检测 93 例 SLE 患者血清中抗 dsDNA 抗体的阳性率分别为 38.7%、46.2%和 60.2%;特异性分别为 100.0%、98.5%和 77.7%。

**结论** 单独使用一种方法检测抗 dsDNA 抗体都不完善,ELISA 与 IIFA 或 ELISA 与 WB 法联合检测,最好进行抗 ds-DNA 抗体的定量检测会具有更好的临床应用价值。

## PU-3031

### 核酸检测联合细菌培养在肾移植术后患者呼吸道感染早期诊断中的应用

沈书丞

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 肾移植患者术后为了防止移植排斥反应,需长期服用免疫抑制剂,机体免疫功能受损,从而增加了感染的风险,细菌感染是肾移植术后最常见的感染,其中呼吸道感染的病死率最高,早期诊断,早期治疗有助于有效控制病情,但肾移植患者接受了免疫抑制治疗,免疫功能低下,炎症反应往往不十分典型,病情很难被及时发现。细菌培养是检测细菌感染的常规方法,是诊断细菌感染的金标准,但是因为其检测周期较长,容易贻误治疗时间。



**方法** 基因芯片技术在检测细菌感染时具有准确度高、特异性强、操作简便快速等特点。适用于感染的早期筛查。为研究核酸检测联合细菌培养的临床价值,本文回顾分析 132 例肾移植患者的实验室检查资料,分析两种检测方法的检测结果

**结果** 常规的细菌培养容易贻误治疗时机并可存在一定程度的漏检现象,联合基因芯片检测细菌培养联合基因芯片检测可以有效提高病原菌的检出速度和检出率。

**结论** 常规的细菌培养容易贻误治疗时机并可存在一定程度的漏检现象,联合基因芯片检测细菌培养联合基因芯片检测可以有效提高病原菌的检出速度和检出率。

## PU-3032

### 三种方法联合检测尿红、白细胞的评价

何海珍,唐敏

云南省第一人民医院,650000

**目的** 用尿干化学分析仪、尿沉渣分析仪和显微镜镜检法检测同一份尿液标本中的红、白细胞,以探讨尿干化学分析仪与尿沉渣分析仪结果的准确性。

**方法** 用尿干化学分析仪、尿沉渣分析仪分别对 470 例住院随机患者的新鲜晨尿标本进行尿红细胞和尿白细胞检测;再用显微镜镜检法复检,以显微镜镜检法为标准,计算尿干化学分析仪和尿沉渣分析仪检测尿红细胞、白细胞的灵敏度、特异度、假阳性率、假阴性率以及符合率;采用  $\chi^2$  检验对结果进行统计学处理与分析。

**结果** 尿干化学分析仪检测尿红细胞的灵敏度为 95.77%、特异度为 95.73%、假阳性率为 4.27%、假阴性率为 4.23%,检测尿白细胞的灵敏度为 92.05%、特异度为 95.30%、假阳性率为 4.70%、假阴性率为 7.95%;尿沉渣分析仪检测尿红细胞的灵敏度为 91.55%、特异度为 94.21%、假阳性率为 5.79%、假阴性率为 8.45%,检测尿白细胞的灵敏度为 92.72%、特异度为 94.98%、假阳性率为 5.02%、假阴性率为 7.28%;三种检测方法中检测尿红细胞、尿白细胞的结果差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 尿干化学分析仪与尿沉渣分析仪检测尿红细胞、白细胞的灵敏度和特异度都较高,对尿液中的红细胞、白细胞有较好的检测能力;显微镜镜检法可以进一步提高检验结果的准确率,降低误检和漏检的发生。

## PU-3033

### VITEK 2 Compact AST-N334、AST-N335、AST-P639 中国定制药敏卡的性能评估

田月如,蒋晓飞

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 评估 VITEK 2 Compact AST-N334、AST-N335、AST-P639 中国定制药敏卡的性能。

**方法** 随机收集权威机构质控菌 73 株及 2018 年 1-6 月华山医院住院患者首次分离临床菌 112 株。评估中国定制药敏卡的可靠性,以权威机构提供的室间质评菌为对象,采用药敏卡及微量肉汤稀释法 (MDM) 平行试验,以室间质评结果为参考标准,评估药敏卡及 MDM 的准确性。评估药敏卡对临床菌株耐药多样性检测的准确性,以临床菌株为对象,以 MDM 结果为参考标准,评估药敏卡的准确性。

**结果** 以室间质评菌为对象,以权威机构提供的抗菌药敏试验 (AST) 结果为参考标准,AST-N334 分类一致率 (CA) 为 95.5%(126/132),重大错误率 (ME) 1.5%(2/132),微小错误率 (MIE) 3%(4/126)。AST-N335 CA 为 96.8%(179/185),ME 1.6%(3/185),MIE 1.6%(3/185)。革兰阴性

菌 MDM CA 为 95.0%(229/241), ME 0.8%(2/241), MIE 4.2%(10/241)。AST-P639 CA 为 99.5%(182/183), MIE 0.5%(1/183)。革兰阳性菌 MDM CA 为 100%(183/183)。以临床菌株为对象,以 MDM AST 结果为参考标准,AST-N334 标准一致率(EA)为 88.4%(961/1087),CA 94.6%(903/955),重大错误率(VME) 0.3%(3/955),ME 1.9%(18/955),MIE 3.2%(31/955)。AST-N335 EA 为 89.9%(1388/1544),CA 95.1%(1414/1487),VME 0.3%(5/1487),ME 0.8%(12/1487),MIE 3.8%(56/1487)。AST-P639 为 EA 95.4%(541/567),CA 98.2%(387/394),ME 1.0%(4/394),MIE 0.8%(3/394)。

**结论** VITEK 2 Compact AST-N334、AST-N335、AST-P639 中国定制药敏卡准确性高,具有临床应用可信度。但也存在一定错误率及其局限性,实验室人员应予以注意。

## PU-3034

### 食入性、吸入性过敏与肾脏疾病的关系

张玉迎,毕胜

云南省第一人民医院,650000

**目的** 分析探讨肾脏疾病的发生与食入性、吸入性过敏原的关系。

**方法** 采用免疫印迹方法对 296 例肾脏病患者和 156 例正常对照的血清进行食入性及吸入性过敏原检测,观察食入性及吸入性过敏原在肾脏疾病与正常对照组是否存在差别。

**结果** 296 例肾脏病患者中,食入性与吸入性过敏原阳性者 208 例,阴性者 88 例,阳性率 70.3%;156 例正常对照组中,过敏原阳性 49 例,过敏原阴性 107 例,阳性率 31.4%。经卡方检验, $\chi^2=62.892$ , $P=0.000<0.05$ , $\alpha=0.05$  为检验水准,差异有统计学意义,肾脏疾病的发生与食入性及吸入性过敏原阳性有关。肾脏病人过敏原阳性患者中,户尘螨(159/208)、蟑螂(122/208)及腰果(80/208)等三种过敏原为主。

**结论** 肾脏疾病与食入性、吸入性过敏原密切相关,肾脏病患者在检测到特异性过敏原后应当尽量避免再次接触和食用相应过敏原,对严重的吸入性过敏体质患者应当给予脱敏治疗,这样能有助于延缓肾脏疾病的发生、发展,有利于其治疗及预后。

## PU-3035

### Chronic nephritis with IgA nephropathy combined with disseminated nocardia treated with hormone therapy for a long time

Juedunzhu Gong

the Second Xiangya Hospital

In order to deepen the understanding of disseminated nocardiosis and improve the level of clinical diagnosis and treatment, a 50-year-old female patient was admitted to the department of dermatology of our hospital on November 22, 2018, who was mainly due to "redness and swelling of lower limbs for 6 months and scattered subcutaneous nodules with pain for 1 month". Three months before admission, "chronic nephritis IgA nephropathy (focal stage sclerosis)" was given immunomodulator and hormone anti-inflammatory. About three weeks ago, "pulmonary infection" was treated with anti-infection and no special treatment was given for subcutaneous nodules. "Subcutaneous nodules" were detected in our hospital, multiple subcutaneous secretions culture results showed nocardia, lung biopsy culture results also indicated nocardia, abnormal signals were found in the head, anti-infection treatment was conducted and the treatment was effective. Late immunoglobulin low, poor nutrition, low resistance, recurrence of nocardiosis; After

the single application of compound sulfamethoxazole anti-nocardia, the treatment effect was not ideal, and the compound anti-nocardia drug was changed to produce side effects, nausea and vomiting and skin rash, and the tri-party anti-nocardia drug was changed to iv drops, and finally the patient got better and was discharged for treatment.

## PU-3036

### 聚乙二醇沉淀法在高泌乳素血症中应用的初步探讨

秦雪君

福建中医药大学附属人民医院

**目的** 分析聚乙二醇沉淀法在高泌乳素血症（HPRL）鉴别诊断中的应用价值，为临床诊断提供准确可靠的数据。

**方法** 收集福建中医药大学附属人民医院入院就诊 PRL>80μg/L（雅培 I2000 免疫发光仪测定）血清样本 13 例，采用聚乙二醇沉淀法（25% PEG6000）对血清进行处理，并用生理盐水处理血清做阴性对照，检测处理后 PRL 浓度，比较处理前后 PRL 浓度变化，计算回收率，回收率低于 40% 判断为巨泌乳素血症（MPRL），大于 40% 判断为真性高泌乳血症。同时收集患者临床资料和诊断。

**结果** 12 例 HPRL 中有 7 例经过聚乙二醇沉淀后回收率低于 40%，被初步判断 MPRL，5 例回收率高于 40%，初步判定为真性 HPRL。收集的临床资料和诊断显示被判定为 MPRL 并无真性 HPRL 明显的临床症状和体征，符合 MPRL。而被判定为真性 HPRL 者经与临床医生沟通，均出现不同程度的症状，符合 HPRL。

**结论** MPRL 是引起 HPRL 的常见原因之一，我科目前应用聚乙二醇沉淀法，初步探讨该方法应用于鉴别诊断泌乳素单体增高引起的 HPRL 和 MPRL 的可行性，接下来将扩大样本量并与金标准-凝胶电泳法进行相关性分析，以期能用经济的方法帮助临床正确诊断及用药，减少误诊。

## PU-3037

### APTT 延长的原因分析

秦宇<sup>1</sup>, 鲁娇<sup>2</sup>

1. 清华大学第一附属医院

2. 河北北方学院

**目的** APTT 是术前凝血检查及日常抗凝监测的常规项目，对于术前出血风险评估减少术中出血及血液制品应用；监测抗凝疗效并对评估抗凝治疗的出血风险都有重要意义。未用药治疗患者的 APTT 延长主要反应内源性凝血因子的缺乏、狼疮抗凝物的存在及少数患者可出现的因子抑制物的存在；抗凝监测患者 APTT 延长可作为抗凝治疗剂量及疗效的一个监测指标。对于单项 APTT 延长的患者的血浆，排除采血量不足，红细胞压积过高导致的抗凝剂比例异常等因素后，与正常人混合血浆做混合纠正实验，根据纠正实验即刻和孵育后检测的 APTT 的结果可对 APTT 延长的原因做出初步判断。根据判断结果与临床沟通做进一步的检测以明确诊断。

**方法** 收集门诊和病房单项 APTT 延长超过 10s，即 APTT>46.5s 的标本，排除溶血、标本凝集、脂血及患者应用抗凝剂的标本共 56 例，自制正常人混合血浆测定 APTT，将患者血浆与混合血浆 1:1 混合，即刻和 37℃ 孵育 2h 分别测定 APTT，计算 Rosner 指数，判断其是否纠正，计算纠正率。

**结果** 25.0%（14/56）即刻和孵育后都纠正，可能为凝血因子缺乏，患者可进一步进行凝血因子的监测，明确患者病情，提前准备血浆、凝血因子以减少术中出血风险；35.7%（20/56）即刻纠正，孵育后不纠正，可能为因子抑制物干扰，建议检测因子抑制物；39.3%（22/56）即刻和孵育

后都不纠正,建议进行狼疮抗凝物及狼疮抗磷脂抗体检测,风湿免疫科会诊,明确病因后确定是否需要干预治疗。

**结论** APTT 延长的混合纠正实验可对患者的凝血异常做初步判断,实验耗时较长但检测费用低,对于无法检测凝血因子、狼疮抗凝物、抗磷脂抗体、因子抑制物的实验室可根据结果给临床医生进一步检查的建议,可以给患者有针对性的做进一步检查,明确诊断,对于术前患者可提前准备血浆或缺乏的相应凝血因子制品以减少术中出血的风险。

## PU-3038

### 细菌性肺炎中单核细胞 CD38+CD14+免疫信号研究

康家媛,张芹

云南省第一人民医院,650000

**目的** 探讨单核细胞的激活与细菌性肺炎发生发展及细胞免疫应答的关系。

**方法** 收集 2016 年 1 月-3 月年云南省第一人民医院 20 例细菌性肺炎住院患者及 20 例健康体检者的全血,分离外周血中单个核细胞,用 FCM 的方法分别分选出其中 CD38+CD14+单核细胞,然后以不同浓度佛波酯激活对照组细胞,用 ELISA 法测定其分泌的 IL-2,同时测定病例组分选细胞分泌的 IL-2,得到所需要的 CD38+CD14+单核细胞占单个核细胞百分比。将各组细胞分别与 T 细胞共培养,用 Western Blot 测定 pSMC、CD3 $\epsilon$ 、TCR、pLAT 及 GAPDH。

**结果** 病例组 CD38+CD14+的单核细胞百分比明显高于对照组。病例组细胞与高浓度 PMA 激活的对照组细胞分泌的 IL-2 明显高于阴性对照,且它们与 T 细胞共培养后能检测到较高的 T 细胞激活信号途径相关蛋白质表达。

**结论** 细菌性肺炎患者外周血 CD38+CD14+的单核细胞表达明显增高表明有单核细胞的激活,且这类单核细胞具有分泌 IL-2 的功能并与 T 细胞激活相关。可能通过 CD38 分子与 T 细胞相互作用并激活 T 细胞,促进 T 细胞免疫应答,促进炎症发生和发展。

## PU-3039

### A novel double heterozygous mutations on the $\beta$ -globin gene leads to $\beta$ -thalassemia in a Chinese family

Kang Li

the Second Xiangya Hospital

**Objective** To identify a novel double heterozygous mutations of  $\beta$ -thalassemia by direct DNA sequencing and polymerase chain reaction (PCR)reverse dot-blot hybridization in a Chinese family.

**Methods** Blood routine examination was finished by Sysmex XN-20 automatic Hematology Analyzer (Sysmex Corporation, Kobe, Japan ); Quantification of Hbs was performed on the capillary electrophoresis device (Sebia, Lisses, France).Then the thalassemia genotypes were screened by reverse dot blot(RDB).The mutation of the double heterozygous mutations were identified by the direct DNA sequencing.

**Results** Hematological indexes of this family show that they all suffered microcytic hypochromic anemia.And from the results of direct DNA sequencing of this family,the children were both double Heterozygous Mutations at TATA box -28/-31 (HBB: c. -78A>G/-81A>C) on the  $\beta$ -Globin Gene.The father carried single mutation at TATA box -28(HBB: c. -78A>G),while the mother was the TATA box -31(HBB: c. -81A>C).

**Conclusions** A Novel double Heterozygous Mutations at TATA box -28/-31 (HBB: c. -78A>G/-81A>C) on the  $\beta$ -Globin Gene was identified in China.This will enrich the  $\beta$ -thalassemia gene

mutation spectrum in Chinese population. And the results will further underline the importance of identifying and characterizing rare  $\beta$ -thalassemia alleles to avoid the birth of babies with thalassemia major.

## PU-3040

### 携带 bla<sub>NDM-1</sub> 碳青霉烯类耐药雷极普罗威登斯菌 耐药机制研究

田月如

复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 研究碳青霉烯类耐药雷极普罗威登斯菌的耐药表型、耐药机制、传播方式及同源性。

**方法** 对分离自重症监护病房 (ICU) 的 17 株雷极普罗威登斯菌进行药物敏感性试验、耐药基因筛选、NP 试验、脉冲场凝胶电泳 (PFGE)、质粒可移动性及复制子分型分析。

**结果** 17 株雷极普罗威登斯菌均携带碳青霉烯类耐药基因 bla<sub>NDM-1</sub>。对厄他培南、美罗培南、亚胺培南、头孢唑林、头孢呋辛、头孢噻肟、头孢吡肟、头孢美唑、哌拉西林、甲氧苄啶-磺胺甲噁唑、阿米卡星、庆大霉素、妥布霉素、卡那霉素、环丙沙星、呋喃妥因的耐药率为 100.00%，对哌拉西林-他唑巴坦、氨曲南的耐药率为 88.23%。PFGE 同源性分析显示 17 株雷极普罗威登斯菌中有 15 株为 ICU 主要流行株；质粒分析显示 bla<sub>NDM-1</sub> 存在于 ~160 kb 接合性质粒上，复制子 Inc 分型为 A/C 型，质粒携带多种耐药基因，除对环丙沙星和呋喃妥因敏感外，介导对碳青霉烯类、头孢类、头霉素类、磺胺类和氨基糖苷类抗菌药物高水平耐药。

**结论** 携带 bla<sub>NDM-1</sub> 的雷极普罗威登斯菌多重耐药，临床抗感染治疗难度较大。

## PU-3041

### 标本溶血程度对检验结果的影响

刘欧

北京华信医院/清华大学第一附属医院, 100000

**目的** 探讨标本溶血程度对检验结果影响的幅度，以避免老人或儿童因标本采集导致溶血时的重复采样。

**方法** 选择二十例患者肝素抗凝 5 毫升标本，每例患者标本分别吸取 2 份 1.5 毫升血至 1.5 毫升离心管中。原管 2 毫升血直接离心测定的结果作为对照组，另 2 管分别采用带针头注射器吸打 10 次和 25 次制成不同溶血程度的标本，离心后测定结果作为实验组。每例患者的 3 份标本分别在 Roche Cobas 6000a 上进行钾 (K)、钠 (Na)、氯 (Cl)、钙 (Ca)、二氧化碳 (CO<sub>2</sub>)、尿素 (urea)、肌酐 (crea)、总蛋白 (TP)、白蛋白 (ALB)、C 反应蛋白 (CRP)、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、转氨酶 (GGT)、乳酸脱氢酶 (LDH)、肌酸激酶 (CK) 共 15 项生化指标的测定，并同时测定每份标本的溶血、脂血和黄疸指数。计算每例病人实验组与对照组结果的变化值，按项目对实验结果的变化值与溶血指数的变化值进行相关分析。

**结果** 在溶血指数小于 600 时，K、CK、LDH、UREA 的变化值与溶血指数的变化值成正相关，相关系数分别是 0.8953、0.9049、0.9182、0.8597；GGT、CRP 的变化值与溶血指数的变化值成负相关，相关系数分别是 0.8219、0.8181。其余项目变化值与溶血指数变化值相关系数较低。

**结论** K、CK、LDH、UREA、GGT、CRP 可根据溶血程度估算溶血导致结果的变化值，本次观察的其他项目采用溶血程度估算结果变化不可靠。

## PU-3042

## 体腔液细胞形态学检查在浆膜腔积液检测中的应用

李俊虹

云南省第一人民医院,650000

**目的** 通过收集体腔液标本相差显微镜下图谱（典型、非常见、恶性、良性等），探讨体腔液细胞形态学观察在浆膜腔积液检测中的价值和意义，提升浆膜腔积液常规实验室检测的能力和质量。基于目前从事体腔液细胞学检验工作人员的能力，在全国检验科临床检验实验室的基本队伍，整体较薄弱，特别当遇到细胞形态复杂、有大量的异常细胞时，检验工作者显微镜下细胞的认定增加了大量的难度，无法准确完整地去报告细胞的性质。本研究通过收集各类临床病例的体腔液细胞图，结合病理、临床诊断确定细胞的性质和类型。汇集图谱，为各级医院的体腔液细胞形态交流学习、远程会诊提供一定的参考价值。参照由国际标准化组织 TC-212 技术委员会的 15189 实验室认证要求，进行体腔液细胞学分析的科学化、规范化和标准化。

**方法** 收集 2013 年 5 月至 2016 年 12 月就诊于云南省第一人民医院患者浆膜腔积液标本 289 例，将标本用手工制片瑞氏染色后，在相差显微镜下观察有核细胞的形态和结构，拍下图片、收集、保存并做病例回访。

**结果** 从本研究的浆膜腔积液标本中，选取显微镜下具有代表意义和特殊异常的细胞图谱，编辑图谱集。

**结论** 显微镜下细胞形态学观察对各种体腔液性质的初步判断能够提供非常重要的依据，是鉴别炎症和非炎症性积液、恶性和良性积液的一个基础性指标，对临床各种疾病的早期诊断、鉴别诊断及疗效观察具有重要的临床意义。收集到的体腔液细胞图谱对正在迅速发展的检验医学事业起到一定的推动作用。

## PU-3043

## Effects of urine pH on the determination of specific gravity of dry chemical urine and treatment strategies

Kunpeng Li

the Second Xiangya Hospital

**Objective** Based on the urine specific gravity determination with the refractometer method of UC-3500, the hisun meikang automatic urine analyzer, the influence of urine pH on the urine specific gravity determination with the CombiScan 500 dry chemical method was evaluated, and the corresponding treatment strategies were searched.

**Methods** 1. Specimens from August 2018 to April 2019 were collected from the laboratory department of Xiangya second hospital for urine analysis, and 468 specimens were screened according to the classification of experimental purposes and reference intervals. All specimens were measured on the CombiScan 500 dry chemical urine analyzer and UC-3500 according to laboratory SOP procedures, and pH and specific gravity results were recorded.

2. The urine pH and specific gravity deviations determined by the two methods were analyzed by statistical methods, and appropriate treatment methods were proposed according to the analysis results.

**Results** The correlation analysis showed that there was a significant correlation between urine pH and the deviation of urine specific gravity determined by dry chemical method. The coincidence rate of the two methods for the determination of specific gravity of urine in each pH segment was calculated. According to the comparison requirements of qualitative test, the dry chemical method at pH5.0-6.5 could not be corrected. When pH is between 7.0 and 7.5, manually add 0.010 for compensation and correction. When pH is 8.0, manually add 0.015 for

compensation and correction. When pH is 8.5-9.0, manually add 0.020 for compensation and correction.

**Conclusions** When urine pH is too high, it will have obvious influence on the determination of urine specific gravity by dry chemical method, making the result lower than the actual value. Manual correction method can be adopted for treatment.

#### PU-3044

### A multi-center epidemiologic study of vitamin D status among adults in south-west China

Lin Li<sup>1</sup>, Jing Li<sup>2</sup>, Haijun Li<sup>3</sup>, Yulei Luo<sup>4</sup>, Yuheng Cheng<sup>1</sup>, Chunbao Xie<sup>1</sup>, Chengjie Ji<sup>1</sup>, Liangmin Chuan<sup>1</sup>, Zhibin Wang<sup>1</sup>, Xiaolan Guo<sup>5</sup>, Jinbo Liu<sup>6</sup>, Li Jiang<sup>1</sup>

1. Sichuan Provincial People's Hospital

2. Panzhihua Central Hospital

3. Guangyuan Central Hospital

4. People's Hospital of Aba Tibetan and Qiang Autonomous Prefecture

5. Affiliated Hospital of North Sichuan Medical College

6. The Affiliated Hospital of Southwest Medical University

**Objective** Vitamin D deficiency are associated with osteoporosis, and increased risk of several extra-skeletal diseases, including cancer, cardiovascular disease and infections. A previous Meta analysis of vitamin D status reported about 37.3% had mean 25-hydroxyvitamin D (25(OH)D) values below 20 ng/mL based on the cut-off value of vitamin D deficiency from US Endocrine Society. However, there is limited data on vitamin D status in Sichuan province, which is the second largest Tibetan area and is vary in sunlight, lifestyle and ethnicity. To examine 25(OH)D levels around Sichuan province and to assess differences by age, gender, ethnicity, sunlight exposure and seasons, we initiated a multi-center cross-sectional study on vitamin D status.

**Methods** The multi-center cross-sectional study was conducted in four seasons during 2017-2018, within 6 areas around Sichuan province, including Chengdu, Nanchong, Luzhou, Maerkang, Guangyuan and Panzhihua, which had extremely different times of sunlight and had multi-ethnic population. Blood samples from 2167 healthy adults aged of 18 to 75 years were collected. Their age, gender, ethnicity, outdoor time and vitamin D supplementation were recorded in unified design questionnaires. Serum 25-hydroxy vitamin D2 (25(OH)D2) and 25-hydroxy vitamin D3 (25(OH)D3) levels were measured by Shimadzu LC-20AD coupled with Sciex API 3200MD LC-MS/MS system. Using thresholds recommended by the US Endocrine Society, vitamin D deficiency was defined as 25(OH)D<20 ng/mL and vitamin D insufficiency as 20≤25(OH)D<30 ng/mL. Weighted multinomial log-binomial regression was conducted to estimate prevalence ratios of vitamin D deficiency/insufficiency. The ambient ultraviolet B (UVB) radiation levels of different areas were classified according to the corresponding dose of each participant living area from National Aeronautics and Space Administration data.

**Results** Overall, the serum 25(OH)D levels showed no significant difference ( $P>0.05$ ) among different age groups (10 years per group). However, it was detected that serum 25(OH)D level for males (26.65 ng/mL) was statistically higher of than that of females (23.91 ng/mL) ( $P<0.001$ ). In addition, serum 25(OH)D levels among four seasons of one district were significantly varied. Take Chengdu (837 samples in total) as an example, the serum 25(OH)D3 level from summer and autumn samples was significantly higher than those from winter and spring by Kruskal-Wallis analysis. Summer samples showed the highest median 25(OH)D3 level of 23.26 ng/mL, while winter sample showed the lowest of 16.27 ng/mL. Furthermore, serum 25(OH)D3 levels varied significantly among different districts within the same season. Take winter samples as an example, the serum 25(OH)D3 level of Panzhihua district was the highest with the median value of 28.00 ng/mL, followed by Nanchong (20.68 ng/mL) and Luzhou (19.80 ng/mL). Maerkang (16.43 ng/mL), Chengdu (16.28 ng/mL) and Guangyuan (14.90 ng/mL) showed the lowest 25(OH)D levels in winter. These results were to a large extent, in accordance with the average

length of sunlight of each district. However, it was interesting to note that although Maerkang district had the second longest sunlight, the 25(OH)D3 levels of samples from this district were one of the lowest. It indicated that the 25(OH)D3 levels may differ between Tibetan and Han nationality, future study need to be carried out to further prove it. Finally, according to the results of the log-binomial regression analysis, vitamin D deficiency in Sichuan adults was specifically related to female gender ( $P<0.0001$ ), low ambient UVB levels ( $P<0.0001$ ), spring & winter seasons ( $P<0.0001$ ) and Tibetan nationality ( $P<0.001$ ).

**Conclusions** Vitamin D deficiency/insufficiency was very common among adult population of Sichuan province. Different age groups showed no significant variations, while male showed significant higher 25(OH)D level than female. Data of different districts and seasons proved that 25(OH)D3 level was positively correlated with sunlight exposure level, which is consistent with previous reported data. However, even under the condition of high sunlight exposure, 25(OH)D3 level of Tibetan population from Maerkang district was still low, indicating 25(OH)D3 level was possibly affected by ethnicity. Future study needs to be carried out to further elucidate this issue. Taken together, it is necessary to promote vitamin D supplement consumption and healthy lifestyles (i.e. more sun exposure) in order to safely improve levels of this micronutrient in Sichuan population, especially for female and in the seasons of spring and winter.

## PU-3045

# 血液分析仪 XT-4000i 应用于自动化体液细胞检测的研究

李俊虹

云南省第一人民医院,650000

**目的** 通过全自动血球分析仪 XT-4000i 体液模式及手工显微镜法对收集到的体液标本 198 例进行检测分析, 结合相差显微镜下形态观察。以手工法为参考方法, 旨在评价仪器法和手工法的相关性, 对仪器的性能进行验证。并对高荧光参数值(HF-BF%)筛查异常形态细胞的能力进行研究。

**方法** 回顾性研究。收集 2013 年 5 月至 2016 年 12 月就诊于云南省第一人民医院门诊以及住院患者体液标本 198 例, 用手工计数法、仪器法进行检测。并在相差显微镜下观察细胞形态。

**结果** 1、仪器法: A 组 CV% (11.32), ( $r0.537$ )。B 组 CV%(6.52), ( $r0.962$ )。C 组 (CV% 2.68), ( $r0.984$ )。D 组 (CV% 8.26), ( $r 0.942$ )。2、高荧光参数值结果统计: 良性标本在  $10\%<HF-BF\leq 20\%$  组所占的比例最高, 肿瘤细胞主要分布在  $HF-BF>20\%$  组, 其次是  $10\%<HF-BF\leq 20\%$  组。

**结论** 全自动血球分析仪 XT-4000i 体液模式通道能部分代替手工法进行体腔液标本的检测, 但应根据体腔液标本的种类、细胞数量结合手工法。在体腔液标本浓度较高或较低时 (特别是脑脊液标本), 仪器法误差较大, 应选用手工法进行计数, 细胞形态分析应结合显微镜下形态观察。高荧光参数能给临床提供一个初步筛查异常细胞的依据, 当高荧光参数( $HF-BF>20\%$ ), 应结合临床充分考虑异常细胞的可能, 必须进行显微镜下形态观察。



## PU-3046

## Correlation between EBV infection and the change of lymphocyte subsets

Wei Sun  
the Second Xiangya Hospital

**Objective** To investigate the changes of the number and proportion of peripheral blood lymphocyte subsets in patients with EBV infection, and to reflect the changes of immune function in patients.

**Methods** 37 patients with EBV infection (including 22 cases with EBV DNA positive and 15 cases with EBV related serological markers positive) and 20 healthy controls were selected. Flow cytometry was used to detect the number and proportion of lymphocyte subgroups. The Mann-Whitney U test was used for data statistical analysis.

**Results** The number and proportion of CD4<sup>+</sup>T cells and CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> among EBV infection group were significantly lower than those in the healthy control group ( $P < 0.05$ ), while the number and proportion of CD8<sup>+</sup>T cells were higher than those in the healthy control group ( $P < 0.05$ ). In addition, the number and proportion of CD4<sup>+</sup>T cells and CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> were lower in the DNA group than in the immune group ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** The cellular immune dysfunction was occurred in EBV infection patients, and their lymphocyte subsets changes significantly.

## PU-3047

## 1 株血标本分离的碳青霉烯类、磷霉素耐药大肠埃希菌耐药机制研究

田月如  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 探究复旦大学附属华山医院 2010 年 12 月血标本分离的 1 株碳青霉烯类、磷霉素耐药大肠埃希菌的耐药机制及耐药基因可能的传播方式。

**方法** 对该株大肠埃希菌进行药敏试验、多位点序列分型 (MLST)、耐药基因筛选、质粒分型、PCR mapping 基因环境分析。

**结果** 该菌株对碳青霉烯类、磷霉素耐药, 超广谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBL) 阳性。MLST 属 ST46 型。碳青霉烯类耐药基因 blaKPC-2 和磷霉素耐药基因 fosA3 存在 ~70 kb 接合型质粒上, 分别介导碳青霉烯类、磷霉素耐药。 $\beta$  内酰胺酶耐药基因 blaTEM、blaCTX-M 存在 ~150 kb 接合型质粒上, 介导菌株对  $\beta$  内酰胺类药物耐药。PCR mapping 结果显示 blaKPC-2 位于 Tn1721-blaKPC-2-Tn3 样结构内, fosA3 位于 IS26-fosA3-IS26 移动元件。

**结论** 此株来源于血标本菌株携带 blaKPC-2、fosA3、blaTEM、blaCTX-M 等多种临床常见耐药基因, 其耐药机制及耐药基因可能的传播方式, 应引起医院感控高度重视。

## PU-3048

## A case of cyanobacterium marneffeii infection detected by fungal immunofluorescence staining

Wentao Zhang  
the Second Xiangya Hospital

Fungal immunofluorescence staining is a specific application of immunofluorescence method in fungal detection. It makes use of the specific reaction of antigen and antibody, and its high specificity, high sensitivity, short time and high efficiency. This method has unique advantages in the differential diagnosis of fungi. Up to now, fungal culture is still the gold standard for fungal diagnosis. The long time and low efficiency of fungal culture make fungal culture unable to meet the increasingly complex clinical work. New detection methods are urgently needed to fill the vacancies. This case provides a new diagnostic model for fungi. When culture fails to provide a basis for diagnosis, fungal immunofluorescence staining is skillfully combined with a variety of other staining methods to achieve the identification of uncultured fungi.

## PU-3049

## 肿瘤标记物检测在积液性质鉴别中的应用

李俊虹  
云南省第一人民医院,650000

**目的** 通过选取 135 例积液标本进行肿瘤标记物检测, 分别检测了癌胚抗原 (CEA)、甲胎蛋白 (AFP)、糖链抗原 (CA125)、CA199、CA724、糖链抗原 (CA153)、SCC (鳞状细胞癌相关抗原)、CYFRA21-1、NSE) 的水平结果, 对其中 80 例恶性积液标本与 55 例良性积液标本肿瘤标记物水平检测进行比对, 选取肿瘤标记物明显增高典型病理标本, 与病理检测结果及相差显微镜下形态观察相互印证, 旨在研究肿瘤标记物检测对鉴别良恶性积液性质的价值和意义。

**方法** 回顾性研究, 收集 2013 年 5 月至 2016 年 12 月就诊于云南省第一人民医院患者的恶性胸腹水 80 例和良性胸腹水 55 例, 按标准化操作上机 (其中 CA724、CYFRA21-1、NSE 在罗氏 Cobas6000 免疫分析仪上检测, 其余项目在免疫\_雅培 I2000\_2 检测), 选取肿瘤标记物增高的积液标本进行涂片染色, 在相差显微镜下进行形态学观察。

**结果** 1、恶性积液标本肿瘤标记物检测水平结果明显增高。2、恶性积液标本与良性积液标本肿瘤标记物水平检测进行比对, 结果显示: 组间存在显著性的差异, 差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ ), 提示恶性积液肿瘤标记物的检测阳性率明显增高。

### 结论

体腔液肿瘤标记物检测对鉴别良恶性积液具有重要应用价值。

## PU-3050

## 猪链球菌致中枢神经系统感染 1 例

朱宏  
南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 猪链球菌 (*Streptococcus suis*) 感染是一种人畜共患疾病, 人感染猪链球菌病属于急性细菌性感染<sup>[1]</sup>, 人感染猪链球菌病在我国江苏和四川曾引起过暴发流行<sup>[2-3]</sup>, 我国其他省份也存在散发病例。

**方法** 细菌学鉴定：法国生物梅里埃 VITEK-2 Compact 鉴定（VITEK2-GP 卡）：猪链球菌Ⅱ型。

**药物敏感试验**：对青霉素、万古霉素、利奈唑胺，头孢曲松均敏感，对克林霉素、红霉素耐药。

**结果** 猪链球菌是革兰阳性球菌，成对或短链排列，羊血平皿培养 24 h 可见 α 溶血、光滑湿润、边缘整齐、半透明灰白色菌落。猪链球菌可感染人引起脑膜炎，其次是败血症、关节炎、心内膜炎和眼内炎<sup>[4]</sup>。猪链球菌有 35 个血清型，其中对人和动物致病最常见的血清型为Ⅱ型<sup>[6]</sup>。猪链球菌Ⅱ的毒力较强，主要毒力因子包括荚膜多糖<sup>[7]</sup>、溶菌酶释放蛋白、溶血素以及多种具有溶血活性的蛋白片段。其特点是起病隐匿、进展迅速、病情危重、病死率高<sup>[5]</sup>。

**结论** 本例中患者因在家中洗生猪头感染，反复发热，脑膜刺激征明显，且出现意识障碍，其血培养和脑脊液培养均阳性，且经验用药时包括了敏感的药物，使感染得以控制，所以发热患者的血培养及时送检显得尤为重要，同时相对应的其他病原学检查也不可或缺。

## PU-3051

### Autolumis3000 化学发光分析仪温度控制系统的结构及其功能

丛海燕,刘鹏,袁晓燕,曲业敏,宋宇,马淑青,王明义  
威海市立医院,264200

**目的** 介绍 Autolumis3000 化学发光分析仪温度控制系统的结构及其功能

**方法** 综述

**结果** 温控系统是全自动化学发光免疫分析仪最重要的子系统之一，在检测过程中可保证样本与试剂的质量并为反应液提供适宜温度环境使化学反应更充分，从而获得可靠检测数据。本文介绍了一种用于 Autolumis3000 全自动微粒子化学发光分析仪的温度控制系统，该系统根据样本的检测需求采用恒温空气干浴方式通过多个独立温度控制模块对温度进行调控，改善了控制系统的性能，杜绝了因温度变异引起的结果异常。该系统孵育区与测量区温度可分别精确控制在  $37\pm0.5^{\circ}\text{C}$ 、 $33\pm1^{\circ}\text{C}$ ，试剂区可保持在  $8\sim12^{\circ}\text{C}$  范围内，临床应用中该温控系统表现出良好的稳定性以及高控制精度。

**结论** 温控系统是全自动化学发光免疫分析仪最重要的子系统之一，在检测过程中可保证样本与试剂的质量并为反应液提供适宜温度环境使化学反应更充分，从而获得可靠检测数据。本文介绍了一种用于 Autolumis3000 全自动微粒子化学发光分析仪的温度控制系统，该系统根据样本的检测需求采用恒温空气干浴方式通过多个独立温度控制模块对温度进行调控，改善了控制系统的性能，杜绝了因温度变异引起的结果异常。该系统孵育区与测量区温度可分别精确控制在  $37\pm0.5^{\circ}\text{C}$ 、 $33\pm1^{\circ}\text{C}$ ，试剂区可保持在  $8\sim12^{\circ}\text{C}$  范围内，临床应用中该温控系统表现出良好的稳定性以及高控制精度。

## PU-3052

### 对两种红细胞沉降率方法学的探讨研究

徐亚敏  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 评价 ALIFAX TEST1 自动血沉仪与魏氏法检测红细胞沉降率(ESR)结果的一致性。

**方法** 选取正常和异常血沉标本 2 例，重复测定 10 次，评价 ALIFAX TEST1 自动血沉仪的精密性；采用 ALIFAX TEST1 自动血沉仪与魏氏法评价其检测 ESR 的一致性；随机选取 100 例门诊标本即时检测，分析 ALIFAX TEST1 自动血沉仪与魏氏法检测 ESR 的相关性。

**结果** ALIFAX TEST1 自动血沉仪精密度良好(正常标本  $CV \leq 5.5$ 、异常标本  $CV \leq 3.0$ )、与魏氏法检测 ESR 结果(除严重肾病及多发性骨髓瘤疾病)一致性极强、相关性好;ALIFAX TEST1 自动血沉仪在检测肾病及多发性骨髓瘤疾病患者的标本时,检测结果比较差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** ALIFAX TEST1 自动血沉仪与魏氏法在检测 ESR(除严重肾病及多发性骨髓瘤疾病)时有极强的一致性,可缩短 TAT,为病人提高更加优质服务,减少病人诊治等待时间。

## PU-3053

### 阳虚体质的血浆 $^1\text{H-NMR}$ 代谢组学研究

刘飞  
南方医院

**目的** 应用核磁共振(NMR)波谱学的代谢组学方法,检测中医体质分类中阳虚体质与平和体质的血浆代谢物,研究阳虚体质中特征代谢物的特点。

**方法** 收集阳虚体质与平和体质各 8 人的血液样品,采用横向弛豫时间的分布曲线磁共振脉冲序列(Carr Purcell Meiboom Gill CPMG)采集血液样品数据,观测血浆中的小分子代谢物。用多元统计分析方法比较阳虚体质组与平和体质组血浆内源性差异代谢产物。

**结果** 血浆中的代谢产物,与平和体质组相比,在阳虚体质组中乳酸( $t = -3.018$ )、低密度胆固醇脂蛋白( $t = -2.849$ )、脂肪酸( $-3.325$ )、氧化三甲胺( $t = -5.217$ )、N-乙酰糖蛋白( $t = -4.684$ )浓度水平都有不同程度下降;而高密度胆固醇脂蛋白( $t = 2.950$ )、磷脂酰胆碱( $t = 3.901$ )、葡萄糖( $t = 3.390$ )与谷氨酰胺( $t = 5.177$ )浓度水平都有不同程度升高。

**结论** 阳虚、平和体质潜在生物标志物的发现,从代谢组学角度为体质可分及个体差异提供了新的依据。阳虚、平和体质不仅存在体内生物合成与分解中能量代谢、糖代谢、脂代谢、氨基酸代谢等的差异、改变,也存在神经递质、脏腑功能的改变。

## PU-3054

### 对全自动尿液分析仪复检规则验证的探讨

王玉霞  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 验证尿常规报告审核的复检规则是否具有可行性和有效性。

**方法** 双盲收集 2017 年门诊及住院患者 500 份。使用全自动尿液分析仪 AX-4030 和 UF-1000i 对 500 份标本进行尿液干化学和尿液有形成分检测,同时对每份标本进行显微镜镜检,并以此结果为金标准。对制定的复检标准进行验证,评价其可行性和有效性。

**结果** 以镜检结果为金标准,在 500 份仪器结果中,阳性标本占 68% (340/500),阴性标本占 32% (160/500);其中,红细胞阳性标本占 40% (136/340),白细胞阳性标本 30% (102/340),结晶阳性标本占 10% (34/340),管型阳性标本占 8% (27/340),小圆上皮细胞阳性标本占 12% (41/340)。

**结论** 使用全自动尿液分析仪尿液干化学和尿液有形成分联合检测,降低了复检率,提高了工作效率,同时粒细胞酯酶与白细胞不一致、隐血与红细胞不一致、存在小圆上皮细胞、管型、结晶报警时要镜检,避免矛盾结果的出现及漏检。

PU-3055

## Trackable Delivery of Hepatoma Specific Gene by Chitosan Encapsulated Quantum Dots

Chenyan Yuan

Affiliated Zhong Da Hospital, Southeast University, Nanjing, China.

**Objective** To construct a traceable gene delivery process by fluorescent nanoparticles in vivo to evaluated the biodistribution.

**Methods** Preparation and of characterization chitosan encapsulated CdTe quantum dots (CS-Qdots), The morphologies of CdTe Qdots and CS-Qdots were examined using HRTEM and TEM. UV-vis spectroscopy of CS-Qdots were measured by using fluorescence spectrophotometer. Fourier transform infrared spectra was obtained to evaluate the surface chemistry of nanoparticles. The zeta potential and particle size of CS-Qdots was analyzed in zeta plus particle sizing analyzer. Then CS-Qdots/gene transfection complexes (100 $\mu$ l) were injected into the mice bearing xenografts via the tail vein, which consisted of 120 $\mu$ g CS-Qdots and 10 $\mu$ g p[HRE]AFP-luc DNA for the imaging mice and 10 $\mu$ g p[HRE]AFP-HSTK DNA for the gene therapy mice. Normal saline (100 $\mu$ l) was injected into the control animals via the tail vein. CRI automated in-vivo imaging system (CRI maestro, USA) was used for fluorescence imaging at 30min, 2h, 6h, 24h, 48h, and 72h post injection. The imaging mice which were administrated with p[HRE]AFP-luc DNA were observed in an IVIS imaging system (Xenogen, USA) for bioluminescent imaging in vivo at 72h post injection. D-luciferin sodium salt solution (25 $\mu$ l, 15 mg/ml, Goldbio technology, USA) was injected intraperitoneally into the mice. The the bioluminescent signal was acquired after 10 min. To demonstrate the distribution of CS-Qdots/gene complexed in vivo the animals were sacrificed at 72h post injection and the main organs such as lung, heart, kidney, liver, and spleen) were observed in CRI system for fluorescence imaging.

**Results** The crystal structure of Qdots was observed by HRTEM as shown in Figure1A and the size of the nanocrystal was found about 5nm. The morphology of CS-Qdots was found to have a spherical morphology and good dispersion in TEM image and the mean size of which was about 20-30nm. The surface charge of CdTe Qdots was  $-19.30 \pm 0.38$  mV and turned to a positive value of  $26.12 \pm 0.56$  mV . The hydration particle size of CS-Qdots was 250nm as shown in Figure 1G. When Qdots were encapsulated by chitosan the characteristic peaks (-NH<sub>2</sub> vibration, C-H stretching vibration) of chitosan were observed on the FTIR spectra . The absorption spectrum of CS-Qdots was wide and the emission spectrum was narrow and symmetrical . The emission peak of CS-Qdots was at about 600nm. The results indicated that the CS-Qdots nanoparticles were successfully prepared and have the potential to applied in gene delivery and imaging system. The CS-Qdots/genes complexes were injected into the HCC xenografts nude mice via the tail vein. Then the mice were observed in a CRI automated in-vivo imaging system to real time monitored the biodistribution of the gene-loaded fluorescence nanocarriers by the fluorescent imaging. There were strong fluorescence signals in tumor and weaker signals in liver, kidney and spleen, but almost no fluorescent signals were observed in hearts and lungs.

**Conclusions** The CS-Qdots fluorescent nanoparticles with high biocompatibility were constructed successfully, which delivered genes into cells efficiently. The vector could be traced by fluorescent imaging in vivo and in vitro. The real time monitoring and targeted delivery of hepatoma specific suicide genes by chitosan encapsulated quantum dots is emerging as an effective non-invasive imaging system to treat the tumor.

## PU-3056

## 血细胞分析仪 Mindray BC-6800Plus 在血液感染快速初筛的研究

孙德华,熊铁

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 研究 Mindray BC-6800Plus 血细胞分析仪在血源微生物检测上的应用可能性。

**方法** 纳入 15 种临床常见的感染细菌,制备  $10^5$ CFU/ml、 $10^6$ CFU/ml、 $10^7$ CFU/ml 水平的纯菌悬液标本,在特定浓度菌悬液基础上,制备  $10^5$ CFU/ml、 $10^6$ CFU/ml、 $10^7$ CFU/ml 水平血液添加标本,使用 Mindray BC-6800Plus 对各标本重复检测 3 次,分析各检测信号阈值及散点图特点,建立 cutoff 值,判断仪器对各浓度细菌检测效能。

**结果** 细菌在血细胞分析仪上表现为低 FS、高 SS 和较低 FL 信号的特征散点图,真菌则表现为高 FS、低 SS 和极低 FL 信号。在血液添加实验中,不同的细菌和真菌检出水平不一,金黄色葡萄球菌在  $10^5$ CFU/ml 呈检出阳性;阴沟肠杆菌、屎肠球菌、近平滑念珠菌在  $10^6$ CFU/ml 水平呈检出阳性;大肠杆菌、溶血葡萄球菌、头状葡萄球菌、表皮葡萄球菌、粪肠球菌、B 群链球菌、白念珠菌、光滑念珠菌、热带念珠菌在  $10^7$ CFU/ml 水平呈检出阳性;肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌在  $10^7$ CFU/ml 水平不能被检出。

**结论** Mindray BC-6800Plus 对外周血中的部分病原微生物在特定浓度水平能进行有效、快速的初筛。

## PU-3057

## MTHFR 基因多态性与Ⅱ型糖尿病肾病 相关性的研究

孙佳雪

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 糖尿病患者的大幅度增加,糖尿病的并发症的复杂,使得糖尿病日益成为人们关注的话题,糖尿病患病的机制及危险性因素逐渐引起重视。探讨关于二型糖尿病肾病受到亚甲基四氢叶酸还原酶基因 677C/T 多态性影响而发生发展的相关性。

**方法** 对于所入选的 112 例Ⅱ型糖尿病肾病(DN+)患者和 111 例非Ⅱ型糖尿病肾病对照者(DN-),采取使用最新的聚合酶链式反应-限制性片断长度多态性分析的技术方法,也就是 PCR-RFLP,来检测其 MTHFR 基因 677C/T 的基因多态性;应用循环酶法来测定两组的血浆同型半胱氨酸水平,同时检测两组血清胱抑素 C (Cys-C) 和尿微量白蛋白(MAU)。

**结果** 通过亚甲基四氢叶酸基因型频率的结果可以观察到,在 DN+组中,TT(26.77%)明显大于 DN-对照组的 TT(5.41%);从 T 等位基因的占比结果可以观察到,在 DN+组中,T (48.21%),明显大于 DN-对照组的 T (25.23%),两组的结果差异均具有统计学意义( $P<0.05$ )。通过两组的 Hcy 浓度的结果可以发现,DN+组的血浆 Hcy 水平比 DN-组的高;TT 型的患者和 CT 型的患者的 Hcy 水平都比 CC 型的患者的高,差异均具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 二型糖尿病肾病受到亚甲基四氢叶酸还原酶基因 677C/T 多态性影响而发生发展,两者是有相关性的。

## PU-3058

**AIM2 在乙肝相关性肾小球炎症中的表达及临床意义**

王晶晶  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨黑色素缺乏因子 2(AIM2) 的激活和表达在乙型肝炎病毒相关性肾小球肾炎(HBV-GN)发病机制中的作用。

**方法** 54 例 HBV-GN 为实验组, 25 例慢性肾炎为对照组, 肾活检后, 采用免疫组化检测 AIM2, caspase-1 及 IL-1 $\beta$  的表达, 并分析各组中 AIM2 与 caspase-1 及 IL-1 $\beta$  关系。转染 HBV 的肾小球系膜细胞(HGM)用 AIM2-siRNA 封闭 AIM2 为实验组, 单独转染 HBV 或 AIM2-siRNA 的 HGM 为对照组。采用 Western blot 和 qRT-PCR 分别检测各组中 caspase-1, IL-1 $\beta$  and IL-18 蛋白表达及 mRNA 的水平。

**结果** HBV-GN 组肾活检组织中 AIM2 的表达高于对照组( $P < 0.01$ ); 且与 caspase-1 及 IL-1 $\beta$  的表达呈正相关( $P < 0.01$ ,  $P < 0.01$ ); 封闭 AIM2 后, caspase-1、IL-1 $\beta$  及 IL-18mRNA 的表达明显降低( $P < 0.05$ ,  $P < 0.05$ ,  $P < 0.05$ )。

**结论** AIM2 可通过与 HBV-DNA 识别并激活,经 caspase-1 途径激发固有免疫,释放 IL-1 $\beta$ , IL-18 等炎症因子,导致 HBV-GN 的发生与发展。

## PU-3059

**迈瑞 BC-5390 全血 C 反应蛋白检测项目的性能评价**

邱凯,孙德华,刘志伟,安泰学  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 验证迈瑞 BC-5390 全血 C 反应蛋白检测性能, 保证检验质量和实验室管理, 使之能够更好满足临床应用需求。

**方法** 对迈瑞 BC-5390 全血 C 反应蛋白的空白计数、精密度、正确度、线性和携带污染率等性能指标进行验证, 同时与罗氏 cobas C8000 血清 C 反应蛋白结果进行对比。

**结果** 迈瑞 BC-5390 全血 C 反应蛋白精密度高 ( $CV < 4\%$ ), 稳定性好, 正确度参照上海市临床检验中心室间质评质控品进行的比对实验显示符合临床要求, 携带污染率极低(0.08%), 线性范围宽广(0-340mg/L); 与罗氏 cobas C8000 血清 C 反应蛋白结果进行对比分析, 回归方程:  $y = 1.070x + 0.399$ ,  $R^2 = 0.990$ 。

**结论** 迈瑞 BC-5390 全血 C 反应蛋白的各项性能指标均能达到厂家声明的性能, 结果准确、稳定, 符合临床质量要求, 满足实验室和临床需要。

## PU-3060

**2018 年某地区呼吸道革兰阴性菌分布及耐药性统计分析**

韩杰,马淑青,于旭云,毕艳妮,孙梅,孙大林,解洁,王颖  
威海市立医院,264200

**目的** 了解 2018 年威海地区 8 所医院呼吸道革兰阴性病原菌的分布及对临床常用抗菌药物的耐药性, 为临床合理使用抗菌药物提供参考依据。

**方法** 8 所入网医院按照统一方法进行细菌耐药性统计分析, 药敏试验采用自动化仪器法、纸片扩散法(K-B 法)及 E 试验法, 按照美国 CLSI2017 年版标准判读结果, 用 Whonet5.6 软件统计分析引起呼吸道感染的革兰阴性分离菌的分布及耐药性。

**结果** 共分离出 2443 株革兰阴性细菌, 前五位细菌依次为铜绿假单胞菌(27.1%)、肺炎克雷伯菌(26.8%)、鲍曼不动杆菌(13.3%)、流感嗜血杆菌(7.6%)、大肠埃希菌(4.7%)。药敏试验结果显示, 流感嗜血杆菌对头孢曲松、左氧氟沙星敏感率大于 85%。肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌、鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞对亚胺培南耐药率分别为 1.7%、6.8%、64.3%、9.3%。鲍曼不动杆菌对替加环素和黏菌素的敏感性大于 95%; 铜绿假单胞对庆大霉素、阿米卡星、头孢他啶、哌拉西林-他唑巴坦、头孢哌酮-舒巴坦的敏感性超过了 70%。

**结论** 革兰阴性菌是引起呼吸道感染主要病原菌, 产 ESBLs 的肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌检出率低于全国平均检出率, 但耐碳青霉烯的大肠埃希菌高于全国平均检出水平。

## PU-3061

# PCT、NEUT%、LYMPH%、CRP、PLT、WBC、ESR 在血流感染中的诊断价值分析

刘霞

Lianyungang Second People's Hospit

**目的** 探讨七种炎症因子: 降钙素原(PCT)、白细胞计数(WBC)、中性粒细胞比例(NEUT%)、淋巴细胞比例(LYMPH%)、血小板值计数(PLT)、红细胞沉降率(ESR)、C-反应蛋白(CRP)在血流感染中的应用价值。

**方法** 选择 2012 年 1 月-2018 年 7 月来连云港市第二人民医院进行血培养检查的 1580 名住院患者作为研究对象, 根据血培养结果分为革兰阴性杆菌组、革兰阳性球菌组、阴性对照组, 分别统计三组患者的 PCT、WBC、NEUT%、LYMPH%、PLT、ESR、CRP 水平并绘制相应炎症指标用于辅助诊断血流感染的 ROC 曲线; 比较三组之间患者上述炎症指标的水平差异。

**结果** 经过对三组之间的炎症指标水平进行两两比较, 结果表明: PCT、NEUT% 炎症指标在革兰阴性杆菌组水平中高于革兰阳性球菌组和阴性对照组, 革兰阳性球菌组和阴性对照组之间差异不显著; CRP 炎症指标在革兰阴性杆菌组水平中高于革兰阳性球菌组水平, 革兰阳性球菌组水平又高于阴性对照组水平 ( $P<0.05$ ), LYMPH%、PLT 炎症指标在阴性对照组水平高于革兰阳性球菌组水平和革兰阴性杆菌组水平 ( $P<0.05$ ), 而革兰阴性杆菌组和革兰阳性球菌组之间差异不显著 ( $P>0.05$ ); ESR 在三组之间水平差异不显著 ( $P>0.05$ ), WBC 的在革兰阳性球菌组水平高于革兰阴性杆菌组水平和阴性对照水平, 革兰阴性杆菌感染组和阴性对照组之间差异不显著 ( $P>0.05$ ); 不同炎症指标的 ROC 曲线分析结果提示革兰阴性杆菌组血流感染的诊断效率由高到低依次为 PCT、NEUT%、LYMPH%、CRP、PLT、WBC、ESR; 革兰阳性球菌组血流感染的诊断效率由高到低依次为 NEUT%、LYMPH%、PCT、WBC、CRP、PLT、ESR。

**结论** 不同炎症指标之间对血流感染的辅助诊断价值各异, 对于革兰阴性杆菌导致的血流感染各个炎症指标的诊断价值排序如下:  $PCT > NEUT\% > LYMPH\% > CRP > PLT > WBC$ ; 对于革兰阳性球菌导致的血流感染各个炎症指标的诊断价值排序如下:  $NEUT\% > LYMPH\% > WBC > PLT$ ; PCT、CRP 对革兰阳性球菌引起的血流感染的辅助诊断不适宜, ESR 对于革兰阴性杆菌或革兰阳性球菌导致的血流感染辅助诊断价值均不显著。



## PU-3062

## 血清八联呼吸道病原体 IgM 抗体谱检测对 ICU 呼吸道感染患者的诊断价值探讨

范海明

三明市第一医院,365000

**目的** 了解福建医科大学附属第一医院重症监护室（ICU）呼吸道感染患者呼吸道病原体的构成及流行情况，为感染的防治提供参考依据。

**方法** 采用间接免疫荧光法检测血清中的流感病毒 A 型( Flu A)、流感病毒 B 型( Flu B)、副流感病毒( PIV)、呼吸道合胞病毒( RSV)、腺病毒( ADV)、肺炎支原体( MP)、肺炎衣原体( CPn)及嗜肺军团菌( LP)8 种呼吸道病原体 IgM 抗体谱。

**结果** 共检测 2802 例标本，阳性率为 53.8%（1507 例），阳性率最高的病原体是 Flu B（33.1%）。49.4%的患者为多重感染（744 例），其中二重感染 469 例，以 Flu B 合并 Flu A 最常见（342 例），也存在三重感染至七重感染的现象。不同的季节中以春季阳性率最高（57.2%），明显高于其他三个季节。在不同季节中，只有 Flu B、Flu A 及 CPn 三种病原体的感染差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。不同性别、不同年龄的患者对 8 种呼吸道病原体易感性相似，差异没有统计学意义。

**结论** ICU 中呼吸道感染患者易发生多重感染，8 种呼吸道病原体以 Flu B 为主，且以春季检出率最高，尽早进行呼吸道病原体 IgM 抗体谱检测，有助于临床做好预防，以及选择合适的诊疗方案，使患者得到及时和准确的诊疗。

## PU-3063

## 宿主核酸去除和全基因组扩增技术联用可提高宏基因组测序病原鉴定效率

高华

北京大学人民医院,100000

**目的** 宏基因组测序在临床感染病原的鉴定中具有潜在优势，然而受宿主核酸影响以及高通量建库核酸最低起始量的限制，既往研究多针对病原载量相对较高并且宿主污染比例较低的临床样本，宏基因组测序的应用范围有待提高。

**方法** 为此本研究基于人工混合已知载量水平（100~10000 个细胞）的三种常见病原的 500mL 全血样本，利用宿主细胞和微生物细胞裂解条件的差异，使用核酸酶优先消化宿主核酸，达到宿主核酸去除的目的；继而利用全基因组扩增技术，提高核酸回收产量，完成高通量测序文库的构建。

**结果** 经对比分析可见，去除宿主核酸可降低宏基因组测序中 11%~45%的宿主数据；可节省 84%~89%的测序通量，并达到类似的病原鉴定能力；对于全血样本中 100 个左右的病原细胞，也可有效鉴定（>1000 条读长）。

**结论** 因此，宿主核酸去除和全基因组扩增技术联用，可拓展宏基因组测序在临床多类型样本中的应用范围，并提高病原鉴定效率。

## PU-3064

## 卵巢癌患者外周血内皮祖细胞 miRNA-133 表达水平与血管新生的关系

苏亚娟,王慧妍,崔佳琳,孙轶华  
哈尔滨医科大学附属第三医院,150000

**目的** 骨髓来源的内皮祖细胞(EPCs)在肿瘤血管新生和肿瘤生长转移中发挥重要作用。miRNA分子在 EPCs 中或者在卵巢癌发生发展过程中发挥着重要的作用,但 miRNA 与卵巢癌患者 EPCs 血管生成的关系无报道。本研究探讨卵巢癌患者外周血 EPCs 中 miRNA-133 表达水平及其与卵巢癌血管新生的关系。

**方法** 选择经临床及病理检查确诊的卵巢癌患者 40 例,健康对照者 25 例。以卵巢癌患者外周血分离培养的 EPCs 为研究对象,正常健康人的 EPCs 为对照,分离人外周血原代内皮祖细胞,然后采用  $\mu$ Paraflo®微流体芯片技术筛选与卵巢癌 EPCs 血管生成相关的差异 miRNAs,获得了诸多差异表达的 miRNAs。差异表达 miRNAs 中,应用可反映 VEGF 转录活性的 VEGF-Promoter-Reporter 系统、可反映 Id1 活性的 Id1-Reporter 系统,筛选可能影响和血管新生相关的 VEGF 及 Id1 活性的 miRNA。同时我们还对 miR-133 进行了深入分析,我们还检测了卵巢癌组织中 miR-133 的表达,同时在卵巢癌细胞株 SKOV-3 和 OVCAR-3 上的表达也进行了检测。

**结果** 我们利用血管新生相关基因 VEGF 及 Id1-Reporter 系统反映 VEGF 及 Id1 转录活性。结果发现,转染 miR-133 siRNA 可抑制 VEGF-Promoter-Reporter 和 Id1-Reporter 系统的萤光素酶活性,而其他 miRNA 作用不大。还发现 miR-133 在卵巢癌患者 EPCs 中表达也显著低于健康对照者(芯片数据中差异低表达 5.4 倍,Real time PCR 结果显示差异倍数达 5.45 倍);我们还检测了卵巢癌组织中 miR-133 的表达,发现 miR-133 在卵巢癌患者组织中表达也显著低于正常卵巢组织,同时在卵巢癌细胞株 SKOV-3 和 OVCAR-3 上也都低表达。

**结论** 本研究结果显示卵巢癌患者 EPCs 中 miR-133 的调控作用可能位于 EPCs 血管生成调控关键因子 VEGF/Id1 的上游,说明其很可能参与 EPCs 血管生成的调控。所以有关 miR-133 在卵巢癌 EPCs 血管生成中的功能及与卵巢癌生长和转移之间的关系均未见报道,因此深入探讨该 miRNA 在 EPCs 血管生成及卵巢癌中的作用无疑具有其潜在的临床研究价值。

## PU-3065

## Acinetobacter soli 与 Acinetobacter baumannii 在临床分离中的比较鉴别

王锐璇  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 研究 Acinetobacter soli(A. soli)和 Acinetobacter baumannii(A. baumannii)在临床菌种鉴定的差别。

**方法** 收集 48 株经 MALDI-TOF 质谱或 vitek2 系统鉴定为 A. baumannii 的临床分离株,抽提细菌基因组 DNA,特异性引物扩增 16sRNA 编码基因并测序,通过 NCBI 数据库进行序列比对。将菌种接种于血平板上培养 18-24h,观察菌落形态。LB 培养基增菌,菌株培养上清液与 5%绵羊红细胞共培养,检测上清液 OD450 以值评估菌株的溶血活性,以 ATCC17978 A. baumannii 标准菌株为阴性对照,0.2%Triton-X 为阳性对照,计算溶血活性相对分数=(待测菌株 OD450-空白 OD450)/(0.2%Triton-X OD450-空白 OD450)。分析菌株的药敏情况。

**结果** 经过 16sRNA 编码序列比对发现,48 株中有 2 株为 A. soli,菌落与 A. baumannii 不同,扁而灰,并出现轻微溶血现象。进一步 5%绵羊红细胞溶血素活性检测试验表明,两株 A. soli 中,有一

株存在溶血素活性, 利用公式计算其溶血活性相对分数为 32.24%, ATCC17978 溶血活性相对分数为 4.37%。与 *A. baumannii* 药敏比较, 两株 *A. soli* 均对头孢哌酮/舒巴坦、替加环素、头孢曲松、头孢吡肟、亚胺培南、左氧氟沙星、氨苄西林/舒巴坦等药物敏感。

**结论** 质谱和 vitek2 系统鉴定 *A. baumannii* 时, 应同时关注菌株的菌落形态及药敏情况, 对于质谱和 vitek2 系统鉴定为 *A. baumannii*, 但菌落不典型、药物敏感的菌株应结合测序进行菌种鉴定。质谱和 vitek2 系统不易分辨出 *A. soli*, 其耐药性比 *A. baumannii* 低, 提示我们以往可能低估了 *A. baumannii* 的耐药性, *A. baumannii* 真正的耐药率可能更高。

## PU-3066

### 凝血因子 12 缺乏案例汇总分析

王宏  
江苏省人民医院

**目的** 汇总并分析本实验室发现的凝血因子 12 缺乏者的临床信息

**方法** 回顾 2018 年 11 月-2019 年 4 月于本实验室因凝血因子活性检测而发现 12 因子缺乏的患者, 统计 APTT 检测结果、出血发生情况及栓塞发生情况。

**结果** 32 例患者凝血因子 12 缺乏者, 60 岁以上老年患者 14 人, 20 岁以下青少年患者 2 人。所有患者 FXII 活性介于 0.5%-53.5%之间, 均值 ( $36.2 \pm 8.9$ ) %。APTT 检测结果介于 27.5 秒-109 秒之间, 均值 ( $34.8 \pm 14.1$ ) 秒。5 例轻度 FXII 缺乏者伴有皮肤黏膜出血表现, 但均有明确导致出血的原因。所有 32 例患者并无一例出现大出血事件 (依据 ISTH 分类法), 特别是 18 例有手术或有创操作史的患者, 在术后也均无出血事件发生。5 例 (15.6%) 患者发生栓塞事件: 年龄 20 岁-83 岁; 男女比例 4:1; 均无家族史; 动静脉栓塞比为 2:3。

**结论** FXII 缺乏通常不会引起出血, 患者可安全手术。FXII 缺乏导致血栓的观点尚未得到有效证实, 并且这方面的诸多文献结果矛盾。因此, 临床和实验室需要更多的资料、更深入的研究来逐步澄清或证实。

## PU-3067

### ICU 与非 ICU 呼吸道来源革兰阴性菌感染的分布和耐药性分析

刘海珠<sup>1</sup>, 李进红<sup>2</sup>, 徐静<sup>3</sup>, 孙梅<sup>1</sup>, 王颖<sup>1</sup>  
1. 威海市立医院, 264200  
2. 威海市妇幼保健院  
3. 荣成市中医院, 264200

**目的** 掌握 2018 年威海市内 8 所医院 ICU 与非 ICU 呼吸道革兰阴性菌感染的分布特点, 同时探讨其耐药性, 辅助临床制定合理用药方案。

**方法** 8 所教学医院 (3 家三级甲等综合性医院、4 家专科三级甲等医院、1 家二级甲等医院) 按照统一方案进行细菌耐药性监测, 药敏试验采用纸片扩散法 (K-B 法)、自动化仪器法及 E 试验法, 按照美国 CLSI2017 年版标准判读结果, 用 Whonet5.6 软件统计分析呼吸道标本分离菌的分布及耐药性。

**结果** 共检出 3620 株革兰阴性菌, ICU 分离出 665 株, 占 18.40%, 非 ICU 分离出 2955 株, 占 81.60%; ICU 与非 ICU 病区呼吸道标本分离的革兰阴性杆菌以鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯杆菌和铜绿假单胞菌三种类型为主, 均具有广泛耐药性。鲍曼不动杆菌主要来自 ICU, 对亚胺培南的耐药

率 64.3%，对替加环素和黏菌素的敏感性>95%；铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率为 9.3%，来自 ICU 的铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率为 12.7%。

**结论** ICU 感染发生率高，分离出的耐药菌株耐药性高于非 ICU 菌株，且耐药广泛，临床应根据患者病原菌耐药情况合理选用抗菌药物，实施针对性治疗，提高治疗效果。

## PU-3068

### Clinical application value of prothrombin time-international normalized ratio in diagnosis of colorectal cancer

Dianyu Yang,Zujun Sun,Dong Li  
Tongji Hospital, School of Medicine, Tongji University

**Objective** Many cancers can induce hypercoagulable states and thromboembolism. Multiple studies have confirmed that some coagulation factors are abnormal in cancer patients; expressly, recent studies revealed that increased levels of plasma D-dimer and fibrinogen were associated with tumor stage and metastasis in colorectal cancer. However, it is unclear whether prothrombin time-international normalized ratio (PT-INR) is related to colorectal cancer. Thus, this study was conducted to explore the relationship between prothrombin time-international normalized ratio and clinical characteristics in patients with colorectal cancer.

**Methods** Eighty-seven patients of colorectal cancer and fifty-eight patients of colon polyps were used in this study. The multigroup metering data was tested by non-parametric Kruskal-Wallis H test, and the two established patient sets were tested by Mann-Whitney U test. The association between continuous variables was assessed by Pearson and Spearman correlation analyses. Receiver operating curve (ROC) analysis was used to investigate the association between prothrombin time-international normalized ratio and metastatic colorectal cancer.

**Results** Increased plasma levels of PT-INR were observed in patients with colorectal cancer. Moreover, the plasma levels of PT-INR were significantly different in each subgroup of colorectal cancer.

**Conclusions** The value of plasma PT-INR is closely related to staging and metastasis of colorectal cancer. Hence, the plasma PT-INR may be a potential marker for the diagnosis of colorectal cancer.

## PU-3069

### 428 株呼吸道革兰阳性菌的临床分布及耐药性趋势分析

黄忠义,马淑青,孙梅,孙大林,解洁,王颖  
威海市立医院,264200

**目的** 分析 2018 年威海地区 8 所加入细菌耐药监测网的医院中呼吸道来源的革兰阳性病原菌的临床分布情况及耐药趋势，为临床合理选择抗菌药物提供依据。

**方法** 8 所入网医院(3 家三级甲等综合性医院、4 家专科三级甲等医院、1 家二级甲等医院)按照统一方案进行细菌耐药性监测，药敏试验采用纸片扩散法(K-B 法)、自动化仪器法及 E 试验法，按照美国 CLSI2017 年版标准判读结果，用 Whonet5.6 软件统计分析呼吸道标本分离菌的分布及耐药性。

**结果** 共分离出 428 株革兰阳性细菌，前三位依次为金黄色葡萄球菌(63.1%)、肺炎链球菌(23.3%)、凝固酶阴性的葡萄球菌(7.0%)。药敏试验结果显示，肺炎链球菌和化脓链球菌对红霉素、克林霉素耐药率>80%，对氟喹诺酮类、万古霉素、利奈唑胺仍保持较高敏感性。金葡菌中未检出万古霉素、利奈唑胺耐药株，8 所医院耐甲氧西林金葡菌(MRSA)平均检出率为 19.0%，明显低于 2017 年全国金葡菌(32.2%)。

**结论** 金黄色葡萄球菌和肺炎链球菌是呼吸道标本分离培养得到的主要革兰阳性病原菌，存在较为广泛的耐药性，临床医生应充分了解抗菌药物的当地流行病学耐药情况决定经验治疗，并根据实际药敏实验结果合理选用抗菌药物，减少耐药菌株的产生。

## PU-3070

### 结直肠癌患者外泌体中糖蛋白组学初步研究

孙祖俊,李冬

上海市同济医院(同济大学附属同济医院)

**目的** 通过糖蛋白组学研究初步筛查正常对照和结直肠癌患者外泌体中差异表达的糖蛋白。

**方法** 提取并鉴定 3 例正常对照和 3 例肠癌患者血清中外泌体，用 O18 标记 N-糖基化位点 PNG F，用串联质谱对蛋白 N-糖基化位点进行鉴定。

**结果** 我们发现结直肠癌患者外泌体中包含更多的糖蛋白和脂质，糖蛋白纤维蛋白原  $\beta$  (Fibrinogen beta chain) 和  $\beta 2$  糖蛋白 1 (Beta-2-glycoprotein 1) 在结直肠癌患者的表达水平显著高于正常对照。

**结论** 外泌体中糖蛋白纤维蛋白原  $\beta$  (Fibrinogen beta chain) 和  $\beta 2$  糖蛋白 1 (Beta-2-glycoprotein 1) 可能成为结直肠癌患者早期诊断、治疗监测及预后判断的敏感指标。

## PU-3071

### 四种血清 microRNA 在脓毒血症中的诊断价值研究

聂鑫,骆秋月,罗薇,丁霏,李贵星,应斌武

四川大学华西医院,610000

**目的** 由于缺乏有效的早期诊断标志物，脓毒血症患者全球发病率与死亡率多年居高不下。因此，临床亟待一种新型的生物标志物以提高脓毒血症的早期诊断率，从而提高患者存活率。循环血中微小 RNA 是一类新近研究发现的具有分子诊断标志物优点的内源性小分子核苷酸。本研究以脓毒血症患者血清中的 miRNA 为研究对象，为脓毒血症的早期诊断和病情监测寻找临床可用的实验室检查指标。

**方法** 本研究纳入脓毒血症患者 60 例和健康对照 40 例，在全部受试者中利用 qRT-PCR 技术对 6 种和炎症相关的相关的微小 RNA (microRNA-26a、microRNA-26b、microRNA-146a、microRNA-29b、microRNA-22、microRNA-138) 进行相对定量检测，并采用 ROC 曲线及曲线下面积评价在两组间血清水平有差异的 miRNA 用于脓毒血症诊断的价值。

**结果** 脓毒血症患者血清中 microRNA-26a、microRNA-26b、microRNA-146a 及 microRNA-29b 的表达均低于健康对照组，差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )；而血清 microRNA-22 及 microRNA-138 的表达在脓毒血症患者与健康对照之间无明显差异 ( $P > 0.05$ )；ROC 分析显示 microRNA-26a ( $2^{-\Delta Ct}$ ) 诊断脓毒血症的 Cut-off 值为 0.016467，其诊断敏感度为 84.2%，特异性为 88.9%，AUC 为 0.784 (95%CI: 0.623, 0.944)；microRNA-26b ( $2^{-\Delta Ct}$ ) 诊断脓毒血症的 Cut-off 值为 0.001441，其诊断敏感度为 71.1%，特异性为 88.9%，AUC 为 0.797 (95%CI: 0.655, 0.938)；microRNA-146a ( $2^{-\Delta Ct}$ ) 诊断脓毒血症的 Cut-off 值为 0.002045，其诊断敏感度为 73.7%，特异性为 88.9%，AUC 为 0.757 (95%CI: 0.591, 0.924)；microRNA-29b ( $2^{-\Delta Ct}$ ) 诊断脓毒血症的 Cut-off 值为 0.00001404，其诊断敏感度为 73.7%，特异性为 88.9%，AUC 为 0.737 (95%CI: 0.660, 0.930)。

**结论** 脓毒血症患者血清中 microRNA-26a、microRNA-26b、microRNA-146a 及 microRNA-29b 的表达水平显著降低，在脓毒血症临床诊断中具有重要意义。

## PU-3072

## 全自动 iFlash AMH 免疫分析仪的性能评估和中国成年女性多中心参考范围的建立

岳朝艳<sup>1</sup>,段朝晖<sup>2</sup>, 韦婕<sup>2</sup>,章迪<sup>3</sup>,罗晓红<sup>2</sup>,张倩岚<sup>1</sup>,应春妹<sup>1</sup>,伍勇<sup>3</sup>

1.复旦大学附属妇产科医院,200000

2.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

3.中南大学湘雅三医院,410000

**目的** 评价全自动 iFlashAMH 免疫分析仪的检测性能, 建立中国女性 AMH 多中心人群的年龄特异性参考范围。

**方法** 对 iFlash 分析仪的空白限、检出限、定量限、精密度和线性范围进行评价。采用 PASS-Bablok 回归分析和 Bland-Altman 偏倚评价分析 Roche Cobas 601 和 iFlash 3000 检测 AMH 的一致性, 分析不同贮藏条件和不同标本类型对结果的影响。利用多中心数据建立中国成年女性的参考范围。

**结果** 空白限为 0.01 ng/mL, 检出限为 0.02 ng/mL, 定量限为 0.08 ng/mL。低浓度时的重复性为 1.3%, 批间精密度为 2.2%, 中间精密度为 3.2%。高浓度时的重复性为 1.6%, 批间精密度为 2.1%, 中间密度为 3.1%。AMH 值在 0.02-27.22 ng/mL 范围内线性关系良好。Roche Cobas 601 和 iFlash 3000 检测 AMH 的相关系数为 0.9753, 斜率为 1.009。血清和血浆的检测结果呈线性相关。20-24 岁、25-29 岁、30-34 岁、35-39 岁、40-44 岁、45-49 岁和≥50 岁的中国成年妇女的 AMH 值参考区间分别为 1.2-10.21 ng/ml, 1.14-9.17 ng/ml, 0.55-8.18 ng/ml, 0.26-6.82 ng/ml, 0.07-4.59 ng/ml, 0.02-1.93 ng/ml, 0.01-0.99 ng/ml。

**结论** iFlash AMH 免疫分析法具有良好的分析性能, 年龄特异性的多中心成年女性的 AMH 参考区间可以为临床提供更好的参考。

## PU-3073

## 住院患者高钙血症的病因分析

王辉

四川大学华西医院,610000

**目的** 研究住院患者发生高钙血症的原因, 为临床诊断和治疗提供依据。

**方法** 纳入 2016 年 1 月-2017 年 12 月四川大学华西医院住院患者血钙水平超过 3.0mmol/L 共 386 例为研究对象, 分析患者相关实验室指标, 收集患者临床信息, 分析每位患者发生高钙血症的病因, 按病因进行分类分析。

**结果** 386 例住院患者高钙血症中, 外源性因素 130 例 (34%), 甲状旁腺功能亢进 88 例 (23%), 恶性肿瘤 121 例 (31%)、其他 47 例 (12%)。血钙在各病因组间无统计学差异。

**结论** 高钙血症的主要原因为外源性因素、恶性肿瘤、甲状旁腺功能亢进等。

## PU-3074

**抗-HCV 血清学检测和 HCV RNA 核酸检测联合应用的价值**马淑青<sup>1</sup>,宋宇<sup>1</sup>,毕艳妮<sup>1</sup>,姚继承<sup>2</sup>,邵淑丽<sup>1</sup>,耿建利<sup>1</sup>,王晓伟<sup>2</sup>,鞠义<sup>1</sup>,黄忠义<sup>1</sup>,王明义<sup>1</sup>

1.威海市立医院,264200

2.威海威高生物科技有限公司

**目的** 明确抗-HCV 血清学检测和 HCV RNA 核酸检测联合应用的价值**方法** 病例报道**结果** 丙肝为常见传染病,抗-HCV 血清学检测是 HCV 感染筛查的主要方式,常用的方法为化学发光法。HCV RNA 检测可直接监测病毒复制量,是 HCV 感染的实验室诊断方法之一[1]。但 HCV RNA 操作繁琐、成本较高,常规实验室不作为筛选使用[2]。本文通过 2 例临床病例,对实验室常规开展 HCV RNA 检测在提高 HCV 感染检出中的价值进行探讨。**结论** 丙肝为常见传染病,抗-HCV 血清学检测是 HCV 感染筛查的主要方式,常用的方法为化学发光法。HCV RNA 检测可直接监测病毒复制量,是 HCV 感染的实验室诊断方法之一[1]。但 HCV RNA 操作繁琐、成本较高,常规实验室不作为筛选使用[2]。本文通过 2 例临床病例,对实验室常规开展 HCV RNA 检测在提高 HCV 感染检出中的价值进行探讨。

## PU-3075

**长春地区健康成人血清补体 C1q 参考范围的建立**

高艺航,邓沫,郭迎雪,武婧

吉林大学第二医院,130000

**目的** 通过抽样调查本地区健康成人血清样本中的补体 C1q 含量,来建立本地区成人补体 C1q 的正常参考范围。**方法** 选取来我院体检的健康成人,采集血清,仪器为日立全自动生化分析仪 008AS,试剂由上海北加生化试剂有限公司提供的补体 C1q 测定试剂盒及配套校准液和低高两个水平的质控品**结果** 143 例标本,男性 52 例,女性 91 例,年龄 22~66 岁之间。经过 SPSS25.0 软件计算,p 值为 0.200 符合正态性分布。健康成人补体 C1q 95%参考范围为 147.76~257.28mg/L。**结论** 长春地区健康成人血清补体 C1q 参考范围 147.76~257.28mg/L。

## PU-3076

**尿液核基质蛋白 22 在膀胱癌筛查诊断中的研究进展**

李少红,刘婧

甘肃省人民医院,730000

**目的** 做为膀胱癌筛查及术后监测手段,NMP22 较高的敏感性可以保证早期发现隐匿性肿瘤,使患者尽早发现尽早治疗,提高生活质量。**方法** 膀胱癌是泌尿系统最常见的恶性肿瘤,其复发率高,早期诊断和规律随访是减少病患死亡率、提高生活质量的主要措施。目前临床上用于膀胱癌诊断方法主要为尿细胞学检查和膀胱镜检查。细胞学检查是非侵入性检查,能直接识别尿中脱落的肿瘤细胞,它对诊断膀胱癌的特异性很高,但对低分级肿瘤的敏感性仅较低;膀胱镜检查是膀胱癌诊断和监测术后复发的金标准,但是作为一种有创检查,患者有一定痛苦,还可能会导致尿路感染,且费用昂贵,很多患者难以接受。近年来,随着分子生物学技术的飞速发展,许多膀胱癌肿瘤标志物得以发现且被研究,其中核基质蛋白(N

M P s ) 因高度敏感性和特异性、简便无创而受到广泛关注。现对其在膀胱癌筛查中的应用做一个总结。

**结果** 大量研究证明 NMP22 其敏感性明显高于传统的尿细胞学检查, 尤其对低分级肿瘤及低分期的浅表性肿瘤, 且 NMP22 联合膀胱镜可提高膀胱癌的检出率, 降低漏诊率, NMP22 以其高敏感性、无创性可用于普通人群和高危群体的筛查、早期诊断和预后监测

**结论** 尿核基质蛋白 22 是一种无创性、高敏感度、高特异度的膀胱肿瘤检测指标, 具有广阔的应用前景。

## PU-3077

### MicroRNA-98 blocks cisplatin-induced Epithelial-Mesenchymal Transition by targeting PGRMC1 in ovarian cancer cells

Xiaofei Zhu

Affiliated hospital of Nanjing university of chinese medicine

**Objective** Platinum based chemotherapy is the first-line drug for treatment of ovarian cancer clinically. High dosage of cisplatin always leads to apoptosis, but sometimes to chemoresistance. However, the underlying mechanism involved is still unknown. Recently, progesterone receptor membrane component (pgrmc) 1 functioned in drug metabolism and efflux was found to be elevated in cisplatin-resistant ovarian cancer cells. In the present study, we aimed to illustrate the role of miR-98 in modulating pgrmc1-snail/slug signaling in cisplatin-mediated chemoresistance.

**Methods** qPCR were carried out to determine the expression of miRNA-98 in cisplatin-treated SKOV-3 cells. Luciferase reporter assay was used to validate the binding of miRNA-98 to the 3'UTR of pgrmc1. The protein level of pgrmc1, slug, snail and E-cadherin were evaluated by immunoblotting and immunofluorescence, respectively.

**Results** Pgrmc1, which was elevated by cisplatin treatment, enhanced snail/slug and inhibited E-cadherin expression to promote epithelial-mesenchymal transition of ovarian cancer cells. Trace its root, miRNA-98 expression was inhibited by cisplatin in a dose-dependent manner. Notably, luciferase reporter assay indicated a direct binding of miRNA-98 to the 3'UTR of pgrmc1. Concordantly, ectopic miRNA-98 mimics significantly inhibited pgrmc1 expression and subsequent epithelial-mesenchymal transition as well as cancer cell invasion.

**Conclusions** Cisplatin downregulates miRNA-98 expression to enhance pgrmc1 level, which in turn activates slug and snail to induce EMT of ovarian cancer cells. Thus, synergizing with cisplatin based chemotherapy, miRNA-98 may have a potential in ovarian cancer treatment.

## PU-3078

### 产单核细胞李斯特菌感染引起的胎死宫内及妊娠期菌血症 1 例

张莹

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 本文报道一例产单核细胞李斯特菌感染引起的胎死宫内及妊娠期菌血症。

**方法** 患者, 30 岁, 已婚, 因停经 23+6 周, 下腹痛 4 小时伴阴道见红, 多普勒未见胎心, B 超未见胎儿心脏搏动, 宫底位于脐上两指, 可扪及规律宫缩, 阴道内可见少量暗红色分泌物, 宫颈糜烂样改变, 子宫增大如孕周; 患者于第二日自娩一死胎, 予以抗感染治疗, 无畏寒发热, 仅有少量阴道流血; 有青霉素过敏史。血培养需氧瓶 1.81d 报阳, 接种哥伦比亚血平板。



**结果** 直接涂片革兰氏染色观察镜下发现革兰氏阳性杆菌；哥伦比亚血平板于 35℃条件下需氧培养 24 小时后，形成较小，圆形，光滑而有狭窄  $\beta$  溶血环的菌落；菌落涂片镜检呈革兰氏阳性杆菌，菌体细长无分隔，无孢子的丝状杆菌；直接涂布生物梅里埃 Vitek MS 进行质谱鉴定，2 个重复，均为产单核细胞李斯特菌，鉴定率为 99.9%。

**结论** 孕期妇女是产单核李斯特菌感染的高度危险人群，妊娠期感染呈现起病急，以发热为突出表现，妊娠不良结局发生率高特点；同时，产单核李斯特菌对头孢菌素天然耐药，首选药物青霉素或氨苄西林、复方新诺明；备选药物为美罗培南；青霉素、氨苄西林单独或联合氨基糖苷类推荐用于治疗李斯特菌病。

## PU-3079

### Ferritin is a potential tumor marker for colorectal cancer and modulates histone methylation in colorectal cancer cells

曹林林

北京大学人民医院,100000

**目的** Colorectal cancer (CRC) is a severe public health problem worldwide. Due to the insufficient sensitivity and/or specificity of the traditional tumor markers, it is essential to find out new tumor markers to better diagnose and cure CRC.

**方法** Serum concentrations of ferritin, CEA, CA19-9 and CA125 were detected by Cobas e601 electrochemiluminescence immunoassay system. The role of FTH1, the heavy subunit of ferritin, in CRC cells was explored using molecular biology methods.

**结果** Serum ferritin level in CRC patients was higher than that in healthy controls, and the concentrations of serum ferritin were associated with the clinicopathological features, such as TNM stage and lymph node status of CRC patients. Interestingly, there is a correlation between ferritin and CEA, as well as CA19-9, in CRC patients. In addition, the expression of SUV39H1, was modulated by ferritin heavy subunit (FTH1). Correspondingly, H3K9me2/3, the catalytic product of SUV39H1, were also reduced upon FTH1 knockdown.

**结论** This study reveals a novel role for ferritin in CRC diagnosis, and is the first to demonstrate that SUV39H1 and H3K9me2/3 were modulated by FTH1 in CRC cells.

## PU-3080

### 全血细胞减少性疾病临床资料及骨髓细胞形态分析

韩海燕

郑州大学第二附属医院,450000

**目的** 通过对外周血三系细胞减少病人的临床资料及骨髓细胞形态分析，探讨引起全血细胞减少性疾病的临床及实验室特点，提高血液相关疾病诊断及鉴别诊断的水平。

**方法** 结合临床资料对我院 2016 年 1 月~2019 年 3 月以全血细胞减少就诊的患者进行骨髓细胞形态学分析，骨髓涂片经瑞氏染色后在油镜下观察、分析各种细胞的形态特征，结合组化染色结果、流式细胞分析及临床诊断，了解全血细胞减少相关疾病的特点及分布情况。

**结果** 全血细胞减少相关疾病以贫血、出血、感染为主要症状，患者常以外周血全三系细胞减少初次就诊，而骨髓象细胞特点各不相同。本文观察、分析全血细胞减少患者 87 例，其中男性 43 例，女性 44 例，中位年龄 54 岁，实验室诊断结果与临床诊断结果相符合：血液系统相关性疾病共 75 例，占 86.2%，其中骨髓增生异常综合征 21 例，占 24.0%，多数病例骨髓增生明显活跃，有些增

生活跃或减低，骨髓细胞形态常可见粒系、红系、巨核系的病态造血；再生障碍性贫血 18 例，占 20.7%，骨髓象常增生减低至重度减低，非造血细胞增多或相对增多，未见造血岛或可见由空纤维网架组成的造血岛，中性粒细胞碱性磷酸酶阳性率及积分均明显增高；巨幼细胞性贫血 12 例，占 13.8%，红细胞平均体积增大，骨髓细胞增生常明显活跃或活跃，三系常可见巨幼样改变，红细胞系突出特点是“核幼浆老”；急性白血病 7 例，占 8.0%；其他如缺铁性贫血、免疫性血小板减少性紫癜、多发性骨髓瘤、淋巴瘤等占 19.5%。

**结论** 引起全血细胞减少的原因以血液系统相关疾病为主，且种类较多，应提高对血液病异常造血的认知，结合病史、骨髓象、组化检查、流式细胞分子检查及基因检测，可进一步提高外周血三系细胞减少相关疾病的诊断和鉴别诊断水平。

#### PU-3081

### Establishment of TaqMan-MGB real-time fluorescence quantitative PCR for detection of RIG-G gene and its clinical application

Wenqiang Quan, Zujun Sun, Li Dong  
Shanghai Tongji Hospital, Tongji University School of Medicine

**Objective** Retinoic acid-induced gene G (RIG-G) is an all-trans retinoic acid (ATRA)-inducible gene. It is unclear the expression level of RIG-G in the peripheral blood of normal population and acute promyelocytic leukemia (APL or AML-M3) patients.

**Methods** A TaqMan-MGB fluorescent probe qPCR (real-time polymerase chain reaction) method was established to detect the expression of RIG-G (retinoic acid induced gene G) in APL. Twenty clinical patients with APL were selected and their RIG-G expression levels quantified to evaluate the relevance of expression in between peripheral blood to that in bone marrow samples. A T-test was adopted to analyze the RIG-G expression in 40 normal specimens and 20 patients with APL in peripheral blood, and a ROC (receiver-operating characteristic curve) was used to analyze the detection efficiency of M3.

**Results** A strongly positive correlation of RIG-G expression appeared between peripheral blood and bone marrow in APL patients, with no significant difference in results between the two groups.

**Conclusions** The TaqMan-MGB real-time PCR method we established functioned successfully, deeming it suitable for the detection of RIG-G gene expression in peripheral blood

#### PU-3082

### Rapid detection of KPC-producing *Klebsiella pneumoniae* by establishing a superspectrum on the VITEK MALDI-TOF MS system

Yili Chen<sup>1</sup>, Kang Liao<sup>1</sup>, Xiaochen Liu<sup>2</sup>  
1. The First Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University  
2. Sun Yat-sen university

**Objective** The detection rate of carbapenemase-resistant *Klebsiella pneumoniae* is increasing, which represents a serious and growing threat to public health. Rapid methods for identifying *Klebsiella pneumoniae* carrying carbapenemase genes could greatly benefit infection control efforts. The aim of this study was to establish and evaluate a superspectrum of KPC-producing *Klebsiella pneumoniae* by VITEK MALDI-TOF MS and to provide a new method for rapid identification of carbapenems resistant *Klebsiella pneumoniae*.

**Methods** A total of 91 strains of carbapenems resistant *Klebsiella pneumoniae*(CRKP) were screened by carbapenemase gene detection and classified by multilocus sequence typing (MLST). Diagonal discriminant analysis(DDA) and linear discriminant analysis(LDA) were used to screen the major specific peaks. SARAMIS software was used to establish superspectrums of these strains by Vitek MS RUO model. Another 50 clinically acquired of CRKP which had detected by carbapenemase gene detection (30 strains were KPC-gene positive and 20 strains were KPC-negative) were selected to verify this method of identifying KPC-producing *Klebsiella pneumoniae*.

**Results** 53.9% of 91 CRKP strains were carrying KPC-gene. MLST analysis showed that 91 strains were divided into 14 sequences types (STs), of which ST11 was the predominant type. Three unique peaks, including peaks at  $m/z$  4520,  $m/z$  5382 and  $m/z$  8398 specific to KPC-producing ST11 CRKP strains, were selected for differentiating KPC-producing from non-KPC producing strains. The sensitivity and specificity of the superspectrum were 88.9% and 73.7%, with a positive predictive value 76.2% and a negative predictive value 87.5%.

**Conclusions** Establishing a superspectrum of KPC-producing *Klebsiella pneumoniae* by VITEK MS is a promising method to identify carbapenems resistant *Klebsiella pneumoniae*, which can provide rapid and accurate diagnosis, and hence prompt treatment of infections caused by CRKP.

### PU-3083

## Rapid differentiation of fungal viability with an aggregation-induced-emission-based probe

Xiaoxue Ge, Bo Situ, Lei Zheng

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Fungi play key roles in various industries including agriculture, animal husbandry and the like. Fungal infection has become a major public health problem that threatens human health. With the increasing number of people with impaired immune function, the incidence of fungal infections is rapidly increasing. Rapid identification of the active state of fungi is of great significance for the diagnosis, treatment and prognosis of fungal diseases. Fungal viability is an important parameter whose rapid and precise evaluation is indispensable. However, methods present can not achieve this yet as synthesizing a suitable probe is difficult. Traditional counting method needs long incubation time and is subjective. Fungi often have thick cell walls which makes fluorescent probes entering into fungal cells challenging. Although propidium iodide (PI) is membrane-impermeable, it is not a good candidate for it is cytotoxic. Ideal probes are supposed to overcome above shortcomings. In addition, they should be well-dispersed in solutions and fluorescent turn-on.

**Methods** In this regard, we designed and synthesized a novel fluorescent probe SGL05 with aggregation-induced-emission properties, and discussed its feasibility for the identification of fungal activity. Then we analyzed the photophysical properties of SGL05 by analyzing the UV absorption/fluorescence spectra, crystal structure and theoretical calculations. The distribution of SGL05 in fungal cells with different active state was also investigated followed by exploring to which subcellular structure SGL05 bind.

**Results** SGL05 exhibits typical aggregation-induced emission characteristics such as high fluorescence intensity, good biocompatibility, fluorescence turn-on ability and good photostability. It can lighten dead fungal cells whereas viable ones hardly fluoresce. The fluorescence difference can be clearly observed by naked eyes and the staining process takes just as shorter as 5 minutes. More importantly, the unbinding SGL05 molecules do not need to be washed, which simplifies the procedure as well as increases the detection accuracy. Moreover, its low cytotoxicity makes it to be studied in vivo possible.

**Conclusions** The rapid and simple method for fungal cell viability differentiation based on SGL05 has the potential to prompt the development of personalized medicine and new techniques for fungal research.

#### PU-3084

### 类风湿性关节炎患者血清胆红素与血脂水平的相关性研究

王杨

天津医科大学总医院,300000

**目的** 探讨类风湿性关节炎患者(RA)血清胆红素和血脂水平的变化及其相关性。

**方法** 检测 115 例 RA 患者(活动期 64 例和缓解期 51 例)及 62 例健康体检者的血清胆红素和血脂水平。多组间样本均数比较用单因素方差分析,有差别用 SHKq 检验进一步两两比较。变量间相关性,符合正态分布的计量资料采用 Pearson 相关性分析,偏态分布的计量资料采用 Spearman 相关性分析。

**结果** RA 活动期组和 RA 缓解期组血清总胆红素(TBIL)和直接胆红素(DBIL)水平均显著低于对照组( $P<0.01$ ),但 RA 两组血清胆红素水平差异无统计学意义( $P>0.05$ )。RA 活动期组血清总胆固醇(TC)和高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)水平均显著低于对照组( $P<0.01$ ),并且 RA 活动期组血清 HDL-C 水平与 RA 缓解期组相比也显著降低( $P<0.01$ )。RA 活动期组血清甘油三酯(TG)水平显著高于对照组和 RA 缓解期组( $P<0.01$ )。RA 缓解期组血清 TC 和 HDL-C 水平显著低于对照组( $P<0.05$  和  $P<0.01$ )。进一步计算得出 RA 活动期组动脉粥样硬化指数(TC/HDL-C)显著高于对照组和 RA 缓解期组( $P<0.01$ )。变量间相关性分析显示,RA 患者血清 TBIL 和 DBIL 水平均与 HDL-C 水平呈正相关( $r = 0.203$ 、 $0.232$ , 均  $P<0.05$ ),血清 DBIL 水平与动脉粥样硬化指数(TC/HDL-C)呈负相关( $r = -0.237$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** RA 患者血清 TBIL 和 DBIL 水平明显降低,血清 HDL-C 水平的明显降低是 RA 患者血脂异常最突出的表现,并且其降低程度与疾病活动性有关,RA 患者胆红素水平的降低与其血脂水平相关。

#### PU-3085

### 石家庄市布氏杆菌病流行病学特征及其临床分离株对常用抗菌药物的敏感性研究

张志

石家庄市第五医院,050000

**目的** 探讨石家庄市布氏杆菌病的流行病学特点,包括近年来布病收治情况、性别、年龄、职业、地区、季节、临床特征等;以及布菌对常用抗菌药物的敏感性研究。

**方法** 以 2015 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日石家庄市第五医院收治的布病患者共 219 例为研究对象,进行描述性研究;并且对从患者身上分离出的布菌进行药敏试验。

**结果** 1.石家庄市布病多发于每年的 3-7 月,发病区域以石家庄北部地区居多,发病人群主要是牛羊养殖户和农民。2.布鲁氏杆菌血培养阳性率在不同的 SAT 滴度之间是有差异的( $P<0.05$ )。3. 40-60 岁以及 60 岁以上年龄段患者更容易并发其他疾病( $P<0.05$ ),肝脏疾病和高血压在 60 岁以上年龄段更为常见( $P<0.05$ )。4.药敏试验显示分离出的布菌对多粘菌素 B 和万古霉素耐药。

**结论** 石家庄市布病发病多集中于 3-7 月,北部地区占大多数,人群主要是牛羊养殖户和农民。药敏试验显示布菌对多粘菌素 B 和万古霉素耐药。

## PU-3086

## 老年肺炎中 D-二聚体、中性粒细胞比例和降钙素原水平的变化及意义

吕士玉  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨老年肺炎患者外周血中 D-D、N%和 PCT 水平变化。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 6 月在我院进行治疗的老年肺炎患者 106 例作为观察组,选取同期我院进行健康体检的健康老人 200 名作为对照组。采集两组研究对象空腹静脉血,检测 D-二聚体 (D-D)、降钙素原 (PCT) 水平、白细胞计数 (WBC) 和中性粒细胞比例 (N%),比较两组间这些指标的变化情况。

**结果** ①老年肺炎组与健康对照组相比, D-D、N%和 PCT 水平显著升高 ( $P<0.01$ ); ②在老年肺炎组中, WBC 为  $(8.40\pm 1.96) \times 10^9/L$ ,仍在正常参考区间内,且与 N%之间不存在相关性。

**结论** 联合检测 D-D、N%和 PCT 三个指标,有助于老年肺炎的早期诊断。

## PU-3087

## Xpert MTB/RIF for detection of mycobacterium tuberculosis in a teaching hospital in China: a single-center retrospective study

Shuguang Li,Liyan Lin,Hui Wang  
Peking University People's Hospital

**Objective** The Xpert MTB/RIF assay (Cepheid, USA) is an automated molecular test that designed to simultaneously detect Mycobacterium tuberculosis complex (MTBC) and rifampin resistance, which has been well documented in lots of literatures in many countries around the world. However, as a country with large numbers of tuberculosis (TB) patients, there are relatively few studies about this method in China. Xpert MTB/RIF assay has been routinely used in Peking University People's Hospital, a comprehensive teaching hospital in Beijing, China, since November, 2016. Thus, the aim of this study was to evaluate the performance of Xpert MTB/RIF, and provide a certain reference and guidance for the detection and diagnosis of TB in non-tuberculosis specialist hospitals.

**Methods** The medical records of patients simultaneously tested with Xpert MTB/RIF, acid-fast bacilli (AFB) smear microscopy and interferon-gamma release assay (IGRAs, by T-SPOT®.TB, Oxford Immunotec, UK) from November 2016 to October 2018 were reviewed. Active TB cases were considered according to the World Health Organization guidelines and ICS 11.020 C 59 by National Health Commission of the People's Republic of China. Then different methods were evaluated and compared.

**Results** A total of 787 patients simultaneously tested with Xpert MTB/RIF, AFB and T-SPOT were enrolled in this study; among them 11.3% (89/787) were diagnosed as having active pulmonary TB (PTB, 54 patients) or extra-pulmonary TB (EPTB, 37 patients). The sensitivity of Xpert MTB/RIF for detecting tuberculosis, extrapulmonary tuberculosis and tuberculous pleurisy were 88.5%, 76.5% and 15.0%, respectively, slightly lower than T-SPOT (96.2%, 82.4% and 95.0%), but clearly higher than AFB (36.5%, 11.8%, and 0%); T-SPOT has the highest sensitivity, but its specificity (55.9%, 67.1%, and 45.2%) was significantly lower than Xpert MTB/RIF (99.6%, 99.4%, and 100%) and AFB (99.0%, 99.4%, and 100%) ( $P < 0.001$ ). The sensitivity of Xpert MTB/RIF for detecting lung tissue, cerebrospinal fluid, lymph nodes and joint fluid was 100%, followed by sputum (88.5%), alveolar lavage (85.7%) and bronchoscopy secretion (81.2%); the

sensitivity in pleural fluid is the lowest, only 15%. For patients with negative AFB, the sensitivity of Xpert MTB/RIF for detecting tuberculosis, extrapulmonary tuberculosis, and tuberculous pleurisy were 84.9%, 73.3%, and 15.0%, respectively.

**Conclusions** Xpert MTB/RIF shows both high specificity and high sensitivity in TB diagnosis, and has great application prospect in China, however, the application of individual specimens, such as pleural fluid, is still limited and should be improved in future.

#### PU-3088

### A preliminary study on the homology analysis of clinical *Stenotrophomonas maltophilia* isolates based on fatty acids profiles

Suying Zhao

The Affiliated Hospital of Nanjing University of Chinese Traditional Medicine

**Objective** To investigate molecular typing and fatty acid methyl esters (FAMES) typing of clinical *Stenotrophomonas maltophilia* (*S. maltophilia*) isolates based on Random Amplification Polymorphic DNA (RAPD) and Gas Chromatography-Mass Spectrometer (GC-MS) methods.

**Methods** This study included 35 patients with drug-resistant *S. maltophilia* infections from March to December 2017 in a comprehensive hospital. VITEK 2 Compact System was used to determine the bacteria antibiotic susceptibility. The analysis of molecular typing was performed by RAPD. GC-MS was used to obtain FAMES profiles.

**Results** In total, 35 isolates were all multidrug-resistant *S. maltophilia*. Their resistant rates to CAZ and LEV were 21.4% and 21.1%, while SXT up to 13.5%. *S. maltophilia* isolates were typed to six main clones by RAPD methods and four main clones by FAMES fingerprint, respectively. The concordance rate of these two methods was 69.0%.

**Conclusions** Clonal typing provides evidences that multidrug-resistant isolates are prevalent among wards in the hospital. FAMES profiles may be an easy and sensitive method for the bacteria classification. The effectiveness and feasibility of different typing methods should be comprehensively considered.

#### PU-3089

### 高血压及其并发症中血清 S1P 变化的临床意义

周志英

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 研究和探讨 1-磷酸鞘氨醇 (S1P) 在高血压及其并发症中的诊断价值。

**方法** 使用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 方法检测高血压并发症患者, 初次诊断高血压者和健康对照者血清中 S1P 的含量。

**结果** 高血压并发症患者中 S1P 含量高于健康者, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而初次诊断高血压者中 S1P 含量与健康者相比无差异; 在高血压并发症组中, 高血压多发并发症者的 S1P 含量高于高血压单一并发症者, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 在高血压并发症者中, S1P 含量与淋巴细胞百分比呈负相关性,  $r$  为  $-0.7259$ ; 在高血压并发症者中, S1P 含量与超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)、中性粒细胞百分比、中性粒细胞 / 淋巴细胞比 (NLR) 和凝血酶原时间 (PT) 呈正相关性,  $r$  分别为  $0.7913$ ,  $0.7182$ ,  $0.7935$ ,  $0.8479$ 。

**结论** 血清 S1P 浓度变化与高血压并发症的发生和病情发展有关, 可作为高血压及其并发症发生发展的监视指标。

## PU-3090

**HNL 在鉴别急性细菌和病毒感染中的临床价值研究**

金字亭

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 研究中性粒细胞载脂蛋白(human neutrophil lipocalin, HNL)在鉴别急性细菌和病毒感染中的临床价值。

**方法** 选取 2017 年 3 月-12 月期间住院的细菌感染患者 123 例(细菌组), 病毒感染患者 63 例(病毒组), 并选取同期接受健康体检检查的人员 420 例(健康组)作为对照组。ELISA 方法定量检测细菌组、病毒组和健康组血清 HNL 浓度, 并分析其对急性细菌和病毒感染的临床诊断价值。

**结果** 血清 HNL 浓度在细菌组有明显升高, 且与病毒组和健康组有显著性差异( $P<0.0001$ ); 血清 HNL 浓度在病毒组不升高或升高幅度较小, 与健康组差异不显著; 在 cut-off 值为 115.5ng/ml 时, 血清 HNL 鉴别急性细菌和病毒感染的灵敏度和特异性分别为 0.862, 0.874; ROC 曲线分析结果显示血清 HNL 区分细菌和病毒感染的效能优于 C 反应蛋白 和降钙素原

**结论** 血清 HNL 浓度对于鉴别急性细菌和病毒感染有较高的临床价值。

## PU-3091

**丙型肝炎抗体阳性患者 HCV RNA 与肝功能指标联合检测的意义**朱少美<sup>1</sup>, 刘集鸿<sup>1</sup>, 钟嘉怡<sup>2</sup>

1. 惠州市第一人民医院

2. 广东医科大学

**目的** 探讨丙型肝炎抗体阳性患者 HCV RNA 水平与肝功能主要指标的关系。

**方法** 选取 235 名丙型肝炎抗体阳性患者, 使用实时荧光定量聚合酶链式反应(real-time quantitative polymerase chain reaction, qPCR)检测 HCV RNA 水平, 按 HCV RNA 检测结果 $<500$  IU/mL、 $500\sim 10^7$  IU/mL 和 $>10^7$  IU/mL 分别划分为阴性组、低中病毒水平组、高病毒水平组。同时检测谷丙转氨酶(alanine aminotransferase, ALT)、谷草转氨酶(aspartate aminotransferase, AST)、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶( $\gamma$ -glutamyl transferase, GGT)、碱性磷酸酶(alkaline phosphatase, ALP)、总蛋白(total protein, TP)、白蛋白(albumin, ALB)、总胆红素(total bilirubin, TBil)、直接胆红素(direct bilirubin, DBil)这 8 项肝功能指标。

**结果** HCV RNA 阳性率为 71.06% (167/235), 不同 HCV 病毒水平组之间的年龄和性别分布差异无统计学意义( $P>0.05$ )。8 项肝功能指标的异常率在 7.23%~48.51%, 其中不同 HCV 病毒水平组间的 ALT、AST、GGT 指标的异常率差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 且 ALT 和 AST 异常率随病毒水平逐渐升高, GGT 异常率在有病毒感染组明显高于阴性组。不同 HCV 病毒水平组间, ALT、AST、GGT、ALB 水平间差异有统计学意义( $P<0.05$ )。HCV RNA 水平与 ALT、AST、GGT 水平正相关( $r=0.505$ 、 $0.407$ 、 $0.284$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 丙型肝炎抗体阳性患者进行 HCV RNA 和肝功能的检测, 有助于准确诊断丙型肝炎的感染、监测病毒活动以及评估肝脏的损害, 对丙型肝炎的治疗具有十分重要的意义。

## PU-3092

## 分子生物学技术基于核酸扩增研究上的水环境病原体检测的研究进展

毕艳梅<sup>1</sup>,李进红<sup>2</sup>,黄忠义<sup>1</sup>,侯丽艳<sup>3</sup>,周海蒙<sup>3</sup>,李文晓<sup>1</sup>,时小淋<sup>1</sup>,邵淑丽<sup>1</sup>

1.威海市立医院,264200

2.青岛大学附属威海市立第二医院

3.威海市中心医院

**目的** 明确分子生物学技术基于核酸扩增研究上的水环境病原体检测的研究进展

**方法** 综述

**结果** 水环境中存在着多种致病微生物。虽然人类社会在不断进步,但水污染日益严重,水环境中致病微生物对人类的危害也受到人类的广泛关注,与此同时分子生物学检测水环境中微生物技术在不断发展。本文详细介绍了水环境中的常见致病微生物,并对其分子生物学检测方法进行了综述,期望为未来水中微生物的检测提供新思路。

**结论** 水环境中存在着多种致病微生物。虽然人类社会在不断进步,但水污染日益严重,水环境中致病微生物对人类的危害也受到人类的广泛关注,与此同时分子生物学检测水环境中微生物技术在不断发展。本文详细介绍了水环境中的常见致病微生物,并对其分子生物学检测方法进行了综述,期望为未来水中微生物的检测提供新思路。

## PU-3093

## 糖尿病病人血清 VE-cadherin 与 hs-CRP 变化及临床意义

郭庆波

潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 探究糖尿病、糖尿病肾病病人血清血管内皮细胞钙黏蛋白(VE-cadherin)和超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)的变化及临床意义。

**方法** 方法采用酶联免疫吸附法,选择 30 例糖尿病无肾病(DM)病人、30 例糖尿病肾病(DKD)病人作为病例组,测定其血清 VE-cadherin、hs-CRP 水平的变化,并与 30 例对照组进行比较。

**结果** 结果糖尿病无肾病、糖尿病肾病病人血清 VE-cadherin、hs-CRP 浓度明显升高,与对照组比较差异有显著性( $P<0.05$ )。DM 组、DKD 组 VE-cadherin 和 hs-CRP 水平依次升高,且差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 结论血清 VE-cadherin 和 hs-CRP 浓度的升高与糖尿病病人的病情的严重程度密切相关,对糖尿病具有较高的诊断价值。



## PU-3094

## 心肌肌钙蛋白 I(cTn I)在急性心肌梗死早期中的临床应用价值

张少芬,陈贤文

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 评价心肌肌钙蛋白 I(cTn I)在急性心肌梗死早期中的临床价值。

**方法** 回顾性分析 2019 年 1 月至 2019 年 5 月共 145 例疑似急性心肌梗死患者门诊就诊时首次 cTn I 水平,以影像学为诊断标准,分析其临床筛查价值。

**结果** 确诊急性心肌梗死患者 42 例,其中 39 例(92.86%)cTn I 水平升高;其余 103 例被排除急性心肌梗死,其中 2 例(1.94%)cTn I 水平升高。cTn I 在急性心肌梗死早期中的灵敏度为 92.86%,特异度为 98.06%,阳性预测值为 95.12%,阴性预测值为 98.06%,诊断符合率为 96.55%。

**结论** 心肌肌钙蛋白 I 在急性心肌梗死早期中的临床诊断中具有重要价值,但仍有 7.14%漏诊概率。鉴于其严重的临床后果,建议结合其它检验指标、临床具体指征以及进一步影像学检查以提高诊断率,降低漏诊率。

## PU-3095

## 血浆 Hsp90 $\alpha$ 在肝癌诊断和治疗中的临床应用价值研究

韩月婷,任丽

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探究 Hsp90 $\alpha$  在肝癌诊断和疗效评价中的临床应用价值,及 Hsp90 $\alpha$  和其他肿瘤标志物联合检测在原发性肝细胞肝癌诊断中的临床意义。

**方法** 入组 327 例患者,其中 118 例初治肝癌患者为恶性组,22 例肝良性肿瘤(包括肝脓肿和肝血管瘤)患者为良性组,60 例正常体检者为对照组。根据患者临床病理因素及治疗方法分为不同亚组。用 ELISA 法(酶联免疫吸附试验)检测收取样本患者血浆中的 hsp90 $\alpha$  水平,同时用电化学发光法检测各组患者血清中的 AFP、CEA 等肿瘤标志物水平。对各指标水平和表达情况进行比较和分析。

**结果** 肝恶性肿瘤组和良性肿瘤组的 Hsp90 $\alpha$  水平均显著高于正常对照组,恶性组的 Hsp90 $\alpha$  水平也显著高于良性组,差异均有统计学意义( $p<0.05$ )。Hsp90 $\alpha$  单独诊断肝细胞肝癌(HCC)的敏感性为 0.932,特异性为 0.854, Hsp90 $\alpha$  联合 AFP 诊断 HCC 的敏感度为 0.957,特异度为 0.975, Hsp90 $\alpha$ 、AFP、CEA 和 CA199 四者联合诊断 HCC 的敏感性为 0.979,特异性为 0.925。有肝炎史、肝硬化史患者 hsp90 $\alpha$  水平明显高于无相关病史患者( $P<0.05$ )、肝癌不同分期之间 hsp90 $\alpha$  水平也有明显差异,特别是早期肝癌(I、II 期)患者较健康及良性患者有显著升高( $P<0.05$ ),初发患者组较复发组显著升高( $P<0.05$ )。接受了不同治疗方式的肝癌患者血浆中的 hsp90 $\alpha$  水平均有明显变化( $P<0.05$ ),手术治疗、化疗患者治疗后血浆 hsp90 $\alpha$  水平下降( $P<0.05$ ),介入治疗患者治疗后 hsp90 $\alpha$  水平升高( $P<0.05$ )。

**结论** Hsp90 $\alpha$  可以作为一个高灵敏度的肝癌诊断的肿瘤标志物,结合其他常见的肿瘤标志物也可提高其诊断的特异性和敏感性,尤其是在肝癌早期诊断方面具有临床意义。除此之外,也可以作为一个提示性指标帮助判断肝癌患者的临床疗效。

## PU-3096

**5506 例宫颈标本高危型人乳头瘤病毒感染结果分析**唐春进<sup>1</sup>,杨宇<sup>1</sup>,杨淑雅<sup>2</sup>

1.靖江市妇幼保健院

2.靖江市中医院,225300

**目的** 调查并分析靖江地区妇女高危型人乳头瘤病毒的感染状况以及病毒亚型在不同年龄段群体中的分布情况。

**方法** 采用实时荧光 PCR 技术,对 2016 年 1 月至 2018 年 9 月在靖江市妇幼保健院门诊就诊和体检的 5506 例女性宫颈脱落细胞标本进行 15 种高危型 HPV 基因型的检测,并根据受检者年龄进行分组:23-32 岁组,33-42 岁组,43-52 岁组,53 岁以上组。分析高危型 HPV 亚型综合感染情况及不同年龄组妇女感染率。

**结果** 15 种高危型 HPV 检测总阳性率为 19.42% (1069/5506);各高危型别中,HPV52 型的感染率最高,5.01%;HPV58 型,3.21%;HPV16 型,2.47%;HPV51 型,1.85%;HPV39 型,1.82%;不同年龄组各 HPV 型别的感染情况也不同,考虑本项研究并非普筛,所以着重分析各年龄组阳性型别的分布情况。18 型,39 型,52 型和 58 型在各年龄段的感染情况相近;53 岁以上年龄组阳性型别中 16 型占的比例明显高于 23-32 岁组及 33-42 岁组,差异有统计学意义,而较 43-52 岁组差异不大;53 岁以上组阳性型别中 51 型别的比例明显高于其他年龄组,差异有统计学意义。对于多重感染和单一型别感染的情况进行分析发现,53 岁以上年龄组和 23-32 岁年龄组多重感染的发生率高于另两个组,差异有统计学意义,但这两个组间差异不明显。

**结论** 靖江地区各年龄段妇女对各型别 HPV 感染率不同,尤其是对于 16 型和 51 型;不同年龄段妇女感染 HPV 型别的多少也存在差异,年轻化年龄段和老年化年龄段多重感染的比例增高。这对于分析本地区 HPV 流行情况及指导临床诊疗具有重要的意义。

## PU-3097

**联合检测 PIVKAⅡ、AFP、Ferritin 对肝细胞癌的诊断价值**

郭庆波

潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 检测并分析肝细胞癌患者血清异常凝血酶原Ⅱ(PIVKAⅡ)、甲胎蛋白(AFP)与血清铁蛋白(Ferritin)的表达水平,探讨以上指标单独及联合检测对肝细胞癌的诊断价值。

**方法** 用化学发光法检测 40 例肝细胞癌,37 例肝硬化和 39 例慢性肝炎患者(阴性对照),42 例体检健康者(健康对照)血清中 PIVKAⅡ、AFP、Ferritin 的表达,分析癌症患者与其各病理特征的关系,采用 Pearson 线性相关分析各项目的相关性,并采用 ROC 曲线分析指标单独与联合检测肝细胞癌的诊断效能。

**结果** 肝细胞癌组 PIVKAⅡ、AFP、Ferritin 水平均明显高于阴性对照组及健康对照组,差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。癌症患者病理分期越晚,分化程度越低,PIVKAⅡ、AFP 水平越高;有腹水组 AFP 水平明显高于无腹水组,淋巴结转移组的 PIVKAⅡ水平明显高于无转移组(均  $P<0.05$ )。

**结论** 联合检测 PIVKAⅡ、AFP、Ferritin 比单独检测对肝细胞癌有更好的诊断价值,对肝细胞癌的诊断及鉴别诊断有重要意义。

## PU-3098

## 建立微滴式数字 PCR 体系检测 MPLW515L/K 突变

许笑, 关明

复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 异常血小板增高是临床上常见的指征, 根据起病原因可分为继发性和原发性, 其中原发性血小板增多症(ET)是一种以血小板异常增殖为主的骨髓增殖性肿瘤。分子标志物 JAK2 V617F 突变、CALR 突变和 MPLW515L/K 突变检测一直是 WHO 推荐对 ET 进行鉴别诊断的主要标准。MPLW515L 突变和 MPLW515K 约占 ET 病例的 3~4%, 且突变含量较低, 临床上现有的检测方法和平台对其检测灵敏度有限, 从而检出率非常低。因此, 尽可能提高其检测灵敏度对临床检出率及病人的诊断治疗十分有益。数字 PCR 是近年来发展起来的一种高灵敏度的检测方法, 通过纳升级的扩增体系, 借助荧光探针的方法, 可以定量检测极其微量的核酸拷贝。本研究选择微滴式数字 PCR 平台, 旨在建立高灵敏度的多探针 MPLW515L/K 突变复合检测体系。

**方法** 数字 PCR 平台选择 Bio-rad QX200, 而对照 realtime PCR 平台选择 Bio-rad CFX96。数字探针的设计分别包括 FAM 荧光标记的 MPL515 野生型、VIC 标记的 MPLW515L 型突变和 VIC 标记的 MPLW515K 型突变的 MGB 探针。使用定量 MPL 野生型和突变型质粒作为标准品用于重复性性和灵敏度的验证。选取已知突变 ET 样本 10 例、已知野生型 ET 样本 90 例和 100 例正常对照样本, 验证其准确性。

**结果** MPLW515L 和 MPLW515K 的 VIC 荧光信号强度分别位于 3500~4000 和 4500~5000 两个区间, 能特异性区分同色荧光下的两种不同基因型。在 100 例已知基因型的 ET 病例中, 数字方法和 realtime PCR 检测结果和完全一致, 而正常组样本皆未检出 MPLW515L/K 突变。

**结论** 建立了基于微滴数字 PCR 检测平台的 MPLW515L 突变和 MPLW515K 突变的复合检测体系, 该体系灵敏度高、特异且稳定, 有助于微量 MPLW515L/K 突变的临床检测, 提高临床上该突变的检出率。

## PU-3099

## 冠心病病人血清 apoB 与 hs-CRP 浓度变化及其意义

郭庆波

潍坊市益都中心医院, 261000

**目的** 探讨冠心病(CHD)病人载脂蛋白 B(apoB)和超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)的变化及其临床意义。

**方法** 方法采用免疫透射比浊法和散射速率比浊法, 测定 59 例 CHD 病人血清 apoB 和 hs-CRP 浓度变化, 并与 22 例健康体检者(对照组)进行比较。

**结果** CHD 病人血清 apoB 和 hs-CRP 浓度明显增高, 与对照组比较差异有显著性 ( $t=4.31, t'=9.17, P<0.01$ )。CHD 病人血清 apoB 和 hs-CRP 的 ROC 曲线下面积分别为 0.786 和 0.879。CHD 病人各组间血清 apoB 和 hs-CRP 浓度比较差异有显著性, 急性心肌梗死组>不稳定型心绞痛(UAP)组>稳定型心绞痛(SAP)组 ( $F=11.73, 17.47, q=3.155\sim 8.359, P<0.05, 0.01$ )。UAP 病人血清 apoB 和 hs-CRP 浓度明显高于 SAP 病人 ( $q=4.639, 4.906, P<0.01$ )。

**结论** 血清 apoB 和 hs-CRP 浓度的变化对 CHD 具有一定的诊断价值, 也可作为评价 CHD 危险程度的指标之一。

## PU-3100

## 肾功能检测指标在狼疮性肾炎患者中的实验室诊断

张亚梅,杨渝伟,俸家富  
绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨血清尿素、肌酐、胱抑素 C、估算肾小球滤过率和补体组分 1q 检测在狼疮性肾炎实验室诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 3 月至 2018 年 12 月在绵阳市中心医院就诊的 SLE 患者共 1494 例,其中未累及肾脏患者 905 例, LN 活动期患者 334 例, LN 非活动期患者 255 例,另有 497 例健康个体作为对照。测定血清 Urea、Creat、Urea/Creat、CysC 和 C1q 水平,采用我课题组前期开发的方程估算  $eGFR_{CysC}$ ,采用 MDRD 方程估算 c-aGFR。多组间差异分析采用多个独立样本的 Kruskal-Wallis H 非参数检验,其余项目采用单因素 ANOVA 检验。Urea、Creat 和 CysC 各组两两比较时采用 Kruskal-Wallis H 检验平均秩多重比较;其余项目采用 LSD-t 检验。采用 Spearman 检验分别观察各组 C1q 和 CysC 与这些指标的相关性,采用四格表风险分析评估各指标异常率与 LN 的危险程度,用 ROC 曲线评估这些指标单独对 LN 的诊断性能,采用 Logistic 回归方程找到与 LN 的发生关系密切的指标并做联合诊断。

**结果** ①各观察指标在各组之间均有统计学差异(均  $P=0.000$ )。②相关性分析显示, LNA 组和 LNI 组中 C1q 与所有观察指标均不相关(均  $P>0.05$ )。③ROC 曲线分析显示,各观察指标单独对 LN 的诊断性能以  $eGFR_{CysC}(0.907)/CysC(0.906)$  为最大,其后依次为: C1q(0.753)、Urea(0.668)、Urea/Creat(0.639)、c-aGFR(0.539)和 Creat(0.508)。④风险分析显示概率之比( $OR=5.823 \sim 331.721$ )均有统计学意义( $Z=3.792 \sim 11.276$ , 均  $P<0.001$ )。⑤C1q+ $eGFR_{CysC}$ +c-aGFR+Creat 联合检测诊断性能为最大( $AUC=0.964$ ),其敏感度为 87.7%,特异度为 94.4%。C1q +  $eGFR_{CysC}$  诊断性能为( $AUC=0.929$ )。

**结论** ①C1q 为 LN 的独立危险因素。②单独检测,以 CysC 或  $eGFR_{CysC}$  对 LN 的诊断性能最高;联合检测以 C1q+ $eGFR_{CysC}$ +c-aGFR 为最优,出于经济考虑, C1q+  $eGFR_{CysC}$  联合检测可达到近似最优。③我课题组前期开发的估算  $eGFR$  的公式在 LN 中的应用价值优于 MDRD 公式。

## PU-3101

## 刮取法和微量管吸取法对儿童末梢血血常规结果的影响分析

徐万菊  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 分析和比较两种采集方式对儿童末梢血血常规结果的差异。

**方法** 同时采用微量管吸取法和抗凝管直接刮取法采集同一患儿的末梢血后,在同一台全自动血液分析仪上进行血常规检测,比较两种采集方式对 WBC、RBC、Hb、PLT 四项参数的影响,并对仪器提示血小板聚集的报警信息进行分析,并根据检测结果划分为高于正常生物参考区间组、正常组、低于正常生物参考区间组,进一步分析两种采集方式对上述四个参数的影响。

**结果** ①通过抗凝管直接刮取法采集的末梢血测得的 WBC、Hb、PLT 明显高于微量管吸取法( $P<0.05$ ),而 RBC 差异较小( $P<0.05$ )。②依照生物参考区间划分为三组后, WBC 仍具有统计学意义( $P<0.05$ ), RBC 不具有统计学意义( $P>0.05$ ), Hb 仅在低于生物参考区间组中具有统计学意义( $P<0.05$ ), PLT 在正常组和低于生物参考区间组具有统计学意义( $P<0.05$ )。③两种采

集方式中,抗凝管直接刮取法采集的末梢血检测时出现血小板聚集报警的次数明显高于微量管吸取法。

**结论** 两种采集方式对血常规结果存在较大差异,通过微量管吸取法采集的末梢血受到的影响更少,结果更可靠,准确性更高。

## PU-3102

### 海洋性弧菌致病分子机制研究进展

丁淑妍<sup>1</sup>,侯丽艳<sup>2</sup>,于成勇<sup>2</sup>,张剑<sup>1</sup>,解洁<sup>1</sup>,黄忠义<sup>1</sup>,曲业敏<sup>1</sup>,李文晓<sup>1</sup>,王明义<sup>1</sup>

1.威海市立医院,264200

2.威海市中心医院

**目的** 了解海洋性弧菌致病分子机制研究进展

**方法** 综述

**结果** 弧菌是一种革兰阴性菌,广泛分布于自然界的水中。弧菌是引起人类和水生动物细菌性感染的主要病原体之一,人类食用被污染的食物或伤口直接接触被污染的水体环境,会引起腹泻、伤口感染甚至败血症等疾病。随着我国海产品养殖产业的蓬勃发展,海洋性致病性弧菌感染所致疾病的发病率越来越高,探索其致病机制刻不容缓。弧菌的致病力与其毒力因子密切相关,主要的毒力因子包括溶血素、铁过载和内、外毒等。本文主要针对几种主要的海洋性弧菌(创伤弧菌、溶藻弧菌、霍乱弧菌、副溶血性弧菌)进行综述,分别从其生物学性状、引起的疾病、致病分子生物机制3个方面展开综述,以期海洋性弧菌致病机制和防治提供借鉴和参考。

**结论** 弧菌是一种革兰阴性菌,广泛分布于自然界的水中。弧菌是引起人类和水生动物细菌性感染的主要病原体之一,人类食用被污染的食物或伤口直接接触被污染的水体环境,会引起腹泻、伤口感染甚至败血症等疾病。随着我国海产品养殖产业的蓬勃发展,海洋性致病性弧菌感染所致疾病的发病率越来越高,探索其致病机制刻不容缓。弧菌的致病力与其毒力因子密切相关,主要的毒力因子包括溶血素、铁过载和内、外毒等。本文主要针对几种主要的海洋性弧菌(创伤弧菌、溶藻弧菌、霍乱弧菌、副溶血性弧菌)进行综述,分别从其生物学性状、引起的疾病、致病分子生物机制3个方面展开综述,以期海洋性弧菌致病机制和防治提供借鉴和参考。

## PU-3103

### 气动传输对血凝项目检测结果影响的研究

王宏,徐建

江苏省人民医院

**目的** 明确气动传输对血凝项目检测结果是否存在影响。

**方法** 采集30例健康志愿者血液标本,并根据不同送检方式(是否经过气动传输及传输的距离)分组。比较各组凝血六项、纤溶组套以及内/外源因子等血凝项目的检测结果。

**结果** 远距离气动传输(1000m)导致40%(12/30)的标本溶血。气动传输导致FVIII活性明显下降。经气动传输运送的标本,APTT ACTIN FSL试剂的检测结果比APTT ACTIN稳定。

**结论** 检测凝血因子8活性的标本不宜用气动传输运送。APTT ACTIN FSL试剂更适于检测气动传输运送的标本。

## PU-3104

## 幽门螺杆菌耐药机制的研究进展

孙大林<sup>1</sup>,马淑青<sup>1</sup>,国东<sup>1</sup>,宋宇<sup>1</sup>,于旭云<sup>1</sup>,刘加霏<sup>2</sup>,袁晓燕<sup>1</sup>

1.威海市立医院,264200

2. 潍坊医学院医学检验学系

**目的** 明确幽门螺杆菌耐药机制的研究进展

**方法** 综述

**结果** 随着抗生素的普遍使用,幽门螺杆菌的耐药率不断升高,耐药形势日益严峻,根除的成功率受到严重限制,如何控制其耐药菌株的产生、降低耐药率进而有效根除 HP 已成为世界重点关注的健康问题。本文将对幽门螺杆菌耐药机制的研究现状及进展作一综述。

**结论** 随着抗生素的普遍使用,幽门螺杆菌的耐药率不断升高,耐药形势日益严峻,根除的成功率受到严重限制,如何控制其耐药菌株的产生、降低耐药率进而有效根除 HP 已成为世界重点关注的健康问题。本文将对幽门螺杆菌耐药机制的研究现状及进展作一综述。

## PU-3105

## 大学生足癣病原真菌的培养鉴定及药敏试验

郭庆波

潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 了解大学生足癣的感染现状;掌握足癣病原菌分离、培养、鉴定的方法,并为足癣的诊断、治疗及药物选择提供参考;使学生获得正确的足癣防治措施。

**方法** 采取临床症状典型者皮屑标本,进行病原真菌的直接镜检、分离、培养、鉴定,采用 Rosco 纸片扩散法,对分离的真菌进行药物敏感性试验。

**结果** 分离鉴定出病原菌 54 株,计 5 个菌种,以红色毛癣菌为主。酮康唑抑菌作用明显,甲氧苄啶无抑制真菌作用。

**结论** 不同菌种对同种药物敏感性不同。体外真菌药敏试验对于药物的选择及监测耐药株的出现均有重要意义。

## PU-3106

## A nomogram basing preoperative laboratory parameters for predicting of metastatic colorectal cancer

Dianyu Yang,Zujun Sun,Li Dong

Shanghai Tongji Hospital, Tongji University School of Medicine

**Objective** The purpose of this study was to identify laboratory parameters and develop a preoperative nomogram for predicting metastatic colorectal cancer (mCRC).

**Methods** From July 2014 to April 2018, laboratory data of 106 patients with colorectal cancer (CRC) were collected retrospectively. The patients were classified into groups, with or without metastasis, according to the seventh edition of the AJCC Cancer Staging Manual of 2009. Univariate and multivariate analysis were performed to identify the independent predictors for metastatic CRC (mCRC), and presented as a nomogram. The performance of the nomogram was evaluated with calibration plots and a receiver operating characteristic curve (ROC). The clinical usefulness of the nomogram was studied with decision curve analysis (DCA).

**Results** A total of 106 patients newly diagnosed with CRC were included in this study. Multivariate regression analysis of preoperative laboratory parameters showed that carbohydrate antigen 242 (CA242), hemoglobin (HB) and international normalized ratio (INR) were independent predictive factors for mCRC ( $P < 0.05$ ). The nomogram was developed on the basis of these predictors. The model had a good performance with an area under the ROC curve (AUC) at 0.731 (95%CI, 0.637-0.826) and also had a good calibration. Decision curve analysis showed that the nomogram predicting mCRC was clinically valid when the threshold probability was  $> 10\%$ .

**Conclusions** In this study, a nomogram based on CA242, HB, and INR was internally validated for predicting the efficacy of preoperative mCRC, which could be universal applied in clinic in future.

## PU-3107

### 缺血性脑卒中患者 D-二聚体与纤维蛋白原比值的变化 及其潜在的临床应用价值

陈星,李思进

湖南省第二人民医院/湖南中医药大学附属人民医院(原:湖南省脑科医院),410000

**目的** 探讨缺血性脑卒中患者 D-二聚体与纤维蛋白原比值(D/F)的变化,评估其与该疾病病情程度的关系,探讨其临床应用价值。

**方法** 选取本院病例资料完整的急性缺血性脑卒中患者 109 例为观察组,其中男性为 60 例占 55.5%,女性为 49 例占 44.5%,106 例非急性缺血性脑卒中患者(未发生急性缺血性脑卒中但有脑部缺血表现的患者)为对照组,脑动脉硬化症 48 例、短暂性脑缺血 34 例及脑供血不足 24 例,其中男性 55 例,占 51.8%,女性 51 例,占 48.2%。将急性缺血性脑卒中患者组分为 40-55 岁、56-70 岁、70-85 岁、 $> 85$  岁共四个年龄段,计算 D/F 值进行统计学分析。

**结果** 与非急性缺血性脑卒中患者相比,急性缺血性脑卒中患者的 D/F 比值显著升高( $1.10 \pm 0.15$  VS  $0.21 \pm 0.05$ ) ( $P = 0.000$ );急性缺血性脑卒中患者组中,男性与女性的 D/F 值之间无显著性差异 ( $P = 0.99 > 0.05$ );各年龄组间差异均无统计学意义 ( $P = 0.27 > 0.05$ );

**结论** 急性缺血性脑卒中患者 D-二聚体与纤维蛋白原比值明显高于非急性缺血性脑卒中患者,对于评估急性缺血性脑卒中发病以及与非急性脑卒中鉴别有一定参考价值,其原因和机制有待进一步考究。

## PU-3108

### CEA、CA125 及 CA19-9 单独及联合检测在胰腺肿瘤中的 诊断价值

韦莉

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究血清学肿瘤标志物 CEA、CA125、CA19-9 及其联合检测在胰腺肿瘤诊断中的价值及其临床应用。研究血清学肿瘤标志物 CEA、CA125、CA19-9 及其联合检测在胰腺肿瘤诊断中的价值及其临床应用。

**方法** 收集 2017 年 5 月至 2018 年 3 月南京医科大学第一附属医院胰腺中心收治并经病理确诊的 172 例胰腺肿瘤患者和 73 例健康体检者,其中胰腺肿瘤患者按照 WHO 消化道肿瘤分为良性肿瘤组、癌前病变组和胰腺癌组。采用电化学发光法检测血清 CEA、CA125 和 CA19-9 并进行各组间的分析;采用受试者工作曲线(ROC)分析其在胰腺癌中的诊断价值。

**结果** 胰腺癌组血清 CEA、CA125 及 CA19-9 水平均明显高于健康对照组、良性肿瘤组和恶性前病变组, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 并且血清 CA19-9 水平在恶性前病变组明显高于健康对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。ROC 曲线显示, 血清 CA199 的 AUC 高于其他单项指标, 灵敏度和特异性分别 76.0%和 89.7%, 三项联合检测效能均优于单项检测, 其灵敏度和特异性分别为 81.4%和 92.2%。

**结论** 血清学肿瘤标志物联合检测可提高胰腺肿瘤早期诊断的检测效率。

## PU-3109

### 梅毒的实验室检测方法的研究进展

刘海珠,于艳妮,耿建利,刘鹏,王明义  
威海市立医院,264200

**目的** 明确梅毒的实验室检测方法的研究进展

**方法** 综述

**结果** 梅毒 (Syphilis) 是由苍白密螺旋体苍白亚种 (*Treponemapallidum*, TP) 感染所致的慢性全身性传播疾病。早期梅毒通过黏膜或破损的皮肤入侵人体, 侵犯包括皮肤、骨、中枢神经系统和心血管系统等在内的多种组织和系统, 对人类危害极大。因此本文简单阐述了梅毒病原体的结构特征、引起疾病以及各种检测方法。

**结论** 梅毒 (Syphilis) 是由苍白密螺旋体苍白亚种 (*Treponemapallidum*, TP) 感染所致的慢性全身性传播疾病。早期梅毒通过黏膜或破损的皮肤入侵人体, 侵犯包括皮肤、骨、中枢神经系统和心血管系统等在内的多种组织和系统, 对人类危害极大。因此本文简单阐述了梅毒病原体的结构特征、引起疾病以及各种检测方法。

## PU-3110

### 冠心病病人血清 MMP-9 与 Hcy 浓度变化及临床意义

马璐娟  
潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 探讨冠心病(CHD)病人血清基质金属蛋白酶-9(MMP-9)及同型半胱氨酸(Hcy)浓度变化及其临床意义。

**方法** 采用酶联免疫吸附(ELISA)法,测定 20 例急性心肌梗死(AMI)病人、20 例不稳定型心绞痛(UAP)病人、20 例稳定型心绞痛(SAP)病人血清 MMP-9、Hcy 浓度的变化,并与 20 例健康体检者(对照组)进行比较。

**结果** CHD 病人血清 MMP-9、Hcy 浓度显著高于对照组( $t=6.73$ 、 $6.40$ ,  $P<0.01$ )。AMI 组血清 MMP-9、Hcy 浓度明显高于 UAP 组、SAP 组及对照组( $F=35.91$ 、 $40.75$ ,  $q=4.95\sim 14.14$ ,  $P<0.01$ ),UAP 组高于 SAP 组及对照组( $q=5.08\sim 7.49$ ,  $P<0.01$ ),SAP 组与对照组比较差异无统计学意义( $q=0.39$ 、 $1.48$ ,  $P>0.05$ )。CHD 病人血清 MMP-9、Hcy 浓度呈正相关( $r=0.490$ ,  $P<0.01$ ),AMI、UAP 组血清 MMP-9、Hcy 浓度 ROC 曲线下面积(AUCROC)均 $>0.90$ ,对 AMI 诊断的灵敏度和特异度分别为 0.95、0.95 和 0.90、0.95;对 UAP 诊断的灵敏度和特异度分别为 0.85、0.95 和 0.85、0.80。

**结论** 血清 MMP-9 及 Hcy 浓度的变化对 AMI 及 UAP 具有较高的诊断价值,联合检测对评估 CHD 的病变程度及判断预后有一定价值。



PU-3111

## PLC $\epsilon$ shRNA 通过 JAK/STAT3 信号通路调节膀胱癌细胞侵袭力的研究

张彦懿

成都市第三人民医院,610000

**目的** 探讨 PLC $\epsilon$  基因对膀胱癌细胞侵袭力生物学行为的影响及相关分子机制。

**方法** 利用基因重组技术构建的沉默 PLC $\epsilon$  基因的腺病毒载体, 感染膀胱癌细胞株, 检测细胞株侵袭相关分子 VEGF、MMP-2、MMP-9 基因、蛋白表达水平的变化; Transwell 体外侵袭实验观察腺病毒感染后细胞侵袭能力; 检测信号通路相关分子 PSTAT3、总 STAT3 蛋白水平表达; 应用 JAK/STAT3 信号通路抑制剂 AG490 处理膀胱癌细胞, 检测侵袭相关分子蛋白水平表达, Transwell 体外侵袭实验观察 BIU-87、T24 细胞在 AG490 处理前后侵袭能力的变化。

**结果** 感染 PLC $\epsilon$  shRNA 腺病毒后, 侵袭相关分子 VEGF、MMP-2、MMP-9 基因和蛋白水平表达下调, 信号通路活化分子标志 PSTAT3 表达下调, 侵袭细胞数量减少; 与对照组有显著差异。加入信号通路抑制剂后, 膀胱癌细胞侵袭相关分子 VEGF、MMP-2、MMP-9 蛋白表达水平下调, 同时细胞体外侵袭能力也呈显著下调。

**结论** 沉默 PLC $\epsilon$  基因的表达以后, 细胞侵袭相关分子表达同时下调, JAK/STAT3 信号通路活化状态受阻, 进一步抑制信号通路后, 细胞侵袭能力下调, 说明 STAT3 可作为 PLC $\epsilon$  的下游调节侵袭相关分子的表达, 从而调节膀胱癌细胞的侵袭转移行为。

PU-3112

## 结核分枝杆菌 L 型临床分离特征研究

刘栋宾

长沙市中心医院,410000

**目的** 探讨结核分枝杆菌 L 型 (MTB-L) 实验室培养及鉴定, 在涂阳肺结核患者中分离率及耐药性, 提高临床对 MTB-L 型菌的重视。

**方法** 随机选择 2017 年 9 月到 2017 年

12 月来院治疗的涂阳肺结核患者 222 例, 进行 MGIT960 和改良 92-3TB-L 液体培养。

MIGIT960 报阳后, 取改良 92-3TB-L 液体培养基沉淀涂片抗酸染色, 进行初步筛查。将疑似 L 型阳性菌株培养物转种改良 TSA-L 型固体培养基, 观察菌落特征和镜下特征。用抗酸染色、结核 DNA 扩增实验确认菌株性质。对 MTB-L 进行常规药敏试验以及耐药基因突变位点分析。用 SPSS18.0 进行数据分析。

**结果** MTB-L 鉴定: 培阳菌株经固体培养, 可见“油

煎蛋”、“颗粒”、“丝状”样菌落, 结核 DNA 确认为 MTB。临床分离率: 经过培养, 单独细菌型阳性率为 50.90% (113/222), 细菌型和 L 型两者同时存在为 15.32% (34/222), 单独 MTB-L 型阳性率为 2.25% (5/222)。耐药性: MTB-L 型对链霉素、异烟肼、利福平、乙胺丁醇耐药, 耐药基因位点未发生突变。

**结论** 临床实验室应常规开展结核分枝杆菌 L 型细菌培养, 提高临床对 MTB-L 型细菌重视

## PU-3113

## 血细胞分析仪 Mindray BC-6800Plus 体液模式检测微生物的可行性研究

熊铁,孙德华

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 研究 Mindray BC-6800Plus 血细胞分析仪体液模式对体液微生物检测的可行性。

**方法** 纳入 15 种临床常见的感染细菌,制备  $10^5$ CFU/ml、 $10^6$ CFU/ml、 $10^7$ CFU/ml 水平的纯菌悬液标本,在此基础上,制备  $10^5$ CFU/ml、 $10^6$ CFU/ml、 $10^7$ CFU/ml 水平体液添加标本,使用 Mindray BC-6800Plus 对各标本重复检测 3 次,分析各检测信号阈值及散点图特点,建立 cutoff 值,判断仪器对各浓度细菌检测效能。

**结果** 细菌在血细胞分析仪上表现为低 FS、高 SS 和较低 FL 信号的特征散点图,真菌则表现为高 FS、低 SS 和极低 FL 信号。在体液添加实验中,不同的细菌和真菌检出水平不一,在  $10^5$ CFU/ml 所有纳入的菌种均呈检出阴性;肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、粪肠球菌、光滑念珠菌、热带念珠菌、近平滑念珠菌在  $10^6$ CFU/ml 呈检出阳性;洋葱伯克霍尔德菌、科氏葡萄球菌、白念珠菌在  $10^7$ CFU/ml 水平呈检出阳性。大肠杆菌、嗜麦芽窄食单胞菌、金黄色葡萄球菌、溶血葡萄球菌、表皮葡萄球菌在  $10^7$ CFU/ml 水平仍不能被检出。

**结论** Mindray BC-6800Plus 对体液中的部分病原微生物在特定浓度能进行有效、快速的初筛。

## PU-3114

## A case-control study of the association of polymorphisms of MTHFR, APOE with risk factor and severity of coronary artery disease

Yan Long<sup>1</sup>, Xiaotao Zhao<sup>1</sup>, Chang Liu<sup>1</sup>, Yuanyuan Sun<sup>1</sup>, Yinting Ma<sup>1</sup>, Xinyu Liu<sup>3</sup>, Jixuan Liu<sup>2</sup>

1.Laboratory of Molecular Biology Department, Peking University People's Hospital

2.Cardiology Department, Chinese PLA General Hospital

3.Cardiology Department, Peking University Peoples' Hospital

**Objective** To explore the association between single nucleotide polymorphisms (SNPs) in MTHFR, APOE and the risk of CAD, and more importantly, the severity of CAD and the profile of sera lipid, we performed a case-control study in a Chinese Han population.

**Methods** A total of 1207 cases of consecutive CAD-suspected inpatients were recruited into this study, then 406 CAD cases and 231 non-CAD controls were enrolled for final analysis after screening with exclusion criteria. All of the subjects had undergone coronary angiography, and the severity of CAD was evaluated by two cardiologists respectively according to Gensini scores. The genotypes of MTHFR and APOE were detected using Real-time PCR and further verified using Sanger sequencing. Environmental risk factors, such as age, sex, smoking, drinking, hypertension, diabetes, dyslipidemia and BMI, were collected and statistical analyses ( $\chi^2$ -test, odd ratio, binary logistic regression analysis, ordinal ploytomous logistic regression analysis) were performed by SPSS version 16.0.

**Results** The genotypes of all the subjects included in CAD group and non-CAD group in this study were successfully detected, with an accordance of 100% to Sanger sequencing. The distributions of genotypes CT and TT at MTHFR C667T were higher in CAD cases than in non-CAD controls (OR=1.99, 95%CI: 1.34-2.95; OR=1.77, 95%CI: 1.18-2.67;  $p<0.05$ ), whereas genotype AC at MTHFR A1298C was lower in CAD cases (OR=0.71, 95%CI: 0.50-1.02;  $p<0.05$ ). Significant association was observed in genotypes CT and TT at MTHFR C667T with risk of CAD (OR=1.44 95%CI: 1.27-3.67; OR=1.56 95%CI: 0.88 -2.78;  $p<0.05$ ). Both genotypes and alleles of

APOE were comparable between the CAD cases and non-CAD controls ( $p>0.05$ ). The genotype TT at MTHFRC667T and  $\epsilon 4+$  at APOE were more likely to be found in the subgroup of CAD with Gensini score  $\geq 72$  ( $p=0.040$  and  $p=0.028$ , respectively). Meanwhile, the patients with genotype TT detected higher level of serum Hcy, while the genotype  $\epsilon 4+$  possessed higher levels of serum ApoE and LDL-C than other genotypes.

**Conclusions** This study revealed that SNP site of MTHFRC667T was associated with the risk of CAD in this Chinese Han population. In addition, the genotypes of TT in MTHFRC667T and  $\epsilon 4+$  in APOE may increase the severity of CAD, and higher level of Hcy, LDL-C and ApoE may be involved in this pathogenic process.

## PU-3115

# TST、T.SPOT.TB 和荧光定量 PCR 在 结核诊断和分型中的临床研究

罗丹

长沙市中心医院,410000

**目的** 评价结核菌素试验 (Tuberculin skin test, TST)、结核感染 T 细胞斑点试验 (T.SPOT.TB) 和荧光定量 PCR 对活动性结核 (Active tuberculosis, ATB) 的诊断价值, 探究 T.SPOT.TB 鉴别活动性结核和潜伏结核感染 (Latent Tuberculosis Infection, LTBI) 的能力。

**方法** 选取近期本院结核病房 218 位疑似活动性结核患者, 进行 TST、T.SPOT.TB 和荧光定量 PCR 这三项检测。收集相关临床资料, 比较各方法的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值, 以及联合试验的灵敏度和特异度。分析活动性结核患者和非活动性结核患者中潜伏结核感染者的 T 细胞斑点数。

**结果** 最终确诊 80 例活动性结核患者, 109 例非活动性结核患者, 其中 56 例 LTBI。TST 诊断 ATB 的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别是 75.0%、48.6%、51.7% 和 72.6%。T.SPOT.TB 诊断 ATB 的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别是 92.5%、50.4%、57.8% 和 90.1%。荧光定量 PCR 诊断 ATB 的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别是 62.5%、97.2%、94.3% 和 77.9%。2.T.SPOT.TB 和荧光定量 PCR 并联检测可将灵敏度提高到 95.0%, 串联检测时特异度达 96.3%。3.ATB 和 LTBI 组间总斑点数中位数、A 孔斑点数中位数和 B 孔斑点数中位数均有明显差异。分析鉴别 ATB 和 LTBI 的 T 细胞斑点数 ROC 曲线, T 细胞总斑点数的曲线下面积最大, 其曲线下面积是 0.764 (95%CI: 0.681~0.846), 此时总斑点数临界值是 52.5, 灵敏度和特异度分别是 77.8%、70%。

**结论** T.SPOT.TB 诊断 ATB 的灵敏度和阴性预测值显著高于 TST 和荧光定量 PCR, 当 T.SPOT.TB 结果阴性时, 在很大的程度上可排除 ATB。荧光定量 PCR 诊断 ATB 的特异度和阳性预测值显著高于 TST 和 T.SPOT.TB, 当其结果为阳性时, 可以作为开始抗结核治疗的判断标准。T.SPOT.TB 和荧光定量 PCR 联合应用, 对 ATB 的诊断更有价值, 并联组合时可提高灵敏度, 降低漏诊率; 串联组合时可提高特异度, 降低误诊率。尽管 ATB 斑点数中位数显著高于 LTBI, 但两者的斑点数有重叠, 目前尚不能认为 T.SPOT.TB 可以鉴别 ATB 和 LTBI。

## PU-3116

## 威高 AutolumiS 3000 微粒体化学发光检测体系的介绍

孙梅<sup>1</sup>,刘鹏<sup>1</sup>,耿建利<sup>1</sup>,王晓伟<sup>2</sup>,姚继承<sup>2</sup>,王明义<sup>1</sup>

1.威海市立医院,264200

2.威海威高生物科技有限公司

**目的** 明确威高 AutolumiS 3000 微粒体化学发光检测体系的介绍

**方法** 综述

**结果** 微粒体化学法光检测体系的研究设计是开发研制全自动化学发光检测仪的关键, 其主要包括“夹心”复合物形成、免疫复合物无损磁性分离、化学发光、微弱闪光信号检测四个过程。本实验室通过研究分析选择采用背景噪声低、可直接标记抗原或抗体且结合稳定的异鲁米诺作为直接发光试剂。通过分析复合物颗粒磁分离过程, 给出磁场设计原则并首次采用微米级别的磁性微粒研制出了免疫复合物充分无损分离技术系统, 大幅度的增加了检测过程中的反应速度并促进结合相和游离相的分离。通过激发液( $H_2O_2+NaOH$ )促进异鲁米诺发光获得闪光信号。最终设计出适用于实验室诊断并能满足临床需求的 AutolumiS 3000 微粒体化学法光检测体系, 本文就该体系做详细介绍。

**结论** 微粒体化学法光检测体系的研究设计是开发研制全自动化学发光检测仪的关键, 其主要包括“夹心”复合物形成、免疫复合物无损磁性分离、化学发光、微弱闪光信号检测四个过程。本实验室通过研究分析选择采用背景噪声低、可直接标记抗原或抗体且结合稳定的异鲁米诺作为直接发光试剂。通过分析复合物颗粒磁分离过程, 给出磁场设计原则并首次采用微米级别的磁性微粒研制出了免疫复合物充分无损分离技术系统, 大幅度的增加了检测过程中的反应速度并促进结合相和游离相的分离。通过激发液( $H_2O_2+NaOH$ )促进异鲁米诺发光获得闪光信号。最终设计出适用于实验室诊断并能满足临床需求的 AutolumiS 3000 微粒体化学法光检测体系, 本文就该体系做详细介绍。

## PU-3117

## 冠心病合并二型糖尿病的血清学相关性研究

朱炳铭

暨南大学附属第一医院,510632

**目的** 比较冠心病(CHD)合并糖尿病(DM)病人与单纯冠心病病人血清学相关指标。

**方法** 将 279 例确诊为冠心病的患者, 分为冠心病合并二型糖尿病组 110 例, 单纯冠心病患者组 169 例, 同时以 50 例健康成年人作为对照组, 分别对其基本情况; 随机血糖(FPG); 脂代谢指标: 高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)、载脂蛋白 A 和载脂蛋白 B 等; 肾功代谢指标: 尿酸(UA)、尿素氮(BUN)、肌酐(Cr)、胱抑素 C(Cys-C)等血清学指标进行数据收集统计, 比较 CHD 合并 DM 病人与单纯 CHD 病人的危险因素。

**结果** CHD 合并 DM 病人与单纯 CHD 病人比较, 随机血糖、尿素氮、尿酸、血清肌酐、高密度脂蛋白、总胆固醇、甘油三酯、胱抑素 C, 差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** CHD 合并 DM 病人和单纯 CHD 病人的危险因素存在一定差异, 应着重控制血糖、总胆固醇、高密度脂蛋白, 防止单纯 CHD 向 CHD 合并 DM 进展。

PU-3118

## Application of Mass Spectrometry in Clinical microbial Identification

Qi Mi

The second hospital of Shang Dong University

**Objective** At present, the identification of bacteria in clinical microbiology laboratory mainly depends on the traditional biochemical reaction, morphology and other methods. On the one hand, the clinical pathogen microorganisms are wide variety, the content of which is very small. The detection accuracy of the traditional identification methods is not high. On the other hand, bacteria need to be isolated and purified before they can be identified, even if the automatic identification instrument is used, it still can not meet the needs of clinical timeliness. There is an urgent need for a highly accurate, sensitive, and time-consuming identification method.

**Methods** Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) is the latest detection method for the identification of microbial species in clinical. The principle is that the colony specimen and matrix solution mixing point are eutectized on the metal target plate. Laser is used as the energy source to radiate the crystal. The sample ions obtained the same kinetic energy under the accelerated electric field, and the sample ions were accelerated by high pressure and focused into the time-of-flight mass spectrometer analyzer for mass analysis. The mass to charge ratio( $m/z$ ) of ions is proportional to the square of the flight time, finally, the mass map is drawn by computer processing. By software analysis and comparison, the specific map is selected and determined, so as to distinguish and identify the target microbial species or strain.

The method is quite simple to operate, all the operator has to do is pick up some colony samples to the detection board, add matrix solution and mix them

**Results** The emergence and development of mass spectrometry technology has changed the traditional working mode of clinical microbial laboratory, effectively overcome the shortcomings of traditional automatic bacterial detector, and improved the sensitivity and effectiveness of microbial identification, with incomparable advantages over traditional identification methods.

**Conclusions** Mass spectrometry identification technology will not only free the clinical technician from some of the work that can be completed by the instrument, improve the work efficiency and shorten the reporting time, but also to win more time for clinical treatment of critically ill patients and to provide guidance for rational and scientific drug use.

The advantages of simple operation, automation, rapid and accurate, high throughput and so on, which undoubtedly made MALDI-TOF MS more and more important in the field of microbial identification. It is also expected that MALDI-TOF MS will shine in the future.

PU-3119

## The role of circulating follicular helper T cells and follicular regulatory T cells in the progression of patients with ulcerative colitis

Yan Long, Changsheng Xia, Lijuan Xu, Caoyi Liu, Chunhong Fan, Huizhang Bao, Songsong Lu, Ying Song, Chen Liu  
Laboratory of Molecular Biology Department, Peking University People's Hospital

**Objective** This study aims to explore the significance of circulating follicular helper T cells (TFH) and follicular regulatory T cells (TFR) in patients with ulcerative colitis (UC) and to clarify their roles in the progression of UC.

**Methods** Peripheral blood from 44 active UC patients and 44 UC patients in stable remission was collected and TFR and TFH were analyzed by flow cytometry. Blood from 44 healthy individuals

were analyzed as controls. TFH subgroups were further analyzed by flow cytometry and in vitro culture. TFR subgroups were further analyzed according to Helios, TIGIT, CD226, CD45RA and FoxP3 expressions. Circulating memory B cells and plasmablasts were analyzed. Correlation analysis were conducted between Mayo Clinic scores, CRP, IgG levels, B cell subsets and levels of TFH and TFR. Serum cytokine levels were measured to analyze the cause of TFR and TFH level changes.

**Results** Circulating TFR cells were significantly lower while TFH were higher in active UC patients. TFH2 were increased and TFH17 were down-regulated in active UC, with IL-4 secretion enhanced and IL-17 secretion enhanced. Helios<sup>+</sup> and CD45RA<sup>+</sup>FoxP3<sup>high</sup> TFR cells were decreased while CD226<sup>+</sup> and CD45RA<sup>+</sup>FoxP3<sup>int</sup> TFR cells were increased in active UC patients. CRP, Mayo Clinic scores, increased new memory B cell and plasmablast levels and IgG concentrations in active UC patients were positively correlated with TFH and TFH2 and negatively correlated with TFR. Serum IL-12 and IL-21 were up-regulated while IL-10 was down-regulated in active UC and their levels were correlated with TFH levels.

**Conclusions** Imbalance between circulating TFH and TFR cells is associated with acute disease progression in patients with ulcerative colitis.

## PU-3120

### HIV 实验室检测方法研究进展

孙梅,国东,王明义  
威海市立医院,264200

**目的** 明确 HIV 实验室检测方法研究进展

**方法** 综述

**结果** 艾滋病是由人类免疫缺陷病毒 ( HIV ) 引起的严重影响人类健康的传染病。近年来,有关 HIV 实验室检测方法取得了很大的进展,本文从 HIV 抗体、抗原、核酸检测、CD4<sup>+</sup> 和 CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞、基因芯片 5 个方面综述了 HIV 实验室检测技术的研究进展,以期加快 HIV 实验室检测新技术,缩短“窗口期”、遏制获得性免疫缺陷综合征 (AIDS)的蔓延。

**结论** 艾滋病是由人类免疫缺陷病毒 ( HIV ) 引起的严重影响人类健康的传染病。近年来,有关 HIV 实验室检测方法取得了很大的进展,本文从 HIV 抗体、抗原、核酸检测、CD4<sup>+</sup> 和 CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞、基因芯片 5 个方面综述了 HIV 实验室检测技术的研究进展,以期加快 HIV 实验室检测新技术,缩短“窗口期”、遏制获得性免疫缺陷综合征 (AIDS)的蔓延。

## PU-3121

### 探讨精子形态分析在男性不育中的临床应用

郭庆波  
潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 探讨精子形态分析在男性不育诊断中的临床应用。

**方法** 选取我院不育男性的精液标本 110 例作为研究对象,并同期选取健康男性精液标本 60 例作为对照组,对其进行精子形态分析和相关的统计学分析。

**结果** 不孕组精子形态异常百分率明显高于对照组,差异具有显著性( $P<0.01$ )。

**结论** 精子形态分析是检测男性不育症的重要指标,对男性不育或生育力低下的诊断有重要指导意义。

## PU-3122

## 不同前处理方法联合 MALDI-TOF 质谱技术直接鉴定 阳性血培养标本

俞静,李媛睿,陈峰,刘瑛

新华医院,200000

**目的** 比较并评估 MALDI Sepsityper™ Kit (MSK 试剂盒) 和分离胶促凝管两种前处理法联合 MALDI-TOF 质谱直接鉴定血流感染中微生物的鉴定能力和临床应用价值。

**方法** 分别利用 MSK 试剂盒和分离胶促凝管法直接从 491 个阳性血培养瓶中提取菌体,联合质谱仪对其中的待测菌进行菌种鉴定。同时进行传统培养生化鉴定流程,鉴定结果与上述质谱鉴定结果不一致时以基因测序结果为准。

**结果** 491 例阳性血培养检出的细菌及真菌含 30 个属和 64 个种,其中包括 462 例单菌株及 29 例复数菌感染。MSK 试剂盒-质谱法及分离胶促凝管-质谱法对 462 份单数菌标本的“种”水平符合率为 72.5%、67.1%,仅鉴定至“属”符合率为 3.5%和 5.4%;未鉴定率为 24.0%、27.5%。患者性别及血培养瓶种类对两种方法鉴定结果均没有显著影响,而前处理之后的菌体沉淀量对于鉴定结果有影响,结果显示沉淀量 $\geq 2$  时血培养瓶中微生物的鉴定正确率明显较高。

**结论** 利用 MSK 试剂盒和分离胶促凝管两种前处理法联合 MALDI-TOF 质谱可快速、准确地直接鉴定血流感染中微生物,MSK 试剂盒法鉴定符合率稍高,此两种方法均可作为血流感染快速检测新方法在临床实验室进行推广应用。

## PU-3123

## Th1/Th2 与 PCT 检测在感染性疾病诊断中的临床应用

常鑫,袁颖,王明义

威海市立医院,264200

**目的** 明确 Th1/Th2 与 PCT 检测在感染性疾病诊断中的临床应用

**方法** 综述

**结果** 病原微生物引起的感染性疾病是临床中极为常见的一类疾病,此类疾病的预后主要取决于感染的病原微生物类型及疾病的严重程度,及早的诊断和积极地干预治疗对于改善患者预后就显得尤为重要。因此,快速有效地确定感染的病原微生物,并对其进行有针对性的治疗尤为重要,同时亦可避免抗菌药物的滥用。Th1/Th2 在感染性疾病中的作用越来越得到重视,而降钙素原(PCT)是临床感染性疾病诊断和鉴别诊断的早期指标,且具有高度的敏感性和特异性。Th1/Th2 和 PCT 的联合检测对感染性疾病的诊断、病情评估和疗效监测都具有重要的意义。

**结论** 病原微生物引起的感染性疾病是临床中极为常见的一类疾病,此类疾病的预后主要取决于感染的病原微生物类型及疾病的严重程度,及早的诊断和积极地干预治疗对于改善患者预后就显得尤为重要。因此,快速有效地确定感染的病原微生物,并对其进行有针对性的治疗尤为重要,同时亦可避免抗菌药物的滥用。Th1/Th2 在感染性疾病中的作用越来越得到重视,而降钙素原(PCT)是临床感染性疾病诊断和鉴别诊断的早期指标,且具有高度的敏感性和特异性。Th1/Th2 和 PCT 的联合检测对感染性疾病的诊断、病情评估和疗效监测都具有重要的意义。

## PU-3124

## CCDs 抑制试验可以提高中国南方过敏性鼻炎和哮喘患者植物性过敏原体外诊断的准确性

罗文婷,孙宝清

广州医科大学附属第一医院, 广州呼吸健康研究院, 国家呼吸系统疾病临床医学研究中心

**目的** 花粉变应原引起呼吸道过敏性疾病的重要吸入过敏原, 尤其是季节性过敏性鼻炎和哮喘。目前采用变应原 sIgE 检测, 由于很多花粉变应原均存在碳水化合物表位, 其检测经常会受 CCD 干扰, 引起假阳性的反应。本项目拟分析中国南方花粉变应原的致敏情况以及 CCD 抑制剂对花粉变应原 sIgE 检测结果的影响。

**方法** 分析 83 例过敏性鼻炎或哮喘患者植物性过敏原(花粉过敏原和食物过敏原)之间的相关性。并选取 33 例植物过敏原致敏的 CCD 阳性的患者, 采用 CCD 抑制剂对他们的血清进行抑制, 分析患者植物性过敏原 sIgE 是否被 CCD 抑制。

**结果** 结果显示植物性过敏原阳性率最高的为树花粉(66.3%)和大豆(66.3%), 其余阳性率依次花生(62.7%), 豚草(61.4%), 艾蒿(56.6%), 葎草(37.3%), 而 CCD 阳性率也高达 57.8%。植物性过敏原的阳性率在 CCD 阳性的患者均显著高于 CCD 阴性的患者(all  $P < 0.05$ )。与 CCD 相关性较强的为 w1 和 ts20(r 分别是 0.84, 0.69,  $p < 0.01$ ); 其他过敏原之间均为弱相关(0.20~0.42,  $p < 0.05$ )。CCD 阳性患者采用 CCD 抑制剂孵育后各植物性过敏原阳性率均显著下降( $P < 0.001$ ), 各植物过敏原阳性抑制为阴性的抑制率在 73.0%~100% 之间, 其中抑制率最高的为 u80(100%), 其次为 w6&f13(85.2%)>w1(81.5%)>f14(80.0%)>ts20(73.0%), 且 69.7%(23/33)患者血清中的植物过敏原全部被抑制为阴性。

**结论** 72%到 98%的中国南方地区植物性花粉过敏原 sIgE 与 CCD 存在同时阳性情况, 并且植物过敏原和 CCD 具有一定的相关性, 提示南方地区植物性花粉过敏原 sIgE 绝大多数是与 CCD 相关。采用 CCD 抑制试验后, 患者血清中的植物过敏原 sIgE 阳性结果 73%以上都转为阴性, 这提示着中国南方患者检测出的花粉变应原以及花生大豆变应原 sIgE 很大部分都是由于 CCD 引起的假阳性反应, 误导医生的诊断和治疗, 临床医生应该注意到这一点, 我们呼吁 CCD 抑制试验要在临床诊断中充分运用。

## PU-3125

## 探讨血浆同型半胱氨酸检测在 2 型糖尿病肾病中的临床应用

郭庆波

潍坊市益都中心医院, 261000

**目的** 探讨血浆同型半胱氨酸(HCY)在 2 型糖尿病肾病中的临床意义。

**方法** 选取本院 98 例 2 型糖尿病患者(其中糖尿病肾病组 53 例, 单纯糖尿病组 45 例)作为研究对象, 并随即抽取同期健康者 40 例作为对照组, 测定血浆 HCY、FBG、尿素氮、肌酐, 并进行相关的统计学分析。

**结果** 糖尿病肾病组血浆 HCY 显著高于单纯糖尿病组及正常对照组( $P < 0.01$ ), 且与 DN 病程有关。

**结论** 高同型半胱氨酸血症是 2 型糖尿病肾病的一个独立危险因素, 其测定有助于监测及判断 2 型糖尿病肾病的发生发展。



## PU-3126

## 血小板计数与肝脏疾病严重程度的相关性分析

卢舜均,陈钰静

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 分析 PLT 与肝脏疾病严重程度的相关性

**方法** 集在 2013 年 8 月到 2019 年 1 月期间被诊断为肝炎的 111 例病人、肝硬化的 118 例病人、肝癌的 113 例病人和健康体检者 122 例进行回顾性分析,分析各组的 PLT 水平及 PLT 与肝脏疾病严重程度的关系。以 ALT 超过正常值 2 倍以上,即  $ALT \geq 80$  IU/L 作为判定肝损伤的诊断标准[1],对三组患者的肝损伤程度进行评价,分析血小板计数与肝损伤之间的相关性。

**结果** 与对照组 ( $236.52 \pm 49.37 \times 10^9/L$ ) 比较,肝炎组 ( $213.65 \pm 70.72 \times 10^9/L$ )、肝硬化组 ( $110.44 \pm 76.04 \times 10^9/L$ ) 和肝癌组 ( $153.62 \pm 57.85 \times 10^9/L$ ) 的 PLT 都有下降 ( $P < 0.05$ )。肝硬化组 PLT 最低,肝癌组次之,肝炎组 PLT 轻微下降,经方差分析差异具有统计学意义 ( $F=93.22$ ,  $P < 0.05$ )。各组之间的 PLT 总体均数不等或全相等。进一步进行多个均数的两两比较,四组两两之间的总体均数差异都有统计学意义。采用 Spearman 相关性分析发现,PLT 与肝脏疾病严重程度呈负相关 ( $r_s = -0.517$ ,  $P < 0.05$ )。以  $ALT \geq 80$  IU/L 作为判定肝损伤的诊断标准,对三组患者的肝损伤程度进行评价。肝炎患者 ALT 异常组与 ALT 正常组经近似 t 检验分析得差异不具有统计学意义 ( $t=0.392$ ,  $P > 0.05$ ),肝硬化患者 ALT 异常组与 ALT 正常组经两独立样本 t 检验分析得差异不具有统计学意义 ( $t=0.621$ ,  $P > 0.05$ ),肝癌患者 ALT 异常组与 ALT 正常组经两独立样本 t 检验分析得差异不具有统计学意义 ( $t=0.277$ ,  $P > 0.05$ )。

**结论** PLT 与肝脏疾病损伤程度有一定的相关性,血小板数量在对肝脏疾病损害程度进行评估时,可以作为一项参考的指标。肝癌患者与肝硬化患者相比,其 PLT 增多,这种变化可以作为肝癌诊断的辅助依据。但同一肝脏疾病随着病情进程的加深,肝炎患者、肝硬化患者和肝癌患者 PLT 水平与肝功能损伤程度关系不大。

## PU-3127

## 肺部感染对未成熟血小板和高荧光强度未成熟血小板生成影响的研究

熊铁

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 观察肺部感染患者外周血未成熟血小板比率 (IPF) 和高荧光强度未成熟血小板比率 (H-IPF) 的变化,探讨肺部感染对未成熟血小板和高荧光强度未成熟血小板生成的影响

**方法** 选取诊断为肺部感染且血常规血小板计数 (PLT) 低于参考范围的标本 41 例,健康对照者 40 名。应用 Sysmex XN-9000 全自动血液分析流水线系统检测肺部感染组与健康对照组的外周血 IPF 和 H-IPF。通过两组计量资料的秩和检验比较疾病组和健康对照组 IPF 与 H-IPF 之间的差异。

**结果** 肺部感染组 IPF、H-IPF 与健康对照组 IPF、H-IPF 比较,肺部感染组 IPF 和 H-IPF 均明显高于健康对照组,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 肺部感染促进未成熟血小板和高荧光强度未成熟血小板的生成。

## PU-3128

## 抗核抗体在神经系统的临床应用价值

时丽丽

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 探讨了抗核抗体在神经系统疾病中的临床应用价值。

**方法** 收集 134 例神经系统疾病患者中 ANA 阳性的患者,根据检测结果和临床资料进行回顾性分析,分析了其神经系统疾病分布;分析脑梗死、视神经脊髓炎谱病和缺血性脑血管病患者的自身免疫性疾病分布。

**结果** ANA 阳性患者的神经系统疾病分布中,脑梗死 29 例,占比 21.64%,视神经脊髓炎谱 15 例,占比 11.19%,缺血性脑血管病 12 例,占比 8.96%。其中脑梗死患者 17.2%患有自身免疫性疾病,视神经脊髓炎谱患者和缺血性脑血管病患者分别为 40%和 33.3%。

**结论** ANA 阳性的神经系统疾病患者同自身免疫性疾病紧密相关,研究证明 ANA 检测在神经系统疾病诊断和治疗中的重要作用。

## PU-3129

## 负载耐药乳腺癌细胞抗原的树突状细胞 在临床生物治疗中的应用研究

庄伟

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 本课题是指将负载了患者自身的耐受性乳腺癌抗原信息的 DC,回输给患者可激发患者自身的抗肿瘤免疫反应,最终清除包括放、化疗耐受在内的癌细胞。因此,DC 免疫治疗的最大优势就是适应个性化治疗趋势,其宗旨在于通过提高机体的免疫识别能力(或提高癌细胞抗原的免疫原性)以及免疫介导的恶性肿瘤杀伤能力(免疫反应性)从而打破患者的免疫耐受和免疫抑制状态。

**方法** 将初诊乳腺癌患者术后切除的肿瘤做原代细胞培养,体外耐药处理后,裂解融合到患者自身外周血分离的树突状细胞,获得负载耐药乳腺癌抗原信息的树突状细胞,通过其专职的抗原提呈作用,特异性诱导、激活针对癌细胞表达多种抗原的 T 细胞克隆(CD8+ T 与 CD4+ T),从而降低癌细胞逃避机体免疫监视的可能性。

在体外实验,观察荷瘤裸鼠的变化和生长曲线;在临床试验,回输患者激发自身特异性的抗肿瘤免疫反应,有效清除包括化疗耐受在内的癌细胞。

以耐药乳腺癌细胞为靶向,与放化疗联合互补;多价抗肿瘤抗原,以完整癌细胞负载 DC;采用自体肿瘤材料,无 MHC 限制性。力求更精确的靶向化治疗和个性化治疗。

**结果** 本研究创新性在于:克服了现有以普通癌细胞为靶标的 DC 治疗方法面临的放疗和化疗后耐药、复发和转移的问题,本研究的目的是探索一种耐受性癌细胞抗原负载的 DC 疫苗制备方法、以及临床应用方案和标准。

**结论** 本课题是指将负载了患者自身的耐受性乳腺癌抗原信息的 DC,回输给患者可激发患者自身的抗肿瘤免疫反应,最终清除包括放、化疗耐受在内的癌细胞。因此,DC 免疫治疗的最大优势就是适应个性化治疗趋势,其宗旨在于通过提高机体的免疫识别能力(或提高癌细胞抗原的免疫原性)以及免疫介导的恶性肿瘤杀伤能力(免疫反应性)从而打破患者的免疫耐受和免疫抑制状态。

## PU-3130

## 蟑螂过敏原致敏出现新趋势：一项关于中国西南内陆地区室内过敏原及食入性过敏原的横断面研究

罗文婷,孙宝清

广州医科大学附属第一医院, 广州呼吸健康研究院, 国家呼吸系统疾病临床医学研究中心

**目的** 缺乏大样本调查中国西南内陆地区的室内过敏原和食入性过敏原的致敏情况、多重致敏模式及过敏原之间的关系。

**方法** 7759 例过敏患者检测 8 种常见的室内过敏原和食入性过敏原 sIgE, 包括屋尘螨, 蟑螂, 狗毛, 霉菌混合, 鸡蛋, 牛奶, 蟹和虾, 通过聚类分析探究多重致敏模式, 并分析蟑螂与室内及食入性过敏原之间的关系。

**结果** 过敏症状患者的总体 sIgE 阳性为 45.6%, 室内吸入性过敏原中, 蟑螂(27%)致敏率最高, 其次是屋尘螨(25.6%), 霉菌组合(3.9%)和狗毛(3.3%), 而食入性过敏原中, 虾(18.8%)致敏率最高, 其次是蟹(15.6%), 鸡蛋白(9.5%)和牛奶(7.4%)。我们对 7759 例过敏患者的 8 种过敏原致敏模式进行探究; 根据过敏原 sIgE 浓度的相似性聚类分析可归类为三种不同致敏模式(cluster): cluster 1) 鸡蛋白/牛奶、cluster 2) 蟹/虾/蟑螂/屋尘螨/狗毛、cluster 3) 霉菌组合。结合相关性分析验证: 蟹/虾/蟑螂/屋尘螨/狗毛之间的相关性较好 all  $r_s \geq 0.631$ ,  $p < 0.05$ ; 霉菌组合与其他过敏原相关较低 all  $r_s \leq 0.385$ ,  $p < 0.05$ ; 而牛奶与鸡蛋白之间相关较好为  $r_s = 0.609$ ,  $p < 0.05$ 。在蟑螂/屋尘螨/蟹/虾/狗毛合并至少 1 种阳性的人群中, 蟹/虾/蟑螂/屋尘螨同时合并阳性占比最高为 26.9%, 屋尘螨、蟹和虾的 sIgE 水平及致敏率均随蟑螂阳性等级的增加而上升( $P < 0.05$ )。

**结论** 该内陆地区出现蟑螂过敏原 sIgE 致敏率略高于屋尘螨的趋势, 同时该内陆地区的室内过敏原和食入性过敏原以鸡蛋白/牛奶、蟹/虾/蟑螂/屋尘螨/狗毛的多重致敏模式出现。屋尘螨、虾或蟹致敏时, 应该考虑交叉反应, 尤其是蟑螂交叉致敏。

## PU-3131

## Bcl-2 -938 C>A 位点多态性与癌症发病风险相关性荟萃分析

钱紫君<sup>1,3</sup>, 张骁<sup>2</sup>

1.上海市中医医院

2.上海交通大学附属胸科医院, 200000

3.上海中医药大学, 200120

**目的** 细胞凋亡是一个高度程序化的细胞死亡, 它可以通过两个主要途径实现: 死亡受体途径和线粒体途径。Bcl-2 家族蛋白通过调控线粒体外膜完整性在调控线粒体凋亡途径中发挥重要作用。

Bcl-2 是一种抗凋亡调控蛋白, 通常在多种癌症中高表达。Bcl-2 有两段功能不同的启动子区域, 分别被命名为 P1 和 P2。而-938 位点就是位于 Bcl-2 的 P2 启动子区域。Bcl-2 -938 位点多态性与细胞周期的调控以及细胞的存活相关。此外, Bcl-2 基因 -938 位点多态性可能与癌症的发病以及预后相关。这篇文章通过荟萃分析来探索-938 位点多态性 (C>A) 与癌症的发病以及预后的关系。

**方法** 文章通过搜索 PubMed, EMBASE, Cochrane Library, OVID 以及 Web of Science databases 等数据库获得文献。相对危险度以及 95%置信区间用来衡量 Bcl-2 -938 C>A 位点的多态性与癌症发病率的关系, 并采用显性模型, 隐性模型, 纯合子比较模型, 杂合子比较模型以及等位基因模型。风险比以及 95%置信区间用来衡量 Bcl-2 -938 位点的各种不同基因型与癌症预后的关系。

**结果** 根据纳入的 26 篇文献来看, Bcl-2 -938 位点的多态性与癌症发病的风险有显著关系, 这种显著性体现在在包括隐性模型 (OR=1.35 95%CI: 1.07-1.69,  $P=0.01$ ), 等位基因模型 (OR= 1.14, 95%CI: 1.01-1.28,  $P=0.03$ ) 以及 纯合子比较模型 (OR=1.40, 95%CI: 1.05-1.85,  $P=0.02$ ) 三种遗传

模型中。此外，经过多种基因型比对的预后分析，发现 Bcl-2 -938 位点的多态性与癌症的预后关系不明显。

**结论** Bcl-2 -938 位点多态性与癌症发病的风险有显著关系，尤其是 Bcl-2 -938 位点如果是 AA 基因型，则该种基因型的人群有很大可能发生癌症。这一结论为癌症的预防和筛查提供了新的研究方向。作为检验科的研究人员与工作人员，我们应继续探索 Bcl-2 -938 位点多态性在不同癌症类型中与癌症发病率的关系。如果能发现新的肿瘤易感基因筛查位点，就可以更好的预防该基因型人群发生癌症，从而降低癌症发病率，达到精准医疗的目的。

## PU-3132

### 获得性 Vk 依赖凝血因子缺乏合并 LA 阳性案例

王宏  
江苏省人民医院

**目的** 报道一例获得性 Vk 依赖凝血因子缺乏合并 LA 阳性案例。

**方法** 患者因直肠癌后持续便血就诊，检测患者常规凝血四项、APTT 纠正试验、LA 及凝血因子活性。

**结果** 患者 PT 和 APTT 同时明显延长。首次 APTT 纠正试验提示凝血因子缺乏，因子活性检测提示患者 II、VII、IX、X 缺乏。维生素 K 治疗 10 天后，患者 PT 和 APTT 缩短，II、VII、IX、X 因子活性略有上升，APTT 纠正试验提示 LA 存在，LA 弱阳性（LAR=1.3）。

**结论** APTT 延长者不能忽略因子缺乏合并 LA 阳性的情况

## PU-3133

### 药物基因组学

赵苛岑  
陆军军医大学西南医院

**目的** 个体差异是临床用药的普遍现象，进而导致药效的差异性及不良反应的发生。研究遗传变异对药物反应（药物代谢动力学和药物效应动力学）的影响，可增加诊断准确性并更好地预测个体的风险，对个体化治疗具有重要的指导意义。

**方法** 药物代谢酶活性的差异性是影响药物疗效的重要因素，得益于药物基因组学的快速发展，目前已经有多种药物代谢相关基因检测应用于临床实践，促进了临床精准用药。心血管疾病包括心力衰竭、动脉粥样硬化、高血压、心律失常等，是威胁人类健康的第一大杀手，合理规划用药是重要的治疗手段，尤其是抗凝抗栓药物往往游走在出血或凝血的边缘，因此个体化的精准用药迫在眉睫。

**结果** 从药物代谢酶的个体差异为出发点，P450 酶系基因多态性已经成为众多研究的焦点，我国药物监管机构已经批准了多款药物基因检测产品。我院是国内较早开展药物代谢酶基因检测机构，多年来开展心血管病临床常用的几类药物（氯吡格雷、华法林、叶酸及硝酸甘油）在基因组学指导下合理用药的方法，通过药物基因检测从基因角度评估个体化药物治疗的效果，临床上更安全、高效地使用多种药物，降低不良反应发生风险，减少治疗费用。精准医学结合药物基因组学的研究，为临床选择合适的药物种类和药物剂量提供遗传依据，使临床药物使用达到疗效最大化、损伤最小化、资源最优化。

**结论** 精准医学的发展超越了传统的个性化治疗及现代的循证医学模式，实现了基于基因层面的疾病诊断、治疗、预防，对未来医学的发展具有重要的推动作用。

PU-3134

## 冠心病病人血清 IL-18 与新蝶呤浓度变化 及临床意义

马璐娟

潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 探讨冠心病(CHD)病人血清白细胞介素-18(IL-18)及新蝶呤(Npt)浓度变化及其临床意义。

**方法** 采用 ELISA 法检测 60 例不同类型 CHD 病人血清 IL-18 和 Npt 浓度,同时选取 20 例同期健康体检者作为对照。

**结果** CHD 组病人血清 IL-18 和 Npt 浓度均高于对照组( $t=2.273$ 、 $5.344$ , $P<0.05$ )。急性心肌梗死(AMI)组病人血清 IL-18 浓度显著高于不稳定性心绞痛(UAP)组、稳定性心绞痛(SAP)组和对照组( $F=8.507$ , $t=3.308\sim4.535$ , $P<0.01$ )。AMI 组和 UAP 组血清 Npt 浓度均明显高于 SAP 组和对照组( $F=7.161$ , $t=2.023\sim4.165$ , $P<0.05$ )。重度病变组血清 IL-18 和 Npt 浓度显著高于中度病变组及轻度病变组( $F=11.720$ 、 $15.098$ , $t=2.598\sim5.442$ , $P<0.05$ ),中度病变组显著高于轻度病变组( $t=2.239$ 、 $2.062$ , $P<0.05$ )。CHD 病人血清 IL-18 与 Npt 的浓度呈正相关( $r=0.615$ , $P<0.01$ )。AMI 病人血清 IL-18 和 Npt 浓度的 ROC 曲线下面积(AUCROC)为 0.870 和 0.739;UAP 病人血清 IL-18 和 Npt 的 AUCROC 分别为 0.471 和 0.683。

**结论** 血清 IL-18 和 Npt 浓度变化对 CHD 具有较高的诊断价值,其中 Npt 是预测冠状动脉斑块稳定性的良好指标。两者的联合检测对评估 CHD 的病变程度和预后判断具有重要意义。

PU-3135

## AS 患者 HLA-B27 基因 / 抗原检测 及其免疫功能分析

喻霞云

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨强直性脊柱炎(ankylosing spondylitis,AS)患者 HLA-B27 基因与抗原表达的一致性及其免疫功能的变化。

**方法** 采用 PCR-SSP 法和流式细胞术(FCM)两种方法检测 32 例 AS 患者体内是否携带有 HLA-B27 基因及相应抗原,用流式细胞术及散射比浊法检测 32 例 AS 组和 30 例正常组外周血相关免疫学指标。

**结果** PCR-SSP 及 FCM 两种方法检测 HLA-B27 结果基本一致,阳性率分别为 90.6%和 87.5%。AS 组 IgG, C3, CRP, LAM, KAP, PFB、CD3+CD4+、CD4+/CD8+相较于正常组有统计学意义的差异。

**结论** AS 患者存在 T 细胞亚群及体液免疫分子紊乱,提示体内部分免疫分子可能在 AS 的发生和病程进展中起着重要的作用。

## PU-3136

## IL-33 通过诱导 M2 型巨噬细胞极化而促进肾脏纤维化

李艳蕾<sup>1</sup>,刘晶<sup>1</sup>,李洪军<sup>\*2</sup>,徐立<sup>\*1</sup>

1.吉林大学第二医院,130000

2.吉林大学中日联谊医院

**目的** 慢性肾脏疾病是大多数肾脏疾病的结果,肾脏功能衰竭是这些疾病发展过程中的一个病理过程。IL-33 被认为可影响多种器官的纤维性疾病,包括肝脏、肺和心脏,然而其在肾脏纤维化过程中的作用仍不清楚。前人的研究表明巨噬细胞也参与了肾脏纤维化。

**方法** 在单侧输尿管梗阻(UUO)小鼠造模的过程中,检测 IL-33 及其受体 ST2 变化,及致纤维化因子 IL-13 和 TGF- $\beta$ 1 的浓度,HE 及马松染色评估肾脏纤维化程度,免疫组化检测巨噬细胞表面标记 F4/80。实时荧光定量 Rt-PCR 及 Western blot 检测 M2 型细胞表面标记 arginase-1。使用重组 IL-33 刺激 UUO 小鼠,检测上述指标。使用清除巨噬细胞试剂 Clod Lipsome 之后再次检测上述指标。巨噬细胞 raw264.7 用 DMEM 高糖培养基加 10%胎牛血清培养,用不同浓度的 IL-33 (20ng/ml, 50ng/ml) 不同时间段(24 小时, 48 小时)刺激巨噬细胞,收集细胞及培养上清,Western blot 分别检测巨噬细胞分型的表面标记 arginase-1 和 iNOS, ELISA 检测细胞因子 TGF- $\beta$ 1。

**结果** 1、UUO 小鼠模型中的 IL - 33 和 st2 表达水平增加。2、重组 IL - 33 可加重 UUO 诱导的小鼠肾脏纤维化和巨噬细胞浸润, M2 型巨噬细胞表面标记升高。3、UUO 过程中 IL - 13 和 TGF - $\beta$ 1 的分泌升高,而巨噬细胞清除之后又下降,肾脏纤维化减轻,即使加了重组 IL-33 也无法逆转。

4、IL - 33 在体外刺激巨噬细胞后, M2 巨噬细胞表面标记 arginase-1 升高,而 M1 型表面标记 iNOS 降低,致纤维化因子 TGF- $\beta$ 1 升高。

**结论** 1、肾脏纤维化过程中 IL-33/st2 起了重要作用。2、IL - 33 可加重 UUO 诱导的小鼠肾脏纤维化和巨噬细胞浸润。3、IL-33 通过极化 M2 型巨噬细胞,增加致纤维化因子的产生而加重肾脏纤维化。

## PU-3137

## 男性不育症危险因素病例对照研究

马璐娟

潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 探讨男性不育症的危险因素。

**方法** 对 94 对病例和对照 1 : 1 配比进行病例对照研究

**结果** 长期大量吸烟 (OR =3.45,95 %CI:1.95~ 6.10)、婚外性生活史 (OR =7.29,95 %CI :2.54~ 20.89)、高温大棚蔬菜种植 (OR =6.73,95 %CI :1.91~ 23.69)、苯类化学品接触 (OR =20.53,95 %CI :4.67~ 90.25)、解脲支原体感染 (OR =5.55,95 %CI :2.28~ 13.53)与男性不育症有关联,为其危险因素。

**结论** 男性不育症是由多种因素长期反复作用的结果,其预防应从整治环境污染、加强职业防护、提高自我防护能力、改变不良工作及生活习惯等方面做起

## PU-3138

**鲍曼不动杆菌生物被膜形成能力的研究**

皇甫昱婵

上海交通大学医学院附属新华医院,233000

**目的** 研究鲍曼不动杆菌生物被膜形成能力的影响因素,为临床防治鲍曼不动杆菌感染和控制其生物被膜形成提供依据。

**方法** 收集 2017 年 10 月至 12 月上海交通大学医学院附属新华医院感染患者分离到的 101 株鲍曼不动杆菌及相关临床资料,并进行耐药性分析;利用 REP-PCR 对菌株进行基因分型;应用结晶紫染色法检测其生物被膜形成能力;采用 PCR 技术检测菌株生物被膜形成相关基因(bap, abal, bfmS, csuAB, csuA, csuC, csuD, csuE, ompA)的携带情况。

**结果** 鲍曼不动杆菌对米诺环素的耐药率最低(11%);首次使用头孢哌酮/舒巴坦+米诺环素,或替加环素+碳青霉烯类的治疗效果优于其它用药方案,具有统计学差异( $P<0.05$ );82%的菌株为同一种 ERIC 型别;25°C条件下的生物被膜形成阳性率显著高于 35°C条件下的阳性率;临床分离株对氨苄西林/舒巴坦和氨基糖苷类药物的耐药率与生物被膜形成能力存在一定关系( $P<0.05$ )。

**结论** 绝大多数鲍曼不动杆菌分离株对多种抗生素耐药;头孢哌酮/舒巴坦+米诺环素,或替加环素+碳青霉烯类可以作为我院治疗鲍曼不动杆菌的首选用药方案;101 株菌可分成 9 个基因型,A 型是主要流行型别;鲍曼不动杆菌生物被膜形成能力与培养温度有关,亦与氨苄西林/舒巴坦和氨基糖苷类药物耐药率存在某种关联。

## PU-3139

**A delta check model in hematology test for a clinical quality improvement**Yang Fu,Guoju Luo,Zhuoyun Tang ,Mengyu Li ,Si Chen ,Hong Jiang  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Delta Check has been applied in hematology test for quality control and report verification for quite a long time. Although the delta check graph of hematology test has been reported by Berend Houwen in 1989, problems in routine application still exist for most laboratories, mainly including parameter selection, limit setting and software support. This study aims to provide a simplified and practical process in hematology test for a clinical quality improvement.

**Methods** We analyzed continuous complete blood counting(CBC) results in one week to verify delta check curve. The delta check equations were simulated by Sigma Plot 13.0 software. And validations were performed by samples of patients from the hematology, oncology and other departments.

**Results** 5260 unselected pairs of continuous hematology test results were analyzed to verify delta check curve. Equations of delta check limits for MCV, Hb, WBC and PLT were obtained by Sigma Plot 13.0 software. Three delta check procedures including rules and equations were established for clinic and the re-inspection rate was reduced in different department in clinical validation.

**Conclusions** With the application of limitation formula, the delta check process can be simplified and practical in clinic, which will further improve the clinical quality.

## PU-3140

## 儿童过敏性疾病血清总 IgE 含量与特异性过敏原的检测研究

李金义

银川市中医医院,750000

**目的** 研究儿童过敏性疾病血清总 IgE 含量与特异性过敏原种类。

**方法** 选取 2016 年 3 月-2018 年 12 月期间,我院接收的 120 例儿童过敏性疾病患儿,采用杭州艾科免疫印迹法对其血清中的特异性 IgE 种类进行检测,运用美国罗氏电化学发光仪 601 对其血清中的 IgE 总含量进行检测

**结果** 120 例患儿中 IgE 的总阳性率为 81.0%,特异性过敏原的阳性率为 74.6 %;其吸入性过敏组分别以屋尘、屋尘螨/粉尘螨比例最高;食入性过程中则以虾类过敏率最高,鸡蛋白、蟹以及牛奶次之。

**结论** 儿童过敏性疾病发生后血清当中总 IgE 含量显著上升,因此,可以将血清中的总 IgE 水平作为过敏性疾病的重要诊断指标,再通过测定特异性过敏原,可明确患儿过敏的主要原因,为患儿的临床治疗提供可靠依据。

## PU-3141

## 173 例系统性红斑狼疮患者 ANA、ENA 和 dsDNA 抗体的联合检测分析

马璐娟

潍坊市益都中心医院,261000

**目的** 探讨 ANA、ENA 和 dsDNA 抗体联合检测在系统性红斑狼疮诊断中的意义。

**方法** :收集 173 例患者血清,采用间接免疫荧光法检测 ANA 和 dsDNA,用免疫印迹法测定 ENA。

**结果** :女性患者三种抗体同时阳性的检出率明显高于男性;患者血清中 ANA 阳性率为 94.8%,抗 dsDNA 抗体为 45.1%,抗 Sm 抗体为 32.2%。

**结论** ANA、ENA 和 dsDNA 三类抗体在 SLE 中的敏感性有显著的差异。这三类抗体的联合检测对 SLE 具有诊断意义。

## PU-3142

## TM4SF19 介导 LPS 调控内皮细胞 ve-cadherin 及血管形成的机制研究

李丽敏

南方医院

**目的** 动脉粥样硬化 (atherosclerosis, AS) 是一种以胆固醇等脂质代谢障碍为病变基础的慢性复杂疾病。高脂血症、脂质沉积以及胆固醇酯化是 AS 病变的重要起始环节,也是反应动脉粥样硬化指标之一。

TM4SF19 蛋白尚未有人报导,具体作用尚待明确,前期研究显示, TM4SF19 可能通过炎症和胆固醇代谢紊乱而促进动脉粥样硬化的发生发展。



VE-cadherin, 又称 cadherin 5( CD144), 是血管内皮细胞特异性钙黏蛋白, VE-cadherin 位于内皮细胞间接合黏附处, 在调节内皮细胞形成试管样结构, 保持内皮细胞的完整性, 在血管发生、形成及维持血管内环境的稳定中起着重要作用。综上, 研究表明 VE-cadherin 对 AS 进程具有重要调控作用, 但 LPS 调控 VE-cadherin 的具体机制目前尚不明确。

**方法** 1.采用不同浓度/时间 LPS 处理 HUVEC 人脐静脉内皮细胞, 观察 LPS 对 HUVEC 人脐静脉内皮细胞中 TM4SF19 的影响

2.采用不同浓度/时间 LPS 处理 HUVEC 人脐静脉内皮细胞, 观察 LPS 对 HUVEC 人脐静脉内皮细胞中 TM4SF19 的影响

3.用 si-RNA 技术构建 ve-cadherin 基因敲除/敲入载体并将载体分别转染 HUVEC 人脐静脉内皮细胞, 观察 ve-cadherin 是否介导 LPS 及 TM4SF19 调控血管形成

4.收集 AS 患者及正常人的血液样本, 检测血清中 TM4SF19、ve-cadherin 及传统血脂检验指标的表达水平

**结果** 1.用 0, 250, 500, 1000ng/mL 四个浓度梯度的 LPS 处理人脐静脉内皮细胞, 结果显示 LPS 可浓度依赖性下降 ve-cadherin 的表达, 且 1000ng/mL 时效果较明显。

2.不同浓度的 LPS 处理人脐静脉内皮细胞, 人脐静脉内皮细胞中 TM4SF19 的 mRNA 和蛋白表达水平浓度依赖性下调。

3.在 LPS 刺激基础上, 沉默内皮细胞 TM4SF19 可缓解 LPS 对 VE-cadherin 的下调作用

**结论** 1.LPS 处理人脐静脉内皮细胞后, 能时间和浓度依赖性地上调 TM4SF19 的表达

同时下调 VE-cadherin 的表达;

2. 人脐静脉内皮细胞中干扰 TM4SF19 后, VE-cadherin 的表达上调,而过表达 TM4SF19 后, VE-cadherin 的表达受到抑制

3. 在 LPS 刺激基础上, 沉默内皮细胞 TM4SF19 可缓解 LPS 对 VE-cadherin 的下调作用

## PU-3143

### 婴幼儿感染性腹泻 A 群轮状病毒调查

王芳

甘肃省人民医院,730000

**目的** 调查分析本市 2018 年 1-12 月婴幼儿感染性腹泻 A 群轮状病毒感染情况, 同时观察患儿的性别、年龄与病毒感染率之间的关系。

**方法** 收集本院 2018 年 1-12 月份腹泻婴幼儿粪便 2558 例, 采用免疫层析夹心法检测标本内的 A 群轮状病毒抗原, 分析 A 群轮状病毒不同月份感染百分率, 并与细菌性腹泻作对比; 分析不同性别、年龄组的病毒感染率, 并观察不同分组间差异性。

**结果** 本市腹泻婴幼儿粪便中 A 群轮状病毒检出率平均为 24.1%, 以 10-12 月份最高, 为 39.8%; 细菌性腹泻平均检出率为 28.2%, 以 7-9 月份最高, 为 38.2%。男性患儿 A 群轮状病毒检出率为 25.5%, 女性患儿为 22.6%, 差异并无统计学意义( $P>0.05$ )。不同年龄组之间 A 群轮状病毒检出率有显著性差异 ( $P<0.05$ )。其中 2 岁以内婴幼儿检出率最高, 其次为 2-4 岁年龄组, 分别为 29.4% 和 21.6%。

**结论** 腹泻是我国婴幼儿最常见的疾病之一, 是一组由多因素引起的以大便次数增多和大便性状改变为特点的消化道综合症。腹泻婴幼儿 A 群轮状病毒在冬季和初春季节感染率较高, 且以 A 群轮状病毒最为多见。轮状病毒侵入肠道后, 在小肠绒毛顶端的柱状上皮细胞上复制, 使细胞发生空泡变性和坏死, 其微绒毛肿胀, 排列紊乱和变短, 受累的肠黏膜上皮细胞脱落, 遗留不规则的裸露病变, 致使小肠黏膜重吸收水分和电解质的能力受损, 肠液在肠腔内大量积聚而引起腹泻, 严重时可能导致脱水和电解质平衡紊乱, 且主要集中在 2 岁以内儿童。夏秋季节细菌性腹泻发病较高, 特别在学前及学龄儿童较多。

## PU-3144

## MPV、PDW 联合 PAIg 对急性原发性免疫性血小板减少症患儿骨髓巨核细胞成熟障碍诊断价值的研究

张加勤

厦门大学附属第一医院检验科

**目的** 探讨 MPV、PDW、PAIg 在急性原发性免疫性血小板减少症 (aITP) 患者中的分布及其联合检测对 aITP 骨髓巨核细胞成熟障碍的诊断价值。

**方法** 分别检测 45 例 aITP 患者和 41 例未累及巨核细胞系的继发性血小板减少症患者 (ATP) 血小板数量及其相关参数、骨髓巨核细胞数量及其分类; 流式细胞术检测 2 组血小板相关抗体 (PAIg) 水平; SPSS 软件处理数据, 分析 2 组患者 MPV、PDW、PAIg 的分布, 多因素 Logistic 回归分析, 绘制 ROC 曲线, 计算 MPV、PDW、PAIg 及其联合检测对 aITP 患者骨髓巨核细胞成熟障碍的诊断的 ROC 曲线面积、敏感度和特异度。

**结果** 与 ATP 患者组相比, aITP 组 MPV、PDW 及 PAIg 升高, PLT 和产板型巨核细胞降低, 组间差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而 2 组间 RBC、WBC、中性粒细胞、淋巴细胞、单位面积巨核细胞数差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。多因素 Logistic 回归分析结果显示, PLT、MPV、PDW 及 PAIg 进入回归模型, 回归模型有统计学意义 ( $\chi^2 = 70.508$ ,  $P = 0.000$ ,  $r^2 = 0.747$ )。MPV+PDW+PAIg 联合检测 AUC 为 0.836, 特异度为 91.1%, 均高于单独检测, 与 MPV+PAIg 及 PDW+PAIg 联合检测相比 AUC 较高, 特异度和灵敏度基本一致。

**结论** MPV 及 PDW 用于 aITP 骨髓巨核细胞成熟障碍的诊断存在不足, 联合 PAIg 检测能够提高诊断效能。

## PU-3145

## The effect and the molecular mechanism of miR-29b-3p regulating HuR in AML cells

Qian Zhang, Xindi Lin, Xiaomeng Fu, Jinyuan Zheng, Donghong Lin  
Fujian Medical University

**Objective** 1 To preliminarily analyze the expression level and association of miR-29b-3p and HuR in AML cells and to screen the experimental cell lines. 2 To investigate the influence of lentivirus mediated miR-29b-3p overexpression on HuR and its effect on biological function. 3 To explore the potential molecular mechanism on biological influence of HuR via miR-29b-3p regulating in AML cells.

**Methods** 1 The expression of miR-29b-3p and HuR in 6 AML cell lines were detected by RT-qPCR and Western blot, using PBMC of 10 healthy volunteers as normal control. The correlation between them was analyzed by Spearman. 2 Constructed lentivirus vector with overexpression of miR-29b-3p, the expression of miR-29b-3p was identified by RT-qPCR. Changes of HuR mRNA and protein were detected by RT-qPCR and Western blot. Changes of cell proliferation, cycle distribution, apoptosis, migration and invasion were respectively analyzed by MTS assay, clonal formation assay, DNA ploidy assay, Annexin V-PE/7-AAD double staining assay and transwell assay. 3 The binding sites of miR-29b-3p and HuR was predicted by different biological online softwares, and confirmed by dual-luciferase reporter gene assay. 4 The effect of upregulation of miR-29b-3p on NF- $\kappa$ B localization expression was detected by cell immunofluorescence assay. The expression of p65, I $\kappa$ B $\alpha$  and their phosphorylated proteins, Bcl-2 and Bax was analysed by Western blot.

**Results** **1** Compared with control group, the expression of miR-29b-3p was down-regulated among 6 AML cell lines, while the HuR mRNA and protein levels were both up-regulated. Spearman analysis showed that there were significantly correlated between miR-29b-3p and HuR on mRNA level. K562 and U937 cells were identified as follow-up experimental cell lines. **2** After overexpression of miR-29b-3p, miR-29b-3p was up-regulated both in K562 and U937 cells, the mRNA and protein of HuR in K562 and U937 cells were suppressed, and attenuated in vitro proliferation and clonal formation ability as well as invasion and migration ability, blocked G0/G1 phase and stimulated apoptosis. **3** The relative luciferase activity of miR-29b-3p co-transfected HuR wild type group was significantly decreased. **4** Immunofluorescence assay indicated that p65 in miR-29b-3p group was decreased, Western blot show that the p65 was significantly reduced in total cell, cytoplasmic and nuclear, and p-p65 was significantly reduced in nuclear. **5** After up-regulation of miR-29b-3p, p-p65 and p-IkB $\alpha$  in K562 and U937 cells as well as the ratio of p-p65/p65 and p-IkB $\alpha$ /IkB $\alpha$  were significantly declined. **6** After up-regulation of miR-29b-3p, the expression of Bcl-2 protein was decreased, Bax expression was increased, and the Bcl-2/Bax ratio significantly decreased in K562 and U937 cells.

**Conclusions** HuR is a direct downstream target of miR-29b-3p in AML cells. MiR-29b-3p regulates the post-transcriptional expression of HuR by inhibiting the NF- $\kappa$ B signaling pathways and the proliferation and cycle differentiation of AML cells, inducing apoptosis and attenuating in vitro ability of invasion and migration. It is possible that miR-29b-3p/HuR/NF- $\kappa$ B axis regulates the malignant biological behavior of AML cells, which may provide a new potential target for AML treatment.

## PU-3146

### Comparison of upper and lower airway samplings for detection of respiratory viruses and Mycoplasma pneumonia in hospitalized children

Guohu Hong

The First Affiliated Hospital of Xiamen University

**Objective** Adequate specimen collection is essential to the diagnosis of respiratory tract infections (RTIs). Nasopharyngeal swabs (NPS) has been increasingly collected from children, yet its role in diagnosis of lower LRTs remains to be elucidated.

**Methods** Paired specimens of upper (NPS) and lower (sputum or bronchoalveolar lavage fluid samples, SBALF) airways were collected from 242 hospitalized children. The specimens were subject to a multiplex PCR assay for pathogen detection. In total, 225 pathogens were identified in 163 NPS specimens, and 250 were identified in 180 SBALF specimens. About 86.4% specimens yielded consistent results.

**Results** McNemar test suggested that these two specimen collections were significantly different in pathogen detection ( $P = 0.005$ ), while the Kappa statistics indicated substantial agreement ( $\text{Kappa} < 0.8$ ,  $P < 0.05$ ). For detection of any virus, the sensitivity of SBALF was higher than NPS (91.2% vs. 82.1%,  $P = 0.04$ ).

**Conclusions** It could be concluded that NPS was not a preferred specimen for diagnosis of lower LRTs.

PU-3147

## 凝缩蛋白 NCAPH 在非小细胞肺癌中的功能研究

熊秋霞<sup>1</sup>,段勇<sup>1</sup>

1.昆明医科大学第一附属医院

2.昆明医科大学第一附属医院

**目的** 肺癌是严重危害人类健康与生命的恶性肿瘤之一，其发病机制和治疗新靶点的挖掘一直是研究热点。我们前期通过 CVAA 新方法筛选出一系列肿瘤相关新基因，如凝缩蛋白家族成员 NCAPH 等，NCAPH 在肿瘤特别是非小细胞肺癌(NSCLC)中是否具有重要的作用尚不清楚，本研究就是围绕这一关键科学问题开展。

**方法** 将靶向 NCAPH 的 shRNA 序列转染进 A549, H460, SPC-A-1, H1975 细胞中，利用肿瘤 TCGA 等网络数据库分析，肿瘤细胞增殖、迁移和裸鼠移植瘤等实验方法，分子生物学方法和生化等研究手段。

**结果** NCAPH 在非小细胞肺癌（NSCLC）的肿瘤组织中高表达，且与生存期呈负相关性。而通过荧光定量 PCR 和 western blot 方法检测发现，NCAPH 在 NSCLC 肿瘤细胞系中也高表达。在肿瘤细胞系中抑制 NCAPH 的表达，显著抑制 NSCLC 肿瘤细胞的增殖、迁移和裸鼠移植瘤形成能力。同时，抑制 NCAPH 表达后抑制了自噬通路相关基因（ATG7, ULK1 和 AGCG2）和干细胞干性相关基因（CD133, NANOG, OCT4 和 SOX2）的表达。提示 NCAPH 有可能通过自噬通路影响 NSCLC 肿瘤干细胞的功能，进而影响肿瘤的发生发展。

**结论** NCAPH 将来有望成为 NSCLC 的临床诊断或治疗的新靶点。

PU-3148

## Mis-judgement of a patient with Diffuse Large B-cell Lymphoma and the influence of uncapped-statue time on APTT mixing study

Hong Wang, Yiling Huang

Jiangsu Province Hospital

**Objective** The results of APTT mixing study provide information about clotting factor deficiency or the presence of inhibitors. The aim of this study is to investigate the influence of uncapped-statue time on the interpretations of APTT mixing study.

**Methods** A patient with Diffuse Large B-cell Lymphoma (DLBCL), who was triple-positive of antiphospholipid antibodies, was reported because of the misdiagnosis of the presence of factor VIII inhibitor indicated by the APTT mixing study. Further detection of plasma pH values, factor V activities and factor VIII activities was conducted according to various uncapped-statue times.

**Results** Plasma pH values gradually increased with the longation of uncapped-statue time from 30min to 120min. While factor V and factor VIII activities changed in the opposite trend. As the result of the unparallel loss of factor activity at capped or uncapped statue, the bias occurred when assess the APTT result and interpretation of Incubated Mix. The DLBCL patient was mis-judged with factor VIII inhibitor when the uncapped-statue time were 60min and 120min.

**Conclusions** Uncapped-statue may, to some extent, impact the interpretation of APTT mixing study.

## PU-3149

## 南京地区不同人群尿液中 Vc 含量调查 及其对隐血结果的影响

梁涵瑜,王黎

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 调查南京地区不同人群尿液中的 Vc 含量,分析 Vc 含量对尿干化隐血结果的影响,为临床提供准确结果。

**方法** 分析 2018 年 11 月本院尿常规 Vc 含量结果,统计 Vc 阳性结果百分比,并区分人群;选取临床标本配置成浓度为 100g/L 的 Hb 原液,稀释为 8 个浓度梯度的 Hb 溶液(1000 $\mu$ g/ml,100 $\mu$ g/ml,10 $\mu$ g/ml,1 $\mu$ g/ml,0.5 $\mu$ g/ml,0.2 $\mu$ g/ml,0.1 $\mu$ g/ml,0.05 $\mu$ g/ml),每个浓度分成三管,每管 10ml,分别加入 0mg、20mg、40mgVc,上机检测,记录隐血等级。

**结果** 体检健康人群、门诊患者、普通住院患者、肿瘤患者、老年患者中 Vc 阳性比例占各自人群的 9.33%、7.31%、5.40%、9.01%、8.10%;当 Vc 含量超过 1+,即 2mg/ml 时,对尿干化试纸隐血结果产生抑制,随着 Vc 含量的增加,抑制效果更明显。

**结论** 老年患者和肿瘤患者等重症患者尿液中 Vc 阳性百分比较高,对尿液隐血结果存在抑制,尤其是轻微出血。

## PU-3150

## 52 例不同轻链型多发性骨髓瘤免疫表型分析

苏荣<sup>1</sup>,黎观霞<sup>2</sup>

1.佛山市中医院,528000

2.广东医学院医学检验学院

**目的** 探讨不同轻链型的多发性骨髓瘤细胞形态及细胞免疫表型的特点。

**方法** 采用多参数流式细胞仪直接免疫荧光技术,以 CD45/SSC 配合 CD38<sup>+</sup>/CD138<sup>+</sup>联合设门,对 52 例多发性骨髓瘤患者的骨髓细胞进行 CD38、CD138、CD19、CD56、CD117、CD200 标记检测,并进行骨髓细胞形态学检查。

**结果** 流式细胞分析应用 CD45 / SSC 配合 CD38 + /CD138 + 设门,证实多发性骨髓瘤患者可疑瘤细胞比例为 0.20%-52.9%,而在形态学检查中,发现骨髓瘤细胞比例为 5.0%-75.0%,但两种方法之间有良好的正相关性( $r^2=0.69$ ,  $P<0.01$ );在流式细胞分析中,发现免疫表型阳性表达比例分别为:CD38 为 100%(52/52),CD138 为 100%(52/52),CD19 为 9.62%(5/52),CD56 为 80.77%(42/52),CD117 为 40.38%(21/52),CD200 为 26.92%(14/52)。其中 CD56 在两种轻链型和不同免疫球蛋白种类彼此之间表达都有显著差异( $P<0.05$ )。

**结论** CD56 阴性的患者髓外病变发生率较高,其阴性的表达可作为临床对多发性骨髓瘤诊断和治疗指标之一,以期监测 MM 患者病情变化,指导临床用药,应用流式细胞术有助于临床对多发性骨髓瘤的诊断。

## PU-3151

## 大麻素受体-2 基因的敲除对 CCL4 诱导的小鼠肝纤维化的影响

龙翠珍<sup>1,2</sup>, 舒远辉<sup>1,2</sup>, 吴雅锋<sup>3</sup>, 何萍<sup>1,2</sup>, 周艳<sup>1,2</sup>, 谷俊莹<sup>1,2</sup>, 杨蕾<sup>1,2</sup>, 王豫萍<sup>1,2</sup>

1. 贵州医科大学附属医院临床检验中心

2. 贵州医科大学医学检验学院

3. 雅安市人民医院, 625000

**目的** 研究敲除大麻素受体-2 基因对 CCL4 诱导的小鼠肝纤维化肝组织  $\alpha$ -平滑肌肌动蛋白 ( $\alpha$ -SMA)、A20、磷酸化 NF-KBp65(p- NF-KBp65)表达及炎症因子白细胞介素 6 (IL-6) 和肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ ) mRNA 水平的影响。

**方法** 12 只 8 周清洁级 C57BL/6J 雄鼠随机分成野生型对照组、野生型模型组, 12 只大麻素受体-2 基因敲除小鼠随机分成大麻素受体-2 基因敲除对照组 (CB2<sup>-/-</sup>对照组)、大麻素受体-2 基因敲除模型 (CB2<sup>-/-</sup>模型) 组, 除对照组外, 其余两组用 30%CCl<sub>4</sub> 腹腔注射诱导肝纤维化模型, 每周 3 次, 每次 5ml/kg, 共 16 周, 对照组采用相同溶剂和方法; 16 周后, 摘取小鼠眼球留取血清检测天门冬氨酸氨基转移酶 (AST); 对肝组织石蜡切片采用苏木素-伊红 (HE) 染色及 masson 染色观察小鼠肝脏组织炎症情况及纤维化程度; Western blot 法分别检测肝组织 A20、p-NF-KBp65 蛋白表达水平; 实时荧光定量 PCR (RT-PCR) 法检测各组 IL-6 及 TNF- $\alpha$  mRNA 水平。

**结果** 1、与对照组相比, 模型组肝纤维化程度严重, 肝细胞大量坏死, 大量的炎症细胞浸润, 血清 AST 均明显升高; 与野生型模型组相比, CB2<sup>-/-</sup>模型组肝纤维化程度有所加重, 肝细胞坏死程度较重, 炎症细胞浸润增多, 血清 AST 相对升高。2、与对照组相比, 模型组肝组织 A20 蛋白水平有所升高,  $\alpha$ -SMA、p-NF-KBp65 蛋白水平明显升高, 炎症因子 IL-6、TNF- $\alpha$  mRNA 水平也相对升高; CB2<sup>-/-</sup>模型组较野生型模型组相比  $\alpha$ -SMA、A20、磷酸化 NF-KBp65 蛋白水平相对增高, 炎症因子 IL-6、TNF- $\alpha$  mRNA 水平均上升。

**结论** 大麻素受体-2 基因缺失能够促进小鼠肝纤维化肝组织肝星状细胞的活化, 通过上调 A20、p-NF- $\kappa$ B 蛋白水平, 促进炎症反应, 加重肝纤维化。

## PU-3152

## miRNA-338-3P 在肿瘤研究中的进展

陶清元<sup>1</sup>, 熊秋霞<sup>2</sup>

1. 云南省第二人民医院, 650000

2. 昆明医科大学第一附属医院

**目的** 微小 RNA (microRNA) 是一种广泛存在于动植物体内的短链非编码 RNA, 影响许多蛋白编码基因的表达, 通过与靶 mRNA 特异结合可以抑制靶 mRNA 翻译或降解 mRNA, miRNA 是多细胞生物中一类丰富的基因调控分子, 影响许多蛋白编码基因的表达, 参与调控许多基本的细胞行为如细胞分化、增殖、生长、迁移、凋亡, 以及致癌作用或促进癌症发生。随着近年来肿瘤发病率的日益增高, miRNA 与肿瘤的关系成为研究热点, 其可作为肿瘤诊断、治疗及预后的标志物。本文通过对近年来 miR-338-3p 在肿瘤研究中最新进展进行归纳梳理, 阐明了 miR-338-3p 与多个信号通路中的关键分子发生作用。

**方法** 本文综述了 miR-338-3p 在多种肿瘤组织及细胞株中的功能和 miR-338-3p 与临床诊断、治疗和预后的关系

**结果** miR-338-3p 通过调控多个肿瘤基因以及多个信号通路等影响肿瘤的进展、侵袭及预后

**结论** miR-338-3p 通过有望成为肿瘤早期诊断的指标。

## PU-3153

## Ursolic acid Reverses Paclitaxel Resistance by targeting miRNA-149-5P/MyD88 in Breast Cancer

fenfen xiang, Yan Fan, Zhenhua Ni, Qiaoli Liu, Zhaowei Zhu, Zixi Chen, Rong Wu, Xiangdong Kang  
Putuo District Central Hospital, Shanghai

**Objective** Paclitaxel (PTX) is widely used in the front-line chemotherapy for breast cancer, but resistance limits its use. MyD88 was reported to be associated with PTX sensitivity in breast cancer and we found that Ursolic acid (UA) could regulate the expression of miR-149/MyD88. The objective of this study was to investigate the reversal effect of UA on PTX resistance in breast cancer.

**Methods** The 231 and 231/PTX cells were infected with lentivirus carrying MyD88 gene, shRNA to MyD88, miR-149 mimics and miR-149 inhibitor respectively. The paclitaxel sensitivity was assessed by CCK-8. Real time PCR and Western blots were used to measure the mRNA and protein expression changes. Flow cytometry was used to measure the cell apoptosis. Luciferase activity assay was used to detect the bind site of miR-149 and MyD88 3'UTR. 231/PTX cells was suspended at a concentration of  $3 \times 10^7$ /mL and injected a 100  $\mu$ L cell into the flank of female athymic nude mice, and the mice was randomized into 5 groups with PBS, PTX (low), PTX (high), UA and PTX +UA.

**Results** UA could reverse PTX resistance of breast cancer in vivo and vitro. In 231/PTX cells, the expression of MyD88 was significantly higher and the miR-149 was significantly lower than the 231 cells. After the treatment of UA, the expression of MyD88 was decreased and the miR-149 was increased significantly, also, the apoptosis was increased and the proliferation was inhibited significantly of the 231/PTX cells. Further, overexpression of miR-149-5p and downexpression of MyD88 could increase the sensitivity of 231/PTX cells to PTX, and miR-149-5p could directly regulate the transcriptional activity of MyD88 by targeting MyD88 3'UTR. And Knockdown of MyD88 increased the sensitivity of 231/PTX cells to paclitaxel treatment through the inhibition of activation of NF- $\kappa$ B via PI3K/Akt signal pathway.

**Conclusions** Our data indicated that UA could reverse PTX resistance by targeting miRNA-149-5P/MyD88 via PI3K/Akt pathway in breast cancer.

## PU-3154

## 三种 VCA-IgA 抗体检测试剂的应用评价

胡晓敏<sup>1</sup>, 汪怀周<sup>2</sup>

1. 南方医科大学南方医院, 510000

2. 上海长海医院

**目的** 对比德国欧蒙 (A 试剂)、万泰凯瑞 (B 试剂)、北京新兴四寰 (C 试剂) 的 EB 病毒衣壳抗原 IgA 抗体 (VCA-IgA) 检测试剂在鼻咽癌诊断中的应用价值。

**方法** 收集经长海医院病理确诊为鼻咽癌的鼻咽组血清 70 例, 非鼻咽癌的头颈部疾病患者血清 32 例, 其他恶性肿瘤患者血清 32 例, 以及健康体检组血清 46 例。用欧蒙、万泰、北京新兴四寰 VCA-IgA 抗体检测试剂对该 180 份血清样本进行检测, 比较使用这三种试剂对血清样本的检测结果以评价其在鼻咽癌诊断中的价值。三种试剂检出阳性率的比较用卡方检验。绘制三种试剂检测结果的 ROC 曲线, 并对曲线下面积行 Z 检验比较。

**结果** A、B、C 三种试剂的灵敏度和特异性分别是 75.7% 和 83.6%, 68.6% 和 76.4%, 81.4 和 57.3%, ROC 曲线下面积分别是 0.79, 0.72, 0.69。比较三组试剂所有标本的阳性检出率, A 和 B 之间无统计学差异 ( $\chi^2 = 0.11$ ,  $P > 0.05$ ), A 和 C 之间差异有统计学意义 ( $\chi^2 = 20.90$ ,  $P < 0.001$ ), B 和 C 之间差异有统计学意义 ( $\chi^2 = 14.50$ ,  $P < 0.001$ )。三组试剂 ROC 曲线下面积

比较, A 和 B 差异有统计学意义 ( $Z=2.389$ ,  $P<0.05$ ), A 和 C 差异有统计学意义 ( $Z=2.899$ ,  $P<0.05$ ), B 和 C 之间无统计学差异 ( $Z=0.750$ ,  $P=0.453$ )。

**结论** 欧蒙 VCA-IgA 抗体检测试剂在鼻咽癌诊断中具有较高的灵敏度和特异性, 适合临床使用。万泰试剂的阳性检出率与欧蒙试剂相近, 北京新兴四寰试剂的阳性检出率最高但特异性最低。

## PU-3155

# The functional and mechanistic studies of miRNA-133b and its target NCAPH in NSCLC

Qiuxia Xiong, Yong Duan

The First Affiliated Hospital of Kunming Medical University; Yunnan Key Laboratory of Laboratory Medicine; Yunnan Institute of Experimental Diagnosis

**Objective** Lung cancer is the leading cause of cancer related deaths worldwide, and characterizing the underlying mechanisms or identifying potential novel biomarkers for NSCLC is very important. By applying a new method called Cross-Value Association Analysis (CVAA) in TCGA solid tumor database, our previous work had identified many tumour related novel genes, such as condensin family member NCAPH. Previously, we compared and analyzed the expression profiles of microRNAs in lung adenocarcinoma tissues and adjacent tissues obtained from the First Affiliated Hospital of Kunming Medical University in Yunnan Province. 76 differentially expressed microRNAs were screened in lung adenocarcinoma tissues of Xuanwei. At the same time, 36 pairs of lung adenocarcinoma tissues (cancer and adjacent to cancer) confirmed the differentially expressed candidate microRNAs. The results showed that the same downstream gene NCAPH was targeted by microRNA-133b, and its expression was significantly down-regulated in non-small cell lung cancer tissues. The survival time of patients with low expression of microRNA-133b was shorter. Because of the numerous downstream target genes of microRNAs, up to now, there have been some sporadic studies on the function of microRNAs-133b in tumors, mostly focusing on functional identification, and the main target genes of microRNAs also focus on key molecules regulating cell cycle and apoptosis. We carried on a series of studies to investigate the role of miR-133b in the development and progression of non-small cell lung cancer.

**Methods** Molecular biological and biochemical methods, such as construction of vectors, proliferation and migration of tumor cells in vitro, construction of double luciferase reporter vectors, etc.

**Results** Compared with the normal control cell line (BEAS-2B), the expression of microRNA-133b was lower in lung cancer cell lines (A549, H460, SPC-A-1, H1975, etc.). Bioinformatics analysis showed that microRNA-140-3p, microRNA-338-3p and microRNA-133b were all targeted to the same gene: NCAPH. Further, the double luciferase reporter method confirmed that microRNA-133b could directly target NCAPH 3'-UTR also inhibits the transcriptional expression of NCAPH; we have found that NCAPH is highly expressed in NSCLC tumor cells and tissues, and inhibiting its expression can significantly inhibit the proliferation of cells; importantly, over-expression of miR-133b inhibits the activity of lung cancer stem cells and down-regulates the activity of Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathway. Therefore, we preliminarily conclude that the low expression of microRNA-133b in non-small cell lung cancer patients promotes the up-regulation of NCAPH expression, thereby activating the Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathway, promoting the self-renewal and proliferation of lung cancer stem cells and the progress of lung cancer. miRNA-133b was identified to be downregulated in the cancerous cell lines, tissues and exosomes isolated from peripheral blood in cancer patients. Furthermore, we found that over-expression of miRNA-133b or NCAPH knockdown in NSCLC A549 cells inhibited cancerous cell proliferation and migration. We also found that NCAPH high expression in NSCLC tumor tissue. Interestingly, we provided evidences showing miR-133b overexpression or NCAPH depletion decreased cancerous cell stemness marker genes expression and Wnt/ $\beta$ -catenin signaling



pathway, indicating that miRNA-133b targeting to NCAPH regulates NSCLC progression possibly through regulating lung cancer stem cells in a Wnt/b-catenin dependent mechanism.

**Conclusions** miR-133b is expected to become a new target for clinical application of NSCLC.

## PU-3156

### 尿路感染病原体分布特征及耐药性分析

毕佳琦

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 了解南方医院 2019 年 1 月中段尿细菌、真菌培养结果阳性标本中的主要致病菌分布及其耐药性,为临床合理、规范使用抗菌药物提供参考。

**方法** 于 2019 年 1 月对南方医院中段尿标本进行细菌培养,分离病原菌进行细菌鉴定和药敏试验。用 BD-Phoenix100 自动微生物分析仪进行细菌鉴定,用 K-B 法进行药敏试验。对大肠杆菌和肺炎克雷伯菌进行 ESBLs 筛选和确认试验,并进行数据分析。

**结果** 在分离的 96 株病原菌中,革兰阳性菌 21 株 (21.8%),革兰阴性菌 65 株 (67.7%),真菌 10 株 (10.4%)。以大肠埃希菌 (50.0%)、粪肠球菌 (11.4%)、肺炎克雷伯菌 (5.2%) 及屎肠球菌 (6.2%) 为主。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (ESBLs) 比例分别为 54.2% 和 40.0%。其中,革兰阳性菌敏感率较高的为替考拉宁、万古霉素、呋喃妥因。革兰阴性菌耐药率较低的为亚胺培南、美罗培南、阿米卡星。真菌耐药性均较低。

**结论** 泌尿系感染仍以女性为主,以免疫力低下人群为主,致病菌以革兰阴性菌为主,革兰阴性菌又以大肠埃希菌为主。临床医生应以药敏结果作为参考,合理用药。

## PU-3157

### 泉州地区 MRSA 的临床流行和耐药特征分析

张建明,陈敬仁,曾雪萍,林玉玲,陈晓婷,宋瑞雅

泉州市第一医院,362000

**目的** 探讨泉州地区耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 的临床流行和耐药特征,为临床治疗耐甲氧西林金黄色葡萄球菌感染提供用药参考。

**方法** 收集泉州市第一医院近三年分离的金葡萄菌株和药敏鉴定结果以及患者个案资料,分析 MRSA 的临床分布、标本来源、抗菌药物耐药情况。

**结果** 从临床标本分离出的 1370 株致病金黄色葡萄球菌中,共分离出耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 282 株,金黄色葡萄球菌主要分离自痰液标本、伤口分泌物标本及脓液标本,分别占 38.5%、18.3%、及 10.6%,MRSA 菌株主要检自痰液标本 38.7%,高于脓液标本标本的 18.0% 及静脉全血的 7.4%;临床科室分布中,儿科以检出率 18.9% 高居榜首,而外科和 ICU 分别以检出率 11.1%、10.1% 次之;所有菌株均对万古霉素、甲氧苄啶和利奈唑胺敏感。菌株对青霉素、苯唑西林、氨苄西林及头孢西丁的耐药率均为 100%。对呋喃妥因的耐药率也高达 80%。

**结论** 本研究所调查的耐甲氧西林金黄色葡萄球菌主要引起患者呼吸道感染、皮肤及软组织创伤感染或血液感染,且对常规抗菌药物具有较高耐药性形势严峻。

## PU-3158

## miR-140-3p 和 miR-338-3p 对肺癌细胞增殖、凋亡、侵袭的影响及机制研究

熊秋霞,段勇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 肺癌是严重危害人类健康与生命的恶性肿瘤之一,其发病机制和治疗新靶点的挖掘一直是研究热点。前期,本课题组对云南昆明医科大学第一附属医院获得的肺腺癌组织及邻近组织中 microRNAs 的表达情况进行了比较分析。在宣威市肺腺癌组织中筛选出 76 个差异表达的微 RNA。同时,在 36 对肺腺癌组织(癌和癌旁组织)证实了候选微 RNA 的差异表达。通过研究筛选得到的差异表达的 miR-140-3p 和 miR-338-3p 对肺癌细胞系 A549 和宣威肺癌细胞的增殖、凋亡、侵袭行为的影响,确定这两个 miRNA 在非小细胞肺癌(NSCLC)发生发展中的功能。

**方法** 通过转染 hsa-miR-140-3p、miR-338-3p 至肺癌细胞 A549 和宣威肺癌细胞,定量 PCR 检测转染效率后,针对过表达 miR-140-3p、miR-338-3p 组及 NC 组 A549 和宣威肺癌细胞,利用 MTT 法检测细胞增殖,流式检测细胞周期及凋亡,Tanswell 法检测细胞侵袭能力。

**结果** miR-140-3p 和 miR-338-3p 的表达水平在肿瘤组织中低表达。转染 hsa-miR-140-3p、miR-338-3p mimic 至肺癌细胞 A549 和宣威肺癌细胞中,过表达 miR-140-3p、miR-338-3p 可以显著抑制肺癌细胞的增殖、影响细胞周期、促进肺癌细胞凋亡以及抑制肺癌细胞迁移。

**结论** miR-140-3p、miR-338-3p 能影响 A549 和宣威肺癌细胞增殖、凋亡、侵袭行为且具有一定的临床意义,为将来基于 miR-140-3p、miR-338-3p 进行肺癌临床诊断、预后判断及分子靶向治疗提供新的思路 and 理论依据

## PU-3159

## AutolumiS 3000 全自动微粒子化学发光检测仪样本管理系统的的设计与应用

袁晓燕<sup>1</sup>,国东<sup>1</sup>,耿建利<sup>1</sup>,王晓伟<sup>2</sup>,黄忠义<sup>1</sup>,鞠义<sup>1</sup>,王明义<sup>1</sup>

1.威海市立医院,264200

2.威海威高生物科技有限公司

**目的** 建立 AutolumiS 3000 微粒子化学发光检测仪的样本管理系统,完善自动化样本检测流程。

**方法** 通过对计算机信息技术、条形码技术、人机交互技术的综合分析,以实现 AutolumiS 3000 样本管理系统的开发及应用。

**结果** 成功研制出适用于 AutolumiS 3000 的样本管理系统,该系统通过具有图形交互的运行和调试软件 AutolumiS 3000,可支持分析仪的自动进样、样本架识别、关联测试、自动重测功能。基于自反馈的 ETH-CAN 通讯前端检测装置,设计出了新型的发光仪通讯模式,将 LIS 系统与整机控制相结合,使整机运行流畅,提升测速至 240 测试/小时。

**结论** AutolumiS 3000 样本管理系统的应用,简化了操作步骤和实验室工作流程,提高实验室工作效率。且与 LIS 的互联可实现数据同步,给医生及患者的报告查询提供了便利,临床应用前景良好。

PU-3160

## 静脉采血与患者沟通技巧

李倩倩

山东大学第二医院,250000

**目的** 让患者更好的顺利采血

**方法** 一、注重衣帽整洁 戴好帽子口罩 和口罩给人以端庄感,在操作时熟练而敏捷、利落干脆。

二、体现对患者的高度尊重:最重要一点称呼的使用。在称呼使用上,既要展现出医护人员的亲切与热情,又不能过于生活化,避免给患者造成一种‘套近乎’的感觉。尽量称患者为‘女士’或‘先生’,对于患者的问题,我们在回答时加入“您”或“请”等词语作为连接,在亲切度上会有更大的进步体现。静脉采血前需要对患者的姓名身份进行核对,在这时对患者称呼的适当选择,有利于促进双方关系的初步发展,推动患者在采血过程中的志愿配合。

三、语言技巧的沟通:沟通的必备要素是要善于倾听。患者在采血过程中,经常会有各种各样的问题,向采血人员提出问题,例如采血会不会疼,采血之后能不能洗澡,采血后多长时间取结果,这些问题对于采血人员来说是基本常识,但对于患者来说却都是不了解的事项。针对这些疑问,我们要细心的倾听,也许它们对于我们不重要,但对患者而言,它们都是与其健康状况相关的紧要事项。在我们回答问题时,我们要做出通俗易懂的回答,用我们常用的语言代替专业术语,为这些简单问题-有针对性的说明、分析使得患者对采血行为的理解加深。对采血后的各种情况放心。

**结果** 静脉采血过程中遇到的问题:

1、医护人员自身问题:医护人员采血过程出现的操作不熟练.临时情况处理不当都会引起患者的不满。

2、患者自身的问题:患者来医院就诊,其内心往往是少花钱,取得足够的治疗,希望得到医院的高度尊重。

**结论** 采血过程非常顺利,避免与患者发生纠纷,得到患者认可。

PU-3161

## LncRNA SNHG16 promotes epithelial-mesenchymal transition via down-regulation of DKK3 in gastric cancer

Zhou Chunhuan<sup>1,2</sup>, Juanjuan Zhao<sup>1,2</sup>, Juanjuan Liu<sup>3</sup>, Sixi Wei<sup>1,2</sup>, Ying Xia<sup>4</sup>, Wansong Xia<sup>2</sup>, Ying Bi<sup>1,2</sup>, Zhiqiang Yan<sup>5</sup>, Hai Huang<sup>1,2</sup>

1.Center for Clinical Laboratories, The Affiliated Hospital of Guizhou Medical University, Guiyang, China

2. Department of Clinical Biochemistry, School of Clinical Laboratory Science, Guizhou Medical University, Guiyang, China

3.Department of laboratory medicine, Hunan University of Medicine, Huaihua, Hunan, China

4.Department of Clinical Laboratory, The First Hospital Attached to Guiyang College of Traditional Chinese Medicine, Guiyang, China

5.Department of Gastrointestinal Surgery, The Affiliated Hospital of Guizhou Medical University, Guiyang, China

**Objective** Recent studies have shown that long noncoding RNAs (lncRNAs) have profound impacts on cancer development. In our previous study, we have confirmed that lncRNA small nucleolar RNA host gene 16 (SNHG16) is associated with poor prognosis and malignant phenotype of gastric cancer (GC). However, the biological function of lncRNA SNHG16 is still unclear. Here, we aimed to investigate the mechanisms underlying the roles of SNHG16 in GC.

**Methods** The HGC-27 and AGS cells were transfected with the si-SNHG16 or scrambled control si-NC to observe the effects of SNHG16 knockdown about epithelial-mesenchymal transition (EMT) and invasion in vitro, as detected by western blot and transwell assays. Furthermore, the rescue experiment, which were co-transfection of sh-SNHG16 and si3-DKK3 into HGC-27 and

AGS cells, was performed to explore the correlation between SNHG16 and DKK3 in EMT by western blot assay. In addition, SNHG16 and DKK3 expression levels in GC tissues and their paired adjacent tissues were detected by qRT-PCR assay.

**Results** SNHG16 knockdown could inhibit EMT and invasion in HGC-27 and AGS cells. Moreover, the SNHG16 knockdown-induced inhibition of EMT was reversed by co-transfection of sh-SNHG16 and si3-DKK3 into HGC-27 and AGS cells. In addition, SNHG16 was found to be upregulated whereas DKK3 was downregulated in tumor tissues compared with adjacent normal tissues. Meanwhile, SNHG16 and DKK3 expressions were negatively correlated in clinical GC tissues.

**Conclusions** SNHG16 was involved in the EMT and invasion of GC cells. Moreover, SNHG16 may promote EMT via down-regulation of DKK3 in GC. SNHG16 might be used as a putative biomarker for metastatic prediction in GC patients.

## PU-3162

### 乳腺癌组织中 CXCR7 和 NF- $\kappa$ B 表达与乳腺癌发生及淋巴结转移的关系

袁成良

德阳市人民医院,618000

**目的** 讨论趋化因子受体 7 (chemokine receptor 7, CXCR7) 和核转录因子- $\kappa$ B (nuclear factor kappa B, NF- $\kappa$ B) 的表达与乳腺癌的发生和淋巴结转移之间的关系

**方法** 2014 年 1 月至 2016 年 12 月, 通过我院病理确诊为乳腺癌的 80 例样本, 选取其肿瘤组织和肿瘤边缘 2 cm 处的正常乳房组织分别作为实验组和对照组。采用免疫组化方法检测乳腺癌组织中 CXCR7 和 NF- $\kappa$ B 的表达, 并与癌旁组织进行比较, 分析其与乳腺癌组织的临床病理特征, 如肿瘤大小、TNM 分期、淋巴转移等因素的联系

**结果** CXCR7 和 NF- $\kappa$ B 均在乳腺癌组织中高表达, 阳性率明显高于癌旁正常组织, 差异有统计学意义。CXCR7 和 NF- $\kappa$ B 的表达与乳腺癌的 TNM 分期和淋巴结转移有关, 与肿瘤的大小, 年龄, ER、PR 和 HER2 的表达无关

**结论** CXCR7 和 NF- $\kappa$ B 均与乳腺癌恶性程度和淋巴结转移有关, 可作为判断乳腺癌预后的重要指标, 有望成为治疗乳腺癌的新靶点之一。

## PU-3163

### AutolumiS 3000 化学发光分析仪加样系统的结构设计及介绍

刘海珠<sup>1</sup>, 刘鹏<sup>1</sup>, 姚继承<sup>2</sup>, 王晓伟<sup>2</sup>, 王明义<sup>1</sup>

1. 威海市立医院, 264200

2. 威海威高生物科技有限公司

**目的** 明确 AutolumiS 3000 化学发光分析仪加样系统的结构设计及介绍

**方法** 综述

**结果** 化学发光分析仪是临床实验室中常用的一种自动化检测仪器, 它减少了手工操作环节, 较大幅度提高了检验准确性和结果可靠性, 并加快检测速度, 缩短检测时间。自动加样系统作为化学发光分析仪的关键组成部分, 它对待测物及试剂加样精确程度直接影响分析标本的结果。本实验室通过对微量液体加样装置的工作原理进行分析, 最终设计出了适用于临床实验室诊断的 AutolumiS

3000 全自动微粒子化学发光分析仪微量液体精确加样装置, 该装置首次在液体加注过程中使用了微升级别的接触性方式和精密运动控制系统, 本文就该加样系统的结构做详细介绍。

**结论** 化学发光分析仪是临床实验室中常用的一种自动化检测仪器, 它减少了手工操作环节, 较大幅度提高了检验准确性和结果可靠性, 并加快检测速度, 缩短检测时间。自动加样系统作为化学发光分析仪的关键组成部分, 它对待测物及试剂加样精确程度直接影响分析标本的结果。本实验室通过对微量液体加样装置的工作原理进行分析, 最终设计出了适用于临床实验室诊断的 AutolumiS 3000 全自动微粒子化学发光分析仪微量液体精确加样装置, 该装置首次在液体加注过程中使用了微升级别的接触性方式和精密运动控制系统, 本文就该加样系统的结构做详细介绍。

## PU-3164

### 发热门诊患者的呼吸道病毒病原学分布 与统计学分析

张永轻,赵强,马艳宁,叶坤,杨继勇  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过对某院发热门诊的发热呼吸道症候群患者的呼吸道病毒感染情况进行调查, 以期获得北京地区发热呼吸道症候群病原谱及分布特点, 协助临床诊疗, 增强呼吸道病原的检测能力。

**方法** 收集符合发热呼吸道症候群症状(体温变化、白细胞变化、呼吸道症状)的患者标本及基本信息, 利用磁珠法提取病毒核酸, 对流感病毒、呼吸道合胞病毒、人偏肺病毒、鼻病毒等八种常见呼吸道病毒进行实时荧光定量 RT-PCR 检测, 并对得到的数据进行 SPSS 20.0 进行数据分析。

**结果** 通过对 1308 例标本病毒检测的结果进行统计学分析显示, 阳性标本 884 例, 阳性率为 67.4%; 其中流感病毒 829 例, 呼吸道合胞病毒 17 例, 鼻病毒 13 例, 人偏肺病毒 10 例, 腺病毒 4 例, 冠状病毒 4 例, 副流感 3 例, 分别占比 63.2%、1.30%、0.99%、0.76%、0.31%、0.31%、0.23%, 未见博卡病毒。病毒在不同年龄组的感染差异具有统计意义( $\chi^2=17.51$ ,  $P<0.05$ )。12-18 岁病毒检出率最高, 为 77.40%, 19-35 岁病毒检出率为 64.59%, 36-59 岁病毒检出率为 69.02%, 60 岁及以上病毒检出率为 57.93%。对于不同性别人群, 呼吸道病毒感染率差异不存在统计学意义。通过对某院发热门诊的发热呼吸道症候群患者的呼吸道病毒感染情况进行调查, 以期获得北京地区发热呼吸道症候群病原谱及分布特点, 协助临床诊疗, 增强呼吸道病原的检测能力。

**结论** 流感病毒是引起发热呼吸道症候群的重要病原体之一, 在今后的防控工作中流感病毒仍是防控的重点。

## PU-3165

### 红细胞体积分布宽度新型计算公式对地中海贫血和缺铁性 贫血鉴别诊断的价值

杨卓,甘勇,吴洁,伊洁,陈雨,杜娟,陈倩,王斐,吴卫  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 初步探讨利用血常规中红细胞参数的新型运算公式【 $(MCV^2 \times RDW - CV) / Hb \times 10$ 】对缺铁性贫血与地中海贫血进行鉴别诊断的实用价值。

**方法** 使用全自动血细胞分析仪 Advia 2120 对 68 例缺铁性贫血和 62 例地中海贫血样本的红细胞参数进行检测,  $\alpha$ -地中海贫血缺失型采用 GAP-PCR 法确诊,  $\alpha$ -地中海贫血点突变和  $\beta$ -地中海贫血采用 PCR-反向点杂交法确诊, 排除其他合并疾病。缺铁性贫血诊断标准:

小细胞低色素贫血：男性  $Hb < 120g/L$ ，女性  $Hb < 110g/L$ ， $MCV < 80 fl$ ， $MCH < 26pg$ ， $MCHC < 300g/L$ ，有明确的缺铁病因和临床表现，血清铁蛋白  $< 12\mu g/L$ 。统计数据采用 SPSS 软件进行 t 检验分析。

**结果** 地中海贫血组红细胞数值为  $(5.06 \pm 1.07) \times 10^{12}/L$ ，包含  $\alpha$ -地中海贫血标本 12 例， $\beta$ -地中海贫血标本 48 例， $\alpha$ -地中海贫血复合  $\beta$ -地中海贫血 2 例。缺铁性贫血组红细胞数值为  $(4.19 \pm 0.57) \times 10^{12}/L$ ，地中海贫血组的 RBC 数值高于缺铁性贫血组，两者具有统计学差异 ( $p=0.000$ )。采用两组变异差别较大的红细胞体积分布宽度百分比 (RDW-CV, 单位%)、平均红细胞体积 (MCV, 单位 fL) 和血红蛋白 (Hb, 单位 g/L) 参数，组合多种公式进行分析，结果发现采用公式  $[(MCV^2 \times RDW-CV) / Hb \times 10]$ ，地中海贫血组数值为  $86.02 \pm 39.87$ ，缺铁性贫血组数值为  $109.41 \pm 26.81$ ，地中海贫血组明显低于缺铁性贫血组，两者具有统计学差异 ( $P=0.015$ )。

**结论** 利用常规红细胞参数进行组合运算，有助于初步推导低色素小细胞性贫血的类型，对疾病的鉴别诊断和进一步临床处理具有重要的参考价值。

## PU-3166

### Autolumis3000 微粒子化学发光分析仪检测 HBsAg 的性能评价

邵淑丽, 丛海燕, 曲业敏, 耿建利, 孙胜波, 王明义  
威海市立医院, 264200

**目的** 评价新检测系统威高 autolumis3000 微粒子化学发光检测仪的分析性能。

**方法** 对威高 autolumis3000 的定量检测项目 HBsAg 的精密度、线性范围、符合率、携带污染率进行性能评价。

**结果** autolumis3000 检测 HBsAg 的批内精密度、批间精密度均小于 10%；线性验证实验中，回归方程为  $y = 1.0091X - 0.8472$ ，相关系数  $R^2 = 0.9975$ ，相关性良好；符合率：以雅培 i2000 结果为对照，该仪器临床检测阳性值符合率为 97%，阴性值符合率 100%，总符合率 98.4%；携带污染率 0.006%。以上各项均符合威高 autolumis3000 微粒子化学发光检测仪的性能要求。

**结论** autolumis3000 微粒子化学分析仪性能良好，用于乙肝表面抗原的检测可满足一般临床实验室检测要求。

## PU-3167

### 威高 AutolumiS3000 型全自动免疫分析仪检测丙型肝炎抗体的性能评价\*

孙梅<sup>1</sup>, 耿建利<sup>1</sup>, 曲业敏<sup>1</sup>, 王晓伟<sup>2</sup>, 姚继承<sup>2</sup>, 邵淑丽<sup>1</sup>, 孙胜波<sup>1</sup>, 王明义<sup>1</sup>  
1. 威海市立医院, 264200  
2. 威海威高生物科技有限公司

**目的** 评价威高 AutolumiS3000 型全自动免疫分析仪对丙肝抗体(抗-HCV)的分析性能评价。

**方法** 收集住院及门诊患者的血清标本 119 份，其中无反应性样本 40 例、有反应性样本 59 例以及确诊样本 20 例，依据国家卫生行业标准《临床定性免疫检验重要常规项目分析质量要求》(WST494-2017)的要求，以丙型肝炎为检测项目，对检测抗-HCV 的精密度、检出限、阴阳性符合率等性能进行验证试验。

**结果** 检测抗-HCV 的批内及批间精密度(CV%)均符合要求；室间质量评价(EQA)留样再检测符合率为 100%；检出限为 0.15 NCU；阴阳性符合率为 100%；检测抗-HCV 无反应性、吸光度值比临界值(S/CO)  $\geq 8.0$  样本结果与 i2000 的符合率为 100%，S/CO 为 1.01~4.0 和 4.01~8.0，样本结果的

符合率为 13.3%和 55.6%；22 例抗-HCV 反应性标本重组免疫印迹试验(RIBA)确证结果：确认阳性 3 例，不确定 8 例，其余为阴性。

**结论** AutolumiS3000 分析系统检测抗-HCV 的分析性能良好，能满足临床需求，适用于临床标本的常规检测，对于弱阳性样本，建议进行补充实验来明确诊断。

#### PU-3168

### PLC $\epsilon$ 基因在 30 例膀胱移行细胞癌中的表达及其临床意义

张彦懿

成都市第三人民医院,610000

**目的** 探讨 PLC $\epsilon$ (phospholipase C epsilon)基因在膀胱移行细胞癌(transitional cell carcinoma of the bladder, TCCB)中的表达及其与 TCCB 病理分期分级之间的关系。

**方法** 采用 RT-PCR 法检测 TCCB 组织及相应癌旁组织中 PLC $\epsilon$  的表达，并分析 PLC $\epsilon$  mRNA 表达是否与肿瘤分期分级存在关系。

**结果** TCCB 中 PLC $\epsilon$  mRNA 表达水平明显高于相应癌旁组织( $P < 0.01$ )，PLC $\epsilon$  的 mRNA 表达水平与 TCCB 临床分期有关( $P < 0.05$ )，但与病理分级无关( $P > 0.05$ )。

**结论** PLC $\epsilon$ mRNA 在 TCCB 中表达明显增高，且与临床分期相关，推测 PLC $\epsilon$  在 TCCB 的发生发展中有重要作用，可作为诊断 TCCB 的新靶标。

#### PU-3169

### Comparison of gene mutation spectrum of thalassemia in different part of China and Southeast Asia

Zhuo Yang, Quexuan Cui, Wenzhe Zhou, Ling Qiu, Bing Han

Chinese Academy of Medical Sciences, Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Compare gene spectrum of  $\alpha$  and  $\beta$ -thalassemia in northern and southern China in our group, and compared our data with the largest meta-analysis in southern China, and data from Southeast Asian countries. The results may help to understand the similarities and differences of people from different area and different ethnic groups.

**Methods** During 2012 to 2017, suspected thalassemia people were detected for common  $\alpha$  and  $\beta$ -thalassemia mutations by gap-PCR and reverse dot blot (RDB) analysis in Peking Union Medical College hospital (PUMCH). 1059 people who carried thalassemia genes were analyzed retrospectively. We picked mutated individuals with northern identity card numbers and conducted telephone follow-up survey in order to collect their ancestral information. Besides, we used 'thalassemia', 'mutation', and Southeast Asian countries as keywords to search potential related studies in PubMed and EMBASE.

**Results** All carriers included in our study resided in northern China. Among them, 17.3% were native northerners and 82.7% were immigrants from southern China. Although significant difference was found between our data and data from the meta-analysis literature of southern China in both  $\alpha$  and  $\beta$ -thalassemia, we also found some similarities between them. Similar gene mutation spectrum were found between Malaysia Chinese and Guangdong people, while other ethnic people in Southeast Asia had totally different gene spectrum from that of Chinese people.

**Conclusions** Chinese People originated from north may have lower percentage of  $\alpha$ -thalassemia mutations. Chinese people in different area had similar gene mutation profile and Chinese people had significantly different gene spectrum from other ethnic people in Southeast Asia.

## PU-3170

### 泉州市第一医院 360 株结核分枝杆菌耐药情况分析

清,张志珊

福建医科大学附属泉州第一医院

**目的** 调查泉州市第一医院 2016-2018 年 360 株结核分枝杆菌的耐药情况,为临床制定合理的抗结核化疗方案提供依据。

**方法** 采用美国 BD 公司 BACTEC MGIT 960 系统对 360 株临床分离的结核分枝杆菌进行 4 种一线抗结核药物乙胺丁醇 (E)、链霉素(S)、利福平(R)和异烟肼(I)的药敏试验;采用赛默飞 Sensititer® 结核分枝杆菌药敏板对 2018 年 30 株耐多药结核菌 (MDR-TB) 进行对氨基水杨酸(PAS)、氧氟沙星(OFL)、莫西沙星(MOX)、卡那霉素(KM)、乙硫异烟胺(ETH)、环丝氨酸(CYC)、阿米卡星(AM)和利福布汀 (LM) 8 种二线抗结核药物的药敏试验,测其药敏 MIC 值,数据通过 Excel 2003 软件统计。

**结果** 360 株结核分枝杆菌总耐药率 33.6%,初始耐药率为 21.6%、获得性耐药率为 62.9%、单耐药率 11.9%、耐多药率 18.3%;对 4 种一线抗结核药物耐药率依次为 E (9.4%)、R (20.0%)、S (20.2%)、I (26.7%)。30 株耐多药菌株对 8 种二线抗结核药物耐药率依次为 OFL (63.3%)、RFB (63.3%)、MOX (23.3%)、CYC (23.3%)、PAS (16.7%)、ETH (10.0%)、AM (6.7%)、KM (6.7%),目前尚未发现广泛耐药结核菌 (XDR-TB)。

**结论** 本院结核分枝杆菌的耐药总体水平较低,但耐多药耐药率水平较高,故进行常规结核分枝杆菌培养及开展一、二线抗结核药物药敏试验,为临床制定合理的防治方案提供参考与依据;定期对结核分枝杆菌药敏数据进行统计、整理、分析,对于分析结核病的传播具有重要的流行病学意义。

## PU-3171

### CircHMGCS1 promotes Hepatoblastoma cell proliferation by regulating IGF signaling pathway and glutaminolysis

Ni Zhen, Ji Ma, Jiabei Zhu, Qiuhui Pan

1. Department of Clinical Laboratory Medicine, Shanghai Children's Medical Center, School of medicine, Shanghai Jiaotong University

**Objective** Hepatoblastoma, a cancer that originates from stem cells and hepatic epithelial progenitor cells, is a malignant embryonal hepatic neoplasm frequently occurring in infants and toddlers, and it accounts for approximately 80% of pediatric cancers. Circular RNAs (circRNAs), a novel class of endogenous RNAs, have been recently shown to participate in cellular development and several pathophysiological processes. The identification of dysregulated circRNAs and their function in cancer have attracted considerable attention. Nevertheless, the expression profile and role of circRNAs in human hepatoblastoma (HB) remain to be studied. In this report, we analyzed the expression profile of circRNAs in HB tissues, identified circHMGCS1 (3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA synthase 1; hsa\_circ\_0072391) as a remarkably upregulated circRNA and revealed the biological function and molecular mechanism of circHMGCS1 in hepatoblastoma.

**Methods** The expression profile of circRNAs in HB tissues were investigated through circRNA sequencing analyses. Highly expressed circRNAs in hepatoblastoma were selected according to log2FC, and verified by real-time fluorescent quantitative PCR. PARIS kit was used to detect the



cellular localization of circHMGCS1. ISH and qRT-PCR assays were performed to measure the expression level of circHMGCS1. The proliferation ability of treated hepatoblastoma cells in vitro and in vivo were detected by colony formation assay and xenograft tumors assay. The effect of knocking down circHMGCS1 on the apoptosis of hepatoblastoma cells were evaluated by flow cytometry. Untargeted metabolomics assay was used to evaluate the effect of knockdown circHMGCS1 on the metabolism of hepatoblastoma cells. MRE analysis and dual luciferase assay were performed to explore the underlying molecular mechanisms. Western blotting assay was used to detect the protein levels in treated hepatoblastoma cells.

**Results** We identified a total of 3395 circRNAs that were differentially expressed (fold-change $\geq 2.0$ ) between 5 paired hepatoblastoma and matched normal tissues. Among 3395 circRNAs, 2737 circRNAs were upregulated and 658 were downregulated in hepatoblastoma tissues compared with normal tissues. CircHMGCS1, a 331-bp circRNAs which is formed by circulation of exon 5 and exon 6 of the HMGCS1 gene, is significantly upregulated in hepatoblastoma. Hepatoblastoma patients with high circHMGCS1 expression have shortened overall survival. Knockdown of circHMGCS1 inhibits HB cells proliferation and induces apoptosis. CircHMGCS1 serves as a sponge for several miRNAs, such as miR-153-3p, miR-490-5p, miR-503-5p and miR-615-3p and that miR-503-5p directly targets IGF2 and IGF1R, and affects the downstream PI3K-Akt signaling pathway to regulate HB cell proliferation and glutaminolysis. What's more, IGF2 is also highly expressed in hepatoblastoma and is a potential diagnostic and prognostic biomarker for hepatoblastoma patients. CircHMGCS1 expression is positively correlated with IGF2 expression.

**Conclusions** In summary, this study reveals the expression profile of circRNAs in hepatoblastoma. A number of differentially expressed circRNAs in hepatoblastoma compared to normal tissues were identified. CircHMGCS1 is significantly increased in HB and correlates with high serum AFP levels and a poor prognosis in hepatoblastoma patients. This study also revealed that circHMGCS1 exerts promoting effect on HB cells proliferation and survival by sponging tumor suppressor miR-503-5p to activate IGF2/IGF1R-PI3K-Akt signaling pathway and promote glutaminolysis. This study suggests that circHMGCS1 has considerable potential to act as a diagnostic and prognostic biomarker for hepatoblastoma patients and may be a therapeutic target.

## PU-3172

# GENE SPECTRUM ANALYSIS OF THALASSEMIA CARRIERS RESIDING IN NORTHERN CHINA

Zhuo Yang, Wenzhe Zhou, Quexuan Cui, Ling Qiu, Bing Han  
Chinese Academy of Medical Sciences, Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Detect and compare gene mutation spectrum of thalassemia carriers residing in northern China, and compare our data in provinces of different elevations. The results may help to understand the similarities and differences of people who reside in the north China but originate from different areas.

**Methods** Positive patients or carriers were analyzed from 2136 suspected  $\alpha$  and  $\beta$ -thalassemia carriers who were referred to Peking Union Medical College Hospital from 2012 to 2017 for diagnosis. Gap-PCR and RDB (reverse dot blot) analysis were applied for detections of common  $\alpha$  and  $\beta$ -thalassemia gene mutations. Basic clinical data from these patients or carriers were collected. Telephone follow-up survey was conducted on their ancestral information, to confirm whether these northerners have southern lineage.

**Results** A total of 1059 carriers (male 299, female 760, age range from 0 to 82 years, mean age 30.2 years) were selected from north dweller, 183 (17.3%) of them with pure northern descent in three generations and the rest 876 (82.7%) carriers with south descent. Most of our people with positive thalassemia gene findings had no or mild symptoms. People who originated from the north origin had higher percentage of  $\beta$ -thalassemia gene mutations compared with people from

the south origin (72.8% vs 62.4%,  $\chi^2=9.92$ ,  $P=0.001$ ). Analysis of the individual gene distribution of the south and north did not show significant difference either in  $\alpha$ -thalassemia ( $P=0.221$ ) or  $\beta$ -thalassemia ( $P=0.979$ ). Differences between gene distributions in provinces with similar average altitudes were relatively small. No significant statistical differences in the frequency of  $\alpha$  mutation were found in different altitude levels. But in  $\beta$  thalassemia, the frequency of 6 most common mutations were significantly different in provinces with altitude below 500 meters, about 500-1000 meters, and above 1000 meters ( $\chi^2$  test,  $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Most of people with positive thalassemia gene findings who reside in the north China are thalassemia carriers. People with north lineage may have higher frequency of  $\beta$  mutation than those originated from the south, but they had similar spectrum of  $\alpha$  and  $\beta$  mutations. People lived at different level of altitudes may have different spectrum of  $\beta$  mutations.

## PU-3173

### AutolumiS 3000 全自动化学发光测定仪的保养 及常见故障分析

曲业敏<sup>1</sup>, 耿建利<sup>1</sup>, 王晓伟<sup>2</sup>, 姚继承<sup>2</sup>, 邵淑丽<sup>1</sup>, 王明义<sup>1</sup>

1. 威海市立医院, 264200

2. 威海威高生物科技有限公司

**目的** 明确 AutolumiS 3000 全自动化学发光测定仪的保养及常见故障分析

**方法** 综述

**结果** 本文介绍了 AutolumiS 3000 全自动电化学发光分析仪日常保养及故障报警处理的经验。对仪器日常维护保养和保养过程中需要注意的问题, 以及在使用过程中出现故障的解决方法进行分析总结, 以期为同行排除相似故障提供一定的参考。

**结论** 本文介绍了 AutolumiS 3000 全自动电化学发光分析仪日常保养及故障报警处理的经验。对仪器日常维护保养和保养过程中需要注意的问题, 以及在使用过程中出现故障的解决方法进行分析总结, 以期为同行排除相似故障提供一定的参考。

## PU-3174

### 利用 CDIF 筛选平板联合 MALDI-TOF MS 质谱技术快速鉴定 粪便标本中艰难梭菌

陈荣

中国人民解放军总医院

**目的** 评估艰难梭菌鉴定培养基 (CDIF) 联合 MALDI-TOF MS 质谱技术快速鉴定粪便中艰难梭菌的应用价值。

**方法** 回顾性分析了该院 2008 年 5 月至 2018 年 12 月所有送检艰难梭菌粪便培养的阳性率、标本来源及检验报告时间 TAT。期间分三个时间段采用了不同的培养和鉴定的方法, 分别是 CCFA 培养基联合 API 20A 鉴定, CCFA 培养基联合 MALDI-TOF MS 质谱技术及 CDIF 培养基联合 MALDI-TOF MS 质谱技术。

**结果** 采用 CDIF 培养基联合 MALDI-TOF MS 质谱技术的检出率显著高于另两种方法 ( $P < 0.05$ ); CDIF 培养基联合 MALDI-TOF MS 质谱技术检测临床粪便标本, 阳性检验的报告时间百分 67.74%集中在三天以内。

**结论** CDIF 培养基联合 MALDI-TOF MS 质谱技术为艰难梭菌感染的实验室快速诊断提供了新的选择。

## PU-3175

**mTORC1 is required for thymic epithelial function and lineage fate decision.**

Hongxia Wang, Yurong Qiu

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** To understand the critical role of mTORC1 in the thymopoiesis**Methods** thymi were treated for TEC studies according to a published protocol with modifications []. Thymi were cut into 2 mm pieces and directly digested in 2 ml digestion buffer(250ul 10mg/ml collagenase type IV(Worthington), 40ul 50mg/ml DNase (Worthington) and 1.7ml free-FBS RPMI-1640) for 15 minutes in a 37 °C incubator with shaking at 265rpm, which was repeated two times after the first digestion. The collected cells were washed and filtered with 70 mm nylon mesh. Freshly made single cell suspension was immediately used for cell surface and intracellular staining and flow cytometry. Newborn and fetal thymi were treated similarly except that 500 ml of digestion buffer was used.**Results** We report here that the mechanistic target of rapamycin complex 1 (mTORC1) plays a crucial role in TEC differentiation and function. TEC specific deficiency of mTORC1 results in severe thymic atrophy, altered thymic architecture, striking reversal of normal mTEC to cTEC predominance to aberrant cTEC predominance, and drastic decreases of not only conventional abT cells but also regulatory T cells and iNKT cells. Additionally, ETP recruitment to thymus from absence of mTRC1 TECs is substantially reduced correlated with decreased thymotrophic chemokine expression in TECs.**Conclusions** In this report, we demonstrated that mTORC1 in TECs is pivotal for normal thymopoiesis and for thymus function as a cradle for T cell generation. Deficiency of mTORC1 in TECs results in severe thymic atrophy, decreases of TEC numbers, and failure to establish mTEC predominance over cTECs, leading to profound impairment in the generation of virtually all T cell lineages, including cabT, Treg, iNKT, and gdT cells. Furthermore, mTORC1 in TECs is not crucial for autoimmune disease developing.

## PU-3176

**m6A 甲基化修饰的环状 RNA 在结肠癌组织中的表达谱分析**

邝家宜

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 结肠癌 (colorectal cancer,CRC) 作为一种临床常见的恶性肿瘤, 患者早期症状不明显以及缺乏特异性高的早期诊断方法, 致使大多数患者被确诊时已是肿瘤晚期。近年来, 研究发现 m6A 甲基化修饰与肿瘤的发生发展有着一定的联系, 并且广泛存在与环状 RNA (circular RNA ,circRNA)。本研究主要对结肠癌组织中的差异表达 m6A 的环状 RNA 进行筛选, 希望能为结肠癌的诊断探索新思路。**方法** 首先收集 4 对结肠癌组织及癌旁组织, 提取总 RNA 后利用免疫共沉淀的方法富集样本中的 m6A 修饰的 RNA, 根据 Arraystar 超级 RNA 标记试剂盒扩增每个样本的 RNA 并转录成 cRNAs, 分别用 Cy5 和 Cy3 标记 cRNAs。将这些 cRNAs 组合在一起, 杂交到人环状 RNA 基因芯片上。冲洗后, 用安捷伦 G2505C 扫描仪对阵列进行双色通道扫描, 使用 Agilent Feature Extraction software (version 11.0.1.1)对采集到的基因芯片图像进行分析, 最后绘制聚类图进行分析。

**结果** 以  $|\text{Fold-change}| \geq 1.5$ ,  $P < 0.05$  为标准, 筛选出 534 个 m6A 甲基化相对丰度差异变化的环状 RNA, 其中 40 个为 m6A 甲基化相对丰度上调, 494 个为 m6A 甲基化相对丰度下调, 筛选出 98 个 m6A 甲基化修饰比例差异变化的环状 RNA, 13 个为 m6A 甲基化修饰比例上调, 85 个为 m6A 甲基化修饰比例下调。

**结论** 筛选出 534 个甲基化相对丰度差异变化的环状 RNA 和 98 个甲基化修饰比例差异变化的环状 RNA, 这些环状 RNA 具有作为结肠癌诊断标志物的潜力, 为进一步验证实验奠定基础。

## PU-3177

### 鲍曼不动杆菌中的双组份信号传导系统

陈荣  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 为了在各种各样的环境中生存, 细菌必须感应繁多的外界信号并随之作出反应, 其中一个最基本的途径就是通过双组分信号传导系统通路。典型的双组份信号结构包括一个接收输入刺激的组氨酸激酶和一个引起细胞生理相应改变的反应蛋白。组氨酸激酶和反应蛋白作用有固定的模块形式, 分为信号输入, 磷酸基转移和输出反应。双组分信号传导系统是细菌感应外界环境并作出反应的重要途径, 作为耦联环境改变与细胞生理改变的一种策略在细菌中广泛存在。在几乎所有已测序的细菌中都可找到这些信号蛋白, 大部分种属的细菌编码几十个甚至有时几百个双组分蛋白, 他们在大量的基因筛查研究中被发现, 并显示其对种类繁多的信号和应激源起反应。

#### 方法

- 1 信号在 TCRs 中的传递过程
- 2 典型的 TCRs 系统由感受蛋白组氨酸激酶和反应蛋白组成
- 3 TCRs 在自然界生命体中的分布
- 4 鲍曼不动杆菌中双组份信号传导系统

**结果** 双组份调控系统与鲍曼不动杆菌的药物敏感性、动力、被膜形成能力、菌体形态、毒力等密切相关。

**结论** 双组份调控系统与鲍曼不动杆菌的药物敏感性、动力、被膜形成能力、菌体形态、毒力等密切相关。

## PU-3178

### RAD51 regulates CHK1 stability via autophagy to promote cell growth in esophageal squamous carcinoma cells

Nan Huang, Fenyong Sun  
Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**Objective** In the study, we aimed to investigate the functions and mechanisms of homologous recombination repair factor RAD51 in regulating the expression of protein kinase CHK1 in esophageal squamous tumorigenesis and to provide a better molecular target for precise diagnosis and treatment of esophageal squamous tumor patients.

**Methods** Real-time PCR and immunohistochemistry assays were firstly used to detect the expression of RAD51 in esophageal squamous tumor tissues; then, to study the biological roles of RAD51 in esophageal carcinogenesis (EC), cells transfected with siRNAs against RAD51 were subjected to colony formation assays and MTT assays in vitro; Moreover, EC cells infected with shRNA against RAD51 (shRAD51) or nonspecific sequence (shCon.) were subcutaneously injected into the nude mice to further confirm the roles of RAD51 in EC cell growth in vivo. Afterwards, EC cells overexpressed with different domains of RAD51 were put into western

blotting assays to test the expression of CHK1. Besides, immunoprecipitation assays were also employed to explore the exact interaction domains of CHK1 on the RAD51 protein. Using the autophagy flux analysis and western blotting assays, we analyzed the role of RAD51 in autophagy.

**Results** We find that RAD51 is highly upregulated in esophageal squamous tumor tissues and its DMC1 domain significantly promotes cell growth of EC cells through CHK1. In the presence of 3-methyladenine (3MA), an autophagy inhibitor, we find that the reduction of CHK1 and the inhibition of cell growth in RAD51 deficient EC109 cells are strikingly restored. Subsequently, the autophagy related experimental data reveal that RAD51 negatively participates in autophagy. Moreover, results from in vitro clonogenic survival assays show that autophagy inhibitors 3MA and hydroxychloroquine (HCQ) significantly inhibits the survival of cells. Contrarily, RAD51 interruption enables EC cells to survive from these inhibitors treatments.

**Conclusions** Our studies firstly highlight a direct role of RAD51 in autophagy process and characterize its functional domain in cell growth regulation. Moreover, our data firstly shed insights into the possible application of autophagy inhibitors in treating RAD51 overexpressed EC patients.

## PU-3179

### 引起耳道感染的铜绿假单胞菌的流行病学分析

叶丽艳

解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京解放军总医院耳鼻喉外科耳道感染患者标本中分离的铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*, Pae) 的人群分布、生物膜产生情况以及耐药情况等流行病学特征, 为临床提供重要依据。

**方法** 用 Vitek MS 质谱仪进行细菌鉴定, 药敏实验采用纸片扩散法(K-B 法)或 Vitek 2 compact 全自动细菌鉴定药敏仪, 按 CLSI2016-M100 的标准进行药敏结果分析, 用结晶紫染色法对铜绿假单胞菌检测生物膜并对生物膜形成能力进行判定。

**结果** 2013-2017 年北京解放军总医院共收集到与耳道感染相关的铜绿假单胞菌 106 株, 各年龄段均有检出; 形成生物膜的菌株占 80.2%, 复发病例分离株中可形成生物膜菌株比例 (81.25%) 高于未复发病例分离菌株 (78.57%); 不同生物膜形成能力的菌株抗生素敏感率没有明显差异, 产膜菌株的亚胺培南、头孢他啶和左氧氟沙星比未产膜菌株敏感性略高; 复发组与未复发组菌株的抗生素敏感性没有明显差异, 复发组的头孢他啶、亚胺培南、美罗培南、左氧氟沙星、哌拉西林、氨曲南和头孢哌酮/舒巴坦的抗生素敏感率稍高于未复发组; 11.1mmol/L 葡萄糖可促进生物膜的形成, 15μg/ml 壳聚糖季铵盐对生物膜的形成有一定抑制作用。

**结论** 引起耳道感染的铜绿假单胞菌生物膜形成能力较强, 生物膜的形成与疾病复发有一定的关系; 降低血糖浓度及使用壳聚糖季铵盐凝胶对抑制生物膜形成有一定的作用。

PU-3180

## 长链非编码 RNA AL109955.1 在结直肠癌中的表达及临床意义

李宁,王传新  
山东大学第二医院,250000

**目的** 结直肠癌（CRC）是全球癌症相关死亡率的主要原因。长链非编码 RNA 在人类基因组中普遍表达，并已被证实与癌症进展密切相关。在我们的研究中，我们旨在调查长链非编码 RNA AL109955.1 在 CRC 中的表达和临床相关性。

**方法** 通过分析癌症基因组图谱（TCGA）以鉴定 CRC 组织和非癌组织之间差异表达的 lncRNA。然后，我们检查了显著差异表达的 lncRNA 与 CRC 组织，细胞系和外周血清外泌体中 CRC 结果的相关性。进行了一系列生物化学和分子生物学测定，以阐明 CRC 中感兴趣的 lncRNA 的功能机制。

**结果** 通过 TCGA 数据分析结直肠癌患者于正常组织的表达水平，我们发现长链非编码 RNA AL109955.1 在癌组织中显著降低且与不良预后显著相关，通过 88 对组织验证，可发现长链非编码 RNA AL109955.1 在组织中显著低表达，通过分离结直肠癌患者于健康人血清外泌体，提取其 RNA 对长链非编码 RNA AL109955.1 进行检测发现，其可作为结直肠癌潜在的生物学标志物，ROC 曲线分析可得，曲线下面积为 0.7276，95%可信区间为 0.6672 - 0.7879

**结论** 长链非编码 RNA AL109955.1 在结直肠癌患者血清外泌体中低表达，可作为结直肠癌患者不良预后的潜在生物标志物

PU-3181

## 北京某三甲医院沙门菌属的流行及耐药现状

叶丽艳  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 了解北京某医院临床标本中分离的沙门菌属的分布和耐药情况，为临床治疗提供重要依据。

**方法** 采用 VITEK MS 质谱仪或 VITEK 2 Compact GN 进行细菌鉴定，并用沙门菌属诊断血清进行血清型凝集，药敏试验采用纸片扩散法(K-B 法)或 VITEK 2 COMPACT 全自动细菌鉴定药敏仪,按 CLSI2016-M100 的标准进行药敏结果分析。

**结果** 2008-2016 年我院自临床标本分离到沙门菌属菌株 146 株，以粪便标本为主（42.47%），其次是静脉血（33.56%），在检出时间分布上以 5 月至 10 月检出较多，另外 12 月份也较高；沙门菌属的病例主要来自门诊急诊患者（26.03%），各年龄段均有检出，以成人为主；沙门菌属的血清型主要是肠炎沙门菌，以 C、D 群血清型为主。沙门菌属总体对大部分抗菌药物较敏感，未检出耐碳青霉烯类抗生素的沙门菌属，对喹诺酮类抗生素的耐药率小于 10%，对阿米卡星的敏感性高达 99.31%，对哌拉西林/他唑巴坦的敏感率达到 95.14%。

**结论** 沙门菌属是引起腹泻病的一种重要致病菌，耐药率较低，临床抗生素的选择应以药物敏感性试验为依据，喹诺酮类抗生素可作为沙门菌属的经验用药选择

## PU-3182

## Association Between TP53 Gene Codon72 Polymorphism and Leukemia risk: a meta-analysis

郑沁,张禾,刘超男,栗军  
四川大学华西医院,610000

**目的** In this study, our aim was to investigate the association between TP53 gene Codon72 polymorphism in peripheral blood and leukemia susceptibility.

**方法** To explore a more precise estimate of the effect of the polymorphism on leukemia, a meta-analysis was performed by searching in OVID, EBSCO, Pubmed, CNKI, and CBM from January 1990 to January 2018. we identified 6 papers within 9 case-control studies (1,102 cases and 4395 controls in all), performing both the overall meta-analysis and subgroup meta-analysis based on ethnicity, source of controls and leukemia types.

**结果** Overall, there are evidence which was observed between TP53 genotypes and leukemia risk in these genetic types (G vs. C: OR=0.96, 95%CI=0.85-1.10; GG vs. CC: OR=1.02, 95%CI=0.80-1.29; GC vs. CC: OR=0.79, 95%CI=0.67-0.94; GC vs. GG: OR=1.2, 95%CI=1.02-1.60). Stratified analysis also detected significant association in some subgroup, except in the group of ALL among the subgroups of leukemia types.

**结论** In conclusions, the allele Pro(GG) and Arg(CC) of TP53 Codon72 were significantly associated with increased leukemia susceptibility (AML, CML, CLL), except for ALL.

## PU-3183

## 类风湿关节炎患者血清自身抗体与炎性因子关系研究

吴思宇  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 通过比较类风湿关节炎 (RA) 患者血清中自身抗体 (RF、ACPA 以及 ANA) 阳性组与阴性组白细胞介素-10 (IL-10)、白细胞介素-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ )、白细胞介素-6 (IL-6) 和肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ ) 的水平变化, 探讨 RA 患者血清中产生的自身抗体是否对其炎性因子的水平有影响。

**方法** 收集 2017 年至 2019 年间本院接收的 172 例 RA 患者作为研究组, 同时取同期于本院进行健康体检的 58 例健康人群作为对照组。观察两组炎性因子的差异, 并分析自身抗体 (RF、ACPA 以及 ANA) 阳性组与阴性组中 IL-10、IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  的变化。采用 SPSS 21.0 软件对数据进行统计分析。

**结果** RA 患者血清中炎性因子 IL-6、IL-1 $\beta$  和 TNF- $\alpha$  水平均显著高于对照组; 在自身抗体 RF 阳性组、RF 和 ACPA 同时阳性组、ANA 阳性组和抗 Ro-52 阳性组, 其血清中 TNF- $\alpha$  水平显著高于其相应自身抗体阴性组。

**结论** RA 患者血清中 IL-6、IL-1 $\beta$  和 TNF- $\alpha$  表达均显著增高, 且血清中自身抗体的水平可能影响血清中 TNF- $\alpha$  水平, 两者之间存在一定的相关性。

## PU-3184

## The practical approach to Enhance the efficiency of Emergent laboratory

Jiaying Wang, Ying Zhao, Dayong Mao, JiCai Zhang

Department of Clinical laboratory, Taihe hospital, Hubei University of medicine

**Objective** Emergent biochemical laboratory placed the critical status in all sections of clinical laboratory department. it shows the significant function in quickly and exactly diagnose. Enhance the efficiency of Sample transportation, Staff ability and Machine performance play a key role in all diagnose flow.

**Methods** Three methods are adopted in practical working: first, the specific web-Sample transportation centre is constructed for entire samples transfer. The centre staffs have the responsibility for distinguish the samples between the emergent and no urgent and then send them into the suitable section. Second, staff professional ability should cultivate annual in analyse result and deal with the accidental trouble. Also The diagnose time is shorten by the way of increasing frequency about clinical communication and learning. 3: the biochemical engineer should monitor and assess the machine performance every week. machine problem should be solved immediately.

**Results** The ten thousand samples were diagnosed every month by the random choosing. from January to May 2019, according to the hospital document of biochemistry diagnose is that the diagnose time is less than 2 hours, the diagnose time percent get from laboratory information system, 53.38%, 55.05%, 55.89%, 55.91%, 60.06% are listed, the perfect is increased nearly seven point. following, The two hundred clinical contact forms are designed for investigating the satisfaction degree every month. As the result the doctor and patient satisfaction time percent is from 76% up to 85% in the past five months.

**Conclusions** For these common and practical approaches, diagnose time are limited in 2 hours, diagnose time percent upgrade new level. Survey from investigating forms, the doctor and patient get a satisfied attitude for the emergent biochemical analyse. Realize high efficiency of emergent biochemical diagnose. the trust feeling is received from the doctor and patient. Also, hospital get the perfect image from the social . It is also response to the requirements of precision medicine.

## PU-3185

## 血栓弹力图在病理产科中的研究进展

董雪梅, 叶萍

甘肃省妇幼保健院, 730000

**目的** 血栓弹力图(thrombelastography, TEG)是一种能从整体上动态评价凝血和纤溶过程的检测手段,能够真实、全面地反映妊娠期妇女凝血功能的变化。临床上常见的病理产科包括产后出血、羊水栓塞、妊娠高血压疾病、妊娠期糖尿病、妊娠期脂肪肝、HELLP综合征及各种栓塞性疾病等,均存在出血、栓塞等凝血功能紊乱。TEG在一定程度上可以弥补传统凝血实验室检查的不足,在少见且复杂的妊娠相关疾病的处理过程中,相比传统凝血实验室检查更敏感、有效,能为临床决策提供更为精准的评估凝血状态的指标,有利于对产科并发症起到早期诊断、早期治疗,在产科及产科并发症中有广阔的应用前景。

**方法** 血栓弹力图(TEG)检测技术于20世纪90年代中期引进我国并应用于临床研究,它是一种动态监测出凝血全过程的检测方法,可对凝血因子功能、血小板功能、纤维蛋白原功能及纤溶过程进行全面动态的监测与评估,具有一定的敏感性和特异性。血栓弹力图在一定程度上可弥补传统的凝血试验的不足。在过去的10年中,TEG被认为是一种特别适用于创伤,心脏外科大手术和肝移植患



者的检测项目,近年来逐渐应用到指导成分血输注以及管理围手术期出血与血栓风险的评估,本文就 TEG 在病理产科中的临床应用及研究进展综述。

**结果** 由于病理产科患者均存在不同程度的凝血功能异常甚至紊乱表现,快速的诊断同时对异常凝血进行快速的纠正对改善患者预后十分重要。

**结论** 在许多妊娠相关疾病的处理过程中,因 TEG 具有全面检测凝血过程等特点,使得其比传统凝血功能检测具有更直观、更具体的优点,能为临床评估凝血状态提供更为精准的指标,为临床医生快速有效的决策提供可靠数据,因此,在产科及产科并发症中有广阔的应用前景。但也有学者认为,TEG 存在一定的局限性,首先,TEG 检测是在体外小烧杯中进行,必须在 37°C 时检测,没有考虑血流及血管内皮对凝血的影响,无法监测到血小板和血管内皮所导致的凝血功能障碍,无法监测到接受了抗血小板治疗的患者。其次,和传统凝血实验类似,TEG 诊断凝血异常的阳性预测值低,阴性预测值较高,因此,异常 TEG 结果需紧密结合患者临床表现进行干预,这在临床应用中需要注意。我们也认为,TEG 与常规凝血检测的关系应该在临床上展开大量研究,希望随着今后对 TEG 研究的不断深入,能够得到更大范围的推广和应用。

## PU-3186

# Disordered intestinal microbes are associated with the activity of Systemic Lupus Erythematosus

Yao Li  
Southern medical university

**Objective** Intestinal dysbiosis is implicated in Systemic Lupus Erythematosus (SLE). However, the evidence of gut microbiome changes in SLE is limited, and the association of changed gut microbiome with the activity of SLE, as well as its functional relevance with SLE still remains unknown.

**Methods** Here, we sequenced 16S rRNA amplicon on fecal samples from 40 SLE patients (19 active patients, 21 remissive patients), 20 disease controls (Rheumatoid Arthritis patients), and 22 healthy controls, and investigated the association of functional categories with taxonomic composition by Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States (PICRUSt).

**Results** We demonstrated SLE patients, particularly those active patients, had significant dysbiosis in gut microbiota with reduced bacterial diversity and biased community constitutions. Among the disordered microbiota, the genera *Streptococcus*, *Campylobacter*, *Veillonella*, were positively correlated with lupus activity, while the genus *Bifidobacterium* was negatively associated with disease activity. PICRUSt analysis showed metabolic pathways were different between SLE and healthy controls, and also between active and remissive SLE patients. Moreover, we revealed that a random forest model could distinguish SLE from RA and healthy controls (AUC = 0.792), and another random forest model could well predict the activity of SLE patients (AUC = 0.811).

**Conclusions** In summary, SLE patients, especially the active patients, show an apparent dysbiosis in gut microbiota and its related metabolic pathways. Among the disordered microflora, 4 genera are associated with lupus activity. Furthermore, the random forest models are able to diagnose SLE and predict disease activity.

## PU-3187

**813 例不孕症患者支原体感染及其药物敏感性分析**

贾红岩

青岛大学附属医院崂山院区

**目的** 了解我院生殖医学科在排除其它因素导致的不孕不育症患者泌尿生殖道支原体感染及耐药情况，以指导临床合理用药。

**方法** 采用支原体培养、鉴定和药敏一体化试剂盒对 1724 例不孕不育症患者进行支原体培养及药敏试验。

**结果** 1724 例不孕不育症患者中检出支原体阳性共 813 例（47.16%），其中单纯解脲脲原体（Uu）感染 737 例（42.75%），单纯人型支原体（Mh）感染 18 例（1.04%），解脲脲原体（Uu）合并人型支原体（Mh）感染 58 例（3.36%）；强力霉素、美满霉素和克拉霉素对单纯 Uu 感染患者总有效率都>90%，交沙霉素为 88.87%；美满霉素和强力霉素对 Uu 和 Mh 混合感染患者总有效率>90%，交沙霉素则为 62.07%；美满霉素对单纯 Mh 感染患者总有效率为 100%，其次为强力霉素为 83.33%，交沙霉素为 61.11%。

**结论** 在排除其它因素引起不孕症患者中支原体感染患者占很高比率，但各地支原体体外药敏试验耐药率又不同，我院美满霉素和强力霉素可作为首选用药，但治疗须按照药敏试验结果。

## PU-3188

**Cyr61 decreases Cytarabine chemosensitivity in acute lymphoblastic leukemia cells via NF- $\kappa$ B pathway activation**

Xianjin Zhu, Yinping Cao

Fujian Medical University Union Hospital

**Objective** To investigate the role of Cyr61 in regulating ALL cell chemosensitivity to Cytosine arabinoside (Ara-C).

**Methods** Cyr61 levels in plasma and bone marrow (BM) from ALL patients were determined by enzyme-linked immunosorbent assay. The expression of Cyr61 in Jurkat (T ALL cell lines), Nalm-6 (B ALL cell lines), and bone marrow mononuclear cells from ALL patients were measured by real-time PCR and western blotting. Cell apoptosis was analyzed using an Annexin V-FITC and PI Double-Staining Kit. Activation of signal transduction pathways was determined by western blotting. Bcl-2 expression was analyzed by real-time PCR and western blotting.

**Results** Cyr61 was increased in plasma, bone marrow (BM), and bone marrow mononuclear cells from ALL patients as compared with samples from normal controls. Furthermore, we observed that increased Cyr61 effectively decreased Ara-C-induced apoptosis of ALL cells, and its function was blocked by the use of the anti-Cyr61 monoclonal antibody 093G9. Furthermore, Cyr61 increased the level of Bcl-2 in Ara-C-treated ALL cells. Mechanistically, it was shown that Cyr61 affected ALL cell resistance to Ara-C partially via the NF- $\kappa$ B pathway.

**Conclusions** Our findings support a functional role for Cyr61 in promoting chemotherapy resistance and suggest that targeting Cyr61 directly or its relevant effectors pathways may improve clinical responses in ALL.

## PU-3189

## 香港海鸥菌对第三代头孢菌素类抗生素的耐药分析

温淑娴,吴敏芝,冯东华,杨羚  
广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 头孢菌素类抗生素耐药的香港海鸥菌已被广泛报道,然而,目前仍缺乏香港海鸥菌对第三代头孢菌素类抗生素耐药的详细深入的研究。本研究旨在评估香港海鸥菌的第三代头孢菌素类抗生素的耐药率以及不同药敏试验结果的一致性。

**方法** 分别用纸片扩散法和微量肉汤稀释法测定 98 株香港海鸥菌(70 株来源于淡水鱼,28 株来源于蛙)的头孢曲松和头孢他啶的敏感性。药物敏感试验的结果解释根据第二十六版 CLSI 标准中肠杆菌科细菌的标准,以香港海鸥菌 HKU1 为标准菌株。当两种药敏试验的结果的敏感耐药程度相悖逆时,重复该菌株的药敏试验,且最终以微量肉汤稀释法的结果为准。评估香港海鸥菌的头孢曲松和头孢他啶的耐药率以及两种药敏试验结果的一致率。采用卡方检验用 SPSS 统计实验数据,以  $p < 0.05$  为有统计学差异。

**结果** 25 株香港海鸥菌同时对头孢曲松和头孢他啶敏感,而 12 株香港海鸥菌同时对头孢曲松和头孢他啶耐药。55 株香港海鸥菌对头孢曲松中介或耐药,但对头孢他啶敏感。6 株菌对头孢曲松耐药而对头孢他啶中介。鱼源株香港海鸥菌对头孢曲松的耐药率为 71.4%而蛙源株香港海鸥菌则为 7.1% ( $p=0.000$ )。鱼源株香港海鸥菌对头孢他啶的耐药率为 17.1%而蛙源株香港海鸥菌则全部对头孢他啶敏感( $p=0.046$ )。两种药敏试验结果的头孢曲松一致率为 36.7%,而头孢他啶则高达 75.5%。

**结论** 鱼源株香港海鸥菌对头孢曲松和头孢他啶的耐药率高于蛙源株。纸片扩散法和微量肉汤稀释法测定头孢曲松的敏感性的一致性较差,但测定头孢他啶的敏感性的一致性较高。

## PU-3190

血清 CEA、CA-724 及 CA-125 联合诊断胃癌  
及术后腹膜转移

贾红岩  
青岛大学附属医院崂山院区

**目的** 通过对在我院就诊病人血清 CEA、CA-724 及 CA-125 情况为联合诊断胃癌及术后腹膜转移提供依据。

**方法** 采用 2017-2018 年 89 例胃癌及术后有腹膜转移病人进行回顾性分析。

**结果** 转移患者血清 CEA、CA-724 及 CA-125 结果均高于无转移患者,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。三项指标中 CA-125 灵敏度最高为 75.2%,特异性为 83.6%,均为三者最高,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。联合诊断灵敏度可达到 92.8%,但特异性只达到 45.6%,有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 胃癌及术后腹膜转移病人单项指标 CA-125 灵敏性及特异性均较高,而三者联合诊断灵敏度最高,但特异性降低,值得参考。

## PU-3191

**申请试管婴儿妇女 TORCH 感染指标检测结果分析**

贾红岩

青岛大学附属医院崂山院区

**目的** 通过对在我院申请试管婴儿妇女 TORCH 感染指标筛查结果的分析, 为预防 TORCH 感染、优生优育和提高试管婴儿成功率等提供依据。

**方法** 采用化学发光免疫分析法对 2789 例申请试管婴儿妇女的血清进行弓形虫、巨细胞病毒、风疹病毒和单纯疱疹病毒特异性抗体 IgG 和 IgM 进行检测。

**结果** 实验结果表明申请试管婴儿的育龄妇女 RV-IgG、CMV-IgG 和 HSV(I+II)-IgG 所占比率均在 90% 以上, 尤其以 RV+CMV+HSV3 种混合 IgG 阳性为最高占 85.69%, 甚至有 4 种病原体 IgG 同时阳性所占比率为 0.93%; IgM 阳性所占比率不高, 但有 RV+CMV+HSV 三种同时感染的妇女存在所占比率为 0.11%。

**结论** 申请试管婴儿的育龄期妇女除弓形虫感染较低外, 其他 3 种病毒感染率很高, 对活动性感染应予以积极干预。

## PU-3192

**血清 CEA、NSE 和 CYFRA21-1 在肺癌诊断中的价值**

贾红岩

青岛大学附属医院崂山院区

**目的** 通过对在我院就诊病人血清 CEA、NSE 及 CYFRA21-1 情况为联合诊断肺癌提供依据。

**方法** 采用 2017-2018 年 108 例肺癌术后经病理确认病人进行回顾性分析, 并以该段时间 102 例肺部其它疾病患者进行对照。

**结果** 肺癌患者血清 CEA、NSE 及 CYFRA21-1 结果均高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 单项检测指标阳性检出率低于联合检测, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。三者联合检测灵敏度为 85.6%, 特异性为 57.3%。

**结论** 肺癌患者三项联合诊断灵敏度最高, 但特异性降低, 值得参考。

## PU-3193

**支气管扩张病人痰标本中分离 1 株拈烯诺卡菌  
(*Nocardia terpenica*)**

王艳芳,傅俊方,邓间开,黄莉,曹震,龙军,江凌晓

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 诺卡菌为革兰染色阳性需氧分枝杆菌。与人类致病最相关的以星形诺卡菌、巴西诺卡菌为主。本文报道从支气管扩张伴咯血病人痰标本中分离鉴定一株罕见诺卡菌--拈烯诺卡菌 (*Nocardia terpenica*)

**方法** 患者, 女, 56 岁, 广东云浮人, 支气管扩张伴咯血。患者咳嗽咳痰 40 余年, 咯血 20 余年, 加重 3 天, 无发热。左下肺闻及湿罗音, 双肺未闻及胸膜摩擦音。胸部螺旋 CT 平扫: 右肺中叶内侧段及左肺支气管扩张, 周围肺组织萎陷不张伴感染, 左肺下叶背段肺实变范围扩大。实验室检查: 血常规正常, 血沉 53mm/h, 降钙素原  $<0.05\text{ng/ml}$ , 隐球菌抗原阴性, 曲霉 GMI: 0.473 (阴性)。第一次送检痰涂片: 革兰染色见大量成团的丝状革兰阳性分枝杆菌, 抗酸和弱抗酸染色 (脱

色液改为 1%硫酸)为阳性,疑奴卡菌,但痰培养显示正常优势菌群生长。入院后使用头孢哌酮钠-他唑巴坦后,后续连续送检数次痰涂片革兰染色均查见革兰阳性分枝杆菌,呈直角分支,抗酸及改良抗酸染色阳性。35 度 5%CO<sub>2</sub> 培养 5 天后,可在血平板上见到微小、干燥菌落,皱褶,有“咬琼脂”现象,白色、银耳样。该菌在血平板、巧克力平板上生长缓慢。16S rRNA 基因测序结果显示:该菌与萆烯诺卡菌(*Nocardia terpenica*)相似度 99.2%。但 VITEK MS 不能鉴定该菌。经相应抗感染治疗后,病人症状好转后出院。

**结果** 诺卡菌为机会性致病菌,以星形诺卡菌、巴西诺卡菌为主。目前尚未见有萆烯诺卡菌引起肺部感染的文献报道。本病例中病人支气管扩张咯血,肺部存在明显结构性病变,为感染高危因素之一。但由于诺卡菌生长缓慢,虽然直接涂片时发现大量的诺卡菌菌丝,但初次培养时很容易被生长迅速的正常优势菌群覆盖,不易分离培养,造成分离培养阳性率低,给肺诺卡菌病的诊断和治疗造成困难。诺卡菌准确鉴定依赖 MALDI-TOF MS 和 16S rRNA 基因测序。目前 VITEK MS 可快速鉴定 15 种诺卡菌,目前不能用于萆烯诺卡菌的鉴定。因此,只能通过分子生物测序进行鉴定。

**结论** 对于生长相对缓慢的诺卡菌感染的早期诊断,应重视直接涂片和改良抗酸染色。当培养基中发现“咬琼脂”的白色干燥菌落时,应注意及时对原始标本进行抗酸和改良抗酸染色,并延长培养时间,以便及时发现诺卡菌,及早诊断和治疗,避免漏诊。罕见诺卡菌菌种的鉴定主要依赖测序,VITEK MS 可能无法鉴定。

## PU-3194

### 导致婴幼儿感染及再感染 A 组轮状病毒发查分析

贾红岩

青岛大学附属医院崂山院区

**目的** 对婴幼儿 A 组轮状病毒(RV)首次感染及再感染情况调查分析,为儿科医生提供相关依据。

**方法** 收集 2015—2018 年我院儿科门诊首次确诊的 214 例 RV 肠炎患儿的病史及实验室资料,年龄 0~5 岁,其中男 127 例,女 87 例,并以再感染患儿的性别、年龄、发病间隔、首次感染年龄与再感染情况评估发病风险。实验方法采用胶体金免疫层析法,检测腹泻患儿粪便来确定是否感染 A 组轮状病毒。

**结果** 2015—2018 年婴幼儿 A 组 RV 再感染率为 16.92%,1~3 岁婴幼儿是 A 组 RV 再感染发病的高峰群体,相比 1 岁以下组,OR=2.482, P<0.01;发病间隔 6 个月以上婴幼儿再感染风险高于发病间隔在 6 个月以下婴幼儿,OR=2.143, P<0.05;1 岁以下首次感染者的再感染风险高于 1 岁以上首次感染者,OR=2.643, P<0.01。

**结论** 0~5 岁婴幼儿容易发生 A 组 RV 再感染,1~3 岁为感染及再感染发病高峰期,初次感染年龄及感染后发病间隔期也是再感染的风险因素,需要注意询问病史,以获得更好的治疗效果及预期。

## PU-3195

### TRAb 与 TPOAb 的联合检测在鉴别 Graves 病和桥本甲状腺炎中的临床应用价值

张珂鑫,张莹

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 本实验通过分别检测 Graves 病患者和桥本甲状腺炎患者体内的 TRAb 和 TPOAb 的含量来评价这两种抗体在鉴别这两种疾病中的应用价值。

**方法** 采用化学发光法测定 Graves 病患者和桥本甲状腺炎患者体内 TRAb 和 TPOAb 抗体的水平, 结果进行比对分析。

**结果** Graves 病患者体内的 TRAb 含量显著高于桥本甲状腺炎组, 桥本甲状腺炎组的 TPOAb 含量显著高于 Graves 病组, 差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。

**结论** TRAb 是自身免疫性甲状腺疾病 Graves 病的特征性抗体, 对 Graves 病的诊断和与其他自身免疫性甲状腺疾病的区分有重要的意义。TPOAb 是桥本甲状腺炎的特征性抗体, 在诊断桥本甲状腺炎发挥了重要的作用。综上所述, TRAb 和 TPOAb 的联合检测在鉴别 Graves 病和桥本甲状腺炎中具有重要价值。

## PU-3196

### UF5000 全自动尿沉渣分析仪晨尿渗透压参考范围建立

顾怡, 沈文艳, 顾晓菁, 王峰娜, 沈薇, 李敏  
上海交通大学医学院附属仁济医院(东院), 200120

**目的** 尿液渗透压反映了肾脏的浓缩稀释功能, 但传统冰点法检测过于繁琐。我们选用晨尿, 建立 UF5000 全自动尿沉渣分析仪测定晨尿渗透压的参考范围, 为临床医生能通过晨尿渗透压评估患者肾脏浓缩功能提供参考。

**方法** 收集 2019 年 4~5 月我院体检中心尿常规检测的标本, 从中筛选出 5545 例尿比重为 1.015~1.025 的晨尿标本, 用 UF5000 全自动尿沉渣分析仪测定其尿渗透压, 使用 SPSS24 软件进行统计, 并用 1034 例尿比重为 1.015~1.025, 且尿干化学全部阴性的门诊住院患者的晨尿标本进行验证。

**结果** 5545 例体检中心患者晨尿的渗透压经正态性检验,  $P$  值  $< 0.05$ , 非正态性分布, 中位数 698mOsm/kgH<sub>2</sub>O (四分位距 IQR258mOsm/kgH<sub>2</sub>O), 根据百分位数 P10~P90 参考范围为 468~934mOsm/kgH<sub>2</sub>O。1034 例尿干化学全部阴性的门诊住院患者晨尿标本, 不考虑是否存在基础疾病, 直接对参考范围进行验证, 80.5%结果落在参考范围内, 中位数 691mOsm/kgH<sub>2</sub>O (四分位距 IQR271mOsm/kgH<sub>2</sub>O)。5545 例体检标本中男 3236 人, 女 2309 人, 60 岁以上 799 人, 60 岁以下 4745 人, 按性别统计,  $P$  值为 0.006, 有显著差异, 男性组中位数 701mOsm/kgH<sub>2</sub>O (四分位距 IQR261mOsm/kgH<sub>2</sub>O), 女性组中位数 694mOsm/kgH<sub>2</sub>O (四分位距 IQR258mOsm/kgH<sub>2</sub>O), 男性略高于女性。按 60 岁进行年龄组统计,  $P$  值  $< 0.05$ , 有显著差异, 老年组中位数 660mOsm/kgH<sub>2</sub>O (四分位距 IQR229mOsm/kgH<sub>2</sub>O), 年轻组中位数 704mOsm/kgH<sub>2</sub>O (四分位距 IQR264mOsm/kgH<sub>2</sub>O), 老年人尿渗透压要低于年轻组。

**结论** 我院 UF5000 全自动尿沉渣分析仪晨尿渗透压参考范围为 468~934mOsm/kgH<sub>2</sub>O, 与第四版操作规程 600~1000mOsm/kgH<sub>2</sub>O 较为接近。不同性别之间, 男性要略高于女性, 可能与女性膀胱容量小、且更注重喝水有关。60 岁以上人群晨尿渗透压低于年轻组, 说明肾脏浓缩功能随年龄增长而下降。各组间渗透压差异虽然有统计学意义, 由于渗透压参考范围较大, 分组设定实际临床意义有限。

## PU-3197

## 稳定表达 GRIK3 的乳腺癌 MDA-MB-231 细胞株的筛选及鉴定

吴伊雪

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 构建稳定表达 GRIK3 的乳腺癌细胞株 MDA-MB-231, 为研究 GRIK3 在乳腺癌中的生物学功能奠定基础。

**方法** 以非病毒质粒 3xFlag-GRIK3 为模板, PCR 扩增目的基因, 目的基因与慢病毒载体表达质粒进行重组连接, 重组质粒、包装质粒 psPAX2 以及包膜质粒 pMD2.G 共转染 293T 包装细胞, 48h 后收集细胞上清, 获得重组慢病毒, 将重组慢病毒感染乳腺癌 MDA-MB-231 细胞, 使用嘌呤霉素筛选稳定转染细胞株连续七天, 在荧光显微镜下观察绿色荧光蛋白 GFP 的表达情况以鉴定稳定表达目的基因细胞株, 采用实时荧光定量 PCR(q-PCR)和 Western blot 分别检测稳定表达细胞株及对照细胞中 GRIK3 的表达。

**结果** PCR 成功扩增出目的基因, 扩增后产物与慢病毒载体成功连接, 连接后的重组慢病毒载体经 DNA 测序鉴定插入基因序列正确。重组慢病毒质粒、包装质粒 psPAX2 以及包膜质粒 Pmd2.G 成功转染 293T 细胞, 收集的慢病毒能够成功转染 MDA-MB-231 细胞, 并且 GRIK3 稳定表达 MDA-MB-231 细胞株在显微镜下能够观察到明亮的绿色荧光。q-PCR 结果显示, 实验组的 mRNA 水平大约是对照组的 5 倍 ( $5.443 \pm 0.459$  VS  $1 \pm 0.152$  (均值 $\pm$ 标准差)), t 检验分析差异具有意义 ( $P < 0.01$ ), 并且 Western blot 结果显示, 稳定表达 GRIK3 细胞中 GRIK3 的蛋白水平高于对照组细胞 3 倍多 ( $2.502 \pm 0.092$  VS  $0.653 \pm 0.032$  (均值 $\pm$ 标准差)), t 检验分析差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 成功构建了重组 GRIK3 慢病毒载体, 并筛选出稳定表达 GRIK3 蛋白的 MDA-MB-231 细胞株, 为进一步探索 GRIK3 在乳腺癌发生发展中的机制奠定了基础。

## PU-3198

## NHDLc/ApoB 比值筛查Ⅲ型高脂蛋白血症

何咏芳

海军军医大学附属长海医院

**目的** 评估利用非高密度脂蛋白胆固醇 (Non-HDL Cholesterol, NHDLc) 与载脂蛋白 B (Apolipoprotein B, ApoB) 比值作为Ⅲ型高脂蛋白血症初筛试验的临床应用价值。

**方法** 回顾性研究分析 2018 年 1 月至 12 月在我院心血管内科就诊的 5690 位患者临床资料、生化血脂检查结果、血清蛋白电泳和 ApoE 基因分析情况。数据统计和分析采用 Graphpad®Prism 6 软件处理, 包括受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC 曲线), 数据显著性差异统计采用非参 Mann-Whitney 检验,  $P < 0.05$  认为有显著性差异。

**结果** 5690 位患者中男性占 60.0%, 女性占 40.0%, 年龄平均  $62.92 \pm 14.1$  岁, 总胆固醇平均  $4.28 \text{ mmol/L}$  (范围  $1.59 \sim 13.37 \text{ mmol/L}$ ), NHDLc/ApoB 比值平均 3.95 (范围  $2.26 \sim 17.06$ )。以 5.0 作为筛查Ⅲ型高脂蛋白血症 Cut-off 值, 共有 105 位, 去除非高脂血症患者还剩 36 位, 其中 16 位为急性心肌梗死患者或曾经患过急性心肌梗死, 结合血清蛋白电泳有 6 位患者可以明确诊断为Ⅲ型高脂蛋白血症, 即家族性异常  $\beta$  脂蛋白血症 (familial dysbetalipoproteinemia, FD), 没有一位接受 ApoE 等位基因检测。

**结论** III型高脂蛋白血症又名宽  $\beta$  疾病,  $\beta$ -脂蛋白不良血症, 它是一个独立疾病, 伴 VLDLS 分解代谢障碍, 导致 LDL 前体和中间体累积, 和 ApoE2 纯合突变相关。脂蛋白的电泳提示 LDL 迁移率, 而超速离心提示 VLDLS。临床发病率较低, 约 1/10 万, 其诊断相对困难, 依赖血清蛋白电泳和超离检测 ApoB 及 ApoE 等位基因检测确诊, 容易被漏诊, 并且其和早发心脑血管事件密切相关, 治疗方案和其余高脂血症也不相同。早期诊断III型高脂蛋白血症并进行对症治疗, 患者往往能获得极佳的治疗效果, 被误诊则由于 ApoE 等位基因的不同, 服用不合适的药物不仅花费大、并且效果差副作用大。目前临床血清蛋白电泳和 ApoE 基因分型开展不多, 造成临床诊断III型高脂蛋白血症率较低。采用 NHDLC/ApoB 比值作为III型高脂蛋白血症初筛试验, 结合血清蛋白电泳和 ApoE 基因分型有望大幅提高III型高脂蛋白血症的临床诊断率。

## PU-3199

### IL-33 上调 Treg 细胞功能参与布鲁氏菌免疫逃逸机制研究

李智伟<sup>1,2</sup>, 王昌敏<sup>1</sup>, 沙桐<sup>2</sup>, 郝立君<sup>1</sup>, 卢佩佩<sup>1</sup>, 丁剑冰<sup>2</sup>

1.新疆维吾尔自治区人民医院, 830000

2.新疆医科大学

**目的** 布鲁氏菌病是由布鲁氏菌感染引成的一种人畜共患病, 布鲁氏菌病慢性化程度高, 给患者健康造成严重的损害。我们前期研究发现布病患者出现了 Th17/Treg 失衡的现象, 表现为 Treg 相关细胞因子和负性调控因子增多, 结合新近文献中 IL-33 对 Treg 具有调节作用的报道, 我们推测 IL-33 和 Treg 细胞在布鲁氏菌免疫逃逸中发挥作用。本文为了阐明布病中 IL-33 和 Treg 细胞的变化特点, 以及明确 IL-33 对 Treg 功能的调节作用机制, 为布病治疗寻找潜在的治疗靶点。

**方法** 纳入 39 例布病患者和 42 例健康对照人群, 分别设置为 HC 组和 Bru 组。采集两组人群外周血, 使用 ELISA 方法检测两组人群血清中 IL-33 的含量; 使用流式细胞术检测两组人群 Treg 比例; 提取 PBMCs 进行体外培养试验, 设置空白对照组、刺激组、阻断组。观察 IL-33 刺激后和阻断后 Treg 细胞转录因子 FoxP3 的比例变化情况。使用 QRT-PCR 检测体外培养试验后三组细胞中 FoxP3 mRNA 水平变化情况。

**结果** 与健康对照组相比, 布病患者 IL-33 含量与 Treg 细胞比例均显著增高。体外试验显示 Bru 组 PBMCs 在 IL-33 刺激后 FoxP3 占 CD4 细胞的比例为  $(8.66 \pm 1.20)$ , 较对照组  $(7.03 \pm 1.05)$  显著增高, IL-33 阻断后 FoxP3 占 CD4 细胞的比例为  $(5.92 \pm 0.80)$  较刺激组显著回落, 差异均具有统计学意义 ( $P < 0.0001$ )。HC 组的 FoxP3 占 CD4 细胞比例。在 IL-33 刺激后为  $(7.78 \pm 1.55)$  与空白组  $(4.81 \pm 0.68)$  相比显著上升, 阻断后为  $(5.05 \pm 0.57)$ , 与刺激组相比显著下降。Bru 组中在空白对照、IL-33 刺激后和阻断后 Foxp3 mRNA 分别为  $(1.19 \pm 0.41)$ 、 $(1.85 \pm 0.63)$  和  $(0.89 \pm 0.34)$ , 刺激组比空白组显著升高, 阻断组比刺激组显著降低。HC 组在空白对照、IL-33 刺激后和阻断后 Foxp3 mRNA 分别为  $(1.01 \pm 0.21)$ 、 $(1.62 \pm 0.22)$  和  $(0.63 \pm 0.14)$ , 刺激组比空白组显著升高, 阻断组比刺激组显著降低。

**结论** 本研究发现了布病患者 IL-33 含量和 Treg 细胞比例较健康对照人群显著增多, IL-33 可以通过提高 Treg 的转录因子 Foxp3 的表达来发挥免疫抑制功能, 阻断 IL-33 有望成为免疫治疗布病的潜在靶点。本研究由 NFSC (81860375) 经费支持。



## PU-3200

## 筛选获得一个特异靶向 SOX2 蛋白的多肽用于食管鳞癌的治疗

刘宽灿<sup>1</sup>, 谢富安<sup>1</sup>, 赵婷婷<sup>2</sup>, 兰小鹏<sup>1</sup>

1. 解放军福州总医院

2. 厦门大学医学院, 361000

**目的** 食管鳞癌 (ESCC) 是中国等发展中国家的主要食管癌类型, 其中食管癌约占食管恶性肿瘤的 90%。当前, 缺乏有效和靶向治疗导致 5 年生存率低下。最近的研究表明, 约 30% 的 ESCC 病例表达高水平的转录因子 SOX2。在本研究中, 我们旨在确定 SOX2 水平与临床存活率之间的相关性, 同时筛选和合成可有效抑制 ESCC 中 SOX2 蛋白功能的多肽, 并使用多种体外方法和体内动物模型 (包括斑马鱼肿瘤模型) 验证多肽功能。

**方法** 通过免疫组织化学方法测定 SOX2 蛋白的表达水平, 并与食管鳞癌患者的临床生存率进行关联分析。我们建立了肽适配子文库, 该文库可以驱动具有支架结构的随机肽适配子的表达。随后我们使用该双分子荧光互补 (BiFc) 从该文库中筛选与 SOX2 蛋白结合的特异肽适配子, 并用免疫共沉淀技术验证。随后, 我们测试了候选肽适配子在两种 ESCC (KYSE450, TE-1) 和一种永生化食管上皮细胞系 (包括 EPC2) 中阻断 SOX2 作用的功效。通过慢病毒感染建立稳定表达候选肽适配子的细胞系, 并分析它们的细胞增殖, 迁移, 侵袭和凋亡。同时, 荷瘤小鼠模型和斑马鱼模型用于评估肿瘤的体内生长和转移。此外, 通过化学合成两种多肽 (对照多肽和多肽 42) 进一步通过体外和体内实验验证其功能, 并用蛋白质组学和生物信息学分析其潜在的作用机制。

**结果** 从肽适配子文库中我们筛选到包括 P42 的几种肽适配子能与 SOX2 蛋白特异结合, 而且肽适配子 P42 过表达或与合成多肽 42 孵育能抑制细胞增殖, 集落形成, 迁移和侵袭。有趣的是, 合成多肽 42 显著抑制荷瘤小鼠模型中的肿瘤生长, 并且还抑制肿瘤细胞在斑马鱼模型中的转移。蛋白质组学分析显示, 在肽适配子 P42 过表达的细胞系中, 133 种蛋白质被上调, 99 种蛋白质被下调。

**结论** 我们发现多肽 42 能特异性靶向 SOX2 蛋白, 并减少食管鳞癌细胞的增殖, 迁移和侵袭。该多肽还有效地阻断肿瘤生长和转移, 从而提供一个潜在的靶向治疗食管鳞癌方案。

## PU-3201

## HMGB1, anti-HMGB1 antibody, and HMGB1/anti-HMGB1 ratio as diagnosis indicator in fever of unknown origin

Yanhua Qin  
Changhai Hospital

**Objective** To evaluate the serum HMGB1, anti-HMGB1 antibody, and HMGB1/anti-HMGB1 ratio as initial diagnosis indicator in fever of unknown origin (FUO) patients.

**Methods** The serum and clinical data of 91 cases whose admission diagnosis are FUO were collected. The serum HMGB1 was tested with a commercial ELISA kit, and the anti-HMGB1 antibody was tested with an in-house built ELISA and confirmed with immunoblotting. Briefly, Maxisorp polystyrene 96-wells plates (Thermo Scientific, MA, USA) were coated with 50  $\mu$ L per well of rHMGB1 (R&D Systems, Abingdon, UK) at 1  $\mu$ g/ml in PBS and incubated overnight at 4°C. Plates were blocked with SuperBlock (PBS) Blocking Buffer (Thermo Scientific, MA, USA) for one hour. Serum samples, diluted 1:50 in incubation buffer, were added and incubated for two hours at 25°C. After five washes, 100  $\mu$ L HRP-conjugated Rabbit anti-human IgG (Euroimmun, Germany), was added to each well and incubated for 30 minutes at 25°C. After washing, bound antibodies were detected using 3,3',5,5'-tetramethylbenzidine dihydrochloride (TMB). The reaction was stopped with 0.5 M sulphuric acid and the absorbance was measured at 450/620 nm using a microplate-spectrophotometer (Thermo MK3, Thermo Scientific, MA, USA). Anti-

HMGB1 antibody levels were expressed in Optical Density(OD) values. The ODs over 0.2 was used to calculate the HMGB1-anti-HMGB1 antibody ratio, and ROC analysis was carried out with Graphpad® Prism 6. All significance testing was carried out with the nonparametric Mann-Whitney test.

**Results** Ninety-one patients were divided into 3 group, -infectious group, noninfectious inflammatory group, and others group,-according to discharge diagnosis. At the Cut-off of 0.3, 23 of 91 were positive for HMGB1, 30 of 91 were positive for anti-HMGB1 antibodies, and cases were both positive in HMGB1 and anti-HMGB1 antibodies. Using over 2 and less than 0.5 as Cut-off, the Sensitivity and specificity of HMGB1/anti-HMGB1 ratio to divide FUO into infectious group, noninfectious inflammatory group, and others group is 78.3% and 89.6%, respectively, and the area under curve(AUC) is 0.86.

### **Conclusions**

Although there are more and more examinations/tests available, fevers of unknown origin (FUO) remain one of the most difficult diagnostic challenges in medicine. Our data showed that using serum HMGB1 and anti-HMGB1 antibody test in FUO patients as initial test is useful for physicians to find the etiology and avoid unnecessary tests and examinations.

PU-3202

## **Mass Spectrometry in the Next Generation Immunoassay**

Yuxin Chen,Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Immunoassays are bioanalytical approaches that use the specificity of an antigen-antibody reaction to detect and quantify target molecules in biological samples. Traditional Immunoassays commonly used in clinical laboratories include chemiluminescent immunoassays (CLIA), Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and Fluorescent immunoassay (FIA). Among these immunoassays, the antibody plays a significant role in these immunoassays. However, specific antibodies to a protein are not always successfully developed, due to the low antigenicity of the target protein and lack of standardized assays for antibody validation. Also, epitopes on a target protein in human samples are often different from the immunogen used to develop the antibodies in the post-translational modifications (glycosylations, lipidations, phosphorylations, etc.) and the structural conformation. Besides, the attachment of other partners in the sample with very complex proteins (such as the serum sample) might mask the epitope, affecting antibody recognition. All these limitations in antibody application might generate ambiguous results of immunoassays.

**Methods** With the development in the mass spectrometry (MS), currently the MS-based immunoassay is experiencing an unprecedented advance in the analyses of clinical samples. In this methodology, proteins of interest are enriched by the specific antibody and then quantitatively identified by the MS.

**Results** The most prominent advantage of MS is that it can specifically determine the target protein by looking into the peptide sequence, whereas non-specific binding of other proteins introduces no significant interference. Therefore, this emerging MS-based immunoassay does not stringently rely on antibody specificity.

**Conclusions** Here we provide a brief review about the application of MS-based immunoassay as an attractive alternative for next generation antibody-based clinical immunoassays.

## PU-3203

## 银、铜离子对临床常见致病菌的抑菌性能研究

黄晓燕

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 研究银、铜离子对四种临床常见致病菌的标准菌株（包括金黄色葡萄球菌 ATCC-Sau、大肠埃希菌 ATCC-Eco、肺炎克雷伯菌 ATCC-Kpn 及肠球菌 ATCC-Efa），临床菌株（包括金黄色葡萄球菌 Sau、大肠埃希菌 Eco、肺炎克雷伯菌 Kpn 及肠球菌 efa)的最低抑菌浓度（MIC）。

**方法** 将银、铜离子溶液稀释成不同浓度,分别与各细菌菌悬液共同培养 18-24h 后,取 10ul 密涂平板,计算每个平板的菌落数目,得出 MIC。

**结果** 通过实验得出,银离子对 ATCC-Sau 的 MIC 为  $10^{-6}$ M; 对 Sau 的 MIC 为  $10^{-8}$ M; 对 ATCC-Eco 的 MIC 为  $10^{-5}$ M, 对 Eco 的 MIC 为  $10^{-8}$ M; 对 ATCC-Kpn 的 MIC 为  $10^{-7}$ M; 对 Kpn 的 MIC 为  $10^{-8}$ M, 对 ATCC-efa 的 MIC 为  $10^{-8}$ M; 对 efa 的 MIC 为  $10^{-5}$ M。铜离子对 ATCC-Sau 的 MIC 为  $10^{-6}$ M; 对 Sau 的 MIC 为  $10^{-7}$ M; 对 ATCC-Eco 的 MIC 为  $10^{-4}$ M; 对 Eco 的 MIC 为  $10^{-7}$ M; 对 ATCC-Kpn 的 MIC 为  $10^{-6}$ M; 对 Kpn 的 MIC 为  $10^{-4}$ M, 对 ATCC-efa 的 MIC 为  $10^{-5}$ M; 对 efa 的 MIC 为  $10^{-6}$ M。

**结论** 银、铜离子对临床常见致病菌有抑菌作用,对标准菌株和临床菌株的抑菌作用有差异,能够为抗菌材料的制作提供理论依据。

## PU-3204

## 血培养阳性标本直接药敏试验处理流程的方法探索与对比

张亚彬<sup>1</sup>,张倩雯<sup>2</sup>

1.解放军联勤保障部队第 900 医院

2.福建医科大学医学技术与工程学院

**目的** 为了探索更加快速便捷的血培养阳性标本直接药敏试验处理流程,将本实验室的直接药敏处理流程及其他实验室的直接药敏试验处理流程进行对比,通过与常规药敏试验结果是否相符来进行判断,评估本实验室直接药敏试验处理流程的可行性以及直接药敏试验结果的准确程度,对临床治疗血流感染,减低耐药率与减轻医疗负担有重要意义。

**方法** 对本院微生物室 2019 年 2 月底至 4 月底 48 例血培养阳性标本,分别采用 5 种不同直接药敏试验处理流程,选择 35 种药敏纸片,用 K-B 法来进行直接药敏试验,并将 5 种直接药敏试验结果同常规药敏试验结果(K-B 法)进行对比,计算符合率与总、大和小误差率。

**结果** 本实验室所探索的血培养阳性标本中的细菌直接药敏试验结果与常规药敏试验(K-B 法)结果高度相符,符合率高于其余四种方案,大、小误差例数与百分率也低于其余四种方案。

**结论** 本实验室所探索的操作简便的直接药敏试验处理流程可在临床微生物室中推广应用,有利于医务工作人员缩短直接药敏试验时间,对临床治疗血流感染,减低耐药率与减轻患者医疗负担有重要意义。

## PU-3205

## 大肠埃希菌感染耐药与抗生素使用强度的关联性分析

魏红霞

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 探讨大肠埃希菌感染耐药与抗生素使用强度的关联性,为控制细菌耐药提供参考依据。

**方法** 回顾 2013-2017 年间大肠埃希菌耐药及抗生素使用强度及其变化趋势, 分析大肠埃希菌感染耐药与抗生素使用强度的关联性及其滞后季度, 抗生素使用强度及细菌耐药率趋势采用线性回归, 抗生素使用强度与细菌耐药相关性使用时间序列分析。

**结果** 大肠埃希菌耐亚胺培南趋势近年平稳, 大肠埃希菌耐派拉西林他唑巴坦、头孢他定、环丙沙星呈下降趋势; 三代头孢类抗生素使用强度与大肠埃希菌耐环丙沙星、亚胺培南呈正相关 ( $r=0.759$   $p=0.004$   $Lag=2$ ), ( $r=0.482$   $p=0.043$   $Lag=1$ ), 喹诺酮类抗生素的使用强度与大肠埃希菌耐环丙沙星呈正相关 ( $r=0.716$   $p=0.009$   $Lag=2$ ), 碳青霉烯类抗生素使用强度与大肠埃希菌耐头孢他定呈正相关 ( $r=0.621$   $p=0.008$   $Lag=2$ )。

**结论** 大肠埃希菌的耐药率与三代头孢、喹诺酮类、碳青霉烯类抗生素使用均有相关性, 规范抗生素使用及加强抗生素管理对于控制大肠埃希菌耐药显得十分迫切。

## PU-3206

### 第三代头孢菌素类抗生素的使用强度与细菌耐药性的关联性分析

谭婷婷

南京大学医学院附属鼓楼医院, 210000

**目的** 探讨第三代头孢菌素类抗生素的使用强度与细菌耐药性的关联性, 为规范第三代头孢菌素类抗生素使用提供参考依据。

**方法** 回顾 2013-2017 年期间在南京鼓楼医院三代头孢的使用强度及细菌培养结果及其耐药率, 分析其变化趋势及两者之间的相关性, 及细菌耐药滞后抗生素使用强度的季度数。抗生素使用强度及细菌耐药率趋势采用线性回归, 抗生素使用强度与细菌耐药相关性使用时间序列分析。

**结果** 2013-2017 年三代头孢类抗生素使用强度趋势平稳, 平均 99.04DDDs, 三代头孢类抗生素使用强度与大肠埃希菌耐环丙沙星、亚胺培南呈正相关, 分别为 ( $r=0.759$   $p=0.004$   $Lag=2$ )、( $r=0.482$   $p=0.043$   $Lag=1$ ); 三代头孢类抗生素使用强度与鲍曼不动杆菌耐头孢他定呈正相关, 分别为 ( $r=0.470$   $p=0.042$   $Lag=0$ ); 三代头孢类抗生素使用强度与肺炎克雷伯耐头孢他定呈正相关, 分别为 ( $r=0.621$   $p=0.008$   $Lag=2$ ); 三代头孢类抗生素使用强度与铜绿假单胞菌耐派拉西林他唑巴坦呈正相关, 分别为 ( $r=0.634$   $p=0.008$   $Lag=3$ )。

**结论** 高强度的三代头孢菌素的使用增加了革兰阴性菌的耐药率, 规范使用抗生素是控制细菌耐药的重中之重。

## PU-3207

### Progress in the treatment of human papillomavirus 16/18

guang cai wan, Xue feng Wu  
Jilin Provincial Tumor Hospital

**Objective** Human papilloma virus (HPV) infects the squamous epithelium of female reproductive tract, causing squamous epithelium of reproductive tract to develop flattened and warty proliferative lesions. HPV is a common infectious disease in women, and its infection rate is on the rise worldwide. At present, hundreds of HPV genotypes have been identified, about 30 of which are related to the occurrence and development of cervical cancer. HPV16/18 has been shown to be associated with 70% of cervical cancer. Therefore, the treatment of HPV16/18 is particularly important.

**Methods** The treatment methods for HPV16/18 genotype include: copper phytate combined with cervical ring electrotomy, 5-aminoketovalproic acid photodynamic therapy, radiofrequency ablation, microwave and other surgical or physical therapy. Currently, ; Recombinant interferon, drug therapy of recombinant interferon and Baofukang suppository; HPV therapeutic vaccines (ginseng saponin monomer for adjuvant therapeutic human papilloma virus 16 type of vaccine, Candin as adjuvants of human papilloma virus 16 type E7 peptide therapeutic vaccine) and prophylactic vaccine (human papilloma virus vaccine in 18 type virus particles, neutralizing antibody screening and frozen electron microscopy three-dimensional reconstruction prevention vaccine); Recombinant interferon -2b gel combined with cervical ring electrotomy and baofukang suppository combined with recombinant human interferon combined therapy.

**Results** It has been proved that surgery and physical therapy combined with drug therapy which have achieved significant efficacy. Combined therapy can improve the conversion rate of HPV16/18 genotype, reduce the recurrence rate, reduce related complications, and improve the cure rate of cervical intraepithelial neoplasia. At the same time, adjuvant therapeutic vaccine has made a breakthrough in the animal experimental group. Therapeutic vaccine enables the body to produce specific cellular immune response to control and eliminate the benign or malignant lesions of high-risk HPV16/18 infection, so as to remove the HPV virus in the body. However, the efficacy of therapeutic vaccines in humans remains inconclusive and further experimental studies are needed.

**Conclusions** Further studies on surgical and physical therapy combined with drug therapy for high-risk HPV16/18 and adjuvant therapy vaccine in animal experimental group are the future development direction.

## PU-3208

# 肺炎克雷伯杆菌感染耐药性与抗生素使用强度的关联性分析

胡晓菡

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 肺炎克雷伯是临床上常见的条件致病菌,随着抗生素的广泛运用,肺炎克雷伯耐药率逐年上升,探讨肺炎克雷伯杆菌感染耐药性与抗生素使用强度的关联性,为减少肺炎克雷伯杆菌耐药率及规范抗生素使用提供参考依据。

**方法** 回顾 2013-2017 年见住院患者肺炎克雷伯杆菌感染培养结果及其耐药情况,调查细菌耐药倾向,研究抗生素使用强度与肺炎克雷伯杆菌耐药率的内在关联性,抗生素使用强度及细菌耐药率趋势采用线性回归,抗生素使用强度与细菌耐药相关性使用时间序列分析;

**结果** 2013-2017 年间肺炎克雷伯杆菌耐派拉西林他唑巴坦、头孢他定、环丙沙星、亚胺培南趋势平稳,未见明显上升趋势。肺炎克雷伯杆菌耐头孢他定、环丙沙星与三代头孢类抗生素使用强度呈正相关( $r=0.621$ 、 $p=0.008$ )、( $r=0.525$ 、 $p=0.030$ ),肺炎克雷伯杆菌耐亚胺培南与三代头孢类抗生素使用强度呈正相关趋势( $r=0.341$ 、 $p=0.181$ )均滞后两个季度;肺炎克雷伯杆菌耐头孢他定与碳青霉烯使用强度呈正相关趋势( $r=0.396$ 、 $p=0.116$ ),耐药发生比抗生素使用滞后两个季度。

**结论** 三代头孢、碳青霉烯类抗生素使用强度可能会增加肺炎克雷伯杆菌对三代头孢和碳青霉烯类抗生素的耐药率,因此规范抗生素使用及加强抗生素管理对于控制肺炎克雷伯杆菌耐药率显得十分迫切。

## PU-3209

## 青霉烯酶灭活法与纸片扩散法筛选耐碳青霉烯类 肠杆菌科的比较

蔡淑梅

解放军联勤保障部队第 900 医院

**目的** 本研究旨在比较改良碳青霉烯酶灭活法(mCIM)与纸片扩散法(K-B)以探讨改良碳青霉烯酶灭活法检测耐碳青霉烯酶类肠杆菌科细菌(CRE)的应用价值。

**方法** 收集本实验室保存的 CRE 菌株及一些非 CRE 菌株,分别用改良碳青霉烯酶灭活法和纸片扩散法检测菌株,根据两种方法的结果分别进行统计学分析,并将分析结果与最低抑菌浓度法(MIC)进行比较,分析两种方法对耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的检测效能。

**结果** 实验共收集 84 株菌种保存磁珠中的肠杆菌科细菌菌株(其中 CRE76 株,非 CRE8 株),K-B 法的敏感度为 94.7%,特异度为 100%。mCIM 法的敏感度为 89.5%,特异度为 100%。

**结论** K-B 法与 mCIM 法检测 CRE 都具有不错的灵敏度和良好的特异度,且两种方法都有操作简便,成本低等优势,mCIM 法相较于 K-B 法的优点在于结果更易判断,且在进一步对 CRE 进行分型上更有意义。临床上可以用 K-B 法对 CRE 进行筛选,后使用 mCIM 对 CRE 进行分型。

## PU-3210

## CD4+CD8low T 细胞的下降在 HIV 早期感染中预示着 疾病的快速进展

丁子丹,郑杰夫,张子宁

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** CD4+和 CD8+T 细胞作为常见的 T 细胞亚群,是免疫系统的重要组成部分,能够监测 HIV 感染者的免疫状态。此外,根据 CD4 和 CD8 共同表达情况的不同,T 细胞还可进一步被分为 CD4+CD8+ 双阳性(double positive, DP)、CD4-CD8- 双阴性(double negative, DN)、CD4+CD8low T 细胞和 CD4-CD8low T 细胞。以往的研究表明,以上这些 T 淋巴细胞亚群在 HIV 感染中发挥重要作用,但目前尚不确定它们与 HIV 疾病的快速进展的关系。本研究中,我们通过分析快速进展者(rapid progressors, RPs)和慢速进展者(Chronic progressors, CPs)中的 T 细胞亚群,进一步确定与 HIV 疾病快速进展相关的亚群。

**方法** 首先我们使用 FlowJo v10 software 软件进行分析,得到 6 群不同的 T 细胞亚群。然后采用 Loess 拟合曲线描述 T 细胞亚群在 HIV 感染时间内的变化以及使用 Kaplan-Meier 生存分析检测 T 细胞亚群对 HIV 疾病进展的影响。最后通过流式细胞分析术进一步分析这些亚群的功能。

**结果** 通过数据分析,我们发现在 HIV 感染早期(120 天前),CD4+CD8low T 细胞计数和百分比在 RPs 和 CPs 中均具有统计学意义。基线 CD4+CD8low T 细胞计数与基线 CD4+T 细胞的数量呈正相关( $P=0.0097$ ,  $P=0.0210$ ),与基线 HIV-1 病毒载量呈负相关( $P=0.0186$ ,  $P=0.0019$ )。此外, Kaplan-Meier 生存分析显示,基线 CD4+CD8low 细胞计数和百分比越高,CD4+T 细胞下降速度越慢。在 PMA(cell activation cocktail with Brefeldin A)刺激之后,CD4+CD8low T 细胞比 CD4+T 细胞,CD8+T 细胞分泌更多的 IFN- $\gamma$ 。

**结论** 在早期 HIV 感染中,CD4+CD8low T 细胞的下降能够预示疾病的快速进展。

## PU-3211

## Temporal association between carbapenem usage and resistance in Gram-negative bacteria at a tertiary hospital in China

Yuxin Chen  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** The irrational clinical usage of antibiotics including carbapenem and the prevalence of Gram-negative bacteria resistance have raised a global pressing concern. We aimed to investigate the effect of temporal association between carbapenem usage and antimicrobial resistance in Gram-negative bacteria.

**Methods** Quarterly consumptions of carbapenem (daily defined doses (DDDs)/1,000 inpatient-days) and percentages of antibiotic resistance for four major Gram-negative bacteria (*E.coli*, *A.baumannii*, *K.pneumoniae* and *P.aeruginosa*) from inpatients were collected from the hospital electronic prescription system at a tertiary hospital in Nanjing, China from 2012 to 2017. The trends of carbapenem consumption and antibiotic resistance rates were assessed by regression analysis, respectively. Cross-correlation analysis was used to evaluate the temporal association on a quarterly basis between carbapenem consumption and antimicrobial resistance.

**Results** We identified a close correlation between carbapenem consumption and ceftazidime resistance in *E.coli* ( $r=0.621$ ,  $p=0.008$ ) with two quarter lags. Further, in *A.baumannii*, we identified strong correlations between carbapenem consumption and antimicrobial resistance against piperacillin/tazobactam ( $r=0.505$ ,  $p=0.029$ )、ceftazidime ( $r=0.507$ ,  $p=0.027$ )、ciprofloxacin ( $r=0.487$ ,  $p=0.035$ )、imipenem ( $r=0.512$ ,  $p=0.025$ ) without any quarter lag, respectively.

**Conclusions** Our study indicated that the increasing usage of carbapenem may significantly contribute to antibiotic resistance, especially in *A.baumannii*. We strongly suggest that carbapenem shall be prescribed with caution to combat the prevalence of antimicrobial resistance in *A.baumannii*.

## PU-3212

## The study of next-generation sequencing for application of detection of ctDNA of lung cancer

Zhenzhan Kuang  
Department of Medical Research, General Hospital of Southern Theatre Command of PLA

**Objective** Circulating tumor DNA (ctDNA), derived from tumor cells in plasma, shared the same gene altered information as tumor tissues. Therefore it is considered to be the better object for mutation gene detection compared with tumor tissue. The purpose of this study is to construct a high-throughput sequencing-based way for the detection of ctDNA in lung cancer and provide more message for cancer therapy.

**Methods** By literature search, a multiplex PCR primer covering multiple gene loci was designed. NGS technology was used to detect the reference standard sets for obtaining the exact parametres about standard quality control. By using 10 cases of ctDNA of lung cancer with known mutations information of tumor tissue as the objects, NGS was used to detect the ctDNA samples employing the quality control standards established above. And digital PCR technology was used to determinate the accuracy and sensitivity of NGS.

**Results** The results of what cfDNA reference standard sets have been detected by NGS showed that mutation frequency of 0.1% can be detecte while the sequencing depth is over 12,000X.

2. The results of 10 cases of lung cancer ctDNA detected by NGS showed that 5 cases were mutation positive and other 5 cases were mutation negative. The consistency was 70% (7/10), and the specificity was 100. % (2/2) with a sensitivity of 62.5% (5/8) compared with the tissue .

**Conclusions** In conclusion, it is successful to establish a high-throughput sequencing technology to detect lung cancer ctDNA samples. And this method was hopeful to apply to the clinical detection of lung cancer ctDNA instead of tumor tissue.

## PU-3213

### 原发性甲状腺功能亢进患者血脂及尿酸水平的变化 及其与甲状腺激素之间的相关性探讨

黎慧英

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 原发性甲状腺功能亢进症（甲亢）是临床上的常见疾病，患者体内高水平的甲状腺激素常不同程度地影响着人体血脂和尿酸代谢。因此，探究甲亢患者体内血脂和尿酸水平的变化及其与甲状腺激素之间的联系，有利于临床辅助诊断、治疗支持和预后评估。

**方法** 收集 2018 年 8 月-2018 年 12 月在广州市番禺中心医院确诊为原发性甲状腺功能亢进症的初诊患者 96 例（甲亢组）和同时期于番禺中心医院健康体检人群 50 例（对照组），分别检测其甲状腺功能五项（TSH、TT4、TT3、FT3 和 FT4）、血脂六项（CH、TG、HDL、LDL、ApoA1 和 ApoB）和尿酸（UA）水平，比较两组人群之间血脂与尿酸水平的差异及其与甲状腺激素水平之间的相关性。

**结果** 与对照组相比，甲亢组 CH、HDL、LDL、ApoA1 及 ApoB 水平均显著降低（ $P<0.01$ ），而尿酸水平显著升高（ $P<0.01$ ）。同时，甲亢患者血清中 CH、TG、LDL 及 ApoB 水平与 TSH 无明显相关性（ $P>0.05$ ），与 TT4、TT3、FT3 和 FT4 水平均呈负相关（ $P<0.05$ ），而 UA 与甲状腺激素五项的相关性均不明显（ $P>0.05$ ）。

**结论** 原发性甲状腺功能亢进患者有血脂和尿酸代谢异常。临床上除治疗甲亢外还应密切关注患者的血脂和尿酸水平，结合相应血脂和尿酸水平进行综合评估和相应治疗。

## PU-3214

### 血清胃泌素释放肽前体在小细胞肺癌诊断、分期 及疗效监测中的意义

杜娜

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 研究血清胃泌素释放肽前体（ProGRP）在小细胞肺癌（SCLC）诊断、临床分期中的临床意义，以及血清胃泌素释放肽前体（ProGRP）对化疗前后疾病的预后关系分析。

**方法** 回顾性分析 120 例小细胞肺癌（SCLC）患者的基本临床资料及其血清肿瘤标志物胃泌素释放肽前体（ProGRP）及神经元特异性烯醇化酶（NSE）表达情况；采用电化学发光免疫分析法进行监测，分析患者在接受治疗前后二者血清含量的变化；单独检测与联合检测对小细胞肺癌（SCLC）敏感性、特异性比较。采用 SPSS17.0 软件进行统计学分析， $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 血清胃泌素释放肽前体（ProGRP）在小细胞肺癌（SCLC）的含量高于非小细胞肺癌（NSCLC）（ $P<0.05$ ），血清胃泌素释放肽前体（ProGRP）、神经元特异性烯醇化酶（NSE）的水平与患者的性别、年龄及是否有吸烟史无相关性（ $P>0.05$ ），小细胞肺癌（SCLC）广泛期患者



血清胃泌素释放肽前体 (ProGRP) 和神经元特异性烯醇化酶 (NSE) 水平均显著高于局限期患者( $P<0.05$ ); 经治疗后血清胃泌素释放肽前体 (ProGRP) 检测值降低, 根据其降低程度可用于疗效的评估; 单独检测血清胃泌素释放肽前体 (ProGRP)、神经元特异性烯醇化酶 (NSE) 和联合检测血清胃泌素释放肽前体 (ProGRP) 及神经元特异性烯醇化酶 (NSE) (ProGRP + NSE) 诊断小细胞肺癌 (SCLC) 的敏感度分别为 76%、60% 和 82%。

**结论** 血清胃泌素释放肽前体 (ProGRP) 可作为小细胞肺癌 (SCLC) 患者首选的肿瘤血清标记物, 与神经元特异性烯醇化酶 (NSE) 联合检测可提高诊断小细胞肺癌 (SCLC) 的准确率, 其血清学含量对小细胞肺癌 (SCLC) 的病情发展、化疗效果及预后评估均具有较好的临床价值。

## PU-3215

### MCAM 表达在肿瘤中的预后监测价值

郝国庆

上海市第十人民医院,200000

**目的** MCAM 一开始表达于内皮细胞中。至今, 大量研究表明 MCAM 在肿瘤的发生发展中扮演重要角色。一些研究认为 MCAM 高表达会促进肿瘤发生发展, 另外一些研究发现 MCAM 高表达会一直肿瘤发生发展。这都都预示 MCAM 可能在肿瘤预后中起到生物标志物的作用。因此, 我们做了本篇系统评价和 meta 分析工作去评估 MCAM 在肿瘤中的预后价值。

**方法** 通过详细检索 Pubmed, EMBASE 和 Cochran 数据库, 我们系统检索了所有研究 MCAM 在肿瘤预后价值评估的文献。数据提取包括第一作者, 发表年限, 国家, 样本例数, 肿瘤类型, 检测方法, 随访时间, MCAM 阳性的鉴定, 以及 HR 和 95%置信区间。渥太华质量评估表用于评估纳入文献质量高地。同时对该研究进行偏移分析和敏感性分析, 以使得结果更加准确。

**结果** 11 篇文献纳入我们的研究, 渥太华质量评估表显示纳入文献质量均相对较高。结果显示, MCAM 高表达与肿瘤的预后具有显著性关系。同时异质性检测发现文献中并无显著异质性存在, 因此, 固定效应模型在本研究中被采纳。亚组分析发现亚洲人和欧洲人中, MCAM 均与预后不良显著相关。同时, 随访时间长的一组, MCAM 相对预后价值更大。敏感性分析表明, 11 篇文献中并无显著性影响实验结果的文献。表明我们的研究效果相对较好。

**结论** MCAM 高表达与肿瘤预后不良显著相关。同时, MCAM 可以作为肿瘤新型标志物, 在临床病例中用于检测治疗效果。

## PU-3216

### TPA 通过 AMOT 促使 YAP 出核抑制肝癌发生发展

郝国庆

上海市第十人民医院,200000

**目的** Hippo-YAP 信号通路是一条细胞抑制生长性信号通路, 在进化过程中非常保守。肝癌细胞中抑制 YAP mRNA 的高表达可显著阻止癌细胞生长。LATS1 能抑制 YAP, LATS1 基因敲除后 YAP 过表达, 进一步证实 YAP 是 LATS (Large Tumor Suppressor) 的主要作用靶点, 促进肿瘤的发生。YAP 因子活化能诱导出高表达的 H19、2myc、AFP、Ki267 及 SOX4 等细胞增生相关基因, 而 Survivin 等凋亡抑制基因也发生高表达, 细胞的动态平衡被破坏。针对 Hippo-YAP 信号通路的研究不仅能够揭示肝癌发生发展过程中的重要分子机制, 而且能为临床治疗提供新的方向, 具有重大意义。

**方法** 肝癌细胞 Bel-7404 和 Bel-7402 细胞系为研究对象, TPA 药物浓度 16-48 $\mu$ M, YAP-FALG, TEAD4-Myc, CREB-HA, Runx2-HA, AMOT-HA, YAP-sh 和 AMOT-sh 等质粒构建, 免

疫荧光和 Western Blot 实验检测蛋白定位和表达。MTT, caspase3/7 以及软琼脂成瘤实验检测肿瘤细胞增殖活性。小鼠荷瘤实验检测细胞处理后成瘤活性。

**结果** TPA 可以抑制 YAP 在肝癌细胞中的活性, 且呈剂量依赖性。TPA 处理后导致 YAP 出核, 促使 YAP 与其作用的转录因子分离。同时我们发现, TPA 是通过 AMOT 促使 YAP 出核, TPA 处理后, AMOT 先出核, 进而诱导 YAP 出核, 干扰掉 AMOT 后, TPA 对 YAP 的出核作用消失。

**结论** TPA 可以通过 AMOT 促使 YAP 出核抑制肝癌发生发展

## PU-3217

### 喹诺酮素类抗生素的使用强度与细菌耐药性的关联性分析

陈雨欣

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 探讨喹诺酮素类抗生素的使用强度与细菌耐药性的关联性, 为规范喹诺酮抗生素使用提供参考依据。

**方法** 回顾 2013-2017 年期间喹诺酮类抗生素的使用强度及细菌培养结果及其耐药率, 分析其变化趋势及两者之间的相关性, 及细菌耐药滞后抗生素使用强度的季度数。抗生素使用强度及细菌耐药率趋势采用线性回归, 抗生素使用强度与细菌耐药相关性使用时间序列分析。

**结果** 2013-2017 年喹诺酮类抗生素使用强度趋势平稳, 平均 61.00DDDs, 喹诺酮抗生素使用强度与大肠埃希菌耐环丙沙星呈正相关, 分别为 ( $r=0.716$   $p=0.009$   $Lag=2$ ); 喹诺酮类抗生素使用强度与铜绿假单胞菌耐头孢他定呈正相关, 分别为 ( $r=0.501$   $p=0.048$   $Lag=3$ )、喹诺酮类抗生素使用强度与鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯耐药率未见明显相关。

**结论** 喹诺酮类抗生素的使用增加了大肠埃希菌耐环丙沙星及铜绿假单胞菌耐头孢他定的耐药率, 适当减少喹诺酮类抗生素的使用有助于控制细菌耐药。

## PU-3218

### LAMP 即时检验肺炎克雷伯氏菌碳青霉烯基因方法的建立

张志成, 汪骅, 李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 近年来含有碳青霉烯水解酶的耐药菌在世界范围广泛传播, 碳青霉烯类药物已不再是对抗革兰阴性菌的最后防线。目前, 传统检测手段包括细菌分离培养和生化鉴定, 往往需要两到三天的时间才能完成, 新型的质谱检测则局限于其设备高昂的价格未能推广。因此, 人们迫切的需要一种快速简便的检测耐药基因的方法, 帮助医生及时选择合适的抗生素并控制耐药性的传播。因此希望建立环介导等温扩增 (Loop-Mediated Isothermal Amplification, LAMP) 即时检验病原菌 KPC 基因的方法。

**方法** 采用在线软件 PrimerExplorer 5 针对 KPC 基因保守序列 (blaKPC-2-blaKPC-17) 设计 LAMP 引物。采用荧光目测法对结果进行可视化判读, 采用琼脂糖凝胶电泳、酶切分析 LAMP 产物验证方法的灵敏度和准确性。选取 28 株临床样本分别进行 PCR 实验和 LAMP 实验并进行对比, 验证方法的特异性。

**结果** KPC LAMP 引物包括一对外引物、一对内引物和一条环引物。在反应液中加入荧光染料钙黄绿素作为结果判读指示剂, 1 小时内可检测出 KPC 基因的病原体。检测样本的阳性结果在紫外 365 nm 波长激发下呈现肉眼可见的绿色荧光, LAMP 电泳产物呈典型的条状梯形条带; PCR 和

LAMP 检测 KPC 基因的灵敏度分别为 200fg 和 20fg。采用 RsaI 限制性内切酶将 LAMP 扩增产物主要分解为 133 bp 的特异小片段。28 例 PCR 检测并经测序确定 KPC 阳性的临床样本，LAMP 法检测结果均为阳性。

**结论** LAMP 检测 KPC 基因具有快速、灵敏度高、特异性强及结果可视化特点，有望在医院门急诊及基层医疗机构广泛开展。

PU-3219

## NF 法自动检测血清铜蓝蛋白活性及性能评价

金郑宝<sup>1</sup>, 陈锦函<sup>2</sup>

1. 中国人民解放军联勤保障部队第九〇〇医院

2. 厦门大学公共卫生学院

**目的** 建立一种自动检测血清铜蓝蛋白活性的方法，并评价其检测性能。

**方法** 在全自动生化分析仪上，铜蓝蛋白在 PH 为 5.8 的乙酸钠缓冲液中可将  $\text{Fe}^{2+}$  氧化为  $\text{Fe}^{3+}$ ，与诺氟沙星（NF）形成络合物，其在 377nm 处有特异吸收峰（ $\epsilon=11487 \text{ cm}^{-1}\text{mol}^{-1}\text{L}$ ）。通过测定 377nm 处吸光度的变化速率可计算血清铜蓝蛋白活性。据此构建一个新的 CER 活性检测系统，并依据相关性能验证指南文件对检测系统进行初步性能评价。

**结果** 构建了一个新的自动化检测血清铜蓝蛋白活性的方法，对其进行的初步性能评价结果为：1. 精密度：批内精密度（低水平 1.24%，高水平 0.83%）；批间精密度（低水平 1.96%，高水平 1.78%）；2. 携带污染率 0.03%；3. 线性范围：87-2908IU/L；4. 参考区间：782-1582IU/L（年龄、性别均不存在显著性差异）。5. Wilson 病患者（21 例）铜蓝蛋白活性检测值为  $186 \pm 91 \text{ IU/L}$ 。罗氏 Cobas c702 全自动生化分析仪检测铜蓝蛋白活性和免疫 SIMENS BNII 系统免疫比浊法检测铜蓝蛋白含量的比较相关系数  $r=0.949$ （66 例）

**结论** 构建的 NF 法检测血清 CER 活性成功达到实验室质量管理体系要求，并且与临床使用的免疫法有较高的相关性。本法检测血清 CER 活性准确快捷，试剂稳定性好，具有较高的临床意义。

PU-3220

## B cell hyperactivation and proliferation among CHB patients

Xiaohan Hu

Nanjing drum Tower Hospital

**Objective** Abnormal proliferation and activation of B cells were occurred during the immune reactive HBeAg-positive period, but the mechanism is unknown. In this study, we find out the possible mechanism by high-throughput sequencing and further verified by establishing a HBV infected mouse model.

**Methods** Peripheral blood  $\text{CD}19^{+}$  B cells isolated from 4 immune reactive HBeAg-positive patients and 4 HBV vaccinated healthy controls were analyzed by high-through RNA sequencing, GO analyses and signaling pathway enrichment analysis including KEGG pathway analysis and Reatcome pathway analysis were used to identify differentially expressed genes (DEG) among different groups. Our interested gene expressions were further validated by both qPCR and Flow cytometry. HBV infected mouse model and TLR4 knocked down HBV infected mouse model were established by HI of pAAV/HBV1.2 plasmid to verify the role of TLR4 in B cells proliferation and activation by Flow cytometry, qPCR and western-blot.

**Results** 1401 differentially expressed genes (DEG) were identified from B cells of immune reactive HBeAg-positive patients versus HBV vaccinated healthy controls and TLR4 was

significantly overexpressed. The GO analysis showed DEGs were enriched in biological process especially in immune system process and both KEGG and Reatcome pathway analysis showed DEGs were enriched in the NF- $\kappa$ B pathway, which might be associated with the activation and proliferation of B cells. The over expression of TLR4 in immune reactive HBeAg-positive patients verified by qPCR and Flow cytometry. The HBV infected mouse model also showed B cells proliferation and activation, and TLR4/Myd88/NF- $\kappa$ B pathway was activated, and after knocked down TLR4, the proliferation and activation B cells status of TLR4<sup>-/-</sup> HBV infected mouse model was restored.

**Conclusions** For the first time, we identified that TLR4/Myd88/NF- $\kappa$ B pathways played an important role in the hyperactivation and proliferation of B cells in CHB patients, which might serve promising targets for novel therapies to treat chronic hepatitis B infection.

## PU-3221

### GINS2 促进子宫内膜癌增殖和凋亡作用的研究

罗建波

云南省肿瘤医院,650000

**目的** GINS2 基因参与细胞周期的调控,并对细胞的增殖和凋亡起到关键作用,Bcl-2、Bax 与细胞凋亡的调控密切相关,CHK2 是细胞周期中重要的调节因子。通过研究 GINS2 在子宫内膜癌组织中的表达水平,检测 Bcl-2、Bax 和 CHK2 蛋白在子宫内膜癌中的表达及定位情况,分析 GINS2 和 Bcl-2、Bax 和 CHK2 的相关性。阐明 GINS2 在子宫内膜癌增殖和凋亡中可能发挥的作用。

**方法** RT-PCR、Western-blot 检测子宫内膜癌组、子宫肌瘤组及正常子宫内膜组 GINS2 的表达量。IHC 检测 3 组 GINS2、Bcl-2、Bax 及 CHK2 的蛋白表达阳性率及定位情况。

**结果** 1 GINS2 在子宫内膜癌组的表达量均明显高于子宫肌瘤组 ( $P<0.01$ ) 和正常子宫内膜组 ( $P<0.01$ ); GINS2 在子宫肌瘤组和正常子宫内膜组表达水平无差异 ( $P>0.05$ ), GINS2 主要表达于胞核呈棕黄色。

2 Bcl-2、Bax 和 CHK2 蛋白在子宫内膜癌组的表达阳性率明显高于子宫肌瘤组 ( $P<0.05$ ) 和正常子宫内膜组 ( $P<0.05$ ); 子宫肌瘤组和正常子宫内膜组无差异 ( $P>0.05$ )。Bcl-2、Bax 蛋白主要表达于细胞浆呈棕黄色; CHK2 主要表达于胞核呈棕黄色。

3 GINS2、Bcl-2、Bax 和 CHK2 的表达与子宫内膜癌患者的临床病理特征均无关 ( $P>0.05$ )。

4 Bcl-2/Bax 比值在子宫内膜癌组均明显高于子宫肌瘤组 ( $P<0.01$ ) 和正常子宫内膜组 ( $P=0.025$ ); 子宫肌瘤组与正常子宫内膜组 Bcl-2/Bax 的比值无差异 ( $P=0.059$ )。

5 子宫内膜癌组织中 GINS2 与 Bcl-2、CHK2 蛋白表达均呈正相关 ( $r=0.589, P<0.01$ ;  $r=0.767, P<0.01$ ); GINS2 与 Bcl-2/Bax 的比值呈正相关 ( $r=0.582, P<0.01$ )。

**结论** 1 GINS2 在子宫内膜癌组织中均高表达提示 GINS2 对癌细胞的核酸复制有促进作用。

2 GINS2 在子宫内膜癌中恒定的高表达与患者的临床病理特征无明显相关性,提示 GINS2 可作为子宫内膜癌基因诊断的靶点。

3 Bcl-2、Bax、CHK2 蛋白在子宫内膜癌组织中的表达水平明显升高, GINS2 与 Bcl-2、CHK2、Bcl-2/Bax 的比值呈正相关。提示 GINS2 通过调节 Bcl-2、CHK2 表达水平,使 Bcl-2、CHK2 表达上调,促进子宫内膜癌细胞增殖抑制其凋亡,发挥促癌作用。

## PU-3222

## 环介导等温扩增技术在老年患者下呼吸道感染病原菌检测的应用

谭敏琪

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 采用环介导等温扩增法 (Loop-Mediated Isothermal Amplification, LAMP) 检测老年患者下呼吸道感染病原菌, 分析病原菌的类型分布及所占比例。

**方法** 本研究就佛山市第一人民医院 2018 年 7 月—2018 年 12 月收治的 1046 例老年患者的下呼吸道标本作为研究对象。以环介导等温扩增方法 (LAMP) 检测的结果进行回顾性分析, 统计老年患者下呼吸道感染病原菌感染的阳性率、革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌的比例、单一感染病原菌和混合感染病原菌的患者比例, 分析各病原菌的感染在性别上是否存在统计学差异, 并进一步分析重症监护室 (Intensive Care Unit, ICU) 与非重症监护室的菌种分布是否存在统计学差异, 总结老年患者下呼吸道感染病原菌感染的规律, 指导临床诊断和用药。

**结果** 统计分析 1046 例标本, 八项下呼吸道感染病原菌的阳性率为 53.35% (558/1046)。其中鲍曼不动杆菌 149 株 (15.08%), 流感嗜血杆菌 66 株 (6.68%), 肺炎克雷伯菌 216 株 (21.86%), 耐甲氧西林葡萄球菌 226 株 (22.87%), 铜绿假单胞菌 100 株 (10.12%), 金黄色葡萄球菌 74 株 (7.49%), 嗜麦芽窄食单胞菌 120 株 (12.15%), 肺炎链球菌 37 株 (3.74%); 耐甲氧西林葡萄球菌感染中, 男女之间存在统计学差异 ( $P<0.05$ ), 其它病原菌感染不存在性别差异; 流感嗜血杆菌, 耐甲氧西林葡萄球菌, 铜绿假单胞菌, 嗜麦芽窄食单胞菌在 ICU 病区和非 ICU 病区的感染率中存在统计学差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 环介导等温扩增法 (LAMP) 能够对下呼吸道感染病原菌进行快速诊断, 检出率高、敏感性好, 能检测多种病原菌混合感染。对老年患者采用 LAMP 法进行下呼吸道感染病原菌的检测有利于指导临床对老年患者呼吸道感染的明确诊断及针对性用药, 提高患者生存率及改善患者预后。

## PU-3223

## 肿瘤患者临床生化检验危急值的分析与持续改进

李佳, 崔巍

中国医学科学院肿瘤医院, 100000

**目的** 分析肿瘤专科医院生化项目危急值在的发生与报告情况, 为优化肿瘤患者危急值项目及设定合理的危急值界限提供依据。

**方法** 收集中国医学科学院肿瘤医院检验科 2016 年 7 月 1 日至 2017 年 7 月 16 日生化组所有危急值数据, 通过 Excel 2016 软件和 SPSS16.0 统计学处理软件对数据进行统计分析。

**结果** 在 1484 条生化危急值数据中, 危急值项目数量排名前五位的分别为 Na、Cl、GLU、K 和 PHOS, 危急值发生率排名前五位的项目为血气分析的五个项目, PH 值、 $\text{cHCO}_3^-$ 、 $\text{PCO}_2$ 、氧饱和度和  $\text{PO}_2$ 。危急值发生数较多的科室主要有监护室 (ICU)、综合科、神经肿瘤外科、胰胃肿瘤外科、胸部肿瘤外科、急诊室、肝胆肿瘤外科、肿瘤介入科和结直肠肿瘤外科, 部分科室危急值分布有其各自的特点。在所有危急值中, 住院患者占 77.76%, 急诊患者占 5.93%, 门诊患者占 16.31%, 而门诊危急值的报告时间远高于住院及急诊危急值。

**结论** 定期对危急值进行分析评估能为优化危急值项目及合理设定危急值界限提供依据, 也能促使医院及科室加强危急值的管理, 做到持续改进。

## PU-3224

## 中枢感染导致脑脊液细胞仪器计数假性增高案例

梁涵瑜,王宏

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 报道一例中枢感染导致脑脊液细胞仪器计数假性增高案例

**方法** 针对一例脑脊液引流术后患者的脑脊液标本，分别用 sysmexXN 体液模式和手工法计数分类。

**结果** XN 体液模式结果如下：WBC 709 个/ $\mu$ l, RBC 1000 个/ $\mu$ l, N% 11.0, L% 32.6, E% 0, M% 56.4；手工法结果如下：WBC 278 个/ $\mu$ l, RBC 20 个/ $\mu$ l, N% 61.6, L% 22.6, E% 0, M% 15.8。

**结论** 脑脊液细菌感染的标本由于细菌大量繁殖，聚集成团，体积与红、白细胞相仿，可造成仪器计数的假性增高，尤其是红细胞计数的假阳性，使用自动化仪器检测浆膜腔积液和脑脊液常规的实验室，应根据各自实际情况制定合理的复检规则。

## PU-3225

## 替加环素缓冲液可恢复其体外抗菌活性

邓燕燕,龚倩

中山医院青浦分院

**目的** 验证新开发的替加环素缓冲液具有恢复其体外抗菌活性的作用。

**方法** 选取 90 株临床菌株，用纸片扩散法量取抑菌圈直径，将添加替加环素缓冲液的和未添加的抑菌圈直径做比较；选取 18 例用微量肉汤稀释法测定最低抑菌浓度（MIC）验证其与添加替加环素缓冲液的纸片扩散法（K-B）结果的符合率。

**结果** 90 株细菌的 K-B 法结果显示添加替加环素缓冲液后，抑菌圈直径均增长了 3-5mm，缓冲液添加前后相比较，结果有显著差异。添加替加环素缓冲液后的 KB 法结果与 MIC 比较，符合率为 94.4%；未添加替加环素缓冲液的 KB 法结果与 MIC 比较，符合率仅为 44.4%。

**结论** 替加环素缓冲液可恢复其抗菌活性，使用替加环素缓冲液后的 K-B 法是较为可靠的。

## PU-3226

## 血清甲状腺功能检查在高血压患者中的检测价值

王思英<sup>1</sup>,林宝顺<sup>1</sup>,何放晴<sup>2</sup>

1.解放军联勤保障部队第 900 医院

2.福建医科大学,350000

**目的** 探究血清甲状腺功能指标在高血压患者中的检测价值。

**方法** 选取 2018 年 11 月-2019 年 4 月期间在我院就诊的高血压病患者 182 例（高血压组），另取在我院进行健康体检的正常人 200 例作为健康组。将健康组作为对照组，高血压组作为实验组。对所有受试者进行五项血清甲状腺功能检测，分别是血清游离甲状腺素（Free thyroxine, FT4, pmol/L）、血清游离三碘甲腺原氨酸（Free triiodothyronine, FT3, pmol/L）、促甲状腺激素（Thyroid stimulating hormone, TSH,  $\mu$ IU/ml）、甲状腺过氧化物酶抗体（Thyroid peroxidase antibody, TPOAb, U/ml）及甲状腺球蛋白抗体（Thyroglobulin antibody, TGAb, U/ml），并记录结果，比较实验组与对照组各项目检测结果的差异。

**结果** 高血压组患者的 FT3 指标的降低率 6.0%显著高于健康组的降低率 1.0%，两者差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )，两者升高率无明显差异 ( $P>0.05$ )；高血压组的 TSH 指标的升高率为 8.8%，健康组的 TSH 指标的升高率为 3.7%，两组差异明显，具有统计学意义 ( $P<0.05$ )，两者降低率无明显差异 ( $P>0.05$ )；高血压组的 FT4 指标的降低率 4.4%，健康组的 FT4 降低率 1.7%，两组受试者无明显差异 ( $P>0.05$ )，升高率亦无明显差异 ( $P>0.05$ )。高血压组患者 TPOAb 的阳性率 20.3%显著高于健康组的阳性率 6.7%，在 TGAb 的结果对比上，高血压组患者的阳性率 19.8%显著高于健康组的阳性率 6.0%， $P$  均小于 0.001，具有统计学意义。

**结论** 血清甲状腺功能指标在高血压患者中具有一定的检测价值可为及早发现、干预和临床诊治提供指导，临床医生可将血清甲状腺功能检测可以作为一项非特异性指标来辅助临床医生分析疾病的发病机制并及早预防。

## PU-3227

### What is the most suitable blood collection tube for glucose estimation?

Jing Liao, Fei Ding, Wei Luo, Guixing Li  
West China hospital

**Objective** Glucose is one of the most frequently measured analytes in laboratories. However, glycolysis affects glucose determination in vitro. The aim was to determine which tube would be the most suitable for accurate glucose estimation in a routine laboratory setting.

**Methods** Blood from 50 volunteers was collected into plain, lithium heparin, NaF and serum separator tubes. Samples were treated in two ways: 1) After collection, centrifuge immediately (within 30mins) 2) Collect and then place the blood, centrifuge until detection. We measured the blood glucose of each group after 0, 0.5, 1, 1.5, 2, 2.5, 3, 3.5, 4, 4.5, 5, 5.5, 6, 8, 24 or 48 hours of placement.

**Results** No matter what kind of blood tubes were used, the glycolysis rate of the group: centrifuge until detection, was higher than that of centrifuging immediately, which was about 6.39 times on average. If the blood can be centrifuged immediately after collection (within 30mins), using the serum separator tubes can obtain more accurate blood glucose results. Its glycolysis was the lowest. Even after 48 hours of placement, it was only 0.34mmol/L lower than that at 0h, and the maximum glycolysis rate was only 5.79%. If centrifugation can not be done in time, the tubes added with NaF can maximally inhibit glycolysis. The 1-hour degradation rate is about 7.71%, and the 2-hour degradation rate is about 11.44%. The total allowable error of blood glucose is 10%, therefore, even if NaF was used, centrifugation and detection should be performed within 1 hour after blood collection.

**Conclusions** The plain tube used in most laboratories is not suitable for blood glucose testing. If it can be centrifuged immediately, the serum separator tube is the best, if can not, the NaF tube has the strongest inhibitory effect on glycolysis.

PU-3228

## Reagent strips for rapid detection of *mecA* mRNA in *Staphylococcus* based on isothermal amplification combined with immunochromatography

Ning Lou, Yirong Li  
Zhongnan Hospital, Wuhan University

**Objective** We aim to develop a method for rapid detection of *mecA* mRNA in *Staphylococcus* based on isothermal amplification combined with immunochromatography (IACI) and evaluate its clinical value.

**Methods** Firstly, we develop the method for rapid detection of methicillin-resistant *Staphylococcus*. Specific primers and probes were designed for amplification and detection of 16S rRNA and *mecA* mRNA of *Staphylococcus*. We conjugated the oligonucleotide to gold nanoparticles to make PLGP. Control zone capture oligo was sprayed on nitrocellulose membrane to make gold immunochromatography assay (GICA). Amplification products were detected by GICA.

Then 256 clinical isolates of *Staphylococcus* (200 isolates of *S. aureus* and 56 isolates of coagulase negative staphylococci) were analyzed using VITEK 2 Compact System and IACI respectively. The sensitivity, specificity, accuracy and detection range of the method were evaluated.

**Results** When the concentration of *S. aureus* solution was gradually diluted from  $10^7$  CFU/ml to  $10^1$  CFU/ml, the 16S and M lines weakened gradually. When the concentration of bacterial solution was  $10^7$  CFU/ml, the color of the band was the deepest. When the concentration of bacterial solution was 10 CFU/ml, 16S and M lines produced no bands. Therefore, the sensitivity of IACI was 5 CFU/ $\mu$ l and the detection range was 5 CFU/ $\mu$ l- $5 \times 10^5$  CFU/ $\mu$ l. The specificity of IACI was 100%. In the verification of 256 strains of *Staphylococcus*, the coincidence rate of IACI and VITEK 2 was 98.05%, the accuracy was 99.22%, the positive predictive value was 98.50% and the negative predictive value was 100%.

**Conclusions** We have developed a method for rapid detection of *mecA* mRNA in *Staphylococcus* based on isothermal amplification combined with immunochromatography (IACI). The species identification is performed by detecting whether the bacteria contains 16S rRNA of *Staphylococcus*. If is tested as *Staphylococcus*, then the transcription products of *mecA* gene are detected to determine whether it is MRS. The technology of isothermal amplification doesn't require special instruments only a PCR instrument, and the detection of RNA can reflect the transcription activity of pathogens. What's more, the reaction system of isothermal amplification is more stable, which can improve the sensitivity of detection. After amplification and incubation with colloidal gold test solution, the mixture soaks the immunochromatography strip. If positive, a red band can appear. Compared with the traditional methods, IACI makes the detection of MRS quicker, easier and more accurate, which takes only 60 minutes to perform the whole procedure. Due to its low technical and instrumental requirements, this kit is expected to be widely used in primary hospitals and point of care test.



PU-3229

## 呼吸道病毒核酸荧光定量 PCR 法六重联检 与单重荧光定量 PCR 法的比较

林凯旋<sup>1</sup>,余楠<sup>2</sup>

1.南方医科大学南方医院,510000

2.南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 引起呼吸道感染的病原种类多样,加之具有相似的临床症状和流行特征,给早期鉴别诊断带来一定难度。本研究采用实时荧光定量 PCR 法六重联检对人鼻拭子中的甲型流感病毒、乙型流感病毒、呼吸道合胞病毒、腺病毒、副流感 I 型病毒、副流感 III 型病毒六种呼吸道感染常见病毒进行定性检测。并将其与单重实时荧光定量 PCR 检测方法进行比较,对其进行临床性能验证。

**方法** 对同一患者鼻拭子分别用呼吸道病毒联检试剂盒法(PCR 荧光探针)与单重实时荧光定量 PCR 进行检测,比较测定结果。二者检测结果不符合的样本采用测序法再次检测,最终结果以任意两种方法结果相同的为准。

**结果** 六重荧光定量 PCR 灵敏度及特异度分别达到 99.11%(95%CI: 94.40-99.95%)、93.98%(95%CI: 85.89-97.76%)。其与“金标准”Kappa 值为 0.973,一致性高,  $P > 0.05$ , 显示检出构成比组成无统计学差异。六重荧光定量 PCR 的阳性检出率要高于单重荧光定量 PCR,两种 PCR 方法一致性较好。

**结论** 六重荧光定量 PCR 整体表现良好,灵敏度及特异度高。加之其课同时检测六种病毒,相对单重荧光定量 PCR 检测效率更高、更节约成本,因此在呼吸道病毒的临床筛查中更具优势。

PU-3230

## 太原市健康成人血红蛋白调查与分析

刘伟

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 调查探讨太原市健康成人血红蛋白参数在男女性别各个年龄段之间是否具有统计学差异及分布特点,并分析本研究结果与卫生行业标准 WS/T 405-2012 血细胞分析参考区间(简称 WS/T 405-2012)的符合性。

**方法** 使用 SPSS22.0 统计学软件对 2017 年在我院体检的 11563 例健康体检人群血细胞分析的血红蛋白参数进行统计学分析。

**结果** 太原市健康成人血红蛋白参数在男女部分年龄段之间有统计学差异且分布特点有待研究,并与行标有一定偏差。

**结论** 太原地区血红蛋白参数在男女性别部分年龄段之间有统计学差异,应考虑是否需要依据年龄引用不同参考值范围。

## PU-3231

**PDCA 循环在提高临床危急值报告有效性中的应用**

项瑾,范华杰,成晨,关明  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 完善危急值管理体系,提高检验质量。评估 PDCA 循环管理模式在检验科危急值管理中的应用效果,探讨 PDCA 循环对持续改进危急值报告有效性的作用。

**方法** 将 PDCA 循环应用于临床危急值管理,通过统计分析检验科所报告的危急值记录与临床接收危急值记录的一致性来评估目前危急值报告的有效性,采用鱼骨图分析两者不一致产生的原因,制定改进计划(Plan, P),采取相应措施(Do, D),评估措施施行效果(Check, C),反馈进一步改进措施(Act, A),从而完成一个 PDCA 循环。遗留的不足之处有待通过下一个 PDCA 循环持续改进,使危急值管理体系日趋完善。检验科与护理部质控组合作,使用 LIS 系统汇总检验科 2018 年 1 月 1 日起至 2018 年 10 月 31 日住院病人标本危急值报告记录清单,发往各临床科室(各病区)进行第一次初始核对,核对检验科记录清单与各病区接收记录的一致性。分析两者不一致的原因,绘制鱼骨图,制定改进计划,并在改进方案的实施后,再次汇总 2018 年 11 月与 12 月危急值清单,进行与临床科室的第二次核对,评估改进效果。

**结果** 检验科 1 月至 10 月住院病人标本危急值共计 4593 条。危急值报告与临床记录不符 315 条,其中内容错误 197 条(错误率 4.28%),漏项 46 条(错误率 0.09%),时间错误 72 条(错误率 1.57%);11 月至 12 月住院病人标本危急值共计 330 条,危急值报告与临床记录不符 5 条,其中漏项 5 条(错误率 1.52%),且未再次出现内容错误和时间错误。在一个 PDCA 循环过后,检验科危急值报告率达 100%,检验科报告与临床接受符合率由原来的 93.15%提高至 98.48%。为期一年的危急值管理持续改进计划取得成效,检验科危急值管理水平有所提升。

**结论** PDCA 循环法对提高临床危急值报告有效性具有良好的应用效果。实验室使用 PDCA 循环法持续改进,不断完善、规范危急值报告制度和流程,有利于临床医生以最快速度根据检验报告结果对危重患者采取相应的措施,拯救患者生命,缓解医患矛盾。PDCA 循环不是简单的平行重复,而是周而复始、不断提高的过程。一个循环的结束,把成功的经验加以总结,纳入标准化操作规程,把存在的问题作为下一个 PDCA 循环的重点内容,继续进行医疗质量的持续改进,可以提升实验室管理水平和检验质量。

## PU-3232

**异常凝血酶原(PIVKA-II)检测对原发性肝癌的诊断价值**

黄紫琪  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 通过利用免疫的方法检测异常凝血酶原(PIVKA-II)和利用生化的方法检测甲胎蛋白(AFP),对肝细胞癌(HCC)的诊断价值进行科学地评价。

**方法** 回顾性地对佛山市第一人民医院的三组肝病患者(HCC 患者 129 例、乙型肝炎患者 56 例、肝硬化患者 57 例)和一组非肝病患者(55 例)的临床资料进行分析,通过比较四组的水平,并用 ROC 曲线来科学地评价这两种血清标志物对 HCC 的诊断价值。

**结果** HCC 组两种血清标志物的水平平均高于另外三组( $P < 0.01$ );以  $AFP \geq 20 \mu\text{g/L}$ ,  $PIVKA-II \geq 40 \text{mAU/mL}$  为临界值,PIVKA-II 的灵敏性更好,特异性更高( $P < 0.05$ )。与 AFP 比较,PIVKA-II 的 ROC-AUC 更大( $P < 0.05$ ),联合检测的 ROC-AUC 更大( $P < 0.05$ );与 PIVKA-II 比较,联合检测的 ROC-AUC 结果的差异不具有统计学意义(因为  $P = 0.2020$ )。

**结论** 两者相比,血清标志物 PIVKA-II 对 HCC 的诊断价值更优,更有利于临床 HCC 早期阶段的诊断;其与 AFP 的联合检测更灵敏,特异性更好,但联合检测并未表现出优于 PIVKA-II 单独检测的价值。

## PU-3233

### 华氏巨球蛋白血症对血常规检测的影响

梁涵瑜,张丽霞

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 报道一例华氏巨球蛋白血症影响血常规检测案例

**方法** 先后用 5 倍稀释法和 37°C 水浴法对华氏巨球蛋白血症患者进行血常规检查和涂片镜检

**结果** 5 倍稀释结果如下: WBC  $9.70 \times 10^9/L$ , RBC  $2.3 \times 10^{12}/L$ , HB 70g/L, PLT  $160 \times 10^9/L$ , 镜下红细胞数量减少,聚集成团,呈虫蛀样改变,偶见浆样淋巴细胞和淋巴细胞拖尾现象,并可见大小不等半透明物质;37°C 水浴 1h 结果如下:WBC  $9.64 \times 10^9/L$ , RBC  $2.67 \times 10^{12}/L$ , HB 74g/L, PLT  $91 \times 10^9/L$ , 镜下红细胞散在分布,虫蛀样改变消失,仍可见半透明物质,但数量减少。

**结论** 血细胞分析仪红细胞和血小板计数常规方法是电阻抗法,根据细胞大小来判断,因此容易被标本中大量沉淀的不定形冷球蛋白干扰,根据形成的不定型成分的大小不同造成不同成分计数假性增高。针对冷球蛋白血症标本,血常规检测时应注意其对检测结果的影响,如遇此类病例,血常规标本建议 37°C 水浴后即刻上机检测,结果相对准确。

## PU-3234

### Hypofibrinogenemia caused by a novel missense mutation in a Chinese patient

Haiyue Zhang, Mingshan Wang

The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

**Objective** To analyze the phenotype and genotype of inherited dysfibrinogenemia pedigree associated with a novel heterozygous and missense mutation in the FGB gene, and to investigate its molecular mechanism.

**Methods** The activated partial thromboplastin time (APTT), prothrombin time (PT), thrombin time (TT), activity plasma fibrinogen (FIB:C) were determined by the one-stage clotting method on the Stago STA analyzer (Diagnostica Stago, Asnières sur Seine, France). The D-Dimer (D-D) and fibrinogen degradation products (FDPs) were tested by immunoturbidimetry method using matched commercially available kits. And fibrinogen determine reagent (Immunoturbidimetric method) kit (Erkn, Zhejiang, China) were used to measure the antigen plasma fibrinogen (FIB:Ag). All the exons and exon-intron boundaries of the genes of FGA, FGB and FGG with the fibrinogen were amplified by PCR and followed by direct sequencing. The conservatism of mutated gene locus were analyzed by ClustalX - 2.1 - win. The functional importance of the novel missense mutations identified in this paper was done on four different software mutation tasters, and the software displays predictive scores based on conservative and multiple sequence alignments. The protein model generate based on the X-ray 3D structure of the Protein and Swiss-Pdb Viewer version 4.01, which was helps to analyze the molecular structure of the mutant protein.

**Results** The proband with normal liver function, platelet levels, APTT, FDPs and D-D. However, her PT and TT were slightly raised at 16.5s and 23.2s, respectively. FIB:C and FIB:Ag of proband were low level at 0.82 g/L and 1.19g/L (normal range: 2-4 g/L). Sequence analysis of fibrinogen gene revealed the proband, her father, and son all took a heterozygous

c.452T>G point mutation in FGB result in Leu121Arg missense mutation. However, her mother, sister and husband had the wild-type nucleotide. Homologous sequence alignment results showed that the Leu121 is highly conserved within *Mus musculus*, *Rattus norvegicus*, *Homo sapiens*, *Pan troglodytes*, *Macaca mulatta*, *Canis lupus familiaris*, *Bos taurus*, *Xenopus tropicalis*. The predicted results of the Leu121Arg were 'disease causing', 'probably damaging', 'deleterious', and 'affect protein function', corresponding to 'Mutation Taster', 'PolyPhen-2', 'PROVEAN' and 'SIFT'. Model analysis showed that the replacement of a non-polar Leu121 by a positively charged Arg121 resulting in the addition of a hydrogen bond between Arg121-Try117 (Figure 3).

**Conclusions** We have found a novel heterozygous mutation (p.Leu121Arg) in exon 3 of the B $\beta$ -chain gene in a Chinese proband, which could lead to hypofibrinogenemia. Based on the phenotype and genotype testing results, we could determine that the mutation is the cause of the fibrinogen deficiency reported here. We are now conducting in vitro expression experiments to elucidate the precise pathological mechanisms of this mutation.

## PU-3235

### miR-106a 通过靶向 LKB1 调控 HPV 16 阳性 宫颈癌细胞的增殖和自噬

陈翰祥,马万山  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨 miR-106a 在 HPV 16 阳性宫颈癌恶性转化中的作用及机制。

**方法** 收集 56 例因子宫良性病变切除子宫患者的 HPV 阴性的正常宫颈组织（对照组）及 78 例 HPV 16 阳性宫颈癌患者的宫颈癌组织（宫颈癌组），采用实时荧光定量 PCR (RT-qPCR)检测 miR-106a 在组织及细胞中的表达。统计分析 miR-106a 在组织两组间的表达差异，并验证 miR-106a 与患者临床病理学参数的关系。采用 ROC 曲线评估 miR-106a 的诊断价值。通过 CCK-8，平板克隆，EdU 实验检测 miR-106a 对宫颈癌细胞增殖的影响。Western blot 检测 miR-106a 作用后宫颈癌细胞自噬相关蛋白的变化，并采用共聚焦显微镜观察自噬体的形成。通过生物信息学软件预测 miR-106a 的靶基因，并使用双荧光素酶实验验证。使用 Western blot 验证 miR-106a 调节的信号通路。构建 HPV16 E6/E7 稳定表达细胞系，探究 HPV 对 miR-106a 的影响。

**结果** miR-106a 在 HPV 阳性宫颈癌组织和细胞中高表达，且 miR-106a 主要由 E7 致癌基因激活，表达差异有统计学意义。miR-106a 高表达与 HPV 阳性宫颈癌患者的肿瘤大小、FIGO 分期、淋巴结转移、脉管浸润以及低组织学分级呈显著相关性(P 均<0.05)，且 miR-106a 的表达可以明显地区分对照组和肿瘤组。miR-106a 通过靶向抑癌基因 LKB1 促进宫颈癌细胞增殖抑制自噬，并激活 AMPK/mTOR 信号通路。

**结论** miR-106a 在宫颈癌恶性转化过程中可能发挥了重要作用。miR-106a 有望成为 HPV 感染相关宫颈癌的潜在诊断标志物和治疗靶点。

## PU-3236

### In vitro antitumor immunity effect of Staphylococcal enterotoxin C3 obtained from prokaryotic expression

Shan Tan,Min Wang,Xian ping Li,Min Yang,Yi xin Xie,Kan Zhang,Jingjing Tian,Ling li Luo,Can Luo  
Central South University Xiangya Second Hospital

**Objective** Staphylococcal enterotoxins are classic models of superantigens that potently stimulate proliferation and activation of T-cells. SEA and SEB have been well studied in anti-

cancer activity. Moreover, in China, SEC2 has been used as efficient therapic agent to cancer therapy since 1996. However, little review has yet been published on SEC3. This prompted us to investigate anti-cancer activity of SEC3 as a superantigen and fever toxicity.

**Methods** The chemosynthetic Staphylococcal enterotoxin C3 gene was cloned to pET-28a expressive vector and then transformed into the Rossetta strain. Induced by Isopropyl- $\beta$ -D-thiogalactoside(IPIG), the SEC protein was expressed and identified by SDS-PAGE and Western-blot which was later purified through  $\text{Ni}^{2+}$  affinity chromatography. To detect the secretion of IFN- $\gamma$  from PBMCs stimulated by different concentration of SEC3 protein by ELISASpot assay. And we use the Cell Counting Kit to investigate the bioactivity of SEC3 protein to stimulate the proliferation of PBMCs and to activate PBMCs to kill Hela cells. Moreover, we utilize Flow Cytometer to analyse the phenotype change of lymphocytes. Two animal models(BALB/C mouse, KunMing mouse) were used to assess the in vivo pyrexia toxicity of SEC protein.

**Results** The SEC3 protein was successfully expressed with the molecular weight of 31.5kD in inclusion body. Proliferation experiment in vivo indicated that 0.1-5 $\mu\text{g}/\text{ml}$  concentration of SEC3 protein apparently promotes the proliferation of PBMCs, whereas 100 $\mu\text{g}/\text{ml}$  inhibit the proliferation. Meanwhile, in Hela cells inhibitory experiment, 0.1-5 $\mu\text{g}/\text{mL}$  concentration of SEC3 can activate PBMCs to kill Hela cells. After 1 $\mu\text{g}/\text{mL}$  SEC3 protein stimulation, the percentage of Helper T cells(Th) and Natural killer cells(NK) increased. The percentage of Cytotoxic T cells(Tc) and B lymphocytes decreased. Further toxicity assay in vivo showed that intravenous injection of SEC3 protein, the mouse body temperature increased significantly.

**Conclusions** These findings suggested that SEC3 protein has superantigen activity to stimulate lymphocyte proliferation and activation which promote Hela cell apoptosis, while still has pyrexia toxicity. It suggest that SEC3 can be used as a potential anti-cancer agent for cancer immunotherapy.

## PU-3237

### 全血细胞计数评价颈动脉粥样硬化的实验与临床研究

李林璋<sup>1</sup>, 韩呈武<sup>1</sup>, 续薇<sup>2</sup>, 曹永彤<sup>1</sup>

1. 中日友好医院检验科

2. 吉林大学白求恩第一医院检验科

**目的** 分析全血细胞计数与颈动脉粥样硬化 CAS 的相关性, 探讨其对 CAS 风险评估的价值, 为动脉粥样硬化患者的早期筛查、早期干预提供临床思路。

**方法** 选取 2018 年在中日医院体检中心体检并行颈动脉超声检查的人群作为研究对象, 共 468 例 (男性 354 例, 女性 114 例, 平均年龄  $67.31 \pm 8.84$  岁)。根据颈动脉内膜中层厚度 (IMT) 不同将研究对象分为两组, I 组: 颈动脉正常组 (111 例), II 组: 颈动脉粥样硬化组 (357 例); 采用秩和检验和卡方检验比较两组间全血细胞计数、血生化指标及其他相关因素的差异; 采用 Spearman 相关分析探究全血细胞计数、血生化指标及其他各参数与颈动脉 IMT 的相关性; 采用多因素 Logistic 回归分析影响 CAS 的危险因素。

**结果** ①颈动脉粥样硬化组的男性占比、年龄、高血压病、冠心病、吸烟比例、腰围、收缩压、MCV、WBC、NE、空腹血糖 (FBG)、肌酐 (CRE)、血尿素氮 (BUN) 均高于颈动脉正常组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

②颈动脉 IMT 与各临床参数相关性分析显示, 颈动脉 IMT 与年龄 ( $r=0.278$ ,  $P < 0.001$ )、收缩压 ( $r=0.196$ ,  $P < 0.001$ )、腰围 ( $r=0.148$ ,  $P=0.001$ )、MCV ( $r=0.106$ ,  $P=0.022$ )、RDW ( $r=0.158$ ,  $P=0.001$ )、WBC ( $r=0.128$ ,  $P=0.006$ )、MO ( $r=0.108$ ,  $P=0.019$ )、NE ( $r=0.138$ ,  $P=0.003$ )、FBG ( $r=0.118$ ,  $P=0.011$ )、CRE ( $r=0.126$ ,  $P=0.006$ ) 呈正相关。

③颈动脉粥样硬化多因素 Logistic 回归分析显示, MCV (OR=1.135,  $P=0.041$ , 95%CI: 1.005~1.282)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) (OR=1.404,  $P=0.046$ , 95%CI: 1.006~1.960)、年

龄 (OR=1.070,  $P<0.001$ , 95%CI: 1.036~1.106)、吸烟史 (OR=3.082,  $P=0.003$ , 95%CI: 1.468~6.473) 是颈动脉粥样硬化的危险因素。

**结论** ①全血细胞计数中, MCV、RDW、WBC、NE、MO 与颈动脉 IMT 呈正相关, 其水平越高, 发生动脉粥样硬化的风险越高, 全血细胞计数可用于 CAS 的风险评估。

②MCV 增大是影响 CAS 的独立危险因素, 提示 CAS 的发生、发展与 MCV 关系密切。

## PU-3238

### 国内外文献数据可视化计量分析循环肿瘤细胞 在肺癌中的研究热点和前沿

熊康, 孙婷婷

海军军医大学附属长海医院

**目的** 分析国内外循环肿瘤细胞在肺癌中的研究现状, 寻找该领域的研究热点为后续研究提供更多依据和方向。

**方法** 利用 Web of Science Core Collection (WOS) 和中国知网 (CNKI) 数据库检索 2007 年至 2018 年国内外的出版文献。基于文献计量学方法使用 Microsoft Excel 2016 和 CiteSpace V 软件分析出版文献, 评估不同国家/地区、机构和研究人员的分布, 阐述研究热点和前沿。

**结果** 截至 2018 年 12 月 11 日, 共有 1452 篇关于循环肿瘤细胞在肺癌中应用的英文文献和 361 篇中文文献被发表。英文文献中排名前三的国家为美国 26%、中国 18%、德国 7%。国外文献关键词聚类涉及形态学富集的膜过滤技术(Isolating by size of epithelial tumor cells, ISET)、液体活检、化疗、转移等; 国内文献关键词聚类涉及非小细胞肺癌、液体活检、EGFR 等。当前研究热点在分离捕获技术和临床诊断与治疗上。曼彻斯特大学发表关于循环肿瘤细胞在肺癌应用的文章 39 篇, 位列研究机构产出第一。

**结论** 循环肿瘤细胞在肺癌中运用的研究领域, 研究热点包括 ISET、液体活检、化疗、转移、X 连锁凋亡抑制蛋白、单核苷酸多态性、细胞凋亡等。近一年的研究前沿集中在治疗获得性抵抗、血浆 DNA、异质性、游离 DNA、微流体装置。CiteSpace V 软件的可视化分析功能, 有助于了解循环肿瘤细胞在肺癌中研究的热点、前沿和主要关注问题, 为进一步开展研究提供了依据。

## PU-3239

### Enhanced Resistance to Radiation and Chemotherapeutics in Human Colorectal Cancer Cells by AKAP12 Over-expression

Ke Li, Weiwei Liu

Shanghai no.10 people's hospital

**Objective** To understand the role of AKAP12 in cancer and provide new insight into tumor cell resistance to radiotherapy and chemotherapy.

**Methods** Lentivirus transfection assays were conducted to alter the expression levels of AKAP12 in colorectal cancer (CRC) cell lines. A cell viability assay, flow cytometric analysis and western blotting were carried out to study the effects of modulated AKAP12 expression.

**Results** The expression of AKAP12 changed CRC cell viability when exposed to the chemotherapeutic agents 5-fluorouracil (5-FU) and L-OHP. AKAP12 modulated the expression levels of apoptosis-related proteins in CRC cells after exposure to 5-FU. The expression of

AKAP12 also changed the viability of CRC cells and the expression levels of apoptosis-related proteins after exposure to radiation.

**Conclusions** AKAP12 expression improved the survival rate of CRC cells under treatment with chemotherapeutic drugs, but also increased the survival rate of CRC cells after radiation.

## PU-3240

### MicroRNA-539 inhibits the progression of Wilms' Tumor through downregulation of JAG1 and Notch1/3

Xuebo Wang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Previous studies demonstrated that miR-539 play an important role in the carcinogenesis of some cancers. The aim of the present study was to determine the role of miR-539 in the pathogenesis of Wilms' Tumor (WT).

**Methods** The expression level of miR-539 was measured by qRT-PCR in 42 WT tissues and SK-NEP-1 cell line. Protein expression of genes (E-cadherin, N-cadherin, Vimentin, Notch 1, Notch 3 and JAG1) was assessed by Western blot. The function of miR-539 was investigated in SK-NEP-1 cells by MTT and Transwell assays. The relationship between miR-539 and JAG1 was verified by a dual luciferase assay in SK-NEP-1 cells.

**Results** The expression level of miR-539 was significantly decreased in WT tissues. Downregulation of miR-539 was closely related to NWTS-5 stage, lymph node metastasis and histological type of WT patients. Furthermore, low miR-539 expression was associated with a shorter overall survival rate in WT patients. In vitro, overexpression of miR-539 suppressed proliferation, migration and invasion of SK-NEP-1 cells. In addition, JAG1 was a direct target of miR-539. MiR-539 inhibited the development of WT by inhibiting JAG1-Notch1/3 expressing and blocking EMT.

**Conclusions** MiR-539 inhibited the progression of WT through downregulation of JAG1 and Notch1/3.

## PU-3241

### 血清 TSH 比值在库欣综合症中诊断价值的初步研究

王霞,黄亨建  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨血清 TSH 比值作为一种新的诊断指标在库欣综合症 (Cushing's Syndrome, CS) 中的诊断价值。

**方法** 纳入 142 名受试者, 其中女性 83 名, 所有受试者均测量早晨 (8:00-9:00) 和午夜 (23:00-24:00) 的血清 TSH 和皮质醇水平来评估昼夜节律, 其中 139 名完成过夜低剂量地塞米松抑制试验 (low dose dexamethasone suppression test, LDDST), 即在午夜 (23:00-24:00) 给予 0.5mg (ACTH 依赖性) 或 1mg (ACTH 非依赖性) 地塞米松, 并且在第二天早晨 (8:00-9:00) 测量血清皮质醇。其中 132 名完成 24 小时尿液游离皮质醇 (urine free cortisol, UFC) 检测。

**结果** 根据 CS 和亚临床库欣综合征 (Subclinical Cushing's Syndrome, SCS) 的诊断标准, 其中 22 名患者诊断为库欣综合症 (12 名 CS 和 10 名 SCS)。CS 组患者 TSH 比值大于 1.0, 非 CS 组患者 TSH 比值小于 1.0。TSH 比值诊断 CS 的最佳 cutoff 值为 1.01 (灵敏度 95.2%, 特异度 94.2%), 午夜血清皮质醇 cutoff 值为 5.0 $\mu$ g/ dL 时诊断的灵敏度 90.9%, 特异度 86.7%。24hUFC cutoff 值为 100 $\mu$ g/24h 时诊断的灵敏度 34.6%, 特异性 94.6%。TSH 比值诊断的特异性高于 LDDST ( $P<0.05$ ), 灵敏度高于 24 小时 UFC ( $P<0.05$ )。

**结论** TSH 比值可作为一种新的 CS 诊断方法,与目前诊断 CS 的其他方法相比具有更高的特异性。

## PU-3242

### 血清与血浆同型半胱氨酸不同存放条件下 检测结果比较

葛亮  
江苏省中医院,210000

**目的** 比较同型半胱氨酸(HCY)血清与血浆在不同存放条件下结果的差异

**方法** 随机选取 30 例门诊患者收集并即刻分装促凝真空采血管 4 管、肝素锂抗凝真空采血管 2 管,其中 1 管促凝管和 1 管肝素锂抗凝管立即离心并分离血清和血浆,即刻检测,并吸出血清和血浆室温放置 6 小时后重新检测。将 2 管肝素锂抗凝管血液分别于室温和冰袋放置 1 h、3 h、6 小时重新混匀后离心分离血浆;另 3 管促凝管分别于室温放置 1 h、3 h、6 小时离心分离血清,应用化学发光微粒子免疫检测技术(CMIA)测定 HCY 浓度。

**结果** 促凝管采血凝固后即刻离心分离检测血清同型半胱氨酸浓度与肝素锂抗凝管即刻离心分离血浆检测同型半胱氨酸浓度结果差异无统计学意义( $P>0.05$ )。室温放置 1 h、3 h、6 小时检测血浆同型半胱氨酸浓度与即刻离心检测血浆同型半胱氨酸浓度结果差异有统计学意义( $P<0.001$ )。冰袋放置 1 h 混匀后离心检测血浆同型半胱氨酸浓度与即刻离心检测血浆同型半胱氨酸浓度结果差异无统计学意义( $P>0.05$ ),冰袋放置 3 h、6 小时混匀后离心检测血浆同型半胱氨酸浓度与即刻离心检测血浆同型半胱氨酸浓度结果差异有统计学意义( $P<0.05$ ),促凝管室温放置 1 h、3 h、6 小时检测血清同型半胱氨酸浓度与即刻离心检测血清同型半胱氨酸浓度结果差异有统计学意义( $P<0.001$ )。即刻分离血清和血浆室温放置 6 小时后检测同型半胱氨酸浓度结果差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 血清与血浆均适用于同型半胱氨酸检测,即刻离心检测血清与血浆浓度结果差异无统计学意义,随着放置时间的推延,如不能及时离心和冰袋运输保存标本同型半胱氨酸浓度血清或血浆检测结果均会出现假性升高现象。在临床工作中,应规范同型半胱氨酸采集、运输流程,尽可能冰袋保存标本,及时离心标本,病区标本建议用促凝管采集,及时送检。

## PU-3243

### 重症医学科住院患者医院感染病原菌分布 与危险因素分析

王参军,姬文灿  
东南大学附属中大医院,210000

**目的** 分析 2014 年 01 月—2018 年 12 月我院重症医学科住院患者医院感染的病原菌分布及危险因素,为临床合理应用抗生素提供依据。

**方法** 采用 Vitek 2 Compact 全自动细菌鉴定及药敏分析系统进行病原菌的鉴定,采用纸片扩散法(K-B 法)和 MIC 法测定其对抗菌药物的敏感性,根据美国临床实验室标准化协会(CLSI)2014 年标准对药敏试验结果进行分析判断。

**结果** 1639 例重症医学科住院患者发生医院感染 193 例、258 例次,医院感染率和例次感染率分别为 11.77%和 15.74%。感染部位以呼吸系统、泌尿系感染和消化系统为主,分别占 51.61%、20.63%和 12.65%。共分离出病原菌 132 株,其中革兰阴性菌 81 株占 61.36%,革兰阳性菌 51 株 38.36%。药敏结果显示,大肠埃希菌对氨苄西林的耐药率最高为 93.74%,对美罗培南和亚胺培南



的耐药率均为 0.00%。肺炎克雷伯菌对氨苄西林的耐药率最高为 94.45%，对美罗培南、亚胺培南的耐药率均为 0.00%。鲍曼不动杆菌对头孢替坦的耐药率最高为 98.73%，对阿米卡星的耐药率最低为 13.76%。金黄色葡萄球菌对青霉素 G 的耐药率最高为 100.00%，对万古霉素、替加环素、利奈唑胺和奎奴普丁/达福普汀的耐药率均为 0.00%。表皮葡萄球菌对青霉素 G 的耐药率最高为 100.00%，对万古霉素、替考拉宁、替加环素、利奈唑胺和奎奴普丁/达福普汀的耐药率均为 0.00%。屎肠球菌对克林霉素的耐药率最高为 100.00%，对替加环素利奈唑胺和奎奴普丁/达福普汀的耐药率均为 0.00%。住院时间>30 天、糖尿病、鼻饲管置管、泌尿道插管、深静脉置管、应用抗菌药物是全科医学住院患者医院感染的独立危险因素 ( $P<0.05$ )。

**结论** 应针对重症医学科住院患者医院感染的病原菌特点及危险因素，加强防控以降低医院感染率。

## PU-3244

### FLT3 基因表达对急性髓系白血病细胞调控影响研究

唐思诗,叶远馨,周燕虹,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** FLT3 基因突变是 AML 疾病发生发展的重要基因改变, FLT3-ITD 突变是 AML 疾病预后不良影响因素。研究发现 FLT3-ITD 突变与 FLT3 基因过表达存在重叠的下游信号通路, 且 FLT3 基因表达水平在白血病患者体内较其它肿瘤疾病更高, 提示 FLT3 基因过表达可能参与调控 AML 疾病, 影响患者预后。本研究拟通过分析 FLT3 基因过表达对急性髓系白血病细胞增殖和凋亡的调控作用, 探讨 FLT3 基因过表达对 AML 预后的影响。

**方法** 通过构建 FLT3 基因过表达和干扰表达质粒, 转染急性髓系白血病细胞株构建 FLT3 过表达和干扰表达白血病细胞模型。采用 CCK8 法检测实验组细胞增殖情况, 采用 qPCR 法、WB 法和流式细胞术检测实验组细胞凋亡情况。

**结果** CCK8 检测结果显示 FLT3 基因过表达组白血病细胞增殖明显高于 FLT3 基因干扰表达组。qPCR 法和 WB 法检测促凋亡基因 (BAK 基因) 结果显示, FLT3 基因过表达组促凋亡基因及其转录蛋白水平均明显低于 FLT3 基因干扰表达组。流式细胞术检测结果显示 FLT3 基因过表达组细胞凋亡百分比明显低于 FLT3 基因干扰表达组。

**结论** 本研究结果显示 FLT3 基因过表达可促进 AML 细胞增殖并抑制其凋亡, FTL3 基因过表达可能通过对白血病细胞增殖和凋亡的调控作用介导疾病进程, 影响患者预后。本研究在一定程度上填补了 FLT3 基因表达与 AML 关系研究的空白, 进一步证实了 FLT3 基因表达可能是 AML 疾病诊疗新靶点, 为临床个体化诊疗 AML 提供更多实验室数据。

## PU-3245

### 骨髓涂片与病理活检细胞形态学比较分析

张崇唯  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨骨髓涂片和骨髓病理活检细胞形态学在血液病诊断中的差异, 分析骨髓涂片和活检的优缺点及临床意义

**方法** 1、对 130 例恶性血液病患者, 分别进行骨髓穿刺和骨髓活检, 分别观察骨髓涂片和骨髓病理活检切片细胞形态, 并得出相应诊断, 同时结合细胞组化、细胞免疫分型和融合基因等辅助检查, 比较两者在血液病诊断及骨髓增生程度判断的差异; 2. 针对骨髓涂片和病理活检细胞形态学诊断不相符的病例, 结合细胞免疫分型和融合基因检测结果, 分析两种方法在血液病诊断中的优缺点。

**结果** 分析患者两种检查的结果后,共 111 例患者结果符合(占 85.38%),19 例患者结果存在差异(占 14.62%)。其中 6 例患者在骨髓增生程度判断上存在差异;3 例患者骨髓涂片结果提示骨髓增生异常综合症(myelodysplastic syndromes, MDS),而骨髓病理活检均未能检出;2 例患者骨髓涂片结果提示存在淋巴瘤浸润可能,而在骨髓病理活检结果未能提示,并且其中 1 例患者骨髓病理活检结果将淋巴瘤细胞误诊为“不成熟粒细胞”;2 例患者骨髓涂片结果提示为急性髓系白血病(acute myelocytic leukemia, AML),而骨髓病理活检结果均未提示;而有 2 例患者骨髓病理活检结果提示为淋巴瘤骨髓浸润,在该患者骨髓涂片结果中均未能检出。

**结论** 骨髓涂片细胞学检查和骨髓病理活检切片检查对于血液疾病诊断均是不可或缺的手段,但两者有着不同的特点和侧重。骨髓涂片细胞学检查操作简单,较易分辨各系细胞及其微细结构,更能全面了解细胞的病态造血并可量化;骨髓病理活检切片检查能较好的保持造血组织天然结构,较全面了解骨髓增生程度、有核细胞密度及其布局,对骨髓纤维化、毛细胞白血病等有确诊作用。临床上只有实行骨髓涂片和病理活检切片联合检查,相互补充,必要时结合细胞免疫分型技术,才能对血液病做出客观的诊断和分型。

## PU-3246

### HPV 感染与阴道微生态相关性浅析

李文庆,沈玉蓉  
昆明市延安医院,650000

**目的** 研究 HPV 感染女性患者阴道微生态改变的特点,探究 HPV 感染与阴道微生态失衡是否有相关性。

**方法** 选取 2017 年 4 月 1 日至 2019 年 4 月 1 日在我院检验科进行人乳头瘤病毒(HPV)--DNA 检测并做过白带分析的患者 200 例(HPV 结果阴性,阳性各 100 例)。通过其白带常规,及白带生化进行统计学分析。

**结果** 100 例 HPV 阳性患者中阴道清洁度 III-IV 度有 50 人, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 阳性有 63 人, AV 阳性有 35 人, BV 阳性的有 23 人,均高于 HPV 阴性对照组,且差异均具有统计学意义( $p<0.05$ )。

**结论** 阴道微生态失衡与 HPV 感染有相关性。

## PU-3247

### 一例血小板增多症导致假性高钾血症的案例分析

郭文静  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨血小板增多症患者的临床特点,以提高临床医生对血小板增多症引起假性血钾升高这一现象的认识,避免误诊高钾血症或漏诊低钾血症。

**方法** 在同一时间点同时监测血小板增多症患者的血浆钾及血清钾浓度,进行对比分析。

**结果** 测得患者血清钾为 5.15mmol/L,血浆钾为 3.45mmol/L。结果显示血清钾超过血浆钾 0.4mmol/L。

**结论** 血小板增多症可导致假性高血钾,在临床诊治过程中,需要全面分析,排除假性高血钾的干扰。

PU-3248

## 端粒酶基因多态性与肝细胞性肝癌预后 的相关性分析

刘霖

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 通过对肝细胞性肝癌患者癌组织样本中端粒酶基因 5 个 SNP 位点多态性的分析,探讨这些基因位点变异对肝癌患者手术治疗后转移、复发、死亡结局的影响,为肝癌患者预后分析与干预提供临床应用基础信息。

**方法** 1.研究对象的收集与随访,随访时间为 2006 年 7 月 1 日-2015 年 1 月 30 日。

2. 选择 AS-PCR 方法进行肝癌组织样本中端粒酶基因 5 个 SNP 位点多态性的检测。自主设计引物,组建并优化 PCR 反应体系及扩增条件,构建出适用于 5 个 SNP 位点多态性检测的 10 个 AS-PCR 检测体系,并通过 PCR 产物测序分析验证其检测结果的正确性。

3.用经验证后的 AS-PCR 方法,对肝癌组织样本进行端粒酶基因 5 个 SNP 位点基因多态性检测并分析其等位基因和基因型频率的分布规律。

4.用 COX 回归分析方法分析 5 个 SNP 基因与多态性与预后相关性,探讨其在肝细胞性肝癌患者预后中的作用。

**结果** 到随访截止期,既有随访病例也有基因多态性分析的 41 例 HCC 患者平均生存时间为 24 个月,生存率随着随访时间增加而逐渐下降。COX 回归分析结果显示,以死亡为结局时,SNP 位点 rs2735940 基因突变对死亡的回归系数  $\beta$  为 2.044,  $p=0.018$  ( $<0.05$ ),具有统计学意义,相对危险度 (Exp(B)) 为 7.720, 95.0% CI 为 1.427-41.757。

.rs2735940 分别与性别、年龄、家族史、巴塞罗那分期和进行治疗措施进行两因素 COX 回归分析,仅巴塞罗那分期的回归系数  $\beta$  具有统计学意义;②rs2735940 仅与进行治疗措施具有统计学意义。③ rs2735940 位点突变的回归系数 ( $\beta$  分别为 5.746、2.656、6.564) 的有统计学意义 ( $p$  值分别为 0.010、0.007、0.004)。

**结论** 1. 本研究中自主构建的 5 个 SNP 位点突变 AS-PCR 检测方法中引物是可用的,且有特异性的。

2. 本研究中自主构建的 5 个 SNP 位点突变 AS-PCR 检测方法,检测结果可靠,经济适用,操作简便,有临床推广应用前景。

3. 端粒酶启动子区域 rs2735940 13647 位点 G→T 突变增加了患者术后死亡的风险,但其贡献小于及巴塞罗那分期和进行治疗措施。

PU-3249

## 抗核抗体联合抗核抗体谱检测在自身免疫性疾病诊断中的 应用分析

钟铭音,廖海平,卓惠燕,唐欣萍

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 通过比较直接化学发光法(CLIA)检测血清中抗核抗体(ANA)的含量和线性免疫印迹法(LIA)检测血清中抗核抗体谱(ANAs)的表达结果,探讨两者之间的关联及其在自身免疫性疾病(AID)中的表达和临床意义。

**方法** 回顾性分析 2017 年 11 月至 2018 年 11 月中国人民解放军南部战区总医院收治的 377 例住院患者的自身抗体检测结果,对比 CLIA-ANA 与 LIA-ANAs 两种方法检测结果分析其相关性及其一致性。

**结果** 自身免疫性疾病中女性患者较多, 女性患者在大多数自身抗体检测中的阳性率高于男性患者, 其中 ANA、抗 SSA 和抗 Ro-52 抗体在女性患者的检出率明显高于男性 ( $P<0.05$ )。ANA 在大多数自身免疫性疾病患者血清中均可检出; AID 类型不同, 自身抗体检出情况也不尽相同, 但其抗核抗体谱大多具有一定的特征性。AID 组 ANA、ANAs 阳性率均明显高于对照组 ( $P<0.05$ ), 且 ANAs 诊断 AID 的阳性率(68.60%)明显高于 ANA(55.60%), 两种方法对 AID 的诊断一致性较好 ( $\kappa=0.648$ ,  $P<0.05$ )。ANA+/ANAs+, ANA-/ANAs-, ANA-/ANAs+ 三种统计结果显示 AID 组和对照组比较有显著性差异 ( $P<0.05$ ); 两组 ANA+/ANAs- 结果的比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。CLIA-ANA 和 LIA-ANAs 诊断 AID 的灵敏度分别为 55.6% 和 68.6%, 特异度分别为 96.6% 和 65.6%, 两项联合检测诊断 AID 的灵敏度和特异度分别为 70.5% 和 97.4%。

**结论** CLIA-ANA 与 LIA-ANAs 检测对诊断 AID 具有重要的临床价值, 两种方法学间存在检测敏感性和特异性的差异, 但诊断一致性较好, 联合检测可有效提高 AID 诊断的灵敏度和特异度, 因此两者可以进行互补, 提高 AID 的确诊率。通过检测 ANA 筛查 AID 的同时进行 ANAs 检测, 并结合临床分析, 对 AID 的早期诊断、病情判断和疗效评价具有重要的临床价值。

## PU-3250

### Sysmex XN-9000 血细胞分析仪对外周血幼稚粒细胞检出的探讨

张崇唯, 栗军  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 评价 Sysmex XN-9000 血细胞分析仪对外周血幼稚粒细胞(IG)的检出率与人工镜检法的相关性、一致性评价, 并计算 Sysmex XN-9000 血细胞分析仪检出幼稚粒细胞的灵敏度、特异度及该仪器检测正常临界值的设定。

**方法** 随机选取 780 份患者血液标本, 使用 Sysmex XN-9000 血细胞分析仪进行分析, 同时, 采用显微镜镜检计数幼稚细胞百分率, 分析两者之间相关性, 并分析该血细胞分析仪在幼稚粒细胞检出功能中的优缺点。

**结果** Sysmex XN-9000 血细胞分析仪对正常参考组的 IG% 检测范围为 0-0.81% ( $\bar{x} \pm 3s$ ), 而通过人工镜检法分析均未查见幼稚粒细胞。Sysmex XN-9000 血细胞分析仪检出幼稚粒细胞百分率 IG% 结果与人工镜检法检出结果具有良好相关性 ( $R=0.806$ ,  $P<0.001$ ); Sysmex XN-9000 血细胞分析仪对 IG% 检测的敏感性为 69.0%, 特异性为 91.6%, 临界值为 IG%=0.95%。

**结论** Sysmex XN-9000 血细胞分析仪对外周血幼稚粒细胞性能良好而当 Sysmex XN-9000 血细胞分析仪检测结果 IG% $\leq 0.95$  可认为无幼稚粒细胞, 当 IG% $> 0.95$  或结果显示为空白时, 则强烈推荐临床工作人员应进行血涂片阅读以复核。Sysmex XN-9000 血细胞分析仪能有效地筛选出外周血幼稚粒细胞, 误检率及漏检率均相对较低, 基本可满足临床实验室的要求。

## PU-3251

### CASK 基因变异 1 例临床及变异特征分析

张仪, 姚如恩, 胥雨菲, 韩聪, 王剑  
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心, 200120

**目的** 报道 CASK 基因变异导致的智力障碍、小头畸形伴脑桥小脑发育不良的 1 例患儿。

**方法** 回顾该患儿的临床资料, 提取患儿及父母外周血 DNA, 对患儿进行高通量测序检测变异, 并通过 Sanger 测序验证变异的亲本来源。

**结果** 男性患儿，3 月龄 27 天，临床主要表现为小头畸形，先天性喉软骨发育不良以及气管软化，生长发育迟缓，喂养困难，四肢肌张力高，反复无热抽搐，染色体微阵列检测未检测到有临床意义的基因拷贝数缺失、重复和大片段纯合子现象。高通量测序结合 Sanger 测序验证结果显示患儿携带 CASK 基因半合子移码变异 c.1818\_1821dupAACT, p.T608Nfs\*16，依据美国医学遗传学与基因组学学会和美国分子病理学学会发布的测序所得变异的致病性分类指南，该变异为可能致病性变异。

**结论** 本文报道了国内首例 CASK 变异导致智力障碍、小头畸形伴脑桥小脑发育不良的病例，拓展了基因型和表型相关性。

## PU-3252

### 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱鉴定临床念珠菌应用研究

林雅慧

1.南方医科大学第一临床医学院 2015 级医学检验技术林雅慧

2.南方医院

**目的** 临床上念珠菌感染与细菌感染相比死亡率更高，治疗效果更差。目前，临床微生物室确定念珠菌感染主要依靠生化方法与质谱方法。本实验以核糖体内转录间隔区（internal transcribed spacer, ITS）测序作为金标准，评估生化鉴定与基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱（Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS）两种方法鉴别常见临床念珠菌准确性，为临床治疗念珠菌提供指导与帮助。

**方法** 收集 56 株南方医院微生物室生化鉴定为念珠菌的标本。再用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 MALDI-TOF MS 和核糖体内转录间隔区 ITS 测序两种方法对这 56 株念珠菌标本进行分类鉴定。其中，生化鉴定结果由科玛嘉显色培养基与安图生物真菌快速培养鉴定药敏试剂盒联合鉴定所得。

**结果** 生化鉴定与核糖体内转录间隔区 ITS 测序鉴定结果一致率为 96.42%；基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 MALDI-TOF MS 与核糖体内转录间隔区 ITS 测序鉴定结果一致率 100%。

**结论** 生化鉴定，基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 MALDI-TOF MS 两种方法对临床念珠菌鉴定效能均较好。生化鉴定与核糖体内转录间隔区 ITS 测序一致率高，为 96.42%，可作为常规菌种诊断鉴定常规方法。基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 MALDI-TOF MS 与核糖体内转录间隔区 ITS 测序检测一致率较高，为 100%，在达不到测序条件的实验室里可采用质谱作为疑难菌种鉴定确诊方法。

## PU-3253

### 评估 S/Co 值在 Architect anti-HCV 检测中的作用

姜黎明

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** HCV 抗体检测会出现假阳性反应因而需要补充实验例如 HCV immunoblot 或核酸检测来确认 HCV 感染的状态。因假阳性反应的 S/Co 值较低，美国 CDC 推荐使用产生 95%阳性预测值的 S/Co 值作为判断 HCV 阳性的一种方法。本研究以 HCV immunoblot 为金标准评估 S/Co 值在 Architect anti-HCV 测试中的作用。

**方法** 3000 例于中国医科大学附属第一医院申请 HCV 检测的血清样本采用 Architect anti-HCV 试剂在 Architect i4000 仪器上检测 HCV 抗体，对于 S/Co>1 的样本收集血清于-40 度冰箱中保存，并采

用 HCV immunoblot (recomLine HCV IgG) 进行确认实验。所有检测及结果解释均按照制造商指导进行, 并且均在当日质控通过后进行。

**结果** 3000 例样本中有 41 例 (1.4%) 样本有反应性 ( $S/Co > 1$ ), 经过 HCV immunoblot 确认实验后发现, 有 22 例阳性, 12 例阴性, 以及 7 例不确定。通过与 HCV immunoblot 结果相比较后发现, 当  $S/Co > 5$  时 Architect anti-HCV 检测的敏感度为 86.4%, 阳性预测值为 95%。同时我们也发现确认阳性样本的  $S/Co$  值范围为 3.15-15.33, 确认阴性样本的  $S/Co$  值范围为 1.14-6.43, 不确定样本的  $S/Co$  值范围为 1.39-4.95。HCV 阳性样本与阴性样本在  $S/Co$  值 3.15-6.43 之间有重叠, 阳性样本与不确定样本在  $S/Co$  值 3.1-4.95 之间有重叠, 仅通过  $S/Co$  值无法判断 HCV 阴阳性。

**结论** 本研究发现当  $S/Co > 5$  时 Architect anti-HCV 的阳性预测值可以达到 95%, 但 HCV 阳性样本与阴性样本的  $S/Co$  有重叠, 仅通过  $S/Co$  值无法确认阳性样本和阴性样本。仍需要通过 HCV immunoblot 及核酸检测来确认 HCV 阳性及阴性样本。

## PU-3254

### 三种不同分子诊断技术在结核病实验诊断中的应用研究

钟艺绮

南方医科大学第一临床医学院 2015 级医学检验技术钟艺绮

**目的** 结核病是由结核分枝杆菌感染引起的可累及全身多系统多器官的疾病, 如今仍然有着高发病率、高死亡率。随着分子生物学的快速发展, 分子诊断技术开始大量应用于结核分枝杆菌的检测, 在结核病实验诊断中发挥越来越重要的作用, 本文评估了三种不同分子诊断方法 (GeneXpert MTB/RIF、PCR-荧光探针法、RNA 恒温扩增法) 在结核病实验诊断中的应用研究, 旨在找到一种快速、准确的结核病诊断的分子生物学方法。

**方法** 收集南方医科大学南方医院 2019 年 2 月至 2019 年 4 月的送检至检验科微生物室的临床诊断确诊为结核病患者标本 23 例和非结核患者 15 例, 分别用 GeneXpert MTB/RIF、PCR-荧光探针法、RNA 恒温扩增法以及涂片镜检法进行检测并计算其灵敏度和特异性, 采用 SPSS 22.0 进行统计学对其进行  $\chi^2$  检验,  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 明确诊断为结核病患者标本里面, GeneXpert MTB/RIF、PCR-荧光探针法、RNA 恒温扩增法、涂片镜检法检测的灵敏度分别为 87.0%、52.2%和 13.0%、8.7%, GeneXpert MTB/RIF 检测的灵敏度与另外三种方法比较, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); PCR-荧光探针法检测的灵敏度与 RNA 恒温扩增法、涂片镜检法相比, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); RNA 恒温扩增法的灵敏度与涂片镜检法相比, 差异无统计学意义。非结核病患者标本里面, GeneXpert MTB/RIF、PCR-荧光探针法、RNA 恒温扩增法、涂片镜检法检测的特异性均为 100.0%。

**结论** GeneXpert MTB/RIF 核酸扩增法与 PCR-荧光探针法、RNA 恒温扩增法检测以及涂片镜检法相比, 具有更高的灵敏度和阳性检出率, 并且操作方法便捷, 同时能快速检测对利福平的耐药性, 在结核病诊断中具有较好的辅助诊断价值, 在临床诊断、选择耐药结核的治疗方案上提供了一种重要的参考方法。

## PU-3255

### 顺德地区 1293 名健康儿童微量元素和钙水平检测结果分析

黄锡谊, 李小燕, 余高平

广州医科大学附属顺德医院 (佛山市顺德区乐从医院)

**目的** 调查顺德地区 0~12 岁健康儿童微量元素锌、铁、铜、锰、镁、铅及宏量元素钙的水平, 为指导儿童营养及合理补充微量元素提供依据。

**方法** 整群抽取 2018 年 4 月-2019 年 4 月在本院儿科进行保健体检的 1293 名 0-12 岁儿童，采用原子吸收光谱法检测血铅、锰、锌、铁、镁、铜和钙元素共 7 种元素，按照年龄分为 3 组：0~1 岁组，2~6 岁组，7~12 岁组，回顾分析各年龄组微量元素的分布情况，分析不同年龄组微量元素的异常率、各组不同性别微量元素水平的差异。

**结果** 锌元素总体缺乏率为 29.7% (384/1293)，0~1 岁组锌元素缺乏的发生率最高，为 62.9% (214/340)，与其他组相比有统计学意义；铁元素总体缺乏率为 5.6% (73/1293)，0~1 岁组缺乏率最高为 15.6% (53/340)；铜和锰元素随年龄增长逐减低，其中铜元素 0~1 岁组高于参考范围占比 13.2% (45/340)，缺乏率为 1.2% (4/340)，而 7-12 岁组铜元素高于参考范围仅为 0.2% (1/344)，缺乏率为 10.8% (37/344)；铅超标共 4 例；在各年龄组镁、钙元素水平基本正常；2~6 岁组男童铜元素水平高于女童，差异有统计学意义。

**结论** 本院健康体检的 0~12 岁儿童微量元素总体缺锌率最高，铁元素次之。顺德地区儿童在整个生长发育阶段特别婴儿期应不同程度补充微量元素锌、铁，成长后期也需注意补充铜元素，对于微量元素缺乏的儿童要进行合理的饮食指导或者药物补充，确保儿童健康成长。

## PU-3256

# 广州番禺地区不同时期妊娠人群 甲状腺激素参考区间的建立

杨戈瑶

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 为便于临床对孕妇甲状腺功能的诊断与治疗，本研究通过对来自广州番禺地区的不同孕期妊娠妇女进行甲状腺功能测定，特异地为番禺区孕妇的甲状腺功能指标确立参考区间

**方法** 在 2018 年 9 月~2019 年 1 月至番禺区中心医院就诊的妊娠妇女中，根据纳入条件通过 452 例不同孕期妇女作为妊娠组，同时对照组研究对象通过 111 例育龄非孕正常女性。分别检测其甲状腺分泌的 T<sub>3</sub>、T<sub>4</sub> 激素和垂体分泌的促甲状腺激素 (TSH) 水平，其中 T<sub>3</sub>、T<sub>4</sub> 在血清中表现形式为游离三碘甲状腺原氨酸 (FT<sub>3</sub>)、游离甲状腺素 (FT<sub>4</sub>)，以及游离形式与甲状腺球蛋白 (TBG) 的结合形式的总和：总三碘甲状腺原氨酸 (TT<sub>3</sub>)、总游离甲状腺素 (TT<sub>4</sub>)。根据妊娠时期不同，建立相应的妊娠甲状腺激素水平的参考区间

**结果** 妊娠早期、中期、晚期 FT<sub>3</sub> 水平的参考值范围分别为 4.19~6.52、4.04~6.18、3.16~6.18 pmol/L；FT<sub>4</sub> 的参考值范围分别为 7.74~13.93、5.58~11.87、5.98~11.31 pmol/L；TT<sub>3</sub> 水平的参考值范围分别为 0.81~1.78、0.93~1.92、0.73~1.98 ng/mL；TT<sub>4</sub> 的参考值范围分别为 6.23~12.28、5.73~12.88、6.49~13.35 μg/dl；TSH 的参考值范围分别为 0.19~3.47、0.07~4.25、0.03~4.53 μIU/mL。妊娠各期与对照组分别相比，其 FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub>、TT<sub>3</sub> 和 TT<sub>4</sub> 差异均有统计学意义 (P<0.05)。妊娠早期、妊娠中期的 TSH 与对照组分别相比，差异均有统计学意义 (P<0.05)，而妊娠晚期的 TSH 与对照组相比，差异不显著 (P>0.05)

**结论** 本研究中，血清甲状腺功能指标水平在不同时期的参考值有区别。除外妊娠晚期的 TSH 水平，血清甲状腺功能指标水平在妊娠妇女不同妊娠时期与非孕正常妇女之间表现为差异显著。因此，根据妊娠时期不同确定妊娠特异的参考值势在必得，应该摒弃以非妊娠期正常女性的参考区间水平为基础来评估孕妇甲状腺功能的做法，如此才有助于临床对甲状腺疾病的诊断与治疗

PU-3257

## 糖化血红蛋白稳定性的探讨

熊静<sup>1</sup>,林宝顺<sup>1</sup>,林楠<sup>2</sup>

1.中国人民解放军联勤保障部队第九〇〇医院

2.福建医科大学,350000

**目的** 探讨 3 种不同保存温度下的不同葡萄糖浓度糖化血红蛋白(HbA1c)样本的稳定时间。本实验通过改变温度、时间和葡萄糖浓度这三个方面的保存条件,来探讨糖化血红蛋白的稳定性。

**方法** 收集 27 份 HbA1c 水平不同的受试者样本以及受试者当天的血常规样本(分别为正常血糖浓度高、中、低糖化血红蛋白浓度样本各 3 份,高血糖浓度高、中、低糖化血红蛋白浓度样本各 3 份,低血糖浓度高、中、低糖化血红蛋白浓度样本各 3 份。要求血常规采集时间与糖化血红蛋白采集时间一致,并确保其均无溶血、脂血等情况。),同时记录受试者生化常规的 Glu 浓度。将每份受试者糖化血红蛋白样本混匀后分装成 8 管(每管 10 $\mu$ l),保存于低温冷冻( $\leq -20^{\circ}\text{C}$ );将受试者糖化血红蛋白原样本保存于室温;将受试者血常规样本保存于冷藏( $2\sim 8^{\circ}\text{C}$ )。分别测定其第 1、2、5、6、7、14、30、60 天的 HbA1c。该实验采用高效液相色谱法(HPLC),并用统计学的方法评价样本稳定性。

**结果** 储存在室温下的临床样本大致能稳定在 5d;储存在  $2\sim 8^{\circ}\text{C}$  的冷藏中的样本可稳定 14d;储存在冷藏中的样本可稳定少于 5d,多于 2d;葡萄糖浓度对糖化血红蛋白稳定性无影响。

**结论** 该实验为临床工作中 HbA1c 标本保存条件提供了有力依据,为临床提供更准确的检验结果。

PU-3258

## 血清降钙素原在上尿路腔内碎石术后尿脓毒血症中的应用

张璐

昆明医科大学

**目的** 评估血清降钙素原(PCT)在上尿路腔内碎石术后尿脓毒血症(Urosepsis)中的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析 2018 年 7 月至 2019 年 4 月昆明医科大学第二附属医院泌尿外科 60 例因上尿路结石行上尿路腔内碎石术患者的临床病历资料,将术后发生尿脓毒血症的 30 例患者设为观察组,术后未发生尿脓毒血症的 30 例患者设为对照组。分别比较两组患者术前及术后 8 h 血清 PCT 及 CRP 水平变化,并对 PCT 及 CRP 对尿脓毒血症的诊断效能进行评价。

**结果** 观察组及对照组患者术前血清中 PCT 和 CRP 水平均在正常范围内,两组间比较无显著性差异;观察组术后 8 h 血清 PCT 及 CRP 水平较对照组均明显升高( $P<0.01$ );观察组患者术后 8 h 血清 PCT 及 CRP 水平较术前均明显升高,且升高程度显著高于对照组( $P<0.05$ )。观察组血清 PCT 水平对术后尿脓毒血症的敏感度、特异度、阳性似然比均高于血清 CRP 水平,且阴性似然比低于血清 CRP 水平。

**结论** 血清 PCT 对诊断尿脓毒血症具有较高的敏感性和特异性,其诊断效能优于血清 CRP,对临床上早期诊断尿脓毒血症及改善患者预后具有重要意义。



## PU-3259

## Spontaneous colitis in IL-10-deficient mice was ameliorated via inhibiting glutaminase1

Jing Li,Lugen Zuo,Jianguo Hu

Department of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital of Bengbu Medical College

**Objective** Immunity imbalance and barrier damage in the intestinal mucosa is the main pathogenic factors of Crohn's disease (CD). BPTES is a glutaminase 1 (Gls1) inhibitor with the dual functions of increasing glutamine levels and immune regulation. We examined Glsl expression in the intestinal mucosa of CD and investigated whether BPTES can improve CD-like enteritis and the possible mechanism.

**Methods** Intestinal specimens were obtained from patients with (n=13) and without (control, n=17) CD who underwent intestinal resection. Glsl expression in the intestine was tested by immunohistochemistry. Fifteen-week-old male IL-10<sup>-/-</sup> mice with spontaneous enteritis were divided into the untreated control and BPTES-treated (BPTES, 60 µg/body, intraperitoneally, 4 weeks) groups. Age-matched male wild-type (WT) mice were used as negative controls. The effects of Glsl on enteritis, intestinal barrier function, and T cell response, as well as the potential regulatory mechanisms, were evaluated.

**Results** Glsl expression was higher in CD intestinal tissue than in control of intestinal tissue. Systemic delivery of BPTES significantly ameliorated chronic colitis in the IL-10<sup>-/-</sup> mice, as demonstrated by decreases in the disease activity index, body weight change, inflammatory score, and proinflammatory mediators. The protective effects of BPTES on CD included maintenance of the intestinal barrier integrity and Th/Treg balance. BPTES treatment may act in part through mTORC1 signaling activation.

**Conclusions** Glsl expression was increased in CD intestines. Inhibition of Glsl expression can attenuate chronic colitis by maintaining intestinal barrier integrity and the Th/Treg balance in part through mTORC1 signaling pathway activation, thereby ameliorating CD-like colitis.

## PU-3260

## 膀胱癌血清 lncRNA 诊断模型的建立及其对膀胱癌复发监测的临床意义

段伟丽<sup>1</sup>,王传新<sup>1</sup>,段伟丽<sup>1</sup>,王传新

1.山东大学第二医院,250000

2.山东大学第二医院,250000

**目的** 越来越多的证据表明 lncRNAs 在肿瘤的发生发展中起着非常重要的作用。通过检测 lncRNAs 在膀胱癌组织及血清中的表达水平, 建立膀胱癌血清 lncRNAs 诊断模型。并进一步评价该模型对膀胱癌的诊断及预后判断价值。

**方法** 1. 通过检索文献获得与膀胱癌相关的差异表达的 lncRNAs 作为候选 lncRNAs。

2. 通过 qRT-PCR 检测候选 lncRNAs 在 80 例膀胱癌组织及相对应的癌旁正常组织中的表达水平, 筛选出在膀胱癌组织和癌旁正常组织中差异表达的 lncRNAs 并进一步确证。

3. 在 training 阶段, 上述初步筛选出的 lncRNAs 继续在 52 例健康对照者、68 例良性对照者及 120 例膀胱癌患者的血清中进行检测。将差异表达有统计学意义的 lncRNAs 代入 logistic 多元回归方程, 建立膀胱癌血清 lncRNA 诊断模型。

4. 在 validation 阶段, 差异表达的 lncRNAs 在另外 48 例健康对照者、52 例良性对照者以及 100 例膀胱癌患者血清中进一步验证。

5. 跟踪随访 validation 阶段 100 名膀胱癌患者包括 61 名非肌层浸润性膀胱癌患 (NMIBC) 者和 39 名肌层浸润性膀胱癌患者 (MIBC), 分析差异表达的 lncRNAs 与膀胱癌复发的关系。通过 Kaplan-Meier 软件和 Cox 比例风险回归模型分别对 MIBC 和 NMIBC 进行生存曲线分析和监测复发的独立预后因素的分析。

**结果** 1. 在 training 阶段, MEG3 表达量下降, MALAT1 和 SNHG16 表达量升高。三个分子的 AUC 分别为 0.798、0.687 和 0.640。由 MEG3、SNHG16 和 MALAT1 组成的血清 lncRNA 膀胱癌诊断模型的 AUC 为 0.865。

2. 在 validation 阶段, 膀胱癌血清 lncRNA 诊断模型的 AUC=0.828, 对 Ta、T1 和 T2-T4 期膀胱癌的 AUC 分别为 0.778、0.805 和 0.880。

3. 经 Kaplan-Meier 分析发现, MEG3 和临床病理分期是 NMIBC 监测复发的独立预测指标。

**结论** 1. 血清 lncRNA 膀胱癌诊断模型可以辅助膀胱癌诊断特别是对于早期膀胱癌的诊断具有重要意义。

2. 血清中的 MEG3 可以作为 NMIBC 复发监测的独立预后指标。

## PU-3261

### 三种梅毒血清学检测方法的应用评价

许丽虹,夏浩程  
昆明市延安医院,650000

**目的** 对比研究 TRUST,TP-ELISA,TPPA 三种梅毒血清学检测方法敏感性为特异性。

**方法** 2018 年 9 月至 2019 年 1 月收集梅毒确诊 293 例病人和 293 例健康对照标本, 血清标本采用甲苯胺红不加热血清试验方法(TRUST)、酶联免疫吸附试验方法(TP-ELISA)、梅毒颗粒凝集试验方法(TPPA)三种梅毒血清学检测方法。

**结果** TRUST,TP-ELISA,TPPA 三种梅毒血清学检测方法的灵敏度分别为为 36.18%, 97.27%, 98.98%特异性分别为为 98.63%, 特异性为 98.95%; 特异性为 100%

**结论** 三种梅毒血清学检测方法都有各自适用性和优越性, 联合检测有利于提高梅毒检出率。

## PU-3262

### 血栓四项在急性心肌梗死患者中 应用价值研究

刘伯文<sup>1</sup>,徐宗琴<sup>2</sup>  
1.南方医科大学南方医院,510000  
2.南部战区总医院

**目的** 急性心肌梗死是心血管疾病中死亡率最高的疾病, 常可危及生命, 是冠心病分类中的危急重症, 可并发恶性心律失常、急性心力衰竭和心脏破裂等。血栓四项是新兴的检测血栓形成和溶解的检测项目, 本实验主要探索其在急性心肌梗死患者中应用价值。

**方法** 收集 2018-11—2019-04 南部战区总医院住院 AMI 患者 31 例 (AMI 组), 及同期健康人群 30 例作为对照组。采用 Sysmex HISCL-5000 型化学发光仪, 日立 7600 生化分析仪分别测得各组的血栓四项及肌酸激酶同工酶 (CKMB) 值, 运用统计学分析血栓四项的应用价值, 并选取其中优势项目与肌酸激酶同工酶 (CKMB) 做方法学比较。

**结果** AMI 组 TM、TAT、t-PAIC 和 PIC 较对照组有明显升高, 根据秩和检验结果, 四组 p 值均小于 0.05, 差异有统计学意义; ROC 曲线表示四组均具有一定的诊断意义, 其中以 t-PAIC 最高; PIC、t-PAIC 与 CKMB 对比, 阳性检出率尚佳, 其中 t-PAIC 与 CKMB 联合检测 AMI 可显著提高 ROC 曲线下面积。

**结论** 血栓四项标记物的动态变化与 AMI 的发生发展呈正相关,其中以 t-PAIC 诊断价值最高; PIC 和 t-PAIC 分别与 CKMB 联合,可显著提高急性心肌梗死的检出率,尤其是 t-PAIC 与 CKMB 联合。后续可深入研究,以求得到更好的急性心梗诊断方案。

## PU-3263

### 降低检验前报告周转时间 (TAT) 的质量持续改进

张英

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 探讨检验科生化住院标本检验前报告周转时间 (TAT) 质量持续改进效果。

**方法** 通过临床、护理、病员服务中心多部门配合,运用根本原因分析法,查找分析影响检验前报告周转时间的原因并采取持续改进措施。

**结果** 2017.7 月持续改进开始西院生化住院标本检验前 TAT 中位数从 79min 下降到 12 月份 60min;东院生化住院标本检验前 TAT 中位数从 53min 下降到 12 月份 40min;检验前 TAT 超出阈值的概率也从持续改进前 4%下降到改进后的 3.1%统计学分析  $P < 0.05$ ,差异具有统计学意义。

**结论** 本次持续改进效果显著,生化住院标本检验前 TAT 质量具有显著的提升。

## PU-3264

### 生殖相关抗体在不孕不育患者中的分布调查

韩璐,孙朋

甘肃省妇幼保健院,730000

**目的** 通过对于 2018 年 7 月-2018 年 12 月就诊于我院的不孕不育患者的生殖相关抗体检测,了解其相关抗体的分布情况。

**方法** 使用北京 Beier ELISA 试剂盒,利用间接法原理对抗精子抗体,抗子宫内膜抗体,抗心磷脂抗体,抗透明带抗体,抗滋养层抗体,抗卵巢抗体,抗 hCG 抗体进行检测,使用欧蒙 ELISA 试剂盒,利用双抗体夹心法对抗  $\beta 2$ -糖蛋白 1 抗体进行检测,实验结束后加入终止液,使用酶标仪进行检测,确定阴阳性。

**结果** 共检测 5312 例患者生殖相关抗体,其中,抗精子抗体阳性率为 14.38%,抗子宫内膜抗体阳性率为 7.116%,抗心磷脂抗体阳性率为 43.60%,抗透明带抗体阳性率为 4.217%,抗滋养层抗体阳性率为 1.261%,抗卵巢抗体阳性率为 6.702%,抗 Hcg 抗体阳性率为 0.3577%,抗  $\beta 2$ -糖蛋白 1 抗体阳性率为 37.48%,其中该 8 项抗体全阴患者为 1991 例,约占 37.48%,两项抗体阳性的共 1422 例,约占 26.77%。三项及三项抗体以上阳性者共 23 例,约占 0.4330%。

**结论** 生殖相关抗体的检测,对于大部分不孕不育的患者具有重要的临床意义,应在治疗前后定期检测,可作为辅助生殖中指导受孕的参考指标。

## PU-3265

## HIV 的检测方法对窗口期的意义

闫洪宇

吉林大学白求恩第一医院

**目的** HIV 作为经血液传播的高致病性病毒，存在窗口期，即从感染病毒，到血液中病毒能被检出的时间，有效的选择窗口期的各种检测技术，有助于 HIV 感染者的早发现、早诊断、早治疗，以遏制 HIV 的流行

**方法** 为了缩短窗口期，及早发现感染患者，HIV 的检测方法有以下几种：

1 胶体金法 2 酶联免疫法 3 化学发光法 4 确证试验（免疫印迹法）5 核酸检测

**结果** 大量病例数据表明：

1 HIV 抗体初筛结果阴性，抗原抗体复查阳性，一周后复测 HIV 抗体阳性，确证试验阳性；

2 HIV 抗原抗体检测阳性，胶体金阴性，确证试验 HIV 抗体阴性，半月后，确证试验抗体阳性。

这些结果的不一致主要原因是——窗口期：在此期机体自身是否针对 HIV 产生特异性的体液免疫而产生 HIV 抗体，如果有抗体产生，但所使用的抗体检测试剂敏感度不够，检测不出抗体。从 10 天到几个月不等，与采用的检测方法密切相关。在发展中地区 HIV 检测的 HIV 感染人群中，3% —4%处于窗口期，即抗体检测为

阴性，在发达地区约 10%—20%处于窗口期。

**结论** 为避免医源性传播，不仅需要进行 HIV 筛查，更重要的是选择正确的检测方法，尤其在高危人群中，一次 HIV 抗体筛查阴性，并非绝对安全，需要方法学复测，缩短窗口期，及早发现感染者，对患者自身治疗及病毒传播的控制十分重要。

## PU-3266

## 分子生物学方法在结核菌及其耐药性检测中的价值

陈妍汶

绵阳市中心医院,621000

**目的** 比较分析生物学方法与传统方法在结核分枝杆菌和耐药性检测中的效果对比。

**方法** 标准结核分支杆菌株 H37Rv 作为对照，单耐药以耐多药的结核分枝杆菌行梯度浓度稀释后作为检测样本，比较 XperMTB/RIF 检测、基因芯片检测、培养法、比例法等 4 种检测方法在准确性、最低检出限以检测周期方面的优势。

**结果** 培养法和 XperMTB/RIF 法的检出下限均为  $3 \times 10^2 \text{cfu}$ ，而基因芯片法检出下限为  $3 \times 10^4 \text{cfu}$ ；Xpert MTB/RIF 在  $3 \times 10^2 \text{cfu}$  时利福平（RFP）耐药性检测存在假阳性现象，该方法检测无法检测 INH 的耐药性；XperMTB/RIF 法检测周期  $\leq 2\text{h}$ ，基因芯片  $\leq 8\text{h}$ ，比例法/培养法检测周期在 5-8 周。

**结论** 在 MTB 及其耐药性检测中分子生物学方法的检测周期优势明显，在最低检出限和准确性方面各有优势，因此临床诊断中综合考虑患者的经济水平和病情危重程度，选择合适的检测方法。

## PU-3267

## 脑脊液二代测序在非小细胞肺癌脑膜转移诊疗中的应用

董智慧,关明,陈锟  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 探讨脑脊液循环游离 DNA (cfDNA) 二代测序在非小细胞肺癌脑膜转移诊疗中的应用价值。

**方法** 选择 2017 年 9 月-2018 年 11 月间来自复旦大学附属华山医院北院的 25 例非小细胞肺癌脑膜转移患者, 25 例患者均经脑脊液肿瘤细胞学镜检并 CK7、CEA、TTF-1、Ki67 免疫细胞化学染色确诊为肺癌脑膜转移。提取脑脊液 cfDNA, 采用二代测序(鹧远基因 PlasAim™ 肺癌基因无创检测[12 基因]试剂盒)的方法, 检测脑脊液中包括 EGFR、TP53、ALK 等 12 个基因的变异情况; 最终综合分析以评估脑脊液二代测序在非小细胞肺癌脑膜转移诊疗中的应用价值。

**结果** 25 例患者的脑脊液均查见典型肿瘤细胞, 广谱 CK、CK7 和 CEA 均为阳性, 由此确诊为肺癌脑膜转移。脑脊液二代测序中, 96% (24/25) 患者至少存在 1 种单核苷酸变异 (SNV) 或拷贝数变异 (CNV), 其中 EGFR 和 TP53 的突变率分别高达 80% 和 48%。此外, 合并骨转移的患者发生 EGFR 的突变率更高 ( $P<0.05$ )。在辅助治疗方面, 脑脊液 EGFR 和 TP53 突变频率的变化与患者病情进展 (神经系统症状、影像学及生化指标的综合评估) 相一致, 且 EGFR T790M 的检出对于指导患者进行靶向治疗具有重要意义。

**结论** 脑脊液 cfDNA 二代测序准确揭示了非小细胞肺癌脑膜转移的独特基因表型, 在脑膜转移的诊疗中具有重要的应用价值。

## PU-3268

## 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的耐药性分析和基因分型

张亚彬,王佳伟  
中国人民解放军联勤保障部队第九〇〇医院

**目的** 本研究通过期望对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, MRSA) 的耐药性分析以及 PCR 方法对 MRSA 进行 SCC mec 分型, 了解该地区 MRSA 的流行变化趋势及进化特点, 为临床用药提供参考性建议以及该地区的 MRSA 防治提供理论依据。

**方法** 收集中国人民解放军联勤保障部队九〇〇医院 2018 年保存的 50 株 MRSA 菌株, 使用 PCR 技术扩增 mec A 基因确证 MRSA, 再用 PCR 技术对 50 株 MRSA 进行分型, 以及使用纸片扩散法和肉汤稀释法进行耐药性分析。

**结果** (1) mec A 基因检出率为 96%; (2) SCC mec III 型 4 株, SCC mec IV 型 3 株, 其余 43 株为未分型; (3) 50 株 MRSA 对苯唑西林和  $\beta$ -内酰胺类药物完全耐药, 对于多西环素、替考拉宁、利福平、复方新诺明、莫西沙星、氯霉素、左旋氧氟沙星、环丙沙星敏感性较好, 均高于 80%, 对于大环内酯类药物和克林霉素耐药性较高, 达到 80% 以上, 未发现对万古霉素、达托霉素和利奈唑胺耐药的菌株。

**结论** 我院 MRSA 的尚未出现严重的多重耐药现象, 但也应该注意防治, 如有发现 MRSA 推荐使用万古霉素、达托霉素或利奈唑胺进行治疗。

PU-3269

## 甘胆酸试剂盒性能评估

任爱武

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 测试甘胆酸测定试剂盒的性能指标, 评估其临床应用能力。

**方法** 从携带污染率、精密度、线性、最低检测限、参考范围验证等方面对甘胆酸试剂盒进行性能评估。

**结果** 试剂的批内 CV 为 2.2%~8.4%, 总 CV 为 5.1%~8.9%, 均小于试剂盒声明不精密度; 试剂的定量检测下限可达 0.51 $\mu$ g/ml, 基本满足检测要求; 线性范围为 0~38.21 $\mu$ g/ml ( $r=0.998$ ), 线性相关良好; 试剂的携带污染率为 0.47, 对标本的检测没有影响; 参考范围验证结果为 2.52 $\mu$ g/ml, 与厂家说明书一致。

**结论** 应用于自动生化分析仪的甘胆酸试剂盒, 具有较高的精密度和灵敏度可满足临床测试要求。

PU-3270

## Salvia plebeia R: a novel antibiotic agent by inhibiting biofilm formation against Staphylococcus aureus

Lei Liu

the Second Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** New antimicrobial agents are urgently needed to treat infections caused by drug-resistant pathogens and by pathogens capable of producing biofilms. This study aimed to explore the antibiotic activity of a novel agent-Salvia plebeia R in vitro, and its inhibition effect on biofilm formation against Staphylococcus aureus.

**Methods** The minimum inhibitory concentrations (MICs) of the extracts against 9 isolates of clinical bacteria were determined first to screen the inhibitory strains. Then the detection of growth curves, crystal violet staining, and silver staining analysis were performed to observe the biofilm formation. Finally the expression of three biofilm-related genes of icaA, agr and fnb(A) were detected by PCR and real-time qualitative polymerase chain reaction(RT-PCR).

**Results** The MICs results showed that Salvia plebeia R was only effective for Gram positive bacteria and among them Staphylococcus aureus was the most sensitive with MIC 4 $\mu$ g/ml. And the detection of growth curves, crystal violet staining, and silver staining analysis results found that although different bacterial strains had different biofilm-formation ability, 64 $\mu$ g/ml Salvia plebeia R extract could generally decrease the production the biofilm of different strains of S.aureus. PCR and RT-PCR data demonstrated that 64  $\mu$ g/ml Salvia plebeia R downregulated genes expression of icaA and fnb(A) mostly, while for agr, it was varied depending on the strain background.

**Conclusions** Salvia plebeia R had an antibiotic activity to most Gram positive bacteria and can inhibit Staphylococcus aureus biofilm formation, making it a novel drug candidate and an effective treatment strategy for Staphylococcus aureus biofilm-associated infections.

## PU-3271

**HLA-DQB2 is not associated with anti-tuberculosis drug-induced liver injury in western China INTRODUCTION**

shuo Jiang

1.Chengdu University Affiliated Hospital  
2.West China Hospital of Sichuan University

**Objective** Anti-tuberculosis drug-induced hepatotoxicity(ATDH) is the main reason that caused treatment interruption of tuberculosis, the adverse reaction leading increased morbidity and mortality of tuberculosis(TB). Human leucocyte antigen (HLA) is main part of immune system which believed as an independent factor in ATDH. HLA-DQB as a constituent of HLA, therefore, might play a unique role in the development of ATDH.

**Methods** We performed this research to find potential relationship between HLA-DQB2 gene and the ATDH susceptibility. To be specific, 747 participants enrolled in our study during 2 years, 118 cases and 646 controls. The HLA-DQB2 gene was genotyped successfully in all 747 patients.

**Results** The analysis of the presence of HLA-DQB2 gene did not show significant different between both groups after Bonferroni correction, except one single nucleotide polymorphisms (SNPs) showed a potential association in the HLA-DQB2 rs1573646 G>A (A allele,  $P=0.287$ ,  $OR=1.369$ ,  $95\%CI=1.002-1.871$ ; AA genotype,  $p=0.287$ ,  $OR=1.369$ ,  $95\%CI=1.002-1.871$ ) After allele frequencies, additive, dominant and recessive genetic model analysis, plus hepatype analysis, no more statistical difference showed with the risk development of ATDH.

**Conclusions** We failed to demonstrate an association between HLA-DQB2 and patients bearing ATDH in this Han population of west china.

## PU-3272

**MicroRNA-9-5p promotes osteoporosis development through inhibiting osteogenesis and promoting adipogenesis via targeting Wnt3a**

Xuebo Wang

Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** To explore the role of microRNA-9-5p in regulating osteoporosis (OS) development and its underlying mechanism.

**Methods** MicroRNA-9-5p expression in peripheral blood of 30 OS patients and 30 healthy subjects was examined by quantitative Real-Time-Polymerase Chain Reaction (qRT-PCR). During the processes of osteogenesis and adipogenesis, mRNA levels of microRNA-9-5p, osteogenesis-related genes, and adipogenesis-related genes in marrow stromal stem cells (MSCs) were detected by qRT-PCR as well. After overexpression or knockdown of microRNA-9-5p, the regulatory effects of microRNA-9-5p on osteogenesis-related genes and adipogenesis-related genes in MSCs were accessed by detecting their mRNA and protein levels. Alizarin red staining and oil red staining were performed to determine the osteogenic and adipogenic capacities of MSCs after microRNA-9-5p overexpression, respectively. The dual-luciferase reporter gene assay was conducted to verify the binding condition of microRNA-9-5p and Wnt3a. Finally, rescue experiments were performed to confirm whether microRNA-9-5p could regulate OS development via targeting Wnt3a.

**Results** Higher expression of microRNA-9-5p was found in OS patients than that of healthy controls. MicroRNA-9-5p expression was downregulated with the prolongation of osteogenic induction, whereas it was upregulated during the process of adipogenic differentiation. Overexpression of microRNA-9-5p downregulated mRNA levels of osteogenesis-related genes

(ALP, RUNX2, and OPN), whereas upregulated adipogenesis-related genes (PPAR $\gamma$ , Adipsin, and C/EBP $\alpha$ ) in MSCs. The number of calcified nodules became fewer after microRNA-9-5p overexpression in MSCs. MSCs that overexpressed microRNA-9-5p showed more lipid droplets than that of controls. Subsequently, the dual-luciferase reporter gene assay verified that Wnt3a is the target gene of microRNA-9-5p. Both mRNA and protein levels of Wnt3a were negatively regulated by microRNA-9-5p. Rescue experiments indicated that the regulatory effects of microRNA-9-5p on osteogenesis and adipogenesis of MSCs were reversed by Wnt3a overexpression.

**Conclusions** MicroRNA-9-5p is lowly expressed in the peripheral blood of OS patients. MicroRNA-9-5p promotes the occurrence and progression of OS through inhibiting osteogenesis and promoting adipogenesis via targeting Wnt3a.

## PU-3273

### 大蒜素通过抑制 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路干预吸烟促进胃癌干细胞干性

梁照锋,郭文豪,钱晖,许文荣  
江苏大学

**目的** 探讨大蒜素能否干预香烟烟雾增强胃癌干细胞干性及 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路在其中的作用。

**方法** 不同浓度 (0%、0.25%和 0.5%) 的香烟烟雾悬液与不同浓度的大蒜素单独或联合处理胃癌细胞 SGC-7901 和 HGC-27 来源的干细胞 4 天, MTT 实验确定本次实验大蒜素的剂量; 不同浓度 (0%、0.25%和 0.5%) 的香烟烟雾悬液与 10 $\mu$ M 的大蒜素单独或联合处理胃癌细胞 SGC-7901 和 HGC-27 来源的干细胞 4 天, 显微镜下观察大蒜素对胃癌干细胞球大小及数量的影响, Western blot 和 RT-PCR 检测干性基因 Sox2、Lin28、OCT-4、Nanog 的表达情况, 同时 Western blot 检测  $\beta$ -catenin、GSK3 $\beta$ 、C-myc 等的表达情况; 利用 LiCl、大蒜素与香烟烟雾悬液单独或联合处理胃癌干细胞, 观察各组细胞球大小及其数量的变化, 并检测 Sox2、Lin28、OCT-4、Nanog 的表达情况。

**结果** 10 $\mu$ M 的大蒜素能抑制香烟烟雾悬液促进的胃癌干细胞细胞球的形成, 大蒜素组的细胞球明显小于对照组和香烟烟雾处理组; Western blot 和 RT-PCR 结果显示大蒜素能显著降低吸烟促进的胃癌干细胞 Sox2、Lin28、OCT-4、Nanog 的表达; 同时发现大蒜素能抑制吸烟激活的 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路; LiCl 与香烟烟雾悬液联合处理组能显著激活 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路并增强 Sox2、Lin28、OCT-4、Nanog 的表达; LiCl、大蒜素、香烟烟雾悬液联合处理组能部分恢复被大蒜素抑制的 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路及干性基因的表达。

**结论** 蒜素能干预吸烟促进胃癌干细胞的自我更新能力和干性基因的表达, Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路在该过程中发挥重要作用。

## PU-3274

### 2018 年泉州市第一医院临床常见细菌耐药性监测

清,张志珊  
福建医科大学附属泉州第一医院

**目的** 分析福建医科大学附属泉州第一医院 2018 年临床常见分离菌对抗菌药物的敏感性和耐药性, 为合理使用抗菌药物及临床抗感染治疗提供参考。

**方法** 采用美国 BD phoenix100 全自动细菌鉴定仪、纸片扩散法对临床常见分离菌进行鉴定及药敏试验, 使用 WHONET5.6 软件进行统计分析。



**结果** 收集 2018 年 1—12 月临床分离菌共 4827 株, 其中革兰阳性菌 1474 株, 占 30.5%, 革兰阴性菌 3353 株, 占 69.5%。前 3 位分离菌分别为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌, 所占比例分别是 26%、14%、11.6%。菌株主要来自于呼吸道标本、尿液标本和血液标本, 分别占 30.3%、19.1%和 17.1%。金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌中甲氧西林耐药株 (MRSA 和 MRCNS) 的检出率分别为 19.5%和 67.5%, 尚未检出对万古霉素和利奈唑胺耐药的葡萄球菌。肠球菌属中粪肠球菌和屎肠球菌分别占 66.3%和 21.6%, 未检出万古霉素耐药的粪肠球菌和屎肠球菌, 检出利奈唑胺非敏感肠球菌 7 株, 基因型检测结果显示主要为 cfr 型、optrA 型耐药。肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素仍然有较高的敏感率, 其耐药率均低于 5%。肺炎克雷伯菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率 (2%、1.9%) 与 2017 (1.9%、1.5%) 年相比稍有升高。不动杆菌属 (鲍曼不动杆菌占 96.5%) 对亚胺培南和美罗培南的耐药率均为 61.5 %。

**结论** 目前已发现利奈唑胺耐药肠球菌的检出, 故需进一步加强细菌耐药性监测, 密切注意监控耐药细菌的发生, 以防止其流行和播散。

## PU-3275

### Distribution of Human Papillomavirus (HPV) Genotypes in Patients with Condyloma Acuminatum in Shanghai, China

Qi Zhong, Weiwei Liu  
Shanghai no.10 people's hospital

**Objective** Condyloma acuminatum (CA) is the most common viral sexually transmitted disease worldwide. The objective of this study was to assess the distribution of human papillomavirus (HPV) genotypes in patients with CA in China.

**Methods** Patients with condyloma acuminatum (n=627) underwent HPV genotype analysis, using a suspension bead array method to identify HPV types. The overall and type-specific HPV prevalence data were estimated as the percentages of HPV DNA positive samples among all the DNA samples tested from patients with CA.

**Results** The HPV prevalence was 40.35% in male and 59.95% in female patients. HPV-6 (43.05%), HPV-52 (13.08%), HPV-11 (12.53%), HPV-16 (12.26%), and HPV-59 (7.90%) were the top five genotypes among the specimens. Multiple HPV genotypes were present in 23.11% of men and 27.39% of women with HPV. In those with multiple HPV infection, 92 (25.07%) had two genotypes and 69 (18.8%) had three or more genotypes. The prevalence of HPV infection was significantly different in different age groups, with a maximum prevalence at 26–30 years.

**Conclusions** These data provide information on the HPV prevalence and genotype distribution in patients with CA in Shanghai, China, which is important for future public health strategies including HPV vaccination programs.

## PU-3276

### 中、高危成人急性髓系白血病 WT1 过表达患者免疫表型特征分析

王小蕊<sup>1</sup>, 刘艳荣<sup>2</sup>, 常艳<sup>2</sup>, 袁晓英<sup>2</sup>, 王亚哲<sup>2</sup>, 秦亚臻<sup>2</sup>, 阮国瑞<sup>1</sup>, 赖悦云<sup>2</sup>

1. 上海市第一人民医院, 200000

2. 北京大学人民医院, 北京大学血液病研究所

**目的** 探讨急性髓系白血病 (AML) 中、高危核型组 WT1 过表达患者免疫表型特征及其与分子生物学和细胞遗传学的相关性。

**方法** 利用多参数流式细胞术回顾性分析 283 例初诊中、高危核型组 AML 患者免疫表型、FAB 分型、WT1/ABL、EVI1/ABL、MLL-PTD/ABL 和 NPM1、FLT3-ITD 突变及细胞遗传学结果。283 例患者中, 男性 159 例 (56.2%), 女性 124 例 (43.8%), 中位年龄 55 岁 (17-88 岁)。

**结果** WT1 过表达患者高表达早期髓系原始细胞标志 CD117 和 CD123, 泛髓标志 CD13, 低表达淋系和髓系分化相关抗原。但 CD34 表达与否与 WT1 过表达无关。M1/2 ( $p<0.00$ ) 患者 WT1 表达水平显著高于 M5 患者。EVI1/ABL 与 WT1 表达水平呈正相关 ( $p=0.048$ ,  $r=0.118$ )。NPM1 突变 (26.5% vs 9.55%,  $p<0.00$ ) 和 FLT3-ITD 突变 (30.4% vs 11.65%,  $p<0.00$ ) 患者 WT1 表达水平显著高于野生型患者。多因素分析显示, M1/2、NPM1 (OR, 40.5;  $p=0.014$ ) 和 CD123 (OR, 4.6;  $p=0.033$ ) 是 WT1 过表达关键因素。

**结论** 中、高危组 AML 患者中 WT1 过表达主要见于 AML-M1/2、NPM1 突变阳性和 CD123 阳性患者。WT1 表达水平受到 EVI1 水平和 FLT3-ITD 突变的影响。CD123 靶向药物的运用或可成为 WT1 过表达患者的治疗方案之一。

## PU-3277

### 慢性心力衰竭患者中血清 Cys-C、NT-proBNP 水平变化及其诊断价值

王一

石河子大学医学院第一附属医院,832000

**目的** 观察血清胱抑素 C (Cys-C)、N-末端脑钠肽前体 (NT-proBNP) 水平变化, 及在慢性心力衰竭中早期诊断中的意义。

**方法** 选取石河子大学医学院第一附属医院心内科 CHF 患者 120 例, 根据美国纽约心脏病协会心功能分级标准 (NYHA) 进行分级分为心功能Ⅱ级 40 例, 心功能Ⅲ级 40 例, 心功能Ⅳ级 40 例, 同期选取门诊体检非心衰患者 40 例, 检测患者血清 Cys-C、NT-proBNP 浓度及心脏多普勒彩超中左室射血分数 (EF), 观察其变化水平, 探讨 Cys-C、NT-proBNP 与 EF 相关性, 绘制 ROC 曲线比较 Cys-C、NT-proBNP 对 CHF 的诊断效能。

**结果** 实验组 Cys-C、NT-proBNP 水平均高于对照组 ( $P<0.05$ ), 并随心功能分级的上升, 其水平随之上升, 组内差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); EF 水平: 实验组均低于对照组 ( $P<0.05$ ), 并随心功能分级的上升, 呈递减趋势, 组内差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 相关分析显示 Cys-C、NT-proBNP 水平与 EF 水平均呈负相关 ( $r_1=-0.643$ 、 $P<0.05$ ;  $r_2=-0.693$ 、 $P<0.05$ ); Cys-C、NT-proBNP、联合指标 ROC 曲线下面积分别是 0.737、0.896、0.896, 其中, NT-proBNP 的 AUC 略高于 Cys-C, Cys-C 诊断 CHF 的灵敏度为 72.5%, 特异性为 72.2%; NT-proBNP 诊断 CHF 的灵敏度为 93.8%, 特异性为 65.0%, 两者联合检测其灵敏度为 96.7%, 特异性为 82.3%。

**结论** 血清 Cys-C、NT-proBNP 水平与 CHF 心功能严重程度密切相关, 临床上联合检测 2 种指标, 可提高慢性心力衰竭的早期诊断, 早进行干预治疗, 延缓心衰程度的进展, 提高患者的生存质量, 延长患者的生存率。

## PU-3278

## MicroRNA-424 inhibits cell migration, invasion and epithelial-mesenchymal transition in human glioma by targeting KIF23 and functions as a novel prognostic predictor

Xuebo Wang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** To investigate the expressions, biological effects and potential mechanism of miR-424 in glioma.

**Methods** A total of 54 glioma tissues and 12 normal brain tissues were collected. Human glioma cells (A172, SHG-44, T98, LN18, and LN229) and normal human astrocytes (NHAs) were cultured. Cell invasion and migration capacities were detected by transwell assay. KIF23 was predicted and confirmed as a direct target of miR-424 by TargetScan prediction and Dual-luciferase reporter assay. Six-week-old female nude mice were used for Xenograft tumor formation assay.

**Results** Results of this study demonstrated a significant decrease of miR-424 expressions both in glioma cells and tissues. Moreover, the declined miR-424 expressions were observed to be correlated with the poor OS and worse clinicopathological parameters of glioma patients. Functional assays indicated that miR-424 restoration could inhibit the glioma cell epithelial-to-mesenchymal transition (EMT) and metastasis, as well as the tumor growth rate and tumor size of glioma mice. Additionally, kinesin family member 23 (KIF23) expressions were found to be significantly enhanced in glioma specimens, and KIF23 was considered to be a functional target for miR-424 in glioma.

**Conclusions** MiR-424, considered as a tumor-suppressor, inhibited cell metastasis and EMT by targeting KIF23 in glioma, which may provide a novel insight into tumorigenesis and the basis for the development of miRNA-targeting therapies against glioma

## PU-3279

## 全集成液滴阵列芯片方法用于现场快速病原微生物筛查

舒博文<sup>1,2</sup>, 黎柱均<sup>3</sup>, 何浩延<sup>3</sup>, 刘大渔<sup>1,2</sup>

1.广州市第一人民医院, 510000

2.华南理工大学附属第二医院

3.广州医科大学

**目的** 本研究发展了一种基于主动液滴阵列技术的全集成核酸分析芯片方法, 用于现场快速疾病诊断应用场景下的多种病原微生物筛查。

**方法** 研究使用的芯片具有一系列平行化的串联微池, 每组串联微池由狭缝连通以构成一条分析通道。借助芯片的微阀结构与表面疏水特性, 核酸分析所需的试剂可以油包水液滴的方式在芯片上稳健预储存。操作上, 利用超顺磁性纳米颗粒的核酸固相提取/磁驱动的双重功能, 通过驱动芯片相对热、磁、光等作用区域的时序运动可完成 RNA 扩增分析的全部流程, 包括细胞裂解、核酸结合、洗涤、扩增和实时检测。

**结果** 以泌尿生殖道感染所涉及的 4 种病原微生物为方法可行性验证的模型, 这些病原微生物包括淋病奈瑟氏菌 (*Neisseria gonorrhoeae*, NG)、沙眼衣原体 (*Chlamydia trachomatis*, CT)、生殖支原体 (*Mycoplasma genitalium*, MG) 和解脲支原体 (*Ureaplasma urealyticum*, UU)。测试结果表明该系统从样品进到结果出的时间仅需 45 分钟, 对上述 4 重病原的检测限可达到 100 RNA 拷贝

/反应。与基于同样方法的临床分子诊断测试相比,这种芯片方法可以达到 95.45%的阳性预测值和 100%的阴性预测值。

**结论** 研究发展的这种主动液滴阵列全集成核酸分析芯片方法可望成为现场快速病原微生物筛查的一种有利工具。

## PU-3280

### 载脂蛋白 E 基因多态性检测性能验证

徐婷,张燕,赵鸿,戎国栋,吴蕾,黄珮珺,王芳  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 对载脂蛋白 E (ApoE) 基因多态性检测试剂盒(基因芯片法)进行性能评价。

**方法** 选取经 Sanger 测序法已确定基因型样本 24 例,覆盖载脂蛋白 E 6 种基因型(E2E2、E2E3、E3E3、E3E4、E4E4、E2E4),每种基因型 4 例。对样本编号,按照试剂盒流程检测,比较与 Sanger 测序法的符合率,评价准确度;选取 ApoE 6 种基因型别样本各一例,分别重复检测 10 次,评价重复性;基因组 DNA 样本梯度稀释至试剂盒的最低检测限,重复检测 10 次,验证最低检测限。

**结果** 24 例样本基因芯片法检测结果与 Sanger 测序法相比,符合率为 100%;6 种基因型别样本重复检测,10 次结果型别均正确;基因组 DNA 稀释至厂商声明的最低检出限浓度,10 次重复检测仍能正确分型。

**结论** 基于基因芯片法的载脂蛋白 E (ApoE) 基因多态性检测试剂盒稳定、可靠,符合相关质量管理要求,可应用于临床标本检测。

## PU-3281

### 肿瘤来源的外泌体 miRNA-320d 作为转移性 结直肠癌的生物标志物

唐有勇,宋兴国,宋现让,谢丽  
山东省肿瘤医院,250000

**目的** 筛选 CRC 患者血清外泌体差异表达 miRNA,探讨其作为生物标志物用于预警 CRC 转移的能力。

**方法** 收集 142 例结直肠癌患者(34 例转移性结直肠癌患者,108 例非转移性结直肠癌患者)。通过超速离心方法,从转移性结直肠癌患者(mCRC)和非转移性(nmCRC)结直肠癌患者血清中分离外泌体,并使用透射电子显微镜,qNano 和 Western 印迹验证外泌体表征。利用基因芯片技术在转移性结直肠癌患者(mCRC)和非转移性(nmCRC)结直肠癌患者血清外泌体中筛选出 miR-320d。接下来,通过实时荧光定量 PCR 技术验证血清外泌体 miR-320d 的表达。使用 SPSS 22.0 和 GraphPad Prism 6.0 软件进行统计分析。

**结果** 入组 34 例 mCRC 患者和 108 例 nmCRC 患者进行血清外泌体差异 miRNA 的验证。与非转移性 CRC 组相比,转移 CRC 组来源的血清外泌体中 miR-320d 的表达水平显著增高( $p = 0.019$ )。统计学分析显示,年龄、性别、饮酒状态、肿瘤大小、淋巴结转移、组织学类型、肿瘤位置这些因素对于转移性结直肠癌患者中的 miR-320d 的表达没有相关性。此外,外泌体 miR-320d 在转移性结直肠癌患者的诊断效能(AUC)为 0.633,其敏感性和特异性分别为 62.0%,64.7%。KEGG 分析显示,与所选 miRNA 相关的基因大多富集于 Rap1, pathways in cancer 和 PPAR signaling pathway 等信号通路。

**结论** 本研究证明血清外泌体 miR-320d 是一种理想的无创性诊断标志物，用于区分转移性和非转移性结直肠癌。

PU-3282

## LIAISON XL 检测 HIV 抗体假阳性分析

高安定<sup>1</sup>,林宝顺<sup>1</sup>,周心雨<sup>2</sup>

1.解放军联勤保障部队第 900 医院

2.福建医科大学,350000

**目的** 探究 LIAISON XL 平台检测 HIV 抗体假阳性的可能因素，为降低该平台检测假阳性提供某些优化途径，最终减少筛查试验中高假阳性率带来的巨大复检工作量及试剂支出。

**方法** 采用回顾性分析的方法，统计我院 LIAISON XL 平台检测 HIV 抗体假阳性率，并选择 2017 年 1 月至 2018 年 11 月期间在该平台筛查 HIV 抗体为阳性的样本信息，探索 S/CO 值分布特征，利用 ROC 曲线分析，寻找 LIAISON XL 平台检测 HIV 的最佳阳性判断临界点，并进一步分析假阳性人群分布情况。通过配对 t 检验，分析不同样本类型及离心速度对 HIV 抗体检测值的影响。

**结果** 我院 LIAISON XL 平台检测 HIV 抗体假阳性率高达 79.6%；S/CO 值在 11.9-28.9 之间存在假阳和真阳性重叠现象；ROC 曲线分析提示，该平台最佳阳性判断临界点对应的 S/CO 值为 14.7，此时具有较高的灵敏度（98.8%）和特异性（98.7%）；对 HIV 抗体假阳性人群分布情况分析，提示不同年龄组间差异无统计学意义（ $P>0.05$ ），但不孕不育、妊娠及肿瘤患者中出现假阳性比例较高；血浆样本 HIV 抗体检测值比血清高，差异具有统计学意义（ $P=0.04$ ）；高速离心组与低速离心组差异无统计学意义（ $P=0.747$ ）。

**结论** LIAISON XL 平台检测 HIV 抗体假阳性率高，若将阳性判断 S/CO 值提高至 14.7，并且推荐采用血清样本检测，则可降低该平台的阳性复检率。但将阳性判断 S/CO 值提高至 14.7 能否应用于日常 HIV 检验工作，还需根据相关标准综合考虑。

PU-3283

## 用于循环肿瘤细胞高敏检测的新型太赫兹超材料分析阵列

赵祥,府伟灵

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 外周血中的循环肿瘤细胞(circulating tumor cells, CTCs)已成为定量分析恶性肿瘤侵袭性的重要生物标记物。由于循环肿瘤细胞在血液中丰度较低，因而开发高灵敏度无标记探测技术成为临床研究一大热点。太赫兹超材料是在硅等基底上周期性排列的金属结构组成的人工电磁材料，具备对局部电磁场的极大增强和对周围环境介电性质变化高度敏感的性质，具备在生物传感领域应用的巨大潜力。

**方法** 本研究通过仿真设计获得纵向电场分布在 7-8 $\mu\text{m}$  级别的四开口单谐振环结构，光刻加工制备太赫兹超材料细胞分析阵列，对浓度梯度为  $10^2$ - $10^6$  个/mL 乳腺癌 MCF-7 细胞悬液进行探测，利用超材料共振频率偏移量实现对细胞数量的定量表征分析。

**结果** 结果显示在 MCF-7 细胞浓度为 100 个/mL 时共振频率偏移量为 1.89GHz；频率偏移量和细胞浓度数值呈现指数函数关系。

**结论** 太赫兹超材料细胞分析阵列可以实现对 MCF-7 细胞高灵敏、无标记定量探测。

## PU-3284

## DEC2 在胃癌发生发展中的作用

黎娉

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 转录因子 DEC2 以组织细胞特异性的方式参与调控肿瘤细胞恶性进程, 探索转录因子 DEC2 在胃癌中的作用, 为胃癌生物治疗提供新的干预靶点和预测指标。

**方法** 我们通过免疫组织化学染色法检测胃癌组织和癌旁正常胃组织样品中 DEC2 的表达, 并分析胃癌组织中 DEC2 表达水平与临床病理参数及病人生存预后的相关性, 探讨其潜在的临床价值; 然后通过质粒转染和慢病毒感染技术, 获得过表达或干扰 DEC2 的胃癌细胞株, 检测 DEC2 对胃癌细胞增殖、凋亡和侵袭转移等恶性生物学行为的影响。

**结果** 1. DEC2 在胃癌组织中低表达且与胃癌患者不良预后相关

2. qPCR 和 Western blot 法检测结果显示, DEC2 在永生化胃上皮细胞株 GES-1 中的表达水平显著高于其他胃癌细胞株。胃癌细胞株 MGC803 和 MKN-45 过表达 DEC2 后, 其增殖和侵袭迁移能力明显受到抑制, 而凋亡细胞比例增加; 干扰 DEC2 表达后, 结果相反。

3. 裸鼠皮下成瘤模型发现过表达 DEC2 后, 肿瘤生长速度明显慢于对照组, 瘤重小于对照组; 过表达 DEC2 组裸鼠肺组织转移灶明显少于对照组; 干扰 DEC2 表达后, 肿瘤生长速度明显快于对照组, 瘤重大于对照组; 干扰 DEC2 组裸鼠肺组织转移灶明显多于对照组。

**结论** 首次发现 DEC2 在胃癌组织中低表达且与胃癌患者不良预后相关。

## PU-3285

## 肾移植术后慢性移植物失功的影响因素分析

万正利,李亚梅,严琳,王兰兰,罗俐梅,李壹

四川大学华西医院,610000

**目的** 肾移植手术是治疗肾衰竭患者的唯一手段, 移植术后移植物在体内的存活是我们面临的一大问题。该研究通过探究肾移植术后慢性移植物失功的危险因素, 为肾移植术后移植物长期存活提供更好的策略。

**方法** 选择 2013 年到 2015 年来四川大学华西医院肾脏内科做肾移植手术的 594 例肾移植病人移植术后进行 3 年的回顾分析。应用单因素分析和多因素分析 Logistic 回归分析对 594 例肾移植患者受者的年龄、供受者性别、HLA 错配、受者民族、供受关系、供者受者性别组合（男供男、女供女、男供女、女供男）、免疫诱导方案、身高、体重、HBV、BMI、尿量、三年间患者肌酐值的变化、TAC 用量、总体 TAC-CV、总体 TAC-SD、总体生存时间, 寻找影响肾移植术后慢性移植物失功的影响因素。

**结果** 单因素分析结果显示受者性别、受者民族、受者 BMI、总体 TAC-CV、总体 TAC-SD、供者受者性别组合与移植术后慢性移植物失功有相关性 ( $P < 0.05$ ), 而其他因素无显著影响。多因素分析 Logistic 回归分析显示受者性别、受者民族、受者 BMI、总体 TAC-CV、供者受者性别组合与移植术后慢性移植物失功有显著相关性。

**结论** 通过我们的研究发现受者性别、受者民族、受者 BMI、总体 TAC-CV、供者受者性别组合是移植术后慢性移植物失功的影响因素, 基于我们研究的结果在进行肾移植的移植搭配时女性受者更优于男性受者, 其中女供女搭配的移植效果更好; 受者民族中汉族比非汉族搭配移植效果更好; 受者 BMI 越大的移植风险更高。移植受者的依从性对移植预后也很重要, 总体 TAC-CV 中变异系数越大的移植风险越大。

## PU-3286

## 利用环介导恒温扩增法快速检测产气荚膜梭菌

冉桥生,蒋栋能

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院检验科

**目的** 利用环介导恒温扩增技术(Loop-mediated isothermal amplification, LAMP)构建快速检测产气荚膜梭菌的方法,并研究其反应特性,以期应用于气性坏疽的现场快速检验。

**方法** 1. 以产气荚膜梭菌  $\alpha$  毒素基因为靶序列,通过基因比对利用 PrimerExplorer V4 设计引物,用链置换 DNA 聚合酶(Bst DNA polymerase)、四种核苷酸单体(dNTPs)、LAMP 引物等成分,在 65 °C 恒温条件下扩增 45 min,建立环介导恒温扩增(LAMP)产气荚膜梭菌检测方法; 2. LAMP 法检测产气荚膜梭菌及其他多种干扰菌的扩增情况,评价该方法的特异性; 3. LAMP 法检测不同浓度产气荚膜梭菌的扩增情况,观察其最低检测限,评价其灵敏度; 4. LAMP 法与微生物实验室常规培养鉴定方法进行比较。

**结果** 1. 成功建立了产气荚膜梭菌 LAMP 检测方法; 2. 本 LAMP 检测方法只针对产气荚膜梭菌有扩增,对其他多种干扰菌不扩增,显示出良好的特异性; 3. 本 LAMP 检测方法对产气荚膜梭菌的最低检测限为 200 CFU/ mL,显示其灵敏度较高; 4. 方法学比较结果表明,本 LAMP 检测方法微生物实验室常规培养鉴定方法检测产气荚膜梭菌结果的符合率为 100 %。

**结论** 本试验成功建立了针对产气荚膜梭菌的快速 LAMP 检测方法,该方法具有良好的特异性、较高的灵敏度和准确性,能够用于气性坏疽等疾病产气荚膜梭菌的床旁检测。

## PU-3287

## 整合 CNV 与表达谱筛选宣威肺癌的致病基因及功能机制研究

吴春燕,段勇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 中国云南宣威及邻近地区的肺癌发病率和死亡率位居中国之首,具有女性发病率高、发病年龄年轻化、家族聚集性等独特特点。但至今对其发病机制知之甚少。本项研究的目的是筛选、鉴定宣威肺癌中潜在的新型“致病基因”,并初步探讨其在宣威肺癌发生发展中的分子机制。

**方法** 1. 分别检测 24 例宣威肺癌患者癌组织及配对癌旁组织的全基因组 DNA 拷贝数变异(CNVs)和差异表达基因(DEGs),整合分析筛选出与宣威肺癌临床分期相关的“致病基因”;

2. 通过 q-PCR、蛋白免疫印迹和组织免疫组化进一步验证候选基因在宣威肺癌组织中的基因和蛋白表达水平,并分析与临床病理特征的关系;

3. 细胞体外实验鉴定候选“致病基因”对宣威肺癌细胞株 JT 和肺腺癌细胞株 A549 的基本生物学行为的影响;

4. 构建候选“致病基因”的互作蛋白网络,然后进行 pathway 通路分析以筛选出其参与的信号转导通路,蛋白免疫印迹鉴定候选“驱动基因”对候选通路相关蛋白表达的影响。

**结果** 1. 筛选出 3 个高发、多发性 CNVs 区域: Amp\_1q21.1-q44 (10/24)、Amp\_5p11-p15.33 (8/24) 和 Amp\_7p11.2-p22.3 (8/24),将参与 I-III 期的 DEGs 上调基因映射到上述 3 个 CNVs 多发区域,得到 12 个候选基因;进一步筛选出表达上调最高、样本均一性最好的潜在致病基因 TRIP13;

2. TRIP13 在宣威肺癌组织中基因剂量增加、表达上调、蛋白水平增高;此外,临床资料关联分析表明癌组织内高表达的 TRIP13 与病理分级和临床分期呈正相关 ( $p < 0.05$ );

3.体外细胞试验表明稳定过表达的 TRIP13 能抑制宣威肺癌细胞 JT 和肺腺癌细胞 A549 的增殖、迁移和侵袭,促进 G2/M 期转换,抑制细胞凋亡;而敲减 TRIP13 后会出现与之完全相反的趋势;

4.过表达的 TRIP13 减弱  $\beta$ -catenin 蛋白的下游效应分子 Cyclin D1、C-Jun、LEF-1、Met、MMP-7、c-Myc 以及 TCF 的表达,抑制了 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路的激活;而在 TRIP13 敲减后,除 C-Jun 蛋白上调外,其它效应蛋白几乎无影响。

**结论** 通过整合 CNVs 和 DEGs 芯片、细胞功能实验和分子通路分析三个层次的实验,鉴定出宣威肺癌潜在的新型驱动基因“TRIP13”,初步探讨了 TRIP13 在宣威肺癌中的作用,为宣威肺癌的基因诊断、发病机制的认识和治疗提供理论和实验依据。

## PU-3288

### 慢性髓系白血病慢性期外周血粒系细胞比例范围的研究

王华东  
昆明医科大学

**目的** 分析慢性髓系白血病慢性期(CML-CP)病人外周血粒系细胞(原始细胞、早幼粒细胞、中性中幼粒细胞、中性晚幼粒细胞、中性杆状核粒细胞、中性分叶核粒细胞、嗜酸性粒细胞和嗜碱性粒细胞)的比例分布范围及其与白细胞总数的相关性。

**方法** 回顾性分析 48 例于昆明医科大学第二附属医院新确诊的慢粒慢性期(CML-CP)患者外周血象数据,将其按白细胞总数分为高、中、低三组,低值组(白细胞总数 $<100 \times 10^9/L$ ) 20 例,中值组(白细胞总数为  $100-200 \times 10^9/L$ ) 14 例,高值组(白细胞总数 $>200 \times 10^9/L$ ) 14 例。采用 Kruskal-Wallis 多样性比较的秩和检验及 LSD-t 检验,分析比较 CML-CP 患者外周血粒系细胞比例范围。

**结果** 高、中、低值三个组的原始细胞、早幼粒细胞、中性晚幼粒细胞和中性分叶核粒细胞的比例范围不全相同( $P<0.05$ ),其他粒系细胞的比例范围基本( $P>0.05$ )。原始细胞三组的比例范围均有统计学差异( $P<0.017$ ,高值组 $>$ 中值组 $>$ 低值组),早幼粒细胞和中性晚幼粒细胞的低值组与中、高值两组间的比例范围有统计学差异( $P<0.017$ ,低值组 $<$ 中值组 $=$ 高值组),中性分叶核粒细胞的高值组与中、低值两组间的比例范围有统计学差异( $P<0.017$ ,低值组 $=$ 中值组 $>$ 高值组)。

**结论** 外周血白细胞计数大幅度增加时,粒系未成熟阶段细胞(主要为原始细胞、早幼粒细胞和中性晚幼粒细胞)所占的比例上升,成熟阶段细胞(主要为中性分叶核粒细胞)下降,此时 CML-CP 患者骨髓增生活跃,产生并释放入外周血的幼稚粒细胞增多,患者急变的风险增加。其他粒系细胞的比例与白细胞总数无关。

## PU-3289

### 长链非编码 RNA-ROR 在乳腺癌诊断中的潜在应用研究

吴立春  
四川省肿瘤医院,610000

**目的** 探讨长链非编码 RNA-ROR(large intergenic noncoding RNA-ROR, lincRNA-ROR)在乳腺癌早期诊断的潜在价值。

**方法** 首先采用 qRT-PCR 检测乳腺癌组织和血清中 lincRNA-ROR 的表达水平;其次使用电化学发光法检测样本中 CA153 和 CEA 的含量;最后通过建立多元逻辑回归模型绘制 ROC 曲线分析血清中 lincRNA-ROR 对早期乳腺癌的潜在诊断价值。



**结果** lincRNA-ROR 在乳腺癌患者组织和外周血清中高表达, 对血清中高表达的 lincRNA-ROR、CA153 及 CEA 绘制 ROC 曲线, 发现 lincRNA-ROR 曲线下面积 AUC 为 0.76, 对乳腺癌诊断价值优于 CA153(AUC=0.66)和 CEA(AUC=0.52)( $P<0.0001$ ), 且 lincRNA-ROR、CA153 和 CEA 联合诊断价值(AUC=0.85)高于 lincRNA-ROR 单独检测。

**结论** lincRNA-ROR 在乳腺癌患者组织和血清中表达上调, 并具有良好的敏感性和特异性, 是乳腺癌诊治及其预后监控的潜在生物标志物。

## PU-3290

### 自身免疫性肝病抗线粒体抗体和抗着丝点抗体阳性 临床指标特征分析

袁锐,沈有璐,吴通前,马岚,余芳  
贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 自身免疫性肝病作为一类与自身免疫状态密切相关的肝脏相关疾病, 常有检出抗线粒体抗体和/或抗着丝点抗体, 但其与临床表征间是否有一定关系还不清楚, 故本研究目的是探讨两种抗体双阳性肝病患者的临床特点和两种抗体与实验室指标间的关系。

**方法** 研究纳入 2018 年 9 月至 2019 年 3 月期间贵州医科大学附属医院的 133 例住院肝病病人, 其中男性 61 例, 平均年龄( $51.6\pm 16$ )岁; 女性 72 例, 平均年龄( $58.8\pm 14.4$ )岁。采用间接免疫荧光及免疫印迹法检测抗线粒体抗体 (AMA)、抗着丝点抗体 (ACA), 并收集其临床相关资料及实验室诊断指标, 包括谷丙转氨酶 (ALT,U/L)、碱性磷酸酶(ALP,U/L)、总胆红素(TBIL,mmol/L)和氨基末端脑钠肽前体(NT-proBNP,mg/L)等。按抗体表现分为双阴性组、AMA 阳性组、ACA 阳性组和双阳性组四组, 并对 133 位患者的资料进行分析。

**结果** 结果显示, AMA 阳性组乙肝肝硬化的发生率为 9.1%, ACA 阳性组为 6.7%, 两组与双阴性组 (33.3%) 相比有统计意义 ( $P=0.001$ ); AMA 阳性患者酒精性肝硬化的发生率为 4.5%, 与双阴性组 (23.3%) 比较有统计意义 ( $P=0.004$ ); AMA 阳性组、ACA 阳性组胆汁淤积的发生率分别为 5%和 3%,抗体阴性组均未出现胆汁淤积表现; 与抗体阴性组相比, AMA 阳性组的 ALP (U/L) 升高了 90.5U/L, 双阳性组的 ALP (U/L) 升高更为明显, 为 144.7U/L; AMA 阳性组的 NT-proBNP (mg/L) 显著高于其他组, 但因变异过大而无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 未发现其他临床表现如胸腔积液等在各抗体表现组别中表现出差异。

**结论** 研究提示在自身免疫性肝病中, AMA 和/或 ACA 阳性的出现常伴随某些临床表现及临床指标的特征性变化。

## PU-3291

### 四川大学华西医院 2012-2018 年肺外结核患者结核 分枝杆菌培养情况分析

龙小平,戴仲秋  
四川大学华西医院,610000

**目的** 分析华西医院近七年肺外结核患者送检的结核培养标本的结核分枝杆菌分离情况, 为结核的临床诊疗提供依据。

**方法** 回顾性分析华西医院 2012 年 1 月到 2018 年 12 月肺外来源的结核培养标本 10003 例, 对肺外来源标本培养的阳性率、人口学特征、科室分布、肺外结核的部位等进行统计分析。

**结果** 华西医院 2012 年 1 月到 2018 年 12 月行结核培养的肺外来源标本中, 培养阳性 382 例, 阳性率 3.8%, 占我院结核培养阳性的 25.8% (382/1482); 男性 223 例, 女性 154 例, 男女比例

1.45: 1; 发病年龄以 15-24 岁的青少年占比最多 20.2% (77/382), 年龄中位数为 39 岁; 在各类型标本中, 占比前三位的标本类型依次是脓汁 19.1% (73/382)、脑脊液 16.2%(62/382)、关节液 15.7% (60/382); 培养阳性率最高的为分泌物标本 33.3% (3/9), 其次为脓汁 16.0% (73/456)、穿刺液 13.3% (29/218), 脑脊液阳性率最低 1.0% (62/6096); 在各科室的分布中, 阳性占比前三位的科室依次是骨科 24.3% (93/382)、结核科 10.2% (39/382)、神经内科 7.3% (28/382); 肺外结核常见部位为骨关节 (包括脊椎和关节) 41.5%(113/272)、脑膜 16.2%(44/272)、胸膜腔 13.2%(36/272); 合并肺部改变的肺外结核占 60.3% (158/262), 同部位合并肺部改变比例最高为皮肤结核 84.6% (11/13), 其次是腹膜腔结核 84.0% (21/25)、胸膜腔结核 83.3% (30/36), 骨关节结核中关节结核合并肺部改变比例最少 26.0% (20/77) 与脊椎结核合并肺部改变 50.0% (17/34), 差异具有统计学意义; 病史分析 272 例住院患者的中 165 例未查见与肺外结核可能有关的病史, 12 例有结核的病史, 95 例患者合并有可能引起免疫力降低的疾病或外伤手术史; 住院患者中入院考虑结核诊断的患者为 110 例 (包含 6 例考虑为肺结核的患者), 占比 40.4%, 诊断不明确和未考虑结核诊断的患者为 162 例。住院期间肺外结核患者死亡或病情恶化的较少, 仅 5 例。

**结论** 肺外结核的诊断治疗较为困难, 在我院的占比较高, 发病人群年轻化且肺外结核标本培养的阳性率较低, 尤其是脑脊液标本。

## PU-3292

### Individualized correction of the interference of hemolysis on glycated albumin determined by the ketamine oxidase method

Shichang Zhang

Department of Laboratory Medicine, Jiangsu Province Hospital

**Objective** The effect of hemolysis on glycated albumin (GA) determined, by the ketamine oxidase method, was investigated.

**Methods** GA levels and the hemolysis index were determined in nonhemolyzed serum and hemolyzed serum of corresponding patients. An equation was developed to correct the interference of hemolysis on GA using multiple regression analysis.

**Results** The degree of hemolysis was negatively correlated with GA levels ( $R^2 = 0.9500$ ). A correction equation for GA (corrected GA =  $2.703 \times \text{OD of hemolysis} + 1.044 \times \text{measured GA} - 0.906$ ) can revert GA concentrations of hemolyzed samples to values that were not significantly different from the GA concentration of corresponding nonhemolyzed samples. The bias of GA concentrations before and after correction was significantly different ( $P < 0.01$ ).

**Conclusions** Our results indicate that the level of GA measured through the ketamine oxidase method is negatively affected by hemolysis. The individualized correction of GA results provides increased accuracy in hemolyzed samples.

## PU-3293

### 男性年龄对精子质量影响的研究

丁雪

北部战区总医院

**目的** 据统计, 近 20% 的夫妇患有不孕症, 随着全面二胎的开放, 更多高龄的夫妇加入生育的行列。母亲年龄对卵子染色体不利影响已是共识, 但是父亲年龄对精子质量的重要性研究甚少。本文主要探讨男性年龄对精子质量的影响。

**方法** 选择男性标本 238 例,按照男性年龄分为 3 组,采用多因素方法分析结果并进行研究,随之对其进行精液常规的分析。

**结果** 在分析的这 3 组中, <25 岁组 (n=38) 的精子浓度为 (43.54±4.01) \*10<sup>6</sup>/ml、前向运动率为 (49.37±9.24) %,25 岁~35 岁组(n=169)的精子浓度为 (35.90±3.22) \*10<sup>6</sup>/ml、前向运动率为 (33.29±6.24) %,≥35 岁组 (n=31) 的精子浓度为 (29.81±2.89) \*10<sup>6</sup>/ml、前向运动率为 (31.23±5.83) %。以上 3 组精液量与精子浓度、和精子前向运动率的差异均无统计学意义。 <25 岁组与 25 岁~35 岁组的正常形态率差异无统计学意义。 ≥35 岁组的正常形态率低于 <25 岁组和 25 岁~35 岁组, 差异均无统计学意义。

**结论** 近年来, 男性年龄对生育和子代的影响越来越受到关注。相对于女性, 男性生育力可维持的时间较长, 但随着年龄的增加以及不良生活习惯、工作环境, 男性生育功能也会逐渐减退。综上所述, 年龄与精子正常形态有一定相关性, 对于不育症患者, 应考虑年龄因素。高龄对生育能力及后代生长发育的影响是一个不容忽视的问题。男性年龄增加可能导致精子正常形态降低, 在生育过程中, 男性年龄应引起关注。

## PU-3294

### Circular RNA hsa\_circ\_0003528 in pleural fluid as a new biomarker for the diagnosis of tuberculous pleurisy

Zikun Huang, Yao Fangyi, Luo Qing, Li Junming  
The First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Tuberculous pleurisy (TBP) is the most common extrapulmonary manifestation of this infectious disease which still presents high mortality rates worldwide. Reliable markers for accurately diagnosing TBP are needed. We previously found that the expression of hsa\_circ\_0003528 significantly increased in human monocyte derived macrophages after Mycobacterium tuberculosis infection, suggesting that hsa\_circ\_0003528 may play a part in TB infection. This study was designed to determine whether hsa\_circ\_0003528 in pleural fluid could be used as novel biomarker for TBP diagnosis.

**Methods** This prospective study involved 58 patients with TBP and 95 patients with pleural effusion of other causes. The levels of hsa\_circ\_0003528 expression in pleural fluid were measured using quantitative real-time PCR (qRT-PCR). Adenosine deaminase (ADA) activity was determined on pleural fluid by the enzymatic method. A receiver operating characteristic (ROC) curve was constructed and the area under the curve (AUC) was calculated to summarize the diagnostic accuracy of single markers or marker combinations.

**Results** Levels of hsa\_circ\_0003528 in pleural fluid were significantly higher in TBP patients than in other patients ( $P < 0.001$ ). With a cut-off value of 1.42, the diagnostic sensitivity of hsa\_circ\_0003528 for TBP was 93.10%, specificity was 78.95%, and the AUC was 0.908. ADA levels were also increased in TBP, and its AUC for diagnosing TBP was 0.875. The combination of hsa\_circ\_0003528 and ADA enhanced diagnostic accuracy, offering sensitivity of 95.16%, specificity of 89.02%, and an AUC of 0.947.

**Conclusions** hsa\_circ\_0003528 may be useful for diagnosing TBP, and combining it with ADA may further enhance diagnostic accuracy. Our results justify more rigorous studies with larger samples to confirm the diagnostic potential of hsa\_circ\_0003528 for TBP.

## PU-3295

## 甘胆酸性能验证及其在肝硬化中的临床应用分析

陈体,周冰倩

中南大学湘雅三医院,410000

**目的** 对均相酶免疫法检测血清甘胆酸(cholyglycine, GCA)进行方法学性能验证,并评估其在肝硬化中的临床应用分析,为肝硬化早期诊断和治疗效果检测提供更好的方法。

**方法** 方法学性能验证。参考美国临床和实验室标准协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI),按照《WS/T》系列行业标准,对均相酶免疫法检测甘胆酸 GCA 的正确度、精密度、线性范围、可报告范围、生物参考区间进行评估。收集 2018 年 3 月至 4 月湘雅三医院体检 24 名表面健康人群建立 GCA 生物参考区间。收集临床诊断为肝硬化代偿期、肝硬化失代偿期的患者血清标本,分别比较肝硬化代偿期、失代偿期与健康对照组之间的 GCA 水平。

**结果** 正确度平均偏倚为 7.46%,低值和高值的批内精密度分别为 3.18%和 2.37%,批间精密度分别为 2.67%和 4.58%。满足本实验室要求( $CV < 10\%$ );线性范围为 1.255~48.395mg/L,回归方程为  $y = 1.0267x + 0.6663$ ,  $R^2 = 0.9947$ ;临床可报告范围为 1.255~483.95mg/L,生物参考区间验证男女各 12 例,验证结果为 1.27~2.33mg/L。临床分析两疾病组 GCA 差异与正常组相比均有统计学意义( $P < 0.05$ ),GCA 与 TBA 相关性良好( $P < 0.01$ )。在肝硬化代偿组中 GCA 的 ROC AUC 为 0.841,只高于 TB 和 ALT 的诊断效能。在肝硬化失代偿组, GCA 诊断的 ROCAUC 为 0.976,仅次于 TBA。

**结论** GCA 试剂盒在日立 7600-010 全自动生化分析仪上检测性能达到实验室要求,可用于临床样本检测;GCA 在临床诊断肝硬化中具有重要价值。

## PU-3296

## 辽宁地区孕妇产前凝血四项变化区间参考范围

李璐瑶

北部战区总医院

**目的** 女性妊娠期间雌孕激素水平升高,机体发挥自身调节作用使肝脏合成的凝血物质相对增加从而导致孕妇体内的纤溶机制发生变化,原有的参考区间不能满足临床的需要。因此我们探讨孕妇产前凝血四项(凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血酶原时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原(FIB)变化区间参考范围的意义。

**方法** 收集我院产前监测的待产孕妇 320 例,另收集门诊正常非妊娠妇女 257 例设为对照组,对两组凝血四项各参数进行检测

**结果** 妊娠组 PT、APTT、TT 均低于对照组,妊娠组 FIB 高于对照组,两组数据差异均有统计学意义(均  $P < 0.05$ )可以建立新的区间作为孕产期的参考。

**结论** 经过与对照组的平行试验后,统计孕妇的参考区间如下:凝血酶原时间(PT) 9.02-11.31s、活化部分凝血酶原时间(APTT) 25.5-30.1s、凝血酶时间(TT) 9.97-14.2s、纤维蛋白原(FIB) 421.8-580.3mg/dl。建立新的孕妇产前凝血四项指标变化区间的参考范围对于孕妇凝血指标的变化具有重要的临床意义,可以真正的评估孕妇的凝血情况,生产过程中可能遇到的突发情况做好预防工作。

## PU-3297

## 2 型糖尿病微血管病变患者糖化血红蛋白对血小板参数的影响

李亭慧

北部战区总医院

**目的** 探讨 2 型糖尿病微血管病变的患者糖化血红蛋白 (HbA1c) 对血小板参数的影响。

**方法** 选择北部战区总医院住院患者 111 例作为病例组, 所有病例均为临床确诊为 2 型糖尿病的患者。45 例健康体检者作为健康对照组。以高效液相色谱法测得糖化血红蛋白的浓度, AVDIA 2120i 全自动五分类血细胞计数仪检测血小板的相关参数即血小板数量 (Platelet, PLT)、血小板平均体积 (Mean Platelet Volume, MPV)、血小板平均内容物浓度 (Mean Platelet Concentration, MPC)、血小板平均内容物质量 (Mean Platelet Mass, MPM) 和大血小板 (Large Platelet, L-PLT)。将病例组和健康对照组的检测值进行统计学比较。(2) 将病例组分为有微血管病变组和无微血管病变组, 对以上检测值进行统计学比较。(3) 有微血管病变组糖化血红蛋白与上述具有统计学意义的指标进行相关性分析。

**结果** (1) 病例组 HbA1c、MPV、MPC、MPM、L-PLT 均高于健康对照组 ( $8.66\pm1.96$  vs  $5.51\pm0.30\%$ 、 $8.11\pm0.79$  vs  $7.01\pm0.84$ fl、 $27.75\pm0.89$  vs  $25.85\pm0.98$ g/L、 $2.09\pm0.17$  vs  $1.69\pm0.18$ pg、 $7.05\pm2.63$  vs  $4.86\pm3.62\times10^9$ /L,  $P<0.05$ )。病例组与对照组的 PLT 指标无统计学的差异 ( $P>0.05$ )。(2) 有微血管病变组的 HbA1c、MPV、MPC、MPM、L-PLT 均高于无微血管病变组, 但只有 HbA1c 和 MPC 指标具有统计学意义 ( $9.24\pm2.09$  vs  $7.71\pm1.35\%$ 、 $29.07\pm0.68$  vs  $27.45\pm0.70$ g/L,  $P<0.05$ )。(3) 有微血管病变组的 HbA1c 与 MPC 的相关性分析表明,  $r$  为 0.61,  $P$  为 0.001, 具有统计学意义。

**结论** 2 型糖尿病患者存在血小板相关参数异常, 2 型糖尿病微血管病变与 HbA1c、血小板相关参数密切相关, 并且 HbA1c 可能是参与血小板的早期活化的因素之一。

## PU-3298

## preS2 转录激活肝癌细胞 FOXP3 表达的分子机制研究

张晓宁

山东省千佛山医院,250000

**目的** FOXP3 是已知的 CD4+CD25+调节性 T 细胞的主要调控因子, 目前有数据报道其在肝癌细胞中表达, 然而机制不清楚。我们的前期工作表明, HBV 编码的 preS2 是一种重要的调控蛋白, 可转录激活恶性肝细胞中 hTERT。本文的目的旨在探索 preS2 调控肝癌中的 FOXP3 表达。

**方法** 利用 RT-PCR、western-blot 及免疫组化检测 FOXP3 表达。利用共转染和 siRNA 干扰研究肝癌细胞系中 preS2 对 FOXP3 的调控作用。利用荧光素酶报告基因分析和 EMSA 实验研究 preS2 介导的 FOXP3 上调机制。

**结果** 免疫组化结果显示肝癌患者组织切片中癌细胞的 FOXP3 表达明显增强。HBsAg 阳性患者癌细胞中的 FOXP3 表达总量显著高于阴性患者 ( $P=0.002$ )。在肝癌细胞系中过表达 preS2 能增强 FOXP3 表达, 同时干扰 preS2 表达显著降低了 HBV 整合细胞系 HepG2.2.15 中 FOXP3 的表达。共转染核荧光素酶报告基因分析结果显示 preS2 转录调控 FOXP3 启动子呈剂量依赖性。这一转录激活效应依赖 FOXP3 启动子-465bp~-445bp 区的 AP-1 绑定位点。

**结论** 我们的数据首次提供了直接证据证实 HBV 编码的 preS2 蛋白转录激活肝癌细胞中的 FOXP3。

## PU-3299

## 降钙素原在系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)患者中临床的意义

李艺  
北部战区总医院

**目的** 研究降钙素原(PCT)在系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)患者中的临床意义及临床应用前景。

**方法** 收集沈阳市北部战区总医院在2017年1月—2018年12月在肾脏内科住院治疗的76例确诊为系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)的患者,分别检测患者降钙素原(PCT)、C-反应蛋白(CRP)、抗双链DNA抗体水平、抗核抗体、补体C3,记录患者各项临床资料,系统性红斑狼疮活动性以系统性红斑狼疮病变活动指数(SLEDAI)表示,并进行统计学分析。

**结果** 单纯系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)疾病静止组患者降钙素原(PCT)  $(4.8 \pm 1.3) \text{ ng/mL}$  与系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)疾病活动组患者降钙素原(PCT)水平  $(6.7 \pm 1.9) \text{ ng/mL}$ 。差异无统计学意义( $t=0.06$ ,  $P>0.01$ )。降钙素原(PCT)水平与C-反应蛋白(CRP)呈正相关,差异有统计学意义( $r=0.263$ ,  $P<0.01$ ),与补体、抗dsDNA抗体无相关性,差异无统计学意义( $r=0.143$ ,  $P>0.01$ ;  $r=0.058$ ,  $P>0.01$ )。

**结论** 降钙素原(PCT)水平与系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)患者的疾病活动状态无关,与系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)患者合并感染性疾病有关,有助于鉴别系统性红斑狼疮性合并肾炎(LN)患者疾病活动或是合并感染性疾病。

## PU-3300

## 血常规分析对白血病的诊断意义

田亚飞  
北部战区总医院

**目的** 对血液分析仪在白血病检验中的作用进行分析探讨,通过对93例次白血病患者外周血三系细胞变化分析,结合仪器分类异常报警与血涂片瑞吉染色分类情况,探讨对疾病诊断的意义,从而避免白血病的漏诊现象。

**方法** 采用五分类全自动血液分析仪对确诊的白血病患者进行血常规检查,观察外周血三系细胞的变化,并对外周血标本涂片瑞吉染色,查找异常细胞,观察仪器报警与手工分类结果的一致性。分别通过血液分析仪对其进行血常规检验,并对检测结果进行比较分析。

**结果** 一共检测93例次白血病患者,其中急性白血病75例次,慢性白血病18例次。观察急性、慢性白血病患者三系细胞变化,发现白细胞计数升高明显,分别占67.5%,98.9%;血红蛋白下降占多数,分别占97.3%,92.7%;急性白血病血小板降低占96.6%,慢性白血病血小板升高占69.5%。在有直方图的76例次白血病患者中,仪器警示有异常白细胞患者共63例次(占93.5%);而13例次仪器无警示者,其外周血涂片镜检均有异常细胞。

**结论** 血液分析仪检测结果准确、快速且重复性好。但是当患者出现大量异常细胞时,仪器的白细胞分类结果可出现异常,从而导致误诊。因此仪器白细胞分类结果只能作为筛选,不能代替镜检分类。由于白血病标本影响因素较多,全自动血液分析仪分析结果出现偏差在所难免。为避免临床症状不典型的白血病患者漏诊,提高检验报告质量,应该对各种提示异常或警戒标记数据的血标本染色镜检,将血液涂片染色镜检列入血常规工作中。

## PU-3301

## 血清肌酸激酶同工酶检测在胃癌患者中 临床应用评价

孙鑫

潍坊市中医院,261000

**目的** 研究 I~IV 期胃癌中 CK-MB 巨分子 (M-CK2) 表达的临床特点, 通过研究胃癌患者血清中的 M-CK2 水平进行分析, 以了解该同工酶在胃癌中诊断价值。

**方法** 回顾性分析在潍坊市中医院检测 M-CK2 测定根据 Kanemitsu 等方法, 应用琼脂平板电泳检测, 泳毕将浸有基质液的醋酸纤维薄膜覆盖于凝胶表面, 于 37℃ 孵育, 截取醋酸纤维薄膜后低价酶显色剂于凝胶表面, 显示紫红色的 CK 同工酶区带, 位于印记侧区带为 M-CK2, 检测前列腺癌组患者 110 例, 胃癌组患者 139 例, 乳腺癌组患者 110 例, 胰腺癌组患者 180 例, 结肠癌组患者 110 例, 肺癌组患者 70 例, 宫颈癌组患者 70 例, 和健康对照组 200 名人群血清 CK 和 CK-MB 含量。

**结果** 前列腺癌组 CK 平均含量 108U/L 与正常对照组 72.55U/L 相比较, 有显著升高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 而六种恶性肿瘤组与正常对照组之间差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。七组恶性肿瘤患者 CK-MB 平均含量与正常对照组相比较, 差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。七组恶性肿瘤患者 CK-MB 异常率与正常对照组相比, 均显著升高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。本组 139 例胃癌中, 病期属于 I 期或 II, III 和 IV 期者, 分别为 50, 50 和 39 例, M-CK2 阳性者分别为 50, 29, 和 13 例, 显示 I 或者 II 期胃癌患者 M-CK2 检出率为 100%; III 期患者为 58%; IV 期患者仅 33.3%。

**结论** M-CK2 在胃正常组织阳性表达有助于诊断胃癌, 特别是 I 或者 II 期胃癌, 在胃癌组织阳性表达与肿瘤分期有关。

## PU-3302

## 精浆弹性蛋白酶与精子质量分析及其关系

王丹丹

北部战区总医院

**目的** 探讨精浆弹性蛋白酶与精子质量的临床应用价值及其关系。

**方法** 选取北部战区总院 103 例男性不育患者的精液标本。用酶联免疫吸附试验检测精浆弹性蛋白酶, 用全自动精子分析系统检测精子质量, 包括精子密度、活力、活度及动态参数。按精浆弹性蛋白酶检测结果 0-600ng/ml 分为正常组 (未感染组)、>600ng/ml 为感染组。分析与之相应的精子质量各参数变化, 进行对比分析。

**结果** 在 103 例不育男性患者当中生殖系统感染患者 16 例, 占 15.5%, 生殖系统未感染患者 87 例, 占 84.5%。感染组和未感染组精浆弹性蛋白酶分别为 (1644.50±891.70) ng/ml 和 (204.41±157.66), 前向运动精子百分率 (PR) 分别为 (19.3±6.39)% 和 (38.48±22.00)%。前向运动精子百分率随生殖系统感染严重程度而降低, 呈负相关。感染组和未感染组前向运动精子百分率有明显差异, 且差异显著有统计学意义。

**结论** 精浆弹性蛋白酶与男性不育患者精子活动率密切相关, 可作为男性不育的诊断指标。

## PU-3303

## 比较三种不同检测方法在儿童腺病毒感染诊断中的应用价值

王铁山,苏建荣

首都医科大学附属北京友谊医院,100000

**目的** 评价酶联免疫吸附法,间接免疫荧光法与直接免疫荧光法三种不同检测方法对儿童腺病毒感染诊断的应用价值,为辅助临床诊断提供更加准确且快速的检测方法。

**方法** 回顾性分析 2015.01-2017.03 间我院检验科接收的 220 例同时进行上述三种检测的病例,以其中直接免疫荧光法为金标准,计算其他两种方法的敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值、Kappa 值、约登指数、阳性似然比、阴性似然比等指标,进行配对  $\chi^2$  检验。

**结果** 酶联免疫吸附法敏感性 96.77%,阴性预测值 99.26%,阴性似然比 0.045,约登指数 0.68,Kappa 值 0.39,间接免疫荧光法特异性 87.30%,阳性预测值 53.85,阳性似然比 7.11,约登指数 0.78,Kappa 值 0.61,三种方法间两两比较差异均有统计学意义。

**结论** 以直接免疫荧光法对于腺病毒的检测为金标准,间接免疫荧光法与酶联免疫吸附法方法检测结果具有差异性,综合比较各种因素,间接免疫荧光法对于腺病毒检测操作更加简便,结果更加可靠,能更加及时为临床提供有效数据。

## PU-3304

## 血细胞分析对登革热的鉴别诊断

田妮鑫

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 研究 XE5000 全自动血液分析仪血常规参数对登革热患者和登革热疑似患者的鉴别诊断的价值,了解登革热患者血常规特点,寻求最佳的联合分析参数。

**方法** 查阅已有的相关文献报道,收集登革热疑似患者的血常规结果和血清学检测结果,确定排除标准和纳入标准。按照标准排除 56 例后,258 例纳入本次研究,根据血清学检测结果,将 182 例血清学阳性患者列为登革热阳性组,剩余 76 例血清学阴性患者列为登革热疑似组。首先分析两组人群单个血常规参数的特点,并利用 ROC 曲线分析单个血常规参数在区分两类人群的诊断价值,再联合阳性指标进行分析,进一步挖掘两类人群血常规参数的关系。

**结果** 1) 在分析单个血常规参数部分,登革热阳性组与登革热疑似组在白细胞相关参数、红细胞相关参数和血小板相关参数均表现出差异。和疑似组相比,WBC、NEUT#、NEUT%、LMYPH#、MONO#、IG#、IG%、EO#、EO%、PLT、PCT、RBC、HCT、Hb 均下降,且差异具有统计学意义。LYMPH%、MONO%、HFLC#、HFLC%均升高,差异具有统计学意义。2) PLT、PCT、WBC、NEUT#、NEUT%等受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic curve, ROC)的曲线下面积(area under the curve, AUC) > 0.7,具有较好的诊断价值,经联合检验发现,联合血小板相关参数和白细胞相关参数的 AUC 普遍 > 0.8,其中 PCT+NEUT#+EO#的 AUC 可达到 0.858,当取临界值 0.50 时,灵敏度为 79.3%,特异度为 83.3%。

**结论** 登革热患者与登革热疑似组之间的血常规参数存在明显差异,联合血小板相关参数和白细胞相关参数的 AUC 普遍 > 0.8,其中 PCT+NEUT#+EO#的 AUC 可达到 0.858,联合 PCT、NEUT#、EO#三者可为临床快速鉴别诊断这两类人群提供重要依据。



## PU-3305

## 全血 C 反应蛋白与急性脑出血的相关性研究

徐亮  
北部战区总医院

**目的** 探讨全血 C 反应蛋白 (CRP) 的水平与急性脑出血的关系。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2019 年 1 月北部战区总医院就诊于神经外科急性脑出血的患者 105 例, 作为脑出血组。采集以 EDTA-K<sub>2</sub> 为抗凝剂的全血标本, 采用原理为免疫比浊方法的普门 PA990 特定蛋白分析仪检测血样本中的 C 反应蛋白水平, 并联合神经外科随访患者的预后情况。根据患者头颅 CT 影像, 利用多田公式计算脑出血量, 并按患者的脑出血量把样本分为三组, 分别为少量出血组 (<30ml)、中量出血组 (30-50ml)、大量出血组 (>50ml), 并根据预后情况分为预后良好组 (有效、显效和治愈) 和预后不良组 (死亡), 同时选取体检中心健康者 100 例做为对照组, (对照组的年龄、性别结果与脑出血组差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ))。统计方法: 采用 SPSS19.0 统计学软件, 进行数据分析, 计量资料以均值和标准差表示, 采用 t 检验, 计数资料以百分比 (%) 表示, 采用  $\chi^2$  检验,  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 脑出血组 (CRP 水平:  $58.06\pm69.05$ ) 与对照组 (CRP 水平:  $1.18\pm1.70$ ) 全血 C 反应蛋白含量比较脑出血组均升高, 经方差分析, 组间比较差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。其中大量脑出血组 (CRP 水平:  $103.05\pm53.52$ ) > 中量出血组 (CRP 水平:  $77.81\pm43.43$ ) > 少量脑出血组 (CRP 水平:  $37.41\pm23.31$ ), 多组间比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 预后不良组 (CRP 水平:  $108.23\pm55.24$ ) 与预后良好组 (CRP 水平:  $34.87\pm21.35$ ) 比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 以往研究 CRP 在高血压患者血清中含量较高, 通过促进动脉粥样硬化等作用机制加快高血压的发生、发展。所以 CRP 与脑出血关系密切, CRP 是急性相反应蛋白, 炎症发生时激活补体经典途径, 过程中所产生的产物对脑血管造成损伤, 加重脑水肿, CRP 经过一些信号途径介导内皮细胞凋亡导致局部血流障碍形成类似脑梗缺血半暗带的低血流量区域, 血肿占位效应及血肿周围继发脑身上直接影响患者预后。本研究表明 CRP 是脑出血的危险因素之一, 降低全血 CRP 可能减少脑出血的发生, 脑出血后 CRP 的检测对疾病的进行与预后有重要意义。

## PU-3306

## 2018 年上海市临床实验室飞行检查结果整改情况分析

杨雪,周靖,徐翀,朱俊,秦菲,袁利斌,姜娇,黄妍君,王青  
上海市临床检验中心

**目的** 帮助临床实验室分析飞行检查不合格结果并采取有效的整改措施, 以持续改进检测质量。

**方法** 收集 2018 年第一次飞行检查结果不合格的临床实验室整改报告。临床化学、临床血液体液和临床免疫学相关专家审核报告, 对于不满足要求的整改报告, 通过电话或者现场指导等方式对临床实验室的负责人进行培训, 并要求其重新返回整改报告。依据结果上报问题、检测过程问题、设备问题、质评样本处理问题、计划组织者相关问题和其他问题六个方面对不合格原因归类统计分析。进行飞行检查结果复查, 以观测整改措施实施的有效性。

**结果** 2018 年第一次飞行检查共 125 家临床实验室有不合格的项目, 包括常规化学、糖化血红蛋白 A1c、全血细胞计数、凝血试验、快速 C 反应蛋白等 15 个项目。125 家临床实验室不合格的项目总数为 147 个, 平均每家实验室不合格项目数为 1.18 个 (最小为 1 个, 最大为 4 个)。147 个项目的不合格原因分类为: 结果上报问题 13 个 (占比 8.9%)、检测过程问题 44 个 (占比 30.14%)、设备问题 58 个 (占比 39.73%)、质评样本处理问题 14 个 (占比 9.59%)、计划组织者相关问题 3 个 (占比 2.05%) 和其他问题 14 个 (占比 9.59%)。飞行检查复查结果合格实验室数为 105, 合格率为 86.07% (3 家实验室的项目停做)。

**结论** 临床实验室检测过程问题（如试剂有效期、试剂批号、样品检测模式等）和设备问题（如仪器老化、仪器未定期进行维护等）是导致飞行检查结果不合格的主要原因。采取有效的整改措施能帮助实验室持续改进检测质量，以保证患者检测结果的准确性。

#### PU-3307

### Serum Long Noncoding RNAs Act as Potential Novel Diagnosis and Prognosis Biomarkers in Non-small Cell Lung Cancer

Yujiao Xie, Chuanxin Wang  
the Second Hospital of Shandong University

**Objective** Lung cancer is the first leading cause of cancer deaths worldwide. Non-small cell lung cancer (NSCLC) is the most common type of lung cancer. Increasing evidence shows that long non-coding RNAs (lncRNAs) are capable of modulating tumor initiation, proliferation and metastasis. In the present study, we aimed to evaluate whether circulating lncRNAs could be used as biomarkers for diagnosis and prognosis of NSCLC.

**Methods** Expression profiles of 14 lncRNAs selected from other studies were validated in 20 pairs of tissues by quantitative real-time PCR (qRT-PCR), and the dysregulated lncRNAs thus identified were further validated in serum samples from two independent cohorts along with three tumor makers (CEA, CYFRA21-1 and SCCA). Receiver-operating characteristic (ROC) analysis was utilized to estimate the diagnostic efficiency of the candidate lncRNAs and tumor markers. Importantly, we observed an association between lncRNA expression and overall survival (OS) rate of NSCLC.

**Results** SOX2OT and ANRIL were shown to be obviously upregulated in NSCLC samples. A panel composed of two lncRNAs (SOX2OT, ANRIL) and three traditional tumor markers (CEA, CYFRA21-1, SCC) was built in training set. The AUC of this panel was superior to any biomarker alone. This result appeared in validation set yet. Intriguingly, the low expression of SOX2OT and ANRIL correlated with high survival rate. SOX2OT could be the independent prediction factor.

**Conclusions** our study demonstrated that the newly developed diagnostic panel consisting of SOX2OT, ANRIL, CEA, CYFRA21-1 and SCCA could be valuable in NSCLC diagnosis. lncRNAs SOX2OT and ANRIL might be ideal biomarkers for NSCLC prognosis.

#### PU-3308

### 纤维蛋白原、血浆 D 二聚体、磷脂酶 A2 在脑血管相关血栓及出血性疾病诊断的临床意义

孟娇  
北部战区总医院

**目的** 分析纤维蛋白原、血浆 D 二聚体、磷脂酶 A2 等相关指标在脑血管相关血栓及出血性疾病的诊断价值。

**方法** 选择本院 2018 年至 2019 年收入神经内科及神经外科根据诊断标准确诊为缺血性脑卒中 20 例，脑出血性疾病 10 例，并选取同期健康体检者 20 例作为对照组进行研究。采用全自动凝血仪分别检测血浆纤维蛋白原、D 二聚体和磷脂酶 A2。

**结果** 在正常组、脑出血性疾病组、缺血性脑疾病组磷脂酶 A2 分别为 134.64±38.9ng/ml、224.19±23.76ng/ml、131.55±60.80ng/ml，D 二聚体分别为 0.17±0.08mg/L、1.66±0.87mg/L、0.7±1.29mg/L，纤维蛋白原分别为 2.66±0.33g/L、3.64±1.29g/L、3.65±0.73g/L。脑出血性疾病组

磷脂酶 A2 显著高于缺血性脑疾病组和正常组 ( $P<0.05$ )，而缺血性脑疾病组与正常组相比，磷脂酶 A2 无显著性差异。D 二聚体脑出血性疾病组显著高于正常组，缺血性脑疾病组和正常组无差异。脑出血性疾病组和缺血性脑疾病组纤维蛋白原均高于正常组。

**结论** 在判断脑出血性疾病中，磷脂酶 A2 更有价值，但是在对早期判断脑卒中患者中 D 二聚体的诊断更有价值。

#### PU-3309

### MAB NJ001 inhibits lung adenocarcinoma invasiveness by directly regulating TIMP-3 promoter activity via FOXP1 binding sites

Chunrong Gu, Shichang Zhang, Shiyan Pan

Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** Previously, we developed a monoclonal antibody (mAb) NJ001 that binds to the antigen SP70 in human non-small cell lung cancer (NSCLC) cells and showed it could inhibit lung adenocarcinoma (AD) growth. Here, we investigated the effect and mechanisms of NJ001 in lung AD metastasis.

**Methods** Human lung AD cells (SPC-A1 and A549) were treated with different concentrations of mAb NJ001, and the effects of NJ001 on cell migration and invasive activity were investigated using wound-healing assays and Matrigel assays, respectively. The molecular mechanism of this inhibition was explored by microarrays, qRT-PCR, western blot, luciferase assays and electrophoretic mobility shift assays (EMSA).

**Results** MAb NJ001 markedly suppressed lung AD cell migration; and the invasiveness of SPC-A1 and A549 cells treated with mAb NJ001 was diminished by 65%. Tissue inhibitor of metalloproteinase-3 (TIMP-3) was highly expressed in SPC-A1 cells treated with mAb NJ001, whereas knockdown of TIMP-3 by shRNA significantly increased SPC-A1 and A549 invasiveness. MAb NJ001 affects lung AD by inhibiting TIMP-3 through direct transcriptional regulation of FOXP1 binding sites in the TIMP-3 promoter region, as shown in luciferase assays and EMSA.

**Conclusions** MAb NJ001 inhibits invasiveness and metastasis in lung AD through the FOXP1 binding sites in the TIMP-3 promoter region. It may have clinical applications in preventing and treating metastatic lung AD.

#### PU-3310

### Tim-3 分子在 CD4/CD8 双阴性细胞上的表达与肾移植后肾脏功能的关系分析

杨翠丽, 李亚梅, 严琳, 王兰兰, 罗俐梅, 李壹

四川大学华西医院, 610000

**目的** 近年有研究发现 CD4<sup>+</sup>CD8<sup>-</sup>/CD3<sup>-</sup> 这群双阴性细胞 (double negative, DN) 能够发挥一定的免疫耐受功能。T 细胞表面的 Tim-3 分子也能发挥免疫耐受功能。然而并没有关于肾移植术后移植受者受者在不同免疫抑制剂作用下该群细胞的变化分析。

**方法** 本研究观察 2016 年 5 月至 2016 年 12 月在我院进行肾移植术的肾移植受者, 最终纳入 72 例, 根据术后服用不同免疫抑制剂分为他克莫司 (TAC) 组 (52 例)、西罗莫司 (SRL) 组 (20 例) 及 11 例健康对照组。检测各组患者血清中 eGFR 值, 并采用流式细胞术检测各组患者外周血 CD3<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>/CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>/CD3<sup>+</sup>、双阴性细胞 CD4<sup>+</sup>CD8<sup>-</sup>/CD3<sup>-</sup> (DN)、双阳性细胞 CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>/CD4<sup>+</sup>

(double positive,DP) 以及 Tim-3 分子在 Tim-3/DN、Tim-3/DP 的比例。分析以上细胞与移植后肾脏功能的关系。

**结果** TAC 组、SRL 组以及健康对照组的 eGFR 均值依次为 105.0 (80.5-118.0) mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>)、203.0 (177.25-278.25) mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>)、68.0 (62.0-77.0) mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>)，SRL 组患者的 eGFR 水平明显高于 TAC 组和健康对照组。流式细胞分析结果显示 DN 细胞亚群：SRL 组[3.42 (2.13-4.95)]低于 TAC 组[4.53(3.55-7.45)]，两组均明显低于健康对照组[8.26 (4.75-14.20)]，P 值<0.05，有统计学意义；Tim-3 分子在 DN 细胞亚群的表达呈现出相同的趋势并有统计学意义。同时 DN 细胞以及 Tim-3/DN 细胞的比例与 eGFR 的表达呈明显负相关关系 (P<0.05)。DN 细胞以及 Tim-3/DN 细胞的比例越高，eGFR 越低。

**结论** 本研究发现肾移植术后，服用 SRL 组患者 eGFR 明显升高，肾功能恢复较差。DN 细胞以及 Tim-3/DN 细胞的比例与 eGFR 的表达呈明显负相关关系，有助于慢性移植物失功的早期诊断，为免疫抑制剂的应用提供参考依据。DN 细胞以及 Tim-3/DN 细胞的比例的检测可作为评估受体免疫状态、判断免疫耐受的参考指标。

## PU-3311

### 辽沈地区泌尿系结石与血、尿指标的关系研究

张芷静

北部战区总医院

**目的** 探讨泌尿系结石与血尿酸、CYSC、血脂及尿 PH 值之间的关系。

**方法** 回顾性分析 2016 年 3 月 2 日至 2017 年 3 月 2 日就诊的 150 例结石患者（结石组）及同期健康体检患者 100 例（对照组）的外周血、尿标本。分析泌尿系结石与血尿酸、CYSC、血脂及尿 PH 值水平的相关性。

**结果** 150 例泌尿系结石成分主要以草酸钙结石为主，占 94.7%。结石组的血尿酸、CYSC、血脂高于对照组，差异有统计学意义 (P<0.05)，而尿 PH 值差异无统计学意义 (P>0.05)。

**结论** 辽沈地区血尿酸、血脂及 CYSC 是当地区泌尿系结石形成的危险因素，其中 CYSC 能较好的反应尿路结石患者早期肾损伤。血尿酸、CYSC、血脂是临床上防治泌尿系结石的有用参考指标。

## PU-3312

### 碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌耐药性 及相关感染危险因素分析

郑琳

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 分析碳青霉烯类抗生素耐药肺炎克雷伯菌 (carbapenem-resistant Klebsiella pneumoniae,CRKP) 的耐药性及相关感染危险因素,为临床预防和治疗 CRKP 感染提供依据和建议

**方法** 收集 2018 年 8 月到 2019 年 2 月期间南方医科大学第三附属医院 70 例感染 CRKP 的住院患者资料,通过科室分布、标本类型分布及耐药统计三个方面进行统计分析。同时收集同期本院感染碳青霉烯类抗生素敏感肺炎克雷伯菌的住院患者资料 67 例作为对照组,使用单因素分析及多因素 logistic 多元回归分析 CRKP 感染的相关危险因素。

**结果** CRKP 感染主要分布在神经外科和 ICU 两个科室,标本类型以痰标本居多,CRKP 药敏结果多表现为多重耐药;通过多因素分析发现胃管、导尿管、气管切开、低蛋白血症、抗生素使用和联合用药是 CRKP 感染的独立危险因素。

**结论** 临床上应该通过耐药性和危险因素分析,掌握 CRKP 感染特点及影响因素,采取相应的措施以预防和治疗 CRKP 的感染。

#### PU-3313

### 某三级甲等综合医院 HIV 初筛实验产生假阳性结果的影响因素分析

王铁山,孔祥祯

首都医科大学附属北京友谊医院,100000

**目的** 探讨与分析某三级甲等综合医院 HIV 初筛检测中出现假阳性结果的影响因素。

**方法** 回顾性分析首都医科大学附属北京友谊医院生化免疫室 2015-2018 年 HIV 初筛检测具有反应性的标本,初筛试验使用的雅培化学微粒子发光法检测,试剂为第四代抗原抗体联合检测试剂,检测数值 $\geq 1$  S/CO,定义为反应性标本,进行复检后送往北京市西城区疾控中心做确证试验(免疫印迹法)。以疾控中心的报告为确证结果,将初筛试验假阳性的样本的患者信息进行分析,查找相关的影响因素。

**结果** 共 276 例样本经化学发光法筛查为 HIV 反应性,此 276 例血清送至北京市西城区疾控中心经免疫印迹法确认后,92 例为阳性,133 例为阴性,51 例为不确定。其中 133 例阴性样本,按照年龄分布: $\leq 30$  岁有 10 例(7.52%),30-60 岁有 55 例(41.35%), $\geq 60$  岁有 68 例(51.13%);来自产科门诊的有 25 例(18.80%),肿瘤科有 19 例(14.29%),风湿免疫科 13 例(9.77%),皮肤科有 11 例(8.27%),呼吸科有 10 例(7.52%),其他单科室均小于 10 例。51 例不确定的样本中, $\leq 30$  岁有 15 例(29.41%),30-60 岁有 31 例(60.78%), $\geq 60$  岁有 5 例(9.81%);来自皮肤科有 15 例(29.41%),肿瘤科 11 例(21.57%),呼吸科 10 例(19.60%),感染内科 9 例(17.65%),耳鼻喉科 6 例(11.76%),其他单科室均小于 5 例。由于确证试验为不确定的患者会去疾控中心做进一步的随访,因此其后续的资料无法获得。

**结论** HIV 初筛实验中出现的假阳性,占据较大比例的患者是出现了免疫状态改变的(怀孕、自身免疫病、感染状态等),因此对于此类患者初筛结果的解释要谨慎要以确证试验为依据。

#### PU-3314

### 中段尿培养与白细胞计数、白细胞酯酶及亚硝酸盐检测的相关性

许丽霞,严文敏

惠州市第一人民医院

**目的** 探讨清洁中段尿培养与尿常规白细胞计数、白细胞酯酶及亚硝酸盐的相关性。

**方法** 选取惠州第一人民医院 2018 年 4 月~2019 年 4 月门诊和住院尿路感染的 398 例患者作为研究组,400 例体检健康者作为对照组,留取清洁中段尿标本分别采用美国 IrisIQ200 全自动尿沉渣分析仪、日本京都 AX4280 及细菌鉴定仪进行白细胞计数、白细胞酯酶和亚硝酸盐检测及细菌培养。对清洁中段尿培养及尿常规白细胞计数、白细胞酯酶和亚硝酸盐检测的结果进行回归性分析及讨论。

**结果** 尿沉渣白细胞计数阳性的为 344 例,阳性率为 86.43%;尿干化学的白细胞酯酶阳性的为 348 例,阳性率为 87.44%;亚硝酸盐检测阳性的为 153 例,阳性率为 38.44%;白细胞计数和白细胞酯酶 2 项试验联合检测阳性的为 365 例,阳性率为 91.70%;白细胞计数、白细胞酯酶及亚硝酸盐 3 项试验联合检测阳性的为 379 例,阳性率为 95.23%。

**结论** 白细胞计数、白细胞酯酶及亚硝酸盐 3 项试验联合检测阳性率比白细胞计数与白细胞酯酶 2 项试验联合检测或白细胞计数、白细胞酯酶及亚硝酸盐试验单独应用时高, 则可以根据尿常规白细胞计数、白细胞酯酶和亚硝酸盐的联合检测所得到的结果辅助清洁中段尿培养提高尿路感染的准确率。

#### PU-3315

### Pandemic spread of blaKPC-2 among *Klebsiella pneumoniae* ST11 in China is associated with horizontal transfer mediated by IncFII-like plasmids

Pan Fu, Xiaofei Jiang  
Huashan Hospital, Fudan University

**Objective** *Klebsiella pneumoniae* is a frequent nosocomial pathogen that causes difficult-to-treat infections worldwide. Controlling the dissemination of the KPC-encoding gene (bla<sub>KPC</sub>) is problematic because bla<sub>KPC</sub> is located on transferable plasmids and transposons. This study aimed to investigate the spread of the bla<sub>KPC-2</sub> gene among *K. pneumoniae* and to illustrate the mechanism of dissemination of KPC-producing *K. pneumoniae* (KPC-Kp) ST11 in China

**Methods** A total of 354 *K. pneumoniae* isolates were collected from four hospitals in China and were characterized by Multilocus sequence typing (MLST). Mobile genetic elements (MGEs) and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) analysis were used to identify the subtypes of *K. pneumoniae* ST11. PCR-based amplification and sequencing were performed to analyze Tn1721 transposons and IncFII-like plasmids. Electroporation experiments and whole-genome sequencing (WGS) analysis were used to reveal the genetic environment of the bla<sub>KPC-2</sub> gene

**Results** As the primary type (87.1%) of KPC-Kp, *K. pneumoniae* ST11 was not predominant in nonKPC-Kp (3.1%). ST11 KPC-Kp was clonally heterogeneous and could be further classified into eleven MGE types and fourteen PFGE subtypes. Five Tn1721-bla<sub>KPC-2</sub> variants were identified on IncFII-like plasmids. The detection rate of IncFII-like plasmids was much higher in ST11 KPC-Kp (100%) compared with non-ST11 KPC-Kp (16.0%) and the nonKPC-Kp group (7.5%). Moreover, IncFII-like plasmids with different replicons were identified among ST11 subtypes. IncFII plasmid (with Ila replicon) was primarily detected from MGE-F type (61.7%). IncFIIk plasmid (with Ilk replicon) was clustered into two subtypes MGE-A (28.3%) and -F (41.5%). The same ST11 subtype was also found to harbor hetero-IncFII-like plasmids, the detection of IncFII and IncFIIk plasmid among MGE-A was 57.1% (20/35) and 42.9% (15/35) respectively

**Conclusions** We revealed a close correlation between ST11 KPC-Kp and IncFII-like plasmids. Horizontal transfer mediated by IncFII-like plasmids plays an important role in the pandemic expansion of bla<sub>KPC-2</sub> among *K. pneumoniae* ST11 in China

#### PU-3316

### 探讨白细胞及血小板在冠心病的临床诊断及病情评估中的临床意义

李小庆  
南昌市第三医院, 330000

**目的** 通过检测白细胞(WBC)和血小板(PLT)在不同临床类型冠心病中的水平变化, 探讨其在冠心病(CHD)的诊断与病情评估方面的临床价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月~12 月确诊为冠心病的患者 86 例作为冠心病组, 其中稳定型心绞痛(SAP 组)患者 46 例与不稳定型心绞痛(UAP 组)患者 40 例, 另收集同期、年龄匹配的体检健康人 89 例作为对照组, 比较稳定型及不稳定型心绞痛患者治疗前 WBC、PLT 水平, 观察冠心病组患者治疗后的 WBC、PLT 水平, 并与对照组作比较。

**结果** 冠心病组患者治疗前的 WBC 高于对照组, 差异均有统计学意义。UAP 组与 SAP 组患者治疗前的 WBC 均明显高于治疗后, 差异有统计学意义, 且研究中发现 UAP 组治疗前与治疗后 WBC 数量均高于 SAP 组, 差异均有统计学意义。此外, 本研究结果显示, 冠心病组患者治疗前 PLT 数量低于体检健康对照组, 差异有统计学意义。UAP 组与 SAP 组患者治疗后 PLT 数量均比治疗前高, 差异有统计学意义, 且研究发现 UAP 组患者治疗前、后 PLT 数量均低于 SAP 组, 差异均有统计学意义。

**结论** WBC 数量可用于评估冠心病(CHD)患者的病情变化程度, 与患者病情呈正相关, 病情越严重, WBC 数量越高。监测冠心病(CHD)患者的 WBC 数量, 可预判冠心病(CHD)的病情进展情况。PLT 可用于评估冠心病(CHD)患者的病情及治疗效果, 与患者病情严重程度呈负相关, 病情越严重, PLT 数量越低。WBC 及 PLT 参与了冠心病的发生发展过程, 可对心血管事件进行预测, 对冠心病(CHD)有辅助诊断价值, 能更好地帮助临床掌握患者的病况发展, 评估病情及临床疗效。

## PU-3317

### 凝血功能 APTT 异常患者的原因分析

刘丽娜

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探究南方医科大学深圳医院患者凝血功能活化部分凝血活酶时间 (APTT)结果异常的具体原因, 以为临床的诊断和治疗提供更好的指导。

**方法** 收集本院从 2019 年 3 月 1 日至 2019 年 3 月 31 日期间住院和门诊所有常规送检凝血功能四项 (APTT, FIB, TT 和 PT) 标本,根据试验标准选取 APTT 不明原因异常的血浆标本进行相关实验探究。首先做 APTT 正常血浆混合纠正实验, 然后根据纠正实验结果做内源性凝血因子和狼疮抗凝物检测。

**结果** 本次研究样本选取 3602 例, 选于 2019 年 3 月 1 日至 2019 年 3 月 31 日期间南方医科大学深圳医院住院和门诊所有日常送检凝血功能检测 (APTT, FIB,TT 和 PT) 的患者标本, 统计患者年龄。此外, 同时收集其中 APTT 延长患者的标本和其临床诊断等的具体信息。

一个月内本院全部送检的凝血功能标本共 3602 例, APTT 异常延长不明原因患者标本 223 例。APTT 延长的患者中, 能纠正的有 170 例 (77%), FXI 缺乏有 6 例 (3%), FVIII 缺乏 16 例 (7%) 以及两种因子联合缺乏有 39 例 (17%), 其中最为常见的 FXII 缺乏有 105 例 (47%)。不能纠正的又有 53 例 (23%), 其中狼疮抗凝物阳性最终有 50 例 (22%)。

**结论** 本院 APTT 延长的最主要原因是 FXII 缺乏, 其缺乏大多数不会导致患者出现出血风险。其次, 狼疮抗凝物 (LA) 的存在也是导致患者 APTT 延长的常见原因, 其阳性强度与 APTT 延长的程度没有明显的相关性。

## PU-3318

### 血小板功能检测技术在中老年血栓预防中的价值研究

程云

昆明市延安医院,650000

**目的** 本实验研究希望通过对中老年基本健康人群血小板功能检测数据及随访, 客观地判断血小板功能与中老年人人群的血栓性疾病发生率的相关性, 进而为指导临床血栓预防及科学、合理指导抗

血小板药物应用总结有价值的经验。研究对象为 60 岁以上中老年人群在无干预情况下, 血小板功能与血栓、出血事件发生的相关性。

**方法** 采用 PL 血小板仪检测: 诱导剂 ADP (二磷酸腺苷), 记录 ADP-MAR%、PLT-0、MPV-0 和诱导剂 AA (花生四烯酸), 记录 MAR-AA%、PLT-0、MPV-0 等指标, 并根据检查结果分为高值组和正常组, 其中高值组 100 例, 正常组 100 例。记录 6 个月随访期间是否有终点事件发生。

**结果** 通过使用 ADP 和 AA 两种诱导剂进行实验后统计两组的 PLT-0、MPV-0 等指标并通过 6 个月的随访后统计终点事件的发生后所得: 高值组的血栓发生率明显高于正常组, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )

**结论** 血小板的聚集功能和血栓 (出血) 事件有相关性, 血小板功能检测对中老年血栓、出血疾病有预防价值。

## PU-3319

### 浅谈检验医学专业实习生的人文素质培养

张剑宏

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 医学教育理念与模式在不断变革, 医学教育中最典型的变革表现为对人文医学教育和医学职业素养培养。针对于检验专业人才来讲, 仅具备基础扎实、技能熟练的现代医学检验能力还远远不够, 具有自主学习能力、批判思维能力、实践创新能力、良好沟通能力、组织协作能力、超强适应能力、高尚职业道德的综合素质检验医学专门人才, 更能跟上时代的步伐。

**方法** 探讨检验专业学生实习阶段的人文素质培养

**结果** 临床实习阶段良好人文素质的养成会对实习生未来走上工作岗位产生巨大影响。

**结论** 院校、老师、学生应密切配合, 抓住实习阶段, 重视人文素质教育潜移默化的渗透, 实现医学与人文的有机融合, 培养“学术并进, 德能兼修”的高素质医学检验专门人才。

## PU-3320

### G6PD 基因的遗传多态性的初步研究

黄千容

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 了解常见的能使酶活性降低的 G6PD 基因突变类型, 并探究性别、不同类型基因突变与酶活性之间的联系。

**方法** 通过荧光定量 PCR 法对酶活性低于 1600IU/L, 年龄 $\geq 1$  岁的样本进行基因诊断。

**结果** (1) 同一位点发生基因突变, 性别对酶活性的影响有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。 (2) 290 例酶活性低值样本中, 有 250 例检测出至少一种 G6PD 基因突变。c.1388G>A 和 c.1376G>T 检出最多, 分别占 35.6% (89/250)、30.4% (76/250)。男性和女性不同位点的基因多态性分布无显著性差异 ( $P > 0.05$ ) (3) 有 13 例样本检测出双重杂合突变, 共 9 种杂合突变类型, 其中 c.1388G>A/c.1376G>T 突变有 3 例, c.1388G>A 或 c.1376G>T 与其它位点的复合突变各有 5 例。女性样本中 c.1388G>A、c.1376G>T、c.95A>G 这三种位点合并其它位点双重杂合突变的酶活性与单纯突变的酶活性结果有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** (1) 最常见的两种基因突变为 c.1388G>A 和 c.1376G>T。 (2) 相同位点发生 G6PD 基因突变的患者的酶活性高低与性别有关。 (3) 女性患者中, c.1388G>A、c.1376G>T、c.95A>G 这三种位点合并其它位点双重杂合突变的酶活性相比单纯突变更低。



## PU-3321

## Circulating exosomal miR-150-5p and miR-99b-5p as diagnostic biomarkers for colorectal cancer

Yajing Zhao<sup>1</sup>, Li Xie<sup>1</sup>, Xingguo Song<sup>2</sup>

1.2. Department of Clinical Laboratory, Shandong cancer hospital affiliated to Shandong University, Shandong Academy of Medical Sciences, Jinan, Shandong, PR China

2.3. Shandong Provincial Key Laboratory of Radiation Oncology, Shandong Cancer Hospital Affiliated to Shandong University, Shandong Academy of Medical Sciences, Jinan, China

**Objective** Circulating exosomal miRNAs are potential non-invasive biomarkers for colorectal cancer. The present study aimed to validate the novel sensitive and specific exosomal miRNA biomarkers for diagnosing colorectal cancer (CRC).

**Methods** Exosomes isolated from the serum of CRC patients and healthy donors by ultracentrifugation were characterized using TEM, qNano, and immunoblotting. The exosomes from 2 healthy donors and 4 CRC patients were subjected to RNA isolation and miRNA sequencing. The differently expressed miRNAs from 165 primary CRC patients and 153 healthy donors were substantiated by RT-qPCR.

**Results** The RNA-sequence data analysis revealed that 29 exosomal miRNAs (20 downregulated and 9 upregulated) with >2-fold difference between CRC patients and healthy donors were selected. The serum exosomal miR-99b-5p and miR-150-5p levels were significantly downregulated in CRC patients as compared to healthy donors ( $p < 0.0001$  and  $p < 0.0001$ , respectively) and benign disease ( $p = 0.009$  and  $p < 0.0001$ , respectively). The expression levels of exosomal miR-99b-5p and miR-150-5p were significantly decreased in early CRC patients as compared to healthy donors ( $p < 0.0001$  and  $p < 0.0001$ , respectively). The expression levels of exosomal miR-99b-5p and miR-150-5p were significantly increased postoperatively ( $p = 0.0058$  and  $p < 0.0001$ , respectively).

**Conclusions** The present study demonstrated that serum exosomal miRNAs are promising, sensitive, specific, and non-invasive diagnostic biomarkers for CRC.

## PU-3322

## HIV 包膜假病毒构建体系的建立

任彩云

山西医科大学第二医院, 030000

**目的** 构建具有强中和能力的不同亚型 HIV 假病毒, 为筛选广谱中和抗体准备足够的病毒储备。

**方法** 1、细胞准备: 铺  $2.5 \times 10^5$  个/孔 293T 细胞于 6 孔细胞培养板, 放入培养箱中孵育 24 小时, 备用; 2、质粒 pSG3 $\Delta$ env (env 缺失的 HIV-1 骨架质粒) 和 HIV 重组质粒共转染 293T 细胞: 将各重组质粒 DNA 1 $\mu$ g、pSG3 $\Delta$ env 1.5 $\mu$ g、Plus Reagent 4 $\mu$ L, 加 DMEM 至总体积 125 $\mu$ L, 室温孵育 15 分钟; 将 5 $\mu$ L Lipofectamine<sup>TM</sup> Reagent 加入 125 $\mu$ L DMEM 中; 将 DNA 混合液与脂质体稀释液混匀, 室温孵育 15 分钟; 将细胞培养板取出, 弃去板中培养液, 每孔加入 2mL DMEM 培养液; 将混好的 DNA 和脂质体加入细胞孔中, 于培养箱中孵育 4 小时; 4 小时后每孔换 2mL 10% 溶液 A 培养液; 12 小时后再换 2mL 10% 溶液 A 培养液; 3、收获假病毒: 于转染后约 72 小时收获上清; 4、假病毒感染性检测: 将所构建的假病毒用含有 DEAE dextran 的 DMEM (含有 10% FCS) 按 5 的倍数进行系列稀释共 8 个浓度梯度; 在 96 孔板上加入上述稀释假病毒液 100 $\mu$ L / 孔, 并加入 100 $\mu$ L 的 TZM-bl 细胞 ( $1 \times 10^4$  / 孔) 于培养箱中培养 48 小时; 48 小时后移除上清, 检测病毒感染性 (测定病毒 TCID<sub>50</sub> 值)。

**结果** 共构建 B 亚型、C 亚型及 AE 亚型 HIV 包膜假病毒各 4、4、3 个, 且病毒滴度从  $5^{4.5}$  TCID<sub>50</sub>/mL~ $5^{7.5}$ TCID<sub>50</sub>/mL 不等。

**结论** 建立了稳定的双质粒共转染体系且获得感染滴度高的 HIV 包膜假病毒。

### PU-3323

## The Molecular Resistance Mechanism of Carbapenem-Resistant *Citrobacter* Species Isolated from Hospitalized Patients in China

Yuanqi Zhu, Dandan Dong  
the Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** To study the resistant phenotype, genotype, homology and plasmid-mediated resistance mechanism of carbapenem resistant *Citrobacter* species so as to provide etiology and epidemiological data for the treatment of infection caused by this pathogen.

**Methods** A total of 25 carbapenem antibiotic-resistant *Citrobacter freundii* strains which were primarily identified by the vitek-2 Compact system (BioMérieux) were recovered from clinical specimens from different patients (one isolate per patient) admitted to the several hospitals in Shandong Province. Then these strains were identified by means of average nucleotide identity (ANI) calculations. Carbapenemase were detected by the modified Hodge test and the imipenem-EDTA E-test. Polymerase chain reaction (PCR) assays and sequencing were used to determine the presence of beta-lactamase encoding genes. Isolate relatedness were determined by pulsed-field gel electrophoresis. Conjugation experiments and/or electrotransformation assay were performed to determine their transferability. Bacterial genomic DNA was extracted using the Wizard Genomic DNA Purification Kit, followed by the MiSeq and MinION sequencing. Mobile elements, resistance genes, and other features were annotated by INTEGRALL, ISfinder, ResFinder, PlasmidFinder, and the Tn Number Registry online databases. Comparisons of the multiple and paired sequences were conducted using MUSCLE 3.8.31 and BLASTN, respectively. Gene organization diagrams were drawn in Inkscape 0.48.1.

**Results** Based on pairwise comparison between the available genomes of the whole *Citrobacter* species by means of average nucleotide identity (ANI) calculations, these 25 isolates which were primarily identified as *Citrobacter freundii* by the vitek-2 have been classified as 9 *Citrobacter freundii*, 9 *Citrobacter portucalensis*, 6 *Citrobacter braakii*, and 1 *Citrobacter werkmanii* strain. These strains are resistant to most available antibiotics, such as penicillins, cephalosporins, carbapenems, aminoglycosides and quinolones. Out of 25 isolates, 24 were positive in the modified Hodge tests, while 18 were positive in the MBL E-test tests. A number of carbapenem-resistant genes in these isolates, including bla<sub>NDM-1</sub> gene in 16 strains, bla<sub>KPC-2</sub> in 6 strains and bla<sub>IMP-4</sub> in two strains, were detected by using PCR and sequencing. Five ST171 strains, four ST116, three ST85, two ST17, and six novel ST (ST400, ST401, ST402, ST403, ST405 and ST406), were found in 25 strains. In addition, there were no clonal relatedness between these 25 strains. The S1 nuclease pulsed-field gel electrophoresis showed that each isolate harbored a couple of plasmids. Bioinformatics analysis showed that a novel IncR/IncP6 hybrid plasmid pCRE3-KPC (Accession no. MH919378) was found in CRE3 isolate and that it contained the bla<sub>KPC-2</sub> gene cluster and a novel Tn6626 transposon, which comprised the novel Tn3 family element ISCfr16, the truncated aacC2-tmrB region, and ISEc21.

**Conclusions** Our results revealed that these 25 *Citrobacter* species conferred resistance to most available antibiotics and carried a number of resistant genes. To the best of our knowledge, it is the first report that the *Citrobacter portucalensis* isolates harboring carbapenem-resistant genes were firstly recovered from clinical samples and that the plasmid pCRE3-KPC in a *Citrobacter braakii* CRE3 clinical isolate is a novel IncR/IncP6 hybrid plasmid. Therefore, there is a

urgent need on monitoring the prevalence status of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae and enhancing the reasonable use of antibiotics.

#### PU-3324

### Molecular epidemiology of bla<sub>NDM-1</sub>-encoding *Klebsiella pneumoniae* isolates recovered from hospitalized patients in a neonatal unit

Hui Zhao, Nan Jia, Yannian Li, Yuanqi Zhu  
the Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** To investigate the molecular mechanisms and clonality of carbapenemase-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolated in a neonatal unit of a tertiary university teaching hospital.

**Methods** Five carbapenem-non-susceptible *Klebsiella pneumoniae* strains were recovered from 5 neonatal patients hospitalized between January and February 2015 in a neonatal unit. Identification of strains and minimum inhibitory concentrations of antibiotics was determined by VITEK-2. Carbapenemase activity was detected by using microbiological tests, including modified Hodge test and metallo-beta-lactamases (MBL, IMP+EDTA) test. The genes encoding carbapenemases and plasmidic AmpC-type and extended-spectrum  $\beta$ -lactamases (ESBLs) were analyzed by polymerase chain reaction (PCR) and sequencing. Clonal relatedness were determined by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). Conjugation experiments were performed to determine the transferability of beta-lactamase.

**Results** All the isolates were completely resistant to the second and third generation cephalosporins tested as well as carbapenem (ertapenem and imipenem) except for Aztreonam. The modified Hodge test and MBL test of all isolates were positive. PCR and sequencing showed the presence of bla<sub>NDM-1</sub>, bla<sub>CMY-6</sub> and bla<sub>DHA-1</sub> genes in 5 strains. No isolate had extended-spectrum  $\beta$ -lactamases (ESBLs) or OXA-carbapenemases. PFGE revealed a cluster in isolates in the neonatal unit. Conjugation experiments indicated that bla<sub>NDM-1</sub> and bla<sub>CMY-6</sub> genes were transferable.

**Conclusions** Molecular analysis showed that all of the isolates harbored the bla<sub>NDM-1</sub>, bla<sub>CMY-6</sub> and bla<sub>DHA-1</sub> genes, and were clonally related. To our knowledge, co-production of NDM-1 with CMY-6 and DHA-1 in *K. pneumoniae* isolates were detected for the first time in the world. The emergence of NDM-1 in isolates in the neonatal unit warrant close monitoring and infection control.

#### PU-3325

### 甲状腺 RNA 分子的研究进展

林琳, 吴丽娜  
中国医科大学附属盛京医院, 110000

甲状腺癌是最常见的内分泌恶性肿瘤, 约占全身恶性肿瘤的 1%。甲状腺癌发病率增长迅速, 在基因水平研究甲状腺癌的发病机制成为一大热门的科研课题。mRNA、miRNA、lncRNA、circRNA 等不同 RNA 分子在甲状腺癌发生、发展过程中发挥重要作用。另外, 已有研究表明, mRNA、lncRNA 和 circRNA 等 RNA 分子构成动态的分子网络, 参与肿瘤细胞的增殖、浸润、迁移和凋亡等过程, 调节甲状腺癌的发生与进展。然而, 不同类型的 RNA 分子在甲状腺癌中的具体作用机制尚不清楚。将重点对 mRNA、miRNA、lncRNA、circRNA、ceRNA 等 RNA 分子与甲状腺癌的关系进行综述, 旨在深入阐明甲状腺癌发病相关 RNA 分子机制, 从而为甲状腺癌的诊断和治疗提供新思路。

## PU-3326

## 叶酸配体靶向 PCR 法定量检测循环肿瘤细胞在非小细胞肺癌临床诊断中的初步研究

刘祥琴,刘小琦

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 循环肿瘤细胞（CTC）的定量检测对肿瘤患者的早期筛查和诊断至关重要。为了研究循环肿瘤细胞对非小细胞肺癌诊断的临床意义，我们采用叶酸配体靶向 PCR 定量检测法对循环肿瘤细胞进行初步研究。

**方法** 收集 174 例非小细胞肺癌患者和 117 例肺部良性病患者的外周血样本进行实验，以病理检查结果为金标准评估该液体活检方法用于肺癌临床诊断的准确性。通过免疫磁珠筛选去除白细胞使 CTC 得到富集，然后用肿瘤特异性配体——寡聚核苷酸复合物对 CTC 进行标记，洗涤去除多余的未结合复合物，并将与 CTC 结合的复合物洗脱下来进行实时定量 PCR 检测。

**结果** 按照试剂说明书规定以 8.7CU 作为区分阳性与阴性的阈值，该方法对 I/II 期、III 期和 IV 期患者的检出率分别为 48.3%（29/60）、82.6%（57/69）和 84.4%（38/45）。以肺部良性病患者作为对照组，则该方法对癌症患者的检测灵敏度和特异性分别为 71.3%和 41.7%。

**结论** 叶酸配体靶向 PCR 定量检测法能够较敏地对非小细胞肺癌患者 CTC 进行定量检测，对肺癌特别是早期患者的临床分期具有潜在应用价值。但特异性较差，需对患者结合病理结果和影像学结果进行进一步确诊。

## PU-3327

## 病理大体标本的固定与保存

姚鑫蕊

吉林金域

**目的** 组织良好的固定是标本制作的关键。

**方法** 用 10%福尔马林液固定与保存。标本的固定应选择适当的容器，固定液要充足固定液一般为标本体积的 10 倍。另外，固定的顺序应该是先配制固定液，再把标本放于固定液中。

**结果** 不能保留标本的原有颜色。

**结论** 用福尔马林液固定和保存标本，既简便可靠又经济实用。

## PU-3328

## HOXB13 在原发性肝癌中的分子机制研究

李雷

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 原发性肝癌是对人类健康造成严重危害的一种恶性肿瘤，其发病机制仍不十分明确。HOX 基因是近年来的研究热点，参与多种类型的疾病进程，在肿瘤的致病中发挥重要作用。目前 HOXB13 在原发性肝癌中的表达及意义的研究并不明确，因此进一步研究原发性肝癌中 HOXB13 的表达差异及在肿瘤发生发展中的作用具有重要的意义。

**方法** 本研究使用定量 PCR 的方法检测了 50 例原发性肝癌患者的癌组织及癌旁组织中 HOXB13 的表达水平并分析与临床病理信息的相关性。选择原发性肝癌细胞系进行进一步功能学实验。细胞转染 HXOB13 过表达质粒及 siRNA 后，CCK8 法检测细胞增殖，通过细胞计数明确细胞生长能力，

通过 ki67 以及 DAPI 染色确 Hep3B 及 Huh-7 定肿瘤细胞的增殖周期, Transwell 侵袭实验检测细胞侵袭能力。继而 Hep3B 及 Huh-7 细胞转染 HOXB13 过表达质粒及 siRNA 后,应用 Western Blot 检测 PI3K/AKT/mTOR 信号通路相关蛋白以及 MMP2/MMP9 蛋白。转染 HOXB13 过表达质粒至 Hep3B 细胞,注射到裸鼠腹股沟两侧腋下皮下构建裸鼠成瘤模型,评估 HOXB13 在体内实验中对肿瘤生长的影响,同时给予小鼠 AKT 的抑制剂 MK-2206,观察对肿瘤细胞以及信号通路的影响。

**结果** 本研究检测了 50 例原发性肝癌患者的癌组织及癌旁组织中 HOXB13 表达水平,结果表明癌组织中 HOXB13 的表达显著高于癌旁组织,并且 HOXB13 的表达与患者的肿瘤大小、TNM 分期、3 年生存期具有显著的相关性,同时在肝癌细胞系 Hep3B 及 Huh-7 中也验证了 HOXB13 表达增加。为进一步研究 HOXB13 在原发性肝癌中的作用,本研究检测了 HOXB13 对肝癌细胞生长、增殖、及侵袭的影响,通过过表达及干扰实验,研究结果表明 HOXB13 可促进原发性肝癌细胞的增殖,增强肝癌细胞侵袭。进一步对信号通路的研究表明 HOXB13 通过调节 PI3K/AKT/mTOR 信号通路影响肝癌细胞的增殖、侵袭。最后,我们在裸鼠成瘤的体内实验进一步证明 HOXB13 可显著促进肿瘤的生长,并进一步确定通过上调 PI3K/AKT/mTOR 通路中的蛋白发挥作用。

**结论** 通过本研究将有利于进一步了解肝癌的致病机制,并为寻找新的肝癌治疗靶点及治疗方法提供理论及实验依据。

## PU-3329

### 杭州市女性人类乳头瘤病毒 HPV 感染及亚型分布特征

杨晓

杭州师范大学附属医院

**目的** 分析杭州市女性人类乳头瘤病毒感染情况及亚型分布特征。

**方法** 回顾性分析 2015 年~2018 年来我院就诊行 HPV 基因分型检测的病人结果。

**结果** 2015 年~2018 年本地区 39488 例患者中,检出 HPV 阳性 11560 例,HPV 总感染率为 29.27%,四年间基本持平,分别为 28.05%、31.46%、29.24%、28.54%。由于存在多重感染,HPV 各亚型总的检出频次为 18107,高于 HPV 阳性病例数 11560。其中高危型 HPV 构成比为 73.51% (13311/18107),低危型 HPV 构成比为 26.49% (4796/18107)。HPV 23 种基因型检出频率由高到低,前五位依次是 HPV52 (14.63%)、HPV16 (8.75%)、HPV58 (7.00%)、HPV81 (6.62%)、HPV5 (6.42%)

,除了 HPV81 为低危型外,其他四种均为高危型,高危型以 HPV52、16 为主,低危型以 HPV81 和 HPV6 为主。在各年龄段中,31~40 岁年龄段患者 HPV 感染率最 (31.3%),其次是 21~30 岁 (30.56%)、41~50 岁 (22.15%)、51~60 岁 (9.84%);不同年龄段 HPV 亚型分布有所差异,年龄<20 岁组检出频率前五位由高到低依次为 HPV52、6、11、16、51,21~30 岁组检出频率前五位由高到底依次为 HPV52、16、6、58、11,小于 30 岁人群中,排名前五的亚型包括两种低危型 (HPV6 和 HPV11);31~70 岁年龄段检出率前五的均为 HPV52、16、58、53、81,除 HPV81 为低危型外,其他均为高危型,并且 HPV81 的检出频率排名随着年龄的增长逐渐靠前;31~40 岁年龄段检出频率最高的前四位均为高危型。

**结论** 本地区 HPV 流行情况与其他地区有所差异,不同年龄段 HPV 亚型分布情况也存在差异,在 HPV 疫苗接种类型的选择上应该根据本地区的特点进行选择,对不同年龄段 HPV 感染监测力度应有所差异。

## PU-3330

## 外周血单核细胞计数与肺癌关系的研究

钱香,王琳,张丽霞  
江苏省人民医院

**目的** 研究肺癌患者中的单核细胞计数及百分比,并评估其与肺癌预后的相关性。

**方法** 回顾分析 2007 年至 2017 年 127 例肺癌病人及 100 例健康人群的临床资料及单核细胞水平,分析单核细胞与肺癌的关系。

**结果** 化疗前,肺癌患者单核细胞计数 ( $0.42\pm 0.15\times 10^9/L$ ) 及百分比 ( $6.4\pm 2.0\%$ ) 均高于健康人 ( $p<0.01$ ),化疗前和化疗后单核细胞的计数与肺癌预后无相关性 ( $p>0.05$ )。

**结论** 肺癌患者单核细胞升高,化疗前后单核细胞水平与肺癌的预后无相关性。

## PU-3331

## 监测孕妇血清 IL-10 预警新生儿变应性皮炎

Xiaoyu,轩乾坤,付菲,陈敏,吴文娟  
上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 新生儿变应性皮炎发病率日趋增加,有效治疗手段有限,新生儿变应性皮炎发病原因和机制有待进一步研究。

**方法** 回顾性分析 7639 例新生儿(出生 28 天)血常规,发现 1145 名新生儿嗜酸性粒细胞百分比(Eosnophils, EOS)  $>6\%$ ,占比为 15%。进一步招募了 72 名健康孕妇,收集母亲临产前血液和新生儿脐带血,进行血细胞分析和血清细胞因子检测,并随访新生儿至产后 90 天,通过 SCORDA 评分评判新生儿的变应性皮炎发病及病情。

**结果** 64 名新生儿里 8 名新生儿脐带血(5 男 3 女) EOS 百分比  $>6\%$ 。随访至产后 42 天,该 8 名高 EOS 新生儿(5 男 3 女)出现变应性皮炎,SCORDA 评分  $>6$ ,EOS 百分比  $>6\%$ 。随访至 90 天该,该 8 名幼儿发生变应性皮炎 SCORDA 评分  $>6$ ,EOS 百分比  $>6\%$ ,提示高嗜酸性粒细胞新生儿是变应性皮炎发生的重要原因之一。进一步血清多因子分析发现,高 EOS 婴儿的孕妇血清 IL-10 明显高于 EOS 正常婴儿的孕妇血清,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ),相关性分析发现 IL-10 升高与高 EOS 具有相关性。

**结论** 孕妇临产前血清 IL-10 检测可以预测新生儿特应性皮炎发生,给临床提供预警信号。

## PU-3332

Anterior gradient-2 facilitates prostate cancer metastasis via directly activation of VEGFA and NF- $\kappa$ B pathways

Mengqi Jia,Yanxia Guo,Huiqing Yuan  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Angiogenesis is a major challenge for metastasis and treatment of prostate cancer. Anterior gradient 2 (AGR2), an endoplasmic reticulum (ER)-resident protein-disulfide isomerase (PDI), is associated to cancer development and malignant progression. But its activity of angiogenesis is not clear.

**Methods** Mice model developed by surgical intraprostatic implantation of luciferase expressing PCa cells and patient-derived xenografts were used to detect the effect of over-expressed AGR2 in invasive phenotype of PCa cells. We used quantitative RT-PCR, western blot analysis and

tube-formation assay to characterize the change in VEGFA associated biological activities induced by extracellular AGR2 overexpression. Histidine pull-down experiment was used to explore the direct interaction of AGR2 and VEGFA.

**Results** High level of AGR2 promotes the aggressive phenotype of PCa mouse models and associated with enrichment of the blood vessel network in tumor tissues. Angiogenesis markers VEGFR2 and CD34, accompanied with the invasive marker Vimentin, were predominantly stained in metastatic liver tissues. Secreted AGR2 was defined to enhance VEGFR2 activity as evidenced by physical interaction of purified recombinant human AGR2 (rhAGR2) with rhVEGFA through the formation of a disulfide bond. Deletion of the C-terminal KTEL motif of AGR2 resulted in loss of yielding rhAGR2 protein. Mutant or deleted PDI motif in rhAGR2 was also unable to bind to rhVEGFA that led to the significant abolishment in the vessel formation, but partially affecting aggressive process, implicating alternative mechanisms are required for AGR2-conferring metastasis. Cytosolic AGR2 contributed to cell metastasis ascribed to its stabilizing effect on p65 protein, which subsequently activated the NF- $\kappa$ B and facilitated epithelial to mesenchymal transition (EMT). Importantly, GSH effectively blocked the pro-angiogenic effect of rhAGR2 in vitro and in vivo.

**Conclusions** We compressively revealed AGR2 acts as an angiogenesis driver gene and predictive biomarker for metastasis and prognosis in prostate cancer based on its levels in the circular system.

### PU-3333

## 血清 AGR2 含量预测肿瘤贝伐珠单抗与卡博替尼差异敏感性

贾梦琪,郭艳霞,苑辉卿  
山东大学第二医院,250000

**目的** 抗血管新生靶向药物是治疗肿瘤的明星药物,其中贝伐珠单抗是应用最为广泛的肿瘤抗血管新生靶向药物。但是,目前缺少对于指示贝伐珠单抗精确用药的检验标志物。而卡博替尼作为抗血管新生的多激酶抑制剂,同样缺乏标志物用于个体化治疗。因此我们希望发现预测贝伐珠单抗与卡博替尼药效的生物标志物。

**方法** 免疫缺陷小鼠模型用于构建肿瘤异种移植模型。采用大肠杆菌体外表达体系纯化重组人 AGR2 蛋白。免疫印迹与实时定量 PCR 用于检测基因及蛋白在细胞中的表达。免疫组化检测蛋白在肿瘤组织中的表达。

**结果** 首先,内皮细胞小管形成实验显示,外源补充重组 AGR2 蛋白能够显著地促进血管新生,而这一促血管新生活性能够被卡博替尼抑制,但是不能由贝伐珠单抗所阻断。进一步动物实验表明,贝伐珠单抗不能抑制小鼠体内高水平 AGR2 蛋白所介导的肿瘤侵袭,但是 AGR2 二硫键阻断剂还原型谷胱甘肽则能够抑制这一现象。以上数据提示,细胞外 AGR2 通过直接与 VEGFA 相互作用,促进了肿瘤对于贝伐珠单抗的耐受。肿瘤异种移植模型显示,贝伐珠单抗与卡博替尼都有良好的抗肿瘤活性,但是高水平 AGR2 蛋白能够减弱贝伐珠单抗的抗肿瘤活性,而不能削弱卡博替尼的抗肿瘤活性。免疫组化显示 AGR2 联用贝伐珠单抗组血管新生标志物 CD31 仍处于高表达状态,而卡博替尼则完全抑制了 CD31 的表达。

**结论** 血清 AGR2 能够作为诊断标志物,预测患者对贝伐珠单抗与卡博替尼的抗肿瘤药效。高水平 AGR2 提示患者对贝伐珠单抗耐受,而对卡博替尼敏感,低水平 AGR2 蛋白则预示患者对贝伐珠单抗敏感。以上结论为肿瘤个体化治疗提供理论依据。

## PU-3334

## 基于基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术（MALDI-TOF MS）的阳性血培养改造流程与传统模式的比对

金秀秀

中国人民解放军联勤保障部队第九〇〇医院

**目的** 探讨利用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术，对经固体培养基短时培养（6-8h）的血培养阳性标本中的病原菌进行鉴定及药敏试验的可行性，帮助临床早期诊断血流感染并提供合理的用药依据。

**方法** 将血培养阳性标本按照传统处理模式转种于血平板上，分别对孵育 6-8h 和 18-24h 的病原菌，进行 MALDI-TOF MS 鉴定以及 K-B 法、MIC 法药敏试验。再将两个时间段进行的试验结果进行比对。

**结果** 该研究共收集到 264 份血培养阳性瓶用于鉴定试验，包括 138 株（52.3%）革兰阴性杆菌、113 株（42.8%）革兰阳性球菌、7 株（2.7%）革兰阳性杆菌、5 株（1.9%）真菌及 1 株（0.4%）脑膜炎奈瑟菌，成功鉴定率分别为 96.4%、100%、100%、100%、100%。收集到 174 株病原菌用于药敏试验，包括 71（40.8%）株革兰阳性球菌和 103（59.2%）株革兰阴性杆菌，药敏结果符合率分别为 99.6%和 99.5%。大多数抗生素的符合率达到 100%，除多西环素符合率为 93.5%外，其余均高于 96.1%。

**结论** 本研究方法的鉴定及药敏结果与常规方法的结果高度相符，且可提前 16-18h 得到药敏试验的报告，因此，基于 MALDI-TOF MS 对经固体培养基短时培养（6-8h）的阳性血培养物中的病原菌进行快速鉴定及药敏是一个早期可靠的方法。

## PU-3335

## 碳青霉烯类抗菌药物对鲍曼不动杆菌的临床治疗效果评估

蔡雨芯

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 了解耐碳青霉烯类抗菌药物的鲍曼不动杆菌血流感染的危险因素；探讨碳青霉烯类抗菌药物对鲍曼不动杆菌的临床治疗效果与其耐药性的关系；分析联合用药对耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌的临床疗效。

**方法** 收集中国医科大学附属第一医院 2009 至 2012 年间确诊的鲍曼不动杆菌引起血流感染病例 83 例，进行回顾性病例分析。临床标本（血培养）应用美国 BD 公司的 BACTEC9240 系统进行培养，培养阳性菌株采用微生物分析仪（VITEK 2 或 PHOENIX 100）进行鉴定和药敏试验，并采用琼脂稀释法进行体外药敏试验测最小抑菌浓度。使用 SPSS13.0 统计分析软件进行分析统计学分析。

**结果** 从 83 例鲍曼不动杆菌血流感染的患者中分离出对亚安培南/美罗培南敏感的 26 例、中介 6 例、耐药 51 例。亚安培南、美罗培南、头孢吡肟、头孢他啶、左氧氟沙星、阿米卡星、氨苄西林/舒巴坦对鲍曼不动杆菌的 MIC<sub>50</sub> 分别为 64、64、128、128、8、> 512、32/16，MIC<sub>90</sub> 分别为 64、64、256、512、32、> 512、64/32。入住 ICU 病房（ $P < 0.05$ ）、近期使用皮质醇类激素（ $P < 0.05$ ）和近期使用免疫抑制剂（ $P < 0.05$ ）是发生耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌血流感染的危险因素（ $P < 0.05$ ），其中只有使用皮质醇类激素为独立危险因素。在 30 例临床只使用碳青霉烯类药物治疗的患者中有 20 例药敏结果显示对碳青霉烯类药物耐药（MIC > 8 或 MIC<sub>50</sub> ≥ 16），其中临床治



疗有效 9 例, 有效率 45%。共有 12 例采用联合用药方案治疗耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌的血流感染, 临床有效 7 例, 有效率 58.3%。

**结论** 1、引起耐碳青霉烯类药物的鲍曼不动杆菌血流感染的危险因素有很多, 应注意院内防控。2、碳青霉烯类药物对于某些体外药敏试验显示耐药但最小抑菌浓度较小的病例仍然有效。3、联合用药可提高治愈率, 临床应合理用药。

## PU-3336

### 深圳地区健康人群不同年龄段血清 CYFRA21-1 参考区间建立的初步研究

金巧若

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 探讨深圳地区健康人群血清 CYFRA21-1 水平与年龄的相关性, 初步建立不同年龄段的参考范围。

**方法** 选取南方医科大学深圳医院健康体检者血清标本 2427 例, 选取标准及参考区间建立方法参考 WS/T404.8-2015 附录 A 参考区间建立过程的相关信息。采用电化学发光法检测血清 CYFRA21-1 水平。以 10 年及 20 年为单位进行分组, 通过统计学方法剔除离群值后作正态性检验、年龄相关性分析, 比较不同年龄段血清 CYFRA21-1 结果的差异; 以第 95 百分位数(P95.0)计算参考区间上限; 计算血清 CYFRA21-1 年均增长速度。

**结果** 血清 CYFRA21-1 水平分布呈正偏态分布。总体均数为 2.27ng/ml, 标准差 0.80ng/ml。95% 的例数在 0.000~4.00ng/ml 的范围内。经 Pearson 相关分析得出 CYFRA21-1 水平随年龄增长而增长。经非参数检验不同年龄组间有统计学差异。最终建立不同年龄段参考区间, 其中 20~39 岁为 (0.00~3.60)ng/ml, 40~59 岁为 (0.00~3.90) ng/ml, ≥60 岁为 (0.00~4.20) ng/ml。血清 CYFRA21-1 年均增长速度随年龄增加而降低, 20~39 岁人群为 0.027ng/ml, 40~49 岁人群为 0.018ng/ml, 50~59 岁人群为 0.011ng/ml。

**结论** 血清 CYFRA21-1 水平与年龄有关, 在临床应用中有必要以不同年龄来建立参考区间, 可降低大龄体检者假阳性率, 以防过度诊疗, 减少不必要的检查。

## PU-3337

### 稽留流产患者血小板与凝血功能 监测的临床意义研究

童学东, 杜英剑, 邓昆

重庆医科大学附属第三医院

**目的** 遗传性或获得性血栓形成可导致早期流产, 妊娠期间监测凝血和纤溶变化具有重要意义。本研究将探讨动态监测正常妊娠和稽留流产患者血小板与凝血指标的临床重要性。

**方法** 回顾性分析我院 2016 年 1 月至 2019 年 4 月稽留流产患者 50 例 (平均孕周 11 周), 同期正常妊娠 47 例 (分为孕早期 <13 周, 孕中期 13~27 周, 孕晚期 >28 周) 及同年龄段体检女性作为对照组, 分别检测各组血小板 (PLT) 及相关指标、凝血四项和 D-二聚体等。

**结果** 正常妊娠中晚期与孕早期和体检人群比较, PT、APTT 和 TT 均显著缩短 ( $P < 0.05$ ), FIB 和 D-二聚体显著升高 ( $P < 0.05$ ), PLT 绝对计数和 PCT 在孕晚期显著降低 ( $P < 0.05$ ), PDW 在孕晚期显著升高 ( $P < 0.05$ ), MPV、P-LCC 和 P-LCR 在整个孕期差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。稽留流产患者与正常妊娠孕早期比较, PT、APTT 和 TT 均显著延长 ( $P < 0.05$ ), FIB 显著降低 ( $P < 0.05$ ), 稽留流产患者与体检人群比较, PT 和 APTT 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), TT 显著

缩短, FIB 显著升高 ( $P<0.05$ )。稽留流产患者与正常妊娠孕早期比较和体检人群比较, 血小板相关指标如 PLT、MPV、PDW、PCT、P-LCC 和 P-LCR 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 正常妊娠从受孕到分娩凝血功能逐渐增强并进入高凝状态, 同时纤维蛋白溶解也增强, 达到新的动态平衡。发生稽留流产后, 妊娠高凝状态逐渐消失并恢复正常凝血和纤溶平衡。妊娠期间检测凝血功能异常改变可能有助于稽留流产的早期诊断。

## PU-3338

### Identification a transitional B cell population that promotes CD4 T cell activation in early HIV infection

Yajing Fu

The First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** Accumulation of transitional B cells were reported in primary HIV infected patients. However little is known about phenotype and function characterization of that B cell subset and their association with HIV disease progression.

**Methods** We provide a comprehensive analysis of the phenotype, function and gene signature of CD27-CD38+ B cells among HIV infected patients.

**Results** While investigating B cell subpopulation in very early HIV-1 infected patients, we identified an accumulated CD27-CD38+B cell subset that associated with HIV disease progression. That B cell subset exhibited transitional B cell phenotypic and functional profile but a high self-turnover rate, which has never been reported by any human transitional B cell subset. In addition, CD27-CD38+B cells were demonstrated a heightened ability to activate CD4+T cells and to enhance HIV replication in comparison with other mature B cell subpopulations.

**Conclusions** Accumulation of CD27-CD38+B cell subpopulation may not only hinder the early production of antiviral antibodies but also contribute to the immune activation initiated following HIV infection. Our data also emphasized a novel role of B cell dysfunction in HIV pathogenesis.

## PU-3339

### 尿路感染的快速筛查方法

刘婧

甘肃省人民医院,730000

**目的** 分析尿干化学中白细胞酯酶、亚硝酸盐, 尿有形成分计数中白细胞, 细菌计数与尿路感染之间的关系, 探讨尿常规检查对尿路感染的诊断价值。

**方法** 以尿培养阳性为金标准, 对 200 例疑似尿路感染的病人进行尿常规检测, 同时取中段尿做细菌培养。分析尿常规检查中白细胞酯酶, 亚硝酸盐, 白细胞, 细菌计数和尿路感染的关系。

**结果** 尿常规白细胞酯酶, 亚硝酸盐, 尿白细胞, 细菌计数的敏感性分别为: 58.8%, 47%, 82.4%, 94.1%。特异性分别为: 66.7%, 96.9%, 27.4%, 36.4%。阳性预测值分别为: 47.6%, 88.9%, 36.8%, 43.2%。阴性预测值分别为: 75.9%, 78%, 75%, 92.3%。

**结论** 在临床中, 应用尿常规亚硝酸盐测定, 其特异性较高, 且阳性预测值高, 阳性结果较为可靠。应用尿沉渣细菌计数测试时, 其阴性结果较为可靠, 将这两种手段综合使用, 能有效辅助临床对尿路感染的筛查。与其他三项相比, 尿细菌计数敏感性最高, 在筛查尿路感染中意义较大。亚硝酸盐诊断尿路感染的敏感性较低, 而特异性较高, 尿常规中这几项指标结合在快速诊断尿路感染中价值显著。

## PU-3340

## Cofilin hyperactivation in HIV infection and targeting the cofilin pathway using an anti- $\alpha 4\beta 7$ integrin antibody

Yajing Fu

The First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** A functional HIV cure requires immune reconstitution for lasting viremia control. A major immune dysfunction persisting in HIV infection is the impairment of T helper cell migration and homing to lymphoid tissues such as GALTs (gut-associated lymphoid tissues). ART (antiretroviral therapy) does not fully restore T cell motility for tissue repopulation. The molecular mechanism dictating this persistent T cell dysfunction is not understood. Cofilin is an actin-depolymerizing factor that regulates actin dynamics for T cell migration.

**Methods** We study the correlation between cofilin and immune dysfunction in HIV infected patients, and tested whether stimulating the  $\alpha 4\beta 7$  integrin triggers synergistic outside-in signaling to modulate the cofilin pathway for repairing the T cell motility defect.

**Results** we demonstrate that blood CD4 T cells from HIV-infected patients ( $n = 193$ ), with or without ART, exhibit significantly lower levels of cofilin phosphorylation (hyperactivation) than those from healthy controls ( $n = 100$ ; ratio, 1.1:2.3;  $P < 0.001$ ); cofilin hyperactivation is also associated with poor CD4 T cell recovery following ART. These results suggest an HIV-mediated systemic dysregulation of T cell motility that cannot be repaired solely by ART. We further demonstrate

that stimulating blood CD4 T cells with an anti-human  $\alpha 4\beta 7$  integrin antibody can trigger signal transduction and

modulate the cofilin pathway, partially restoring T cell motility in vitro. However, we also observed that severe

T cell motility defect caused by high degrees of cofilin hyperactivation was not repairable by the anti-integrin

antibody, demonstrating a mechanistic hindrance to restore immune functions in vivo.

**Conclusions** Our study suggests that cofilin is a key molecule that may need to be therapeutically targeted early for T cell tissue repopulation, immune reconstitution, and immune control of viremia.

## PU-3341

## 血液分析智能审核的临床应用大数据评价

曲林琳,续薇

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 评价血液常规检验自动审核规则, 保证检验质量, 缩短结果报告时间。

**方法** 收集吉林大学第一医院检验科 2017 年 11 月至 2019 年 2 月期间的 EDTA-K2 抗凝血常规标本共 324943 例, 应用 Sysmex XN 系列全自动血液分析仪检测血常规, 应用前期建立的自动审核规则, 自动审核软件中对结果进行审核, 分别计算自动审核通过率、通过正确率; 同时抽取 300 例进行镜检, 结合检测结果评价漏诊率即假阴性率, 并得出结果报告时间中位数。

**结果** 自动审核规则共 43 条, 针对原始细胞、不正常淋巴细胞、异常红细胞形态和血小板聚集能够有效拦截, 针对标本性状或采错血的情况能够有效筛选, 例血常规标本的自动审核通过率为 76%, 300 例中发现 5 例假阴性, 其中 3 例检出中晚幼粒细胞、2 例检出红细胞碎片, 假阴性率 1.7%。结果报告时间中位数缩短 16min, 30min 内报告比例提高 35%。

**结论** 血液常规检验自动审核规则尤其适用于大量血常规标本，有助于保证检验质量的同时缩短结果报告时间。大量标本的临床应用发现，自动审核规则的周期性评价十分必要，有助于把握整套自动审核规则的审核效率，必要时及时调整审核条件包括参数和 cutoff 值。

## PU-3342

### 重庆地区 3312 例女性 HPV 感染情况 及年龄分布研究

龚莉,赵友娟,蒋文平,邓昆  
重庆医科大学附属第三医院（捷尔医院）

**目的** 通过研究我院就诊女性 HPV 感染的基因型别及年龄分布情况，了解重庆地区 HPV 感染的特点。

**方法** 选取 2016 年 6 月至 2018 年 4 月重庆医科大学附属第三医院接诊的 3312 例女性，利用微流控核酸芯片技术对宫颈脱落上皮细胞进行 HPV 基因分型检测，统计分析不同年龄层及不同基因型的 HPV 感染率。

**结果** （1）共检出 HPV 感染阳性 728 例，HPV 总感染率为 21.99%，其中 HPV 单一亚型感染率为 16.4%，HPV 多重亚型感染率为 5.59%。（2）在 HPV 单一亚型感染中，HPV52 感染率最高，为 3.32%，其次为 HPV16 和 58，感染率分别为 2.23%和 1.33%。在 HPV 多重亚型感染中，HPV52 的感染率最高，为 2.63%，其次为 HPV16 和 58，感染率分别为 0.91%和 1.21%。（3）HPV 总感染率及单一感染率均在 56 岁以上年龄组中最高，分别为 31.02%和 19.8%；而 HPV 多重感染率呈双峰趋势，在 25 岁以下组及 56 岁以上组中均较高，分别为 8.48%和 11.23%。（4）对四种常见高危型 HPV 分别做单一感染和多重感染分析，发现 HPV52 感染率最高（3.32%），其次为 HPV16（2.23%）和 58（1.33%）。

**结论** 重庆地区女性 HPV 感染主要为单一亚型感染，高发于 56 岁以上人群，病毒基因型主要以高危型 HPV52、16 及 18 为主。

## PU-3343

### 三种早期消化道恶性肿瘤 CEA、CA19-9 和 CA72-4 的差异

谢而付,赵雨雪  
江苏省人民医院

**目的** 探讨三种早期消化道恶性肿瘤之间血清肿瘤标志物 CEA、CA19-9 和 CA72-4 阳性率及浓度水平之间的差异。

**方法** 采用电化学发光免疫法测定 56 例食管癌患者、91 例胃癌患者和 100 例结直肠癌患者血清 CEA、CA19-9、CA72-4 的水平并比较其阳性率和水平。

**结果** 食管癌、胃癌、结直肠癌血清 CEA 阳性率为 0.16、0.18、0.37，水平中位数为 2.94ng/ml、2.05ng/ml、3.15ng/ml；食管癌、胃癌、结直肠癌血清 CA19-9 阳性率为 0.04、0.13、0.15，水平中位数为 8.75 ng/ml、10.3 ng/ml、12.48 ng/ml；食管癌、胃癌、结直肠癌血清 CA72-4 阳性率为 0.04、0.29、0.12，水平中位数为 1.2ng/ml、1.84ng/ml、1.95ng/ml。

**结论** CEA、CA19-9、CA72-4 在不同消化道肿瘤中表达不一样。CEA、CA19-9 在结直肠癌中阳性率和水平最高，CA72-4 在胃癌中阳性率最高，在结直肠癌中水平最高。此结论在临床上有利于常见消化道肿瘤的诊断，同时也有助于肿瘤治疗及预后评估。

## PU-3344

## Effects of TLR9 rs352140 polymorphism on bacterial meningitis risk: a meta-analysis

youtao Zhang

the First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China, 215006

**Objective** TLR9 is an important member of TLRs, which is significant in the initial of inflammatory response against bacteria. Several studies have been conducted to investigate the TLR9 rs352140 polymorphism and bacterial meningitis susceptibility. Unfortunately, the results of previous studies were inconsistent. Therefore, we performed a meta-analysis to derive a more precise estimation of the association.

**Methods** The association between the TLR9 rs352140 polymorphism and bacterial meningitis susceptibility was assessed by odds ratios together with their 95% confidence intervals. Seven case-control studies were enrolled in the meta-analysis.

**Results** Overall, significant association between TLR9 rs352140 polymorphism and bacterial meningitis risk were found under allele contrast (A vs. G: OR=0.66, 95%CI=0.59-0.75, P=0.000), homozygote comparison (AA vs. AG/GG: OR=0.62, 95%CI=0.49-0.78, P=0.000), heterozygote comparison (A vs. G: OR=0.74, 95%CI=0.61-0.91, P=0.005), recessive genetic model (AA vs. AG/GG: OR=0.78, 95%CI=0.65-0.93, P=0.006), dominant genetic model (AA vs. AG/GG: OR=0.70, 95%CI=0.57-0.85, P=0.000).

**Conclusions** We conclude that TLR9 rs352140 polymorphism is associated with bacterial meningitis risk.

## PU-3345

## 肺炎克雷伯菌耐药性及感染相关危险因素分析

莫梢梢<sup>1</sup>, 刘宝<sup>2</sup>, 胡智成<sup>2</sup>, 万珊<sup>2</sup>, 李兴秀<sup>1</sup>, 费樱<sup>1,2</sup>

1. 贵州医科大学

2. 贵州医科大学附属医院, 550000

**目的** 为了解肺炎克雷伯菌的耐药情况、肺炎克雷伯菌检出与感染诊断的符合情况及其感染相关危险因素。

**方法** 采用 WHONET5.6 软件对 2008-2018 年肺炎克雷伯菌耐药情况进行回顾性分析, 通过  $\chi^2$  检验及二元 logistic 回归分析, 分析 2017 年 7 月-2018 年 6 月送检标本中分离出肺炎克雷伯菌的临床住院病历 582 例。

**结果** 1. 2011-2018 年肺炎克雷伯菌的检出率在检出的所有病原菌中排序位于第 2 位。2. 2008-2018 年, 肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类的耐药率最低, 肺炎克雷伯菌对头孢类等抗生素的耐药率在 10%-60% 之间, 且耐药率变化不明显。3. 肺炎克雷伯菌感染相关危险因素研究结果显示, 有创性检查或治疗、留置管使用是肺炎克雷伯菌感染的相关危险因素, 其中留置管使用是肺炎克雷伯菌感染的独立危险因素。

**结论** 1. 医院需进一步改善抗生素使用方案, 加强对肺炎克雷伯菌耐药性的监测。2. 肺炎克雷伯菌感染的相关危险因素是留置管使用、有创性检查或治疗, 其中留置管使用是肺炎克雷伯菌感染的独立危险因素。

## PU-3346

## Gene expression profiles of peripheral CD4<sup>+</sup> T cells in patients with ovarian cancer and study on its glycolysis metabolism and regulation

Wenwen Shang, Rui Xu, Ming Wu, Jiexin Zhang, Xiaojie Zhang, Peijun Huang, Shiyang Pan, Fang Wang  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** To investigate the differentially expressed profiles of mRNA in peripheral CD4<sup>+</sup> T cells of ovarian cancer (OC) patients and healthy controls (HC), and further explore the characteristics and TLR8-mediated control of glucose metabolic that might involve the development of ovarian cancer.

**Methods** Agilent microarray was used to detect changes in gene expression between peripheral CD4<sup>+</sup> T cells of 5 ovarian cancer patients and 5 healthy controls. GO (Gene Ontology) and KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) functional pathway analysis were performed for differentially expressed genes. Meanwhile, the selected part of 8 glycolysis-related genes (mTOR, HIF1 $\alpha$ , GLUT1, GPI, ENO1, PKM2, LDH $\alpha$ , PDK1) were verified by RT-PCR. And we established a coculture system of human CD4<sup>+</sup> T cells and ovarian cancer cell SKOV3, then we detected the expression levels of these 8 glycolysis-related genes in cocultured CD4<sup>+</sup> T cells by RT-PCR, glucose uptake and glycolysis by colorimetry, the proportion of CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> Foxp3<sup>+</sup> T cells by flow cytometry, and the proliferation levels of CD4<sup>+</sup> T cells and its effect on the proliferation of Naïve CD4<sup>+</sup> T cells by [<sup>3</sup>H]-TdR incorporation assay. Moreover, CD4<sup>+</sup> T cells cocultured with SKOV3 were treated with TLR8 ligand ssRNA 40, control TLR8 ligand ssRNA 41 and control Medium, respectively. The expression levels of 8 glycolysis-related genes in CD4<sup>+</sup> T cells, glucose uptake and glycolysis, the proportion of CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> Foxp3<sup>+</sup> T cells, and the proliferation levels of CD4<sup>+</sup> T cells and its effect on Naïve CD4<sup>+</sup> T cells were also described.

**Results** Gene expression profiles revealed significant differences in expression levels of 5175 genes, of which 3014 were up-regulated and 2161 were down-regulated. Further analysis indicated that the most significantly related pathway was metabolic pathway, and the signaling pathways regulating glucose metabolism including PI3K-AKT signaling pathway, mTOR signaling pathway and HIF-1 signaling pathway were also statistical differences. Thus, 8 glycolysis-related genes (mTOR, HIF1 $\alpha$ , GLUT1, GPI, ENO1, PKM2, LDH $\alpha$ , PDK1) were identified, and the expression levels were all increased in peripheral CD4<sup>+</sup> T cells of OC patients compared with benign ovarian tumor patients and HC. Moreover, we showed that the ovarian cancer cell SKOV3 could increase the expression levels of 8 glycolysis-related genes in CD4<sup>+</sup> T cells, promote the levels of glucose uptake and glycolysis, and the proportion of CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> Foxp3<sup>+</sup> T cells was increased, the proliferation levels of CD4<sup>+</sup> T cells were decreased, and enhanced the suppression to the proliferative of Naïve CD4<sup>+</sup> T cells. However, TLR8 (Toll-like receptor 8) ligand ssRNA40 could mediate glycolysis metabolic control of CD4<sup>+</sup> T cells cocultured with SKOV3.

**Conclusions** Our study indicated that the expression profiles of peripheral CD4<sup>+</sup> T cells were significantly different in OC patients, and the most related pathway was metabolic pathway. Glycolysis metabolism might be key players in CD4<sup>+</sup> T cells, which provide a new direction for immunotherapy of ovarian cancer.

## PU-3347

## 白色念珠菌生物膜中滞留菌形成相关机制的研究进展

林赋桂

甘肃省人民医院,730000

**目的** 白色念珠菌 (*Candida albicans*; 白假丝酵母菌) 是一种常见的条件致病菌, 可在留置导管或其他植入式医疗器械的患者中引起播散性感染, 所引起的临床感染可呈爆发性流行。近几年白色念珠菌感染率逐渐上升, 所造成的医源性感染率达到 50%, 美国院内感染控制组织的资料显示白色念珠菌已成为引起院内血液感染的主要病原微生物, 位居第四。

**方法** 在宿主免疫功能障碍的条件下, 白色念珠菌可增殖并侵入宿主体任何部位。目前白色念珠菌所引起的慢性感染性疾病主要与其形成的生物膜以及滞留菌有关。众所周知, 白色念珠菌生物膜的存在对其宿主健康影响巨大, 而滞留菌的存在则进一步加重了白色念珠菌生物膜的难治性。滞留菌 (persisters) 是微生物种群中所占比例不到 0.1% 的一类特殊亚群, 具有与种群内普通菌、耐药突变菌所不同的特征, 其形成机制复杂, 不易分离培养, 属于常规细胞的休眠突变体, 可在去除抗真菌药物高浓度“压力”作用后引起新的生物膜感染。

**结果** 白色念珠菌属于临床侵袭性条件致病菌, 可引起从浅表粘膜到危及生命的全身感染性疾病, 其形成的生物膜是为生物膜内细胞提供结构支架和保护模式的结构化菌体群落, 其产生的滞留菌是一种随机且对抗真菌药物高度耐受的细胞亚群。

**结论** 由于生物膜与滞留菌两种因素的存在, 致使临床治疗侵袭性真菌感染时面临极大挑战, 因此, 研究白色念珠菌滞留菌形成机制对目前临床治疗侵袭性真菌感染具有重要意义。本文对白念珠菌滞留菌形成的主要调控因素 (生物膜的形成、氧化应激反应、蛋白酶系统、TOR-RAS-CAMP-PKA 信号转导途径和菌种自身因素), 以及滞留菌与临床疾病的相关性进行了综述。

## PU-3348

## 慢性肾脏病患者的甲状腺功能和血脂水平分析

张伟

江苏省人民医院

**目的** 慢性肾脏病正成为一个严重的健康问题, 肾功能损伤人数迅速增加。CKD 的进展与许多并发症有关, 包括甲状腺功能障碍, 血脂异常和心血管疾病。本研究旨在探讨慢性肾病患者甲状腺功能和血脂水平。

**方法** 对南京医科大学第一附属医院肾脏科 412 例患者进行调查研究。记录每位患者的年龄、性别、糖尿病、高血压和冠心病的病史, 并分析血清尿素, 肌酐, FT3, FT4, TSH, 总胆固醇, 甘油三酯, HDL-C 和 LDL-C。

**结果** 高胆固醇血症, 高甘油三酯血症, 低 HDL-C 血症, 高 LDL-C 血症发生率分别为 18.93%, 21.12%, 58.25%, 12.14%。CKD 患者中 20.88% 发现甲状腺功能紊乱, 最常见的是亚临床甲状腺功能减退 (14.08%), 其次是临床甲状腺功能减退 (3.64%) 和亚临床甲状腺功能亢进 (3.16%)。

**结论** CKD 患者常见甲状腺功能紊乱和血脂异常, 甲状腺激素和血脂水平的变化可作为判断 CKD 病情进展的重要指标, 特别是在出现严重肾功能损害的 CKD 人群中。动态监测 CKD 患者的甲状腺功能状况和血脂水平为早期诊断并治疗甲状腺和血脂疾病提供理论依据。

## PU-3349

## 金黄色葡萄球菌持留菌形成机制的研究进展

景双艳  
甘肃省兰州市城关区

**目的** 了解持留菌的机制

**方法** 在生物膜, 能量代谢, 基因方面做研究

**结果** 在这篇综述中, 我们总结了迄今为止文献中所描述的金黄色葡萄球菌持留菌形成的机制, 对持留菌临床重要性的普遍认识有促进作用, 从而不断扩大了人们对持留菌形成机制的认识和可能根除持留菌埋下伏笔。

**结论** 目前, 还没有更好的药物治疗持留菌, 因此, 还需更多研究者深层次研究持留菌形成机制及有效抗持留菌药物的研发。

## PU-3350

## An abnormal elevation of serum CA72-4 due to taking King Ratsnake in health care individual

Erfu Xie  
Jiangsu province hospital

**Objective** Serum CA72-4 has been widely used as tumor marker in clinical treatment. It has been reported that some food, drug, or health promotion products such as ganoderma lucidum spore powder and colchicine can cause abnormal elevation of serum CA72-4 in different patients.

**Methods** In this case, a patient with abnormal elevation of serum CA72-4 level owing to having King Ratsnake meat was found in our laboratory.

**Results** However, it was observed that the CA72-4 level was not elevated in the drug contained the snake ingredients and in respiratory disease patients who drank the drug made from the snake.

**Conclusions** It is speculated that having King Ratsnake meat may affect the detection results of serum CA72-4 from this report, which also suggests that clinicians could think of the case reported in our case when they have similar problems.

## PU-3351

## 乳腺癌患者血清及血清外泌体 (exosome) 来源 miR-1910-3p 的表达研究

朱雪明  
苏州大学附属第二医院, 215000

**目的** 建立实时荧光定量 PCR (quantitative real-time polymerase chain reaction, RT-qPCR) 的方法检测乳腺癌患者和健康对照组血清及血清 exosome 来源的 miR-1910-3p 的表达水平, 分析其与临床病理特征的相关性, 探讨其作为乳腺癌早期诊断血清标志物的可行性。

**方法** 随机收取苏州大学附属第二医院术前未经任何抗癌治疗的乳腺癌患者血清标本及健康对照组血清标本各 25 例, 提取血清来源 exosome, 用 RT-qPCR 方法测定每份血清标本中 miR-1910-3p 和血清 exosome 来源 miR-1910-3p 的相对表达量。用 ROC 评价 miR-1910-3p 诊断效能。



**结果** 用 RT-qPCR 的方法检测乳腺癌患者与健康对照组血清 miR-1910-3p 的表达水平分别为 1.740 (0.417, 3.797)、0.689 (0.401, 2.312), 差异无统计学意义 ( $P=0.1936$ ); 实验组和对照组 exosome 来源的 miR-1910-3p 相对表达量分别为 6.763 (2.978,13.118)、1.386 (0.738,2.367), 差异有统计学意义 ( $P<0.001$ )。exosome 来源的 miR-1910-3p 的含量与乳腺癌的大小呈显著正相关, 差异有统计学意义 ( $P=0.035<0.05$ ), 与年龄、肿瘤病理类型、有无淋巴结转移及肿瘤分期无明显关系(其  $P$  值均大于 0.05)。利用 ROC 曲线分析血清 exosome 来源的 miR-1910-3p 的诊断效能, ROC 曲线下面积为 0.8864 (95% CI 0.7937~0.9791)、临界值为 2.144、敏感性与特异性分别为 88%和 76%。

**结论** 血清 exosome 来源 miR-1910-3p 作为非侵入性的生物学标志物在乳腺癌的早期辅助诊断中有一定的作用。

## PU-3352

### Resveratrol abrogates the prometastatic effect of gastric - cancer-derived mesenchymal stem cells on gastric cancer by targeting Wnt/ $\beta$ -catenin signaling

Lei Yin,Wenrong Xu,Hui Qian  
Jiangsu University

**Objective** The tumor microenvironment (TM) is an essential factor of tumor progression. Among the various cells playing critical roles in tumor development are mesenchymal mesenchymal stem cells (MSCs). These cells are important components of the TM and promising targets for eliminating tumors. Resveratrol (RES) is a potential antitumor drug that has attracted extensive attention. However, it remains unclear if RES can exert its antitumor activity by targeting MSCs located in the TM.

**Methods** We used Cell Counting Kit-8 and colony formation assays to estimate cell activity and quantitative reverse-transcription polymerase chain reaction or enzyme-linked immunosorbent assay to assess cytokine expression. Flow cytometry was applied to detect apoptosis action, and Transwell migration and Matrigel Transwell invasion assays were adopted to measure cell mobility.

**Results** The expression of E-cadherin, vimentin, CD44,  $\beta$ -catenin, and CyclinD3 were examined with western blot or immunofluorescence, and the Wnt/ $\beta$ -catenin signaling activity of gastric-cancer-derived MSCs (GC-MSCs) was evaluated using a luciferase reporter assay. RES inhibited the proliferation of GC-MSCs, inactivated the Wnt/ $\beta$ -catenin signaling and reduced their gene or protein expression (IL-6, IL-8, MCP-1, VEGF and Wnt molecules). After treatment with the conditioned medium of GC-MSCs pretreated with RES (RES-GC-MSC-CM), the prometastatic effect of GC-MSCs on gastric cancer (GC) cells was reversed, with decreased expression of vimentin and elevated expression of E-cadherin. In addition, RES-GC-MSC-CM counteracted the activation of Wnt/ $\beta$ -catenin signaling induced by GC-MSCs, with less  $\beta$ -catenin nuclear transport and declined expression of  $\beta$ -catenin, CD44, and CyclinD3 in GC cells. The reexpression of  $\beta$ -catenin impaired the inhibitory effect of RES-GC-MSC-CM on GC cells.

**Conclusions** RES restricted the mobility increase of GC cells and reversed the progress of epithelial-mesenchymal transition induced by GC-MSCs by inactivating the Wnt/ $\beta$ -catenin signaling.

## PU-3353

## 检验科 ISO15189 质量管理体系信息化系统探讨

任章银

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

**目的** 探讨基于医学实验室 ISO15189 质量管理体系下信息化管理体系的构架

**方法** 对照 ISO15189 质量管理体系各要素需求，对信息化系统进行整合和整体框架设计

**结果** 检验科 ISO15189 质量管理体系信息化系统以各种档案为核心，实现了实验室对人员档案、环境档案、设备档案、物资档案、实验室体系文件档案、实验室非体系文件档案质控归档文件、业务归档文件、实验室事务项管理归档文件(含 PDCA)的集中统一归档管理；同时结合基于微信打造的服务平台，开展科室宣传、现危急值闭环管理、不合格闭环管理、在线管理、办公自动化、与患者全方位互动等功能，最终实现临床实验室对人、机、料、法、环、事六大主体的全面深度精细化管理。最终满足医学实验室提升质量、提高效率、精准服务、降低成本的管理需求，具有极为重要的意义。

**结论** ISO15189 医学实验室质量与认可是目前国内医学实验室的主流认可方式，其认可准则主要包含“管理要求”和“技术要求”共 25 个要素。在进行 ISO15189 质量体系建设过程中，需进行大量复杂繁琐的工作，包括：文件编写、记录填写、质量控制、档案整理、内审、管审等，特别是对于大型综合性医院的检验科，无论对于组员、组长、关键岗位负责人还是实验室管理者来说都是长期、艰巨而庞杂的任务。而目前检验科的 LIS 系统大多数仅限于检验核心过程的管理，而不能覆盖检验科 ISO15189 全要素，故建设一套基于 ISO15189 质量管理体系框架的智能信息化医学实验室管理系统显得尤为重要。

## PU-3354

Reference intervals for Urine sediment analysis in  
Healthy pregnant women in China

Songsong Lu, Man Han, Ying Song

Peking university people's hospital

**Objective** The aim of this study was to establish reference intervals of white blood cell (WBC), red blood cell (RBC), bacteria (BACT), squamous epithelial cell (EC), small round epithelial cell (SRC) and mucous strands (MUS) for urine sediment test of pregnant women when with the UF-1000i analyzer was being used as the detection device. We also intended to clarify the differences between pregnant women and non-pregnant women in terms of the aforementioned parameters as well as the differences of such parameters in different trimesters of pregnancy.

**Methods** The experimental subjects were divided into two groups: the experiment group (505 healthy pregnant women) and the control group (466 healthy non-pregnant women). Subjects of both groups are women between the age of 21 and 45. The urine specimens were analyzed using the Sysmex UF-1000i analyzer, followed by manual correction. A statistical analysis was performed by SPSS 22.0. Results were considered significant at  $p < 0.01$ .

**Results** The pregnancy reference intervals of WBC, RBC, BACT, EC, SRC, and MUS were 0~29.4/ $\mu$ L, 0~22.0/ $\mu$ L, 0~695.9/ $\mu$ L, 0~ 28.0/ $\mu$ L, 0~ 7.6/ $\mu$ L and 0~2.8/ $\mu$ L respectively. In the experiment group, the concentrations of WBC, BACT, EC, and SRC were significantly higher than those of the control group ( $p < 0.01$ ), while the concentrations of RBC, and MUS were significantly lower than those of the control group ( $p < 0.01$ ). The inter-trimester differences in terms of the concentrations of WBC, BACT, EC, and SRC were statistically indistinguishable ( $p > 0.05$ ). However, the concentration of RBC was significantly lower with the increase of trimester of pregnancy (the comparison between the first trimester with the second trimester:  $p = 0.000 < 0.01$ ;

the comparison between the second trimester and the third trimester:  $p=0.004<0.01$ ). The WBC, BACT, EC and SRC had moderate intercorrelations (0.569~0.681,  $p<0.01$ ).

**Conclusions** We established reference intervals of WBC, RBC, BACT, EC, SRC, MUS for urine sediments analysis of healthy pregnant women by using UF-1000i. There were significant differences in the aforementioned parameters between the two groups, but no inter-trimester or age-related differences in such parameter existed. The levels of WBC, BACT, EC, and SRC had moderate intercorrelations, and RBC MUS levels had a weaker correlation.

## PU-3355

### 品管圈在降低检验科标本溶血率中的应用研究

李丹丹

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 研究品管圈（QCC）活动对于降低检验科标本溶血率的效果，为提升检验标本合格率提供有效的依据

**方法** 成立 QCC 小组，统计检验科 2017.2-2017.7 月期间不合格标本的情况，分析选定“降低血液标本溶血率”为主题，找出标本溶血的原因，针对主要问题拟定和实施对策并判断改进效果

**结果** 开展 QCC 活动后，不合格标本的溶血率从 53.13%降低到 18.39%，差异有统计学意义( $P<0.001$ )，达到了预期目标值

**结论** QCC 活动的实施有助于改善检验标本的溶血率，同时规范了血液标本采集及运送各环节的流程，提升了医务人员对血液标本采集知识的知晓率，提高了圈员的质量管理能力

## PU-3356

### 母体中胎儿 DNA 浓度较低的影响因素

李雨艳

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 利用高通量测序技术和生物学分析，胎儿是否存在染色体异常现象，进而判断胎儿染色体中是否存在非整倍体。但是游离 DNA 含量过少，则无法正确识别胎儿中 DNA 分布情况，影响检测结果。据有关资料显示<sup>[1]</sup>，孕妇的体重、孕周等可能会影响胎儿 DNA 浓度，因此本文对影响母体中胎儿浓度的因素进行分析，进而得到 DNA 浓度较低的影响因素，对提高 NIPT 的检测的准确性具有重要意义。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2018 年 12 月 580 例不同孕周且孕有男性胎儿的孕妇的血液标本进行回顾分析，通过高通量测序技术检测游离 DNA 序列，通过匹配序列估算胎儿 DNA 含量，且分析 DNA 含量与孕周、体重的相关性。并且采用 Pearson 相关分析或应用 t 检验进行统计分析。**结果：**母体中胎儿 DNA 浓度与孕周具有正相关性（ $r=0.521$   $P=0.0009$ ），与孕妇体重呈负相关（ $r=-0.452$   $P=-0.031$ ）。

**结果** 母体中胎儿 DNA 浓度与孕周具有正相关性（ $r=0.521$   $P=0.0009$ ），与孕妇体重呈负相关（ $r=-0.452$   $P=-0.031$ ）。

**结论** 母体中胎儿 DNA 浓度与孕妇体重呈负相关，母体的体重是影响 DNA 浓度降低的主要原因。母体胎儿 DNA 含量与孕周有关，故准确计算孕周也是 DNA 浓度达到标准的主要原因。母体内胎儿 DNA 的浓度在孕妇体内变化较为复杂，相关影响因素的研究具有片面性，还有待加强。本次研究结果显示，孕 13 周后的母体胎儿 DNA 含量较为稳定，可达到 5%以上，满足高通量测序技术的需求。同时发现，孕妇体重过高是影响母体胎儿 DNA 浓度过低的主要因素，临床应给予足够重视。

## PU-3357

## 一株人体肠道细菌新种的分类鉴定 并对[Clostridium] hiranonis 进行重新分类

陈晓娇,周宏伟

南方医科大学珠江医院检验医学部

**目的** 鉴定一株来源于人体肠道的疑似新种的细菌 ZHW00191<sup>T</sup>, 明确其微生物分类学地位; 并对目前分类错误的细菌[Clostridium] hiranonis 进行重新分类。

**方法** 对该待检菌进行 16S rRNA 基因测序, 根据进化树分析结果选择模式菌株作为参考菌株进行多相分类学分析。

**结果** 该待检菌 ZHW00191<sup>T</sup> 进行 16S rRNA 基因测序后与数据库进行比对, 相似性最高的是 [Clostridium] hiranonis TO-931<sup>T</sup>(95.25%)。根据进化树分析结果选择了 C.hiranonis TO-931<sup>T</sup> 和消化链球菌科的模式菌株 Peptostreptococcus anaerobius DSM 2949<sup>T</sup> 作为参考菌株进行多相分类学分析。待检菌株基因组 DNA G+C 含量为 32.76%, 通过比较基因组分析中的平均核苷酸一致性分析和数字化 DNA-DNA 杂交, 这两个参数的值分别低于各自的种间判定靶值 95-96% 和 70%。该可疑新菌是一株细胞呈长杆状、大小约 0.7-1×3.2-8μm、无鞭毛、无芽孢的革兰染色阳性厌氧菌。适合其生长的条件是 25-45°C、pH 5.5-10.0、0-2% (w/v) NaCl (最适 37-42°C、pH 6.5-7.0、0% NaCl)。该菌能发酵葡萄糖, 产生大量乙酸、中等量的异戊酸和异丁酸以及少量丙酸。细胞壁主要的脂肪酸 (>5%) 是 C<sub>16:0</sub>、C<sub>18:1</sub> w 9c、ante-C<sub>18:0</sub>/C<sub>18:2</sub> w 6,9c、C<sub>18:0</sub>、iso-C<sub>17:0</sub> 和 iso-C<sub>15:0</sub>; 主要极性脂是双磷脂酰甘油、磷脂酰甘油、3 种未知磷脂和 10 种未知糖脂; 未检测到呼吸醌类; 细胞壁肽聚糖中含有 2,6-二氨基庚二酸 (2,6-DAP), 其类型为 meso-DAP; 全细胞糖类主要为核糖和葡萄糖。

**结论** 基于基因型、表型和化学分类的多相分类学分析结果, 确定了菌株 ZHW00191<sup>T</sup> 一个新菌种, 与 C.hiranonis 来自同一个属。由于 C.hiranonis 是一个分类错误的名称, 提出在消化链球菌科中加入一个新属并命名为消化醋酸杆菌属 (Peptoacetobacter), 菌株 ZHW00191<sup>T</sup> 作为该新属的模式菌株, 命名为人消化醋酸杆菌 (Peptoacetobacter hominis)。同时 C.hiranonis 应分类到这个新属, 重新命名为 Peptoacetobacter hiranonis。

## PU-3358

## 热带念珠菌生物膜的形成与调控

闫亚芳

甘肃省人民医院,730000

**目的** 热带念珠菌已成为第三种最常见的真菌病原体, 其形成生物膜的能力被认为是最重要的毒力因子之一。

**方法** 热带念珠菌的生物膜是住院患者发病率和死亡率较高的独立危险因素, 且与感染患者的不良预后有关。

**结果** 但是, 对热带念珠菌生物膜的研究非常少相比于白念珠菌而言。

**结论** 为此, 本文将从一般特征、形成、基因调控、药物敏感性检测方法等多方面对热带念珠菌生物膜进行系统全面的综述。

## PU-3359

## Ten years of prevalence and clinical laboratory features of CMV infected children in south river of Jiangsu Province

Wenwen Shang, Hong Zhao, Guodong Rong, Ting Xu, Lei Wu, Peijun Huang, Jiexin Zhang, Fang Wang  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** Human cytomegalovirus (CMV) is prevalent worldwide and causes lifelong infection. We conducted a retrospective study to determine the epidemiology and clinical laboratory characteristics of CMV infection in children in a hospital of south river of Jiangsu Province.

**Methods** Totally 2600 urine specimens from children who were hospitalized in general pediatric from 2009 to 2018 were collected followed by CMV-DNA loads detection. Among them, clinical records and laboratory results of 971 infants aged 3-12 months were selected for further statistics analysis.

**Results** Urine CMV-DNA load test was intensively ordered in 2011 (17.76%; 532/2996) for infants under 1 month but the rate continuously dropped ever since. In fact, infants under 1 month had the lowest detection sensitivity and children aged between 3 to 24 months had the highest positive rate. On the contrary, analysis of blood routine test showed that the absolute counts of peripheral leukocytes ( $P=0.008$ ), monocytes ( $P=0.039$ ), neutrophils ( $P<0.001$ ) and platelets ( $P=0.006$ ) were significantly decreased in CMV+ group compared with CMV- group. The percentages of neutrophils (NEUT%) were decreased ( $P<0.001$ ) while the percentages of lymphocytes (LYM%) were increased ( $P<0.001$ ) by CMV infection. Moreover, NLR (neutrophil to lymphocyte ratio) ( $P<0.01$ ), MLR (monocyte to lymphocyte ratio) ( $P=0.017$ ) and SII (systemic immune index) ( $P=0.002$ ) were also decreased in CMV+ group. As follow-up extended, the hospitalization stay of cases in CMV+ group was significantly longer than that of the CMV- group ( $P<0.05$ ), and the proportion of children with hospitalization stay longer than 2 weeks in CMV+ group was higher than that of CMV- group, with significant difference ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** CMV survey has not drawn much attention in hospitalized infants and children. They should be benefit from the combined application of urine CMV detection and blood routine test.

## PU-3360

## Study on the effect of EDTA anticoagulation on the determination of insulin in hemolyzed specimens

姜鉴芳, 葛秋霞, 宋为娟, 杨瑞霞  
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** To determine the effect of hemolysis and hemolysis time on the determination results of serum and EDTA anti-coagulated plasma insulin (INS) by electrochemiluminescence immunoassay (ECLIA).

**方法** Insulin levels of non-hemolytic serum and EDTA anti-coagulated plasma were determined by ECLIA, and results of the two groups were compared. Then the specimens were artificially intervened into different degrees of hemolysis, and the insulin levels with different hemolysis were detected and analyzed.

**结果** 1. The INS levels between non-hemolytic serum and EDTA anti-coagulated plasma showed no significant difference. 2. The results of serum INS levels were susceptible to hemolysis influences. The results of plasma INS levels showed no significant difference with low/moderate hemolysis.

**结论** EDTA-K2 anti-coagulated plasma can replace the serum for INS detection which could minimize the hemolysis interference to the greatest extent when the serum has low/moderate hemolysis.

**PU-3361**

## **Association of serum miR-186-5p with the prognosis of acute coronary syndrome patients after percutaneous coronary intervention**

Zhuoling Li<sup>1</sup>, Jia Wu<sup>1</sup>, Weishi Wei<sup>1</sup>, Jing Yan<sup>1</sup>, Cheng Wang<sup>1</sup>, Junjun Wang<sup>1</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Jinling Hospital, Medical School of Nanjing University, Nanjing 210002, China

2. School of Medicine, Jiangsu University

**Objective** To investigate the kinetic signatures and physiologic states of circulating miR-186-5p in acute coronary syndrome (ACS) patients undergoing percutaneous coronary intervention (PCI) and their association with ACS prognosis.

**Methods** 92 ACS patients and 96 healthy controls were enrolled. Serum miR-186-5p levels in ACS patients (on admission and at different time points within one week after PCI) and controls were detected by quantitative reverse-transcription PCR. The predominant form of serum miR-186-5p was analyzed by comparing its absolute concentration in isolated exosomes and exosome-depleted supernatant. An average of one-year follow-up for ACS patients was performed and the incidence of major adverse cardiovascular events (MACE) was calculated. MiR-186-5p levels in serum and myocardium of rats following permanent ligation of left anterior descending coronary artery (LAD) were also measured. The target mRNAs of miR-186-5p were predicted by bioinformatics software, and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) analyses were performed to predict their potential functions and related pathways by using the DAVID database.

**Results** Serum miR-186-5p levels were found to be significantly increased in ACS patients upon admission compared with those of controls, but these high miR-186-5p levels gradually decreased within one week after PCI. Serum miR-186-5p was mainly present in an exosome-free form rather than membrane-bound exosomes. Within one year of follow-up, ACS patients with higher miR-186-5p levels upon admission exhibited a higher incidence of MACE after PCI. Different statistical analyzes further validated the independent prognostic values of serum miR-186-5p in ACS patients after PCI. Serum miR-186-5p levels in rats following LAD ligation were increased, and there was a decrease in myocardial miR-186-5p levels. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) analysis suggested that miR-186-5p might be involved in ACS by regulating the inflammatory status and glucose metabolism.

**Conclusions** A distinctive expression signature of serum miR-186-5p may contribute to monitoring the clinical condition and assessing the prognosis of ACS patients undergoing PCI.

## PU-3362

## Heterozygous RHO p.R135W missense mutation in a large Han-Chinese family with retinitis pigmentosa and different refractive errors

Yuan Wu, Yi Guo, Junhui Yi, Hongbo Xu, Lamei Yuan, Zhijian Yang, Hao Deng  
the Third Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** This study aims to identify the disease-causing mutation in a numerous, four-generation Han-Chinese family with autosomal dominant retinitis pigmentosa (RP).

**Methods** A four-generation Chinese family with nine patients suffering from retinitis pigmentosa was studied. Detailed family history and clinical data of all the members were collected and recorded. Exome sequencing was applied in the proband to screen potential genetic variants, and then Sanger sequencing was used to verify the variant within the family. And 100 unrelated, ethnically-matched normal controls (male/female: 50/50, age  $38.5 \pm 5.6$  years) were recruited in this study.

**Results** Afflicted family members present with classic RP, but with heterogeneous clinical consequences including differing refractive errors, cataracts, astigmatism and epiretinal membranes. A missense mutation, c.403C>T (p.R135W), in the RHO gene was identified in nine patients and it co-segregated with afflicted family members. The variant was absent in 100 ethnically matched controls.

**Conclusions** By utilizing both exome sequencing and direct sequencing, we identified a missense variant in the RHO gene that is possibly associated with disease in this family. Our study extends the genotype-phenotype relationship between RHO gene mutations and adRP clinical findings which suggests that exome sequencing is a cost-effective, and efficient, approach for identifying the disease-causing mutations present in inherited retinal degeneration. These results may have implications for familial genetic counseling and clinical management, and in developing RP target gene therapy strategies.

## PU-3363

## 以非阴道加德纳菌非惰性乳杆菌为优势菌的阴道微生态失调女性伴随更为严重的阴道局部临床表现

周祖怡, 陈慕璇, 周宏伟  
南方医科大学珠江医院检验医学部

**目的** 健康育龄期女性阴道菌群多样性较低, 多以乳酸杆菌为阴道优势菌, 当发生阴道微生态失调时, 女性阴道菌群多样性增加, 阴道菌群由单一优势乳酸杆菌转变为阴道加德纳菌, 普雷沃菌, 阴道阿托波菌等多种细菌共存。随着二代测序技术的发展, 人们对阴道微生态失调女性的生殖道菌群构成已经有了充分的认识, 但对于阴道微生态失调和女性阴道局部临床表现之间存在的关联仍不清楚, 这对于我们理解阴道菌群人体之间的相互作用非常关键。

**方法** 本研究纳入了临床上存在阴道局部不适表现, 被诊断为阴道炎的 88 名未绝经女性。我们收集了她们的阴道分泌物拭子, 对她们的阴道菌群组成进行了检测, 同时也通过调查问卷收集了这部分女性的阴道局部不适类型和严重程度分级。

**结果** 测序结果显示这部分女性的阴道菌群可分为四型, CSTI-IV, 其中 CSTI 以惰性乳杆菌以外的乳杆菌为阴道优势菌, CST2 以惰性乳杆菌为阴道优势菌, CST3 以阴道加德纳菌为阴道优势菌, CST4 为前三种菌型以外的其他菌型, 其中普雷沃菌属和链球菌属丰度较高。本研究发现, CST4 女性出现尿痛腰痛症状的几率显著高于 CST3 女性, 同时 CST4 女性出现宫颈肥大的几率也显著高

于 CST2 和 CST3 女性。而 CST3 女性相较于 CST4 女性群体, 前者的阴道分泌物湿片中白细胞数目更高, 高 Nugent score 女性更为多见。

**结论** 在临床上, 以 CST4 为特征的阴道微生态失调可能伴随着更为严重的临床后果, 这种菌型相较于之前临床上较为关注的 CST3 型更加值得临床重视。

## PU-3364

### 连续监测降钙素原对肾移植术后并发感染的临床价值研究

夏永红

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 连续监测降钙素原(PCT)对肾移植术并发感染的临床价值。

**方法** 对 26 例肾移植患者采集静脉血标本检测血清 PCT、C 反应蛋白(CRP)和白细胞(WBC)计数, 同时检测在术后 1、3、7、14 天血清 PCT 值, 以了解和发现 PCT 水平变化与移植术后感染的临床价值。

**结果** 肾移植组术后第 1 天的血清 PCT 水平显著高于对照组, 而血清 CRP 水平、白细胞(WBC)计数与对照组比较差异无显著性; 连续 7 天监测移植患者的 PCT 变化, 发现肾移植术后血清 PCT 浓度轻度增高, 在术后 3~4d 达峰值(0.05-2 ng/ ml), 然后逐渐降低, 在 1 周内逐渐恢复至正常水平(< 0.05ng/ ml); 感染组各时段 PCT 水平显著高于非感染组各相应时段, 差异有显著性( $P<0.01$ )。其中感染组血清 PCT 在第 1 天开始升高, 于第 3-4 天达到高峰, 之后持续下降。

**结论** PCT 水平的变化可以有效判断移植术后感染的严重程度; 在移植术后连续监测血清 PCT 水平, 对指导抗生素使用、评估病情判断预后具有一定的临床价值。

## PU-3365

### 一例与遗传性感觉和自主神经病变和肢体损毁相关的 WNK1 基因无义突变

孙慧, 马建鸿, 郑芳, 谭最, 程尼涛, 刘煜敏, 孙家忠, 周俊英, 程小欢

武汉大学中南医院,430000

**目的** 遗传性感觉神经病是一组感觉功能障碍相关的疾病, 具有临床及遗传异质性, 常伴有自主神经病变, 又被称为遗传性感觉和自主神经病 (hereditary sensory and autonomic neuropathies, HSAN)。临床表现包括感觉丧失、对疼痛不敏感、不同程度的肌无力和肌肉萎缩以及其他自主神经病变的表现, 常见的并发症为足部溃疡和感染导致的骨髓炎, 继而引起坏死和截肢。根据临床特点和致病基因将 HSAN 分为 5 个亚型, 随着疾病研究和基因诊断技术的进展, 进一步完善基于致病基因的亚型分组。

**方法 研究对象和方法:** 先证者, 男, 23 岁, 因“反复双足肿胀感染溃烂 10 年”就诊。先证者 13 岁时无明显诱因双足出现肿胀伴皮肤破溃感染, 足骨溶解, 抗感染治疗无效后手术截去左足趾骨。10 年来, 症状反复发作, 双足肿胀、皮肤增厚、破溃、形成无痛性损毁性溃疡, 逐渐向四肢近端发展, 反复抗感染及清创治疗无效。无明显肌萎缩及肌力下降。签署知情同意书之后, 从受检者样本中提取基因组 DNA, 构建基因组文库。通过探针杂交捕获目标基因外显子及毗邻剪接区域(约 50bp), 并进行富集。对富集的基因进行质量控制, 利用高通量测序仪(Illumina HiSeq X)进行测序。测序数据与 hg19 版本人类基因组参考序列进行比对, 找出其中的 SNP 和 InDel 变异, 再用各类专业数据库和预测软件进行注释。参考美国医学遗传学和基因组学学会遗传变异分类标准与指南进行数据解读。



**结果** 发现先证者 WNK1 基因 1 个纯合无义变异 c.3492dupT(p.D1165fs\*0)。该变异导致 WNK1 基因的第 1165 位密码子编码的天冬氨酸变为终止密码子。一代测序结果显示：患者的父亲和母亲均为该变异的杂合携带者。

**结论** 目前已经明确的 II 型 HSAN 致病基因有 HSN2/WNK1、FAM134B、KIF1A 和 SCN9A，临床上对应疾病分型分别为 HSANIIA、HSANIIB、HSANIIC 和 HSANIID。在本例报道的家系中，先证者父母为近亲结婚，先证者外周血 DNA 检测出 WNK1 基因外显子 10 上出现 1 个纯合无义变异 c.3492dupT(p.D1165fs\*0)。WNK1 基因的功能缺失突变可抑制外周感觉神经的发育。HSAN 目前的处理主要是对症治疗，通常需要包括神经内外科、整形科及康复科等多学科合作。对明确有 HSAN 患者的家系进行分子遗传学检测有助于明确亲属的遗传状态，可利于早期预防及优生优育。

## PU-3366

### LTA 法血小板聚集功能检测对抗血小板药物疗效的评价

徐珍

淮北矿工总医院

**目的** 探讨血小板聚集功能检测对抗血小板药物疗效的评价。

**方法** 用血小板四种不同活化途径的诱导剂 ADP、肾上腺素、胶原、花生四烯酸,同时对每组血小板进行诱导,然后借助 LTA 法检测每种途径血小板的聚集程度。对 2018 年 5 月到 2018 年 12 月我院收治的 1294 例抗血小板药物治疗的患者和 206 例未经抗血小板药物治疗的患者进行血小板聚集功能的测定。所有病例均随机选择,分为单用药组(670 例)、联合用药组(624 例)和对照组(206 例),比较不同诱导剂诱导下的血小板的聚集情况。

**结果** 四种诱导剂的对照试验,血小板聚集率数值分别为:(84.1±7.3)%、(84.7±9.0)%、(85.0±8.0)%、(87.2±6.0)%。单用药组阿司匹林对四种途径均有抑制( $P<0.01$ ),其中 AA 途径抑制作用最强达到(9.5±5.6)%;氯吡格雷作为 ADP 受体拮抗剂除了对 ADP 途径有抑制作用外(60.5±14.0)%( $P<0.01$ ),对肾上腺素、胶原和花生四烯酸亦有抑制,而且作用更强。联合用药组对四种途径亦均有良好的抑制作用( $P<0.01$ ),但是对比阿司匹林和氯吡格雷联合用药组,阿司匹林和替格瑞洛对 ADP 途径的抑制作用最强( $P<0.01$ ),达到(28.9±14.9)%。

**结论** 这四种诱导剂:二磷酸腺苷、肾上腺素、胶原和花生四烯酸可以很好的对血小板起到聚集作用,可以充分体现血小板的活性以及其受抑制程度。从临床意义来说,这几种诱导剂可以很好的监测抗血小板药物疗效,对血栓性疾病的抗栓治疗很有帮助。

## PU-3367

### Association of interleukin-1 gene polymorphisms with susceptibility to Helicobacter pylori-associated gastroduodenal diseases in the Chinese population

yu xiang

Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

**Objective** Gene polymorphisms is associated with susceptibility and tolerance to diseases. Interleukin-1 gene can encode important cytokines IL-1 which involved in many diseases. However, the relationship between Interleukin-1 gene polymorphisms and Helicobacter pylori-associated gastroduodenal diseases in Chinese population is still unknown.

**Methods** In the present study, to explore the relationship between interleukin-1 (IL-1B and IL-1 receptor antagonist, IL-1RN) polymorphisms and Helicobacter pylori (H. pylori)-associated gastroduodenal diseases, 76 cases of chronic gastritis, 78 cases of gastric ulcer, 60 cases of

duodenal ulcer, 124 cases of gastric cancer and 140 healthy adults were enrolled, all of these patients were infected with *H. pylori*. IL-1B-511 and IL-1RN were genotyped by PCR-restriction fragment length polymorphism analysis and confirmed by DNA sequencing.

**Results** When compared with the control group, there was no significant difference in the IL-1RN genotype frequencies in the *Helicobacter pylori*-associated gastroduodenal diseases group. Oppositely, there was a significant differences in the frequency distribution of IL-1B-511 was found in the chronic gastritis group and the gastric cancer group ( $\chi^2=6.234, P<0.05$ ;  $\chi^2=23.833, P<0.001$ ). Logistic regression analysis revealed that, compared with the IL-1B-511 T/T genotype, the odds ratio (OR) of patients with the IL-1B-511 C/C genotype of developing chronic gastritis was 0.417(95%CI: 0.192-0.904), and of gastric cancer was 5.208(95%CI: 2.591-10.471).

**Conclusions** These findings suggest that IL-1B-511 polymorphisms are correlated with the onset of *H. pylori*-associated gastroduodenal diseases and the susceptibility of gastric cancer.

## PU-3368

### 晚期非小细胞肺癌患者 TKI 靶向治疗与肿瘤组织 EGFR 基因突变状态的关系

赵铮  
广元市中心医院

**目的** 探讨晚期非小细胞肺癌（NSCLC）患者 TKI 靶向治疗与肿瘤组织 EGFR 基因突变状态的关系。

**方法** 回顾性分析我院 180 例接受酪氨酸激酶抑制剂（TKI）靶向治疗的 NSCLC 患者的临床资料，所有患者均经病理证实为 NSCLC，治疗前对所有患者血浆样本 EGFR 突变状态进行检测，然后接受 TKI 靶向治疗（吉非替尼 250mg/d，厄洛替尼 150mg/d）。分析 EGFR 突变状态与患者基线资料的关系，并探讨 EGFR 突变状态对 TKI 靶向治疗疗效的影响及预后的影响。

**结果** 180 例 NSCLC 患者中，118 例为野生型，62 例为突变型，突变率为 34.44%。性别、无吸烟史、组织学类型与 EGFR 突变有关（ $P<0.05$ ）；其余各基线资料与 EGFR 突变无关（ $P>0.05$ ）。EGFR 突变患者 RR 高于 EGFR 野生型患者，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。EGFR 突变型患者 1 年生存率高于 EGFR 野生型，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** NSCLC 患者 EGFR 基因突变与性别、无吸烟史、组织学类型有关，EGFR 突变型患者接受 TKI 靶向治疗的疗效较好，有利于提高患者 1 年生存率。

## PU-3369

### 天然水解产物 SOP 降低化疗药所致肾损伤的作用及机制研究

王倩  
山东大学,250000

**目的** 利用天然产物的特点，筛选发现无明显毒副作用的 SOP 天然混合组分，且能显著降低化疗药物的毒副作用。本论文将分析天然水解产物 SOP 在荷瘤小鼠中的基本功能，以及其联用化疗药顺铂是否可以减轻其肾脏毒性的作用，并初步探讨其作用机制

**方法** （1）鼠源前列腺癌小鼠模型构建及 SOP 处理：

（2）肾损伤模型构建

（3）无菌分离小鼠脾细胞

(4) 其他基本方法: 细胞培养、Western blot、RT-PCR、流式细胞术、免疫组化、HE 染色等常规操作。

#### 结果 第一部分 天然水解产物 SOP 减毒增效作用的分析

##### 化疗药物的选择

我们首先利用前列腺癌和肺癌为模型, 分析 SOP 对多西他赛和顺铂药效、毒性的影响。

##### SOP 的毒性分析

利用荷瘤小鼠分析 SOP 的毒性, 通过构建 C57BL/6 异种移植荷瘤老鼠模型, 发现单独加 SOP 小鼠的体重和状态均与正常小鼠无异, 说明 SOP 对于机体无毒。

##### SOP 对化疗药物毒性的影响

各组 ALT 和 AST 没有明显变化, 顺铂组 BUN 和 CR 有显著性升高, 联用 SOP 以后 BUN 和 CR 有明显降低。说明 SOP 对肾毒性有更明显的作用。

##### SOP 减毒增效的免疫机制

通过组织 HE 染色, 发现联用 SOP 后, 其炎症水平降低, 通过检测 T 淋巴细胞基本的免疫指标 CD3+、CD4+、CD8+ 和巨噬细胞 F4/80、CD11b 发现, 联合用药组 CD8+ 低于对照组, CD3 +、CD4 +、CD4 +/CD8 + 高于对照组, 联合用药组的巨噬细胞含量要高于化疗药组, 说明 SOP 可以刺激机体免疫。

#### 第二部分 SOP 降低顺铂诱导的急性肾损伤的作用及机制分析

##### 1. 急性肾损伤模型的构建

我们确定了使用 15mg/kg 的顺铂剂量一次性腹腔注射作用五天的时间以成功构建小鼠的急性肾损伤模型, 进行我们后续的机制研究。

##### 2. SOP 对急性肾损伤的保护作用

使用 SOP 后, BUN 和 CR 含量恢复, 通过 qPCR 检测各种细胞因子水平, 发现某些抗炎因子水平升高, 炎症因子水平降低, 因此, 天然水解产物 SOP 对化疗药顺铂引起的肾损伤有一定的保护作用, 它可能是通过细胞因子的表达来调节的。

#### 结论 天然水解产物 SOP 有一定的抑瘤作用;

SOP 与多西他赛、顺铂联用, 能够显著降低化疗药物的肝肾毒性, 可以提高小鼠的免疫力, 改善小鼠的生存质量;

SOP 对于顺铂诱导的急性肾损伤具有显著的保护作用。

## PU-3370

# 非小细胞肺癌精准医疗的新视角——“液体活检”

孙慧

武汉大学中南医院, 430000

**目的** 肺癌是世界上最常见的癌症, 占有癌症病例的 11.6%, 是癌症相关死亡率的主要原因。世界卫生组织将肺癌分为两大类: 非小细胞癌 (NSCLC) 和小细胞肺癌 (SCLC), 其中 NSCLC 占有肺癌病例的 80% 以上, 是最常见的类型。肺癌分子异常的识别和深入理解使得一些分子生物标记物已成为 NSCLC 的检测和预后标记物。检测这些基因的改变对于识别有效的治疗方法和准确的评估预后是很重要的。虽然肿瘤个性化诊断的金标准是组织活检, 但在临床实践中, 新的液体活检方法迅速发展, 为优化治疗提供了新的可能性。

**方法** 血浆和血清中含有源自肿瘤的可变数量的分子标记, 检测血液样本中这些分子特征的过程称为液体活检。肿瘤信息可以从循环肿瘤 DNA、循环肿瘤细胞、外泌体和 microRNA 中获得。ctDNA 通过凋亡和坏死细胞的溶解或巨噬细胞对肿瘤细胞的消化或肿瘤细胞直接分泌 DNA 来释放; CTC 是一种肿瘤细胞, 它与实体瘤块分离, 并在血液循环中扩散。为了从原发肿瘤中分离癌细胞, 细胞需要经历上皮间充质转化的细胞过程, 这使得肿瘤细胞获得运动和迁移能力, 从而使其

渗透到血液中，在血液中作为 CTC 循环。ctDNA 和 CTC 是癌症患者液体活检中最广泛研究的标记物。

**结果** 致敏 EGFR 突变是 NSCLC 的预测性生物标志物之一。NSCLC 中最常见的 EGFR 突变是外显子 19 的缺失和外显子 21 的点突变 (p.L858R)。这两种突变都会激活酪氨酸激酶域，并与对小分子酪氨酸激酶抑制剂 TKIs 的敏感性有关。FDA 已经批准使用液体活检来分析 EGFR 致敏突变和耐药性突变，研究显示根据液体活检做出治疗决定的无进展生存时间和总生存时间与根据组织活检做出治疗决定的相比处于同一水平。通过液体活检进行分析的还有间变性淋巴瘤激酶基因 (ALK)、ROS1、BRAF、KRAS 以及其他较不常见的基因突变

**结论** 目前，液体活检最有前景的应用之一是检测癌症进展和耐药性的发展。T790M 突变是目前评价 EGFR-TKI 治疗效果的指标，具有广阔的应用前景。在肺癌中，使用 TKIs 经常导致耐药细胞克隆和肿瘤反应性的丧失。这导致了越来越多的新的分子分析方法和第四代 TKIs 的发展。根据最新的临床发现，非小细胞肺癌的治疗指南也在不断变化。因此，需要不断调整液体活检指南，以适应当前的临床需要。虽然，液体活检的方法需要进一步标准化，但是液体活检仍然为患者管理以及监测耐药提供了关键的新信息。

## PU-3371

### Pre-treatment red blood cell distribution width-to-hemoglobin ratio as an independent prognostic factor in patients with small-cell lung cancer

Yi Huang

Sichuan Academy of Medical Sciences & Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Hemoglobin and red blood cell distribution width (RDW-CV) are easily laboratory obtained parameters in routine blood tests. Here we investigated the associations of the RDW-CV-to-hemoglobin ratio (RHR) with the clinical parameters and prognoses of small cell lung cancer (SCLC) patients.

**Methods** Pre-treatment clinical and laboratory data from 139 patients with SCLC were retrospectively studied with univariate analyses. Subjects were divided into two separate groups: high RHR ( $\geq 0.1088$ ,  $n=64$ ) vs low RHR ( $< 0.1088$ ,  $n=75$ ). Kaplan-Meier survival analyses and Cox proportional hazard models were used to examine the effects of RHR on overall survival.

**Results** Chi-square analyses revealed that high RHR was associated with female, advanced tumor stage, and smoking (All  $P < 0.05$ ). Student t test and Mann-Whitney U test revealed that patients with high RHR had higher levels of RDW-CV, CYFRA21-1 and lower levels of RBC count, hemoglobin, MCV, MCH, MCHC, HCT, and albumin (All  $P < 0.05$ ). Kaplan-Meier analyses showed that high RHR conferred poor prognoses for SCLC patients (Log rank  $P=0.000$ ). When gender, age, smoking history, tumor stage, metastasis were incorporated as covariates, RHR and tumor stage were poor independent prognostic factors for patients with SCLC by Cox regression analyses ( $P=0.006$ , HR 1.901 95% CI 1.199-3.014 and  $P=0.000$ , HR 2.873 95% CI 1.756-4.703, respectively).

**Conclusions** Pre-treatment RHR could be used as a strong predictor for prognostic study of SCLC.

## PU-3372

## 一种快速 EDTA-碳青霉烯酶抑制实验的方法学评价：快速区分肠杆菌科细菌的丝氨酸碳青霉烯酶和金属酶碳青霉烯酶

徐绣宇

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 对实验室自建的快速 EDTA-碳青霉烯酶抑制实验（rapid EDTA carbapenem inactivation method, reCIM）进行方法学评价，评估其用于区分肠杆菌科细菌的丝氨酸碳青霉烯酶和金属酶碳青霉烯酶的临床价值。

**方法** 连续收集临床分离肠杆菌科细菌 245 株，采用微量肉汤稀释法对厄他培南、亚胺培南和美罗培南三种碳青霉烯类抗生素的最低抑菌浓度进行验证。PCR 扩增及测序检测碳青霉烯酶基因。共选取 128 株碳青霉烯酶基因阳性的菌株作为试验组，128 株青霉烯酶基因阴性菌株作为对照组，分别采用 CIM+eCIM 实验和 rCIM+reCIM 实验进行碳青霉烯酶表型检测，比较结果的一致性。

**结果** 128 株碳青霉烯酶基因阳性的菌株 CIM 和 rCIM 实验均为阳性。其中 48 株携带 KPC-2 基因，eCIM 和 reCIM 实验阴性。46 株携带 NDM-1 基因，13 株携带 IMP-4 基因，8 株携带 IMP-8 基因，1 株同时携带 IMP-8 和 NDM-1 基因，这 68 株菌 eCIM 和 reCIM 实验阳性。10 株同时携带 KPC-2 和 NDM-1 基因，2 株同时携带 KPC-2 和 IMP-4 基因，这 12 株菌 eCIM 和 reCIM 实验阴性。117 株非产碳青霉烯酶肠杆菌中，51 株产 ESBLs，24 株产 AmpC 酶，28 株同时产 ESBLs 和 AmpC 酶，14 株菌不携带  $\beta$ -内酰胺酶基因。117 株菌 CIM 和 rCIM 实验均为阴性。

**结论** CIM+eCIM 实验和 rCIM+reCIM 实验均能准确检测肠杆菌科碳青霉烯酶，并区分丝氨酸酶和金属酶。而 rCIM+reCIM 实验快速且操作简便，5 小时内可得到检测结果，更适用于临床微生物实验室常规使用。

## PU-3373

## 中国人群中 UGT1A1 基因型对伊立替康剂量限制性毒性反应的预测价值及疗效的关系

储楚

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 在精准医学分子学基础上探讨 UGT1A1\*6 和 UGT1A1\*28 基因多态性对伊立替康剂量限制性毒性反应的预测价值及疗效的关系，将遗传学信息、治疗两者结合，使疾病的诊治更具有针对性、安全性、靶向性和特异性。**方法**：新鲜外周血中抽提 DNA，治疗前采用 PCR 毛细管电泳法分析 300 例中国肿瘤患者 UGT1A1\*6 和 UGT1A1\*28 的基因多态性，合理制定药物配伍及用药剂量。

**方法** 1 临床病例收集 2 UGT1A1 基因检测及剂量调整 3 根据检测结果确定剂量 4 疗效评价及不良反应

**结果** 300 例中国肿瘤患者中，UGT1A1\*6 基因型为野生型(G/G)有 182 例(60.7%)，杂合突变型(G/A)与纯合子突变型(A/A)有 118 例(39.3%)；UGT1A1\*28 基因启动子区 TA 序列呈 6 次重复的野生型(TA6/6)有 191 例(63.7%)，TA 序列杂合突变型(TA6/7)与纯合子突变型(TA7/7)有 109 例(36.3%)。剂量调整后完全缓解 1 例，部分缓解 53 例，疾病稳定 233 例，疾病进展 53 例；白细胞减少 87 例，中性粒细胞减少 57 例，腹痛腹泻 16 例。调整剂量后，腹痛腹泻及粒细胞减少等副反应发生率与传统治疗的差异具有统计学意义。

**结论** 在采用含伊立替康方案化疗恶性肿瘤患者中，伊立替康的剂量限制性毒性主要取决于患者个体的 UGT1A1 基因型，要提高伊立替康的临床疗效和安全性，降低其不良反应，重点在于治疗前

对患者进行基因型检测,预测患者 UGT1A1 基因型,并合理制定药物配伍及用药剂量等,实现临床抗肿瘤药物的精准化治疗。

## PU-3374

### 神经外科病房分离菌的耐药性变化与分析

严立

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 了解神经外科病房临床分离菌的耐药性变迁,为临床合理用药提供依据。

**方法** 采用自动化仪器法和纸片扩散法测定抗菌药物敏感性,并依据 CLSI2018 标准进行结果判读,使用 WHONET 5.6 软件对药敏数据进行统计分析。

**结果** 2015-2018 年共分离非重复临床分离菌 2123 株,其中革兰阴性菌 1563 株 (73.6%)、革兰阳性菌 560 株 (26.4%);标本类型以痰液 (62.6%)、尿液 (12.1%)、血液 (10.0%)、脑脊液 (8.3%) 为主;分离菌居前五位的细菌是鲍曼不动杆菌 (20.3%)、肺炎克雷伯菌 (16.4%)、铜绿假单胞菌 (14.5%)、大肠埃希菌 (8.9%)、金黄色葡萄球菌 (7.7%);鲍曼不动杆菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率均 >65%,肺炎克雷伯菌 2015-2016 年对碳青霉烯类的耐药率均 <30%,2017 年对碳青霉烯类药物耐药性明显升高 (亚胺培南 41.3%、美罗培南 41.9%),2018 年对碳青霉烯类药物的耐药性出现较大幅度下降 (亚胺培南 3.4%、美罗培南 3.4%),铜绿假单胞菌对碳青霉烯类的耐药率在 30% 左右,大肠埃希菌对碳青霉烯类的耐药率小于 3%,未发现对利奈唑胺和万古霉素耐药的金黄色葡萄球菌。

**结论** 神经外科病房分离菌以痰标本为主,菌种以鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌和铜绿假单胞菌等院内感染菌为主,近年来肺炎克雷伯菌的分离率出现明显升高;分离菌对碳青霉烯类药物的耐药率有上升的趋势;加强细菌耐药监测,合理使用抗菌药物,减少抗菌药物的耐药性。

## PU-3375

### 半导体测序法和 Sanger 测序法检测乙型肝炎病毒 YMDD 基因突变的比较

余学高,邓间开,陈耀铭,陈培松,何小洪,钟良英,黄彬

中山大学附属第一医院,510000

**目的** 比较半导体测序法和 Sanger 测序法在 YMDD 基因突变中的检测,评价半导体测序法在 HBV 耐药基因检测中的临床应用价值。

**方法** 收集临床样本 229 例,运用半导体测序法和 Sanger 测序法分别检测 YMDD 基因突变情况。

**结果** 两种方法均检测到 74 例 (74/229,32.31%) YMDD 突变,半导体测序法检测到 44 例 (44/229,19.21%)rtM204V 突变,25 例 (25/229,10.92%)rtM204I 突变,5 例 (5/229,2.18%)rtM204V/I 混合突变。Sanger 测序法检测到 47 例 (47/229,20.52%)rtM204V 突变、25 例 (25/229,10.92%)rtM204I 突变和 2 例 (2/229,0.87%)rtM204V/I 混合突变。两种方法的一致性( $\kappa$ )为 0.97 ( $P<0.01$ )。灵敏度分别为 rtM204V (44/47, 93%),rtM204I (25/25, 100%),rtM204V/I 混合突变 (2/2, 100%)。完全符合率 (71/74, 95.95%),部分符合率 (3/74, 4.05%),未发现完全不一致 (0/74, 0%)。

**结论** 研究表明,半导体测序法在拉米夫定治疗病人的早期大规模耐药基因筛查和监测低病毒载量 YMDD 基因突变有重要意义,有助于判断治疗的效果、制定个体化抗病毒治疗方案,指导临床用药。

## PU-3376

## 类风湿因子分型检测在类风湿关节炎中的综合应用评价

孙

上海市第十人民医院,200000

**目的** 探讨类风湿因子分型检测在类风湿关节炎(RA)中的综合临床应用价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 3 月我院住院病人 174 例,分为 RA 活动期组,RA 非活动期组,OA 组。采用间接免疫荧光法检测 AKA,间接酶联免疫吸附法检测 Anti-CCP、RA33、RF-IgA、RF-IgG、RF-IgM,免疫比浊法检测 ASO、RF、CRP、C3、C4、IgA、IgG、IgM,全自动血沉分析仪检测 ESR。

**结果** (1) AKA、Anti-CCP、RA33、RF-IgA、RF-IgG、RF-IgM 的灵敏度分别为 10.77%、66.92%、13.85%、52.31%、63.08%、66.15%,特异度分别为 97.78%、86.90%、84.78%、76.09%、86.83%、82.95%,RF-IgA、RF-IgG、RF-IgM 三项指标联合诊断灵敏度为 71.54%,六项指标联合诊断灵敏度为 83.08%。(2) Anti-CCP、RF-IgA、RF-IgG、RF-IgM、ESR、RF、IgA 水平在 RA 非活动期组、RA 活动期组、OA 组间有差异 ( $P<0.05$ ),而 RA33、CRP、ASO、C3、C4、IgG、IgM 水平在三组间无差异 ( $P>0.05$ )。(3) RA 活动期中,RF-IgA、RF-IgG、RF-IgM 与 Anti-CCP、CRP、RF、IgM 呈正相关关系 ( $P<0.05$ ),RF-IgG、RF-IgM 与 ESR 呈正相关关系 ( $P<0.05$ ),RF-IgM 与 C4 呈正相关关系 ( $P<0.05$ );RA 非活动期中,RF-IgG、RF-IgM 与 RF 呈正相关关系 ( $P<0.05$ )。(4) RF-IgA、RF-IgG、RF-IgM 表达水平在关节受累个数 $<5$ 个组低于其在关节受累个数 5-10 个组和关节受累个数 $>10$ 个组 ( $P<0.05$ )。(5)多关节受累组的 RF 分型三项同时升高比率高于少关节受累组,RF 分型三项均未升高的比率低于少关节受累组 ( $P<0.05$ )。

**结论** RF 分型联合其他指标检测能够提高 RA 的检出率,RF 分型与 RA 活动度、关节受累个数等一些经典指标相关,且 RF 分型同时升高时病情更重,因此 RF 分型是诊断 RA 较优秀的新指标。

## PU-3377

## 抑瘤素 M 在脓毒症中的作用及可能机制

颜星星,曹炬

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 研究抑瘤素 M (oncostatin-M, OSM) 在脓毒症中的作用,并探讨其可能的机制。

**方法** ELISA 检测临床脓毒症患者以及健康体检者血清中 OSM 含量。对血清中 OSM 和血液炎症标志物降钙素原 (Procalcitonin, PCT),白细胞 (Leucocyte,WBC) 进行相关性分析并制作 ROC 曲线。通过盲肠结扎穿刺术 (Cecal ligation and puncture, CLP) 建立小鼠脓毒症模型,采用荧光定量 PCR 技术检测脓毒症小鼠肺,脾内 OSM mRNA 表达。取小鼠血清,腹腔灌洗液 (peritoneal lavage fluid, PLF) 通过 ELISA 检测 OSM 蛋白的表达水平。给 CLP 手术小鼠腹腔注射 OSM 蛋白,观察生存率和器官损伤血清学标志物变化,以及取小鼠重要脏器,经 HE 染色在光学显微镜下观察组织损伤程度。给 CLP 小鼠腹腔注射中和抗体,观察生存率以及器官损伤血清学标志物变化。

**结果** 脓毒症患者血清中 OSM 蛋白表达量升高 ( $P<0.001$ )。血清中 OSM 与 PCT 浓度,WBC 显著相关,二者联合诊断效率优于 WBC, PCT 和 OSM。CLP 小鼠肺、脾 mRNA 表达上调 ( $P<0.05$ ),血清、PLF 中 OSM 蛋白浓度也升高 ( $P<0.05$ )。CLP 小鼠腹腔注射重组 OSM 蛋白之后,与对照组相比死亡率增加,血清中器官损伤标志物水平,包括丙氨酸转氨酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、乳酸脱氢酶 (LDH)、尿素和肌酐等显著升高 ( $P<0.05$ )。肺、肝、肾等

组织 HE 染色结果显示更严重的损伤。而注射 OSM 中和抗体的组别生存率高于 IgG 抗体对照组，器官损伤标志物值与 IgG 对照组相比降低 ( $P<0.05$ )。

**结论** 抑瘤素 M 参与了脓毒症的免疫病理进程，并且加重脓毒症小鼠的肝肾器官损害，在脓毒症中发挥损伤作用。

## PU-3378

### 氧化应激指标在老年心肺慢性疾病中的变化差异

袁佳仪,荣伽玲,郑芳,程小欢,陈薇,胡汉宁  
武汉大学第二临床学院

**目的** 分析冠状动脉粥样硬化性心脏病 (CAD) 和慢性阻塞性肺疾病 (COPD) 患者血清中超氧化物歧化酶 (SOD) 活性和丙二醛 (MDA) 浓度，以评估 CAD 和 COPD 患者体内氧化应激状态的变化，探讨这两个指标的临床应用价值。

**方法** 收集 49 例健康体检者、66 例确诊为 COPD 和 65 例确诊为 CAD 患者的血清标本，并测量其 SOD 活性；收集 41 例健康体检者、50 例确诊为 COPD 和 86 例确诊为 CAD 患者的血清标本，并测量其 MDA 浓度。进行统计学分析。

**结果** 与健康对照相比，CAD 患者和 COPD 患者血清中 SOD 活性均显著降低，差异有统计学意义 ( $180.36\pm14.53$  vs  $160.46\pm30.43$  &  $141.16\pm23.66$ ,  $p<.05$ )，用 Logistic 回归矫正年龄、性别等混淆因素后发现健康对照与 CAD 患者的 SOD 活性无显著性差异 ( $p=.843$ )，与 COPD 患者仍有显著差异 ( $p<.05$ )；与健康对照相比，CAD 患者血清中 MDA 浓度略下降，差异无统计学意义 ( $2.87\pm0.64$  vs  $2.69\pm0.92$ ,  $p=.2287$ )，COPD 患者血清中 MDA 浓度显著升高，差异有统计学意义 ( $2.87\pm0.64$  vs  $3.61\pm0.82$ ,  $p<.05$ )，用 Logistic 回归矫正年龄、性别等混淆因素后发现健康对照与 COPD 患者无显著性差异 ( $p=.064$ )。

**结论** 在慢性心肺疾病患者血清中均存在氧化应激的异常，相对 CAD 患者，COPD 疾病患者血清氧化应激紊乱更突出。

## PU-3379

### 鳞状上皮细胞癌抗原在肺癌诊断中的价值

于靖<sup>1</sup>,王海楠<sup>2</sup>  
1.天津市胸科医院,300000  
2.天津医科大学,300000

**目的** 探讨血清中鳞状上皮细胞癌抗原(squamous cell carcinoma antigen, SCC-Ag)在肺癌早期诊断及鉴别诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2019 年 1 月至 4 月就诊于天津市胸科医院的 70 例确诊肺癌患者、50 例肺部良性疾病患者以及 28 例健康体检者为研究对象，采用电化学发光免疫分析法检测血清 SCC-Ag 及 CEA、NSE、CYFRA21-1、ProGRP 水平，比较三组人群中各种肿瘤标志物的水平有无统计学意义，探讨肺癌患者血清中各项肿瘤标志物与病理分型的关系。

**结果** 通过对比分析得出 SCC-Ag 在肺癌组的表达水平明显高于肺部良性疾病组和健康对照组，差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )，肺部良性疾病组与健康对照组之间无显著性差异 ( $P>0.05$ )；同时 SCC-Ag 在非小细胞肺癌 (尤其是鳞癌) 中的浓度要高于小细胞肺癌，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )；SCC-Ag 单项检测时 AUC 为 0.69，敏感度为 50.0%，特异性为 80.8%；SCC-Ag 与 CEA、NSE、CYFRA21-1、ProGRP 联合检测时 AUC 为 0.88，敏感度为 78.6%，特异性为 84.6%；通过 ROC 曲线得出 SCC-Ag 鉴别肺癌的临床诊断临界值为 1.54ng/ml。



**结论** SCC-Ag 是一种特异性较高的肿瘤标志物, 可作为肺癌早期诊断及病理分型的辅助指标, 对肺癌的早发现、早诊断、早治疗有一定帮助。与 CEA、NSE、CYFRA21-1、ProGRP 相比, SCC-Ag 敏感度较低, 联合检测五项肿瘤标志物可提高诊断敏感度及准确度。

## PU-3380

### 宫颈癌 SiHa 细胞系 $\beta$ -hCG 表达体系在肿瘤监控动物模型中的应用

傅善基

山东大学齐鲁医院, 250000

**目的** 本研究旨在建立  $\beta$ -hCG 表达宫颈癌 BALB/c 小鼠模型体系, 通过检测小鼠尿  $\beta$ hCG 实时监控肿瘤大小。

**方法** 利用碱裂解法提取质粒, 转染 SiHa 细胞, 48h 后消化传代, 750 $\mu$ g/mL G418 筛选 7 天, 挑取单克隆, 200 $\mu$ g/mL G418 维持筛选 20 天, 建立稳定转染细胞系 SiHa-hCG, 电化学发光免疫检测  $\beta$ hCG 表达, 并通过 MTT 生长曲线测定和不同浓度肿瘤细胞接种小鼠的成瘤性测定评价其生物学活性。

利用 SiHa-hCG 皮下接种 BALB/c 小鼠 12 只, 隔日收集尿液测定  $\beta$ hCG, 为了屏蔽尿浓度的影响, 同时测定肌酐并计算尿液  $\beta$ -hCG / 肌酐比值。分别在第 9 天、11 天、13 天、15 天处死 3 只小鼠, 称取肿瘤重量, 并于当日尿液  $\beta$ -hCG / 肌酐比值进行相关性分析。同样方式接种 3 只小鼠正常 SiHa 细胞并隔日测定尿液  $\beta$ -hCG / 肌酐, 做为对照。

另取 3 只小鼠按上述方法接种 SiHa-hCG 细胞, 隔日收集尿液测定, 15 天后当皮下出现明显肿瘤时, 腹腔注射顺铂, 第 15、18 天各一次, 每只每次 10mg/Kg, 描记尿  $\beta$ -hCG / 肌酐比值的变化至第 21 天。评价尿液  $\beta$ -hCG / 肌酐比值对肿瘤治疗的监测作用。

**结果** 细胞接种肿瘤后, 在皮下可触摸到明确的肿瘤包块之前, 即可检测到尿  $\beta$ hCG/肌酐比值的升高, 随着肿瘤的生长, 小鼠尿  $\beta$ -hCG/肌酐比值进行性增长, 与肿瘤生长规律一致, 解剖所得肿瘤重量与当日尿  $\beta$ -hCG/肌酐比值呈线性正相关, 相关系数 ( $r$ ) = 0.9829, 而接种 SiHa 细胞的对照组尿  $\beta$ -hCG/肌酐比值一直处于基线水平。接种 SiHa-hCG 的小鼠腹腔顺铂化疗后, 尿  $\beta$ -hCG/肌酐比值迅速下降, 比皮下触摸所得肿瘤大小变化更早, 因而可以实时监控肿瘤细胞的数量改变。

**结论** 本研究成功建立  $\beta$ -hCG 表达宫颈癌动物模型体系, 可持续、简便、灵敏的实时监测动物体内肿瘤生长变化, 为宫颈癌研究提供新的动物模型研究方法。

## PU-3381

### 雌激素受体 $\beta$ 调控少突胶质细胞发育成熟的作用机制

韩莹

厦门大学附属第一医院

**目的** 雌激素受体  $\beta$  (ER $\beta$ ) 可能参与了少突胶质细胞的发育调控, 但其作用机理尚未明确。通过 xxx 证实 ER $\beta$  能够促进少突胶质细胞的发育, 并阐明了其在细胞中的调控通路。

**方法** 1.2.1 细胞的培养及处理

HEK293T 细胞自 ATCC 购买, 大鼠原代 OPCs 按照此前所报道的方法分离培养并诱导其分化成为成熟的 OLs<sup>[10]</sup>。用 LPC (12.5 mmol/L) 对成熟的 OLs 进行处理; 在转染实验中, 使用 Lipofectamine 3000 (Life Technology) 按照试剂盒使用说明书将相应质粒转染至 OPCs 中。

1.2.2 过表达及报告基因载体的构建[jxmu1]

分别将 ER $\beta$  及 mmu-MIR-219-2 的编码序列克隆至过表达载体 pCMX-PL2 中, 构建其过表达质粒; 将 ER $\beta$  3'-UTR 序列克隆至 pCMX-Luc 载体中, 构建 ER $\beta$  3'-UTR 报告基因质粒; 将 Gpr17 基因启动子 (2.0 kb) 序列克隆至 pGL3-basic 载体中, 构建 Gpr17 启动子报告基因质粒。

### 1.2.3 总 RNA 的提取、逆转录及 Real-time PCR 分析[jxmu2]

细胞总 RNA 的提取及逆转录均根据试剂盒[jxmu3] 中的使用说明书进行, qRT-PCR 分析采用 SYBR Green 染料法, 使用 Bio-rad 公司[jxmu4] 的 qRT-PCR 仪进行分析, 以看家基因 Gapdh 作为内参。

### 1.2.4 数据分析

实验均不少于 3 次重复, 实验数据以平均值 $\pm$ 标准差显示。根据实验数据性质, 使用 SPSS18.0 分别对其进行方差分析 (ANOVA) 及组间 t-检验 (Student t-test),  $p < 0.05$  表示差异具有显著性。

**结果** 溶血性磷脂酰胆碱 (LPC) 诱导损伤的少突胶质细胞中, Olig2 的表达水平与 ER $\beta$  负相关, 并诱导 miRNA mmu-miR-219-2 的表达; mmu-miR-219-2 能够直接与 ER $\beta$  3'UTR 结合并抑制其表达; 而 ER $\beta$  则通过与 G 蛋白偶联受体 Gpr17 基因启动子的结合, 抑制 Gpr17 基因的表达从而促进少突胶质前体细胞的成熟。

**结论** 本研究中发现了 Olig2/ mmu-miR-219-2/ ER $\beta$ /Gpr17 这一参与了 OLs 发育成熟的调控通路, 有望为临床上对脱髓鞘疾病的预防及治疗提供相应的理论依据及参考。

## PU-3382

### Demographic characteristics of newly diagnosed HIV-seropositive patients: a single-center retrospective analysis

Zhiqi Wu, Huaguo Xu

Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing 210029, China

**Objective** To characterize the HIV-seropositive patients who underwent HIV screening and counseling in a Chinese general hospital and to provide evidence for the HIV/AIDS prevention and control strategy in China.

**Methods** We retrospectively analyzed data of all the patients who were screened for HIV infection and found to be HIV-positive in our hospital from January 2010 to December 2016. The demographic and social characteristics of the HIV-seropositive patients were described in order to estimate the risk factors.

**Results** Among 611,445 patients who were screened for HIV, 329 cases were confirmed to be HIV-positive by Western blot test. These patients were predominantly male, accounting for 83.59% (275/329) of cases. Majority of male patients 82.91% (228/275) acquired HIV infection via sexually transmitted route and about 122 male patients (53.51%) were homosexual. The female gender accounted for only 16.41% (54/329) and 77.78% (42/54) of them were infected by a male partner. Eighty-three patients (83/275) were in age group 17–30 years old in male HIV patient cohort. More than half of these patients (56.63%) (47/83) had a good education background (degree equivalent to college or more) but majority of them (68/83) had sexually transmitted infection. Moreover, 69.12% (47/68) of these cases were MSM. Eight males aged between 17 and 20 were MSM.

**Conclusions** Our results showed the MSM (men who have sex with men), females and adults over 65 years old have different sexual and psychosocial characteristics and these characteristics should be taken into account for HIV prevention, intervention and treatment when preventative strategies of HIV/AIDS shift from high-risk groups to the general population in China.

## PU-3383

## 万古霉素血清药物浓度监测与临床应用评价

秦绪珍,由婷婷,齐志宏,杨文航,杨启文,徐英春  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 评价我院万古霉素血清谷浓度监测与万古霉素临床治疗有效性和安全性的关联

**方法** 回顾性调查 118 例入住我院重症监护病房,病原学检测为革兰氏阳性菌且进行万古霉素血清谷浓度监测的患者,分层分析万古霉素血清浓度与疗效和肾毒性间的关联。

**结果** 以万古霉素血清药物浓度分组,三组均以老年男性患者居多,有接近一半的患者血药浓度没有达标,未达标患者中有过半数没有进行药物浓度连续监测。随着万古霉素浓度的升高,基础肌酐值逐渐升高,连续监测药物浓度的患者比例也逐渐增高。血清药物浓度与血液指标的好转、临床总有效率间没有统计学关联。随着万古霉素血清药物浓度的升高,肾毒性发生率有所增加,但不具有统计学意义。出现肾毒性的患者血清基础肌酐浓度明显高于无肾毒性患者,差异具有统计学意义。

**结论** 规范的药物浓度监测辅助万古霉素安全有效的临床应用,尤其对于肾功能损伤的患者,应重视血清药物浓度监测,以减少肾毒性。

## PU-3384

## 医学院校实验室安全教育与管理

宋为娟  
南京医科大学第一附属医院 (江苏省人民医院)

**目的** 高校实验室的安全建设与管理是维护学校教学科研等工作正常开展的必要保证,实验室的安全管理对整个学校安全与和谐发展至关重要。随着我国医学高等教育的快速发展,实验室的教学、科研任务日益繁重,实验室本身的环境安全隐患、各类潜在化学危险品、生物危害品的使用量剧增,医学高校实验室的安全管理面临挑战。

**方法** 针对医学实验室存在的安全问题,急需在校期间对学生开展安全知识教育和技能培训的方法,增强学生的安全意识,提高其安全防护能力。

**结果** 高校实验室的安全建设与管理是维护学校教学科研等工作正常开展的必要保证,实验室的安全管理对整个学校安全与和谐发展至关重要。

**结论** 随着我国医学高等教育的快速发展,实验室的教学、科研任务日益繁重,实验室本身的环境安全隐患、各类潜在化学危险品、生物危害品的使用量剧增,医学高校实验室的安全管理面临挑战。针对医学实验室存在的安全问题,急需在校期间对学生开展安全知识教育和技能培训的方法,增强学生的安全意识,提高其安全防护能力。

## PU-3385

## 兵团某地区 6189 例妇女宫颈高危型人乳头瘤病毒 感染情况分析

刘春燕,姜宏兵,牛书敏,董清清,张新,邓朝晖  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 探讨新疆生产建设兵团(简称兵团)第十二师不同年龄段妇女宫颈人乳头瘤病毒(HPV)的感染情况及亚型分布,为兵团第十二师宫颈癌的防治提供依据。

**方法** 收集 2018 年 12 月 1 日至 2019 年 2 月 14 日兵团第十二师健康体检 6189 例妇女的宫颈分泌物, 进行 HPV 基因分型检测, 并结合年龄、HPV 亚型以及混合感染情况分析兵团第十二师妇女 HPV 感染的分布特征。

**结果** 在 6189 例样本中 HPV 阳性 861 例, 感染率为 13.9%, 其中单一感染 648 例(75.3%), 多重感染 213 例(24.7%); 各年龄组 HPV 感染率为: 35~<40 岁组 14.1%, 40~<45 岁组 12.7%, 45~<50 岁组 13.4%, 50~<55 岁组 13.1%, 55~<60 岁组 15.8%, ≥60 岁组 17.8%, ≥55 岁组与 35~<55 岁组差异有统计学意义( $\chi^2=8.541$ ,  $P<0.05$ ); 感染率排在前 5 位的 HPV 亚型分别是 52 型(23.8%)、16 型(16.8%)、53 型(12.0%)、58 型(11.1%)和 51 型(10.5%); HPV52 型和 16 型是单一感染和多重感染的主要感染亚型, 其感染率在≥60 岁组人群中最高。

**结论** 兵团第十二师 55 岁以上妇女是 HPV 感染的高风险人群, HPV52 型和 16 型为 HPV 主要感染亚型, 对高危人群进行 HPV 筛查将为宫颈癌的防治提供依据。

## PU-3386

### 基于超材料增强太赫兹光谱技术的血液快速检查

刘羽, 府伟灵  
陆军军医大学第一附属医院

**目的** 探索超材料增强 THz 光谱技术对全血、血浆、红细胞和超纯水检测的价值

**方法** 利用光刻技术制备特超材料, 再结合 THz 光谱技术, 检测全血、血浆、红细胞和超纯水在常温环境下对超材料增强 THz 光谱的相应, 获得特和谐振峰和谐振频率

**结果** 全血、血浆、红细胞和超纯水在 THz 波段的谐振峰和对应的谐振频率不同, 其中红细胞的谐振频率最大, 并与其他样本的谐振峰差异最大, 这意味着不同样本在 THz 波段的介电常数存在差异。

**结论** 超材料增强 THz 光谱技术可以快速有效区分不同液体样本, 有望成为一种高灵敏且快速开展血液检查的新途径。

## PU-3387

### Vancomycin-induced Acute Kidney Injury in Hong Kong in 2012-2016

Xuzhen Qin<sup>1</sup>, Man-Fung Tsoi<sup>2</sup>, Xinyu Zhao<sup>3</sup>, Lin Zhang<sup>1</sup>, Zhihong Qi<sup>1</sup>, Bernard MY Cheung<sup>2,4</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. Department of Medicine, The University of Hong Kong, Hong Kong

3. Department of epidemiology and health statistics, Institute of basic medicine, Peking Union Medical College, Beijing

4. State Key Laboratory of Pharmaceutical Biotechnology, The University of Hong Kong

**Objective** To study the prevalence of vancomycin-induced nephrotoxicity (VIN) in Hong Kong and identify risk factors for VIN.

**Methods** Patients with vancomycin prescription and blood level measurement in 2012-2016 were identified using the Hong Kong Hospital Authority Clinical Data Analysis and Reporting System. Acute kidney injury was defined using KIDIGO criteria. Patients without creatinine measurements, steady-state trough vancomycin level or who had vancomycin treatment <3 days were excluded. Results were analyzed using SPSS version 22.0. Logistic regression was used to identify the predictors for VIN. Odds ratio and 95% confidence interval were estimated.

**Results** 1450 patients were identified as VIN from 12758 records in Hong Kong in 2012-2016. The prevalence was respectively 10.6%, 10.9%, 11.3%, 12.2%, 11.2% from 2012 to 2016. The

prevalence of VIN was 16.3%, 12.2%, 11.3% and 6.2% in patients aged 1-12, 12-60, elderly aged >60 and newborn and infants, respectively. Baseline creatinine, serum trough vancomycin level, systematic disease history including respiratory failure, hypertension, congestive heart failure, chronic renal failure, anemia and type II diabetes, and concomitant diuretics, piperacillin-tazobactam (PTZ) and meropenem prescription were significantly higher in VIN patients older than 12 years. Logistic regression showed that older age group, higher baseline creatinine, serum trough vancomycin level, respiratory failure, chronic renal failure and congestive heart failure, concomitant diuretics, PTZ and meropenem prescription, and longer hospital stay were all associated with increased risk of VIN.

**Conclusions** The prevalence of VIN in Hong Kong is low but shows no decline. Patients with higher baseline creatinine, multi-organ diseases and multiple drugs should have their vancomycin level monitored to decrease the risk of VIN.

## PU-3388

### 骨代谢标志物在骨质疏松症中应用研究进展

杨雪

成都中医药大学附属医院,610000

**目的** 观察骨代谢标志物在现阶段应用

**方法** 介绍骨代谢标志物及其每项意义,了解这些指标在诊治骨质疏松症中的意义。

**结果** 骨代谢标志物在骨质疏松症中能为临床提供快捷、简便、准确的鉴别。

**结论** 骨代谢标志物能为临床提供更好的服务,会在骨质疏松症的诊断治疗中发挥积极作用。

## PU-3389

### 血清乳酸脱氢酶水平在妊娠期高血压中的作用分析

黄燧,陈絮

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 分析血清乳酸脱氢酶(LDH)水平与妊娠期高血压患者及胎儿临床及实验室资料的关系。

**方法** 收集 2017 年 1 月-2017 年 8 月在我院确诊妊娠期高血压疾病的患者 176 例,其中妊娠期高血压 77 例,子痫前期 99 例;临床资料收集采用临床信息系统及实验室信息系统;血清及血液学指标采用雅培 C16000 自动生化仪及希森美康 XN-1000 血液分析仪;采用 SPSS17.0 分析数据,正态分布两组间数据比较采用成组 t 检验,非正态分布数据比较采用 Mann-Whitney U 检验,构成比之间的比较采用 Pearson 卡方检验。

**结果** 与妊娠期高血压组比较,子痫前期组孕周( $33.19 \pm 5.39$  vs  $36.52 \pm 4.68$ )、胎儿身高和胎儿体重( $2317.81 \pm 860.28$  vs  $3094.20 \pm 599.33$ )、胎盘重量( $432.38 \pm 100.81$  vs  $511.37 \pm 114.00$ )显著降低(all  $p < 0.001$ );收缩压( $151.58 \pm 20.38$  vs  $140.17 \pm 10.44$ )、舒张压( $95.19 \pm 14.79$  vs  $88.39 \pm 11.34$ )显著增高( $p = 0.001$  和  $p < 0.001$ )。按血清 LDH 参考区间 120~250 U 分组后,与低 LDH 组相比,高 LDH 组孕周( $32.85 \pm 6.20$  vs  $36.00 \pm 4.16$ )、胎儿身高( $45.09 \pm 5.94$  vs  $47.73 \pm 4.23$ )、体重( $2408.17 \pm 854.89$  vs  $2865.57 \pm 785.60$ )、血清白蛋白( $29.84 \pm 4.29$  vs  $33.06 \pm 3.38$ )水平显著降低( $p < 0.001$ ,  $p = 0.001$ ,  $p = 0.001$ ,  $p < 0.001$ ),血清尿素( $5.29 \pm 3.10$  vs  $4.17 \pm 1.34$ )、肌酐( $71.81 \pm 42.18$  vs  $50.90 \pm 10.77$ )、谷草转氨酶( $53.82 \pm 45.82$  vs  $31.72 \pm 24.92$ )、谷丙转氨酶( $61.64 \pm 92.64$  vs  $31.72 \pm 24.92$ )、总胆汁酸( $12.86 \pm 18.65$  vs  $5.34 \pm 3.89$ )水平显著增高( $p = 0.003$ ,  $p < 0.001$ ,  $p < 0.001$ ,  $p = 0.023$ ,  $p < 0.001$ );与低 LDH 组相比,高 LDH 组发生子痫前期、合并妊娠期胆汁淤积症(ICP)、合并肾病综合征(NS)、胎儿 NICU 治疗的比例显著增高( $p = 0.003$ ,  $p = 0.001$ ,  $p = 0.023$ ,  $p = 0.011$ )。

**结论** 血清乳酸脱氢酶水平对妊娠期高血压患者及胎儿预后具有重要意义, 可作为检测患者病情的重要指标。

PU-3390

## 40 株沙门菌属的分布及耐药性分析

康细林, 单斌  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 分析我院 2017 年 1 月- 2017 年 12 月门诊及住院患者感染沙门菌属的分布及耐药特点, 为临床科室合理用药提供参考依据。

**方法** 收集门诊及住院患者标本, 按照统一方案, 药敏试验采用纸片扩散法或自动化仪器法, 结果按 CLSI2017 年标准判读, 用 WHONET5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 40 株沙门菌中检出率排在前三位的分别为: 甲型副伤寒沙门菌 23 株 (57.5%)、伤寒沙门菌 10 株 (25.0%)、鼠伤寒沙门菌 5 株 (12.5%)。常规报告药物的药敏结果显示耐药率分别为: 氨苄西林 35.0%、头孢曲松 2.7%、环丙沙星 5.7%、甲氧苄啶-磺胺甲噁唑 15.0%、氯霉素 8.7%。在标本来源中, 血培养标本检出 24 株 (60.0%)、粪便标本检出 8 株 (20.0%)。

**结论** 本院患者感染沙门菌属主要以甲型副伤寒沙门菌、伤寒沙门菌及鼠伤寒沙门菌为主, 且标本来源以血培养标本、粪便标本为主。沙门菌属对环丙沙星、头孢曲松等药物敏感, 但对氨苄西林及甲氧苄啶-磺胺甲噁唑的耐药率较高, 应该加强我院沙门菌属的耐药监测, 指导临床科室合理选择抗菌药物。

PU-3391

## Prevalence of Metabolic Syndrome among Ethnic Groups in China

Xuzhen Qin<sup>1</sup>, Guodong Tang<sup>2</sup>, Man-Fung Tsoi<sup>3</sup>, Tao Xu<sup>4</sup>, Lin Zhang<sup>1</sup>, Qi Zhihong<sup>1</sup>, Guangjin Zhu<sup>4</sup>, Bernard MY Cheung<sup>3</sup>, Qiu Ling<sup>1</sup>

1. Peking Union Medical College Hospital

2. Department of Cardiology, Beijing Hospital of Health Ministry, Beijing, 100730, China

3. Department of Medicine, University of Hong Kong, Queen Mary Hospital, Hong Kong, China

4. Department of Epidemiology and Statistics, Institute of Basic Medical Sciences, Chinese Academy of Medical Sciences, School of Basic Medicine Peking Union Medical College, Beijing, 100005, China

5. Department of Pathophysiology, Institute of Basic Medical Sciences, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing, 100005, China

**Objective** Metabolic syndrome (MetS) is common in China, which has a multi-ethnic population of 1.3 billion. We set out to determine the prevalence of MetS and its components in different ethnic groups.

**Methods** This nationwide cross-sectional survey involved 24796 participants from eight ethnicities from six provinces in China. MetS was defined using the modified National Cholesterol Education Program Adult Treatment Panel III criteria. Results were analysed using SPSS version 22.0. Logistic regression was used for deriving odds ratios and 95% confidence intervals of risk factors for the MetS.

**Results** The crude prevalence of MetS ranged from 3.60% to 21.70% depending on the age group. After age standardization, the respective prevalence of MetS in descending order was 34.53% (Korean), 22.81% (Hui), 19.80% (Han), 13.72% (Miao), 12.88% (Tujia), 12.04% (Li), 11.58% (Mongolian), 6.18% (Tibetan). Korean ethnicity was associated with a higher prevalence in five components of MetS, while Tibetan ethnicity was associated with lower prevalence in most

of the components except decreased HDL cholesterol. Logistic regression analyses showed age, smoking status, drinking status, non-Tibetan were all associated with a higher risk of MetS.

**Conclusions** The prevalence of MetS in Korean and Hui ethnicities was higher than the other ethnic groups. Tibetan ethnicity was associated with a lower risk of MetS. The ethnic differences in the prevalence of MetS and its components mean that measures to tackle the metabolic syndrome should be tailored to the characteristics of that population.

## PU-3392

### LncRNA NR 通过结合 NF45/NF90 复合物 促进胃癌进展

魏思思

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 胃癌是世界上第三大致死性癌症，幽门螺杆菌感染是最强的风险因素，本文探讨了幽门螺杆菌感染相关的长链非编码 RNA NR (LncRNA NR) 在胃癌中的作用功能及机制研究。

**方法**：前期研究使用芯片技术筛选出幽门螺杆菌感染相关的 LncRNA NR，后用新鲜获取的幽门螺杆菌感染胃正常上皮细胞 GES1，收集并提取 RNA 进行 qPCR，验证芯片结果；用质粒和 siRNA 技术分别过表达和敲降 LncRNA NR，分别观察胃癌细胞 MGC-803 和 SGC-7901 的生长、侵袭、迁移和克隆形成能力。

**结果** 筛选出经幽门螺杆菌感染表达量升高的 LncRNA NR，其在胃癌组织中表达量显著高于相邻癌旁组织 ( $p < 0.05$ )；敲低 LncRNA NR 可以降低 MGC-803 和 SGC-7901 细胞的生长、侵袭、迁移和克隆形成能力而过表达 LncRNA NR 则可以促进 MGC-803 和 SGC-7901 细胞的生长、侵袭、迁移和克隆形成能力；流式细胞术检测表明，敲低 LncRNA NR 可导致 MGC-803 和 SGC-7901 细胞的 G2/M 期阻滞。RNA-pulldown 技术联合质谱分析发现 LncRNA NR 可以和蛋白 NF45/NF90 结合，RIP 实验得以验证。后又进行 IP 实验，发现敲低 LncRNA NR 能够使 NF45/NF90 复合物结合减少。证明 LncRNA NR 发挥一个绞手架的作用。敲降 NF90 的表达后，LncRNA NR 的表达量也降低，差异具有统计学意义，继而敲降 NF90 的表达后，同时加入放线菌酮 D，抑制新的 RNA 形成，与对照组相比，LncRNA NR 的表达量显著降低。

**结论** 这些结果表明幽门螺杆菌感染相关的 LncRNA NR 通过与蛋白 NF45/NF90 结合，一方面影响复合物的稳定性，另一方面增强 LncRNA NR 的稳定性，从而促进胃癌进展。

## PU-3393

### 氧化低密度脂蛋白对人脐静脉内皮细胞 Smad3 甲基化程度 及 miR-548H 水平的影响

张楠

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 探讨氧化低密度脂蛋白对人脐静脉内皮细胞 Smad3 甲基化程度及 miR-548H 水平的影响及在动脉粥样硬化发生发展中的作用。

**方法** 构建 OX-LDL 诱导的内皮细胞损伤模型，并使用甲基化特异性 PCR、荧光定量 PCR 等技术分析模型中 Smad3 启动子区域的甲基化程度及 miR-548H 水平的变化。

**结果** OX-LDL 能显著性降低 Smad3 甲基化程度, 同时促进 miR-548H 的表达。Western blot 实验表明在内皮细胞损伤模型中, miR-548H 表达的上调, 伴随着 ANGPT2 和 PPAR  $\gamma$  蛋白表达量的显著降低。

**结论** OX-LDL 能够显著降低 Smad3 甲基化程度, 并使 miR-548H 水平表达调高, 同时 miR-548H 可能参与调控与内皮细胞功能密切相关的 ANGPT2 和 PPAR  $\gamma$  的表达, 进而介导内皮细胞损伤, 促进 AS 的发生发展。

## PU-3394

### 乳酸胁迫下淋病奈瑟菌转录组学分析

胡倩,唐玲丽,刘青林,林慧,付瑶阳,袁千钦  
中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 筛选乳酸胁迫下, 淋病奈瑟菌差异表达基因及代谢通路, 分析耐酸相关基因, 为阐明淋病奈瑟菌在抵抗宿主酸胁迫过程中耐酸机制提供新的思路和依据。

**方法** 利用 RNA-Seq 技术分析了经外源酸胁迫(乳酸)处理的淋病奈瑟菌与对照在转录组水平的基因表达差异。

**结果** 在外源酸胁迫条件下, 虽然淋病奈瑟菌的生长受到抑制, 但存活率仍能达到 44.6%。转录组测序获得了每个样品 23.02 M clean reads。进一步的差异表达基因 (DEGs) 分析以差异倍数 (Fold Change) $\geq 2$  且 FDR 值 $\leq 0.001$  为标准, 发现 143 个基因表达上调, 384 个基因表达下调。GO 分类及功能富集分析显示, 527 个差异表达基因中, 多数与代谢过程, 生物调节, 细胞过程和刺激应答有关。KEGG 通路富集分析显示, 527 个差异表达基因被鉴定到 84 个不同的代谢通路, 包括多个应对外源酸胁迫相关的代谢通路, 如双组分系统、精氨酸生物合成、氨基酸的生物合成、ABC 转运蛋白、柠檬酸循环等。但是大部分的代谢涉及各种氨基酸代谢和能量代谢。

**结论** 为了在酸胁迫环境下生存, 淋病奈瑟菌从包括直接应对酸胁迫的信号调控途径在内的物质代谢和能量代谢均发生改变以应对环境变化的胁迫。

## PU-3395

### Demethylation-mediated upregulation of melanoma-associated antigen-A11 correlates with malignant progression of esophageal squamous cell carcinoma

lina gu  
the Fourth Hospital of Hebei Medical University

**Objective** The expression and methylation status of oncogenes are closely related to the onset and progression of cancer. **Aims:** To explore the role and methylation status of melanoma-associated antigen-A11 in the pathogenesis of esophageal squamous cell carcinoma.

**Methods** 116 esophageal squamous cell carcinoma patients with tumor tissues and corresponding adjacent normal tissues were obtained. The expression level and methylation status of melanoma-associated antigen-A11 in esophageal cancer cell lines and esophageal squamous cell carcinoma tissues were determined respectively.

**Results** Significant up-regulation of melanoma-associated antigen-A11 was detected in esophageal cancer cell lines and esophageal squamous cell carcinoma tissues. Up-regulation of melanoma-associated antigen-A11 contributed to proliferation and invasion in cancer cells. Hypomethylation of the CpG site was associated with pathological differentiation, clinical stage, tumor size, lymph node metastasis and distant metastasis. Esophageal squamous cell carcinoma patients in stage III and IV, with



high expression of melanoma-associated antigen-A11 or hypomethylation of the CpG site within the promoter demonstrated poor survival.

**Conclusions** Melanoma-associated antigen-A11 is up-regulated in esophageal squamous cell carcinoma at least partly by hypomethylation of the CpG site within the promoter and this hypomethylation may affect the prognosis of esophageal squamous cell carcinoma patients.

## PU-3396

### 医学实验室质量管理体系文件控制与改进分析

许友强

吉林金域检验所有限公司

**目的** 文件化是建立实验室管理体系并使其正常运行的关键，只有在实验室管理体系中对文件较好的管理，才能促进管理系统正常且有效的运行。管理体系文件能够促使实验室质量管理体系长期持久的运作。所以，实验室如果想持续的发展必须建立文件管理体系，保证所用文件的完整性和有效性。其中防止废弃文件继续应用在实验室，使实验室质量管理体系所重视的问题，因此，实验室制定了相应的文件控制措施、近年来，随着医学实验室的进步和创新，控制质量管理体系中文件的管理也得到较好的实践，本次对控制废弃文件继续使用并持续改进实验室管理体系进行全面的分析。

**方法** 本次对医学实验室的相关文件分类、管理的具体流程及文件的控制进行全面的介绍，并总结在文件控制中出现的一系列不良问题，对改进措施进行研究和讨论，从而提高实验室的质量管理，促进医学实验室更好的发展。

**结果** 医学实验室管理的内部文件的控制要更加复杂，其管理环节较多，包括编写、修改、审核、批准、发布、归档、储存、本分、作废及销毁等。而控制文件能够取得较好的成效主要取决文件控制流程是否清晰，负责任在重要环节的执行力以及文档管理负责人的监督力度等。因此，实验室对于控制流程的监督和执行应设置文档管理负责人机相关负责文件，保证文件控制的效果。

**结论** 采用电子化的文件管理，使文件控制环保、节约、保密并且不易疏漏。所以，医学实验室在文件的管理上，采用信息化及自动化管理，研究电子文件的应用，不仅能够提高文件控制的效率，并且使管理更加便利、准确及快捷。

## PU-3397

### Serum D-dimer as a diagnostic index of PJI and retrospective analysis of etiology in patients with PJI

Qian Hu,Lingli Tang

The Second Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** To investigate the diagnostic value of serum D-dimer in patients with periprosthetic joint infection (PJI). Moreover, to provide evidence for PJI by investigating distribution of pathogenic bacteria and drug resistant situation among patients with PJI.

**Methods** A retrospective study of the medical records of all patients undergoing arthroplasty from the Second Xiangya Hospital of Central South University from 2014 to 2018, 40 patients with periprosthetic joint infection , 37 patients with aseptic loosening and 59 patients with extra-articular infection were selected. The results of serum D-dimer, C-reactive protein (CRP) and erythrocyte sedimentation rate (ESR), as well as the bacterial types and antimicrobial susceptibility test results from tissue or joint fluid samples around the prosthetic joint of the patients were collected, and the relevant data were analyzed.

**Results** The serum D-dimer, CRP and ESR level were significantly higher in the patients with PJI. The mean D-dimer level was 2.0795  $\mu\text{g/mL}$  in PJI group compared with 0.6854  $\mu\text{g/mL}$  in aseptic loosening group ( $p = 0.000$ ) and 0.4556  $\mu\text{g/mL}$  in extra-articular infection group ( $p = 0.000$ ). The serum D-dimer test demonstrated better sensitivity (87.50%) , and better specificity (89.19%) , for diagnosing PJI. The serum CRP and ESR had a sensitivity of 80.00% and 82.50% and a specificity of 78.38% and 64.86%, respectively. The sensitivity and specificity of ESR and CRP combined was 75.00% and 83.78%, respectively. 29 strains of pathogens around the prosthesis after joint replacement were detected, including 22 strains of Gram-positive bacteria, 3 strains of Gram-negative bacteria, and 4 strains of fungi. The staphylococcus was the major pathogen showing high resistance to Cefoxitin and ampicillin.

**Conclusions** Patients with PJI have high levels of serum D-dimer, which is a promising marker for the diagnosis of PJI. The Gram-positive bacteria are major pathogen in PJI after prosthetic joint replacement, and Staphylococcus aureus is the most common organism. Clinical efficacy is significantly improved by reasonable choice of antibiotics and effective medicine education.

## PU-3398

### MiR-429 enhances sensitivity of Burkitt lymphoma cells to chemotherapy drugs via targeting Bmi-1

Ming Ma

the fourth hospital of hebei medical university

**Objective** Burkitt lymphoma (BL) is the most common type of non-Hodgkin's lymphoma in Children and adolescents. MiR-429, a member of the miR-200 family, was found decreased in a variety of tumor cells. Previous studies have revealed that overexpression of miR-429 can inhibit the growth and promote the chemosensitivity of several solid tumor cells. Here, the aim of the present study was to investigate whether overexpression of miR-429 leads to the similar effect in BL cells.

**Methods** The tumor tissues were collected from 52 cases of BL patients and the expression of miR-429 and B-cell-specific moloney murine leukemia virus insertion site 1(Bmi-1) in these tissues was detected with transcription quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR), western blotting and immunohistochemistry assays respectively. The association between miR-429 and Bmi-1 expression and clinicopathological characteristics was observed. MiR-429 (mimics-miR-429) and its inhibitor (Inhibitor-miR-429) were transfected into BL cells Raji and Daudi; cell proliferation, migration, and invasion assays were performed. The sensitivity of Raji and Daudi cells to epirubicin and vinblastine (VCR) were assessed by the MTS method, and the IC 50 value calculated. Cell apoptosis and the intracellular accumulation of Rhodamine-123 were assayed by flow cytometry. Plasmid construction and dual-luciferase reporter assay was carried out to indicate whether Bmi-1 was miR-429 target genes in BL cells. The expression of multidrug resistance gene 1 (MDR1) and multidrug resistance-related protein 1 (MRP1) protein was analyzed by western blotting, respectively.

**Results** In addition, western blot analysis was also used to investigate the effect of miR-429 on activity of Bmi-1/Akt signaling pathway in Raji and Daudi cells. The results showed that, the expression of miR-429 was lower while the expression of Bmi-1 was higher in BL tissues, compared to the specimens of normal lymph node tissues. Furthermore, Bmi-1 expression was negatively correlated with miR-429 expression in BL tissues. Both the expression of miR-429 and Bmi-1 in BL tissues was associated with some clinicopathological parameters such as clinical stage, infiltration in bone marrow, Ki67 expression level in the tumour tissues, overall survival rates and cumulative relapse rates. MiR-429 suppresses the cell growth, migration, and invasion in vitro.

**Conclusions** The expression of Bmi-1 decreased in mimics- miR-429 transfected cells, and increased in inhibitor-miR-1 transfected cells. Luciferase reporter assay confirmed that Bmi-1 mRNA actually had the target sites of miR-429. Growth inhibition and apoptosis rates of miR-

429 overexpressing Raji and Daudi cells were higher than those transfected with mimics-miR-429 control alone when treated with epirubicin and VCR. The IC 50 values of epirubicin and VCR were lower for miR-429-overexpressing Raji and Daudi cells than for cells transfected with mimics- miR-429 control. Intracellular accumulation of Rhodamine-123 was higher, while the expression levels of MDR1, BMI and MRP1 protein were lower, in miR-429 overexpressing Raji and Daudi cells. Furthermore, the activities of Bmi-1/Akt signaling pathway in Raji and Daudi cells were suppressed. These results indicated that low expression of miR-429, along with high expression of Bmi-1, are predictor for poor prognosis of BL patients, suggesting that miR-429 and Bmi-1 might be the potential targets for clinical treatment of BL. Moreover, miR-429 enhanced the sensitivity of BL cells to chemotherapy agents by altering the expression of multidrug-resistance genes via downregulating Bmi-1/Akt signaling pathway, suggesting that treatment of BL targeting miR-429 might avoid MDR.

## PU-3399

### 荧光凝胶染色方法在尿液样品蛋白分析中的应用

贾佳

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 一种高灵敏的蛋白凝胶染色方法在临床尿液标本中的初步应用性研究。

**方法** 尿液标本常规十二烷基硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳 (SDS-PAGE) 后, 用蛋白荧光染色液 (SYPRO Ruby) 对凝胶进行染色, 并评估其灵敏度。再利用该方法对多种不同临床肾脏疾病患者尿液标本进行检测。最后, 拟通过加热以缩短染色时间。

**结果** 该荧光染色方法对凝胶上单个蛋白条带的检测灵敏度在 10 ng 左右, 高于考马斯亮蓝染色。按此灵敏度, 可检测到 0.1 mg/dL 的蛋白样品, 满足正常人尿液的检测要求。在该染色方法下, 不同肾脏疾病类型、或相同病理和临床诊断下, 尿蛋白不仅可以在总体上出现选择性与非选择性的差异, 还可以在局部出现个别条带。在 SLE 患者尿液中, 很多样品虽然在总蛋白水平没有出现明显升高, 但在 100 kD 左右出现了的明显条带, 可能与狼疮性肾炎开始发生有关。最后, 加热条件可将该荧光染色的时间缩短在 15 分钟内, 大大增加了尿蛋白电泳在临床实验室常规开展的可能性。

**结论** 快速荧光染色方法下的尿蛋白凝胶电泳具有简便、快速、敏感度高的优点, 可在临床实验室中开展。

## PU-3400

### 骨骼肌肉性疾病中治疗性透明质酸: 细胞和组织特异性的新见解

陈瑾楠<sup>1,2</sup>, Anna Plaas<sup>2</sup>, 李俊<sup>2</sup>, 申泉<sup>3</sup>, Deva Chan<sup>4</sup>, John Sandy<sup>2</sup>, 郑其平<sup>1</sup>

1. 江苏大学

2. Department of Internal Medicine, Rush University Medical Center, Chicago, IL 60612, USA

3. Department of Neurology Rush University, Chicago, IL, 60612, USA

4. Biomedical Engineering Rensselaer Poly Inst, Troy, NY, USA

**目的** 目前透明质酸 (Hyaluronan HA) 作为黏弹剂补充材料的疾病修饰作用和分子机制存在诸多争议和不确定因素, 其在骨骼肌肉疾病中相关靶组织细胞生物学效应仍不明确。本文选取成鼠关节滑膜及髌周脂肪垫来源的祖细胞作为细胞模型, 探讨了外源性高分子量 HA 对内源合成 HA 和 HA 结合蛋白, NF- $\kappa$ B 信号通路相关炎症因子的影响。

**方法 1:** 滑膜/髌下脂肪垫组织消化培养;

**2:** IHC 观察 HA 与相关受体 CD44、TLR2、TLR4、LAMP1、Calnexin 的共定位情况;

3: qRT-PCR 检测 HA 相关 Has1、Has2、Versican、Aggrecan 以及 NF- $\kappa$ B 信号通路炎症因子 Prg4、Nos2、Il6 基因层面改变;

4: Western blot 检测细胞和培养液中 Versican、Aggrecan 蛋白表达情况;

**结果** (1) IFP 细胞中内源性 HA 定位于细胞内, 与内质网/高尔基体有关; 加入 LPS 刺激后, HA 被分泌于细胞表面; 加入外源性 HA 后, 细胞内 HA 可分泌至培养基中。

(2) 外源性 HA 能够降低 IFP 滑膜来源细胞分泌到培养基中的 Versican 蛋白的量, 降低 Versican mRNA 的表达水平, 升高 Aggrecan mRNA 表达水平。

(3) LPS 刺激使细胞中 Prg4, iNOS, Il6 基因 mRNA 表达增高并且外源性 HA 抑制了 iNOS 基因 mRNA 水平的升高。

**结论** 外源性高分子量 HA 可能通过细胞内质网/高尔基体相关内源性 HA 分泌 (可能是内质网释放应激反应的标志), 多糖蛋白的表达以及 NF- $\kappa$ B 信号通路分子等途径来调节炎症反应。

这些研究结果将有助于我们进一步了解治疗性 HA 对于滑膜及滑膜液, 髌下脂肪组织中存在的多能干细胞分化途径的潜在影响, 明确 HA 对骨骼肌肉疾病的作用机制。

## PU-3401

### 耐多药结核分枝杆菌异烟肼、链霉素及乙胺丁醇耐药 相关基因位点表达研究

戚应杰

中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院感染病院

**目的** 研究耐多药结核分枝杆菌异烟肼、链霉素及乙胺丁醇耐药相关基因位点的表达情况。

**方法** 选取我院 2013 年 1 月至 2017 年 12 月期间临床分离的 101 株耐多药结核分枝杆菌, 利用测序法和基因芯片法分别检测其异烟肼、链霉素和乙胺丁醇耐药相关基因及突变位点。

**结果** (1) 101 株耐多药结核分枝杆菌中对链霉素的耐药率 69.3%; 对乙胺丁醇的耐药率 51.4%; 对 SM 和 EMB 二者均耐药的耐药率 44.5%。(2) 基因芯片法检出 95 例异烟肼耐药相关基因突变, 其中 katG 基因 315M 位点突变率为 77.8%; inhA 基因-15M 位点突变率为 89.4%。检出 64 例 rpsL 链霉素耐药相关基因, 其中 43M 位点突变率为 89.0%; 88M 位点突变率为 11.0%。检出 47 例 embB 乙胺丁醇耐药相关基因, 以 306M2 位点突变为主, 突变率为 68.0%。(3) 测序法检出 98 例异烟肼耐药相关基因突变, katG 基因突变以 315 位点为主突变率为 73.4%; inhA 基因突变以-15 位点为主突变率为 87.7%; oxyR-ahpC 基因-12 和-10 位点突变率分别为 10.2%和 8.2%。检出 68 例链霉素耐药相关基因突变, rpsL 基因以 43 位点为主突变率为 86.8%; rrs 基因 512、513、516 位点突变率分别为 5.9%、8.8%、8.8%。检出 50 例乙胺丁醇耐药相关基因 embB 以 306 位点为主突变率为 88.0%。

**结论** 耐多药结核分枝杆菌异烟肼、链霉素以及乙胺丁醇耐药基因位点表达可作为结核分枝杆菌临床检测耐药性的有效依据; 应当将异烟肼耐药相关 oxyR-ahpC 基因和链霉素耐药相关 rrs 基因纳入我国快速分子诊断产品中, 以提高耐多药结核分枝杆菌耐药性检测的敏感度。

## PU-3402

### 血流感染的病原菌分布及耐药性分析

邹凤梅,魏莲花

甘肃省人民医院,730000

**目的** 探讨甘肃省人民医院血流感染中病原菌的分布及其耐药性, 为临床合理使用抗菌药物提供理论依据, 同时为预防和控制感染的传播和流行制定政策或措施提供理论依据。

**方法** 收集 2008 -2018 年血液标本中分离的病原菌 2047 株，鉴定细菌采用布鲁克飞行质谱仪、API 鉴定系统；耐药性检测采用纸片扩散法（K-B 法）和 E-test 法；应用 WHONET 5.6 软件进行数据统计分析。

**结果** 引起甘肃省人民医院血流感染的病原菌中，革兰阴性菌 866 株，革兰阳性菌 771，排名前十位依次为：大肠埃希菌、表皮葡萄球菌、金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、草绿色链球菌、阴沟肠杆菌、鲍曼不动杆菌、屎肠球菌、铜绿假单胞菌和粪肠球菌；大肠埃希菌产超广谱  $\beta$  内酰胺酶（ESBLs）的分离率 65.8%以及耐碳青霉烯类抗菌药物耐药（CRE）分离率 0.9%；肺炎克雷伯菌 ESBLs 的分离率 42.9%，CRE 分离率 4.3%；阴沟肠杆菌 CRE 分离率 8.5%；耐甲氧西林金黄色葡萄球菌分离率 62.6%，耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌分离率 84.2%，未检出葡萄球菌对万古霉素、替考拉林和利奈唑胺耐药的菌株；高耐氨基糖甙类抗菌药物肠球菌分离率 35.6%，检出对万古霉素耐药的肠球菌 1.3%，未检出对利奈唑胺耐药的肠球菌；鲍曼不动杆菌为血流感染非发酵菌中分离率最高的菌株，其对大多数常用抗菌药物显示较高高的耐药率，未检出对多粘菌素 B 耐药的菌株。

**结论** 引起甘肃省人民医院血流感染的病原菌种类较多，且耐药率呈逐年升高，实验室要定期监测病原菌及其耐药性，并及时向临床反馈或发布监测结果，为临床合理使用抗菌药物提供参考依据，同时为预防和控制感染的传播和流行制定政策或措施提供理论依据。

## PU-3403

### SOCS1 沉默基因腺病毒的构建及对 DCs 功能影响

刘媛瑞

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 通过构建 SOCS1 沉默基因的腺病毒载体，抑制 DCs 中 SOS1 基因表达，从而增强其抗肿瘤效应。

**方法** 设计、合成 shRNA-SOCS1 克隆到 pShuttle 载体上并插入复制缺陷腺病毒载体 pAdeno-X vector 中；重组腺病毒载体经 PCR 和测序验证并用 Adeno-X Rapid Titer Kits 进行滴度测定；病毒感染 B16 细胞，Western-blot 检测 SOCS1 蛋白表达情况；从人静脉血中分离培养 DCs，经重组腺病毒载体感染后通过 PCR 检测 DCs 内 SOCS1 mRNA 水平，通过 ELISA 检测 IL-6、IL-12、TNF- $\alpha$  表达水平。

**结果** 重组病毒载体感染 B16 细胞后降低了细胞内 SOCS1 蛋白表达水平；感染 DCs 细胞后降低了细胞内 SOCS1 mRNA 水平，增强了 IL-6、IL-12、TNF- $\alpha$  表达水平。

**结论** 成功构建 SOCS1 沉默基因腺病毒，并对 DCs 细胞内 SOCS1 基因具有良好的敲除效果，同时增强了 DCs 细胞炎症因子的表达；经 SOCS1 沉默基因腺病毒感染后的 DCs 可能会增强其在免疫治疗中的肿瘤细胞杀伤效果。

## PU-3404

### 宫颈上皮细胞病变程度与阴道微生物组结构的相关性分析

吴梦滢,高晶,李翠,应春妹

复旦大学附属妇产科医院,200000

**目的** 研究宫颈上皮内瘤变（CIN）级别与阴道微生物组结构之间的关系。

**方法** 选取 2018 年 11 月至 2019 年 1 月就诊于复旦大学附属妇产科医院的患者共 32 名，采集阴道分泌物标本，进行细菌 16s rRNA 基因测序，讨论 CIN 级别与阴道微生物组结构之间的相关性。

**结果** 在基于 97%基因序列相似度进行的聚类分析下,共测得操作分类单元(OTU) 1754 个,其中未见上皮内细胞病变(NILM)组 1517 个,以厚壁菌门为主,存在较多的拟杆菌门和放线菌门;低级别上皮内瘤变(LSIL)组 557 个,以厚壁菌门为主,放线菌门、拟杆菌门相对较少;高级别上皮内瘤变(HSIL)组 236 个,厚壁菌门和放线菌门占显著优势。NILM 组与 LSIL 组、HSIL 组之间阴道微生物组丰富度存在显著性差异( $P=0.030$ ),其中 NILM 组 Chao 指数较低。三组标本之间的多样性指标即 Shannon 指数无显著性差异( $P=0.181$ )。

**结论** 阴道微生物组丰富度与宫颈上皮细胞病变程度相关,微生物组物种组成和多样性与 CIN 等级无显著相关性。

## PU-3405

### 分析血清 IL-34 水平与幽门螺杆菌相关性 胃疾病的关系

向瑜

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 检测胃癌、慢性胃炎患者血清中 IL-34 的水平,旨在探讨 IL-34 在幽门螺杆菌(*Helicobacter pylori*, *H.pylori*)感染相关性胃疾病中的表达情况,以确定 IL-34 能否作为幽门螺杆菌感染相关性胃疾病的血清学标志物。

**方法** 从 270 例患有胃部疾病的住院患者中筛选出 39 例胃癌患者和 21 例慢性胃炎患者,采用酶联免疫吸附试验(Enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)测定患者血清中 IL-34 的水平,比较胃癌组、慢性胃炎组与健康对照组 IL-34 水平的表达差异。应用幽门螺杆菌抗体检测试剂盒检测上述患者和健康对照者幽门螺杆菌的感染情况。分析胃癌组和慢性胃炎组中 IL-34 与 AFP、CEA、CA19-9 的相关性。

**结果** 胃癌组 IL-34 的表达水平为 6.57(3.86-9.71) pg/mL,慢性胃炎组中 IL-34 的表达水平为 12.71(2.89-19.42) pg/mL,分别与健康对照组比较,血清 IL-34 水平均升高,差异具有统计学意义( $U=465, P<0.01$ ;  $U=203, P<0.01$ )。在 39 例胃癌患者中,幽门螺杆菌感染阳性的患者 12 例(阳性率为 30.77%),幽门螺杆菌阴性的患者 27 例。21 例慢性胃炎组中,幽门螺杆菌感染阳性的患者 5 例(阳性率为 20.81%),幽门螺杆菌阴性患者 16 例。在胃癌患者中, *H.pylori* 阴性组 IL-34 的表达水平 7.29(5.07-9.71) pg/mL 与健康对照组比较,有升高,差异具有统计学意义( $U=294, P<0.01$ )。在慢性胃炎患者中, *H.pylori* 阴性组 IL-34 的表达水平 13.60(2.80-19.41) pg/mL 与健康对照组比较,有升高,差异具有统计学意义( $U=157, P<0.05$ )。胃癌和慢性胃炎患者中 *H.pylori* 阳性组 IL-34 的水平分别与健康对照组比较,其差异不具有统计学意义( $P>0.05$ )。胃癌组和慢性胃炎组中 IL-34 水平与肿瘤标志物 AFP、CEA、CA19-9 无相关性,差异不具有统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 血清 IL-34 在胃癌、慢性胃炎中表达增高,可以作为幽门螺杆菌感染阴性的胃癌、慢性胃炎的血清学标志物。

## PU-3406

### 抗核抗体 Hep-2 细胞核型中 AC-29 的临床 应用及意义

陶月,朱益佳,朱文波,郑齐锶,翟俊斌,宁明哲

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 新核探讨型 AC-29 的临床应用。

**方法** 选取四例南京大学医学院附属鼓楼医院检验科的临床标本，免疫印迹法检测抗核抗体谱（IgG），间接免疫荧光法检测抗核抗体 IgG，观察并记录结果。

**结果** 四例标本中，抗 scl-70 抗体均为阳性，抗核抗体核型均为 DNA 拓扑异构酶 I 核型（AC-29）。

**结论** 抗核抗体是多种自身免疫性疾病特别是 ANA 相关风湿性疾病诊断的重要血清学标志物。根据自身免疫病疾病特点及对应抗体类型的不同，ANA 的阳性率为 20%~100%。然而，IFA 检测 ANA，结果判读无标准化分析技术，需要工作人员肉眼读片，对核型及滴度的判定，都存在主观因素，不利于质控和结果互认。为此，国际专家于 2014 年在巴西召开第 12 届国际自身抗体及自身免疫学术会议上第一次制定了 ANA 荧光模型国际共识（ICAP），并拟定了 28 个 Hep-2 IFA 免疫荧光模型，包括 14 个细胞核核型、9 个细胞浆核型和 5 个有丝分裂期核型。DNA Topo I 核型（AC-29）有下述 5 个特点：1）分裂间期细胞，细胞核呈现明显的致密、细斑点样荧光染色；2）有丝分裂期细胞，浓缩染色体呈均一、细斑点样荧光染色；3）有丝分裂期细胞中，浓缩染色体相关的核仁组织区呈强染色；4）从细胞核周区域到细胞质膜周围呈现放射样、微弱的胞质网状结构样荧光染色（细胞浆染色程度随着滴度变化而变化）；5）核仁染色不均一性。AC-29 是 ICAP 新定义的一种核型，国内检验人员应努力学习其荧光显微镜下表现，了解其临床意义，为临床提供准确的检验报告。

## PU-3407

### 人副流感病毒 3 型 F 糖蛋白 HRB 连接区氨基酸突变分析

谢文艳<sup>1</sup>, 温红玲<sup>2</sup>, 王志玉<sup>2</sup>

1. 山东大学附属山东省千佛山医院

2. 山东大学, 250000

**目的** 为了研究 HPIV3 F 糖蛋白 HRB 连接区对细胞融合活性的影响。

**方法** 采用基因定点突变与体内同源重组相结合的方法构建出 HRB 连接区的 6 个单突变体，并于 BHK-21 细胞内进行表达，采用合胞体形成试验，指示基因法和 R18 探针转移试验三种不同类型的膜融合试验检测各突变株对膜融合功能的影响，流式细胞术检测突变蛋白在细胞表面的表达效率。

**结果** 各突变株蛋白细胞表面蛋白表达效率与野毒株蛋白相比没有统计学差异，而突变株蛋白细胞融合活性表现为两种情形，E432A、I443A 和 N446S 表现为融合活性轻微升，N446S 融合活性达到野毒株的 118.6%；T429A、T429L 和 N446A 表现为融合活性的降低，其中 N446A 的融合功能只有野毒株的 15.2%。

**结论** HRB 连接区的氨基酸突变对膜融合活性有重要影响，其中第 446 位天冬酰胺（N）为关键氨基酸。

## PU-3408

### A Common Mistake in Clinical Syringe Operation

Mingzhe Ning, Hongyan Song, Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Medical workers usually pull the plunger to make sure it moves smoothly before using the syringe on a patient. This almost instinct procedure actually increases the risk of carrying pathogens from the environmental air to the patients.

**Methods** To demonstrate this potential problem, we pulled 100 syringes in the open air of the hospital wards, with the same number of syringes pulled inside of the sterile plastic bag before being taken out as the controls, and cultured the aspirated air.

**Results** The results showed *Moraxella lacunata*, *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus epidermidis* which are common in hospital environment and frequently occurred in clinical blood cultures.

**Conclusions** This was confirmed by the coincidence of bacteria present in the ICU air and in the blood samples of ICU patients. Further examination of the history blood culture results showed that an ICU patient who initially had other bacteria, started to have *Staphylococcus epidermidis* after several times of blood drawing. Avoidance of this syringe pre-pulling resulted in reduced infections of *Staphylococcus epidermidis* in the hospital. Although more direct evidence was required to prove this potential problem, pulling of syringes prior to use is an unquestionable mistake.

## PU-3409

### 双联抗血小板治疗冠心病对患者凝血功能的影响分析

张鑫浩,佟广辉

中国医科大学附属第二医院,110000

**目的** 分析双联抗血小板治疗冠心病对患者凝血功能的影响

**方法** 中国医科大学附属盛京医院使用双联抗血小板治疗(阿司匹林+氯吡格雷或普拉格雷)冠心病并且无其他影响凝血指标的疾病的患者 60 例在正确规范使用双联抗血小板治疗的前提下,检测实验对象的凝血指标,并与拥有相同暴露因素的没有使用双联抗血小板药物治疗的对照组进行科学有效的统计学分析以发现或排除双联抗血小板治疗对患者凝血功能的影响。

**结果** 规范使用双联抗血小板药物(阿司匹林+氯吡格雷)治疗冠状动脉硬化性心脏病的患者,其凝血酶原时间(PT)和活化部分凝血活酶时间(APTT)不受到影响,其凝血酶时间(TT)会延长3%-5%。

**结论** 在没有明显的临床出血倾向时,血小板药物(阿司匹林+氯吡格雷)治疗对二期止血的影响很小,可以放心正常运用双联抗血小板药物治疗。

## PU-3410

### 肺鳞状细胞癌中 MAGE-As 的表达及其临床意义

李娟

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 探讨黑色素瘤相关抗原(melanoma antigen,MAGE)-As 在肺鳞癌细胞中的表达,并分析其与肺癌侵袭、转移的关系。旨在为肺鳞癌的进展及防治寻找新的生物标志物。

**方法** 1 应用 Realtime-PCR 法筛选出高表达 MAGE-As 的细胞株 NCI-H1299。2 应用小干扰RNA(small interfering RNA, siRNA)敲低 NCI-H1299 中 MAGE-As 的表达,并用 Western blotting 法、Realtime-PCR 法验证敲低 NCI-H1299 细胞中 MAGE-As 基因后在蛋白及 mRNA 水平上的变化。3 应用 Transwell 迁移和侵袭实验检测敲低 MAGE-As 后对肺鳞癌细胞 NCI-H1299 迁移和侵袭的作用影响。

**结果** 1 Realtime-PCR 实验结果显示,NCI-H1299 细胞株与其它肺鳞状细胞癌比较,MAGE-As 显著高表达。2 Western blotting 结果显示,与对照组相比,敲低组的 MAGE-As 蛋白光密度值比显著降低。Realtime-PCR 实验结果显示,与对照组相比,敲低组细胞中 MAGE-As 表达水平显著降低。3 Transwell 实验结果显示,敲低 MAGE-As 基因能抑制肺鳞癌 NCI-H1299 的细胞迁移和侵袭能力。

**结论** 肺鳞癌细胞中黑色素瘤相关抗原(melanoma antigen,MAGE)-As 的表达水平上调在体外可以促进肺鳞癌细胞的迁移和侵袭能力,其机制有待进一步研究。



## PU-3411

## 一例酒精性诱导的乙肝患者病毒五项全阳模式 的分析与思考

杨平,郑齐锴,宁明哲  
南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 探讨一例酒精性诱导的乙型肝炎病毒五项全阳模式的病例, 并分析乙型肝炎病毒血清标志物全阳性模式患者的血清标志物的动态变化及可能机制。

**方法** 采用化学发光免疫分析法对 2018 年 12 月 26 日入住我院 ICU 的患者血清进行乙型肝炎病毒五项指标定量检测, 用实时荧光定量聚合酶链反应测定 HBV-DNA 病毒载量, 经透射比浊法对其肝功能酶学指标进行检测, 同时利用 PCR 方法扩增 HBV S 片段并行基因序列分析。

**结果** 该病人治疗期间, 乙肝五项指标保持全阳, 表面抗原和 e 抗原持续下降, 表面抗体、核心抗体和 e 抗体逐步增高, 转氨酶和 HBV DNA 也下降, 病毒清除呈转好趋势。同时, 我们发现该病人血清中分离获得的 HBV 病毒 S 片段存在基因变异。

**结论** 乙肝五项全阳模式的动态转变反映了乙肝病毒在体内的一种清除过程, 动态监测其含量的变化及其出现的原因有助于临床上对其开展有效的诊治及疗效评估。

## PU-3412

## Pre-treatment RDW-CV is a poor independent prognostic predictor for patients with SCLC

Yi Huang  
Sichuan Academy of Medical Sciences & Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Red blood cell distribution width (RDW-CV) is easily obtained from routine blood tests. We investigated the associations of the RDW-CV with the clinical parameters and prognoses of small cell lung cancer (SCLC) patients.

**Methods** Pre-treatment clinical and laboratory data from 139 patients with SCLC were retrospectively studied with univariate and multivariate analyses. The RDW-CV values were divided into two separate groups: high RDW-CV ( $\geq 13.35$ ,  $n = 92$ ) vs low RDW-CV ( $< 13.35$ ,  $n = 47$ ). Kaplan-Meier survival analyses and Cox proportional hazard models were used to examine the effects of RDW-CV on overall survival.

**Results** Pre-treatment clinical and laboratory data from 139 patients with SCLC were retrospectively studied with univariate and multivariate analyses. The RDW-CV values were divided into two separate groups: high RDW-CV ( $\geq 13.35$ ,  $n = 92$ ) vs low RDW-CV ( $< 13.35$ ,  $n = 47$ ). Kaplan-Meier survival analyses and Cox proportional hazard models were used to examine the effects of RDW-CV on overall survival.

**Results:** Chi-square analyses revealed that high RDW-CV was not associated with gender, tumor stage, smoking, organ metastasis and lymph node metastasis (All  $P > 0.05$ ). Student t test and Mann-Whitney U test revealed that high RDW-CV was associated with RBC, hemoglobin and MCHC levels ( $P = 0.015$ ,  $P = 0.000$  and  $P = 0.000$ , respectively). No significant relationship was observed between RDW-CV and parameters such as smoking amount, MCV, MCH, serum albumin and LDH levels (All  $P > 0.05$ ). Kaplan-Meier analyses revealed that high RDW-CV conferred poor prognoses for SCLC patients (Log rank  $P = 0.042$ ). When gender, age, tumor stage, and metastasis were incorporated as co-variants, multivariate analysis demonstrated that RDW-CV and tumor stage was independent prognostic factors for SCLC prognosis ( $P = 0.045$ , HR 1.652, 95% CI 1.010-2.700 and  $P = 0.000$ , HR 3.365, 95% CI 2.077-5.452, respectively).

**Conclusions** Pre-treatment RDW-CV could be used as a predictor for prognostic study of SCLC.

PU-3413

## HMGB1 与 RAGE 在浸润性乳腺癌组织中的表达及意义

张香梅

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 高迁移率族蛋白 B1 (high mobility group protein B 1, HMGB-1)及其受体晚期糖基化终产物受体(receptor for advanced glycation end products, RAGE)与多种恶性肿瘤的发生发展相关,但在乳腺癌中的研究少。本文旨在探讨 HMGB-1 及 RAGE 在乳腺癌中的表达情况及其意义。

**方法** 收集 67 例乳腺浸润性导管癌患者的术后石蜡标本,另取 10 例乳腺良性疾病石蜡标本为对照。采用免疫组织化学方法检测病变组织中 HMGB-1 及 RAGE 表达情况,结合患者肿瘤大小、淋巴结转移情况等,分析其与临床病理指标的关系。

**结果** 经免疫组织化学方法检测,与乳腺良性病变组织相比,浸润性乳腺癌组织中 HMGB-1 及 RAGE 的表达程度明显升高。其中, HMGB-1 与 RAGE 的表达趋势及程度呈正相关。相关性分析表明, HMGB-1 及 RAGE 的表达水平与肿瘤大小、淋巴结转移程度具有相关性。疾病的临床分期是影响二者表达的重要因素。结合术后免疫组化指标分析, HMGB-1 及 RAGE 表达水平与雌孕激素受体、HER-2、p53、Ki-67 等的表达无关。

**结论** 本研究发现,与良性病变相比, HMGB-1 及 RAGE 在乳腺癌组织中表达显著升高,且这种趋势与癌组织中肿瘤大小、淋巴结转移程度成正相关。由此推断, HMGB-1 及 RAGE 在乳腺癌中的表达情况在一定程度上提示预后不良,二者有可能成为乳腺癌治疗的新靶点之一。

PU-3414

## Application of combined techniques of MTB-DNA and MTB-RNA in diagnosis of pulmonary tuberculosis

xiaojing han

GUIZHOU AEROSPACE HOSPITAL

**Objective** To investigate the diagnostic value of combined techniques of MTB-DNA and RNA of in pulmonary tuberculosis.

**Methods** 2447 cases of pulmonary tuberculosis were collected, including 842 cases of bacteria-positive tuberculosis, 1095 cases of bacteria-negative tuberculosis, and 510 cases of non-tuberculosis control group.

**Results** The sensitivity, specificity and accuracy for MTB-DNA detection was 95.2%, 98.0% and 96.3%, was 90.4%, 98.4% and 93.4% for MTB-RNA detection. In bacteria-negative tuberculosis group, the positive rate of MTB-DNA detection (58.0%) was higher than that in the MTB-RNA detection (53.8%) ( $P<0.05$ ). Combined detection of MTB-DNA and RNA, the positive rate of bacteria-positive tuberculosis group (98.1%) was significantly higher than that of single detection of MTB-DNA or RNA ( $P<0.01$ ), bacteria-negative tuberculosis group was also ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** Combined techniques of MTB-DNA and RNA have the advantage in the high positive rate, sensitivity and specificity, and can diagnoses active tuberculosis. More importantly, combined techniques can auxiliary diagnosis the bacteria-positive tuberculosis, reduces missed detection and misdiagnosis.

## PU-3415

## 白介素-8 对食管鳞癌细胞生物学行为的影响

杨青

河北医科大学

**目的** 白介素-8 是由单核细胞产生的一种中性粒细胞趋化因子。研究表明, 白介素-8 是肿瘤微环境中不可缺少的一种重要炎症因子, 促进肿瘤进展, 参与肿瘤血管生成, 更与肿瘤的耐药息息相关。白介素-8 对多种肿瘤的作用已经被证实, 但其在食管癌中的相关作用鲜有报道, 因此我们深入研究了白介素-8 对食管癌细胞株的影响。

**方法** 对 56 例食管癌组织标本及相应的癌旁组织进行免疫组织化学染色; 留取 30 例良性疾病患者和 50 例食管癌患者血清, 采用 ELISA 方法检测血清中 IL-8 水平; 划痕实验检测白介素-8 对 KYSE170 迁移能力的影响; 白介素-8 处理 KYSE170 细胞 72h 后, Western blotting 检测血管生成相关指标 (VEGF) 的变化。

HMGB-1 及 RAGE 在乳腺癌中的表达情况在一定程度上提示预后不良, 二者有可能成为乳腺癌治疗的新靶点之一。

**结果** 免疫组织化学结果显示, 与食管癌癌旁组织相比, 食管癌组织中 IL-8 表达显著增高 ( $P<0.01$ ); ELISA 结果显示食管癌患者 IL-8 血清含量显著高于良性疾病患者 ( $P<0.01$ ); KYSE170 经白介素-8 处理后, 与阴性对照相比, 细胞划痕愈合能力显著增强 ( $P<0.05$ ); Western blotting 检测显示白介素-8 处理 KYSE170 细胞株 72h 后, VEGF 蛋白表达量显著增多 ( $P<0.05$ )。

**结论** 本研究发现, 食管癌患者 IL-8 水平显著增加; 白介素-8 处理 KYSE170 细胞后划痕愈合能力明显增加, 提示白介素-8 可以增强食管癌细胞迁移能力; 白介素-8 处理 KYSE170 细胞后 VEGF 明显增加, 提示白介素-8 在食管癌中具有促血管生成的作用, 进而可增加食管癌细胞恶性生物学行为, 为白介素-8 作为食管癌的治疗靶点提供了新的依据。

## PU-3416

## 依据 EP7-A2 文件评价血清指数对前白蛋白检测的干扰

韩光

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 评估前白蛋白检测试剂盒 (免疫比浊法) 对血清指数的抗干扰能力。

**方法** 据美国临床实验室标准化研究所 (CLSI) 的 EP7-A2 文件, 针对血清前白蛋白检测进行配对差异实验和剂量效应实验, 同时运用低温高速离心的方法对高度脂血标本进行处理, 比较处理前后前白蛋白检测数据的差异, 探讨校正脂浊对前白蛋白检测结果产生干扰的可行性。

**结果** 血清中不同程度的脂浊会对前白蛋白的检测存在干扰, 配对差异实验结果显示 12g/L 的血红蛋白和 20mg/dL 的胆红素对前白蛋白的检测无干扰, 而血清脂浊会对前白蛋白检测存在负向干扰; 剂量效应实验结果表明对低浓度的前白蛋白, 当乳糜指数 $\leq 120$  时对前白蛋白的检测无干扰, 对高浓度的前白蛋白, 当乳糜指数 $\leq 147$  时对前白蛋白的检测无干扰。当 225 $\leq$ 乳糜指数 $\leq 641$  时, 对低浓度 PA 检测的回归方程是一次线性负向干扰, 回归方程为  $y = -0.0481x + 96.459$  ( $R^2 = 0.8545$ ); 当 264 $\leq$ 乳糜指数 $\leq 516$  时, 对高浓度 PA 检测的回归方程是一次线性负向干扰, 回归方程为  $y = -0.1465x + 380.26$  ( $R^2 = 0.935$ ); 46 例脂浊血清校正实验结果表明原始血清组和校正血清组浓度相比, 校正前后差异有统计学意义 ( $t = -5.885$ ,  $P < 0.05$ ), 低温高速离心能校正高度脂浊对前白蛋白检测的影响。

**结论** 血清中的脂浊对应用免疫比浊法检测前白蛋白存在负向干扰,通过回归方程,我们可以估计脂浊标本前白蛋白的含量。运用低温高速离心法可以校正血清中脂浊对前白蛋白检测的干扰,当乳糜指数>120时应利用回归方程对前白蛋白的结果进行校正。

#### PU-3417

### 生物素对 CA242 测定试剂盒（酶联免疫法）的干扰

黄惠

广东省中医院,510000

**目的** 近年来,随着生物素(Biotin)的研究进展,不管是作为膳食补充还是高剂量的临床治疗,其应用非常广泛。然而,对于临床免疫检测来说,外源性生物素造成的干扰问题是目前实验室必须解决的一个重要问题。本文旨在探究外源性生物素对肿瘤相关抗原 242(CA242)测定试剂盒产生干扰的浓度范围,以及分析生物素加入的剂量与干扰程度的剂量曲线,并分析消除干扰的对策和研究展望。

**方法** 将生物素溶于 NaOH 溶液中制成原液,用生理盐水稀释成不同生物素浓度的干扰液,加入到不同 CA242 浓度血清样品中使最后的生物素浓度分别为 4~1000ng/ml,即 3.91、7.81、15.63、31.25、62.5、125、250、500 和 1000ng/ml,共 9 个干扰浓度,最后用 CA242 测定试剂盒(酶联免疫法)测定加入了系列生物素浓度的 CA242 样品浓度。计算各干扰浓度产生的干扰程度,以百分比(%)表示。参照试剂盒说明书的批内精密度,分析偏倚设定为 5%,即若干扰程度>5%,则认为生物素对 CA242 的测定产生了干扰。

**结果** 生物素对 CA242 测量(ELISA 法)产生了负干扰,低、中、高浓度样本分别在 3.91、31.25、62.50ng/ml 的生物素浓度下开始出现,偏倚>10%。低和中浓度、高浓度样分别在  $\geq 125.00$ ng/ml、500.00ng/ml 的生物素浓度下出现最大负干扰,偏倚 $\geq 99\%$ 。链霉素使测试结果偏倚从 100%降至 1%( $P<0.05$ ),迈瑞系统中测试结果为  $17.48\pm 0.23$ ( $\bar{x}\pm s$ )U/ml,十分稳定。

**结论** 10 mg 生物素膳食补充量的模拟加入量可对所有的检测结果都显示出显著干扰(偏倚>10%);模拟 100~300 mg 治疗量时,偏倚达 99%以上。一定浓度的链霉素与迈瑞化学发光系统可有效消除或避免生物素干扰。本实验为 ELISA 法检测中 CA242 异常结果的分析 and 生物素干扰的消除提供实验依据和指导。

#### PU-3418

### 不同分期慢性肾病患者贫血情况以及铁蛋白、叶酸、维生素 B12 的研究分析

黄婉姣

广东省中医院,510000

**目的** 分析不同分期慢性肾脏病患者贫血情况以及铁蛋白、叶酸、维生素 B12 等水平的差异,探讨铁蛋白、叶酸、维生素 B12 在慢性肾脏病诊断以及临床治疗中的应用价值。

**方法** 美国肾病基金会制定的慢性肾病(chronic kidney disease, CKD)诊断标准,回顾性分析广东省中医院肾内科 2018 年 1 月-7 月间初诊的慢性肾病患者 425 例,比较各分期患者贫血情况以及铁蛋白(SF)、叶酸(FA)、维生素 B12(VitB12)等指标的差异,分析 SF、FA、VitB12 与白蛋白(Alb)、尿素(BUN)、肌酐(Scr)等肾功能指标的相关性。

**结果** (1)随着慢性肾病病程的进展,血红蛋白含量不断下降,贫血患病率也逐渐增加,贫血患病率由 CKD3 期的 66.67%增至 CKD5 期的 94.53%,差异有统计学意义, $P<0.01$ ; (2)与对照组相比,CKD3、4、5 期患者 SF 水平均有不同程度地升高, $P<0.01$ ,但 CKD 各期差异不明显,

$P>0.05$ ; (3) CKD3 期 FA 与对照组相比, 差异不明显,  $P>0.05$ , 但从 CKD4 期开始, FA 水平出现显著性降低,  $P<0.01$ ; (4) 各组间 VitB12 差异不明显,  $P>0.05$ ; (3) SF、FA 与 Alb、BUN、Scr 以及 eGFR 等肾功能指标具有一定的相关性。

**结论** 对于慢性肾病患者, 在判断机体铁储存情况时, 应综合分析 CKD 患者铁代谢相关指标; 对于 SF 显著升高时, 应治疗基础疾病为主, 避免铁过载而造成病情加重; 治疗肾性贫血, 特别是 rHuEPO 疗效不佳时, 应根据患者营养状态, 适当补充铁剂、叶酸等; VitB12 储存量充足, 缺乏少见。此外 SF、FA 与肾功能指标具有一定的相关性, 可用于评价病情严重程度, 了解并发症情况。

## PU-3419

### 临床 ALT、AST 和 GGT 的测量结果准确性调查

王建兵

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 评价广东省内涵盖 3 类测量系统 (Beckman 配套系统、Roche 配套系统和其他系统) 的 69 家临床实验室 ALT、AST 和 GGT 测量结果的准确性, 分析其检测结果是否存在差异及其差异存在的原因。

**方法** 1. 利用参考方法给新鲜患者血清制定靶值, 制成冰冻血清标准物质。2. 把冰冻血清标准物质发往 69 家临床实验室, 收集测量结果并统计分析。3. 选取广州市内 9 家配备 Roche 配套系统实验室对其 ALT、AST 和 GGT 共 3 个酶学指标进行测量偏移调查。4. 用 ALT 参考方法为比对方法, Roche 系统测量方法为评价方法, 同时测定新鲜人血清和冰冻血清标准物质, 评价冰冻血清标准物质是否具有基质效应。

**结果** 1. 在调查的 69 家医院当中, ALT 测量结果与靶值的偏倚超出可接受范围内的实验室数量有 51 家, AST 有 28 家, GGT 有 28 家, ALT 从 0.25%~31.7%, AST 从 0.0%~27.9%, GGT 从 0.1%~21.3%, 三个项目的低水平标本 CV 值分别 11.0%、6.8%和 6.7%, 高水平标本 CV 分别为 10.7%、10.7%和 6.2%。2. Roche 配套系统测量偏移调查发现, ALT、AST、GGT 校准前的测量结果与靶值的偏倚为 5.8%~18.8%, 0.7%~5.7%, 0.7%~9.8%, 三个项目的低水平标本 CV 值分别 4.1%, 2.5%, 2.6%, 高水平标本 CV 分别为 3.8%、2.3%和 2.9%。校准后的偏移 7.8%~17.7%, 0.2%~4.9%, 0.7%~7.2%, 三个项目的低水平标本 CV 值分别 3.5%, 2.9%, 1.1%, 高水平标本 CV 分别为 1.9%、1.1%和 2.3%。3. ALT 测定中, 冰冻血清标准物质测量结果位于 $\pm 95\%$ 预测区间内。

**结论** 1. ALT 的测量结果准确性不及 AST 和 GGT 的高。2. 在调查的 69 家医院当中, 实验室间测量结果差异较大 3. 在 Roche 配套系统测量偏移调查发现, 9 家实验室间各项目 CV 值较 69 家实验室自测 CV 值小。4. 校准前、后相比各项目测量结果无明显变化。5. 冰冻血清标准物质无基质效应。

## PU-3420

### 黄芩苷抑制 RSV 的 NS1 蛋白诱生 I 型 IFN 的体内初探

秦竺

广东省中医院,510000

**目的** 观察黄芩苷对呼吸道合胞病毒(RSV)感染的 BALB/c 小鼠肺组织的炎性病变情况、体内 RSV 病毒核酸的复制、NS1 蛋白表达的影响, 以及 I 型干扰素 (I-IFN) 的诱生情况, 并从 Toll 样受体通路和 RIG-1 受体通路蛋白初步探究其作用机制。

**方法** 通过建立 RSV 感染 BALB/c 小鼠模型, 分别给予感染组黄芩苷和利巴韦林干预, 观察各组小鼠肺指数及肺指数抑制率、病理变化, 实时荧光定量 PCR 技术检测 RSV 核酸浓度、NS1 蛋白和

I 型 IFN 的 mRNA 的表达情况, Western Blotting 技术检测 Toll 样受体通路和 RIG-1 受体通路蛋白的表达情况。

**结果** RSV 组较健康组肺指数显著增高 ( $P<0.05$ ), 黄芩苷组较 RSV 组肺指数显著降低 ( $P<0.05$ ); RSV 组与健康组比较, 小鼠肺组织有显著的炎性病变; 黄芩苷组与 RSV 组比较, 炎性病变情况有显著的缓解。黄芩苷组 RSV 核酸浓度显著低于 RSV 组 ( $P<0.05$ ); RSV 组较健康组 NS1 蛋白 mRNA 含量显著升高 ( $P<0.05$ ), 黄芩苷组较 RSV 组 NS1 蛋白 mRNA 含量显著降低 ( $P<0.05$ ); 预防组较健康组 I-IFN 的 mRNA 含量显著升高 ( $P<0.05$ ), RSV 组较健康组 I-IFN 的 mRNA 含量显著降低 ( $P<0.05$ ), 黄芩苷组较 RSV 组 I-IFN 的 mRNA 含量显著升高 ( $P<0.05$ )。RSV 病毒可抑制 Toll 样途径, 黄芩苷的干预可增加这种抑制作用; RSV 可促进 RIG-I 通路, 黄芩苷干预可抑制 RSV 的促进作用。

**结论** 黄芩苷可抑制小鼠体内 RSV 病毒的复制, 有效缓解炎性病变, 同时可通过抑制 NS1 蛋白诱生 I 型干扰素从而达到抗病毒作用。初步探究其作用通路为提高 RSV 病毒对 Toll 样通路的抑制作用, 降低 RSV 病毒对 RIG-1 通路的促进作用。

## PU-3421

### 探究硼酸和氯唑西林对阴沟肠杆菌耐药性的作用 及作用机制

杨向贵,熊静,许颖  
成都医学院第一附属医院

**目的** 阴沟肠杆菌是医院内感染中常见的条件致病菌, 可引起较为严重多器官感染, 且多为广谱耐药菌, 这为治疗阴沟肠杆菌感染性疾病带来极大挑战。本试验探究硼酸和氯唑西林对阴沟肠杆菌耐药性调控的作用机制, 为临床治疗和预防阴沟肠杆菌引起的感染提供参考。

**方法** 收集临床上患者首次分离的阴沟肠杆菌, 使用 VITEK-2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏分析系统进行鉴定, 采用微量肉汤稀释法和纸片扩散法对野生型阴沟肠杆菌以及敲除 Amp C 基因的阴沟肠杆菌进行药敏检测, 并利用 RT-PCR 法检测抗菌阴沟肠杆菌的 Amp C 酶的 mRNA 量。

**结果** 头孢西丁 (FOX) 导致野生型阴沟肠杆菌的耐药性增强, 在 FOX 诱导的阴沟肠杆菌基础上加入硼酸 (BA) 和氯唑西林 (CLO) 后 MIC 值降低, 且硼酸和氯唑西林的浓度与 MIC 值成反比; 通过 RT-PCR 法检测可知硼酸和氯唑西林可抑制阴沟肠杆菌中 AmpC 酶的表达, 且浓度越大抑制作用越强; 而在 AmpC 酶敲除的阴沟肠杆菌中, 头孢西丁诱导耐药作用极度减弱, 且硼酸和氯唑西林对敲除菌的抗性影响甚微

**结论** 硼酸和氯唑西林是通过抑制阴沟肠杆菌产生 Amp C 酶来降低阴沟肠杆菌耐药程度。

## PU-3422

### 反向点杂交法鉴定非结核分枝杆菌

韩晓静  
贵州航天医院,563000

**目的** 报道遵义某医院非结核杆菌菌种类型, 探讨荧光定量 PCR 法联合反向点杂交法用于菌种鉴定。

**方法** 采用荧光定量 PCR 法和反向点杂交法鉴定抗酸染色阳性疑似肺结核患者的感染菌种类型。

**结果** 276 份痰液标本中有结核分枝杆菌 (MTB) 268 例, 非结核分枝杆菌 (NTM) 8 例, 细菌学鉴别结果和荧光定量 PCR 法完全一致; 反向点杂交法鉴定 NTM 8 例 (2.9%) 4 种, 经基因测序验证结果完全一致。

**结论** 荧光定量 PCR 法联合反向点杂交法进行分枝杆菌菌种鉴定可作为 NTM 实验室早期诊断手段, 在基层医院广泛开展, 指导临床进行快速有效的治疗。

#### PU-3423

### 雷公藤甲素通过调节 IL-7 水平治疗类风湿关节炎 机制研究

王云秀

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 本研究通过构建脂多糖 (LPS) 诱导的活化人外周血单个核细胞的模型, 比较活动性类风湿关节炎患者和门诊健康体检个体 IL-7 表达水平, 并设置不同的雷公藤甲素浓度, 观察雷公藤甲素 (TPT) 对外周血单个核细胞 IL-7 表达水平的影响, 从而探讨雷公藤甲素治疗类风湿关节炎的作用机制。

**方法** 选取 25 例于广东省中医院大德路总院确诊为活动性类风湿关节炎的患者作为实验组, 25 例门诊体检的健康个体作为对照组, 收集实验组与对照组的 EDTA 抗凝全血标本, 利用淋巴细胞分离液常规提取外周血单个核细胞 (PBMC), 然后, 用含 10% AB 血清的 DMEM 培养液, 调整细胞浓度至  $1 \times 10^6/\text{mL}$ , 然后按照每孔 2mL 接种于十二孔板中, 再加入脂多糖 (LPS) 预处理六小时, 得到活化的外周血单个核细胞, 再分别加入 0, 1, 5, 10nmol/L 雷公藤甲素进行药物干预, 24h 后, 收集所有细胞提取总 mRNA, 然后再进行逆转录, 用于 Q-PCR 检测。同时, 收集实验组相关的临床炎症指标包括血沉 (ESR), 中性粒细胞淋巴细胞比值 (NLR) 的结果, 分别做与 IL-7 的相关性分析。

**结果** IL-7 的表达量与相关的临床炎症指标血沉呈正相关, 与中性粒淋巴比值无相关性, 同时, IL-7 在活动性类风湿关节炎患者与门诊健康个体中的表达量不同, 活动性类风湿关节炎患者 IL-7 的表达量显著高于健康正常人 ( $p < 0.05$ ), 而雷公藤甲素能够呈剂量依赖性地抑制 IL-7 水平, 在 0-10nmol/L 浓度范围内, 雷公藤甲素的浓度越高, 对 IL-7 的抑制作用越强。

**结论** IL-7 对类风湿关节炎的诊断具有一定的参考意义, 而雷公藤甲素能够抑制 IL-7 的表达水平, 从而达到治疗类风湿关节炎的效果。

#### PU-3424

### 尿甲氧基肾上腺素与甲氧基去甲肾上腺素对嗜铬细胞瘤临床 诊断的检测意义

魏沛蔚

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探讨甲氧基肾上腺素 (MN) 和甲氧基去甲肾上腺素 (NMN) 在 24h 尿液中对嗜铬细胞瘤早期诊断中的临床意义。

**方法** 采用酶联免疫法定量检测, 对 2007 年至 2017 年中国人民解放军南部战区总医院有嗜铬细胞瘤筛查要求的患者的 24h 尿 MN 和 NMN 进行检测。

**结果** 在嗜铬细胞瘤组患者 24h 尿中 MN 和 NMN 的含量对比其他肾上腺占位性疾病组患者和原发性高血压组患者明显上升 ( $P < 0.05$ ); 对结果进行 ROC 曲线分析, MN 的灵敏度为 56.86%, 特异性为 93.67%, 曲线下面积为 0.804; NMN 的灵敏度为 82.35%, 特异性为 83.03%, 曲线下面积

积为 0.870。当以 MN 440.5 $\mu$ g/24h 或 NMN914.0 $\mu$ g/24h 为临界点时,联合检测 MN 和 NMN 的敏感度和特异度为最好,灵敏度为 82.35%,特异性为 88.91%,曲线下面积为 0.908,MM 和 NMN 的联合诊断价值优于单独的 MN 和 NMN 诊断价值;嗜铬细胞瘤患者手术后 24h 尿中 MN 和 NMN 含量明显下降至正常水平;尿 MN 与 CT 符合率为 78.4%,尿 NMN 与 CT 符合率为 94.1%。

**结论** 酶联免疫法定量检测 24 h 尿 MN 和 NMN 的方法灵敏度和特异性均较高,其可用于嗜铬细胞瘤的初步筛查、早期临床诊断、辅助定位、术后检测的可靠的实验室检测,有比较高的临床意义。

## PU-3425

### 新生儿高胆红素血症患儿血红蛋白 A、F 与 G6PD 表达相关性研究

赖苑双,黎维丹,胡向国,查显丰  
广州暨南大学第一附属医院,510000

**目的** 通过分析高胆红素血症患儿的血红蛋白 A (HbA)、F (HbF) 和葡萄糖-6-磷酸脱氢酶 (G-6-PD) 的表达特点,探讨 HbA、F 及 G6PD 的含量与新生儿高胆红素血症之间的相关性,为高胆红素血症患儿提供有意义的临床资料。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月至 2018 年 10 月期间暨南大学附属第一医院新生儿科收住的 2932 例新生儿的性别、G-6-PD 活性、Hb、HbA 和 HbF 的含量与高胆红素血症之间有无相关性。

**结果** 住院新生儿中 G-6-PD 缺乏患病率为 10.0%;G-6-PD 缺乏患儿中高胆红素血症患病率男性 (5.3%) 明显高于女性 (2.3%);G6PD 重度缺乏新生儿血清 TBIL 含量 (245.0 $\pm$ 126.9  $\mu$ mol/L) 明显高于正常新生儿 (224.1 $\pm$ 114.0  $\mu$ mol/L) ( $P = 0.0162$ ),而中度缺乏新生儿 (217.5 $\pm$ 126.7 $\mu$ mol/L) 与 G6PD 重度缺乏新生儿和正常新生儿之间没有都明显差异 ( $P = 0.0989$ ,  $P = 0.6570$ );高胆红素血症患儿 HbA 含量明显高于胆红素正常组 ( $P < 0.0001$ ),而 Hb 和 HbF 含量则明显低于正常组 ( $P < 0.0001$ ,  $P < 0.0001$ )。

**结论** 在 G-6-PD 酶缺乏高发广东区 G-6-PD 酶缺乏并不是引起住院新生儿高胆红素血症的发病主要原因;高胆红素血症新生儿的 Hb 及其组分 HbF 含量明显减低,HbA 含量则明显增加,这些结果为全面了解新生儿高胆红素血症的病理生理提供基础数据,也提示通过血红蛋白电泳检测 Hb 及其组分 HbA 和 F 可能对新生儿高胆红素血症的诊断和治疗有一定的临床意义

## PU-3426

### Dysregulation of long non-coding RNA SNHG12 alters the viability, apoptosis and autophagy of prostate cancer cells via regulating miR-195/CCNE1 axis

Ling Fang,Feng Xie,Chengyan He  
China-Japan Union Hospital, Jilin University

**Objective** This study aimed to explore the role and mechanism of lncRNA small nucleolar RNA host gene 12 (SNHG12) in the development of prostate cancer (PCa).

**Methods** The expression of SNHG12 in the serum of PCa patients as well as PCa cells, and then investigated whether SNHG12 could act as a competing endogenous RNA (ceRNA) to mediate the development of PCa. Furthermore, the association between SNHG12 and activation of PI3K/AKT/mTOR pathway was explored.

**Results** SNHG12 expression was up-regulated in the serum of PCa patients as well as PCa cells. High expression of SNHG12 resulted in the poor prognosis of PCa patients. Moreover, suppression of SNHG12 inhibited viability and promoted apoptosis and autophagy of LNCaP cells.



Furthermore, SNHG12 is found to act as a ceRNA to regulate the expression of Cyclin E1 (CCNE1) by sponging miR-195. Lastly, suppression of SNHG12 inhibited the activation of PI3K/AKT/mTOR pathway.

**Conclusions** Our results revealed that up-regulation of SNHG12 promoted the viability and inhibited apoptosis and autophagy of PCa cells via regulating CCNE1 expression by sponging miR-195. Moreover, activation of PI3K/AKT/mTOR pathway is a key downstream mechanism regulating SNHG12-mediated the development of PCa. Our findings provide an experimental basis for targeted therapy of PCa.

## PU-3427

### COPD 人群气道细菌微生物群落结构多样性探究

曹楠楠

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 描述 COPD 人群气道细菌微生物结构组成。

**方法** 我们纳入 COPD 病人痰液 181 例。对痰液总 DNA 的 16S rRNA V4 片段进行扩增后，通过微生物多样性分析，我们描述了 COPD 人群的气道细菌微生物群落的主要特征。

**结果** 通过高通量测序检测到了 24 个门以及 346 个属的细菌。在属水平，COPD 人群气道微生物中占前十位的属根据相对丰度从高到低依次是：普氏菌属、链球菌属、奈瑟氏菌属、嗜血杆菌属、罗氏菌属、卟啉单胞菌属、韦荣氏球菌属、梭杆菌属、放线菌属、纤毛菌属，以上占据了约 70% 的序列。分类到种水平并普遍存在的 OTU 有 5 种：产黑普氏菌、粘滑罗斯菌、小韦荣氏球菌、副流感嗜血杆菌以及流感嗜血杆菌。

**结论** COPD 人群气道中含有丰富的细菌种类。COPD 患者气道细菌微生物群落构成情况基本一致，以普氏菌属、链球菌属和奈瑟氏菌属为主。其中大部分高丰度的 OTU 在人群中分布各有特点，个体差异较大。

## PU-3428

### Distribution and temporal trends of antimicrobial resistance in clinical *Aeromonas* isolates, Southwest China, 2011-2017

shuangshuang yang

Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

**Objective** *Aeromonas* spp. is frequently implicated in human infections, while a paucity of data was concerning about it in China. This study was aimed to investigate distributions and longitudinal alterations of antimicrobial resistance (AMR) patterns in clinical *Aeromonas* species, Southwest China.

**Methods** A multicenter retrospective surveillance study was launched in Chongqing from 2011 to 2017. Data were retrieved from the database of China Antimicrobial Resistance Surveillance System (CARSS) and analyzed by Whonet 5.6 and Graphpad Prism 6 Software to examine and compare distribution and temporal changes.

**Results** A total of 1135 *Aeromonas* strains was isolated, with 8.7% (99/1135) from pediatric samples and 95.7% (1086/1135) from extra-intestinal samples. *Aeromonas hydrophila* complex (65.6%), *Aeromonas veronii* complex (16.7%) and *Aeromonas caviae* complex (15.3%) were the top three prevalent species. Sputum was the most common source. Bloodstream contributed to 10.8% of all isolates. Approximately 30% of intestinal isolates were resistant to ceftriaxone, ceftazidime and ciprofloxacin. Notably, intestinal isolates harbored higher resistances rates to

piperacillin/tazobactam and ciprofloxacin than extra-intestinal isolates (17.8% vs 5.6% and 27.3% vs 14.1%, respectively). Despite relatively high resistance rate to ceftriaxone (17.9%) and meropenem (14.3%), the resistance rates of bloodstream isolates to all tested antibiotics were less than 20%. In contrast to extra-intestinal *Aeromonas. hydrophila* complex, *Aeromonas. caviae* complex illustrated significantly high resistance rates to ceftazidime (25.9%) and cefepime (19.0%), but low to imipenem (1.8%) and meropenem (1.6%). Although antibiogram of these three predominant species were distinct, they remained stable between 2011-2014 and 2015-2017.

**Conclusions** Distinct distribution and AMR patterns of clinical *Aeromonas* species in Southwest China highlighted the predominance of *A. hydrophila* complex and high resistance rates of intestinal isolates to ceftriaxone, ceftazidime and ciprofloxacin. Gentamycin and carbapenems are active against intestinal isolates. High resistance rate to ceftriaxone and meropenem may wreck their clinical efficacies to fight against *Aeromonas* bacteremia. Temporally constant AMR patterns should not relax the vigilance of antimicrobial resistance in clinical *Aeromonas* isolates.

## PU-3429

# High Expression of AR Serves As a Novel Biomarker and Drives Cancer Progression in Gastric Cancer

Nan Xia

The first hospital affiliated to China medical university

**Objective** Androgen receptor (AR) and its variants (AR-Vs) promote tumorigenesis and metastasis in many hormone-related cancers, such as breast, prostate and hepatocellular cancers. However, the expression patterns and underlying molecular mechanisms of AR in gastric cancer (GC) are not fully understood. This study aimed to detect the expression of AR-Vs in GC and explored their role in metastasis of GC.

**Methods** Here, the AR expression form was identified in GC cell lines and tissues by RT-PCR, qPCR and Western-blot. Finally, the functional roles of AR in GC cell lines and nude mice lung metastasis animal models were used to assess the function of AR in cell migration and invasion.

**Results** Different from full length of AR, AR-v12 was localized to the nucleus independent of androgen. Up-regulation of AR-v12 in primary GC tissues was significantly associated with metastasis. Our receiver operating characteristic curves analysis showed that high AR expression could distinguish GC patients from normal persons ( $p < 0.0001$ ). Kaplan-Meier curves demonstrated that high AR expression predicted poor overall survival ( $p < 0.0001$ ). Over expression of AR-v12 promoted migration and invasion independent of androgen. Knockdown of AR-v12 inhibited migration and invasion in vitro, as well as metastasis in vivo.

**Conclusions** In conclusion, our results suggest that AR splice variant may serve as a promising diagnostic and prognostic molecular marker for patients with GC. Moreover, AR splice variant may represent a novel clinical therapeutic target.

## PU-3430

## 厦门市沙门菌血清型分布及耐药情况分析

陈波

厦门大学附属第一医院检验科

**目的** 了解厦门地区腹泻患者的沙门菌感染的流行特征及其耐药情况,为预防沙门菌感染和临床治疗提供依据。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2018 年 10 月因腹泻到我院就诊的患者进行沙门菌培养和鉴定并对确诊为沙门菌感染患者的菌株进行血清学分型及药敏实验

**结果** 本次研究共分离出沙门菌株 81 株, 14 种血清型, 优势血清型主要为鼠伤寒沙门菌 (32 株/39.5%) 及肠炎沙门菌 (13 株/16.0%)。沙门菌对氨苄西林、复方新诺明耐药率较高, 分别为 55.6% 和 44.4%; 对左氧氟沙星、头孢他啶和头孢噻肟耐药率较低, 分别为 4.9%、6.2% 和 6.2%。

**结论** 厦门地区的沙门菌感染的优势血清型为鼠伤寒沙门菌及肠炎沙门菌, 对氟喹诺酮类及头孢 3 代抗生素的敏感性较好

## PU-3431

## 探讨香槟方对结直肠癌患者手术炎症指标和营养指标的效果分析

王云秀

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨中药方剂香槟方对结直肠癌患者手术炎症指标和营养指标的效果。

**方法** 选取 2017 年 1 月-2018 年 8 月广东省中医院收治的结直肠癌患者 250 例, 其中根据患者是否服用香槟方将其分为实验组 125 例与对照组 125 例, 监测两组患者术前术后的炎症指标和营养指标, 并对指标术前、术后 1 d、术后 3 d 的变化进行比较。

**结果** 手术前, 实验组与对照组炎症指标 (WBC、NEUT%、CRP) 和营养指标 (PA、TP、ALB) 水平相当, 比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。 (1) 炎症指标: WBC、NEUT% 术后 3 d 水平实验组明显低于对照组, 血清 CRP 术后 1 d 水平实验组明显低于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); (2) 营养指标: 血清 PA 术后 1 d、3 d 水平实验组显著高于对照组, 血清 TP、ALB 术后 1 d 水平实验组显著高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 香槟方能够有效减轻结直肠癌患者手术后的应激炎症反应, 改善患者术后的营养状况。

## PU-3432

## 电化学发光法检测丙型肝炎病毒抗体的弱阳性结果分析

黄婉姣

广东省中医院,510000

**目的** 探讨电化学发光免疫分析法 (Electro chemiluminescence immuno assay, ECLIA) 检测丙型肝炎病毒抗体 (抗-HCV) 的可疑区间, 为检验结果提供一个更可靠的临床解释, 并在此基础上探究可能导致可疑区间内样本假阳性的因素。

**方法** 筛选广东省中医院 2015 年- 2017 年内所有使用电化学发光法检测丙型肝炎病毒抗体的样本, 选取 285 例 ECLIA 法测抗-HCV 阳性样本 ( $0 < S / CO < 1$ ) 以及 69 例接近 Cut - off 的阴性样本

( $0.75 < S / CO < 1$ )，并查找对应的病毒核酸扩增检测(NAT)确证实验结果。判断 ECLIA 法与 NAT 确证实验之间的一致性，并利用 SPSS 20.0 绘制 ROC 曲线，计算约登指数(Youden index)以确定最佳 Cut - off 值，以公式确定可疑区间。再收集  $1 < S / CO < \text{Cut - off}$  值范围内所有弱阳性样本以及阴性样本的患者资料，包括基础资料、临床资料以及实验室指标，分析并推测可能导致弱阳性的因素。

**结果** ECLIA 法检测抗-HCV 的最佳临界值为 9.72，可疑区间为 7.776 ~ 11.664，弱阳性样本与阴性样本的患者在葡萄糖(Glu)检测结果上存在统计学差异。

**结论** 确定最佳 Cut - off 值可以对不同 S / CO 值的 ECLIA 法阳性样本有初步判断，对于患者资料的分析提供了对弱阳性结果更可靠的解释。

#### PU-3433

### 黄芩苷抑制 RSV NS1 蛋白的表达和对干扰素影响机制的初步研究

秦竺  
广东省中医院,510000

**目的** 验证黄芩苷能否抑制 RSV 的 NS1 蛋白，从而影响 I 型干扰素的产生；并探索其影响机制。

**方法** 使用分子对接模拟 NS1 蛋白和黄芩苷的结合方式；建立细胞模型；使用 qRT-PCR 检测黄芩苷处理病毒后，RSV 拷贝数、NS1 蛋白表达、I 型干扰素 mRNA 表达情况；使用流式荧光技术检测 IL-6 水平；使用 WB 技术探索黄芩苷对 Toll 样受体、RIG-I 受体、JAK-STAT 受体通路及干扰素抗病毒效应蛋白的影响。

**结果** 黄芩苷抑制 RSV 病毒复制和 NS1 蛋白表达；黄芩苷结合到 NS1 蛋白  $\alpha 3$  螺旋位点，通过与 NS1 上 Tyr125、Leu132 和 Leu133 等对产生 IFN 有抑制作用的关键氨基酸结合；黄芩苷通过下调 Toll 样受体、RIG-I、JAK-STAT 通路抑制 I 型干扰素、IL-6 的表达，并降低干扰素效应蛋白水平。

**结论** 黄芩苷抑制 RSV 复制和 NS1 蛋白表达，

#### PU-3434

### miR-24 对乳腺癌转移及肿瘤血管形成的临床诊断应用

方玲,谢风,何成彦  
吉林大学中日联谊医院

**目的** 近年发现 MicroRNA(miRNA)在生物体中行使着重要调控功能,它已成为生命科学领域的研究热点。很多 MicroRNA(miRNA)位于癌症相关基因组区；几乎所有肿瘤发生过程都存在 miRNA 的异常表达。目前的研究表明 miR-24 在癌症的发生发展中发挥着多重作用。

**方法** 我们先前的体外研究结果发现，miR-24 在不同的乳腺癌肿瘤细胞系中高表达，并且 miR-24 能够提高乳腺癌细胞的侵袭力。

**结果** 基于以上研究基础，我们从体内和体外深入研究发现：一方面，miR-24 不但能够促进乳腺癌的浸润能力，且促进了肿瘤血管的形成；另一方面，miR-24 调控了乳腺癌干细胞。

**结论** 我们的研究阐述了 miR-24 的作用机制及其与靶蛋白之间的调节关系等。综上，我们对 miR-24 的研究成果，揭示了 miR-24 在乳腺癌浸润和肿瘤血管形成及乳腺癌干细胞调控中的作用，为乳腺癌的临床诊断和治疗提供新依据和途径。

#### PU-3435

## 3-5 期慢性肾病常见检验项目参考区间的建立

张成

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 建立慢性肾病（CKD）3-5 期非透析病人的部分医学检验项目的参考区间，为区域内的 CKD 患者提供更为全面、准确、个性化的诊断和治疗服务。

**方法** 根据筛选标准挑选 3-5 期慢性肾病患者 752 人，根据病期和性别分成 6 组，分别收集并记录其相关生化指标数据进行正态性分析，若符合正态分布则取  $\bar{X} \pm 1.96s$  为参考区间，若不符合，则剔除离群值后取  $P_{2.5}-P_{97.5}$  为参考区间。

**结果** 根据所建立的参考区间可知慢性肾病患者病期血清肌酐、尿蛋白、尿素、尿酸、总胆固醇、甘油三酯等有明显的上升趋势，并伴随病期加深，数值也明显上升，而离子五项数据则显示与常人无明显差异，此外，尿蛋白浓度及肌酐浓度存在明显的男女差距，需要额外分组建立参考区间。

**结论** 建立起 3-5 期慢性肾病患者医学检验项目参考区间有助于 CKD 患者更为全面、准确、个性化的诊断和治疗服务。

### PU-3436

## HBsAg 和 HBsAb 共同阳性特殊模式的 HBV 感染者 血清中 HBV RNA 和 HBV DNA 的水平表达

杨扬

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 检测 HBsAg 和 HBsAb 共同阳性特殊模式的 HBV 感染者血清中乙型肝炎病毒核糖核酸（HBV RNA）和乙型肝炎病毒脱氧核糖核酸（HBV DNA）的水平表达，并分析其与 HBV DNA、HBsAg、ALT、AST 的相关性。

**方法** 从 66617 例检测乙肝血清学标志物的门诊患者中筛选出 79 例 HBsAg 和 HBsAb 共同阳性的特殊血清学模式的门诊患者，采用 PCR-荧光探针法检测 HBV RNA 和 HBV DNA 的表达水平，并对上述特殊模式患者进行 HBV 基因分型。按照 HBV 感染的自然史分为四期，比较不同自然病程时期的 HBV RNA、HBV DNA、HBsAg、ALT、AST 的表达情况。

**结果** 在 79 例 HBsAg 和 HBsAb 共同阳性的 HBV 感染者中，B 基因型 67 例（84.81%），C 基因型 2 例（2.53%），未分型 10 例（13.34%）；在 HBV 感染的不同自然病程期：免疫耐受期、免疫清除期、再活动期、低复制期，HBV RNA、HBV DNA、HBsAg、ALT 和 AST 的表达水平有差异，具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；血清 HBV RNA 与 HBV DNA 呈正相关（相关系数  $r=0.748$ ， $P=0.000$ ），与 HBsAg 呈正相关（相关系数  $r=0.276$ ， $P=0.016$ ），与 ALT 呈正相关（相关系数  $r=0.260$ ， $P=0.024$ ），与 AST 呈正相关（相关系数  $r=0.249$ ， $P=0.031$ ）。

**结论** HBsAg 和 HBsAb 共同阳性的特殊模式患者中，HBV 基因型以 B 型为优势基因；随着不同自然病程分期进程，HBV RNA 水平随着 HBV DNA 水平降低而逐渐降低；血清中 HBV RNA 水平与 HBV DNA、HBsAg、ALT、AST 水平呈正相关，HBV RNA 可作为乙肝患者抗病毒治疗的临床依据。

PU-3437

## 迈瑞 BC-5390 全自动血液细胞分析仪检测 CRP 的性能评价

欧财文

广东省中医院,510000

**目的** 探讨迈瑞 BC\_5390 全自动血液分析仪（以下简称迈瑞）检测 CRP 的性能评价。

**方法** 根据美国临床和实验室标准化协会（CLSI）系列文件（EP7-A2、EP9-A3、EP17-A2）的要求设计实验方案，对迈瑞进行重复性、精密度、线性范围、携带污染率、线性回收实验、干扰实验、空白限及最低检出限、参考区间范围验证；其结果与罗氏 cobasc 702 全自动生化分析仪检测系统（以下简称罗氏）所测血清超敏 C-反应蛋白结果进行比对分析。

**结果** 迈瑞的重复性能良好，检测高低值全血和血清的 CV 分别为 0.70%、0.58%；1.59%、1.23%。精密度性能良好，检测 CRP 全血和血清批内精密度低值、高值 CV 分别为 1.55%、1.32%；2.17%、1.23%。血清批间精密度的低值、中值 CV 分别为 2.85%、3.10%。全血 CRP 线性范围在 0.61~335.78mg/L，相关系数达到 0.9992；血清线性范围在 0.19~173.52mg/L 范围内，相关系数为 0.9984。携带污染指标<3SD，符合仪器要求。线性回收实验十倍稀释结果回收率在 100%±10%内，干扰实验的各项常见指标及药物干扰等偏倚均在 7%以下。该仪器的最低检出限为 0.044mg/L，参考区间范围 95%以上在 0~4mg/L 之间，符合实验室要求。经比对，迈瑞检测 CRP 的结果与罗氏相关性良好（ $R^2=0.996$ ）。

**结论** 迈瑞测定 CRP 重复性好、精密度佳，携带污染率低，相关干扰物少，线性范围、最低检测限及线性回收实验均满足临床需求，与罗氏相关性好，结果可靠，可在临床门急诊实验室推广使用。

PU-3438

## 华东医院 465 例住院老年尿路感染患者的病原菌分布特点和耐药性分析

孙召洋

复旦大学附属华东医院,200000

**目的** 分析本院住院老年尿路感染患者的病原菌分布特点和耐药情况，为临床住院老年尿路感染患者的预防和用药指导提供实验室参考依据。

**方法** 选取 2018 年 1-12 月期间在复旦大学附属华东医院接受治疗、年龄≥60 岁且尿培养阳性的住院患者 465 名，采用 VITEK MS 和 VITEK2 COMPACT 对尿培养阳性标本进行病原体鉴定和药敏试验，参考 CLSI（美国临床实验室标准化协会）2018 年标准报告药敏试验结果。

**结果** 465 名尿培养阳性的老年住院患者共检出 531 菌株，其中有 31 名患者在住院不同时期检出两种或两种以上不同菌株，多重感染患者 3 例。革兰阳性菌主要为：屎肠球菌 46 株（42.20%）和粪肠球菌 41 株（37.61%）；革兰阴性菌主要为：大肠埃希菌 136 株（49.64%）和肺炎克雷伯菌 44 株（16.06%）。真菌主要为白色念珠菌 87 株（58.78%）。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌中产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶（ESBLs）的比例分别为 56.62%和 56.82%。产 ESBLs 大肠埃希菌对头孢菌素类、氨苄西林/舒巴坦、环丙沙星的耐药率显著高于非产 ESBLs 菌，产 ESBLs 肺炎克雷伯菌对头孢菌素类、氨苄西林/舒巴坦、复方新诺明、环丙沙星、哌拉西林/他唑巴坦、呋喃妥因、庆大霉素、亚胺培南、阿米卡星、美罗培南、磷霉素的耐药率显著高于非产 ESBLs 株；粪肠球菌对庆大霉素 500、氨苄西林、左氧氟沙星、呋喃妥因、米诺环素的耐药率显著高于屎肠球菌，未检测到对利奈唑胺、替考拉宁耐药的肠球菌属，另外检测到一株对万古霉素耐药的屎肠球菌。

**结论** 尿路感染的老年住院患者分离的菌株具有较高的耐药率，临床应根据病原体分布特点及耐药性采取针对性治疗。

## PU-3439

### 研究高脂血对部分生化指标的影响及正己烷的纠正作用

吴晓宾

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 观察高脂血对部分生化指标的影响及用正己烷萃取后是否对某些生化指标具有纠正作用。

**方法** 选取 82 份外观为脂血阳性的标本和各项目检测正常的血液标本作为本次试验的脂血样本。根据甘油三酯含量的不同将其分为 3 组：分别为高脂血 1 组，高脂血 2 组和对照组。用罗氏 Cobas8000 对未处理的样本进行生化检测后，在同一个实验条件下，用正己烷对这三个实验组进行萃取，再用罗氏 Cobas8000 对样本进行生化检测，用处理前后的数据用配对 t 检验的统计学方法进行分析。

**结果** 由高脂血 1 组与对照组两组处理前数据统计可得，肝功 8 项，心酶 3 项和 ASO、RF 项目中只有 GGT 项目差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。由高脂血 2 组与对照组两组处理前数据统计可得，肝功 8 项，心酶 3 项和 ASO、RF 项目中也只有 GGT 项目差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。由高脂血 1 组的处理前后数据统计可知，GGT 项目在处理前后差异无统计学意义( $P>0.05$ )。对照组和高脂血 1 组处理后对比，GGT 项目在处理前后差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。由高脂血 2 组的处理前后数据统计可知，GGT 项目在处理前后差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。对照组和高脂血 2 组处理后对比，GGT 项目在处理前后差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 用正己烷对临床脂血标本进行萃取后,其中对高脂血 1 组的脂血样本没有很好的纠正效果，而对于高脂血 2 组的脂血样本的某些生化检测项目（GGT）有较好的纠正作用，但还是没有达到最理想的萃取效果。

## PU-3440

### 哮喘人群气道细菌群落多样性的初步观察

曹楠楠

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 初步观察哮喘人群气道细菌群落的多样性。

**方法** 呼吸机诱导法收集南方医科大学南方医院呼吸内科 127 例志愿者的痰液。痰液质量检查合格。基于 Illumina Miseq 测序平台，利用 16S rDNA 高通量测序技术，观察哮喘人群气道细菌群落的多样性。

**结果** 在门水平上，哮喘人群气道细菌群落组成主要为拟杆菌门(29.52%)，厚壁菌门(28.61%)，变形菌门(25.42%)，放线菌门(8.38%)和梭杆菌门(5.73%)。在属水平上，哮喘人群气道细菌群落组成主要为普雷沃氏菌属(17.24%)，链球菌属(13.08%)，奈瑟菌属(12.46%)，卟啉单胞菌属(6.52%)，嗜血杆菌属(5.53%)，罗氏菌属(4.23%)，梭杆菌属(3.47%)，放线菌属(2.79%)，韦荣氏球菌属(2.26%)，纤毛菌属(2.18%)。

**结论** 本实验 127 例哮喘志愿者呼吸机诱导痰中的细菌群落 Alpha 多样性数值大，哮喘志愿者气道细菌群落的构成基本一致，其余细菌种属分布较均匀，整体细菌群落丰富度高。

PU-3441

## 89365 例抗体筛查结果分析

王凤霞

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 研究分析不规则抗体 89365 例拟输血患者血清中的抗筛结果,并为临床治疗提供理论依据。

**方法** 回顾性分析在中南大学附属医院湘雅二医院自 2016 年 1 月到 2017 年 12 月共 89365 例输血前检查患者的病例信息,用微柱凝胶技术初筛不规则抗体,抗体初筛阳性后,采用谱细胞进行抗体的类型鉴定。

**结果** 在所有的输血前检查的标本中不规则抗体产生的阳性率是 0.56%,女性不规则抗体阳性占比是 0.79% (337/45279),男性不规则抗体阳性占比为 0.37% (163/44086),其特异性分析  $P<0.001$ ,具有统计学意义,在男女之间有差别;后期的不规则抗体鉴定分析出, RH ,MNS 型为最高,它们分别占比例为 52.8%, 14.6%,其他类型分别是 Lewis、Kidd 、P1PK 和 Duffy,它们分别占比例为 9.4%、3.6%、0.8%和 0.6%,其中无特异性和不确定特异性的分别占比 16%和 1.6%;在 ABO 血型系统中, AB 型为阳性的患者不规则抗体产生的阳性占比最高 1.12% (69/6163),与其它血型 0.52% (431/83202) 其中  $P<0.05$ ,有统计学意义,在 RH 系统中, D 型为阴性的患者不规则抗体阳性的占比 4.27% (20/468),其他抗原阴性占比 0.7%(419/59884),  $P<0.05$ ,具有统计学意义;不规则抗体阳性在有妊娠史和分娩史的女性患者中阳性率 1.6% (314/18556),没有怀孕史比例为 0.07% (23/26723),  $P<0.05$ ,具有统计学意义,而且不规则抗体的阳性率和生产次数呈正相关;不规则抗体阳性患者中血液科肿瘤占比为 2.3%(45/1956),其它实体肿瘤占比 0.39% (77/19507),分析  $P<0.05$  义;老年人(大于 66 岁)在不规则抗体阳性患者占比最大为 0.71% (94/13073),相比之下与其它年龄段 0.53% (406/76292),  $P<0.05$ ,具有统计学意义;

**结论** 对影响血液中不规则抗体产生的因素进行整理和分析,满足为安全输血提供前提保障的临床的要求,进而指导临床确定输血方案,为抗体筛查阳性的患者提供相应的合适的血型为其安全输血提供了保障。

PU-3442

## 动静脉血中碳酸氢根测定相关分析及在血清中的稳定性分析

张磊

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 研究动静脉血中碳酸氢根结果的可比性及不同保存方法和时间对血清碳酸氢根检测结果的影响。

**方法** 分别用 GM3000 血气分析仪与强生全自动生化分析仪对 70 例住院患者的动脉全血和静脉血清样本同时进行碳酸氢根离子检测,采用配对 t 检验和回归方程对结果进行统计学分析;收取当天住院患者血清样本 20 例,分别检测室温敞口时不同时间点碳酸氢根的浓度,计算碳酸氢根浓度的稳定性。

**结果** VITROS 4600 生化分析仪测定结果低于 GM3000 血气分析仪测定结果,但两者结果之间差异无统计学意义( $t=-1.69$ ,  $P>0.05$ )。回归方程相关性分析 2 台仪器测定结果之间具有良好的相关性( $r=0.914$ ,  $P<0.05$ )。静脉血清在室温敞口保存 60 min、120min、240 min 时,碳酸氢根结果分别下降 5.1%、8.8%、10.0%。



**结论** GM3000 血气分析仪与 VITROS 4600 生化分析仪所测定的碳酸氢根离子结果无显著性差异, 具有良好的相关性。随着标本保存时间的延长血清碳酸氢根浓度不断下降, 达不到厂家声明的要求。

#### PU-3443

### The effect of blood bacterial infection on the result of serum (1,3) - $\beta$ -D-glucan detected using a Chinese BG assay kit

Jiali Wu  
the Second Xiangya Hospital

There have been many studies examining whether bacteraemia affects the detection of BG levels in serum using Funglell assay. In this experiment, a kit manufactured by China Zhanjiang A&C Biological Ltd. was used. In this experiment, serum BG levels in bacteremia patients were significantly higher than those in non-bacteremia patients. Serum BG levels were significantly higher in bacteremia patients than in patients with positive BG tests. Among the 23 patients whose blood cultures were fungal, 7 patients (3 of them were *Candida albicans*) had negative BG assay results. Among the 82 patients whose blood cultures were Gram-positive bacteria, 11 patients (there were 10 blood cultures of Gram-positive cocci) were positive for the BG assay. Of the 100 patients with gram-negative blood culture results, 11 patients (5 of them *Enterobacteriaceae*) had positive BG assay results. *Staphylococcus* and *Enterobacteriaceae* bacteria can cause false positives in the G test. G-test positive patients should exclude interference factors in the diagnosis of IFD, and combined analysis of blood culture results.

#### PU-3444

### 血清及支气管肺泡灌洗液半乳甘露聚糖 (GM) 试验对侵袭性肺曲霉病的诊断价值

吴紫薇  
中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 评价血清及肺泡灌洗液(BALF)曲霉菌半乳甘露聚糖(GM)试验对侵袭性曲霉病(IA)的诊断价值。

**方法** 2016 年 1 月至 2018 年 4 月中南大学湘雅二医院 164 例患者纳入最终研究, 根据 2016 美国感染病学会 (IDSA) 指南、2008 年欧洲癌症研究治疗组织 / 国立研究院(EORTC / MSG)真菌病研究小组制定的诊断标准及分级分为肺曲霉病组(19 例)和非肺曲霉病组(144 例), 采用 ELISA 方法检测患者血清及 BALF 中 GM 抗原的吸光度(A)值及 I 值, 并绘制 ROC 曲线, 分析其灵敏度、特异性、阳性预测值、阴性预测值, 求出最佳临界值。

**结果** 以 BALF GM 和血清 GM 结果做 ROC 曲线, 曲线下面积分别为 0.895 和 0.753, 当 BALF GM 值为 0.87 为最佳临界值, 其敏感性为 78.9%, 特异性 88.2%, 阳性预测值为 46.8%, 阴性预测值为 96.9%。

**结论** BALF GM 检测是一种有价值的辅助诊断工具, 且 BALF GM 检测的敏感度高于血清 GM 检测。我们的研究显示 BALF 中 GM 检测的最佳值为 0.87。

## PU-3445

## 探讨腹水和血清中 HE4、CA125、CA724 和 CEA 对鉴别女性盆腔良恶性疾病的应用价值

吴子安

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨腹水和血清中 HE4、CA125、CA724 和 CEA 的表达鉴别不同病种的女性盆腔良恶性疾病的应用价值。

**方法** 运用电化学发光法检测 42 例腹水和血清的标本腹水和血清中的 HE4、CA125、CA724 和 CEA 含量进行分析比较。

**结果** 腹水和血清中的 HE4、CA724 以及腹水 CEA 在女性卵巢恶性肿瘤患者中显著升高 ( $P<0.05$ ), 而 CA125 在女性盆腔良恶性疾病中均可升高。此外, 腹水血清 CEA 比值在良恶性疾病中差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 在 CA125 水平较高的女性患者中, 可以通过检测 HE4、CA724、CEA 可帮助鉴别女性盆腔良恶性疾病, 并且 CA724 的表达水平有助于辅助诊断黏液性癌。此外, CEA 作为非特异性肿瘤指标, 可以辅助诊断腹水的性质, 当 A/S (CEA)  $>1$  时, 对支持女性盆腔恶性疾病诊断具有重要意义, 联合检测 HE4、CA125、CA724、CEA 对盆腔良恶性疾病的鉴别更具有意义。

## PU-3446

## 均相酶免疫法检测尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇方法的性能评价

向哲邑

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 对均相酶免疫法检测尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇进行性能评价, 验证其性能是否满足临床要求。

**方法** 根据 ISO 15189 要求, 参照美国临床和实验室标准协会 (NCCLS) 的相关文件, 对均相酶免疫法检测尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇方法的精密度、正确度、空白限、检出限、定量限、线性范围、参考区间等指标进行性能评价。

**结果** 尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇精密度验证中实测批内精密度、批间精密度、总精密度均小于厂家声称值, 通过验证。正确度验证中简单回收试验的回收率均在 90%~110%之间, 满足厂家声称值, 通过验证。尿 17-羟皮质类固醇实测空白限为 0.06mg/L, 检出限 2.25mg/L, 定量限 3.265mg/L。线性回归方程为  $y=1.03x+2.175$ ,  $r^2$  为 0.976, 线性范围是 3.27 ~ 51.64mg/L。尿 17-酮类固醇实测空白限为 0.77mg/L, 检出限 2.41mg/L, 定量限 3.16mg/L。线性回归方程为  $y=1.03x+1.158$ ,  $r^2$  为 0.989。线性范围是 3.16~ 101.19mg/L。尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇参考区间验证符合率均为 90%, 通过验证。

**结论** 均相酶免疫法检测尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇试剂盒的精密度、正确度、空白限、检出限、定量限、线性范围、参考区间, 通过验证, 能满足临床要求, 可用于临床诊断与治疗。

PU-3447

## 嗜铬细胞瘤实验室诊断方法进展

向哲邑

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 嗜铬细胞瘤(pheochromocytomas and paragangliomas, PPGLs)是一类神经内分泌肿瘤,多起源于肾上腺髓质嗜铬细胞,亦可发生于肾上腺外,此时称为副神经节瘤(paraganglioma, PGL)。嗜铬细胞瘤常引起阵发性高血压和心动过速,严重时危及生命,因此早期的实验室诊断尤为重要。本文对近年来的嗜铬细胞瘤的实验室诊断方法进展做一综述。

PU-3448

## Identification and characteristic analysis of atypical *Aspergillus fumigatus* complex based on different methods

Song Li

Guangdong Provincial Hospital of Chinese Medicine

**Objective** To preliminarily explore the identification methods and clinical infection characteristics of atypical *Aspergillus fumigatus*.

**Methods** Morphological, housekeeping gene sequencing and mass spectrometry techniques were used to identify clinically isolated suspected atypical *Aspergillus fumigatus*, and the clinical infection characteristics were combined for statistical analysis.

**Results** In 18 suspected atypical *Aspergillus fumigatus* strains: (1) Morphological identification showed that 15 strains of atypical *Aspergillus fumigatus* and the remaining 3 strains could not be identified, (2) Fifteen strains of *Aspergillus fumigatus* complex and three strains of *Penicillium* were identified by ITS gene sequencing; Fourteen strains of *Aspergillus fumigatus*, one strain of *Aspergillus terreus*, and three strains of *Penicillium* were identified by calmodulin gene sequencing.  $\beta$ -tubulin gene sequencing was used to identify the 13 strains of *Aspergillus fumigatus*, one strain of *Aspergillus terreus*, three strains of *Penicillium* and one strain that could not be identified, (3) Seventeen strains of *Aspergillus fumigatus* and one strain of *Aspergillus terreus* were identified by MALDI-TOF MS. Preliminary analysis of clinical infection characteristics showed that there was no statistically significant difference in laboratory examination indexes between Typical *Aspergillus fumigatus* and atypical *Aspergillus fumigatus* ( $p>0.05$ ). Atypical *Aspergillus fumigatus* and *Aspergillus fumigatus* isolated from lung tissue can result in consistent CT images and pathological features. [1]

This seems very long for an abstract – it should be summarized into one of two short sentences

**Conclusions** The methods of morphology, gene sequencing and mass spectrometry are complementary to the identification of atypical *Aspergillus*. Combined with GM experiment, G experiment, CT image and pathological examination, this study can more comprehensively understand the clinical infection characteristics of atypical aspergillosis, provide sufficient theoretical basis for the diagnosis of early aspergillosis infection, and provide valuable germ resources for the further study of its structure and functional genomics.

PU-3449

## 阿尔茨海默病血液标志物及其研究进展

项忠元

中南大学湘雅二医院,410000

阿尔茨海默病 (Alzheimer disease, AD), 又叫老年性痴呆, 是一种中枢神经系统变性病, 起病隐袭, 病程呈慢性进行性, 是老年期痴呆最常见的一种类型。主要表现为渐进性记忆障碍、认知功能障碍、人格改变及语言障碍等神经精神症状, 严重影响社交、职业与生活功能。AD 的病因及发病机制尚未阐明, 一般认为 AD 是复杂的异质性疾病, 多种因素可能参与致病, 如遗传因素、神经递质、免疫因素和环境因素等。多年来, 临床和研究学者们对于 AD 相关血液生物标志物做了大量研究, 已经发现一些具有价值的生物标记物, 并且证明这些标志物与 AD 病理生理过程相关。至今, 与 AD 相关血液生物标志物主要有  $A\beta$  相关生物标志物、tau 蛋白相关生物标志物、炎症因子相关生物标志物、脂类代谢相关生物标志物、微血管损伤相关标志物及某些新型标志物等。本文对 AD 血液生物标志物及其研究进展进行综述。

PU-3450

## Long non-coding RNAs expressed in macrophages co-varies with the inflammatory phenotype during macrophages development and polarization

Yixin Xie

Department of Laboratory Medicine, The Second Xiangya Hospital, Central South University, Changsha, Hunan, China

Advances in MicroArray techniques have led to the discovery of thousands of long non-coding RNAs (lncRNAs) with unknown function. The discovery of lncRNAs has provided a new perspective on gene regulation in diverse biological processes, especially in human immune response. Macrophages participate in whole phase of immune inflammatory response. They are able to shape their phenotypes and give rise to a broad range of functional activation after receiving physiological and pathological stimuli. Emerging studies indicate that lncRNAs have crucial roles in gene expression control during macrophages developmental and differentiation processes, as well as inflammatory responses. Here, we review the current knowledge of roles of lncRNAs in the processes of macrophages development and polarization, and their roles in several different inflammatory diseases. We specifically focus on different function ways of lncRNAs in macrophages, which can serve as potential therapeutic targets and diagnostic biomarkers.

PU-3451

## 肝功能与胆碱酯酶相关性研究

闫睿

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 本文主要研究肝功能与胆碱酯酶的相关性。血清胆碱酯酶是肝脏合成的一类糖蛋白, 以多种同工酶形式存在于体内。患者肝功能不全时, 由于合成减弱而分解代谢增强, 血清胆碱酯酶的浓度相应降低。将肝功能不全的程度与胆碱酯酶降低梯度对应, 找到更为确切的评估标准, 测定患者的

血清胆碱酯酶水平，正确评估患者胆碱酯酶与肝功能相关性程度，有助于更全面地评价患者肝功能，排除无关因素影响，成为临床诊断、评估肝功能的一项重要目的。

**方法** 根据患者胆碱酯酶下降的程度理论上可以反映肝功能不全严重程度。本研究采用 ALBI 肝功能分级标准对我院临床肝病患者肝储备功能进行分级，运用 IBM Spss22 系统软件分析对照组与肝病患者组血清胆碱酯酶 Ache 的差异性以及 Ache 数值与肝功能分级的相关程度，以期使临床血清 Ache 的检测对于肝病的诊断提供参考价值。

**结果** 肝病组与健康者对照组血清白蛋白、前白蛋白、总胆红素、Ache 存在显著差异，具有统计学意义。并且按照 ALBI 分级标准，Ache 水平梯度与分级负相关，Ache 水平越低，肝功能分级越高，即肝功能不全程度越重。

**结论** 1.健康对照组与肝病患者组样本血清生化指标相比，两类人群前白蛋白、白蛋白、血清总胆红素、Ache 均有统计学差异 2. 血清 Ache 作为肝脏产生的一种特异性糖蛋白，在提示肝功能损害方面具有意义，对于已知肝病患者，其胆碱酯酶的高低准确反映了肝功能损害严重程度。3. 虽然前白蛋白与肝功能水平呈负相关，但具体到 ALBI 分级中一级与二级的区分上并未有差异。

## PU-3452

### 抗磷脂酶 A2 受体抗体在膜性肾病的诊断和治疗中的临床意义

秦陈浩

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 检测分析抗磷脂酶 A2 受体(PLA2R)抗体浓度对膜性肾病(MN)尤其是特发性膜性肾病(IMN)的诊断价值以及其对疗效的判断价值。

**方法** 收集 2018 年 8 月至 2019 年 4 月在苏州大学附属第二医院诊治的患者特发性膜性肾病 30 例，继发性膜性肾病(SMN)10 例，其他类型肾病 25 例，及同期健康体检者 50 例。用酶联免疫吸附实验(ELISA)定量测定样本血清抗 PLA2R 抗体浓度，COBAS 全自动生化分析仪检测 24h 尿蛋白定量、血清总蛋白、血清白蛋白、血肌酐、尿素氮、尿酸等生化指标。正态分布计量资料以均数±标准差表示，两组间比较用 t 检验，偏态数据用中位数及百分位数 [M (P25~P75)] 表示，两独立样本间比较采用 Wilcoxon 检验，两组配对设计样本间比较采用 Mann-Whitney U 检验，多组间比较采用 Kruskal-Wallis 秩和检验，服从正态分布数据用 Pearson 相关性分析，不服从正态分布用 Spearman 相关性分析，以 P<0.05 为差异有统计学意义。

**结果** 115 例样本中确诊 IMN30 例，抗 PLA2R 抗体阳性 26 例，阴性 4 例；非 IMN85 例，阳性 3 例，阴性 82 例。抗 PLA2R 抗体对 IMN 的诊断特异性为 95.35%，诊断敏感性为 89.66%。IMN 组和非 IMN 组抗 PLA2R 抗体浓度差异有统计学意义，两组之间 24h 尿蛋白定量、血清总蛋白、血清白蛋白、血肌酐、尿素氮、尿酸等生化指标之间没有相关性。另外，两组抗 PLA2R 抗体浓度与各项生化指标均无相关性 (P<0.05)。21 例 IMN 患者根据治疗疗效分为完全缓解组、部分缓解组、未缓解组。完全缓解组和部分缓解组治疗前后抗体浓度均值差异有统计学意义 (P<0.05)，未缓解组治疗前后抗体浓度差异没有统计学意义 (P>0.05)。三组治疗后的抗体浓度差异有统计学意义 (P<0.05)。

**结论** 抗 PLA2R 抗体检测可以辅助诊断 IMN，其浓度监测对治疗效果和预后的判断有较好的价值，可以作为辅助肾穿刺活检诊断 IMN 的重要指标。

## PU-3453

## 血清 H E 4 检测及其在卵巢恶性肿瘤的临床应用进展

杨佳锦

中南大学湘雅二医院,410000

卵巢恶性肿瘤是女性生殖器官常见的恶性肿瘤之一，发病率仅次于子宫颈癌和子宫体癌而列居第三位。但卵巢上皮癌死亡率却占各类妇科肿瘤的首位，对妇女生命造成严重威胁。由于卵巢的胚胎发育、组织解剖及内分泌功能较复杂，早期症状不典型，术前鉴别卵巢肿瘤的组织类型及良恶性相当困难。卵巢恶性肿瘤中以上皮癌最多见，其次是恶性生殖细胞肿瘤。卵巢上皮癌患者手术中发现肿瘤局限于卵巢的仅占 30%，大多数已扩散到子宫，双侧附件，大网膜及盆腔各器官，所以在早期诊断上是一大难题。近年来，人附睾蛋白 4 (human epididymis gene protein 4, HE4) 被认为是卵巢恶性肿瘤的新型肿瘤标志物之一。本文拟对 HE4 的结构、表达、功能和目前的检测方法、技术，血清 HE4 检测在卵巢恶性肿瘤的早期诊断以及治疗后动态监测、预后等临床应用方面的研究进展予以综述。

## PU-3454

**Preliminary Study: the clinical diagnosis, treatment and prognostic value of peripheral blood circulating microRNA-4636/-143/-200c in cervical cancer**

Sheng Yin

The Second Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** Cervical cancer is one of the most common cancers of the female reproductive system and the third leading cause of female death in the world. Our previous study found that microRNAs are stable in human serum and there is a significant difference in the expression of microRNA-4636/-143/-200c in cervical cancer tissues. This article studies the serum miRNA-4636/-143/-200c levels in the diagnosis, treatment and prognostic value of cervical cancer.

**Methods** This study collected 47 cases of cervical cancer, 12 cases of benign cervical disease and 12 healthy control serum samples. All serum samples were subjected to microRNA extraction and differential miRNA-4636/-143/-200c expression was verified by quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR). ROC curve and risk score analysis were used to evaluate the specificity and sensitivity of serum microRNA-4636/-143/-200c in the diagnosis of cervical cancer. Spss25.0 software was used to evaluate the correlation of serum miRNA-4636/-143/-200c levels with pathological stage, differentiation, gross tumor volume and depth of invasion.

**Results** 1) The higher purity serum miRNA-4636/-143/-200c was extracted from clinical serum samples. 2) There were significant differences in serum microRNA-4636/-143/-200c levels between cervical cancer patients and healthy controls ( $p<0.05$ ), benign cervix ( $p<0.05$ ). 3) The peripheral blood microRNA-4636 has good sensitivity and specificity. ROC curve analysis showed that the area under the ROC curve of microRNA-4636 was 0.805, which was significantly higher than that of squamous cell carcinoma antigen (SCC) ( $AUC=0.727$ ). As a cancer marker for cervical cancer, it has diagnostic value. 4) Peripheral blood microRNA-4636/-143/-200c levels were correlated with the differentiation. The lower level of serum microRNA-4636/-143/-200c, the worse differentiation. However, Peripheral blood miRNA-143/-200c levels were correlated with pathological stage ( $p<0.05$ ), excepted miRNA-143 ( $p=0.35$ ). The level of serum microRNA-4636/-200c in FIGO stage II-III cervical cancer pathology was significantly lower than that in stage 0-I cervical cancer patients. MicroRNA-4636 levels were correlated gross tumor volume and the depth of invasion of cervical cancer patients ( $p<0.05$ ). The levels of miRNA-4636/-143 in

peripheral blood were significantly associated with pathological types of cervical cancer. The expression level of miRNA-4636/-143 in adenocarcinoma was higher than that in squamous cell carcinoma.

**Conclusions** Peripheral blood circulating microRNA-4636/-143/-200c has potential cervical cancer diagnosis and prognostic value, and has clinical significance for targeted therapy of cervical cancer.

## PU-3455

### 氟康唑与抗菌肽联合用药对热带念珠菌的体外研究

张建东

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 通过体外实验探讨, 抗菌肽与氟康唑联合用药时对氟康唑耐药热带念珠菌的最低抑菌浓度、生长动力的研究、成熟生物膜的作用。

**方法** 收集中南大学湘雅附二医院检验科对氟康唑耐药的热带念珠菌, 在 96 微孔板中应用微量棋盘稀释法测定两种药物的 FICI;用涂布平板法取不同的时间点绘制热带念珠菌在联合用药条件下的杀菌动力学曲线; 在 96 微孔板中构建目的菌株的生物膜, 通过 XTT 染色法检测联合用药对所选菌株生物膜的抑制和破坏作用。

**结果** 对于本次实验所选的菌株, 氟康唑单独作用时, 药物浓度较高一般都保持在 4 倍的最低联合抑菌浓度, 具体值在 128ug/ml 左右; 抗菌肽虽然单独作用的药物浓度较低, 但也基本保持在 4 倍的最低联合抑菌浓度; 从最终的 FICI 值发现, 本次实验所选的 10 株耐氟康唑的热带念珠菌中, 有 7 株的 FICI 值在 0 到 0.5 之间, 两种药物表现为协同作用, 有 2 株的 FICI 值在 0.5 到 1 之间, 联合用药表现为相加作用, 有 1 株菌的 FICI 值在 1 到 4 之间, 两种药之间为无关作用; 在 4 倍的最低联合抑菌浓度作用下, 通过绘制的曲线发现在 2h 有 50%的左右的目的菌被杀灭, 在 4h 时达到最大杀菌效果, 此时大约有 80%的菌量被杀灭; 不同的联合药物浓度对成熟生物膜的破坏效果不同,在本次实验中最高药物浓度 32 倍的最低联合抑菌浓度破坏程度为 80%, 在 16 倍的最低联合抑菌浓度时有 30%的成熟生物膜被破坏。

**结论** 通过体外实验发现, 抗菌肽与氟康唑的联合用药对热带念珠菌的活性有明显的抑制作用, 抗菌肽与氟康唑的联合用药, 不仅可以降低两种药物的浓度, 而且表现出较强的抑菌活性。对于耐氟康唑的热带念珠菌, 联合用药在临床的治疗上可能是一种较为有效的治疗策略。

## PU-3456

### 胃蛋白酶原 I、II 及其比值在胃恶性肿瘤中的诊断价值

李刚

潍坊市人民医院,261000

**目的** 通过检测胃蛋白酶原 I、II 及其比值在胃恶性肿瘤、萎缩性胃炎, 胃溃疡患者中的结果分析, 研究该指标对胃恶性肿瘤的诊断价值。

**方法** 选取 2018 年 6 月到 12 月在潍坊市人民医院就诊的胃溃疡患者 40 例, 萎缩性胃炎患者 45 例, 胃癌患者 52 例作为研究对象, 同期健康对照 30 例, 分别用发光法检测胃蛋白酶原 I、II 及其比值 PGR

**结果** 胃恶性肿瘤和萎缩性胃炎患者组胃蛋白酶原 I 水平明显低于胃溃疡组和对照组 ( $P<0.05$ ); 胃溃疡组胃蛋白酶原 II 水平高于胃恶性肿瘤、萎缩性胃炎和对照组 ( $P<0.05$ )。PGR 在胃恶性肿瘤和萎缩性胃炎中降低。

**结论** 胃蛋白酶原 I 可以用于诊断萎缩性胃炎并提示胃癌高危；胃蛋白酶原 I、II 及其比值在胃恶性肿瘤中有重要辅助诊断价值，可用于早期筛查。

## PU-3457

### 不同妊娠时期补体水平的变化及其参考区间的建立

张敏洁

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 检测、探讨健康妊娠妇女在妊娠的不同时期血清补体指标——C3、C4 水平的变化，并建立其参考区间。

**方法** 选取 434 例健康妊娠期女性，依据其妊娠阶段分为早、中、晚期三个妊娠组，同时选取 133 例健康未妊娠女性作为对照组；各组受检者的血清补体 C3、C4 水平采用免疫比浊法测定。统计分析其差异，并建立不同妊娠时期血清补体水平的参考区间(Reference intervals, RIs)。

**结果** 健康未妊娠女性血清补体 C3 水平 95%参考区间为 0.554-1.055g/L，血清补体 C4 为 0.104-0.354g/L；健康妊娠女性血清补体 C3 水平 95%参考区间为 0.183-1.019g/L，血清补体 C4 为 0.005-0.225g/L。妊娠各期之间血清补体水平无显著差异，不需建立相应参考区间。

**结论** 妊娠期女性血清补体 C3、C4 水平均低于健康非妊娠女性的补体水平，但不同妊娠期之间血清补体水平无显著性差异。本文成功建立了妊娠时期与非妊娠时期女性血清补体 C3、C4 水平的 RIs，为临床医务工作者和实验室人员提供参考。

## PU-3458

### 基于生物信息学的小细胞肺癌差异基因的筛选与分析

赵梦瑶

中南大学湘雅二医院,410000

本研究旨在利用生物信息学知识，以 GEO 数据库为基础对小细胞肺癌的差异表达基因做一次初步筛选。在 GEO 数据库的众多系列中选出了 GPL962 平台的 GSE1037 系列及 GPL570 平台的 GSE43346 系列，其中 GSE1037 中包含 9 个小细胞肺癌细胞样本及 19 个正常肺组织样本，GSE43346 包含 23 个小细胞肺癌样本及 1 个正常肺组织样本。用 GEO2R 工具分别对两组系列进行差异表达基因的整理，筛选出小细胞肺癌中表达上调 2 倍以上或下调至 1/2 以下的基因。在 DAVID 数据库中对这些差异基因进行功能注释、通路分析，用 STRING 在线分析软件对差异基因分析得出蛋白质互作网络图，找出其关键基因。找出了两个系列的 101 个共同差异基因，其中上调基因 78 个，下调基因 21 个。KEGG 通路分析发现小细胞肺癌中差异表达基因主要参与了细胞周期、卵母细胞减数分裂、p53 信号通路等通路，GO 分析发现上调基因主要参与细胞周期 M 期、非膜性细胞器发育，下调基因主要参与细胞定位、细胞膜形成、细胞粘附等过程。为小细胞肺癌的病因分析、发生发展机制等的研究提供可能的思路 and 方向。



## PU-3459

## PKC $\alpha$ / $\beta$ 通过 TBX3/E-cadherin 信号通路调节膀胱癌细胞 T24 的迁移和侵袭

杜红飞,许颖  
成都医学院第一附属医院

**目的** 研究 PKC $\alpha$ / $\beta$  对膀胱癌细胞 T24 的迁移和侵袭的影响及其分子机制。

**方法** 运用 PKC $\alpha$ / $\beta$  特异性抑制剂 Go6976 处理 T24 细胞: Western blot 检测 PKC $\alpha$ , PKC $\beta$ , p-PKC $\alpha$ , p-PKC $\beta$  的蛋白表达水平; 划痕, transwell 侵袭试验分别检测细胞的迁移、侵袭能力; QRT-PCR、Western blot 分别检测 TBX3、E-cadherin 的 mRNA 和蛋白表达水平。TBX3 的干扰质粒 pGenesil-shTBX3 转染 T24 细胞, QRT-PCR、Western blot 检测 TBX3 的 mRNA 和蛋白表达水平。Go6976 联合 pGenesil-shTBX3 处理 T24 细胞后: 划痕, transwell 侵袭试验分别检测细胞的迁移、侵袭能力; Western blot 分别检测 E-cadherin 的蛋白表达水平

**结果** Go6976 能够降低 PKC $\alpha$ 、PKC $\beta$  的磷酸化水平, 抑制 T24 细胞的迁移和侵袭能力, 下调 TBX3 的 mRNA 和蛋白表达水平, 促进 E-cadherin 的 mRNA 和蛋白表达。pGenesil-shTBX3 干扰质粒能够有效的抑制 TBX3 的 mRNA 和蛋白表达水平。Go6976 联合 pGenesil-shTBX3 处理 T24 细胞后, 能够明显的增加 E-cadherin 的表达, 同时, 进一步抑制 T24 细胞的迁移、侵袭能力。

**结论** PKC $\alpha$ / $\beta$  可通过 TBX3/E-cadherin 信号通路来调节膀胱癌细胞的迁移、侵袭能力

## PU-3460

## 辅助性 T 细胞分化相关转录因子在常见炎性肠病患者外周血中的表达水平研究

范英子,夏莉惠,石岚瑞,许颖  
成都医学院第一附属医院(原: 中国人民解放军第四十七医院), 610000

**目的** 初步探究临床常见结肠病变患者 Th 细胞分化相关转录因子在外周血免疫微环境中的表达情况

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 检测 45 例健康体检者、60 例结肠息肉患者、50 例结肠炎患者外周血的中 GATA-3, ROR, T-bet 的表达量, 分析与中性/淋巴比值的及性别的相关性

**结果** 结肠息肉患者 GATA-3/ROR 的 mRNA 相对表达量与正常人群差异不大; T-bet 的 mRNA 水平在结肠息肉和结肠炎中分别为  $0.687 \pm 0.882$  和  $1.835 \pm 0.987$ , 与正常对照无统计学差异; 结肠炎中, GATA-3/ROR 的 mRNA 相对表达量均显著升高, 其中 GATA-3 的 mRNA 水平为  $26.53 \pm 3.270$ , ROR 的 mRNA 水平为  $38.257 \pm 7.680$ , 于正常人群相比均具有显著的统计学差异 (GATA-3:  $P=0.0012$ , ROR:  $P=0.0026$ ), 见表 1、图 1。在结肠息肉患者中, 男性患者外周血 GATA-3 表达水平高于女性患者, 而 T-bet 和 ROR 水平在女性患者外周血中表达有所升高, 均无显著统计学差异; 结肠炎患者中, 男性患者外周血 GATA-3 表达水平高于女性患者, T-bet 表达水平在女性患者外周血中表达有所升高, ROR 在外周血中的表达水平在男性和女性患者中相似, 均无显著统计学差异, 见表 2。除结肠炎患者 T-bet 水平与外周血中性/淋巴细胞比值呈现负相关的趋势 ( $r=0.646$ ), 其他转录因子表达水平与两种肠道病变外周血中性/淋巴细胞比值均无显著统计学差异, 见图 2、图 3。

**结论** Th 细胞分化相关转录因子在炎性肠病外周血免疫微环境中的表达失衡与炎性肠病的发生发展有关。

PU-3461

## 脑脊液细胞学联合病理免疫组化诊断肺腺癌 脑膜转移 1 例

宋颖博,蒋菲,张新  
新疆生产建设兵团总医院,830000

**目的** 探讨脑脊液细胞学联合病理免疫组化在脑膜转移癌的诊断价值。

**方法** 对 1 例卒中样起病患者进行常规实验室、超声和影像学等相关检查,同时行腰椎穿刺,采用薄层离心细胞学技术制备脑脊液细胞学涂片,瑞氏染色后显微镜观察脑脊液细胞形态,发现异常细胞后进行病理石蜡包埋免疫组化染色。

**结果** 患者血清肿瘤标志物癌胚抗原、糖类抗原 15-3 和糖类抗原 19-9 结果异常,其它常规实验室检查结果无特殊。脑脊液表现为脑脊液细胞总数略偏高,脑脊液蛋白升高,脑脊液葡萄糖与氯化物轻度降低。脑脊液细胞学检查发现片中散在或聚集的肿瘤细胞,肿瘤细胞特征:细胞体积大小不等;胞浆嗜碱性深染,并含紫红色颗粒;胞膜多毛刺样突起;核大,核染色质粗,核浆比例失调,核仁增多且清晰,亦见双核细胞和有丝分裂细胞。脑脊液石蜡包埋切片免疫组化结果提示腺癌细胞,免疫组化:CK7(+)、CK20(-)、Villin(-)、CK8(+)、TTF-1(+)、P63(-)、CK5/6(-)和 GFAP(-)。颅脑增强 MRI 示脑膜异常强化;双肺 CT 增强示左肺下叶背段异常改变,纵膈内肿大钙化淋巴结影,双侧胸膜增厚,提示肺癌。患者最终诊断:肺腺癌。

**结论** 脑脊液细胞学联合病理免疫组化有助于确定脑膜转移癌细胞的性质。

PU-3462

## 溴甲酚绿法检测低浓度血清清蛋白的偏差分析和 临床诊断 应用的局限性

刘非,邱先桃,杨丽媛,陈小娟,赵学芹,丘媛媛,张素娟,杨红玲  
广州市妇女儿童医疗中心,510000

**目的** 为推荐临床正确选择适合的血清清蛋白测定方法,评估溴甲酚绿法(BCG)与免疫比浊法在临床常见患者中血清清蛋白检测结果的差异。

**方法** 选择血清清蛋白浓度在 8.0~60.0 g/L 内的样本 40 例,同时采用 BCG 法和免疫比浊法检测血清清蛋白,绘制散点图,观察数据分布情况,并计算线性拟合方程。以免疫比浊法为标准,评价 BCG 法偏差的大小和特征。针对偏差较大的患者类型和常见患者类型,扩大样本观察 BCG 法的检测偏差。

**结果** 两种方法检测血清清蛋白浓度存在线性关系,回归方程为  $y = 1.2x - 7.8456$ ,  $R^2 = 0.9821$ 。BCG 法与免疫比浊法的差值与清蛋白浓度高度负相关( $P < 0.01$ , 相关系数为 -0.854)。清蛋白浓度越低,两者差值越大,与免疫比浊法相比,BCG 法评估血清清蛋白水平呈正偏向。肾病综合征患者中,BCG 法高估血清清蛋白达 4~10g/L;孕产妇中 BCG 法高估血清清蛋白达 2~5g/L;新生儿和急性淋巴细胞白血病患者 BCG 法偏差在  $\pm 2$ g/L 内。

**结论** BCG 法检测低浓度血清清蛋白有其局限性。对肾病综合征、孕产妇和低蛋白血症等患者采用免疫比浊法正确评估血清清蛋白浓度,可提高临床的诊断、疗效观察和预后评估等的管理水平。

## PU-3463

## CRL3 泛素连接酶调控抑癌蛋白 RhoB 在肝癌中降解机制的研究

刘越,王诗雯,鲜敬荣,张艳梅,赵虎

上海市复旦大学附属华东医院

**目的** CRLs (Cullin-RING ligases) 是细胞内最大的多亚基泛素连接酶家族, 调控真核生物体内 20% 蛋白质的降解。CRLs 由 Cullin、RING、底物识别亚基等几个部分组成。Cullin3 是 Cullin 家族蛋白的成员之一 (包括 Cullin1, 2, 3, 4A, 4B, 5, 7, 9), 其介导的底物降解参与调控细胞分化、氧化应激、细胞骨架重组等重要的生物学过程。研究表明, CRL3 在肿瘤中高度活化, 是潜在的抗肿瘤分子靶点。RhoB (Ras homolog gene family, member B) 是小 GTP 酶蛋白质 Rho 家族的成员之一, 参与调控细胞周期、凋亡、囊泡运输等多种生理学过程。研究发现, RhoB 在肿瘤组织中的表达显著降低, 但其在肿瘤中的降解机制尚未完全阐明。本文旨在阐明 RhoB 降解的分子机制, 提供潜在抗肝癌治疗靶点。

**方法** ①培养肝癌细胞系 Huh7 和 HepG2; ②RNA 干扰下调 Cullin3 的 mRNA 水平; ③蛋白免疫印迹检测 Cullin3 和 RhoB 蛋白的表达水平; ④蛋白免疫印迹检测 RhoB 的泛素化修饰水平。

**结果** 干扰 Cullin3 后 RhoB 发生明显积聚。蛋白质半衰期实验证实了干扰 Cullin3 显著减缓 RhoB 的降解速率, 提示由 Cullin3 蛋白形成的 CRL3 泛素连接酶复合物调控抑癌蛋白 RhoB 的降解。下调 Cullin3 表达抑制 CRL3 泛素连接酶活性, 显著抑制了 RhoB 蛋白质泛素化修饰, 表明 CRL3 可调控 RhoB 的泛素化降解。

**结论** 本文初步探讨了 CRL3 泛素连接酶调控抑癌蛋白 RhoB 降解的分子机制和 CRL3 泛素连接酶调控肝癌的发生发展机理, 从而为实现针对该通路的肿瘤靶向治疗提供科学依据。

## PU-3464

## 地西他滨联合 CAG 治疗中、高危骨髓增生异常综合征及急性髓系白血病的疗效与安全性的 meta 分析

张婧玲,曹颖平,李景岗

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 系统评价地西他滨联合 CAG 方案 (DCAG 方案) 治疗中、高危 MDS 及 AML 的临床疗效及安全性。

**方法** 计算机检索 PubMed、EMbase、The Cochrane Library、WanFang Data 和 CNKI 等数据库, 搜集 DCAG 方案对比地西他滨单药方案或 CAG 方案治疗中、高危 MDS 及 AML 的随机对照试验(RCT), 检索时限从建库至 2018 年 3 月。所纳入 RCT 依据 Cochrane 风险偏倚评价工具进行质量评价, 采用 RevMan 5.3 进行 Meta 分析。

**结果** 共纳入 24 个 RCT, 包括 1557 例中、高危 MDS 及 AML 患者, 其中 594 名 AML 患者, 590 名 MDS 患者。试验组采用 DCAG 方案, 对照组采用地西他滨单药方案或 CAG 方案。Meta 分析结果显示: 与对照组比较, DCAG 方案治疗中、高危 MDS 及 AML 患者的完全缓解率高(RR=1.63, 95% CI=1.43 ~ 1.85, P<0.000 01), 总体有效率也高(RR=1.35, 95% CI=1.24 ~ 1.46, P<0.000 01); 亚组分析结果显示, 在完全缓解率方面 DCAG 方案好于 CAG 方案(RR=1.71, 95% CI=1.49 ~ 1.97, P<0.000 01), 而稍好于地西他滨单药方案(RR=1.43, 95% CI=1.08 ~ 1.91, P=0.01)。不良反应方面, 两组的肺部感染、消化道反应、骨髓抑制、出血事件发生率无统计学意义(P>0.05)。

**结论** DCAG 方案治疗中、高危 MDS 及 AML 具有切实而显著的疗效, 且优于 CAG 方案和地西他滨单药方案, 两者不良反应事件发生无统计学差异。由于缺乏大样本 RCT 的支持, 上述结论尚待更多高质量研究予以验证。

## PU-3465

### 老年脑梗死患者危险因素实验室分析

李鹤, 张如霖, 孙懿, 伍均, 李莉  
上海市第一人民医院, 200000

**目的** 了解老年脑梗死患病的危险因素实验室指标。

**方法** 随机筛选于 2018 年入住我院的 59 例复发脑梗死老年患者, 将其作为实验组, 同时选同时的 196 例初发脑梗死老年患者, 将其作为对照组, 回顾性分析 2 组临床资料, 分析老年患者脑梗复发实验室危险因素。

**结果** T 检验显示 CHOL, LDL 和 APO-A1 是老年患者脑梗死复发的危险因素; 曼-惠特尼秩和检验显示 APO-B 和 APO-E 是老年患者脑梗死复发的危险因素; 卡方检验显示男性是老年患者脑梗死复发的危险因素。

**结论** 针对脑梗死患者的实验室指标的检测, 对于脑梗复发预防具有重要参考价值。

## PU-3466

### 非酒精性脂肪性肝炎的潜在生物标志物筛选研究

廖深玲<sup>1</sup>, 何詠<sup>2</sup>  
1. 四川大学华西临床医学院, 610000  
2. 四川大学华西医院, 610000

**目的** 寻找由单纯脂肪肝变 (NAFL) 发展为非酒精性脂肪性肝炎 (NASH) 的潜在生物标志物, 辅助 NASH 的诊断。

**方法** 在 GEO 数据库中筛选非酒精性脂肪性肝炎病人的 mRNA 芯片数据和 microRNA 芯片数据, 芯片数据均来源于肝组织。将 mRNA 芯片样本数据分为三组: 健康组、单纯脂肪变组、NASH 组, microRNA 样本数据分为两组: 健康组和 NASH 组。利用生物信息学分析平台对筛选出的 mRNA 样本数据进行差异基因筛选 ( $p < 0.01$ ), 然后对差异基因进行功能分析 (GO-Analysis), 了解差异基因富集哪些功能类别或细胞定位; 对筛选出的 microRNA 样本数据进行差异 microRNA 筛选 ( $p < 0.05$ ), 然后对差异 microRNA 进行靶基因预测, 了解差异 microRNA 调控的基因。将差异 microRNA 预测的靶基因与 mRNA 芯片数据中获得的差异基因功能分析结果联合, 构建功能性 microRNA 调控网络和 microRNA 靶基因调控网络, 寻找相关性最大的 microRNAs。

**结果** has-miR-20a-5p, has-miR-17a-5p, has-miR-106a-5p, has-miR-30b-3p, has-miR-92a-3p 表达水平显著下调; has-miR-200c-3p, has-miR-200a-3p, has-miR-199a-5p, has-miR-221-3p 表达水平显著上调

**结论** microRNAs 可能调控 LCOR、PHC3、ABCA1 等基因的表达, 影响转录调控、生化代谢、细胞形态形成等生物学功能, 在 NASH 的发展中有重要意义。

## PU-3467

## 中国 CRF01\_AE 型 HIV-1 感染者逆转录酶基因自然多态性及获得性耐药相关突变分析

孙泽松,赵彬,安明辉,王琳,丁海波,尚红,韩晓旭

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 中国 CRF01\_AE 型 HIV-1 流行毒株与作为耐药判读标准的 B 亚型毒株药物靶区基因差异大,其自然多态性对治疗后产生获得性耐药突变的种类及频率的影响尚未有定论。本研究通过分析治疗前中国 CRF01\_AE 毒株多态性及比较一线方案 TDF/3TC/EFV 治疗失败的 CRF01\_AE 型感染者治疗前后的 pol-RT 基因变异情况,为科学解析 CRF01\_AE 型 HIV-1 耐药提供科学依据。

**方法** 选择 2002 至 2017 年中国沈阳市接受一线抗病毒治疗长期随访队列中的 2034 例 CRF01\_AE 感染者及其中 42 例接受 TDF/3TC/EFV 治疗但因耐药导致治疗失败者,分析治疗前 HIV-1 耐药基因型数据及治疗失败者治疗前后耐药基因型数据,以 Stanford HIVdb 分析耐药突变,以二项分布及 McNemar 检验分析突变频率变化,以 CorMut 软件分析突变相关性,以深度测序分析共突变的时序关系。

**结果** 治疗前 2034 条序列主要属于中国 CRF01\_AE 进化簇 4 (20.5%) 和 5 (74.8%)。RT 基因编码的 53 个氨基酸存在自然多态性,31 个氨基酸位点突变频率显著高于 B 亚型毒株,其中包括 5 个已知耐药相关突变位点 (238、118、179、103 和 40),且除 238 外其余均为次要耐药突变。

42 例 CRF01\_AE 感染者治疗失败后最常见的 NRTIs 类突变为 K65R (59.5%)、M184V (38.1%) 和 A62V (14.3%); NNRTIs 类突变为 G190S (54.8%)、Y181C (40.5%) 和 K101E (35.7%); 治疗失败前后 RT 基因序列相比,14 个位点 (62、65、68、70、75、101、103、106、115、179、181、184、190 和 228) 的突变频率显著提高 ( $P<0.05$ ),其中 V75L 和 L228R 均分别提高 11.9%,且二者均为尚未有注释的突变,可能为 CRF01\_AE 毒株新的耐药相关突变,其余均为已知的次要耐药突变;共突变分析发现 L228R 与已知耐药突变 Y181C 间存在一定的关联性趋势 ( $p=0.075$ );深度测序发现 Y181C 有助于病毒进化出 L228R。

**结论** HIV-1 CRF01\_AE 毒株 RT 基因编码氨基酸存在大量自然多态性、耐药相关自然多态性及亚型特异性耐药突变,主要以次要突变的形式存在,可能提高病毒适应性,促进主要耐药突变发生发展,需要加强 CRF01\_AE 的表型耐药研究。

## PU-3468

## 液体活检技术在肺癌精准医疗中的应用

苏海翔<sup>1,3</sup>,刘超敏<sup>3,2</sup>,郭亚楠<sup>3,2</sup>,王涛<sup>3</sup>,郭红云<sup>3</sup>,何贵山<sup>1</sup>

1.甘肃省肿瘤医院,730000

2.甘肃中医药大学

3.甘肃省医学科学研究院

**目的** 肿瘤精准医疗的发展方向之一是无创诊疗,其中液体活检愈来愈受诊断业界的关注。

**方法** 液体活检通过无创方式检测各种体液中的循环肿瘤细胞、循环肿瘤 DNA、外泌体等肿瘤来源的生物标志物,动态反应疾病的进展,为肿瘤的早期诊断、预后评估、疗效监测、复发转移检测和个体化诊疗等提供简便快捷手段。肺癌,特别是非小细胞肺癌对靶向治疗的响应预测取决于大量生物标志物,如 EGFR、ALK、ROS-1 和 PD-L1。

**结果** 生物标志物检测最常见的是用手术切除样本来完成的。但组织样本的获取尤其是重复获取是困难的,液态活检恰好弥补了这一缺陷。

**结论** 本综述主要讨论液态活检技术及血浆来源的循环肿瘤 DNA 分析方法在非小细胞肺癌患者中的应用。

PU-3469

## 铜绿假单胞菌耐药性的研究进展

张容琛

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 就目前临床实验方面对上述耐药性的相关研究逐一简要的综述介绍。

**方法** 对近年来一些有关铜绿假单胞菌耐药性的研究进展方面的文章进行综述

**结果** 铜绿假单胞菌耐药性的产生往往不是由于单一的因素造成的, 抗菌药物的使用频度、临床用药管理模式也是不容忽视的重要因素之一, 有文献报道抗菌药物的长期应用或滥用是造成铜绿假单胞菌多重耐药的主要危险因素。了解其耐药的具体机制有助于我们深入认识铜绿假单胞菌, 以采取相关手段措施避免耐药株的产生并帮助指导临床治疗, 并不断开发出新的抗菌药物以针对之。

**结论** 我们对铜绿假单胞菌耐药性的研究还处于较肤浅的阶段, 对相关认识尤其是主动泵系统和生物膜系统的认知还不够深入, 这些都是今后必须解决的问题和研究的方向。

PU-3470

## 西宁市高原人群的高尿酸血症的流行病学分析

罗梦琳,罗玉丽,王青云

青海省人民医院,810000

**目的** 了解西宁市高原人群高尿酸血症(HUA)的流行病学特点, 为疾病的防治起到作用。

**方法** 采用整群抽样的方法, 在西宁市 10 个社区调查 362 名常住居民的高尿酸血症与痛风的患病情况, 结果用  $\chi^2$  检验分析。

**结果** 调查的 362 名居民血尿酸平均 HUA 总患病率为 12.4%。其中男性 HUA 患病率为 13.9%, 女性 HUA 患病率为 10.7%。汉族居民 HUA 患病率为 11.0%, 回族居民 HUA 患病率为 13.7%。

**结论** 西宁市 HUA 及痛风患病率较全国平均水平高, 且男性患病率高于女性, 老年高于青年, 回族高于汉族。

PU-3471

## NDM-1 阳性大肠埃希菌分子生物学特征

黄江庆,李彬,曹颖平,兰芳俊,何清雯

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探讨产 bla<sub>NDM-1</sub> 大肠埃希菌临床分离株的耐药机制及分子分型。

**方法** 收集 2014 年 8 月-2015 年 8 月福建医科大学附属协和医院临床分离非重复大肠埃希菌 700 株, 采用 PCR 检测 bla<sub>NDM-1</sub> 基因; 采用法国梅里埃 Vitek-2 Compact 系统检测 bla<sub>NDM-1</sub> 基因阳性菌株及其接合子药物实验; 对 bla<sub>NDM-1</sub> 基因阳性菌株, 采用 PCR 检测其毒力基因、O 抗原分型、系统发育分型以及其他  $\beta$  内酰胺酶基因; 通过接合试验验证 bla<sub>NDM-1</sub> 基因能否水平转移, 利用肠杆菌基因重复一致序列分析(ERIC-PCR)和多位点序列分型(MLST)进行菌株同源性分析。

**结果** 700 株大肠埃希菌中有 4 株(0.6%) bla<sub>NDM-1</sub> 基因阳性菌株; 药敏结果显示 bla<sub>NDM-1</sub> 阳性菌对  $\beta$  内酰胺类抗生素高度耐药, 系统发育分型显示 2 株属于 B1 群, A 群和 D 群各一株; bla<sub>NDM-1</sub> 阳性菌中检测到七种不同的毒力基因; EC12 菌株血清型分型为 O8, 其余未能分型; bla<sub>NDM-1</sub> 阳性分离株共同携带其他  $\beta$  内酰胺酶基因(bla<sub>TEM-1</sub>、bla<sub>CTX-M-14</sub> 和 bla<sub>CTX-M-15</sub>)。接合实验有 3 株菌是成功的, 质粒分型结果显示含有 bla<sub>NDM-1</sub> 基因的质粒属于 Inc FIB、Inc I1 和 Inc P。ERIC-PCR 显示四

种 bla<sub>NDM-1</sub> 阳性菌株被分为三种不同的型别; MLST 显示, 四株 bla<sub>NDM-1</sub> 菌株分为四种不同类型: ST156、ST167、ST405 和 ST648。

**结论** 该院产 bla<sub>NDM-1</sub> 大肠埃希菌阳性菌株流行率较低, 但具有广泛的耐药谱, 同时携带多种耐药基因和毒力基因, 以非克隆播散方式在该院流行。

## PU-3472

### TCF7L2 rs7903146 基因多态性与 T2DM 合并 CHD 相关性研究

骆时木

福建医科大学附属泉州市第一医院

**目的** 探究转录因子 7 类似物 2 (Transcription factor 7-like 2, TCF7L2) 基因 rs7903146 位点多态性与 2 型糖尿病合并冠心病发病风险相关性和与血糖、血脂水平的相关性。

**方法** 选取福建医科大学附属泉州第一医院就诊患者和健康体检者作为研究对象, 分为对照组 100 例, 2 型糖尿病组 (T2DM 组) 100 例, 冠心病组 (CHD 组) 100 例, 2 型糖尿病合并冠心病 (T2DM+CHD 组) 100 例。采用高效液相色谱法检测 HbA1c。采用全自动生化分析仪测定血清中 TC、TG、HDL-C、LDL-C、ApoA、ApoB。采用 Qiagen 全血基因组 DNA 快速提取试剂盒提取外周血 DNA, 用 BioTeke 浓度检测仪检测 DNA 浓度及纯度, 用 PCR 法对 TCF7L2 rs7903146 测序。使用 SPSS18.0 软件进行数据整理和统计学分析。

**结果** 1. 在 400 名研究对象中携带 CT 突变杂合子者 29 名, 其中正常对照 5 名, T2DM 组 9 名, CHD 组 7 名, T2DM+CHD 组 8 名。2. TCF7L2 基因 rs7903146 位点 CC/CT 基因型分布在各组间无统计学差异 ( $P > 0.05$ ), C/T 等位基因分布在各组间也无统计学差异 ( $P > 0.05$ )。亦未发现各等位基因和各基因型与 T2DM、CHD、T2DM+CHD 具有统计学意义关联 ( $P > 0.05$ )。3. 未发现各组中 CC/CT 基因型间血糖血脂水平具有统计学差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 在泉州地区汉族人群中 TCF7L2 rs7903146 多态性与 T2DM、CHD、T2DM+CHD 无显著性联系且与血糖、血脂水平亦无显著性相关。

## PU-3473

### Plasma MiR-1273g-3p acts as a potential Biomarker for Breast Ductal Cancer

HUAN GUO<sup>2,1</sup>, Haining LI<sup>2,1</sup>, Yanxiang GUO<sup>1</sup>, Hongyun GUO<sup>2,1</sup>, Tao WANG<sup>2,1</sup>, Xiaoyi CHEN<sup>1</sup>, Lan WANG<sup>2,1</sup>, Haihong ZHOU<sup>2,1</sup>, Haixiang SU<sup>2,1</sup>

1. Gansu provincial cancer hospital

2. Gansu Provincial Academic Institute for Medical Sciences

**Objective** Circulating miRNAs could be present in plasma in a stable manner and have been demonstrated their potential role as a promising biomarkers in many human diseases, such as Alzheimer's disease, melanoma and ovarian carcinoma. However, few circulating miRNAs could be used for breast ductal cancer diagnosis.

**Methods** Here, we identified miR-1273g-3p as a biomarker for detecting breast ductal cancer. We detected miR-1273g-3p levels in the plasma of 39 sporadic breast ductal cancer patients and 40 healthy donors by Stem-loop Quantitative Real-time PCR (qRT-PCR).

**Results** The results showed the plasma miR-1273g-3p level were significantly up-regulated in breast ductal cancer patients compared with healthy donors ( $P=0.0139$ ). Receiver operating characteristic (ROC) curve also revealed the significantly diagnostic ability of miR-1273g-3p in patients ( $P=0.0414$ ). In addition, the plasma level of miR-1273g-3p was closely related to IIIB-IIIC

TNM stage. We also confirmed the higher expression level of miR-1273g-3p in breast cancer cell lines MCF-7 ( $4.872 \pm 0.537$ ) than normal breast cells (HsBST-578).

**Conclusions** Taken together, miR-1273g-3p could represent as a novel biomarker for early breast ductal cancer diagnosis.

#### PU-3474

### Efficacy and Safety of Iron Chelator for Transfusion-Dependent Patients with Myelodysplastic Syndrome: A Meta- Analysis.

Jingling zhang, Yingping Cao, Jinggang Li, Jin Liu, Pengchong Shi  
Fujian Medical University Union Hospital

**Objective** To systematically evaluate the efficacy and safety of iron chelator for transfusion-dependent patients with MDS patients. A total of 13 cohort studies were included in this study, with 12,990 patients diagnosed with MDS.

**Methods** PubMed, EMBASE, The Cochrane Library, WanFang Data and CNKI databases were searched to collect randomized controlled trials (RCTs) from inception to March, 2019. The quality of each RCT was evaluated by the NOS quality evaluation for assessing the risk of bias. Then, data were analyzed by using RevMan 5.3.

**Results** A total of 13 cohort studies were included in this study, with 12,990 patients diagnosed with MDS. Meta-analysis results showed that: In transfusion-dependent MDS patients with secondary iron overload, the OS of MDS patients receiving iron chelators was longer ( $HR=0.52$ ,  $95\%CI=0.43$  to  $0.62$ ,  $P<0.001$ ), and LFS was longer ( $HR=0.84$ ,  $95\%CI=0.76$  to  $0.93$ ,  $P=0.001$ ) than that of MDS patients not receiving iron chelators ( $HR=0.52$ ,  $95\%CI=0.43$  to  $0.62$ ,  $P<0.001$ ), which was also present in patients with lower risk MDS ( $HR=0.50$ ,  $95\%CI=0.43$  to  $0.59$ ,  $P<0.001$ ) by further subgroup analysis. Subgroup analysis of DFX, showed that compared with those not treated with iron chelator, the group receiving DFX monotherapy also had significantly benefits in improving the OS ( $HR=0.43$ ,  $95\%CI=0.27$  to  $0.69$ ,  $P<0.001$ ). In terms of tolerance, meta-analysis of the binary variables of CAE showed that the occurrence of CAE could be significantly reduced by the ICT ( $RR=0.64$ ,  $95\%CI=0.57$  to  $0.71$ ,  $P<0.001$ ).

**Conclusions** Iron chelators provide survival benefits for MDS patients with transfusion dependence, mainly in terms of prolonging the OS and LFS, and the cardiac tolerance is relatively good.

#### PU-3475

### 药物对实验室检验结果的干扰作用

苏海翔<sup>2,1</sup>, 江秀娟<sup>1</sup>

1. 甘肃省肿瘤医院, 730000

2. 甘肃省医学科学研究院

**目的** 了解有关特殊药物对实验室检验结果的干扰方面的新进展。

**方法** 对美国 FDA 批准的药品清单中已经明确的药物和实验室检验之间的相互干扰 (Drug-related laboratory test interference or drug/laboratory test interactions, DLTI) 药物加以综述。数据来源于 DailyMed, 包含用于人类的单一成分药物 1368 种, 其中 134 种对实验室检测有干扰。

**结果** DLTI 是实验室错误的主要原因之一。

**结论** DLTI 关系到临床诊断和病人病情的监测, 需要加以重视。



## PU-3476

## 肾移植受者 BKV、JCV、CMV、EBV 四种病毒监测的临床研究

郑诗瑶

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探究移植术后 BKV、JCV、CMV 和 EBV 在肾移植受者中的感染分布状况, 分析病毒监测的重要性、病毒感染与肾移植受者肾功能的相关性以及对其治疗方案的影响。

**方法** 运用荧光定量 PCR 技术检测肾移植受者全血和中段尿中的病毒载量, 以 2017.07-2018.12 到南方医科大学珠江医院器官移植门诊及器官移植中心就诊的肾移植受者作为研究对象, 对其 BKV、JCV、CMV 和 EBV 的检测数据进行回顾性分析。

**结果** 分析四种病毒的检测概况, 可知除了 EBV 仅检测全血外, 其它三种病毒在中段尿中的阳性率均高于全血。标本 CMV 阳性率高于其它三种病毒, 提示肾移植受者感染 CMV 的可能性大于 BKV、JCV 和 EBV, 当全血和中段尿中均检测出 CMV 时两者的浓度具有显著性相关。从病毒共感染的数据分析中可知中段尿共感染 BKV、JCV 组或者共感染 CMV、BKV 组与无感染组相比血清肌酐和尿素水平差异无统计学意义, 而全血中共感染 CMV、BKV 组与无感染组、仅感染 CMV 组与无感染组相比血清肌酐和尿素水平差异具有统计学意义。提示血中感染 CMV 会影响移植肾的功能, 影响预后, 因此应及时进行抗病毒治疗以及调整免疫抑制剂的使用方案来降低血中 CMV 的病毒载量来保护肾功。在本研究范围内暂时不能证明感染两种病毒比单独的病毒感染更能加重肾功能的损害。

**结论** 应重视肾移植术后巨细胞病毒、EB 病毒、BK 多瘤病毒和 JC 多瘤病毒的感染可能, 肾移植受者应定期随访监测四种病毒, 这为临床及时、恰当地使用抗病毒药物和调整免疫抑制剂提供依据。

## PU-3477

## 高效液相色谱法检测糖化血红蛋白干扰因素分析

刘晓云

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 通过回顾性分析不同类型地中海贫血和临床疾病对高效液相色谱法糖化血红蛋白检测系统的影响。

**方法** 收集 2017 年 3 月 1 号至 2019 年 4 月 10 号地中海贫血基因检测异常同时又有检测糖化血红蛋白的病例共 284 例, 和 2017 年 3 月 1 号至 2019 年 1 月 31 号所有糖化血红蛋白干扰 (本文中的干扰是指糖化血红蛋白检测不出) 并排除已经检出地贫基因的病例共 117 例。

**结果**  $\beta$  地贫基因对糖化血红蛋白的干扰率显著大于  $\alpha$  地贫基因 ( $P < 0.05$ ), 不能认为不同类型  $\alpha$  地贫基因对糖化血红蛋白的干扰有差异 ( $P > 0.05$ ), 不同类型  $\beta$  地贫基因对糖化血红蛋白干扰有明显差异,  $\beta$  地贫基因中的 CD17、CA27/28、CD41-42、-28(A-G) 和 IVS-II-654 部分对糖化血红蛋白产生干扰, CD56、CD22、中国型缺失型、SEA-HPFH(东南亚型) 和双重杂合突变的干扰率为 100%, 但 MCV 和 MCH 的水平却不相同。分析  $\beta$  地贫基因检测异常的糖化血红蛋白干扰组和不干扰组的年龄分布, 干扰组和不干扰组的年龄有显著差异 ( $P < 0.05$ ), 干扰组的年龄大于不干扰组。分析不同疾病对糖化血红蛋白的干扰情况, 在观察的样本范围内没有发现性别和年龄会对不同疾病组糖化血红蛋白干扰产生影响 ( $P < 0.05$ ), 糖尿病肾病组占比最大 (38%), 其他组间占比差异不大。

**结论**  $\beta$  地贫基因中的 CD17、CA27/28、CD41-42、-28(A-G) 和 IVS-II-654 检出者的糖化血红蛋白检测结果未必能正确反映测定前 120 d 的平均血糖水平, 因此应参考血糖水平来分析糖化血红蛋白

的检测结果。对于年龄较大的 CD56、CD22、中国型缺失型、SEA-HPFH(东南亚型)和双重杂合突变的检出者,不建议检测糖化血红蛋白。

## PU-3478

### 异常凝血酶原与甲胎蛋白在肝癌疗效监测中的比较

陈思妍

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探讨血清异常凝血酶原(PIVKA-II)和甲胎蛋白(AFP)在肝癌中的诊断以及疗效监测中的价值。

**方法** 选取2018年1月至2019年4月24日期间就诊于福建医科大学附属协和医院的2109例患者血清的PIVKA-II和AFP的检测结果,分析PIVKA-II和AFP对诊断肝癌的敏感度和特异度。回顾性分析175例肝癌患者治疗前后血清PIVKA-II和AFP的实验室检查结果,比较PIVKA-II和AFP在手术治疗前后的血清学水平变化。

**结果** 血清PIVKA-II在肝癌患者手术治疗前后水平降低(或阴转)率88(154/175)%高于血清AFP42.8(75/175)%,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。在1125例肝癌患者中,血清PIVKA-II阳性率为68.4(769/1125)%;血清AFP阳性率为50.7(570/1125)%,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。肝癌组血清PIVKA-II和AFP阳性率均高于其他各组,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。血清PIVKA-II和AFP检测对肝癌的诊断的敏感度分别为68.4%和50.7%,特异度分别为81.9%和87.7%,PIVKA-II、AFP、

PIVKA-II联合AFP诊断肝癌的ROC曲线下面积分别为0.786、0.736、0.835,PIVKA-II联合AFP诊断肝癌的ROC曲线下面积大于PIVKA-II及AFP。

**结论** 血清PIVKA-II的检测有助于提高肝癌的诊断价值,与AFP联合检测可提高肝癌的检出率。肝癌患者术后血清PIVKA-II水平监测有助于判断肝癌手术疗效,并对预后判断有一定的参考价值。

## PU-3479

### Advance research on Chinese herbs induced tumor vascular dormancy

Haixiang Su<sup>1,2</sup>, Chaomin LIU<sup>3,2</sup>, Tao WANG<sup>2,1</sup>, Yanan GUO<sup>3,2</sup>, Yujie WANG<sup>2,1</sup>

1.GANSU PROVINCIAL CANCER HOSPITAL

2.Gansu Provincial Academic Institute for Medical Sciences

3.Gansu University of Traditional Chinese Medicine.

**Objective** Tumor dormancy is one of the biological characteristics of malignant tumors. It is also the main reason why tumors are difficult to cure and relapse and metastasis. In the case of unable to eradicate cancer cells, it can also slow down the growth of cancer cells by inducing dormancy, prevent cancer recurrence, or induce the death of residual dormant cells by targeting survival mechanism and drug resistance mechanism.

**Methods** Vascular dormancy, as a type of tumor dormancy, can significantly inhibit the recurrence and metastasis of tumors by inhibiting endothelial cell proliferation and angiogenesis, regulating the balance between pro-angiogenic factors and anti-angiogenic factors. Therefore, the

tumors can withdraw from the cell growth cycle and maintain tumor dormancy. The theory of "prolonged illness into collaterals" in traditional Chinese medicine (TCM) is similar to that of Western medicine in the concept of tumor angiogenesis.

**Results** Inhibition of angiogenic factors by TCM can induce vascular dormancy of tumors and prevent recurrence of tumors.

**Conclusions** In order to provide the theoretical basis of the precise treatment of TCM on tumor, this article reviews the mechanism of vascular dormancy induced by TCM.

## PU-3480

# Syk、JNK 在金黄色葡萄球菌感染过程中的作用机制研究

刘瑞卿,高爱娇,王琳,李胜玉,申艳娜  
天津医科大学,300000

**目的** 金黄色葡萄球菌(简称金葡菌)是严重危害人类生命健康的一种革兰阳性病原菌。研究表明 NLRP3 炎症小体作为天然免疫系统的重要组成部分,在抵抗金葡菌感染过程中发挥着重要作用,但具体分子机制尚不完全明确。我们前期研究发现, Syk、JNK 可参与调控胞内菌产单核细胞增生性李斯特菌感染过程中 NLRP3 炎症小体的活化,从而引起炎性反应。因此本课题拟探讨 Syk、JNK 在胞外菌金葡菌感染过程中对 NLRP3 炎症小体活化及 IL-1 $\beta$  等炎性因子分泌的调控作用,以便为金葡菌感染提供新的治疗靶点。

**方法** 1.Western blot 检测 Syk、JNK 在金葡菌感染小鼠单核巨噬细胞(J774A.1)过程中是否可发生磷酸化及具体时间点。

2.金葡菌感染 Syk/JNK 抑制剂预处理的小鼠单核巨噬细胞(J774A.1) 24h 后, Western blot 检测细胞裂解物中 NLRP3 炎症小体下游相关分子指标及焦亡蛋白表达水平的变化。

3.金葡菌感染 Syk/JNK 抑制剂预处理的小鼠单核巨噬细胞(J774A.1) 24h 后, ELISA 检测细胞上清液中 IL-1 $\beta$  及 IL-18 水平变化。

**结果** 1.与未感染组相比, p-Syk 蛋白水平在 15min 达到最高,随后逐渐降低; p-JNK 蛋白水平在 30min 达到最高,随后逐渐降低。

2.与未处理组相比, Syk/JNK 抑制剂处理组中 p20 (activated-caspase-1)、mIL-1 $\beta$  蛋白水平明显降低。

3.与未处理组相比, Syk/JNK 抑制剂处理组中细胞上清液中 IL-1 $\beta$  及 IL-18 水平明显减少。

**结论** Syk 及 JNK 参与调控金葡菌感染过程中 NLRP3 炎症小体下游分子活化过程。(本课题得到国家自然科学基金面上项目(81772252)的资助。)

## PU-3481

# miRNA-25 在胰腺癌早期筛查中的临床意义初探

余怡雯,卢仁泉,郭林  
复旦大学附属肿瘤医院,200000

**目的** 研究 miRNA-25 在胰腺癌患者与正常对照的表达差异并探究其与糖类抗原 19-9 (CA19-9)、癌胚抗原 (CEA) 等一线胰腺肿瘤标志物联合诊断的临床意义。探索 miRNA-25 的表达水平与胰腺癌临床病理分期之间的相关性。

**方法** 利用 TIANGEN 总 RNA 提取试剂盒提取血清中 RNA, 逆转录后通过荧光定量 PCR 检测 120 例血清样本中 miRNA-25 的浓度 (57 例胰腺癌患者血清, 7 例干扰疾病样本及 55 例正常人对照)

并分析 miRNA-25 的表达与胰腺癌临床病理特征的关系。利用化学发光法检测上述样本中 CA199 和 CEA 的值, 分析其表达与胰腺癌临床病理特征及 miRNA-25 表达水平之间的相关性。

**结果** miRNA-25 在胰腺癌患者血清中的表达较干扰组 ( $P=0.0008$ ) 和对照组 ( $P<0.0001$ ) 显著升高, 具有统计学差异 ( $P<0.0001$ )。以病理分期为金标准, miRNA-25 试剂盒总体检测灵敏度达 91.23%; 与一线胰腺肿瘤标志物 CA19-9 (80.70%) 和 CEA (47.37%) 相比, miRNA-25 其检测灵敏度更高。联合检测 miRNA-25 和 CA19-9, 可提高单 CA19-9 检测的灵敏度及单 miRNA-25 检测的特异度 (90.32%)。

**结论** miRNA-25 在胰腺癌患者血清中高表达, 且在 I 期 II 期胰腺癌患者中检测灵敏度高于 CA19-9 和 CEA, 提示 miRNA-25 可能成为胰腺癌早期诊断的具有前景的血清学标志物。miRNA-25 与 CA19-9 联合检测可以提高胰腺癌筛查的特异性, 为胰腺癌早期诊断及筛查提供了新的方向, 进一步研究 miRNA-25 表达水平与胰腺癌临床病理分期的相关性。

## PU-3482

### 在肺癌中干扰 NRAGE 可激活 AMPK/ULK1/Atg13 信号通路诱导自噬

黄楠, 孙奋勇

上海市第十人民医院, 200000

**目的** NRAGE(neurotrophin receptor p75-interacting MAGE homolog), 是一种神经营养蛋白受体相关的黑色素瘤抗原基因同源物, 属于 MAGE 家族。它包含 13 个外显子, 其中第 2-12 个外显子组成的开放阅读框编码出分子量约为 86kDa 的蛋白。最近报道其在各种肿瘤中均有表达, 如肺癌、胰腺癌、乳腺癌、食管癌、胃癌等, 并且在调控各种细胞功能中发挥重要作用, 如细胞凋亡、细胞周期和细胞周期。最近研究表明 NRAGE 在肿瘤发生和转移中也扮演重要角色。相关研究表明下调 NRAGE 可能与各种肿瘤细胞的形成和转移都有影响, 同时不管在体内还是体外实验, 过表达 NRAGE 均能够抑制肿瘤形成, 提示 NRAGE 扮演肿瘤抑癌基因的角色。自噬是细胞吞噬自身细胞质蛋白或细胞器并使其包被进入囊泡, 并与溶酶体融合形成自噬溶酶体, 降解其所包裹的内容物的过程, 藉此实现细胞本身的代谢需要和某些细胞器的更新。现在发现以 ATG 命名的自噬相关基因已经超过 40 多种。ATG13 靶向 TOR 激酶信号通路通过磷酸化 ATG13 和 ULK1 从而调控 ATG13/ULK1 复合物的形成参与自噬调节。目前没有任何报道显示 NRAGE 参与自噬。本研究就 NRAGE 在非小细胞肺癌中和自噬, 凋亡, 增殖的关系进行探讨, 对肺癌治疗提供新方案。

**方法** 用 siRNA 在肺癌细胞中对 NRAGE 进行干扰, 用 CCK8、克隆形成实验检测细胞增殖能力; 用 WB 检测自噬相关蛋白及信号通路; 共聚焦检测自噬流动态检测自噬。

**结果** CCK8、克隆形成实验显示 NRAGE 干扰后促进肺癌细胞生长, 自噬标记蛋白显示 NRAGE 干扰后诱导自噬, 自噬流实验显示 NRAGE 干扰后自噬体增多, 同时自噬相关信号通路蛋白 ULK1、Atg13、PI3K、mTOR 表达水平均有变化, 提示 NRAGE 参与自噬过程。

**结论** 在肺癌细胞中干扰 NRAGE 的表达能明显促进肿瘤细胞生长, 同时 NRAGE 通过参与 AMPK/ULK1/Atg13 信号通路调控自噬过程。

## PU-3483

## 环状 RNA hsa\_circ\_0003863 通过调节整合影响 HIV 复制的研究

张悦,张慧,安明晖,丁海波,尚红,韩晓旭

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** HIV 复制依赖于多种宿主蛋白因子,同时离不开非编码 RNA 的参与,miRNAs 和 lncRNAs 均被发现在 HIV 生命周期中发挥重要作用。前期转录组学研究发现 HIV 感染者外周血单个核细胞(PBMC)中 hsa-circ\_0003863 表达上调,其对 HIV 复制的影响及作用机理尚不明确。

**方法** 本研究共招募 38 例受试者,包括 18 例未经抗病毒治疗的 HIV 早期感染者,7 例未治疗的 HIV 慢性感染者和 13 例健康对照者。首先,使用 qRT-PCR 验证 hsa-circ\_0003863 在早期感染者和健康对照者 PBMC 中的表达情况,并分析其与 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量、病毒调定点的关系,随后在 JURKAT/293T 细胞中,利用 siRNA 敲减 hsa-circ\_0003863,感染 HIV NL4-3 假病毒,Alu-PCR 检测整合 DNA,qRT-PCR 检测 HIV 2-LTR。

**结果** hsa-circ\_0003863 在 HIV 早期感染者(EHI)PBMC 中的表达量显著高于健康对照者(NC)(EHI vs.NC,  $P<0.05$ ); hsa-circ\_0003863 表达水平与病毒调定点水平正相关( $r=0.7857$ ,  $P<0.05$ ); hsa-circ\_0003863 的表达水平高者 CD4<sup>+</sup>T 细胞下降到正常水平以下的时间更短( $P<0.05$ )。hsa-circ\_0003863 在 CD4<sup>+</sup>T 细胞中表达量与病毒载量呈正相关。siRNA 下调 JURKAT 中 hsa-circ\_0003863 48 小时,上清中 P24 抗原下降 34.6%。下调 293T 细胞中 hsa-circ\_0003863 48 小时后,HIV 整合的 cDNA 下降 48.7%。

**结论** 本研究首次发现 hsa-circ\_0003863 表达水平与病毒调定点水平有关,且能够预测 CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞下降,可能作为潜在的预测 HIV 感染疾病进展的生物标志物;同时, hsa-circ\_0003863 可能通过整合环节影响 HIV 的复制过程,本研究对于开发预测 HIV 感染疾病进展的生物标志物、揭示 HIV 新的致病机理及潜在抗病毒药物靶点具有重要意义

## PU-3484

## MiRNA-127-3p targets XRCC3 to enhance the chemosensitivity of esophageal cancer cells to a novel phenanthroline-dione derivative.

Ni Zhen<sup>1,2</sup>, Ji Ma<sup>2,1</sup>, Jiabei Zhu<sup>2,1</sup>, Fenyong Sun<sup>1</sup>

1.1. Department of Clinical Laboratory Medicine, Shanghai Tenth People's Hospital, Tongji University

2. Department of Clinical Laboratory Medicine, Shanghai Children's Medical Center, School of medicine, Shanghai Jiaotong University

**Objective** The study mainly aims to determine the biological functions of microRNA-127-3p in esophageal carcinogenesis and to explore its potential mechanisms.

**Methods** In the study, we used MTT assays, colony formation assays, tumor-bearing nude mice to analyze the roles of microRNA-127-3p in regulating the growth of esophageal cancer cells both in vitro and in vivo. Afterwards, the microRNA-targeted gene prediction software and the dual-luciferase reporter assays were used to confirm the targeted gene of microRNA-127-3p at both mRNA and protein levels. Furthermore, the homologous recombination repair and non-homologous end joining repair reporter systems were used to determine whether microRNA-127-3p participate in DNA damage repair.

**Results** we found that miRNA-127-3p targets XRCC3 to significantly inhibit cell growth of esophageal tumor cells both in vivo and in vitro. Moreover, miRNA-127-3p negatively regulates the homologous recombination repair to induce double strand breaks in EC cells. What's more,

miRNA-127-3p statistically increases the chemosensitivity of esophageal cancer cells to a novel phenanthroline-dione derivative in vivo by mechanistically impairing the recruitment of RAD51 to the damage sites.

### Conclusions

In summary, our findings not only suggest that microRNA-127-3p can be used as a predictor for evaluating the development of esophageal carcinoma, but also show that it can be used to increase the chemosensitivity of esophageal cancer patients to the phenanthroline-dione derivative, which might be a potential anticancer candidate in the future.

## PU-3485

### SIRT6 在食管癌中作为癌基因并诱导自噬发生

黄楠,孙奋勇

上海市第十人民医院,200000

**目的** SIRT6 属于 sirtuin 家族一员,通常认为其发挥肿瘤抑癌基因的作用,主要是通过参与抑制 HIF1 $\alpha$  和 MYC 转录活性来促进靶基因的 H3K9 和 H3K56 的去乙酰化,从而导致有氧糖酵解和细胞生长的抑制。但最近研究发现在一系列肿瘤中 SIRT6 表达上调,包括前列腺癌、乳腺癌和非小细胞肺癌,提示其可能以一种特殊的方式在肿瘤发生中发挥双重作用。食管癌中 SIRT6 所发挥的功能尚不清楚,本研究对其生物学功能和相关机制进行探讨,为 SIRT6 作为食管癌的靶向治疗提供依据

**方法** QPCR 和免疫组化实验探讨 SIRT6 在食管癌组织中表达水平;109, TE1, EC1 细胞过表达 SIRT6 后,克隆形成, CCK8 实验检测细胞增殖能力; WB、FACS 检测细胞凋亡;通过 WB 检测自噬标记蛋白 LC3 和共聚焦检测自噬流来监测自噬水平;在 293T 细胞中过表达 SIRT6,通过免疫共沉淀实验检测 SIRT6 相互作用蛋白;在食管癌细胞 109 细胞中过表达 SIRT6 后提取 RNA 进行基因表达谱芯片检测。

**结果** SIRT6 在食管癌中发挥癌基因的作用,通过上调 BCL2 的表达促进食管癌细胞的生长,同时通过与 ULK1 作用和抑制 mTOR 信号通路诱导细胞自噬。

**结论** QPCR 和免疫组化发现 SIRT6 在食管癌中 mRNA 和蛋白水平均明显高表达,并且其表达上调与患者性别,病理分级和分期,细胞生长等密切相关。克隆形成和 CCK8 实验显示 SIRT6 明显促进食管癌细胞生长,并且自噬相关实验显示 SIRT6 能诱导自噬。免疫共沉淀实验显示 SIRT6 与 ULK1 具有相互作用同时能抑制 mTOR 的活性来诱导自噬。SIRT6 是否是通过自噬发挥其生物学功能还需进一步探讨。

## PU-3486

### lncRNA MIAT 通过 miR-214 促进 HCC 细胞的增殖和侵袭

孙

上海市第十人民医院,200000

**目的** 长非编码 RNA (lncRNA) 的异常表达已涉及各种人类肿瘤,包括肝细胞癌 (HCC)。我们的研究旨在调查肝癌中 lncRNA 心肌梗死相关转录物 (MIAT) 的潜在分子机制。

**方法** 通过定量实时 PCR 检测 MIAT 和 Mico RNA (miR) -214 在 HCC 组织和细胞中的表达,并通过蛋白质印迹试验检测 zeste 同源物 2 (EZH2) 和  $\beta$ -连环蛋白的增强子水平。免疫沉淀分析用于检测 H3 / H4 组蛋白乙酰化的水平。进行 RNA pull down 测定以确认 miR-214 和 MIAT 之间的靶向调节关系。通过 3-(4,5-二甲基噻唑-2-基)-2,5-二苯基四唑溴化物 (MTT), [3H]胸苷掺入分析细

胞活力,增殖和侵袭,和 Transwell 分析。使用 BALB / c 裸鼠建立皮下注射 SK-HEP-1 细胞的肝癌细胞动物模型。

**结果** MIAT 的上调与 HCC 的增殖和侵袭有关,并且下调 MIAT 表达抑制 HCC 细胞增殖和侵袭。HCC 组织中 MIAT 启动子的 H3 / H4 组蛋白乙酰化水平高于正常组织。MIAT 在 HCC 细胞中负调节 miR-214。miR-214 的抑制逆转了 MIAT 下调对 HCC 细胞增殖和侵袭的影响。在裸鼠异种移植模型中,MIAT 的下调通过释放 miR-214 显着抑制 HCC 的肿瘤生长。总之,IncRNA MIAT 通过 miR-214 促进 HCC 细胞的增殖和侵袭,这为肝癌的治疗和预后提供了新的靶点。MIAT 可以通过微量 RNA (miR) -214 来促进肝癌细胞的增殖和侵袭。IncRNA MIAT / miR-214 轴为肝癌的治疗和预后带来了新的见解。MIAT 可以通过微量 RNA (miR) -214 来促进肝癌细胞的增殖和侵袭。IncRNA MIAT / miR-214 轴为肝癌的治疗和预后带来了新的见解。MIAT 可以通过微量 RNA (miR) -214 来促进肝癌细胞的增殖和侵袭。

**结论** IncRNA MIAT / miR-214 轴为肝癌的治疗和预后带来了新的治疗靶点。

## PU-3487

### 487 株大肠埃希菌耐药性分析

谢明真

陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 了解某院 2016-2018 年所接收临床样本中分离出来的大肠埃希菌耐药性情况,为临床用药提供帮助。

**方法** 对该院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月培养分离出的大肠埃希菌共 487 株对二十余种抗菌药的耐药性进行检测,用梅里埃 ATB 板条进行相应耐药性检测,用 K-B 法进行超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)的检测(包括初筛和确证)。

**结果** 大肠埃希菌主要来源于尿液标本,其次是呼吸道分泌物标本,产  $\beta$ -内酰胺酶菌株的发生率为 24.3%-31.7%,平均为 28%;药敏试验结果为:有 8 种耐药率大 75%,12 种药物耐药率在 50%和 75%之间,有 6 种药物(3 种抗菌药组合)耐药率小于 30%,其中大肠埃希菌对于如亚胺培南、美培洛南等的碳青霉烯类药物仍高度敏感,其耐药率在 2%左右。

**结论** 对大肠埃希菌的常用药物的耐药情况进行检测,帮助选择适宜的药物,有效避免细菌耐药性的快速发展,并最终达到良好的感染控制效果。

## PU-3488

### 第四代化学发光法 HIV 抗原抗体联合检测应用于临床 HIV 筛查的研究

王晓楠,张博雯,马强,王亚男,耿文清,尚红,韩晓旭

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 第四代 HIV 血清学检测试剂同时检测 HIV 抗原及特异性抗体,窗口期短于第三代抗体检测试剂,其在真实世界的临床 HIV 筛查中检出窗口期感染者的效果尚缺乏研究。

**方法** 大型综合性医院 2012 年 12 月至 2013 年 6 月期间临床进行第四代化学发光法 HIV 抗原抗体联合检测病例,对筛查阳性样品进行胶体硒法快速检测、免疫印迹(WB)试验,对 WB 不确定和阴性的样品进行 HIV RNA 及 P24 抗原检测,收集并分析假阳性样品的异常实验室检测指标。

**结果** 在 39005 例临床样品中,共筛查出 153 例阳性反应样品,其中 WB 试验阳性 86 例,不确定 11 例,阴性 19 例,其余 42 例因未采集到第二份血样未进一步检测,其中 1 例重新采血复查为阴性。[Han1] 将 116 例样本进行 WB 试验,24 例样本进行 HIV RNA 检测,2 例 HIV RNA 定量高于

检测上限，随访后发生抗体阳转；2例低于检测下限及20例未检出RNA者均为假阳性。真阳性样本筛查试验S/CO值5.06-1192.66。假阳性样品的S/CO值的范围为1.03-14.28。ROC曲线法获得S/CO为4.85是敏感度与特异度最佳临界阈值。假阳性病例异常的实验室指标主要为C反应蛋白、类风湿因子、纤维蛋白原等。

**结论** 第四代化学发光法HIV抗原抗体联合试剂用于临床常规筛查，以HIV核酸检测可有效检出WB试验无法确认的早期感染者，对于筛查S/CO值4.85以上样品进行核酸检测意义更大。同时第四代化学发光法存在一定的假阳性，需结合临床资料，流行病学史综合判断。

## PU-3489

### FN1: A potential poor prognosis prediction marker for ovarian cancer

Qianyu Huo<sup>1</sup>, Huijing Bao<sup>2</sup>

1. Tianjin medical university

2. Tianjin Nankai hospital

**Objective** ovarian cancer is one of the most common cancers among females and has a very high mortality rate. Due to the lack of early detection markers, most patients are diagnosed in the advanced stage of the disease. In our study, we attempted to identify a new marker for ovarian cancer detection.

**Methods** OVCAR3 and A2780 are the two common cell lines that are used for ovarian cancer studies. In our study, these two cell lines were found to have different invasion and migration abilities based on scratch tests and Transwell experiments. To identify the potential causes of the differences in the abilities of the two types of cells, gene chip analysis was used. The differentially expressed genes were highly correlated with invasion, and the differentially expressed genes (at least 2-fold difference, p-value<0.05) were analyzed using KEGG.

**Results** After increasing the screening requirements, FN1 was found to be the most strongly correlated with the invasion and migration abilities of the OVCAR3 cells. Real-time PCR and FN1 knockout cell line was conducted to confirm this finding. Clinical sample data were used to evaluate the feasibility of FN1.

**Conclusions** in conclusion, FN1 was positively related to the migration and invasion abilities of ovarian cancer cells, and compared with normal people, ovarian cancer patients exhibited high levels of FN1 expression. Additionally, higher FN1 expression was found in patients with higher FIGO stages of cancer. Therefore, it is believed that FN1 should be a good marker for aggressive ovarian cancer detection and could also be used as a marker of poor prognosis for the ovarian cancer patients.

## PU-3490

### A case report of suspected Myiasis

JINHUI FAN, Xiujuan Jiang

GANSU PROVINCIAL CANCER HOSPITAL

**Objective** The patient, male, 75 years old, lives in a semi-pastoral area, self-reported 10 days of pain and swelling near the anus, sustained swelling. In recent days, swelling and pain have further aggravated. On July 26, 2018, the outpatient clinic was first admitted with "perianal abscess". At 9 o'clock in the anus chest position, there was a large mass about 3 cm x 2 cm in size. It was markedly reddish and swollen, with clear boundaries with the surrounding areas, and the local skin temperature increased. No obvious ulceration and tenderness were observed. Anal finger examination: sphincter spasm, finger entry 6 cm, chest and knee 4 anal sinus tenderness.



No swelling and nodules were touched on the dental line, and no blood was stained on the retracted finger cuff. Diagnosis: Abscess of the ischioirectal fossa, necrotizing fasciitis of the ischioirectal fossa and perineal infection. There were no abnormalities in routine blood biochemical tests, hepatitis B surface antigen positive and urine routine tests.

**Methods** On July 30, 2018, incision and drainage of perianal abscess was performed under lumbar anesthesia. Skin and subcutaneous tissues were incised. The abscess cavity reached deep into the ischioirectal space. The odor was obvious. About 100 ml of purulent fluid flowed out, and a large number of necrotic fascia and muscle tissues were sent to bacterial culture. McKangkai and blood platelet grew bacteria 24 h after culture, and smear staining and microscopic examination showed that they were G-bacilli. After 48 h of incubation, 23 white translucent, short and thick worms were hatched on the blood plate, with no feet, the front end gradually sharpened into hook shape, and the back end bluntly rounded into "D" shape. The preliminary diagnosis of myiasis was made. The 40X-fold photographs were identified as maggot larvae by laboratory experts. On August 3, 2018, when dressing was changed 3 days after operation, purulent fluid was extracted by sterile syringe, stool was taken by cotton swab through anus and inoculated with McKangkai and blood plate for culture, and blood was collected for culture. The results of bacterial culture were the same as before. Blood culture showed no bacterial growth and no maggots appeared.

**Results** There are two possibilities for 23 maggots hatched 48 h after skin tissue samples were inoculated with blood plate: (1) There are eggs in the pus cavity of the infected part of the patient, which are inoculated on the wet and nutritious blood plate, and the temperature is suitable for hatching adults. The reason why no worms were cultured in pus at later stage was that no eggs were found after surgical drainage and irrigation of pus cavity. (2) Possibly contaminated: (1) specimen contamination: the disinfection of the specimen parts may not be complete; the equipment contaminated; the specimen contacted with the patient's non-disinfected parts contaminated; the specimen contaminated by flies; the container contaminated for sending samples; and (2) the contamination of the culture medium used: although the blood plates are in the same batch and stored in the refrigerator at 4 °C, each blood plate is packed independently (all used) in plastic bags, the same batch. No maggots were found in the blood plate cultures of other patients. After the discovery of maggots, a blank plate was cultured, and no pollution was found. However, the possibility of contamination of individual blood plates could not be ruled out.

**Conclusions** Inspectors should first strengthen the management of departments, standardize the pre-inspection process and quality control, and the skin tissues for surgeries should be smeared and microscopically examined before inoculation. At the same time, pus specimens should also be sent for examination, smear and microscopy, and specimens should be preserved until 7 days after the issuance of the report, and then processed, so as to facilitate the analysis of the origin of insect eggs. When special specimens are encountered, they should communicate with clinic actively and use various detection methods to provide diagnostic basis for clinic.

PU-3491

## **RAB5 affects the proliferation, migration, invasion and cell cycle of hepatocellular carcinoma cells via regulating cyclin E**

Hang Song, Shuhua Chen, Fenyong Sun  
Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**Objective** Hepatocellular carcinoma is a common and lethal type of primary tumor with a high mortality and recurrence rate. Rab5, serve as a classic ontogenetic gene, is highly expressed in various kinds of tumors, such as lung cancer and ovarian cancer. However, the detailed role and the underlying mechanism of Rab5 in hepatocellular carcinoma remains unknown.

**Methods** We investigated the effects of Rab5 on the proliferation, migration, invasion and cell cycle in human hepatocellular carcinoma cells in vitro by CCK-8 assay, Transwell assay and FACS, respectively. We also explored the potential mechanism of Rab5 on hepatocellular carcinoma cells by Western blotting.

**Results** Herein, we investigated the role of Rab5 in the tumorigenesis and metastasis of hepatocellular carcinoma cells. We found that Rab5 was upregulated in hepatocellular carcinoma tissues and cells. The expression of Rab5 was positive correlated with the proliferation, migration and invasion of hepatocellular carcinoma cells. Moreover, Rab5 was related to cell cycle of hepatocellular carcinoma cells through regulation of cyclin E.

**Conclusions** Our data suggest that Rab5 may be a novel diagnostic and prognosis marker in hepatocellular carcinoma.

## PU-3492

### Ginsenoside Rg1 impairs homologous recombination repair by targeting CtIP and sensitizes hepatoblastoma cells to DNA damage agents

Ni Zhen<sup>1,2</sup>, Ji Ma<sup>2,1</sup>, Jiabei Zhu<sup>2,1</sup>, Fenyong Sun<sup>1</sup>

1.1. Department of Clinical Laboratory Medicine, Shanghai Tenth People's Hospital, Tongji University

2. Department of laboratory Medicine, Shanghai Children's Medical Center, Shanghai Jiaotong University School of Medicine, Shanghai 200120, China

**Objective** The ginsenoside Rg1, the primary pharmacologically active ingredient of the traditional Chinese herb ginseng, is widely used in the clinical treatment of diseases of the immune and nervous systems. Recent studies have shown that it also has an antitumor effect. Purpose: In this study, we explored the effects of Rg1 on hepatoblastoma (HB) and its underlying mechanisms.

**Methods** MTT assays, colony formation assays, tumor-bearing nude mice were used to analyze the roles of Ginsenoside Rg1 in regulating the growth of hepatoblastoma cells both in vitro and in vivo. Homologous recombination repair and non-homologous end joining repair reporter systems were used to determine whether Ginsenoside Rg1 participate in DNA damage repair.

**Results** We demonstrated that Rg1 significantly inhibited HB cell growth both in vivo and in vitro. Mechanistic studies revealed that Rg1 impaired homologous recombination (HR) and triggered double strand breaks (DSBs) in HB cells by directly targeting CtBP-interacting protein (CtIP), a key DSB repair factor, which is highly expressed in HB tissues. Moreover, we also demonstrated that Rg1 sensitized HB cells to DNA-damaging agents both in vitro and in vivo.

**Conclusions** In conclusion, our data not only demonstrates the potential clinical application of Rg1 as a novel chemotherapeutic candidate but also offers a mechanism-based therapeutic option by which DNA-damaging agents can be used in combination with Rg1 to target HB.

## PU-3493

### 富血小板血浆及其相关产物中生长因子量化分析研究

王玲

山东大学第二医院, 250000

**目的** 对应用于临床的富血小板血浆 (PRP) 及其相关产物中的生长因子进行量化分析, 并探讨 PRP 制备过程中, 震荡、敲打、吹打等因素对血小板的激活程度, 激活时间对生长因子释放量的影响以及不同生长因子的半衰期, 以指导临床应用, 提高 PRP 治疗的临床疗效。

**方法** 分别用两步离心法和白膜法制备 PRP, 用凝血酶和  $\text{Ca}^{2+}$  激活 PRP, 酶联免疫吸附测定 (ELISA) 法检测血小板凝胶 (PG) 上清、未加激活剂的 PRP 中及贫血小板血浆 (PPP) 中生长因子的含量, 用统计学方法进行统计分析。

**结果** PG 上清中 PDGF-BB、TGF- $\beta$ 、VEGF、IGF-1、EGF、bFGF 的含量依次为  $20.275 \pm 1.150 \text{ ng/mL}$ 、 $5.205 \pm 0.894 \text{ ng/mL}$ 、 $294.625 \pm 105.234 \text{ pg/mL}$ 、 $350.805 \pm 43.331 \text{ pg/mL}$ 、 $165.453 \pm 4.883 \text{ pg/mL}$ 、 $106.550 \pm 5.025 \text{ pg/mL}$ 。未加激活剂的 PRP 中 (血小板浓度为  $(1024.50 \pm 17.72) \times 10^9/\text{L}$ ) 中 PDGF-BB、TGF- $\beta$ 、VEGF、IGF-1、EGF、bFGF 的含量依次为  $1.145 \pm 0.213 \text{ ng/mL}$ 、 $0.890 \pm 0.194 \text{ ng/mL}$ 、 $30.590 \pm 5.858 \text{ pg/mL}$ 、 $132.520 \pm 11.313 \text{ pg/mL}$ 、 $6.797 \pm 2.007 \text{ pg/mL}$ 、 $25.235 \pm 5.025 \text{ pg/mL}$ 。PPP (血小板浓度为 0) 中 PDGF-BB、TGF- $\beta$ 、VEGF、IGF-1、EGF、bFGF 的含量依次为  $0.353 \pm 0.125 \text{ ng/mL}$ 、 $0.172 \pm 0.022 \text{ ng/mL}$ 、 $9.145 \pm 1.375 \text{ pg/mL}$ 、 $62.520 \pm 9.253 \text{ pg/mL}$ 、 $2.686 \pm 0.963 \text{ pg/mL}$ 、 $5.577 \pm 1.674 \text{ pg/mL}$ 。激活时间不同, 6 种生长因子的含量不同, 激活时间为 45 分钟时, 大部分生长因子含量达到最大。

**结论** PRP 制备过程中, 震荡、敲打、吹打等操作对血小板有部分激活, 使制备的未加激活剂 PRP 中生长因子含量基点上升。在 PG 上清中, 6 种生长因子的浓度由高到低依次为: PDGF-BB > TGF- $\beta$  > IGF-1、VEGF > EGF、bFGF; 半衰期由长到短依次为: VEGF、EGF > IGF-1、bFGF > PDGF-BB、TGF- $\beta$ 。PRP 的激活时间以 45 分钟内为宜。

## PU-3494

### 非肿瘤患者人群 CA72-4 异常升高的原因分析

渠文涛, 周金龙, 万鹏, 申倩倩, 史小芹  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 糖类抗原 CA72-4 是临床上常用的肿瘤标志物之一, 在使用过程中发现, 部分非肿瘤患者 CA72-4 的检测结果会异常升高。本文探讨了导致部分非肿瘤患者血清 CA72-4 浓度异常升高的可能原因, 为 CA72-4 在临床上的规范使用提供借鉴, 以减少临床误判的发生及患者的精神负担和经济负担。

**方法** 计算机检索中国知网、万方、维普、Pub Med 等数据库, 收集关于糖类抗原 CA72-4 的相关文献。对引起非肿瘤患者人群 CA72-4 检测结果异常升高的文献进行汇总分析。

**结果** 根据文献报道, 引起非肿瘤患者人群血清 CA72-4 检测结果异常升高的原因主要有 4 个方面:

1) 服用某些特定药物; 如非甾体类药物 (秋水仙碱、别嘌醇)、复方苦参注射液、布洛芬等。  
2) 服用某些特定营养滋补品; 如灵芝孢子粉、螺旋藻、金蝉花等。  
3) 良性病; 如痛风、胰腺炎、良性妇科疾病、系统性硬化症、家族性地中海热等。  
4) 特殊人群; 如孕妇人群、老年人群、透析人群等。如果是因为服用相关药物、滋补品导致的 CA72-4 检测结果一过性升高, 停药或滋补品一段时间后 (约 2 周), CA72-4 检测结果会基本恢复正常水平。

**结论** 多种原因可能会导致患者血清 CA72-4 检测结果一过性升高, 因此, 临床使用过程中, 出现 CA72-4 检测结果异常升高时, 应主动加强与患者的沟通, 排除上述可能的原因。正确理解和使用该肿瘤标志物, 可以减少患者不必要的精神负担和经济负担。

## PU-3495

## Clinical and molecular characterization of three novel ARHGEF9 mutations in patients with developmental delay and epilepsy

Tingting Yu, Ruen Yao, Yi Zhang, Xiaojie Liu, Jiwen Wang, Yufei Xu, Guoqiang Li, Niu Li, Jian Wang  
Shanghai Children's Medical Center, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** Objective: Mutations in ARHGEF9 are present in patients with heterogeneous phenotypes including psychomotor developmental delay and variable degrees of epilepsy. Malfunction of collybistin (CB), a protein encoded by ARHGEF9, thus leading to impaired clustering of gephyrin-dependent glycine receptors and  $\gamma$ -aminobutyric acid type A (GABA<sub>A</sub>) receptors, is a crucial pathogenic mechanism. Here, we

**Methods** Methods: We studied three male patients with epilepsy and mild to moderate mental retardation. We targeted panel sequencing of genes known to cause inherited disorders. In vitro studies and transcriptional experiments were performed to evaluate the functional and splicing impacts of these variants on CB.

**Results** Results: Two novel missense variants (p.I294T and p.R357I) and one novel splicing variant (c.381+3A>G) in ARHGEF9 were identified in the three patients, respectively. In vitro studies confirmed that the two missense variants disrupted CB-mediated accumulation of gephyrin in submembrane microclusters. Transcriptional experiments of the splicing variant revealed the presence of aberrant transcripts leading to truncated protein products.

**Conclusions** Significance: Our cases and functional studies enrich our understanding of the phenotypic and genotypic spectrum of ARHGEF9.

## PU-3496

## Neutrophil to Lymphocyte Ratio in Ovarian Cancer Patients with Low CA125 Concentration

Huijing Bao<sup>1</sup>, Chen Xu<sup>2</sup>  
1. intergrative medical diagnosis laboratory  
2. Tianjiin 4th Central hospital

**Objective** Ovarian cancer cases with low CA125 concentration are problematic and increase the high false negative results ratio during routine physical examination testing. Unfortunately, patients without early discovery have very low survival rates. In our study, we investigated the possible role of differential leukocyte counts and the neutrophil to lymphocyte ratio (NLR) in ovarian cancer patients to identify an additional discriminative marker to avoid missing diagnoses in normal physical examinations.

**Methods** One hundred seventy-three patients with epithelial ovarian cancer and 70 healthy controls were involved in our study

**Results** Based on the results, compared with the healthy controls, NLR was significantly different both in the low CA125 concentration group and in the complete patient group, indicating that NLR could be an effective marker for ovarian cancer screening. According to ROC, sensitivity, specificity, and NPV results, CA125 >35 U/ml is a good indicator for cancer in routine physical examination. However, in patients with low CA125 concentration, the CA125 >7.65 U/ml and NLR >1.72 group yielded increased sensitivity with appropriate specificity and higher NPV results than the CA125 >35 U/ml group.

**Conclusions** We believe CA125>7.65 U/ml and NLR >1.72 should be effective makers for patients with low CA125 concentration. As a more sensitive and cost-effective strategy, this method could be conducted during routine ovarian cancer screening.

#### PU-3497

### 载血小板复合生长因子明胶缓释微球生物相容性研究

王玲  
山东大学第二医院,250000

**目的** 检测载血小板复合生长因子明胶缓释微球对人脐静脉内皮细胞的增殖和毒性作用, 对其促细胞增殖作用及生物安全性进行评价。

**方法** 采用改良的乳化冷凝交联法制备明胶微球, 用细胞增殖-毒性检测试剂 (CCK-8) 检测微球对人脐静脉内皮细胞 (HUVECs) 的增殖及毒性作用

**结果** 细胞增殖实验中明胶缓释微球组和 PG 上清组对 HUVECs 的促增殖作用均明显高于 DMEM 完全培养基组, 且明胶缓释微球组高于 PG 上清组, 差异显著 ( $p<0.05$ ); 细胞毒性实验中缓释微球浸提液对 HUVECs 无毒性作用。

**结论** 制备的载生长因子明胶缓释微球促细胞增殖作用明显, 对细胞无毒性作用, 符合医用生物高分子材料生物安全性标准, 具有较好的临床应用价值。进一步实现了载血小板复合生长因子明胶缓释微球冻干制品的研发。

#### PU-3498

### Analysis of aging characteristics of peripheral T lymphocyte subsets in healthy population in western China

Bei Cai,Guangrui Zhang,Yi Li,Lin Yan,Huan Xu,Weihua Feng  
West China Hospital of Sichuan University

**Objective** Objective: To explore the age and gender characteristics of peripheral T lymphocytes subsets and establish its specific reference in Western-Chinese Han population.

**Methods** Methods: Retrospectively analyse the expression of peripheral T lymphocyte subsets in 3,049 healthy Western-Chinese Han population in our hospital from April to June 2018. Absolute count of T lymphocyte was detected by flow cytometre on a single platform.

**Results** Results: ①Expression characteristics of peripheral T lymphocyte subsets in male or female: The absolute counts of CD3, CD4, CD8 and CD4/CD8 ratio in male population were significantly higher than those in female population (Figure 1A and 1B). ② The aging characteristics of peripheral T lymphocyte subsets: CD3+, CD4+ and CD8+ T cell counts and CD4/CD8 ratio decreased with age, among which CD3+ and CD8+ T cells changed most obviously, CD4+ T cells in age>60y group showed a significant decrease (Figure 1C and 1D).③ Stratified with age and gender to analyse expression characteristics of peripheral T lymphocyte subsets: when age <40y and 40-60y, CD3+, CD4+, and CD8+ T cell numbers were significantly higher in male than in female; when age over 60y, the difference of T lymphocyte subsets absolute count between male and female disappeared. (Figure 1E and 1F)④ Establish a gender- and age-specific reference, which suggested that with aging the number of T lymphocyte subsets decreased, and in age over 60y peripheral T cells subsets counts in female were similar to those in male. (Table 1)

**Conclusions** Conclusions: Peripheral T lymphocyte subsets in apparently healthy populations in Western China reflected the significant gender and age differences. When age below 60y, there were significantly increased peripheral T lymphocyte counts in male compared with that in female, with aging peripheral T lymphocyte counts gradually decreased, which suggested that lower immunity characterized by decreasing of T cells in elderly patients was one of the important factors leading to tumor or infectious diseases.

## PU-3499

### 单纯抗线粒体 M2 型抗体非特异阳性的影响因素及其对 肝功能损伤的指示作用

王金玲,王婷

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 寻找可能影响单纯抗线粒体 M2 型抗体(AMA-M2)阳性的非特异性因素(例如:吸烟与饮酒)以及 AMA-M2 强弱等级与肝功能损伤的关系。

**方法** 1 收集 2016 年 1 月-2018 年 6 月我院门诊及住院的单纯 AMA-M2 阳性患者共计 242 例(所有患者均排除抗核抗体阳性以及短期内未考虑为自身免疫性肝病的可能),我院体检中心健康对照组 150 例,用免疫印迹的方法确定对照组 AMA-M2 抗体全部为阴性并详细记录所有入组人员的生活史;2 将所有 242 例 AMA-M2 阳性患者按 AMA-M2 强弱等级分三组,分别是强阳性+++、阳性++、与弱阳性+组,应用酶法检测各组血清丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶(AST)、碱性磷酸酶(ALP)、 $\gamma$ -谷氨酰氨基转移酶( $\gamma$ -GGT)、总胆红素(TBIL)的水平。

**结果** 1 与健康对照组相比,具有长期吸烟与饮酒史的人数在 AMA-M2 阳性组显著更高,差异有统计学意义。2 ALT、AST、ALP、 $\gamma$ -GGT、TBIL 在 AMA-M2 各阳性组均有不同程度的升高,其中与健康对照组相比,5 大指标在 AMA-M2+++组升高显著,差异有统计学意义( $p<0.05$ ),而在 AMA-M2+与++组升高差异不显著( $p>0.05$ [WU1]);3 与 AMA-M2+组相比较,ALP、 $\gamma$ -GGT、TBIL 水平在 AMA-M2+++组则显著升高( $p<0.05$ ),而 ALT、AST 水平在 AMA-M2++和 AMA-M2+++组之间差异无统计学意义( $p>0.05$ [WU2])。

[WU1] $P>0.05$

[WU2] $P>0.05$

**结论** 1 饮酒(尤其是常年大量饮酒)患者体内 AMA-M2 抗体常呈阳性,但以低滴度、弱阳性为主,吸烟也会造成体内 AMA-M2 假阳性的出现。2 相比弱阳性,AMA-M2+++强阳性患者肝损伤更严重,ALP、 $\gamma$ -GGT、TBIL 是反应肝损伤程度更敏感且持久的指标。

## PU-3500

### SOCS2 affects the proliferation, migration and invasion of glioma cells via regulating EphA2

Hang Song, Shuhua Chen, Fenyong Sun

Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**Objective** Glioma is a common and lethal type of primary tumor with a high mortality and recurrence rate. Thus, it is urgent to find a novel biomarker and new therapeutic strategy. Suppressor of cytokine signaling-2 (SOCS2) was reported to be associated with various malignancies. However, the exact role of SOCS2 in glioma still remains largely unsure.

**Methods** We investigated the effects of SOCS2 on the proliferation, migration and invasion in human glioma cells in vitro by CCK-8 assay and Transwell assay. We also explored the potential mechanism of SOCS2 on glioma cells by Western blotting.

**Results** In the present study, we showed that the expression of SOCS2 was significantly upregulated in glioma patients and cells. And the high expression of SOCS2 predicted a worse outcome in glioma patients. Moreover, the in vivo experiments indicated that knockout of SOCS2 inhibits the proliferation, migration and invasion of glioma cells. Besides, we found a positive relationship between SOCS2 and EphA2 in glioma tissues. The rescue experiments indicated that SOCS2 affected the malignancy of glioma cells through regulating the expression of EphA2.

**Conclusions** Altogether, our data uncovered the ontogenetic role of SOCS2 dysregulation during the tumorigenesis of glioma. SOCS2 might serve as biomarker during the diagnosis and treatment of glioma. And targeting SOCS2 might provide a novel treatment strategy for glioma patients.

## PU-3501

### 质谱技术对分析物与内参非线性定量时同位素干扰的校正

马妍慧

上海交通大学医学院附属新华医院,233000

**目的** 基于同位素的定量通常用于化学测量, 尽管大多数分析人员寻求具有线性理论响应函数的方法用于制作标准曲线, 但区分同位素稀释方法与其他定量分析方法的独特特征, 正是非线性理论响应曲线固有的可能性。

**方法** 目前大多数同位素稀释的校准, 或通过使用具有显著不同分子量的内标来消除非线性, 或经验性采用多项式拟合。在这里我们利用伊立替康及其代谢物的同位素稀释定量结果, 采用常用的线性拟合、二项式拟合、三项式拟合和新的线性最小二乘法 Pade [1,1]近似拟合分析, 比较四种拟合方法对结果的偏倚。

**结果** 非线性校准曲线时, 使用三参数有理函数,  $y = f(q) = (a_0 + a_1q) / (1 - a_2q)$  此功能可以消除同位素稀释分析中不必要的误差源。

**结论** 分析物中存在稳定同位素的信号, 非线性拟合在基于 MS 测定中提供了更准确的定量。相反, 它亦可校正同位素内标中分析物作为杂质的存在情况。

## PU-3502

### CPT2 的下调可促进肝癌的成瘤及对顺铂的耐药

张梦梅

上海市第十人民医院,200000

**目的** 肝细胞癌(HCC)是世界上最常见的恶性肿瘤之一, 是导致癌症相关死亡的主要原因。尽管肝癌的死亡率随着预防、手术切除和靶向治疗的进展而下降。HCC 预后较差, 世界范围内 5 年生存率较低, 主要原因是即使手术切除后仍有较高的血管浸润、转移、耐药和复发的可能。癌细胞在新陈代谢中经常有特征性的变化。除了 Warburg 效应, 异常的脂质代谢也被认为是癌症最典型的代谢标志之一。因此, 了解细胞代谢重编程的机制可能为癌症治疗提供一个潜在的途径。

**方法** 收集 41 对原发性肝癌(HCC)与癌旁非癌肝组织的匹配样本。随后, 我们通过逆转录酶聚合酶链反应定量研究肉碱棕榈酰转移酶-2 (CPT2)的表达, 并系统分析其与临床病理特征的关系。我们进一步进行了增殖、菌落形成、迁移和侵袭、耐药性和脂肪生成测定, 以确定 CPT2 在 HCC 中的作用。

**结果** 在本研究中,我们发现 CPT2 是一种脂肪酸氧化限速酶,在 HCC 中下调,与肿瘤的组织学分化和静脉侵犯有显著的相关性。体外研究表明,敲除 CPT2 可显著增强肝癌细胞的致瘤活性和转移潜能。此外,CPT2 沉默诱导顺铂耐药。从机理上讲,低表达的 CPT2 通过上调硬脂酰辅酶 a 去饱和酶-1(参与合成单不饱和脂肪酸的关键酶)来促进肝癌细胞系中 mRNA 和蛋白水平的脂肪生成。

**结论** 总之,我们的研究结果表明,在 HCC 中,较低的 CPT2 表达与血管浸润的存在和较差的肿瘤分化显著相关。随后,我们证明下调 CPT2 可以促进细胞增殖、迁移、侵袭、对顺铂的耐药和脂肪生成。CPT2 在 HCC 进展和化疗耐药中具有重要作用,可能成为 HCC 治疗的一种新的预后标志物和治疗靶点。

## PU-3503

### 乙肝前 S1 抗原与 IgM 联合检测的临床意义

张小颖

1.检验师

2.西安医学院第一附属医院,710000

3.西安医学院第一附属医院,710000

4.西安医学院第一附属医院,710000

5.西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 临床意义:目的 研究乙肝病毒前 S1 抗原、核心抗体 IgM 与乙肝两对半阳性的关联性,对乙肝病毒前 S1 抗原、核心抗体 IgM 控制乙肝病毒重要性进行调查。 **方法**:收集我院从 2017 年 1 月 1 日-2018 年 8 月 30 日共计份乙肝 1544 携带者血清标本进行分析,使用酶联免疫法检测乙肝病毒前 S1 抗原、核心抗体 IgM 及其和标志物的联系,对其重要性进行分析。结果大三阳 299 例,其中前 S1 抗原阳性 259 例,阳性率 86.6%、核心抗体 IgM 阳性 110 例,阳性率 36.7%;小三阳 1083 例,其中前 S1 抗原阳性 595 例,阳性率 54.9%、核心抗体 IgM 阳性 227 例,阳性率 20.9%;携带者 162 例,其中前 S1 抗原阳性 65 例,阳性率 40.1%、核心抗体 IgM 阳性 11 例,阳性率 6.8%。乙肝前 S1 抗原、核心抗体 IgM 检出率和血清学标志物存在正相关性,标志物传染性越强则检出率高,反之亦然。因此乙肝前 S1 抗原、核心抗体 IgM 是乙肝病毒检测重要指标。 **结论**:乙肝前 S1 抗原、核心抗体 IgM 作为乙肝病毒感染的检测指标有很重要的临床意义。

**方法** 统计

**结果** 联合检测更有意义

**结论** 联合检测能极大缩短窗口期检测

## PU-3504

### AFP-L3 对鉴别良恶性肝病的诊断价值研究

冉盼盼,渠文涛,周金龙,刘雅奇,万鹏,史小芹

郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 甲胎蛋白(AFP)是目前临床应用最广泛的肝癌辅助诊断血清标志物。AFP 诊断肝癌的敏感性为 60%~70%(敏感性不足),在肝脏良性疾病中,特别是肝癌高危人群,如慢性肝炎、肝硬化中也有部分患者会出现 AFP 升高从而造成误诊,以及一些肝癌患者早期 AFP 水平持续为阴性而造成漏诊。而甲胎蛋白异质体(AFP-L3)是氨基酸序列与 AFP 相同,糖链或蛋白质等电点不同的 AFP,且 AFP-L3 的升高与肝癌密切相关并不受总 AFP 水平的影响,因此检测 AFP-L3 占总 AFP 水平的百分比(AFP-L3%)是 AFP 持续低水平的阳性患者及小肝癌 AFP 尚未明显升高的患者早期预报肝癌发生的重要指标。本文探讨了 AFP-L3 对鉴别良恶性肝病的诊断价值。



**方法** 使用郑州安图生物工程股份有限公司的甲胎蛋白异质体检测试剂盒（磁微粒化学发光法）、甲胎蛋白检测试剂盒（磁微粒化学发光法）在安图 AutoLumo A2000 全自动化学发光测定仪上平行检测肝癌血清样本 483 例，正常人血清样本 285 例，肝硬化血清样本 306 例，肝炎血清样本 271 例，统计其阳性率（AFP-L3%>10%为阳性）。

阳性率计算公式：不同类别肝病检测阳性数量/不同类别肝病收集样本数量×100%。

**结果** 肝癌、肝硬化、肝炎、正常人群血清的 AFP 阳性率分别为 73.1%、50.6%、31.5%、5.8%；

肝癌、肝硬化、肝炎、正常人群血清的 AFP-L3 阳性率分别为 95.6%、32.7%、10.3%、2.1%。

**结论** 从肝癌及各良性肝病血清检测的 AFP 及 AFP-L3 的阳性率来看，AFP-L3 对肝癌及肝部良性疾病的鉴别诊断灵敏度更高，具有较高的临床实用价值。

## PU-3505

### (-)-Guaio 通过自噬调控 RAD51 稳定性来诱导非小细胞肺癌细胞凋亡

朱佳蓓<sup>1</sup>,甄妮<sup>1</sup>,潘秋辉<sup>2</sup>,孙奋勇<sup>1</sup>

1.上海市第十人民医院（暨同济大学附属第十人民医院）,200000

2.上海儿童医学中心

**目的** (-)-Guaio 作为一种众所周知的抗菌复合物，存在于许多中草药中。它在抑制肿瘤中的作用待阐明。本文旨在探索它在非小细胞肺癌中的应用及其潜在机制。

**方法** 细胞存活实验，克隆形成实验，流式细胞实验和裸鼠成瘤实验用于检测(-)-Guaio 对非小细胞肺癌细胞增殖、凋亡的影响。高通量分析用于筛选(-)-Guaio 的潜在靶蛋白。western blot 分析、自噬相关实验、流式细胞实验用于分析 Guaio 调控靶蛋白 RAD51 的机制及调控肿瘤细胞凋亡的机制。免疫组化实验用于检测 RAD51 在肺腺癌组织中的表达。流式细胞实验，克隆存活实验和体内化疗药物敏感性实验用于分析敲除 RAD51 的非小细胞肺癌细胞对 Guaio 的敏感性。

**结果** 本研究体内体外实验结果均证实(-)-Guaio 显著抑制了非小细胞肺癌细胞的生长。进一步的高通量分析揭示同源重组修复中的关键分子 RAD51 是其潜在靶蛋白。随后的机制研究表明(-)-Guaio 通过自噬调控了 RAD51 的表达，从而引起 DNA 双链断裂诱导的细胞凋亡。更重要的是，体内体外实验证实通过靶向在肺腺癌组织中高表达的 RAD51，能够显著提高非小细胞肺癌细胞对(-)-Guaio 的化疗敏感性。

**结论** 本研究为(-)-Guaio 应用于非小细胞肺癌治疗提供了启示，同时，也表明敲除具有癌基因功效的 RAD51 能够大大增加该类患者的化疗敏感性。

## PU-3506

### RAP80 通过泛素-蛋白酶体途径调控 pATM 和 USP13 稳定性促进食管鳞癌细胞增殖

朱佳蓓<sup>1</sup>,甄妮<sup>1</sup>,马纪<sup>2</sup>,潘秋辉<sup>2</sup>,孙奋勇<sup>1</sup>

1.上海市第十人民医院（暨同济大学附属第十人民医院）,200000

2.上海儿童医学中心

**目的** 食管癌是一种预后极差的常见消化道恶性肿瘤，其分型鳞状细胞癌高发于中国，其死亡率远高于其他国家。本研究旨在探索 DNA 损伤修复蛋白 RAP80 在食管鳞癌中的作用及其可能机制。

**方法** 实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 和免疫组化实验分别用于检测 RAP80 在食管鳞癌组织中的 mRNA 和蛋白水平。体内体外功能学实验用于分析 RAP80 对食管鳞癌细胞增殖、周期和凋亡的影响。

响。蛋白稳定性实验和 western blot 实验用于探索 RAP80 调控食管鳞癌细胞周期、增殖的分子机制。

**结果** qRT-PCR 和免疫组化实验证实 RAP80 的 mRNA、蛋白水平在食管鳞癌组织中均显著增加，其表达可以作为评估食管鳞癌患者预后的指标。一系列体内外实验表明 RAP80 促进食管鳞癌细胞增殖，抑制细胞凋亡，并参与 G2/M 检查点控制。随后的机制研究发现 RAP80 通过泛素-蛋白酶体途径正调控 DNA 损伤修复应答分子 ATM 的活性，从而促进了 G2/M 期转变，并通过上调去泛素化酶 USP13 的稳定性，从而刺激食管鳞癌细胞增殖。此外，敲除 RAP80 可以显著提高食管鳞癌细胞对 ATM 抑制剂 KU-55933 的敏感性。

**结论** RAP80 在食管鳞癌中促进细胞增殖，抑制细胞凋亡并调控 G2/M 期，从而发挥癌基因作用。因此 RAP80 是未来食管癌精准治疗的潜在靶点，通过抑制其表达，能够显著提高食管癌的治疗效果。

## PU-3507

### 左旋四氢帕尔玛汀(I-THP)和穿心莲内酯诱导的子宫腺肌症小鼠肌层浸润迟缓，子宫收缩力降低，痛觉过敏减轻

张梦梅

上海市第十人民医院,200000

**目的** 子宫腺肌症是一种雌激素依赖性的良性妇科疾病，多发生于 30~50 岁的经产妇。主要症状表现为及继发性的进行性加重的痛经，月经不调，不孕不育等。目前还没有较好的治疗方法，左旋四氢棕榈碱(I-THP)、镇痛药和穿心莲内酯(NF-kB)都是从中草药中提取的活性成分

然而，我们对腺肌病引起疼痛的机制的认识还远远不够，对子宫腺肌症如何影响子宫收缩力以及药物治疗是否对收缩力有影响知之甚少。因此，我们需要深入地研究子宫腺肌症的致病机制，以便寻找和制定适当的诊断和治疗策略。

**方法** 诱导子宫腺肌症 55 例，给予他莫西芬，另 8 例(C 组)仅给予溶剂。从出生后 4 周开始，每 4 周对所有小鼠进行热板试验。第 16 周，将所有子宫腺肌症诱导小鼠随机分为 6 组，每组均接受不同剂量 THP、穿心莲内酯、低剂量穿心莲内酯联合治疗、VPA 治疗和未治疗，共 3 周。测量宫外膜肌层浸润深度，比较各组间子宫收缩力和痛觉敏感度。

**结果** 我们发现，诱发腺肌症的结果是痛觉过敏的进行性加重，同时子宫收缩的幅度和不规则性也会升高。采用 I-THP、穿心莲内酯、VPA 可抑制子宫肌层浸润，改善痛觉过敏，降低子宫收缩的幅度和规律性。

**结论** 我们的研究表明，I-THP、穿心莲内酯、VPA 治疗均能有效抑制子宫肌层浸润，改善痛觉过敏，降低子宫收缩幅度和不规则性。这些结果表明，子宫收缩力增加，以收缩幅度增加的形式，不规则的收缩可能是子宫腺肌症妇女痛经的原因之一。更重要的是，I-THP、Andro 和 VPA 似乎都是治疗子宫腺肌症的有前景的化合物。

## PU-3508

## The distribution of *Klebsiella pneumoniae* isolates ST11 and blaKPC among the Intensive Care Units in a Tertiary hospital

Xiaoli Cao  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** .To investigate the distribution of *Klebsiella pneumoniae* isolates ST11 and blaKPC-2 among the Intensive Care Unit in our hospital and the relatedness between the ST11 strains carrying blaKPC-2 were further analyzed.

**Methods** Anal swabs taken from patients hospitalized in the ICUs of our hospital were screened for carbapenem resistant *K. pneumoniae* isolates. Strains were identified by MALDI TOF Mass Spectrometry. Susceptibility to imipenem were determined by microbroth dilution according to the CLSI 2018. Strains resistant to imipenem were detected for blaKPC by PCR and DNA sequencing. The ST11 clones were identified by a multiplex PCR and ST11 strains carrying blaKPC-2 were further analyzed for genetic relatedness by Rep-PCR.

**Results** Totally, 101 strains resistant to carbapenem were collected for further analysis. Among them, 47 isolates belonged to ST11 clone and 39 strain carried blaKPC-2. Rep-PCR displayed a high similarity genetic relatedness between the ST11 strains carrying blaKPC-2.

**Conclusions** ST11 is a common host for blaKPC-2, and ST11 as a high-risk clone frequently colonizes in the gastrointestinal tract of patients hospitalized in ICUs.

## PU-3509

## 外周血裂红细胞的检测与临床运用的研究进展

文清钦  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 裂红细胞的检查不仅对血栓性微血管病性贫血（TMA）的诊断提供重要形态学线索，而且也与心脏、大血管的结构异常有关，如人工心脏瓣膜、恶性高血压等。其次，遗传性或获得性红细胞疾病（如红细胞膜缺陷、地中海贫血、巨幼细胞性贫血、原发性骨髓纤维化等），外周血中也会产生裂红细胞。

**方法** 对于裂红细胞的检测主要依靠显微镜人工镜检。另外，新一代全自动血液细胞分析仪（如SYSMEX XN系列和SIEMENS ADVIA 120系列）也能提供裂红细胞这一项检测参数。

**结果** 关于红细胞碎片，国内目前还没有共识性的文件和指南，如何规范化乃至标准化需要在广泛复习文献的基础上，通过专业人员和专家进行反复讨论达成共识，进一步将仪器法及手工检测法标准化。

**结论** 本文对有关裂红细胞的来源、分类、人工显微镜检法、仪器检测法、临床运用等方面进行了简要阐释，关于红细胞碎片，国内目前还没有共识性的文件和指南，如何规范化乃至标准化需要在广泛复习文献的基础上，通过专业人员和专家进行反复讨论达成共识，进一步将仪器法及手工检测法标准化。因此笔者认为，我国很有必要加深对裂红细胞的研究，力争取得突破性进展。

## PU-3510

## Comparative genomics reveals the potential key virulence factors of *Klebsiella pneumoniae* ST11 strains based on a global genomic database

Xiaoli Cao, Han Shen, Kui Zhang, Wanqinhh Zhou, Zhifeng Zhang, Chao Wu, Junhao Chen  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** To analyze the genomic epidemiology of CRKP strains collected from multiple hospitals in Nanjing and to explore the core virulence genes for *Klebsiella pneumoniae* ST11 clones

**Methods** Totally, 66 *K. pneumoniae* strains collected from 16 hospitals in Nanjing were analyzed for antimicrobial susceptibility. The resistance-related Genes, wzi polymorphism and K serotyping were identified from the genomes. In addition to the 66 strains analyzed in our study, 6236 genome sequences of *K. pneumoniae* downloaded in the Genbank were further analyzed for sequence types (STs) by MLST, strains were then classified into 2 groups including ST11 group and non-ST11 group with unknown STs being excluded. All the strains were compared to virulence factors database (VFDB) and the major virulence genes within ST11 group were explored. the phylogenetic tree of *K. pneumoniae* ST11 clones were further investigated.

**Results** We found that ST11 was the most prevalent clone, wzi47 was the major wzi type with K47 being the most common K type. And KPC-2 is the main carbapenemase with many other resistance genes such as CTX-M, SHV being simultaneously prevalent. Among the 5573 strains with confirmed STs, ST258 (n = 1024), ST11 (n = 516), ST15 (n = 269), ST512 (n = 268) and ST101 (n = 202) were the major STs worldwide. virulence factor comparison found that virB11, ptlE, ptlA and pilL involved in Type IV secretion systems (T4SSs); fyuA, ybtT, ybtU, irp2, ybtA, ybtX associated with Iron acquisition; and tli1 and impA/tssA belonging to Type IV secretion system (T6SS) were found to be obviously higher among the ST11 group than the non-ST11 one (p = 0.000). Two main branches were observed among the 516 ST11 strains with one of them being quite complicated.

**Conclusions** KPC-2 producing-ST11 wzi209/K47 is the predominant CRKP disseminating in multiple hospitals in Nanjing, Jiangsu province. Which alert us the urgency of implementing infection and control measure. The global genome wide screening for virulence of ST11 found that the T4SS, iron metabolic system, T6SS and the capsule might play a key role in the pathogenicity of globally disseminated ST11 strains with diverse phylogenetic relationship.

## PU-3511

## 糖尿病前期患者血清维生素 D 缺乏与代谢性危险因素的关系研究

田立强  
天津市胸科医院, 300000

**目的** 分析糖尿病前期 (prediabetes, PreDM) 患者血清维生素 D 缺乏与代谢性危险因素的关系, 为防治 PreDM 患者代谢性危险因素的发生提供新思路。

**方法** 按照 PreDM 的诊断标准, 筛选 2015 年 9 月-2015 年 12 月在和平区健康教育指导中心参加体检的 PreDM 患者 412 例。收集研究对象的体检数据包括身高、体重、腰围、血压、甘油三酯 (triglyceride, TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (high density lipoprotein cholesterol, HDL-C)、空腹血糖 (fasting plasma glucose, FPG) 等。通过高效液相色谱法检测血清维生素 D 水平。采用一般线性回归进行相关性分析。

**结果** PreDM 患者血清维生素 D 缺乏率和不足率分别为 30.58%和 26.70%。PreDM 患者维生素 D 缺乏组及不足组肥胖的患病率高于维生素 D 充足组 ( $P<0.05$ )；维生素 D 缺乏组的代谢综合征 (metabolic syndrome, MS)、高血糖及高血压患病率高于不足组及充足组 ( $P<0.05$ )；维生素 D 缺乏组的血脂异常患病率高于维生素 D 充足组 ( $P<0.05$ )。一般线性回归分析显示，PreDM 患者血清维生素 D 水平与腰围，收缩压，舒张压呈负相关，血清维生素 D 水平与 HDL-C 呈正相关；校正性别、年龄及 BMI 后，PreDM 患者血清维生素 D 水平与代谢性危险因素仍存在相关性

**结论** PreDM 患者不同的血清维生素 D 水平与代谢性危险因素关系密切，因此，对 PreDM 患者维生素 D 缺乏及不足的个体补充维生素 D，对于降低代谢性危险因素的发生具有重要的意义。

## PU-3512

### Prevalence of high-risk human papillomavirus genotypes and its correlation among women with thinprep cytology test and cervical pathological biopsies in Shanghai, China

Qi Tan, Ming Zong, Shanshan Yu, Yangqin Ye, Lieying Fan  
Shanghai East Hospital, Tongji University Medical School, Shanghai, China

**Objective** Human papillomavirus plays a critical role in cervical carcinoma, and the prevalence and distribution of high-risk human papillomavirus (HR-HPV) genotypes have obvious geographical variation. This study investigated the genotype distribution of HR-HPV, and its correlation among women with thinprep cytology test (TCT) and cervical pathological biopsies in Shanghai, China.

**Methods** A total of 7360 females were retrospectively analyzed by simultaneous determinations of HR-HPV genotyping and thinprep cytology test during April 2015 to August 2018. A total of 421 females underwent cervical pathological biopsy.

**Results** The overall high-risk HPV positive rate was 17.05% in Shanghai. The top five HPV positive genotypes (including single infections and multiple infections) were HPV 16, 52, 58, 18 and 56, the distribution of them were 25.18%, 14.58%, 13.86%, 10.99%, 8.84%, respectively. A total of 308 cases were multiple HPV infection genotypes, 24.54% of the total. Among those multiple infections, 72.40% were double infections, HPV 52, 58 and 16 were the most common types of double infections. Logistic regression analysis showed that patients infected with HPV 16, 18, 33, 56, 58 and 68 have higher OR values of TCT cytological abnormality, patients infected with HPV 16, 18, 52, 56, 58 and 68 have higher OR values of high-grade pathological changes.

**Conclusions** The prevalence of HR-HPV genotypes in Shanghai differed from other regions of China and other countries. These findings could contribute valuable information for HPV vaccination programs for Shanghai females. Logistic regression analysis showed that patients infected with HPV 16, 18, 33, 56, 58 and 68 may have a greater risk of TCT cytological abnormality, patients infected with HPV 16, 18, 52, 56, 58 and 68 may have a greater risk of high-grade pathological changes. Compared with single HR-HPV genotype infection, multiple HR-HPV genotype infection does not increase the morbidity of cytological abnormalities and cervical squamous intraepithelial lesions.

## PU-3513

### PBL 教学在临床医学检验教学中的应用

赵磊, 徐双  
北京大学人民医院, 100000

**目的** 探讨 PBL 教学在临床医学检验教学中的应用价值。

**方法** 以 24 名 2015 级医学检验系学生做为实验组, 在临床血液学检验课程中采用 PBL 教学法; 以 25 名 2014 级医学检验系学生做为对照组, 采用传统教学法。课程结束后用考试成绩和问卷调查对教学效果进行评价。

**结果** 实验组理论考试成绩明显高于对照组理论考试成绩(  $p < 0.05$  )。在教学法评价中, 66.7% 的实验组学生认为 PBL 教学有助于理论课程的学习, 75% 的学生认为有助于提高临床思维能力, 62.5% 的学生认为有助于提高文献查询、PPT 制作及演讲能力, 但超过 90% 的学生感觉 PBL 教学方法增加了课业负担, 25% 的同学难以接受 PBL 教学模式。

**结论** PBL 教学有助于理论课程的学习, 提高学生对问题的分析与解决能力, 建立了临床思维, 值得进行广泛的开展, 但需要进一步调整课程安排, 给予学生更多查阅文献及自学的时间。

#### PU-3514

### CML 患者 T 细胞 B56 $\gamma$ 、TCR $\zeta$ 及其调控基因 ELF-1 和 CREM $\alpha$ 基因的表达研究

查显丰, 黎维丹, 赖苑双, 徐玲, 温旺荣  
暨南大学附属第一医院, 510632

**目的** TCR $\zeta$  表达下调是引起慢性粒细胞白血病 (CML) T 细胞免疫缺陷的主要原因之一, 目前, 引起 TCR $\zeta$  表达下调的机制还不是很清楚, 因此本研究通过检测 PP2A 蛋白激酶调节亚基 B56 $\gamma$  基因、TCR $\zeta$  及其相关调控基因 Elf-1 和 CREM $\alpha$  基因的表达情况, 探讨 CML 患者 T 细胞 TCR $\zeta$  表达缺陷的相关分子机制。

**方法** 收集 30 例 CML 患者和 24 例正常人外周血单个核细胞, 利用 CD3 磁珠法分选获得 CD3<sup>+</sup> T 细胞; 利用 RQ-PCR 检测 B56 $\gamma$ 、TCR $\zeta$  及其上游调控基因 Elf-1 和 CREM $\alpha$  基因相对表达量, 分析它们之间的相关性。

**结果** CML 患者 T 细胞 TCR $\zeta$  基因表达明显低于正常人 ( $p = 0.0018$ ), 其上游调控基因 CREM $\alpha$  基因明显高于正常人 ( $p = 0.0359$ ), 而 Elf-1 基因表达虽然高于正常人但没有明显差异 ( $p = 0.8481$ ); 相关性分析显示 TCR $\zeta$  和 CREM $\alpha$  基因之间 ( $r = -0.5208$ ,  $p = 0.0009$ ) 呈明显的负相关, 与 Elf-1 基因之间则无明显相关性 ( $r = 0.088$ ,  $p = 0.6064$ ); CML 患者 T 细胞 B56 $\gamma$  基因的转录水平明显高于正常人 ( $p < 0.0001$ ), 而且 TCR  $\zeta$  与 B56 $\gamma$  基因的表达呈明显的负相关 ( $r = -0.4376$ ,  $p = 0.0068$ ); 同时 B56 $\gamma$  与 ELF-1 基因之间呈明显相关性 ( $r = 0.6933$ ,  $p < 0.0001$ ), 而与 CREM $\alpha$  则没有相关性 ( $r = -0.0786$ ,  $p = 0.6512$ )。

**结论** 在 CML 患者 T 细胞中异常高表达 B56 $\gamma$  与 CML 患者 TCR $\zeta$  表达下调密切相关, 可能通过 PP2A/CREM $\alpha$ /TCR $\zeta$  信号通路来介导 TCR $\zeta$  基因转录抑制, 但具体还需要进一步实验研究证明。

#### PU-3515

### 金昌地区医疗机构实验室现状调查与分析

李臣  
1. 金昌市中西医结合医院  
2. 金昌市人民医院  
3. 金昌市中心医院

**目的** 了解甘肃省金昌地区医疗机构实验室现状, 为医联体、实验室同质化、检验结果互认提供科学依据!

**方法** 调查统计分析

**结果** 基层实验室从人、材、物、管理等条件薄弱，需要各部门高度重视和大力支持！

**结论** 区域实验室检验结果互认、实验室同质化管理，还需一步一个脚印扎扎实实从基层抓起，只有这样才能真正方便百姓就医，减轻百姓经济负担！

## PU-3516

# Association between Chromosomal Aberration and Oxidative Stress in Patients with BTCC

Jiafu Feng  
Mianyang Central Hospital

**Objective** Bladder cancer is a common malignancy of the urinary system. Both genetic mutations and epigenetic alterations of various factors play important roles in carcinogenesis of the urinary bladder. According to 2019 Cancer Statistics of American Cancer Society, bladder cancer is the fourth most common cancer and the eighth leading cause of cancer death in men, and its incidence and mortality account for 7% and 4% of patients with all female tumors, respectively. The morbidity and mortality of bladder cancer are lower in women than men, and behind the 10th of all female cancers. In China, the incidence of bladder cancer is slightly lower, and it ranks the 8th most common malignancy in males. Most of bladder cancer belongs to an epithelial cancer of which bladder transitional cell carcinoma (BTCC) with a papillary appearance accounts for 90%. This study aimed to investigate the chromosomal aberrations of exfoliated bladder cells in the urine and blood oxidative stress in patients with BTCC.

**Methods** A total of 351 patients were recruited from the Department of Urology of the Mianyang Central Hospital, Sichuan Province, between June 2008 and May 2017. All patients were initially diagnosed with BTCC or had recurrent BTCC, which their diagnosis were based on cystoscopy with urinary cytology. There were 192 males and 54 females with the mean age of  $60.2 \pm 12.9$  years (range: 34-89 years). The FISH was employed to detect the abnormal CSP3, CSP7, CSP17 and GLPp16 of exfoliated bladder cells in the urine. In addition, the blood oxidative stress was also evaluated by measuring serum TOS, TAS and OSI. The association of abnormal CSP3, CSP7, CSP17 and GLPp16 with blood oxidative stress was further evaluated.

**Results** The proportions of abnormal CSP3, CSP7, CSP17 and GLPp16 and FISH positive rate were 49.9%, 54.4%, 43.3%, 57.8% and 53.6%, respectively, in BTCC patients. Significant differences were observed in the abnormal CSP3 (49.9% vs 11.7%), CSP7 (54.4% vs 13.3%), CSP17 (43.3% vs 8.3%), GLPp16 (57.8% vs 18.3%) and FISH positive rate (53.6% vs 1.7%) between BTCC patients and controls ( $P < 0.01$ ). The serum TOS and OSI were  $18.56 \pm 3.72 \mu\text{mol H}_2\text{O}_2 \text{ Eq./L}$  and  $1.35 \pm 0.43$ , respectively, in BTCC patients, which were significantly higher than in healthy controls ( $P = 0.000$ ), but the serum TAS in BTCC patients ( $1.44 \pm 0.23 \text{ mmol Trolox Eq./L}$ ) was significantly lower than in controls ( $P = 0.000$ ). The clinical stage of BTCC was not associated with abnormal CSP3, CSP7, CSP17 and GLPp16, FISH positive rate and oxidative stress ( $P > 0.05$ ). Gamma rank correlation analysis showed relationships of pathological grade of BTCC with abnormal CSP3, CSP7 and CSP17 as well as FISH positive rate ( $r = 0.520, 0.646, 0.592$  and  $0.447, P = 0.000$ ). In addition, the clinical stage of BTCC was also related to serum TOS, TAS and OSI (Spearman correlation;  $r = 0.687, -0.331$  and  $0.674, P = 0.000$ ). Evaluation of association between chromosomal aberrations and oxidative stress showed abnormal CSP3, CSP7 and CSP17 were positively related to serum TOS and OSI ( $P < 0.01$ ), abnormal CSP7 and CSP17 were negatively associated with serum TAS ( $P < 0.01$ ), but abnormal GLPp16 had no relationship with serum TOS, TAS and OSI ( $P > 0.05$ ).

**Conclusions** The chromosomal aberrations of exfoliated bladder cells in the urine are closely related to blood oxidative stress in BTCC patients, and the occurrence and development may be as a result of interaction between them. However, the causative relationship between chromosomal alterations and oxidative stress status is still unclear, and it is probable that both

facilitate the occurrence and development of cancers. If so, studies on the relationship between them may provide reliable theoretical evidence for the prevention and therapy of cancers.

## PU-3517

### 沙眼衣原体核酸检测质控物制备及评价

胥明勇

绵阳市中心医院,621000

**目的** 制备沙眼衣原体 (chlamydia trachomatis, CT) 核酸质控物, 并评价其稳定性。

**方法** 利用混合样本制备 CT-DNA 弱阳性和阳性质控物, 采用 37°C 水浴和室温两种方式对质控物融解稳定性进行评价; 应用一元线性回归分析法对质控物冷冻保存稳定性进行评价。

**结果** 在两种融解方式对质控物稳定性评价方面, 弱阳性质控物评价结果说明差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而阳性质控物评价结果说明差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 在冷冻保存稳定性影响评价方面, 弱阳性和阳性质控物线性回归分析结果均显示, CT-DNA 质控物随保存时间延长没有显著趋向变化 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 弱阳性质控物应采取 37°C 水浴融解方式, 其稳定性最好。CT-DNA 弱阳性和阳性质控物稳定性达到要求, 可以应用于临床。

## PU-3518

### 雅培 i2000 梅毒螺旋体抗体检测阈值及假阳性结果分析

马梦影

西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 探讨雅培 i2000 化学发光微粒子免疫分析法筛查梅毒螺旋体抗体的检测阈值, 并对此法检测出的假阳性样本进行分析。

**方法** 对本院 2017 年 10 月-2019 年 4 月期间我院住院病人中手术及输血前患者共 36094 例样本运用化学发光法检测梅毒螺旋体抗体, 筛查出的阳性样本进行 TPPA 确证实验, 运用 SPSS17.0 软件对结果进行统计分析。

**结果** 36094 例样本中发光法筛查出 649 例阳性样本, 并用 TPPA 进行确证, 其中真阳性样本 458 例, 假阳性样本 191 例。发光法 S/CO 值  $> 10$  的样本, 真阳性率为 100%。年龄小于 18 岁的患者和产科就诊的患者假阳性率分别高达 83% 和 47%, 与其他组比较差异均具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 化学发光微粒子免疫分析法检测梅毒螺旋体抗体有较高的敏感性, 可作筛查实验。但对于 S/CO 值在 1~10 之间的样本需进行 TPPA 确证实验, 而 S/CO 值  $> 10$  的样本无需 TPPA 进行确证, 可直接发阳性报告。年龄小于 18 岁的患者及产科就诊的患者假阳性率较高, 需谨慎发放检测报告。



## PU-3519

## 一般人群不同检测时间点维生素 D 营养状况的研究

胡洪华

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨一般人群不同检测时间点 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 的浓度水平和人群维生素 D 的营养状况。

**方法** 对 14862 例来源于 2018 年 2 月到 2019 年 1 月的一般人群，检测其血清 25 羟维生素 D 浓度，定义血清 25 羟维生素 D $\geq 30$ ng/ml 为正常、浓度在 20 到 30ng/ml 为不足、浓度 $\leq 20$ ng/ml 为维生素 D 缺乏，分别统计每月血清 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 浓度水平及变化趋势，并分析人群维生素 D 正常、不足和缺乏的百分率和变化趋势。

**结果** 本研究中 14862 例受试者血清 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 平均水平为  $22.14 \pm 11.00$ ng/ml；人群维生素 D 的缺乏、不足和正常分别占 50.42%、32.17%和 17.41%；人群血清维生素 D 正常率 1 月最低，仅为 8.34%，7 月最高为 26.09%；维生素 D 缺乏率 1 月最高，为 73.00%，7 月和 9 月最低，分别为 34.31%和 34.58%；1 月和 2 月人群血清 25 羟维生素 D 浓度最低，分别为 17.51ng/ml 和 17.43ng/ml；3 到 6 月人群 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 浓度逐渐增加，7 月份达到最高 25.56ng/ml，之后逐月下降，到 12 月下降为 18.87ng/ml。

**结论** 一般人群 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 浓度普遍偏低，维生素 D 不足和缺乏在人群中非常普遍，不同的检测时间点，人群维生素 D 浓度和正常率差异较大。

## PU-3520

## 福州地区血型不规则抗体筛查结果的临床分析

曾丰,陈鑫

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 回顾性分析我院近四年手术备血患者、输血患者的血型不规则抗体筛查的检测结果，探讨不同血型、性别、免疫史等对输血患者的影响、血型不规则抗体种类分布特征及其保障临床输血安全的意义。

**方法** 采用微柱凝胶抗球蛋白技术对 2014 年至 2018 年本院的手术备血患者、输血患者进行红细胞血型不规则抗体检测，阳性患者根据抗体性质在不同温度和介质中进行抗体特异性鉴定。

**结果** 在 124056 例标本中用微柱凝胶卡检出不规则抗体阳性病例共 307 例 (0.25%)，不规则抗体分布如下：抗体性质待定 132 例 (43.00%)，抗 E45 例 (14.66%)，抗 M44 例 (14.33%)，抗 D36 例 (11.73%)，抗 Lea13 例 (4.23%)，抗 E 合并抗 c9 例 (2.93%)，抗 c6 例 (1.95%)，抗 C 合并抗 e3 例 (0.98%)，抗 e3 例 (0.98%)，抗 S2 例 (0.65%)，抗 P12 例 (0.65%)，抗 Mur2 例 (0.65%)，冷自身抗体 2 例 (0.65%)，抗 Ec 合并抗 M1 例 (0.33%)，抗 c 合并抗 Cw1 例 (0.33%)，抗 D 合并抗 C1 例 (0.33%)，抗 Jka1 例 (0.33%)，抗 N1 例 (0.33%)，抗 C1 例 (0.33%)，抗 Fyb1 例 (0.33%)。

**结论** 输血前对患者采用微柱凝胶法进行抗体筛查和交叉配血可为患者及时和安全输血提供保障。微柱凝胶法敏感性和特异性较高，能提高检出率，在临床上得到广泛应用。抗 E 检出最多，建议将 E 抗原的检测纳入到输血前检测项目。

## PU-3521

## 双浓度筛查法联合改良碳青霉烯灭活试验（mCIM）筛查 CRE 的临床应用价值

李世荣

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 评估双浓度筛查法联合改良碳青霉烯灭活试验（mCIM）筛查耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌的临床应用价值。

**方法** VITEK2-Compact N335 卡的药敏结果为标准，用双浓度筛查法联合改良碳青霉烯灭活试验（mCIM）在 231 株肠杆菌科细菌（分离于临床样本）中筛查耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌。

**结果** VITEK2-Compact N335 卡筛选出耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌 58 株，阴性株 173 株；而双浓度筛查法筛选出 52 株，有 4 株不确定，175 株阴性；联合改良碳青霉烯灭活试验（mCIM）对 4 株不确定菌株进行检测，则 4 株均阳性。

**结论** 双浓度筛查法联合改良碳青霉烯灭活试验（mCIM）与 VITEK2-Compact N335 卡筛查耐碳青霉烯酶肠杆菌科细菌符合率为 96.7%，本方法具有操作简单、不需要特殊仪器、结果易于观察等优势，适合在各级医院的微生物实验室中推广使用。

## PU-3522

## 胆汁培养 1266 株病原菌分布及耐药性分析

李世荣

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 了解临床胆汁培养 1266 株病原菌的分布特点及耐药率，为临床合理选用抗菌药物提供依据。

**方法** 对胆道标本中分离的 1266 株病原菌的分布及耐药性进行回顾性分析。

**结果** 胆汁内分离到的 1266 株病原菌，其中 447 株来自于胰腺外科，占有分离株的 35.3%。革兰阴性菌 869 株，革兰阳性菌 379 株，真菌 18 株，分别占 68.7%、29.9%、1.4%。排名病原菌前 5 位的分别为大肠埃希菌 (19.8%)、肺炎克雷伯杆菌(15.9%)、屎肠球菌 (12.9%)、粪肠球菌 (8.8%)、铜绿假单胞菌 (7.3%)；肠球菌对万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁较敏感，但已经出现了耐万古霉素和替考拉宁的屎肠球菌，耐药率分别为 1.8%和 1.2%。铜绿假单胞菌对阿米卡星和庆大霉素耐药率最低，分别为 7.6% 和 11.9%，对其它抗菌药物的耐药率为 29.0% ~ 56.0%；大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对哌拉西林的耐药率最高，分别为 70.9% 和 50.0%；大肠埃希菌对替加环素无耐药性，对大肠埃希菌耐药率较低的抗菌药物是亚胺培南、美罗培南、阿米卡星、哌拉西林/三唑巴坦、头孢美唑，均小于 20.0%。对肺炎克雷伯耐药率较低的抗菌药物是阿米卡星、庆大霉素、亚胺培南、美罗培南、替加环素、头孢哌酮/舒巴坦，均小于 20.0%。鲍氏不动杆菌对大部分抗菌药物的耐药率都比较高，对氨基糖苷类、头孢类、喹诺酮类、磺胺类、碳青霉烯类、头霉素类耐药性均大于 52%。阴沟肠杆菌和弗氏柠檬酸杆菌对大多数抗菌药物比较敏感。

**结论** 本院胆汁内分离病原菌对氨基糖苷类，头孢菌素类，喹诺酮类，磺胺类，碳青霉烯类，四环素类，头霉素类等抗菌药物均出现了不同程度的耐药，甚至出现了耐万古霉素和替考拉宁的屎肠球菌，这应该引起临床医师的高度重视。临床医师应了解胆道内病原菌的耐药特点，根据药敏结果合理选择抗菌药物。

## PU-3523

## 血浆小而密低密度脂蛋白在脑梗死诊断中的应用

陈雅斌,蔡禾辉,张建明,苏永发,张志珊  
福建医科大学附属泉州第一医院

**目的** 研究血浆小而密低密度脂蛋白及其相关指标在常见类型脑梗死的诊断预防中是否存在价值。

**方法** 检测脑梗死组（分为大动脉粥样硬化性脑梗死、小动脉闭塞性脑梗死两小组）与健康对照组血浆脂蛋白的水平，包括低密度脂蛋白（low density lipoprotein, LDL）以及其亚组分大而轻低密度脂蛋白（large buoyant LDL, lbLDL）、小而密低密度脂蛋白（small dense LDL, sdLDL）、高密度脂蛋白（high density lipoprotein, HDL）、甘油三酯（triglyceride, TG）、总胆固醇（total cholesterol, TC）等，并计算 sdLDL/LDL、sdLDL/HDL 的比值。比较组间各项检测指标水平的差异，并进一步应用 spearman 相关性分析研究脑梗死组内 sdLDL 与其他指标是否存在相关性；logistic 二元回归分析研究脑梗死患病的独立危险因素；ROC 曲线研究 sdLDL、sdLDL/LDL、sdLDL/HDL 等指标用于预判脑梗死发生的诊断价值。

**结果** 脑梗死组 sdLDL、TG、sdLDL/LDL 和 sdLDL/HDL 水平显著升高，HDL 水平显著降低；血浆脂蛋白中 sdLDL 与 sdLDL/LDL、sdLDL/HDL、TG 存在相关性；sdLDL、sdLDL/LDL 和 sdLDL/HDL 诊断脑梗死的最佳截断值分别为 22.50 mg/dl、0.225 和 0.411。后两者的敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值、符合率分别为 59.50 %、87.50 %、100.00 %、44.94 %、71.68 %和 58.65 %、87.50 %、100.00 %、43.96 %、70.52 %。

**结论** sdLDL、sdLDL/HDL 是脑梗死患病的独立危险因素，当 sdLDL/LDL 和 sdLDL/HDL 升高至 0.225 或 0.411 以上时，应注意预防脑梗死的发生。

## PU-3524

## 2013-2016 年我国多中心替加环素不敏感鲍曼不动杆菌的分子流行病学特征及耐药机制研究

李荷楠,张建港,于昕洋,何秀娟,王启,赵春江,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 本研究旨在分析 2013-2016 年中国医院内感染的替加环素不敏感鲍曼不动杆菌的分子流行病学特征，并探究其对替加环素的耐药机制。

**方法** 收集 2013-2016 年我国多中心替加环素不敏感鲍曼不动杆菌 30 株。采用微量肉汤稀释法和琼脂稀释法测定待测菌株对常见抗菌药物的最低抑菌浓度（MIC）。采用 PCR 技术进行多位点序列分型（multilocus sequence typing, MLST）分析。使用多重 PCR 和测序技术对鲍曼不动杆菌常见 OXA 型碳青霉烯酶基因进行扩增。应用全基因组测序和生物信息学分析替加环素耐药相关的 RND 外排泵双组份调节系统 adeR/S 基因，trm 基因等基因组信息。

**结果** 本研究中 30 株替加环素不敏感的鲍曼不动杆菌，29 株为碳青霉烯耐药的鲍曼不动杆菌，对头孢他定、头孢吡肟、酶抑制剂、喹诺酮类均具有较高的耐药性。MLST 分析发现 22 株替加环素不敏感鲍曼不动杆菌属于我国流行的 ST208 或 ST195，此外还发现 2 个新的 ST 分型。30 株菌全部携带 blaOXA-51-like 基因。blaOXA-23-like 基因在 29 株碳青霉烯耐药的鲍曼不动杆菌中均检测到。有 1 株菌同时携带 blaOXA-23-like，blaOXA-58-like 和 blaOXA-51-like 基因。经典的替加环素耐药基因 adeABC 和双组份调节系统 adeR/S 基因在大部分菌株中均检测到。1 株菌检测到 adeR 的移码突变。adeS 在 1 株菌中检测到移码突变，另外发现 1 株菌在其序列内部插入 IS 序列。另外值得注意的是有 2 株菌缺失 RND 外排泵基因 adeABC 和双组份调节系统 adeR/S 基因。trm 基因在 29 株菌中均在第 240 位核苷酸（T）缺失，1 株发生了截短突变。

**结论** 研究表明鲍曼不动杆菌对替加环素存在多种不同的耐药机制，耐药性的形成是多个基因发生变化、多种耐药机制进行累积的结果。经典替加环素 *adeABC* 和调控分子 *adeRS* 的缺失提示可能存在新的耐药机制，有待深入研究。

## PU-3525

### 植物固醇血症综述

刘超伦<sup>1</sup>,徐健<sup>2</sup>

1.南方医科大学南方医院,510000

2.第二军医大学附属长海医院

**目的** 植物固醇血症是一种常染色体隐性遗传的脂质代谢性疾病，患者对植物固醇代谢障碍，导致的主要临床表现为黄褐瘤，动脉粥样硬化，早发性心脏病和血液系统的病变，可导致早期死亡。其中血液系统的病变如巨大血小板，口形红细胞等异常细胞的出现越来越被人重视，本文对国内外对植物固醇血症的研究状况做一综述。

**方法** 文献复习

**结果** 目前，植物固醇血症的诊断需要通过血浆植物固醇含量测定，但这种方式在国内医院并不普及，开展较少。基因测序可以为植物固醇血症的诊断提供帮助，因为现在已经确定植物固醇血症的致病基因定位在人类染色体 2P21 上的 *ABCG5* 和 *ABCG8* 基因。现今，比较缺乏便捷的诊断方法。

**结论** 植物固醇血症目前仍是一种罕见病，被报道研究的例数较少，因此在临床上容易被忽视，造成误诊、漏诊等情况发生。相比于目前在国内医院中还不普及的血浆植物固醇含量测定和成本较高的基因测序，患者在外周血细胞形态上表现出来的异常是我们相对容易观察到的，应引起重视。

## PU-3526

### 纳米粒子在宫颈癌化疗中协同作用的研究

郭建壮

山东省千佛山医院,250000

**目的** 通过聚合物纳米粒子携带抗肿瘤药物增加药物在肿瘤细胞的富集作用研究其在宫颈癌细胞中的抗肿瘤治疗。

**方法** 使用激光共聚焦技术检测纳米粒子同时携带硼替佐米 (BTZ) 和阿霉素 (DOX) 的多功能纳米粒子在 SiHa 细胞内的累积情况，判断其在肿瘤化疗中的作用。

**结果** 1、空载聚合物纳米粒子在高浓度下显示出了微弱的细胞毒性。2、载药纳米粒子在细胞内随着时间的推移在 240min 时达到最亮，间接反映了纳米粒子进入细胞内的过程，纳米粒子在细胞内的累积表现出了时间依赖性。3、载药纳米粒子在细胞内的分布有很好的共定位现象。

**结论** 1、纳米粒子在细胞内的聚集具有时间依赖性；2、载药纳米粒子在细胞内的分布有很好的共定位现象。

## PU-3527

## 61 株纹带棒状杆菌的耐药表型与分子流行病学研究

林冬玲

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 对 2017 年-2018 年收集自我院的 61 株纹带棒状杆菌分别进行药敏试验和脉冲场凝胶电泳 (pulsed field gel electrophoresis, PFGE) 分析, 探讨纹带棒状杆菌的耐药表型及其分子分型。

**方法** 利用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF-MS, 简称质谱) 鉴定收集的菌株, 然后进行药敏试验和脉冲场凝胶电泳分析, 药敏试验采用纸片扩散法 (又称 Kirby-Bauer 法, K-B 法)。

**结果** 万古霉素和利奈唑胺的耐药率均为 0%, 利福平耐药率为 4.9%, 庆大霉素和四环素的耐药率均大于 70%, 而环丙沙星、克林霉素和青霉素的耐药率均达到了 90% 以上。PFGE 分型结果显示, 61 株纹带棒状杆菌可以分为 34 个基因型, 其中 0011 型为主要的优势型, 共包括 15 株纹带棒状杆菌, 0015 型包括 4 株菌, 另外, 0001 型、0003 型、0005 型、0012 型、0013 型以及 0018 型均包括两株菌, 剩余的 24 个型都只包含一株纹带棒状杆菌。

**结论** 61 株纹带棒状杆菌绝大部分表现为多重耐药, 多重耐药率高达 96.7%; PFGE 分型结果显示本院的纹带棒状杆菌虽然存在些许克隆的现象, 但并未造成院内暴发感染。纹带棒状杆菌的耐药问题越来越严峻, 我们应该合理使用抗生素, 做好防范工作, 防止纹带棒状杆菌的耐药率不断增长。

## PU-3528

## 环丙沙星对 E. coli 外排泵相关基因的影响

刘健平

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 为探究 E. coli 对 CIP 耐药的机制, 本课题研究不同 MIC 环丙沙星对 E. coli 外排泵基因的影响。

**方法** 筛选并鉴定临床分离的 E. coli 耐药株, 选取在环丙沙星(CIP)和外排泵抑制剂(CCCP/PA $\beta$ N)的联合作用下其 MIC 变小的菌株, 在不同浓度环丙沙星(CIP)作用不同的时间, 从前期实验 E. coli 转录组数据中挖掘差异表达的外排泵基因, 通过荧光定量 PCR(qPCR)相对定量检测基因表达情况。

**结果** 临床 LEV 耐药菌对 CIP 联合 CCCP/PA $\beta$ N 的反应不一样, 即耐药菌之间存在很大的异质性, 可能是存在不同的耐药机制。qPCR 结果显示不同时间不同 MIC 浓度的 CIP 处理下 E. coli 耐药菌株的外排泵基因 marA 表达明显增强, 推测外排泵基因 marA 的激活与不同抗生素 MIC 浓度下作用相关。

**结论** 不同 MIC 浓度 CIP 具有促进 E. coli 外排泵基因表达的作用, 可能是诱导多药耐药的原因之一。

## PU-3529

## 云南宣威肺癌全基因组 DNA 甲基化状态改变的研究

王娟,张艳亮  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 在中国,云南宣威是肺癌发病率和死亡率最高的地区之一,目前的研究表明 DNA 甲基化的改变与癌症的发生、侵袭、转移相关,而宣威肺癌全基因组 DNA 甲基化状态的改变仍少有研究。

**方法** 10 例宣威肺癌组织及配对癌旁肺组织分别采用 DNA 甲基化免疫沉淀联合芯片 (methylated DNA immunoprecipitation combined with microarray analysis, MeDIP) 和基因表达谱芯片进行差异甲基化序列 (differentially methylated regions, DMRs) 和差异表达基因 (differentially expressed genes, DEGs) 的筛查。将 DMRs 和 DEGs 进行联合分析,最终描绘出云南宣威肺癌全基因组 DNA 甲基化状态改变并因此致基因表达改变的图谱。

**结果** 通过 MeDIP 技术,从宣威肺癌中筛选出 5788 个高甲基化序列和 1111 个低甲基化序列,发生高甲基化的序列占 83.9%。这些肺癌中的 DMRs 主要分布在 1 号、11 号、17 号、19 号染色体上。高、低甲基化序列发生在启动子区的比例分别是 57.9%、95.2%。表达谱芯片共筛选出 5129 个 DEGs,其中 3248 个基因表达上调,1881 个基因表达下调。5788 个高甲基化的序列所涉及的基因中有 516 个是低表达的 (占 14.7%),有 752 个是高表达的 (占 21.5%)。1111 个低甲基化的序列所涉及的基因中有 78 个是低表达的 (占 11.9%),有 115 个是高表达的 (占 17.6%)。启动子区发生高甲基化、低表达的基因占启动子区发生高甲基化区域所对应基因的 15.8%,启动子区发生低甲基化、高表达基因占启动子区发生低甲基化区域所对应基因的 17.6%。甲基化改变和表达改变之间无相关性。

**结论** 本研究联合差异甲基化和差异表达基因进行分析来研究宣威肺癌的发病机制,不仅为宣威肺癌发病机制的研究提供了新的思路,也为 MeDIP 结果的分析建立了一种分析模型,同时,为宣威肺癌的诊治筛选出了一些潜在的诊治靶点。

## PU-3530

## E. coli 非编码小 RNA sgrS 对靶基因的调控作用研究

张社彬  
广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** E.coli 是临床常见条件致病菌,其耐药率逐年增加,故对其耐药机制的研究相当重要。根据已报道的 sgrS-ptsG 通路,大肠杆菌通过 ncRNA sgrS 经碱基互补配对识别特定序列而抑制 ptsG 表达,降低菌内磷酸化糖的积累,使其在不良条件下存活。

**方法** 通过 TargetRNA 软件分析及对经抗生素处理的大肠杆菌的基因二代测序发现, sgrS 的靶基因不止一个,其中我们选取 relA、yggF、nrdA、hupA 作为研究对象,通过对他们的调控关系进行探索,揭开细菌如何通过调控表达以适应环境。

**结果** 本课题组将对 E.coli BW25113 株进行 sgrS 基因过表达与基因敲除处理,然后对这三株细菌通过荧光定量 PCR(qPCR)检测 sgrS 预测靶基因的表达水平变化,以探究其调控规律及功能作用。另外我们将会在果糖作为单一碳源的条件下对细菌进行传代培养,观察其预测靶基因的表达水平变化。

**结论** 通过对多个靶基因的荧光定量检测,我们初步发现 yggF 和 relA 两个基因与 ptsG 一样同样受 sgrS 的负调控,在果糖作为单一碳源的条件下 hupA 也呈现出这种负调控关系。这些基因与细菌代谢和增殖有关,未来对它们的进一步研究将非常意义。

## PU-3531

## 基于 QS 系统探讨抗菌肽 LL-37 干扰铜绿假单胞菌毒力因子的作用及机制研究

肖倩  
广东省中医院,510000

**目的** 铜绿假单胞菌 (PA) 可以造成多种感染性疾病, 也是医院中主要感染的病原菌之一。抗菌肽 LL-37 作为人体固有免疫之一具有抗微生物等活性。本课题旨在探讨抗菌肽对铜绿假单胞菌毒力因子的影响, 不仅有助于丰富 PA 耐药机制, 而且有助于丰富 LL-37 抗微生物的机制。

**方法** 培养铜绿假单胞菌野生菌株和 PA- $\Delta$ lasI/rhlI 双突变菌株。微量稀释法测定抗菌肽对 PA 的 MIC, qPCR 技术测定毒力因子相关基因的转录水平。用 NAD 法测定外毒素 A 的活性, 紫外分光光度法测定弹性蛋白酶和绿脓菌素的活性。

**结果** 与 PA 双突变菌相比, 加入抗菌肽的 PA 双突变菌表达水平无明显降低。与标准株 PAO1 相比, 加入抗菌肽的 PAO1 各种表达水平明显降低。与加入抗菌肽的 PA 双突变菌相比, 同时加入抗菌肽和信号分子的 PA 双突变菌各种表达水平明显降低。

**结论** 不同浓度的抗菌肽对 PA 毒力因子的抑制随浓度增加而加强, 抗菌肽对铜绿假单胞菌 QS 系统的影响可能是其对铜绿假单胞菌毒力因子影响的重要机制之一。

## PU-3532

## Comparison the time to detection of blood culture bottles seeded with each of four bacteria strains in three automatic blood culture systems

Juan Wang,Ming Xu  
The First Affiliated Hospital of Kunming Medical University

**Objective** Automatic blood culture instrument is a rapid and effective method for screening positive samples from a large number of clinical samples. It is a best way to identify pathogenic bacteria quickly and treat patients in time. However, the comparative study on the time to detection (TTD) of different bacteria species and different concentrations of bacteria solution in different instruments is not enough.

**Methods** In this study, 4 standard strains were diluted into 4 different concentrations respectively and injected into the blood culture (BC) bottles, in total, 128 BC bottles were included in this study. There are 48 aerobic vials, 48 anaerobic vials, 32 pediatric vials. Aliquots from all BC bottles were used for three instruments, i.e. BacT/Alert 3D system, BD Bactec-FX system and BD Bactec-FX40 automated blood culture system. Finally, the TTD of them were compared.

**Results** There were no significant differences among the three systems with aerobic, anaerobic and pediatric bottles. Although the TTD of BD Bactec-FX blood culture system was the shortest in the all. There was a negative correlation between the concentration of bacterial liquid and the TTD ( $p < 0.001$ ) no matter which systems and strains. the order in which the bacterial growth was detected is escherichia coli, enterococcus faecalis, staphylococcus aureus, pseudomonas aeruginosa. The type of BC bottle is independent of the TTD.

**Conclusions** Bacterial strains and concentration of bacterial liquid are important factors for the TTD.

## PU-3533

## 在 HCG 注射日血清孕酮、雌二醇及内膜厚度对于 IVF-ET 的相关性分析

肖倩

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨在人绒毛膜促性腺激素（HCG）注射日，血清孕酮、雌二醇及内膜厚度对体外受精-胚胎移植的相关性分析。

**方法** 回顾性分析体外受精-胚胎移植长方案助孕治疗的 271 个病例，因为肌肉注射日当孕酮  $\geq 3.18\text{nmol/L}$  就应视为升高，而当孕酮  $> .77\text{nmol/L}$  时提示过早黄素化，根据医院实际妊娠成功率，按血清孕酮水平分为四组，第一组孕酮水平  $\leq 3.18\text{nmol/L}$ 、第二组  $3.18\text{nmol/L} < \text{PRG} \leq 4.77\text{nmol/L}$ 、第三组  $4.77\text{nmol/L} < \text{PRG} \leq 6.36\text{nmol/L}$ 、第四组  $\text{PRG} > 6.36\text{nmol/L}$ 。

**结果** 雌二醇与孕酮水平的相关系数为  $r=0.262, P<0.01$ ，内膜厚度与妊娠结局的相关系数为  $r=0.092, P=0.762$  雌二醇与妊娠结局的相关系数为  $r=0.128, P>0.05$  孕酮与妊娠结局的相关系数为  $r=0.18, P>0.05$ 。

**结论** 在 HCG 注射日雌二醇与孕酮水平有显著相关性，并且在孕酮  $\leq 3.18\text{nmol/L}$  时，可显示为正相关。内膜厚度与妊娠结局也有其显著相关，但血清孕酮、雌二醇水平与妊娠结局无线性相关，但在  $3.18\text{nmol/L} < \text{PRG} \leq 4.77\text{nmol/L}$  时妊娠率相比于其他三组明显升高。内膜厚度在  $9.05 \pm 1.73$  到  $10.26 \pm 3.48$  之间以具备体外受精-胚胎移植的条件。

## PU-3534

## 联合测定 HCY 和 SAA 在急性脑梗死中的诊断价值

曹琳

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探讨血清淀粉样蛋白 A（SAA）和同型半胱氨酸（HCY）水平在急性脑梗死（ACI）中的诊断价值，为 ACI 的诊治提供依据。

**方法** 选择 2019 年 1-6 月我院收治的 ACI 患者 100 例作为 ACI 组，另选择同期在我院进行体检的健康者 150 例作为对照组（NC 组）。采用散射比浊法进行 SAA 水平的检测，HCY 的检测采用循环酶法。比较各组检测指标的差异，采用约登指数评价各指标及联合检测的诊断价值。

**结果** ACI 组患者 SAA、HCY 水平均明显高于 NC 组，差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。血清 SAA、HCY 诊断 ACI 的灵敏度分别为 65.81%、64.44%，特异度分别为 93.75%、90.32%，两者联合检测灵敏度为 96.67%，特异度为 95.65%，约登指数 0.92，明显高于单独采用 SAA、HCY 检测，差异具有统计学意义（ $P<0.01$ ）。

**结论** SAA、HCY 水平在 ACI 患者血清中升高，其表达对于 ACI 的诊断具有重要价值，且二者联合检测对脑梗死的诊断具有较高的临床价值。



## PU-3535

## 2018 年某综合医院支气管肺泡灌洗液定量培养病原菌分布及耐药性分析

金菲

南京医科大学第一附属医院（江苏省人民医院）

**目的** 探讨下呼吸道感染患者支气管肺泡灌洗液病原菌分布及对常用抗菌药物耐药性分析，为临床用药提供合理依据。

**方法** 回顾性分析南京医科大学第一附属医院 2018 年支气管肺泡灌洗液定量分离培养细菌结果及抗生素耐药情况，采用 WHONET5.6 进行药敏结果统计。数据统计采用 SPSS 21 统计软件。

**结果** 2018 年共送检标本数 758 份，共分离细菌 276 株，阳性率为 36.4%，剔除同一病人相同细菌，共分离细菌 208 株，其中革兰阴性菌 170 株，占 81.7%，排名前 3 位的是鲍曼不动杆菌（71 株，34.1%）、铜绿假单胞菌（36 株，17.3%）和肺炎克雷伯菌（29 株，14.0%）；革兰阳性菌 15 株，占 7.2%，主要为金黄色葡萄球菌（11 株，5.3%）；真菌 23 株，占 11.1%，念珠菌属 19 株，曲霉菌 4 株。74 例肺泡灌洗液做结核分枝杆菌培养，共培养到 12 例分枝杆菌，其中结核分枝杆菌 5 株，非结核分支杆菌 7 株，阳性率为 16.2%。鲍曼不动杆菌对亚胺培南、美罗培南耐药率为 98.6%，铜绿假单胞菌对亚胺培南、美罗培南耐药率分别为 19.4%、25.0%，肺炎克雷伯菌对亚胺培南、美罗培南耐药率达 55.2%。11 株金黄色葡萄球菌共检出 6 株甲氧西林耐药金黄色葡萄球菌（MRSA），检出率为 55%，未检出对万古霉素、利奈唑胺耐药的金黄色葡萄球菌。

**结论** 支气管肺泡灌洗液常见致病菌为革兰阴性杆菌，各病原菌耐药情况严重。临床应严格按照药敏结果合理用药，降低肺部感染的发生率。

## PU-3536

## Ufmylation Is Activated in Vascular Remodeling and Lipopolysaccharide-Induced Endothelial Cell Injury

Ming Su

Peking University People's Hospital

**Objective** Vascular remodeling is a key process leading to arterial stenosis. Ufmylation, a novel ubiquitin-like modification, was observed to be associated with many biological processes. However, whether ufmylation is involved in the regulation of vascular remodeling remains unclear. Therefore, the present study focused on the role of ufmylation in vascular remodeling.

**Methods** Mouse femoral artery guidewire injury models were used for inducing vascular remodeling. Vascular smooth muscle cells (VSMCs) were cultured and the phenotypic switch were induced by treating with platelet-derived growth factor BB (PDGF-BB) for 3, 6, 12, and 24 h, respectively. The ufmylation status as well as the main ufmylation system components, including Uba5, Ubc1, Ufl1 and Ufbp1, were detected using western blotting. The proliferation activity was detected using CCK-8 assay. Endothelial cell injury was induced by lipopolysaccharide (LPS).

**Results** We found that the expression of Ufm1 was upregulated in hyperplastic neointima. By treating VSMCs with PDGF-BB for 3, 6, 12, and 24 h, respectively, we observed that ufmylation was significantly activated in a time-dependent manner. Consistently, the expression levels of Ufc1, Ufl1, and Ufbp1, as key components of the ufmylation system, were all upregulated by PDGF-BB. In contrast, knockdown of Ufm1 expression attenuated PDGF-BB-induced VSMC proliferation. In addition, we observed that ufmylation was activated by LPS in endothelial cells, whereas knockdown of Ufm1 was synergized with LPS-induced endothelial cell injury.

**Conclusions** Our findings indicate that ufmylation may participate in regulation of the VSMC phenotypic switch and endothelial cell injury, which may help in the understanding of vascular remodeling.

PU-3537

## Hcy 联合脂蛋白(a)检测在脑出血疾病诊断中的应用价值研究

姜明一<sup>1,2</sup>, 毕经丽<sup>1,2</sup>

1.潍坊市人民医院,261000

2.潍坊市脑科医院,261000

**目的** 探析 Hcy 联合脂蛋白(a)检测在脑出血疾病诊断中的应用价值。

**方法** 回顾相关资料,选取我院 2014 年 7 月至 2016 年 7 月收治的脑出血患者 60 例为实验组,同时选取同一时期在本院进行健康体检的人员 60 例为对照组,所有患者均进行 Hcy 和 LP(a)指标的单项检测和联合检测,对比各组间患者对脑出血疾病的诊断准确率、Hcy 和 LP(a)指标的变化以及各项指标对疾病的敏感性。

**结果** 由于不同的人群对各项指标的检测结果不同,其中实验组患者的诊断准确率为 95%,明显高于对照组的 75%,且实验组患者检验中,Hcy 和 LP(a)指标均远高于对照组,各组间的数据结果存在较大的差异性,有统计学意义( $P<0.05$ )。应用单项 Hcy 指标和 LP(a)指标检测后,对脑出血检测的敏感性远低于联合检测的敏感性,差异显著,具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 针对脑出血患者采用 Hcy 和 LP(a)指标进行联合检测的效果显著,为临床疾病的准确诊断提供了可靠的理论依据,联合检测对疾病检测的敏感性较高,对于该疾病要早诊断早治疗,值得在临床中推广应用。

PU-3538

## 新型金属 $\beta$ -内酰胺酶 AFM 的基因组学分析

彭渊

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 金属  $\beta$ -内酰胺酶分子结构独特、底物多样化,几乎能水解所有的  $\beta$ -内酰胺类抗生素。在自发或诱发的作用下,耐药基因通过突变产生新的亚型以及新耐药基因型的出现引起细菌耐药率整体水平的升高。因此很有必要加强对耐药菌的监测,及时发现新的耐药基因型以进行基因组学研究及流行病学分析,为临床治疗及药物研究提供实验室依据。

**方法** 分离自我院患者粪便标本中的耐碳青霉烯 G-杆菌,通过 BD Phoenix 100 全自动细菌鉴定仪进行种属鉴定和药物敏感性检测。使用 QIAGEN 细菌全基因组提取试剂盒获得细菌全基因组 DNA,并使用 Nanodrop 2000 与琼脂糖凝胶电泳评估核酸质量。采用特异性引物,通过 PCR 检测常见碳青霉烯酶基因(NDM、KPC、SPM、VIM、IMP、OXA-48)并测序确认基因亚型。

以耐叠氮化钠大肠埃希菌 J53 为受体菌,在肉汤中进行接合转移试验。于含有 4 $\mu$ g/ml 美罗培南和 150 $\mu$ g/ml 叠氮化钠的共筛查平板上筛查结合子,并对阳性结合子进行 E-test 药敏试验以及相关耐药基因验证

通过高通量测序,进行序列组装与编码基因预测;对核酸序列进行耐药基因挖掘及耐药基因周围环境分析;对新型耐药基因进行碱基差异分析、进化分析及蛋白结构预测。

**结果** 在 1 株耐碳青霉烯粪产碱杆菌中检测到新型金属酶编码基因 blaAFM,与 blaNDM-1 差异碱基有 137 个。其蛋白空间结构预测提示为“双金属酶”。质粒接合转移试验提示该基因及其质粒具有水平转移的能力。

**结论** 本研究对 1 株耐碳青霉烯类产碱杆菌进行基因组学研究,检测到新型金属  $\beta$ -内酰胺酶基因 blaAFM。为探讨耐药基因进化、流行提供了新的实验室依据,凸显了规范应用抗菌药、监测耐药菌、防控院内感染的重要性。

PU-3539

## 儿童呼吸道流感嗜血杆菌的耐药性分析

王楠

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 流感嗜血杆菌是人类上呼吸道的正常菌群,它是嗜血杆菌属中最常见的对人有致病性的细菌,是一种没有运动力的革兰氏阴性杆菌,对营养要求严格,生长时需要血液中的生长因子,人工培养时必须供给新鲜血液才能生长,故名“嗜血杆菌”。可引起原发性化脓性感染和呼吸道继发感染。

分析和总结呼吸道感染儿童流感嗜血杆菌的临床特征和耐药性,为指导临床合理用药提供科学依据。

**方法** 收集儿童咽拭子标本进行培养并分离出流感嗜血杆菌,用手工 K-B 纸片扩散法进行抗菌药物敏感试验,并对其进行  $\beta$ -内酰胺酶测定,回顾性分析 2017 年 1 月-2018 年 12 月潍坊医学院附属医院儿科门诊和住院的 11620 例呼吸道感染患儿的临床资料,数据用 WHONET 统计软件统计分析。

**结果** 2 年间分离出流感嗜血杆菌 57 株,检出率为 5%,流感嗜血杆菌感染主要集中在 2-5 岁,流感嗜血杆菌对常用抗菌药物的耐药率总体呈上升趋势,对氨苄西林、复方新诺明、氨苄西林-舒巴坦的耐药率分别为 80%、75%、60%。

**结论** 本地区呼吸道感染患儿流感嗜血杆菌的感染与季节有关,对氨苄西林的耐药率较高,已不宜再作为临床治疗首选药物,感染人群主要为婴幼儿,临床治疗注意合理使用抗生素,根据药敏结果指导用药。

PU-3540

## 病毒性肝炎、肝硬化诊断中肿瘤标志物 AFP、CA125、CA199 和 CEA 的作用分析

沈建

铜陵县人民医院,244000

**目的** 分析肿瘤标志物 AFP、CA125、CA199 和 CEA 在病毒性肝炎、肝硬化诊断中的作用。

**方法** 收集我院 2014 年 4 月-2016 年 8 月的肝病患者 94 例为实验组,采用电化学发光技术,对患者进行初步筛选分类,被确诊是病毒性肝炎患者 56 例,其中轻度型 26 例,中度型 22 例,重度型 8 例。后期发生肝炎性肝硬化 48 例,代偿期 23 例,失代偿期 25 例;选择 94 名体检健康的为对照组,均无肝等慢性疾病。分别检测其 AFP、CA125、CA199 和 CEA 指标。

**结果** 从资料记录比较发现,实验组患者的 AFP、CA199 指标显著高于对照组,差异明显( $P < 0.05$ )。在分类中轻度型、中度型和重度型的 AFP 分别为 2.81、4.78 和 20.02  $\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ , CA199 分别为 12.22、18.42 和 39.18  $\text{U}\cdot\text{mL}^{-1}$ ,都在治疗中有明显的上升趋势( $P < 0.05$ );轻型和重度型的 CA125 明显高于对照组,其之间差异不明显( $P > 0.05$ )。肝硬化失代偿期的 AFP、CA125 和 CA199 明显大于代偿期的,具有统计学意义( $P < 0.01$ )。病毒性肝炎患者的 AFP、CA125、CA199 和 CEA 指标的阳性率分别为 8.93%、25.00%和 23.14%,显著低于肝硬化的 22.92%、62.50%和 52.08%,两者差异明显,具有统计学意义( $P < 0.05$ );而两者的 CEA 阳性率无差异,统计学无意义。

义( $P>0.05$ )。从单项指标看出, AFP 的敏感性最高, 特异性最好的是 CA199。而病毒性肝炎和肝硬化的单项诊断指标最佳为: AFP 的敏感性是 89.94%, 特异性为 86.12%, 阳性似然比为 81.02%。与 AFP 单项指标对比, 四者联合的综合性能为, 敏感性上升为 88.94%, 阳性似然比上升为 94.34%, 而特异性有所下降。由 ROC 曲线面积数据得出, 以下四种肿瘤标志物都有明显的诊断效能, 而 AFP 诊断效能最为突出。其他三种用来辅助诊断病毒性肝炎和肝硬化都有一定作用。说明此联合系统作用良好, 真实可靠, 此体系可以推广。

**结论** 应用四种肿瘤标志物 AFP、CA125、CA199 和 CEA 在病毒性肝炎、肝硬化诊断效果显著, 在临床上前景深远。

## PU-3541

### Associations between blood cell profiles and primary open-angle glaucoma: A retrospective case-control study

Binghua Tang, Shengjie Li, Jianping Han, Wenjun Cao, Xinghui Sun  
Eye & ENT Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University, China

**Objective** We aimed to evaluate whether the neutrophil-to-lymphocyte ratio (NLR), platelet-to-lymphocyte ratio (PLR), lymphocyte-to-monocyte ratio (LMR), and systemic immune inflammation index (SII) were associated with primary open-angle glaucoma (POAG).

**Methods** This retrospective case-control study included 240 patients with POAG and 300 age- and sex-matched control subjects. Complete ophthalmological examination and blood count measurements were performed for all subjects.

**Results** The values of NLR, PLR and SII in the POAG group were significantly increased compared with the control group ( $P < 0.001$ ;  $P = 0.012$ ;  $P < 0.001$ ). However, the LMR value was lower in the POAG patients than in the control group ( $P < 0.001$ ). When we divided the subjects into different age and gender subgroups, the NLR and SII values in the POAG patients were always higher than those in the control group. In the comparison of laboratory parameters in POAG subjects stratified according to severity, we also found that NLR and SII increased with the severity. The receiver operating characteristics (ROC) analysis revealed that the areas under the ROC curve (AUROC) of NLR, PLR, LMR, and SII to predict patients with POAG were found to be 0.627, 0.569, 0.382, and 0.986, respectively. The best cutoff point of NLR was 1.998 with a sensitivity of 59.8% and a specificity of 63.0%, and the SII was 947.365 with a sensitivity of 95.4% and a specificity of 95.7%. Multivariable logistic regression analysis showed that NLR was positively associated with mean deviation (MD); moreover, NLR and SII were independent indicators correlated with POAG (OR = 1.502; 95% CI: 1.227-1.839;  $P < 0.001$ , OR = 1.02; 95% CI: 1.009-1.021;  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** We speculated that elevated NLR and SII may serve as readily available independent inflammatory predictors in POAG patients.

## PU-3542

### Cellavision DI60 全自动形态分析系统 对外周血白细胞分类的临床应用评价

刘朔婕  
厦门大学附属第一医院

**目的 评价** Cellavision DI60 全自动形态分析系统对外周血白细胞分类的临床应用价值

**方法** 按不同疾病类型选取 250 份外周血液标本，涂片染色后分别采用 DI60 和人工镜检两种方法进行白细胞分类计数并比较结果

**结果** DI60 对正常人外周血涂片的辨识度较准确，与人工镜检结果相比可达 90% 以上，而针对幼稚粒细胞、异型淋巴细胞和原始细胞虽可以检出，但是评估能力有限，错误率在 20% 以上

**结论** DI60 可以承担日常外周白细胞分类检验的初筛工作。

## PU-3543

### 孕妇血浆中 SRY 基因检测在产前分娩中的应用

司秀文

滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探讨孕中期、孕晚期、临产期孕妇外周血中 SRY 基因的浓度变化及其与临产之间的关系。

**方法** 应用实时荧光定量 PCR 扩增技术，对 60 例 14-40 周正常孕妇和 30 例临产孕妇血浆中胎儿 DNA 进行 SRY 基因的检测并进行比较，初步探讨游离胎儿 DNA 在不同妊娠状态下的浓度变化。

**结果**：中孕组、晚孕组、临产组孕妇血浆中 SRY 基因的含量分别为（165.36±41.45）拷贝数/ml、（250.36±62.46）拷贝数/ml、（560.61±71.46）拷贝数/ml。随着孕周的增加，孕妇外周血中 SRY 基因的浓度也逐渐增加。各组间孕妇外周血中 SRY 基因含量进行比较，差异有统计学意义（ $P < 0.01$ ）。最后经出生胎儿证实均为男性胎儿，符合率 100%。

**结论** 临产期孕妇外周血中 SRY 基因含量升高更为显著，胎儿 DNA 含量的升高可能是分娩的诱因之一，可作为临床产前分娩的一个辅助判断指标。

## PU-3544

### 残余胆固醇在多囊卵巢综合征患者中的变化分析

王前明

厦门大学附属第一医院

**目的** 探讨残余胆固醇（RC）与胰岛素抵抗的关系，分析其在一组多囊卵巢综合征（PCOS）患者中的变化规律

**方法** 选择 2017 年 3 月至 2018 年 3 月 PCOS 患者 367 例和对照组 140 例，以 HOMA-IR 指数将患者分为胰岛素抵抗组（HOMA-IR $\geq$ 2.69）和非胰岛素抵抗组（HOMA-IR $<$ 2.69），比较不同组间总胆固醇（CHO）、三酰甘油（TG）、高密度脂蛋白 HDL、低密度脂蛋白（LDL）、残余胆固醇（RC）、非高密度胆固醇（non-HDL）的差异

**结果** 非胰岛素抵抗组和胰岛素抵抗组 CHO、TG、HDL、LDL、RC 和 non-HDL 与对照组比较，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；胰岛素抵抗组 TG、HDL、LDL、RC 和 non-HDL 与非胰岛素抵抗组比较，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ），两组 CHO 差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）；以 RC 与 CHO、TG、HDL、LDL、non-HDL 和 HOMA-IR 作直线相关性分析，结果显示 RC 与 CHO、TG、non-CHO、HOMA-IR 指数呈正相关（ $r$  值分别为 0.489、0.597、0.567、0.152， $P < 0.01$ ），与 HDL 呈负相关（ $r = -0.178$ ， $P < 0.01$ ），与 LDL 无相关关系（ $r$  值 0.007， $P > 0.05$ ）；多元回归结果显示，CHO、TG、HDL、LDL 对 RC 水平有显著影响（ $P < 0.01$ ），年龄和 BMI 则对 RC 无明显影响。

**结论** PCOS 患者 RC 明显升高，且与胰岛素抵抗程度相关，TG、CHO、LDL、HDL 等代谢异常是导致 RC 升高的主要因素，RC 升高可能是 PCOS 远期并发症的原因。

## PU-3545

## 淮海经济区肺炎支原体肺炎的感染情况

解秀梅

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 通过回顾性分析就诊于徐州医科大学附属医院患者的肺炎支原体抗体（MPlgM、MPlgG）检测结果，评估淮海经济区肺炎支原体肺炎的感染情况，以便为该地区医师对肺炎支原体肺炎的早期诊断提供思路。

**方法** 回顾性分析 2016.1~2018.12 我院检验科肺炎支原体抗体的检测结果共计 31760 例，其中 2016 年 7754 例，2017 年 10908 例，2018 年 13098 例。

**结果** MPlgM 阳性结果（>1.10）10153 例，阳性率为 31.97%，其中春夏季较比秋冬季阳性率稍高，且 70%为年龄小于 6 岁的患者；MPlgG 阳性结果（>36.00 AU/ml）11160 例，阳性率为 35.14%。

**结论** 肺炎支原体是淮海经济区引起肺炎的重要病原体，尤其年龄小于 6 岁的小儿为高发人群，全年感染率均较高，尤以春夏季节为重，应重视肺炎支原体的实验室诊断依据，早期诊断、早期治疗，同时应加强对该病原体的预防。

## PU-3546

## 关于定量测定人血清中的肾素的新技术

肖含

吉林金域检验医学检验所有限公司

**目的** 高血压是心、脑血管疾病的主要危险因素之一。我国高血压患者人数已突破 3.3 亿，其中约有 1.3 亿高血压患者并不知道自己患有高血压；在已知自己患有高血压的人群中，约 3000 万人没有治疗；在接受降压治疗的患者中，有 75%患者的血压没有达到控制目标。高血压是心梗和中风等严重心脑血管疾病的导火索，50%~70%的脑卒中及 40%~50%的心梗都与高血压有关，致死致残率极高，给国家和家庭造成严重负担。因此，普及高血压健康知识，提高高血压防治水平至关重要。而原醛症约占三类高血压的 1.99~13.2%，占顽固性高血压的 17~23%。血浆醛固酮与肾素活性比值就是诊断原醛症的有效手段。

**方法** 采用双抗体夹心法原理进行检测。用肾素抗体包被磁微粒，辣根过氧化物酶（HRP）标记肾素抗体制备酶结合物，通过免疫反应形成固相抗体-抗原-酶标抗体复合物，该复合物催化发光底物发出光子，发光强度与肾素的含量成正比。

**结果** 肾素在人体内有三种存在方式：无活性的肾素原、有活性的肾素原以及肾素，并且只有后两者具有肾素的活性，可以催化血管紧张素原转化为 Ang I，只有检测这两种肾素才能正确的评价 RAAS 系统的活性肾素含量。但前期由于单克隆抗体技术的限制，不能对活性肾素进行直接检测。传统的是进行肾素活性检测。但是安图肾素试剂可以直接检测定量测定人血清中的肾素。

**结论** 直接检测定量测定人血清中的肾素不受 PH 值影响，无需加入阻断剂而且所需时间大大缩短。通过校准曲线计算结果，方便快捷。更能溯源至 WHO IS 68/356 使各个实验室之间结果可以实现一致化。直接检测定量检测便于计算 ARR,为临床判断原醛症提高了方便。

## PU-3547

## 医养结合病人常见致病菌及抗生素耐药情况分析

陈秀岚,李月芬,丛日鑫,王清钰,秦子浩  
潍坊市市立医院,261000

**目的** 了解我院医养结合病区常见的致病菌分布与耐药情况。

**方法** 通过对 2017.01.01 至 2019.05.21 医养结合病区送检的标本进行检验检测,建立数据库,对结果进行数据分析。

**结果** 从医养结合病区送检的各类样本中检出各类病原菌 50 余种。十种常见致病菌共 483 株,其中铜绿假单胞菌株数最多,共 104 株,构成比为 21.53%;大肠埃希菌株数次之,共 82 株,构成比为 16.98%;奇异变形菌排第三位,共 73 株,构成比为 15.11%。从我院医养结合病区十种常见致病菌耐药性分布来看,大肠埃希菌对多数药物具有较强耐药性,对氨苄西林的耐药率高达 98%,对哌拉西林、头孢呋辛、头孢噻肟、头孢唑林的耐药率也超过 90%。肺炎克雷伯菌和其他常见致病菌对某些药物的耐药率也超过 50%,甚至达 80%。

**结论** 医养结合病区常见致病菌为铜绿假单胞菌、大肠埃希菌等,并且具有较强的耐药性。为我院医养结合病区合理应用抗生素提供了有力的数据支持。

## PU-3548

## Zinc deficiency may serve as a risk factor for anemia in HBV-associated fibrosis patients

tianbin chen  
fujianmedical university

**Objective** Zinc is an essential trace element and acts as a cofactor for more than 300 enzymes and proteins involved in antioxidant, anti-inflammatory and apoptotic effects. To our knowledge, however, whether zinc deficiency is independently associated with the risk of anemia in HBV-associated fibrosis patients has not been fully explored.

**Methods** Spearman's correlation was used to assess the relationship between Zn, Fe and hemoglobin in HBV-associated fibrosis patients. Univariate and multivariate logistic regression analyses were used to evaluate the relationships between plasma Zn and anemia, while adjusting for variables of interest like age, gender, BMI, Fe, HBsAg and FIB-4 index in the entire cohort (49.10 ± 12.82 years old, n = 176).

**Results** In total, compared with the non-anemic patients, the anemic patients (31.25%) had decreased Zn and Fe concentration (7.61± 3.34 vs 12.86±4.16 μmol/L; 12.61± 9.08 vs 21.97±8.50 μmol/L; P < 0.001, respectively). Pearson's correlation analysis revealed that Hb was significantly related to Zn (r=0.609) as well as Fe (r=0.518) in the entire cohort. After adjusting for age, gender, BMI and HBsAg, Zn deficiency, Fe deficiency and FIB-4 index (OR: 4.23, 5.55 and 3.98, respectively) can be regarded as the independent risk factors for the presence of anemia in HBV-associated fibrosis patients.

**Conclusions** In conclusion, our results support the hypothesis that serum zinc can be regarded as an independent risk factor for anemia in HBV-associated fibrosis patients. These findings imply the importance of considering Zn deficiency in addition to Fe deficiency when interpreting anemia in HBV-associated fibrosis patients.

PU-3549

## 临床实验室质量指标的应用与实践

杜艳  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 为积极推广和宣传临床医学实验室质量指标的实际应用,提高实验室的质量管理。

**方法** 1.建立规范性的程序文件;2.设计方便实用的质量指标统计表格;3.及时发现问题如技术组控制目标的设定、手工统计数据的准确性、标本流的管理设计和质量意识的认识强度等等,4.运用PDCA 分析问题和解决问题。

**结果** 医学实验室临床检验的全过程中各项质量指标得到明显提升,实验室工作人员的工作效率得到显著增强,取得一定科研成果和国家级奖项,影响力辐射各地区专州县以及海外,实验室的质量指标得到有效的宣传、贯彻和落实。

**结论** 质量指标的宣传、贯彻和应用实践,有助于提高科室质量管理。

PU-3550

## LDH 与 $\alpha$ -HBDH 检测在评估消化道肿瘤患者病情中的临床价值

解秀梅  
徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨血清乳酸脱氢酶(LDH)与 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶( $\alpha$ -HBDH)检测在评估消化道肿瘤患者病情中的临床价值。

**方法** 回顾性分析 2017.11~2018.4 本院肿瘤科收治的 282 例消化道肿瘤患者(食道癌、胃癌、结肠癌、直肠癌)的病历资料(已排除患有或疑似患有心脏疾病的患者),其中肿瘤非转移组 158 例、肿瘤转移组 124 例,比较转移性与非转移性肿瘤、不同转移组织、不同肿瘤分期之间患者血清乳酸脱氢酶(LDH)与 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶( $\alpha$ -HBDH)的水平。

**结果** 消化道肿瘤转移组 LDH 水平升高者明显高于消化道肿瘤非转移组,且 LDH 升高的水平高于消化道肿瘤非转移组,差异有统计学意义( $P<0.05$ );肺脏和肝脏等多处转移组的 LDH 水平明显高于腹膜和周围淋巴结转移组,差异有统计学意义( $P<0.05$ );消化道肿瘤转移组  $\alpha$ -HBDH 的平均水平高于消化道肿瘤非转移组,但差异未达到统计学意义;肺脏和肝脏等多处转移组的  $\alpha$ -HBDH 平均水平高于腹膜和周围淋巴结转移组,但差异也未达到统计学意义。

**结论** 消化道肿瘤发生转移的患者血清 LDH 水平明显升高,且与肿瘤的转移情况相关,故,当患者血清 LDH 水平明显升高时多数预示患者病情的恶化,为临床医生评估肿瘤患者病情及治疗提供重要的参考价值,而血清  $\alpha$ -HBDH 在这方面的价值较小。

PU-3551

## 基于主题学习的自主学习模式在微生物检验课程中的应用

夏文颖,倪芳,刘根焰  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 随着医学科学和信息化技术的飞速发展,培养医学生的自主学习能力显得尤为重要。笔者所在教学团队为提高学生的自主学习能力,自 2009 年起探索不同教学模式在医学检验专业微生物检验课程中的应用。



**方法** 笔者所在检验教学团队属于系科合一的建制，检验学系学生的检验课程均由附属医院检验科教师授课，本教学团队尝试了 CBL、PBL 以及自主学习教学模式在《临床微生物检验》课程中的探索。

**结果** 在 CBL 教学模式开展之初，微生物检验任课教师自行编写案例，学生学习热情高，课堂气氛热烈，但讨论内容往往集中在临床诊疗及伦理细节，且该案例涉及微生物检验知识点在考核环节却表现不尽如人意，影响学生分析问题解决问题的思路；开展 PBL 教学时，学生最初被自己完全主导的模式所吸引，学习热情高，但弊端是教师和学生的比例严重不达标，无法在小组讨论时很好指引，更无法观察到每位同学的表现，影响教学质量；开展基于主题学习的自主学习模式，学生学习主动性大大增强，学生查阅资料、分析与讨论的能力显著提升；且教师在自主学习过程中也教学相长，大大提高了教学水平。

**结论** 对学生自主学习能力的培养可以采用以课堂理论知识为基础、自主学习主题任务的自主学习教学模式，能够在保证教学质量的基础上，培养学生自主学习的能力，促进微生物检验教学质量。

## PU-3552

# **Mycoplasma pneumoniae induces allergy by producing P1-specific immunoglobulin E**

Qing Ye

The Children's Hospital, Zhejiang University School of Medicine

**Objective** To determine components of MP that can cause an IgE increase in children, and to clarify its specific mechanism.

**Methods** The components of MP cells were isolated by serum IgE from patients with MP pneumonia. These components obtained through the prokaryotic expression were used as allergens to detect the proportion of allergen-specific IgE produced in MPP patients, and the clinical characteristics and related immune parameters of these patients who produced this allergen-specific IgE were also analyzed. In addition, a cell experiment was used to verify the biological effect of these components in vitro.

**Results** P1-specific IgE was detected in serum of MPP children. An approximately 24-kDa polypeptide of P1 protein was obtained through prokaryotic expression purified by nickel agarose affinity chromatography. Approximately 9.2% of MPP patients produced IgE against this polypeptide of P1 protein, which was more likely to be produced in MPP patients with no history of allergies or family history of allergy-related diseases. P1-specific IgE-positive MPP patients had more severe clinical symptoms, with excessive secretion of interleukin (IL)-4 and IL-5 and overdifferentiation of Th0 cells into Th2 cells. Tests also demonstrated that the P1 protein stimulated excessive secretion of IL-4 and IL-5 in peripheral blood mononuclear cells from the peripheral blood of healthy donors.

**Conclusions** Mycoplasma pneumoniae is not only an infectious agent but also an allergen for certain individuals. The P1 protein of MP can induce the production of P1-specific IgE.

## PU-3553

## 血清高尔基体糖蛋白 73 (GP73) 是否能作为诊断原发性肝癌的标志物?

黄本林,段勇

昆明医科大学第一附属医院检验科

早期诊断是提高肝癌患者治疗疗效和改善预后的关键,与影像学检查及其他侵入性穿刺检查相比,血清肿瘤标志物检测则是在临床及体检应用中最方便、最无侵入性的诊断方法。近年来,随着蛋白质组学、肿瘤免疫等研究飞速发展,已经筛选出一些新的肝癌标志物。其中,血清高尔基体糖蛋白 73 (Golgi protein 73, GP73) 在原发性肝癌中的诊断价值一直备受争议。为此,本文将对 GP73 在肝癌诊疗中的研究进展进行综述。

肝癌中的诊断价值一直备受争议。为此,本文将对 GP73 在肝癌诊疗中的研究进展进行综述。

## PU-3554

## 内脏利什曼病一例分析报道并文献复习

黄本林,段勇

昆明医科大学第一附属医院检验科

**目的** 内脏利什曼病也称黑热病(kala-azar),是我国主要的利什曼病类型,由杜氏利什曼原虫和婴儿利什曼原虫感染所引起的全身性疾病。随着我国卫生防疫工作的大力推进,近年来利什曼病发病率已显著降低,发病率较高的地区如新疆维吾尔自治区、甘肃省、四川省等流行区依然有部分病例报道。云南省作为非流行区域,此种病例更是较为罕见,本文将我院诊断的一例内脏利什曼病报道分析如下,旨在为同行们提供借鉴经验。

**方法** 内脏利什曼病也称黑热病(kala-azar),是我国主要的利什曼病类型,由杜氏利什曼原虫和婴儿利什曼原虫感染所引起的全身性疾病。随着我国卫生防疫工作的大力推进,近年来利什曼病发病率已显著降低,发病率较高的地区如新疆维吾尔自治区、甘肃省、四川省等流行区依然有部分病例报道。云南省作为非流行区域,此种病例更是较为罕见,本文将我院诊断的一例内脏利什曼病报道分析如下,旨在为同行们提供借鉴经验。

**结果** 内脏利什曼病也称黑热病(kala-azar),是我国主要的利什曼病类型,由杜氏利什曼原虫和婴儿利什曼原虫感染所引起的全身性疾病。随着我国卫生防疫工作的大力推进,近年来利什曼病发病率已显著降低,发病率较高的地区如新疆维吾尔自治区、甘肃省、四川省等流行区依然有部分病例报道。云南省作为非流行区域,此种病例更是较为罕见,本文将我院诊断的一例内脏利什曼病报道分析如下,旨在为同行们提供借鉴经验。

**结论** 内脏利什曼病也称黑热病(kala-azar),是我国主要的利什曼病类型,由杜氏利什曼原虫和婴儿利什曼原虫感染所引起的全身性疾病。随着我国卫生防疫工作的大力推进,近年来利什曼病发病率已显著降低,发病率较高的地区如新疆维吾尔自治区、甘肃省、四川省等流行区依然有部分病例报道。云南省作为非流行区域,此种病例更是较为罕见,本文将我院诊断的一例内脏利什曼病报道分析如下,旨在为同行们提供借鉴经验。

## PU-3555

## 乙肝核心抗体阳性孕妇隐匿性乙型肝炎感染及相关机制

李姣,王琴,杨凯

安徽医科大学第二附属医院,230000

**目的** 隐匿性乙型肝炎(OBI)感染以血清乙型肝炎表面抗原(HBsAg)阴性和乙型肝炎病毒核酸阳性(HBsAg-/HBV DNA+)为特征。中国地区是慢性乙型肝炎的高流行地区之一,并且对孕妇人群中的隐匿性乙型肝炎感染关注较少。本研究的主要目的是乙肝核心抗体阳性孕妇隐匿性乙型肝炎病毒感染率及初步探讨其发生机制。

**方法** 从安徽医科大学第二附属医院收集 416 例乙肝核心抗体阳性孕妇的临床资料和血清样本。采用酶联免疫吸附法(ELISA)和化学发光微粒免疫法检测乙肝表面抗原和乙肝核心抗体。采用巢式 PCR 检测 DNA,从 HBV DNA 阳性的受试者中提取 HBV DNA,巢式 PCR 扩增,并对 PCR 产物进行测序。

**结果** 416 例乙肝表面抗原阴性患者中检测出 63 例乙肝病毒核酸,超敏 HBV DNA 中位值为 56 log IU/ml(0, 411),核心抗体阳性孕妇中隐匿性乙型肝炎患病率为 15.14%。测序显示 HBV 基因型以 B 型为主, B 型和 C 型混合感染。比较氨基酸序列后,发现有许多氨基酸取代(L22S、p70、R79C、R75H、M103V、S113L、S136P、C139R、D144G、N146D、I57F 等)。

**结论** 这些突变可能通过影响乙肝抗原与抗体的结合而影响乙肝表面抗原的检测。多种突变体与少量野生型乙肝病毒共存,相互作用以维持体内的低病毒水平和乙肝表面抗原阴性。

## PU-3556

## 贵阳地区健康成人外周血淋巴细胞亚群调查及正常参考值范围的建立

张宇,沈雪,吴青青,马莉

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 通过对贵阳地区健康成人外周血淋巴细胞亚群分布调查,建立健康成人外周血淋巴细胞亚群正常参考值范围

**方法** 收集贵阳地区健康体检者 222 例(18-57 岁),按年龄分为 18-27 岁组(69 例)、28-37 岁组(92 例)、38-47 岁组(46 例)、48-57 岁组(15 例),采用 BD 公司 6 色 TBNK 荧光抗体对外周血样进行免疫标记, BD FACSCantoII 流式细胞仪检测样品, Canto 软件程序获取数据并分析结果, SPSS24.0 软件进行统计学分析。以百分位法,采用 95%可信区间确定参考值范围

**结果** 除 18-27 岁组与 28-37 岁组间淋巴细胞亚群表达水平无统计学差异外,其余不同年龄组之间淋巴细胞亚群表达水平差异均有统计学意义,表现为 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>百分率、CD3<sup>+</sup>、CD3<sup>-</sup>CD16<sup>+</sup>CD5<sup>+</sup>百分率和绝对计数, CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>/CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>比值随年龄组增大呈下降趋势,而 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>百分率和绝对计数随年龄的增大而逐渐增加。在不同性别之间 CD3<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>、CD3<sup>-</sup>CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>绝对计数均存在显著的差异,表现男性高于女性。贵阳地区健康成人外周血淋巴细胞亚群正常参考值范围为: CD3<sup>+</sup>细胞 789—3297 个/ml (53.36%—83.74%); CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>细胞 335—1581 个/ul (22.87%—65.68%); CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>细胞 225—1489 个/ml (15.39%—48.03%); CD3<sup>-</sup>CD19<sup>+</sup>细胞 71—598 个/ml (4.36%—19.66%); CD3<sup>-</sup>CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>细胞 99—1229 个/ml (5.58%—35.57%); CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>/CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>比值 0.96—2.35

**结论** 健康成人外周血淋巴细胞亚群分布存在性别、年龄和地域差异,各实验室应建立针对本地区人群的正常参考值范围

## PU-3557

## Predominant Frequency of HLA-B2704 in patients with Ankylosing Spondylitis in Southeastern China

Xianguo Fu  
Ningde Municipal Hospital

**Objective** HLA-B27 is strongly associated to ankylosing spondylitis (AS). The distribution of B27 subtypes varies depending on ethnicity and geographic distributions. This study was to investigate the frequency of B27 subtypes with AS in southeastern Chinese Han population and confirm its geographic distribution of B27 subtypes with AS in Chinese population.

**Methods** Eighty-nine AS patients were subtyped using the high-resolution PCR-SSP and sequencing based type.

**Results** The frequency of HLA-B27 was 99.87% in AS patients. Three subtypes, B\*2704, B\*2705 and B\*2706, were identified. B\*2704 has an overwhelming frequency, accounting for 95.46%.

**Conclusions** A combined analysis including previous studies of B27-subtype distributions in Chinese Han populations showed that B\*2704 could have arisen in the Han population of southeastern China.

## PU-3558

## 肠道微生物组预测肿瘤免疫检查点抑制剂治疗的研究进展

周亚男, 张晓彤, 胡成进, 曹源  
中国人民解放军联勤保障部队第九六〇医院

**目的** 近年来, 以免疫检查点为药物靶点的免疫检查点抑制剂 (immune checkpoint inhibitors, ICIs) 成为治疗癌症的新策略, 已有多个药物批准上市, 但是只有 10%-30% 的患者对此获益。

**方法** 最近研究表明, 在肿瘤患者和动物模型中, 肠道微生物组可以通过免疫调节来影响 ICIs 的治疗效果。

**结果** 此外, 在多个报道的小鼠粪便移植实验中, 粪便微生物组成差异对移植小鼠模型的 ICIs 疗效具有重要的影响。

**结论** 在这篇综述中, 我们回顾了近年来肠道微生物组在 ICIs 治疗中的调节及预测作用, 最后通过对肠道微生物组评估肿瘤免疫检查点抑制剂疗效进行展望, 以期能够为研究肠道微生物组在肿瘤免疫治疗领域的研究提供理论依据。

## PU-3559

## FRC 相关参数在血栓性血小板减少性紫癜诊断中的作用

祁松楠, 郁佳佳, 刘冬梅  
苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 总结 2019 年以来苏州大学附属第一医院诊治的 3 例血栓性血小板减少性紫癜 (TTP) 患者的外周血裂片红细胞 (FRC) 参数, 探讨其在血栓性血小板减少性紫癜诊断过程中的作用。

**方法** 应用 Sysmex XN9000 全自动血细胞分析仪测定 3 例血栓性血小板减少性紫癜患者和 20 例正常对照组的外周血裂片红细胞绝对值及百分比, 同时进行人工镜检、计数裂片红细胞百分比并进行对比分析。

**结果** 血栓性血小板减少性紫癜患者外周血裂片红细胞绝对值及百分比均显著高于正常对照组, 差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 人工镜检计数结果与仪器报告结果一致性良好。

**结论** 血栓性血小板减少性紫癜是一种严重的弥散性血栓性微血管病, 临床上以发热、血小板减少性紫癜、微血管病性溶血、中枢神经系统症状及肾脏损害为主要特征, 称之为 TTP 五联征。外周血裂片红细胞检测对血栓性血小板减少性紫癜的病因诊断有一定的参考价值, 其检测方法快速、简便, 对于此类血液科急症有重要的提示价值。当患者出现破碎红细胞, 特别是伴贫血及血小板减少、无其他明显红细胞形态改变时, 一定要提示临床, 必要时计数红细胞碎片比例。

## PU-3560

### 高荧光强度细胞联合肿瘤标志物检测对胸腹水诊断的价值

吴文婧, 赵车冬, 申涛, 全晓宁, 陈葳  
西安交通大学第一附属医院, 710000

**目的** 尽管全自动血液学分析仪体液(BF)模式检测到的高荧光细胞(HFCs)可以提示肿瘤细胞的存在, 但 HFCs 在鉴别恶性胸腔积液中的诊断能力是有限的。本研究旨在探讨 HFCs 与肿瘤标志物癌胚抗原(CEA)联合检测对恶性胸腔积液的诊断价值。

**方法** 收集 115 例胸腔积液。采用血液学分析仪 Sysmex XN-9000 BF 模式, 对 HFCs(包括相对计数(HF-BF%) 和绝对计数(HF-BF#))进行分析。同时, 用电化学发光法测定同一患者的 CEA。采用 ROC 曲线分析评价 HFC 单独或联合 CEA 对恶性疾病的诊断准确性。

**结果** 恶性胸腔积液组的 HF-BF#、HF-BF%、CEA 水平明显高于良性对照组。HF-BF#和 HF-BF%对恶性胸腔积液的诊断价值为低至中等水平, 曲线下面积(AUC)分别为 0.663 和 0.715。CEA 检测显示诊断能力中等, AUC 为 0.832。CEA 与 HF-BF#或 HF-BF%联合检测可提高临床诊断效率, AUC 分别为 0.860 和 0.890。HF-BF#、HF-BF%和 CEA 的 Cutoff 值分别为  $29.5 \times 10^6/L$ 、5.6/100WBC 和 4.795 ng/mL。

**结论** 全自动血液学分析仪 BF 模式检测高荧光细胞与 CEA 检测相结合, 可用于鉴别良恶性体液。

## PU-3561

### IFN- $\gamma$ 刺激 UC-MSC 前后 UC-MSC 基本生物学功能及免疫调节能力的研究

戎丽娟  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 通过 IFN- $\gamma$  刺激传代的脐带间充质干细胞(UC-MSC), 检测其基本生物学功能(表型, 增殖及分化功能)的变化及免疫调节能力的变化, 并初步探讨 IFN- $\gamma$  对 UC-MSC 的作用机制

**方法** 分别对传代中的不同批次的 UC-MSC 施以 IFN- $\gamma$  刺激, 以未刺激组作为对照组。流式分析刺激前后 UC-MSC 表型变化, CCK-8 测定 UC-MSC 增殖能力, 并用相应的成骨成脂诱导培养基进行成骨成脂诱导培养后分别用 oil red, 茜素红及 von cossa 染色, 观察形态学变化。分别利用不同批次的 UC-MSC 与健康志愿者的外周单个核细胞共培养, Brdu ELISA 的方法测定单个核细胞的增殖情况, 以检测 IFN- $\gamma$  刺激前后 UC-MSC 抑制外周单个核细胞增殖的能力变化。

**结果** IFN- $\gamma$  刺激后, UC-MSC 表面分子表达除 SSEA-4 (未刺激组 IFN- $\gamma$  刺激组) 和 CD106 (未刺激组 IFN- $\gamma$  刺激组) 外, 其余无明显变化。IFN- $\gamma$  刺激组和未刺激组相比, UC-MSC 增殖及分化能力无显著差异。UC-MSC 与外周单个核细胞共培养后, 与未刺激组相比, IFN- $\gamma$  刺激组的 UC-MSC 对外周单个核细胞增殖的抑制率升高, 且差异具有统计学意义 ( $p=0.50$ )

**结论** IFN- $\gamma$  刺激后, UC-MSC 表面 SSEA-4 和 CD106 表达升高, 说明 IFN- $\gamma$  刺激可能对 UC-MSC 的干细胞特性有所影响。并且 IFN- $\gamma$  刺激后, UC-MSC 抑制外周单个核细胞增殖的能力增高, 表明 IFN- $\gamma$  刺激可能提高 UC-MSC 的免疫抑制能力。

## PU-3562

### 儿茶酚胺类激素与高血压病的关系探讨

黄惠芳

苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 通过儿茶酚胺类激素水平的检测, 来探讨肾上腺髓质功能与高血压病的关系。

**方法** 用 LC-MS 液相色谱质谱联用的方法检测儿茶酚胺类激素 (血七项): 肾上腺素、去甲肾上腺素、变肾上腺素、去甲变肾上腺素、高香草酸、香草扁桃酸、多巴胺。收集 2018 年 5 月 1 日至 2019 年 5 月 13 日在苏州大学附属第一医院就诊的 131 例高血压患者的儿茶酚胺激素水平, 将其进行统计分析, 来研究肾上腺髓质功能与高血压病的相关性。

**结果** 131 例高血压患者中, 儿茶酚胺阳性 (血七项中一项或一项以上含量升高) 66 例, 阳性率为 50.4%。其中高血压 1 级 29 例, 15 例阳性, 阳性率为 51.7%, 高血压 2 级 3 例, 1 例阳性, 阳性率为 33.3%, 高血压 3 级 20 例, 9 例阳性, 阳性率为 45.0%, 未能分级的高血压病患者 79 例, 41 例阳性, 阳性率为 51.9%。

**结论** 儿茶酚胺对高血压有一定的影响, 本文分析的 131 高血压患者中 50% 左右的患者血压升高, 是由于肾上腺髓质合成和分泌的儿茶酚胺类激素升高引起的。但除了高血压 2 级由于例数较少, 儿茶酚胺类激素阳性率较低外, 其他分级与不分级的高血压患者, 儿茶酚胺类激素阳性率均在 50% 左右, 没有明显的差异。说明儿茶酚胺类激素升高的比例与高血压的分级无直接相关性。

## PU-3563

### P1NP、CTX、N-MID 对绝经后女性骨质疏松性骨折风险预测价值

王春娟

山东省文登整骨医院

**目的** 通过检测绝经后骨质疏松患者骨代谢标志物水平, 评估骨代谢标志物与绝经后骨折发生的相关性, 及骨折风险预测价值。

**方法** 研究纳入 2017 年 6 月至 2019 年 2 月间在山东省文登整骨医院住院治疗的 97 例绝经后女性骨质疏松性骨折患者作为实验组, 同时随机选择 96 例未发生骨折的对应年龄段的绝经后女性作为对照组, 分别检测 I 型胶原氨基端延长肽 (P1NP)、I 型胶原羧基末端肽 (CTX)、N-骨钙素 (N-MID), 并分别检测各研究对象的骨密度值。采用 Pearson 等级相关对绝经后女性骨密度与 P1NP、CTX、N-MID 等骨代谢标志物进行相关性分析。

**结果** 骨折组患者 P1NP、CTX、N-MID 值分别为:  $69.48 \pm 22.32$  ng/ml、 $591.20 \pm 223.15$  pg/ml、 $5.79 \pm 0.73$  ng/ml, 未骨折组患者 P1NP、CTX、N-MID 值分别为:  $40.71 \pm 15.22$  ng/ml、 $316.77 \pm 129.53$  pg/ml、 $4.09 \pm 0.55$  ng/ml, 骨折组 P1NP、CTX、N-MID 水平显著高于未骨折组

( $P<0.05$ )，绝经后女性发生骨质疏松性骨折后骨代谢标志物水平增加明显。骨质疏松患者骨密度与 P1NP、CTX、N-MID 得分均呈负相关，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 绝经后女性骨质疏松患者发生骨折，P1NP、CTX、N-MID 水平显著升高，骨密度与骨代谢标志物呈负相关，可作为临床预测绝经后女性骨质疏松骨折风险的标志物，并为减少骨折复发提供依据。

#### PU-3564

### Cadherin 19, a miR-4258 Target, Induces CDC42 Expression During High Glucose-Induced Renal Epithelial-Mesenchymal Transition in HK-2 Cells

Jing Yang, Luoyuan Cao  
Ningde Municipal Hospital

**Objective** Epithelial-mesenchymal transition(EMT) plays a vital role in the renal fibrosis process. Our previous experiment found that the expression of microRNA-4258(miR-4258) significantly increased in the HK-2 cells undergoing EMT process, while the mechanism of miR-4258 on EMT remains to be completely elucidated. Therefore, the objective of the present study was to investigate the functional role and mechanism of miR-4258 in HK-2 cells of EMT.

**Methods** An EMT model was constructed via induced the HK-2 cells with high dose of D-glucose(30 mM, HG). MicroRNA target prediction and functional study database(miRDB) shows that the potential target of the miR-4258 is cadherin19(CDH19), verified by luciferase reporter gene assay, over-expression and knockdown analysis.

**Results** MiR-4258 targeted 3'-UTR of CDH19 mRNA and down-regulated CDH19 protein expression in a post-transcriptional manner. CDH19 over-expression might partly reverse the effect of miR-4258 mimic. Over-expression of CDH19 could up-regulate the expression of CDC42 and E-cadherin, Knockdown of CDH19 markedly inhibiting the expression of CDC42 and E-cadherin resulting in promotion of EMT process of the HK-2 cells.

**Conclusions** The miR-4258 down-regulates the expression of CDH19, and CDH19 induces CDC42 expression during EMT in HK-2 cells. MiR-4258 may serve as a EMT inducer by targeting CDH19. which could offer novel insights into the development of new therapeutic strategies for renal fibrosis.

#### PU-3565

### 浅谈分析前标本状态对检验结果的影响及措施分析

陈超  
吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 探讨血清标本状态对部分血液检验结果的影响，通过对检验前进行全面的规范操作，从而提高检验结果的准确性。

**方法** 分析临床血液标本采集过程的各个环节容易出现的错误如采血时间、采血部位及方法、采血体位、标本放置时间、抗凝剂及溶血，提出改正方法

**结果** 大多数标本采集后需要立即送检,防止标本外溢，蒸发和污染等,若送检延迟，抗凝血随时间延长，血红蛋白量增加，PH 值下降，细胞膜的渗透压升高，标本极易出现溶血的情况。血细胞计数检测必须在 8 小时之内完成。在临床生化检验过程中，有许多因素都会导致检验结果出现误差。其中，标本溶血是临床生化检验中最常见的一种干扰和影响因素，不少物质在红细胞内外有特殊的分

布, 当待测物在红细胞内浓度高于血浆时, 溶血可导致测定结果偏高。不同的采血方法及多种因素对结果的准确性都可能产生影响。

**结论** 实验结果的准确性取决于标本采集, 病人条件和检测管理三方面。在众多影响检验结果中, 确认分析前错误的占 68.2%, 错误中占第一位的是标本因素。因此要反应患者的真实情况, 应对检验前标本的正确采集引起足够重视, 与临床护理多进行沟通, 注意操作事项及正确的采血方法, 告知患者在采血前的注意事项, 这样才能更好的保证检验结果的准确可靠。总之, 按要求采集标本是保证检验质量的前提, 只有做好标本采集才是得到精确检验结果的第一步。

## PU-3566

### 类风湿关节炎患者血清铁调素的检测及相关参数分析

王霞  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 类风湿关节炎除损伤关节外还可以损害其他组织和系统, 贫血为 RA 较常见的关节外表现之一。RA 发生贫血最常见的原因是慢性病贫血(anemia of chronic disease, ACD)。ACD 常伴有铁代谢的异常, 而铁调素是机体铁稳态调节中重要的负激素。本研究通过测定铁调素, 研究 RA 患者是否通过调节铁调素影响铁代谢及发生贫血。

**方法** 将 64 例研究对象分为两组, 其中健康成人组 (HA 组) 19 例, 类风湿关节炎患者组 (RA 组) 45 例。又根据有无伴发贫血, 将 RA 组分成为类风湿关节炎伴贫血(RA+a)亚组和类风湿关节炎未伴贫血(RA-a)亚组, 两亚组病例数分别为 23 例和 22 例。采用美国 DRG 公司生产的 ELISA 试剂盒, 检测了各组的血清铁调素水平。同时, 还对血常规、CRP、ESR、血清铁蛋白、血清铁等相关参数进行了分析。

**结果** (1)健康成人组的血清铁调素水平为  $19.42 \pm 4.57 \text{ ng/ml}$  (13.58~33.35 ng/ml), 血清铁调素水平的正常参考范围以 95%的置信区间确定为 10.28~28.56 ng/ml。类风湿关节炎患者组的血清铁调素水平为  $34.34 \pm 11.64 \text{ ng/ml}$  (16.76~72.85 ng/ml)。45 例类风湿关节炎患者中共有 29 例 (64.4%) 的血清铁调素高于正常水平。组间比较, 类风湿关节炎患者组与健康成人组的血清铁调素水平之间具有统计学差异 ( $P < 0.001$ )。 (2) 类风湿关节炎伴贫血亚组的血清铁调素水平为  $37.94 \pm 12.33 \text{ ng/ml}$  (16.76~72.85 ng/ml), 类风湿关节炎未伴贫血亚组的血清铁调素水平为  $30.58 \pm 9.76 \text{ ng/ml}$  (17.10~62.32 ng/ml)。伴贫血亚组的血清铁调素水平高于未伴贫血亚组, 其差异具有统计学意义 ( $P = 0.040$ )。两亚组的血清铁调素水平均高于健康成人组, 其差异具有统计学意义 (分别为  $P < 0.001$ ,  $P = 0.001$ )。 (3) RA 患者的血清铁调素与其它检测项目之间无明显相关性。

**结论** RA 患者的血清铁调素水平与正常人相比明显升高, 其中伴贫血组的患者血清铁调素水平高于未伴贫血者。RA 患者发生贫血是多因素的结果, 铁调素参与其中; RA 患者发生贫血一般为轻、中度, 正细胞正色素性贫血多见, 也可有低色素性及小细胞性的贫血; RA 贫血患者的血清铁蛋白可为升高、降低或正常, 血清铁可降低或正常; RA 患者的血红蛋白含量与疾病的活动度呈负相关。

## PU-3567

### 血液病伴假性低血糖 4 例临床分析

郁佳佳  
苏州大学附属第一医院, 215000

**目的** 通过回顾性分析血液病合并假性低血糖患者不同阶段血糖, 探讨其发生原因。



**方法** 应用软件回顾性分析 2018 年 1 月至今血液科低血糖病例，分析 8 例患者白细胞计数与血清葡萄糖水平之间的关系。

**结果** 2018 年至今血液科共有 8 例患者（包括恶性淋巴瘤、多发性骨髓瘤、急慢性白血病）出现低血糖，经回顾性分析发现，有 4 例患者因为白细胞升高发生了假性低血糖，其中有 3 例患者随着白细胞计数异常增高，血糖降低程度也增加，并随白细胞计数下降其血糖值恢复正常，二者存在负相关。

**结论** 细胞在离体状态下会从血浆中不断摄取葡萄糖来进行无氧酵解。某些血液病细胞异常增生，可能对葡萄糖的酵解能力增强，导致白血病患者假性低血糖。此外，环境温度、标本留置时间及动静脉血差异都可能与此现象有关，应结合临床分析，避免盲目治疗或忽视低血糖以致延误治疗给病人带来不必要的危害。

PU-3568

## 基于环介导恒温扩增技术检测肺孢子菌方法的建立及评价

徐秋月

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 建立检测耶氏肺孢子菌的特异性的环介导恒温扩增体系,应用于肺孢子菌肺炎（Pneumocystis pneumonia, PCP）的快速诊断。

**方法** 以肺孢子菌线粒体大亚基保守序列设计环介导恒温扩增（Loop-mediated isothermal amplification, LAMP）引物，建立并优化检测肺孢子菌基因的 LAMP 反应体系。最低检测限:以肺孢子菌标准品倍比稀释验证 LAMP 体系最低检测限;特异性:检测流感嗜血杆菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌、嗜麦芽窄食单胞菌、肺炎克雷伯菌、肺炎链球菌核酸,验证 LAMP 体系检测特异性;方法学比较:以 HIV 患者的痰液样本为检测对象，对比 LAMP 方法与实时荧光定量 PCR、巢式 PCR 及环六亚甲基四胺银（Gomori Methenamine Silver, GMS）染色法检测肺孢子菌的检出率及阳性符合率。

**结果** LAMP 体系最低检出限为 50 IU/ml;与流感嗜血杆菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌、嗜麦芽窄食单胞菌、肺炎克雷伯菌、肺炎链球菌无交叉反应;对 58 例 HIV 患者的痰液标本进行检测的结果显示，用 LAMP 的基因检出率为 43.1%、RT-PCR 的检出率为 24.1%、巢式 PCR 的检出率为 20.7%、GMS 染色法的检出率是 13.8%。

**结论** ①LAMP 方法具有较高的敏感性 & 特异性;②LAMP 检测肺孢子菌基因的检出率高于常规的 GMS 染色法和巢式 PCR 检测方法，其敏感性 & 时间优势高于常规的 RT-PCR。

## PU-3569

## Molecular and clinical progress in follicular lymphoma lacking the t(14;18) translocation

Weihong Ren<sup>1</sup>, Zunmin Zhu<sup>2</sup>, Tao Li<sup>3</sup>, Xuran Zhang<sup>1</sup>, Zhengqiang Zhang<sup>4</sup>, Dandan Zhu<sup>5</sup>, Pei Lin<sup>6</sup>, Shichun Tu<sup>7,8</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Henan University of Chinese Medicine

2. Institute of Hematology, the Henan Renmin Hospital

3. Laboratory of Hematology, the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

4. Immunology Laboratory of Chinese Medicine, Henan University of Chinese Medicine

5. Zhengzhou Shenyao Biotechnology

6. Department of Hematopathology, MD Anderson Cancer Center

7. Scintillon Institute for Biomedical and Bioenergy Research

8. Allele Biotechnology & Pharmaceuticals

**Objective** Although the majority of patients with follicular lymphoma (FL) harbor the t(14;18)(q32;q21) IGH/BCL2 gene rearrangement that leads to overexpression of BCL2 protein, about 20% of FL cases lack t(14;18)(q32;q21). It is believed that BCL2 overexpression underscores the development of most cases of FL and their transformation to more aggressive lymphoma (transformed follicular lymphoma or tFL). However, FL cases lacking the t(14;18)(q32;q21) show symptoms analogous to their t(14;18)-positive counterparts. An important goal of recent research on FL has been to clarify the distinctions between the two different forms of FL. Numerous studies have shed light on the genetic and molecular features of t(14;18)-negative FL and the related clinical manifestations. In this review, we summarize the current knowledge of t(14;18)-negative FL occurring in the lymph nodes with an emphasis on the underlying molecular and clinical features and discuss the new directions for treatment.

**Methods** This is a review, no method.

**Results** This is a review, no result.

**Conclusions** This is a review, no conclusion.

## PU-3570

## 2009 例泌尿生殖道支原体培养和药敏结果分析

张晓兵

重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 了解本院泌尿生殖道感染患者支原体培养及药敏结果, 为临床合理用药提供依据。

**方法** 采用支原体培养鉴定和药敏方法对 2018.3~2019.3 来我院就诊的 2009 例患者泌尿生殖道标本进行支原体培养和药敏试验。

**结果** 2009 例患者支原体培养阳性 654 例 (32.6%), 其中男性 169 例, 阳性率为 23.5% (169/718), 女性 485 例, 阳性率为 37.6% (485/1291); 仅解脲支原体(Uu)阳性 561 例, 其药敏结果为: 抗菌药物敏感率超过 90% 的有美满霉素 (99.6%)、强力霉素 (99.3%)、克拉霉素 (97.9%)、交沙霉素 (94.1%)、罗红霉素 (94.1%)、阿奇霉素 (90.4%), 耐药率超过 70% 的有诺氟沙星 (93.1%)、环丙沙星 (83.4%)、氧氟沙星 (74.7%); 仅人型支原体(Mh)阳性 20 例, 其药敏结果为: 强力霉素、美满霉素、交沙霉素敏感性均为 95.0% (19/20), 其余抗菌药物敏感性低于 30.0%; Uu 和 Mh 均阳性 73 例, 其药敏结果为: 强力霉素、美满霉素、交沙霉素敏感性分别为 93.2%、91.8%、69.9%, 其余药物耐药率均超过 70.0%。

**结论** 女性支原体感染常见，其中 UU 感染为主。经验治疗可首选美满霉素、强力霉素、交沙霉素，由于 UU 和 Mh 对抗菌药物敏感性存在差异，临床治疗支原体感染需进行支原体鉴定及药敏试验，根据试验结果规范化治疗。

## PU-3571

### CircRNA in exosomes can be new biomarker in clinical diagnosis

Qi Mi

The second hospital of Shang Dong University

**Objective** With the continuous development of clinical technology, clinical diagnosis, especially diagnosis of some refractory diseases, is increasingly dependent on the indication of biomarkers. Therefore, it is extremely important to find new and sensitive biomarkers for the diagnosis of diseases.

**Methods** At present, there are three methods for the identification of exosomes. One is to identify the morphology of exosomes by transmission electron microscope. The second method is the particle size analysis carried out by Nanosight. The last way is detection of protein markers (such as CD63, TSG101, HSP70, GFAP, ect) by Western Blot.

**Results** It has been reported that some circRNA can be detected in exosomes of peripheral blood, and the expression of circRNA in peripheral blood can indirectly reflect the expression of circRNA in diseased tissue and organ. Therefore, detect the expression level of tissue-specific circRNA of exosomes in blood can play a role of localization and indirect quantification.

**Conclusions** Primarily, exosomes are widely found in various humoral fluids, especially in peripheral blood, and they can be extracted from a very small amount of humoral specimens. Secondly, the special structure of circRNA ensures its stability, consequently, circRNA in exosomes can be new biomarker in clinical diagnosis.

## PU-3572

### Melatonin inhibits lung metastasis of gastric cancer in vivo

Xiaoting Wang, Bin Wang, Weiwu Zhan, Huifang Huang  
Fujian Medical University Union Hospital

**Objective** Melatonin shows therapeutic benefits in gastric cancer, but the mechanism underlying its anticancer effects remains elusive. The aim of this study was to determine whether melatonin inhibits lung metastasis in gastric cancer.

**Methods** A lung metastasis model of gastric cancer was established in nude mice injected with human gastric adenocarcinoma MGC80-3 cells. Mice were divided into control, IL-1 $\beta$ -treated, melatonin-treated, and IL-1 $\beta$  plus melatonin-treated groups and analyzed for the formation of lung metastatic nodules by flow cytometry and hematoxylin and eosin staining. The mRNA expression of epithelial-mesenchymal transition (EMT) markers was assessed by RT-qPCR. The activities of matrix metalloproteinase (MMP)-2 and MMP-9 were determined by gelatin zymography and their protein expression by western blotting and immunohistochemistry. The levels of NF- $\kappa$ B p65 and phosphorylated (p)-p65 were detected by immunohistochemistry.

**Results** The number of lung metastases in the IL-1 $\beta$  plus melatonin group was significantly lower and the sizes of nodules were smaller than those in the IL-1 $\beta$  group. Furthermore, melatonin reversed changes in the expression of EMT markers induced by IL-1 $\beta$  by increasing mRNA levels of  $\beta$ -catenin and E-cadherin and decreasing those of fibronectin, vimentin, and Snail compared to IL-1 $\beta$ . Treatment with IL-1 $\beta$  upregulated the expression and activities of MMP-2 and MMP-9 and expression of NF- $\kappa$ B p65 and phospho-p65 (p-p65), but melatonin alleviated these effects.

**Conclusions** Melatonin inhibited IL-1 $\beta$ -induced lung metastasis of gastric cancer through downregulation of MMP-2, MMP-9, and NF- $\kappa$ B p65 expression and activities. These findings provide a basis for potential use of melatonin as a supplementary therapy for patients with advanced gastric cancer.

#### PU-3573

### APOB、ZNF350/ZNF350-AS1 基因多态性与 HBeAg 阳性 CHB 患者的 IFN $\alpha$ 疗效相关

郭健慧

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 干扰素  $\alpha$  (IFN $\alpha$ ) 治疗慢性乙型肝炎 (CHB) 患者的疗效具有个体化差异, 本实验拟从筛选与 IFN $\alpha$  疗效相关的单核苷酸多态性 (SNP) 位点入手, 寻找与 IFN $\alpha$  疗效相关的 SNP 位点以预测其临床疗效。

**方法** 收集 124 例 HBV 基因型为 B/C 的 HBeAg 阳性 CHB 患者, 其中 IFN $\alpha$  治疗完全应答 (CR) 组 38 例, 应答不佳 (SR) 组 86 例。用 Infinium® Asian Screening Array (ASA 芯片) 技术和 Massarray 技术对 IFN $\alpha$  通路内/外的基因进行 SNP 分型并统计

**结果** 载脂蛋白 B (APOB) rs1367117、APOB rs10199768、锌指蛋白 350 (ZNF350) / ZNF350-AS1 rs2278420 和 ZNF350-AS1 rs6509607 的基因型在 CR 组与 SR 组之间的分布具有统计学差异 ( $P=0.029$ ,  $P=0.036$ ,  $P=0.000$  和  $P=0.000$ ); SR 组中的 rs1367117 GG 基因型和 G 等位基因频率显著高于 CR 组 ( $P=0.021$  和  $P=0.017$ ); SR 组中的 rs10199768 CC 基因型和 C 等位基因频率显著高于 CR 组 ( $P=0.036$  和  $P=0.040$ )。SR 组中的 rs2278420 AA 基因型和 A 等位基因频率显著高于 CR 组 ( $P=0.000$  和  $P=0.000$ ); SR 组中的 rs6509607 AA 基因型和 A 等位基因频率显著高于 CR 组 ( $P=0.000$  和  $P=0.000$ )。

**结论** APOB 和 ZNF350/ZNF350-AS1 基因多态性与 IFN $\alpha$  治疗 HBeAg 阳性 CHB 患者的疗效有关, 有助于 IFN $\alpha$  治疗前的筛选。

#### PU-3574

### cTnT-hs,cTnI-hs 和 NT-proBNP 联合检测对急性心肌梗死的临床应用价值

吴月圆,陈旭

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 评价 HS-cTnT,HS-cTnI,NT-ProBNP 三者联合检测在 AMI 诊断中的临床应用价值。

**方法** 比较 60 例确诊 AMI 患者和 60 例确诊冠心病非 MI 患者入院即刻血清样本 HS-cTnT,HS-cTnI,NT-ProBNP, CKMB 检出阳性率。检测 180 例心内科就诊病人入院即刻 HS-cTnT,HS-cTnI,NT-ProBNP,CKMB 的浓度, 比较确诊 AMI 患者和冠心病非 MI 患者各指标的检出阳性率。

**结果** 确诊 AMI 患者入院即刻 HS-cTnT HS-cTnI,CKMB, NT-ProBNP 的检出阳性率分别为 93.3%, 73.3%, 69.2%, 83.3% ( $P$  均 $<0.05$ )。确诊冠心病非 MI 患者入院即刻 HS-cTnT, HS-cTnI,NT-ProBNP, CKMB 分别为 63.3%, 40.0%, 18.2%, 100% ( $P$  均 $>0.05$ )。HS-cTnT HS-cTnI,CKMB, NT-ProBNP 的检测 AMI 的准确性分别是 95.0%, 80.0%, 77.3%, 90.9%。

**结论** 相比传统的酶学指标 CKMB, HS-cTnT,HS-cTnI,NT-ProBNP 联合检测能够为 AMI 的更早期诊断提供可靠依据, 减少 AMI 患者的误诊和漏诊。而且由于 HS-cTnT 相比 HS-cTnI,NT-ProBNP

对早期 AMI 诊断有更好的诊断特性, HS-cTnT 检测对于早期急性心肌梗死具有非常大的临床应用价值。

## PU-3575

### 血培养阳性标本革兰氏阴性杆菌直接鉴定及碳青霉烯耐药筛查方法的建立及应用价值评估

吴斌,杨银梅,徐邦牢

广州市第一人民医院,510000

**目的** 利用质谱技术在细菌鉴定方面快速及高通量的特点, 本研究拟发展一种血培养阳性标本中革兰氏阴性杆菌快速的细菌鉴定及药敏方法。同时利用微流控芯片技术高通量、低成本、快速的特点, 发展一种血培养阳性标本中革兰氏阴性杆菌碳青霉烯耐药的快速筛查方法。

**方法** 选取血培养报阳标本经涂片革兰氏染色确定为革兰氏阴性杆菌感染标本 152 例。利用分离胶促凝管将血培养阳性标本中的革兰氏阴性杆菌分离出来, 再使用 MALDI-TOF MS 进行细菌鉴定, 并将分离出来的细菌直接进行药敏实验, 得到的结果与传统培养方法的结果进行比对。同时, 分离胶分离出来的革兰氏阴性杆菌提取核酸, 将其与微流控芯片碳青霉烯耐药基因扩增液混匀后加入微流控芯片中, 上机扩增并读取实验结果。微流控芯片碳青霉烯耐药筛查基因为 KPC、IMP、VIM、NDM、oprD2、KPC、OXA-23、OXA-48 和 OXA-58。

**结果** 将质谱鉴定结果与传统培养上机鉴定法的结果进行比对, 一致率可达 98.7%。对比肠杆菌和非发酵菌直接药敏实验的结果与传统上机药敏试验的结果, 一致性较好, 一致率在 95%以上, 其中碳青霉烯类抗生素敏感细菌 131 株, 碳青霉烯耐药肠杆菌 14 株, 碳青霉烯耐药非发酵菌 7 株。微流控芯片碳青霉烯耐药筛查结果显示, 碳青霉烯类抗生素敏感细菌中有 126 株微流控芯片扩增结果为阴性, 5 株扩增结果为 KPC 2 株, OXA-23 1 株, oprD2 2 株, 5 株碳青霉烯扩增阳性结果经测序鉴定全部为假阳性, 碳青霉烯敏感菌株扩增准确率 96.2%。21 株碳青霉烯耐药菌芯片扩增结果为 12 株肠杆菌 KPC 基因扩增阳性, 2 株肠杆菌 KPC 和 NDM 基因扩增阳性。7 株非发酵菌中, OXA-23 阳性 3 株, OXA-23 和 NDM 阳性 2 株, oprD2 和 OXA-23 阳性 1 株, oprD2 和 NDM 阳性 1 株, 经测序, 正确扩增 18 株, 碳青霉烯耐药菌株扩增准确率 85.7%。

**结论** 本实验发展了一种血培养阳性标本中革兰氏阴性杆菌快速鉴定、药敏及碳青霉烯耐药筛查的实验方法, 与传统方法相比, 具有较好的一致性, 但大大缩短了报告的时间, 具有较高的临床应用价值。

## PU-3576

### 基于高效类酶活性的 Cu-ZrMOF 和超导电 Super P 的信号放大策略构建新型无酶电化学传感器用于铜绿假单胞菌的快速灵敏检测

张馨,陈辉

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 基于高效类酶活性的 Cu-ZrMOF 和高导电材料 Super P 的放大作用, 构建新型无酶电化学传感器, 实现对铜绿假单胞菌(PA)的快速灵敏检测。

**方法** 首先是材料的合成: 先合成大表面积的 ZrMOF, 通过吸附作用连接大量 Cu 离子, 合成具有高效类酶活性的 Cu-ZrMOF。磷酸化修饰 PA 特异性识别适配体(Aptamer)和一条短核酸链(DNA), 利于 Zr-O-P 配位作用, 连接在 Cu-ZrMOF 表面, 最终合成信号探针 (Cu-

ZrMOF@Aptamer@DNA)。其中 DNA 可占据 Cu-ZrMOF 部分位点,使得长链 Aptamer 充分暴露出与 PA 结合的部位,从而更利于二者的结合;其次是传感器的构建,逐步在电极表面修饰 Super P, AuNPs, anti-PA Ab 和 BSA。当 PA 时,可与 Ab 特异识别从而连接到电极表面,再修饰具有类酶催化活性的信号探针,由于信号探针表面的 Aptamer 可以和 PA 特异性结合,在以过氧化氢为工作液的条件下,信号探针催化过氧化氢产生电流信号,电流信号与 PA 的浓度呈正相关关系。

**结果** 利用所构建的电化学传感器,可实现在  $10^1$ - $10^6$  cfu·mL<sup>-1</sup> 的线性范围内对 PA 定量检测,而且检测限低至 2 cfu·mL<sup>-1</sup> (s/n=3)。检测过程在 120 分钟内即可完成,而且在测定人尿标本中的 PA 方面表现出良好的检测性能。

**结论** 本工作所构建的电化学传感器具有更加简单、快速、灵敏的优点,而且特异性较好,重复性和稳定性都在可接受范围内,因此有望实现在临床应用。

## PU-3577

### LCK 抑制 STAT1 蛋白磷酸化负调控 IFN $\alpha$ 信号通路

郭健慧

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 干扰素  $\alpha$  (IFN $\alpha$ ) 治疗慢性乙型肝炎 (CHB) 患者疗效出现个体化差异的原因尚不明确,本实验拟探讨 LCK 蛋白在 IFN $\alpha$  抗 HBV 复制中的作用,初步阐明其可能的作用机制。

**方法** 从 GEO DataSets 上查找用 IFN $\alpha$  治疗的肝组织 mRNA 芯片,通过聚类分析、GO 功能注释和 KEGG 通路富集,挖掘出不同疗效组间的差异表达基因并验证。

**结果** 高 HBV DNA 载量的 CHB 患者血清促进 HepG2 细胞中 LCK 的表达 ( $P=0.010$ )。在 HepG2 细胞中,重组 HBsAg (rHBsAg) 对 LCK 表达无影响 ( $P>0.05$ ),而 rAAV1.3HBV 可显著促进 LCK 的表达 ( $P=0.008$ )。对 HepAD38 细胞进行 LCK 过表达,上清液 HBsAg 和 HBeAg 含量升高 ( $P=0.000$  和  $P=0.002$ )。体外应用 IFN $\alpha$  刺激 LCK 干扰后的 HepG2.2.15 细胞后,STING、IFIT3、ISG15、ADAR、ISG20、OAS1、USP18 基因的 mRNA 表达增高 ( $P$  值均小于 0.05),OAS1 蛋白表达增高,而过表达 LCK 时 OAS1 蛋白的表达降低,STAT1 蛋白磷酸化水平下降。

**结论** LCK 基因表达与 HBV 复制相互促进,LCK 通过抑制 STAT1 蛋白磷酸化下调抗病毒蛋白 OAS1 的表达,对 IFN $\alpha$  信号通路具有负调控作用。

## PU-3578

### 发热儿童外周血异型淋巴细胞数量和 EB 病毒感染的相关性研究

丁雅雯

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 研究发热儿童外周血异型淋巴细胞数量和 EB 病毒感染的相关性。

**方法** 采用外周血涂片瑞氏染色,显微镜计数 50 例发热儿童的外周血异型淋巴的数量,同时用 ABI7500 实时荧光 PCR 仪定量检测他们的外周血 EBV-DNA 拷贝数。

**结果** 50 名儿童中有 26 名儿童 EBV-DNA 为阳性 (阳性率 52%),他们的外周血异型淋巴细胞计数为 (5.22-11.62),较 EBV-DNA 阴性的儿童明显增高 ( $P<0.001$ )。

**结论** EBV-DNA 阳性组外周血异型淋巴细胞数量升高,且异型淋巴细胞计数越高,EBV-DNA 阳性可能性越大。

## PU-3579

## CellaVision DM96 自动成像系统在外周血未成熟粒细胞分类计数中的应用价值

陈小剑, 陈小青, 李绵绵, 余玲玲  
温州医科大学附属第二医院, 325000

**目的** 检验 CellaVision DM96 自动成像系统对外周血血涂片中未成熟粒细胞计数分类的准确性

**方法** 选取 Sysmex XE-5000 全自动血球分析仪中未成熟粒细胞 $>1\%$ 标本 51 例非血液病标本, 同时用显微镜镜检方法和 DM96 仪器进行细胞分类计数。并对 CellaVision DM96 细胞分类计数结果经人工修饰, 修饰前后细胞分类结果分别与显微镜镜检分类计数结果进行对比分析。

**结果** DM96 细胞分类计数修饰前与显微镜镜检结果: 中幼粒细胞  $P<0.01$ , 晚幼粒细胞  $P>0.05$ , 未成熟粒细胞  $P<0.01$ 。DM96 细胞分类计数修饰后与显微镜镜检结果: 中幼粒细胞, 晚幼粒细胞, 未成熟粒细胞三者结果均为  $P>0.05$

**结论** DM9 未成熟粒细胞分类可应用于临床分类筛选, 减少人工复检率, 提高了检验工作效率。

## PU-3580

## 提取针对幽门螺杆菌 CagA 和肿瘤抑制蛋白 ASSP2 的蛋白质-蛋白质相互作用的药物发现的分子特征

崔中奇  
上海市第十人民医院, 200000

**目的** 探索 CagA N-末端的亚结构域 I 与富含脯氨酸的 ASPP2 基序相互作用

**方法** 在这项研究中, 我们进行了丙氨酸扫描诱变和广泛的分子动力学模拟, 总计高达  $3.8\mu s$ , 以找出热点残留物并发现一些新的蛋白质-蛋白质相互作用 (PPI) 调节分子

**结果** 我们的研究结果与先前的生化研究一致, 并进一步提出了对结合至关重要的新残留物。丙氨酸扫描显示 Y207 和 T211 突变为丙氨酸降低了结合亲和力。同样, 动力学模拟和 MMGBSA 分析也显示了界面上这两个残基的重要性。基于这两个残基开发了四特征药效团模型, 并且从 ZINC, NCI 和 ChEMBL 数据库中过滤出前十个分子。ChEMBL17319 和 ChEMBL1183979 分子的良好结合亲和力显示了我们采用的结合热点残基的方案的可可靠性

**结论** 我们相信我们的研究提供了新的使用 CagA 作为胃癌治疗靶点的见解, 为未来的实验提供了平台。

## PU-3581

## 脓肿分枝杆菌菌血症分离及鉴定一例

宋媛  
河北医科大学第四医院东院

**目的** 脓肿分枝杆菌为一种快速生长的非结核分枝杆菌, 该菌广泛存在于自然界, 人和某些动物均可感染致病, 至今尚未发现动物传染人或人与人直接传染的证据。近年来, 脓肿分枝杆菌引起人感染的报道越来越多, 主要侵犯肺、皮肤、软组织, 而引起菌血症较为罕见。

**方法** 本例患者乳腺癌术后植入静脉港并行化疗，化疗结束 10 余天出现无诱因发热，给予二代头孢抗菌素治疗，体温控制不佳。血培养标本经鉴定为脓肿分枝杆菌。国内外由脓肿分枝杆菌引起感染的报道甚少，本文以一例快速生长的脓肿分枝杆菌所致的导管相关菌血症为例，就其分离鉴定过程报道如下，并文献复习。

**结果** 随着分子生物学技术的不断发展和进步，实现了非结核分枝杆菌的早期准确诊断。

**结论** 对非结核分枝杆菌感染必须引起医务工作者的高度重视，严格掌握无菌操作规程，减少和避免医源性感染的发生。

## PU-3582

# MALDI-TOF-MS 技术检测非小细胞肺癌基因突变研究进展

宋御繁,王娜娜,张婷,胡成进

中国人民解放军联勤保障部队第九六〇医院

**目的** 肺癌是全球最常见的恶性肿瘤之一，预后较差，目前手术及放化疗不能有效提高患者生存率。

**方法** 非小细胞肺癌基因突变靶点的精准检测是分子靶向药物治疗的基础，对提高非小细胞肺癌患者生存率、改善患者预后有重要意义。

**结果** 近年来，基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱（matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, MALDI-TOF-MS）作为基因突变检测的一种新技术，具有高灵敏度、高特异性、高通量等特点，临床应用前景十分广阔，但尚在应用研究起步阶段。

**结论** 本文对该技术在非小细胞肺癌基因突变检测中的研究应用进行了综述。

## PU-3583

# 肺混合性鳞状细胞和腺样乳头状瘤组织学特点及预后分析

焦煜茜

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 回顾性分析肺混合性鳞状细胞和腺样乳头状瘤的临床病理特点、诊治现状及预后。

**方法** 选取 2009-01-01 至 2017-12-31 河北医科大学第四医院胸外科收治的 6 例因患肺混合性鳞状细胞和腺样乳头状瘤而入院治疗患者，对其临床症状、影像学表现、病理特征及随访资料进行分析。

**结果** 占同期胸外科手术的 0.0827%（6/7257），男 4 例，女 2 例。年龄 39~67 岁，平均年龄 52.7 岁。有呼吸道症状者 1 例，腹部症状者 1 例，其余患者均为体检发现，病灶位于右肺上叶 4 例，右肺下叶 1 例，左肺下叶 1 例。病灶呈周围型 4 例，中心型 2 例；术前诊断考虑为癌或癌可能性大的 3 例，考虑为良性病变者 3 例，术前初步诊断为肺支气管腺瘤者 1 例；本组 6 例均行手术治疗，其中肺楔形切除 3 例，肺叶切除 3 例，术后病理诊断均未发现肺门淋巴结转移。所有 6 例均在定期随访中，1 例术后 11 个月发现双肺多发转移，目前生存，其余患者未发现复发或转移。

**结论** 肺混合性鳞状细胞和腺样乳头状瘤是肺部少见的肿瘤，具有一定的异质性，术前明确诊断困难，手术完全切除是首选治疗，多数患者预后良好。



## PU-3584

## IL17 在肿瘤预后中的重要性的 meta 分析

刘雅,孙奋勇

Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**目的** 白介素(interleukin, IL) 17 主要由 T 细胞的亚型 Th17 亚群(辅助性 T 淋巴细胞 17 亚群)细胞分泌产生, 能产生 IL-17, 该亚群为特征的新的效应 CD4<sup>+</sup>T 细胞亚群。IL17 是近年来新发现的促炎症细胞因子, 已在胃癌、宫颈癌、食管癌等多种恶性肿瘤中发现 IL17 呈高表达。肿瘤的进展及转移受多种因素影响: 肿瘤细胞、间质细胞、免疫细胞以及肿瘤微环境中相关的细胞因子。IL17 对于肿瘤病人的预后价值目前存在争议, 本研究旨在相关临床研究的基础上明确 IL17 对于肿瘤患者预后中是否有价值。

**方法** 通过系统性的回顾和 meta 分析来评估 IL17 作为一个肿瘤预后标志物的作用。使用危险比(hazard ratios, HRs)和 95%可信区间(confidence intervals, CIs)作为评价标准,来综合分析计算 IL17 的表达与肿瘤生存预后的关联程度。以总生存率(Overall survival, OS)作为肿瘤预后的评价标准。

**结果** 通过纳入 2390 例肿瘤患者的综合 meta 分析, 发现在肿瘤中 IL17 的表达和 OS 没有明显相关性(HR=1.29, 95% CI: 0.94-1.76; P=0.12)。此外, meta 分析显示出 IL17 高表达可以预示非小细胞肺癌和和肝细胞癌的总生存率(Overall survival, OS)低, 非小细胞肺癌和和肝细胞癌的 HRs 和 95% CIs 分别为(HR=2.30; 95% CI: 1.45-3.64; P<0.001; I<sup>2</sup>=0%)和(HR=2.02; 95% CI: 1.44-2.83; P<0.001; I<sup>2</sup>=0%), IL17 的高表达也与食管鳞癌预后相关(HR=0.63; 95% CI: 0.51-0.79; P<0.001; I<sup>2</sup>=0%)。

**结论** IL17 很有可能成为一个新的肝细胞癌、非小细胞肺癌和食管鳞癌的预后的预测因子。

## PU-3585

## 高血压五项检测在不同级别高血压患者中的临床应用价值探讨

陆洁

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨不同级别高血压患者高血压五项(醛固酮 ALD,血管紧张素 II AII,皮质醇 Cortisol,促肾上腺素皮质激素 ACTH,肾素 Renin)中各项指标存在的变化差异, 来评估高血压 5 项检测对高血压患者不同级别的辅助诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 10 月至 2019 年 5 月来苏州大学附属第一医院就诊高血压患者 111 例, 其中高血压 1 级 92 例, 高血压 2 级 12 例, 高血压 3 级 17 例, 均在普通饮食下时采血测定血浆中高血压 5 项水平, 升高即视为阳性。

**结果** 111 例高血压患者中阳性患者 57 例, 占 51.35% (五项中至少有一项升高视为阳性), 92 例高血压 1 级患者中阳性患者 34 例, 占 1 级高血压患者 39.96%, 其中 ALD 阳性 3 例, 占阳性患者 8.82%, AII 阳性 2 例占 5.88%, Cor 阳性 11 例占 32.35%, ACTH 阳性 9 例占 26.47%, Ren 阳性 22 例占 64.71%。12 例高血压 2 级患者中阳性患者 6 例, 占 2 级高血压患者 50%, 其中 AII 阳性者 1 例占 16.67%, Cor 阳性者 2 例占 33.33%, ACTH 阳性者 2 例占 33.33%, Ren 阳性者 3 例占 50%。43 例高血压 3 级患者中阳性患者 17 例, 占 3 级高血压患者 39.53%, 其中 ALD 阳性 6 例占 35.29%, Cor 阳性者 10 例占 58.82%, ACTH 阳性 2 例占 11.76%。

**结论** 3 个级别高血压患者中高血压 2 级阳性率最高, 占 50%, 其次为高血压 3 级阳性率为 39.53%, 高血压 1 级最低阳性率为 36.96%, 在高血压 1, 2 级高血压 5 项阳性患者中肾素升高者

比例最高分别占 64.71%和 50%，在高血压 3 级项检测阳性患者中皮质醇升高者所占比例最高为 58.82%。

## PU-3586

### B3 型胸腺瘤和胸腺癌中 MGMT 蛋白表达的意义及预后分析

谷吉凤

河北医科大学第四医院东院

**目的** 探讨 B3 型胸腺瘤和胸腺癌的 MGMT 蛋白表达的意义以及对预后的影响。

**方法** 选取 2008 年 1 月至 2015 年 1 月共 48 例行手术切除的 TET 的病例标本蜡块，术后病理确诊为 B3 型胸腺瘤和胸腺癌，按照 WHO 组织学分型将病例分为 B3 型胸腺瘤（n=20）和胸腺癌（n=28），按照 Masaoka 临床分期，将病例分为 I/II 期（n=20）和 III/IV 期（n=28）。病例均行根治性切除手术，术后随访，随访截止日期 2018 年 4 月。应用免疫组织化学染色比较 MGMT 蛋白表达情况。

**结果** B3 型胸腺瘤发生 MGMT 蛋白表达缺失的比例为 35.0%(7/20)；胸腺癌发生 MGMT 蛋白表达缺失的比例为 75.9%(22/28)，两者 MGMT 蛋白表达，差异有统计学意义。（ $X^2=9.261$ ， $P=0.003$ ）；I/II 期胸腺上皮肿瘤发生 MGMT 蛋白表达缺失的比例为 45.0%(9/20)；III/IV 期胸腺上皮肿瘤发生 MGMT 蛋白表达缺失的比例为 71.4%(20/28)，两者 MGMT 蛋白表达差异有统计学意义（ $X^2=4.503$ ， $P=0.040$ ）。出现重症肌无力患者比例 31.3%(15/48)，有重症肌无力病例出现 MGMT 蛋白表达缺失比例 73.3%(11/15)，无重症肌无力病例出现 MGMT 蛋白表达缺失比例 54.5%(18/33)，有无重症肌无力 MGMT 蛋白表达缺失差异无统计学意义（ $X^2=1.522$ ， $P=0.341$ ）。MGMT 蛋白表达缺失的病例 5 年生存率低于 MGMT 蛋白表达正常病例的生存率（52.7% VS 72.5%， $X^2=4.242$ ， $P=0.039$ ）。B3 型胸腺瘤 5 年生存率高于胸腺癌生存率（82.4% VS 46.5%， $X^2=18.291$ ， $P=0.000$ ）。III/IV 期 5 年生存率低于 I/II 期生存率（48.1% VS 80.9%， $X^2=12.964$ ， $P=0.001$ ）。

**结论** MGMT 蛋白表达缺失提示 B3 型胸腺瘤和胸腺癌恶性度高，预后不佳。

## PU-3587

### 干化学基体效应的应用与评价

张永鸿

重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 研究校准品、质控品、室间质评品在不同检测系统中的基效应，探究一个适合于各实验室质控品选择的方案以及验证质评工作的管理方案。

**方法** 分析 6 种分析不同 6 种非人源样本在 4 种不同检测系统中引入的基体效应。

**结果** 强生配套质控品在检测系统间的基体效应可接受；三方质控品在检测系统间的基体效应不可接受；2018 年干化学室间质评品检测结果在 FS350 上有明显统计学差异，在其余机型上无明显统计学差异；计量检测所提供的标准物质检测结果在各检测系统间均存在明显统计学差异。

**结论** 证明了配套校准品的选择正确，以及验证了在室间质评工作中不能随意选择质评品，随意进行分组，从而促使质评工作的规范化管理。

## PU-3588

## 红细胞分布宽度对消化道肿瘤的诊断价值

吴冰茜

河北医科大学第四医院东院

**目的** 探讨红细胞分布宽度(RDW)与消化道肿瘤患者的病情严重程度以及预后评价中的作用。

**方法** 随机选取 2017 年 5 月至 2018 年 5 月河北医科大学第四医院消化科收治的消化道肿瘤患者 55 例与消化道良性疾病患者(胃炎、肠炎、结肠息肉) 28 例,将消化道肿瘤患者分为 3 组,分别为结肠癌组、胃癌组与肝癌组,28 例患有消化道良性疾病的患者为对照组,探讨 RDW 在消化道肿瘤患者病情的相关程度以及在预后评价中的作用。

**结果** 观察组患者的 RDW 水平均高于对照组患者,且差异有统计学意义( $P<0.05$ );在三组观察组患者中,随着病情严重程度的加重,患者 RDW 水平逐渐升高( $P<0.05$ );死亡组 RDW 水平高于存活组;

**结论** RDW 在消化道肿瘤患者的病情严重程度以及预后评价中有一定的价值。

## PU-3589

## 针对 $\beta 2$ 糖蛋白 I 区的自身抗体：一个有望能预测 抗磷脂综合征风险的生物指标

夏龙飞

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 抗磷脂综合征是一种自身免疫的失调,以广泛的动静脉血栓和习惯性流产为特点

**方法** 针对磷脂和  $\beta 2$  糖蛋白 1 ( $\beta 2\text{GP1}$ ) 的自身抗体在抗磷脂综合征的发病机理中发挥重要作用。 $\beta 2\text{GP1-D1}$  的抗体被认为是抗磷脂综合征患者血栓形成和较小程度上妊娠并发症的危险标志。尽管抗  $\beta 2\text{GP1-D1}$  的抗体受到了极大的关注及有着相当多的研究背景,但它的研究数量仍然有限,是否能作为公认的预测 APS 风险的生物指标还有待研究进一步说明

**结果** 这篇综述概述了目前对抗  $\beta 2\text{GP1-D1}$  抗体的认识,提供了对最近科学新发现的见解

**结论** 并且,我们对于未来的研究工作提出了建议性的指南来更好的理解和证实抗  $\beta 2\text{GP1-D1}$  抗体的临床实用性。

## PU-3590

## 循环肿瘤细胞从全血中分离的技术

崔中奇

上海市第十人民医院,200000

**目的** 我们专注于描述使用全血样品而无需任何预处理的技术,并讨论它们的优点,用途和意义 在 CTC 方面运用

**方法** 使用全血样本的技术利用基于大小的免疫亲和性,和基于密度的方法或这些方法的组合以及分离期间的正和负富集

**结果** 虽然目前的 CTC 技术尚未真正实施,但它们作为癌症患者个体化治疗的未来临床诊断技术具有很高的潜力。

**结论** 详细讨论了这些临床适用性新的先进技术可以帮助临床医生为未来做好准备,并且可以成为用于消除体内 CTC 的技术的基础。

## PU-3591

## The relationship between myeloid-derived suppressor cells (MDSCs) and HIV pathogenesis in primary infection

易楠

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** The relationship between myeloid-derived suppressor cells (MDSCs) and HIV pathogenesis in primary infection remains unknown and the mechanism of MDSCs in HIV infection are incompletely defined.

**方法** Methods: The frequency of MDSC expression in patients with primary (PHI) and chronic HIV infection was measured, and the association with disease progression was studied. Programmed death-ligand 1 (PD-L1) and galectin-9 (Gal-9) expression on MDSCs was measured and in vitro blocking experiments were performed in order to study the role of PD-L1 in MDSCs' inhibition.

**结果** We also demonstrated that PD-L1, but not Gal-9, expression on HLA-DR<sup>-</sup>/low CD14<sup>-</sup>CD33<sup>+</sup>CD11b<sup>+</sup> cells increased during HIV infection.

**结论** Conclusion: We found a significant increase in G-MDSCs in PHI patients that was related to disease progression and PD-L1 was utilized by G-MDSCs to inhibit CD8<sup>+</sup>Tcells in HIV infection. Our data improve the understanding of HIV pathogenesis in primary HIV infection.

## PU-3592

## 肺纤维化风险预测的临床生物化学模型

冷冬

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 分析判断肺纤维化患者血清生物化学指标,为疾病的早期诊断及治疗提供有益线索。

**方法** 收集肺纤维化患者(n=29)和健康对照(n=55)的生物化学检测数据,采用 z-计分和 Log2 转换方式将数据进行归一化处理,用主成分分析与贝叶斯回归分析的方法进行数据挖掘,尝试构建肺纤维化患者血清生物化学指标的判别函数模型,并进行受试者操作特征分析。

**结果** 与正常对照比较,肺纤维化患者血清中的 α-羟丁酸脱氢酶、乳酸脱氢酶、白蛋白、白蛋白与球蛋白比值、前白蛋白及钙浓度存在显著差异(P<0.05)。α-羟丁酸脱氢酶是唯一一种有效预测潜在肺纤维化风险的生物化学检测指标。

**结论** 本研究首次对肺纤维化血清生物化学数据进行数据挖掘。成功构建了肺纤维化与正常对照组生物化学指标判别函数模型。

## PU-3593

## 1 型糖尿病患者伴发自身免疫性甲状腺疾病及其相关标志物的流行性研究

陈翔宇,刘建华

中国医科大学附属第二医院,110000

**目的** 以回顾性研究的方法探究不同年龄、性别、糖尿病持续时间的 1 型糖尿病(Type 1 diabetes mellitus, T1DM)患者中自身免疫性甲状腺疾病(Autoimmune thyroid disease, AITD)及其相关标志物变化的流行性研究。

**方法** 收集中国医科大学盛京医院 2017-2019 年 T1DM 患者 170 例, 检测 AITD 相关标志物, 如 TPO-Ab、TG-Ab、TSH、FT3、FT4。AITD 相关标志物均采用化学发光微粒子免疫分析法进行检测。统计数据使用 SPSS20.0 软件进行分析, 比较不同年龄、性别、糖尿病持续时间的 T1DM 患者中 AITD 的发生情况及 AITD 标志物变化的相关性。

**结果** 在 170 例 T1DM 患者中, 将其分为 0-20 岁、20-40 岁、40 岁以上三组, 三组相比, 年龄与 AITD 的发病率以及 TPO-Ab、TG-Ab 的阳性率, TSH、FT3、FT4 的异常率均不相关, 其 P 值均大于 0.05。将收集的 T1DM 患者按照性别分组, 女性与男性相比, 在 T1DM 的基础上, 有更高几率发生 AITD, 两组相比,  $\chi^2=8.695$ ,  $P=0.003$ , 有统计学差异,  $OR=4.82$ ; 女性 T1DM 患者的 TPO-Ab、TG-Ab 的阳性率, 相比男性, 也更高。两组分别相比, TPO-Ab 的  $\chi^2=8.552$ ,  $P=0.003$ , 有统计学差异,  $OR=3.45$ ; TG-Ab 的  $\chi^2=6.771$ ,  $P=0.009$ , 有统计学差异,  $OR=2.80$ 。然而, 性别与 TSH、FT3、FT4 的异常率不相关,  $P>0.05$ 。将收集的 170 例 T1DM 患者按照糖尿病时间分为 0-10 年, 10 年以上两组, 两组相比, 糖尿病持续时间与 AITD 的发病率以及 TPO-Ab、TG-Ab 的阳性率, TSH、FT3、FT4 的异常率, 无统计学差异, 其 P 值均大于 0.05。

**结论** 女性 T1DM 患者是伴发 AITD 的高危人群, 同时, 女性 T1DM 患者比男性患者更易产生 AITD 相关标志物 TPO-Ab、TG-Ab。T1DM 患者的年龄与患病持续时间对 AITD 的发生及其相关标志物的产生无相关性。

#### PU-3594

### MiR-203a-3p inhibits proliferation and metastasis of hepatocellular carcinoma by reducing autocrine of TGF-beta 1

Lixin Wang, Hui Dong  
General Hospital of Ningxia Medical University

**Objective** Hepatocellular carcinoma (HCC) is one of the leading causes of cancer-related deaths worldwide. Although deregulation of microRNAs has been frequently described in HCC, the precise molecular mechanisms by which microRNAs modulate the process of tumorigenesis and the behavior of cancer cells were poorly understood. This article aims to explore the molecular mechanism by which miR-203a-3p acts on HCC to inhibit its proliferation and metastasis.

**Methods** The paired specimens of clinical liver cancer tissues were collected, and the expression of miR-203a-3p in clinical liver cancer tissues was detected by Real-time PCR, and the correlation of clinical features was analyzed. Construction of miR-203a-3p overexpressing lentiviral vector and infection of HepG2 cell line to detect the effect of miR-203a-3p overexpression on proliferation, apoptosis, colony formation and migration of HepG2 cells. Expression of the intracellular signaling pathway is detected by an expression profiling chip, Real-time PCR, Western blot and ELISA experiments were used to verify the expression of key factors in signaling pathways. The expression of E-Cadherin, N-Cadherin and vimentin, the main factors of epithelial-mesenchymal transition (EMT), was detected by TGF- $\beta$ 1 stimulation of miR-203a-3p overexpressing HepG2 cells. MTT detects the proliferative capacity of the cells, and the scratch test detects the invasive ability of the cells.

**Results** The results showed lower expression level of miR-203a-3p in HCC than in adjacent cancer tissues ( $p<0.001$ ), The expression level of miR-203a-3p in HCC patients with TNM stage III was significantly lower than those in stages I and II ( $p<0.001$ ). The constructed miR-203a-3p overexpressing lentiviral virus titer was above  $1 \times 10^8$  TU/ml, After transfection of miR-203a-3p lentiviral particles, the expression of miR-203a-3p was significantly increased ( $p<0.001$ ). Overexpression of miR-203a-3p significantly reduced cell proliferation ( $p<0.001$ ), clone formation ( $p<0.001$ ) and invasive ability ( $p<0.001$ ), and promoted apoptosis ( $p<0.001$ ). The expression microarray showed that the difference of TGFB1, TIMP1, TGFBR1 and SMAD2 gene expressions

was related to TGF- $\beta$ 1 signaling pathway when miR-203a-3p was overexpressed in HepG2 cells, The expression of the TGFB1 and TIMP1 gene was decreased ( $p < 0.05$ ), expression was decreased ( $p < 0.05$ ), TGFB1 and SMAD2 gene was increased ( $p < 0.05$ ), ELISA results showed that the expression of cell culture supernatant TGFB1 protein was significantly decreased ( $p < 0.05$ ), Western blotting confirmed that the expression of TGFB1 in HepG2 cells with overexpression of miR-203a-3p was significantly decreased ( $p < 0.05$ ). After treatment of miR-203a-3p overexpressing HepG2 cells with TGF- $\beta$ 1 (10 ng / ml) for 48 hours, the expression of N-Cadherin and vimentin was decreased ( $p < 0.05$ ). Although the expression of E-Cadherin was always higher than that of the control HepG2 cells ( $p < 0.05$ ), it was lower than that of miR-203a-3p overexpressed 0 h of HepG2 cells ( $p < 0.05$ ). The results of real-time PCR were consistent with those of Western blotting. MTT assay showed that the proliferation of HPG2 cells overexpressing miR-203a-3p was significantly decreased ( $p < 0.05$ ). The scratch assay showed that TGF- $\beta$ 1 was overexpressed by miR-203a-3p. There was no significant change in the invasion ability of HPG2 cells ( $p > 0.05$ ).

**Conclusions** Our results indicated that miR-203a-3p as a tumor suppressor and played a crucial role in HCC, which inhibited proliferation and metastasis of HCC by reducing the expression of TGF- $\beta$ 1 in HCC cells, affect the autocrine of TGF- $\beta$ 1, thereby blocking the formation of HCC EMT.

## PU-3595

### PIVAK-II enhances the proliferation and metastasis of hepatocellular carcinoma cells by regulating EMT via STAT3 activation

Jing Wang, Shihe\* Guan, Qin Wang, Liwen Chen, Hao Zhang, Meng Ding, Jiao Li  
The Second Hospital of Anhui Medical University

**Objective** Previous studies have demonstrated that the expression of prothrombin induced by vitamin K absence II (PIVAK-II) is higher in hepatocellular carcinoma (HCC) tissues than in normal tissues. PIVAK-II could be a complementary biomarker in the early diagnosis of HCC, a two-marker prediction algorithm including AFP and PIVAK-II was showed good ability in discriminating early-stage HCC and decompensated liver cirrhosis. Recently, a few studies indicated an association between STAT3 and PIVAK-II, and HCC hemodynamics are associated with histological grade and/or PIVAK-II production. However, the precise role of PIVAK-II in hepatocellular carcinoma cells remains to be elucidated

**Methods** Two HCC cell lines (HepG2 and Huh7) were used to examine the carcinogenic effects of PIVAK-II and to study their biological functions through CCK-8, wound healing, and colony. Western blotting were performed to study the expression of signal transducer and activator of transcription 3 (STAT3) and epithelial-mesenchymal transition (EMT) related factors (E-cadherin, Vimentin, N-cadherin)

**Results** We show that PIVAK-II potentially stimulate cellular proliferation and invasion of HepG2 and Huh7 in vitro. PIVAK-II also induced EMT, which is characterized by the down-regulation of E-cadherin and the up-regulation of Vimentin, N-cadherin and Twist. Moreover, PIVAK-II activated STAT3, which is known to play an oncogenic role in diverse human malignancies. These findings may provide new clinical ideas for the treatment of liver cancer

**Conclusions** We found PIVAK-II is overexpressed in HCC, high PIVAK-II expression was significantly correlated with metastasis, PIVAK-II positively modulated the EMT of HCC cells by upregulating intracellular STAT3 signaling pathway. Thus, PIVAK-II might serve as a therapeutic target in HCC and should be the focus of future studies into the biological and molecular mechanisms of HCC.

## PU-3596

**B7-H3 通过 PI3K/AKT、JAK1/STAT3 和 MEK/ERK/MAPK 信号通路减轻 EGFR-TKI 诱导的肺腺癌细胞凋亡并上调其增殖**

丁萌

安徽医科大学第二附属医院,230000

**目的** 探究 B7-H3 在肺腺癌中的作用及其机制;探究 EGFR 下游信号通路在 B7-H3 表达调控中分别发挥的作用。

**方法** 流式细胞术分析 B7-H3 在多种肺腺癌细胞系中的表达,并用 CRISPR/CAS9 技术敲除 B7-H3,检测肺腺癌细胞凋亡的改变;CCK8 检测敲除 B7-H3 后细胞的增殖及对吉非替尼(Gefitinib)药物敏感性的改变;Western blotting 分析 EGFR 下游信号的改变。

**结果** 结果表明,B7-H3 在多种肺腺癌细胞系中均有过表达;敲除 B7-H3 后肺腺癌细胞增殖明显下调,细胞凋亡有增加趋势,并且对 Gefitinib 的药物敏感性增加,在 H3255 细胞中 p-STAT3, p-AKT 明显下调,HCC827 细胞中 p-STAT3, p-AKT, p-ERK 均有下调。

**结论** B7-H3 是广泛存在于人类癌细胞中的一种重要的上调检查点分子。我们的结果显示在 H3255 细胞中,B7-H3 通过 JAK/STAT、PI3K/mTOR 通路调控肺腺癌细胞的增殖,凋亡以及药物敏感性。而在 HCC827 细胞中 JAK/STAT、PI3K/mTOR、Raf/MEK/ ERK1 / 2 三条通路均参与了调控。虽然 B7-H3 的调控涉及 JAK/STAT、PI3K/mTOR、Raf/MEK/ ERK1 / 2 等多种信号通路,但耐药机制尚不清楚。我们的研究结果支持了抑制 B7-H3 可能是一种有前途的治疗方法的观点。然而,我们的体外模型有局限性,只能反映 B7-H3 肿瘤的内在作用,进一步研究 B7-H3 作为免疫检查点蛋白在小鼠模型中的作用也是必要的。

## PU-3597

**红细胞计数在卵巢癌预后预测中的应用**

周成,张启桐,张琦琦,刘瑞来

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 研究分析红细胞(RBC)计数在卵巢癌患者中预后预测的应用价值。

**方法** 回顾性分析 349 例卵巢癌患者的临床资料,对 RBC 计数值可能影响卵巢癌患者预后的风险进行统计分析。

**结果** 以 ROG 诊断曲线分析得出的 RBC 计数分界值( $4.06 \times 10^{12}/L$ )为分界点,将患者分为高水平 RBC 组( $>4.06 \times 10^{12}/L$ )和低水平 RBC 组( $<4.06 \times 10^{12}/L$ )。其中高水平 RBC 患者 173 例,低水平的 RBC 176 例。单因素 COx 分析和多因素 Cox 分析表明低水平 RBC 是卵巢癌患者不良预后的独立危险因素。Kaplan-Meier 生存分析表明低水平 RBC 的患者生存率显著低于高水平组(log-rank  $P=0.004$ )。进一步分析表明低水平 RBC 与年龄 $>53$  岁的患者(log-rank  $P=0.002$ ),手术-病理分期 I-II 的患者(log-rank  $P=0.006$ ),肌层浸润深度 $<1/2$  的患者(log-rank  $P=0.025$ ),淋巴结未转移患者 (log-rank  $P=0.005$ ),绝经患者(log rank  $P=0.004$ )生存预后具有显著的统计学意义。

**结论** 低水平 RBC ( $<4.06 \times 10^{12}/L$ )可能是卵巢癌预后风险预测的一个潜在的新型标志物。

## PU-3598

## 预测早期胃癌侵袭转移的分子标志物研究进展

江秀娟,陈俊瑶,张正华,苏海翔  
甘肃省肿瘤医院,730000

**目的** 针对预测早期胃癌(EGC)侵袭转移相关分子标志物做进一步深入研究。

**方法** 查文献就紧密连接蛋白(claudin)、E-钙黏蛋白(E-cadherin)、微卫星不稳定性(MSI)、基因组拷贝数变异(CNA)、miRNA、肿瘤干细胞表面标志物预测 EGC 侵袭转移方面的相关研究进展综述。

**结果** 早期胃癌(EGC)临床定义为肿瘤灶仅局限黏膜下层或者黏膜层,伴或不伴有淋巴结转移。针对未发生淋巴结转移 EGC 实施内镜切除术是目前临床上重要治疗手段,但如发生淋巴结转移则该治疗手段则不适用。因此对 EGC 的侵袭转移情况准确预测则是选择合适治疗方案的关键,寻找能够反映 EGC 的侵袭转移相关分子标志物临床意义重大。

**结论** 伴有或不伴有淋巴结转移 EGC 患者有望得到最佳治疗方案。

## PU-3599

## 降钙素原、C 反应蛋白在鉴别血流感染菌属中的应用价值

袁勇  
昆明市延安医院,650000

**目的** 探讨血清降钙素原(PCT)和 C 反应蛋白(CRP)在血流感染时,鉴别感染革兰阳性菌属和革兰阴性菌属的应用价值,为临床医生快速诊断及早期用药提供依据,改善预后。

**方法** 采取回顾性分析的方法,选取昆明市延安医院从 2017 年 1 月-2018 年 12 月同时进行血培养、PCT 和 CRP 定量检测的 337 例患者为研究对象。统计分析 PCT 和 CRP 检测水平在血培养阳性和阴性之间的差异,之后进一步比较革兰阳性菌、革兰阴性菌血流感染患者之间的差异是否有统计学意义,分别对革兰阳性菌组和革兰阴性菌组做 ROC 曲线,确定最佳诊断值以及对应的敏感度、特异度。

**结果** 所选患者中排除 3 例真菌感染,血培养阳性为 153 例, PCT 水平为 1.26(0.27-22.62), CRP 水平为 100.68(25.00-178.69), 血培养阴性为 181 例, PCT 水平为 0.27(0.11-1.15), CRP 水平为 33.98(2.15-128.91), 血培养阳性组和血培养阴性组 PCT 及 CRP 水平均有统计学差异( $P<0.05$ )。血培养阳性组中革兰阳性菌感染者为 60 例, PCT 和 CRP 的中位数水平分别为 0.33(0.13,1.21)ug/L、52.37(10.43,129.83)mg/L; 革兰阴性菌感染者为 93 例, PCT 和 CRP 的中位数水平分别为 8.57(0.61,43.23)ug/L、128.21(43.38,194.09)mg/L。U 检验比较两组间 PCT 和 CRP 水平的差异,革兰阳性菌组和革兰阴性菌组 PCT 和 CRP 检测水平有明显的统计学意义( $P<0.05$ )。分别对革兰阳性菌组和革兰阴性菌组做 ROC 曲线, PCT 和 CRP 在革兰阳性菌组的曲线下面积分别为 0.527、0.583; 在革兰阴性菌组的曲线下面积分别为 0.79、0.69, 根据 ROC 曲线, PCT 和 CRP 在鉴别革兰阴性菌感染时有更高的价值,且 PCT 比 CRP 有更高的鉴别诊断价值。

**结论** PCT 和 CRP 对鉴别革兰阳性菌与革兰阴性菌血流感染有一定的临床应用价值。



## PU-3600

## 肠道微生物与消化系统疾病关系 的研究进展

陈甜

福建医科大学,350000

**目的** 人体胃肠道定植着数以亿计的微生物群落，他们是维持机体正常生理功能的重要因素之一，也是消化系统必要的参与者和保护者。现有的流行病学研究、动物实验以及临床研究发现，肠道微生物在消化系统疾病如胃癌、肝硬化、肝癌以及结直肠癌等的发病中扮演着重要角色。本文主要对肠道微生物与消化系统疾病之间的关系作简要综述，旨在为相关疾病的病因探讨、诊断以及治疗开拓一个新的思路。

**方法** 人体胃肠道定植着数以亿计的微生物群落，他们是维持机体正常生理功能的重要因素之一，也是消化系统必要的参与者和保护者。现有的流行病学研究、动物实验以及临床研究发现，肠道微生物在消化系统疾病如胃癌、肝硬化、肝癌以及结直肠癌等的发病中扮演着重要角色。本文主要对肠道微生物与消化系统疾病之间的关系作简要综述，旨在为相关疾病的病因探讨、诊断以及治疗开拓一个新的思路。

**结果** 尽管如此，肝癌相关的标志菌群仍没有明确，这可能是由于疾病的复杂程度不同，肝癌的发生通常合并有肝炎、肝硬化、脂肪肝以及各种并发症，所以针对肝癌患者肠道菌群的研究必须细分为哪种类型的肝癌。肝癌的发生并不是单一致病因素作用的结果，而是在各种肝病的基础上发生的，所以肠道菌群对肝癌的作用机制与上述肝病类似，只是偏重点不同。比如，酒精性肝癌主要是因为长期饮酒所累积的有害代谢物直接损伤肠黏膜屏障导致肠道菌群穿过肠壁进入肠上皮细胞诱发炎症，同时改变肠道菌群微环境间接导致菌群失衡。病毒性肝炎型肝癌偏重于肝炎病毒，HBV 和 HCV 可抑制固有免疫应答，使病毒不能完全清除，与机体免疫系统长期维持平衡而处于慢性感染状态，导致某些基因突变（如 P53）从而打破平衡导致肿瘤发生。

**结论** 综上所述，肠道微生物与消化系统疾病的关系，进一步强调肠道微生态的改变可驱动消化系统疾病的发生发展。然而，从现今的报道来看，大多数研究仅局限于菌群的相关性研究，较少涉及其中的机制探讨，因此今后关于肠道微生物与消化系统疾病间的关系研究应从机制层面入手，以期深入了解它们之间存在的特定“因—果”关系。值得注意的是，IBD、CRC、NAFLD 疾病“预测模型”的出现，为消化系统疾病的无创、精确诊断提供了新的检测手段，但是这些“预测模型”目前还缺乏更多临床样本的验证，以及种族、地域的普适性也尚未解决。这给我们提出了新的挑战，因此未来的研究也应重点围绕这一方面，为消化系统疾病的诊治提供更多有益的帮助。

## PU-3601

## The sub-inhibitory concentrations of fusidic acid reduce the virulence of *S. aureus* by reducing the expression of virulence-associated genes

li liu<sup>1</sup>, Xiaofei Shen<sup>1</sup>, Jingyi Yu<sup>1</sup>, Xingwei Cao<sup>2</sup>, Qing Zhan<sup>3</sup>, Zhihao Hao<sup>1</sup>, Jingjing Duan<sup>1</sup>, Ye Jin<sup>1</sup>, Yinjuan Guo<sup>4</sup>, Liangxing Wang<sup>1</sup>, Fangyou Yu<sup>4</sup>

1.First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

2.The Second Affiliated Hospital of Nanchang University

3.Nanchang University

4.Shanghai Pulmonary Hospital

**Objective** The aim of the present study was to elucidate whether the concentrations of sub-inhibitory fusidic acid (1/64, 1/32 and 1/16 x MIC) can reduce *S. aureus* virulence by down-regulating the expression of virulence-associated genes.

**Methods** The effect of fusidic acid on the transcription of *S. aureus* was studied by transcriptome sequencing. The effect of the sub-inhibitory concentrations of fusidic acid on  $\alpha$ -toxin and virulence

expression of *S. aureus* by detecting the hemolytic activity, enzyme-linked immune sorbent assay and the model of skin abscess in nude mice. Real-time polymerase chain reaction was used to detect whether the expression of virulence-associated genes of *S. aureus* were changed cultured with fusidic acid.

**Results** A total of 504 genes greater than a 2-fold or less than -2-fold change in expression of *S. aureus* effected by sub-inhibitory concentration fusidic acid, including 232 up-regulated genes and 272 down-regulated genes were found by transcriptome sequencing. Sub-inhibitory concentrations of fusidic acid significantly inhibited the expression of *saeRS*, *agrA*, *hla*, *lukFS*, and *sbi* of *S. aureus*, and also reduce the hemolysis activity and  $\alpha$ -toxin production of *S. aureus*. In the nude mouse abscess model, the average abscess area of the group treated with were significantly less than that of the group untreated.

**Conclusions** In conclusion, our results suggested that the sub-inhibitory concentrations of fusidic acid may reduce the virulence of *S. aureus* by down-regulating *agr* and *saeRS* to reduce the expression of virulence-associated genes, which will provide a theoretical basis for the clinical treatment of *S. aureus* infection.

## PU-3602

### 贝克曼全自动生化分析仪 15 项生化检测项目的性能评价

毛小欢<sup>1</sup>, 郭书忍<sup>2</sup>, 李刚<sup>1</sup>, 高岚<sup>1</sup>, 董海波<sup>3</sup>

1. 河南省人民医院, 450000

2. 郑州大学第一附属医院检验科

3. 郑州颐和医院检验科

**目的** 评价贝克曼全自动生化分析仪检测 15 项常规检测项目的分析性能。

**方法** 参考和美国临床与实验室标准化协会发布的方法学评价系列文件, 对贝克曼 AU5800 全自动生化分析仪 15 项常规生化检测项目的精密度、正确度、分析测量范围进行评价, 并与厂商声明的性能和中华人民共和国卫生行业标准进行比较。

**结果** 各检测系统测定的 15 项常规生化检测项目精密度满足要求; 三套检测系统的检测结果与之的相关系数大于 0.99。

**结论** 三台全自动生化分析仪系统检测的 15 项常规生化项目的主要分析性能达到了厂商声明的性能和有关的质量要求。

## PU-3603

### 膳食因素对糖类抗原 CA72-4 测定结果的影响

刘健

广州市番禺疗养院

**目的** 探讨膳食因素对 CA72-4 测定结果的影响

**方法** 从健康体检人群中选出 CA72-4 结果偏高者进行膳食调查, 比较保健品食用组与未食用组及蛹虫草组间 CA72-4 水平的差异, 对可疑因素进行停食服食干预试验, 分析验证效果。

**结果** 食用蛹虫草组 CA72-4 水平 ( $69.83 \pm 32.45$  U/ml) 显著高于食用保健品组 ( $9.46 \pm 4.57$  U/ml), 保健品食用组高于未食用组 ( $8.06 \pm 2.63$  U/ml), 蛹虫草停食后 ( $4.72 \pm 0.45$  U/ml) 及复食后 ( $55.61 \pm 34.27$  U/ml) 水平变化差异均有统计学意义。

**结论** 食用蛹虫草是引起血清 CA72-4 假性升高的膳食因素, 摄入保健品可能会引起 CA72-4 测定结果偏高。CA72-4 结果的假阳性问题值得重视

## PU-3604

## 三种超敏肌钙蛋白检测试剂在心肌梗死患者早期诊断中的应用价值评估

吴斌,徐邦牢

广州市第一人民医院,510000

**目的** 对 Beckman hs-cTnI、Roche hs-cTnT 和 Siemens Troponin I Urtra 三种超敏肌钙蛋白检测试剂对于中国心梗病人早期诊断的灵敏度和特异性进行临床应用价值评估

**方法** 选取从 2017 年 8 月至 2018 年 3 月期间因有急性心肌梗死的提示性症状于广州市第一人民医院入院的 170 个病人作为样本,收集其心肌三项标本,分成三组(分别是发病后 3 小时、发病后 6 小时、发病后 24 小时内抽血组),将各组标本分别用 Beckman hs-cTnI、Roche hs-cTnT、Siemens Troponin I Urtra 试剂和对照组试剂(MYO,CK-MB)进行上机检测,使用的仪器分别为 Beckman Unicel Dxl 800, Roche e602, Siemens Advia Centaur,最后收集实验数据及病人临床资料,进行 Bland-Altman 分析,并采用 SPSS 系统整理,进行单因素方差分析以及卡方检验,绘制 ROC 曲线,分析各试剂对早期心梗的诊断灵敏度。

**结果** 对于胸痛时间<3h 组,三种超敏肌钙蛋白检测 ROC 曲线下面积均在 0.85 至 0.88 之间,对于胸痛时间为 3~6h 组,ROC 曲线下面积均为 0.99,对于胸痛时间为 6~24h 组,ROC 曲线下面积均在 0.94~0.97 之间。

**结论** 1.相对传统的心脏标志物,这三种超敏肌钙蛋白检测试剂对于急性心肌梗死患者的早期诊断灵敏度较高;2.胸痛时间<3h、3~6h、6~24h 这三组病人,对于发病时间越长的组别,这三种试剂检测的灵敏度越高,此外,第一组中这三种超敏肌钙蛋白检测灵敏度相较于传统心脏标志物的优势最为明显;3.对于相同发病时段内的急性心梗病人,这三种试剂检测均具有很高的灵敏度而灵敏度无明显差异。

## PU-3605

## 高尿酸血症相关基因研究进展

樊锦慧<sup>1</sup>,黄金晶<sup>1</sup>,高克立<sup>1</sup>,苏海翔<sup>1</sup>

1.甘肃省肿瘤医院,730000

2.甘肃省医学科学院

**目的** 了解近年高尿酸血症发病相关基因及检测技术的研究概况,为临床高尿酸血症的精准检测与治疗提供参考。

**方法** 查阅 2008 年~2019 年中国知网、万方知识平台、PubMed 等数据库中关键词为高尿酸血症或痛风基因或基因突变的文献资料,排除综述文献。

**结果** 高尿酸血症相关基因检测主要是检测高尿酸突变基因,常见的检测基因是尿酸盐转运蛋白 1(URAT-1)和葡萄糖转运蛋白 9(GLUT9)。对于高尿酸血症和痛风患者,GWAS 研究已发现 80 多个 SNPs 位点,其中 SLC2A9、SCL22A12、ABCG2 是研究最多的位点。

**结论** 在过去的十几年里,全基因组关联分析(GWAS)已经确定了 28 个影响血清尿酸水平的基因位点,高尿酸血症易感基因或变异基因的进一步确定可能会对今后高尿酸血症、痛风的治愈提供帮助。

## PU-3606

## 外周血胰蛋白酶抑制剂 Kazal1 在乙肝相关肝癌中的应用研究

严荣荣

安徽医科大学第二附属医院,230000

**目的** 旨在探讨血清 SPINK1 在乙肝相关肝癌中的诊断价值与短期预后评估的有效性。

**方法** 采用 ELISA 法定量检测 HepG2.2.15, HepG2, Huh7, LO2 细胞上清中 SPINK1 水平。采用 ELISA 法定量检测乙肝相关肝癌患者治疗前血清中 SPINK1 水平, 并选取非乙肝相关肝癌及肝硬化, 慢乙肝, 健康人作为对照组。应用 ROC 曲线分析 SPINK1 的诊断价值并得出 cut-off 值, 采用 Kaplan-Meier 分析和 Cox 单因素和多因素回归分析, 估计乙肝相关肝癌患者短期生存情况, 包括无病生存期(disease free survival, DFS)和总生存期(overall survival, OS)。

**结果** HepG2.2.15 细胞上清中 SPINK1 水平明显高于其他三组细胞。类似的, 乙肝相关肝癌患者血清 SPINK1 水平明显高于肝硬化患者, 慢乙肝患者, 及正常对照组 (各组均有  $P < 0.05$ ) ; 乙肝相关肝癌患者血清 SPINK1 水平亦高于非乙肝相关肝癌患者 ( $P < 0.05$ ) , 提示乙肝病毒感染对 SPINK1 表达可能具有促进作用; 此外, 在单因素分析中, 血清 SPINK1 水平升高与 DFS 降低相关( $HR = 5.996$ ; 95% CI 2.803-12.827,  $P < 0.001$ ); OS ( $HR = 5.330$ ; 95% CI 2.873-9.889,  $P < 0.001$ )。在多因素分析中, 这种联系仍然显著, 血清 SPINK1 水平升高是较低的短期 OS 的独立危险因素, OS ( $HR = 2.551$ ; 95%可信区间 1.230 -5.291,  $P = 0.012$ ); DFS ( $HR = 4.411$ ; 95% CI 1.781-9.065,  $P = 0.001$ )。AFP 的预后价值也很明显, 但略弱于 SPINK1。

**结论** 血清 SPINK1 水平可以作为乙肝相关肝癌的诊断指标, 并且治疗前较高的 SPINK1 水平预示预后较差, 其预后预测价值略高于 AFP。因此, SPINK1 可能是乙肝相关肝癌短期预后分层的一个有用的指标。

## PU-3607

## 使用 TBAg / PHA 比值区分结核瘤与独立性肺结节或肿瘤

罗颖

华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** 评估结核 T 细胞酶联免疫斑点试验 (T-SPOT.TB) 在上述两种疾病鉴别诊断中的效果。

**方法** 我们前瞻性地入围了 331 位肺部 CT 显示有独立性结节或肿块的患者, 所有受试者均被同时进行常规项目的检测以及 T-SPOT.TB 检测。

**结果** 结果显示直接使用 T-SPOT.TB 检测用于鉴别诊断结核性和肿瘤性独立肺结节或肿块的效果并不理想, 其敏感性与特异性均较差; 然而将结核特异性抗原孔 (TBAg) 的斑点数比上植物血凝素孔 (PHA) 斑点数的比值作为诊断指标就能显著提高对上述两种疾病的鉴别诊断作用。如果将阈值定为 0.236, 对于存在独立肺结节或肿块的结核瘤和肿瘤患者来说, TBAg/PHA 比值对结核瘤的诊断敏感性和特异性分别为 80.6% 和 93.3%。通过受试者曲线分析得出曲线下面积为 0.921 (95% 置信区间 0.875-0.967), 我们进一步发现 TBAg/PHA 比值也可用于结核瘤与其他良性疾病的鉴别诊断 (曲线下面积为 0.909; 敏感性: 85.07%; 特异性: 90%)。

**结论** 在结核高负担国家, TBAg/PHA 比值能够为肺部有独立性结节或肿块的结核瘤与肿瘤患者在鉴别诊断上提供一个很好的手段。

## PU-3608

## 巨噬细胞移动抑制因子 MIF-173G/C 基因多态性与肿瘤风险相关性的 meta 分析

刘雅,孙奋勇

Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**目的** 大多数人群对肿瘤筛查概念的认识仍不足、筛查效果停留在早诊率指标、筛查效率低、缺乏成本—效果分析和如何让健康人群主动参加筛检是目前肿瘤筛查存在的主要问题巨噬细胞移动抑制因子(Macrophage Migration Inhibitory Factor,MIF), 是一种源于 T 淋巴细胞的细胞因子, 其在肿瘤的发生发展中发挥了重要作用。作为一种促炎因子, MIF 能够抑制巨噬细胞的移动, 引起巨噬细胞在炎症部位浸润、聚集, 有利于肿瘤细胞的组织侵袭过程。现在已知 MIF 基因在-173(G/C)、+254(T/C)和+656 (C/G) 处存在多态性位点, MIF-173G/ CSNPS 与疾病的关系最为密切, 也研究得最多。大量的研究结果显示, MIF 在前列腺癌、乳腺癌、脑胶质瘤等多种肿瘤中过度表达, 且表达水平与疾病的严重程度和肿瘤的侵袭性有关。有报道表明 MIF-173G/C 基因的多态性可能与癌症风险相关。然而, 此前的一些研究存在相互矛盾的结果。因此, 我们遵循的系统综述和荟萃分析优先报告的条目 PRISMA(preferred reporting items for systematic reviews and meta analysis), 进行了相关的 meta 分析, 探讨 MIF-173G/C 基因的多态性与肿瘤风险之间的关联。

**方法** 联合比值比 (odds ratio, OR) 及 95%CI 可信区间 (confidence interval, 95%CI) 为效应指标, 来衡量 MIF-173G/C 基因的多态性与癌症风险之间的关联。合并 OR 值进行显性遗传模型、隐性遗传模型、纯合子比较模型和杂合子比较模型。使用 Egger 检验 (Egger's test) 和 Begg 漏斗图 (Begg's funnel plots) 进行偏倚评估。

**结果** 纳入 10 个研究包括符合标准的 2203 例病例和 2805 例对照。各遗传模型 meta 分析结果显示:MIF-173G/C 基因的多态性的显性遗传模型和杂合子比较模型与增加癌症风险的显著相关, 分别为 (OR 1.32, 95% CI = 1.00-1.74, P = 0.01)、(OR= 1.38, CI = 1.01-1.87, P = 0.04)。在亚组分析中, MIF-173G/C 基因的多态性和前列腺与前列腺癌和非实体癌的风险增加有关。

**结论** 综上所述, MIF-173G/C 基因的多态性与杂合子比较模型肿瘤的风险显著相关。MIF -173g / C 多态性可能与癌症风险增加有关。

## PU-3609

## 耗竭的 CD4+ CXCR5+ T 细胞涉及人类结核病的发病机制

罗颖

华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** CD4+CXCR5+ T 在结核病疾病期间的频率下降仅是部分了解。这项研究的目的是探索结核病人 TB 中 CD4+CXCR5+ T 细胞的耗竭。

**方法** 在活动性结核患者和健康对照受试者中评估 CD4+CXCR5+ T 细胞的频率和功能。在阻断抑制性受体后测定 CD4+CXCR5+ T 细胞的功能。

**结果** 活动性结核患者 CD4+CXCR5+ T 细胞频率降低。在活动性结核患者中, CD4+CXCR5+ T 细胞上的活化标记物 (HLA-DR 和 ICOS) 和抑制性受体 (Tim-3 和 PD-1) 的表达增加。并且在活动性结核病人中, 结核特异性抗原刺激诱导抑制受体的表达高于植物血凝素刺激。相反, 结核抗原刺激不诱导 CD4+CXCR5+ T 细胞上 IL-21 和 Ki-67 的显著增加的表达。然而, 阻断抑制性受体 Tim-3 和 PD-1 不仅增加了 CD4+CXCR5+ T 细胞的频率, 而且还恢复了它们的增殖和细胞因子分泌潜能。

**结论** 抑制性受体表达增加涉及 CD4+CXCR5+ T 细胞的耗竭,抑制性受体的阻断可以恢复活动性结核患者 CD4+CXCR5+ T 细胞的功能。

## PU-3610

### 尿微量白蛋白、肌酐、尿素在糖尿病肾病患者中的应用评价

李晓东

云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 评价肾功能检测指标尿微量白蛋白(mALB)、血清肌酐(SCR)、尿素(BUN)在糖尿病肾病患者中的应用价值。

**方法** 选取我院 50 例糖尿病合并肾病的患者为患者实验组,50 例患有糖尿病无合并肾病的患者为患者对照组,50 例健康志愿者为健康对照组,对三组人群同时进行三项检验,比较检验结果的差异。

**结果** 患者实验组的 m-ALB, Scr, BUN 检验结果均同时高于健康对照组和患者对照组,两者相比较差别具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 检验指标 mALB, Scr,BUN 的增高,提示患者可能合并糖尿病肾病,三项指标的联合检测对早期的糖尿病肾病诊断具有重要的临床应用价值。

## PU-3611

### 神经肿瘤围手术期静脉血栓危险因素分析

罗颖

华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** 调查武汉某医疗中心神经外科的神经肿瘤和动脉瘤患者进行回顾性分析,统计围手术期深静脉血栓发生率及分析围手术期深静脉血栓发生的危险因素。

#### 方法

回顾性调查分析武汉某医疗中心的神经外科 2016 年 7 月至 2017 年 4 月时间内的所有的病例,筛选出诊断了神经相关肿瘤和动脉瘤的病例进行分析。由于非肿瘤患者血栓发病率不高,排除了颅内损伤、蛛网膜下腔出血、烟雾病、脑动静脉血管畸形等非肿瘤患者。筛选出病例选择可用的临床信息进行记录。

我们根据 Khorana 血栓风险评估系统的参数并根据病历信息客观情况添加协变量进行记录,协变量基本分为四类,第一类为患者自身因素,包括了患者的年龄、性别、民族、身高、体重、是否吸烟;第二类是肿瘤相关因素包括诊断的肿瘤种类、肿瘤的位置、肿瘤的分级;第三类是治疗相关因素包括诊断时间、手术日期、手术方式、手术麻醉方式、手术持续的时间、术后治疗时间、住院观察天数、抗凝剂或促凝剂使用情况;第四类是一些检查包括治疗前的白细胞计数、治疗前的血红蛋白、治疗前的血小板计数、治疗前后的凝血四项、D-Dimer。

由以上获得资料进行描述统计得出肿瘤相关血栓发病率,通过 t-检验和卡方检验比较静脉血栓发生组和未发生血栓组的各个协变量,得出有显著性差异的协变量,再进行二元 Logistic 回归分析,得到各自的回归系数,总结出围手术期肿瘤相关血栓的危险因素。

**结果** 筛选共得到 596 例患者病例信息,其中神经肿瘤患者有 455 例(76.34%),肿瘤脑转移患者有 19 例(3.719%),动脉瘤 94 例(15.78%),血管瘤 28 例(4.70%)。582 例患者中,一共 75 例发生了静脉血栓,其中 9 例患有下肢深静脉血栓,69 例脑梗塞,2 例肺栓塞。其中神经肿瘤患者血栓发生率为 11%;动脉瘤血栓发生率患者为 24.5%,脑转移性肿瘤患者血栓发生率为 15.8%,血管瘤患者血栓发生率为 14.3%。

**结论** 神经外科肿瘤患者围手术期深静脉血栓发生危险因素有高龄患者、高肿瘤组织分级、住院时间及术后住院时间的延长、高水平的 D-二聚体、低水平的术后纤维蛋白原浓度和低水平的血红蛋白浓度。神经外科肿瘤患者围手术期腔隙性脑梗塞发生危险因素有介入栓塞术和开颅肿瘤切除术、高龄患者、高水平术前纤维蛋白原浓度。

## PU-3612

### 外周血淋巴细胞 EBV 病毒载量与抗 Ro52 抗体的相关性分析

李欢,刘子杰  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨外周血淋巴细胞中 EBV 载量和抗核抗体的相关性。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2016 年 4 月昆明医科大学第一附属医院抗核抗体阳性患者 104 例及抗核抗体阴性患者 71 例,采用荧光定量聚合酶链反应 (PCR) 方法检测外周血淋巴细胞中 EBV DNA,探讨两者之间的相关性。

**结果** 以 400copies/mL 作为 EBV DNA 的 cutoff 值进行分析,EBV DNA 与抗核抗体无显著相关性 ( $p=0.063>0.05$ )。将 EBV DNA 用淋巴细胞绝对数进行校正,采用 ROC 曲线选择 EBV 与淋巴细胞数的比值等于 0.355 作为 cutoff 值进行分析,抗核抗体阳性组与阴性组组间差异存在显著性 ( $p=0.042<0.05$ ),其中抗 RO52 组间差异也存在显著性 ( $p=0.043<0.05$ )。然而 EBV 在自免性疾病中检出率为 2/21(9.52%),在非自免性疾病中检出率为 11/151 (7.28%),无显著性差异 ( $p=0.393>0.05$ )。接下来我们统计分析 RO52 抗体阳性的患者中 EBV DNA 载量与自身免疫性疾病的相关性,结果表明无显著相关性 ( $p=0.388>0.05$ )。

**结论** RO52 抗体阳性的患者中 EBV DNA 载量与自身免疫性疾病无显著相关性,EB 与 RO52 抗体的相关性可能是部分 EB 在再激活后引起的非特异性反应。

## PU-3613

### 439 例血红蛋白 H 病胎儿的临床研究

郭婧<sup>1,2</sup>,秦雪<sup>1</sup>  
1.广西医科大学第一附属医院,530021  
2.广西壮族自治区妇幼保健院,530003

**目的** 分析 439 例血红蛋白 H 病 (Hemoglobin H Disease, Hb H 病) 胎儿及其父母的基因型和血液学表型特征,同时探讨影响 Hb H 病胎儿妊娠结局的因素。

**方法** 回顾性分析 2013 年 6 月至 2017 年 11 月期间经产前地中海贫血基因检测诊断为 Hb H 病的 439 例胎儿及其父母的基因型和血常规参数特征,记录妊娠期间孕妇和胎儿的一般情况以及异常表现,随访妊娠结局。应用统计学软件 SPSS22.0 对数据进行分析处理。

**结果** 1.胎儿中检出的主要基因型分别为  $--^{SEA}/\alpha^{-3.7}$ 、 $--^{SEA}/\alpha^{CS}\alpha$ 、 $--^{SEA}/\alpha^{4.2}$ 、 $--^{SEA}/\alpha^{WS}\alpha$  和  $--^{SEA}/\alpha^{QS}\alpha$ 。

2.  $--^{SEA}/\alpha^{-3.7}$  和  $--^{SEA}/\alpha^{4.2}$  两组胎儿脐血血常规各参数差异均无统计学意义;  $--^{SEA}/\alpha^{CS}\alpha$  组的 MCV 水平高于  $--^{SEA}/\alpha^{WS}\alpha$  组, RBC 和 Hb 水平低于  $--^{SEA}/\alpha^{WS}\alpha$  组;  $--^{SEA}/\alpha^{-3.7}$  和  $--^{SEA}/\alpha^{4.2}$  组的 Hb 和 RBC 水平高于  $--^{SEA}/\alpha^{CS}\alpha$  组, MCV 和 MCH 水平低于  $--^{SEA}/\alpha^{CS}\alpha$  组;  $--^{SEA}/\alpha^{-3.7}$  和  $--^{SEA}/\alpha^{4.2}$  组的 MCH 和 Hb 水平低于  $--^{SEA}/\alpha^{WS}\alpha$  组, 差异有显著性意义。

3.胎儿父母基因型组合以  $\alpha\alpha/\alpha^+\alpha/\alpha^0$  最为常见; 比较  $--/\alpha^{-3.7}$ 、 $--/\alpha^{4.2}$ 、 $--/\alpha^{CS}\alpha$  和  $--/\alpha^{WS}\alpha$  四组胎儿对应的父母血常规参数,除  $--/\alpha^{4.2}$  和  $--/\alpha^{CS}\alpha$  两组胎儿对应的母方 MCV 和 MCH 水平差异有统计学意义外,其余母方和父方各组间参数差异均无统计学意义。

4.引产组和生产组在父母基因型组合、胎儿标本类型、孕妇既往产次、胎儿地贫基因型方面的差异具有统计学意义。

**结论** 1.Hb H病胎儿基因型以--SEA/- $\alpha^{3.7}$ 最为常见,其次为--SEA/ $\alpha^{CS}\alpha$ 、--SEA/- $\alpha^{4.2}$ 和--SEA/ $\alpha^{WS}\alpha$ ;不同基因型Hb H病胎儿血液学表型严重程度为--SEA/ $\alpha^{CS}\alpha$ >--SEA/- $\alpha^{3.7}$ =--SEA/- $\alpha^{4.2}$ >--SEA/ $\alpha^{WS}\alpha$ 。

2.Hb H病胎儿父母的基因型组合以 $\alpha\alpha/\alpha^+\alpha\alpha/\alpha^0$ 最为常见,父母的血液学表型严重程度主要与自身基因型相关,而与胎儿基因型可能无关。

3.基因型为--/ $\alpha^{WS}\alpha$ 、--/- $\alpha^{3.7}$ 和--/ $\alpha^{CS}\alpha$ 的胎儿被引产的概率依次增高,此外,孕妇既往产次、父母基因型组合以及胎儿被诊断的时间也可能会影响胎儿被引产的概率。

## PU-3614

### 早期肠内营养支持疗法评价指标在胃肠手术中的应用评价

李晓东,戴宏斌,王宁  
云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 比较早期免疫肠内营养支持与肠外营养支持对接受胃肠手术患者术后恢复产生的效果和肠内营养支持疗法的临床价值。

**方法** 选取我院拟行胃肠手术的患者140例,其中对照组70例,观察组70例,两组随机分配。观察组患者手术结束后即时应用肠内营养支持。然后对患者的肠道粘膜免疫功能、肠黏膜屏障功能、体内营养状态及不良反应发生率进行分析比较。

**结果** 观察组患者的肠道粘膜免疫功能、肠黏膜屏障功能和体内营养状态的良性改变幅度大于对照组,观察组患者不良反应发生率(11.43%)显著低于对照组(27.14%),两组数据统计学比较有意义( $P<0.05$ )。

**结论** 早期肠内营养支持疗法对患者免疫功能的改善、肠黏膜屏障的保护、体内营养提升、降低术后不良反应发生率具有明显的正性促进作用,肠内营养支持疗法临床应用可以推广。

## PU-3615

### A hepatitis C virus screening program to enhance HCV surveillance in a tertiary hospital of Jiangsu, China: a leading role of clinical laboratory

Yuxin Chen, Wu Chao, Han Shen  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** An estimated 10 million people in China are chronically infected with hepatitis C virus (HCV). However, the majority are unaware of their HCV diagnosis and few are treated. Our preliminary data indicates an insufficient follow-up of patients with positive anti-HCV antibody (Ab) in non-infectious departments (non-ID) of a tertiary hospital in Jiangsu province. Therefore, as the clinical laboratory, we aim to play a leading role of establish a feasible clinical algorithm to enhance HCV testing surveillance.

**Methods** From the prospective of clinical laboratory, we launched a HCV screening program which was designed to enhance HCV surveillance, especially in non-ID of our hospital. An HCV screening advisory committee is established in our hospitals, which is led by clinical laboratory and executive departments. The follow up rates of patients with positive anti-HCV Ab were summarized with our effort in newly launched HCV screening.

**Results** From our retrospective cohort in non-ID departments of a tertiary hospital of Jiangsu during 2016 to 2017, only 25.9% (71/273) of patients with anti-HCV antibody (Ab) further had HCV RNA confirmatory test, while 40% (29/71) were identified as HCV infection as they had



positive HCV RNA. With our effort in newly launched HCV screening program over the last 6 months, 87% (115/132) of patients with anti-HCV Ab further had HCV RNA confirmatory test, while 30% (35/115) were identified as CHC as they had positive HCV RNA. The follow-up rate of patients with positive HCV Ab were significantly increased.

**Conclusions** In our hospital, HCV screening program led by clinical laboratory was successful in identifying individuals with HCV infection. The program data suggests that enhanced HCV screening program in hospital might improve the hepatitis C care continuum by identifying individuals unaware of their HCV status.

## PU-3616

### 血清 MACC1 蛋白及 MACC1 SNP 与胃癌相关性研究

周桂<sup>1,2</sup>, 秦雪<sup>2</sup>

1. 柳州市工人医院/广西医科大学第四附属医院, 545005

2. 广西医科大学第一附属医院, 530021

**目的** 研究血清 MACC1 蛋白对胃癌的诊断预后价值, 检测 MACC1 基因的 rs4721888、rs975263、rs1990172 三个 SNP 位点多态性, 分析各 SNP 位点与胃癌的发病风险之间的关系。

**方法** ELISA 方法测定胃癌 147 例和对照组 102 例血清中 MACC1 蛋白, 采用 SNaPshot 方法检测病例组 147 例和健康对照组 122 例, 最终分析 MACC1 三个 SNP 位点多态性。

**结果** 1. 病例组、健康对照组血清 MACC1 蛋白分别为  $273.71 \pm 204.28$  (pg/ml)、 $171.50 \pm 135.96$  (pg/ml), 二者之间差异显著 ( $P = 0.000$ ,  $P < 0.05$ ); ROC 曲线分析 ( $AUC = 0.748$ ,  $95\%CI = 0.689 \sim 0.801$ ), Cut-off 值为 228.67pg/ml 时, 对应的敏感性为 63.27%、特异性为 74.51%。2. 血清 MACC1 蛋白随胃癌 TNM 分期升高而增高, (I+II) 期与 III 期 ( $P = 0.020$ ,  $P < 0.05$ ), (I+II) 期与 IV 期 ( $P = 0.000$ ,  $P < 0.05$ ), III 期与 IV 期 ( $P = 0.000$ ,  $P < 0.05$ )。3. 肿瘤浸润深度的 T3+T4 期胃癌患者血清 MACC1 蛋白明显高于 T0+T1+T2 期患者 ( $P = 0.002$ ,  $P < 0.05$ )。4. 淋巴转移的患者比无淋巴转移患者, 血清 MACC1 蛋白升高 ( $P = 0.000$ ,  $P < 0.05$ )。5. 远处转移高于无远处转移患者 ( $P = 0.000$ ,  $P < 0.05$ )。6. rs975263 位点 AG 基因型胃癌患病风险分析 ( $P = 0.017$ ,  $OR = 2.852$ ), rs1990172 位点 AC 基因型胃癌患病风险分析 ( $P = 0.036$ ,  $OR = 0.383$ )。

**结论** 1. 胃癌患者血清 MACC1 蛋白明显比健康对照组升高, 具有一定诊断价值, 且与 TNM 分期、肿瘤浸润深度、淋巴转移、远处转移等相关。血清 MACC1 蛋白可能是胃癌浸润转移恶化的标志物。2. MACC1 基因 rs975263 位点 AG 基因型可能增加胃癌患病风险, rs1990172 位点 AC 基因型可能降低胃癌患病风险。

## PU-3617

### 血清胃功能四项检测在胃部疾病中的应用价值

耿娅萍, 白志瑶, 王宁

云南省曲靖市第二人民医院

**目的** 分析胃功能四项即胃蛋白酶原 I (PG I)、胃蛋白酶原 II (PG II)、胃蛋白酶原 I/胃蛋白酶原 II (PGR)、胃泌素 17 (G-17) 和幽门螺杆菌 Ig-G 抗体在胃部疾病中的应用。

**方法** 收集我院门诊 122 例胃部不适患者, 并依据胃镜检查结果进行分组: 慢性浅表性胃炎 77 例、慢性浅表性胃炎伴糜烂 24 例、慢性浅表性胃炎伴萎缩 21 例, 另取 50 例健康人群为对照组, 对比不同组患者血清胃功能四项的水平, 并分析其在胃部疾病中的差异。

**结果** 健康对照组、慢性浅表性胃炎、慢性浅表性胃炎伴糜烂、慢性浅表性胃炎伴萎缩四组间 PG II、PGR 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而 PG I 和 G-17 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。与健康对照组相比较, 慢性浅表性胃炎和慢性浅表性胃炎伴糜烂的 PG II 和 PGR 间差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 与慢性浅表性胃炎伴萎缩组相比较, 慢性浅表性胃炎伴糜烂的 PG II 和 PGR 间差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 慢性浅表性胃炎 PGR 间差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。

**结论** 血清胃功能检测方便、快捷, 能被广大患者所接受, 单一指标在评价胃部疾病时存在缺陷, 四项联合检测能更全面的反应胃黏膜功能和状态。

## PU-3618

### 病毒

李静, 李春风, 赵学英, 芦鑫  
山东大学第二医院, 250000

**目的** 制备病毒抗体并对抗体的滴度进行检测, 以用于病毒的免疫学检测。

**方法** 使用两种实验动物小鼠和兔分别制备小鼠抗病毒抗体和兔抗病毒抗体, 使用 Western blot 试验检测抗体是否制备成功, 使用 ELISA 试验测定制备抗体的效价。

**结果** Western blot 试验证明小鼠抗病毒抗体和兔抗病毒抗体制备成功, ELISA 试验测定小鼠抗病毒抗体的滴度为  $1:2^{16}$ , 兔抗病毒抗体的滴度为  $1:2^{14}$ 。

**结论** 试验证明抗体: 小鼠抗病毒抗体和兔抗病毒抗体制备成功, 并分别对两种抗体的滴度进行了检测, 可以用于后续病毒免疫学性质的检测。

## PU-3619

### Single-exosome-counting immunoassays for cancer diagnostics

Chunchen Liu  
Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University,  
Guangzhou 510515, China

**Objective** Exosomes shed by tumor cells have been recognized as promising biomarkers for cancer diagnostics due to their unique composition and functions. Quantification of low concentrations of specific exosomes present in very small volumes of clinical samples may be used for non-invasive cancer diagnosis and prognosis.

**Methods** We developed an immunosorbent assay for digital qualification of target exosomes using droplet microfluidics. The exosomes were immobilized on magnetic microbeads through sandwich ELISA complexes tagged with an enzymatic reporter that produces fluorescent signal, and the constructed beads were further isolated and encapsulated into a sufficient number of droplets to ensure only a single bead in a droplet.

**Results** Our droplet-based single-exosome-counting enzyme-linked immunoassay (droplet digital ExoELISA) approach enables absolute counting of cancer-specific exosomes to achieve unprecedented accuracy. Using a plasma sample of 10  $\mu$ L, we were able to detect as few as  $\sim 5$  enzyme-labeled exosome complexes ( $\sim 10^{-17}$  M).

**Conclusions** We demonstrated the application of the droplet digital ExoELISA platform in quantitative detection of exosomes in plasma samples directly from breast cancer patients. We believe our approach may have the potential for cancer early diagnostics and accelerate the discovery of cancer exosomal biomarkers for clinical diagnosis.

## PU-3620

## 不同送检模式下血培养阳性率与病原菌分布

赵景霖,李庆蓉,谭丁及  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过回顾性分析昆明医科大学第二附属医院 2017 年 1 月--2017 年 12 月共计 19687（儿科除外）份血培养在不同送检模式下的阳性率与病原菌分布，为提高血培养阳性提供相关依据。

**方法** 采用法国梅里埃 BacT /ALERT 3D 与美国 BD 公司 BACTECFX 血培养系统，细菌鉴定采用 VITEK2Compact 自动微生物鉴定系统。

**结果** 2017 年我院共送检血培养标本 19687 份，排除不合格标本后共计得到合格血培养标本 19050 份。经统计得出，血培养阳性瓶 1228 瓶，血培养阳性率 6.5%，其中单瓶送检阳性率 4.8%，双瓶送检阳性率 6.3%，4 瓶送检阳性率 10.6%，6 瓶送检阳性率 30%，经统计学分析后单瓶和双瓶，单瓶和双套，单瓶和三套两两之间行卡方检验， $P<0.05$ ，差异具有统计学意义，6 瓶送检阳性率显著高于单瓶，双瓶，双套血培养送检阳性率。病原菌阳性检出率前五位分别是大肠埃希菌（32.6%）、凝固酶阴性葡萄球菌（25.7%）、肺炎克雷伯杆菌（11.2%）、鲍曼不动杆菌（4.5%）、金黄色葡萄球菌（4.2%）

**结论** 通过比较我院在单瓶，双瓶，双套，3 套 4 种不同送检模式下的血培养阳性率的差异，可以发现血培养送检套数越多，血培养的检出率和鉴别污染的能力也会进一步提高，所以在临床中需要提倡进行双侧双瓶或者 4 瓶血培养送检工作。

## PU-3621

## 血清 HER-2 ECD 表达水平在乳腺癌诊疗中的意义

李雪  
上海市第十人民医院,200000

**目的** 探讨血清 HER-2 ECD 检测在判断乳腺癌患者体内 HER-2 表达情况时与免疫组化和 FISH 检测的相关性，以及对乳腺癌预后的影响，同时初步分析影响血清 HER-2 ECD 表达的因素。

**方法** 收集我院 2015 年进行血清 HER-2 ECD 检测的 275 例乳腺癌患者为研究对象进行回顾性分析，其检测采用西门子 ADVIA Centuar CP 系统电化学发光方法，以 15ng/mL 作为 cut off 值。对于乳腺癌组织中 ADAM10 蛋白的表达检测采用免疫组化的方法。在细胞学实验中，采用上述的电化学发光法和流式技术分别检测细胞培养上清和细胞表面的 HER-2 表达。

**结果** 乳腺癌患者血清 HER-2 ECD 水平明显高于良性乳腺疾病和健康对照组。乳腺癌患者随着 HER-2 免疫组化评分等级增加，其血清 HER-2 ECD 阳性的比例也增加，且在免疫组化 3+时血清 HER-2 ECD 表达水平明显增高。以 HER-2 3+或 HER-2 2+且 FISH 有扩增作为组织 HER-2 表达阳性的标准，血清 HER-2 ECD 的阳性符合率为 65.2%，阴性符合率达到了 91.9%；组织阳性的乳腺癌患者中血清 HER-2 ECD 的表达水平明显高于组织阴性的患者。在组织 HER-2 3+、FISH 有扩增的 II-III 期乳腺癌患者中，血清 HER-2 ECD 阴性的患者在进行靶向和手术治疗后的无进展生存率显著高于血清 HER-2 ECD 阳性的患者。分别选取 10 例组织 HER-2 表达阳性 3+但血清 HER-2 ECD 阳性或阴性表达的乳腺癌组织，发现其 ADAM10 蛋白的表达水平存在差异，即血清 HER-2 ECD 阴性组表达程度低于血清 HER-2 ECD 阳性组。细胞学实验进一步表明，ADAM10 抑制剂使表达 HER-2 的乳腺癌细胞 SK-BR-3 分泌的 HER-2 CED 减少，并使细胞表面 HER-2 表达增加。

**结论** 血清 HER-2 ECD 检测可以为乳腺癌患者体内 HER-2 表达情况提供辅助判断；组织 HER-2 表达阳性的乳腺癌患者，血清 HER-2 ECD 阳性相比于血清 HER-2 ECD 阴性的患者预后不良；血清 HER-2 ECD 的产生与 ADAM10 蛋白表达水平和酶活性有关，也是导致乳腺癌患者组织和血清 HER-2 表达情况不一致的原因。

## PU-3622

## 基于环介导等温扩增的念珠菌血流感染病原体检测技术的建立及其评价

肖晶晶, 吴文娟  
上海市东方医院南院

**目的** 侵袭性念珠菌病是发病率和死亡率较高的疾病, 白念珠菌、近平滑念珠菌、热带念珠菌为引起侵袭性念珠菌病的前三位致病菌。本研究主要目的为: 以三种念珠菌基因保守区为靶标筛选菌种特异性 LAMP 引物; 建立灵敏度和特异性高的单重试管 LAMP 检测技术; 以单重 LAMP 技术为基础, 建立基于熔解曲线鉴定的多重 LAMP 技术; 结合碟式微流控芯片的多通道, 建立基于微流控芯片的多重 LAMP 检测技术; 评估 LAMP 对念珠菌血流感染模拟样本的检测效能, 比较 LAMP 方法与传统血培养对念珠菌血流感染病原体的检出结果一致性以及检出时间的差异。

**方法** 以白念珠菌、近平滑念珠菌、热带念珠菌的 ITS 或 RPS0 基因保守区作为候选目的基因, 利用 Primer V5 软件针对保守序列设计系列 LAMP 引物, 从中筛选引物; 摸索 LAMP 反应中最佳  $Mg^{2+}$  浓度、引物浓度、Bst 酶浓度、反应温度来获得最适 LAMP 反应条件, 建立灵敏度和特异性高的单重 LAMP 检测技术; 在前期基础上, 建立基于熔解曲线分析的白念珠菌、近平滑念珠菌多重 LAMP 技术, 评估其特异性、线性、检出限以及精密度; 基于碟式微流控芯片的多通道, 建立针对三种念珠菌的多重 LAMP 检测技术, 评估其特异性、线性范围、检出限以及精密度; 制备 1 CFU/mL 浓度的念珠菌血流感染模拟样本, LAMP 检测血培养 12 h、14 h、16 h、18 h、20 h、22 h.....至血培养仪阳性报警时的血液样本, 确定 LAMP 阳性最早检出时间, 比较 LAMP 技术与传统血培养对念珠菌血流感染的检出一致性及检出时间差异。

**结果** 筛选出针对三种念珠菌的 LAMP 引物; 摸索 LAMP 反应条件; 三种念珠菌的单重 LAMP 体系特异性好, 最低检测浓度为  $10^3$  CFU/mL; 白念珠菌和近平滑念珠菌的多重 LAMP 体系特异性好, 最低检测浓度为  $10^4$  CFU/mL, 相同浓度 LAMP 检测的 CV 值为 5%-10%; 基于微流控芯片的多重 LAMP 检测技术特异性好, 最低检测浓度为  $10^4$  CFU/mL, 相同浓度检测的 CV 不大于 15%; 白念珠菌、热带念珠菌、近平滑念珠菌模拟血液样本培养后 18 h LAMP 检测均阳性, 分别比血培养血培养仪阳性报警时间提前 6 h、5 h、17 h, 显著缩短了检测时间。

**结论** 建立了针对我国侵袭性念珠菌病前三位致病菌的 LAMP 检测技术, 念珠菌菌种鉴定 LAMP 技术所耗时间短于传统血培养方法, 为建立临床上有效的侵袭性念珠菌感染早期诊断与治疗监测技术平台奠定基础。

## PU-3623

## 20 strains of *Klebsiella pneumoniae* carrying the mcr-8 gene were detected from samples from different sources

孙世俊  
北京大学人民医院, 100000

**目的** To explore the mechanism of colistin resistance and the carrying of mcr-8 in different samples.

**方法** This article collects colistin-resistant strains of *Klebsiella pneumoniae* from different clinical specimens and animal specimens collected from teaching hospitals and farms in various regions from 2013 to 2016. These strains were identified by micro-broth dilution method; the genome was sequenced by Illumina high-throughput sequencing platform combined with PacBio SMRT sequencing technology.

**结果** The sequencing results showed that 20 strains of *K. pneumoniae* with *mcr-8* gene had high MIC for colistin. Some human strains and animal-derived strains also carried NDM resistant plasmids. Plasmid splicing results showed that these *mcr-8* were located on different plasmids.

**结论** Unlike strains carrying other *mcr* genes, strains carrying *mcr-8* have higher drug resistance levels. The drug resistance genes have been transmitted from different sources in different regions, and the *mcr-8* plasmid can be resistant to other  $\beta$ -lactams. The drug plasmids coexist and have spread in the population.

## PU-3624

### 产前诊断之孕中期唐氏筛查的阐述

李雪

上海市第十人民医院,200000

**目的** 了解该地区孕产妇在孕中期进行唐氏筛查后的结果与妊娠结局,并做出临床分析。

**方法** 应用时间分辨荧光免疫法对 2491 例孕中期(14-20 (+6 天)周)妇女进行血清标记物甲胎蛋白和游离绒毛膜促性腺激素  $\beta$  亚基(AFP/free- $\beta$ -HCG)二项指标双标试剂盒检测,筛查结果与风险计算软件配套使用,例如“产前筛查数据管理软件”(LifeCycle for Prenatal Screening)来计算唐氏综合征风险。唐氏综合征(down's syndrome,Ds)风险切割值为 1: 250,当 $\geq 1: 250$ 时为 Ds 高危孕妇,于孕 20 周以后抽取胎儿的脐血或羊水细胞进行胎儿核型的分析,可有效地追踪胎儿和孕妇的实时情况。

**结果** 在对 2491 例孕妇进行产前筛查后,筛查出 213 例高危孕妇,阳性率为 8.6% (213/2491),其中 Ds 占 172 例,阳性率为 6.9% (172/2491),有 73 例接受脐血穿刺产前诊断,占筛查 Ds 高危孕妇的 42.4%(73/172),发现胎儿染色体异常 8 例,异常检出率为 11.0%(8/73),其中 5 例唐氏综合征,2 例 18- 三体,1 例平衡易位。唐氏筛查高风险组和低风险组的妊娠不良结局的风险值分别为 6.1% (13/213)和 2.5%(56/2278),差异有显著性( $P<0.05$ )。

**结论** 孕中期产前筛查能有效地预测宫内胎儿是否异常及是否会发生妊娠不良结局,并且随着年龄的增长,唐氏综合症的发生率也会相应增加,再结合产前诊断能在一定程度上减少先天缺陷胎儿的出生。

## PU-3625

### 血清胸苷激酶 1 的研究进展

陈越佳

天津市第一中心医院,300000

**目的** 胸苷激酶 1 (thymidine kinase 1, 简称 TK1) 是细胞周期 S 期(合成期)的特殊酶,是 DNA 合成和损伤修复的关键酶之一,TKI 作为一种嘧啶补救途径的激酶,在 ATP 的参与下催化脱氧胸苷 (TDR),磷酸化为脱氧 1-磷酸胸苷酸 (dTMP),参与细胞周期调控和细胞增殖。人类肿瘤中 TK1 活力水平与肿瘤细胞增殖速度成正比,并与疾病的轻重程度有关。所以 TK1 被认为是一种肿瘤标记酶。

**方法** 胸苷激酶 (TK1) 被证实健康体检、肿瘤早期筛查、常规检测、手术疗效监视和预后复发评估中,能灵敏有效地评估人体肿瘤增长,另外 TK 基因参与合成药物也被应用于肿瘤的治疗。实验室检测方法以增强化学发光免疫印迹法应用最为广泛。现对 TK1 的结构、功能及其与恶性肿瘤的关系等予以综述。

**结果** 术前乳腺癌血清 TKI 水平明显高于良性病变,化疗及化疗后 4 周 TKI 水平下降,复发者 TKI 浓度升高。血清 TKI 水平随肿瘤恶性程度升高而增高肿瘤体积和腋窝淋巴结转移数目与血清 TKI 水平呈正相关;消化道常见恶性肿瘤(食道癌、胃癌以及结直肠癌)在治疗前平均 TK1 水平显著高于良性疾病组和健康对照组。食道癌、胃癌以及结直肠癌三组之间 TK1 水平无显著差异;联合检测血清 TKI 浓度和血清其他肿瘤标志物如癌胚抗原、CA125 等标对肺癌特别是对病理类型不明肺癌的早期诊断具有重要的参考价值。血清 TKI 适用于评估白血病化疗效果,并指导调整临床化疗方案。卵巢癌患者治疗前的血清 TKI 水平随着临床分期的增加而升高,且术后一周的血清 TKI 水平较术前明显降低。另外 TK1 对肾癌,膀胱癌,前列腺癌的手术方案和疗效评估起到了重要作用。

**结论** 血清 TKI 作为一种极具潜力的细胞增殖标志物,其在体检筛查和预测早期肿瘤风险、肿瘤患者疗效监测、复发和预后评估中比其他肿瘤标志物具有十分重要的意义,尽管 TK1 仍存在一些问題,如血清 TKI 在某些非肿瘤的代偿性增殖疾病或生理状态时也可能升高,如妊娠期妇女、献血员、手术恢复期、营养性贫血、大面积创伤和严重病毒感染期等,但随着医疗知识的不断发展,TK1 作为肿瘤筛查和临床肿瘤患者疗效及预后检测中的标志物,为肿瘤的辅助诊断带来新的曙光。另外疱疹病毒胸苷激酶基因当作“自杀基因”也为今后肿瘤的治疗指出一条新的途径。相信在不久的将来,TK1 作为一项重要的检测项目还会在更多的领域发挥重要的作用。

## PU-3626

### 痰培养联合 PCT、CRP 及呼吸道病原体抗体检测在下呼吸道感染的诊断价值

王栋,李亚山

云南省第三人民医院,650000

**目的** 分析和探讨采取细菌培养联合降钙素原(PCT)、C-反应蛋白(CRP)及呼吸道感染病原体抗体联合检测对诊断下呼吸道感染的价值和意义。

**方法** 回顾分析 2016 年 2 月至 2017 年 8 月间来我院就诊的下呼吸道感染患者 226 例作为研究对象,根据是否存在细菌感染分为细菌感染组 141 例和非细菌感染组 85 例,同时选取同时间段 100 例在我院健康体检人员作为对照组。所有研究对象均进行痰液细菌培养、PCT、CRP 及呼吸道感染病原体抗体检测,所获得的结果应用统计学软件进行分析。

**结果** 研究数据显示,和非细菌感染组以及对照组患者相比,细菌感染患者的 CRP、PCT 水平明显升高( $P<0.05$ );设定 CRP、PCT 阳性判断值,细菌感染组患者的 CRP、PCT 阳性检出率和其他两组比较差异具有统计学意义( $P<0.05$ );而且细菌感染组患者的 PCT 特异度以及阳性预测值较 CRP 明显增加( $P<0.05$ );细菌感染组细菌培养阳性检出率为 43.00% (61 例),而呼吸道感染病原体抗体的阳性检出率 5.88% (5 例),非细菌感染组患者细菌培养阳性检出率为 0.00%,而呼吸道感染病原体抗体的阳性检出率 61% (86 例)。

**结论** 痰培养联合 PCT、CRP 及呼吸道感染病原体抗体检测对下呼吸道感染的诊断具有重要价值,早期进行 CRP、PCT 的检测,为细菌感染临床诊断和鉴别诊断提供依据。

## PU-3627

### 2009-2016 年西安地区肠球菌耐药性变迁

曾晓艳

西安交通大学第一附属医院,710000

**目的** 了解肠球菌感染的临床分布及耐药变迁,为医院感染控制和临床抗菌药物合理应用提供理论依据。

**方法** 对西安地区 2009 年至 2016 年门诊及住院患者送检标本中的病原菌进行培养、分离及鉴定,采用纸片扩散法、E-test 法或全自动细菌分析仪测定抗菌药物的敏感性。采用 WHONET 5.6 软件对肠球菌临床分布及 13 种抗生素敏感性进行分析。

**结果** 2009 年 1 月至 2016 年 12 月共分离肠球菌临床株 7093 株,以屎肠球菌(59.04%)和粪肠球菌(31.30%)为主。主要分离自尿液(33.62%)、腹腔引流液(25.83%)和胆汁(15.99%)标本。尿液、腹腔引流液、胆汁、全血标本分离株均以屎肠球菌(53.83%-67.54%)为主,分泌物标本分离株以粪肠球菌(51.69%)为主。肠球菌感染患者年龄分布以 61-70 岁占比最高(20.38%),以 0-10 岁年龄段占比最低(0.99%)。肠球菌男女性别比例分别为 54.83%、45.17%,两者无统计学差异。肠球菌对红霉素的耐药率最高(80.4%),对四环素、莫西沙星、氨苄西林、青霉素 G、左氧氟沙星、环丙沙星 6 种抗生素耐药率高达 50%-65%,对呋喃妥因和高浓度庆大霉素的耐药率>30.0%,对替加环素、替考拉宁、利奈唑胺和万古霉素 4 种抗生素的耐药率均<3.6%。2009-2016 年间,屎肠球菌对大多数抗生素的耐药率均高于粪肠球菌,屎肠球菌对大多数抗生素的耐药率趋于平稳,而粪肠球菌对部分抗生素的耐药率波动较大。

**结论** 本地区肠球菌的临床耐药形势严峻,万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁和替加环素仍是治疗肠球菌引起的重症院内感染敏感性最高的药物。

## PU-3628

### 2013-2018 年西安地区 A 群轮状病毒感染流行病学

曾晓艳,李芳

西安交通大学第一附属医院,710000

**目的** 探讨西安地区 2013-2018 年 A 群轮状病毒感染情况,明确该地区 A 群轮状病毒感染所致腹泻流行病学特征。

**方法** 选取 2013-2018 年某院门急诊和住院腹泻患者 12766 例作为研究对象,进行粪便标本 A 群轮状病毒抗原检测并进行统计学分析。

**结果** 选取 2013-2018 年某院门急诊和住院腹泻患者 12766 例作为研究对象,进行粪便标本 A 群轮状病毒抗原检测并进行统计学分析。

**结果** 12766 例腹泻患者中,A 群轮状病毒感染 4160 例,阳性率为 32.6%。7413 例男性患者,阳性 2400 例(阳性率 32.4%);5322 例女性患者,1745 例(阳性率 32.8%)。不同性别腹泻患者 A 群轮状病毒阳性率比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ )。各年龄段中,阳性标本主要集中在 0.5-2 岁,共 3000 例,占 72.5%,阳性率 36.4%,明显高于其他年龄段,差异有统计学意义( $\chi^2=197.5, P<0.05$ ),阳性率最低年龄段在 5-18 岁,为 8.9%,阳性标本仅 23 例,占 0.6%。而 18 岁以上的成人阳性标本有 165 例,占 4.0%,阳性率为 27.5%。秋冬季(9 月-次年 2 月)是 A 群轮状病毒感染的发病高峰期,占 72.3%,其中冬季(12 月-次年 2 月)的阳性率最高,达到 50.5%。

**结论** A 群轮状病毒感染与儿童腹泻存在密切关系,婴幼儿是 A 群轮状病毒的易感人群,2013-2018 年西安地区门急诊和住院患者腹泻 A 群轮状病毒感染好发于 0-2 岁小儿,无性别差异且高发于秋冬季。

## PU-3629

### 冠心病患者血液检验相关指标检测分析

杨芳,刘凤琴,杨萍

新疆兵团第三师图木舒克市人民医院

**目的** 检测分析冠心病患者的血液检验相关指标。

**方法** 选取 2016 年 8 月-2018 年 8 月期间来我院诊治的 100 例冠心病患者（待检 1 组）和 100 例健康体检者（待检 2 组）作为此课题的研究对象，采用相同检测方法对其各项血液指标进行检测分析，并对比较观察两组检测结果间的不同，进而探讨各项血液检验指标对冠心病的诊断价值与评估作用。

**结果** 两组待检者均顺利完成本次血液检验，相比两组检测结果，较待检 2 组而言，待检 1 组患者的肌酸激酶同工酶（CK-MB）、心肌钙蛋白（cTn）、红细胞分布宽度（RDW）、胆固醇（TC）、三酰甘油（TG）以及低密度脂蛋白胆固醇（LDL-C）均高于待检 2 组的健康者，而且 TG/HDL-C 和 LDL-C/HDL-C 的比值也高于待检 2 组，而高密度脂蛋白胆固醇（HDL-C）却有减低改变，两组间各项血液检测指标的比较差异明显（ $P<0.05$ ），有统计学意义。

**结论** 冠心病患者的 CK-MB、cTn、RDW、TC、TG 及 LDL-C 均高于健康者，而 HDL-C 却有一定的下降改变，故在临床上可将血液检验应用在冠心病的诊断中，依据各项血液检验指标进行评估患者的病况发展及治疗预后等情况，从而切实提高临床的诊断及治疗水平，具有重大的医学意义及应用价值。

## PU-3630

### 补肾健脾方在调控晚期肝癌患者外周血 miRNA 芯片筛选情况

李雪

上海市第十人民医院,200000

**目的** 观察补肾健脾方对晚期 HCC 患者外周血 miRNA 的影响。

**方法** 纳入健康志愿者 10 例，晚期肝癌患者 20 例（BCLC 的 C、D 期）包括补肾健脾方干预 10 例、非中药治疗 10 例，在基础治疗基础上是否加用中药，分为正常对照组、补肾健脾方组和非补肾健脾方组；采集各组患者外周血分离血清，以每组为单位混合血清，抽提血浆总 RNA，应用华联生物科技公司 Human miRNA OneArray(HmiOA5.1)V5 芯片（包含 2003 个 miRNA 位点）进行检测，Agilent Microarray Scanner 进行影像数据采集，两样本信号比值计算时，得到每一探针  $\lg^2(\text{ratio})$  值与 P 值。根据  $\lg^2(\text{ratio})$  与 P 值大小挑选有显著差异表现的探针（有显著差异表现条件为  $|\lg^2(\text{Ratio})| \geq 0.8$  和  $P < 0.05$ ）。聚类分析采用 Cluster 3.0 和 TreeView 软件；主成分聚类分析采用 ArrayTrack 软件。

**结果** 补肾健脾方组与正常对照组比较，获得差异 miRNA 13 条，正常对照组与非补肾健脾方组比较，获得差异 miRNA 76 条，补肾健脾方组与非补肾健脾方组比较，获得差异 miRNA 45 条，进一步比对发现，正常对照组、补肾健脾方组比较无差异，但与非补肾健脾方组有差异的 miRNA 共 35 条。

**结论** 经 miRNA 芯片筛选发现，补肾健脾方组调控晚期肝癌的潜在 miRNA 共 35 条，为下一步抗肿瘤机制研究提供了研究靶点。

## PU-3631

### eGFR 评估方程的临床应用评价

李珊

云南省保山市第二人民医院

**目的** 比较临床较为常见的基于血清肌酐和或胱抑素 C 的五个肾小球滤过率评估方程(CG 方程、中国改良 MDRD 方程、CKD-EPI<sub>Scr</sub> 方程、CKD-EPI<sub>CysC</sub> 方程及 CKD-EPI<sub>Scr-CysC</sub> 方程)，评估其在慢性肾脏病的临床应用价值。



**方法** 收集 66 例近两年在昆明医科大学第二附属医院肾内科住院的 CKD 患者同一时间段的血清肌酐 (SCr)、胱抑素 C(CysC)和  $^{99m}\text{Tc}$ -DTPA 肾动态显像资料,以  $^{99m}\text{Tc}$ -DTPA 肾动态显像测得的 GFR 为金标准,记录为 rGFR,同时分别用五种估算方程得出 GFR,记录为 eGFR。应用统计学软件进行资料分析来比较各个方程与金标准方法的相关性、一致性及准确性,进一步来评估各个方程的临床应用价值。

**结果** 相关性分析各个方程估算 eGFR 与金标准方法所得 rGFR 均显著相关,eGFR1-eGFR5 的相关系数  $r$  分别为 0.741、0.728、0.743、0.821、0.799,与 rGFR 相关性排序为 eGFR4>eGFR5>eGFR3>eGFR1>eGFR2,组间方差分析  $F = 0.410$ ,  $P > 0.05$ ,提示多组间差异无统计学意义。5 个公式 95%一致性界限分别为( -18.4, 46.9 )、( -16.5, 48.7 )、( -16.0, 48.0)、( -5.6,42.1 )和 ( -7.7,44.5 ) ml/min $\cdot$ 1.73 m<sup>2</sup>。CKD-EPl<sub>CysC</sub> 公式估计值 95% 一致性范围最小,CG 公式最大。各个估算公式准确性与 eGFR1 比较,  $P > 0.05$ ,差异无统计学意义,尚不能认为各个估算方程在准确性方面与 eGFR1 有何不同。

**结论** CKD-EPl<sub>CysC</sub> 与 CKD-EPl<sub>scr-cysc</sub> 方程对于昆明地区 CKD 人群的适用性更佳。

### PU-3632

## 脑动脉 CT 血管成像、磁共振血管成像分别联合血清 MMP-9、Caspase-3 对颅内动脉瘤诊断的价值分析

解新,祝君

上海市第一人民医院宝山分院,155100

**目的** 分析脑动脉 CT 血管成像 (CT angiography, CTA)、磁共振血管成像 (Magnetic resonance angiography, MRA) 分别联合血清基质金属蛋白酶 9 (MMP-9)、天冬氨酸特异性半胱氨酸蛋白酶 3 (Caspase-3) 在颅内动脉瘤诊断中的应用价值。

**方法** 选取我院收治的 86 例疑似颅内动脉瘤患者,术前常规检查血清 MMP-9、Caspase-3 水平,并行 CTA 与 MRA 诊断,以手术病理为“金标准”,比较 CTA、MRA 分别联合血清 MMP-9、Caspase-3 诊断准确性、特异度、灵敏度,观察 2 种联合诊断方式对动脉瘤分布的检查情况。

**结果** CTA 联合血清 MMP-9、Caspase-3 诊断颅内动脉瘤灵敏度 97.37%,特异度 90.00%,准确性 96.51%,Kappa 值 0.84;MRA 联合血清 MMP-9、Caspase-3 诊断灵敏度 85.53%,特异度 70.00%,准确性 83.72%,Kappa 值 0.41;CTA 联合血清 MMP-9、Caspase-3 诊断灵敏度、准确性显著高于 MRA 联合血清 MMP-9、Caspase-3 ( $P < 0.05$ ),且在诊断动脉瘤分布情况方面优于 MRA 联合血清 MMP-9、Caspase-3。

**结论** 与 MRA 相比,CTA 联合血清 MMP-9、Caspase-3 对颅内动脉瘤诊断灵敏度、准确性更高,CTA 与 MRA 均能够显示患者脑动脉形态学特征,但 CTA 在动脉瘤分布情况显示方面具有更大优势。

### PU-3633

## 探讨 D-二聚体-CRP 组合对卵巢癌疗效监测的价值

周成,张启桐,张琦琦,刘瑞来

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 探讨血浆中 D-二聚体和 CRP 联合检测在卵巢癌诊断和对手术疗效、病程进展、化疗前后效果观察和预后判断的临床应用价值

**方法** 回顾性分析 138 例卵巢癌患者手术前后和化疗前后血浆中 D-二聚体和 CRP 的变化水平, 并与 30 例良性肿瘤患者和 30 例女性健康体检者进行比较。

**结果** 卵巢癌患者手术前血浆中 D-二聚体和 CRP 的含量明显高于良性肿瘤患者( $P<0.05$ )和健康对照组( $P<0.05$ ), 术后 D-二聚体和 CRP 水平明显下降, 但仍高于良性肿瘤患者( $P<0.05$ )和健康对照组( $P<0.05$ ), 良性肿瘤患者和健康对照组血浆中 D-二聚体和 CRP 水平差异没有统计学意义( $P>0.05$ ), 患者化疗前后血浆中 D-二聚体和 CRP 的水平差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 本研究证明了 D-二聚体和 CRP 联合检测在卵巢癌诊断和手术治疗中的意义及其对手术疗效、病程进展、化疗前后具有较高的临床应用价值。

## PU-3634

### 探讨检验科血液传播性疾病的预防和控制

杨芳,刘凤琴,迪力拜尔  
新疆兵团第三师图木舒克市人民医院

**目的** 针对检验科血液传播性疾病的预防与控制进行探讨, 以期降低院内感染率, 确保患者及医务人员的健康安全。

**方法** 对在我院接受血液检验的传染病患者进行严格的安全预防工作, 其中有乙型肝炎患者 34 例、乙肝病毒携带患者 24 例、丙型肝炎患者 14 例、梅毒患者 8 例, 共 80 例可通过血液传播疾病的患者, 精心观察并统计分析防范控制的效果。

**结果** 经过在检验科中严格开展医学预防和疾病控制, 血液传播疾病的预防有效率高达 100%, 未发生院内感染事件。

**结论** 严格执行预防和控制检验血液传播性疾病的各项管理措施, 让科学管理制度得以落实, 才能够将有效避免院内感染的发生, 从而最大限度的保障广大患者及医务人员的健康与安全。

## PU-3635

### 替加环素联合使用延迟碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌粘菌素耐药性的体外进化

王若冰,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌是威胁人类健康的广泛耐药细菌之一, 粘菌素和替加环素是目前有效治疗该类细菌感染的唯二药物。质粒介导粘菌素耐药基因 *mcr-1* 的发现使更多菌株有发生粘菌素耐药的风险, 使用替加环素则成为治疗该类细菌感染的最后手段。为此, 本研究旨在讨论不同方式的连续使用替加环素和粘菌素对碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌引起体外耐药进化的可能性。

**方法** 本研究选取了 1 株携带我国流行的携带碳青霉烯类耐药基因 *bla<sub>KPC-2</sub>* 的 ST11 型肺炎克雷伯菌, 在实验室采用梯度浓度的替加环素和粘菌素单独使用、交替使用和联合使用连续筛选 20 天, 并对筛选出的替加环素和/或粘菌素耐药的突变株进行适应性代价实验。

**结果** 经过连续 20 天的耐药筛选, 单独使用粘菌素使耐药突变子的最小抑菌浓度 (MIC) 由 0.25mg/L 上升至超过 256mg/L, 而单独使用替加环素对其的 MIC 可由 0.5mg/L 上升至 8mg/L 的耐药水平。事实上, 单独使用粘菌素或与替加环素交替使用均可在短期内 (3 天) 迅速筛选出粘菌素耐药突变子 (MIC>4mg/L)。而在粘菌素与替加环素共同作用的压力下, 耐药突变子对粘菌素的 MIC 始终保持在 0.25mg/L。该菌株在三种不同抗生素压力下对替加环素的体外耐药进化进程较一致。相较对粘菌素的耐药进化速度而言, 菌株对替加环素的耐药水平上升均较缓慢, 且始终处于低水平耐药或中介。交替使用粘菌素和替加环素并未显著推迟菌株的耐药进程, 仍能筛选出对粘菌素

和替加环素共同耐药的突变株。对于获得的粘菌素或替加环素耐药突变株，碳青霉烯酶基因  $\text{bla}_{\text{KPC-2}}$  始终存在，且并未普遍出现明显的生长劣势。去除粘菌素和替加环素的压力后连续传代 5 天，突变株仍能维持对这两种药物的抗性。

**结论** 我国流行的产 KPC 酶的 ST11 型肺炎克雷伯菌易有发生粘菌素耐药进化趋势，而与替加环素联合使用则可能抑制粘菌素耐药的产生。若是二者交替使用则会引起泛耐药菌的出现。这提示临床在面对广泛耐药菌的治疗时，应谨慎、合理使用粘菌素和替加环素，避免不恰当的临床用药筛选出泛耐药菌。

## PU-3636

### 在肝癌中 AMOT 是高糖诱导 YAP 功能的必需的因素

刘雅,孙奋勇

Shanghai Tenth People's Hospital of Tongji University

**目的** 肝癌是威胁人类健康的主要疾病之一，YAP 是肝癌发展中很重要的经典基因。AMOT 已被确定为 YAP 交互者。然而，AMOT 如何管理 YAP 仍然不清楚争议。

**方法** 使用肝癌细胞 Bel-7402 以及 SMMC-7721 进行体外实验，使用抗 O-GlcNAc、抗 AMOT 进行免疫沉淀实验，明确 AMOT、OGT 与 O-GlcNA 的关系与用抗 TAMRA 测量被标记的 O 糖基化的 AMOT。使用不同浓度的葡萄糖浓度对细胞进行处理设置不同的药物处理诱导的实验组，用蛋白印迹法以及免疫沉淀进一步分析相对处理之下 AMOT 和 O 糖基化相关参数的变化。按要求诱导建造高糖小鼠模型，使用蛋白印迹法进一步验证体内高糖状态下的肝组织中 AMOT 以及 YAP 的表达量。使用免疫荧光实验更加直观的显示这些分组对 YAP 表达定位的影响。对 O 糖基化的 AMOT 进行细胞功能实验探究对肿瘤的作用，并且用免疫荧光技术表示正常和高葡萄糖小鼠肝脏中 AMOT 和 YAP 的亚细胞定位。

**结果** 在这里，我们发现除了 YAP 之外，AMOT 是另一个 Hippo 信号核心因素可能是 O-GlcNAcylated。此外，HG 能够增强表达和 O-AMOT 的 GlcNAcylation。我们还发现 HG 刺激核积累，转录活动，通过 AMOT 与转录因子的相互作用和 YAP 靶基因的转录，而 AMOT 在正常葡萄糖水平中充当 YAP 的抑制剂。最后，我们观察到上调和核 AMOT 和 YAP 在链脲佐菌素（STZ）诱导的高葡萄糖小鼠中的积累

**结论** 我们发现 AMOT 在高葡萄糖水平中充当 YAP 刺激物。针对异常调节 Hippo 途径的核心因素可能是同时患有糖尿病肝癌相关的更有效的治疗方法。

## PU-3637

### Lower Expression of Gelsolin in Colon Cancer and Its Diagnostic Value in Colon Cancer Patients

Zhuoyu Chen<sup>1,2</sup>, Kaifei Li<sup>1</sup>, Haifang Wang<sup>1</sup>, Yurong Qiu<sup>1,3,4</sup>

1.Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China

2.Department of Clinical Laboratory, Beijing University of Chinese Medicine Shenzhen Hospital, Shenzhen, Guangdong, China

3.Guangdong Key Laboratory of Biochip Technology, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong, China

4.Huayin Medical Laboratory Center Co., Ltd., Guangzhou, Guangdong, China

**Objective** Colon cancer is one of the most common malignancies causing the majority of cancer-related deaths. Gelsolin (GSN) has been found to be dysregulated in various cancers. However, the secreted GSN in colon cancer remains largely unknown.

**Methods** In the present study, we explored the expression profile of GSN in colon cancer tissues and the diagnostic value of serum GSN in colon cancer. In addition, the effects of secreted GSN in colon cancer cells were studied.

**Results** We thus found that immunoreactive GSN levels were significantly lower in colon cancer tissues than those in non-tumor colon tissues. Functional studies demonstrated that secreted GSN could restrain cell invasion and migration in vitro. Mechanistically, dose dependent recombinant GSN down-regulated the expression of MMP2 and MMP9, which might restrain the process of cell invasion and migration. Furthermore, serum levels of GSN were significantly lower in colon cancer patients than those in healthy volunteers, and ROC curves showed serum level of GSN had a better diagnostic value for colon cancer (AUC=0.932) than the traditional tumor biomarker Carcinoembryonic Antigen (CEA) or Carbohydrate Antigen 19-9 (CA199).

**Conclusions** In conclusion, our results suggest that the secreted GSN restrains the invasion and migration of colon cancer cells. Meanwhile, the serum GSN may be a new biomarker for the diagnosis of colon cancer.

## PU-3638

### D-二聚体联合 CA199、CA242、CEA 检测在结直肠癌发生及转移中的相关性研究

周成,张启桐,张琦琦,刘瑞来  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 初步了解结直肠癌患者 D-二聚体的变化特点,分析 D-二聚体和 CA199、CA242、CEA 水平与结直肠癌发生、淋巴结转移的关系以及二者之间的相关性,并进一步探讨 D-二聚体与肿瘤标志物联合检测的临床意义。

**方法** 随机选取 2018 年 1 月至 2018 年 12 月华山医院初次入院病例共 182 例,分为良性疾病组、结直肠癌无淋巴转移组和结直肠癌淋巴转移组。收集各组清晨空腹静脉血,分别检测四组的 CA199、CA242、CEA、D-二聚体水平,应用 SPSS25.0 统计软件进行数据分析。

**结果** 结直肠癌组 CA199、CA242、CEA 及 D-二聚体的检测结果较良性疾病组均有明显升高,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 结直肠癌淋巴转移组 CA199、CA242、CEA 及 D-二聚体的检测结果较结直肠癌无淋巴转移组均有明显升高,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 结直肠癌患者 D-二聚体水平与 CA199 水平呈正相关( $r=0.224$ ,  $P<0.05$ ),与 CA242 水平呈正相关( $r=0.228$ ,  $P<0.05$ ),与 CEA 水平呈正相关( $r=0.293$ ,  $P<0.05$ ); D-二聚体联合消化道肿瘤标志物检测对结直肠癌的敏感度 (90.90%)高于单项检测及结直肠癌常规肿瘤标志物联合检测。

**结论** D 二聚体和常规消化道肿瘤标志物 CA199、CA242、CEA 联合检测可作为结直肠癌诊断的辅助指标。

## PU-3639

### 动脉血气分析在重症呼吸系统疾病中的应用

任志宏  
内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探究对重症呼吸系统疾病患者使用血气分析的临床价值。

**方法** 选取我院于 2018 年 1 月-2019 年 3 月期间收治的 100 例重症呼吸系统疾病患者作为研究对象,另外再选择 40 例健康人群作为对照组,从 pH、PO<sub>2</sub>、PCO<sub>2</sub> 以及 HCO<sub>3</sub><sup>-</sup>等血气指标变化进行分析。

**结果** 选取我院于 2018 年 1 月-2019 年 3 月期间收治的 100 例重症呼吸系统疾病患者作为研究对象, 另外再选择 40 例健康人群作为对照组, 从 pH、PO<sub>2</sub>、PCO<sub>2</sub> 以及 HCO<sub>3</sub><sup>-</sup> 等血气指标变化进行分析。

**结论** 通过血气分析能够科学评价并合理判断其呼吸状况, 可以很好对重症呼吸系统疾病患者的治疗提供重要的临床依据。

## PU-3640

### KIN17 影响三阴性乳腺癌增殖及凋亡机制探索

高翔

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 乳腺癌是最常见的女性肿瘤, 并且为女性肿瘤死亡的第二大原因。尽管乳腺癌患者的死亡率近来有所下降, 现有治疗方式仍不尽如人意, 对于三阴性乳腺癌的治疗及治疗过程中耐药性的出现仍然是巨大的挑战。探索可以作为乳腺癌检测及治疗靶点的标志物具有重要意义。KIN17 在哺乳动物细胞中高度保守的基因, 在人类组织和器官中普遍低表达。已有研究证明 KIN17 与 DNA 复制、mRNA 转录和细胞周期调节密切相关, 且可影响乳腺癌细胞的增殖及凋亡, 本研究将更加深入探索 KIN17 在乳腺癌中的作用及机制。

**方法** 构建特异性敲减 KIN17 的慢病毒转染三阴性乳腺癌细胞 MDA-MB-231 细胞株, 通过 Western Blot 技术, 研究敲减 KIN17 对周期及凋亡相关蛋白表达水平的影响, 从而探索 KIN17 对三阴性乳腺癌增殖及凋亡影响的机制。

**结果** 敲减 KIN17 可引起周期相关蛋白 CDK4 表达水平下调, 凋亡剪切产物 Cleaved-PARP 表达上调, Caspase3/7 活性升高。

**结论** 敲减 KIN17 可抑制 MDA-MB-231 细胞增殖, 促进其凋亡, 可能与其参与调控周期及凋亡相关蛋白水平有关。

## PU-3641

### 血清 GM 及 IgG 抗体检测对曲霉菌诊断的意义

李威, 崔蕊

吉林大学中日联谊医院

**目的** 通过大数据分析曲霉菌感染的高危因素, 及粒缺和非粒缺患者血清 GM 和 IgG 抗体检测在曲霉病诊断方面的统计学意义, 对曲霉菌感染的早期诊断提供依据, 并采取早干预的措施从而改善预后。

**方法** 回顾性分析吉林大学中日联谊医院住院及门诊自 2017 年 9 月起至 2018 年 10 月共 926 例拟诊为侵袭性肺曲霉病的患者的临床资料, 包括: 分布科室、临床表现、曲霉菌 GM 和 IgG 抗体实验结果等进行统计学分析。

**结果** 1. 926 例患者中确诊为临床诊断为有 260 例, 非临床诊断的为 504 例, 162 例患者无法确定是否有感染。感染者主要分布于呼吸科 138 例 (53.1%), 肺部基础疾病主要为: 肺炎 91 例 (35%), 肺外基础疾病主要为: 心血管疾病 52 例 (20.0%) 和脑梗死 42 例 (16.0%)。2. 对于同一组患者, 在临床诊断时 GM 与 IgG 抗体做卡方检验及 Kappa 值,  $p < 0.05$ , Kappa=0.746 证明在临床诊断方面, 二者存在统计学意义且分析结果的一致性较好的。3. 将患者分为粒缺组及非粒缺组, 对比 GM 与 IgG 实验的灵敏性、特异性、阳性预测值、阴性预测值和临床诊断符合度的差异。

**结论** 1. 曲霉菌感染机率逐年上升, 患者集中于相关科室如呼吸科, 并且感染高危因素较多, 我院肺内以肺炎, 肺外以心血管疾病为主, 无典型的临床表现, 单纯影像学及微生物培养对于疾病诊断意

义较局限,血清学检测至关重要;2.IgG 抗体实验在曲霉病诊断方面相关统计的  $P$  值 $<0.05$ ,具有统计学意义。3.对于粒缺或侵袭性肺曲霉菌患者,GM 检测是优选项;对于非粒缺或侵袭性肺曲霉菌的患者,IgG 抗体检测是优选项;当无法评估疾病的病程时,应将两种检查结合起来进行临床诊断。

## PU-3642

### 基于靶向质谱技术的巨噬细胞脂质组学研究

张翠萍

1.广西医科大学第一附属医院,530021

2.复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 越来越多的研究证明,脂质不仅仅是一种储存能量的物质,也是一种具有生物活性的免疫代谢调控分子。脂质代谢参与了多种细胞生物学过程,包括能量转移,信号转导,细胞生长、发育和凋亡等。脂代谢失衡是诱发细胞氧化应激与炎症反应的重要机制。巨噬细胞在分化过程中发生脂质的改变,因此脂质在巨噬细胞活化过程中十分关键。目前,针对巨噬细胞分化和极化完整过程的脂质组学研究还很少。随着质谱手段的不断进步,脂质等小分子代谢物的检测也变得更全面和快速,使其成为脂质组学研究主要依赖的工具。

**方法** 我们利用 LC-MRM 的方法从整体上动态分析了人单核细胞系和人外周血来源的单核细胞,以及小鼠巨噬细胞系的分化和极化过程中脂质的改变。我们利用不同的细胞因子诱导细胞分化至不同阶段,然后取原始的单核细胞、未分化的巨噬细胞和极化的巨噬细胞进行脂质的提取。接着我们利用液相色谱分离后进行 MRM 扫描,可同时鉴定将近 500 种脂质分子,包含了磷脂和鞘脂类脂质分子:PC、PS、PE、PI、PG、SM 和 Cer。

**结果** 通过分析各个阶段细胞的脂质组成变化,我们发现,在单核细胞分化过程中发生饱和及单不饱和脂质向长链非饱和脂质的转变。相比于 M1 巨噬细胞,M2 巨噬细胞产生更多的单脂肪酸链的溶血磷脂。通过特定的脂质组学分析我们更进一步了解脂质变化与免疫细胞分化发育功能的关系,为免疫反应相关的脂质标志物的发现提供了依据。

**结论** 1. 在体外成功诱导获得具有典型特征的不同活化状态的 M0、M1 和 M2 巨噬细胞;并且基于 LC-MRM 的质谱检测方法,在人单核和巨噬细胞中总共鉴定到了 368 种脂质分子,在小鼠巨噬细胞中鉴定到了 420 种脂质分子。

2. 经过差异脂质分析发现,人单核细胞系 THP-1 在分化和极化过程中出现中链和长链多不饱和脂质的累积。

3. 小鼠巨噬细胞 RAW264.7 在极化过程中,GPs 在 M1 细胞中上调,而相对应的 lysoGPs 在 M2 中上调,其中以 lysoPI 的上调最为显著。

## PU-3643

### 体外 Tmem72 基因敲除后, Bmp7 表达上调可抑制后肾间充质细胞的凋亡

周丽

陆军军医大学第一附属医院重庆西南医院

**目的** TMEM72(transmembrane protein 72)是跨膜蛋白家族的成员,已被预测定位于线粒体中,并与 ccRCC 的转移有关。同时有报道,研究者通过微阵列芯片,定量转录组学分析(RNA-Seq),和免疫组织化学分析技术表明 TMEM72 特异性的表达在远端肾小管。然而,其相关表达谱和功能仍然未

知。因此本研究意在研究 TMEM72 在物种间肾脏发育过程中的表达情况，及其在肾脏发育过程中调节机制。

**方法** 生物信息学分析、质粒构建、RNA 提取与定量 RT-PCR (qPCR)、体外合成地高辛标记 RNA 探针、细胞培养和转染、蛋白提取及 Western blot 分析、流式细胞术检测 Annexin V 凋亡、细胞增殖检测方法 (EDU)、统计分析

**结果** 1、生物信息学分析结果表明，Tmem72 在各物种间肾脏中具有高度的保守性和特异性。

2、Tmem72 的表达谱。

3、后肾间充质细胞中 TMEM72 的沉默和过表达效果。

4、Tmem72 siRNAs 抑制 MK4 细胞凋亡，但不影响细胞增殖。

5、沉默 Tmem72 可通过上调 Bmp7 来抑制 MK4 细胞凋亡。

**结论** 本研究首次表明了 Tmem72 在各物种间肾脏中具有高度的保守性和特异性。并直接证明在后肾间充质细胞中 Tmem72 基因的敲除，是通过上调 Bmp7 来抑制细胞凋亡，这将有助于我们了解肾脏发生过程中复杂的分子调控。

## PU-3644

### 肿瘤标志物精胺应用价值的探讨

孙波  
北部战区总医院

**目的** 对沈阳地区健康人群和临床肿瘤患者尿液中精胺浓度进行测定，探讨其作为一种肿瘤标志物的应用价值。

**方法** 收集 210 例沈阳地区临床肿瘤患者、其他疾病患者及肿瘤治疗后患者标本，测定精胺在尿液中的浓度值。利用健康人数据确定参考值范围，再对恶性肿瘤患者组与其他疾病组、肿瘤治疗后组数据进行统计分析。

**结果** 恶性肿瘤患者检测精胺阳性 69 例，阳性率 81.18%。肿瘤治疗后患者检测精胺阳性 32 例，阳性率 45.71%。其他疾病患者检测精胺阳性 21 例，阳性率 38.18%。肿瘤患者和经过治疗后的肿瘤患者阳性率有显著性差异，卡方值为 26.89 ( $p < 0.001$ )，肿瘤患者和其他疾病患者阳性率有显著性差异，卡方值为 21.26 ( $p < 0.001$ )。灵敏度为 81.18%，特异性为 61.82%。

**结论** 本实验方法灵敏度尚可，特异性较低。精胺适合于地区性恶性肿瘤高危人群筛查和临床恶性肿瘤辅助检测，不适用于临床上恶性肿瘤的确诊和健康人群普查实验。因此，精胺检测再经进一步实验研究，有很好的临床应用前景。

## PU-3645

### 2 型糖尿病患者血糖与 CA99 的相关性

袁青涛  
铜川市人民医院,727000

**目的** 探讨 2 型糖尿病患者糖化血红蛋白 (HbA1c) 与空腹血糖对血清 CA199 水平的影响。

**方法** 以确诊为 2 型糖尿病的住院患者 150 例为研究组，50 例糖耐量正常的人群为对照组。研究组又分别根据 HbA1c 和空腹血糖的水平分为低糖化组 ( $< 7.5\%$ )，高糖化组 ( $\geq 7.5\%$ )，空腹血糖达标组 ( $< 7.0\text{mmol/L}$ )，高空腹血糖组 ( $\geq 7.0\text{mmol/L}$ )。采用电化学发光测定各组 CA199 水平，分别计算 HbA1c 和空腹血糖与 CA199 的相关性。

**结果** 高糖化组 CA199 水平高于低糖化组，有统计学差异 ( $P < 0.05$ )，糖化血红蛋白与 CA199 呈正相关，高空腹血糖组 CA199 水平高于空腹血糖达标组，有统计学差异 ( $P < 0.05$ )，空腹血糖

与 CA199 呈正相关。N-US>7.0mmol/L)。采用电化学发光测定各组 CA199 水平, 分别计算 HbA1c 和空腹血糖与 CA199 的相关性。

**结论** 与健康人群相比, 2 型糖尿病患者的血清 CA199 水平显著升高, 并且这一指标和患者的糖化血红蛋白及空腹血糖呈正相关关系。

## PU-3646

### HIV 确诊试验阴性代表“未感染 HIV”吗?

卢兴兵

四川大学华西医院,610000

本案例中造成王某处于 HIV 感染窗口期, HIV 抗体还未产生或者抗体很弱, 而 HIV p24 抗原已经伴随 HIV RNA 出现。HIV 初筛阳性是由于第四代 HIV 检测试剂检测到血清中 HIV p24 抗原所致, 而不是 HIV 抗体, 同时 WB 为阴性, HIV 核酸检测阳性。4 周后复查, HIV 病毒在体内的复制发展, 体内已产生大量 HIV 抗体和病毒, 最后复查为 HIV 初筛 7.48 COI, WB 为 HIV 抗体阳性 (+), 且 HIV RNA 病毒载量为  $6.78 \times 10^5$  copies/ml 扩增阳性 (+), 结合患者临床资料、不安全性生活史和实验室检查结果综合分析, 最终判断王某为 HIV 感染者。

## PU-3647

### Evaluation of the diagnostic efficacies of serological markers KL-6, SP-A, SP-D, CCL2, and CXCL13 in idiopathic interstitial pneumonia

mingshan xue<sup>1</sup>, Zijun Guo<sup>2</sup>, Baoqing Sun<sup>1</sup>, Chuanxu Cai<sup>1</sup>, Luqian Zhou<sup>1</sup>, Hongman Wang<sup>3</sup>

1.The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University Guangzhou Institute of Respiratory Health

2.GuangDong Women And Children Hospital

3.The Fifth Affiliated Hospital of Zunyi Medical University

**Objective** The objective of this study was to evaluate the diagnostic value of serological markers Krebs von den Lungen-6 (KL-6), surfactant protein-A (SP-A), surfactant protein-D (SP-D), chemokine ligand 2 (CCL2) and chemokine 13 (CXCL13) in idiopathic interstitial pneumonia (IIP).

**Methods** A total of 69 patients with IIP aged 18 to 80 years from the First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University were enrolled between September 2015 and October 2017 in this retrospective case-control study. Of these patients, 19 had idiopathic pulmonary fibrosis (IPF), 23 had non-IPF (N-IPF), and 27 had interstitial pneumonia with autoimmune features (IPAF). We also enrolled 20 age- and gender-matched patients with pneumonia and 15 uninfected individuals as normal controls. Data on the general patient characteristics, laboratory test results, chest high resolution CT (HRCT), and pulmonary function test results were collected. Serum levels of KL-6, SP-A, SP-D, CCL2, and CXCL13 were measured. The differences in the expression of these biomarkers and their correlation with the severity of the disease were analyzed. The sensitivity, specificity, cutoff value, and area under the curve (AUC) value for each of the indices were determined using the receiver operating characteristic curve (ROC) analysis.

**Results** The serum levels of KL-6, SP-A, SP-D, CCL2, and CXCL13 were significantly higher in patients with IIP than in patients with pneumonia and the normal controls. The detection of these markers was found to have better diagnostic efficacy in patients with IIP than in those with



pneumonia. Of these markers above, KL-6 had the highest diagnostic value (AUC = 0.96, 95% CI: 0.93-0.99), followed by CCL2 and CXCL13, while SP-A had the lowest diagnostic value (AUC = 0.69, 95% CI: 0.59-0.81). Based on a logistics regression analysis, the combination of KL-6, CCL2, and CXCL13 had an improved diagnostic efficacy for IIP. In patients with IIP, the serum levels of KL-6, SP-A, CCL2, and CXCL13 all showed a significant negative correlation with the diffusing capacity of the lungs for carbon monoxide (DLCO) ( $r = -0.36, -0.37, -0.36, -0.30$ , respectively; all  $p < 0.05$ ). Although their expression levels along with that of SP-D were elevated in patients with IPF, N-IPF, and IPAF, it was difficult to distinguish between these three conditions by detecting the five serum biomarkers together.

**Conclusions** Our findings indicate that the serum levels of KL-6, SP-A, SP-D, CCL2, and CXCL13 are notably elevated in patients with IIP and show significant correlation with the severity of interstitial lung lesions. Although the combined detection of KL-6, CCL3, and CXCL13 significantly improves the diagnosis of IIP, detection of all the five markers together is unable to distinguish between IPF, N-IPF, and IPAF. Additionally, we found for the first time that in addition to patients with IPF, those with N-IPF and IPAF have high serum levels of CXCL13. These findings are a significant contribution to the understanding of serum biomarkers in IIP.

#### PU-3648

### Low expression of a long non-coding RNA NR\_026827 in gastric cancer

张海方,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** The contributions of lncRNAs to gastric cancer associated with *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) infection remain largely unknown and the present study aimed to investigate the expression of a long non-coding RNA NR\_026827 in gastric cancer.

**方法** The gastric epithelial cell line GES-1 cells were cultured and infected by *H.pylori*. Forty fresh gastric cancer tissues and the paired adjacent non-cancerous tissue samples were randomly selected from patients. The expression of lncRNA NR\_026827 was investigated by the quantitative real-time PCR (qRT-PCR).

**结果** LncRNA NR\_026827 was dramatically down-regulated in the gastric epithelial cells infected with *H. pylori*. In addition, the expression of lncRNA NR\_026827 in the gastric cancer tissues was decreased obviously compared to that of the corresponding adjacent non-cancerous tissues. Moreover, expression of lncRNA NR\_026827 in different stage of gastric cancer tissues did not change significantly.

**结论** LncRNA NR\_026827 is down-regulated obviously in the whole stage of gastric cancer associated with *H. pylori* infection and could be a potential bio-marker for the diagnosis of gastric cancer.

#### PU-3649

### 528 例成人 CAP 致病人群及致病菌特点的分析

任志宏

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 研究分析成人社区获得性肺炎(CAP)致病人群及致病菌特点。

**方法** 选取我院 2017 年 1 月至 2018 年 6 月所收治的 528 例社区获得性成人肺炎患者作为研究对象,探讨分析成人 CAP 致病人群以及致病菌特点。

**结果** 成人 CAP 主要发生于老年人及青年人群中。青壮年 CAP 的首位病原为肺炎支原体;老年人 CAP 病原则以革兰阴性(G-)杆菌为主,肺炎克雷伯杆菌是其最常见致病菌。

**结论** 动态了解我区 CAP 的主要病原和不同人群感染病原的主要种类,既可以协助临床诊治,还对我区疾病预防控制工作有重要的指导意义。

## PU-3650

### C 反应蛋白、同型半胱氨酸,胱抑素 C 在糖尿病肾病早期诊断中的应用价值分析

张碧莹  
铜川市人民医院,727000

**目的** 探讨分析 C 反应蛋白(hs-CRP)、胱抑素 C (Cys-C) 和同型半胱氨酸 (Hcy) 在预测糖尿病早期肾病中的应用价值。

**方法** 选取 2014 年 5 月至 2017 年 5 月来我院住院就诊并确证为单纯糖尿病的患者 162 例,糖尿病早期患者 138 例,再抽取 100 例来我院体检的健康者作为对照组。检测各组患者血清的 hs-CRP、Cys-C、Hcy 水平及生化指标。

**结果** 单纯糖尿病组的 hs-CRP、Cys-C、Hcy 水平均高于对照组,而糖尿病肾病早期患者的 hs-CRP、Cys-C、Hcy 水平与对照组及单纯糖尿病组比较均高,且差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

糖尿病肾病组及单纯糖尿病组 hs-CRP、Cys-C、Hcy 联合检测阳性率较单项检测阳性率高。

**结论** 联合检测血清 hs-CRP、Cys-C、Hcy 水平可以反应糖尿病肾病的早期的肾损伤状况,各项指标对 II 型糖尿病的诊断及评价具有重要意义。

## PU-3651

### 胸腔积液中肿瘤标志物对肺癌的诊断价值

颜清  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨肿瘤胸腔积液中肿瘤标志物对诊断肺癌诊断的应用价值。

**方法** 经胸腔穿刺术对 30 例肺癌患者取出胸腔积液,同时留取患者空腹外周血。定义胸腔积液样品为积液组,外周血样品为血液组。电化学发光免疫分析法检测胸腔积液及外周血细胞角蛋白 19 片段 (Cytokeratin-19-fragment, CYFRA21-1)、癌胚抗原 (carrinoembryonic antigen, CEA)、糖蛋白抗原(carbohydrate antigen, CA)15-3、CA125、CA19-9 水平。应用 SPSS 软件分析比较两组样品肿瘤标志物水平,评估对肺癌的诊断价值。

**结果** 积液组 CYFRA21-1[(263.77±200.01) ng/mL]、CEA[(334.29±420.18)ng/mL]、CA-153[(87.34±115.75) U/mL]、CA-125[(1668.10±1765.58)U/mL] 及 CA19-9[(296.93±436.44)U/mL] 水平均高于血液组 (4.51±4.57) ng/mL、(182.71±346.99) ng/mL、(38.97±62.23) U/mL、(92.17±121.44) U/mL、(45.86±105.91) U/mL,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肿瘤标志物 CYFRA21-1、CEA、CA153、CA125 及 CA19-9 水平含量在胸腔积液中较血液中均明显升高,对肺癌具有更高的应用价值。

## PU-3652

**空腹血糖和 HbA1c 用于糖尿病诊断的临床研究**

文梅芳

曲靖市第二人民医院,655000

**目的** 探讨空腹血糖 (FPG) 和糖化血红蛋白(HbA1c)在糖尿病 ( diabetes mellitus, DM) 诊断中的临床价值。

**方法** 经 OGTT 诊断为 DM 的初诊患者 504 例, 检测血清 FPG, 其中有 360 例患者还检测了 HbA1c, 对 FPG 和 HbA1c 在 DM 诊断中的临床价值进行研究, 并探讨二者联合使用的临床价值。

**结果** 根据 2019 年美国糖尿病协会 (ADA) 中  $FPG \geq 7.0$  的标准, 诊断 DM 的检出率为 52.98%, ; ADA 标准中  $HbA1c \geq 6.5\%$  诊断 DM 的检出率为 71.94%, ;  $FPG \geq 7.0$ 、 $HbA1c \geq 6.5\%$  联合检测诊断 DM 的检出率为 83.30%。 $FPG$  和  $HbA1c$  确诊率的比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 且两种诊断标准均为男性的确诊率高于女性, 同时  $HbA1c$  男女性的确诊率均比  $PFG$  高; 两项指标联合检测诊断 DM 的确诊率明显高于其他任意一项单独诊断标准, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 符合  $FPG \geq 7.0 \text{ mmol/L}$  检测的男女性  $FPG$  值比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 男女性年龄比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 符合  $HbA1c \geq 6.5\%$  检测的男女性  $HbA1c$  值比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 而男女性年龄比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 两项指标联合检测能进一步提高 DM 的检出率, 在 DM 的筛查、诊断和风险评估上具有重要的临床意义和价值, 且年龄和性别对 DM 的诊断有影响。

## PU-3653

**我院常见呼吸道感染病原菌菌群分布及其耐药性分析**

任志宏

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 研究内蒙古自治区人民医院临床呼吸道感染病原菌的分布和耐药性。

**方法** 药敏试验用 K-B 法, 对 2018 年 1 月-2019 年 3 月在内蒙古自治区人民医院门诊和住院部送检的呼吸道感染痰标本进行细菌培养及药敏试验。

**结果** 分离出致病菌 789 株, 其中 G-菌占 75.6 %, G+菌占 23.4%。药敏统计显示: 常见 G-菌对泰能极敏感, 其次是舒普深, 其耐药率分别为 3.2 %, 7.5%, 对环丙沙星等 10 种常用抗生素的耐药率为 22.1%~ 62 %; 常见 G+对万古霉素极敏感, 其次是舒普深, 丁胺卡那, 耐药率依次为 0.0 %, 11.5 % 及 17.2%, 对头孢唑林等 7 种常用抗生素的耐药率为 22.6%~ 86.9 %。

**结论** 临床上有呼吸道感染的可疑患者, 应做痰液标本的细菌培养和药物敏感性试验, 以指导临床使用抗生素。

## PU-3654

**2017 年铜川地区儿童急性呼吸道感染八种病原体 IgM 抗体检测结果分析与探讨**

张碧莹

铜川市人民医院,727000

**目的** 探讨儿童急性呼吸道感染 (ARI) 患者病原体感染状况, 分析其流行病学特征。

**方法** 收集 2017 年 1760 例 ARI 患者血清，用间接荧光免疫法检测合胞病毒、腺病毒、流感病毒 A 型、流感病毒 B 型、副流感病毒、肺炎支原体、肺炎衣原体及嗜肺菌团菌。

**结果** 共检测到 746 例阳性患者，感染率为 42.39%：感染率由高往低依次为，肺炎支原体、流感病毒 B 型、流感病毒 A 型、嗜肺菌团菌、肺炎衣原体、副流感病毒、合胞病毒、腺病毒。其中混合感染占 40.88%（305 / 746）。以，肺炎支原体与流感病毒 B 型混合感染最常见。若以月份划分，12 月份感染率最高，8 月份感染率最低，不同病原体流行季节也不同，男性患者感染率显著高于女性。若以年龄划分，2-3 岁的感染率最高。门诊患者与住院患者感染率无差异。

**结论** 肺炎支原体、流感病毒 B 型、流感病毒 A 型是 2017 年铜川地区儿童呼吸道感染的主要病原体。关注不同年份儿童呼吸道感染的病原菌感染情况，有助于临床诊治及积累流行病学资料

## PU-3655

### 内蒙古包头地区大肠癌患者 K-ras 和 B-raf 基因突变情况分析

邢少姬  
包头医学院

**目的** 了解内蒙古包头地区大肠癌（CRC）患者肿瘤组织中 K-ras 和 B-raf 基因突变的情况。

**方法** 应用 ARMS-PCR 荧光探针法分别检测当地 632 例 CRC 患者肿瘤组织中 K-ras 和 B-raf 基因的突变情况，分析突变与患者临床相关参数的关系。

**结果** 研究人群中 K-ras 基因常见 7 种突变形式均有检出，K-ras 基因总体突变率为 37.50%（237/632），突变发生以单一位点为主，在总体突变中占比 95.78%（227/237），突变率最高的三个位点为：Gly12Asp、Gly13Asp 和 Gly12Val，分别占总体突变的 40.93%（97/237）、21.94%（52/237）和 17.72%（42/237）；发现两位点同时发生占总体突变的 3.80%（9/237），多位点同时发生突变者占总体突变的 0.42%（1/237）；患者为女性的突变率（43.77%）高于男性（32.97%），差异有统计学意义（ $\chi^2=6.769$ ， $P=0.009$ ）；60 岁及以上老年患者的突变率（43.05%）明显高于 60 岁以下（29.81%），差异有统计学意义（ $\chi^2=11.510$ ， $P=0.001$ ）；B-raf 基因 V600E 突变发生 21 例，突变率为 3.32%，其中 18 例为 K-ras 基因野生型，3 例为 K-ras 基因突变型；B-raf 基因 V600E 突变与患者性别、年龄和肿瘤部位没有发现相关性。

**结论** 包头地区 CRC 患者中 K-ras 基因发生突变的机率较大，突变以单一位点为主，且存在两个或多位点同时突变的个体，突变以女性和 60 岁及以上老年患者多见；B-raf 基因突变率较低，且可与 K-ras 基因突变共存。

## PU-3656

### 基孔肯雅病毒实验诊断进展

徐佩佩  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 促进基孔肯雅病毒的实验室诊断及其与阿尼昂-尼昂病毒、辛德毕斯病毒等其他甲病毒以及登革热病毒、寨卡病毒等黄病毒的鉴别诊断，为不同类型的标本选择最合适的检测方法提供参考，为基孔肯雅热患者的早期诊断、临床管理与疾病监控提供理论基础。

**方法** 通过 pubmed 检索“chikungunya”，筛选近几年出版的关于基孔肯雅热实验室诊断方法的文献；通过世界卫生组织官网查阅不同地区的基孔肯雅热实验室诊断指南。

**结果** 病毒分离仍是诊断基孔肯雅热的“金标准”。最近，一种新兴的诊断方法——宏基因组测序，也开始应用于基孔肯雅病毒的诊断及其与黄病毒的鉴别诊断。但近三年基孔肯雅病毒在实验室诊断方面主要致力于血清学抗体检测、抗原检测与包括反转录聚合酶链反应和环介导等温扩增技术在内的分子生物学检测的开发与改进，主要包括：制备特异性单克隆抗体开发酶联免疫吸附试验检测基孔肯雅病毒 IgM 和(或)IgG、针对病毒基因保守区域开发敏感性高且涵盖三种基因型基孔肯雅病毒的抗原检测试剂、开发可用于同时诊断基孔肯雅病毒与其他虫媒病毒感染的多重逆转录聚合酶链反应方法、对商品化试剂盒的诊断性能进行评估与改进、优化实验室诊断标准、以及简化诊断方法与降低成本以促进基孔肯雅病毒诊断试剂在基层的推广。

**结论** 尽管目前针对基孔肯雅病毒开发的实验室诊断方法已经不少，但真正获得生产许可的商品化诊断试剂为数不多。相对于昂贵的核酸检测试剂，基于酶联免疫吸附试验和胶体金免疫层析的 IgM/IgG 抗体和抗原检测方法将是更好的选择。

## PU-3657

### 降钙素与血清胃蛋白酶原联合检测在萎缩性胃炎并发感染的诊断价值

张碧莹

铜川市人民医院,727000

**目的** 探究血清降钙素及胃蛋白酶原（pepsinogen, PG）水平联合检测在萎缩性胃炎并发感染中的诊断价值

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2017 年 1 月于我院确诊的 56 例萎缩性胃炎患者为实验组，根据其是否出现感染将其分为感染组（23 例）和非感染组（33 例），而后选取同期于我院进行体检的 60 例健康体检者为对照组，对实验组及对照组的血清降钙素及 PG 水平进行测量对比，对感染组和非感染组的血清降钙素及 PG 水平进行测量对比，而后对感染组患者进行为期 4 周的抗感染治疗，治疗后测量其血清降钙素及 PG 水平并与治疗前进行测量对比；

**结果** （1）实验组血清降钙素水平高于对照组，PG 水平低于对照组，对比差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；（2）感染组血清降钙素水平高于非感染组，PG 水平低于非感染组，对比差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；（3）治疗后感染组血清降钙素水平下降，PG 水平上升，与治疗前对比差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）

**结论** 血清降钙素与 PG 水平与萎缩性胃炎患者感染状态存在一定相关性，可以通过对上诉血清因子水平的测量对患者病情进行判断。

## PU-3658

### RICU 常见致病菌菌群分布及耐药性分析

任志宏

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 了解我院呼吸与危重症医学科呼吸道常见致病菌群的分布情况及耐药性,为临床相关疾病合理选用抗生素提供依据。

**方法** 用血培养法对内蒙古自治区人民医院 2018 年 1 月到 2019 年 3 月临床患者的痰标本进行培养,再用药敏纸片法对培养阳性的致病菌共 1230 例进行药敏试验。

**结果** 以革兰阴性杆菌为主占 45.1%;革兰阳性球菌占 31.8%;真菌占 23.1%。前 5 位的致病菌分别为铜绿假单胞菌(25.3%)、金黄色葡萄球菌(17.5%)、白色念珠菌(15.4%)、鲍曼不动杆菌(10.9%)凝固酶阴性葡萄球菌(9.3%)。药敏结果显示革兰阴性杆菌对美罗培南、亚胺培南、哌拉西林 /他唑巴

坦的敏感率最高,分别为 81% ,78% ,73% ;革兰阳性球菌对万古霉素、替考拉宁、利福平总的敏感率为 100% ,96% ,76 %。

**结论** 铜绿假单胞菌和金黄色葡萄球菌是我院 RICU 引起呼吸道感染的主要致病菌,加强菌群分布及其耐药性的监测,对提高抗感染治疗的效果、减少耐药菌株有重要作用。

## PU-3659

# RNA-sequencing analysis reveals the potential contribution of lncRNAs in palmitic acid-induced insulin resistance of skeletal muscle cells

Mei Han<sup>1,2</sup>, Lianghui You<sup>2</sup>, Xiaodan Feng<sup>2</sup>, Yajun Chen<sup>2</sup>, Tianying Zhong<sup>2</sup>, Yu Zeng<sup>2</sup>

1.Nanjing Medical University

2.Nanjing Maternity and Child Health Care Hospital

**Objective** Insulin resistance (IR) plays a crucial part of the common pathological basis and developmental driving force for metabolic diseases, such as obesity, type 2 diabetes mellitus (T2DM), hyperlipidemia, hypertension and coronary heart disease. Long noncoding RNAs (lncRNAs) have emerged as pivotal regulators in glucose and lipid metabolism. However, the study on the roles of lncRNAs in insulin resistance induced metabolic diseases is still unclear. Skeletal muscle, accounting for about 40% body mass, is not only the locomotive organ, but also the important organ for uptake and utilization of glucose and lipid and play an important role in maintaining metabolic balance. Thus, IR in skeletal muscle, acting as the most important target organs of peripheral IR, always exhibits glucose and lipid metabolism disorders. This study was performed in order to discovery a new layer of insulin resistant-related molecular regulators of lncRNAs in skeletal muscle, and further provide insights into potential strategy to solve a large category of metabolic diseases associated with insulin resistance.

**Methods** In this study, deep sequencing was performed to profile lncRNAs and mRNAs of the C2C12 myotubes between palmitic acid (PA)-treated and control samples. Differentially expressed lncRNAs and mRNAs in mice C2C12 myotubes exposed to PA were uncovered. The potential function of differentially expressed lncRNAs were identified by cluster analyzing their associated protein-coding genes with gene ontology (GO) enrichment and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analysis. Then, differentially expressed lncRNAs were validated by qRT-PCR method in both C2C12 myotubes exposed with various concentrations of palmitate and skeletal muscle from the widely known IR mouse models (db/db mice). Furthermore, a co-expression network of the differentially expressed target genes and the candidate lncRNAs was constructed.

**Results** The results revealed that 144 lncRNAs (70 up-regulated and 77 down-regulated) (|fold change|>2,  $q < 0.05$ ) were significantly dysregulated expressed. In addition, functional annotation analysis based on the Gene Ontology (GO) and Kyoto encyclopedia of genes and genomes (KEGG) databases showed that the potential target genes of the differentially expressed lncRNAs were significantly enriched in fatty acid oxidation, lipid oxidation, PPAR signaling pathway and insulin signaling pathway. Moreover, to verify the validity of sequencing data, we picked up 12 different lncRNAs (9 upregulated lncRNAs and 3 downregulated lncRNAs) randomly from the dysregulated lncRNAs between the Control and PA-treated C2C12 myotubes, and detected their expression levels using the qRT-PCR method. Among the 12 lncRNAs, 6 were upregulated while 3 were downregulated in PA-treated C2C12 myotubes compared with the control cells (all  $P < 0.05$ ). The expression trends of most selected lncRNAs were consistent with the sequencing data, proving that the lncRNA sequencing data were reliable. We further detected the expression levels of these lncRNAs ( $n=9$ ) in skeletal muscle from db/db mice. Among these dysregulated lncRNAs, 5 out of 9 lncRNAs showed the consistent expression patterns in db/db mice compared to those in PA-treated C2C12 myotubes. In summary, these observations revealed that lncRNAs that are responsive to palmitate stimulation in vitro and dysregulated in skeletal muscle from insulin

resistant db/db mice models. Co-expression analysis showed the key lncRNA-mRNA interactions and indicated a potential regulatory role of lncRNAs.

**Conclusions** Overall, this study extends the skeletal muscle lncRNA database and provides novel potential regulators for future genetic and molecular studies on insulin resistance, which is helpful for curing metabolic diseases.

## PU-3660

### 老年重症肺炎易感性、并发症与 IL-10-1082 G/A 基因多态性相关性分析

牟佩佩

胜利油田中心医院,257000

**目的** 探讨老年重症肺炎患者易感性、并发症与 IL-10 启动子区-1082 G/A 基因多态性之间的关系

**方法** 将我院 2015 年 1 月至 2018 年 3 月收治的老年重症肺炎患者 101 例纳入研究范畴,选择年龄、性别与之相匹配的健康人群 75 例为对照组,分别提取外周血基因组 DNA,采用实时荧光 PCR 技术检测 IL-10 启动子区-1082G/A 基因多态性。分析对照组、重症肺炎患者组以及并发症各亚组的基因型及等位基因频率分布。采用酶联免疫吸附法测定 IL-10 血清浓度水平。

**结果** 重症肺炎患者 IL-10 -1082 AA 基因型 (59.41%; OR= 2.32; 95%CI: 1.26-4.23; P <0.01) 和 A 等位基因频率 (71.78%; OR: 2.11; 95%CI: 1.35-3.29; P <0.01) 均高于对照组。GG 基因型患者的血清 IL-10 水平 ( $46.7 \pm 9.5$  pg/mL) 高于 AG ( $21.8 \pm 4.5$  pg/mL) 和 AA ( $11.5 \pm 3.3$  pg/mL) 基因型患者,差异有统计学意义 (P <0.01)。相关性分析显示-1082 GG 基因型与老年重症患者严重脓毒症,急性呼吸衰竭和住院死亡率的易感性之间存在显著正相关 (OR: 3.8; 95%CI: 1.3-11.2; P <0.01)。

**结论** IL-10 基因启动子-1082G/A 基因多态性与老年重症肺炎易感性显著相关。IL-10 -1082 G 等位基因或 GG 基因型构成老年重症肺炎患者发生严重脓毒症,急性呼吸衰竭和住院死亡的危险因素。

## PU-3661

### 国内首次暴发产 OXA48 肺炎克雷伯菌的耐药基因及毒力基因分析

王丽凤,钱卫东,郭玲,叶丽艳,杨继勇

解放军总医院第一医学中心

**目的** 近年来耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌检出率逐年上升,给临床治疗带来极大困难。碳青霉烯酶主要有 KPC、NDM 和 OXA-48 三种,其中产 OXA-48 样碳青霉烯酶的肺炎克雷伯菌具有其独特的特征。我们课题组报道了国内首次暴发产 OXA-48 的肺炎克雷伯菌,为了进一步明确这些菌株的遗传背景,我们采用第二代测序技术,对菌株进行全基因组测序和分析。

**方法** 回顾分析 2013-2015 年期间解放军总医院分离产 OXA-48 肺炎克雷伯菌,对所分离的菌株采用脉冲场凝胶电泳分析菌株之间同源性,根据菌株分离时间和同源性分析结果筛选 18 株菌株,提取菌株基因组 DNA,采用 illumina 第二代高通量测序平台进行全基因组测序,对测序数据进行质量过滤和拼接,利用生物信息学软件及网站对基因组序列进行分析,分析菌株 MLST 分型、荚膜血清分型、携带质粒、耐药基因及毒力基因情况。

**结果** MLST 分型结果: ST383 型 10 株、ST11 型 3 株、ST147 型 2 株、ST1128\ST101\ST16 型各 1 株。Kleborate 软件分析荚膜血清分型结果: 2 株为 KL81、2 株为 KL15、各 1 株 KL10\KL16\KL17\KL47、10 株菌未能分出型别且全部为 ST383 菌株。18 株菌都携带

IncL/M(pOXA-48)质粒, 菌株除携带  $\text{bla}_{\text{OXA-48}}$  外, 还携带  $\text{bla}_{\text{CTX-M-14b}}$ 、 $\text{bla}_{\text{SHV-1}}$  等  $\beta$  内酰胺酶。毒力基因结果: 4 株菌携带编码耶尔森菌素基因, 7 株菌携带编码气杆菌素  $\text{iuc}$  基因和编码荚膜多糖合成的  $\text{rmpA-2}$  基因。

**结论** 通过对菌株进行测序和分析, 明确了国内首次暴发产 OXA-48 的肺炎克雷伯菌的分子生物学特征和遗传学背景, 为深入研究这部分菌株耐药基因传递及菌株播散和暴发的分子生物学机制奠定基础。

## PU-3662

### 乳酸清除率联合 CRP 对 ICU 患者预后的评估

虎玮兵

铜川市人民医院,727000

**目的** 回顾性的研究分析乳酸清除率与急性 C 反应蛋白 (CRP) 对重症监护室患者疗效的评价。

**方法** 收集本院重症监护室 (ICU) 196 例血浆乳酸升高的重度患者, 观察死亡组 92 例、存活组 101 例入院时血浆乳酸水平以及 12 小时的血浆乳酸水平。比较两组的乳酸监测指标, 即血浆乳酸水平 (Lac)、及住院患者健康评分 (APACHE II) 评分、血浆 CRP, PH 值, 计算 12 小时乳酸清除率。

**结果** 死亡组的血浆乳酸水平、12 小时血浆乳酸水平、APACHE II 评分、血浆 CRP 指标均高于存活组, 而 12 小时乳酸清除率、PH 值低于存活组, 死亡组与存活组之间比较血浆乳酸水平、12 小时血浆乳酸水平、APACHE II 评分、血浆 CRP 指标均有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 乳酸清除率联合血浆 CRP 是评价重症监护室患者预后的良好指标。

## PU-3663

### 内蒙古地区慢性阻塞性肺疾病患者与吸烟的相关性分析

李雪芹

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨内蒙古地区慢阻肺 (chronic obstructive pulmonary diseases, COPD) 患者与吸烟的相关性, 为我区慢阻肺防治工作更好的开展提供依据。

**方法** 选取 2010 年 1 月至 2018 年 12 月内蒙古自治区人民医院收治的 200 例内蒙古地区慢阻肺吸烟患者, 选取同时期体检的 200 例我区健康非吸烟患者作为对照组, 分别测定两组研究对象的肺功能、血气分析及血常规。肺功能检查包括 FEV1%、FEV1/V<sub>cmax</sub>、FEV1/F<sub>v</sub>cex, 血气分析包括 PO<sub>2</sub>、PCO<sub>2</sub>、OST, 血常规包括 HB 及 WBC 等。

**结果** 吸烟组与非吸烟组患者一般资料比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 吸烟组肺功能各项指标与非吸烟组比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 与非吸烟组血气分析、血常规比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 本地区慢阻肺吸烟患者肺功能、血气分析及血常规结果与非吸烟患者比较均存在显著差别, 为本地区慢阻肺患者的诊断及治疗提供合理化建议。同时应加大戒烟宣传力度, 以进一步提高慢阻肺患者的救治水平。



## PU-3664

## 四种检测方法在肺结核诊断中的应用

王珍珠  
铜川市人民医院,727000

**目的** 对比结核 T 细胞斑点试验 (T-SPOT.TB), 结核 PCR, 痰涂片, 结核抗体(TB-Ab),这四种检测方法在结核诊断中的应用。

**方法** 选择铜川市人民医院确诊结核病例 48 例以及非结核呼吸道感染疾病患者 48 例, 对这些患者进行结核 T 细胞斑点试验、结核 PCR、痰涂片、结核抗体检测、对所有的结果进行阳性率、敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值的比较。

**结果** 痰涂片、结核抗体试验、结核 PCR、T-SPOT.TB 检测的灵敏度分别为 10.41%、31.25%、52.08% 和 85.42%, 特异度分别为 100%、79.17%、91.66%、89.58%, 其中 T-SPOT.TB 检测的灵敏度和特异度均高于其它三种检测方法。

**结论** 结核 T 细胞斑点试验具有较高的敏感性和特异性, 但联合其他三种检查可进一步提高灵敏度和特异度, 提高检查结核的诊断效率。

## PU-3665

## 干化学分析仪监测血液标本溶血指数的临床应用

梁龙  
上海市第十人民医院,200000

**目的** 利用全自动干化学分析仪的血清指数功能监测临床血液标本的溶血指数, 为改进血液标本采集质量、优化标本检验前处理程序提供指导依据。

**方法** 收集临床送检的生化项目血清标本, 通过 VITROS5600 干化学分析仪自动化监测标本溶血指数。

**结果** 总标本的溶血率为 7.69%, 不同部门来源的标本溶血率不等, 来自门诊的标本溶血率明显低于病房;相比于其他各组, 体检中心的标本溶血率最低;来自门急诊的标本溶血率稍低于来自病房的标本, 也低于文献报道中急诊标本的溶血率。溶血指数>15 的 266 份标本中, 大多数溶血指数介于 15~25 之间, 占 61.65%, 其次是指数介于 25~50 之间的标本, 占 25.56%。

**结论** 本研究发现不同来源的标本溶血率不等, 与标本采集操作和分析前流程有关, 这一监测结果可指导采血人员结合预期标本质量要求对临床血液标本采集质量和分析前处理过程进行改进和优化;溶血指数的定量监测也有助于检验人员合理处置不同溶血程度的临床标本。

## PU-3666

## 麦康凯琼脂法与显色琼脂法对耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌定植筛查的比较分析

吴忱宵,张智洁  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 通过比较麦康凯琼脂法和显色培养基法对于耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌定植筛查的阳性率、费用、结果回报时间等指标, 观察两种方法的差异。

**方法** 将粪便或直肠拭子接种麦康凯琼脂，在麦康凯琼脂上直接接种并分区划线，在一区和二区粘贴碳青霉烯类药物纸片。同时接种显色琼脂。将接种后的培养基置于 35℃ 的培养箱中孵育，分别于 24h 和 48h 查看结果。

**结果** 由于研究标本数量较少，阳性标本过少，显色琼脂法与麦康凯琼脂法在阳性率上未显示差别，但显色琼脂法费用相对较高。二者的结果回报时间应基本相同，在 24h 和 48h 两次查看结果中，未显示结果的差异。

**结论** 一、显色琼脂法与麦康凯琼脂法对于耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的定植筛查，在阳性率上未显示差别（不排除随着标本量增加，结论发生改变）。但显色琼脂法在理论上具有更高的敏感性和特异性，以及更短的结果回报时间，在临床检验中应该优先选择。

二、麦康凯琼脂法具有较低的费用，可用于耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的定植筛查。

## PU-3667

### 耐酪氨酸杆菌致血流感染病例分享

王丽凤,张永轻,杨继勇,沈定霞  
解放军总医院第一医学中心

**目的 病例:** 患者，男，65 岁，确诊胃肝样腺癌伴肝转移 2 月余。在 2019 年 1 月 29、2019 年 2 月 17 行第 1-2 周期化疗，为进一步接受化疗治疗，于 2019 年 3 月 12 日收入我院肿瘤内科。入院患者基本情况：患者体温 36.5℃、脉搏 80 次/分、呼吸 18 次/分、血压 143/84 mmHg。

**方法** 实验室检查结果：血红蛋白 113 g/L、血小板  $217 \times 10^9/L$ 、白细胞  $6.11 \times 10^9/L$ ，中性粒细胞百分比 75.2%。入院后 2 天，植入 PICC 管，采用白蛋白紫杉醇联合替吉奥+pembrolizumab 化疗。化疗第二天，患者突然出现高热（体温 39.5℃）伴寒战，白细胞计数  $4.24 \times 10^9/L$ 、中性粒细胞百分比明显升高（89.9%）、C 反应蛋白(3.62 mg/dl)和 IL-6 (80.17 pg/ml)升高、降钙素原(0.245 ng/μl)正常。在发热第一天和第二天各采集一套血培养送病原学检查。静脉滴注头孢哌酮舒巴坦钠抗菌治疗，治疗 12h 患者体温开始下降，用药第 4 天体温恢复正常，共用药 7 天。最终患者顺利完成此次化疗并出院。

**结果 微生物实验室检查:** 两套血培养的需要瓶分别在培养第 78.6 小时和 130.8 小时报告阳性，2 个厌氧培养阴性。37℃ 血平板培养菌落特征：菌落直径 2-5 mm、干燥粗糙、产生少量黄色色素；菌体特征：革兰阳性弱抗酸杆菌；16S rRNA 测序结果为耐酪氨酸杆菌。

**结论** 耐酪氨酸杆菌是革兰阳性弱抗酸杆菌，不易通过表型检测与棒状杆菌属、诺卡菌属、分支杆菌属进行鉴别。16S rRNA 测序是快速准确鉴定耐酪氨酸杆菌重要手段。该菌主要导致免疫力低下人群感染，且常为导管相关血流感染。目前缺乏治疗耐酪氨酸杆菌感染相关指南，有效治疗药物及用药时间多为个案报道。本病例采用头孢哌酮舒巴坦钠静脉滴注 7 天，患者感染清除。临床中遇到分离自免疫力低下患者的革兰阳性弱抗酸杆菌要考虑耐酪氨酸杆菌感染的可能。

## PU-3668

### 中性粒细胞驱动的 NETosis 是一把双刃剑

梁晓飞,关秀茹  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 自噬是一种生物降解机制，负责将蛋白质聚集体或受损的细胞器递送至溶酶体进行降解。

**方法** 同时，自噬也是一种严格的监管过程，在应对饥饿，氧化应激和病原体防御中至关重要。中性粒细胞胞外诱捕网（Neutrophil Extracellular Traps, NETs）是由 DNA 骨架和多种功能蛋白组成

的网状物，它是一种新的杀菌方式，其产生过程被称为 NETosis。NETs 通过捕获病原微生物，抑制其扩散、灭活毒力因子来发挥抗感染活性。

**结果** 在非感染性疾病中，NETs 则可能激活免疫应答导致组织损伤。尽管这种现象的潜在机制尚不清楚，但大量研究表明自噬可能参与其中。自噬介导的 NETs 不仅能够诱发炎症和组织损伤，还参与细胞衰老、癌变、死亡等。

**结论** 自噬依赖性的 NETs 在病原体清除和免疫防御中则发挥对宿主有益的功能。我们通过查阅文献发现，自噬在 NETosis 中不同作用可能与其水平和机制有关。本文总结了近期的大量研究，综述了自噬驱动的 NETosis 在多种疾病中的作用，以期对相关疾病的治疗提供帮助。

## PU-3669

### 新生儿接种乙肝疫苗对乙型肝炎表面抗原检测结果的影响探讨

刘涛

铜川市人民医院,727000

**目的** 探讨新生儿接种乙型肝炎疫苗后对 HBsAg 检测的影响。

**方法** 采用化学发光法对 2016 年 3 月—2017 年 1 月铜川市人民医院接种乙肝疫苗新生儿（0-28 天）479 例 HBsAg 进行检测，设 0-14 天组、15-28 天组，对 49 例 HBsAg 阳性资料进行回顾性分析，并对部分标本进行聚合酶链式反应（PCR）检测。

**结果** 479 例新生儿接种乙肝疫苗后 HBsAg 阳性为 49 例，0-14 天组 44 例，阳性率 10.21%，15-28 天组共 7 例，阳性率 1.04%，两组相比差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。阳性标本进行实时荧光 PCR 检测，其中 0-14 天组 PCR 检出率为 18.18%。15-28 天组 PCR 检出率为 80%。

**结论** 0-14 天接种乙肝疫苗新生儿 HBsAg 低浓度阳性可能是由于接种乙肝疫苗所致，而不是真正的乙肝病毒感染所致，15 天后新生儿 HBsAg 检测结果较准确，建议临床在接种乙肝疫苗 15 天之后进行乙肝“两对半”的检测。

family:Arial;mso-ansi-language:EN-US;mso-fareast-language:ZH-CN;mso-bidi-language:AR-SA'>新生儿接种乙肝疫苗后 HBsAg 阳性为 49 例，0-14 天组 44 例，阳性率 10.21%，15-28 天组共 7 例，阳性率 1.04%，两组相比差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。阳性标本进行实时荧光 PCR 检测，其中 0-14 天组 PCR 检出率为 18.18%。15-28 天组 PCR 检出率为 80%。

## PU-3670

### MALDI-TOF MS 在孕晚期妇女泌尿生殖道无乳链球菌快速筛查中的应用

郑悦,张智洁

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探究 MALDI-TOF MS 对孕晚期妇女泌尿生殖道标本直接进行检测的新方法，快速为临床医生提供无乳链球菌的筛查结果，以达到对带菌孕妇及时进行预防性治疗的目的。

**方法** 收集孕晚期妇女泌尿生殖道标本，置于增菌肉汤孵育 15-20h 后进行质谱鉴定。将常规的增菌后进行显色培养法的结果视为金标准，对质谱法的鉴定效果进行评定。

**结果** 共收集 2000 份标本，分离出无乳链球菌阳性的标本 120 份。质谱法鉴定出 53 例，方法灵敏度为 44.17%，特异度 100.00%，阳性预测值 100.00%，阴性预测值为 96.56%。质谱法鉴定阳性标本时的干扰菌以粪肠球菌和卷曲乳酸杆菌为主，少有嗜性乳酸杆菌、阴道加德纳菌和溶血性葡萄球菌。此外，增菌肉汤孵育 15h 或 20h 后进行质谱，其阳性率没有显著性差异。

**结论** 采用增菌肉汤联合 MALDI-TOF-MS 技术法进行无乳链球菌的筛查检测, 可将鉴定时长缩短至 15h。该方法鉴定为阳性结果的标本, 可以直接汇报为阳性; 而结果为阴性的标本不可排除是假阴性, 应辅助显色培养法作为补充。

#### PU-3671

### SAA、CRP 和血常规相关指标在儿童甲型流感中的诊断价值

陈泽辉, 张薇薇  
上海长海医院

**目的** 分析甲型流感(简称甲流)患儿血常规、血清淀粉样蛋白 A (serum amyloid A, SAA) 及 C 反应蛋白(C reactive protein, CRP)水平, 为初步诊断儿童甲流提供帮助。

**方法** 选择 531 例上呼吸道感染(简称上感)的患儿(其中甲流患儿 305 例, 非甲流患儿 226 例)和 151 例健康对照儿童, 统计学分析 SAA、CRP、血常规的相关指标水平。两组间计量资料采用独立样本 t 检验。采用受试者工作特征曲线(ROC)分析各指标对甲流的诊断意义。

**结果** 上感组与健康对照组比较, SAA、CRP、SAA/CRP、白细胞计数(WBC)、淋巴细胞(LYM)、中性粒细胞(NEU)、单核细胞(MON)、嗜酸性粒细胞(Eos)、血小板计数(PLT)、血小板与淋巴细胞的比值(PLR)、中性粒细胞与淋巴细胞的比值(NLR)差异都具有统计学意义( $P<0.05$ ), 其中除 PLT、LYM、Eos 降低, 其余均升高。在上感组中, 甲流组与非甲流组相比, 淋巴细胞计数(LYM) ( $t=2.111$ 、 $P=0.036$ )、NLR( $t=2.321$ 、 $P=0.021$ )、PLR( $t=3.536$ 、 $P<0.001$ )具有统计学意义( $P<0.05$ ), 其他指标均无统计学意义( $P>0.05$ )。通过 ROC 分析可知, PLR 诊断甲流的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.612 (95%CI 0.542~0.682), 最佳诊断临界值为 137.82、NLR 诊断甲流的 AUC 为 0.579 (95%CI 0.507~0.651), 最佳诊断临界值为 3.08、LYM%诊断甲流的 AUC 为 0.579 (95%CI 0.507~0.651), 最佳诊断临界值为 23.1%、LYM 诊断甲流的 AUC 为 0.607 (95%CI 0.537~0.678), 最佳诊断临界值为  $1.435 \times 10^9/L$ 。

**结论** SAA、CRP、血常规指标能很好地区分上呼吸道感染患儿和健康儿童, 但对上呼吸道感染患儿中甲流患儿的区分较难。然而较非甲流的上感患儿而言, 甲流患儿的 PLR、NLR 水平增高, 而 LYM 降低, 这对早期诊断儿童甲型流感具有一定价值。

#### PU-3672

### 血清降钙素原、超氧化物歧化酶在腹膜透析相关性腹膜炎中的相关性和临床意义

刘栋  
铜川市人民医院, 727000

**目的** 探讨透析相关性腹膜炎患者血清降钙素原、超氧化物歧化酶水平的相关性和临床意义

**方法** (1) 统计我院 2015 年 1 月至 2017 年 12 月的具有血清降钙素原和超氧化物歧化酶检测结果的腹膜透析患者共 126 例次, 其中发生腹膜透析相关性腹膜炎者共计 48 例次, 为腹膜炎组和无腹膜炎组; 随机选取同期具有血清降钙素原和超氧化物歧化酶检测结果的非透析患者人群 77 例次作为正常对照组, 观察降钙素原和超氧化物歧化酶水平与透析和腹膜炎的相关性; (2) 将透析患者按血清降钙素原水平和超氧化物歧化酶不同水平分组(PCT 分为  $<0.5$  ng/ml、0.50--2.00 ng/ml、2.00--5.00 ng/ml、5.00--10.00 ng/ml、 $>10.00$  ng/ml; SOD 分为  $<90$  U/ml、90--110 U/ml、110--130 U/ml、 $>130$  U/ml) 观察各组中腹膜炎的发生率。

**结果** (1) 血清降钙素原水平: 腹膜炎组  $2.249 \pm 0.671$  ng/ml、无腹膜炎组  $0.833 \pm 0.443$  ng/ml、对照组  $0.098 \pm 0.066$  ng/ml, 差异均有统计学意义,  $p$  均 $<0.01$ ; (2) 血清超氧化物歧化酶水平: 腹膜炎组  $74.6 \pm 15.5$  U/ml、无腹膜炎组  $95.2 \pm 20.0$  U/ml、对照组  $116.1 \pm 31.8$  U/ml, 差异均有统计学意义,  $p$  均 $<0.05$ ; (3) 降钙素原水平 $>10.00$  ng/ml、超氧化物歧化酶水平 $>130$  U/ml 时, 腹膜炎发生率为 15.3%; 而降钙素原水平 $>10.00$  ng/ml、超氧化物歧化酶水平 $<90$  U/ml 时, 腹膜炎发生率为 100%; 降钙素原水平 $<0.5$  ng/ml、超氧化物歧化酶水平 $<90$  U/ml 时, 腹膜炎发生率为 40%; 而降钙素原水平 $<0.5$  ng/ml、超氧化物歧化酶水平 $>140$  U/ml 时, 腹膜炎发生率为 0%; 低超氧化物歧化酶水平组的腹膜炎发生率明显高于较高水平组。(4) 相关性分析显示, 在透析患者中, 血清降钙素原与腹膜炎发生成正相关, 而超氧化物歧化酶与腹膜炎发生成负相关; (5) 透析人群中, 腹膜炎的发生似乎与超氧化物歧化酶水平的关系更为密切。

**结论** 透析患者中, 腹膜炎的发生与血清降钙素原成正相关, 而与血清超氧化物歧化酶成负相关; 但腹膜炎的发生与否, 似乎与机体的氧化应激状态关系更为密切。

## PU-3673

### 关于 lncRNAs 基因治疗与动脉粥样硬化之间的研究进展及临床应用

李佳珊

哈尔滨医科大学, 150000

**目的** 动脉粥样硬化是目前导致心血管紊乱的最常见疾病之一, 也是发病率和致死率领先的疾病之一, 但是目前致病机制尚未完全明了。

**方法** AS 经大量研究证明是一种慢性炎症性疾病, 有多种病理过程参与。非编码 RNA 有重要的生理和病生理功能, 在多种疾病中 ncRNAs 表达水平有明显的改变, 表明 ncRNAs 参与各种疾病的病理过程, 并可能作为治疗疾病新的靶点。最近有大量的研究认为调控非编码 RNA 可能是一种治疗选择。ncRNA 包含小 RNA, 主要是 microRNA 和 lncRNA。miRNA 主要通过转录后修饰调节基因表达, 与靶基因 mRNA 的 3'非编码区域结合, 因此阻止蛋白质的转录并且诱导它的衰退。

**结果** 相对的 lncRNA 作为表观遗传调控分子, 分子支架, 细胞诱捕作用, 多种功能而发挥作用。尽管在心脏许多 lncRNAs 已经被识别, 但是只有少数证明了其功能上的特点。

**结论** 本篇综述主要描述 lncRNAs 对于调节心血管疾病, 特别是动脉粥样硬化各阶段最新的进展以及作为基因治疗手段目前需要面临的挑战。

## PU-3674

### 乳腺癌患者血清中 LncRNA Tp53TG1 的诊断价值研究

汪彦阳

南京大学医学院附属鼓楼医院, 210000

**目的** 目前乳腺癌的发现一般通过影像学、血清学检测和病理学检查。乳腺癌的最早发现多源于患者的自行触摸。这种情况下, 肿瘤已有一定大小, 并有转移, 因此具有滞后性。影像学 and 病理学检查都难以用于常规的大规模人群体检。因此, 简便的血清学方法以便定期检查, 应当是乳腺癌及其它多种肿瘤及时发现的根本途径。所以, 发现更多的乳腺癌血清学检查指标, 以提高它的筛查发现率显得尤为必要。

**方法** 使用 Trizol 法分别提取乳腺癌患者以及健康体检者血清总 RNA, 再利用实时荧光定量 PCR 检测长链非编码 Tp53tg1 的表达量。

**结果** 长链非编码 RNA Tp53TG1 在乳腺癌（LUMINAL A 型）患者的血清标本中被检出（相对丰度：1.36-1.63），并几乎全部高于正常对照的结果（相对丰度：1.36-1.63， $P<0.01$ ）

**结论** 长链非编码 RNA Tp53TG1 对于乳腺癌患者具有作为简便的常规方法的极高诊断价值。

## PU-3675

### 重度子痫前期患者肾功能指标的水平分析及临床价值

耿丹

铜川市人民医院,727000

**目的** 分析重度子痫前期患者血清尿素、肌酐、尿酸、胱抑素 C 的水平变化。

**方法** 收集 2016 年 1 月到 2018 年 4 月于铜川市人民医院妇产科 50 例确诊为重度子痫前期患者的孕妇（A 组），50 例妊娠高血压的孕妇（B 组）和 50 例正常晚孕期妇女（对照组），应用晨起空腹静脉血 3ml，采用日立 7180 全自动生化分析仪测定血清尿素、肌酐、尿酸、胱抑素 C 的水平。所有数据以均数 $\pm$ 标准差表示。采用 SPSS19.0 统计软件包完成。3 组间均数比较采用独立样本 t 检验，以  $p<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** A 组、B 组、对照组尿素、肌酐、胱抑素 C，三组间分别两两比较， $P$  均 $>0.05$ ，差别无明显统计学意义。三组尿酸间两两比较， $P$  均 $<0.05$ ，差异具有统计学意义。

**结论** 重度子痫前期的孕妇尿酸水平显著高于正常孕妇及妊娠高血压的孕妇，说明尿酸可能参与了重度子痫前期的发生，可以作为预测重度子痫前期肾脏发生损害的危险因素，对临床的早期干预诊疗提供一定的预测价值。

## PU-3676

### 影响生化检验结果准确性的因素分析

梁龙

上海市第十人民医院,200000

**目的** 分析影响生化检验结果准确性的相关因素。**方法** 选择 2015 年 2 月—2017 年 3 月我院收集的 200 份生化检验标本，对所有标本的检验过程进行分析，总结影响检验结果准确性的因素。**结果** 200 份生化检验标本中有 14 份（7.00%）检验过程出现差错，发生率由高到低依次为采集方法不当（42.86%）、标本量不足（21.43%）、保存时间不当（14.29%）、送检时间长（14.29%）、抗凝剂使用比例不当（7.14%）。

**方法** 在实验室检验中，血液生化检验是使用频率较高与实用性较强的一种检验方式，是临床疾病诊断的重要依据来源。通过分析生化检验结果能够充分掌握患者疾病情况，同时制定个体化治疗方案，从而促进患者尽快康复，由此可见，生化检验结果的准确性对于临床疾病诊断与治疗有重大意义[1]。随着检验方式的优化及检验技术的升级进步，生化检验已成为临床常规检查项目，由于生化检验过程容易受到各种内外因素的影响，使准确性下降，因此需要采取有效的控制措施保证检验结果准确性。

**结果** 影响生化检验结果准确性的因素较多，应在标本采集、保存、运输、检验等环节加强管理，严格检验流程，确保检验结果的准确性，为临床诊断与治疗提供有利的依据。

**结论** 影响生化检验结果准确性的因素较多，应在标本采集、保存、运输、检验等环节加强管理，严格检验流程，确保检验结果的准确性，为临床诊断与治疗提供有利的依据。

## PU-3677

## 痰热清注射液对产碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的体外联合杀菌活性研究

张雯霞

上海中医药大学附属曙光医院(东院),200120

**目的** 研究痰热清注射液联合亚胺培南对产 KPC 型碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的体外联合杀菌活性,探索临床治疗该耐药细菌所致感染的新方案。

**方法** 微量肉汤稀释法测定痰热清注射液和亚胺培南对 20 株产 KPC 型碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的最低抑菌浓度,棋盘稀释法测定其对痰热清注射液与亚胺培南的体外联合敏感试验,通过计算分级抑菌浓度指数判断联合效果。根据联合药敏试验结果,选取其中的 2 株细菌进行体外联合杀菌试验研究。

**结果** 20 株产 KPC-2 型碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌对亚胺培南的耐药率为 100%,其 MIC 范围分别为 4~256 mg/L,对痰热清注射液的 MIC 值为 15.6~500ul/ml。联合药敏试验结果显示,55% (11/20) 的菌株对该两药组合呈协同作用,35% (7/20) 的菌株呈相加作用,10% (2/20) 的菌株为无关作用,所有的菌株的联合皆未产生拮抗作用。随后的联合杀菌试验亦证实上述联合药敏试验结果。

**结论** 本研究结果显示痰热清注射液联合亚胺培南可用于治疗产 KPC-2 型碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌所致感染。

## PU-3678

## 小儿肺炎患者血清 NT-proBNP、PCT 及 CRP 变化情况 及临床意义

张君

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 研究肺炎患儿血清氨基末端脑钠肽前体(NT-proBNP)、降钙素原(PCT)及 C-反应蛋白(CRP)的变化情况,为临床诊疗提供依据。

**方法** 选取 2017 年 11 月-2018 年 3 月间门诊肺炎患儿 78 例(年龄 3 月-6 岁),且无其他疾病,根据肺炎严重程度分为 2 组,重症肺炎组 41 例和轻症肺炎组 37 例;另选取 30 例同年龄段健康体检幼儿(年龄 3 月-6 岁)作为对照组。检测并比较三组血清 NT-proBNP、PCT 及 CRP 水平的变化。

**结果** 重症肺炎组、轻症肺炎组患儿血清 NT-proBNP、PCT 和 CRP 水平均显著高于正常对照组( $P<0.05$ ),且重症组患儿三指标表达水平显著高于轻症组( $P<0.05$ )。轻症支气管肺炎组患儿 CRP 与对照组无显著差异( $P>0.05$ )。重症组患儿的血清 NT-proBNP、CRP 及 PCT 水平无相关性,但 CRP 与 PCT 有中度正相关性( $r=0.518$ ,  $P=0.001$ )。

**结论** 检测血清 NT-proBNP、PCT 及 CRP 含量的变化可作为小儿肺炎严重程度预警指标,且对预后判断有一定的临床意义。

## PU-3679

## CaSR 活化的 PMNs 分泌的外泌体减弱心肌缺血再灌注损伤

翟泰宇,孙轶华  
哈医大附属肿瘤医院

**目的** 明确 CaSR 调控的中性粒细胞外泌体在心肌缺血再灌注损伤中的作用。

**方法** 1.构建大鼠急性心肌梗死(AMI)及缺血再灌注(Ischemia-reperfusion, I/R)模型,检测外周血中 SOD 及 MDA 含量,Western Blot 检测外周血中性粒细胞(PMNs)上 CaSR 的表达,提取心肌组织检测 Bcl-2 与 Bax 的表达。2.提取乳鼠原代心肌细胞,构建心肌细胞缺氧复氧模型。3.提取大鼠外周血 PMNs, f-MLP 刺激使其活化,并分别用 CaSR 激动剂和抑制剂刺激后应用超速离心机分离上清液中外泌体。4.应用 Tunable Resistive Pulse Sensing、电镜及 Western Blot 技术对外泌体进行鉴定。5.PKH-67 预染 PMNs 及外泌体后与心肌细胞共培养,荧光显微镜观察心肌对外泌体的摄取情况。6.在心肌细胞缺氧复氧过程中,分别与不同状态下的 PMNs 及其外泌体共培养,Western Blot 检测心肌细胞中 Bcl-xl、Bax、p-AKT、AKT 及 Nox2 的表达。流式细胞术检测心肌细胞凋亡。应用探针法检测心肌细胞中 ROS 的含量。7.构建大鼠 AMI 及 I/R 模型,通过尾静脉输注 CaSR 激动剂和抑制剂刺激后的 PMNs 分泌额外泌体,应用 Evans-Blue 及 TTC 双染检测心肌损伤情况,提取外周血检测外周血中 SOD 及 MDA 含量。

**结果** 在 Wistar 大鼠 AMI 及 I/R 模型中, CaSR 在 PMNs 上的表达增加,而心肌组织中血小板衍生生长因子-D(PDGFD)、Bcl-xl 和 SOD 的表达降低,MDA 和 Bax 增加。并且,与 CaSR 激动剂 Cinacalcet 刺激后的 PMNs 共培养后,心肌细胞中 PDGFD 和 Bcl-xl 的表达增加, Bax 以及心肌细胞凋亡率明显降低,同时 ROS 的产生也被显著抑制。由 I/R 引起的心肌细胞损伤也随之减少。此外,我们还发现来自 PMNs 的外泌体可以被心肌细胞摄取,并且, CaSR 活化的 PMNs 分泌的外泌体与 CaSR 刺激的 PMNs 一样对心肌细胞具有相同的作用,同时增加了心肌细胞中 AKT 的磷酸化水平。在体内试验中,来自 CaSR 活化的 PMNs 的外泌体也对 AMI 和 I/R 心肌组织具有显著的保护作用。

**结论** 源自 CaSR 活化的 PMNs 的外泌体可以减弱心肌的 I / R 损伤,这一作用可能与 AKT 信号传导通路有关。

## PU-3680

## 循环免疫复合物抗原解离技术的建立及应用研究

车飞虎  
解放军联勤保障部队第 903 医院

**目的** 建立一种通用循环免疫复合物(CIC)抗原解离技术,并进行应用评价。

**方法** 采用聚乙二醇(PEG)二次沉淀分离技术对标本中的 CIC 进行分离,然后运用 Gly-HCl 缓冲系统和正交设计方法对 HBsAg-IC 中的 HBsAg 解离实验条件进行优化选择,建立通用的 CIC 抗原解离技术并对其方法学性能进行评价,同时在不同 HBV-M 模式的 HBsAg-IC, HCV Core-IC, HIV P24-IC, Ins-IC, TG-IC 中进行了初步应用。

**结果** PEG 二次沉淀分离 HBsAg-IC 中的 HBsAg 测定结果高于传统 PEG 沉淀分离法;HBsAg-IC 中 HBsAg 的最佳解离条件为: CIC 抗原解离剂 pH1.0-1.05, 41℃-45℃解离 20-35min, 振荡频率>60 次/min, 加入 CIC 抗原中和剂后 2h 内测定;该技术对 HBsAg-IC 的 HBsAg 平均解离率为 82.7%, 重现性<5.45%, 线性良好(r=0.9957), 平均解离回收率 103.2%, 特异性 100%, 试剂稳定性除 CIC 抗原解离剂>12 个月以外, 其余试剂均>24 个月;HCV Core-IC, HIV P24-IC, Ins-IC, TG-IC 的解离条件与 HBsAg-IC 基本相同, 但 CIC 中抗原解离率有差异;该技术对不同 HBV-



M 模式之间 HBSAg-IC 中 HBsAg 含量和检出率具有统计学差异( $P<0.05$ ); 对 HCV Core-IC, HIV P24-IC, Ins-IC, TG-IC 中的相应抗原检出率分别为 75%、84.4%、68.6%、53.0%。

**结论** CIC 抗原解离技术是一种通用的能够对多种 CICs 进行沉淀、分离、解离后直接测定抗原的前处理技术。该技术既可用于游离抗原阴性的标本, 提高诊断灵敏度, 又可用于游离抗原阳性的标本, 并且还可以对标本中低水平 CICs 进行浓缩分离、解离, 从而提高 CIC 中抗原的检出率。

## PU-3681

### PCT 与 CRP 联合检测对儿童呼吸道感染 的诊断价值

陈超

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 评价联合检测血清降钙素原(PCT)和 C 反应蛋白(CRP)水平的变化在儿童呼吸道感染患者疗效及预后判断中的临床意义。

**方法** 选取 2018 年 2 月至 2019 年 1 月于本院门诊就诊的呼吸道感染患儿(年龄 3 岁-12 岁) 188 例, 另选择同年龄段 58 名健康的儿童作为对照组。用罗氏化学发光分析仪分别检测其血清 PCT 和 CRP 水平。

**结果** 呼吸道感染组患儿 PCT 和 CRP 的阳性率明显高于对照组( $P<0.01$ ), 差异具有统计学意义( $P<0.05$ );二者联合检测的敏感度和特异度与两指标单独检测差异均具有统计学意义。

**结论** 血清 PCT 和 CRP 水平的联合检测能够有效地提高临床对于儿童呼吸道细菌感染的诊断率,可作为儿童呼吸道感染诊断及鉴别诊断的参考指标,同时有利于对细菌性感染的准确判定,可为临床合理用药提供一定的依据。动态监测 PCT、CRP 的变化更有助于评估疾病的进展和预后。血清 PCT 和 CRP 在治疗 72 小时内下降超过前一天 30%, 表明抗生素治疗有效, 可继续使用原方案; 治疗三日后 PCT 和 CRP 仍不下降, 应结合临床, 可考虑更换治疗方案。

## PU-3682

### CaSR 调控 PMNs 源性外泌体中的 LncRNA ENSRNOT00000039868 对心肌细胞的作用 及其机制的研究

徐新宇,孙铁华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院检验科

**目的** 研究钙敏感受体 (CaSR) 调控大鼠外周血中性粒细胞分泌的外泌体中的 LncRNA ENSRNOT00000039868 对心肌细胞的作用。

**方法** 提取 wistar 大鼠外周血中性粒细胞, 分为无处理组、fMLP 激活组、fMLP+CaSR 激动剂 (Cinacalcet) 组, 分别提取外泌体, 与出生 3 天内的 wistar 乳鼠共培养。采用高通量测序技术预测 CaSR 可能调控的 LncRNA 及与 LncRNA 相互作用的靶蛋白; miRDB, Targetscan 等数据库预测分别与 LncRNA 及靶蛋白发生竞争性结合的 miRNA; 将 miRNA mimics 和 inhibitor 分别转染心肌细胞, western blot 检测 miRNA 与靶蛋白及凋亡蛋白的关系。

**结果** 通过高通量测序和数据库预测找到与 CaSR 相关的 LncRNA 为 ENSRNOT00000039868 及其调控的靶蛋白血小板衍生生长因子 (PDGF-D), 与 LncRNA ENSRNOT00000039868 及 PDGF-D 具有共同作用位点的 miR-207。qRT-PCR 证实 LncRNA ENSRNOT00000039868 靶向作用

miR-207 并下调其表达水平,实验进一步证实 miR-207 可负调控 PDGF-D 的表达,进而促进心肌细胞的凋亡。

**结论** CaSR 通过调控 PMNs 源性外泌体中的 LncRNA ENSRNOT00000039868 与 miR-207 发生竞争性结合,使 PDGF-D 表达增加,对心肌细胞产生保护作用。

#### PU-3683

### CYFRA21-1、ProGRP、NSE、和 SCC 在肺癌检测中的应用

肖伟利,陈超

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨细胞角蛋白 19 片段(CYFRA21-1)、胃泌素释放肽前体(ProGRP)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)和鳞状细胞癌抗原(SCC)和在肺癌诊断中单独和联合检测的临床价值。

**方法** 收集 2018 年 2 月-11 月间肺癌患者血液标本 159 例,其中小细胞肺癌(SCLC)45 例,非小细胞肺癌(NSCLC)72 例,其中腺癌 37 例、鳞癌 35 例,肺部良性 42 例。采用罗氏电化学发光分析仪检测所有患者血清中的 CYFRA21-1、ProGRP、NSE 和 SCC 水平。

**结果** SCLC 组的 ProGRP 和 NSE 水平均明显高于 NSCLC-腺癌组、NSCLC-鳞癌组及肺部良性组,而 NSCLC-腺癌组和 NSCLC-鳞癌组的 CYFRA21-1 和 SCC 水平均明显高于 SCLC 组及肺部良性组,差异均具有统计学意义( $P<0.05$ )。在单指标中,ProGRP 在 SCLC 中的敏感性和特异性较高,分别达 77.9%及 91.6%;CYFRA21-1 在 NSCLC-腺癌和 NSCLC-鳞癌中的敏感性和特异性最高,分别达 68%及 91%;在联合检测中,ProGRP+NSE 在 SCLC 中的敏感性和特异性分别为 93.1%和 84.2%;CYFRA21-1+SCC 对 NSCLC-腺癌和 NSCLC-鳞癌的敏感性达 81%,特异性达 87%。

**结论** ProGRP 与 NSE 联合检测对诊断小细胞肺癌优于单个肿瘤标志物的检测;CYFRA21-1 与 SCC 联合检测对非小细胞肺癌的腺癌和鳞癌有较高的敏感性和特异性,这些肿瘤标志物在诊断和筛查肺癌的价值值得进一步研究。

#### PU-3684

### 系统性红斑狼疮并发巨细胞病毒感染患者体液检查结果分析

杨盼

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 系统性红斑狼疮(Systemic lupus erythematosus, SLE)作为一种生活中普遍存在的自身免疫性疾病,患该病的患者多系统、多脏器均会受到不同程度的损伤,同时失调的免疫系统易使患者感染细菌和病毒。巨细胞病毒是生活中易感病毒,系统性红斑狼疮并发巨细胞病毒感染成为了临床需要重视的一个重要现象。本实验通过统计系统性红斑狼疮并发巨细胞病毒感染患者的体液检查数据来分析感染该病毒对系统性红斑狼疮患者的损伤。

**方法** 收集 2013 年至 2019 年上海长海医院共 61 例系统性红斑狼疮患者,将其分为单纯 SLE 组(48 例)和合并巨细胞病毒感染 SLE 组(13 例)。比较两组患者的部分血常规(Hb、PLT)、肝功生化(AST、ALT、A/G、TBil、DBil、TBA、ALB)、肾功生化(mALB、Crea、UA)数据,分析其是否有显著性差异。

**结果** 两组在血常规数据上无显著性差( $P>0.05$ ),在肝功项目 A/G、肾功项目 mALB 上数据有显著性差异( $P<0.05$ )。

**结论** 感染了巨细胞病毒的系统性红斑狼疮患者相对于单纯的系统性红斑狼疮患者肾脏、肝脏受损程度加深，而血液系统无明显损伤。

#### PU-3685

### Variant Analysis of PEX11B Gene from a Family with Peroxisome Biogenesis Disorder 14B by Whole Exome Sequencing

Yuan Tian, Linlin Zhang, Liting Jia  
The Third Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Peroxisome biogenesis disorder 14B (PBD14B) is an autosomal recessive peroxisome biogenesis disorder characterized clinically by mild intellectual disability, congenital cataracts, progressive hearing loss, and polyneuropathy. Peroxisome biogenesis disorders are a genetically heterogeneous group of disorders caused by biallelic mutations in peroxin (PEX) genes

**Methods** DNA of the family was extracted and sequenced by whole exome sequencing. The results were validated with Sanger sequencing analyzed with Bioinformatics software.

**Results** Sequencing result showed that the patient has carried a homozygous variant of c.277C>T of the PEX11B gene. The patient's brother has carried a homozygous variant of c.277C>T of the PEX11B gene and their variants of c.277C>T of the PEX11B gene were inherited respectively from his mother and father.

**Conclusions** The homozygous variant of c.277C>T of the PEX11B gene probably underlie the disease in this child and her brother.

#### PU-3686

### 探讨即时检验(POCT)在基层医院的管理

董嘉良, 马春红  
天津市宁河区医院

**目的** POCT 因其快、边、便被广泛应用于医院各科室，如何提高即时检验的准确性，有效实现即时检验的全面质量控制，仍然是一个严峻挑战。

**方法** 本文从管理机构与制度、设备评估选择，人员培训授权、质量管理、结果发布等方面探讨基层医院 POCT 管理流程。

**结果** 我国 POCT 管理目前存在诸多问题，主要问题为没有系统性标准，导致 POCT 使用管理混乱、设备性能无法验证、质量控制没有保障。各医院需根据自身情况制定适宜的管理制度以保障 POCT 检测的质量。

**结论** 通过加强 POCT 的使用管理，规范临床 POCT 检测行为，完善培训考核规定，严格实施质量控制管理，保证了 POCT 检测结果的准确性和可靠性，从而规范 POCT 的运行管理。

#### PU-3687

### 648 例小儿肺炎支原体抗体结果分析

刘洋  
内蒙古自治区人民医院, 010000

**目的** 统计分析小儿肺炎支原体 (Mp) 感染发病率、季节、年龄分布及性别因素。

**方法** 对我院 2018 年 2 月~2019 年 2 月住院及门诊呼吸道感染患儿, 采用金标法 (PA) 做血清肺炎支原体抗体 (Mp-IgM) 检测, 将患儿分组, 对检测结果进行统计分析。

**结果** 共检测患儿 648 例, 阳性数为 187 例, 阳性率为 28.86%。其中男孩 43 例, 占 22.99%, 女孩 67 例, 占 35.83%, 性别间有显著性差异 ( $X^2=9.73, P<0.05$ )。季节方面 5、6、7 月份组与 11、12、1 月份组阳性率有显著性差异 ( $X^2=8.47, P<0.05$ ), 以 11、12、1 月的 Mp 感染阳性检出率最低, 5、6、7 月份组 Mp 感染阳性检出率最高。各年龄组比较, 呼吸道感染患儿检测阳性率在 0~1 与 2~3、4~7、8~14 组有显著性差异 ( $X^2=16, P<0.05$ ), 其他各组无显著性差异。0~1 岁以下阳性率最低 (8.7%), 8~14 岁组儿童最高 (41.8%)

**结论** 肺炎支原体是儿童时期呼吸道感染重要病原之一, 其引起小儿肺炎有增加的趋势, 支原体感染四季均可发生, 夏、秋发病率较高, 小学儿童发病率高, 1 岁以下为较低, 性别间有统计学意义, 临床上应加强对肺炎支原体感染的防治。

## PU-3688

### 血清胆汁酸 LC-MS/MS 检测方法的建立及在不同肝病 患者样本中的应用

赵莎莎

上海市第十人民医院, 200000

**目的** 建立快速、稳定、灵敏的血清 15 种胆汁酸的液相色谱串联质谱 (LC-MS/MS) 的检测方法, 分析不同肝病患者中 15 种胆汁酸水平特征。

建立快速、稳定、灵敏的血清 15 种胆汁酸的液相色谱串联质谱 (LC-MS/MS) 的检测方法, 分析不同肝病患者中 15 种胆汁酸水平特征。

**方法** 血清样本经过蛋白沉淀、氮吹浓缩、复溶等前处理步骤后进行上机检测, 采用电喷雾离子源 (ESI) 负离子模式、多离子反应监测模式 (MRM) 进行监测, 并对方法的线性、精密度、回收率等指标进行考核; 利用该方法分析 86 例不同肝病患者血清中胆汁酸的含量。

**结果** 该方法在 13 分钟内完成对 15 种胆汁酸的定量分析, 在 2-10000nmol/L 范围内线性良好, 相对回收率在 87.8%-112%之间, 日内和期间变异系数均小于 15%, 86 例不同肝病患者总胆汁酸水平在 10930.29nmol/L-145165.8nmol/L 范围内。

**结论** 所建立的胆汁酸 LC-MS/MS 检测方法稳定性强, 灵敏度高, 能满足临床样本的检测需求。

## PU-3689

### 77 例小儿肺炎血液心肌酶谱和 CRP 检验结果 的临床分析

曹银芳

内蒙古自治区人民医院, 010000

**目的** 对 77 例小儿肺炎住院患儿急性期和恢复期分别进行血清心

肌酶谱 (AST、CK、CK-MB、LDH) 和 C 反应蛋白 (CRP) 检测, 并采集 60 例正常儿童血液同样进行心肌酶谱和 CRP 检测, 将患儿检测结果与正常儿童的检测结果进行对比, 得出患儿急性期与恢复期心肌酶谱的变化以及与 CRP 变化的关系, 为临床治疗提供依据。

**方法** 选择 2018 年 6 月—2018 年 11 月期间住院的 77 例患儿, 男 40 例, 女 37 例, 年龄 4 月—3 岁, 每位患儿住院后次日取静脉血 2 ml, 检测心肌酶谱和 CRP, 采用罗氏全自动生化分析仪并使用配套原厂试剂检测以上两个项目。选同期门诊体检的正常儿童 (近 4 周无疾病史) 60 例作为对照

组,男 32 例,女 28 例,年龄 3 月—4 岁,检测方法、试剂及仪器与患儿的相同,将患儿数据与对照组数据对比,数据以  $\bar{x} \pm s$  表示,两组间比较采用  $t$  检验。

**结果** 患儿肺炎组急性期 AST、CK、CK-MB、LDH、CRP 水平显著高于对照组( $P < 0.01$ ),恢复期肺炎患儿心肌酶水平下降,但仍高于对照组,两组相比差异有显著性( $P < 0.05$ )。急性期患儿 CRP 水平高于对照组,而恢复期肺炎患儿 CRP 水平一般可恢复正常。

**结论** 急性期肺炎患儿心肌酶增高,且肺炎恢复后心肌酶指标仍稍高,说明肺炎患儿存在心肌损害,心肌损害恢复多迟于肺炎疾病。急性期患儿 CRP 水平高于对照,但恢复期肺炎患 CRP 一般可恢复正常,与心肌酶联合观察成为观察肺炎急性期、恢复期不可缺少的指标。可见配合心肌酶谱同时测定 CRP,不仅有利于疾病早期诊断,而且对监测病情及指导临床治疗都有很重要的临床意义。

## PU-3690

### Estimating the glomerular filtration rate and tubular dysfunction in an elderly population with normoalbuminuria in China

Huabin Wang<sup>1</sup>, Yingjie Lou<sup>2</sup>, Yongjun Ma<sup>1</sup>, Xiaoyun Shan<sup>1</sup>

1. Jinhua central hospital

2. Taizhou University

**Objective** The prevalence and clinical risk factors of renal impairment associated with albuminuria have been reported in many studies. However, these data on kidney injury in normoalbuminuric patients have not yet been investigated in elderly Chinese populations. To clarify this, we conducted survey research on an elderly Chinese community population.

**Methods** 691 elderly community participants were included in this study. Normoalbuminuria was defined as a urinary albumin to creatinine ratio (ACR)  $< 30$  mg/g in morning urine. The estimated glomerular filtration rate (eGFR) and urinary alpha-1-microglobulin to creatinine ratio (MCR) were evaluated to assess normoalbuminuric kidney impairment in this elderly population.

**Results** Among the whole cohort, 30.25% had albuminuria, 8.68% showed reduced eGFR and 49.78% had increased MCR. Normoalbuminuric subjects also showed a high prevalence of low eGFR and increased MCR (6.02% for reduced eGFR and 37.55% for increased MCR). Among the normoalbuminuric participants, the highest prevalence of increased MCR was found in the subjects with diabetes (50%), whereas the highest prevalence of low eGFR was found in women (8.11%). There was no significant difference in ln-MCR values between normoalbuminuric subjects with eGFR  $> 60$  and  $< 60$  ml/min/1.73 m<sup>2</sup>. Age, gender, diabetes and hypertension were all independent risk factors of increased MCR. Diabetes and hypertension showed no statistical influence on decreased eGFR, whereas gender carried the highest risk for reduced eGFR.

**Conclusions** Albuminuria may have limited utility as a screening marker of renal injury, as a considerable proportion of the elderly population have renal impairment despite normoalbuminuria. Rather than focusing solely on patients with diabetes or hypertension, normoalbuminuric renal impairment should be given more attention within the overall elderly population.

PU-3691

## 慢性阻塞性肺疾病老年性患者肺部真菌感染的相关分析研究

贺娟

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 对老年慢性阻塞性肺疾病患者中患有肺部真菌感染的患者进行临床表现方面分析,并且对其感染的真菌分布和一些主要的危险因素进行探讨,汇总相关内容并以此作为对临床治疗和预防指导的参考依据。

**方法** 对从2016年1月至2018年12月这3年来我院290例老年COPD患者的临床相关资料进行回顾性分析,观察患者痰液真菌培养的情况,同时记录患者在住院期间是否有合并肺部真菌感染的现象出现。分析并且对比真菌的分布情况。

**结果** 290例COPD老年性患者中有34例患者出现合并肺部真菌感染,占比达到11.73%。在34株所培养出的真菌中,白色假丝酵母菌、热带假丝酵母菌以及曲霉菌属的数量分别为21株、6株和3株,其它酵母菌为4株。

**结论** 老年慢性阻塞性肺疾病的并发症中最严重的一种是肺部真菌感染,通过有效减少引起真菌感染的相关因素和避免可能引起肺部感染情况出现的原因,能够在一定程度上减少肺部感染情况发生的同时降低患者的病死率。

PU-3692

## 绵阳地区学龄前住院患儿呼吸道感染8种病原体IgM抗体检测结果分析

罗立梅,王晶,代春梅,邓蕾

绵阳市中心医院,621000

**目的** 了解绵阳市学龄前住院患儿呼吸道感染8种常见病原体IgM抗体检测结果及其与年龄、性别和季节的关系,为临床提前预防和合理诊治提供参考。

**方法** 采用间接免疫荧光法检测2018年1~12月期间因呼吸道感染住院治疗的学龄前患儿血清中的8种常见呼吸道病原体IgM抗体,包括呼吸道合胞病毒(RSV)、腺病毒(ADV)、甲型流感病毒(FluA)、乙型流感病毒(FluB)、副流感病毒(PFlu)、肺炎支原体(MP)、肺炎衣原体(CP)和嗜肺军团菌(LPS),并对结果进行统计学分析。

**结果** 2963例样本中8种呼吸道病原体IgM抗体阳性1857例,总阳性率62.7%;单一抗体阳性率从高到低依次是:MP(33.9%)、FluB(28.3%)、FluA(26.3%)、RSV(9.1%)、PFlu(2.4%)、ADV(1.9%)、CP(1.3%)和LP(0.7%),混合感染占总阳性的45.2%,多为MP参与的感染;不同年龄组呼吸道病原体阳性率不同,差异有统计学意义( $\chi^2=221.61$ ,  $P<0.05$ ),其中1~2岁阳性率最高(80.0%);男性患儿阳性率61.5%,女性患儿阳性率64.5%,差异无统计学意义( $\chi^2=2.74$ ,  $P>0.05$ );不同季节呼吸道病原体阳性率不同,差异有统计学意义( $\chi^2=22.22$ ,  $P<0.05$ ),冬季阳性率最高(66.1%)。

**结论** 绵阳市学龄前住院患儿呼吸道感染的主要病原体是MP、FluB和FluA,其感染与性别无关,和年龄、季节相关,1~2岁儿童感染率最高,在冬季流行。

PU-3693

## 支气管肺泡灌洗液检测联合螺旋 CT 在肺部真菌感染诊断的应

贺娟

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探究支气管肺泡灌洗液检测联合计算机断层扫描(CT)对在肺部真菌感染诊断中的价值。

**方法** 选择在 2015 年 2 月-2017 年 9 月期间在本院接受诊治的 132 例患者作为研究对象, 该组患者均疑似存在肺部真菌感染, 确定为真菌感染组; 同时选择同一时期住院普通细菌感染者和无肺部感染患者各 50 例, 分别设为细菌感染组和无感染组。观察和记录患者 CT 的影像学特征, 分析患者感染疾病、真菌感染的类型及相关感染因素, 详细记录检测到的 1,3- $\beta$ -D-葡聚糖水平。

**结果** 132 例肺部真菌感染患者经真菌培养后其真菌阳性率为 100.00%, 共分离真菌 132 株, 其中白假丝酵母 87 株, 占 65.91%; 光滑假丝酵母 18 株, 占 13.64%; 132 例肺部真菌感染患者中, 基础疾病主要以慢性心血管疾病为主; 肺部真菌感染的相关因素主要是长期使用抗菌药物、激素药物及免疫抑制剂( $P<0.001$ ); 真菌感染组患者肺泡灌洗液和血浆中的 1,3- $\beta$ -D-葡聚糖水平分别为  $(534.36\pm309.32)\text{ng/L}$  和  $(328.68\pm226.17)\text{ng/L}$ , 均高于细菌感染组  $(118.06\pm52.69)\text{ng/L}$ 、 $(71.23\pm39.28)\text{ng/L}$  和无感染组( $P<0.001$ )。CT 诊断肺部真菌感染患者的阳性率为 67.53%, 利用肺泡灌洗液诊断肺部真菌感染患者的阳性率为 86.29%, 而结合两组方法则诊断肺部真菌感染患者的阳性率高达 95.98%。两种方法结合优于单独一种方法( $P<0.001$ )。

**结论** 患者发生肺部真菌感染的原因和类型多种多样, 而利用支气管肺泡灌洗液检测联合 CT 对于肺部真菌感染的诊断, 特别是对早期的诊断和及时有效的治疗有着重要的临床参考价值。

PU-3694

## 流式细胞术检测肺泡灌洗液 T 淋巴细胞亚群在肺部疾病中的临床价值

贺娟

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨支气管肺泡灌洗液(BALF)中 T 淋巴细胞免疫活性对几种常见肺部疾病的临床诊断价值。

**方法** 选取本院 2016-2018 年期间住院患者 72 例, 其中肺癌 22 例, 肺结核 8 例, 结节病 11 例, 肺部感染 22 例, 特发性肺间质纤维化(IPF)9 例。使用流式细胞仪检测 BALF 中 T 淋巴细胞亚群水平。

**结果** CD3+、CD4+、CD8+及 CD4+/CD8+在肺癌组和结节病组变化最为明显, 与其他组比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。肺癌组 CD3+、CD4+下降, CD8+升高, CD4+/CD8+明显下降; 而结节病组 CD4+升高, CD8+降低, CD4+/CD8+明显升高。肺结核组与肺部感染组也表现为 CD4+下降, CD8+相对升高, CD4+/CD8+下降, 与结节病组及 IPF 组比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。IPF 组 CD3+、CD4+、CD8+及 CD4+/CD8+均接近正常值。

**结论** 通过使用流式细胞技术检测 BALF 中 T 淋巴细胞亚群水平, 能够自一定程度上有效区分几种常见的肺部疾病, 对了解患者免疫功能、疾病鉴别诊断及预后具有重要的临床价值。

## PU-3695

## 上海市青浦地区 2013-2017 涂阳结核病人人群分布及标本类型特征

彭荣,龚倩

复旦大学附属中山医院青浦分院

**目的** 了解上海青浦地区近五年来涂阳结核病人人群分布特征, 及标本类型特征, 为进一步加强结核病预防和发现策略提供一定依据。

**方法** 采用描述性流行病学方法, 对上海市青浦区 2013 年-2017 年间于青浦区结核病唯一定点医院结核涂阳患者资料进行分析, 并采集相关标本信息。

**结果** 五年来, 涂阳病人总人数保持平稳, 男性病人明显多于女性病人, 年龄主要集中在 16~85 岁之间 (97.38%), 其中 45~55 岁患者居多 (16.70%)。常住涂阳总人数多于流动涂阳总人数, 常住人口结核涂阳以中老年为主, 而流动人口结核涂阳群体以青壮年为主, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。肺泡灌洗液阳性病人有增加趋势 ( $p<0.05$ ), 尿液阳性更多的来自女性病人 ( $p<0.05$ )。

**结论** 上海市青浦地区近五年来, 结核涂阳呈现稳定趋势, 但仍需加强男性和常住人口中老年, 流动人口青壮年的相关防治; 通过气管镜检查确诊的患病人数在增加。

## PU-3696

## K57 型高毒力肺炎克雷伯菌的流行病学研究

郭玲,赵强,王丽凤,沈定霞

解放军总医院第一医学中心

**目的** 高毒力肺炎克雷伯菌主要感染健康人群, 其致病性和致死率较高, 常见的血清型包括: K1, K2, K5, K20, K54, K57, 其中以 K1 和 K2 最常见。K57 型肺炎克雷伯菌近年来的分离率也越来越高, 因此了解其流行病学可以为感染的控制和治疗提供依据。

**方法** 收集医院 2010 年 1 月至 2016 年 10 月的 K57 型菌株, 同时收集患者的临床信息。通过拉丝试验和 PCR 方法鉴定菌株的血清型, 通过 PFGE 方法检测其同源性, MLST 方法了解其 MLST 分型, 综合分析感染患者的临床信息。

**结果** K57 型菌株的占有肺炎克雷伯菌的比例为 6% (60/1000); 呼吸道是最常见的分离部位 73.3%(44/60); 除对氨苄西林有 35%的耐药率外, K57 型肺炎克雷伯菌对临床常用的抗菌药物菌表现为敏感; ST412 型别最多为 61.7% (37/60), ST592 为 18.3% (11/60), ST218 为 15% (9/60), S86 为 1.7% (1/60); PFGE 分型比较分散, 同源性不高。

**结论** K57 型肺炎克雷伯菌较容易引起呼吸道感染, 目前对临床绝大多数的药物有较高的敏感性; ST412 型是其主要的分型。



## PU-3697

## CA125、CA153 和 CEA 联合检测在肺癌临床诊断中的应用价值

贺娟

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨糖类抗原 125(CA125)、糖类抗原 153(CA153)和癌胚抗原 (CEA) 联合检测在肺癌临床诊断中的应用价值,旨在为肺癌的临床诊断提供参考。

**方法** 收集 58 例肺癌患者(试验组)和 53 例肺部良性病变患者(对照组),分别检测两组患者血清中的 CA125、CA153 和 CEA 水平,观察 3 种肿瘤标志物联合使用的灵敏度及特异性。

**结果** 试验组的 CA125、CA153 和 CEA 异常率与对照组相比显著提高( $P<0.05$ ),3 种肿瘤标志物联合检测的灵敏度为 86.24%。

**结论** CA125、CA153 和 CEA 检测在肺癌的临床诊断中意义明显,可进一步提高肺癌的检出率、特异性及敏感性,对于肺癌的临床诊断具有重要的应用价值。

## PU-3698

## 多项肿瘤标志物联合检测在肺癌诊断中的应用价值

贺娟

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨在肺癌诊断中,多项肿瘤标志物联合检测在肺癌诊断中的临床价值。

**方法** 采用回顾性分析对内蒙古自治区人民医院 2017 年 10 月至 2018 年 10 月收治的 28 例肺癌患者以及 26 例肺部良性病变患者进行临床研究,采用 ELISA 方法对 NSE 指标、CA125、CA15-3、CA19-9 以及 CEA 指标进行观察和测定。

**结果** 肺癌组 5 种肿瘤标志物水平均高于良性病变组,组间对比差异性显著( $P<0.05$ );在小细胞肺癌中,NSE 为高表达;5 种肿瘤标志物联合检测的灵敏度以及准确度分别为 91.6%、90.8%,均优于单项检测。

**结论** 多项肿瘤标志物联合测定能够提高肺癌诊断的灵敏度以及准确度,有必要深入探讨肺癌血清学肿瘤标志物在肺癌诊断中的联合检测,提高早期肺癌的诊断率。

## PU-3699

## 三种炎性指标在冠心病合并 2 型糖尿病中的临床应用分析

许晓珩

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 比较超敏 C 反应蛋白(hsCRP)、血清淀粉样蛋白 A(SAA)、降钙素原(PCT)在单纯冠心病组、冠心病合并 2 型糖尿病组和正常对照组中的表达水平,评价三者在冠心病和冠心病合并糖尿病分组中的差异性、相关性及诊断效能。

**方法** 依据研究对象纳入与排除标准,收集符合要求的血清,分为三组,正常对照组(NC 组)、单纯冠心病组(CHD 组)和冠心病合并 2 型糖尿病组(CHD+T2DM 组)。同一批次采用胶乳增强比浊法测定 SAA 和 hsRP 水平;采用酶联免疫荧光法测定血清中 PCT 含量,并用 SPSS.23 进行非参数检验分析,spearman 相关性分析和 ROC 曲线分析。

**结果** CHD 组血清中 hsCRP, SAA 和 PCT 含量比 NC 组高 ( $P<0.05$ ) ; CHD+T2DM 组血清中 hsCRP 和 PCT 的含量与 NC 组对比有显著性差异 ( $P<0.05$ ) ; hsCRP 与 SAA 有较高度度的线性相关 (Spearman  $R=0.759$ ,  $P<0.0001$ ) ; SAA, PCT, hsCRP, hsCRP 联合 SAA, 三个指标联合预测冠心病的诊断性能依次增高; hsCRP 在预测冠心病合并 2 型糖尿病上诊断性能最佳, 联合诊断 ROC 曲线下面积并未提高。

**结论** SAA, PCT, hsCRP 具有预测冠心病的作用, 联合检测诊断性能更高; hsCRP 在冠心病合并 2 型糖尿病上的诊断性能最佳, 推荐作为预测冠心病合并 2 型糖尿病指标。

## PU-3700

### 人工关节置换术后感染的病原菌分布

郭玲,赵强,叶丽艳,马艳宁,刘喆,杨继勇  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 分析 2008 年 8 月-2016 年 3 月解放军总医院人工关节置换术后感染常见病原菌的分布, 耐药情况, 为关节置换术后感染的判断提供诊断和治疗的依据。

**方法** 分析 2012 年-2016 年所有送检的关节置换相关培养结果, 分析感染组的病原菌的分布, 危险因素及感染组和未感染组的培养瓶报阳性的差异等。

**结果** 共收集到标本 2756 份, 1500 名患者, 其中关节假体感染临床确诊感染病例为 217 人, 其中男 147 例, 女 70 例, 平均年龄 69。病原菌主要为表皮葡萄球菌, 革兰阳性杆菌, 人葡萄球菌, 金黄色葡萄球菌, 大肠埃希菌, 溶血葡萄球菌, 沃氏葡萄球菌, 肺炎克雷伯菌等。少见菌包括: 布氏杆菌 (2 例), 快速分支杆菌 (3 例), 枝顶孢霉 (1 例) 等。药敏试验结果显示: 假体周围感染病原菌中, 无万古霉素、利奈唑胺耐药的葡萄球菌, 无耐碳青霉烯类抗菌药物的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌, 无氟康唑耐药的念珠菌。

**结论** 初次关节置换术后假体周围感染以凝固酶阴性葡萄球菌为主, 其对青霉素类和大环内酯类药物耐药率高, 入院后可首先经验性选用万古霉素或利奈唑胺, 再根据药敏试验结果进行调整, 同时需警惕罕见菌和多重耐药菌。

## PU-3701

### 血清降钙素原、超敏 C-反应蛋白检测在肺部感染疾病鉴别诊断中的应用价值

贺娟  
内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨降钙素原(PCT)和超敏 C-反应蛋白(hs-CRP)在肺部感染疾病鉴别诊断中的临床应用价值, 指导临床合理使用抗生素。

**方法** 选取 2017 年 9 月~2018 年 12 月在我院住院治疗的肺部感染患者 118 例 (革兰阴性菌组 63 例, 革兰阳性菌组 24 例, 真菌组 31 例) 为试验组, 同时选取同期健康者 50 例为对照组, 分别检测各组的血清 PCT 和 hs-CRP 水平。

**结果** 革兰阴性菌组的 PCT 水平明显高于革兰阳性菌组、真菌组和对照组, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 革兰阳性菌组的 PCT 水平明显高于真菌组和对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 真菌组的 PCT 水平明显高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。革兰阴性菌组、革兰阳性菌组、真菌组的血清 hs-CRP 水平明显高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 三组的 hs-CRP 水平比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 通过对血清 PCT 水平检测,可据此区分革兰阴性菌、革兰阳性菌及真菌感染,PCT 检测值在一定程度上可以鉴别肺部感染病原体,具有一定的临床用药指导作用;hs-CRP 检测值可用来反应肺部感染患者的炎症程度,将 PCT 及 hs-CRP 联合检测可用作肺部感染疾病早期鉴别诊断的指标,对肺部感染疾病的鉴别诊断有较好的临床应用价值。

## PU-3702

### 血涂片镜检对本地区诊断假性血小板减少的重要性

李豫宁,侯向萍  
第一师阿拉尔医院

**目的** 了解血涂片镜检对本地区血小板假性减少的作用及诊断价值,提高实验室诊断水平,杜绝误报、误诊的发生。

**方法** 对本地区 2019 年 1-4 月血细胞分析仪计数血小板 $<100\times 10^9/L$ 的 35 例结果,经过直方图及血涂片镜检确诊的假性血小板减少患者的实验检查资料进行回顾性总结分析。

**结果** 血细胞分析仪测得的 400 例血小板减少患者标本,经血涂片、瑞氏-姬姆萨染液后镜检,发现 35 例是假性血小板减少。

**结论** 造成血小板假性减低的情况一般为血小板的聚集及大血小板过多等,仪器无法正确识别血小板。血涂片镜检可直观的观察血小板的形态及聚集情况,对假性血小板减少的诊断非常重要,是目前检测仪器无法替代的,能够提高检验结果的准确性,杜绝误报、漏报、误诊。

## PU-3703

### Epidemiological and clinical characteristics of 103 cases of brucellosis in Weifang

Qianqian Wu  
The Affiliated Hospital of Weifang Medical University

**Objective** To understand the epidemiological and clinical characteristics of brucellosis in Weifang area from 2015 to 2018, and to provide evidence for the prevention and treatment of brucellosis.

**Methods** the case data of brucellosis in Weifang area from 2015 to 2018 were collected. The population distribution, occupational distribution, geographical distribution, time distribution, department distribution, clinical manifestations and laboratory examinations of brucellosis patients were analyzed by retrospective analysis methods.

**Results** A total of 103 confirmed cases of brucellosis were collected, including 72 males and 31 females. The ratio of males to females was 2.3:1. The youngest is 2 years old and the oldest is 80 years old. The highest number of patients are 40 to 70 years old, were 72 cases. Farmers were the most common occupations, accounting for 62 cases. The distribution of Hanting Pavilion is the most in the region. In terms of time distribution, the incidence of the disease occurs every month of the year, with the highest incidence in 2016, accounting for 37 cases. The highest incidence was from March to May each year. In terms of the distribution of the departments, the infection department was the most, accounting for 47 cases, followed by spine surgery for 21 cases. The main clinical manifestations were fever(70 cases), joint pain(13 cases), fatigue (11 cases)and sweating(9 cases). The tiger red plate agglutination test was positive in all 103 patients with brucellosis. There were 9 cases with test tube agglutination (1:50) and 94 cases with test tube agglutination (1:100). The increase of procalcitonin was 17 cases, the increase of glutamine transferase was 21 cases, and the increase of glutamate acid transferase was 41 cases.

**Conclusions** In this study, 103 cases of brucellosis were reported from 2015 to 2018. The overall incidence of brucellosis increased first and then decreased, reaching its peak in 2016, and then remained at a higher level. Among them, the incidence of a male is higher than that of female, and the incidence of rural residents is higher than that of urban residents. This may be related to the higher exposure of male farmers to cattle, sheep and other livestock. The age of onset was mainly in the 40-70 age group. Consistent with reports at home and abroad. Acute brucellosis mainly occurs in spring, which is consistent with previous studies. It is considered that it is related to the reproduction and growth of livestock, followed by winter brucellosis, which may be related to the increase of eating beef and mutton in winter. In conclusion, the incidence of acute brucellosis in rural areas is still high. In the future, we should strengthen health education and propaganda for the population in key areas.

## PU-3704

### G6PD 在 HPV16 相关的不同程度宫颈病变中的蛋白表达

杨蕾,熊凤,徐殿琴  
贵州医科大学

**目的** 探讨 G6PD 蛋白在 HPV16 相关的不同程度宫颈病变及正常宫颈上皮细胞中的表达水平变化。

**方法** 以宫颈上皮细胞作为研究对象,分为 HPV 阴性的宫颈正常组、HPV16 阳性的宫颈炎组及 HPV16 阳性的宫颈癌组各 45 例,利用串联质谱标签联合液相质谱-串联质谱(TMT-LC-MS/MS)定量蛋白质组学技术筛选出三组中的差异蛋白表达图谱。然后采用蛋白印迹(Western Blot)技术检测 G6PD 在同批 HPV16 相关的宫颈炎组和宫颈癌组及 HPV 阴性的正常组(每组各 5 例)的上皮细胞中的表达水平

**结果** TMT-LC-MS/MS 技术的检测数据显示,相对于 HPV 阴性的宫颈正常组,HPV16 阳性的宫颈炎组及宫颈癌组的宫颈上皮细胞中 G6PD 的蛋白表达水平发生明显变化,其表达均明显上调,其中宫颈炎组的上调倍数(FC)为 1.25 倍,在宫颈癌组的上调倍数(FC)为 1.41 倍,以 G6PD 在宫颈癌组的表达更为明显( $P<0.05$ )。然后再通过 Western Blot 检测各组宫颈上皮细胞中 G6PD 的表达水平,结果亦显示,与正常组相比,G6PD 在宫颈炎组和宫颈癌组的蛋白表达水平均有不同程度的增加( $P<0.05$ ),且以宫颈癌组中的表达变化尤为显著( $P<0.05$ ),进一步验证了 TMT-LC-MS/MS 的检测结果。

**结论** G6PD 在 HPV16 相关的不同程度宫颈病变中存在蛋白表达水平的变化,且随着宫颈病变程度的进展,G6PD 蛋白的表达呈明显上调的趋势,故推测 G6PD 蛋白水平可能与 HPV16 感染及宫颈上皮病变乃至宫颈癌的发生有关。

## PU-3705

### 血清 CRP、PCT 在小儿支原体肺炎诊断中的应用价值

贺娟  
内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 探讨血清 CRP、PCT 与小儿支原体肺炎(MPP)诊断的相关性。

**方法** 选取我院 2016 年 7 月~2018 年 11 月收治的感染性肺炎患儿 128 例为研究对象,其中支原体肺炎(MPP)组 55 例,细菌性肺炎组 50 例,病毒性肺炎组 23 例,并选取同期体检的健康儿童 54 例为对照组,对比四组儿童的血清 CRP、PCT 检测水平。将 MPP 组依据病情分为轻症组(30 例)和重症组(25 例),对比两组血清 CRP、PCT 检测水平。

**结果** MPP 组血清 CRP 水平明显低于细菌性肺炎组( $P<0.05$ ),高于病毒性肺炎组和对照组( $P<0.05$ );MPP 组血清 PCT 水平明显低于细菌性肺炎组( $P<0.05$ ),高于对照组( $P<0.05$ ),与病毒

性肺炎组比较, 差异不明显( $P>0.05$ ); 重症组血清 CRP、PCT 水平明显高于轻症组和对照组( $P<0.05$ ); 血清 CRP、PCT 检测水平与支原体肺炎病情程度均呈正相关。

**结论** 血清 CRP、PCT 检测水平对 MPP 疾病相关进展具有一定的诊断价值, 可辅助评估 MPP 病情及预后。

## PU-3706

### 恶性肿瘤患者凝血指标检测的临床意义

杨银芳

甘肃省肿瘤医院,730000

**目的** 探讨凝血指标在不同恶性肿瘤诊断治疗中的应用价值。

**方法** 对 305 例恶性肿瘤患者和 60 例健康对照者的凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、纤维蛋白原(Fib)、凝血酶时间(TT)、D-二聚体(D-D)的检测结果进行比较和分析。

**结果** 84.5%的恶性肿瘤患者有一项以上的凝血指标异常, 其中 D-二聚体的异常率最高, 其次是纤维蛋白原。与健康对照组比较, 恶性肿瘤组的 PT、APTT、Fib、D-D 等检测指标均有统计学意义( $P<0.05$ ), 而 TT 则无统计学意义( $P>0.05$ )。血浆 Fib 含量在肺癌、食管癌患者中明显升高, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 对恶性肿瘤患者的凝血指标进行监测, 有助于观察肿瘤患者的高凝状态, 了解肿瘤的进展, 减少并发症的发生。

## PU-3707

### 甲状腺疾病患者血清中甲状腺球蛋白免疫复合物检测与评价

戴玉柱

中国人民解放军第一一七医院/杭州空军医院,310000

**目的** 检测血清中甲状腺球蛋白免疫复合物(Tg-CIC)并研究探讨 Tg-CIC 在甲状腺疾病中的临床以及流行病学意义。

**方法** 收集甲状腺疾病患者甲状腺球蛋白抗体(Tg-Ab)阳性( $Tg-Ab>34IU/mL$ )血清标本 187 例, 每例血清标本分为两组实验(实验组和空白对照组), 采用免疫复合物解离专利技术对甲状腺疾病患者 Tg-Ab 阳性血清标本 Tg-CIC 进行分离、解离, 通过检测 Tg-CIC 解离后的 Tg-Ab 含量来确定甲状腺疾病患者血清中 Tg-CIC 水平, 按照不同的甲状腺疾病并结合统计学方法对实验结果进行分析讨论。

**结果** 各组 Tg-Ab 阳性甲状腺疾病患者血清中甲状腺球蛋白免疫复合物总阳性率达 91.98%, 不同甲状腺疾病中甲状腺球蛋白免疫复合物阳性率无统计学差异。但在甲状腺功能亢进和甲状腺肿瘤患者血清中甲状腺球蛋白免疫复合物(Tg-CIC)含量存在明显差异,  $p<0.05$ 。

**结论** 在 Tg-Ab 阳性的甲状腺疾病患者体内, 大部分可检出甲状腺球蛋白免疫复合物(Tg-CIC), 与疾病类型无关。甲状腺功能亢进患者血清中甲状腺球蛋白免疫复合物(Tg-CIC)和甲状腺球蛋白(Tg-Ab)含量相关, 但是其中的关系还尚未明确, 还需结合甲状腺球蛋白(Tg)含量进一步研究探讨。

## PU-3708

## 200 例乳腺癌患者术后引流袋更换时间不同及引流管不同部位引流液细菌培养结果分析

庞洁  
甘肃省肿瘤医院,730000

**目的** 探讨乳腺癌患者术后引流袋更换时间不同、引流球不同部位引流液细菌培养的结果,为临床正确、合理使用引流袋,减少乳腺癌患者皮下积液及引流液污染率提供有效的实验数据。

**方法** 将 200 例乳腺癌患者随机分为 A (每天更换引流袋)、B (每周更换两次)、C (每周更换一次)、D (不更换引流袋) 四组,留取胸壁、腋下、球管连接处、球内的引流液进行细菌培养。

**结果** A、B、C、D 四组引流液污染率分别为 66%、38%、20%和 60%,污染率 A 组>D 组>B 组>C 组,除 A、D 两组比较  $P > 0.05$ ,无统计学意义外,其他组两两比较结果都是  $P < 0.05$ ,差异具有统计学意义;球内引流液的污染率为 51%,高于球管连接处 41%,卡方检验结果显示两组比较  $P < 0.05$ ,差异具有统计学意义。

**结论** 每周更换一次引流球导致引流液的污染率更低,更科学合理。

## PU-3709

## 7437 例患者血型不规则抗体筛查的结果分析

张兰<sup>1</sup>,何贵山<sup>1</sup>,田英<sup>1</sup>  
1.甘肃省肿瘤医院,730000  
2.甘肃省医学科学院

**目的** 通过对本院住院患者血浆不规则抗体筛查结果的分析,探讨血型不规则抗体筛查在临床输血中的意义。

**方法** 应用微注凝胶免疫技术对本院 2018 年 10 月至 2019 年 6 月 7437 例住院患者进行不规则抗体筛查。

**结果** 在 7437 例患者中查出不规则抗体阳性 22 例,占 0.29%,其中女性患者阳性率为 0.44%,高于男性患者 0.15%,差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 输血前血型不规则抗体的筛查非常必要,及早发现有临床意义的不规则抗体,减少溶血性输血反应,保证患者的输血安全。

## PU-3710

## HBV 感染者持续低水平表达 HBsAg 的 S 基因序列分析

李倩  
解放军联勤保障部队第 903 医院

**目的** 揭示 HBV 感染者持续低水平表达 HBsAg 的 S 基因序列特征。

**方法** 收集 1308 例 HBV 感染者,根据 HBsAg 血清表达水平(10IU/ml)进行分组(高水平 HBsAg 组 1032 例;低水平 HBsAg 组 276 例)。对 276 例低水平 HBsAg 组患者进行 HBV S 基因测序,另外在 1032 例高水平 HBsAg 组患者中,依据低水平 HBsAg 组年龄和血清学模式(HBeAg 阴性)相匹配的基础上,随机选择(分层抽样)100 例进行 HBV S 基因测序,并对低水平 HBsAg 组患者的 HBV S 基因序列和高水平 HBsAg 组患者的 HBV 参考 S 基因序列进行比较分析。

**结果** 对低水平 HBsAg 表达的慢性无症状携带者(ASC)患者 HBV S 基因序列进行比较分析, B 基因型低水平 HBsAg 人群 S 基因突变主要分布在亲水区(MHR)两侧( $X^2=7.533$ ,  $P=0.006$ ): G10K/R, T45P/I, L49P/R, I68T, F134L/T/I, M198I, S204R/N, Y206F/C, I208T, M213I, P217S/L, S204R/N+M213I; 另外 C 基因型低水平 HBsAg 人群 S 基因热点突变 5 个( $X^2=47.914$ ,  $P=0.000$ ): T5A, A45T, T47A/K, Q101R, I126S/T。

**结论** MHR 两侧多个区域和多个位点的显著突变(包括共突变)可能是导致慢性无症状感染人群 HBsAg 表达水平低的原因之一,完善了低水平 HBsAg 人群的流行病学资料,为以后研究 HBsAg 持续低表达的原理提供了理论基础,为 HBV 感染疾病的防治提供了新手段。

## PU-3711

### 不同糖代谢人群颈动脉内膜中层厚度与血清 C-反应蛋白关系的 Meta 分析

陈涛

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 探讨糖时量减低病患者颈动脉内膜中层厚度(IMT)与血清 C-反应蛋白(CRP)的关系。

**方法** 本研究在 2015 年 11 月-2016 年 1 月通过对国内万方数据库、CNKI 数据库、SinoMed 数据库于 2015 年及以前已公开发表的研究糖耐量异常患者颈动脉内膜厚度与血清 C-反应蛋白的关系的文献进行搜索,运用 Meta 分析方法进行荟萃分析。

**结果** 合计检索到 144 篇文献。按照严格的纳入、排除标准对相关文献进行筛选,其中重复的文献 52 篇 61 篇,共纳入文献 7 篇进行 Meta 分析,全部为病例-对照研究,血液指标中计量资料综合分析得出,糖耐量异常患者血清 C-反应蛋白的含量明显高于对照组,颈动脉内膜中层厚度(IMT)明显高于正常对照组,通过对资料综合分析得出,糖耐量异常(IGT)患者血清 CRP 水平增高与颈动脉内中膜厚度关系密切,血清 CRP 的水平可间接反映颈动脉粥样硬化的程度,炎症反应可能参与了糖尿病及糖耐量异常患者其大血管并发症的发生、发展;

**结论** IGT 作为动脉粥样硬化的一个独立的危险因素,在糖尿病的前期状况,动脉粥样硬化就已经开始启动,降低血清 CRP 浓度,抑制炎症反应可能阻止动脉粥样硬化的进展。

## PU-3712

### 食管癌患者血清降钙素原水平的变化及临床意义探究

丁世凯

甘肃省肿瘤医院,730000

**目的** 研究分析降钙素原(PCT),白介素-6(IL-6),超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)、白细胞(WBC)及中性粒细胞比值(N)等炎症指标联合检测对食管癌术前、术后感染的评估及预后判断。

**方法** 选取我院 2016 年 9 月至 2018 年 1 月收治食管癌住院患者 100 例。将食管癌患者 hs-CRP、PCT、IL-6、WBC、N 处于正常参考值的分为对照组(66 例),升高的分为实验组(34 例)。分为通过统计分析两组食管癌患者手术前后的感染指标的变化以及预后,判定感染指标的临床意义。

**结果** 食管癌患者手术前 hs-CRP、PCT、IL-6、WBC、N 升高的实验组预后要差于对照组,差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** PCT、hs-CRP、IL-6、WBC、N 等多项感染指标联合检测对食管癌术后预防感染的诊断价值。PCT 具有较高的特异性和敏感性,能提高食管癌术后感染诊断的准确性,应该引起临床医生的重视,及时检测 PCT 等炎症因子,有助于患者术后恢复。

## PU-3713

## 中国东部地区军营 HBV 感染情况及低水平 HBsAg 流行病学调查

李青

解放军联勤保障部队第 903 医院

**目的** 了解中国东部地区军营官兵 HBV 感染情况,探讨低水平 HBsAg 感染官兵的血清学及分子流行病学特征。

**方法** 通过整群抽样,从中国东部地区军营收集 15508 名战士和 2386 名军官血清标本,采用 CMIA、RT-FQ-PCR 及测序等方法,对血清标本中的 HBV 标志物、HBV DNA、血清型和基因型进行检测和分析。

**结果** 15508 名战士 HBsAg 阳性率 0.44%(68/15508),其中低水平 HBsAg 占 88.24%(60/68),2386 名军官 HBsAg 阳性率 1.72%(41/2386),其中低水平 HBsAg 占 12.20%(5/41)。部队军官和战士之间的高、低水平 HBsAg 阳性率、血清型、DNA 均存在统计学差异( $P<0.05$ )。富集 HBV DNA 的提取方法较常规提取方法,可以显著提高 DNA 的 RT-FQ-PCR 阳性率和定量结果( $P<0.05$ )。战士(51.47%)和军官(92.68%)S 基因测序的成功率存在显著差异( $P<0.05$ );高水平 HBsAg 组测序成功率显著高于低水平 HBsAg 组( $P<0.05$ ),战士(genotype B: 82.86%)与军官(genotype B: 57.89%)基因型分布之间的差异存在统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 中国东部地区军营 HBV 处于低感染、低流行的状态,其中低水平 HBsAg 在军营中流行率较高,应重视和提高征兵体检的工作质量,加强 HBV 感染官兵监测、预防和保护工作。

## PU-3714

## EGCG 增加肥胖大鼠骨骼肌胰岛素信号通路传导

吴雨声

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** EGCG 对肥胖大鼠骨骼肌胰岛素信号通路的影响

**方法** 4 周龄雄性 SD 大鼠 30 只,随机分为正常对照组(NC 组,  $n=10$ )和高脂饮食组( $n=20$ )。大鼠喂养 16 周体重出现明显差异( $p<0.05$ ),将高脂饮食组进一步随机分为单纯高脂组(HFD 组,  $n=10$ )和 EGCG 干预组(EGCG 组,  $n=10$ )。随后 HFD 组大鼠继续高脂饲料喂养;EGCG 组予高脂饲料添加 EGCG 喂养,即每千克高脂饲料添加 3.2g EGCG。NC 组大鼠继续普通饲料喂养。EGCG 干预 16 周后,EGCG 组 GLUT4 mRNA 及蛋白表达水平较 HFD 组升高( $p<0.05$ ),EGCG 组 P-IRS-1ser307 蛋白水平较 HFD 组降低( $p<0.05$ ),均具有统计学差异。三组大鼠继续喂养 16 周。采用 Real time PCR 方法检测大鼠骨骼肌 GLUT4 mRNA 的表达水平;用 Western 方法检测大鼠骨骼肌 GLUT4、p-IRS-1 ser307 蛋白的表达水平。并采用 SPSS 20.0 软件进行统计分析。

**结果** EGCG 对肥胖大鼠骨骼肌组织中胰岛素信号通路相关因子表达的影响:高脂饮食喂养 32 周后,HFD 组 GLUT4 mRNA 及蛋白表达水平较 NC 组下降,HFD 组 p-IRS-1ser307 蛋白水平较 NC 组升高( $p<0.05$ ),均具有统计学差异。EGCG 干预 16 周后,EGCG 组 GLUT4 mRNA 及蛋白表达水平较 HFD 组升高( $p<0.05$ ),EGCG 组 P-IRS-1ser307 蛋白水平较 HFD 组降低( $p<0.05$ ),均具有统计学差异。

**结论** EGCG 促进了肥胖大鼠骨骼肌组织胰岛素信号通路的传导,改善了胰岛素抵抗。



## PU-3715

## 亚临床甲状腺功能减退症与冠心病的关系

高慎霞

天津市胸科医院,300000

**目的** 通过回顾性分析亚临床甲状腺功能减退症(SH)与冠心病(CHD)相关生化指标,探讨SH与CHD危险因素之间的相关性。

**方法** 选取2015年1月至2018年1月在天津市胸科医院住院确诊为CHD的患者,共229例,根据促甲状腺激素(TSH)水平将其分为实验组和对照组:CHD合并TSH组为实验组共计158例,CHD甲功正常组为对照组,共计71例。分析比较两组的CHD相关生化指标{血糖(GLU)、同型半胱氨酸(HCY)、超敏C反应蛋白(hs-CRP)、甘油三酯(TG)、胆固醇(TC)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C),脂蛋白a [LP(a)]、载脂蛋白A(ApoA),载脂蛋白B(ApoB)}是否存在统计学差异;进一步将实验组根据动脉病变数分为单支病变组(30例)、双支病变组(44例)和多支病变组(84例),并在亚组之间进行上述生化指标及甲状腺功能[游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)、血清游离甲状腺素(FT4)、促甲状腺激素(TSH)]的比较。

**结果** 1.实验组的HCY、TC、LDL-C高于对照组,两组之间差异有统计学意义( $P<0.05$ );实验组的GLU、hs-CRP、TG、Lp(a)、HDL-C、ApoA、ApoB水平基本与对照组持平,差异无统计学意义( $P>0.05$ )。2.实验组中多支病变组的TSH及HCY浓度均高于单支病变组,差异有统计学意义( $P<0.05$ );3.实验组中TSH水平与HCY呈正相关( $r=0.23, P<0.05$ ),与GLU无相关性( $r=0.04, P>0.05$ )。

**结论** SH可能通过增加HCY、TC、LDL-C的水平进而增加冠心病的危险性;随着TSH水平增加,动脉病变严重程度可能加重。

## PU-3716

## Epidemiological Characteristics and Risk Factors of Polymicrobial Bloodstream Infection in Patients with Digestive System Diseases

Liyan Ye, Kun Ye, Yueyun Shen, Yongqing Zhang, Ling Guo, Jiyong Yang, Chenbin Wang, Yanping Luo  
Center for Clinical Laboratory Medicine, Chinese PLA General Hospital

**Objective** Polymicrobial Bloodstream Infection (PBSI) is a more serious infection. Catheter technique (including the urethral catheter, respiratory tract, biliary tract, etc.), immune malfunction and improper surgical operation may increase the incidence of bloodstream infection. A comparative analysis of the risk factors and outcomes of PBSI is of far-reaching significance in preventing the occurrence and effective treatment of the disease. To analyze the pathogenic characteristics, drug resistance status and risk factors of polymicrobial bloodstream infection in patients with digestive system diseases, and to provide background information for prevention and treatment of clinical bloodstream infection.

Polymicrobial Bloodstream Infection (PBSI) is a more serious infection. Catheter technique (including the urethral catheter, respiratory tract, biliary tract, etc.), immune malfunction and improper surgical operation may increase the incidence of bloodstream infection. A comparative analysis of the risk factors and outcomes of PBSI is of far-reaching significance in preventing the occurrence and effective treatment of the disease. To analyze the pathogenic characteristics, drug resistance status and risk factors of polymicrobial bloodstream infection in patients with digestive system diseases, and to provide background information for prevention and treatment of clinical bloodstream infection.

Polymicrobial Bloodstream Infection (PBSI) is a more serious infection. Catheter technique (including the urethral catheter, respiratory tract, biliary tract, etc.), immune malfunction and improper surgical operation may increase the incidence of bloodstream infection. A comparative analysis of the risk factors and outcomes of PBSI is of far-reaching significance in preventing the occurrence and effective treatment of the disease. To analyze the pathogenic characteristics, drug resistance status and risk factors of polymicrobial bloodstream infection in patients with digestive system diseases, and to provide background information for prevention and treatment of clinical bloodstream infection.

**Methods** 866 cases of bloodstream infection from 1<sup>st</sup> August 2008 to 31<sup>st</sup> December 2016 were divided into PBSI group (186 cases) and MBSI group (680 cases). The clinical data of 708 cases were collected. Pearson's  $\chi^2$  was used to determine the significance of groups. The risk factors analysis were used Logistic regression analysis. Non-parametric test (Mann-Whitney U) was used by compare the hospitalization expenses between two groups. Statistical analysis was performed using the SPSS 22.0 version.

**Results** The risks factors which have statistical significance in the single factor analysis were included in multiple factor Logistic regression analysis. The results indicate that the independent risk factors for PBSI including ascites, abdominal drainage, antibiotic use and antibiotic use time. The fatality rate of PBSI group (14.84%) was significantly higher than MBSI group (8.70%). The hospitalization time of PBSI group (19 days) was longer than MBSI group (13 days). The hospitalization cost of PBSI group was higher than the MBSI group.

**Conclusions** In this study, we found that ascites, abdominal drainage, antibiotic use and antibiotics are the independent risk factors for PBSI patient in hepatobiliary digestion.

The average hospital stay in the PBSI group was 10 days longer than the MBSI group. Polymicrobial bloodstream infections increase the financial burden of patients. The outcomes of polymicrobial bloodstream infection is not optimistic. Avoiding the risk factors' exposure can reduce the incidence rate of polymicrobial bloodstream infection.

## PU-3717

### 慢性 HBV 感染者血清中 HBsAg 持续低水平表达的 临床特征及相关性研究

周华君

解放军联勤保障部队第 903 医院

**目的** 了解慢性 HBV 感染者血清 HBsAg 持续低水平表达的临床特征及相关性分析。

**方法** 收集 2017 年体检人群 21217 例样本，其中 1204 例 HBsAg 阳性样本，采用化学发光微粒子免疫法对其进行其他血清标志物和 HBV DNA(实时荧光定量)作进一步检测，按 HBsAg 水平将样本分为高水平组( $\geq 10$  IU/ml)和低水平组( $< 10$  IU/ml)，对低水平组样本按年龄、性别、血清学模式、临床分型等指标分组统计分析 HBsAg 和 HBV DNA 的阳性分布及浓度；并与同期收集的高水平组样本比较。

**结果** 低水平 HBsAg 感染者占总 HBsAg 阳性人群的 15.03%，其主要血清学模式和临床分型为：HBsAg/anti-HBe/anti-HBc 阳性(93.37%)、无症状携带者(ASC, 98.34%)，HBV DNA 呈低水平复制，HBV DNA 阳性率为 40.33%，低水平 HBsAg 人群呈高龄偏态分布特征，相关性分析显示低水平 HBsAg 与低复制的 HBV DNA 存在正相关( $r=0.452$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 对低水平 HBsAg 人群的系统研究，可为进一步分析低水平 HBsAg 形成的机制、打破免疫耐受清除慢性 HBV 感染、预防 HBV 传播奠定了基础。

## PU-3718

## 中国东北地区动脉粥样硬化患者 *slco1b1* 基因多态性分布特征

李勇新  
北部战区总医院

**目的** 分析东北地区动脉粥样硬化患者 *SLCO1B1* 基因多态性分布特点, 为动脉粥样硬化的预防提供理论基础。

**方法** 利用焦磷酸测序法对动脉粥样硬化组 1014 (男 617, 女 397) 份, 健康人群组 449 (男 322, 女 177) 份人外周全血基因组中 *SLCO1B1* 基因进行测序, 并统计分析 *SLCO1B1* 基因多态性。

**结果** 东北地区人群 *SLCO1B1* 基因的七种表型 \*15/\*15、\*1b/\*1b、\*1b/\*15、\*1a/\*1a、\*1a/\*1b、\*1a/\*15 和 \*5/\*5 所占比例分别为 1.1%、39.5%、13.4%、7.6%、32.3%、5.9%、0.1%。*SLCO1B1*\*1b 388A/A 占 7.7%、*SLCO1B1*\*1b 388A/G 占 38.2%、*SLCO1B1*\*1b 388G/G 占 54.1%；*SLCO1B1*\*5 521T/T 占 79.5、*SLCO1B1*\*5 521T/C 占 19.4、*SLCO1B1*\*5 521C/C 占 1.1%。东北地区动脉粥样硬化人群与武汉地区心血管疾病患者相比 388G>A 和 521T>C 等位基因突变率低；与甘肃地区患者相比略低。东北地区人群和华中地区人群 388G>A 和 521T>C 等位基因突变率相比略低；388G>A 等位基因突变率明显低于云南白族人群，521T>C 等位基因突变率则相同。健康人群组 *SLCO1B1* 基因多态性与性别差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。动脉粥样硬化组 *SLCO1B1*\*1b 388A>G 位点基因多态性与性别差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；动脉粥样硬化组 *SLCO1B1*\*5 521T>C 位点基因多态性与性别差异无统计学意义 ( $P<0.05$ )。动脉粥样硬化组与健康组差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。*SLCO1B1* 基因多态性与中国不同地区差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 东北地区高风险人群所占比例为 (\*15/\*15+\*5/\*5) 1.2%、中等风险人群所占比例为 (\*1b/\*15+\*1a/\*15) 19.3%。东北地区以正常肌病风险居多占 (\*1a/\*1b+\*1a/\*1a+\*1b/\*1b) 79.4%。动脉粥样硬化人群 *SLCO1B1*\*1b 基因多态性可能与性别有关。临床医师可根据 *SLCO1B1* 基因型合理选择用药剂量, 这对个体化治疗与预防他汀药物毒副作用有重要意义。

## PU-3719

## VITEK MS、Clin-ToF-II MS、Autof MS 1000 和 M-Discover 100 四种基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 对临床相关厌氧菌鉴定能力比对评估

王瑶, 陈新飞, 谢秀丽, 窦红涛, 原英, 赵颖, 孙宏莉, 徐英春  
北京协和医院

**目的** 评价 VITEK MS、Clin-ToF-II MS、Autof MS 1000 和 M-Discover 100 四种基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 对临床相关厌氧菌鉴定能力的准确性。

**方法** 收集 2010 年至 2017 年临床分离厌氧菌及厌氧菌参考菌株, 以 16S rRNA 基因测序作为鉴定参考方法, 评价四种 MALDI-TOF MS 对临床相关厌氧菌的鉴定能力。

**结果** 共收集 479 株厌氧菌, 经 16S rRNA 基因测序鉴定为 25 个属、71 个种。VITEK MS、Clin-ToF-II MS、Autof MS 1000 和 M-Discover 100 在种水平和混合种水平正确鉴定率分别为 86.0%、83.7%、92.5%和 89.4%, 在属水平正确鉴定率分别为 89.1%、93.9%、99.2%和 97.1%。四种鉴定系统结果间存在统计学差异 ( $P<0.005$ )。在种水平及混合种水平的正确鉴定上, VITEK MS、

Clin-ToF-II MS 和 M-Discover 100 三者间没有统计学差异, Autof MS 1000 和 M-Discover 100 间没有统计学差异, Autof MS 1000 分别显著优于 VITEK MS 和 Clin-ToF-II MS ( $P<0.005$ )。

**结论** 四种鉴定系统均能满足临床厌氧菌鉴定需求, 与国际主流设备 VITEK MS 相比, 3 种国产 MALDI-TOF MS 鉴定能力与之相当或具有显著性优势。

## PU-3720

### 乳腺癌紫杉醇耐药细胞株 MCF-7/Taxol 的建立及生物学鉴定

任静静,梁晨,弓伟华,石瑛

郑州大学第三附属医院河南省妇幼保健院,450000

**目的** 采用低浓度梯度诱导法及大剂量短时间冲击法建立乳腺癌紫杉醇 (Paclitaxel, Taxol) 耐药细胞株 MCF-7/Taxol<sub>1</sub> 及 MCF-7/Taxol<sub>2</sub>, 鉴定其成功构建, 为耐药机制及其逆转耐药提供实验依据。

**方法** 利用 CCK-8 技术检测细胞药物敏感性; 利用透射电镜观察细胞形态学变化; 采用流式细胞术测定细胞周期分布; 利用 qRT-PCR 技术检测多药耐药基因 MDR1 mRNA 表达, Western Blot 检测 P-gP 及 GSDME 蛋白表达。

**结果** 1. 与 MCF-7 细胞比较, MCF-7/Taxol<sub>1</sub> 及 MCF-7/Taxol<sub>2</sub> 细胞的 IC<sub>50</sub> 值均增加, 且 MCF-7/Taxol<sub>2</sub> 细胞的 IC<sub>50</sub> 值高于 MCF-7/Taxol<sub>1</sub> ( $P<0.01$ ); 2. 与 MCF-7 细胞比较, MCF-7/Taxol<sub>1</sub> 及 MCF-7/Taxol<sub>2</sub> 细胞在透射电镜中表面微绒毛减少、核质比增加、核仁增大增多, 细胞周期中 G<sub>1</sub> 期延长、S 期缩短, 且经典耐药 MDR1 mRNA 及其 P-gP 蛋白相对表达量均增加 ( $P<0.01$ ); 3. 与 MCF-7/Taxol<sub>1</sub> 细胞比较, MCF-7/Taxol<sub>2</sub> 细胞的核仁增多, 且 MDR1、P-gP 相对表达量均显著增加 ( $P<0.01$ )。

**结论** 成功建立乳腺癌紫杉醇耐药细胞株 MCF-7/Taxol, 耐药模型中经典耐药基因 MDR1 增加, 且大剂量短时间冲击法诱导的耐药模型更具有干细胞特性及耐药特性, 为进一步研究乳腺癌多药耐药及其逆转机制提供理论依据。

## PU-3721

### Evaluation of Chemiluminescence Immunoassay for diagnosis of Mycoplasma pneumoniae infection in children in comparison with Passive Agglutination

Shiyi He, Maochun Yang, Xiaoning Wu, Guoping Cai, Xuan Zhu, Kongmei Jiang, Li Xie  
Second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

**Objective** The purpose of this study was to evaluate the newly developed chemiluminescence immunoassay (CLIA), and compare it with the passive agglutination (PA) in detecting Mycoplasma pneumoniae (M. pneumoniae) infection in children.

**Methods** A total of 205 children suspected with M. pneumoniae infection were enrolled. Serum samples were obtained from routine diagnostic requests and specific antibodies were simultaneously detected by PA assay using Serodia-Mycoll (Fujirebio Ltd., Tokyo, Japan) and MP IgG and IgM CLIA kits (YHLO Biotech, Shenzhen, China) following the manufacturer's instructions on a YHLO iFlash 3000 CLIA analyzer. Statistical analysis was performed using the statistical software (SPSS version 16.0, IL, USA). Degrees of agreements were evaluated with concordance rates (%) and kappa values. Concordance rates were the proportion of sera with concurrent positive or negative results in both assays. The correlation between the PA titer and CLIA quantitative values were evaluated using the Spearman correlations.

**Results** There were 121 cases (59.0%) were positive and 84 cases (41.0%) were negative measured by PA. For CLIA, 25 cases were MP-IgM positive, 40 cases were MP-IgG positive, 54 cases were MP-IgM+MP-IgG positive and 86 cases (42.0%) were negative. As the PA titer increased(<1:40 to 1:5210), MP-IgM and MP-IgG positive ratio measured by CLIA showed an increasing trend: 1.8%, 17.9%, 39.2%, 40.0%, 52.0%, 94.4%, 100%, 100% and 100%(MP-IgM), and 7.1%, 35.7%, 35.7%, 66.3%, 68.0%, 88.9%, 100%, 100% and 100%(MP-IgG), respectively. The correlation of CLIA and PA assay was 79.5%, Kappa coefficients was 0.58. There were significant correlations between the PA titers and the results of MP-IgM ( $R=0.89$ ,  $P<0.05$ ) and MP-IgG ( $R=0.82$ ,  $P<0.05$ ) detected by CLIA.

**Conclusions** In detection of *M. pneumoniae* infection, high agreement was found between the PA and CLIA methods. Compared with PA, CLIA is more reliable, sensitive and accurate to detect *M. pneumoniae* antibodies. In the future it may be an alternative test with higher sensitivity to PA for the diagnosis of *M. pneumoniae* infection.

## PU-3722

### 红细胞分布宽度与血小板的比率与脓毒症患者预后的判断价值

刘学磊

北部战区总医院

**目的** 探讨红细胞分布宽度与血小板的比率 (red blood cell distribution width to platelet ratio, RPR) 与脓毒症患者预后的相关性, 为脓毒症患者的预后评估提供新的、经济的、快速的有效指标。

**方法** 回顾性分析 2014 年 06 月至 2019 年 02 月北部战区总医院重症监护病房 (ICU) 住院的脓毒症患者入院 24 小时内的红细胞分布宽度 (RDW)、血小板、降钙素原 (PCT) 指标。其中存活组患者 78 例, 死亡组患者 47 例。分析 RPR 与 PCT 的相关性; 通过受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 评价 RPR、PCT 以及 RPR 与 PCT 联合检测对脓毒症患者出院预后的评估价值。

**结果** 死亡组 RPR、PCT 等指标均明显高于存活组; 差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ ); 且 RPR 与 PCT 呈正相关, RPR、PCT 以及 RPR 联合 PCT 的 ROC 曲线下的面积分别为 0.707, 0.798, 0.834。

**结论** RPR 水平对脓毒症患者预后的评估具有重要参考价值。

## PU-3723

### 不同糖代谢人群 CRP、HCY、Cys C 水平与颈动脉粥样硬化的相关性研究

陈涛

甘肃省康复中心医院, 730000

**目的** 联合检测了三种不同糖耐量人群血清超敏 C 反应蛋白 (hsCRP)、同型半胱氨酸 (HCY)、胱抑素 C (Cys C) 水平, 探讨早期动脉粥样硬化的相关危险因素, 寻找预防、评估和治疗动脉粥样硬化的可靠实验室指标。

**方法** 选取 40 例糖耐量正常者为 NCT 组、50 例糖耐量异常患者为 IGT 组、50 例新诊断 2 型糖尿病患者为 T2DM 组, 分别检测了三组人群血清 hs-CRP、HCY、Cys C 水平及生化指标, 用彩色多普勒超声仪测定颈动脉内膜中层厚度 (IMT)。

**结果** 三组人群血清 hs-CRP、HCY、Cys C 水平及颈动脉内膜 IMT 中层厚度逐渐增高, IGT 组、T2DM 组的 Hcy、hs-CRP、CysC 水平均显著高于 NGT 组, 且 T2DM 组与 IGT 组比较差异亦有统计学意义( $P<0.05$ ), 组间两两比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。多元 Logistic 回归分析显示, 血清低密度脂蛋白(LDL-C)、hs-CRP、HCY、Cys C、胰岛素抵抗指数(HOMA-IR)是颈动脉粥样硬化的独立危险因素。

**结论** 血清 hs-CRP、HCY、Cys C 水平在糖代谢异常早期就已经升高, 同时并参与了糖尿病动脉硬化的进程。

## PU-3724

### 2 型糖尿病患者血清肿瘤标志物与血糖相关性研究

刘婷婷

北部战区总医院

**目的** 分析肿瘤标志物 CEA、CA199 和 CA125 在 2 型糖尿病中的表达含量及与血糖的关系。

**方法** 收集 2017 年 10 月至 12 月住院 2 型糖尿病患者 77 例, 以及正常人 74 例, 采用葡萄糖氧化酶-过氧化物酶法和化学发光法检测血清中血糖和肿瘤标志物 CEA、CA199 和 CA125 的含量。

**结果** 2 型糖尿病患者血糖随年龄增加而升高, 且高年龄组血糖含量明显大于低年龄组 ( $P=0.0184$ )。与正常人相比, 2 型糖尿病患者血清中 CEA、CA199 和 CA125 的含量是明显增高的 ( $P<0.0001$ ,  $P<0.0001$ ,  $P=0.0458$ ), 且 CEA 和 CA125 的含量随年龄增长而增加 ( $P=0.0422$ ,  $P=0.0008$ )。此外, 2 型糖尿病患者的血糖含量与血清中 CEA、CA125 和 CA199 的含量均成显著正相关趋势 ( $r=0.368, P=0.001; r=0.325, P=0.004; r=0.237, P=0.038$ )。

**结论** CEA、CA199 和 CA125 作为肿瘤相关抗原, 在 2 型糖尿病患者血清中, 其含量随年龄显著增加, 且与血糖呈显著正相关。2 型糖尿病患者, 尤其是年龄较大者, 进行早期肿瘤标志物的筛查, 有利于肿瘤的早期发现, 早期治疗, 提高生存率。同时 2 型糖尿病患者要注意血糖控制以免肿瘤发生。

## PU-3725

### PRKAA1 基因多态性与 HBV 相关慢性肝炎、肝硬化和肝癌的遗传易感性研究

谭斯亮<sup>1,2</sup>, 秦雪<sup>3</sup>

1. 柳州市中医医院

2. 广西医科大学

3. 广西医科大学第一附属医院, 530021

**目的** 通过对腺苷活化蛋白激酶 (AMPK)  $\alpha 1$  亚基 (PRKAA1) rs3792822、rs10036575 和 rs154268 三个位点基因多态性的检测, 探讨 PRKAA1 基因多态性与 HBV 相关慢性肝炎 (Chronic hepatitis B, CHB)、肝硬化 (Liver Cirrhosis, LC) 和肝癌 (Hepatocellular carcinoma, HCC) 遗传易感性的关系, 为评估 HBV 相关性肝脏疾病患病风险和为临床针对性治疗提供新的思路

**方法** 本课题共纳入研究对象 571 例, 采用 SNaPshot 测序法 (也叫小测序法) 分别检测 PRKAA1 基因 rs3792822、rs10036575 和 rs154268 三个位点的基因多态性, 然后计算三个位点等位基因和基因型在各病例组与健康对照组中的分布频率, 采用 Logistic 回归计算比值比 (OR) 和 95% 可信区间 (CI), 分析 PRKAA1 基因三个单核苷酸多态性 (SNP) 与 HBV 相关的 CHB, LC 和 HCC 遗传易感性的关系。

**结果** 1. PRKAA1 基因 rs1003657 位点有 TT、CT 和 CC 三种基因型。以野生型 TT 基因型为参照, CC 基因型可增加 HCC 的患病风险, 其  $OR=1.971$ ,  $95\%CI:1.007-3.858$ ,  $P=0.048$ ; 以等位基因 T 为参照, 未发现 C 等位基因与 HBV 相关的 CHB、LC 和 HCC 的患病风险相关。

2. PRKAA1 基因 rs3792822 位点有 GG、GA 和 AA 三种基因型; rs154268 位点有 TT、CT 和 CC 三种基因型。未发现 PRKAA1 rs3792822 和 rs154268 位点基因多态性与 HBV 相关的 CHB、LC 和 HCC 的患病风险相关 (均为  $P>0.05$ )。

3.在对研究对象进行年龄分层分析时发现,  $\geq 50$  岁人群携带 CT 基因型可增加患 LC 和 HCC 的风险, 其 OR 值和 95%CI 分别为:  $OR=3.851$ ,  $95\%CI: 1.316-11.272$ ,  $P=0.014$ ;  $OR=2.633$ ,  $95\%CI: 1.074-4.658$ ,  $P=0.034$ 。

**结论** 1. PRKAA1 基因 rs1003657 位点突变基因型 CC 可增加健康人群患 HCC 的风险。

2. PRKAA1 基因 rs1003657 位点杂合子 CT 基因型可增加  $\geq 50$  岁健康人群患 LC 和 HCC 的风险。

3. PRKAA1 基因 rs3792822 和 rs154268 位点基因多态性与 HBV 相关的 CHB、LC 和 HCC 的患病风险无相关性。

## PU-3726

### 贵阳儿童呼吸道感染病原体流行病学特征分析

师萍

贵州医科大学附属医院临床检验中心

**目的** 通过对在贵州医科大学附属医院就诊的儿童呼吸道感染患者的呼吸道病原十二项(IgM)结果进行分析, 了解近 3 年贵阳地区儿童呼吸道病原体感染分布情况及流行病学特点

**方法** 收集 2016-2018 年在本院治疗的呼吸道感染儿童 4540 例, 通过采用间接免疫荧光法(IFA)检测血清中 12 种呼吸道病原体 IgM 抗体, 对患儿的感染状态、年龄、性别和季节的差异进行统计分析

**结果** 检测的 4540 例标本中阳性标本有 1802 例, 阳性率为 39.69%, 其中十二种呼吸道病原体的检出率前 4 从高到低依次为:IFB26.43%、MP17.51%、IFA13.74%、CP5.53%。阳性标本中混合感染占 54.38%; 1 岁以下儿童感染的主要病原体为 RSV、IFB 以及 MP;其他年龄组感染的主要病原体为 IFA、IFB 以及 MP;RSV 在男童中的检出率高于女童, MP 在女童中的检出率高于男性;其中 RSV 在春冬两季检出率较高; IFA、IFB 在秋季阳性检出率最高, ;而 MP 春夏两季检出率

**结论** 该地区近 3 年儿童呼吸道感染主要以 IFB、MP、IFA、CP 为主, 其中 IFB 的检出率在 2018 年开始呈下降趋势

## PU-3727

### Correlation of serum uric acid and homocysteine levels with vascular dementia

Tao Chen

gansu rehabilitation center hospital clinical laboratory

**Objective** vascular dementia (VaD) is a type of dementia with high incidence in China. The incidence of vascular dementia is second only to Alzheimer's disease (AD). The basic disease of VaD is mostly cerebrovascular disease. When the lesion affects the higher functional areas related to cognitive function, it may lead to cognitive impairment and gradually or rapidly develop dementia. Therefore, it is extremely urgent to fully understand and prevent the occurrence of vascular dementia (VaD). Whether the level of serum uric acid is correlated with the occurrence

and development of vascular dementia remains to be determined. This paper aims to explore whether the level of serum uric acid and homocysteine are risk factors for vascular dementia.

**Methods** selected inpatients or outpatients in the department of neurological rehabilitation of gansu rehabilitation center hospital from January 2017 to December 2018. Into the standard set: sexs, age 55 years of age or older, no obvious kidney disease, heart disease, liver disease, ruled out after central nervous system infection secondary to dementia, there is no chronic alcoholism, no other organic brain lesions, head trauma, did not suffer from mental illness (e.g., mania and depression, etc.), recent not taking a cholesterol-lowering drugs and vitamins such as influence of lipid metabolism of patients. Diagnostic criteria for vascular dementia VaD: according to the diagnostic criteria for probable vascular dementia formulated by the Swiss international association for neurological research and the national institute of neurological diseases and stroke (NINDS/AIREN CCDVD) in 1993, clinical history, neurological examination and brain CT scan are diagnosed by specialists. A total of 32 patients with VaD were selected as the case group, and the degree of dementia was assessed by the simple intelligent state scale (MMSE). The control group included 30 healthy subjects with non-dementia at the same age. Both uric acid and homocysteine were detected, and the changes in the above indicators in the two groups were observed. SPSS 13.0 statistical software was used for data processing, and the difference was statistically significant when  $P < 0.05$ .

**Results** ompared with the control group, serum uric acid level was significantly decreased in the vascular dementia group, and the difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ); serum homocysteine level was significantly increased in the vascular dementia group, and the difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The serum uric acid level of patients with mild vascular dementia was higher than that of patients with moderate vascular dementia, and the serum uric acid level of patients with moderate vascular dementia was higher than that of patients with severe vascular dementia, and the difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The higher the MMSE score, the higher the serum uric acid level, and the lower the degree of vascular dementia. The lower the MMSE score, the lower the serum uric acid level, and the higher the severity of vascular dementia ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** compared with the control group, the serum uric acid level of vascular dementia patients was significantly decreased, while the homocysteine level was increased, and the decrease of homocysteine level was directly proportional to the degree of dementia of vascular dementia patients. This indicates that the level of serum uric acid is inversely proportional to the severity of dementia, that is, the lower the level of serum uric acid, the more severe the dementia of vascular dementia patients; on the contrary, the higher the level of serum uric acid (not exceeding the normal value), the cognitive function of vascular dementia patients will be improved. The detection and intervention of uric acid level may help to understand the severity of vascular dementia and guide the prevention, diagnosis and treatment.

Supported by science and technology program of gansu province, project No. : 18JR3RA081.

## PU-3728

### D -二聚体联合 Wells 评分对疑似肺栓塞的诊断价值

赵凯娜,丁海涛,孙德俊  
内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 评价常规和年龄调整的 d -二聚体截断值与 2 级 Wells 评分联合诊断肺栓塞的价值。

**方法** 回顾性分析我院收治的 335 例疑似肺栓塞患者, 选择年龄在 50 岁以上的患者 274 例。2 级 wells 得分是应用于评估肺栓塞的临床概率,传统肺动脉栓塞的诊断价值截止值( $500\mu\text{g} / \text{L}$ )和年龄调整后肺动脉栓塞截止值( $10\mu\text{g} / \text{L}$  高于 50 岁)结合 wells 得分不大于 4 分的比较。肺动脉造影(CTPA)被认为是诊断肺栓塞的金标准。

**结果** (1)结合不大于 4 分的 wells 评分与传统 d -二聚体截断值的(ROC)曲线下面积(AUC)为 0.764 (95%CI: 0.703-0.818); wells 评分不大于 4 的组合与年龄调整的 d -二聚体截断值的 ROC 分析



AUC 为 0.814 (95%CI:0.756-0.863); 两组结果无统计学差异( $Z=0.05$ ,  $P=0.121$ )。(2)传统 d-二聚体截断值与 2 级 well 评分联合诊断肺栓塞的敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值及约登指数分别为 100%、48.9%、28.8%、100%、0.49。同时, 年龄调整的 d-二聚体截断值与 2 级 well 评分联合诊断肺栓塞的敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值及约登指数分别为 97.4%、62.3%、35.5%、99.1%、0.60。与传统 d-二聚体截断值相比, 年龄调整后的 d-二聚体截断值可提高肺栓塞诊断的特异性(传统 d-二聚体截断值组:48.9%, 年龄调整后的 d-二聚体截断值组:62.3%), 而不降低敏感性(传统 d-二聚体截断值组:100%, 年龄调整后的 d-二聚体截断值组:99.1%)。

**结论** 应用年龄调整的 d-二聚体截断值可提高 50 岁以上肺栓塞患者的诊断特异性, 但不降低敏感性。可用于安全排除可疑的肺栓塞。

## PU-3729

# LEPR 基因多态性与 HBV 相关性肝炎、肝硬化及肝癌的遗传易感性研究

唐玉竺<sup>1,2</sup>, 秦雪<sup>3</sup>

1.广西中医药大学附属瑞康医院

2.广西医科大学

3.广西医科大学第一附属医院

**目的** 探索瘦素受体 (LEPR) 基因突变与乙型肝炎病毒 (HBV) 相关慢性肝炎、肝硬化及肝癌发病风险的关系。

**方法** 运用 SNaPshot 技术检测 146 例随机健康体检者, 138 例 HBV 相关性肝炎 (CHB) 患者、136 例肝硬化 (LC) 患者及 149 例肝癌 (HCC) 患者 LEPR 基因 rs1137100 和 rs1137101 两个研究位点的基因多态性, 通过 Logistic 回归分析评价两个 SNP 位点基因突变与 HBV 相关 CHB、LC 及 HCC 易感性的关系, 利用在线软件 SHEsis 构建 LEPR 基因两个 SNP 位点的单倍型。

**结果** 1. 四组间的性别比差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 平均年龄在四组间的比较存在显著性差异 ( $P < 0.05$ )。两个 SNP 位点在各组的基因型频率分布均与哈-温平衡定律相符 (均为  $P > 0.05$ ), 说明各组样本均具备群体代表性。

2. 对于 rs1137100 位点, 在对照组、CHB 组、LC 组和 HCC 组间的比较及年龄、性别分层后各组间的比较中, 突变基因型 AG、AA 及等位基因 A 的携带频率均无显著性差异 (均为  $P > 0.05$ )。对于 rs1137101 位点, 与对照组相比, rs1137101 位点多态性与健康人群 HBV 背景下慢性肝炎、LC 及 HCC 的发病风险不相关 ( $P > 0.05$ ), 在各病例组的两两比较中, 携带 AG 基因型可降低 CHB 患者患肝硬化的风险 ( $P < 0.05$ ); 在男性人群中, 和对照组相比, rs1137101 位点多态性与健康人群 HBV 背景下肝炎、LC 及 HCC 的发病风险不相关 ( $P > 0.05$ ), 在各病例组的两两比较中, 携带 AG 基因型可降低 CHB 患者患肝硬化的风险 ( $P < 0.05$ ); 在女性人群中或对总体人群进行年龄分层后, 突变基因型 AG、AA 及等位基因 A 的携带频率在对照组和各病例组比较以及各病例组的两两比较差异均未有统计学意义 (均为  $P > 0.05$ )。

3. 各组间共构建四种单倍型: AA、AG、GA、GG。各组间的单倍型频率分布比较均无统计学差异 (均为  $P > 0.05$ )。

**结论** 1. rs1137100 位点多态性与 HBV 背景下肝炎、肝硬化及肝癌的发病风险可能无显著相关性。

2. rs1137101 位点基因型 AG 可能是男性 CHB 人群肝硬化发病的保护因素。

3. 尚未发现 rs1137100 和 rs1137101 位点的单倍型与 HBV 相关 CHB、LC 及 HCC 的发病风险有关。

PU-3730

## Xpert-MTB/RIF 和荧光定量 PCR 联合检测 在结核病诊断中的价值

童小东  
乐山市人民医院,614000

**目的** 探讨 Xpert-MTB/RIF、荧光定量 PCR 联合检测在结核分支杆菌及利福平耐药性在结核病诊断治疗中的价值。

**方法** 收集我院 2018 年 8 月—2019 年 4 月 389 例疑似结核病患者样本,同时进行 Xpert-MTB/RIF、荧光定量 PCR 和痰涂片 3 种方法检测,以临床诊断为金标准进行统计分析。再用 Xpert-MTB/RIF 和荧光定量 PCR 检测法联合检测得到的结果分别与 Xpert-MTB/RIF、荧光定量 PCR 和痰涂片 3 种方法进行比较分析,判断联合检测与单一检测方法的差异。

**结果** Xpert-MTB/RIF 和荧光定量 PCR 检测结果的阳性率明显高于痰涂片,差异有统计学意义 ( $X^2=26.26$ ,  $P<0.05$ )。Xpert-MTB/RIF 和荧光定量 PCR 检测结果差异无统计学意义 ( $X^2=1.65$ ,  $P>0.05$ )。Xpert-MTB/RIF 和荧光定量 PCR 法联合检测的诊断灵敏度 (75.7%) 明显高于 Xpert-MTB/RIF (62.9%)、荧光定量 PCR (69.7%) 和痰涂片 (34.8%) 的诊断灵敏度,联合检测分别与 Xpert-MTB/RIF 检测法 ( $X^2=10.29$ ,  $P<0.05$ )、荧光定量 PCR 检测法 ( $X^2=2.44$ ,  $P<0.05$ )、痰涂片法 ( $X^2=89.36$ ,  $P<0.05$ ) 结果比较,差异均有统计学意义。利福平耐药率为 15.1%。

**结论** Xpert-MTB/RIF 和荧光定量 PCR 法联合检测对临床诊断结核病具有更高的阳性率和诊断灵敏度,对结核病的诊断和用药具有较高的临床应用价值。

PU-3731

## 系统性红斑狼疮患者狼疮抗凝物、抗凝血酶-Ⅲ 及白蛋白水平分析及意义

张家红  
中国医科大学附属第一医院检验科

**目的** 分析系统性红斑狼疮患者血狼疮抗凝物 (LA)、抗凝血酶-Ⅲ (AT-Ⅲ) 和白蛋白 (Alb) 水平变化及意义。

**方法** 收集在我院确诊为系统性红斑狼疮患者 63 例作为 SLE 组,除 SLE 的其他结缔组织病 44 例 (干燥综合征 14 例、类风湿性关节炎 6 例、皮炎 3 例、其他结缔组织病 11 例) 作为非系统性红斑狼疮结缔组织病 (OCTD) 组和 30 例健康者作为对照 (NC) 组,采用稀释蝰蛇毒时间 (DRVVT) 法和硅凝固时间 (SCT) 法测定 LA,结果分别以 DRVVT-R、SCT-R 比值形式表示;采用发色底物法和比色法分别测定抗凝血酶-Ⅲ及白蛋白水平,并记录一般临床资料及其他实验室检查结果。比较 SLE 组、OCTD 组和 NC 组的差异。

**结果** SLE 组的 LA 水平 DRVVT-R、SCT-R 均较 NC 组高,差异均有统计学意义 ( $P<0.01$ 、 $P<0.05$ ), OCTD 组的 LA 水平 DRVVT-R、SCT-R 与 NC 组比较无统计学差异 ( $P>0.05$ ), 与 SLE 组比较有统计学差异 ( $P<0.05$ ); SLE 组和 OCTD 组的 AT-Ⅲ水平和 Alb 水平均较 NC 组低,差异均有统计学意义 ( $P<0.01$ ), SLE 组和 OCTD 组的 AT-Ⅲ水平无显著差异 ( $P>0.05$ ), SLE 组和 OCTD 组的 Alb 水平差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。相关性分析,Alb 与 SLE 呈独立负相关 ( $B=-0.558$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** Alb 是 SLE 独立危险因素, 可为 SLE 诊断提供参考。LA 阳性和低水平的 AT-Ⅲ可能是 SLE 的易栓因素。

## PU-3732

### B 族链球菌四种筛查方法的比较

高坎坎,关小珊,邓秋连,邓蕾,朱素菲,华夏,高飞,刘海英  
广州市妇女儿童医疗中心,510000

**目的** 评估 B 族链球菌直接培养法、抗原分析法、液体显色培养法及核酸扩增法等四种方法在孕晚期妇女筛查中的临床应用。

**方法** 采集孕晚期妇女直肠阴道分泌物样本, 采用双盲法, 以增菌培养法为参考方法, 比较直接培养法、抗原分析法、液体显色培养法及核酸环介导恒温扩增法 (LAMP) 的检验性能。

**结果** 增菌培养法共检测样本 1146 例, 阳性 113 例 (9.9%)。直接培养法阳性检出率为 7.1% (22/309), 抗原分析法 11.3% (35/309), 液体显色培养法 7.2% (36/502), LAMP 法 20.9% (33/158)。以增菌培养法为参考, 敏感性从高到低依次为 LAMP 法 100%、直接培养法 81.5%、液体显色培养法 71.1%, 及抗原分析法 18.5%。特异性则依次为直接培养法 100%、液体显色培养法 98.1%、LAMP 法 94.0%及抗原分析法 89.4%。直接培养法 (0.889)、LAMP 法 (0.832) 与增菌培养法的一致性 Kappa 值均 $\geq 0.75$ , 液体显色培养法则为 0.708, 而抗原分析法 Kappa 值为 0.069。直接培养法有 18.5%漏检率, LAMP 法漏检率为零、假阳性率为 6.0%, 液体显色培养法、抗原分析法漏检率/假阳性 率为 28.9%/1.9%。

**结论** 与参考方法相比, 四种方法中 LAMP 法的敏感性、符合率最高, 亦具较高特异性, 耗时最短且能自动化操作, 可能是临床上增菌培养法的最好替代筛查方法。直接培养法虽能缩短报告时间和检测成本, 但存在一定漏检率, 建议有条件的实验室, 先经增菌以提高检出率。液体显色培养法特异性较高, 且操作简便, 但敏感性仍有较大提高空间。抗原分析法操作方便、耗时短, 但敏感性、特异性皆未能达临床筛查试验要求, 暂不推荐为常规筛查。

## PU-3733

### 我国汉族健康人群 CYP2C19 基因多态性分布特征

刘静  
北部战区总医院

**目的** 合并分析中国汉族健康人群 CYP2C19\*1/\*1、CYP2C19\*1/\*2、CYP2C19\*1/\*3、CYP2C19\*2/\*2、CYP2C19\*3/\*3、CYP2C19\*2/\*3 基因型、及 CYP2C19\*2、\*3 等位基因在我国汉族健康人群中的分布特征, 为疾病预防和健康管理提供依据。

**方法** 通过数据库 Pubmed、Embase、Cochrane library、Web of Science、中国知网、万方、维普数据库收集于 2018 年 11 月前发表和中国汉族健康人群 CYP2C19 基因多态性分布相关的文献, 根据纳入排除标准纳入文献, 提取数据, 通过 Stats Direct 3.0.113.0 软件, 应用随机效应模型合并 CYP2C19\*1/\*1、\*1/\*2、\*1/\*3、\*2/\*2、\*2/\*3、\*3/\*3 基因型、及 CYP2C19\*2、\*3 等位基因发生率。应用 Q 检验和  $I^2$  统计量进行异质性检验, Egger 检验法进行发表偏倚的检验。

**结果** 共纳入文献 14 篇, 包括健康参与者 2818 人。应用随机效应模型合并发生率, 异质性检验提示研究间存在明显异质性 (Q 检验:  $P=0.025-0.098$ )。应用敏感性分析排除 1 个研究, 异质性明显下降, Egger 检验法结果提示结果均无发表偏倚 ( $P$  值均 $>0.1$ )。我国汉族健康人群 CYP2C19\*1/\*1、CYP2C19\*1/\*2、CYP2C19\*1/\*3、CYP2C19\*2/\*2、CYP2C19\*3/\*3、

CYP2C19\*2/\*3 基因型发生率分别为 41.9%、36.9%、7.5%、9.6%、0.5%、4.6%。  
CYP2C19\*1、\*2、\*3 等位基因发生率分别为 63.8%、30.1%、6.2%。

**结论** 我国汉族人群健康人群中，CYP2C19 基因型、及 CYP2C19\*2、\*3 等位基因在不同地区间的发生率差异无统计学意义。我国汉族人群健康人群中有相当一部分人携带 CYP2C19\*2 等位基因。

## PU-3734

### 神奇的绿色尿

张怡婷

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院），210000

**目的** 临床工作中发现的一例绿色尿的案例，由此引发的思考。患者男性，28 岁，因“确诊 T 细胞淋巴瘤 3 月”入院。2019-1-15 在外院行部分肠管切除，肠造口，腹腔冲洗引流术；病理：（部分）小肠切除标本：恶性淋巴瘤伴坏死，结合免疫组化及 EBER 原位杂交，考虑为单形性嗜上皮性肠道 T 细胞淋巴瘤，肿瘤组织浸润至肠壁全层，小肠标本两端切缘肌层及浆膜层见大量肿瘤组织累及，肠周淋巴结（3/3）见肿瘤组织转移。现患者为进一步治疗收治入院。入院送检尿常规标本，颜色显示绿色。

**方法** 仪器法+人工镜检

**结果** 患者尿液呈绿色，较少见。当时的猜想：1.绿脓杆菌感染？但患者尿常规其他项目无明显异常，且患者没有做中段尿培养等检查。所以此猜想没有足够证据。2.药物影响。

**结论** 经与临床沟通，患者肠道注入肠内营养混悬液，为了解患者吸收情况，医生在营养液中添加美蓝，尿液呈绿色说明患者已吸收。

## PU-3735

### 静脉血栓栓塞症患者 D-二聚体和胱抑素 C 的水平变化

张家红,王金行

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 观察静脉血栓栓塞症（VTE）患者血浆 D-二聚体（DD）和血清胱抑素 C（CysC）的水平变化，探讨 VTE 对 DD 和 CysC 的影响。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 2018 年 12 月确诊为 VTE 的 100 名患者，测定并记录一般临床资料及实验室检查结果。比较肺栓塞（PE）组、深静脉血栓形成（DVT）组和 VTE 组患者的一般临床资料及检测结果与正常对照（NC）组的差异。

**结果** 3 组 CysC 分别较 NC 组明显增高，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；3 组 DD 分别较 NC 组显著增高（ $P < 0.01$ ）。相关性分析，VTE 与 DD、CysC、年龄、BUN、Cr 呈正相关（ $P < 0.05$ ），其与 DD、年龄及 Cr 的相关性较强，分别为  $r=0.341$ ， $P=0.001$ ； $r=0.504$ ， $P=0.000$ ； $r=0.524$ ， $P=0.000$ 。逐步回归分析显示，DD 与 VTE 呈独立正相关（ $\beta=0.031$ ， $P < 0.01$ ）。

**结论** DD 是 VTE 的独立危险因素；CysC 的升高对 VTE 的诊断提供一定参考；加强 CysC、DD 的检测，可提高 VTE 的诊断效能，更好地为临床诊断提供指导。

## PU-3736

**胆红素在糖尿病及其并发症中的研究进展（综述）**

王杨

天津医科大学总医院,300000

**目的** 血清胆红素是体内血红素分解代谢的最终产物，胆红素水平的增加有助于鉴别肝胆疾病和溶血性疾病。

**方法** 然而近年来，胆红素的抗氧化抗炎作用已被证明可以在多种疾病造成影响，

**结果** 特别在糖尿病的发病发展中发挥了重要作用。

**结论** 本文综述了目前胆红素在糖尿病及其并发症中的致病机制和应用现状。

## PU-3737

**氧化应激中 CtBP2 调控 p53 通路在卵巢癌发生发展中的作用机制研究**

郝一雄,吴文娟

上海市东方医院南院

**目的** 研究 CtBP2（羧基末端结合蛋白）在卵巢癌发生发展中的作用。

**方法** 通过数据库和临床资料分析研究了 CtBP2 在卵巢癌中的表达，构建了 CtBP2-OE、CtBP2<sup>-/-</sup>和 p53<sup>+/+</sup>、p53<sup>-/-</sup>的卵巢癌细胞模型，用来评估 p53、CtBP2 在氧化还原代谢及在卵巢癌发生发展中的作用。

**结果** 通过检索 TCGA 数据库我们发现 CtBP 表达增高见于大约 15%的卵巢癌患者，而 p53 基因突变在卵巢癌中占到 90%以上，CtBP2 表达缺失可活化转录因子 p53，并且 p53 缺陷细胞对 CtBP2 siRNA 诱导的凋亡更为敏感。

**结论** 乏氧环境中抑制 CtBP2 的表达和功能从而抑制下游通路的激活用于调控癌症代谢是一种抑制肿瘤生长的有效的方法，并且这一效应在 p53 功能异常的细胞中更加明显。

## PU-3738

**外泌体 PD-L1 和肿瘤标志物联合用于癌症诊断、治疗及预后评估的研究**

王娟,许俊华,宋广辉,姜美妍,王清,伦立民

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 癌症是严重威胁人类健康的高发病率和高死亡率性疾病，大量研究证实，早期诊断和早期治疗是防治癌症与降低死亡率的最有效办法。由于肿瘤标志物用于癌症诊断的局限性，寻找更有效的早期生物标记物迫在眉睫。

**方法** 本研究通过提取肝癌、乳腺癌、肺癌患者不同治疗时期血液上清中外泌体，并通过芯片鉴定 PD-L1 的表达，之后联合相关肿瘤标志物，分析外泌体 PD-L1 联合肿瘤标志物在癌症诊断、治疗及预后评估中的敏感性。

**结果** 外泌体 PD-L1 联合相关肿瘤标志物，可以提高诊断敏感性，可以更有效的用于癌症的诊断、治疗及预后评估。

**结论** 本研究为开发以外泌体为代表的液体活检技术进入临床应用, 提供了强有力的证据, 拓宽了外泌体的临床应用价值, 为癌症的诊疗一体化提供了新思路。

#### PU-3739

### Serum hsa-miR-21-3p and hsa-miR-150-5p as biomarkers of Alzheimer's disease

Rui Guo

Serum hsa-miR-21-3p and hsa-miR-150-5p as biomarkers of Alzheimer's disease

**Objective** Alzheimer's disease (AD) is a neurodegenerative disease, which is the most common cause of dementia in the elderly, accumulation of amyloid- $\beta$  (A $\beta$ ) plaques and neurofibrillary tangles (NFTs) are the pathological characteristics of AD. Studies have shown that serum microRNAs (miRNAs) can be used for the diagnosis of many diseases.

**Methods** Primary screening by Next-Generation Sequencing

Validation of miRNA Biomarkers by qRT-PCR

**Results** In our study, we found that hsa-miR-21-3p and hsa-miR-150-5p from serum can be used as biomarkers for the diagnosis of AD. Serum miRNAs from 42 AD patients and 28 health controls (HC) participants were analyzed by Next-Generation Sequencing (NGS). The NGS results were validated respectively in 80 AD patients and 80 health controls by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR).

**Conclusions** These data suggest that hsa-miR-21-3p and hsa-miR-150-5p from serum may be used as biomarkers for the diagnosis of AD.

#### PU-3740

### Studying pathogenesis of retinal ciliopathy caused by C21ORF2 gene mutations

Zhilin Ren

Department of Laboratory Medicine, Sichuan Provincial Key Laboratory for Human Disease Gene Study, Sichuan Provincial People's Hospital, University of Electronic Science and Technology of China

**Objective** Recently, two RNAi-based functional screening for cilium-associated genes have both identified an LRR-containing protein, C21ORF2. The subsequent genetic studies demonstrated that C21ORF2 mutations cause both syndromic and non-syndromic forms of retinal ciliopathy with a variable spectrum of skeletal involvement. The affected patients all share severe cone-rod dystrophy in early childhood. In photoreceptor, C21ORF2 protein was found to localize at the transition zone (TZ), but its function remains unknown. Our study is aim to identify the function of C21ORF2 gene in photoreceptors and to reveal the pathogenesis of related retinal ciliopathy caused by C21ORF2 gene mutations.

**Methods** We first examined location of C21ORF2 in mouse photoreceptors by western blotting and immunocytochemistry. To study function of C21ORF2 in vivo, we generated three constructs encoding mouse wild type C21ORF2-GFP, retinal ciliopathy causative mutants C21ORF2(G218C)-GFP and C21ORF2(103delA)-GFP. They were transfected into the ciliated cells, IMCD3 and RPE9. And then we analyzed their expression level and subcellular localization of C21ORF2 wild type and mutants by western blotting and immunocytochemistry.

**Results** Mouse C21orf2 gene is expressed in both mouse retina and ciliated cells. Its subcellular localization is at the connecting cilium of mouse photoreceptors. In the transfected ciliated cells, wild type C21ORF2-GFP are expressed, and specifically localized around the transition zone of cilia. The expression level of C21ORF2(G218C)-GFP mutant is decreased compared to that of

C21ORF2-GFP in the transfected ciliated cells, while C21ORF2(103delA)-GFP mutant shows no expression. The subcellular localization of C21ORF2(G218C)-GFP in the ciliated cells is under studying.

**Conclusions** Our study indicates that C21ORF2 is ciliary protein specifically localized at the photoreceptor connecting cilia and ciliary cell transition zone. Retinal ciliopathy-associated mutants C21ORF2(G218C) and C21ORF2(103delA) might cause the disease as reduced or completely loss of protein expression.

#### PU-3741

### The study on the molecular mechanisms of MUC1 promotes radiation-resistance in hepatocellular carcinoma through inhibiting AMPK signaling

Juan Wang, Yi Wang, Huan Wang, Zhe Wang, Baozhi Zhu, Qing Wang, Limin Lun  
The Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** Radiotherapy is one of the main treatment methods for hepatocellular carcinoma (HCC). However, the treatment efficacy is declining due to the emergence of radiation-resistance. Studies show that MUC1, as an oncogene, is overexpressed in HCC tissues and promotes the progression and tumorigenesis of HCC, indicates that MUC1 is an attractive target for HCC therapy. Moreover, recent studies reveal that MUC1 plays a key role in cancer radiation-resistance. However, whether MUC1 could promote HCC radiation-resistance, and whether MUC1-targeted inhibition could relieve HCC radiation-resistance need to be further studied.

**Methods** Based on the previous studies, in this study, MUC1 gene silencing and overexpressing HCC cells were used

for the following experiment. The effects and the molecular mechanism of MUC1 on HCC radiation-resistance were analyzed in vitro and in vivo.

**Results** This study demonstrates that MUC1 could inhibit the activation of AMPK by directly interact with ATM, of which could further block the activation of p53-p21cip1 signal and relieve the inhibition of Akt-mTOR pathway, and decrease DNA damage and promote DNA damage repair, thus promote HCC radiation-resistance.

**Conclusions** This study reveals that MUC1 is a significant oncogene in the emergence of HCC radiation-resistance, and provides new method for improving HCC radiotherapy efficacy by developing MUC1-targeted clinical HCC radiation sensitizers.

#### PU-3742

### 兵团某师 30 岁以上常住居民高尿酸血症随机抽样调查

查贺飞  
新疆生产建设兵团总医院, 830000

**目的** 探讨新疆生产建设兵团(简称兵团)第四师常住居民高尿酸血症(HUA)的患病率及影响因素, 为预防 HUA 提供依据。

**方法** 对兵团第四师 19 个团场 30 岁以上常住居民进行分层随机抽样, 共收集 4713 例研究对象的调查问卷、体格检查及实验室检查结果, 排除资料不全或拒绝参与研究者, 最终纳入人群 4649 例, 中位年龄 51[46, 64]岁。以每 10 岁为一龄段将调查对象分为 5 组, 采用 Mann-Whitney U tests 分析男性和女性各年龄段尿酸(UA)水平的差异。依据 2010 年 HUA 诊断标准将研究对象分为高尿酸组(HUA 组)和正常尿酸组(non-HUA 组), 采用多因素 Logistic 回归分析 HUA 的影响因素。

**结果** 4649 例调查对象的 UA 中位水平为 271[225, 324]  $\mu\text{mol/L}$ , 其中男性 UA 中位水平高于女性 (318[274, 368]  $\mu\text{mol/L}$  vs 245[207, 285]  $\mu\text{mol/L}$ ,  $P<0.05$ )。总人群 HUA 患病率为 7.36%, 其中男性 HUA 患病率高于女性 (10.52% vs 5.36%,  $P<0.05$ ); 经性别和年龄标准化后, 总人群 HUA 患病率为 8.08%, 男性 HUA 患病率高于女性 (10.58% vs 5.29%,  $P<0.05$ )。各年龄组中男性 UA 水平均高于女性 (均  $P<0.01$ )。男性 60~69 岁组 UA 水平低于 50~59 岁组 ( $P<0.01$ ), 女性 50~59 岁组 UA 水平高于 40~49 岁组 ( $P<0.01$ ), 男性和女性其他组与上一年龄组比较均无统计学差异 ( $P>0.05$ )。与 non-HUA 组比较, HUA 组的 BMI、CR、TC、TG、ALT、AST 和 Glu 均偏高, HDL 偏低, 差异有统计学意义 (均  $P<0.05$ ); 其中女性 HUA 组年龄高于 non-HUA 组 ( $P<0.05$ )。多因素 Logistic 回归分析提示: TG 和 CR 是兵团第四师常住居民患 HUA 的危险因素。

**结论** 兵团第四师男性常住居民是 HUA 的高发人群, TG 和 CR 是 HUA 发生的独立危险因素, 应早期重视尿酸和血脂水平, 以降低后期代谢性疾病或心血管疾病的发病风险。

### PU-3743

## Non-invasive indicators predict advanced liver fibrosis in autoimmune hepatitis patients

Lingyan Liu, Junying Cao, Zhengrong Zhong, Zhuying Guo, Yunfei Jiang, Yupan Bai, Jie Xu  
Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** Explore non-invasive indicators to predict the presence of advanced liver fibrosis in autoimmune hepatitis (AIH) patients.

**Methods** Between December 2008 and June 2018, 45 AIH patients and 47 healthy controls were recruited to this retrospective study. All subjects were performed complete blood count and liver function tests. AIH patients were divided into "no/minimal fibrosis" and "advanced fibrosis" group based on liver biopsy.

**Results** AIH patients had significant higher monocytes, mean corpuscular volume (MCV), red blood cell distribution width-coefficient variation (RDW-CV), red blood cell distribution width-standard deviation (RDW-SD), neutrophil to lymphocyte ratio (NLR), RDW-CV to PLT ratio (RDW-CV/PLT), RDW-SD to PLT ratio (RDW-SD/PLT), TBIL, DBIL, GLB, ALT, AST, GGT, ALP, GGT to PLT ratio (GPR) and lower WBC, neutrophils, lymphocytes, RBC, hemoglobin (HGB), hematocrit (HCT), lymphocyte to monocyte ratio (LMR), TP, ALB and AST to ALT ratio (AAR) compared with healthy controls. Patients with advanced fibrosis had remarkable higher RDW-CV, RDW-SD, RDW-CV/PLT, RDW-SD/PLT, AAR, FIB-4 and lower RBC, PLT, plateletcrit (PCT) and ALB compared with no/minimal fibrosis group. Logistic regression analysis showed that RDW-SD/PLT was an independent risk factor of advanced fibrosis with OR (95%CI) of 2.647 (1.383-5.170). ROC analysis revealed that RDW-SD, RDW-CV/PLT, RDW-SD/PLT, FIB-4 and AAR had an area under the ROC curve (AUC) above 0.700 and the RDW-SD/PLT had the largest AUC of 0.785 with a cut-off value of 0.239.

**Conclusions** RDW-SD, RDW-CV/PLT, RDW-SD/PLT, FIB-4 and AAR were excellent non-invasive biomarkers and RDW-SD/PLT was an independent risk factor for predicting advanced fibrosis in AIH patients.



## PU-3744

## A New Method Aimed to Quickly Identify Pathogen and Drug Susceptibility Test Based on Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time of Flight Mass Spectrometry Combined with Flow Cytometry

Yufeng Gu, Yu Li, Xiao-lu Zhang, Li-mei Yu, Bao-hua Huang, Cheng-ming Sun  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** To discuss the significance and applied value in the rapid identification and drug susceptibility test for blood stream infection (BSI) using matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) combined with flow cytometry (FCM).

**Methods** The bacteria were separated from the positive blood culture bottle using the separation gel-adsorption method system, and then applying MALDI-TOF MS combined with FCM to identify pathogen and drug susceptibility test quickly.

**Results** The efficiency of the separation gel-adsorption method for gram-negative bacterium, gram-positive bacteria, and fungi is 71%, 74%, and 88%, respectively. The results of identifying pathogens using MALDI-TOF MS are in agreement with results obtained using VITEK2 (bioMérieux, Marcy l'Etoile, France); both methods can identify 90% of bacteria to species. For fungi, MALDI-TOF MS can identify 75% fungi to species, which is superior to VITEK2, which identifies 60% fungi to species. The results of drug susceptibility test using FCM are almost identical to VITEK2; additionally, the addition of fluorescein diacetate can identify the heterogenic drug-resistant strains.

**Conclusions** We can quickly identify pathogen and drug-susceptibility test based on MALDI-TOF MS combined with FCM, which is consistent with traditional methods and can shorten the report time from 36–72 hour to 3 hours. More importantly, these methods are of great significance and clinical importance for the rapid identification of BSI.

## PU-3745

## ROC 曲线分析六种尿液生化指标在早期糖尿病肾病中的诊断价值

宋娟

天津市中医药大学第二附属医院

**目的** 利用 ROC 曲线探讨六种尿液生化指标在早期糖尿病肾病中的应用价值

**方法** 选取我院内分泌科 2017 年 1 月至 2018 年 12 月 2 型糖尿病患者 222 例，根据尿微量白蛋白/肌酐比值 (ACR) 分为三组：单纯糖尿病组 (ACR<30mg/g) 89 例 (A 组)；早期糖尿病肾病组 (ACR:30~300mg/g) 86 例 (B 组)；临床糖尿病肾病组 (ACR>300mg/g) 47 例 (C 组)。另选取同期 30 例健康体检者作为对照组，分别检测各组尿微量白蛋白、免疫球蛋白、 $\alpha_1$ -微球蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白、转铁蛋白和 N-乙酰- $\beta$ -D 氨基葡萄糖酶水平，采用单因素方差分析组间差异并用 q 检验进一步分析两组间差异；采用 Pearson 相关分析 B 组中各项目与 ACR 相关性；采用 ROC 曲线分析各项目单独及联合检测在早期糖尿病肾病中的诊断效能

**结果** 随着疾病程度的增加，各项目水平逐渐升高，C 组明显高于 A 组、B 组和对照组 ( $P<0.05$ )，B 组除 NAG 略高于 A 组外，其余项目均明显高于 A 组，A 组各项目水平略高于对照组，但差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )，B 组和 C 组各项目阳性率明显高于 A 组和对照组 ( $P<0.05$ )；B 组中除 NAG 外，均与 ACR 呈正相关性，进一步将六种尿液蛋白分成肾小球损伤标志物组和肾小管损伤标志物组，两组联合检测的阳性率稍低于 6 项联合检测，明显高于各单项检

测 ( $P<0.05$ )；在各单项指标中，尿微量白蛋白的 AUC 为 0.978，约登指数为 0.855，优于其他单项。6 项联合检测的 ROC 曲线下面积最大，AUC 为 0.987，约登指数最大，为 0.898；其次为肾小球损伤标志物组，AUC 为 0.985，约登指数为 0.878，这 2 种联合方式的性能指标均优于各单项指标，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；肾小管损伤标志物组 AUC 为 0.9，约登指数为 0.729，略低于尿微量白蛋白，但均优于其他单项。

**结论** 六种尿液生化指标对早期糖尿病肾病具有一定的诊断价值，3 种联合检测方式均有较好的诊断效能，可为临床糖尿病肾病的早期诊断提供多种依据，并有助于肾损伤程度的判断。

## PU-3746

### 乙型肝炎三系统检测结果与乙型肝炎病毒前 S1 抗原对比 分析

胡红莲

甘肃省肿瘤医院,730000

**目的** 对比分析乙型肝炎三系统检测结果与乙型肝炎病毒前 S1 抗原(PreS1)之间存在的关系，以及乙型肝炎病毒前 S1 抗原在乙型肝炎患者中的意义。

**方法** 采用酶联免疫法 (ELISA) 对 382 例患者分别检测乙型肝炎病毒前 S1 抗原和乙肝三系统进行检测。

**结果** 在 69 例 HBsAg, HBeAg, HBcAb 均为阳性的患者中，乙型肝炎病毒前 S1 抗原阳性 65 例，阳性率为 94.2%；在 225 例 HBeAg 阴性而 HBeAb 阳性的患者中，乙型肝炎病毒前 S1 抗原阳性 176 例，阳性率为 78.2%；在 88 例 HBeAg 和 HBeAb 均为阴性的患者中，乙型肝炎病毒前 S1 抗原阳性 46 例，阳性率为 52.3%。

**结论** 乙型肝炎病毒前 S1 抗原是乙型肝炎病毒感染和复制的重要的血清学标志，比 HBeAg 更为敏感，可做为早期诊断乙型肝炎病毒感染的依据，与乙型肝炎的活动性有关，联合检测乙肝三系统，对乙型肝炎的诊疗具有重要的补充及完善作用。

## PU-3747

### MK regulates Th17/Treg balance in RA patients and preliminary study of its mechanisms

wenxia HU

The First people hospital Lianyungang

**Objective** Objective To study the effects of MK regulating Th17/Treg balance in rheumatoid arthritis (RA) patients and the mechanism.

**Methods** Methods A total of 80 RA patients were divided into active RA patients ( $n=46$ ) and inactive RA patients group ( $n=34$ ). MK level in sera was detected by ELISA in 60 patients with rheumatoid arthritis and 30 healthy controls. The fraction of CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>FOXP3<sup>+</sup>Treg cells and IL-17<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup> Th17 cells in RA patients and healthy controls were determined by flow cytometry (FCM), and the expression of Foxp3, RORgt, STAT3 and STAT5 mRNA were detected with real-time PCR. The correlation of MK and Foxp3, RORgt, STAT3, STAT5 mRNA in RA was also analyzed.

**Results** Results the fraction of Treg cells from active RA patients ( $1.5\pm1.01$ ) % was lower than inactive RA patients ( $3.01\pm1.32$ ) % and healthy controls ( $8.0\pm1.5$ ) % ( $P<0.05$ ), and there was a significant difference between healthy group and inactive RA ( $P<0.05$ ). the fraction of Th17 cells from active RA patients ( $1.62\pm1.03$ ) % was increased significantly higher than inactive RA

patients ( $0.55 \pm 0.15$ ) % and healthy controls ( $0.68 \pm 0.35$ ) % ( $P < 0.05$ ), but there was no significant difference between inactive RA group and healthy group ( $P = 0.88$ ) ; The expression of RORgt and STAT3 mRNA in RA patients were higher than healthy controls ( $P < 0.05$ ,  $P < 0.05$ ) ; The expression of Foxp3 and STAT5 mRNA in RA patients were lower than healthy controls ( $P < 0.05$ ,  $P < 0.05$ ) ; Serum MK values correlated with STAT5 ( $r = -0.55$ ,  $P < 0.05$ ) , but not with Foxp3、RORgt、STAT3 or the fraction of Treg /Th17 cells.

**Conclusions** Conclusions Serum MK may regulate Th17/Treg balance by STAT5-Foxp3 pathway in RA patients, MK decreased the STAT5mRNA, lowered the the fraction of Treg cells, and Th17 cells relatively increased. This may be important in the pathogenesis of RA.

## PU-3748

### 尿液细菌培养菌群分布及耐药性分析

顾振东,李耀妮  
宝鸡市中心医院,721000

**目的** 了解我院患者清洁中段尿标本细菌培养分离病原菌的菌群分布及耐药特征。

**方法** 选取本院 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日门诊及住院患者送检的清洁中段尿标本,做细菌学培养及鉴定,同时做药敏实验,统计分析分离病原菌的菌群分布及耐药特征。

**结果** 共分离出病原菌 1232 株,其中革兰阴性菌 997 株 (80.93%), 分离率前五位的分别是大肠埃希菌 754 株 (75.63%), 肺炎克雷伯菌 79 株 (7.92%), 奇异变形杆菌 34 株 (3.41%), 阴沟肠杆菌 28 株 (2.81%), 铜绿假单胞菌 16 株 (1.60%) ;革兰阳性菌 235 株 (19.07%), 分离率前五位分别是屎肠球菌 76 株 (32.34%), 粪肠球菌 63 株 (26.81%), 表皮葡萄球菌 27 株 (11.49%), 铅黄肠球菌 22 株 (9.36%), 鹌鸡肠球菌 19 株 (8.09%)。病原菌分离率前五位的病区分别是泌尿外科 469 株 (38.07%), 肾病内科 198 株 (16.07%), 重症医学科 112 株 (9.09%), 大内科 90 株 (7.31%), 儿科 63 株 (5.11%)。不同性别患者病原菌的分离率呈现明显的女多男少。分离的病原菌对头孢菌素类,青霉素类,四环素类抗菌药物及利福平和红霉素均有较高的耐药性;对碳青霉烯类,多肽类,恶唑烷酮类抗菌药物均保持较好的敏感性。

**结论** 尿液细菌培养菌群分布及耐药性分析对指导临床合理用药具有重要意义,应用抗菌药物应以细菌培养和药敏试验为基础,杜绝不合理使用抗菌药物。

## PU-3749

### Correlation of plasma folic acid, vitamin B12 and homocysteine levels with cerebral infarction and vascular dementia

Tao Chen  
gansu rehabilitation center hospital clinical laboratory

**Objective** vascular dementia (Va D) is caused by all sorts of cerebrovascular disease, accompanied by persistent cognitive impairment and a kind of intelligent obstacle syndrome, Va D not only increases the risk of death in patients with occurrence, and reduce the patient's quality of life, increase health economic efforts, to family and society bring heavy burden, so in recent years the Va D become scholars research hot spot. The purpose of this study was to analyze and explore the related levels of Va D and plasma Hcy plasma homocysteine, folic acid and vitamin B12, so as to clarify the etiology and related influencing factors of Va D and provide a basis for the prevention and treatment of Va D.

**Methods** the object of study of 30 patients with vitamin D and 25 cases of cerebral infarction patients with dementia, enzyme circulation method was applied on the Toshiba 120 r automatic biochemical analyzer determination of Hcy concentration, application of mindray Ci2000 chemiluminescence analyzer test vitamin B12 and folic acid level, using a simple scale mental state examination (MMSE) in 30 patients with vitamin D for assessment of the severity of dementia.

**Results** 1. Plasma Hcy level in the Va group was significantly higher than that in the non-dementia cerebral infarction group ( $P<0.001$ ), folic acid level was significantly lower than that in the non-dementia cerebral infarction group ( $P<0.001$ ), and vitamin B12 level was significantly lower than that in the non-dementia cerebral infarction group ( $P<0.05$ ).

2. Compared with the mild dementia group, the plasma Hcy level in the two groups of moderate and severe dementia patients with Va D was significantly increased ( $P<0.05$ ). Plasma Hcy level in patients with severe dementia was also significantly higher than that in patients with moderate dementia ( $P<0.05$ ). The correlation analysis showed that the plasma Hcy level of patients in the Va D group was negatively correlated with the MMSE score ( $r = -0.458$ ,  $P<0.05$ ).

**Conclusions** elevated plasma Hcy level is one of the risk factors for Va D. The level of Hcy is negatively correlated with folic acid and vitamin B12. The decrease of folic acid and vitamin B12 may be an important factor leading to the increase of plasma Hcy. The increase of plasma Hcy level is one of the factors affecting the severity of Va - D dementia.

Supported by science and technology program of gansu province, project No. : 18JR3RA081.

## PU-3750

### 真菌与细菌感染患者 PCT 水平差异的比较研究

廖军

广州市第一人民医院, 510000

**目的** 通过同时检测血培养阳性患者的 PCT 水平, 比较真菌、革兰阳性球菌和革兰阴性杆菌感染患者的 PCT 水平差异, 以利于临床致病菌感染的早期诊断和抗菌治疗的药物选择。

**方法** 采用回顾性研究方法, 调取 2018 年 1 月 1 日 — 2018 年 12 月 31 日血培养阳性病例, 按照入选标准, 253 例培养阳性病例符合要求。分为革兰氏阳性球菌感染患者组 73 例, 革兰氏阴性杆菌感染患者组 167 例, 真菌(念珠菌属)感染患者组 13 例, 采用罗氏电化学发光法检测 PCT 水平, SPSS 软件统计比较三组患者的 PCT 水平。

**结果** 真菌感染组, 革兰氏阳性球菌感染组和革兰氏阴性杆菌感染组 PCT 水平分别为  $1.15\pm 0.30\text{ng/ml}$ ,  $3.45\pm 0.66\text{ng/ml}$  和  $5.73\pm 0.50\text{ng/ml}$ , 符合正态分布, 三组患者 PCT 水平互相比, 都存在显著性差异 ( $P>0.05$ ), 且革兰阴性杆菌感染组 PCT 水平明显高于革兰阳性球菌感染组和真菌感染组, 革兰氏阳性球菌感染组 PCT 水平明显高于真菌感染组。

**结论** 在感染早期或细菌真菌培养初期, 未有培养结果时, 临床医生多根据经验用药用于抗菌治疗, 革兰阳性球菌感染、革兰阴性杆菌感染和真菌感染的患者 PCT 水平的差异研究可为抗菌素的早期合理使用提供依据, 而培养阴性时, PCT 水平更应是抗菌药物合理使用的参考依据。

## PU-3751

## 伴环形铁粒幼细胞及血小板增多 MDS/MPN2 例 报告并文献复习

潘玉玲

解放军总医院第一医学中心

**目的** 通过病例报道及文献复习, 提高对伴环形铁粒幼细胞及血小板增多 MDS/MPN (MDS/MPN-RS-T) 的认识。

**方法** 报道 2 例 MDS/MPN-RS-T 的临床特征、实验室检查等临床资料, 并进行文献复习。

**结果** 该 2 例病例行骨髓细胞学检查及细胞化学染色, 最终诊断为 MDS/MPN-RS-T。

**结论** 骨髓细胞形态学检查及铁染色对 MDS/MPN-RS-T 的诊断予以帮助, 同时需结合病人病史及遗传学证据明确诊断。

## PU-3752

## 基于宏基因组测序的血流感染检测临床评价

朱云霞<sup>1</sup>, 宫艳萍<sup>2</sup>, 吴文娟<sup>1</sup>

1. 上海市东方医院同济大学附属东方医院, 200120

2. 天津华大医学检验所有限公司

**目的** 对血浆标本进行基于宏基因组测序的微生物检测, 并与传统血培养结果进行比较, 探索血流感染快速诊断的新方法。

**方法** 对 42 例疑似血流感染患者同时采集左右两侧手臂各一套 (需氧和厌氧) 共 4 瓶血培养标本和 3ml EDTA 抗凝血标本。采用赛默飞公司全自动血培养仪进行培养, 用华大基因研发的二代测序技术对血浆标本中的细胞游离 DNA 进行微生物检测。评价两种方法对于血流感染的检测能力。

**结果** ① 42 例血液样本中血培养阳性 5 例, 阳性率为 11.90%; 测序阳性 10 例, 阳性率为 23.81%。② 3 份标本血培养及测序皆为阳性并且菌种一致, 32 份标本四瓶血培养及测序皆阴性。

③ 2 份血培养单瓶阳性, 测序未发现可能致病菌, 分别为大肠埃希菌和乳酪短杆菌, 结合临床诊治确定大肠埃希菌为血流感染。④ 3 份标本测序阳性而血培养阴性, 均为重症感染, 结合临床诊治确定为血流感染。测序结果为肺炎链球菌、肺炎克雷伯菌、屎肠球菌各 1 例。另有 2 份标本测序阳性而血培养阴性, 测序结果皆为卷曲乳杆菌, 结合临床排除感染可能。

⑤ 宏基因组测序检测到 6 种病毒 (EB 病毒、人类疱疹病毒 1 型、人巨细胞病毒、水痘带状疱疹病毒、人类细小病毒 B19、wu 多瘤病毒) ⑥ 以血培养结合临床诊治为金标准, 宏基因组测序的灵敏度和特异度分别为 75% 和 94.12%。

**结论** 基于二代测序的宏基因组检测相比传统血培养法更快速且用量少, 与血培养互为补充、联合应用可提高快速准确判断血流感染的能力, 为患者治疗赢得先机。

## PU-3753

## 血常规分析中多因素引起的血小板聚集处理研究

王黎

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 在应用全自动血液分析仪进行血常规的检测过程中，血小板聚集是常见的干扰因素之一，由其导致的血小板计数假性减少常常给临床的诊疗带来很大危害。研究发现引起血小板聚集的因素主要包括抽血不畅、EDTA 依赖的血小板聚集、血小板冷凝集和血小板微卫星现象等。血小板在 EDTA 抗凝下易发生聚集从而导致血小板计数的假性减低，而更换其他抗凝剂如肝素或者枸橼酸盐则无聚集的现象，称为 EDTA 依赖的血小板聚集。我们在前期对血小板聚集的研究中发现，多抗凝剂引起的血小板聚集越来越多，此类血小板聚集通过更换抗凝剂并不能解决聚集的干扰。本研究旨在寻找一个可以解决多因素下血小板聚集的方法。

**方法** 对血小板聚集样本以手工显微镜计数为参考方法，不加抗凝剂立即检测，无抗凝剂和有乙二胺四乙酸（EDTA）1:2 稀释液、洗脱液稀释立即、30min，60min 检测，进行结果比对。

**结果** 60min 内 EDTA-K2 抗凝管、EDTA-K2 抗凝 EPK1:2 稀释管、EDTA-K2 抗凝洗脱液 1:2 稀释管、无抗凝剂洗脱液 1:2 稀释管血小板均值分别为（ $\times 10^9/L$ ）：83.5、78.9、105.8、100，无抗凝剂 EPK1:2 稀释管偶尔出现凝集，其中不加抗凝剂立即检测及 EDTA 抗凝 1:2 洗脱液稀释检测结果均满意，且后者血小板计数随时间变化无显著降低。

**结论** EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝 1:2 洗脱液稀释检测对于各种原因引起的血小板聚集计数均有效且血小板计数不随时间变化而产生显著减少。

## PU-3754

## 血管性痴呆与血清同型半胱氨酸、尿酸水平的相关性研究

陈涛

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 目的:血管性痴呆(VaD)是我国发病率较高的一种痴呆类型。在老年性痴呆中，血管性痴呆发病率仅次于 Alzheimer 病(AD)。VaD 发病的基础疾病多是脑血管病，当病变影响到与认知功能等有关的高级功能区时，便可能导致认知障碍，逐渐或迅速发生痴呆。因而，全面了解并预防血管性痴呆(VaD)的发生迫在眉睫。血清尿酸水平的高低是否与血管性痴呆的发生、发展有相关性尚无定论，本文旨在探讨血尿酸水平和同型半胱氨酸水平是否为血管性痴呆的危险因素。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在甘肃省康复中心医院神经康复科住院或门诊患者。入组标准:男女不限，年龄 55 岁以上，无明显肾病、心脏病、肝病，排除中枢神经系统感染后继发的痴呆，不存在慢性酒精中毒，否定其他脑器质性病变，头部无外伤，未患过精神心理疾病(如躁狂症、抑郁症等)，近期末服用过降血脂药物及维生素类药物等影响脂质代谢的患者。确诊为 VaD 的患者，定为病例组，共 32 例，并采用简易智能状态量表(MMSE)进行痴呆程度评定;同时期同龄非痴呆健康体检者 30 例作为对照组。均检测尿酸、同型半胱氨酸，观察两组以上各项指标的水平变化，并用 SPSS 13.0 统计软件进行数据处理，当  $P < 0.05$  时差异具有统计学意义。

**结果** 与对照组相比，血管性痴呆组血清尿酸水平明显降低，差异有统计学意义( $P < 0.05$ )，血管性痴呆组血清同型半胱氨酸水平明显升高，且差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。其中，轻度血管性痴呆患者血清尿酸水平高于中度血管性痴呆患者，中度血管性痴呆患者血清尿酸水平又高于重度血管性痴呆尿酸水平，差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。MMSE 评分越高，血清尿酸水平越高，血管性痴呆程度越轻;MMSE 评分越低，血清尿酸水平越低，血管性痴呆程度越轻重( $P < 0.05$ )。

**结论** 血管性痴呆患者与对照组相比, 明显存在血清尿酸水平的降低, 而同型半胱氨酸水平升高, 同型半胱氨酸水平降低幅度与血管性痴呆患者的痴呆程度存在正比例关系。说明血清尿酸水平与痴呆严重程度成反比例关系。

甘肃省科技计划资助, 项目编号: 18JR3RA081

## PU-3755

### The value of early diagnosis and prognosis evaluation for the detection of sepsis with the combined examination of CD64 infection index, PCT and BNP

Yufeng Gu, YU LI  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** To investigate the value of combined examination by CD64 infection index, PCT and BNP in the early diagnosis and prognosis evaluation for the detection of Sepsis

**Methods** We collected 262 patients with sepsis in 2016 in Yuhuangding Hospital affiliated to Qingdao University, and measured the level of CD64 infection index, PCT and BNP, the control group was patients with non-sepsis in the same period. CD64 infection index and PCT were used as the main evaluating index for the early diagnosis of patients with sepsis, while the BNP was used as the main evaluating index for prognosis.

**Results** CD64 infection index and PCT increased in the early stage in patients with sepsis group, and were significantly higher than the control group ( $P < 0.05$ ). After taking the proper therapeutic measures, it can decline obviously as disease became better. The combination of CD64 infection index and PCT resulted in improved sensitivity (97.86%) and specificity (97.65%) for diagnostic of sepsis. The level of BNP was significantly higher than the control group ( $P < 0.05$ ) and it continued to increase, reaching the maximum at the end of their life. At the same time, the higher the degree of serum BNP level, the shorter survival time of the patients. After taking the proper therapeutic measures, it can increase firstly and then decreased gradually.

**Conclusions** The combination of CD64 infection index and PCT can establish a specific diagnosis in the early stage of sepsis, and the raised levels were positively correlated with severity of illness. The BNP level can elevate abnormally in acute or critical patients with sepsis, and it's an indicator for evaluating the prognosis. In total, the combined detection of CD64 infection index, PCT and BNP can improve the early diagnostic rate of patients with sepsis and help indicate patient's prognosis, this can increase the survival rate by taking early interventions if we apply the dynamic monitoring for CD64 infection index, PCT and BNP.

## PU-3756

### 白细胞分类在 Sysmex XN series、DM96 及手工镜检中差异性的分析

郑军  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 分析不同疾病（非白血病）患者及健康者外周血白细胞分类在自动化分析方法（Sysmex XN series），CellaVision DM96 自动阅片系统以及常规的手工染色镜检中结果差异性，探讨在差异性出现时三种方法的可靠性。

**方法** 收集临床患者 200 例及健康者 50 例 EDTA-K3 抗凝全血，全自动方式于 Sysmex XN series XN10 模块上按照常规检测流程进行白细胞分类检测，Sysmex XN series SP10 全自动推片系统进

行自动推片染色（染色剂使用贝索公司的瑞-姬二氏复合染色液）后于 CellaVision DM96 自动阅片系统进行分析，手工方法按照科室 SOP 文件要求进行。以上分类检测均计数 100 个白细胞所得分类结果

**结果** 三种方法常规检测的一致性偏低，随机标本检测（正常与异常结果未知）三种方法的一致性分析差，统计分析 P 值小于 0.05 有显著差异。并且这种差异在随机标本检测中与所分析白细胞数无关。正常人白细胞分类（100 个白细胞）三种方法一致性差，统计分析 P 值小于 0.05 有显著差异。但当白细胞提高到 500 时，一致性显著改善，分析手工方法与仪器法无显著差异。

**结论** 通过对上述数据的分析，临床工作中普遍认为准确可靠的手工方法并不尽如人意，影响手工分类的原因大致包括，异常成分（涂抹细胞）、阅片起始位置、细胞大小等，其中影响依次为阅片起始位置（60%）>异常成分（27%）>细胞大小（3.4%）。我们以计数 500 个白细胞（可识别涂抹细胞计入源细胞中）做为参考，这参与的统计的结果中 Sysmex XN series 自动分析的结果符合率 98%，而在正常人群中高达 100%，手工方法（计数 100 白细胞）符合率仅有 67%，而 DM96 阅片系统符合率仅有 44%。因此我们在日常的临床白细胞分析中应该详细的分析差异的原因，不要轻易的以手工方法结果替代仪器的结果。

## PU-3757

### 磁微粒化学发光法检测老年人梅毒螺旋体特异性抗体的结果分析

张兴旺,张晓梅,马华瑜,杨森,叶华  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 目的 探讨应用磁微粒化学发光法检测老年人梅毒螺旋体特异性抗体容易产生假阳性的机率及原因。

**方法** 方法 回顾性分析甘肃省人民医院 2017-2018 年门诊及住院部进行梅毒螺旋体特异性抗体检测的成人患者 28356 例，按年龄分组，老年组（年龄≥65 岁）患者 9144 例，对照组（年龄 18-65 岁）患者 19212 例，均采用磁微粒化学发光法分别检测抗梅毒螺旋体特异性抗体，统计各组梅毒螺旋体特异性抗体的阳性率，阳性者再用密螺旋体颗粒凝集试验（TPPA）进行确认。

**结果** 结果 老年组经化学发光法检测出梅毒螺旋体特异性抗体的阳性率为 2.13%，以 TPPA 检测结果为准，假阳性率为 1.26%；对照组经化学发光法检测出梅毒螺旋体特异性抗体的阳性率为 1.92%，以 TPPA 检测结果为准，假阳性率为 0.04%；经比较老年组与对照组出现的阳性率和假阳性率，老年组出现的阳性率和假阳性率均明显升高，比较有显著性差异（ $P<0.05$ ）。

**结论** 结论 采用磁微粒化学发光法检测老年人梅毒螺旋体特异性抗体，出现较高的假阳性，可能因自身免疫病和老年基础病等因素有关，阳性者应再用 TPPA 法进行确认，以提高梅毒螺旋体特异性抗体检出的正确率。

## PU-3758

### t(11;17)(q23;q21)见于四种不同骨髓细胞形态学改变的 AML 及 t-AML

李映潼,曲琳琳  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨 t(11;17)(q23;q21)易位的 AML 及 t-AML 骨髓细胞形态学特点。



**方法** 收集 2014 年 4 月至 2018 年 11 月间我院收治 PLZF-RARA 阳性的 APL 1 例、MLL-AF17 阳性的 AML-M4 1 例、MLL-AF17 阳性的 AML-M5 1 例及 t(15;17)(q22;21)/PML-RARA 的 APL 治疗完全缓解后出现的 MLL-AF17 阳性 t-AML M5 1 例共 4 例伴 t(11;17)(q23;q21)易位患者的临床资料，总结其骨髓细胞形态学特点。

**结果** 本研究中 t(11;17)(q23;q21)易位的 4 例病例中 APL 病例患者骨髓中 APL 细胞细胞核较一般 APL 细胞核更为规则，呈圆形，外浆不明显，未见 Auer 小体及柴捆细胞；M4、M5 及 t-AML M5 病例中的幼稚单核细胞胞体规则，胞核扭曲折叠不规则。

**结论** 本研究发现伴 t(11;17)(q23;q21)易位的 AML 遗传学异常可出现于具有不同细胞形态学改变的 APL、M4、M5 及 t-AML M5 病例中，其骨髓细胞形态学具有至关重要的诊断及鉴别诊断价值。

## PU-3759

### 滋养细胞外泌体在原因不明复发性流产中作用的研究

赵汇,郝胜男,陈茜,刘佳,毛海婷  
山东大学第二医院,250000

**目的** 原因不明复发性流产 (unexplained recurrent spontaneous abortion, URSA) 是排除遗传因素、子宫解剖结构异常、感染等明确病因外，其它不明原因造成的复发性流产，URSA 与母胎界面免疫失衡的发生密切相关。外泌体是细胞分泌的直径在 30-150nm 之间的囊泡，在细胞之间的信号交流中发挥重要作用。本研究旨在探讨滋养细胞外泌体在 URSA 中的作用。

**方法** 共收集山东大学第二医院 20 例 URSA 患者和 22 例正常妊娠者的绒毛组织标本，提取绒毛组织中的原代滋养细胞，用无外泌体血清对原代滋养细胞进行培养，48 小时后收集细胞上清，提取细胞上清中的外泌体，采用透射电镜、纳米粒度分析以及蛋白印记的方法对所提取的外泌体进行鉴定。采用高通量测序的方法，对所提取外泌体进行 lncRNA 的高通量测序，并分析检测结果。

**结果** 成功提取原代滋养细胞，以及滋养细胞来源的外泌体，在 URSA 组以及正常妊娠组分别随机选取 3 例鉴定后的外泌体进行 lncRNA 高通量测序检测，发现 lncRNA DRD5P2、LincRNA010706 在 URSA 组中的外泌体中高表达。

**结论** URSA 患者滋养细胞来源的外泌体较正常妊娠者滋养细胞来源的外泌体高表达 lncRNA DRD5P2 和 lincRNA010706。

## PU-3760

### 基于 RPA 技术的创伤弧菌核酸扩增体系的建立

陈丽丹  
中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 创伤弧菌引起的感染具有很高的死亡率，若没有及时处理被感染者，则死亡率会更高，为此利用一种在恒温条件下 20min 内能够完成核酸扩增过程的恒温核酸扩增新技术——重组酶聚合酶扩增技术，建立一种能够快速、准确、价廉、简便的检测创伤弧菌的方法，为临床快速诊断创伤弧菌提供新的方法。

**方法** 以编码创伤弧菌溶血素的 *vvhA* 结构基因为靶基因，并利用 Primer5.0 软件设计 3 个上游引物，4 个下游引物以及相应的探针序列，经引物组合筛选实验，从 12 对引物组合中筛选最合适的上下游引物，确定创伤弧菌核酸扩增体系和反应条件。通过检测不同菌种的 DNA 评价其特异性；通过检测不同浓度的质粒和创伤弧菌样本的 DNA 评价其灵敏度；通过重复检测能检出的最低 DNA 浓度评价其重复性，从而对建立的体系进行综合评价。

**结果** 创伤弧菌引物组合筛选实验结果显示：F2/R2 引物组合扩增效果最佳，曲线形态最平滑，扩增效果最佳；特异性实验结果显示：创伤弧菌样本检出阳性，其它菌种全部检出阴性，表明建立的

方法与其他菌种无交叉反应;灵敏度实验结果显示:质粒检测灵敏度可以达到  $6.03 \times 10^2$  copies, 创伤弧菌样本 DNA 检测灵敏度可以达到  $1.84 \times 10^2$  cfu/ml。重复 8 次检测浓度为  $1.84 \times 10^2$  cfu/ml 的 DNA, 每次均出现阳性扩增曲线, 表明构建的方法具有较好的稳定性。

**结论** 本研究建立创伤弧菌 RPA 检测方法, 特异性强、敏感性高、重复性好且耗时短, 是高通量检测创伤弧菌的有效手段, 为创伤弧菌的快速诊断及商业试剂盒的开发提供参考。

## PU-3761

### 妇产科术后分泌物病原菌分布及耐药性分析

徐豪, 泰淑红, 邵艳, 蒋陈东, 张成稳  
郑州大学第三附属医院

**目的** 了解河南省地区妇产科术后感染切口病原菌的分布及耐药现状, 为临床抗菌药物的合理使用提供指导

**方法** 对 2014 年 1 月~2016 年 12 月间妇产科术后感染菌株利用手工实验及珠海迪尔 DL-96 系统相结合的方法进行细菌鉴定和抗菌药物敏感性试验, 部分药敏试验参考 K-B 纸片扩散法。所有药敏结果参照美国 CLSI 标准判读, 数据转入 WHONET 软件进行菌种及耐药性分析。

**结果** 河南省妇幼保健院妇产科 3 年妇产科术后切口感染患者切口的分泌物, 剔除重复分离株, 共检出 268 株细菌。阳性菌株中革兰阴性菌以大肠埃希菌为最多, 94 株, 占 35.1%; 革兰阳性菌以粪肠球菌为最多, 68 株, 占 25.4%。药敏结果显示大肠埃希菌对氨苄西林、头孢呋辛、头孢曲松等耐药率较高, 对碳青霉烯类药物耐药率较低。粪肠球菌对红霉素、四环素等耐药率较高, 对万古霉素、利奈唑胺耐药率较低。

**结论** 妇产科术后感染切口病原菌分布较特殊, 对各类抗菌药物耐药率不尽相同, 应充分利用病原菌监测结果进行用药指导及监督管理, 以促进抗菌药物的合理使用。

## PU-3762

### 孕妇及新生儿不规则抗体筛查和鉴定在临床输血中的价值研究

杨博, 李肖甫  
郑州大学第三附属医院河南省妇幼保健院, 450000

**目的** 通过对孕妇及新生儿不规则抗体筛查及鉴定来研究孕妇及新生儿常见不规则抗体种类和分布及其在临床输血中的价值。

**方法** 采用微柱凝胶法进行不规则抗体检测; 阳性标本采用谱细胞进行抗体鉴定; 孕妇和新生儿临床资料采集自临床。

**结果** 20821 名孕妇标本中, 不规则抗体筛查阴性 20725 例 (99.54%), 不规则抗体筛查阳性 96 例 (0.46%)。其中 Rh 系统抗体 66 例 (68.75%): 其中抗-D 54 例, 抗-E 8 例, 联合抗体 4 例 (抗-DE 2 例, 抗-Ce 1 例, 抗-Ec 1 例), MNS 系统 20 例 (20.83%), Lewis 系统 6 例 (6.25%), 其他系统: 抗-P1 2 例、抗-Jkb 2 例。5261 名新生儿标本中, 不规则抗体筛查阴性 5237 例 (99.54%), 不规则抗体筛查阳性 24 例 (0.46%)。Rh 血型系统 23 例 (占 95.83%): 其中抗-D 13 例, 抗-E 6 例, 联合抗体 4 例 (抗-DE 2 例, 抗-Ce 1 例, 抗-Ec 1 例)。MN 血型系统 1 例

**结论** 孕妇及新生儿不规则抗体的种类和分布有一定差异, 根据抗体的种类有针对性的合理输血具有积极的临床意义

## PU-3763

## 血清 hs-CRP, LP-PLA2, Hcy 及 D-dimmer 与冠心病的相关性研究

张兴旺,高志凌,叶华,张晓梅,马华瑜  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 探讨冠心病患者的血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 (lipoprotein associated phospholipase A2, Lp-PLA2)、超敏 c 反应蛋白 (hypersensitive C reactive protein, hs-CRP)、同型半胱氨酸 (homocysteine, Hcy) 和 D-二聚体 (D-dimmer) 的相关性情况, 从而为冠心病的预测和诊治提供理论依据。

**方法** 选择 2017 年 1 月至 2018 年 6 月期间在甘肃省人民医院心内科就诊的 190 例冠心病患者作为观察组, 根据病情分为急性心肌梗死(AMI) 组 46 例、不稳定心绞痛(UAP)组 68 例、稳定型心绞痛(SAP)组 76 例;并取同时期的 69 例健康体检者作为对照组。对两组者的血清 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy 以及 D-dimmer 进行检测。

**结果** 观察组血清 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy、D-dimmer 水平显著高于对照组, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); 冠心病各组血清 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy、D-dimmer 水平高于对照组, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); AMI 组血清 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy、D-dimmer 水平高于 UAP 组和 SAP 组, 且差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); UAP 组血清 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy、D-dimmer 水平高于 SAP 组, 且差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy、D-dimmer 水平与冠心病有明显相关性, 对于冠心病患者, 可以通过 hs-CRP、Lp-PLA2、Hcy、D-dimmer 等指标来预测其预后情况。

## PU-3764

## “基于血肌酐的 eGFR+基于血胱抑素 C 的 eGFR+尿微量白蛋白/肌酐比”模式对于肾功能受损风险人群的临床价值研究

李甲勇,徐文俊,李会丹  
上海市第一人民医院,200000

**目的** 探讨“基于血肌酐 (sCr) 的估算肾小球滤过率 (eGFR-sCr) + 基于血胱抑素 C (sCysc) 的估算肾小球滤过率 (eGFR-sCysc) + 尿微量白蛋白与肌酐比 (ACR)”模式对于提高风险人群肾功能受损或早期肾功能下降检出的价值。

**方法** 回顾分析 2016 年 1 月至 2017 年 12 月上海市第一人民医院住院患者 850 例。查阅收集性别、年龄、身高、体重、 $^{99}\text{Tc}^{\text{m}}$ -DTPA 肾动态显像测定肾小球滤过率 (mGFR)、sCr、sCysc、ACR、血尿素 (sUrea)、血尿酸 (sUA)、基础病史等数据。分别应用 3 种基于 sCr 的公式 (CKD-EPI-Cr\_2009, 简化 MDRD 和改良 MDRD), 6 种基于 sCysc 的公式 (CKD-EPI-CysC\_2012、Grubb、Arnall-Dade、Rule、Macisaac、Tan) 和 1 种基于 sCysc 联合 sCr 的公式 CKD-EPI-Cr\_CysC\_2012 计算估算肾小球滤过率 (eGFR)。分析各 eGFR 之间及与 mGFR 的相关性, 比较各 eGFR 与 mGFR 的一致性, 分析 eGFR-sCr、eGFR-sCysc、联合 eGFR-sCysc 或和 ACR 对于评价肾功能的特点。

**结果** 各 eGFR 之间及与 mGFR 均正相关 ( $P<0.01$ )。各 eGFR-sCr 与 mGFR 的平均偏差在  $-4.2\sim 20.8\text{ml}\cdot\text{min}^{-1}\cdot 1.73\text{m}^2$  之间 (高估), 各 eGFR-sCysc 与 mGFR 的平均偏差在  $3.7\sim 16.9\text{ml}\cdot\text{min}^{-1}\cdot 1.73\text{m}^2$  之间 (低估), eGFR<sub>EPI-Cr\_CysC\_2012</sub> 与 mGFR 的平均偏差是  $9.6\text{ml}\cdot\text{min}^{-1}\cdot 1.73\text{m}^2$  (低估)。对于 eGFR<sub>EPI-Cr\_2009</sub> 漏检的 G2 期患者, eGFR<sub>Macisaac</sub> 和 ACR 可分别检出 79.2% 和

55.8%，二者联合可检出 87.7%；对于  $eGFR_{EPI\_Cr\_2009}$  漏检的 G3-5 期患者， $eGFR_{Macisaac}$  和 ACR 可分别检出 39.0%和 55.0%，二者联合可检出 66.0%。 $eGFR_{EPI\_Cr\_2009}$ 、 $eGFR_{Macisaac}$ 、ACR 联合后将 G2 期检出率从单一使用  $eGFR_{EPI\_Cr\_2009}$  的 54.6%提高到了 94.4%，G3 及以下期检出率 68.9%提高到了 91.7% ( $P<0.01$ )。

**结论** “ $eGFR-sCr+eGFR-sCysc+ACR$ ”模式能提高风险人群肾功能受损及早期肾功能下降的检出。

## PU-3765

### 西南地区北京型结核分枝杆菌感染特点分析与预测模型建立

吕纯阳

四川大学华西医院,610000

**目的** 研究近两年西南地区结核分枝杆菌北京型感染患者的临床指标特点，并基于临床指标建立预测北京型感染初筛预测的模型。

**方法** 收集四川大学华西医院基因组中差异区域 (RD) 207 北京型鉴定结果明确的结核病 281 名患者的一般信息、临床资料、实验室检查指标，利用 SPSS21.0 软件进行组间比较，再利用 Logistic 回归和赋值评分两种方式建立预测模型。

**结果** 结果显示 281 名患者中有北京组患者 199 名，非北京组 82 名，组间比较显示，年龄 ( $p=0.04$ )、葡萄糖 ( $p=0.003$ )、球蛋白 ( $p=0.023$ )、白细胞计数 ( $p=0.018$ )、中性粒细胞计数 ( $p=0.044$ )、单核细胞计数值 ( $p=0.01$ ) 在两组间差异有统计学意义，均为北京组水平更低。两组西藏地区患者率差异有统计学意义 ( $p=0.046$ )，北京组水平更高。临床资料、耐药比例两组间无统计学差异。Logistic 回归模型在 cutoff 值 0.9587 时灵敏度 0.55，特异度 0.731；cutoff 值 0.7074 时，灵敏度 0.736，特异度 0.513。赋值评分模型 cutoff 值 4.5 分时灵敏度 0.657，特异度 0.692；cutoff 值 3.5 分时灵敏度 0.809，特异度 0.436。

**结论** 西南地区感染北京型结核分枝杆菌的病人较非北京感染病人年龄更低，西藏地区人员比例更高，葡萄糖、球蛋白、白细胞计数、中性粒细胞计数、单核细胞计数值更低。赋值评分模型初筛预测北京型结核分枝杆菌感染效果优于 Logistic 回归模型，cutoff 值 3.5 分时效果更佳。

## PU-3766

### 血清 CA125 和 HE4 检测对卵巢癌的诊断价值初探

施鸣,汪彦阳

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 探讨血清 CA125、HE4 的检测对卵巢癌的诊断价值

**方法** 采用化学发光法检测卵巢癌患者、卵巢囊肿患者和健康体检者血清中 CA125、HE4 的浓度，并进行统计学分析

**结果** 卵巢癌组患者血清中 CA125、HE4 的含量均明显高于健康对照组和卵巢囊肿组，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )，而健康对照组和卵巢囊肿组之间无显著性差异，在两者联合检测中，卵巢癌患者血清中 CA125、HE4 的加权值之和也显著高于健康对照组和卵巢囊肿组的加权值之和，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )，CA125、HE4 二者联合检测 ROC 曲线下面积最大，为 0.981。

**结论** 联合检测血清中 CA125、HE4 浓度值可提高卵巢癌的诊断准确性。

## PU-3767

## 儿童 EB 病毒感染核酸与抗体检测的临床应用

董玉琳  
昆明市延安医院

**目的** 使用实时荧光定量 PCR 技术(RT-PCR)和间接免疫荧光法(IFA)分别检测患者体内 EB 病毒(EBV)的核酸载量及血清抗体用于对儿童 EB 病毒感染的临床应用。

**方法** 依据临床 EBV 感染诊断标准<sup>[1]</sup> 分组,分为确诊 EBV 感染组和对照组。采用 RT-PCR 技术和 IFA 法,检测患儿外周血液中的 EB 病毒 DNA 载量和抗体,同时检测血液中有无异型淋巴细胞,综合分析两种主要检测方法及异型淋巴细胞检测在 EB 病毒感染诊断中的临床应用

**结果** ①53 例男女患儿感染 EBV 无差异;不同年龄段患者中核酸与抗体检测比较无统计学意义。②比较 EBV 感染患儿的抗体及核酸载量,EBV-DNA 与 VCA-IgG 抗体检测结果有显著性差异,与其余血清学抗体无统计学差异。③EBV 感染患儿血清学指标及 EBV-DNA 与异型淋巴比较,无统计学意义;4ROC 曲线分析认为 EBNA-IgG 和 VCA-IgG 对于 EBV 感染有更好的诊断价值。5 本研究发现 VCA-IgG 灵敏度最高,特异度与阳性预测值 EBV-DNA、EA-IgG、VCA-IgM 最高,阴性预测值和约登指数 VCA-IgG 最高;准确度 HBV-DNA 最高。

**结论** 筛查儿童 EB 病毒感染时,兼顾异型淋巴细胞的检测,同时做血清学抗体和亲和力检测,结合临床表现诊断是否 EBV 原发感染或既往感染,建议应同时检测 EBV-DNA,以避免患儿因抗体生成不足及检测方法的局限性,延误诊疗时机。

## PU-3768

## 乙型肝炎患者血清抗核抗体水平的初步检测分析

白羽  
泉州市第一医院,362000

**目的** 检测乙肝患者血清抗核抗体表达情况,并分析其与患者年龄、性别、肝炎活动情况以及乙型肝炎病毒核酸表达量之间的关系。以求初步了解乙肝患者免疫情况,探讨 ANA 检测对乙肝患者的临床应用价值。

**方法** 收集整理 2017-2018 年来泉州市第一医院就诊并确诊为乙肝的 237 例乙型肝炎患者和 100 例健康体检者的一般患者信息和相关检测结果,包括性别、年龄、ANA 表达状况、乙型肝炎病毒核酸表达量及肝功能指标(AST、ALT)。ANA 检测使用间接免疫荧光法(IFA),病毒核酸表达量检测使用实时荧光定量 PCR 法,肝功指标检测使用实验室自动化生化系统,并对以上结果进行统计分析。

**结果** 237 例乙型肝炎患者中 ANA 表达阳性 109 人(占比 45.99%),体检者 ANA 阳性 10 人(占比 10%),乙肝组 ANA 阳性率显著高于体检组。乙肝 ANA 阳性组中女性占 59.63%,显著高于男性(40.37%)。乙肝 ANA 阳性组中高于 60 岁年龄段组 52 人(占比 47.71%),显著高于其他年龄段组,并随着年龄升高,ANA 阳性率增高。乙肝 ANA 阳性组 AST、ALT 以及乙肝病毒核酸表达量显著高于 ANA 阴性组,ANA 阳性率与乙肝 DNA 表达量成正比。

**结论** HBV 感染可刺激机体免疫应答,表现为 ANA 阳性。乙肝患者抗核抗体表达情况与其年龄、性别、肝炎活动情况以及乙肝病毒核酸表达量有关。乙肝患者 ANA 表达阳性不一定代表其自身免疫性疾病的存在,也有可能是乙肝病毒感染引起。检测乙肝患者的 ANA 表达情况,有利于协助临床对肝炎作出鉴别诊断,调整治疗方案并合理用药。

PU-3769

## Platelet Clumps in Peripheral Blood of Malignant Neoplasms

Li Wang

Jiangsu Province Hospital (The First Affiliated Hospital With Nanjing Medical University)

**Objective** Pseudo-thrombocytopenia (PTCP) is an in vitro specimen-collection problem that occurs when the anticoagulant used while testing the blood specimen causes clumping of platelets (PLTs), which results in spuriously low PLT counts.<sup>1-3</sup>

Our previous study showed that PTCP occurred in the people with malignant neoplasms, chronic liver disease, infection, pregnancy, autoimmune diseases, and cardiovascular diseases. It's worth to note malignant neoplasms rank first.<sup>4</sup>

It is becoming evident that blood platelets have an important function in coagulation abnormalities process in cancer patients. The platelets play an important role in tumor angiogenesis and growth by platelet activation.<sup>5-7</sup>

In this present study, we analyze 70 patients with malignant neoplasms who had PTCP in peripheral blood to evaluate the significance between the platelet clumps and prognosis of the malignant neoplasms.

**Methods** CBC with differential tests anticoagulated with EDTA were determined using the XE-2100 (Sysmex, Japan) or LH750 (Beckman-coulter, America) hematology system. Blood films were fixed and stained with Wright-Giemsa. PT, APTT, TT and Fib tests anticoagulated with citrate were determined using the CS-5100 (Sysmex, Japan).

All data of spurious decrease of platelets were collected at the first affiliated hospital of Nanjing Medical University (Nanjing, China), from August, 2013 to December, 2018.

**Results** In total, 70 samples from patients with PTCP were analyzed from August 2013 to December 2018. The incidence was 0.04% of all PTCP.

**Conclusions** In conclusion, platelets clumps caused by high platelet activation and platelets damages with chemotherapy in malignancy is a sensitive and real-time indicator of the different steps of cancer development.

PU-3770

## 临影结合终断案之小检悟道

李向宇

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 患者，女，64岁，退休人员，1月余前无明显诱因出现咳嗽，咳大量黄痰。否认发热、流涕、咽痛、肌肉酸痛。自诉近年来常有咳嗽咳痰，发作与季节和天气变化无关，近1年来爬楼1层或短距离步行后即有胸闷气促。否认心悸、胸痛、双下肢水肿。患者2019-1-25至我院门诊就诊，胸片提示：右中下肺叶及左侧中肺叶感染可能性大，右侧少量胸腔积液，建议结合CT检查随访。完善肺功能：肺通气功能正常，FEV1/预计值109.7%，FEV1/FVC85.22%，小气道功能轻度陷闭。吸气肌肌力减退，呼气肌肌力减退，神经中枢驱动力增高，肺弥散功能正常。予左氧氟沙星抗感染，阿斯美止咳，氨溴索化痰治疗，症状稍有缓解。追问病史，患者有“类风湿性关节炎”病史多年，长期口服激素、甲氨蝶呤、羟氯喹等药物治疗，曾有激素减量后症状反复，目前无晨僵、关节疼痛、畸形。

**方法** 本病历特点：①老年女性，急性起病，以反复咳嗽咳痰为首发症状。②既往有类风湿关节炎病史，长期服用激素及免疫抑制剂。③体格检查：左肺呼吸音粗，右下肺可及湿罗音，余阴性。④

实验室检查血象白细胞及中性粒细胞比例正常，ESR、CRP 升高。⑤胸部 CT 提示双肺多发团片影，病灶随机分布，边界模糊，局部实变伴空洞形成。⑥患者抗感染治疗效果欠佳。

**结果** 2019-2-01 行纤支镜检查并 100ml INS 灌洗，回收 50ml 灌洗液，经检验科临检组及微生物组的共同努力，肺泡灌洗液墨汁染色找到隐球菌，肺泡灌洗液细胞学检查：查见巨噬细胞及多核巨细胞吞噬真菌现象，形似隐球菌，肺泡灌洗液革兰染色见真菌孢子，形似隐球菌，需培养鉴定。但 72 小时的常规培养却是正常菌群 2+，微生物组保留了原始平板，并延长培养，挑取可疑菌落行革兰染色涂片，原始平板分纯后，最后鉴定为新型隐球菌。结合患者临床表现、影像学检查、细胞学及病原学综合考虑后，诊断为肺隐球菌病。

**结论** 肺泡灌洗液细胞学找到巨噬细胞吞噬的隐球菌、肺泡灌洗液培养出隐球菌及乳胶凝集试验结果强阳性可以明确诊断，并且此患者后期的治疗效果及随访也均支持肺隐球菌病的诊断。随着免疫抑制宿主肺隐球菌感染病例的增多与经验的积累，临床发现合并隐球菌血症或隐球菌脑膜炎的患者比例也明显增多，而许多患者临床症状轻微或没有出现明确神经系统受累的症状体征，建议对于免疫抑制宿主应尽早完善血培养、腰穿、脑脊液培养检查，尽早开展针对性干预治疗。

## PU-3771

### Circular RNA circ\_0002138 is down-regulated and suppresses cell proliferation in colorectal cancer

Haoyu Ruan

Huashan Hospital, Fudan University

**Objective** Circular RNAs (circRNAs) have been recently identified as widespread and diverse endogenous noncoding RNAs that may harbor vital functions in humans. However, the role of circRNAs in the process of tumorigenesis and development of colorectal cancer (CRC) remains hitherto vague. In this study, we intended to analyse the diagnostic value of circ\_0002138 in CRC.

**Methods** In this study, we investigated the expression level of circ\_0002138 in 35 paired CRC tissues by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR). Fisher's exact test was further conducted to analyze the relationship between circ\_0002138 expression level and clinico pathological factors of CRC patients. To evaluate the diagnostic value of circ\_0002138, a receiver operating characteristic (ROC) curve was used. Additionally, functional analysis of circ\_0002138 in CRC was did.

**Results** We found that circ\_0002138 was stably down-regulated in CRC tissues compared to paired adjacent normal tissues ( $P < 0.001$ ). Circ\_0002138 expression was significantly correlated with age and the area under the ROC curve was 0.7249. Functional analysis demonstrated that circ\_0002138 significantly inhibited CRC cell proliferation in vitro.

**Conclusions** Overall, our data suggest that circ\_0002138 may become a novel potential biomarker for diagnosis and treatment target of CRC.

## PU-3772

### 卵巢癌关键基因筛选及预后分析

蒋光洁, 关明

复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 利用生物信息学方法筛选卵巢癌关键基因，探讨潜在的生物标志物。

**方法** 在 GEO 中下载卵巢癌 mRNA 表达谱芯片 GSE14407, GSE52460, GSE54388 及卵巢癌 miRNA 表达谱芯片 GSE47841, 应用 GEOR2 筛选差异基因和差异 miRNA。DAVID 数据库对差异

基因进行 GO 功能富集分析和 KEGG 通路富集分析, 利用 mirDIP 数据库筛选 miRNA 靶基因, 通过 STRING 数据库及 Cytoscape 软件构建蛋白互作网络及 miRNA-靶基因网络, 联合 MCODE, CytoHubba 及 miRNA-靶基因网络筛选关键基因, 利用 KM plotter 数据库对关键基因进行预后分析。

**结果** 三个基因表达谱芯片共有 552 个差异基因 ( $\text{adj.p} < 0.05, |\log\text{FC}| > 2$ ), 包括 194 个上调基因和 358 个下调基因。GO 功能富集分析显示差异基因主要富集在 cell division、sulfur compound binding 及 midbody 等。KEGG 结果显示差异基因主要富集在 pathway in cancer, drug metabolism-cytochrome P450, proteoglycans in cancer 等。蛋白互作网络共包括 244 个节点, 1418 条关系。根据节点度 $\geq 50$  筛选 hub 基因, 共有 17 个基因。CytoHubba 筛选出前 20 个 hub 基因分别是: RRM2, BUB1B, TOP2A, PRC1, ASPM, NCAPG, RACGAP1, BIRC5, MELK, CENPF, CCNA2, KIF20A, UBE2C, TTK, CEP55, CCNB1, NUSAP1, CDK1, ZWINT。miRNA 表达谱芯片共有 53 个差异 miRNA ( $\text{adj.p} < 0.05, |\log\text{FC}| > 2$ ), 上调的 miRNA 有 38 个, 下调的 miRNA 有 15 个。综合 MCODE, CytoHubba 及 miRNA-靶基因, 共筛选出 5 个关键基因: CDK1, CCNB1, BUB1B, BIRC5, RRM2。KM plotter 结果显示在卵巢癌中高表达的 CDK1 ( $p=0.006$ ), CCNB1 ( $p=1.1e-09$ ), ( $p=0.00065$ ), BIRC5 ( $p=0.0083$ ), RRM2 ( $p=0.017$ ) 总生存率短, 预后相对较差。

**结论** 基因芯片技术联合生物信息学筛选出的 5 个关键基因在卵巢癌中发挥重要作用, 且与患者的生存和预后密切相关, 可能成为卵巢癌潜在的生物靶标。

## PU-3773

### 非小细胞肺癌患者免疫细胞亚群及细胞因子的特点

于宝丹, 刘忠民, 林勇平  
广州医科大学附属第一医院, 510000

**目的** 为了探究非小细胞肺癌 (non - small cell lung cancer, NSCLC) 患者的免疫状态, 本文进行了 NSCLC 患者免疫细胞亚群及细胞因子检测。

**方法** 应用流式与 Luminex 检测 25 例初诊 NSCLC 患者和 25 例同期体检正常人外周血免疫细胞亚群及血浆细胞因子, 分析 NSCLC 患者免疫状态特点。

**结果** 细胞亚群结果表明, 与正常人比较, 肺癌患者外周血  $\text{CD3}^+$ 、 $\text{CD4}^+$  细胞比率降低, 而  $\text{CD8}^+$  细胞比率增高,  $\text{CD4}^+/\text{CD8}^+$  降低; NK 细胞比率没有显著变化, 但 NK 细胞表面抑制性分子 CD159 表达增高;  $\text{CD4}^+\text{CD25}^+\text{CD127}^{\text{dim}}$  调节性 T 细胞 (Tregs)、 $\text{Lin}^+\text{HLA-DR}^+\text{CD33}^+$  髓源性抑制性细胞 (MDSC) 比率增高, 差异显著 ( $P < 0.05$ )。血浆细胞因子谱分析结果表明, 与正常人比较, 肺癌患者血浆 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$ 、GM-CSF 下降, IL-6、TGF- $\beta$  增高, 差异有统计学意义。

**结论** NSCLC 患者外周血 Treg、MDSC 以及相应抑制抗肿瘤免疫的细胞因子明显增高, 表明机体处于免疫抑制状态, 可妨碍机体抗肿瘤免疫应答反应。

## PU-3774

### 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的耐药基因及同源性分析

周俊英  
武汉大学中南医院, 430000

**目的** 对耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌进行耐药基因和同源性分析, 了解其流行病学特征, 为临床合理使用抗菌药物提供科学依据。



**方法** 对我院临床分离的 60 株 CRE 进行改良 Hodge 试验的表型鉴定，并对 KPC、IMP、VIM、NDM 与 OXA-48 五种常见的碳青霉烯酶基因进行检测；分离自 ICU 病房基因型为 KPC 的 17 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌（CRKP）进行肠杆菌基因间重复序列（ERIC）PCR，通过 Bionumerics 图像分析软件进行聚类分析，同时分析其同源性。

**结果** 60 株 CRE 菌株中，以肺炎克雷伯菌为主要致病菌，占 88.33%（53/60），样本来源以痰液及纤支镜灌洗液为主，占 46.67%（28/60），而临床科室以 ICU 为主，占 35%（21/60）。扩增出碳青霉烯酶基因的有 58 株，其中 KPC 有 50 株（86.21%），NDM 有 9 株（15.52%），IMP 有 2 株（3.45%）。同时扩增出 KPC 和 IMP 的菌株有 2 株（3.45%），同时扩增出 KPC 和 NDM 的菌株有 1 株（1.72%），未扩增出 OXA-48 与 VIM 耐药基因。对 ERIC-PCR 结果进行聚类分析，结果可聚为三类，其中菌株 8 和 17 亲缘关系最近，相关系数最高达到了 0.76，菌株 14 和 16 相关系数也达到了 0.75，这两对菌株表现出较高的同源性。

**结论** CRKP 整体同源性不强，但某些菌株相关系数较高，CRE 的多重耐药将给临床用药带来更大的挑战，应引起医院感染部门的高度重视。

## PU-3775

### Rapid discrimination of Methicillin-Sensitive and Methicillin-Resistance Staphylococcus aureus by MALDI-TOF Mass Spectrometry

Xin Liu, Hua Yu, Li Jiang

Department of Laboratory Medicine, Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) is a major clinical pathogen responsible for both hospital- and community-acquired infections worldwide. It causes mild to severe infections, which is sometimes difficult to treat due to its resistance to multiple antibiotics. Therefore, the selection of the right antibiotics at the right time is most important for MRSA infection control. However, conventional antibiotic susceptibility testing in clinical laboratories is still time-consuming, which requires at least 10 hours following bacterial isolation. The delay of right antibiotic treatment contributes to longer hospitalization stay, higher costs, and increasing in-hospital mortality when the initial antibiotic treatment is inappropriate. In recent years, Matrix-assisted laser-desorption ionization-time of flight (MALDI-TOF) mass spectrometry (MS) has been widely used for bacterial identification in clinical microbiology laboratories, as it is faster, more accurate and cost-effective than conventional biochemical tests. Further, explore MALDI-TOF MS in bacterial subspecies discrimination provides a potential to develop a rapid and accurate method for antibiotic susceptibility testing. Therefore, we tend to establish a MALDI-TOF MS-based methodology for MRSA typing with machine learning algorithms.

**Methods** A total of 452 clinical S. aureus isolates (including 194 MRSA and 258 MSSA strains) were collected from 2012 to 2018 at Clinical Laboratory, Sichuan Academy of Medical Sciences & Sichuan Provincial People's Hospital, China. A conventional antibiotic susceptibility testing (VITEK-2 compact, BioMérieux) was utilized to determine MRSA and MSSA of all isolates. All isolates were identified by MALDI-TOF MS (VITEK MS, BioMérieux), and subsequently the mass spectra ranging from 2,000 to 20,000 Da were collected and exported. Raw MS spectra were smoothed, baselines corrected and peaks detected. MS Peaks were aligned by fitting warping function in "MALDIquant". "MALDIquant" and "MALDIquantForeign" R packages were employed to process the MALDI-TOF MS spectra and integrate m/z values from different samples. Selected m/z features and their corresponding intensities were used for binary classification. Radial Basis Function Support Vector Classifier (RBF SVM) was applied to distinguish MRSA from MSSA by using the training set. The performance was validated by the test set.

**Results** Total 1344 m/z features were integrated (tolerance=2000 ppm at 4000Da) and 135 m/z values with high probability of occurrence across all the samples were selected as discriminative

features. 320 *Staphylococcus aureus* clinical isolates (137 MRSA and 183 MSSA) were used as the training set to establish the predictive model. It shows 96.45% accuracy, 93.28% sensitivity and 98.86% specificity in discrimination of MRSA from MSSA in the training set. While in the testing set of 132 *Staphylococcus aureus* clinical isolates (57 MRSA and 75 MSSA), there is 82.58% accuracy, 77.19% sensitivity, and 86.67% specificity.

**Conclusions** A rapid and accurate method for discriminating MRSA from MSSA was established based on MALDI-TOF MS. Considering that this method is easy to implement in routine microbiology laboratories, it suggests a cost effective and time efficient alternative to conventional antibiotic susceptibility testing in the future to improve health care.

## PU-3776

### CircRNA screening and expression in high-risk MDS

sixi Wei,Yuchan Ma,Li Ma,Jinzh Wang,Song Deng,Kai Zhong,Xiaojun Jian,Guangyan Dai,Ying Bi,Yanyan Ren  
The Affiliated Hospital to Guizhou Medical University

**Objective** To screen differentially expressed circRNAs and verify their expression in high-risk MDS patients and explore the potential targeted molecules for MDS diagnostic and Therapy.

**Methods** Bone marrow samples from 3 patients with high-risk MDS evaluated by WPSS and 3 healthy donors were collected for the expression profiling of circRNAs in order to screen the relevant circRNAs; Peripheral blood samples from 20 high-risk MDS patients and 20 healthy donors were collected for verifying expression used SYBR-green qRT-PCR. The circBase, CSCD database was employed for bioinformatics analysis to predict the target gene/miRNA/protein of hsa\_circ\_0002360.

**Results** A total of 150 circRNAs were found significant difference in expression in patients with high-risk MDS by microarray, among which 92 circRNAs were over-expressed and 58 circRNAs decreased in expression. Compared with healthy donors, the expression of hsa\_circ\_0002360 in patients with high-risk MDS down-regulated dramatically; Low expression of hsa\_circ\_0002360 was shown in peripheral blood from patients with high-risk MDS, However high expression was found in healthy donors, expression indicated significant difference between two groups,  $P < 0.05$ ; hsa\_circ\_0002360 may interreact with some miRNAs like miR-759、miR-508-5P、miR-4539 and some RNA binding protein(RBP) such as U2AF65、PTB and UPF1.

**Conclusions** Different expression of circRNA was associated with high-risk MDS, they may be potential markers and therapeutic targets for MDS treatment; hsa\_circ\_0002360 is low expressed in high-risk MDS patients, which may play a biological role through miRNA sponge and RBP pathway to participate in the development, progression and prognosis of MDS.

## PU-3777

### 床旁即时检测 C 反应蛋白与特定蛋白检测比较及影响因素分析

欧锦霞  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 评估床旁即时检测(Point of Care Testing, POCT)的 QR-1000 免疫比浊仪测定全血 C 反应蛋白(C-reactive protein,CRP)的可靠性,与常规方法全自动特定蛋白分析仪 BN ProSpec 检测血清比较,为 POCT 检测 CRP 质控提供依据。

**方法** 参照 EP15-A2、EP9-A2 文件，测定 QR-1000 仪（POCT）检测精密度；收集同时送检全血（POCT）和血清（常规方法）检测 CRP 的患者资料，比较两系统检测的差别、对临床判断的影响以及红细胞压积（HCT）、CRP 浓度及标本放置时间的影响。

**结果** 对于模拟样本，POCT 全血检测 CRP 精密度较血清差，CV 值随 CRP 浓度升高而降低；POCT 和常规方法测定血清 CRP 相关性好（ $r^2=0.9844$ ,  $P<0.001$ ），结果具可比性；对于患者实测数据，HCT 为 0.42~0.46 时全血（POCT）与血清（常规方法）CRP 测定无显著性差异，患者 HCT 越接近设定值，两系统测定值越相近，校正后更具可比性；无论校正与否，POCT 法与常规法测定值均相关，但结果有显著性差异，且超出临床允许误差，POCT 高于常规方法（ $P<0.05$ ），结果不具可比性；如果用于临床炎症定性，两系统一致率较好（Kappa 值均 $\geq 0.75$ ），用于心血管事件风险定性评估，两系统临床判断一致率一般（ $0.4\leq \text{Kappa}<0.75$ ）。标本放置时间、CRP 浓度对结果影响小。

**结论** POCT 全血与常规方法血清检测 CRP 结果不具可比性，当 HCT 偏离最佳理论值时 POCT 全血测定值必须校正；POCT 全血检测 CRP 适于临床炎症定性；POCT 全血 CRP 检测应严格遵循操作规程，建议与常规方法定期比对。

## PU-3778

### 兰州地区过敏性哮喘患者血清过敏原特异性 sIgE 抗体与总 IgE 水平分析

叶华,张兴旺,马华瑜,张晓梅,王平  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 分析过敏性哮喘患者血清过敏原特异性 sIgE 抗体与总 IgE 水平及相关性。

**方法** 选择 2015 年 2 月-2018 年 12 月甘肃省人民医院哮喘门诊患者 210 例，依据患者年龄不同分为儿童组（ $<12$  岁）70 例，青少年组（12~18 岁）70 例，中年组（18~50 岁）70 例。采用化学发光法检测患者血清总 IgE、采用免疫印迹法半定量检测过敏原特异性 sIgE 抗体水平，以血清总 IgE $>45$  IU/ml，或任意一种血清过敏原特异性 IgE 水平 $>0.35$  kU/L 为阳性，分析过敏性哮喘患者血清过敏原特异性 IgE 与总 IgE 水平变化，比较不同年龄、性别患者过敏原阳性率及过敏原分布差异。

**结果** 过敏性哮喘患者 120 例中，血清总 IgE 阳性率高于血清过敏原特异性 sIgE 抗体阳性率（76.14%vs 56.82%， $\chi^2=4.013$ ）；血清过敏原特异性 sIgE 抗体阳性患者中 52%为两种或者两种以上抗体阳性；男性与女性患者血清过敏原特异性 sIgE 抗体阳性率（57.89%vs 54.84%， $\chi^2=5.071$ ），差异无统计学意义；男性与女性患者血清总 IgE 阳性率（80.70%vs 67.74%， $\chi^2=2.071$ ），差异无统计学意义；血清总 IgE 水平越高特异性 sIgE 过敏原个数越多；过敏性哮喘患者中，儿童组血清总 IgE 和过敏原特异性 sIgE 抗体阳性率均高于青少年组和中年组（ $P<0.05$ ）；儿童组中前 3 位过敏原为艾蒿、猫毛、牛奶；青少年组前 3 位过敏原为屋尘螨/粉尘螨、狗上皮、海鱼组合（鳕鱼/龙虾/扇贝）；中年组前 3 位过敏原为海鱼组合（鳕鱼/龙虾/扇贝）、艾蒿、狗上皮。

**结论** 过敏性哮喘在不同年龄阶段，不同性别患者中血清总 IgE 和血清特异性 sIgE 过敏原阳性率及过敏原种类存在差异，针对性防治有助于减轻患者临床发病率

## PU-3779

## Population structure and genetic diversity of *Vibrio parahaemolyticus* from a coastal area of China based on a multi-locus sequence typing (MLST) scheme

Yu Li<sup>1</sup>, Hongqiu Yin<sup>2</sup>, Jun Xia<sup>5</sup>, Hong Luo<sup>4</sup>, Mingyi Wang<sup>3</sup>

1. Yantai Yuhuangding Hospital

2. The Wendeng Osteopathic Hospital

3. Weihai Municipal Hospital

4. Dalian Medical University

5. Weihai Health And Family Planning Commission,

**Objective** The Gram-negative marine bacterium *Vibrio parahaemolyticus* has been identified as a major cause of bacterial food poisoning in China. Here, the population structure and genetic diversity of *V. parahaemolyticus* from Weihai, a coastal city in China, was studied by the multi-locus sequence typing (MLST) method.

**Methods** In this survey, we isolated 40 strains including environmental and clinical samples of patients with acute gastroenteritis or diarrhea; isolates from other countries were also included for comparison. DnaSP Version5, START V2, eBURST version3 and Mega 6 were used to analyse the data.

**Results** . We found that ST3 and ST332 were the most prevalent clones and that they were closely associated with acute diarrhoeal diseases. These STs showed a low  $d_N/d_S$  ratio and significant linkage disequilibrium. All isolates were divided into four clonal complexes, six groups and nine singletons, showing a high degree of genetic diversity. 18 STs, mostly from environmental isolates, were recognised by the MLST analysis for the first time. In conclusion, ST3 and ST332 were the epidemic STs in the coastal area. ST332 might be a region-specific ST, which needs to be confirmed by further analysis.

**Conclusions** Thus, the long-term monitoring of *V. parahaemolyticus* plays an important role in preventing and controlling the transmission between environment and people in Weihai.

## PU-3780

## 外周血嗜酸性粒细胞增多患者的骨髓象分析

郑岩, 金玲, 李敏, 孙晓盈, 孙景春  
吉林大学中日联谊医院

**目的** 外周血嗜酸性粒细胞增多是一种临床常见病情, 发病原因复杂, 本文主要探究外周血嗜酸性粒细胞增多患者的骨髓象特点与病因的关系, 为临床诊断提供实验室依据。

**方法** 选取吉林大学中日联谊医院 2017 年 10 月~2019 年 2 月采用血液分析仪进行外周血计数患者中, 嗜酸性粒细胞增多并行骨髓穿刺检查的 58 例患者作为本实验数据来源。对 58 例患者的骨髓涂片进行瑞-姬氏染色, 显微镜下观察骨髓有核细胞增生程度、各系增生情况、各阶段嗜酸性粒细胞比例及形态变化, 同时追踪了解 58 例患者嗜酸性细胞增多的临床原因, 分析比较两者间的关系特点。

**结果** 58 例患者共有 14 种明确诊断或提示性诊断意见, 其中, 有 31 例 (53.45%) 为风湿性疾病, 占比最大, 血液疾病及胃肠疾病分别占 13.79%、12.07%, 过敏性疾病、蛔虫感染、肺嗜酸性粒细胞增多症、肾损伤、病毒感染及肾上腺皮质功能减退症也会引起外周血嗜酸性粒细胞增多。48 例 (82.76%) 患者骨髓象的嗜酸性粒细胞比例与外周血片呈现一致增多现象, 10 例 (17.24%) 患者的骨髓象嗜酸性粒细胞比例未见增高。骨髓象增生情况: 极度活跃、明显活跃、活跃、减低、极度减低分别有 3、15、30、6、4 例, 占比 5.17%、25.86%、51.73%、10.34%、6.90%。

**结论** 外周血嗜酸性粒细胞增多病因复杂,不同病因的骨髓象各有特点,通过检查患者骨髓象可为临床医生明确病因提供重要依据。

## PU-3781

### 大肠埃希菌产耐酶抑制剂 $\beta$ -内酰胺酶(IRBLs)表型筛选及耐药性分析

魏莲花,李可可,邹凤梅,刘刚,王欣,李军春  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 了解引起感染的大肠埃希菌产生耐酶抑制剂  $\beta$ -内酰胺酶(IRBLs)的分布情况及耐药表型特点,为治疗感染选药提供依据。

**方法** 2013年1月-2018年12月分离菌株,应用纸片扩散法(K-B法)对从笔者医院感染患者标本中分离的120株大肠埃希菌进行产IRBLs表型筛选,并检测产IRBLs菌对临床常用的15种抗菌药物耐药性,采用WHONET5.6软件统计分析。

**结果** 120株大肠埃希菌中,产IRBLs12株,对阿莫西林、阿莫西林/棒酸、氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、替卡西林/棒酸、庆大霉素均耐药。

**结论** 产IRBLs的大肠埃希菌在我院已经出现,且呈多重耐药特点,因引起重视。

## PU-3782

### 基于云端服务器的POCT远程质量管理体系的应用研究

王峥辉,丁琪,张金红,张翠,陈烨,杨晓莉  
解放军总医院第三医学中心

**目的** 评价一种基于云端服务器的POCT远程质量管理体系的应用效果。

**方法** 参照美国临床和实验室标准协会(CLSI)颁布的EP系列文件对某国产POCT检测系统进行性能评估,具体评价了D-Dimer项目的精密度、相关性分析和线性范围;模拟触警,如实际模拟试剂/质控品在运输/储存条件异常和检测人员操作失误时,观察云端服务器响应是否及时,是否顺畅。

**结果** 与沃芬ACL-TOP500系统相比,检测临床患者的血浆标本,两种方法的检测结果具有良好的相关性( $R^2=0.984$ );在线性范围验证过程中,相关性良好, $R^2$ 为0.987,通过验证;在临界值阴阳判断上两种方法一致,kappa值为1.0;精密度评价中高低水平的临床样本批内精密度分别达到1.24%和1.89%,批间精密度为6.45%和8.37%,均优于行业标准(10%);观察到在试剂/质控品异常储存、加样出现正负偏差时,本系统的云端服务器能均能远程发现并及时报警,特别是试剂老化在可控范围内时云端服务器能够远程校准。

**结论** 基于云端服务器的POCT远程质量管理体系是一种可以推广的质量管理新手段。

## PU-3783

### 六西格玛和质量目标指数在血细胞分析仪的质量管理中的应用

李薇  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 应用六西格玛 ( $6\sigma$ ) 和质量目标指数 (QGI) 对本室 11 台全自动血细胞分析仪相关项目进行科学的质量管理, 对仪器性能做出正确评价, 指导质量改进。

**方法**

收集 2017 年本实验室室内质控 (IQC) 数据, 用 IQC 数据计算变异系数 (CV), 用配套校准物 (定值可溯源至参考方法) 校准仪器与靶值的偏差, 计算不准确度 (Bias), 依据我国卫生行业临床血液学常规项目分析质量要求 (WS/T 406—2012) 标准, 评价 11 台血细胞分析仪中的 WBC、RBC、HBG、MCV (HCT)、PLT 的分析性能, 并计算  $\sigma$  值和 QGI, 查找导致性能不佳的主要原因, 对仪器进行整体评价

**结果** 11 台仪器中, 1 台仪器  $\sigma$  值均大于 6, 性能优越; 9 台仪器  $\sigma$  值均能达到要求, 性能良好; 1 台仪器不符合要求, 做报废处理。

**结论**

$6\sigma$  和 QGI 是对血细胞分析仪整体性能评价重要指标, 能判断各个检测参数质量水平。

**PU-3784**

## 高原地区慢性肺源性心脏病患者血清 C-反应蛋白的含量测定及临床意义

王立萍

青海省人民医院, 810000

**目的** 探讨高原地区慢性肺源性心脏病患者血清 C-反应蛋白的水平变化。

**方法** 采用美国贝克曼 IMMAGE 800 特定蛋白分析系统及配套试剂对 159 例高原地区慢性肺心病及慢性肺心病急性发作期患者进行血清 C 反应蛋白 (c-reactive protein, CRP) 含量测定分析。

**结果** 患病组 (高原慢性肺心病急性发作期及高原慢性肺心病) 患者平均 CRP 浓度为  $(1.78 \pm 1.24)$  mg/dL 明显高于健康对照组  $(0.48 \pm 0.28)$  mg/dL, 差异具有高度统计学意义 ( $P < 0.01$ ), 慢性肺心病急性发作期组 CRP 浓度为  $(2.37 \pm 1.8)$  mg/dL 明显高于慢性肺心病组  $(1.45 \pm 0.9)$  mg/dL, 差异具有高度统计学意义 ( $P < 0.01$ )。

**结论** CRP 水平在高原地区慢性肺源性心脏病患者及慢性肺源性心脏病急性发作期患者的早期诊断和及时治疗中具有更重要的临床意义。

**PU-3785**

## A Pitfall in HbA1c testing caused by Hb Long Island hemoglobin variant

罗微

天津医科大学总医院, 300000

**目的** While many factors may interfere with HbA1c measurement, hemoglobin variants are some of the most important. In this study, we report a hemoglobin (Hb) variant, Hb Long Island, which was found in an analysis of HbA1c with a zero result during a routine health check at the Health Management Center in the General Hospital of Tianjin Medical University (Tianjin, China)

**方法** We tested this sample with different methods, including High Performance Liquid Chromatography (HPLC) and capillary electrophoresis, and then further with PCR and sequencing

**结果** We found that the exon 1 of  $\beta$  gene contained a transversion mutations with one heterozygous and one homozygous variant (HBB:c.8A > C, 9T > C). These gene mutations resulted in an amino acid change (His to Pro) and a decrease of HbA1c value.

**结论** Such result was rare been seen in previous reports. When there is no correlation between clinical signs, glycemic status, and glycated hemoglobin of the patient, the chromatogram of HbA1c should be carefully checked to detect possible variants that cause interference in the measurement.

## PU-3786

### 一种用于肝癌诊断的 circRNA 标志物

杨月月

上海市第十人民医院（暨同济大学附属第十人民医院）,200000

**目的** 针对现有技术中的不足，提供检测 circ\_104075 表达量的试剂的用途

提供一种肝癌诊断试剂盒

提供一种用于肝癌诊断的 circRNA 标志物。本发明的第四个目的是，提供一种肝癌诊断基因芯片

**方法** 实时定量 PCR(qPCR)

免疫印迹实验

双荧光素酶分析

RNA 免疫沉淀实验

环状 RNA 探针沉淀

统计分析(AUC-ROC)

**结果** circRNA\_104075 在肝癌细胞中高表达

肝癌细胞中 HNF4a 正调节 circRNA\_104075 的表达

circRNA\_104075 通过吸附 mir-582-3p 刺激 YAP 表达

血清 circ\_104075 预示肝癌的发生

**结论** 血清 circ\_104075 预测肝癌的最佳诊断阈值是 1.66，这时敏感度达 96.0%，特异度达 98.3%，高于其他 RNA 生物标志物(图 5D)。circ\_104075 有潜力成为肝癌中新型诊断标志物。

## PU-3787

### 化学发光微粒子免疫法检测抗环状胍氨酸多肽抗体的临床应用

张兴旺,叶华,张晓梅,王平,马华瑜,杨伟国

甘肃省人民医院,730000

**目的** 分析比较化学发光微粒子免疫法(CMIA)和酶联免疫吸附法(ELISA)两种方法检测血清中环状胍氨酸多肽抗体(抗 CCP 抗体)的灵敏度与特异度及其优缺点。

**方法** 采用化学发光微粒子免疫检测法和酶联免疫吸附法测定 202 例研究对象的血清抗 CCP 抗体，其中 63 例临床确诊的 RA 患者、139 例非 RA 患者(包括 42 例关节痛、8 例结缔组织病、23 例风湿性关节炎、66 例健康对照者)。

**结果** 化学发光微粒子免疫检测法检测抗 CCP 抗体的灵敏度为 85.71%，特异度为 97.12%；酶联免疫吸附法(ELISA)检测抗 CCP 抗体的灵敏度为 88.89%，特异性为 95.68%。两种方法共检测 202 份血清标本，其中阳性 55 例，阴性 137 例，两种方法总符合率为 95.05%，两种方法经配对卡方检验，差异有统计学意义。

**结论** 化学发光微粒子免疫检测法和 ELISA 检测血清抗 CCP 抗体结果有较好的一致性, 值得临床推广应用。

## PU-3788

### 血栓标志物在危重症患者中的预后及生存分析

王双<sup>1</sup>, 刘玉梅<sup>2</sup>, 付阳<sup>1</sup>, 金亚雄<sup>1</sup>, 江虹<sup>1</sup>

1. 四川大学华西医院, 610000

2. 绵阳市第三人民医院

**目的** 探讨 ICU 危重症患者的预后及生存状态, 研究血栓标志物与其预后的相关性, 为临床诊断及改善患者的预后提供实验室依据。

**方法** 回顾性分析四川大学华西医院 2017 年 10 月至 2017 年 12 月 ICU 医疗单元危重症患者 143 例, 其中发生静脉血栓患者 48 例, 未发生静脉血栓患者 95 例。收集患者临床资料及血栓标志物实验室检查结果, 采用生存曲线 Kaplan-Meier 分析及 logisitic regression 多因素分析方法分析其中影响危重症患者预后的危险因素及生存特点。

**结果** Kaplan-Meier 生存分析提示高龄、存在 MODS 史、 $TM \geq 15.10 \text{ TU/mL}$ 、 $t\text{-PAIC} \geq 7.37 \text{ ng/mL}$ 、 $FDP \geq 14.45 \text{ mg/L}$ 、 $DD \geq 7.31 \text{ mg/L}$  是影响危重症患者预后的危险因素 ( $P < 0.05$ ) ; COX 多因素分析则进一步发现高龄、 $TM \geq 15.10 \text{ TU/mL}$ 、 $t\text{-PAIC} \geq 7.37 \text{ ng/mL}$ 、 $FDP \geq 14.45 \text{ mg/L}$  是影响 ICU 患者生存率的独立危险因素。

**结论** ICU 危重患者中高龄 (年龄  $\geq 60$  岁)、血清 TM、t-PAIC、FDP 水平与危重症患者预后及生存率密切相关, ICU 重症患者年龄及其血栓标志物检测结果不仅可辅助诊断静脉血栓, 也可作为辅助临床评估患者预后的有效手段。

## PU-3789

### 应用不同前处理方法进行质谱快速检测血培养病原菌

刘鑫, 喻华

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 应用不同的前处理方法对阳性血培养瓶进行处理, 探讨分析分离胶促凝管法、短时间培养法、直接过滤溶解法等前处理方法结合基质辅助激光解析电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS), 与传统方法 (即过夜培养后鉴定及药敏) 的各自优劣性, 使质谱技术能更好的服务于临床。

**方法** 待血培养瓶报阳后使用传统方法作为对照, 同时采用分离胶促凝管法、短时间培养法、裂解-离心法前处理方法制备样品, 进行质谱快速检测, 将四种方法就准确性、时间效益、经济效益、临床满意度等方面进行统计分析。

**结果** 分离胶促凝管法鉴定率为 76.7% (23/30), 短时间培养法 2.5h 的鉴定率为 46.7% (14/30), 短时间培养法 5.5h 的鉴定率为 80.0% (24/30), 而传统方法为 100% (30/30)。与传统方法相比, 结合质谱技术快速鉴定病原菌到种水平, 分离胶促凝管法针对革兰阳性菌和阴性菌鉴定率为 77.8% (14/18)、75.0% (9/12); 短时间培养法 2.5h 对革兰阳性菌的鉴定率为 50% (9/18)、革兰阴性菌的鉴定率为 41.7% (5/12); 短时间培养法 5.5h 针对革兰阳性菌和阴性菌鉴定率分别为 83.3% (15/18)、75.0% (9/12)。

**结论** 5.5h 短时间培养法和分离胶法结合质谱仪进行细菌鉴定都有较高的一致性, 同时利用分离到的菌体进行药敏试验, 可快速有效的诊断病原菌, 大为缩短血培养报告周期, 及时指导临床针对特定病原菌进行靶向治疗、精准治疗。传统方法虽耗时较长, 但针对慢生长细菌及疑难菌其鉴定结果更为可靠。



## PU-3790

## 2016-2018 年某省级三甲医院耐甲氧西林金黄色葡萄球菌耐药性分析

魏莲花,李可可,邹凤梅,刘刚,李军春,魏勤,王欣

甘肃省人民医院,730000

**目的** 了解甘肃省人民医院耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的分布及耐药状况,为临床治疗金黄色葡萄球菌感染提供科学的用药依据。

**方法** 采用纸片扩散法(K-B法),对我院在2016年1月-2018年12月期间,从门诊和住院病人的标本中分离出的945株金黄色葡萄球菌进行药敏试验,根据CLSI 2018年标准判定药敏结果,并对MRSA的感染情况进行监测和分析。

**结果** 945株金黄色葡萄球菌主要分离自伤口分泌物和痰液,其分别占30.7%、28.9%;主要来自烧伤科及耳鼻喉科,其分别占18.7%、11.5%;共检测出MRSA 382株,检出率为40.3%;MRSA检出率较高科室是ICU和烧伤科,其检出率分别为68.8%、62.7%。MRSA对青霉素G、头孢呋辛、头孢噻肟、头孢唑啉、苯唑西林的耐药率为100%;未发现万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁耐药菌株。

**结论** 医院MRSA流行和耐药情况较为严重,必须引起重视,并需要定期对MRSA感染进行调查和监测、合理使用抗菌药物、认真洗手、严格消毒隔离措施等。

## PU-3791

## 一例罕见血红蛋白 J-Lome 变异所致 HbA<sub>1c</sub> 值异常的研究

罗微

天津医科大学总医院,300000

**目的** 许多因素都能影响糖尿病的监测指标 HbA<sub>1c</sub> 的检测,异常血红蛋白变是其中一个重要因素。本研究就临床工作中所发现的一例异常检测值展开探讨。

**方法** 对该异常标本采用离子交换高效液相色谱原理的 Tosoh G8 及毛细管电泳法原理的 Capillary2 FP 进行检测。提示存在变异体后,通过 PCR 及测序进一步探讨突变位点。

**结果** Tosoh G8 检测值为 2.9%,Capillary2 FP 检测峰图提示存在与 HbA<sub>1c</sub> 部分重叠的变异体峰,发出报警并不给出具体计算值。基因测序结果证实该样本血红蛋白 β 链基因 2 号外显子 59 位氨基酸处发生了赖氨酸>天冬酰胺的突变,即 AAG > AAC。

**结论** 该样本是一例罕见的血红蛋白 J-Lome 杂合变异体会影响 HbA<sub>1c</sub> 的检测,建议采用其他替换指标监测和评估血糖水平。

## PU-3792

## 2016—2017 年中国西部肠球菌属细菌耐药性监测

李可可,魏莲花

甘肃省人民医院,730000

**目的** 总结 2016—2017 年中国西部地区临床分离肠球菌属细菌对各类抗菌药物的耐药性。

**方法** 收集西部地区 10 家医院 2016 年 1 月—2017 年 12 月临床分离的肠球菌属细菌，常规方法分离培养鉴定，用药敏纸片法、MIC 法或 E-test 法测定细菌对抗菌药物敏感性，参照 2017 年 CLSI 标准判读药敏试验结果。

**结果** 2016—2017 年共分离到 10959 株肠球菌属细菌（非重复株），主要分离自尿标本(5259 株，47.9%)，菌种分布为屎肠球菌(6431 株，58.3%)、粪肠球菌(3912 株，35.7%)、鸟肠球菌(201 株，1.8%)、鹌鸡肠球菌(142 株，1.3%)、铅黄肠球菌(123 株，1.1%)。肠球菌属中鹌鸡肠球菌对万古霉素存在较高耐药率，其他菌种对利奈唑胺、万古霉素、替考拉宁、替加环素敏感率较高，屎肠球菌耐药率较粪肠球菌高。西部地区对万古霉素耐药的肠球菌属细菌检出率为 1.1%，各省肠球菌属细菌间对抗菌药物的耐药率存在差异；分离菌株对利奈唑胺、万古霉素呈不同程度耐药。

**结论** 肠球菌属细菌对抗菌药物的耐药情况严重，临床医师应结合具体药敏结果合理使用抗菌药物，并加强对耐药菌株的监测与防控。

## PU-3793

### 异丙酚全身麻醉对小儿血脂血糖影响的实验分析

王倩

天津医科大学总医院,300000

**目的** 由于异丙酚输注综合征（PIS）最早发生于儿童，故在儿科重症监护病房（PICU）长时间、大剂量输注异丙酚仍有争议。小儿由于其特殊的解剖、生理生化和疾病带来的病理反应，需要选择最优的麻醉药物和方法使麻醉手术的风险降到最低。异丙酚具有高效、血流动力学稳定、副作用小等优点，广泛用于小儿临床麻醉。目前，异丙酚用于小儿短小手术麻醉的研究报道甚少，本研究主要讨论异丙酚用于小儿麻醉时血脂、血糖的变化及其安全性。

**方法** 选择 2018 年 11 月至 2019 年 4 月，天津医科大学附属总医院儿外科行腹腔镜疝修补择期手术的小儿患者 30 例，年龄 1~12 岁，麻醉手术时间在 60 min 以内，ASA 分级 I 级。30 例患儿均采用异丙酚全凭静脉麻醉，术前禁食 6 h、禁饮 4 h，术中不输注除异丙酚以外的含脂类的液体。手术结束前 10 min 停止给予异丙酚，术毕待患儿自主呼吸恢复，清醒后拔出气管导管。分别于手术前 30min 和停药后 10min，抽取患儿上肢静脉血 2ml。患儿血液样本静置 30min 后，在 4℃，3000bpm 下离心 10min，取上清，置于-20℃低温冰箱保存。本研究收集 30 例患儿血液样本完整后送生化实验室，用全自动生化分析仪，检测血糖（GLU），甘油三酯(TG)，胆固醇(TC)，游离脂肪酸（NEFA），高密度脂蛋白(HDL)及低密度脂蛋白(LDL)的水平。实验数据采用 SPSS20.0 软件包进行分析，计量资料以均数±标准差（ $\pm S$ ）表示，用药前后比较采用自身配对 t 检验， $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 血糖水平用药后高于用药前，但仍在正常范围内，有统计学差异。TC、NEFA、HDL 和 LDL 在用药前后结果差别不大。TG 用药后高于用药前，有统计学意义，但未到高 TG 水平。

**结论** 本研究显示，异丙酚全凭静脉麻醉后患儿血糖、血脂水平与麻醉前相比无显著差异。小儿短小手术使用异丙酚麻醉是安全的。

## PU-3794

### 临床微生物实验室管理系统的开发与应用

罗嘉俊,尹小毛,周彩容,李榕娇,曾方银  
南方医科大学第五附属医院

**目的** 在原有 LIS 上开发临床微生物室管理系统，实现微生物实验室无纸化和信息化管理。

**方法** 利用编程语言 Visual Basic6.0 和数据库平台 SQL Server2012 进行软件开发。

**结果** 临床微生物室管理系统主要包括 7 个模块：标签打印模块主要用于非培养瓶标本接收后打印标签，可根据申请项目选择相应培养基打印；培养管理模块主要用于培养瓶标本的管理，包括上机时间、下机时间、培养结果等数据采集传输，自动进行初级报告等；常规鉴定模块主要用来管理标本所有的操作记录，将围绕标本的所有操作均采用电子化记录，可随时监控查看；审核模块主要用于报告审核，可同时查看药敏结果、历史数据和操作记录等，并可网报危急值、传染病和多重耐药信息；工作列表模块主要用于操作类型内容的分类，可进行排序、保存、打印等，方便检验人员查看历史操作记录；信息查询模块用于根据相关条件检索病人信息及操作记录等内容；系统设置模块主要为管理员后台管理，包括基础设置、人员设置、参数设置、操作日志、系统帮助等。系统调试稳定后，标本前处理时间减少了 67%（由原来的 30min 缩短至 10min），血培养处理时间减少了 83%（由原来 30min 缩短至 5min），报告审核效率提高了 75%，多级报告完成率提高了 92%（由原来 8%提高至 100%）。

**结论** 系统全面废除微生物实验室手工记录等繁琐的纸质操作，提高了工作效率和质量，缩短报告时限，提升了流程管理的信息化水平。

#### PU-3795

### Up-regulation of long non-coding RNA GAS5 inhibits lung cancer cell proliferation and metastasis via miR-205/PTEN axis

董莉真

天津医科大学总医院,300000

**目的** The growth arrest-specific transcript 5 (GAS5) is a vital tumor suppressor in some types of cancers. The purpose of the current study was to identify the biological role of GAS5 in non-small cell lung cancer (NSCLC).

**方法** RT-PCR, Western Blot, Luciferase assay, and RNA immunoprecipitation assay was employed to determine the relationship of GAS5, miR-205, and PTEN. CCK8 assay, Cell migration and invasion assay was used for the role of GAS5 in lung cancer cell proliferation and metastasis.

**结果** GAS5 was drastically down-regulated in lung cancer cell lines. Down-expression of GAS5 remarkably induced NSCLC growth, migration, and invasion. Luciferase reporter assays determined that miR-205 was a direct target of GAS5 in lung cancer. PTEN was known as a direct target of miR-205 and miR-205/ PTEN rescued the effects of GAS5 in NSCLC cells.

**结论** Our results illustrate that up-regulation of GAS5 in NSCLC suppresses its growth, migration, and invasion via the miR-205/PTEN axis.

#### PU-3796

### Sysmex UC3500 尿干化学分析仪性能验证和评价

厉天颖

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 本实验旨在对 Sysmex UC3500 尿干化学分析仪及其配套试纸进行性能验证，评价其是否满足实验室检验要求，是否可用于临床尿常规的检查。

**方法** 根据中华人民共和国医药行业标准尿液分析试纸条（YYT0478-2011）及干化学尿液分析仪（YYT0475-2011）对尿干化学分析仪及其配套试剂的要求，收集湘雅第二医院的门诊病人标本，设计实验在 Sysmex UC3500 上检测隐血（BLD）、白细胞酯酶（LEU）、葡萄糖（GLU）、尿蛋

白 (PRO)、尿胆原 (URO)、胆红素 (BIL)、比重 (SG)、亚硝酸盐 (NIT)、酮体 (KET)、酸碱度 (pH) 十个项目, 对 UC3500 仪器的重复性、携带污染及试纸的重复性、批间差、准确度指标进行验证。并选取 75 例标本分别在参加室间质评的基准仪器及 UC3500 上进行检测, 比对两台仪器的检测结果计算一致性。

**结果** Sysmex UC3500 全自动尿干化学分析仪及其配套试纸各项指标均符合国家行业标准, 满足临床检验需要。

**结论** Sysmex UC3500 全自动尿干化学分析仪及其配套试纸各项指标均符合国家行业标准, 满足临床检验需要。

## PU-3797

### 多发性骨髓瘤 M 蛋白标记的临床意义

王金行, 张家红, 李花, 刘柏新  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 探讨多发性骨髓瘤血清蛋白电泳 M 蛋白标记的临床意义, 观察其定量水平监测疾病进展和评估治疗药物的疗效。

**方法** 对 118 例患者血清蛋白电泳底部区域出现高峰窄底的 M 蛋白波峰进行柱状法标记, 通过免疫固定电泳 (IFE) 确诊其免疫分型, 同时进行血清总蛋白 (TP)、白蛋白 (ALB) 检测。连续追踪 25 例初诊诊断为多发性骨髓瘤 (MM) 患者的血清蛋白电泳, 将 M 蛋白标记得到 M 蛋白百分比, 换算 M 蛋白浓度。公式: M 蛋白浓度 (g/L) = 血清总 TP 浓度 (g/L) × M 蛋白百分比 (%), 将计算结果进行对比。

**结果** 118 例患者中, 血清蛋白电泳 β 区见 M 蛋白波峰 36 例 (30.5%)、γ 区见 M 蛋白波峰 82 例 (69.5%); 经过 IFE 分型: κ 型 IgG 型 36 例 (30.5%), λ 型 IgG 型 22 例 (18.6%), κ 型 IgA 型 12 例 (10.2%), λ 型 IgA 型 6 例 (5.1%), κ 型 IgM 7 例 (5.9%), λ 型 IgM 2 例 (1.7%), λ 型 IgD 型 5 例 (4.2%), κ 型 IgD 型 2 例 (1.7%), 游离 κ 轻链型 3 例 (2.5%), 游离 λ 轻链型 6 例 (5.1%), 双克隆型 1 例 (0.8%), 未见单克隆条带 16 例 (13.6%)。随访和监测 25 例 MM 患者, 诱导化疗缓解后, 第 1 次疗效评估化疗后较化疗前 γ 区 M 蛋白显著降低, 差异显著 ( $P < 0.01$ ), β 区 M 蛋白明显降低 ( $P < 0.05$ ); M 蛋白持续存在的 MM 患者, 血清 TP 及 M 蛋白和 ALB 浓度从 1 至 3 个疗程明显降低和增高, 4 至 6 个疗程均趋于平稳。

**结论** 血清蛋白电泳 M 蛋白的标记是诊断 MM、巨球蛋白血症、淀粉样变等浆细胞病的依据, 可作为标志物对其定量, 更好地为监测疾病进展和评估治疗药物的疗效提供指导。

## PU-3798

### 血小板减少与抗核抗体的相关性分析

郝婷婷  
徐州医科大学附属医院, 221000

**目的** 了解血小板减少患者血清中抗核抗体 (ANA) 阳性率, 探讨抗核抗体与血小板减少之间可能的关系。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2017 年 12 月徐州医科大学附属医院检验科收治的共 280 例血小板减少患者血浆标本, 同时以健康人血浆标本作为对照, 应用间接免疫荧光法 (IIF) 检测血浆中抗核抗体。

**结果** 抗核抗体阳性率分别为: 血小板减少组 31.4%, 其中女性 37.6%, 男性 21.8%; 健康对照组 13.45%, 其中女性 17.94%, 男性 9.65%。两组比较差异具有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。血小板减少患者血浆中抗核抗体阳性率高于健康人。无论疾病组和健康组的女性阳性率高于男性。

**结论** 血小板减少患者抗核抗体与健康人之间存在差异, 抗核抗体可能参与血小板减少的发病。

**PU-3799**

## 2 型糖尿病患者血清 SOD 与骨密度呈正相关

钟霓, 吴文娟  
上海市东方医院南院

**目的** 基础研究表明, 氧化应激促进骨质疏松的发生, 但临床证据仍有限。因此我们设计本课题, 用超氧化物歧化酶 (Superoxide dismutase, SOD) 作为抗氧化应激的评估指标, 研究 2 型糖尿病 (type 2 diabetes mellitus, T2DM) 患者骨密度与 SOD 的相关性, 为氧化应激促进骨质疏松的基础研究提供临床证据。

**方法** 本研究选取 897 名 (421 名男性, 476 名女性) 于 2011 年至 2016 年就诊于同济大学附属上海市第十人民医院内分泌科的 2 型糖尿病患者。收集患者的年龄、性别、身高、体重、体重指数、病程、空腹血糖、血脂等生理生化指标。采集空腹血, 用罗氏自动生化分析仪测定血清 SOD (U/ml)。骨密度 (g/cm<sup>2</sup>) 采用双能 X 线骨密度仪 (DXEA, Hologic QDR4500W) 检测腰椎 (L1-L4)、髌部和股骨颈的骨密度; 按 WHO 定义依据 T 分数值将患者分为 3 组: 骨量正常组 ( $T \geq -1.0SD$ ), 骨量减少组 ( $-1.0SD > T > -2.5SD$ ) 和骨质疏松组 ( $T \leq -2.5SD$ ); 采用 SPSS25.0 进行统计学分析, 比较三组间 SOD 的差异, 探讨腰椎、髌部和股骨颈骨密度与 SOD 的相关性。P < 0.05 有统计学意义。

**结果** (1) 在 897 名 2 型糖尿病患者中, 骨质疏松的患病率为 6.0% (54/897), 骨量减少为 48.4% (434/897), 骨量正常为 40.9% (409/897)。(2) 血清 SOD 在骨质疏松组、骨量减少组和骨量正常组三组间有统计学差异 ( $P=0.027$ ), 三组的 SOD 值分别为  $123.1 \pm 44.0$ 、 $135.8 \pm 52.7$ 、 $141.4 \pm 49.5$ , 随骨量上升 SOD 水平增加。(3) 线性回归多因素分析发现, 在校正年龄、性别、BMI 和糖尿病病程等混杂因素后, T2DM 患者的腰椎、髌部和股骨颈骨密度与 SOD 呈正相关 ( $r=0.09$ ,  $P=0.019$ ;  $r=0.12$ ,  $P=0.002$ ,  $r=0.09$ ,  $P=0.019$ ;  $r=0.13$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 2 型糖尿病患者的血清 SOD 与腰椎、髌部和股骨颈骨密度呈正相关, 间接支持氧化应激促进骨质疏松的发生的基础研究。

**PU-3800**

## CHI3L1 对酒精性肝病纤维化严重程度的诊断价值探讨

车媛媛, 张艳芳, 金字亭, 黄晶  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 本研究旨在探讨新型血清学肝纤维化检测标志物壳多糖酶 3 样蛋白 1 (CHI3L1) 与传统肝纤维化四项 (透明质酸酶、III 型前胶原、IV 型胶原和层粘连蛋白) 比较在酒精肝纤维化进程中的诊断价值

**方法** 本研究纳入北京解放军 302 医院 88 例临床明确诊断为酒精性肝病的患者, 诊断标准全部符合《2018 年美国胃肠病学院酒精性肝病诊治临床指南》。根据其无创肝硬度值 (LSM) 以及肝穿病理活检分期 (S) 结果将患者分成酒精性肝纤维化 (AHF)、酒精性肝硬化 (AC) 以及酒精相关性肝癌组 (ARHC), 例数分别为 24、47、17, 对照组选自同期体检中心年龄、性别匹配的健康人群 15 例 (HC)。根据 MELD 评分和 CTP 评分/分级标准对全部患者进行疾病严重程度评估。血清透明质酸酶 (HA)、III 型前胶原 (PIIINP)、IV 型胶原 (IV-Col) 和层粘连蛋白 (LN) 浓度检测采用安图生物工程有限公司的化学发光试剂盒。CHI3L1 浓度检测采用杭州普望生物技术有限公司的酶联免疫检测试剂盒。数据分析应用 GraphPad Prism 和 medcalc 软件

**结果** CHI3L1 在 AC、ARHC 两组患者中的浓度值均高于健康对照组, 且 AHF 与 AC 组以及 AHF 与 ARHC 组比较差异有统计学意义; 相关性分析结果显示: 血清 CHI3L1、HA、PIIINP、IV-Col 和 LN 与 MELD 评分、CTP 评分和无创肝硬度值全部具有正向相关性; 根据 CTP 分级标准将患者分成 A、B、C 三组, CHI3L1 在各组间比较差异均具有统计学意义, 根据无创肝硬度值及病理分期将患者分成轻度纤维化 ( $LSM < 7.7/S < 2$ ) 和中重度纤维化及硬化 ( $LSM \geq 7.7/S \geq 2$ ) 组以及轻中度纤维化 ( $LSM \leq 12.5/S \leq 3$ ) 和重度纤维化及硬化 ( $LSM > 12.5/S > 3$ ) 组, ROC 分析结果显示: 血清 CHI3L1 HA、PIIINP、IV-Col 和 LN 的诊断特异性分别为 0.95、0.56、0.70、0.55 和 0.85 以及 0.87、0.87、0.63、0.37 和 0.63

**结论** 血清 CHI3L1 在酒精性肝病患者纤维化严重程度的分级诊断中意义明确, 与传统肝纤维化四项比较, CHI3L1 在纤维化早期的诊断特异性更高, 与血清透明质酸酶联合检测更适用于过度饮酒者肝纤维化早期筛查。

## PU-3801

### LC-MS 在阿尔茨海默病研究中的应用研究进展

李影

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 阿尔茨海默病 (Alzheimer disease, AD), 又叫老年性痴呆, 是一种中枢神经系统变性病, 起病隐袭, 病程呈慢性进行性, 是老年期痴呆最常见的一种类型。主要表现为渐进性记忆障碍、认知功能障碍、人格改变及语言障碍等神经精神症状, 严重影响社交、职业与生活功能。

**方法** 主要表现为渐进性记忆障碍、认知功能障碍、人格改变及语言障碍等神经精神症状, 严重影响社交、职业与生活功能。AD 的病因及发病机制尚未阐明, 一般认为 AD 是复杂的异质性疾病, 多种因素可能参与致病, 如遗传因素、神经递质、免疫因素和环境因素等。LC-MS (液相色谱-质谱联用) 作为一种高灵敏度、高准确度、高选择性的分析检测技术, 在蛋白质组学、代谢组学、药代动力学及药物开发等领域彰显出强有力的生命力

**结果** 近十年来 LC-MS 在 AD 的诊断、治疗与预防等方面获得不少的应用与成果, 本文拟就 LC-MS 在 AD 发病机制研究中的应用、LC-MS 在 AD 生物学标志物研究中的应用及 LC-MS 在 AD 药物研究中的应用等方面的研究进展进行综述。

**结论** 近十年来 LC-MS 在 AD 的诊断、治疗与预防等方面获得不少的应用与成果, 本文拟就 LC-MS 在 AD 发病机制研究中的应用、LC-MS 在 AD 生物学标志物研究中的应用及 LC-MS 在 AD 药物研究中的应用等方面的研究进展进行综述。

## PU-3802

### 甲胎蛋白阴性肝细胞癌 129 例临床特点分析

姜玉章, 田州, 张建淮

淮安市第一人民医院, 223001

**目的** 探讨甲胎蛋白 (AFP) 阴性肝细胞癌的临床特点。

**方法** 取淮安市第一人民医院 2007 年至 2017 年资料完整的 302 例肝细胞癌病例资料, 包括性别、年龄、血型、家族史、饮酒史、症状及体征、是否合并肝硬化、门静脉癌栓、HBsAg、ALT、Child-Pugh 肝功能分级、肝癌病期分级, 根据其 AFP 值分为 AFP 阴性组和 AFP 阳性组。AFP 阴性组 ( $AFP < 20 \mu g/L$ ) 129 例, 占 42.7%, AFP 阳性组 ( $AFP \geq 20 \mu g/L$ ) 173 例, 占 57.3%。

**结果** AFP 阳性组和 AFP 阴性组年龄均值分别为 ( $56.79 \pm 10.30$ ) 和 ( $60.10 \pm 10.59$ ), 两组年龄存在统计学差异 ( $p < 0.05$ ), AFP 阳性组患者平均年龄较 AFP 阴性组年轻; 两组患者在性别和血型方面, 无统计学差异 ( $P$  值均大于 0.05); 两组患者在家族史及饮酒史方面无统计学差异 ( $p > 0.05$ );

两组患者无临床症状患者共 107 例, 其中 AFP 阳性组 41 例, 占 38.3%, AFP 阴性组 66 例, 占 61.7%, 存在统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 提示 AFP 阴性组患者无症状比例较高; 两组患者在肝区疼痛、消瘦、乏力、纳差等不典型症状比例方面存在统计学差异 ( $p < 0.05$ ), AFP 阴性组上述症状比例更低, 但两者在黄疸和腹水等晚期症状上无统计学差异 ( $p > 0.05$ ) 两组患者 HBsAg 阳性率无统计学差异 ( $p > 0.05$ ); AFP 阴性组肝硬化、门静脉癌栓、ALT 异常比例均低于 AFP 阳性组, 均存在统计学差异 ( $p < 0.05$ ); AFP 阴性组肝功能 Child-Pugh 分级 AB 级比例高于 AFP 阳性组, 存在统计学差异 ( $p < 0.05$ ); AFP 阴性组早期肝癌比例相较 AFP 阳性组更高, 两组存在统计学差异 ( $p < 0.05$ )

**结论** AFP 阴性组患者无症状比例较高、临床表现较轻, 早期肝癌比例较高; AFP 阴性组患者肝硬化、门静脉癌栓、肝功能异常比例低于 AFP 阳性组。

## PU-3803

### 血清 PIVKA-II 和 AFP 水平在 丙肝、肝硬化和原发性肝癌中的比较

袁秀梅, 齐发梅  
甘肃省人民医院, 730000

**目的** 分析比较血清维生素 K 缺乏或拮抗剂 II 诱导蛋白 (PIVKA-II) 和甲胎蛋白 (AFP) 在丙型肝炎 (简称丙肝)、肝硬化和原发性肝癌 (PHC) 中的水平变化, 以探讨 PIVKA-II 和 AFP 在不同肝病诊断中的应用价值。

**方法** 检测分析 63 例丙肝患者、60 例肝硬化患者和 66 例原发性肝癌患者血清 PIVKA-II 和 AFP 数值, 与正常对照组进行均值比较; 再分别统计 PIVKA-II 和 AFP 在不同病例组中的阳性率, 并进行分析比较。

**结果** 丙肝、肝硬化和原发性肝癌组血清中两项指标均值都高于正常对照组 ( $P < 0.01$ ); 丙肝、肝硬化组和原发性肝癌组之间比较, 原发性肝癌组 PIVKA-II 和 AFP 明显高于其它两组, 有显著的统计学差异 ( $P < 0.01$ ); 诊断阳性率按项目比较, PIVKA-II 在丙肝、肝硬化和原发性肝癌组中均较 AFP 高, 但两者比较无统计学差异 ( $P > 0.05$ ); 按不同疾病比较, PIVKA-II 和 AFP 在原发性肝癌组中均高于丙肝和肝硬化组, 组间比较具有显著的统计学差异 ( $P < 0.01$ ), 表明血清中 PIVKA-II 和 AFP 水平在原发性肝癌患者血清中升高极为显著。

**结论** 血清 PIVKA-II 和 AFP 在丙肝、肝硬化和原发性肝癌组中均有升高, 原发性肝癌组升高最为明显; 诊断阳性率也在原发性肝癌组中最高, PIVKA-II 及 AFP 均为原发性肝癌患者早期诊断很好的血清学指标。

## PU-3804

### miR-126 通过 IRS-1/PI3K/AKT 调控 CD4<sup>+</sup> T 细胞的功能

胡燕, 王小妹  
湖南中医药大学附一, 410000

**目的** 利用基因芯片技术和实时荧光定量 PCR 技术, 结合 Targets Scan 软件和 Western Blot 技术, 初步探讨 miR-126 对 CD4<sup>+</sup> T 细胞功能影响的分子机制。

**方法** 提取 WT 小鼠和 miR-126KD 小鼠脾淋巴细胞总 RNA, 送基因芯片测序, 筛选出差异表达基因; 运用 Targets scan 和 miRWalk 软件预测 miR-126 可能作用的靶分子, 经筛选, 选定 IRS-1 作为 miR-126 的靶分子; 进一步利用实时荧光定量 PCR 检测 WT 小鼠和 miR-126KD 小鼠脾

CD4<sup>+</sup>CD62L<sup>+</sup> T 细胞中 IRS-1 的表达变化 Westernblot 技术检测 WT 小鼠和 miR-126KD 小鼠脾淋巴细胞 AKT、ERK、NF- $\kappa$ B 的磷酸化水平。

**结果** 基因芯片分析筛选出大量差异表达的基因，与 WT 小鼠相比，IRS-1 的表达上调 2.7005 倍；运用 TargetScan 和 miRWalk 软件预测，miR-126 可与 IRS-1 的 3'UTR 结合，提示 IRS-1 是 miR-126 作用的靶分子；实时荧光定量 PCR 结果显示，miR-126KD 小鼠 CD4<sup>+</sup> T 细胞中 IRS-1 的表达显著上调 ( $p<0.05$ )；最后，Western blot 检测结果显示，miR-126KD 小鼠 CD4<sup>+</sup> T 细胞中 AKT、ERK、NF- $\kappa$ B 的磷酸化水平显著增加 ( $p<0.05$ )。

**结论** miR-126 敲减后，miR-126KD 小鼠 CD4<sup>+</sup> T 细胞 IRS-1 和磷酸化 AKT 的表达水平均显著上调，提示 miR-126 可能通过 IRS-1/PI3K/Akt 信号通路调控 CD4<sup>+</sup> T 细胞的功能。

## PU-3805

### 徐州地区糖尿病患者血清中 ANA 相关性研究

郝婷婷

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 研究徐州地区糖尿病患者血浆水平中 ANA 表达水平，探讨 ANA 对糖尿病病理损伤的影响

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2017 年 12 月徐州医科大学附属医院检验科收治的糖尿病患者血浆标本，同时以健康人者血浆标本作为对照，应用间接免疫荧光法 (IIF) 检测血清中抗核抗体。

**结果** 糖尿病患者血浆中抗核抗体阳性率显著高于健康人，女性患者阳性率高于男性患者。随着年龄增长，阳性率显著增加。糖尿病并发症患者 ANA 阳性率显著增高。

**结论** 糖尿病患者抗核抗体与健康人之间存在差异，抗核抗体与糖尿病存在相关性。

## PU-3806

### 昆明地区育龄妇女宫颈癌及癌前病变细胞学筛查的结果分析

郭知

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 应用液基薄层细胞学技术 (TCT) 及巴氏细胞学 (The Bethesda System,TBS) 报告系统分析宫颈癌及癌前病变的相关因素和细胞学特点。

**方法** 采集 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在我院妇科就诊的 27384 例处于育龄期 (20-49 岁) 已婚妇女的宫颈脱落细胞，采用 TCT 细胞学技术和 TBS 分类法，探讨不同宫颈癌和癌前病变的细胞学特点及与临床的关系。

**结果** 将分类结果为意义不明的非典型鳞状上皮细胞以上病例作为细胞学阳性病例。27384 例受检者中细胞学阳性病例 2769 例，总检出率为 10.11%。其中意义不明的非典型鳞状上皮细胞占 7.89%，鳞状上皮内低度病变 (LSIL) 占 0.75%，鳞状上皮细胞高度病变 (HSIL) 占 1.24%，鳞状细胞癌 (SCC) 占 0.18%，非典型鳞状上皮癌 0.03%，腺癌 0.02%；提示人乳头瘤状病毒 (HPV) 感染占 5.89%。

**结论** HPV 感染是宫颈癌和非典型鳞状上皮细胞增生 (CIN) 的主要危险因素及致病原因。宫颈细胞学检查是预防及早期发现宫颈癌及癌前病变的重要措施。传统的宫颈脱落细胞学检查方便，快捷，较早为临床所应用，开展比较普遍，但其假阴性率较高，漏诊率高，结合宫颈液基薄层细胞制片技术 (TCT)，能够准确提示患者宫颈病变情况，针对宫颈癌及癌前病变进行早期筛查，有利于尽早进行临床预防及早期治疗，从而降低宫颈癌发生风险及病死率。



## PU-3807

## 新型二维光子晶体传感器检测尿糖

何谦

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 近年来,糖尿病发病率居高不下,极大地危害人类健康。由于尿糖检测的便捷性,现阶段临床检测中也将尿糖检测作为判断是否存在糖尿病的初步检测手段之一。但是由于传统尿糖检测方法涉及葡萄糖氧化酶,其中不仅涉及到严格的保存环境以保存酶的活性,尿液中的一些复杂成分也会对酶的检测造成干扰。正因如此,越来越多的科学家将目光投向了非酶法生物传感器的制备。我们将北京理工大学制备的二维光子晶体包埋于葡萄糖敏感型智能凝胶当中,对人工尿液和病人尿样中的葡萄糖含量进行检测,以检验此种新型二维光子晶体传感器的应用能力。

**方法** 从西安交通大学第二附属医院随机选择了 60 位糖尿病患者的实际尿样,尿样的实际浓度数据由 BECKMAN 生化自动分析仪检测。将新鲜的尿液样品与人工尿液以 1:9 的体积比混合均匀后,将改性 PCCA 浸入其中吸附 15 min 后取出,测量其德拜环半径,并计算粒子间距。将所得到的粒子间距与标准曲线相对应,得到其对应的葡萄糖浓度。再将该浓度扩大 10 倍,即为 PCCA 法测得的实际尿样中葡萄糖浓度。

**结果** 采用 PCCA 法所得到的测量浓度与临床测量方法得到的实际浓度间存在良好的线性关系,采用最小二乘法得到的对应线性公式为  $y = 0.9375x + 3.4752$ ,  $R^2 = 0.8863$ 。在临床最常用的干化学法中,我们可以看到干化学法对尿糖的测量结果中存在明显的假阴性和假阳性结果,而采用 PCCA 法所得到的测量浓度与生化分析仪测量实际浓度间有较好的一致性。

**结论** PCCA 法可有效的避免尿液中存在的干扰物质的影响,PCCA 检测尿糖方法无论从理论上还是实践上都具有测定尿糖的明显潜力。

## PU-3808

## 脑脊液脱落细胞学检查

许志宇

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 通过对脑脊液中脱落细胞的检查,为临床提供对疾病诊断有价值的检验结果。

**方法** 第一步,标本的采集:在腰大池或脑外室进行标本采集,注意不要因为穿刺损伤导致体液或者血液进入标本中。标本量 2-5ML 即可。

第二步,标本的离心:将标本放入离心机进行 1000 转 10min 离心,上清液放入收集管并放入-80℃冰箱进行保存,沉淀物留下。

第三步,标本的涂片:将离心后的沉淀物,放入细胞离心涂片机,1200 转 10min 后,将所制的涂片晾干。

第四步,标本的制片:晾干后的涂片,先放入甲醇固定,再用瑞氏染液进行染色 5-10min。冲干后晾干即可。

**结果** 脑脊液中可查见的常见细胞有:淋巴细胞,单核组织巨噬细胞,中性粒细胞,嗜酸性粒细胞,室管膜脉络丛细胞等。

当有疾病或者有刺激的时候,会出现活化淋巴细胞,转化型淋巴细胞,浆细胞样淋巴细胞,浆细胞,幼稚淋巴细胞,活化单核巨噬细胞,异型细胞等。

**结论** 正常的脑脊液中细胞数较少;

当有炎症刺激时,有核细胞数将会增多,大量的淋巴细胞增殖,并出现少量的活化淋巴细胞和转化型淋巴细胞,偶见幼稚淋巴细胞。

当有细菌性感染时,中性粒细胞会大量增殖,并且会在中性粒细胞内找到吞噬的细菌。

当有病毒感染时,淋巴细胞将大量增生,部分伴活化,并且可见较多的单核组织巨噬细胞,有时可见淋巴细胞围绕单核组织巨噬细胞的现象,称之为淋巴免疫岛,是淋巴细胞从单核组织巨噬细胞中接受病毒的信息并且开始活化增殖。

当有寄生虫感染时,会出现大量的活化淋巴细胞与嗜酸性粒细胞,有时,嗜酸性粒细胞较少见。镜下可见大量的活化淋巴细胞,浆细胞样淋巴细胞,浆细胞等,此时应注意是否是脑囊虫感染。当有弓形虫感染时,可见较多中性粒细胞,并在中性粒细胞中,可查见似疟原虫环状体样虫体。

当结核杆菌感染时,前期中性粒细胞增生,会发现中性粒细胞吞噬结核菌;中期时,因为中性粒细胞无法杀死结核杆菌,中性粒细胞开始凋亡,单核组织巨噬细胞增生开始增生并开始吞噬;后期会有大量的淋巴细胞与单核组织巨噬细胞增殖,并有可能出现朗格汉斯细胞。

当有肿瘤细胞,可通过细胞形态学及细胞免疫化学染色可以分辨出肿瘤细胞来源。以原发性脑膜瘤,转移性腺癌,淋巴瘤为主。

## PU-3809

### 耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌的感染特征及克隆变迁

孔海芳

天津医科大学总医院,300000

**目的** 研究天津医科大学总医院近 5 年耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌 (CRAB) 的临床特征、耐药机制以及克隆变迁情况。

**方法** 回顾性分析天津医科大学总医院 2011 年 1 月至 2015 年 12 月感染 CRAB 患者的临床资料;采用聚合酶链反应 (PCR) 检测 CRAB 的碳青霉烯酶基因;应用脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 对 CRAB 进行分子流行病学分型。

**结果** 近 5 年我院分离出 79 株 CRAB, 以下呼吸道标本为主, 占 29.1% (23/79), 其次为腹腔引流液, 占 20.2% (16/79), 45.6% 的 CRAB 菌株来自于重症监护室 (ICU)。我院 CRAB 对庆大霉素、环丙沙星、左氧氟沙星的耐药性较高, 且 97.5% 的菌株 *bla*<sub>OXA-23</sub> 基因阳性, 未检测出 *bla*<sub>OXA-24-like</sub>、*bla*<sub>OXA-58-like</sub>、*bla*<sub>IMP</sub>、*bla*<sub>VIM</sub>、*bla*<sub>SIM</sub>、*bla*<sub>NDM</sub> 基因。PFGE 将 79 株 CRAB 分成 15 个克隆型, 以 A 克隆型和 C 克隆型为主, 2011 年 CRAB 呈散在流行, 2012 年以 C 克隆型为主, 2013 年 A 克隆型出现, 并取代 C 克隆型成为 2013-2015 年主要的流行菌株; A 克隆型对亚胺培南高度耐药 ( $MIC_{50}=64\mu g/mL$ ), 对美罗培南中度耐药 ( $MIC_{50}=16\mu g/mL$ ), 且与中央静脉插管相关 ( $\chi^2=5.80$ ,  $P=0.016$ ), C 克隆型对亚胺培南中度耐药 ( $MIC_{50}=16\mu g/mL$ ), 对美罗培南低度耐药 ( $MIC_{50}=8\mu g/mL$ ), 且与三代头孢菌素的使用相关 ( $\chi^2=4.65$ ,  $P=0.031$ )。

**结论** *bla*<sub>OXA-23</sub> 基因是我院 CRAB 最主要的碳青霉烯酶基因, 对亚胺培南和美罗培南高中度耐药的 A 克隆型是目前我院流行传播的主要克隆型。

## PU-3810

### Optimization of Enterococci Infection Drug Delivery Strategy by Monte Carlo Simulation

Xiaoyan Zeng, Haiyan Dong

The First Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University,

**Objective** To investigate the local infection situation, antibiotic resistance and linezolid MIC distribution of enterococci in 2009-2016, and evaluate the probability of PK/PD target value of linezolid therapy in critical patients with different enterococci infection using PK/PD model and Monte Carlo stimulation, which lay a theoretical foundation for the optimization of linezolid treatment.

**Methods** WHONET5.6 software was used to analyze antibiotic susceptibility of linezolid. Oracle Crystal Ball software was used to evaluate the probability of AUC24/MIC in critical patients by Monte Carlo simulation.

**Results** The MIC of linezolid of local enterococci was mainly distributed at 2 mg/L (>66%), in which the distribution of *E. faecium*, *E. faecalis* and *E. casseliflavus* was >85%, the distribution of *E. hirae* and *E. durans* was >90%. Through the PK/PD analysis and Monte Carlo simulation, we found that the treatment of linezolid conventional scheme (600 mg q12 h) in critical patients with MIC 1 mg/L, AUC24/MIC=80-120 can get PTA 100%. However, when the MIC was 2 mg/L, with the increase of AUC24/MIC, PTA was decreased rapidly, AUC24/MIC=80, PTA 99.91%, AUC24/MIC=100, PTA 82.49%, AUC24/MIC=120, PTA 19.14%. When the MIC was increased to 4 mg/L, the PTA was almost 0.

**Conclusions** Medication project should be adjusted, according to the evaluation results obtained from PK/PD model and Monte Carlo simulation, to improve the success probability of antibacterial drugs in clinical treatment.

## PU-3811

### PET-CT 对恶性黑色素瘤的诊断价值

林夏雯

南京鼓楼医院

**目的** 探讨  $^{18}\text{F}$ -FDG PET-CT 对恶性黑色素瘤临床分期及转移的诊断价值。

**方法** 回顾性分析我院原发灶均明确病理诊断的恶性黑色素瘤患者 39 例。均在我院行 PET-CT 检查并测量肿瘤原发灶及转移部位病灶标准摄取值最大值。

**结果** 1. PET-CT 对术前黑色素瘤的诊断效能:术前黑色素瘤患者 1 例, PET-CT 显示:左侧足弓部外缘软组织局部见结节状代谢增高, SUVmax 为 2.8, SUV 平均值为 1.3;左侧外踝旁局部代谢增高, SUVmax 为 3.0, 平均为 2.0; 2. PET-CT 对术后黑色素瘤局部复发的诊断效能:术后恶性黑色素瘤原部位复发患者 4 例, SUVmax 为  $13.78 \pm 1.38$ , SUV 平均值为  $8.40 \pm 1.07$ 。

3. PET-CT 对黑色素瘤术后远处转移的诊断价值:术后恶性黑色素瘤患者 38 例, 远处转移患者 24 例 (63.2%), 均经病理学证实。以病例为研究单位计算, 诊断恶性黑色素瘤术后远处转移的敏感性、特异性和准确性分别为 95.8%、92.9%、94.7%。以病灶为研究单位计算, 诊断恶性黑色素瘤术后远处转移的敏感性、特异性和准确性分别为 97.5%、85.7%、95.7%。

**结论** PET-CT 在恶性黑色素瘤诊断中具有一定价值,在分期中具有重要价值,且 PET-CT 对恶性黑色素瘤远处转移的评价具有较高的敏感性、特异性和准确性。

## PU-3812

### 71 例 M 蛋白阳性患者临床表现和实验结果回顾性分析

张若攀,周涛,王清

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过对 71 例 M 蛋白阳性患者的临床表现和实验结果的分析,找出到本院初次诊治的多发性骨髓瘤患者的常见首发症状,评价不同实验室检验指标组合对多发性骨髓瘤的诊断效率。

**方法** 收集昆明医科大学第二附属医院 2017 年 1 月至 2019 年 3 月 M 蛋白阳性的初诊患者的临床表现和实验室检测结果的资料,分析 M 蛋白阳性病例与年龄、性别的关系;对 M 蛋白阳性多发性骨髓瘤 (Multiple Myeloma, MM) 组和 M 蛋白阳性非 MM 组的首发症状进行比较;对多发性骨髓瘤组 M 蛋白在血清蛋白电泳图中分布区域进行分析;比较 4 种不同检验指标组合对 MM 的诊断效率。

**结果** 71 例 M 蛋白阳性病例中, MM 患者有 46 例 (64.8%), 非 MM 患者有 25 例 (35.2%), 患者年龄在 33~81 岁, 年龄中位数为 59 岁, 发病年龄高峰为 50-55 岁, 共 12 例 (26.1%)。M 蛋白阳性 MM 组以骨痛为首发症状, M 蛋白阳性非 MM 组以乏力为首发症状。M 蛋白阳性 MM 组患者中 IgG-LAM 型有 9 例 (19.6%), IgG-KAP 型有 12 例 (26.1%), IgA-LAM 型有 3 例 (6.52%), IgA-KAP 型有 7 例 (15.2%), IgM-KAP 型有 1 例 (2.17%), 双克隆 M 蛋白有 3 例 (6.52%), LAM 型有 5 例 (10.9%), KAP 型有 6 例 (13.0%)。46 例 MM 患者血清蛋白电泳中 M 蛋白带位于  $\beta$  区的有 3 例 (17.6%),  $\beta$ - $\gamma$  区的有 7 例 (41.2%),  $\gamma$  区的有 7 例 (41.2%)。

**结论** 本研究中 MM 患者发病年龄高峰在 50 至 55 岁。

M 蛋白阳性 MM 患者以骨痛为首发症状; 非 MM 患者以乏力为首发症状。

本组研究中 MM 组的 M 带主要分布于  $\beta$ - $\gamma$  和  $\gamma$  区间, 其次分布于  $\beta$  区间。

M 带以 IgG 型为主, 占 45.7%; IgA 型次之, 占 21.74%; IgM 型最少, 占 2.17%, 游离 KAP 型占 13.0%, 游离 LAM 型占 10.9%, 双克隆 M 蛋白占 6.52%。

血清蛋白电泳 M 蛋白阳性+Hb<100g+ Glb>35g/L+校正 Ca>2.75mmol/L 四项平行检测时灵敏度较高, 达 97.8%, 可用于 MM 的筛查; 血清蛋白电泳 M 蛋白阳性+Hb<100g +Glb>35g/L+校正 Ca>2.75mmol/L 四项联合检测时的特异度较高, 达 92.0%, 可用于 MM 的确诊。

### PU-3813

## 非小细胞肺癌患者外周血 T 淋巴细胞亚群表达 及其临床意义

王茜,侯超,严虹  
南京市胸科医院,210000

**目的** 探索非小细胞肺癌患者外周血 T 淋巴细胞及其亚群与健康人群是否存在差异, 并为诊断和治疗非小细胞肺癌提供参考。

**方法** 使用流式细胞仪检测 30 例非小细胞肺癌患者 (其中腺癌 22 例, 鳞癌 8 例) 和 20 例健康对照者外周血 T 淋巴细胞及其亚群的表达情况。

**结果** 肺鳞癌和腺癌患者的 CD3<sup>+</sup> 和 CD4<sup>+</sup>T 细胞所占比例均低于健康对照者水平, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 而 CD8<sup>+</sup>T 细胞水平与健康对照者相比, 并无显著变化 ( $P>0.05$ ); 肺鳞癌患者 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值也低于健康对照, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 非小细胞肺癌患者 CD3<sup>+</sup> 和 CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞水平较健康人都显著降低, 肺鳞癌 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值较健康人都显著降低, 说明非小细胞肺癌患者尤其是肺鳞癌患者细胞免疫功能严重受损。

### PU-3814

## CaSR 通过 MAPK/ERK1/2 通路调节 PDGFD 蛋白 影响胃癌增殖和迁移的机制研究

颀晚林,孙轶华  
哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 通过观察钙敏感受体 (Calcium-sensing receptor, CaSR)、血小板衍生生长因子 D (Platelet-derived Growth Factor D, PDGFD) 在正常组织和胃癌组织中的差异表达, 进一步探究 CaSR、PDGFD 在胃癌增殖和迁移过程中的作用机制。

**方法** 收集 45 例胃癌患者的病理切片, 采用免疫组化方法分别检测 CaSR 和 PDGFD 的表达; Western blot 分别检测正常人胃黏膜细胞株 GES-1 和胃癌细胞株 SGC-7901 中 CaSR 和 PDGFD 的表达; 利用 ELISA 方法检测细胞上清液中 PDGFD 的含量; 构建 CaSR 慢病毒载体转染 SGC-7901, 检测转染后细胞增殖和迁移能力的变化; Western blot 检测 MAPK 信号相关通路蛋白 ERK1/2 及 PDGFD 变化水平; 利用平板克隆技术检测 PDGFD 对胃癌细胞增殖的影响; 利用 Transwell 方法检测 PDGFD 对胃癌细胞迁移的影响。

**结果** CaSR 在正常组织、癌旁组织及胃癌组织中表达依次降低, PDGFD 在正常组织、癌旁组织及胃癌组织中表达依次升高。CaSR 在胃癌细胞较正常人胃黏膜细胞中表达水平下降, 而 PDGFD 在胃癌细胞中表达量明显升高。同样, PDGFD 在胃癌细胞上清液中含量明显增多。CaSR 过表达的胃癌细胞增殖和迁移能力减弱, 而 CaSR 沉默的胃癌细胞增殖和迁移能力增强。CaSR 过表达的胃癌细胞中 ERK1/2 磷酸化水平升高, 而 PDGFD 表达量降低, 加入 MAPK 通道阻滞剂后 ERK1/2 磷酸化水平明显降低, PDGFD 蛋白表达量反而上升, CaSR 沉默组的变化与之相反。加入重组 PDGFD 蛋白后胃癌细胞增殖及迁移能力明显提高。

**结论** 在胃癌中 CaSR 表达量下降, 而 PDGFD 表达量升高。CaSR 可以通过激活 MAPK/ERK1/2 信号传导通路调节 PDGFD 蛋白, 进而影响胃癌细胞增殖和迁移能力。

## PU-3815

# 健康人群肠道定植肺炎克雷伯菌血清型及毒力基因分布调查

李静

天津医科大学总医院,300000

**目的** 调查天津医科大学总医院来自体检健康人群粪便中分离出的肺炎克雷伯菌血清分型及毒力基因的分布。

**方法** 收取该院从 2014 年 12 月至 2015 年 1 月间体检中心健康人群粪便标本 400 份, 从中分离出肺炎克雷伯菌 59 株进行粘液丝实验, 然后提取其 DNA。利用 PCR 体外扩增技术, 检测肺炎克雷伯菌的血清型: K1、K2、K57, 以及毒力基因 rmpA、aerobactin 的分布情况。

**结果** 经 PCR 检测后发现, 59 株菌中 K1、K2、K57 三种血清型分别占 35.59%、15.25%、38.98%, 粘液型肺炎克雷伯菌占 71.2%, 粘液型的血清型 K1、K2、K57 分别为 76.19%、88.89%、81.82%。毒力基因 rmpA 在 K1、K2、K57 型中的检出率分别为 85.71%、100%、91.30%, aerobactin 在 K1、K2、K57 型中的检出率分别为 76.19%、100%、91.30%。

**结论** 实验结果表明: 59 株肺炎克雷伯菌在已经鉴别的 3 种强毒性血清型中 K1、K57 型所占比例较高, 较为流行, 血清型 K2 检出率相对较低。另外 59 株肺炎克雷伯菌在已检测的两种毒力基因中都出现了不同程度的基因缺失现象, 推测毒力基因的分布可能与其血清型有关。本研究研究了天津市健康人群肠道中肺炎克雷伯菌血清型的分布特点和毒力基因的缺失情况, 从而为研究肺炎克雷伯菌的血清型及毒力基因与其致病性的关系奠定了基础。

## PU-3816

## A preliminary study of BK virus infection after renal transplantation

Yunxuan Lei

the Second XiangYa Hospital of Central South University

**Objective** In recent years, the medical community has found that the reactivation of BK virus (BK virus, BKV) in the patients after renal transplantation may cause BK virus associated nephropathy (BK virus associated nephropathy, BKVAN). It may cause abnormal function or even loss of the renal allograft function. In order to achieve early detection and long-term monitoring, finding an accurate and specific detection target has become a direction for clinical laboratory work. This paper aims to provide more effective guidance for clinical practice by comparing several BK virus detection methods.

**Methods** By formulating relevant criteria for admission and exclusion, we screened patients from February 2017 to August 2017 who went urine and blood BK detection in the second Xiangya Hospital. In the study of BKV infection in hospital, we mainly analyzed the following indexes: urine BKV-DNA load, blood BKV-DNA load, renal function related index, blood drug concentration and so on.

**Results** Through the analysis of the related data, we can find that the reactivity of BK virus is concentrated in patients after renal transplantation and other patients taking immunosuppressive agents. In terms of detection methods, the accuracy of the urine BKV DNA load analysis is better and the blood load analysis is better, and the results of creatinine in renal function related indicators. The results were correlated with the results of DNA load analysis.

**Conclusions** Through the analysis of the risk factors, we found that FK506 based immunosuppressive regimen significantly increased the possibility of BK virus activity and was a risk factor for BKV infection after renal transplantation. If there is a possibility that viremia may develop to BKVAN, we should adjust or replace the immunosuppressant; for the determination of BKV infection, many aspects should be examined. Urine and blood BKV-DNA detection is a good choice for accuracy and specificity.

## PU-3817

## 河南省某新建医院 2018 年细菌耐药性监测

陈瑞飞,祁新坤,贺婧娴,李正民,郭静,张绮思,于晴晴,邹杰,许泼实  
华中阜外医院

**目的** 了解河南某新建医院 2018 年临床分离菌株的分布及对常用抗菌药物的耐药性, 为该医院临床医生提供合理用药的依据。

**方法** 收集该医院 2018 年 1-12 月的所有临床分离菌株, 用自动化仪器法结合纸片扩散法进行药物敏感试验, 采用 WHONET5.6 软件进行数据分析。

**结果** 共收集非重复菌株 950 株, 其中革兰氏阳性菌 222 株, 占 23.4%, 革兰氏阴性菌 728 株, 占 76.6%。重症监护室分离株占 67.7%, 心血管病患者分离株约占 78.0%, 其中成人心血管病患者分离株占 83.71%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 的检出率为 57.4%, 耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的检出率为 89.1%。肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (ESBLs) 的检出率分别为 54%和 76%, 对碳青霉烯类耐药率分别为 30.3%和 5.6%。铜绿假单胞菌对碳青霉烯类耐药率为 26.5%, 不动杆菌属对碳青霉烯类耐药率为 77.2%。

**结论** 该医院分离的菌株耐药率较高, 应在做好细菌耐药监测工作的同时, 加强医院感染控制措施并合理使用抗菌药物, 减少耐药菌株的出现。

## PU-3818

## Sample Preparation by Acetonitrile Improves Accuracy of Plasma Angiotensin and Aldosterone Immunoassays

Xuefei Wei, Bing Bai  
Nanjing Drum Tower hospital

**Objective** The renin-angiotensin-aldosterone system (RAAS) plays an essential role in the maintenance of fluid and electrolyte balance, as well as the systemic vascular resistance. Its activity is often evaluated in clinical laboratories by immunoassays of the plasma levels of angiotensin I, II, and aldosterone. However, these measurements often yield controversial results, possibly because of their small sizes (only 10 and 8 amino acids for angiotensin I and II, and a chemical with a molecular weight of 360.5 for aldosterone) that make them more susceptible to interference in the sample. Here we extracted them using an organic solvent for their measurements to avoid potential interference in the plasma.

**Methods** Acetonitrile was added to plasma or serum sample to reach the final concentration of 60%. After being briefly vortexed, the precipitated proteins were centrifuged down, leaving small peptides and chemicals in the supernatant which was then dried and resuspended in deionized water of original sample size for the immunoassays.

**Results** The angiotensin I, II, and aldosterone was successfully detected in the acetonitrile-derived. Further validation study will be performed with the use of standard samples, artificial interference and the methodology of liquid chromatography coupled with tandem mass spectrometer, to confirm the expected resistance to common sample interference.

**Conclusions** This plasma extraction method might provide more accurate results for better clinical evaluation of the human RAAS activity.

## PU-3819

## 2014-2018 年 ICU 真菌血症病原菌分布及抗菌药物敏感性分析

李妍淳  
天津医科大学总医院, 300000

**目的** 研究我院 ICU 科室真菌血症病原菌的分布特点和药敏结果, 为真菌血症的临床诊断和抗菌药物治疗提供依据。

**方法** 对我院 2014 至 2018 五年间 ICU 科室血培养分离酵母样真菌且符合真菌血症诊断标准的临床资料进行回顾性分析, 应用 WHONET 5.6 软件对菌株分布和药敏结果进行统计。

**结果** ICU 确诊真菌血症患者共 129 例, 致病菌主要为近平滑念珠菌 (59 株, 45.7%)、白色念珠菌 (22 株, 17.1%)、光滑念珠菌 (14 株, 10.9%) 和热带念珠菌 (12 株, 9.3%)。真菌血症以男性患者 (72.1%) 居多, 好发于 65 岁及以上老年 (64.3%); 重症医学科 (55.8%) 和老年病房 ICU (20.2%) 分离率较高。所有菌株对 5-氟胞嘧啶和两性霉素 B 敏感性较高, 对唑类药物出现不同程度耐药。

**结论** 我院真菌血流感染以近平滑念珠菌为多见。光滑念珠菌、热带念珠菌、红酵母属对唑类药物的敏感性相对较低。推广质谱等快速鉴定技术, 了解真菌血症病原菌对抗菌药物的敏感性, 对 ICU 真菌血流感染患者的早期诊治和预后有着重要意义。

## PU-3820

## wnt1 与 $\beta$ -catenin 蛋白在人体纤维肉瘤中的表达及其临床意义

王元,孙轶华  
哈医大附属肿瘤医院

**目的** 本实验通过检测 wnt1 蛋白及  $\beta$ -catenin 蛋白在人纤维肉瘤组织和其配对癌旁、正常组织中的表达情况,以此探讨其临床意义。

**方法** 收集纤维肉瘤患者临床大体标本 30 例,术前均未经放化疗,利用 western blot 方法测定 wnt1 蛋白及  $\beta$ -catenin 的蛋白表达。采用 SPSS17.0 进行统计学分析,以均值 $\pm$ 标准差表示。wnt1、 $\beta$ -catenin 在肿瘤以及正常组织中蛋白的表达采用配对样本 t 检验。 $P<0.05$  表示差异具有统计学意义。

**结果** 经 Western blot 法测定纤维肉瘤组织 wnt1、 $\beta$ -catenin 的蛋白表达,结果显示: wnt1 的蛋白表达明显高于配对癌旁、正常组织,正常组织、癌旁组织、肿瘤组织中 wnt1 的表达量分别为  $3.409\pm0.59$ 、 $5.58\pm0.13$ 、 $7.21\pm0.79$ ,  $p<0.05$ ,差异具有统计学意义。 $\beta$ -catenin 蛋白表达高于配对癌旁、正常组织,正常组织、癌旁组织、纤维肉瘤组织中的表达量分别为  $0.355\pm0.247$ 、 $0.83\pm0.199$ 、 $1.964\pm0.108$ ,  $p<0.05$ 。通过收集整理临床资料,我们发现纤维肉瘤分期越晚, wnt1 与  $\beta$ -catenin 蛋白的表达量越高。该表达量与性别、年龄、分型等因素无关。

**结论** Wnt 通路相关下游蛋白 wnt1 和  $\beta$ -catenin 在纤维肉瘤组织中呈较强表达,其可能参与了纤维肉瘤的转移。纤维肉瘤的发生发展可能与 wnt 经典通路有关,这为软组织肿瘤的靶向治疗提供了新的方向。

## PU-3821

## 谁“吃”了纤维蛋白原?

周丽  
陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 消化道出血女性患者急诊入院,凝血检查结果如下: Fib:  $0.64\text{g/L}$  ( $1.8\text{-}3.7$ ), PT:  $11.9\text{sec}$  ( $10\text{-}14$ ), APTT:  $34.2\text{sec}$  ( $24.8\text{-}33.8$ ), TT:  $21.5\text{sec}$  ( $14\text{-}21$ ), DD:  $2.12\text{mg/L}$  ( $0\text{-}0.55$ ), FDP:  $11\text{mg/L}$  ( $0\text{-}5$ )。面对如此低的 Fib 结果,然而 PT 和 APTT 仅是轻度延长。如此疑惑的结果,检验医生该如何应对? 分别从检验前、中、后三个阶段对标本进行求证、案例层层剖析,还原事情原本的“真相”。

**方法** 核对原始结果与 LIS 传输结果是否一致;再进行标本核对复查;对比 Fib 的 cluss 检测法和 PT 演算法的差别,初步判断是否存在异常纤维蛋白原血症;与患者管床医生和护士沟通,查看其所有病例资料;最后根据可能的原因,查阅资料,进一步确认事件的“真凶”。

**结果** 标本复查结果一致;Fib 的 cluss 检测法和 PT 演算法结果无差别,初步排除异常纤维蛋白原血症的可能;通过查看病例和临床沟通,了解到患者急诊入院前两天在其他医院一直有使用白眉蛇毒血凝酶。血凝酶可直接水解纤维蛋白原为纤维蛋白,而不通过其他各种凝血因子的参与。所以患者出现了极低的 Fib,然而 PT、APTT 轻度延长的不对等现象。

**结论** 白眉蛇毒血凝酶能对纤维蛋白原进行凝聚作用,且在出血部位可促进形成不稳定纤维蛋白,易被纤溶酶降解,因此不会导致血栓并发症的发生,而广泛地应用于临床治疗消化道出血。因此确定,临床使用的蛇毒血凝酶即是导致凝血报告中异常低 Fib 结果的“元凶”。在我们的工作中经常遇到这样或那样异常的检验结果,我们检验者需要依靠扎实的专业知识、敏感的探知能力、了然于胸的分析。时刻做到联系临床、走进临床、服务临床,才能更好的为患者服务。



## PU-3822

## 四种类型采血管的质量评价

张艳,邓朝晖

新疆生产建设兵团总医院,830000

**目的** 评价本院四种类型采血管的性能指标, 确保采血管质量的可靠。

**方法** 参照中华人民共和国卫生行业标准 WS/T224-2018 对我院使用的 EDTA-K2 抗凝采血管(批号 20180401)、3.2%柠檬酸钠抗凝采血管(批号 20180821)、3.8%柠檬酸钠抗凝采血管(批号 1811327)、分离胶真空采血管(批号 1806336)的外观、抽吸量、管体强度、纤维蛋白挂壁、溶血、抗凝管凝血、无菌测试及结果可比性进行评价。

**结果** 四种类型采血管外观均为透明、无异物、无变形或破损、标识清楚、管盖无脱落, 分离胶采血管内的分离胶胶体呈凝胶状。EDTA-K2 抗凝采血管、3.2%柠檬酸钠抗凝采血管和 3.8%柠檬酸钠抗凝采血管的抽吸量与公称液体容量的相对偏差分别为-2.5%、-2.0%和 8.7%, 均符合要求。四种类型采血管充装水离心后, 外壁均未破裂且无液体渗漏, 管体强度符合要求; 采血离心后均未发生溶血现象。分离胶真空采血管采血离心后无纤维蛋白挂壁情况。三种类型抗凝采血管采血混匀后, 显微镜下均未出现凝块。将含有供试液的四种类型采血管放置生化培养箱 48h 后, 均无细菌生长。分离胶真空采血管不同项目比对结果的相对偏倚符合分析质量指标的要求。

**结论** 四种类型采血管的性能良好, 可以满足临床血液标本采集、转运、分析及储存的要求。

## PU-3823

## 电化学发光法联合检测血清中 HE4、CEA、NSE、SCC、CYFRA211 在肺癌病人中的应用

崔宝红,孙铁华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 早期诊断和组织学分型是肺癌诊疗的重要问题。本研究主要目的是明确 HE4 在肺癌患者血清中的诊断价值, 并与其他血清肿瘤标记物联合检测在肺癌早期诊断中的意义。

**方法** 研究对象为 138 例患者(75 例腺癌、40 例鳞状细胞癌、23 例小细胞癌)、40 例良性肺部疾病患者和本院健康体检者 45 例。采用电化学发光法检测血清中人附睾蛋白 4 (HE4)、癌胚抗原 (CEA)、鳞状细胞癌相关抗原 (SCC)、细胞角蛋白 19 片段 (CYFRA 211)、鳞状细胞癌抗原 SCC 和神经元特异性烯醇化酶 (NSE) 水平。利用 ROC 曲线分析对 HE4 和多种肿瘤标志物联合检测在肺癌中的诊断价值进行了评估, 计算曲线下的面积 (AUC)。

**结果** 与肺部良性疾病患者和健康体检者相比, 肺癌患者的血清 HE4 水平明显增高, 差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ ); ROC 曲线下面积为 0.832, 取 42.61pmol/L 为参考值时, 对肺癌诊断的敏感性为 88.57%, 特异性为 64.76%。CEA、NSE 在小细胞肺癌中, 增高水平更明显 ( $p < 0.05$ ); 在非小细胞肺癌中, CYFRA 211 和 SCC 水平较高 ( $p < 0.05$ )。HE4 对腺癌诊断的敏感性和特异性优于 NSE、CYFRA211; SCC 对鳞癌诊断的敏感性和特异性优于 HE4、NSE。CEA、NSE、SCC 和 CYFRA211 联合检测的阳性诊断率为 78.34%, 而加入 HE4 后阳性诊断率可提高到 86.43%。

**结论** HE4 在肺癌患者中增高, 与临床病理和疾病分期相关, HE4、CEA、NSE、CYFRA211 和 SCC 水平变化有助于肺癌的诊断和鉴别诊断, 对肺癌不同病理类型的分型有一定的参考价值, 可以更好的提高肺癌诊断的敏感性, 为肺癌的临床治疗效果观察提供了新的依据。

## PU-3824

## Diagnostic and prognostic value of red blood cell distribution width in pulmonary embolism patient: a systematic review and meta-analysis

罗慧景

天津医科大学总医院,300000

**目的** Red blood cell distribution width (RDW) has been reported is related to the diagnosis and prognosis of PE. However, the comprehensive analysis on relation between RDW and PE still remains blank. The aim of this meta-analysis was to assess the diagnosis and prognostic role of RDW in PE comprehensively.

**方法** Eligible studies were searched in PubMed, Cochrane library, Embase, and CNKI databases. We performed a meta-analysis of 2380 PE patients and 1531 controls from 10 published articles.

**结果** This meta-analysis demonstrated that RDW was associated with PE incidence, long time all-cause mortality, and CTEPH.

**结论** RDW was associated with PE incidence and prognosis, which suggested it may be used as a cheap and easily available diagnosis and prognosis marker for PE. In the future, RDW combined other indicators should be studied.

## PU-3825

## 雌激素与肿瘤标志物的联合检测对肺癌诊断及预后的意义

高颖婷,丁海涛

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 本研究探讨了 17 $\beta$ -雌激素 (E2) 和肿瘤标志物联合检测在肺癌诊断和预后中的意义。

**方法** 本研究共招募了 174 名患者,包括 117 名非小细胞肺癌 (NSCLC) 和 57 名良性肺病变 (BPL) 患者。采用酶联免疫吸附试验检测 NSCLC 和 BPL 患者的 E2、癌胚抗原 (CEA)、神经元特异性烯醇化酶 (NSE) 和细胞角蛋白 19 片段抗原 21-1 (CYFRA21-1) 的表达。分析 E2 与 CEA、NSE 或 CYFRA21-1 表达的相关性,及其与临床病理特征及预后的关系。

**结果** NSCLC 患者 E2、CEA、NSE 和 CYFRA21-1 的表达水平显著高于 BPL 患者 ( $P < .05$ ); E2 与肿瘤标志物呈正相关 ( $P < .01$ )。具有高表达 E2 和肿瘤标志物的患者预后不良 ( $P < .05$ )。

**结论** 肺癌的性别差异与 NSCLC 患者的 E2 水平有显著关系。通过比较 NSCLC 和 BPL 患者血清中 E2、CEA、NSE 和 CYFRA21-1 的浓度,我们发现 NSCLC 患者的 E2, CEA, NSE 和 CYFRA21-1 浓度显著升高。此外,CEA, NSE 和 CYFRA21-1 的浓度随着 E2 浓度的增加而增加。在 NSCLC 中 E2 和肿瘤标志物强阳性表达的患者的预后比弱阳性表达的患者更差。因此,联合检测 E2 和肿瘤标志物可提高肺癌的诊断率,也可预示预后和肺癌患者复发。

## PU-3826

## 钙敏感受体调控中性粒细胞分泌的外泌体中 lncRNA ENSRNOT00000039868 对心肌细胞 损伤的作用研究

邹磊,孙轶华

哈尔滨医科大学附属第三医院,150000

**目的** 通过将中性粒细胞分泌的外泌体与心肌细胞共培养,探究钙敏感受体(Calcium-sensing receptor,CaSR)调控大鼠外周血中性粒细胞分泌的外泌体中 lncRNA ENSRNOT00000039868 对心肌细胞缺氧/复氧损伤的影响。

**方法** 应用超速离心技术,提取大鼠外周血中性粒细胞分泌的外泌体,利用电镜、Western Blot 和粒径分析等方法鉴定外泌体;调节中性粒细胞上 CaSR 的活性,通过 qRT-PCR 技术检测中性粒细胞分泌的外泌体中 lncRNA ENSRNOT00000039868 的表达;运用生物信息技术预测与 lncRNA ENSRNOT00000039868 相关的下游蛋白,并对其进行 mRNA 和蛋白水平的验证;通过 RNA 干扰(RNA interference, RNAi)技术,在中性粒细胞分泌的外泌体与缺氧及缺氧复氧后的乳鼠心肌细胞共培养时,沉默心肌细胞的 lncRNA ENSRNOT00000039868 基因,检测心肌细胞损伤情况;应用流式细胞术检测心肌细胞的凋亡;使用 Western Blot 技术检测心肌细胞的凋亡相关蛋白的表达情况;利用 ELISA 技术测定心肌损伤指标。

**结果** 大鼠外周血中性粒细胞 CaSR 活化后,外泌体中 lncRNA ENSRNOT00000039868 表达升高;血小板源性生长因子 D(PDGFD)是 lncRNA ENSRNOT00000039868 的下游蛋白;缺氧/复氧的心肌细胞 PDGFD 表达降低,活性氧(ROS)含量升高,凋亡率增加,与中性粒细胞分泌的外泌体共培养后,损伤减轻,但转染 lncRNA ENSRNOT00000039868 siRNA 则使心肌细胞 ROS,MDA 和 TNF- $\alpha$  含量增加,SOD 含量减低,心肌细胞凋亡率升高,心肌细胞损伤加重。

**结论** 大鼠外周血中性粒细胞 CaSR 可能通过调节外泌体中 lncRNA ENSRNOT00000039868 的分泌影响心肌细胞的损伤。

## PU-3827

## 肺泡灌洗液检出烟曲霉 辅助诊断真菌性肺炎一例

唐丽红<sup>1</sup>,柴树红<sup>1</sup>

1.乌鲁木齐市友谊医院,830000

2.乌鲁木齐市友谊医院,830000

**目的** 通过对肺泡灌洗液标本直接涂片、染色、镜检,培养出烟曲霉,辅助诊断真菌性肺炎。

**方法** 通过对肺泡灌洗液标本直接涂片、瑞吉染色、镜检,培养出烟曲霉。

**结果** 通过对肺泡灌洗液标本直接涂片、染色、镜检,培养出烟曲霉,辅助诊断真菌性肺炎。

**结论** 通过对肺泡灌洗液标本直接涂片、染色、镜检,培养出烟曲霉,辅助诊断真菌性肺炎。

## PU-3828

## 质谱技术在临床诺卡菌菌种鉴定中的应用评价 及诺卡菌感染病例分析

刘雅,覃紫璇,吴思颖,肖玉玲,陈知行,康梅

四川大学华西医院,610000

**目的** 以基因测序法为金标准,评价质谱法鉴定诺卡菌菌种的准确度,并对诺卡菌感染病例的特点进行分析。

**方法** 纳入四川大学华西医院 2016 年 1 月至 2019 年 2 月临床分离的诺卡菌 26 株,比较基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱法(MALDI-TOF MS)与 16s rDNA、rpoB 基因测序的菌种鉴定结果的一致性,将通过基因测序鉴定到种但质谱未能准确鉴定的菌株指纹图谱维护至本实验室数据库。回顾临床资料完整病例 12 例,分析感染的特点。

**结果** 26 株诺卡菌主要分离自脓液分泌物(42.3%)以及痰(38.5%),经基因测序准确鉴定到种,分别为 10 株巴西诺卡菌,4 株皮疽诺卡菌,3 株脓肿诺卡菌,3 株盖尔森基兴诺卡菌,2 株凹菌落诺卡菌,2 株南非诺卡菌,1 株豚鼠耳炎诺卡菌,1 株脓液诺卡菌。与测序结果相比 MALDI-TOF MS 对诺卡菌鉴定的属准确度为 100%,种准确度为 80.8%,其中 3 株仅能鉴定到属,2 株与基因测序法鉴定的菌种结果不一致。对未能准确鉴定到种的菌株指纹图谱维护到菌种库后,质谱鉴定的准确度可达 100%。12 例病例资料完整的诺卡菌感染患者中,肺诺卡菌感染最多(7/12),原发性皮肤感染其次(5/12);患者均存在基础疾病,经复方新诺明(9/12)、利奈唑胺(2/12)、阿米卡星(2/12)等治疗后均好转出院。

**结论** 四川大学华西医院分离的诺卡菌以巴西诺卡菌为主,肺部为主要感染部位。联合 16s rDNA 和 rpoB 基因序列分析,可以将诺卡菌准确鉴定到种,通过对 MALDI-TOF MS 数据库的补充,质谱仪对诺卡菌鉴定准确度高,可为临床提供快速准确的诊断信息。

## PU-3829

## 使用炎症反应生物标志物建立新型评分系统在非小细胞 肺癌预后中的评估价值

高颖婷,丁海涛

内蒙古自治区人民医院,010000

**目的** 据报道,中性粒细胞与淋巴细胞比率(NLR),血小板与淋巴细胞比率(PLR)和淋巴细胞与单核细胞比率(LMR)与非小细胞肺癌患者的预后密切相关(NSCLC)。我们的目的是利用这些比率建立一种新的评分系统,称为炎症反应生物标志物(IRB)评分,并测试其在 NSCLC 中的预后价值。

**方法** 回顾性分析了该院 120 例行肺癌根治性切除术的 NSCLC 患者的资料。IRB 评分定义如下:高 NLR ( $> 2.12$ ),高 PLR (92.9)和低 LMR ( $< 4.57$ )各自评分为 1 分;其余值评分为 0 分,各评分之和为 IRB 评分(范围:0-3)。

**结果** 多变量分析显示:高 TNM 分期(风险率[HR] 2.721, 95%置信区间[CI] 1.597-4.989;  $P < 0.001$ )和 IRB 评分 $\geq 2$ (HR 2.696, 95%CI 1.506-4.826;  $P = 0.001$ )是整体存活率差的独立预后因素。此外,吸烟史(HR 2.953, 95%CI 1.086-8.026;  $P = 0.034$ ),高 TNM 分期(HR 3.108, 95%CI 1.911-5.056;  $P < 0.001$ ), IRB 评分 $\geq 2$ (HR = 2.316, 95%CI:1.389-3.861;  $P = 0.001$ )被证明是无病生存率差的独立预后因素。

**结论** 结合 NLR, PLR 和 LMR 的新型评分系统是肺癌根治性切除术后的 NSCLC 患者的独立预后因素, 并且 IRB 评分的预测价值优于 NLR, PLR 和 LMR 的单独预测价值。

## PU-3830

### 淮海地区汉族人群 SLCO1B1 和 ApoE 基因多态性分析及临床意义

张好良

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 分析淮海地区汉族人群 SLCO1B1 与 APOE 基因多态性分布及其临床意义。

**方法** 利用 PCR-荧光探针法技术定性检测 104 份人外周全血基因组中 SLCO1B1 和 ApoE 基因, 分析其多态性分布情况。

**结果** 淮海地区汉族人群中 SLCO1B1 基因的 9 种表型 \*1a/\*1a, \*1a/\*1b, \*1b/\*1b, \*1a/\*15, \*1b/\*15 所占比例分别为 4.8%、24%、52.9%、4.8%、13.5%; 淮海地区汉族人群中携带 SLCO1B1 正常代谢型占多数, 约 81.7%; SLCO1B1 中间代谢型是 18.3%, 未发现低代谢型。淮海地区汉族人群 APOE 基因的六种表型 E2/E2、E2/E3、E3/E3、E3/E4 和 E4/E4 所占比例分别为 1%、14.4%、68.3%、15.3%、1%, 未检测到 E2/E4 型。APOE 保护类基因型, 大众类基因型及风险类基因型的人群分别为 15.4%, 68.3%和 16.3%。不同性别间的 SLCO1B1 与 APOE 基因多态性差异无统计学差异。基因型频率观察值符合 Hardy-wenber 遗传平衡, 具有群体代表性。

**结论** 淮海地区汉族人群中 SLCO1B1 基因的 9 种表型 \*1a/\*1a, \*1a/\*1b, \*1b/\*1b, \*1a/\*15, \*1b/\*15 所占比例分别为 4.8%、24%、52.9%、4.8%、13.5%; 淮海地区汉族人群中携带 SLCO1B1 正常代谢型占多数, 约 81.7%; SLCO1B1 中间代谢型是 18.3%, 未发现低代谢型。淮海地区汉族人群 APOE 基因的六种表型 E2/E2、E2/E3、E3/E3、E3/E4 和 E4/E4 所占比例分别为 1%、14.4%、68.3%、15.3%、1%, 未检测到 E2/E4 型。APOE 保护类基因型, 大众类基因型及风险类基因型的人群分别为 15.4%, 68.3%和 16.3%。不同性别间的 SLCO1B1 与 APOE 基因多态性差异无统计学差异。基因型频率观察值符合 Hardy-wenber 遗传平衡, 具有群体代表性。

## PU-3831

### DMP1 和 VEGF 在 HFRS 中的作用研究

史东沙

天津医科大学总医院,300000

**目的** HFRS 的具体机制尚未阐明, 但是 HFRS 发病过程中存在的免疫病理损伤已被公认, 其基本病变是血管内皮损伤和通透性增加导致的有效血容量下降。DMP1 可以通过激活其伴侣基质金属蛋白酶 9 (MMP9) 降解基底膜的 IV 型胶原、黏着连接的组成成分血管内皮钙粘蛋白及紧密连接的闭合蛋白和紧密连接蛋白, 这一过程会导致通透性的增高。VEGF 可以促进 MMP9 的表达。本文主要探讨牙本质基质蛋白 1 (DMP1) 和血管内皮生长因子 (VEGF) 在肾综合征出血热 (HFRS) 患者血清中的表达变化, 观察其与肾损伤之间的关系。

**方法** 采用双抗体夹心酶联免疫吸附 (ELISA) 法测定 HFRS 患者血清中 DMP1 及 VEGF 的含量水平。日立 7180 全自动生化分析仪检测 HFRS 患者血尿素氮 (BUN)、肌酐 (Cr) 及胱抑素 C (Cys C) 的含量以评估肾损伤程度。

**结果** HFRS 发病早期、少尿期及多尿期及恢复期患者血清中 VEGF 及 DMP1 较正常对照组均显著升高, VEGF 及 DMP1 于发热期明显升高, 于少尿期达高峰, 多尿期下降。Spearman 相关分析显示, DMP1 与肾损伤指标 BUN、Cr、Cys C 间均存在正相关, 相关系数分别为 0.49、0.39、0.58。DMP1 与 VEGF 间亦存在正相关 ( $r=0.64, P<0.01$ )

**结论** HFRS 患者血清 DMP1 和 VEGF 升高, DMP1 和 VEGF 参与了 HFRS 的发病过程, 可反映其病情程度, 并与肾损伤程度相关。

## PU-3832

### 耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌的耐药性分析

王敏, 张海方, 杜鸿  
苏州大学附属第二医院, 215000

**目的** 产酸克雷伯杆菌广泛存在于自然界、水和土壤中, 可导致机体脑膜炎、腹膜炎、腹泻和败血症等疾病, 也可引起院内呼吸道感染。关于耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌的耐药性机制的分析, 目前的研究报道尚少。本论文旨在研究苏州地区某三甲医院 2015-2016 年耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌的耐药机制, 为临床治疗提供参考。

**方法** (1) 收集本院 2015-2016 年期间临床病房标本分离的耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌。

(2) 利用自动化肉汤微量稀释法分析本地区耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌的耐药性情况。

(3) 提取产酸克雷伯杆菌的总 DNA, PCR 扩增碳青霉烯类耐药基因 NDM、TEM、IMP、VIM、SHV、KPC、MCR-1; 通过琼脂糖凝胶电泳技术, 检测目的片段, 从而达到产酸克雷伯杆菌的耐药性分析的目的。

**结果** (1) 2015 年 1 月-2016 年 12 月期间, 共收集该院临床病房标本分离的耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌 8 株。

(2) 8 株耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌的耐药率如下: 氨苄西林 100%, 氨苄西林/舒巴坦 100%, 阿莫西林/克拉维酸 100%, 氨基糖苷类 62%, 丁胺卡那霉素 37%, 复方新诺明 25%, 环丙沙星 62%, 氯霉素 37%, 美罗培南 100%, 哌拉西林 62%, 哌拉西林/他唑巴坦 25%, 庆大霉素 50%, 四环素 25%, 头孢吡肟 75%, 头孢噻肟 100%, 头孢他啶 100%, 亚胺培南 100%, 左氧氟沙星 25%。

(3) PCR 扩增耐药质粒结果:

所有菌株均未携带 NDM、VIM、SHV 及 MCR-1; 两株菌携带 TEM 六株菌携带 IMP; 一株菌携带 KPC。

**结论** 本院耐碳青霉烯产酸克雷伯杆菌分离率不高, 但对抗生素的耐药率较高, 其对碳青霉烯类抗生素耐药的机制可能与携带 TEM、IMP 和 KPC 有关。

## PU-3833

### 血清 D-乳酸与白蛋白的比值及癌胚抗原的联合应用在恶性肿瘤早期诊断中的意义

林鑫, 孙轶华  
哈尔滨医科大学附属肿瘤医院检验科

**目的** 研究血清 D-乳酸与白蛋白的比值及癌胚抗原的联合应用在恶性肿瘤早期诊断中的意义。

**方法** 采集哈尔滨医科大学附属肿瘤医院收治的首次确诊的恶性肿瘤患者及健康人的血清共 200 例。检测其血清中 D-乳酸、Alb 及 CEA 含量, 利用 t 检验或秩和检验判断癌症患者血清 D-乳酸与白蛋白的比值与健康人之间是否具有差异; 根据 ROC 曲线确定指标联合后诊断恶性肿瘤的敏感度及特异性。

**结果** 恶性肿瘤患者血清 D-乳酸升高, 白蛋白降低, CEA 升高, 血清 D-乳酸/Alb 升高, 且与正常对照组比较, 差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。此外, 指标联合后, 诊断恶性肿瘤的敏感度提高。

**结论** 血清 D-乳酸与白蛋白的比值及癌胚抗原在恶性肿瘤中检出率较高, 并且联合检测后可提高恶性肿瘤诊断的敏感度。

#### PU-3834

### 血清 SAA 联合 CEA 及 CRP 对胃癌的诊断价值研究

袁秀梅, 魏莲花, 常若云  
甘肃省人民医院, 730000

**目的** 探讨血清淀粉样蛋白 A (SAA) 联合 C-反应蛋白 (CRP) 及肿瘤标志物癌胚抗原(CEA)检测对胃癌的诊断价值。

**方法** 收集我院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月住院诊断的胃癌患者血清 100 份, 健康人群血清 120 份, 用干式荧光免疫分析仪检测血清中 SAA 水平, 同时在雅培 i2000SR 化学发光仪及 C16000 生化分析仪上测定 CEA 及 CRP。用 SPSS17.0 统计软件比较两组血清 SAA、CRP 及 CEA 均值水平; 比较血清 SAA、CRP 及 CEA 单独测定以及联合测定诊断胃癌的阳性率; 根据 ROC 曲线分别计算出 SAA、CRP 及 CEA 诊断胃癌的约登指数, 并找出各项目单独及联合检测的诊断敏感度、特异度及曲线下面积。

**结果** 胃癌患者组较健康对照组各项指标均值均显著升高, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 血清 SAA 诊断胃癌的阳性率为 70%, CEA 为 35%, SAA 联合 CEA 诊断阳性率为 76.0%; SAA 联合 CEA 及 CRP 诊断阳性率为 81.0%; 血清 SAA 检测诊断胃癌的敏感度为 77.1%, 特异度为 90.1%; CRP 诊断敏感度为 70.0%, 特异度为 80.6%; CEA 诊断敏感度为 62.1%, 特异度为 71.0%; CEA 联合 SAA 敏感度为 84.3%, 特异度为 91.0%; 三项联合诊断的敏感度为 87.1%, 特异度为 95.0%; 血清 SAA 曲线下面积为 0.885, CRP 和 CEA 分别为 0.841 和 0.716, SAA 和 CEA 联合检测的曲线下面积为 0.951, SAA、CEA 及 CRP 三项联合检测的曲线下面积为 0.964。

**结论** 血清 SAA 检测在早期胃癌诊断中较 CEA 和 CRP 更敏感, 更特异; SAA 联合 CEA 及 CRP 检测可显著提高胃癌诊断的阳性率。

#### PU-3835

### 攀西地区维生素 D 水平调查及其相关影响因素

雷永兰, 李靖  
四川省攀枝花市中心医院

**目的** 评估攀西地区特定人群 (18-70 岁) 的维生素 D 的水平状况及影响因素, 为攀西地区维生素 D 缺乏的防治提供流行病学依据。

**方法** 该研究是在 2018 年 7 月至 2019 年 2 月的夏季和冬季在攀西地区进行的, 共有 308 名年龄在 18-70 岁的参与者参与。在获得知情同意后, 使用结构化问卷收集志愿者的基本信息。在夏季和冬季的高峰期采集志愿者血液样本, 采用德国罗氏的电化学发光法测定血清中维生素 D 含量。25(OH)D 水平  $\geq 75$  nmol/L ( $\geq 30$  ng/mL) 为足, 20-30 ng/mL 为不足或  $< 20$  ng/mL 为缺乏。

**结果** 攀西地区人群的血清 25-(OH)D 的平均水平为  $24.84 \pm 8.27$  ng/mL, 维生素 D 缺乏率达 76.9%; 性别组女性维生素 D 水平明显低于男性, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 年龄组  $\leq 50$  岁的维生素 D 水平明显低于  $> 50$  岁组, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 季节组夏季人群的维生素 D 水平明显高于冬季组, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 日照时间  $> 1$  小时的维生素 D 水平明显高于  $\leq 1$  小时组, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 吸烟与饮酒组的维生素 D 水平差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 中国攀西地区维生素 D 缺乏症普遍存在, 维生素 D 水平男性大于女性, 夏季高于冬季, 并随年龄的增长呈上升趋势, 跟日照时间呈正相关, 与吸烟饮酒无关。

## PU-3836

### Screening and expression analysis of lncRNAs in high-risk MDS patients

sixi Wei,Yanjie Huang,Li Ma,Hai Huang,Guo She,Wenxiu Yang,Xiaojun Jian,Guangyan Dai,Yonghong Liu,Juanjuan Zhao,Yun Huang

Division of Clinical Biochemistry and Molecular Diagnostics in Center for Clinical Laboratory Medicine, Affiliated Hospital to Guizhou Medical University

**Objective** Aimed to screen out the differentially expressed lncRNAs and verify its expression, exploring lncRNAs marker for diagnosis and therapeutics relevant to MDS.

**Methods** Three cases bone marrow from patients with high-risk MDS and three healthy donors were collected respectively for lncRNA microarray; bioinformatics analysis was performed to predict the potential interactional targets of lncRNA; Peripheral blood of 20 patients with high-risk MDS and 20 healthy donors were employed for expression verification and co-expression analysis by SYBR-green qRT-PCR.

**Results** Microarray profiling indicated 150 differentially expressed lncRNAs in bone marrow of patients with high-risk MDS, of which 119 lncRNAs showed over-expression. Took CDKN2-AS as a study target, which over-expressed in MDS with 3.27 folds of logFC compared to healthy donors. Bioinformatic analysis showed that RUNX1 was a potential target of mutual effect to CDKN2-AS; CDKN2-AS was highly expressed in 20 high-risk MDS patients, with a relative expression of  $49.74 \pm 109.55$ , while low expressed in healthy donors with a relative expression of  $0.56 \pm 2.35$ , significant difference was showed between the two groups,  $p < 0.01$ ; while RUNX1 was low expressed in high-risk MDS patients, the relative expression level indicated significant difference in MDS and healthy donors,  $p < 0.05$ .

**Conclusions** CDKN2-AS is a potential marker of MDS and its' expression is associated with the prognosis of MDS.

## PU-3837

### 泌尿外科患者血流感染耐药情况分析

宋缘缘

天津医科大学总医院,300000

**目的** 了解我院泌尿外科患者血流感染的菌种分布及耐药性。

**方法** 回顾性统计分析我院 2013 年 1 月至 2018 年 12 月泌尿外科送检血培养阳性 102 例患者病例及临床资料, 对其阳性血培养结果进行分离鉴定及耐药趋势分析。

**结果** 102 例泌尿外科血流感染患者共分离致病菌株 107 株, 其中占比最高为大肠埃希菌 (37.4%), 其次为肺炎克雷伯菌 (14%) 及铜绿假单胞菌 (13.1%)。泌尿外科血流感染大肠埃希菌抗菌药物敏感率大多低于全院水平, 氨曲南、环丙沙星及左氧氟沙星三药  $P < 0.05$ 。40 株大肠埃希菌中, 27 株 (67.5%) 为超光谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBLs) 阳性。六年共检出 2 株耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE), 未检出耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌 (MRSA) 或耐万古霉素的肠球菌 (VRE)。

**结论** 临床应严格做到手卫生与无菌操作, 预防血流感染的发生, 减少患者的负担。



## PU-3838

**四种感染标志物联合检测在败血症早期诊断中的价值**

甘燕玲

中国人民解放军南部战区总医院,510000

**目的** 探讨 C-反应蛋白 (CRP)、降钙素原 (PCT)、血清淀粉样蛋白 (SAA)、白细胞介素-6 (IL-6) 四种感染标志物联合检测在败血症早期诊断中的应用价值。

**方法** 以 2018 年 11 月至 2019 年 3 月我院确诊的 30 例败血症患者为实验组, 以同期的 88 例 (非败血症) 炎症患者为对照组, 检测两组患者的 CRP、PCT、SAA、IL-6 水平。

**结果** CRP 诊断败血症的敏感性、特异性、AUG 分别为 77.42%、42.31%、0.569。PCT 诊断败血症的敏感性、特异性、AUG 分别为 70%、79.55%、0.772。SAA 诊断败血症的敏感性、特异性、AUG 分别为 40%、80.26%、0.596。IL-6 诊断败血症的敏感性、特异性、AUG 分别为 38.46%、84.42%、0.542。四种感染标志物联合检测诊断败血症的敏感性、特异性、AUG 分别为 56%、81.25%、0.699。

**结论** 四种感染标志物联合检测诊断败血症的效能不及 PCT 单独检测, PCT 和 PCT+CRP 对败血症的诊断效能最大。

## PU-3839

**沈阳地区围生期孕妇 B 群链球菌筛查及药敏结果分析**

刘丽薇, 胡兴蔚, 秦晓松

中国医科大学 附属盛京医院

**目的** 分析围生期孕妇 B 群链球菌筛查结果以及药物敏感性, 为临床产前预防感染以及合理用药提供强有力的支持。

**方法** 选择 2019 年 2 月-2019 年 4 月至中国医科大学附属盛京医院滑翔院区就诊的 1384 例孕晚期产妇, 采集阴道分泌物进行分离培养及鉴定, 并对阳性菌株做药敏试验。

**结果** 1384 例分泌物标本中共有 128 例阳性, B 群链球菌检出率为 9.25%, 其中不同年龄段、不同类别患者 B 群链球菌检出率差别无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 对药敏结果进行分析, 本研究中未分离到对青霉素或氨苄西林耐药的菌株, 对万古霉素、利奈唑胺、复方新诺明、替考拉宁、替加环素、头孢吡肟、头孢噻肟也 100% 敏感, 对左氧氟沙星、莫西沙星、克林霉素、红霉素高度耐药。

**结论** 沈阳地区围生期孕妇 B 群链球菌感染率为 9.25%, 并且与年龄、患者类别无明显相关性, 根据药敏结果, 青霉素或氨苄西林仍可作为临床治疗 B 群链球菌感染的首选药物。

## PU-3840

**外泌体长链非编码 RNA DNALI1-2:1 在胃癌中的表达及其筛查价值**

张好良

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 探讨外泌体源性长链非编码 RNA DNALI1-2:1 在胃癌患者血清中的表达及其诊断价值

**方法** 收集 56 例胃癌患者与 32 例体检者血清。试剂盒法提取外泌体 RNA, qRT-PCR 法检测 DNALI1-2:1 的表达水平, 并分析其与临床资料的关系, 利用受试者工作曲线 ROC 评价诊断效能。

**结果** 胃癌组血清外泌体中 DNALI1-2:1 $\Delta$ Ct 为 (3.359  $\pm$  0.242), 与对照组 (1.262  $\pm$  0.1524) 相比, 其相对表达量显著降低, 差异有统计学意义 ( $t=7.315$ ,  $P<0.01$ )。DNALI1-2:1 的相对表达量与肿瘤分化程度、肿瘤大小和淋巴结转移 ( $P<0.05$ ) 有关, 与 CEA 等无关。ROC 曲线下面积为 0.86 (95% CI:0.78-0.94,  $P<0.01$ )。当 cut off 值选择 1.91 时, 敏感性是 80.4%, 特异性是 81.3%。

**结论** 血清外泌体来源的 DNALI1-2:1 在胃癌患者中低表达, 可作为胃癌筛查的一种新的独立的肿瘤标志物。

#### PU-3841

### A novel and rapid strategy for protein detection using Chemically modified beads in the capillary based on enzyme-linked immunosorbent assay

Zhenlong Liang, Chengbin Wang

Department of Clinical Laboratory, Chinese PLA General Hospital, Beijing

**Objective** chemiluminescence enzyme immunoassay(CLEIA) is a fast, high sensitivity and effective way of detecting antigen or antibody in clinical diagnostics. And it is also a significance of potential assay for early detection of disease. However, most current methods have technical difficulties (such as high-cost and time-consumption) in point of care test (POCT).

**Methods** we developed a simple, fast, and low cost method to detect the human immunoglobulin(IgG), which as a model antibody. A sandwich immunoassay has been utilized with HRP-labeled antibody. Chemically modified beads were used as carried of the reaction to capture the target. The CL substrate to generate optical signals.

**Results** In our proof-of principle study, we can detect the human IgG at a concentration of 50 pg/ml within 30 min.

**Conclusions** Results show that our assay can be a potential assay to enable POCT especially in the remote and resource-poor countries.

#### PU-3842

### 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌感染及预后相关因素分析

唐洪影

天津医科大学总医院, 300000

**目的** 研究碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP) 感染患者的临床特征、感染及预后相关危险因素。

**方法** 采用回顾性研究, 对我院 2016 年 12 月-2017 年 10 月感染耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌住院患者的临床资料进行分析, 按 1:1 设计病例-病例对照研究, CRKP 感染组 71 例, 匹配碳青霉烯类敏感肺炎克雷伯菌 (CSKP) 感染组 71 例作为对照, 感染及预后相关危险因素采用单因素及多因素 Logistic 回归分析。

**结果** 单因素分析显示, 患有肝胆疾病、糖尿病, 7d 内接受机械通气, 近 3 月内使用碳青霉烯类药物、 $\beta$ -内酰胺酶抑制剂复合制剂、替加环素以及联合使用抗生素均为 CRKP 的危险因素 ( $P<0.05$  或  $<0.01$ ); 年龄、患有肝胆疾病、肾脏疾病、神经系统疾病、消化系统疾病, 7d 内接受动脉穿刺、留置尿管 $\geq 3d$ , 入住 ICU 天数、分离菌株前住院天数以及总住院天数为 CRKP 感染患者死亡的危险因素 ( $P<0.05$  或  $<0.01$ )。多因素 Logistic 回归分析显示, 患有糖尿病, 机械通气和联合使用抗生素为 CRKP 感染的独立危险因素; 患有肾脏疾病和神经系统疾病为 CRKP 感染患者死亡的独立危险因素。

**结论** 临床应合理使用抗菌药物,减少侵袭性操作,改善患者免疫功能,降低 CRKP 的感染及改善预后。

## PU-3843

### 24597 例女性 HPV 分型检测结果分析

马丽娜,范海博,李胜男,张俊涛  
黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 分析 24597 例女性人乳头瘤状病毒 (HPV) 感染现状,为宫颈癌的防治提供一定的参考依据。

**方法** 收集 2018 年 1 月~2018 年 10 月 24597 例送检的 HPV 病毒检测宫颈脱落细胞标本,采用 PCR 反向点杂交法共检测 23 种型别。结果 HPV 阳性率为 32.16%,其中高危型别阳性率占总阳性率的 77.33%,单一型别感染率和多重型别感染率存在极显著差异 ( $P<0.01$ ); 根据年龄由低到高共分为 6 组,其阳性率呈“U”形曲线,感染率排在前五位的型别为 16 型、52 型、58 型、53 型、51 型,感染率分别为 5.037%、4.339%、3.00%、2.92%、2.31%。结论 女性 HPV 感染率以高危型别为主,且与年龄关系密切,30 岁以下及 50 岁以上的女性感染率明显较高,该研究为 HPV 的检测以及宫颈癌的筛查提供一定的参考依据

**结果** 收集 2018 年 1 月~2018 年 10 月 24597 例送检的 HPV 病毒检测宫颈脱落细胞标本,采用 PCR 反向点杂交法共检测 23 种型别。结果 HPV 阳性率为 32.16%,其中高危型别阳性率占总阳性率的 77.33%,单一型别感染率和多重型别感染率存在极显著差异 ( $P<0.01$ ); 根据年龄由低到高共分为 6 组,其阳性率呈“U”形曲线,感染率排在前五位的型别为 16 型、52 型、58 型、53 型、51 型,感染率分别为 5.037%、4.339%、3.00%、2.92%、2.31%。结论 女性 HPV 感染率以高危型别为主,且与年龄关系密切,30 岁以下及 50 岁以上的女性感染率明显较高,该研究为 HPV 的检测以及宫颈癌的筛查提供一定的参考依据

**结论** 收集 2018 年 1 月~2018 年 10 月 24597 例送检的 HPV 病毒检测宫颈脱落细胞标本,采用 PCR 反向点杂交法共检测 23 种型别。结果 HPV 阳性率为 32.16%,其中高危型别阳性率占总阳性率的 77.33%,单一型别感染率和多重型别感染率存在极显著差异 ( $P<0.01$ ); 根据年龄由低到高共分为 6 组,其阳性率呈“U”形曲线,感染率排在前五位的型别为 16 型、52 型、58 型、53 型、51 型,感染率分别为 5.037%、4.339%、3.00%、2.92%、2.31%。结论 女性 HPV 感染率以高危型别为主,且与年龄关系密切,30 岁以下及 50 岁以上的女性感染率明显较高,该研究为 HPV 的检测以及宫颈癌的筛查提供一定的参考依据

## PU-3844

### 两种检测系统 C 反应蛋白测定结果的比对与偏倚评估

田原  
天津医科大学总医院,300000

**目的** 探讨本试验室不同检测系统测定 C 反应蛋白 (CRP) 结果是否具有可比性,检测结果偏差是否在允许范围内,保证检测结果的准确与一致。

**方法** 检测系统 Beckman Immage-800 全自动免疫分析仪为参比仪器(X),检测系统普门 PA-900 特定蛋白分析仪为待评仪器(Y)。参考美国临床实验室标准研究所(CLSI)EP9-A2 文件,每选取 8 份不同浓度范围的标本,分别在两个检测系统上同时测定 CRP,连续测定 5 天,记录结果。进行方法学比对、相关性分析和预期偏倚估计,判断偏倚是否可以接受。

**结果** PA-900 Beckman Immage-800 测定 CRP 项目结果具有良好的相关性 ( $r^2\geq 0.95$ ),偏倚在医学决定水平 (10mg/L、20 mg/L、100 mg/L) 处可以接受

**结论** 在严格按照操作规程做好质控的基础上, 本试验室两种不同 CRP 检测系统结果具有可比性, 满足试验室结果一致性的要求。

## PU-3845

### 一种新型恒温酶免信号放大的荧光传感器用于循环肿瘤细胞检测新方法研究

刘菊梅<sup>1</sup>, 郑磊<sup>1</sup>

1. 南方医科大学南方医院, 510000

2. 厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 循环肿瘤细胞在肿瘤及其相关疾病的发生、发展与预后中扮演着重要的角色, 探索一种简便高效的循环肿瘤细胞检测新方法对肿瘤的早期诊断及疗效监测具有重要意义。本研究采用双功能化核酸适配体特异性识别肿瘤细胞后, 启动催化茎环自组装进程, 释放双链 DNA 产物, 实现信号放大, 并以非小细胞肺癌 A549 细胞系为模型探究该方法的有效性。

**方法** 本实验通过聚丙烯酰胺凝胶电泳及荧光响应情况对方法进行表征; 摸索在不同温度和时间中最佳反应条件; 探究信号与系列浓度肿瘤细胞关系; 观察其对肿瘤细胞与干扰细胞(如: 正常细胞、白细胞)的区分能力; 并将其应用于多种临床标本(包括血清、尿液、脑脊液、胸腹水)中不同肿瘤细胞浓度的检测以评估其临床应用价值; 并采用不同适体、反应序列、荧光基团探究该方法的普遍适用性。

**结果** 所建立的方法能识别肿瘤细胞并产生相应信号, 最佳反应条件(37℃, 45min)下, 其线性范围为 10~10<sup>3</sup> 细胞/mL, 数学定量模型为  $F=74.47+7.399\log_{10}C$  (F 指荧光强度, C 指肿瘤细胞浓度), R<sup>2</sup> 为 0.9791, 检测限达到 10 细胞/mL。该方法很好地区别肿瘤细胞与干扰细胞, 且有效地从干扰细胞中区分肿瘤细胞。其对多种临床标本中不同数量肿瘤细胞产生的信号与缓冲液中结果相似。采用不同适体、反应序列和荧光基团建立的新体系仍能实现肿瘤细胞检测。

**结论** 本研究基于高效放大信号的催化茎环自组装及特异识别靶标的核酸适配体建立了一种简便、灵敏、特异、高效、经济的肿瘤细胞检测新方法。该方法最低检测限可达到 10 细胞/mL, 有效排除干扰细胞对肿瘤细胞检测的影响, 适用于多种临床标本的检测, 在液体活检、个体化医疗等领域实现快速筛查具有潜在应用价值。

## PU-3846

### 混合纠正试验对 APTT 或 PT 延长结果的评估

王清

天津医科大学总医院, 300000

**目的** APTT/PT 是反映内外凝血途径和共同凝血途径的功能, 是检测凝血因子功能, 抗凝治疗以及抗凝药物监测的重要诊断指标。除了接受抗凝治疗患者导致 APTT 或 PT 延长以外还有凝血因子缺乏, 因子抑制物或者非特异性抗凝物都会导致 APTT/PT 延长。血浆混合纠正试验可以鉴别凝血因子缺乏或抑制物, 有助于解释 APTT/PT 延长原因。进行混合纠正试验这方面的研究将有助于临床医生更为准确的判断延长原因, 诊断下一步检测项目, 从而避免多检测其他项目, 减轻患者经济负担。本研究以导致 APTT/PT 延长的患者为主要研究对象, 进行混合纠正试验, 进一步探讨其背后引起延长原因潜在的影响因素, 以为临床治疗提供一定的指导。

**方法** 收集 60 份凝血酶原时间 PT≥18.0s 或活化部分凝血活酶时 APTT≥46.0s, 而且凝血酶时间 TT 为正常的血液标本, 其分为 PT 异常, APTT 异常, PT 和 APTT 都异常三个组, 将其与自制正常混

合血浆 1:1 混合后即可即刻测定 PT/APTT, 37°C 水浴箱孵育 2h 后再次检测。计算其 Rosner 指数纠正率和纠正比例。

**结果** 73.3% (44/60) 可被正常混合血浆纠正, 26.7% (16/60) 不能被正常混合血浆纠正。总标本中因子缺陷过缺乏而导致 APTT/PT 延长占 28.3%, 因子抑制物或抗凝物导致的 APTT/PT 延长占 15%, 其他因素导致的 APTT/PT 延长占 56.7%。

**结论** 对 APTT/PT 延长患者样本进行正常混合纠正试验, 基本判定导致延长的原因, 从而更为准确的诊断下一步检测项目, 给临床医生一定的诊断价值, 给患者减少经济负担和更为准确的治疗方案。

#### PU-3847

### 血管性假性血友病(VWF)因子在多种慢性肾脏病中检测的意义

梁臻龙, 朱芳安, 徐菡, 邸平, 王成彬  
解放军总医院第一医学中心

**目的** 探讨慢性肾脏病(CKD)患者血浆血管性血友病因子(vWF)水平在多种慢性肾脏病 (Chronic kidney disease, CKD) 中检测的临床意义。

**方法** 收集 37 例慢性肾炎、80 例慢性肾功能不全、31 例 IgA 肾病及 20 例正常对照者血浆, 采用乳胶颗粒免疫比浊法检测 vWF 抗原以及活性水平, 采用化学发光的原理检测 CKD 患者组血清中的 IL-2R 和 IL-8 的含量, 并进行统计学分析。

**结果** 3 组 CKD 患者血浆 vWF 水平均显著高于正常对照, 3 组 CKD 患者的血清 IL-2R 和 IL-8 浓度也均明显高于临床正常范围。

**结论** 血管性假性血友病(VWF)因子在多种慢性肾病中检测具有一定的意义。

#### PU-3848

### The relationship between intestinal microbial imbalance and familial nasopharyngeal carcinoma

Haiye Jiang, Xinmin Nie  
Third Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** Nasopharyngeal carcinoma (NPC) is a malignant disease of the nasopharynx with unknown etiology, which occurs mostly in southern China. Intestinal microbial imbalance is considered to be associated with malignant lesions of various parenteral organs, and it has been found that intestinal microflora changes is one of the causes of familial tumors. At present, the relationship between intestinal microbiota and familial NPC is not clear. Many studies have reported that intestinal microorganisms can be used as biomarkers of various cancers and have early warning effect on cancer, which is of great research significance. The purpose of this study was to elucidate the relationship between intestinal microbial composition and familial NPC and to reveal the possible impact of changes in intestinal microbiome on the occurrence of NPC.

**Methods** In order to compare the difference of intestinal microbial structure and biological function between the two groups, we sequenced the fecal DNA of the patients with familial NPC and the healthy controls, and detected the hematological indexes of the subjects, and analyzed the fecal sequencing and blood detection results by bioinformatics.

**Results** The intestinal microbial structure of familial NPC patients was significantly different from that of healthy control group. *Clostridium ramosum*, *Citrobacter* spp., *Veillonella* spp. and *Pretella* spp. were significantly increased in feces of familial NPC patients, while *Akkermansia muciniphila*

and Roseburia spp. were significantly increased in healthy control group. Species interaction network analysis revealed that Clostridium ramosum rich in familial NPC was positively correlated with Clostridium symbiosum and Collinsella aerofaciens, but negatively correlated with Roseburia faecis and Faecalibacterium prausnitzii. The concentration of 5- hydroxytryptamine (5-HT) in blood of familial NPC patients was significantly higher than that of healthy controls.

**Conclusions** Our results suggest that familial NPC is related to the structural imbalance of intestinal microbiota. It is characterized by a significant increase in Clostridium ramosum, which can promote the increase of 5-HT, and opportunistic pathogens, while a significant decrease in the abundance of anti-inflammatory bacteria Akkermansia muciniphila and butyrate-producing bacteria Roseburia spp. .This research is limited by the sample size, and future research still needs to expand the sample size.

## PU-3849

### microRNA-20a 靶向 ATG16L1 抑制细胞自噬 诱导 BCG 胞内存活

赵瑾

天津医科大学总医院,300000

**目的** 研究 miR-20a 对自噬基因 ATG16L1 的靶向调控作用, 及其对自噬过程的调控介导 BCG 在巨噬细胞胞内存活。

**方法** 利用 qRT-PCR 检测雷帕霉素和 3-MA 对 RAW264.7 细胞 miR-17-92 簇中的 miR-20a 等 6 种 miRNAs 的表达量及 BCG 感染后 miR-20a 的表达量; 通过生物信息学软件预测分析其可能靶向作用调控的基因, 确定 ATG16L1 作为研究的靶基因。构建 ATG16L1 3'UTR 及其突变体的 pMIR-Report 重组质粒, 通过双荧光素酶报告系统和 Western blot, 验证 miR-20a 对 ATG16L1 和 ATG7 的靶向调控关系。将 miR-20a mimic、miR-20a inhibitor、靶基因 siRNA 分别转染到 RAW264.7 细胞中, 同时利用雷帕霉素与 BCG 刺激后, 通过激光共聚焦显微镜、透射电镜、Western blot 方法分别检测自噬小体分布及自噬相关蛋白表达水平, 研究 miR-20a 对自噬过程的调控作用; 利用 qRT-PCR 检测各组细胞中 BCG 的存活量, 研究 miR-20a 对 BCG 在巨噬细胞内存活的调控作用。

**结果** 雷帕霉素刺激 RAW264.7 细胞的 miR-17、miR-18a、miR-20a 表达水平显著上调 ( $P<0.05$ ); 3-MA 处理 RAW264.7 细胞后 miR-20a 表达水平显著下调 ( $P<0.05$ )。BCG 感染细胞 6h 后, miR-20a 的表达水平明显升高 ( $P<0.01$ ), 约 8 倍左右。当感染时间的延长至 48h 后, miR-20a 的表达水平较之前有所下降, 但仍高于未感染组 ( $P<0.05$ )。双荧光素酶报告系统结果和 Western blot 结果显示 miR-20a 可靶向作用于 ATG16L1, 抑制二者的表达。经细胞免疫荧光实验、透射电镜实验和 Western blot 检测细胞标志蛋白 LC3 表达水平结果显示, miR-20a 可以通过靶向抑制 ATG16L1 显著抑制 BCG 介导的细胞自噬过程。荧光定量 PCR 检测 BCG 存活量结果显示, miR-20a 可能通过抑制细胞自噬, 促使 BCG 在巨噬细胞中存活, 对 BCG 在宿主细胞中的潜伏感染进行调控。

**结论** miRNA-20a 靶向抑制 ATG16L1 基因, 对巨噬细胞自噬的水平进行负向调控, 并通过抑制细胞自噬, 促使 BCG 在巨噬细胞中存活, 对 BCG 在宿主细胞中的潜伏感染进行调控。

## PU-3850

## Advance of Biomarkers Detection Assays Based on Catalytic Hairpin Assembly

Jumei Liu, Huiming Ye

Women and children's hospital, affiliated to Xiamen University

**Objective** Nucleic acids are considered as perfect programmable materials for nanostructures with various sizes and shapes, not merely genetic information carriers. Catalytic hairpin assembly (CHA) is an enzyme-free, high-efficiency and isothermal amplification method. For this reason, CHA has been applied for developing various biosensors.

**Methods** Hundreds of literatures regarding CHA based biomarkers' detection assays have been referred in this review. We first describe the reaction mechanism, development, kinetics characterization of CHA and analysis techniques of CHA products. Furthermore, we summarize the representative biosensing application of CHA. Finally, challenges and outlook about CHA development are considered.

**Results** CHA, first proposed in 2008, is performed with two partially complementary DNA hairpins and one single-strand oligonucleotide under isothermal condition in three steps, and realizes cascade signal amplification in a short time. For more perfect performance, diverse CHA systems have been presented including simplified and typical CHA circuit, mismatchCHA, cross-CHA, self-replicating CHA, two-layer CHA, dual CHA, branched CHA and genetically encoded RNA CHA. The versatile CHA is able to be adapted for multiple different analytical formats such as fluorescent, electrochemical, colorimetric, surface plasmon resonance and electrophoretic. Studies also indicate that CHA can be easily and rationally integrated with other isothermal amplification reactions in various conditions (different temperatures, buffers and enzymes) to improve the sensitivity and specificity of assays. Though the entity of CHA is nucleic acid strand displacement, the detection targets are not confined to nucleic acids. Many other biomarkers including metal ions, proteins, enzymes and even cancer cells have been measured based on CHA.

**Conclusions** In the past decade, tremendous achievements have been obtained about CHA from origin to development. CHA circuits with unique properties have provided diversified biosensors with promising performance and extreme convenience. In order to further extend the application suitable for practice, more efforts need to be made, such as more interesting CHA system, more specific and stable recognition elements, coupling with absolute quantification technologies (such as droplet microfluidics).

## PU-3851

## 精氨酸与 IFN- $\gamma$ 在乳腺癌中的相关性研究

任文波

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 乳腺癌位居癌症发病率的第 1 位，病死率第 2 位，严重威胁女性健康，其早期发现、早期诊断是乳腺癌提高疗效的关键。这个研究将对于乳腺癌的早期筛查、鉴别诊断等有很好的指导作用。

**方法** 收集乳腺癌患者与良性乳腺疾病患者血浆样本和组织标本（这些标本是来自于在手术切除前未接受过化疗或放疗的患者）。通过 LC-MS/ELISA 分别检测血浆以及组织标本中精氨酸与 IFN- $\gamma$  的含量，并通过 SPSS 16.0 等统计学方法分析其相关性以及两者含量与乳腺癌临床病理特征的关系。

**结果** 乳腺癌患者血浆、组织标本中 IFN- $\gamma$  的含量要远远高于良性乳腺疾病患者，而精氨酸水平呈相反趋势，乳腺癌患者精氨酸水平明显低于良性乳腺疾病患者。并且在乳腺癌中 IFN- $\gamma$  和精氨酸的

含量与 ER 和 PR 状态明显相关, ER(PR)阳性的乳腺癌患者比 ER(PR)阴性的乳腺癌患者有更低水平的精氨酸和更高水平的 IFN- $\gamma$ , 并与 TNM 水平呈正相关。

**结论** 本研究对乳腺癌与良性乳腺疾病患者的组织、血浆标本进行了精氨酸与 IFN- $\gamma$  含量的相关性分析, 并进一步对乳腺癌精氨酸及 IFN- $\gamma$  的含量与临床病理特征的关系进行分析, 为研究乳腺癌新的诊断指标提供指导。乳腺癌分成 4 种亚型, 分别为 Luminal A, Luminal B, HER2+过度表达, 三阴性乳腺癌。因为乳腺癌的高度异质性, 所以乳腺癌的诊断以及治疗面临很大的挑战。因此, IFN- $\gamma$  与精氨酸相关性的研究对于乳腺癌不同亚型、不同等级的诊断与治疗有很好的指导意义。

## PU-3852

### Optra mediating low-level linezolid resistance in *Enterococcus faecalis*

Xiaoyan Zeng

The First Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University,

**Objective** To investigate the resistant mechanisms of low-level linezolid-resistant *Enterococcus faecalis*, this will lay the foundation for the prevention and treatment of drug resistant enterococci and the development of novel antibacterial drugs, the improvement of scientific management level, and preventing the generation and spread of bacterial resistance.

**Methods** PCR amplification, DNA sequencing and sequence alignment method were used to detect 23S rRNA, rplC and rplD gene mutations, as well as cfr gene and optra gene carried by *E. faecalis*.

**Results** The cfr gene and optra gene were detected in 100 strains of *E. faecalis* isolates, the results showed that no optra gene were detected in all strains of MIC 1-2 mg/L, but detected in all strains of MIC 4-8 mg/L. No cfr gene was found in all strains. 30 strains of linezolid sensitive and resistant *E. faecalis* were selected and the 23S rRNA, rplC, rplD gene mutations were detected, the results showed that in MIC 1 mg/L of *E. faecalis* (8 strains), there were C208T, A282G two kinds of mutation were found in 23S rRNA of 2 strains, in which 1 strain was found T1505C mutation simultaneously. In MIC 2 mg/L of *E. faecalis*, C208T, A282G, C2163T three kinds of mutation were found, in which 6 strains appeared A282G mutation and 1 strain occurred C2163T mutation. In MIC 4-8 mg/L of *E. faecalis* (12 strains), G353A mutation was increased and appeared in 5 strains, in which 1 strain of MIC 4 mg/L also occurred C2059T mutation. In MIC 8 mg/L *E. faecalis*, EF494 strain occurred known resistance mutation in the A2062C locus. In all 30 strains of *E. faecalis*, there were 2 strains showed rplC gene mutations, 11 strains showed rplD gene mutations, but all of them were synonymous mutations, which did not cause the change of amino acids of L3 and L4 proteins. In addition, we found that 2 strains of linezolid resistant *E. faecalis* simultaneously occurred 23S rRNA V gene mutation and optra gene.

**Conclusions** The low-level linezolid-resistant mechanism of *Enterococcus faecalis* in this region is mainly related to point mutation in the V region of 23S rRNA and optra gene. It is worth noting, we find that 2 strains of linezolid resistant *E. faecalis* are simultaneously detected 23S rRNA V gene mutations and optra gene, suggesting that the development of linezolid resistance may be in the direction of multiple mechanisms, and the clinical treatment of infections caused by linezolid resistant bacteria will be challenged.



## PU-3853

## PTEN SNP 与非小细胞肺癌的遗传易感性研究

梁珍<sup>2,3</sup>, 秦雪<sup>1</sup>

1. 广西医科大学第一附属医院, 530021

2. 广西医科大学

3. 玉林市红十字会医院

**目的** 第 10 号染色体缺失的磷酸酶和张力蛋白同源物基因 (phosphatase and tension homology deleted on chromosome ten, PTEN) 通过参与 PI3K/AKT 途径的信号调控及维持细胞核染色质结构稳定性以发挥其抑癌作用。本课题通过检测 PTEN 基因 rs11202586、rs1234220 和 rs1903858 共三个位点的单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, SNP), 探讨 PTEN 基因突变与非小细胞肺癌 (non-small-cell lung cancer, NSCLC) 发病风险的关系。

**方法** 本课题采用多重单碱基延伸 (Snapshot, SNP) 技术检测 NSCLC 组 152 例 (男 103 例, 女 49 例) 和对照组 124 例 (男 84 例, 女 40 例) PTEN 基因 rs11202586、rs1234220 和 rs1903858 共三个位点的基因多态性, 分析 PTEN 基因突变与 NSCLC 患病风险的关系。

**结果** 1. PTEN 基因 rs1903858 位点基因型 AG 及 GG 与 NSCLC 的发病风险增加存在相关性, 其 (OR=2.079, 95%CI=1.087-3.974, P=0.027; OR=1.897, 95%CI=1.053-3.419, P=0.033); 对等位基因进行分析, 发现 G 等位基因可增加 NSCLC 的发病风险, 其 OR=1.505, 95%CI=1.065-2.126, P=0.020, 提示, rs1903858 位点的基因突变与 NSCLC 的发病风险相关。

2. 在吸烟者人群中, PTEN rs1903858 位点 G 等位基因增加 NSCLC 的发病风险, 其 OR=1.916, 95%CI=1.023-3.589, P=0.042; PTEN rs1903858 基因型 GG 及等位基因 G 与肺鳞状细胞癌的发病风险相关, 其 OR 值 (95%CI) 分别为: OR=3.226, 95%CI=1.075-9.678, P=0.037; OR=1.873, 95%CI=1.092-3.212, P=0.023; rs1234220 位点 G 等位基因增加肺腺癌的发病风险, OR=1.730, 95%CI=1.054-2.841, P=0.030。

**结论** PTEN rs1903858 位点基因突变可增加 NSCLC 的患病风险, rs1234220 位点突变可增加肺腺癌的发病风险。

## PU-3854

## 15-羟二十烷四烯酸对人滋养细胞侵袭和迁移能力的影响

段玉萍, 厉倩

上海市第一人民医院宝山分院, 155100

**目的** 子痫前期 (preeclampsia, PE) 是一种妊娠 20 周后发生的多系统功能紊乱性疾病, 本课题组前期研究表明花生四烯酸代谢物之一的 15-羟二十烷四烯酸 (15-HETE) 在子痫前期孕妇血清中表达最高, 但其与子痫前期的关系目前尚不清楚。本文旨在探索 15-HETE 与滋养细胞迁移和侵袭功能的相关性。

**方法** 通过 transwell 实验检测 15-HETE 处理滋养细胞系后, 细胞侵入到下室的细胞数量来探索 15-HETE 对滋养细胞侵袭能力的作用; 通过划痕实验检测 15-HETE 处理滋养细胞系后细胞迁移至划痕区的距离, 探索 15-HETE 对滋养细胞迁移能力的影响; 通过将 15-HETE 和基质金属蛋白酶 2 (MMP-2) 的抑制剂共同处理滋养细胞, 检测处理后滋养细胞的迁移和侵袭能力的变化, 来研究 15-HETE 是否通过调节细胞内 MMP-2 来发挥作用。

**结果** 15-HETE 处理滋养细胞系后, 与正常对照组相比, 滋养细胞的侵袭和迁移能力均是增强的; 与 15-HETE 处理组相比, 15-HETE 和 MMP-2 抑制剂同时处理滋养细胞后, 其侵袭和迁移较低, 与 MMP-2 处理组相比, 15-HETE 和 MMP-2 抑制剂同时处理滋养细胞后, 其侵袭和迁移较高。

**结论** 15-HETE 对滋养细胞的侵袭和迁移能力具有促进作用, MMP-2 抑制剂能够抑制 15-HETE 对滋养细胞的促侵袭和促迁移能力, 说明 15-HETE 对滋养细胞的促侵袭和促迁移能力可能是通过调节 MMP-2 的发挥作用的。15-HETE 在子痫前期中作用的明确有助于子痫前期病理机制的阐明, 并可能为子痫前期早期预测和诊断提供实验依据。

## PU-3855

### 复发性流产患者血栓前状态分析及与 MTHFR 基因 C677T 位点多态性的相关性研究

宋金龙<sup>1</sup>, 陈萍萍<sup>2</sup>, 王鹏鲲<sup>1</sup>, 李娟<sup>1</sup>

1. 广州医科大学附属第一医院, 510000

2. 广东医科大学

**目的** 探讨复发性自然流产(RSA)与凝血相关指标之间的关系, 为早期发现的遗传性 RSA 患者进行抗凝治疗提供实验室依据; 同时探讨叶酸代谢相关酶 MTHFR 基因 C677T 位点多态性与复发性流产遗传易感性之间的关系;

**方法** 收集就诊于广州医科大学附属第一医院的 92 例复发性流产(RSA)患者与 45 例正常健康女性的 EDTA 抗凝全血, 提取核酸后, 对 MTHFR 基因通过聚合酶链式反应(PCR)扩增后进行 Sanger 法测序, 统计 MTHFR 基因 C677T 位点的基因多态性, 同时比对 RSA 组与对照组的凝血指标和易栓症标志物;

**结果** ①RSA 患者组纤维蛋白原(FIB)指标以及蛋白 S(PS)缺陷率均高于对照组, 差异有统计学意义( $P < 0.05$ ); 凝血指标(凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT))以及抗凝蛋白(抗凝血酶-III(AT-III)和蛋白 C(PC))缺陷率比较, 差异无统计学意义( $P > 0.05$ ); ②以 ROC 曲线法判断易栓症引起复发性流产时抗凝血酶-III、PC、PS 活性的最佳临界值, 仅 PS 的指标有筛查意义( $P < 0.001$ ), 提示以 PS 指标判断复发性流产患者血栓前状态的最佳临界值为 45%, 其曲线下面积为 0.701 ( $P = 0.000$ ), 其灵敏度为 95.1%, 特异度为 42.9%; ③MTHFR 基因 C677T 位点有 3 种基因型, CC、CT 和 TT 型, RSA 患者组的 CC、CT、TT 基因型分布频率分别为 20.1%、65.9%、11.0%, 正常对照组的 CC、CT、TT 基因型分布频率分别为 57.8%、33.3%、8.9%, 两组基因型分布频率比较, 差异有统计学意义( $P < 0.001$ ); RSA 患者组的 C、T 等位基因分布频率分别为 56.0%和 44.0%, 正常对照组分别为 74.4%和 25.6%; 两组基因分布频率以及等位基因分布比较, 差异有统计学意义( $P < 0.05$ );

**结论** ①PS 缺陷对于 RSA 的判断具有重要的参考价值, RSA 的发生与 FIB 水平升高及 PS 缺陷密切相关, 可作为 RSA 的筛查指标; ②MTHFR 基因多态位点 C677T 的突变可能为 RSA 发病的原因之一。

## PU-3856

### 吸毒人群 HIV-1 血清亚型的测定分析

陈荣华, 李勤光, 柳丽娟

福建医科大学孟超肝胆医院

**目的** 了解吸毒人群人类免疫缺陷病毒 1 (human immunodeficiency virus 1, HIV-1) 亚型分布情况, 为更清楚掌握本区域内 HIV 流行模式抗病毒方案制定、疫苗研发提供数据支持。型送检上海博尚生物公司进行测序分析。

**方法** 选取 2016—2018 年我市吸毒人群 HIV 感染者 20 例，所有研究对象经免疫印迹实验（WB）确认为 HIV-1 阳性，采用多肽免疫酶法（PEIA）对研究对象 HIV-1 感染毒株血清亚型进行分析，不确定的亚型送检上海博尚生物公司进行测序分析。

**结果** 20 名 HIV-1 感染吸毒人员的 20 份 HIV-1 血清抗体阳性标本中检出 V3 区基因产物 18 份；检测 20 份 HIV-1 血清抗体阳性标本，其中 17 份阳性，C 亚型 9 份，E 亚型 1 份，C 和 E 亚型均反应 7 份，未发现其他亚型。

**结论** 吸毒人员 HIV-1 血清亚型表现多样性，应加强对其变异的监测，及时调整防控策略。

## PU-3857

### 浅析血常规和高敏 C 反应蛋白对小儿细菌性感染性疾病的临床诊断价值

王莉莉

潍坊市中医院,261000

**目的** 为了探究血常规和高敏 C 反应蛋白对小儿细菌性感染性疾病的临床诊断价值

**方法** 在本院 2018 年 9 月至 2018 年 12 月期间，以随机选择的方式，从来我院接受治疗的感染了小儿细菌性感染性疾病的孩子当中，抽选出 100 名患儿的血液标本作为研究对象，对其进行了包括血常规、高敏 C 反应蛋白联合血常规，以及高敏 C 反应蛋白检验在内的三种检验方式进行血样分析，并对患儿在三种不同检查方式中表现出的阳性检出情况做了科学比对。

**结果** 经过反复比对后，我发现：高敏 C 反应蛋白联合血常规检查中检验结果呈现阳性的患儿有 96 位，占比高达 96%，高敏 C 反应蛋白中患儿检测结果呈现阳性的则有 82 位，占比为 82%，而血常规中则仅有 74 位患儿检验结果呈现阳性，占比为 74%。通过三者之间的数据对比我们可以清晰地看出，高敏 C 反应蛋白联合血常规检查得到的高达 97% 的阳性检出率要明显高于血常规以及高敏 C 反应蛋白两者的检验结果。而且，他们之间的差异存在着一定的统计学意义，即高敏 C 反应蛋白联合血常规检查所得到的检验结果要优于血常规以及高敏 C 反应蛋白检测，得到的  $P < 0.05$ 。

**结论** 在临床检验当中，针对小儿细菌性感染性疾病的诊断，高敏 C 反应蛋白联合血常规检查所得到的检测结果要更加精准，更利于医生对患儿病情进行分析判断。因此，与血常规以及高敏 C 反应蛋白检测相比，高敏 C 反应蛋白联合血常规检查拥有着更高的临床诊断价值。

## PU-3858

### 慢性腹泻患者肠道分离大肠埃希菌的耐药性和分子特征研究

李军,杨柳俏,陶晓燕,于婷,胡咏梅,王海晨,刘文恩,邹明祥

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 了解慢性腹泻患者肠道分离大肠埃希菌的临床特征和药物敏感性，分析其分子特征，为进一步研究其致病机制奠定基础。

**方法** 收集某院 2018 年 8 月~12 月临床分离慢性腹泻患者及健康体检者肠道分离大肠埃希菌。采用纸片扩散（Kirby-Bauer）法检测其药物敏感性。PCR 法检测并比较腹泻患者及体检者肠道分离大肠埃希菌的系统发育群、毒力基因、耐药基因及成簇规律间隔短回文重复序列（Clustered regularly interspaced short palindromic repeats, CRISPR）的情况。

**结果** 共收集到 142 株大肠埃希菌（63 株分离自慢性腹泻患者和 79 株来自健康体检者），该 63 株菌科室分布以消化内科为主，占 76.2%。患者病因以结直肠多发息肉为主，占 27.0%。药敏结果显示，除对氨苄西林有较高的耐药率（48.0%），对其余抗菌药物保持较高的敏感率（73.1%~

100.0%)。检出多粘菌素 B 和厄他培南耐药菌株各 1 株。慢性腹泻患者肠道分离大肠埃希菌主要以毒力较强的 D 群及 B2 群为主(分别占 46.1%、31.7%),而健康体检者则以毒力较低的 A 群为主(占 43.0%)。慢性腹泻患者及健康体检者肠道分离大肠埃希菌的毒力基因以 *astA* 为主,检出率分别是 9.5%和 10.1%,其他毒力基因的检出率为 1.3%~7.6%。在慢性腹泻患者中,以 CRISPR1 为主,检出率为 7.8%。在健康对照者中,以 CRISPR1 和 CRISPR3 为主,分别是 27.8%、25.3%。毒力较强的 B2 群以 I-F 型 CRISPR/Cas 系统为主(34.4%),而毒力较弱的 A 群以 I-E 型 CRISPR/Cas 系统为主(29.8%)。耐药基因检测结果显示,慢性腹泻患者中 *bla<sub>CTX-M-15</sub>* 及 *bla<sub>CTX-M-64</sub>* 的检出率分别是 6.3%、1.6%,1 株携带 *mcr-1* 基因,健康体检组中均未检出。携带耐药基因的菌株均未检出 CRISPR 系统。

**结论** 慢性腹泻患者肠道分离大肠埃希菌对常用抗菌药物仍保持较高的敏感性。CRISPR 可能在慢性腹泻患者肠道分离大肠埃希菌致病及耐药基因的传播方面发挥重要作用。本院已分离出携带 *mcr-1* 的肠道分离大肠埃希菌,应该引起高度重视。

## PU-3859

### 运用多种统计方法得到引起我国医院获得性肺炎的革兰阴性细菌多药耐药性的预测模型

尹玉瑶,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 我们的目标是制定判断是否为多药耐药(MDR)的临床决策树,帮助临床医生为革兰氏阴性菌(GNB)引起的医院相关性肺炎(HAP)选择合适的抗生素种类。

**方法** 2007 年至 2015 年期间在中国 11-15 所教学医院中住院的成人患者,患有由 GNB 引起的 HAP。多变量逻辑回归和随机森林分析用于选择与 MDR 相关的风险因素。使用 R 中的 *rpart* 包用于开发临床决策树。

**结果** 在引起 HAP 的 2754 株细菌中,革兰氏阴性菌(84.5%)比革兰氏阳性菌(15.5%)更多。纳入 2268 例革兰氏阴性细菌感染患者,其中 44.4%由 MDR GNB 引起。使用临床决策树检测到的第一个变量是该感染是否发生在重症监护室,这也是随机森林模型中最重要的预测因子。决策树中随后的分支分别为是否在 30 天内接受了两种以上的抗生素治疗、是否患有糖尿病、是否使用气管插管超过 7 天和是否从另一家医院转移。

**结论** 所开发的临床决策树代表了存在的简单、可解释且相对有效的预测模型来预测 HAP 患者中 MDR GNB 的出现。

## PU-3860

### Normal Reference Intervals of prognostic nutritional index in healthy adults: A Large Multi-Center Study from Western China

Yulin Liao  
Sichuan Cancer Hospital

**Objective** The objective of this study was to establish the normal reference interval of PNI in western China.

**Methods** A retrospective cohort study was conducted on healthy han population aged 18-79 years, and the data were retrieved from the database and laboratory information of physical examination center, and there were four participating central systems in the western region of

china. Following the Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) , the RI of PNI was established and verified

**Results** 5839 healthy persons were included in the analysis. The value of PNI decreases with age, and PNI detected from the 3 different instruments and manufacturers showed statistically significant differences.

**Conclusions**

RIS of PNI based on age and instrument are more accurate than which was simply calculated from the known reference intervals of albumin and peripheral blood lymphocytes.

**PU-3861**

## 人降钙素原 pET-28a 表达载体的构建及多克隆抗体制备

刘泽霞

潍坊市中医院,261000

**目的** 探讨人降钙素原 (procalcitonin, PCT) 蛋白纯化以及多克隆抗体制备的方法。

**方法** 分离人外周血 PBMC 与 LPS 进行共刺激培养 36h, 利用设计的 PCR 引物进行核酸扩增获得 PCT 序列。构建 pET-28a 重组表达系统, 通过 His 标签亲和层析柱进行 PCT 蛋白的浓缩和纯化。利用纯化后的蛋白对 BALB/C 雌性小鼠进行免疫, 制备多克隆抗体, 并对获得的抗体进行初步的滴度等检测。

**结果** 成功构建 pET-28a-PCT 表达系统并纯化获得 PCT 蛋白; 制备的 PCT 多克隆抗体稀释效价最高达到 1:10<sup>7</sup>, 并具有较好的特异性。

**结论** 成功构建了人 PCT 蛋白表达体系, 制备的 PCT 多克隆抗体具有较高的滴度和检测特异性。

**PU-3862**

## Neutrophil CD64, C-reactive protein and Procalcitonin in the identification of ICU sepsis-3

lipeng wang,Limei Yu,Weijuan Yu,Xinying Lv,Maoli Yi,Jinying Wu,Chengming Sun,Lei Chen  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** In the middle income country China, we performed a prospective study aimed at evaluating the individual and combined diagnostic accuracy of PCT, CRP and neutrophil CD64 expression for differential diagnosis of sepsis-3 in critically ill patients at the time of ICU admission.

**Methods** We analyzed the CRP and PCT concentrations from 66 patients with sepsis and 24 non-septic ICU controls according to sepsis-3. In addition, CD64 on neutrophils was measured using quantitative flow cytometry.

**Results** The sensitivity values of CD64, CRP and PCT were 77.27% (95% CI, 65.00–86.32), 87.88% (95% CI, 76.96–94.25) and 65.15% (95% CI, 52.34–76.19), respectively, and the specificity values were 91.67% (95% CI, 71.53–98.54), 58.33% (95% CI, 36.94–77.20) and 87.50% (95% CI, 66.54–96.71), respectively. The efficiency of various combinations of tests was also evaluated; the combination of PCT and CD64 in parallel testing balanced the sensitivity (84.85%) and specificity (83.33%) well and had the maximum Youden index (0.682).

**Conclusions** Our data supported the potential of CD64, either alone or in combination with CRP/PCT, for routine clinical diagnosis of sepsis-3 in ICU populations in China.

## PU-3863

## 慢病毒介导 IL-35 基因沉默对 Hepa1-6 细胞恶性生物学行为的影响

刘义帅

潍坊市中医院,261000

**目的** 建立慢病毒介导 IL-35 基因稳定沉默小鼠肝癌 Hepa1-6 细胞株, 研究沉默 IL-35 基因对 Hepa1-6 细胞恶性生物学行为的影响。

**方法** 构建靶向沉默 IL-35 基因的慢病毒载体 LV-shRNA- IL-35, 将其感染 Hepa1-6 细胞, 荧光显微镜下观察感染效率, 建立稳定沉默 IL-35 基因的小鼠肝癌 Hepa1-6 细胞株。实时荧光定量 PCR 检测 Hepa1-6 细胞中 IL-35 EBI3 基因表达; 将 Hepa1-6 细胞 (分为未感染 Hepa1-6 细胞组、NC 对照组和靶向沉默组) 注射于 C57BL/6j 小鼠右侧腋下皮下, 观察肿瘤的生长状况, 测量肿瘤体积并绘制肿瘤生长曲线, 计算各组小鼠存活率; MTT 法检测各组效应 T 细胞对肿瘤细胞 Hepa1-6 的杀伤效应, NK 细胞对 YAC-1 细胞的杀伤效应。

**结果** 成功构建靶向沉默 IL-35 基因的慢病毒载体 LV-shRNA- IL-35, 建立稳定沉默 IL-35 基因的小鼠肝癌 Hepa1-6 细胞株; 与 LV-shRNA- NC 对照组相比, 稳定沉默 Hepa1-6 细胞株 IL-35 EBI3 mRNA 的表达明显降低, 沉默 IL-35 基因能降低 Hepa1-6 细胞在 C57BL/6j 小鼠体内的成瘤性, 提高其存活率; IL-35 基因沉默组小鼠 T 细胞对肿瘤 Hepa1-6 细胞的杀伤效应较 LV-shRNA- NC 对照组明显增强, 而 NK 细胞对 YAC-1 细胞的杀伤效应无统计学意义。

**结论** 慢病毒介导的 IL-35 基因沉默对 Hepa1-6 细胞在 C57BL/6j 小鼠的皮下成瘤性有明显抑制作用, 这种抑制作用可能与 T 细胞的杀伤活性增强有关。

## PU-3864

## 铜绿假单胞菌Ⅲ型分泌系统相关毒力基因在抗菌药物中表达差异的研究

俞凤

南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 分析临床分离铜绿假单胞菌Ⅲ型分泌系统 (Type III secretion system, T3SS) 毒力基因 *exoS*、*exoU* 在抗菌药物中表达的差异性, 以为患者选择合适的抗感染治疗方案及预后评估提供依据。

**方法** 选取江西中医药大学附属医院 2017 年 1 月—2017 年 12 月临床分离的铜绿假单胞菌 72 株, 采用 Vitek2 Compact 全自动微生物鉴定仪进行细菌鉴定及药敏, 采用 PCR 法检测分离菌株 T3SS 特异性片段 *popB* 和相关毒力基因 *exoS*、*exoU* 表达情况; 收集患者临床信息, 了解毒力基因表达与细菌耐药性的关系。

**结果** 72 株铜绿假单胞菌中 4 种基因型 *exoS*+/ *exoU*-、*exoS*-/ *exoU*+, *exoS*+/ *exoU*+ 和 *exoS*-/ *exoU*-, 分别为 56.94%、26.39%、4.17% 和 12.50%, 其中痰液、血液标本中检出率最高的基因型为 *exoS*+/ *exoU*-, 分别为 57.50% (23/40) 和 70.00% (7/10)。分析药敏结果显示, 亚胺培南、氨基糖苷类和氟喹诺酮类耐药的分离株中携带 *exoU* 基因的耐药率显著高于携带 *exoS* 基因的耐药率, 具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 其中携带 *exoU* 基因的总菌株为 22 株, 其对亚胺培南、庆大霉素、妥布霉素、阿米卡星、左氧氟沙星及环丙沙星的耐药率分别为 45.45%、45.45%、50.00%、50.00%、40.91% 和 40.91%; 携带 *exoS* 基因的总菌株为 44 株, 其对以上药物的耐药率分别为 4.55%、6.82%、4.55%、18.18%、11.36% 和 18.18%。

**结论** 我院临床分离的铜绿假单胞菌毒力基因以 *exoS*+/*exoU*-基因型为主;铜绿假单胞菌携带 *exoU* 基因时,显示出对亚胺培南、氨基糖苷类和氟喹诺酮类抗菌药物具有更高的耐药性。

## PU-3865

### 肝豆状核变性患者血清超氧化物歧化酶活性检测的临床意义

吴君霞,薛明月,金慧珠,冯文坤,张琦,陆雯琪,杨茜,范贤峰,何志超  
安徽中医药大学神经病学研究所附属医院

**目的** 分析肝豆状核变性(Wilson's Disease, WD)患者的SOD活性,探析WD患者机体内氧自由基的含量和清除氧自由基的能力。

**方法** 回顾分析1076例WD患者和284例正常对照组血清SOD活性;对WD患者分别按照性别、年龄和是否有肝硬化进行分组比较SOD活性;分析WD患者SOD活性与血清生化指标、血清铜及血清锌的相关性。

**结果** 1076例WD患者SOD活性显著低于正常对照组( $P=0.000$ );WD患者男、女性别间SOD活性差异没有统计学意义( $P=0.418$ );WD患者SOD活性增高占30.76%、降低占19.70%;WD患者SOD活性减低组与SOD活性增高组比较,TBA、TBIL、AST、GGT、m-AST及血清铜显著增高,而血清锌、ALT、Tp、Alb、CHE及ALP显著减低;WD患者1~10岁组、11~20岁组及21~30岁组分别与其他年龄组比较差异均有统计学意义( $P=0.000$ );31~40岁组和41岁以上组之间比较,差异没有统计学意义;WD患者SOD活性与血清白蛋白水平( $\gamma=0.757$ )、锌浓度( $\gamma=0.625$ )及胆碱酯酶( $\gamma=0.552$ )呈中度正相关;WD患者SOD活性减低组中SOD活性与血清白蛋白水平( $\gamma=0.608$ )、胆碱酯酶( $\gamma=0.567$ )呈中度正相关,与血清铜浓度( $\gamma=-0.517$ )、m-AST( $\gamma=-0.501$ )呈中度负相关。WD患者SOD活性与铜蓝蛋白( $\gamma=-0.209$ )等其他观察指标呈低度或弱度相关;WD伴肝硬化患者SOD活性显著低于非肝硬化组( $P=0.000$ )。

**结论** WD患者存在自由基系统的代谢紊乱、抗氧化物活性下降,对WD患者进行驱铜治疗的同时,应积极进行抗氧化物治疗。

## PU-3866

### Increased ratio of circulating Tfh for Tfr cells in chronic renal allograft dysfunction

Lin Yan,Yi Li,Yangjuan Bai,Yunfei An,Yamei Li,Xianding Wang,Yunying Shi,Lanlan Wang  
West China Hospital of Sichuan University

**Objective** T follicular helper (Tfh) cells play a control role in contribution of B cell differentiation and antibody production. T follicular regulatory (Tfr) cells inhibit Tfh-B cell interaction. Tfh and Tfr cells could migrate to the circulation as circulating Tfh (cTfh) and circulating Tfr (cTfr) cells. These cells respond to CXCL13 chemokine gradients, moving back to a secondary lymphoid organ germinal center, where they may be involved in germinal center formation.

**Methods** To identify whether circulating Tfh (cTfh) and Tfr (cTfr) cells contribute to chronic renal allograft dysfunction (CAD), 82 kidney transplant recipients (45 recipients with CAD, 37 recipients with stable function) were enrolled. The frequency of cTfh and cTfr cells, the expression of PD-1, ICOS, STAT3, IL-21 on these cells, and the level of serum CXCL13 were measured.

**Results** The frequency of cTfh or cTfr cells in CAD group was significantly lower than that in stable group (16.7% vs 21.2%,  $P=0.015$ ; 0.31% vs 0.68%,  $P=0.002$ , respectively). The ratio of cTfh for cTfr cells in CAD group was significantly higher than that in stable group (55.4 vs 25.3,  $P=0.013$ ). Serum CXCL13 in CAD group was significantly higher than stable group (30.4 vs 21.3

ng/ml,  $P=0.025$ ). The ratio of cTfh for cTfr cells was an independent risk factor for eGFR in recipients after adjustment for age, gender, transplantation duration time, pre-PRA level, HLA mismatch, immunosuppressant and other immune parameters (Linear regression: standardized coefficient=-0.420,  $P=0.012$ ). The ratio of cTfh for cTfr cells was an independent risk factor for CAD (Logistic regression: OR=1.043, 95%CI=1.004-1.085,  $P=0.031$ ). A negative association between serum CXCL13 and frequency of CD4+CXCR5+ cells was observed in kidney transplant recipients (spearman  $r=-0.332$ ;  $P=0.008$ ).

**Conclusions** The imbalance of cTfh and cTfr cells might contribute to the development of CAD. High level of serum CXCL13 might improve movement of the CXCR5+CD4+ cells back to secondary lymphoid organs. Whether the ratio of cTfh for cTfr cells and CXCL13 could predict the risk of CAD in kidney transplant recipients requires to be further clarified.

## PU-3867

### 脓毒症患者血浆 PAD4 的水平及临床意义

解鸿翔

山东省千佛山医院,250000

**目的** 肽基精氨酸脱亚胺酶 4 (PAD4) 是中性粒细胞胞外诱捕网 (NETs) 介导的细菌杀灭途径中的重要免疫因子。本研究旨在探讨 PAD4 对脓毒症早期诊断和严重度评估方面的临床价值。

**方法** 收集 41 例脓毒症患者为研究对象, 以同期 30 例健康体检者作为健康对照组。于患者入 ICU 后 24h 内取外周静脉血 3mL, 健康体检者取清晨空腹血; 用 ELISA 检测血清 PAD4 水平, 同时测定外周血白细胞计数 (WBC)、中性粒细胞比例 (NEU)、降钙素原 (PCT)、C-反应蛋白 (CRP), 并计算急性生理学与慢性健康状况评分系统 II (APACHE II) 评分。应用 Spearman 相关分析法判定脓毒症患者血清 PAD4 水平与各影响因素的相关性。受试者工作特征曲线 (ROC) 分析 PAD4 对脓毒症的诊断价值。

**结果** 脓毒症患者组血清 PAD4 水平明显高于健康对照组[4.70 (3.45-6.15) ng/mL vs 2.45 (1.45-3.50) ng/mL,  $P<0.05$ ], 且脓毒症预后不良组明显高于好转组[5.20 (4.40-6.30) ng/mL vs 3.9 (2.70-6.00) ng/mL,  $P<0.05$ ]; 脓毒症组 WBC、NEU、PCT、CRP 及 APACHE II 评分 S 分均较健康组明显升高 ( $P<0.05$ ); 相关性分析显示, 脓毒症患者 PAD4 水平与 WBC、NEU、PCT、CRP 无明显相关性 ( $r$  值分别为 0.332、0.273、0.214、0.383, 均  $P>0.05$ ), 与 APACHE II 评分具有一定的相关性 ( $r=0.445$ ,  $P<0.05$ ); 血清 PAD4 诊断脓毒症的 ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.875, 当血清 PAD4 浓度  $>3.45$  ng/mL 时敏感度为 75.6%, 特异度为 73.3%。

**结论** 脓毒症患者 PAD4 水平明显升高, 可以作为早期诊断脓毒症的生物标志物, 并且对判断患者的感染严重程度和预后具有一定的指导价值。

## PU-3868

### 临床腹腔积液生化检验效果

刘丽娜

潍坊市中医院,261000

**目的** 研究在腹腔积液患者中采取生化检验的应用价值。

**方法** 此文参考随机数字表法将 2016 年 11 月至 2017 年 11 月收治的 50 例腹腔积液患者分两组进行研究, 参照组纳入良性病变患者 ( $n=30$  例), 实验组纳入恶性病变 ( $n=20$  例), 均进行生化检验, 分析且观察两组腹腔积液患者实验结果。



**结果** 实验组腹腔积液患者腺苷脱氨酶、糖基抗原、乳酸脱氢酶、总蛋白对比参照组, 统计学显示有差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 将生化检验应用在腹腔积液患者中具有一定的诊断价值, 可提升诊治效果。

## PU-3869

### AIDS/HIV 患者合并 CMV 病毒感染的调查分析\*

赵敏, 柳丽娟

福建医科大学孟超肝胆医院

**目的** 调查分析 823 例 HIV/AIDS 患者 CMV 病毒的感染情况, 并比较不同临床样本中 CMV-DNA、CMV IgG 和 CMV IgM 的检测方法对临床的诊断价值。

**方法** 实时荧光 PCR 定量方法检测血浆、尿液和脑脊液中的 CMV-DNA 含量以及血液 HIV-RNA 病毒含量; 化学发光法定量检测血清 CMV IgG 和 CMV IgM; 流式细胞术计数分析患者 CD4<sup>+</sup>T 细胞, 通过 CD4<sup>+</sup>T 细胞检测分析病人免疫状态与 CMV 感染率的相关性。

**结果** AIDS/HIV 患者合并感染 CMV 病毒的总阳性率为 28.9%; 尿液、血液和脑脊液的 CMV-DNA 阳性率分别为 25.27%、25.73% 和 5.71%, 尿液和血浆 CMV-DNA 检测结果无统计学差异。血浆中 CMV IgM 抗体检测结果与尿 CMV-DNA、血 CMV-DNA 的检测结果显示具有统计学差异, 感染 CMV 病毒组与未合并感染 CMV 病毒组的 CD4 绝对计数, HIV-RNA 定量检测差异均具有统计学意义。

**结论** AIDS/HIV 患者 CD4 越低、HIV-RNA 定量值越高就越容易感染 CMV 病毒; 实时荧光 PCR 定量方法检测尿液或血浆 CMV-DNA 对 CMV 病毒感染的筛查有重要的诊断价值, 而 CMV IgG 和 CMV IgM 的抗体检测有其临床应用的局限性。

## PU-3870

### 进行性肌营养不良患者血清 L-乳酸检测的意义

何志超, 薛明月, 金慧珠, 杨茜, 陆雯琪, 范贤峰, 冯文坤, 张奇, 吴君霞

安徽中医药大学神经病学研究所附属医院

**目的** 进行性肌营养不良 (progressive muscular dystrophy, PMD) 是一组遗传性骨骼肌变性疾病, 临床上以缓慢进行性发展的肌肉萎缩、肌无力为主要表现。血乳酸是无氧糖代谢的产物, 主要由红细胞、骨骼肌和脑细胞产生。进行性肌营养不良患者的血清 L-乳酸水平, 未见报道。因此观察乳酸脱氢酶、L-乳酸在进行性肌营养不良 (PMD) 患者血清中的水平。

**方法** 回顾性分析 52 例 PMD 患者和 52 例正常对照组的血清乳酸脱氢酶、L-乳酸水平。

**结果** 52 例 PMD 患者血清 LDH 异常率为 95% (36/38), 浓度范围 (184~1700) U/L; 血清 L-乳酸水平为 (2534.43±595.54)  $\mu\text{mol/L}$  显著高于正常对照组 (2130.81±647.26)  $\mu\text{mol/L}$ , ( $P=0.004$ )。

**结论** PMD 患者血清 LDH 和 L-乳酸水平显著高于正常对照组。因进行性肌营养不良的发病机制主要为抗肌萎缩蛋白基因突变导致肌细胞膜上的骨架蛋白抗肌萎缩蛋白发生结构和功能的改变, 导致肌纤维坏死, 肌酶从细胞释放入血液, 引起血清中肌酶升高。PMD 患者肌纤维坏死, 组织缺氧, 血清 LDH 升高, 使丙酮酸转换成乳酸增多。

## PU-3871

## Contribution of Hepatitis B Virus in Primary intrahepatic cholangiocarcinoma in China: Experience from Chinese National Cancer Center

Minjie Wang

National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** The relationship between HBV infection and Primary intrahepatic cholangiocarcinoma is still controversial. We aimed to understand the impact of HBV infection on ICC by retrospective analysis.

**Methods** A total of more than 14,000 patients with liver cancer who were treated at National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (NCC/CH-CICAMS) during January 1, 2000 and December 31, 2015 were enrolled. In some ICC cases, immunohistochemical expression of HBsAg and HBcAb were explored in cancer tissues and adjacent liver tissues.

**Results** Totally 339 histologically confirmed ICC patients in 16 years. Among the 339 ICC patients, single HBV infection, indicated by serum HBsAg(-)/(+) & anti-HBc(+), was found in 83 cases (24.48%), of them 139 (41.00%) was serum HBsAg(-) & anti-HBc(+), and 112 ICC patients (33.04%) were serum HBsAg(-)/anti-HBc(-)/HCV(-), and 6 patients did not detect infectious indicators. HBsAg and anti-HBc immunohistochemical staining were performed in cancer tissues and adjacent liver tissues in 32 ICC patients, 13 patients with serum HBsAg(+), and 17 with serum HBsAg(-)/anti-HBc(+). In adjacent liver tissues, in 13 serum HBsAg(+) ICC patients, 8 with single HBsAg(+) Immunohistochemical expression results, 1 patient with HBsAg(+)/anti-HBc(+), and the remaining 4 were HBsAg(-)/anti-HBc(-); In 17 serum HBsAg(-)/anti-HBc(+) ICC patients, only 1 had liver tissue HBsAg(+)/anti-HBc(+), and the remaining 16 liver tissues were HBsAg(-)/anti-HBc(-). In biliary cancer tissues, HBsAg(-)/anti-HBc(-) Immunohistochemical expression were found in all 13 serum HBsAg(+) ICC patients, and only one case of biliary tissue was HBsAg(+)/anti-HBc(-) in 17 serum HBsAg(-)/anti-HBc(+) ICC patients.

**Conclusions** Immunohistochemistry results showed that ICC patients have association with HBV infection to a certain degree. However, compared with HCC patients with HBsAg infection rate close to 80%, the association of HBV and ICC patients needs further confirmation.

## PU-3872

## 极化液对严重烫伤大鼠肠道保护实验研究

王占科

解放军第九四医院

**目的** 烧（烫）伤、包括其它严重创伤及大手术后患者并发肠道屏障损害导致肠源性感染，后果严重，研究严重烧伤后肠道屏障保护措施，非常重要。

**方法** 本实验以 30% 的体表面积全层烫伤大鼠为研究对象，探讨 GIK（葡萄糖-胰岛素-氯化钾）在烧伤后肠道保护中的作用及其机理，为 GIK 防治烧伤后肠道屏障损害提供实验依据

**结果** 我们将 60 只 30% 的体表面积全层烫伤清洁级 SD 大鼠随机分为 GIK 组（burn+GIK, n=20），胰岛素组（burn+INS, n=20）和盐水对照组（burn+S, n=20），GIK 和胰岛素组空腹血糖控制在正常对照组（n=20）均值加减 1 个标准差范围内。结果发现，1）GIK 组和胰岛素组伤后各时相点肉眼和病理切片观察肠道损害程度以及血浆二胺氧化酶（DAO）均明显低于盐水对照组（ $p<0.05$ ），GIK 组血浆二胺氧化酶（DAO）明显低于胰岛素组（ $p<0.05$ ）；2）GIK 组伤后 5 天体重明显高于胰岛素组（ $P<0.05$ ），胰岛素组体重与盐水对照组无显著差异；3）GIK 组和胰岛素组伤

后各时相点血浆  $\text{TNF}\alpha$  均明显低于盐水对照组 ( $P<0.01$ ), GIK 组又低于胰岛素组 ( $P<0.01$ ); 4) GIK 组和胰岛素组伤后各时相点血浆 IL-10 及 IL-10/ $\text{TNF}\alpha$  明显高于盐水对照组 ( $P<0.01$ ), 且 GIK 组又明显高于胰岛素组 ( $P<0.01$ ); 5) GIK 组和胰岛素组伤后 2 天肠道组织  $\text{TNF}\alpha$ -mRNA 以及 NF-KB mRNA 以及 NF-KB 蛋白阳性表达水平明显低于盐水对照组 ( $p<0.01$ ), GIK 组又明显低于胰岛素组 ( $p<0.01$ ); 6) GIK 组和胰岛素组伤后 2 天肠道组织 IL-10 mRNA 水平明显高于盐水对照组 ( $p<0.01$ ), GIK 组又明显高于胰岛素组 ( $p<0.01$ )

**结论** 1) GIK 和胰岛素对严重烧伤肠道有保护作用, 可能与 GIK 和胰岛素能控制高血糖、降低肠道组织促炎细胞因子基因表达和增强抗炎细胞因子基因表达以及下调肠道组织细胞 NF-KB 基因表达有关; 2) GIK 对严重烧伤肠道保护效果优于单纯胰岛素治疗, 可能与 GIK 补充葡萄糖营养和胰岛素剂量比单独胰岛素组大有关。

#### PU-3873

### 肝酶、平均血小板体积和红细胞分布宽度值对于预测妊娠期糖尿病发生发展的临床应用价值

蒋叶, 杨璐

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 探讨测定肝酶、红细胞分布宽度(RDW)和平均血小板体积(MPV)数值对于预测妊娠期糖尿病(GDM)发生发展的临床应用价值。探讨测定肝酶、红细胞分布宽度(RDW)和平均血小板体积(MPV)数值对于预测妊娠期糖尿病(GDM)发生发展的临床应用价值。

**方法** 收集 368 例 2016 年 1 月至 2016 年 12 月在江苏省妇幼保健院确诊为妊娠期糖尿病孕妇的病例资料, 记录相关实验室检查参数结果。同时收集同期 368 例健康体检者作为对照组, 比较不同组间所有参数差异。

**结果** 在所有参数中, GDM 组的血小板分布宽度(PDW)、转氨酶(ALT)和  $\gamma$ -glutamyl 转移酶 (GGT) 明显高于健康对照组 ( $P<0.05$ ); GDM 组的血小板压积 (PCT) 水平显著降低 ( $P<0.01$ ); 而在平均血小板体积 (MPV)、红细胞分布宽度 (RDW)、血小板计数 (PLT) 和天冬氨酸转氨酶 (AST) 水平上, 组间无显著差异。

**结论** 我们的研究表明, ALT、GGT、PCT 和 PDW 可以作为预测 GDM 发展的预测指标, 为临床诊断妊娠期糖尿病开拓了新的思路。

#### PU-3874

### 壳多糖酶 3 样蛋白 1 (CHI3L1) 在慢性肝病患者中诊断肝脏纤维化程度的应用价值

莫慧玲, 卓传尚, 柳丽娟

福建医科大学孟超肝胆病医院

**目的** 探讨壳多糖酶 3 样蛋白 1 (CHI3L1) 在诊断慢性肝病肝纤维化程度的临床价值

**方法** 回顾性分析从 2016 年 1 月至 2018 年 7 月在福建医科大学孟超肝胆医院就诊的 400 例慢性肝病患者 (均行肝脏穿刺病理学检查) 肝穿刺检查同期血清和 60 例健康对照者的 CHI3L1、透明质酸 (HA)、层粘连蛋白 (LN)、Ⅲ型前胶原 N 端肽 (PⅢP NP) 和 IV 型胶原 (CIV) 水平, 比较其预测肝纤维化程度的诊断价值。

**结果** 慢性肝病患者血清壳多糖酶 3 样蛋白 1 水平随着肝纤维化程度的增高而增高 ( $\chi^2=165.543$ ,  $P<0.001$ )。区分二期及以上肝纤维化是多个抗病毒治疗指南开始抗病毒治疗的指征, CHI3L1 诊

断显著纤维化 ( $\geq S2$ ) 的阈值为 85.1ng/mL 时, 敏感度和特异度分别为 72.96%和 84.07%, 其 ROC 曲线下面积为 0.847, 高于 HA (0.703)、LN (0.639)、PⅢP-NP (0.743)、CIV (0.774) 且差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。检测最早期肝纤维化对肝纤维化的筛查和预防干预也有一定的指导意义, CHI3L1 诊断有纤维化进展 ( $\geq S1$ ) 的阈值为 81.6 ng/mL 时, 敏感度为 59.3%, 特异度为 95.45%, 其 ROC 曲线下面积为 0.83。CHI3L1 单独检测和与 HA、LN、PⅢP NP、CIV联合检测, ROC 曲线下面积没有统计学差异 ( $P>0.05$ ), 联合检测不能提高肝纤维化诊断效能; CHI3L1 诊断重度纤维化 ( $\geq S3$ ) 的阈值为 94.6ng/mL 时, 敏感度和特异度分别为 75.86%和 79.62%, 其 ROC 曲线下面积为 0.845, 较 HA (0.677)、LN (0.662)、PⅢP NP(0.767)和 CIV(0.789)高, 差异有统计学意义, 联合检测亦未能显著提高诊断效能。

**结论** 血清 CHI3L1 水平是辅助诊断慢性肝病患者肝脏纤维化进展程度的良好指标, 具有较好的临床应用前景。

## PU-3875

### 血浆 D-二聚体检测在肾病综合征患者中的应用价值

赵润玲

新疆生产建设兵团第六师医院

**目的** 评估血浆 D-二聚体与肾功能的关系, 探讨其在肾病综合征患者中的临床意义。

**方法** 收集我院 2018 年 1 月-2019 年 4 月肾病科住院病人 232 例, 同时选取同期来院体检者且年龄和性别相匹配的 86 例作为对照组。使用希森美康 5100 及配套试剂检测血浆 D 二聚体, 并对两组人群血浆 D-二聚体水平进行比较。  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 肾病综合征及正常对照组血浆 D-二聚体含量分别为  $(2.85\pm 0.36)$  mg/L,  $(0.18\pm 0.035)$  mg/L, 肾病综合征患者血浆 D-二聚体水平显著高于对照组, 两组之间有显著差异 ( $P<0.05$ )。D-二聚体的水平与疾病的严重程度成正相关。

**结论** 血浆 D-二聚体对于肾病综合征患者早期发现心血管事件具有重要意义, 其生成或含量增高反应机体凝血和纤溶系统的激活, 早期发现肾病综合征患者的高凝或者易栓状态不仅可避免或减少血栓形成或 DIC 出现, 而且对控制肾脏疾病的进展也有一定的意义, 预示着血浆 D-二聚体检测可作为监测肾功能的指标。

## PU-3876

### 可溶性 CD14 治疗改善严重烫伤内毒素血症小鼠炎症细胞因子实验研究

王占科

解放军第九四医院

**目的** 观察可溶性白细胞分化抗原 14 (soluble Cluster of Differentiation, sCD14) 对严重烫伤内毒素血症模型小鼠血清促炎和抗炎细胞因子的影响

**方法** 60 只健康清洁级昆明小鼠随机分为 sCD14 治疗组 ( $n=20$ ), 治疗对照组 ( $n=20$ ) 和正常对照组 ( $n=20$ )。sCD14 治疗组动物每天按  $5\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  剂量, 每隔 12h 尾静脉注射, 连续 3d。观察 3 组血清促炎细胞因子 (TNF $\alpha$  和 IL-6) 和抗炎细胞因子 (IL-4 和 IL-10) 水平变化

**结果** sCD14 治疗组血清 TNF $\alpha$  和 IL-6 水平均明显低于治疗对照组 ( $P<0.01$ ), 但仍高于正常对照组 ( $P<0.01$ ); sCD14 治疗组血清 IL-4 和 IL-10 水平与治疗对照组无显著变化。

**结论** sCD14 治疗可以通过抑制严重烫伤内毒素血症小鼠血清促炎细胞因子分泌,降低炎症反应。

**PU-3877**

## 2018 年安徽医科大学附属阜阳医院细菌耐药性监测

陆国平

安徽医科大学附属阜阳医院

**目的** 了解安徽医科大学附属阜阳医院 2018 年临床分离菌的耐药性。

**方法** 参照 CLSI 2017 版判读药敏结果。使用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 收集 2018 年 1—12 月临床分离菌共 1123 株,其中革兰阴性菌 943 株,占 84%,革兰阳性菌 180 株,占 16%。大肠埃希菌占比最高,占 27%。主要分离于痰等呼吸道标本(39.4%)和尿液标本(26.4%)。金黄色葡萄球菌中 MRSA(耐甲氧西林金黄色葡萄球菌)和凝固酶阴性葡萄球菌中 MRCNS(耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌)的检出率分别为 64.3%和 74%。MRSA 主要分布于内分泌科(占 22.7%)、骨科(11.3%)、ICU(9%)。未检出替考拉宁、利奈唑胺或万古霉素耐药的葡萄球菌。肠球菌属中屎肠球菌对测试药物的耐药率均较高。8 株肺炎链球菌,其中一株对青霉素耐药。肠杆菌科细菌中,肺炎克雷伯菌对碳青霉烯耐药率在 17%左右。鲍曼不动杆菌对碳青霉烯的耐药率为 82.1%。铜绿假单胞菌为 17.4%。6 株流感嗜血杆菌中, $\beta$  内酰胺酶检出率为 16.7%(1/6)。

**结论** 细菌耐药性形势十分严峻,应加强科室管理,增强医务人员手卫生和环境卫生意识,特别是医院耐药菌高发的科室,院感部门还应加强督导与宣传,临床与实验室增强联系,以防耐药菌株的快速播散。充分发挥耐药监测工作价值。

**PU-3878**

## 慢性肾脏病 3-5 期患者的血清前白蛋白水平检测及临床意义

郑岩,赵冠杰,孙景春

吉林大学中日联谊医院

**目的** 探讨慢性肾脏病(CKD)3-5 期患者血清前白蛋白(PA)水平变化规律及原发病因与疾病治疗和进展的关系,为临床工作提供一定的理论依据。

**方法** 选取 2018 年 4 月-2019 年 5 月就诊于吉林大学中日联谊医院肾病内科的 CKD 患者共 97 例为研究对象,根据患者的肾小球滤过率(GFR)水平对 CKD 患者进行分期及分组,即 CKD3 期组[30mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>) 《 GFR<60mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>)]、CKD4 期组[15mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>) 《 GFR<30mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>)]、CKD5 期组[GFR<15mL/(min\*1.73m<sup>2</sup>)],检测患者血清中 PA 水平情况,分析 3-5 期 CKD 患者血清 PA 的含量特点。

**结果** 研究对象共 97 例,男性 55 例,女性 42 例,男女比例为 1.31:1,年龄 25-78 岁。其中慢性肾脏病的原发病为肾小球肾炎 41 例,占 42.3%,高血压肾病 20 例,占 20.6%,糖尿病肾病 25 例,占 25.8%,其它原发病占 11.3%(11/97)。随着 CKD 分期的进展,血清 PA 水平呈逐期下降趋势,5 期组患者的 PA 水平明显低于 3 期、4 期。原发病为糖尿病肾病患者的血清 PA 水平与同期其他病因相比更低,高血压肾病其次,肾小球肾炎患者 PA 水平较其他病因高。

**结论** CKD3-5 期患者的血清 PA 水平,随着病情的进展呈下降趋势。原发病为糖尿病肾病患者的血清 PA 水平较同期其他病因相比更低,对疾病的治疗及病情发展更加不利。

## PU-3879

**Tim-3/Gal-9 as predictors of adverse outcomes after kidney transplantation**

Lin Yan, Yangjuan Bai, Yunfei An, Limei Luo, Yamei Li, Xianding Wang, Yuning Shi, Yi Li, Lanlan Wang  
West China Hospital of Sichuan University

**Objective** T cell immunoglobulin and mucin domain (Tim-3) and its ligand, galectin-9 (Gal-9), play an important role in immune regulation. Serum soluble Tim-3 (sTim-3) and Gal-9 (sGal-9) were observed to be correlated with renal function after kidney transplantation in our previous study, but whether these two could predict the adverse outcomes after transplantation is unknown.

**Methods** 91 recipients receiving kidney transplantation were enrolled in this cohort study. 20 of all recipients suffered composite outcomes after kidney transplantation within two years. 71 recipients had stable renal function during this period. The expressions of sTim-3 and sGal-9 before and one month after transplantation were measured by ELISA.

**Results** The level of sTim-3 before transplantation was significantly higher in recipients with stable renal function than composite outcomes (Median: range, 2275: 840-4236 pg/ml vs 1589: 353-3094 pg/ml,  $P=0.002$ ). The level of sGal-9 after transplantation was significantly lower in stable group than composite outcome group (Median: range, 4869: 1418-13080 pg/ml vs 6852: 4128-10760 pg/ml,  $P=0.003$ ). Area under curve (AUC) of sTim-3 before transplantation was 0.737 ( $P=0.002$ ) through the analysis of receiver operating characteristic curve (ROC curve). AUC of sGal-9 after transplantation was 0.751 ( $P=0.003$ ). After survival analysis, the percentage of recipients free from composite outcomes was significantly lower in patients with low level of sTim-3 than high sTim3 ( $P<0.0001$ ), so was in patients with high sGal-9 than low sGal-9 ( $P=0.0004$ ).

**Conclusions** Serum sTim-3 and sGal-9 could predict the adverse outcomes within two years after kidney transplantation.

## PU-3880

**丙酮酸乙酯改善严重烫伤内毒素血症 SD 大鼠炎症因子和氧化应激实验研究**

王占科  
解放军第九四医院

**目的** 探讨丙酮酸乙酯对严重烫伤内毒素血症大鼠血 TNF $\alpha$  和 HMGB-I 以及 MDA 和 SOD 活力影响, 观察丙酮酸乙酯抗炎以及抗氧化自由基作用, 为丙酮酸乙酯作为防治严重烧伤后全身炎症反应综合征和自由基损伤有效药物, 提供实验依据

**方法** 40 只 30%TBSA III 度烫伤内毒素血症大鼠随机分为丙酮酸乙酯治疗组 ( $n=20$ ) 及其治疗对照组 ( $n=20$ ), 测定各组伤前, 伤后 12 小时, 伤后 1 天, 伤后 3 天, 伤后 5 天以及伤后 7 天血液中 TNF $\alpha$  和 HMGB-I 以及 MDA 和 SOD 活力变化。

**结果** 丙酮酸乙酯治疗组及其治疗对照组伤后各时相点血 TNF $\alpha$  和 HMGB-I 以及 MDA 和 SOD 活力均明显高于伤前 ( $P<0.01$ ), 但丙酮酸乙酯治疗组伤后各时相点血 TNF $\alpha$  和 HMGB-I 以及 MDA 和 SOD 活力均明显低于治疗对照组 ( $P<0.01$ )

**结论** 结论: 严重烫伤内毒素血症机体伤后明显出现过度炎症反应和氧自由基损伤相关指标升高, 丙酮酸乙酯可有效降低机体过度炎症反应和氧自由基损伤, 提示丙酮酸乙酯可作为防治严重烫伤内毒素机体过度炎症反应和氧自由基损伤的有效药物。

## PU-3881

## 念珠菌抗甘露聚糖 IgM、IgG 抗体作为念珠菌血症生物标志物的性能评价

孟妍明,康梅,李冬冬,王婷婷,匡紫薇,马莹(通讯作者)

四川大学华西医院,610000

**目的** 由于血培养所需时间长、检测阳性率低,基于免疫学的快速检测方法对念珠菌血症的早期诊断具有重要价值。抗甘露聚糖抗体是一种针对念珠菌细胞壁的来源于宿主的生物标志物。我们对抗甘露聚糖 IgM 和 IgG 对念珠菌血症的诊断性能进行了评估。

**方法** 分析了 48 例念珠菌定植患者和 40 例念珠菌血症患者,以及既无念珠菌定植也无念珠菌感染者(包括 13 例其他血液感染,145 例不含真菌感染的住院患者和 55 例健康对照者)的血清。通过计算敏感性、特异性、阳性预测值、阴性预测值和似然比,评价两种方法的诊断效能。

**结果** 对于念珠菌血症患者,IgM 灵敏度为 0.78 至 0.80,IgG 灵敏度为 0.68 至 0.75。IgM 特异性在 0.97 到 0.98 之间,IgG 特异性在 0.91 到 0.94 之间。IgM 法较 IgG 法有较高的敏感性、特异性、ppv、npv 和阳性似然比。当结合两种试验(血清单个抗体阳性或两种抗体均阳性结果被视为阳性),敏感性提高至 0.93 (0.79-0.98),NPV 提高至 0.99 (0.96-1.00),特异性 (0.93 (0.89-0.95)) 和 PPV (0.66 (0.52-0.78)) 仅略有下降。在 40 例念珠菌血症患者中,23 例血液于血液培养报阳前采集血标本,其中 21 例患者的 IgM 抗体阳性,15 例患者的 IgG 抗体阳性,仅一例患者两种抗体均阴性。

**结论** 念珠菌 IgM、IgG 检测是一种快速、经济、简便的检测方法,可以协助念珠菌血症的诊断,在血培养报阳前提供诊断提示,从而指导治疗,降低死亡率。

## PU-3882

## 长链非编码 RNA RMRP 和 miR-34 在肝细胞癌组织的表达及相关性

长链非编码 RNA RMRP 和 miR-34 在肝细胞癌组织的表达及相关性

淮安市第一人民医院(南京医科大学附属淮安第一医院),223001

**目的** 探讨长链非编码 RNA (Long noncoding RNAs, LncRNA) 线粒体 RNA 处理核糖核酸内切酶 RNA 组份 (RNA component of mitochondrial RNA-processing endoribonuclease, RMRP) 对肝细胞癌 (Hepatocellular carcinoma, HCC) 细胞生物学行为的作用及与患者预后的关系。

**方法** 购得 66 例 HCC 组织和 16 例癌旁组织的 cDNA 芯片,采用实时荧光定量 PCR (quantitative realtime PCR, qRT-PCR) 法检测 HCC 组织中 RMRP 和微小 RNA-34 (microRNA-34, miR-34) 的表达;分析 RMRP 表达与患者临床病理参数之间的关系;并分析 RMRP 表达与 miR-34 表达二者间的相关性。将 SMMC-7721 细胞系分为空白组 (negative control, NC)、对照组 (sh-vector) 和实验组 (sh-RMRP),分别不感染慢病毒、只感染空载质粒及感染 sh-RMRP-慢病毒 (lentivirus, lenti),采用 MTT 实验和克隆形成实验检测细胞增殖能力。

**结果** RMRP 在 HCC 组织中的表达明显高于癌旁组织 ( $t=13.41$ ,  $P<0.05$ ),且 HCC 组织中 RMRP 的表达与 T 分级、TNM 分期及是否复发相关 ( $P$  均  $<0.05$ );RMRP 与 miR-34 表达呈明显负相关 ( $r=-0.802$ ,  $P<0.05$ );细胞转染后培养 12、24、48、72h 后,sh-RMRP 组吸光度值 (OD490 值) 明显低于 NC 组和 sh-vector 组 (分别  $F=30.42$ ,  $73.68$ ,  $52.94$ ,  $107.37$ ,  $P$  均  $<0.05$ );sh-RMRP 组克隆形成数明显低于 NC 组和 sh-vector 组 ( $F=257.0$ ,  $P<0.05$ ),RMRP 高表达患者总体生存率明显低于 RMRP 低表达患者 ( $P<0.05$ )。

**结论** LncRNA RMRP 在 HCC 组织中呈高表达,提示 HCC 患者预后不良。

## PU-3883

## 基于标准化的六西格玛理论性能验证图规范实验室 尿液定量化学检验项目性能

卢英,杨璐

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨采取基于标准化的六西格玛理论性能验证图规范实验室尿液定量化学检验项目性能的可行性。

**方法** (1) 允许总误差的计算: 参照卫生部室间质评的评价标准作为所有尿液定量化学项目的允许总误差。(2) 不精密度数值描述: 收集 2018 年 1-12 月江苏省人民医院生化专业组尿液定量分析所有月度 CV 值, 取其平均值完成计算。(3) 偏倚数值描述: 收集 2018 年参加卫生部尿液定量化学室间质评的 5 个偏倚的绝对值的平均值进行计算。按照公式  $\sigma = (TEa - |Bias|) / CV$ , 计算每个检测项目的  $\sigma$  水平。

**结果** 尿钠、尿氯、尿糖、尿尿素、尿肌酐、尿酸、尿蛋白、尿钙检测水平评价为世界一流, 尿镁评价为优秀, 尿磷、尿钾、尿淀粉酶评价为欠佳。

**结论** 实验室可以采用基于标准化的六西格玛理论性能验证图来规范尿液定量化学检验项目性能, 提高尿液定量化学检验项目的准确性。

## PU-3884

## 乳酸脱氢酶在两种检测系统检测结果比对研究

邹芳

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 研究 LDH 在 Roche Cobas8000 全自动生化分析仪和 Dimension Xpand (SIMENS) 全自动生化分析仪的结果是否具有可比性。

**方法** 参照 CLSI C54-A 文件提供的极差检验比对方法, 对昆明医科大学第一附属医院检验科两种检测系统中 LDH 检测结果进行分析。

**结果** LDH 在昆明医科大学第一附属医院检验科两种检测系统中不具有可比性。

**结论** LDH 在昆明医科大学第一附属医院检验科两种检测系统中不具有可比性。

## PU-3885

## 血清外泌体来源 microRNA-194 介导肥胖性 心肌病的形成

聂赫中容,周义文

南方医科大学深圳医院

**目的** 肥胖及其并发症给社会造成严重的健康和经济问题。肥胖介导的血管损伤是主要的并发症之一, 但潜在的分子机制仍未完全阐述。大量研究发现, MicroRNA 与心血管疾病进展紧密相关。本研究将阐述 microRNA-194 对肥胖性心肌病发生发展的作用和潜在的分子机制。

**方法** 本研究收集 35 例肥胖患者和 39 例健康志愿者的血清, 检测 microRNA-194 水平。利用原代小鼠心肌细胞模型, 分析来源于人血清的外泌体对心肌细胞线粒体功能的影响。利用高脂饮食诱导的肥胖小鼠模型, 给予外泌体或 microRNA-194 抑制剂处理。



**结果** 临床血清 microRNA-194 水平与心脏功能指标紧密相关, 包括射血分数 ( $r = -0.5002$ ,  $p < 0.01$ ) 和 NT-proBNP 值 ( $r = 0.3670$ ,  $p < 0.01$ )。肥胖患者血清外泌体抑制心肌细胞的线粒体 ATP 产生 ( $p < 0.001$ ) 和基础氧呼吸能力 ( $p < 0.01$ ), 但 microRNA-194 抑制剂显著性提高线粒体的功能。体内小鼠实验发现, microRNA-194 抑制剂治疗能够改善高脂饮食诱导的心脏结构紊乱和功能损伤, 并提高心肌线粒体的数量和活性。

**结论** 本研究揭示血清外泌体来源的 microRNA-194 能够介导肥胖性心肌病, 阻断 microRNA-194 能够有效的降低心肌损伤。

## PU-3886

### 两种不同制片方法在细菌革兰染色的应用比较

任玉吉, 宋贵波, 黄琛  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨细胞离心机制片与普通离心机制片用于细菌革兰染色的优缺点, 为患者提供更准确的检验结果

**方法** 随机收集临床体液标本 100 份, 分别用普通离心机和细胞离心机离心制片, 革兰染色, 镜检对比。同时进行培养

**结果** 在细菌量达到大于 3000cfu/ml (真菌孢子大于 1000cfu/ml) 时, 两种制片方法比较不具有统计学意义 ( $P > 0.05$ )。当细菌量小于 3000cfu/ml (真菌孢子小于 1000cfu/ml) 时, 细胞离心机制片法明显优于普通离心机制片法, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 细胞离心机制片能提高无菌体液的革兰染色阳性率, 提供更为准确的临床结果。

## PU-3887

### CYP24A1 基因多态性与结直肠息肉和结直肠癌的相关性研究

张雪花<sup>1,2</sup>, 秦雪<sup>3</sup>  
1. 广西壮族自治区妇幼保健院 (厢竹院区)  
2. 广西医科大学  
3. 广西医科大学第一附属医院, 530021

**目的** 研究细胞色素酶 CYP24A1 基因 rs114368325、rs6068812、rs2296239 和 rs1570670 四个位点多态性与结直肠息肉和结直肠癌易感性的关系。

**方法** 选择 2018 年 9 月到 2019 年 1 月在广西医科大学第一附属医院就诊, 首次确诊为结直肠息肉和结直肠癌患者, 按年龄、性别与各病例组相近的原则选取同期在广西医科大学第一附属医院体检中心就诊的健康者作为对照组。收集各组临床资料信息及血液标本, 应用聚合酶链反应-限制性片段长度多态性 (PCR-RFLP) 技术分别检测 CYP24A1 基因 rs114368325、rs6068812、rs2296239 和 rs1570670 四个位点基因片段, 进行测序分析。采用拟和优度  $\chi^2$  检验对四个单核苷酸多态性 (SNP) 位点进行哈-温平衡 (HWE) 检测, 通过非条件 Logistic 回归分析校正性别、年龄后, 计算比值比 (OR) 和 95% 可信区间 (CI), 分析四个 SNP 位点基因多态性与结直肠息肉、结直肠癌遗传易感性的关系。

**结果** 1、本研究共纳入健康对照组 110 例, 平均年龄 ( $58.43 \pm 7.14$ ) 岁, 其中男性 63 例, 女性 47 例; 结直肠息肉组 118 例, 平均年龄 ( $52.27 \pm 15.77$ ) 岁, 其中男性 75 例, 女性 43 例; 结直肠癌组 139 例, 平均年龄 ( $56.99 \pm 12.19$ ) 岁, 其中男性 94 例, 女性 45 例。各病例组与对照组的性别

比例差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。各病例组与对照组 rs114368325 和 rs2296239 两个位点基因型的分布频率均符合哈-温平衡定律 (均为  $P > 0.05$ )。

2、CYP24A1 rs114368325 位点有 GG、AG 两种基因型, 未发现 AA 纯合突变型, 与对照组相比, rs114368325 位点突变基因型 AG 和等位基因 A 的携带频率在各病例组间未发现存在差异 (均为  $P > 0.05$ )。rs2296239 位点发现 CC、CT、TT 三种基因型。rs2296239、rs6068812 和 rs1570670 位点的等位基因和基因型的携带频率分别与对照组相比,  $P$  值均  $> 0.05$ , 差异无统计学意义。

**结论** CYP24A1 基因 rs114368325、rs2296239、rs6068812、rs1570670 四个位点的基因多态性均与结直肠息肉、结直肠癌的患病风险无明显相关性。

## PU-3888

### 不同乙肝表面抗体滴度人群外周血中 DC 细胞及其相关细胞因子水平表达差异

李虹娟, 杨海清, 尹家丽  
云南省第三人民医院, 650000

**目的** 观察乙肝表面抗体(HBsab)高、中、低人群外周血中 DC 细胞含量及其相关的血清细胞因子的表达水平差异, 并探讨其临床意义。

**方法** 选取在我院进行健康体检的人群中选择 45 例作为研究对象, 按照不同的 HBSAB 的水平将其分为三组, 高应答组 ( $600\text{IU/mL} < \text{HBsAb} < 1000\text{ IU/mL}$ ) 15 例、中应答组 ( $300\text{IU/mL} < \text{HBsAb} < 500\text{ IU/mL}$ ) 15 例、低应答组 ( $\text{HBsAb} < 10\text{ IU/mL}$ ) 15 例, 共 45 例采用 ELISA 法检测 IL-10、TNF- $\alpha$  含量, 使用流式细胞仪检测人外周 DC 细胞表型 HLA-DR、CD80、CD86、CD83 及 CD11c 的表达率含量。

**结果** 不同乙肝表面抗体水平受试者中 DC 细胞含量及血清细胞因子水平表达量不同。高应答组受试者 DC 表型 HLA-DR、CD80、CD86、CD83、CD11c 表达率最高分别为 ( $78.03\% \pm 5.11$ )、( $69.92\% \pm 2.18$ )、( $75.29\% \pm 3.15$ )、( $37.16\% \pm 3.97$ )、( $38.29\% \pm 2.09$ )。中应答组 DC 细胞表型 HLA-DR、CD80、CD86、CD83、CD11c 的表达率含量为 ( $75.23\% \pm 2.01$ )、( $64.42\% \pm 2.82$ )、( $72.54\% \pm 1.85$ )、( $34.70\% \pm 0.62$ )、( $33.81\% \pm 3.71$ )。低应答组 DC 细胞表型 HLA-DR、CD80、CD86、CD83、CD11c 的表达率含量为 ( $73.23\% \pm 4.36$ )、( $60.93\% \pm 3.54$ )、( $69.31\% \pm 2.53$ )、( $32.81\% \pm 2.62$ )、( $31.68\% \pm 2.72$ )。高应答组表达率高于低应答组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。高应答组的细胞相关因子 IL-10 为 ( $24.34 \pm 1.78$ )、TNF- $\alpha$  ( $1.874 \pm 0.23$ )。中应答组为 IL-10 ( $22.43 \pm 3.78$ )、TNF- $\alpha$  ( $1.67 \pm 1.13$ )。低应答组为 IL-10 ( $19.81 \pm 3.08$ )、TNF- $\alpha$  ( $1.12 \pm 1.32$ )。但各组细胞因子表达水平差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 不同乙肝表面抗体水平的受试者外周血 DC 细胞表达率及相关细胞因子表达不同。

## PU-3889

### Investigation of mechanism and molecular epidemiology of linezolid-resistant Enterococcus faecalis in China

lipeng wang, Maoli Yi  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** A molecular epidemiological survey of linezolid-resistant *E. faecalis* was performed using PFGE, MLST, and repPCR (DiversiLab) to explore the genetics and evolution of the nine

isolates, and the performance of the three typing methods with *E. faecalis* was evaluated. Moreover, all the possible resistance mechanisms mentioned above were investigated.

**Methods** Nine linezolid-resistant *E. faecalis* isolates were collected and the possible mechanisms of linezolid resistance, including mutations in domain V of 23S rRNA genes and in ribosomal proteins L3 and L4, and the multiresistance gene *cfr*, were investigated. Furthermore, an epidemiological survey of the nine linezolid-resistant *E. faecalis* isolates was performed by pulsed field gel electrophoresis (PFGE), multilocus sequence typing (MLST) and DiversiLab. The three methods were compared to evaluate their merits and demerits, respectively.

**Results** Our blast results for the nine linezolid-resistant *E. faecalis* isolates were negative for all the possible mutations, including domain V of the 23S rRNA genes, and ribosomal proteins L3 and L4. We also failed to detect the multiresistance gene *cfr* in the nine strains. Epidemiological investigation suggested that a small-scale outbreak of linezolid-resistant *E. faecalis* emerged in neurosurgery ICU.

**Conclusions** All the three methods (PFGE, MLST and DiversiLab) could be applied to molecular epidemiological analysis. Besides, DiversiLab could be a suitable alternative to PFGE, and these two techniques show greater discriminatory ability than MLST.

## PU-3890

### 健康成人血清总蛋白和白蛋白的浓度的分布 及其参考区间探讨

陆国平

安徽医科大学附属阜阳医院

**目的** 探讨适合阜阳地区人群的血清总蛋白(TP)、血清白蛋白( ALB)参考区间。

**方法** 选取 2017 年 10 月-2019 年 3 月的 2865 例阜阳地区健康成人总蛋白和白蛋白检测结果进行统计分析。采用偏态分布,取双侧 95%建立各项的参考区间。

**结果** 数据显示参考区间按性别比较差异无统计学意义,不同年龄组比较差异无统计学意义。

**结论** 阜阳地区血清总蛋白、血清白蛋白与性别、年龄不相关。血清总蛋白参考区间为 69.0-85.0g/L;血清白蛋白参考区间为 43.0-52.0g/L。

## PU-3891

### 原发性甲状旁腺功能亢进症患者临床特征分析

胡玲莉,沈山梅

南京鼓楼医院

**目的** 原发性甲状旁腺功能亢进症(原发性甲旁亢)对人群健康具有严重威胁,国内原发性甲旁亢患者临床特征研究尚不多。本研究通过回顾性研究,系统收集患者病例资料,探讨原发性甲旁亢患者的临床特征。

**方法** 本研究查阅并总结 2008 年 7 月-2017 年 6 月间经手术以及病理证实的原发性甲旁亢手术住院患者病例资料,包括患者性别、年龄、入院时间、住院天数、入院诊断、出院诊断、临床症状、合并症和手术类型等,以及患者的生化指标、甲状腺功能及相关抗体指标、影像学诊断结果、病理结果、免疫组化分析以及术后并发症等。采用  $\chi^2$  检验、t 检验、F 检验或 Mann-Whitney U 秩和检验进行统计推断,基于 Logistic 回归探索出现术后麻木的影响因素。

**结果** 2008 年 7 月-2017 年 6 月间,南京鼓楼医院共收治原发性甲旁亢患者 118 例。甲状旁腺腺瘤比例最高,为 92.4% (109/118)。高血压是原发性甲旁亢患者最常见的合并症 (37/118, 31.4%)。患者的 PTH 和血钙水平升高,恶性肿瘤患者上述两种指标的升高水平尤其明显。<sup>99m</sup>Tc-

MIBI 核素扫描对原发性甲旁亢的诊断灵敏度(85.9%)显著高于 CT 灵敏度(58.7%)。免疫组化结果: PTH 和 CK19 阳性率均为 100%, CgA 阳性率为 96.2%。相对于术前, 患者术后的血钙和 PTH 水平显著下降(均  $P < 0.05$ ), 血磷水平显著上升( $P < 0.05$ )。Logistic 回归分析结果表明, 低血钙是造成术后麻木的关键因素( $OR=255$ , 95%CI: 54.52-1192.79)。

**结论** PTH 和血钙水平对原发性甲旁亢诊断至关重要, PTH、CgA 等免疫组化结果可为原发性甲旁亢诊断提供参考。B 超检查建议作为原发性甲旁亢首选定位方法, 同时可考虑联合 CT 和  $^{99m}\text{Tc}$ -MIBI 核素扫描等手段。术后低血钙可能导致患者出现麻木并发症, 应重点监测。

## PU-3892

### 不同品牌 PT、APTT 检测试剂对不同凝血因子的敏感性, 及受狼疮抗凝物(LA)和基质金属蛋白酶-3(MMP-3)的干扰性评价

王迪, 关明

复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 探究 4 种进口品牌的凝血酶原时间(PT)和部分活化凝血活酶时间(APTT)检测试剂对不同凝血因子的敏感性评价及受狼疮抗凝物(LA)及基质金属蛋白酶-3(MMP-3)的干扰性评价

**方法** 采用市售的正常血浆剂和多种因子血浆, 及 LA 和 MMP-3 干扰物质配置多个浓度梯度试验样本, 使用市售的 4 种不同品牌的试剂盒分别检测试验样本的 PT 及 APTT 结果。评价不同品牌试剂对凝血因子缺乏状态的敏感性, 并评价 LA 和 MMP-3 对不同品牌试剂的干扰性。

**结果** 1. PT-A (西森美康) 对 FV 活性减低的敏感性较高, 对 FVII、FX 活性减低的敏感性一般; PT-B (斯塔高) 对 FX 活性减低的敏感性非常高, 对 FVII、FV 活性减低的敏感性一般; PT-C (沃芬) 对 FVII 活性减低的敏感性非常高, 对 FX、FV 活性减低的敏感性较高; PT-D (积水) 对 FVII、FX 活性减低的敏感性非常高, 对 FV 活性减低的敏感性一般; 各品牌的 PT 检测试剂盒对 FII 活性减低的敏感性均一般, 表现一致。2. 在内源性因子活性减低或干扰物存在的情况下, PT-A (西森美康) 非常容易受 FIX、MMP-3 的影响, 较易受 FVIII 的影响, 不易受到 FXII、FXI 和 LA 的影响; PT-B (斯塔高) 非常容易受 FVIII、FXII 的影响, 较易受 FIX 和 MMP-3 的影响, 不易受 FXI 和 LA 的影响; PT-C (沃芬) 非常容易受 FVIII 的影响, 较易受 MMP-3、FIX 和 FXII 的影响, 不易受 LA 和 FXI 的影响; PT-D (积水) 不易受到 FVIII、FIX、FXI、FXII、LA 和 MMP-3 的影响。3. APTT-A (西森美康) 对 FIX 活性减低的敏感性较高, 对 FVIII、FXI 和 FXII 活性减低的敏感性一般; APTT-B (斯塔高) 对 FVIII 活性减低的敏感性非常高, 对 FVIII、FXI 和 FXII 活性减低的敏感性较高; APTT-C (沃芬) 对 FIX 活性减低的敏感性很高, 对 FVIII、FXI 和 FXII 活性减低的敏感性较高; APTT-D (积水) 对 FVIII、FIX、FXI 和 FXII 活性减低的敏感性较一般。

**结论** 四种不同品牌的 PT 及 APTT 试剂对不同凝血因子活性降低的敏感性表现各有差异, 抗 LA 和 MMP-3 的干扰性各不相同。在医学检验工作中选用 PT 及 APTT 测试剂盒时, 应充分了解试剂盒的差异性及产品的局限性, 并结合医院疾病谱选用合适的试剂品牌。

## PU-3893

### 人参皂苷 Rh2 通过调节自噬抑制胶质瘤细胞增殖

李开飞

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 胶质瘤是颅内最常见的原发性恶性肿瘤, 发病机制尚未完全阐明。化疗在术后维持缓解和延长生存期中具有重要的作用, 然而血脑屏障和药物的毒副作用限制了大部分化疗药物的使用, 导致治疗抵抗和肿瘤复发, 因此寻找新的治疗药物迫在眉睫。人参皂苷 Rh2 (Ginsenoside Rh2, G-

Rh2) 是一种从红参药材中提取出来的达玛烷型糖苷化合物。现有证据表明 G-Rh2 具有明确的抗肿瘤作用, 但是其在胶质瘤中的抗肿瘤机制研究尚未完全清楚。本研究旨在探究 G-Rh2 在胶质瘤中的作用及其机制, 为临床的药物治疗提供基础。

**方法** 体外培养人源胶质瘤细胞系 A172, 通过一系列功能试验探究 G-Rh2 对胶质瘤细胞的作用, 然后通过 western blot 实验探究 G-Rh2 对自噬相关蛋白的作用, 以及调节细胞自噬对 G-Rh2 抗肿瘤作用的影响。

**结果** G-Rh2 对胶质瘤细胞具有浓度依赖性和时间依赖性毒性作用, 诱导周期阻滞和细胞凋亡。G-Rh2 处理促进自噬相关蛋白 LC3I 和 LC3II 的表达, LC3II/LC3I 比值下降, 说明 G-Rh2 能增强胶质瘤细胞的自噬水平。采用自噬抑制剂 CQ 抑制细胞自噬后, G-Rh2 促进凋亡相关蛋白 c-caspase 表达。

**结论** G-Rh2 对胶质瘤细胞具有浓度依赖性和时间依赖性毒性作用, 可诱导周期阻滞和细胞凋亡, 自噬在其中发挥重要的调节作用, G-Rh2 可增强细胞自噬, 促进细胞的存活, 通过自噬抑制剂 CQ 处理后, G-Rh2 的抗胶质瘤作用增强。这些结果初步展现了 G-Rh2 抗胶质瘤的分子机制, 为后续实验提供了基础, 也说明 G-Rh2 有望用于胶质瘤的治疗。

## PU-3894

### 肝癌患者介入治疗前后血清异常凝血酶原、甲胎蛋白及甲胎蛋白异质体检测的意义

杨季萍

莆田市第一医院, 351100

**目的** 研究肝癌患者介入治疗前后血清异常凝血酶原 (PIVKA-II)、甲胎蛋白 (AFP) 及甲胎蛋白异质体 (AFP-L3) 检测的意义。

**方法** 50 例肝癌患者均给予肝动脉化疗栓塞 (TACE) 治疗, 采用免疫荧光法检测 PIVKA-II、AFP、AFP-L3。

**结果** 好转 42 例, 进展 8 例, 好转组治疗后 PIVKA-II、AFP、AFP-L3 低于治疗前 ( $P < 0.05$ ); 进展组治疗前后 PIVKA-II、AFP、AFP-L3 无明显差异 ( $P > 0.05$ ); 好转组复发 24 例, 未复发 18 例, 复发组治疗后 3 个月 PIVKA-II、AFP、AFP-L3 高于治疗后 1 个月 (复发前) ( $P < 0.05$ ); 未复发组治疗后 1 个月与治疗后 3 个月 PIVKA-II、AFP、AFP-L3 无明显差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** PIVKA-II、AFP、AFP-L3 检测对肝癌患者介入治疗效果及疾病复发的预测有重要的参考价值。

## PU-3895

### 流式检测外周血淋巴细胞亚群的常见问题及解决方案

段萃娟, 王玉飞, 郭晓今, 牟星, 凌爱琴, 张甜甜

解放军总医院第三医学中心

**目的** 对流式细胞仪检测外周血淋巴细胞亚群中出现的常见问题提出解决方案, 以提高检测结果的准确性。对流式细胞仪检测外周血淋巴细胞亚群中出现的常见问题提出解决方案, 以提高检测结果的准确性。

**方法** 对本科室 2018 年使用迈瑞 BriCyte E6 流式细胞仪检测外周血淋巴细胞亚群过程中遇到的常见问题进行总结、分析, 并提出相应的解决方案。

**结果** 流式细胞仪检测外周血淋巴细胞亚群中的常见问题包括 CD45-SSC 门散点图分群不清、十字门分类散点图分群不清、淋巴细胞亚群无法分类以及淋巴细胞亚群细胞绝对计数假性减低等。采用样品制备前生理盐水清洗全血样本、上机前溶血素清洗等方法可解决检测中存在的上述问题。

**结论** 通过生理盐水清洗样本、溶血素清洗等方法可有效解决迈瑞 BriCyte E6 流式细胞仪检测外周血淋巴细胞亚群易出现的问题，值得推广。

**PU-3896**

## 海口地区 2014-2018 年泌尿生殖道沙眼衣原体感染情况分析

林丽华

海南省第五人民医院

**目的** 了解海口地区泌尿生殖道沙眼衣原体（CT）感染现状及流行趋势，为临床制定感染防治措施提供科学依据。

**方法** 对我院性病门诊 2014 年 1 月至 2018 年 12 月的 4408 例就诊者样本，采用实时荧光定量 PCR 技术检测 CT,并对检测结果进行统计分析。

**结果** 5 年 CT 检测总阳性率 16.19%，主要以 20~40 岁年龄组高发；男性患者阳性率 21.55%；女性患者阳性率 8.81%，男性高于女性，差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）；女性感染者各年龄组检出率差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。

**结论** 海口地区泌尿生殖道沙眼衣原体感染率较高，处于先上升后下降的趋势，提示临床要进一步加强筛查力度，同时加强综合性干预活动和健康教育。

**PU-3897**

## 新形势下四年制医学检验技术人才培养模式的思考

杨瑞霞

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 探讨新形势下四年制医学检验技术人才培养模式的思考

**方法** 根据《普通高等学校本科专业类教学质量国家标准》“医学技术类教学质量国家标准”（医学检验技术专业）的要求，在新学制背景下，对南京医科大学医学检验系医学检验技术专业的课程设置，师资配备、教学方法、实习方案、教学质量保障做出了思考。

**结果** 各医学院校应在新大纲的指导下，根据学校的实际情况以及市场需求，制定合适的应用型医学检验技术人才的培养方案。

**结论** 教学改革促进检验医学的发展。

PU-3898

## 妊娠期血清免疫球蛋白水平的变化及其参考区间的建立

刘蕾

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 检测并探索健康妊娠期妇女血清免疫球蛋白 IgG、IgM、IgA、IgE 水平的变化,并建立期参考区间,为临床一些妊娠性疾病的诊断、治疗及预后提供依据。

**方法** 选取 127 例健康妊娠女性,按其孕周的不同分为早、中、晚期妊娠组,其中早期妊娠组 42 例,中期组 41 例,晚期妊娠组 44 例;同时选取 124 例健康体检未孕女性作为非妊娠对照组。采用免疫比浊法测定各组受检者血清中 IgG、IgM、IgA 的浓度,电化学发光法测定 IgE 的浓度。利用统计学方法分析各组间的差异,建立妊娠期妇女血清免疫球蛋白的参考区间(Reference intervals, RIs)。

**结果** 正常妊娠组与非妊娠组比较,血清 IgG、IgM、IgA、IgE 水平均明显下降,其中 IgG 下降 51.81%,IgM 下降 43.84%,IgA 下降 55.80%、IgE 下降 49.80%,差异具有显著性( $p<0.01$ );妊娠早中晚三组间进行两两比较,仅 IgG 的早期和晚期差异具有统计学意义( $p<0.01$ ),其他组间差异并无显著性。健康妊娠孕妇血清免疫球蛋白 IgG、IgM、IgA、IgE 95%RIs 分别为 5.48-6.51mg/dL、0.71-0.93mg/mL、0.90-1.09mg/mL、68.30-107.69ng/mL。

**结论** 妊娠期间孕妇血清免疫球蛋白 IgG、IgM、IgA、IgE 水平均明显下降,本文成功建立了妊娠期不同免疫球蛋白的参考区间,为临床决策提供科学的依据。

PU-3899

## 血常规中消除脂浊对血红蛋白检测干扰的方法探讨

林秋,俞萍丽

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 中、高浓度脂血的血常规标本会严重影响血细胞分析仪对血红蛋白的检测,从而影响血常规检验结果的准确性。本文通过运用新校正公式、激光散射法、等量稀释液血浆置换法消除脂浊对血红蛋白检测的干扰。

**方法** 通过手动配制中、高浓度脂血标本,并运用新校正公式、激光散射法、等量稀释液血浆置换法分别进行血红蛋白校正,测定值分别与手动配制脂血前运用十二烷基硫酸钠血红蛋白测定法(SLS-Hb 法)所测定的血红蛋白结果进行统计学比较,验证新校正公式、激光散射法、等量稀释液血浆置换法测定中、高浓度脂血标本血红蛋白的准确性。其中新校正公式: $Hb(校正后) = Hb(脂) \times MCHC(稳定) / MCHC(脂)$ ,其中设患者一周内距检测当日时间最近的血常规结果中的红细胞平均血红蛋白浓度 MCHC 为 MCHC(稳定),MCHC 稳定性本篇论文已验证,条件为患者一周内无输血和大量失血。

**结果** 新校正公式、激光散射法、等量稀释液血浆置换法测定结果分别与手动配制脂血前运用十二烷基硫酸钠血红蛋白测定法(SLS-Hb 法)测定结果用方差分析进行比较,P 值均大于 0.05,差异均无统计学意义。

**结论** 经验证,新校正公式、激光散射法、等量稀释液血浆置换法均对脂浊干扰血红蛋白测定具有较好的校正作用。其中激光散射法、新校正公式这两种校正方法均有操作方便、迅速快捷的优点,尤其是激光散射法,基本可校正所有由于血脂引起的血红蛋白假性增高,但存在仪器昂贵等缺点,并非所有实验室均能配备。而公式校正法无需昂贵的仪器,其适用于近期没有输血和大量失血的患者。

## PU-3900

## 血栓四项联合 D-二聚体在初判脑卒中患者中的诊断价值研究

周兰芯

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 深入挖掘血栓四项（TM、TAT、tPAIC、PIC）联合 D-二聚体在判脑卒中患者中的诊断价值，并为其提供早期实验室指标依据。

**方法** 收集 2018 年 10 月~2019 年 3 月期间南部战区总医院初判急性脑卒中患者 30 例（男 18,女 12,年龄 38-89）及健康对照组 30 例（男 15,女 15,年龄 38-91）的血浆标本，用化学发光免疫分析两步法定量检测血栓四项（TM、TAT、tPAIC、PIC），用凝固法检测凝血四项（PT、APTT、TT、FIB）。制作 ROC 曲线对不同指标的应用价值进行直观的比较。

**结果** 测试组 TAT、PIC、t-PAIC、TM、PT、APTT、TT、FIB、D-D 水平分别为（22.78±37.08）ng/ml、（3.18±4.54）ng/ml、（10.44±5.85）ng/ml、（11.35±3.28）ng/ml、（13.63±1.75）s、（37.15±5.24）s、（17.57±5.24）s、（37.15±7.24）g/L、（2.71±5.31）ug/ml，正常对照组分别为（3.36±2.69）ng/ml、（0.76±0.35）ng/ml、（6.84±2.96）ng/ml、（11.52±4.26）ng/ml、（13.06±0.92）s、（38.72±9.54）s、（20.86±20.83）s、（3.48±0.83）g/L、（0.43±0.30）ug/ml；患者组相较于健康对照组血栓四项（TAT、PIC、tPAIC、TM、）D-D 含量显著升高，患者组与正常对照组的 APTT、TT、PT 差异有统计学意义；PT 没有显著差异，但是患者组有延长趋势。PIC 与 D-D、TAT 联合诊断和六项指标（APTT、TT、DD、TAT、PIC、t-PAIC）联合诊断曲线下面积（AUC）分别为 0.828、0.853、0.894；敏感度分别为 0.767、0.867、0.633；特异度分别为 0.833、0.8、1.0。联合六项的灵敏度和特异度均高于其他单项的联合诊断，且 ROC 曲线下面积更大。

**结论** DD、TAT、PIC 三项对脑卒中的诊断均有一定的指导价值，能较好的反映患者当时血液的情况，其中单个指标以 PIC 诊断价值为高。六个指标联合后 ROC 曲线下面积最大，提示我们在诊断脑卒中时要及时结合凝血三项：APTT、TT、D-D 与血栓三项：TAT、PIC、t-PAIC。

## PU-3901

## PCR 快速检测淋病奈瑟菌 NspA 基因方法的建立及分析

王彦

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 构建 PCR 检测淋病奈瑟菌 NspA 基因的方法，为寻找快速检测淋病奈瑟菌的方法提供理论依据。

**方法** 根据 NspA 基因序列设计一对引物，从 10 例已成功培养出淋病奈瑟菌的患者尿道分泌物中用 PCR 方法扩增 NspA 基因，并测序鉴定。

**结果** 1.0%琼脂糖凝胶电泳显示成功获得一个约 528bp 的基因片段，基因测序鉴定与本实验设计相符。

**结论** 淋球菌常规培养检测和鉴定需 2-3 天的时间，而 PCR 快速检测淋病奈瑟菌 NspA 基因，只需 2-3 小时便能获得数据，缩短了检测时间，给临床诊治赢得宝贵时间。



## PU-3902

## The clinical value of QFT-GIT in the diagnosis of tuberculosis

Liping Liu

Xiangya second hospital of central south university

**Objective** Objective: To investigate the value of QFT-GIT in the clinical diagnosis of pulmonary tuberculosis.

**Methods** Methods: Heparin anticoagulation was collected from patients with nephrology at the Second Xiangya Hospital from February 2, 2018 to April 12, 2018. A total of 143 patients were collected, including 57 patients with pulmonary tuberculosis (11 patients with active tuberculosis, 46 cases with latent tuberculosis infection tuberculosis) and 86 cases of non-tuberculosis patients. Simultaneously, the IFN- $\gamma$  concentration was measured by two IFN- $\gamma$  release assays, T-SPOT and QFT-GIT. Calculate the sensitivity, specificity, positive predictive value and negative predictive value of QFT - GIT in the diagnosis of pulmonary tuberculosis and the analysis of factors such as age, sex, living habits and other factors on the experimental results were statistically analyzed.

**Results** Results: The sensitivity and specificity of T-SPOT and QFT-GIT assays were 93.10%, 89.29% and 91.95%, 95.40%, respectively ( $P>0.05$ ). There were 57 pulmonary tuberculosis patients in this study and 11 of them were active pulmonary tuberculosis while the other 46 were latent pulmonary tuberculosis. It was found that the concentration of IFN- $\gamma$  in active pulmonary tuberculosis (405.49pg/ml) was significantly higher than that in the latent tuberculosis group (205.27pg/ml) ( $P<0.05$ ). The incidence of tuberculosis was found to be related to age and gender: men were more likely to be infected with tuberculosis than women and the incidence rate of tuberculosis was increasing with age. Smoking and alcohol consumption may also play a catalytic role in TB infection.

The level of IFN- $\gamma$  in whole blood had no significant correlation with sex while it was closely related to age.

**Conclusions** Conclusion: The whole blood IFN- $\gamma$  release test, QFT-GIT, was a good way in the clinical diagnosis of pulmonary tuberculosis and could be used as an auxiliary diagnosis to distinguish between active tuberculosis and latent tuberculosis.

## PU-3903

## 淋球菌抗氧化相关蛋白及其调节机制的研究进展

刘青林

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 为适应活性氧 (Reactive Oxygen Species, ROS) 环境, 淋病奈瑟氏球菌 (Neisseria gonorrhoeae, NG) 形成了一套有效的抗氧化体系, 以抵抗活性氧对病原体蛋白质、细胞膜脂质及 DNA 的损伤。

**方法** NG 抵抗活性氧的杀伤主要依靠一些抗氧化蛋白质, 包括过氧化氢酶、超氧化物歧化酶、锰转运蛋白、基于巯醇的氧化应激防御和基于铁螯合的氧化应激防御。

**结果** 淋球菌针对 ROS 的应激反应通过转录因子调控相关靶基因来实现。

**结论** oxyR、PerR、Fur 是淋球菌抗氧化的主要调控子。本文就 NG 的抗氧化相关蛋白及其调节机制作一简要阐述。

## PU-3904

## Study on the Correlation between Serum 25-Hydroxyvitamin D3 Level and Obesity

Ruixia Yang

Jiangsu Province Hospital (The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University)

**Objective** To investigate the relationship between serum 25-hydroxyvitamin D3 [25-(OH)D3] and its related metabolic indexes in the obese.

**Methods** 239 obese patients, including 109 males and 130 females, were collected from the weight-loss clinic of Jiangsu People's Hospital from December 2016 to March 2018, and 221 physical examination samples, including 99 males and 122 females, were collected from physical examination Center of Jiangsu People's Hospital at the same time. The levels of 25-(OH)D3 were measured and their relationship with obesity, glycometabolism and lipid metabolism was analyzed.

**Results** BMI of males was significantly higher than that of females ( $p < 0.05$ ). There was no significant difference in the level of 25-(OH)D3 between men and women. With the increase of BMI, the level of 25-(OH)D3 showed a downward trend, with a significant difference ( $\chi^2 = 10.066$ ,  $P < 0.05$ ). The prevalence rate of simple obesity in 25-(OH)D3 more insufficient group was significantly lower than that in 25-(OH)D3 insufficient group ( $\chi^2 = 6.121$ ,  $P < 0.05$ ). Although the prevalence rate of hypertension, type 2 diabetes mellitus, hyperuricemia and hyperinsulinemia in the 25-(OH)D3 more insufficient group was higher than that in the 25-(OH)D3 insufficient group, there was no significant difference. Pearson correlation analysis showed that 25-(OH)D3 was negatively correlated with BMI ( $r = -0.197$ ), C-peptide (C-P) ( $r = -0.134$ ), and positively correlated with age ( $r = 0.168$ ). Taking 25-(OH)D3 as dependent variable and other indexes as independent variables, multivariate linear regression analysis was performed. Age, BMI, total cholesterol (TC), low density lipoprotein cholesterol (LDL-C) were independently correlated with 25-(OH)D3 (beta values were 0.157, -0.164, 0.513 and -0.473 respectively).

**Conclusions**

Obesity and related metabolic abnormalities are closely related to the decrease of 25-(OH)D3. The level of 25-(OH)D3 usually decreased in obese people, and the decrease of 25-(OH)D3 will lead to metabolic abnormalities such as obesity and hypertension.

## PU-3905

## 均相酶免疫法测 17-羟和 17-酮的线性评价

龙培艳

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 本研究参考 CLSI EP6-A 文件验证均相酶免疫法测定尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇的线性范围, 以验证其厂家声明的检测系统性能是否满足临床要求。

**方法** 根据美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) 颁布的 EP6-A 文件, 选择高浓度样本 (浓度大于厂家声称线性高值的 20%~30%) 作为高值标本, 低值标本为用标准品稀释成浓度为定量限的标本。用高值标本和低值标本按比例配制成浓度为等间距排列的试验标本, 每个样本重复测定 2 次, 用 SPSS 17.0 软件对数据进行多项式回归, 评价该检测项目的线性关系。

**结果** 经计算尿 17-羟皮质类固醇和尿 17-酮类固醇的非线性系数  $b_2$  和  $b_3$  的检验统计量  $t < t_{0.05}(df)$ , 则  $P > 0.05$ , 可以认为数据组呈线性关系, 不需要再进行非线性度判断。将 CV 值与精密度的设定目标  $CV = 1/2TEa = 12.5\%$  进行比较, 按公式计算的尿 17-羟皮质类固醇比例误差  $CV = 6.88\%$ , 尿 17-酮类固醇的比例误差  $CV = 4\%$ , 均未超过设定目标 12.5%。

**结论** 尿 17-羟皮质类固醇的线性范围为 (3.48-54.48) mg/l, 尿 17-酮类固醇的线性范围为 (3.925-100.585) mg/l, 且随机误差对实验结果无影响, 分析方法可重复。

## PU-3906

### CRP 在侵袭性真菌感染诊断中的应用

罗爱博

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨 C-反应蛋白在侵袭性真菌感染早期诊断中的临床意义。

**方法** 采用回顾性分析的方法, 收集并分析了中南大学湘雅二医院 2018 年 2 月~2018 年 4 月期间进行 G 试验检测的一共 987 例患者的血清标本结果。查阅病历, 以临床诊断为标准 (107 例无明确临床诊断的患者从分析中排除), 将收集的数据分为真菌感染组、细菌感染组 (包括少量的结核分枝杆菌感染) 与正常人群对照组, 其中真菌感染组患者 248 例, 细菌感染组患者 168 例, 正常对照组患者 464 例。首先对三组患者基本信息进行对比分析, 再分析真菌感染组与细菌感染组、正常人群对照组血清 (1-3) - $\beta$ -D 葡聚糖及 C-反应蛋白浓度水平的差异, 并分别计算 G 试验与 C-反应蛋白检测对侵袭性真菌感染诊断的灵敏性、特异性、阳性预测值及阴性预测值。

**结果** 三组患者的性别、年龄等基本信息比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 具有可比性; 真菌感染组患者与正常人群对照组患者血清 (1-3) - $\beta$ -D 葡聚糖浓度水平比较, 差异不具有统计学意义 ( $P>0.05$ ); 真菌感染组患者与细菌感染组患者血清 (1-3) - $\beta$ -D 葡聚糖浓度水平比较, 差异不具有统计学意义 ( $P>0.05$ ); 真菌感染组患者与正常人群对照组血清 C-反应蛋白浓度水平比较, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 但真菌感染组患者与细菌感染组患者血清 C-反应蛋白浓度比较, 差异不具有统计学意义 ( $P>0.05$ ); C-反应蛋白检测对侵袭性真菌感染的检出 (敏感性为 71.0%, 特异性为 66.5%) 高于 G 试验 (敏感性为 50.0%, 特异性为 65.8%); C-反应蛋白检测对真菌感染的阳性预测值为 0.45, 阴性预测值为 0.85。

**结论** C-反应蛋白在真菌感染诊断中的敏感性及特异性都较 G 试验高, 能够更好地应用于临床, 但由于其作为一种急性时相反应蛋白, 临床中影响因素较多, 如炎症、创伤或手术后等都会大幅升高。因此, C-反应蛋白作为一种阴性预测指标相较于阳性诊断具有更重大的临床意义。

## PU-3907

### MicroRNA-628-5p inhibits cell proliferation in glioma by targeting DDX59

Yan Wang

Department of Medicine Laboratory, The Second People's Hospital of Lianyungang

**Objective** Recent study has reported that microRNA-628-5p (miR-628-5p) is involved in the development of epithelial ovarian cancer; however, the mechanisms of miR-628-5p in glioma remain unclear. In this study, we explored the potential biological roles of miR-628-5p in glioma.

**Methods** First, we found that miR-628-5p was decreased in the tissues and cells (U87 and T98) of glioma. Second, overexpressing miR-628-5p reduced the ability of glioma cells' proliferation and induced glioma cells' cycle arrest in G1. Then, we found that miR-628-5p directly bound to the 3'-untranslated region of DDX59 and decreased the protein level of DDX59.

**Results** The decrease of DDX59 was found to lead to the decrease of p-AKT.

Mechanistic studies revealed that restoring the expression of DDX59 alleviated miR-628-5p-induced inhibition of proliferation of glioma.

**Conclusions** These findings suggest that the miR-628-5p/DDX59 axis has a key role in the development of glioma, and miR-628-5p might be a new therapeutic target against glioma.

## PU-3908

## LOC285194: A Pivotal Cancer-related Long Non-coding RNA in Human Cancers

Lingli Luo

The Second Xiangya Hospital, Central South University

Genome-wide sequencing technologies have led to the identification of many non-coding RNAs and revealed an important role for these molecules in cancer. Long non-coding RNAs (lncRNAs), non-protein-coding RNAs that are more than 200 nucleotides in length, have been demonstrated to play a vital role in the pathophysiology of human diseases, particularly in tumorigenesis and progression of cancers. LOC285194, also called LSAMP antisense RNA 3 and TUSC7, is an lncRNA consisting of 4 exons with >2 kbs in length (Gene ID: 285194) and is located at osteo3q13.31. lncRNA LOC285194 was previously shown to be within a tumor suppressor unit in osteosarcoma and to suppress tumor cell growth. Decreased expression of LOC285194 is frequently reported and very often associated with tumor progression and poor clinical outcomes. Functionally, overexpression of CCAT2 could inhibit cell proliferation, invasion and migration in vitro and in vivo. In this review, we summarize current literature concerning the expression, functional role and mechanisms of LOC285194 in human malignancies.

## PU-3909

## 蛋白组学技术在阿尔茨海默病研究中的应用进展

罗昔波

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 阿尔茨海默病 (Alzheimer disease, AD), 又叫老年性痴呆, 是一种中枢神经系统变性病, 起病隐袭, 病程呈慢性进行性, 是老年期痴呆最常见的一种类型。主要表现为渐进性记忆障碍、认知功能障碍、人格改变及语言障碍等神经精神症状, 严重影响社交、职业与生活功能。

**方法** AD 的病因及发病机制尚未阐明, 一般认为 AD 是复杂的异质性疾病, 多种因素可能参与致病, 如遗传因素、神经递质、免疫因素和环境因素等。蛋白质组学在医学研究尤其是人类重大疾病 AD 的研究中的应用是近年来国际上的研究热点之一, 它使人们对 AD 发病机制和治疗研究方面取得了喜人的成绩。

**结果** 近年来一些新技术的开发使用, 包括基质辅助激光解析电离-飞行时间质谱 (MALDI-TOF/MS), 高效液相色谱与电感耦合等离子体 (HPLC-ICP-MS), 液相色谱-紫外光谱-质谱联用技术 (HPLC-UV-MS), 荧光差异显示双向电泳技术 AKTA 层析技术表面增强激光解吸电离飞行时间质谱 (SELDI-TOF), 鸟枪法蛋白质组学等对蛋白的分离、定性和定量的检测, 将有助于新的 AD 生物标记物的发现, 更加促进了 AD 的蛋白质组学研究的开发和应用。

**结论** 本文对蛋白质组学研究技术在 AD 中应用进展进行了综述。

## PU-3910

## 云南省地中海贫血防控试点效果分析

姚莉琴, 邹团标

云南省妇幼保健院, 650000

**目的** 评价云南省地中海贫血防控试点项目实施的效果。

**方法** 在婚检机构的地贫宣教、地贫筛查基础上,项目试点州(市)、县(区) 2012 ~ 2014 年共有 538 对 ( 1278 例) 夫妇因地贫筛查阳性 ( 单方或双方) 而进一步进行地贫确诊、遗传咨询和产前诊断。

**结果** 共有 7740 ( 37.0% ) 例地贫筛查阳性, 1278 例 ( 31.9% ) 例进行了地贫基因检测, 其中 43.9% ( 561 /1278) 发现有地贫基因异常;  $\alpha$  地贫基因阳性率为 18.2% , 各类  $\alpha$  突变等位基因依次为: — — SEA、— 3. 7、 $\alpha$ CS、复合、— 4. 2、3. 7 纯合子、 $\alpha$ WS; $\beta$  地贫基因阳性率为 20.0%,  $\beta$  地贫基因依次为:  $\beta$ E、41 — 42M、17M、654M、— 28M、71 — 72M、IVS — 1、32M 和 纯合子; 高危地贫夫妇 100 对, 其中进行产前诊断 75 例 ( 75.0% ) , 有 15 例终止妊娠, 部分中间型  $\alpha$  地贫胎儿在非指令遗传咨询后选择继续妊娠。

**结论** 通过试点州(市)、县(区)实施地贫防控试点, 开展“地贫”宣教和人群筛查并进行遗传咨询和高危地贫胎儿的产前诊断, 本项目为实现云南地贫防控提供了值得借鉴的经验。

## PU-3911

### 阿尔茨海默病非编码 RNA 和外泌体 microRNAs 研究进展

莫喜明

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 阿尔茨海默病 (Alzheimer disease, AD), 又称为老年性痴呆, 是一种常见的中枢神经系统的神经退行性疾病, 其临床症状主要表现为进行性记忆力减退、认知功能下降、精神行为异常等, 最终带来极高的病死率和致残率。

**方法** AD 的病因及发病机制尚未阐明, 一般认为 AD 是复杂的异质性疾病, 多种因素可能参与致病, 如遗传因素、神经递质、免疫因素和环境因素等。

**结果** 近年来的研究认为, 非编码 RNA (ncRNA) 在 AD 的发展过程中起了主要作用。脑脊液和外周血理化分析等手段可以对具有指示神经功能受损情况作用的生物标记物进行评估以用于 AD 的早期临床诊断。神经细胞分泌的外泌体中含有与其细胞功能改变密切相关的蛋白质和核酸, 在疾病的早期临床诊断中具有潜在价值。

**结论** 本文拟对 ncRNA 与 AD 的发病机制以及作为生物标志物的可行性、临床价值研究, 对外泌体 microRNAs 是否可作为 AD 早期生物诊断标志物探讨研究进展进行综述。

## PU-3912

### ISO15189:2012 与临床实验室定量检测程序分析性能评价

任亚萍

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 根据国际标准化组织 (ISO) 15189: 2012 要求, 建立适用于临床实验室定量检测程序分析性能评价的实验方案, 对 Beckman Coulter IMMAGE 800 检测系统进行性能评价。

**方法** 参照美国临床和实验室标准化委员会 (CLSI) 的有关文件及相关文献, 结合工作实际, 设计验证方案, 对 Beckman Coulter IMMAGE 800 检测系统 6 个常规检测项目的正确度、精密度、分析测量范围 (AMR)、临床可报告范围 (CRR) 和生物参考区间 5 个性能指标进行评价, 并与厂家提供的分析性能或公认的质量指标进行比较。

**结果** I M M A G E 8 0 0 特定蛋白分析仪各项的相对偏倚在 0.88%~3.25%，均小于规定的允许偏倚；各项目批内精密度在 1.07%~4.00% 范围内，均小于原卫生部临检中心能力验证（P T）/ 室间质量评价（E Q A）的 1 / 4 T E a 质量要求，各项目批间精密度在 1.39%~6.17% 范围内均小于 P T / E Q A 的 1 / 3 T E a 质量要求；各项的回归方程斜率均在 0.97~1.03 范围内， $r^2 > 0.995$ ，线性良好；各项目临床可报告范围能够满足临床检测需求；各项目引用的参考区间合适。

**结论** B e c k m a n C o u l t e r I M M A G E 8 0 0 特定蛋白分析仪在正确度、精密度、分析测量范围、临床可报告范围和生物参考区间 5 个方面验证合格，能满足实验室需求。该研究验证方案和实验方法简便易行，对规范实验室建设和实验室认可具有重要意义。

## PU-3913

### 粪肠球菌通过 mTOR 通路活化 T 淋巴细胞的初步研究

覃淇

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探究肠道菌群—粪肠球菌是否能刺激细胞免疫，活化 T 淋巴细胞。结合常规的细胞蛋白质合成通路—mTOR 信号通路，观察粪肠球菌是否能影响细胞的增殖活化。有助于丰富 T 细胞活化途径的研究。

**方法** 1.利用 T—spot 观察粪肠球菌是否能刺激 T 淋巴细胞产生干扰素。2.定量检测粪肠球菌与淋巴细胞共培养后 IFN- $\gamma$ 、IL-6、LDH、K<sup>+</sup>的产生情况。3、光镜及电镜观察 T 淋巴细胞在与粪肠球菌共培养前后的形态变化。4、利用流氏技术观察实验组 T 淋巴细胞表面 CD3、CD4、CD8、CD147 等细胞活化和成熟分化的细胞分子的表达。5、利用 WB 技术检测 T 淋巴细胞与粪肠球菌共培养前后，mTOR 信号通路相关蛋白的含量变化。

**结果** 1、通过 T—spot 观察发现，使用粪肠球菌刺激 T 淋巴细胞后，与对照孔相比，在孔底观察到 5—10 个阳性点。2、加入粪肠球菌后的实验组，炎症指标 IL-6 明显上升，IFN 轻微上升，细胞死亡指标 LDH、K<sup>+</sup>上升明显。3、在电镜下观察到实验组的 T 淋巴细胞表面有免疫突触的产生。4、实验组 T 淋巴细胞表面有活化分子的表达，其中 CD8 表达最多。5、实验组的 T 淋巴细胞中的 mTOR 蛋白相比对照组，表达明显增多。

**结论** 粪肠球菌能通过 mTOR 通路活化 T 淋巴细胞，可能还受到其他信号通路的调节。

## PU-3914

### 中国云南省 3 个州 16 个县 23 个民族育龄人群地中海贫血基因检测与分析

姚莉琴,邹团标

云南省妇幼保健院,650000

**目的** 探讨云南省 3 个地中海贫血高发地区的 16 个县的 23 个少数民族育龄人群地中海贫血常见基因携带状况。

**方法** 对本省西双版纳州，德宏州和文山州 2012-2014 年到市、县、区医院、妇幼保健院和计生站进行婚检、孕前、产前共有 21317 名育龄夫妇，进行地中海贫血血细胞和血红蛋白电泳分析筛查和基因诊断，用统计学方法分析育龄人群基因检出情况进行分析。

**结果** 地中海贫血基因诊断阳性 712 例检出率 3.3%：其中  $\alpha$  地贫 345 例为 1.6%， $\beta$  地贫 367 例为 1.7%，经统计学检验，版纳州与文山州  $X^2=195.6$ ， $P=0.000$ ，版纳州与德宏州  $X^2=117.0$   $P=0.000$ ，德宏州与文山州  $X^2=119.9$   $P=0.000$ ，三地区基因检出率差异有统计学意义；地中海贫

血检出率 16 个县中以勐腊县、勐海县、陇川县和盈江县较高,分别为 9.5%、6.5%、5.7%和 5.0%;在 23 个民族中检出率阿昌族为 8.8%、傣族 8.4%、基诺族 8.2%、布朗族 6.6%、景颇族 5.0%、拉祜族 4.9%、壮族 4.5%、瑶族 4.5%; $\alpha$ -地贫共检出基因型 SEA 杂合子、3.7 杂合子、3.7 纯合子、 $\alpha$ 4.2 杂合子、CS 杂合子、3.7/SEA 双杂和 WS 杂合子共 7 种,其中前三位是 SEA 杂合子(33.3%)、3.7 杂合子(22.6%)、CS 杂合子(8.3%); $\beta$  地贫基因型 17 杂合子、41-42 杂合子、654 杂合子、17 杂合子、28 杂合子、71-72 杂合子、 $\beta$ E 杂合子、32 杂合子、 $\beta$ E 纯合子、3.7/17 双重杂、IVS-I-1 和 13 杂合子共 12 种,以  $\beta$ E 杂合子最高(12.6%),其次是 17 杂合子和 41-42 杂合子为 6.3%。logistic 逐步回归分析,模型检验  $X^2=42.482$ ,  $P=0.000$ ,模型有统计学意义,州和民族是地中海贫血的危险因素,州其相对危险度比值  $OR=1.295$ ,  $OR$  值 95%可信区间 1.118-1.498,民族  $OR=1.029$ ,  $OR$  值 95%可信区间为 1.013-1.045。模型分类判对比率为 57.5%。

**结论** 探明了我省 3 个州 16 个县 23 个民族育龄人群中地中海贫血基因突变类型和频率,地区和民族分布特点,对地中海贫血的防控提供指导,为下一步的干预和扩大试点县区提供最直接的理论依据。

## PU-3915

### 冷凝集素病伴血型抗原减弱 1 例

梁路石

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 对一例冷凝集标本进行输血前相容性检测,分析干扰因素,并探讨处理对策。

**方法** 分别用 37℃温盐水洗涤法及 2-巯基乙醇处理患者红细胞以期消除自凝现象,然后以微柱凝胶法完成正定型的检测,以试管预温法完成反定型的检测。再以试管抗人球蛋白法结合预温技术完成不规则抗体筛查及主侧配血。

**结果** 37℃温盐水洗涤后盐水自身对照为弱阳性,2-巯基乙醇处理后盐水自身对照为阴性,经两种方法处理后血型格局均为  $AB_{weak}$  型,后经吸收放散试验及分子生物学检测确定为 AB 型。微柱凝胶法不规则抗体筛查出现弱阳性结果,经自体吸收后复查为阴性,试管预温法不规则抗体筛查为阴性,且与 4 单位 O 型洗涤红细胞主侧配血相合。

**结论** 遇强冷凝集标本时 37℃温盐水洗涤法盐水自身对照不易处理至阴性,当正定型出现弱凝集时不能与冷凝集干扰相区别,易使检验者将弱凝集误判为假阳性而漏检,2-巯基乙醇处理冷凝集红细胞后进行血型检测的方法优于前者,与预温技术相配合可以用于冷凝集患者的输血前相容性检测。冷凝集标本往往伴随网织红细胞不同程度的增高,在考虑冷凝集干扰的同时需警惕可能存在血型抗原的减弱。

## PU-3916

### 外科手术病人术前肾功能实验室评估指标分析

郑小凤

汕头大学医学院第一附属医院,515000

**目的** 分析比较外科手术病人术前肾脏储备功能的实验室评估指标,并就手术病人术前肾功能准备提出建议。

**方法** 选取住院病人组:住院成年患者 9732 例,分析半胱氨酸蛋白酶抑制剂 C (Cystatin C, Cys C) 与肾小球滤过率 (glomerular filtration rate, GFR) 的关系,用受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC) 确定 Cys C 的临界值;手术病人组:70 例,根据是否检测中

性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白(Neutrophil Gelatinase-Associated Lipocalin,NGAL)、肾损伤分子 1(Kidney injury molecule1,Kim-1)项目分为 A 组共 39 例和 B 组共 31 例,分析 Cys C、NGAL 及 Kim-1 对术前肾脏储备功能的评估价值;急性肾损伤(Acute Kidney Injury, AKI)组和非 AKI 组:在手术病人组中根据患者手术前后 Scr 变化水平分为 AKI 组和非 AKI 组,比较手术前后 Cys C、NGAL、Kim-1 的变化,并用 ROC 曲线分析三者对诊断 AKI 的准确性及敏感性。

**结果** Cys C 与肾小球滤过率呈负性相关( $r=0.697$ ,  $p<0.01$ ), GFR 在  $90\text{mL}/(\text{min}\cdot 1.73\text{m}^2)$ 、 $60\text{mL}/(\text{min}\cdot 1.73\text{m}^2)$ 、 $30\text{mL}/(\text{min}\cdot 1.73\text{m}^2)$  的 Cys C 分别为  $0.82\text{mg/L}$  (曲线下面积  $0.734$ ,  $P<0.01$ )、 $1.01\text{mg/L}$  (曲线下面积  $0.91$ ,  $P<0.01$ ) 和  $1.675\text{mg/L}$  (曲线下面积  $0.997$ ,  $P<0.01$ )。手术病人组中,相较于非 AKI 组,术后 48h 内 AKI 组的血 Cys C、NGAL、Kim-1 均较术前明显升高( $P<0.01$ ),而在术后 48h 内 AKI 的诊断中,准确性为 Cys C>Kim-1> NGAL。

**结论** 建议对传统的 goldman 肾功能分级体系进行优化,纳入 CysC、NGAL 及 Kim-1 等指标,联合 Scr、GFR 才能更准确的评价手术病人的术前肾功能耐受能力。

## PU-3917

# Antifungal Activity of Spider Venom-derived Peptide Lycosin-I against *Candida tropicalis*

Li Tan

Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with  $\text{MIC}_{50}$  values of  $8\mu\text{g/mL}$  for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of  $\text{Mg}^{2+}$ . The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from  $1\times\text{MIC}$  to  $8\times\text{MIC}$ . The  $\text{BIC}_{50}$  values was approximately  $32\mu\text{g/mL}$  and  $\text{BEC}_{50}$  values was approximately  $128\mu\text{g/mL}$  for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

**Methods** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with  $\text{MIC}_{50}$  values of  $8\mu\text{g/mL}$  for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of  $\text{Mg}^{2+}$ . The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from  $1\times\text{MIC}$  to  $8\times\text{MIC}$ . The  $\text{BIC}_{50}$  values was approximately  $32\mu\text{g/mL}$  and  $\text{BEC}_{50}$  values was approximately  $128\mu\text{g/mL}$  for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell



membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

**Results** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with MIC<sub>50</sub> values of 8 µg/mL for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of Mg<sup>2+</sup>. The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from 1×MIC to 8×MIC. The BIC<sub>50</sub> values was approximately 32 µg/mL and BEC<sub>50</sub> values was approximately 128 µg/mL for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

**Conclusions** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with MIC<sub>50</sub> values of 8 µg/mL for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of Mg<sup>2+</sup>. The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from 1×MIC to 8×MIC. The BIC<sub>50</sub> values was approximately 32 µg/mL and BEC<sub>50</sub> values was approximately 128 µg/mL for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

## PU-3918

### 血液学指标在福建地区 α-地中海贫血筛查中的价值

谢屿平,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 分析福建省不同地区 α-地中海贫血 (α 地贫) 的基因类型与构成比, 比较相应的血液学表型特征, 探讨平均红细胞体积 (MCV)、平均红细胞血红蛋白量 (MCH)、血红蛋白量 (Hb)、红细胞分布宽度/红细胞计数 (RDW/RBC) 对该地区 α 地贫初筛的价值。

**方法** 通过 Gap-PCR 法检测 α 地贫缺失型突变, 反向点杂交法检测非缺失型突变位点, 对 α 地贫基因型进行分型确定, 并分析确诊的 α 地贫患者血液学数据, 通过分析 ROC 曲线确定本地区 α 地贫的最佳截断值, 分析血液学指标在 α 地贫中的筛查价值。

**结果** 纳入的 772 例 α 地贫患者中, 共发现 16 种基因突变类型, 以--SEA/αα 缺失型突变 521 例最为常见 (67.49%)。与对照组相比, 同性别不同分型的患者 MCV、MCH、Hb 之间的均值差异均有统计学意义, 而 RDW/RBC 值在男性患者中标准型和 HbH 病 2 组与对照组相比差异有统计学意义, 女性 α 地贫患者中仅有 HbH 病组与对照组差异有统计学意义。MCV<81.25 fl、MCH<27.30

pg、Hb<sub>男性</sub><128.5 g/L, Hb<sub>女性</sub><123.5 g/L 为本实验室  $\alpha$  地贫的最佳截断值, 具有较高的特异性与敏感性。

**结论** 由于地域异质性以及各个医院设备环境的不同, 不同实验室应建立适宜本地区的  $\alpha$  地贫初筛截断值。今后本实验室可选择 MCV<81.25fl、MCH<27.30pg、Hb<sub>男性</sub><128.5g/L、Hb<sub>女性</sub><123.5g/L 作为临床筛查  $\alpha$  地贫初筛值。

## PU-3919

# Potential of Lycosin-I as a Novel Antifungal Drug against Clinical *Candida tropicalis* Infections

Li Tan

Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with MIC<sub>50</sub> values of 8 $\mu$ g/mL for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of Mg<sup>2+</sup>. The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from 1 $\times$ MIC to 8 $\times$ MIC. The BIC<sub>50</sub> values was approximately 32 $\mu$ g/mL and BEC<sub>50</sub> values was approximately 128 $\mu$ g/mL for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

**Methods** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with MIC<sub>50</sub> values of 8 $\mu$ g/mL for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of Mg<sup>2+</sup>. The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from 1 $\times$ MIC to 8 $\times$ MIC. The BIC<sub>50</sub> values was approximately 32 $\mu$ g/mL and BEC<sub>50</sub> values was approximately 128 $\mu$ g/mL for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

**Results** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with MIC<sub>50</sub> values of 8 $\mu$ g/mL for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by

approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of  $Mg^{2+}$ . The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from 1×MIC to 8×MIC. The  $BIC_{50}$  values was approximately 32μg/mL and  $BEC_{50}$  values was approximately 128μg/mL for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

**Conclusions** The incidence of fungal infections has significantly increased, while the number of available antifungal classes remains the same. We used lycosin-I, a peptide isolated from the spider venom *Lycosa singoriensis*, to reveal its antifungal activity against *Candida* species. Lycosin-I showed selective antifungal activity against *Candida* spp., showing the best inhibition on fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates, with  $MIC_{50}$  values of 8μg/mL for both. In the time-kill kinetics assays, lycosin-I reduced the numbers of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates colony-forming units by approximately 70% during a 2-hour exposure period. The salt-tolerance assay revealed that higher concentrations of lycosin-I retained their potent ability to inhibit the growth of the tested isolates, even in the presence of  $Mg^{2+}$ . The biofilm metabolic activity of fluconazole-susceptible and fluconazole-resistant *C. tropicalis* isolates decreased as the concentration of lycosin-I increased from 1×MIC to 8×MIC. The  $BIC_{50}$  values was approximately 32μg/mL and  $BEC_{50}$  values was approximately 128μg/mL for both. Confocal laser scanning microscope showed that lycosin-I may exert its activity against fungi by acting on fungal cell wall and cell membrane rather than interacting with the fungal cell nucleus. Our findings suggested that lycosin-I shows promising antifungal activities against clinical *C. tropicalis* infections.

## PU-3920

### 血清 HER-2/neu 和 CA15-3 检测在乳腺癌诊治中的价值

肖玉鹏<sup>1</sup>, 吴宛璘<sup>2</sup>

1. 莆田市第一医院, 351100

2. 莆田学院药学与医学技术学院

**目的** 探究血清肿瘤标志物糖类抗原 15-3 (CA15-3) 的检测在乳腺癌的 TNM 分期和辅助诊断的相关性, 以及血清人表皮生长因子受体-2 (HER-2/neu) 水平与患者病理标本 HER-2 的相关性的分析, 目前乳腺癌的诊断多为病理诊断, 血清检测较为少用, 且血清较组织易于采集, 可增加检测次数, 增加患者依从性, 为临床乳腺癌辅助诊断提供参考依据。

**方法** 本课题选取莆田市第一医院 2018 年 11 月~2019 年 4 月期间收治的乳腺癌患者 42 例作为研究对象, 分别将病理 HER-2 和血清 HER-2/neu 进行对比研究、将乳腺癌分级和血清 CA15-3 进行对比研究, 采用化学发光法检测血清 CA15-3 和 HER-2/neu。

**结果** (1) 乳腺癌 I 期患者 CA15-3 值为  $7.22 \pm 1.44$  (U/ml)、乳腺癌 II 期患者 CA15-3 值为  $12.42 \pm 5.12$  (U/ml)、乳腺癌 III 期患者 CA15-3 值为  $15.92 \pm 5.51$  (U/ml) ( $\bar{x} \pm s$ ), 乳腺癌 II 期患者 CA15-3 明显高于 I 期 ( $P < 0.05$ ), 乳腺癌 III 期患者 CA15-3 明显高于 II 期 ( $P < 0.05$ )。 (2) 病理 HER-2 阴性患者血清 HER-2/neu 值为  $6.23 \pm 1.08$  (ng/ml)、病理 HER-2 (++) 患者血清 HER-2/neu 值为  $7.49 \pm 1.66$  (ng/ml)、病理 HER-2 (+++) 患者血清 HER-2/neu 值为  $8.13 \pm 2.61$  (ng/ml) ( $\bar{x} \pm s$ ), 病理 HER-2 (++) 患者血清 HER-2/neu 明显高于阴性 ( $P < 0.05$ ), 病理 HER-2 (+++) 患者血清 HER-2/neu 明显高于 HER-2 (++)。

**结论** 血清肿瘤标志物 CA15-3 测定值与乳腺癌 TNM 分期有相关性, 呈递增趋势, 其检测在临床乳腺癌的 TNM 分期上有辅助诊断价值; 血清 HER-2/neu 测定值与病理 HER-2 等级呈有相关性, 呈递增趋势, 可为临床乳腺癌辅助诊断和治疗提供参考。

PU-3921

## Progress of research on SERPINB13

Shan Tan

Central South University Xiangya Second Hospital

**Objective** The protein encoded by SERPINB13 is a member of serpins superfamily, which share a highly conserved core structure that is critical for their functioning as serine protease inhibitors. Its biological functions include suppressing angiogenesis, inhibiting the activity of cathepsin K and L. Studies have demonstrated that the expression of SERPINB13 is downregulated in many types of cancer including oral squamous cell carcinomas, head and neck squamous cell carcinomas, cervical cancer and melanoma. In contrast, overexpression of SERPINB13 is found in cutaneous carcinomas. In addition, SERPINB13 is also closely associated with type 1 diabetes mellitus, psoriatic skin lesions, and actinic keratosis. Moreover, SERPINB13 is transcriptionally repressed by RUNX1. This paper aims to summarize the latest progress in research on SERPINB13 in terms of biochemical function, relationship with diseases and the underlying mechanism.

**Methods** The protein encoded by SERPINB13 is a member of serpins superfamily, which share a highly conserved core structure that is critical for their functioning as serine protease inhibitors. Its biological functions include suppressing angiogenesis, inhibiting the activity of cathepsin K and L. Studies have demonstrated that the expression of SERPINB13 is downregulated in many types of cancer including oral squamous cell carcinomas, head and neck squamous cell carcinomas, cervical cancer and melanoma. In contrast, overexpression of SERPINB13 is found in cutaneous carcinomas. In addition, SERPINB13 is also closely associated with type 1 diabetes mellitus, psoriatic skin lesions, and actinic keratosis. Moreover, SERPINB13 is transcriptionally repressed by RUNX1. This paper aims to summarize the latest progress in research on SERPINB13 in terms of biochemical function, relationship with diseases and the underlying mechanism.

**Results** The protein encoded by SERPINB13 is a member of serpins superfamily, which share a highly conserved core structure that is critical for their functioning as serine protease inhibitors. Its biological functions include suppressing angiogenesis, inhibiting the activity of cathepsin K and L. Studies have demonstrated that the expression of SERPINB13 is downregulated in many types of cancer including oral squamous cell carcinomas, head and neck squamous cell carcinomas, cervical cancer and melanoma. In contrast, overexpression of SERPINB13 is found in cutaneous carcinomas. In addition, SERPINB13 is also closely associated with type 1 diabetes mellitus, psoriatic skin lesions, and actinic keratosis. Moreover, SERPINB13 is transcriptionally repressed by RUNX1. This paper aims to summarize the latest progress in research on SERPINB13 in terms of biochemical function, relationship with diseases and the underlying mechanism.

**Conclusions** The protein encoded by SERPINB13 is a member of serpins superfamily, which share a highly conserved core structure that is critical for their functioning as serine protease inhibitors. Its biological functions include suppressing angiogenesis, inhibiting the activity of cathepsin K and L. Studies have demonstrated that the expression of SERPINB13 is downregulated in many types of cancer including oral squamous cell carcinomas, head and neck squamous cell carcinomas, cervical cancer and melanoma. In contrast, overexpression of SERPINB13 is found in cutaneous carcinomas. In addition, SERPINB13 is also closely associated with type 1 diabetes mellitus, psoriatic skin lesions, and actinic keratosis. Moreover, SERPINB13 is transcriptionally repressed by RUNX1. This paper aims to summarize the latest progress in research on SERPINB13 in terms of biochemical function, relationship with diseases and the underlying mechanism.

## PU-3922

## 基于聚集诱导发光探针的细胞染色质致密程度 分析新方法研究

陈旭

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 自 AIE 概念提出以来,在生物医学领域的多种方向上已进行了深入探索并取得了广泛应用。AIE 荧光分子优异的光稳定性、长波长发射特性、良好的生物相容性以及极低的生物毒性等优势都将为其在生命科学领域的长足发展提供强有力的保障。染色质致密程度作为生命科学的一个本质性问题,在真核基因表达调控、肿瘤的发生、干细胞分化、细胞分裂与增殖、细胞肥大及凋亡等重要生物学过程中发挥着重要作用。目前,基于 AIE 荧光探针的染色质致密程度分析的研究尚未见报道。根据 AIE 荧光探针分子内运动受限的发光机理,本论文拟设计并合成一种新型 AIE 荧光探针,并对其在分析染色质致密程度以及在临床肿瘤病理组织切片的辅助诊断中的应用价值加以探究。

**方法** 本文介绍了一种新型的 AIE 荧光分子 MASPb,具有水溶性好、荧光稳定性强、生物相容性好等优点,可对肿瘤细胞的核仁及正常组织细胞的核染色质进行标记,并可应用于临床肿瘤病理组织切片中肿瘤细胞与正常组织细胞的初步鉴别。

**结果** MASPb 在肿瘤细胞中可以靶向细胞核内的核仁区域并发出明亮的荧光,而肿瘤细胞核染色质区域未见特异性荧光信号,而 MASPb 在不再进行分裂的细胞中却可以靶向细胞核染色质,发出强荧光信号。肿瘤细胞由于细胞周期失控,可进行持续的分裂和增殖,其染色质常疏松成网状或细颗粒状从而有利于 DNA 聚合酶、RNA 聚合酶、转录因子等成分的插入与结合。当肿瘤细胞核染色质疏松到一定程度时,MASPB 便无法引起分子内运动受限而激发出 AIE 特性,因此荧光信号十分微弱。而对于正常组织细胞而言,致密的核染色质使得 MASPb 聚集成足够紧密的纳米颗粒结构,MASPB 分子内运动受限从而激发出 AIE 特性,发出明显的荧光信号。

**结论** MASPb 可作为一种判断染色质致密程度的 AIE 荧光探针,并利用 MASPb 在肿瘤细胞与正常组织细胞的细胞核中荧光分布的不同,通过一步法“免洗”式的荧光成像方式对肿瘤病理组织切片中的肿瘤细胞与正常组织细胞进行初步鉴别,成功地将 MASPb 应用于生物医学领域之中。

## PU-3923

## 脂质组学分析技术及其在临床医学研究中的应用进展

唐爱国

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 国内外的研究表明,脂质的异常代谢与动脉硬化症、糖尿病、肥胖症、阿尔茨海默病(AD)以及肿瘤等疾病的发生发展密切相关,对患者的血浆进行分析,将成为临床发现和监测疾病的有效手段,也有助于个性化治疗的开展。

**方法** 脂质组学(lipidomics)是近十多年来兴起的一门研究脂质代谢调控的新学科。脂质组学用于检测存在于生物基质中的全部脂质,以及各种刺激或干预对脂质的响应。自诞生以来已在细胞生物学、疾病诊断和疾病生物标志物的发现及医药研发等方面取得了相应的进展。

**结果** 目前脂质组学分析方法主要采用各种色谱技术,包括薄层色谱(TLC)法、气相色谱(GC)法、毛细管电泳(CE)法、超临界流体色谱(SFC)法、高效液相色谱(HPLC)法、各种质谱(MS)技术和色谱-质谱联用技术等。当前,色谱-质谱联用技术的应用更多。脂质组学分析步骤主要涉及样品处理、轮廓分析、目标分析、成像分析和数据处理等。虽然脂质组学的研究已取得很大进展,但由于脂类分子的多样性及其参与过程和功能的复杂性,且缺乏完善的脂类数据库,所以脂质组学研究的继续深入以及向常规化诊断手段的转化仍然存在着巨大的挑战。

**结论** 本文旨在介绍脂质组学分析技术及其在临床医学研究中的应用

## PU-3924

**miRNAs 在宣威肺腺癌中表达及相关生物信息学分析**

李娅,段勇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 通过检测 miR-193a-5p、miR-486-5p、miR-4778-5p、miR-4271、miR-551b-3p、miR-4646-5p 在宣威肺腺癌中的表达水平、分析其临床意义及相关生物信息学分析为后续研究 miRNAs 在宣威肺腺癌发生发展中的作用机制奠定理论基础。

**方法** 分别以 snRNAU44、snRNAU48 为内参采用实时荧光定量 PCR 检测该 6 个 miRNAs 在 35 对宣威肺腺癌组织和相应对照组织相对表达量；将 6 个 miRNA 癌组织和对应正常组织中差异表达改变倍数进行 log2 转换，分析转换后表达改变倍数与宣威肺腺癌患者临床资料的相关性；Ucsc 基因组数据库中分析 miRNA 基因前体基因组定位，选取上游 10kb 为可能启动子区域进行分析，Neural Network Promoter Prediction 数据库中预测启动子，Patch 数据库中预测可能转录起始点，Promoter 2.0、proscan 预测可能转录因子，EMBOSS 数据库中预测启动子区是否存在甲基化位点；采用 Targetscan、DIANA-TarBase、miRanda 数据库中预测 miRNAs 可能的靶基因，将可能靶基因进行 GO 分析，推测该 6 个 miRNAs 在宣威肺腺癌中的可能作用。

**结果** 分别以 snRNAU48、snRNAU44 作为内参时 miR-193a-5p、miR-486-5p、miR-4778-5p、miR-4271、miR-551b-3p、miR-4646-5p 这 6 个 miRNA 在宣威肺癌组织中相对于对应正常组织均表达下调（ $p$  均小于 0.05）。6 个 miRNAs 对数转换后差异表达改变倍数是否小于 -1 与患者年龄是否大于 60 岁、肿瘤体积是否小于 1cm、肿瘤是否浸润生长、肿瘤是否发生局部淋巴结转移均不存在相关性。生物信息学分析显示：启动子区甲基化、SP1 等转录因子可能参与该 6 个 miRNA 的调控。miR-193a-5p、miR-486-5p、miR-4778-5p、miR-4271、miR-551b-3p、miR-4646-5p 靶基因可能的功能为参与 DNA 甲基化、调控细胞 DNA 生物合成、调控细胞膜稳定性、参与调控肿瘤微环境、参与细胞信号转导、参与细胞转移、参与细胞凋亡等。

**结论** miR-193a-5p、miR-486-5p、miR-4778-5p、miR-4271、miR-551b-3p、miR-4646-5p 在宣威肺腺癌中表达下调，该 6 个 miRNA 可能在 SP1 等转录因子调控下通过靶基因在宣威肺腺癌中参与细胞信号转导、调控肿瘤微环境、参与细胞转移、调控细胞 DNA 生物合成、参与细胞凋亡、调控细胞膜稳定性、参与 DNA 甲基化等。本实验为后续研究该 6 个 miRNA 在宣威肺腺癌中的作用机制奠定了一定理论基础和开拓了新思路。

## PU-3925

**不同留置时间痰标本抗酸杆菌检出率比较**

李梦雅

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 在实际工作中，痰涂片检查结果已成为诊断结核病，发现传染源，选择化疗方案，考核治疗效果和流行病学统计的主要依据。高质量的痰涂片镜检作为诊断手段，对传染性肺结核比 X 线的准确性高。其缺点是敏感性低，所以提高肺结核可疑症状患者痰涂片阳性率显得极为重要。在结核病痰检工作中重视不同留置时间的合格痰标本收集送检，是影响抗酸杆菌（Acid-fast bacilli, AFB）阳性检出率的重要因素。本文通过比较不同留置时间的痰标本抗酸染色的阳性率，探讨痰标本的留置时间与 AFB 阳性检出率之间的关系。

**方法** 通过对 195 例病人留取不同时间痰标本，其中初诊 84 例，随访 111 例，初诊病人收集 3 份痰标本（当日即时痰、夜间痰和次日晨痰），治疗中或复诊随访病人收集 2 份痰标本（夜间痰、当日或次日晨痰），送检痰标本共计 474 份。涂片采用痰 AFB 直接涂片检查，萼—尼氏抗酸染色

(Ziehl-Neelsen) 后镜检, 统计不同留置时间的痰标本抗酸染色的阳性率, 采用  $\chi^2$  检验统计分析。

**结果** 痰标本共计 474 份, 检出 AFB 阳性标本 53 份, 阳性率为 11.18% (53/474), 其中即时痰、夜间痰和清晨痰的 AFB 阳性检出率分别为 4.76%(32/195)、8.72%(17/195) 和 16.41%(4/84), 以清晨痰的检出率最高, 夜间痰次之, 即时痰最低。差异有统计学意义 ( $\chi^2=10.046, P<0.05$ )。

**结论** 以上实验结果表明三种不同留置时间痰标本中清晨痰阳性检出率最高, 排菌量最大, 其次是夜间痰, 因此注重收集清晨起床后的第一、二口痰标本, 可提高 AFB 的阳性检出率。且有较多可疑患者痰液较少, 故可把规定的三次痰标本均改为晨痰并连续三天送检, 必要时初诊患者加送两份晨痰, 随访患者加送一份晨痰, 将会进一步提高阳性检出率。

## PU-3926

### 宣威肺癌血浆 miR-193a-5p、139-5p、551b-3p 和 4778-5p 的表达及临床研究

李娅, 段勇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 检测宣威肺癌、肺癌、良性肺疾病和健康体检者血浆标本 miR-193a-5p、miR-139-5p、miR-4778-5p 和 miR-551b-3p 的相对表达水平和临床资料的关联性分析, 评价 4 个 miRNAs 的诊断价值。

**方法** 收集昆明医科大学第一附属医院胸外科 2012 年 1 月到 2016 年 12 月收治的 51 例良性肺疾病, 53 例肺癌, 50 例宣威肺癌及 53 例健康体检者外周血标本。运用 RT-qPCR 方法检测四组血浆标本 miR-193a-5p、miR-139-5p、miR-4778-5p、miR-551b-3p 的相对表达水平, 建立 ROC 曲线评价这 4 个 miRNAs 对肺癌患者和宣威肺癌患者的诊断价值。

**结果** 健康体检组和良性肺疾病组血浆 miR-193a-5p、miR-139-5p、miR-4778-5p 和 miR-551b-3p 相对表达水平差异无统计学意义。肺癌组 4 个 miRNAs 表达相对下调 ( $P<0.05$ ); 宣威肺癌组血浆 miR-551b-3p 表达相对下调 ( $P<0.05$ )。检测 43 例宣威肺癌患者和 47 例健康体检者血浆 miR-193a-5p、miR-139-5p、miR-4778-5p、miR-551b-3p 相对表达水平, 以宣威肺癌组为分析人群建立 ROC 曲线, 曲线下面积分别为: 0.582、0.555、0.600 和 0.361。检测 43 例宣威肺癌患者和 40 例良性肺疾病患者血浆 miR-193a-5p、miR-139-5p、miR-4778-5p、miR-551b-3p 相对表达水平, 以宣威肺癌组为分析人群建立 ROC 曲线, 曲线下面积分别为: 0.519、0.512、0.427 和 0.365。

**结论** 与健康体检组或良性肺疾病组相比, 宣威肺癌组血浆 miR-193a-5p、miR-139-5p、miR-4778-5p、miR-551b-3p 的表达相对下调, 其对宣威肺癌患者的诊断具有较大的临床价值。

## PU-3927

### 首发精神分裂症患者血清褪黑素、同型半胱氨酸及 IL-6 浓度变化及临床意义

唐朝敏

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 研究首发精神分裂症 (first-episode schizophrenia, FES) 患者血清中褪黑素 (melatonin, MLT)、同型半胱氨酸 (homocysteine, Hcy) 和白细胞介素-6 (interleukin-6, IL-6) 的浓度变化并探讨其升高或降低的临床意义。

**方法** 选取 2017 年 10 月至 2018 年 3 月于湘雅二医院入院治疗的精神分裂症患者 62 例, 其中有首发精神分裂患者 30 例作首发组, 复发患者 32 例作复发组, 收集其血清样本; 收集 20 例同期来本

院健康体检者的血清样本作对照组。实验采用酶联免疫吸附法（enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA）测定血清中的 MLT 浓度，用日立 7600 型全自动生化分析仪检测血清中的同型半胱氨酸并以 Cobas E602 型电化学发光免疫分析仪检测 IL-6 的浓度，并进行比较分析。

**结果** 首发精神分裂症组血清 MLT 的浓度 $[(26.46\pm 17.96) \text{ pg/ml}]$ 较对照组 $[(62.65\pm 44.76) \text{ pg/ml}]$ 明显降低（ $P<0.01$ ），复发组血清 MLT 浓度 $[(20.57\pm 12.74) \text{ pg/ml}]$ 也较对照组 $[(62.65\pm 44.76) \text{ pg/ml}]$ 明显降低（ $P<0.01$ ），而首发组与复发组血清 MLT 浓度无显著性差异（ $P>0.05$ ）；首发组的血清 Hcy 浓度 $[(13.20\pm 4.59) \text{ umol/L}]$ 较对照组 $[(10.70\pm 3.39) \text{ umol/L}]$ 明显升高（ $P<0.05$ ），复发组血清 Hcy 浓度 $[(13.96\pm 4.33) \text{ umol/L}]$ 与对照组 $[(10.70\pm 3.39) \text{ umol/L}]$ 相比亦显著性升高（ $P<0.01$ ），首发组与复发组血清 Hcy 浓度无显著性差异（ $P>0.05$ ）；首发组和复发组血清 IL-6 浓度 $[(2.40\pm 1.51) \text{ pg/ml}]$ 和 $[(2.74\pm 1.64) \text{ pg/ml}]$ 与对照组 $[(2.26\pm 1.19) \text{ pg/ml}]$ 相比均无显著性差异（ $P>0.05$ ）。

**结论** 首发精神分裂症患者的确存在 MLT 及 Hcy 浓度异常，其血清 MLT 水平显著降低，Hcy 浓度升高，二者在精神分裂症的诊断及治疗中有一定的参考意义。

## PU-3928

# 一种基于荧光适配体纳米探针的外泌体生物传感技术的构建及其在肿瘤诊断和病情监测上的应用

金丹  
湖北中医药大学

**目的** 构建一种基于核酸适配体纳米探针的均相外泌体分析技术，用于体液中外泌体的分子表达谱精准分析和定量检测，实现肿瘤的早期诊断和病情监测。

**方法** 通过氧化石墨烯纳米带和靶向外泌体表面特定蛋白的适配体荧光探针相结合形成“Off”纳米探针复合物。在 DNase I 参与下，核酸适配体纳米复合物探针可反复识别目标外泌体，不断循环放大荧光信号“On”，实现对外泌体表面标志物的细微变化的甄别。通过对 5 种不同来源外泌体的多种蛋白标志物进行分析，来揭示外泌体的表型差异；通过测定前列腺癌细胞 LnCAP 释放的外泌体表面蛋白 PSMA 和 EpCAM 的表达情况来监测 Tgf- $\beta$ 1 诱导的上皮间质化转换；通过测定血清外泌体的 CD63、PSMA 和 EpCAM 来鉴别前列腺患者和健康人群。

**结果** 成功构建了基于核酸适配体纳米探针的 ExoAPP 技术，相比已报道的外泌体均相检测方法，ExoAPP 的灵敏度至少提高了 1~2 个数量级，检测限达到  $1.6 \times 10^5 \text{ particles/mL}$ 。采用 ExoAPP 对五种不同来源的肿瘤细胞外泌体进行表型分析，发现不同来源的外泌体的 CD63、PTK-7、AFP、CEA、PDGF、PSMA 和 EpCAM 存在表达上的差异，揭示了外泌体的异质性。LnCAP 细胞在 Tgf- $\beta$ 1 诱导下，其外泌体表型变化呈现典型的上皮间质化改变，PSMA 表达增加，而 EpCAM 下调，与 Western blot 结果一致。采用 EXOAPP 对 8 个前列腺癌患者和 6 个健康对照血清中的外泌体进行了分析，癌症患者血清外泌体表面 CD63、PSMA 和 EpCAM 表达量显著高于健康对照组，p 值都小于 0.05。

**结论** 多种细胞可通过胞内多囊泡体与细胞质膜融合的方式形成并释放外泌体（粒径：30 - 150 纳米）进入体液中。由于外泌体的分子特征可以精确地反映其生物来源，因此肿瘤外泌体正逐渐成为癌症诊断的新型液体活检标志物。目前体液中外泌体的分子表达谱精准分析和定量检测在技术上仍具有很大挑战。本文构建的基于纳米材料和荧光适配体探针的 ExoAPP 技术，操作简便、成本低廉，能够在短时间内实现外泌体的高灵敏、高准确度定量检测和精准的外泌体表型分析，有望在未来临床肿瘤的早期诊断和病情监测中发挥重要作用。



## PU-3929

## Transcriptome analysis reveals gender-specific differences in overall metabolic response of male and female patients in lung adenocarcinoma

Ya Li,Yong Duan

The First Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming

**Objective** Evidence from multiple studies suggests metabolic abnormalities play an important role in lung cancer. Lung adenocarcinoma (LUAD) is the most common subtype of lung cancer. The present study aimed to explore differences in the global metabolic response between male and female patients in LUAD and to identify the metabolic genes associated with lung cancer susceptibility.

**Methods** Transcriptome and clinical LUAD data were acquired from The Cancer Genome Atlas (TCGA) database. Information on metabolic genes and metabolic subsystems were collected from the Recon3D human metabolic model. Two validation datasets (GSE68465 and GSE72094) were downloaded from the Gene Expression Omnibus (GEO) at the National Center for Biotechnology Information (NCBI). Differential expression analysis, gene set enrichment analysis and protein-protein interaction networks were used to identified key metabolic pathways and genes.

**Results** Samples of tumors and adjacent non-tumor tissue from both male and female patients exhibited distinct global patterns of gene expression. In addition, we found large differences in methionine and cysteine metabolism, pyruvate metabolism, cholesterol metabolism, nicotinamide adenine dinucleotide (NAD) metabolism, and nuclear transport between male and female LUAD patients. Furthermore, we identified 34 metabolic genes associated with lung cancer susceptibility in males and 15 in females. Most of the metabolic cancer-susceptibility genes had high prediction accuracy for lung cancer ( $AUC > 0.9$ ).

**Conclusions** Metabolic cancer-susceptibility genes may be used alone or in combination as diagnostic markers for LUAD. Further studies are required to elucidate the functions of these genes in LUAD.

## PU-3930

## 冰冻血浆 GDF11 水平调查分析

王芳

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 生长分化因子 11 (Growth Differentiation Factor 11, GDF11) 是一种与心血管疾病和衰老相关的生物活性物质, 有研究表明其血浆中水平与年龄存在密切相关。然而, 目前仍缺乏冰冻血浆制备和储存对 GDF11 含量影响及因素分析的研究。本研究通过检测冰冻血浆中 GDF11 的水平, 比较其与健康人群血浆 GDF11 含量的差异, 并分析与年龄、制备方式、储存时间和血型等因素的关系。

**方法** 检索 2018 年 1 月-3 月在中南大学湘雅二医院健康体检人群的检验报告, 选取血常规、凝血及肝肾功能指标基本正常的人群为研究对象, 并将他们按照性别和年龄分组, 收集他们 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血浆。使用 ELISA 试剂盒检测血浆中的 GDF11 含量, 利用统计学方法分析 GDF11 含量是否与年龄相关。收集中南大学湘雅二医院输血科的库存冰冻血浆, 按照献血员年龄、性别、制备方式、血型、储存时间不同进行分组, 检测血浆中 GDF11 含量, 分析两组数据的差异。

**结果** 在健康人群中, GDF11 含量与年龄呈中度负相关 ( $r=-0.572$ ,  $p<0.01$ ), 献血者冰冻血浆中, GDF11 含量与年龄也具有相关性 ( $r=-0.567$ ,  $p<0.01$ ); 储存时间 1 个月, 2 个月和 3 个月的血浆,

其 GDF11 含量与新鲜血浆无差别( $p>0.05$ ),储存时间 6 个月的血浆,其 GDF11 含量与新鲜血浆中的含量相比明显下降( $p<0.05$ );普通冰冻血浆 GDF11 含量低于新鲜冰冻血浆( $p<0.05$ );血浆中 GDF11 含量与血型无关( $p>0.05$ )。

**结论** 血浆中 GDF11 水平随年龄的增加逐渐降低,且血浆的制备方式和储存时间对 GDF11 有显著的影响。

## PU-3931

# AIDS prevention and control in the Yunnan region by T cell subset assessment

Ya Li,Yong Duan

The First Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming

**Objective** Prior to being spread throughout broader China, multiple human immunodeficiency virus (HIV)-1 genotypes were originally discovered in the Yunnan Province. As the HIV-1 epidemic continues its spread in Yunnan, knowledge of the influence of gender, age, and ethnicity to instances of HIV reservoirs will benefit monitoring the spread of HIV.

**Methods** The degree to which T cells are depleted during an HIV infection depends on the levels of immune activation. T-cell subsets were assessed in newly-diagnosed HIV/AIDS patients in Yunnan, and the influence of age, gender, and ethnicity were investigated. Patients that were newly diagnosed with the HIV-infection between the years 2015 and 2018 at the First Affiliated Hospital of Kunming Medical College were selected for this study (N = 408). The lymphocyte levels and T cell subsets were retrospectively measured in whole blood samples by FACS analysis.

**Results** The median CD4 count was  $224 \pm 191$  cells/ $\mu$ l. Significantly higher mean frequencies and absolute numbers were observed in CD3<sup>+</sup>, CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>, CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>, CD45<sup>+</sup>, and CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>/CD45<sup>+</sup> in females compared to males. Han patients showed a higher total number of CD3<sup>+</sup>T cells and the ratio of CD3<sup>+</sup> /CD45<sup>+</sup> cells compared to any other ethnic minority ( $P < 0.001$ ). The numbers of CD3<sup>+</sup> T-cells, CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup> T cells, and CD45<sup>+</sup> T cells were highest in the age group  $\geq 60$ . Significant differences were observed in the counts of CD3<sup>+</sup>, CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>, and CD45<sup>+</sup> cells and the ratio of CD3<sup>+</sup>/CD45<sup>+</sup> and CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>/CD45<sup>+</sup> cells between the  $\leq 29$  and 30-59 age groups.

**Conclusions** This study has revealed that low levels of CD4<sup>+</sup> T cells can be observed in newly-diagnosed HIV/AIDS patients in the Yunnan province. It has also been demonstrated that gender, age, and ethnicity have a significant association with the ratio of T-cell subsets that may contribute to virus progression and disease prognosis in individuals belonging to certain subsets of the population. This study has highlighted the importance of HIV/AIDS screening in at-risk populations to ensure timely and adequate clinical management in Yunnan.

## PU-3932

## 精神分裂症血清补体 C3、C4、超敏 C- 反应蛋白及尿酸水平变化

唐亚梅<sup>1</sup>,唐亚梅<sup>1</sup>,唐亚梅<sup>1</sup>,唐亚梅<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅二医院,410000

2.中南大学湘雅二医院,410000

3.中南大学湘雅二医院,410000

4.中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨精神分裂症 (schizophrenia, SZ) 患者血清补体 C3 (C3)、C4 (complement component 4, C4)、超敏 C-反应蛋白 (hs-CRP) 和尿酸 (UA) 的水平变化及其临床意义。

**方法** 选择 144 例 SZ 患者为 SZ 组, 并根据 4 周内有无服用抗精神病药物分为治疗组 (77 例) 和停药组 (67 例), 另选择同期来湘雅二医院的健康体检者 147 例为健康对照组。采用免疫散射比浊法、胶乳增强免疫比浊法、尿酸氧化酶法分别测定各组血清补体 C3、C4、hs-CRP 和 UA 浓度, 并比较分析。

**结果** SZ 组患者血清补体 C3、C4 水平低于对照组 [ (0.99±0.17) g/L vs. (1.03±0.17) g/L、(0.21±0.05) g/L vs. (0.23±0.05) g/L ], UA 水平高于对照组 [ (351.61±95.90) μmol/L vs. (300.28±39.57) μmol/L ], 差异有统计学意义

(分别 P<0.05, P<0.05, P<0.001)。治疗组患者血清补体 C3、C4、hs-CRP 和 UA 水平较药组均升高 [ (1.04±0.19) g/L vs. (0.95±0.15) g/L、(0.22±0.06) g/L vs. (0.20±0.05) g/L、1.08 (0.33, 5.04) mg/L vs. 0.47 (0.28, 1.29) mg/L、(374.54±108.33) μmol/L vs. (331.61±79.03) μmol/L ], 差异均有统计学意义 (P<0.01)。治疗组患者血清 hs-CRP 和 UA 浓度较对照组均升高 [1.08 (0.33, 5.04) mg/L vs. 0.61 (0.33, 1.26) mg/L、(374.54±108.33) μmol/L vs. (300.28±39.57) μmol/L ], 差异有统计学意义 (P<0.001)。

**结论** SZ 患者血清 C3、C4、hs-CRP 和 UA 的水平变化对 SZ 临床诊断和抗精神病药物疗效评估有一定指导意义。

## PU-3933

## 多因素指标联合高敏 C 反应蛋白在心血管疾病风险的价值

吉阳涛

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 通过对高敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)、年龄、性别、同型半胱氨酸 (HCY) 因素的相关性分析, 为预估心血管疾病的风险提供依据

**方法** 选择 3 个月在我院就诊的心血管病患者上述指标信息, 通过相关性统计分析, 明确上述指标相关性, 并通过回归分析建立基本模型

**结果** 经统计分析发现, 随着年龄增加, hs-CRP 也随之增高; HCY 高, hs-CRP 也随之增高; 女性相对于男性, hs-CRP 更低; 回归方程:  $hs-CRP = 2.281 + 0.148x \text{ 年龄} - 0.166x \text{ 性别} + 0.002x \text{ HCY}$  (性别为男=1, 女=2)

**结论** hs-CRP 作为敏感的心血管疾病危险因素, 随着年龄增加, 男性高 HCY 的人群心血管疾病的风险显著增加, 需积极进行干预减少发病风险。

## PU-3934

## Saliva-derived cfDNA is Applicable for EGFR Mutation Detection but not for Quantitation Analysis in Non-Small Cell Lung Cancer

Shanshan Ding, Xingguo Song, Xianrang Song  
Shandong cancer hospital affiliated to Shandong University

**Objective** Both quantitative and qualitative aspects of blood-borne cell-free DNA (pcfDNA) have been well-studied as potential biomarkers in non-small cell lung cancer (NSCLC). Accumulating evidence has proved that saliva also has the potential for the detection and analysis of cfDNA (scfDNA).

**Methods** In current study, we aimed to explore the potential application of scfDNA in NSCLC diagnostics and consistency of epidermal growth factor receptor (EGFR) mutation detection in paired pcfDNA and scfDNA using droplet digital PCR (ddPCR) and analyzed the relationship between EGFR mutations and clinical treatment response.

**Results** For quantitative study cohort, scfDNA concentration in NSCLC patients was not different from that in healthy donors or in benign patients. ScfDNA concentration was lower than pcfDNA concentration significantly, yet they are not statistically significant in relevance (Spearman's  $r = -0.123$ ,  $p = 0.269$ ). For qualitative study cohort, the overall concordance rate of EGFR mutations between pcfDNA and scfDNA was 83.78% (31 of 37;  $k = 0.602$ ;  $p < 0.001$ ). EGFR mutation detection in paired pcfDNA and scfDNA was significantly correlated with the clinical treatments response (Spearman's  $r = 0.664$ ,  $p = 0.002$ ).

**Conclusions** Our results demonstrated that saliva might not be the idea material for cfDNA quantitative test, scfDNA concentration is not applicable for NSCLC diagnostics. Conversely, scfDNA was capable to act as the supplement for EGFR mutations due to the coincidence rate of EGFR mutations detection between scfDNA and pcfDNA.

## PU-3935

## IFITM3 基因多态性与急性白血病的遗传易感性研究

韦维<sup>1,2</sup>, 秦雪<sup>3</sup>, 卢宇<sup>3</sup>, 胡作建<sup>2</sup>, 檀润先<sup>4,2</sup>, 周明<sup>5,2</sup>, 李山<sup>3</sup>

1. 广西柳州市工人医院

2. 广西医科大学

3. 广西医科大学第一附属医院, 530021

4. 广西钦州市第一人民医院

5. 广西龙潭医院

**目的** 探讨干扰素诱导的跨膜蛋白 3 (interferon-induced transmembrane protein 3, IFITM3) 基因三个位点 rs12252、rs34481144、rs11828350 的单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 与急性白血病 (acute leukemia, AML) 遗传易感性之间是否存在关联。

**方法** 本研究共纳入研究对象 242 例, AL 组 122 例, 包括急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 70 例, 急性淋系白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL) 52 例, 健康对照组共 120 例。用 SNaPshot 测序技术检测基因型和等位基因。使用卡方检验分析组间差异, logistic 回归分析比值比 (odds ratio, OR)、95% 可信区间 (confidence interval, CI), SHEsis 在线软件构建单倍型。

**结果** 1. rs12252 的 TC 基因型使 AL 和 AML 的患病风险升高。男性组中, TC、TT 基因型, 隐性模型中的 TT 基因型及 T 等位基因均表明可使 AL 的患病风险升高

2. rs34481144 的 (GA+AA)联合基因型是 AL 和 AML 的保护性因子。A 等位基因也是 AL 和 AML 的保护性因子。男性组中 (GA+AA) 联合基因型是 AL 和 AML 的保护性因子, A 等位基因也是 AL 和 AML 的保护性因子。
  3. rs11828350 与 AL 患病风险无相关性。女性组中 AA 基因型和隐性模型中的 AA 基因型均表明是 AL 的保护性因子; AG、AA 基因型, 隐性模型中的 AA 基因型及 A 等位基因均表明是 AML 的保护性因子。
  4. AL 单倍型中, TGA 可使 AL 的患病风险降低, CGA 和 TAA 可使 AL 的患病风险升高。
  5. AML 单倍型中, CGA 可使 AML 的患病风险升高。
  6. ALL 单倍型中, TGA 可使 ALL 的患病风险降低。
- 结论 IFITM3 基因的 SNPs 可能与 AL、AML、ALL 的遗传易感性有关, 可能存在性别差异。

## PU-3936

### Effect of a recombinant lentiviral vector containing Staphylococcus aureus enterotoxin C3 gene on proliferation, migration and invasion of Hela cell

Jingjing Tian<sup>1</sup>, Jingjing Tian<sup>1</sup>

1.The Second Xiangya Hospital, Central South University

2.The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** Cervical cancer is a notable cause of cancer-associated mortality worldwide, making it a pertinent topic for the study of cancer and its treatment. Staphylococcal enterotoxins (SEs) as a family of structurally related protein toxins secreted by *Staphylococcus aureus*, has been demonstrated to exert antitumor effects due to its ability to modify cell immunity and cellular signaling pathways

**Methods** Compared with other types of SEs, less effort was performed on the antitumor effects of SEC3. To exploit SEC3 in antitumor therapy, we constructed a lentiviral vector containing SEC3 gene, and surveyed its cytostatic effect on the cervical cancer cell line Hela cell. SEC3 gene was cloned into lentivirus vector, then the lentivirus particles carrying SEC3 were infected into Hela cells. Real-time PCR and Western blot was performed to examine the expression of SEC3 in lentivirus infected cells. The cellular viability was detected by MTT assay and colony formation assay, and the cell cycle and cell apoptosis were further analyzed. In addition, the migration and invasion abilities were assessed by wound healing assay and transwell assay.

**Results** The expression of SEC3 were at high levels, which indicates the LV-SEC3 has been constructed successfully. We observed that LV-SEC3 inhibited the cell proliferation and stimulated apoptosis ( $P < 0.01$ ). The further cell cycle revealed SEC3 gene could block Hela cells in G2 [ $(21.79 \pm 0.32)\%$ ,  $P < 0.001$ ], while the proportion of Hela cells was decreased in S phase [ $(35.09 \pm 1.35)\%$ ,  $P < 0.01$ ]. Furthermore, we observed inhibitory effects of LV-SEC3 on the migration and invasion of Hela cells ( $P < 0.001$ ).

**Conclusions** In conclusion, lentiviruses can provide a novel delivery vehicle for SEC3 to tumor cells, and LV-SEC3 will warrant further study as a potential anti-tumor agent for cervical cancer.

## PU-3937

## Quantitative Analysis of Blood Sample Hemolysis on Routine Biochemical Assays Reveals Heavy Interference in the CK-MB Measurement

Jun Ni

Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Although the interference of hemolysis in blood samples on clinical biochemistry tests has been extensively studied, it is not determined how the results are quantitatively affected. We therefore perform this study to systematically analyze the sample hemolysis so that the results can be corrected when blood redrawing is not possible or necessary.

**Methods** Red blood cells were separated from the blood sample and then added back to the plasma at 0%、0.1%、0.3%、1%、3%、10%. These samples were then sonicated briefly for complete hemolysis and received routine biochemical assays on the automated chemistry systems VITROS 5.1 FS and Backman AU5400.

**Results** The hemolysis index increased accordingly in the hemolysis samples. AST, LDH, TBIL, K, CK and CK-MB results showed significant changes, and their true results can be obtained according to the derived formula. For example, in potassium, the corrected result = the measured result /  $[(0.0171 * \text{hemolysis index} / 15) + 0.9844]$  ( $R^2 = 0.9999$ ). Besides, the CK-MB increased substantially by 1.66, 2.63, 5.90, 16.01 respectively, until unmeasurable at the 10% hemolysis.

**Conclusions** We now demonstrate the results of certain biochemical tests can be corrected according to the hemolysis index. Besides, the CK-MB result needs be interpreted with caution for hemolysis samples when it is used to evaluate myocardial infarction.

## PU-3938

## 呼吸道感染的病原菌分布及药敏结果分析

何光红

龙里县人民医院,558000

**目的** 了解呼吸系统感染的病原菌分布及药敏试验结果,为临床合理使用抗生素提供科学依据。

**方法** 对2016年4月~2019年4月本院痰培养阳性标本的病原菌分布状况及药敏结果进行分析。

**结果** 呼吸系统感染的阳性标本 836 例细菌培养阳性标本中, G<sup>-</sup>杆菌 358 株占 42.82%, 其中肺炎克雷伯菌 145 株 (17.34%)、大肠埃希菌 68 株 (8.134%)、铜绿假单胞菌 39 株 (4.665%)。

G<sup>+</sup>杆菌 239 株占 28.59%, 其中金黄色葡萄球菌 83 株 (9.928%)、肺炎链球菌 58 株 (6.938%)、表皮葡萄球菌 33 株 (3.947%)。真菌 106 株占 12.68%, 其中白色念珠菌 68 株 (8.134%)、热带念珠菌 17 株 (2.033%)、克柔念珠菌 13 株 (1.555%)。上述细菌对多种抗生

素具有耐药性, G<sup>-</sup>杆菌中肺炎克雷伯菌为主要致病, 对诺氟沙星、多西环素、米诺环素敏感, 对阿米卡星、妥布霉素、美罗培南、亚胺培南较敏感, 而对阿莫西林、氨苄西林耐药较严重。大肠埃希菌对多西环素、米诺环素敏感, 对阿米卡星、美罗培南、亚胺培南较敏感, 对多数抗生素具有耐药性。铜绿假单胞菌对诺氟沙星、米诺环素、阿米卡星较敏感, 对其他抗生素耐药性较严重。G<sup>+</sup>球菌中以金黄色葡萄球菌为主, 对青霉素、苯唑西林、诺氟沙星耐药较严重, 而对奈替米星、奈替米星、万古霉素较敏感, 敏感率分别为 100%、100%、92.3%。其中金黄色葡萄球菌对万古霉素已有 7.7%耐药, 应引起重视。肺炎链球菌对青霉素、克拉霉素、阿奇霉素耐药较严重, 而对美罗培南、氯霉素、米诺环素、阿莫西林/克拉维酸、吉米沙星较敏感。表皮葡萄球菌对奈替米星、米诺环素、妥布霉素敏感, 对其他抗生素耐药性较严重。真菌中对临床常用抗真菌药物卡泊芬净、米卡芬净、两性霉素 B 都敏感。

**结论** 上述呼吸系统感染的细菌耐药严重，对多数抗生素具有耐药性。临床医生应根据药敏结果用药，合理使用抗生素，减少经验用药，避免耐药菌株产生。

## PU-3939

### 脑梗塞患者部分临床生化指标与代谢综合征的相关性研究

吕磊

宿州市第一人民医院,234000

**目的** 探讨脑梗塞患者部分生化指标与代谢综合征的相关性。

**方法** 收集我院神经内科的住院病人，共计 120 例，计为脑梗死组（入院后诊断为代谢综合征）；对照组，为来我院进行健康体检的正常人，共计 100 例。收集所有被研究对象的一般资料。对研究对象空腹（8-12h）采集肘部静脉血，抽血后立即送检，使用贝克曼奥林巴斯生化分析仪分析。

**结果** 脑梗死组空腹血糖、总胆固醇、血甘油三酯、血低密度脂蛋白胆固醇、血高密度脂蛋白胆固醇、尿酸、C-反应蛋白明显增高，分别为（ $7.6\pm 0.3$ ， $12.6\pm 2.8$ ， $6.2\pm 1.1$ ， $2.1\pm 0.6$ ， $1.2\pm 0.4$ ， $2.9\pm 0.8$ ， $653.4\pm 132.5$ ），差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。我们将单因素分析中  $P<0.05$  的变量纳入 Logistic 回归分析，Logistic 多因素回归分析显示空腹血糖、脂代谢、尿酸、C-反应蛋白与脑梗死相关。

**结论** 血脂代谢、尿酸、C-反应蛋白为脑梗塞伴代谢综合征患者增加的独立危险因素，脑梗塞伴代谢综合征患者应该及早对以上危险因素进行干预。

## PU-3940

### 2017 年度我院血培养数据的统计和分析

曹震

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 分析本院 2017 年全年的血培养数据情况，了解 2 本院血培养项目存在的问题，并据此采取必要的改进措施，以改善相关项目的临床服务，为血流感染相关疾病的治疗提供支持。

**方法** 通过实验室管理系统导出本院 2017 年血培养相关数据，对血培养送检数，阳性率，污染率，检出细菌的构成比等指标进行统计和分析。

**结果** 2017 年共送检血培养病例 7798 例，血培养瓶总数共 20202 个，其中阳性例数 1312 例，真实阳性率 16.82%，双套送检率 39%，污染率 2.3%。凝固酶阴性葡萄球菌占检出病原菌总数的首位，比例为 29.9%，其他病原菌包括肺炎克雷伯菌（14.9%），大肠埃希氏菌（13.5%），非发酵菌（9.4%），真菌（7.9%），金黄色葡萄球菌（5.9%），肠球菌及链球菌（5.9%）和其他菌及少见菌（10.1%）。主要科室血培养阳性率普遍在 10%以上，重症医学部（2.9%）和神经内/外科（2.4%、2.6%）污染率较高。

**结论** 通过 2017 年本院全年血培养的数据分析可知，本院血培养双套送检率有待提高，虽排除污染后真实阳性率较高，但检出菌谱以凝固酶阴性葡萄球菌为首位，污染可能性大。为进一步提高阳性率和降低污染率，需对临床科室定期进行标本采集相关培训，做到规范送检。

PU-3941

## 六西格玛质量管理方法在血细胞分析仪 质量管理中的应用

刘慧敏,刘春燕,张艳,葛若卿,陈硕,刘爽,邓朝晖

新疆生产建设兵团总医院,830000

**目的** 采用六西格玛(6 $\sigma$ )理论对迈瑞 BC-6800 全自动血细胞分析系统检测项目进行性能评价, 选择合适的质控方案, 指导质量改进。

**方法** 收集 2017 年度本院全血细胞计数 8 个检测项目(WBC、RBC、Hb、HCT、PLT、MCV、MCH、MCHC)的室内质量控制及室间质量评价数据。依据中华人民共和国卫生行业标准 W S/T 406-2012 制定的允许总误差(TEa)标准, 计算各项项目的  $\sigma$  值、绘制标准化 6 $\sigma$  方法性能决定图、计算项目的质量目标指数(QGI), 评价项目检验性能及设计质量控制方案, 并采用质量改进措施后的质控方案回顾性分析 2017 年室内质控数据。

**结果** 8 个检测项目中, 3 个(HCT、MCHC 和 MCV)项目的  $\sigma$  值 $>6\sigma$ , 4 个(WBC、MCH、RBC 和 HB)项目的  $\sigma$  值在  $5\sigma\sim6\sigma$ , 1 个(PLT)项目的  $\sigma$  值在  $4\sigma\sim5\sigma$ 。 $\sigma$  值 $<6\sigma$  的 5 个项目中, WBC、RBC 和 HB 项目需要优先改进精密度, PLT 和 MCH 项目需要优先改进准确度。WBC 和 MCH 需采用  $1_{3.5s}(N=3, R=2)$  质量控制规则; HCT、MCHC 和 MCV 需采用  $1_{5s}(N=3, R=2)$  质量控制规则; RBC 和 HB 需采用  $1_{4s}(N=3, R=2)$  质量控制规则; PLT 需采用  $1_{3s}$  和  $(2\text{ of }3)_{2s}(N=3, R=2)$  质量控制规则。回顾性分析 2017 年室内质控数据, 失控率由 0.56%降至 0.04%, 警告率由 0.70%降至 0%。

**结论** 6 $\sigma$  质量管理方法可以有效地应用于血细胞分析仪的质量管理, 降低假失控率, 并指导实验室质量的持续改进。

PU-3942

## Vectored monoclonal neutralizing antibody in Balb-C mice provides sustainable activity in defending HIV-1 infection

Youxiang Sun<sup>1,2,3</sup>, Yuxian He<sup>2,3</sup>

1.The Affiliated Hospital of Qingdao University

2.NHC Key Laboratory of Systems Biology of Pathogens, Institute of Pathogen Biology, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

3.Center for AIDS Research, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

**Objective** Adeno-associated virus (AAV) has showed great potency to mediate exogenous gene durably expression in vitro in recent research, for its innate low immunogenicity and high stability characteristics in vivo, it's suitable to be developed as therapeutic or prophylactic tool.

**Methods** To quest durably protection efficacy against HIV-1 in vivo, we tried to integrate the whole sequence of HIV-1 neutralizing antibody VRC01 or A16 into the expressing cassette of AAV8, and evaluated the functionality of the recombinant AAV vectors in Balb-C mice. A group of thirty six eight-week old male mice were enrolled in the study and were randomly divided into six teams. And then, one inoculation of each recombinant AAV vectors was intramuscularly injected at high, medial or low dose in different groups of mice respectively.

**Results** As early as five days post the vectors injection, we detected correspondent antibody expression in mice, which lasted to thirty weeks since the inoculation and we found the antibody concentration in mice sera was in positive relationship with the AAV vectors injection dose. Pseudo-virus based single cycle infection test and neutralizing experiment revealed that the immunized mice sera had robust activity in defending HIV-1 infection.



**Conclusions** These results suggested that the vectored neutralizing monoclonal antibody in vivo could provide sustainable protection against HIV-1.

## PU-3943

### 205 例新生儿血流感染病原菌分布及耐药性分析

陈玲,陈小丽,吴佳音,黄舒莹,叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 分析厦门地区近年来新生儿血流感染病原菌分布及耐药性情况,为临床诊治提供实验室依据。

**方法** 回归性分析厦门大学附属妇女儿童医院 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日新生儿血培养阳性菌株鉴定及药敏试验结果,使用 WHONET5.6 软件进行结果分析。

**结果** 该院 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日期间新生儿病区送检血培养共分离出非重复菌株 205 株,其中革兰阳性菌 149 株 (72.68%),革兰阴性菌 46 株 (22.44%),病原菌构成比前五位分别为凝固酶阴性葡萄球菌 116 株 (56.58%)、大肠埃希菌 22 株 (10.73%)、无乳链球菌 15 株 (7.31%)、肺炎克雷伯菌 10 株 (4.88%)、金黄色葡萄球菌 5 株 (2.44%)。耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 和耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 的检出率分别为 80.17% 和 40%,对万古霉素的敏感性为 100%。无乳链球菌均对青霉素敏感。产 ESBLs 的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌检出率 36.36% 和 40%,两者对亚胺培南的敏感率分别为 95.45%、90%。

**结论** 新生儿血流感染的主要致病菌为凝固酶阴性葡萄球菌,且 MRCNS 菌株检出率高,临床医师应引起重视,合理使用抗菌药物。

## PU-3944

### Establishment of reference intervals for thyroid hormones in premature infants beyond the first week of life using Beckman Coulter Unicel Dxl 800

Ye Wang,Xingdong Wu,Kun Yao Hong,Xiaochun Fu,Tianhua Chen,Min Zhu,Huiming Ye  
Women and Children Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** This study aimed to establish reference intervals for free triiodothyronine (FT3), free thyroxine (FT4), and thyrotropin (TSH) in premature infants after the first week of life using the Beckman Coulter Unicel Dxl 800 automated immunoassay system.

**Methods** This 4-year retrospective cohort study involved 605 preterm infants with a gestational age of 26–36 weeks (corrected gestational age: 29–38 weeks). Box-Cox was used to transform the distribution of data to a normal distribution, Pearson correlation was used to evaluate the association between hormone levels and gestational and corrected gestational ages, Tukey's method to exclude outliers, and Z-test to determine whether grouping was required. Finally, a nonparametric method was used to establish the reference intervals grouped by corrected gestational age.

**Results** FT3 and FT4 levels were positively correlated with gestational and corrected gestational ages, respectively, whereas TSH levels were slightly negatively correlated with gestational and corrected gestational ages. FT3 was grouped by the corrected gestational age with reference intervals of 2.54–4.56 pmol/L (29–33 weeks) and 2.83–5.04 pmol/L (34–38 weeks). FT4 and TSH did not require grouping by corrected gestational age; the reference intervals were 11.20–24.97 pmol/L (29–38 weeks) and 1.01–10.14 mIU/L (29–38 weeks), respectively.

**Conclusions** Unlike the reference intervals for full-term infants or adults, the reference interval established by us can be used to evaluate the thyroid status of premature infants and in clinical treatment. These results highlight the importance and complexity of establishing instrument-specific thyroid hormone reference intervals for preterm infants.

## PU-3945

### 全血抗病毒蛋白 MxA 在儿童呼吸道感染鉴别诊断的临床应用研究

朱敏<sup>1</sup>,陈自敏<sup>2</sup>,杨智过<sup>4</sup>,熊君辉<sup>2</sup>,林建敏<sup>1</sup>,宋浏伟<sup>2</sup>,葛胜祥<sup>3,4</sup>,叶辉铭<sup>1</sup>

1.厦门大学附属妇女儿童医院

2.厦门万泰凯瑞生物技术有限公司

3.国家传染病诊断试剂与疫苗工程技术研究中心（厦门大学）

4.厦门大学公共卫生学院实验医学系

**目的** 评估全血抗病毒蛋白 MxA 在儿童呼吸道感染的鉴别诊断价值。

**方法** 应用自主研发的全血抗病毒蛋白 MxA 酶联免疫检测试剂盒检测 215 例儿童呼吸道感染患儿及 168 例健康体检儿童的全血 MxA 蛋白水平,比较呼吸道病毒、细菌、肺炎支原体及混合感染患儿全血 MxA 水平,受试者工作曲线分析评价全血 MxA 与 C 反应蛋白、白细胞计数等传统感染指标对呼吸道感染和细菌感染的诊断效率。

**结果** 呼吸道病毒、细菌、混合感染和肺炎支原体感染患儿全血 MxA 水平的中位数分别是结果分别为 17.09ng/ml、1.51ng/ml、10.24ng/ml 和 8.76ng/ml,健康体检儿童全血 MxA 水平的中位数为 0.74ng/ml。病毒感染、混合感染和肺炎支原体感染患儿全血 MxA 蛋白与健康体检儿童比较均具有显著性差异 ( $p<0.0001$ ),细菌感染患儿与健康体检儿童全血 MxA 无统计学差异 ( $p=0.0912$ )。ROC 曲线分析了全血 MxA、C 反应蛋白、白细胞数、淋巴细胞数、中性粒细胞数、淋巴细胞比率、中性粒细胞比率对于儿童呼吸道病毒感染诊断价值,其中 MxA 指标的 AUC 为 0.9562,说明对于病毒感染鉴别诊断效果最佳。

**结论** 全血 MxA 蛋白对于儿童呼吸道感染的病因具有良好的鉴别诊断价值,对于抗生素合理使用具有一定的指导价值。

## PU-3946

### 妊娠妇女肾功能等生物学指标分析

颜洁<sup>1</sup>,徐逸飞<sup>1,2</sup>

1.苏州大学附属第二医院,215000

2.江苏大学

**目的** 本实验通过检测妊娠期妇女肾功能等的生物学指标,分析这些指标在不同孕期的变化,探讨这类指标变化的原因并根据检测结果建立健康孕妇妊娠期尿素、肌酐、尿酸、胱抑素 C 多项指标的参考区间,为临床准确评估妊娠期女性的肾功能变化提供参考依据。

**方法** 选取 2019 年 1 月至 2019 年 6 月在苏州大学附属第二医院接受孕期检查的怀孕 4 周-40 周的健康妊娠妇女 480 例为研究对象,并纳入 480 例未妊娠的健康体检女性作对照。使用 COBAS 8000 全自动生化分析仪测定血清尿素、肌酐、尿酸、胱抑素 C。采用 SPSS25.0 统计软件对所采集的数据进行统计处理。

**结果** 实验组血清尿素、肌酐、尿酸浓度均较对照组下降,差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。不同妊娠期血清胱抑素 C 的浓度变化与尿素、肌酐的变化趋势不一致,随着孕周的增加血清胱抑素 C 的浓度逐渐增高,晚孕期时血清胱抑素 C 的浓度超过未妊娠女性的正常水平 ( $p<0.05$ )。实验

组中 19-32 岁的低龄组所测得的血清肌酐、尿酸、胱抑素 C 浓度结果低于 33-45 岁的高龄组 ( $p<0.05$ )，而血清尿素氮浓度结果高于高龄组 ( $p<0.05$ )。实验组血清尿酸、血胱抑素 C 水平随孕周增加而升高，尿素氮水平随孕周增加而降低，差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )；肌酐水平随着孕周增加先降低后升高。尿素氮和胱抑素 C 早孕期与中孕期无明显差异，但晚孕期与早孕及中孕期差异明显 ( $p<0.05$ )。

**结论** 正常怀孕时期的妇女在不同的妊娠年龄和妊娠周期，肾功能相关指标存在明显差异。故应建立妊娠期女性肾功能相关指标的参考范围。

## PU-3947

### 血清胆红素与原发性闭角型青光眼的相关性研究

万雅妮,李圣杰,马英博,邵明希,曹文俊,孙兴怀  
复旦大学附属眼耳鼻喉科医院,200000

**目的** 探索原发性闭角型青光眼 (primary angle-closure glaucoma, PACG) 患者血清胆红素水平的变化及其与病情严重程度的关系。

**方法** 收集本院确诊为 PACG 的 160 例患者和 156 例正常对照的血清。用罗氏 P800 生化仪检测研究对象的血清总胆红素 (total bilirubin, TBIL)、直接胆红素 (direct bilirubin, DBIL) 水平。所有 PACG 患者按平均视野缺损 (mean defect, MD) 分为轻、中和重度三个亚组 ( $MD\leq 6.00\text{dB}$  为轻度,  $6\text{dB} < MD\leq 12\text{dB}$  为中度,  $MD > 12\text{dB}$  为重度)。独立样本 t 检验和卡方检验用于比较病例和对照的基本临床参数。三组亚组间的比较使用单因素方差分析。二元 logistic 回归用于分析胆红素与 PACG 发病的相关性。Spearman 相关性分析用于分析胆红素与眼科参数之间的相关性。

**结果** PACG 组平均年龄为  $62.38\pm 10.68$ ，其中女性 113 例，男性 47 例。对照组平均年龄为  $62.88\pm 10.24$ ，其中女性 106 例，男性 50 例。PACG 组和对照组年龄 ( $t=0.427$ ,  $p=0.669$ ) 与性别 ( $t=0.266$ ,  $p=0.606$ ) 参数匹配。比之对照组，PACG 组的血清 TBIL 和 DBIL 水平显著降低。PACG 组的 TBIL 和 DBIL 水平为  $10.44\pm 4.61\ \mu\text{mol/L}$  和  $3.65\pm 1.61\ \mu\text{mol/L}$ ，对照组的 TBIL 和 DBIL 水平为  $11.67\pm 4.91\ \mu\text{mol/L}$  和  $4.26\pm 2.21\ \mu\text{mol/L}$ ，差异具有统计学意义 ( $p=0.026$ 、 $p=0.011$ )。但 TBIL 水平在轻度、中度与重度 PACG 患者中差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。Logistic 回归分析显示，高水平的血清 TBIL 和 DBIL 水平是 PACG 患者的保护性因素 ( $OR=0.946$ ,  $95\%CI=0.899-0.996$ ,  $p=0.034$ ;  $OR=0.832$ ,  $95\%CI=0.713-0.97$ ,  $p=0.019$ )。TBIL 和 DBIL 与各眼科参数间的 Spearman 相关性分析显示，二者与各眼科参数间无显著相关性 ( $p>0.05$ )。

**结论** 血清胆红素水平与 PACG 显著相关，高 TBIL 和 DBIL 水平是 PACG 的保护性因素，提示系统性氧化应激可能参与青光眼发病机制。为胆红素作为 PACG 患者筛查、诊断的潜在生物标志物价值提供了初步的临床检验依据。

## PU-3948

### 三种实验学方法检测解脲支原体的敏感性比较 及耐药性分析

张兵,阚丽娟,张秀明  
深圳市罗湖区人民医院

**目的** 检测我院三种不同方法 (实时荧光定量 PCR 技术, 解脲支原体固体培养基培养法, 解脲支原体的液体培养法) 检测泌尿生殖道感染解脲支原体 (UU) 的敏感性以及对抗菌药物的耐药性分析, 以选择更为准确、快速、实用的临床检测方法。

**方法** 收集来自本院妇产科, 生殖中心, 体检部, 泌尿外科等部门的 518 泌尿生殖道标本, 其中男性 240 例, 女性 278 例, 年龄区间 16~60 岁。通过三种方法(实时荧光定量 PCR 技术, 解脲支原体固体培养基培养法, 解脲支原体的液体培养法)检测同一患者相同生殖道分泌物中是否感染解脲支原体, 可以比较三种方法的敏感性。同时, 通过液体培养基分析解脲支原体对抗菌药物的耐药性。

**结果** 在 518 例标本中, 共检测出解脲支原体阳性标本 197 例(38.6%), 其中解脲支原体核酸检测法(荧光定量 PCR 法)测定的阳性标本 185 例(36.2%)高于解脲支原体液体培养法 175 例(34.3%)和解脲支原体固体培养法 145 例(28.4%)( $P < 0.05$ )。 抗生素敏感性排名前五位的是强力霉素(96.7%), 米诺环素(96.7%), 克拉霉素(89.6%), 罗红霉素(75.3%), 交沙霉素(71.4%)。

**结论** 荧光定量 PCR 方法检测生殖道分泌物中解脲支原体的灵敏度大于液体培养法, 而固体培养基灵敏度最低。 对解脲支原体敏感性最强的抗菌药物前五依次是强力霉素, 米诺环素, 克拉霉素, 罗红霉素, 交沙霉素, 可作为临床应用的首选。

## PU-3949

### 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯杆菌血流感染危险因素分析

陈雨欣, 常海燕, 吴超  
南京大学医学院附属鼓楼医院, 210000

**目的** 肺炎克雷伯杆菌(KP)是常见的院内感染致命菌, 主要临床表现是肺部感染、脑膜炎、肝脓肿、泌尿系统感染、感染性休克等。KP 分为耐碳青霉烯类肺炎克雷伯杆菌(Carbapenem-resistant *K. pneumoniae*, CRKP)和碳青霉烯敏感的肺炎克雷伯杆菌(*K. pneumoniae* susceptible to carbapenem, CSKP)。感染 KP 患者具有高死亡率, 其中以血流感染(BSI)死亡率最高。感染 CRKP 的患者相对于感染 CSKP 的患者具有更高死亡率,

**方法** 本研究通过回顾性分析, 早期识别高风险 CRKP BSI 患者, 并建立相应预测模型。另比较两种治疗方案的疗效, 进而为临床诊断、治疗、生存结局提供理论依据。

**结果** 单因素分析显示年龄、恶性肿瘤、机体负荷菌株、ICU 入住(天数)、免疫抑制剂使用、侵袭性操作、抗生素暴露与感染 CRKP BSI 相关。多因素分析显示机体负荷菌株, ICU 入住(天数), 氟喹诺酮和抗真菌药暴露被确定是 CRKP 的独立危险因素, 而年龄被确定是保护因素。预测模型  $M1 > 0.14$  时诊断 CRKP BSI 更有价值。

**结论** 通过分析独立危险因素, 将帮助我们更好规范临床操作, 以避免 CRKP 感染。

## PU-3950

### 肺炎克雷伯杆菌血流感染死亡预测模型建立

陈雨欣, 常海燕, 吴超  
南京大学医学院附属鼓楼医院, 210000

**目的** 肺炎克雷伯杆菌(KP)是常见的院内感染致命菌, 主要临床表现是肺部感染、脑膜炎、肝脓肿、泌尿系统感染、感染性休克等。感染 KP 患者具有高死亡率, 其中以血流感染(BSI)死亡率最高。感染 CRKP 的患者相对于感染 CSKP 的患者具有更高死亡率, 这种现象在 BSI 中尤为明显。

**方法** 本研究回顾性分析了 2014 年 1 月至 2018 年 6 月期间在南京鼓楼医院住院的 285 例 KP BSI 患者的病例信息, 收集患者一般资料、基础疾病、既往情况、KP 发现前机体负荷菌株、KP 发现前 1 周侵入性操作、KP 发现前 1 月抗生素暴露、BSI 发现当天中性粒细胞和白蛋白计数、经验性治疗

方案、确定性治疗方案。并用单因素和多因素 logistic 回归分析 KP BSI 患者死亡的独立危险因素。

**结果** 单因素分析显示, CRKP、慢性肺部疾病、血液肿瘤、感染性休克、中性粒细胞计数、白蛋白计数与 KP BSI 患者死亡相关。多因素分析示 CRKP、慢性肺部疾病、血液肿瘤、感染性休克是 CRKP 的独立危险因素。预测模型  $M2>0.19$  时预测死亡结局更有价值。碳青霉烯治疗组与碳青霉烯联合替加环素治疗组生存分析未见明显差异。

**结论** 感染性休克是死亡的独立危险因素, 预测模型  $M2>0.19$  时预测死亡结局更有价值。

## PU-3951

### IL-2/4/6 通过自噬调节非对称氨基酸甲基化 90kDa 核蛋白的表达

曹雪蕾

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 蛋白精氨酸甲基化修饰介导产生非对称性二甲基精氨酸 (aDMA) 和对称性二甲基精氨酸 (sDMA)。目前, 肿瘤微环境中低氧、饥饿或细胞因子是否调节 aDMA 或 sDMA 尚未得知。

**方法** Western Blot 检测肿瘤细胞中内源性以及应用白介素和(或)雷帕霉素刺激的 aDMA 和 sDMA 修饰蛋白的表达及核定位或自噬关键分子 LC3 的表达。应用甲基化转移酶抑制剂 AdOx 后, Western Blot 检测经白介素处理的乳腺癌细胞中 p90aDMA 和 p70aDMA 的表达。应用自噬抑制剂 3-MA 或自噬相关基因 ATG5 的小干扰后, Western Blot 检测经雷帕霉素处理的乳腺癌细胞中 p90aDMA 和 p70aDMA 的表达。

**结果** 我们发现 aDMA 或 sDMA 修饰的分子量 70 或 90 kDa 的蛋白 p90aDMA、p70aDMA 和 p90sDMA 广泛表达于乳腺癌细胞系中。值得关注的是白介素 IL-2、IL-4 和 IL-6 而非 IL-8 促进 p90aDMA 而非 p90sDMA 在核中积聚; 并且上述效应受到 AdOx 的抑制。这表明肿瘤细胞中内源性蛋白受到 aDMA 的修饰作用。而且, 乳腺癌和宫颈癌细胞对低氧、饥饿和雷帕霉素发生应激, 导致内源性 aDMA 修饰的蛋白的降解。然而, IL-2/4/6/8 对乳腺癌细胞中基础水平和雷帕霉素诱导的自噬无显著影响。但阻断自噬能逆转雷帕霉素诱导乳腺癌细胞中 p90aDMA 和 p70aDMA 蛋白降解。与之相反, 雷帕霉素诱导乳腺癌细胞中 p90sDMA 的聚集。

**结论** 我们的研究加深了在不同应激反应中精氨酸甲基化调节网络复杂性的认识, 并且首次证实了 aDMA 作为选择性自噬降解底物的特异性信号。

## PU-3952

### 乙型肝炎病毒检测方法的对比分析

马鑫

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 本文介绍了现有文献中关于乙型肝炎检测方面的研究, 其中包括乙型肝炎病毒介绍、乙型肝炎病毒检测方法的对比分析、HBV-DNA 定量检测优势及不足等。

**方法** 本文介绍了现有文献中关于乙型肝炎检测方面的研究, 其中包括乙型肝炎病毒介绍、乙型肝炎病毒检测方法的对比分析、HBV-DNA 定量检测优势及不足等。同时还进行了关于不同类型病人给出合理检测建议方面的论述, 以便于临床治疗。

**结果** 本文介绍了现有文献中关于乙型肝炎检测方面的研究, 其中包括乙型肝炎病毒介绍、乙型肝炎病毒检测方法的对比分析、HBV-DNA 定量检测优势及不足等。同时还进行了关于不同类型病人给出合理检测建议方面的论述, 以便于临床治疗。

**结论** 本文介绍了现有文献中关于乙型肝炎检测方面的研究,其中包括乙型肝炎病毒介绍、乙型肝炎病毒检测方法的对比分析、HBV-DNA 定量检测优势及不足等。同时还进行了关于不同类型病人给出合理检测建议方面的论述,以便于临床治疗。

## PU-3953

### 乙型肝炎病毒检测方法的对比分析及其展望

马丽娜, 张俊涛, 李胜男  
黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 乙型肝炎对人体危害极大且易传染,全球每年约有 100 万人死于乙型肝炎病毒感染。该病毒很难彻底清除,乙型肝炎也极难彻底治愈,所以做好对乙肝的早发现、早治疗以及在治疗过程中病情的检测就显得尤为重要。

**方法** 本文首先介绍了目前临床上常用的检测方法胶体金法、酶联免疫吸附法、时间分辨荧光分析法、化学发光免疫法以及 FQ-PCR 法,并对它们进行了详细的对比分析;然后又对乙型肝炎病毒检测的研究新方向进行了详细介绍

**结果** 最后结合乙型肝炎检测的现状和发展方向进行了讨论和展望。

**结论** 最后结合乙型肝炎检测的现状和发展方向进行了讨论和展望。

## PU-3954

### 人体内锌元素的生理功能及防治措施

谢盼盼, 董蔓莉, 赵冬梅, 张俊涛  
黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 当前社会各界日益重视人体营养问题,逐渐对于生命体必需微量元素有了更深入的研究。

**方法** 锌元素被近代医学界、营养学界喻为人体的“生命之花”、“智慧元素”,更是引起了学术界广泛的关注。

**结果** 锌是人体必需的微量元素之一,研究表明,锌缺乏对人体生长发育、生殖、消化、皮肤、视力、衰老等生理功能有重要影响。而体内锌过量也会引起中毒、呕吐、腹泻、贫血等症状,还会影响铜和铁的吸收,免疫能力受损、胆固醇代谢,甚至癌症发生。

**结论** 因此合理搭配食物,科学补锌,方能保障人体健康。本文主要概述了微量元素锌在人体的含量、分布、代谢及其检测方法,同时强调了锌与人体生理过程的密切关系、锌元素缺乏及过量对人体健康的严重影响,并提出科学的控制人体内锌含量的措施,旨在为日常生活中保证人体内微量元素锌发挥正常生理功能提供一些理论依据。

## PU-3955

### 人体硒含量的临床意义研究进展

韩丽  
黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 硒是人体必需的营养微量元素,血清硒和血浆硒含量接近,是评价人体硒营养状态的主要指标。

**方法** 硒由胃肠道吸收进入血液后,会与血浆蛋白结合,再由血浆运载进入人体各组织中。硒的排泄途径主要通过呼气、尿和粪便排泄,经尿排出占 60%。在人体中,硒主要以硒蛋白的形式存在,其

中约 3%的硒参与谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）的合成，是谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）的活性成分，实验研究证实硒是一种有效的肿瘤化学预防物质，其机理在于具有生物功能的 GSH-Px 能催化脂质过氧化物还原成无害的羟基化合物，从而阻止脂质自由基的连锁反应，硒的特殊生化功能最重要的就是防止生物膜的脂质氧化。

**结果** 国外研究表明，缺硒状态与某些病毒的感染的发生和疾病进展相关。人体缺乏硒可以引起克山病、肝脏、甲状腺、胰腺、免疫器官等功能障碍和结构异常。硒的分布具有明显的地区性，人群硒营养状态受生活环境影响。

**结论** 据统计，低硒地区及低硒人群中肿瘤发病率较高，硒的含量与肿瘤死亡率成负相关，而我国 2/3 的地区处于不同程度缺硒或少硒的状态，近年来硒在癌症预防和治疗中的作用受到国内外学者普遍关注，本文通过总结近年来国内专家学者在硒对甲状腺癌、急性肝肾损伤、肝癌、直肠癌、人乳头瘤、胰腺癌的预防和治疗中作用的研究，目的在于提高人群硒营养补充意识，同时为研发含硒药物、丰富防治肿瘤的方法奠定基础。

## PU-3956

### 微量元素硒的生理活性及相关疾病

赵式樱

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 本文微量元素硒的体内生理活动及在维持人体健康和防治疾病方面意义进行了综述。

**方法** 硒元素是人体必需的一种微量元素之一，在维持人体内很多的正常生理功能活动中都起到了重要的作用。硒在人体中主要存储于肝、肾和红细胞中，组织内主要通过蛋白质复合物形式实现其生理功能。硒能够参与合成多种含硒酶和含硒蛋白，是谷胱甘肽过氧化物酶的组成部分，硒充当了结构和酶活性的功能，有着抗肿瘤、抗衰老和改善免疫重要生理机能。

**结果** 人们都是从膳食中吸收硒，主要的吸收部位是十二指肠，胃和大肠几乎不吸收，排泄主要通过汗液、毛发及尿液。当摄入过量后就可能出现中毒的症状，缺乏硒元素会导致多种疾病，如克山病、以及肿瘤、心血管疾病、白内障等。目前硒的检测范围已逐渐由微量向痕量和超痕量发展，较为常用的分析测定方法包括分光光度法、荧光光度法、中子活化法、气相色谱法、电化学法和原子光谱法等。

**结论** 但是目前硒元素在人体内的某些反应机制尚不十分明确，进一步加强硒元素作用机制的研究以攻克顽疾，硒元素的生理作用及其机制研究仍需深入开展。

## PU-3957

### 检验结果的自动审核在医学实验室中的应用

谢滨姣,张俊涛,赵冬梅,董蔓莉,祖爽

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 随着人工智能的不断研发和市场推进，基于实验室信息管理系统的检验结果自动审核程序也逐渐开始研发和应用。

**方法** 检验结果自动审核的开展具有提高报告单审核效率、缩短报告单周期、提高报告结果审核准确度等优势，能够大幅度提高检验人员的工作效率，尽可能的避免人为差错或经验不足导致的错发报告，是 LIS 系统在医学检验的智能化管理上取得的重要进展。

**结果** 本文针对目前国内外自动审核的规范化要求，定性、定量项目规则设计思路，自动审核规则验证的必要性等方面进行阐述。

**结论** 由于人员变动较大，职称占有率普遍偏低，检验结果的自动审核在独立医学实验室中的应用具有更加深远的意义。

## PU-3958

## CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性在高寒地区汉族人群中的分布情况分析

杨正亮, 闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 探究 CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性在我国高寒地区汉族人群中的分布情况, 比较其与同纬度不同国家及我国低纬度汉族人群的差异。

**方法** 在高寒地区汉族人群中收集服用华法林的受试者 210 例, 收集患者相关临床病例资料并检测患者的 CYP2C9 和 VKORC1 基因型。

**结果** 210 例受试者 CYP2C9 的基因型 \*1/\*1、\*1/\*3 和 \*2/\*3 频率分别为 96.2%、3.3% 和 0.5%; \*1/\*1 基因型频率高于法国、加拿大、俄罗斯、瑞典和西班牙国家人群 ( $P<0.05$ ), \*1/\*3 和 \*2/\*3 低于上述国家 ( $P<0.05$ )。VKORC1 基因 AA、GA 和 GG 的基因型频率分别为 81.0%、17.6% 和 1.4%; AA 基因型频率高于法国、加拿大、俄罗斯、瑞典和西班牙国家人群而 GG 基因型频率低于上述国家人群 ( $P<0.05$ )。CYP2C9 和 VKORC1 基因型与我国广州、湖北、江苏、华南等低纬度地区分布无差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** CYP2C9 和 VKORC1 基因型在我国高寒地区汉族人群中以对华法林敏感性较高的类型居多。同纬度不同国家人群上述基因多态性分布差异较大, 我国不同纬度汉族人群上述基因多态性分布无差异性。

## PU-3959

## 血清叶酸、维生素 B<sub>12</sub>、铁蛋白联合检测对贫血早期诊断的临床应用

季洪良, 闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 探讨血清中叶酸、维生素 B<sub>12</sub>、铁蛋白联合检测, 对贫血性疾病早期诊断的临床应用价值。

**方法** 对 239 例观察组和 125 例对照组患者同时进行血清叶酸、维生素 B<sub>12</sub>、铁蛋白含量测定, 比较两组患者血清叶酸、维生素 B<sub>12</sub>、铁蛋白水平, 对两组患者单独和联合检测三项指标的检出率进行比较分析。

**结果** 对照组患者血清叶酸、维生素 B<sub>12</sub>、铁蛋白的水平明显低于观察组患者的水平; 两组患者单独检测的检出率都明显低于联合检测的检出率, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清叶酸、维生素 B<sub>12</sub>、铁蛋白联合检测, 对贫血患者的早期诊断和治疗具有重要的临床意义, 降低贫血患者的漏检率, 值得临床推广与应用

## PU-3960

## 静脉血栓栓塞性疾病研究现状分析

马润瑶, 闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 凝血系统与抗凝系统保持动态平衡以维持血液系统的稳定, 由各种原因造成的二者失衡即造成血栓以及出血的发生, 其中血栓性疾病根据发生部位的不同, 分为静脉血栓及动脉血栓两大类,



静脉血栓多发生于下肢静脉，为下肢深静脉血栓形成（DVT），栓子脱落运行至肺部血管造成肺栓塞（PE）。

**方法** 凝血系统与抗凝系统保持动态平衡以维持血液系统的稳定，由各种原因造成的二者失衡即造成血栓以及出血的发生，其中血栓性疾病根据发生部位的不同，分为静脉血栓及动脉血栓两大类，静脉血栓多发生于下肢静脉，为下肢深静脉血栓形成（DVT），栓子脱落运行至肺部血管造成肺栓塞（PE）。

**结果** 目前，静脉血栓栓塞性疾病的临床研究已趋于成熟，对于其诊断及治疗手段已形成相关指南。然而，对于其形成机制的研究，即相关危险因素致血栓形成原理的探讨还有进一步研究的空间，国内对 VTE 的研究缺乏关注度，近年并未提出新的监测指标，对于肿瘤患者并发血栓情况的探讨，普遍存在研究样本少，追踪时间不足，在血栓易发情况分析中各肿瘤类型之间缺乏横向比较，造成所得结论不统一，对临床诊疗缺乏实际的帮助。国外较新的研究主要集中于基础水平联合动物研究，阴性结果较多见。

**结论** 目前，静脉血栓栓塞性疾病的临床研究已趋于成熟，对于其诊断及治疗手段已形成相关指南。然而，对于其形成机制的研究，即相关危险因素致血栓形成原理的探讨还有进一步研究的空间，国内对 VTE 的研究缺乏关注度，近年并未提出新的监测指标，对于肿瘤患者并发血栓情况的探讨，普遍存在研究样本少，追踪时间不足，在血栓易发情况分析中各肿瘤类型之间缺乏横向比较，造成所得结论不统一，对临床诊疗缺乏实际的帮助。国外较新的研究主要集中于基础水平联合动物研究，阴性结果较多见。

## PU-3961

### 血栓与止血分子标志物检测在血栓性疾病中的研究进展

季洪良, 闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 血栓性疾病是指血液中的异常物质沉积在血管壁导致血管闭塞或狭窄而引起的一类疾病。血栓形成指的是在血液循环过程中，在某些因素作用下，有形成分附着在血管壁上，激活体内凝血以及抗凝系统，最终造成凝血、抗凝两大系统的平衡被破坏，越来越多有形成分附着在暴露的内皮细胞下胶原处，造成血管壁狭窄或完全堵塞，引发血液循环障碍而导致血栓形成。

**方法** 在血栓形成过程中，血管内皮细胞会释放或合成许多物质，其中血栓调节蛋白、凝血酶-抗凝血酶复合物、纤溶酶- $\alpha_2$  纤溶酶抑制物复合物、组织纤溶酶原激活物/纤溶酶原激活物抑制剂-1 是在血栓形成过程中产生的主要分子标志物，血栓与止血分子标志物的检测有助于血栓性疾病患者的早期诊断。随着科学技术的发展，血栓与止血分子标志物的研究及方法学进展，在血栓性疾病诊断中发挥越来越重要的作用。

**结果** 目前，国内外对血栓性疾病已经开展了许多检测，尤其是新化学发光法的出现，将有更为广阔的临床应用前景。

**结论** 现就对这四种分子标志物的生理功能、检测方法以及在血栓性疾病诊治中的研究进展做一综述。

## PU-3962

## HCV-Ab、HCV-cAg 和 HCV-RNA 联合检测对丙型肝炎 诊断价值的探究

郑洋洋,闫海润

牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 选取牡丹江医学院附属红旗医院 2015 年 9 月到 2018 年 3 月 18932 例接受输血前九项检查的住院患者中筛查出的丙型肝炎抗体 (HCV-Ab) 阳性样本 402 例, 对这些标本分别进行丙型肝炎核心抗原 (HCV-cAg) 以及丙型肝炎病毒 RNA (HCV-RNA) 含量检测。将检测结果进行对比分析, 评价其对丙型肝炎诊断价值。

**方法** 对收集到的 402 例 HCV-Ab 阳性标本分别进行 HCV-cAg 和 HCV-RNA 检测。HCV-Ab 检测用化学发光法, 检测结果 $\geq 0.05$  NCU/ml 的标本定为 HCV-Ab 阳性; HCV-RNA 检测用 PCR-荧光法, 检测结果 $\geq 500$  IU/ml 时定为 HCV-RNA 阳性; HCV-cAg 检测用 ELLSA 法, 检测结果出现与阳性质控相同颜色变化为 HCV-cAg 阳性。

**结果** 402 例 HCV-Ab 阳性标本中检出 HCV-RNA 阳性 311 例, 阳性率为 77.3% (311/402); HCV-cAg 阳性 189 例, 阳性率为 47.0% (189/402)。189 例 HCV-cAg 阳性标本同时检出 HCV-RNA 阳性。

**结论** 丙型肝炎的发病具有隐匿性, 已成为我国漏检率最高的法定传染病。虽然 HCV-Ab 已被绝大多数医院列为常规检测项目, 但是丙型肝炎病毒感染人体后在患者体内存在长达 70 天的“窗口期”, 在“窗口期”内检测 HCV-Ab 并不能反映病毒的感染或复制。而且, HCV-Ab 检测结果受患者身体状况等因素的影响, 敏感性和特异性不高。HCV-RNA 能准确反映病毒的复制状态, 是确诊丙肝病毒感染的灵敏指标。在精准医疗的发展趋势下, 临床医生更迫切的需要得到精确的实验数据, 这就需要具备相应能力的实验室将 HCV-Ab、HCV-cAg 和 HCV-RNA 联合检测, 以提高丙型肝炎患者的确诊率并评估疾病发展状态, 为临床对患者的个体化治疗提供可靠依据。

## PU-3963

## 高龄孕妇血糖、血脂改变对新生儿发育的影响因素评价

杨正亮,闫海润

牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 分析高龄孕妇孕晚期的血糖、血脂含量的改变情况, 进一步探究这些指标的改变对新生儿体格发育的影响。

**方法** 选取 2017 年 3 月至 2018 年 1 月牡丹江医学院附属红旗医院产科收治进行分娩的 200 例孕妇作为研究对象, 其中 128 例年龄大于 34 岁的初产妇或年龄 $\geq 35$  岁的经产妇作为观察组; 72 例年龄在 23 岁至 35 岁之间的孕妇作为对照组。在孕妇入院后即收集孕妇身高、体重、孕周等临床资料, 采集静脉血, 检测血糖、血脂等指标含量, 待孕妇生产后收集胎儿身长、体重和性别等临床资料, 比较高龄孕妇的血液生化指标对新生儿体重及身长的影响。

**结果** 128 例观察组孕妇新生儿平均体重为 $(3.41 \pm 1.25)$  kg, 72 例对照组孕妇新生儿平均体重为 $(3.11 \pm 1.46)$  kg, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 观察组新生儿身长平均为 $(49 \pm 8)$  cm, 对照组新生儿平均身长为 $(46 \pm 10)$  cm, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。观察组血糖水平 $> 5.9$  mmol/L 的孕妇新生儿体重平均为 $(3.7 \pm 1.6)$  kg, 血糖水平 $\leq 5.9$  mmol/L 的孕妇新生儿体重平均为 $(3.2 \pm 1.1)$  kg, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。观察组胆固醇水平 $> 5.2$  mmol/L 的孕妇新生儿平均身长为 $(51 \pm 6)$  cm, 胆固醇水平 $\leq 5.2$  mmol/L 的孕妇新生儿平均身长为 $(45 \pm 8)$  cm, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 高龄孕妇血糖、血脂水平与其新生儿体格发育存在差异, 此结论对高龄孕妇孕期保健具有指导意义, 以保障新生儿的健康发育。

## PU-3964

## 胸腹水组合分析联合血清肿瘤标志物检测在胸腹水性 性质鉴别中的价值

杨正亮,闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 探讨胸腹水组合分析、血清肿瘤标志物和血清葡萄糖联合检测对胸腹水良恶性鉴别中临床应用价值。

**方法** 对 208 例胸腹水患者血清 CEA、CA125、CA199, 血糖、胸腹水脱落细胞, 胸腹水 CEA、CA125、CA199, 胸腹水 LDH、ADA、糖定量检测结果进行回顾性分析, 比较检测指标的相关性和对胸腹水异常指标检出率的差异。

**结果** 根据临床 B 超、CT、组织病理等结果将 208 例患者分为良性胸腹水组 56 例和恶性胸腹水组 152 例。脱落细胞学查见癌细胞 42 例, 检出率为 75%; 恶性胸腹水组患者 ADA 和 LDH 值均高于良性胸腹水组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), ADA 与 LDH 联合检测阳性率高于单独检测; 血糖/胸腹水糖定量 $>1.0$  对鉴别恶性胸腹水有指导意义; 血清中 CA199、CA125、CEA 的浓度均高于胸腹水中 CA199、CA125、CEA 的浓度, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 胸腹水脱落细胞学检查鉴别胸腹水性质的特异性高但灵敏度低, 容易造成漏检, 胸腹水组合分析结合血清肿瘤标志物以及血糖/胸腹水糖定量能有效提高胸腹水良恶性的鉴别率。

## PU-3965

## 高寒地区汉族人群 CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性 对华法林用药剂量影响的研究

杨正亮,闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 探讨高寒地区汉族人群 CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性的分布情况, 分析该地区 CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性对华法林剂量的影响。

**方法** 收集高寒地区汉族人群样本 210 例, 其中, 2016 年 10 月—2017 年 8 月在牡丹江医学院附属红旗医院就诊并服用华法林的患者 180 例 (华法林组), 同期进行健康体检者 30 例 (对照组)。收集临床资料并采集静脉血检测患者 CYP2C9 和 VKORC1 基因型, 参考 WarfarinDosing 网站公式计算患者的华法林理论日用药剂量, 随访统计患者的华法林实际日用药剂量。

**结果** 210 例受试者 CYP2C9\*2 基因型检测结果全部为纯野生型 (CC); CYP2C9\*3 杂合型 (AC) 基因仅在华法林组检出 7 例; 210 例受试者 VKORC1 纯突变型 (AA)、杂合型 (GA) 和纯野生型 (GG) 的基因频率分别为 81.0%、17.6%和 1.4%。华法林组患者理论用药剂量平均值 ( $5.11\pm 0.41$ ) mg/d; 患者实际用药剂量平均值 ( $4.48\pm 0.57$ ) mg/d, 患者华法林实际用药剂量低于理论剂量, 差异有统计学意义 ( $t=12.05, P=0.00$ )。VKORC1 纯突变型患者平均用药剂量 ( $4.54\pm 0.58$ ) mg/d 高于杂合型患者平均用药剂量 ( $4.23\pm 0.45$ ) mg/d, 差异有统计学意义 ( $t=2.79, P=0.01$ )。

**结论** 高寒地区 CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性以对华法林敏感性较高的类型居多, 其他少见类型需要进一步发掘。欧美国家提供的华法林应用指导剂量公式不适用于我国高寒地区汉族人群。我们需要进一步研究, 探索适合高寒地区汉族人群的华法林应用指南, 以更好的指导华法林的个体化应用。

## PU-3966

## 纤维蛋白单体与 D-二聚体对血栓性疾病早期诊断的价值

李琪,闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 探讨静脉血栓栓塞性疾病(VTE)患者体内纤维蛋白单体(FM)和 D-二聚体水平的变化,比较纤维蛋白单体和 D-二聚体检测对静脉血栓栓塞性疾病的早期诊断价值。

**方法** 病例对照研究,选取牡丹江医学院附属红旗医院骨科及普外科收治需要进行手术治疗的患者 121 例(其中血栓组 60 例,非血栓组 61 例)和同期进行健康体检的对照组患者 61 例。自患者术前开始,分别收集其术前第 1 天、术后第 3 天、第 6 天、第 9 天的静脉血,分离血浆并分别采用 Stago 纤维蛋白单体检测试剂盒及 CP-2000 D-二聚体检测试剂盒检测患者血液中纤维蛋白单体水平和 D-二聚体水平。

**结果** 血栓组血浆纤维蛋白单体水平( $26.11\pm 38.34$ )  $\mu\text{g/ml}$  高于非血栓组纤维蛋白单体水平( $6.56\pm 6.81$ )  $\mu\text{g/ml}$  以及健康对照组纤维蛋白单体水平( $2.37\pm 0.89$ )  $\mu\text{g/ml}$ , ( $t=-3.82$ ,  $t=-4.78$ ,  $P<0.01$ );纤维蛋白单体的敏感度低于 D-二聚体(85% vs 93%)同时阳性预测值也低于 D-二聚体(82% vs 87%), ( $\chi^2=27.01$ ,  $P=0.001$ ),但纤维蛋白单体特异度及阴性预测值均高于 D-二聚体(65% vs 44%)、(71% vs 62%), ( $\chi^2=11.67$ ,  $P=0.001$ )。

**结论** 静脉血栓栓塞性疾病是院内患者的一种常见并发症,其初步诊断仅依据临床表现诊断误诊率极高,实验室指标对其诊断价值尤为重要。纤维蛋白单体对静脉血栓栓塞性疾病的诊断相较于 D-二聚体敏感度不足但特异度较高,纤维蛋白单体联合 D-二聚体可进一步提高纤维蛋白单体检测的敏感度、特异度,且纤维蛋白单体升高发生在血栓形成初期,明显早于影像学诊断方法,因此,与 D-二聚体相比,纤维蛋白单体对静脉血栓栓塞性疾病的早期诊断具有更大的临床应用价值。

## PU-3967

## POCT 血糖仪与全自动生化分析仪检测血糖结果的比对分析

刘杭敏<sup>1</sup>,施鹏冲<sup>2</sup>,张敬喜<sup>1</sup>,陈莺<sup>1</sup>,曹颖平<sup>1</sup>  
1.福建医科大学附属协和医院,350000  
2.福建医科大学医学技术与工程学院

**目的** 通过福建医科大学附属协和医院各个病区 POCT 血糖仪和全自动生化分析仪检测血糖浓度的差异,以评估临床 POCT 血糖仪的可靠性以及纵向分析近三年血糖仪比对结果从而明晰床旁检验管理制度的完善程度。

**方法** **精密度试验** 精密度测定试验分别测定两个浓度水平,其中一个浓度大于 5.5mmol/L,一个浓度小于 5.5mmol/L,每个浓度水平重复测定 20 次。计算总标准差(SD)及总变异系数(CV)。评价标准:血糖浓度< 5.5mmol/L 时,SD 应<0.42mmol/L;当 $\geq 5.5\text{mmol/L}$ 时,CV 应<7.5%。

**准确度分析** 通过 LIS 系统筛选 EDTA-K2 抗凝血标本 5 份,浓度分别涵盖:高浓度(11.0mmol/L 左右)、中浓度(7.0mmol/L 左右)和低浓度(2.8mmol/L 左右)。利用 POCT 血糖仪和配套试纸条测定混匀全血的血糖浓度,随后 3500r/min 离心 8 分钟后用全自动生化分析仪检测血糖浓度。检测时间应控制在 30mins 内。判断标准依据《便携式血糖仪临床操作和质量管理规范中国专家共识》

**统计学分析** 采用 SPSS22.0 软件计算测定数据的均值,标准差,变异系数等,计量资料以  $\bar{X}\pm S$  表示。

**结果** 各个病区 POCT 血糖仪和全自动生化分析仪检测结果相关性良好,部分结果略低,二者比较的结果差异有统计学意义,但符合 ISO15179:2013 比对要求。

**结论** 临床各个病区 POCT 血糖仪和全自动生化分析仪相关性较好, 可用于临床血糖监测和糖尿病患者筛查, 但不可完全替代全自动生化分析仪对血糖的检测; 近四年临床 POCT 血糖仪管理呈现出较大的上下波动形势, 提示临床 POCT 血糖仪规范化管理有待加强。

## PU-3968

### 长春地区轮状病毒在腹泻儿童中的感染率及流行分析

王爱林

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 了解长春地区腹泻儿童轮状病毒的感染率及流行病学特征, 为流行病学研究提供理论支持。

**方法** 收集 2018 年 5 月至 2019 年 4 月吉林大学第一医院门诊和住院的 4563 例腹泻患儿粪便样本, 采用免疫层析双抗体夹心法检测粪便中的轮状病毒抗原, 同时分别对不同性别、不同年龄, 不同季节的轮状病毒阳性患儿进行比较。

**结果** 4563 例标本中 1072 例轮状病毒抗原检测阳性, 总阳性率 23.49%。男、女的阳性率差别不大 (分别为 23.10%、23.62%)。以冬季发病率为最高。

**结论** 长春地区轮状病毒是婴幼儿腹泻的主要病原体, 发病情况与性别并无差别, 冬季为本病的发病高峰季节, 流行高峰期应尽量对腹泻患儿进行轮状病毒抗原的检测, 积极预防和治疗。

## PU-3969

### 不同剂量厄贝沙坦联合螺内酯治疗早期 2 型糖尿病肾病老年患者的疗效和安全性的一项随机对照研究

陈颖颖

泰山医学院附属莱芜医院莱芜市人民医院, 271100

**目的** 探讨不同剂量厄贝沙坦联合螺内酯治疗早期 2 型糖尿病肾病 (DN) 老年患者的疗效及安全性。

**方法** 采用随机、开放、平行、对照的方法, 将 218 例早期 DN 合并轻中度原发性高血压老年患者按随机数字表法分为低剂量厄贝沙坦 (A 组)、高剂量厄贝沙坦 (B 组)、低剂量厄贝沙坦联合螺内酯 (C 组) 和高剂量厄贝沙坦联合螺内酯 (D 组), 观察 4 组治疗 72 周后尿白蛋白排泄率 (UAER)、肾小球滤过率 (GFR)、血压、血钾等的变化。

**结果** 4 组基线指标比较无统计学差异。4 组治疗前后差值比较, 收缩压和舒张压比较无显著差异。D 组降低 UAER 优于 A、B 组 ( $p < 0.05$ ); B 组治疗 24 周 UAER 较 C 组有下降趋势, 而治疗 72 周后, C 组在降低 UAER 方面优于 B 组 ( $p < 0.05$ )。D 组血钾高于其他 3 组, GFR 低于其他 3 组 ( $p < 0.05$ )。D 组因血钾升高终止研究的患者高于其他 3 组 ( $p < 0.05$ )。

**结论** 虽然高剂量厄贝沙坦联合螺内酯能更好的降低早期 DN 老年患者的 UAER 水平, 但易致高钾血症; 而低剂量厄贝沙坦联合螺内酯治疗降低 UAER 优于高剂量厄贝沙坦, 且安全性良好。

## PU-3970

**172 例烧伤患者感染病原菌种类及主要致病菌耐药性分析**

王延群,何洪杰,雷敏,龚坤巍  
哈尔滨市第五医院,150000

**目的** 了解烧伤患者感染的细菌种类及其主要致病菌耐药性情况,为临床合理应用抗菌药物、减少耐药株的产生及医院的感染控制提供依据。

**方法** 于 2018 年 1 月—2019 年 4 月,收集烧伤患者创面感染标本,采用常规方法进行细菌分离培养、鉴定,并对主要致病菌进行药物敏感试验。

**结果** 共收集从 172 例烧伤患者感染标本分离培养出 310 株细菌,经鉴定获得 10 种以上细菌,包括金黄色葡萄球菌 148 株(47.7%)、肺炎克雷伯菌 23 株(7.4%)、铜绿假单胞菌 21 株(6.8%)、白假丝酵母菌 18 株(5.8%)、鲍曼不动杆菌 15 株(4.8%)、大肠埃希菌 10 株(3.2%)、其它细菌 75 株(24.2%);药物敏感性试验结果显示金黄色葡萄球菌对青霉素高度耐药(94.0%),对呋喃妥因、利奈唑胺利福平高度敏感,均未发现万古霉素耐药菌株;肺炎克雷伯菌对氨苄西林耐药,对米诺环素、亚胺培南耐药率均低于 10.0%。

**结论** 本研究结果显示烧伤患者早期创面感染细菌种类多样,主要为金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌,临床医生在治疗这类烧伤感染时,应考虑细菌的种类和耐药情况,合理选择治疗药物。

## PU-3971

**血清 TSA 和 CEA 联合检测对 2 型糖尿病合并结直肠癌的诊断价值**

刘瑞东  
泰山医学院附属莱芜医院莱芜市人民医院,271100

**目的** 探讨血清总唾液酸和癌胚抗原联合检测对 2 型糖尿病合并结直肠癌患者的诊断价值

**方法** 选取 2013 年-2014 年经病理确诊的结直肠癌合并 2 型糖尿病患者 60 例(A 组),单纯结直肠癌患者 55 例(B 组),同时期的健康者 60 例(C 组),化学发光法检测各组血清 TSA 和 CEA 水平;同时,比较各组年龄、体重指数(body mass index, BMI)肿瘤系列生化检查等因素;对手术切除治疗的患者进行随访半年,检测血清 TSA 和 CEA 水平

**结果** 与 B 组(34.55%)和 C 组(1.67%)相比较, A 组 TSA 和 CEA 联合检测敏感率最高(78.33%);且 A 组患者血清 TSA( $791.26 \pm 135.90$  mg/L)及 CEA ( $48.45 \pm 2.67$  ng/mL)水平要显著增高( $P < 0.01$ ); A 组和 B 组血清 TSA 和 CEA 水平均较术前显著降低( $P < 0.05$ )。

**结论** 联合检测血清 TSA 和 CEA 水平,能较早发现结直肠癌,为 2 型糖尿病合并结直肠癌的诊断、预后、复发提供更早、更灵敏的检测指标。

## PU-3972

**尿 TGF- $\beta$ 1 检测在诊断慢性肾炎中的临床应用**

王小丽  
泰山医学院附属莱芜医院莱芜市人民医院,271100

**目的** 研究慢性肾炎患者尿 TGF- $\beta$ 1 水平的变化及临床意义

**方法** 以 22 例健康者作为正常对照组(Norm), 与 40 例慢性肾脏疾病患者尿 TGF- $\beta$ 1 水平作比较, 利用逆转录聚合酶链反应(RT-PCR)和酶联免疫吸附试验(ELISA)的方法检测尿 TGF- $\beta$ 1 水平

**结果** 与正常对照组相比较, 16 例系膜增生性肾炎(MPG)患者( $76.44 \pm 24.29$  vs  $31.53 \pm 11.59$  ng/mmol,  $P < 0.01$ ); 14 例局灶性肾小球硬化症(FGS)患者( $65.07 \pm 20.59$  vs  $31.53 \pm 11.59$  ng/mmol,  $P < 0.01$ )和 10 例 IgA 肾炎(IgA N)患者的尿 TGF- $\beta$ 1 水平明显增高( $67.01 \pm 21.95$  vs  $31.53 \pm 11.59$  ng/mmol,  $P < 0.01$ ), 且差异有统计学意义

**结论** 尿 TGF- $\beta$ 1 水平变化可作为反映慢性肾炎的病情、判断病理类型及疾病诊断和疗效观察的重要指标 :ehAGXFKfont-size:10.5000pt; mso-font-kerining:1.0000pt;"  $>76.44 \pm 24.29$  vs  $31.53 \pm 11.59$  ng/mmol,  $P < 0.01$ ); 14 例局灶性肾小球硬化症(FGS)患者( $65.07 \pm 20.59$  vs  $31.53 \pm 11.59$  ng/mmol,  $P < 0.01$ )和 10 例 IgA 肾炎(IgA N)患者的尿 TGF- $\beta$ 1 水平明显增高( $67.01 \pm 21.95$  vs  $31.53 \pm 11.59$  ng/mmol,  $P < 0.01$ ), 且差异有统计学意义

## PU-3973

### 医院检验科人员的职业危害与防护

杨鸽

黑龙江省双鸭山市人民医院检验科

**目的** 提请医院管理者对检验人员职业危害和防护问题引起高度重视。

**方法** 查阅近年来医院检验人员职业危害的有关资料。

**结果** 检验人员因工作被感染的比例占所有医务人员的第二位。

**结论** 应加强对检验人员职业危害的教育和做好自我防护。

## PU-3974

### 质谱技术在临床微生物样本直接检测中的应用

钱景荣,吕博文,李文辉

哈尔滨医科大学附属第三医院,150000

**目的** 分析质谱技术在临床微生物样本直接检测中的应用前景。

**方法** 结合 2019 年中国临床微生物质谱应用专家共识及国内外大量文献报道。

**结果** 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)作为一种新兴的蛋白质组学检测技术,现已广泛应用于生物学及相关领域。与传统的生化表型鉴定方法和分子生物学方法相比,MALDI-TOF MS 具有操作简单、快速、准确和经济的特点,尤其在对培养出的纯菌落进行菌种鉴定具有很高的稳定性及准确性。查阅大量国内外文献报道, MALDI-TOF MS 对常见细菌和酵母菌的属的鉴定率能达到 97%~99%,种的鉴定率也能达到 85%~97%;另外, MALDI-TOF MS 大大缩短了细菌鉴定的时间,而且其成本也较常规鉴定方法低。目前,已取得显著进展的是从血培养阳性样本中直接检测细菌和酵母样真菌,据报道, MALDI-TOF MS 技术已经在肠杆菌科细菌、葡萄球菌等病原菌的直接鉴定方面取得了很好的鉴定结果。此外, MALDI-TOF MS 已经开始与药物敏感性试验联合用来直接检测阳性血培养瓶的样本,药物敏感性试验与传统方法相比有 93.5%的一致率,并且其鉴定和药物敏感性试验所用的时间缩短到 11.4h,证明了在一天内完成微生物鉴定和药物敏感性试验的可行性。对于泌尿系统感染,中段尿样本中的细菌量相对很高,中段尿样本也是 MALDI-TOF MS 直接检测的理想选择,然而含有 2 种或 2 种以上细菌感染的中段尿样本, MALDI-TOF MS 常常表现为鉴定能力不足。MALDI-TOF MS 直接检测和鉴定其它无菌体液样本如脑脊液、胸腹水和关节液等中细菌的报道较少。

**结论** MALDI-TOF MS 是一种简单、快速、高通量和高效的微生物鉴定手段,较传统的鉴定方法具有更大的优势,能显著降低样本检测的周转时间和成本,尚存在着一些不足之处,但是随着更加有效的样本预处理方法、更加严格的检验过程控制和更高分辨率的图像处理技术的实现,MALDI-TOF MS 用于直接检测临床样本中的微生物会有更广阔的前景。

## PU-3975

### 基于 LC-MS/MS 技术的白术茯苓汤中多种有效成分在大鼠体内的药动学研究

季彬

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 白术茯苓汤由白术, 茯苓两位中药组成, 在临床上主要用于心脑血管疾病的治疗。虽然白术茯苓汤在临床上已经应用多年, 但是其药效物质基础尚不明确, 复方中药中多成分药代动力学可通过揭示中药成分能否被机体有效利用来帮助发现可成为药效物质基础的中药成分。为此, 本研究开展了同时测定白术茯苓汤中白术内酯 I, 白术内酯 II, 白术内酯 III, 土莫酸, 去氢土莫酸, 猪苓酸 C 的 UPLC-MS/MS 方法。

**方法** 以五味子醇甲为内标, 血浆样品采用乙酸乙酯进行液-液萃取处理制备。使用 C18 (2.1mm×100mm, 1.9μm) 柱进行梯度洗脱, 进行反相色谱, 用于血浆样品分离。在 MRM 模式中使用正离子测定分析物和内标。日间和日间精度和准确度的结果均在可接受的范围内。矩阵效应很小。该方法中所有分析物的回收率为 80.7%至 96.7%。

**结果** 该方法成功应用于研究白术茯苓汤口服后多种化合物在大鼠血浆中的药代动力学。

**结论** 所建立的 LC-MS/MS 方法能够成功的应用与白术茯苓汤中 6 种成分在大鼠体内的药代动力学研究, 将为白术茯苓汤的进一步临床应用提供理论基础。

## PU-3976

### 采血管敞口时间对血清二氧化碳浓度的影响

沈建江

江苏省中医院,210000

**目的** 采血管敞口时间对血清二氧化碳浓度的影响

**方法** 收集 CO<sub>2</sub> 血清低、中、高浓度血清各 30 例, 每例 5ml, 分为敞口、闭盖 2 管, 0h 测定闭盖血清 CO<sub>2</sub> 浓度, 1h、1.5h、2h 分别测定敞口、闭盖血清 CO<sub>2</sub> 浓度, 每例血清均检测三次, 求其平均浓度, 避免随机误差。

**结果** 低、中、高浓度闭盖血清 1h,1.5h,2h 与 0h 比较(P>0.05),差异无统计学意义。低、中、高浓度敞口血清 1h 与 0h 比较(P>0.05), 差异无统计学意义。低、中、高浓度敞口血清 1.5h,2h 与 0h 比较(P<0.05),差异有统计学意义。低、中、高浓度敞口血清 1.5h,2h 的 CO<sub>2</sub> 浓度变化率与 0h 比较(P>0.05), 差异无统计学意义。

**结论** 采血管敞口时间过长会对血清 CO<sub>2</sub> 浓度造成严重影响, 导致 CO<sub>2</sub> 浓度降低, 但浓度降低速率与 CO<sub>2</sub> 浓度水平无关, 实验室采血管拔帽后需及时进行检测, 避免 CO<sub>2</sub> 挥发, 影响检测结果。



## PU-3977

## 血清 IgG4 及 IgG4/IgG 比率在 IgG4 相关性疾病与临床常见自身免疫性疾病鉴别诊断中的应用

王冰莹,曹伟,杨勇,贾延伟,曹颖,张鹏

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 探讨血清 IgG4 水平及 IgG4 与总 IgG 的比率在 IgG4 相关性疾病与其他临床常见自身免疫性疾病中鉴别诊断中的应用,为 IgG4 相关性疾病的诊断提供依据。

**方法** 收集患者血清:已诊断为 IgG4 相关性疾病的患者 10 例。收集自身免疫性疾病 110 例,包括干燥综合征 30 例,系统性红斑狼 20 例,类风湿性关节炎 20 例,硬皮病 20 例。选取于体检中心进行体检的健康者 80 例作为健康对照组。使用贝克曼库尔特 IMMAGE 800 特定蛋白仪对所有样本进行血清 IgG4、IgG 检测,并计算其血清 IgG4/IgG 比率。

**结果** 1、10 例 IgG4 相关性病患者血清 IgG 为  $26.23 \pm 15.15$  g/L, IgG4 水平为  $16.98 \pm 11.21$  g/L,血清 IgG4/IgG 比率为  $52.84 \pm 11.2\%$ ,均高于对照组,且差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )。

2、以血清 IgG4  $\geq 1.35$  g/L 作为参考值上限, IgG4 相关性疾病组阳性率为 100%,疾病对照组和健康对照组无阳性,与对照组相比差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。疾病对照组与健康对照组之间无统计学差异( $P < 0.05$ )。

3、以血清 IgG4  $\geq 1.35$  g/L 为临界值,统计非 IgG4 相关性疾病组阳性样本共 32 例,其血清 IgG4 水平为  $3.53 \pm 1.48$  g/L,血清 IgG4/IgG 比率为  $14.52 \pm 3.67\%$ ,与 IgG4 相关性疾病组或健康对照组均存在差异,且具有统计学意义( $P < 0.05$ )。

4、绘制血清 IgG4/IgG 比率诊断 IgG4 相关性疾病的 ROC 曲线,当血清 IgG4/IgG 比率为 13.14% 时,敏感度为 94.15%,特异度为 98.35%,曲线下面积为 0.9959。

**结论** 血清 IgG4 作为 IgG4 相关性疾病的诊断指标,有较高的灵敏度,但在与其他自身免疫性疾病做鉴别诊断时,其特异性较低。本研究发现血清 IgG4/IgG 比率可作为 IgG4 相关性疾病的关联诊断指标,与 IgG4 联合应用于诊断 IgG4 相关性疾病具有较高的特异性。

## PU-3978

## 益生菌可通过重建肠道菌群结构和改善肠源性内毒素血症而延缓 NAFLD 进展

耿燕,薛丽

西安交通大学第二附属医院检验科

**目的** 饮食诱导的非酒精性脂肪肝(non-alcoholic fatty liver disease, NAFLD)发生与肠源性细菌脂多糖(LPS)及其引起的肝脏 TLR4 活化有关,但在 NAFLD 进展中 LPS 和 TLR4 的变化规律尚不清楚。益生菌具有抑制有害菌增殖及改善肠道屏障功能的作用,然而 LPS/TLR4 信号通路是否参与益生菌对 NAFLD 的保护作用尚无报道。本研究旨在分析 NAFLD 进展过程中肠道菌群的构成特征及肠道菌群与 LPS/TLR4 的关系,并探究益生菌干预在其中的作用及其机制

**方法** 应用高脂高糖饮食构建大鼠 NAFLD 模型,应用 HE 染色方法检测肝脏病理化,并依据相应标准评判肝脏脂肪变程度及炎症活动度分值;全自动生化分析仪测定模型血清肝脏酶学指标、脂类指标和糖类指标 FPG;ELISA 法测定血清细胞因子含量;采用 PCR-DGGE 指纹图技术对肠道菌群进行分析,细菌培养技术与荧光定量 PCR 方法检测粪便中 5 种代表性细菌的含量;应用动态显色法测定浆 LPS 含量,RT-PCR 法测定肝组织 TLR4-mRNA 的表达。

**结果** NAFLD 进展过程中血清 LPS 水平和肝脏 TLR4 表达增高, 同时肠道菌群生物多样性和肠道微生物定植抗力 B/E 值下降。而且我们发现益生菌干预可增加 NAFLD 大鼠肠道优势菌群比例并改善 NAFLD 肝脏炎性病理。益生菌也可下调血清 LPS 和肝脏 TLR4 水平。

**结论** 肠道菌群结构改变和内毒素血症均参与了 NAFLD 的进展, 益生菌可能通过 LPS/TLR4 信号途径延缓 NAFLD 的进展。

## PU-3979

### 脑梗死与脑出血患者的血栓弹力图检测的临床意义

李春风,李静,赵学英,亓颖芝,芦鑫  
山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨脑梗死与脑出血患者血栓弹力图检测指标的变化以及与传统凝血功能检测结果的相关性。

**方法** 选择我院 2018 年 3 月-2019 年 3 月山东大学第二医院收治的 73 例脑梗死病例和 46 例脑出血病例作为研究对象, 同期在我院体检的健康人群 20 例作为健康对照组, 检测 TEG 的 5 项主要指标: 凝血反应时间 (R 值)、凝血形成时间 (K 值)、血凝块形成速率 (Angle)、血栓最大幅度 (MA)、凝血综合指数 (CI), 和传统凝血功能指标: 凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血酶原时间 (APTT)、凝血酶时间 (TT)、纤维蛋白原浓度 (FIB)、D 二聚体 (D-Dimer) 以及血小板计数 (PLT)。

**结果** 3 组的 K 值、Angle、MA 值、CI 的结果差异有统计学意义, R 值无明显差异; 脑出血的 K 值高于健康对照组, Angle、MA 值、CI 均低于健康对照组, 而脑梗死患者的 K 值低于健康对照组, Angle、MA 值、CI 均高于健康对照组 ( $P<0.05$ ); 脑出血组的 PLT 低于脑梗死组 ( $P<0.05$ ); 凝血功能检测结果显示, 脑出血组的 APTT 低于脑梗死组, D-Dimer 高于脑梗死组, 差异均具有统计学意义, 而两组的 PT、FIB、TT 无明显差异; 血栓弹力图的 R 值与 APTT, K 值与 PT、APTT、PLT, Angle 与 PLT, MA 与 FIB、PLT, CI 与 PLT 均呈正相关; 而 Angle 与 PT、APTT, MA 与 PT、APTT, CI 与 PT、APTT 均呈负相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** 急性脑梗死处于高凝状态, 急性脑出血处于低凝状态, 但是通过传统凝血功能检测存在片面性, 甚至 D-Dimer 的结果可能与患者的实际病情相反, 而采用血栓弹力图可以更加准确地反应患者真实的凝血状态, 以指导临床提高诊治效率。

## PU-3980

### Maspin 对炎症因子诱导前列腺肿瘤 EMT 作用机制研究

郭佳倩,连雪琪,江佳佳,程慧颖,汤思洁,李晓华  
江苏大学澳洋肿瘤研究院

**目的** 研究前列腺肿瘤细胞中内源性 HDAC 抑制剂 maspin 对炎症因子诱导 EMT 作用及生物学功能的变化。

**方法** 体外基因转染前列腺肿瘤细胞 DU145 构建表达 maspin 克隆 (DU145-M) 和空质粒对照克隆 (DU145-Neo); 采用炎症因子 IL-6 分别处理 DU145-M 和 DU145-Neo, Western Blot 检测 p-Stat3 蛋白水平; 逆转录实时荧光定量法 (qRT-PCR) 检测 EMT 标志物 E-Cadherin 和 vimentin 的转录表达; 同时进行划痕实验、Transwell 实验和干细胞样肿瘤微球形成实验, 观察前列腺肿瘤细胞的生物学功能。

**结果** 炎症因子 IL-6 处理后, DU145-M 与 DU145-Neo 中 p-Stat3 的表达均增加。DU145-Neo 中 E-Cadherin / vimentin 的比值显著降低 ( $p<0.05$ ), DU145-M 中略有降低。经 IL6 处理组与未经 IL-6 处理组相比, DU145-M 和 DU145-Neo 细胞迁移均速度加快, 但 DU145-M 迁移速度慢于

DU145-Neo。经 IL-6 处理组与未经 IL-6 处理组相比, DU145-M 和 DU145-Neo 微球形成数量均明显增加, 但 DU145-M 形成的微球数量少于 DU145-Neo 微球数量, 体积也小于 DU145-Neo 微球。经 IL-6 处理后, DU145-M 侵袭的细胞数少于 DU145-Neo。

**结论** 炎症因子 IL-6 可以激活 p-Stat3 的表达。通过激活 p-Stat3 的表达, IL6 能够促进 EMT 过程, 而 maspin 能够抑制 IL-6 诱导的 EMT, 表现为抑制 IL-6 诱导的细胞迁移和侵袭, 预防干细胞样肿瘤微球的形成。

## PU-3981

### 血浆凝血因子活性测定临床应用的初步调查

鲍渝霞

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 通过对昆明医科大学第一附属医院 2015 年 5 月至 2016 年 3 月做血浆凝血因子活性检测的标本数量统计调查, 探讨临床医师对血浆凝血因子活性检测的应用状况。

**方法** 调查性研究, 对我院做凝血因子活性检测的标本数量分别做总体、分组、分布情况做统计分析。

**结果** 调查期间, 70894 份凝血检测标本中仅有 253 份检测血浆凝血因子活性, 占总数的 0.36%。所有检测凝血因子活性标本中, 凝血四项正常的占 15.2%, 凝血四项异常的占 84.98%。凝血因子活性检测主要集中在血液内科 45.45%, 儿科 13.04%, EICU 12.65%, 急诊输液 10.28%, 方便门诊 9.09%, 其他科室占 9.49%。20 例确诊为血友病 A 的住院患者住院期间做 FVIII 检测一次的有 4 例, 大于两次的有 16 例。

**结论** 1.临床医师对血浆凝血因子活性测定的临床意义不甚了解, 在临床工作中使用极少。2.临床科室中血浆凝血因子测定主要集中在小部分科室, 如血液内科及儿科, 其余应常规检测凝血因子活性的科室, 如血管外科、消化内科等, 在调查期间凝血因子活性因子测定标本极少。3.临床对血友病患者凝血因子检测仍存在不规范现象。

## PU-3982

### 固态发光碳量子点细菌快速染色应用的研究

李春风

山东大学第二医院,250000

**目的** 我们之前的研究合成了新型纳米荧光染料——固态发光碳量子点 (solid-state fluorescent carbon dots, SFCDs), 本文主要针对 SFCDs 的基本性质、染色机理、染色后的稳定性等进行研究, 探讨 SFCDs 作为荧光染料进行全菌计数的可行性。

**方法** 配制系列浓度的 SFCDs 水溶液, 检测激发光谱和发射光谱, 光漂白时间、储存时间、pH 值、常见有机试剂和离子等对 SFCDs 溶液发光强度和光谱的影响; 系列浓度的 SFCDs 0.85% 生理盐水溶液对细菌涂片进行 1min 染色, 研究细菌对 SFCDs 的渗透率; 对比 SFCDs 和 SYTO9 与核酸结合后的荧光强度, 探讨染色机制; 对两种染料通过不同方式染色的细菌进行浸泡稳定性的对比。

**结果** SFCDs 的  $\lambda_{ex}=360\pm 1\text{nm}$ ,  $\lambda_{em}=434\pm 1\text{nm}$ , 相对荧光强度高, 最强发射光浓度为 6mg/ml, 耐光漂白, 避光保存荧光稳定性好; pH 值 3-11, 有机试剂 10mg/ml PEG20000、10mg/ml SDS、10mg/ml BSA、1% Triton X-100、1% Tween20, 浓度为 0.3Mol/L -1Mol/L 的离子  $\text{Na}^+$ 、 $\text{K}^+$ 、 $\text{Cl}^-$ 、 $\text{PO}_4^{3-}$  对 SFCDs 的荧光强度没有影响 ( $P>0.05$ ),  $\text{Zn}^{2+}$ 、 $\text{Cd}^{2+}$ 、 $\text{Mg}^{2+}$ 、 $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{SO}_4^{2-}$ 、 $\text{Fe}^{3+}$ 、 $\text{Fe}^{2+}$ 、 $\text{Hg}^{2+}$ 、 $\text{NO}_3^-$  对 SFCDs 的荧光强度有抑制作用 ( $P<0.05$ )。金黄色葡萄球菌、大肠埃希菌、

炭疽杆菌芽孢对 SFCDs 的 1min 渗透率分别是 6%、6.7%、5%；核酸对 SFCDs 的荧光强度没有影响 ( $P>0.05$ )，SYTO9 与核酸结合后荧光强度增强 ( $P<0.05$ )，说明 SFCDs 并非核酸染料。两种染料的染色效果均较好，染色后浸泡荧光强度均不减弱。

**结论** SFCDs 作为新型纳米荧光染料，制备工艺简单、成本低，水溶性好，耐光漂白，避光长时间保存荧光强度稳定；化学性质稳定，pH 值变化、生物常用的有机试剂以及食品中常见的离子对 SFCDs 的发射光强度均无明显的影响。SFCDs 有希望成为新一代的无毒的、环境友好的纳米荧光染料，用于现场筛查。

## PU-3983

### 临床分离携带 psm-mec MRSE 附属基因调节因子 agr 多态性分析

杨永长,胡洪华,肖代雯,钟敏,喻华,黄文芳  
四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 探讨临床分离携带 psm-mec MRSE 附属基因调节因子 agr 多态性,了解其分子特征。

**方法** 收集 138 株临床分离并经过全自动微生物鉴定系统和分子生物学方法准确鉴定的 MRSE,通过 PCR 扩增 psm-mec, fudoh 和 p221 片段鉴定携带 psm-mec MRSE,采用多重 PCR 扩增 MRSE 菌株的 agr 等位基因,采用 DNA 测序方法对多重 PCR 分型结果进行验证。

**结果** 138 株临床分离 MRSE 中, 29 株均可扩增出 psm-mec, fudoh 基因和 p221 片段,携带率为 21.01%。多重 PCR 结果显示, 29 株携带 psm-mec MRSE 中, 24 株均为 agr I 型, 5 株未分型。在未分型菌株中, 2 株可扩增 agr 全长序列, PCR 产物测序后发现其均为 agr I 型, 其余 3 株仍为阴性, 提示其为 agr 阴性突变株。临床分离携带 psm-mec MRSE 中 agr I 型为 26 株, 占 90%, agr 阴性突变为 3 株, 占 10%。

**结论** 临床分离携带 psm-mec MRSE 的 agr 基因未显示多态性, 均为 I 型, 为探讨 psm-mec 与 agr 型别和生物被膜的关系奠定了基础。

## PU-3984

### 血清 CK18-M30 含量反映了大鼠 NAFLD 模型疾病进展过程中的肝脏病理严重程度

耿燕,薛丽  
西安交通大学第二附属医院检验科

**目的** 非酒精性脂肪性肝病 (non-alcoholic fatty liver disease, NAFLD) 患者 CK18-M30 水平增加。然而, CK18-M30 与 NAFLD 进展的关系尚无报道。本研究旨在分析 NAFLD 进展中 CK18-M30 和其它代谢指标的变化特征, 同时探究 CK18-M30 与 NAFLD 进展过程中肝脏炎性病理的相关性。

**方法** 应用高脂高糖饮食构建大鼠 NAFLD 模型, 应用 HE 染色方法检测各组大鼠肝脏病理化, 并依据相应标准评判肝脏脂肪变程度及炎症活动度分值; 全自动生化分析仪测定模型大鼠血清肝脏酶学指标、血清脂类指标和血清糖类指标 FPG; ELISA 法测定血清 CK18-M30 含量。

**结果** 随着高脂高糖饮食喂养时间的延长, 大鼠肝脏脂肪变和炎症程度逐渐加重。相比其它代谢指标, 血清 CK18-M30 与肝脏炎症病理的相关性更大。

**结论** 血清 CK18-M30 在 NAFLD 进展过程中具有重要意义, 血清 CK18-M30 的检测可为 NAFLD 的早期诊断和预后评估提供重要依据。

## PU-3985

**溶血对新生儿静脉血丙肝抗原（HCV-Ag）检测的影响**

李晓菲,程芳

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨溶血对新生儿静脉采血标本丙肝抗原（HCV-Ag）检测结果的影响，避免因溶血原因导致的 HCV 检测窗口期的错误判断。

**方法** 收集 2018.1-2018.12 在山东省千佛山医院检验科进行丙肝抗原(HCV-Ag)检测的新生儿静脉血标本 160 例，应用双抗体夹心法化学免疫分析原理在 CLIA500 板式化学发光免疫分析仪进行 HCV-Ag 检测。按照标本是否溶血进行分组检测，共分为两组，非溶血标本组(80 例) 和溶血标本组(80 例)。对所有纳入研究的标本均进行离心分离血清，然后进行 HCV-Ag 即时检测和静置 24 小时后重新离心再检测。以 HCV-Ag 检测结果 S/CO>1 作为结果阳性的标准，计算 HCV-Ag 检测阳性率，观察溶血是否影响 HCV-Ag 检测阳性率，以及静置 24h 小时后能否降低阳性率。

**结果** 对非溶血标本，HCV-Ag 即时检测阳性率为 1.25 % (1/80)，静置 24 小时后重新离心再检测阳性率为 0 % (0/80)。而对溶血标本，HCV-Ag 检测阳性率为 30% (24/80)，静置 24 小时后离心重新检测阳性率 2.5 % (2/80)，显著低于即时检测阳性率。

**结论** 溶血增加了新生儿静脉血标本 HCV-Ag 检测的假阳性率，静置 24 小时后离心重新检测假阳性率能够显著降低。

## PU-3986

**脓毒症血管内皮细胞中 ZNF580 的表达及其对炎症介质基因表达的作用**

刘冀琴,王敏,任党利,靳颖

武警特色医学中心

**目的** 通过研究 ZNF580 在脓毒症内皮细胞中的表达情况，有助于认识其是否参与脓毒症的病理过程。研究 ZNF580 对 LPS 诱导的炎症介质基因表达的作用，有助于了解其作为转录因子所发挥的生物学功能。

**方法** 1. 体外建立 HUVECs 模拟脓毒症模型，Western blot 方法检测不同浓度 LPS 对 ZNF580、NF-KB 表达的影响。

2. 慢病毒转染使细胞内 ZNF580 过表达或干扰表达；Real-time PCR 测定 MMP-2、IL-8 mRNA 表达水平；Western Blot 检测 NF-KB/P65 的蛋白表达。

**结果** 1.不同浓度的 LPS 刺激 HUVECs12 小时后，Western blot 方法检测出 ZNF580 在蛋白水平上表达呈现先增后减的趋势。将 7.5μg/ml LPS 刺激 HUVECs 后，利用 Western blot 方法检测不同作用时间 ZNF580 蛋白的表达呈现递增趋势、NF-KB 表达呈现先增后减的趋势。

2.干扰 ZNF580 可以降低脓毒症细胞中 MMP-2、IL-8 的表达、过表达 ZNF580 可以增加 MMP-2、IL-8 的表达。

3.干扰 ZNF580 可以降低脓毒症细胞中 NF-KB 的表达，而过表达 ZNF580 可以增加 NF-KB 的表达。

**结论** 脓毒症内皮细胞 ZNF580 的表达上调，过表达 ZNF580 后脓毒症内皮细胞的 NF-KB 表达增加，干扰 ZNF580 后脓毒症内皮细胞的 NF-KB 表达降低，即 ZNF580 作为转录因子参与了 NF-KB 的信号通路。

## PU-3987

## 丙肝基因型与生化和血常规指标的相关性研究

薛丽,耿燕

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 分析丙型肝炎病毒各种基因型在特定血清病毒载量下血常规和肝功的差异,为丙肝患者诊断、病情监测和治疗提供实验依据。

**方法** 选取 2016 年 6 月至 2018 年 1 月期间在西安交通大学第二附属医院确诊的丙肝患者 272 例,应用反向靶点杂交技术对丙肝患者进行 HCV 基因分型,并应用荧光实时定量 PCR 进行血清 HCV-RNA 载量检测,血常规采用 SysmexXE 2100 的五类血液分析仪检测,血液生化指标采用 BeckmanAU5800 全自动生化分析仪进行检测。

**结果** 272 例丙肝患者中 1b 型 108 例 (39.70%), 2a 型 121 例 (44.49%), 3a 型 28 例 (10.29%), 3b 型 7 例 (2.57%), 6a 型 4 例 (1.47%), 1b+2a 型 1 例 (0.37%); 不同基因分型在特定血清病毒载量下仅有 ALT 和白蛋白有差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 同一基因型在不同血清病毒载量下,血常规指标中淋巴细胞百分比、PLT 和 Hb 均有差异有统计意义 ( $P<0.05$ ),生化指标中除 GGT 外,ALT、AST、ALP 和白/球比值均有差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 丙肝病毒同一基因型在不同血清病毒载量下血常规和肝功能相关指标具有显著差异。

## PU-3988

## 间质性肺炎患者外周血淋巴细胞免疫表型检测的临床意义

薛占成,韩海燕,刘锦

武警特色医学中心

**目的** 研究间质性肺炎患者外周血淋巴细胞免疫表型变化及其临床意义。

**方法** 采用流式细胞术检测 151 例间质性肺炎患者外周血中 T 淋巴细胞亚群细胞免疫表达水平;设 128 例健康对照组进行对比分析。

**结果** 间质性肺炎患者辅助 T 淋巴细胞 CD3+CD4+ 比例 ( $26.36\pm1.149$ )% 和 CD4+/CD8+ 比值 ( $0.7639\pm0.05033$ ), 明显低于健康对照组辅助 T 淋巴细胞 CD3+CD4+ 比例 ( $35.46\pm1.537$ )% 和 CD4+/CD8+ 比值 ( $1.668\pm0.3465$ ) ( $p<0.05$ ); 间质性肺炎患者细胞毒性 T 淋巴细胞 CD3+CD8+ 比例 ( $39.34\pm1.972$ )% 明显高于健康对照组细胞毒性 T 淋巴细胞 CD3+CD8+ 比例 ( $30.28\pm1.806$ )% ( $p<0.05$ )。

**结论** 在间质性肺炎发生、发展过程中,细胞免疫功能改变具有重要意义,可作为临床监测肺炎患者细胞免疫功能状态的指标之一。

## PU-3989

## 基于社会网络分析的心血管病种间共病关系研究

云科

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 了解心血管疾病病种间共病的网络关系和结构,为临床综合诊治和诊断相关群组设计提供数据支撑。

**方法** 根据帕累托图的原理筛选心血管病房 A 类高频病种, 构建病种关系矩阵, 运用 UCINET 生成高频病种网络, 并对其进行社会网络分析。

**结果** 共筛选出 30 个高频 A 类病种。网络密度的平均值为  $14.7 \pm 44.8$ ; 在核心病种网络中, 心率失常处于核心位置与周围其它病种联系十分密切, 其余有较高连接度的病种包括: 不稳定性心绞痛、心房颤动、高血压 III 级等。凝聚块分析发现病种可以分为代表不同疾病亚群的 8 个块, 具体包括块 1: 心肌梗死类; 块 2: 心肌病类; 块 3: 陈旧性心梗和高血压; 块 4: 冠状动脉血管的功能障碍; 块 5: 小儿皮肤黏膜淋巴结综合征导致的心血管并发症; 块 6: 心肌损害; 块 7: 感染和肺炎; 块 8: 心内膜弹性纤维组织增生。中心性分析高血压 III 级具有较高的点度中心度、心律失常具有较高的接近中心度和中间中心度。

**结论** 心血管不同亚病种共病网络关系复杂, 病种间存在聚集现象, 且不同病种在网络中发挥的作用不同。心率失常占据心血管疾病共病网络的核心位置, 与其它病种共患的概率大, 并且处于其它病种共患通路的重要“中介”位置。

## PU-3990

### Somatic-mutant of PIK3CA breast cancer in the era of precision medicine: importance of PIK3CA c.3140A>G missense mutation testing

Mengyao Yu  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** In recent years, the concept of precise medical treatment covers the whole process of breast cancer diagnosis and treatment. For newly diagnosed progressive breast cancer patients, a feasible treatment protocol is usually provided based on the genetic level of the lesion in compliance with clinical routine standard sets.

**Methods** We sequenced the PIK3CA site in hydrothorax exfoliated cells and plasma circulating tumor cells and compared the mutation frequency of c.3140A>G before and after radiotherapy.

**Results** We found the c.3140A>G missense mutation in the exon 20 of the tumor-associated gene PIK3CA in the captured cells from pleural effusion via NGS. The mutation frequency was up to 20.6 %, and it would cause the H1047R amino acid encoding changes. This mutation was also detected in the DNA of circulating tumor cells, and the frequency was 8.1%. But it could not be detected in her peripheral WBC. After radiotherapy, NGC was used to detect the c.3140A>G mutation in the pleural fluid exfoliated cells and plasma circulating tumor cells of the patient respectively. The result showed that the missense mutation could still be detected in the captured pleural effusion cells. But its mutation frequency dropped to 5.7 %. Meanwhile, the mutation could not be detected in the DNA of plasma circulating tumor cells as well as peripheral blood leukocytes.

**Conclusions** Our data highlight the indispensable role of PIK3CA C. 3140A > G mutation in both radiotherapy evaluation and the out-of-hospital management.

## PU-3991

**质谱仪与全自动细菌鉴定系统的性能评价与比对**

李勇,任碧琼  
湖南省脑科医院

**目的** 比较安图公司 AUTOF MS1000 质谱检测仪与法国梅里埃 VITEK2-Compect 全自动微生物鉴定系统的细菌鉴定符合百分率,并对临床应用效能进行评价。比较安图公司 AUTOF MS1000 质谱检测仪与法国梅里埃

**方法** 采用两个系统对本实验室 2019 年 3 月以来的临床标本中 10 种常见致病菌及 15 种少见菌的鉴定结果进行比较。

**结果** 312 株实验室常见致病菌菌株安图 MS1000 质谱仪全部鉴定出,符合率 100%; VITEK2-Compect 细菌鉴定仪鉴定出 311 株,符合率 99.7%; 23 株少见菌菌株安图 MS1000 质谱仪全部鉴定出,符合率 100%; VITEK2-Compect 细菌鉴定仪鉴定出 21 株,符合率 91.3%。

**结论** 两个细菌鉴定系统对本实验室常见菌鉴定符合率都达到 99.5%以上,能满足临床需求,对于少见菌的鉴定质谱的鉴定准确度更高。

## PU-3992

**A survey of clinical and laboratory characteristics of dengue fever epidemic from 2014 to 2015 in Guangzhou, China**

张雅洁  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** In this study, the clinical and laboratory characteristics of dengue fever (DF) group and other febrile illnesses (OFI) group in Guangzhou were described.

**方法** Clinical and laboratory data collected by studying 1183 patients from Nanfang Hospital, Southern Medical University during 2014 and 2015.

**结果** Dengue fever and OFI can occur in any age and sex. Dengue fever occurred in younger and older people, OFI occurred in teenager and children. The clinical symptoms of myalgia, headache, rash, weak, Chills, follicular hyperplasia between DF group and OFI group were with P value less than 0.001.

**结论** After the unprecedented outbreak in 2014, because of the government paying more attention to dengue fever epidemic, the number of DF was decreased significantly in 2015.

## PU-3993

**同型半胱氨酸、胱抑素 C 与糖尿病肾病的关系研究**

刘宇思  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨 2 型糖尿病肾病患者血清同型半胱氨酸 (homocysteine, Hcy) 和胱抑素 C (Cystatin C, CysC) 的水平及临床意义。

**方法** 选取 2018.12-2019.4 来我院就诊的 60 例 2 型糖尿病患者作为研究对象,并以尿微量白蛋白结果作为分组依据,尿微量白蛋白 >30mg/ml 提示肾功能障碍,设为糖尿病肾病组 (实验组);尿



微量白蛋白 $<30\text{mg/L}$  作为单纯糖尿病组（对照组）。另外，收集 30 例同时期健康体检者血清标本作为正常组。分别检测三组血清标本的同型半胱氨酸和胱抑素 C 浓度并进行分析。

**结果** 通过分析发现，实验组的 Hcy、CysC 和 GHb1 三项指标均明显高于对照组和正常组，具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。对照组的 CysC 和 GHb1 高于正常组（ $P<0.05$ ），但是对照组同型半胱氨酸水平与正常组无统计学差异。同时，相关性分析显示糖尿病肾病患者血清 Hcy 与 CysC 两项指标间无相关性。

**结论** 一、与正常体检者相比，2 型糖尿病肾病患者血清同型半胱氨酸水平明显升高，单纯糖尿病患者不升高；二、胱抑素 C、糖化血红蛋白在单纯糖尿病和糖尿病肾病患者中都有升高；三、2 型糖尿病肾病患者血清同型半胱氨酸与胱抑素 C 无相关性。

#### PU-3994

### MALDI-TOF 用于金黄色葡萄球菌苯唑西林耐药性的诊断价值的初步研究

魏利龙,王春雷,赵兴波,韩呈武,曹永彤  
中日友好医院

**目的** MALDI-TOF 质谱技术能够快速对细菌进行鉴定，为更好扩大质谱技术的检测优势，加快耐药菌的检测效率，我们尝试使用质谱技术对金黄色葡萄球菌苯唑西林的耐药性的诊断价值进行了初步研究。

**方法** 使用 MALDI-TOF 对金黄色葡萄球菌苯唑西林耐药株和敏感株进行质谱鉴定，其中耐药株 24 株，敏感株 23 株。质谱鉴定后，使用 ClinproTools 软件遗传算法进行分析，寻找差异质谱峰组合。然后使用差异质谱峰对临床标本进行药敏分析，根据传统临床药敏分析结果对实验获得的药敏结果进行评价。

**结果** 通过遗传算法分析后，得到的差异峰为 4497.29、2095.41、5697.3、10106.39、5000.85。对临床标本进行药敏分析，差异峰组合的金葡菌耐药性的准确度为 67.3%。

**结论** MALDI-TOF 用于金黄色葡萄球菌苯唑西林耐药性具有一定的诊断价值。

#### PU-3995

### 生殖支原体感染对男性精液常规参数的影响

邱青虹,贾红军,卢奋坚,吕俊霖,何晨程,郑渠,温子娜,钟影  
成都市锦江区妇幼保健院生殖医学中心

**目的** 研究生殖支原体（*Mycoplasma genitalium*, MG）感染对男性精液常规参数的影响，为改善辅助生殖治疗中的男性精子质量提供依据。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月至 2019 年 5 月 15 日来我院行辅助生殖治疗的 28694 例男性（年龄 20-68 岁）的 MG RNA 检验结果，将其分为 MG 阳性组和 MG 阴性组，对两组的精液常规参数进行统计学分析，计算  $p$  值，以  $p<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** （1）28694 例男性中 MG RNA 阳性率为 4.09%（1174 例）。（2）MG 阳性组和 MG 阴性组的年龄无统计学差异（ $p<0.05$ ）。（3）MG 阳性组的精液量和精子浓度显著低于 MG 阴性组（ $p<0.05$ ）；MG 阳性组中少精子症占 2%（21 例），无精子症占 3%（40 例），MG 阴性组中少精子症占 2%（638 例），无精子症占 3%（754 例），两组比较差异无统计学意义（ $p>0.05$ ）。（4）MG 阳性组的前向运动精子百分比和精子活动率显著高于 MG 阴性组（ $p<0.05$ ）。（5）两组的精液 pH 值和正常形态精子百分比比较，差异无统计学意义（ $p>0.05$ ）。

**结论** 男性感染生殖支原体后，其精液常规参数中的精液量和精子浓度将受到影响。生殖支原体感染可能是导致男性少弱精子症或无精子症的原因之一。

## PU-3996

# ISO 15189 尿液有形成分分析仪性能验证方案的建立与应用

王琳,梁涵瑜

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 结合 ISO 15189 及相关行业标准建立一套完整的用于尿有形成分分析仪性能验证的方案并进行应用与评价。

**方法** 参照《医学实验室质量和能力认可准则在体液学领域的应用说明》(CNAS-CL41: 2012)与《尿液有形成分分析仪（数字自动成像识别）》(YY/T 0996-2015)制定性能验证方案。对 iQ200 全自动尿液显微镜系统的检出限、精密度、识别率、稳定性、生物参考区间、可报告范围进行验证，并评价方案的可行性。

**结果** iQ200 全自动尿液显微镜系统的检出限、精密度、识别率、稳定性、生物参考区间、可报告范围的验证结果均符合评价标准。

**结论** 在符合 ISO 15189 相关规定的基础上本方案可用于 iQ200 全自动尿液显微镜系统的性能验证。

## PU-3997

# TNF- $\alpha$ 基因多态性与 HIV-1 感染的易感性和治疗后 CD4+T 细胞的相关性研究

丁国彦<sup>2,1</sup>,秦雪<sup>3</sup>

1.桂林市人民医院,541002

2.广西医科大学

3.广西医科大学第一附属医院,530021

**目的** 探讨 TNF- $\alpha$  基因 rs1800629, rs361525, rs1800630 三个位点基因多态性与 HIV-1 感染的遗传易感性和 HIV-1 感染者抗逆转录病毒治疗后 CD4+T 细胞恢复情况的相关性。

**方法** 选取广西龙潭医院参加抗病毒治疗时间大于 12 个月的 HIV 感染者为研究对象，采用 Snapshot 方法检测其 TNF- $\alpha$  基因三个位点单核苷酸多态性，并运用一代测序法进行验证。

**结果** 共纳入 248 例 HIV 感染者。1.TNF- $\alpha$  基因 rs1800629 位点与 GG 基因型相比，GA 基因型可增加 HIV-1 感染的患病风险（OR=2.456，95%CI: 1.424-4.235，P=0.001），与 G 等位基因相比，A 等位基因也可增加 HIV-1 感染的发病风险（OR=2.367，95%CI: 1.428-3.924，P=0.001）。GA 基因型治疗后 CD4+T 淋巴细胞计数明显低于 GG 基因型（B=-70.736，95%CI: -119.706,-21.766，P=0.005），差异有统计学意义。携带 A 等位基因的患者治疗后 CD4+T 淋巴细胞计数明显低于携带 G 等位基因的患者（B=-64.448，95%CI: -106.262,-22.635，P=0.003），差异有统计学意义。2.TNF- $\alpha$  基因 rs361525 位点只有 GG 和 GA 两种基因型，只在对照组检测到一个杂合子 GA 基因型，在病例组检测到三个杂合子 GA 基因型，其余全为 GG 基因型。3. TNF- $\alpha$  基因 rs1800630 位点各基因型、等位基因、显性模型和隐性模型对 HIV-1 感染的发病风险均无关，且对 HIV-1 感染者抗逆转录病毒治疗后 CD4+T 淋巴细胞计数恢复的影响无统计学意义。

**结论** 1.携带 TNF- $\alpha$  基因 rs1800629 位点 A 等位基因可能增加健康人群患 HIV-1 感染的风险且抗逆转录病毒治疗后 CD4 $^{+}$ T 细胞恢复较差。  
2.TNF- $\alpha$  基因 rs361525、rs1800630 两个位点与 HIV-1 感染的易感性和抗逆转录病毒治疗后 CD4 $^{+}$ T 细胞计数的恢复无相关性。

PU-3998

## 关于国内外三家室间质评机构血液分析项目开展情况的分析

赵强,宋颖,王青  
上海市临床检验中心

**目的** 基于对国内外三家室间质评机构 5 个血液分析项目 (WBC、RBC、HGB、HCT、PLT) 的室间质评结果分析,以便实验室对质量控制有更深入的了解。

**方法** 通过比较上海市临床检验中心 (SCCL) 和卫生部临床检验中心 (NCCL) 均开展的 5 个全血细胞计数项目五年数据 CV 变化做散点图比对;对 2018 年上海市临床检验中心 (SCCL) 和卫生部临床检验中心 (NCCL) 及美国病理学家协会 (CAP) 三个机构均开展的 5 个全血细胞计数项目某仪器组室间质评结果的 CV 做统计比对

**结果** 散点图显示 SCCL 和 NCLL 的 SCCL 全血细胞计数项目均在一定范围内小幅度波动,但总体上 SCCL 的 CV (%) (WBC 1.85-4.36、RBC 0.68-1.29、HGB 0.67-1.26、HCT 1.20-1.81、PLT3.75-4.94) 均小于 NCCL (WBC 3.29-4.48、RBC 1.88-2.02、HGB 1.61-1.80、HCT 3.95-4.68、PLT 4.90-9.08);三家机构 2018 年全血细胞计数项目 CV (%) 统计比对结果显示,SCCL 的 3 个全血细胞计数项目室间质评结果的 CV (%) 最大值 (WBC 2.21、HCT 1.64、PLT 5.18) 低于 NCCL (WBC 3.8、HCT 4.53、PLT 5.42) 和 CAP (WBC 2.6、HCT 1.9、PLT 5.6) 的同类数据,且其中 2 个项目室间质评结果 CV 的变化范围 (WBC 0.63、HCT 0.09) 小于 NCCL (WBC 0.70、HCT 0.17) 和 CAP (WBC1.10、HCT 0.20) 的同类数据。

**结论** SCCL 开展的全血细胞计数室间质评多个项目结果的离散度低于 NCCL 和 CAP,室间质评结果的一致性总体优于 NCCL 和 CAP。

PU-3999

## MTB-evidence negative pulmonary tuberculosis prediction model: development and validation of nomogram and the value of lncRNA -- n344917

Zirui Meng  
West China campus of sichuan university

**Objective** lncRNA--n344917 has been found significantly down-regulated in MTB-evidence negative pulmonary(nPTB) patients( $FC=2.5$ ,  $P < 0.05$ ). This article aimed to build a nPTB diagnosis model and evaluate the diagnostic potential of n344917.

**Methods** We prospectively recruited 486 suspected PTB patients admitted to west China hospital from January 2008 to May 2017 and collected corresponding electronic medical record information (demographic informatics, laboratory examination and imaging data). The expression of n344917 was detected by qRT-PCR. Three types of prediction models with nomogram graph form --n344917 univariate model, electronic health record(EHR) model and the combined model of both n344917 and EHR (combined model), were built by using multivariable logistic regression.

**Results** The expression of n344917 in patients with nPTB decreased significantly. The predictors in the EHR model included age, low fever, computed tomography (CT) calcification, CT bronchus sign, interferon- $\gamma$  release assay (TB-IGRA). It showed excellent ability of discrimination (AUC=0.867, sensitivity=0.873, specificity=0.721), calibration accuracy and clinical effectiveness in the training set. And it was internally verified (area under the curve (AUC)=0.834, sensitivity=0.821, specificity=0.740) in the testing set. According to the calculation results of NRI (net reclassification improvement) and IDI (integrated discrimination improvement), the diagnostic efficiency of the model has no obvious improvement compared with the EHR model after the inclusion of n344917.

**Conclusions** The EHR model improved the diagnostic performance effectively for nPTB patients, however, there was no significant finding when adding n344917 into this model, which requires further study.

## PU-4000

### 长春市 0~3 天新生儿动脉血血小板参数的参考区间建立及其临床意义

王凯瑾, 朱学彤, 许建成  
吉林大学第一医院, 130000

**目的** 建立长春市 0~3 天新生儿动脉血血小板参数参考区间, 并评估新生儿动脉导管未闭 (PDA)、颅内出血 (ICH)、呼吸窘迫综合征 (RDS)、早发性败血症 (EOS) 中的血小板参数的变化及意义。

**方法** 使用 Sysmex XN-9000 全自动血液分析仪及原装配套试剂检测 195 例 0~3 天正常新生儿动脉血血细胞, 对血小板 (PLT)、血小板比容 (PCT)、平均血小板体积 (MPV)、血小板分布宽度 (PDW) 按性别、日龄分组进行统计学分析, 建立各项参考区间。回顾性调取吉林大学第一医院 2018 年 1 月至 2019 年 3 月入院的 2 555 例 0~3 天新生儿动脉血血常规数据, 以正常新生儿为对照组, 统计分析单纯 PDA、ICH、RDS、EOS 患儿的血小板参数水平, 单因素及多因素回归分析异常计数与四种不良后果之间的关联。

**结果** 长春地区 0~3 天新生儿动脉血血小板参数中, PLT、PCT、MPV、PDW 在性别和日龄上比较差异均无统计学意义, 合并组别计算参考区间分别为: PLT  $126\sim 378\times 10^9/L$ 、PCT 0.13%~0.39%、MPV 9.0~11.5fL、PDW 9.0%~13.7%。单纯 EOS 组 PLT 低于对照组 ( $P<0.05$ )。单纯 PDA、RDS、EOS 组 MPV 均高于对照组 ( $P<0.01$ )。单纯 PDA、IVH、RDS、EOS 组 PDW 均高于对照组 ( $P<0.01$ )。MPV $>11.5fL$  是 IVH (OR=4.02, 95%CI 2.71~6.00)、RDS (OR=1.67, 95%CI 1.06~6.00) 的危险因素, PDW $>13.7\%$  是 PDA (OR=1.57, 95%CI 1.15~2.15)、IVH (OR=1.63, 95%CI 1.15~2.32)、RDS (OR=2.08, 95%CI 1.38~3.14) 的危险因素。

**结论** 应建立地区性新生儿血小板参数的参考区间, 监测血小板参数对于及时了解患儿 PDA、IVH、RDS 病情有重要意义。

## PU-4001

## 外泌体中 DNA 在 EGFR 敏感突变 NSCLC 患者 液体活检中的应用研究

林永娟,尹震宇,李智洋  
南京大学附属鼓楼医院

**目的** 肿瘤细胞将大量外泌体 (Exo) 释放到体液中, 外泌体中含有生物活性分子 (包括 DNA, RNA 和蛋白质)。肿瘤来源外泌体的研究为了解癌症生物学, 及其癌症生物标志物的潜力以及个体化治疗开辟了新的视野。本研究通过通过 Exo DNA, 检测非小细胞肺癌 (NSCLC) 患者表皮生长因子受体 (EGFR) 敏感突变状态, 从而为 NSCLC 患者提供一种新的 EGFR 敏感突变的液体活检检测途径。

**方法** 收集 PC-9 细胞 (19 缺失)、NCI-H1975 (L858R) 细胞和 A549 细胞 (野生型) 上清, 并利用超速离心法提取 Exo, 提取 DNA, 并通过 ARMS-PCR 法检测 EGFR 突变。此外收集临床中 EGFR 敏感突变 (19 缺失和 L858R) NSCLC 患者 (n=45 例) 以及 EGFR 野生型 NSCLC 患者 (n=51 例) 外周血, 利用同样方法通过 Exo DNA, 检测 EGFR 突变状态, 和 ctDNA 检测手段对比, 评估灵敏度和特异性。

**结果** 通过检测外泌体蛋白标记物 (Alix, TSG-101) 和扫描电镜/透射电镜 (SEM/TEM) 成像证实了外泌体的存在 (50-150nm)。此外, 临床组织确定为 EGFR 敏感突变人群中, 通过超离收集 EGFR 敏感突变细胞上清中外泌体, 提取 Exo DNA, 进行 ARMS-PCR 检测, 灵敏度高达 90%, 特异性 94%。同时临床 EGFR 敏感突变病人检测灵敏度和特异性均高于 ctDNA 检测 ( $p < 0.01$ )。

**结论** 通过外泌体中 DNA 检测 NSCLC 患者 EGFR 敏感突变, 具有无创、高灵敏度和特异性优点, 是 NSCLC 患者 EGFR 敏感突变液体活检一种可替代检测手段。

## PU-4002

## 罗氏全自动生化流水线使用分析

刘栋  
济宁医学院附属医院, 272000

**目的** 随着我国公共卫生事业的迅速发展, 现代医疗事业改革的不断深化。临床工作量急剧增加, 临床对检测结果的精准度和有效性要求更为严格, 临床检验生物安全性的要求更高, 生化流水线逐渐替代了以往传统的方式。目前, 罗氏全自动生化流水线被很多大医院所选择。它是基于 IT3000 为中间体软件, 连同罗氏前后处理以及分析仪器, 提供全方位的实验室解决方案。我院在 2015 年引进该系统, 现就其具备的优势及其存在的问题进行分析。

**方法** 收集我院自 2015 年来罗氏全自动生化流水线使用经验总结。

**结果** 罗氏全自动生化流水线优势明显, 弊端较少。

**结论** 罗氏全自动生化流水线使用, 它基本能够满足目前实验室要求, 提高了测速度, 降低了人为差错, 能够及时准确的为临床提供检验数据。

## PU-4003

## 热休克蛋白 90 $\alpha$ 联合肿瘤标志物在结直肠癌中的诊断价值研究

胡萍,任天莹,樊娜,李阳,吴亚平,杨大伟

聊城市人民医院,252000

**目的** 探讨结直肠癌(CRC)患者血浆热休克蛋白 90 $\alpha$ (HSP90 $\alpha$ )的表达及其临床意义,同时讨论血浆 HSP90 $\alpha$  联合其它血清肿瘤标志物检测对结直肠癌的诊断价值。

**方法** 选取 2018 年 1-12 月聊城市人民医院胃肠外科住院治疗的 123 例初诊结直肠癌患者作为 CRC 组,102 例良性肠道疾病患者作为良性疾病组,另选取同期来院体检健康者 100 例作为正常对照组。收集受试者血浆用酶联免疫吸附测定法(ELISA)检测 HSP90 $\alpha$  水平,分析 CRC 组血浆 HSP90 水平与临床特征之间的关系;以病理诊断为金标准,绘制受试者工作特征(ROC)曲线分析比较 HSP90 $\alpha$ 、CEA、CA19-9、CA72-4 单项检测及联合这四种血清肿瘤标志物检测对结直肠癌的诊断价值。

**结果** CRC 组血浆 HSP90 $\alpha$  浓度[(92.23 $\pm$ 78.68) ng/mL]明显高于良性疾病组[(50.49 $\pm$ 32.16) ng/mL]和正常对照组[(43.2 $\pm$ 13.53) ng/mL],均具有统计学意义( $P<0.001$ );相较于正常对照组 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.847(95%CI 0.797-0.896,  $P<0.001$ ),当 HSP90 $\alpha$  浓度 cutoff 值为 59.95 时,结直肠癌患者阳性率为 69.11%。与良性疾病组相比较,四种血清肿瘤标志物在结直肠患者血清中均出现升高,差异均具有统计学意义( $P<0.001$  或  $P<0.05$ );单项检测诊断价值分析显示,ROC 曲线下面积(AUC): HSP90 $\alpha$  (0.758) > CEA (0.722) > CA72-4 (0.711) > CA19-9 (0.597),其中 HSP90 $\alpha$  单项检测的诊断价值最高。HSP90 $\alpha$  联合其它三种血清肿瘤标志物检测,ROC 曲线下面积可达 0.862,优于任一单项检测,差异均有统计学意义( $P<0.001$ ),对结直肠癌诊断的灵敏度上升至 82.93%。

**结论** HSP90 $\alpha$  具有辅助诊断结直肠癌的作用,其阳性率高于胃肠道血清肿瘤标志物(CEA、CA19-9、CA72-4),联合多种血清肿瘤标志物诊断可以显著提高结直肠癌的检出率,为结直肠癌患者早期诊断和防治提供有效参考指标。

## PU-4004

## microRNA-744-5p is an exosomal biomarker and functions as a tumor oncogene in non-small-cell lung cancer

Shaopeng Li

NANFANG HOSPITAL

**Objective** Lung cancer is the most common malignant tumor, and its incidence and mortality rank first among all malignant tumors. Among them, non-small cell lung cancer(NSCLC) constitutes the majority of lung cancer. Early stage NSCLC has a good prognosis, but most of the patients in clinical practice are in the late stages of the disease. At present, there is no effective biomarker to detect early stage NSCLC. Exosomes are extracellular vesicle with a diameter of 40-150 nm released by cells. Nucleic acids and proteins in exosomes play a role in the development of diseases and can respond to internal changes of the cells. In this study, we tried to find exosomal microRNA differentially expressed in non-small cell lung cancer, especially in the early stage NSCLC, and screened for biomarkers for the diagnosis of early stage NSCLC.

**Methods** Real-time fluorescence quantitative PCR was used to analyze the expression of microRNA in serum exosomes of NSCLC and healthy control group. The area under ROC curve was calculated to evaluate the diagnostic performance of candidate biomarkers. Cell counting kit-8 was used to detect the effect of target genes on the proliferation of cancer cells. Cell invasion

test and cell migration test were used to verify the change of target gene's migration and invasion ability to cancer cells.

**Results** 1 The expression of microRNA-192-5p, microRNA-320a, microRNA-484, microRNA-2110 and microRNA-744-5p in serum exosomes of patients with NSCLC was low, and the difference was statistically significant.

2 Exosomal microRNA-744-5p has good diagnostic efficacy for early stage NSCLC, and the area under ROC curve is 0.943.

3 microRNA-744-5p is highly expressed in lung cancer tissues and cells, promoting the proliferation, migration and invasion of lung cancer cells.

**Conclusions** Lung cancer cells retain more microRNA-744-5p in cells to promote cell proliferation, migration and invasion. The low expression of exosomal microRNA-744-5p in plasma can be used as a biomarker for the diagnosis of early stage non-small cell lung cancer.

## PU-4005

### G 试验自动审核模块的建立与应用

高娟,杭修兵

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 建立 G 试验指标自动审核规则,通过实验室信息管理系统(LIS)与自动化分析仪的接口软件实现 G 试验检测结果的自动审核。

**方法** 根据临床要求、G 试验指标的临床意义、检验结果间的逻辑关系及结果的回顾性验证等要求,形成嵌入 LIS 的 G 试验的结果自动筛查模块,比较使用前后的工作效率。

**结果** (1)共设定报警提示、少见模式判断提示、历史审核提示 2 大类共 2 条审核规则。(2)对 1274 份血清标本的测试结果自动筛查,自动筛查通过率可达 83.7%。(3)比较人工与系统自动审核 500 份临床样本,由一名资深技师(工作经验 $\geq 3$  年者)审核需要耗时 60min,筛选出 98 例需复查或确认的项目,而系统自动审核耗时 $<10$ min。

**结论** G 试验自动审核模块功能的应用,提示 LIS 可实现自动化检验项目结果的自动筛查,有效地改善工作流程,减少人工差错,提高工作效率,使报告实现自动化、智能化的审核。

## PU-4006

### 高 FPR 介导化疗抵抗并有效预测转移性结肠癌患者 临床疗效和预后

游霞红,应后群,王小中

南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 近些年来,炎症与肿瘤的关系逐渐成为人们的研究热点,大量临床和基础研究资料都表明,炎症能够促进肿瘤的发生与发展。本文是探究转移性结直肠癌(mCRC)患者治疗前炎症相关指标纤维蛋白原(Fib)、白蛋白(Alb)、前白蛋白(pAlb)、白蛋白/纤维蛋白原比值(AFR)、纤维蛋白原/前白蛋白比值(FPR)的预后价值。

**方法** 本文纳入 2011 年 11 月至 2015 年 5 月在医院首诊为转移性结直肠癌患者 507 位,其中接受靶向治疗患者 77 名。使用 X-tile 软件计算 Fib、Alb、pAlb、AFR、FPR、癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 199(CA199) 0 的 cut-off 值,并使用 K-M 曲线、cox 回归模型分析各指标与无进展生存期(PFS)、总生存期(OS)的关系,然后使用 Nomogram 预测模型确定 FPR 的检验效能。

**结果** 本研究发现,与左半结直肠癌相比,右半 mCRC 的 FPR 值更高、AFR 值更低,且预后更差。在发现队列和验证队列中,较高的 FPR 值预测着较差的 PFS 和 OS,且发现放化疗抵抗多存

在于高 FPR 值人群，但该人群可获益于化疗联合靶向治疗，而低 FPR 人群行姑息术联合放化疗可获得最好的预后。FPR 在疾病进展时升高，其先于影像学变化，并在死亡前三个月是达最高。此外，包含 FPR 的 Nomogram 预测模型的 C-index 显著高于不包含 FPR 的 Nomogram 预测模型。

**结论** FPR 是预测 mCRC 患者 PFS 和 OS 的有效标志物，且能精准分类不同治疗方案的获益患者。

## PU-4007

### 转录因子 FOXM1 和 FoxA2 在肝癌中的拮抗作用

薛凯<sup>1,2</sup>, 邓亮<sup>2</sup>, 黄楠<sup>1</sup>, 徐畅<sup>1</sup>, 李国辉<sup>2</sup>, 孙奋勇<sup>1</sup>

1.上海市第十人民医院（暨同济大学附属第十人民医院）,200000

2.江苏大学生科院

**目的** 在肝癌组织中，FOXM1 是一种可以促进肝癌发生的转录因子，FOXA2 是一种肝细胞分化基因，本论文通过实验证明，FOXM1 可以抑制 FOXA2 的表达，从而促进肝癌的发生。

**方法** 用 Ras 致肝癌构建一个小鼠模型，在小鼠细胞内检测 FOXM1 和 FOXA2 的表达相关性

**结果** FOXM1 的过表达可以抑制 FOXA2 的表达，而 FOXA2 的过表达可以抑制 FOXM1 的表达

**结论** FOXM1 可以抑制 FOXA2 的表达，从而促进肝癌的发生。

## PU-4008

### 真性红细胞增多症伴假性低血糖一例

刘芳龙, 孙华丽, 王晓娟, 秦子浩

潍坊市市立医院, 261000

**目的** 真性红细胞增多症与假性低血糖之间是否存在关联

**方法** 通过对照实验、控制变量来验证真性红细胞增多症与假性低血糖之间是否存在关联

**结果** 真性红细胞增多症患者存在假性低血糖现象。

**结论** 真性红细胞增多症与假性低血糖之间可能存在关联

## PU-4009

### 组蛋白乙酰化抑制炎症诱导的前列腺肿瘤干细胞形成的机制研究

江佳佳, 汤思洁, 连雪琪, 郭佳倩, 李晓华

江苏大学澳洋肿瘤研究院

**目的** 研究组蛋白去乙酰化抑制剂对前列腺上皮细胞间质转化的影响，探讨表观遗传学调控技术遏制炎-癌转化上皮细胞发生的可能机制。

**方法** 建立前列腺上皮恶性转化模型，并采用脂多糖（lipopolysaccharide, LPS）诱导产生肿瘤干细胞样细胞；采用 HDAC 抑制剂 TSA（Trichostatin A）处理 LPS 诱导的 DU145 肿瘤细胞，进行划痕实验、Transwell 实验和干细胞样肿瘤微球形成实验，观察前列腺肿瘤细胞的生物学功能；Western Blot 检测磷酸化 Stat3（p-Stat3）水平和免疫荧光检测 p-Stat3 蛋白在细胞内的分布；逆



转录定量实时荧光聚合酶链反应(qRT-PCR)检测 EMT 标志物 CK8/18、vimentin 和 AREG 的转录表达。

**结果** 经 LPS 处理后, DU145 细胞迁移速度加快, 干细胞样肿瘤微球形成数量明显增加, 细胞迁移和侵袭能力显著增强。经 TSA 处理后, LPS 诱导的 DU145 细胞迁移明显减弱, 侵袭细胞数及微球形成数量也均显著低于未经 TSA 处理组。LPS 诱导的 DU145 细胞中 CK8 / Vimentin 与 CK18 / Vimentin 的表达水平降低, 并呈时间-效应依赖性; 经 TSA 处理后, 肿瘤抑制性分子 maspin 的表达没有明显变化, 但 AREG (amphiregulin) 的转录水平降低, p-Stat 3 的表达水平随 TSA 浓度增高而降低, 而总 Stat 3 蛋白无变化。同时免疫荧光染色结果显示 p-Stat3 多为核表达, 其表达变化水平与 Western Blot 结果相一致。

**结论** 细菌来源的 LPS 能诱导 EMT 发生和肿瘤干细胞样细胞的形成。组蛋白去乙酰化抑制剂 TSA 表现出抑制上述 LPS 诱导的细胞转化作用, 其可能的机制涉及到通过下调内源性 AREG 表达, 抑制了 LPS 诱导的 Stat3 磷酸化作用。因此, 该研究结果证实通过表观遗传学调控技术靶向抑制细胞内 AREG/p-Stat3 通道活性有利于炎症诱导的前列腺肿瘤转化的预防和临床治疗。

## PU-4010

### 恒泰全自动生化分析仪 NOVA680 检测 AMH 性能验证

林馥嘉

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 围绕重复性评价试验、准确度评价试验、线性范围以及可报告范围这四个方面, 以公认的质量标准作为标准, 验证恒泰 NOVA680 全自动生化分析仪抗缪勒管激素 (anti-Müllerian hormone, AMH) 项目的检测结果是否已经满足要求。

**方法** 依照 CLSI 的指南文件 EP6, EP15 文件要求及参考其他文献的评价方法来验证仪器。本次实验主要是围绕恒泰 NOVA680 生化仪的精密度验证、正确度验证、线性范围评价以及可报告范围验证这四个方面来进行实验, 并与公认的 CLIA'88 规定的质量目标进行比较。

**结果** 恒泰 NOVA680 生化仪 AMH 检测的不精密度 CV% (批内不精密度 CV% 分别为 1.43%, 2.04%; 日间不精密度 CV% 分别为 0.77%, 2.03%) 均符合 CLIA'88 允许总误差要求。正确度试验方法相对偏移 SE% 绝对值的范围在 [0.00, 0.15] 之间均小于厂家声明的相对偏移即  $|SE\%| < 2.00\%$ , 仪器正确度满足质量目标要求。在线性范围 0.014~22.67ng/ml 内, 相关系数  $R^2=0.9998 > 0.95$  且  $a=0.9951$  在 (0.97, 1.03) 范围内, 数据结果表明理论值与测定值之间相关性极好, 线性良好。关于 CRR 验证结果, 在稀释度为 1:10、1:20、1:50、1:100、1:200 中, 3 个 AMH 标本的标本回收率均在可接受范围 [0.90, 1.10] 以内, 仪器的临床可报告范围的验证结果良好。该仪器的 CRR 上限为 4062ng/ml。

**结论** 应用恒泰全自动生化分析仪 NOVA680 测定血清中 AMH 含量, 仪器分析性能的精密度和准确度均能满足血清 AMH 的检测要求, 可以应用于日常临床检验工作。

## PU-4011

### 肺癌患者中 IL-17 与 IL-22 血清水平在临床分期及预后的临床意义

刘丹

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 测定肺癌患者血清中 IL-17、IL-22 水平, 探讨 IL-17、IL-22 水平在临床分期及预后的临床意义。

**方法** 采用 ELISA 法分析 195 例肺癌患者血清中 IL-17、IL-22 水平。

**结果** IL-17 随着病情的加深而逐渐升高( $P=0.007$ ), 在淋巴结受累以及肿瘤大小间差异有统计学意义( $P=0.007$ ,  $P=0.027$ )。生存分析中, 单因素分析显示年龄( $P=0.017$ )、临床分期( $P<0.001$ )、血清 IL-17 水平( $P=0.005$ )、血清 IL-22 水平( $P=0.042$ )对患者生存期产生影响; 多因素分析显示肺癌患者预后产生影响的独立因素为年龄( $0.021$ )、临床分期( $P<0.001$ )、血清 IL-17 水平( $P=0.020$ )。

**结论** 肺癌患者中血清 IL-17、IL-22 水平与病程有一定的相关性, IL-17、IL-22 血清水平的升高可能参与了肺癌的发生、发展过程。生存分析显示, 诊断时分期越低、血清 IL-17、IL-22 水平越低, 生存期越长。IL-17、IL-22 血清水平对肺癌的治疗和预后有一定的指导意义。Cox 多因素分析显示肺癌患者年龄( $P=0.021$ )、临床分期( $P<0.001$ )、血清 IL-17 水平( $P=0.020$ )为肺癌患者预后产生影响的独立因素。

## PU-4012

### 泌尿系结石住院患者并发尿路感染的临床特征研究 及危险因素分析

龙一飞

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 了解泌尿系结石住院患者并发尿路感染的临床特征以及相关危险因素, 为泌尿系结石并发尿路感染的防治提供参考资料。

**方法** 收集广东省中医院泌尿外科收治的 360 例泌尿系结石住院患者的病历资料, 以中段尿细菌培养结果为依据, 分为感染组和非感染组进行相关统计分析。

**结果** 泌尿系结石住院患者男女比例为 1.18:1; 尿路感染并发患者中以女性为主, 占 73.7%; 泌尿系结石高发年龄段为 41~70 岁, 该年龄段男女比例大致相等; 泌尿系结石合并尿路感染的发生率随着年龄的增加而增高, 其中 71 岁以上泌尿系结石患者人群的尿路感染并发率最高 ( $P<0.001$ ), 且该年龄段患者高发下尿路结石(膀胱结石)和混合型结石 ( $P<0.05$ ); 女性患者均为上尿路结石, 男性患者较女性患者更易高发下尿路结石和混合型结石 ( $P<0.001$ ); 感染组患者的氯离子水平 ( $P<0.05$ )、尿液浊度程度 ( $P<0.001$ )、白细胞酯酶阳性率 ( $P<0.001$ ) 以及亚硝酸盐阳性率 ( $P<0.001$ ) 明显高于非感染患者; 泌尿系结石患者血尿酸水平随年龄的增长而上升 ( $r=0.165$ ,  $P<0.01$ ), 尿路感染并发患者血尿酸水平 ( $394.82\pm116.33\text{mmol/L}$ ) 显著低于非感染患者 ( $423.33\pm112.74\text{mmol/L}$ ); 患者结石成分以草酸钙 (48.3%) 和混合性 (41.9%) 为主, 尿酸结石患者数量随年龄的增加而增加 (0-30 岁 0、31-40 岁 2.3%、41-50 岁 6.1%、51-60 岁 5.5%、61-70 岁 18.3%、70 岁以上 8.5%); 女性、尿白细胞酯酶阳性和尿亚硝酸盐阳性是泌尿系结石并发尿路感染的危险因素; 偏相关分析显示, 在控制性别、年龄变量的情况下, 尿路感染会延长泌尿系结石患者的住院时间。

**结论** 在临床治疗中需密切关注中老年女性泌尿系结石患者的尿路感染并发情况, 可以参考尿液常规检验中尿白细胞酯酶和尿亚硝酸盐的结果, 提早预防, 及时治疗, 有助于缩短患者的住院时间。

## PU-4013

### 有丝分裂监管相关激酶 2 在结直肠癌组织中的表达及其对结直肠癌细胞 HCT116 恶性生物学性状的影响

崔发财, 胡敏

河南省人民医院, 450000

**目的** 研究有丝分裂监管相关激酶 2 (NIMA-related kinase 2, NEK2) 在结直肠癌组织中的表达及对结直肠癌细胞株增殖、侵袭及迁移的影响。

**方法** 选取河南省人民医院 2016 年 1 月至 2016 年 12 月收治的 100 例结直肠癌患者病理组织标本及配对癌旁组织, 采用免疫组化染色法检测 NEK2 蛋白表达水平; 采用实时定量聚合酶链反应 (qRT-PCR) 和蛋白质印迹法 (Western blotting) 检测结直肠癌细胞中 NEK2 mRNA 及蛋白的表达水平, 构建针对 NEK2 的小干扰 RNA (si-NEK2), 采用脂质体法转染 HCT116 细胞。CCK8 实验检测细胞增殖能力, 流式细胞学检测细胞周期分布, 划痕实验检测细胞迁移能力, Transwell 小室法检测细胞侵袭能力的改变。Western blotting 检测上皮型钙黏附素(E-cadherin)、神经型钙黏附素(N-cadherin)、细胞周期蛋白依赖性激酶 4 (CDK4) 和细胞周期蛋白 D1 (cyclin D1) 的表达水平。

**结果** NEK2 在结直肠癌组织中的阳性表达率明显高于癌旁组织 ( $P<0.05$ ), 其表达水平与结直肠癌 TNM 分期、肿瘤分化程度、淋巴结转移、远处转移相关 ( $P<0.05$ ); NEK2 蛋白及 mRNA 在结直肠癌细胞中的表达水平显著高于正常结直肠粘膜细胞 ( $P<0.05$ ), 沉默 NEK2 后, HCT116 细胞出现明显的 G<sub>0</sub>/G<sub>1</sub> 期周期阻滞, HCT116 细胞的增殖、侵袭及迁移能力均显著降低 ( $P<0.05$ ), HCT116 细胞中 E-cadherin 表达含量升高, N-cadherin, CDK4 和 cyclin D1 表达含量降低。

**结论** NEK2 在结直肠癌组织中高表达并与临床病理特征相关, si-NEK2 可抑制人结直肠癌细胞的增殖、侵袭和迁移能力, 提示 NEK2 在结直肠癌的发生发展过程中发挥着重要的作用。

## PU-4014

### 探究血浆降钙素原对血流感染早期诊断的临床价值

许振杰

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院, 510000

**目的** 探讨血浆降钙素原 (PCT) 在血流感染早期诊断中的临床价值。

**方法** 收集广东省中医院大学城医院 2018 年 5 月-2019 年 3 月以静脉血为标本类型的血培养阳性患者 137 例为实验组, 255 例的血培养阴性作为对照组, 收集对象需同时进行血培养和血浆 PCT 水平检测, 根据其血培养检测结果和血浆 PCT 水平进行独立样本 t 检验、受试者工作特性曲线 (ROC) 分析。

**结果** G-b 血流感染组血浆 PCT 水平为 ( $17.33\pm 25.60$ ) ng/mL, 非血流感染组血浆 PCT 水平为 ( $0.63\pm 1.16$ ) ng/mL, 两组血浆 PCT 水平差异具有统计学意义 ( $P<0.01$ ); G+c 血流感染组血浆 PCT 水平为 ( $1.14\pm 1.16$ ) ng/mL, 与非血流感染组血浆 PCT 水平差异不具有统计学意义 ( $P>0.05$ )。在血浆 PCT 水平对血流感染早期诊断的 ROC 曲线分析中, 其 AUC 为 0.776, 以 0.92ng/mL 的血浆 PCT 水平作为最佳诊断临界点时约登指数最大, 其诊断灵敏度为 62.8%, 特异性为 83.1%, 阳性预测值为 33.0%, 阴性预测值为 59.7%; 在血浆 PCT 水平对区分 G-b、G+c 血流感染早期诊断的 ROC 曲线, 其 AUC 为 0.870, 以 1.925ng/mL 的血浆 PCT 水平作为最佳诊断临界点时约登指数最大, 其诊断灵敏度为 66.0%, 特异性为 92.3%, 阳性预测值为 94.0%, 阴性预测值为 55.2%。

**结论** 血浆 PCT 水平可作为一个非常有价值的血流感染早期诊断指标, 且对 G-b 血流感染的早期诊断更加灵敏, 亦对血流感染患者的预后评估以及抗生素的合理使用均能提供指导意义。

## PU-4015

### HIV 感染者抗病毒治疗后细胞因子变化研究

孙羽

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** HIV 感染可引起 CD4<sup>+</sup>T 细胞进行性下降, 此外细胞功能缺陷也是 HIV 感染对人体免疫系统的重要损伤。免疫细胞通过释放细胞因子参与机体免疫应答, 同时细胞因子也会影响免疫细胞的功能。

能,进而影响机体的免疫状态。研究发现在 HIV 感染者中,多种血浆细胞因子发生改变。但对急性/早期感染者及急早期治疗患者细胞因子的研究报道较少。本文对 HIV 感染者急早期治疗后 IP10 细胞因子进行检测,并与慢性治疗相比较,为临床 HIV 抗病毒治疗提供科学数据。

**方法** 稀释样品血浆、标准品、磁珠、抗体及生物素。在检测板中加入 50 $\mu$ l 磁珠,洗板两次,加入 50 稀释后血浆或标准品,摇床上室温避光孵育后洗板三次,加入 25 $\mu$ l 抗体,摇床上室温避光孵育后洗板三次,加入 50 $\mu$ l 生物素,摇床上室温避光孵育后洗板三次,加入 125 $\mu$ l 检测液,摇床上室温避光孵育后用 Bio-Plex2000 进行检测

**结果** 趋化因子 IP-10 在 HIV 急性/早期感染组中表达水平较正常人升高 ( $P<0.001$ ),在 HIV 慢性感染组中表达亦较正常人升高 ( $P<0.001$ )。急早期治疗后 IP-10 表达较治疗前具有下降趋势 ( $P=0.057$ )。慢性治疗后 IP-10 表达较治疗前显著下降 ( $P<0.001$ )

**结论** HIV 感染者急早期抗病毒治疗后,IP-10 在急早期治疗后下降,但仍高于正常人。

## PU-4016

### 苏大附二院临床尿路感染大肠埃希菌耐药机制 及分子流行病学分析

郭敏

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 分析苏大附二院临床尿路感染大肠埃希菌的耐药性和毒力特点。

**方法** 收集苏大附二院 2018 年尿路感染大肠埃希菌 192 株,定量 PCR 对 6 株 CRE 的大肠埃希菌进行种系分型,脉冲场凝胶电泳(PFGE)对所有大肠埃希菌进行遗传相关性分析。

**结果** 6 株 CRE 的大肠埃希菌中 4 株为 B2 型,其中 2 株经鉴定为 B2-ST131 克隆菌株。PFGE 结果显示 192 株大肠埃希菌具有很大的遗传多样性。

**结论** 大肠埃希菌菌株之间有很大的遗传多样性,表明这些菌株并非来自同一克隆菌株,可直接用于分析其耐药性和毒力特点。

## PU-4017

### 170 例婴幼儿人巨细胞病毒感染情况分析

余娟平,魏琦,常中宝,袁征,李晓华  
合肥金域检验医学实验室有限公司

**目的** 对人巨细胞病毒(HCMV)感染的高发人群,婴幼儿感染情况进行分析,为婴幼儿 HCMV 感染的防治提供依据。

**方法** 对 170 例 <1 岁的婴幼儿进行血液中人巨细胞病毒的 PCR 扩增检测,其中男性 100 例,女性 70 例。并对数据进行整理,对总体感染率、男女感染率及与其他地区差异等指标进行分析。

**结果** HCMV 检测血液总阳性率为 21.76% (37/170)。其中男性阳性率为 15.00% (15/100),女性阳性率为 31.43% (22/70),男女阳性率差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 安徽地区<1 岁婴幼儿人巨细胞病毒感染率 21.76%,总体水平较高,且女性阳性率高于男性。<1 岁的婴幼儿免疫力低下,HCMV 感染后,其临床表现复杂多样,可引起婴幼儿心脏、肝脏、肺、肾、消化系统及神经系统等各组织器官,且损伤不可逆转。因此,对育龄妇女、妊娠期妇女及新生儿应普及 HCMV 的筛查,做好孕前、孕期、产后的预防工作十分重要。

## PU-4018

## 优化尿培养流程

郭敏

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 优化尿培养流程,大大缩短尿培养细菌阳性的报告发放时间。

**方法** 本研究对所有苏州大学附属第二医院门诊及住院患者无菌采集的中断尿样本,首先进行中断尿常规定量培养及鉴定,然后再把样本分为三份,第一份进行 UF1000i 细菌检测。第二份采用离心方法富集细菌后,取一小部分进行细菌革兰染色,确定为单一细菌感染后,直接进行 MALDI-TOF MS 鉴定。第三份采用离心方法富集细菌后,同样取一小部分进行细菌革兰染色,确定为单一细菌感染后,再进行短期培养,采集菌膜后用 MALDI-TOF MS 直接鉴定。以中段尿定量培养结合 Vitek2 Compact 微生物鉴定仪检测结果为金标准。

**结果** 一、当细菌数值>1000/ul,采用离心方法富集细菌后,直接进行 MALDI-TOF MS 鉴定,发放初步报告,以中断尿常规定量培养及鉴定结果发放最终报告。二、当细菌数值在 200-1000/ul,采用离心方法富集细菌后进行短期培养,采集菌膜后用 MALDI-TOF MS 直接鉴定,发放初步报告,以中断尿常规定量培养及鉴定结果发放最终报告。

**结论** 这样就可以优化尿培养流程,大大缩短尿培养细菌阳性的报告发放时间,可以在当天下班前向临床发送细菌检测阳性报告,临床医师可以根据细菌种类的检测报告及时调整用药,得以更加有效地控制尿路感染。

## PU-4019

## 纤维蛋白原和凝血酶原时间同时升高的初步原因分析

刘振杰

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨引起纤维蛋白原和凝血酶原时间同时升高的初步原因。

**方法** 选取 2015 年 12 月至 2018 年 8 月间广东省中医院芳村医院检验科共 6497 例 FIB 和 PT 同时升高的患者标本数据,对性别、年龄、发生时间、恶性肿瘤类型进行分布或变化趋势分析。

**结果** 两者同时升高的例数比例在 0-70 岁的患者人群中呈现随年龄升高而上升的趋势,在 71-90 岁的患者中略有下降。

**结论** FIB、PT 同时升高的情况随着年龄的升高有增多的趋势,并且这种趋势在数据统计上的表现会被高龄患者人数的减少所削弱。

## PU-4020

## 帝迈 UN-73 血液分析仪性能评估

赵强,宋颖,缪颖波

上海市临床检验中心

**目的** 对帝迈 UN-73 血液分析仪进行性能验证。

**方法** 按照 WS/T 406 - 2012 《临床血液学检验常规项目分析质量要求》及 H26-A2 《Validation,Verification,and Quality Assurance of Automated Hematology Analyzers;Approved Standard-Second Edition》,验证本底计数、携带污染率、不精密度、仪器可比性、线性、生物参考区间。

**结果** 本底计数为 0；新鲜血不精密度、质控品日间精密度良好，CV 在要求范围内；携带污染率小于 0.5%；线性良好，线性范围宽；与迈瑞 BC-5800 相关性良好。

**结论** 帝迈 UN-73 血液分析仪主要仪器性能符合要求，基本满足临床需求。

## PU-4021

### 儿童肺炎支原体感染抗体滴度与肝肾功能的相关性研究

袁浩,周毅峰  
湖南省人民医院

**目的** 探讨肺炎支原体（*Mycoplasma pneumoniae*, MP）感染儿童急性期血清中肺炎支原体抗体滴度与肝肾功能之间的相关关系。

**方法** 选取本院 2015 年 4 月到 2017 年 3 月收治的肺炎支原体感染儿童 244 例（按照患儿急性期血清中肺炎支原体抗体滴度分为 1:80 滴度组 59 例，1:160 滴度组 63 例，1:320 滴度组 62 例，1:640 滴度组 60 例）和同时期健康体检儿童 50 例，收集肺炎支原体感染儿童急性患病期血清和 50 例健康体检儿童血清肝肾功能生物化学指标，使用统计学方法进行统计分析。

**结果** 健康对照组与 MP 感染患者组血清中肝功能各项指标比较中总蛋白(TP),前白蛋白(PA),丙氨酸氨基转移酶(ALT),天冬氨酸氨基转移酶(AST)指标差异有显著统计学意义 ( $P<0.05$ )，白蛋白(ALB)， $\gamma$ -谷氨酰基转肽酶(GGT)指标差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )，两组血清中胆红素指标差异无显著统计学意义 ( $P>0.05$ )，肾功能各项指标比较 MP 感染患者组与健康对照组血清尿素氮(BUN)，半胱氨酸(Cysc)， $\beta_2$  微球蛋白( $\beta_2$ MG)有显著统计学差异 ( $P<0.05$ )，肌酐(CR)和尿酸(UA)指标无统计学差异。ALB 指标 MP 感染患者 1:640 滴度组明显低于健康对照组 ( $P<0.05$ )，GLB 指标健康对照组明显高于 MP 感染患者 1:80 滴度组,各组均低于 MP 感染患者 1:640 滴度组 ( $P<0.05$ )，PA 指标健康对照组明显高于 MP 感染患者各滴度组 ( $P<0.05$ )，AST 指标健康对照组明显低于 MP 感染患者各滴度组 ( $P<0.05$ )，ALP 指标健康对照组明显高于 MP 感染患者各滴度组 ( $P<0.05$ )，其余各组间比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )，BUN 指标健康对照组明显高于 MP 感染患者各滴度组 ( $P<0.05$ )， $\beta_2$ MG, Cysc 指标健康对照组明显低于 MP 感染患者各滴度组 ( $P<0.05$ )，其余各组间比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 肺炎支原体感染对儿童肝肾功能造成损伤，损伤程度与肺炎支原体感染儿童外周血血清中抗体滴度在一定程度上成正相关，肺炎支原体感染引起肾功能损伤较轻。

## PU-4022

### 健康体检者连续 3 年血清 25-羟维生素 D 检测结果分析

王利新<sup>1</sup>, 遇阳<sup>1,2</sup>  
1. 宁夏医科大学总医院  
2. 银川市第三人民医院, 750000

**目的** 连续检测并分析 40 岁以上健康体检者 25-羟维生素 D (25 hydroxy vitamin D, 25-OH-VD) 水平在 3 年间的变化，为骨质疏松症的防治提供实验室检测数据支持。

**方法** 选取健康体检者 367 例，统计 25-OH-VD 水平，追踪观察 2016 年、2017 年的 25-OH-VD 水平结果。

**结果** 367 名健康体检者 2015、2016、2017 年 25-OH-VD 平均水平分别为[13.40(17.10)]ng/ml、[23.60(22.20)]ng/ml、[22.90(16.74)]ng/ml, 2015 年组与 2016 年组 ( $P=0.000$ )、2015 年组与 2017 年组 ( $P=0.000$ ) 的 25-OH-VD 水平差异有统计学意义; 2016 年组与 2017 年组 ( $P=0.278$ ) 的 25-OH-VD 水平差异无统计学意义。按照年龄分组, 在 2015 年和 2017 年, 40~50 岁组与 50~60 岁组比较差异有统计学意义 ( $p$  值分别为 0.004, 0.006), 且 50~60 岁组高于 40~50 岁组人群; 2016 年各年龄分组间差异无统计学意义。按照性别分组, 2016 年和 2017 年不同性别间差异有统计学意义 ( $p$  值均小于 0.05), 且女性高于男性; 2015 年不同性别间差异无统计学意义 ( $p = 0.224$ )。2015、2016、2017 年三年 25-OH-VD 缺乏和不足比例分别为 83.11%、62.67%、68.94%。

**结论** 连续 3 年监测数据显示 40 岁以上健康体检者维生素 D 仍处于缺乏和不足。

## PU-4023

### 安徽地区 1956 例孕妇血清叶酸水平调查分析

余娟平,张明亮,魏琦,常中宝,袁征,李晓华  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 调查分析孕妇妊娠早、中、晚期血清叶酸水平, 为安徽地区孕妇补充叶酸提供依据。

**方法** 对 2018 年 1 月至 2018 年 12 月在本检验所进行血清叶酸水平检测的 1956 例孕妇检测结果进行分析, 其中孕早期 186 例, 孕中期 1126 例, 孕晚期 644 例。按参考值 7.95~39.86nmol/L 为正常参考范围进行判断。分析妊娠早、中、晚期孕妇血清叶酸水平变化。

**结果** 186 例孕早期孕妇中, 2 例 (1.08%) 血清叶酸水平低于正常范围, 8 例 (4.30%) 高于正常范围, 176 例在正常范围内。1126 例孕中期孕妇中, 91 例 (8.08%) 血清叶酸水平低于正常范围, 17 例 (1.51%) 高于正常范围, 1018 例在正常范围内。644 例孕晚期孕妇中, 70 例 (10.87%) 血清叶酸水平低于正常范围, 2 例 (0.31%) 高于正常范围, 572 例在正常范围内。早、中、晚期血清叶酸水平低于正常范围的比例 1.08%、8.08%、10.87%, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。早、中、晚期血清叶酸平均水平逐渐下降, 分别为 29.71nmol/L、20.15 nmol/L、16.76 nmol/L, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 安徽地区妊娠妇女血清叶酸含量低于正常范围的比例随着妊娠周期的增加而增长, 且血清叶酸平均水平逐渐下降。妊娠期只通过膳食补充叶酸不能满足机体需要, 应重视孕妇叶酸营养状况, 提倡孕期全程监测评估, 并及时给予合成叶酸补充。根据受检人孕期分析, 早孕期间进行血清叶酸水平检测的人数较孕中、后期比例低, 因此, 需加强孕前、孕早期宣教。

## PU-4024

### 纤维蛋白单体在多发性骨髓瘤诊治中的应用初探

宋鉴清,刘雪婷  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨纤维蛋白单体(FM)在检测在多发性骨髓瘤患者治疗过程及临床分期中的应用价值。

**方法** 选取 2018 年 8 月至 2019 年 3 月中国医科大学附属第一医院多发性骨髓瘤患者 38 例, 同时选取健康对照 20 例 (男 10 女 10), 应用 STAGO 的 STA-R 全自动血液凝固分析仪检测 FM、D-二聚体及 FDPs。同时对 10 位患者进行随访, 观察 FM 值在治疗过程中的变化。采用统计学软件 SPSS23.0 分析处理各组间数据的差异。

**结果** 多发性骨髓瘤患者 FM 和 FDP 较正常人有明显升高( $p<0.05$ ), D-二聚体之间差异无统计学意义( $p>0.05$ ); 根据电泳分型, 未见单克隆带组与对照组之间 FM 差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 其余各组之间无显著性差异 ( $P>0.05$ ); 38 例多发性骨髓瘤患者 FM 与 DD、FDP 之间无相关性

( $r=0.208$ ,  $r=-0.005$ ,  $p>0.05$ )。在 11 例 FM 异常的患者中有 6 例 DD、FDP 正常;患者采取 ISS 分为 I 期、II 期、III 期,经过非参数检验得知  $p=0.358>0.05$ , FM 与 MM 分期无相关性。III 期 FM 有升高的趋势,但无统计学意义;在随访的 10 例患者中有 3 例首次 FM 测量结果异常升高,经过治疗后无明显变化。8 例在治疗过程中 FM 无明显变化,整体趋势较为平稳。患者(编号)A 初诊时 FM 异常高,通过住院治疗后有了明显的下降。1 例患者(编号 D)在治疗后期 FM 显著升高,结局为凝血功能障碍导致死亡。

**结论** FM 可以评估多发性骨髓瘤患者患者的疗效,但不能作为 MM 分型的依据和疾病分期判断,FM 与 DD、FDP 之间无相关性,DD、FDP 和 FM 三者联合检测在血栓前状态的诊断中具有重要意义。

## PU-4025

### 血清 FGF21 与妊娠期糖尿病发生的相关性研究

潘扬

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 本研究旨在探讨血清 FGF21 水平与妊娠期糖尿病发生风险的相关性。

**方法** 选取我院门诊就诊的 12-16 周孕早期妇女( $n=206$  例),根据 24-28 周口服糖耐量试验结果分为正常糖耐量组(NGT)( $n=157$  例)和妊娠期糖尿病组(GDM)( $n=49$  例),收集年龄,孕次,孕周,空腹血糖(FPG)、收缩压(SBP),舒张压(DBP)等指标,留取孕早期 12-16 周患者血清并使用 ELISA 试剂盒检测 FGF21 水平,分析 FGF21 与妊娠期糖尿病发生及糖代谢指标的相关性

**结果** (1)GDM 组孕早期 FGF21 血清水平明显高于 NGT 组( $P<0.01$ )。(2)年龄、BMI、FPG、TC、TG、AST、ALT、SBP、DBP 与 FGF21 没有相关性,而 GGT 与 FGF21 浓度存在相关性( $P<0.01$ ),1hPG 与 FGF21 显著相关  $P<0.0001$ (3)校正年龄、胎次、BMI、SBP、DBP 和 FPG 后,FGF21 水平与 GDM 的发生相关。

**结论** GDM 孕妇在孕早期 FGF21 水平就明显高于正常值;孕妇血清 FGF21 与 GDM 的发生独立相关

## PU-4026

### 质量指标在基层医院检验科检验前质量保证的应用及效果评价

遇阳

宁夏银川市第三人民医院

**目的** 探讨临床实验室质量指标在基层医院检验科质量管理体系中的应用,并对其在改进检验科服务质量的进行评价。

**方法** 通过实验室信息系统(LIS)实时监测该院检验科不合格标本数、标本标签错误率、标本类型错误率、标本容器错误率、标本采集量错误率、抗凝标本凝集率、标本溶血率等指标,统计分析发现的问题,并提出有针对性的改进措施并评价改进效果。

**结果** 2018 年标本标签不合格率 0.017%、标本类型错误率 0.012%、标本容器错误率 0.025%、标本标本量不正确率 0.028%、抗凝标本凝集率 0.099%、标本溶血率 0.033%。均明显低于 2017 年(0.048%、0.035%、0.044%、0.040%、0.159%、0.062%),从数据分析可以看出,标本相关 6 项质量指标 2018 年较 2017 年均有改善。标本采集到接收时间 2018 年比 2017 年血常规缩短 14min,尿常规缩短了 9min,生化常规缩短了 10min,感染免疫缩短 20min,血培养缩短了 7min。



**结论** LIS 可以有效地对质量指标进行实时监测，并通过统计分析找出问题突出的临床科室进行有效沟通，定期进行技术培训。

## PU-4027

### 降钙素原（PCT）对于非霍奇金淋巴瘤患者的临床意义

姜燕燕

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 研究降钙素原(procalcitonin, PCT)在无明显感染的非霍奇金淋巴瘤（NHL）患者中升高的机制及其临床意义。

**方法** 回顾性分析初诊 NHL 患者 128 例，中位年龄 55 岁，治疗前检测血清 PCT 水平及其他血清学指标，同时完善相关检查以明确肿瘤分期，中位随访 11 个月，观察血清 PCT 与总生存（OS）、无进展生存（PFS）的关系。

**结果** PCT 的中位数为 0.05ng/mL（0.03-0.1ng/mL），最大值 2.19 ng/mL，其中 PCT<0.1 ng/mL 有 61 例；PCT≥0.1ng/mL 有 45 例。PCT 水平与肿瘤的恶性程度、细胞类型及临床分期有关，不同分期的 NHL 患者 PCT 水平存在显著差异（ $P<0.05$ ）；侵袭性淋巴瘤（73 例）高于惰性淋巴瘤（55 例）；T 细胞淋巴瘤（30 例）高于 B 细胞淋巴瘤（98 例），组间差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。PCT 水平与其他血清学指标如乳酸脱氢酶（LDH）， $\beta 2$  微球蛋白，纤维蛋白原，白蛋白等具有相关性（ $P<0.05$ ）。血清 PCT<0.1 mg/L 组的 PFS 和 OS 较血清 PCT≥0.1 mg/L 组长，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** PCT 能反映 NHL 患者的肿瘤负荷，与其远期生存及疾病的复发都具有相关性，在疾病早期为预后评估提供依据，对于判断患者化疗方案的有效性，评估治疗风险提供更全面的信息。

## PU-4028

### 维持性血液透析患者实验室生化相关检测指标的分析

刘春燕,邓朝晖,张烨,李晓苗,张新

新疆生产建设兵团医院

**目的** 测定维持性血液透析(maintenance hemodialysis, MHD)患者的实验室生化指标，分析其肾功能、肝功能、骨代谢标志物、铁代谢标志物及心肌标志物的状况，为监测患者的病程进展提供实验室依据。

**方法** 收集 2017 年 10 月至 2017 年 12 月在新疆生产建设兵团医院血液净化中心接受肾透析治疗的 MHD 患者共 93 例(男 53 例，女 40 例)，测定 21 种生化指标，采用非参数检验、Pearson 相关分析等方法对数据进行统计学分析。

**结果** 90.9%的患者甲状旁腺激素(PTH)高于 65pg/mL，PTH 与患者碱性磷酸酶(ALP)和血清无机磷(P)的升高呈显著正相关( $r=0.482, P<0.001$ ； $r=0.357, P<0.001$ )。54%患者呈现低钙(Ca)血症，Ca 与患者血清碳酸氢盐( $\text{HCO}_3$ )呈正相关( $r=0.254, P<0.05$ )。尿素(BUN)与肌酐(Scr)呈显著正相关( $r=0.512, P<0.001$ )。血清丙氨酸氨基转移酶(ALT)和血清天门冬氨酸氨基转移酶(AST)浓度未见明显升高。24%患者高敏肌钙蛋白(hs-TNI)浓度升高。74%患者存在不同程度贫血，其中 28%患者出现低铁(Fe)状态( $<11.0\mu\text{mol/L}$ )，而 64%患者铁蛋白(Fer)浓度升高。白蛋白(Alb)和 TIBC 浓度水平显示相当数量的患者呈现营养不良状态。

**结论** MHD 患者存在不同程度的继发性甲状旁腺功能亢进、贫血、营养不良、心肌损伤等慢性并发症,实验室检测指标对于评估 MHD 患者的整体状况具有重要意义。

#### PU-4029

### 两种阳性血培养样本前处理方法在使用全自动微生物鉴定药敏分析仪进行直接快速药敏试验结果的比较

张灏旻,杨俊,吴晶

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 比较两种直接药敏检测方法与常规药敏自动检测方法药敏检测结果的准确性,评估并优化两种阳性血培养样本前处理方法,从而建立适合临床实验室的阳性血培养样本直接药敏检测的方法,缩短实验报告时间,提高抗感染治疗成功率。

**方法** 上海三级教学医院 2017 年 9 月至 2018 年 5 月共 241 例血培养阳性标本,分别使用 BD 分离胶促凝管直接分离或分离后用 TSB 肉汤增菌两种前处理方法获得细菌沉淀,并按自动微生物鉴定药敏分析仪(PHONEX M50)标准操作流程配置菌悬液,选择相应药敏卡进行直接药敏实验,得到的直接药敏结果和实验样本进行传代后在 PHONEX M50 上进行药敏结果进行比较。仪器药敏结果根据 CLSI M100 2017 剔除 U 组抗生素。

**结果** 241 例样本检出革兰阴性菌 127 例,革兰阳性球菌 104 例,链球菌 10 例。将纯菌药敏方法设定为标准方法,革兰阴性菌直接沉淀法和增菌法与标准法类别一致性(CA)分别为 98.53%和 98.74%(2753/2794; 2759/2794),非常重大错误(VME)分别为 0.21%和 0.18%(6/2794; 5/2794),重大错误(ME)分别为 0.17%和 0.21%(5/2794; 6/2794),微小错误(MIE)分别为 1.47%和 1.25%(30/2840; 24/2840)。革兰阳性球菌直接沉淀法和增菌法与标准法敏类别一致性为 98.46%和 99.13%(2048/2080; 2061/2080),非常重大错误分别为 0.34%和 0.1%(7/2080; 2/2080),重大错误分别为 0.14%和 0.19%(3/2080; 4/2080),微小错误分别为 1.06%和 0.63%(22/2080; 13/2080)。链球菌两种前处理方法与标准法类别一致性(CA)为 100%(140/140)。经过统计学分析,两种前处理方法直接药敏实验结果与标准法结果无统计学差异。

**结论** 两种前处理直接药敏结果与标准法总符合率都>98%,直接沉淀法操作简单无需繁琐的增菌过程,可以作为微生物实验室血培养替代直接药敏实验传统纸片法的一种方便又可靠的前处理方法。

#### PU-4030

### Viral replication competence and innate host responses of HAdV-7: an analysis of ex vivo cultures of human lung

yongping Lin<sup>1</sup>, Qigao Chen<sup>1</sup>, Weiwen Liang<sup>1</sup>, Yi Chen<sup>2</sup>, Jun Liu<sup>1</sup>, Zhongmin Liu<sup>1</sup>, Zhu Bing<sup>2</sup>

1.The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University, Guangzhou, 510120, China,

2.Central Laboratory, Guangzhou Women and Children's Medical Center, Guangzhou Medical University, Guangzhou, Guangdong 510120, China

**Objective** Epidemiologic reports have suggested that most of highly severe or fatal adenoviral diseases in children are associated with HAdV-7. However, the underlying pathogenesis of HAdV-7 caused more severe disease remain poorly understood.

**Methods** During 2014 June to 2018 December, 471 HAdV-positive specimens were collected and available for genotyping by qPCR or Sanger sequencing. Clinical data were collected retrospectively. The virus replication kinetics and host response elicited by HAdV-3 and HAdV-7 in ex vivo cultures of human lung were compared.

**Results** Of the 471 HAdV-positive specimens, 447 (94.9%) were single HAdV strain infections and 24 (5.1%) were co-infections. The predominant genotype in 2018 was HAdV-7, which differed from 2014、2015 and 2016,when HAdV-3 was the most prevalent genotype. The incidence of severe pneumonia was higher in HAdV-7(66/219, 30.1%) than in HAdV-3(10/222, 4.5%) (  $p<0.001$  ). HAdV-7 caused longer length of hospital stay, higher rates of pleural effusion, dyspnea, mechanical ventilation and higher mortality than HAdV-3 (  $p<0.05$  ). HAdV-7 replicated more efficiently than HAdV-3 in ex vivo cultures of human lung. The levels of IP-10, IL-10, MIP-1 $\alpha$ , MIP-1 $\beta$  and MIG in HAdV-7 infection group were higher than those in HAdV-3 infection group.

**Conclusions** A marked increase of HAdV-7 infection associated with severe disease was documented among pediatric patients in Guangzhou city, China. The pathogenesis of HAdV-7 virus caused severe disease was most likely associated with viral replication and production of pro-inflammatory mediators.

## PU-4031

### 一种基于罗氏 E602 电化学发光平台的试剂残余量再利用率的新方法

曾灏, 翠樱, 覃文周, 莫宗锦  
贵港市人民医院, 537100

**目的** 建立一种基于罗氏 E602 电化学发光平台的试剂残余量再利用率的新方法, 并进行方法性能验证;

**方法** 通过设定试剂残余量为原瓶的 40%, 根据试剂周使用盒量 (设为  $x$ ), 以原瓶试剂开始使用到残余试剂再利用完的时间不超过已开封试剂稳定期 (设为  $a$ ) 为原则, 构建公式计算最佳拼盒量 (设为  $y$ ); 收集够最佳拼盒量后, 将所有盒的残留试剂按照 M、R1、R2 各组分分别倒入不同干净容器中, 按组分混匀后, 根据试剂盒标识的各组分的量精确分装到试剂空盒中, 4℃冰箱保存待用; 批定标分装试剂, 根据制定的应用标准确定使用或者弃用; 然后在双抗夹心法 (CA199 检测试剂盒) 以及竞争法 (雌二醇检测试剂盒) 两个方面分别对分装试剂的精密度、准确度、剩余 5%测试重复性、剩余 5%测试准确度、回收率、分析测量范围、最低检测限、稳定性进行初步评价, 并与传统的 3 盒混合法进行比较;

**结果** 建立了最佳拼盒量  $y=ax/9.8$ →组分混合精确分装保存→定标后根据标准使用这一系列流程组合而成的试剂残余量再利用率的新方法。新方法的重复性精密度、日间精密度、分析测量范围、最低检测限与试剂说明书相符; 与原瓶试剂比对, 其相关系数均大于 0.997; 回收率均值分别为 98.0%、101.5%; 剩余 5%测试与原瓶相比, 相关系数均大于 0.997, 并且重复性与试剂说明书相符; 分装试剂在 2 个月内保持稳定。新方法的重复性精密度、日间精密度均低于传统的 3 盒混合法, 但差异没有统计学意义, 新方法比 3 盒混合法提升试剂结余量均数为 7%。

**结论** 本研究建立了一种结余率更高并更简便的试剂残余量再利用率的新方法, 其性能良好, 能够保证质量, 降低检测成本。

## PU-4032

### 孕晚期妇女 B 族链球菌检出情况分析

余娟平, 王倩倩, 魏琦, 常中宝, 袁征, 李晓华  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 了解安徽地区孕晚期妇女生殖道 B 族链球菌 (GBS) 的带菌情况, 为 GBS 防治提供依据。

**方法** 2018 年 1 月至 2018 年 12 月在本检验所进行 B 族链球菌检测的 3226 例孕晚期妇女, 取阴道分泌物, 采用聚合酶链式扩增(PCR)及荧光标记探针, 对 B 族链球菌进行检测并对结果进行分析。

**结果** 安徽地区孕晚期妇女生殖道 GBS 检出率为 3.94% (127/3226)。不同年龄组孕晚期妇女 GBS 检出率不同,  $\leq 20$  岁检出率为 5.66% (3/53), 21-25 岁检出率为 3.56% (26/731), 26-30 岁检出率为 3.19% (48/1505), 31-35 岁检出率为 4.56% (31/680),  $\geq 36$  岁检出率为 7.39% (19/257)。 $\leq 20$  岁及  $\geq 36$  岁 GBS 检出率高于其他三组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 安徽地区孕晚期妇女生殖道 GBS 检出率为 3.94%, 低于江西、河北等地区检出率, 与上海、南京等检出率接近。GBS 感染可能存在地域差异。为能及时进行预防性治疗, 避免 GBS 感染给母婴带来严重后果, 对孕晚期妇女进行产前筛查 GBS 显得尤为重要。

#### PU-4033

### 南方医科大学南方医院 2010-2018 年 HIV 感染的流行病学特点及临床特征分析

袁帅, 余玉丹

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 通过对南方医科大学南方医院 2010 年-2018 年 HIV 感染者的数据进行统计、分析, 得出 HIV 患者的流行病学特点及临床特征, 确定 HIV 感染的高危人群, 实现有针对性地防范。

**方法** 收集南方医院九年内 HIV 抗体初筛实验阳性, 并经由 HIV 确认实验室确认阳性的病例, 统计病例的基本信息, 分析出南方医院九年内 HIV 感染情况与患者的临床特征。

**结果** 南方医院九年内 HIV 确认阳性例数共计 983 例。其中, 男女比例为 4.17: 1, 年龄在 20-59 岁阶段占比 82.51%, 文化程度在初中及以下水平占比 59.51%, 已婚或同居占比 60.83%, 待业或底层劳动者占比 70%, 通过性接触感染 HIV 病毒占比 91.89%。在 2015-2018 期间确认阳性的 539 例病例中, 就诊于皮肤科的患者占比最高, 20.96%, 感染科占比 20.22%, 消化科占比 19.11%; 就诊于这三个科室的 325 例病例中出现皮肤症状或发热的最为多见, P 值具有统计学意义。

**结论** HIV 感染者以低文化水平、待业或底层劳动者、有固定性伴侣、年龄为 20-59 岁的人群为主, 绝大部分患者通过性接触传播病毒。病人多因皮肤损伤、发热等症状首诊于皮肤科、感染科。

#### PU-4034

### ELISA 和金标法对乙肝两对半测定的比较分析

王胜虎, 陈琪

昆明市延安医院, 650000

**目的** 对酶联免疫吸附法 (ELISA) 和金标法测定乙肝两对半进行结果比较和方法分析。

**方法** 随机选择 2019 年 1 月至 2019 年 4 月的住院患者、门诊就诊者及正常体检者 100 例。分别用酶联免疫吸附法 (ELISA) 和金标法 (GICA) 测定乙肝五项。

**结果** 在 ELISA 法和金标法两种方法的检测 100 例结果中, 为阳性的各单项结果, 金标法的灵敏度 (以 ELISA 为参考标准) HBsAg 86.96%, HBsAb 88.68%, HBeAg 100.0%, HBeAb 83.33%, HBcAb 81.17%; ELISA 法检测结果为阴性的各单项结果中, 金标法均为阴性, 没有 ELISA 法阴性而金标法为阳性的标本, 特异性均为 100.0%。

**结论** 两种方法检测乙肝两对半五项指标特异性相近, 灵敏度金标法低于 ELISA 法。

PU-4035

## Study on the diagnostic value of ACAN, a protein regulated by Hippo/YAP signaling pathway

Susu Guo<sup>1</sup>, Jiayi Wang<sup>2</sup>

1. Shanghai Tenth People's Hospital

2. Shanghai Chest Hospital

**Objective** Hippo/YAP signaling pathway is a highly conserved signaling pathway that controls organ size by controlling cell proliferation and apoptosis. YAP can be combined with a variety of transcription factors such as TEAD, CREB and TFCEP2 to promote the transcription of downstream genes such as CTGF and BICC1 and play a role in promoting liver cancer. In liver cancer, the transgenic mice with high liver specific YAP expression quickly developed liver injury symptoms and eventually developed liver cancer. YAP regulated membrane protein is highly expressed in liver cancer and can be released into the blood. This study aims to explore whether YAP regulated membrane protein can be used as a tumor marker for early and accurate diagnosis of liver cancer.

**Methods** All specimens were collected from Shanghai Ruijin Hospital from May 2015 to December 2016. The cell lines were purchased from the cell bank of the Chinese Academy of Sciences. After RNA extraction, cDNA was obtained by reverse transcription and analyzed by quantitative PCR. Elisa assay kit was purchased from Shanghai Yingxin Experimental Equipment Co., Ltd. Statistical methods include t test, Bonferroni multiple comparative analysis, Spearman rank correlation test, area under ROC curve, etc.  $P < 0.05$  was considered statistically significant.

**Results** The mRNA expression of ACAN increased significantly after overexpression of YAP, while the expression level of ACAN decreased significantly after knockdown of YAP. Several common YAP-binding transcription factors, CREB, TEAD, TFCEP2 and RUNX2, were overexpressed in hepatocellular carcinoma cell lines 7402 and 7721. We found that only CREB overexpression promoted the mRNA expression of ACAN, while TEAD, TFCEP2 and RUNX2 had no significant effect on ACAN expression. The CREB-binding motif exists in the promoter sequence -610 ~ -599nt of ACAN, which is directly regulated by YAP and CREB. Compared with the normal population, we found that the expression level of ACAN in the serum of patients with liver cancer was significantly increased, and the expression level of ACAN was not increased in the serum of patients with liver benign diseases such as hepatitis B and C, as well as patients with gastric cancer, colorectal cancer, breast cancer and lung cancer. The expression of ACAN was positively correlated with AFP, ALT and AST. The area under the ROC curve of ACAN was 0.978, the optimal diagnostic threshold was 66ng/ml, the detection sensitivity was 96.4%, and the specificity was 98.2%. The diagnostic efficiency was better than AFP to some extent.

**Conclusions** Aggrecan (ACAN), a sugar complex composed of negatively charged glycosaminoglycans covalently connected to core proteins, is mainly secreted and produced by chondrocytes. ACAN plays an important role in intercellular information transmission, maintenance of cell phenotype, mediation of interactions with other matrices, and maintenance of overall tissue function. In this study, we found that the expression level of ACAN in the serum of patients with liver cancer was significantly increased, and ACAN had the potential to become a new serum marker of liver cancer, which provided the possibility for early treatment and precision medicine of patients with liver cancer.

## PU-4036

## 安徽地区女性叶酸代谢相关酶基因多态性分析

余娟平,蔡维文,王一晨,李志强,李晓华  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 了解安徽地区女性人群的叶酸代谢能力相关基因多态性分布状况。

**方法** 采集 221 例女性人群全血样本 (EDTA 抗凝), 检测其 5,10-亚甲基四氢叶酸还原酶 (methylenetetrahydrofolate reductase, MTHFR) C667T、A1298C 位点及甲硫氨酸合成酶还原酶 (methionine synthase reductase, MTRR) A66G 位点的基因型, 并与其他地区人群的基因型和等位基因频率分布情况进行比较。

**结果** 221 例女性样本中, MTHFR 基因 C667T 位点的野生型(CC)、杂合突变型(CT)、纯合突变型(TT)分别占 24.43%、50.68%、24.89%, 突变等位基因 T 的频率为 50.23%; MTHFR 基因 A1298C 位点分别占 64.71%、33.03%、2.26%, 突变等位基因 C 的频率为 18.78%; MTRR A66G 位点中分别占 53.39%、34.84%、7.24%, 突变等位基因 G 的频率为 26.92%。其中 73% (161 例) 为育龄妇女 (20-45 岁), 其 MTHFR 基因 A1298C 位点及 MTRR A66G 纯合突变型全在此年龄段, MTHFR 基因 C667T 位点纯合突变型占 67.3%。与中国其他地区 (江苏、山西、河南、山东、湖北) 人群平均基因多态性分布频率比较, MTHFR 基因 C667T 和 A1298C 位点及 MTRR A66G 位点基因型分布及等位基因频率差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 安徽地区叶酸代谢相关基因多态性分布与我国其他地区人群平均基因型分布及等位基因频率接近。安徽地区育龄妇女中 MTHFR 基因 A1298C 位点及 MTRR A66G 纯合突变型较其他年龄段高。

## PU-4037

## 造血干细胞移植中 CMV 和 BK 病毒感染情况的分析

张燕

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 监测造血干细胞移植前后患者血液或尿液中巨细胞病毒 (cytomegalovirus, CMV) 和 BK 病毒 (BK virus, BKV) 的病毒感染情况及临床特征 [摘要] **目的** 监测造血干细胞移植前后患者血液或尿液中巨细胞病毒 (cytomegalovirus, CMV) 和 BK 病毒 (BK virus, BKV) 的病毒感染情况及临床特征。**方法** 收集南京医科大学附属第一医院血液科 2016 年 7 月至 2017 年 12 月期间收治的 42 例成人造血干细胞移植患者的临床数据资料: 移植前后 3 周应用实时荧光定量 PCR 法检测患者外周血 CMV-DNA 及尿液 BKV-DNA 的拷贝数, 分析病毒感染情况。**结果** 实时荧光定量 PCR 扩增法检测 CMV 感染率为 19.06% (8/42), 感染 CMV 的成人患者中未出现疑似 CMV 相关并发症。BKV 的感染率为 47.62% (20/42), 其中有 11 例 (11/20, 55%) 发生出血性膀胱炎 (hemorrhagic cystitis, HC)。**结论** 实时荧光定量 PCR 检测病毒 DNA 较为敏感, 能对移植患者血液及尿液常见病毒 DNA 进行实时检测, 以便及时发现感染, 并予以及时诊断及预防治疗。

**方法** 收集南京医科大学附属第一医院血液科 2016 年 7 月至 2017 年 12 月期间收治的 42 例成人造血干细胞移植患者的临床数据资料: 移植前后 3 周应用实时荧光定量 PCR 法检测患者外周血 CMV-DNA 及尿液 BKV-DNA 的拷贝数, 分析病毒感染情况。

**结果** 实时荧光定量 PCR 扩增法检测 CMV 感染率为 19.06% (8/42), 感染 CMV 的成人患者中未出现疑似 CMV 相关并发症。BKV 的感染率为 47.62% (20/42), 其中有 11 例 (11/20, 55%) 发生出血性膀胱炎 (hemorrhagic cystitis, HC)。

**结论** 实时荧光定量 PCR 检测病毒 DNA 较为敏感, 能对移植患者血液及尿液常见病毒 DNA 进行实时检测, 以便及时发现感染, 并予以及时诊断及预防治疗。

## PU-4038

## TRIM 家族基因多态性对 CHB 患者 IFN- $\alpha$ 疗效差异的影响

郭少英

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 为了探讨 TRIM 家族基因多态性在预测 CHB 患者 IFN- $\alpha$  反应中的作用

**方法** 采用 Infinium®AmericanScreening Array 基因芯片对 124 名 CHB 患者 TRIM SNPs 进行分型

**结果** 在调整年龄, 性别, HBV DNA 等因素后, 等位基因关联分析显示 RIM22 rs10838543 等位基因 A、AA 基因型和 TRIM31 rs2523992 等位基因 A、AA 基因型在应答组和应答不佳组之间的分布差异具有统计学意义, 与应答不佳的发生正相关 ( $P<0.05$ ); TRIM15 rs2074477 等位基因 G、GG 基因型, TRIM26 rs12175655 等位基因 G、GG 基因型和 TRIM39 rs2240058 等位基因 A、AA 基因型在 CR 组和 SR 组之间的分布差异具有统计学意义, 与应答的发生正相关 ( $P<0.05$ ); TRIM38 rs62394537 等位基因 G 在两组之间的分布差异具有统计学意义, 但其基因型对 IFN- $\alpha$  的疗效无预测价值。实时荧光定量 PCR 结果显示 TRIM22 rs10838543 (GG+AG) 与 TIRM22 水平升高呈正相关, TIRM22 水平升高利于促进 CHB 患者 IFN- $\alpha$  应答的发生。

**结论** TRIM 基因多态性与 HBeAg 阳性 CHB 患者 IFN- $\alpha$  疗效有关联, 其中 TRIM22 rs10838543 (GG+AG) 与 TIRM22 水平升高呈正相关, TIRM22 水平升高利于促进 CHB 患者 IFN- $\alpha$  应答的发生, 有望成为新的预测指标。

## PU-4039

## 脑损伤急性期 S100B 与炎症指标临床相关性分析

靳颖,杜振华,鲍布和

武警后勤学院附属医院

**目的** 研究急性脑损伤患者 S100B 水平和炎症指标之间的关系。

**方法** 选取 2018 年 3 月至 2018 年 6 月我院住院的创伤性脑损伤 (Traumatic Brain Injury, TBI) 患者 8 例, 脑出血 (Cerebral Hemorrhage, CH) 患者 10 例和短暂性脑缺血发作患者 20 例作为对照组。入院后对患者进行 GCS 评分, 头颅 CT 检查, 采集静脉血检测血常规、C 反应蛋白、降钙素原及 S100B 蛋白的浓度。计算 S100B 与炎症指标之间 Pearson 相关系数。

**结果** 脑损伤组较对照组入院时 S100B 水平明显升高 ( $p<0.01$ ), GCS 评分明显降低 ( $p<0.01$ ), C 反应蛋白与 S100B 有相关性 (相关系数 0.739,  $p<0.01$ ), 白细胞与 S100B 有相关性 (相关系数 0.774,  $p<0.01$ ), 降钙素原与 S100B 无相关性 (相关系数-0.82,  $p>0.01$ )。

**结论** 脑损伤患者急性期 S100B 明显升高, 与炎症指标 C 反应蛋白和白细胞具有一定相关性, 初步反映了脑内损伤的严重程度, 是脑损伤患者诊断治疗的潜在生物学指标。

## PU-4040

## 常州某医院金黄色葡萄球菌医院感染的临床及耐药分析

孔枕枕

常州市武进人民医院江苏大学附属武进医院,213000

**目的** 探讨我院金黄色葡萄球菌感染的危险因素、分布、耐药表型及基因型分布、为治疗金黄色葡萄球菌感染提供病原学依据。

**方法** 收集金黄色葡萄球菌医院感染病例菌株 100 株, 分析感染患者危险因素及临床特征, 对分离到的菌株采用 Vitek2 compact 仪器进行鉴定及药物敏感性测定、聚合酶链式反应(PCR)扩增法检测 *mecA*、*aac(6')/aph(2'')*、*aph(3')-III*、*ermA/ermC*、*tetM/tetK* 耐药基因。

**结果** 共分离出 100 株金黄色葡萄球菌, 包括耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)61 株(61%)和甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌(MSSA)39 株(39%); 在各类标本中, 痰标本与脓标本中 MRSA 分离率高; 在不同科室中, ICU 的 MRSA 分离率最高。金黄色葡萄球菌对多种抗生素普遍耐药, MRSA 的耐药性显著高于 MSSA( $P<0.01$ ), 无耐万古霉素 MRSA 菌株。住院患者且存在着严重的基础疾病的金黄色葡萄球菌感染的耐药率更高; *mecA* 基因检测与苯唑西林耐药符合率 95%, 提示可能有其他的耐药机制存在, 同时提示 Vitek2 苯唑西林检测存在漏检 MRSA 可能, 建议补充检测; *ermA/ermC* 检测与红霉素、克林霉素耐药性的符合率为: 89%和 90%, *tetM/tetK* 联合检测与四环素耐药的符合率为 78%。*aac(6')/aph(2'')*和 *aph(3')-III* 联合检测与庆大霉素耐药的符合率为 78%。以上几种耐药基因与细菌耐药表型均有较高的符合率, 表明 *mecA* 编码的 PBP2a; *ermA/ermC* 编码的红霉素甲基化酶; *aac(6')/aph(2'')*、*aph(3')-III* 编码的氨基糖苷乙酰转移酶; 以及 *tetM/tetK* 编码的四环素外排泵系统以及核糖体保护蛋白是金黄色葡萄球菌对相应抗生素耐药的主要机制, 不相符的部分除了提示携带耐药基因的细菌不表达外, 可能还存在有其他耐药机制。

**结论** 金黄色葡萄球菌医院感染常发生在有严重基础疾病、接受侵入性操作的患者, 肺部感染最常见, MSSA 的药物敏感性较高, MRSA 表现为多药高度耐药, 但仅仅仪器或其它类型的药物表型检测有漏检可能, 需采用基因检测等方法加以区分。未发现万古霉素中介及耐药菌株, 提示万古霉素仍然是治疗 MRSA 的有效手段。

## PU-4041

### MiR-155 与冠心病患者阿司匹林抵抗的相关性研究

赵学英, 芦鑫, 李春风, 徐成伟  
山东大学第二医院, 250000

**目的** 研究 miR-155 与冠心病患者阿司匹林抵抗的相关性, 统计分析阿司匹林抵抗 (AR) 其他危险因素。

**方法** 选取 2016 年 3 月至 2017 年 1 月因冠心病入住山东大学第二医院心内科和干部保健科的患者 58 例, 采用血栓弹力图的方法检测静脉血花生四烯酸(AA)诱导的血小板抑制率, 将 AA 诱导的血小板抑制率 $\leq 50\%$ , 定义为阿司匹林抵抗 (AR), 血小板抑制率 $> 50\%$ , 定义为阿司匹林敏感 (AS), 收集临床资料分析。根据 TEG 结果分为 AR 组和 AS 组, 利用患者血样提取 RNA, 通过实时荧光定量 PCR (QRT-PCR) 检测两组患者中 miR-155 的表达水平, 利用 pearson 相关分析 miR-155 与 AR 的相关性。

**结果** 所有患者中, 20 例 (34.5%) 存在阿司匹林低反应, 两组间性别、吸烟、高血压、糖尿病史、血清总胆固醇、甘油三脂、糖化血红蛋白、外周血小板计数差异无统计学意义, AR 组低密度脂蛋白水平平均高于 AS 组, 差异具有统计学意义。AR 组 miR-155 表达明显低于 AS 组, pearson 相关分析得出 miR-155 的表达量与 AA 的抑制率呈正相关。

**结论** AR 与 miR-155 的表达水平相关。MiR-155 可能成为抗血小板药物个体反应的差异性新标志物, 为临床医师治疗血小板低反应提供新的导向。



## PU-4042

## 肝癌血清标志物 NRP1 诊断价值研究

郭素素<sup>1</sup>, 王佳谊<sup>2</sup>

1.上海市第十人民医院,200000

2.上海市胸科医院

**目的** NRP1 是一种 I 型跨膜糖蛋白, 最初被发现在神经轴突导向和胚胎血管生成中发挥作用。NRP1 可以促进肿瘤发生的血管生成, 细胞存活, 迁移, 侵袭和化学耐受。近年来, NRP1 被发现是抗肿瘤免疫的关键障碍。NRP1 与免疫细胞表达的配体 semaphorin-4a (Sema4a) 相互作用, 增强肿瘤内调节性 T 细胞 (Tregs) 的功能和存活, 进而限制抗肿瘤免疫反应。在之前的研究中, ChIP-seq 分析数据显示 NRP1 可能是促肝癌 Hippo 信号通路主要转录因子 TEAD 的新型靶基因。然而, NRP1 是否刺激肿瘤发生并作为肝癌中的新型肿瘤标志物仍然未知。

**方法** 所有细胞均购买自中科院细胞库, 患者标本及健康对照样本于 2015 年 5 月至 2016 年 11 月在上海市瑞金医院收集。qPCR 实验以及免疫印迹实验分别检测指定分子的 mRNA 及蛋白表达水平。酶联免疫吸附测定实验检测血清中肝癌相关蛋白表达水平。采用独立样本 t 检验, 方差分析, Mann-Whitney 检验, Wilcoxon 标记秩和检验和 Kruskal-Wallis 检验比较组间连续变量差异。进行 Spearman 等级相关检验以计算等级变量之间的相关系数。用 ROC 曲线下面积 (AUC-ROC) 评估诊断价值。P<0.05 认为具有统计学意义。

**结果** TEAD 直接结合到 NRP1 的启动子上以刺激其在肝癌细胞中的转录。NRP 表达在肝癌组织比正常组织显著上调, 同时 NRP1 可促进肝癌细胞活力和集落形成, 并抑制肝癌细胞凋亡。我们发现肝癌患者血清 NRP1 浓度显著高于健康个体, 乙肝患者, 丙肝患者, 肝硬化患者, 乳腺癌患者, 结肠癌患者, 胃癌患者肺癌患者。血清 NRP1 预测肝癌的最佳诊断阈值为 68pg / ml, 灵敏度为 93.7%, 特异性为 98.7%, 说明血清 NRP1 是肝癌中较好的诊断标志物。

**结论** Hippo/YAP 信号通路是通过控制细胞增殖和凋亡来控制器官大小的一条高度保守的信号通路。Hippo 信号通路上游激酶可对下游的 YAP 产生磷酸化修饰, 对 YAP 产生抑制作用。一旦上游的核心激酶对 YAP 的抑制作用减弱, YAP 将与 TEAD 等转录因子相结合, 促进下游基因的转录, 起到促进癌症发生发展等多种作用。本研究发现 TEAD 靶基因 NRP1 有成为新型肝癌血清标志物潜力, 为基础研究向临床转化提供了新依据。

## PU-4043

## 妊娠期 CA125 水平的变化及与部分生化指标的相关性

王志恒, 应春妹

复旦大学附属妇产科医院,200000

**目的** 探讨糖类抗原 (CA) 125 在不同孕期中变化及与部分生化指标的相关性。

**方法** 选取健康孕妇 (妊娠组) 167 例, 按孕期分为早孕 (8~12 周) 组 (57 例)、中孕 (15~19 周) 组 (55 例) 和晚孕 (33~36 周) 组 (55 例)。以健康非妊娠女性 46 名作为对照组。检测所有对象的血清 CA125、肌酐 (Cr)、尿素氮 (BUN)、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、碱性磷酸酶 (ALP)、血糖 (Glu)、甘油三酯 (TG) 和总胆固醇 (TC) 水平。采用 Pearson 相关分析评估 CA125 与其他各项指标之间的相关性。

**结果** 与对照组比较, 妊娠组血清 CA125 水平明显升高 (P<0.001), 血清 Cr、BUN 和 GLU 水平明显降低 (P<0.001), 而血清 ALT 水平差异无统计学意义 (P>0.05)。早孕组血清 CA125 水平明显高于中孕组和晚孕组 (P<0.05), 且晚孕组明显高于中孕组 (P<0.05)。晚孕组血清 ALP、TG 和 TC 水平明显高于早孕组和中孕组 (P<0.05), 血清 ALT 及 Glu 水平低于早孕组和中孕组 (P<0.05), 而早孕组和中孕组之间差异均无统计学意义 (P>0.05)。不同孕期各组之间血清

Cr、BUN 和 AST 水平差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。妊娠组 CA125 与 BUN、Glu 呈正相关 ( $r$  值分别为 0.221、0.165,  $P<0.05$ )，与 Cr、ALP、ALT、AST、TC 和 TG 均无相关性 ( $r$  值分别为 -0.005、-0.059、0.028、0.028、-0.140、-0.071,  $P>0.05$ )。

**结论** 妊娠期，尤其是早孕期血清 CA125 水平明显升高，且与 BUN 和 Glu 相关。

#### PU-4044

### HPSA 检测方法与 $^{14}\text{C}$ 呼气试验对比分析

陈辉华,李志宗  
泉州市第一医院,362000

**目的** 通过对粪便幽门螺杆菌抗原 (HPSA) 检测方法与  $^{14}\text{C}$  呼气试验进行对比分析，探讨 HPSA 检测的实用性和临床应用价值。

**方法** 选择门诊有上消化道症状的患者 104 例作为研究对象，行  $^{14}\text{C}$  尿素酶呼气试验 (UBT) 以及 HPSA 检测，并观察记录结果。通过比较分析 HPSA 检测结果与 UBT 结果，探讨 HPSA 检测的实用性和临床应用价值。

**结果** 1.HPSA 检测试验与  $^{14}\text{C}$  呼气试验一致性较好，kappa 值为 0.84。

2.HPSA 检测试验有较高的阳性预测值、阴性预测值、灵敏度、特异性、和准确度，分别为 95.16%、88.10%、92.19%、92.50%、92.31%。

**结论** HPSA 检测试验与  $^{14}\text{C}$  呼气试验对比结果显示 HPSA 检测试验准确性良好，具有无创、廉价、检测速度快等优点。适用于基层医院进行 Hp 感染的筛查，也可用于 Hp 感染的联合检测，提高检出率，同时适用于临床上开展流行病学调查。

#### PU-4045

### 长春汉族人群血清甲胎蛋白、癌胚抗原 参考区间适用性验证

朱学彤,王凯瑾,周琪,许建成  
吉林大学第一医院,130000

**目的** 血清甲胎蛋白、癌胚抗原为临床常用的消化系统肿瘤标志物，对疾病早期监测、诊断及预后判断具有重要作用。2018 年 12 月 12 日国家卫生健康委员会发布卫生行业标准 WS/T 645.2-2018，并于 2019 年 6 月 1 日正式实施，此标准明确定义了包括血清甲胎蛋白、癌胚抗原在内的五种肿瘤标志物参考区间。由于地区、人群、种族、饮食、性别、年龄等差异可能影响参考区间的应用，因此引用新参考区间时需要进行适用性验证。本研究验证行业标准中血清甲胎蛋白、癌胚抗原的参考区间，判断其是否适用于长春汉族人群。

**方法** 按照 WS/T 645.2-2018 参考区间验证的方法，2016 年 1 月至 2019 年 4 月共入组健康汉族体检者 5 420 人，人群年龄分布 20~79 岁，且符合行业标准中参考个体的入选条件，血清使用 Roche Cobas E602 全自动电化学发光检测系统分析，与行业标准分析系统一致。验证个体以 10 岁为间隔划分为 6 组，每组再根据性别划分，最终得到 12 组，各组人数均大于 20。Dixon 法剔除离群值，K-S 检验分析正态性，Mann-Whitney 比较两组间差异，Kruskal-Wallis 比较多组间差异。验证 12 组落在参考区间外的数据是否不超过 10%，分析血清甲胎蛋白、癌胚抗原随年龄及性别变化的分布特征。

**结果** 血清甲胎蛋白不符合率最高 5.1%，血清癌胚抗原不符合率最高 4.1%，均不超过 10%，符合行业标准验证通过标准。血清甲胎蛋白 6 个年龄段存在差异 ( $P<0.05$ )，30~39 岁存在性别差异 ( $P<0.05$ )，血清甲胎蛋白中位数在 20~69 岁女性中随年龄缓慢上升，男性变化趋势不明显，

70~79 岁男性及女性均呈下降趋势。癌胚抗原 6 个年龄段存在差异 ( $P<0.05$ )，20~69 岁存在性别差异 ( $P<0.05$ )，20~79 岁女性及 20~69 岁男性癌胚抗原中位数随年龄上升且男性高于女性。

**结论** 国家卫生健康委员会发布的 WS/T 645.2-2018 中甲胎蛋白、癌胚抗原参考区间适用于长春汉族人群。

#### PU-4046

### 中性粒细胞/淋巴细胞比值和 B 型脑钠肽联合检测在急性心肌梗死中的预测价值

欧阳敏秀

中山大学附属第五医院,519000

**目的** 探讨中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR) 和 B 型脑钠肽 (BNP) 联合检测在急性心肌梗死 (AMI) 患者住院期间发生主要心血管不良事件 (MACE) 的预测价值。

**方法** 收集中山大学附属第五医院收治 134 例首次确诊为 AMI 的患者信息，统计其就诊时首次血常规和 BNP 结果，并根据血常规计算出 NLR，从而分析患者住院期间发生主要心血管不良事件与 NLR 和 BNP 水平的相关性。

**结果** AMI 患者 NLR 的 cut-off 值为 3.87，BNP 的 cut-off 值为 1023pg/mL，随着其单项值得升高，MACE 的发生率明显升高 ( $P<0.05$ )，并且两项指标均高者发生 MACE 的可能性明显比单项升高者多 ( $P<0.05$ )。

**结论** NLR 和 BNP 的水平变化与 AMI 患者的预后密切相关，两者同时检测有希望提高临床对于 AMI 的确诊率，改善患者的预后。

#### PU-4047

### 循环 microRNA 定量 PCR 检测方法建立及其在食管癌诊治中的应用

张忠英<sup>1</sup>,林志远<sup>2</sup>,林燕玲<sup>3</sup>

1.厦门弘爱医院

2.厦门中医院

3.厦门大学公共卫生学院

**目的** 建立基于 AllGlo 探针的循环 microRNA 定量 PCR 检测技术平台，应用于 miR-34-5、miR-148、miR-181 绝对定量检测并初步探讨其在食管癌诊断方面的运用。

**方法** 见附件。

**结果** 见附件。

**结论** 1、本课题成功构建基于 AllGlo 探针的 microRNA 绝对定量 PCR 检测方法具有灵敏、精准、线性范围广，结果直观，操作方便等优点。

2、miR-34a-5p、miR-148a-3p、miR-181a-5p 与 Cyfra21-1 进行联合诊断，建立的联合检测数学模型  $Y=2.715 \times \text{miR-34-5} + 4.223 \times \text{miR-148} - 0.261 \times \text{miR-181} + 0.875 \times \text{Cyfra21-1}$  可显著提高食管癌的诊断敏感性和特异性，有良好的临床应用前景。

## PU-4048

## 一种基于纳米磁微粒化学发光技术 S100B 新型检测试剂和仪器的研究

靳颖,杜振华,鲍布和  
武警后勤学院附属医院

**目的** S100B 是颅脑创伤 (Traumatic brain injury, TBI) 后病情严重程度和病情进展的一种血清学标志物, 通过研发一种新型检测试剂及仪器, 为疾病的诊疗提供参考。

**方法** 通过纳米磁微粒与生物素-亲和素相交联, 利用顺磁铁微粒为固相载体, 外包单克隆抗体, 加入发光底物, 结合旋转磁场和液相分离技术, 利用光量子阅读系统记录光子的能力, 评测抗原浓度。

**结果** 成功制备了用于 TBI 患者 S100B 检测的新型试剂; 研发了配套的化学发光免疫分析仪器, 实现了加样、反应、清洗、检测的模块化和自动化。经过临床测试, 该试剂和仪器可以准确获得 S100B 的浓度。

**结论** S100B 磁微粒化学发光法检测试剂具有灵敏度高、特异性强、线性范围宽、简单快速、安全无毒等优点, 该试剂及检测仪器的研发将为颅脑创伤病情的判断提供重要保证。

## PU-4049

## 血清小而密低密度脂蛋白胆固醇水平对冠心病患者心血管不良事件的预测价值

吴嘉,汪俊军  
中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 分析冠心病(CAD)患者血清小而密低密度脂蛋白胆固醇(sdLDL-C)的水平, 并评估 sdLDL-C 对 CAD 患者主要心血管不良事件(MACE)的预测价值。

**方法** 检测 17 例急性冠状动脉综合征(ACS)、48 例稳定性 CAD(SCAD)患者和 51 例健康对照者的血清 sdLDL-C 水平; 计算 CAD 患者的 Gensini 积分; 随访 CAD 患者 1 年内 MACE 的发生情况; 通过 Spearman 相关性分析多元线性回归分析, 探讨 CAD 患者血清 sdLDL-C 与血脂、心肌损伤标志物、Gensini 积分的相关性。通过 Logistic 回归分析和 1 年的跟踪随访, 探讨血清 sdLDL-C 对 CAD 患者 MACE 发生的预测价值。

**结果** 与对照组相比, ACS 组和 SCAD 组血清 sdLDL-C 水平均显著升高, HDL-C 水平均显著下降。CAD 患者血清 sdLDL-C 水平与总胆固醇、甘油三酯、低密度脂蛋白胆固醇、心肌肌钙蛋白 I、N 末端脑钠肽前体、Gensini 积分均呈显著正相关, 且可作为 Gensini 积分的独立预测因子。随访 1 年内, CAD 患者的 MACE 发生率为 18.5%, 发生 MACE 的 CAD 患者, 其血清 sdLDL-C 水平显著高于未发生 MACE 的 CAD 患者。

**结论** CAD 患者血清 sdLDL-C 水平升高, 可望作为 CAD 患者病情监测和预后评估的新指标。

## PU-4050

## 无创产前筛查在胎儿染色体非整倍体中的临床应用

方琼,殷梅梅,王一晨,王智慧,康卫灵,李志强  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 探讨无创产前筛查技术(NIPT)检测胎儿染色体非整倍体的临床应用价值。

**方法** 选取年龄为 20-43 岁,孕周为 12-26 周的孕妇,采集 5-10mL 孕妇外周血,采用半导体 Ion Proton™ System 测序技术结合生物信息学对结果进行分析。本实验共收集 2017 年 5 月-2018 年 8 月在本检验所进行检测的 13089 例孕妇检测结果,其中>35 岁高龄孕妇 2621 例,分别分析高龄孕妇 21 三体、18 三体、13 三体高风险检出率变化及阳性预测值(PPV)进行分析。

**结果** 13089 例孕妇检测结果显示,染色体总体异常高风险率为 0.596% (78/13089)。其中,21 三体高风险比例为 0.367% (48/13089),18 三体为 0.130% (17/13089),13 三体为 0.099% (13/13089)。2621 例>35 岁高龄孕妇检测结果显示,染色体异常高风险共 44 例,总体异常高风险检出率 1.679%。其中 21 三体高风险率为 0.992% (26/2621),18 三体为 0.305% (8/2621);13 三体为 0.382% (10/2621)。对筛查出染色体异常高风险孕妇进行回访,有效回访 34 例,对确诊病例与无创高风险结果进行比较,进行 PPV 计算。结果显示,21 三体 PPV 为 100% (21/21),18-三体 PPV 为 80% (4/5),13-三体 PPV 为 50% (4/8)。

**结论** NIPT 技术可有效筛查胎儿 21 三体、18 三体、13 三体染色体整倍体异常。高龄孕妇胎儿染色体 21、18、13 三体异常检出率较低龄孕妇检出率均升高,需对高龄孕妇更加重视产前无创筛查。

## PU-4051

## 系统性红斑狼疮发生肾损伤与抗核抗体荧光核型的相关性分析

胡冬  
四川省绵阳市中心医院

**目的** 分析系统性红斑狼疮(SLE)肾损伤患者抗核抗体荧光核型特征,结合 ACR 检测结果,探讨荧光核型分析对 SLE 发生肾损伤的预测价值。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月~12 月绵阳市中心医院 SLE 患者 419 例,其中发生肾损伤 263 例,非肾损伤 156 例,比较研究对象的性别、年龄、主要荧光核型类别、荧光核型数量及荧光滴度的分布情况;SLE 肾损伤患者再以 ACR 结果(mg/g)分组,将  $30 < \text{ACR} \leq 300$  分为微量白蛋白尿组,  $\text{ACR} > 300$  分为大量白蛋白尿,比较两组主要荧光核型类别和荧光核型数量。

**结果** SLE 患者发生肾损伤与性别无关,SLE 老年人更易发生肾损伤,SLE 主要荧光核型类别依次为:核颗粒型、核均质型、核仁型、胞浆颗粒型和致密颗粒型;肾损伤与非肾损伤比较:核仁型、胞浆颗粒型和致密颗粒型阳性率差异有统计学意义,主核型的荧光滴度差异有统计学意义,滴度越高越易发生肾损伤;多核型叠加更易发生肾损伤;SLE 肾损伤患者中核均质型和核仁型更易造成大量白蛋白尿,胞浆颗粒型更易造成微量白蛋白尿,差异有统计学意义。

**结论** 特异荧光核型类别、荧光核型数量和荧光滴度与 SLE 肾损伤有关,核均质型和核仁型对肾损伤更大,多荧光核型叠加和高荧光滴度更易造成肾损伤。

## PU-4052

## 靶向纳米血小板载药系统的实验研究

李秀文,陈宝安,刘平,王玉洁,杨洁  
东南大学附属中大医院,210000

**目的** 纳米载体能够穿透肿瘤缺损的血管内皮细胞进入肿瘤组织,使得药物在肿瘤组织中有相对较高的浓度并能保持较长的作用时间,从而充分发挥其对肿瘤靶细胞的杀伤或抑制作用,同时减少药物对其他组织器官的毒副作用。传统的人工合成纳米载体能够包含的药物分子远远小于理论上的药物分析量,而血小板等生物载药体系,无毒无免疫原性,生物相容性、靶向性、缓释性好。本研究旨在探索纳米血小板载药系统的可行性,为后期体外抗白血病效应研究提供实验基础,为临床应用提供实验依据。

**方法** 将环内酯 C 处理后的稳定血小板制备为纳米血小板,通过转铁蛋白-转铁蛋白受体介导的受体内吞作用,通过电镜观察血小板的结构表征及有无凝血酶刺激,通过流式细胞检测术进行载药量测定等,从而建立一个能够将药物直接转运至肿瘤细胞的纳米血小板靶向载药系统。

**结果** (1) 电镜图显示环内酯 C 能有效抑制血小板活化变形。

(2) 流氏结果显示环内酯 C 的最佳孵育浓度为 5000nM.

(3) 电镜图显示超声粉碎得到均一稳定的环内酯 C-纳米血小板

**结论** 通过处理可以将血小板制备成性能稳定的纳米血小板,以转铁蛋白进行结构修饰,可以构建“环内酯 C-纳米血小板-转铁蛋白”药物传递体系。研究成果可能为肿瘤的治疗建立新的靶向载体平台提供理论和实验依据。

## PU-4053

血清乳酸脱氢酶和  $\beta 2$ -微球蛋白检测在非霍奇金淋巴瘤中的应用

王加  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨血清乳酸脱氢酶(LDH)及  $\beta 2$ -微球蛋白( $\beta 2$ -MG)水平在非霍奇金淋巴瘤(NHL)诊断、治疗中的变化及临床意义。

**方法** 回顾性分析非霍奇金淋巴瘤(NHL)患者在治疗前后血清 LDH、 $\beta 2$ -MG 动态水平,并进行随访,判断血清 LDH、 $\beta 2$ -MG 水平与 NHL 临床特征及治疗疗效之间的关系。

**结果** NHL 患者血清 LDH、 $\beta 2$ -MG 水平明显升高,III-IV期患者 LDH、 $\beta 2$ -MG 水平均显著高于 I-II 期( $P<0.05$ )。治疗完全缓解组 LDH、 $\beta 2$ -MG 水平均显著下降,并且 LDH 和  $\beta 2$ -MG 升高组的生存率低于正常组( $P<0.05$ )。

**结论** LDH 和  $\beta 2$ -MG 的联合检测可提高 NHL 检出率,并对评价 NHL 临床分期、治疗疗效及预后判断方面有重要的临床价值。

## PU-4054

## 间接法建立成人血清甲状腺激素参考区间

朱学彤,王凯瑾,周琪,许建成  
吉林大学第一医院,130000

**目的** 评价甲状腺功能状态的实验室指标主要为游离三碘甲状腺原氨酸 (FT<sub>3</sub>)、游离甲状腺素 (FT<sub>4</sub>)、促甲状腺素 (TSH)。美国临床和实验室标准协会及国际临床化学联合会联合发布的 EP28-A3c 指出建立参考区间的标准方法是直接法,此法建立过程繁琐、费用高,难推广。间接法利用实验室信息系统 (LIS) 数据,用数学统计模型建立参考区间,既获得与直接法相似的结果,也避免了直接法的繁琐过程。本研究拟采用医院 LIS 中数据,探索间接法建立血清甲状腺激素参考区间的新方法。

**方法** 选取 2014 年 5 月~2018 年 12 月医院 LIS 中健康体检者血清甲状腺激素数据,人群年龄分布 20~79 岁,血清使用 Roche Cobas E602 全自动电化学发光检测系统分析。K-S 检验分析正态性,BOX-COX 将数据转换成正态分布后用杜奇法剔除离群值。LMS 法拟合 FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub>、TSH 的连续百分位数曲线,决策树算法判定年龄划分截点,Z 检验比较两组间差异,非参数法计算参考区间 (P2.5、P97.5) 及其 90% 置信区间。

**结果** 从 LIS 中导出 69 579 例体检者数据,符合入组标准数据 51 356 例,正态转换及离群值剔除后剩余 45 742 例。TSH 参考区间年龄及性别差异无统计学意义,20~79 岁参考区间为 0.60~4.41mIU/L。FT<sub>3</sub> 参考区间性别差异有统计学意义,男性及 35 岁前女性随年龄下降,男性参考区间分段为 20~44 岁 (4.47~6.44pmol/L)、45~64 岁 (4.19~6.21pmol/L)、65~79 岁 (3.90~5.85pmol/L),女性参考区间分段为 20~34 岁 (4.04~6.13pmol/L)、35~79 岁 (3.87~5.76pmol/L)。FT<sub>4</sub> 参考区间在 20~49 岁性别差异有统计学意义,男性参考区间 13.69~21.76pmol/L、女性参考区间 12.99~20.83pmol/L,50 岁后性别及年龄差异无统计学意义,参考区间为 12.98~21.21pmol/L,男性 FT<sub>4</sub> 随年龄下降。

**结论** 基于 LIS 存储数据建立的参考区间提供了基础数据,适于临床实验室推广和应用。

## PU-4055

万孚 FS-301 干式荧光免疫分析仪测定  
血浆 PCT 的性能验证

宫娜娜  
中山大学附属第五医院,519000

**目的** 对万孚 FS-301 干式荧光免疫分析仪测定血浆降钙素原 (PCT) 项目进行性能验证。

**方法** 参考美国临床和实验室标准协会系列文件和我国相关卫生行业国家标准文件及相关文献上的性能验证程序,结合临床实际工作,对万孚 FS-301 干式荧光免疫分析仪的正确度、精密度、线性范围和携带污染率等性能进行评价。

**结果** 正确度验证中,实验室计算的偏移值  $\bar{b}$  为 -0.166ng/ml,厂家声明的偏移值  $\beta$  为 0.075ng/ml,验证值为 -0.753ng/ml 和 0.903ng/ml,  $\bar{b}$  小于验证值;中水平的批内标准差为 0.052ng/ml,室内标准差为 0.163ng/ml,均小于厂家声明,高水平的批内标准差为 0.372ng/ml,室内标准差为 0.586ng/ml,均小于厂家声明;线性回归方程为  $y=0.9768x-1.9464$ ,  $r^2=0.9913$ ;携带污染率为 0.05%,小于厂家声明 (0.1%)。

**结论** 万孚 FS-301 干式荧光免疫分析仪测定血浆 PCT 的性能验证通过,能满足临床使用的需求。

## PU-4056

**AD 患者尿液中 AD7C-NTP 含量的研究及临床意义**

周建林,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探究阿尔茨海默病(AD)患者尿液中神经丝蛋白 AD7C-NTP 含量以及与对照组 AD7C-NTP 含量的差别,为诊断提供理论支持。

**方法** 选取 2017 年 6 月至 2018 年 12 月就诊于福建医科大学附属协和医院神经内科 AD 患者 33 例,作为 AD 组。另选取 40 例认知正常者作为对照组。收集两组受试者的晨尿进行检测,采用酶联免疫吸附(ELISA)的双抗体夹心法进行检测,然后整理数据,最后采用 spss16.0 软件进行统计学分析。并绘制受试者工作特征(ROC)曲线,计算曲线下面积。

**结果** AD 组的 AD7c-NTP 平均含量为  $(0.99\pm0.91)$  ng/ml,对照组的 AD7c-NTP 平均含量为  $(0.27\pm0.10)$  ng/ml,两者比较差异有统计学意义( $t=4.97$ ,  $P<0.05$ )。当 AD7c-NTP 含量截断值为 0.49ng/ml 时,所对应的灵敏度为 75%,特异度为 100%。该 ROC 曲线下面积为 0.950,其 95%置信区间为  $(0.906, 0.995)$ ,  $P<0.01$ 。在 AD7C-NTP 含量与性别的比较中,AD 组的男女两组差异没有统计学意义( $P>0.05$ ),对照组的男女两组比较差异没有统计学意义( $P>0.05$ )。年龄与尿液 AD7c-NTP 之间的 Spearman 相关系数为 0.13 ( $P>0.05$ ),根据相关性分析,两者暂无明显相关性。

**结论** 尿液 AD7C-NTP 含量对于诊断 AD 具有一定价值,尿中高含量的 AD7c-NTP 是 AD 的危险因素。

## PU-4057

**基质金属蛋白酶-3 与类风湿关节炎  
骨质破坏程度的研究**

姚瀚鑫

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 本研究旨在探索关节积液 MMP-3 的浓度变化与 RA 患者骨质破坏程度的关系。基质金属蛋白酶-3(MMP-3)是类风湿关节炎(RA)中降解关节软骨最关键的蛋白酶。近年在对类风湿关节炎的研究中发现,在 RA 患者的血液和滑膜组织中均存在着 MMP-3 过度表达,提示 MMP-3 与 RA 的发生、发展密切相关。

**方法** 通过检测 69 例 类风湿性关节炎患者,其中影像学显示骨质破坏重度 13 例,中度 26 例,轻度 30 例和 45 例中 关节腔积液 MMP-3 的含量情况。

**结果** MMP-3 含量 RA 组为  $(196\pm31.8)$  ng/ml,对照组为  $(41\pm10.2)$  ng/ml, RA 组明显高于对照组 ( $P<0.01$ );按照类风湿性关节炎骨质破坏程度分组 MMP-3 含量 轻度破坏为  $(98.1\pm10.6)$  ng/L 中度破坏组  $(156.3\pm16.6)$  ng/L,重度组  $(213.5\pm23.53)$  ng/L,对照组为

$(41\pm10.2)$  ng/ml, RA 组明显高于对照组 ( $P<0.01$ )。重度组、中度组,轻度组与对照组关节液中 MMP-3 含量

显著性统计学意义。

**结论** MMP-3 含量与 RA 患者关节软骨破坏程度密切相关,提示 MMP-3 可作为预测 RA 患者软骨破坏程度的指标。



## PU-4058

## 金纳米片用于免疫检测的初步研究

顾春荣,张世昌,潘世扬

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 制备新型纳米材料三角形金纳米片,初步应用于免疫方法学的检测。

**方法** 在三甲基十六烷基溴化铵和碘离子的辅助下,应用“种子”生长法制备三角形金纳米片与球形金纳米颗粒的混合液,利用排空作用引发的相分离过程,原位制备并分离高纯度三角形金纳米片。用透射电镜和紫外-可见光谱仪对制备的金纳米片形貌、晶型和光学性质进行了表征。利用金纳米片独特的表面等离子体激元共振的光学特性,建立基于金纳米片和心肌肌钙蛋白 I 单克隆抗体的传感平台,应用于心肌肌钙蛋白 I 的检测。

**结果** 制备的三角形金纳米片平均侧边长度为 140 nm,平均厚度为 8 nm,纯度为 97%;三角形金纳米片的长波表面等离子体激元共振峰的光学强度与样本中心心肌肌钙蛋白 I 的浓度呈负相关。

**结论** 本研究表明胶体级金纳米片具有潜在的作为基于液相生物传感器平台的应用前景。

## PU-4059

Drug resistance analysis and homology study of *Acinetobacter baumannii*Lingqing Xu, Shufei Deng, Weihong Wen, Yingxian Tang, Yuzhen Li, Linjuan Chen, Bishi Fu  
The Sixth Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** This study aimed to investigate the association between drug resistance and class I, II, and III integrons in *Acinetobacter baumannii* (ABA). Multilocus sequence typing (MLST) helps analyze the homology among house-keeping gene clusters in ABA and ABA prevalence and further provides a theoretical basis for hospitals to control ABA infections.

**Methods** Ninety-six clinical isolates of non-repeating ABA were harvested, including 74 carbapenem-resistant ABA (CRABA) and 22 non-CRABA strains, and used for bacterial identification and drug susceptibility analysis. Variable regions were sequenced and analyzed. Seven pairs of housekeeping genes were amplified and sequenced via MLST, and sequence alignment was performed against the Pub MLST database to determine sequence-typed (ST) strains and construct different genotypic evolutionary diagrams.

**Results** The detection rate of CRABA class I integron was 13.51% (10/74); no class II and III integrons were detected. However, class I, II, and III integrons were not detected in non-CRABA strains. Variable regions of 9 of 10 class I integrons were amplified, and 10 gene cassettes including *aacC1*, *aac1*, *aadDA1*, *aadA1a*, *aacA4*, *dfrA17*, *aadA5*, *aadA1*, *aadA22*, and *aadA23* were associated with drug resistance. Ninety-six ABA strains were divided into 21 STs: 74 CRABA strains containing 9 STs, primarily ST208 and ST1145 and 22 non-CRABA strains containing 18 STs, primarily ST1145.

**Conclusions** Class I integrons are a critical factor underlying drug resistance in ABA. CRABA and non-CRABA strains differ significantly, the former primarily containing ST208 and ST1145; latter, ST1145. Most STs are concentrated in ICUs and neurology departments, with the ICU being most susceptible to bacterial infestation. In our hospital, ABA is potentially horizontally transmitted, and MLST can be used for clinical ABA genotyping.

PU-4060

## 孕妇 MTHFR 和 MTRR 基因多态性的初步研究

江凌晓

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 观察来院产检孕妇亚甲基四氢叶酸还原酶(MTHFR) A1298C、C677T 和甲硫氨酸合成酶(MTRR) A66G 的多态性分布情况,初步了解上述多态性位点的群体遗传学特征。

**方法** 采用荧光定量 PCR 法对 337 名来院产检孕妇的 EDTA 抗凝血的剩余血样进行 MTRR A66G、MTHFR A1298C、C677T 的相关多态性位点检测及分析。

**结果** 本院产检孕妇 MTHFR 677 位点 TT 型纯合突变频率为 13.1%(44/337),界于深圳(15.8%)和惠州(10.9%)之间,低于北方郑州(40.7%)和三河市(37.4%),南北方城市间差异有统计学意义( $P < 0.05$ ); MTHFR 1298 位点 CC 型纯合突变频率为 5.04%(17/337),低于深圳(5.8%)和惠州(7.2%),高于郑州(1.3%)和三河市(2.3%),南北方城市间差异有统计学意义( $P < 0.05$ ); MTRR A66G 位点 GG 型纯合突变频率为 6.8%(44/337),高于深圳(3.8%)和惠州(5.6%),界于三河市(7.5%)和郑州(5.4%)之间,南北方城市间差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。综合上述三个位点分析发现叶酸代谢能力正常的孕妇有 195 位(57.9%),叶酸代谢能力较低的有 125 位(37.1%),叶酸代谢能力低的有 17 位(5.0%)。

**结论** 本研究提示南北方孕妇的 MTHFR 基因多态性分布特征可能存在较大差异,而 MTRR 基因多态性分布特征差异不显著。本地区孕妇中叶酸代谢能力低的约占 5%,即这部分孕妇在孕前 3 个月和孕早期(0-12 周)均需 800mg/天叶酸补充方案,叶酸代谢能力较低的约占 37.1%,即这部分孕妇在孕前需采用 400mg/天,孕早期需采用 800mg/天叶酸补充方案。总体而言,由于人群中存在叶酸代谢能力的差异,我们推测本地区约有四成左右的孕妇需根据叶酸代谢基因检测结果个性化补充叶酸。

PU-4061

## A potentiometric aptasensor for carcinoembryonic antigen (CEA) on graphene oxide nanosheets using catalytic recycling of DNase I with signal amplification

Genwang Chen

The Second (2nd) Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** A new and label-free potentiometric aptasensing platform was designed for the sensitive detection of carcinoembryonic antigen (CEA) in human serum on a graphene oxide (GO) nanosheet-modified glassy carbon electrode by coupling with target recycling-assisted signal amplification.

**Methods** To construct such a signal-amplification aptasensing system, the nanosheets were initially immobilized on the electrode through physical adsorption, and then CEA aptamers were coated on the nanosheets via  $\pi$ -stacking interaction. Upon target CEA introduction, the analyte reacted with the aptamer to form a complex, thus resulting in the dissociation of the aptamer from the nanosheets. The formed CEA-aptamer complexes were cleaved in the presence of DNase I to release target CEA, thereby triggering the target recycling and catalytic recycling of DNase I. Thanks to the negatively charged oligonucleotide skeleton, the dissociation of the aptamers from the nanosheets could cause a change in the local electrical potential of the modified electrode.

**Results** Under optimum conditions, the shift in the potential increased with the increment of target CEA concentrations, and exhibited good potential responses within a linear range of 0.01–100 ng mL<sup>-1</sup> at a low detection limit of 9.4 pg mL<sup>-1</sup>.

**Conclusions** The specificity, precision, reproducibility and stability of the potentiometric aptasensor were acceptable. The accuracy of this method was evaluated for the analysis of human serum specimens, giving well-matched results with those obtained from the commercial human CEA ELISA kit

## PU-4062

### 2 型糖尿病住院患者营养状况评估及影响因素分析

冶学燕,全雪薇,邓朝晖,张烨,葛若卿,李丽莎,刘鲜鲜,刘春燕,张新  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 应用控制营养状况(Controlling nutritional status CONUT)评分法评估 2 型糖尿病(T2DM)住院患者的营养状况并分析其影响因素。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2019 年 3 月在新疆生产建设兵团医院内分泌科住院的 40 岁以上 2 型糖尿病(T2DM)患者,排除严重感染、严重肝肾功能不全、恶性肿瘤、近期外伤手术、妊娠妇女及其他消耗性疾病,共纳入患者 671 例(男 389 例,女 282 例),中位年龄 61[53, 71]岁。依据 CONUT 评分标准将患者分为营养不良组( $\geq 2$  分)和营养正常组( $< 2$  分),分析两组患者年龄、T2DM 病程及实验室检测指标的差异,并采用多因素 Logistic 回归分析 T2DM 患者营养不良的影响因素。

**结果** 671 例 T2DM 住院患者中,营养正常组 361 例(53.8%);营养不良组 310 例(46.2%),其中轻度营养不良 289 例(93.2%),中度营养不良 21 例(6.8%)。营养不良组的年龄、T2DM 病程、中性粒细胞计数/淋巴细胞计数比值(NLR)均高于营养正常组,差异有统计学意义(均  $P < 0.05$ );血清白蛋白(ALB)、高密度脂蛋白(HDL)、总胆固醇(CHO)、血红蛋白(HB)、外周血总淋巴细胞计数(TLC)及糖化血红蛋白(HbA1c)均低于营养正常组,差异有统计学意义(均  $P < 0.05$ )。多因素 Logistic 回归显示:ALB( $< 35\text{g/L}$  (OR: 6.232; 95%CI: 2.623-14.807)、HDL( $< 1.04\text{mmol/L}$  (OR: 2.677; 95%CI: 1.534-4.672)、TLC( $< 2000$  个/ $\text{mm}^3$  (OR: 2.677; 95%CI: 1.534-4.672)、NLR(OR: 1.999; 95%CI: 1.411-2.833)、男性 HB( $< 120\text{g/L}$  及女性 HB( $< 110\text{g/L}$  (OR: 4.184; 95%CI: 1.074-16.302)是 T2DM 住院患者发生营养不良的危险因素(均  $P < 0.05$ );CHO(OR: 0.938; 95%CI: 0.928-0.948)是其保护因素( $P < 0.05$ )。

**结论** T2DM 住院患者易发生营养不良,ALB、HDL、TLC、NLR 及 HB 是其出现营养不良的独立危险因素,医护人员应及时评估并提出针对性营养干预措施,以改善患者营养状况。

## PU-4063

### 不同预处理方法对 HER2 基因荧光原位杂交效果的影响

魏琦,余娟平,许雪,葛霞,常中宝,袁征,李晓华  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 探讨纯水煮沸法与 NaSCN 80℃法对 FISH 检测乳腺癌 HER2 基因扩增结果的影响。

**方法** 选取合肥金域医学检验实验室基因中心 2019 年 4 月检测的 12 例浸润性乳腺癌标本,用纯水煮沸法(组一)与 NaSCN 80℃法(组二)进行乳腺癌 HER2 基因扩增(FISH)检测情况。每例样本蜡块组织均连续切片 3 张,厚度 2-3 $\mu\text{m}$ ,一张行常规 HE 染色,另外两张用于 FISH 检测。切片均 65℃烤片过夜,脱蜡(二甲苯 10min $\times$ 3,无水乙醇 5min $\times$ 2)后,分为 2 组进行预处理,组一:纯水常压煮沸,30min;组二,80℃ NaSCN 液(浓度 80g/L)60min;0.05mg/mL 胃蛋白酶 37℃消化 7min,乙醇梯度脱水,待自然晾干;滴加探针,杂交(变性温度 75℃,5min,杂交温度为 37℃,16 个小时),相应处理后,观察两组结果差异。

**结果** 荧光显微镜下观察细胞核及红绿信号比较,两种方法处理的组织切片经 DAPI 染色后镜检,全部杂交成功,满足计数和诊断要求。

**结论** 用 FISH 检测乳腺癌 HER2 基因状态时, 在相同的检测流程中, 纯水煮沸法可以代替 NaSCN 溶液。由于 NaSCN 本身具有一定的毒性, 该方法也降低了操作过程对环境和操作者的危害, 同时也不用购买和配置试剂。

## PU-4064

### 外泌体在肺癌发病机制及诊疗中的研究进展

周斯悦

昆明医科大学附属第一医院

**目的** 肺癌是目前世界上最常见的恶性肿瘤之一, 也是癌症相关疾病死亡的主要原因。多数患者在发现时已是晚期, 预后较差, 因此迫切需要发掘早期诊断肺癌的新型标志物。外泌体是直径为 50-100nm 的细胞外囊泡, 内含核酸、蛋白质、脂质等, 能够由多种类型的细胞分泌尤其是肿瘤细胞。目前, 越来越多的研究表明外泌体在包括肺癌的多种癌症发生发展中发挥重要作用, 本文就近年来外泌体在肺癌发病机制及诊疗中的研究进展做一综述, 讨论外泌体在肺癌诊断、预后及治疗中的潜在临床意义。

**方法** 肺癌是目前世界上最常见的恶性肿瘤之一, 也是癌症相关疾病死亡的主要原因。多数患者在发现时已是晚期, 预后较差, 因此迫切需要发掘早期诊断肺癌的新型标志物。外泌体是直径为 50-100nm 的细胞外囊泡, 内含核酸、蛋白质、脂质等, 能够由多种类型的细胞分泌尤其是肿瘤细胞。目前, 越来越多的研究表明外泌体在包括肺癌的多种癌症发生发展中发挥重要作用, 本文就近年来外泌体在肺癌发病机制及诊疗中的研究进展做一综述, 讨论外泌体在肺癌诊断、预后及治疗中的潜在临床意义。

**结果** 肺癌是目前世界上最常见的恶性肿瘤之一, 也是癌症相关疾病死亡的主要原因。多数患者在发现时已是晚期, 预后较差, 因此迫切需要发掘早期诊断肺癌的新型标志物。外泌体是直径为 50-100nm 的细胞外囊泡, 内含核酸、蛋白质、脂质等, 能够由多种类型的细胞分泌尤其是肿瘤细胞。目前, 越来越多的研究表明外泌体在包括肺癌的多种癌症发生发展中发挥重要作用, 本文就近年来外泌体在肺癌发病机制及诊疗中的研究进展做一综述, 讨论外泌体在肺癌诊断、预后及治疗中的潜在临床意义。

**结论** 外泌体是内含核酸、蛋白质、脂质等的细胞外囊泡, 在许多生理与病理过程中发挥重要作用, 并且能将信号分子传递给其他细胞从而改变其他细胞的功能, 是细胞间信息传递的重要方式。越来越多的研究显示其可以在肺癌的发生发展中起促进作用, 检测外泌体内容物有助于肺癌的诊断、治疗与预后评估。但有关外泌体如何形成、其发挥作用的功能机制以及靶分子和信号通路的研究尚未完全清楚。此外, 目前有关外泌体检测的分离、纯化、定量等步骤尚没有标准化方法, 所以仍需对外泌体进行更加深入的探索, 更好的阐明外泌体在肺癌中的作用机制, 利用外泌体研发出更多有效的治疗、诊断方法, 为肺癌的诊断、治疗提供新思路。

## PU-4065

### 三种流感病毒抗原检测试剂盒的比较

徐娟

中国人民解放军中部战区总医院, 430000

**目的** 简述流感的快速检测方法即免疫学胶体金法的原理和优缺点, 并对来自不同厂家的试剂盒进行比较, 为流感抗原的快速筛查提供依据, 从而在流感防控工作中灵活选择和应用此检测技术。

**方法** 分别用韩国 SD 流感病毒抗原检测试剂盒(胶体金法)和艾博生物流感病毒抗原检测试剂盒及万孚生物流感病毒抗原检测试剂盒对 280 例疑似流感患者鼻咽拭子标本进行检测, 以 PCR 核酸检测结果为参考, 比较不同厂家胶体金免疫层析试剂盒的特异性与灵敏度。

**结果** 自 2018 年 12 月初至 2019 年 2 月中旬, 我院检验科共接收到流感检测标本 689 例。其中我检验科对相同病人标本同时用不同厂家的胶体金免疫层析法流感病毒抗原检测试剂盒及 PCR 测定 280 例。对比 SD 流感病毒抗原检测试剂盒(胶体金法)和万孚生物流感病毒抗原检测试剂盒以及艾博生物流感病毒抗原检测试剂盒的检测结果, 统计得出 SD 流感病毒抗原检测试剂盒(胶体金法)的灵敏度为 91.2%, 特异性为 98.7%; 万孚生物流感病毒抗原检测试剂盒的灵敏度为 88.6%, 特异性为 97.5%; 艾博生物流感病毒抗原检测试剂盒的灵敏度为 71.1%, 特异性为 99.4%。

**结论** SD 流感病毒抗原检测试剂盒(胶体金法)和万孚生物流感检测试剂盒的检测结果非常精确, 为临床上快速筛查流感疾病的工作提供了依据。然而艾博流感病毒抗原检测试剂盒的灵敏度较低, 不适合流感疾病的快速筛查。

#### PU-4066

### Technical Validation of a Next-Generation Sequencing Assay for Detecting Clinically Relevant Levels of Breast Cancer-Related Single-Nucleotide Variants and Copy Number Variants Using Simulated Cell-Free DNA.

Xin Yang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Next-generation sequencing (NGS) is commonly used in a clinical setting for diagnostic and prognostic testing of genetic mutations to select optimal targeted therapies

**Methods** Herein, we describe the development of a custom NGS assay for detecting single-nucleotide variants (SNVs) and copy number variations (CNVs) in a panel of 51 genes related to breast cancer. We designed and implemented a validation strategy in accordance with principles and guidelines developed by the Next-Generation Sequencing: Standardization of Clinical Testing work group using artificial, cell-free DNA (cfDNA) with mutant fragments prepared in a simple, rapid, and cost-effective manner.

**Results** For SNV detection, our test had 96.30% sensitivity at mutant allele frequency  $\geq 0.5\%$  with high specificity (99.9997%) and accuracy (99.9996%). For CNV detection, the approach had 95.83% sensitivity for copy numbers at 1.25x (25.6% extra copies) with high specificity (99.77%) and accuracy (99.76%). In addition, our NGS-based assay demonstrated high intrarun and interrun reproducibility, high consistency compared to digital PCR, and a low cross-contamination rate.

**Conclusions** An overall assessment using cfDNA and plasma cfDNA samples demonstrated our custom NGS assay yields a reliable and robust detection sensitivity with a mutant allele frequency as low as 0.5% for SNVs and copy number of 1.25x for CNVs.

#### PU-4067

### Blockage of TGF- $\alpha$ Inducing by Spherical Silica Nanoparticles Inhibits Epithelial-Mesenchymal Transition and Proliferation of Human Lung Epithelial Cells

Zijie Liu, Yixun Li, Huan Li  
the first affiliated hospital of kunming medical university

**Objective** To explore the role and mechanism of SiNPs in the tumorigenesis of lung cancer in Xuanwei

**Methods** human bronchial epithelial cells (BEAS-2B) were co-cultured in a transwell chamber. Combined with Benzo[a]pyrene-7, 8-dihydrodiol-9, 10-epoxide (BPDE), After treatment by Benzo[a]pyrene-7,8-dihydrodiol-9,10-epoxide (BPDE) and SiNPs, the subcutaneous tumorigenicity and EMT of BEAS-2B cells were analyzed. Cytokine microarray was used to detect the cytokines released from THP-1 cells, and the cytokine function was studied in vitro and in vivo.

**Results** SiNPs could significantly promote the proliferation and Epithelial-Mesenchymal Transition (EMT) of BEAS-2B cells, inhibit apoptosis, and induce the release of TGF- $\alpha$  from THP-1 cells. After blocking TGF- $\alpha$ , the proliferation and EMT of BEAS-2B cells was decreased and apoptosis increased. Furthermore, the results showed that the concentrations of TGF- $\alpha$  in the sera of patients with lung adenocarcinoma in Xuanwei were significantly higher than in patients with benign pulmonary lesions in Xuanwei district and those with lung adenocarcinoma in outside of Xuanwei districts of Yunnan. In addition, it was found that the expression of p-STAT3 protein was up-regulated after SiNPs were treated, while it was down-regulated after neutralizing TGF- $\alpha$ .

**Conclusions** our study found that SiNPs promoted the EMT of BEAS-2B cells and accelerated tumor growth by inducing the release of TGF- $\alpha$  from THP-1 cells.

## PU-4068

### XN血细胞分析仪血小板计数方法评价

张晓平

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 采用日本 SYSMEX 公司生产的 XN 系列全自动血细胞分析仪, 分析医院临床标本, 探讨此设备使用的电阻抗法 (I 通道), 光学法 (O 通道), 荧光法 (F 通道) 计数血小板的准确性以及影响血小板计数准确的相关因素。

**方法** 采用电阻抗法 (I 通道)、光学法 (O 通道), 荧光法 (F 通道) 和手工法 (草酸铵法) 计数血小板值分别为记录 PLT-I, PLT-O, PLT-F 和 PLT-M, 分别用 PLT-I, PLT-O, PLT-F 计数值与 PLT-M 计数值比较, 使用 95%可信区间  $p \pm 1.96 \times \text{Sep}$  评价, 以每个标本的 PLT-M 值为靶值。分析每种方法与手工方法的一致性; 观察血细胞仪器每种检测血小板方法的抗干扰能力。

**结果** 正常对照组 30 例标本, PLT-I 计数值、PLT-O 计数值, PLT-F 计数值和 PLT-M 计数值比较, 都具有较好的一致性。小红细胞或红细胞碎片组 ( $\text{MCV} < 75 \text{ fl}$ ) 30 例, PLT-I 计数血小板较 PLT-M 高, 偏差随着 MCV 减小而变大, 血小板直方图尾部出现异常抬高计数影响较大, 而 PLT-O 计数值、PLT-F 计数值和 PLT-M 计数值之间具有较好的一致性。网织血小板增高组 ( $\text{IPF} > 15\%$ ) 30 例, PLT-I 和 PLT-O 计数值较 PLT-M 计数值低, 且 PLT-O 计数值最低, 而 PLT-F 与 PLT-M 计数值一致。

**结论** XN 血细胞分析仪计数血小板在正常血液标本中, 三种检测方法与手工法一致, 结果均可靠。在存在小红细胞和或红细胞碎片干扰血小板计数或标本存在异常形态血小板时, 电阻抗法 (I 通道) 计数值结果不可靠; 光学法 (O 通道) 对小红细胞和红细胞碎片纠正能力较强, 对存在网织血小板时计数结果偏低, 漏掉部分网织血小板; 荧光法 (F 通道) 计数血小板三类干扰都可以排除, 与手工法计数一致。在 Laboman 的血小板复检规则中, 增加 CBC 血小板计数的报警信息, 适时启动荧光法 (F 通道) 计数血小板, 排除血小板计数干扰因素, 保证结果及时、正确。

## PU-4069

## Dissemination of multi-drug resistant *Shigella flexneri* and *Shigella sonnei* with class 1, class 2 and atypical class 1 integrons in China

Haiquan Kang, Bing Gu, Ping Ma  
Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

**Objective** Emergence of multidrug-resistant *Shigella*, a major causative agent of bacterial dysentery, has generated many concerns not only in China but also worldwide. However, the prevalence of *Shigella* resistance caused by integron in the non-popular season of diarrhea is not clear.

**Methods** 31 *Shigella flexneri* and 22 *Shigella sonnei* samples were collected in December 2010 from ten cities of China were characterized for antimicrobial susceptibility, gene cassettes, widespread of integrons and Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) profile.

**Results** Multidrug resistance (MDR) was detected in 29 (93.5%) *S. flexneri* and 20 (90.9%) *S. sonnei* isolates. Class 1 integrons were detected in 25 (80.6%) *S. flexneri* and in 13 (59.1%) *S. sonnei* isolates; class 2 integrons were detected in 26 (83.9%) *S. flexneri* and in 19 (86.4%) *S. sonnei* isolates; no class 3 integrons were detected. Interestingly, the atypical class 1 integrons were mostly detected in *S. flexneri* (45.2%) isolates, while in only 1 (4.5%) *S. sonnei* isolate. DNA sequencing revealed two novel cassette arrays, *dfrA5* and *aacA4-cmlA*, of class 1 integrons in *S. flexneri*, and *dfrA17-aadA5* in *S. sonnei* isolates. The cassette arrays, *dfrA1-sat1-aadA1* of class 2 integron and *bla<sub>oxa</sub>-30-aadA1* of atypical class 1 integron, were also identified. PFGE profiles demonstrated A6 subtype of *S. flexneri* strains prevalent in Shanghai, Changchun, Jinan, and Changsha; and F6 subtype of *S. sonnei* prevalent in Jinan, Changchun and Shanghai.

**Conclusions** The dissemination of MDR *Shigella* strains with integrons in the non-popular season of diarrhea makes it an increasing public health problem in China. The emergence of multidrug resistance to antibiotics is worrisome. Increased surveillance and the development of adequate prevention strategies are warranted.

## PU-4070

## 一种新型聚集诱导发光探针在双光子光动力疗法中的应用研究

何晓静, 司徒博, 郑磊  
南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 基于双光子成像原理的双光子光动力疗法 (TP-PDT) 具有组织穿透能力强、空间定位精准、对正常组织损伤小等优势。然而, TP-PDT 的有效实现仍缺乏理想的双光子光敏剂已有研究证实, 具有聚集诱导发光 (AIE) 性质的双光子光敏剂具有光子产率高、光稳定性好等独特的优势, 在该研究领域具有良好的应用前景。

基于上述背景, 我们在本研究中设计并合成了一种新型的小分子 AIE 荧光探针 DPASP, 该分子独特的光学性质促使我们探究其在生物系统中的应用效能以及作为光敏剂的潜力, 并进一步验证其作为新型双光子光敏剂在 TP-PDT 中的治疗效果及优越性。

**方法** 根据线路图 1 合成 DPASP, 并通过紫外吸收光谱分析等方法探究该分子的光物理特性;

探究 DPASP 对 A549 细胞的荧光成像效能, 并探究 DPASP 作为光敏剂的潜力;

引入细胞凋亡指示探针碘化丙啶 (PI), 验证其作为双光子光敏剂的可行性; 构建三维多细胞肿瘤球体 (MCTSs) 模型, 通过固定双光子激光焦平面, 对 DPASP 与 PI 共染的 MCTS 内特定深度的

细胞进行选择扫描,根据 MCTS 内凋亡细胞的分布判断 DPASP 介导的 TP-PDT 的立体定向治疗效能;

分别通过活体成像、双光子成像探究 DPASP 在肿瘤内的滞留能力与有效成像深度;对荷瘤鼠进行分组并对各组荷瘤鼠给予 DPASP (或 PBS) 介导的 TP-PDT 处理或对照处理,测量并记录所有荷瘤鼠的肿瘤生长情况。

**结果** DPASP 同时具有 AIE 及 TICT 特质,其斯托克斯位移为 189 nm,在 960 nm 处有最大双光子吸收截面高达 235 GM;

DPASP 可特异地靶向线粒体,与商品化线粒体探针相比具有良好的光稳定性;该分子对 A549 细胞具有浓度依赖的光敏性杀伤作用;

在双光子激光扫描下,DPASP 介导的 TP-PDT 可有效杀伤 MCTS 内特定深度的细胞而不损伤周围的其他细胞;

DPASP 可有效滞留于肿瘤部位;其介导的 TP-PDT 可有效地抑制 A549 荷瘤鼠肿瘤的生长。

**结论** 本研究成功合成了一种新型的小分子 AIE 双光子光敏剂 DPASP,可在体外及活体水平实现精准的立体定向治疗。本研究有望为合理设计和开发具有不同特异性的 AIE 双光子光敏剂提供了新策略。

## PU-4071

### 采血量对血常规和部分生化项目的影响

刘子杰

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 采血量过多或过少会给检验项目造成影响,但目前大型医院或第三方检验机构的检测样本量大,如果全部标本均进行采血量的评估则不具有操作性,因此本研究拟分析采血量对血常规和部分生化项目检测的影响,以找到一个合适最低采血量。

**方法** 将同一患者的血液标本混匀分别注入 0.5ml,1ml,2ml,3ml,4ml 的 EDTA 抗凝管混匀后进行血常规检测,每个标本平行测定 3 次,分析 RBC, WBC, PLT, HGB 四个参数的差异,组间比较采用单因素卡方检验,以 4ml 采血量为基准计算各组与它的偏差。同样将同一患者血液标本混匀后分别将 1ml,2ml,3ml,4ml 血液注入肝素抗凝管混匀后离心,取血浆进行检测,按上述方案分析 K, Na, Cl 和 ALT 的变化。

**结果** 1.4ml,3ml,2ml,1ml,0.5ml 的 EDTA 抗凝样本 WBC 检测结果组间差异无统计学意义,PLT 计数存在显著性差异,但其总 CV 约 TEA 的 1/10,因此未对临床造成显著影响;RBC 和 HGB 检测随着标本量增加呈降低趋势,组间差异显著,且 RBC 偏差超过总允许误差。经组间比较发现当标本量为 2ml 以上时差异无显著性。

2 随着采血量的减少 K 离子浓度不断升高而钠离子浓度呈下降趋势。但 K 离子和 Na 离子的偏差在总允许误差范围内,因此采血量 1ml 以上对这两个项目无显著影响。采血量 1~4ml 对 CL 离子和 ALT 基本无影响,所引起的偏差在总允许范围之内。

**结论** EDTA 抗凝血低于 2ml 会对血常规检测结果造成影响,肝素抗凝血 1ml 以上对检测结果产生的影响不具有显著临床意义,但生化检测项目多,因此最少需 2ml,综合以上结果血常规和生化检测采血量不能低于 2ml。



## PU-4072

## 基于高通量测序的肝细胞癌 mRNA 的差异表达及初步分析

曾灏<sup>1</sup>,秦雪<sup>2</sup>,翠缨<sup>1</sup>,覃文周<sup>1</sup>,莫宗锦<sup>1</sup>

1.贵港市人民医院,537100

2.广西医科大学第一附属医院,530021

**目的** 通过对肝细胞癌组织以及配对癌旁组织的 mRNA 进行高通量测序分析,揭示肝细胞癌发生发展过程中可能的关键调控通路以及关键差异表达的 mRNA,为下一步的研究打下基础;

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 10 月贵港市人民医院经手术切除的 HBV 相关肝细胞癌组织及其配对癌旁组织样本,利用 HiseqXTen 测序平台对 HBV 相关肝细胞癌以及配对癌旁组织样本进行高通量测序,筛选差异表达 mRNA;对差异表达的 mRNA 进行 GO 功能富集分析、KEGG 信号通路富集分析以及 KO 分析等,展示其可能存在差异的功能以及主要参与的代谢途径和信号通路,并筛选关键调控通路以及关键差异表达的 mRNA;扩大样本量,利用实时荧光定量 PCR 和免疫组化技术对关键差异表达 mRNA 在基因和蛋白水平上的表达进行验证;

**结果** 共筛选到 2386 个差异 mRNA,其中有 1119 个 mRNA 表达上调,1267 个 mRNA 表达下调;GO 功能富集分析发现,差异表达 mRNA 主要富集在 GO:0046395 carboxylic acid catabolic process、GO:0070062 extracellular exosome、GO:0016614 oxidoreductase activity 等 GO Term 上;KEGG 分析发现差异表达基因主要集中在 Valine,leucine and isoleucine degradation、Retinol metabolism 和 Cell cycle 等 20 个信号通路上;KO 分析发现在细胞周期 (Cell cycle) 通路上, SFN、CCNB1 和 CDK1 分别位列上下游并显著上调;经验证发现在肝细胞癌组织中 SFN、CCNB1 和 CDK1 的基因和蛋白表达量上调,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 通过高通量测序筛选到的 SFN、CCNB1、CDK1 在肝细胞癌中高表达,并且它们都富集在细胞周期通路上,提示它们可能与肝细胞癌细胞增殖相关。

## PU-4073

## 罗氏电化学发光 combas e411 检测血清中枢神经特异蛋白 S100 的方法学验证

张丽

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 为满足临床需要,保证检验质量,开展新项目 S100 项目之前,对罗氏电化学发光 combas e411 检测血清中枢神经特异蛋白 S100 项目进行性能验证。

**方法** 参照 WS/T420—2013《临床实验室对商品定量试剂盒分析性能的验证》,通过罗氏 Cobas e411 免疫分析系统,使用配套的试剂、校准品和质控品检测血清 S100 值,对其正确度、精密度、线性范围、参考区间进行性能验证。

**结果** (1) S100 正确度计算所得的百分比偏倚分别为: 3.48%、3.40%、3.21%、1.81%、1.67%,均 $<5\%$ 。(2) 罗氏电化学发光 combas e411 检测的批内精密度 (CV): 低值样本为 0.93%,高值样本为 0.86%,均 $<2.3\%$ ,批间精密度 (CV): 低值样本为 1.7%,高值样本为 2.0%,均 $<5.6\%$ 。(3) 通过直线回归得到线性回归方程  $y=1.0061x-0.0309$ ,  $r^2=0.9994$ ,  $a$  在 0.9-1.1 之间,  $r^2>0.995$ ,验证 S100 线性范围为 0.01-2.49ug/l。(4) 男女 20 例体检样本检测结果均在厂家提供的参考区间 ( $<0.105\text{ug/L}$ ) 内, S100 参考值区间验证通过。

**结论** S-100 试剂盒在罗氏电化学发光检测系统 combas e411 上的性能评价试验结果表明,本产品的正确度、精密度、线性范围、参考区间等各项指标的试验结果均符合预期标准,可以用于临床。

## PU-4074

## Three Patients with Multiple Myeloma Developing Secondary Lymphoblastic Leukemia: Case Report and Review of the Literatures

Junxun Li, Juan Li

First Affiliated Hospital of Sun Yatsen University

**Objective** Cases of secondary lymphoblastic leukemia in Multiple Myeloma were rarely reported.

**Methods** We reported three cases of secondary lymphoblastic leukemia in multiple myeloma. They shared similar phenotype of myeloma cells and the secondary lymphoblast.

**Results** These three patients experienced a series of complex chemotherapies, due to various reasons.

**Conclusions** Multiple immune defects caused by the exposure of a variety of agents might exist, and play an important role in the development of secondary lymphoblastic leukemia. Microscope morphology and flow cytometry would be important to the discovery of secondary malignancies in multiple myeloma. Further clinical, experimental and genetic studies of secondary malignancies in multiple myeloma would be necessary in the future.

## PU-4075

## Clusterin apolipoprotein J facilitates NF- $\kappa$ B and Bax degradation and prevents IR injury in heart transplantation

jiangdong du

Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Background and Aim: Ischemia-reperfusion (I/R) injury is an unavoidable event occurring during heart transplantation and is a key factor in graft failure and long-term survival rate of recipients. Therefore, there is an urgent need for the development of new therapies to prevent I/R injury. Clusterin is a hetero-dimeric glycoprotein with an antiapoptotic function. In this study, we investigated whether clusterin was cardioprotective in heart transplantation against I/R injury using an in vivo rat model and an in vitro cell culture system and we examined the underlying mechanisms of I/R injury.

**Methods** Methods: Heart grafts from wild-type C57BL/6 mice were preserved in UW solution (control) or UW solution containing recombinant human apolipoprotein J (hr clusterin) for 24 hours. The preserved hearts were implanted into recipient mice of the same strain as the donors for 72 hours. The heart grafts were then taken for histopathological and gene expression analyses. An in vitro ischemia reperfusion model using H9C2 cells or H9C2/clusterin cDNA cells was constructed. The expression of clusterin, p65, Bax, Bcl-xL, IL-1 $\beta$ , and TNF- $\alpha$  protein and mRNA in heart tissue and H9C2 cells was detected by Western blot, reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR), and quantitative RT-PCR assays. IL-1 $\beta$  and TNF- $\alpha$  protein was detected by enzyme-linked immunosorbent assays. NF- $\kappa$ B activity was detected by an electrophoretic mobility shift assay and cell apoptosis was detected by terminal deoxynucleotidyl transferase-mediated dUTP nick-end labeling and flow cytometric analyses.

**Results** Results: Cold I/R caused severe morphologic myocardial injury to heart grafts from wild-type C57BL/6 mice whereas grafts from hr clusterin preservation showed less damage, as demonstrated by decreased cell apoptosis/ death, decreased neutrophil infiltration, and the preservation of the normal structure of the heart. Clusterin reduced expression of p65, pre-inflammatory IL-1 $\beta$ , TNF- $\alpha$ , and the pro-apoptotic gene Bax while it enhanced expression of the anti-apoptotic gene Bcl-xL in vitro and in vivo. Clusterin inhibited cell apoptosis/death and reduced preinflammation.

**Conclusions** Conclusion: Clusterin is a promising target for preventing cold I/R injury in heart transplantation. This study also shows that the resultant protective effects of clusterin are mediated by NF- $\kappa$ B signaling and Bax/Bcl-xL expression.

## PU-4076

### 射频消融联合无水酒精注射对兔 ALT 和 Cr 的影响

金晓华

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 研究不同方式的射频消融（RFA）与无水酒精（PEI）联合应用对正常兔肝脏的肝肾功能的影

**方法** 1.分组情况：采用活体新西兰大白兔正常肝脏进行研究，共4组（每组6只），均采用CT引导下同轴穿刺技术，A组为RFA后PEI组，B组PEI后RFA组，C组为RFA组，D组为PEI组。2.观察指标：分别于术前、术后1天、3天、7天抽血检查ALT、Cr水平的变化情况。

**结果** 2.1 ALT：干预前1天各组血清ALT：A=39.5 $\pm$ 31 $\mu$ L，B=44.8 $\pm$ 32 $\mu$ L，C=48.7 $\pm$ 26 $\mu$ L，D=83.8 $\pm$ 64 $\mu$ L，各组差异无统计学意义；在术后1天明显增高达到峰值，分别为A=257.1 $\pm$ 140 $\mu$ L，B=169.5 $\pm$ 89 $\mu$ L，C=188.7 $\pm$ 69 $\mu$ L，D=157.8 $\pm$ 112 $\mu$ L；术后第三天开始下降，分别为A=90 $\pm$ 30 $\mu$ L，B=147.7 $\pm$ 91 $\mu$ L，C=94.8 $\pm$ 38 $\mu$ L，D=68 $\pm$ 27 $\mu$ L；至术后7天ALT：A=45.5 $\pm$ 7.2 $\mu$ L，C=48.7 $\pm$ 19.3 $\mu$ L，D=45.3 $\pm$ 18.2 $\mu$ L，均恢复至术前水平（P>0.05）。B组术后7天血清ALT为127 $\pm$ 103 $\mu$ L，和术前有显著差异（P<0.05）。术后7天血清ALT各组间比较有显著差异（P<0.05）。2.2 Cr：干预前1天各组血清Cr：A=76.1 $\pm$ 16 $\mu$ mol/L，B=72.5 $\pm$ 13 $\mu$ mol/L，C=110.8 $\pm$ 58 $\mu$ mol/L，D=74 $\pm$ 10.7 $\mu$ mol/L，组间比较无统计学差异；术后1天：A=63 $\pm$ 8.3 $\mu$ mol/L，B=93.5 $\pm$ 37.9 $\mu$ mol/L，C=113 $\pm$ 45.4 $\mu$ mol/L，D=84.5 $\pm$ 11.7 $\mu$ mol/L；术后3天D组血清Cr升高为84.5 $\pm$ 10.6 $\mu$ mol/L，较术前有显著差异（P<0.05），其他3组术后3天分别为A=72.8 $\pm$ 7.5 $\mu$ mol/L，B=75.8 $\pm$ 18.4 $\mu$ mol/L，C=76.2 $\pm$ 19.1 $\mu$ mol/L，术后3天各组两两比较无显著意义（P>0.05）；术后7天D组血清Cr降低为51 $\pm$ 8.9 $\mu$ mol/L，较术前有显著差异（P<0.05）。

**结论** PEI后RFA对于兔肝、肾功能影响小、并发症少，PEI后RFA治疗是安全、有效的。

## PU-4077

### 谷草转氨酶异常升高

王盛姣

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 通过一例临床实践工作中遇到的无症状性谷草转氨酶异常升高的病例探究谷草转氨酶测定的影响因素。

**方法** 临床实际工作中，患者体检过程中发现谷草转氨酶异常增高，达到900U/L。谷丙转氨酶、乳酸脱氢酶、心肌酶谱正常。于当地某三甲医院消化科就诊，医生就肝功能化验单结果诊断为脂肪肝，建议患者住院行保肝降酶保守治疗。患者治疗一周后复查肝功能，谷草转氨酶稍有下降，但效果不明显。患者跟主管医生请假要去某一线城市出差，几天后患者回到就诊医院，拿出其在出差一线城市三甲医院做的肝功能报告单，结果显示谷草转氨酶正常，遂向其初次就诊医院讨要说法，怀疑第一次肝功能报告单结果的准确性。医院检验科工作人员遂将患者第一次做化验的血标本找出，在不同的机器上进行比对。

**结果** 临床实际工作中,患者体检过程中发现谷草转氨酶异常增高,达到 900U/L。谷丙转氨酶、乳酸脱氢酶、心肌酶谱正常。于当地某三甲医院消化科就诊,医生就肝功化验单结果诊断为脂肪肝,建议患者住院行保肝降酶保守治疗。患者治疗一周后复查肝功能,谷草转氨酶稍有下降,但效果不明显。患者跟主管医生请假要去某一线城市出差,几天后患者回到就诊医院,拿出其在出差一线城市三甲医院做的肝功能报告单,结果显示谷草转氨酶正常,遂向其初次就诊医院讨要说法,怀疑第一次肝功能报告单结果的准确性。医院检验科工作人员遂将患者第一次做化验的血标本找出,在不同的机器上进行比对。

**结论** 患者 AST 异常增高是由于巨酶复合物的存在影响了检测结果。

## PU-4078

### 免疫比浊法检测糖化血红蛋白的性能进行评价

谭同均,龙琴

宜宾市第一人民医院,644000

**目的** 应用胶乳增强免疫比浊法在日立 7600-020 全自动生化分析仪上检测糖化血红蛋白(HbA1c)的性能进行评价。

**方法** 对应用胶乳增强免疫比浊法在日立 7600-020 全自动生化分析仪上检测 HbA1c 的精密度、检测限、相关性、线性范围、准确度、携带污染进行评价,并检测从健康体检人群中随机抽取 40 例标本检测糖化血红蛋白(HbA1c)进行参考区间验证。

**结果** 应用胶乳增强免疫比浊法在日立 7600-020 全自动生化分析仪上检测 HbA1c 的中高水平的批内变异系数(CV)分别为:1.6%,0.5%;批间变异系数(CV)分别为:2.57%,1.26%;检测限:0.1%;线性范围:2.3%-15.9%;平均回收率为 100.5%[S1];20 例新鲜标本应用胶乳增强免疫比浊法在日立 7600-020 全自动生化分析仪上检测 HbA1c 的结果与高效液相色谱法 BLO-RAD(D-10N)上检测 HbA1c 的结果明显相关: $Y=1.02X+0.20$ ;  $r^2=0.989$ ;  $P<0.001$ ; HbA1c 高值标本对低值标本的检测结果显示无明显携带污染(污染率为 1.33%);从健康人群中抽取的 40 例标本进 HbA1c 检测的结果为 3.2%-5.8%。

应为平均回收率

**结论** 应用胶乳增强免疫比浊法在日立 7600-020 全自动生化分析仪上检测 HbA1c 的性能良好,可供临床使用。

## PU-4079

### 异质性万古霉素中介的金黄色葡萄球菌的研究进展

王博文,张智洁,刘勇

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 异质性万古霉素中介的金黄色葡萄球菌(hetero-geneous Vancomycin- Intermediate Staphylococcus aureus, hVISA)近年来在甲氧西林耐药金黄色葡萄球菌(MRSA)中被检出,hVISA 与目前的临床万古霉素敏感性降低所致的治疗失败相关。最有风险感染 hVISA 的病人即为那些曾暴露于万古霉素的病人。

**方法** 快速而又准确地对于感染 hVISA,万古霉素中介敏感金黄色葡萄球菌(VISA)和万古霉素耐药金黄色葡萄球菌(VRSA)的病人进行确证检测以及感染控制方案的制定,对于控制这些菌株的播散和耐药率的增加都是非常重要的。除了 MRSA 对万古霉素耐药现状的研究以外,MRSA 分子流行病学亦是 MRSA 研究的重要内容,这是因为分子流行病学资料有利于对耐药菌株的起源、传播及发展进行深入了解和追踪,并能为 MRSA 的克隆传播提供证据。

**结果** SCCmec II 型和 agr2 型在 hVISA 中所占的比例更高, 且明显高于其在万古霉素敏感金黄色葡萄球菌 (VSSA) 中的比例。这符合 SCCmec II 型与万古霉素耐药性增加有关的研究结果<sup>[1]</sup>。有文献报道, 当利用基因工程导致 agr 基因缺失后, 相比于其他 agr 分型的 MRSA, 原本野生型为 agr2 的 MRSA 更易发展出对糖肽类抗菌药物的耐药性。提示 agr2 型的 MRSA 具有某种生存优势, 可以在暴露于低水平糖肽类抗菌药物的条件下存活<sup>[2]</sup>。

**结论** Moise-Broder P 等的研究亦证明 agr2 型和万古霉素治疗失败率显著相关<sup>[2]</sup>。因此, hVISA 中有更高比例的菌株属于 agr2 型是一个值得进一步深入研究的问题。研究 hVISA 的耐药机制对于遏制 hVISA 耐药性传播和蔓延, 控制感染亦具有重要意义。

## PU-4080

### False Decrease of High-sensitivity Cardiac Troponin T Assay in Pneumatic Tube System Samples

Jia Wei, Yi ning Wu, Yun Ling, Xiaoting Chen, Qiong Zhu, Jian Xu  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** To reduce the workload and shorten the turnaround time of clinical laboratories, pneumatic tube system (PTS) is commonly used in hospitals. However, rapid accelerations, decelerations, radial gravity forces and changes in air pressure may cause violent vibrations and damage of blood cells thus leading to hemolysis. We aimed to evaluate the impacts of PTS on high-sensitivity cardiac troponin T (hs-cTnT) assays.

**Methods** Grouped samples from 15 healthy volunteers were delivered to the laboratory from emergency department (ED) via manual delivery (MD) or PTS and performed for hs-cTnT and HI. Meanwhile, another sample with halved blood volume from corresponding volunteers was transported by PTS. The hemolysis distribution of PTS specimens from ED were determined by hemolysis index (HI). Gradient hemolysis models were prepared and detected to access the impact of hemolysis on hs-cTnT assays.

**Results** 7.26% PTS specimens were hemolyzed in clinic, among which micro and mild hemolysis accounted for 80%. Compared with MD samples of volunteers, we found there was a -10.19% bias in PTS samples (MD:  $4.69 \pm 1.04$  ng/L, PTS:  $4.20 \pm 0.89$  ng/L,  $P < 0.001$ ). Besides, specimens with halved blood volume produced a greater bias (Bias: -12.58%, PTS:  $4.06 \pm 0.81$  ng/L,  $P < 0.001$ ). Results of gradient hemolysis model showed that hemolysis was associated with a false reduction in hs-cTnT assays (R: -0.820 ~ -0.958, all  $P \leq 0.001$ ) and significant bias occurred at 100mg/dL hemolysis level (Bias: -13.85% ~ -15.75%, all  $P < 0.05$ ), especially at 200mg/dL hemolysis level (Bias: -22.31% ~ -26.17%, all  $P \leq 0.001$ ). Moreover, bias of hs-cTnT assays at 50mg/dL free Hb was approaching 10%, especially at 30ng/L hs-cTnT level (Bias: -11.72%,  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** PTS could increase the frequency of specimen hemolysis which might cause false decrease in hs-cTnT assays. Hence, clinicians should be aware of the increased measurement bias in hs-cTnT from hemolyzed PTS samples with free Hb  $\geq 50$  mg/dL.

## PU-4081

### 中国健康人群 M 蛋白筛查结果分析

徐双  
北京大学人民医院, 100000

**目的** 通过对我国健康人群进行 M 蛋白筛查, 探讨我国健康人群 M 蛋白血症的发病率, 及建立血清蛋白电泳筛选 M 蛋白的判断标准。

**方法** 连续纳入 2017 年 4 月~2017 年 8 月间就诊于北京大学人民医院、第二军医大学附属长征医院、新疆医科大学附属第一医院的 2391 例样本。其中 1797 例样本为健康体检样本, 594 例样本为临床样本。制定蛋白电泳筛选 M 蛋白标准, 对其进行验证。根据筛选标准, 对 2391 例血清样本及 1239 例尿液样本先进行蛋白电泳检测, 筛选出可疑样本, 再进行免疫固定电泳, 统计全部样本 M 蛋白阳性率及分布规律。

**结果** 使用新制定的蛋白电泳筛选 M 蛋白标准, 对所有样本进行筛查, 得到可疑样本经免疫固定电泳确证, 得到 77 例含有 M 蛋白患者, 总阳性率为 3.22%。1797 例健康体检者筛查后, 经免疫固定电泳确证, 得到 49 例含有单克隆免疫球蛋白患者, 总阳性率为 2.73%。77 例 M 蛋白阳性样本中, IgG Kappa 型 (GK 型) 22 例, 占 28.57%; IgG Lambda 型 (GL 型) 21 例, 占 27.27%; IgA Kappa 型 (AK 型) 3 例, 占 3.90%; IgA Lambda 型 (AL 型) 6 例, 占 7.79%; IgM Kappa 型 (MK 型) 8 例, 占 10.39%; IgM Lambda 型 (ML 型) 2 例, 占 2.60%; Free Kappa 型 (FK 型) 7 例, 占 9.09%, Free Lambda 型 (FL 型) 7 例, 占 9.09%, 一例双克隆, 为 IgG Kappa+IgM Kappa 型, 占 1.30%。

**结论** 血清蛋白电泳是快速、灵敏筛查单克隆免疫球蛋白血症的方法之一, 所制定的筛选规则适合临床实际应用, 极少漏诊 M 蛋白阳性患者。健康人群 MGUS 发病率在 2.73%, 需密切随访, 观察转归。

## PU-4082

### 2018 年度健康体检者血流变检测 results 分析

吴玉秀, 刘冀琴, 王贺孔, 靳颖  
武警后勤学院附属医院

**目的** 分析 4548 例健康体检者的血流变检测结果, 并对异常结果改变进行探讨。

**方法** 把 4548 例健康体检者分成青壮年组和中老年组, 检测两组体检者血流变各项指标。

**结果** 青壮年组正常 818 例, 轻度异常 53 例, 中度异常 105 例, 高度异常 73 例; 中老年组正常 2904 例, 轻度异常 350 例, 中度异常 140 例, 高度异常 105 例。

**结论** 【结论】血液黏度是血流变学研究中最基本、最重要的综合性指标, 血液流变的改变与许多疾病相关联, 尤其是与心脑血管性疾病的发生、发展密切相关。因此, 通过检测血流变, 发现异常, 及时进行干预、治疗。

## PU-4083

### 自身抗体联合检测对系统性红斑狼疮的诊断价值

殷丽丽  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 探讨多种血清自身抗体联合检测对系统性红斑狼疮(systemic lupus erythematosus, SLE)的诊断价值。

**方法** 研究对象 SLE 组选取 2018 年 1 月至 2018 年 8 月中国医科大学附属第一医院风湿免疫科收治的 SLE 患者 119 例, 对照组选取同期类风湿性关节炎(rheumatoid arthritis, RA)患者 43 例。免疫印迹法检测两组患者血清抗核抗体谱, ELISA 法检测抗  $\beta_2$  糖蛋白 I(anti- $\beta_2$  Glycoprotein I, anti- $\beta_2$ GPI)抗体。比较两组间自身抗体阳性率及表达水平的差异, 分析自身抗体联合检测对 SLE 诊断的敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值等指标。

**结果** SLE 组患者血清抗 nRNP/Sm 抗体、抗 Sm 抗体、抗 SS-A 抗体、抗 Ro-52 抗体、抗 SS-B 抗体、抗双链 DNA 抗体、抗核小体抗体、抗组蛋白抗体及抗核糖体 P 蛋白抗体阳性率分别为 31.9%、23.5%、49.6%、49.6%、11.8%、28.6%、35.3%、33.6%和 34.5%, 均高于对照组, 差

异有统计学意义( $P<0.05$ )。SLE 组患者抗  $\beta 2\text{GPI}$  抗体的表达水平高于对照组, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。抗 nRNP/Sm 抗体、抗 Sm 抗体、抗双链 DNA 抗体、抗核小体抗体、抗组蛋白抗体和抗核糖体 P 蛋白抗体联合诊断 SLE 的敏感度为 69.7%, 明显高于单一抗体( $P<0.05$ ), 但特异度、阳性预测值及阴性预测值的差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 自身抗体检测对 SLE 的诊断具有重要价值, 但单一抗体诊断的敏感性不高, 应联合多种抗体检测以提高诊断的敏感度, 利于 SLE 患者的早期诊治。

## PU-4084

### 显微镜镜检评估尿沉渣检测结果准确性的初步研究分析

徐含青

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 研究尿沉渣分析仪红细胞、白细胞计数结果与显微镜直接镜检结果的相关性, 实现显微镜镜检快速评估尿沉渣检测结果准确性的目的。

**方法** 收集含有不同浓度红细胞和白细胞的新鲜尿液样本 100 例, 同时使用迪瑞尿沉渣分析仪和显微镜直接镜检进行红细胞和白细胞计数。迪瑞尿沉渣分析仪测试结果经过人工图片校正后与显微镜直接镜检结果进行比对分析。

**结果** 尿沉渣分析仪检测结果在参考范围内时, 直接镜检几乎无红细胞和白细胞; 尿沉渣分析仪检测结果为参考范围-150 个/uI 时, 直接镜检红细胞/白细胞约为 1-5/HP; 尿沉渣分析仪检测结果为 150-400 个/uI 时, 直接镜检红细胞/白细胞约为 5-10/HP; 尿沉渣分析仪检测结果为 400-1000 个/uI 时, 直接镜检红细胞/白细胞约为 10-20/HP; 尿沉渣分析仪检测结果为 1000-3000 个/uI 时, 直接镜检红细胞/白细胞约为 20-30/HP; 尿沉渣分析仪检测结果为 3000-10000 个/uI 时, 直接镜检红细胞/白细胞约为  $>30/\text{HP}$ ; 尿沉渣分析仪检测结果为  $>10000$  个/uI 时, 直接镜检红细胞/白细胞为满视野密集分别。

**结论** 尿液直接镜检结果与尿沉渣分析仪的检测结果间可找到较好的相关性, 通过尿液样本直接镜检可较好评估尿沉渣分析仪结果的准确性。在存在血尿、脓尿、大量结晶、粘液丝等干扰情况下以及图像不可用或非图像法时可利用直接镜检法初步评估样本中的细胞数。

## PU-4085

### 反应性淋巴细胞 VCS 参数的变化研究

王丹, 张丽霞

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 贝克曼库尔特 LH750 血液分析仪通过使用 VCS 技术提供一组研究性参数, 包括体积 (volume, V)、电导率 (conductivity, C) 和光散射 (scatter, S) 的均值和标准差。反应性淋巴细胞可见于感染, 过敏疾病, 应急状态, 自身免疫疾病, 内分泌疾病以及恶性疾病等。由于抗原介导淋巴细胞的激活, 基因的转录激活, 从而使其形态上多样性改变, 体积变大, 胞核和胞浆都有变化。本探究主要探讨淋巴细胞 VCS 参数在反应性淋巴细胞中的变化以及与正常淋巴细胞中的鉴别作用。

**方法** 以健康成人 20 例为对照组, 用贝克曼库尔特 LH750 血细胞分析检测良性反应性淋巴细胞组 20 例, 并分析淋巴细胞 VCS 参数。

**结果** 反应性淋巴细胞组与健康对照组相比, V 参数增大, CS 参数减少, VC 参数 SD 明显增加 (p), 而 S 参数 SD 则无变化 (p)。

**结论** 反应性淋巴细胞的 VCS 参数的变化与其形态变化一致, 形态学多样, 体积变大, 在反应性淋巴细胞的鉴别中具有一定意义。

PU-4086

## Secondary Lymphoblastic Leukemia Occurred 38 Months after Primary Diagnosis of Multiple Myeloma: A Case Report

Junxun Li

First Affiliated Hospital of Sun Yatsen University

**Objective** Multiple Myeloma (MM) is a malignant plasma cell neoplasm characterized by plasma cells accumulating in the bone marrow and subsequent destruction of bone and organ dysfunction. This report describes a 66-year-old male patient that presented with typical MM clinical manifestation, developed secondary B cell lymphoblastic leukemia in 38 months after the primary MM diagnosis was made.

**Methods** To our knowledge, this is the first comprehensive report on secondary lymphoblastic leukemia in MM. Clinical characteristics, treatment, the process of secondary lymphoblastic leukemia and some new findings in the bone marrow smears were reviewed.

**Results** Owing to the exposure of variety of agents, it could be inferred that multiple immune defects might play an important role in the secondary lymphoblastic leukemia of the patient.

**Conclusions** Microscopic examination and flow cytometry detection were important in discovering secondary malignancies in MM.

PU-4087

## 一起副伤寒甲、副伤寒乙同时暴发疫情的菌株同源性 及毒力基因分析

全雪薇,张新,章波,刘春燕,伊贝拜汗·买买提,冶学燕  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 对一起副伤寒甲、副伤寒乙同时暴发流行事件中副伤寒沙门氏菌分离株的同源性及其毒力基因进行分析,为不同型别副伤寒同时暴发流行的防控提供参考依据。

**方法** 收集 2018 年 9-10 月某中学一起副伤寒甲、副伤寒乙同时暴发流行事件中副伤寒沙门氏菌分离株 28 例,分析其中临床症状典型、不同标本来源的 11 例菌株(5 株甲型、6 株乙型)。利用多重 PCR 确定菌株分子分型与血清学表型的一致性;采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)与多位点序列分析(MLST)确定菌株同源性;对 1 例患者同时从血液分离的甲型副伤寒沙门菌和粪便分离的乙型副伤寒沙门菌进行 16S r RNA 全基因组测序;检测毒力岛 SPI1-5 代表基因、调节基因、毒力质粒基因和细胞致死膨胀毒素(CDT)基因确定毒力基因在菌株间的分布特征。

**结果** 甲型与乙型副伤寒沙门氏菌的分子分型分别与血清学表型一致;甲型与乙型副伤寒沙门氏菌的 PFGE 指纹图谱分别一致;甲型副伤寒沙门氏菌 MLST 为 ST85 型,乙型副伤寒沙门氏菌 MLST 为 ST86 型;同时从患者血液分离的甲型副伤寒沙门菌和粪便分离的乙型副伤寒沙门菌 16S r RNA 基因序列相似度在 99%~100%;所有菌株均携带毒力岛 SPI1-5 代表基因 *invA*、*sitC*、*sseL*、*sifA*、*mgtC*、*siIE*、*sopB* 和调节基因 *phoP*,甲型副伤寒沙门氏菌还携带 CDT 基因 *cdtB*、*pltA*、*pldB*,毒力质粒基因 *pefA*、*prot6E*、*spvB* 检测均为阴性。

**结论** 本疫情存在同时甲型、乙型副伤寒沙门氏菌克隆性传播,在监测病原菌 SPI1-5 毒力基因的同时,尤其关注甲型副伤寒沙门菌 CDT 基因,应加强两种病原菌分子的监测和防控。



PU-4088

## 河南省临床甲状腺抗体 TPO-Ab、Tg-Ab 的阳性分布情况

丁利霞

郑州金域临床检验中心

**目的** 阐明甲状腺自身抗体 TPO-Ab、Tg-Ab 临床阳性率在河南省的分布情况。

**方法** 从郑州金域临床检验中心收集了 8981 例来自河南省 18 个市区门诊的甲状腺抗体检测数据，统计分析血清 Tg-Ab、TPO-Ab 阳性率在不同的性别、年龄、地市间的分布情况。

**结果** 河南省 8981 例临床血清检测样本的 Tg-Ab、TPO-Ab 阳性率分别为 27.39%，23.62%，女性阳性频数明显高于男性，且女性 40-70 岁阳性率较高。抗体双阳性率较高的地区有河南东南部的驻马店、漯河、周口、信阳和北部的安阳。

**结论** 本研究结果表明河南省东南部血清 TPO-Ab、Tg-Ab 临床阳性率较高，推测这些地区可能多发甲状腺自身免疫功能失调，应加强对自身甲状腺抗体的检测和监控。

PU-4089

## Characterization and Clinical Significance of Natural Variability in Hepatitis B Virus Reverse Transcriptase in Treatment-naïve Chinese Patients by Sanger Sequencing and Next-generation Sequencing

Ya Fu

Fujian medical university

**Objective** To investigate the characterization and clinical significance of natural variability in HBV RT in treatment-naïve patients.

**Methods** HBV RT sequences were analyzed in 427 patients by sanger sequencing and 66 patients by next-generation sequencing.

**Results** Primary or secondary NAr mutations were not found except rtA181T by sanger sequencing, but detected by next-generation sequencing. Mutations were found in 56 RT AA sites by sanger sequencing, in 36 of which mutations could lead to changes of B or T cell epitopes in RT or S protein. The distribution of mutations was diverse in different sections with the RT region. Multiple mutations showed significant association with HBV DNA, HBsAg, HBeAg, age and severity of liver fibrosis. Mutations at rt251, rt266, rt274, rt280, rt283, rt284 and rt286 were found most in ALD group by next-generation sequencing.

**Conclusions** The present study demonstrates that NGS was more suitable than sanger sequencing for monitor NAr mutations in a low rate in the treatment-naïve patients and mutations in RT region might be involved in the progression to ALD.

## PU-4090

## Competitive endogenous RNA networks: integrated analysis of non-coding RNA and mRNA expression profiles in hepatic fibrosis

Hui Jiang, Kaiquan Huang, Xingxing Huo, Shijie Zhang, Jiuxiang Wang, Qiumei Zhou, Wei Yao  
Experimental Center of Clinical Research, The First Affiliated Hospital of Anhui University of Chinese

**Objective** This study aims at revealing functional lncRNAs and identify the key lncRNAs in Hepatic fibrosis (HF).

**Methods** LncRNA-associated ceRNA network was reconstructed based on the lncRNAs, miRNAs, and mRNAs expression profiles that were downloaded from National Center for Biotechnology Information Gene Expression Omnibus. Bioinformatics assessments including gene ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analyses were performed with Database for Annotation, Visualization and Integration Discovery (DAVID).

**Results** The ceRNA network was composed of 220 lncRNA nodes, 24 miRNA nodes, 164 mRNA nodes and 1149 edges. Functional assay revealed that a total of 338 GO terms and 25 pathways including regulation of cytokine and collagen, transforming growth factor- $\beta$  signaling pathway, Toll-like receptor signaling pathway were significantly enriched. In addition, four lncRNAs (NONMMUT036242, XR\_877072, XR\_378619, XR\_378418) were highly related to HF and thereby, were chosen as key lncRNAs.

**Conclusions** Our study uncovers a ceRNA network that could further the understanding of the mechanism underlying HF development and provides some new potential markers for clinical diagnosis and treatment targets.

## PU-4091

## Labeling and Tracking Extracellular Vesicles Using a RNA-targeting AIE Fluorogen

Xiaojing He, Bo Situ, Lei Zheng  
Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Extracellular vesicles (EVs) are considered as crucial carriers in cell-to-cell communication, immune response, tumorigenesis and metastasis. To gain direct insights into EVs functions, it is necessary to observe their intracellular localizations and biodistribution. Given the fact that EVs carry various RNA species, fluorescence labeling of RNA in EVs is one of the most high-profile strategies. However, ideal probes are still lacking.

**Methods** In this work, we report that a commercial cell-permeant dye HSP may serve as a simple and facile probe for staining RNA within EVs. The good performance of HSP allows EVs to be analyzed and imaged by nano-flow cytometry and structured illumination microscopy (SIM), respectively. Additionally, for the first time we uncover that HSP exhibits typical AIE (aggregation-induced emission) property. The labeling procedure can thus be performed in a wash-free manner due to the low fluorescent background of HSP in water before binding to RNA, which greatly avoids EVs losing during the experiment.

**Results** HSP shows advantages over traditional SytoRNASelect in labelling EVs RNA in terms of its superior brightness, high specificity and excellent photostability.

**Conclusions** HSP may serve as a new probe for EVs labeling and shows great potential in studying behaviors and bio-distributions of EVs in a wide range of research fields.

## PU-4092

## 时间分辨荧光免疫技术在精神病患者感染性标志物检测的应用分析

向敏  
雅安市第四人民医院

**方法** 将精神科送检的精神病患者血清样本, 3000r/min 离心 5min 分离血清, 采用时间分辨荧光免疫测定 (TRFIA) 实验方法进行检测。实验操作和结果判断均严格按照试剂盒说明书及仪器 SOP 文件要求进行。感染性标志物检测: 开启 EasyCuta 总开关、工控机重启开关、电脑显示器与仪器红色启动键, 打开 EasyCuta 软件, 按软件提示装载患者血清样本, 开始实验过程。所有项目结束后打开 Anytest.exe 软件, 对数据进行处理, 查看检测结果。

**结果** 共检测出乙肝表面抗原阳性精神病患者 72 例。其中, 男性的检测结果为阳性者 47 人, 检出率为 6.6%(47/715), 女性检测结果为阳性者 25 人, 检出率为 5.5%(25/452), 见表 1;

丙肝抗体阳性精神病患者 3 例。其中, 男性的检测结果为阳性者 2 人, 检出率为 0.3%(2/696), 女性检测结果为阳性者 1 人, 检出率为 0.3%(1/387), 见表 2;

梅毒螺旋抗体阳性精神病患者 28 例。其中, 男性的检测结果为阳性者 13 人, 检出率为 1.9%(13/696), 女性检测结果为阳性者 15 人, 检出率为 3.9%(15/388), 见表 3;

人类免疫缺陷病毒 HIV (1+2 型) 抗体均为阴性。

**结论** 本研究表明, 时间分辨荧光免疫测定 (TRFIA) 能够快速、自动的一次完成多项感染性标志物检测。TRFIA 法比 ELISA 法灵敏度更高, 线性范围更宽, 在高浓度和低浓度标本检测中更具优势。

## PU-4093

## 血清胱抑素 C 及其 Hoek-GFR 值在评估肿瘤患者化疗过程中早期肾功能损害诊断价值分析

张宇晴  
江西省肿瘤医院/江西省第二人民医院, 330000

**目的** 探讨血清胱抑素 C(SCys C)及其 Hoek 值评估 GFR 在诊断肿瘤化疗患者早期肾功能损伤中的临床价值分析。

**方法** 根据临床肌酐分期诊断标准, 将肿瘤化疗患者分为肾功能正常 Cr40-120 $\mu$ mol/L、肾功能不全代偿期 Cr133-177 $\mu$ mol/L 和肾功能不全失代偿期 Cr177-442  $\mu$ mol/L 组。收集患者 SCys C 检测值, 同时通过 SCys C 值进行评估 GFR 的 Hoek 值。

**结果** 肾功能不全代偿期和失代偿期患者组 SCys C 显著高于肾功能正常组( $P<0.01$ ), Hoek 评估 GFR 值显示肾功能正常组显著高于肾功能不全代偿期和失代偿期患者组( $P<0.01$ )。ROC 曲线下面积(AUC)分析显示, SCys C 和 Hoek 值在诊断肿瘤化疗患者肾功能不全代偿期和失代偿期患者时均大于 0.9 以上, 肾功能不全代偿期 SCys C 最佳诊断点为 1.095mg/L, 敏感性为 93.8%, 特异性为 79.4%; 肾功能不全失代偿期 SCys C 最佳诊断点为 1.225mg/L, 敏感性为 94.1%, 特异性为 86.5%。

**结论** 血清胱抑素 C(SCys C)及其 Hoek 评估 GFR 值对于评估肿瘤患者化疗过程中早期肾功能损害均具有重要诊断价值。

PU-4094

## ISO 15189 认可规范在 CYP2C19 基因多态性检测性能验证中的应用

龚容<sup>1,2,3</sup>, 张艳亮<sup>1,2,3</sup>, 段勇<sup>1,2,3</sup>

1. 昆明医科大学第一附属医院

2. 云南省检验医学重点实验室

3. 云南省实验诊断研究所

**目的** 评价基于荧光 PCR-毛细管电泳测序技术的 CYP2C19 基因多态性检测试剂盒的方法学性能。

**方法** 采用 CYP2C19 基因多态性检测试剂盒检测昆明医科大学第一附属医院心内科 120 例 PCI 术后 CAD 患者的 CYP2C19 基因型, 参考 ISO15189 相关要求, 对试剂盒的检测限、重复性、准确度、分析特异性等方面进行性能评价。

**结果** 120 例患者的 CYP2C19 基因多态性结果为: \*2 位点基因型 GG、GA、AA 分别有 57 例、52 例和 11 例; \*3 位点基因型 GG、GA、AA 分别有 113 例、4 例和 3 例, 与 sanger 测序法结果对比, 准确度符合率为 100%; 试剂盒的最低检测限为 0.5 ng/μL; 测序分析批内和批间重复性结果符合率为 100%; 在已知基因型结果的血液样本中加入血红蛋白、胆红素、三酰甘油后进行检测, 结果不受影响, 与原对照样本结果符合率为 100%。

**结论** CYP2C19 基因多态性检测试剂盒可检出 CYP2C19\*2(G681A)和\*3(G636A)功能多态性位点, 具有很好的准确性、灵敏度和特异性, 满足 ISO15189 认可要求, 适用于临床检测。

PU-4095

## Stereotactic Photodynamic Therapy using a Two-photon AIE Photosensitizer

Xiaojing He, Bo Situ, Lei Zheng

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** To stereotactically pinpoint diseased tissue is of great value for clinical treatments to minimize damages to adjacent normal tissues and to improve therapeutic efficacy. Two-photon photodynamic therapy (TP-PDT) is a promising stereotactic treatment with distinguished spatial selectivity but still greatly challenging due to the lack of ideal two-photon photosensitizers (TP-PSs).

**Methods** In this work, an advanced AIEgen, namely DPASP, was designed and synthesized by connecting an electron-donating (D) triphenylamine (TPA) group to an electron-accepting (A) group (pyridinium salt). Taking 3D multicellular tumor spheroids (MCTSs) and tumor-bearing nude mice as experimental models, the ingenious applications of DPASP for stereotactic TP-PDT both in vitro and in vivo was successfully unveiled.

**Results** DPASP may serve as a simple but efficient PS for both in vitro and in vivo TP-PDT with remarkable therapeutic performance. Meanwhile, its outstanding stereotactic treatment precision have been successfully unveiled by selective cell ablation at both horizontal and vertical levels, indicative of its promising potential in high-precision treatments of various clinical diseases.

**Conclusions** This study presents a successful example of designing facile and efficient AIE TP-PSs, and is expected to stimulate the advancement of TP-PDT in stereotactic treatment of various diseases.

## PU-4096

## G 试验联合尿真菌培养对泌尿系侵袭性真菌感染诊断效能的影响

刘锦,周鑫,韩海燕,张佳侠  
武警医学院附属医院平津医院,300000

**目的** 研究(1, 3)- $\beta$ -D 葡聚糖检测 (G 试验) 联合尿真菌培养对泌尿系侵袭性真菌感染 (IFI) 诊断效能的影响。

**方法** 选取 2017 年 5 月~2018 年 10 月我院疑似泌尿系 IFI 患者 135 例作为研究对象, 采集所有患者血清标本及清洁中段尿标本, 采用 MB-80 微生物快速动态检测系统进血清 G 试验, 并进行尿真菌培养, 以患者临床症状、影像学诊断、抗菌药物使用情况及相应症状转归情况作为诊断 IFI 的诊断标准, 统计 G 试验、尿真菌培养检测结果, 分析二者单独或联合诊断的灵敏度、特异度、准确度。

**结果** 本组共 135 例疑似泌尿系 IFI 患者, 经临床综合诊断确诊为泌尿系 IFI 患者 52 例; 尿真菌培养检出泌尿系 IFI 阳性 63 例; G 试验检出泌尿系 IFI 阳性 64 例; G 试验联合尿真菌培养检出泌尿系 IFI 阳性 43 例。尿真菌培养共检出真菌 63 株, 主要为假丝酵母菌, 其中白假丝酵母菌占比 71.43% (45/63); G 试验联合尿真菌培养诊断泌尿系 IFI 的灵敏度[80.77% (42/52)]、NPV[89.13% (82/92)]与二者单独诊断对比无显著差异 ( $P>0.05$ ); G 试验联合尿真菌培养诊断泌尿系 IFI 的特异度[98.80% (82/83)]、准确度[91.85% (124/135)]、PPV[97.67% (42/43)]、Youden 指数 (0.796) 均高于二者单独诊断 ( $P<0.05$ )。

**结论** 泌尿系 IFI 的主要致病真菌为假丝酵母菌, 以白假丝酵母菌最为多见, 采用尿真菌培养能明确致病菌类型, 指导临床合理选择抗菌药物, 建议临床诊断泌尿系 IFI 时采用 G 试验联合尿真菌培养, 能显著提高诊断特异度、准确度及阳性预测值, 可为临床诊治泌尿系 IFI 提供有力依据。

## PU-4097

## 农村养老院促甲状腺激素的现状调查

刘建森  
雅安市第四人民医院

**目的** 了解雅安地区农村养老院老人甲状腺功能异常情况与现状, 提高相关养老机构对老年人甲状腺健康的关注。

**方法** 在养老院人群中随机抽样 392 个为研究对象, 采用罗氏 Cobas e 411 电化学发光仪, 对血清样本进行甲功检测, 本研究发发现实验室诊断提示亚临床甲减居多, 且以促甲状腺激素 (thyroid stimulating hormone, TSH) 单纯升高为主。分别整理数据异常值, 观察基本情况; 按照年龄分为两组:  $\geq 70$  岁列为 A 组 ( $n=126$ ),  $< 70$  岁列为 B 组 ( $n=203$ ), 将两组分别进行比较, 分析年龄与 TSH 异常升高的阳性率差异以及年龄与 TSH 水平值的相关性; 以性别分组, 分为男性组 ( $n=305$ ), 女性组 ( $n=24$ ), 比较性别与 TSH 异常升高的阳性率差异。

**结果** 本次共检测出亚临床甲减 72 例, 占比 21.88% (72/329), 甲亢 1 例, 占比 0.30% (1/329), 亚临床甲亢 3 例, 占比 0.91 (3/329); A 组 TSH 异常升高的检出率为 30.16 (38/126), 明显高于 B 组的 16.74% (34/203), ( $\chi^2=8.178$ ,  $P<0.05$ ) 统计学有意义; A 组 ( $n=126$ ,  $4.59\pm 5.84$ ) TSH 总体水平明显高于 B 组 ( $n=203$ ,  $3.00\pm 3.66$ ),  $p<0.05$ , 统计学有差异; 男性组 TSH 异常升高的阳性检出率为 21.96% (67/305), 女性组为 20.83% (5/24), ( $\chi^2=0.017$ ,  $p>0.05$ ) 统计学无明显差异。

**结论** 雅安地区农村养老院老人亚临床甲减发病率远高于甲亢与亚甲亢的发病率,且 TSH 异常升高的阳性率和 TSH 水平都与年龄成正相关关系,但与性别差异不大(男性较多,女性偏少,研究存在局限性)。实验室数据提示亚临床甲减在农村养老机构中发生率较高,且年龄越大,亚临床发病率越高,TSH 水平越高,建议相关机构应关注农村老人群的甲功健康,重视养老人群甲状腺功能筛查的重要性。

## PU-4098

### 乙型肝炎病毒基因分型与耐药突变基因位点的检测分析

姚玮

安徽中医药大学第一附属医院

**目的** 分析乙型肝炎病毒(HBV)基因型及耐药突变基因位点,为指导临床抗病毒治疗合理用药提供依据。

**方法** 回顾分析 2014 年 3 月至 2016 年 10 月安徽中医药大学第一附属医院 114 例乙型肝炎患者 HBV 基因分型和拉米夫定(LAM)、替比夫定(LdT)、阿德福韦酯(ADV)和恩替卡韦(ETV)四种核苷类药物(NAs)耐药及耐药突变位点分布情况、HBV 核酸(HBV DNA)定量、HBVE 抗原(HBeAg)定量、丙氨酸氨基转移酶(ALT)的浓度、血小板(PLT)的含量。

**结果** 114 例乙型肝炎患者中检测出 HBV 基因 C 型 61 例, B 型 45 例, D 型 3 例, B+C 混合型 1 例, B+D 混合型 1 例, 其他基因型 5 例。其中 C 型明显多于 B 型( $P<0.05$ )。检出 39 例 NAs 耐药, 耐药率为 34.21%; C 型与 B 型耐药无显著差异。C 型患者 HBeAg 定量高于 B 型患者( $P<0.05$ ), PLT 计数低于 B 型患者( $P<0.05$ )。耐药突变位点最多见于 rt204I; C 型多位点突变高于 B 型( $P<0.05$ )。LAM 和 LdT 联合耐药最多见, 两种及两种以上多重耐药高于单一耐药( $P<0.01$ )。

**结论** 本研究乙型肝炎患者 HBV 基因型多为 C 型, 其次为 B 型。C 型患者容易发生肝纤维化, 更易发生多位点突变。NAs 耐药以 LAM 和 LdT 联合耐药为主, 多为两种以上联合耐药。检测 HBV 基因型和耐药突变基因位点对评价乙型肝炎临床治疗效果和指导临床抗病毒治疗合理用药具有十分重要的意义。

## PU-4099

### 三种便隐血方法检测结果比较

刘孝菊

吉林大学第二医院,130000

**目的** 探讨胶体金免疫法、便隐血试验检测(双联法)和便隐血试验检测(定量法)法三种便隐血方法检测结果之间的差异,以便更准确地做好便隐血实验,为临床提供符合实际情况的检验报告

**方法** 用三种方法对 152 例大便进行隐血试验,并对结果进行对比

**结果** 便隐血试验检测(双联法)中免疫法阳性率最低;便隐血试验检测(双联法)中化学法阳性率最高;胶体金免疫法和便隐血试验检测(定量法)阳性率相接近;便隐血试验检测(双联法)中免疫法假阴性率最高;便隐血试验检测(双联法)中化学法假阳性率最高。

**结论** 本实验室中,便常规的潜血的机器法的便隐血试验检测(双联法)检测结果不准确,手工法的胶体金法相对准确,可信。

## PU-4100

## Protein Activity Blocking RNAs: How Many Are There, and What Are They Doing

Shijie Zhang, Hui Jiang, Jiuxiang Wang, Qiumei Zhou, Xingxing Huo, Wei Yao, Kaiquan Huang  
Experimental Center of Clinical Research, The First Affiliated Hospital of Anhui University of Chinese Medicine

**Objective** Small regulatory RNAs are wide distributed regulators involved in diverse bacterial procedures. Most regulatory sRNAs functioning depend on sRNA binding proteins, especially the chaperones Hfq and the ribonuclease RNase III and RNase E. The regulatory sRNAs sequestered proteins comprised a quiet different aspect of sRNAs binding proteins, which include the RNA polymerase RNAP, metabolic regulators CsrA, catabolite repression control protein Crc, and type III toxin-antitoxin systems. This review summarizes our current knowledge about the sRNA and sRNA sequestering protein pairs with respect to their biological roles, their genetic organizations, their protein crystal structures, and their diverse mechanisms of function. The protein binding motifs of each regulatory sRNAs will be addressed, and resolving techniques in searching for sRNA binding proteins will also be summarized.

**Methods** Small regulatory RNAs are wide distributed regulators involved in diverse bacterial procedures. Most regulatory sRNAs functioning depend on sRNA binding proteins, especially the chaperones Hfq and the ribonuclease RNase III and RNase E. The regulatory sRNAs sequestered proteins comprised a quiet different aspect of sRNAs binding proteins, which include the RNA polymerase RNAP, metabolic regulators CsrA, catabolite repression control protein Crc, and type III toxin-antitoxin systems. This review summarizes our current knowledge about the sRNA and sRNA sequestering protein pairs with respect to their biological roles, their genetic organizations, their protein crystal structures, and their diverse mechanisms of function. The protein binding motifs of each regulatory sRNAs will be addressed, and resolving techniques in searching for sRNA binding proteins will also be summarized.

**Results** Small regulatory RNAs are wide distributed regulators involved in diverse bacterial procedures. Most regulatory sRNAs functioning depend on sRNA binding proteins, especially the chaperones Hfq and the ribonuclease RNase III and RNase E. The regulatory sRNAs sequestered proteins comprised a quiet different aspect of sRNAs binding proteins, which include the RNA polymerase RNAP, metabolic regulators CsrA, catabolite repression control protein Crc, and type III toxin-antitoxin systems. This review summarizes our current knowledge about the sRNA and sRNA sequestering protein pairs with respect to their biological roles, their genetic organizations, their protein crystal structures, and their diverse mechanisms of function. The protein binding motifs of each regulatory sRNAs will be addressed, and resolving techniques in searching for sRNA binding proteins will also be summarized.

**Conclusions** Small regulatory RNAs are wide distributed regulators involved in diverse bacterial procedures. Most regulatory sRNAs functioning depend on sRNA binding proteins, especially the chaperones Hfq and the ribonuclease RNase III and RNase E. The regulatory sRNAs sequestered proteins comprised a quiet different aspect of sRNAs binding proteins, which include the RNA polymerase RNAP, metabolic regulators CsrA, catabolite repression control protein Crc, and type III toxin-antitoxin systems. This review summarizes our current knowledge about the sRNA and sRNA sequestering protein pairs with respect to their biological roles, their genetic organizations, their protein crystal structures, and their diverse mechanisms of function. The protein binding motifs of each regulatory sRNAs will be addressed, and resolving techniques in searching for sRNA binding proteins will also be summarized.

## PU-4101

## Knockdown of kin17 facilitates the inhibition of proliferation and promotion of apoptosis in cervical cancer cells

Tao Zeng, Meifeng Zhong  
Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Cervical cancer is the third highest malignancy and 4<sup>th</sup> leading cause of cancer deaths in women worldwide. Kin17 is a gene that is highly conserved across evolution, and ubiquitously expressed at low levels in human normal tissues. Previous studies have shown high expression of Kin17 in cervical cancer, however, the function and mechanism of Kin17 in it remains unclear.

**Methods** Functional experiments such as CCK8, Colony Formation and Flow Cytometry of cell cycle and apoptosis were performed to explore the role of Kin17 in proliferation and apoptosis of cervical cancer. Western Blot Assay was used to detect the levels of proliferation-related and apoptosis-related proteins. Kin17 is a gene that is highly conserved across evolution, and ubiquitously expressed at low levels in human normal tissues. Previous studies have shown high expression of Kin17 in cervical cancer, however, the function and mechanism of Kin17 in it remains unclear.

**Results** In this study, we found that knockdown of Kin17 in cervical cancer cells inhibited cell proliferation and promoted cell apoptosis.

**Conclusions** Our findings demonstrated that Kin17 is related to the apoptosis and proliferation, which means that it may be involved in the regulatory mechanism of cancer cell cycle and apoptosis. Kin17 is very likely to become a new molecular targeted biomarker in the treatment of cervical cancer.

## PU-4102

## 尿膀胱肿瘤抗原(BTA)在膀胱癌诊断中的临床应用分析

李杰,胡秀学,李转转,张吉才  
十堰市太和医院,442000

**目的** 分析尿膀胱肿瘤抗原(BTA)在十堰地区膀胱癌诊断中的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析 16 例膀胱癌和 22 例泌尿系统良性疾病患者的临床资料,采用酶联免疫吸附测定(ELISA)检测尿液 BTA 浓度。采用受试者工作特征曲线(ROC)确定截断点、灵敏度、特异度和曲线下面积(AUC),采用秩和检验比较 BTA 和尿脱落细胞学检查的 AUC 差异;相关性分析采用 Spearman 相关分析。

**结果** BTA 检测的最佳截断点为 86.55 ng/ml,检测的灵敏度为 87.53%,膀胱癌患者尿液中 BTA 含量明显高于良性疾病组患者( $P < 0.01$ )。BTA 阳性检测结果与血尿浓度、TNM 分期呈正相关( $P < 0.05$ )。

**结论** 尿 BTA 检查灵敏度和特异度较高,适用于膀胱癌早期无创性筛查。



## PU-4103

## 纳米共载长春新碱在淋巴瘤治疗的应用

宋媛媛

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 利用高分子纳米材料〔mPEG-b-P(Glu-co-Phe)〕作为载体，共载长春新碱，形成联合载药体系（loaded VCR/L-VCR）。通过体外制剂学表征、对淋巴瘤细胞的作用及在动物体内抑瘤作用和小鼠行为学研究，与普通制剂比较，评价其抗肿瘤作用是否具有优势，以及评价其神经系统毒性并初步探究其诱导凋亡的机制。

**方法** 1.采用纳米共沉淀方法制备 L-VCR。对所制备的制剂进行载药量、包封率以及粒径分布测定等制剂学表征实验。

2. 采用了共聚焦显微镜观察和流式细胞仪检测 L-VCR 进入淋巴细胞的情况。

3.采用皮下注射  $5 \times 10^6$  个/ml 的细胞浓度的 BJAB 淋巴细胞于小鼠右腋下的造模方式进行动物模型构建。当肿瘤大小为  $180\text{mm}^3$  左右时将小鼠随机分为 6 组，每组 6 只，分别为对照组、VCR 组，L-VCR 组，在每次给药后的 48h 进行肿瘤体积的测量和小鼠体重称量，用于计算抑瘤率。同样是在每次给药 48h 后对小鼠进行行为学实验，观察小鼠一般状态包括进食、活动、表情以及排泄等判断对中枢神经和自主神经的毒性。

**结果** 1.我们评价了 180h 内 L-VCR 的稳定性发现，与游离的 VCR 相比，L-VCR 的稳定性的到了改善，选择制备 pH 为 5.5、6.9、7.4 的三种 PBS 缓冲液进行释药实验。实验结果表明药物在各种介质中释放均较好。与血浆环境相比，在肿瘤环境中药物更容易释放。

2.在 1h 时，VCR 和 VCR+DXMS 进入细胞的量比较多，药物主要集中于细胞核中。凋亡结果显示 L-VCR 的诱导凋亡的能力增加，且联合给药组诱导凋亡的能力大于单药组，且制备成高分子聚合物与药物共载体联合后对肿瘤细胞作用更强。

**结论** 1. 利用反向纳米共沉淀法制备的 L-VCR，具有较高的包封率和载药量；粒径均一，药物稳定，能够在体内环境实现长循环，能在肿瘤环境实现药物释放，减少对正常组织的毒性，与普通 VCR 制剂相比，抗肿瘤作用优势明显。

2.L-VCR 的诱导凋亡的能力增加，且联合给药组诱导凋亡的能力大于单药组，VCR 表现为协同抗肿瘤作用，且制备成高分子聚合物与药物共载体联合后对肿瘤细胞作用更强。

## PU-4104

Kin17 knockdown inhibits migration and invasion of cervical cancer through NF- $\kappa$ B-Snail pathway

Tao Zeng, Meifeng Zhong

Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Cervical cancer is the fourth-most common disease and cause of death from cancer in women worldwide. Kin17 is a highly conserved gene from yeast to human, which has been demonstrated participating in proliferation and apoptosis of cancer of breast and cervix. But the effect and mechanism of kin17 knockdown on migration and invasion in cervical cancer cells is still unclear. The aim of our study is to find out whether cervical cancer cells undergo EMT and elucidate its regulatory mechanism.

**Methods** Wound healing assay and Transwell assay were performed to detect the ability of migration and invasion of cervical cancer cells after Kin17 knocking-down. Western Blot was used to explore the mechanism of how Kin17 knockdown inhibits cell migration and invasion.

**Results** Wound healing assay showed that Kin17 knockdown inhibited migration of cervical cancer cells. Transwell assay results demonstrated that the ability of invasion in cervical cancer cells was inhibited after knocking-down Kin17.

**Conclusions** Knocking-down Kin17 can slow the progression of cervical cancer, which indicates that Kin17 may act as a new targeted biomarker of cervical cancer.

## PU-4105

### 蜡样芽胞杆菌在 C57BL/6 小鼠眼内炎中的迁移扩散能力 及其炎症反应

郑美琴<sup>1</sup>, 李戡钰<sup>2,1</sup>, 孙遍进<sup>2,1</sup>

1. 温州医科大学附属眼视光医院

2. 温州医科大学眼视光学院

**目的** 蜡样芽胞杆菌诱导的外伤性眼内炎临床表现进展迅速, 病情急剧恶化, 多数患者预后不理想, 严重者最终行眼内容物剜除术或眼球摘除术。本研究通过观察蜡样芽胞杆菌感染小鼠玻璃体腔后不同时间点的繁殖速率, 迁移路径, 视网膜功能, 前房炎症细胞浸润, 病理组织变化, 眼球内细胞因子和髓过氧化物酶 (MPO) 的表达水平等揭示蜡样芽胞杆菌性眼内炎的病理变化过程, 旨在探索蜡样芽胞杆菌性眼内炎预后较差的主要原因。

**方法** 构建小鼠外伤性眼内炎动物模型, 对侧眼球注射 1  $\mu$ L 无菌 PBS 作为对照组。通过视网膜电图 (ERG) 的变化观察视网膜功能的受损情况; 小鼠感染病原体 3 h, 6 h, 9 h 和 12 h 后处死并摘除眼球, 通过眼内细菌计数、透射电镜和六胺银染色病理学组织观察细菌的浸润情况; 同时计数小鼠前房液中的炎症细胞数量, 并在苏木精-伊红 (HE) 染色下观察小鼠感染后不同时间点炎症细胞的浸润情况; 最后采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 的方法检测小鼠感染后不同时间点眼球内 MPO 和细胞因子 (IL-6, TNF- $\alpha$ , IL-1 $\beta$ ) 的表达水平, 并与表皮葡萄球菌感染模型进行比较。

**结果** 蜡样芽胞杆菌感染小鼠玻璃体腔 6 h 后 A 波振幅下降程度高于表皮葡萄球菌感染组, 3 h 后 B 波振幅下降程度前者高于后者。蜡样芽胞杆菌在小鼠眼球中生长速度较快, 感染小鼠玻璃体腔 3 h 后在眼球后壁和玻璃体中检测到细菌, 感染 6 h 后可在晶状体中检测到细菌, 感染 9 h 后可在虹膜组织中检测到细菌, 感染 12 h 后虹膜组织和晶状体皮质层中可见大量散在和成堆分布的细菌, 投射电镜结果显示色素颗粒稀疏的虹膜组织区域中细菌含量较多。表皮葡萄球菌感染小鼠玻璃体腔后未能在眼前节检测到细菌。蜡样芽胞杆菌感染小鼠玻璃体腔 6 h 后, 前房炎症细胞浸润数量高于表皮葡萄球菌组, 9 h 后玻璃体腔出现大量炎症细胞, 血管周围炎症细胞浸润明显, 12 h 后前房和角膜层出现炎症细胞浸润且视网膜组织结构紊乱。表皮葡萄球菌感染小鼠玻璃体腔 9 h 后玻璃体腔炎症细胞浸润较少, 其余基本正常。蜡样芽胞杆菌感染小鼠玻璃体腔 6 h 后 MPO 值高于表皮葡萄球菌感染组, 细胞因子 IL-6 和 TNF- $\alpha$  的表达量高于后者, 感染至 9 h 后 IL-1 $\beta$  蛋白表达量高于后者。

**结论** 蜡样芽胞杆菌具有强迁移性, 引起的眼内炎进展迅速, 眼内局部炎症反应强烈。蜡样芽胞杆菌的迁移特性和诱发的爆发性炎症反应可能是引起临床预后较差的原因之一。

## PU-4106

### 精神疾病医院检验危急值特点及应用分析

钟宇龙, 崔文艳, 廖克朕

广州市民政局精神病院

**目的** 医学危急值项目及其界限的确定受医院技术力量、患者年龄性别等多因素影响, 目前在全国范围内没有统一固定标准, 各医院根据参考资料及临床一线的反馈来确定危急值项目及其界限。本文探讨精神病专科医院临床医学检验危急值在临床中的特点及其应用价值, 寻求精神专科医院更合理的危急值项目及界限, 促进医院医疗质量的持续改进。

**方法** 设定 12 个危急值项目,通过查询检验科危急值报告本及实验室信息系统,对本院 2016 年 4 月到 2019 年 3 月确认的危急值登记数量、所测危急值项目总数量,分别统计各项危急值的发生率、项目构成比及在 19 个病区的危急值分布。

**结果** 在测定的生化和血常规涉及危急值项目中,危急值发生率为 0.74%;12 个危急值中,靠前的是肌酸激酶(CK) 2.62%、血锂(Li) 2.23%、血钾(K<sup>+</sup>) 1.00%、白细胞计数(WBC) 0.52%、尿素氮(BUN) 0.46%、血氯(Cl<sup>-</sup>) 0.39%;在 19 个病区危急值分布中,危急值总数最高病区为综合区 18.53%,其次是老人区 8.41%、救治五区 7.44%、救治六区 6.79%、救治一区 6.14%、女二区 6.03%;单项危急值发生率最高的病区是综合区的血糖(GLU) 50.00%,其次是综合区的尿素氮(BUN) 37.98%、救治六区血锂(Li) 33.33%、综合区的肌酐(Cr) 26.32%、综合区的血钾(K<sup>+</sup>) 25.00%、老人区血红蛋白(HGB) 25.00%。

**结论** 精神病专科医院危急值报告制度有其特殊性,持续改进尤为必要,针对性修正危急值项目及其界限,有利于提高持续改进医疗质量,提升临床工作效率。

## PU-4107

### 器官-系统疾病为主线的实验诊断教学新模式的构建与实践

曾涛,郑磊  
南方医科大学

**目的** 临床医学与其教育模式的快速发展给实验诊断技能的教学提出了新要求。

**方法** 根据实验诊断学课程的教学目标及发展趋势,重构了以疾病为中心的教学内容体系,组建了一支专业的高水平师资队伍,实施了病例式学习、以问题为中心的学习等新授课方法,搭建网络资源共享平台并鼓励自主学习,改革了考核评估方式。

**结果** 从而构建了一个以器官-系统疾病为主线的实验诊断教学新模式。

**结论** 该教学模式在教学实践中取得了可喜的教学成效,具有良好的推广前景。

## PU-4108

### 用“鱼骨图”分析低值血小板检测的影响因素及方法学评价

张晓飞,马俊  
上海市东方医院南院

**目的** 运用“鱼骨图”方法找出影响低值血小板的影响因素及其方法学的评价

**方法** 2019 年 2 月~2019 年 5 月上海市东方医院南院检验科血小板数值 $\leq 50 \times 10^9/L$ 的 EDTA-2K 抗凝血标本 21 例,其中男 11 例,女 10 例,迈瑞 BC6800 全自动分析仪的电阻抗法(PLT-I),光学法(PLT-O)分别进行血小板计数,并从 PLT 直方图上获取可能有红细胞碎片、小红细胞,血小板聚集、大血小板、血小板卫星现象等干扰血小板数值的报警信息。并对可能导致血小板假性减低或有类似报警信息的抗凝血标本,进行迈瑞 BC6800 全自动分析仪核酸荧光染色法(PLT-F)的二次血小板计数,以传统的血小板计数方法光学显微镜计数血小板数量为金标准,比较三种方法对于不同影响因素对低值血小板检测结果的准确性,以期对于不同原因引起的低值血小板寻求最佳的检测方法

**结果** 与 PLT-I 和 PLT-O 相比,发现 PLT-F 通道在测定低值血小板的重复性最好,精密度更好。在红细胞碎片,血小板聚集等干扰试验中,PLT-F 有较强的抗干扰能力(不同计数组  $P > 0.05$ ),尤其是在低值血小板技术中,PLT-F 通道较 PLT-I、PLT-O 通道准确度,抗干扰能力最好。

**结论** 临床 EDTA 抗凝血常规标本可用 PLT-I、PLT-O 通道方法进行常规检测，若遇到溶血，血小板计数数值异常时可用 PLT-F 通道复查，必要时人工镜检。

## PU-4109

### 2012-2016 年血培养病原菌分布及药物敏感性分析

李富顺

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 了解中国医大一院血流感染患者的病原菌菌谱分布情况及药物的耐药性，为临床合理使用抗菌药物提供科学依据。

**方法** 应用 WHONET 5.6 软件，回顾性分析中国医大一院 2012-2016 年血培养阳性标本中分离病原菌分布及耐药性。

**结果** 2012-2016 年收到 23899 份血培养中分离病原菌 4696 株，阳性率 19.65%；革兰阳性菌 2509 株（53.43%），革兰阴性杆菌 1816 株（38.67%），真菌 371 株（7.9%）；排名前五位细菌是：凝固酶阴性葡萄球菌、大肠埃希菌、真菌（近平滑念珠菌 146 株、季也蒙念珠菌 103 株、白色念珠菌 54 株、光滑念珠菌 25 株、热带念珠菌 19 株、新型隐球菌 11 株、其他 13 株）、肺炎克雷伯菌、肠球菌属（屎肠球菌 222 株、粪肠球菌 71 株）。大肠埃希菌 ESBL 的产生率由 64%下降到 57.6%，肺炎克雷伯菌 ESBL 的产生率由 50.7%下降到 31.3%，大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类抗菌药物的耐药率依然较低；金黄色葡萄球菌 MRSA 分离率呈逐年递减的趋势，耐甲氧西林的凝固酶阴性葡萄球菌分离率每年都在 80%以上；分离出万古霉素耐药的屎肠球菌、粪肠球菌。

**结论** 血流感染主要病原菌是革兰阳性球菌，真菌引起的血流感染逐渐增多，临床应予以关注。药物敏感性的分析统计为临床合理用药提供科学依据。

## PU-4110

### 雅安市农村养老院在院老人肝炎梅毒 HIV 感染情况及防控策略现状分析

吴国林

雅安市第四人民医院

**目的** 分析雅安地区农村养老院传染病流行的原因，探讨防控策略。

**方法** 2017 年随机抽取雅安市农村养老院在院老人采集空腹静脉血液，用时间分辨荧光免疫测定法检测乙肝表面抗原（HBsAg）、丙肝抗体（anti-HCV）、梅毒螺旋抗体（anti-TP）、人类免疫缺陷病毒 HIV（1+2 型）抗体；并调查养老院人力资源配置、管理方式及老人的生活方式。

**结果** 共采集 596 例血样，检出阳性 45 例，其中男性 37 例，女性 8 例，感染率女性高于男性，差异无统计学意义（ $P=0.063$ ）；乙肝表面抗原阳性 22 例，阳性率为 3.69%（男性 18 例，女性 4 例）；丙肝抗体在所有样本中均为阴性；梅毒螺旋抗体阳性 20 例，阳性率为 3.36%（男性 17 例，女性 3 例）；人类免疫缺陷病毒抗体阳性 3 例，阳性率为 0.50%（男性 2 例，女性 1 例）。

**结论** 雅安地区农村养老院老人存在一定感染性标志物的感染，需加强管理与培训，为老人建立健康档案，做到发现及时、报告迅速、隔离规范、治疗精准。

## PU-4111

## 上海市浦东新区肺炎支原体流行特征分析

温冬华,李广波,杨思敏,轩乾坤,羽晓瑜,吴文娟  
上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 了解上海市浦东新区肺炎支原体流行的特征,为临床诊断、送检和治疗提供参考。

**方法** 收集上海市东方医院南院检验科 2017 年 8 月至 2019 年 5 月肺炎支原体 DNA 检测信息,进行不同分组处理,采用统计学方法进行统计分析。

**结果** 1、共收集 2520 份检测标本信息,其中阳性标本 172 份,阳性率为 6.82%。2、肺炎支原体感染与患者性别无显著差异。3、肺炎支原体的阳性率与年龄有重要的关系,儿童的阳性率占 12.01%,而成人的阳性率仅占 1.59%。4、肺炎支原体的阳性率与季节相关:感染阳性率以夏季(5-7 月份)秋季(8-10 月份)最高,分别达 11.78%和 8.71%;而在春季(2-4 月份)和冬季 11-1 月份),感染阳性率分别为 3.86%和 6.94%。

**结论** 上海市浦东新区肺炎支原体 DNA 检测阳性率约为 6.82%,其阳性率与性别无关,但与年龄和季节关系密切。

## PU-4112

## The Ratio of M1-like/M2-like Monocytes Acts as An Indicator to Predict COPD Pathological Progress

Xu Shi,Ye Yuan,Yang Cao,Qing Ai  
The First Hospital of Jilin University

**Objective** Currently, it has become an urgent problem to reveal the pathogenesis of chronic obstructive pulmonary disease (COPD) and find early detection markers to improve the treatment effect. As we known, an obvious enhanced and active immune reaction to the lung inflammation, which causes the injury of lung parenchyma and self-repaired function dysfunction, is considered to play a pivotal role in the COPD development. In particular, alveolar and interstitial resident macrophages as well as blood monocytes have been described in the lungs of patients with COPD contributing to disease pathology by changes in their functional repertoire. Lung resident macrophages are known to orchestrate immune responses through polarizing to different phenotypes (M1 and M2). Though the proportion of M1 and M2 in bronchoalveolar lavage fluid (BALF) is the best clinical specimen used to directly reflect the status of immune and inflammatory responses in lung, the tracheoscopy may easily cause COPD patients worsening symptoms and induce pneumothorax, respiratory failure and even sudden cardiac deaths. Thus, it has an important clinical significance to find new immune indicators from more convenient specimens like peripheral blood. Because pulmonary macrophages originate from peripheral blood monocytes, these two cell types share many cell surface membrane markers. Hence, the aim of this article is to explore if the proportion of M1-like or M2-like peripheral blood monocytes is associated with COPD clinical features and can be used as a potential indicator to assess COPD development, which is helpful to COPD early detection and early treatment.

**Methods** A total of 50 patients with COPD and 10 vaccinated healthy controls (HCs) were recruited and randomized into four groups (group A to D) based on spirometric grading (FEV1/FVC and FEV1% value). The numbers of WBC (white blood cells), neutrophils and lymphocytes were detected by Automated Hematology System (Sysmex XN9000). The levels of serum procalcitonin (PCT) and hypersensitive-C reactive protein (CRP) was tested using ReLIA TZ-301 and SIEMENS ADVIA2400 respectively, and erythrocyte sedimentation rate (ESR) was examined by DRAGONMED2010. Peripheral blood mononuclear cells (PBMC) were collected by density-gradient centrifugation using Ficoll-Paque Plus, and flow cytometry was used to

determine the percentages of the M1-like and M2-like monocyte subsets. The levels of the selected plasma cytokines were quantified by a cytometric bead array or Enzyme linked immunosorbent assay (ELISA).

**Results** The percentages of CD14+CD16/32+CD163- M1-like and CD14+CD16/32-CD163+CD206+ M2-like monocytes showed no significant differences in acute/stationary phase of COPD and healthy control (HC). However, the ratio of M1-like/M2-like monocytes in COPD was significantly greater in acute exacerbation (from 4:1 to 10:1) than in the stationary phase and HC (both of the ratio was from 1:1 to 2:1). Neither M1-like nor M2-like monocytes' frequency was associated with the clinical features of COPD, but the ratio of M1-like/M2-like monocytes was correlated with the severe of COPD. The serum levels of IL-6, IL-8, IL-10, IL-12, TNF- $\alpha$  and IFN- $\gamma$  were obviously higher in acute phase of COPD than in stationary COPD and HC, but their expressions have no relations with the patients' clinical indexes.

**Conclusions** Not the percentage of M1-like or M2-like monocytes, but the ratio of M1-like/M2-like monocytes was associated with the acute exacerbation of COPD. The apparent polarizing shift from M2-like to M1-like phenotype in peripheral blood monocytes may be a potential indicator to predict COPD pathological progress.

## PU-4113

### 登革热患者临床特征及血清细胞因子分析

袁康庄

广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 观察登革热患者的临床特征, 分析其血清细胞因子的表达情况, 为登革热的诊治及发病机制的研究提供依据。

**方法** 分析 90 例登革热患者的临床表现与实验室结果。采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测 86 例登革热(DF)、4 例重症登革(SD)和 28 例健康对照人群的血清细胞因子浓度, 包括白介素(IL)-2、IL-4、IL-8、IL-10、IL-12p70、肿瘤坏死因子(TNF)- $\alpha$ 、干扰素(IFN)- $\gamma$ 、单核细胞趋化蛋白(MCP)-1 和巨噬细胞炎性蛋白(MIP)-3 $\alpha$ , 对比分析各因子在三组人群中的表达差异, 并观察其在病程中的变化趋势。

**结果** 1、登革热患者主要的临床表现有发热、乏力、肌肉/骨骼疼痛、消化道症状和皮疹。实验室指标中, 常见单核细胞比率 (MON%) 升高, 白细胞 (WBC) 和血小板 (PLT) 计数降低, 活化部分凝血活酶时间(APTT)延长, 谷丙转氨酶 (ALT)、谷草转氨酶(AST)、乳酸脱氢酶 (LDH) 和肌酸激酶 (CK) 水平的升高。2、与健康对照相比, DF 和 SD 组的 IL-10, IFN- $\gamma$ , MCP-1 和 MIP-3 $\alpha$  升高, IL-8 和 IL-12p70 则减低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。且 SD 组的 IFN- $\gamma$  和 MIP-3 $\alpha$  较 DF 高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。在观察时间段内, MCP-1、MIP-3 $\alpha$  维持高水平状态, IL-10 和 IFN- $\gamma$  逐渐上升, 分别于第 7 和 5 天达峰值。此外, IL-8 和 IL-12p70 则于第 3 天出现明显减低。

**结论** 登革热患者的临床特征与指南相符, 其中 MON%升高可能为实验室早期识别登革病毒感染的敏感指标。多种细胞因子的表达在登革热发病过程中呈现趋势变化。

## PU-4114

**55 例产吲哚金黄杆菌临床感染特点及耐药性分析**

陆燕飞

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 分析南京医科大学第一附属医院 55 例产吲哚金黄杆菌的临床感染特点及药敏特征，为临床合理用药提供依据。

**方法** 采用回顾性调查方法分析本院 2013 年 1 月-2018 年 6 月期间临床微生物实验室分离的产吲哚金黄杆菌及其临床特点，菌株采用 VITEK-2 COMPACT 仪器进行鉴定及药敏试验，WHONET 5.6 软件对药敏结果进行统计分析。

**结果** 2013 年 1 月-2018 年 6 月共分离革兰阴性非发酵菌 11284 株，其中产吲哚金黄杆菌 55 株，分离率 0.49%；标本类型主要为痰液（67.3%）、尿液（12.7%）和血液（7.3%），标本主要来源于 ICU（36.4%）、心血管科（12.7%）和肾科（9.1%）；55 例患者大多有高龄、严重基础疾病、侵入性操作史等特点，明确产吲哚金黄杆菌感染者 5 例；产吲哚金黄杆菌对多种  $\beta$  内酰胺类抗生素耐药，耐药率均高于 50%；对氨曲南耐药率最高（98.1%），复方新诺明耐药率最低（13.2%）。

**结论** 产吲哚金黄杆菌为多重耐药菌，临床分离出该菌应判断其为定植菌或感染菌，合理、规范使用抗生素。

## PU-4115

**西门子 BNII 特种蛋白分析仪上 IgE 的性能验证与评价**

代蓉蓉

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 验证和评价西门子 BNII 特种蛋白分析仪上免疫球蛋白 E(IgE)的分析性能。

**方法** 依据美国临床实验室标准化组织(CLSI)文件和科室制定的相关文件的实验方案，分析西门子 BNII 特种蛋白分析仪上 IgE 的精密度、正确度、携带污染率、线性及可报告范围,对结果与质量标准比较。

**结果** 批内精密度 CV 分别为 3.28%、1.76%，符合判断标准 $<5.0\%$ 。批间精密度 CV 分别为 4.86%、2.19%，符合判断标准 $<5.0\%$ 。正确度:平均偏倚为 2.97%,符合判断标准 $<9.8\%$ 。携带污染率为 0.22%。线性:  $Y = 1.00X - 11.05$ ,  $a = 0.9934$ ,  $r^2 = 0.9961$ , 实测线性范围 18.3~24427 IU/mL。

**结论** 仪器分析性能验证是为保证检验结果的准确性。西门子 BNII 特种蛋白分析仪测定 IgE 的精密度、正确度、携带污染率、线性及可报告范围，结果与质量目标比较，均符合要求，可用于临床标本检测。

## PU-4116

## Predictive factors for Severe Dengue Disease: a systematic review and meta-analysis

Kangzhuang Yuan

The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** Dengue has been a major public health issue world widely and severe dengue diseases (SDD) are life threatening. It is critical to triage patients with dengue infection in the early stage. However, there is limited knowledge on early indicators of SDD.

**Methods** PubMed, Cochrane Library and Web of Science were searched for relevant studies to 1 January 2018. A pooled odds ratio (OR) or standardized mean difference (SMD) with 95% confidence intervals (CI) of identified factors was calculated using a fixed or random effect model. The heterogeneity, publication bias, subgroup analysis, meta-regression, and sensitivity analysis were further evaluated.

**Results** Of 4207 candidate articles, 74 studies met our criteria. The characteristics of population and virus, clinical symptoms and signs, laboratory biomarkers, cytokines and chemokines were included in this meta-analysis. After pooling all eligible studies, 30 factors were found to be positively associated with SDD independently, such as diabetes, secondary infection, bleeding, pleural effusion, ascites, thrombocytopenia, levels of alanine aminotransferase (ALT) and Interleukin (IL)-8, etc. Additionally, a list of 32 factors revealed no significant difference between DF and SDD.

**Conclusions** Practical indicators of early identification of SDD were established, which would be helpful for prompt diagnosis and effective treatment. These outcomes also facilitate our knowledge on clinical manifestations and pathogenesis of SDD.

## PU-4117

## 疟原虫感染致脑出血 1 例

马娟<sup>1</sup>, 邱丽君<sup>1</sup>, 沈立松<sup>1</sup>

1. 上海交通大学医学院附属新华医院, 233000

2. 检验科

**目的** 复习一例中年男性患者, 因“脑出血致右侧肢体麻木无力”入院, 后经实验室诊断为疟原虫感染, 讨论血常规检查的重要性。

**方法** 疟原虫的实验室检测方法包括血涂片镜检找疟原虫、快速检测法和 PCR 检测。

**结果** 传统的形态学检查是疟原虫感染最简便可靠的确诊试验。镜检出疟原虫后, PCR 及基因检测分型方法才是判定何种疟原虫感染的金标准。

**结论** 血常规指标变化对疟疾辅助诊断可以帮助临床遇有发热尤其是高热伴有白细胞正常或减少, 红细胞数减少, 血红蛋白降低, 血小板减少的患者, 在诊断和鉴别诊断时应该考虑到疟疾可能。



## PU-4118

## 胶体金免疫层析法检测隐球菌荚膜抗原的诊断价值及临床特征分析

张晓慧

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院），210000

**目的** 探讨隐球菌荚膜抗原胶体金免疫层析法（Cryptococcal Antigen-Lateral Flow Assay, CrAg-LFA）在隐球菌病中的诊断价值，并分析隐球菌病患者的临床特征，以期提高隐球菌病的诊治水平。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 2018 年 12 月南京医科大学第一附属医院进行 CrAg-LFA 检测的住院患者共 1623 例。计算 CrAg-LFA 对隐球菌病诊断的敏感性、特异性、阳性预测值和阴性预测值。同时，分析隐球菌病确诊患者的临床表现、实验室检查及治疗。

**结果** 1623 例研究对象中最终诊断为隐球菌病的患者共 46 例，其中 41 例为肺隐球菌病，隐球菌脑膜炎 2 例，播散性隐球菌病 1 例，隐球菌败血症及髂骨隐球菌感染各 1 例。CrAg-LFA 对隐球菌病诊断的敏感性为 84.8%（39/46），特异性为 100%。其中，血清 CrAg-LFA 在肺隐球菌病诊断中的敏感性为 85.4%，特异性为 100%，阳性预测值为 100%，阴性预测值为 99.6%；脑脊液 CrAg-LFA 检测在隐球菌脑膜炎诊断中的敏感性和特异性均为 100%。46 例隐球菌病患者中有基础疾病的共 30 例（65.2%）。有 55.6% 的肺隐球菌病患者出现了总 IgE 的升高。

**结论** CrAg-LFA 检测在隐球菌病的诊断中具有重要的临床价值，对隐球菌病患者的临床特征进行分析可指导用药并评估预后。

## PU-4119

## 成都地区儿童感染肺炎链球菌的血清型和分子型特征

颜子乙<sup>1</sup>, 颜灵逸<sup>1</sup>, 崔亚利<sup>1,2</sup>, 周伟<sup>1,2</sup>, 旷凌寒<sup>1,2</sup>, 张静<sup>1</sup>, 刘兴欣<sup>1</sup>, 陆杨<sup>1</sup>, 谭希<sup>1</sup>, 于颖<sup>1</sup>, 朱玲<sup>1</sup>, 江咏梅<sup>1,2</sup>

1. 四川大学华西第二医院, 610000

2. 妇儿疾病与出生缺陷教育部重点实验室

**目的** 探究成都地区引发儿童感染的肺炎链球菌（S.pn）菌株的血清型、序列型（ST）、毒力因子、菌毛的流行现状和抗生素耐药现状。

**方法** 本研究回顾性调查近两年于我院就诊的成都地区罹患 S.pn 相关疾病的患儿。S.pn 经质谱检测鉴定，并使用 ATB STREP 5 药敏试剂条进行抗生素敏感性试验。菌株多重 PCR 法鉴定血清型，PCR 法鉴定毒力因子和菌毛基因；使用 sanger 法对 7 个管家基因进行双向测序，进行 ST 分型。研究同时收集 2014 年 1 月至 2016 年 1 月于该院确诊的侵袭性肺炎链球菌感染（IPD）患儿的病历资料和抗生素敏感性实验结果。

**结果** 本研究符合纳入标准的患儿共 42 名，另收集既往 IPD 患儿抗生素敏感性实验结果 26 例，共 68 例。流行的血清型分别为 19F 型（40.5%）、19A 型（28.6%）、14 型（11.9%），23F 型（7.1%），6B 型（7.1%），10A 型（2.4%），18 型（2.4%）。毒力因子和菌毛基因流行率分别为 ply（100%）、cbpA（95.2%）、phtD（92.9%）、nanA（88.1%）、I 型菌毛（78.6%）、II 型菌毛（64.3%）。共分类 ST 型 12 种，主要流行 ST 型为 ST271（28.6%）、ST320（28.6%）和 ST876（11.9%），首要流行的克隆型为 Taiwan19F-14（59.5%），且所有 Taiwan19F-14 菌株均携带两种菌毛基因。42 株肺炎链球菌中，抗生素耐药率分别为青霉素（7.1%），阿莫西林（7.1%），头孢噻肟（9.5%），红霉素（100%），克林霉素（95.2%），四环素（7.1%），复方新诺明（35.7%），奎奴普丁/达福普汀、左氧氟沙星、氯霉素、万古霉素均为 0%。IPD 菌株与非 IPD 菌株相比，对青霉素（29.4%vs3.3%，P=0.039），四环素（44.1%vs3.3%，P=0.002）和复方新诺明（67.6%vs36.8%，P=0.030）耐药率更高。

**结论** 成都地区引发儿童感染的 S.pn 血清型多属于 PCV13 覆盖范围内; 较其他地区相比, 该地区菌株有更高的菌毛流行率。菌毛蛋白和其他毒力因子具有蛋白疫苗潜力。严重 IPD 感染患者在药敏报告出具之前, 推荐使用万古霉素加头孢曲松作为初始治疗, 再根据药敏结果调整用药。

PU-4120

## 2018 年上海地区 GGT、ALP、LDH 和 $\alpha$ -AMY 正确度验证结果分析

王茗  
上海市临床检验中心

**目的** 分析上海地区 2018 年度血清酶学正确度验证结果数据, 了解上海地区临床实验室  $\gamma$ -谷氨酰转氨酶 (GGT)、碱性磷酸酶(ALP)、乳酸脱氢酶(LDH)和  $\alpha$ -淀粉酶( $\alpha$ -AMY)的检测质量。

**方法** 收集临床实验室检验剩余样本, 制备高、低 2 个水平的冰冻混合人血清样本。临床实验室在不同工作日对样本进行重复检测, 通过网络回报结果。采用国际临床化学和检验医学联合会 (IFCC) 一级参考方法对样本进行赋值, 分析所有回报结果中 4 个项目的室内变异系数 (CV) 和偏移。

**结果** 以 IFCC 一级参考方法定值结果为靶值, 并以临床生物化学检验常规项目分析质量指标 (WS/T 403—2012) 中偏移的标准来评价回报结果的临床实验室的不合格率, 结果显示 GGT 2 个水平分别有 17.20%、22.58% 的实验室不合格; ALP 2 个水平分别有 32.26%、27.96% 的实验室不合格; LDH 2 个水平分别有 24.44%、21.11% 的实验室不合格;  $\alpha$ -AMY 2 个水平分别有 32.20%、38.98% 的实验室不合格。

**结论** 上海地区大部分临床实验室检测 GGT、LDH 的正确度水平符合标准, ALP、 $\alpha$ -AMY 的正确度水平还需改进, 四个项目的标准化还需要进一步加强。

PU-4121

## Mutation analysis and clinic symptoms of a 4-year-old WD child with VSD

Jiuxiang Wang, Qiumei Zhou, Xingxing Huo, Wei Yao, Kaiquan Huang  
The First Affiliated Hospital of Anhui University of Chinese Medicine

**Objective** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive copper metabolism disorder as a consequence of mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. The clinical symptoms and age at onset are highly variable. In this study, we reported a 4-year-old Chinese boy with ventricular septal defect (VSD) boy that present with elevated liver enzymes and low serum ceruloplasmin level, and received Repair of Interventricular Septal defect (VSDR) successfully. By direct Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B, we identified two heterozygous missense mutations (c.2333G>T p.R778L and c.2120A>G p.Q707R) which were disease causative sites. We hope that this study will enrich the clinical symptoms of WD and raise awareness of liver dysfunction in pediatric patients with WD.

**Methods** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive copper metabolism disorder as a consequence of mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. The clinical symptoms and age at onset are highly variable. In this study, we reported a 4-year-old Chinese boy with ventricular septal defect (VSD) boy that present with elevated liver enzymes and low serum ceruloplasmin level, and received Repair of Interventricular Septal defect (VSDR) successfully. By direct Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B, we identified two heterozygous missense mutations (c.2333G>T p.R778L and

c.2120A>G p.Q707R) which were disease causative sites. We hope that this study will enrich the clinical symptoms of WD and raise awareness of liver dysfunction in pediatric patients with WD.

**Results** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive copper metabolism disorder as a consequence of mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. The clinical symptoms and age at onset are highly variable. In this study, we reported a 4-year-old Chinese boy with ventricular septal defect (VSD) boy that present with elevated liver enzymes and low serum ceruloplasmin level, and received Repair of Interventricular Septal defect (VSDR) successfully. By direct Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B, we identified two heterozygous missense mutations (c.2333G>T p.R778L and c.2120A>G p.Q707R) which were disease causative sites. We hope that this study will enrich the clinical symptoms of WD and raise awareness of liver dysfunction in pediatric patients with WD.

**Conclusions** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive copper metabolism disorder as a consequence of mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. The clinical symptoms and age at onset are highly variable. In this study, we reported a 4-year-old Chinese boy with ventricular septal defect (VSD) boy that present with elevated liver enzymes and low serum ceruloplasmin level, and received Repair of Interventricular Septal defect (VSDR) successfully. By direct Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B, we identified two heterozygous missense mutations (c.2333G>T p.R778L and c.2120A>G p.Q707R) which were disease causative sites. We hope that this study will enrich the clinical symptoms of WD and raise awareness of liver dysfunction in pediatric patients with WD.

## PU-4122

### MiRNA 在细胞凋亡中的研究进展

赵博欣

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 微小 RNA (miRNA) 是一类长度约为 18-24nt 的非编码小 RNA, 其功能极为普遍, 涉及细胞增殖, 分化, 病理, 修复和凋亡等各种生命活动。

**方法** 细胞凋亡, 即程序性细胞死亡, 是一种由基因严格调控的自发的, 有序的死亡。

**结果** 在胚胎发育、维持组织内稳态、调节免疫系统、神经系统发展中起重要作用。

**结论** 因此, 阐明了 miRNA 对细胞凋亡过程的调控作用, 为进一步研究细胞凋亡的分子机制提供新的视角。

## PU-4123

### 人 hnRNPA2/B1shRNA 慢病毒载体的构建

方文

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 构建人核内不均一核糖核蛋白 A2/B1(hnRNPA2/B1)基因的短发夹 RNA (shRNA) 慢病毒载体。

**方法** 根据 hnRNPA2/B1 基因序列, 设计 4 对 hnRNPA2/B1shRNA 的干扰序列和 1 对阴性对照序列 (NC shRNA); 合成靶序列双链 DNA, 与 pGMLV-SC5 RNAi 慢病毒载体连接, 通过测序鉴定阳性克隆; 用构建的慢病毒表达载体和包装质粒共转染 HEK293T 细胞, 荧光显微镜下观察转染病毒 72h 后细胞中绿色荧光蛋白的表达, 以验证共转染是否成功, 超滤法浓缩病毒原液并测定病毒滴度。

**结果** 经酶切和 BLAST 对测序结果比对, 重组克隆中插入的序列与设计合成的 4 对 shRNA 及 1 对阴性对照 oligo DNA 完全一致, 提示慢病毒载体构建成功; 荧光显微镜下, HEK293T 细胞可见强绿色荧光蛋白表达, 慢病毒载体成功并转染入 HEK293T 细胞, 病毒滴度为  $5 \times 10^{11}$  TU/L。

**结论** 成功构建人 hnRNP A2/B1 基因 shRNA 慢病毒载体, 病毒滴度达  $5 \times 10^{11}$  TU/L。

## PU-4124

### 乳酸脱氢酶增高原因

桂琳

哈尔滨医科大学附属第二医院, 150000

**目的** 血常规是临床中最常见的检验项目之一, 血常规结果可以反映出人体许多的变化。血常规异常的检出不但仪器分析与涂片镜检相结合, 还离不开检验人员的认真细致, 综合分析。

**方法** 5 岁男患, 送检血常规, 我科采用 sysmax XE-5000 血细胞分析仪分析, 结果如下:

通过分析结果我们发现白细胞总数略高, 分类大致正常, 血红蛋白和血小板也在正常范围内, 从检验单上看, 并没有什么特别的发现。我们再看散点图和 Laboman 报警:

**结果** 散点图可见粉色淋巴细胞区域和绿色单核细胞区域边界不清晰, Laboman 报警提示“异常淋巴细胞/原始淋巴细胞?”, 并且在浅蓝色中性粒细胞区域之上可见深蓝色散点, 提示中性粒细胞可能有核左移, Laboman 报警也提示 Ig 增高。同时我发现患者的临床诊断为“乳酸脱氢酶增高原因待查”, 生化报告也显示乳酸脱氢酶异常增高, 这些引起了我的警惕。

**结论** 乳酸脱氢酶(LDH)是糖代谢中的重要酶系之一, 参与催化乳酸与丙酮酸的氧化还原反应。

LDH 在儿童 ALL 呈高表达状态, 肿瘤细胞的自身供能主要通过产能率相对较低的 LDH 参与的糖酵解作用, 白血病细胞释放的 LDH 在人体组织中大量积累后, 通过糖酵解会产生大量的乳酸, 乳酸通过调节肿瘤生长的微环境以利于白血病细胞的转移、浸润、侵袭和恶化, 进而促进了儿童 ALL 的发生和发展<sup>[1]</sup>。

## PU-4125

### 应用脉冲场凝胶电泳方法和 MALDI-TOF RUO 模式对临床分离的肺炎克雷伯菌进行同源性分析和方法比较及耐药表型研究

傅俊方

南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 脉冲场凝胶电泳 (Pulse-field gel electrophoresis, PFGE) 方法是微生物分型的金标准。本研究希望利用 MALDI-TOF RUO 模式来对想要进行流行病学相关研究的细菌进行初筛, 通过聚类分析, 筛出认为可能有研究意义的菌株, 再利用其他的方法做进一步的验证。

**方法** 收集 2013 年 4 月至 2013 年 10 月分离的肺炎克雷伯菌 29 株, 进行脉冲场凝胶电泳分析其同源性。同时, 再利用 MALDI-TOF RUO 模式进行质谱检测, 得到的结果进行聚类分析, 得到聚类分析图。此外, 采用 VITEK-2 微生物鉴定系统测定其对 18 种抗生素最低抑菌浓度。

**结果** 29 株肺炎克雷伯菌实验菌株, 经过 PFGE 指纹图谱分析, 分为 21 个基因型。其中 11 株 PFGE 图谱分为 A 型 (5 株)、B 型 (4 株)、C 型 (2 株)。其中的 11 株肺炎克雷伯菌虽然并非全部为 ESBLs 株, 但其对青霉素类、头孢菌素类以及单环内酰胺类耐药率为 100%, 对碳青霉烯类耐药率为 27.3%, 对环丙沙星耐药率为 27.3%, 对左氧氟沙星保持敏感, 对丁胺卡那霉素、庆大霉素、妥布霉素耐药率分别为 45.5%、54.5%、90.9%。MALDI-TOF RUO 模式得到的聚类分析图显示的分类结果与 PFGE 方法得到的结果没有明显的统一性, 利用 PFGE 分为同一型的菌株, 在 MALDI-TOF RUO 模式下未能分到同一类, 可能的原因为两者在原理上的差异, 以及 MALDI-TOF

RUO 模式的数据分析软件需进一步更新完善。但 MALDI-TOF RUO 模式下得到的聚类分析结果具有初步的参考意义。

**结论** 脉冲场凝胶电泳方法是分型的金标准，MALDI-TOF RUO 模式对研究细菌分型具有一定的意义。

## PU-4126

### 新生儿血清胆红素与 $\beta 2$ 微球蛋白相关性分析

潘宇  
哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 探讨生儿血清胆红素与  $\beta 2$  微球蛋白 ( $\beta 2$ -MG) 相关性。

**方法** 对 68 例新生儿按不同胆红素分组进行血  $\beta 2$ -MG 测定。

**结果** 不同浓度胆红素新生儿的血  $\beta 2$  微球蛋白随胆红素水平的升高而升高 ( $P < 0.05$ )；血胆红素水平与血  $\beta 2$  微球蛋白呈直线正相关。

**结论** 测定血可早期判断高胆红素血症对肾脏的损害程度，对新生儿高胆红素血症应积极干预，同时要避免使用肾毒性药物

## PU-4127

### 肠易激综合征患者肠道菌群分布、炎症因子与血清 NPY、SP、5-HT 水平变化

李榕娇,郭维龙,孙慧冰,袁杰  
南方医科大学第五附属医院

**目的** 探究肠易激综合征 (IBS) 患者的肠道菌群分布情况、相关炎症因子和血清 NPY、SP、5-HT 水平变化。

**方法** 选择我院 IBS 患者 80 例，其中 40 例为腹泻组 (IBS-D)，40 例为便秘组 (IBS-C)；以结肠息肉或胃息肉切除术后复查者 40 例作为对照组。检测三组患者肠道菌群分布情况，比较肠道菌群数量与定植抗力 B/E 值；利用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测炎症因子 IL-6、IL-8、TNF- $\alpha$  水平与血清 NPY、SP、5-HT 水平变化。

**结果** IBS-D 组患者肠道的双歧杆菌、乳杆菌和类杆菌菌群数量和 B/E 值均低于对照组 ( $P < 0.05$ )，双歧杆菌、乳杆菌、拟杆菌菌群数量和 B/E 值均低于 IBS-C 组 ( $P < 0.05$ )，肠杆菌菌群数量均高于对照组和 IBS-C 组 ( $P < 0.05$ )；IBS-C 组患者肠道的双歧杆菌菌群数量和 B/E 值均低于对照组 ( $P < 0.05$ )，肠杆菌和拟杆菌菌群数量均高于对照组 ( $P < 0.05$ )；肠球菌的差异无统计学意义。IBS-D 组患者的 IL-6、IL-8 和 TNF- $\alpha$  均高于对照组 ( $P < 0.05$ )，IL-6 和 IL-8 均高于 IBS-C 组 ( $P < 0.05$ )；IBS-C 患者的 IL-6 和 IL-8 均高于对照组 ( $P < 0.05$ )。IBS-D 组患者的 NPY、SP 和 5-HT 均高于对照组 ( $P < 0.05$ )，SP 和 5-HT 均高于 IBS-C 组 ( $P < 0.05$ )；IBS-C 组患者的 NPY 和 5-HT 均高于对照组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** IBS 会导致患者肠道定植抗力下降，进而发生肠道菌群失调，伴随炎症因子水平与血清 NPY、SP、5-HT 水平升高现象，不同亚型的肠易激综合征患者变化不同。

## PU-4128

## 医院常见多重耐药菌的临床分布及耐药性分析

周杰  
陆军军医大学西南医院

**目的** 分析我院 2018 年度多重耐药菌（Multidrug-Resistant Organisms, MDRO）的临床分布及其对常用抗菌药物的耐药性，为医院感染的防控及临床合理利用抗菌药物提供依据。

**方法** 采用回顾性分析方法，抽取我院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月的 5368 例住院病人送检标本中多重耐药菌检测情况和细菌药敏试验数据，统计分析多重耐药菌的分布特点及其耐药情况。

**结果** 2018 年度我院共检出多重耐药菌 848 株，测出菌株数目排行前五位分别是鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌、大肠埃希菌；多重耐药菌在痰液标本检出率为最高，其次为血液标本、伤口标本和尿标本；检测出的革兰阳性多重耐药菌对糖肽类、硝基呋喃类、恶唑酮类抗生素极其敏感，革兰阴性多重耐药菌对头孢哌酮/舒巴坦、阿米卡星、替加环素较为敏感，而对临床常用抗菌药物为耐药。

**结论** 我院多重耐药菌感染日益严重，医院应该加强对多重耐药菌株的监控，根据送检药敏结果合理选用抗菌药物治疗，加强医护人员多重耐药菌预防控制知识和手卫生培训，严格落实消毒隔离措施，可以有效预防和控制多重耐药菌的感染和暴发。

## PU-4129

## 186 例 XX 综合医院确证 HIV 阳性病例结果分析

马华瑜,叶华,杨伟国,张兴旺,张晓梅,王平,杨伟国  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 通过对 2015-2018 年 XX 综合医院确证的 186 例 HIV-1 抗体检测结果的分析，为临床的尽早治疗、开展相关干预和艾滋病的综合防控提供依据。

**方法** 采用 WB 法对 2015-2018 年 HIV 抗体筛查阳性的样本进行确证试验，并对确诊的 186 例样本结果进行分析。

**结果** 2015-2018 年 HIV-1 抗体确证阳性率依次为 8.5/万、8.8/万、8.6/万、7.5/万。186 例 HIV 抗体确诊阳性病例中，男性居多，以 20-60 岁的中青年感染者为主。其中 20-40 岁年龄组的感染率从 65.0%下降到 47.9%，而 41-60 岁组的感染率从 27.5%上升到 47.9%。WB 带型组合主要为全带型或次全带型，共占 87.6%。p24 缺失 3 例。

**结论** 综合性医院就诊的大部分 HIV 感染者在 AIDS 期前即被发现，传染性强，在检测过程中应加强个人防护。中青年性活跃人群是 HIV 感染的高危人群，尤其是 41-60 岁年龄段的人群，应加强重点防控。

## PU-4130

## 甲状腺乳头状癌相关的分子标志物研究进展

高莹  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 甲状腺癌是内分泌系统最常见的恶性肿瘤，其中以甲状腺乳头状癌（papillary thyroid carcinoma, PTC）最为常见。近年来，PTC 在全球的发病率呈明显上升趋势，成为威胁人类生命

健康的重大疾病。本文旨在探讨 PTC 发生发展以及预后相关分子标志物的研究进展, 为临床诊疗提供高敏感、高特异性的分子标志物。

**方法** 采用回顾性分析的方法和查询文献的方法, 分析和总结了近年来 PTC 相关的分子生物学研究资料。

**结果** PTC 的发生与 RET/PTC 重排、BRAF 基因突变、PAX8-PPARG 基因融合等遗传学改变密切相关, 不同的肿瘤标志物在评估 PTC 发生、发展及预后的敏感性和特异性方面有较大的差别, 其中 CK19、Galectin- 3、HBME-1 在甲状腺良性增生和 PTC 的鉴别诊断, 以及 VEGF、ki-67、P53、MMP-2 等标志物在 PTC 的预后评估中敏感性和特异性均较高, 有较大的临床指导意义。

**结论** 不同的分子标志物在 PTC 诊断及临床预后评估的各不相同, 两种或两种以上分子标志物联合检测有助于敏感性和特异性的互补, 为临床治疗提供可靠的理论依据。

## PU-4131

### Prolonged Hypoxia Suppresses Definitive Endoderm Formation via MicroRNA-155

Xu Shi

(Department of Laboratory Medicine

**目的** To explored the different effects of short-term and long-term hypoxia on regulating the differentiation of induced pluripotent stem cells (iPSCs) towards definitive endoderm (DE) and its related mechanisms.

**方法** The expressions of stem cell differentiation markers were detected using immunofluorescence technology and quantitative polymerase chain reaction (qPCR).The level of microRNA-155 (miR-155) was calculated using All-in-One miRNA qRT-PCR Detection Kit.

**结果** The expressions of stem cell differentiation markers were detected using immunofluorescence technology and quantitative polymerase chain reaction (qPCR).The level of microRNA-155 (miR-155) was calculated using All-in-One miRNA qRT-PCR Detection Kit.

**结论** Temporary hypoxia was more efficient to promote the DE formation while prolonged hypoxia tended to inhibit iPSC differentiation to some extent via up-regulating miR-155. The detection and regulation of miR-155 in stem cells or other cell types similar to them (such as cancer stem cells or malignant cells) may be helpful to reflect and control the cell differentiation fate.

## PU-4132

### 桥本氏甲状腺炎 Fas 系统表达水平的研究

徐兆珍

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 为了研究 Fas/FasL 介导的细胞凋亡在桥本氏甲状腺炎发病机制中的作用, 评价其治疗中的意义。

**方法** 采用流式细胞仪、双抗体夹心 ELISA 法及免疫组化方法分别测定桥本氏甲状腺炎(HT)及正常对照组外周血 T 淋巴细胞 Fas 抗原表达情况, 血浆中 sFas 水平及甲状腺腺泡细胞 Fas 抗原及 Fas 配体的表达情况。

**结果** 发现 HT 组甲状腺细胞 Fas 和 FasL 表达强度显著高于正常对照组( $P<0.01$ ), 血浆 sFas 水平( $2.05\pm0.54\text{ng/ml}$ )明显低于正常组( $3.59\pm0.68\text{ng/ml}$ ,  $P<0.001$ ), HT 外周血 T 淋巴细胞 Fas 抗原阳性细胞数( $79.99\%\pm16.08\%$ )显著高于正常对照组( $57.22\%\pm11.57\%$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** Fas 系统与桥本氏甲状腺炎发病密切相关。

## PU-4133

## 综合性医院内 227 例 HIV 抗体初筛阳性结果分析

王平,张兴旺,杨伟国,叶华,张晓梅,马华瑜  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 为了解综合性医院就诊患者的人类免疫缺陷病毒感染及艾滋病流行病学情况及临床特征, 以提高医务人员对 AIDS 的认识。

**方法** 回顾分析 2010—2015 年甘肃省人民医院就诊的 HIV 感染者/艾滋病患者的实验室诊断及其临床特征资料。采用 SPSS17.0 统计软件进行数据处理。

**结果** 6 年共进行 HIV 抗体筛查 240150 例, 筛查出阳性标本, 2013 年 9 月以前送甘肃省 CDC 进行确证实验, 2013 年 9 月以后我院检验中心免疫室通过艾滋病确证实验室验收后, HIV 筛查阳性标本均在本室进行确认实验。HIV 初筛阳性者 227 例, 确认阳性 146 例, 阴性 55 例。在 26 例 HIV 抗体结果不确定者中, 随访 7 例, 2 例转阳性, 2 例排除 HIV 感染, 3 例仍为不确定者。146 例 HIV 感染者年龄 18-76 岁, 男性占 81.51% (119/146), 女性占 18.49% (27/146), 男女比例为 4.41:1(119/27), 男女差异具有显著性 ( $P<0.05$ )。HIV 抗体确认阳性以年龄段为 20—49 岁的男性为主, 阳性率占 84.93% (124/146)。HIV 抗体初筛阳性从 2010 年的 12 例增加到 2015 年的 79 例, 其中确认阳性从 7 例增加到 52 例, 2010-2015 年间增加明显 ( $P<0.05$ )。可见 HIV/AIDS 患者人数呈逐年增长趋势。2010 年 HIV 感染者/艾滋病患者仅分布在呼吸科、胸科等少数临床科室, 到 2015 年扩展到几乎涵盖所有临床科室。

**结论** 该地区 HIV 感染处在低水平, 但 HIV 感染呈现上升趋势, 以青壮年男性为主、HIV/AIDS 患者分布科室广泛、临床症状多样, 易造成误诊、漏诊, 甚至造成院内感染。对 HIV 抗体不确定结果需要定期随访或结合其他检测方法、流行病学资料等加以判断。此外, 还需要加大对老年人群的 HIV 抗体筛查诊断, 同时为相关部门开展区域性的 HIV 防治工作提供依据。

## PU-4134

## 耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌耐药机制及同源性分析

王勇,宫雪,张吉生,苏珊珊  
佳木斯大学附属第一医院

**目的** 了解我院临床分离的碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP) 的耐药机制及流行病学特点, 为感染控制提供依据。

**方法** 收集 2015 年至 2017 年佳木斯大学附属第一医院临床患者分离的 CRKP, VITEK-2 Compact 检测对常用抗菌药物的敏感性; PCR 方法扩增常见的碳青霉烯酶基因 (KPC、NDM、IMP-4、IMP-8、VIM-1、VIM-2、OXA-23、OXA-24、OXA-48、OXA-51、OXA-58) 及其他广谱  $\beta$  内酰胺酶基因(DHA、ACC、TEM、SHV、CTX-M-1、CTX-M-9)。多位点序列分型(MLST)对 31 株肺炎克雷伯菌进行 ST 分型。

**结果** 共检出 29 株 KPC 基因阳性, 1 株 NDM-5 阳性, 2 株 IMP-4 阳性, 2 株 OXA-23 阳性, 2 株 OXA-51 阳性, 28 株 TEM 阳性, 28 株 CTX-M-15 阳性, 1 株 CTX-M-177 阳性, 31 株 SHV 阳性。28 株 MLST 分型为 ST76, 其余 3 株为 ST323、ST896 型及一个新的分型 ST2964。结论 产 KPC 型酶是我院 CRKP 的主要耐药机制, ST76 型是我院主要的流行克隆分析。相关部门应积极采取感染控制及预防措施, 避免耐药菌的进一步播散。

**结论** 共检出 29 株 KPC 基因阳性, 1 株 NDM-5 阳性, 2 株 IMP-4 阳性, 2 株 OXA-23 阳性, 2 株 OXA-51 阳性, 28 株 TEM 阳性, 28 株 CTX-M-15 阳性, 1 株 CTX-M-177 阳性, 31 株 SHV 阳性。28 株 MLST 分型为 ST76, 其余 3 株为 ST323、ST896 型及一个新的分型 ST2964。结论 产



KPC 型酶是我院 CRKP 的主要耐药机制, ST76 型是我院主要的流行克隆分析。相关部门应积极采取感染控制及预防措施, 避免耐药菌的进一步播散。

## PU-4135

### 南京地区体检人群红细胞异常研究

薛丽, 黄一灵, 张丽霞

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 分析血常规结果中, 红细胞升高, 血红蛋白正常或者降低, MCV 降低人群的原因

**方法** 统计分析江苏省人民医院 3700 例体检人群血常规结果, 对红细胞升高, 血红蛋白正常或者降低, MCV 降低样本外周血涂片, 进行红细胞形态分析, 同时进行铁蛋白的测定

**结果** 收集 31 例红细胞存在以上改变, 占体检人数 0.84%。红细胞  $5.79 \pm 0.58$ , 血红蛋白  $130.4 \pm 16.3$ , MCV  $71.4 \pm 5.9$ , MCH  $22.6 \pm 5.38$ , MCHC  $312.8 \pm 22.3$ 。铁蛋白  $136.5 \pm 138.5$ , 正常或升高 21 例。22 例外周血可见靶型红细胞, 小细胞低色素红, 棘形红细胞和红细胞碎片等。

**结论** 初步认为红细胞升高, 血红蛋白正常或者降低, MCV 降低人群为地中海贫血携带者的血常规表现, 后期还需要进一步的研究。

## PU-4136

### 产 ESBLs 鲍曼不动杆菌流行病学和耐药基因研究

苏丽菊, 高春波

哈尔滨市第一医院, 150000

**目的** 了解并研究临床分离的产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(extended spectrum  $\beta$ -lactamases, ESBLs)鲍曼不动杆菌同源性及其耐药基因型。**方法** 收集临床分离的鲍曼不动杆菌共 190 株。采用纸片扩散法(Kindly-Bauer, K-B)测定分离鲍曼不动杆菌中产 ESBLs 菌株, 对 14 种抗菌药物进行耐药分析。对 ESBLs 基因型 PER-1、TEM-1、SHV-1、CTX-M、VEB、OXA-23 进行聚合酶链反应(PCR)扩增, 通过序列分析基因型。

**方法** 应用脉冲场凝胶电泳(PFGE)分析阳性菌株同源性。结果 190 株鲍曼不动杆菌中, 对米诺环素、替加环素、头孢哌酮/舒巴坦敏感率最高, 分别为 2.6%、6.8%、23.2%。耐药率高于 70% 的抗菌药物为头孢他啶和派拉西林, 其余药物耐药率均高于 50%。190 株鲍曼不动杆菌中筛选出产 ESBLs 菌株共 58 株, 检出率为 59.2%, PCR 分析结果显示 PER-1 基因型 26 株, TEM-1 基因型 23 株, SHV-1 基因型 1 株, OXA-23 24 株, 其中 37% 同时携带 PER、TEM、OXA-23 三种基因型。其余基因型检测结果为阴性。PFGE 结果显示: 58 株产 ESBLs 鲍曼不动杆菌通过 PFGE 分型分为 A、B、C、D、E 五型。来自哈尔滨市第一医院的 39 株产 ESBLs 鲍曼不动杆菌菌株分为 A、B、C 三型, 以 A 型为主, 为 35 株, 其中 A1 亚型有 27 株, A2 亚型有 5 株, A3 亚型有 3 株, B 型有 3 株, C 型有 1 株。哈尔滨医科大学附属第四医院 19 株产 ESBLs 鲍曼不动杆菌中, 5 株与哈尔滨市第一医院 A1 条带一致, 其余 12 株为 D 型, 其中 D1 亚型 9 株, D2 亚型 3 株, 2 株为 E 型。

**结果** 哈尔滨地区鲍曼不动杆菌耐药情况严重, 产 ESBLs 酶是耐  $\beta$ -内酰胺类抗生素的主要原因。

**结论** PFGE 分型结果显示哈尔滨地区鲍曼不动杆菌流行株存在医院之间交叉感染现象。

## PU-4137

## 免疫组织化学技术

张翠英

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 免疫组织化学又称免疫细胞化学，是利用抗原与抗体间的特异性结合原理和特殊的标记技术，对组织内的特定抗原或抗体进行定位、定性或定量检测的一门技术。是免疫学和传统组织化学互相结合而发展起来的，也可以称为原位免疫学。免疫组织化学除了具备特异性强，灵敏度高的特点之外，最大优点是能将形态学改变与功能和代谢结合起来，一方面保持了传统形态，另一方面克服了传统免疫只能定性和定量而不能定位的缺点。

**方法** 免疫组织化学是用标记的特异性抗体在抗原抗体反应细胞原位通过抗原抗体反应和组织化学的成色反应，对相应抗原进行定性、定量和定位。基本过程包括：1、抗原的提取与纯化；2、免疫动物活细胞融合，制备特异性抗体与抗体的纯化；3、将标志物与抗体结合形成标记抗体；4、标本的处理与制备；5、抗原抗体免疫学反应以及标志物成色反应；6、观察结果。

**结果** 阳性细胞的显色分布有三种类型：①细胞质②细胞核③细胞膜表面。免疫组织化学的呈色深浅可反应抗原存在的数量，可作为定性定量的依据。

**结论** 制片后充分固定，以防细胞自溶，保持细胞形态和结构，保存组织细胞抗原性；在制片过程中，由于广泛的组织交联可使组织中某些抗原决定簇发生遮蔽，致使抗原决定信号减弱或消失，因此，抗原修复是免疫组织化学技术中的重要步骤；选择抗体时应注意选择具有高度特异性和稳定的优质抗体，根据需要决定采用单克隆或多克隆抗体；抗原抗体反应要求有正确的比例，过量与不足均不能达到预期结果；实验中要求设立对照实验：阳性对照，阴性对照，其他空白、代吸收或阻断试验均为确证试验。

## PU-4138

## HBV-DNA-PCR 室内质控物的研制方法

杨伟国,张兴旺,居军

甘肃省临床检验中心

**目的** 研制一种效期长，稳定性好的 HBV-DNA-荧光定量 PCR 的室内质控物。

**方法** 以实验室为期一年日常不少于 100 次检测结果的对数值为基础，计算结果的均值（ $\bar{x}$ ）和标准差（ $s$ ），绘制质控图，以超出  $\bar{x} \pm 2S$  为“告警”规则，以超出  $\bar{x} \pm 3S$  为失控规则。

**结果** 对 100 次 HBV-DNA 聚合酶链反应（PCR）检测数据分析，均值和标准差分别为 5.649 和 0.028，100 次实验数据没有失控数据。

**结论** 经冷冻干燥机冻干的 HBV-DNA-荧光定量 PCR 的室内质控物效期长，稳定性好，为核酸扩增常规检测提供了一种有效的，可靠的室内质控物。

PU-4139

## 外周血 miRNA-223 在急性冠脉综合征中的诊断价值

桂琳,黄立娟

哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** 通过研究急性冠脉综合征(ACS)患者外周血中 miRNA-223 的表达水平并且分析 miRNA-223 与炎症因子白介素-6(IL-6)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)和纤维蛋白原(Fib)之间的相关性,旨在探究 miRNA-223 能否成为诊断和预测 ACS 的新的生物学标志物。

**方法** 实时定量 PCR(Real time-PCR)技术检测 miRNA-223 的表达水平。用 ELISA 法测得 IL-6 的含量,全自动生化仪检测 hs-CRP 的含量,使用全自动血凝仪测得 Fib 的含量,最后使用 SPSS23.0 进行统计学分析。结果: ACS 组 miRNA-223 的表达水平明显高于稳定心绞痛组和健康对照组。其中稳定性心绞痛和非 ST 段抬高型心肌梗死组 miRNA-223 的表达水平相比稳定心绞痛组、健康对照组升高,具有统计学意义( $P<0.05$ ), ST 段抬高型心肌梗死组 miRNA-223 的表达水平明显高于稳定心绞痛组和健康对照组,具有显著统计学差异( $P<0.01$ ),稳定心绞痛组和健康对照组之间无明显差异。

**结果** miRNA-223 ROC 曲线下的面积=0.919,用约登指数测得切点位置的敏感性=0.783,特异性=0.952。ACS 组 IL-6、hs-CRP、Fib 含量高于稳定心绞痛组和健康对照组,miRNA-223 与 IL-6( $r=0.423$ ,  $P=0.004$ )、hs-CRP( $r=0.424$ ,  $P=0.004$ )、Fib( $r=0.556$ ,  $P=0.001$ )有明显的正相关,有统计学意义。结论: miRNA-223 在 ACS 患者中的表达水平明显升高,且 miRNA-223 与 IL-6、hs-CRP 和 Fib 有明显的正相关

**结论** 在冠状动脉粥样硬化性心脏病中,miRNA-223 用于诊断 ACS 的敏感度为 78.3%,特异性为 95.2%,有望成为新的生物学标志。

PU-4140

## 布鲁氏菌常见体外药敏试验探究

梁英凤,周志美,吴金英,刘岩

烟台毓璜顶医院,264000

**目的** 探究马耳他布鲁氏菌对抗生素的耐药性及抗菌药物应用于临床治疗布鲁氏菌感染方面的合理性

**方法** 血液经 BACT/ALERT®3D 系统培养报阳后,转种血平板,采用 VITEK II 自动微生物系统鉴定细菌,并通过 E-test 检测 MIC 值的方法来进行药物敏感性试验。

**结果** 从 2014 年-2017 年我院微生物室血培养共分离出 62 株布鲁氏菌,经鉴定全部为马耳他布鲁氏菌,而且药敏试验结果显示,庆大霉素是 0.50-0.75 mg/L,利福平是 0.06-2.0 mg/L,复方新诺明是 4.0-16.0 mg/L,强力霉素是 8.0-32.0 mg/L。

**结论** 本次实验中用到的药物基本覆盖了治疗布鲁氏菌病的常用药,而且实验结果与临床效果一致,为临床实行个体化治疗提供有价值的依据和帮助。

PU-4141

## CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性在高寒地区汉族人群中的分布情况

杨正亮,郑洋洋

牡丹江医学院附属红旗医院检验科

**目的** 探究 CYP2C9 和 VKORC1 基因多态性在我国高寒地区汉族人群中的分布情况,比较其与同纬度不同国家及我国低纬度汉族人群的差异。

**方法** 在高寒地区汉族人群中收集服用华法林的受试者 210 例,收集患者相关临床病例资料并检测患者的 CYP2C9 和 VKORC1 基因型。

**结果** 210 例受试者 CYP2C9 的基因型 \*1/\*1、\*1/\*3 和 \*2/\*3 频率分别为 96.2%、3.3% 和 0.5%; \*1/\*1 基因型频率高于法国、加拿大、俄罗斯、瑞典和西班牙国家人群 ( $P<0.05$ ), \*1/\*3 和 \*2/\*3 低于上述国家 ( $P<0.05$ )。VKORC1 基因 AA、GA 和 GG 的基因型频率分别为 81.0%、17.6% 和 1.4%; AA 基因型频率高于法国、加拿大、俄罗斯、瑞典和西班牙国家人群而 GG 基因型频率低于上述国家人群 ( $P<0.05$ )。CYP2C9 和 VKORC1 基因型与我国广州、湖北、江苏、华南等低纬度地区分布无差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** CYP2C9 和 VKORC1 基因型在我国高寒地区汉族人群中以对华法林敏感性较高的类型居多。同纬度不同国家人群上述基因多态性分布差异较大,我国不同纬度汉族人群上述基因多态性分布无差异性。

PU-4142

## Gene-XpertMTB/RIF 技术在 HIV 合并结核分枝杆菌感染筛查中的应用

张桂仙,高丽

云南省传染病医院

**目的** 探讨新技术 (Gene-XpertMTB/RIF 简称“Xpert”) 在 HIV 合并结核分枝杆菌感染筛查中的临床应用,期望为 HIV/TB 的感染者找到快捷、准确的检测方法或者检测方法组合。

**方法** 收集云南省传染病医院 2017 年 3 月~2018 年 12 月收治的 HIV 住院患者痰液标本,每例患者痰液标本均用 Xpert、罗氏培养法和直接涂片抗酸染色法三种方法进行检测。

**结果** Xpert、罗氏培养和直接涂片萋-纳抗酸染色法三种检测方法的阳性率分别为 15.8%、12.6%、10.8%,Xpert 与其他两种方法一致性评价,均为  $Kappa>0.75$ 。一致性较好。

**结论** Gene-XpertMTB/RIF 技术是一种快速、安全、高效的分子生物学检测方法,并且能够同时检测利福平的耐药性,对艾滋病合并结核病的早期筛查具有重要意义。

PU-4143

## 四种感染人的疟原虫种类、数量检测体系的建立

许勇臣,陶玉滨

中国人民解放军第二一一医院,150000

**目的** 建立对恶性疟原虫、三日疟原虫、卵形疟原虫、间日疟原虫等感染人的疟原虫进行检测的体系,用于检测人体内疟原虫种类、数量的变化。

**方法** 根据恶性疟原虫、三日疟原虫、卵形疟原虫、间日疟原虫的 18S rRNA 基因序列,设计 1 对属特异性引物、1 条 TaqMan 探针、4 条种特异性引物,将属特异性引物的扩增产物片段与 pBS-T 载体连接,构建重组质粒,以此重组质粒作为荧光定量扩增反应的标准品,用于建立检测待测标本中的疟原虫基因拷贝数的标准曲线;并将属特异性上游引物分别与 2 条种特异性引物组合,对待测标本进行多重聚合酶链反应扩增,产物电泳,根据条带的长度确定疟原虫的种类。

**结果** 设计的属特异性引物能够对疟原虫进行特异性扩增,并以恶性疟原虫的扩增产物与 pBS-T 载体连接,构建了重组质粒标准品,建立的荧光定量聚合酶链反应对不同浓度标准品进行扩增,在检测范围内,达到检出阈值的循环数 Ct 与基因含量的对数 logC0 呈良好的线性关系 ( $r=0.981$ ),而阴性标本未检出荧光信号;在不同的多重聚合酶链反应体系中,将扩增产物电泳,显现各体系特异的条带,分别对应样品中的恶性疟原虫与间日疟原虫基因,具有良好的虫种特异性

**结论** 本研究构建了用于定量检测疟原虫基因的标准品,建立了针对感染人的四种疟原虫的检测体系,具有较高的灵敏度、特异性,适合于对低疟血症人群的监测及判别不典型疟原虫。其中荧光定量聚合酶链反应为属特异性,具有良好的反应线性,可检出样品中疟原虫总量;多重聚合酶链反应为种特异性,以尽可能少的引物区分样品中的疟原虫种类。

## PU-4144

### 2015-2017 年血流感染病原菌耐药性分析

冯春晓,刘丽

齐齐哈尔市第一医院,161000

**目的** 了解齐齐哈尔市第一医院血流感染患者的细菌分布及其对抗菌药物的耐药性,为临床合理用药提供依据。

**方法** 对齐齐哈尔市第一医院 2015 年 1 月-2017 年 12 月从血液标本中分离的细菌分布和药物敏感试验结果进行回顾性分析,采用 CLSI 2014 年版标准判断药敏结果及 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 5899 份血培养标本中共分离细菌 702 株,阳性率为 11.9%,其中革兰阴性菌 400 株,占 57.0%,革兰阳性菌 302 株,占 43.0%。排在前 5 位的细菌依次为大肠埃希菌、凝固酶阴性葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌、鲍曼不动杆菌,分别占 23.93%、22.65%、13.25%、11.25%和 6.70%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的检出率分别为 29.1%和 80.3%。未发现对万古霉素和利奈唑胺的葡萄球菌。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的 ESBLs 检出率分别为 26.79%和 22.64%。肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素高度敏感,但是仍有对少数碳青霉烯类抗生素耐药株(CRE),以肺炎克雷伯菌居多。

**结论** 血培养检出病原菌谱较广,不同细菌耐药性差别较大,应重视细菌耐药性监测并加强抗菌药物的合理使用。

## PU-4145

### Sysmex XN-1000 血液分析复检规则的修订及验证

程旭,李佳

牡丹江市第一人民医院检验科

**目的** 采用 XN-1000 血细胞分析仪自身的报警系统对白细胞、红细胞、血小板数量异常及形态学异常的提示,并参照“国际 41 条复检标准”,制定出 XN-1000 分析仪的血细胞计数和白细胞分类的初步复检规则。

**方法** 随机抽取检测的 1610 份患者样本,同时涂片做显微镜检查。按照国际血细胞复检规则、自行拟定的筛选方案和涂片镜检阳性标准进行评估,计算出真阳性率、假阳性率、真阴性率、假阴性率和涂片复检的比率。

**结果** 1610 例患者中触发“41 条”的为 315 例;真阳性率 11.6%,假阳性率 7.8%,真阴性率 80.2%,假阴性率 0.4%。采用修改后的“18 条”复检规则对样本进行回顾性复检分析,发现触发“18 条”的阳性标本 289 例。真阳性率 9.6%;假阳性率 6.6%;真阴性率 82.0%;假阴性率 1.8%。血液病细胞无漏检情况。

**结论** 制定合理适用的血细胞计数和白细胞分类的涂片复检规则非常重要,既可保证检测结果质量,又可提高工作效率。

## PU-4146

### 心型脂肪酸结合蛋白在急性心肌梗死

王一多,金英玉

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 心肌梗塞(myocardial infarction)是冠状动脉闭塞,血流中断,使部分心肌因严重的持久性缺血而发生局部坏死。临床上有剧烈而较持久的胸骨后疼痛,发热、白细胞增多、红细胞沉降率加快,血清心肌酶活力增高及进行性心电图变化,可发生心律失常、休克或心力衰竭。患者多发生在冠状动脉粥样硬化狭窄基础上,由于某些诱因致使冠状动脉粥样斑块破裂,血中的血小板在破裂的斑块表面聚集,形成血块(血栓),突然阻塞冠状动脉管腔,导致心肌缺血坏死,另外,心肌耗氧量剧烈增加或冠状动脉痉挛也可诱发急性心肌梗死。近年来,AMI 的发病率呈逐年上升趋势,是一种常见的心身疾病,每年由急诊科收治诊断的 AMI 患者也日益增多。近几年国内外在 AMI 的诊断中所使用的分子诊断标志物主要以 Tnl/T 和 Mb 为主,但其作为主要的诊断依据却缺乏敏感性和特异性。

**方法** 这就导致对该疾病诊断、早期发现和预后评估加大了难度,进而可能延误患者的救治导致死亡。近年的研究发现心型脂肪酸结合蛋白(heart fatty acid-binding protein, HFABP)是心脏中富含的一种新型小胞质蛋白,它具有高度心脏特异性,但在心脏以外的组织中也有低浓度表达。

**结果** 心肌缺血性损伤出现后, hFABP 可以早在胸痛发作后 1-3 小时在血液中被发现, 6-8 小时达到峰值而且血浆水平在 24-30 小时内恢复正常。

**结论** 国内外学者及生物制剂公司已经研制出以双抗体夹心法测定 HFABP 的试剂盒。

## PU-4147

### NPM1 基因突变急性髓系白血病伴杯口核原始细胞 1 例

曹君

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 本文报道一例 NPM1 基因突变急性髓系白血病伴杯口核原始细胞。

**方法** 患者,女,36 岁,无明显诱因下发烧 9 天,伴头昏乏力,入院前患者检查血常规示:WBC:82.1\*10<sup>9</sup>/L,HB:93g/L,PLT:70\*10<sup>9</sup>/L,骨穿示:原幼髓细胞占 93.1%,流式细胞表达 CD5-/CD7-,CD10-/CD19-,HLA-DR 部分+/CD11b 部分+,CD34-/CD33+,CD15-/CD117+,CD16-/CD13+,符合急性髓系白血病,收治入院。入院后查血常规:WBC:51.62\*10<sup>9</sup>/L,HB:73g/L,PLT:73\*10<sup>9</sup>/L。外周血涂片见原始细胞 49%,伴杯口状改变。骨穿示:骨髓增生活跃,全片原幼细胞占 80%,该类细胞胞体大小不一,圆形或类圆形,胞浆量少,部分可见细小的紫红色颗粒,胞核圆形或类圆形,染色质细致,可见凹陷、折叠。POX 染色:100%阳性。粒系早幼粒及以下阶段细胞占 5.5%;红系

增生受抑，占 0.5%；全片未见巨核细胞，血小板散在少见。结果提示：急性髓细胞白血病（M1 可能性），请结合临床及 MICM 诊断。

**结果** 结合外周血和骨髓形态学及化学染色的结果，建议做 FLT3 和 NPM1 基因检测。二代测序检测到 NPM1 基因 A 型突变，BCOR 基因 P.Cys1329fs 突变，体细胞突变可能性大。确定该患者为：NPM1 基因突变的急性髓细胞白血病（M1 型）。应用阿糖胞苷和艾诺宁诱导化疗，效果良好。24 天后再次进行骨穿检查，结果示：原幼细胞占 20%，粒系增生极度低下，占 16.5%，红系增生低下，占 7%；全片见巨核细胞 22 只，血小板散在易见，小簇可见。流式细胞检查：CD34-，CD117+，CD13-，CD33-，CD7-，CD10-，CD19-CD38 HLA-DR-，CD45 7.8%。患者情况得到缓解，继续在本治疗。

**结论** 本例患者属于单独的 NPM1 基因突变急性髓系白血病伴杯口核原始细胞，形态学发现杯口核原始细胞对急性髓系白血病的鉴别诊断及预测相关融合基因（NPM1）的表达，预后的判断有重要意义。

## PU-4148

### Multiple epitope fusion of Tp47 protein alleviate the false-positive of syphilis serological test

zhongmin liu<sup>1</sup>,Xue Lei<sup>1</sup>,Yongpin Lin<sup>1</sup>,Lizhi Du<sup>1</sup>,Bo Xiang<sup>1</sup>,Xiangxue Deng<sup>2</sup>,Siqi Liu<sup>2</sup>,Runpei Lin<sup>2</sup>

1.The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

2.KingMed College of Laboratory Medicine , GuangzhouMedical University

**Objective** Anti-TP screening tests in both ELIA and CLIA have false positive rates, especially in low-prevalence epidemics. Multiple epitope fusion might be an ideal strategy to improve the specificity and alleviate the false positive reaction

**Methods** Fusion protein which include the three fragments containing multiple major B cell epitope of Tp47 protein was obtained from prokaryotic expression system. This multiple epitope fusion protein as an antigen was subsequently used to establish ELISA to detect 96 syphilis positive serum( $1 < S/CO < 10$ ). Using TPPA results as a gold Standard, the sensitivity and specificity of the multiple epitope fusion protein was compared with Tp47.

**Results** The sensitivity and specificity of were found to be 90.32% (56/62) and 94.12% (32/34) respectively. The Tp47 protein was found to have sensitivity 93.55% (58/62) and a lower specificity 79.41% (27/34). The coincidence rate of TPPA results the multiple epitope fusion was 91.67% higher than 88.54% of TP47.

**Conclusions** Multiple epitope fusion could effectively improve the specificity of syphilis sera diagnosis. This study provided a feasible strategy to develop new syphilis diagnosis assay with higher specificity.

## PU-4149

### 不同 HAART 方案对 HIV/AIDS 患者肝脏功能的影响

张桂仙,张米

云南省传染病医院

**目的** 通过评估高效抗逆转录病毒治疗不同时期 HIV/AIDS 患者的转氨酶和胆红素水平，探讨不同治疗方案对患者肝功能影响。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月 4 日~4 月 27 日时段内入组进行抗病毒治疗的 HIV 感染者 110 例，收集治疗的 0、3、6、9 和 12 月时肝功能结果，治疗方案分为 A 组：齐多夫定（AZT）+拉米夫定

(3TC)+依非韦伦(EFV)联合组 46 例, B 组: AZT+3TC+奈韦拉平(NVP)联合组 24 例, C 组: 替诺福韦(TDF)+3TC+EFV 联合组 40 例, 比较不同治疗方案的肝功能观察指标变化情况。

**结果** HIV/AIDS 患者未行抗病毒治疗前部分患者肝功能观察指标已有异常, HIV/AIDS 患者经不同方案抗病毒治疗后, 与基线相比较在治疗 9 个月时 C 组 ALT 较基线明显上升 ( $P=0.017$ ); 与基线相比较在治疗 3 个月时 A 组、B 组、C 组的 AST 较基线有明显下降, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 在治疗的 6 个月、9 个月、12 个月时 A 组和 B 组 AST 水平较基线显著降低 ( $P<0.05$ ), C 组在治疗过程中 AST 均无统计学意义。三种不同治疗方案同一治疗时段内, 在 9 月和 12 月绝对数增减的差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ), A 组和 B 组绝对数下降幅度大于 C 组。

**结论** HIV/AIDS 感染者在高效抗逆转录病毒治疗过程中肝损伤较为常见, 根据患者肝功能情况选择合适的治疗方案, 同时定期监测患者肝功能, 减少肝脏负担, 增加机体对药物耐受性, 提高抗病毒治疗效果。

## PU-4150

### 无明显临床指征的单独 AST 异常增高: 警惕巨-AST 存在

王连明, 鲁平

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 患者无症状 AST 单独升高, 证实活性增高的原因是患者维生素 B6(吡哆醛)缺乏还是巨-AST 存在。

**方法** 通过稀释试验初筛, 利用比对试验和纠正试验验证是否为维生素 B6(吡哆醛)缺乏; 利用聚乙二醇(PEG)沉淀活性测定和冷藏法确证巨-AST 的存在。

**结果** 试验验证在不同的检测系统, AST 存在明显差异, 而且不同仪器上的测定结果显示含有磷酸吡哆醛的试剂 AST 的测定值较高, 如西门子的 Dimension 和强生的 VITROS 5600, 而不含磷酸吡哆醛的试剂其测定值则较低甚至在参考范围内。但纠正试验无法进行纠正。聚乙二醇(PEG)沉淀活性测定和冷藏法确证巨-AST 的存在。证实为室温不稳定的 IgG 型复合物形成。

**结论** 对于无任何器官/组织功能异常的临床及生物化学指征出现的高 AST 情况, 应怀疑巨-AST 存在并进行证实, 保证测定结果对临床的诊断意义。

## PU-4151

### 尿液显微镜手工方法比较分析法

王琳琳, 鲁平

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 手工法检验尿常规结果分析, 进一步了解分析仪和传统的显微镜手工法在尿液分析中的优缺点, 使检验工作者在实际工作中正确对待两种方法的应用, 指导检验人员科学地把两种结合起来。

**方法** 我们对 500 份尿样分别用两种方法进行检测对其结果分析, 一种方法用尿液分析仪检测记录尿蛋白、白细胞、红细胞结果, 微量以上为阳性, 微量以下为阴性。另一种方法用加热醋酸法检测尿蛋白, 再用离心试管取 10 ml 混匀的尿液以 1 500 r/min 离心 5 min, 倾去上清液, 留取 0.2 ml 沉渣, 涂片镜检, 记录尿蛋白、红细胞和白细胞结果, 微量以上为阳性, 微量以下为阴性。

**结果** 分析仪检测尿蛋白和白细胞的阳性率 (8.85% 和 10.20%) 不及手工法阳性率 (9.10% 和 11.85%) 高, 但分析仪检验红细胞的阳性率 (11.85%) 高于手工法红细胞阳性率 (9.80%)。阳性结果不能相吻合, 两种方法虽然存在一定的差异, 但经统计学处理 ( $P>0.05$ ) 差异无显著性。

**结论** 结果说明两种方法均可为临床使用。分析仪检测尿蛋白阳性率低于手工法阳性率, 分析仪检测白细胞阳性率不如显微镜检测尿中白细胞阳性率高。但分析仪对尿中红细胞的检测比显微镜阳性率高。两种方法合理应用, 取长补短, 以便为临床疾病的诊断和治疗提供正确检验结果。



## PU-4152

## 2014 至 2017 年上海市某医院临床分离铜绿假单胞菌中 MDR、XDR、CR PAE 分布

宋皓月,黄凯峰,陈雯静,汤荣,舒文,刘庆中

上海市第一人民医院,200000

**目的** 回顾性分析上海市某三甲医院铜绿假单胞菌(PAE)临床分离株的分布及其多重耐药(MDR)、泛耐药(XDR)和碳青霉烯类(CP)的耐药性,为抗菌药物合理应用提供依据。

**方法** 收集 2014 -2017 年临床科室送检的 PAE 培养阳性标本信息及其药敏数据,分析 PAE 与标本类型、病区、病人年龄和性别间的关系,并确定多重耐药及 CP 菌株的分离率。

**结果** 4 年间共分离 PAE 1218 株,数量呈逐年递增趋势;菌株主要分离自痰液(占 75.0%),其次为尿液(占 10.6%)。PAE 最常见于老年医学科(44.9%)、重症监护病房和呼吸科(各占 8.9%),且多分离于 60 岁以上人群,并以男性为主。MDR PAE 菌株的比例达 30.5%,不过 XDR PAE 仅为 2.5%,而 CP PAE 检出率则高达 38.8%,三者也都呈逐年递增趋势。MDR、XDR、CR PAE 标本来源及科室分布同总 PAE 相仿,即以痰液及老年医学科和呼吸科为主。

**结论** 应针对不同科室及人群加强院感防控措施,强化抗菌药物临床使用管理,预防和控制耐药菌株的产生和流行。

## PU-4153

## 血细胞参数在多发伤患者中的指导作用

王琳琳,刘琰

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 由于创伤急救技术的不断提高和急救系统不断完善,严重创伤患者伤后急速病死率已明显下降,但是伤后危及生命的并发症的发生率和各种伤残率却无明显减少。正确判断多发伤患者的创伤严重程度和预后是目前危重病医学领域中创伤诊治方面所面临的一个重要课题,亦是进一步降低多发伤患者病死率的关键。本研究试图通过观察多发伤患者外周血血细胞参数的动态变化,探讨其在多发伤发生、发展及预后中的作用。

**方法** 多发伤患者 34 例,于创伤后 24h 内采集静脉血,作为第 1 天标本,并分别在入院后的第 3 天和第 7 天清晨空腹采血。工作特征曲线(ROC 曲线)分析曲线下面积(AUC);AUC 0.5~0.7 诊断价值较低,0.7~0.9 中等诊断价值,0.9 以上有较高诊断价值。采用 SPSS 11.5 统计软件,数据以( $\bar{x}\pm s$ )表示,多组均数间的比较采用单因素方差分析。

**结果** 本研究显示,WBC、HB、PC/WBC 比值在第 1、3、7 天差异有显著性,另外,PC/WBC 比值均数逐步上升。本研究利用 ROC 曲线下面积评价外周血血细胞参数在评估多发伤患者预后不良时的准确性,结果显示,PC/WBC 在第 3 天 AUC 为 0.820 (0.634~1.006),第 7 天为 0.948 (0.844~1.051)

**结论** 应用血细胞参数对创伤患者进行评价具有广阔的前景。并且观察 PC/WBC 在第 3 天和第 7 天的 AUC 对临床诊疗具有较高的应用价值。

## PU-4154

## 血清胃蛋白酶原联合胃泌素-17 检测对萎缩性胃炎 诊断价值的评估

张航烽

四川省人民医院,610000

**目的** 探讨血清 I 型胃蛋白酶原(PG I)、II 型胃蛋白酶原(PG II)、PGR(PG I /PG II)和胃泌素-17(G-17)与萎缩性胃炎(AG)发生的关系及其诊断价值。

**方法** 采用酶联免疫吸附试验(ELISA)法检测 195 例 AG 患者及 170 例健康对照者的血清 PGI、PG II、PGR 和 G-17 表达水平,采用受试者工作特征(ROC)曲线评估各指标在萎缩性胃炎诊断中的效能。

**结果** 萎缩性胃炎组血清 PG I、PG II 和 G-17 水平低于健康对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),根据 ROC 曲线,PG I、PG II 及 G-17 诊断萎缩性胃炎的最佳临界值分别是  $70.1\mu\text{g/ml}$  (敏感度 96%、特异性 82%、曲线下面积  $0.887\pm 0.040$ )、 $4.94\mu\text{g/ml}$  (敏感度 78%、特异性 64%、曲线下面积  $0.725\pm 0.051$ ) 和  $1.65\text{pmol/ml}$  (敏感度 88%、特异性 76%、曲线下面积  $0.848\pm 0.04$ )。

**结论** 联合检测血清 PG I、G-17 在萎缩性胃炎中有一定的诊断价值,可作为一种无创的筛查萎缩性胃炎的方法。

## PU-4155

## 尿液细胞学检测的方法学解析

刘琰,王琳琳

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 临床上最常用的重要的检测项目之一,主要用于泌尿生殖系统疾病、肝胆疾病、代谢性疾病及其他系统疾病的诊断和鉴别诊断、治疗监测及健康普查。干化学分析仪已广泛应用于临床,流式技术的沉渣分析仪也逐步应用于临床。本文探讨流式尿沉渣定量分析仪、Clinitek 200 尿干化学分析仪、涂片显微镜镜检进行对照研究。

**方法** 我院来诊患者随机 200 例,用一次性洁净尿杯收集患者尿液 15 ml 左右,先进行尿干化学测定,再进行涂片显微镜镜检,最后做尿沉渣定量分析(用双盲法判读),操作由丰富临床经验的专业技术人员在 1 h 内完成。流式尿沉渣定量分析仪测定红细胞(RBC)、白细胞(WBC)的正常值为 RBC 0 个/ $\mu\text{l}$ ~1 个/ $\mu\text{l}$ , WBC 0 个/ $\mu\text{l}$ ~3 个/ $\mu\text{l}$ , Clinitek 200 尿干化学分析仪 RBC、WBC 正常值为阴性,涂片显微镜镜检正常值为 RBC 0 个/ $\mu\text{l}$ ~1 个/HP, WBC 0 个/ $\mu\text{l}$ ~2 个/HP,超出正常值范围则视为阳性。

**结果** 三种方法检测 RBC、WBC 的检出率较一致,对 RBC 而言检出率高低分别为 Clinitek 200>sysmex1000i>涂片镜检,对 WBC 而言检出率高低分别为 sysmex1000i >Clinitek 200>涂片镜检。

**结论** 在临床应用上把 3 种方法有机地结合起来,干化学的快捷简便和流式沉渣定量的准确性及自动化、手工镜检的金标准,从而可增加检测结果的敏感度和准确性,为临床对泌尿系、循环系、内分泌系的清晰鉴别诊断、疗效观察及预后观察提供可供参考的实验数据

## PU-4156

## 基于 GO-PTCNH2 纳米杂化物探针检测 $\alpha$ 肿瘤坏死因子的光电化学免疫测定方法

张明明

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ ) 是一种细胞因子, 主要是由单核细胞和巨噬细胞产生, 是引发炎症和先天免疫的关键蛋白之一。TNF- $\alpha$  是不同疾病的潜在生物标志物, 例如类风湿性关节炎, 神经变性疾病, 肺癌和上皮卵巢癌。因此, 为提高疾病诊断的准确性和有效性, 本研究将开发一种检测 TNF- $\alpha$  的新方法。

**方法** 我们选用 PTCNH2 作为光活性的光电化学免疫测定探针。为提高光电化学免疫传感器的性能, 氧化石墨烯 (GO) 被用作纳米载体和电子介体, 与 PTCNH2 (GO-PTCNH2) 形成纳米杂化物, 由于此纳米杂化物具有大的表面积, 良好的电子传导性和丰富的羧基, 故被用于衔接后续的生物分子。在通过其固定在电极上的抗体 (抗-TNF- $\alpha$ ) 捕获 TNF- $\alpha$  后, 由于抗原蛋白的空间位阻和绝缘性, 源自 GO-PTCNH2 的光电流强度将降低, 由此构建出基于 GO-PTCNH2 的光电免疫传感器。

**结果** 通过实验数据, 我们统计出线性检测范围为 10 pg/mL-100 ng/mL, 检测限 (LOD) 为 3.33 p/mL。该方法还成功应用于人血清中 TNF- $\alpha$  的检测, 回收率为 92.5%~96.6%, 相对标准偏差小于 9.99%。

**结论** 本研究开发了一种检测 TNF- $\alpha$  的简单且经济有效的新方法。PTCNH2 作为主要光电流源, 而 GO 通过增加生物分子负载和光电流强度而充当有效的纳米载体和电子介体。实验证明相应的光电化学免疫传感器具有显著的可靠性和实用性, 可用于实际样品测试。因此, 这种具有高灵敏度和高选择性的光电化学免疫传感器为癌症的早期筛查和诊断提供了希望。

## PU-4157

## 尿液潜血的方法学比较

刘琰, 鲁平

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 显微镜检查对鉴别肾小球性与非肾小球血尿有重要的临床价值, 故有学者提出显微镜检查是尿液红细胞检验的“金标准”, 是尿液分析仪无法替代的。

**方法** 尿液分析仪检测尿潜血 于混匀的 10ml 新鲜尿液中浸入尿试纸条 1s 后取出, 上仪器进行测定, 自动打印结果。结果报告分为: -, +/-, +, ++, +++, +++++。使用 URISCANTM 尿液分析仪及其配套的尿分析试纸条。结果尿液分析仪法测定的阴性结果与镜检不一致的也应复查, 以确保测定结果的准确可靠。

**结果** 迄今为止, 没有一台仪器的检测结果能完全替代显微镜, 尿沉渣镜检以其独特的临床价值仍是尿液分析中不可缺少的检查手段。

**结论** 迄今为止, 没有一台仪器的检测结果能完全替代显微镜, 尿沉渣镜检以其独特的临床价值仍是尿液分析中不可缺少的检查手段。

## PU-4158

## 临床检验血细胞的注意

李梅,董莉芹

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 抗凝剂对血细胞形态影响很小,因此适用于血细胞计数,特别是血小板计数。

**方法** 血液标本在室温中必须 6 h 内上机检测,上机前一定要将血液标本颠倒混匀至少 8 次,如需制备血涂片,应在采血后 3 h 内涂制。无论多先进的血液分析仪,只能当作一种过筛手段,不能完全替代目视法显微镜镜检,因为仪器还不能准确区分幼稚细胞、异常淋巴细胞、有核红细胞等。

**结果** 一般医院显微镜档次偏低,分辨率低,维修和正确使用欠缺,提高显微镜档次更好发挥光镜的观察效应;但要做到准确分类

**结论** 目前还存在不少困难,个别细胞的分类标准至今尚未全国统一。

## PU-4159

## 三种检测方法在各人群中潜伏结核感染的比较研究

代佳伟,高丽

云南省传染病医院

**目的** 研究云南地区 HIV/AIDS 患者结核分枝杆菌潜伏感染情况,探讨不同实验室检测方法的有效性。

**方法** 采用 2 种结核分枝杆菌相关  $\gamma$ -干扰素检测试剂盒(体外释放 ELISA 法和 Elispot 法)检测云南地区不同人群的结核分枝杆菌抗原特异性  $\gamma$ -干扰素(IFN- $\gamma$ )反应水平,其中 HIV 感染者 121 例、医务工作者 63 例和体检人群 50 例,同时对各组人群进行结核菌素皮试(PPD 皮试)调查作为对照研究。

**结果** 用 PPD、T-SPOT.TB 及 TB-IGRA 检测,阳性率分别为 23.5%、22.6%、21.8%,差异无统计学意义( $\chi^2=0.195$ ,  $P>0.05$ );应用 PPD 试验进行检测,医务人员的阳性检出率高于 HIV/AIDS 患者与体检人群,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 综合应用 T-SPOT.TB、TB-IGRA、PPD 检测方法,在 HIV/AIDS 患者 LTBI 的早期诊断、早期预防中具有较大临床意义。

## PU-4160

## 正确采集检验标本的重要

李梅,董莉芹

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 疾病诊疗治疗过程中临床医生拿到与病人病情不符的检验结果时,最先想到的是检验工作人员是否正确检验标本,而忽略了检验标本前的准备工作和标本的正确采集。

**方法** 检验标本均由护理人员采集、送检。检验者按有关收取标本的规定对检验标本进行查对验收,并通过观察标本外观、询问采集时间、检测分析、复查及联系医护人员等途径发现和确定不合格标本并详细登记。

**结果** 为临床提供准确、可靠的实验诊断依据,更好地为患者服务。

**结论** 因此,为确保检验结果的准确性和客观性,临床医护人员应更多的了解和学习标本采集的注意事项,加强基本功和理论知识的培训,加强责任心。

## PU-4161

## 隐血粪便检测

李梅, 董莉芹

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 隐血干扰因素多, 灵敏性和特异性较差, 而近年来发展的单克隆抗体法检测粪便隐血不受饮食限制, 快速、简便、准确, 方便临床。

**方法** 用单克隆抗体法对 5 种浓度的人和动物的血红蛋白液进行检测, 结果单克隆抗体法隐血试验, 可测出样本中微量的血红蛋白( $0.2\mu\text{g/ml}$ ), 这使得单克隆法对人体无症状的消化道微量出血更敏感。

**结果** 从试验结果也可看出, 单克隆抗体法仅特异性地针对人血红蛋白, 其他动物肉类对此试验无干扰作用。含过氧化物酶的新鲜蔬菜, 铁剂、维生素 C 及对化学法有干扰作用的某些药物对此法的结果均无影响。此法比愈创木酯法(化学方法)的灵敏度也要高很多结论它可以检测出  $0.2\mu\text{g/ml}$  的血红蛋白( $0.03\text{mgHb/g}$  粪便)

**结论** 可检测出粪便中微量的血红蛋白, 如前所述, 这对胃肠道出血性疾病的早期诊断是非常重要的。

## PU-4162

## 肝切除术后乳酸脱氢酶结果异常升高的原因分析

王连明, 于文竹

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 本院收治一例因“右上腹隆起一周入院”, 确定诊断“肝脓肿”患儿。但首次手术后临床医生咨询检验科一个问题“术后乳酸脱氢酶异常增高的原因是什么?”即“哪个器官或组织引起的乳酸脱氢酶异常升高?”为了回答临床科室的这个疑问, 我们通过分析乳酸脱氢酶以及其它检验指标的动态变化, 分析手术可能产生的影响, 比对了输血及有创操作可能引起的变化, 最后为临床的治疗观察提供有价值的检验信息。

**方法** 收集患者门诊及住院期间的血常规、尿常规、凝血、生化等常用指标及肿瘤系列和降钙素原等诊断指标。收集患者手术前后的所有可能影响乳酸脱氢酶浓度变化的操作及治疗等, 包括输血、有创操作、手术及抢救以及病情变化记录。以检验结果时间点及临床主要操作和病情变化进行动态分析。

**结果** 1.从 AST、ALT、LDH、CK 的动态变化比较及相关因子, 排除了肝脏因素引起 LDH 增高; 2.通过尿液分析和肾脏疾病的指标不支持肾脏损伤, 排除肾脏导致 LDH 升高的可能; 3.从 AST 与 CKMB 的相关系数(0.534)以及 CK 和 CKMB 的数值升高程度及比值变化也可以排除心肌细胞损伤的原因; 4.从两次手术及 4 次输血的时间点及 LDH 动态变化, 确定输血也不是引起第一次术后 LDH 持续异常升高的主要原因。5.结合凝血指标变化及输注冷沉淀凝血因子后 LDH 的变化, 确定 LDH 第一次术后显著增高是由于肝脏手术+术后的凝血因子减少引起的渗出所致。

**结论** 患者 LDH 第一次术后显著增高是由于肝脏手术+术后的凝血因子减少引起的(凝血因子未测定, 表现为 PT 延长)渗出, 输注冷沉淀凝血因子后得到明显改善可以证实此结论。

## PU-4163

## EV71 induces apoptosis of T cell by mediating the transcription of GzmB

Meijuan Zhang

the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** Enterovirus 71(EV71) is an enterovirus, which has been identified as a predominant causative pathogen of hand-foot-and-mouth disease (HFMD). However, no effective antiviral therapies for the treatment of HFMD patients are currently available, in part due to the poor understanding on the molecular mechanism of EV71 pathogenesis. Therefore, further study on the pathogenesis of EV71 infection has ignited tremendous researches in the whole world.

**Methods** EV71 infection could induce the apoptosis of cytotoxic T lymphocytes (CTL), which may cause lots of physical disorder. Granzyme B (GzmB) is a serine protease, which is mainly expressed by CTLs in human.

**Results** In this study, we find that GzmB knocked-out in Jurkat cells could lead to the significant decrease of the apoptosis percentage of Jurkat cells infected by EV71. EV71 can not only facilitate the binding of transcription factors, such as GATA-1 and SP1 to the promoter of GzmB, but also elevate the expression level of GzmB by inhibiting the expression of mir-874.

**Conclusions** Taking together, we conclude that EV71 mainly induced the immune cell apoptosis by promoting the GzmB expression level of CTL cells, which could help understanding the pathogenesis of EV71 and further the treatment and prevention of HFMDs.

## PU-4164

## 外周血中性粒细胞-淋巴细胞比值

郑力辉,苏丽菊

哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 探讨中性粒细胞-淋巴细胞比值(NLCR)和 C 反应蛋白(CRP)在细菌性社区获得性肺炎(CAP)早期诊断和鉴别诊断中的临床价值。

**方法** 检测 40 例细菌性肺炎, 40 例肺炎支原体肺炎, 40 例病毒性肺炎及 40 例健康体检者的 NLCR、白细胞总数、中性粒细胞数、淋巴细胞数和 CRP 含量, 并对检测结果进行统计学分析。

**结果** 细菌性 CAP 的 NLCR 和 CRP 显著高于支原体组、病毒组和正常对照组( $P<0.05$ )。ROC 曲线分析显示 NLCR 和 CRP 在细菌性 CAP 诊断中的 ROC 曲线下面积分别为 0.911 和 0.896, 对细菌性 CAP 的诊断均具有良好的敏感度和特异性。

**结论** 外周血 NLCR 比值和 CRP 含量对细菌性 CAP 的早期诊断和鉴别诊断有重要的临床意义

## PU-4165

## ZNRD1 基因多态性和 HIV-1 感染的易感性及治疗前后 CD4+T 细胞的相关性研究

周明<sup>1,2</sup>, 秦雪<sup>3</sup>

1. 广西龙潭医院

2. 广西医科大学

3. 广西医科大学第一附属医院, 530021

**目的** 本研究通过检测 ZNRD1 基因 rs3869068、rs16896970、rs1048412 共三个位点的单核苷酸多态性 (Single nucleotide polymorphism), 探讨广西地区人群 ZNRD1 基因与 HIV-1 病毒感染发病风险的相关性及抗病毒治疗前后 CD4+T 细胞变化的相关性。

**方法** 本课题纳入研究对象共 369 例, 其中病例组 237, 健康对照组 132 例。并运用 SnaPshot 方法分别检测 ZNRD1 rs3869068、rs16896970 和 rs1048412 三个位点的基因多态性, 并利用一代普通测序法 (Sanger) 对样本进行基因测序验证, 计算其等位基因和基因型的分布频率。分析三个 SNP 位点基因多态性与 HIV-1 病毒感染遗传易感性的关系及抗病毒治疗前后 CD4+T 细胞变化的相关性。

**结果** 1. rs3869068 位点有 CC、CT、TT 三种基因型, 与对照组相比, ZNRD1 基因 rs3869068 位点突变基因型 CT、TT、等位基因 T 频率与 HIV-1 感染的发病风险不具有统计学差异 (P 值均大于 0.05)。

3. ZNRD1 基因 rs16896970 位点突变基因型 AG、GG、等位基因 G, 均可降低 HIV-1 感染的发病风险。

4. rs1048412 位点有 AA、AG、GG 三种基因型, 与对照组相比, ZNRD1 基因 rs1048412 位点突变基因型 AG、GG、等位基因 A 频率与 HIV-1 感染的发病风险不具有统计学差异。

5. rs1048412 位点, 与 AA 基因型相比, AG 基因型、A 等位基因相对于基线 CD4 (<100) 组, 差异有统计学意义 (P 值均小于 0.05)。

**结论** 1、ZNRD1 rs16896970 位点突变杂合子 AG、突变纯合子 GG、等位基因 G 可降低 HIV-1 感染的患病风险。

2、ZNRD1 rs1048412 跟基线 CD4+细胞水平有明显相关性, 有 AG 基因型和 G 等位基因的 HIV-1 感染者治疗前基线 CD4+细胞水平高, 整体的免疫功能好。

## PU-4166

## B 亚型 HIV-1 V3 区氨基酸变化与病毒感染能力及亲嗜性的研究

林春艳, 蒋丽鑫

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 通过分析不同嗜性 B 亚型 HIV-1 感染者 V3 区氨基酸序列差异及感染实验, 探讨 V3 区 11、22、25 位点与病毒感染能力及亲嗜性的关系。

**方法** 从 HIV 数据库中以 FASTA 格式下载 B 亚型 V3 区氨基酸序列, 并将其分为 R5 亲嗜性组和 X4 亲嗜性组, 利用 CLUSTAL W 软件分别对两组序列进行多重序列比对, 计算每个位点氨基酸出现的频率, 并进行降幂排列。对 HIV-1 HXB2 和 SF162 株包膜糖蛋白 V3 区进行修饰, 并构建伪病毒及进行感染实验。

**结果** 研究结果显示 R5 亲嗜性和 X4 亲嗜性病毒中 V3 区 Consensus 序列在 11、22 和 25 位上具有差别。在 R5 亲嗜性毒株中这三个位点最常出现的氨基酸频率分别为 71.9% S, 66.7% A 和 56.0% D; 在 X4 亲嗜性毒株中这三个位点最常出现的氨基酸频率分别为 50.0% R, 57.1% T 和 26.2%

Q. V3 区 22 氨基酸残基与病人 CD4+T 细胞数具有明显的相关性。R5 亲嗜性或 X4 亲嗜性毒株 V3 区 11、22、25 位氨基酸残基的改变都使其感染能力降低, 并且 SF162 的 11 位氨基酸残基 S 转变为 R 时, 病毒由 R5 嗜性变为 R5X4 双嗜性。

**结论** 我们的研究结果发现在 B 亚型的 HIV-1 中 V3 区 22 位氨基酸残基与病毒的感染能力及病人的疾病进展具有明显的相关性。可以和 11、25 位氨基酸一起作为生物学表型预测的位点。

## PU-4167

### 2007~2012 年哈医大一院艾滋病感染者情况分析

张萱,周海舟

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 中国大多数医院都有可以进行 HIV 检测。然而, 这还不是一个面向所有患者的常规试验, 许多患者就诊时仍不知道他们感染了艾滋病病毒。

**方法** 我们收集了从 2007 年到 2012 年这 6 年来就诊于哈尔滨医科大学附属第一医院的 348151 位患者的血液样本, 用 ELISA 法进行初筛。阳性结果的标本用不同厂家的试剂盒进行复查, 若有一个结果为阳性, 就送往疾病预防控制中心进行确诊实验。

**结果** 从 2007 年到 2012 年我院 HIV 检测的阳性率有逐渐上升的趋势。并且 HIV 感染与患者的性别、年龄、职业、婚姻状况、教育水平和感染途径相关。艾滋病在男性中更加普遍。超过 80% 的 HIV 阳性患者没有接受过高等教育 (>12 年)。传播方式主要由为性传播感染, 其中由于同性接触而引起的 HIV 感染近年急剧增加, 感染率在 36.4% 到 65.1% 之间。

**结论** 近年来在医院被诊断为艾滋病毒阳性的患者数量显著增加。提供院内 HIV 常规检测具有可行性并且对艾滋病感染者和患者家属的自身健康有着重要的作用。

## PU-4168

### TGF- $\beta$ 1 基因单核苷酸多态性 (SNP) 与房颤的相关性对房颤射频消融术后复发的预测价值研究

冯勤颖,黄山

贵州省临床检验中心

**目的** 通过探讨转化生长因子  $\beta$ 1 基因 rs1800468、rs1800469 单核苷酸多态性与房颤的相关性, 其对房颤射频消融术后复发的预测价值进行评价。

**方法** 采用病例-对照研究收集标本, 正常对照组 100 例和病例组 108 例, 运用聚合酶链反应对基因多态性位点进行扩增, 用一代测序技术检测扩增产物中 TGF- $\beta$ 1 基因 rs1800468 和 rs1800469 位点的多态性, 采用非条件 Logistic 回归分析来比较 rs1800468、rs1800469 位点的基因多态性与房颤的易感性, 及其基因型与房颤患病风险, 及房颤射频消融术后复发风险的相关性。

**结果** rs1800468 位点等位基因及基因型亚组分析中, 与对照组相比, 复发组中携带野生型 A 等位基因及纯合子突变 (AA) 个体的分布差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 未复发组杂合子突变 (GA) 个体的分布差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); rs1800469 位点等位基因及基因型亚组分析中, 与对照组相比, 复发组中携带野生型 T 等位基因及纯合子突变 (TT) 个体的分布差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 未复发组杂合子突变 (CT) 个体的分布差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); rs1800468 位点突变型等位基因 A 和野生型等位基因 G 在复发组和未复发组间的分布差异有统计学意义 ( $P=0.000$ ); rs1800469 位点突变型等位基因 T 和野生型等位基因 C 在两复发组和未复发组间的分布差异有统计学意义 ( $P=0.001$ ); 在两个位点基因型组合分析中, 房颤组和对照组均以双杂合突变基因型 GA/CT 比例最大 (房颤组 29 例, 对照组 26 例); 与携带双野生型 GG/CC 的个体比



较，双纯合突变基因型组合 AA/TT 的个体在房颤组与对照组间的分布具有统计学差异 ( $P<0.05$ )；与野生纯合子组合基因型 GG/CC 相比，AA/CC 组合基因型的个体在房颤组与对照组间的分布差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )，该组合基因型房颤的复发风险相较于携带双野生型 GG/CC 的个体增加了 2.27 倍 (95%CI 0.76~6.76,  $P=0.029$ )；两位点所有的组合基因型中，以 AA/CC 组合基因型房颤复发的风险最高 (OR=2.27)。

**结论** TGF- $\beta$ 1 基因 rs180468、rs1800469 多态性位点是房颤的易感基因，TGF- $\beta$ 1 基因 rs1800468、rs1800469 多态性位点对房颤的发生和射频消融术后的复发具有联合致病作用。

## PU-4169

### 尿视黄醇结合蛋白及尿微量白蛋白在糖尿病肾病中的早期诊断价值

张娜, 徐兆珍

哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 探讨 2 型糖尿病(DM)患者尿视黄醇结合蛋白(RBP)、尿微量白蛋白(ALB) 在糖尿病肾病的早期诊断意义。

**方法** 选取受检者 24h 尿, 离心去上清液, 运用 ELISA 法测定 RBP、ALB 表现。

**结果** 2 型 DM 患者尿 RBP、ALB 的阳性率高于尿常规蛋白的阳性率, 尿常规蛋白阳性的尿 RBP、ALB 比尿常规蛋白阴性的阳性率高, 不同病程的 DM 患者随着病程的延长尿 RBP、ALB 的阳性率就越高。

**结论** 检测 DM 患者尿 RBP、ALB 有助于早期诊断糖尿病肾病。

## PU-4170

### Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路调控 Twist 高表达乳腺肿瘤干细胞样细胞的富集及迁移

周明莉

成都市第三人民医院, 610000

**目的** 探讨 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路对 Twist 高表达乳腺癌干细胞样细胞微球体富集及其迁移的影响。

**方法** 蛋白印迹法和乳腺微球体细胞形成实验分别检测正常乳腺上皮 MCF10A 细胞、乳腺癌 MCF7 和 Hs578T 细胞中 Twist 的表达水平及微球体细胞形成能力；蛋白印迹法检测 MCF-10A、MCF-7 和 Hs578T 微球体细胞 Twist、 $\beta$ -catenin 蛋白表达情况；在微球体细胞形成实验基础上，检测 Wnt/ $\beta$ -catenin 异性抑制剂 XAV-939 处理后乳腺癌 Hs578T 微球体细胞形成能力及其迁移能力；蛋白印迹法检测检测抑制剂 XAV-939 处理后乳腺癌 Hs578T 微球体细胞  $\beta$ -catenin, SOX2 和 OCT4 蛋白表达情况。

**结果** 乳腺癌 Hs578T 细胞 Twist 表达水平明显高于 MCF10A 和 MCF7 细胞( $p<0.05$ )，且具有较强的微球体形成能力( $p<0.05$ )；Hs578T 微球体细胞中 Twist、 $\beta$ -catenin 蛋白水平显著高于 MCF10A 和 MCF7 微球体细胞( $p<0.05$ )；经抑制剂 XAV-939 处理后，乳腺癌 Hs578T 微球体细胞成球能力及其迁移能力明显降低( $p<0.05$ )， $\beta$ -catenin, SOX2 和 OCT4 蛋白表达下调( $p<0.05$ )。

**结论** Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路参与调控高表达 Twist 乳腺癌 Hs578T 细胞中肿瘤干细胞样细胞微球体的形成及其细胞迁移, 阻断 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路的活化可抑制 Twist 高表达乳腺癌细胞微球体的形成及其迁移。

## PU-4171

## 急诊胸痛病人超敏 C-反应蛋白检测的诊断价值

姜玉玲,徐兆珍

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 检验超敏 C-反应蛋白 (hs-CRP) 对急诊室胸痛病人的诊断价值

**方法** 从 2014 年 1 月至 2014 年 12 月, 对急诊接诊主诉为胸痛的病人进行超敏 C 反应蛋白测定, 以及心电图检查

**结果** 各组心血管性疾病的患者 (112 例) 血清 hs - CRP 浓度显著高于对照组 (52 例,  $1.07 \pm 0.93 \text{ mg/L}$ ), 而非心血管性疾病组与对照组相比无显著差别

**结论** hs - CRP 的测定可辅助急诊胸痛病人预测心源性疾病的发生, 有助于急诊室心源性疾病的诊断。

## PU-4172

## 呼吸道变应性疾病患儿牛奶及其组分 sIgE 的分布特征分析

黄惠敏,罗文婷,韦妮莉,梁雪清,郑佩燕,胡海圣,孙宝清

广州医科大学附属第一医院 广州呼吸健康研究院 呼吸疾病国家重点实验室 国家呼吸系统疾病临床医学研究中心

**目的** 牛奶 (cow's milk, CM) 是婴幼儿的主要食物, 同时也是主要的致敏食物。本研究的目的主要探讨呼吸道变应性疾病患儿 CM-sIgE 及其组分  $\alpha$ -乳清蛋白 (ALA) sIgE,  $\beta$ -乳球蛋白 (BLG) sIgE 与酪蛋白 (CAS) sIgE 的阳性分布特征, 更新呼吸道变应性疾病患儿牛奶致敏的流行病学资料及相关血清学数据。

**方法** 标本来源于国家呼吸系统疾病临床研究中心呼吸疾病生物资源库自 2012 年 8 月至 2017 年 7 月收录的 12 岁以下的呼吸道疾病患儿共计 1839 例, 完成问卷调查并检测牛奶组分 ALA-sIgE, BLG-sIgE 和 CAS-sIgE 患儿 103 例。

**结果** 纳入研究的 1839 例呼吸道疾病患儿平均年龄为 4.0 (2.0, 6.0) 岁, CM-sIgE 阳性率为 36.7%, 阳性患者 CM-sIgE 的水平为 1.00 (0.56, 2.00) kU/L。各类型呼吸道疾病患儿中, 喘息性支气管炎 (Asthmatic Bronchitis, AB) 组患儿血清 CM-sIgE 的浓度高于其他各组呼吸道疾病患儿 ( $p$  均  $< 0.05$ )。参与问卷回访并检测三种牛奶组分的 103 例 CM-sIgE 阳性患儿中, 64.08% 的患儿有家族过敏史, CM-sIgE 平均浓度为 3.40 (1.46, 5.75) kU/L, 两种及以上组分 sIgE 阳性的患者占 84.47%, 牛奶各组分平均浓度分别为: ALA-sIgE 1.91 (0.66, 5.24) kU/L, BLG-sIgE 1.81 (0.77, 4.19) kU/L, CAS-sIgE 0.62 (0.27, 1.32) kU/L。CM-sIgE 水平显著高于 ALA-sIgE, BLG-sIgE 和 CAS-sIgE ( $p$  均  $< 0.05$ )。CM-sIgE 浓度与 BLG-sIgE, ALA-sIgE 及 CAS-sIgE 浓度均具有相关性 ( $r=0.833, p<0.001$ ;  $r=0.816, p<0.001$ ;  $r=0.573, p<0.001$ ; respectively)。

**结论** 喘息性支气管炎患儿较其他呼吸道变应性疾病患儿 CM-sIgE 水平高, ALA 和 BLG 是牛奶致敏的呼吸道变应性疾病患儿主要的致敏组分。

## PU-4173

**抗心磷脂抗体检测对狼疮性肾炎患者的诊断意义**

郭欣,张娜

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨抗心磷脂抗体(ACA)、抗核小体抗体、补体 C3 检测对狼疮性肾炎(LN)患者的诊断意义。

**方法** 对 406 例系统性红斑狼疮(SLE)患者(其中 LN 122 例)和 120 例健康体检者采用 ELISA 方法测定抗心磷脂抗体,应用欧蒙印迹法测定抗核小体抗体,应用散射比浊法测定补体 C3 水平。

**结果** ACA 阳性率在 LN 组和非 LN 组间差异无统计学意义( $p>0.05$ );与对照组比较  $P<0.01$ ,差异显著。抗核小体抗体阳性率和补体 C3 水平在 LN 组和非 LN 组间,差异有统计学意义( $p<0.05$ );与对照组比较差异显著( $P<0.01$ )。

**结论** 抗心磷脂抗体、抗核小体抗体、补体 C3 的联合检测可以相互补充,对狼疮性肾炎的诊断及鉴别诊断、预后判断等方面具有重要意义。

## PU-4174

**某院不同标本来源的大肠埃希菌耐药性分析**

邹红

湘潭市第一人民医院南华大学附属湘潭医院湘潭市肿瘤医院,411100

**目的** 通过比较分析不同标本来源的大肠埃希菌耐药性特征,使抗生素的使用更具针对性。

**方法** 分离本院 2017 年不同部位送检的大肠埃希菌,采用 VITEK ompact 微生物分析仪对细菌进行鉴定和药敏试验,K-B 法做为补充。

**结果** 本院 2017 年临床送检的各类标本共分离除大肠埃希菌 687 株,尿标本 382 (55.6%)、血液标本 111 株 (16.2%)、脓/分泌物标本 12.9 (18.8%)、痰标 41(6.0%)、胆汁标本 13 (1.9%)、其他标本 11 (1.6%)。超广谱  $\beta$  内酰胺酶(ESBLs)阴性菌株 370 株 (53.9%),超广谱  $\beta$  内酰胺酶阳性菌株 317 株 (46.1%),与 ESBLs 阴性株比较,ESBLs 阳性株对所测试的抗生素除亚胺培南、阿米卡星、呋喃妥因之外的 13 种药耐药率均明显升高( $P<0.05$ ) /与血液标本分离菌株耐药率比较,痰标本中,氨苄西林、哌拉西林、头孢曲松、头孢吡肟、氨曲南、环丙沙星、左氧氟沙星差异有统计学意义( $P<0.05$ );与血液标本分离株耐药率比较,尿标本左氧氟沙星、环丙沙星差异有统计学意义( $P<0.05$ );与血液标本分离株耐药率比较,脓/分泌物标本左氧氟沙星、环丙沙星差异有统计学意义( $p<0.05$ )。

**结论** 通过对不同部位分离的大肠埃希菌的药敏统计分析发现,按照不同标本类型进行抗菌药物敏感性统计,可以更准确的反映菌株的耐药状况,更好地指导临床抗菌药物的选用。

## PU-4175

**抗核抗体系列检测对狼疮性肾炎进行鉴别诊断的临床意义**

张娜,郭欣

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨抗核抗体(ANA)系列指标在狼疮性肾炎(LN)患者中的表达情况及临床意义。

**方法** 对 406 例系统性红斑狼疮(SLE)患者(其中 LN 122 例)和 74 例其他自身免疫病患者及 120 例健康体检者采用间接免疫荧光法测定抗核抗体(ANA),应用欧蒙印迹法测定抗核抗体系列。

**结果** SLE 患者 ANA 阳性率为 94.49%，与其他自身免疫病组间差异显著，( $p<0.05$ )；与对照组比较  $P<0.01$ ，差异极显著。LN 组 ANA 系列中，8 个检测项目阳性率均高于不伴肾炎 SLE 组，差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。抗双链 DNA 抗体+抗 Sm 抗体+抗 nRNP 抗体同时阳性时，LN 组阳性表达显著高于不伴肾炎 SLE 组 ( $p<0.05$ )。当抗双链 DNA 抗体阳性时，LN 组抗组蛋白抗体、抗核小体抗体和抗核糖体 p 蛋白抗体同时阳性的表达也显著高于不伴肾炎 SLE 组 ( $p<0.05$ )。

**结论** 抗核抗体及抗核抗体系列的联合检测可以相互补充，对提高狼疮性肾炎的诊断率及判断预后、指导治疗等方面具有重要意义。

## PU-4176

### 血尿胱抑素 C 水平在急性有机磷农药中毒患者中的变化及意义

宋丽婷,杜柏岩

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 研究急性有机磷农药中毒 (AOPP) 患者血、尿胱抑素 C (Cystatin C, Cys C) 的变化及临床意义。

**方法** 对 41 例 AOPP 患者轻度 AOPP 组 12 例、中度 AOPP 组 18 例、重度 AOPP 组 11 例和对照组 50 例健康人做血、尿胱抑素 C (Cys C)、血尿素氮(BUN)、血肌酐(SCr)、尿蛋白半定量(PRO) 的检测，并对照分析。

**结果** 轻度 AOPP 患者的血、尿 Cys C 含量高于对照组，差异有统计学意义( $P<0.05$ )；中、重度 AOPP 患者的血、尿 Cys C、血 BUN、SCr 均高于对照组，差异有显著统计学意义( $P<0.01$ )；41 例 AOPP 患者尿 Cys C 检测阳性率为 100%，尿蛋白半定量检测阳性率轻度 AOPP 患者为 16.7%、中度 AOPP 患者为 66.7%。

**结论** 血、尿 Cys C 可作为判断急性有机磷农药中毒肾小球和肾小管早期受损的指标，较血 BUN、SCr、尿蛋白半定量敏感。对 AOPP 早期肾损伤诊断及治疗有重要意义。

## PU-4177

### 血浆 BNP 水平检测对于心衰患者的诊断意义

杜柏岩,郭欣

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 探讨血浆 BNP 水平检测对于心衰患者的诊断意义。

**方法** 对 107 例心衰患者和 50 例健康体检者采用化学发光微粒子法测定血浆脑钠肽 (BNP) 水平。心衰患者根据美国 NYHA 心功能分级分成 I、II、III、IV 级四组。

**结果** 正常对照组与心衰组 BNP 水平及阳性率差异极显著， $P<0.001$ 。NYHA 心功能分级各级之间均差异显著，有统计学意义 ( $P<0.01$ )；并且随着分级的增高，BNP 水平也明显升高，除 I 级中有一例阴性外，其他阳性率均为 100%。

**结论** 血浆 BNP 水平对于心衰的诊断、预后判断及指导治疗等方面具有重要意义。在筛选 LVD 方面具有明显的优越性，是评估心功能的一项重要指标。

## PU-4178

## 血清心肌标志物检测的临床意义

杜柏岩,姜玉玲

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 探讨冠心病患者血清 hs-CRP、TnI、CK-MB 测定的临床意义。

**方法** 利用乳胶增强免疫比浊法和电化学发光法,对 112 例健康人群和 52 例急性心肌梗死(AMI),64 例不稳定性心绞痛(UA),32 例稳定性心绞痛(SA)患者检测超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)、肌钙蛋白 I(TnI)和肌酸激酶(CK-MB)水平。

**结果** SA 组、UA 组和 AMI 组 hs-CRP、TnI、CK-MB 水平明显高于健康组( $P<0.05$ )。

**结论** hs-CRP 是心血管疾病的独立危险因素,与 TnI、CK-MB 联合检测对冠心病的诊断、治疗及预后判断有重要意义。hs-CRP 是心血管疾病的独立危险因素,与 TnI、CK-MB 联合检测对冠心病的诊断、治疗及预后判断有重要意义。

## PU-4179

## 细胞因子在胃癌早期诊断中的意义

孙瑞营

吉林大学第一医院,130000

**目的** 胃癌作为常见消化道恶性肿瘤,其早期发现、早期治疗是提高患者预后的关键。肿瘤标志物多是由癌细胞代谢产生,癌胚抗原、糖类抗原系列虽然在恶性肿瘤的诊断中具有一定的意义,但在胃癌诊断方面缺乏特异性、灵敏性。目前临床上对于胃癌的诊断以胃镜加病理学检查结果为金标准,但该方法创伤大、费用昂贵、患者接受度差。近年关于胃癌标志物的研究多不胜数,伴随科技发展,其研究已不再限于酶类、蛋白类等传统领域,已逐步扩展至基因水平(血清 miRNA)、肿瘤细胞水平以及肿瘤血清代谢组学领域,为胃癌早期筛查指标的选择提供了多种可能,但受限于血清学指标在胃癌诊断上的低敏感度,早期胃癌的血清学筛查很难大规模开展。我国作为胃癌高发区,至今未能进行全国性的胃癌普查,多数胃癌患者发现时已属晚期,严重影响患者预后。因此寻找胃癌诊断尤其是早期筛查的新方法任重道远,并将是胃癌研究的持续性热点。

**方法** 通过筛查大量胃癌及细胞因子相关文献,分析并探究在胃癌发生发展过程中含量变化有统计学意义的细胞因子。

**结果** 通过筛查大量文献发现,GM-CSF, IFN- $\gamma$ , IL-2, IL-4, IL-5, IL-6, IL-10, IL-12 (p70), IL-13, IL-17, TNF- $\alpha$ , G-CSF, PECAM-1, HGF, Leptin, PDGF-BB, Angiopoietin-2, Follistatin-like 1 在胃癌的发生发展中其含量变化存在统计学意义,本文将就以上因子在胃癌早起诊断中的意义作一综述。

**结论** 在胃癌的发生过程中炎性过程发挥着较为关键的作用,能够对胃癌疾病起到一定的促进作用。胃癌的生长和浸润进展过程中伴随细胞坏死及细胞凋亡,坏死的肿瘤细胞能够释放许多炎性介质,同时癌细胞也能够产生细胞因子、趋化因子等将炎性细胞活化,这些细胞因子与癌细胞之间相互作用而形成级联反应。因此,探究炎性因子在胃癌的表达情况对胃癌有着积极的作用。

## PU-4180

## 丙型肝炎病毒亚型的 E1、E2 变异性分析

张萱,周海舟

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 了解丙肝病毒几种亚型(1a、1b、2a、2b、3a、4a、5a 和 6a)包膜基因变异性。

**方法** 我们用相应的软件分析了丙肝病毒包膜蛋白(E1、E2)的核苷酸和氨基酸序列,计算了这些包膜基因的非同义突变与同义突变的比值(dN/dS),并预测 E1 和 E2 的糖基化位点。

**结果** 我们发现在丙肝病毒 1b 亚型内,E1 与 E2 相比变异性更大、dN/dS 值更大、糖基化位点更多。

**结论** E1 蛋白可能在 HCV 免疫机制中起到重要作用,尤其是在 1b 亚型内,E1 内基因更大的变异性、更高的 dN/dS 值和更多的糖基化位点数足以证实这点;因此 E1 区域应该在未来有关 HCV 药物抵抗性和免疫机制的研究中纳为一个重要因素。

## PU-4181

## 小而密低密度脂蛋白胆固醇对心血管疾病的诊断分析

金军英,杨晓伟

佳木斯市中心医院,154000

**目的** 探讨心血管疾病诊断中运用小而密低密度脂蛋白胆固醇检测的临床效果。

**方法** 选择我院收治的 50 例心血管疾病患者为研究对象,再选择同期来我院体检的健康者 50 例为对照组,分别采集两组的空腹静脉血,对总胆固醇(TC)、小而密低密度脂蛋白胆固醇(sdLDL-C)以及低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)水平进行检测,并且对比分析两组的检测结果;

**结果** 三组均顺利完成检查,与对照组相比,观察组的 TC、sdLDL-C 以及 LDL-C 水平均较高,组间比较差异明显( $P<0.05$ );同时,稳定性心绞痛和心肌梗死患者的 sdLDL-C、TC 以及 LDL-C 水平比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 临床上给予心血管疾病患者小而密低密度脂蛋白胆固醇检测有助于判断疾病的严重程度。

## PU-4182

## 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌耐药机制及毒力机制的研究进展

马苗,师志云,贾伟

宁夏医科大学附属医院,750000

**目的** 碳青霉烯类抗生素具有抗菌谱广、抗菌活性强和对  $\beta$ -内酰胺酶高度稳定的特性,多用于临床重症感染。但随着碳青霉烯类抗生素在临床上的广泛使用,近年来发现了越来越多的耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae, CRE),这给临床抗感染用药造成了巨大难题。本文就其流行病学现状、耐药机制、高毒力肺炎克雷伯菌毒力机制方面作一综述。

**方法** 本文就其流行病学现状、耐药机制、高毒力肺炎克雷伯菌毒力机制方面作一综述。

**结果** 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌已经逐渐成为危害人类健康的一大难题,可引起呼吸道、消化道、泌尿道等多种部位感染,逐渐成为临床治疗上的一大难题。目前使用单一抗菌药物治疗的成功率降低,多种药物联合使用方可增加治疗成功率。且现今出现的 HvKP 引起的临床危害严重,感染率与死亡率逐渐上升,越来越受到临床重视。为防止耐药细菌的继续扩散和暴发流行,临床医师应

根据药敏结果合理应用抗菌药物,并做好手卫生等消毒措施从而降低耐药菌的产生以及减少传播。

**结论** 为防止耐药细菌的继续扩散和暴发流行,临床医师应根据药敏结果合理应用抗菌药物,并做好手卫生等消毒措施从而降低耐药菌的产生以及减少传播。

## PU-4183

### 哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

杨秋月,张娜

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 血液学一般检查最常用的检测仪器是血细胞分析仪,它以检测速度快、精确度高、操作简便的优势为临床提供着有用的实验指标,对疾病的诊断和治疗有重要的意义。

**方法** 血细胞计数用 EDTAK2 作抗凝剂,用量为 EDTAK2H<sub>2</sub>O 1.5 mg/ml~2 mg/ml 血液。近年来因 EDTA 引起血小板聚集发生血小板假性减少并不少见,下面是 1 例血小板减少患者,经试验分析为 EDTA 依赖性假性血小板减少(EDTAPTCT)。

**结果** 采用抽血后立即检测、手工计数血小板及血涂片镜检或采用其他种类抗凝剂来鉴别。

**结论** 有文献报道,当 EDTA 依赖性血小板减少时,可用其他抗凝剂作血小板计数,可避免血小板假性减少。

## PU-4184

### 胆汁酸代谢谱在炎症性肠病鉴别诊断中的意义初探

张洁,刘怡菁,徐润灏,李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院,200000

**目的** 探讨液相色谱-串联质谱(LC-MS/MS 法)检测胆汁酸代谢谱在炎症性肠病(IBD)鉴别诊断中的意义。

**方法** 回顾性分析了 2017 年 6 月至 2018 年 12 月在我院消化科就诊并进行胆汁酸代谢谱检测的患者数据共 270 例,其中 200 例克罗恩病患者(CD 组),70 例溃疡性结肠炎患者(UC 组),健康受试者 200 例为对照组,3 组受试者 15 种胆汁酸代谢谱检测采用 LC-MS/MS 法,总胆汁酸(TBA)检测采用循环酶法。其中初级胆汁酸包括胆酸(CA)、甘氨胆酸(GCA)、牛磺胆酸(TCA)、鹅脱氧胆酸(CDCA)、甘氨鹅脱氧胆酸(GCDCA)、牛磺鹅脱氧胆酸(TCDCA)共 6 种;次级胆汁酸包括脱氧胆酸(DCA)、甘氨脱氧胆酸(GDCA)、牛磺脱氧胆酸(TDCA)、石胆酸(LCA)、甘氨石胆酸(GLCA)、牛磺石胆酸(TLCA)、熊脱氧胆酸(UDCA)、甘氨熊脱氧胆酸(GUDCA)、牛磺熊脱氧胆酸(TUDCA)共 9 种。采用 Mann-Whitney U 检验分析组间差异。

**结果** 1.患病组与健康人群组比较,次级胆汁酸:IBD 患病组 7 种血清次级胆汁酸显著降低,包括 DCA( $P<0.001$ )、GDCA( $P<0.001$ )、TDCA( $P<0.001$ )、LCA( $P<0.001$ )、GLCA( $P<0.001$ )、TLCA( $P<0.001$ )、GUDCA( $P<0.001$ );UDCA 在 CD 组和 UC 组则表现不同,CD 组显著高于对照组( $P=0.026$ )、而 UC 组则显著低于对照组( $P<0.001$ )。初级胆汁酸:UC 组游离初级胆汁酸 CA、CDCA 显著下降( $P<0.001$ ),结合型初级胆汁酸 GCA、GCDCA 则显著增高( $P<0.001$ ),CD 组初级胆汁酸与对照组无显著性差异。

2.患病组组间比较结果显示 UC 组患者血清游离初级胆汁酸 CA、CDCA 和次级胆汁酸 UDCA 显著低于 CD 组( $P<0.001$ ),而 UC 组 TCDCA 则显著高于 CD 组( $P<0.001$ )。

3.三组血清总胆汁酸水平比较无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 尽管 IBD 患者血清总胆汁酸无显著改变, 但溃疡性结肠炎和克罗恩病的胆汁酸代谢谱发生了特征性改变, 以次级胆汁酸下降最为显著, 胆汁酸代谢谱中各个组分的检测对溃疡性结肠炎和克罗恩病患者的鉴别诊断有参考意义。

## PU-4185

### 巨细胞病毒 CMV 和 EB 病毒在肾移植受者中的感染分布

姜长宏

南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 探讨巨细胞病毒(CMV)和 EB 病毒(EBV)在肾移植受者中的感染分布状况, 分析病毒监测的重要性、病毒感染与肾移植受者肾功能的相关性以及对其治疗方案的影响。

**方法** 运用荧光定量 PCR 技术检测肾移植受者全血和中段尿中的病毒载量, 以 2017 年 7 月到 2018 年 12 月到南方医科大学珠江医院就诊的肾移植受者作为研究对象, 对其 CMV 和 EBV 病毒进行荧光定量 PCR 法检测的数据进行回顾性分析。

**结果** 共收集有 1170 个全血标本、1224 个中段尿标本(共 2394 个测试)检测了 CMV; 886 个全血标本检测了 EBV。对于 CMV 病毒(1)有 91.8% (1074/1170)的全血标本 CMV-DNA 低于检测下限, 5.8% (68/1170)的全血 CMV-DNA<500 拷贝/毫升, 2.4% (28/1170)的全血 CMV-DNA≥500 拷贝/毫升。(2)有 55.0% (673/1224)的中段尿标本 CMV-DNA 低于检测下限, 11.8% (145/1224)的中段尿 CMV-DNA<500 拷贝/毫升, 33.2% (406/1224)的中段尿 CMV-DNA≥500 拷贝/毫升。(3)中段尿 CMV 病毒阳性率高于全血标本。(4)当全血、中段尿均检测出 CMV 时, CMV 病毒在全血、中段尿中的浓度水平有相关性。对于 EB 病毒, 有 97.6% (865/886)的全血标本 EB-DNA 低于检测下限, 2.2% (19/886)的全血 EB-DNA<500 拷贝/毫升, 0.2% (2/886)的全血检测出 EB-DNA≥500 拷贝/毫升。对于 CMV、EBV 共感染, 有 871 个全血标本同时检测了 CMV 和 EBV, 其中只有 0.5% (4/871)同时检测出 CMV 和 EBV, 但其拷贝数不高(<500); 6.7% (58/871)标本仅检测出 CMV; 1.8% (16/871)标本仅检测出 EBV; 91% (793/871)标本 CMV、EBV 均低于检测下限。通过比较可知: 同时检测 CMV 和 EBV 时, 全血标本 CMV 阳性率(7.2%)高于 EBV 阳性率(2.3%)。

**结论** 肾移植受者感染 CMV 的可能性大于 EBV, 当全血和中段尿中均检测出 CMV 时两者的浓度具有显著性相关。重视肾移植术后 CMV 病毒和 EB 病毒的感染可能, 肾移植受者应定期随访监测这两种病毒, 这为临床恰当地使用免疫抑制剂, 调整治疗方案提供依据。

## PU-4186

### 直方图中间型细胞异常情况

杨秋月, 徐海燕

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 血细胞计数已普遍使用于各医院实验室, 尤其是三分类的血球计数仪更为普遍。这种计数仪的原理是电阻抗法, 此原理是基于细胞在测试系统中产生的脉冲大小, 与仪器内设定的阈值比较而得出的数据。

**方法** 用 EDTAK2 抗凝静脉血, 其含量为 1.5 mg/ml 全血。将 EDTAK2 配成 150 g/L 的溶液, 预先制备具塞塑料抗凝管, 于每日清晨抽静脉血 0.5 ml 混匀抗凝, 室温放置, 并于 0.5—5.0 h 内测定。



**结果** 白细胞直方图中间细胞异常的分析, 由于仪器型号不同, 试剂不同等原因可能/一定会存在一定的差异。关键在于出现中间细胞异常时的合理处理, 涂片染色镜检是最好的方法。

**结论** 在中间细胞正常时, 若临床提示, 如过敏症, 传单增等疾病时, 临检人员也应涂片镜检, 以免异常细胞漏检。

## PU-4187

### 尿常规显微镜手工法与分析仪检验

徐海燕, 张娜

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 手工法检验尿常规结果分析, 进一步了解分析仪和传统的显微镜手工法在尿液分析中的优缺点, 使检验工作者在实际工作中正确对待两种方法的应用, 指导检验人员科学地把两种结合起来。

**方法** 用尿液分析仪检测只记录, 尿蛋白、白细胞、红细胞结果, 微量以上为阳性, 微量以下为阴性。然后用加热醋酸法检测尿蛋白, 再用离心试管取 10 ml 混匀的尿液以 1 500 r/min 离心 5 min, 倾去上清液, 留取 0.2 ml 沉渣, 涂片镜检, 记录尿蛋白、红细胞和白细胞结果, 微量以上为阳性, 微量以下为阴性。

**结果** 两种方法合理应用, 取长补短, 遇到可疑情况, 还应及时询问病人, 查找原因

**结论** 以便为临床疾病的诊断和治疗提供正确检验结果。

## PU-4188

### 血清总胆汁酸、甘胆酸联合诊断妊娠期肝内胆汁淤积症 及对妊娠结局的影响

丁书军

江西省妇幼保健院, 330000

**目的** 比较妊娠期胆汁淤积症孕妇与健康孕妇的血清 TBA、CG、ALT、ALP 水平, 评估其诊断 ICP 的敏感性与特异性, 及诊断 ICP 的临床意义。

**方法** 选取在江西省妇幼保健院就诊的 ICP 孕妇 51 例作为观察组, 同期选择健康孕妇 53 例作为对照组。检测血清 TBA、CG、ALT、ALP, 比较其在两组孕妇血清中的含量差异。同时比较两组孕妇的胎儿窘迫、新生儿窒息、早产和新生儿死亡等不良围生儿结局差异。

**结果** TBA 与 CG 间存在显著的正相关性, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.01$ ); 单因素诊断 ICP 时, 由 ROC 曲线得 CG 的曲线下面积、敏感性与特异性最高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 联合诊断 ICP 时, 由 ROC 曲线得 TBA 与 CG 的曲线下面积最大, 敏感性=1, 达到诊断敏感性最理想值, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); ICP 孕妇组血清 TBA、CG、AST、ALP 水平均明显高于健康孕妇组, 差异有统计学意义 (均  $P < 0.001$ ), ICP 孕妇组血清 ALT 水平高于健康孕妇组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )

**结论** CG 及 TBA 可作为 ICP 诊断的敏感且可靠指标, 两者联合检测更能有效提高阳性率, 对 ICP 的早期诊断监测及反映围生儿结局具有重要的临床意义。

PU-4189

## 采血小板不良反应的原因

徐海燕,杨秋月

哈尔滨医科大学第一临床医学院检验科

**目的** 提高血小板采集数量和质量,从而降低输血传播疾病的概率和输血反应率。

**方法** 随着血细胞分离机性能的不不断提高,可从献血者血循环中一次采集 1~2 个治疗单位的血小板,这样,既可解决机采供者的短缺,缓解对医院供不应求的矛盾,还可节约耗材、试剂,降低成本。

**结果** 医护人员应具备熟练的采血技术,并选择粗大、弹性好的静脉

**结论** 保证一次穿刺成功,以减少献血者疼痛,缩短采集时间。

PU-4190

## 卵巢癌患者外周血内皮祖细胞 miRNA-133 表达水平与血管新生

苏亚娟,王影

哈尔滨医科大学附属第三医院,150000

**目的** 骨髓来源的内皮祖细胞(EPCs)在肿瘤血管新生和肿瘤生长转移中发挥重要作用。miRNA 分子在 EPCs 中或者在卵巢癌发生发展过程中发挥着重要的作用,但 miRNA 与卵巢癌患者 EPCs 血管生成的关系无报道。本研究探讨卵巢癌患者外周血 EPCs 中 miRNA-133 表达水平及其与卵巢癌血管新生的关系。

**方法** 选择经临床及病理检查确诊的卵巢癌患者 40 例,健康对照者 25 例,所有研究对象无其它的恶性肿瘤、感染或缺血性疾病以及能影响 EPCs 水平的伤口或溃疡。以卵巢癌患者外周血分离培养的 EPCs 为研究对象,正常健康人的 EPCs 为对照,分离人外周血原代内皮祖细胞,然后采用  $\mu$ Paraflo®微流体芯片技术筛选与卵巢癌 EPCs 血管生成相关的差异 miRNAs,获得了诸多差异表达的 miRNAs。差异表达 miRNAs 中,首批选择差异倍数较大(5 倍以上),且组内差异较小的 8 个 miRNAs,进行 Real time PCR 验证。应用可反映 VEGF 转录活性的 VEGF-Promoter-Reporter 系统、可反映 Id1 活性的 Id1- Reporter 系统,筛选可能影响 VEGF 及 Id1 活性的 miRNA。同时我们还对 miR-133 进行了深入分析,我们还检测了卵巢癌组织中 miR-133 的表达,同时在卵巢癌细胞株 SKOV-3 和 OVCAR-3 上的表达也进行了检测。

**结果** 差异表达 miRNAs 中,8 个 miRNAs 进行 Real time PCR 验证,结果与其初筛结果基本一致。

**结论** 本研究结果显示卵巢癌患者 EPCs 中 miR-133 的调控作用可能位于 EPCs 血管生成调控关键因子 VEGF/Id1 的上游,说明其很可能参与 EPCs 血管生成的调控。所以有关 miR-133 在卵巢癌 EPCs 血管生成中的功能及与卵巢癌生长和转移之间的关系均未见报道,因此深入探讨该 miRNA 在 EPCs 血管生成及卵巢癌中的作用无疑具有其潜在的临床研究价值。

PU-4191

## 关于 MALDI-TOF MS 技术在马尔尼菲 篮状菌鉴定中的研究

刘俞谷,王艳芳

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 在 VITEK MS RUO 模式中建立马尔尼菲篮状菌的超级质谱并研究不同培养基、不同培养温度、不同培养时长、不同样本前处理方法对质谱谱图质量的影响,从而探索用于马尔尼菲篮状菌质谱鉴定的标准化操作流程。

**方法** 实验采用两种不同培养基(沙保氏琼脂平板、沙氏肉汤培养基)对 8 株经测序证实的已知临床来源的马尔尼菲篮状菌进行培养,在不同培养时间点(72h、96h、120h、144h、168h、192h、216h、240h)对两种温度(28℃、35℃)的两种培养基的菌株采用原位甲酸法及乙醇灭活+甲酸乙腈提取法,使用 VITEK MS RUO 模式获取质谱谱图,进行马尔尼菲篮状菌超级质谱的构建及对不同条件下的质谱谱图质量进行比较。

**结果** 1.同一株马尔尼菲篮状菌于沙保氏琼脂平板及沙氏肉汤培养基中培养相同时长时,其质谱谱图存在一定的差异,但鉴定结果不受影响。2.马尔尼菲篮状菌于 28℃菌丝相及 35℃酵母相中获取的质谱谱图存在差异,表现为特征性波峰相似,但特征性峰的信号强度有所差异,其鉴定不受影响。3.相比于原位甲酸提取法,乙醇灭活+甲酸乙腈提取法对于酵母相菌落的提取效果更佳,主要表现为蛋白指纹图谱中特征峰较多,干扰峰较少,重现性更好;而乙醇灭活+甲酸乙腈提取法对菌丝相的蛋白提取效果更佳。4.在足够菌量的情况下,其菌丝相菌落于培养 72h 时,即菌丝生长明显且在其产孢前或产孢时采集的谱图质量更佳。而酵母相菌落则在培养 72~120h 时采集的谱图质量更佳。另外,培养时长过长则会导致特征性波峰消失,从而无法正确鉴定马尔尼菲篮状菌。

**结论** 针对培养 72~120h 的酵母相(35℃)菌落,原位甲酸提取法作为 MALDI-TOF MS 鉴定前处理方法,可实现马尔尼菲篮状菌的快速鉴定。而甲酸乙腈提取法作为培养 72h 的菌丝相(28℃)菌落的质谱前处理方法,操作较复杂,但提取效果更佳,这对于提高质谱鉴定的正确率具有重要价值。

PU-4192

## 液相色谱-串联质谱法同时测定人体血浆中 3 种抗真菌药物及 1 种代谢物浓度的方法学建立

张洁,徐润灏,刘怡菁,曹芸,李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院,200000

**目的** 利用液相色谱-串联质谱(LC-MS/MS)建立一种能同时检测人体血浆中泊沙康唑(Posaconazole)、卡泊芬静(Caspofungin)、伏立康唑(Voriconazole)3种抗真菌药物及伏立康唑代谢物(Voriconazole N-Oxide)浓度的方法。用于临床上3种抗真菌治疗性药物监测(TDM),有助于优化抗真菌药物的疗效和安全性。

**方法** 取 25ul 血浆采用 LC-MS/MS 法 6min 内同时检测泊沙康唑、卡泊芬静、伏立康唑及 N-氧化-伏立康唑浓度,以泊沙康唑-d4、卡泊芬静-d4 和伏立康唑-d3 为内标;乙腈蛋白沉淀法预处理血浆样本;反相色谱分离;采用电喷雾电离、选择正离子模式和多反应监测对抗真菌药物进行定量检测。方法学评价参照美国临床实验室标准化协会(CLSI)相关文件和中华医学会检验医学分会发布的《液相色谱-质谱临床应用建议》对所建方法进行线性、精密度、准确性、提取回收率、基质效应和定量下限等基本性能的验证。

**结果** 本研究建立的 LC-MS/MS 方法可以同时检测 3 种抗真菌药物泊沙康唑、卡泊芬静、伏立康唑及 N-氧化-伏立康唑浓度, 检测线性范围为 0.1~10ug/ml, 相关系数  $r>0.995$ , 批内和批间精密度 CV 在 1.06~9.84% 范围内, 加样回收试验的回收率范围为 91.9%~105.04%, 提取回收率范围 75.31%~100.55%, 基质效应考察结果为: 96.17%~108.53%; Caspofungin 低、中、高浓度的基质抑制效应随浓度升高而减小, 分别为 49.77%、82.94%、103.18%, 定量下限 (LLOQ) 为 0.1ug/ml。各通道出峰位置无干扰, 专属性良好。

**结论** 本研究成功建立了同时分析 3 种抗菌药物及代谢物浓度的 LC-MS/MS 检测方法, 方法操作简便、灵活、用样量少, 方法精密度、准确性、重现性能够满足临床对抗真菌治疗性药物监测的需求。

## PU-4193

### 不同类型地中海贫血对糖化血红蛋白检测干扰的初探

方艳平

南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 高效液相色谱法具有较高稳定性和准确度, 为目前临床中公认检测糖化血红蛋白金标准。通过回顾性分析不同类型地中海贫血对 HPLC 检测系统的影响。

**方法** 收集南方医科大学珠江医院 2017 年 3 月 1 日至 2019 年 4 月 10 号地中海贫血基因检测异常同时又有检测糖化血红蛋白的病例共 284 例, 本文中的干扰是指糖化血红蛋白检测不出。

**结果**  $\beta$  地贫基因对糖化血红蛋白的干扰率显著大于  $\alpha$  地贫基因 ( $P<0.05$ ), 不能认为不同类型  $\alpha$  地贫基因对糖化血红蛋白的干扰有差异 ( $P>0.05$ ), 不同类型  $\beta$  地贫基因对糖化血红蛋白干扰有明显差异, CD56、CD22、中国型缺失型、SEA-HPFH(东南亚型)和双重杂合突变的干扰率为 100%, 但 MCV 和 MCH 的水平却不相同。分析  $\beta$  地贫基因检测异常的糖化血红蛋白干扰组和不干扰组的年龄分布, 干扰组和不干扰组的年龄有显著差异 ( $P<0.05$ ), 干扰组的年龄大于不干扰组。分析不同疾病对糖化血红蛋白的干扰情况, 糖尿病肾病组占比最大 (45.3%), 其他组间占比差异不大。

**结论** 对于年龄较大的 CD56、CD22、中国型缺失型、SEA-HPFH(东南亚型)和双重杂合突变的检出者, 不建议检测糖化血红蛋白反映测定前 120 d 的平均血糖水平。

## PU-4194

### Profiling and bioinformatics analyses reveal altered circular RNA expression in plasma exosomes from early-stage lung adenocarcinoma

Liangyuan Chen<sup>1</sup>, Chunli Huang<sup>2</sup>, Qiumei Wu<sup>2</sup>, Falin Chen<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou, China

2. Department of Clinical Laboratory, Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University, Fuzhou, China

**Objective** This study aimed to identify differential circular RNA (circRNA) in the plasma exosomes of patients with lung adenocarcinoma using high-throughput sequencing.

**Methods** Firstly, exosomes were isolated using an exosome isolation kit and confirmed by transmission electron microscopy and nanosight Assay. Then, plasma circRNA expression profiles were screened by high-throughput sequencing, and confirmed by fluorescence quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR). Finally, the circRNA-miRNA-mRNA network were performed to predict the potential function of circRNA.

**Results** The result of high-throughput sequencing data showed that a total of 180 differentially expressed exosomal circRNAs were screened, which included 102 that were upregulated and 78 that were down-regulated in plasma from patients with lung adenocarcinoma compared with controls. The four differentially circRNAs included circ\_0001492, circ\_0001346, circ\_0000690 and circ\_0001439 were identical to the sequencing data by qRT-PCR, and their potential circRNA-miRNA-mRNA interactions were predicted.

**Conclusions** Our study provide new insights into the alter exosomal circRNA expression from plasma samples in patients with lung adenocarcinoma, and supports the need for exploring their potential as biomarkers for lung cancer as well as their pathologic role.

## PU-4195

### 探究单克隆免疫球蛋白（M 蛋白）对 CysC 检测的影响

刘杭敏<sup>1</sup>,林娇<sup>2</sup>,陈莺<sup>1</sup>,王梅华<sup>1</sup>,曹颖平<sup>1</sup>

1.福建医科大学附属协和医院,350000

2.福建医科大学医学技术与工程学院

**目的** 探究单克隆免疫球蛋白（M 蛋白）对 CysC 检测的影响

**方法** 选取 2019 年 1 月至 4 月本院检验科经血清免疫固定电泳检测，M 蛋白阳性的血清样本 58 例（其中 IgA-κ 12 例，IgA-λ 8 例，IgG-κ 12 例，IgG-λ 11 例，κ 4 例，λ 5 例，IgM-κ 4 例，IgM-λ 2 例）与 M 蛋白阴性的血清样本 5 例。对这 58 例 M 蛋白阳性的血清样本和 5 例 M 蛋白阴性的血清样本用 ROCHEcobas8000（c702）分别检测原倍和 1:3 生理盐水稀释血清及 250g/L 聚乙二醇 PEG6000(1:1 稀释，涡旋振荡器振荡 15S，室温，平衡台面放置 15min,10000×g 离心 5min)消除了 M 蛋白的血清 CysC 值，计算回收率，并与对应的免疫球蛋白浓度作均数加减标准差（ $\bar{X} \pm S$ ）和作图等统计学方法，分析 M 蛋白对 CysC 检测是否产生影响。

**结果** 1. ①250g/L PEG6000 沉淀 M 蛋白后测得的 CysC 值与原倍血清测得的 CysC 值计算出的回收率与其对应的免疫球蛋白浓度值的关系，如表 1。浓度越高，回收率偏离正常范围，说明存在 M 蛋白干扰。

2.仪器自动 1:3 生理盐水稀释算得的数据中回收率基本在正常值 90%~110%内，1: 3 生理盐水稀释无法判断 M 蛋白对 CysC 的干扰。

3.对所有 M 蛋白阳性的数据按相同类型进行筛选，并计算所有阳性数据的 PEG6000 沉淀 M 蛋白的血清的 CysC 值与原倍血清的 CysC 值的差值绝对值。以差值绝对值为横坐标，对应的免疫球蛋白浓度值为纵坐标，如图(a)(b)(c)。消除了 M 蛋白的血清的 CysC 值与原倍血清的 CysC 值的差值绝对值与相应阳免疫球蛋白浓度存在规律性。总体分析，随着差值绝对值的增大，相应免疫球蛋白的浓度值有增大的趋势。

4.对照试验：M 蛋白阴性的 5 例血清样本经上述实验方法同处理后，两种方法处理后的回收率均在 90%~110%。

**结论** 高浓度的单克隆免疫球蛋白（M 蛋白）对 CysC 的检测存在干扰。

## PU-4196

## 游离 HCV 核心抗原检测对丙型肝炎早期筛选价值的研究

赵琳琳,何晶晶,郑遵荣,程毅

黑龙江省农垦总局总医院

**目的** 分别检测游离丙肝病毒核心抗原(HCV-cAg)、抗体(HCV-Ab)及 HCV RNA,研究游离丙肝病毒核心抗原检测早期筛选 HCV 感染的价值。

**方法** 采用 ELISA 法测定丙肝病毒核心抗原和抗体, FQ-RT-PCR 方法测定 HCV RNA, 对比 300 例 HCV RNA 阴性正常查体人群结果, 筛选有危险因素人群 HCV 阳性者 35 例, 研究丙肝病毒核心抗原测定的特异性和敏感性及缩短检测窗口期的价值。

**结果** 体检人群 300 例 HCV-Ab、HCV RNA 均为阴性, HCV-cAg 阴性 299 例(99.67%); 35 例随访确诊 HCV 感染者初次 HCV RNA 阳性标本, HCV-cAg 阳性 33 例(94.29%), HCV-cAg 检测可有效缩短窗口期。结论 游离 HCV 核心抗原 ELISA 测定法具高度敏感性及特异性,可以明显缩短 HCV 窗口期,可作为 HCV 抗体检测的补充试验。

**结论** HCV-cAg 检测可有效缩短窗口期。结论 游离 HCV 核心抗原 ELISA 测定法具高度敏感性及特异性,可以明显缩短 HCV 窗口期,可作为 HCV 抗体检测的补充试验。

## PU-4197

## 过表达巯基氧化酶 1 的肿瘤相关巨噬细胞促进肝癌裸鼠移植瘤的生长

钟嘉宁,李山,秦雪

广西医科大学第一附属医院,530021

**目的** 肿瘤相关巨噬细胞(TAMs)是肿瘤微环境(TME)中浸润的主要免疫细胞,它通过与 TME 中的基质细胞和肿瘤细胞的相互作用影响肝癌的生长进程。TME 中的分泌蛋白是细胞之间相互交流、作用的重要媒介。本研究通过建立人肝癌裸鼠移植瘤模型,探讨 TAMs 外分泌巯基氧化酶 1(QSOX1)在肝癌生长中的作用,并初步探究 QSOX1 是否通过调控 TAMs 极化状态影响肝癌的发展。

**方法** (1)慢病毒介导 THP-1 细胞 QSOX1 的过表达(LvQSOX1 组),以转染空病毒载体(LvNega 组)的 THP-1 细胞作为对照,采用 qRT-PCR 分别检测两组细胞中 QSOX1 的 mRNA 表达水平;(2)使用佛波酯(PMA)和 SMMC-7721 肝癌细胞条件培养液诱导 THP-1 分化为 TAMs, qRT-PCR 检测 TAMs 极化指标;(3)TAMs 与 SMMC-7721 肝癌细胞混合注射于裸鼠皮下建立裸鼠皮下肝癌模型,测量肿瘤体积并使用免疫组化(IHC)SP 二步法检测肝癌增殖、侵袭相关指标(PCNA、MMP-9)及 M2 型巨噬细胞表型标志物(CD206)。

**结果** (1)LvQSOX1 组 QSOX1 基因 mRNA 的表达水平显著高于 LvNega 组,说明过表达 QSOX1 基因的 THP-1 细胞稳转株成功建立( $P < 0.05$ );(2)与 LvNega 组相比,过表达 QSOX1 的 TAMs M1 型巨噬细胞极化标志物 TNF- $\alpha$ 、IL-6 表达显著下降, M2 型巨噬细胞极化标志物 IL-10、TGF- $\beta$ 1 和 CCL22 表达升高(均为  $P < 0.05$  或  $P < 0.001$ );(3)裸鼠荷瘤实验发现 LvQSOX1 组肿瘤生长较快,肿瘤平均体积高于 LvNega 组。IHC 染色显示与 LvNega 组相比, LvQSOX1 组 CD206、PCNA 和 MMP-9 的表达显著升高(均为  $P < 0.05$ )。

**结论** 过表达 QSOX1 的 TAMs 可以在体内增强肝癌细胞的增殖和侵袭能力,促进裸鼠皮下肝癌移植瘤的生长。这可能与 TAMs 过表达 QSOX1 后调控 TAMs 趋向 M2 型巨噬细胞极化有关。

## PU-4198

## 半胱氨酸检测在布鲁杆菌病诊断及治疗中的意义

刘景瑶,毕惠梅,赵冬梅  
黑龙江省农垦总医院,150000

**目的** 探讨半胱氨酸检测在布鲁杆菌病治疗和诊断中的临床应用意义。方法 选取来我院就诊的布鲁杆菌病患者为研究对象,分别用虎红平板凝集试验(RBPT)、荧光偏振检测方法(Fluorescence polarization assay, FPA)和半胱氨酸检测对布鲁杆菌病进行检测。

**方法** 虎红检测的灵敏度、特异度和约登指数分别是 95.4%、98.7%和 94.1%; FPA 检测的灵敏度、特异度和约登指数分别是 93.1%、97.3%和 91.4%; 半胱氨酸检测的灵敏度、特异度和约登指数分别是 66.6%、99.6%和 66.2%; 半胱氨酸检测在病人初次就诊和病程的 4 周、12 周、26 周及 52 周时的符合率分别是 66.6%、70.4%、47.8%、12.8%和 0.4%; 半胱氨酸检测 4 周时的灵敏度、特异度和约登指数分别是 70.4%、99.8%和 70.2%,结果显示 4 周时结果的灵敏度、特异度和约登指数都要高于初次就诊。

**结果** 半胱氨酸检测可用于布鲁杆菌病的诊断中,其在疾病的治疗中对疾病的疗程和预后有一定的辅助作用。

**结论** 半胱氨酸检测可用于布鲁杆菌病的诊断中,其在疾病的治疗中对疾病的疗程和预后有一定的辅助作用。

## PU-4199

IgG4 相关性疾病患者的临床特征及其他疾病  
血清 IgG4 检测分析

张媛媛,姜玉章  
南京医科大学附属淮安第一医院

**目的** 分析 IgG4 相关性疾病(IgG4-RD)患者的临床特征,并且探讨不同疾病患者血清 IgG4 水平的临床价值。

**方法** 回顾性分析 2013 年 4 月~2016 年 8 月该院就诊的 12 例 IgG4-RD 患者的临床资料及 1020 例不同疾病患者的血清 IgG4 水平。

**结果** 12 例患者中男 9 例,女 3 例,男女比例是 3:1,平均年龄(53±10)岁;患者表现出多种多样的临床症状,12 例患者均表现为 2 个以上脏器受累,在整个病程中主要受累器官组织为涎腺、泪腺、淋巴结、胰腺等;12 例患者血清 IgG4 水平均显著升高(1.79~49.00 g/L),其中大多数存在高  $\gamma$  球蛋白血症、IgE 和嗜酸性粒细胞升高、低补体血症、炎症标志物及血沉升高;8 例患者行病理学检查,其中受累组织呈现密集 IgG4 阳性浆细胞广泛浸润及组织纤维硬化形成为突出表现;12 例患者接受了糖皮质激素治疗,其中 3 例患者联合使用了免疫抑制剂治疗,12 例患者治疗反应及预后均良好;血清 IgG4 升高同样可见于自身免疫性疾病、肿瘤等,不过这些疾病 IgG4 升高的程度却显著低于 IgG4-RD,差异均有统计学意义( $P<0.000$ )。

**结论** IgG4-RD 患者以中老年男性发病率较高,习见多脏器组织受累及多样的临床表现,运用糖皮质激素为首选治疗,必要时可联合免疫抑制剂治疗;在不同疾病中 IgG4 的临床价值亟待更深入地探究。

## PU-4200

## 雷帕霉素抑制人前列腺癌细胞 PC-3 生长及转移的实验研究

辛华

佳木斯大学附属第一医院检验科

**目的** 对人前列腺癌细胞 PC-3 进行雷帕霉素的药物试验,并观察其对细胞生长及转移的影响。**方法:**抽取 2012 年 3 月-2013 年 11 月本院经体外培养的人前列腺癌细胞 PC-3 作为研究样本,分别采用 0ng/ml、10ng/ml、25ng/ml 的雷帕霉素对其进行药物干预,并采用 MTT 法以及流式细胞仪等检测措施分别观察 PC-3 细胞的增殖、周期以及凋亡等变化。

**方法** 抽取 2012 年 3 月-2013 年 11 月本院经体外培养的人前列腺癌细胞 PC-3 作为研究样本,分别采用 0ng/ml、10ng/ml、25ng/ml 的雷帕霉素对其进行药物干预,并采用 MTT 法以及流式细胞仪等检测措施分别观察 PC-3 细胞的增殖、周期以及凋亡等变化。

**结果** 在 0ng/ml 的雷帕霉素下,PC-3 的生长增殖未受到任何抑制作用。分别在 12h、24h 以及 36h 的培养时间下,25ng/ml 的雷帕霉素浓度具有更高的细胞生长抑制率,组间比较差异显著,具有统计学意义 ( $P<0.05$ ),分别在两种不同的浓度下,12h、24h 以及 36h 之间两两比较,组间差异显著,具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。分别在 12h、24h 以及 36h 的培养时间下不同浓度的雷帕霉素组间两两比较差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ ),分别在三种不同浓度下,对不同培养时间的组别进行比较,除了 0ng/ml 下 24h 与 36h 的培养时间下 PC-3 凋亡作用差异不大,无统计学意义 ( $P>0.05$ ),其他组间两两相比均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** 雷帕霉素对人前列腺癌细胞 PC-3 具有较好的抑制生长及转移效果,且浓度越高,培养时间越长,效果越明显。

## PU-4201

## 维生素 D 和 G0S2 基因表达与大鼠结肠癌关系的研究

李升,王薇雅

佳木斯大学第一附属医院,154000

**目的** 通过构建大鼠结肠癌模型,研究维生素 D (vitamin, VD) 与 G0S2 基因表达在大鼠结肠癌组织中的作用,从而探讨其在肿瘤发生发展中的作用,为临床研究提供理论基础。

**方法** 选用 Wistar 大鼠 60 只,进行适应性喂养后随机分为实验组 20 只、对照 A 组 20 只、对照 B 组 20 只。对实验组、对照 A 组大鼠腹腔注射经细胞培养后处于对数生长期的人结肠癌细胞株 HCT116 (每只大鼠细胞接种量为  $\geq 1 \times 10^6/\text{mL}$  的细胞悬液 0.2mL),使大鼠成为患有结肠癌的大鼠。造模后,实验组给予 7IU/只维生素 D 灌胃 2 周,对照 A 组给予等量生理盐水灌胃 2 周;对照 B 组大鼠不造模,进行腹腔注射等量生理盐水的对照处理,随后的两周给予同实验组的等量生理盐水灌胃。在造模完成后的 1 周、2 周两个时间点分别对三组大鼠各随机 10 只进行取样,运用酶联免疫吸附法测血清 1,25-(OH)<sub>2</sub>-VD<sub>3</sub>,取其肠道肿瘤组织或正常肠道组织研磨行 RT-PCR 检测 G0S2 基因的表达。

**结果** 在 1W 时实验组与对照 A 组相比,血清 1,25-(OH)<sub>2</sub>-VD<sub>3</sub> 的含量明显升高,  $P < 0.01$  差异有显著统计学意义;G0S2 的表达升高差异有统计学意义  $P < 0.05$ 。在 2W 时实验组与对照 A 组相比,血清 1,25-(OH)<sub>2</sub>-VD<sub>3</sub> 的含量高于对照 A 组, G0S2 的表达明显升高,两者  $P < 0.01$ ,差异有显著统计学意义;实验组与对照 B 组相比,血清 1,25-(OH)<sub>2</sub>-VD<sub>3</sub> 的含量降低,  $P < 0.05$  差异有统计学意义。对照 B 组中 G0S2 的表达在不同饲养时间后没有明显改变,但是实验组和对照 A 组大鼠随着饲养时间的延长, G0S2 的表达有所降低。



**结论** 结肠癌大鼠血清 1,25-(OH)<sub>2</sub>-VD<sub>3</sub> 含量和 G0S2 的表达均低于正常大鼠, 且随着肿瘤发展, 两者的水平可能呈现降低趋势

## PU-4202

### Serum exosomal miR-7977 as a novel biomarker for Lung Adenocarcinoma

Liangyuan Chen<sup>1</sup>, Pengju Cao<sup>1,2</sup>, Chunli Huang<sup>1,2</sup>, Falin Chen<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou, China

2. Department of Clinical Laboratory, Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University, Fuzhou, China

**Objective** Exosomal microRNAs (miRNAs) have great potentials as a novel biomarker to predict lung cancer.

**Methods** We applied a miRNA microarray to identify aberrantly expressed serum exosomal miRNAs as candidate biomarkers for Lung Adenocarcinoma (LUAD) patients. Compared with the normal control, 31 exosomal miRNAs were found to be up-regulated and 29 exosomal miRNAs were down-regulated in serum of LUAD respectively. Then, 10 dysregulated exosomal miRNAs expression levels in serum were further validated via qRT-PCR.

**Results** Notably, exosomal miR-7977 was higher expressed and miR-98-3p was lower expressed in the LUAD group compared with that in healthy controls, which exosomal miR-7977 showed significant correlation with N stage and TNM stage with LUAD patients ( $p < 0.05$ ). ROC curve showed that exosomal miR-7977 abundant level may predict LUAD with an area of under the curve (AUC) of 0.787, in comparison to that of miR-98-3p at 0.719. Combination of exosomal miR-7977 and miR-98-3p improved the AUC to 0.816. Furthermore, in vitro experiments revealed that inhibition of miR-7977 enhanced the proliferation, invasion and inhibited apoptosis in A549 cells.

**Conclusions** In conclusion, exosomal miR-7977 was identified as a novel biomarker for LUAD patients and may play a tumor suppressor in lung cancer.

## PU-4203

### 耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌耐药机制及同源性分析[1]

王勇, 宫雪, 张吉生, 苏珊珊, 曾令怡  
佳木斯大学附属第一医院

**目的** 了解我院临床分离的碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP) 的耐药机制及流行病学特点, 为感染控制提供依据。

**方法** 收集 2015 年至 2017 年佳木斯大学附属第一医院临床患者分离的 CRKP, VITEK-2 Compact 检测对常用抗菌药物的敏感性; PCR 方法扩增常见的碳青霉烯酶基因 (KPC、NDM、IMP-4、IMP-8、VIM-1、VIM-2、OXA-23、OXA-24、OXA-48、OXA-51、OXA-58) 及其他广谱  $\beta$  内酰胺酶基因 (DHA、ACC、TEM、SHV、CTX-M-1、CTX-M-9)。多位点序列分型 (MLST) 对 31 株肺炎克雷伯菌进行 ST 分型。

**结果** 共检出 29 株 KPC 基因阳性, 1 株 NDM-5 阳性, 2 株 IMP-4 阳性, 2 株 OXA-23 阳性, 2 株 OXA-51 阳性, 28 株 TEM 阳性, 28 株 CTX-M-15 阳性, 1 株 CTX-M-177 阳性, 31 株 SHV 阳性。28 株 MLST 分型为 ST76, 其余 3 株为 ST323、ST896 型及一个新的分型 ST2964。

**结论** 产 KPC 型酶是我院 CRKP 的主要耐药机制, ST76 型是我院主要的流行克隆分析。相关部门应积极采取感染控制及预防措施, 避免耐药菌的进一步播散。

PU-4204

## 乳腺癌化疗新型标志物 NNMT 的临床研究

王燕忠,曾进,谢鑫友,张钧  
浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

**目的** 尼克酰胺-N-甲基转移酶 (NNMT) 是近年发现的在多种肿瘤组织中异常表达的一种酶蛋白。近期研究认为, NNMT 的表达可以影响肿瘤细胞对化疗药物的敏感性。我们前期报道 NNMT 在乳腺癌细胞株中高表达, 并能降低肿瘤细胞的凋亡, 本研究拟明确 NNMT 在乳腺癌病人肿瘤组织中的表达情况和对临床化疗疗效的预测作用, 改进化疗方案的选择。

**方法** 应用免疫组织化学方法检测乳腺癌组织中 NNMT 的表达, 并分析其与患者临床病理特征的关系。通过细胞活力、克隆形成和细胞凋亡的检测, 研究 NNMT 对乳腺癌细胞株耐药的影响。免疫印迹检测 NNMT 调控耐药的信号通路的相关分子。

**结果** 首次发现乳腺癌组织中 NNMT 的表达(53.9%)显著高于癌旁组织(10.0%)和乳腺增生(13.3%)。并进一步分析得到, 在接受化疗的乳腺癌患者中, 高水平的 NNMT 表达与较差的生存期和化疗疗效相关。细胞实验证实过表达 NNMT 可显著抑制阿霉素和紫杉醇诱导的细胞凋亡和克隆形成能力的减弱。分子机制研究表明, NNMT 和其催化产物 1-甲基烟酰胺通过增强 SIRT1 稳定性从而诱导乳腺癌细胞株对阿霉素和紫杉醇的耐药。

**结论** 本研究结果表明, 肿瘤组织中 NNMT 表达水平与乳腺癌化疗患者的化疗疗效和生存期密切相关, 提示 NNMT 有可能成为预测乳腺癌临床化疗疗效和预后的一种新的生物标志物, 并为制定个体化精准化疗方案提供指导, 改善患者治疗效果。

PU-4205

## 肾上腺静脉取血术右侧定位失败后应用对侧抑制指数 对优势分泌侧进行判断 1 例

刘希冀,邓昆  
重庆医科大学附属第三医院 (捷尔医院)

**目的** AVS 是原发性醛固酮增多症分型诊断的“金标准”, 用于判断患者的优势分泌侧, 在国外广泛应用, 但由于取血技术难度等原因, 目前在国内并没有广泛开展。现将本院 1 例 AVS 术右侧定位失败后应用对侧抑制指数 (CSI) 对优势分泌侧进行判断的病例进行报道。

**方法** 患者, 46 岁, 女, 体检时发现血压升高, 收缩压为 220mmHg, 舒张压不详; 为进一步诊治就诊于我院, 门诊以“高血压病”收入心血管疾病中心。肾上腺增强 CT 提示: 双侧肾上腺腺瘤? 钾离子: 2.66mmol/L↓, 卧位 ARR: 100.67↑, 立位 ARR: 67.5↑, 卡托普利试验阳性、盐水负荷试验阳性, 诊断为原发性醛固酮增多症, 会诊后决定行 AVS 术。

**结果** AVS 术中检验科对此患者三组血液进行检测, 通过选择性指数计算出右侧导管定位不准确, 右侧数据不可用; 假设左侧为非优势侧进行计算得出结果为 0.417 (图 1), 可反应右侧肾上腺为高功能状态。后泌尿疾病中心对该患者进行了右侧肾上腺切除, 可见金黄色瘤体 (图 2)。术后第二天, 患者在未使用降压药物的情况下血压波动在 140-155/80-90mmHg, ARR 值降至 39.92 (参考区间: 20-45), 患者表示满意。

**结论** 由于 AVS 存在取血难度, 难免出现定位失败的情况, 此时无法采用单侧化指数对优势侧进行判断, 一侧 CSI<1 可反应对侧肾上腺醛固酮的高分泌, 结合影像学及其他临床表现, 可做出优势侧的判断和 APA 或者 UAH 的诊断, 最大程度减少 AVS 术单侧取血失败时给患者造成的损失。

## PU-4206

**某院五年重症监护室感染病原菌分布及耐药性分析**

李慧玲,张义, 苏晓曼  
佳木斯大学附属第一医院检验科

**目的** 探讨我院重症监护室(Intensive Care Unit)患者感染病原菌的临床分布特点及耐药性情况,为临床合理使用抗菌药物提供借鉴和指导。

**方法** 分析 2013 年 1 月至 2017 年 12 月我院 ICU 患者送检的标本, VITEK-II 及 Walk Away40 plus 进行细菌鉴定及药敏分析, 参照 CLSI2018 版标准判断结果, WHONET 5.6 软件进行耐药性分析。

**结果** 共分离出 993 株病原菌, 其中革兰阴性菌 928 株(93.5%), 革兰阳性菌 65 株(6.5%)。革兰阴性菌中前四位分别是鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌和大肠埃希菌。鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌耐药性较强, 对氨苄西林和头孢曲松耐药率超过 85%, 肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌对碳青霉烯类抗菌药物仍保持较低的耐药性。革兰阳性菌株中, 以金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌、肺炎链球菌和溶血链球菌为主, 其中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)检出率为 27.6%, 未检测出耐万古霉素和利奈唑胺的革兰阳性菌株。

**结论** 本院 ICU 患者感染的病原菌以革兰阴性菌为主, 不同细菌耐药性各不相同, 合理应用抗菌药物是控制细菌耐药性的重要方法。

## PU-4207

**重组酶聚合酶扩增技术在肝癌长链非编码 RNA 检测中的应用研究**

付杰,涂奠基,余娟春,蒲晓允,张立群,刘飞  
陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 选择肝癌的新型诊断标志物长链非编码 RNA 作为靶标, 利用 RPA 技术快速检测其表达水平高低与肿瘤侵袭和进展的关系, 为肝癌的早发现、早诊断、早治疗, 提供新思路新证据。

**方法** 根据 RPA 技术, 设计合成肝癌长链非编码 RNA 的引物、探针、反应模板等, 探索反应体系, 研制出肝癌长链非编码 RNA 检测试剂盒。并按照试剂盒体系检测肝癌的长链非编码 RNA, 通过 PCR 仪, 恒定 39℃ 的反应条件下采集荧光; 与某种定量技术相结合, 检测长链非编码 RNA 含量; 与临床已确诊肝癌的患者血清对比, 研究长链非编码 RNA 表达水平与肿瘤侵袭和进展的关系。

**结果** 本课题组已成功研制出肝癌长链非编码 RNA 试剂盒, 在 10~20min 内检测到长链非编码 RNA, 在 10min 左右进入指数增长期; 与某定量技术相结合, 能够展示长链非编码 RNA 定量数值; 长链非编码 RNA 表达水平高低随肝癌进展呈相关关系。

**结论** RPA 技术具有灵敏度高、特异性强、检测时间短、操作简单等优点, 可用于肝癌长链非编码 RNA 的快速检验, 为肝癌早发现早诊断提供新证据, 可推动 RPA 技术在临床医学研究领域的应用。

## PU-4208

**碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌的临床分布及耐药性分析**

王勇, 曾令怡, 张晓丽, 宫雪  
佳木斯大学附属第一医院

**目的** 了解我院碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌 (CRE) 对常用抗菌药物的耐药性, 为临床感染的控制提供依据。探讨改良 Hodge 试验 (MHT) 及改良碳青霉烯灭活实验 (mCIM) 检测肠杆菌科细菌碳青霉烯酶的应用价值。

**方法** 收集 2015 年至 2017 年佳木斯大学附属第一医院临床患者分离的 CRE, VITEK-2 Compact 检测其对常用抗菌药物的敏感性; MHT 及 mCIM 进行产碳青霉烯酶表型确证试验。

**结果** 研究期间共收集 53 株 CRE 对多数  $\beta$ -内酰胺类药物高度耐药, 对常用抗菌药物耐药率在 80% 以上, 其中对阿米卡星、左氧氟沙星的敏感率在 70% 以上。mCIM 阳性为 52 株, 阳性率为 98.1%。

**结论** 我院分离的 CRE 耐药现象严重, 相关部门应积极采取感染控制及预防措施, 避免耐药菌的进一步播散。

## PU-4209

**钙卫蛋白、便潜血及 C 反应蛋白在结直肠癌中的应用**

李晶  
天津市肿瘤医院

**目的** 研究粪便钙卫蛋白、便潜血试验及血清 C 反应蛋白在结直肠癌筛查中的应用。

**方法** 48 例确诊结直肠癌患者作为研究组, 40 例排除结直肠癌健康人作为对照组, 留取所有研究对象的便标本检测钙卫蛋白和便潜血、静脉血标本检测 C 反应蛋白, 随访患者手术记录及病理。

**结果** 研究组与对照组粪便钙卫蛋白水平差异有统计学意义 ( $p < 0.001$ ), 粪便钙卫蛋白、便潜血试验及血清 C 反应蛋白检测结直肠癌敏感性分别为 68.75%、81.25% 和 43.75%; Dukes 分期 A 期粪便钙卫蛋白阳性率明显低于 B、C、D 期 ( $p < 0.001$ ), 而便潜血和血清 C 反应蛋白阳性率差异无统计学意义; 不同部位的结直肠癌中粪便钙卫蛋白、便潜血及血清 C 反应蛋白的阳性率差异无统计学意义; 便潜血联合应用粪便钙卫蛋白或/和血清 C 反应蛋白检测结直肠癌可以提高其敏感性, 三种方法联合检测较单种检测方法差异有统计学意义。

**结论** 粪便钙卫蛋白检测中晚期结直肠癌有一定的意义, 但单独筛查结直肠癌敏感性没有便潜血好。而粪便钙卫蛋白与便潜血联合检测可以提高筛查结直肠癌的敏感性。

## PU-4210

**Epidemiology of Newborn Screening for Glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency in Chongqing, China**

Weiwei Hu  
the first affiliated Hospital of Chongqing Medical University

**Objective** Glucose-6-phosphate dehydrogenase (G6PD) deficiency is an inherited hematological disorder, which is high incidence in some area of the world and adopted as one of the newborn screening (NBS) tests. However, little is known in Chongqing of China. Our aim is to analyze the epidemiology of NBS G6PD deficiency for six years, and to assess the gene mutation of G6PD deficiency.

**Methods** We investigated the annual screening rate and incidence of NBS G6PD deficiency in Chongqing 2012-2017. Then 1319 neonates in 2017 were further evaluated G6PD enzymatic activity by quantitative G6PD test, and analyzed G6PD gene mutations by multicolor melting curve analysis (MMCA).

**Results** The annual screening rate of NBS G6PD deficiency was increased from 7.47% in 2012 to 85.20% in 2017, of which the core region was higher than other regions. The incidence was about 0.12% in Chongqing and that between six regions of Chongqing were significantly different ( $p<0.05$ ). A total of 21 G6PD gene mutation sites was found, and the highest allele was c.1388 G>A (p.R463H), accounting for 28.34%. Compared with female, male had lower level of G6PD enzyme activity in each G6PD mutation site. In male hemizygotes, the second most frequent gene of c.1376 G>T had the lowest ratio of G6PD/6PGD enzyme activity (a mean ratio of  $0.52\pm0.254$ ). G6PD enzyme activity were significant variations among male ( $p<0.05$ ), but no significant difference in female ( $p=0.303$ ). The positive rate of MMCA (14.79%) in female was obviously higher than that of G6PD/6PGD assay (5.43%).

**Conclusions** We evaluated the prevalence of NBS G6PD deficiency and its G6PD gene mutation spectrum in Chongqing of China, which showed the epidemiology of this disease.

## PU-4211

### 胃癌细胞钙敏感受体通过调节外泌体影响自身侵袭能力的研究

崔宝红,孙轶华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 研究人胃癌细胞 SGC-7901 钙敏感受体 (calcium sensing receptor,CaSR) 通过调节外泌体的分泌影响该细胞增殖和侵袭、迁移的能力。

**方法** 利用慢病毒沉默和过表达人胃癌 SGC-7901 细胞 CaSR, 采用 RT-PCR 和 Western-blot 技术验证转染结果。采用超速离心提取转染细胞的外泌体与人胃癌细胞 SGC-7901 共培养。应用 CCK-8 法、平板克隆实验、细胞 Transwell 小室等实验检测外泌体对胃癌细胞 SGC-7901 细胞增殖和迁移的作用。

**结果** CaSR 过表达组胃癌细胞分泌的外泌体与 SGC-7901 共培养后, SGC-7901 的侵袭和迁移能力明显降低, 差异有统计学意义( $p<0.05$ ); CaSR 沉默组胃癌细胞分泌的外泌体与 SGC-7901 共培养后, SGC-7901 的侵袭和迁移能力明显增高, 差异有统计学意义( $p<0.05$ )。与对照组相比, 各组细胞增殖改变不明显。

**结论** CaSR 通过调节外泌体的分泌对胃癌细胞的侵袭和迁移产生影响, 对胃癌细胞的增殖能力影响不明显。

## PU-4212

### 胃癌细胞 CaSR 调控分泌的外泌体对肿瘤的影响及其机制

徐新宇,孙轶华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 研究胃癌细胞钙敏感受体 (CaSR) 调控分泌的外泌体对胃癌细胞的增殖、侵袭以及转移的作用及其机制。

**方法** 构建靶向 CaSR 沉默和过表达质粒, 分别转染胃癌细胞系 SGC-7901; 将胃癌细胞系 SGC-7901 分为无处理组, CaSR 过表达组, CaSR 沉默组, 应用超速离心法分别提取不同组外泌体, 电镜观察其形态, qNano 粒径分析检测其大小; 将不同组外泌体与胃癌细胞系 SGC-7901 共培养, CCK-8 检测细胞增殖情况, Transwell 检测细胞侵袭能力, 划痕实验检测细胞迁移能力; Western blot 检测 CaSR 的表达情况及 AKT 通道的磷酸化水平。

**结果** 电镜和粒径分析结果显示, 超速离心提取的外泌体大小分布于 30-120nm, 均具有外泌体特征性茶托状结构, 各组间粒径分析结果不具有统计学意义。不同组外泌体分别与 SGC-7901 细胞共培养后, CaSR 沉默组外泌体胃癌细胞的增殖、迁移及侵袭能力均明显增强, AKT 通道的磷酸化水平升高, 结果均具有统计学意义

**结论** 胃癌细胞 CaSR 调控分泌的外泌体降低胃癌细胞的增殖、迁移及侵袭能力, 这一作用可能与 AKT 通道有关。

## PU-4213

### Use of the nuclear matrix protein 22 BladderChek test for the detection of primary and recurrent urothelial carcinoma

Changsheng Xia<sup>1</sup>, Chunhong Fan<sup>1</sup>, Ming Su<sup>1</sup>, Qingsong Wang<sup>1,2</sup>, Xiao He<sup>1</sup>, Damin Liu<sup>1</sup>, Chun Di<sup>1</sup>

1.Peking University People's Hospital

2.Peking University

**Objective** Urothelial carcinoma (UC) is the most common cancer of the urinary system. For the urine nuclear matrix protein 22 concentration can elevate in patients with UC, the NMP22 BladderChek test can be used for the detection of UC.

**Methods** We retrospectively analyzed 180 patients performed the NMP22 BladderChek tests. Of them, 48 were primary UC patients, 42 were benign disease patients, and 90 were UC patients after surgical treatment. The performance of the NMP22 BladderChek test and urine cytology test for the diagnosis of primary UC was evaluated and compared. Moreover, we evaluated the performance of the NMP22 BladderChek test for the detection of recurrent UC.

**Results** The sensitivity, specificity, accuracy, positive predictive value (PPV), and negative predictive value (NPV) of the NMP22 BladderChek test, respectively, were 41.7, 83.3, 67.1, 74.1 and 55.6% for the diagnosis of primary UC. The corresponding parameters for urine cytology, were 58.3, 97.6, 76.7, 96.6 and 67.2%, respectively. There was a significant difference in the performance between the NMP22 BladderChek test and urine cytology for the diagnosis of primary UC ( $P = 0.007$ ). The sensitivity, specificity, accuracy, PPV, and NPV of the NMP22 BladderChek test, respectively, were 31.0, 88.5, 70.0, 56.2 and 73.0% for the detection of recurrent UC.

**Conclusions** Our study indicates that the NMP22 BladderChek test has a low sensitivity for screening primary UC and detecting recurrent UC. Urine cytology is superior to the NMP22 BladderChek test in the diagnosis of primary UC and should be recommended for using as a screening test.

## PU-4214

**健康体检人群血小板活性参数 MPV 和 MPC 结果分析**

张丽霞

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 血小板活性与多种疾病相关，具有重要的临床价值。本文主要通过平均血小板体积（mean platelet volume, MPV）和平均血小板内容物浓度（mean platelet component, MPC）等参数来评估血小板的活性，研究其与年龄、性别、血脂和 BMI 指数等因素的关系。

**方法** 随机选取体检者 280 例，应用 ADVIA 2120i 全血细胞分析仪和 TOSHIBA TBA-120FR 分别进行血常规和血脂检测，并根据身高体重计算 BMI 指数。分析血小板活性和年龄、性别、BMI 指数以及血脂水平的关系。

**结果** 随着年龄增长，MPV 增加（ $r=0.2016, p<0.001$ ），MPC 减少（ $r=-0.1885, p<0.001$ ），活性增加，MPV 具有性别差异（ $p=0.030$ ），MPV 和 MPC 与 BMI 指数成负相关（ $p=0.030$ ），而与血脂则无明显相关（ $p>0.05$ ）。

**结论** 临床应用血小板相关活性参数时，应考虑年龄、性别及 BMI 指数等因素的影响。

## PU-4215

**GRP78 蛋白在人体纤维肉瘤中的表达及其临床意义**

王元,孙轶华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院检验科

**目的** 检测 GRP78 蛋白及 Wnt 通路相关蛋白  $\beta$ -catenin 在人纤维肉瘤组织和癌旁、正常组织中的表达情况，并探讨其临床意义。

**方法** 选取具有完整临床资料及随访的纤维肉瘤患者临床大体标本 20 例，术前均未经放化疗；利用 western blot 方法测定 GRP78 蛋白及  $\beta$ -catenin 的蛋白表达；采用 SPSS17.0 进行统计学分析，GRP78、 $\beta$ -catenin 在肿瘤以及正常组织中及蛋白水平的表达采用配对样本 t 检验。

**结果** GRP78 的蛋白表达明显高于配对癌旁、正常组织，分别为  $1.409\pm 0.899$ 、 $0.58\pm 0.12$ 、 $0.21\pm 0.72$ ，差异具有统计学意义（ $p<0.001$ ）。 $\beta$ -catenin 蛋白表达高于配对癌旁、正常组织，分别为  $0.955\pm 0.247$ 、 $0.873\pm 0.199$ 、 $0.364\pm 0.108$ （ $p<0.05$ ）。

**结论** GRP78 蛋白及 Wnt 通路相关下游蛋白  $\beta$ -catenin 是鉴别纤维肉瘤组织的生物学标志物。GRP78 可能通过 Wnt 通路进一步促进肿瘤的发生发展，为软组织肿瘤的靶向治疗提供新的方向。

## PU-4216

**NLR 联合 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG 检测在鼻咽癌中的价值研究**

蒋玉娥

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 探讨 EB 病毒抗体 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG 与 NLR 联合检测在鼻咽癌筛查及早期诊断治疗中的价值。

**方法** 回顾性收集 2009 年 2 月至 2019 年 2 月在昆明医科大学第三附属医院经电子鼻咽镜组织活检后病理确诊为鼻咽癌的患者 38 例做为病例组，以同期门诊体检行 EBV 血清学检测及血细胞分析检测的 60 例健康者体检组为对照组。采用酶联免疫吸附法（ELISA）检测 Rta-IgG、间接免疫荧光法

(IIF) 检测 VCA-IgA、EA-IgA。所有研究对象均行 EB 病毒 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG 抗体检测和血细胞分析检测。比较两组受检者阳性率,同时对 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG、NLR 单独或联合诊断鼻咽癌的灵敏度、特异性、阴性预测值、阳性预测值等进行计算。分析结果采用 SPSS17.0 统计软件处理数据,正态分布计量资料比较使用 t 检验,统计结果均以均值 $\pm$ 标准差表示;计数资料用(%)表示。

**结果** 做 NLR 的 ROC 曲线,得出 NLR 的最佳临界值为 2.16, NLR 的 ROC 曲线下面积为 0.652,具有统计学意义( $P<0.05$ )。两组受检者的 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG 抗体及 NLR 检测阳性率比较均为鼻咽癌组患者高于健康体检组。且鼻咽癌组患者各项指标的检测结果与健康体检组比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。运用单一指标对鼻咽癌进行筛查时,VCA-IgA 灵敏度为 81.6%,均高于 EA-IgA 和 Rta-IgG。四项联合检测计算其筛查鼻咽癌的灵敏度、特异性、阳性预测值、阴性预测值,联合诊断时灵敏度、阴性预测值高于 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG 抗体及 NLR 单独诊断时的结果,但阳性预测值和特异性降低。

**结论** 单项使用 EBV 血清学指标进行鼻咽癌筛查时,VCA-IgA 的灵敏度高于 EA-IgA 及 Rta-IgG 抗体;NLR 联合 VCA-IgA、EA-IgA、Rta-IgG 检测可以准确地筛查和诊断鼻咽癌,在鼻咽癌的筛查与早诊早治中具有一定的临床价值。

## PU-4217

### 健康成人血小板变化趋势研究

张丽霞

江苏省人民医院

**目的** 研究健康成人外周血血小板的变化。

**方法** 选取南京医科大学第一附属医院和南京市红十字医院健康体检人群 740 例,分别研究同一和不同健康人群相 4 年和 6 年的全血细胞计数和分类以及白细胞形态学相关体积(volume, V)、传导(conductivity, C)和光散射(scatter, S)参数结果的变化。采用 stata/SE14.0 统计学软件统计结果。

**结果** 同一健康人群,相对于 2013 年,2017 年血小板计数增加( $p<0.05$ )。不同健康人群,相对于 2009 年,2015 年白细胞和血小板数量增加( $p<0.05$ ),淋巴细胞绝对值和百分比均增加( $p<0.05$ )。男性红细胞计数和血红蛋白均增加( $p<0.05$ ),女性则无差别。而对于白细胞形态参数,除了女性淋巴细胞体积无变化之外( $p$ ),2015 年相较于 2010 年,VCS 参数均升高,并具有统计学意义( $p<0.05$ )。

**结论** 外周血细胞数量和形态受多种因素的影响,是一个动态的变化过程。

## PU-4218

### CaSR 调控大鼠中性粒细胞分泌的外泌体中 LncRNA ENSRNOT00000039868 的表达

邹磊,孙轶华

哈尔滨医科大学附属第三医院,150000

**目的** 探究钙感受受体(CaSR,calcium-sensing receptor)对大鼠中性粒细胞(PMN)分泌的外泌体中 LncRNA ENSRNOT00000039868 的影响。

**方法** 提取大鼠外周血中性粒细胞,应用瑞氏染色于镜下检测鉴定中性粒细胞及其纯度。用 LPS(脂多糖)模拟体内炎症刺激,以未预处理为空白,再给予 CaSR 激动剂(Cinacalcet)和 CaSR 抑制剂(NPS-2143)干预,分别提取外泌体,得到 PMN-exo, PMN-LPS-exo, PMN-LPS-CIN-exo 和 PMN-LPS-NPS-exo,分析其浓度及粒径分布等特征、并鉴定表面标记蛋白 CD9、ALix 和



CD63 的表达。采用生物信息学技术预测 CaSR 可能调控的 LncRNA。采用实时荧光定量 PCR 技术(Real-time PCR)验证预测的 CaSR 调控的相关 LncRNA ENSRNOT00000039868 的含量变化。

**结果** 大鼠外周血中性粒细胞提取纯度大于 96%。CaSR 调控 LncRNA ENSRNOT00000039868 的分泌。LPS 刺激前后外泌体粒径分析无明显变化, 但 LPS 刺激后分泌量和 LncRNA ENSRNOT00000039868 含量增加 ( $P<0.05$ )。PMN-LPS-CIN-exo 组, LncRNA ENSRNOT00000039868 含量增加 ( $P<0.01$ )。PMN-LPS-NPS-exo 组, LncRNA ENSRNOT00000039868 含量减低 ( $P<0.01$ )。

**结论** CaSR 可以调控大鼠外周血中性粒细胞分泌的外泌体中 LncRNA ENSRNOT00000039868 含量。

## PU-4219

### 多瘤病毒 BK 和 JC 病毒在肾移植受者中的感染分布

李粉霞

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 探讨多瘤病毒 BK 病毒(BKV)、JC 病毒(JCV)在肾移植受者中的感染分布状况, 分析病毒监测的重要性、病毒感染与肾移植受者肾功能的相关性以及对其治疗方案的影响。

**方法** 运用荧光定量 PCR 技术检测肾移植受者全血和中段尿中的病毒载量, 以 2017 年 7 月到 2018 年 12 月到南方医科大学珠江医院就诊的肾移植受者作为研究对象, 对其 BKV 和 JCV 病毒进行荧光定量 PCR 法检测的数据进行回顾性分析。

**结果** 对于 BKV 病毒, 有 96.2% 的全血标本 BK-DNA 低于检测下限, 0.6% (6/984) 的全血 BK-DNA  $<500$  拷贝/毫升, 3.2% 的全血 BK-DNA  $\geq 500$  拷贝/毫升。76.3% 的中段尿标本 BK-DNA 低于检测下限, 23.7% 的中段尿 BK-DNA  $\geq 500$  拷贝/毫升。中段尿 BK 病毒阳性率高于全血标本。对于 JCV 病毒, 有 99.6% 的全血标本 JC-DNA 低于检测下限, 0.4% 的全血 JC-DNA  $\geq 500$  拷贝/毫升。77.5% 的中段尿标本 JC-DNA 低于检测下限, 22.5% 的中段尿 JC-DNA  $\geq 500$  拷贝/毫升。中段尿 JC 病毒阳性率高于全血标本。对于共感染情况, 有 731 个全血标本同时检测了 BKV 和 JCV, 其中没有标本同时检测出 BKV 和 JCV; 有 3.1% 全血仅检测出 BKV; 0.4% 全血标本仅检测出 JCV; 96.5% 全血 BKV、JCV 均低于检测下限。有 787 个中段尿标本同时检测了 BKV 和 JCV, 其中有 4.1% 中段尿标本同时检测出 BKV 和 JCV; 有 15.6% 中段尿仅检测出 BKV; 18.3% 中段尿仅检测出 JCV; 62% 中段尿 BKV、JCV 均低于检测下限。

**结论** BKV 在血液中持续高载量表达, 进一步破坏移植肾组织导致肾小管萎缩和间质纤维化, 最终形成 BKV 相关性肾病 (BKVN)。而 JCV 与 BKV 同时发生感染的肾移植受者, PVAN 发生的机率将上升, 故应同时观察 BKV 和 JCV。

## PU-4220

### CaSR 和 PDGF-D 在胃癌中的表达及作用的研究

颜晚林,孙轶华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 探讨钙敏感受体(CaSR)和血小板衍生生长因子-D (PDGF-D) 在胃癌中的表达情况及其相关作用。

**方法** 用免疫组化法检测胃癌组织及其相应正常胃黏膜组织中 CaSR 和 PDGF-D 的表达情况。体外培养胃癌细胞系 SGC-7901 和正常人胃黏膜上皮细胞系 GES-1, 采用 Western blot 法检测 SGC-7901 和 GES-1 中 CaSR 和 PDGF-D 的表达。用慢病毒转染 SGC-7901 并成功构建 CaSR 稳定过

表达的胃癌细胞。采用 Western blot 法检测 CaSR 稳定过表达前后与加入 ERK 信号通道阻断剂后细胞中 ERK1/2、p-ERK1/2、PDGF-D 的表达情况。

**结果** CaSR 在胃癌组织及细胞中低表达，PDGF-D 在胃癌组织及细胞中高表达；Western blot 结果显示 CaSR 过表达 SGC-7901 胃癌细胞中 p-ERK1/2 表达明显升高，PDGF-D 表达明显降低；加入 ERK 信号通道阻断剂后，PDGF-D 表达反而升高。

**结论** 在胃癌中，CaSR 通过激活 ERK 相关信号通路从而抑制 PDGF-D 表达，可能与胃癌进展和转移相关

## PU-4221

### 急性脑出血患者血液流变学的季节性变化

贾海玉,马永宾  
江苏大学附属金坛医院

**目的** 探讨不同季节条件下脑出血急性期血液流变学变化。

**方法** 100 例脑出血急性期患者根据传统季节分为夏季组、过渡季组和冬季组，30 例健康者作为对照组，各组均于发病 24 h 内检测血液流变学指标(全血粘度、血浆粘度、血沉、红细胞聚集指数、红细胞变形指数和红细胞压积)，统计学比较各病例组及健康对照组（对照组，n=30）及各病例组比较组间差异。

**结果** 与对照组比较，脑出血组全血粘度（1 s-1,mPa·s、50 s-1,mPa·s、200 s-1,mPa·s）呈升高趋势，且有统计学意义(P<0.05)；脑出血患者过渡季组、夏季组与冬季组组间进一步比较全血粘度四组和血浆粘度，(P<0.01)，且均以冬季组最高；与过渡季组比较，夏季组及冬季组脑出血患者的红细胞聚集指数和红细胞变形指数呈下降趋势，组间比较，全血粘度、血浆粘度及血沉均呈升高趋势(P<0.05)。红细胞压积在三组间无统计学意义。

**结论** 季节变化对脑出血患者血液流变性有影响，且寒冷季节里血液有明显浓缩聚集倾向。冬季组脑出血患者全血粘度及血浆粘度增高更明显，可能是寒冷季节脑出血发病率较高、并发严重不良事件增多的病理生理基础。

## PU-4222

### 血小板分布宽度、超敏 C 反应蛋白与白蛋白的比值在早期诊断 消化道恶性肿瘤及预后评估中的意义

林鑫,孙轶华  
哈尔滨医科大学附属肿瘤医院检验科

**目的** 研究血小板分布宽度、超敏 C 反应蛋白与白蛋白的比值在诊断早期消化道恶性肿瘤中的意义。

**方法** 回顾分析哈尔滨医科大学附属肿瘤医院收治的 200 例早期消化道恶性肿瘤患者的临床资料。利用卡方检验分析 PDW 和 CRP/ALB，根据 ROC 曲线确定临界值及敏感度。采用单因素和 Cox 回归模型进行预后分析，评估各项指标与无进展生存期（progression-free survival, PFS）及总生存期（overall survival, OS）的关系。

**结果** 消化道恶性肿瘤组 PDW 和 CRP/ALB 水平与正常对照组比较，差异均有统计学意义(P<0.05)。此外，降低的 PDW 和 PA 与消化道恶性肿瘤的 PFS 和 OS 缩短有关。

**结论** 血小板分布宽度和超敏 C 反应蛋白与白蛋白的比值在早期消化道恶性肿瘤中检出率较高,并对判断 OS 及 PFS 有一定意义。

## PU-4223

### 肺结核患者血清与痰液上清液中相关细胞因子的检测

杜伟勤,任建斌  
吕梁市人民医院,033000

**目的** 目的:检测 TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-6、IFN- $\gamma$ 、OPN、IL-18 6 种细胞因子在肺结核患者血清和痰液上清液中的变化,评价其水平变化辅助检测肺结核的诊断价值和临床意义。

**方法** 收集 2016 年 11 月至 2018 年 12 月我院 103 例肺结核患者和 30 例健康者的血清和痰液标本,分别用酶联免疫吸附试验(ELISA)双抗体夹心法对上述 6 种细胞因子的水平变化进行检测, t 检验进行组间比较。

**结果** 与健康对照组相比,实验组肺结核患者血清与痰液上清液中 6 种细胞因子 TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-6、IFN- $\gamma$ 、OPN、IL-18 的水平明显增高,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** 肺结核患者的血清和痰液上清液中 TNF- $\alpha$ 、IL-4、IL-6、IFN- $\gamma$ 、OPN、IL-18 水平的升高可辅助其临床诊断,对于判断具有重要的临床意义。

## PU-4224

### 齐齐哈尔地区 2015 年-2017 年呼吸道八项病原体 IgM 检测结果分析

张磊,王雁  
齐齐哈尔市第一医院检验科

**目的** IgM 抗体在疾病感染早期产生,通过检测血清中 IgM 抗体,可以实现对呼吸道感染的病原体进行多种项目快速准确检测,以满足临床需要。为了齐齐哈尔地区人群呼吸道感染情况,我们采用间接免疫荧光法对 2015 年 1 月 1 日-2017 年 12 月 31 日期间来我院就诊的 1183 例急性呼吸道感染患者的血清同时进行八种常见的呼吸道病原 IgM 的检测,包括:嗜肺军团菌(*Legionellapneumophila* LP)、肺炎支原体(*Mycoplasmapneumoniae*, MP)、肺炎衣原体(*Chlamydiapneumoniae*, CP)、腺病毒(*adenovirus*, ADV)、呼吸合胞病毒(*respiratorysyncytial virus*, RSV)、和副流感病毒(*parainfluenza virus*, PIV)、甲型流感病毒(*Influenza A virus*)、乙型流感病毒(*Influenza B virus*);分析感染情况及季节性变化,以了解齐齐哈尔地区人群呼吸道病原体流行情况,为制定预防措施提供依据。

**方法** 血清标本来源于 2015 年 1 月 1 日-2017 年 12 月 31 日在齐齐哈尔市第一医院治疗并进行呼吸道病原体谱 IgM 抗体检测的患者 1183 例,其中男性 723 例,女性 460 例。采用德国欧蒙公司间接免疫荧光试剂盒,严格按说明书操作,用间接免疫荧光法检测血清中八种呼吸道感染病原体的 IgM 抗体。采用 Olympus BX-51 荧光显微镜进行观察。

**结果** 1183 例患者血清八项呼吸道病原体的 IgM 总阳性率为 34.48%,其中,MP 阳性率最高,为 8.79%,占总阳性例数的 25.49%其次为乙型流感病毒,阳性率为 8.53%,占总阳性例数的 24.75%。不同季度之间呼吸道病原体的阳性率存在统计学差异( $P<0.05$ )。第一季度较其他季度存在统计学差异,四个季度中以第一季度呼吸道病原体 IgM 抗体检测阳性率最高(47.99%)。

**结论** 齐齐哈尔地区呼吸道感染患者以春、秋季高发,其主要感染病毒为肺炎支原体和乙型流感病毒。

## PU-4225

## 凝血常规检测的影响因素分析

万雪峰

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 凝血常规检测涉及临床各种疾病的发生、发展、诊断、治疗和预后，为保证检测结果准确可靠，必要掌控好检测前、检测中及检测后的各种影响因素。

**方法** 1.标本采集

1.1 标本采集要在患者安静、空腹状态下进行，止血带压迫不能过紧，时间不能过长。

1.2 抗凝剂的比例符合要求

2.标本处理

2.1 标本采集后要及时送检

2.2 收到标本及时检验。

2.3 检验人员要做好查对工作，不合格的标本不予检测。

**结果** 对异常结果有异常的要及时回报临床。

**结论** 掌控好各种影响因素，避免凝血因子在常温下失活，而影响测定结果。

## PU-4226

## 探讨甲减患者肝功能检测的结果及临床意义

冯丽辉

黑龙江省中医药科学院南岗分院

**目的** 研究分析甲状腺功能减退患者肝功能检测的临床价值。

**方法** 此次研究的对象是选择 2017 年 6 月至 2017 年 10 月本院内分泌科收治的 10 例病程至少超过 1 年的甲减患者，将其临床资料进行回顾性分析，并探讨肝功能检测结果及临床价值。

**结果** 10 例甲减患者中有 8 例出现了血清丙氨酸氨基转移酶（ALT），天冬氨酸氨基转移酶（AST），谷氨酰转肽酶（r-GT），碱性磷酸酶（AKP）及乳酸脱氢酶（LDH）等肝功能指标不同程度的升高，肝功能出现了不同轻重程度的损害症状。

**结论** 甲减患者肝功能容易损害，在治疗时应及时的检测，同时肝功能指标对甲减疾病具有一定辅助诊断的临床价值。

## PU-4227

## 慢性肾功能不全患者血透前后血浆瘦素和神经肽 Y 水平的变化

侯思南,顾进

连云港市中医院,222000

**目的** 探讨了慢性肾功能不全患者血透前后血浆 leptin 和 NPY 水平的变化及临床意义。

**方法** 应用放射免疫分析法对 32 例慢性肾功能不全患者进行了治疗前后血浆 leptin 和 NPY 水平检测，并与 35 名正常健康人作比较。

**结果** 慢性肾功能不全患者在血透前血浆 leptin 和血清 NPY 水平非常显著的高于正常人组 ( $P<0.01$ ) 血透后 1 个月与正常人组比较仍有显著差异 ( $P<0.01$ ), 且 leptin 水平于 NPY 水平呈正相关 ( $r=0.4985, P<0.01$ )。

**结论** 慢性肾功能不全患者存在高 leptin、NPY 血症, 血透能增加 leptin 和 NPY 的清除率, 改善患者的营养状态。

## PU-4228

### 5-Aza 与恩杂鲁胺联合应用抑制前列腺肿瘤及其机制的研究

汤思洁

江苏大学澳洋肿瘤研究院

**目的** 研究联合应用去甲基化药物与雄激素受体 (androgen receptor, AR) 拮抗剂对人类前列腺肿瘤细胞凋亡、细胞损伤和自噬的影响, 并探讨相关的分子机制。

**方法** 用去甲基化药物 5-Aza 与 AR 拮抗剂恩杂鲁胺 (Enzalutamide) 联合处理 DU145、LNCaP 和 22RV1 前列腺肿瘤细胞, Western blot 检测肿瘤抑制基因 maspin、AR、凋亡标志 PARP 和 DNA 损伤标志 p-H2A.X 以及细胞自噬标志 LC3B 的表达水平; WST-1 法检测细胞的增殖抑制率;  $\beta$ -半乳糖苷酶染色在荧光显微镜下观察细胞衰老状态; 逆转录定量实时荧光聚合酶链反应(qRT-PCR)检测细胞中相关肿瘤抑制基因 p53、maspin、促凋亡基因 bax、抑凋亡基因 Bcl-2 以及调节细胞生长周期相关基因 p21 的转录表达水平。

**结果** 肿瘤细胞经 5-Aza 处理后, maspin, PARP 和 p-H2A.X 的表达水平显著升高, 并均随 5-Aza 浓度增高而增加; 但 AR 蛋白的表达水平降低, 并随着 5-Aza 浓度增高而减少。上述效应呈现剂量-效应关系。恩杂鲁胺能够上调 maspin 的表达, 并随恩杂鲁胺浓度增高而增强, 但对 AR 蛋白表达未发现显著影响。5-Aza 联合恩杂鲁胺使用与单独使用 5-Aza 或恩杂鲁胺相比较, PARP、p-H2AX 以及 LC3B 的蛋白表达明显增加。在 LNCaP 细胞中, 使用 5-Aza 后细胞增殖率不变 ( $p>0.05$ ), 使用恩杂鲁胺后则细胞增殖率降低 ( $p<0.05$ ), 两药联合后细胞增殖率显著低于单独使用 5-Aza ( $p<0.05$ ), 但与单独使用恩杂鲁胺相比则无明显改变 ( $p>0.05$ )。在 22RV1 细胞中, 两药单独使用或联合使用, 细胞增殖率均未见明显改变 ( $p>0.05$ )。单独使用 5-Aza 后, 细胞衰老状态增加; 单独使用恩杂鲁胺后, 细胞衰老状态无改变; 两者联合与单独 5-Aza 相比, 细胞衰老并未明显增加。联合使用 5-Aza 与恩杂鲁胺后与单独使用 5-Aza 相比, bax 和 maspin 的 mRNA 水平明显增加 ( $p<0.05$ )。

**结论** 5-Aza 能够明显促进前列腺肿瘤细胞的凋亡、损伤和自噬, 且联合恩杂鲁胺使用后作用更明显。这种作用可能是通过上调 maspin 的同时下调 AR 蛋白表达实现的。该结果为临床应用 5-Aza 和恩杂鲁胺药物干预和治疗前列腺肿瘤提供有价值的用药参考。

## PU-4229

### 伴放线凝集杆菌引起心脏起搏器植入患者血流感染一例

邢忠, 韩颖, 申莹莹, 孙丽红, 邹桂玲

黑龙江省医院南岗区分院, 150000

**目的** 了解认识伴放线菌凝集杆菌是柯养、革兰阴性小杆菌, 是牙周病的主要病原微生物, 能引起血流感染和细菌性心内膜炎。

**方法** 应用梅里埃 BacT/ALERT 3D 血培养仪进行双侧双瓶血培养。经 3 天报阳后, 接种血平板、巧克力板, 放置 37 度 CO<sub>2</sub> 温箱培养, 培养 48 小时后分别于血平板和巧克力平板上生长出细小菌

落。于上海复星半自动细菌鉴定分析仪（型号 BIOFDSJN-//）进行鉴定，再于布鲁克质谱仪进行鉴定。

**结果** 复星半自动分析仪鉴定为伴放线伴放线杆菌（也即伴放线凝聚杆菌）；经质谱分析仪鉴定为伴放线凝聚杆菌。

**结论** 伴放线凝聚杆菌是一种条件致病菌，血流感染时，依据 HACEK 菌群选择的药敏组合，进行经验用药。

## PU-4230

### 铁沉积对酒精性脂肪肝的作用

孙轶华

哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 酒精性肝病（ALD）是世界范围的最流行的肝脏疾病之一，超过 90%的饮酒者肝脏会出现脂肪变性，其中少部分在忌酒后可以逆转，因此这一时期非常重要，如果继续发展则成为酒精性肝炎，其中 40-50%患者五年内进一步发展为肝纤维化，肝硬化，乃至肝癌。

**方法** 很多文献表明酒精性肝病的患者除肝脏甘油三酯蓄积外还有胆固醇沉积和铁沉积。铁是生命体必需的微量元素，起着非常重要的作用，包括 DNA 合成、细胞增殖、分化、氧化运输等生命过程。铁缺乏和铁过量都对机体造成损伤。酒精性肝病的患者通常表现机体铁过载，反应为血清铁增高和肝脏铁增多。

**结果** 但是铁沉积的机制以及多余的铁的来源以及铁过载与脂质代谢之间是否存在关系还不明确。铁代谢紊乱相关的疾病中酒精性肝病的铁代谢调控机制已经成为基础和临床研究的热点。

**结论** 本文将探讨铁沉积在酒精性脂肪肝的发生发展中的作用及最近进展。研究铁代谢和脂代谢之间的关系对于进一步了解 ALD 的发病机制和为其防治非常重要。

## PU-4231

### miR-1290 在胰腺癌患者血清中的表达水平及其临床意义

吴逸宁,魏佳,徐建

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 本研究旨在检测胰腺癌患者血清中微小 RNA-1290(miR-1290)的表达水平并探讨其在诊断方面的临床价值。

**方法** 采用定量 PCR 检测南京医科大学第一附属医院 2016 年 1 月至 2017 年 12 月间 115 例胰腺癌患者、26 例良性疾病患者以及同期 23 例健康体检者血清样本中 miR-1290 的表达水平，并收集其血清 CA19-9 及相关临床数据。统计分析三组间 miR-1290 表达水平的差异及其与胰腺癌病理参数之间的关系。利用受试者工作特征曲线（ROC）分析血清 miR-1290 在胰腺癌中的诊断效能。

**结果** 胰腺癌患者血清 miR-1290 表达水平[10706.84fmol/l（6111.03，17086.58）]明显高于健康对照组[2740.47fmol/l(1188.03,4094.96)]和良性疾病组[4412.40 fmol/l(2760.95,6369.68)]，差异具有统计学意义(P<0.001)。ROC 分析显示，以健康体检者为对照，miR-1290 与 CA199 的曲线下面积（AUC）分别为 0.932 (95%CI: 0.888,0.975)和 0.915 (95%CI: 0.817,0.999)，以良性疾病组为对照时，AUC 分别为 0.842(95%CI:0.774,0.911)和 0.722(95%CI: 0.769,0.899)，差异均具有统计学意义(P<0.001)。

**结论** 胰腺癌患者血清中 miR-1290 表达水平增高，可能用于胰腺癌的辅助诊断。

## PU-4232

## MTHFR 基因 C677T 多态性与心血管疾病相关性的系统评价和 Meta 分析

刘丽,冯勤颖,黄山  
贵州省临床检验中心

**目的** 探讨亚甲基四氢叶酸还原酶 (Methylene Tetrahydrofolate Reductase, MTHFR) 基因 C677T (rs1801133) 单核苷酸多态性 (Single nucleotide polymorphism, SNP) 与心血管疾病的关联性。

**方法** 运用循证医学中系统评价定性原理和 Meta 分析定量方法对 MTHFR 基因 C677T (rs1801133) 多态性与心血管疾病的相关性进行分析。

**结果** 循证医学 Meta 分析结果显示在以下 5 个遗传模型中合并分析时, 均存在 MTHFR C677T 基因多态性与心血管疾病发病的显著相关性, 包括等位基因模型 (T vs C)、纯合子模型 (TT vs CC)、杂合子模 (TC vs CC)、显性遗传模型 (TT+TC vs CC) 和隐性遗传模型 (TT vs TC+CC)。

**结论** 循证医学 Meta 分析结果显示 MTHFR 基因 rs1801133 多态性与心血管疾病的发病具有显著相关性。

## PU-4233

## 酒精性脂肪肝小鼠中铁对胆固醇 7 $\alpha$ 羟化酶 (Cyp7a1) 表达的调控作用

梁欢,孙轶华  
哈尔滨医科大学附属肿瘤医院,150000

**目的** 酗酒会引起酒精性肝病 (ALD), 肝脂肪变性阶段对于酒精性肝病的防治非常重要, 因为只有这一阶段是可逆的。我们课题组成功构建了酒精性脂肪肝 (AFLD) 模型鼠, 在 AFLD 模型鼠的肝脏中存在着脂质沉积并伴铁沉积。脂肪肝等肝病的铁代谢调控机制已成为国内外研究的热点。本研究拟从铁对胆固醇代谢相关基因表达调控的角度研究 AFLD 模型鼠肝脏中胆固醇蓄积的机制。我们用生物信息学软件预测出在胆固醇 7 $\alpha$  羟化酶 (Cyp7a1) 的 3'-UTR 区存在非经典 IRE, 本项研究的目的在于证明胆固醇 7 $\alpha$  羟化酶 (Cyp7a1) 受到铁的调控, 可能通过其 3'-UTR 区存在的 IRE-like 结构。

**方法** 15%酒精水喂养 9 个月建立 AFLD 小鼠模型, 检测对照组和酒精喂养组小鼠的血清生化学指标, 组织病理学改变, 肝脏甘油三酯和胆固醇量, 铁储存蛋白的表达。用生物信息学软件“RNA structure software”对 100 多种脂代谢相关基因二级结构进行预测, 检测是否有新的 mRNAs 存在 IRE 结构。体内和体外实验中铁剂处理后, 实时定量 PCR and Western blot 对 Cyp7a1 mRNA 和蛋白的表达作用进行检测。

**结果** 15%酒精水喂养引起小鼠 AFLD。酒精处理鼠肝脏脂质沉积伴铁沉积。并与酒精水喂养时间正相关。给铁和去铁处理影响 Hepa1-6 细胞中 Cyp7a1 的表达。体外酒精处理小鼠肝细胞, Cyp7a1 表达减少且呈剂量依赖性。体内去铁实验显示, 缺铁引起小鼠肝脏中 Cyp7a1 表达减少。

**结论** AFLD 小鼠模型肝铁沉积减低 Cyp7a1 表达并导致胆固醇蓄积, Cyp7a1 表达受铁的调控, 可能通过 Cyp7a1 mRNA 3'-UTR 区的非经典 IRE 来实现。

PU-4234

## 齐齐哈尔地区孕妇妊娠中期血 HCY 正常参考区间的建立

樊华,刘丽

齐齐哈尔市第一医院,161000

**目的** 建立齐齐哈尔地区孕中期孕妇人群血同型半胱氨酸

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月到 2017 年 12 月在齐齐哈尔市第一医院检验科进行唐氏综合症产前筛选检查(以下简称唐氏筛查)的孕中期(16~20 周)孕妇群体,依据所留病历信息筛选出表观健康的孕中期孕妇人群共 141 例。按照中华人民共和国卫生行业标准 WS/T402-2012 标准,计算并制定齐齐哈尔地区孕妇妊娠中期血 HCY 的参考区间,并进行小样本验证探讨该人群生物参考区间,以保证生物参考区间的可靠选用。

**结果** 经过对进行唐氏筛查的 141 例妊娠中期孕妇人群

HCY 数据的分析和处理,初步建立符合齐齐哈尔地区孕妇妊娠中期特征的血

HCY 参考区间(3.2~7.3) $\mu\text{mol/L}$ 。另取 20 名来检验科进行唐氏筛查的妊娠中期孕

妇人群的 HCY 数据进行小样本验证,已确定建立参考区间的可靠性。

**结论** 实验所得孕妇妊娠中期血 HCY 区间范围比全国通用 HCY 区间范围明显降低,存在生理性的差别。临床医师在对妊娠妇女检查 HCY 时应考虑其特殊的生理变化,其对鉴别诊断及预测病理妊娠是至关重要的。

PU-4235

## 自动审核规则筛查血液凝固导致的错误结果的有效性评估

周雯雯<sup>1</sup>,周雯雯<sup>1</sup>

1.中国医科大学附属第一医院,110000

2.中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 通过设置凝血常规自动审核规则对由于血液凝固导致错误结果进行筛查,提高结果审核的准确率,降低结果审核风险。

**方法** 根据血液凝固导致异常结果的特点,设置审核规则 A,B,在 LIS 中设置规则,添加注释怀疑血液凝固。以人工复核为金标准,验证样本是否发生凝固

**结果** 自动审核规则 A,B 筛查血液凝固导致异常结果的有效性进行评估:自动审核规则 A,敏感性为 25.8%,自动审核规则 B,敏感性为 70.9%,两者连用,对血液凝固的样本评估,敏感性可达 95.6%。自动审核 A,特异性为 99%,自动审核规则 B 特异性为 95%,两者连用对血液凝固的样本特异性可达 99%。

**结论** 自动审核规则 A,B,可有效的筛查血液凝固引起的异常结果,降低审核风险,提高结果审核准确度



## PU-4236

## 肺炎支原体检测的三种方法学比较

范玲芳,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 比较被动凝集法(PPA)、酶联免疫吸附法(ELISA)、间接免疫荧光法(IIF)在检测肺炎支原体(*Mycoplasma pneumoniae*, MP)感染时的差异性与一致性,探讨如何更好的进行方法间的组合与利用,为临床诊断的思路提供方案和依据。

**方法** 收集疑似 MP 感染的患者血清,采用 PPA、ELISA、IIF 等三种血清学方法检测 MP 抗体,采用统计学的方法对检验结果的差异性与一致性进行分析。

**结果** 三种方法间的比较均存在统计学差异( $P<0.05$ ),三种方法的一致性均不好,其中 PPA 与 ELISA 法的一致性相对其他两组较好。

**结论** PPA 与 ELISA 法联合检测可提高肺炎支原体病原体诊断的速度及敏感性,为临床及时准确的诊断提供依据。

## PU-4237

## 血清同型半胱氨酸在临床相关疾病中的研究进展

吴秋月,杜月娟

大庆龙南医院检验科

**目的** 血清同型半胱氨酸是一种新兴的脑血管疾病的危险因素,许多研究表明同型半胱氨酸是脑血管疾病尤其是脑梗死独立的危险因素。

**方法** 同型半胱氨酸在高血压

**结果** 同型半胱氨酸在高血压、妊娠期糖尿病、糖尿病肾病、慢性肾脏病及其他疾病的潜在临床价值也有待进一步研究探讨。

**结论** 进一步研究探讨

## PU-4238

## 基于纤维化标志物血清学水平的新 HATCH 评分的参数模型的建立及对房颤射频消融术后复发的预测价值研究

林贵州,黄山

贵州省临床检验中心

**目的** 通过探讨房颤的发生和房颤射频消融术对患者纤维化标志物血清学水平的影响,建立基于纤维化标志物血清学水平的新 HATCH 评分的评分参数模型,并对房颤射频消融术后复发的预测价值进行评价。

**方法** 检测正常对照组和病例组转化生长因子  $\beta 1$  (Transforming Growth Factor beta 1, TGF- $\beta 1$ )、I 型胶原羧基端肽 (ICTP)、III 型前胶原氨基端肽 (Precollagen type III, P IIIIP N-P)、透明质酸 (Hyaluronic Acid, HA)、层粘连蛋白 (Laminin, LN) 等主要的纤维化标志物的血清水平,计算 HATCH 评分分值并将其与各纤维化相关标志物的血清水平进行相关性回归分析,以 TGF- $\beta 1$ 、ICTP、P IIIIP N-P、HA、LN 指标为自变量建立新 HATCH 评分参数模型并进行验证。

**结果** 以多重线性回归分析建立回归方程： $HATCH \text{ 评分} = 0.026TGF-\beta 1 + 0.013 I CTP - 0.054HA - 0.028LN - 0.032PIIP N - P - 0.674$ ，HATCH 评分在各基因型间的差异具有统计学意义。

**结论** 新 HATCH 评分可用来预测房颤射频消融术后的复发。

#### PU-4239

### 不同性状痰标本对抗酸菌涂片及 MGIT960 液体培养结果影响分析

许鑫鑫, 闫朋  
黑龙江省传染病防治院

**目的** 探讨不同性状痰标本对抗酸菌涂片及 MGIT960 液体培养结果的影响。

**方法** 收集临床 1077 例肺结核患者的痰标本，根据痰标本外观性状，将其分为干酪痰、血痰、黏液痰和唾液四组，记录四组痰标本涂片及 MGIT960 液体培养结果，应用  $\chi^2$  检验，比较不同性状痰标本涂片及培养结果的差异，以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 1077 例肺结核患者标本，干酪痰 213 例、血痰 32 例、粘液痰 814 例、唾液 18 例，涂片阳性例数分别为 161 例、18 例、272 例、4 例；阳性率分别为 75.59%、56.25%、33.42%、22.22%；MGIT960 液体培养阳性例数分别为 171 例、18 例、389 例、7 例，阳性率分别为 80.28%、56.25%、47.79%、38.89%。应用  $\chi^2$  检验，涂片  $\chi^2 = 128.82$ ，培养  $\chi^2 = 73.66$  均  $P < 0.05$ ，差异有统计学意义。

**结论** 痰标本的外观性状及质量好坏直接影响涂片、MGIT960 液体培养的阳性检出率。病人在医生指导下，采取正确的方法留取合格标本，是实验室检查的保障。

#### PU-4240

### 标本采集量对凝血结果影响出现的系统误差为临床不可接受的临界点研究

杜建明, 陈琳, 王学斌, 郝天魁  
哈尔滨市红十字中心医院, 150000

**目的** 标本采集量对凝血结果影响出现的系统误差 (SE) 为临床不可接受的临界点的探讨。

**方法** 根据抗凝剂 (109mmol/L) 和血液的比例采集血液：A (9:1)、B (6.7:1)、C (6:1)、D (5:1) 4 组，分别测定凝血酶原时间的国际标准化值 (INR)、活化部分凝血活酶时间 (APTT)、纤维蛋白原 (FIB) 含量。

**结果** 与标准组比较，B 组、D 组 INR、APTT、FIB 有显著差异 ( $P < 0.05$ )，C 组 INR 有显著差异 ( $P < 0.05$ )，APTT、FIB 无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 凝血标本采集量减少可对检验结果造成影响，根据临床使用要求，以总允许误差 (TEa) 的 1/2 为评价标准，即系统误差 (SE)  $< 1/2$  总允许误差 (TEa)，认为系统误差 (SE) 属于可接受水平，得出 1.8ml 血液 (血量：枸橼酸钠=6:1) 为出现系统误差 (SE) 不可接受的临界点。

## PU-4241

**TB-IGRA 在诊断结核感染中的应用分析**

林光华,张晓琍,陈思妍,周建林,曹颖平,张辉  
福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 研究  $\gamma$ -干扰素释放试验 (TB-IGRA) 与传统检测方法在临床诊断结核分枝杆菌感染的应用价值。

**方法** 对我院 1127 例受检者的 TB-IGRA 试验与痰涂片找抗酸杆菌,血清检测结核抗体,结核菌 DNA 检测结果进行回顾性比较分析。并分析 1127 例受检者的人群年龄分布情况。

**结果** 1127 例受检者分为结核组和非结核组, TB-IGRA 灵敏度 74.7%, 特异度 79.9%, ROC 曲线下面积 0.821。497 例 TB-IGRA 与痰涂片找抗酸杆菌比较, 灵敏度分别为 77.4%与 9.3%, 特异度分别为 92.3%和 99%。721 例 TB-IGRA 与血清检测结核抗体比较, 灵敏度分别为 75.4%和 32%, 特异度分别为 95.1%和 78.3%。191 例 TB-IGRA 和痰结核菌 DNA 比较, 灵敏度分别为 77.1%和 27.1%, 特异度分别为 92.1%和 97.4%。老年人人群结核分枝杆菌感染率高于年轻人群。

**结论** TB-IGRA 作为临床诊断结核分枝杆菌感染的辅助诊断方法之一, 相比痰涂片找抗酸杆菌, 血清检测结核抗体, 结核菌 DNA 检测等方法, 有更高的灵敏度和特异性。老年人结核分枝杆菌感染率较高, TB-IGRA 作为筛查手段可助于结核病的诊断及预防。TB-IGRA 对于鉴别现症病人还是既往感染人群的能力较差。

## PU-4242

**妊娠期甲状腺疾病**

陈琳,王君龙,苗岩,李卓  
哈尔滨市红十字中心医院,150000

**目的** 目前国内外研究表明, 当妊娠期合并甲状腺疾病时, 发生早产、流产、死胎等风险会大大增加

**方法** 近 10 年来内分泌学界和围产医学界研究的热点

**结果** 本文简要综述妊娠期甲状腺疾病的研究现状与诊断

**结论** 本文简要综述妊娠期甲状腺疾病的研究现状与诊断

## PU-4243

**尿蛋白定性与定量检测结果的相关性和可比性分析研究**

杜建明,陈琳,张艳影,吴艳娜  
哈尔滨市红十字中心医院,150000

**目的** 对尿液干化学法及和免疫比浊法检测尿蛋白的结果进行相关性和可比性分析, 为临床解释尿蛋白定性检测结果提供依据。

**方法** 对 500 例住院患者晨尿标本用尿液干化学法和免疫比浊法检测尿蛋白, 并对其用酶比色法检测尿肌酐。

**结果** 尿蛋白干化学定性与尿微量白蛋白/肌酐 (ACR) 之间呈正相关, 相关系数  $r=0.823$ ,  $p<0.05$ 。尿蛋白干化学法阴性 (-) 的患者 80.2%为正常蛋白尿 ( $ACR<30mg/g$ ), 尿蛋白干化学法微量 ( $\pm$ ) 的患者 62.4%为正常蛋白尿, 尿蛋白干化学法 (+) 的患者 96.7%轻度或重度蛋白尿

( $ACR \geq 30\text{mg/g}$ )，尿蛋白干化学法(++)的患者 99.4%为轻度或重度蛋白尿，尿蛋白干化学法(+++)的患者 98.2%为轻度或重度蛋白尿。

**结论** 尿蛋白干化学定性和定量检测结果有显著差异性( $p < 0.05$ )，定性检测结果为微量( $\pm$ )时更为显著，应结合临床进行尿蛋白定量检测。

## PU-4244

### 血小板假性减少增多原因分析及对策

杜志婷

哈尔滨市红十字中心医院,150000

**目的** 血液分析仪的简便，快捷，高效率，高重复性的特点使得血常规检查在临床诊断中越来越发挥出极其重要的作用，但是在实际操作中，血小板检测结果的不稳定也是比较突出的一个问题。常常会出现假性减少、假性增多的现象。

**方法** 浅析在工作中遇到的影响血小板检测的因素

**结果** 血小板计数对某些疾病有重要的参考价值，了解这些因素后，在操作中就可以做到心中有数，有的放矢

**结论** 遇到有问题的标本、有问题的结果，就要认真分析，仔细研究。保证检验质量为临床发一份准确可靠的报告。

## PU-4245

### 嗜酸性粒细胞结果假阴性 5 例

王丹,张丽霞

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 全血细胞自动分析仪在近几十年来已被广泛应用，仪器的自动化、结果的快速准确已成为血常规检测中不可或缺的一部分。但是近期在 Sysmex XN 流水线的使用中发现 5 例嗜酸性粒细胞结果假阴性的案例，现报道分析如下。

**方法 1 临床资料**

血常规结果 患者 1：男性，42 岁，甲状腺结节就诊，血常规初次检测：白细胞计数  $9.5 \times 10^9/L$ ，NE%：65.6%，EO%：0.0%，仪器未提示报警。患者在本院血常规历史记录显示其外周血 EO%一直处于较高水平，且散点图 EO 区域出现散点但颜色与 NE 散点相同，用 Sysmex XE-2100 复查后 NE%：32.9%，EO%：32.9%，血涂片镜检 EO 多见。

**WDF 通道散点图**

仪器白细胞散点图显示：5 例散点图皆有以下特点，EO 区域与 NE 区域颜色相同，EO 被错归为 NE。

**外周血涂片**

5 例患者的外周血涂片都可见破碎的嗜酸性粒细胞（EO），破碎的 EO 占比为患者 1：46.3%（25/54）；患者 2：40.5%（17/42）；患者 3：16.7%（2/12）；患者 4：42.9%（15/34）；患者 5：33.3%（6/18）。

**结论 2 讨论**

白细胞散点图是根据流式细胞计数法和其它生物粒子的物理和化学性质进行描画出的二维散点图。仪器对前向散射光（FSC）进行检测，提供有关血液细胞体积大小的信息；同时对侧向散射光（SSC）进行检测，提供细胞内部（如细胞核、颗粒）的信息。

散点图中，横坐标 SSC 轴，代表侧向散射光的信号强度，纵坐标 SFL 轴，代表侧向荧光的信号强度，利用侧向散射光 SSC 和荧光 SFL 将白细胞分成五类：NE、MO、LY、EO、BA。因为 SCC

值可以提供细胞内颗粒的信息,EO 的颗粒粗大,NE 的颗粒细小,而且溶血素中加入了有机酸,与 EO 内的碱性蛋白粘附,使得 EO 颗粒的复杂程度增加,在 SCC 显示的复杂程度最大,所以前者的 SCC 值较 NE 大,在本案例中患者的外周血涂片中可见较多破碎的 EO,推测是细胞破碎、颗粒丢失导致 EO 的 SCC 值变小,与 NE 未分开。也有文献指出或可与仪器电脑分析软件有关。

#### PU-4246

### 黑龙江地区 1000 例羊水染色体分析

李卓,陈琳

哈尔滨红十字中心医院

**目的** 通过对 1000 例有介入性产前诊断指征的患者进行羊水染色体核型分析,了解羊水穿刺检查与染色体核型异常的检出率的关联。

**方法** 染色体制备 取羊水 20 毫升,37℃,5%CO<sub>2</sub> 环境下进行羊水细胞培养 7-10 天,胰酶消化法收集细胞,常规制片及 G 显带。显微镜下计数 30 个中期分裂相,分析 5 个分裂相。有嵌合者增加计数。根据人类细胞遗传学国际命名体制 (ISCN2005) 对染色体异常及变异进行命名。

**结果** 染色体制备 取羊水 20 毫升,37℃,5%CO<sub>2</sub> 环境下进行羊水细胞培养 7-10 天,胰酶消化法收集细胞,常规制片及 G 显带。显微镜下计数 30 个中期分裂相,分析 5 个分裂相。有嵌合者增加计数。根据人类细胞遗传学国际命名体制 (ISCN2005) 对染色体异常及变异进行命名。

**结论** 染色体异常是导致反复性流产、死胎、畸形等的重要原因之一。羊水染色体检测,可以早期发现平衡异位、臂间倒位等染色体异常携带者,减少染色体异常患儿的出生,降低出生缺陷率,优生优育。

#### PU-4247

### 人血浆脂蛋白磷脂酶 A2 (Lp-PLA2)和 心血管疾病的关系

赵莉

山东省千佛山医院,250000

**目的** Lp-PLA2 作为一个心血管疾病的标志物在传统危险标志物的基础上提供了新的信息

**方法** 免疫金标法

**结果** 动脉硬化患者 LPA2 明显高于正常者

**结论** 目前脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lipoprotein-Associated Phospholipase A2, Lp-PLA2)已被国际专家公认为一种新的炎症反应标志物

#### PU-4248

### 血脂及 HCY 在心血管疾病中的表现

袁国明

哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 探讨分析冠心病新危险因子状况。

**方法** 从 2014 年 1 月至 2015 年 4 月期间我院接受治疗的冠心病患者中随机选取 200 例作为本研究病例对象,将所选 200 例患者划分到研究组,同时再选取同时期到我院体检健康者 60 例作为对照

组,回顾分析患者临床资料,总结冠心病新危险因素。并将研究组患者分 ACS 患者、SAP 患者进行总结。

**结果** 比较两组研究对象血尿酸、血清脂蛋白、血清同型半胱氨酸、载脂蛋白 B、载脂蛋白、低密度脂蛋白胆固醇、高密度脂蛋白胆固醇、甘油三酯等指数,组间数据有统计学意义 ( $P<0.05$ )。比较 ACS 患者、SAP 患者之间血尿酸、血清同型半胱氨酸、载脂蛋白 B、低密度脂蛋白胆固醇、甘油三酯等指数,组间数据有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** UA、LDL-C、Lp (a)、HCY 等均属于冠心病疾病新危险性因子,HCY 属于此疾病独立性危险因素,影响最大的为 LDL-C,早期测定此类指标,对疾病治疗和预测有积极作用。

## PU-4249

### 纤维化标志物及 TGF- $\beta$ 1 基因 单核苷酸多态性 (SNP) 与房颤相关性的研究进展

周信忠,冯勤颖,黄山  
贵州省临床检验中心

**目的** 房颤 (atrial fibrillation, AF), 是一种最为常见的快速性心律失常类型, 房颤的发病机制极其复杂, 是心律失常领域尚未攻克的顽固性疾病。

**方法** 纤维化标志物是细胞外基质沉积或降解后释放到外周血中的基质成分或降解产物, 如转化生长因子  $\beta$ 1 (transforming growth factor beta 1, TGF- $\beta$ 1)、一型胶原羧基末端肽 (C-Telopeptide of Type I Collagen, I CTP)、三型前胶原氨基末端肽 (Collagen Type III N-Peptide, P III P N-P)、透明质酸 (Hyaluronic Acid, HA)、层粘连蛋白 (Laminin, LN)、四型胶原等, 是房颤发生、发展和维持的结构基础, 与房颤的发生发展息息相关。

**结果** TGF- $\beta$ 1 基因型和 TGF- $\beta$ 1 血浆浓度存在相关性, 其位点有 TGF- $\beta$ 1 -800G/A、TGF- $\beta$ 1 -509C/T, 同时检测 TGF- $\beta$ 1 基因-800G/A 和-509C/T 位点的有着重要的临床意义, TGF- $\beta$ 1 基因-800G/A 和-509C/T 位点存在明显的连锁不平衡。

**结论** 心肌纤维化作为一种多基因和多因子调控的病理过程, 是房颤发生和维持的结构基础, 其基因多态性和相关因子的研究将有利于我们进一步了解房颤发生发展的危险因素, 为临床对房颤的诊断及治疗提供理论依据。

## PU-4250

### 用于检测 HbA1c 的界面电子转移传感器的构建

冯雪晴,居漪  
上海市临床检验中心

**目的** 本研究采用可识别 HbA1c 和血红蛋白 (Hb) 的适配体, 利用纳米材料实现适配体的装载和目标蛋白的分离富集, 构建一种双通道传感方法, 通过探测电流的变化, 检测受体和配体分子之间的相互结合作用。

**方法** 本研究设计并筛选出可特异性结合糖化血红蛋白 (HbA1c) 和血红蛋白 (Hb) 目标蛋白的适配体, 利用金-硫键锚定于金层包裹的  $\text{Fe}_3\text{O}_4$  纳米颗粒表面, 通过磁分离实现血清样本中的 HbA1c 的 Hb 富集与分离。将 HbA1c 和 Hb 适配体与电化学信号分子二茂铁进行共价连接, 通过金-硫键吸附于丝网印刷电极表面, 得到一种新型的双通道电化学传感器, 使用该传感器可同时实现纯化后蛋白样本中的 HbA1c 和 Hb 灵敏检测。

**结果** 本文构建的基于界面电子转移的传感平台, 该传感平台具有优良的稳定性, 特异性及稳固性, 利用这一平台, 实现对 HbA1c 和血红蛋白 (Hb) 和其 aptamer 之间结合力的测定, 通过数据拟合分析得到 HbA1c 的解离常数(Kd):  $6.62 \pm 1.24 \mu\text{g/ml}$ 。Hb 解离常数(Kd):  $6.62 \pm 1.24 \mu\text{g/ml}$ 。

**结论** 本文构建的基于界面电子转移速率变化的传感平台是基于 aptamer 进行的, 通过改变 aptamer 序列, 可以实现对其他蛋白质或者小分子的分析, 具有很好的普适性。为分析受体和配体分子之间的相互结合作用具有很好的指导意义, 为糖尿病个性化监测提供新的研究思路与技术方法。

## PU-4251

### 血培养单瓶凝固酶阴性葡萄球菌的意义探讨

伊茂礼

烟台毓璜顶医院, 264000

**目的** 通过分析烟台毓璜顶医院双侧采血单阳的 48 例患者的各种感染相关因素和炎症指标, 制定血培养单瓶生长凝固酶阴性葡萄球菌 (CNS) 分析策略, 为临床提供更加可靠的实验结果。

**方法** 对该医院 2016 年 9 月至 2017 年 3 月 48 例双侧采血单阳患者的采血时间、抗生素使用情况、抗生素使用后转归、血培养报阳时间、CRP、PCT、IL-6 等采用各感染和血培养结果的关系制定积分策略, 探寻积分和真阳性的关系。

**结果** 48 例双侧采血单阳患者的采血体温, 白细胞数升高, PCT 值升高, CRP 值升高, IL-6 值升高, 导管相关感染及报阳时间积分值与血培养结果真阳性成正比。

**结论** CNS 污染率较高, 护士采血培养标本时, 应尽可能的减少污染; 血中分离出 CNS 时应综合临床检查及实验室检查进行分析, 做出正确判断后, 再考虑用药, 避免滥用抗生素。

## PU-4252

### 肿瘤特异性生长因子初筛肿瘤的实际应用价值

潘宇

哈尔滨市第一医院, 150000

**目的** 探讨恶性肿瘤特异性生长因子 (TSGF) 检测在健康人群体检中的应用价值

**方法** 将我院 2014 年 3 月-2014 年 9 月住院的 60 例恶性肿瘤患者设为观察组 将 140 例同期健康体检者设为对照组 采用生物试剂盒检测法两组血清中的水平

**结果** 观察组 TSGF 血清中的含量异常与恶性肿瘤关系密切, 可以用于恶性肿瘤的早起筛查。

**结论** 观察组 TSGF 血清中的含量异常与恶性肿瘤关系密切, 可以用于恶性肿瘤的早起筛查。

## PU-4253

### 尿红细胞位相的检测及临床应用

崔晓凤

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 使用超高倍显微镜系统人工对尿沉渣进行红细胞形态分析, 提供给临床测量数据, 以便临床对相应的病人进行病情监测。

**方法** 尿红细胞位相检查是利用超高倍显微镜系统在镜下利用形态学人工对尿液中的红细胞形态分析的一种方法。一般认为, 正常人尿中有红细胞者约 4%, 其中红细胞数  $0.5 \sim 5.0 \times 10^{12}/\text{ml}$ , 多为正

常红细胞。如尿中发现畸形红细胞（其大小、形态呈多形性，血红蛋白含量异常）占 75%以上，且红细胞数 $\geq 800\text{ml}$ 者，可诊断为肾小球性血尿，为提高超高倍显微镜鉴别血尿诊断价值的临床应用，我们对 50 例不同来源的血尿进行超高倍显微镜镜检分析。

**结果** 28 例肾小球性血尿中，多形性红细胞阳性率 80%（22/28），混合性阳性率 20%（6/28）；22 例非肾小球性血尿中均一性阳性率 85%（19/22），混合性阳性率 15%（3/22）。

**结论** 综上所述，尿红细胞位相检查可根据尿液中红细胞形态（均一性、非均一性、混合性）判定血尿的来源，有助于某些疾病的鉴别诊断。一般均一性血尿病变部位在膀胱、尿道，非均一性血尿病变部位在肾脏，混合性血尿提示病变涉及整个泌尿生殖系统。

## PU-4254

### 急性脑梗死患者血液流变、超敏 C-反应蛋白及血脂水平变化分析

李明芬

哈尔滨市第二医院,150000

**目的** 通过对急性脑梗死患者的血液流变、超敏 C-反应蛋白及血脂的结果观察，探讨这几项检测指标与急性脑梗死的相关性。

**方法** 对 53 例急性脑梗死患者和 56 例对照者血液流变、超敏 C-反应蛋白及血脂进行检测比较。

**结果** 急性脑梗死组中全血粘度、红细胞比容、血沉、超敏 C-反应蛋白及血脂均高于对照组，二者之间差异有显著性（ $P<0.01$ ）。

**结论** 与正常组健康者相比急性脑梗死发作时血液流变、超敏 C-反应蛋白及血脂水平升高，其超敏 C-反应蛋白可作为判断脑梗死预后的一个灵敏指标，而且急性脑梗死患者全血粘度、红细胞比容、超敏 C-反应蛋白及胆固醇水平呈正相关。

## PU-4255

### 肿瘤睾丸相关抗原 LDH-C4 在鼻咽癌中的表达及其功能研究

崔兆磊,罗晓莉,陈燕

福建省肿瘤医院,350000

**目的** 研究乳酸脱氢酶 C4（LDH-C4）在鼻咽癌中的表达及其临床意义，明确 LDHC 基因在 CNE2 鼻咽癌细胞中引起的细胞生物学特性改变，初步探讨 LDH-C4 相关分子机制。

**方法** 通过免疫组化方法检测 LDH-C4 在 129 例高通量鼻咽癌组织芯片中的表达水平，通过慢病毒载体将外源性 LDHC 基因导入单克隆的 CNE2 鼻咽癌细胞中，并用荧光显微镜和 qPCR 共同筛选出单克隆表达的细胞株用于后续细胞学实验。通过 CCK-8 比色、划痕修复实验、Transwell 小室、平板克隆形成等，研究上调 LDH-C4 表达后，CNE2 鼻咽癌细胞体外增殖、迁移、侵袭、克隆形成能力的改变，通过 Western blot 检测 AKT/mTOR 信号转导通路相关蛋白的改变，明确 LDH-C4 对该信号转导通路的影响。

**结果** 129 例高通量鼻咽癌组织芯片结果显示：LDH-C4 主要表达于鼻咽癌细胞的细胞质中，阳性率为 88.4%（114/129），通过相关性分析结果，我们认为 LDH-C4 的表达高低与鼻咽癌的临床分期、颈部淋巴结转移（ $P<0.05$ ）成正相关；Kaplan-Meier 生存结果表明，LDH-C4 低水平患者预后明显优于高水平患者（ $P<0.05$ ）；COX 风险回归分析表明，LDH-C4 高表达和鼻咽癌患者不良预后相关（ $P<0.05$ ）。体外实验显示 LDH-C4 过表达增强了 CNE2 鼻咽癌细胞的增殖、侵袭和迁移能力；LDH-C4 过表达可激活 AKT/mTOR 信号通路。



**结论** LDH-C4 可作为鼻咽癌预后判断的分子标记。上调 LDH-C4 的表达,可增强 CNE2 细胞体外增殖、侵袭及转移能力。LDH-C4 可能通过激活 AKT/mTOR 信号通路促进鼻咽癌侵袭转移。

#### PU-4256

### 甲状腺癌患者血清中 TSGF 和 Tg 联合检测的临床价值

巩玉梅, 张楠  
双鸭山双矿医院

**目的** 检测甲状腺癌患者血清中肿瘤特异性生长因子(TSGF)和甲状腺球蛋白(Tg)的临床价值,探讨其联合检测的意义。

**方法** 选择 135 例甲状腺癌患者的血清标本作为观察组,选取 80 例结节性甲状腺肿患者的血清标本为对照组,另外选取 80 例健康体检者的成人血清标本作为健康对照组,检测三组的 TSGF 和 Tg 表达水平。

**结果** TSGF+Tg 的灵敏度高于两者单独检测的灵敏度。观察组中 TSGF 和 Tg 的表达呈正相关( $P < 0.05$ )。

**结论** TSGF 和 Tg 在甲状腺癌患者血清中表达增高,在甲状腺癌发生、发展中具有重要作用,联合检测两者对早期诊断及指导治疗有一定的价值。

#### PU-4257

### 2015-2017 年院内获得性鲍曼不动杆菌的临床分布及耐药性分析

巩玉梅, 张楠  
双鸭山双矿医院

**目的** 了解本院临床分离的 284 株院内获得性鲍曼不动杆菌的分布情况及其耐药性特点。

**方法** 收集本院 2015 年 1 月至 2017 年 12 月间住院患者送检的各种临床标本,应用 MicroScan WalkAway40 全自动细菌鉴定仪对分离的病原菌进行鉴定,并按照 CLSI 标准用 K-B 法对分离的 284 株鲍曼不动杆菌进行药物敏感性试验。利用 WHONET5.6 软件统计分析鲍曼不动杆菌的临床分布及对 16 种常用抗菌药物的耐药特点。

**结果** 鲍曼不动杆菌在送检标本中主要来源于痰标本(78.9%),ICU 的分离率最高(24.6%)。耐药性分析显示,鲍曼不动杆菌对氨曲南、氯霉素及头孢菌素类具有高耐药率。米诺环素的耐药率最低为 20.4%,头孢哌酮/舒巴坦为 24.8%。

**结论** 本院鲍曼不动杆菌耐药情况较严重,需引起临床医生的重视,并根据耐药性分析结果合理使用抗菌药物,控制多重耐药菌株的产生和传播。

#### PU-4258

### 艾滋病的机会性感染

王丹, 岳治国  
黑龙江省传染病防治院

**目的** 2018 年是艾滋病传入中国的第 33 个年头,中国 AIDS 的发病人数增长较快,感染人数已位居亚洲第 2 位。新型隐球菌脑膜炎(CNM)是 AIDS 常见的机会感染,感染率可以高达 30%,也是 AIDS 患者就诊,死亡的重要原因

**方法** 今年 4 月份, 我们科室就接诊过一例艾滋病合并新型隐球菌脑膜炎的患者。

**结果** 患者, 男性, 23 岁, 近一个月来无明显诱因出现间断发热, 体温多在 38℃ 左右, 发病初给以抗感冒治疗, 无明显好转, 遂到哈医大一院就诊。肺 CT 考虑“肺内炎症”。于家中自行抗炎对症, 疗效不理想。2.10 病人因出现头痛伴抽搐, 意识不清, 又到哈医大一院就诊。

**结论** 住院后行相关检查后考虑“隐球菌脑膜炎”、AIDS、肺内感染, 给以相应治疗, 病情好转。但病人仍间断发热, 咳嗽, 今复拍肺 CT 考虑“肺结核”, 故转来我院。4 年前曾在哈尔滨市疾控中心确诊为“AIDS”, 仅行抗病毒治疗一个月。4.24 来我门诊复查脑脊液常规, 发现新型隐球菌。

## PU-4259

### 乳酸脱氢酶 C4 在乳腺癌中的表达及临床意义

崔兆磊, 张抒戎, 陈岩松, 陈燕  
福建省肿瘤医院, 350000

**目的** 检测 LDH-C4 在乳腺癌中的表达, 明确其表达阳性率, 分析 LDH-C4 表达与乳腺癌临床病理特征和预后的关系。

**方法** 基于高通量乳腺癌组织芯片 HBre-Duc140Su02, 通过免疫组化技术检测 LDH-C4 蛋白在乳腺癌细胞中的表达水平。基于 HBreD145Su02 高通量组织芯片已建立的临床资料和随访数据库, 分析 LDH-C4 表达与肿瘤组织分化程度、淋巴结转移、肿瘤大小、临床分期等临床病理特征的关系, 应用 Kaplan-Meier 法绘制生存曲线, 估计生存率, 分析 LDH-C4 表达与乳腺癌预后的关系。采用 COX 比例风险模型进行多因素风险分析。

**结果** LDH-C4 在乳腺癌细胞中的表达率为 91.5%, 其阳性表达与患者年龄、肿瘤大小、临床分期、病理分级、淋巴结是否转移均无关 ( $P$  均  $>0.05$ ), LDH-C4 阳性患者的十年生存率显著低于 LDH-C4 阴性表达患者 ( $P < 0.05$ )。

**结论** LDH-C4 表达与乳腺癌预后相关, 可作为乳腺癌预后判断的一项重要指标。

## PU-4260

### 降钙素原检测在肺结核合并肺感染人群中的应用

岳治国, 刘淑芬, 王冰冰  
黑龙江省第四医院黑龙江省结核病防治院, 150000

**目的** 探讨肺结核合并肺感染病人应用降钙素原 (PCT) 检测和血液分析中白细胞计数两者的对比分析, 以揭示降钙素原检测的应用价值。

**方法** 研究对象为我院 2018 年 1 月至 6 月住院患者 85 人, 其中男 51 人、女 34 人, 年龄 8-69 岁。经痰结核菌培养和影像学等检查确诊为肺结核合并肺感染的病例。同时作血清降钙素原检测和血液分析检测, 结果进行比较分析。

**结果** 白细胞总数高于正常的为 16 例占 18.8% (16/85)、降钙素原检测高于正常的为 33 例占 38.8% (33/85)。二者有显著差异。

**结论** 降钙素原检测在肺结核合并肺感染患者中的灵敏度优于血液分析。

## PU-4261

## Establishment of multiple myeloma diagnostic model based on Logistic regression in clinical laboratory

Ruifang Cui<sup>1,2</sup>, Shunli Zhang<sup>1</sup>, Qingtao Wang<sup>1</sup>

1.Beijing Chaoyang hospital, Capital Medical University

2.Heping Hospital Affiliated to Changzhi Medical College

**Objective** This study aimed to establish a simple and non-invasive test model to diagnose MM by analyzing the serological routine laboratory tests of participants with and without MM.

**Methods** A total of 273 newly diagnosed MM inpatients and 288 non-MM participants were enrolled from January 2016 to December 2018 in Beijing Chaoyang hospital, Capital Medical University. The study population were divided into modeling set and validation set. The results of routine blood examination and clinical biochemistry testing were obtained. Univariate analysis was performed between the two groups, and then multivariate logistic regression analyses were used to identify independent risk factors of MM by modeling data. Receiver operating characteristic (ROC) curves were performed to evaluate the diagnostic value of the clinical diagnostic test model. Discrimination accuracy of the model was assessed in a separate validation set of 113 MM and 104 non-MM controls. Nonparametric correlation analysis was used to assess the relationship between GAH index and Durie-Salmon clinical staging severity.

**Results** In 273 eligible MM patients, 144 [60, (53-67)] were male, and 129 [61, (55-67)] were female. Except for age and gender, the chosen tests had significant difference between the two groups (all  $P < 0.05$ ). Multivariate logistic regression analysis indicated that globulin (GLB), albumin (ALB), and hemoglobin (Hb) were independently correlated with MM, and these three parameters were then used to establish the MM diagnostic model. A diagnostic model was calculated by the formula  $\times 100\%$  based on the screened risk factors. The GAH index of MM [1.279 (0.773 - 2.804)] was significant higher than that of non-MM [0.460 (0.421 - 0.509)] in the modeling set. Compared to GLB, ALB and Hb, GAH index showed an excellent diagnostic performance, and its corresponding sensitivity, specificity, and the area under the ROC curve (AUC) were 87.6%, 96.7%, and 0.927, respectively. The ROC analysis confirmed that our diagnostic model of GAH index could distinguish MM patients from non-MM controls. At a diagnostic risk threshold of 0.598 or higher, the model identified MM with a positive predictive value of 97.6% by using the validation data. There was a significant positive correlation ( $r=0.706$ ,  $P < 0.05$ ) between the DS grades and the GAH index among all the participants.

**Conclusions** The established diagnostic model that combined multiple tests showed a potential clinical application value in differentiating primary MM from healthy controls and provided reliable evidence supporting the feasibility of non-invasive diagnosis of MM. The diagnostic model of GAH index may also act as a predictor of the severity of MM without therapy. Prospective validation studies are needed to confirm diagnostic accuracy.

## PU-4262

## Lactate Dehydrogenase C4 is associated with breast cancer prognosis and affects cancer cell proliferation and invasion

Zhaolei Cui, Yan Chen  
Fujian Cancer Hospital

**Objective** Human lactate dehydrogenase C4 (LDH-C4) is a known cancer/testis antigen (CTA). Nevertheless, its clinical effects and molecular role remains unclear in breast cancer (BC).

**Methods** Expression of LDH-C4 in BC tissue, paired adjacent normal tissue, and cell lines were quantified by qRT-PCR, western blotting and immunohistochemistry. Additionally, we assessed the clinical and prognostic significance of LDH-C4 in BC by Kaplan-Meier method. Cell proliferation, migration and invasion, and cell apoptosis were measured by means of a cell counting kit-8, clone forming, Transwell assay, and TUMMEL, respectively.

**Results** Expression levels of LDH-C4 were markedly upregulated in BC cells and tumor tissues but not expressed in normal BC tissue. Furthermore, survival showed that high LDH-C4 expression conferred reduced survival rates ( $P < 0.05$ ). Functional analyses revealed that LDH-C4 overexpression and down-regulation attenuated cell proliferation, invasion, and migration as well as energy metabolism in BC cells. LDH-C4 could affect mTOR activity.

**Conclusions** Expression of LDH-C4 in BC may serve as a potential indicator for poor prognosis. LDH-C4 displays tumor suppressive behavior, warranting future investigations into its therapeutic potential in the treatment of BC.

## PU-4263

### 血浆 D-二聚体水平检测对下肢深静脉血栓 的诊断价值分析

高春波, 闫威  
哈尔滨市第一医院, 150000

**目的** 分析血浆 D-二聚体水平检测在下肢深静脉血栓中的诊断价值。

**方法** 选取所在医院 2016 年 2 月-2016 年 12 月 68 例下肢深静脉血栓患者作为观察组, 同时选取同期 68 例健康体检者作为对照组, 2 组受检者均开展血浆 D-二聚体水平检测, 对检测结果进行分析。

**结果** 观察组血浆 D-二聚体含量 ( $1256.89 \pm 135.83$ ) g/L 显著高于对照组血浆 D-二聚体含量为 ( $172.59 \pm 13.59$ ) g/L, 组间差异明显 ( $P < 0.05$ ); 观察组血浆 D-二聚体水平检测在下肢深静脉血栓诊断中的特异性、敏感性、阳性预期值、阴性预期值分别为 50.0%、100.0%、89.7%、100.0%。

**结论** 血浆 D-二聚体水平检测操作便利, 具有无创性, 能够动态监测患者下肢深静脉血栓形成情况, 可作为下肢深静脉血栓形成的诊断依据。

## PU-4264

### 分子诊断技术在心房颤动中的研究进展

聂杰, 黄山  
贵州省临床检验中心

**目的** 将分子诊断技术应用于 AF 的诊断和治疗

**方法** 全基因组关联研究

**结果** 越来越多的遗传因子被发现与 AF 的发生发展相关联, 分子生物学技术也逐渐在 AF 的诊疗中发挥着作用

**结论** 在今后的基础及临床研究中, 将分子诊断技术应用于 AF 的诊断和治疗, 加快推广分子技术在房颤诊疗中的临床应用, 根据不同的个体将对我国 AF 的诊断、治疗预后甚至预测方面都有着非常重要的意义。

## PU-4265

## ARA55 participates in TGFβ1-induced epithelial-mesenchymal transition in CNE2 nasopharyngeal carcinoma cells by binding with Smad7

Zhaolei Cui, Xiaoqin Xin, Yan Chen  
Fujian Cancer Hospital

**Objective** ARA55 (androgen receptor coactivator 55kDa protein) was first identified as a TGFβ1-inducible protein and function as a molecular scaffold in coordinating protein-protein interactions. Herein, we focused on validating the functional role of ARA55 in TGFβ1-induced epithelial-mesenchymal transition (EMT) in human CNE2 nasopharyngeal carcinoma cells.

**Methods** Expression of ARA55 in the CNE2 cells was stimulated by TGFβ1 (5ng/ml), and a commercial RNA interference plasmid (siRNA-ARA55) was utilized to silence ARA55 expression in response to TGFβ1 induction.

**Results** Our results manifested that forced expression of ARA55 enhances growth as well as migration and invasion of the CNE2 cells. In contrast, cells depleted of ARA55 resulted in suppressed cell proliferation and metastasis capability, along with a down-regulation of N-cadherin and up-regulation of Claudin-1. Further co-immunoprecipitation analysis exhibited that induced ARA55 yields a direct physical interaction with Smad7 in TGFβ1 signaling.

**Conclusions** Our data demonstrate that ARA55 exerts a causative role and functions as a critical regulator in TGFβ1-mediated EMT in CNE2 nasopharyngeal carcinoma cells through binding with Smad7.

## PU-4266

## MTHFR C677T 位点基因多态性在 H 型高血压患者中对叶酸降 HCY 效果的影响

刘丽  
齐齐哈尔市第一医院检验科

**目的** 探讨齐齐哈尔地区不同 MTHFR (C677T) 基因型对叶酸降低同型半胱氨酸 (HCY) 水平的影响, 为早期发现高血压及冠心病危险人群提供新思路。

**方法** 筛选出齐齐哈尔市第一医院在 2017 年 1 月-2017 年 12 月收治的 H 型高血压患者 200 例, 其中有 16 例患者合并冠心病 (CHD), 应用循环酶法检测患者的 HCY, 同时应用 DNA 微阵列芯片技术和 PCR-芯片杂交方法检测 MTHFR (C677T) 基因型。通过给予叶酸 5mg/d, 观察不同基因型患者的治疗情况。

**结果** 1, H 型高血压合并冠心病的患者 HCY 高于单纯性高血压患者。合并 CHD 组血浆 HCY 水平为 (29.3±7.2) μmol/L, 明显高于单纯性高血压组 (22.6±8.4) μmol/L, 高于同期体检中心组 (9.6±4.2) μmol/L, P<0.05。2, 研究组中的单纯性 H 型高血压患者, HCY 水平: TT 基因型>CT 基因型>CC 基因型。分别为 (26.3±10.6) μmol/L、(19.8±9.4) μmol/L 及 (16.4±8.1) μmol/L, 均高于同期体检中心组 (9.6±4.2) μmol/L, P<0.05。3, 给予叶酸 5 mg/d 后, HCY 水平降低为 TT 基因型>CT 基因型和 CC 基因型, 分别为 (19.3±7.2) μmol/L、(17.3±10.6) μmol/L 及 (14.4±6.2) μmol/L, P<0.05。

**结论** 高血压患者不同 MTHFR 基因型血浆 HCY 水平有差异, TT 基因型血清 HCY 水平最高。叶酸可以降低老年高血压患者血浆 HCY 水平, TT 基因型虽降低最多, 但仍然高于 CT 和 CC 型。

## PU-4267

## Mindray SF-Cube technology: an effective way for correcting platelet count of sample occurring EDTA dependent pseudothrombocytopenia

Jiankai Deng<sup>1</sup>, Yaoming Chen<sup>1</sup>, Shihong Zhang<sup>1</sup>, Qiong Shi<sup>1</sup>, Min Liu<sup>1</sup>, Yu Xuegao<sup>1</sup>, Jiankai Deng<sup>1</sup>, Yaoming Chen<sup>1</sup>, Shihong Zhang<sup>1</sup>, Qiong Shi<sup>1</sup>, Min Liu<sup>1</sup>, Yu Xuegao<sup>1</sup>  
1. The First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University  
2. The First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University

**Objective** Brief report of Mindray SF-Cube technology of BC-6800 plus hematology analyzer for correcting platelet count of sample occurring EDTA-PTCP.

**Methods** The EDTA-anticoagulated blood sample with low platelet count of  $28 \times 10^9/L$  due to platelet clumping was re-analyzed directly by the CDR mode of Mindray hematology analyzer to obtain a corrected platelet count. Then a new blood sample anticoagulated with sodium citrate was drawn from the patient to conform EDTA-PTCP and obtain a correct platelet count by Sysmex XN-9000 hematology analyzer.

**Results** Examination of the EDTA-anticoagulated blood by Mindray SF-Cube technology using CDR mode of Mindray BC-6800 plus hematology analyzer showed a normal platelet count with a value of  $180 \times 10^9/L$ , comparable to those obtained with sodium citrate-anticoagulated blood by Sysmex XN-9000 hematology analyzer and microscopic evaluation.

**Conclusions** The Mindray SF-Cube technology of BC-6800 plus hematology analyzer is an easy and effective way for determining the accurate platelet count of sample occurring EDTA-PTCP.

## PU-4268

## 分析胸腹水常规检查中异常细胞及间皮细胞检出率对良恶性肿瘤的诊断价值

王文杰  
黑龙江中医药大学附属二院检验科

**目的** 讨论胸腹水常规检查中异常细胞检出率和间皮细胞对良恶性肿瘤的诊断价值。

**方法** 选取我院 2017 年 1 月-10 月胸腹水常规检查检出异常细胞胸腹水 57 例以及检出间皮细胞  $\geq 15\%$  并经验证为恶性胸腹水细胞 108 例, 对其常规细胞学检查、生化结果、肿标结果及病理、临床诊断资料进行收集统计, 回顾性分析判断其诊断价值。

**结果** 57 例检出异常细胞的胸腹水经病理学、临床诊断验证后为恶性胸腹水的有 43 例, 符合率为 75.44%; 9 例可疑, 占 15.79%; 5 例阴性, 假阳性率 8.77%。检出间皮细胞  $\geq 15\%$  的胸腹水标本共 674 例, 经验证为恶性胸腹水 108 例, 占 16%, 按照间皮细胞分类计数进行分层统计分析, 观察间皮细胞分类计数对恶性积液的提示作用, 本文显示间皮细胞  $\geq 15\%$  时, 异常细胞检出率与间皮细胞分类计数无直接相关性。

**结论** 检出异常细胞和间皮细胞均提示具有存在恶性肿瘤的可能, 但异常细胞检出率与间皮细胞分类计数无直接相关性。胸腹水常规检查中异常细胞和间皮细胞检出率对良恶性肿瘤具有重要诊断价值。

## PU-4269

## Diagnostic potential for circular RNAs in gastric carcinoma: A meta-analysis

Yingfeng Lin, Yan Chen, Zhaolei Cui  
Fujian Cancer Hospital

**Objective** Circular RNAs (circRNAs) are potential, novel biomarkers for the early diagnosis of gastric carcinoma. Herein, a meta-analysis was conducted to assess the diagnostic potential for circRNAs in gastric carcinoma.

**Methods** Online databases were searched for eligible studies. Study quality was judged using the Quality Assessment for Studies of Diagnostic Accuracy (QUADAS) checklist-II tool. STATA 12.0 and Meta-Disc 1.4 software were used for statistical analysis.

**Results** Twelve studies consisting of 1278 patients and 1250 paired controls were considered for meta-analysis. The pooled sensitivity and specificity of circRNAs for gastric carcinoma was compared to normal controls and found to be 0.68 (95%CI: 0.66 - 0.71) and 0.70 (95%CI: 0.68 - 0.73), respectively. A corresponding area under the receiver operating characteristic curve of 0.78 was identified. Moreover, stratified analysis demonstrated an improved diagnostic value for circRNAs when tissue and plasma specimens were combined.

**Conclusions** This meta-analysis demonstrates that circRNAs are promising biomarkers for gastric carcinoma.

## PU-4270

## 高血脂患者乳糜血对血常规指标的影响分析

雷敏  
哈尔滨市第五医院, 150000

**目的** 高血脂是指血脂水平过高, 可直接引起一些严重危害人体健康的疾病, 如动脉粥样硬化、冠心病、胰腺炎等, 严重威胁着患者的健康。本文探讨高血脂患者乳糜血对血常规指标的影响分析。

**方法** 选取我院 2016 年 12 月至 2017 年 12 月收治的高血脂乳糜血患者 30 例作为研究组, 将同期进行健康体检且体检结果为健康的 30 例作为对照组, 对比两组的血常规指标的检查结果。

**结果** : 研究组患者的血常规检测指标中白细胞计数 (WBC)、血小板计数 (PLT)、平均血小板体积 (MPV)、血红蛋白 (Hb)、平均血红蛋白量 (MCH)、平均血红蛋白浓度 (MCHC) 检测结果均比对照组高, 有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 而红细胞计数 (RBC)、红细胞压积 (MCV)、平均红细胞体积 (HCT) 检测指标两组无明显差异, 无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** : 高血脂患者乳糜血对血常规检测的各项指标存在显著的影响, 因此在进行血常规检测时应避免乳糜血对检测结果的影响, 提高血常规检验的准确性。

## PU-4271

## 联合检测降钙素原、C 反应蛋白及血清淀粉样蛋白 A 对儿科发热病人细菌感染诊断临床意义研究

雷敏

哈尔滨市第五医院检验科

**目的** 评估降钙素原 (PCT)、C 反应蛋白 (CRP)、血清淀粉样蛋白 A (SAA) 在我院儿科发热病人中协助鉴别细菌感染的诊断价值。

**方法** 应用双抗体夹心免疫化学发光等方法, 前瞻性测定我院儿科 2017 年 1 月至 12 月发热患者 PCT、CRP、SAA, 结合血常规、血培养等数据结果, 待患者出院后查阅其临床资料及最后临床诊断, 分析 PCT、CRP、SAA 等炎性介质对儿科发热患者的诊断价值。

**结果** 纳入 147 例儿童发热病例, 根据最终临床诊断分为 3 组: 第一组 (n=26): 菌血症组 (血培养阳性); 第二组 (n=98): 细菌感染组 (血培养阴性); 第三组 (n=23): 非细菌感染组。经秩和检验分析, 第 1 组 PCT 水平高于第 2 组 ( $p<0.001$ ), 第 2 组者高于第 3 组 ( $p<0.001$ ), 第 1 组者也高于第 3 组 ( $p<0.001$ ), 其差异有统计学意义。CRP 和 SAA 水平组第 1 组和第 2 组均高于第 3 组 ( $p<0.05$ )。革兰阴性菌感染者的 PCT 水平高于革兰阳性菌感染 ( $p<0.05$ )。本研究中 PCT、CRP、SAA 预测细菌感染的最佳临界值分别为 0.13ng/ml、75mg/L、119mg/L。PCT 的灵敏度(88%)和特异度 (81%) 明显高于 CRP 的灵敏度 (75%) 和特异度 (67%)。SAA 的灵敏度 (81%) 高于 CRP 的灵敏度, 特异度 (60%) 低于 CRP 的特异度。

**结论** PCT 在发热病人预测细菌感染的诊断价值很大, SAA 也是一个较好的预测细菌感染的标志物, 儿科患者发热早期 CRP 和 SAA 联合检测可能提高临床对感染诊断的及时性和准确性。

## PU-4272

## Endogenous SARI induced cell apoptosis in nasopharyngeal carcinoma by targeting the intrinsic apoptotic pathway

Yingying Lin, Zhaolei Cui, Yan Chen  
Fujian Cancer Hospital

**Objective** The SARI (suppressor of AP-1, regulated by IFN) gene, also named as BATF2, is associated with the risk of several kinds of cancers, and loss of SARI expression is frequently detected in aggressive and metastatic cancer. Nevertheless, the functional of SARI in nasopharyngeal carcinoma (NPC) remains exclusive.

**Methods** Cell proliferation, migration and invasion, and cell apoptosis were measured by means of a cell counting kit-8, clone forming, Transwell assay, and TUMMEL, respectively.

**Results** We discovered that knock-down of SARI expression suppressed cell growth and colony formation, inhibited invasion, promoted apoptosis, and induced G0/G1 and G2/M arrest in human CNE2 nasopharyngeal carcinoma cells. Of note, SARI restoration could trigger the mitochondrial pathway in CNE2 cells.

**Conclusions** Our data provide evidence that SARI exerts a role as a tumor suppressor gene in leukemia, possibly by inhibiting proliferation and promoting apoptosis via the mitochondrial pathway.



## PU-4273

## 联合检测血浆凝血酶-抗凝血酶III复合物、D-二聚体以及抗凝血酶III在房颤患者中表达水平及其预测血栓栓塞意义

王文杰

黑龙江省中医药大学附属二院检验科

**目的** 探讨房颤患者血浆凝血酶-抗凝血酶III复合物(TAT)、D-二聚体以及抗凝血酶III在房颤患者中表达水平及其预测血栓栓塞的临床价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月~2017 年 10 月间在我院心内科门诊和病房均经心电图检查证实房颤患者 110 例, 对其行经食道超声心动图(TEE) 检查, 探测左房及左心耳功能、血流状态, 判断是否存在血栓形成或栓塞, 另选健康志愿者 40 例。检测房颤患者合并血栓栓塞组、房颤患者未检出血栓组、健康志愿者三组血浆 TAT、D-二聚体(D-D)以及抗凝血酶III(AT-III)活性水平, 分析其不同组间水平表达差异。

**结果** 10 例房颤患者中, 23 例存在血栓形成或栓塞, 占 20.91%, 其余 87 例房颤患者未检出血栓。房颤患者血浆 TAT 水平、D-D 水平高于健康组, 且血栓阳性组血浆 TAT 水平、D-D 水平高于房颤患者血栓阴性组 ( $P<0.05$ )。AT-III活性房颤患者血栓阳性组和房颤患者血栓阴性组均低于对照组水平 ( $P<0.05$ ), 而 AT-III活性房颤患者血栓阳性组和房颤患者血栓阴性组两组 AT-III活性水平比较, 差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 发生血栓的房颤患者外周血 TAT、D-D 水平较高, AT-III水平较低, 反映了患者血液学的高凝状态, 对预测房颤患者血栓栓塞危险性的具有一定的参考价值。

## PU-4274

## LPS 诱导人肾小球系膜细胞 FoxM1B 分子表达的研究

王琳

佳木斯大学附属第一医院

**目的** 探讨脂多糖(LPS)对系膜细胞 FoxM1B 表达的影响。

**方法** 体外培养系膜细胞, 分别用 LPS (10 Pg /ml) 处理 12、24、48 小时, 利用 MTT 检测系膜细胞增殖、Real-Time PCR 及 Western blot 观察细胞 FoxM1B mRNA 及蛋白表达水平。

**结果** 与正常对照组相比, 在 12、24、48 h 时间段, 10 Pg /mL 的 LPS 能明显促进人肾小球系膜细胞增殖; 静息状态的系膜细胞表达 FoxM1B mRNA 及蛋白极其微量, LPS(10pg / mL)可诱导系膜细胞显著表达 FoxM1B。

**结论** LPS 诱导人肾小球系膜细胞增生的机制可能与 FoxM1B 表达增加相关

## PU-4275

## 载阿霉素的 $\gamma$ -PGA-co-PLA-DPPE 纳米载药系统对 C6 细胞的毒性研究

王琳

佳木斯大学附属第一医院

**目的** 研究载 DOX (阿霉素) 的  $\gamma$ -PGA-co-PLA-DPPE 纳米载药系统 (NPS) 对 C6 细胞 (大鼠胶质瘤细胞) 的毒性作用。

**方法** 通过乳化/溶剂蒸发法制备 NPS-DOX 和 Tf-NPS-DOX, 用 MTT 法检测 NPS-DOX 和 Tf-NPS-DOX 对体外培养的 C6 细胞的毒性作用, 并以 NPS、Tf-NPS、DOX 作为对照组。

**结果** 24h 时, 药物浓度为 0.1ug/ml 时, Tf-DOX-NPS 的作用比较明显, 存活率为 78.90%, 而 NPS-DOX 组为 93.77%, DOX 组为 95.54%; 随着药物浓度的增高及时间的延长, 48h NPS-DOX 体现了更好的杀伤作用, 4ug/ml 作用 48h 时存活率仅为 19.34%, 而 DOX 的存活率为 34.98%, Tf-DOX-NPS 存活率为 26.36%。

**结论** 载 DOX (阿霉素) 的  $\gamma$ -PGA-co-PLA-DPPE 纳米载药系统比单纯抗癌药对 C6 细胞的毒性作用更强。

## PU-4276

### GALAD 和 BALAD-2 模型在原发性肝细胞癌诊断及短期疗效评价中的临床意义研究

陈岩松, 汤媛菲, 崔兆磊, 陈燕  
福建肿瘤医院

**目的** 探讨 GALAD 模型在原发性肝细胞癌患者诊断价值以及 BALAD-2 模型在肝细胞癌短期疗效评估中的价值。

**方法** 收集福建省肿瘤医院 2017 年 8 月—2018 年 2 月 87 例首诊肝癌 (HCC) 患者、53 例肝脏良性疾病 (BLD) 患者、49 例表观健康体检者 (HC) 血清, 采用微流控免疫荧光电泳技术检测血清中 AFP、AFP-L3 和 DCP 水平, 建立基于性别、年龄和血清中 AFP、AFP-L3 和 DCP 水平的 GALAD 模型, 分析 GALAD 模型对于肝癌患者的诊断价值; 采用溴甲酚紫法检测血清中白蛋白及重氮法检测血清中胆红素水平, 建立基于 ALB、BIL、AFP、AFP-L3 和 DCP 的 BALAD-2 模型, 对随访资料完整的 41 例原发性肝癌患者动态观察治疗前后 BALAD-2 模型变化, 分析 BALAD-2 模型与肝癌患者短期疗效的关系。

**结果** GALAD 模型评分与患者的性别和年龄显著相关, 差异有统计学意义, 多数肝癌患者伴有乙肝病毒感染, 肝硬化是肝癌的高危因素; 肝癌患者血清 AFP、AFP-L3、DCP 水平以及 GALAD 模型评分均显著高于肝脏良性疾病组 ( $P < 0.05$ ) 和表观健康对照组 ( $P < 0.05$ ), 差异均有统计学意义; GALAD 的特异性 (94.3%) 和准确性 (60.8%) 均高于 AFP (分别为 85.1% 和 55.7%)、AFP-L3 (分别为 71.3% 和 55.0%)、DCP (分别为 85.1% 和 59.1%), 特异性 (95.1%) 低于 AFP-L3 (97.1%) 和 DCP (97.1%), 高于 AFP (90.2%), 研究表明, GALAD 模型诊断肝癌优于单一指标; 肿瘤控制组治疗后 AFP、AFP-L3、DCP 水平以及 BALAD-2 较治疗前均显著下降 ( $P < 0.05$ ) 差异有统计学意义; 肿瘤进展组 AFP、AFP-L3、DCP 和 BALAD-2 均未显著下降 ( $P > 0.05$ )。

**结论** GALAD 模型可提高原发性肝癌的早期诊断率, BALAD-2 模型有助于肝细胞癌患者短期疗效评估。

## PU-4277

### ASK-1 在脑梗死发生发展中的作用机制

张文静, 刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二医院, 150000

**目的** 脑梗死是成人致残和致死的首要原因, 占全部脑血管病人数的 2/3, 且呈逐年上升趋势。应用不断创新的生命科学理论与技术研究脑梗死的发生、发展, 并进一步探索有效的治疗靶点一直是当今血栓性疾病医学研究的重点和热点之一。ASK-1 (凋亡蛋白酶激活因子-1, Apoptosis signal-

regulating kinase-1) 是细胞丝裂原化蛋白激酶家族的重要成员之一, 分子量为 170KD, 由 N 末端和 C 末端组成, 是介导细胞凋亡、分化和免疫应答的关键靶点。

**方法** 2002 年 Zhang Q 等证实 ASK-1 磷酸化可伴随脑梗死的整个过程。2008 年, Stetler RA 等证实热休克蛋白 27 可以通过抑制 ASK-1 活性, 保护脑梗死缺血区神经细胞免受损伤。2013 年, Song J 等证实 ASK-1 可通过激活 MAPKs 家族成员 p38 和 JNK, 促进小胶质细胞释放 TNF 和一氧化氮, 并募集于神经细胞损伤部位, 参与脑梗死损伤的基本病理学改变。有意思的是, 2016 年 Hao HU 等发现, 脑梗死的发展似乎与 ASK-1 水平极具相关性, LPS 诱导的脑梗死缺血损伤部位 ASK-1 轻度上调时, 可促使内生神经干细胞向神经元细胞分化, 抵抗脑组织损伤

**结果** 而 ASK-1 水平显著增高时, 则会导致细胞大量死亡。

**结论** 因此探究 ASK-1 在脑梗死发生发展中的作用, 必将会为脑梗死的机制研究提供新的思路。

## PU-4278

### 规范化试采购, 提高检测效益

衣鲁江

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 在新医改的背景下, 医院规范化管理要求日渐提高。江苏省人民医院积极探索试剂采购使用的新模式。

**方法** 利用 RMS, 建立规范的试剂管理体系, 把控试剂采购、运输、使用、报损等各环节。规范供应商行为、提升服务; 试剂使用流程全程监控、提高质量; 精细化效益分析, 降低成本。

**结果** 经过一段时间的运行, 取得良好的成效。

**结论** 从制度入手, 采用信息化管理手段对制度严格执行, 管理促规范, 管理出效益, 是医院的管理的新课题和挑战, RMS 系统投入运行时间短, 已经显现带来的管理效益, 也需要使用中不断完善。

## PU-4279

### Logistic 回归结合 ROC 曲线分析标志物模型在肝硬化合并肝癌患者中的诊断价值

林莺莺, 陈燕

福建省肿瘤医院, 350000

**目的** 评价血清异常凝血酶原(PIVKA-II)、高尔基体蛋白 73(GP73)、甲胎蛋白(AFP)和甲胎蛋白异质体(AFP-L3)四种肝癌标志物不同检测模型在肝硬化合并肝癌患者中的诊断价值, 建立最佳诊断模型。

**方法** 以治疗前 170 例肝硬化合并肝癌、60 例肝硬化、60 例慢性乙型肝炎患者和 60 例健康体检者为研究对象, 检测 PIVKA-II(化学发光酶免疫检测法)、GP73(酶联免疫法)、AFP(电化学发光法)和 AFP-L3(微量离心柱法)的血清水平, 建立单项检测的 ROC 曲线, 确立各指标的最佳诊断临界值(cutoff 值)。使用 SPSS 做多变量观察值的 ROC 曲线, 建立 Logistic 回归方程, 评价多变量检测模型的诊断指标, 确定最佳诊断模型。

**结果** 单项检测时, PIVKA-II 的曲线下面积(AUCROC)最大(0.920), 敏感性和特异性分别为 91.2%和 85.6%。多项联合检测时, PIVKA-II 和 AFP 联合检测的多变量检测模型曲线下面积(AUCROC)最大(0.951), 敏感性和特异性分别为 87.6%和 91.1%, 为乙肝肝硬化合并肝癌的最佳诊断模型。最佳诊断模型的肝癌风险概率值在早期肝癌患者中的敏感性为 66.7%, 在小肝癌的敏感性为 67.7%。

**结论** PIVKA- II 和 AFP 联合检测为乙肝肝硬化合并肝癌的最佳诊断模型，利用肝癌风险概率值可从乙肝肝硬化患者中及时诊断出早期肝癌和小肝癌，提高患者生存率。

## PU-4280

### A new, convenient, and rapid CTC-enriching methods by low speed centrifugation

Xinyi Ye  
Nanfang Hospital

**Objective** Circulating tumor cells (CTCs) are rare cells of solid tumor origin found in the blood of cancer patients. However, in the field of CTC enrichment and isolation, there is a need for inexpensive technologies for fast enrichment of CTCs from large blood volumes. The aim of this study was to assess enrichment of circulating tumor cells (CTC) using a new methods of low speed centrifugation in ninety-six orifices plate. Circulating tumor cells (CTCs) are rare cells of solid tumor origin found in the blood of cancer patients. However, in the field of CTC enrichment and isolation, there is a need for inexpensive technologies for fast enrichment of CTCs from large blood volumes. The aim of this study was to assess enrichment of circulating tumor cells (CTC) using a new methods of low speed centrifugation in ninety-six orifices plate.

**Methods** Previous data showed that centrifugation promotes cells settling while the size difference between the tumor cells and WBC divide them during the procedure, that tumor cells are more easily to settle at the bottom as its larger dimension while WBC were removed when they were suspending still, which, the enrichment of tumor cells were developed. The procedure is required a bovine serum albumin(BSA) coated in a ninety-six orifices plate. Tumor cells were mixed into blood after labelled and counted, while the blood was then lysis first and centrifuged separately milliliter per hole at 70×g (1min). Tumor cell recovery rate and white blood cell(WBC)clearance were evaluated to determine the enrichment effect. Tumor cell viability as well as specificity immunostaining were also evaluated. Furthermore, the presence of CTCs was also assessed in WBC clearance with recovery rate using standard Immunomagnetic separation and density gradient centrifugation ,the results were compared with our findings

**Results** Highly concentrated tumor cells were collected in hole via remove unsettle WBC for more than 85%. Overall, centrifugation bound all cell lines with over 80% efficiency. Using the coated ninety-six orifice, an efficient (70–80%) recovery and fast (3 min) isolation of the tumor cells was achieved from 5 mL of spiked human blood. Moreover, in patient with lung cancer, cells were isolated effectively as cytokeratin positive, CD45 negative while none of these structures were detected in blood from non-epithelial malignancies. Besides, a higher WBC clearance with recovery rate was observed compared to magnetic beads enrichment or density gradient centrifugation.

**Conclusions** This work demonstrated for the first time that centrifugation at low speed with BSA coated enhanced the CTC enrichment without reducing recovery rate as well as viability compared to the typical CTC isolation methods currently used by the commercial industry. The fast and inexpensive antibody-independent methods for enrichment of CTCs may represent an alternative for promote research and clinical applications involving primary tumors and metastases.

PU-4281

## NETs 在动脉粥样硬化和动脉血栓中的作用

王琳, 查才军, 刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二临床医院检验科

**目的** 研究表明在人动脉粥样硬化病变和动物模型中的动脉粥样硬化病变和动脉血栓中发现 NETs。

**方法** 通过用氯喹抑制 ApoE<sup>-/-</sup>小鼠中的 PAD4 产生已证实 NETosis 在动脉粥样硬化中的重要作用, 利用氯喹处理的小鼠表现出血管炎症减轻如干扰素 (IFN- $\alpha$ ) 水平降低, 斑块减小和血栓形成减少。最新研究表明胆固醇晶体能够诱导体内 NETosis 过程, NETs 可引发巨噬细胞产生 pro-IL-1 $\beta$ , 从而激活 Th17 细胞免疫应答。在高胆固醇饮食喂养的动脉粥样硬化小鼠模型中, 对斑块内 NETs 与坏死组织核心附近的胆固醇晶体和巨噬细胞共定位, 发现它们不在稳定斑块区域存在。

**结果** 当缺乏 NE 和蛋白酶-3 时, ApoE<sup>-/-</sup>小鼠模型相较于对照组小鼠模型表现出更小的炎症程度和更轻的动脉粥样硬化病变并伴有更低的血浆 IL-1 $\beta$  水平。此外, 有研究证实 NETs 加重动脉粥样硬化的另一种机制, 该过程涉及到浆细胞样树突状细胞。已证明, 细胞外 DNA 和嗜中性粒细胞衍生的蛋白质形成的复合物通过刺激树突状细胞驱动的强 I 型 IFN 应答来增加斑块负荷, 这些细胞的缺失可减轻动脉粥样硬化和炎症反应过程。

**结论** 本篇综述将详细介绍 NETs 在动脉粥样硬化和动脉血栓形成过程中的机制。

PU-4282

## 颈动脉超声造影阳性斑块特征与实验室指标的相关性研究

马旭, 贺建勋, 刘美清, 勇强, 袁慧  
首都医科大学附属北京安贞医院, 100000

**目的** 颈动脉斑块破裂可形成血栓, 进而引发缺血性脑卒中, 而斑块内新生微血管生成与斑块稳定性甚至斑块破裂密切相关。本研究目的是分析颈动脉超声造影为阳性的斑块数目、厚度与多个实验室指标的相关性。

**方法** 连续入选行颈动脉超声造影检查患者, 记录斑块数目与斑块最大厚度。采集患者空腹静脉血, 分离血清, 利用全自动生化分析仪检测血清中以下 7 个实验室指标, 即总胆固醇、LDL-C、HDL-C、hsCRP、Hcy、Lp-PLA2 与 sdLDL-C。根据斑块数目将患者分为四组, I 组 88 例, II 组 84 例, III 组 25 例, IV 组 13 例, 比较实验室指标水平差异。

**结果** 四组间比较仅 HDL-C 水平差异有统计学意义, 斑块最大厚度及其他实验室指标差异均无统计学意义。两组间比较发现, I 组与 IV 组 HDL-C 以及 hsCRP 水平差异均有统计学意义。患者年龄与斑块最大厚度相关性最强, 特别是男性患者。

**结论** 随着年龄增长, 颈动脉超声造影阳性斑块可能越来越厚; 血清 HDL-C、hsCRP 水平可能与颈动脉斑块形成有关。

## PU-4283

**不同品牌 LDL-C 试剂对 APOA-1 检测的干扰效应分析**

徐建华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探究两家不同品牌的生化检测试剂(LDL-C)在不同的全自动生化分析仪对 APOA-1 的干扰情况,并寻找消减干扰效应的有效解决方案。

**方法** 前期对科室两台不同全自动生化分析仪进行性能检测校准,待确认仪器处于正常工作状态后,分别用不同仪器、不同厂家试剂盒、交叉配对检测不同浓度 LDL-C 下 APOA-1 的浓度,再根据统计学方法判断各干扰是否有意义。

**结果** 经过对仪器调试过后,各项指标均达到实验标准要求;罗氏 LDL-C 试剂在 Roche Modular P800 显示 APOA-1W/APOA-1\*100%不在初始值 5%的范围内重现,即对 APOA-1 有明显干扰;其在 H7180 上对 APOA-1 没有影响;积水公司试剂在两台全自动生化仪上对 APOA-1 均无干扰。而且,不同浓度的 LDL-C 对 APOA-1 结果的影响程度不同,其干扰的程度会随着 LDL-C 浓度的增加而增大,其干扰效应造成 APOA-1 值变大。针对造成的干扰影响,分别设计酸清洗与去离子水清洗进行对比,结果显示去离子水清洗也能达到消除干扰的目的。

**结论** 生化干扰效应跟特定的试剂、仪器等因素有关,检验科室需要根据实际情况来选定仪器和试剂,由降低最大成本为条件,制定解决消除干扰方案,尽可能得消除不必要的误差干扰,以保证检验报告的准确度,满足临床需求。

## PU-4284

**Systematic analysis of copy number variations associated with early pregnancy loss**

Ping Hu,Yan Wang,Zhengfeng Xu

Nanjing Maternity and Child Health Care Hospital

**Objective** Early pregnancy loss, also known as miscarriage, is the most frequent complication in first-trimester pregnancy, occurring in 10-15% of all clinically recognized pregnancies. Embryonic numerical and structural chromosomal abnormalities are the most common cause of early pregnancy loss. However, the role of submicroscopic copy number variations (CNVs) in early pregnancy loss is still unclear. Besides, little is known about the critical regions and candidate genes for miscarriage because of the large size of structural chromosomal abnormalities. The aim of this study was to identify potential miscarriage-associated submicroscopic CNVs and critical regions of large CNVs as well as miscarriage candidate genes.

**Methods** Over a 5-year period, 5180 fresh miscarriage specimens were investigated using both quantitative fluorescent-polymerase chain reaction (QF-PCR)/CNV-sequencing and chromosomal microarray analysis. Statistically significant submicroscopic CNVs were identified by comparing the frequency of recurrent submicroscopic CNVs between cases and a published control cohort. Furthermore, genes within critical regions of miscarriage-associated CNVs were prioritized by integrating Residual Variance Intolerance Score and the human gene expression dataset for identification of potential miscarriage candidate genes.

**Results** Results without significant maternal cell contamination were obtained in 5003 of 5180 (96.6%) cases. Clinically significant chromosomal abnormalities were identified in 59.1% (2955/5003) of cases. Three recurrent submicroscopic CNVs (microdeletions at 22q11.21, 2q37.3 and 9p24.3p24.2) were significantly enriched in miscarriage cases, which were considered to be associated with miscarriage. Moreover, 44 critical regions of large CNVs were observed, including 14 deletions and 30 duplications. There were 309 genes identified as potential miscarriage candidate genes through gene prioritization analysis.

**Conclusions** These data demonstrate the importance of CNVs in the etiology of miscarriage, identify miscarriage candidate CNVs and genes, and highlight the importance of ongoing analysis of CNVs in the study of miscarriage.

#### PU-4285

### BC-6900 全自动血细胞分析仪体液模块中的高荧光细胞参数在良恶性胸水鉴别诊断中的应用

朱晓,岳新杰,姜加陶  
上海市胸科医院

**目的** 探讨 BC-6900 全自动血细胞分析仪体液模式中高荧光强度细胞及其百分比对良恶性胸腔积液积液的鉴别诊断价值及检验科显微镜镜检细胞鉴别良恶性胸水与高荧光强度细胞及其百分比鉴别良恶性胸水两种方法诊断价值的探讨。

**方法** 应用 BC-6900 全自动血细胞分析仪体液模式收集 243 例胸腔积液标本中高荧光强度细胞绝对值 (HF-BF#) 和高荧光强度细胞百分率 (HF-BF%) 数据, 以病理脱落细胞学检查结果为金标准, 对较良、恶性浆膜腔积液中 HF-BF# 及 HF-BF% 进行差异性比较

**结果** 经统计学分析良恶性胸水中的高荧光强度细胞绝对值 (HF-BF#) 和高荧光强度细胞百分率 (HF-BF%) 皆有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而后采用 ROC 曲线分析 HF-BF# 及 HF-BF% 对良恶性胸水的鉴别效能, HF-BF# 的 AUC 为 0.731, 而 HF-BF% 的 AUC 为 0.705; HF-BF# 及 HF-BF% 最佳鉴别诊断界值分别为  $0.0205 \times 10^9/L$ , 5.15%, 此时二者的灵敏度分别为 70.2%, 49.7%, 特异度分别为 61.3%, 81.2%。而应用统计学分析检验科显微镜镜检细胞鉴别良恶性胸水与高荧光强度细胞及其百分比鉴别良恶性胸水两种方法无统计学差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 高荧光强度细胞的绝对值及百分率可对良恶性胸水的鉴别诊断提供诊断价值, 尤其以高荧光强度细胞的绝对值更适合作为良恶性胸水的初步鉴别的辅助诊断依据。

#### PU-4286

### In vitro activity of a new fourth generation cephalosporin, Cefoselis, against clinically important bacterial pathogens in China

Jingwei Cheng, Jianrong Su  
Beijing Friendship Hospital, Capital Medical College

**Objective** The objective of this study was to systematically evaluate the in vitro activity of cefoselis and other comparators against common bacterial pathogens in China.

**Methods** Bacterial clinical isolates ( $n = 1188$ ), including Enterobacteriaceae, non-fermentative Gram-negative organisms, methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA), methicillin-sensitive *S. aureus* (MSSA) and *Streptococcus* spp., were collected from 18 hospitals across China (Jan 2014 - Dec 2016). Minimum inhibitory concentrations (MICs) were determined by broth microdilution method. Phenotypic identification of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBL) production was carried out as recommended by the Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI).

**Results** Cefoselis showed poor activity against ESBL producing- *E. coli*, *K. pneumoniae* and *P. mirabilis*, with susceptibility rates of  $<10\%$  each, while the susceptibility rates of this antibiotic against non-ESBL producing strains of these organisms were 100%, 94.3% and 96%, respectively. Cefoselis exhibited susceptibility rates of 56.7%-83.3% against other Enterobacteriaceae isolates including *C. freundii*, *E. aerogenes*, *E. cloacae*, *S. marcescens* and *P. vulgaris*. For *A. baumannii* and *P. aeruginosa* isolates tested, the susceptibility rates to cefoselis

were 18.7% and 73.3%, respectively. All MRSA strains were resistant to cefoselis whilst all MSSA strains were susceptible to this antibiotic. Against penicillin-susceptible *S. pneumoniae* (PSSP), penicillin-resistant *S. pneumoniae* (PRSP),  $\beta$ -Hemolytic Group Streptococci, and Viridans Group Streptococci strains, cefoselis showed susceptibility rates of 96%, 63.2%, 92.6% and 100.0%, respectively.

**Conclusions** In conclusion, cefoselis showed good activity against non-ESBL producing- *E. coli*, *K. pneumoniae*, and *P. mirabilis*, MSSA, Streptococcus spp., and was also potent against other Enterobacteriaceae and *P. aeruginosa*.

## PU-4287

### 3 种方法消除脂血对常用生化项目干扰的比较分析

石文  
广东省中医院,510000

**目的** 比较稀释法、低温高速离心法和干化学法消除脂血对常用生化项目干扰的效果，建立关于生化常见项目消除脂血影响的 SOP。

**方法** 收集一定量的脂血血清标本，用稀释法、低温高速离心法分别处理同一份脂血标本，处理后再与原液在日立 7180 生化分析仪上检测常用生化项目，如  $K^+$ 、 $Cl^-$ 、 $Na^+$ 、Ca、P、Mg、ALT、AST、GGT、LDH、CK、CKMB、TBIL、DBIL、TP、ALB、Cr、BUN、UA、Glu、ALP，再将同一份脂血标本进行相关项目的干化学检测，最后通过数据分析 3 种方法消除脂血对生化项目影响的程度。

**结果** 原液血清与干化学法检测结果相比 TP、ALB、ALT、TBIL、DBIL、BUN、UA、Cr、Glu、 $K^+$ 、 $Na^+$ 、 $Cl^-$ ，P 值 $<0.05$ ，有统计学意义；经稀释法处理的血清检测结果与干化学法相比，AST、ALP、GGT、DBIL、BUN、UA、Cr、 $Na^+$ 、 $Cl^-$ 、Ca、P、Mg、CK、CKMB、LDH，P 值 $>0.05$ ，无统计学意义；经低温高速离心法处理的血清检测结果与干化学法相比，ALB、ALT、AST、Cr、 $K^+$ 、 $Cl^-$ 、Mg、P、CK，P 值 $>0.05$ ，无统计学意义。在 TG 浓度 $>10\text{mmol/L}$  的脂血标本进行的方法比较中，稀释法与干化学法相比，TP、ALB、TBIL、 $K^+$ 这些检测项目的 P 值 $<0.05$ ，有统计学意义，而低温高速离心法中，ALP、DBIL、Glu 这些检测项目的 P 值 $<0.05$ ，有统计学意义。

**结论** 稀释法、低温高速离心法分别与干化学相比，均有部分结果与干化学相符。从检测结果看，低温高速离心法具有一定的优势，实验室须根据自身情况制定标准的脂血处理流程。

## PU-4288

### 不同地塞米松给药方式对紫杉醇化疗患者过敏反应和血糖的影响

索翠萍  
山东省千佛山医院检验科

**目的** 观察不同地塞米松给药方式对紫杉醇化疗患者过敏反应和血糖的影响。

**方法** 符合入选标准的肿瘤患者，均采用含紫杉醇的化疗方案，随机分成试验组（前 12 小时口服地塞米松 20mg 及前 0.5 小时静脉地塞米松 5mg）和对照组（前 12 小时及 6 小时口服地塞米松 20mg），观察两种不同地塞米松给药方式对紫杉醇化疗患者过敏反应和血糖的影响。

**结果** 试验组纳入 37 例患者共化疗 126 周期，对照组纳入 35 例患者共化疗 120 周期，两组间一般临床资料无统计学差异（ $P>0.05$ ）。试验组过敏反应的发生率略高于对照组，但差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。两组患者应用地塞米松后血糖均升高，试验组组化疗后第一天（ $P=0.0011$ ）和第三天



( $P=0.0148$ )血糖均低于对照组, 差异有统计学意义。不管是空腹血糖正常患者还是糖耐量受损和糖尿病患者, 应用地塞米松后血糖均升高, 糖耐量受损和糖尿病患者升高更显著。同一给药方式组内, 不同化疗周期间的化疗后第一天空腹血糖水平无统计学差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 试验组(前 12 小时口服地塞米松 20mg 及前 0.5 小时静脉地塞米松 5mg)较说明书推荐的给药方法, 不会增加过敏反应的发生率, 同时降低了对血糖的影响, 是临床上可行的地塞米松预处理方式。

## PU-4289

### Comparison of Epstein-Barr virus serological tools for the screening and risk assessment of nasopharyngeal carcinoma: a large population-based study

JunYing Guo, Yan Chen  
Fujian Cancer Hospital

**Objective** Nasopharyngeal carcinoma (NPC) is a rare malignancy worldwide but common in China, notably in southern China. Epstein-Barr virus (EBV)-based serologic antibody testing has been found to be a feasible alternative for NPC screening in endemic areas. The purpose of this study was to evaluate the performance of enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) based on viral capsid antigen (VCA) IgA antibody, early antigen IgA antibody (EA-IgA) and Rta protein IgG antibody (Rta-IgG) specific to EBV in the diagnosis of NPC.

**Methods** A total of 2155 untreated NPC patients and 6957 healthy volunteers without nasopharyngeal disorder were recruited, and all subjects received EBV VCA-IgA, EA-IgA and Rta-IgG antibody tests simultaneously. The diagnostic efficiency of three testing alone or in combination for the diagnosis of NPC was evaluated.

**Results** The prevalence of IgA antibody against EBV-VCA, IgA antibody against EBV-EA and IgG antibody against EBV-Rta was 89.9%, 46.6% and 63.2%, and there was age-, pathological type-, N stage- and clinical stage-specific prevalence of IgA antibody against EBV-VCA; T stage-, N stage- and clinical stage-specific prevalence of IgA antibody against EBV-EA; and age-, N stage- and clinical stage-specific prevalence of IgG antibody against EBV-Rta in the NPC patients. The sensitivity, specificity, positive predictive value, negative predictive value and Youden index were 89.88%, 89.65%, 73.18%, 96.63% and 0.79 for the EBV VCA-IgA antibody test, 46.59%, 96.89%, 82.5%, 85.42% and 0.43 for the EA-IgA antibody test, and 63.25%, 94.87%, 79.48%, 89.29% and 0.58 for the Rta-IgG antibody test in the diagnosis of NPC, and ROC curve analysis revealed the greatest diagnostic efficiency for EBV VCA-IgA antibody test and the lowest efficiency for EBV EA-IgA antibody test in the diagnosis of NPC. In addition, the simultaneous triple positivity of VCA-IgA, EA-IgA and Rta-IgG antibodies specific to EBV indicated the highest risk of NPC, and the simultaneous triple negativity of the three types of anti-EBV antibodies suggested the lowest risk of NPC.

**Conclusions** EBV VCA-IgA antibody test shows a higher diagnostic efficiency than EA-IgA and Rta-IgG antibody tests for the screening of NPC, and triple positivity of is a better biomarker for the diagnosis of NPC.

PU-4290

## 基于 Python 的批量 DNA 双向测序结果的拼接与在线比对

杨志宁

山西省人民医院,030000

**目的** 真菌学研究经常会用到测序鉴定。测序结果一般每个样品四个文件，两个 seq 文件，两个 ab1 文件。通过各种生物软件分析 ab1 文件的波峰对正序反序的两个碱基序列进行拼接，删除两端不可信片段，得到一个 contig。然后将此序列与 NCBI 网站的基因库进行比对得到鉴定结果。一个完整的过程耗时很长，处理大批量的标本更是如此。本文旨在使用当今最流行的开源的 Python 语言，实现此过程的自动化。

**方法** 在熟悉一代测序原理的基础上，引用 numpy,pydna 等开源模块，选择匹配的一对序列，将其中 3'-5'端的序列取互补序列，再取得两个序列最大相同子字符串，两侧适当延伸进行碱基的保留操作，得到最终的 contig，生成标准的 FASTA 序列，输入到 NCBI 网站进行查询并取得查询结果。通过文件名的规律，将碱基序列两两结合处理实现完全自动化处理。

**结果** 通过实际比对，本法与目前通用的两种 DNA 拼接软件相比，得到的序列平均要长 10-30 个碱基，这样在 NCBI 网站进行 Nucleotide BLAST 比对时，可得到更为精确的结果，最终每两个序列可得到一个拼接 contig，在线查询后返回一个对比结果的列表，保存到 EXCEL 文件中。

**结论** 本研究在代码语义上模仿分子生物学单元操作，实现 DNA 双向测序结果的最大可信长度拼接，与 NCBI 网站的基因库进行在线比对，全程基本不用人为干预，经几十例验证，结果可靠并且更为精准。

PU-4291

## SARI 蛋白在乳腺癌中的表达及其临床意义

崔兆磊,翁丹琳,陈燕

福建省肿瘤医院,350000

**目的** 探讨 SARI 蛋白在乳腺癌中的表达及其临床意义。方法：采用免疫组化技术检测 SARI 蛋白在乳腺癌及其癌旁组织中的表达，探讨 SARI 蛋白表达水平与乳腺癌的临床病理特征及预后的关系。

**方法** 采用免疫组化技术检测 SARI 蛋白在乳腺癌及其癌旁组织中的表达，探讨 SARI 蛋白表达水平与乳腺癌的临床病理特征及预后的关系。

**结果** 基于高通量的乳腺癌组织芯片免疫组化分析显示，在 87 例乳腺癌石蜡标本中，93.1% (81/87) 的组织中 SARI 蛋白低呈现低表达或不表达，其中 80 例 (98.8%) SARI 无表达，1 例 (1.2%) SARI 蛋白低表达，6 例 (6.9%) BATF2 高表达。SARI 蛋白在乳腺癌组织及旁组织表达差异无相关性 ( $P=0.950$ )。SARI 的表达水平与乳腺癌的临床病理分级密切相关 ( $P=0.000$ )，患者年龄是影响乳腺癌预后的独立因素 ( $P=0.027$ )。

**结论** SARI 蛋白在乳腺癌中存在低表达，可能发挥肿瘤抑癌因子的作用，其临床意义有待于进一步被证实。

## PU-4292

## 灯盏花乙素通过抑制炎症从而发挥抗动脉粥样硬化作用的机制探讨

邱峰

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨灯盏花乙素通过抑制炎症从而发挥抗动脉粥样硬化作用的机制。

**方法** 采用佛波酯(PMA)和氧化型低密度脂蛋白(OX-LDL)诱导 THP-1 单核细胞建立泡沫细胞模型,采用 RT-PCR 法检测灯盏花乙素对泡沫细胞内炎性介质 IL-1 $\beta$ 、IL-6、TNF- $\alpha$  及 NF- $\kappa$ B 的 mRNA 含量影响, ELISA 法和油红 O 染色脂质半定量分析法分别检测灯盏花乙素对泡沫细胞培养上清中炎症因子包括 IL-1 $\beta$ 、IL-6、TNF- $\alpha$  表达量及泡沫细胞内脂质含量的影响,探索灯盏花乙素的最佳作用浓度,采用 spss16.0 分析数据结果。

**结果** 1、THP-1 单核细胞在 24hPMA 及 48h OX-LDL 刺激后形成泡沫细胞;2、50 $\mu$ g/ml OX-LDL 可显著性地提高 IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$  蛋白表达水平,对 IL-6 蛋白表达水平提高作用不明显;3、灯盏花乙素使 THP-1 单核巨噬细胞源性泡沫细胞中转录因子 NF- $\kappa$ B 及下游调控因子 IL-1 $\beta$ 、IL-6、TNF- $\alpha$  mRNA 表达下调,且具有剂量依赖性;4、灯盏花乙素使 THP-1 单核巨噬细胞源性泡沫细胞中 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  蛋白表达水平下调,且成浓度依赖性;5、灯盏花乙素可促进泡沫细胞的胆固醇流出,且具有浓度依赖性。

**结论** 灯盏花乙素能使 THP-1 单核巨噬细胞源性泡沫细胞 NF- $\kappa$ B 转录水平下调,使 IL-1 $\beta$ 、IL-6、TNF- $\alpha$  转录水平及蛋白表达水平均下调,其可能的调控机制是灯盏花乙素从转录水平上抑制 NF- $\kappa$ B 的表达,再通过 NF- $\kappa$ B 通路抑制下游炎症因子 IL-1 $\beta$ 、IL-6、TNF- $\alpha$  的转录表达;灯盏花乙素能促进 THP-1 单核巨噬细胞源性泡沫细胞内胆固醇流出。

## PU-4293

## Genetic variants in NTCP exon gene are associated with HBV infection status in a Chinese Han population

Wennan Wu,Yongbin Zeng,Jinpiao Lin,Yingying Wu,Tianbin Chen,Zhen Xun,Qishui Ou  
The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University, Fuzhou, China

**Objective** Sodium taurocholate co-transporting polypeptide (NTCP) plays an important role in the enterohepatic circulation of bile acids. Recently, NTCP was identified as a hepatitis B virus (HBV) receptor. The aim of this study is to investigate the association of NTCP polymorphisms with HBV clinical outcomes and investigate the relationship between NTCP polymorphisms and the serum bile acid level in Chinese Han population.

**Methods** The single nucleotide polymorphisms (SNPs), rs2296651 and rs4646285, were genotyped in 1619 Chinese Han individuals. Improved multiple ligase detection reaction (iMLDR) was utilized to genotype. The level of bile acids was measured by enzymatic cycling method. Quantitative polymerase chain reaction (qPCR) analysis was performed to analyze the potential function.

**Results** In logistic regression analysis, the frequency of rs2296651 (S267F) CT genotype was observed higher in HBV immune recovery and healthy control group than that in chronic HBV infection group ( $P=0.001$  and  $P<0.001$ ). Patients who carried allele T exhibited a higher bile acid level than patients not carried allele T ( $P=0.009$ ). The rs4646285 AA genotype was found more common in immune recovery group than in chronic HBV infection group ( $P=0.011$ ). No difference in serum bile acid was detected between the rs4646285 wild-type patients and mutant-type patients. Quantitative RT/PCR showed the NTCP mRNA levels were lower in rs4646285 variants than wild types.

**Conclusions** NTCP gene polymorphisms may be associated with the natural course of HBV infection in Chinese Han population. S267F variant may be a protective factor to resist chronic hepatitis B progression which exhibited a higher bile acid level in Chinese Han chronic HBV infection patients. rs4646285 variants may influence the expression of NTCP at the level of transcription, and ultimately may be associated with HBV infection immune recovery.

## PU-4294

### 轻型 $\beta$ 地中海贫血对 HbA1c 测定的影响

王会敏

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 探讨轻型  $\beta$  地中海贫血 (Beta thalassemia minor, 简称 BTM) 对 C2FP (Sebia Capillarys 2 FP 全自动糖化血红蛋白分析仪, 简称 C2FP) 和 Hb9210 (Premier Hb9210 全自动糖化血红蛋白分析仪, 简称 Hb9210) 两台仪器测定 HbA1c (糖化血红蛋白 Glycosylated hemoglobin, 简称 HbA1c) 结果的影响。

**方法** 选择我院符合地贫诊断指南中轻型  $\beta$  地贫的患者 40 例, 健康对照组 40 例。分别用 C2FP 和 Hb9210 两台仪器测定 HbA1c 结果, 并将结果进行统计学分析。

**结果** 对在 C2FP 和 Hb9210 检测的轻型  $\beta$  地贫组与正常对照组结果进行统计学分析, 实验组与对照组结果差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 轻型  $\beta$  地中海贫血对 C2FP 和 Hb9210 检测 HbA1c 结果没有影响。C2FP 和 Hb9210 两台仪器检测的 HbA1c 结果进行相关性分析 ( $r=0.846$ ,  $P<0.01$ ), 两者高度相关。

**结论** 对于患有轻型  $\beta$  地中海贫血的患者, 以 C2FP 或 Hb9210 所测定的 HbA1c 均没有影响, 且两者相关性好, 可以忽略轻型  $\beta$  地贫对 HbA1c 测定结果的影响。

## PU-4295

### 鼻咽癌不同患者血浆 EB 病毒 DNA 与肿瘤疗效关系探讨

林莺莺, 张沂, 陈燕

福建省肿瘤医院, 350000

**目的** 评价血浆 EBVDNA 在鼻咽癌筛查和早期诊断价值, 探讨不同患者血浆 EBVDNA 含量与肿瘤疗效的关系。

**方法** 以 2017 年 1 月至 2017 年 12 月来福建省肿瘤医院就诊的鼻咽癌首诊患者为研究对象, 按入组标准分为鼻咽癌首诊组 485 例和治疗组 238 例。用磁珠提取法结合实时荧光定量 PCR 测定研究对象的 EBVDNA 含量。建立 EBVDNA 检测数据库并分析首诊组患者治疗前血浆 EBVDNA 的诊断效能以及与 TNM 分期、临床分期的关系, 治疗组患者在治疗过程中不同首诊血浆 EBVDNA 的下降速率和治疗后不同血浆 EBVDNA 与疗效的关系以及复发时的患者血浆 EBVDNA 变化趋势。

**结果** 485 例首诊患者的 ENDNA 扩增检出率为 93.6%, 与健康体检者相比 (5.2%), 差异有统计学意义。EBDNA 诊断鼻咽癌的 ROC 曲线下面积为 0.964 (0.951-0.977), 敏感性为 93.6%, 特异性为 94.8%, 准确性为 88.4%, 阳性预测值 94.8%, 阴性预测值为 93.6%。患者治疗前血浆 EBVDNA 含量与 TNM 分期和临床分期正相关, TNM 及临床分期早期的患者 EBDNA 含量显著低于中晚期, 首诊血浆 EBVDNA 含量  $>10000\text{copies/ml}$  的患者通过三次放化疗的下降为 0 的病例百分比显著低于血浆 EBVDNA  $\leq 10000\text{copies/ml}$  患者, 差异有统计学意义。复发患者血浆 EBVDNA 呈上涨趋势。EBDNA 的复发检出率为 90%。首诊 EBVDNA 含量为 0~200copies/ml 的复发患者甚至在治疗过程中可持续检测到低含量的 EBDNA。

**结论** 血浆 EBVDNA 含量检测有助于鼻咽癌的筛查和早期诊断,首诊患者血浆 EBVDNA 含量越高,分期越晚。治疗过程中 EBVDNA 含量变化可反映治疗效果,治疗后 EBVDNA 含量持续复制或上升患者有较高的复发风险。

PU-4296

## FA160 粪便分析仪在粪便检测中的性能评价

刘江永,高丹

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 本实验的研究目标为应用 FA160 粪便分析仪与手工法分别检测粪便标本,收集两种方法的实验数据,分析比较两者之间的差异性,从而评价 FA160 粪便分析仪在粪便检测中的可靠性与应用价值。

**方法** 收集 2019 年 4 月份于中国医科大学附属盛京医院住院患者的粪便标本 1500 例,其中男 714 例、女 786 例,年龄 1 天~87 岁,平均年龄 53 岁。用 FA160 粪便分析仪配套的采便管留取标本,分别用仪器法与手工镜检法对粪便中红细胞、白细胞、脂肪球等项目进行检测,将得到的数据用 SPSS 软件对其进行分析与判断。

**结果** 将得到的关于红细胞、白细胞、脂肪球的数据进行处理,组间采用卡方检验进行分析,发现其结果的 P 值均大于 0.05,说明仪器法与金标准手工镜检法之间并无统计学差异。经 SPSS 数据软件计算发现红细胞、白细胞以及脂肪球的卡帕系数分别为 0.883、0.889 以及 0.953,所以 FA160 全自动粪便分析仪与金标准手工镜检法之间的一致性程度很高。同时可以得到红细胞、白细胞以及脂肪球的符合率分别为 98.53%、97.26%、以及 98.07%,其与手工镜检法的结果基本一致。在检测的 1500 份粪便里,分析仪检测红细胞的敏感性为 88.89%,特异性为 99.02%;分析仪检测白细胞的敏感性为 92.42%,特异性为 98.00%;分析仪检测脂肪球敏感性为 97.44%,特异性为 98.32%。

**结论** FA160 全自动粪便分析仪在红细胞、白细胞、脂肪球的项目检测上具备很高的识别能力,在粪便检验中与金标准手工镜检法之间的一致性程度很高,可以为临床提供准确有效的数据,具有很高的临床实用价值。

PU-4297

## 沙眼衣原体增强 HPV 致宫颈癌作用机制的研究

吕盈盈

上海长征医院闸北分院上海市闸北区中心医院,200000

**目的** 研究沙眼衣原体 (Chlamydia trachomatis, Ct) 增强人乳头状瘤病毒 (Papillomavirus, HPV) 致宫颈癌作用的机制

**方法** 选取医院 2016 年 7 月~2017 年 7 月收治的 100 例 HPV 感染患者,20 例正常人做对照组,根据其是否伴有 Ct 感染将其分为 Ct/HPV 共感染组和 HPV 单纯感染组,检测混合淋巴细胞抗原递呈能力,LC 密度,流式细胞仪检测 CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup> 亚群数量及淋巴细胞的凋亡,细胞因子分泌情况

**结果** 抗原递呈能力在 Ct/HPV 共感染组和 HPV 单纯感染组比对照组显著下降 ( $P<0.05$ ),且在 Ct/HPV 共感染组显著低于 HPV 单纯感染组 ( $P<0.05$ ); LC 密度在 HPV 单纯感染组患者显著低于对照组 ( $P<0.05$ ),而 Ct/HPV 共感染组患者的 LC 密度与 HPV 单纯感染组存在显著差异 ( $P<0.05$ ); Ct/HPV 共感染组与 HPV 单纯感染组相比,CD4<sup>+</sup> 细胞显著下降,CD8<sup>+</sup> 浸润,CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 比值下降,淋巴细胞凋亡增加; Ct/HPV 共感染组和 HPV 单纯感染组的细胞因子分泌

情况均与正常对照组存在显著差异 ( $P<0.05$ ), 且 Ct/HPV 共感染组的 IL-1 $\beta$ 、IL-6、IL-10 和 IL-12 均明显高于 HPV 单纯感染组, IFN- $\gamma$  和 TNF- $\alpha$  显著低于 HPV 单纯感染组 ( $P<0.05$ )

**结论** Ct 感染改变细胞因子分泌, 减少抗原递呈细胞, 改变 CD4+/CD8+ 比值, 诱导淋巴细胞凋亡, 抑制细胞介导的免疫, 引起 HPV 的持续感染, 而加快诱发宫颈癌的进程

PU-4298

## MALDI-TOF MS 在直接检测胸水中病原微生物的应用价值

任洁宇,李志夫,姜加陶  
上海市胸科医院

**目的** 对临床胸水标本进行短期培养, 使用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱 (MALDI TOF MS) 进行细菌鉴定, 以创建可用于胸水的快速细菌检测方法, 大大缩短临床胸水细菌鉴定时间, 发挥质谱仪在检测胸水中的临床应用价值。

**方法** 收集上海市胸科医院 2019 年 4 月—5 月的血培养阳性的临床胸水标本 50 份, 运用两种不同的标本前处理方法, 分别是优化差速离心法与直接鉴定法, 然后上机鉴定, 鉴定结果与传统培养的最终结果相比较对其进行评价, 并对两种方法的检出率相比较, 分析 MALDI TOF MS 的临床应用价值。

**结果** 1、50 份血培养阳性的胸水标本中, 用优化差速离心法进行前处理的标本检出率为 78% (检测出 39 份标本), 而用直接鉴定法进行前处理的标本检出率仅为 14% (检测出 7 份标本), 差别有统计学意义。

2、50 份血培养阳性的胸水标本中, MALDI—TOF MS 的检出率有 82% (检测出 41 份标本), 均为常见菌株, 无罕见菌株, 无错误鉴定菌株。

3、50 份血培养阳性的胸水标本中有 28 个需氧瓶, 22 个厌氧瓶, 其中需氧瓶的检出率为 96.4% (检测出 27 份标本), 厌氧瓶的检出率为 63.6% (检测出 14 份标本)。

**结论** MALDI—TOF MS 在短期培养后的胸水细菌鉴定中准确率高且操作与传统方法相比简单, 快速, 可为临床快速提供病原菌报告, 可成为胸水细菌鉴定的重要辅助工具。

PU-4299

## 甲型和乙型流感阳性患者 C 反应蛋白和血常规结果分析

刘丹  
广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 了解甲型、乙型流感患者感染初期血常规及 CRP 特点, 为临床诊断治疗提供依据。

**方法** 回顾性分析我院 2017 年 6 月至 2018 年 2 月期间在我院发生的甲型流感病毒和乙型流感病毒引起的呼吸道感染患者的血常规和 CRP。甲流感染组 182 例, 乙流感染者 177 例。我们分析了血液常规和 c 反应蛋白。

**结果** 甲型流感病毒和乙型病毒患者的早期血常规对感染指示很重要。两种病毒感染的早期血常规不相同, 差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。老年人 (60 岁以上) 易受甲型流感病毒感染, 较年幼的儿童 (12 岁以下) 容易感染乙型流感病毒, 血液常规可提示患者受到病毒感染影响。

**结论** 血常规对呼吸道感染的诊断具有重要意义, CRP 的增加提示患者受到细菌感染。

## PU-4300

## 鼻咽癌患者鼻咽溃疡医院感染及临床分析

辛娜,陈丽妹,陈燕  
福建省肿瘤医院,350000

**目的** 调查分析鼻咽癌患者放疗过程中鼻咽溃疡发生医院感染的菌种分布、耐药性及其临床特征,总结临床经验,为医院感染的预防工作提供理论依据。

**方法** 随机选取医院 184 例鼻咽癌发生鼻咽溃疡的住院患者作为研究对象,通过对临床资料的回顾性分析,研究患者医院感染的临床特征与病原菌类型。

**结果** 184 例鼻咽癌鼻咽溃疡的住院患者中有 64 例发生医院感染,感染率高达 37%,共检出病原体 90 株,以肺炎克雷伯菌(26.9),铜绿假单胞菌(19.2%),金黄色葡萄球菌(15.4)为主,真菌比例较低。鼻咽癌患者行放化疗过程中鼻咽腔黏膜发生放射性反应,形成鼻咽溃疡,易造成医院感染。肿瘤分期晚,肿瘤体积大,激素类药物的应用并发感染的概率高。发生医院感染的危险因素包括住院时间、鼻咽黏膜完整性、体内白细胞水平、抗菌药物。

**结论** 为预防医院感染,鼻咽癌患者在行放化疗时,应积极关注其鼻咽黏膜完整性,预防性保护,及时送检分泌物标本,合理用药。

## PU-4301

## 探讨 SP70 检测在甲状腺癌诊断及预后中的价值

衣鲁江  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究新型肿瘤标志物 SP70 在甲状腺癌诊断和预后中的应用价值。

**方法** 收集 200 例甲状腺结节患者,另选择健康者 99 名作为对照组,应用肿瘤特异性蛋白 70 (SP70)检测试剂盒检测血清中 SP70 表达水平;并比较 42 例甲状腺癌患者手术前后血清 SP70 表达的变化情况,应用 ROC 曲线分析血清 SP70 的表达对甲状腺结节鉴别诊断的灵敏度和特异性;同时应用 SP70 免疫组化检测试剂盒检测甲状腺组织的 SP70 分布情况;根据 B 超甲状腺结节分级对病例分组比较血清 SP70 表达情况,分析相关性。

**结果** 甲状腺乳头状癌(PCT)、良性甲状腺结节和正常对照组血清 SP70 值分别为 10.6(9.6,11.6) ng/ml、9.3(8.4,10.2)、7.5±2.1,恶性结节血清 SP70 表达水平高于良性结节,明显高于正常对照,差异有统计学意义。42 例甲状腺癌根治术前后血清 SP70 表达水平分别为(13.1±8.2) ng/ml 和(11.1±5.5) ng/ml,差异有统计学意义。血清 SP70 对甲状腺结节良恶性的鉴别特异度为 80.3%,敏感度为 52.1%。8 例恶性甲状腺组织 SP70 均有表达,程度 1+~4+,2 例良性结节组织 SP70 未见表达。根据 B 超 TI-RADS 分级 I、II、III、IV/V 级分别对应血清 SP70 表达均值是(7.5±2.1) ng/ml、(7.8±1.5) ng/ml、(9.5±2.8) ng/ml、(10.3±6.1) ng/ml,成明显上升趋势,III 级与 IV/V 级之间差异有统计学意义。

**结论** 血清 SP70 在甲状腺结节良恶性鉴别具有良好的灵敏度和特异度,可以作为辅助诊断甲状腺癌的血清肿瘤标志物,结合 B 超分级,提高诊断效率。

## PU-4302

## 肺结节恶性概率预测模型的初步构建

吴传勇,曹淳,姜加陶  
上海市胸科医院

**目的** 随着肺癌的发病率不断升高,早诊可有效降低肺癌死亡率。影像学筛查在提高早期肺癌检出率的同时也存在过度治疗的风险。本研究旨在构建肺结节恶性概率的预测模型,为临床医生判断结节良恶性,进行有创诊疗提供客观依据

**方法** 回顾性分析上海市胸科医院 2017 年 3 月-2017 年 5 月 106 例肺结节患者资料,包括临床基本资料,影像学指标,肿瘤标志物水平等。选取相关性因素纳入二分类 Logistic 回归,建立预测模型,绘制 ROC 曲线,评判诊断性能。

**结果** 1、106 例肺结节患者中,24 例确诊为良性结节,82 例确诊为恶性结节,

2、年龄,CEA,CYFRA21-1,结节直径,棘状突起,支气管截断,血管集束,结节密度被确定为独立危险因素。模型受试者工作曲线下面积为 0.926。模型灵敏度为 85%,特异度为 92%,阳性预测值为 97%,阴性预测值为 65%。模型诊断性能良好。

3、加入肿瘤标志物对总体模型 ROC 曲线下面积略有提高,对特异度提高显著

**结论** 本研究建立的纳入肿瘤标志物的肺结节恶性概率预测模型具有较高的诊断效能,有效提升了早筛项目的特异度。经过大样本验证后,对临床医生判断结节良恶性及患者的诊疗手段具有重要意义。

## PU-4303

## 应用 CLSI EP15-A3 验证糖化血红蛋白分析仪的精密度

林莉  
广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 根据美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) EP15-A3 文件的相关规定,验证三台糖化血红蛋白分析仪 (Sebia Minicap FP 毛细管电泳仪、日立 7180 生化分析仪、Trinity Biotech Premier Hb 9210TM 分析仪) 的精密度。

**方法** 按照 EP15-A3 精密度 5x5 设计方案,利用仪器原装配套质控品 Sebia (水平 1、水平 2)、9210 (水平 1、水平 2)、Roche (水平 1、水平 2) 进行批内和实验室内不精密度验证。每个质控样本每天 1 批,每批重复 5 次,共 5 天,每个样本获得 25 个数据。使用 Grubbs'法计算离群值,使用单因素方差分析 (ANOVA) 计算批内不精密度 ( $S_R$ ) 和实验室内不精密度 ( $S_{WL}$ ),分别与厂家给出的批内不精密度 ( $\sigma_R$ ) 和实验室内不精密度 ( $\sigma_{WL}$ ) 进行比较和分析。如果  $S_R \leq \sigma_R$ 、 $S_{WL} \leq \sigma_{WL}$ ,则用户验证了厂家不精密度声明。如果  $S_R > \sigma_R$  或  $S_{WL} > \sigma_{WL}$ ,则各自继续与其上限验证值 (UVL) 比较,如果  $S_R \leq UVL_R$ 、 $S_{WL} \leq UVL_{WL}$ ,同样用户验证了厂家不精密度声明。否则,需查找原因或与厂家联系。

**结果** 三台糖化血红蛋白分析仪的测定结果均通过 Grubbs'法离群值检查,各项目无离群值。 $S_R$  和  $S_{WL}$  分别与  $\sigma_R$ 、 $\sigma_{WL}$  或  $UVL_R$ 、 $UVL_{WL}$  相比较,研究结果显示,在批内不精密度验证实验中,除 Sebia (水平 1、水平 2)、日立 (水平 2), $S_R > \sigma_R$ , $S_R \leq UVL_R$  外,其他各水平均  $S_R \leq \sigma_R$ 。实验室内不精密度验证实验中,除 Sebia (水平 2), $S_{WL} > \sigma_{WL}$ , $S_{WL} \leq UVL_{WL}$  外,其他水平均  $S_{WL} \leq \sigma_{WL}$ 。

**结论** 实验室现用的三台糖化血红蛋白分析仪的不精密度达到厂家声明要求,符合质量目标要求。



## PU-4304

## 人源 $\alpha$ -螺旋靶向肽修饰的纳米血小板复合载药系统的构建

徐鸿波<sup>2,1</sup>, 范小波<sup>2</sup>, 吴国球<sup>1</sup>

1. 东南大学附属中大医院, 210000

2. 东南大学医学院

**目的** 本研究设计合成了一种能自发锚定在磷脂双分子层的两亲性 P45 多肽, 多肽 C 端为人软骨基质蛋白的两亲性  $\alpha$ -螺旋, N 端融合能靶向整合素  $\alpha v \beta 3$  的 RGD 肽。以其为纳米靶向分子利用血小板为载体材料制备复合药物递送系统, 并对其进行表征, 通过细胞实验和动物实验考察复合载药系统的靶向性、细胞毒性、药代动力学特征以及生物安全性。

**方法** 通过等温滴定量热测定 (ITC) 和耗散型石英晶体微天平 (QCMD) 检测 P45 肽与纳米血小板相互作用特性; 以透射电镜 (TEM)、动态光散射 (DLS) 检测纳米颗粒的表征; 采用透析法对复合载药系统进行药物 pH 敏感释放评估。选取高表达、低表达和阴性表达整合素  $\alpha v \beta 3$  的 MDA-MB-231 细胞系、MCF-7 细胞系和 HEK293 细胞系为细胞模型, 通过流式细胞术 (FCM)、激光共聚焦扫描显微镜 (CLSM)、透射电镜 (TEM) 和扫描电镜 (SEM) 观察 3 种细胞与纳米颗粒的结合; 最后在裸鼠皮下瘤模型中评价纳米颗粒的药代动力学特征、抗肿瘤效果以及生物安全性。

**结果** ITC 和 QCM-D 结果表明 P45 多肽可以自发插入磷脂双分子层; TEM 观察, 修饰后的纳米血小板染色加深, 边缘粗糙; DLS 测得纳米颗粒的粒径为  $165.8 \pm 2.7 \text{ nm}$ , Zeta 电位为  $0.296 \text{ mV}$ , P 纳米颗粒的包封率  $68.3 \pm 1.2\%$ , 载药率为  $26.4 \pm 1.4\%$ ; 在 pH5.5、6.5 的酸性缓冲溶液中, 纳米颗粒纳米释放速度快、药物释放显著, 在 pH7.4 的缓冲溶液中释放缓慢。FCM 和 CLSM 结果显示, 复合纳米颗粒能与 MDA-MB-231 细胞和 MCF-7 细胞靶向结合; CCK-8 试验显示, 复合纳米颗粒能够靶向结合并高效杀伤肿瘤细胞, 动物实验显示纳米颗粒能够在体内的半衰期不小于 96h, 并且能够靶向杀伤乳腺癌细胞且不损伤其他组织。

**结论** 本研究成功设计合成具有两亲性的多肽 P45, 可不通过化学方法而直接作用并修饰锚定在生物载体脂质膜上; 复合纳米颗粒能够靶向递送抗肿瘤药物, 提高药物的半衰期, 实现 pH 敏感释放并且有效的杀伤乳腺癌细胞, 是一种靶向、高效、安全的复合纳米载药系统。

## PU-4305

## 鼻咽癌患者血浆外泌体 miR-BART 水平与临床转移之间的关系

郑瑜宏, 张仙健, 陈燕

福建省肿瘤医院, 350000

**目的** 检测鼻咽癌患者血浆外泌体中 miR-BART 的含量, 分析和鼻咽癌 miR-BART 的表达和患者临床病理参数之间的相关性, 探讨它在 NPC 侵袭转移过程中的作用。

**方法** 收集 24 对鼻咽癌患者的配对血浆 (治疗前和发生转移时总共 48 份血浆) 和 12 名健康人的血浆, 通过 exoRNeasy 血清/血浆 Maxi 试剂盒对鼻咽癌患者血浆中外泌体和外泌体中总 RNA 的提取。再通过 TaqMan MicroRNA 逆转录试剂盒进行多重 RT-PCR 完成 60 份标本的 miR-BART3、miR-BART7 和 miR-BART13 的检测。用 SPASS13.0 进行数据分析, 探讨鼻咽癌患者血浆外泌体中 miR-BART 的表达水平与鼻咽癌临床病理参数 (年龄、远处转移和临床分期) 之间和复发转移的关系。

**结果** 血浆外泌体中的 miR-BART3 和 miR-BART7 对鼻咽癌有诊断意义, 诊断的准确率为 0.794 和 0.817 (95% 置信区间分别为: 0.641-0.946 和 0.671-0.964); 血浆外泌体中的 miR-BART13 在 NPC 组合健康对照组间不存在相关性。不同性别血浆外泌体中的 miR-BART3、miR-BART7、

miR-BART13 表达量无差别；血浆外泌体中的 BART7、BART13 表达水平与年龄不存在相关性，但年龄大于 50 岁患者血浆外泌体中的 BART3 呈现高表达；BART7 与 T 分期、N 分期、临床分期均无相关性；而 BART13 与 T 分期、N 分期及临床分期都存在相关性，但由于其表达量很低，因此无意义；BART3 则与 N 分期存在较强相关性，但是随着 N 分期越晚，miR-BART3 表达量增加。

**结论** miR-BART3 和 miR-BART7 对鼻咽癌有诊断意义，诊断的准确率分别为 0.794 和 0.817；转移前后的 miR-BART3 表达量有较大差别，但二者在统计学上的差异并不十分显著；miR-BART3 在 50 岁以上的鼻咽癌患者中高表达，且二者存在相关性；miR-BART3 则与 N 分期存在较强相关性，随着 N 分期越晚，miR-BART3 表达量增加。

## PU-4306

### 慢性乙型肝炎患者免疫球蛋白检验的临床作用评价

单荣梅,胡越,顾玲莉

南通市第二人民医院,226000

**目的** 针对患有慢性乙肝的患者行以免疫球蛋白检验的作用和价值进行研究。

**方法** 随机在我院 2017 年 2 月到 2019 年 2 月期间就诊的慢性乙肝患者当中择取 80 名，并择取同期接受一般资料没有差异的健康体检人员共 80 名，将其分别设置成健康组和参照组两组，均行以免疫球蛋白检验，之后对照两组人员的各项生理指标

**结果** 经过观察，参照组患者的 IgG 水平、IgA 水平以及 IgM 水平均较为显著地高于健康组人员，存在  $P < 0.05$ ，有统计学上的差异。

**结论** 在临床中对于患有慢性乙肝症状的患者行以免疫球蛋白检验，能够获得较为可靠的结果，而且对于病情变化等也有较好的判定价值，可以在临床当中进行更加广泛的实践应用和深入研究。

## PU-4307

### 临床微生物学专升本继续教育新教学模式的探讨

许雨乔,陆燕飞,夏文颖,金菲

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 探讨临床微生物学专升本继续教育新教学模式，提高微生物专升本教学质量。

**方法** 本文结合所在教研室教学经验，从教育对象、教材和教育方式三方面分析了当前临床微生物学专升本继续教育的现有教学模式和存在问题，并对临床微生物学专升本继续教育教学模式改进措施进行了探讨

**结果** 通过科学选择授课内容、融合 CLSI M100 教学、传统与网络相结合的教学方式和提高师资水平可提高专升本继续教育质量

**结论** 不断完善临床微生物学专升本继续教育新教学模式，有利于培养出更多符合临床需求的医学人才。

## PU-4308

## 肉桂醛对阿萨希毛孢子菌生长及其生物膜形成的影响

张伟铮

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 阿萨希毛孢子菌 (*Trichosporonasahii*, *T.asahii*) 是播散性毛孢子菌病主要的致病菌。该病主要发生于免疫功能低下人群的机会性深部真菌感染,病死率高。且 *T.asahii* 可粘附于医疗器械表面并且生长繁殖,形成生物膜 (Biofilm, BF), 导致感染灶的耐药性增加而不易清除。本实验采用中药单体肉桂的活性成分肉桂醛 (cinnamic aldehyde) 进行研究, 了解其对 *T.asahii* 生长及其生物膜形成的影响。

**方法** 选取临床分离菌株进行测序及 VITEK MS 鉴定, 并建立体外生物膜模型。倍比稀释法测定不同浓度肉桂醛对阿萨希毛孢子菌生长的抑制作用, ATB Fungus-3 法测定不同浓度肉桂醛对 *T.asahii* 耐药性的影响, 银染法观察不同浓度肉桂醛对 *T.asahii* 生物膜形成的影响。

**结果** 本实验结果显示, 肉桂醛浓度达到 1050mg/L 时, 已能明显抑制 *T.asahii* 生长和菌相转换, 当肉桂醛浓度依次降低时, 对 *T.asahii* 的抑制作用也依次降低, 其孢子、菌丝数量依次增多。浓度为 1050、525、262.5、131.25 mg/L 的肉桂醛与 ATB Fungus-3 中的抗菌药物联合时, 能很好的抑制 *T.asahii* 的生长, 显著增强 *T.asahii* 对抗菌药物的敏感性。此外, 实验结果显示, 浓度为 1050、525、262.5 mg/L 的肉桂醛都能延长阿萨希毛孢子菌生物膜的形成、成熟时间, 肉桂醛浓度越高, 延长的时间越久。而生物膜的形成可以显著影响真菌的生物学特性。

**结论** 肉桂醛能抑制 *T.asahii* 生长和菌相转换, 延长 *T.asahii* 生物膜的形成、成熟时间, 真菌由酵母相至菌丝相的转换是重要的毒力作用, 而生物膜的形成可以显著影响真菌的耐药性及其它生物学特性。本实验从形态学观察、银染鉴定生物膜形成方面为中药单体肉桂醛体外抗 *T.asahii* 提供了初步的理论依据, 中药单体肉桂醛可能成为治疗 *T.asahii* 的新型药物, 但尚需更深层次的体外实验、体内实验、临床试验等进一步研究的证实。

## PU-4309

## 红细胞冷凝集对血常规多项参数结果的影响分析

高嫣妮,陈德东,陈燕

福建省肿瘤医院,350000

**目的** 研究红细胞冷凝集对血细胞分析各项检测参数检测结果的影响及处理办法。

**方法** 选取本院 2017 年 12 月—2018 年 3 月冷凝集标本 83 例, 用 SysmexXN-9000 全自动血细胞分析仪检测 37℃ 水浴前、后的红细胞计数 (RBC)、血细胞比容 (Hct)、红细胞平均容积 (MCV)、红细胞平均血红蛋白含量 (MCH)、血红蛋白浓度 (Hb)、红细胞平均血红蛋白浓度 (MCHC)、白细胞计数 (WBC)、血小板计数 (PLT) 等参数, 再进行结果比较。; mso-font-  
kerning:1.0pt;mso-ansi-language:EN-US;mso-fareast-language:ZH-CN; mso-bidi-language:AR'>之间和复发转移的关系。

**结果** RBC、HCT、MCV、MCH、MCHC 的结果水浴前后对比差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而 Hb、WBC 和 PLT 水浴前后结果无统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 冷凝集标本会引起血细胞分析过程中多项参数检测结果严重失真并出现直方图、散点图异常及仪器报警提示。因此, 在血细胞分析检测时应保证实验室温度, 检验人员应加强质量控制, 仔细审核分析检验结果, 及时发现冷凝集标本, 立即进行 37℃ 水浴 30min 后, 即刻上机检测。同时应注意运送过程中的保温, 对标本及检验试剂和用具作适当的加温处理, 有助于解除标本凝集, 从而使血常规各参数的检测结果得到校正。

## PU-4310

**血清维生素 D 与儿童乙肝疫苗免疫反应相关性的初步探讨**

黄小丽,陈丽锦,林闽川,蔡建兴,叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 探讨儿童维生素 D 营养状况与乙型肝炎疫苗免疫反应的关系。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 9 月在厦门大学附属妇女儿童医院儿童保健科健康体检的 1392 例 0-12 岁儿童,对维生素 D 及抗-HBs 浓度的检测结果进行分析,并对不同年龄段儿童的 25-羟维生素 D 水平与其乙肝表面抗体浓度的相关性进行探讨。

**结果** 该研究人群中维生素 D 缺乏占 7.3%,不足占 36.7%,正常占 56%。维生素 D 缺乏组,维生素不足组及正常组间抗-HBs 浓度差异有统计学意义 ( $F=9.022, P=0.011$ )。在三组中乙肝疫苗免疫呈高应答反应的人数构成比分别是 23.5%, 21.4%, 28.4%, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=8.168, P=0.017$ )。血清 25-羟维生素 D 浓度与抗-HBs 浓度呈正相关,相关系数为 0.163 ( $P<0.01$ )。

**结论** 血清 25-羟维生素 D 可能与抗-HBs 抗体有效保护水平的维持有一定关系。

## PU-4311

**尿路上皮癌相关 1 在膀胱癌诊断中的 Meta 分析**

罗晓莉,林颖烽,崔兆磊,陈燕  
福建省肿瘤医院,350000

**目的** 采用 Meta 分析方法评价长链非编码 RNA 尿路上皮癌相关 1 基因 (lncRNA-UCA1)对膀胱癌的诊断价值。

**方法** 检索中国知网数据库 (CNKI)、万方数据库、维普中文科技期刊数据库、PubMed、web of science 等数据库,检索年限截至 2017 年 8 月。收集 lncRNA-UCA1 诊断膀胱癌的相关文献。由 2 位研究者根据纳入与排除标准筛选文献、提取资料,使用 QUADAS-2 条目工具评价纳入研究质量,应用 STATA12.0 软件合并统计量。

**结果** 共有 6 篇文献符合本研究的纳入标准,包括膀胱癌 919 个病例,对照组 418 个病例。最后,合并所有结果得到 lncRNA-UCA1 的合并敏感度为 0.78 (95%CI: 0.76-0.80),特异度为 0.87(95%CI: 0.85-0.90),诊断比值比为 44.9(95%CI: 18.23-110.56),受试者工作特征曲线 (SROC) 曲线下面积(AUC)为 0.9317, Q 指数为 0.8671。

**结论** lncRNA-UCA1 的水平对膀胱癌有较高的临床辅助诊断价值。

## PU-4312

**研究葛根素对膀胱癌细胞凋亡的调节作用  
及其可能的机制。**

芦鑫  
山东大学第二医院,250000

**目的** 研究葛根素对膀胱癌细胞凋亡的调节作用及其可能的机制。

**方法** 实验对象分为实验组、对照组和空白对照组,分别检测治疗后的细胞抑制率。然后,进一步将受试者分为对照组,葛根素组 (葛根素治疗组),激动剂组 (用 SIRT1 激动 SRT1720),抑制剂组 (SIRT1 抑制 EX527),联合组 (用 SRT1720 和葛根素联合处理)。在各组均采用流式细胞

仪检测凋亡细胞, 通过 Western blot 检测凋亡相关蛋白的表达和 SIRT1 和 p53 蛋白。此外, siRT1 和 p53 信使核糖核酸的表达通过聚合酶链反应 (RT-qPCR) 检测。

**结果** 不同浓度葛根素对膀胱癌 T24 细胞的抑制率明显提高。与正常对照组相比, 葛根素治疗后 24、48、72h 的抑制率明显升高( $p<0.05$ )。与对照组相比, 不同剂量葛根素或 ex527 可显著提高 T24 细胞的凋亡率, 凋亡相关蛋白 Bax 的表达水平也显著升高, 而凋亡抑制蛋白 bcl-2 的表达水平下降。SIRT 1 和 P53 的蛋白和 mRNA 表达水平也显著下降。与葛根素组相比, 联合用药组细胞凋亡率降低, 凋亡相关蛋白 bax 表达水平降低, bcl-2 表达水平升高, SIRT 1 和 p53 蛋白表达水平显著升高。

**结论** 葛根素能抑制膀胱癌 T24 细胞增殖, 诱导细胞凋亡, 其机制可能与抑制 SIRT 1/p53 信号通路有关。

#### PU-4313

### The relationship between the percent of euploid embryo and the tolerance of embryo biopsy in PGS : a systematic review and meta-analysis of RCTs

Xinglu Jiang,Wu Guoqi  
Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** To analyze the relationship between the percent of euploid embryo and the tolerance of embryo biopsy in PGS.

**Methods** PubMed and trial registers were searched for clinical studies that patients were randomized to the PGS group or the control group from 1995 to October 2017. The patients of advanced maternal age (AMA), repeated implantation failure (RIF) and good prognosis with or without PGS in RCTs were collected.

**Results** Original data from 9 RCTs studies comparing IVF with and without PGS including 1,642 patients were obtained and they were divided into 3 subgroups according to the percent of euploid embryo. PGS significantly increased live birth babies per embryo transferred (Risk Ratio: 2.98, 95% confidence interval: 1.54 to 5.75) in  $\leq 30\%$  of euploid embryo subgroups and but in other two groups, PGS has no effect. Significant negative correlation was found between the percent of euploid embryo and the tolerance of embryo biopsy in PGS ( $r=0.80$ ,  $P=0.010$ )

**Conclusions** The tolerance of embryo biopsy in PGS was associated negatively with the percent of euploid embryo. There was a beneficial effect when PGS was used in the patients with the lowest percent of euploid embryo.

#### PU-4314

### 不同手术方式对肺癌患者机体应激与免疫功能的影响分析

许万星,王琳,姜加陶  
上海市胸科医院

**目的** 本研究的主要目的是为了比较分别采用胸腔镜单孔、三孔、四孔以及达芬奇手术的早期肺癌患者的机体应激和免疫功能的差异, 为指导临床 NSCLC 患者的治疗预后和选取适合的手术方式提供依据。

**方法** 收集了 2018 年 3 月到 8 月, 于上海市胸科医院胸外科里被确诊为 NSCLC 的患者, 并且接受了 VATS 手术治疗, 统计其临床资料。依据入组和排除标准决定是否纳入本研究, 并按照手术方式分为四组, 分别为 (1) 四孔组  $n=29$  (2) 三孔组  $n=21$  (3) 单孔组  $n=15$  (4) 机器人组  $n=22$ , 并收集血液样本。检查所有患者术前及术后 1d、术后 3d, 术后 5d 应激反应指标 IL-6、IL-8、IL-

10、IL-12、TNF- $\alpha$ 、CRP 的浓度。检测患者术前及术后 1d、术后 3d、术后 5d 的免疫功能指标-包括 IgM、IgG、WBC 计数、LY 计数、LY%以及淋巴细胞亚群百分比。对四组患者上述指标进行比较。

**结果** 单孔手术出血量显著高于三孔、四孔和机器人手术,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。IgG 血清值不同时间的测量结果与手术分组无交互作用,不同手术组两两比较,三孔和四孔之间 IgG 血清值有统计学区别  $p=0.021(P<0.05)$ ,三孔和机器人之间 IgG 血清值有统计学区别  $p=0.015(P<0.05)$ 。CD19 百分比不同时间的测量结果与手术分组无交互作用,不同手术组两两比较,三孔和单孔之间 CD19 百分比有统计学差异  $p=0.011(P<0.05)$ ,三孔和机器人之间 IgG 血清值有统计学差异  $p=0.022(P<0.05)$ ;但是不同的手术方式 CD19 绝对值无统计学差异  $P=0.673$ 。LY 血清各个时间点测量的数值之间有统计学差异 ( $P<0.05$ ),不同时间的测量结果与手术分组有交互作用  $P=0.462(P<0.05)$ ,即不同分组患者应激反应指标术后变化趋势有统计学差异。

**结论** 单孔胸腔镜手术的出血量显著高于其他三种胸腔镜手术,四种胸腔镜手术方式对早期肺癌患者机体应激影响不大。免疫功能中,四种胸腔镜手术方式术后的细胞免疫功能相当,三孔胸腔镜手术对术后体液免疫抑制较大。

## PU-4315

### 男性不育患者精液细菌感染分布特点 及对精液质量的影响

张伟铮

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 通过收集男性不育患者精液标本并进行细菌培养鉴定、精液质量分析,了解不育患者精液细菌感染率、菌群分布特征及对精液质量的影响。

**方法** 对 408 例在广东省中医院大学城医院生殖医学科就诊的不育患者精液进行细菌培养鉴定,并采用计算机辅助精子分析系统对精液质量常规进行分析。

**结果** 408 例不育症精液标本共分离出 195 株细菌,分离率为 47.79%。其中 G<sup>+</sup>菌占 68.21%,以无乳链球菌,金黄色葡萄球菌,粪肠球菌为主;G<sup>-</sup>菌占 28.71%,以肠杆菌科细菌为主,分离率较高的有大肠埃希菌,肺炎克雷伯菌等。各感染组与正常对照组比较精子存活率、正常精子形态、畸形指数、总活力、前向百分率及浓度差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ),粪肠球菌和解葡萄糖苷棒状杆菌精子浓度较其他组显著下降 ( $P<0.01$ )。

**结论** 男性不育患者精液细菌培养以 G<sup>+</sup>球菌分离率较高,超过大肠埃希菌的分离率,其中无乳链球菌分离率最高;阴道加德纳菌分离率也占很大比例;各主要细菌感染组中无乳链球菌、大肠埃希菌、粪肠球菌、阴道加德纳菌、解葡萄糖苷棒状杆菌及金黄色葡萄球菌对精液质量常规各主要参数有较为显著的影响,应该加以关注。

## PU-4316

### 蜃楼弗朗西斯菌样新种鉴定与表型分析

邓光远

广东省中医院,510000

**目的** 对 3 株疑为弗朗西斯菌属下新种的菌株进行分类学研究,以确定其分类学地位及微生物学特性,同时利用 11 株蜃楼弗朗西斯菌建立蜃楼弗朗西斯菌的蛋白指纹数据库,为临床快速鉴定蜃楼弗朗西斯菌提供背景支持。

**方法** 采用培养染色、系统生化鉴定、16SrRNA 序列分析和药敏分析对分离培养的实验株的特性进行研究和分析, 利用 MALDI-TOF-MS 对实验菌株和 11 株蜚楼弗朗西斯菌进行质谱数据采集, 建立蜚楼弗朗西斯菌数据库。

**结果** ①表型特征: 菌落有白色不透明、无色半透明型和灰色光滑型三种类型, 不溶血, 边缘整齐。②生化鉴定: 现在的生化鉴定系统还不能准确鉴定出来。③16S rRNA 基因序列分析: 3 株菌株中, 依照与标准菌株的 16S rRNA 序列相似程度, SYW-1, SYW-3, SYW-9 这 3 株判断为弗朗西斯菌属潜在新种。④蛋白质谱: 三株未知实验菌株主要得到了 2593m/z, 4 424 m/z, 5 180 m/z, 9393 m/z 等特征峰; 而利用 11 株用于建库的菌株成功建立了蜚楼弗朗西斯菌的质谱参考图谱库。⑤药敏结果: 实验所用的 3 株实验菌株对四环素、多西环素、庆大霉素、左氧氟沙星、氯霉素、环丙沙星均敏感。

**结论** 所用的 3 株实验菌株判断为新种, 对于一种疑为新种的菌种, 用分类学研究和 16S rRNA 序列分析可初步鉴定其菌种并提示其分类学地位及微生物学特性, 建立起一个菌种的质谱数据库可在临床上实现该菌种的快速鉴定。

PU-4317

## HOTTIP predicts poor survival in gastric cancer patients and contributes to cisplatin resistance by sponging miR-216a

Xin Zhang, Rui Zhao, Yi Zhang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Gastric cancer (GC) is a huge burden worldwide and drug resistance is the major obstruction for gastric cancer chemotherapy. Our previous studies have found that HOTTIP was involved in the pathology of GC and related to the poor overall survival of patients. However, the functional role of HOTTIP in GC chemoresistance remains obscure.

**Methods** A cohort comprising 106 GC patients in stage II/III who have received gastrectomy with standard D2 lymph node resection was enrolled in the study. HOTTIP expression was detected using RT-qPCR. pcDNA-HOTTIP expression vector and HOTTIP RNA interference (RNAi) sequences were transfected into SGC7901 and cisplatin resistance SGC7901/DDP cells, respectively. The chemoresistance effects of HOTTIP were assessed by cell viability, apoptosis and autophagy assays. The relationships among HOTTIP, miR-216a, and Bcl-2 were confirmed by biotinylated RNA pull-down, luciferase reporter and western blot assays.

**Results** HOTTIP were significantly upregulated in tissues of GC patients ( $p < 0.001$ ) and patients with relapsed cancer ( $p < 0.001$ ). The area under the curve (AUC) for HOTTIP to diagnose the relapse of GC was 0.728 and at the optimal cut-off value was 2.52, the sensitivity and specificity were 0.707 and 0.708, respectively ( $p < 0.001$ ). Kaplan-Meier analysis indicated that patients with a low HOTTIP expression had better DFS (Figure 1D) and OS (Figure 1E) than those with high levels of HOTTIP ( $p < 0.001$ ).

HOTTIP was increased in cisplatin-resistant cells, SGC7901/DDP, than in parental cell, SGC-7901. CCK8 assay results revealed that elevating HOTTIP expression notably increased the cisplatin resistance of SGC7901 cells (35.21  $\mu\text{mol/l}$  VS 17.10  $\mu\text{mol/l}$ ) and silencing HOTTIP significantly inhibited the cisplatin resistance of SGC7901/DDP cells (32.40  $\mu\text{mol/l}$  VS 49.08  $\mu\text{mol/l}$ ) compared with cells transfected with the empty vector. The results of TUNEL and PE AnnexinV/7-AAD analysis revealed that overexpression of HOTTIP in SGC7901 cells largely decreased cells apoptosis and silencing HOTTIP in SGC7901/DDP cells significantly increased cells apoptosis.

Increased number of GFP-LC3 puncta-positive cells and LC3 puncta per cell in downregulating HOTTIP cells was monitored compared with control cells. However, knockdown HOTTIP resulted in the formation of GFP-LC3 puncta. 3-MA could significantly inhibited the expression of

autophagy-related proteins (LC3-II and Beclin1), while silencing HOTTIP abrogated the autophagy inhibition effect caused by 3-MA. Taken together, silencing HOTTIP could active autophagy in GC.

The luciferase activity was significantly decreased after co-transfection the HOTTIP-wt and miR-216a mimic ( $p=0.0022$ ), while miR-216a mimic had no significant influence on the luciferase activity following co-transfection with the HOTTIP-mut plasmids ( $p>0.05$ ). Overexpression of miR-216a could significantly inhibit the cell chemoresistance ( $7.880\pm0.3311$  umol/l VS  $17.61\pm2.347$  umol/l) and promote the cell apoptosis. Co-transfected pcDNA-HOTTIP and miR-216a-mimic could significantly decrease the cell chemoresistance ( $25.30\pm3.181$  umol/l VS  $33.43\pm 1.524$  umol/l) and enhance cell apoptosis than co-transfected pcDNA-HOTTIP and miR-216a-NC in SGC7901.

Spearman test further confirmed that there was a positively relationship between HOTTIP and Bcl-2 expression ( $r=0.512$ ,  $p<0.001$ ). Western blot data displayed that upregulated miR-216a could dramatically lessen the expression of Bcl-2 in protein level and accelerated the expression of LC3-II and Beclin1. Then, overexpression of HOTTIP significantly alleviated these changes, indicating that HOTTIP could modulate Bcl-2 by regulating miR-216a.

**Conclusions** HOTTIP is closely associated to the recurrence of GC patients, and increases the chemoresistance via regulating miR-216a/BCL-2/Beclin1 pathways, which can be used as a diagnostic marker and potential target in GC therapy.

#### PU-4318

### Hypoxia-induced miR-191-C/EBP $\beta$ signaling regulates cell proliferation and apoptosis of fibroblast-like synoviocytes from patients with rheumatoid arthritis

Shanshan Yu, Ying Lu, Ming Zong, Qi Tan, Lieying Fan  
Shanghai East hospital

**Objective** Hypoxia plays an important role in the proliferation of rheumatoid arthritis fibroblast-like synoviocytes (RA-FLS), leading to pathology of RA. This study was conducted to evaluate hypoxia-induced-microRNAs (hypoxamiR) in RA-FLS and its role in the function of RA-FLS.

**Methods** RA-FLS were cultured under normoxia (21% O<sub>2</sub>) or hypoxia (3% O<sub>2</sub>) condition, followed by a microRNA (miRNA) array analysis. The upregulation of miR-191 by hypoxia was confirmed in RA-FLS and FLS from osteoarthritis (OA) patients by quantitative real-time polymerase chain reaction (RT-PCR). Transfection of miR-191 mimic and inhibitor was used to investigate the function of miR-191 in RA-FLS. The functional targets of miR-191 were predicted by bioinformatics, and then validated by reporter gene assay.

**Results** A subset of miRNAs was identified to be induced by hypoxia including miR-191. The upregulation of miR-191 was found to be specific in hypoxic RA-FLS, compared to hypoxic OA-FLS. We observed that miR-191 in RA-FLS increased cellular proliferation via promoting G<sub>1</sub>/S transition of the cell cycle and suppressed cell apoptosis induced by cell starvation. Bioinformatical analysis and experimental assays identified CCAAT/enhancer binding protein  $\beta$  (C/EBP $\beta$ ) as a target gene of miR-191 in RA-FLS. Enforced expression of C/EBP $\beta$  rescued the cellular phenotypes induced by miR-191. In addition, an inverse correlation between the C/EBP $\beta$  level and hypoxia stimulation was found in RA-FLS, and overexpression of C/EBP $\beta$  could partly rescue the hypoxia-induced cell proliferation.

**Conclusions** We demonstrated the miR-191-C/EBP $\beta$  signaling pathway mediating the hypoxia-induced cell proliferation in RA.



## PU-4319

## 乳腺癌合并甲状腺癌患者的临床病理特征分析

彭伟,袁琴,陈燕  
福建省肿瘤医院,350000

**目的** 通过分析乳腺癌合并甲状腺癌的临床病理特征,探讨甲状腺癌、甲状腺激素功能及甲状腺相关抗原抗体在乳腺癌发生发展的作用。

**方法** 回顾性分析福建省肿瘤医院 2001 年 1 月-2017 年 12 月期间收治的乳腺癌合并甲状腺癌患者 76 例(合并癌组),并随机收集同期收治的单纯乳腺癌患者(对照组)116 例,同时收集患者治疗前甲状腺激素(T3、T4、FT3、FT4、TSH)、甲状腺自身抗原和抗体(TG、TPOAb、TGAb)、临床病理(TNM 分期、临床分期、淋巴转移、原发结节大小)和乳腺癌免疫组化指标(ER、PR、HER-2、Ki-67)等;通过 SPSS 25.0 软件统计分析合并癌组和对照组各临床病理和免疫组化指标,进一步探讨甲状腺癌在乳腺癌发生发展中的作用。

**结果** 合并癌组的淋巴受累率高于对照组(60.9% VS 37.7%),具有统计学差异( $p < 0.05$ );甲状腺的功能状态:合并癌组与对照组 T3(1.74 VS 1.68)和 TSH(2.19 VS 10.27)具有统计学差异( $p < 0.05$ );甲状腺相关抗原抗体:合并癌组与对照组 TPOAb(3.693 VS 12.3)和 TG(10.71 VS 2.77)的表达水平具有统计学差异( $p < 0.05$ );其它病理特征:合并癌组与对照组在 ER、PR、HER-2、Ki-67 和 TNM 分期等免疫组化和病理特征上不具有统计学意义( $p > 0.05$ )。

**结论** 乳腺癌合并甲状腺癌组的淋巴受累率明显高于对照组(60.9% VS 37.7%);同时发现乳腺癌合并甲状腺癌组 T3 和 TG 表达水平高于对照组,TSH 和 TPOAb 表达水平低于对照组,提示甲状腺癌在乳腺癌的发生发展中起作用,其机制可能与 T3 和 TG 的升高和 TSH 和 TPOAb 降低有关。

## PU-4320

## 初步探讨黄芪、穿心莲和鱼腥草对铜绿假单胞菌生物膜的影响

肖倩  
广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 铜绿假单胞菌(PA)能引起多种感染性疾病,也是院内感染主要病原菌之一。生物膜形成后,能增强铜绿假单胞菌对抗生素的耐药性,导致患者慢性反复性感染。黄芪、穿心莲和鱼腥草具有广泛的抗菌作用,本课题旨在探讨不同浓度的黄芪、穿心莲和鱼腥草水煎液单独用药对铜绿假单胞菌生长及其生物膜形成的影响,为后续探讨黄芪、穿心莲和鱼腥草与抗菌肽 LL-37 联合用药对铜绿假单胞菌生物膜的影响提供实验依据。

**方法** 微量稀释法测定 MIC,用紫外分光光度法和银染法快速鉴定生物膜,用紫外分光光度法探讨不同浓度黄芪、穿心莲和鱼腥草对铜绿假单胞菌生长曲线、生物膜、弹性蛋白酶和绿脓菌素的的影响。

**结果** 不同浓度的黄芪、穿心莲和鱼腥草虽然对铜绿假单胞菌生长无明显影响,但能够抑制铜绿假单胞菌生物膜的形成,并且在一定程度上能够清除已成熟的生物膜。三种药物对铜绿假单胞菌生物膜形成的抑制强弱依次为鱼腥草>穿心莲>黄芪;对铜绿假单胞菌成熟生物膜清除作用的强弱依次为鱼腥草>黄芪>穿心莲。此外,黄芪、穿心莲和鱼腥草能够在不同程度上影响弹性蛋白酶的分泌。

**结论** 不同浓度的黄芪、穿心莲和鱼腥草虽然对铜绿假单胞菌生长无明显影响,但是能够抑制铜绿假单胞菌生物膜的形成并且在一定程度上清除成熟的生物膜,中药对铜绿假单胞菌 QS 系统的影响可能是其对铜绿假单胞菌生物膜影响的重要机制之一。

## PU-4321

**良恶性血液细胞 sp70 检测及其临床意义**

张丽霞,潘世扬  
江苏省人民医院

**目的** 探讨良恶性血液细胞 sp70 检测及其临床意义。

**方法** 收集 2017 年 9 月-2018 年 5 月 EDTA 抗凝外周血健康人群 44 例, 反应性良性白细胞疾病 6 例和造血与淋巴组织肿瘤 70 例。将包被有 NJ001 单克隆抗体的免疫磁珠与 EDTA 抗凝外周血混合孵育, 利用磁场力捕获 NJ001 单抗所识别的表达 SP70 抗原的恶性血细胞。进一步经巴氏染色和镜检以明确分离细胞类型。

**结果** 显微镜下观察粘附有磁珠的细胞, 44 例健康对照组和 6 例良性反应组均为阴性, 恶性血液病组阳性率 57.1% (40/70)。其中髓系肿瘤阳性率为 69.4% (25/36)。淋巴细胞白血病阳性率 46.2% (6/13), 淋巴瘤阳性率 42.9% (9/21)。

**结论** SP70 检测在鉴别良恶性血液细胞中具有一定的价值。

## PU-4322

**大鼠肺组织早期内毒素休克模型差异基因表达谱的分析**

芦鑫  
山东大学第二医院,250000

**目的** 观察大鼠内毒素休克前后肺组织早期基因表达谱的差异, 探讨相关的急性肺损伤的可能分子机制。

**方法** 采用随机数字表法将雄性 Wistar 大鼠 20 只分为正常对照组、ES 大鼠模型 (系尾静脉注射 LPS10mg/kg 制备, LPS 组), 测定大鼠 6h 后动脉血氧分压 (PaO<sub>2</sub>)。利用 Affmetrix RAT 230A 大鼠全基因组芯片对提取的大鼠肺组织 RNA 进行基因标的检测, 对其中 5 条基因的表达水平用半定量 RT-PCR 技术进行验证。分析 ES 的特点与差异基因的类型的关系。

**结果** LPS 组大鼠的 PaO<sub>2</sub> 相较于正常对照组下降显著 (P<0.05); 依据显著差异的基因标准, 初步筛选出差异表达基因 158 条, 在大鼠 15650 条靶基因中, 共有 117 条上调基因, 34 条下调基因。根据基因的生物功能, 差异表达基因主要为: 转录调节、信号转导、应激反应、炎症、物质转运、代谢、细胞凋亡、细胞粘附相关基因等。芯片分析结果与 5 条基因的 RT-PCR 验证结果相符。

**结论** 大鼠 ES 损伤的肺组织早期有多种基因会发生变化, 以炎症相关基因更为显著。

## PU-4323

**探讨妇科恶性肿瘤患者局部感染及围手术期预防用药选择**

陈丽妹,辛娜,陈燕  
福建肿瘤医院

**目的** 分析我院妇科恶性肿瘤患者宫颈非厌氧菌感染菌种分布及耐药性, 为多重耐药菌管理提供依据, 探讨妇科恶性肿瘤患者围手术期预防用药的选择。

**方法** 回顾性分析 2016-2017 年 482 例妇科恶性肿瘤患者感染情况, 并收集临床分离株, 采用 K-B 纸片扩散法结合 VITEK II MIC 法进行病原菌药敏试验, 按照美国临床实验室标准化委员会 (CLSI) 标准判断结果, 采用 WHONET5.5 进行统计。

**结果** 宫颈部位发生感染率为 59.43%，其中大肠埃希菌检出率占居首位，构成比为 64.9%，其次是粪肠球菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌，前四位构成比合计高达 91.50%。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对头孢唑啉、头孢呋辛、头孢曲松耐药率均高于 50%，两者产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶（ESBL）菌检出率分别为 62.47%和 41.94%。肠球菌对红霉素耐药率为 88.37%，对环丙沙星和左旋氧氟沙星耐药率高于 30%，屎肠球菌对多数抗菌药物耐药率均保持较高水平，金黄色葡萄球菌耐药率相对较低，本实验室未检出耐碳青霉烯类的肠杆菌科细菌和耐万古霉素及利奈唑胺的阳性球菌。

**结论** 妇科恶性肿瘤患者宫颈感染率较高，且耐药现象严重，需加强多重耐药菌管理及防治。妇科恶性肿瘤患者宫颈感染主要病原菌为大肠埃希菌、粪肠球菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌，其对第一、二代头孢菌素、头孢曲松及头孢噻肟耐药率高，是否可应用其他抗菌药物作为妇科恶性肿瘤围手术期预防用药值得探讨。

## PU-4324

### 基于两种方法的狼疮抗凝物检测结果的分析

李花

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 分析沈阳地区风湿免疫科患者狼疮抗凝物检测结果，总结其检出特征。

**方法** 回顾分析 2018 年 12 月至 2019 年 3 月中国医科大学附属第一医院风湿免疫科 121 名患者筛查狼疮抗凝物结果。

**结果** 121 名患者稀释蝰蛇毒时间法（dRVVT）检测阳性 24 例（19.83%），硅凝固时间法（SCT）检测阳性 28 例（23.14%）。其中两种方法检测同时阳性 21 例（17.36%），SCT 单独阳性 7 例（5.79%），dRVVT 单独阳性 3 例（2.48%），比较差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。

**结论** 狼疮抗凝物检测在风湿免疫科患者中筛查极为必要，且与疾病严重程度密切相关，两种检测方法同时使用能增加筛查的阳性率。

## PU-4325

### 临床分离苍白杆菌和假苍白杆菌质谱的研究

林冬玲

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 对临床分离的 57 株苍白杆菌和假苍白杆菌进行质谱(MALDI-TOF-MS)研究，为临床的快速诊治提供参考。

**方法** 以 16S rRNA 为鉴定的“金标准”，对 57 株菌进行 MALDI-TOF-MS IVD 和 RUO 两个系统检测，应用 SARAMS Premium 软件对菌株的质谱图进行比较，并聚类分析。

**结果** 人苍白杆菌外的苍白杆菌属和假苍白杆菌属都不在 IVD 鉴定的数据库范围内。RUO 把 5 株人苍白杆菌和所有中间苍白杆菌鉴定为苍白杆菌属，两者质谱峰图于峰值 5756.27 处有明显差异。RUO 也能精确地把假格里尼翁苍白杆菌鉴定出来。26 株解糖精假苍白杆菌中有 22 株鉴定为假苍白杆菌属，4 株鉴定为解糖精假苍白杆菌，两者质谱峰图无明显差异。17 株人苍白杆菌和 26 株解糖精假苍白杆菌聚类分析结果相似性均 $>70\%$ 。

**结论** RUO 能把苍白杆菌属和假苍白杆菌属区分开来，且菌种间质谱的重复性好，为临床诊治提供快速的依据。

## PU-4326

## 凝血指标的变化与肝纤维化的关系

樊锡凤

河北医科大学第三医院,050000

**目的** 通过分析肝炎患者血浆 PT,PTA,APTT,和 TT 的水平,进一步探讨血凝指标与肝纤维化分期的关系。

**方法** 检测 146 例慢性肝炎患者血浆 PT,PTA,APTT,TT 水平。采用透射光比浊原理检测,检测仪器 Beckman Coulter ACL\_TOP 血凝仪。肝穿刺活检标本进行分期。统计分析采用方差分析,以  $P<0.05$  为差异有显著性。

**结果** 方差分析结果显示,不同病理分期患者血浆 PT,PTA 和 TT 水平之间存在显著性差异。 $(F=9.72, P<0.01; F=15.25, P<0.01$  和  $F=4.036, P<0.05)$ ;APTT 水平与患者病理分期无显著性差异 $(F=1.12, P>0.05)$

**结论** 血浆 PT,PTA 和 TT 水平可预测慢性肝炎患者肝纤维化水平。

## PU-4327

## SP70 Targeted Tumor Cell Enrichment Liquid Biopsy

Lixia Zhang,Shiyang Pan

The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** Currently the diagnosis of malignancy in body fluids, including the detection of circulating tumor cells (CTCs) in blood, suffer low sensitivity due to the lack of specific target for tumor cell enrichment and identification. In the previous study, we produced a monoclonal antibody designated NJ001, which targets tumor specific antigen SP70. The aim of this study is to assess the value of NJ001 coated magnetic beads capturing technique in distinguishing benign and malignant body fluids samples.

**Methods** In the present study, 261 body fluids specimens were obtained and analyzed from Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University (NMU) and Department of Pathology and Laboratory Medicine, University of California, Los Angeles (UCLA), between March and July 2017. Tumor cells were enriched by the NJ001 monoclonal antibody coated magnetic beads. SP70 positive cells were detected by microscopic examination after Papanicolaou staining. CTCs from 13 patients were sequenced by Next Generation Sequencing (NGS).

**Results** Comparing with routine cytology technique, cytology with SP70 targeted immuno-magnetic beads increased the sensitivity and accuracy. The accuracy of with SP70 targeted cytology and routine cytology were 82.4%, and 55.6%, respectively. In a follow-up study, 68 of 76 patients, who were previously diagnosed benign disease with negative cytology result but positive in our new technology with SP70, were confirmed malignant by MRI, needle biopsy and NGS.

**Conclusions** Our results showed that SP70 could be a novel biomarker for identifying and distinguishing benign and malignant body fluids samples and enrich tumor cells for subsequent molecular analysis.

## PU-4328

## HCY 与 CRP 对急性缺血性卒中血管内支架治疗后的神经功能改变关系研究

陈琼

中山市人民医院/广东药学院附属中山医院,528400

**目的** 目前对 HCY 和 CRP 在急性缺血性卒中支架治疗后的诊断价值不明确,本研究的目的探讨 HCY 和 CRP 对急性缺血性卒中 (acute ischemic stroke, AIS) 患者支架治疗后的神经功能改变作用的关系研究。

**方法** 回顾分析 2015 年 1 月至 2018 年 1 月中山市人民医院神经内科收治的采用支架治疗的急性缺血性卒中患者 110 例纳入研究。收集患者的临床资料和实验室检查结果,根据美国国立卫生研究院卒中量表(National Institutes of Health Stroke Scale, NIHSS)对患者治疗前后的神经功能缺损程度进行评分。使用受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic curve, ROC)分析在支架治疗的 AIS 患者,预测神经功能改变的 HCY 治疗切点;根据 HCY 水平分为高 HCY 组(59 例)和正常 HCY 组(51 例),对两组的资料进行统计学比较;使用 Pearson 相关分析和 Logistic 线性回归分析影响支架治疗后的 NIHSS 评分改变的相关因素。

**结果** (1) HCY 的 ROC 分析曲线下面积为 0.995 (95%CI:0.984, 1.005, P:0.000),最佳预测值为 12.75  $\mu\text{mol/L}$  (敏感度 89.9%, 特异度 98.0%)。CRP 的 ROC 分析曲线下面积为 0.665(95%CI:0.564, 0.767, P:0.003),最佳预测值为 9.7 mg/L。(2) 高 HCY 组与正常 HCY 组比较得到 HCY, CRP, 入院时 NIHSS 评分, 治疗后 NIHSS 评分, 性别, 糖尿病史和房颤史比较具有统计学差异 ( $P<0.05$ )。(3) 使用 Pearson 相关分析得到 HCY 和 CRP 与治疗后的 NIHSS 评分具有相关性 (0.188, 0.050), (0.194, 0.042)。(4) 以治疗后 NIHSS 评分为因变量, 多变量 Logistic 线性回归分析得到 HCY、LDL、CRP、CysC、Glu、房颤、糖尿病史和入院时的 NIHSS 评分为危险因素。

**结论** 高 HCY 和 CRP 水平与 AIS 支架治疗患者的神经功能的改变相关,可作为评估支架治疗 AIS 手术风险评估的指标和作为预测预后的血清标志物。

## PU-4329

## 血浆热休克蛋白 90 $\alpha$ 和 EBV DNA 定量检测对鼻咽癌的 诊断和预后评价

叶倩,崔兆磊,李筱莉,陈燕  
福建肿瘤医院

**目的** 检测鼻咽癌患者血浆中 HSP90 $\alpha$  和 EBV DNA 治疗前、后及健康人中的表达情况,探讨其在鼻咽癌诊断与临床病理特征关系以及疗效评价和预后评估中的作用。

**方法** 应用定量酶联免疫吸附法和实时定量 PCR 方法检测 92 例初治鼻咽癌患者治疗前后、放化疗后转移或复发以及持续缓解鼻咽癌患者血浆中 HSP90 $\alpha$  和 EBV DNA 的表达情况,并以 30 名健康体检者为对照。

**结果** 血浆中 HSP90 $\alpha$  水平为 87.28ng/ml 诊断鼻咽癌的敏感度为 92.1%, 特异度为 86.0%。血浆 EB DNA 中位拷贝数为 4900/ml 对初诊鼻咽癌患者的诊断敏感性为 89.0%, 特异性为 92.0%。92 例鼻咽癌患者经过治疗后均达到完全缓解或者部分缓解。鼻咽癌患者治疗前血浆中 HSP90 $\alpha$  和 EBV DNA 水平显著高于治疗后和健康对照者。血浆中 HSP90 $\alpha$  与鼻咽癌临床分期相关,与性别、年龄、病理分型 (T、N) 无关 ( $P>0.05$ ), 治疗后完全缓解患者降至健康对照者水平。部分缓解患者仍高于健康对照者水平,而完全缓解与部分缓解患者的治疗后血浆 HSP90 $\alpha$  降至健康对照者水

平。在半年内远处转移的患者治疗后血浆中 HSP90 $\alpha$  和 EBV DNA 水平均明显高于未发生远处转移患者和健康对照者。血浆中 HSP90 $\alpha$  和 EBV-DNA 表达之间存在相关性。

**结论** 血浆 HSP90 $\alpha$  水平作为辅助诊断鼻咽癌的指标有一定的临床意义。血浆中 HSP90 $\alpha$  与 EBV-DNA 检测有助于判断鼻咽癌的诊断、病情监测和预后评估具有重要价值。

PU-4330

## CHD 及 HTC 血症血清 hsCRP 水平与实验室指标相关性研究

蔡壬辛

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 通过检测血清 hsCRP 水平在冠心病、高胆固醇血症患者及正常人中的变化, 分析其与临床及实验室指标之间的关系, 探讨 hsCRP 在冠心病及高胆固醇血症发病中的作用及意义。

**方法** 筛出选 CHD 组、HTC 组和 NC 组患者各 34 例, 采用 Cobas8000 测定血清 hsCRP 水平, 详细收集并记录各实验室指标, 利用 R 语言软件包进行统计分析。

**结果** ① HTC 组和 NC 组血清 hsCRP 之间差异不具有统计学意义(  $P > 0.05$ ), HTC 组和 CHD 组、NC 组和 CHD 组之间差异具有统计学意义(  $P < 0.05$  )。②三组之间实验室指标采用 KW 检验发现 ALB、GLB、LDL-C、eGFR、LYM%均存在统计学差异(  $P < 0.05$  )。两两分析各组可得: 任意两组中 ALB、GLB 均存在统计学差异(  $P < 0.05$  )。Spearman 相关性分析 CHD 组, hsCRP 可能与 LYM%呈负相关。

**结论** LYM%可能参与胆固醇代谢紊乱的病理发病机制与冠心病的发生发展过程。

PU-4331

## 一弗朗西斯菌科新属新种的鉴定和特征研究

屈平华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 运用多相分类学的方法, 对分离于环境水中的一株弗朗西斯菌新菌种进行鉴定, 确定其在分类学上的位置并进行命名。

**方法** 根据多相分类学的方法, 对这株细菌进行以下特征分析: (1) 表型和生理生化特征分析, 例如细菌的形态、培养基生长实验、最适生长温度、盐耐受度等; 生理生化特征分析, 例如采用 API ZYM、API NH 鉴定系统等; (2) 化学特征分析, 包括全细胞脂肪酸、呼吸醌; (3) 遗传学特征分析, 例如 16S rRNA 基因测序和系统发育树分析、基于全基因组测序的平均核苷酸一致率分析等。

**结果** 1) 该菌为革兰阴性球杆菌, 需氧代谢, 能在血平板、巧克力平板及 MH 平板上良好生长, 生长较为缓慢, 48h 后在血平板上呈后呈乳白色、圆形、凸起、直径 2~3mm 的湿润菌落, 10℃~40℃能生长, 最适生长温度为 32℃, 可在 5% NaCl 条件下生长。该细菌的生化反应不活泼。

(3) 该菌的全细胞脂肪酸类型与弗朗西斯菌属、另弗朗西斯菌属相似, 但具体含量存在差异; 呼吸醌类型是辅酶 Q8。(4) 该菌 16SrRNA 序列分析显示实验菌株与“*Francisella frigiditurnis*”CA97-1460 (CP009654)的相似度为 99.93%, 与弗朗西斯菌属、另弗朗西斯菌属所有已知细菌相似度均小于 96%; 该菌全基因组测序分析显示该细菌的 G+C 摩尔百分比为 30.1%; 基于全基因组测序的平均核苷酸一致率分析显示该菌与“*Francisella frigiditurnis*”CA97-1460 (CP009654)的 ANI 相似度为 93.1241%, 与弗朗西斯菌属、另弗朗西斯菌属的 ANI 相似度在 73.0%; 该菌的质量图谱不存在弗朗西斯菌属的特征峰 5180, 以及另弗朗西斯菌属的特征峰 5110。

**结论** 基于上述多相分类学特征,该菌为弗朗西斯菌科的一新属新种,拟命名为水生假弗朗西斯菌(*Pseudofrancisella aquatilis*)。

**PU-4332**

## CRISPR-Cas13a 系统联合磁珠化学发光检测 H7N9 的技术研究

彭利君,李智洋

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 甲型 H7N9 禽流感病毒导致的流感具有潜伏期短和死亡率高等特点,严重威胁人类生命安全。为了降低 H7N9 流感的危害,找到一种检测窗口期短、灵敏度高、特异性强的 H7N9 病毒检测方法刻不容缓。CRISPR-Cas13a 系统在体外核酸诊断方面的研究已日趋成熟,本研究欲建立一种 CRISPR-Cas13a 系统联合磁珠(magnetic beads, MBs)化学发光检测 H7N9 RNA 的新技术,实现可靠、快速、经济的诊断 H7N9 病毒感染的目的。

**方法** 在原核表达系统(大肠杆菌)中表达 Cas13a 蛋白,用镍柱进行蛋白纯化。体外转录制备靶 RNA 标准品,设计并制备与靶 RNA 序列相对应的特异性 CRISPR RNA(crRNA)。将 CRISPR-Cas13a 系统(Cas13a、crRNA、靶 RNA)与 MB-RNA-AP 复合物(磁珠 RNA-碱性磷酸酶复合物)报告系统混合,切割 RNA 探针,并释放出碱性磷酸酶(Alkaline Phosphatase, AP)。以 AP 与底物反应后的化学发光强度作为检测信号,验证 Cas13a 活性,检测靶 RNA,对 MBs 的 RNA 探针修饰浓度、反应温度、反应时间进行了系统优化。体系经优化后进行 H7N9 灵敏度检测,并利用等温扩增技术进一步提高检测灵敏度。利用该系统对 2 例临床样本进行检测。

**结果** 本研究成功表达并纯化出 Cas13a 蛋白, Cas13a 蛋白经验证后有 RNase 活性。CRISPR-Cas13a 系统联合 MBs 化学发光能快速检出 H7N9 的单链 RNA,经系列优化后,MBs 的 H7N9 检测最佳探针浓度为 0.4 nM,反应温度为 25 ℃,反应时间为 30 min,总检测时间为 40 min。使用非扩增产物的检测灵敏度为 100 pM,经等温扩增后 H7N9 的 HA RNA 灵敏度由 100 pM 提高至 100 fM,而 NA RNA 灵敏度由 100 pM 仅提高至 1 pM。因此, H7N9 的灵敏度为 1 pM。成功检测出 2 例临床样本。

**结论** 本研究建立了一种 CRISPR-Cas13a 系统联合 MBs 化学发光检测 H7N9 的新方法,该方法能够快速检测出 H7N9 病毒的 RNA,该系统针对 HA 和 NA 基因的检测灵敏度分别为 100 fM 和 1 pM,可成功检出临床样本,后期需进行进一步优化并扩大临床样本量来验证该检测体系。

**PU-4333**

## 血清 miRNA-223 在非小细胞肺癌化疗疗效监测中应用初探

苏光建,肖振州,陈燕  
福建肿瘤医院

**目的** 探讨 microRNA-223(miRNA-223,miR-223)作为非小细胞肺癌(NSCLC)晚期(III-IV期)患者化疗疗效评价指标的可行性。

**方法** 收集 14 例非小细胞肺癌晚期患者化疗前及化疗第一周期后血清,提取总 RNA 后采用实时荧光定量 PCR 方法检测血清 miRNA-223 水平变化,计算各个患者化疗第一周期后相对化疗前的变化量,并依据临床对患者疗效进行的化疗疗效评估(RECIST),将 14 例样本分为疾病进展(PD, progressive disease)组、疾病稳定(SD, stable disease)组、部分缓解(PR, partial response)组,比较三组患者化疗第一周期后血清 miR-223 变化量,探讨不同组别血清 miR-223 作为 NSCLC 患者化疗疗效评估指标的可行性。

**结果** 数据统计显示, miRNA-223 在 PR 组中化疗后表达水平低于化疗前的水平, 其相对表达含量为  $0.70 \pm 0.32$ , 在 SD 组中化疗后相对表达含量为  $1.18 \pm 0.34$ , 在 PD 组中化疗前后相对表达含量最高, 为  $2.84 \pm 0.87$ 。化疗后 miR-223 相对化疗前的表达水平与患者年龄( $u=23.00, P=0.848$ )、性别( $u=10.00, P=0.157$ )、TNM 分期( $u=20.00, P=1.000$ ) 差异无统计学意义。PR、SD、PD 组间 miR-223 化疗后水平呈趋势性变化, 差异具有统计学意义( $\chi^2=8.9, P=0.012$ )。

**结论** 血清 miR-223 在化疗一个周期后的变化水平能较好预示 NSCLC 患者的化疗疗效, 提示血清 miR-223 可作为 NSCLC 患者化疗疗效评价指标之一, 对于实现肺癌个性化治疗有着重要的临床意义。

## PU-4334

### 循环肿瘤 DNA 分离与检测方法的综合评价

王薛庆, 王琳, 郭巧梅, 黄霞, 姜加陶  
上海市胸科医院

**目的** 循环肿瘤 DNA (ctDNA) 是由肿瘤细胞排出或细胞凋亡而释放到循环系统中的 DNA, 其携带有肿瘤组织特异性分子遗传学改变, 利用外周血中的循环肿瘤 DNA 检测其中的 EGFR 突变对非小细胞肺癌 (NSCLC) 患者靶向药物治疗具有重要意义。但是其数量少, 市场上 ctDNA 抽提和检测方法多种多样, 选择合适的 cfDNA 抽提和 ctDNA 检测方法非常重要。

**方法** 我们比较了四种从血浆中获取 cfDNA 的试剂盒, 对抽提方法, 抽提产物的浓度、纯度以及 PCR 抑制性等方面作出了综合评价; 对两种主流国产 EGFR 基因突变检测试剂盒进行了灵敏度的比较。

**结果** 其中 Qiagen® QIAamp Circulating Nucleic Acid Kit 和为真®核酸提取纯化试剂盒对 ctDNA 大小的 DNA 片段 (173bp 左右) 显示出较高的回收率, 且 Qiagen® QIAamp Circulating Nucleic Acid Kit 在抽提出的 DNA 数量上优于其他三种试剂盒, 但抽提产物存在 PCR 抑制的情况。为真®核酸提取纯化试剂盒对 173bp 左右的 DNA 片段抽提数量明显高于其他大小片段 DNA (71bp 和 3988bp)。为真®EGFR 基因突变检测试剂盒 (荧光 PCR 法) 对更少突变比例的 EGFR 基因突变 (T790M 位点) 标准品显示出更高的检出率, 检测灵敏度更高。

**结论** 这项作为 ctDNA 在临床诊断中的应用提供了可靠的选择。

## PU-4335

### 两种血小板聚集分析仪检测结果的的一致性比较

吴桐, 陈俊丽  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 通过对半自动光比浊法海伦娜 (HELENA) 血小板聚集分析仪 (结果用最大聚集率, maximum aggregation rate, H-MAR % 表示) 与全自动希森美康 (sysmex) 血凝分析仪 (光比浊法测血小板聚集率, 结果用血小板最大聚集率, S-MAR % 表示) 检测结果的比较分析, 探讨两种仪器检测结果的一致性。

**方法** 收集临床进行血小板聚集功能检测的标本 80 例 (包含高, 中, 低三个水平), 以海伦娜血小板聚集分析仪检测结果为对照组, 全自动希森美康血凝分析仪检测结果为实验组, 在两种仪器上进行二磷酸腺苷 (adenosine phosphate, ADP) 诱导和花生四烯酸 (Arachidonic acid, AA) 诱导的血小板聚集实验。

**结果** 以 ADP 为诱导剂, 两种血小板聚集率检测结果, H-MAR %, S-MAR % 呈正相关 ( $r=0.971$ ,  $P<0.05$ ); 以 AA 为诱导剂, 两种血小板聚集率检测结果, H-MAR %, S-MAR % 呈正相关 ( $r=0.991$ ,  $P<0.05$ )。



**结论** 全自动希森美康血凝分析仪血小板聚集率检测结果与海伦娜血小板聚集分析仪的检测结果相关性好,可为临床患者提供血小板聚集功能的检测。

**PU-4336**

## STAT5b 及其磷酸化与胃癌的相关性研究

程丽英

山东省千佛山医院,250000

**目的** 信号转导和转录激活蛋白 5(signal transduction and transcriptional activation protein 5, STAT5),被认为在多种肿瘤的发生发展中起重要作用,本研究旨在检测胃癌组织 STAT5b、pSTAT5b 的表达,并分析二者与胃癌临床参数及胃癌预后的关系。

**方法** 选取 92 例初诊的原发性胃癌患者作为研究对象,免疫组化法检测患者胃癌组织中 STAT5b、pSTAT5b 的表达,并分析二者与胃癌患者临床病理参数的相关性。

**结果** STAT5b 及 pSTAT5b 表达与胃癌 TMN 分期、T 值、N 值、临床分期和淋巴结是否转移均有相关性。

**结论** STAT5b 可能通过其活性形式 pSTAT5b,影响胃癌的发生发展。

**PU-4337**

## 三株 Prototheca 的鉴定和系统发育分析

屈平华

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 对三株 Prototheca 进行表型和基因测序鉴定,以明确其分类学地位,掌握其微生物学特征。

**方法** 采用多相分类学方法进行三株无绿藻菌的鉴定,包括:菌落特征和显微镜下的特征观察;简单的生化试验和 VITEK-YST 鉴定卡鉴定;蛋白质谱分析;对 16S rRNA 基因、28S rRNA 基因和 18S rRNA 基因进行的 PCR 扩增及其扩增产物的直接测序和导入质粒进行的克隆测序,测序结果的 BLAST 比对;以及 16S rRNA 基因和 28S rRNA 基因的系统发育重构等。

**结果** 3 株 Prototheca 菌株对营养要求不高,在普通的血平板、营养脂肪平板上即可生长,在沙保罗上需氧培养 3~7 d,肉眼可见表面光滑湿润的酵母样菌落;光镜下观察可见大量圆形、卵圆形或椭圆形的孢子,且细胞内含内孢子,形似桑葚状或草莓状;触酶试验和氧化酶试验阳性、凝固酶试验和吡啶试验阴性;VITEK-YST 卡鉴定、蛋白质谱分析均很好的得到威克汉姆无绿藻菌(Prototheca wickerhamii)的鉴定结果;通过 PCR 扩增的方法,16S rRNA 基因、28S rRNA 基因和 18S rRNA 基因均成功地被扩增出来,而 16S rRNA 基因和 28S rRNA 基因也测序成功。对测序成功的 28S rRNA 基因克隆序列进行比较发现,其不同克隆序列之间的相似度最高仅为 95.51%,差异性大。16S rRNA 基因序列分析显示无绿藻菌具有 10 中不同的 16S rRNA 基因,其中,与 Prototheca wickerhamii 的 16S rRNA 基因相似性最高,高达 99.90%,并且与 Prototheca moriformis 和 Prototheca cutis 的 16S rRNA 基因具有很高的交叉相似度。另外,系统发育树显示,其与绿菌属中的 Chlorobium tepidum 亲缘关系最接近。

**结论** 根据镜下特征、YST 生化鉴定、蛋白质谱鉴定,并结合 16S rRNA 基因测序结果分析,该 3 株菌可鉴定为威克汉姆无绿藻菌(Prototheca wickerhamii)。从无绿藻菌(Prototheca)同时存在细菌 16S rRNA 基因和真核生物 18S rRNA 基因及 28S rRNA 基因的特征,以及 16S rRNA 基因与叶绿体小亚基 rRNA 的相似性来看,其符合绿色植物的特征。

PU-4338

## 谷胱甘肽还原酶早期诊断肝脏损伤的实验研究

张鹏

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探究谷胱甘肽还原酶（glutathione reductase, GR）早期诊断肝脏损伤的可行性及诊断性能。

**方法** 纳入肝脏损伤患者、可疑肝脏损伤患者及正常对照组作为研究对象，分别检测 GR、ALT 及 AST，进行 GR 与 ALT 的相关性分析及 GR 与 AST 的相关性分析。纳入肝脏介入手术患者，在手术前中后分别采血进行 GR 及 ALT 与 AST 的检测，分析三项标志物的动态变化，判断其与肝脏损伤的关系并评价其诊断窗口期的早晚。

**结果** 在各类患者组成的群体中，GR 与 ALT 无相关性，与 AST 亦无相关性。在肝脏介入手术患者中，GR 可在肝脏损伤早期升高，其后下降，峰值比 ALT 与 AST 均提前。

**结论** GR 与目前经典的肝脏损伤标志物 ALT 与 AST 均无相关性，可作为独立的肝脏损伤标志物。相比 ALT 与 AST，GR 可在肝脏损伤的更早期升高，诊断窗口期比 ALT 与 AST 均有所提前。在诊断肝脏损伤时可作为转氨酶的有益补充。

PU-4339

## Self-Assembled Peptide Nanoparticles Responsive to Multiple Tumor Microenvironment Triggers Provide Highly Efficient Targeted Delivery and Release of Antitumor Drug

Xinglu Jiang, Wu Guoqiu

Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** Self-Assembled Peptide Nanoparticles Responsive to Multiple Tumor Microenvironment Triggers Provide Highly Efficient Targeted Delivery and Release of Antitumor Drug

**Methods** Herein, a multifunctional peptide (P51) was developed for programmed delivery of the hydrophobic chemotherapeutic agent pirarubicin. P51 was prepared with a ligand-specific targeting for the cancer biomarker Arg-Gly-Asp (RGD), and three tumor microenvironment-sensitive release triggers, acid environment, reducing agent, and a specific enzyme. The peptides Cys-s-s-Cys (disulfide linkage) and Pro-Val-Gly-Leu-Ile-Gly correspond to the cleavage sites of a reducing agent (DTT) and an enzyme (MMP-2). The peptides act as a junction between Ser-Glu-Glu-Asp-Pro (a negatively charged sequence) and a 41-residue peptide containing an  $\alpha$ -helix that has the capacity to encapsulate pirarubicin via electrostatic and hydrophobic interactions.

**Results** These interactions can be disrupted by the acidic tumor microenvironment. Self-assembly of P51 and pirarubicin (P51-THP NPs) results into stable spherical nanoparticles in a single step. We demonstrate that the acid environment, DTT, and MMP-2 stimulated the release of pirarubicin from P51-THP NPs and, more importantly, the efficiency of drug release is markedly increased when all three release triggers are present. In addition, more effective tumor targeting, antitumor effect, and reduced systemic toxicity of P51-THP NPs were confirmed by in vitro and in vivo results.

**Conclusions** In addition, more effective tumor targeting, antitumor effect, and reduced systemic toxicity of P51-THP NPs were confirmed by in vitro and in vivo results.

## PU-4340

## 雷公藤改良单体对肝细胞毒性和肝癌细胞活性的初步评价

韩丽乔

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 本研究旨在探索广东省中医院研发小组改良的一种新药“雷公藤改良单体（TPO，化学式 C<sub>23</sub>H<sub>26</sub>O<sub>7</sub>）”在体外的肝细胞毒性和抑肝癌细胞活性的作用。

**方法** 实验中在体外培养了多种肝源细胞，包括由人正常肝细胞永生化而成的 L02 细胞以及肝癌细胞 Huh7 和 SMMC-7721 细胞，首先进行细胞培养，其次绘制各自的细胞生长曲线为后续实验打下基础。采用 MTT 实验和 LDH 实验来确定本药物对不同细胞的有效作用浓度区间及细胞毒性程度。

**结果** 同时，以药物改良前单体雷公藤甲素（TPL，雷公藤的有效活性成分之一）作为对照药物，以评价这种新药在体外的肝细胞毒性及肝癌细胞的抑制性。由于细胞实验的周期较长，且实验中不可控的因素较多，重现性差，故本研究中，每组实验均重复多次，并且剔除了一些明显不合理的实验数据，以保证结论的严谨性。实验结果表明，TPO 在体外对上述三种细胞的作用浓度区间与 TPL 的较为类似，且在较高浓度下均表现了较强的毒性作用。但在其有效作用浓度区间内，TPO 和 TPL 对上述细胞的毒性表现又不尽相同。

**结论** 提示了该药物可能在临床上有一定的潜在研究价值。

## PU-4341

## 应用四项新型凝血指标评估妇科肿瘤手术患者的凝血功能

罗玲清,李丹,陈燕

福建省肿瘤医院,350000

**目的** 检测妇科肿瘤患者手术前、后凝血及纤溶分子标志物的变化及探讨其临床意义。

**方法** 以 55 例健康体检者为对照组，92 例妇科肿瘤患者为研究组（良性肿瘤组 38 例、恶性肿瘤 54 例）。研究组于术前、术后 1d、3d、5d、7d 分别采血，采用高敏化学发光免疫分析方法检测上述标本中凝血酶-抗凝血酶复合物（TAT）、纤溶酶-α<sub>2</sub>-抗纤溶酶复合物（PIC）、组织型纤溶酶原激活剂及其抑制剂-1 复合物（tPAI·C）、血栓调节蛋白（TM）的表达水平。

**结果** 恶性肿瘤组术前的四项指标水平均较健康对照组及良性肿瘤组升高（ $P<0.05$ ），良性肿瘤组术前仅 TAT 及 TM 水平高于健康对照组（ $P<0.05$ ）；恶性肿瘤组术后 1d、3d、5d 的 PIC 及 TAT 水平均高于术前（ $P<0.05$ ），tPAI·C 仅在术后第 1d 较术前高（ $P<0.05$ ），但 TM 水平术前术后无差异（ $P>0.05$ ），但均高于正常组；良性肿瘤组术后四项指标仅在术后第一天短暂性的升高，术后 3d 即恢复至术前水平或者正常水平。除了术后第一天的 TM，恶性肿瘤组 tPAI·C、TM、TAT、PIC 表达均明显高于同一时期的良性肿瘤组。

**结论** 妇科恶性肿瘤患者机体内存在着明显的凝血与纤溶系统功能的异常，TAT、PIC、tPAI·C、TM 等指标的动态检测和分析有利于血栓前状态的判断，对预警血栓形成具有重要意义。

## PU-4342

## 治疗前 BALAD-2 模型风险指数在肝细胞癌预后中的应用价值

林莺莺,陈燕  
福建省肿瘤医院,350000

**目的** 探讨治疗前 BALAD-2 模型风险指数在肝细胞癌 (hepatocellular carcinoma, HCC) 预后评估中的价值。

**方法** 收集 2014 年 12 月至 2015 年 3 月福建省肿瘤医院收治的 125 例未经治疗的 HCC 患者血清样本。分别采用化学发光免疫、电化学发光和微量离心柱法检测血清异常凝血酶原 (DCP)、甲胎蛋白 (AFP) 和甲胎蛋白异质体 (AFP-L3) 等标志物水平,同时检测 ALB、TBIL 等肝功能指标,建立 BALAD-2 模型。收集患者临床诊疗数据,并对患者生存状态进行随访,计算 BALAD-2 模型对无进展生存期 (PFS) 和总生存期 (OS) 的风险指数,用 SPSS16.0 软件进行统计分析。

**结果** HCC 患者的乙肝病毒感染状态、肝硬化情况、肿瘤大小和数量等均与 BALAD-2 模型风险指数分级相关 ( $P$  均 $<0.05$ )。所有 125 例患者中位 PFS 为 3.2 月,3 年无进展生存率为 9.6%;中位 OS 为 4.0 月,3 年总生存率为 16%。患者的生存时间、生存率均与 BALAD-2 模型风险指数显著相关,并随模型风险指数的升级而降低。亚组分析显示, BALAD-2 模型 IV 级高风险患者的中位 PFS 为 2.0 月,中位 OS 为 2.6 月,3 年无进展生存率和总生存率均为 3.5%,显著低于低风险患者 ( $P$  均 $<0.05$ )。多因素回归分析显示,治疗前 BALAD-2 模型 IV 级高风险、肿瘤直径 $>5\text{cm}$  均为患者无进展和总体生存率低的独立危险因素 ( $P$  均 $<0.05$ )。

**结论** 治疗前 BALAD-2 模型风险指数的评估可作为肝癌预后的标志物,其 IV 级高风险提示预后不良。

## PU-4343

## 国际参考实验室能力验证样品的均匀性评价

林海标  
广东省中医院,510000

**目的** 评价国际参考实验室能力验证样品 (RELA-A/B) 的均匀性是否满足参考实验室比对的要求。

**方法** 参照 CNAS-GL03《能力验证样品均匀性和稳定性评价指南》,用 Roche Modular P800 生化分析仪测量 2014 至 2016 年连续 3 年 RELA-A/B 的 14 个项目,即丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、碱性磷酸酶 (ALP)、L- $\gamma$ -谷氨酰基转移酶 (GGT)、肌酸激酶 (CK)、乳酸脱氢酶 (LDH)、总蛋白 (TP)、总胆红素 (T-Bil)、尿素 (Urea)、肌酐 (Cr)、尿酸 (UA)、葡萄糖 (Glu)、三酰甘油 (TG)、总胆固醇 (TC)。计算测量结果均值、标准差和变异系数,用单因素方差分析和  $S_s \leq 0.3\sigma$  准则分析评价其瓶间差异。

**结果** RELA 2014A 和 2014B 样品 AST 测量结果  $CV > 2.0\%$ 。除 RELA 2016B 样品 CK 测量结果  $CV < 2.0\%$  外,其他样品 CK 测量结果  $CV$  均 $>2\%$ 。单因素方差分析结果显示,所有样品中 CK 测量结果  $F$  均 $>$ 临界值 4.39,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 2015B 样品 ALT 和 T-Bil, 2014A 样品 Cr 测量结果  $F$  均 $>$ 临界值 4.39,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 其他测量结果  $F$  均 $<$ 临界值 4.39,差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。  $S_s \leq 0.3\sigma$  准则分析结果显示,所有样品 CK 测量结果  $S_s > 0.3\sigma$ , CK 测量结果存在瓶间差异; 其他项目测量结果  $S_s$  均 $\leq 0.3\sigma$  其他项目测量结果无瓶间差异。

**结论** 国际参考实验室能力验证样品 CK 项目存在瓶间差异,值得注意; 其他项目均匀性满足参考实验室能力验证要求。

## PU-4344

## Gold Biomineralization on Bacterial Biofilms for Au<sup>3+</sup> Removal Hazards Eukaryotic Cell

Xinglu Jiang, Wu Guoqiu  
Zhongda Hospital, Southeast University

**Objective** Heavy metals do not only pollute the environment but also threaten human health and ecosystem. Bacteria have been reported to be a kind of cheap and green biological materials which could remove and cycle heavy metals via biomineralization and biosorption. However, the effect of metal biomineralization on bacterial biofilms on the ecological balance of bacteria and the infectious disease has received relatively little attention.

**Methods** In this paper, we designed a model of gold biomineralization on E. Coli biofilms (E. Coli-Au) to the interaction between eukaryotic cell, 293T, and mineralized E. Coli.

**Results** We found the model could not damage bacterial activity and even increase bacterial adhesion and invasion. E. Coli-Au got the ability to invade the cytoplasm and nucleus of 293T cell and destroy them via the intracellular growth and multiplication.

**Conclusions** Our findings indicate metal biomineralization on bacterial biofilms for heavy metals ion removal hazards eukaryotic cell and even human health.

## PU-4345

## 肺炎克雷伯菌的耐药性及其毒力基因相关性研究

陈聪<sup>1,2</sup>, 史伟峰<sup>1</sup>

1. 常州市第一人民医院, 213000

2. 常州市第四人民医院

**目的** 肺炎克雷伯菌 (KP) 是院内感染的重要病原菌之一, 且数量和耐药性日益增加, 对临床治疗带来了较大困难。本文主要探讨临床分离 KP 的耐药性、流行病学和毒力因子, 以便为临床合理用药提供依据。

**方法** 采用 phoenix-100 微生物鉴定药敏分析仪对 KP 进行鉴定和药敏试验, 拉丝试验检测其粘液表型, 应用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 进行快速鉴定及同源性分析, PCR 检测相关毒力基因 (fimH、entB、ybtA、allS、mrkD、wabG、ureA、uge), PCR 阳性扩增产物进行基因测序。

**结果** (1) 临床分离的 KP 对哌拉西林耐药率最高, 达 52.5%; 对阿米卡星耐药率最低, 为 25.3%。高粘液型菌株对常用抗生素整体耐药率不高, 明显低于非粘液表型菌株。80 株 KP 共检出 23 株 CRKP, 检出率为 28.75%, 其中 ICU 占 30.4%。

(2) ICU 病房 23 株 KP 可分为 I、II 两群, 这些亲缘关系近的菌株, 或分离自同一床号先后入住患者, 或分离自同一时期入住 ICU 患者, 提示存在交叉感染的可能。

(3) 80 株 KP 临床分离株中, ureA 检出率最高, 占总数的 90%; fimH 和 entB 检出率均为 88.8%。毒力基因以 fimH+entB+ybtA+mrkD+ureA+uge 6 种基因共同检出模式最为常见, 检出率为 38.8%。未检出 wabG 基因。KP 携带毒力基因的数量与耐药性之间差异无统计意义。

**结论** 肺炎克雷伯菌在 ICU 和呼吸道标本发生率最高, 高粘性菌株相比非粘性菌株对抗生素敏感性更高, 但携带有更多的毒力基因, 应引起临床重视。提示肺炎克雷伯菌在耐药获得的过程中, 可能引起部分毒力基因的丢失。

PU-4346

## 治疗前异常凝血酶原血清水平与原发性肝癌 预后相关性研究

林莺莺,陈岩松,崔兆磊,陈燕  
福建省肿瘤医院,350000

**目的** 探讨治疗前异常凝血酶原(PIVKA-II)血清水平在原发性肝癌预后中的临床应用价值。

**方法** 收集 2013 年 12 月至 2014 年 3 月福建省肿瘤医院连续收治的 100 例未经治疗的肝细胞癌患者入院时血清样本,用化学发光免疫技术检测 PIVKA-II 血清水平,收集患者临床资料,同时对患者每隔三个月至半年进行随访,对随访结果结合临床资料,运用 X-tile 软件确立 PIVKA-II 对总生存期的最佳截断值,并用 SPSS16.0 软件包进行生存分析。

**结果** 截止 2017 年 3 月,100 例患者中位生存时间为 4.1 个月,3 年生存率为 22%。X-tile 软件确立 PIVKA-II 对预测总生存期的最佳截断值为 55859mAU/ml,PIVKA-II >55859 mAU/ml 的患者 17 例(占总人数的 17%),中位生存期为 2.0 个月,与 PIVKA-II ≤55859 mAU/ml 组相比(中位生存期为 5.6 个月),差异有统计学意义( $P=0.000$ )。PIVKA-II 的表达与总胆红素、腹水、肿瘤直径和门脉癌栓成正相关。单因素分析显示治疗前 PIVKA-II 表达、发现肿瘤途径、肝功能生化指标、腹水、CH 分级、侵犯肝被膜、肿瘤直径、数量、临床分期、门脉癌栓、下腔静脉癌栓、远处转移以及治疗方式是患者总体生存率的影响因素。多因素分析显示治疗前 PIVKA-II 高表达( $OR=5.405$ ; 95%CI: 0.219-0.879,  $P=0.020$ ),下腔静脉癌栓和远处转移是患者预后较差的独立预测因素。

**结论** 治疗前 PIVKA-II 血清水平可作为肝癌预后标志物,治疗前 PIVKA-II 高表达提示不良预后。

PU-4347

## 利福平中介和耐药金黄色葡萄球菌分子流行病学及 rpoB 基因突变分析

梁秉绍,麦嘉良,姚淑雯,黄莲芬,钟华敏,邓秋连,谢永强,周珍文  
广州市妇女儿童医疗中心,510000

**目的** 分析广州地区临床分离的利福平中介、耐药金黄色葡萄球菌株对其它常规抗生素的耐药性、分子流行病学特征以及与 rpoB 基因的突变的相关性,为疾病的防控及治疗提供参考依据。

**方法** 对 2014-2018 年广州市妇女儿童医疗中心分离的 28 株利福平中介、耐药的重复金黄色葡萄球菌进行 spa、mlst 分型,进一步对其中 24 株耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)进行 SCCmec 分析。对以上菌株及 7 株利福平敏感的非重复金黄色葡萄球菌的 rpoB 基因的利福平耐药决定区进行 PCR 扩增测序并和金黄色葡萄球菌标准菌株 ATCC29213 进行比对分析。

**结果** 对儿童常用抗菌药物红霉素和克林霉素的耐药率高达 67.9%和 64.3%,对氟喹诺酮类、四环素类均为敏感。共分为 10 个 spa 型和 4 个 ST 型(ST4603 是新型),其中 t116 或 ST45 是最主要的基因型,分别占 60.7%,85.7%。24 个 MRSA 菌株的 SCCmec 分型全部为 IV 型。最主要的克隆群为 ST45-IV-t116 (57.1%)和 ST45-IV-t776 (10.7%)。与标准序列相比,利福平中介、耐药与敏感菌株在 1422,1441,1506,1533 位置都存在基因突变的情况,但是仅有利福平中介、耐药菌株在 rpoB 基因的 1441 位置存在有义突变,其他位置和敏感菌株未检测出有义突变。而且所有中介、耐药菌株的氨基酸突变类型都是 481 位由组氨酸改变为天冬酰胺。

**结论** 该地区临床分离的利福平中介、耐药金黄色葡萄球菌对红霉素和克林霉素的耐药率较高,而对氟喹诺酮类、四环素类抗生素均为敏感。ST45-IV-t116 和 ST45-IV-t776 为主要的流行克隆群。与 rpoB 利福平耐药决定区 481 位氨基酸由组氨酸突变为天冬酰胺紧密相关。

## PU-4348

## 质谱和高通量测序联合助力罕见血流感染病原体 *Herbaspirillum huttiense* 的鉴定

胡秀梅

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 分析导管相关性血流感染草螺菌属的鉴定和药敏试验过程,提高临床医师和微生物检验工作者对罕见病原微生物关注和认知。

**方法** 采集 1 例慢性肾衰竭血液透析患者血培养阳性标本,涂片、染色、镜检,并对分离到单个菌落,分别进行质谱分析、生化鉴定和药敏试验;提取细菌基因组 DNA,扩增细菌 16S rDNA 并测序;细菌基因组高通量测序

**结果** 血培养瓶孵育 20 小时后阳性报警,涂片见革兰阴性杆菌。血琼脂上孵育 16 小时,见乳白色、凸起和无溶血菌落。VITEK2 Compact 鉴定为洋葱伯克霍尔德, N335 药敏卡检测药敏结果,发现该菌对氨曲南和多粘菌素耐药,其余抗生素均敏感。VITEK MS 质谱仪临床数据库无法鉴定出种属, VITEK MS 科研数据库鉴定为 *Herbaspirillum huttiense*/*Herbaspirillum aquaticum*。该菌 16S rDNA 与草螺菌属 *Herbaspirillum huttiense*、*Herbaspirillum aquaticum* 一致性均>99%。细菌基因组高通量测序,发现本例临床分离株与 Genbank 数据库中 *Herbaspirillum huttiense* subsp *putei* IAM 15032 同源性为 100%,证实本例分离株为 *Herbaspirillum huttiense*。

**结论** 环境微生物演变成人类病原菌种类不断增多,草螺菌属因其生化特性与其他菌种相似,极易被误鉴定,需引起检验工作者的重视。质谱和细菌基因组高通量测序技术为罕见病原体的鉴定诊断提供有力手段。

## PU-4349

## 西宁地区正常孕妇甲状腺功能指标分析及参考范围研究

贾军

青海红十字医院,810000

**目的** 分析西宁地区正常妊娠孕妇甲状腺功能变化,初步建立妊娠不同时期特异性甲状腺激素水平参考值范围。

**方法** 选择 2017 年 6 月-2018 年 5 月就诊于我院的正常孕早期妇女 2569 例、孕中期 3633 例和孕晚期 2021 例,选择年龄相仿未妊娠妇女 2388 例作为对照组,检测甲状腺功能指标游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)、游离甲状腺素(FT4)及促甲状腺激素(TSH)的水平。

**结果** 早期妊娠组孕妇的甲状腺功能指标 FT3、FT4 高于对照组, TSH 水平低于对照组差异,但仅 FT3 和 TSH 具有统计学意义( $P<0.05$ );中晚期妊娠组 FT3、FT4 水平均低于对照组, TSH 水平高于对照组,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 西宁地区正常妊娠早期孕妇甲状腺激素水平显著升高,妊娠中、晚期时甲状腺激素水平显著降低,在临床工作中,掌握孕妇不同妊娠期甲状腺功能变化的规律,有助于防范及减少当地妊娠甲状腺疾病,降低不良妊娠结局发生率。

## PU-4350

## 肿瘤患者念珠菌感染的危险因素及药敏分析

辛娜,汤纪丰,陈燕  
福建省肿瘤医院,350000

**目的** 分析福建省肿瘤医院肿瘤患者念珠菌感染的临床特点、流行病学特征及导致感染发生的可能危险因素,为临床念珠菌感染的预防和诊疗提供参考依据。

**方法** 回顾性分析我院 2015-2017 年恶性肿瘤患者念珠菌感染的 60 例临床资料,对可能的危险因素进行单因素及多因素 logistic 回归分析,估计各危险因素的 OR 值并统计病原菌药敏试验结果作进一步分析。

**结果** 在念珠菌感染中,根据单因素卡方检验分析结果显示,应用广谱抗生素、住院天数( $\geq 14$  天)、术后引流管留置数量( $\geq 4$  个)及天数( $\geq 7$  天)、放化疗和是侵入性操作是发生念珠菌感染的危险因素( $P < 0.05$ )。Logistic 分析中,应用广谱抗生素、术后引流管留置天数( $\geq 7$  天)、住院天数( $\geq 14$  天)和侵入性操作的 OR 值分别为 11.177、1.925、15.154、4.613 均是发生感染的独立危险因素( $P < 0.05$ )。白色念珠菌仍是最主要的病原菌(73%),常见真菌对常见抗真菌药物的敏感性由高到低依次为:两性霉素 B、5-氟胞嘧啶,伊曲康唑,伏立康唑,氟康唑。

**结论** 肿瘤患者住院治疗的周期长,放化疗,术后引流管插管数量多时间长,侵入性操作,术后广谱抗生素应用不规范等是引起念珠菌感染危险因素,临床应对存在危险因素的患者重点预防感染并掌握引起真菌感染病原菌的分布及耐药性,同时合理应用抗真菌药物以及同时注意及时送检合格标本。

## PU-4351

## 血小板检测异常与心肌指标的相关性分析

张源达,张丽霞  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究分析 SYSMEX XN2000 血液分析仪血小板检测异常与心肌检测指标之间的相关性。

**方法** 收集 2019 年 2 月至 3 月间采用 SYSMEX XN2000 血液分析仪检测血常规标本时仪器提示血小板异常检测的相关样本信息,包括提示血小板聚集(PLT Clumps)和血小板异常分布(PLT Abn Dist)的相关样本结果。利用实验室信息系统查询以上样本对应患者当日同批次所采集样本的其他检测项目,重点关注其心肌标志物(包括肌钙蛋白 T、肌红蛋白)和凝血功能(包括 PT、APTT、DDI)检测指标。按以上标准共收集血小板聚集(PLT Clumps)96 例,血小板异常分布(PLT Abn Dist)62 例,分为两组。不同患者按其 PLT、肌钙蛋白 T(cTnT)、肌红蛋白(Mb)、PT、APTT、DDI 检测值建立样本资料。利用 SPSS 25.0 对不同检测项目检测结果进行相关性分析。不同变量之间相关性研究,先考察资料分布类型,采用单样本 K-S 检验,满足双变量正态分布资料采用 Pearson 相关分析,非正态分布资料采用 Spearman 秩相关。

**结果** 本研究均采用 Spearman 秩相关分析,分析结果表明,血小板聚集(PLT Clumps)样本组中,PLT 与 cTnT 无关( $r_s = -0.029, P > 0.05$ ),PLT 与 Mb 无关( $r_s = -0.217, P > 0.05$ ),PLT 与 PT、APTT 相关( $r_s = -0.445, -0.454, P < 0.01$ ),PLT 与 DDI 相关( $r_s = -0.326, P < 0.05$ );血小板异常分布(PLT Abn Dist)样本组中,PLT 与 cTnT 相关( $r_s = -0.334, P < 0.01$ ),PLT 与 Mb 无关( $r_s = -0.102, P > 0.05$ ),PLT 与 PT、APTT 相关( $r_s = -0.359, -0.427, P < 0.01$ ),PLT 与 DDI 无关( $r_s = -0.274, P > 0.05$ )。

**结论** SYSMEX XN2000 血液分析仪血小板出现异常检测情况时,如提示血小板聚集(PLT Clumps)时或血小板异常分布(PLT Abn Dist),PLT 与 Mb 均无明显相关性,PLT 与凝血功能



检测指标 PT、APTT 呈负相关。提示血小板聚集时, PLT 与 D 二聚体检测值呈负相关, 提示血小板分布异常时, PLT 与肌钙蛋白 T 呈负相关。

## PU-4352

### 恶性血液病患者外周血淋巴细胞亚群变化及其临床特征与预后关系的研究

冉隆荣,薛宁,毛金菊,刘静怡,王建容,杨再林  
重庆医科大学附属第三医院(捷尔医院)

**目的** 探讨恶性血液病患者外周血淋巴细胞亚群变化及其临床特征对预后的影响。

**方法** 采用流式细胞分析 58 例血液系统恶性肿瘤患者的淋巴细胞亚群。分析比较 30 例正常人的外周血淋巴细胞亚群与实验组的差异。对 58 名患者中 13 例持续动态监测淋巴细胞亚群的变化及其预后的关系进行了分析。

**结果** 恶性血液病组的 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞、Treg 细胞的百分比在恶性血液病组中高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); CLL 患者 CD3<sup>+</sup>CD19<sup>+</sup>B 淋巴细胞百分比及绝对数明显增高, 占总 B 淋巴细胞的 50% 以上, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); MM 组和 NHL 组患者的 CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>NK 细胞百分比明显的高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); ALL 组 CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>NK 细胞明显低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); MDS 组中 CD4/CD8 比值与 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞百分比显著高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); Treg 的百分比与正常对照组没有统计学差异。AML 组中 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>淋巴细胞百分比显著高于 ALL 组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 。在 ALL 组 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞百分比明显高于 AML 组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); NHL 组的 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞百分比和 CD3<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>NK 细胞百分比均高于 HL 组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 缓解组的化疗病人的 Treg 的百分比随疗程逐渐降低。在连续动态监测的患者组发现, 未缓解组的化疗病人的 Treg 的百分比随疗程逐渐升高或持续大于 10%; 复发组的化疗病人的 Treg 的百分比随疗程先降低再升高。

**结论** 恶性血液病患者免疫功能显著低于健康人, 且伴随免疫功能紊乱, 且不同疾病类型、不同的疾病状态免疫紊乱的程度不一, Treg 细胞比例可以用来预测恶性血液病患者疗效及复发, 可以为患者的临床治疗方案及用药强度提供指导依据。

## PU-4353

### 新生儿黄疸 G6PD 基因突变及实验室相关指标分析

马园艳,王杨  
昆明市延安医院,650000

**目的** 探讨新生儿黄疸病例中 G6PD 基因突变率、突变类型的分布情况, 以及生理性与病理性黄疸之间的胆红素、血红蛋白、超敏 CRP、红细胞数、红细胞压积、网织红细胞绝对值等实验室相关指标差异, 判断这些指标对临床早期辅助诊断新生儿生理性黄疸和病理性黄疸是否有参考价值。

**方法** 收集昆明市延安医院 2017 年 8 月~2019 年 3 月新生儿黄疸患儿 134 例, 分为生理性黄疸组和病理性黄疸组, 收集实验室相关指标数据进行差异比较分析; 并对其中 2018 年 11 月~2019 年 3 月昆明市延安医院新生儿黄疸患儿 49 例使用荧光 PCR 熔解曲线法进行 G6PD 基因突变检测, 同时使用比值法检测 G6PD 酶活性。

**结果** 49 例新生儿黄疸患儿之中, 共检出 3 例 G6PD 基因突变, 发生率为 6.12%, 其中 c.1376G>T 纯合突变 2 例 (66.67%), c.95A>G 纯合突变 1 例 (33.33%)。基因突变患儿均为男婴。3 例突变病例均为病理性黄疸, G6PD 酶活性均有大幅降低, 数值为  $0.62\pm 0.24(\text{U/gHb})$ , 病理性黄疸突变

率为 8.10%。生理性黄疸组与病理性黄疸组之间总胆红素、直接胆红素、间接胆红素、血红蛋白、红细胞压积、网织红细胞绝对值比较差异有显著性（均  $P < 0.05$ ， $t$  值分别为 -14.15、-3.55、-14.12、-3.93、-3.62、2.79）；两组间红细胞数、超敏 CRP 比较差异无显著性（均  $P > 0.05$ ， $t$  值分别为 -2.73、-0.47）。

**结论** 新生儿黄疸 G6PD 基因突变率为 6.12%，病理性新生儿黄疸 G6PD 基因突变率为 8.10%。c.1376G>T 纯合基因突变型是最常见的 G6PD 基因突变型。生理性与病理性黄疸之间总胆红素、直接胆红素、间接胆红素、血红蛋白、红细胞压积、网织红细胞绝对值等实验室相关指标比较有显著相关性，这些指标对临床辅助诊断生理性黄疸和病理性黄疸有一定参考价值。

## PU-4354

### 低倍显微镜在李斯特菌属混合盲样鉴定的优势分析

王立芸,邵世鹏,孙炳雄  
嵩明县疾病预防控制中心

**目的** 探讨低倍显微镜在李斯特菌属混合盲样鉴定中的优势。

**方法** 采用低倍显微镜观察 PALCAM 琼脂平板上培养 24h 的单核细胞增生李斯特菌和英诺克李斯特菌。

**结果** 单核细胞增生李斯特菌和英诺克李斯特菌 24h 培养物的菌落形态在低倍显微镜下有明显差别，一种为圆形边缘光滑的规则红色小菌落，另外一种为稍大圆形但不规则。和 48h 培养物同时分纯培养后，做进一步生化和其它检测，检测结果是一致的。

**结论** 采用低倍显微镜观察 PALCAM 琼脂平板上培养 24h 的单核细胞增生李斯特菌和英诺克李斯特菌，在挑取目标菌落时可做到量化和标准化，既可节约检测时间，亦可保证实验结果的准确性。

## PU-4355

### 福州市呼吸道病原体谱八项检测结果分析

朱爱兰  
福建省第二人民医院,350000

**目的** 调查福州地区常见呼吸道病原体感染的病原学和流行病学特征，为临床的诊断和治疗提供参考依据。

**方法** 采用间接免疫荧光法，对福建省第二人民医院 2015 年 1 月到 2019 年 1 月 2831 例门诊及住院患者的血清中呼吸道合胞病毒（RSV）、腺病毒（ADV）、流感病毒 A 型（IFA）、流感病毒 B 型（IFB）、副流感病毒（PIV）、肺炎支原体（MP）、肺炎衣原体（CP）和嗜肺军团菌（LP）等八种呼吸道病原体中的 IgM 抗体进行检测。根据不同病原体、混合感染情况、不同季节和不同年龄组感染的阳性率结果进行统计分析。

**结果** （1）2831 例患者病原体的阳性检出例数为 907 例，阳性率为 32.0%，其中 IFB 检出阳性率最高为 17.2%，其它依次为：IFA、PIV、LP、RSV、MP、CP、ADV。（2）单一病原体感染例数有 695 例，阳性率为 24.5%，其中 IFB 在单一病原体感染中所占比例最高为 45.8%，其它依次为 IFA、PIV、RSV、LP、CP、MP、ADV。2 种及 2 种以上混合感染例数有 212 例，阳性率为 7.5%，其中 IFA 与 IFB 的混合感染在混合感染中所占比例最高为 96.7%（3）秋季病原体阳性率最高 32.3%，显著高于夏季 21.9%，略高于冬季 30.4%和春季 29.1%，结果比较差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。（4）不同年龄组的人病原体感染阳性率有明显的差异，青年组感染阳性率 36.0%显著高于中老年组感染阳性率 26.7%，结果比较差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）

**结论** 福建省第二人民医院门诊及住院患者呼吸道感染病原体主要是 IFA 与 IFB，混合感染病原体同样主要是 IFA 与 IFB，不同季节和不同年龄组呼吸道感染病原体感染阳性率均存在差异。

## PU-4356

## 核苷类似物抗病毒治疗对甲胎蛋白在慢性乙肝相关肝细胞癌中诊断值的影响

杨紫伟<sup>1</sup>,刘莹<sup>2</sup>,吕萍<sup>2</sup>

1.中国医科大学附属第一医院,110000

2.中国医科大学,110000

**目的** 研究核苷类似物抗病毒治疗对 AFP 在慢性乙肝相关肝细胞癌中诊断值的影响。

**方法** 本试验回顾性收集了中国医科大学附属第一医院从 2014 年 1 月至今的患者病例共计 811 例。其中包括 326 例的慢性乙型肝炎患者、312 例的慢性乙肝肝硬化患者和 173 例的慢性乙肝相关肝细胞癌患者的抗病毒治疗情况和临床信息,按照是否接受了核苷类似物抗病毒治疗将患者分为抗病毒治疗组和未抗病毒治疗组。最后将收集的数据用 SPSS 24.0 统计软件的 t 检验、卡方检验、Mann—Whitney U 检验和受试者工作特征曲线(ROC 曲线)进行分析。

**结果** 本试验回顾性收集了中国医科大学附属第一医院从 2014 年 1 月至今的患者病例共计 811 例。其中包括 326 例的慢性乙型肝炎患者、312 例的慢性乙肝肝硬化患者和 173 例的慢性乙肝相关肝细胞癌患者的抗病毒治疗情况和临床信息,按照是否接受了核苷类似物抗病毒治疗将患者分为抗病毒治疗组和未抗病毒治疗组。最后将收集的数据用 SPSS 24.0 统计软件的 t 检验、卡方检验、Mann—Whitney U 检验和受试者工作特征曲线(ROC 曲线)进行分析。

**结论** 接受了抗病毒治疗的慢乙肝、肝硬化和肝细胞癌三组患者血清 AFP 水平会显著降低,提示对于接受了抗病毒治疗的疑似肝细胞癌患者,应下调 AFP 的诊断阈值。

## PU-4357

## 5S 管理模式在医院检验科急诊组的应用

李欣,吴京,姜加陶

上海市胸科医院

**目的** 探讨 5S 管理模式在医院检验科急诊组的应用效果。

**方法** 在上海市胸科医院检验科急诊组开展 5S 改善行动,通过对改善前后急诊组总体情况的统计和比较,包括工作区域内物品数量、工作人员年走动步数及公里数、5S 评分的数据,来分析改善前后的差异性。

**结果** 在急诊组开展 5S 改善行动后,工作区域内物品数量较原先大大减少,工作人员年走动步数和公里数也较原先明显缩减,5S 评分有所提高。

**结论** 将 5S 管理模式应用于医院检验科急诊组后,工作环境得到切实改善,工作流程得以合理优化,有效激发员工的主观能动性,提升检验质量与效率。

## PU-4358

## 高尿酸血症患者早期肾功能损害的临床分析

陈友,江芳华,林星

福建中医药大学附属第二人民医院

**目的** 探讨高尿酸血症(HUA)患者血尿酸水平与其早期肾功能损害的关系。

**方法** 选取 120 例高尿酸血症患者为实验组,另选 120 例健康人群为对照组,分别检测两组受试者的血清尿酸(UA)、胱抑素 C(CysC)、肌酐(Cr)、γ-谷氨酰基转移酶(GGT)和尿微量白蛋白/肌酐

(ACR)水平,采用多元线性回归分析估计肾小球滤过率(eGFR)与相关生化指标血清 UA、CysC、CR、GGT 和 ACR 水平之间的关系密切程度。

**结果** 高尿酸血症组的 CysC、GGT、Cr 和 ACR 水平均高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。血清 UA、CysC、Cr、GGT 和 ACR 均与 eGFR 密切相关。→

**结论** 血清 CysC、Cr、GGT 和 ACR 水平的增高与 HUA 密切相关,同时能够反映 HUA 患者的早期肾功能损害。

## PU-4359

### 微阵列生化多指标干粉球试剂快速检测的应用研究

涂奠基,付杰,余鹏春,刘飞,张立群,蒲晓允  
陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 设计微阵列生化试剂盘并应用于急诊生化快速检测。

**方法** 将干粉微球试剂根据检测需求装入微阵列生化试剂盘中封存。加入标本和稀释液后,使用由重大设计生产的微型光谱仪同步检测,并进行性能的评价。

**结果** 血清钾的线性范围 0.1-7.0 mmol/L,使用生化 AU5800 仪器具有溯源性标本进行测定,实测值与标本值准确性相对偏差在 $\pm 12\%$ 以内,其相关系数  $R^2$  为 0.899,批内 CV 值 $\leq 8\%$ 。血清钠的线性范围 0.1-160mmol/L,使用生化 AU5800 仪器具有溯源性标本进行测定,实测值与标本值准确性相对偏差在 $\pm 3\%$ 以内,其相关系数  $R^2$  为 0.943,批内 CV 值 $\leq 5\%$ 。血肌酐的线性范围 0-1000+umol/L,使用生化 AU5800 仪器具有溯源性标本进行测定,实测值与标本值准确性相对偏差在 $\pm 7\%$ 以内,其相关系数  $R^2$  为 0.9997,批内 CV 值 $\leq 6\%$ 。葡萄糖的线性范围 0-7.0+mmol/L,使用生化 AU5800 仪器具有溯源性标本进行测定,实测值与标本值准确性相对偏差在 $\pm 4\%$ 以内,其相关系数  $R^2$  为 0.994,批内 CV 值 $\leq 6\%$ 。谷丙转氨酶的线性范围 0-45mmol/L,使用生化 AU5800 仪器具有溯源性标本进行测定,实测值与标本值准确性相对偏差在 $\pm 5\%$ 以内,其相关系数  $R^2$  为 0.9918,批内 CV 值 $\leq 2\%$ 。淀粉酶酶的线性范围 29-300mmol/L,使用生化 AU5800 仪器具有溯源性标本进行测定,实测值与标本值准确性相对偏差在 $\pm 8\%$ 以内,其相关系数  $R^2$  为 0.9976,批内 CV 值 $\leq 2\%$ 。

**结论** 目前生化模块能够进行检测的项目有:葡萄糖、血肌酐、血清钾、血清钠、淀粉酶、谷丙转氨酶。微阵列生化多指标试剂盘在微型光谱仪上的测定应用结果准确可靠,基本上满足急诊战地救护的要求,检测过程简便,目前完成六项生化指标检测,为下一把更多生化指标检测奠定基础。

## PU-4360

### 女性原发性不孕症与宫颈人乳头瘤病毒感染情况的研究

刘鑫  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 不孕症是育龄期妇女的常见疾病,随着性传播疾病的发病率上升以及宫腔操作的增加,女性不孕症的发病率逐年上升。而人乳头瘤病毒(HPV)是一类具有严格宿主范围和组织特异性的病毒,主要感染人的皮肤和粘膜,引起感染部位病变,也可能是导致女性不孕的重要原因。

**方法** 对 2017 年到 2019 年间以原发性不孕为主诉的妇女进行实时荧光 PCR 的方法对 60 名原发性不孕症患者和 60 名体检患者进行 HPV 亚型检测。

**结果** 不孕症组 HPV-16 阳性患者 10 名, HPV 其他高危型阳性 29 名, HPV18 阳性患者 15 名; 体检组 HPV-16 阳性患者 12 名, HPV 其他高危型阳性 22 名, HPV18 阳性患者 13 名。两组间 HPV 高危型感染率差异无统计学意义。

**结论** HPV 高危型感染可能是女性不孕症的危险因素之一。

#### PU-4361

### 贝克曼 iChem® VELOCITY™ 尿干化学仪器 胆红素假阳性研究

杨淑娴, 任真, 张丽霞

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 分析贝克曼 iChem® VELOCITY™ 尿干化学仪器胆红素假阳性情况。

**方法** 统计分析江苏省人民医院 2018 年 9 月 15 日至 2019 年 1 月 15 日间尿常规尿液标本共 51623 例, 其中出现 59 例尿胆红素阳性结果, 用 Harrison 法进行验证, 与 AKARY 仪器进行比对。

**结果** 贝克曼 iChem® VELOCITY™ 尿干化学仪胆红素阳性 57 例, AKARY 仪器阳性 3 例, Harrison 法确定假阳性 49 例, 占 85.96%, 其中肾移植患者 19 例, 其他 40 例。

**结论** 贝克曼 iChem® VELOCITY™ 尿干化学仪器胆红素假阳性率为 0.094%, 其中肾移植组占 32.30%, 可能与肾移植患者用药相关, 还需进一步研究。

#### PU-4362

### 基于 CRISPR 的 H7N9 检测技术研究

刘雨风, 李智洋

Nanjing Drum Tower Hospital

**目的** 甲型 H7N9 流感以其潜伏期短、发病迅速等特点严重威胁人类生命安全, 也因其传染性强、死亡率高和难以根除而不断破坏社会稳定。为了降低 H7N9 流感的危害, 找到一种检测窗口期短、灵敏度高、特异性强的 H7N9 病毒检测方法刻不容缓。

**方法** 利用原核表达系统表达 LwCas13a 蛋白, 并对诱导条件和纯化方式进行优化。以 H7N9 HA 基因的体外转录 RNA 为靶 RNA, 设计特异的 crRNA, 以标记有荧光基团和淬灭荧光基团的单链 RNA 作为信标分子验证 Cas13a 的活性。利用 Cas13a 的特性, 建立并优化 H7N9 检测体系, 测量检测体系的灵敏度和特异性。

**结果** 菌液 OD<sub>600</sub> 值为 1.0 时, 加入 0.1 mM IPTG (Isopropyl β-D-Thiogalactoside) 在 25 °C 诱导 16 小时, 目的蛋白质占总蛋白质的比例较高 (8.13%)。对目的蛋白的纯化方式进行了比较选择, 发现使用酶切法纯化的 Cas13a 纯度高。通过体外转录的方式获得了 H7N9 RNA 和相应的 crRNA, 并将其与 Cas13a 共同孵育验证复合物的核糖核酸酶活性。构建了 20 μL 检测体系: 9.375 nM Cas13a、12.5 nM crRNA、1 μL RNase 抑制剂、100 ng 人类总 RNA、一定量的待检测 RNA 和 300 nM RNA 探针。在检测体系中引入 T7 体外转录系统和 RT-RPA 体系, 通过对不同亚型流感病毒株 RNA 的检测评估, 发现其能在 30 min 内检测出 100 aM 的 NA RNA, 并且具有良好的特异性。

**结论** 我们诱导表达和纯化出了有活性的 Cas13a 蛋白质, 并基于 Cas13a 蛋白质构建出了针对 H7N9 甲型流感病毒的具有良好灵敏度和特异性的检测体系。为实现 H7N9 甲型流感病毒现场检测提供了理论基础。

## PU-4363

## 陕西省 2016-2018 年炭疽监测及基因溯源分析

刘东立,石 一,马琳,周体操,曹磊,张璐,李雪梅,张义  
陕西省疾病预防控制中心

**目的** 调查了解陕西省 2016-2018 年炭疽流行情况、病原学特征及分子流行病学特征。

**方法** 对 2016-2018 年报告炭疽病例开展个案调查,进行流行病学三间分布分析;采集病例生物样本及环境样本,进行炭疽杆菌分离培养、炭疽 ELISA 抗体检测及荧光定量 PCR 检测,对分离到的阳性标本以 *can*SNP 及 MLVA15 的方法进行分子分型,与陕西省历史菌株及国内部分省份菌株基因型进行聚类分析。

**结果** 陕西省 2016-2018 年共炭疽病例 14 例,发病到诊断平均 9 天,地理分布以关中及陕北地区为主,8 月份发病较多,人群分布性别比为 6:1 (12/2),26-59 岁占 85.7% (12/14),农民占 71.4% (10/14)。人体标本病原培养 17 份,分离到炭疽杆菌 1 株,阳性 5.9%,环境标本培养 77 份均为阴性,ELISA 检测阳性率 83.3%(10/12),荧光定量 PCR 阳性率 21.4% (3/14);陕西省炭疽菌株 *can*SNP 基因型为 A.Br.001/002 型,2015 年、2018 年及 1953 年菌株 MLVA 分型分别为 MLVA15-38、31、CHN17 基因型。

**结论** 陕西省 2016-2018 年炭疽疫情属较低散发水平,主要分布在关中及陕北地区,8 月为发病高峰,人群以青壮年男性农民为主。炭疽杆菌 *can*SNP 基因型为 A.Br.001/002,与国内主要流行株相同。存在 3 种不同的 MLVA15 基因型。陕北地区 MLVA15-38 型,与北部内蒙古相近;关中地区 MLVA15-31 型,与甘肃省及新疆类似;历史上还曾有 MLVA15-CHN17 型。

## PU-4364

## 利用环介导恒温扩增电阻检测技术快速测定副溶血弧菌

蒋栋能,刘畅  
陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 建立一种基于环介导恒温扩增(LAMP)-电阻检测的电化学检测新方法,快速测定粪便中副溶血弧菌,用于疾病诊断。

**方法** 根据副溶血弧菌 *tlh* 基因,设计 4 条特异性 LAMP 引物。采用 LAMP 技术对副溶血弧菌、10 种腹泻干扰菌及不同浓度副溶血弧菌进行扩增,通过检测反应液电阻的变化,对其方法的特异性和灵敏度进行评价。以 LAMP-电阻技术对 150 例临床腹泻粪便标本进行检测,同时用临床标本的传统培养方法进行平行对照。

**结果** LAMP-电阻技术对副溶血弧菌及 10 种腹泻干扰菌,只针对副溶血弧菌有阳性 LAMP 扩增,具有良好的特异性。通过对不同浓度副溶血弧菌的扩增检测,该方法的最低检测限为 10CFU/ml。对 150 例临床腹粪标本 LAMP-电阻检测结果与传统的培养结果阳性率一致,均为 18.5%。

**结论** 本研究建立的 LAMP-电阻检测技术具有良好特异性及较高的灵敏度,适用于临床标本的现场快速检测。

## PU-4365

## RAL-STAINER 自动染色仪对各类临床微生物标本革兰染色的性能评估

徐阳颢,李志夫,赵越薇,李富升,姜加陶

上海市胸科医院

**目的** 评估 RAL-STAINER 自动染色仪对各类临床微生物标本革兰染色的性能。

**方法** 收集标本,分别进行手工革兰染色和仪器革兰染色,评价自动染色仪的染色效果、与手工染色的一致率以及工作性能。

**结果** RAL-STAINER 自动染色仪对各类标本革兰染色涂片片膜完整、全片染色均匀、染色色泽鲜明、染料沉渣很少、细菌颜色和形态典型。并且对于临床标本,背景细胞结构清晰、背景颜色为粉红色。染色合格率为 100%。自动染色仪与手工革兰染色一致性为 100%。自动染色仪操作简便、通量高、染色效果稳定、无交叉污染、生物安全性好。

**结论** RAL-STAINER 自动染色仪对微生物标本革兰染色性能较好。

## PU-4366

## 沈阳市 0-12 周岁儿童 EB 病毒感染的相关疾病分析

杨紫伟

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 初步对沈阳市 0-12 周岁儿童 EB 病毒感染的相关疾病进行分析。

**方法** 对中国医科大学附属第一医院住院儿童(0-12 岁)EB 病毒感染病例进行回顾性分析。

**结果** 980 例疑似 EBV 感染儿童中,确诊 EBV 感染共 262 例,其中男 150 例,女 112 例,幼儿期及学龄前期儿童多发,年龄: <1 岁 11 例,1~3 岁 133 例,4~6 岁 71 例,7~12 岁 47 例,中位年龄 3.9 岁; ≤6 岁儿童 215 例(82.1%)。全年均有发病,无明显季节性。EBV 相关疾病中以呼吸道系统疾病最常见,共 162 例,占 61.8%(162/262)。

**结论** 儿童 EB 病毒感染主要累及幼儿期和学龄前期儿童,全身系统均可发病,沈阳市地区以呼吸道系统疾病多见。

## PU-4367

## 冠状动脉钙化相关心脏标志物的文献分析

宋晓钰,冯勤颖,黄山,张子燕

贵州省临床检验中心

**目的** 分析冠状动脉钙化相关心脏标志物的文献,对其文献进行循证评价并提炼能够指导临床实践的的证据信息,为临床的诊断、治疗效果及预后评价提供有价值的标志物。

**方法** 运用计算机检索 PubMed、万方中文期刊全文数据库(WanFang DATA)、中国知网(china National Knowledge Infrastructure,英文简称为 CNKI)、维普四个数据库,预先制定有效合理的检索策略,辅以手工检索,然后通过纳入标准、排除标准、文献选择、质量评价、评价指标、资料提取,筛选合格的临床研究文献,对符合纳入标准的文献进行描述性分析。

**结果** 共纳入 56 篇与主题相关的文献,9 种与冠状动脉钙化相关的心脏标志物。评价指标、资料提取,筛选合格的临床研究文献,对符合纳入标准的文献进行描述性分析。

**结论** 9种与冠状动脉钙化相关的心脏标志物（白细胞介素-10、白细胞介素-18、1,25-二羟基维生素D<sub>3</sub>、骨桥蛋白、妊娠相关血浆蛋白A、高迁移率族蛋白B<sub>1</sub>、脂联素、缺氧诱导因子-1 $\alpha$ 、基质 $\gamma$ -羧基谷氨酸蛋白），为临床心血管疾病预测和早期诊断提供标志物，降低相关的检测成本，推动个体化危险评估和预防是非常有必要的。

PU-4368

## Three Groups of Full-length Real-time PCR assays for Rapidly Detecting Fifteen Carbapenem Resistance Genes of Molecular class A and B

Xiumei Hu

Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Carbapenems possess the broadest spectrum of activity and greatest potency against Gram-positive and Gram-negative bacteria and therefore are widely regarded by clinicians as “last-line agents” or “antibiotics of last resort”. Unfortunately, the recent emergence of carbapenemase-producing Gram-negative bacteria are of high concern because they are often associated to the occurrence of multidrug-resistant isolates for which very few (if any) antibiotic options remain available. Because of the diversity and the risk of wide spreading of carbapenemases, reliable methods for their identification are especially important in clinical laboratories, where they can help to choose the optimal methods for treatment of patients and provide epidemiological control over the spreading of this type of resistance. Here, we are aimed to develop a rapid, labor saving method for the detection of 15 types of carbapenem resistance genes of molecular class A and B in clinical isolates.

**Methods** Three groups of full-length real-time PCR assays were developed for detecting 15 types of carbapenemase genes (molecular classes A and B) and 16S rDNA in clinical isolates. A total of 15 pairs of primers for carbapenemase genes and one pair of 16S rDNA primer were designed and divided into three groups according to the difference of T<sub>m</sub> values of the amplicons. The sensitivity and specificity of the full-length real-time PCR assays were measured using purified recombinant plasmids containing the targeted complete carbapenemase genes. The application of the full-length real-time PCR assays was evaluated with 65 strains of clinical carbapenem-resistant isolates.

**Results** Based on the difference of T<sub>m</sub> values of the amplicons, three groups of full-length real-time PCR assays were developed. The first group was for the amplification of blaIMP-2-like, blaDIM, blaSPM, blaGES and blaVIM-1-like, the second set targeted blaSIM, blaNMC, blaKHM, blaBIC and blaKPC, and the third group was for blaSME, blaGIM, blaSFC, blaVIM-2-like, blaNDM and 16S rDNA. Under optimized conditions, these assays achieved a limit-of-detection as low as 100 copies of each targeted genes. The presented method was applied to analyze the distribution of carbapenemases genes in 65 clinical carbapenem-resistant isolates, and their results were consistent with that of the conventional PCR assay.

**Conclusions** The three groups of full-length real-time PCR assays were suggested to be a rapid, cost-effective method with high sensitivity and specificity for detecting 15 types of carbapenemase genes (molecular classes A and B) and 16S rDNA in clinical isolates.



## PU-4369

## 尿常规检查中 AVE766 尿沉渣分析仪与显微镜检测法的对比分析

黄鑫鑫

山东省千佛山医院,250000

**目的** 分析尿常规检查中 AVE766 尿沉渣分析仪与显微镜检测法的对比结果。

**方法** 随机筛选 2018 年来我院进行尿常规检查的 2800 例患者作为研究对象,分别应用 AVE766 尿沉渣分析仪、显微镜检测法对患者晨尿进行尿常规检测,记录两种检查结果并进行对比、分析。

**结果** 2800 例患者标本经 AVE766 尿沉渣分析仪分析,提示白细胞阳性及异常的标本共 666 例,其中 605 阳性标本经镜检确认为阳性 443 例,61 例异常标本有 31 例确认为阳性;红细胞阳性及异常标本 404 例,其中 382 例阳性标本中有 292 例镜检确认为阳性,22 例异常标本中有 4 例确认为阳性。AVE766 尿沉渣分析仪与显微镜检测,白细胞和红细胞的检测结果差异较大( $P<0.05$ ),差异具有统计学意义。

**结论** 尿常规检查中,AVE766 尿沉渣分析仪与显微镜检测法均具有较高的临床价值,尿中存在诸多的干扰因素影响白细胞和红细胞的检测,两种检测方法结合使用可为临床提供更加可靠的参考依据。

## PU-4370

## 香莲外洗液对女性生殖道支原体体外培养抑制和抗干扰效果的探讨分析

郑智明

广东省中医院/广州中医药大学第二附属医院,510000

**目的** 通过研究香莲外洗液对女性生殖道支原体体外培养的抑制和抗干扰效果,为外用洗液能否抑制女性生殖道支原体生长,及研发中成药阴道给药新药制剂提供理论依据。

**方法** 选取 129 例女性生殖道支原体培养阳性的标本,分为 UU 阳性组、MH 阳性组、UU 和 MH 双阳性组和阴性对照组,将香莲外洗液与灭菌蒸馏水 1:9 稀释后,分别加入到四组标本培养液当中,37℃恒温温箱 48 小时后判断培养板孔是否抑制支原体生长,并加入念珠菌干扰物,对检测结果进行分析。

**结果** 香莲外洗液对女性生殖道支原体(UU、MH、UU 和 MH)培养有抑制生长作用,原液浓度效果最佳,其次为 1:9,1:19 效果最差,且对单独的 UU 或 MH 阳性组效果更好。

**结论** 香莲外洗液对女性生殖道支原体培养的抑制效果明显,抗念珠菌效果明显,为研发中成药阴道给药新药制剂提供理论依据。

## PU-4371

## The potential diagnostic biomarkers and detection technology application of extracellular vesicles in infectious diseases: A REVIEW

kaili Di

the Affiliated Drum Tower Hospital of Nanjing University Medical School

**Objective** Last years, lots of studies focus on the identification of extracellular vesicles (EVs) or its content as potential novel diagnostic and therapeutic approaches. With the development of research on the interaction between host and pathogen, we now know that EVs play an important role in pathogen infection and host immune response. The traditional method of culture to diagnose microorganism is time-consuming and has low detection rate.

**Methods** In this review, we focus on recent reports in development of EVs in various infectious diseases and summarize the studies that have found EV as a new marker of infectious diseases.

**Results** EV can provide a non-invasive, rapid and accurate diagnostic method. It is to be expected that many recent studies have shown that certain components of EVs in the body fluids of infected patients have significant differences from normal controls, indicating that EVs could be used as markers of infectious diseases.

**Conclusions** EVs have great potential as infection biomarkers. When combined with rapid diagnostic techniques for emerging pathogens, EVs will improve the diagnosis and timely control of infectious diseases. Although many biomarkers have been successfully demonstrated as targets for infectious diseases diagnostics, only a small proportion of them are used in clinical practice. More development and utilization of biomarkers with better sensitivity and specificity are still needed. The study of EVs for diagnosis of infectious disease is relatively new but shows great promise. Increasing researchers have begun to test the properties of EVs using as diagnostic biomarkers, and their potential as therapeutics. By learning role of pathogen-derived Extracellular Vesicles and host-derived Extracellular Vesicles in infectious disease, we hope to find more valuable disease biomarkers.

## PU-4372

## 适用于 MALDI-TOF MS 的血培养阳性微生物的快速鉴定方法

李涛,刘飞,张立群,蒲晓允

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 利用冰醋酸的溶血性和基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)的快速检测能力,建立一种快速鉴定血培养阳性瓶中微生物的方法。

**方法** 共收集我院血培养仪报阳血瓶 316 例,抽取阳性瓶中培养液 1mL 于 1.5mL EP 管中,用一定浓度冰醋酸处理后,离心富集细菌,利用 MALDI-TOF MS 对富集后的微生物进行快速鉴定,并与转种平皿培养长出可见菌落后的鉴定结果进行比较。

**结果** 316 例阳性血培养样本中,单菌株生长 303 例,复数菌株生长 13 例。303 例单菌株生长的血培养样本中,鉴定到种、属水平的一致率分别为 59.4% (180 例)、23.1% (70 例)。其中,136 例革兰阳性细菌鉴定到种、属水平的一致率分别为 52.9% (72 例)、25.0% (34 例);159 例革兰阴性细菌鉴定到种、属水平的一致率分别为 68.8% (108 例)、23.0% (36 例);10 例念珠菌未能给出有效鉴定。13 例混合感染标本中,鉴定出其中一种菌种、属水平的一致率分别为 30.8% (4 例)、46.2% (6 例)。

**结论** 本研究建立了一种利用冰醋酸联合 MALDI-TOF MS 快速鉴定血培养阳性瓶中微生物的方法, 该方法具有准确度高、快速、操作简便、成本低的特点, 为血流感染的快速诊断提供了一种新的检测手段。

#### PU-4373

### 基质辅助激光解析串联飞行时间质谱和实时荧光定量 PCR 关于 SLCO1B1 和 APOE 常见位点检测的比对

叶阿里, 邹雨桐, 吴洁

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 进行基质辅助激光解析串联飞行时间质谱 (Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization Time of Flight Mass Spectrometry, MALDI TOF MS) 和实时荧光定量 PCR (Realtime Fluorescence Quantitative Polymerase Chain Reaction, RTFQ PCR) 关于脂质及药物代谢相关的基因位点检测的方法学比对, 探讨两者检测结果的一致性, 从而指导临床他汀类药物的使用。

**方法** 纳入 2018 年 7 月至 9 月期间北京协和医院诊断为高脂血症、高血压或动脉粥样硬化的患者共计 71 例, 收集 EDTA 抗凝全血并提取基因组 DNA, 分别采用 MALDI TOF MS 和 RTFQ PCR 方法检测对从 EDTA 抗凝全血中提取的核酸的 SLCO1B1 基因的 rs2306283 (388A>G) 和 rs4149056 (521T>C) 位点以及 APOE 基因的 rs429358 (388T>C) 和 rs7412 (526C>T) 位点进行检测, 并利用 Kappa 系数比较结果的一致性。

**结果** 两种方法在对相关基因位点的检测结果上具有较高的一致性 ( $\kappa$  值  $>0.95$ ), 仅一例患者 rs4149056 (521T>C) 位点出现分型差异且在 MALDI TOF MS 法重复进行检测后得到与 RTFQ PCR 法一致的结果。

**结论** MALDI TOF MS 可以被应用于脂质及药物代谢相关的基因位点的检测, 且其检测结果可以指导临床他汀类药物的使用。

#### PU-4374

### Preliminary study of serum Cripto-1 in early diagnosis and therapeutic evaluation of gastric cancer

Xin Zhang, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** To discuss the application value of serum Cripto-1 in the diagnosis and therapeutic evaluation of gastric cancer, which providing reference for clinics.

**Methods** From January to June 2018, serum specimens of 79 patients with gastric cancer (gastric cancer group), 42 patients with chronic atrophic gastritis (chronic atrophic gastritis group) and 30 healthy subjects (healthy control group) were collected in Qilu Hospital of Shandong University. Cripto-1 was detected by enzyme-linked immunosorbent assay, and carcinoembryonic antigen (CEA) and sugar chain antigen 724 (CA724) were determined by electrochemical immunoluminescence.

**Results** Levels of serum Cripto-1 in gastric cancer group, chronic atrophic gastritis group and healthy control group were  $[3.76 (1.42-9.73)] \mu\text{g/L}$ ,  $[0.71 (0.34-0.86)] \mu\text{g/L}$  and  $[0.36 (0.285-0.515)] \mu\text{g/L}$ , and a significant difference was observed among 3 groups ( $P < 0.001$ ). Among them, levels of serum Cripto-1 in gastric cancer group were significantly higher than those in chronic atrophic gastritis group and healthy control group (all  $P < 0.05$ ); levels in chronic atrophic gastritis group were significantly higher than those in healthy control group ( $P < 0.05$ ). Levels of

serum CEA [3.46 (2.15-4.59)] U/L and CA724 [3.45 (2.44-4.75)] U/L were only significantly increased in gastric cancer group. The area under the receiver operating characteristic curve for gastritis group diagnosis was 0.818 (95%CI: 0.747~0.876), significantly higher than CEA and CA724 (all  $P < 0.05$ ). For gastric cancer patients, serum Cripto-1 were significantly decreased after operation when compared with levels in pre operation ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** Serum Cripto-1 is increased in patients with gastric cancer, then declined after operation, with higher diagnostic value than CEA and CA724, which is a potential index for the diagnosis and therapeutic evaluation of gastric cancer.

## PU-4375

### 潍坊地区 4500 例不孕不育夫妇外周血染色体核型分析

齐海燕

潍坊医学院附属医院, 261000

**目的** 通过对外周血染色体检查, 研究外周血染色体核型异常与不孕不育症的关系。

**方法** 对 2018 年 5 月至 2019 年 4 月于潍坊医学院附属医院门诊及住院的 4500 例不孕不育患者, 采集外周血, 进行淋巴细胞培养, 进行 G 显带染色体核型及其临床分析。

**结果** 4500 例不孕不育夫妇中, 检出 168 例异常核型, 异常核型比例为 3.73%(168/4500)。检出染色体核型多态性 54 例, 发生率为 1.2%(54/4500)。168 例异常核型中, 男性染色体异常占检出异常核型总数的 61.9%(104/168), 高于女性的 38.1%(64/168); 常染色体异常数占总数的 58%, 性染色体异常数占检出总数的 42%。不孕不育患者中, 男性染色体异常发生率高于女性。核型异常主要类型为, 常染色体及 Y 染色体异常。

**结论** 染色体异常是导致不孕不育的重要因素之一, 染色体检查应成为现在辅助生殖医学术前的必查实验。

## PU-4376

### ALIFAX TEST 1 血沉仪临床适用性评估

任真

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 评估魏氏替代法 ALIFAX TEST 1 血沉仪的临床适用性。

**方法** 收集 2019 年 1-2 月南京医科大学第一附属医院风湿免疫科、血液科和骨科患者血沉标本各 30 例, 分别使用 TEST1 血沉仪和魏氏法进行测定分析。对红细胞压积 (hematocrit, HCT)  $< 35\%$  的标本魏氏法结果经 Fabry 公式校正后再与 TEST1 进行相关性比较。统计分析 2017 年 6-12 月 (Monitor100 魏氏改良法) 与 2018 年同期 (TEST1 魏氏替代法) 三个科室住院患者血沉检测结果的异常率。

**结果** 三科室 TEST 1 与魏氏法两种方法测定结果具有相关性, 其中风湿免疫科 ( $r=0.9574$ ,  $P < 0.01$ ) 和骨科 ( $r=0.9451$ ,  $P < 0.01$ ) 优于血液科 ( $r=0.8765$ ,  $P < 0.01$ )。对于 HCT 低于正常范围 ( $< 35\%$ ) 样本, 两方法相关性降低 ( $r=0.8781$ ,  $P < 0.01$ ); 当 HCT 明显低于正常范围 ( $< 25\%$ ) 时两方法则无相关性 ( $r=0.5838$ ,  $P > 0.05$ )。TEST1 与 Monitor100 血沉仪同期检测异常率相比, 风湿免疫科患者无差异 ( $\chi^2=0.02$ ,  $P > 0.05$ ), 血液科和骨科患者 TEST1 检测异常率低于 Monitor100 (血液科:  $\chi^2=76.35$ ,  $P < 0.01$ , 骨科:  $\chi^2=17.93$ ,  $P < 0.01$ )。

**结论** Test1 基本适用于风湿免疫科、血液科和骨科标本的检测。对于贫血患者而言, TEST1 受 HCT 影响比魏氏法小, 但重度贫血 (HCT  $< 25\%$ ) 患者宜选用魏氏法, 且结果需按照 Fabry 公式进行校正。

PU-4377

## 常规阴道微生态检测技术在女性不孕症的应用

陈玲<sup>1</sup>, 曾鑫<sup>2</sup>, 冯丹琴<sup>1</sup>, 陈小丽<sup>1</sup>, 黄舒莹<sup>1</sup>, 叶辉铭<sup>1</sup>

1. 厦门大学附属妇女儿童医院

2. 厦门大学公共卫生学院

**目的** 评价现有阴道微生态检验技术, 探讨阴道微生态菌群检测对女性不孕症患者的临床意义。

**方法** 通过自行配制革兰染色二步法和三步法染液及珠海贝索生物技术有限公司提供的快速革兰染液对质控菌大肠埃希杆菌 ATCC20922、金黄色葡萄球菌 ATCC29213 及女性阴道分泌物标本染色, 统计学分析评价三种染色方法; 选取女性阴道分泌物标本, 革兰染色进行形态学检测和采用泰普生物科学有限公司提供的细菌性阴道病联合检测试剂盒进行功能学检测, 统计学分析对比两种方法在 BV 检测中的引用; 收集 124 例女性不孕症患者及 184 例怀孕妇女阴道分泌物, 行形态学检测, 统计学分析对比两组阴道微生态菌群差异。统计学软件使用 SPSS20.0, 统计学方法采用  $\chi^2$  检验,  $P < 0.05$  时认为有统计学差异。

**结果** 革兰染色二步法、三步法、快速四步法在染色背景、脱色情况、混色情况、主要菌种染色情况各项对比中除大肠埃希杆菌染色情况一项外, 均有统计学差异, 革兰染色三步法与快速四步法无统计学差异, 在染色时间上, 革兰染色快速四步法最优, 其次为三步法, 二步法最后; BV 形态学与功能学检测对比部分, Nugent 评分检测结果与 pH、 $H_2O_2$ 、唾液酸苷酶、白细胞酯酶各项对比中  $P < 0.05$ , 有统计学差异; 女性不孕症患者与健康怀孕者在真菌和滴虫感染率、阴道菌群密度、菌群多样性、优势菌菌群密度主要集中于 II 度和 III 度, 菌群多样性主要集中于 I 度和 II 度, 优势菌主要是革兰阳性杆菌, 与正常女性阴道主要为乳酸杆菌结论相符, 无统计学差异。

**结论** 快速四步革兰染色法对于阴道微生态形态学评价具有较好应用, 阴道微生态功能学评估中唾液酸苷酶特异性较高而敏感度较低, pH、 $H_2O_2$ 、白细胞酯酶三项特异性不如唾液酸苷酶, 但灵敏度较好; 女性不孕症患者与健康怀孕女性阴道微生态菌群分布无统计学差异。

PU-4378

## Active molecular screening and infection control interventions of Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae in emergency intensive care unit

Simin Yang

Shanghai East Hospital, Tongji University School of Medicine

**Objective** The spread of Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae (CRE) is a public health problem and the World Health Organization pointed it a urgent threat. The objective of this study was to analyze whether active screening, infection-prevention and control (IPC) interventions can reduce the colonization and infection of CRE in a general emergency intensive care unit (EICU) ward in China

**Methods** We used a quasi-experimental before-and-after study design. The study was conducted in 3 period. During the preparation period (period 1) in April 2018, the environment was cleaned, and a plan for the intervention model was developed. Active screening and IPC interventions are conducted in the main experimental period (period 2), May 2018-January 2019. In the last period (period 3), February 2019-April 2019, only active screening is performed, IPC intervention is interrupted. In the meantime, we collect the patient information and culture results from clinical laboratory from January 2017-April 2019.

**Results** In this study, a total of 217 patients were enrolled in the 1-year study. 23.04% of the patients were colonized/infected with CRE on admission by active screening. The clinical culture

detection rates of CRE colonization/infection was 3.37% during the baseline period (the period before our experiment is performed), from January 2017-March 2018. And the rate is significantly decreased to 1.20% ( $p<0.05$ ) during the main experimental period in which active screening and IPC intervention is conducted strictly. But the rate is increased again to 6.12% in period 3, in which only active screening is performed, but IPC intervention is abandoned.

**Conclusions** From the Clinical characteristics of the EICU patients, we found there's a higher probability that the patients had Invasive devices or skin-barrier damage on admission or had antibiotic use before admission were colonized/infected with CRE ( $p<0.05$ ). Active screening and IPC interventions of CRE showed a significant reduction in nosocomial infection. The key to reducing the spread of CRE in the ICU is that all medical staff and healthcare providers strictly enforce IPC interventions.

## PU-4379

### SERPINI1 作为新的循环肿瘤标记物对原发性肝癌的临床诊断价值分析

杨紫伟

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 原发性肝癌是世界范围内最常见的恶性肿瘤之一，在我国其发病率和死亡率均位于前列，其 5 年生存率仅 10.1%。本研究评估 SERPINI1 是否可作为新的循环肿瘤标记物在原发性肝癌的临床诊断价值。

**方法** 收集 2015 年中国医科大学附属第一医院收治的 42 例慢乙肝、41 例肝硬化及 101 例原发性肝癌受试者外周血清，并随机选取同期体检的 25 例表观健康人群作为对照。用酶联免疫吸附实验测定血清 SERPINI1 水平，用受试者工作特征曲线（ROC）评估其临床诊断价值。

**结果** 表观健康人群、慢乙肝、肝硬化及原发性肝癌受试者的外周血清 SERPINI1 浓度均值（95%CI）分别为 43.1pg/ml（31.4-54.9）、54.8pg/ml（28.1-81.5）、125.8pg/ml（82.8-168.8）和 204.9pg/ml（174.9-234.9）。原发性肝癌受试者外周血清 SERPINI1 浓度明显高于其他组（ $p<0.01$ ）。ROC 曲线显示 SERPINI1 最佳 cutoff 值为 169.9pg/ml(AUC0.897, [95%CI0.854-0.941])；与 AFP 相比，SERPINI1 的敏感度高（86.1%vs.60.3%），而特异度相近（82.4%vs.83.3%）。与此同时，SERPINI1 在 AFP 阴性和阳性的原发性肝癌中都有较好的敏感度和特异度（83.7%vs.87.9%，82.4%vs.82.4%）。SERPINI1 在早期肝癌中也有较好的诊断价值(AUC0.912, [95%CI0.865-0.959])，并明显优于 AFP（AUC0.768, [95%CI0.688-0.847]， $p<0.05$ ）。最后，当 SERPINI1 和 AFP 联合后，可提高原发性肝癌的临床诊断价值（AUC0.912, [95%CI0.873-0.951]）。

**结论** 原发性肝癌受试者外周血清 SERPINI1 水平显著升高，并可作为新的循环肿瘤标记物提高原发性肝癌，尤其是 AFP 阴性和早期肝癌的临床诊断价值。

## PU-4380

### HDME 诱导单核巨噬细胞 TIPE2 表达下降涉及 NF- $\kappa$ B 炎症信号

赵俊伟

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 支气管哮喘是由多种细胞和细胞组分参与的慢性气道炎症性疾病，TIPE2 是近年发现的负性炎症调节因子，其参与多种炎症性疾病的发生发展。户尘螨是引起支气管哮喘的重要变应原。本研

究主要探讨屋尘螨提取液 (HDME) 刺激人单核巨噬细胞 THP-1 引起的负性炎症调节因子 TIPE2 的变化及相关信号通路。

**方法** RT-PCR 法和 Western blot 法检测 HDME 刺激人单核巨噬细胞 THP-1 后 TIPE2 的表达水平变化; Western blot 法检测 HDME 刺激人单核巨噬细胞 THP-1 后炎症信号分子 NF- $\kappa$ B 磷酸化水平; 以 pET3.1-TIPE2 质粒为模板, 构建重组腺病毒 Adv-TIPE2, 并在 HEK293A 细胞中扩增。重组腺病毒 Adv-TIPE2 感染 THP-1 细胞检测炎症信号分子 NF- $\kappa$ B 磷酸化水平。SPSS19.0 软件进行统计分析,  $p < 0.05$  被认为具有差异统计学意义。

**结果** 当使用一定浓度的 HDME 刺激人单核巨噬细胞 THP-1 后, 人单核巨噬细胞 THP-1 内负性炎症调节因子 TIPE2 表达量下降 ( $p < 0.05$ ); 同时, 促使炎症信号分子 NF- $\kappa$ B 的磷酸化, 磷酸化水平的强弱具有 HDME 浓度依赖性和 HDME 刺激时间依赖性。重组腺病毒 Adv-TIPE2 转染 THP-1 细胞 6h 后在荧光显微镜下观察, 可看到细胞浆中有明显的绿色荧光, 转染效率约 80%。当使用一定浓度的 HDME 刺激重组腺病毒 Adv-TIPE2 转染的 THP-1 细胞后, 炎症信号分子 NF- $\kappa$ B 的磷酸化水平受到一定程度的抑制。

**结论** 作为炎症负调节分子的 TIPE2 参与调节机体的炎症反应和免疫反应, 在支气管哮喘病人中, NF- $\kappa$ B 炎症信号可能参与 HDME 诱导 THP-1 细胞中 TIPE2 表达量下降的调节过程。

## PU-4381

### IgG4 水平在系统性红斑狼疮中的作用研究

马洁

潍坊市人民医院,261000

**目的** 系统性红斑狼疮(Systemic lupus erythematosus, SLE)是一种针对自身细胞核成分产生 IgG、IgA 或者 IgM 等自身抗体的自身免疫性疾病, 本病累及全身多个器官, 其病因至今尚未确定。近年来研究发现系统性红斑狼疮中有 IgG4 型自身抗体或 IgG4 阳性浆细胞的浸润, 因此, 本实验选取 IgG4 作为研究对象, 通过检测 SLE 中 IgG4 的水平、IgG4 和 SLE 诊断指标的相关性分析、以及在狼疮性肾炎 (Lupus Nephritis, LN) 中 IgG4 的表达水平, 以阐明 IgG4 在 SLE 疾病发生发展中的作用, 为临床观察疾病活动度、疗效以及预后提供新的实验依据。

**方法** 1 通过检测 SLE 患者和其他常见自身免疫性疾病患者 (如类风湿性关节炎 RA、干燥综合征 SS、大疱性类天疱疮 BP、慢性自发性荨麻疹 CSU) 血清中 IgG4 含量, 统计分析 IgG4 在 SLE 中的水平与其他自身免疫性疾病 IgG4 水平, 判断 IgG4 在 SLE 中是否具有诊断意义。

2 检测活动期 SLE 患者 IgG4 的含量, 分析 IgG4 在 SLE 中的作用。

3 分析 SLE 患者 IgG4 在 SLE 常见并发症中的水平, 如在狼疮性肾炎 LN, 进一步说明 IgG4 在 SLE 疾病进展中的作用。

**结果** 1 初步断定 IgG4 在 SLE 患者发病过程中起作用。

2 初步断定 IgG4 对 SLE 疾病的诊断有意义。

**结论** IgG4 在 SLE 患者疾病诊断中起着一定的作用, 并在 SLE 发生发展过程中也起着一定的作用。

## PU-4382

### 四川地区 HPV 感染及其基因分型的流行病学调查

钟佳伶,王加强

四川省人民医院,610000

**目的** 探讨四川地区妇女人乳头瘤病毒 (HPV) 的感染率及各亚型的分布情况, 为四川地区的宫颈癌筛查及防治策略提供数据支持。

**方法** 对 2015-2017 在四川省人民医院行 21 种 HPV 分型检测的 14185 例样本（健康人群 8662 例，妇科患者人群 5523 例）检测结果进行统计，结合 TCT 及病理结果进行分析。

**结果** 四川地区女性 HPV 感染率为 23.84%，以单一型别感染为主。总体人群的感染年龄峰呈现双峰特点，以 21-30 岁人群、41-50 岁人群为主。健康人群以感染 HPV-52、8304、58 型为前三位，门诊人群以感染 HPV-52、CP8304、16 型为前三位。TCT 结果阳性人群以 HPV-52、58、16 型为前三位，组织病理结果阳性人群以感染 HPV-16、58、52 为前三位。

**结论** 推荐四川地区 20-50 岁妇女进行 HPV 检测及宫颈癌筛查；针对四川地区的以 52、58、16 为主的感染特点，推荐接种九价 HPV 疫苗。

## PU-4383

### 抗真菌药对华法林的影响

任真

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院），210000

**目的** 探讨抗真菌药物对于华法林的影响。

**方法** 通过分析临床一长期服用华法林患者因真菌感染加用氟康唑后，致使 PT、INR 突然升高的案例。探寻两种药物间的内在关联。

**结果** 氟康唑是三唑类抗真菌药物，不良反应较少，临床应用广泛。对于换瓣术后感染或感染性心内膜炎手术等临床情况，与华法林联用的机率较大。作用于肝 CYP 系统，为 CYP2C9 强抑制剂，通过竞争抑制 CYP2C9 从而减少华法林代谢，延长半衰期，使华法林血药浓度快速升高，增强其抗凝效果，导致出血风险增加。

**结论** 抗真菌药物与华法林产生协同作用。

## PU-4384

### Potential Role of lncRNAs in Contributing to Pathogenesis of Primary Sjögren Syndrome

Xingxing Huo

The First Affiliated Hospital of Anhui University of Chinese Medicine

**Objective.** Primary Sjögren syndrome (pSS) is a systemic autoimmune disease of the exocrine glands, characterized by focal lymphocytic infiltration and destruction of salivary and lacrimal glands leading to xerostomia and xerophthalmia. The roles of long noncoding RNAs (lncRNAs) as novel regulators of different kinds of diseases have emerged in more recent years. The present study performed to identify the potential involvement of lncRNAs in pSS.

**Methods** An array data was downloaded, including 11 samples of pSS peripheral blood mononuclear cells and 16 samples of healthy participants from the Gene Expression Omnibus database. We performed Functional annotation, Gene ontology and Gene Set enrichment analyses on the differentially expressed genes. To confirm this finding, a set of regulated lncRNA was further examined in 35 pSS patients and 15 healthy donors, using RT-qPCR assays. Moreover, we explored the correlation between the expression of those lncRNAs and the level of autoantibodies, erythrocyte sedimentation rate (ESR), complete blood count and IgG in pSS patients.

**Results** In this study, a total of 213 differentially expressed genes (97 upregulated and 116 downregulated) were identified in pSS patients. We found that LINC00641 and LINC00861 were significantly highly expressed and LINC01220 was markedly downregulated in patients with pSS. In addition, the level of expression of LINC00641 was correlated with the level of SSA, ESR, WBC and IgG.



**Conclusions** The results of the present study suggested that LINC00641, LINC00861 and LINC01220 may be potential key genes, and the LINC00641 plays pivotal roles in pathogenesis of pSS and it can become a novel therapeutic direction for treating pSS.

#### PU-4385

### PAMAM /多面体纳米金修饰探针用 DNA 酶催化电转移电化学生物检测转移相关肺腺癌转录本 1

刘飞,李涛,余娟春,涂奠基,付杰,蒲晓允,张立群  
陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 转移相关肺腺癌转录物 1 (MALAT1) 是血清中存在的长非编码 RNA (lncRNA), 是检测肝细胞癌 (HCC) 的重要生物标志物。目前的检测方法存在一些缺点。构建基于不同催化功能纳米材料的新型电化学生物传感器, 以检测肝癌 lncRNA 血清标志物 MALAT1 检。

**方法** 基于多面体纳米金- 聚酰胺- 胺树枝状大分子 (PNG-PAMAMs) 提出了一种新的 MALAT1 检测策略。SWCNH / Au 复合物用作捕获探针固定基质, PNG-PAMAM 用作检测探针 (DP) 的痕量标记。该策略利用 PNG 表面结合捕获探针的能力, 该捕获探针的序列含有可以结合 DNAzyme 氯化血红素的 (GGG)<sub>3</sub> 三聚体。此外, PNG 可携带丰富的辣根过氧化物酶 (HRP) 以阻断过量的非特异性吸附位点, 具有协同的血红素催化作用。

**结果** 该生物传感器对 MALAT1 具有超灵敏的检测作用, 具有显著的催化作用。增强型生物传感器对 MALAT1 的检出限为 0.22 fmol/mL, 生物传感器的线性校准范围为 1fmol/mL-1 至 100 pmol/mL。此外, 与其他检测器相比, 电化学生物传感器具有理想的品质;例如, 便宜、高度稳定、灵敏度高、具有良好的再现性。该传感器也成功应用于血清样品中 MALAT1 的检测, 证明该技术在检测 MALAT1 用于临床 HCC 诊断中具有潜在的应用价值。

**结论** 成功构建了 MALAT1 电化学生物传感器, 可快速高效、灵敏特异的检测肝癌 lncRNA 血清标志物 MALAT1。该传感器也可应用于其他血清 lncRNA 的检测。

#### PU-4386

### 血栓和出血性疾病中血栓弹力图与常规凝血功能检测指标的相关性和一致性分析

蒋栋能,刘鹏  
陆军军医大学新桥医院

**目的** 探讨血栓弹力图实验(thromboelastography, TEG)与凝血四项各参数间的相关性和一致性, 评价两种方法在血栓和出血性疾病中凝血功能检测中的应用价值。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年 1-12 月共 152 例住院患者的血栓弹力图、凝血四项和血常规中血小板计数的结果, 将 TEG 检测的各参数结果与凝血四项和血小板计数结果进行相关性分析、Kappa 一致性分析。

**结果** 患者血栓弹力图与常规凝血功能检测的指标经 K-S 检验分析, R 值、MA 值、A 角、K 值、APTT、PT、Plt 均为非正态分布, TT 和 FIB 为正态分布, LY30 为常数 0 ( $p < 0.05$ )。血栓弹力图与常规凝血功能检测的指标的相关性分析, PT 和 APTT 都与 K 值、R 值、A 角、MA 值均存在相关, 而与 LY30 无相关, 与 R 值相关性最强 ( $r = 0.758$ ,  $p < 0.05$ ); Plt 只与 MA 值相关 ( $r = 0.618$ ,  $p < 0.05$ ); FIB 与 K 值、A 角、MA 值均相关, 而与 R 值和 LY30 无相关, 其中与 MA 值相关性最强 ( $r = 0.766$ ,  $p < 0.05$ )。TT 不与 K 值、R 值、A 角、MA 值、LY30 有相关性。血栓弹力图与常规凝血功能检测的指标 K 值、MA 值分别与 FIB 之间存在一致性 (Kappa=0.595、

0.757,  $p<0.05$ ) ; K 值、MA 值及 Plt 之间存在一致性 (Kappa=0.487、0.663,  $p<0.05$ ) ; 但 PT、APTT 和 K 值、R 值、A 角、MA 值之间不存在一致性 ( $p>0.05$ ) 。

**结论** 血栓弹力图与常规凝血功能检测的指标之间具有显著的相关性, 但而二者的一致性较低, 两者不能互相取代。因此, 临床上对患者检测时, 应把两种方法联合起来, 进而提高临床凝血监测的科学性和准确性。

#### PU-4387

### 自身抗体谱和体液免疫相关指标的联合检测 在早期诊断 SLE 临床

蒋理

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 探究 ENA 抗体和体液免疫检验在 SLE 诊断中的应用价值

**方法** 选择本院收治的系统性红斑狼疮患者 47 例作为研究组, 同时体检中心正常人 47 例作为对照组, 对两组患者进行 ENA 抗体、IgG、IgA、C3、C4 检测, 比较检查结果。

**结果** 研究组的 ENA 抗体、IgG、IgA、C3、C4 的阳性率均高于对照组 ( $P<0.05$ ) 。

**结论** ENA 抗体和体液免疫检验有助于系统性红斑狼疮的诊断, 推荐临床应用。

#### PU-4388

### 宫颈鳞癌患者血清中 SCC Ag 测定的应用价值

靳仙宝

山东第一医科大学 第一附属医院

**目的** 探讨血清鳞状上皮细胞癌抗原 (SCC Ag) 含量测定在宫颈鳞状细胞癌患者诊断及疗效监测中的应用价值。

**方法** 收集 188 例宫颈鳞状细胞癌患者 (临床分期: 0 期 14 例、I 期 33 例、II 期 104 例、III 期 32 例、IV 期 5 例。病理分级: 高分化癌 32 例、中分化癌 128 例、低分化癌 28 例)、58 例慢性宫颈炎患者、40 例宫颈鳞状上皮内瘤变患者和 12 例宫颈腺癌患者及 120 位健康体检者 (成年女性) 的血清样本, 采用雅培 ARCHITECT i 系统化学发光微粒子免疫检测法定量测定 SCC Ag 浓度, 然后结合临床资料进行统计学分析。

**结果** 以血清 SCC Ag 大于 1.5ng/ml 为阳性, 宫颈鳞癌、慢性宫颈炎、宫颈鳞状上皮内瘤变和宫颈腺癌患者血清 SCC Ag 阳性率分别为 83%、8.6%、15% 和 16.7%; 宫颈鳞癌阳性率显著高于其他患者组 ( $P<0.001$ ), 且宫颈鳞癌患者的临床分期、病理分级与 SCC Ag 间均有相关性 ( $P<0.01$ ), SCC Ag 随临床分期的增加而增高, 高分化癌患者血清 SCC Ag 含量高于低分化癌患者; 61 例手术治疗的宫颈鳞癌患者有淋巴转移者, 其 SCC Ag 阳性率显著高于无淋巴转移者 ( $P<0.01$ ), 且手术治疗后 (术后 1 周) 的宫颈鳞癌患者与治疗前相比血清 SCC Ag 含量明显下降 ( $P<0.001$ )。

**结论** 血清 SCC Ag 测定对宫颈鳞癌的辅助诊断、治疗及疗效评估均有较大的应用价值。

## PU-4389

**某一综合性大医院住院患者中 HIV-1 抗体初筛结果的分析**

王万海

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 了解某一综合性大医院住院患者人群中 HIV 抗体初筛阳性率及其变化和科室分布情况。

**方法** 对 2010 年 6 月~2012 年 5 月在本院住院中的部分患者进行 HIV 抗体初筛检测。

**结果** 共对 244636 例住院患者进行了 HIV 抗体初筛试验, 其中 HIV 抗体初筛阳性共 291 例, 总阳性率为 0.119%。其中 2010.06~2011.05 年度检测 113514 例, 筛查阳性样本 89 例, 阳性率为 0.078%; 2011.06~2012.05 年度检测 131122 例, 筛查阳性样本 202 例, 阳性率为 0.154%, 两年度间差异具有显著性。291 例初筛阳性患者分布于 22 个科室, 其中高发科室有呼吸内科、感染科、神经内科、血液科、皮肤科、心血管内科、耳鼻喉科、急诊内科、肿瘤科和肾病风湿科。这些科室发现的 HIV 抗体初筛阳性者占到总筛查阳性的 81.44%, 而且呼吸内科、感染科、神经内科和血液科筛查的 HIV 抗体阳性者则占到总筛查阳性的一半以上(55.33%)。

**结论** 住院患者中存在较高的 HIV 抗体初筛阳性率、年度间呈现上升趋势, 并且科室分布广泛。故, 应对医院住院患者实施 HIV 抗体普遍筛查, 及时发现 HIV 感染者, 不仅是避免 HIV 医源性感染有效手段, 而且目前对于避免医疗纠纷、预防医护人员职业感染、控制艾滋病的蔓延具有重要意义。

## PU-4390

**联合监测血清 PCT 和 CRP 在维持性透析患者重症感染诊治中的价值**

徐礼杭,林月梅

福建中医药大学附属第二人民医院

**目的** 进一步探讨血清 PCT 和 CRP 在维持性透析患者中感染早期的表达及其诊断效果, 并分析其临床价值。

**方法** 随机选取我院 2016-2019 年收治的有进行维持性透析的肾病患者 125 例, 根据患者的感染程度将其分成重症感染组 (n=42), 一般感染组 (n=43), 未伴发感染的对照组 (n=40), 分别于收治入院诊治前与诊治好转后进行血清 PCT 和 CRP 浓度监测, 并用 SPSS 23.0 进行统计学分析比较

**结果** 重症感染组所得的血清 PCT 和 CRP 含量均高于一般感染组和对照组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。一般感染组所得血清 PCT 与对照组相比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 一般感染组所得 CRP 与对照组结果通过对比差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 PCT 和 CRP 的监测在对维持性透析患者的重症感染中有评估意义, 对其诊断, 治疗效果等具有很好的临床实用性。

## PU-4391

**STAT5b 与胃癌预后的相关性研究**

孙涛

山东省千佛山医院,250000

**目的** 信号转导和转录激活蛋白 5(signal transduction and transcriptional activation protein 5, STAT5), 在肿瘤的发生发展中起重要作用, 本研究旨在检测胃癌组织 STAT5b、pSTAT5b 的表达, 并分析二者与胃癌预后的关系。

**方法** 选取 92 例初诊的原发性胃癌患者作为研究对象, 免疫组化法检测患者胃癌组织和癌旁组织中 STAT5b、pSTAT5b 及 VEGF 的表达, 并分析三者与胃癌患者五年生存期的相关性。

**结果** 胃癌组织 STAT5b 及 pSTAT5b 的表达均高于癌旁组织, 阳性表达率分别为 56.52% (52/92) 和 67.39% (62/92), P 值分别为 0.011 和 0.008, 差异有统计学意义。pSTAT5b 阳性的胃癌患者预后较差, 5 年生存期较短 (P=0.0001), STAT5b 和 VEGF 阳性患者的 5 年生存期无明显差异 (P=0.215 和 P=0.378)。

**结论** STAT5b 可能通过其活性形式 pSTAT5b, 影响胃癌的发生发展。

## PU-4392

**结缔组织生长因子与动脉粥样硬化相关性的系统评价**

张子燕,冯勤颖,黄山,宋晓钰

贵州省临床检验中心

**目的** 探讨结缔组织生长因子及相关因子 IGF-1、MMP-9、TGF- $\beta$ 1 在冠状动脉硬化形成中的作用机制。

**方法** 运用循证医学原理、方法系统评价结缔组织生长因子与动脉粥样硬化疾病的相关性。

**结果** 对 Pubmed、Embase、知网、万方、维普 5 个数据库全面检索, 共纳入 31 篇数据最全面的证据性文献用以系统评价, 31 篇文献全面系统从基础实验到临床队列研究论证了结缔组织生长因子与动脉粥样硬化的密切关系, 基于动脉粥样硬化性狭窄的复杂性与多种因素相关, 循证医学为结缔组织生长因子及其相关指标与动脉粥样硬化的关联提供了循证证据; 这也为进一步研究结缔组织生长因子及相关因子对冠状动脉粥样硬化性狭窄的致病机制研究提供了直接证据。

**结论** 系统分析为结缔组织生长因子及其相关指标与动脉粥样硬化的相关性提供了循证证据, 结缔组织生长因子与冠状动脉粥样硬化呈正相关。

## PU-4393

**20307 例黎族新生儿多种遗传代谢病筛查研究**

赵振东,王洁

海南省妇幼保健院

**目的** 调查海南省黎族多种遗传代谢病的发病情况。

**方法** 收集 2016 年 10 月 1 日-2018 年 9 月 31 日出生的海南省黎族新生儿 20307 例干血片样本, 使用 PE 公司生产的非衍生化多种氨基酸、肉碱和琥珀酰丙酮测定试剂盒 (串联质谱法) 进行串联质谱筛查, 初筛指标异常者召回复查, 仍异常者送血样本至北京迈基诺基因公司做基因诊断。

**结果** 从 20307 例新生儿当中初筛指标异常有 840 例, 初筛异常比率为 4.14% (840/20307)。随访死亡 5 例, 召回 835 例, 复查后排除 770 例, 疑似 IEM65 例, 经基因诊断确诊了 12 例 IEM。其

中：原发肉碱缺乏症 5 例,苯丙酮尿症 3 例, 3-甲基巴豆酰辅酶 A 羧化酶缺乏症 2 例, 甲基丙二酸血症 1 例, 丙二酸血症 1 例。海南省该少数民族地区多种遗传代谢病发病率为 59/10 万 (13/20307)。

**结论** 海南省黎族人群多种遗传代谢病发病率高,特别是原发性肉碱缺乏症发病最高,串联质谱筛查多种遗传代谢病筛查具有重要意义。

#### PU-4394

### 中性粒细胞/淋巴细胞比值,CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值及白介素-6 对慢性阻塞性肺疾病急性加重期的预测价值

孟凡飞,吴杰红,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 探讨中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和白介素 6(IL-6)单独及联合检测对慢性阻塞性肺疾病急性加重期的预测价值,为临床诊治提供参考依据。

**方法** 随机选取 2017 年 11 月~2018 年 12 月在本院确诊的慢性阻塞性肺疾病患者 312 例为研究对象,根据病情又分为急性加重期组 176 例和稳定期组 136 例,另选取同期健康体检者 60 例为健康对照组,分别检测各组中性粒细胞/淋巴细胞比值、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和白介素 6 并进行比较分析,将各指标进行非条件 Logistic 回归分析确定是否为危险因素,采用受试者工作特征(ROC)曲线评价各项指标的预测价值。

**结果** 急性加重期组的 NLR、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值及 IL-6 水平均明显高于稳定期组和对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),稳定期组的各指标水平也均明显高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),三指标增高均为慢性阻塞性肺疾病急性加重的危险因素,偏回归系数分别为(2.403,1.395, 9.84) ( $P<0.05$ )。三指标联合检测预测慢性阻塞性肺疾病急性加重的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.988,明显高于各指标单独检测(AUC 分别为 0.965,0.930, 0.829)及两指标联合检测(NLR 和 CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值, NLR 和 IL-6, CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和 IL-6 分别为(0.986,0.985, 0.961)),三指标联合检测预测慢性阻塞性肺疾病急性加重具有最高的灵敏度和特异度分别为 98.5%和 97.3%, Youden 指数为 0.958。

**结论** NLR、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和 IL-6 是预测慢性阻塞性肺疾病急性加重的有效指标,联合检测三指标对评估慢性阻塞性肺疾病的严重程度及指导治疗有一定的临床意义。

#### PU-4395

### NT-Pro BNP 联合 D-二聚体水平在慢性阻塞性肺疾病患者中的临床价值

张帅帅

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨 NT-Pro BNP 联合 D-二聚体水平在慢性阻塞性肺疾病患者中的临床价值。

**方法** 临床资料选取苏州大学附属第一医院自 2018 年-2019 年收治的慢性阻塞性肺疾病患者 75 例,包括急性加重期患者 35 例,恢复稳定期患者 40 例,同时选取 60 例同期入院检查为普通肺炎康复自愿者为对照组。

**结果** 慢性阻塞性肺病 NT-Pro BNP、D 二聚体水平明显高于普通肺炎康复患者,比较具有明显的统计学差异,  $p<0.05$ ;慢性阻塞性肺病急性加重期患者各项指标要高于稳定期患者,比较有统计学差异( $p<0.05$ )。慢性阻塞性肺病急性加重期患者经治疗稳定后,指标有明显的改善,与治疗前有显著性差异。

**结论** NT-Pro BNP、D 二聚体水平与慢性阻塞肺病患者病情密切相关,能有效反映其病情程度以及预后。

## PU-4396

### 表面声波传感器在外泌体检测中的应用

王晨韵  
湖北中医药大学

**目的** 在现今社会中,癌症已经成为致死人数最高的一类疾病,我国的癌症病患的人数呈每年递增的趋势,而且癌症发病人群逐渐进入低龄化。因此,癌症的早期诊断和治疗已成为临床实践中最迫切的问题之一。外泌体广泛存在于各种体液中,通常含有亲本细胞的各种遗传信息,并积极参与细胞间信息交换和物质交换,作为临床实践中的一种新型肿瘤标志物,它已初步应用于癌症的临床检测。在此处我们讨论的生物传感器,则由于其采用的表面声波技术,无需进行标记就可以检测生物大分子之间的相互作用和分子构型的改变。在本项研究中,我们运用了表面声波生物传感器的这些优点,构建了一种新型的检测平台,通过 CD63 对外泌体进行捕获,使用生物素修饰的 EpCAM 抗体和抗生物素蛋白修饰的金纳米颗粒进行信号放大。它可以实现对痕量体液样品的高灵敏度检测,在癌症的早期诊断和治疗方面具有广阔的前景。

**方法** 首先我们选用的 SAW 芯片,其表面喷有一层均匀的金膜,再将金膜清洗干净之后选用巯基乙酸滴加在芯片之上,过夜后,巯基乙酸通过 Au-S 键与芯片结合,并提供用于抗体附着的羧基位点。再经由 EDC/NHS 活化羧基之后,可与特异性的 Anti-CD63 抗体结合,从而实现对外泌体的捕获。捕获后的外泌体不能直接检测,还需一个信号放大的策略来使本方法的灵敏度进一步提高。这里我们使用了带有生物素的抗体与外泌体结合,并连接 SA-AuNPs,进一步扩增信号以实现外泌体的高灵敏度和无标记检测。

**结果** 与传统的免疫学分析方法相比,表面声波生物传感器可以实现外泌体的同时多通道检测,因为外泌体的分子量较大。连接在芯片上会使芯片的质量有着较大的质量,从而获得明显的信号改变。临床样本无需过多处理即可检测,并同时兼有实时、免标记等优点,表面声波在生物传感器上的应用为临床癌症特异性外泌体的检测开辟了一条新途径。这将导致全自动外泌体检测和早期癌症和个性化诊断的进步。

**结论** 基于目前国内外的研究,将外泌体作为治疗和诊断目标的研究将成为未来的热门话题。而 SAW 传感器在改进之后适用于液相,更加适用于生命科学等前沿学科的研究,并能更加充分的发挥该传感器的优势,使研究的范围及方法更进一步的扩宽,并将生物大分子之间反应的高选择性和 SAW 传感器的高灵敏性合二为一,使 SAW 生物传感器的前景十分广阔。在目前的研究中,我们将 SAW 生物传感器用于了外泌体的检测,使表面声波原本就具有的优势更加明确地体现了出来。

## PU-4397

### 布鲁菌感染临床及实验分析

汪芝满  
安徽省第二人民医院

**目的** 为了分析布鲁氏菌感染发病的流行病学特点及其血培养的微生物培养检验特性,提高对该病的诊断水平。

**方法** 对 6 例经血培养阳性确诊的布鲁氏菌感染患者的微生物培养特性、临床资料、流行病学进行系统分析。

**结果** (1) 流行病学及临床: 6 例患者中,一例女患者安徽实验室人员,一例明显接触史仅在新疆旅游时吃过羊肉串,一例男患者为商人,从事牲畜屠宰,两例在山区养羊安徽本地人。一例为新生

儿哺乳（其母亲在怀孕时感染）发病时不知情喂母乳被感染的。入院时临床症状及体征各有不同。

（2）实验室检查及治疗：6 例患者白细胞总数为（ $7.36 \times 10^{10}/l$ ）患者肝、肾功能正常，血培养在 48-72h 报阳性，转种血琼脂平板生长缓慢，24-48h 才可见细小菌落，涂片呈细沙状，生化反应、触酶阳性、脲酶阴性。6 例菌株经西门子 WalkAway96 微生物鉴定仪鉴定为马尔他布鲁氏菌，符合率均为 99.9%，并且血清学试验阳性；6 例患者经治疗后痊愈。

**结论** 布鲁氏病临床表现变化多样，安徽地区存在分散的点状流行。应提高对布鲁氏菌感染及其流行病学的认识，对发热患者应重视血培养的检查，必要时进行血清学抗体检测，以减少误诊、漏诊及传播。

## PU-4398

### SCF 泛素连接酶 E3 指环亚基 RBX1/2 的研究进展

张楠楠

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** RBX1/2-SCF 泛素连接酶 E3 功能紊乱可导致包括肿瘤在内的一系列疾病。因此检测 RBX1/2 在癌症中的表达情况，并进一步研究了 RBX1/2 作用于肿瘤发生的机制具有重要意义。RBX1/2 也是肿瘤细胞的存活蛋白，提示 RBX1/2 可成为潜在的抗肿瘤靶目标。

**方法** 泛素-蛋白酶体系统（ubiquitin-proteasome system, UPS）是细胞内降解蛋白质的重要途径，UPS 降解了胞内约 80% 以上的底物，本身具有高度的特异性。蛋白降解过程涉及泛素激活酶 E1、泛素结合酶 E2 和泛素连接酶 E3。多聚泛素的底物一般被 26S 的蛋白酶体降解。

**结果** SCF 泛素连接酶 E3 是泛素连接酶中最大的家族，在 UPS 中识别底物，500-1000 种泛素连接酶 E3 满足多样性与特异性。泛素连接酶 E3 有 U 盒型、RING 指型、PHD 指型和 HECT-型。SCF-泛素连接酶 E3 是指环型。泛素连接酶 E3 包含：RBX1/ RBX2、Skp1（S 期激酶相关蛋白 1）、Cullins/CDC53、F 盒蛋白。RBX（环盒子蛋白）是最后被发现的泛素连接酶 E3 的亚基。支架蛋白在底物与环盒子蛋白之间起支撑作用。SCF 泛素连接酶 E3 复合体的晶体结构显示支架蛋白一端连接环盒子蛋白，另一端连接 S 期激酶相关蛋白 1-F 盒蛋白复合物。

**结论** 虽然环盒子蛋白 1/2 的功能对细胞的生长非常重要，但是环盒子蛋白 1/2 以及 SCF-泛素连接酶 E3 组分在肿瘤中表达异常。显示环盒子蛋白 1/2 的过表达对肿瘤细胞生存是必需的。环盒子蛋白 1/2 的过表达对胃癌、肝癌肿瘤细胞的增殖和凋亡起调控作用。敲除环盒子蛋白 1/2 会导致肿瘤细胞的增殖抑制，并造成细胞的衰老与凋亡，可能由于 SCF-泛素连接酶 E3 泛素连接酶降解的底物积累。检测 RBX1/2 在癌症中的表达情况，并进一步研究 RBX1/2 作用于肿瘤发生的机制是具有十分重要的意义的，而且 RBX1/2 也是肿瘤细胞的存活蛋白，提示 RBX1/2 可成为潜在的抗肿瘤靶目标。

## PU-4399

### CA199、胰岛素水平在妊娠期糖尿病和 2 型糖尿病病人中的差异性分析

杨梅玉,朱燕雄

福建中医药大学附属第二人民医院

**目的** 探讨 CA199 与胰岛素水平在妊娠期糖尿病（GDM）和 2 型糖尿病病人中的差异性。

**方法** 选取在福建中医药大学附属第二医院定期产检并分娩的 GDM 孕妇 50 例和同期正常妊娠者健康查体 50 例以及住院的 2 型糖尿病患者 50 例和同期健康体检人员 50 例作为对照分析，检测各组

的 CA199 和胰岛素水平的差异并记录, 比较各组患者血清的 CA199 与胰岛素水平, 分别分析血清 CA199、胰岛素在 GDM 患者及 2 型糖尿病患者中的差异性。

**结果** (1) 两组孕妇的 CA199 水平比较差异不具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而胰岛素水平比较差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。 (2) 2 型糖尿病患者组的血清 CA199 与胰岛素结果均高于正常健康查体组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。 (3) 2 型糖尿病患者与 GDM 组的 CA199 与胰岛素水平阳性率比较差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。 (4) 血清 CA199 与 2 型糖尿病患者血糖值呈正相关, 与 GDM 患者血糖值无相关性; 血清胰岛素分别与 GDM 患者和 2 型糖尿病患者的血糖值呈正相关。

**结论** (1) 血清 CA199 在 2 型糖尿病患者中具有差异性且升高水平与体内的血糖浓度成正相关。血清 CA199 在 GDM 患者中差异性尚不能明确; (2) 血清胰岛素在 GDM 与 2 型糖尿病患者中均具有差异性。

## PU-4400

### 海南省新生儿 G6PD 缺乏症筛查十年回顾分析

赵振东, 王洁, 黄慈丹, 刘秀莲  
海南省妇幼保健院

**目的** 寻找海南省人群 G6PD 缺乏症发病情况和基因突变特点。

**方法** 对海南省 2007 年-2016 年出生的新生儿干血斑使用荧光斑点法进行 G6PD 活性筛查。初筛可疑样本召回使用 G6PD/G6PD 比值法进行确诊, 对部分确诊为 G6PD 缺乏患儿 3012 例干血斑使用多色探针荧光 PCR 熔解曲线法 (MMCA) 进行基因分型。

**结果** ①海南省 10 年间在 914520 例新生儿当中初筛阳性样本 36314 例, 确诊了 26370 例 G6PD 缺乏, 患病率约为 3.97%, 发病率为 2.88%。以民族划分, 汉族人群 G6PD 发病率 2.80%, 黎族人群发病率 3.45%, 苗族人群发病率 3.31%, 其他民族人群发病率为 1.95%。②在 3012 例 G6PD 确诊病例中共检出 13 种基因突变, 其中 c.1376 G>T、c.1388 G>A、c.95 A>G 和 c.1024 C>T 四种突变合并约占 91.74%。此外, 经基因测序还发现 16 种基因型以外突变 2 种 c.86C>T 和 c.1311C>T。

**结论** ①海南省新生儿人群 G6PD 发病率高, G6PD 发病有民族和地域差异。②海南省人群基因突变主要以 c.1376G>T、c.1388G>A、c.95 A>G 和 c.1024 C>T 为主。

## PU-4401

### Designing and validating autoverification rules for Hematology analysis

Qiang Fu, Kang Chen, Fuda Huang, Weijia Wang

Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital of Sun Yat-sen University, Zhongshan, China

**Objective** Hematology analysis is a common test among patients in hospital. However, manual verification of hematology analysis is time consuming and tedious, with variation between inter-individual laboratory workers. This study was to establish and validate a set of autoverification rules for hematology analysis in Department of laboratory medicine, Zhongshan hospital of Sun Yat-sen University.

**Methods** Sysmex XN-9000 hematology system was used to detect hematology analysis in Department of laboratory medicine, Zhongshan hospital of Sun Yat-sen University. SYSMEX Laboman EasyAccess 6.0 and laboratory information system (LIS) were used to construct the algorithm and build the database for autoverification of hematology analysis according to Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) document Auto 10A and 41 rules of Hematology



Review Criteria. The laboratory turnaround time (TAT), autoverification pass rates, false positive and false negative were verified.

**Results** The average autoverification passing rate was 81%. False positive and false negative was 13.6% and 0.01%, respectively. Following implementation of the rules, the TAT was reduced by 27.0% in in-patient reports, by 21.9% in out-patient reports, and by 39.0% in emergency reports. Moreover, after implementing the autoverification rules, the error rate fell to 0.02%, indicating that errors were almost completely eliminated.

**Conclusions** Through implementing the autoverification, which accelerated verification and decreased the TAT and the odds of human review errors in the released results, we can save more time and concentrate on verifying the abnormal results and proceeding emergency tests.

## PU-4402

### 血清维生素 D 水平与人体骨密度的相关性

邵贝贝

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 探索中国南方地区中老年患者血清维生素 D 水平与骨密度的相关性。

**方法** 连续采集中国北方地区某大型三甲医院于 2016 年 12 月至 2018 年 12 月就诊的 50 岁以上门诊或住院患者的临床数据, 分析患者的血清 25-羟基维生素 D [25(OH)D] 水平与骨密度(腰椎、股骨颈和全髋)的关系。

**结果** ①纳入对象资料分析: 共纳入 956 例患者, 年龄( $54.62 \pm 10.48$ )岁, 女性占 68.2%, 平均血清 25(OH)D 水平为( $60.08 \pm 38.20$ )nmol/L。血清 25(OH)D 随着年龄增大逐渐降低, 50—59 岁、60—69 岁和 70 岁以上患者 25(OH)D 不足, 缺乏的比例分别为 69.9%, 76.6% 和 83.5%; ②相关性分析显示, 总体患者的血清 25(OH)D 水平与腰椎骨密度无相关性, 但与股骨颈和全髋骨密度存在弱正相关性( $r=0.09, 0.08, P<0.01$ ): 在维生素 D 缺乏[25(OH)D<50nmol/L]患者群中, 血清维生素 D 水平与腰椎骨、股骨颈和全髋骨密度呈显著正相关性( $r=0.118, 0.123, 0.143, P<0.01$ ): ③以性别做亚组分析, 男性维生素 D 缺乏患者, 其维生素 D 水平与腰椎、股骨颈和全髋骨密度都不存在相关性; 女性维生素 D 缺乏患者, 其维生素 D 水平与腰椎骨、股骨颈和全髋骨密度存在显著正相关性( $r=0.108, 0.133, 0.169, P<0.01$ )。

**结论** 结果证实, 中国北方地区中老年患者普遍存在维生素 D 不足或缺乏, 但男性患者血清维生素 D 水平与骨密度无相关性, 女性患者维生素 D 水平与骨密度呈正相关

## PU-4403

### 血清乙肝病毒 DNA 含量对肝炎 指标影响分析研究

刘飞, 陈益瑶, 张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 探讨乙型肝炎患者血清中乙型肝炎病毒核酸(HBV-DNA)、血清学标志物(HBV-M)及血清转氨酶[丙氨酸氨基转移酶(alanine aminotransferase, ALT)、门冬氨酸氨基转移酶(aspartate aminotransferase, AST)] 3 项检测指标的相互联系

**方法** 收集 2017 年 2 月-4 月在新桥医院就诊的 90 例患者, 其中男 60 例, 女 30 例, 年龄 15-75 岁, 根据乙肝 DNA 定量的不同水平将患者分为 A 组(乙肝 DNA 含量  $\geq 20$  IU/ml)、B 组(乙肝 DNA 含量  $< 20$  IU/ml)两组。对这 90 例标本采用实时荧光定量聚合酶链反应(Real-time Quantitative Polymerase Chain Reaction, qPCR)检测 HBV-DNA; 化学发光微粒子免疫检测法检测 HBV-M; 连续监测速率法检测血清中的 ALT、AST。

**结果** 分析发现 A 组 ALT 检测值为  $56.06 \pm 95.92$ ，而 B 组则为  $29.57 \pm 18.96$ ；成组配对 t 检测 P 值为 0.1754，P 值  $>0.05$ ，差异无统计学意义。AST 在 A 组为  $54.30 \pm 104.97$ ，B 组是  $29.67 \pm 18.53$ ；成组配对 t 检测 P 值为 0.2482，P 值  $>0.05$ ，差异无统计学意义。数据表明，乙肝 DNA 的复制活跃程度与丙氨酸氨基转移酶（ALT）、门冬氨酸氨基转移酶（AST）值没有直接关系。A 组（乙肝 DNA 检测含量  $\geq 20$  IU/mL）患者中 16 例为大三阳，百分比为 24.62%；B 组（乙肝 DNA 检测含量  $<20$  IU/mL）大三阳患者仅 2 例，百分比为 8%；表明，大三阳患者乙肝 DNA 活跃程度更高。

（3）A 组（乙肝 DNA 检测含量  $\geq 20$  IU/mL）中小三阳患者为 49 例，百分比为 75.38%；B 组（乙肝 DNA 检测含量  $<20$  IU/mL）小三阳患者 13 例，百分比为 52%，经  $X^2$  检验分析，P 值为 0.032， $P < 0.05$ ，差异有统计学意义；表明小三阳患者乙肝 DNA 复制较活跃。经  $X^2$  检验分析，结果表明 P 值  $<0.05$ ，差异有统计学意义；A 组的前 S1 抗原阳性率明显高于 B 组，表明前 S1 抗原与乙肝 DNA 含量呈正相关。

**结论** A 组的前 S1 抗原阳性率明显高于 B 组，前 S1 抗原与乙肝 DNA 含量呈正相关，也可作为病毒复制的监测指标之一。

PU-4404

## 血栓弹力图参数与常规凝血指标、血小板计数 在结直肠癌患者中的相关性分析

和苗

云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院,650000

**目的** 分析结直肠癌患者血栓弹力图(TEG)与常规凝血指标、血小板计数(PLT)之间的相关性。

**方法** 选择 2018 年 3 月-5 月云南省肿瘤医院首次入院确诊的 122 例结直肠恶性肿瘤且均未进行过任何放疗化疗治疗并排除血液系统疾病及月经期间、近期手术等可能影响凝血功能的患者为结直肠癌组，其中男 74 例，女 48 例，平均年龄  $(60 \pm 11)$  岁其中结直肠癌 IV 期的有 16 例，III 期的有 23 例，II 期的有 64 例，I 期的有 54 例。另外，选择同期 35 例良性疾病作为对照组，其中男 17 例，女 18 例，平均年龄  $(50 \pm 15)$  岁。所有研究对象入院抽取静脉血同时检测 TEG、常规凝血功能及 PLT 计数。对结直肠癌组和对照组同时进行 TEG 与常规凝血功能、血常规检测，并对检测结果进行分析。

**结果** 经 Kolmogorov-Smirnov 正态性检验，R、MA、CL、APTT、为 正态分布 ( $P > 0.05$ )，K、Angle、PT、TT、FIB、PLT 为非正态分布 ( $P < 0.05$ )，结直肠癌组 R 值、K 值、TT 值低于对照组，Angle 角、MA 值、CL 值、APTT、PT、FIB、PLT 高于对照组。R 值、K 值、CL 值、Angle 角、PLTZ 值  $p < 0.05$ ，差异有统计学意义；MA 值、APTT、TT、FIB 值  $p > 0.05$ ，差异无统计学意义。R 值与 APTT 呈正相关性 ( $P < 0.05$ )，K 值与 FIB、PLT 呈负相关性 ( $P < 0.05$ )；Angle 与 FIB、PLT 呈正相关性 ( $P < 0.05$ )，MA 值与 APTT、FIB、PLT 呈相关性 ( $P < 0.05$ )，CI 与 FIB、PLT 呈正相关性 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 结直肠癌患者 TEG 参数和常规凝血功能指标水平异常，即血液处于高凝状态；TEG 参数与常规凝血功能指标和 PLT 存在明显相关性，但不能相互替代，提示检测 TEG 和常规凝血功能可及时为结直肠癌患者的凝血状况评估提供试验依据。

## PU-4405

**8-羟基脱氧鸟苷与临床疾病关系的研究进展**

王一丹

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 从 8-OHdG 的生成过程, 代谢途径, 8-OHdG 与疾病的关系, 8-OHdG 对下游基因调控, 联合检测 8-OHdG 作为生物标志物等方面进行综述。

**方法** 被氧化的鸟嘌呤碱基可被体内的修复酶通过碱基切除修复途径修复, 其代谢产物 8-OHdG 最终分泌到血液和尿液中。

**结果** 8-OHdG 是反映细胞和机体 DNA 氧化损伤的重要指标, 多种疾病可导致 8-OHdG 升高, 如肿瘤, 衰老, 代谢性疾病等。另一方面, 8-OHdG 又可通过影响下游基因的甲基化水平或表达水平 (如 MTH1, MTH2) 发挥作用, 形成反馈调节, 最终影响、调节细胞生命活动。

**结论** 在多种疾病中, 联合检测 8-OHdG 和其他经典生物标志物已经被广泛研究, 并取得了较为理想的效果。

## PU-4406

**基于自动化技术平台的细菌培养定量检验  
方法实验研究**王敬华,陈蓉,徐蓉,崔琳,王庆忠,张敏敏,葛平,夏启航,刘学杰,钱诚凯  
上海市临床检验中心

**目的** 基于自动化定量接种技术, 建立细菌培养定量检验方法, 并对新建检验方法进行方法学评价。

**方法** 采用 3D 打印技术、自动化机电一体化技术, 制备自动化微生物接种仪, 并建立基于自动化技术的细菌分离培养定量检验方法; 通过统计学分析, 对新建定量接种方法的灵敏度、稳定性、定量线性范围、分离有效性、平板有效利用率等进行评价。

**结果** 成功组装了一台多通道自动化微生物快速接种仪, 建立了自动化细菌培养定量检验方法, 该方法接种灵敏度高 ( $\geq 4 \times 1 \text{cfu}/10 \mu\text{l}$ )、重复性好 ( )、定量线性范围广 ( $0-8 \times 10^4 \text{cfu}/\text{ml}$ )、能够正常菌群荷载量为  $10^5 \text{cfu}/\text{ml}$  的混合样本中成功分离出含量为  $4 \times 10 \text{cfu}/10 \mu\text{l}$  病原菌、平板有效利用率平均为 90-100%, 细菌含量为  $6 \times 10^4 < \text{cfu}/\text{ml} < 8 \times 10^4$  的模拟样本, 单个菌落分离率  $\geq 90\%$ ; 接种速度可达 200 样本/h。

**结论** 本研究成功建立了基于自动化技术平台的细菌培养定量检验方法, 具有一定临床应用价值, 对提高临床微生物检验质量、指导临床合理应用抗生素具有重要意义。

## PU-4407

## Impact of Different Streptococcus pneumoniae on the Secretion of Interleukin and adhesin from THP-1 monocytes

Dakang Hu

Huashan Hospital, Fudan University

**Objective** To investigate the secretion of interleukin-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ), IL-6, IL-10, IL-8 and soluble Intercellular Adhesin Molecule 1 (sICAM-1) from THP-1 monocytes stimulated by different Streptococcus pneumoniae (S. pneumoniae) strains.

**Methods** Fifty-eight strains of S. pneumoniae were collected: ATCC49619, 23 from sputum (sd-SP), 23 from blood (bd-SP) and 11 from cerebrospinal fluid (CSF; cd-SP). Such strains were cultured and suspended at 0.5 McFarland. THP-1 monocytes were cultured and resuspended at  $5.0 \times 10^8/L$ , which were stimulated by S. pneumoniae for 4 h, 8 h and 12 h respectively. The suspensions were analyzed for IL-1 $\beta$ , IL-6, IL-10, IL-8 and sICAM-1 using an ELISA method. The data was assayed with SPSS 19.0.

**Results** Contrary to IL-10, the concentrations of IL-1 $\beta$ , IL-6, IL-8 and sICAM-1 all increased first and then decreased. IL-1 $\beta$  and sICAM-1 levels in ATCC49619 group were both higher than all the clinical S. pneumoniae groups (sd-SP, bd-SP and cd-SP), IL-6 and IL-8 versa, IL-10 equal. The difference among clinical S. pneumoniae groups lies only in sICAM-1. cd-SP group showed lower sICAM-1 concentrations than sd-SP and bd-SP groups at both 4 h and 8 h. However, they became equal at 12 h.

**Conclusions** The secretion summit is 8 h for IL-1 $\beta$ , IL-6, IL-8 and sICAM-1, bottom for IL-10. Different clinical S. pneumoniae strains show similar ability to induce THP-1 cells secreting interleukins. However, cd-SP induces THP-1 cells secreting lower sICAM-1 than sd-SP and bd-SP, which may in turn facilitate its invasion into CSF.

## PU-4408

## SnoRD4A 促进肾透明细胞癌的发生发展

尚晓玲<sup>1</sup>,宋兴国<sup>2</sup>,宋现让<sup>2</sup>

1.山东大学,250000

2.山东省肿瘤防治研究院, 山东省肿瘤医院

**目的** 肾癌是发病率仅次于膀胱癌的泌尿系统肿瘤,近年来有逐年上升的趋势。肾癌起病较为隐匿,临床上大部分肾癌通过体检偶然发现。外科治疗是肾癌主要治疗方式,但是约 1/3 患者在就诊时就已出现转移且术后极易复发。晚期肾癌的预后效果不佳。因此,寻找一种便捷、可靠的肾癌早期诊断的方法极为重要。研究表明,EGFR、HIF-1 $\alpha$  等标志物在肾癌早期诊断及预后判定中具有一定的意义,但这些标志物的特异性和灵敏性较差。近年来,多项研究表明非编码 RNA 在肿瘤发生中具有重要作用。核仁小 RNA(SnoRNA)是一种长 60-300nt 的非编码 RNA。从结构的角度来看,snoRNA 分为两类,称为盒子 C / D snoRNAs (SNORDs) 和盒子 H / ACA (SNORAs)。其作用是分别指导 rRNA 或 snRNA 的 2'-O-甲基化和假尿嘧啶化修饰。越来越多的证据表明 snoRNAs 在肿瘤发生中具有重要作用,其失调显著影响肿瘤发生发展。本研究旨在探究尿液 SNORD4A 能否作为肾透明细胞癌患者诊断的血清标志物及其在肾透明细胞癌发生发展中的作用。

**方法** TRIzol LS 提取分别提取 40 例健康志愿者及肾透明细胞癌初治患者尿沉渣总 RNA,并进行逆转录获得 cDNA。采用 RT-PCR 技术检测 SNORD4A 在肾透明细胞癌患者尿液中的表达水平,探讨其临床意义。将 U6 作为内参基因,并用  $2^{-\Delta\Delta CT}$  法计算 SnoRNAs 的表达差异情况。采用 Tiangen 试剂盒对 40 例肾透明细胞癌患者癌组织与癌旁组织 RNA 进行提取,并逆转录。RT-PCR

验证差异表达情况。细胞培养,透明细胞癌细胞株 786-0,探究 SnoRD4A 对肾癌发生发展的作用。Prism6 软件进行统计分析,  $p<0.05$  具有统计学意义。

**结果** 与健康志愿者相比,肾透明细胞癌患者尿液中 SnoRD4A 表达量升高,  $P=0.082$ 。30 例肾透明细胞癌患者癌组织与癌旁正常组织差异有统计学意义,  $P<0.001$ 。单因素和多因素分析显示,表达上调的 SnoRD4A 与肿瘤大小、淋巴结转移、病理分期有关 ( $p<0.05$ ),而与性别、年龄、远处转移无关。因此, SnoRD4A 促进肾透明细胞癌的发生发展。

**结论** 尿液 SnoRD4A 可以作为肾透明细胞癌诊断标志物之一,促进肾透明细胞癌的发生发展。

## PU-4409

### Analysis of G6PD gene mutation in newborns in Hainan ,china

Zhendong Zhao,Jie Wang,Xiulian Liu  
Hainan Maternal and Child Health Hospital

**Objective** Looking for the incidence of G6PD deficiency and genetic mutations in newborns in Hainan.

**Methods** The G6PD activity of 130,512 neonatal dried blood tablets born in 2017 in Hainan was screened by fluorescence analysis. The suspicious samples were recalled in preliminary screening and confirmed the diagnosis by G6PD/6GPD ratio method. And the multicolor melting curve analysis (MMCA) was used to genotype the dried blood tablets of undiagnosed children.

**Results** (1) In 2017, among the 130,512 neonates, 5,221 were screened positive in preliminary screening, and 2,993 cases of G6PD deficiency were diagnosed. The incidence of G6PD deficiency in Hainan population was about 4.00% (5221/130512), 1.80% (1792/109590) for Han Nationality and 5.28% (934/17698) for Li Nationality. (2) The mutations were detected in 2993 newborns, which the mutation rate is 2.29% (2993/130512), 1.80% (1972/109590) for Han Nationality and 5.28% (934/17698). (3) The G6PD gene mutation types of newborns in Hainan are abundant, a total of 13 gene mutation types were detected. The main mutations were c.1376 G>T and c.1388 G>A, accounting for 76.68% (54.66% +22.02%) of the total mutations. c.95 A>G and c.1024 C>T were also common, accounting for 15.31% (8.49% +6.82%) of the total mutations. One mutation was found in C. 86C > T, C. 487 G > A and C. 1004 C > A, which is the first report in Hainan population.

**Conclusions** The incidence of G6PD in neonates in Hainan Province is high, and the Li nationality is higher than the Han nationality. The genetic mutations are mainly c.1376G>T, c.1388G>A, c.95 A>G and c.1024 C>T, Han nationality and There are differences in the types of mutations in the G6PD gene in Li.

## PU-4410

### 肿瘤标志物 CA153、CA125、CA199 和 HE4 在卵巢癌包块术前评估研究

刘飞,陈志国,张立群  
陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 评估血清肿瘤标志物糖类抗原 153 (carbohydrate antigen 153, CA153), 糖类抗原 125 (carbohydrate antigen 125, CA125), 糖类抗原 199, 人附睾蛋白 4 (Human epididymis protein 4, HE4) 在术前鉴别诊断女性良、恶性附件包块的临床价值。

**方法** 以 2014 年 9 月-2016 年 10 月第三军医大学新桥医院妇科住院的附件包块患者作为研究对象,采用组织病理学诊断作为金标准,评估验证 CA153, CA125, HE4 对恶性附件肿块的诊断性能。血清肿瘤标志物 CA153、CA125 及 HE4 的测定:术前空腹采集患者静脉血,使用化学发光免疫定量测定。血清肿瘤标志物使用雅培推荐临界值,分别为: CA153<23.4U/ml; CA125<35U/ml; HE4<70pmol/L (绝经前)、<140pmol/L (绝经后)。使用 Excel2007 成数据录入,统计分析。

**结果** 共纳入肿瘤患者 200 例,其中术后病理结果确诊为恶性肿瘤 100 例,良性肿瘤 100 例。癌前病变 CA125 的浓度为  $18.26\pm13.84$ , 宫颈癌的浓度则为  $29.03\pm32.03$  (表 1)。经成组 t 检验分析,  $t=2.7003$ ,  $P=0.0077$ , 差异有统计学意义。癌前病变 CA153 的浓度为  $10.93\pm6.00$ , 宫颈癌的浓度则为  $12.79\pm6.7$ 。经成组 t 检验分析,  $t=1.7933$ ,  $P=0.075$ , 差异没有统计学意义。CA153 的宫颈癌患者和对照组数据进行分析,癌前病变做为对照。对照组有效例数共 81 例,宫颈癌患者有效例数 69 例。结果发现,癌前病变 CA199 的浓度为  $18.23\pm19.26$ , 宫颈癌的浓度则为  $18.72\pm15.66$ 。经成组 t 检验分析,  $t=0.1690$ ,  $P=0.8660$ , 差异没有统计学意义。HE4 的宫颈癌患者和对照组数据进行分析,癌前病变做为对照。对照组有效例数共 81 例,宫颈癌患者有效例数 69 例。结果发现,癌前病变 HE4 的浓度为  $35.14\pm10.46$ , 宫颈癌的浓度则为  $43.84\pm30.87$ 。经成组 t 检验分析,  $t=2.382$ ,  $P=0.0185$ , 差异有统计学意义。

**结论** 血清肿瘤标志物 CA125、HE4 检测在鉴别诊断良、恶性女性附件包块时具有非常重要的临床价值。

#### PU-4411

### Diagnostic value of Der p 1 and Der p 2 specific IgE in Dermatophagoides pteronyssinus IgE sensitization.

Xin Yang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** To assess the diagnostic performance of Der p 1 and Der p 2 specific IgE (slgE).

**Methods** Studies were systematic computerized searches of the PubMed, EMBASE, and Cochrane libraries (published 1966 to September 5, 2015).Records were screened by title and abstract and then by full-text articles of relevant studies. Eligible studies were selected according to inclusion criteria: (1) all house dust mite allergy diagnosed on the basis of clinical symptoms in combination with a dust mite extract skin prick test result; (2) the inclusion of controls in the study; and (3) enough data to construct the diagnostic  $2 \times 2$  table. True-positive, false-positive, false-negative, and true-negative values were extracted from or calculated for each study. Then the pooled sensitivity, specificity, positive likelihood ratio, negative likelihood ratio, and diagnostic odds ratio were calculated. A summary receiver operating characteristic curve and area under the curve were used to evaluate the overall diagnostic performance.

**Results** Seven eligible studies that involved 1040 cases were included in this meta-analysis. The meta-analysis found that detection of Der p 1 or Der p 2 slgE is of sufficient diagnostic accuracy for use in the diagnosis of Dermatophagoides pteronyssinus IgE sensitization.

**Conclusions** Detection of Der p 1 or Der p 2 slgE is a promising diagnostic tool in the diagnosis of D pteronyssinus IgE sensitization.

## PU-4412

## 国产一体化全自动尿液分析系统性能评价

林金表,冯丹琴,蔡建国,叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 评价国产一体化全自动尿液分析系统 FUS3000Plus 的检测性能,为其临床应用提供依据。

**方法** 参照国家行业标准和 NCCLS 文件评价分析 FUS3000Plus 一体化全自动尿液分析系统干化学项目的批内批间精密度、携带污染率、稳定性、准确性等性能和尿液有形成分项目的精密度、线性范围、仪器与镜检符合率及假阴性率等性能指标。

**结果** 尿液干化学部分的 10 个检测项目的批内批间精密度、携带污染率、稳定性、准确性均符合相关行业标准。尿红细胞在高、低浓度时批内和批间精密度分别为 4.3%、4.61% 和 5.3%、8.85%,尿液白细胞为 3.7%、5.35% 和 10.3%、7.1%。尿液红细胞与白细胞的线性回归  $r$  分别为 1 和 0.9999,可报告范围分别为 0~15000 个/ $\mu\text{l}$  和 0~5000 个/ $\mu\text{l}$ 。仪器红细胞、白细胞和管型与显微镜镜检结果的符合率分别是 87.7%、89.8% 和 68%,假阴性率分别为 2.46%、1.97% 和 0.98%。

**结论** FUS3000Plus 一体化全自动尿液分析系统检测性能符合国家行业标准要求,且操作较为简便,具有较高的临床价值。

## PU-4413

早期糖尿病肾病血清胱抑素 C 与血脂水平相关性研究  
以及对同型半胱氨酸的影响

衡二虎  
蚌埠市第一人民医院,233000

**目的** 探讨早期糖尿病肾病患者血清胱抑素 C (CysC) 与血脂水平的相关性及对同型半胱氨酸 (Hcy) 的影响。

**方法** 选择 2016 年 6 月至 2018 年 4 月住院治疗的早期糖尿病肾病患者 113 例作为观察组;选择同期治疗的早期糖尿病患者 58 例,设为对照组;选择同期健康体检者 71 例,设为健康对照组。采用免疫比浊法测定三组实验对象的 CysC 水平;采用 Hcy 循环酶法测定三组 Hcy 水平;采用贝克曼 5821 测定患者甘油三酯 (TG)、总胆固醇 (TC)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C) 和低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 水平;采用 SPSS 软件对早期糖尿病肾病患者 CysC、Hcy 与血脂水平进行相关性分析。

**结果** 观察组 CysC、Hcy 水平高于对照组与健康对照组 ( $P<0.05$ );对照组 CysC、Hcy 水平,高于健康对照组 ( $P<0.05$ );观察组早期糖尿病肾病患者 TC、TG、LDL-C 水平,均高于对照组和健康对照组 ( $P<0.05$ );观察组 HDL-C 水平均低于对照组与健康对照组 ( $P<0.05$ );相关性分析结果表明:早期糖尿病肾病患者 CysC、Hcy 水平与 TC、TG、LDL-C 水平呈正相关 ( $P<0.05$ );早期糖尿病肾病患者 CysC、Hcy 水平与 HDL-C 水平呈负相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** CysC、Hcy 在早期糖尿病肾病患者血清中水平升高,且与血脂水平存在相关性,加强 CysC、Hcy 水平监测能为临床诊疗提供依据和参考。

## PU-4414

## 血清 ANA 对 Graves 病的相关性分析

刘飞,范天松,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 通过测定不同促甲状腺激素受体抗体水平的 Graves 病患者血清的抗核抗体,分析血清 ANA 与 Graves 病患者的 TRAb 水平的相关性,以及血清 ANA 对 Graves 病的诊断价值。

**方法** 选择我院 2016 年 01 月至 2016 年 03 月初诊诊断明确为 Graves 病,年龄在 30-60 岁的患者共 125 例,根据抗甲状腺激素受体抗体的不同水平分为患者 NO 1 组(0-1.75IU/L)、患者 NO 2 组(6.75-8.50IU/L)、患者 NO 3 组(13.50-15.25IU/L)、患者 NO 4 组(21.25-23.00IU/L)四组;另选 34 例健康体检者作为对照,检测其血清抗核抗体及 T4 水平。各组 ANA 检测结果用  $\chi^2$  检验比较,并对 TRAb 水平与 ANA 阳性率作相关性分析。计算各组 T4 平均水平及标准差,进行统计学分析。将 NO1 组、NO2 组、NO3 组、NO4 组中,分析 ANA 各滴度的 TRAb 水平。分析 Graves 病患组 ANA 荧光核型模式。

**结果** NO1 组 ANA 阳性率(16.67%), NO2 组 ANA 阳性率(25.00%), NO3 组 ANA 阳性率(32.25%), NO4 组 ANA 阳性率(44.74%);体检对照组 ANA 阳性率(5.88%)。Graves 病患组 ANA 阳性率明显高于对照组( $\chi^2=174.9015$ ,  $P<0.05$ ,有统计学意义)。并且实验结果表明:ANA 阳性率与 TRAb 水平存在很大相关性,ANA 阳性率与 TRAb 成正相关。随 Graves 病患者组中,T4 水平见表 2。NO1 组与 NO2 组差别无统计学意义;NO3 组与 NO4 组有统计学意义。在一定范围内,血清 ANA 阳性率越高,T4 水平越高。Graves 病患者血清 ANA 滴度越高,其 ANA 阳性率越高。Graves 病患组 ANA 荧光核型模式,主要表现为核均质型、核粗颗粒型、核细颗粒型。

**结论** ANA 阳性率与 TRAb 成正相关; Graves 病患者血清 ANA 滴度越高,其 ANA 阳性率也越高。

## PU-4415

## 阿加曲班治疗进展性缺血性卒中效果的影响因素分析

唐小童,赵子艾

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探讨在进展性缺血性卒中,应用阿加曲班后影响 APTT 升高水平及预后的因素。

**方法** 我们对 30 例急性缺血性卒中患者基本信息及入院/出院 NIHSS 评分进行统计。计算阿加曲班给药后 2hAPTT 升高比值,以评估其能否早期起效。根据入院时年龄、性别、体温、收缩压、舒张压、吸烟史、饮酒史、肝肾功、合并疾病情况进行分类比较。

**结果** 发现以 3.0 $\mu$ g/kg/分钟的初速度静脉泵入阿加曲班时,以 APTT 值提高 1.5 倍为目标值,给药后 2 小时 APTT 比值达标患者与不达标患者,年龄存在显著差异( $P<0.05$ )。采用二元逻辑回归,把肝功和性别纳入模型,年龄还是与 APTT 达标情况具有相关性( $P<0.05$ )。对 APTT 比值未达标患者输液速度进行调整。结果显示首次 APTT 是否达标与 NIHSS 评分改善程度无显著差异。性别、体温、收缩压、舒张压、吸烟史、饮酒史、肝肾功、合并疾病情况对阿加曲班早期起效影响不显著。

**结论** 阿加曲班用于治疗急性缺血性卒中时,治疗早期起效与年龄相关,提示对于青年及老年前期患者可以给予更快的阿加曲班给药速度,以尽快发挥抗凝作用。



## PU-4416

## 组蛋白去乙酰化酶 HDAC6 调控弥漫性大 B 细胞淋巴瘤铁死亡的作用及机制研究

喻静

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨组蛋白去乙酰化酶对弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 细胞铁死亡的影响及作用机制。

**方法** 用 qRT-PCR 及 western blot 方法分别检测铁死亡诱导剂 Erastin 对组蛋白乙酰化酶表达水平的影响, 利用 RNA 干扰手段, 验证 HDAC6 对 Erastin 诱导铁死亡的影响, 用 ELISA 方法检测脂质过氧化和铁水平的变化。

**结果** 组蛋白去乙酰化酶 HDAC6 在 DLBCL 细胞中高表达, 应用铁死亡激活剂 Erastin 处理细胞后, HDAC6 水平显著升高, 并且通过干扰 HDAC6 的表达, 能够降低细胞死亡率及 ROS 水平, 并且改变氧化应激相关因子及铁离子水平。

**结论** 组蛋白去乙酰化酶 HDAC6 对弥漫性大 B 细胞淋巴瘤细胞发生铁死亡具有调控作用。

## PU-4417

## 血浆 BNP 在慢性心衰病情评估中的临床分析

刘飞,穆晓华,张立群

陆军军医大学 (第三军医大学) 第二附属医院

**目的** 研究分析血浆脑利钠肽(BNP)水平在慢性心力衰竭(心衰)的诊断、病情及预后评估中的临床价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 1 月新桥医院收治慢性心衰患者 77 例 (美国 NYHA 心功能分级 I-IV 级), 并检测患者血浆 BNP 浓度、心脏射血分数。将 77 例患者按照心功能分级 I-IV 级分为四组, 研究心功能分级与患者血浆 BNP 水平以及心脏射血分数的相关性; 按照血浆 BNP<100pg/ml、100-600pg/ml、600-900pg/ml、>900pg/ml 将患者分为四组, 研究血浆 BNP 浓度与患者心功能等级和心脏射血分数的相关性; 按照心脏射血分数<55%、55%-65%、>65%将患者分为三组, 研究射血分数与患者心功能等级以及血浆 BNP 浓度的相关性。

**结果** 患者血浆 BNP 浓度越高, 患者心功能等级越高, 心脏射血分数越低。患者血浆 BNP 水平越高, 患者心衰严重程度越重, 并且血浆 BNP 浓度与患者心力衰竭危险分层相关。

**结论** 在慢性心衰的诊治中血浆 BNP 水平具有十分重要的意义, 通过血浆 BNP 水平检测能有效避免和减少慢性心衰的临床误诊率及漏诊率, 对指导慢性心衰的治疗、评价预后均具有重要的临床价值, 值得进一步在临床推广应用。BNP 不再单单作为一项心衰诊断指标, 其在心衰治疗和预后等方面的作用逐渐得到人们的重视。但 BNP 的特异性不高, 心肺疾病、肾衰竭、肝硬化等多种疾病都会引起 BNP 浓度升高, 需要结合临床资料进行鉴别。相信随着 BNP 相关研究的不断深入, BNP 在心衰上的临床应用会更加科学合理。

## PU-4418

## 妊娠晚期孕妇无乳链球菌定植的相关因素分析

陈小丽<sup>1</sup>, 吴佳音<sup>1</sup>, 陈玲<sup>1</sup>, 车宁<sup>2</sup>, 叶辉铭<sup>1,2</sup>

1. 厦门大学附属妇女儿童医院

2. 厦门大学公共卫生学院

**目的** 探讨妊娠晚期孕妇无乳链球菌（GBS）定植的影响因素，为孕晚期孕妇 GBS 感染的预防和干预提供参考依据。

**方法** 选取 2016-2018 年厦门市妇幼保健院产检并分娩的孕妇 49680 例，于孕 35-37 周用细菌培养法进行 GBS 筛查，分析 GBS 定植的相关影响因素。

**结果** GBS 的总检出率为 13.3%(6582/49680)，季节、年龄、C 反应蛋白、促甲状腺激素（TSH）、糖耐量试验和阴道清洁度与 GBS 检出率有统计学差异（ $P<0.05$ ）；GBS 检出率与 DD 二聚体（DD）、纤维蛋白（原）降解产物（FDP）、乙型肝炎表面抗原（HBsAg）阳性无统计学差异（ $P>0.05$ ）。

**结论** 春季、高龄产妇、CRP 升高、TSH 异常、妊娠糖尿病和阴道炎等均为 GBS 定植的可能高危因素，孕晚期孕妇需加以注意，以便进行早期预防以降低不良妊娠结局的发生。

## PU-4419

IL-17A 通过促进巨噬细胞泡沫化和凋亡加速  
动脉粥样硬化斑块形成高琦<sup>3,1</sup>, 姜杨<sup>3,2</sup>, 张利宁<sup>3</sup>, 卢志明<sup>3,1</sup>

1. 山东省立医院, 250000

2. 山东大学第二附属医院

3. 山东大学, 250000

**目的** 研究 IL-17A 在动脉粥样硬化斑块形成中的作用及其机制。

**方法** 用 ApoE<sup>-/-</sup>小鼠构建动脉粥样硬化模型，检测斑块局部和外周血中 IL-17A 的表达，并在体内采用 IL-17A 细胞因子进行干预，观察对动脉粥样硬化斑块形成的影响。为了进一步研究其机制，体外我们用 IL-17A 和 ox-LDL 对 C57BL/6 来源的腹腔巨噬细胞进行干预，油红 O 染色检测细胞泡沫化，流式细胞术检测细胞凋亡。

**结果** 动脉粥样硬化模型小鼠主动脉根部斑块局部和外周血中 IL-17A 的表达较对照组明显升高，IL-17A 体内干预组小鼠斑块较对照组明显增大，差异具有统计学意义。不同浓度 IL-17A 在体外刺激能够促进巨噬细胞吞噬脂质，IL-17A 在 25ng/ml 浓度时作用最明显，吞噬脂质的巨噬细胞数目最多。不同浓度 IL-17A 在体外与 ox-LDL 作用后 PI 染色结果显示 IL-17A 刺激组巨噬细胞凋亡数目显著增多，并且随着 IL-17A 浓度升高凋亡细胞增多。此外，IL-17A 单独刺激巨噬细胞后，Annexin V/PI 染色结果显示凋亡的巨噬细胞明显增多。

**结论** IL-17A 在体外能够促进小鼠巨噬细胞泡沫化和凋亡，提示 IL-17A 可能通过促进泡沫细胞形成和巨噬细胞凋亡加速动脉粥样硬化斑块的形成。这一发现对揭示动脉粥样硬化的免疫机制、防治动脉粥样硬化相关的心血管疾病具有重要的理论价值和潜在的应用价值。

## PU-4420

**黄芪多糖通过 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路促进肝癌细胞凋亡研究**

朱鹏飞,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨黄芪多糖通过 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路对人肝癌 HepG2 细胞增殖及凋亡的影响。

**方法** 四甲基偶氮唑蓝 (MTT) 法检测 HepG2 细胞增殖能力和存活率; Annexin V-FITC/PI 双染和 Caspase-3 活性检测细胞凋亡; 荧光素酶实验检测黄芪多糖 (100、200 mg/L) 处理后 HepG2 细胞 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路活性改变; Real-time PCR、Western blot 法检测细胞内的  $\beta$ -catenin、c-myc 和 Cyclin D1 表达水平。

**结果** 与对照组比较, 随着黄芪多糖质量浓度的增加和作用时间的延长, HepG2 细胞存活率显著降低 ( $P<0.05$ )。与对照组比较, 黄芪多糖 100、200 mg/L 组 HepG2 细胞凋亡率显著升高 ( $P<0.05$ ); 凋亡关键因子 Caspase-3 的相对活性显著升高 ( $P<0.05$ ), Cleaved Caspase 3 蛋白水平显著升高, Bcl-2 蛋白表达水平显著降低; 荧光素酶活性显著降低 ( $P<0.05$ );  $\beta$ -catenin、c-myc 和 Cyclin D1 mRNA 及蛋白表达水平显著降低 ( $P<0.05$ 、0.01)。

**结论** 黄芪多糖通过下调 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路抑制凋亡相关基因 Bcl-2 的表达, 促进 HepG2 细胞凋亡。

## PU-4421

**临床血糖检验中快速血糖仪与常规生化仪  
检验价值比较分析**

柴金芳,杜强强

沾化区人民医院

**目的** 对比快速血糖仪检验法和常规生化仪检验法在血糖检验中的临床应用价值。

**方法** 从需接受血糖检验的患者中抽选 86 例纳入本次实验, 86 例患者均分别采用快速血糖仪和常规生化仪进行血糖检验, 统计并比较两种血糖检验方式下患者的血糖水平情况、检验时间及检验费用情况。

**结果** 快速血糖仪检验法与常规生化仪检验法的糖尿病患者血糖水平以及非糖尿病患者血糖水平差异均不显著, ( $P>0.05$ ); 快速血糖仪检验法的血糖检验时间、血糖检验费用均低于常规生化仪检验法, ( $P<0.05$ )。

**结论** 快速血糖仪与常规生化仪在血糖检验方面具有较高的一致性, 但鉴于快速血糖仪的检验时间更短、检验费用更低的优势, 建议在临床血糖检验过程中可尽量采用快速血糖仪进行血糖检验, 以加快对患者的诊治速度, 并减轻患者的经济负担。

## PU-4422

## 恶性肿瘤患者 ESKAPE 病原菌血流感染临床特征和危险因素分析

胥萍瑶

1.四川省第二人民医院,610000  
2.四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨恶性肿瘤患者合并 ESKAPE 病原体血流感染的危险因素及死亡危险因素, 探寻有效的早期诊断及预后指标, 为临床预防、诊断及治疗提供有效依据。

**方法** 收集 2013 年至 2018 年就诊于四川省肿瘤医院的恶性肿瘤合并血流感染患者的临床资料和实验室数据, 利用单因素和多因素 logistic 回归比较 ESKAPE 血流感染组与非 ESKAPE 血流感染组患者的临床特征, 分析其易感因素及死亡危险因素。用 ROC 曲线评估实验室常用炎症指标在诊断 ESKAPE 血流感染以及死亡预测中的作用。

**结果** 共计 753 例患者纳入研究, 以宫颈癌患者 (18.19%) 最多。共分离出 795 株病原菌, 其中 ESKAPE 病原菌 278 株, 占全部分离菌的 35.0%。经过单因素及多因素分析显示, 男性患者、多种病原体感染、酶抑制剂暴露史及中性粒细胞缺乏是恶性肿瘤患者发生 ESKAPE 病原菌血流感染的独立危险因素, 合并腹腔感染及真菌感染是其死亡的独立危险因素。联合 PCT、CRP、PLT 三项指标诊断恶性肿瘤患者 ESKAPE 血流感染, 其 ROC 曲线下面积为 0.77, 特异性是 81.3%, 阳性预测值为 76.77%。ESKAPE 血流感染组中死亡患者 PLR 和 PLT 明显低于存活组, 差异有统计学意义。

**结论** ESKAPE 病原菌血流感染对于有中性粒细胞缺乏、既往抗菌药物暴露及合并真菌感染、腹腔感染的恶性肿瘤患者, 是值得临床重视的问题。联合 PCT、CRP、PLT 能早期、迅速、有效诊断恶性肿瘤患者 ESKAPE 血流感染。

## PU-4423

## 乳腺脓液金黄色葡萄球菌临床分离情况与耐药性变迁分析

陈玲, 陈小丽, 吴佳音, 叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 分析乳腺脓液金黄色葡萄球菌的临床分离情况与耐药性变迁, 为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 回顾我院 2014 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日从乳腺脓液标本中分离的金黄色葡萄球菌鉴定及药敏试验结果, 使用 WHONET 5.6 软件进行结果分析。

**结果** 五年中共送检 1445 份乳腺脓液标本进行细菌培养, 分离出金黄色葡萄球菌 (非重复菌株) 共 523 株, 总检出率 36.2%, 逐年总的检出情况趋于平稳, 但全年不同月份的检出率波动较大, 8 月和 9 月的检出率分别为 25% 和 30.7%, 明显低于其他月份。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 总占比达 36.9%, 至 2016 年起呈缓慢下降趋势。所有菌株对环丙沙星和复方新诺明敏感性大于 90%, MRSA 对红霉素、克林霉素的耐药性均达 80% 以上, 明显高于 MSSA 的 40% 左右, 尚未发现对万古霉素、替考拉宁耐药的分离菌株。

**结论** 该院金黄色葡萄球菌对抗菌药物耐药的趋势变化, 指导临床医师合理使用抗菌药物, 有效加强对于 MRSA 的监管。

## PU-4424

**细菌性阴道病细菌学检验能力验证物品的研制与性能验证**

徐蓉,刘学杰,陈蓉,葛平,王庆忠,夏启航,王敬华  
上海市临床检验中心

**目的** 研制具有细菌性阴道病临床样本细菌学特点的能力验证物品,并对其进行性能验证。

**方法** 根据细菌性阴道病临床样本中细菌微生态及正常菌群分布,设计能力验证物品中病原菌及正常菌群的构成和比例;采用涂布平板法,探讨不同介质、不同细菌加入法,对能力验证物品中病原菌 CFU 定量的影响,控制病原菌含量在  $10^3$ - $10^4$ CFU/ml 水平;对新研制的能力验证物品进行均一性和稳定性等性能验证;通过飞行检查,采用多中心同时检验的方法对新研制的能力验证物品进行评价。

**结果** 成功研制出具有细菌性阴道病临床样本细菌学特点的能力验证物品,该类能力验证物品能够模拟携带不同病原菌和正常菌群的临床样本,而且其均一性和稳定性符合能力验证物品要求;飞行检查的结果和统计分析表明该能力验证物品能够满足医学实验室室间质量评价的要求。

**结论** 与传统的能力验证物品比较,本方法制备的能力验证物品具有明显优势,能更真实地反映实验室的检验水平。

## PU-4425

**DLL4 在甲状腺乳头状癌中的表达及临床意义**

王耀文  
潍坊市人民医院,261000

**目的** Delta 样配体 4(DLL-4) Notch 信号在神经血管瘤肿瘤的生长和血管再生中起重要作用,已有研究。本文主要研究 DLL-4 在甲状腺乳头状癌的表达及临床意义

**方法** 选取 207 例甲状腺乳头状癌患者为研究对象,采用免疫组化的方法分析和评价 DLL4 的表达,同时分析其表达与临床病理的相关性。

**结果** 免疫组化染色后 DLL4 在甲状腺乳头状癌细胞的胞浆的表达为阳性,阳性表达率为 54% (114/54), DLL4 甲状腺乳头状癌中的表达与肿瘤浸润、转移显著相关。

**结论** DLL4 过度表达与甲状腺癌的浸润和转移密切相关,抗 DLL-4 治疗可能成为甲状腺乳头状癌的治疗的有效靶点。

## PU-4426

**四川绵阳科学城地区 137 例地中海贫血  
基因检测结果分析**

井婧,苟华,李磊,吴燕,易红  
四川省科学城医院,621000

**目的** 研究四川绵阳科学城地区地中海贫血的基因突变类型,为该病的产前诊断和遗传咨询提供参考。

**方法** 对 2018 年 1 月至 2019 年 1 月本院送检的 137 例标本采用 PCR+导流杂交法进行地中海贫血基因分型,并对基因型结果进行分析。

**结果** 在进行地贫基因检查的 137 例受检人群中,检出  $\alpha$  珠蛋白基因异常的有 21 例 (15.33%), 检出  $\beta$  珠蛋白基因突变者共 34 例 (24.82%), 检出  $\alpha\beta$  复合型地贫者 1 例 (0.73%)。

**结论** 四川绵阳科学城地区地中海贫血发生率较高, 研究科学城地区地中海贫血的发生率、基因突变类型和构成比, 可为遗传咨询和婚育指导提供了有价值的基础资料。

## PU-4427

### 血清 THBS2 作为胰腺导管腺癌患者早期诊断标志物的可行性研究

周博,付佳琳,程仕彤  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 胰腺导管腺癌 (Pancreatic ductal adenocarcinoma, PDAC) 是最常见的胰腺恶性肿瘤, 预后差、病死率高。目前的血清标志物糖类抗原 19-9 (CA19-9) 在早期诊断方面缺乏足够灵敏性。凝血酶敏感蛋白 2 (Thrombospondin2, THBS2) 是一种细胞外基质糖蛋白, 在肿瘤间质中表达, 且随着肿瘤进展和转移表达增高, 在血清中也可检测。因此, 本研究旨在探讨 THBS2 作为 PDAC 早期诊断标志物的可行性以及将其与 CA19-9 联合检测对早期 PDAC 的诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 7 月-2019 年 4 月中国医科大学附属第一医院住院患者中明确诊断为 PDAC 且未接受手术治疗的患者 20 例 (包括早期无转移和晚期转移的病人) 和健康对照 18 例。使用免疫检验方法检测患者血清 THBS2 和 CA19-9 浓度。使用统计方法分析各组间两种蛋白的表达差异,  $p < 0.05$  认为有统计学意义。用受试者工作特征曲线 (ROC) 分析单独及联合检测这些指标对不同疾病的鉴别诊断能力。

**结果** PDAC 组血清 THBS2 浓度显著高于健康对照组 ( $p < 0.001$ ), AUC 为 0.981, 最佳临界浓度为 1468.44pg/mL, 对应的敏感度 90%, 特异性 100%。将 THBS2 与 CA19-9 联合检测, AUC=1.0。早期无转移患者血清中的 THBS2 和 CA19-9 显著高于健康对照组 ( $p = 0.014$ ,  $p = 0.012$ ), AUC 分别为 1.0 和 0.913, 最佳临界浓度分别为 1497.51pg/mL 和 24.31U/mL, THBS2 对应敏感度和特异性均为 100%, CA19-9 对应敏感度和特异性为 85.7%和 94.4%。THBS2 在早期无转移及晚期转移患者间则没有显著差异 ( $p = 1.0$ )。但是 CA19-9 血清浓度在晚期转移患者中显著高于早期未转移患者 ( $p = 0.029$ ), AUC=0.868, 最佳临界浓度为 99.745U/mL, 对应敏感度 92.3%, 特异性 71.4%。

**结论** 血清 THBS2 检测在鉴别早期 PDAC 患者时具有较好的灵敏度和特异性, 能够作为 PDAC 早期诊断标志物。THBS2 与 CA19-9 联合检测能提高早期 PDAC 以及晚期转移的检出率。

## PU-4428

### 三种干式血红蛋白检测仪性能评估及其在学龄前儿童体检的应用

许群山<sup>1</sup>,杨玲<sup>1</sup>,朱敏<sup>1</sup>,庄宝玲<sup>2</sup>,卓卫<sup>3</sup>,陈冬妮<sup>4</sup>,叶辉铭<sup>1</sup>

- 1.厦门大学附属妇女儿童医院
- 2.厦门市思明区妇幼保健院
- 3.厦门市湖里区妇幼保健院
- 4.厦门市海沧区妇幼保健院

**目的** 评估干式血红蛋白检测仪检验性能, 并将其应用于学龄儿童体检的贫血筛查。

**方法** 三个获 CFDA 批准厂家分别提供三台干式血红蛋白检测仪与三个批号的试纸条, 对干式血红蛋白仪进行批内精密度、批间精密度、线性范围和准确度评价。批内精密度以重复 20 次测定计算, 批间精密度取 3 个批号试剂检测同一样本每个批号重复测定 5 次。线性范围取一份接近预期上限的高值全血样本按 100%、80%、70%、60%、50%、40%、30%和 20%的比例稀释, 每个稀

释度重复测定 3 次。准确度评价以 Sysmex XS1000i 作为基准仪器, 三种干式血红蛋白仪同时检测 20 份标本按 YYT 1150-2009 技术标准判断待评价仪器与基准仪器偏差。将通过评估的干式血红蛋白检测仪用于学龄前儿童入园体检的血红蛋白快速检测。

**结果** Q、M、U 三个厂家的高 ( $>160\text{g/L}$ )、中 ( $110\text{g/L}$  左右)、低 ( $70\text{g/L}$  左右) 批内精密度除 M 厂家低值为 4.10% 外其余结果均  $<3\%$ , 三个批号试剂的批间精密度均  $<5\%$ , 最高为 U 厂家的低值为 4.57%; 三个厂家检测仪线性性能分析均能符合产品技术性能指标, 即  $a$  值在  $1\pm 0.05$  范围内, 相关系数  $r>0.975$ ; 按技术标准 40-100g/L 浓度范围内, 标准差 (SD)  $\leq 10\text{g/L}$ , 101-240g/L 浓度范围内, 相对偏差  $\leq 10\%$ , 80% 以上样本比对通过即为通过, 三个厂家准确度评价均通过。5114 例三岁以下儿童应用 Q 厂家仪器检测血红蛋白, 以  $110\text{g/L}$  为贫血筛查界值, 贫血筛查率为 2.6%, 符合本地区该年龄段儿童的贫血流行率。

**结论** 常见干式血红蛋白检测仪精密度、线性范围和准确度等主要性能指标符合技术性能标准, 满足学龄前儿童体检贫血筛查需求。

## PU-4429

### CD4<sup>+</sup>T 细胞表达减弱的两个特殊标本案例分享

李雪, 潘建华, 张静文, 郑倩, 李明敏  
广州金域医学检验中心, 510000

**目的** 目前, 大多数实验室都利用流式细胞术, 对 CD4<sup>+</sup>T 细胞进行绝对计数, 这种方法大大的提高了计数的准确性和操作人员的工作效率。CD4 淋巴细胞计数是评估治疗病人的免疫功能是否恢复的一项重要指标, 本文分享流式细胞术检测的两例 CD4<sup>+</sup>T 细胞表达强度减弱的患者及其绝对计数检测结果, 并探讨其解决方法。

**方法** 收集来自金域医学检验中心实验室 2018 年 12 月和 2019 年 1 月检测的 300 个随机样本和两个 CD4<sup>+</sup>T 细胞表达减弱的样本。利用 Becton Dickinson (BD) 公司 TriTEST 三色 (CD3 PerCp/CD4 FITC/CD8 PE) 试剂和 MultiTEST 四色 (CD4 APC/CD8 PE/CD3 FITC/CD45 PerCp) 试剂分别标记 CD4<sup>+</sup>T 细胞, 并采用绝对计数管进行绝对计数, 利用流式细胞仪进行分析。

**结果** 使用 TriTEST 三色 (CD3 PerCp/CD4 FITC/CD8 PE) 试剂标记的 CD4<sup>+</sup>T 细胞 (FITC) 受 CD4 表达强度影响, 荧光强度明显降低, 绝对数值显著下降。使用 MultiTEST 四色 (CD4 APC/CD8 PE/CD3 FITC/CD45 PerCp) 试剂使 CD4<sup>+</sup>T 细胞 (APC) 的荧光强度和绝对数值明显上升, 但由于 CD4 表达强度减低该样本的荧光强度仍明显低于随机样本。

**结论** 在流式检测过程中, 如遇到 CD4<sup>+</sup>T 细胞表达强度比其他人显著减弱, 应结合患者病史, 此时应使用四色试剂复查, 明确其原因, 从而避免误诊, 造成医生和患者对实验结果的疑惑和对实验室检测结果的不信任等危害。

## PU-4430

### 激活素 A 诱导小鼠 II 型巨噬细胞活化

李楠  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 探讨激活素 A 对原代培养小鼠腹腔巨噬细胞活化的影响。

**方法** ELISA 法检测激活素 A, RT-PCR 法检测 iNOS mRNA 表达, 流式细胞术检测 CD86 及 Arginase-1 的表达。

**结果** LPS 以时间依赖方式促进小鼠腹腔巨噬细胞分泌激活素 A，激活素 A 能明显促进巨噬细胞活化标志 CD 86 分子表达。LPS 明显促进 I 型巨噬细胞标志 iNOS mRNA 表达，而激活素 A 则主要促进 II 型巨噬细胞标志 Arginase-1 的表达。

**结论** 激活素 A 可能以自分泌 / 旁分泌形式促进小鼠 II 型巨噬细胞活化。

#### PU-4431

### 三种全血 C 反应蛋白检测系统分析性能评价

蔡建兴,罗琳华,杨玲,林建敏,李基明,叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 评价三种常见的全血 C 反应蛋白 (CRP) 检测系统的分析性能, 为临床应用选择做参考。

**方法** 对三种全血 CRP 检测系统 (BioSystems A25、Horiba ABX Micros CRP200、迈瑞 BC-5390) 进行精密度、正确度、线性范围、一致性、参考区间、携带污染率等性能参数分析。

**结果** 三种检测系统的批内和批间精密密度为 1.18%-4.98%; 不正确度分别为 4.61%、3.26%、4.01%; 三种系统与参照系统线性相关系数在 0.957-1.056, 以 50 mg/L 为临界值, 一致率分别为 93.3%、95%、96.6%; 携带污染率分别为 0.18%、0.03%、0.06%; 三种检测系统的参考区间均为 0-10 mg/L, 各指标均符合各自厂家声明。

**结论** 三种全血 CRP 检测系统的主要分析性能均能满足临床需求, 国产血常规 CRP 一体机的检测线性等指标更优。

#### PU-4432

### 基于双抗体功能化的纳米通道生物传感器用于肿瘤来源外泌体的超灵敏检测

王璨璨  
湖北中医药大学

**目的** 外泌体是由各种类型的细胞释放的磷脂双层包围的球形颗粒。肿瘤来源的外泌体通常携带其亲代细胞的遗传信息, 并在肿瘤的发展中起重要作用, 其具有作为新肿瘤标志物的潜力。目前, 迫切需要开发简单、特异、灵敏且能够有效应用临床的方法来检测血液样品中的肿瘤来源外泌体。纳米通道生物传感器是一种新型的生物传感平台, 其具有高特异性和灵敏度, 在临床实际应用中有重要的意义。

**方法** 在这项工作中, 我们选择了多孔阳极氧化铝膜 (PAA) 作为基底来构建检测外泌体的传感装置。我们将 3-氨基丙基三甲氧基硅烷 (APTES) 和戊二醛 (GA) 依次修饰到纳米通道表面, 最后通过希夫反应将双抗体 (anti-CD63 and anti-EpCAM) 修饰在通道表面, 通过抗原-抗体识别选择性地捕获肿瘤细胞来源的外泌体。通过记录 I-V 曲线可以监测整个过程, 以实现外泌体准确, 灵敏的检测。最重要的是, 该传感器可用于临床血浆样品中外泌体的检测。

**结果** 我们将该传感器进行电学, 荧光和 XPS 表征, 证明了双抗体成功的修饰在纳米通道表面, 并且具有良好的稳定性。随后进行的 TEM、蛋白印迹和电学、SEM 表征, 验证了外泌体的成功提取和在纳米通道表面上的成功捕获。发现该传感器具有好的灵敏度和选择性。在临床血浆样本的检测中, 能够很好地区分癌症患者和健康人。

**结论** 本工作发展了一种简单、高效的纳米通道生物传感器, 实现了对肿瘤来源外泌体高灵敏、高特异性、免标记检测。更值得一提的是, 这一体系在血浆样本中依然能够有很好的响应。预计这种具有高灵敏度和特异性检测肿瘤来源外泌体的新方法将有利于临床诊断。



## PU-4433

## 长链非编码 RNA NEXN-AS1 调控 NEXN 表达并抑制动脉粥样硬化进程

张如意,胡炎伟,郭凤霞,许苑君  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** NEXN 蛋白是一种肌动蛋白结合蛋白,可调控细胞粘附及迁移。前期基因芯片发现动脉粥样斑块组织中 NEXN 及 NEXN-AS1 的表达下调,本研究旨在探讨 NEXN 与 NEXN-AS1 对动脉粥样硬化进程的影响。

**方法** 构建 NEXN-AS1 过表达慢病毒载体、NEXN 小干扰 RNA 片段、BAZ1A 小干扰 RNA 片段,予以转染 HUVEC、THP-1、VSMC 三种细胞系探讨相应分子机制。

**结果** 结果: (1) q-PCR 结果表明斑块组织中 NEXN 及 NEXN-AS1 的表达下调; (2) ChIRP 实验证实 lncRNA NEXN-AS1 可与 NEXN 基因的 5' 侧翼区相互作用,荧光素酶报告基因提示 NEXN-AS1 过表达可上调 NEXN 基因 5' 侧翼区序列并驱动荧光素酶报告基因表达的能力;蛋白质谱检测显示 NEXN-AS1 探针可捕获蛋白 BAZ1A,而 RIP 实验证实 BAZ1A 可以与 NEXN-AS1 结合,且 CHIP 实验证实 BAZ1A 与 NEXN-AS1 基因 5'端序列及 NEXN 基因 5' 侧翼区结合; (3) 过表达 NEXN-AS1 可上调 NEXN 水平且下调 BAZ1A 表达;敲减 BAZ1A 后 NEXN 表达上调,而该效应在过表达 NEXN-AS1 后更加明显;过表达 NEXN-AS1 后可以使 TLR4 寡聚化及 NF- $\kappa$ B 活性下降,减少细胞炎症因子的表达,该效应在干扰 NEXN 后减弱,而在干扰 BAZ1A 后得到恢复。

**结论** BAZ1A 基因可介导 NEXN-AS1 与 NEXN 基因相互作用。NEXN-AS1 可通过下调 BAZ1A 及上调 NEXN 水平以抑制 TLR4 蛋白寡聚化及 NF- $\kappa$ B 的活性,减少内皮细胞粘附分子和细胞炎症因子的表达,进而抑制单核细胞对内皮的粘附作用,降低 VSMC 的迁移能力。

## PU-4434

## 糖尿病肾病不同时期血浆 TAM 受体的表达水平以及意义

熊银  
武汉市第一医院,430000

**目的** 研究糖尿病肾病不同时期血浆 TAM 受体的表达水平以及意义。

**方法** 根据 24h 尿清蛋白排泄率将 120 例糖尿病患者分为单纯糖尿病组、早期糖尿病肾病组和临床糖尿病肾病组。采用双抗夹心酶联免疫吸附试验检测糖尿病患者和健康体检者血浆中 sAxl、sMer 和 sTyro3 的含量。

**结果** 与对照组相比,糖尿病各期患者组的血浆 sAxl、sMer 和 sTyro3 表达水平都显著降低。糖尿病患者 sAxl、sMer 和 sTyro3 浓度在单纯糖尿病组、早期糖尿病肾病组以及临床糖尿病肾病组中依次逐渐降低,差异具有统计学意义。此外,sMer 和 sTyro3 浓度与尿清蛋白排泄率呈显著性负相关,sAxl 浓度与尿清蛋白排泄率相关性不显著。

**结论** sAxl、sMer 和 sTyro3 浓度与糖尿病肾病肾功能受损程度密切相关,有效参与凋亡细胞清除,在监测糖尿病肾病不同时期发展中具有重要意义,为有效指导临床治疗提供依据。

## PU-4435

## ALT、AST、ALP、 $\gamma$ -GT 组合实验室检验结果分析 在各类肝胆疾病诊断中的临床价值

柴金芳

沾化区人民医院

**目的** 研究 ALT（丙氨酸转氨酶）、AST（谷草转氨酶）、ALP（碱性磷酸酶）、 $\gamma$ -GT（ $\gamma$ -谷氨酰转肽酶）组合实验室检验结果运用于各类肝胆疾病中的诊断结果。

**方法** 选择我院 2016 年 9 月-2018 年 7 月纳入的 115 例肝胆疾病患者，其中 35 例急性黄疸性肝炎为 A 组，40 例重症肝炎为 B 组，40 例肝癌为 C 组，另选择 50 例健康体检者为对照组，分别进行 ALT、AST、ALP、 $\gamma$ -GT 组合检查，对比四组检验结果。

**结果** 四组的 ALT、AST、ALP、 $\gamma$ -GT 水平相比有差异（ $P < 0.05$ ）；三组组合检验的阳性率均高于单一检验的阳性率（ $P < 0.05$ ）。

**结论** ALT、AST、ALP、 $\gamma$ -GT 组合检查运用于各类肝胆疾病中诊断价值较高，提高检验结果的阳性率，值得临床推广使用。

## PU-4436

## 糖化白蛋白酶法测定的初步评价及其 与糖化血红蛋白相关性研究

黄璫,石安然

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 应用 EP10-A3 文件对酶法检测糖化血清白蛋白（GA）的临床应用性能进行初步评价，并对糖尿病患者糖化血红蛋白（HbA1c）和糖化血清白蛋白（GA）的一致性、相关性及阳性率进行分析，评价其临床应用价值。

**方法** 使用酶法测定 GA 浓度，采用美国临床实验室标准化委员会（CLSI）颁布的《定量临床检验方法的初步评价；批准指南 EP10-A3》文件中规定的方法对其总不精密度、非线性、偏差、互染率、斜率、漂移等指标进行评价。并通过测定 90 例糖尿病患者的 HbA1c 和 GA 浓度，对两者相关性、一致性以及阳性率进行分析。

**结果** 低，中，高 GA 样本浓度偏差分别为 -0.61, -0.28, 0.34  $\mu\text{mol/L}$ 。总不精密度分别为 1.48%，1.37%，0.84%。斜率、互染率、非线性、漂移（t 值分别为 1.38, 0.097, -1.37, 0.013）差异均无统计学意义（ $P > 0.01$ ）。GA 与 HbA1c 回归分析方程为  $Y = 2.8048X - 0.2681$ （ $r^2 = 0.7141$ ）。GA 与 HbA1c 一致性采用 Kappa 检验，Kappa 值为 0.655，说明两者一致性较好。HbA1c 检测结果阳性率与 GA 检测结果阳性率，两者差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。

**结论** 糖化白蛋白试剂盒准确度、精密度良好，均在允许范围内，线性良好，携带污染率低，稳定性较好，性能指标符合临床应用要求。GA 可作为糖尿病诊断的补充指标，并用于临床糖尿病疗效监测。

## PU-4437

**支气管肺炎患儿呼吸道病毒抗原检测的初步经济学评价**叶辉铭<sup>1</sup>, 苏雅霖<sup>2</sup>, 朱敏<sup>1</sup>, 李秀娟<sup>1</sup>, 吴星东<sup>1</sup>

1. 厦门大学附属妇女儿童医院

2. 厦门大学经济学院

**目的** 分析支气管肺炎患儿呼吸道病毒抗原检测的经济学指标, 为新医改背景下医学检验在临床诊疗效益评估及检验项目研发成本控制提供思路。

**方法** 支气管肺炎患儿 146 例通过电子病历系统、医嘱收费系统查询其治疗费用、化验费等直接医疗成本, 治疗费又把抗生素使用及其费用单独列出, 同时获取住院天数、预后信息, 进行增量成本-效益评价并对其进行敏感性分析。

**结果** 支气管肺炎患儿进行呼吸道病毒抗原检测的直接医疗成本增量成本-效益指标为-8.08, 以检测成本增加 10%进行敏感性分析, 上述增量成本-效益结果为-8.89。

**结论** 现有的进口呼吸道病毒抗原检测技术, 能降低患者治疗费用, 但因检测成本昂贵未能带来显著的经济效益, 有必要进行同类试剂的国产化研发以提高项目效益。

## PU-4438

**激活素 A 对小鼠腹腔巨噬细胞分泌细胞因子的影响**

李楠

郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 探讨激活素 A 对小鼠腹腔巨噬细胞分泌细胞因子的影响。

**方法** 分离小鼠腹腔巨噬细胞, 将其分为激活素 A 处理组和对照组, 瑞氏-吉姆萨染色观察小鼠腹腔巨噬细胞形态学变化; 流式细胞术分析小鼠腹腔巨噬细胞表面分子 CD68 的表达; ELISA 法检测小鼠腹腔巨噬细胞分泌 IL-10 及 TNF $\alpha$  的水平; Griess 法检测小鼠腹腔巨噬细胞分泌 NO 的水平。

**结果** 经激活素 A 刺激后, 显微镜下可见呈不规则多边型的活化巨噬细胞增多, 细胞表达巨噬细胞成熟标志 CD68 增加, II 型巨噬细胞 (M2) 产生的细胞因子 IL-10 及 NO 分泌水平升高, I 型巨噬细胞 (M1) 产生的细胞因子 TNF $\alpha$  水平无变化。

**结论** 激活素 A 可能主要促进小鼠 II 型巨噬细胞分泌细胞因子。

## PU-4439

**急性冠脉综合征患者血清 P 选择素、CD-31 水平与氯吡格雷反应性的关系**

张蕾, 袁慧

首都医科大学附属北京安贞医院, 100000

**目的** 探讨急性冠脉综合征 (ACS) 患者血清 P 选择素、CD-31 水平与氯吡格雷反应性的关系。

**方法** 选取北京安贞医院入院诊断为 ACS 并行首次经皮冠状动脉介入 (PCI) 治疗的患者 68 例, 通过测定二磷酸腺苷 (ADP) 诱导的血小板聚集率, 将其分为药物反应正常组 (36 例) 和氯吡格雷抵抗 (CR) 组 (32 例), 同时选取健康体检者 20 例作为对照组。采用流式高通量多因子检测技术测定各组人群血清 P 选择素和 CD-31 水平, 分析其与氯吡格雷反应性的关系

**结果** 结果: ACS 患者血清 P 选择素和 CD-31 水平均较对照组升高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); CR 组患者血清 P 选择素水平均较药物反应正常组明显升高, 而 CD-31 水平明显降低, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** CR 是客观存在的临床现象, 可对氯吡格雷的抗血小板聚集及抗炎症反应的作用造成影响, 监测 ACS 患者血清 P 选择素和 CD-31 水平可能为减少心血管事件提供了思路。

## PU-4440

### 两种血清前白蛋白测定试剂盒的性能验证

王美珠<sup>1</sup>, 温丽蓉<sup>2</sup>, 陈敏<sup>1</sup>

1. 联勤保障部队第九〇〇医院

2. 福建医科大学, 350000

**目的** 系统评价两种不同血清前白蛋白测定试剂盒的分析性能。

**方法** 依据美国临床实验室标准文件要求, 使用 OLYMPUS AU-2700、Cobas c702 仪器分别对康特试剂盒和罗氏配套试剂盒的精密度、线性范围、临床可报告范围、参考区间验证及携带污染率进行评估, 并与西门子前白蛋白试剂盒进行方法学比对。

**结果** 康特前白蛋白检测试剂盒批内和批间精密度分别为 2.33%、3.78%、2.29%; 3.74%、4.09%、4.15%; 罗氏前白蛋白测定试剂盒批内和批间精密度分别为 3.06%、1.78%、1.22%; 1.41%、2.19%、1.34%; 均小于 1/4 允许总误差(TEa)和 1/3 TEa; 康特 PA 试剂和罗氏 PA 试剂线性范围分别为 13-827、2-660mg/L; 临床可报告范围分别为 13-3308、2-1980mg/L; 携带污染率分别为-0.84%、0.00%; 方法学比对, 两种试剂盒和西门子前白蛋白试剂盒均相关性良好, 相关系数  $r^2$  分别为 0.9815、0.9912。

**结论** 两种 PA 检测试剂盒分析性能良好, 可应用于临床检测

## PU-4441

### Mutational analysis of GJB2, SLC26A4, 12s RNA and GJB3 in children with nonsyndromic hearing loss in Henan Province of China

Ting Sun, Liang Ming

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Hearing impairment is one of the most common neurosensory disorders in humans. Approximately half of cases have a genetic etiology, and the distribution and frequency of genetic mutations that cause deafness significantly differ according to ethnic region and group.

**Methods** A total of 130 sporadic nonsyndromic hearing loss (NSHL) children from Henan province were subjected to microarray-based mutation detection, 9 pathogenic mutations in four of the most common deafness-related genes, including GJB2, GJB3, SLC26A4 and mitochondrial 12s rRNA.

**Results** Among the 130 analyzed patients, 65 children patients were detected with genetic defects related to deafness, accounting for 50%; Among them, 31.53% (41/130) had genetic defects in biallelic mutations; 0.77% (1/130) had pathogenic mutations in mitochondrial mutations (12s rRNA) and no mutation was detected in GJB3. However, 23 (17.69%) patients carried one single mutation in a recessive gene that cannot be interpreted as the cause of hearing loss. With this molecular strategy, we screened 42 NSHL children with conclusive diagnosis.

**Conclusions** Genetic factors are significant causes for sporadic NSHL patients in Henan province, screening related pathogenic genes is quite essential to the prevention of deafness and risk assessment for families.

#### PU-4442

### 单个核细胞 hsa\_circ\_0014130 作为新型标志物在非小细胞肺癌诊断中的临床价值

丁汀,张韶岩,曾小莉,李昊峻,马旭,袁慧  
首都医科大学附属北京安贞医院,100000

**目的** 前期研究已筛选出在非小细胞肺癌 (non-small cell lung cancer, NSCLC) 组织中呈现特异性表达的 hsa\_circ\_0014130。本研究旨在探讨单个核细胞中 hsa\_circ\_0014130 作为 NSCLC 新型诊断标志物的价值。

**方法** 从 56 例 NSCLC 患者及 70 例对照组患者血液样本中提取单个核细胞, 采用实时荧光定量逆转录聚合酶链反应 (RT-qPCR) 对患者单个核细胞中的 hsa\_circ\_0014130 表达水平进行测定, 评估其作为 NSCLC 诊断标志物的价值并分析其表达水平与临床病理特征的关系。

**结果** RT-qPCR 结果显示 hsa\_circ\_0014130 在 NSCLC 患者单个核细胞中表达明显下调 ( $P < 0.001$ )。Hsa\_circ\_0014130 表达水平与肿瘤的病理类型 ( $P = 0.005$ ) 相关。受试者工作特征曲线 (ROC curve) 评估结果显示 hsa\_circ\_0014130 对于肺鳞癌的诊断价值 ( $AUC=864$ ,  $P < 0.001$ ) 高于对肺腺癌的诊断价值 ( $AUC=674$ ,  $P = 0.004$ )。

**结论** NSCLC 患者单个核细胞中 hsa\_circ\_0014130 有作为 NSCLC 新型诊断标志物的潜在价值。

#### PU-4443

### 免疫比浊法在定量测定血清类风湿因子中的应用

杜强强,柴金芳  
滨州市沾化区人民医院

**目的** 探究在定量测定血清类风湿因子 (RF) 中应用免疫比浊法的临床价值。

**方法** 选择我院 2018.01~2018.12 接收的类风湿关节炎 (RA) 共 58 例患者, 另选择同时期内未明确诊断但存在 RF 含量升高的 22 例患者及 30 例健康体检者进行研究, 均使用乳胶凝集法、免疫比浊法行 RF 检测, 对两种方法的检测阳性率、线性范围、重复性试验、回收试验、干扰试验结果进行观察。

**结果** 乳胶凝集法检测 RF 的阳性率显著较乳胶凝集法高, 差异明显,  $P < 0.05$ 。胆红素  $\leq 700 \mu\text{mol/L}$ 、甘油三酯  $\leq 12.0 \text{ mmol/L}$ 、Hb  $\leq 8.0 \text{ g/L}$  时对测定 RF 无明显干扰。批内变异系数在 1.82-1.96%, 批间变异系数在 2.30-3.62%。回收率在 97.5-101.8%, 总回收率平均是 99.7%。

**结论** 采取免疫比浊法进行 RF 检测有助于提高 RA 阳性诊断率, 能为医师诊断 RA 和判断预后提供重要参考依据。

PU-4444

## 严重感染时病人白细胞的变化趋势

闫艳

山东第一医科大学第一附属医院

**目的** 本课题的主要目的是,发现严重感染病人白细胞的隐形变化趋势,为临床研究提供更有力的依据,使得医生更加精确的诊治疾病,及时准确的用药,减轻病人疾病本身带来的痛苦,尽量避免用药带来的副作用。

**方法** 本课题从理论分析的角度出发,对严重感染病人的白细胞变化趋势进行了深入探讨。课题以血细胞自动分析仪的实验原理和中性粒细胞的变化同白细胞变化一样为实验的理论基础,研究了病人在感染初期、中期到后期的白细胞变化趋势。主要包括中性粒细胞的生理性变化,以及病理性变化。

**结果** 白细胞的发育阶段分为,分裂池,成熟池,储备池,循环池,以及边缘池。白细胞计数仅反映了循环池的粒细胞数量变化。进入外周血的另一半成熟粒细胞,即,边缘池的粒细胞,粘附于微静脉血管壁,边缘池跟循环池粒细胞保持动态平衡。中性粒细胞有趋化,变形,粘附及吞噬,杀菌等作用。另外,在机体受到感染和其他应急反应时,可释放入循环血液,参与白细胞计数。临床上目前实用的血细胞分析仪的原理,经溶血剂处理的,脱水的,不同体积的白细胞通过小孔时,脉冲大小不同,将 35-450fl 的白细胞分为 256 个通道。仪器根据各亚群占总体的比例,计算出各亚群细胞的百分率,并同时计算各亚群细胞的绝对值,显示白细胞体积分布直方图。

**结论** 在实际研究工作中,我们走访了临床各科室。跟踪调查病人至感染初期到后期白细胞的变化。利用血细胞分析仪计数原理,并且以血涂片染色镜检为复核方法,对临床各科室严重感染病人的白细胞数量变化进行了总结。得出了以下结论:

严重感染病人在感染初期,白细胞急剧下降;中期,白细胞数量逐渐升高;后期,白细胞数量达到高峰。

PU-4445

## 5 例特殊皮肤表现的儿童朗格汉斯组织细胞增生症 临床病理分析与皮肤镜表现

张慧

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨 5 例特殊表现的儿童朗格汉斯组织细胞增生症(LCH)临床特点、病理学特征及皮肤镜特点。**方法:** 回顾性分析 5 例以特殊皮肤表现的儿童朗格汉斯组织细胞增生症病理学特点及皮肤镜下特点。

**方法** 回顾性分析 5 例以特殊皮肤表现的儿童朗格汉斯组织细胞增生症病理学特点及皮肤镜下特点。

**结果** 5 例特殊皮肤表现的儿童 LCH 中,3 例表现为传染性软疣样皮损,2 例表现为扁平疣样损害,皮疹均以消退后出现色素减退性白斑。男 3 例,女 2 例,发病年龄 2 月龄至 48 月龄,平均年龄 25 月龄、组织学改变为真皮层内大量组织样细胞浸润,浸润的组织细胞胞体圆大,胞质丰富,淡伊红色,可侵及表皮及皮下组织。免疫组化示 CD1a、CD163、Langerin、S-100 常表达阳性。皮肤镜下表现为肤色球状结构,消退期色素减退性白斑中央可见褐色结痂及线状血管结构。

**结论** 儿童 LCH 在皮肤的临床表现多种多样,该组 LCH 皮损消退后仅遗留点状色素减退,容易误诊、漏诊。皮肤镜下观察色素减退性白斑有特殊结构,根据皮肤镜特点尽早病检可明确诊断,以免延误病情。

## PU-4446

## AFP, AFP-L3 和 PIVKA II 三联检测在原发性肝细胞癌诊断中的价值分析

任天莹,胡萍,樊娜,吴亚平,杨大伟

聊城市人民医院,252000

**目的** 我国是一个原发性肝细胞癌高发国家,而且近年来患病几率成上升趋势。有效的肝癌肿瘤标志物检测可以提高原发性肝癌诊断率,有效评价疗效并监测肝癌复发和转移,从而延长病人生存期。本文旨在分析甲胎蛋白(AFP),甲胎蛋白异质体(AFP-L3)和异常凝血酶原(PIVKA II)三联检测对原发性肝细胞癌(primary liver cancer, PLC)的诊断的价值。

**方法** 实验共入组 369 名患者,其中良性肝病者 254 名,原发性肝癌初诊患者 115 名,收集病人信息,包括年龄、性别、病情进展。利用 uWako i 30 全自动微流控免疫荧光分析仪联合检测 AFP, AFP-L3, PIVKA II 三项指标。利用 SPSS 软件分析三联检测与单项检测在 PLC 诊断及预后评估中的价值。

**结果** 首先比较分析良性肝病者和 PLC 初诊患者,发现 AFP, AFP-L3, PIVKA II 对 PLC 诊断的灵敏度分别为 62.6%, 67.8%和 73%, AFP, AFP-L3, PIVKA II 对 PLC 的特异度分别为 74%, 81.8%, 84.6%。与此同时 AFP, AFP-L3, PIVKA II 三联检测对 PLC 诊断的灵敏度和特异度分别是 87%和 65.4%, ROC 曲线下面积(AUC)为 0.835 (95%CI 0.780-0.890,  $P < 0.001$ ), 明显优于传统的 AFP 单项检测。

其后利用 Sarah Berhane 提出的 GALAD 模型计算患者诊断为 PLC 的可能性。GALAD 模型不仅将三联检测结果纳入分析因素,还将性别、年龄因素纳入分析。该模型预测 PLC 的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.853 (95%CI 0.806-0.900,  $P < 0.001$ ), 稍高于三联检的 AUROC。

**结论** AFP, AFP-L3 和 PIVKA II 三联检测可明显提高原发性肝癌检出率,有着较高的临床诊断价值。GALAD 模型相比三联检诊断并没有表现明显优势。

## PU-4447

## HDACIs trichostatin A enhance the anti-tumor effect of oncolytic adenovirus H101 to ESCC in vitro and vivo

Junfen Ma<sup>1</sup>, Nan Li<sup>1</sup>, Jimin Zhao<sup>1,2</sup>, Jing Lu<sup>2</sup>, Yanqiu Ma<sup>3</sup>, Qinghua Zhu<sup>1</sup>, Ziming Dong<sup>2</sup>, Kangdong Liu<sup>2</sup>, Liang Ming<sup>1</sup>

1.the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

2.Department of Pathophysiology, School of Basic Medical Sciences, Zhengzhou University

3.Department of Obstetrics and Gynecology, Huaihe Hospital of Henan University

**Objective** In this study, we aimed to investigate the anti-tumor effects of H101 combined with TSA on esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) in vitro and in vivo, and determine the mechanisms of these effects. The combination of H101 and TSA increased survival of mice harboring human ESCC cell lines tumor xenografts compared to mice treated with either agent alone.

**Methods** we treated EC1 cells with various concentration of TSA and checked the cell viability and cell apoptosis. To test whether TSA would affect OV68 H101 replication, we performed end point dilution titration on HEK293 cells. To examine whether the enhanced in vitro tumor cytotoxicity mediated by TSA and H101 combination could also inhibit EC1 tumor growth in vivo, tumor bearing mice were divided into different treatment groups as described in material and methods.

**Results** These results indicated that 0.3 $\mu$ M TSA didn't change EC1 cells viability. The replication of H101 obviously increased in EC1 cells treated with TSA compared to the untreated control

cells. This result indicated TSA and H101 combination group had an enhanced anti-tumor effect. TSA intratumoral injections could result in increase CAR in xenograft tumors.

**Conclusions** We conclude that TSA can enhance the anti-tumor effect of H101 in esophageal squamous cell carcinoma.

#### PU-4448

### Expressions and prognostic values of m6A related factors in human breast carcinoma

Ting Sun, Liang Ming  
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** N6-methyladenosine (m6A), the most abundant RNA modification in eukaryotic cells, has gained increasing attention as it plays a critical role in various human diseases including cancer. The m6A methylation is mediated by a series of protein factors, including m6A “writers”, “erasers” and “readers”. However, the expressions and prognostic values of these m6A related factors in breast carcinoma (BC) remain elusive.

**Methods** We analyzed the transcription and survival data of the eight major m6A related factors in BC patients from five online databases including ONCOMINE, GEPIA, Breast Cancer Gene-Expression Miner v4.1, Kaplan-Meier Plotter and cBioPortal.

**Results** We found that the transcription levels of YTHDF1 was higher, whereas that of METTL14, WTAP and FTO were lower in BC tissues compared with normal breast tissues. High mRNA levels of YTHDF1 and YTHDF3, or low mRNA levels of METTL3, METTL14 and FTO, were associated with advanced Scarff-Bloom-Richardson (SBR) grade of BC. Survival analysis revealed that higher mRNA levels of YTHDF1 and YTHDF2 were associated with poorer relapse-free survival (RFS) and overall survival (OS) in BC patients. Conversely, higher mRNA levels of WTAP and FTO predicted better RFS and OS in BC patients.

**Conclusions** Our findings suggested that WTAP and FTO are potential markers for the prognosis of BC. Further studies are needed to explore the possibility of m6A related factors as potential therapeutic targets for BC patients.

#### PU-4449

### “一步式”微尺度电化学传感器用于循环标志物的高灵敏检测

刘丽, 彭鑫鑫, 卢昊, 杨帆  
湖北中医药大学

**目的** 目前, 已经探索了许多新技术以满足护理点测试 (POCT) 系统的要求, 微流体和芯片实验室技术 (lab-on-a-chip) 因其内在优势而备受关注和广泛研究, 例如样品和试剂体积小, 集成能力强, 以及小尺寸特征的快速反应。使用简单的 POCT 装置对生物标记进行敏感和定量检测, 以快速筛选生物标记物, 仍然是一项技术挑战。大多数传统的比色条测定只能提供定性的检测结果, 同时由于难以实现样品均匀分散到标记和流动的一致性而易产生异常值。虽然电化学对实现定量 POCT 有很大希望, 但实现一步完成整个分析过程仍然存在挑战。

**方法** 在本文中, 我们报告了一种智能微型电化学装置 (iMED), 用于传染病和肿瘤生物标志物的一步式、定量和多重电化学检测 (图 1)。在此, 我们引入了“插件箱 (plug-in-cartridge)”技术, 并将其应用于电化学中的丝网印刷电极 (SPE)。免疫测定所需的所有试剂都预装在塑料管中。由于这些试剂是用预定的气泡分离的, 因此它们可以在适当的压力下一步自动快速地输送到 SPE 的表面以进行标志物的检测。



**结果** 在这项研究中,我们对几种生物靶标进行了选择性定量检测,包括肿瘤生物标志物-前列腺特异性抗原(PSA)和甲胎蛋白(AFP)和模拟流感病毒- H1N1 疫苗(H1N1-SV)。这些生物标志物能够在不到 30 分钟内以亚 ng / mL 水平检测到。此外,我们已经证明了我们的 iMED 的多路复用能力及其在实际临床样品中的应用。我们将其直接用于检测来自少量临床样品的总 PSA (tPSA),其检测结果与在当地医院中进行的化学发光测定结果显示出极好的相关性。

**结论** 总之,我们为 iMED 设计了一个集成的试剂输送系统。成功地将基于气泡的滤芯适配到 SPE 系统,可以在一个步骤中在电极表面自动快速地进行样品输送,同时最大限度地减少用户干预。这种低成本便携式设备克服了电化学检测定量 POCT 的主要障碍。此外,我们还设想 iMED 可以与其他低成本技术轻松集成,例如纸质电极和血糖仪,这些技术可以快速,低成本地检测各种临床,环境和生物相关目标。

## PU-4450

### 基于岗位能力素质模型的临床实验室培训体系的建立与探讨

陶然

广州金域医学检验中心有限公司

**目的** 建立基于实验室各岗位能力素质模型的培训体系。

**方法** 依据 DACUM 工作分析法建立能力素质模型,输出学习地图,使用“域学馆”信息系统搭建模型并用于日常培训

**结果** 生化技术员岗位成功构建能力素质模型,依据 9 项职责编写 34 门培训教材、使用信息系统搭建为期 2 个月的课程,以学习地图为核心进行培训

**结论** 依据 DACUM 方法建立能力素质模型和学习地图,结合信息化手段能有效提升培训内容与实际需求的契合度、确保培训效果及提升效率

## PU-4451

### 化学发光法与 ELISA 法对 HBsAg 和 HBsAb 同时阳性标本检测比较

杜强强,柴金芳

滨州市沾化区人民医院

**目的** 研究化学发光法(CLIA)与酶联免疫吸附法(ELISA)法对 HBsAg 和 HBsAb 同时阳性标本的检测。

**方法** 选择我院 2015 年 8 月-2017 年 8 月收治的乙肝患者 66 例进行研究,根据检测差异分为两组均 33 例,其中对照组采取 ELISA 法进行检测,研究组实施 CLIA 法进行检测,对比两种方法对乙肝病毒标记物同时阳性标本的检测结果。

**结果** 研究组在 HBsAg 和 HBsAb 阳性率 100.00%、96.97%的检测上均高于对照组 81.82%、78.79%,差异显著,  $P < 0.05$ 。

**结论** 针对疑似乙肝的病毒血清标志物检测,临床可采取化学发光法进行检测,最佳的检测方式是同时使用 CLIA 与 ELISA 进行检测,有利于提高临床检测准确率,值得应用。

PU-4452

## 青蒿素对人乳腺癌 MDA-MB-231 细胞株 CIZ1 表达的影响

何谦

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 观察青蒿素对人乳腺癌 MCF-7、MDA-MB-231 和 BT549 细胞 CIZ1 蛋白表达的影响。

**方法** 用 CCK-8 实验、划痕实验观察不同浓度青蒿素及双氢青蒿素干预后 MCF-7、MDA-MB-231 和 BT549 细胞增殖和运动迁移能力的变化；用 Real-time PCR、Western Blot 法检测青蒿素干预后 MDA-MB-231 细胞 CIZ1 mRNA 水平及蛋白表达的变化。

**结果** 使用 CCK-8 实验检测细胞增殖，使用划痕实验检测细胞运动及迁移能力，继而评估乳腺癌细胞的转移潜能，选用三种细胞系 MCF-7、MDA-MB-231 和 BT549 进行实验，以药物浓度梯度培养 24h、48h，结果发现随作用时间的延长和药物浓度的增加，青蒿素及衍生物对乳腺癌细胞增殖和运动迁移的抑制作用逐渐增强，呈明显的时间-剂量依赖性 ( $P<0.05$ )；使用 MDA-MB-231 细胞，以不同浓度青蒿素处理细胞，培养 48h 后收集细胞并提取总 RNA 及总蛋白，通过 Real-time PCR 和 Western blot 实验研究发现，青蒿素可显著降低 MDA-MB-231 细胞中 CIZ1 蛋白的表达，而且随着药物浓度增加，CIZ1 蛋白表达量逐渐减少 ( $P<0.05$ )。

**结论** 青蒿素可通过抑制 CIZ1 的表达抑制乳腺肿瘤细胞的恶性增殖、侵袭和迁移能力。

PU-4453

## lncRNA 在 SCA3/MJD 患者外周血中的差异表达及筛检模型的构建

贺勇

四川大学华西医院,610000

**目的** 本实验从 SCA3/MJD 脑脊液 lncRNA 的测序表达差异入手，探究 lncRNA 在 SCA3/MJD 患者外周血中是否也存在表达差异，评价 lncRNA 作为 SCA3 疾病标志物的价值。

**方法** 用 TRIzol 法提取研究对象脑脊液、外周血中的 lncRNA，在 illumina Hiseq X10 测序平台对 3 例 SCA3/MJD 患者和 3 例健康对照脑脊液 lncRNA 测序，找到差异 lncRNA 后，采用 qPCR 检测 23 例 SCA3/MJD 患者及 24 例对照外周血样本 lncRNA 的表达量，并进行分析验证。

**结果** 1、SCA3/MJD 患者全血样本中 ENST00000494978 表达低于对照，ROC 曲线 AUC 为 0.841，取 cutoff ( $\gamma$ ) = 6.065 时，灵敏度为 77.3%，特异性为 87.5%。2、SCA3/MJD 患者全血样本中(9)ENST00000477015 的表达高于对照，ENST00000477015 ROC 曲线 AUC 为 0.691，取 cutoff ( $\gamma$ ) = 8.445 时，灵敏度为 87.5%，特异性为 54.5%。3、两差异 lncRNA 的联合分析，得概率回归方程，以  $p=0.5$  为界限分类时，正确率为 87%。

**结论** 外周血验证的 11 个 lncRNA 中，ENST00000494978 病例组表达量低于健康对照，ENST00000477015 高于健康对照，且两者均可视为独立变量作为 SCA3/MJD 的生物标志物。联合两个差异 lncRNA 构成的筛检模型预测效果优于单个独立变量。

PU-4454

## LIF 基因多态性与肝癌易感性的相关性分析及其在肝癌组织和血清中的表达

杜玉芳<sup>1</sup>, 秦雪<sup>2</sup>

1. 南宁市第二人民医院

2. 广西医科大学第一附属医院, 530021

**目的** 从基因和 mRNA 层面探讨 LIF 对肝癌的影响, 同时评估血清 LIF 作为肝癌标志物的可能性。

**方法** 采用 1) 直接测序法检测肝病患者和健康人群 LIF 基因 rs929271 和 rs929273 两个 SNP 位点的基因型, 并分析基因型、显性模型、隐性模型以及单体型与肝癌易感性的相关性; 2) qRT-PCR 技术检测肝癌组织及癌旁肝组织中 LIF 和 LIFR mRNA 的相对表达量, 并分析其对肝癌可能产生的影响; 3) ELISA 法检测肝癌、肝硬化、肝炎和健康对照四个组的血清 LIF 蛋白水平, 并评估 LIF 在肝癌诊断中的临床意义。

**结果** 结果表明, 1) LIF 基因的两个 SNP 位点的基因型、等位基频率在健康对照组、肝炎组、肝硬化组和肝癌组的分布无差异; 无论以健康对照组还是以肝硬化组为对照, 这两个 SNP 位点的基因型、显性模型、隐性模型以及单体型与肝癌的易感性均无明显相关性; 2) LIF 在肝癌组织和癌旁肝组织中的 mRNA 表达水平无差异; LIFR 在肝癌组织中表达显著低于癌旁肝组织 ( $P < 0.05$ ); 3) 在四个组中, 肝炎组 LIF 水平中最高, 健康对照组 LIF 水平最低。与健康对照组或者肝硬化组比较, 肝炎组 LIF 显著增高 ( $P < 0.05$ )。与肝硬化组比较, 肝癌组 LIF 水平较低 ( $P < 0.05$ )。而与健康对照组相比, 肝癌组的 LIF 水平比健康对照组稍高, 但差异无统计学意义。

**结论** 1. LIF 基因多态性与肝癌易感性无明显相关性。2. LIF 在肝癌的发生过程中未产生重要促进作用; LIFR 可能对肝细胞具有的保护作用, 低水平的 LIFR 可能是诱发肝癌的潜在因素。3. LIF 不是理想的肝癌标志物; LIF 可能是介导肝脏炎症的重要细胞因子。

PU-4455

## 监测肾小管功能需要考虑 $\beta 2$ 微球蛋白的性别、年龄差异吗?

范雯雯

潍坊医学院附属医院, 261000

**目的** 研究非肾小管损伤人群中  $\beta 2$  微球蛋白是否受就诊者年龄和性别的影响, 并分析这些影响因素的差异, 找出临床特点, 为今后  $\beta 2$  微球蛋白的临床应用提供更好的理论基础。

**方法** 统计 2017 年 1 月至 2018 年 5 月来院怀疑肾小管损伤从而监测  $\beta 2$  微球蛋白的就诊者, 纳入的研究对象已排除了影响  $\beta 2$  微球蛋白的其它因素, 进行统计学分析。

**结果** 纳入研究的对象共 18961 人。经统计分析, 血清  $\beta 2$  微球蛋白检测结果整体呈偏态分布, 男性和女性之间血清  $\beta 2$  微球蛋白检测结果存在明显差异, 差异有统计学意义; 此外, 不论是男性还是女性, 随着年龄的增长, 血清  $\beta 2$  微球蛋白结果逐渐增加, 各个年龄段之间的差异均有统计学意义; 随着年龄的增长, 低于检测限的构成比逐渐减少。学龄期儿童和青少年不同年龄段之间血清  $\beta 2$  微球蛋白结果有差异。

**结论** 血清  $\beta 2$  微球蛋白水平受就诊者年龄的影响, 随着年龄的增长, 基线水平不断增加。血清  $\beta 2$  微球蛋白水平受就诊者性别的影响, 一般男性高于同年龄的女性。随着年龄的增长, 低于检测限的构成比逐渐减少, 在相同的年龄段, 女性血清  $\beta 2$  微球蛋白低于检测下限的更常见。学龄期儿童和青少年不同年龄段之间血清  $\beta 2$  微球蛋白结果有差异, 随着年龄增长逐渐上升, 达到成人水平。

## PU-4456

## 快速检测结核分枝杆菌生物传感器的构建及初步应用

蒋栋能

陆军军医大学新桥医院

**目的** 利用环介导恒温扩增技术快速扩增结核分枝杆菌，通过电化学传感器对其进行定量检测，并评价及初步性能。

**方法** 1. 通过基因比对与引物设计，设计针对结核分枝杆菌的环介导恒温扩增检测（LAMP）方法。2. 倍比稀释亚甲基蓝，通过循环伏安法检测，分析其 ipA 和 ipC，再对 ipA 和 ipC 进行曲线拟合和回归分析，探讨最佳的拟合曲线，作为亚甲基蓝的标准曲线。3. 亚甲基蓝与结核分枝杆菌的环介导恒温扩增产物进行结合，对结核分枝杆菌实现定量检测。

**结果** 1. 设计出针对结核分枝杆菌的 LAMP 引物。2. 循环伏安法检测及曲线拟合和回归分析发现，亚甲基蓝浓度和 ipC 的直线回归系数分别为  $R^2=0.9821$ ，拟合效果最好（ $y = 0.897x + 0.103$ ），可以作为亚甲基蓝检测的标准曲线。3. 亚甲基蓝与结核分枝杆菌的环介导恒温扩增产物结合试验在下一步试验中进行。

**结论** 本试验设计出了针对结核分枝杆菌的 LAMP 引物，结合亚甲基蓝与结核分枝杆菌的环介导恒温扩增，可实现结核分枝杆菌的定量检测。

## PU-4457

## 强直性脊柱炎患者 HLA-B27 基因亚型的分布研究

刘倩

中日友好医院

**目的** 分析北京中日友好医院 67 例强直性脊柱炎患者 HLA-B27 基因检测结果，分析不同亚型与强直性脊柱炎发病年龄以及性别之间的相关性。

**方法** 采用序列特异性引物-聚合酶链反应(PCR-SSP)检测方法对 67 例患者的样本进行 HLA-B27 亚型分型。

**结果** 67 例 HLA-B27 阳性标本共检出 5 种亚型及其频率: HLA-B\*2704 (56.7%)、HLA-B\*2705 (41.8%)、HLA-B\*2708/11/12 (3.0%)、HLA-B\*2702 (1.49%)、HLA-B\*2710 (1.49%)，其中有两例为 HLA-B\*2705 阳性且 HLA-B\*2708/11/12 阳性。67 例患者中共有 48 例明确诊断为强直性脊柱炎，共检测出 3 种亚型，依次为 HLA-B\*2704 (62.5%)、HLA-B\*2705 (37.5%)、HLA-B\*2708/11/12 (4.17%)，其中有两例为 HLA-B\*2705 阳性且 HLA-B\*2708/11/12 阳性；其中男性发病率明显高于女性 (81.25%>18.75%)，好发于中青年男性；19 例为非强直性脊柱炎患者，共检测出 3 种亚型，依次为 HLA-B\*2704 (42.1%)、HLA-B\*2705 (52.6%)、HLA-B\*2702 (5.26%)、HLA-B\*2710 (5.26%)；两组各亚型所占比例统计学分析无明显差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** HLA-B27 基因亚型检测可作为强直性脊柱炎诊断的重要的参考指标，可辅助临床对 AS 诊断及治疗；北京地区 HLA-B27 亚型以 HLA-B\*2704 和 HLA-B\*2705 为主。

## PU-4458

## 西南地区社区健康体检人群血清胸苷激酶-1 结果分析

蔡志龙,蒋雪梅,杨佳  
四川省科学城医院,621000

**目的** 了解本地区健康体检人群胸苷激酶-1 (TK1) 水平情况。

**方法** 对 2018 年 11481 例来我院进行健康体检人群, 采用 ELISA 方法进行胸苷激酶-1 浓度检测, 对性别及年龄进行结果分析。

**结果** (1) 男性体检者阳性检出率为 6.82% (512/7502), 女性体检者阳性检出率为 6.91% (275/3979), 男女阳性率比较, 差异没有统计学意义 ( $P>0.05$ )。 (2) 按年龄分组, 70 岁以上年龄组阳性率与其余各年龄组阳性率两两比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 80 岁以上年龄组阳性率明显增加, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 70 岁及以下各年龄组阳性率两两比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** TK1 可反映体内细胞异常增殖情况, 健康体检尤其是老年人群普及 TK1 检测, 能为体内细胞异常增殖性疾病发生的风险提供早期预警。

## PU-4459

## 干化学分析仪法检测尿蛋白阴性管型阳性的原因探讨

陈瑜  
贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 探讨尿液干化学分析仪检测尿蛋白阴性而镜下管型阳性的原因。

**方法** 爱威 AVE-766 全自动尿液分析仪检测尿常规本, 采用磺柳酸复检、24 小时尿蛋白定量、微量白蛋白检测等方法检测尿蛋白, 将干化学尿蛋白阴性, 全自动尿液分析仪检测出管型阳性的尿液标本离心人工镜检, 筛选出 59 例干化学尿蛋白阴性镜下管型阳性的尿液标本。

**结果** 59 例尿蛋白干化学阴性的尿液标本中存在的管型类别有透明管型、颗粒管型和蜡样管型。经磺基水杨酸法复检有 12 例尿蛋白阳性, 查阅 47 例尿蛋白阴性标本病史和其他实验室检测结果, 在 47 例尿蛋白阴性标本中, 有 5 例尿蛋白定量结果升高, 其余的尿蛋白阴性中有 3 例糖尿病, 2 例高血压, 2 例非泌尿系疾病, 剩余所有病例均有血清尿素、血肌酐、血尿酸及胱抑素 C 一项或多项同时异常。

**结论** 对于干化学法尿蛋白阴性而管型阳性的标本, 应采用尿蛋白磺柳酸法复检并对尿有形成分进行显微镜复查, 同时提示临床医生对检出管型的病人需要进行肾功能、胱抑素 C、24h 尿蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白、微量白蛋白等相关检测, 以对肾脏的早期损害能及时诊断。

## PU-4460

## 原发性骨质疏松患者生化指标分析

陈彦丽,丁霏,李贵星  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨 PTH 水平是否与性别和年龄相关。分析确诊为骨质疏松的患者血清钙 (Ca)、磷 (P)、甲状旁腺激素 (PTH) 和 25-羟维生素 D (25-(OH)-Vit D) 水平, 探讨影响原发性骨质疏松患者发生的主要危险因素。

**方法** 纳入华西医院体检中心健康体检者 2551 名,按照年龄和性别进行分层,分析 PTH 水平是否与性别和年龄相关。纳入四川大学华西医院确诊为骨质疏松的患者 254 例为病例组,以同期该院体检中心健康体检者 254 例为对照组,比较两组 Ca、P、PTH、25-(OH)-Vit D 水平有无差异,并进行多因素 logistic 回归分析。

**结果** 1.健康人群总体 PTH 水平为 5.48 (4.39, 6.73) pg/mL,其中男性为 5.41 (4.34, 6.76) pg/mL,女性为 5.55 (4.48, 6.70) pg/mL,男女两组 PTH 分布差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。2.健康人群按年龄段分组,组距为 10 岁,各年龄组间 PTH 分布差异无统计学意义。3.健康男性、女性分布按年龄段分组,组距均为 10 岁,男性、女性各年龄组间 PTH 分布差异无统计学意义。男性和女性各相同年龄段组间 PTH 水平比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。4.病例组 PTH 水平高于对照组,病例组 Ca、P 及 25-(OH)-Vit D 水平均低于对照组 ( $P$  均 $<0.05$ )。5.多因素 logistic 回归分析显示: PTH 升高是导致骨质疏松的危险因素,OR 值为 1.495 (95%CI: 1.310-1.707,  $P<0.001$ )。

**结论** 健康人群 PTH 水平与性别和年龄无关。低钙血症、低磷血症、高 PTH、低 25-(OH)-VitD 与骨质疏松相关,PTH 升高是导致骨质疏松的主要危险因素。

#### PU-4461

### 血清游离轻链, 胱抑素 C 检测在慢性肾功能不全疾病早期诊断和临床分期中的应用价值

邸平  
解放军总医院

**目的** 通过检测慢性肾功能不全患者血清游离轻链、肌酐、血胱抑素 C 等指标,进一步分析并评估这三种检测指标在慢性肾功能不全疾病的诊断及分期中的临床应用价值。

**方法** 选择解放军总医院慢性肾功能不全患者 155 例作为疾病组,根据 CKD 分为 5 期,同时选择 64 名健康查体人员作为健康对照组,采用免疫比浊法检测其血清游离轻链、酶法检测其血清肌酐和血清胱抑素 C 等指标,进行结果的比对分析。

**结果** CKD1 组中只有  $\kappa$ FLC 指标与正常对照组比较差异有统计学意义 ( $t=13.90$ ,  $p<0.05$ ),其他各指标与正常对照组比较差异均无统计学意义,CKD2 组中只有  $\lambda$ FLC 指标与正常对照组比较差异无统计学意义 ( $t=2.076$ ,  $p>0.05$ ),其他各指标与正常对照组比较,差异均有统计学意义,从 CKD3 组开始到 CKD5 组,各指标与正常对照组比较差异均有统计学意义,  $p$  均 $<0.05$ 。

**结论** 血清游离轻链、肌酐、胱抑素 C 检测在慢性肾功能不全疾病的早期诊断和临床分期中发挥了重要作用。

#### PU-4462

### 基于 5-甲基胞嘧啶抗体的 DNA 甲基化电化学检测研究

莫非  
贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 构建一种基于 5-甲基胞嘧啶抗体的电化学免疫传感器用于 DNA 甲基化检测。

**方法** 采用自组装方式依次将单链 DNA(ssDNA)、巯基己醇(MCH)和靶 DNA 连接到纳米金(AuNPs)修饰的电极上。将以上制备的电极与 5-甲基胞嘧啶(5-mC)抗体混合液于 37 °C 孵育,再与辣根过氧化物酶标记的二抗 (HRP-IgG) 反应,通过监测 HRP-IgG 催化对苯二酚和  $H_2O_2$  反应产生的电化学信号,完成 DNA 甲基化的检测。

**结果** 电信号大小与 DNA 甲基化位点的数量呈线性关系，线性方程为  $I(\mu A) = 1.598 N + 3.309$ ，相关系数  $r$  为 0.991。

**结论** 该方法能有效区分多个位点的 DNA 甲基化，特异性高，且易于操作，有望成为临床 DNA 甲基化位点定量检测的有效手段。

## PU-4463

### 基于手工免疫自建自动审核系统运用与探讨

刘玉霞<sup>1,2</sup>, 杜永昌<sup>1,2</sup>, 张美玲<sup>1</sup>, 丁利霞<sup>1</sup>, 尚牧牧<sup>1</sup>, 王莹<sup>1</sup>, 陶然<sup>1,3</sup>

1. 郑州金域临床检验中心

2. 海南金域医学检验中心有限公司

3. 广州金域医学检验中心, 510000

**目的** 基于传统手工免疫，构建自动审核系统。

**方法** 基于手工免疫检测流程，依据建立与使用-验证-评估-改进规则的流程建立自动审核，统计我室自动审核的应用情况，统计人工审核和自动审核的效能差异及其分析。

**结果** 我室建立规则共 8 类 532 条，优生岗位自动审核报告率从 17.95% 升至 83.88%，使用自动审核后审核效率提升 20 倍。

**结论** 自动审核在手工免疫学科的运用，在效率提升、质量保证方面优势明显。

## PU-4464

### Xpert MTB/RIF 在结核感染诊断中的性能研究

林立岩

北京大学人民医院, 100000

**目的** Xpert MTB / RIF (Cepheid, USA) 是一种自动化分子测试，旨在同时检测结核分枝杆菌复合群 (MTBC) 和利福平耐药性，在多个国家的文献中都有其相关研究。然而，中国作为一个结核病 (TB) 大国，对这种方法的研究相对较少。自 2016 年 11 月起，北京大学人民医院 (北京一家综合性教学医院) 开展 Xpert MTB/RIF 检测。本研究的目的是评估 Xpert MTB / RIF 的性能，为非结核病专科医院的结核病检测和诊断提供一定的参考和指导

**方法** 回顾了 2016 年 11 月至 2018 年 10 月同时检测 Xpert MTB/RIF、抗酸染色和干扰素释放试验 (T-SPOT) 的患者病历，并以世界卫生组织 (WHO) 的指南及中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会 (现为中华人民共和国国家卫生健康委员会) ICS 11.020 C 59 卫生行业标准为金标准，对活动性结核进行筛选。分析比较三种方法的性能。

**结果** 787 名同时接受 Xpert MTB/RIF、抗酸染色和 T-SPOT 检测的患者纳入研究。根据金标准，其中 11.3% (89/787) 患有活动性肺结核 (PTB, 52 例) 或肺外结核 (EPTB, 37 例)。Xpert MTB/RIF 检测肺结核、肺外结核及结核性胸膜炎的灵敏度分别为 88.5%、76.5% 和 15.0%，略低于 T-SPOT (96.2%、82.4% 和 95.0%)，但明显高于抗酸染色 (36.5%、11.8% 和 0%)；T-SPOT 的灵敏度最高，但特异度 (55.9%、67.1% 和 45.2%) 显著低于 Xpert MTB/RIF (99.6%、99.4% 和 100%) 和抗酸染色 (99.0%、99.4% 和 100%) ( $P < 0.001$ )。Xpert MTB/RIF 检测肺组织、脑脊液、淋巴结和关节液时灵敏度均为 100%，其次是痰液 (88.5%)、肺泡灌洗液 (85.7%) 和纤支镜分泌物 (81.2%)；胸水灵敏度最低，仅为 15%。对于抗酸染色阴性 (涂阴) 患者，诊断肺结核、肺外结核和结核性胸膜炎时，Xpert MTB/RIF 的灵敏度分别为 84.9%、73.3% 和 15.0%。

**结论** Xpert MTB/RIF 在结核病诊断中性能良好，具有高特异度和较高的灵敏度，在国内具有广阔的应用前景，但以胸水为标本检测结核性胸膜炎的灵敏度低，有待进一步完善。

## PU-4465

## Exome Sequencing Identifies a Novel LAMP2 mutation in a Family with Danon Disease Presenting with Hypertrophic Cardiomyopathy

Jing Xu

Zhongda hospital, Southeast University

**Objective** Hypertrophic cardiomyopathy (HCM) is a genetic cardiac disease with high heterogeneity. The goal of this study was to identify candidate causative mutations in HCM patients.

**Methods** After routine genetic screening of MYH7 and MYBPC3, exome sequencing was used to identify mutations associated with familial HCM. Bioinformatics analysis and segregation analysis were performed to evaluate the pathogenicity of candidate mutations. Functional study of the mutation c.277G>A in LAMP2 was conducted to investigate the pathogenicity.

**Results** A total of 15 candidate causative mutations were identified in 12 out of 24 (50%) HCM patients. One novel mutation c.277G>A in LAMP2 was found in one HCM family. Further functional studies showed a significant reduction of LAMP2 expression in mutation carriers in the family. Moreover, skewed X chromosome inactivation (XCI) was found in one phenotype-negative female family member who also carries the mutation, suggesting skewed XCI may be the reason why the member escape from the pathogenic influence of mutation. In addition, in silico analysis also indicated that the mutation changes the protein conformation and causes destabilization of the protein.

**Conclusions** Our findings help to diagnose the patient carrying the LAMP2 mutation with Danon Disease (DD), a phenocopy of HCM. This study illustrates the importance of molecular diagnose in HCM patients, and is the first report of LAMP2 c.277G>A mutation associated with HCM phenotype and a protective role of XCI in the etiology of DD.

## PU-4466

## Prognostic and predictive value of a hypoxia-related microRNA signature in patients with colorectal cancer

Ailin Qu<sup>1,2</sup>, Yongmei Yang<sup>1</sup>, Chuanxin Wang<sup>2</sup>

1. Qilu Hospital, Shandong University

2. The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Hypoxia is a poor-prognosis microenvironmental hallmark of most solid tumours. Hypoxia-responsive miRNAs also play critical roles in human cancers, which are closely related to poor prognosis of patients. In the present study, we aimed to identify hypoxia- and survival-associated miRNAs, and to further construct a prognostic model for predicting the prognosis in patients with CRC.

**Methods** HT-29 cells cultured in hypoxia and normoxia were subjected to miRNA sequencing to identify differentially expressed miRNAs. These hypoxia-induced miRNAs were further used to construct microRNA-based signature for the prediction of overall survival of CRC patients using cox regression model, which was subsequently determined for its prognostic value in testing and independent validation cohorts.

**Results** We identified 52 hypoxia-induced miRNAs by analyzing sequencing data from HT-29 cells under normoxia and hypoxia conditions. Then using univariable and step multivariable cox regression model, we trained a four-microRNA signature in the training cohort (n=381) which could distinguish patients in high-risk group from those in low-risk group (AUC at 3 year: 0.711, 95%CI: 0.630-0.791; AUC at 5 year: 0.737, 95%CI: 0.627-0.845). Patients in high-risk group had



poor overall survivals compared to those in low-risk group (log-rank test,  $P < 0.001$  in training cohort). This microRNA signature was further confirmed in the testing cohort ( $P=0.042$ ) and an independent validation cohort ( $P < 0.001$ ). Multivariate Cox regression and stratified survival analysis revealed that the prognostic value of this signature was independent of clinicopathological risk factors. ROC analysis indicated that the AUC of this signature was significantly larger than that of any other clinical risk factors or single miRNA alone (all  $P < 0.05$ ). A nomogram was constructed for clinical use, which incorporated both miRNA signature and clinical risk factors (CEA, age and clinical stage) and did well in the calibration plots.

**Conclusions** This novel hypoxia-related miRNA signature was an independent prognostic factor of, and possessed stronger predictive power than, currently used clinicopathological features for identifying high-risk CRC patients. It may be a useful tool for patient counselling and personalize management for patients with CRC.

#### PU-4467

### Constitutive activation of the canonical NF- $\kappa$ B signaling pathway in EBV-associated gastric carcinoma

Yan Zhang  
Zibo central hospital

**Objective** EBV-associated gastric carcinoma (EBVaGC) is a specific subgroup of gastric carcinoma, and the multifunctional transcriptional factor NF- $\kappa$ B may contribute to its tumorigenesis.

**Methods** In this study, we comprehensively characterized NF- $\kappa$ B signaling in EBVaGC using qRT-PCR, western blotting, immunofluorescence assays, ELISA, and immunohistochemistry staining. NF- $\kappa$ B-signaling inhibitors may inhibit the growth of EBVaGC cells and induce significant apoptosis. I $\kappa$ B $\alpha$  is a key regulatory molecule, and repression of I $\kappa$ B $\alpha$  can contribute to aberrant NF- $\kappa$ B activation. Overexpression of LMP1 and LMP2A in the EBV-negative GC cell line SGC7901 could inhibit the expression of I $\kappa$ B $\alpha$  and induce NF- $\kappa$ B activation.

**Results** These findings indicate that the canonical NF- $\kappa$ B signal is constitutively activated and plays an important role in EBVaGC tumorigenesis.

**Conclusions** In summary, the present study highlights the important role of constitutive NF- $\kappa$ B-activation in the proliferation of EBVaGC. The constitutive activation of NF- $\kappa$ B contributes to the malignant progression of EBVaGC via the up-regulation of genes involved in proliferation, anti-apoptosis, and maintaining latent infection. The key oncogenes LMP1 and LMP2A could induce the activation of NF- $\kappa$ B by regulating the expression of I $\kappa$ B $\alpha$  and TRAF1. Further investigation into the precise mechanisms of EBV infection and the role of NF- $\kappa$ B should be the focus of future research.

#### PU-4468

### 肺炎支原体抗体化学发光法联合降钙素原、超敏 C 反应蛋白、SAA 检测快速诊断支原体肺炎

徐然然  
潍坊市人民医院,261000

**目的** 研究肺炎支原体化学发光法、被动凝集法、间接免疫荧光法、降钙素原 (PCT)、白细胞计数 (WBC)、C 反应蛋白 (CRP)、SAA 中部分指标联合检测在肺炎支原体肺炎中的诊断价值。

**方法** 选取2018年6—12月间来该院就诊的130例支原体肺炎的患儿和同期体检的128例健康儿童对照,运用logistic回归分析结合受试者工作特征曲线(ROC曲线)下面积(AUC)分析单独指标与联合检测的诊断效能。

**结果** 与其他两种方法相比,化学发光法灵敏度较低,为73.9%,但特异度较高,为85.9%;支原体肺炎组PCT、CRP水平均显著高于对照组,回归分析结果显示,化学发光法、PCT、CRP三项指标被保留;化学发光法、化学发光法联合PCT、以及化学发光法联合PCT和CRP的AUC分别为0.797、0.876和0.998,联合检测优于化学发光法单独检测。

**结论** 肺炎支原体抗体化学发光法联合PCT和CRP检测对支原体肺炎的具有较好的诊断效果,有较大的临床意义。

## PU-4469

### 革兰阴性菌对亚胺培南的耐药性分析

何萍

四川省科学城医院,621000

**目的** 分析临床分离的革兰阴性菌对亚胺培南的耐药性。

**方法** 收集2016年1月—2018年12月从医院各种临床标本中分离的革兰阴性菌,使用VITEK2-Compact微生物全自动分析仪进行细菌鉴定和药敏试验,对结果进行回顾性分析。

**结果** 分离出革兰阴性菌2615株,其中肠杆菌科细菌1765株,占67.5%;非发酵菌766株,占29.3%。分离前6位的细菌分别为大肠埃希菌(34.2%)、肺炎克雷伯菌(19.2%)、铜绿假单胞菌(13.8%)、鲍曼不动杆菌(8.6%)、阴沟肠杆菌(4.0%)、流感嗜血杆菌(2.9%)。其中肠杆菌科细菌对亚胺培南耐药率均低于2.0%,非发酵菌中(洋葱伯克霍尔德菌、嗜麦芽窄食单胞菌对亚胺培南天然耐药)铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、恶臭假单胞菌、反硝化无色杆菌、鲁氏不动杆菌对亚胺培南耐药率分别为35.2%、38.8%、28.6%、90.0%、12.5%。

**结论** 亚胺培南对肠杆菌科细菌体外抗菌活性明显高于非发酵菌。临床应合理使用亚胺培南,减缓耐药菌株的产生和传播。

## PU-4470

### 陕西感染性腹泻患者中分离沙门菌的病原学特征分析

李文涓<sup>1</sup>,陈雅丽<sup>2</sup>,王君<sup>3</sup>,马琳<sup>1</sup>,石一<sup>1</sup>,张铮<sup>1</sup>,刘东立<sup>1</sup>,马国柱<sup>1</sup>

1.陕西省疾病预防控制中心

2.汉中市疾病预防控制中心

3.铜川市疾病预防控制中心

**目的** 沙门菌是世界范围内导致食源性疾病最重要的病原菌之一,我国食源性疾病患者中约有70%~80%是由沙门菌感染引起。为了解陕西食源性疾病沙门菌的感染情况,建立沙门菌脉冲场凝胶电泳(PFGE)指纹图谱数据库,以预警和溯源食源性沙门菌的暴发,本研究对来源于医院食源性疾病患者中分离到的沙门菌株进行相关血清型和分子分型研究。

**方法** 运用SPSS 16.0软件对2018年陕西省14家哨点医院的沙门氏菌阳性样本的病例进行人群分布、时间分布的统计学分析。对分离自食源性疾病腹泻患者中的沙门菌进行血清学分析,并用XbaI酶切进行PFGE分子分型,运用BioNumerics7.6软件对PFGE电泳图谱进行聚类分析。

**结果** 沙门氏菌阳性样本的病例人群分布特征为男女性别比1.02:1,发病的性别比率无统计学显著性差异。沙门菌腹泻病例的高发时间为8月和9月,不同时间的发病率比较有统计学显著性差异。感染人群以≤3岁婴幼儿为主,各年龄间的发病率有显著性差异。101株沙门菌除4株血清型未定,

其余 97 株可分为 9 种血清型, 其中血清型为鼠伤寒沙门菌检出最高, 其次为肠炎沙门菌。101 株沙门菌经 XbaI 酶切, 共产生 71 种 PFGE 带型, 每种带型包含 1~10 株沙门菌, 相似度为 51.7%~100.0%, PFGE 带型具有多样性。其中血清型鼠伤寒沙门菌和肠炎沙门菌带型聚集性较为明显。同一聚类群的血清型基本一致。PFGE 带型相同的菌株存在血清型不同的情况。

**结论** 陕西食源性疾病腹泻患者沙门菌血清型和 PFGE 带型呈现多样性, 有优势菌存在。本研究建立了陕西沙门菌 PFGE 指纹图谱库, 积累了沙门菌分子流行病学基线数据, 为沙门氏菌引发疾病的处置和溯源提供了重要依据。

PU-4471

## 慢性荨麻疹血清蛋白分析

平杰丹,赵俊伟,明亮  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 分析慢性荨麻疹(CU)患者血清蛋白, 寻找有潜在诊断价值的生物标志物。

**方法** 利用 iTRAQ 串联质谱分析 8 例 CU 患者和 8 例健康体检者血清, 寻找表达差异蛋白, 用 ELISA 法检测 30 例 CU 患者和 30 例健康者血清, 对差异蛋白进行验证。

**结果** 鉴定到的总蛋白 326 个, 通过 ANOVA 分析, 筛选  $P < 0.05$ , 差异蛋白倍数大于 1.2 倍, 共检测到差异蛋白 31 种, 其中上调蛋白 25 种, 下调蛋白 6 种; 经过 ELISA 验证, CU 患者血清中维生素 D 结合蛋白(VDBP)含量较健康体检者有所增高( $P = 0.0179$ )。

**结论** CU 患者血清与健康对照血清相比, 存在多种差异蛋白的表达, 其中 VDBP 具有作为潜在诊断标志物的可能。

PU-4472

## Association of ABCC4 Gene Polymorphism with Glucocorticoid Efficacy in Patients with ITP

Yanmei Xu  
the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To explore the association of rs10508022 located on the ABCC4 gene and the effect of glucocorticoid therapy in Immune thrombocytopenia (ITP) patients.

**Methods** Seventy-five hospitalized patients diagnosed with ITP were identified from June 2013 to June 2015 in our hospital as the case group, of which 46 patients were sensitive to glucocorticoid and 29 were resistant. There were 60 healthy subjects who were recruited during the same time period as the control group. Rs10508022 were genotyped by SNaPshot in all subjects and we estimated the correlation of rs10508022 with the effect of glucocorticoid therapy in ITP patients.

**Results** The gene type distribution of rs10508022 between the cases and the controls did not have a significant statistical difference ( $P = 0.15$ ), but there was a significant statistical difference ( $P = 0.00$ ) between the groups sensitive and resistant to a glucocorticoid in ITP patients. The G allele was the risk allele for glucocorticoid resistance in ITP (OR = 3.17, 95%CI = 1.58–6.34).

**Conclusions** The ABCC4 gene polymorphism is associated with glucocorticoid resistance in ITP patients, and the G allele may be the risk allele.

## PU-4473

**使用 PDCA 提升分子诊断自动审核通过率的研究探讨**

李利娟

郑州金域临床检验中心

**目的** 有效提升分子诊断自动审核通过率

**方法** 基于 PDCA 思路, 利用预警规则通过百分比、项目总审核通过百分比、报告单自动发放百分比三个统计数据, 评估实验室检验项目和审核规则的审核通过情况, 结合行业内某项目的自动审核比例及人机一致性验证, 综合评价本实验室自动审核情况, 从而有效推进自动审核工作, 提升自动审核率。

**结果** 分子诊断学科自动审核通过率从 31.2%%提升至 64.3%, 提升了 33.1%, 报告单审核效率提升 60%。

**结论** 利用 PDCA 循环结合预警规则效能分析, 能够及时有效让学科内人员了解自动审核情况, 进而更好进行审核规则调整或补充, 而更好提升自动审核通过率, 提升效率, 降低报告单质量缺陷, 缩短标本 TAT, 提高实验室服务临床水平。

## PU-4474

**ALIFAX Roller 20 全自动血沉仪成人参考区间的建立**

黄莉

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 建立 ALIFAX Roller 20 全自动血沉仪的成人参考区间。

**方法** 采集我院体检健康者 829 例的 EDTA-K2 抗凝血进行红细胞沉降率 (ESR) 测定, 对检测结果进行统计分析建立成人 ESR 的参考区间。采集 127 例住院患者的 EDTA-K2 抗凝血和 109mm/L 枸橼酸钠抗凝血标本同时采用传统魏氏法及 ALIFAX Roller 20 全自动血沉仪法进行检测, 采用卡方检验对新建的参考区间进行评估。

**结果** 成人全自动血沉仪的参考区间为男性 (21~50 岁) 0~15mm/h、男 (>50 岁) 0~22mm/h, 女 (21~50 岁) 0~19mm/h、女 (>50 岁) 0~30mm/h, 与魏氏法相比无显著差异 ( $p>0.05$ )。

**结论** 成功建立 ALIFAX Roller 20 全自动血沉仪法的参考区间。

## PU-4475

**The correlation between peripheral blood WBC count, serum AST, LDH and the clinical outcomes in premature infants**

Linlin Qu

the First Hospital of Jilin University

**Objective** To investigate the correlation between peripheral blood WBC count, serum AST, LDH and the clinical outcomes in premature infants.

**Methods** From January 2017 to December 2018, a total of 42 premature infants with WBC count  $>45 \times 10^9/L$  who admitted to Department of Neonatology in our hospital were collected as observation group, meanwhile 30 neonatal in out hospital as control group. Serum Aspartate Aminotransferase (AST) and Lactate Dehydrogenase (LDH) were detected for each group. According to the clinical outcomes, the infants in observation group were divided into

improvement group (N=26) and death group (N=16). AST and LDH were compared between improvement group and death group. The correlations between peripheral blood WBC count, serum AST, LDH and the clinical outcomes in each group were also analyzed.

**Results** Serum AST and LDH levels in observation group were higher than that in control group with significance difference ( $P<0.05$ ). Serum AST and LDH levels in death group were higher than observation group ( $P<0.01$ ). In receiver operating characteristic curve (ROC curve) of serum AST, the cut-off value was 328 U/L; the sensitivity and specificity for predictive poor clinical outcome were 87.60% and 76.30%, area under curve was 0.863. In receiver operating characteristic curve (ROC curve) of serum LDH, the cut-off value was 2172 U/L; the sensitivity and specificity for predictive poor clinical outcome were 81.30% and 75.90%, area under curve was 0.816.

**Conclusions** Leukocytosis or leukemoid reaction may cause impaired liver function in newborn babies, and serum AST and LDH has better value for predicting clinical outcomes.

## PU-4476

### 凝血酶生成试验及其临床应用

朱琳

解放军总医院

**目的** 体外检测 PT 和 APTT 是和体内情况存在差异的。鉴于此开发了新一代凝血试验，称为凝血酶生成试验（TGA）

**方法** 目前多数研究仅监测体外检测凝血酶原时间（PT）和活化部分凝血酶原时间（APTT）等传统凝血功能指标，凝血酶的形成能力及凝血酶的催化作用决定血液凝固能力，凝血酶生成试验则通过血液凝固速度与强度来反映总体趋势，因此可能更加客观和接近体内效应

**结果** 凝血酶生成试验则通过血液凝固速度与强度来反映总体趋势，因此可能更加客观和接近体内效应。凝血酶生成试验是一种很有前途的实验室方法

**结论** 凝血酶生成试验预测抗磷脂综合征，动脉粥样硬化血栓形成的风险以及静脉血栓栓塞的复发风险，并监测患者的肠外或口服抗凝剂

## PU-4477

### 急性脑卒中患者血小板参数的临床应用评价

孙朝琴

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 观察急性脑卒中患者发病后不同时间的血小板总数（PLT）、平均血小板体积（MPV）、血小板分布宽度（PDW）和血小板压积（PCT），为疾病的预防和预后提供临床参考。

**方法** 选取脑出血组和脑梗死组患者各 30 例，健康体检 50 例作为对照组，动态观察发病 48 小时内、48 小时~7 天及 7 天~14 天的 PLT、MPV、PDW 及 PCT，分析比较各时间段血小板参数的变化。

**结果** 随着病情的发展，脑出血组与梗死组的 PLT 先降低，再逐步升高；MPV 呈先升高后恢复正常的趋势；PCT 与 PDW 的变化不大。与对照组比较，脑出血组和梗死组 PLT 在 48 小时内显著性降低，MPV 在 48 小时~7 天明显增高，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；PDW 在发病 48 小时之内显著增高，48 小时~7 天达到高峰，在 7 天~14 天下降，各时间均存在统计学差异（ $P<0.05$ ）。不同时间段的 PCT 在脑卒各组的差异不明显。

**结论** 在脑卒中发生 48 小时内，PLT 明显降低，及时行检测血常规，密切观察患者病情，警惕出血危象，并配合 MPV 的动态变化分析判断病情进展，及时制定合理的诊疗手段。

PU-4478

## RET 新参数在肿瘤病人的临床应用

张炎

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 为了检测化疗后病人的骨髓造血情况。

**方法** 化疗是治疗恶性肿瘤并预防转移及复发的主要方法之一，其主要并发症之一就是骨髓抑制[1]。在目前的肿瘤治疗中，监测骨髓造血功能状况的主要血液学指标是检测外周血白细胞（WBC）及血小板（PLT）数，但临床实践发现外周血 WBC 计数并不能完全准确而及时地反映化疗过程中骨髓造血功能状况，有时会导致化疗引起的骨髓增生不可逆地受抑。[1-4]骨髓抑制的后果导致三系下降，在临床上就会出现感染，出血，贫血[5]。此时病人就需要中断化疗，否则将危及生命。如何检测骨髓造血功能的状况是化疗过程中重要的一步，关系到指导临床用药及化疗时机的选择，因此要寻找一种灵敏可靠地指标。本文综述恶性肿瘤患者化疗过程中骨髓造血功能检测的新指标，及探索新指标在肿瘤放化疗中的临床意义。

**结果** 化疗是治疗恶性肿瘤并预防转移及复发的主要方法之一，其主要并发症之一就是骨髓抑制[1]。在目前的肿瘤治疗中，监测骨髓造血功能状况的主要血液学指标是检测外周血白细胞（WBC）及血小板（PLT）数，但临床实践发现外周血 WBC 计数并不能完全准确而及时地反映化疗过程中骨髓造血功能状况，有时会导致化疗引起的骨髓增生不可逆地受抑。[1-4]骨髓抑制的后果导致三系下降，在临床上就会出现感染，出血，贫血[5]。此时病人就需要中断化疗，否则将危及生命。如何检测骨髓造血功能的状况是化疗过程中重要的一步，关系到指导临床用药及化疗时机的选择，因此要寻找一种灵敏可靠地指标。本文综述恶性肿瘤患者化疗过程中骨髓造血功能检测的新指标，及探索新指标在肿瘤放化疗中的临床意义。

**结论** 化疗是治疗恶性肿瘤并预防转移及复发的主要方法之一，其主要并发症之一就是骨髓抑制[1]。在目前的肿瘤治疗中，监测骨髓造血功能状况的主要血液学指标是检测外周血白细胞（WBC）及血小板（PLT）数，但临床实践发现外周血 WBC 计数并不能完全准确而及时地反映化疗过程中骨髓造血功能状况，有时会导致化疗引起的骨髓增生不可逆地受抑。[1-4]骨髓抑制的后果导致三系下降，在临床上就会出现感染，出血，贫血[5]。此时病人就需要中断化疗，否则将危及生命。如何检测骨髓造血功能的状况是化疗过程中重要的一步，关系到指导临床用药及化疗时机的选择，因此要寻找一种灵敏可靠地指标。本文综述恶性肿瘤患者化疗过程中骨髓造血功能检测的新指标，及探索新指标在肿瘤放化疗中的临床意义。

PU-4479

## Label-free immunosensors based on a novel multi-amplification signal strategy of TiO<sub>2</sub>-NGO/Au@Pd hetero-nanostructures

Linlin Cao<sup>1</sup>, Wen Zhang<sup>1</sup>, Qing Liu<sup>1,2</sup>

1.Zibo Central Hospital

2.Shandong University of Technology

**Objective** A label-free electrochemical immunosensor for quantitative detection of human epididymis specific protein 4 antigen (HE4 Ag) was developed by a novel multi-amplification signal system.

**Methods** The multi-amplification signal system was formed by loading bimetallic Au@Pd holothurian-shaped nanoparticles (Au@Pd HSs) on titanium oxide nanoclusters functionalized nitrogen-doped reduced graphene oxide (TiO<sub>2</sub>-NGO). The Au@Pd HSs were obtained via seed-mediated approach with in-situ grown palladium nanoarms on gold nanorods (Au NRs) surfaces,

which possessed good electrocatalysis for hydrogen peroxide ( $H_2O_2$ ) reduction and excellent biocompatibility. The  $TiO_2$ -NGO with the high catalytic activity and large specific surface area was synthesized by hydrothermal method.

**Results** Using  $H_2O_2$  as an electrochemically active substrate, the prepared label-free electrochemical immunosensor based on the  $TiO_2$ -NGO/Au@Pd HSs hetero-nanostructures as the signal amplification platform exhibited excellent selectivity, reproducibility and stability for the detection of HE4 Ag. Meanwhile, the linear range from 40 fM to 60 nM with the detection limit of 13.33 fM ( $S/N=3$ ) was obtained.

**Conclusions** The immunosensor offers a promising method for clinical detection of HE4 Ag.

## PU-4480

### EBV 相关胃癌中 NF- $\kappa$ B 经典信号通路持续激活的机制研究

张岩

淄博市中心医院,255000

**目的** 1 通过检测胃癌细胞系及胃癌组织中 NF- $\kappa$ B 经典信号通路相关分子的表达及亚细胞定位,明确 EBVaGC 和 EBVnGC 中 NF- $\kappa$ B 经典信号通路的激活情况。2 探讨 EBV 通过潜伏感染激活 NF- $\kappa$ B 经典信号通路的具体机制。3 检测分析 NF- $\kappa$ B 信号通路对 EBV 阳性胃癌细胞增殖和凋亡等细胞生物学行为,以及 EBV 潜伏膜蛋白 LMP1、LMP2A 表达的影响。

**方法** 提取 EBV 阴性胃癌细胞系(SGC7901, BGC823, HGC27)、EBV 阳性胃癌细胞系(GT38, GT39, SNU719)总 RNA 和总蛋白,采用实时荧光定量 PCR(quantitative real-time PCR, qRT-PCR)对 NF- $\kappa$ B 信号通路相关分子(NFKBIA、TRAF1/2/3/6)的转录表达进行检测;Western blot 检测并分析其蛋白表达水平;免疫荧光技术检测胃癌细胞系中 p65 蛋白的亚细胞定位;ELISA 技术检测细胞系中 NF- $\kappa$ B 转录因子与 DNA 结合能力,综合判断 NF- $\kappa$ B 信号通路在胃癌细胞系中的激活情况。

**结果** EBV 阳性胃癌细胞系 NF- $\kappa$ B 信号通路抑制因子 NFKBIA 的转录表达水平明显低于 EBV 阴性胃癌细胞系( $P<0.005$ ),EBV 阳性胃癌细胞系中 TRAF1、TRAF3、TRAF6 转录水平均高于 EBV 阴性胃癌细胞系,TRAF2 转录水平明显低于阴性胃癌细胞系;EBV 阳性胃癌细胞系中 I $\kappa$ B $\alpha$  蛋白表达均较 EBV 阴性胃癌细胞系明显降低;而两种细胞系中磷酸化 I $\kappa$ B $\alpha$  蛋白的表达则无明显差异;p65 及 p-p65 蛋白表达亦无明显差异。EBV 阳性胃癌细胞系中 TRAF1 蛋白表达明显高于 EBV 阴性胃癌细胞,而 EBV 阳性胃癌细胞系 TRAF2、TRAF3 和 TRAF6 蛋白的表达均低于 EBV 阴性胃癌细胞系。

**结论** EBV 阳性胃癌的细胞系和 EBVaGC 组织均存在 NF- $\kappa$ B 经典信号通路的持续激活,LMP1 和 LMP2A 的表达是该信号通路激活的重要原因。

## PU-4481

### 不同尿 AD7C-NTP 水平的体检人群血尿酸浓度与胰岛素抵抗关系探讨

张玉蓉,方堃,赵圆宇,杨平,李磊,吴燕,刘阳,易红,蔡志龙,侯彬

四川省科学城医院,621000

**目的** 探讨不同水平的尿液阿尔茨海默相关神经丝蛋白(Alzheimer-associated neuronal thread protein, AD7C-NTP)受试者的血尿酸水平(UA)和胰岛素抵抗(IR)之间的关系。

**方法** 选取我院检测尿 AD7C-NTP 的体检者 1185 例,采用全自动酶标分析仪(ELISA 法)及全自动生化分析仪分别检测尿 AD7C-NTP 和尿酸等血液生化指标。选取 AD7C-NTP 正常

( $<1.5\text{ng/ml}$ ) 29 例和升高 ( $\geq 1.5\text{ng/ml}$ ) 113 例受检者留取血清, 检测空腹胰岛素(FINS), 计算胰岛素抵抗指数 (HOMA -IR)。

**结果** AD7C-NTP 升高组 UA 水平 (中位值  $348\mu\text{mol/L}$ ) 高于 AD7c-NTP 正常组 (中位值  $333\mu\text{mol/L}$ ), 差异有统计学意义 ( $u=2.213$ ,  $P<0.05$ )。多元逐步回归分析: 年龄、GLU 等 7 个变量对 UA 值的作用有显著性 ( $P<0.001$  或  $0.05$ ), 空腹血糖、空腹胰岛素水平及胰岛素抵抗指数 (HOMA-IR) 的病例组血尿酸均高于健康对照组。空腹血糖正常, HOMA -IR (+), 窗口期 UA 浓度有升高, 具有统计学意义 ( $t=2.036$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 高尿酸加重糖代谢的退化。血尿酸浓度升高是胰岛素抵抗 (IR) 前期预警。预防高尿酸血症, 预防认知功能障碍。

## PU-4482

### Sysmex XN9000 流水线自动审核规则的验证

程树强

贵州医科大学附属医院, 550000

**目的** 验证多中心联合制定的 Sysmex XN9000 流水线自动审核规则是否适用于我院。

**方法** 首先将来自多中心研究的自动审核规则录入 Sysmex XN9000 流水线的 LABMAN 软件, 在仪器每日质控合格的情况下, 对 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝的 306 例血常规标本进行检测后的同时时候进行制备血涂片, 染色, 由两位中级职称以上人员同时进行镜检。将其人工镜检结果作为金标准和仪器自动审核结果进行比对, 分别计算出假阴性, 假阳性, 真阴性, 真阳性。随后观察运行自动审核规则后的 6563 例的自动审核结果与人工审核的比对结果。

**结果** 1、306 例验证样本的结果: 假阳性: 8.5%, 假阴性: 1.96%, 阳性符合率: 22.88%, 阴性符合率 66.67%; 无原始细胞和异常淋巴细胞漏诊; 2、6563 例自动审核结果与人工审核的比对结果: 自动审核率: 34.45%, 漏审率 0, 一致率 100%。

**结论** 验证多中心联合制定制定的自动审核规则的假阴性小于 5% 的要求, 适用于我院的 Sysmex XN9000 流水线。

## PU-4483

### HOXB9 promotes endometrial cancer progression by targeting E2F3

Junhu Wan

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** HOXB9, as a HOX family transcription factor, playing a significant role in embryonic development and cancer progression

**Methods** However, the function of HOXB9 and its precise mechanism in regulating endometrial cancer progression remains unknown. Here, we demonstrated that the expression of HOXB9 was increased in endometrial cancer, and associated with histological grade and lymph node metastasis. In addition, elevated HOXB9 predicts a poor prognosis in endometrial cancer patients. Interestingly, bioinformatics analysis of TCGA cancer database showed that HOXB9 expression is positively correlated with E2F3 expression. Moreover, HOXB9 promoted E2F3 expression by directly targeting to its promoter. Furthermore, we found that knocking down E2F3 abolished the ability of HOXB9 in enhancing cell migration.

**Results** However, the function of HOXB9 and its precise mechanism in regulating endometrial cancer progression remains unknown. Here, we demonstrated that the expression of HOXB9 was



increased in endometrial cancer, and associated with histological grade and lymph node metastasis. In addition, elevated HOXB9 predicts a poor prognosis in endometrial cancer patients. Interestingly, bioinformatics analysis of TCGA cancer database showed that HOXB9 expression is positively correlated with E2F3 expression. Moreover, HOXB9 promoted E2F3 expression by directly targeting to its promoter. Furthermore, we found that knocking down E2F3 abolished the ability of HOXB9 in enhancing cell migration.

**Conclusions** Taken together, for the first time, we demonstrated the function and mechanism of HOXB9 in regulating endometrial cancer progression, and indicated HOXB9 may be a novel prognostic marker of endometrial cancer

#### PU-4484

### 氧化应激和凋亡相关 lncRNA 基因在链脲佐菌素诱导的糖尿病小鼠肝脏中差异表达

郭书忍,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 长链非编码 RNAs (lncRNAs) 是基因调控和细胞功能的主要调节因子。此研究的目的是筛选链脲佐菌素诱导的糖尿病小鼠肝脏中差异表达的 lncRNAs, 并分析差异表达的 lncRNAs 在糖尿病发病中的作用。

**方法** 对链脲佐菌素诱导的糖尿病小鼠和对照组小鼠的肝脏组织进行 RNA 测序, 同时检测肝脏组织中和血液中的氧化应激和凋亡标志物。用 qRT-PCR 方法验证胰岛素信号通路相关的前五个差异表达的 lncRNAs。对于差异表达基因进行基因富集分析, 并对目标基因进行注释。用 CytoCope 网络将编码和非编码基因的共表达可视化。

**结果** 与对照组相比, STZ 诱导的糖尿病小鼠肝脏中有 416 个 lncRNAs 和 910 个 mRNA 呈差异表达。qRT-PCR 结果与测序数据一致, 验证了测序数据的可靠性。在 STZ 诱导的糖尿病小鼠肝细胞中, 差异表达的 lncRNA 集中在氧化应激和凋亡相关的通路, 并且与肝脏组织中的炎症标志物水平相关。

**结论** 本研究在 STZ 诱导的糖尿病小鼠中发现了异常表达的 lncRNAs 和 mRNA, 部分差异表达的 lncRNAs 可能通过氧化应激和细胞凋亡在糖尿病发病的发生和发展中发挥调节作用。

#### PU-4485

### 爱威尿液分析系统复检规则的建立及验证

程树强

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 建立爱威尿液分析系统适宜的复检规则, 同时验证其有效性, 以保证尿液常规分析结果的准确性。

**方法** 收集贵州医科大学附属医院住院患者 606 例随机尿液标本, 其中 306 例用于初步建立的复检规则的评价, 另外 300 例用于调整后的复检规则的验证。采用爱威 752 尿液干化学分析仪 (AVE-752) 和爱威 766 尿液有形成分分析仪 (AVE-766) 联合的自动化流水线分别对 606 例样本进行检验。仪器检验完成后对所有样本进行离心, 沉渣采用双盲法进行人工显微镜检查, 上清液分别采用磺基水杨酸法、班氏定性法和胶体金法进行尿蛋白、尿糖和尿隐血的检测。以手工法的结果为标准, 同仪器检验结果进行比较, 统计仪器检验结果的假阴性率、真阴性率、假阳性率和真阳性率。

**结果** 通过实验我们获得了初步建立的复检规则的验证结果: 假阴性率为 9.80%, 真阴性率为 79.41%, 假阳性率为 0.65% 和真阳性率为 10.10%, 复检率为 10.78%; 调整后的复检规则的验证

结果: 假阴性率为 4.67%, 真阴性率为 86.00%, 假阳性率为 0.00%和真阳性率为 14.00%, 复检率为 14.00%。

**结论** 结合调整后的复检规则, 仪器检验结果的假阴性率<5.00% (4.67%), 复检率为 14.00%。该复检规则可以用于提高爱威尿液分析系统检验结果的准确性。

## PU-4486

### 血清分离后室温放置 24 小时内多肽质谱的变化

郭菲  
解放军总医院

**目的** 探讨血清分离后室温放置 24 小时内多肽质谱的变化, 为确立血清多肽质谱分析临床最适时间提供参考。

**方法** 募集 6 名志愿者 (男性 2 名, 女性 4 名, 平均年龄 30 岁) 分别采集静脉血, 离心分离血清后, 根据在室温下放置的时间 (0h, 2h, 6h, 10h, 24h) 分装血清冻存并分成 6 组待测。用弱阳离子磁珠提取多肽, 用 Clin-TOF 平台进行检测, 通过 BioExplorer 软件和 SPSS 22.0 进行多肽峰的比较。

**结果** 5 个不同时间组共出峰 58 个, 5 个多肽峰差异显著 ( $P<0.05$ ), 在 5 组峰强度最大的前 10 个多肽峰中, 8 个均相同, 且峰强无差异 ( $P>0.05$ ); 6h 组和 10h 组正态分布的血清多肽峰最多 (51 个), 全峰强度 6h 组最高 (1599499); 峰强度大于 300 的血清多肽峰数为 6h 组最高 ( $24.7\pm 1.37$ ), 峰强累积值为 6h 组最高 (132674); 根据正态分布多肽峰个数、全峰强度、峰强大于 300 的多肽峰数、差异峰 4049.9m/z 的峰强度这 4 个因素综合评价, 6h 组得分最高。

**结论** 在室温条件放置 24h 之内血清多肽变化不足以影响分析, 最优的检测时间是采血分离血清后室温放置 6h, 在这一条件下进行质谱检测, 出峰均一性最佳, 且峰强度最大, 较易获得阳性结果。

## PU-4487

### 炎症标志物与白细胞计数分析在肺部细菌感染中诊断价值分析

冉桥生, 赵祥  
陆军军医大学 (第三军医大学) 第二附属医院检验科

**目的** 探讨 C 反应蛋白 (CRP)、白细胞介素 6 (IL-6)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、降钙素原 (PCT) 检测及白细胞 (WBC) 计数在肺部细菌感染中诊断价值。

**方法** 采集因肺部细菌感染就诊于陆军军医大学第二附属医院呼吸内科的住院患者静脉血, 分为革兰阳性菌感染组、革兰阴性菌感染组, 另选择健康体检者作为对照组。采用免疫比浊法检测 CRP, 免疫化学发光法检测 IL-6、TNF- $\alpha$ , 胶体金免疫色谱法检测 PCT, 电阻抗法检测白细胞计数并记录检测结果。比较各项指标间有无差异, 根据受试者工作特征 (ROC) 曲线, 确定各项指标在区分肺部细菌性感染疾病中诊断价值。

**结果** 在肺部细菌性感染性疾病中 PCT、CRP、IL-6、TNF- $\alpha$ 、WBC 的 ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.956, 0.768, 0.886, 0.876, 0.642。PCT、CRP、IL-6、TNF- $\alpha$ 、WBC 鉴别肺部革兰阳性菌和革兰阴性菌感染的 AUC 分别为 0.880, 0.550, 0.794, 0.804, 0.449。

**结论** PCT、IL-6、TNF- $\alpha$  对于区分肺部细菌性感染均有较好的诊断价值。PCT 对判断肺部细菌性感染及感染细菌类型的诊断价值最高。联合检测各项指标可以综合反映机体的炎症情况, 对肺部细菌性感染性疾病的诊断与鉴别诊断、治疗及预后有重要意义。

## PU-4488

## PIVKA-II 水平在肺癌、肝炎、结肠癌、原发性肝癌 诊断中的应用研究

门莎莎  
解放军总医院

**目的** 探讨异常凝血酶原（PIVKA-II）在诊断肺癌、肝炎、结肠癌、原发性肝癌中的作用。

**方法** 收集 2017 年 6 月至 2018 年 3 月本医院收治的患者和体检健康者共 297 例，其中正常对照组 60 例、肺癌组 59 例、肝炎组 60 例、结肠癌组 58 例、原发性肝癌组 60 例，运用化学发光法分别检测各组血中的 PIVKA-II 含量，分析各组组内差异，并分析 PIVKA-II 含量与疾病组关系，进一步建立诊断实验评价四格表。

**结果** 检测结果各组内无统计学差异（性别、年龄）；与正常对照组比较，肺癌、肝炎、结肠癌组 PIVKA-II 检测值  $p>0.05$ ，无统计学差异；原发性肝癌组  $p<0.001$ ，具有统计学差异，PIVKA-II 在原发性肝癌组中处于高水平表达；PIVKA-II 对原发性肝癌诊断的灵敏度为 90%，特异性为 95.4%，阳性似然比为 19.4，阴性似然比为 0.10。

**结论** PIVKA-II 在对原发性肝癌预判中有良好的诊断作用，而在肺癌、肝炎和结肠癌诊断中无明显的价值。

## PU-4489

## 网织红细胞参数在治疗慢性肾病贫血过程中 疗效的效果评价

孙朝琴  
贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 观察慢性肾病贫血患者治疗前后网织红细胞参数的变化，评价临床使用促红细胞生成素（EPO）治疗慢性肾病贫血的效果。

**方法** 选取 2019 年 2 月至 2019 年 4 月贵州医科大学附属医院确诊为慢性肾病贫血且行促红细胞生成素（EPO）治疗的 32 例患者为实验组。使用 sysmex9000 型自动血液分析仪进行血常规及网织红细胞参数检测。比较 EPO 治疗前后的红细胞相关参数[红细胞计数（RBC）、血红蛋白（Hb）、红细胞比容（Hct）]与网织红细胞相关参数[网织红细胞计数(Ret#)、低荧光强度网织红细胞(LFR)、中荧光强度网织红细胞(MFR)、高荧光强度网织红细胞(HFR)、网织红细胞血红蛋白含量（CHr）、幼稚网织红细胞比率(IRF)]的变化，绘制 ROC 曲线比较 EPO 治疗前后红细胞参数与网织红细胞参数中对于治疗疗效有较好反映的指标。

**结果** 与治疗前比较，治疗后实验组的红细胞参数中 RBC,Hb,HCT 明显增高，比较均有显著性差异（ $P<0.05$ ）；网织红细胞参数中,Ret,HFR,MFR,CHr,IRF 明显增高，LFR 明显降低，比较均有显著性差异（ $P<0.05$ ）。ROC 曲线评价结果显示，治疗后实验组网织红细胞参数（HFR,MFR,LFR,IRF,Ret）的曲线下面积均大于红细胞参数（RBC,Hb,HCT）的曲线下面积，且网织红细胞参数中 LFR（曲线下面积 0.821，敏感性 71.87%，特异性 84.37%，临界值  $>83.5$ ），IRF（曲线下面积 0.821，敏感性 71.87%，特异性 84.37%，临界值 16），Ret（曲线下面积 0.840，敏感性 78.12%，特异性 87.5%，临界值 61）三个参数具有较大的曲线下面积。

**结论** 网织红细胞参数，尤其是 Ret，在反映慢性肾病贫血治疗后造血恢复水平上更直观、灵敏，在监测 EPO 治疗慢性肾病贫血效果评价中有重要临床价值。

## PU-4490

## 抗 Xa 活性检测的性能验证及临床应用探讨

郑竟滋,林清

福建中医药大学附属第二人民医院

**目的** 对低分子肝素 (low molecular weight heparin, LMWH) 抗-Xa 活性、普通肝素 (unfractionated heparin, UFH) 抗-Xa 活性检测进行方法学性能验证和临床应用探讨。

**方法** 参照相关中国国家卫生行业标准、美国临床和实验室标准协会 (CLSI) 的发布的多项参考文献指南和试剂厂家的要求, 对 LMWH 抗-Xa 活性检测的批内精密度、日间精密度、准确度、线性和携带污染率。UFH 抗-Xa 活性检测的批内批内精密度、日间精密度、准确度、线性进行性能验证, 并对抗-Xa 活性检测在肝素抗凝监测的临床应用作初步探讨。

**结果** LMWH 抗-Xa 活性检测的批内精密度分别为 0.009 抗-Xa IU/ml 和 0.01 抗-Xa IU/ml, 日间精密度分别为 4.8% 和 5.4%, 准确度百分偏差分别为 7.6% 和 -0.1%, 线性范围为 0-1.84 IU/ml, 携带污染率为 4.18%, 均符合厂家要求。UFH 抗-Xa 活性的批内精密度分别为 0.004 抗-Xa IU/ml 和 0.02 抗-Xa IU/ml, 日间精密度分别为 6.5% 和 4.8%, 准确度百分偏差分别为 1.0% 和 2.0%, 线性范围为 0~1.13 抗-Xa IU/ml, 均符合厂家要求。

**结论** LMWH 抗-Xa 活性和 UFH 抗-Xa 活性的性能验证能够满足 CLSI 多项参考文件和厂家要求, 性能验证的研究有助于临床实验室 LMWH 和 UFH 抗凝治疗监测规范化及临床医生用药提供参考。

## PU-4491

## XN-L 550 全自动血细胞分析仪性能验证及评价

何文军

广东省中医院,510000

**目的** 对 Sysmex XN-L-550 全自动血细胞分析仪的主要性能进行验证和评价。

**方法** 参照 WS/T 406-2012 临床血液学检验常规项目分析质量要求、WS/T 405-2012 血细胞分析参考区间要求及美国临床和实验室标准化委员会 (CLSI) 相关文件对 Sysmex XN-L-550 血细胞分析仪的本底计数、携带污染率、精密度、正确度、仪器不同吸样模式的结果可比性、实验室内的结果可比性、参考区间、线性范围进行验证。

**结果** 本底计数、携带污染率结果良好; WBC、RBC、Hb、HCT、PLT、MCV、MCH、MCHC 批内和批间精密度均小于参考值; 以 Sysmex XE-5000 的测定值为标准进行的正确度验证和比对结果, CV 值均小于判断标准; 自动和手动吸样结果具有可比性; 参考区间符合实验室检测人群, 线性范围宽。

**结论** Sysmex XN-L-550 全自动血细胞分析仪的性能良好, 可满足临床的质量要求。

## PU-4492

## 荨麻疹患者 1355 例血清特异性 IgE 检测及过敏原分析

平杰丹,赵俊伟,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 通过特异性 IgE (sIgE) 检测分析荨麻疹患者过敏原的分布特点。

**方法** 采用 ELISA 法对 1355 例荨麻疹患者进行血清过敏原 sIgE 检测。

**结果** 1355例荨麻疹患者过敏原sIgE阳性检出率为69.0%（935例），sIgE阳性检出率较高的吸入性过敏原主要为霉菌（21.5%）、螨（17.4%）和梧桐花粉（14.2%），食物性过敏原主要为鸡蛋（23.5%）和花生（13.1%）。男性患者总IgE增高者检出率高于女性（ $P<0.001$ ）。13~18岁年龄段人群sIgE检出率达到峰值。

**结论** 荨麻疹患者过敏原以霉菌、鸡蛋、尘螨为主，过敏情况存在性别、年龄差异。

#### PU-4493

### 人血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 在健康人群中的相关研究

杨平,方堃,井婧  
四川省科学城医院,621000

**目的** 通过对脂蛋白相关磷脂酶 A2（LP-PLA2）与血糖（Glu），糖化血红蛋白（HbAc），胆固醇（TC）、甘油三酯（TG），低密度脂蛋白（LDL），高密度脂蛋白（HDL）的研究，探讨健康人群 LP-PLA2 参考区间的建立，以及与心脑血管传统指标的相关性。

**方法** 选取 2018 年 4 月~2018 年 10 月在我院健康管理部进行健康体检的人群共 2836 人，采集空腹静脉血进行相关指标测定。依据血糖水平的不同分为正常组（ $<6.1\text{mmol/l}$ ）、高血糖组（ $>7.0\text{mmol/l}$ ）；依据甘油三酯水平的不同分为正常组（ $<1.7\text{mmol/L}$ ）、轻度危害组（ $1.7\sim2.83\text{mmol/L}$ ）、中重度危害组（ $>2.83\text{mmol/L}$ ）。

**结果** LP-PLA2 在部分年龄组间存在明显差异；血糖在排除年龄因素的影响后与 LP-PLA2 并无相关性（ $P>0.05$ ）；LP-PLA2 在甘油三酯不同水平组（正常组、轻度危害组、中重度危害组）之间存在明显差异（ $P<0.01$ ），并且随着甘油三酯含量的增高呈下降趋势。

**结论** 该地区应该制定不同年龄阶段 LP-PLA2 的参考区间，以更好的应用于临床；在健康人群中，血糖水平不会影响体内 LP-PLA2 浓度水平；高血脂（甘油三酯）会显著降低血液中 LP-PLA2 的表达（ $P<0.01$ ）。

#### PU-4494

### 均相酶免疫法与色谱-分光光度法检测 17-酮类固醇、17-羟类固醇及香草扁桃酸的方法学比较

张丽娜  
解放军总医院

**目的** 对 17-酮类固醇检测试剂盒（均相酶免疫法）、17-羟类固醇检测试剂盒（均相酶免疫法）、香草扁桃酸检测试剂盒（均相酶免疫法）与西班牙 BioSystems 公司生产的 17-酮类固醇分析试剂盒（色谱-分光光度法）、17-羟类固醇分析试剂盒（色谱-分光光度法）、香草扁桃酸分析试剂盒（色谱-分光光度法）的性能进行比较分析

**方法** 对两种方法检测 17-酮类固醇（17-KS）、17-羟类固醇检测（17-OHCS）、香草扁桃酸（VMA）的准确度、精密度、回收率及线性范围等主要性能指标分别进行验证，并进行比较分析；再分别用两种方法检测 214 例临床尿液样本中 17-KS、17-OHCS、VMA 的含量，对两种方法检测结果进行相关性分析；最后对各组肾上腺疾病患者 24h 尿液中的 17-KS、17-OHS、VMA 含量水平进行比较。

**结果** 两种方法检测 17-KS、17-OHCS、VMA 的准确度、精密度、回收率及线性范围等指标均达到了各自试剂盒说明书的要求，但是均相酶免疫法的试剂性能优于色谱-分光光度法；相关性分析表

明两种方法检测结果的一致性不高;临床样本检测结果显示 24h 尿液中 17-KS、17-OHCS、VMA 的含量在肾上腺疾病各组别中的差异均具有统计学意义。

**结论** 自主研发的均相酶免疫法 17-KS、17-OHCS、VMA 检测试剂盒,其测定结果准确可靠,试剂性能稳定,在肾上腺疾病的临床辅助诊断方面具有较高的应用价值。

## PU-4495

### 长沙市 2538 例体检人群 PG I、PG II、G-17 的研究

傅锦芳<sup>1</sup>,李倩<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.福建医科大学,350000

**目的** 通过检测长沙市体检人群中血清胃蛋白酶原(PG I、PG II)、胃泌素-17(G-17)水平及幽门螺杆菌抗体(HP),研究其在不同的年龄段、不同性别的人群中的变化规律,以及 HP 与 PG I、PG II、PGR 和 G-17 水平的相关性。以评估长沙地区人群中 PG I、PG II、PGR 和 G-17 的整体水平,并为胃部疾病的研究提供流行病学资料。

**方法** 采用酶联免疫法测定血清中胃蛋白酶原 I、II 及胃泌素-17 的含量,按性别(男、女)、年龄( $\leq 30$  岁、30-60 岁、 $\geq 60$  岁)等方式进行分组分析,了解其在不同年龄段、性别的变化规律;幽门螺杆菌抗体检测使用胶体金方法测定,分析幽门螺杆菌抗体的存在对胃蛋白酶原和胃泌素的影响。

**结果** (1) 2538 例体检者的总异常率为 42.9%,PG I 的异常率为 22.18%,PG II 异常率为 18.56%,G-17 的异常率为 20.06%,长沙地区的胃功能总异常率处于较高水平。(2) 将 2538 例体检人群分为 $\leq 30$  岁、30-60 岁、 $\geq 60$  岁三组,30-60 岁组和 $\geq 60$  岁组的 PG I 和 PG II 水平高于 $\leq 30$  岁组;其值有随着年龄增加而升高的趋势。(3) 男性组和女性组比较,PG I 和 PG II 水平无统计学意义,男性组 G-17 低于女性组。(4) 将同时做了胃功能检测和 HP 抗体检测的 325 例进行分析,HP 阳性组 PG I、PG II 和 PGR 的异常率均高于阴性组。

**结论** 长沙市 2538 例健康体检者总异常率为 42.9%,处于较高水平;随年龄增加 PG I、PG II、G-17 异常率升高;HP 抗体阳性的人群 PG I、PG II 和 PGR 的异常率明显高于阴性组。

## PU-4496

### 甲状腺结节的患病特点及危险因素分析

张丽娜

解放军总医院

**目的** 了解甲状腺结节患病特征,筛选甲状腺结节发生的可能危险因素,为管理部门制订健康措施提供依据。

**方法** 对 2016 年 1 月至 5 月来我院体检中心进行甲状腺超声筛查的人员的甲状腺结节患病情况按性别年龄进行分层,并运用二元 Logistic 回归对甲状腺结节患病的危险因素进行分析。

**结果** 体检人员共 6169 名,甲状腺结节检出比例为 46.8%,其中女性异常比例 58.7%高于男性异常比例 39.2%,甲状腺结节总患病率随年龄增加而增高,年龄组间患病率差异有统计学意义,BMI、腰围、SBP、ALP、GLU、糖化血红蛋白、NA、CL、P、TGAB、TMAB、FT3、T4、WBC、CRP 等 15 项在有无结节两组间有统计学差异。二元 Logistic 回归结果显示性别、年龄、BMI、糖化血红蛋白、ALP 和 CRP、TGAb、FT4 这 9 项都为发生甲状腺结节的危险因素。

**结论** 甲状腺结节患病率较高,女性高于男性,患病率均随年龄增长而增加,提示要重视高龄女性人群的预防。高龄、女性、肥胖、高血糖等是结节高发的独立危险因素。其相互作用有待基础和临床试验的进一步阐明,为指导完善甲状腺结节性疾病的防治策略提供依据。

## PU-4497

## 神经系统炎性脱髓鞘疾病脑脊液中免疫指标特点 的回顾性分析

尹佳锋

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 探讨 kappa、 $\beta 2$  微球蛋白及免疫球蛋白 G 指数、IgG 商值、白蛋白商值、脑脊液寡克隆区带等指标在神经系统炎性脱髓鞘疾病诊断中的相互之间的关系以及它们与不同 IDD 疾病相关的临床特点, 研究这些关系可以帮助临床实践中选择适当的生物标志用于诊断。

**方法** 选取 IDD 患者 75 例分为四组: 其中多发性硬化组 20 例、视神经脊髓炎组 24 例、急性播散性脑脊髓炎组 11 例、原发性周围 IDD 组 20 例, 选取 15 例神经系统非炎症病患者作为对照组, 采用散射比浊法测定脑脊液与血清配对标本的 kappa、 $\beta 2$ -MG、Alb 与 IgG 水平, 应用公式计算 IgG 指数、QAib、QIgG, 同时应用免疫固定电泳测定脑脊液与血清配对标本的寡克隆区带, 并对上述指标进行分析。

**结果** (1) MS 组的 OCB 检测阳性率为 55.0%, 远高于其他组, 且与 NIND 组的差别均具有统计学意义( $P<0.05$ )。IgG 指数和 OCB 两者结合诊断 MS 的敏感性为 85%。(2)NMO 组的 IgG 指数检出率(37.5%)较其他各组都低, 且与 NIND 组的差别具有统计学意义( $P<0.05$ )。(3)周围神经系统 IDD 组的 QAib 检出率最高(80.0%)远高于其他各组, 且与 NIND 组的差别均具有统计学意义( $P<0.05$ )。(4)各组血清 kappa 含量变化不明显, 而 NMO 组的脑脊液 kappa 明显增加, 且与 NIND 组的差别具有统计学意义( $P<0.05$ )。(5)NMO 组、ADEM 组脑脊液  $\beta 2$ -MG 均比血清增高, 其中 NMO 组脑脊液  $\beta 2$ -MG 与 NIND 组的差别具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 本研究结果显示 OCB 与 IgG 指数联合诊断 MS 效能更高, 而 QAib、 $\beta 2$ -MG 和脑脊液 kappa 对 NMO, QAib 对 PIDD,  $\beta 2$ -MG 对 ADEM 的诊断有着很大的提示作用。虽然不能明确病因, 但可以为临床进一步的诊断提供参考。脑脊液检验尤其是其中蛋白质组份的分析非常重要, 对评价血脑屏障的完整性, 鞘内免疫球蛋白的合成, 以及某些中枢神经系统疾病的诊断具有十分重要的临床意义。

## PU-4498

## 粪便钙卫蛋白联合血清癌胚抗原在大肠癌中的应用

陈瑜

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 检测粪便钙卫蛋白、血清癌胚抗原浓度, 研究其在大肠癌中的临床意义。

**方法** 收集贵州省某三甲医院 2018 年 12 月至 2019 年 4 月已确诊大肠癌病人 20 例, 正常对照组 20 例, 留取新鲜粪便标本、静脉血, 分别采用免疫荧光法检测粪便钙卫蛋白浓度、电化学发光法检测血清癌胚抗原浓度。绘制 ROC 曲线分析粪便钙卫蛋白、血清癌胚抗原单项检测诊断大肠癌的灵敏度、特异度。计算二者联合检测灵敏度, 讨论在大肠癌中的作用。

**结果** 大肠癌组和正常对照组粪便钙卫蛋白含量分别为  $207.87 \pm 154.44 \mu\text{g/g}$ 、 $29.88 \pm 25.15 \mu\text{g/g}$ , 差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 血清癌胚抗原含量分别为  $58.63 \pm 152.23 \mu\text{g/g}$ 、 $3.93 \pm 7.62 \mu\text{g/g}$ , 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。大肠癌组粪便钙卫蛋白、血清癌胚抗原含量均高于正常对照组。在 ROC 曲线中, 粪便钙卫蛋白和血清癌胚抗原诊断大肠癌的最佳截断点为  $39.00 \mu\text{g/g}$ 、 $4.00 \mu\text{g/g}$ , 此点对应的灵敏度分别为 89.47%、63.12%, 特异度分别为 90.00%、90.00%, 二者比较有显著性差异( $P<0.05$ )。二者联合后灵敏度提高至 96.11%, 效果更好。

**结论** 粪便钙卫蛋白联合血清癌胚抗原对提示大肠癌具有重要价值, 临床值得推广。

PU-4499

## 肠杆菌科细菌感染的耐药性分析及分布特点

陈晶

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 了解引起临床感染的肠杆菌科细菌对常用抗生素的耐药情况及其临床分布特点,为临床治疗提供参考依据。

**方法** 对 2018 年 1 月-2019 年 1 月临床分离的肠杆菌科细菌应用全自动化微生物分析仪进行菌株鉴定和药敏试验,采用 WHONET5.6 软件对药敏结果进行统计。

**结果** 从各类标本中共分离出肠杆菌科细菌 1925 株,其中大肠埃希菌 926 株(48.1%),肺炎克雷伯菌 541 株(28.1%),奇异变形杆菌 123 株(6.4%),阴沟肠杆菌 117 株(6.1%),粘质沙雷菌 74 株(3.8%),普通变形杆菌 49 株(2.5%),产气肠杆菌 48 株(2.5%),其他肠杆菌科细菌 47 株(2.5%)。肺炎克雷伯菌对氨苄西林耐药率最高(89.4%),大肠埃希菌对氨苄西林、复方新诺明、头孢噻肟的耐药率分别为 83.0%、57.4%、45.5%。肠杆菌科细菌对亚胺培南、美罗培南、阿米卡星的耐药率最低(6.0%)。

**结论** 肠杆菌科细菌的临床感染以大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌为主,对常用抗生素药物出现不同程度的耐药。碳氢霉烯类仍是肠杆菌科细菌最敏感的药物,但已出现碳氢霉烯耐药菌,应加强对肠杆菌科细菌耐药性监测,以指导临床合理使用抗生素,更好的控制医院感染的发生。

PU-4500

## Beckman DXI800 系统 TT4 检测异常增高分析处理

齐永志,于铭钊,刘敏,乐宇

解放军总医院第六医学中心

**目的** 分析干扰 Beckman DXI800 系统 TT4 检测的相关因素,为临床提供可靠的甲状腺功能判断指标。

**方法** 选取 Beckman DXI800 检测平台 TT4 结果升高,TT3、FT3、FT4、TSH 结果正常标本 50 例,在 Abbott I4000 检测平台复测,比较不同平台检测结果。在 Beckman AU5821 生化分析仪上,采用免疫透射比浊法对 50 例样本中 RF 进行检测。干扰排除实验采用山羊 IgG、B1gG、SALP 作为阻断剂与样本混合,Beckman DXI800 平台检测封闭前后 TT4 数值。

**结果** 选取的 50 例样本中,在 Abbott I4000 上检测超过生物参考区间上限的有 3 例,占比 6%,RF 检测结果升高样本 6 例,占总数的 12%。1 例干扰排除实验结果显示为碱性磷酸酶干扰物干扰。

**结论** 两种检测平台阳性率差异大不同检测平台抗干扰能力有较大差异。RF 不是影响 DXI800 检测 TT4 异常增高的主要原因。碱性磷酸酶干扰物对 DXI800 检测 TT4 的影响需要进一步实验证实。

PU-4501

## 乳腺癌中 EZH2 蛋白的表达及其意义

何芸

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 通过检测 EZH2 蛋白在乳腺疾病中的差异性表达情况,探讨 EZH2 蛋白与乳腺癌发生发展的相关性。



**方法** 收集贵州医科大学附属医院确诊为乳腺疾病的病人乳腺组织及外周血血清, 其中乳腺癌 137 例, 乳腺纤维腺瘤 20 例, 采用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测血清中 EZH2 蛋白表达情况, 分析乳腺癌中 EZH2 蛋白表达与乳腺癌患者的年龄、绝经情况、肿瘤直径、淋巴结转移、pTNM 分期的关系; 并将收集的癌旁组、乳腺纤维腺瘤组、乳腺癌组及有转移乳腺癌组的乳腺癌组织, 分别提取各组组织蛋白, 采用 Western Blot 法检测 EZH2 蛋白的表达情况, 探讨 EZH2 蛋白与乳腺癌发生发展的相关性。

**结果** 在 137 例乳腺癌患者中, EZH2 蛋白的表达与肿瘤直径、淋巴结转移、pTNM 分期具有相关性, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而与患者年龄、绝经情况无相关性, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。Western Blot 结果显示, EZH2 蛋白在乳腺癌组织、淋巴结转移乳腺癌组织中分别较癌旁组织上调  $10.78\pm 0.091$ 、 $12.82\pm 0.069$  倍 ( $P<0.05$ )。

**结论** EZH2 蛋白表达情况与乳腺癌的肿瘤直径、淋巴结转移、pTNM 分期具有相关性, 且 EZH2 的表达与乳腺癌疾病的恶性程度呈正相关, 故 EZH2 有可能作为鉴别乳腺组织良恶性病变的有意义指标。

## PU-4502

### (1, 3) - $\beta$ -D-葡聚糖检测对深部真菌感染的诊断价值

陈晶

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 探讨 (1, 3) - $\beta$ -D-葡聚糖检测对深部真菌感染 (DFI) 的诊断价值, 以期用于临床的指导与治疗。

**方法** 回顾性分析 2017-2108 年于我院就诊的 159 例患者的 (1, 3) - $\beta$ -D-葡聚糖检测结果。其中已确诊为深部真菌感染的患者 75 例, 确定无真菌感染患者 84 例。以前者为阳性对照组 (DFI 组), 后者为阴性对照组 (非 DFI 组), 使用 SPSS 17.0 软件对数据进行 ROC 曲线分析, 从而获得用 (1, 3) - $\beta$ -D-葡聚糖检测对深部真菌感染诊断的最佳特异性、灵敏度及 Cut-off 值。

**结果** DFI 组的 (1, 3) - $\beta$ -D-葡聚糖水平较非 DFI 组明显增高,  $P=0.001$ , 存在显著性差异; 诊断 DFI 的最佳灵敏度为 77.3%, 特异性为 84.5%, Cut-off 值为 59.59pg/ml。

**结论** (1, 3) - $\beta$ -D-葡聚糖检测对深部真菌感染具有较好的灵敏度及特异性, 故其对早期诊断具有一定的价值。

## PU-4503

### 我国检验结果互认现况研究分析

刘旭

郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 医学检验结果互认作为努力让群众看好病的重要举措之一得到各级卫生行政部门的强力推行, 并在历次深化医药卫生体制改革重点方案中一再强调。本文对全国互认的制定进行调查, 分析互认存在的问题与目标, 探讨互认进展不快的原因, 为互认下一步的调整提供参考。

**方法** 以文献分析和现况分析的方式, 对全国除香港、澳门、台湾外的 32 个省级卫生行政部门出台的医学检验结果互认制定现状进行调查, 并对互认内容进行比较分析。

**结果** 自卫生部 2006 年 2 月颁布《医疗机构临床实验室管理办法》, 发布《关于医疗机构间医学检验、医学影像检查互认有关问题的通知》起, 各地卫生部门纷纷响应号召, 积极开展检验结果互认的研究。北京市为全国首批实现临床检验结果互认的城市之一, 于 2006 年和 2008 年先后确立了 50 家三级医院和 19 家二级及以上医院之间的检验结果互认。无锡市卫生局于 2011 年底公布该市二级、三级医疗机构之间已能做到检验结果互认, 下级医疗机构与上级医疗机构的检验结果也能互

认。但目前在全国范围内,互认工作执行情况并不乐观,医疗机构需解决多方面的问题才能全面实现检验结果互认。

**结论** 医学临床检验结果的互认问题一直成为目前医患之间议论的焦点问题。作为一名医学检验人员,本文结合实际工作,对当前临床检验结果互认存在的问题:1.医疗机构间配套设施和质量管理水平的差距;2.认知水平差异;3.医疗卫生机构经济利益受损;4.医学检验方法与质量控制手段的局限性;5.相关软科学相关研究的滞后等问题进行分析,并提出了临床检验结果互认推进过程中应该关注的几个问题。

## PU-4504

# Identification of serum piRNA biomarkers and construction of a diagnostic model for colorectal cancer

Ailin Qu<sup>1,2</sup>, Yongmei Yang<sup>1</sup>, Chuanxin Wang<sup>2</sup>

1. Qilu Hospital, Shandong University

2. The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Piwi-interacting RNAs (piRNAs) are a novel class of small non-coding RNAs, which are not easily degraded but detectable in human body fluids. In the present study, we systematically and comprehensively screened CRC-specific piRNA biomarkers in the serum samples, and established a non-invasive piRNA-based panel for CRC diagnosis.

**Methods** High-throughput sequencing was performed to investigate the serum piRNA profiles, followed by evaluations in serum samples of 220 colorectal cancer (CRC) patients and 220 healthy controls using reverse transcription quantitative real-time PCR (RT-qPCR). Biomarker panels including piRNA-based Panel I and carcinoembryonic antigen (CEA)-based Panel II, were developed by logistic regression model, and their diagnostic potentials were compared. Fagan's nomogram was plotted to promote clinical application.

**Results** There were 16 piRNAs that were differentially expressed between the CRC patients and healthy controls by Illumina HTS. Among them, five piRNAs (piR-001311, piR-004153, piR-017723, piR-017724 and piR-020365) displayed differential expression patterns between CRC patients and controls (all  $P < 0.05$ ) in the training set. A diagnostic piRNA panel (piRNA-based Panel I) based on the five piRNAs for CRC was constructed by logistic regression model as follows:  $\text{Logit}(P=\text{CRC}) = -1.0391 + 0.1621 \times \text{piR-001311} + 0.203 \times \text{piR-004153} + 0.3711 \times \text{piR-017723} + 0.0897 \times \text{piR-017724} + 0.128 \times \text{piR-020365}$ . ROC curve analysis revealed that the AUC for the five-piRNA panel in training and validation sets were 0.867 and 0.854, respectively. Using logistic regression model, we also constructed CEA-based Panel II (including CEA and CA19-9) and plotted its ROC curve with an AUC of 0.735 in the training set. Moreover, we compared the AUC values of piRNA-based Panel I and CEA-based Panel II, and found that Panel I had significantly higher AUC value than Panel II ( $P < 0.001$ ). In Fagan's nomogram, we set the pre-test probability of CRC at a hypothetical value of 5%. If a patient had a positive piRNA-based Panel I result, the post-test probability that he truly has CRC would rise to 14.1%. Alternatively, if the patient had a negative result, the post-test probability would decrease to 1.5%. Kaplan-Meier survival analysis and Cox proportional hazards model showed that piR-017724 expression was an independent prognostic factor for OS and PFS in CRC patients ( $P = 0.003$  and  $P = 0.004$ , respectively).

**Conclusions** In the present study, we for the first time demonstrated a potentially clinically applicable serum piRNA panel (piR-001311, piR-004153, piR-017723, piR-017724 and piR-020365) for tumor detection and meanwhile, serum piR-017724 was identified as an independent prognosis predictor in patients with CRC. The diagnostic potential of this five-piRNA based panel was better than that of conventional biomarkers. Furthermore, we constructed a Fagan's nomogram which could facilitate the interpretation of test results into clinically useful information. Our study provided a new type of biomarkers with great applicability potential and represented a new approach for the non-invasive diagnosis of CRC.

## PU-4505

**γ-干扰素释放试验 QFT 对结核病的诊断价值**

陈晶

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 评估 γ-干扰素释放试验 (Interferon-γ release assays, IGRAs) 的全血检测法在结核诊断中的应用价值。

**方法** 收集南方医科大学南方医院 2016.11.01 至 2018.11.30 进行 IGRAs 的住院病人的病例作为研究对象,有效数据共 1246 例,包括结核病 242 例(肺结核 135 例,肺外结核 107 例)、陈旧性结核 52 例、非结核病 952 例。详细记录病人的基本资料、临床诊断结果,IGRAs 结果、及其它实验室指标。对 IGRAs 检验结果进行分组分层比较,计算灵敏度(sensitivity)、特异度(specificity)、准确度、阳性预测值(positive predictive value, PPV)、阴性预测值(negative predictive value, NPV)、阳性似然比(LR+)及阴性似然比(LR-),并绘制受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic, ROC)。

**结果** QFT 诊断结核病具有较高的灵敏度及特异度,分别为 83.47%与 79.94%;在结核病,陈旧性结核与非结核病的诊断中,QFT 阳性率的差异具有统计学意义,陈旧性结核组阳性率明显高于非结核组;QFT 对肺结核和肺外结核诊断的灵敏度分别为 82.70%与 83.18%,差异无统计学意义;QFT 与抗酸涂片、结核杆菌抗体(Ig G)、结核杆菌 DNA、Gene X-pert 相比,灵敏度高而特异度低。

**结论** QFT 在结核病的诊断中有着较高的灵敏度和特异度,有较好的临床诊断价值,但不能鉴别陈旧性结核和结核病。

## PU-4506

**脑脊液中肝素结合蛋白在鉴别细菌性脑膜炎和病毒性脑膜炎中的价值**

李家锋

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 通过对脑脊液肝素结合蛋白(HBP)的检测,探讨其测定结果在鉴别细菌性脑膜炎和病毒性脑膜炎中的应用价值。

**方法** 选取确诊为细菌性脑膜炎患者 15 例,病毒性脑膜炎患者 15 例,以及脑脊液常规检测正常(非脑膜炎患者)15 例,将其分为细菌组,病毒组 and 对照组,然后用干式荧光免疫分析仪分别检测三组脑脊液中的 HBP,并同期检测三组脑脊液中的糖含量、蛋白含量、氯化物含量以及白细胞计数,比较细菌组与病毒组脑脊液中 HBP 的浓度变化。

**结果** 细菌组脑脊液中的 HBP 浓度水平、氯化物、白细胞、蛋白质都高于病毒组,而糖含量低于病毒组,有统计学差异( $P < 0.05$ );在细菌组肝素结合蛋白和白细胞同时升高占 86.7%,在病毒组肝素结合蛋白和白细胞同时升占 33.3%;绘制 ROC 曲线得出细菌组 HBP 和白细胞的 ROC 曲线下面积分别为 0.920、0.681,病毒组 HBP 和白细胞的 ROC 曲线下面积分别为 0.670、0.527。

**结论** 细菌性脑膜炎患者脑脊液中 HBP 含量和白细胞计数都显著高于病毒性脑膜炎患者,HBP 在细菌性脑膜炎中的灵敏度高于在病毒性脑膜炎,并且结合两项指标检测能达到快速、简便灵敏地初步鉴别细菌性脑膜炎和病毒性脑膜炎疾病。

## PU-4507

## 探讨复发性流产患者抗心磷脂抗体水平及其它指标与正常妊娠女性的差异

崔红燕,刘晓丹

中国医科大学附属第二医院,110000

**目的** 探讨复发性流产(RSA)患者抗心磷脂抗体水平及其它指标与正常妊娠女性的差异。

**方法** 选择 RSA 患者 76 例为实验组和正常妊娠女性 68 例为对照组作为研究对象。抽取静脉血,检测所有研究对象的抗心磷脂抗体水平以及其它实验室检查项目,记录并分析所得实验数据。

**结果** 复发性流产患者的抗心磷脂抗体 IgG、IgM、IgA 水平显著高于正常妊娠女性,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),其中实验组与对照组 aCL-IgG 的中位数分别是 4.25 和 1.65, aCL-IgM 的中位数分别是 2.10 和 1.35,而 aCL-IgA 的中位数分别是 1.25 和 0.70。实验组的 LY%、LY、PLT、MPV、PCT 显著高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。同时实验组的 WBC、PDW 显著低于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 复发性流产患者的抗心磷脂抗体水平显著高于对照组,同时淋巴细胞和血小板参数也存在显著差异,联合检测抗心磷脂抗体、淋巴细胞以及血小板参数等实验室检查项目对复发性流产的早期诊断和治疗具有一定的临床意义。

## PU-4508

## DNA 聚合酶 $\epsilon$ 的生物学功能

张驰

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 就 DNA pol  $\epsilon$  的结构及功能最新研究进展进行综述。

**方法** DNA 聚合酶  $\epsilon$  (DNA pol  $\epsilon$ ) 属于 DNA 聚合酶 B 家族,是参与真核生物细胞 DNA 合成和复制的关键酶之一,其由 Pol2、Dpb2、Dpb3 和 Dpb4 四个亚基构成。

**结果** 基于氧化损伤等导致的 DNA 损伤可引起 DNA 复制、转录及翻译异常,不仅与细胞凋亡、细胞转化密切相关,且与多种疾病的发生存在紧密关联。

**结论** DNA pol  $\epsilon$  具有 5'-3'聚合酶活性和 3'-5'外切酶活性,同时参与多种形式的 DNA 损伤修复过程,对于基因完整性有重要意义

## PU-4509

## 血小板参数对妊娠期血小板减少性疾病的应用评价

王世君

贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 分析妊娠合并血小板减少的病因及血小板参数变化情况,探讨妊娠期血小板减少对分娩方式的选择及产后出血情况的影响。

**方法** 选取贵医附院 2018 年 8 月~2019 年 4 月入院分娩的 57 例妊娠合并血小板减少的孕产妇作为观察组,同时选取 40 例血小板计数正常的妊娠女性作为对照组,使用 sysmex xn-2000 全自动血细胞分析仪检测血小板参数 PLT、MPV、PDW、PCT、P-LCR 的结果,同时收集记录分娩方式的选择及产后出血情况。

**结果** 妊娠相关性血小板减少症（Pregnancy-associated thrombocytopenia, PAT）与妊娠期高血压疾病（Pregnancy induced hypertension, PIH）组除 PLT 计数与对照组相比显著减低（ $P<0.05$ ）外，其余血小板参数对比无统计学意义，而特发性血小板减少性紫癜（Idiopathic thrombocytopenia Purpura, ITP）组各项血小板参数与对照组、PAT 及 PIH 组对比有显著差异；PAT、ITP 和 PIH 组在血小板减少程度、分娩方式的选择和产后出血情况上有显著差异，但血小板减少程度在分娩方式和产后出血情况上的比较无显著差异。

**结论** 血小板减少的孕产妇随 PAT、ITP、PIH 不同病因的发生主要表现为 PLT 的减少，而 MPV、PDW、P-LCR 的变化在 ITP 中显著增加。PAT、ITP、PIH 的孕产妇与正常孕产妇相比在剖宫产率上明显增高，不受 PLT 减少程度的明显影响，PIH 组与对照组相比在产后出血的发生率也增加，但 PAT、ITP 组与对照组相比无明显变化。

## PU-4510

### 甲型肝炎病毒 2C 蛋白的解旋活性研究

程振云

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 将甲型肝炎病毒（HAV）编码的 2C 蛋白与同属小 RNA 病毒目的其它几种病毒的氨基酸序列进行同源比对后，发现该蛋白的氨基酸序列中含有三个比较保守的氨基酸基序，与解旋酶同框，但是该蛋白的解旋功能在小 RNA 病毒中未曾发现，希望能通过实验验证该蛋白的解旋功能。

**方法** 将甲型肝炎病毒（HAV）编码的 2C 蛋白与同属小 RNA 病毒目的其它几种病毒的氨基酸序列进行同源比对后，发现该蛋白的氨基酸序列中含有三个比较保守的氨基酸基序，根据同源比对的结果设计了 2C 基因的特异性扩增引物，并在引物中引入适当的酶切位点（XbaI 和 KpnI），通过 RT-PCR 方法扩增获得 HAV 非结构蛋白 2C 的基因片段，回收该目的片段并与 T 载体进行连接后，转化到 DH5 $\alpha$  的感受态细胞中，挑选阳性克隆并提取其质粒，将测序正确的质粒和 pFastBac<sup>TM</sup>HTA-MBP 载体进行双酶切并回收目的片段，连接后转化到 DH10Bac<sup>TM</sup>Ecoli 感受态细胞中获得重组穿梭载体，经转染和感染昆虫细胞 Sf9 后，获得重组蛋白 MBP-2C，通过 SDS-PAGE 和 western-blot 分析，检测到 2C 蛋白成功表达，并确定了 2C 蛋白的解旋功能。

**结果** 成功确定甲型肝炎病毒 2C 蛋白具有解旋功能。

**结论** 甲型肝炎病毒 2C 蛋白具有解旋活性。

## PU-4511

### 2012-2017 年南方医院血培养的病原菌分布及耐药性变迁

肇恒瑞

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 了解南方医院血培养分离病原菌的分布及耐药变迁状况，为临床诊治血流感染提供实验室依据，为临床用药提供参考。

**方法** 收集南方医院 2012-2017 年之间血培养阳性的相关数据，按照美国 CLSI 2017 年版标准判读结果，用 WHONET 5.6 软件统计分析血培养标本分离菌的分布及耐药性。

**结果** 2012—2017 年血培养共分离出 4481 株病原菌，其中革兰阴性菌占 61.5%，革兰阳性菌占 34.2%，真菌占 4.3%。常见的病原菌依次是大肠埃希菌（21.3%）、凝固酶阴性葡萄球菌（14.4%）、肺炎克雷伯菌（12.9%）、金黄色葡萄球菌（7.1%）、铜绿假单胞菌（6.7%）、不动杆菌属（5.4%）（鲍曼不动杆菌及鲍曼/醋酸钙不动复合体占 97.8%）、粪肠球菌（3.9%）、阴

沟肠杆菌(3.4%)等。根据6年的药敏结果,每两年综合分析可见,耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)占金黄色葡萄球菌总数的比例分别为31.0%、36.8%和47.6%;耐甲氧西林的凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)占凝固酶阴性葡萄球菌总数的比例分别为89.7%、89.4%和85.4%。葡萄球菌属、链球菌属和粪肠球菌中均未发现万古霉素耐药菌株,屎肠球菌对万古霉素的耐药率为0.09%。肠杆菌科对碳青霉烯耐药的菌株呈逐年增多的趋势,6年中共发现4株大肠埃希菌,19株肺炎克雷伯菌和7株阴沟肠杆菌,分别为各自菌种的0.4%、3.3%和4.5%。不动杆菌属(鲍曼不动杆菌及鲍曼/醋酸钙不动复合体占97.8%)对亚胺培南的耐药率分别为40.7%、42.6%和57.1%;对美罗培南的耐药率分别为39.2%、40.3%和54.8%。铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率分别为10.1%、12.0%和18.0%;对美罗培南的耐药率分别为4.0%、5.5%和7.1%,呈逐年上升的趋势,对哌拉西林-他唑巴坦的耐药率分别为6.1%、5.8%和6.3%,耐药性较为稳定。

**结论** 临床分离菌对常见抗菌药物的耐药率仍呈增长趋势,应加强医院感染防控措施,加强实验室与临床的沟通,使临床重视病原菌的检测并根据药敏试验结果合理使用抗菌药物。

## PU-4512

### Dysregulated circRNAs in peripheral blood mononuclear cells from active tuberculosis patients

黄自坤

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** Dysregulated expression of circular RNAs (circRNAs) was demonstrated to be implicated in many diseases. Here, we aimed to determine circRNA profile in peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) from active tuberculosis (TB) patients to identify novel biomarkers for TB.

**方法** Expression profile of circRNAs in PBMCs from 3 active pulmonary TB patients and 3 healthy controls were analyzed by microarray assay. Six circRNAs were selected for validation using real time-quantitative PCR (qRT-PCR) in 40 TB patients and 40 control subjects.

**结果** ROC curve analysis suggested that hsa\_circRNA\_001937 has the largest area under the curve (AUC = 0.873,  $P < 0.001$ ). Hsa\_circRNA\_001937 was significantly increased in patients with TB compared with patients with pneumonia, COPD and lung cancer. Hsa\_circRNA\_001937 was correlated with TB severity ( $r = 0.4053$ ,  $P = 0.010$ ) and its expression significantly decreased after treatment.

**结论** This study identified a set of deregulated circRNAs in active TB PBMCs, our data also suggest that hsa\_circRNA\_001937 can be used as a potential diagnostic biomarker of TB.

## PU-4513

### Value of immune factors for monitoring risk of lung cancer in patients with interstitial lung disease

Ge Wu, Baoqing Sun, Haisheng Hu

First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** Patients with interstitial lung disease (ILD) are at increased risk of developing lung cancer. We aimed to investigate the clinical significance of serum immune factors in this progression.

**Methods** We retrospectively screened a hospital database from January 2012 to December 2016 for patients with lung cancer and ILD. We measured serum levels of C3, C4, IgA, IgG, IgM, C-reactive protein (CRP), ceruloplasmin (CER), and rheumatoid factor in these patients and in healthy controls.

**Results** We analyzed data for 262 patients with lung cancer, 220 with ILD, and 57 healthy controls. CER levels were significantly higher in patients with lung cancer ( $0.35 \pm 0.10$  g/L) compared with both ILD patients ( $0.31 \pm 0.25$  g/L) and healthy individuals ( $0.25 \pm 0.04$  g/L). C3 and C4 levels were both significantly higher in healthy individuals compared with patients with lung cancer (C3:  $1.70 \pm 0.29$  vs  $1.04 \pm 0.26$  g/L, C4:  $0.27 \pm 0.24$  vs  $0.24 \pm 0.09$  g/L) and ILD (C3:  $1.70 \pm 0.29$  vs  $0.97 \pm 0.25$  g/L, C4:  $0.27 \pm 0.24$  vs  $0.21 \pm 0.09$  g/L). Optimal scaling analysis demonstrated that lung cancer was closely associated with CRP, CER, C3, and C4.

**Conclusions** Increased levels of CRP and CER and decreased levels of C3 and C4 may identify patients with ILD at high risk of developing lung cancer.

## PU-4514

### 血清降钙素原预测患者血流感染的临床价值

伊贝拜汗·买买提,梁梦洁,王海叶,李静,蔺豪杰,张新  
新疆生产建设兵团总医院,830000

**目的** 探讨不同血清降钙素原水平预测患者血流感染的临床价值。

**方法** 梅里埃荧光免疫法检测患者血清降钙素原 (PCT)。纳入标准: 选取 2014 年 1 月至 2015 年 12 月新疆生产建设兵团医院所有进行过血培养和 PCT 检测的住院患者, 且血培养与 PCT 的送检时间间隔不超过 24h。定量数据用中位数 (四分位间距) 描述。PCT 医学决定水平: 0.5 ng/ml、2 ng/ml 和 10 ng/ml。

**结果** 符合纳入标准的患者共 595 例, 其中血培养阳性患者 (阳性组) 205 例, 血培养阴性患者 (阴性组) 390 例。检出 G<sup>+</sup>球菌 78 株、G<sup>-</sup>杆菌 122 株、真菌 5 株。阳性组患者年龄、体温、呼吸频率均高于阴性组患者 ( $P < 0.05$ ), 性别和心率两组间无差异 ( $P > 0.05$ )。阳性组与阴性组比较, PCT [ $2.48 (0.29, 21.75)$  ng/ml VS  $0.29 (0.05, 1.65)$  ng/ml]、白细胞总数 (WBC) [ $10.51 (7.41, 14.98) \times 10^9/L$  VS  $8.67 (6.18, 11.89) \times 10^9/L$ ] 和中性粒细胞总数 [ $9.1 (5.89, 12.9) \times 10^9/L$  VS  $7.12 (4.78, 10.05) \times 10^9/L$ ] 有差异 ( $P < 0.05$ ), C 反应蛋白 (CRP) [ $69.8 (27.6, 139.5)$  mg/L VS  $70.54 (24.22, 116.42)$  mg/L] 无差异 ( $P > 0.05$ )。校正年龄后多因素 logistic 回归显示 PCT、WBC 是血培养阳性的独立预测因子。PCT 2~10 ng/ml 的患者发生血流感染的风险是 PCT < 0.5 ng/ml 的 2.789 倍 (95%CI: 1.478, 5.253); PCT ≥ 10 ng/ml 的患者发生血流感染的风险是 PCT < 0.5 ng/ml 的 5.283 倍 (95%CI: 2.944, 9.637); PCT ≥ 10 ng/ml 的患者发生血流感染的风险是 PCT 0.5~2 ng/ml 的 3.337 倍 (95%CI: 1.648, 6.933)。PCT、WBC 的 ROC 曲线下面积分别为 0.713 (95%CI: 0.669, 0.756) 和 0.605 (95%CI: 0.556, 0.653)。当 PCT 为 1.250 ng/ml 时 ROC 曲线下面积最大, 血培养阳性的灵敏度和特异度分别为 59.51% 和 72.05%。

**结论** 患者随着血清 PCT 水平升高, 发生血流感染的风险增加。

## PU-4515

### 体检人群血脂和阿尔茨海默相关神经丝蛋白水平的关系探讨

王芳,方堃,张玉蓉,刘阳,黄亮,侯彬,袁丹  
四川省科学城医院,621000

**目的** 分析血脂水平、尿液中的 AD7C-NTP 含量的关系, 探讨血脂与早期诊断阿尔茨海默病 (Alzheimer's Disease, AD) 的关联机制。

**方法** 选取医院体检者 1185 例, 采用全自动酶标分析仪 (ELISA 法) 及贝克曼全自动生化分析仪分别检测尿 AD7C-NTP 和血脂指标。

**结果** NTP 升高组 TC 水平高于 NTP 正常组, LDL 水平低于 NTP 正常组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血脂可能参与了 AD 的发生发展, 为临床诊断与治疗提供了新的思路。

#### PU-4516

### 外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值及血小板 / 淋巴细胞比值 在胆管癌术后预后的价值

张兵兵, 左铎, 任丽  
天津市肿瘤医院

**目的** 评价中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR) 和血小板 / 淋巴细胞比值 (PLR) 在胆管癌术后的预后价值及二者在消化系统恶性肿瘤中的诊断价值进行比较。

**方法** 回顾性分析 2009 年 1 月-2014 年 6 月在天津医科大学肿瘤医院消化道肿瘤科确诊为恶性肿瘤并且经手术切除治疗的 284 例患者的临床资料, 包括胆管癌 49 例、肝癌 50 例、食管癌 50 例、胃癌 47 例、胰腺癌 41 例、结直肠癌 49 例。以总生存期为终点, 分别制作 NLR 和 PLR 的 ROC 曲线。采用 Cox 单因素分析各因素对总生存期的影响, 提示有统计学意义以及有专业意义的因素引入 Cox 多因素回归分析以筛选影响因素。各个肿瘤中 PLR 与 NLR 分别绘制 Kalan-meier 曲线以及进行 Log-rank 检验。采用卡方检验分析各肿瘤术前 NLR 以及 PLR 与其他临床病理因素的相关性。

**结果** cox 多因素分析结果显示, NLR 是胆管癌, 食管癌预后的独立因素, 在胆管癌中的预测作用比其他指标更理想, PLR 在任何一种消化道肿瘤中都不是预后独立因素。Kaplan-meier 以及 Log-rank 检验结果显示, PLR 虽然不是消化道肿瘤预后的独立因素, 但 PLR 高组和低组的患者总生存率有显著差异。卡方检验结果显示, 在多种消化系统肿瘤中 PLR 均与 NLR 相关, 在结直肠癌中 PLR 还与 CEA 相关。在胆管癌中, NLR 与肿瘤大小相关。

**结论** NLR 可作为胆管癌的独立预后因素, NLR 在胆管癌中比在其他常见消化道肿瘤中的预后价值高, 其预测价值优于 PLR。PLR 虽然不是消化系统肿瘤患者预后的独立预测因子, 但其增高仍与预后不良相关。

#### PU-4517

### 2008 年-2018 年血培养病原菌分布及耐药性分析

孙国全  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 了解 2008 年-2018 年综合医院血培养标本常见病原菌的分布和耐药性。

**方法** 采用美国 BD 公司 BACTEC9240 型全自动血培养仪及其配套血培养瓶, 所有分离病原菌采用法国生物梅里埃公司 Vitek-2、MS、BD PhoeniX 100 进行细菌鉴定和药敏试验, 应用 WHONET5.6 软件进行细菌菌谱和耐药性分析。

**结果** 77299 例血培养标本共分离出 12416 株病原菌, 阳性率为 16.06%, 其中革兰阳性球菌 5783 株, 占 46.57%, 革兰阴性杆菌 5344 株, 占 43.04%, 真菌 1053 株, 占 8.48%; 分离率最高的细菌是大肠埃希菌 (11%), 其次是表皮葡萄球菌 (9%)、人葡萄球菌 (9%)、肺炎克雷伯菌 (8%)、金黄色葡萄球菌 (6%)、鲍曼不动杆菌 (5%)、屎肠球菌 (4%) 铜绿假单胞菌 (4%)、; 葡萄球菌属对利奈唑胺、万古霉素、替考拉宁高度敏感, 金黄色葡萄球菌中耐甲氧西



林菌株占 33.2%，呈逐年下降趋势，凝固酶阴性葡萄球菌中耐甲氧西林菌株占 70.1%，近几年一直维持在 70%左右的水平；革兰阴性杆菌（除鲍氏不动杆菌）对碳青霉烯类药物敏感性较好，头孢菌素类和喹诺酮类耐药率较高，但肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类耐药率在 2016 年后成快速上升趋势，由 2008 年的 1.9%上升到 2018 年的 15.1%，；大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶株分别占 63.8%、38.2%。

**结论** 引起菌血症的病原菌种类复杂，多种菌株耐药率较高，应特别关注碳青霉烯类的耐药问题尤其是肺炎克雷伯菌对该类抗菌药物耐药率快速增长，临床应根据病原菌变化及耐药性及时调整抗菌药物用药。

## PU-4518

### SIRT4 在癌症发生发展中作用的研究

任一丹

山东大学第二医院,250000

**目的** SIRT4 是 Sirtuin 家族中了解相对较少的成员之一，对于 SIRT4 与癌症发生的关系，目前还有很多未知的领域有待研究。深入研究 SIRT4 对癌症细胞侵袭、迁移、EMT 以及干性的调控作用，将为未来癌症的诊断和治疗提供新的研究思路和靶点。

**方法** 结合国内外研究热点，明确 SIRT4 在多种常见癌症发生发展中的作用。

**结果** 明确 SIRT4 对癌症细胞侵袭、迁移、EMT 以及干性的调控作用，将为未来癌症的诊断和治疗提供新的研究思路和靶点。

**结论** 明确 SIRT4 对癌症细胞侵袭、迁移、EMT 以及干性的调控作用，将为未来癌症的诊断和治疗提供新的研究思路和靶点。

## PU-4519

### 2012-2017 年南方医院中段尿培养的病原菌分布及耐药性变迁

肇恒瑞

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 了解南方医院中段尿培养分离病原菌的分布及耐药变迁状况，为临床诊治血流感染提供实验室依据，为临床用药提供参考。

**方法** 收集南方医院 2012-2017 年之间中段尿培养阳性的相关数据，按照美国 CLSI 2017 年版标准判读结果，用 WHONET 5.6 软件统计分析中段尿培养标本分离菌的分布及耐药性。

**结果** 2012—2017 年中段尿培养共分离出 6160 株病原菌，其中革兰阴性菌占 66.7%，革兰阳性菌占 21.6%，真菌占 11.7%。常见的病原菌依次是大肠埃希菌（40.1%）、粪肠球菌（7.8%）、肺炎克雷伯菌（7.6%）、白色念珠菌（6.4%）、屎肠球菌（4.9%）、奇异变形杆菌（3.7%）、铜绿假单胞菌（2.7%）等。根据 6 年的药敏结果，每两年综合分析可见，产超广谱  $\beta$  内酰胺酶（ESBL）的大肠埃希菌占大肠埃希菌总数的比例分别为 48.5%、46.0%和 45.7%；产 ESBL 的肺炎克雷伯菌占肺炎克雷伯菌总数的比例分别为 45.8%、40.8%和 44.3%。肠杆菌科对碳青霉烯耐药的菌株 6 年中共发现 10 株大肠埃希菌，8 株肺炎克雷伯菌和 5 株阴沟肠杆菌，分别为各自菌种的 0.4%、1.7%和 5.3%。肠杆菌科对亚胺培南的耐药率分别为 0.4%、0.6%和 1.0%；对美罗培南的耐药率分别为 0.4%、0.6%和 1.0%。肠杆菌科细菌对左氧氟沙星的耐药率分别为 43.5%、46.8%和 48.4%，环丙沙星的耐药率分别为 48.6%、51.3%和 52.2%。分离到的革兰氏阳性细菌中葡萄球菌属、链球菌属和粪肠球菌中均未发现万古霉素耐药菌株，屎肠球菌对万古霉素的

耐药率为 0.7%，分离到的革兰氏阳性菌对万古霉素、替考拉宁及利奈唑胺的耐药率分别为 0.2%、0.2%和 3.4%。

**结论** 对于泌尿系统感染的患者应及时进行病原学的检测，明确病原菌并根据药敏试验结果合理使用抗菌药物，降低耐药株的出现，提高诊疗效果。

## PU-4520

### 某三级综合医院肠杆菌科细菌分布及耐药性分析

伊贝拜汗,买卖提,章波,王海叶,蔺豪杰,李静,李丽沙,张新  
新疆生产建设兵团总医院,830000

**目的** 回顾性分析 2014~2017 年分离肠杆菌科细菌的分布情况及耐药性变迁，为临床合理用药提供依据。

**方法** 用自动化仪器对临床分离菌株进行鉴定及敏感性试验，使用 K-B 法补充；采用 CLSI M100-S24 标准判断药敏结果及 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 共检出肠杆菌科细菌 5987 株，第一位是大肠埃希菌占 51.7%，其次为肺炎克雷伯菌占 28.5%，第三位为阴沟肠杆菌占 5.8%；泌尿系统是肠杆菌科细菌最常见的感染部位，占 44.9%，其次为呼吸系统，占 29.0%；肠杆菌科细菌对头孢菌素类耐药率较高，对碳青霉烯类药物耐药率偏低。产 ESBLs 大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌和奇异变形杆菌的分离率分别为 54.3%、39.3%和 42.5%，产 ESBLs 大肠埃希菌及奇异变形杆菌分离率呈逐年下降趋势，而 CRE 的整体分离率呈逐年上升趋势。

**结论** 本院分离的肠杆菌科细菌呈现不同程度的耐药，应加强细菌耐药性监测，并根据药敏实验结果合理使用抗菌药物。

## PU-4521

### 2013-2017 年鲍曼不动杆菌临床感染分布及耐药情况分析

罗雅文,李玲,何霞,羊建,李秋霖  
雅安市人民医院,625000

**目的** 了解 2013-2017 年本院分离的鲍曼不动杆菌的临床感染分布特征和耐药情况，为临床合理使用抗生素提供实验依据。

**方法** 对我院住院部 2013-2017 年分离的 777 株鲍曼不动杆菌的临床科室分布，标本类型分布和耐药情况进行回顾性分析，采用 SPSS 19.0 统计学软件对 5 年来鲍曼不动杆菌的检出率和耐药情况的变化进行统计学分析。

**结果** 2013-2017 年鲍曼不动杆菌的临床标本检出率分别为 1.15%，1.46%，1.94%，2.32%和 2.71%，呈明显上升的趋势（ $\chi^2=63.12$ ， $p<0.01$ ）。5 年来，临床分离鲍曼不动杆菌以痰标本的检出率最高，为 1.62%~3.93%，呈逐年上升趋势（ $\chi^2=50.97$ ， $p<0.01$ ）；临床科室以 ICU（2.75%~5.66%），神经外科（1.77%~4.35%）和呼吸内科（0.95%~2.40%）的检出率最高。临床分离鲍曼不动杆菌对临床常用抗生素耐药情况严重，其中对头孢菌素类耐药尤为明显（50.48%~96.41%），对左旋氧氟沙星的耐药率上升最严重（12.33%~40.24%）（ $\chi^2=28.23$ ， $p<0.01$ ），多重耐药率也呈逐年增高的趋势（30.14%~50.20%）（ $\chi^2=12.31$ ， $p<0.05$ ）。

**结论** 鲍曼不动杆菌的检出和耐药情况日益严重，应加强鲍曼不动杆菌的耐药监测，临床使用抗生素的监管，并制定合理的抗生素使用方案，以防止耐药菌株的播散流行。

## PU-4522

## 血清胱抑素 C 临床应用进展

刘佳蕊

解放军第九六四医院四六一院区

**目的** 胱抑素 C 是 1983 年由 Anastasi 等第一次在鸡蛋清中提炼出的较高纯度的半胱氨酸蛋白酶抑制剂。经研究表明血清胱抑素 C (sCysC) 能抵抗外界干扰, 反应出肾小球滤过率的变化, 可作为早期或者轻度肾损伤的标志物, 受到了人们的广泛关注。随着不断研究, Tanaka S 和 Nedeljkovic BB 等发现检测 sCysC 对于发现早期的骨质疏松症和慢性心衰等疾病也具有一定帮助。

**方法** Tanaka S 等收集了 46 名健康检查的受试者, 并通过定量测量骨状态和 sCysC。他们将有骨质疏松症受试者以年龄 <65 岁为界分为两个组, 再与无骨质疏松症的受试者间进行比较研究; Nedeljkovic BB 等收集了 68 例患有轻度至中度老年慢性心衰 (CHF) 的男性及 19 名相应的年龄和体重指数匹配的健康个体, 使他们接受了心血管系统、sCysC 和身体的健康评估。

**结果** Tanaka S 等研究显示 sCysC 水平与年龄, 肌酐和骨骼状态数据密切相关, 与僵硬度和年轻人平均值的百分比显著负相关。在骨质疏松症的患者中, sCysC 即使在调整年龄和性别后也显著增高, 而肌酐没有差异。对于年龄 ≥65 岁的患者, 骨质疏松症患者 sCysC 显著升高 ( $p < 0.05$ ), 但正常人和骨质疏松症患者的年龄无显著差异。Nedeljkovic BB 等研究显示, 68 例男性 CHF 患者 sCysC 显著高于健康对照组 ( $p < 0.0001$ )。而在 sCysC 三分位数增加时  $\beta$ -CTx 增加。在多变量回归分析中发现, sCysC 水平为阳性的患者与 CHF 致死风险增加有关。

**结论** sCysC 在骨质疏松症中显著增高, 可能是年龄 ≥65 岁的中老年人骨质疏松症的有用标志物。其机制是血清胱抑素 C 与骨质疏松症中的破骨细胞之间有联系, 并且已经证明胱抑素 C 通过涉及 RANK 信号传导的细胞内机制直接靶向破骨细胞祖细胞来减少破骨细胞的形成。老年男性 sCysC 水平是 CHF 的独立预测因子。较高的 sCysC 水平显示与患有 CHF 的男性的存活和骨丢失呈负相关。本文对部分 sCysC 与骨质疏松症和慢性心衰间的研究结果作一简要综述。

## PU-4523

## 2018 年南方医院血培养临床分离菌的分布及耐药性

肇恒瑞

南方医科大学南方医院, 510000

**目的** 了解 2018 年南方医院血培养分离菌的构成及耐药性为临床用药提供参考。

**方法** 收集南方医院 2018 年之血培养阳性的相关数据, 按照美国 CLSI 2018 年版标准判读结果, 按统一方案用 mic 法进行抗菌药物敏感试验的结果, 用 WHONET 5.6 软件统计分析血培养标本分离菌的分布及耐药性。

**结果** 2018 年血培养共分离出 822 株病原菌, 其中革兰阴性菌占 62.3%, 革兰阳性菌占 33.7%, 真菌占 4.0%。常见的病原菌依次是大肠埃希菌 (20.9%)、肺炎克雷伯菌 (14.8%)、凝固酶阴性葡萄球菌 (10.1%)、不动杆菌属 (8.5%)、金黄色葡萄球菌 (7.2%)、铜绿假单胞菌 (5.0%) 等。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 占金黄色葡萄球菌总数的比例分别为 41.4%; 耐甲氧西林的凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 占凝固酶阴性葡萄球菌总数的比例分别为 80.4%。葡萄球菌属、链球菌属和肠球菌属中均未发现万古霉素耐药菌株。肠杆菌科对碳青霉烯耐药菌株共 19 株 (4.8%), 其中包括 5 株大肠埃希菌, 13 株肺炎克雷伯菌和 1 株阴沟肠杆菌, 分别为各自菌种的 2.9%、10.7% 和 4.5%。不动杆菌属对亚胺培南的耐药率分别为 69.2%; 对美罗培南的耐药率分别为 69.2%。铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率分别为 15.9%; 对美罗培南的耐药率分别为 5.6%, 对哌拉西林-他唑巴坦的耐药率分别为 7.4%。

**结论** 2018 年南方医院血培养临床分离菌仍以革兰阳性菌为。应当加强防范碳青霉烯耐药的肠杆菌科细菌和广泛耐药的不动杆菌所致感染对临床造成的严重威胁。因此应合理应用抗菌药物，并加强医院感染控制措施抑制耐药菌传播。

## PU-4524

### 一起副伤寒甲、副伤寒乙同时暴发流行的患者临床特征及药物敏感性分析

伊贝拜汗·买买提,章波,王海叶,蔺豪杰,李静,李丽沙,张新  
新疆生产建设兵团总医院,830000

**目的** 对一起副伤寒甲、副伤寒乙同时暴发流行的患者临床特征及药物敏感性进行分析，为指导不同型别副伤寒沙门菌短期内同时暴发流行的感染治疗提供新的实验室依据。

**方法** 收集 2018 年 9 月至 10 月某中学一起副伤寒甲、副伤寒乙同时暴发流行事件中的住院患者 40 例，对患者血液和粪便进行实验室及病原学检查。以 WS280-2008《伤寒和副伤寒诊断标准》为依据，27 例患者为确诊病例，有副伤寒临床表现且分离出甲型、乙型副伤寒沙门菌；13 例患者为临床确诊病例，有副伤寒临床表现而未分离出病原菌。分析临床资料、实验室检测结果及药物敏感性试验。

**结果** 40 例患者中，男性 12 例，女性 28 例，中位年龄 16.0[16.0, 17.0]岁。患者首发症状为发热，其中急性高热 25 例(62.5%)；部分患者伴有消化及呼吸系统症状，其中腹痛 14 例(35.0%)，腹泻 9 例(22.5%)，呕吐 13 例(32.5%)，便秘 6 例(15.0%)，呼吸道感染 8 例(20.0%)。

白细胞计数正常或降低有 37 例(92.5%)，嗜酸性粒细胞绝对值降低 31 例(75%)，C-反应蛋白升高 37 例(92.5%)，降钙素原均升高。21 例患者血液分离培养出 19 例甲型副伤寒沙门菌，2 例乙型副伤寒沙门菌；7 例患者粪便分离培养均为乙型副伤寒沙门菌；其中 1 例患者血液分离培养为甲型副伤寒沙门菌，粪便分离培养为乙型副伤寒沙门菌。药敏提示甲型、乙型副伤寒沙门菌对氨苄西林、复方新诺明、头孢他啶、头孢曲松、氯霉素的敏感率均为 100%，环丙沙星及左氧氟沙星中介率均为 100%。

**结论** 本次疫情主要以发热、消化道不适为主，实验室病原学检查是诊断和合理治疗副伤寒疾病的重要手段。

## PU-4525

### 急诊化验室超敏肌钙蛋白 T 危急值的临床分析

李冠霖  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨本院急诊化验室的超敏肌钙蛋白 T 的危急值结果的临床分析及在各个科室分布的情况。

**方法** 统计 2017 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日期间郑州大学第一附属医院急诊化验室检测的超敏肌钙蛋白 T 的危急值，统计危急值通报率、危急值通报及时率、危急值临床确认时间及危急值的患者年龄分析与临床分布。

**结果** 血清超敏肌钙蛋白 T 的危急值为 $\geq 0.60\text{ng/L}$ ，本年度共报告超敏肌钙蛋白 T 危急值 816 个，危急值通报率 100%，危急值通报及时率 100%，危急值临床确认时间 $\leq 30\text{min}$ 的为 93.6%，30min 到 60min 的为 5.04%，大于 60 分钟的为 1%。临床确认时间的中位数为 3min，上四分位数为 14min；患者年龄从 13 岁到 92 岁，中位数为 63 岁；53.5%的危急值患者来自 ICU。

**结论** 血清超敏肌钙蛋白 T 危急值的通报率与通报及时率均达到 100%，得益于检验科严格的危急值管理制度；临床确认时间有 6.04% 的大于 30min，需要检验科跟进临床工作，查找临床确认时间超时的原因，以便持续改进。

#### PU-4526

### Detection of Minimal Residual Disease in B Cell chronic Lymphocytic Leukemia Using an Eight-Color Tube with Dried Antibody Reagents

Xue Li, Jianhua Pan, Jingwen Zhang, Qian Zheng, Mingmin Li

Department of Immunology and Pathogenic Biology, College of Basic Medicine, Yanbian University, Jilin Yanji 133002, China.

**Objective** Flow cytometry is an important way for the quantification of minimal residual disease (MRD) of chronic Lymphocytic Leukemia. We previously used standard lymphocyte screening panel with our liquid reagent. Recently, Beckman Coulter commercialized a dried format reagent to detect MRD of B cell chronic Lymphocytic Leukemia. The aim of this study is to evaluate the performance evaluation of this dried format reagents.

**Methods** 25 samples were analyzed by two method: 11 bone marrow (BM) aspirations, 14 peripheral blood (PB) samples. The dried format tube included seven antibodies: CD45 Krome Orange, CD81 FITC, ROR1 PE, CD79b PC5.5, CD19 PC7, CD5 APC, CD43 APC-A750, CD20 PB, with possibility of additional antibodies for blast markers identified at diagnosis.

**Results** Dried reagents gave equivalent staining intensity results with our standard panel with satisfying qualitative and quantitative.

**Conclusions** This single dried format tube showed good results for MRD detection of chronic Lymphocytic Leukemia. The dried antibody reagents offer more standardization and reliable results, reduce preanalytical errors and save lots of time.

#### PU-4527

### Epidemiology of four kinds of pathogens associated with liver disease in Henan province

Zhenyun Cheng

The first affiliated hospital of Zhengzhou University

**Objective** To determine the Epidemiology of Hepatitis A virus (HAV), hepatitis B virus (HBV), hepatitis C virus (HCV) and Helicobacter pylori (H.pylori) associated with liver disease in Henan province, China.

**Methods** HAV, HBV and HCV were detected by ELISA. H. pylori was detected by colloidal gold.

**Results** The overall prevalences of HAV, HBV, HCV and H.pylori were 14.66%, 3.92%, 0.41% and 54.68%, respectively. The overall prevalences of HAV, HBV, HCV and H.pylori in males were 13.7%, 4.3%, 0.4%, 56.1% contrast with 15.9%, 3.7%, 0.4%, 52.8% in females. In each age group, the infection rates of four kinds of pathogens in males were different from females. For each pathogen, the infection rate was significantly different in all age groups.

**Conclusions** From this study we obtained some information in preventing the liver disease, and predict which age group we should pay more attention to.

## PU-4528

## 环状 RNA hsa\_circ\_0009024 在肺结核病中的诊断价值

黄自坤

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 检测肺结核患者血浆中环状 RNA (circRNA) hsa\_circ\_0009024 的表达水平, 探讨其在肺结核诊断中的应用价值

**方法** 病例对照研究。采用实时荧光定量 PCR 法对 2016 年 1 月至 2016 年 12 月江西省胸科医院收治的 98 例未经治疗的活动性肺结核患者、42 例肺炎患者、42 例肺癌患者及 75 名健康体检者血浆中 hsa\_circ\_0009024 的表达水平进行检测。98 例肺结核患者据肺部空洞情况分为无空洞组 (62 例) 和有空洞组 (36 例); 据肺部病灶范围分为 <2 个肺野组 (55 例) 和 ≥2 个肺野组 (43 例)。对 20 例接受抗结核治疗的肺结核患者治疗前及治疗后 3 月和 6 月血浆 hsa\_circ\_0009024 水平进行动态监测。应用 ROC 曲线分析 hsa\_circ\_0009024 诊断肺结核的敏感度和特异度。两组间比较采用 Mann-Whitney U 检验, 多组间比较采用 Kruskal-Wallis H 检验。

**结果** 肺结核患者血浆 hsa\_circ\_0009024 表达水平 [1.97 (1.37, 2.70)] 显著高于健康对照组 [1.03 (0.78, 1.33)]、肺炎组 [1.20 (0.85, 1.54)] 和肺癌组 [1.05 (0.74, 1.52)], 差异有统计学意义 ( $H=72.29$ ,  $P<0.0001$ )。肺部空洞组血浆中 hsa\_circ\_0009024 水平显著高于无空洞组 ( $U=432.50$ ,  $P<0.0001$ ); 肺部病灶范围 ≥2 个肺野组血浆中 hsa\_circ\_0009024 水平显著高于 <2 个肺野组 ( $U=691.50$ ,  $P=0.0005$ )。与抗结核治疗前 [2.06 (1.42, 2.99)] 相比, 肺结核患者血浆 hsa\_circ\_0009024 表达水平在抗结核治疗后 3 月 [1.41 (1.06, 2.11)] ( $U=118.20$ ,  $P=0.0274$ ) 及 6 月 [1.25 (0.87, 1.53)] ( $U=76.50$ ,  $P=0.0009$ ) 均有显著降低。ROC 曲线分析显示, 血浆 hsa\_circ\_0009024 在鉴别肺结核与健康人群、肺炎患者及例肺癌患者的曲线下面积 (AUC) 分别为 0.832、0.788、0.809。

**结论** 血浆 hsa\_circ\_0009024 有望作为肺结核诊断和疗效监测的潜在生物标志物。

## PU-4529

## CA125 与 HE4 联合检测在卵巢癌的诊断价值分析

徐春欣

潍坊市人民医院,261000

**目的** 探讨人血清附睾蛋白 4 (HE4) 和糖类抗原 125 (CA125) 联合检测在卵巢恶性肿瘤的早期诊断价值。

**方法** 选择 38 例卵巢恶性病变患者 (恶性病变组)、57 例良性病变患者 (良性病变组) 及 38 例体检健康妇女 (健康对照组), 采用电化学发光免疫法测定其血清 CA125 与 HE4 水平并进行分析。

**结果** 卵巢癌恶性病变组的 CA125 与 HE4 水平均显著高于健康对照组 ( $p<0.05$ ), 卵巢良性病变组的 CA125 和 HE4 水平与健康对照组相比有统计学意义 ( $p<0.05$ ); CA125 与 HE4 联合检测的灵敏度 (87.2%) 明显高于单项检测的 CA125 (77.3%) 或 HE4 (69.4%), 联合检测的阴性预测值 (93.1%) 明显高于单独检测的 CA125 (86.6%) 和 HE4 (87.8%)。

**结论** 血清 CA125 与 HE4 联合检测可提高卵巢恶性肿瘤的诊断的灵敏度和特异性, 有利于卵巢癌的早期诊断。

## PU-4530

## Antimicrobial resistance of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from the clinical laboratory of the First hospital of Jilin University from 2018 to 2019

Chun Yang,Xufeng Ji  
First hospital of Jilin University

**Objective** he main objective of this study is to investigate the antimicrobial resistance of *Pseudomonas aeruginosa*. To provide the theoretical guidance for the rational use of antimicrobial agents and the scientific basis for control the drug-resistant strains.

**Methods** 1. The *Pseudomonas aeruginosa* were isolated from the clinical laboratory of the First hospital of Jilin University.

2. The resistance of *Pseudomonas aeruginosa* for 20 antimicrobial agents were determined using paper disk method and minimum inhibitory concentration (MIC) method, analyzed the drug-resistant spectrum. The results were evaluated based on Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI-M100-S28).WHONET-5.6 software was used to analyze the drug resistance data.

**Results** 1. Most of 1183 *Pseudomonas aeruginosa* strains were collected from abdominal fluid (4 strains), broncho-alveolar lavage (23 strains), bile (5 strains), blood (37 strains), ear (3 strains), sputum (746 strains), urine (48 strains), shunt fluid (15 strains), secretion (2 strains) during the whole year.

2. The drug-resistant rates of the 1183 isolated strains to meropenem and imipenem were 10.8% and 12.2% respectively. 1083 strains were all resistant to ceftriaxon, cefotaxim, cefuroxim. The rates of *Pseudomonas aeruginosa* resistant to ceftazidime, cefepime, were 9.1% and 7.6% respectively. The rates of *Pseudomonas aeruginosa* resistant to levofloxacin and ciprofloxacin were 10.3% and 12.2% respectively. The rates of *Pseudomonas aeruginosa* resistant to piperacillin/tazobactam and amikacin were 8.1% and 4.2% respectively.

3. One thousand one hundred and eighty-three strains of *Pseudomonas aeruginosa* mainly from the surgical ward, 80 case from ICU, 13 case of infectious diseases department, 109 from neurology, 15 from pediatric respiratory medicine, 136 strains from department of respiration, 41 strains from neurosurgery, 39 strains from emergency department, 20 strains from oncology department, 32 strains from hepatobiliary pancreatic surgery, 15 strains from urinary surgery, 66 strains from gastrointestinal surgery, 7 strains from the outpatient department, four strains from trauma department of orthopedics, three strains from spine surgery and only one strain from obstetrical department.

**Conclusions** 1. One thousand one hundred and eighty-three strains of *Pseudomonas aeruginosa* were screened by analyzing the drug resistance spectrum in the research, which has different resistant rates to different antimicrobial agents.

2. Most of the 1183 *Pseudomonas aeruginosa* were isolated from sputum. Department of respiration is the department that isolated most numbers of *Pseudomonas aeruginosa*. The rates of *Pseudomonas aeruginosa* resistant to amikacin is lowest. Monitoring of the antimicrobial resistance of *Pseudomonas aeruginosa* should be strengthened. The change of the antimicrobial resistance should be investigated in order to direct rational drug usage in clinic.

## PU-4531

## 酒精对人体电解质的影响

孙娜娜,蔡观良,余进胜  
惠东县人民医院

**目的** 为了进一步了解饮酒后, 人体不同酒精浓度时, 电解质的变化及规律。

**方法** 采用迈瑞 BS800 生化分析仪对 275 例在我院检测酒精浓度病人的生化项目进行回顾分析，并与 50 名健康体检人群 进行比较。

**结果** 酒后（酒精浓度 $>0.2\text{mg/ml}$ ），血钾、钙和磷水平都明显低于对照组（ $P<0.01$ ），而钠、氯、镁都明显高于对照组（ $P<0.01$ ），且醉驾浓度（ $>0.8\text{mg/ml}$ ）的血钾明显低于酒驾浓度（ $0.2-0.8\text{mg/ml}$ ）（ $P<0.05$ ）。

**结论** 饮酒后，人体内的生化指标有不同程度改变，且有些指标的变化具有酒精浓度依赖性。

## PU-4532

### 急诊化验室血常规白细胞危急值的临床分析

李冠霖

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨急诊化验室血常规检测白细胞计数危急值的意义。

**方法** 统计 2017 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日期间郑州大学第一附属医院急诊化验室血常规检测的白细胞计数危急值，统计危急值总人次、出现危急值的总人数、危急值通报及时率、危急值临床确认时间及危急值假阳性率等指标。

**结果** 血常规检测的白细胞计数危急值的界限低值为 $\leq 1.00 \times 10^9/\text{L}$ ，高值为 $\geq 30.00 \times 10^9/\text{L}$ ，本年度共报告出血常规检测 300528 个测试，白细胞计数危急值 10262 人次，共有 3283 名患者出现危急值，有 6979 名患者重复出现危急值。低白细胞危急值 7385 人次，高白细胞危急值 1583 人次，共有 1805 名患者出现低白细胞危急值，共有 1478 名患者出现高白细胞危急值，危急值通报率 100%，危急值通报及时率为 95%，危急值临床确认时间 $\leq 30$  分钟的有 81.7%，30 到 60 分钟的有 15.2%，危急值假阳性率 1.61%，白细胞计数危急值患者中最多的科室是：小儿内科，危急值假阳性的原因是干细胞混悬液是使用供者姓名作为样本标识，因此被系统认为是高值危急值。

**结论** 白细胞计数危急值临床确认时间有 19.3% 大于 30 分钟，需要与临床沟通确认时间长的原因，是否为危急值设置不合适或者危急值未根据病种来设置，以此来持续改进。危急值通报不及时率为 5% 的原因为出现危急值意味着触犯了血常规复检规则，需要进行镜检复检才能报告结果。白细胞计数危急值在第一次报告后的再次或多次危急值报告，有别于第一次出现危急值的紧急状态，只是具有警告值的意义，是否同一患者每次出现危急值都需向临床报告，存在持续改进的必要。

## PU-4533

### 阿尔茨海默病与神经胶质细胞的研究进展

曹敏

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 本文将从星形胶质细胞、小胶质细胞、少突胶质细胞三个方面进行综述。

**方法** AD 的主要病理特征是细胞外  $\beta$ -淀粉样蛋白（ $A\beta$ ）聚集形成神经炎症斑（老年斑）和细胞内高度磷酸化的 tau 蛋白聚集导致神经原纤维缠结的形成。

**结果** 随着对神经胶质细胞的研究深入，以神经胶质细胞为导向的治疗将得到进一步的发展。例如减少少突胶质细胞的死亡，保护髓鞘，增加髓鞘的形成；增强星形胶质细胞、小胶质细胞对  $A\beta$  的清除作用；减少炎症因子的释放等。因此，对神经胶质细胞的研究，将会为 AD 患者的治疗提供新思路。

**结论** 研究神经胶质细胞对 AD 的作用，可能对 AD 的预防和治疗提供新的理论依据。



## PU-4534

## Characteristics of bile acids metabolism profile in the second and third trimesters of normal pregnancy

Bo Zhu<sup>1</sup>, Peiyuan Yin<sup>2</sup>, Zhixin Ma<sup>1</sup>, Yu Ma<sup>1</sup>, Hong Zhang<sup>1</sup>, Hongwei Kong<sup>1</sup>, Yuning Zhu<sup>1</sup>

1. Women's Hospital, School of Medicine, Zhejiang University

2. Key Laboratory of Separation Science for Analytical Chemistry

**Objective** Bile acids are a group of cholesterol metabolites functioning as key regulators of glucose, lipid, and energy metabolism. Their homeostatic control is essential to the physiology of the normal pregnancy. Abnormalities of bile acids regulation in pregnancy lead to intrahepatic cholestasis of pregnancy, a serious condition associated with a number of fetal and maternal morbidities. Dysregulation of glucose and lipids are also tied to perturbations in bile acids concentrations. Changes in bile acids metabolic profiles in the second and third trimesters of pregnancy have been incompletely explored. We seek to establish pregnancy-specific normative ranges for a number of bile acids in women in the second and third trimester and explore changes in their concentrations in the period from 12-40 weeks gestation.

**Methods** In this cross-sectional study, a total of 782 normal pregnant women were enrolled including n=290 in the second trimester (12-28 weeks) and n=492 in the third trimester (29-40 weeks). The concentrations of 14 bile acids were measured by liquid chromatography and mass spectrometry (LC-MS) and compared at various time points. Reference intervals of these bile acids were calculated using standard statistical techniques.

**Results** A reference interval profile of 14 bile acids from a cohort of 782 normal pregnant women was developed. Significant differences in concentration were found between the second trimester and the third trimester. Unconjugated bile acids dominate the bile acids profile in the second trimester, while conjugated bile acids, especially (taurine-conjugated) dominate in the third trimester. 28-31 weeks gestation was the notable change period of bile acids metabolism.

**Conclusions** This study establishes pregnancy-specific reference intervals for bile acids in the second and third trimester. As bile acids composition changes with gestational age, this study establishes a foundation for trimester-specific clinical interpretation of bile acids metabolic profiles in pregnant women.

## PU-4535

## 2018 年我院血培养真菌感染现状探讨

柴剑男

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨我院 2018 年全年血培养标本阳性结果中分离的真菌感染现况和科室分布, 为临床诊断及合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年份血培养检测结果。患者血培养标本经 BD-BACTEC™ FX 血培养仪培养, 分离所得真菌菌株用法国生物梅里埃公司 VITEK 2-compact 系统, YST 真菌鉴定卡进行鉴定方法, 梅里埃 ATB FUNGUS 3 试剂/真菌药敏试剂条(微量稀释法)进行药敏方法。

**结果** 在 48728 份血培养标本中检出病原菌 1437 株, 其中包括真菌 79 株, 真菌占感染病原菌阳性率为 0.05%, 占同期检出病原菌的 4.3%。真菌中假丝酵母菌类占比达到 94%。构成依次为白色假丝酵母菌 22% (20 株), 无名假丝酵母菌 21% (19 株), 近平滑假丝酵母菌 19% (17 株), 热带假丝酵母菌 17% (15 株), 克柔假丝酵母菌 10% (8 株), 光滑假丝酵母菌 5% (4 株)。79 株真菌对药物总的敏感率分别为: 两性霉素 B 96.9%, 5-氟胞嘧啶 90.8%, 伏立康唑 89.6%, 氟康唑 86.9%, 伊曲康唑 80.2%。检出真菌数量居前 3 位的科室为新生儿科、ICU 科及血液肿瘤中心。

**结论** 真菌感染在临床呈逐年上升趋势,对真菌感染和耐药监测很重要。血培养真菌感染以白色假丝酵母菌,无名假丝酵母菌和近平滑假丝酵母菌最多(占比近 60%)。对于药敏试验,两性霉素 B 耐药的菌株最少,对氟康唑、伊曲康唑耐药性增加。

#### PU-4536

### 子宫内膜癌患者 BMI 与血清 HE4, CA125 联合检测的诊断价值

李玲,罗雅文,何霞,羊建,文勃  
雅安市人民医院,625000

**目的** 评价 BMI 与 HE4, CA125 联合检测在子宫内膜癌诊断中的价值。

**方法** 选择 2016 年 3 月至 2017 年 6 月住院拟行手术治疗子宫内膜癌患者 81 例,子宫内膜良性病变患者 70 例;采集所有研究对象的身高、体重资料,计算 BMI;采用电化学发光法检测血清 HE4, CA125 含量水平;并对结果进行分析。

**结果** 子宫内膜癌组患者血清 HE4, CA125 含量水平、以及 BMI 较内膜良性病变组明显升高,差异有统计学意义( $P<0.05$ );子宫内膜癌组肥胖率(49.4%)高于内膜良性病变组(30.0%)( $P=0.015$ );在 BMI $<28.0\text{Kg/m}^2$ 和 BMI $\geq 28.0\text{Kg/m}^2$ 水平子宫内膜癌组 HE4 含量均高于内膜良性病变组( $P<0.05$ ),而 CA125 仅在 BMI $<28.0\text{Kg/m}^2$ 时子宫内膜癌组高于内膜良性病变组( $P<0.05$ );ROC 曲线分析显示,HE4, CA125, BMI 单独检测的曲线下面积分别为 0.795, 0.692, 0.648;而三项联合检测的曲线下面积最大,为 0.841。三项联合检测的敏感度和特异度分别为 0.75, 0.79, Youden 指数为 0.54;均优于各指标单项检测时的诊断效能。

**结论** BMI 与血清 HE4, CA125 联合诊断子宫内膜癌效能优于单项检测。

#### PU-4537

### 肿瘤标志物在脑梗患者中的临床意义

金岳心子,宋为娟,韦莉,徐华国,潘世扬  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 癌症和脑血管疾病是加重全球经济负担的严重疾病,同时罹患脑梗和癌症的患者死亡率显著升高,并且功能预后极差。相关流行病学报道显示,多达 15%的癌症患者可伴随脑血管疾病,而约 2-13%的脑梗患者可能同时患有活动性或隐匿性恶性肿瘤。脑梗可能作为癌症的首发症状出现,对此类患者的早期诊断有助于癌症早期干预与治疗,从而提高患者生存率,改善生活质量。本研究旨在探讨肿瘤标志物甲胎蛋白(AFP)、癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 199(CA199)、糖类抗原 724(CA724)、细胞角蛋白 19 片段(CY211)以及神经元特异烯醇化酶(NSE)在脑梗、脑梗合并肿瘤患者以及体检人群中的含量及其阳性率,初步探究肿瘤标志物在脑梗患者中对肿瘤早期诊断的应用及临床意义。

**方法** 收集江苏省人民医院住院 1550 例脑梗患者、137 例脑梗合并肿瘤患者和 1300 例本院体检患者血清,电化学发光方法检测 AFP、CEA、CA199、CA724、CY211 及 NSE 六项肿瘤指标,并对其浓度和阳性率进行比较分析。

**结果** 血清 AFP、CA724、CEA、CY211 和 NSE 的含量在脑梗、脑梗合并肿瘤患者以及体检人群中差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),其中 CY211 在脑梗组与脑梗合并肿瘤组比较, $P < 0.05$ ;CA724、CEA、CY211 和 NSE 在三组中的阳性率差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),其中 CEA 和 CY211 在脑梗组和脑梗合并肿瘤组中差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** CEA 和 CY211 是能够预测脑梗患者中肿瘤发生的潜在肿瘤标志物,而 AFP、CA199、CA724 和 NSE 对脑梗合并肿瘤的预测意义不大。

## PU-4538

### 沈阳地区体检人群血脂异常及高尿酸血症患病率调查

马明,董西华,于小鸥,李花  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 调查沈阳地区体检人群血脂异常及高尿酸血症患病率。

**方法** 调取我院体检中心体检的自然人群 3000 例,做好体格检查、血液检测结果的收集,了解沈阳地区自然人群的血脂四项、尿酸的水平,并计算血脂异常及高尿酸血症患病率。

**结果** 体检人群中男性 TG、TC、HDL-C、LDL-C、UA 的平均水平分别为  $1.89\pm 1.96\mu\text{mol/L}$ 、 $4.97\pm 0.97\mu\text{mol/L}$ 、 $1.24\pm 0.32\mu\text{mol/L}$ 、 $3.19\pm 0.84\mu\text{mol/L}$ 、 $366\pm 84\mu\text{mol/L}$ ,女性分别为  $1.23\pm 0.83\mu\text{mol/L}$ 、 $5.07\pm 0.98\mu\text{mol/L}$ 、 $1.55\pm 0.36\mu\text{mol/L}$ 、 $3.15\pm 0.87\mu\text{mol/L}$ 、 $274\pm 65\mu\text{mol/L}$ ,男性均大于女性 ( $P<0.05$ )。其中在男性人群中,TG,HDL-C,UA 有显著的年龄差异。30-39 岁间 TG 最高,随后随年龄增大而降低;HDL-C 水平在 60-69 岁间达到高峰;UA 在 20-29 岁间水平最高,随后逐渐降低,80 岁后略有升高。在女性人群中,TG,TC,HDL-C,LDL-C,UA 均有显著年龄差异。其中 TG,TC,LDL-C 随着年龄增大而升高,TG 到 50-59 岁间达到高峰随后逐渐下降,TC 和 LDL-C 到 60-69 岁间达到高峰随后逐渐下降;HDL-C 在 20-29 岁时最高,随后下降;UA 随着年龄的增大而逐渐增大。男性血脂异常(包括高 TC、高 TG、高 LDL-C、低 HDL-C)患病率为 59.8%,女性血脂异常患病率为 51.0%,均为 60-69 岁间患病率最高,男性患病率大于女性,均高于中国成人血脂异常总体患病率;男性高尿酸血症患病率 23.9%,30-39 岁间患病率最高;女性高尿酸血症患病率 9.5%,60-69 岁间患病率最高;男性患病率大于女性,均高于中国高尿酸血症患病率。

**结论** 沈阳地区成人体检人群血脂异常患病率存在性别和年龄的差异;高尿酸血症在青壮年男性中患病率较高,应成为高尿酸血症防治重点。

## PU-4539

### 儿童失神癫痫的生化指标及意义

朱继开  
首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 儿童失神癫痫(CAE)是儿童的一种常见疾病,以典型失神发作为主。NSE 位于神经系统成熟的神经元和神经内分泌细胞中,可以反应脑损伤及其严重程度。

**方法** S-100 $\beta$  对中枢神经系统组织具有高度特异性,S-100 $\beta$  蛋白在脑脊液中的浓度可以反映中枢神经系统受损害的程度。hs-CRP 是机体受到炎症性刺激时由肝细胞合成和分泌的急性相蛋白,是炎症反应的最敏感的生物学标志之一。

**结果** GFAP 是一种酸性蛋白,是神经星形胶质细胞的重要的细胞骨架成分,其含量或结构的改变会引起星形胶质细胞的形态和功能改变,其检测对于癫痫的发生、发展均有重要意义。

**结论** 血清的 NSE、S-100 $\beta$  可作为临床儿童失神癫痫后引发的神经元、神经胶质细胞损伤及其程度提供诊断依据,能在儿童失神癫痫发作后短时间内非常敏感地反映脑损伤的严重程度,对于儿童失神癫痫导致的那损伤具有早期预警作用,血清 NSE、S-100 $\beta$  浓度在儿童失神癫痫发作后明显增高;GFAP 在儿童失神癫痫发作后持续长时间高表达可作为长期随访的指标,可以用来辅助评估临床发作控制效果;CRP、VEGF 在儿童失神癫痫发作后可早期升高,但这两种生化指标受疾病影响因素较大,其生物学意义尚需进一步探讨。

PU-4540

## 纤维结合蛋白在肝纤维化检测中的意义

杨静静,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨肝病患者血清纤维结合蛋白(Fn)含量变化及其在肝纤维化中的意义

**方法** 测定肝病组以及正常对照组血清Fn含量,同时测定血清总胆汁酸(TBA)、白蛋白(Alb)进行比较分析。

**结果** 急性肝炎组和肝癌组血清Fn与正常对照组差异无统计学意义( $P > 0.05$ );慢性肝炎中度、重度及肝硬化失代偿期组血清Fn含量均降低,与正常对照组差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。肝硬化失代偿组较其它肝病组血清Fn含量明显降低( $P < 0.05$ );酒精性肝硬化与病毒性肝硬化组血清Fn含量差异无统计学意义( $P > 0.05$ );肝硬化失代偿合并腹膜炎、消化道出血、脾功能亢进等并发症组血清Fn较无并发症组明显降低( $P < 0.05$ )。正常对照组、急性肝炎组、肝癌组血清Fn与TBA无相关性( $P > 0.05$ ),慢性肝炎中度、重度及肝硬化失代偿组血清Fn与TBA呈负相关( $r = -0.593$ 、 $-0.677$ 、 $-0.714$ ,  $P < 0.05$ );各组血清Fn与Alb无相关性( $P > 0.05$ )。

**结论** 血清Fn在一定程度上可反映肝细胞的功能,对于肝纤维化,尤其是肝硬化、肝硬化合并感染的诊断有一定的参考价值。Fn和TBA、Alb联合检测可明显提高肝纤维化诊断的准确性和可靠性。

PU-4541

## 雅安地区某院 2015-2016 血流感染病原菌分布及耐药性分析

高伟,何霞,罗雅文,杨名宇

雅安市人民医院,625000

**目的** 讨论我院 2015-2016 年血培养分离出的病原菌的分布及耐药性,为临床诊断和治疗提供依据。

**方法** 收集 2015 年 1 月 1 日-2016 年 12 月 31 日雅安地区某三甲医院门诊及住院患者血培养标本,用索微生物技术苏州有限公司的 SW-ABC-60 型全自动血培养仪进行培养,检出阳性菌株用法国梅里埃 VITEK-2 COMPACT 细菌鉴定仪进行鉴定和药敏分析,耐药性分析用 WHONET 5.6 软件统计。

**结果** 2015-2016 年我院共送检血培养 3533 份,共分离阳性菌株 335 份,阳性检出率 9.48%,其中革兰阴性菌 175 株,占 52.24%,高于革兰阳性球菌(160 株,占 47.76%),分离病原菌前四位分别为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、表皮葡萄球菌、金黄色葡萄球菌,构成比分别为 29.25%、12.84%、11.04%、8.96%,其中大肠埃希菌的 ESBLs 发生率从 53.2%降为 52.9%,而肺炎克雷伯菌从 5.88%升为 15.4%,MRSA 则从 21.4%升为 43.7%。

**结论** 该院病原菌以革兰阴性菌为主,病原菌对抗生素耐药形式严峻,临床医生应加强血培养送检,积极了解血流感染病原菌分布及耐药特点,参考药敏结果,合理应用抗菌药物,避免盲目用药,并加强医院感染控制措施以抑制耐药菌传播。

## PU-4542

## 肿瘤标志物在心肌梗死患者中的临床意义

韦莉,宋为娟,金岳心子,徐华国,潘世扬  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 心血管疾病与癌症是危害人类生命健康的两大疾病。众多生物学标志物应用于疾病的辅助诊断,肿瘤标志物在癌症的筛查与诊断中发挥重要作用。目前有关肿瘤标志物在心血管疾病中的已有研究数据显示,某些肿瘤标志物在心肌梗死患者中具有一定的预测功能,例如,急性心肌梗死和充血性心力衰竭患者中 CA125 的血清浓度升高,其升高程度与临床症状及预后存在一定的相关性。然而,肿瘤标志物是否能够预测心肌梗死患者中肿瘤的发生目前尚不清楚。因此,本研究通过比较甲胎蛋白(AFP)、癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 199(CA199)、糖类抗原 724(CA724)、细胞角蛋白 19 片段(CY211)以及神经元特异烯醇化酶(NSE)等肿瘤标志物在心梗、心梗合并肿瘤患者以及体检人群中的血清浓度以及其阳性率,初步探究肿瘤标志物在心肌梗死患者中的临床意义。

**方法** 收集江苏省人民医院住院 86 例心梗患者、26 例心梗合并肿瘤患者和 200 例本院体检患者血清,电化学发光方法检测 AFP、CEA、CA199、CA724、CY211 及 NSE 六项肿瘤指标,并对其含量和阳性率进行比较分析。

**结果** AFP、CEA、CA199 和 NSE 的含量在三组中差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),其中 CEA 和 CA199 在心梗组与心梗合并肿瘤组比较, $P < 0.05$ ;AFP、CEA、CA199、CY211 和 NSE 在三组中的阳性率差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),其中 CEA 和 CA199 在心梗组和心梗合并肿瘤组中差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** CEA 和 CA199 是能够预测心梗患者中肿瘤发生的潜在肿瘤标志物,而 AFP、CA724、CY211 和 NSE 对心梗合并肿瘤的预测意义不大。

## PU-4543

## 利用 GeneXpert 法检测耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌耐药基因及耐药性分析

宋林键,叶丽艳  
中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 利用 GeneXpert Carba-R 全自动病原体快速检测系统检测碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌的耐药基因,了解我院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(CRE)耐药情况和耐药基因分布,为了解临床 CRE 感染趋势提供依据。

**方法** 采用回顾性调查方法,收集 2016 年 3 月到 2017 年 10 月分离自非呼吸道标本的 141 株耐碳青霉烯类肠杆菌科菌株。

**结果** 肺炎克雷伯杆菌 114 株,大肠埃希菌 13 株,阴沟肠杆菌 8 株,产气肠杆菌 2 株,弗氏枸橼酸杆菌 3 株,魏氏柠檬酸杆菌 1 株。blaKPC103 株,blaNDM22 株,blaOXA-485 株,含两种及两种以上耐药基因 12 株。

**结论** GeneXpert Carba-R 全自动病原体快速检测系统能快速检测出耐碳青霉烯类肠杆菌的耐药基因,耐碳青霉烯类抗生素的细菌对多种抗菌药物同时耐药,检出的耐药基因型为 KPC、NDM、OXA-48 及 IMP。含不同耐药基因的肠杆菌科细菌其耐药情况不同。

## PU-4544

**一种简易的碳青霉烯酶检测法 MASTD73C 纸片组合**

田东兴

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 分析 MAST D73C 纸片组合方法区分碳青霉烯酶型的敏感性和特异性, 针对不足之处提出优化建议, 为临床提供一种简便快速的碳青霉烯酶检测方法

**方法** MASTD73C 纸片组合法和 PCR 基因检测确认 240 株儿童临床分离 CRE 菌株碳青霉烯酶基因, 并用统计学方法分析 MAST D73C 检测碳青霉烯酶的敏感度和特异度。

**结果** 233 株碳青霉烯酶基因表达阳性, 96 株 bla<sub>NDM</sub> 阳性, 69 株 bla<sub>OXA-232</sub> 阳性, 56 株 bla<sub>KPC-2</sub> 阳性和 10 株 bla<sub>IMP</sub> 阳性, 2 株同时携带 2 种碳青霉烯酶基因。MAST D73C 纸片组合检出 112 株产 M $\beta$ L 酶、63 株产 OXA-48 酶、20 株产 KPC 酶, 另有 36 株细菌抑菌圈结果无法解释。与 PCR 方法相比, MAST D73C 检测 M $\beta$ L 酶的灵敏度和特异度分别为 99.06%、95.10%; 检测 OXA-48 酶的灵敏度和特异度为 81.16%、96.11%; 检测 KPC 酶的灵敏度和特异度为 33.93%、99.48%。为提高检测 KPC 的灵敏度, 建议当结果无法解释, ZB-ZA、ZC-ZA、ZD-ZA 均小于 5mm 且 ZE 大于 10mm 时也判断为产 KPC 酶, 判断 KPC 酶的灵敏度和特异度分别为 87.5%、96%, Youden 指数和 Kappa 值分别为 0.84、0.86, 真实性和一致性较好, 总符合率为 90.9% (210/231)。

**结论** 儿童分离 CRE 菌株主要检出 NDM-1 酶和 OXA-232 酶, MAST D73C 纸片组合方法可以简便快速准确地地区分碳青霉烯酶类型。

## PU-4545

**实验室自动化系统工作流程优化**

齐永志,马聪,赵强元,刘敏

解放军总医院第六医学中心

**目的** 通过实验室自动化系统运行数据进行分析, 调整运行参数、改进检测流程, 缩短样本周转时间, 提高系统运行效率。

**方法** 对 3631 例标本运行数据进行统计, 计算样本周转时间, 并对样本周转时间超过 4 小时的标本进行超时原因分析。针对超时严重的肿瘤全套标本, 改变检测流程, 统计流程改变前后肿瘤全套标本的样本周转时间。对 332 份人工干预标本分析需要人工干预的原因, 并针对问题进行改进, 对改进前后人工干预标本数量及占比进行分析。

**结果** 样本周转时间超过 4 小时的标本共 313 份, 占总标本数的 8.62%。其中因标本交接超时的标本占超时标本总数比例最大, 为 66.77%。肿瘤全套标本检测流程改进后样本周转时间明显缩短, 超时标本比例改进前的 52.47%, 改进后 24.76%。条码异常、血量不足、离心问题三种原因造成人工干预标本占总数的 90%以上, 针对三种原因, 实验室采取相应措施后, 人工干预标本下降至 4.21%。

**结论** 通过实验室自动化系统运行数据分析, 改进自动化系统运行流程, 大大提高工作效率。

PU-4546

## 基于磁性富集的耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌快速检测新方法研究

王建敏<sup>1,2</sup>, 赵敏<sup>2</sup>, 彭奇龄<sup>2</sup>, 程伟<sup>3</sup>, 丁世家<sup>2</sup>

1. 重庆医科大学附属永川医院

2. 重庆医科大学, 400000

3. 重庆医科大学附属第一医院, 400000

**目的** 近年来, 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, CRE)在全球范围内出现并蔓延, 使得细菌耐药问题日益严重, 已成为公共卫生紧急威胁之一。传统的检测技术基于培养法及体外药敏实验, 检测周期较长。为此, 本文设计了一种基于磁性富集的新方法实现了尿液标本中 CRE 的快速检测。

**方法** 合成万古霉素表面修饰纳米磁珠, 利用万古霉素特异性地识别并结合靶细菌肽聚糖前体末端的 D-丙氨酰-D-丙氨酸 (D-Ala-D-Ala), 通过磁性分离, 将尿液标本中靶细菌富集和分离。进一步超声处理, 菌体破裂释放体内的碳青霉烯酶, 当加入含有亚胺培南溶液时, 碳青霉烯酶特异性地水解底物亚胺培南, 产生 H<sup>+</sup>, 引起溶液 pH 值降低; 通过 pH 值与靶细菌浓度成负相关, 实现对靶细菌的快速检测。

**结果** 万古霉素表面修饰的纳米磁珠对靶细菌具有良好的结合能力, 5 株临床分离株的结合率均达 74% 以上。该方法检测混有不同浓度的靶细菌悬液的线性范围为 10<sup>4</sup>-10<sup>8</sup>cfu/mL, 最低检测限为 10<sup>3</sup>cfu/mL, 满足临床所需的灵敏度。该方法可在 3.5 小时内完成检测, 有效地缩短了检测时限。针对 5 例模拟临床尿液标本 (分别将 5 株不同浓度的临床分离 CRE 菌株与正常尿液标本混匀所得) 的检测, 该方法展示了良好的特异性和临床适用性。

**结论** 本文建立了基于磁性富集的快速检测 CRE 的新方法, 能够灵敏、准确地检测尿液标本中 CRE, 为临床体液标本中 CRE 的检测提供了新的技术支持, 具有广阔的临床应用前景。

PU-4547

## 2018 年中国医科大学附属第一医院血流感染细菌耐药监测

王齐晖

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 了解中国医大一院患者的血流感染病原菌谱分布情况及药物的耐药性, 为临床合理使用抗菌药物提供科学依据。

**方法** 应用 WHONET 5.6 软件, 回顾性分析中国医大一院 2018 年临床血液标本中分离病原菌及耐药性。

**结果** 2018 年血液标本分离病原菌 969 株; 门诊分离 185 株, 住院患者分离 784 株。革兰阳性菌 515 株 (53.15%), 革兰阴性杆菌 454 株 (46.85%); 排名前五位的细菌是: 凝固酶阴性葡萄球菌、大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌、肠球菌属。血流感染分离的金黄色葡萄球菌 MRSA 分离率明显低于整体分离菌株 MRSA 的比率, 仅为 17.7%。金黄色葡萄球菌中未分离到对万古霉素耐药的菌株。大肠埃希菌对三代头孢菌素的耐药率明显高于肺炎克雷伯菌; 但大肠埃希菌碳青霉烯类抗菌药物的耐药性低于肺炎克雷伯菌; 非发酵菌对抗菌药物对的耐药性总体较高, 特别是对碳青霉烯类抗菌药物的耐药性远远高于大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌; 耐甲氧西林的凝固酶阴性葡萄球菌分离率 65% 以上, 未分离到对万古霉素耐药的菌株; 肠球菌属中分离出万古霉素耐药的屎肠球菌 1 株, 粪肠球菌中未见, 屎肠球菌的耐药率总体来看高于粪肠球菌。

**结论** 应加强临床分离病原菌的耐药性监测,为临床合理使用抗菌药物提供科学依据,以减缓细菌耐药发生的速度。

#### PU-4548

### 基于磁性 DNA 水凝胶“缓渗模型”的新型“辉光型”化学发光免疫探针用于血浆中多种 DIC 蛋白标志物的高灵敏检测

吴海平<sup>1</sup>,赵敏<sup>1</sup>,彭奇龄<sup>1</sup>,程伟<sup>2</sup>,丁世家<sup>1</sup>

1.重庆医科大学,400000

2.重庆医科大学附属第一医院,400000

**目的** 辉光型化学发光探针相比于闪光型具有灵敏度高,重现性好等优势,本文基于磁性 DNA 水凝胶的“缓渗模型”构建了一种新型“辉光型”化学发光免疫探针,并运用于血浆中多种蛋白标志物的高灵敏检测。

**方法** 以纳米磁珠为核心,以氨基修饰的 X 型 DNA 分子为基元,在磁珠表面原位合成 DNA 水凝胶膜,利用盐酸阿霉素(Dox)的双链嵌合能力,合成 Dox-ABEI 偶合物嵌入到凝胶中,并在凝胶表面分别交联 D 二聚体(D-Dimer)、纤维蛋白(FDP)二抗,从而构建 Dox-ABEI 功能化磁性 DNA 水凝胶化学发光免疫探针;将探针加入到血清中,孵育捕获靶物质后磁性分离,将上清分别加入到包被 D-Dimer、FDP 一抗的 96 孔板中进行免疫分析,利用化学发光免疫分析仪进行检测。

**结果** 本文构建的新型辉光型化学发光免疫探针在 1 min 内可达到辉光坪,并具有较高的化学发光强度,辉光坪持续时间可达 5 min;该探针实现了对 D-Dimer 及 FDP 的高灵敏检测,线性范围为 100 ng/mL-100 fg/mL,检测限分别为 53.7 fg/mL 和 31.6 fg/mL,且具有良好的特异性和稳定性;在血清样本检测中,回收率为 95.08%-104.6%。

**结论** 本文构建的基于 DNA 水凝胶“缓渗模型”的新型辉光型化学发光免疫探针,具有优异的化学发光性能,并且实现了血清中多种蛋白标志物的高灵敏检测,为临床化学发光免疫分析提供了有力的检测工具。

#### PU-4549

### 1778 株肠球菌分布及耐药性分析

宋林键,沈跃云

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 了解不同标本来源的肠球菌属分布及耐药性特点,为临床合理用药提供依据。

**方法** 回顾性分析我院 2017 至 2018 年不同标本来源的肠球菌属分布特点及耐药状况,应用 WHONET 5.6 对药敏数据进行分析,应用 SPSS 16.0 软件对数据进行统计分析。

**结果** 近三年,肠球菌分离率呈逐年上升趋势,检出率分别为:10.24%、10.55%、11.10%;主要标本来源为尿液、血液、组织及引流液;不同标本来源的屎肠球菌对青霉素 G、氨苄西林、左旋氧氟沙星、万古霉素和环丙沙星的耐药率差异有统计学意义,尿液标本的耐药率均高于组织和血液标本;不同标本来源的粪肠球菌对四环素、红霉素的耐药率差异有统计学意义,尿液中耐药率最高,其次是血液标本,组织标本耐药率最低。

**结论** 肠球菌分离率逐年升高,部分常用抗菌药物在尿液标本的耐药率相对较高,临床医生应根据药敏情况合理使用抗菌药物,防止更多耐药菌株出现。



## PU-4550

## 转录因子 CTCF 的调控机制及在肿瘤发展中的作用

侯玉丽

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 本文就 CTCF 的调控机制和其在肿瘤发生发展中的作用做一介绍。

**方法** CTCF 是一种高度保守的多功能转录因子, 含有 11 锌指结构, 可与 DNA、蛋白质和 RNA 相互作用, 参与基因的表达调控。

**结果** CTCF 编码基因的突变和表达异常与肿瘤的发生发展有一定的相关性尤其是乳腺癌。

**结论** CTCF 与 DNA、蛋白质和 RNA 相互作用, 在基因表达和表观遗传调控中起着重要作用, 并且可以通过与靶基因结合调控细胞的生长增殖与分化, 参与肿瘤的发生发展。

## PU-4551

## Multiplex Enzyme Assay Screening for Five Lysosomal Storage Diseases using Tandem Mass Spectrometry

Zichen Xu, Dan Chen, Yuan Wang

Tianjin Medical Laboratory, BGI

**Objective** Lysosomal storage diseases (LSD) are a group of about 50 rare inherited metabolic disorders that result from defects in lysosomal function, which is usually as a consequence of deficiency of a single enzyme required for the metabolism of lipids, glycoproteins, or mucopolysaccharides. Individually, LSDs occur with incidences of less than 1:100,000; however, as a group, the incidence is about 1:5,000 - 1:10,000. Treatments for a subset of LSDs, including enzyme replacement therapy (ERT), substrate reduction therapy and bone marrow transplantation, have been proved successful, and in many cases early therapeutic intervention leads to clinical improvement. Herein, we report a tandem mass spectrometry (MS/MS) enzymatic activity assay of five lysosomal enzymes in dried blood spots (DBS) for expanded newborn screening (NBS) of LSDs.

**Methods** Workflows for our LC-MS/MS assay are shown in figure 1. A 3.2 mm DBS is punched into a 96-well plate. 5-plex assay cocktail is added to each well. The plate is sealed with aluminum film for 18 h incubation at 37 °C with orbital shaking. After that, add quench solvent and mix completely, then the sample solution is transferred to deep well plate. Dispense ethyl acetate and water to each well for liquid-liquid extraction. After centrifugation, the upper layer of ethyl acetate phase is transferred into a new plate. Evaporate the solvent with nitrogen gas flow and reconstitute with mobile phase solution before LC-MS/MS analysis. Waters Acquity I-Class UPLC system and Xevo TQ-S equipped with a C<sub>18</sub> analytical column are used.

**Results Precision** Intra-assay and inter-assay precision for five enzymes were determined by the analysis of two different quality control samples. Three replicates were run for each sample and four batches were processed within a week. As shown in table 1, the intra-assay and inter-assay coefficients of variation (CV) in all tests were less than 20%.

**Linearity, limit of detection (LOD) and limit of quantitation (LOQ)**

Five internal standards (IS) were dissolved in acetonitrile and prepared at thirteen different concentrations for linearity assay. Two conditions were used to determine the concentration ranges with linear response: regression coefficient  $R^2 > 0.99$  and concentration deviation  $< 20\%$ . The LOQ was defined as the lower limit of linear range, and the LOD was defined as the lowest concentration displaying signal-to-noise ratio (SNR) greater than 3. All results were summarized in table 2. In summary, the results demonstrate sufficient robustness for LSD screening.

**Reference intervals** Reference intervals for five lysosomal enzymes were established preliminarily based on 205 NBS samples analyzed in our laboratory. The concentration

distribution in these specimens were calculated and evaluated with Origin software. The upper and lower level of reference intervals were defined as the 1<sup>st</sup> and 99<sup>th</sup> percentile. The established reference intervals are 1.717 – 14.02  $\mu\text{M/h}$  for GAA, 2.923 – 21.13  $\mu\text{M/h}$  for GBA, 2.439 – 10.69  $\mu\text{M/h}$  for GLA, 1.520 – 10.92  $\mu\text{M/h}$  for GALC, and 1.873 – 8.521  $\mu\text{M/h}$  for ASM, respectively. The blood spots from three specimens, which bear either SMPD1 (encodes ASM) or GALC gene mutation, were also tested. The result showed our LC-MS/MS assay allowed clear discrimination of affected suspects from the normal population (see figure 2).

**Conclusions** A LC-MS/MS assay has been developed for the multiplex determination of the enzyme activity of five LSDs in DBS. Sample preparation is simple and efficient, and no special equipment, derivatization or complicated operations are required. The assay uses the same DBS specimen as in conventional NBS program and allows expanded LSD screening.

## PU-4552

### 吸烟及糖尿病对血清癌胚抗原浓度的影响

齐永志,张佳丽  
解放军总医院第六医学中心

**目的** 研究吸烟及糖尿病对血清癌胚抗原浓度的影响。

**方法** 采集医院就诊的健康人群、吸烟人群及糖尿病患者空腹血清,采用化学发光免疫分析法检测血清癌胚抗原浓度,采用单因素方差分析比较各组血清癌胚抗原水平。

**结果** 健康对照组、吸烟组、糖尿病组的血清癌胚抗原浓度分别为 (1.75 $\pm$ 1.23 ng/ml)、(2.57 $\pm$ 1.54 ng/ml)、(2.26 $\pm$ 1.53 ng/ml)。吸烟组、糖尿病组 CEA 显著高于健康对照组 (P 均 <0.05), 差异具有统计学意义。

**结论** 吸烟以及糖尿病均会导致血清癌胚抗原水平的升高,在分析临床癌胚抗原检测结果时应考虑吸烟和糖尿病的影响。

## PU-4553

### 循环肿瘤细胞在非小细胞肺癌早期诊断中的应用初探

顾敏,潘世扬  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 旨在改良非小细胞肺癌(non-small cell lung cancer, NSCLC)循环肿瘤细胞(circulating tumor cell, CTC)流式检测技术,确定荧光标记单抗(NJ001)最适使用浓度,从而降低荧光背景强度,随后决定外周血 CTC 的诊断临界值,并初步探讨其在 NSCLC 早期诊断中的价值。

**方法** 通过荧光标记单抗流式细胞术建立饱和曲线法,确定最适荧光抗体使用浓度;利用改良之后的流式细胞检测技术检测南京医科大学第一附属医院 139 例临床样本(包括 72 例 NSCLC 患者、19 例肺部良性疾病患者和 48 例健康对照者)外周血 CTC 水平,受试者工作特征曲线(ROC 曲线)确定其诊断临界值。电化学发光法(electrochemiluminescence assay, ECLIA)同步检测血清癌胚抗原(carcinoma embryonic antigen, CEA)和角质蛋白 19 片段(cytokeratin-19 fragments, CYFRA21-1)水平,并比较这些肿瘤标志物的阳性率。ROC 曲线初步分析外周血 CTC 的检测在 NSCLC 早期诊断中的应用价值。

**结果** 饱和曲线法确定了荧光抗体最适使用浓度为 80 ng/ $\mu\text{L}$ 。ROC 曲线分析显示,外周血 CTC 最佳诊断临界值为 309 个/mL,对应的敏感度为 62.50%,特异度为 89.55%。NSCLC 患者外周血 CTC 阳性率为 62.50%,显著高于血清 CEA 和 CYFRA21-1 (41.67%和 43.06%);外周血 CTC 水平在 NSCLC 早期即较肺部良性疾病患者和健康体检者明显升高 (P<0.05),且在特异度保持优

势的情况下,灵敏度较 CEA 和 CYFRA21-1 单个指标高 40%左右;31 例 NSCLC 患者血清 CEA 和 CYFRA21-1 水平为双阴性,但外周血 CTC 检测灵敏度和特异度仍分别达 70.97%和 89.55%。

**结论** 与临床常用传统肺癌标志物 CEA 和 CYFRA21-1 相比,外周血 CTC 的检测阳性率更高;其水平在 NSCLC 早期即明显增高,且具有较高的阳性检出率,显著提高了灵敏度,为 NSCLC 的早期诊断提供了新思路。

## PU-4554

### DHX32 调控结肠癌 5-FU 耐药及其作用机制

张忠英<sup>1</sup>,林华月<sup>2</sup>,刘文娟<sup>2</sup>,罗情<sup>2</sup>,林燕玲<sup>3</sup>

1.厦门弘爱医院

2.厦门大学附属中山医院

3.厦门大学公共卫生学院

**目的** 在前期发现螺旋酶家族新成员 DHX32 在结肠癌组织中表达上调且促进结肠癌细胞的细胞增殖、迁移和侵袭的基础上,进一步研究 DHX32 调控结肠癌 5-FU 耐药的作用及其可能机制。

**方法** 1.用 5-FU 分别处理 DHX32 干扰和过表达的稳定转染细胞株及其对照细胞株后,运用流式细胞术检测 Annexin V、PI 双染的方法和 Western blot 检测 PARP 蛋白剪切的方法研究 DHX32 对 5-FU 对结肠癌细胞细胞周期的影响和诱导结肠癌细胞凋亡的作用;接着用裸鼠移植瘤模型观察 DHX32 在裸鼠成瘤及对 5-FU 治疗结肠癌的影响;2.用芯片筛选 DHX32 介导 5-FU 耐药的信号转导途径,用流式细胞和 Western blot 等技术在细胞株和裸鼠移植瘤中分析 DHX32 与 AKT 及下游凋亡通路的相互关系及下游凋亡通路对 5-FU 疗效的相关性。

**结果** 1.抑制 DHX32 表达 SW480 细胞组与其对照组和过表达组相比,对 5-FU 的敏感性显著提高,差异具有统计学意义 ( $P<0.01$ ),过表达 DHX32 则抑制 5-FU 诱导的细胞凋亡,在移植瘤鼠中情况类似;2.DHX32 与  $\beta$ -catenin、VEGFA 表达正相关,DHX32 通过稳定 b-catenin 的蛋白水平促进血管生长因子 VEGFA 的转录,从而促进血管生成作用和结肠癌对 5-FU 的耐药。

**结论** DHX32 通过稳定 b-catenin 的蛋白水平促进血管生长因子 VEGFA 的转录从而促进血管生成作用和结肠癌对 5-FU 的耐药。

## PU-4555

### 抗线粒体抗体-M2 阳性对临床疾病诊断价值的探讨

陈镜如<sup>1</sup>,黄卓春<sup>2</sup>

1.邵阳学院附属第一医院

2.四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨抗线粒体抗体-M2 型 (AMA-M2) 抗体在临床疾病诊断中的价值。

**方法** 回顾性收集 673 例 AMA-M2 阳性且临床诊断明确的患者,同时进行抗核抗体及抗可提取性抗原 (ENA) 抗体谱的检测,分析 AMA-M2 与其他测定结果及临床信息的关系。

**结果** 在 673 例 AMA-M2 阳性患者中,单纯 PBC 患者占 39.67% (267/673),单纯 AIH 患者占 4.31% (29/673),PBC 合并 AIH 患者占 9.96% (67/673),另有 2.53% (17/673) 的患者为未明确具体类型的自身免疫性肝病。而 PBC 合并 SS 的患者占总病例数的 8.17% (55/673),PBC 合并 SLE 的患者占总病例数的 1.63% (11/673)。AMA-M2 阳性还见于其他自身免疫性疾病,如 SS (2.38%, 16/673),SLE (3.57%, 24/673),皮炎、硬皮病等其他自身免疫性疾病 (6.39%, 43/673)。乙肝相关疾病也可表现 AMA-M2 阳性 (3.86%, 26/673),1.19% (8/673) AMA-M2 阳性的病例为药物性肝损伤。另外还有 7.13% (48/673) 的病例为其他非自身

免疫性疾病及非肝脏系统疾病。AMA-M2 抗体主要核型是包浆型、包浆着丝点型、颗粒包浆型，AMA-M2 抗体的滴度以低中滴度（“2+”、“+”）为主，ANA 滴度以高滴度为主（ $\geq 1:1000$ ）。

**结论** 抗 AMA-M2 阳性主要见于单纯 PBC 以及 PBC 合并 AIH、SS、SLE 等其他自身免疫性疾病，少量可见于单纯 AIH、SS、SLE 等自身免疫性疾病，乙肝和其他非免疫性肝脏疾病也可出现 AMA-M2 阳性，临床上需严谨诊断及鉴别诊断。

PU-4556

## 围产期保健与先天性结核

龙美静

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 围产期保健即为围生育期保健，是指一次妊娠从妊娠前、妊娠期、分娩期、产褥期（哺乳期）、新生儿期为孕母和胎婴儿的健康所进行的一系列保健措施，从而保障母婴安全、降低孕产妇和围生儿死亡率。

**方法** 先天性结核病为结核病中较为少见的类型，又称宫内感染性结核病。多系母亲产前有活动性肺结核或子宫内膜结核通过胎盘感染胎儿而致病，一般为出生时或出生后 2—4 周内发病。由于先天性结核病早期缺乏成人结核病的特异性临床表现及实验室检查，易误诊、漏诊，且预后较差。现通过提供由 TB-RNA 检测 SAT 技术确诊的先天性结核病例一例，进一步提高临床医生对先天性结核病的认识，对围产期结核病早期诊断和制定合理的治疗方案尤为重要。

**结果** Beitzlee（1935）拟定的先天性结核诊断标准：（1）病变确证为结核性；（2）肝原发综合征的存在说明结核菌确经脐静脉至肝；（3）新生儿于出生或数天内发生结核，或可明确除外一切生后子宫外感染来源。后期制定的确诊先天性结核病的标准为必须证实结核分支杆菌的存在和至少具备以下 5 项之一：（1）发病在出生后的头 4 周内；（2）最发肝综合征成千酵样肝脏肉芽肿；（3）胎盘或产道结核分支杆菌感染；（4）除外产后传播可能；（5）母亲有活动性或生殖道结核。

**结论** 虽然目前尚没有足够的证据支持对所有孕妇进行结核病的筛查（包括 PPD 试验和胸部 x 线检查），高危孕妇（结核病高发区、居住条件差、HIV 感染、药瘾者）可以在妊娠任何时期进行结核病筛查，以期达到降低围产期孕产妇结核以及围生儿先天性结核的发病率，早发现早治疗并改善预后的目的。

PU-4557

## Clonal disseminations of the bla<sub>NDM-5</sub> via IncX3-type plasmid among Enterobacteriaceae in children

Dongxing Tian

Huashan Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University

**Objective** The continuous emergence of novel New Delhi metallo- $\beta$ -lactamase-5 (NDM-5)-producing Enterobacteriaceae isolates is receiving increased public attention. 22 NDM-5-producing strains were identified by PCR assays from 146 CRE strains collected from pediatric patients between January and March 2017, indicating that bla<sub>NDM-5</sub> has spread to children and caused further clonal dissemination.

**Methods** Antimicrobial susceptibility testing, Determination of genetic relatedness, Plasmid analysis and location of bla<sub>NDM-5</sub>. Plasmid sequencing and comparative analysis

**Results** All isolates, including 16 *Klebsiella pneumoniae* strains, four *Klebsiella aerogenes* strains, and two *Escherichia coli* strains, showed high resistance to all  $\beta$ -lactam antibiotics and inhibitors, but all remained susceptible to tigecycline and colistin. *K. pneumoniae* and *K. aerogenes* strains were respectively defined as genetically related isolates by pulsed-field gel

electrophoresis (PFGE). Multilocus sequence typing (MLST) results confirmed the genetic relatedness, and all *K. pneumoniae* belonged to sequence type (ST) 48. Two *E. coli* isolates (ST617 and ST1236) were considered genetically unrelated. Four representative strains (*K. pneumoniae* K725, *K. aerogenes* CR33, *E. coli* Z214, and *E. coli* Z244) were selected for further study. Plasmids harboring bla<sub>NDM-5</sub> showed strong stability both in clinical isolates and transconjugants, without apparent plasmid loss after 100 serial generations. S1-PFGE followed by Southern blot analysis demonstrated that the bla<sub>NDM-5</sub> gene was all located on plasmid of similar size (~46 Kb). Plasmid sequences showed almost identical among pNDM-K725, pNDM-CR33, and pNDM-Z214, but slightly different sequences for pNDM-Z244. Compared with pNDM-Z244, ΔISAba125 and partial copies of IS3000 were missing. The genetic background of the bla<sub>NDM-5</sub> gene was slightly different from that of the commonly reported pNDM\_MGR194.

**Conclusions** This study comprehensively characterized the IncX3-type plasmid carrying the bla<sub>NDM-5</sub> gene of *K. pneumoniae*, *E. coli*, and *K. aerogenes* clinical isolates. To our knowledge, this is the first time to report clonal disseminations of bla<sub>NDM-5</sub>-carrying isolates in different species of Enterobacteriaceae isolates in pediatric patients.

## PU-4558

### 高毒力肺炎克雷伯菌与中性粒细胞的作用机制研究

王丽凤,沈定霞

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 高毒力肺炎克雷伯菌 (*Hypervirulent Klebsiella pneumoniae*, HvKP) 常导致健康人群的严重社区获得性感染, 而且感染易于发生多部位的播散。HvKP 菌株具有较厚的荚膜, 携带 *rmpA* 和 *aerobactin* 等毒力基因, 毒力明显高于普通肺炎克雷伯菌 (*classic Klebsiella pneumoniae*, cKP)。中为了揭示 HvKP 高毒力和高致病性的机制, 研究 HvKP 与人体中性粒细胞之间的作用。

**方法** 根据黏液丝试验、荚膜血清分型、*rmpA* 和 *aerobactin* 基因检测结果, 本研究共筛选了 45 株肺炎克雷伯菌, 包括 16 株 HvKP-K1、14 株 HvKP-K2 和 15 株 cKP。采集健康志愿者新鲜血液并提取中性粒细胞。将中性粒细胞与 FITC 标记的 HvKP-K1、HvKP-K2 和 cKP 分别作用 0、10、30、60 min, 流式细胞术检测中性粒细胞吞噬率, 采用透射电镜观察被中性粒细胞吞噬的细菌形态学改变。计算细菌存活指数评估中性粒细胞的胞内杀菌能力。采用扫描电镜和免疫荧光染色技术观察 NETs 的形成情况以及 NETs 对 HvKP-K1 和 cKP 的捕获情况。

**结果** 在 0-60 min 内, 中性粒细胞对 HvKP 和 cKP 的吞噬率随作用时间的延长而逐渐升高。透射电镜观察可见中性粒细胞吞噬的 cKP 多于 HvKP, 被吞噬的 cKP 菌体表面不完整, 开始裂解, 而被吞噬的 HvKP-K1 菌体完整, 甚至可见菌体分裂相。中性粒细胞杀菌试验结果显示 HvKP-K1 和 HvKP-K2 的存活指数明显高于 cKP 的存活指数。尽管在扫描电镜下观察到 HvKP-K1 和 cKP 都可以诱导中性粒细胞形成 NETs, 并经进一步免疫荧光染色分析证实, 但 NETs 捕获的 cKP 数量明显高于捕获的 HvKP-K1 的数量。此外, 被 NETs 捕获的 cKP 菌体表面可见“小孔”, 而被 NETs 捕获的 HvKP-K1 菌体表面未见此现象。

**结论** 中性粒细胞对 cKP 具有胞内和胞外杀伤作用, 但 HvKP 能抵抗中性粒细胞的吞噬和胞内杀菌作用。cKP 和 HvKP 都可以诱导中性粒细胞形成 NETs, 但 NETs 捕获的 cKP 数量明显高于 HvKP。

## PU-4559

## 网织血小板参考区间建立的必要性

李贞贞

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 近年来,网织血小板在临床各类与血小板相关性疾病中的应用已经越来越受到国内外专家和学者的关注。网织血小板作为外周血细胞检测的一部分,是个定量检测指标,应当有它自己明确的参考区间,但是不同的检测方法和检测系统间差异较大,不能使用同一个参考区间。SYSMEX 全自动血细胞分析仪,通过设立、构建网网织血小板的检测通道,进行不成熟血小板比值(imature platelet fraction, IPF)检测,并通过软件计算得出不成熟血小板的绝对值(imature platelet absolute, IPA),且检测前不需对全血进行预处理,可快速检测网织血小板,费用低,便于临床常规开展大样本量的批量检测。从而推动了网织血小板在临床的研究应用。目前,包括一些大型实验室在内我国大多数临床实验室使用的 RVs 主要来自试剂、仪器厂商或基于其他国家人群建立的 RVs。且这些研究多限于成年人,而对于新生儿这一特殊人群的研究相对较少。为了促进 IPF、IPA 在临床的准确应用,建立本地区适用的参考区间成为必要。

**方法** 首先,我们对 SYSMEX-XN9000 全自动血液分析仪的检测性能按照国家评定认可委员会的要求进行验证;然后,按照不同年龄、性别收集健康体检病人血常规和本院分娩的足月健康新生儿的脐带血,于 2 小时内完成网织血小板检测;随后,统计分析上述数据建立参考范围;最后依照我们建立的参考区间,开展其临床应用研究,主要与本院血液内科合作,研究网织血小板在血小板减少性疾病的应用价值。

**结果** 在本地区首次建立 XN9000 全自动血细胞分析仪的 IPF、IPA 参考区间。在国内首次尝试建立新生儿脐带血的 IPF、IPA 参考区间。建立了 IPF 在造血干细胞移植后预测血小板植活的 cutoff 值。

**结论** 随着检测技术的不断进步,网织血小板的检测已经成为一个操作简单、准确可靠、经济实用的生物学指标被广范应用于临床血小板减少性疾病的诊断、鉴别诊断和预后评估。网织血小板参考区间的建立有望减少移植病人在等待血小板恢复期内的预防性血小板输注,从而降低输血相关性疾病的发生率及减轻患者的经济负担,并给等待期的患者提前带来生的希望!

## PU-4560

## 过敏原检测在慢性阻塞性肺疾病合并侵袭性曲霉病中的诊断价值

李阳

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨血清中霉菌类特异性 IgE 抗体以及烟曲霉特异性 IgE 抗体检测在慢性阻塞性肺疾病(COPD)合并侵袭性曲霉病(IPA)中的诊断价值。

**方法** 对 2018 年 1 月到 2018 年 4 月在我院进行霉菌类特异性 IgE 抗体以及烟曲霉特异性 IgE 抗体检测的 140 例 COPD 患者临床资料进行回顾性分析,并比较在临床确诊中霉菌类特异性 IgE 抗体和烟曲霉特异性 IgE 抗体对诊断 IPA 的特异性和灵敏度

**结果** 140 例患者确认合并感染侵袭性曲霉病的患者 23 例,其中烟曲霉特异性 IgE 抗体阳性 21 例(91.3%),霉菌类特异性 IgE 阳性 18 例(78.2%)

**结论** 过敏原检测在慢性阻塞性肺疾病合并侵袭性曲霉病中的诊断中具有高度的特异性,烟曲霉特异性 IgE 抗体的灵敏度优于霉菌类特异性 IgE 抗体。

## PU-4561

## 迈瑞 6900 血细胞分析仪体液模式检测脑脊液标本的性能评价

冯丽梅,孙德华

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探讨迈瑞 6900 血细胞分析仪体液模式在检测脑脊液标本细胞计数及分类计数中的性能评价以及仪器的空白、精密度、重复性、线性。

**方法** 对 135 例脑脊液标本进行白细胞计数及其分类计数,并与手工计数、XE-5000 自动化血细胞分析仪结果进行比较:把白细胞总数分成 8 个区间:0-20 $\times 10^6/L$  (n=3)、21-50 $\times 10^6/L$  (n=18)、51-100 $\times 10^6/L$  (n=18)、101-200 $\times 10^6/L$  (n=21)、201-300 $\times 10^6/L$  (n=13)、301-500 $\times 10^6/L$  (n=15)、501-1000 $\times 10^6/L$  (n=20)、>1000 $\times 10^6/L$  (n=27),并于相应的手工计数结果、XE-5000 自动化血细胞分析仪计数结果结果进行比较;同时对脑脊液标本离心涂片染色镜检进行分类计数,其百分数分成 4 个区间:0-25% (n=64)、26-50%(n=28)、51-75%(n=14)、76-100%(n=29),并于相应的手工计数结果、XE-5000 自动化血细胞分析仪计数结果结果进行比较;对迈瑞 6900 血细胞分析仪体液模式的空白、精密度、重复性、线性进行评估。

**结果** 对白细胞总数,分成 8 个区间的白细胞总数的符合率:手工计数和迈瑞 6900 相应为 67%、72%、72%、86%、70%、87%、90%、93%;XE-5000 和迈瑞 6900 相应为 67%、83%、89%、83%、80%、88%、86%、100%;对单个核细胞(M)分类计数,分成 4 个区间的符合率:手工计数和迈瑞 6900 相应为相应为 92%、86%、93%、93%;XE-5000 和迈瑞 6900 相应为 94%、82%、90%、96%;仪器的空白、精密度、重复性小于厂家给定的范围,符合预期。

**结论** 迈瑞 6900 血细胞分析仪体液模式可以作为自动化检测检测脑脊液标本的一种方法,不仅能对临床提供一定的诊断价值,而且提高了精密度,缩短了检测时间。

## PU-4562

## 运用高通量测序技术检测黎族地区人群血红蛋白病

符生苗<sup>1,2</sup>,胡俊杰<sup>1,2</sup>,陈鑫苹<sup>1,2</sup>

1.海南省人民医院,570100

2.海南省细胞与分子遗传转化医学重点实验室

**目的** 运用高通量测序技术检测黎族地区人群血红蛋白病。

**方法** 以海南省保亭县随机选取 1843 名中学生作为研究对象,其中黎族 1249 人,汉族 454 人,其他少数民族 139 人。采集外周血 2mL 进行血细胞分析、血红蛋白电泳和珠蛋白基因高通量测序。

**结果** 黎族人群中地中海贫血检出率为 79.72%,汉族为 24.71%,其他少数民族为 29.93%。珠蛋白基因高通量测序后发现 22 例珠蛋白融合基因、18 例异常血红蛋白(Hb)或珠蛋白基因突变患者,发生率分别为 1.19%和 0.98%。

**结论** 黎族地区人群的地贫融合基因、异常 Hb 或珠蛋白基因突变发生率较高。高通量测序技术不仅能够提高地贫的检出率,而且在鉴定珠蛋白融合基因、异常 Hb 或珠蛋白基因突变方面具有重要作用。

PU-4563

## 某教学医院 2014~2018 年 5 年间血培养病原菌 分布及耐药性变迁

刘彩林,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨我院 2014~2018 年 5 年间血培养病原菌的分布及耐药性变迁,为临床血流感染的诊治提供依据。

**方法** 使用 VITEK2 Compact 细菌鉴定系统和 VITEK MS 质谱仪器进行细菌鉴定,抗菌药物敏感性试验采用 VITEK2 Compact 和 K-B 法进行检测,采用 WHONET 5.6 软件进行药敏结果的统计分析。

**结果** 5 年间血培养共检出病原菌 11398 株,其中革兰阴性菌占 54.7%,革兰阳性菌占 38.6%,真菌占 6.7%,前 5 位分离菌分别是:大肠埃希菌(2517 株,22.1%)、凝固酶阴性葡萄球菌(1951 株,17.1%)、肺炎克雷伯菌(1572 株,13.8%)、金黄色葡萄球菌(698 株,6.1%)和屎肠球菌(570 株,5.0%)。5 年间大肠埃希菌对亚胺培南的耐药率由 1.1%上升至 5.0%;肺炎克雷伯菌对亚胺培南的耐药率由 15.7%上升至 56.1%;鲍曼不动杆菌对亚胺培南的耐药率平均高达 88.1%;铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率为 20.8%,对哌拉西林/他唑巴坦、环丙沙星和阿米卡星的耐药率均在 10%以下;2014-2018 年血培养中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的检出率分别为:42.6%、50.0%、40.4%、47.5%、35.1%,42.7%,平均检出率为 42.6%。

**结论** 我院血培养病原菌以革兰阴性菌为主,细菌耐药性呈总体上升的趋势,碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯的检出率显著升高,给临床用药带来极大挑战。

PU-4564

## Emergence of NDM-1-producing *Escherichia coli* in the Shandong province of China

Maoli Yi

Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** The goal of this study was to investigate the drug resistance mechanism and molecular epidemiology of five strains of PAN-drug resistant *Escherichia coli* isolated from June 2013 to December 2013 in Yantai Yuhuangding Hospital of Shandong regional medical center.

**Methods** A modified Hodge test and an imipenem-EDTA phenotypic confirmatory test were performed to detect production of metallo- $\beta$ -lactamases. PCR-based surveillance was used to detect the blaNDM-1 gene. For blaNDM-1-positive isolates, antibiotic susceptibility was assessed and molecular typing was performed using PFGE. The genetic location of blaNDM-1 was determined through the analysis of PFGE profiles of S1 nuclease-digested genomic DNA and Southern blot hybridization. Plasmid transfer to *E. coli* recipients was investigated using filter mating and electroporation.

**Results** Five isolates harboring blaNDM-1 were identified; the strains were clonally diverse and carried blaNDM-1 on different plasmids. Plasmids carrying blaNDM-1 were successfully transferred from four of the five isolates to *E. coli* recipients.

**Conclusions** We describe the emergence of *E. coli* producing NDM-1 isolated from the Yantai Yuhuangding hospital of Shandong Province Regional Medical Center production of China. A systemic surveillance network should be established for monitoring these resistant bacteria.



## PU-4565

## 脑脊液酶谱在阿尔茨海默病中的进展

张齐皓

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 本文将对脑脊液中的一些酶在 AD 中的研究现状进行综述。

**方法** D 具有两个典型的病理改变,即  $\beta$ -淀粉样蛋白 ( $\beta$ -amyloid, A $\beta$ ) 沉积形成的神经炎性斑 (neuritic plaque, NP)<sup>[2]</sup>和 Tau 蛋白过度磷酸化形成的神经元纤维缠结 (neurofibrillary tangle, NFT)<sup>[3]</sup>,最终发展成为皮质的持续皱缩,海马等脑区神经元的大量丢失,导致突触功能障碍和神经元衰退,使个体遭受记忆缺陷和其他认知障碍<sup>[4]</sup>。

**结果** 在 AD 的发生发展中,不同的阶段伴随着相应的病理生理改变,而 AD 患者脑脊液中的酶可作为反映疾病变化过程的生物标记物,对于 AD 的早期诊治具有重要的意义。

**结论** 对 AD 生物标记物的寻找可以帮助对 AD 的分期,尤其是对 AD 早期生物标记物的发现可以提前对 AD 患者的诊断、发现 AD 临床前期的患者,可联合其他已有诊断标记物提高对早期 AD 患者诊断的特异性,并对其进行相关的治疗与干预,由此在患者神经系统变性过程进一步恶化前给予治疗。

## PU-4566

## 福建地区 20-35 岁女性对人乳头瘤病毒和人乳头瘤病毒疫苗的认知状况及接受度研究

朱斌

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 了解福建地区 20-35 岁年轻女性对人乳头瘤病毒及其疫苗的相关认知状况,并探讨影响其接种疫苗意愿的潜在因素。

**方法** 本研究采用自编问卷调查方法,并随机选取 151 名于福建医科大学附属协和医院妇科门诊就诊的适龄女性纳入本研究,根据问卷答案收集其对人乳头瘤病毒及其疫苗的认知相关问题回答水平和影响其接种疫苗的意愿相关问题回答水平,同时获得调查人群的人乳头瘤病毒感染率。

**结果** 调查人群的人乳头瘤病毒感染率为 15.9% (24/151)。听说过人乳头瘤病毒但是缺乏人乳头瘤病毒相关的详细知识的人群占 45.0%。表达愿意接种人乳头瘤病毒疫苗的人群占 83.4%。了解人乳头瘤病毒感染危险性的人群占同意接种疫苗的总人群的 40.5%。本科及以上学历、月收入较高、居住地为城市、从事专业工作的人群接种疫苗意愿较高 ( $P<0.05$ )。对疫苗表达较高期望人群的占受访人群的 51.7%,但可接受疫苗价格小于 500 元的人群超过 80%。

**结论** 在福建地区,政府和相关部门需要继续在 20-35 岁年轻女性中进行人乳头瘤病毒相关知识的宣传与教育。此外,补贴疫苗接种的费用高低及是否纳入医保极大地影响调查人群的接种意愿。

PU-4567

## Molecular Identification of Huntington's disease in a Chinese family

Xiaogai Li

The First affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Huntington's disease (HD) is an autosomal dominant neurodegenerative disease caused by a CAG expansion in the 5'coding region of the HD gene, which is the genetic basis of the development of HD. Pathogenesis is unknown at present, and no effective treatment is known. This is a brief report about the genetic diagnosis for a family with a history of HD in Wuhan, China.

**Methods** According to the principle of informed consent, we analyzed the brain imaging features of 4 borderline HD cases. Polymerase chain reaction (PCR), polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE) and DNA sequencing were applied to detect and analysis the repeated CAG sequence in IT15 gene of 17 members in the HD family.

**Results** In the family, four patients (II 2, II 6, III5 and III9) mainly appear to have involuntary dance-like movements, three of them with atrophy in the bilateral cerebral cortex and the caudate nucleus by MRI, and among them, only 2 with abnormally amplified repeated CAG sequence ( $> 40$ ) by genetic analysis. Among the borderline cases with clinical symptoms and imaging features of HD, 2 cases were identified with CAG expansions in IT15 gene by mutation analysis, which effectively excluded the suspected HD patients.

**Conclusions** it is very important that the clinical diagnosis of HD requires a combination of clinical symptoms, radiological changes and genetic diagnosis.

PU-4568

## 2018 年下呼吸道感染分离菌类型及耐药性变迁

刘晓一

1.北京华信医院/清华大学第一附属医院,100000

2.河北北方学院

**目的** 探讨下呼吸道感染患者的病原菌分布及耐药性, 为临床合理选择抗菌药物提供依据。

**方法** 对本院 2018 年 1 月-2018 年 12 月送检的下呼吸道标本进行培养, 采用 MIC 法对阳性标本菌株进行药物敏感性试验。

**结果** 5423 份下呼吸道标本共分离细菌 1466 株, 阳性率为 27%。非重复菌株 659 株, 其中革兰阴性菌 519 株, 占 78.8%; 革兰阳性菌 140 株, 占 21.2%。革兰阴性菌排在前四位的是肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌和大肠埃希菌, 革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌; 药敏结果显示肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌对碳青霉烯类和替加环素有较高的敏感度; 铜绿假单胞菌对氨基糖苷类和粘菌素有较高的敏感度; 鲍曼不动杆菌对粘菌素和替加环素有较高的敏感度。金黄色葡萄球菌对青霉素耐药率 98.8%, 未发现耐万古霉素、利奈唑胺和头孢洛林的金黄色葡萄球菌。

**结论** 住院患者下呼吸道感染病原菌以革兰阴性菌为主, 不同的菌株对不同的抗生素耐药性不同, 临床医师应及时了解下呼吸道病原菌的分布及耐药情况, 以指导临床用药。

## PU-4569

**鲍曼不动杆菌整合子 I 和 ISCR1 分布及基因分型研究**

孙静静

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 研究临床分离鲍曼不动杆菌的整合子 I 和 ISCR1 的分布情况, 并对其进行基因分型。

**方法** 分离临床 304 株鲍曼不动杆菌, 用 whonet5.4 分析菌株药敏情况, PCR 检测整合酶 I、整合子 I、ISCR1 以及 ISCR1 携带的耐药基因。ERIC-PCR 进行基因分型。

**结果** 对  $\beta$ -内酰胺类、氨基糖苷类、磺胺类药物耐药严重, 对碳青霉烯类较敏感, 205 株整合酶 I 阳性, 其中 197 株整合子 I 扩增阳性。18 株 ISCR1 以及 ISCR1 可变区扩增均阳性, ISCR1 阳性菌整合子 I 均阳性, 205 株鲍曼不动杆菌分为 109 个基因型。

**结论** I 类整合子广泛存在于鲍曼不动杆菌中, ISCR1 携带率较低, ERIC-PCR 可用于临床鲍曼不动杆菌分子流行病学研究。

## PU-4570

**三阴性乳腺癌原代细胞的培养及其特异性结合肽的筛选**

元春玲

泰安市中心医院,271000

**目的** 利用噬菌体肽库筛选技术获得与三阴性乳腺癌原代细胞特异性结合的多肽, 为探索三阴性乳腺癌的治疗靶点提供试验支持。

**方法** 从三阴性乳腺癌新鲜组织分离、培养原代癌细胞并以其为靶细胞, 以 hs578bst 人正常乳腺细胞为吸附细胞, 对噬菌体随机十二肽库进行三轮减性筛选; 随机挑取 15 株富集后的噬菌体单克隆, ELISA 及 DAB 染色鉴定噬菌体克隆的亲和力及特异性, 并对阳性噬菌体单克隆测序。

**结果** 经过 3 轮筛选, 噬菌体克隆得以明显富集, 随机挑取的 15 株噬菌体单克隆中有 11 株为阳性, ELISA 及 DAB 鉴定发现, 5 号噬菌体 (phage-5) 对靶细胞亲和力及特异性最强, 经 DNA 测序和推导, 其多肽序列为 PHETLTSFVRRG。

**结论** 从噬菌体随机十二肽库中成功筛选出与三阴性乳腺癌原代细胞特异性结合的多肽, 该多肽可能作为三阴性乳腺癌靶向治疗药物的载体。

## PU-4571

**检验医学科住院医师规范化培训教学查房模式探讨**

冯厚梅,郑磊,孙德华,李强

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 建立适合检验医学科的教学查房模式。

**方法** 教学查房旨在以真实病例为教学内容, 以教师为主体, 重在疾病分析, 并培养学生的临床思维。以检验科教学内容和临床工作为背景, 我们南方医院检验基地设计了自己的教学查房模式, 包括两种模式: 1. 成立检验医学科系统性疾病实验诊断组, 参与相应临床科室的教学查房; 2. 检验科内部教学查房, 从某一报告单的特征入手, 引出相同特征的不同疾病的实验室诊断与鉴别诊断思路, 以老师为主体, 拓展了同学们的疾病诊断思路和思维方法。

**结果** 两种查房模式拓展了同学们的疾病诊断思路和思维方法。此种模式运行以来，深受同学欢迎，并逐渐完善向外推广。

**结论** 教学查房是住院医师规范化培训理论教学的一种重要形式，包括行政查房，临床查房，教学查房。临床上有专门的教学查房规范，但是检验科没有病房，不收治患者，因此教学查房模式必然与临床不相同。检验医学科教学模式的建立，使检验医学科的住院医师规范化培训理论教学更加完善，也提供了一种教学查房的规范。此种模式运行以来，深受同学欢迎，并逐渐完善向外推广。

## PU-4572

### TmTNF- $\alpha$ acts as a potential prognostic marker for Colorectal Cancer

Xiaogai Li

The First affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Transmembrane TNF- $\alpha$  (tmTNF- $\alpha$ ) can induce the activation of NF- $\kappa$ B to protect tumor cells. Upregulation of tmTNF- $\alpha$  leads to resistant to apoptosis and induces drug resistance in breast cancer. However, the expression and clinical significance of tmTNF- $\alpha$  in colorectal cancer (CRC) are still indistinct. We aim to explore the relationship of tmTNF- $\alpha$  status and clinicopathologic factors related to recurrence and metastasis of stage II/III colorectal cancer, and analyze the influence of tmTNF- $\alpha$  on the killing effect of 5-FU to CRC cells.

**Methods** In our study, TmTNF- $\alpha$  protein in CRC tissues was detected by immunohistochemistry and western blotting; Kaplan-Meier survival curve and Cox regression model were used to evaluate the prognostic value of tmTNF- $\alpha$  for CRC. Flow cytometry assay was performed to detect the expression of tmTNF- $\alpha$  on 4 CRC cell strains; CCK-8 test was employed to analyze tmTNF- $\alpha$  influence on anti-proliferation reaction of 5-FU to CRC cells.

**Results** Overall, 77 (78.6%) of 98 patients exhibited high tmTNF- $\alpha$ , and tmTNF- $\alpha$  expression was higher in CRC tissues than normal sections. High tmTNF- $\alpha$  had correlated with age, advanced TNM stage, differentiation, and lymphatic invasion depth. The prognostic analyses showed decreased DFS and OS for proficient tmTNF- $\alpha$  patients versus defective tmTNF- $\alpha$  patients. CCK-8 results showed that tmTNF- $\alpha$  inhibited the killing effect of 5-FU to CRC cells.

**Conclusions** In conclusion, CRC patients with proficient tmTNF- $\alpha$  has a worse prognosis than with defective tmTNF- $\alpha$  tumors, and targets tmTNF- $\alpha$  to regulate the cell-killing effect of 5-FU on CRC cells.

## PU-4573

### Treg 细胞及其在疾病中的应用

俞静<sup>1</sup>, 俞静<sup>1</sup>

1. 南通市第二人民医院, 226000

2. 南通市第二人民医院, 226000

**目的** Treg 细胞在诱导免疫耐受和维持机体免疫微环境稳态中发挥重要作用。自 Treg 细胞发现以来，对于该细胞在人类疾病中的作用和治疗的研究一直不断，本文将对于 Treg 细胞分类及其在各类疾病中的研究进展作一综述

**方法** 收集并分离提取病人及健康人外周血及组织的单个核细胞

流式细胞分出 Treg 细胞及其亚群

统计分析

**结果** 1. Treg 细胞的分类

Treg 细胞按其来源分为 nTreg 和 iTreg。nTreg 来源于胸腺,对维持正常机体外周免疫耐受和免疫应答稳态起着至关重要的作用,能够抑制 CD4<sup>+</sup>和 CD8<sup>+</sup>T 细胞活化、增殖。特征性标志是 FoxP3,LAG-3。iTreg 在外周,经抗原刺激活化后,由 TGF- $\beta$  诱导初始细胞产生,主要靠分泌细胞因子来发挥免疫抑制作用。主要产生 IL-10,TGF- $\beta$ 。其通过下调机体的抗肿瘤免疫反应在肿瘤的发生、发展过程中具有重要的临床意义。

### 2.Treg 细胞与自身免疫疾病

多种人类自身免疫性疾病中都存在 Treg 数量比例及功能异常。系统性红斑狼疮中,病人外周血中 Treg 比例下降,活动期狼疮患者 Treg 比例可能减少,Treg 比例和自身抗体滴度呈负相关。在类风湿性关节炎中,患者的关节滑液中存在较多的 Treg 细胞,滑液中的 Treg 细胞功能显著低于患者外周血中 Treg 细胞,患者 Treg 细胞的功能较健康人有明显的下降。因此 Treg 细胞在对于自身免疫性疾病的诊断与进展具有重要意义。

### 3.Treg 细胞与肿瘤

很多学者发现 Treg 细胞能够抑制机体免疫反应而促进肿瘤的发生发展,随着深入研究学者们又发现 Treg 细胞能够通过抑制局部炎症反应而保护机体免受肿瘤侵扰。肿瘤微环境中浸润大量的 Treg 细胞。在卵巢癌、淋巴瘤、结直肠癌、胰腺等肿瘤中均发现 Treg 细胞增加。Bassuoni 等对比了肝癌患者与慢性丙型肝炎肝硬化外周血 Treg 细胞的差异,发现前者外周血 Treg 细胞比例较后者明显增加,他们还研究得出前者血清甲胎蛋白水平与 Treg 细胞比例呈负相关,而后者甲胎蛋白与 Treg 细胞呈正相关,说明了慢性肝炎中 Treg 细胞可能对肝脏有一定保护作用。Treg 与肿瘤的关系还需要进一步的拓展肿瘤类型和不同病程阶段。

**结论** 经过多年研究发现 Treg 细胞在自身免疫病,肿瘤,异体器官移植中都发挥着重要的免疫调节作用

PU-4574

## 骨髓增生异常综合征的病态造血特点研究

杨淑君

攀枝花钢铁(集团)公司职工总医院,617000

**目的** 探讨骨髓增生异常综合征的病态造血特点

**方法** 根据 2008 年 WHO 的分类标准,选取 2009 年 1 月至 2015 年 2 月共 46 例 MDS 患者,对其骨髓涂片,进行形态学特点研究分析。

**结果** 46 例 MDS 骨髓涂片形态学特征中,粒系共 37 例有病态造血,其中 2 例有 Auer 小体,22 例假 Pelger—Huet 核异常及 11 例环形核,4 例双核粒细胞,;共 42 例有红细胞系造血异常,幼红细胞巨幼样变,多核,奇数核,核碎裂,异常核分裂像,巨大红细胞等。巨核系病态造血占 15 例,可见小巨核,单圆巨,多核巨,核分叶,巨大血小板等。三系病态造血占 10 例,两系病态造血占 28 例,一系病态造血占 8 例,红系病态造血多于粒系,巨核系病态造血少于粒红两系。

**结论** 我院诊断为骨髓增生异常综合征患者中,病态造血是以粒红两系为主,红系>粒系>巨核系。男性发病率高于女性。

## PU-4575

## The Pathogen Spectrum of Acute Infectious Diarrhea in a Sentinel Hospital, Shenzhen, China

Hongwei Shen

Shenzhen Hospital of Southern Medical University

**Objective** To investigate the etiology of acute diarrhea in Shenzhen and provide evidence for designing prevention policies.

**Methods** Stools from 412 patients with diarrhea (286 of whom were adults) including the general epidemiological information of the patients were collected. The 19 pathogens were detected by conventional culture method or multiplex PCR assay, which included five viruses (rotavirus, adenovirus, sapovirus, norovirus, and astrovirus), 11 bacterial pathogens (Salmonella, Campylobacter jejuni, Shigella, Listeria monocytogenes, Vibrio parahaemolyticus, Vibrio cholera, Enterohemorrhagic (EHEC), enteropathogenic (EPEC), enteroinvasive (EIEC), enterotoxigenic (ETEC); and enteroaggregative Escherichia coli (EAEC)) and three parasites (Entamoeba histolytica, Giardia lamblia, and Cryptosporidium parvum).

**Results** A potential pathogen and coinfection was found in 41.5 and 7.0% of cases, respectively. The bacterial infection was the dominant cause of diarrhea (32.3%), and the three most frequently identified organisms were Salmonella (12.1%), ETEC (8.0%), and Campylobacter jejuni (4.9%). Salmonella enteritidis was the leading serotype of Salmonella sp. Norovirus (8.3%) and sapovirus (2.2%) were the most common viral pathogens, followed by adenovirus (1.5%) and rotavirus (1.2%). No EHEC, L. monocytogenes, V. cholera, Shigella, and parasites were found. The single most important causes of diarrhea were Salmonella spp. and Campylobacter jejuni.

**Conclusions** The pathogen spectrum of acute infectious diarrhea was well defined when incorporated with PCR methods. Campylobacter jejuni is becoming an important causative microorganism in this region and long-term surveillance was suggested.

## PU-4576

## 重症烧伤患者创面细菌、毛霉菌感染合并纹带棒状杆菌血流感染 1 例

雷敏

哈尔滨市第五医院,150000

**目的** 重症烧伤患者由于大量使用抗菌药物,改变了人体的细菌分布,易形成多种病原菌的混合感染,给患者造成严重的生命威胁。笔者最近遇到一例重症烧伤患者创面细菌、毛霉菌感染合并纹带棒状杆菌血流感染,现报道如下:

**方法** 1.病例资料摘要:患者,男性,23岁,入院前1小时余,因车祸致汽车着火烧伤全身,被困于车内时间较长,经他人解救脱离火场。创伤后创面大部分水泡腐皮脱去,疼痛麻木,质地较硬。头面部创面较深,伤后患者声音略有嘶哑及咽痛,为见明显呼吸困难,未给予任何处置,即来我院急诊。诊断:全身烧伤Ⅱ°Ⅲ°65%,浅Ⅱ°15%,深Ⅱ°15%Ⅲ°35%,吸入性损伤,合并颅脑外伤。

2.细菌培养及鉴定:2.1 无菌方法采集创面分泌物标本及血液标本。2.2 菌株鉴定:采用 BD phoenix 50 细菌鉴定仪进行菌种鉴定。

**结果** 3.培养结果:不同部位创面分别检出金黄色葡萄球菌、屎肠球菌、嗜麦芽窄食单胞菌、土曲霉菌、链格孢菌;血培养检出纹带棒状杆菌。

**结论** 4.讨论:本病例在伤后发生细菌、曲霉菌及毛霉菌的混合感染,疾病后期又合并纹带棒状杆菌的血流感染,临床上比较罕见。均提示,对于免疫力低下的重症烧伤患者,环境中的条件致病菌及

机体皮肤的条件致病菌可造成患者的严重感染，给临床的治疗带来极大的不利影响，严重影响临床的治疗效果及生存率。因此，加强医院、病房的环境管理对烧伤患者的治疗非常重要。

本病例是患者伤后第 9 天的创面标本检出土曲霉菌，第 11 天检出链格孢属真菌，发生真菌感染，早于闫玉玲【7】报到的伤后 11-20d 发生真菌感染的时间。此时患者的自身免疫功能下降，创面处于溶痂阶段，创面的生理病理环境适宜真菌生长。

本患者受伤当日即并发上消化道出血，导致患者无法进行早期肠内营养治疗，导致患者营养状态差，需大量输注血液制品，容易导致患者全身炎症反应加重，进一步加重肾损伤。患者创面早期细菌培养即可见多种病原菌的混合感染，第 9 天即可见真菌感染，后期又出现纹带棒状杆菌的血流感染，侧面反应患者免疫功能低下，但仍不能排除患者早期应用大量抗菌药物压力下，筛选所致。

因此，临床遇见这样的重症烧伤患者在抗炎治疗中，除密切检测血常规、C 反应蛋白外，应连续进行血清降钙素原、血液、创面分泌物等的细菌学监测。

## PU-4577

### 2018 年度南京医科大学第一附属医院血流感染病原菌分布、耐药性及与降钙素原相关性分析

范坤,刘成成,夏文颖

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 探讨 2018 年度本院血培养病原菌的分布及药敏特点，分析血流感染患者革兰氏阴性菌感染者血清降钙素原（PCT）水平与革兰氏阳性菌感染者血清 PCT 水平差别，为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 收集本院 2018 年度血培养阳性标本所分离的病原菌，鉴定菌株，并进行药敏试验；同时分析革兰氏阴性菌感染者血清 PCT 水平和革兰氏阳性菌感染者血清 PCT 水平差异。

**结果** 2018 年度共分离病原菌 955 株，其中革兰氏阴性杆菌 564 株（59.1%），革兰氏阳性球菌 266 株（27.9%），念珠菌 61 株（6.4%）。碳青霉烯耐药的大肠埃希菌 5 株，肺克 CRE40 株。革兰阳性菌感染组 PCT 水平低于革兰阴性菌感染组 PCT（ $p<0.01$ ）。

**结论** 血培养病原菌分布呈多样性，革兰阴性菌多于革兰阳性菌；细菌多重耐药性高，主要以碳青霉烯耐药的肠杆菌科细菌和耐甲氧西林的葡萄球菌为主。血清 PCT 水平革兰阴性菌组高于革兰阳性菌组。

## PU-4578

### Serum carbohydrate antigen 199 and renal function in patients with type 2 diabetes mellitus

Qinge Jin,Jianrong Su

Department of Clinical Laboratory, Beijing Friendship Hospital, the Second Clinical Medical College of Capital Medical University

**Objective** CA199 is a sialic acid containing glycan antigen found in glycoproteins. The increased serum CA199 level has been used as diagnostic or prognostic evaluation biomarker which include digestive tract cancers (gastric, pancreatic and cholecystic carcinomas). It has been further established that serum CA199 level is especially related with the pathological stages of pancreatic cancer. However, clinical significance of serum CA199 is rarely studied in nontumor diseases. It has been reported that Creatinine Clearance rate (Ccr) can be supposed as a predictor of poor outcomes in renal function of type 2 diabetes mellitus (T2DM) patients. The aim

of our study was to investigate the correlation between CA199 and renal function in patients with T2DM.

**Methods** A total of 84 patients with T2DM were enrolled in the retrospective study, and the diagnosis of T2DM was decided in accordance with the criteria of World Health Organization (1999). Renal function was assessed by Ccr. The fasting blood samples were obtained for the laboratory parameters, including blood glucose (BG), glycated hemoglobin (HbA<sub>1c</sub>), serum creatinine (Scr), Ccr and CA199. Pearson's correlation analysis was performed to determine the relationship of CA199 and the parameters appropriately. Multiple linear regression analysis was adopted to examine the parameters potential correlated with estimated Ccr in patients with T2DM.

**Results** Serum CA199 concentrations were positively correlated with BG and HbA<sub>1c</sub> in patients with T2DM. There was a significantly negative correlation between serum CA199 and estimated Ccr ( $r = -.297$ ,  $P = .001$ ) in patients with T2DM. Serum CA199 level was also found to be positively correlated with Scr in subjects with T2DM. Multiple linear regression analysis suggested that serum CA199 was still significantly negative correlation with Ccr.

**Conclusions** Serum CA199 is significantly correlated with estimated Ccr in patients with T2DM, and serum CA199 may be a potentially useful clinical biomarker to assess renal function of T2DM patients. It suggested that serum CA199 level may indicate a worse prognosis in patients with T2DM.

## PU-4579

### 脑脊液酶谱在脑血管疾病中的进展

许清源

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 本文对不同脑血管疾病的脑脊液中各种酶的变化进行概述。

**方法** 在脑血管疾病进展过程中,脑脊液(CSF)中的酶会有质或量的改变。通过检测脑脊液中的酶可以在脑血管疾病早期协助诊断脑血管疾病,并对脑血管疾病的严重程度、预后等进行判断。

**结果** 这种对CSF中酶的实验室检查相比影像学检查可能更具有精确性,有较好的发展前景。

**结论** 若能在脑脊液中找到某种特异的酶可以灵敏地反应脑血管疾病早期或者在未发生脑血管病时,对其风险进行评估,将会为患者和临床医学的发展带来莫大的福音。

## PU-4580

### Applications of matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry in clinical microbiology

ling Shao

Liaoning Province hospital

**Objective** The aim of this study was to evaluate the utility of MALDI-TOF MS in clinical microbial identification.

**Methods** A total of 300 microorganisms, including bacteria and yeasts, isolated from clinical specimens, were identified using MALDI-TOF MS and traditional microbial biochemical identification method, respectively. The differences were analyzed by molecular technology of the 16S genes.

**Results** The performance of MALDI-TOF MS was significantly better than conventional biochemical method for correct species identification and produced fewer incorrect genus identifications. Moreover, some rare genera, including *Kocuria* spp. and *Pandora* spp. were correctly identified by MALDI-TOF MS. These rare species are usually regarded as laboratory contaminants and their pathogenic potential is ignored when isolated in clinical specimens owing



to the lack of advanced techniques such as MALDI-TOF-MS. In general, MALDI-TOF MS had significantly better performance than conventional methods for species identification of bacteria and yeasts. Misidentifications by MALDI-TOF MS were likely related to the absence of sufficient spectra from the reference strains in the MALDI-TOF MS database.

**Conclusions** Therefore, MALDI-TOF MS can be applied for the routine identification of bacteria in a medical microbiological laboratory.

## PU-4581

### 2017 与 2018 年河南省临床化学室间质评结果对比

张愷

河南省卫生厅临床检验中心

**目的** 介绍 2017 和 2018 年河南省临床化学室间质量评价 (EQA) 概况, 了解全省各参控单位检测结果的准确性及与其它单位检测结果的可比性。

**方法** 采用英国朗道公司的定值生化质控血清, 每年评价 3 次, 每次发放 5 个标本, 2 年共计 30 个批号, 检测项目 20 项。采用能力比对检验 (Proficiency Test, 简称 PT) 方案, 统计分析了全省 638 家实验室 2017 年和 2018 年的临床化学室间质评数据。

**结果** 2018 年河南省临床化学室间质评参评单位数比 2017 年增加了 37 个, 结果回报率 (%) 17 年为 98.6%, 18 年为 98.5%, 基本持平。两年来单项成绩 PT 合格率 (%) 超过 90% 的项目增加了 2 项, 分别为 P 和 Tbil; 2018 年仅 CI 的 PT 合格率比 2017 年有所下降, 其余 19 个项目的 PT 合格率比 2017 年均有一定程度的上升, 其中 Tbil 和 Ca 分别上升 6.7% 和 6.4%; 18 年多数项目的平均 CV% 比 17 年有所降低, 其中 AMS、Ca、Tbil、P、Cr 5 项降幅较大。3 个项目的平均 CV% 有所增高: Tg 增高了 3.4%, LDH、Ch 略有增高; 2018 年 14 个地区的 PT 合格率 (%) 均有不同程度的增加, 其中安阳和周口两地区增幅较大, 其 PT 合格率分别比 17 年增加了 18.2% 和 15.3%。

**结论** 2 年来河南省临床化学室间质评成绩有显著提高, 临床化学室间质评对室内质控具有一定的指导作用, 开展此项工作很有必要。

## PU-4582

### 探讨甜菜碱对肺炎克雷伯菌生物膜形成抑制及分散的作用。

胡仁静

无锡市第二人民医院 (南京医科大学附属无锡第二医院) ,214000

**目的** 探讨甜菜碱对肺炎克雷伯菌生物膜形成抑制及分散的作用。

**方法** 收集无锡市第二人民医院 2016 年 1 月至 2018 年 3 月分离肺炎克雷伯菌 31 株, 分离自肝脓肿引流液、痰液及尿液。采用结晶紫染色法检测肺炎克雷伯菌 24h-144h 体外生物膜形成能力, 检测甜菜碱对肺炎克雷伯菌的生物膜抑制与分散试验。PCR 检测肺炎克雷伯菌常见的高毒力的荚膜血清型 (K1、K2、K5、K16、K20、K54、K57)。配制碱 128g/L-0.125g/L 浓度的甜菜进行梯度抑制试验。

**结果** 31 株肺炎克雷伯菌检出 K1 型 6 株、K2 型 3 株、K5 型 1 株、K20 型 1 株、K57 型 6 株, 14 株未检出高毒力血清型。31 株肺炎克雷伯菌 24 h 均形成生物膜, 浓度大于等于 16g/L 的甜菜碱作用 24 h 则可明显抑制肺炎克雷伯菌生物膜形成 ( $t=3.90$ ,  $P<0.01$ ), 不同荚膜血清型无明显差异; 甜菜碱分散试验显示作用 24 h 与 48 h、72 h 无显著性差异。

**结论** 16g/L 甜菜碱可有效抑制肺炎克雷伯菌生物膜的形成并能 24 h 分散熟生物膜，为肺炎克雷伯菌眼部及脓肿感染部位的细菌冲洗灭菌带来更多选择。

**PU-4583**

## 人工镜检对血常规结果的纠正案例分享

胡中兰

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 在实际工作中，血液分析仪的检测会受多种因素影响，需要检测人员对干扰因素进行正确处理。当细胞含有原始幼稚细胞或不成熟的白细胞时，白细胞分类散点图分群不明显，各个细胞群之间存在交叉，应当进行外周血细胞涂片，染色，对结果予以校正，为临床诊断提供可靠依据。

**方法** 本文章基于血液自动分析仪进行的白细胞分类不明的临床样本，结合瑞氏-吉姆萨染色、过氧化物酶染色及 ANAE 染色，对外周血中白细胞种类和比例进行鉴定与校正。

**结果** 血涂片经瑞氏-吉姆萨混合染色、过氧化物酶染色及 ANAE 染色，该患者外周血白细胞中约 82% 的原始单核幼稚细胞，淋巴细胞 4%，中性粒细胞 7%。

**结论** 当血常规结果细胞分型不明显时，血细胞涂片，染色，对结果予以校正，为临床诊断提供可靠依据。

**PU-4584**

## 两种地中海贫血基因诊断试剂盒的比较分析研究

符生苗<sup>1,3</sup>, 朱娟<sup>2</sup>, 陈鑫苹<sup>1,3</sup>

1. 海南省人民医院, 570100

2. 海南大学生命科学与药学院

3. 海南省细胞与分子遗传转化医学重点实验室

**目的** 比较地中海贫血联合基因检测试剂盒与  $\alpha$ 、 $\beta$ -地中海贫血联合基因检测试剂盒在诊断地中海贫血中的适用性与应用价值

**方法** 应用地中海贫血联合基因检测和  $\alpha$ 、 $\beta$ -地中海贫血基因检测两种试剂盒，分别对 350 份外周血标本进行检测，以基因测序方法作为金标准对照，检测结果进行比较分析。

**结果**  $\alpha$ 、 $\beta$ -地中海贫血基因检测阳性标本分别为 63 例和 168 例，基因测序结果阳性分别为 116 例和 184 例，漏诊者分别为 53 例和 16 例，漏诊率为 45.7% 和 8.7%。而地中海贫血联合基因检测试剂盒检测阳性样本均与基因测序结果相符，无漏诊现象。

**结论** 地中海贫血联合基因检测试剂盒在地贫基因诊断中，比  $\alpha$ 、 $\beta$ -地中海贫血联合基因检测试剂盒操作简便，检测范围广，检测结果准确，值得临床推广应用。

**PU-4585**

## 绵阳地区妊娠期妇女维生素 D 水平的调查分析

任艳

绵阳市中心医院, 621000

**目的** 了解绵阳地区不同孕期、不同年龄段及不同季节孕妇 25-羟维生素 D[25(OH)]水平，为临床科学指导维生素 D 补充提供依据。

**方法** 选择 2017 年 9 月至 2019 年 5 月在绵阳市中心医院进行产检的正常孕妇 3346 例。采用超高效液相色谱-串联质谱法 (UPLC-MS/MS) 测定血清 25(OH) D 水平, 统计分析孕妇 25(OH) D 水平缺乏情况。

**结果** (1) 妊娠期间孕妇血清 25(OH) D 平均水平为  $(22.76 \pm 6.63)$  ng/ml, 血清 25(OH) D 缺乏、不足与均衡分别为 1191 例 (35.6%)、1710 例 (51.1%)、290 例 (13.3%)。孕早、中、晚期血清 25(OH) D 水平分别为  $(23.05 \pm 6.48)$ 、 $(22.46 \pm 6.62)$ 、 $(22.85 \pm 7.12)$  ng/ml。(2) 不同年龄段孕妇均存在维生素 D 缺乏或不足现象, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。(3) 不同季节血清 25(OH) D 水平分别为春  $(24.11 \pm 6.44)$  ng/ml, 夏  $(23.21 \pm 5.75)$  ng/ml, 秋  $(22.88 \pm 6.74)$  ng/ml, 冬  $(21.03 \pm 6.83)$  ng/ml, 春季最高、夏季次之、冬季最低, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 不同季节 25(OH) D 缺乏与不足情况具有统计学差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 本地区妊娠期妇女普遍存在维生素 D 缺乏或不足, 冬季尤为显著, 需进一步加强对孕期维生素 D 补充的科学指导, 以预防维生素 D 不足。

## PU-4586

### The Relationship between Bilirubin Levels and Patients with Lupus Nephritis

qitian He

Second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

**Objective** Bilirubin acts as an antioxidant. In this study, we assessed the relationship between the bilirubin level and lupus nephritis (LN).

**Methods** We included 50 newly diagnosed LN patients and 74 healthy individuals. Patients with LN were divided into three groups according to pathological classification. According to the activity index (AI), 42 LN patients were divided into two additional groups:  $AI < 4$  and  $AI \geq 4$ . We evaluated the changes in the bilirubin levels in 4 LN patients after glucocorticoid treatment.

**Results** The bilirubin levels in the LN patients were significantly lower than those in the controls. The bilirubin levels in the patients with active LN were lower than those in the patients with non-active LN. The levels of bilirubin in the  $AI \geq 4$  group were lower than those in  $AI < 4$  group. Moreover, bilirubin was negatively correlated with the 24-hour urine protein, but it was positively correlated with the glomerular filtration rate. The glucocorticoid treatment reduced the 24-hour urine protein level, and it increased the bilirubin level.

**Conclusions** The serum bilirubin level in the LN patients was decreased significantly, and this was related to the disease activity.

## PU-4587

### 2921 例 8 项呼吸道病原体 IgM 检测结果分析

张晓梅

甘肃省人民医院, 730000

**目的** 分析呼吸道 8 项病原体 IgM 在兰州地区的感染情况, 为临床更好地选择治疗方案提供依据。

**方法** 采用间接免疫荧光法对本院 2018-01 至 2018-12 门诊及住院患者共 2921 例进行呼吸道病原体 IgM 抗体检测, 并分析检测情况。

**结果** 2921 例样本中, 病原体 IgM 阳性 1477 例, 总阳性率为 50.56% (1477/2921), 感染率最高的为乙型流感病毒 26.63% (778/2921), 其次为肺炎支原体 18.49% (540/2921)。病原体合并感染 597 例, 合并感染率高达 20.44% (597/2921), 占阳性病例的 40.42% (597/1477)。其中 2 种病原体

合并感染率 29.59% (437/1477), 3 种病原体合并感染率 9.61%(142/1477), 4 种病原体合并感染率 1.15%(17/1477)。

**结论** 兰州地区呼吸道感染病原体以 IFB、MP 感染为主, 混合感染率较高, 主要为 2 种病原合并感染。

PU-4588

## THE ROLE OF LONG NON-CODING RNA LINC02474 ON THE PROLIFERATION, MIGRATION, INVASION OF COLORECTAL CANCER CELL

Tiantian Du

The Second Hospital of Shandong University

**Objective** More and more studies have found that long non-coding RNAs(lincRNAs) plays an important role in the development of colorectal cancer. We have found long non-coding RNA LINC02474 was significantly differentially expressed in colorectal cancer, and with further exploration, we found that long non-coding RNA LINC02474 has an impact on the growth, metastasis and invasion of colorectal cancer.

**Methods** First, we combined The Cancer Genome Atlas (TCGA) and Gene Expression Omnibus (GEO) databases for differential analysis, and it was found that the expression of LINC02474 was abnormally increased from colorectal cancer samples. Then, the database conclusion was verified by tissue samples, which from our own sample database. Besides, considering the potential of this molecule as a clinical diagnostic marker, 150 serum exosome samples were tested. Next, the effect of LINC02474 on colorectal cancer cell proliferation, migration, invasion were evaluated by real time cell analysis (RTCA), scratch test and trans-well invasion assay after LINC02474 was knocked-down via small interfering RNAs or overexpressed by transfected plasmids. By means of plate clone formation assay, and nude mouse tumorigenicity assay, the tumorigenic ability of LINC02474 had been demonstrated in vivo and in vitro.

**Results** Firstly, using publicly available expression profiling data in The Cancer Genome Atlas (TCGA) and Gene Expression Omnibus (GEO) databases, by means of bioinformatics analysis, we get target molecules LINC02474, which are obviously differentially expressed in colorectal cancer tissues. Then, in order to support the analysis results in the database, we have carried out experimental verification. We selected 80 pairs of colorectal and para-cancer tissues from Qilu hospital, by PCR, we verified the tissue expression of the molecule and were surprised to find that the results were consistent with the database analysis results. For the purpose of clinical application, we then measured the expression of this molecule in 150 pairs of serum exosomes for colorectal cancer, and found that it was also abnormally elevated in serum exosomes. For further investigate the effect of this molecule on the development of colorectal cancer, we carried out assays in vitro, by selecting two cell lines with high expression of the molecule to knock down by small interfering RNAs (siRNA), finding that the ability of proliferation, migration, invasion of the colorectal cancer cells were obviously suppressed, the ability of proliferation, migration, invasion of the cells lines with low expression were apparently enhanced by constructing plasmids to overexpress LINC02474. In addition, plate clone formation assay and nude mouse tumorigenicity assay showed that the knockdown of LINC02474 could inhibit tumor formation, while overexpression could promote tumor formation in vitro and in vivo.

**Conclusions** We have identified LINC02474, a new molecule and its important role in the development of colorectal cancer in vivo and in vitro assays, and might be developed as a diagnostic biomarker of CRC in patients.

## PU-4589

## Microarray Expression Profile of Circular Rnas in Plasma from Primary Biliary Cholangitis Patients

Yongfeng Wang,Liang Ming  
The first affiliated hospital of zhengzhou University

**Objective** Circular RNAs (circRNAs) play a crucial role in the occurrence of several diseases, including autoimmune diseases. However, their role in primary biliary cholangitis (PBC) remains unclear. Here, we aimed to determine the circRNA expression profile in plasma from PBC patients and further explore the value of circRNA in diagnosing PBC

**Methods** CircRNA microarrays were used to determine circRNA expression profiles in plasma samples from 6 PBC patients and 6 healthy controls. Statistical analyses identified differentially expressed circRNAs, and these circRNAs were verified by qRT-PCR in 29 PBC patients and 30 healthy controls. MicroRNA (miRNA) target prediction software identified putative miRNA response elements (MREs), which were used to construct a map of circRNA-miRNA interactions for the differentially expressed circRNAs

**Results** Our results indicated that there were 18 up-regulated and 4 down-regulated circular RNAs in the plasma from PBC patients compared with that from healthy individuals. Among the differentially expressed circRNAs, hsa\_circ\_402458 ( $P=0.0033$ ), hsa\_circ\_087631 and hsa\_circ\_406329 ( $P=0.0185$ ) were up-regulated, and hsa\_circ\_407176 ( $P=0.0066$ ) and hsa\_circ\_082319 were down-regulated in the PBC group versus the healthy group as demonstrated by qRT-PCR. In particular, hsa\_circ\_402458 was significantly higher in PBC patients not receiving UDCA treatment than in PBC patients receiving UDCA treatment ( $P=0.0338$ ). The area under the receiver operating characteristic curve for hsa\_circ\_402458 for diagnosing PBC was 0.710 ( $P=0.005$ ). For hsa\_circ\_402458, two putative miRNA targets, hsa-miR-522-3p and hsa-miR-943, were predicted.

**Conclusions** circRNA dysregulation may play a role in PBC pathogenesis, and hsa\_circ\_402458 shows promise as a candidate biomarker for PBC.

## PU-4590

## 26213 例住院患者梅毒血清学试验结果分析

张晓梅  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 分析我院 26213 例住院患者的梅毒血清学筛查结果, 了解不同性别及不同年龄之间梅毒阳性率及假阳性率的差异, 并探讨假阳性出现的原因及意义。

**方法** 采用酶联免疫 (ELISA) 法对本院住院患者进行梅毒螺旋体抗体 (抗-TP) 筛查, 阳性标本用梅毒螺旋体明胶颗粒凝集试验 (TPPA) 确认。

**结果** ELISA 法检测 TP 阳性率 1.79%。经 TPPA 确证试验检测, ELISA 法假阳性率为 7.25%。男性 TP 阳性率 2.33%, 女性为 1.97%, 两组比较差异有统计学意义。抗-TP 阳性率随年龄增长而增高, 60 岁以上老年人阳性率高于 60 岁以下人群。60 岁以上老年人群 TP 假阳性率明显增高, 其中 70~79 岁组假阳性率最高。

**结论** ELISA 法检测梅毒男性 TP 阳性率高于女性, 且随年龄增长而增高。梅毒假阳性率在 60 岁以上老年人中较高, 因此临床中对老年人抗-TP 结果应进行综合分析后慎重做出判断, 尽量避免梅毒化验结果假阳性造成的误诊。

## PU-4591

## 人工智能在临床检验中的应用

胡中兰

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 利用人工智能,对检测结果自动解读,进而建立标准化的检测结果解读机制,大大加速疾病诊断速率,提高检验人员的工作效率和效益,降低了劳动成本和差错发生率。

**方法** 利用人工智能,对检测结果自动解读,进而建立标准化的检测结果解读机制,大大加速疾病诊断速率,提高检验人员的工作效率和效益,降低了劳动成本和差错发生率。

**结果** 人工智能(Artificial intelligence, AI)指通过对普通计算机程序的运行操作以实现人类智能技术的一种手段,目前,人工智能在疾病辅助性诊断、图像检查结果识别、疾病预测、身体健康大数据管理等临床医学领域中发挥重要作用,基于大数据产生的人工智能算法已为医疗服务提供了快捷、便利的途径。本文通过汇总部分文献报道,探讨人工智能在临床诊断及治疗中的作用。

临床检验样本量巨大、项目繁多,结果分析复杂,检验报告的发出必须快速、准确,但现阶段仍局限于人工处理样本,因此,临床检测实验迫切需要全自动化和信息化,人工智能技术在对结果处理快速、高效、精准的特点使得其在检验医学中的广泛应用也是大势所趋。利用人工智能,对检测结果自动解读,进而建立标准化的检测结果解读机制,将大大加速疾病诊断速率,提高检验人员的工作效率和效益,降低了劳动成本和差错发生率。人工智能对临床症状及检测报告的大数据分析,对于疾病发病预测也具有重要意义。

**结论** 人工智能显著提高了检验工作人员的工作效率和效益,降低了劳动成本和差错发生率,大大加快了疾病的诊断速率,同时,人工智能对临床症状及检测报告的大数据分析,对于疾病发病预测也具有重要意义。

## PU-4592

## RDW 和 MPV 在结直肠癌诊断中的价值

黄桢<sup>2</sup>,刘萌<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.中南大学湘雅医学院检验系

**目的** 主要是分析结直肠癌患者外周血红细胞分布宽度(RDW)和平均血小板体积(MPV)升高的相关性及其在结直肠癌诊断中的价值。

**方法** 回顾性分析收集 2018 年 3 月至 2019 年至某医院住院或门诊的结直肠癌患者 234 例(结直肠癌组),年龄 22~89 岁,平均(58.39 ± 12.71)岁,作为研究对象,并选取同时期门诊或住院克罗恩病患者 146 例(克罗恩病组),同期健康体检者 199 例(健康对照组)。测定其 RDW 和 MPV 水平并且两两比较其差异性,制作 RDW、MPV 及其联合诊断的 ROC 曲线,并计算曲线下面积(AUC)从而评价指标对于结直肠癌的诊断价值。

**结果** 发现结直肠癌组 RDW 水平显著高于克罗恩组( $P<0.001$ ),也显著高于健康对照组( $P<0.001$ );结直肠癌组 MPV 水平低于健康对照组( $P<0.001$ ),但与克罗恩组比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ );RDW 预测结直肠癌的 ROC 曲线下面积为 0.848,诊断的最佳截断值为 13.95%,敏感度和特异度分别为 67.9% 和 87.4%。MPV 预测结直肠癌的 ROC 曲线下面积为 0.750,诊断的最佳截断值为 9.485 fl,敏感度和特异度分别为 73.5% 和 68.3%。Hb、Plt、RDW 和 MPV 联合诊断预测结直肠癌的 ROC 曲线下面积为 0.935,敏感度和特异度分别为 95.0% 和 77.4%

**结论** RDW 可望作为结直肠癌的辅助诊断指标。联合诊断的效果优于单个指标诊断。

## PU-4593

## Reference Intervals Defining of Inflammation Systemic Markers in Healthy Pregnant Women from Henan, China.

Xianchun Meng, Liang Ming  
First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** By now, there are few data of reference intervals(RIs) of SII, PLR, NLR, LMR and MLR for healthy pregnant women. We aim to establish these RIs.

**Methods** A retrospective analysis on a cohort of ostensibly healthy pregnant women without any history of adverse pregnancy event who took health examination from August, 2016 to February, 2019 was conducted to explore variation tendencies of SII, PLR, NLR, LMR and MLR and to establish their RIs. Another cohort of 396 persons was included for validations of the RIs.

**Results** There were significant differences of SII, LMR and MLR in early, middle and late gestation groups (all  $p < 0.001$ ). NLR were significantly different in the first trimester than in the second and the third trimester ( $p < 0.001$ ), while there was no significant difference between that in the second trimester and the third trimester ( $p = 0.124$ ). PLR was only significantly different between the second and third trimester ( $p < 0.001$ ), and the remaining differences were not statistically significant ( $p = 0.817$ ;  $p = 0.439$ , separately). The RIs are: SII: First-trimester: [341, 1426]; Second-trimester: [437, 1680]; Third-trimester: [379, 1580]; PLR: [73, 215]; NLR: First-trimester: [1.78, 5.60]; Second&Third-trimester: [2.21, 6.74]; LMR: First-trimester: [2.20, 6.61]; Second-trimester: [1.85, 5.42]; Third-trimester: [1.63, 4.82]; MLR: First-trimester: [0.141, 0.420]; Second-trimester: [0.170, 0.489]; Third-trimester: [0.184, 0.548].

**Conclusions** RIs of SII, PLR, NLR, LMR and MLR for healthy pregnant women in central China were established and validated. It will benefit experimental design of the related studies and lead to better standardizations of SII, PLR, NLR, LMR and MLR for their clinical applications.

## PU-4594

## PBS、NS 和 CPDA 三种红细胞悬浮液对 Percoll 分离不同密度红细胞的影响

于帅  
中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 探究 PBS（磷酸盐缓冲液）、NS（0.9% 生理盐水）、CPDA（红细胞保存液）三种红细胞悬浮液对 Percoll 分离不同密度红细胞分离和分布的影响。

**方法** 选择 30 人份 ABO 血型同型的 EDTA 抗凝标本，每 5 人份混合成一份，共 6 例标本。每例标本分别用 PBS、生理盐水、CPDA 制备成 20% 红细胞悬液，并用四种不同密度的 Percoll 分层液（1.085、1.088、1.093 和 1.096 g/ml）梯度分离红细胞悬液，获取不同密度红细胞。比较三种悬浮红细胞的皱缩率，三种红细胞悬浮液对不同密度红细胞分离效果及不同密度红细胞表面 IgG+ 红细胞占比分布的影响。

**结果** PBS 悬浮红细胞的皱缩率最高，NS 次之，CPDA 中红细胞未见皱缩。不同密度红细胞在各分层液中的分布情况为：CPDA 悬浮的红细胞分布相对生理盐水上移，而生理盐水悬浮的红细胞相对 PBS 缓冲液上移。在 PBS、NS 和 CPDA 悬浮红细胞的 IgG+ RBC 占比分布中，PBS 和 CPDA 的不同密度红细胞分布差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ），NS 中红细胞分布无差异（ $P > 0.05$ ）；3 种悬浮红细胞 IgG 抗体与分层液密度间的相关性仅 PBS 的 IgG+ 红细胞占比与红细胞的密度存在弱的相关性（ $r = 0.58$ ,  $P < 0.05$ ），而 NS 和 CPDA 中 IgG+ 红细胞占比同红细胞密度未见相关性（ $P > 0.05$ ）。

**结论** IgG 抗体不能作为红细胞密度和天龄的标记物,但不同密度红细胞 IgG 表达有差异。虽然不同密度 IgG+红细胞占比分布无差异,但在分离红细胞的过程中 PBS 和 NS 悬浮的红细胞均有皱缩,改变了红细胞原有的双凹圆盘状态,因此应选用 CPDA 作为红细胞密度梯度分离的悬浮液。

## PU-4595

### 网织红细胞参数监测在非霍奇金淋巴瘤化疗中的临床意义

刘冀川

四川省肿瘤医院,610000

**目的** 通过监测非霍奇金淋巴瘤患者的白细胞计数(WBC)、中性粒细胞计数(NEU)、血小板计数(PLT)、网织红细胞百分数(RET%)、低荧光强度网织红细胞比率(LFR),中荧光强度网织红细胞比率(MFR),高荧光强度网织红细胞比率(HFR),未成熟网织红细胞指数(IRF)等血液分析指标在 CHOP 化疗(环磷酰胺、多柔比星、长春新碱、泼尼松)前后的变化,并加以统计分析,探讨网织红细胞相关参数在反映化疗后骨髓抑制情况的能力。

**方法** 选取 46 例符合纳入标准的非霍奇金淋巴瘤患者,监测并记录其化疗前、化疗后 3 天、化疗后 5 天、化疗后 9 天的 WBC、NEU、PLT、RET%、LFR、IRF、MFR、HFR,同时记录 40 例健康人的相应参数进行对照,并统计学分析。

**结果** 与健康人相比,非霍奇金淋巴瘤患者在化疗前的 RET%、IRF、MFR 均数明显高于健康人,LFR 均数低于健康人( $P<0.05$ )。RET%、IRF、LRF、MRF、HRF 均数在化疗后三天就有显著降低( $P<0.05$ ),WBC、NEU、PLT 均数在化疗后三天有所下降,但并不显著( $P>0.05$ );WBC、NEU 在化疗后六天差异才显著( $P<0.05$ ),相比网织红细胞相关参数要晚三天;PLT 在化疗后各阶段差异均不显著。

**结论** 对非霍奇金淋巴瘤患者的网织红细胞相关参数进行动态监测观察,比常规用的白细胞数和血小板数更为灵敏,为判定患者的骨髓造血功能状态提供了及时有效的临床信息,还能够有效降低化疗不良反应,从而达到更早期的干预,减少患者不必要的痛苦,有很好的应用前景。

## PU-4596

### 铜绿假单胞菌导致的慢性伤口和糖尿病足感染的分子特征分析

肖秀美,成子安

北京大学第三医院,100000

**目的** 2018 年 8 月,我院伤口中心患者伤口感染组织送检样本的铜绿假单胞菌分离量和分离率较前明显升高,本研究的目的是分析患者伤口和环境分离出的铜绿假单胞菌的分子特征。

**方法** 采用回顾性分析的方法,对 2018.01-2019.04 期间冻存的就诊伤口中心的患者伤口分离的铜绿假单胞菌株复活,对诊室环境进行培养监测,将分离的铜绿假单胞菌分别进行纸片扩散法药敏测定和毒力基因检测,并采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)、多位点序列分型(MLST)方法对菌株进行分型。

**结果** 16 个月期间共 54 名患者检出铜绿假单胞菌伤口感染,菌株转种后共复活 23 株菌株,从诊室水龙头上检出 1 株铜绿假单胞菌,毒力基因检测多为  $exoU-/exoS+/exoT+/exoY+/pcrV+$  组合,MLST 分型和 PFGE 结果显示菌株的分子分型呈多样化,无克隆播散现象,仅 2 株菌的序列型(ST)型和 PFGE 分型相同。

**结论** 伤口中心慢性伤口和糖尿病足感染中分离的铜绿假单胞菌呈多样性,从医院环境分离到铜绿假单胞菌提示需加强医院环境监测和消毒。



## PU-4597

## 服用扶正抗癌方后非小细胞肺癌晚期患者 CD8<sup>+</sup>T 细胞 细胞毒活性的变化

吴姗姗,王柏山,严峰,张宁,张程  
辽宁省中医院/辽宁中医药大学附属医院,110000

**目的** 探索服用扶正抗癌方后非小细胞肺癌 (NSCLC) 晚期患者 CD8<sup>+</sup>T 细胞细胞毒活性的变化。

**方法** NSCLC 晚期患者共 31 例, 根据不同的临床因素进行分组 (服用扶正抗癌方前后、病理类型、TNM 分期和性别), 流式细胞术检测外周血 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 细胞绝对值以及 CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 CD107a、颗粒酶 B 和 IFN- $\gamma$  百分比的变化。

**结果** III 期患者 CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 CD107a、颗粒酶 B 和 IFN- $\gamma$  百分比都显著高于 IV 期。服用扶正抗癌方后 IFN- $\gamma$ <sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞的百分比较治疗前显著升高, 大部分患者的生存质量稳中有升。CD8<sup>+</sup>T 细胞表达 CD107a、颗粒酶 B 和 IFN- $\gamma$  的百分比在鳞癌和腺癌无差异, 也无男、女性差别。

**结论** 服用扶正抗癌方后 NSCLC 晚期患者分泌 IFN- $\gamma$  的 CD8<sup>+</sup>T 细胞的百分比明显提升, 有助于改善患者的生存质量和预后。

## PU-4598

## Long non-coding RNA UBE2CP3 enhances HCC cell secretion of VEGFA and promotes angiogenesis by activating ERK1/2/HIF-1 $\alpha$ /VEGFA signalling in hepatocellular carcinoma

Jinduan Lin  
Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Angiogenesis is considered as an important process in the development of malignancies and is associated with cancer progression and metastasis. Hepatocellular carcinoma (HCC) is the most common primary tumor of the liver and is recognized as a typical angiogenic tumor. Thus, it is of great importance to study the underlying mechanism of angiogenesis in HCC. The long non-coding RNA (lncRNA) ubiquitin conjugating enzyme E2C pseudogene 3 (UBE2CP3) has been reported as an oncogene that promotes tumor metastasis in HCC. However, the role and underlying mechanisms of UBE2CP3 in HCC angiogenesis are still unclear. In this study, we will explore the role and underlying mechanisms of UBE2CP3 in HCC angiogenesis.

**Methods** We measured the expression levels of UBE2CP3 by ISH and qRT-PCR in HCC patient samples. We also concomitantly used CD31/PAS double-staining to measure endothelial vessel (EV) density and used qRT-PCR to measure the CD31 mRNA level. HepG2 and SMMC-7721 cells were transfected with Lv-UBE2CP3 or Sh-UBE2CP3 virus to obtain stably over-expressing or knocking-down UBE2CP3 cell lines. The indirect effects of UBE2CP3 on ECs were studied by establishing a co-culture system using Transwell chambers with a 0.4- $\mu$ m pore size. HCC cells and ECs in the co-culture system were separated, but the cytokines and growth factors were able to communicate with each other. Following exposed to HCC cells, ECs were collected for functional studies. Finally, we studied the function of UBE2CP3 in vivo by chick embryo chorioallantoic membrane (CAM) angiogenesis assays and nude mouse tumorigenicity assays.

**Results** In this study, we found that UBE2CP3 expression was higher in HCC tissues than in para-tumor tissues and was up-regulated in tissues with high EV density. Functionally, we found that in the co-culture systems, HCC cells over-expressing UBE2CP3 promoted HUVEC proliferation, migration and tube formation via the activation of ERK/HIF-1 $\alpha$ /p70S6K/VEGFA

signalling, increasing the level of VEGFA in HCC cell supernatant. In addition, the opposite results appeared when the expression of UBE2CP3 in HCC cells was knocked down. Consistent with these results, CAM angiogenesis assays and nude mouse tumorigenicity assays showed that UBE2CP3 expression up-regulated EV density in vivo.

**Conclusions** Our study suggests that UBE2CP3 can enhance the interaction between HCC tumor cells and HUVECs and promote HCC tumorigenicity by facilitating angiogenesis.

#### PU-4599

### An outbreak of shigellosis in a Children Welfare Institute caused by a multiple-antibiotic-resistant strain of *Shigella flexneri* 2a

Hongwei Shen

Shenzhen Hospital of Southern Medical University

**Objective** From September 1 to October 27, 2015, an outbreak of bacillary dysentery occurred in a Children Welfare Institute. This study aimed to investigate the source of the outbreak.

**Methods** An epidemiological investigation was conducted and the children and nursing workers in the children welfare institute were surveyed for gastrointestinal symptoms. Rectal swabs or fecal specimens from 14 case patients and 24 nursing workers or cook, as well as 17 swabs from implicated items were collected and examined for *Shigella*, *Vibrio parahaemolyticus*, and *Salmonella*. Susceptibility testing and pulse-field gel electrophoresis (PFGE) were performed on the *Shigella* isolates.

**Results** Twenty-eight of children reported having a diarrheal illness. The multiple-antibiotic-resistant *Shigella flexneri* 2a was isolated from 10 ill children aged less than 5 years. The same antibiotic resistance profile and PFGE pattern were identified in these 10 isolates. The outbreak was controlled after quarantine of ill residents, introduction of new antibiotics and the improvements of hygienic condition.

**Conclusions** This was the first time that shigellosis outbreak was reported at such settings in Shenzhen. The source of the outbreak was most likely a new welfare child transferred from an institute in another county and the secondary transmission of the illness was facilitated by the limited activity space and the cohabiting of ill and well residents. It underscored the need for adequate precautions to prevent secondary transmission of multiple-antibiotic-resistant strain in the welfare setting.

#### PU-4600

### 急性缺血性脑卒中的发病风险与脂蛋白相关磷脂酶A2相关性分析

姜旭,徐亮,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 分析脂蛋白相关磷脂酶 A2 (LP-PLA2) 在急性缺血性脑卒中患者中的水平, 探讨 LP-PLA2 与脑卒中发病风险的相关性。

**方法** 选择头颅计算机断层扫描 (CT) 或磁共振成像 (MRI) 检查确诊的急性缺血性脑卒中患者 100 例, 同期年龄性别匹配的健康对照组 50 例, 检测两组研究对象的血清 LP-PLA2、小而密低密度脂蛋白胆固醇 (sdLDL-C)、超敏 C 反应蛋白 (HCRP)、同型半胱氨酸 (Hcy)、三酰甘油 (TG)、总胆固醇 (TC)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 等指标的水

平, 病例组临床神经功能损害程度采用美国国立卫生院神经功能缺损(NIHSS)评分, 对两组临床指标的水平进行比较, 分析急性脑卒中发生的风险因素。

**结果** 与对照组相比, 急性缺血性脑卒中组 Lp-PLA2、sdLDL-C 及 HCRP、胱抑素 C(Cys C)、空腹血糖水平明显升高, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。根据 TOAST 分型, 不同组别的 NIHSS 评分有明显的不同, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ), 其中以大动脉粥样硬化组和不明原因组中的 NIHSS 评分较高, Logistic 回归模型分析显示 HCRP (OR=1.304,  $P=0.037$ )、Lp-PLA2 (OR=1.015,  $P=0.020$ ) 是急性脑卒中发生的风险因素。

**结论** Lp-PLA2 水平与缺血性脑卒中的发生密切相关, 可能是急性缺血性脑卒中的危险因素。

## PU-4601

### 全自动血凝仪和生化分析仪定量检测 D-D 和 FDP 的结果比对

李德中

攀枝花钢铁(集团)公司职工总医院, 617000

**目的** 探讨实验室内法国 STA-R-EVOLUTION 血凝仪(STA-R)和日立 7600-20 生化分析仪(日立 7600)定量检测 D-二聚体(D-D)和纤维蛋白(原)降解产物(FDP)的结果有无可比性。

**方法** STA-R 和 7600-20 分别检测新鲜混合血浆和高(HIGH)、低质控品(LOW)的 D-D 和 FDP, 连续测定 20 天, 进行精密度分析; 测定另一批号标准品的两个浓度, 进行准确度验证; 参照美国临床和实验室标准协会(CLSI)EP9-A2 文件, STA-R 检测系统为比较系统, 7600-20 检测系统作为待评系统, 两系统每天检测 8 份病人新鲜血浆 D-D 和 FDP, 连续测定 5 天, 测定结果进行比对分析, 计算比较系统和待评系统之间的相关系数、直线回归方程和不同医学决定水平处的预期偏倚和预期偏倚的 95%可信区间, 判断偏倚是否可以接受。

**结果** 两检测系统测定 D-D 和 FDP 的批内 CV 和日间 CV 低于厂商声明的精密度要求, 比对数据可靠; 准确度验证, D-D 和 FDP 相对偏倚均小于厂商声明要求(15%); 两检测系统测定 D-D 和 FDP 结果回归方程相关良好, D-D 和 FDP 在低中高三个医学决定水平的允许偏倚落在预期偏倚 95%可信区间范围内, 预期偏倚均可以接受。

**结论** 两检测系统测定 D-D 和 FDP 结果具有可比性, 可根据实验室实际情况选择合适的方法。

## PU-4602

### 医院真菌血流感染情况及耐药性分析

姜波

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 分析临床真菌血流感染的病原菌分布及其耐药性, 探讨 1,3- $\beta$ -D-葡聚糖检测(G 试验)与真菌培养阳性结果的相关性, 为临床真菌血流感染的诊治和临床合理用药提供理论依据。

**方法** 回顾性分析昆明医科大学第一附属医院 2016 年 1 月-2018 年 10 月真菌血流感染的菌群分布及药敏试验结果, 同时分析相应的真菌 G 试验检测结果。

**结果** 共分离真菌 54 例, 均为念珠菌属, 其中以白色假丝酵母菌(35.2%)和近平滑假丝酵母菌(33.3%)为主, 其次是光滑假丝酵母菌(18.5%)和热带假丝酵母菌(13%)。真菌血流感染科室分布以 NICU、急诊 ICU、重症医学科、胃肠与疝外科为主。药敏结果显示引起血流感染的四种真菌对两性霉素 B 敏感性高, 均为 100%, 对氟康唑、伊曲康唑和伏立康唑的敏感率, 白色假丝酵母菌为 100%、94.7%和 100%; 光滑假丝酵母菌为 100%、20%和 100%; 热带假丝酵母菌均为 71.4%; 近平滑假丝酵母菌为 94.4%、100%和 100%。对于 5-氟胞嘧啶, 光滑、热带和近平滑假

丝酵母菌均为 100%，白色假丝酵母菌为 89.5%。54 例患者中 43 例进行了真菌 G 试验的检测，其中 31 例结果为阳性，阳性率为 72.1。

**结论** 真菌血流感染以念珠菌属感染为主，不同念珠菌对抗真菌药物的敏感程度不同，应根据病原菌种类，药敏结果，针对性合理使用抗真菌药物，G 试验用于早期快速诊断，影响因素大易出现假性结果，可联合血培养和真菌 G 试验提高实验灵敏度和准确性，为临床提供可靠的诊断依据。

## PU-4603

### 系统性硬化症患者甲状腺功能不全患病率增加

何雪

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 系统性硬化症（SSC）是一种罕见且严重的结缔组织非器官特异性自身免疫疾病，以皮肤纤维化和内脏受累为特征。通常伴随着其他器官和非器官特异性自身免疫疾病。大量证据表明甲状腺功能不全和 SSC 之间存在关联，但研究的小样本量和无结论性数据使这一断言复杂化。

**方法** 本研究使用 Pubmed、Embase、Web of Science、万方、中国知网和维普数据库进行文献检索，用于荟萃分析。本文获得了 1980 年 1 月 1 日至 2015 年 9 月 10 日出版的研究报告。研究旨在评估 SSC 患者和非 SSC 患者中甲状腺功能减退（OH）、亚临床甲状腺功能减退（SCH）以及甲状腺自身抗体阳性率。采用随机效应模型进行荟萃分析，结果以合并患病率及率的 95%可信区间（95%CI）或总比值比（OR）及 OR 的 95%CI 展示。

**结果** 通过文献检索，33 篇文章符合入选标准，共纳入 50 项研究。通过计算，SSC 患者中 OH 的合并患病率为 10%，SCH 的合并患病率为 10%，同时，SSC 患者抗体阳性率 28%。此外 SSC 患者和非 SSC 患者比较抗体阳性相关风险增加 3.80 倍（95%CI:1.51, 9.54），差异有统计学意义。漏斗图和 Egger's 检验显示，研究未见相关发表偏倚。

**结论** 与健康人群相比，SSC 患者中的甲状腺功能减退及自身抗体阳性患病率更高。因此，对 SSC 患者甲状腺功能不全的筛查以及对应的个性化治疗应引起更多的关注。

## PU-4604

### 代谢综合征合并 Hp 感染者血脂代谢、游离脂肪酸水平及氧化应激反应的观察

路静

山东省千佛山医院,250000

**目的** 通过检测代谢综合征（MS）合并幽门螺旋杆菌（Hp）感染者血清血脂、游离脂肪酸（FFA）、丙二醛(MDA)水平及超氧化物歧化酶(SOD)活性，观察 Hp 感染对血脂、FFA 水平及氧化应激反应的影响。

**方法** 选择临床确诊的住院和门诊 MS 患者 200 例及对照组 100 例，检测  $^{14}\text{C}$  尿素呼气试验（ $^{14}\text{C}$ -UBT），采用 cobas8000 全自动生化分析仪检测血脂、FFA（酶联法）水平及血清 SOD 活性（比色法），采用上海现科 752 可见分光光度计（532 nm）检测血清 MDA（TBA 法）水平

**结果** MS 组与对照组比较，血清 TC、TG、LDL-C、HDL-C、FFA、MDA 水平及 SOD 活性差异具有统计学意义（ $t=6.406\sim 13.484$ ， $P<0.01$ ）。Hp 感染组与 Hp 非感染组比较，血清 TC、TG、LDL-C、HDL-C、FFA、MDA 水平及 SOD 活性差异具有统计学意义（ $t=5.293\sim 10.372$ ， $P<0.01$ ）。MS 合并 Hp 感染者血清 FFA 水平与血清 TC、TG、LDL-C、MDA 水平呈显著正相关（ $r=0.416\sim 0.591$ ， $P<0.01$ ）；与血清 HDL-C 水平及 SOD 活性呈显著负相关（ $r=-0.395$ 、 $-0.463$ ， $P<0.01$ ）

**结论** 代谢综合征合并幽门螺旋杆菌感染者，机体内血脂代谢紊乱加剧、游离脂肪酸水平显著升高及氧化应激反应增强，且具有相关性，此可能是加剧代谢综合征发生相关疾病的原因之一。

## PU-4605

### 马尔尼菲蓝状菌血源性感染

姚华

重庆医科大学附属第三医院

**目的** 马尔尼菲蓝状菌为双相型真菌，该真菌可累及血液、骨髓、皮肤、肺部、肝脏和淋巴结等多个系统。多侵犯免疫缺陷患者，马尔尼菲蓝状菌与其他真菌不同，易形成播散感染和混合感染，是造成死亡率较高的原因。为提高对该真菌的认识及检出率，现将本院 1 例血源性感染的马尔尼菲蓝状菌病例进行分析报道。

**方法** 患者女，29 岁，入院前诊断“系统性红斑狼疮、肺部感染胸腔积液”。入院后完善各项检查，胸膜活组织检查，头颅 MRI，脑脊液微生物、生化、常规、培养等检查，均未见明显异常。对症支持治疗，病情未见明显好转。仍出现发热、畏寒、咳嗽、咳黄脓痰，考虑继发肺部细菌感染可能。行右侧股静脉穿刺置管术，送血液培养。

**结果** 第二日需氧瓶报阳，涂片未见明显细菌及真菌。转血平板 37℃ 继续培养观察。血平板长出类酵母样菌落，涂片革兰染色见有隔菌丝（图一），未见孢子，怀疑是双相真菌。重新纯化转种沙保罗平板分别于 25℃ 和 37℃ 培养。37℃ 培养沙保罗平板仍呈较小的酵母样菌落（图三）。25℃，菌落绒毛明显（图四），涂片观察到分生孢子柄透明，光滑，并且带有末端生的直立的 3-5 个梗基，每个带有 3-7 个瓶梗（图二）。随着菌龄的增长，菌落灰色变成黄色，产生可扩散色素由棕红色变为酒红色（图五）。质谱鉴定结果为马尔尼菲蓝状菌。

**结论** 我们从需氧瓶分离出真菌，厌氧瓶培养阴性，呈双相生长，该真菌的生长特性、菌落形态及镜下形态符合马尔尼菲蓝状菌结合质谱结果，诊断为马尔尼菲蓝状菌血源性感染，患者最终因合并多脏器功能衰竭死亡。马尔尼菲蓝状菌在治疗方面，伊曲康唑、两性霉素 B 均可以获得较好的疗效。

## PU-4606

### 25-羟维生素 D 在肺癌和糖尿病诊断中的重要性

苏莹,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 25-羟维生素 D 在肺癌和糖尿病诊断中的重要性

**方法** 选取北部战区总医院 50 例肺癌入院患者作为一组，选取 50 例糖尿病患者作为二组，抽取 50 例糖尿病并发肺癌的作为第三组，抽取 50 例健康人群作为四组，四组均采集外周静脉血测 25-羟维生素 D 水平，用化学发光法检测比较四组血清血清 25-羟维生素 D 水平。

**结果** 各组患者之间性别比、年龄、LDL-C、TC、HbA1c 和 HDL-C 水平以及体重指数 (BMI)、吸烟史情况等比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )，并且糖尿病肾病患者的 TG 水平、高血压患病率、肥胖率、血清肌酐水平、使用降糖药物比率等更高，糖尿病病程更长 ( $P < 0.05$ )。有糖尿病肾病患者的 25-羟维生素 D 缺乏比例显著高于无糖尿病肾病患者 ( $P < 0.05$ )。肺癌患者的 25-羟维生素 D 表达水平明显低于第四组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 25-羟维生素 D 不足或者缺乏可增加肺癌的发生率。糖尿病患者中普遍存在 25-羟维生素 D 水平偏低的现象并且随着 25-羟维生素 D 水平的降低糖尿病患者出现糖尿病肾病的风险也随之增大。

## PU-4607

## 脑脊液酶学检测在颅内感染的应用进展

关祎童

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 本文主要归纳 5 种脑脊液酶对结核性脑膜炎、化脓性脑膜炎和病毒性脑膜炎的鉴别,为临床早期诊断鉴别脑膜炎提供新思路。

**方法** 颅内感染是一种常见的神经系统疾病,大多由细菌、病毒等病原体引起,但不同类型脑膜炎发病早期临床表现相似。早期诊断病原体以便于及时选择合适的治疗方案,这对于预后十分重要。传统的诊断方法对患者有创、耗时长、漏检率高。

**结果** 目前已知在脑脊液中的某些酶的浓度水平可以特异性地诊断和鉴别颅内感染。

**结论** 当发生颅内感染时,有的酶活性升高或含量变化。临床不仅可以很好利用脑脊液酶学检测,还可以结合其他蛋白质或细胞因子用以辅助检查,比如 C 反应蛋白(CRP)、髓鞘碱性蛋白(MBP)、 $\beta_2$ -微球蛋白( $\beta_2$ -MG)、肿瘤因子 TNF- $\alpha$ 、蛋白质 S100、干扰素  $\gamma$ (INF- $\gamma$ )等等。脑部血液流变学与各种类型颅内感染的关系也可以成为以后研究的方向。

## PU-4608

## SAA、hs-CRP、WBC、PCT 指标联合检测对小儿肺炎的诊断价值

李坤,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 通过联合检测小儿患者血中血清淀粉样蛋白 A(SAA)、超敏-C 反应蛋白(hs-CRP)、白细胞(WBC)和降钙素原(PCT)水平,探讨其对小儿肺炎的诊断价值。

**方法** 选择 2018 年 9 月至 2019 年 3 月在该院确诊的小儿肺炎患者 87 例,检测其血中 SAA、hs-CRP、WBC 和 PCT 的水平,并对结果进行统计分析。

**结果** SAA 与 hs-CRP、WBC、PCT 均呈正相关,  $r$  分别为 0.612、0.465、0.328、0.523,  $P$  均  $< 0.01$ ; 若以高于正常参考值上限判断为阳性,则 SAA、hs-CRP、WBC、PCT 的阳性检出率分别为 88.4%、76.7%、37.2%、60.5%; hs-CRP 和 WBC 联合检测的阳性检出率为 49.1%, PCT 和 WBC 联合检测的阳性检出率为 56.3%, hs-CRP、WBC 和 PCT 联合检测的阳性检出率为 75.5%, SAA、hs-CRP、WBC 和 PCT 联合检测的阳性检出率为 93.6%

**结论** SAA、hs-CRP、WBC、PCT 联合检测相比单独的 hs-CRP、WBC、或 PCT 检测及联合 hs-CRP、WBC 和 PCT 检测可以更有效、更全面、更快速的提高小儿肺炎的检出率。SAA 作为新的感染指标可为小儿肺炎的早期诊断提供有用的参考信息,为临床医生提供更敏感的诊断依据。

## PU-4609

## Decreased Serum Kruppel-Like Factor 7 Level is Positively Associated with Low-Density Lipoprotein Cholesterol Level in Women with Polycystic Ovary Syndrome

Gangxi Pan

Department of Clinical Laboratory, Liuzhou Municipal Liutie Center Hospital

**Objective** To investigate KLF7 expression in the serum of patients with polycystic ovary syndrome (PCOS) and to establish potential associations between KLF7 levels and PCOS body mass index (BMI), insulin resistance (IR), fluid, androgen status, and inflammatory status to assess the potential clinical value of KLF7 in PCOS.

**Methods** In this study, serum KLF7, glucose, insulin, C-reactive protein (CRP), follicle-stimulating hormone(FSH), luteinizing hormone (LH), and total testosterone concentrations were measured in 65 women with PCOS and 61 healthy controls.

**Results** Body mass index (BMI) in PCOS and the control group were all  $< 25 \text{ kg/m}^2$ . The median concentration of KLF7 was  $3.630 \text{ ng/mL}$  [interquartile range (IQR):  $1.547 - 7.172$ ] in women with PCOS, which was significantly lower than that of controls ( $5.282 \text{ ng/mL}$ , IQR:  $3.128 - 11.263$ ,  $p = 0.003$ ). The KLF7 level was positively correlated with low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) ( $r = 0.261$ ,  $p = 0.018$ ). No significant association was observed between KLF7 and the BMI, total testosterone, and insulin resistance (IR).

**Conclusions** KLF7 levels decreased in patients with polycystic ovary syndrome, and KLF7 was significantly correlated with LDL-C.

## PU-4610

## CRP、PCT 和白细胞绝对数预测脓毒血症的研究

杨磊

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨 C 反应蛋白 (CRP)、降钙素原 (PCT) 和白细胞绝对数对脓毒血症的敏感性和特异性

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 2 月收治的脓毒血症患者 50 例为观察组; 选取同期非脓毒血症患者 50 例为对照组。记录比较两组入院时的 PCT、CRP、白细胞绝对数、淋巴细胞数结合观察组肝功能与肾功能的情况诊断脓毒血症的临床价值。回顾性分析 50 例脓毒血症患者的临床资料, 采用 t 检验比较计量资料, 再采用 ROC 曲线分析特异性和敏感性

**结果** 脓毒血症患者的 CRP、PCT 及白细胞绝对数均高于非脓毒血症患者, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。PCT 检测诊断脓毒血症的敏感性稍低于 CRP 检测, 但其特异度高于 CRP、白细胞检测。通过 ROC 曲线分析得知 PCT、CRP、白细胞绝对数和淋巴细胞数的检测的 AUC 面积分别为 0.863、0.707、0.638、0.739, PCT 检测的 AUC 面积最大

**结论** CRP、PCT 和白细胞绝对数可联合用于对脓毒血症的早期诊断, 可更加准确地预测脓毒血症的患病程度, 有助于及时为临床治疗提供依据。

## PU-4611

## 胱抑素 C 在淀粉样蛋白聚集研究中的作用

王明阳

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 胱抑素 C 单体经结构域转变聚集成中间体被证明与神经退行性疾病密切相关。淀粉样蛋白是神经退行性疾病机制研究的重要相关蛋白, 组装中也同样存在结构域转变, 且其组装受胱抑素 C 调控已被证实。但淀粉样蛋白组装过程受胱抑素 C 结构域转变影响的机制还未被详细研究。

**方法** 我们前期研究了酵母淀粉样蛋白 Sup35-NM 组装中间体参与的状态变化过程并发现胱抑素 C 对 Sup35-NM 组装存在抑制现象。这为胱抑素 C 经结构域转变抑制淀粉样蛋白组装的机制研究奠定基础。

**结果** 据此我们提出假说: 胱抑素 C 通过结构域交换抑制 Sup35-NM 球状中间体组装而抑制淀粉样蛋白聚集。本项目拟设立细胞内、外分组实验比较胱抑素 C 对 Sup35-NM 组装中间体差异化的相互作用。

**结论** 这些结果将证明, 胱抑素 C 经交叉结构域转变抑制淀粉样蛋白球状中间体是抑制作用的根本机制。本研究基于朊蛋白组装中间体与胱抑素 C 交叉结构域转变的新视点探讨了胱抑素 C 参与抑制朊蛋白组装的新机制。

## PU-4612

## 尿常规形态学检查在膀胱癌诊断中的应用 (附一例报告)

潘雪,陶慧娟,徐健,周道银,陈燕  
上海长海医院

**目的** 尿液形态学作为一种非侵入性的检查方法, 操作简便且费用低廉, 在早期诊断 BC 中起着重要的作用, 本文将通过具体案例探讨尿液细胞形态学检查在膀胱癌诊断中的临床意义。

**方法** 采集患者中段尿 10ml, 使用 UF1000 尿液分析仪和科宝 S120 尿液分析仪分别对一例患者尿液标本进行检测分析对比, 并通过进一步镜检, 观察细胞形态, 大小以及分布情况。

**结果** 尿液细胞形态学检查查见形态异常, 体积较大, 核仁明显以及成团分布的恶性细胞, 提示膀胱恶性肿瘤疾病。

(见图三。染色镜检可见胞体形态不一, 大小不等, 呈圆形或不规则型, 可见细胞散在分布或成团分布, 体积较大, 大约 25~50  $\mu\text{m}$ , 大多分布在 35  $\mu\text{m}$  左右; 图 3-1 可见细胞成分多, 排列杂乱, 如红细胞, 真菌, 可见体积较大细胞, 胞核体积明显增大, 散在分布; 图 3-2 可见体积明显增大细胞, 胞浆染色不均, 部分可见边缘深染, 细胞核形态不规则, 大约 15~25  $\mu\text{m}$ , 核染色质变粗, 分布不均, 部分可见双核, 部分细胞可见明显核仁, 提示恶性细胞。周围还可见散在及成团分布的真菌。)

**结论** 在尿液标本中查见异常细胞, 可及时为临床对患者的病情诊断提供可靠依据, 并且通过早发现早治疗使患者获得更好的治疗效果。



## PU-4613

**1821 例多重耐药菌的临床分布及耐药性分析**

王晶晶,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 分析我院 2018 年度多重耐药菌(multiple resistance, MDR)的临床分布及其对常用抗菌药物的耐药性,为医院感染防控及临床合理利用抗菌药物提供依据。

**方法** 采用回顾性分析方法,选择我院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月临床送检标本中的分离多重耐药菌株,结合菌株标本来源和细菌药敏试验数据,统计分析多重耐药菌的分布特点及其耐药情况。

**结果** 2018 年度我院共检出多重耐药菌 1821 株,前五位分别是鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌;多重耐药菌在痰液标本检出率为最高,其次为血液标本、伤口标本和尿标本;革兰阳性多重耐药菌对糖肽类、硝基呋喃类、恶唑酮类抗生素较敏感,革兰阴性多重耐药菌对头孢哌酮/舒巴坦、阿米卡星、替加环素较为敏感,对其余临床常用抗菌药物为耐药率较高。

**结论** 我院多重耐药菌感染较严重,通过加强对多重耐药菌株的监控,结合病原菌药敏结果合理选用抗菌药物治疗,以及增强医护人员对多重耐药菌的预防控制知识,严格落实消毒隔离措施,可以有效预防和控制多重耐药菌的感染和暴发。

## PU-4614

**冠状动脉搭桥术后患者血清降钙素原、白介素 6、超敏 C 反应蛋白、白细胞数水平变化及临床意义**

张蕊,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探讨冠心病患者冠状动脉搭桥术后血清降钙素原(PCT)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)及白细胞介素-6(IL-6)、白细胞(WBC)水平变化及临床意义。

**方法** 选择 27 例冠心病患者,均有为不稳定型心绞痛表现,分别于冠状动脉搭桥术(Coronary artery bypass graft,CABG)前、术后第 1 天、第 7 天对其血清 PCT、hs-CRP、IL-6 等指标水平进行检测,对 WBC 数进行连续监测,并与正常对照组 30 例健康受试者进行比较分析。

**结果** 患者平均年龄 64 岁,平均住院天数 7 天,CABG 组术前 PCT( $0.04 \pm 0.02$ )与正常对照组无显著差异( $P > 0.05$ ),hs-CRP( $7.3 \pm 12.6$ )、IL-6( $9.45 \pm 18.62$ )水平均显著高于正常对照组,差异均具有统计学意义( $p < 0.05$ );术后第 1 天,PCT( $1.43 \pm 1.66$ ),hs-CRP( $120.2 \pm 51.1$ )、IL-6( $460.03 \pm 242.69$ )水平显著升高,术后第 7 天,PCT( $0.19 \pm 0.26$ ),hs-CRP( $53.1 \pm 33.2$ )、IL-6( $20.74 \pm 17.95$ )水平虽然呈下降明显,但仍然高于正常对照组,且 CABG 组术后血清 PCT、hs-CRP、IL-6 等指标水平两两之间均呈正性显著相关( $p < 0.05$ )。此外,WBC 数值术后显著高于术前( $p < 0.05$ ),尤其术后中性粒细胞百分比/淋巴细胞百分比(N%/L%)呈线性下降趋势,术后第 7 天比值降至  $3.7 \pm 1.33$ ,术后第 7 天变化趋势与 PCT、hs-CRP、IL-6 均呈正性显著相关( $p < 0.05$ )。

**结论** 动态联合监测 CABG 术后患者血清 PCT、hs-CRP、IL-6、WBC 等指标的水平,对冠心病患者 CABG 术后的疗效观察、预后判断均可发挥重要作用。

## PU-4615

**DNA 甲基化的分子机制及其研究进展**

宋乔

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 本研究总结了近年来对 DNA 甲基化分子机制的相关研究,归纳了全球范围内对 DNA 甲基化的位点、序列背景与范围近年来的研究进展,也归纳了近年对影响 DNA 甲基化的因素的研究,以期对 DNA 甲基化这一表观遗传学热点进行深入的学习探讨。

**方法** 近年来随着高通量测序、表观遗传编辑以及结构分析等技术的飞速发展,对 DNA 甲基化分子机制层面的研究进一步深入。

**结果** DNA 甲基化作为一种重要的非永久性但相对长期可遗传的基因修饰,在维持细胞正常的转录活性、DNA 损伤修复能力以及在遗传印记、胚胎发育和肿瘤的发生发展中都有不可替代的作用,是分子生物学及医学领域的研究热点。

**结论** 对 DNA 甲基化分子机制层面深入的了解,有助于进一步将其应用于医学领域,寻找和疾病特定的 DNA 甲基化元件,对各类疾病的诊断治疗及预后检测都有极大的帮助。

## PU-4616

**血清 lncRNA UBE2CP3 在肝细胞癌筛查中的价值**

林金端

清远市人民医院/暨南大学医学院第五附属医院,511500

**目的** 分析肝细胞癌 (hepatocellular carcinoma, HCC) 患者血清中 lncRNA UBE2CP3 表达水平及其临床意义。

**方法** 收集 79 例健康对照者、92 例确诊为 HCC 患者以及 23 例 HCC 合并肝内外转移的 HCC 患者的血清;并收集 18 例成功接受 HCC 根治术的患者手术前以及手术后 30 天的血清,qRT-PCR 检测血清中 lnc RNA UBE2CP3 的表达水平。

**结果** 血清中 lncRNA UBE2CP3 的表达水平在对照组 ( $4.33\pm 4.96$ )、HCC 未转移组 ( $9.62\pm 25.36$ )、HCC 转移组 ( $11.88\pm 29.11$ ) 呈逐步升高趋势,差异具有统计学意义 ( $F=59.23$ ,  $P<0.01$ );术后 30 天 HCC 患者血清中 lncRNA UBE2CP3 表达水平显著低于术前水平,差异具有统计学意义 ( $t=3.934$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** 血清 lncRNA UBE2CP3 表达水平与 HCC 进展及疗效相关,对 HCC 的诊断、预后及疗效判断具有一定的价值。

## PU-4617

**粪便轮状病毒在季节性腹泻患者中的诊断价值及临床意义**

黄志鹏

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探讨季节性腹泻患者粪便轮状病毒早期诊断的应用效果

**方法** 收集医院 2018 年 10 月-2019 年 3 月 854 例腹泻病人的新鲜标本,使用胶体金法检测 A 组轮状病毒。

**结果** 腹泻患者粪便轮状病毒阳性率为 16.1%，男性和女性阳性率分别为 15.2%和 14.8%，没有统计学差异；6 月-3 岁患者的阳性率为 33.4%，3 岁-6 岁为 25.8%，6 岁以上到成人 8.2%。

**结论** 季节性腹泻病人早期多见于粪便轮状病毒感染，性别无差异，尤其以 6 月-3 岁感染率最高。

## PU-4618

### 血小板聚集功能实验影响因素的研究

陈俊丽,包卓娜

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 通过控制相关条件的改变，观察温度，离心作用，诱导剂浓度等因素对血小板体外聚集实验的影响。

**方法** 收集中国医科大学附属第一医院 2018.11.15-2019.05.01 健康查体枸橼酸钠抗凝的标本 120 例，将所选用的标本按 ADP 诱导和 AA 诱导分为两类；每类再根据离心次数，储存温度，诱导剂浓度分组进行试验。采用希森美康 CS-5100 全自动凝血分析仪进行血小板聚集率的检测。

**结果** 以 ADP 为诱导剂的聚集实验中，冷藏后血浆与常温储存相比血小板聚集率显著上升（ $P<0.0001$ ），冷冻后下降（ $P<0.0001$ ）；离心两次血浆与离心一次血浆比较血小板聚集率无显著性差异（ $P=0.069$ ）；高浓度诱导剂诱导与中浓度诱导剂诱导相比聚集率上升（ $P<0.0001$ ），低浓度诱导剂下降（ $P<0.0001$ ）。

以 AA 为诱导剂的聚集实验中，冷藏后血浆与常温储存相比血小板聚集率显著上升（ $P=0.0045$ ），冷冻后下降（ $P<0.0001$ ）；离心两次血浆与离心一次血浆比较血小板聚集率无显著性差异（ $P=0.919$ ）；高浓度诱导剂（ $P=0.116$ ）和低浓度诱导剂诱导（ $P=0.054$ ）与中浓度诱导剂诱导相比聚集率无显著性差异。

**结论** 标本储存温度及诱导剂浓度会影响血小板体外聚集实验的检测结果，检测条件的控制有利于为临床提供更加准确可靠的结果。

## PU-4619

### 肾淀粉样变患者血清胱抑素 C 聚集状态分析

王明阳

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 肾淀粉样变是淀粉样蛋白聚集而累积肾脏所致。免疫固定分析免疫球蛋白聚集状态是肾淀粉样变重要的辅助诊断方法。胱抑素 C 是一种肾外淀粉样变蛋白，其异常聚集所致典型病症为脑血管淀粉样变。目前对免疫固定阳性的肾淀粉样变患者血清胱抑素 C 聚集状态还未见研究。

**方法** 本项目通过开发针对胱抑素 C 的酶标免疫固定技术来研究肾淀粉样变患者血清胱抑素 C 聚集状态，确定肾淀粉样变与胱抑素 C 淀粉样变相互关系。

**结果** 本项目通过开发针对胱抑素 C 的酶标免疫固定技术来研究肾淀粉样变患者血清胱抑素 C 聚集状态，确定肾淀粉样变与胱抑素 C 淀粉样变相互关系。

**结论** 这将增进淀粉样变病发病机制的理解，为淀粉样变病的肾外表现和发现新的疾病分型提供新的思路和方法。

PU-4620

## 国产化学发光检测肌钙蛋白 I 性能评价

李军良,王术艺  
秦皇岛市第一医院,066000

**目的** 探讨国产化学发光检测肌钙蛋白 I 试剂改良后的性能, 验证其临床可行性。

**方法** 以雅培 TNI 试剂盒为参比试剂盒, 计算改良的迈瑞 TNI 试剂盒相对敏感度、相对特异性、总体符合率和 Kappa 一致性检验。两种方法学检测结果绘制散点图, 回归分析用一元直线回归分析, 偏倚分析用 Bland-Altman 法。

**结果** 改良的迈瑞 TNI 试剂盒的相对敏感度为 94.4%, 相对特异性为 96.0%, 与雅培 TNI 试剂盒测定结果的总体符合率为 95.45%, Kappa 值为 0.902, 两者一致性较好。未升级前试剂与雅培 TNI 试剂盒测定结果的总体符合率为 91.7%, Kappa 值为 0.826, 改良后 TNI 检测性能更好。剔除 8 份检测结果超限样本, 共选取 498 份样本, 一元线性相关性分析显示, 迈瑞 TNI 试剂测定值与雅培 TNI 试剂的测定值呈正相关, 回归方程  $Y = 1.135X + 0.032$ ,  $R^2 = 0.979$   $P < 0.05$ 。Bland-Altman 分析显示迈瑞 TNI 试剂盒与雅培 TNI 试剂盒测定值的平均偏倚为 -0.1569, 绝大多数差值在 -1.954~1.640 之间, 两者测量结果的差异可接受。共收集 506 例肌钙蛋白 I 血清, 23 例检测结果不一致, 分析病情发现一例为发热待查病人, 一例为脑梗塞病人, 其余为心脏病和重症监护室病人, 病情危重伴有心肌损伤。雅培 TNI 结果均在两倍 cutoff 值以下, 迈瑞 TNI 结果均在三倍 cutoff 值以下, 应用迈瑞化学发光系统需结合临床进一步监测病情。

**结论** 迈瑞 CL-2000i 化学发光免疫分析系统应用改良的肌钙蛋白 I 试剂检测心肌肌钙蛋白 I 与参比检测系统相比, 结果一致性良好, 很好的相关性, 可满足临床需要。

PU-4621

## ADH1B 和 ALDH2 基因多态性与相关疾病的研究进展

张晓敏  
首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 文章就 ADH1B 及 ALDH2 基因多态性与相关疾病进行综述, 以期对疾病的预防和诊断提供新的思路。

**方法** 乙醇脱氢酶 (ADH) 和乙醛脱氢酶 (ALDH) 是人体肝脏内酒精代谢的关键酶, 共同构成 ADH 氧化体系。

**结果** ADH1B 和 ALDH2 分别是 ADH 和 ALDH 的 2 个重要亚型。ADH1B 和 ALDH2 基因多态性与多种疾病相关, 如消化系统疾病、神经退行性变及代谢疾病等。

**结论** 对于酗酒人群, ADH1B、ALDH2 基因多态性分析可能是评估其上述疾病风险的主要方法, 同时, 上述基因多态性分析并通过酒精戒断可作为相关疾病预防的主要举措。

PU-4622

## 四川省细菌耐药监测网 2015 年-2018 年尿液标本细菌分布及耐药分析

龙姗姗  
四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 统计分析四川省细菌耐药监测网成员单位 2015 年~2018 年度尿液标本细菌分布及耐药情况, 为我省抗菌药物合理应用提供依据。

**方法** 按照监测方案,采用标准纸片扩散法或自动化仪器检测法,测定监测药物对细菌的敏感性,依据 CLSI 2018 年标准,使用 WHONET 5.6 软件进行数据统计分析。

**结果** 共有 77 医院参加了年度细菌耐药监测工作,其中数据基本合格纳入分析的有 75 家,按患者首次分离菌株进行统计分析,从尿液标本中分离出 97663 株病原菌,其中革兰阴性菌 75635 株 (77.4%),革兰阳性菌 22028 株(22.6 %),检出率前 5 位的菌依次是大肠埃希菌 (63.2%)、尿肠球菌 (11.5%)、肺炎克雷伯菌 (9.6%)、粪肠球菌 (6.9%)、铜绿假单胞菌 (4.0%)。大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌对亚胺培南的耐药率分别为 1.1%、4.2%、10.8%,对左氧氟沙星的耐药率分别为 50.6%、25.6%、15.8%。尿肠球菌和粪肠球菌对万古霉素、氨苄西林、替考拉宁、利奈唑胺耐药率分别为 2.9%和 0.5%, 94.7%和 6.6%, 3.1%和 1.8%, 0.4%和 1.3%。

**结论** 尿液标本病原菌多样化,以大肠埃希菌和肠球菌为主,临床应根据药敏结果合理用药,达到最佳治疗效果。

## PU-4623

### 980 例儿童肺炎支原体感染与血清 1, 25-羟维生素 D3 水平的相关研究

朱敏,万秋涵,姜波  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 研究探讨儿童肺炎支原体 (*Mycoplasma pneumonia*, MP) 感染与 1, 25-羟维生素 D3 水平之间的关系。

**方法** 选取 2018 年 11 月-2019 年 2 月我院就诊的 980 例 0~13 岁儿童为本次研究对象,采用被动凝集法检测其抗 MP-IgG 的阳性率,采用化学发光法测定其血清中 1, 25-羟维生素 D3 水平。

**结果** 研究对象的抗 MP-IgG 的阳性率为 32.87%, MP 阳性组的 1, 25-羟维生素 D3 水平(中位数为 25.32ng/ml, 范围为 7.94~64.35ng/ml)明显低于阴性组(中位数为 34.51ng/ml, 范围为 7.23~70.35ng/ml), 差异有统计学意义 ( $U=-2.985$ ,  $P<0.05$ ); 1, 25-羟维生素 D3 减低组的抗 MP-IgG 阳性率 (38.46%) 明显高于 1, 25-羟维生素 D3 正常组 (15.76%), 差异有统计学意义 ( $\chi^2=6.487$ ,  $P<0.05$ ); 抗 MP-IgG 与 1, 25-羟维生素 D3 呈负相关 ( $r=-0.32$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** MP 感染与 1, 25-羟维生素 D3 水平具有一定的相关关系, 1, 25-羟维生素 D3 水平减低可能诱发 MP 感染, 而 MP 感染也可能会引起 1, 25-羟维生素 D3 水平降低。

## PU-4624

### mCIM 和 eCIM 试验在筛选碳青霉烯酶以及鉴别丝氨酸酶和金属酶应用中的性能评估

张余彬  
福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 评估改良碳青霉烯类失活法(modified carbapenem inactivation method,mCIM)和 EDTA 碳青霉烯类失活法(EDTA carbapenem inactivation method ,eCIM )试验在 CRE 中检测碳青霉烯酶的性能及临床价值以及辨别非金属酶和金属酶的能力。

**方法** 收集福建医科大学附属第一医院 2017 年 3 月至 2018 年 3 月临床微生物实验室分离的产碳青霉烯酶的 CRE (产酶组) 53 株和非产碳青霉烯酶的肠杆菌科细菌(非产酶组) 50 株,共 103 株,所有菌株以 PCR 为参考方法,评估 mCIM 和 eCIM 试验对碳青霉烯酶的表型筛选能力。

**结果** 产酶组 53 株 CRE 中, bla<sub>KPC</sub> 36 株、bla<sub>NDM-1</sub> 4 株、bla<sub>IMP-14</sub> 株、bla<sub>VIM-22</sub> 株、bla<sub>OXA-481</sub> 株,同时携带 bla<sub>KPC</sub> 和 bla<sub>NDM-1</sub> 6 株;非产酶组 50 株肠杆菌科细菌未检测出基因型。mCIM 试验

能检测菌株是否产碳青霉烯酶的敏感性和特异性分别为 88.7% (47/53) 和 100%，eCIM 试验能鉴别金属酶的敏感性和特异性分别为 62.5%(10/16)和 100%。与 PCR 基因方法比较，mCIM 试验 ( $\chi^2=81.553$ ,  $P<0.001$ ) 和 eCIM 试验 ( $\chi^2=14.545$ ,  $P<0.001$ ) 均有统计学差异。

**结论** mCIM 和 eCIM 试验简单易操作、成本低廉，临床微生物实验室可用其对碳青霉烯酶进行表型筛选，但在 bla<sub>KPC</sub> 和 bla<sub>NDM-1</sub> 同时存在时，尚不能准确鉴别。

## PU-4625

### 实时荧光定量 PCR 法和培养法在解脲支原体中的比对

齐志丹,万楠,胡晓芳

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探讨荧光定量 PCR 法及培养法同时检测解脲支原体在临床诊断中应用价值。

**方法** 同时采用荧光定量 PCR 法和培养法对 56 份标本分别进行检测，并对结果进行分析。

**结果** 56 份标本中 PCR 法检测出阳性结果 28 例，阳性率为 50%；培养法检测 26 例阳性，阳性率为 46.43%。二者符合率为 92.86%，两组阳性率经配对计数资料的  $\chi^2$  检验，结果表明两种方法无显著差异( $P>0.05$ )。其中有 2 例用 PCR 法检测为阳性的标本但用培养法为阴性。

**结论**

时荧光定量 PCR(FQ-PCR)法检测 UU 的敏感性高于 UU 培养法，但培养法能够同时得出药敏试验的结果，可及时指导临床合理用药。

## PU-4626

### Dicerandrol B 通过氧化应激--线粒体损伤诱导人宫颈癌细胞凋亡的机制

高丹丹,续薇

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 以人宫颈癌 HeLa 细胞为研究对象，从 Dicerandrol B 氧化应激线粒体损伤途径诱导细胞凋亡角度，探讨 Dicerandrol B 抑制 HeLa 细胞增殖的作用机制。

**方法** 荧光染色方法用活性氧敏感荧光探针 DCFH-DA 并联合应用抗氧化剂 N-乙酰半胱氨酸，检测细胞内 ROS 水平。MTT 检测细胞生存率，明确 NAC 联合 Dicerandrol B 是否上调细胞生存率。

Western Blot 和 qPCR 方法分析 Dicerandrol B 处理 HeLa 细胞 6h 细胞中 p62 蛋白，Keap1 蛋白，细胞核 Nrf2 蛋白，p62、Nrf2 和 GPX1 基因的变化以及 Dicerandrol B 处理 HeLa 细胞 24h 细胞核 Nrf2 蛋白，GPX1 基因的改变，分析 Dicerandrol B 对 HeLa 细胞 p62-Keap1-Nrf2 信号通路的影响。Western Blot 检测与线粒体损伤相关蛋白质 Bcl-2、Bax、CytC 的表达水平，判断 Bax/Bcl-2 比率的变化，确定 Dicerandrol B 是否通过线粒体损伤途径诱导 HeLa 细胞凋亡。

**结果** 1. Western Blot 和 qPCR 结果显示，Dicerandrol B 处理 HeLa 细胞 6h，细胞中 p62 和 Keap1 蛋白含量减低，细胞核内 Nrf2 蛋白表达增加，Nrf2 基因和 GPX1 基因增多，说明 HeLa 细胞在 Dicerandrol B 作用下为了对抗氧化应激激活了 p62-Keap1-Nrf2 信号通路，并引起下游抗氧化剂谷胱甘肽过氧化物酶 GPX1 基因的含量增高。Dicerandrol B 处理 HeLa 细胞 24h 细胞核内 Nrf2 蛋白表达减少，GPX1 基因含量下降，说明 Dicerandrol B 作用时间延长，p62-Keap1-Nrf2 信号通路活化程度减弱。2. Western Blot 结果显示，Dicerandrol B 处理 HeLa 细胞 24h 细胞中 Bax/Bcl-2 比率显著增加，细胞色素 C 蛋白表达水平上调。这表明 HeLa 细胞在 Dicerandrol B 作用下，线粒体损伤，细胞色素 C 释放，Dicerandrol B 诱导 HeLa 细胞发生线粒体损伤途径介导的细胞凋亡。

**结论** 在 Dicerandrol B 作用早期的 6h 内, 细胞中的抗氧化系统 p62-Keap1-Nrf2 信号通路被激活, 对 HeLa 细胞起到一定的保护作用, 但随着作用时间延长至 24h, 线粒体损伤, 最终导致细胞凋亡的发生。

#### PU-4627

### 探讨迈瑞 CL-2000i 化学发光免疫分析法和罗氏 cobas E602 电化学发光免疫分析法检测甲胎蛋白与前列腺特异抗原结果相关性分析

俞欢欢, 万楠

中国人民解放军北部战区总医院, 110000

**目的** 探讨迈瑞 CL-2000i 化学发光分析仪与罗氏 cobas E602 电化学发光分析仪两个检测系统检测甲胎蛋白 (AFP) 和前列腺特异抗原 (TPSA) 结果的相关性。

**方法** 选取 2019 年 1 月--2019 年 2 月来本院就诊的门诊及体检患者的新鲜标本, 其浓度范围涵盖低、中、高值, 并且尽可能分布均匀, 以罗氏 cobas 602 为目标检测系统, 迈瑞 CL-2000i 为实验检测系统, 选用伯乐第三方三个水平的质控物, 同时检测血清样本中甲胎蛋白 (AFP)、前列腺特异抗原 (TPSA) 血清浓度, 并对数据进行相关统计学分析。

**结果** 两个系统检测 AFP、TPSA 质控物显示日间精密度、准确度符合临床要求, 检测结果差距无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 实验组与目标组数据存在良好的线性关系 ( $r^2 = 0.9975 > 0.99$ ), 预期偏倚和相对偏倚均可接受。

**结论** 迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统与罗氏 cobas E602 电化学发光系统检测中 AFP、TPSA 相关性良好。

#### PU-4628

### POCT 血气分析仪比对试验及其质量管理研究

王瑶, 李卓

西安医学院第一附属医院, 710000

**目的** 探讨 POCT 血气分析仪与检验科参比血气分析仪在可比性中的应用价值。

**方法** 选取肝素抗凝的动脉血气样本 10 份, 浓度分别为: 高钾 (7.0mmol/L 左右) 1 份, 低钾 (3.0mmol/L 左右) 1 份, 高钠 (170mmol/L 左右) 1 份, 低钠 (110mmol/L 左右) 1 份, 高 PH (7.8 左右) 1 份, 低 PH (7.1 左右) 1 份, 正常样本 4 份。每份样本在检验科参比仪器上检测 2 遍, 然后再以 POCT 比对仪器进行检测 2 遍, 求平均值。比较 POCT 比对仪器与参比仪器的检测值的绝对偏倚、相对偏倚和相关性。

**结果** PCO<sub>2</sub> 和 Ca<sup>2+</sup> 的比对符合率为 80%, PH、Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup> 的比对符合率均为 100%, 比对通过验证; PH、PCO<sub>2</sub>、Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup> 均具有强相关性, Ca<sup>2+</sup> 为弱相关性。

**结论** POCT 血气分析仪的比对结果在可接受范围之内, POCT 血气分析仪的检测结果可信。

## PU-4629

## IIF 法检测抗中性粒细胞胞浆总抗体与其特异性抗体检测的相互关系及临床意义

王雁

齐齐哈尔市第一医院,161000

**目的** 比较间接免疫荧光法 (IIF) 和欧蒙印迹法这两种检测方法对于检测抗中性粒细胞胞浆抗体 (ANCA) 的符合率, 探讨两种检测方法单独使用时检测 ANCA 的漏检率, 从而讨论两种方法联合检测对于诊断相关疾病的临床意义

**方法** 间接免疫荧光法 (IIF) 检测抗中性粒细胞胞浆总抗体, 欧蒙印迹法检测其特异性抗体

**结果** 测 ANCA 的阳性率为 49.3%, 仅使用欧蒙印迹法检测抗 MPO 和 PR3 抗体的阳性率为 43.7%, 两种方法联合检测的阳性率可以提高到 93%

**结论** IIF 和欧蒙印迹法单独检测 ANCA 对于诊断相关疾病均会产生漏检, 两种方法联合检测能提高阳性率, 降低漏检率。

## PU-4630

## 血浆凝血酶激活的纤溶抑制物和血清同型半胱氨酸在冠心病患者中的临床应用价值

张勤

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨冠心病患者血浆凝血酶激活的纤溶抑制物 (TAFI) 与血清同型半胱氨酸 (HCY) 水平的变化

**方法** 选取吉林大学第一医院入院的 80 例冠心病患者为冠心病组, 80 例健康体检者为对照组; TAFI 采用免疫比浊法, HCY 采用循环酶法; 应用 SPSS17.0 软件进行统计分析, 计量资料采用  $\bar{x} \pm s$  表示, 组间比较采用 t 检验

**结果** 冠心病组 TAFI 水平显著低于对照组 [ (19.25±2.98)  $\mu\text{g/mL}$  VS. (27.58±4.01)  $\mu\text{g/mL}$  ], HCY 水平显著高于对照组 [ (20.25±9.21)  $\mu\text{mol/L}$  VS. (14.01±3.45)  $\mu\text{mol/L}$  ], 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。两者联合检测提高了敏感度和特异度

**结论** 血浆凝血酶激活的纤溶抑制物水平的降低和血清同型半胱氨酸水平的升高有可能成为辅助诊断早期冠心病或评估其风险性的生物标志物

## PU-4631

## 厄贝沙坦不同治疗时间对糖尿病早期大鼠肾脏功能的影响

张哲梅

甘肃省人民医院,730000

**目的** 观察在不同干预时间厄贝沙坦对实验性糖尿病大鼠早期肾功能的影响, 进一步探讨其有效保肾治疗的时机选择。

**方法** 8 周龄 SD 大鼠经过 STZ 诱导糖尿病大鼠 60 只, 随机分为模型对照组 (DM, 24 只)、厄贝沙坦 (DI, 36 只, 50 mg/kg/d) 2 个组, 同时正常对照组 24 只。药物均溶于蒸馏水中灌胃, 治疗周



期均为 12w。根据药物干预起始时间不同分为两大组：预防性治疗组（糖尿病模型建立第一周开始干预）和治疗组（糖尿病模型建立第五周开始干预）。分别在第 4 周、第 8 周、第 12 周和第 16 周随机选取各组大鼠监测一般代谢指标、肾功能和病理改变。

**结果** 在预防性治疗组，与 DM 比较：尿微量白蛋白降低 40.82% ( $P<0.05$ )；内生肌酐清除率降低 36.53% ( $P<0.05$ )；肾脏肥大指数降低 8.08% ( $P>0.05$ )；尿素氮和肾小球系膜增生指数有降低的趋势，均无统计学差异 ( $P>0.05$ )。在治疗组，与 DM 比较：尿微量白蛋白降低 34.06% ( $P<0.05$ )；肾脏肥大指数降低 11.03% ( $P<0.05$ )；内生肌酐清除率、肾小球系膜增生指数和尿素氮有降低的趋势，但无统计学差异 ( $P>0.05$ )。厄贝沙坦对糖尿病大鼠的多饮、多尿、体重下降、血糖和胰岛素水平均无明显影响 ( $P>0.05$ )。

**结论** 在预防性治疗组，与 DM 比较：尿微量白蛋白降低 40.82% ( $P<0.05$ )；内生肌酐清除率降低 36.53% ( $P<0.05$ )；肾脏肥大指数降低 8.08% ( $P>0.05$ )；尿素氮和肾小球系膜增生指数有降低的趋势，均无统计学差异 ( $P>0.05$ )。在治疗组，与 DM 比较：尿微量白蛋白降低 34.06% ( $P<0.05$ )；肾脏肥大指数降低 11.03% ( $P<0.05$ )；内生肌酐清除率、肾小球系膜增生指数和尿素氮有降低的趋势，但无统计学差异 ( $P>0.05$ )。厄贝沙坦对糖尿病大鼠的多饮、多尿、体重下降、血糖和胰岛素水平均无明显影响 ( $P>0.05$ )。

## PU-4632

### 三项肿瘤标志物 AFP、CA199 和 CA125 联合检测 对原发性肝癌的诊断意义

樊华

齐齐哈尔市第一医院,161000

**目的** 通过回顾性分析原发性肝癌患者的临床资料，分析受试者肿瘤标志物 AFP、CA199 和 CA125 联合检测在原发性肝癌中诊断的敏感度和特异度。

**方法** 回顾性分析齐齐哈尔市第一医院 2017 年 1 月 1 日起至 2017 年 12 月 31 日符合本实验选择标准的 60 例原发性肝癌患者的临床资料，并且所有患者均经过 CT、MRI 或病理学确诊（金标准）为原发性肝癌，并排除严重心脑血管疾病类患者、精神类疾病患者。并对以上患者的血清中 AFP、CA199、CA125 进行单独检测和联合检测，后对比分析单独检测和联合检测的诊断敏感度、诊断特异度。

**结果** 三项肿瘤标志物 AFP、CA199、CA125 在原发性肝癌诊断过程中，联合检测三项肿瘤标志物 AFP、CA199、CA125 的观察指标中诊断敏感度高于单独检测三项肿瘤标志物，而诊断特异度稍有下降但不明显。差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 联合检测 AFP、CA199、CA125 能明显提高原发性肝癌诊断的阳性率，可早期发现疾病特点，具有重要的临床价值。

## PU-4633

### 5874 例急性呼吸道感染的病毒病原学分析

池细倮

福建省南平市第一医院

**目的** 了解福建省南平地区 7 种常见呼吸道病毒感染的流行情况，为临床诊疗提供参考。

**方法** 回顾性分析 2015 年 3 月至 2018 年 2 月间 5874 例急性呼吸道感染（Acute respiratory tract infection, ARTI）患者的临床资料；采用直接免疫光法（Direct fluorescence assay, DFA）检测 7 种常见呼吸道病毒抗原。

**结果** 近三年南平地区 ARTI 患者的 7 种呼吸道病毒检出率分别为 11.48%、21.71%、21.54%；5874 例患者检出 1150 例（男 737 例、女 413 例）呼吸道病毒阳性，总检出率为 19.58%，其中单一病毒感染患者 1131 例，占阳性病例的 98.35%，混合感染患者 19 例，占阳性病例的 1.65%。单一病毒感染中，呼吸道合胞病毒（respiratory syncytial virus, RSV）占 57.65%、副流感病毒 3 型（parainfluenza virus 3, PIV3）占 13.57%、甲型流感病毒（influenza virus A, FluA）占 12.00%、乙型流感病毒（influenza virus B, FluB）占 6.52%、腺病毒（Adenovirus, ADV）占 4.17%、副流感病毒 1 型 PIV1（parainfluenza virus 1, PIV1）占 3.39%、副流感病毒 2 型 PIV2（parainfluenza virus 2, PIV2）占 1.04%。呼吸道病毒检测阳性患者中，1 岁以下的患儿 672 例，占阳性病例的 58.43%，临床表现主要为支气管肺炎（46.78%，538/672）。秋冬两季共检出阳性 722 例，占阳性病例的 62.78%。秋冬季的呼吸道合胞病毒检出率显著高于春夏季（ $\chi^2=103.448, P=0.000$ ）。

**结论** 近 3 年南平地区 ARTI 病例中常见呼吸道病毒感染有逐年增高的趋势；7 种呼吸道病毒感染中，以呼吸道合胞病毒感染最为常见；该地区呼吸道感染多发生在秋冬季，且以 1 岁以下儿童为主要感染人群，其主要临床表现为支气管肺炎。

## PU-4634

# 云南省肿瘤医院检验科同一标本中两种致病细菌抗生素耐药相似性调查及分析

郭萌月

昆明医科大学第三附属医院

**目的** 通过对云南省肿瘤医院 2016-2018 年同一标本中分离到的两种菌对抗生素敏感和耐药情况进行对比，统计两种菌对同种抗生素均耐药的概率，并以我院 2016-2018 年该两种细菌平均耐药率作为对照，分析这两种细菌对抗生素均耐药的概率与理论上两者同时出现耐药的概率是否具有显著性差异，从而进一步分析同一标本中两种致病细菌抗生素耐药的相似性，为同一生境下不同种属之间耐药基因的水平转移提供数据支持。

**方法** 1.收集云南省肿瘤医院检验科从 2016-2018 年同一标本中分离到两种细菌的药敏数据报告，对药敏报告进行初步分类为三组：组一（两种细菌均为革兰氏阳性菌）、组二（两种细菌均为革兰氏阴性菌）和组三（革兰氏阳性和阴性细菌各一种），拟对三个组的数据分别进行统计和分析。每个组按照细菌种类进行汇总，初步统计同一标本两种细菌的例数。大于 5 例的入组进行下一步的抗生素耐药性分析。

2.对同一标本中两种细菌共有的抗生素耐药数据，按 S/S、S/R、R/R、S/I、R/I、I/I 将细菌对抗生素的耐药情况进行数量统计，并选取两种细菌对同一种抗生素均耐药的数据进行分析并计算出耐药率 RR%。

3.利用 WHONET 软件统计 2016-2018 年我院分离出的细菌的平均耐药率，并计算出理论上两种细菌随机对同种抗生素都耐药的概率，即理论 RR%。

4.运用 Fisher 精确检验的统计学方法将同一标本中两种菌对同种抗生素均耐药的概率（RR%）与理论上两种细菌随机对该抗生素都耐药的概率（理论 RR%）进行分析是否有显著性差异。

**结果** P 值>0.05 表示在 95%的置信水平上不存在显著性差异，P 值<0.05 表示在 95%的置信水平上存在显著性差异。

**结论** 我院 2016-2018 年同一标本分离到两种致病菌的药敏结果显示，大肠埃希菌与大肠埃希菌对哌拉西林、头孢吡辛、头孢曲松、头孢西丁和四环素的耐药性存在显著相似性。奇异变形杆菌和肺炎克雷伯菌对四环素的耐药性存在显著相似性。

## PU-4635

## 甲状腺自身抗体与习惯性流产的关系

朱飞龙

同济大学附属上海市第一妇婴保健院

**目的** 探讨甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)、甲状腺球蛋白抗体(TGAb)和甲状腺激素受体抗体(TRAb)在习惯性流产中的作用。

**方法** 检测 317 例习惯性流产(RSA)妇女血清 TPOAb,TGAb,TRAb。

**结果** 习惯性流产组 TPOAb 阳性率为 18.6%,TGAb 阳性率为 24.9%,TRAb 阳性率为 13.9%,明显高于健康孕妇( $P<0.05$ )。TPOAb 的阳性率在流产次数组别(流产 2 次、流产 3 次、流产 $\geq 4$  次)中存在显著差异( $P<0.05$ )。

**结论** 甲状腺抗体与习惯性流产密切相关;并且 TPOAb 阳性与流产发生存在明显相关,流产次数越多阳性率越高,具有一定递增关系。

## PU-4636

## 仪器法测定血小板假性减少的原因分析

刘丽,丁玲

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 探究全自动血液分析仪检测 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝静脉血标本中血小板计数假性减少的原因以及标本的科室分布情况,以减少血小板计数的误诊率并找出相应对策,提高全自动血液细胞分析仪检测结果的准确性。

**方法** 根据复查标准( $PLT<100\times 10^9/L$ ),将全自动血液分析仪计数血小板减少的标本进行手工镜检复查与仪器报告结果对比分析,筛选出血小板假性减少的标本分析其原因并找出相应对策。

**结果** 全自动血液分析仪检测血小板计数减少标本共 328 例,占全部检测标本的 2.98%。涂片镜检复查血小板计数  $PLT>100\times 10^9/L$  的标本共 62 例,占全自动血液分析仪检测血小板计数减少标本的 18.90%,占标本总数的 0.56%。通过涂片镜检观察血小板形态及状态以及温箱孵育后镜检等方法对 62 例血小板假性减少的标本进行原因分析,其中,EDTA 依赖性致血小板假性减少症是其最常见的原因,共 51 例占比 82.26%,其次为大血小板,共例 7 例占比 11.29%、冷凝集现象,共 3 例占比 4.83%;血小板卫星现象占比最少共 1 例占比 0.30%。全自动血液分析仪检测血小板减少患者主要来源于血液科(58.54%),其次是肾内科、心内科、风湿免疫科、消化科;涂片染色镜检复查后发现假性血小板减少患者主要来源于风湿免疫科(38.71%),其次是神经内科、心内科、消化科,血液科最低,仅占 4.84%。

**结论** 全自动血液分析仪因检测方法的局限性在检测过程中会导致血小板计数结果假性减少,导致全血细胞分析仪检测结果的误诊率增高,对临床诊治相关疾病产生极大的误导。通过询问临床病史,查看仪器直方图、散点图及报警信息,及时手工涂片染色镜检找到原因并采取相应措施可以保证检验数据的准确性。

PU-4637

## 国内外结核耐药诊断技术的研究进展

刘丽,金惠鑫

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 结核病,由结核分枝杆菌引起的疾病。早期,快速和准确地鉴定结核分枝杆菌和确定药物敏感性对于该疾病的治疗和管理是必不可少的。

**方法** 结核病的诊断主要基于胸片,涂片镜检和细菌培养。用于结核分枝杆菌分离,鉴定和药物敏感性测试的常规培养需要数周时间来治疗结核分枝杆菌的缓慢生长。结果延迟导致延长可能不适当的抗结核治疗,导致耐药性的出现,减少治疗选择,增加治疗时间和相关成本,导致死亡率和发病率增加。由于这些原因,需要新的诊断方法来及时鉴定结核分枝杆菌和确定感染菌株的抗生素敏感性谱。分子方法提供增强的灵敏度和特异性,早期检测和检测混合感染的能力。这些技术改善了周转时间,提高了成本效益,并且适用于即时检测。

**结果** 然而,尽管这些方法在样品采集后数小时内产生结果,但仍需要表型敏感性测试来确定药物敏感性并量化给定菌株对个体抗生素的易感性水平。

**结论** 本综述介绍了结核病诊断的检测方法进展。概述了目前用于检测和鉴定结核分枝杆菌及其相关疾病的方法现状和一般原理,诊断价值和主要优点和缺点。还将对快速检测结核分枝杆菌和抗结核药敏试验的方法结合使用进行展望。

PU-4638

## 食物不耐受检测的初步分析及意义

陈清宙

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 为了探索患者饮食原因导致的慢性症状的食物原因,指导临床大夫饮食干预。

**方法** 实验数据来源于门诊患者食物不耐受标本数据,统计软件为 lis 系统。统计 2018 年门诊患者不耐受标本数量,归类各种阳性标本,分析引起患者不耐受的主要过敏原。

**结果** 通过统计 2018 年 1831 例食物不耐受标本,发现鸡蛋类不耐受标本 1026 例,占 56%,牛奶类不耐受标本 826 例,占 45%,大豆类不耐受标本 756 例,占 41%,统计同时发现,同时鸡蛋和牛奶不耐受标本为 756 例,同时鸡蛋和大豆不耐受 689 例,同时牛奶和大豆不耐受 645 例,三种食物同时不耐受共 596 例,该三种食物是引起食物不耐受的主要食物,也占中国人群平时食物的主要部分,该项统计数据对于临床大夫了解患者食物不耐受原因,指导临床大夫合理临床干预,具有重要的意义。

**结论** 鸡蛋,牛奶,大豆三种食物等都属于较难消化的食物,并且成分复杂,且蛋白质含量高,这为它们导致的不耐受提供了依据,对于患者的合理膳食计划具有重要的借鉴意义。

## PU-4639

## 研究分析用快速血糖仪与常规生化血糖仪进行血糖检验的临床价值

孙肖涵

山东省千佛山医院,250000

**目的** 研究分析用快速血糖仪（末梢采血）与常规生化血糖仪（静脉采血）进行血糖检验的临床价值。

**方法** 择取 2019 年 1 月至 2019 年 3 月我院收治的接受血糖检验的 60 例患者作为研究对象, 接受血糖检验, 分别采集患者静脉血和指尖末梢血进行检验, 对临床检验结果进行分析。分别使用常规生化仪和快速血糖仪为其进行血糖检验并记录检验结果。然后, 观察对比用这两种仪器为患者进行血糖检验的时间、费用及结果。

**结果** 与使用常规生化仪为患者进行血糖检验相比, 使用快速血糖仪为患者进行血糖检验的检测时间更短、检测费用更低,  $P < 0.05$ 。用这两种仪器为患者进行血糖检验的检测结果基本一致,  $P > 0.05$ 。

**结论** 用常规生化仪和快速血糖仪为患者进行血糖检验的检测结果显示无明显差异。但相比之下, 用快速血糖仪为患者进行血糖检验更加简便快捷, 且进行检测的费用较低, 值得在临床上推广应用。在为糖尿病患者开展血糖检验时, 静脉血和末梢血检测均具有可行性。静脉血采血量较大, 末梢血采血操作便利, 两种方法检测结果均比较准确。

## PU-4640

## 糖化白蛋白与非糖尿病肾病的慢性肾脏病患者肾小球滤过率的独立相关性研究

王宣策, 万楠

中国人民解放军北部战区总医院, 110000

**目的** 糖化白蛋白（GA）可能导致糖尿病肾病，但慢性肾脏病（CKD）患者糖化白蛋白的临床意义尚不清楚，因此本研究主要探讨 GA 与慢性肾脏患者的相关性。

**方法** 共收集 100 名患者标本，分为单纯慢性肾病组（A 组）50 人以及慢性肾病合并糖尿病肾病组（B 组）50 人，根据肾小球滤过率（eGFR）将患者分为肾功能轻度受损（ $\text{GRF} \geq 60 \text{ ml/min, I, II}$ ），肾功能中度受损（ $30 \text{ ml/min} < \text{GRF} \leq 59 \text{ ml/min, III}$ ），以及肾功能严重受损（ $15 \text{ ml/min} < \text{GRF} \leq 30 \text{ ml/min, IV}$ ），排除 CKD V 期的患者。使用\*\*\*试剂盒分别测量两组患者 GA 水平。分析单纯慢性肾病患者和慢性肾病合并糖尿病肾病患者中 GA 与肾功能障碍之间的关系。

**结果** A 组患者的 GA 值分别为  $14.1 \pm 1.9\%$ ， $14.2 \pm 2.2\%$ ， $15.9 \pm 1.9\%$ ， $15.0 \pm 1.7\%$ （ $N = 100$ ， $p = 0.004$ ），B 组患者的 GA 值分别为  $18.4 \pm 1.4\%$ ， $18.4 \pm 3.1\%$ ， $19.0 \pm 3.8\%$ ， $20.4 \pm 6.4\%$ ，（ $N = 50$ ， $p = 0.5$ ）。GA 值与非糖尿病患者的 eGFR 呈负相关（ $r = -0.35$ ， $p < 0.01$ ），但在糖尿病患者中则没有（ $r = -0.11$ ， $p = 0.39$ ）。在调整后的模型中，GA 仅在非糖尿病受试者中与 eGFR 独立相关。

**结论** 增加的 GA 浓度与患有 CKD 的非糖尿病患者的肾功能障碍独立相关。

PU-4641

## 多发性骨髓瘤的实验室特点与临床分析

姜波

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 回顾分析齐齐哈尔市第一医院 36 例多发性骨髓瘤的实验室检查资料, 探讨多发性骨髓瘤的实验室检查特点, 结合临床表现综合分析病例, 指导临床及时诊断并减少误诊率。

**方法** 选取 2014-2018 齐齐哈尔第一医院 36 例明确诊断多发性骨髓瘤的住院患者, 对其血象、骨髓象及其它实验室检查项目综合分析, 并进行结果讨论。

**结果** 多发性骨髓瘤患者实验室检查骨髓象、外周血象红细胞形态、血常规、尿常规、总蛋白、球蛋白、血钙、乳酸脱氢酶、尿素、尿酸、肌酐、尿本周氏蛋白、免疫球蛋白、血沉等数值均有不同程度的异常。

**结论** 多发性骨髓瘤患者临床表现复杂, 首发症状多样, 实验室检查外周血象红细胞缟钱状聚集明显, 结合骨髓象及实验室其他检查资料并依据临床表现进行综合分析, 使 MM 患者得到早期诊断, 以防误诊、漏诊。

PU-4642

## 应用新一代试剂盒初步建立齐齐哈尔地区健康人群 FT<sub>3</sub> 及 FT<sub>4</sub> 的参考区间

郭海鹏

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 初步建立齐齐哈尔地区 19~64 岁表观健康人群血清游离三碘甲状腺原氨酸及游离甲状腺素的参考区间。

**方法** 选出齐齐哈尔地区非孕妇 19~64 岁实验室检查及甲状腺超声均正常健康人群 140 例 (男性 70 例, 女性 70 例), 按性别分组测定 FT<sub>3</sub> 及 FT<sub>4</sub> 的浓度水平进行分析, 初步建立参考区间。

**结果** 齐齐哈尔地区 19~64 岁健康人群的参考区间分别为, FT<sub>3</sub> 2.8~3.5pg/ml, 2.8~3.4pg/ml (女性), 3.0~3.7pg/ml (男性); FT<sub>4</sub> 0.74~1.21ng/d, 0.73~1.15ng/d (女性), 0.76~1.25ng/d (男性)。

**结论** 本研究初步建立了齐齐哈尔地区 19~64 岁健康人群 FT<sub>3</sub> 及 FT<sub>4</sub> 的参考区间, 为临床提供更可靠的诊断依据。

PU-4643

## 红细胞计数和预后营养指数与宫颈癌预后的相关性

罗皓<sup>1</sup>, 杨霖<sup>2</sup>

1. 四川省肿瘤医院, 610000

2. 成都市第一人民医院, 610000

**目的** 探讨红细胞计数 (red blood cell, RBC) 和预后营养指数 (prognostic nutritional index, PNI) 与宫颈癌预后的关系。

**方法** 回顾性分析 238 例初诊宫颈癌患者临床资料及生存数据, 采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析, 采用 Cox 风险比例回归模型进行患者预后影响的多因素分析。

**结果** 单因素分析发现年龄、临床分期、白细胞计数(WBC)、PNI、红细胞计数(RBC)、血红蛋白(Hb)、白蛋白(Alb)、单核细胞(Mono)与整体生存有关( $p<0.05$ )；多因素分析发现年龄、临床分期、红细胞计数(RBC)与宫颈癌预后相关( $P<0.05$ )，是宫颈癌患者预后的独立危险因素。

**结论** PNI 与宫颈癌患者的总生存相关，年龄、临床分期、红细胞计数高低是影响宫颈癌患者预后的独立预后指标，维持患者正常的 RBC 水平可能提高宫颈癌患者的临床疗效。

## PU-4644

### 血清 miRNAs 表达与胃癌淋巴结转移评估的临床研究

吕倩文,胡高峰,续薇  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 检测 miRNAs 在胃癌患者术前血清中的表达，研究血清 miRNA 评估术前胃癌患者淋巴结转移的应用价值。

**方法** 胃癌患者无淋巴结转移 N0 为 51 例，淋巴结转移 N1-3 为 100 例，健康体检者 103 例，留取其实验室血清检测后剩余样本，应用 qRT-PCR 方法检测 254 例血清样本中 miRNA 表达水平，应用电化学发光法测定 CEA、CA19-9 和 CA72-4 的含量。基于血清中差异表达的 miRNAs，通过二元 logistic 回归分析，构建实验室 miRNA 联合诊断模型，应用 ROC 曲线分析筛选出的 6 种差异表达 miRNA 评估胃癌淋巴结转移的应用价值。

**结果** miR-10b、miR-17、miR-93、miR-143、miR-182、miR-183 在胃癌淋巴结转移阳性患者的相对表达量分别为 0.61、23.68、8.87、0.71、0.84、0.92，在淋巴结转移阴性患者的相对表达量 0.43、10.35、5.49、0.33、0.55、0.46，6 种血清 miRNAs 两组之间的差异表达均具有统计学意义 ( $P>0.05$ )。对在胃癌淋巴结转移阳性患者血清中表达升高的 miR-10b、miR-17、miR-93、miR-143、miR-182、miR-183 分别进行 ROC 曲线分析，AUC 依次为 0.646 (95%CI: 0.564 - 0.722)、0.761 (95%CI: 0.761)、0.669 (95%CI: 0.588 - 0.743)、0.649 (95%CI: 0.567 - 0.725)、0.673 (95%CI: 0.592 - 0.747)、0.687 (95%CI: 0.607 - 0.760)；采用二元 logistic 回归分析构建联合多个血清 miRNAs 的预测淋巴结转移模型，进一步进行 ROC 曲线分析，联合 6 种 miRNAs 作为淋巴结转移标志物 AUC 值最大 (AUC=0.789, 95%CI: 0.715 - 0.851)。

**结论** 6 种 miRNA 在胃癌淋巴结转移患者血清中表达均升高，联合 6 种血清 miRNAs，为术前有无胃癌淋巴结转移的评估提供了新的方法。

## PU-4645

### 抗环瓜氨酸肽抗体 (CCP) 对类风湿关节炎的诊断分析

郭晓霞  
黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 探讨抗环瓜氨酸肽抗体 (CCP) 与类风湿因子 (RF) 分别对类风湿关节炎 (RA) 的检测以及两者联合检测在类风湿关节炎诊断中的意义及对类风湿关节炎早期诊断的价值所在。

**方法** 选取 2017 年 7 月到 2017 年 10 月齐齐哈尔市第一医院门诊和住院的 RA 患者 48 例，非 RA 患者 47 例及 40 例健康对照组，分别对其进行抗 CCP 抗体、RF 单独检测及两者联合检测并分析所得出的敏感度和特异度。统计学率的比较采用  $\chi^2$  检验。

**结果** 抗 CCP 抗体和 RF 诊断 RA 的敏感度分别为 62.50%、70.00%，两者对 RA 检测的敏感度相比较差异不明显。抗 CCP 抗体和 RF 诊断 RA 的特异度分别为 93.60%、73.30%，两者对 RA 检测的特异度相比较差异明显。两者联合检测可提高敏感度至 83.33%。从以上结果可以得出结论，抗 CCP 抗体对 RA 检测的敏感性与 RF 比较相近，而在 RA 组抗-CCP 阳性率明显高于非 RA 组。

( $P<0.01$ ) 说明 CCP 在 RA 血清中具有特异性, 因此在临床上抗-CCP 的检测对 RA 的诊断具有重要意义, 特别是早期、不典型的病例。

**结论** 抗 CCP 抗体是诊断 RA 的特异性指标, 值得临床推广应用; 抗 CCP 和 RF 联合检测可明显提高 RA 的诊断率

## PU-4646

# Epigenetics and Regulation of Oxidative Stress in Breast Cancer

Linzhang Li<sup>1</sup>, Chengwu Han<sup>1</sup>, Jun Shen<sup>1</sup>, Jiang Li<sup>1</sup>, Xueying Yu<sup>1</sup>, Wei Xu<sup>2</sup>, Yongtong Cao<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, China-Japan Friendship Hospital

2. Department of Laboratory Medicine, First Hospital of Jilin University

**Objective** Oxidative stress plays a central role in the development of breast cancer, and in the pathogenesis of this blinding disease, activation of NADPH oxidase 2 (Nox2)-mediated cytosolic reactive oxygen species (ROS) production precedes mitochondrial damage. The multicomponent cytosolic Nox2 has an obligatory component, Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 (Rac1); in cancer, Rac1 is functionally and transcriptionally active. Breast cancer also facilitates many epigenetic modifications, and activates both DNA methylating (Dnmts) and hydroxymethylating (Tets) enzymes. Our aim was to investigate the role of epigenetics in Rac1 regulation in breast cancer.

**Methods** Using Human mammary epithelial cells MCF-10A, exposed to high glucose, 5-methyl cytosine (5mC) and 5-hydroxy methyl cytosine (5hmC) levels, and binding of Dnmt and Tets were quantified at the Rac1 promoter. The effect of inhibition of Dnmts/Tets (pharmacological inhibitors or short interfering RNA [siRNA]) on glucose-induced activation of Rac1-ROS production was evaluated. Results were confirmed in orthotopic tumor transplantation model in nude mice.

**Results** Despite high glucose-induced increased binding of Dnmt1, 5mC levels remained subnormal at Rac1 promoter. But, at the same site, 5hmC levels and transcription factor nuclear factor (NF)- $\kappa$ B binding were increased. Inhibition of Dnmts/Tets prevented increase in 5hmC and NF- $\kappa$ B binding, and attenuated Rac1 activation. Similarly, in orthotopic tumor transplantation model in nude mice, Dnmt1-siRNA ameliorated diabetes-induced increase in Rac1 transcripts and activity, and decreased ROS levels.

**Conclusions** Thus, despite Dnmts activation, concomitant increase in Tets rapidly hydroxymethylates 5mC, allowing NF- $\kappa$ B to bind and activate Rac1. These results imply a critical role of an active DNA methylation in cytosolic ROS regulation in the development of breast cancer.

## PU-4647

# 痰真菌培养联合 G 实验对确诊下呼吸道念珠菌感染的价值

白光锐

齐齐哈尔市第一医院, 161000

**目的** 回顾分析, 根据现有资料研究探讨痰真菌培养联合 G 实验对确诊下呼吸道念珠菌感染的价值。

**方法** 选取 2015 年 11 月—2017 年 12 月在齐齐哈尔第一医院经临床确诊 (包括临床疑诊, 抗念珠菌治疗有效) 下呼吸道念珠菌感染的患者 43 例 (研究组), 另外 50 例下呼吸道非念珠菌感染的患者 (对照组)。



**结果** 痰真菌培养单独检测时灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为：90.8%、71.1%、83.6%、80.8%；G 实验单独检测时灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为：75.2%、61.3%、76.1%、73.3%；痰真菌培养联合 G 实验检测时灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为：96.5%、92.4%、93.7%、96.1%。

**结论** 痰真菌培养和 G 实验联合检测可辅助临床医生快速并有效诊断下呼吸道念珠菌感染

## PU-4648

### 结核分枝杆菌的耐药性机制和分子基础的研究进展

刘丽,金惠鑫

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 由于多药耐药（MDR-MTB）和广泛耐药（XDR-MTB）结核分枝杆菌（MTB）分离株的出现，标准治疗方案的失败率很高，因此成为全世界的主要公共卫生挑战。

**方法** 对抗结核（抗结核）药物的耐药性主要归因于靶基因的特异性突变；然而，一部分耐药性 MTB 分离株在这些基因中没有突变，这表明其他机制的参与，例如分枝杆菌细胞壁的低渗透性，酶促修饰和/或外排泵。

**结果** 对抗结核药物的临床耐药性主要是由于患者对治疗的依从性差，选择不当的随访和处方，药物次优剂量以及获得卫生服务和治疗的机会不足所致的抗性突变体的选择。分子生物学工具的主要进展和 MTB 完整基因组序列的可用性有助于提高对主要抗结核药物耐药机制的理解。

**结论** 更好地了解 MTB 的耐药性将有助于确定新的治疗靶点以设计新药物，开发新的诊断测试和/或改进目前可用于快速检测耐药性 TB 的方法。本文介绍了 MTB 耐药机制和分子基础的最新综述。

## PU-4649

### 2013~2017 年 CRPA 感染情况调查及耐药性变迁

高世华

福建省南平市第一医院

**目的** 了解耐碳青霉烯铜绿假单胞菌（CRPA）医院感染特点和其耐药性变迁规律，为临床合理使用抗菌药物提供参考。

**方法** 回顾性分析 2013~2017 年某三甲综合性医院 CRPA 感染患者的临床资料、细菌检验结果。

**结果** 共检出铜绿假单胞菌（PAE）2204 株，构成比 10.31%；CRPA 155 株，CRPA/PAE 占比 7.03%，CRPA 占比 5 年分别为：10.67 %、17.70 %、6.70 %、4.85 %、4.96%；CRPA 感染患者中男性 66.5%；患者年龄段分布：>60 岁 57.4%、36~60 岁 35.5%、15~35 岁 5.2%、0~14 岁 1.9%；科室分布：ICU 28.4%、神经外科 27.7%、呼吸内科 16.8%；标本分布：痰 82.6%；创口 7.1%；TOB、GEN、CIP、LEV、FEP、CAZ、PIP、TZP 5 年中耐药性持续较高水平；AKN 耐药率 5 年分别为：37.5%、22.5%、8.6%、5.6%、3.6%；氨基甙类药物间的耐药率比较：AKN 13.55%、TOB 22.43%、GEN 26.62%（ $X^2=8.324$ ， $P=0.016$ ），三、四代头孢菌素间比较：CAZ 31.17%、FEP 30.32%（ $X^2=0.026$ ， $P=0.872$ ），喹诺酮类药物间比较：CIP 36.13%、LEV 42.48%（ $X^2=1.304$ ， $P=0.254$ ），PIC 与其酶抑制剂复合药间比较：PIC 39.07%、TZP 37.01%（ $X^2=0.137$ ， $P=0.711$ ）。

**结论** 近 5 年来 CRPA 的构成比有逐年下降趋势。加强老年患者等易感人群的管理；为降低 CRPA 感染风险，应加强对 ICU、神经外科、呼吸内科的医院感染监测；制定有效的下呼吸道、创口的预防感染方案。CRPA 对 8 种常用抗菌药物的耐药率维持较高水平，且近 5 年来耐药性变化不大；CAZ 和 FEP、CIP 和 LEV、PIC 和 TZP 之间的耐药性相差无显著性；AKN 是临床治疗 CRPA 感染的较好的选择。

## PU-4650

## 过敏性鼻炎患者鼻腔微生物的分析

苗平,刘倩,李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 过敏性鼻炎( allergic rhinitis, AR)是指特异性个体接触变应原后由 IgE 介导的释放炎性介质、有免疫活性细胞以及细胞因子、炎性介质等参与的鼻部变态反应性疾病。AR 发病机制复杂,影响因素众多,微生物和过敏原均能刺激鼻粘膜,导致 AR 的发生。本研究旨在探讨过敏性鼻炎患者鼻腔微生物群落的改变,进而为 AR 的诊断和治疗提供新思路。

**方法** 收集健康人及 AR 患者鼻腔拭子各 100 例,提取细菌基因组 DNA,通过对 16S 核糖体 RNAV3-V4 区测序的方法,获得基因信息,之后运用生物信息学、医学统计学分析了 AR 患者鼻腔微生物群落的系统发育组成,并与健康人进行比较。

**结果** 两类患者在门水平的相对丰度上存在显著差异。在所有微生物中,厚壁菌门占的比重最大(两组均超过 50%)。与健康对照组相比,在 AR 患者组,厚壁菌门的比例明显升高,拟杆菌门、放线菌门、变形菌门、梭杆菌门、软皮菌门的比例均一定程度的下降,并且差异都具有显著统计学意义。有意思的是,在 AR 组厚壁菌门与拟杆菌门存在显著的负相关。

**结论** 过敏性鼻炎患者与健康人鼻腔微生物的组成存在明显的差异,可进一步深入研究 AR 患者鼻腔微生物的改变与 AR 发病机制的关联性,进而为 AR 患者的临床诊断和治疗提供新的思路。

## PU-4651

## 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌耐药机制的研究进展

刘丽,丁玲

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 肠杆菌科细菌是最常见的医院感染致病菌,自碳青霉烯类药物问世以来,因其具有抗菌活性强、抗菌谱较广以及杀菌作用强等优点,一直作为其治疗的一线药物。

**方法** 但是由于产 ESBLs 肠杆菌科细菌的广泛传播,导致碳青霉烯类药物大量使用,以及抗菌药物的不合理使用使肠杆菌科细菌对于碳青霉烯类药物的敏感性逐年降低,出现耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(CRE)并且日益增多。

**结果** 肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素产生耐药的主要机制有:产碳青霉烯酶、膜孔蛋白缺失或改变合并产 AmpC 酶或高产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)以及外排泵[1]。

**结论** 中 CRE 最主要的耐药机制是产碳青霉烯酶,产酶基因型主要包括:A 类(SME、KPC、GES),B 类(NDM、IMP VIM)以及 D 类(OXA-48)。产酶基因多位于质粒,通过细菌间的传播导致医院感染的流行。对于 CRE 耐药机制的深入研究有助于实验室开发快速、准确、易于标准化且检测所有型别的碳青霉烯酶的方法,加强对产酶菌株的检测与监控,开发出高效的抗碳青霉烯酶药物,有效治疗和控制产酶菌株感染。

## PU-4652

## 血流感染葡萄球菌的菌种分布及耐药性分析

刘丽

黑龙江省齐齐哈尔市第一医院

**目的** 研究继发金黄色葡萄球菌血流感染的发病原因及血培养报阳的金黄色葡萄球菌耐药性分析；探究凝固酶阴性葡萄球菌在血培养中的价值，指导临床合理用药。

**方法** 收集齐齐哈尔第一医院 2017 年 7 月至 2018 年 4 月临床送检的血培养报阳的葡萄球菌，记录报警时间，接种并培养后通过革兰染色、触酶试验、vitek2 compact 进行菌株鉴定及药物敏感试验。

**结果** 共分离出血培养报阳葡萄球菌 156 株，其中金黄色葡萄球菌 20 株，占比 12.9%，路邓葡萄球菌 1 株，占比 0.6%，；凝固酶阴性葡萄球菌（CNS）135 株，占比 86.5%；包括：表皮葡萄球菌为 50 株；人葡萄球菌 34 株；溶血性葡萄球菌 26 株；头状葡萄球菌 12 株，分离率占比最高的三种葡萄球菌为：表皮葡萄球菌、人葡萄球菌、溶血性葡萄球菌。MRSA（7 株）和 MRCNS（105 株）的检出率分别为 33.3%、77.7%。MRSA 对利奈唑胺、万古霉素、替加环素、庆大霉素、利福平、奎奴普丁敏感；对青霉素 G、红霉素、克林霉素耐药，对四环素和磺胺甲噁唑耐药率<30%；MRCNS 对青霉素、红霉素、克林霉素耐药率都在 70%以上，对利奈唑胺、万古霉素、替加环素、奎奴普丁高度敏感。

**结论** 葡萄球菌导致的血流感染分布范围比较广泛，但主要以金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌、头状葡萄球菌、人葡萄球菌及溶血性葡萄球菌为主。并且，金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌都对利奈唑胺、奎奴普丁、替加环素及万古霉素具有高度敏感性，由此可以看出氨基糖苷类抗菌药物仍然是治疗葡萄球菌引起血流感染的第一选择。

## PU-4653

## 心肌酶谱对肝炎后肝硬化的临床价值分析

李丽,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探讨心肌酶谱对肝炎后肝硬化的临床价值。

**方法** 选取 2013 年 6 月到 2019 年 01 月经本院收治的肝炎后肝硬化患者 60 例作为研究病例组，同时选择 60 例健康体检者作为对照组，分别对病例组和对照组血清中肌酸激酶（CK）、肌酸激酶同工酶（CK-MB）、心电图测定。

**结果** 两组间心电图异常比较差异具有统计学意义（ $p < 0.05$ ）；其中 CK 和 CK-MB 在肝炎后肝硬化患者中表达升高，差异具有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。

**结论** 肝炎后肝硬化患者血清中 CK 和 CK-MB 均升高，患者发生心功能不全的潜在风险增加。

## PU-4654

## 网膜素对动脉粥样硬化及相关疾病影响的研究进展

刘月娥

哈尔滨医科大学第一附属医院检验科

**目的** 网膜素主要是由内脏脂肪组织分泌的一种细胞因子，它具有参与代谢，调控炎症，增强胰岛素敏感性等的生物学活性。

**方法** 网膜素通过 eNOS、AMPK、Akt 等多种信号通路影响血管内皮细胞,巨噬细胞及血管平滑肌细胞的分泌、增殖、转化活动、血脂和血糖的代谢及血管钙化过程,从而参与动脉粥样硬化的形成、冠心病和脑梗死的发生和发展。

**结果** 已有研究表明体内网膜素水平的增加在动脉粥样硬化

**结论** 冠心病及脑梗死的进展中起到保护作用

## PU-4655

### 新生儿血清钙及碱性磷酸酶的相关性研究

吉喆,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 新生儿血清钙(Ca)及碱性磷酸酶(ALP)检测之间存在相互关系。血清钙是体内含量最多的矿物质,对维持正常代谢及生理功能有重要作用,其中 99%以上存在于骨骼及牙齿,对于新生儿而言,其血钙水平与母体宫内的钙储备和自身的钙调节有关。而正常血清中的碱性磷酸酶也主要来自于骨骼,儿童在生理性的骨骼发育期,碱性磷酸酶活力可比正常人高 1~2 倍,故而想研究两者之间的关系。

**方法** 对 133 例就诊儿童抽血,并测量身高体重等基本信息,向家长咨询饮食、生活习惯均无异常。应用贝克曼 Au5811 生化分析仪检验血清钙(Ca)及碱性磷酸酶(ALP),用 SPSS13.0 统计软件进行处理分析。采用  $\chi^2$  检验进行率的比较,  $P < 0.05$  具有统计学意义。

**结果** 大部分儿童检测结果正常,28.67%的儿童缺钙,36.89%的碱性磷酸酶偏高。血钙不正常 15 例,占 14.56%,其中身高未达标者 5 例,占 4.68%;血钙在正常范围内 78 例,占 85.44%,其中身高未达标者 15 例,占 25.15%。

**结论** 血钙检查并不完全说明不缺钙,还应做进一步检查;碱性磷酸酶的升高早于钙缺乏,可以作为儿童出现缺钙情况的预警。

## PU-4656

### 结核病相关泡沫巨噬细胞产生机制

刘军

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 巨噬细胞是结核分枝杆菌(MTB)在体内的主要宿主细胞,在结核病发病过程及机体抗结核免疫过程中扮演重要的角色。巨噬细胞吞噬 MTB 后,其对细胞外脂质的摄取、胞内的脂质的代谢以及胞内脂质的外排等都会发生改变,导致脂质在巨噬细胞内大量堆积,形成泡沫巨噬细胞(FM)。泡沫巨噬细胞不仅不能有效地杀伤和清除胞内的 MTB,还会抑制抗 MTB 特异性免疫应答的产生,其胞内蓄积的大量脂质还可为 MTB 的长期生存提供充足的营养。近来的研究发现,结核分枝杆菌、宿主免疫细胞和环境因素共同参与了 FM 的形成,一系列与巨噬细胞脂质摄取、代谢和外排相关的分子也陆续被发现参与了结核病相关 FM 的形成调控。本文总结了结核病相关泡沫巨噬细胞的功能特点,以及形成的分子机制。

**方法** 巨噬细胞泡沫化;长期存活;脂质

**结果** 巨噬细胞泡沫化;长期存活;脂质

**结论** 巨噬细胞泡沫化;长期存活;脂质

## PU-4657

## Invasion by *Trichinella spiralis* Infective Larvae affects the levels of inflammatory cytokines in intestinal epithelial cells in vitro

Huijun Ren, Xiaohan Ma, Ruoyu Peng, Liang Ming

Department of Clinical Laboratory, the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** to investigate the relationship between the host and *T. spiralis* and the immune escape mechanisms of the niche established by *T. spiralis*.

**Methods** The mRNA levels of interleukin-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ), IL-8, epithelial neutrophil-activating peptide 78 (ENA-78), inducible nitric oxide synthase (iNOS) and monocyte chemotactic protein 2 (MCP-2) were tested via real-time PCR ; IL-1 $\beta$  and IL-8 from the IEC monolayers invaded by *T. spiralis* were detected by ELISA.

**Results** Real-time PCR showed that the mRNA levels of interleukin-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ), IL-8, epithelial neutrophil-activating peptide 78 (ENA-78), inducible nitric oxide synthase (iNOS), and monocyte chemotactic protein 2 (MCP-2) were elevated in the IECs after 7 h of infection after invasion by the IIL, and their levels were enhanced with the increase of larvae number. No changes in tumor necrosis factor- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ ) mRNA were observed after the IIL invasion.

**Conclusions** Secretion increases of proinflammatory cytokines and inflammatory mediators in normal IECs can launch the acute inflammatory in response to the IIL invasion.

## PU-4658

## Retrospective analysis of the clinical features of 172 patients with BCR-ABL1-negative chronic myeloproliferative neoplasms

xiaolan lin, Huifang Huang

Fujian Institute of Hematology, Fujian Provincial Key Laboratory of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital, Fujian, China

**Objective** To explore the clinical features of the patients with BCR-ABL1-negative chronic myeloproliferative neoplasms (MPNs) in our hospital.

**Methods** Retrospective analysis of routine karyotype analysis results, driver gene mutations and other related clinical parameters of 172 patients with newly diagnosed BCR-ABL1-negative MPNs who were admitted to our hospital between October 2013 and June 2018.

**Results** (1) The rate of karyotypic abnormalities were 25%, 6.3% and 2.9% in primary myelofibrosis (PMF), polycythemia vera (PV) and essential thrombocythemia (ET) patients, respectively. (2) The mutation rate of JAK2-V617F was 62.5%, and that of the CALR, MPL and EZH2 genes was 4.2% in PMF. The mutation rates of JAK2-V617F and JAK2-12exon were 91.3% and 1.3% in PV, respectively. The mutation rates of JAK2-V617F and CALR were 69.1% and 11.8% in ET, respectively. (3) Patients with JAK2-V617F than with the wild-type gene were more often female in PMF ( $P = 0.027$ ); had higher peripheral blood white blood cell (WBC) counts ( $P = 0.006$ ), platelet (PLT) count ( $P = 0.001$ ) and splenomegaly ( $P < 0.05$ ) in PV; and had higher WBC ( $P = 0.001$ ), hemoglobin concentrations ( $P = 0.001$ ), lower PLT ( $P = 0.037$ ), splenomegaly and endogenous coagulopathy ( $P < 0.05$ ) in ET. (4) Among the PV and ET patients, those with thrombus were older than those in the nonthrombotic group.

**Conclusions** (1) PMF patients have more chromosomal abnormalities than PV and ET patients. (2) The effect of driver mutations on the clinical features of patients with MPNs differs among the three subtypes. (3) Advanced age is a risk factor for thrombosis in patients with MPNs.

PU-4659

## 血清乙肝病毒颗粒的存在形式及其实验诊断价值

郭健慧

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 乙型肝炎病毒 (Hepatitis B virus, HBV) 在宿主体内以病毒颗粒的形式存在, 血清中的病毒复制产物是实验室诊断和监测慢性乙型肝炎 (Chronic Hepatitis B, CHB) 的基础。

**方法** 寻找血液中能够有效反映肝内病毒转录活性的生物学标志物。对 HBV 颗粒性产物在 CHB 患者血清中的存在形式及其对 CHB 抗病毒药物的疗效监测和停药时机判断的意义, 特别是新标志物如 HBV RNA、HBV 核心相关抗原 (HBcrAg) 和空病毒颗粒等的发现及应用进行研究。

**结果** 在 HBV 感染早期或未进行药物干预的 CHB 患者中, 血清 HBsAg、HBcrAg 和 HBV RNA 与肝内 cccDNA 水平的相关性较好。血清 HBV RNA 可用于监测药物疗效和判断停药时机。空病毒和 HBcrAg 概念的提出促进了 CHB 实验室诊断方法的发展。虽然 p22cr 的存在仍然受到争议, 却使传统标志物 HBcAg 在抗病毒疗效监测中的作用突显。

**结论** 联合多项指标进行动态监测, 对推进慢乙肝的诊疗发展具有重大意义。

PU-4660

## Circulating tumour cell RNA characterisation from colorectal cancer patient blood after inertial microfluidic enrichment.

Zhen Cai

NanFang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Detection and molecular analysis of circulating tumour cells (CTCs) provide important prognostic, disease progression and treatment insights for cancer patients. Following on from the published protocol by Warkiani et al. which describes a method of enriching CTCs from cancer patient blood with inertial microfluidics.

**Methods** We here describe an optimized method to measure expression of CTC RNAs in the enriched fraction using droplet digital PCR with and without pre-amplification.

**Results** Inertial microfluidics combined with droplet digital PCR is advantageous as it allows for enrichment of CTCs from blood. Following isolation, this allows for analysis with increased sensitivity and precision (compared to qRT-PCR) and enables for the direct quantification of nucleic acids

**Conclusions** This method demonstrates an efficient approach providing important insights into colorectal cancer patients CTCs, which could easily be expanded for larger marker sets.

PU-4661

## 78 例肺泡灌洗液细胞学检查结果分析

谭家成

苏北人民医院/扬州大学医学院附属医院/扬州市红十字中心医院,225000

**目的** 探讨肺泡灌洗液细胞学检查的临床应用价值。

**方法** 78 例肺泡灌洗液检查标本均取自本院门诊及住院患者，分为肺部感染组、肺结节肺占位组、其它肺部疾病组。按操作规范常规麻醉后行支气管镜检查，注入灭菌生理盐水后回收灌洗液。将肺泡灌洗液以 1500 转/分离心 5 分钟，取沉淀物制片 4 张，自然干燥，瑞姬氏染色后镜检。

**结果** 肺部感染组 30 例，细胞学检查结果以大量中性粒细胞(大于 50%)为特征的 25 例，检出线虫幼虫 1 例；肺结节肺占位组 25 例，经组织病理确诊为肺恶性肿瘤 12 例，其中细胞学检查找见恶性肿瘤细胞 8 例，核异质细胞 3 例，灵敏度 66.7%，特异度 100%；其它肺部疾病组 23 例，细胞学检查结果以单核巨噬细胞及柱状上皮细胞为主。

**结论** 肺泡灌洗液细胞学检查对肺部感染、肺良恶性肿瘤的诊疗有重要价值。

## PU-4662

### 慢性乙型肝炎患者血清学指标与肝组织 HBV tDNA 水平相关性分析

高玉华,明亮

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探索可预测慢性乙型肝炎患者抗病毒治疗前肝组织 HBV tDNA 水平的血清学指标。

**方法** 收集 20 例慢性乙型肝炎患者血清和肝组织样本，定量检测患者血清指标（HBV DNA、HBsAg、HBeAg 和 ALT 等）和肝组织 HBV tDNA，分析血清学指标与肝组织 HBV tDNA 相关性。

**结果** 20 例免疫清除期患者血清 HBV DNA 均值为 6.52 log IU/ml，血清 HBsAg 和 HBeAg 分别为 3.54 log IU/ml 和 3.19 log S/CO。相关性分析表明，血清 HBsAg 和 HBV DNA 均与肝组织 HBV tDNA 有较强的相关性， $r$  值分别为 0.34 和 0.55 ( $P$  均 $<0.05$ )，而血清 HBeAg 和 ALT 与肝组织 HBV tDNA 无相关性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 血清 HBV DNA 与肝组织 HBV tDNA 有较强的相关性，可预测肝组织 HBV tDNA 水平。

## PU-4663

### 泉州地区 8 种呼吸道病原体检测结果分析

吴卉卉<sup>1</sup>,黄俊<sup>2</sup>

1.泉州市第一医院,362000

2.莆田医学院

**目的** 分析泉州地区呼吸道感染患者非典型病原体的流行趋势及现状，为临床诊断治疗提供参考依据。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2018 年 12 月泉州地区泉州市第一医院 10544 例呼吸道感染患者血清采用间接免疫荧光法 (IFA) 检测 8 种非典型呼吸道病原体中的 IgM 抗体，包括腺病毒 (ADV)、肺炎支原体 (MP)、肺炎衣原体 (CP)、呼吸道合胞病毒 (RSV)、甲型流感病毒 (INFA)、乙型流感病毒 (INFB)、副流感病毒 (PIV) 及嗜肺军团菌 (LP)，并对检测结果进行统计分析。

**结果** 在 10544 例患者标本中检测出 IgM 抗体阳性 3674 例，总阳性率为 34.84%，其中阳性率最高的为 INFB 17.10%，其次为 INFA 7.55%、MP3.03%、PIV2.33%、LP1.98%、ADV1.17%、CP0.98%、RSV0.70%。女性患者 8 种非典型呼吸道病原体抗体阳性率均高于男性患者，其差异有统计学意义 ( $X^2=103.188$ ,  $P<0.001$ )。春冬季节呼吸道病原体 IgM 抗体阳性率高于夏秋季 ( $X^2=48.282$ ,  $P<0.001$ )。不同年龄组间的病原体阳性检出率不同，0~18 岁组呼吸道病原体感染阳性率最高为 27.11% ( $X^2=21.747$ ,  $P<0.001$ )。3674 例阳性患者标本中，检出单一感染 3072 例，占阳性例数的 83.61%，混合感染 602 例，以 INFA+INFB 为主，占阳性例数的 16.39%。

**结论** 泉州地区非典型呼吸道病原体感染阳性率有性别、季节、年龄差异性。患者检出的主要病原体为乙型流感病毒、甲型流感病毒和肺炎支原体，以单一感染为主，合并感染以 INFA+INFB 为主，主要在秋冬季节感染。采用间接免疫荧光法可以快速检测出 8 种非典型呼吸道病原体的 IgM 抗体，使患者可以尽早的治疗；另外，根据泉州地区呼吸道的感染情况和流行病学特征，对病原体进行预防和控制。

## PU-4664

### Prohibitin 抑制乳腺癌细胞系 MCF-7 的生长

周晓艳

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 从体外细胞水平初步研究抗增殖蛋白 prohibitin 高表达在乳腺癌细胞中的生物学功能，探索其在乳腺癌中的机制。

**方法** 基因重组法构建 pEGFP-PHB 重组质粒，脂质体瞬时转染乳腺癌细胞系 MCF-7，Real Time-PCR 和 Western Blotting 验证其高表达后，检测细胞生物学功能，包括：MTT（噻唑蓝）法检测细胞生长曲线、流式细胞仪检测细胞生长周期与凋亡、肿瘤相关基因 P53、Bcl-2、erbB-2 及 E2F-1 的检测和 Transwell 小室侵袭实验检测侵袭能力。两样本均数比较采用 t 检验，多样本均数采用方差分析。

**结果** pEGFP-PHB 构建成功后，脂质体法成功转染乳腺癌细胞 MCF-7，脂质体与质粒 DNA 的最佳比例为 3:1，RT-PCR 和 Western Blot 均验证其高表达；MTT 显示 phb 高表达组在转染 24h、48h、72h 对细胞生长的抑制率分别为 20.98%、14.93% 和 62.94%，差异有统计学意义；流式细胞仪检测细胞分裂间期，phb 高表达组 G1 期无差异，S 期降低，G2 期增加；凋亡检测中，高表达组细胞总凋亡率为  $33.67 \pm 8.68\%$ ，阴性对照组的凋亡率  $12.13 \pm 3.76\%$ ，空白对照组凋亡率为  $6.99 \pm 2.33\%$ ，高表达组细胞凋亡率高于对照组，差异有统计学意义（ $F=18.992$ ,  $P=0.003$ ）；phb 高表达时，肿瘤相关蛋白中，p53 和 erbB-2 高于对照组（ $t=4.590$ ,  $P=0.044$ ； $t=9.489$ ,  $P=0.011$ ），高表达组 Bcl-2 表达降低，差异有统计学意义（ $t=7.143$ ,  $P=0.019$ ），E2F-1 蛋白各组间无差异（ $t=2.175$ ,  $P=0.162$ ）；phb 高表达组细胞侵袭能力低于对照组，差异有统计学意义（ $t=3.221$ ,  $P=0.01$ ； $t=4.057$ ,  $P=0.003$ ）。

**结论** phb 高表达抑制细胞分裂间期 S 期 DNA 的合成，细胞凋亡率增加，表现出抑制细胞增殖，同时，肿瘤相关蛋白 P53 和 erbB-2 增高，Bcl-2 表达降低，E2F-1 不变，降低细胞侵袭能力。

## PU-4665

### 血清 CA125 和 HE4 联合在卵巢癌诊断中的应用价值

李佳玉,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 研究血清附睾分泌蛋白 4(epididymal protein 4,HE4)和糖类抗原 125(carbohydrate antigen 125,CA125)在卵巢癌患者诊断中的价值。

**方法** 选取 2019 年 3 月至 2019 年 10 月在中国人民解放军北部战区总医院确诊为卵巢癌的患者 100 例（患病组），卵巢良性肿瘤 100 例（良性组），健康体检女性 30 例（对照组），使用迈瑞 i2000 化学发光仪检测血清中 HE4、CA125 水平并对数据进行统计学分析。

**结果** 患病组 CA125 为  $651.4 \pm 346.6$  U/mL, HE4 为  $530.7 \pm 208.4$  pmol/L，良性组 CA125 为  $204.6 \pm 147.8$  U/mL, HE4 为  $189.3 \pm 116.4$  pmol/L，对照组 CA125 为  $(30.8 \pm 11.4)$  U/mL, HE4 为  $(68.8 \pm 24.6)$  pmol/L。CA125 和 HE4 值在三组均呈趋势降低，且三组间两两比较均具有统计学差异（ $P<0.05$ ）。血清 HE4、CA125 诊断卵巢癌的特异度，敏感度都较高。据 ROC 曲线分析，选取最适



cut-off 值,HE4 最适 cut-off 值为 80 pM,CAI25 最适 cut-off 值为 45 U/mL。卵巢癌患者血清中的 HE4、CAI25 联合检出率、灵敏度和特异度显著高于各指标的单独检出率,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。绝经前的卵巢癌患者 HE4 和 CAI25 比较敏感性、特异性、阴性预测值、阳性预测值均无明显差异,绝经后的卵巢癌患者 CAI25 敏感性、阴性预测值高于 HE4。

**结论** 卵巢癌患者血清中 HE4、CAI25 和 CEA 含量呈过度表达状态。HE4、CAI25 联合 CEA 检测可以提高卵巢癌诊断的特异度,对卵巢癌的临床诊断价值较高。

## PU-4666

### 老年患者感染嗜麦芽寡养单胞菌整合基因的调查 及耐药性分析

陈键  
湖南省人民医院马王堆院区

**目的** 探讨老年患者感染的嗜麦芽寡养单胞菌整合基因的分布及耐药率,为医院感染控制提供实验室依据。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2018 年 6 月从湖南省人民医院感染患者分离嗜麦芽寡养单胞菌 334 株,用 I、II、III 类整合子、I 类整合子可变区、*dfra1*、*qacE $\Delta$ 1-sul1* 和 *sul1* 的引物对菌株 DNA 进行聚合酶链反应(Polymerase Chain Reaction, PCR)扩增,对 I 类整合子可变区扩增阳性产物进行测序分析。

**结果** 从 SMA 感染患者标本中分离出 334 株 SMA,对老年组与中青年组感染率比较,差异有统计学意义;老年组与中青年组六种抗生素耐药率进行比较,老年组的耐药率均明显高于中青年组,差异具有统计学意义( $P<0.05$ );老年组有 104 株检出 I 类整合子阳性率为 44.83%,两组均未检出 II 类整合子和 III 类整合子;老年组中对甲氧苄啶/磺胺甲恶唑、头孢他啶、左氧氟沙星、米诺环素、替卡西林/克拉维酸耐药菌株中整合子检出率明显高于其敏感菌株,差异有统计学意义;老年组有 13 株扩增出 I 类整合子可变区,其中携带 *aacA4-catB-aadA1* 基因盒有 5 株,携带 *ant(3'')* 有 6 株,携带 *aac(6)-Ib* 有 2 株。

**结论** 老年患者感染嗜麦芽寡养单胞菌的 I 类整合基因能把多种耐药基因整合并在细菌间播散,是形成多重耐药菌的关键因素。

## PU-4667

### 血清 CEA、CAI99、CAI25、CA50 单独及联合检测诊断 胆囊癌的价值

李萌,万楠  
中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探讨血清 CEA、CAI99、CAI25、CA50 水平单项检测与联合检测在胆囊癌诊断中的应用价值。

**方法** 以 30 例胆囊癌患者为胆囊癌组,30 例胆囊良性疾病患者为对照组。比较两组患者血清 CEA、CAI99、CAI25、CA50。分别以  $CEA>10\text{ng/mL}$ 、 $CAI99>37\text{U/mL}$ 、 $CAI25>35\text{U/mL}$ 、 $CA50>20\text{U/mL}$  为阳性结果,计算两组上述指标单独及联合检测阳性结果出现率(阳性率)。

**结果** 胆囊癌组血清 CEA、CAI99、CAI25、CA50 水平明显高于对照组,  $P$  均  $<0.05$ 。胆囊癌组单项指标检测阳性率:CEA 为 25%,CAI99 为 81.25%,CAI25 为 46.25%,CA50 为 76.25%;联合检测两两组合中阳性率最高者为 CAI99+CA50(93.75%),三项联合阳性率最高者为 CAI99+CAI25+CA50(96.25%),四项联合检测的阳性率为 96.25%,为所有组合中最高。

**结论** 血清 CEA、CA199、CA125、CA50 水平单项检测诊断胆囊癌检出率不高,联合检测有助于提高胆囊癌检出率。

## PU-4668

### 老年人糖化血红蛋白水平与其尿酸水平的相关性研究

蒋叶,杨璐,颜群

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究老年健康体检人群的糖化血红蛋白水平是否受其尿酸水平影响。

**方法** 收集 2016 年 12 月至 2017 年 12 月在江苏省人民医院进行健康体检的 2812 名 55 岁以上老年人(男性 1536 例,女性 1276 名)的样本,对其糖化血红蛋白(HbA1c)、血清尿酸(UA)进行检测,分析不同性别、不同 HbA1c 浓度组体检者的 HbA1c 和 UA 水平,以及两者的相关性。两组间比较采用 Independent-Samples T Test,多组间比较采用单因素方差分析,不同指标的相关性分析采用 Pearson 相关分析及线性回归。

**结果** 在 HbA1c 水平分别为<5.7%、5.7%-6.4%及>6.4%的三组人群中,老年男性的 UA 平均水平和高尿酸率无显著性差异,UA 水平与 HbA1c 水平无显著相关性;而老年女性的 UA 平均水平和高尿酸率随 HbA1c 水平升高而递增,差异具有显著性( $P<0.01$ ),且在 HbA1c 水平为 5.7%-6.4%和>6.4%的两组中,UA 与 HbA1c 的水平变化具有显著相关性( $P<0.01$ )。

**结论** 老年女性的 UA 水平对其 HbA1c 水平是一个独立显著的影响因素。

## PU-4669

### 医院内部多台血气分析仪一致性评价

王红彦,刘辰庚

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 对 7 台 ABL800 血气分析仪进行系统比对,探索有效验证多台血气分析仪检测结果一致性的、较具可操作性的方法。

**方法** 使用大兔动脉血为标本进行仪器间比对,使用 MedCalc 软件进行 Passing-Bablok 回归分析,绘制 Bland-Altman 图,评价 PH、 $PO_2$  及  $PCO_2$  在不同血气分析仪之间结果的差异。

**结果** 以 1/2TEa 为判断标准,除 PH 在 A 和 B、C 仪器间差异(10%)、 $PCO_2$  在 F 仪器间差异(20%)可接受外,其他差异临床均无法接受;Passing-Bablok 回归分析结果显示除 B 仪器的  $PO_2$  和  $PCO_2$  与均值相关系数为 0.885 和 0.897,其余组别相关系数均大于 0.90。说明每台仪器检测项目与均值之间均存在相关性,且相关性良好。

**结论** 应采取多种不同方法从不同角度进行联合评价,避免单一方法评价的局限性的影响,使用评估活动更加客观和更具有可操作性和临床实用价值。

## PU-4670

### 血清补体 C1q 水平与冠心病的相关性研究

吴姗姗,万楠

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 探究冠心病患者血清 C1q 水平变化与临床意义。

**方法** 选取 2018 年 11 月至 2019 年 4 月因冠心病入院的患者 100 例，对其入院时检测的 C1q 水平进行回顾性研究，选取同期在我院进行健康查体的健康者 50 例作为对照组。将冠心病患者分为急性心肌梗死组，稳定心绞痛组以及不稳定心绞痛组，观察各组研究对象的 C1q 水平。

**结果** 冠心病患者患者的血清补体 C1q 水平明显高于对照组（ $P < 0.05$ ），同时不同分组中的 C1q 水平有显著的差异，其中急性心肌梗死组的 C1q 水平明显高于不稳定心绞痛组和稳定心绞痛组。

**结论** 血清补体 C1q 的水平在心肌梗死患者中明显升高，可以为心肌梗死的早期发现早期诊断提供新的临床标志物。

## PU-4671

### 巨幼红细胞性贫血患者血清 HCY 检测的临床意义

张志艳,李亚琴  
甘肃省肿瘤医院,730000

**目的** 检测巨幼红细胞性贫血患者血清 HCY 水平变化，用以证明维生素 B12、叶酸缺乏性疾病时血清 HCY 水平升高，单纯 HCY 升高是否为冠状动脉硬化的指标。

**方法** 用酶免疫分析法检测血清 HCY，放射免疫分析法检测维生素 B12、叶酸，酶比色法检测 CK-MB、TG、LDL。

**结果** 巨幼红细胞性贫血患者血清 HCY 水平（ $25.03 \pm 7.00 \mu\text{mol/L}$ ）比对照组（ $12.70 \pm 3.00 \mu\text{mol/L}$ ）和其他贫血组（ $12.00 \pm 2.50 \mu\text{mol/L}$ ）明显升高（ $P < 0.01$ ）。

**结论** 巨幼红细胞性贫血患者血清 HCY 水平明显升高，但是单纯 HCY 水平升高的 15 例患者未发现冠状动脉硬化，若同时伴有 TG、LDL 升高的患者 4 例中 3 例出现了心肌损伤，高 HCY 引发的冠状动脉硬化是多因素所致，高 TG、LDL 参与其中。

## PU-4672

### Prohibitin 的生物学功能及其在乳腺癌的研究进展

周晓艳  
西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 抗增殖蛋白 prohibitin，也叫作阻抑素，是一种与多种疾病和肿瘤的发生发展密切相关的基因，其参与疾病与肿瘤的增殖、转录、分化、凋亡及能量代谢等过程。本综述着重阐述了 prohibitin 蛋白的结构和功能，以及在乳腺癌中的研究进展和机制归纳，为目前的研究现状做一归纳，也为后期学者提供全面的信息。

**方法** 本综述结合本课题前期研究结果和目前的研究进展，通过查阅大量的文献，保持探索评价的态度，综合分析。

**结果** 因在细胞内的广泛分布和定位，决定了与肿瘤的复杂的关系。prohibitin 在肿瘤中表达较多但不一致，在正常组织中也表达。对于该基因的生物学功能中，增殖抑制作用存在分歧，且在凋亡中作用机制尚有争议，对于细胞周期的分子机制不清楚，在各种疾病中的作用亦不同。

**结论** Prohibitin 功能复杂，在乳腺癌中的机制尚未清楚，在未来的研究中需要进一步加强动物实验，结合临床对照试验，方能运用于临床疾病的诊疗中。

## PU-4673

## 住院人群中血栓弹力图参数与常规凝血检测指标的相关性研究

郭泽淇

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 本研究旨在探讨住院人群中血栓弹力图(thrombelastography, TEG)参数与常规凝血检测(conventional coagulation test, CCT)指标间的相关性,并进一步探讨抗血小板和/或抗凝血药的使用对其相关性的影响。

**方法** 本研究纳入了2017年10月至2019年1月连续入住我院且行TEG普通杯检查的所有住院患者。收集患者的TEG参数和CTT指标等数据,TEG参数包括:R值、K值、Angle角、MA和LY30;CCT指标包括:PLT、PT、INR、APTT、TT、FIB、D-dimer、FDP、ATIII、PC和PS。采用Pearson或Spearman相关分析进行相关性分析,并根据使用抗血小板和/或抗凝血药进行亚组分析。相关性分析系数 $|r| > 0.5$ 视为指标间具有强相关性。

**结果** 共纳入288例住院患者,使用(亚组1)和未使用(亚组2)抗血小板和/或抗凝血药治疗的患者分别为225例和63例。不论有无使用抗血小板和/或抗凝血药,K与Angle、MA、FIB和PLT均存在强的负相关,MA与Angle、FIB和PLT均存在强的正相关。此外,在亚组2中Angle与FIB和PLT均表现为强的正相关,而在亚组1中则均表现为弱的正相关。

**结论** TEG参数与CCT指标间存在相关性,抗血小板和/或抗凝血药的使用会对一些指标间的相关性产生异质性。

## PU-4674

## 血清降钙素原检测对血培养预测价值研究

刘梦婕,陈键

湖南省人民医院马王堆院区

**目的** 探讨血清降钙素原(PCT)对血培养结果的预测价值

**方法** 采用回顾性分析研究,以2016年1月~2016年12月我院收治的疑似菌血症的304例患者为研究对象,根据血培养结果分为阳性组和阴性组,比较两组间PCT水平的差异。绘制受试者工作特征曲线(ROC)并计算曲线下面积分析PCT诊断菌血症的价值

**结果** PCT检测血培养阳性的敏感性和特异性分别为61.3%(73/119)和73.0%(135/185)。血培养阳性组PCT明显高于血培养阴性组,差异有统计学意义( $P < 0.001$ );血培养检出革兰阴性菌组PCT明显高于检出革兰阳性菌组,差异有统计学意义( $P < 0.001$ )。PCT检测血培养阳性的ROC曲线下面积为0.700,最佳诊断临界值为0.87 ng/ml,灵敏度为0.538,特异度为0.843。

**结论** PCT预测血培养阳性有很好的实用价值,临床上检测血清PCT可比血培养更快了解患者是否存在菌血症并预测病原菌种类,提示临床初步抗生素的使用方向,值得应用和推广。

## PU-4675

## Non-Invasive Prenatal Testing was used to Detecting Fetus Sex Chromosome Aneuploidy in 6,002 singleton pregnancy women

Li Ma<sup>1</sup>, Ri-ming Liu<sup>1</sup>, Li-na Chu<sup>1</sup>, Zheng-fang Zhang<sup>1</sup>, Yan-hong Zhang<sup>1</sup>, Gui-li Zhang<sup>1</sup>, Qing-qing He<sup>1,2</sup>, Wei-yi Cai<sup>1,2</sup>, Hai-liang Liu<sup>1,2</sup>, Hui Wang<sup>1,2</sup>, Xiu-hua Meng<sup>1,2</sup>, Cheng-ming Sun<sup>1</sup>

1. Yantai Yuhuangding Hospital  
2. CapitalBio Genomics Co., Ltd.

**Objective** To evaluate the performance of non-invasive prenatal testing (NIPT) in detecting fetus sex chromosome aneuploidy (SCA).

**Methods** This was a retrospective study in a large patient cohort of 6,002 singleton pregnancy women which underwent NIPT as a prenatal screening test for trisomies 21, 18 and 13, with X and Y chromosomes as secondary findings, in Yantai Yuhuangding Hospital.

**Results** In the present study, 26 cases were classified as SCA-positive by NIPT. In these cases, karyotyping confirmed 11 cases of the NIPT results (four XXX cases, two XXY cases, three XYY cases and two X cases), giving a positive predictive value of 52.38 % (11/21 cases confirmed by karyotyping), ten cases received the examination results and terminated pregnancy, one case decided to continue with pregnancy and there was no abnormality in the appearance of the newborn. In addition, false positive rate was 38.09% (8/21) and seven cases hadn't been confirmed by karyotyping.

**Conclusions** Based on our results, we showed that the feasibility of clinical application of NIPT on the non-invasive detection of fetal SCA. Along with other clinical testing methods, it would provide a simple, safe and convenient clinical way for patients to make decisions.

## PU-4676

## APOE 基因多态性及血清脂蛋白 a 水平与南方地区缺血性脑梗死发病相关性研究

杨传坤

东南大学附属中大医院, 210000

**目的** 本研究旨在通过病例对照研究探讨 APOE 基因多态性及血浆脂蛋白 a 与中国南方人群缺血性脑梗死的关系。

**方法** 收集 2017 年 2 月至 2018 年 2 月我院首发且新发缺血性脑梗死患者 157 例, 同期选取排除脑血管疾病、严重肝、肾疾病、甲状腺疾病、肿瘤疾病的健康人群 124 名做为对照组。同时收集年龄、性别、身高、体重、血压等基础资料以及抽烟、饮酒等行为史。使用贝克曼 AU-5800 检测受试者血清生化指标; 利用赛乐奇基因芯片法检测 APOE 基因表型, 根据不同的基因表型分为 3 组: E2 表型组 ( $\epsilon 2 / \epsilon 2$ ,  $\epsilon 2 / \epsilon 3$ )、E3 表型组 ( $\epsilon 3 / \epsilon 3$ ,  $\epsilon 2 / \epsilon 4$ )、E4 表型组 ( $\epsilon 3 / \epsilon 4$ ,  $\epsilon 4 / \epsilon 4$ ), 对结果进行非配对 Studentt 检验、卡方检验、logistic 多元回归分析等统计分析。

**结果** 157 例病例与 124 例对照的主要临床资料相比, 缺血性脑梗死患者年龄偏大 ( $64.3 \pm 9.5$  vs  $59.5 \pm 8.5$  岁,  $P < 0.05$ ); 男性居多 ( $54.3\%$  vs  $47.9\%$ ,  $P < 0.05$ ); 血压偏高 (收缩期血压:  $151 \pm 23$  vs  $128 \pm 17$  mmHg, 舒张期血压:  $89 \pm 13$  vs  $78 \pm 10$  mmHg,  $P < 0.05$ ); 吸烟和喝酒者明显增多。各生化指标中, 两组人群的血糖 ( $6.5 \pm 2.6$  vs  $5.9 \pm 1.7$ ,  $P > 0.05$ ); 甘油三脂 (中位数,  $1.53$  vs  $1.47$ ,  $P > 0.05$ ); 高密度脂蛋白胆固醇 ( $0.90 \pm 0.25$  vs  $1.16 \pm 0.3$ ,  $P < 0.05$ ); 总胆固醇 ( $4.64 \pm 1.02$  vs  $4.97 \pm 1.00$ ,  $P < 0.05$ ) 和低密度脂蛋白 ( $3.01 \pm 0.97$  vs  $3.11 \pm 0.94$ ,  $P > 0.05$ )。病例组 APOE 基因表型组各占比分别为 E2 型 16.13%, E3 型 64.52%, E4 型 19.35%; 对照组分别为 E2 型 17.34%, E3 型 66.25%, E4 型 16.41%, 两组间无统计学差异。logistic 多元回归分析显示: 缺血性脑梗死患者 LP(a) 水平明显高

于对照(中位数: 29.5vs.23.1, $P<0.01$ ), 血清 Lp(a)使缺血性脑梗死发病风险增加 0.98 倍( $OR=1.98,95\%CI:1.64-2.37$ ); 同时年龄、高血压、吸烟及高胆固醇均可增加患病风险。

**结论** 年龄、高血压、吸烟及高胆固醇是缺血性脑梗死发病常见的危险因素; APOE 基因多态性与我国南方地区缺血性脑梗死病的发病无明显关系; 血清 LP(a)水平升高可增加缺血性脑梗死病的发病风险。

## PU-4677

### 血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 水平在急性缺血性脑卒中患者中的临床应用研究

陆怡德,彭奕冰

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 过检测急性缺血性脑卒中(急性脑梗死, acute cerebral infarction, ACI)患者血清脂蛋白相关磷脂酶 A<sub>2</sub> (lipoprotein-associated phospholipase A<sub>2</sub>, Lp-PLA<sub>2</sub>) 活性水平, 探讨其与患者脑动脉粥样硬化(cerebral atherosclerosis, CAS)病变部位、严重程度和复发风险的关系, 辅助临床参与脑卒中患者病情的全程管理。过检测急性缺血性脑卒中(急性脑梗死, acute cerebral infarction, ACI)患者血清脂蛋白相关磷脂酶 A<sub>2</sub> (lipoprotein-associated phospholipase A<sub>2</sub>, Lp-PLA<sub>2</sub>) 活性水平, 探讨其与患者脑动脉粥样硬化(cerebral atherosclerosis, CAS)病变部位、严重程度和复发风险的关系, 辅助临床参与脑卒中患者病情的全程管理。

**方法** 选取 186 例上海交通大学医学院附属瑞金医院神经内科脑卒中患者和 80 名表面健康人群作为健康对照, 收集相关资料并检测血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 活性水平。同行颈动脉彩超检查、计算机断层扫描血管造影(computed tomography angiography, CTA)或增强磁共振血管成像(magnetic resonance angiography, MRA)。按影像学结果分别以血管病变部位、病变严重程度及斑块性质分组, 比较各组间的差异。

**结果** 易损斑块组 Lp-PLA<sub>2</sub> ( $550\pm115U/L$ ) 明显高于无斑块组和稳定斑块组 ( $481\pm130U/L$ 、 $489\pm102U/L$ ), 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 颅内动脉狭窄组和闭塞组 Lp-PLA<sub>2</sub> ( $542\pm110U/L$ 、 $563\pm115U/L$ ) 明显高于无狭窄组 ( $444\pm114U/L$ ), 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 颅内、颅外、并发颅内外 CAS 性狭窄组三组间 Lp-PLA<sub>2</sub> 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 在 ACI 患者中应用血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 活性诊断 CAS 的 ROC 曲线下面积(AUC)为 0.801, 最佳截断值为 489.5U/L。

**结论** 血清 Lp-PLA<sub>2</sub> 活性水平与脑动脉粥样硬化严重程度密切相关, 可作为急性缺血性脑卒中患者脑动脉粥样硬化病情严重程度的特异性标志物。

## PU-4678

### 不同试剂盒提取曲霉 DNA 的比较

贺莹,王艳芳

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 为了提高曲霉的鉴定效率, 本研究旨在探索一种较好的用于曲霉核酸的提取方法, 并用三种不同的市售真菌核酸提取试剂盒比较其提取效率。

**方法** 本研究所采用的实验菌株为临床分离株烟曲霉、黄曲霉、土曲霉。实验菌株接种于沙氏葡萄糖琼脂培养基上, 37℃培养 3~5d。分别收取实验菌株的纯培养菌落及定量至  $1\times10^5/ml$  的菌悬液待用。本研究分别采取国产植物核酸提取试剂盒(Minka Gene Plant DNA Kit[美格 Kit])、Ezup 柱式真菌基因组 DNA 抽提试剂盒(生工 Kit)与进口核酸提取试剂盒(QIAamp DNA 纯化 Mini

Kit[Qiagen Kit]) 进行对比。分别比对了相同试剂盒下, 定量孢子悬液和纯培养菌悬液的提取 DNA 浓度以及哪种试剂盒最适于真菌曲霉 DNA 的提取。其中, 核酸提取方法完全按照试剂盒操作说明书进行。继而以 Nannodrop 定量并进行核酸电泳判断提取核酸是否正确。

**结果** 核酸定量结果显示(如表 1), Qiagen Kit: 烟曲霉、黄曲霉以及土曲霉的定量孢子悬液均无法提取到相应 DNA (均 $\leq 1.0\text{ng}/\mu\text{l}$ ); 而在纯培养的菌落中能提取到低浓度的 DNA (烟曲霉  $10.3\text{ng}/\mu\text{l}$ 、黄曲霉  $0.6\text{ng}/\mu\text{l}$  及土曲霉  $1.3\text{ng}/\mu\text{l}$ ); 美格 Kit 中, 定量孢子悬液的 DNA 分别为: 烟曲霉  $19.2\text{ng}/\mu\text{l}$ 、黄曲霉  $9.8\text{ng}/\mu\text{l}$ 、土曲霉为  $7.8\text{ng}/\mu\text{l}$ ; 纯培养菌落中 DNA 含量分别为: 烟曲霉  $33.8\text{ng}/\mu\text{l}$ 、黄曲霉  $28.7\text{ng}/\mu\text{l}$  及土曲霉  $38.0\text{ng}/\mu\text{l}$ 。而在生工 Kit 中, 三种曲霉的定量孢子悬液 DNA 含量均 $\leq 1.0\text{ng}/\mu\text{l}$ ; 纯培养菌落 DNA 含量也只有  $1.2\text{ng}/\mu\text{l}$  左右。考虑生工 Kit 纯化效果不好, 因此纯培养菌落的 DNA 含量也很低。

**结论** QIAampKit 无法用于曲霉定量孢子悬液的核酸提取, 且只能用于纯培养菌落的核酸提取; 而国产 Minka Gene Plant DNA Kit 试剂盒两种样本类型均可, 且能提取到较高的 DNA 含量。而生工 kit 试剂盒不太适用于曲霉菌属的 DNA 提取, 提取效果较差。

## PU-4679

### 脂蛋白相关磷脂酶 A2 和低密度脂蛋白胆固醇联合检测 对缺血性脑血管疾病诊断价值

郑雨桐

中国人民解放军北部战区总医院, 110000

**目的** 探讨脂蛋白相关磷脂酶 A2 (LP-PLA2)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 与缺血性脑血管病之间的相关性。

**方法** 选取 2016 年至今收治我院的 100 例缺血性脑血管病患者作为观察组, 同期选取 100 例健康体检者作为对照组, 分别检测血清中 LP-PLA2、LDL-C 的水平, 并分析其相关性。

**结果** 与对照组相比, 观察组血清中 LP-PLA2 以及 LDL-C 水平明显升高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ ); LP-PLA2, LDL-C 呈正相关关系 ( $r = 0.301, P = 0.002$ )。

**结论** 缺血性脑血管病患者血清中 LP-PLA2 以及 LDL-C 水平较健康体检者明显升高, 且两者呈正相关关系, 因此二者的联合检测对诊断缺血性脑血管疾病具有一定的临床意义。

## PU-4680

### Association between CA repeat polymorphism in IGF1 gene promoter and colorectal cancer risk in a native Chinese population

Xiangli Chao

1.Tianjin Union Medical Center

2.Graduate School of Tianjin Medical University

**Objective** Insulin-like growth factor 1(IGF1) is implicated in the growth of normal cell. It has been reported

that IGF1 has a mitogenic and anti-apoptotic effect on colorectal cancer cells. However, results of studies on the association between cytosine-adenine(CA) repeat polymorphism in IGF1 gene promoter and colorectal cancer(CRC) risk are inconsistent. We aim to evaluate the association between CA repeat polymorphism and CRC risk, as well as the relationship with the clinicopathological characteristics of CRC and circulating IGF1 level in a native Chinese population.

**Methods** There were 734 participants who were native Chinese in this case-control study, including 367 CRC cases and 367 age- and sex-matched controls. CA repeat polymorphism was genotyped by PCR and fragment analysis. Odds ratios (ORs) and 95% confidence intervals (CIs) were evaluated by unconditional logistic regression analysis.

**Results** Circulating level of IGF1 in cases was significantly higher than that in controls ( $P=0.002$ ), particularly in males.  $<38$  CA repeats was associated with decreased CRC risk after adjusting for age and sex (37 versus 38 CA repeats:  $OR=0.45$ ;  $95\%CI=0.26-0.78$ ), especially in males. (CA)18/19 genotype showed approximately half reduced CRC risk comparing to (CA)19/19 genotype ( $OR=0.46$ ;  $95\%CI=0.25-0.85$ ). There was a significant association between the sum of CA repeats and degree of differentiation of CRC ( $P=0.044$ ). We observed a trend that circulating level of IGF1 in individuals with  $CA\leq 38$  repeats was lower than that in individuals with  $CA>38$  repeats with a borderline statistically significance in overall and males.

**Conclusions** In conclusion, our findings support the possible role of CA repeat polymorphism in CRC risk.

## PU-4681

# 浅谈如何制备一张合格的组织病理切片

孙配龙

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 在常规组织病理制片中，切片是最重要的技术之一，切片的质量好坏直接影响标本的观察效果，故如何能制备一张好的病理切片，是病理阅片的关键。

**方法** 日常切片过程中总结经验。

**结果** 1、切片机的种类：石蜡包埋样品的切片通常使用轮转式切片机，轮转式切片机有一个控制精确的手轮，当手轮进行旋转时，控制样品头竖直向下经过刀刃，然后竖直向上回到最高的起始点。之后按照事先设定的切片厚度水平向前运动，继而切出达到要求的切片。2、锋利的切片：检查切片刀是否锋利。用显微镜观察可确定刀口是否平整，有无缺口，刀片不够锋利或者出现缺口，会使刀对样品组织刮擦，切出来的切片有严重的擦痕影响切片质量。3、切片机的设置：切片机上的厚度表示手轮旋转一周时样品头的进样距离，但这并不意味着每张切片都是这个厚度，切片时也不要摆动手轮，即半刀法。切片厚度有很多影响因素，如温度、切片速度、切片压力、刀片角度等。4、修片厚度：应先对本标本进行粗修，直到组织全部暴露于切面为止，但小标本注意不要修得太多，以免无法切出满意的用于诊断的切片。5、切片、捞片、染色、封片：将修好的组织块在冰箱中冷却，而后装在切片机固定装置上。将切片刀装在刀架上，刀刃与蜡块表面呈  $5^{\circ}$  夹角。使蜡块与刀刃接触。切出蜡片后，正面向上放入展片箱，切片展平后，进行分片和捞片。捞片时注意位置，要留出贴标签的空间。捞起切片后，立即写上编号。继而对切片进行染色，染色好的切片应进行封片处理，封片过程中一定要注意不要产生气泡。

**结论** 要制备 1 张好的切片，病理工作人员必须将技术、知识和技巧进行完美的结合。首先，待切样品的质量是关键因素，而样品质量取决于前期处理工作的准确无误，包括固定、脱水、包埋等，必须选择正确型号的切片机以及合适的钢刀或一次性刀片；切片时需认真考虑样品类型、大小、厚度，兼顾操作者的便利性和舒适性。其次，要切出高质量的切片，操作者丰富的经验必不可少。操作者必须懂得切片机的工作原理，对机器进行精细调节以达最佳效果；能应对常见故障，消除一些潜在的影响因素，无论使用钢刀还是一次性刀片，切缘必须锋利，且不能有任何缺口或杂质附着。



## PU-4682

## 体检人群幽门螺杆菌与血脂感染相关性探讨

何亮

云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院,650000

**目的** 探讨体检人群幽门螺杆菌(Hp)的感染及与血脂相互关系

**方法** 1.1 一般资料 选取体检科体检人员年龄为 22-89 岁,平均年龄为 47.8 岁,并将它进行分组,每 10 岁分为一组,共分为七组。

1.2 方法 全部体检人员均为早上抽取 2-4mL 的静脉血,均使用血清对以下几个项目在日立 7600 生化分析仪上进行同时检测:幽门螺杆菌抗体 IgG (Hp-IgG)、总胆固醇 (CHOL)、甘油三酯 (TRIG)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)。

1.3 统计分析 应用 SPSS13.0 统计软件分析。计量资料以(s)表示,组间比较用 t 检验,百分率比较用卡方检验,  $P < 0.05$  时为差异有统计学意义。

**结果** 2.1 HP 的感染的年龄分布 HP 感染阳性的高峰主要分布在 22-29 岁、30-39 岁,分别为 58.3%、43.4%。

2.2 HP 的感染阳性率及不同性别比例构成 HP 感染阳性的有 694 名,阳性率为 34.1%,其中男女感染阳性率分别为 23.1%、52.7%,女性感染率高于男性,差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。

**结论** HP 在全球自然人群的感染率超过 50%,且发展中国家高于发达国家。本研究 2038 名健康体检人员中 HP 的感染阳性率为 34.1%,处于我国人均感染率范围内。HP 感染阳性的高峰主要分布在 22-29 岁、30-39 岁,分别为 58.3%、43.4%,而随着年龄的增长 HP 的感染率在逐年下降,但由于 80 岁以上的年龄段的样本人数少,不足以说明情况。其中男女感染阳性率分别为 23.1%、52.7%,女性感染率高于男性,可能体检者是干部人群,卫生条件等各方面的意识很强。HP 的感染存在家族聚集现象,而女性在社会交往中与人更容易亲密接触,她的高感染可能通过密切生活接触实现人人或口口途径传播造成。另外女性在胃病史中比例高于男性,而治疗率及疗效性则低于男性,这都可能是引起女性 HP 的感染率高于男性的原因。

## PU-4683

## 取样量对粪便隐血试验的影响

蔡斌宏

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 通过分组试验,研究分析前质量控制在粪便分析工作站检测中的重要性

**方法** 本研究的研究资料是采用本院 2017 年住院患者粪便标本 50 例,每份标本严格按照粪便分析工作站检测的标准重新进行分装。分装后分为两组:采样合格组与采样不合格组。两组同时用手工法和仪器法进行比对检测

**结果** 在采样合格组中手工法隐血阳性率为 14%,仪器法隐血阳性率为 16%;在采样不合格组中手工法隐血阳性率为 14%,仪器法隐血阳性率为 48%,阳性率明显提高

**结论** 在粪便分析工作站标本检验分析前,必须对影响因素进行有效的分析,将具体的控制措施落实到实处,建立医学检验实验室质量管理体系,提升检验分析前标本质量。随着医院检验科自动化、标准化进程的不断深入,粪便检验自动化分析必然成为未来的发展趋势

PU-4684

## HCCLM3 肝癌细胞突出中相关 miRNA 的筛选

张楠

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 微小 RNA (microRNAs) 的出现一直是癌症生物学领域在过去十年中的重要发展之一, 而且这一领域知识的迅速增长给癌症带来新的诊断和治疗机会。由于 miRNAs 可以在患者体内稳定存在, 在血清, 尿液及体液中可以被检测到, 可被当作癌症潜在的生物标志物, 或者患者预后监测或用药的指标。

肿瘤细胞一旦开始发生转移, 那它的细胞骨架会进行重组, 细胞形态也会发生相应改变而形成伪足样突起。细胞伪足的形成对于肿瘤细胞侵袭转移至关重要。

我们的研究目的是分析鉴定 miRNAs 在 HCCLM3 肝癌细胞胞体和突出中差异表达并分析其定位到肝癌细胞胞体的具体情况, 为 HCC 肿瘤生物标记物的研究提供新思路。

**方法** 1) 肝癌转移细胞胞体和突出的分离。利用 1 $\mu$ m 细胞培养池 (Boyden 小室) 培养肝癌高转移细胞系 HCCLM3, 分离其胞体与突出, 收集在胶原蛋白 I 诱导下细胞形成的突出和胞体。

2) 肝癌转移细胞胞体和突出的鉴定。经过微管蛋白免疫荧光观察、核蛋白 LaminB1、组蛋白 H3 Western-blot 分析结果, 验证我们成功分离的体外诱导的细胞突出和胞体。

3) 分别提取细胞突出和胞体的 RNA, 利用 RNA-Seq 技术分别测序细胞突出和胞体中的 miRNAs, 通过生物信息学分析筛选确定在高转移侵袭肝癌细胞突出中相对高表达的 miRNAs, 由于是在高转移细胞的突出中相对高表达, 以此我们认为筛选出的 miRNAs 与癌细胞转移能力有关。

**结果** 1) 肝癌转移细胞胞体和突出分离成功。

2) 分离出的细胞胞体中存在 RNA。

3) 运用 RNA 直接测序技术分析鉴定细胞突出和胞体中的 miRNAs, 通过生物信息学分析筛选确定在高转移肝癌细胞突出中相对高表达的 miRNAs。

**结论** 1) 分离的 HCCLM3 细胞突出中富含丰富的 RNA。

2) HCCLM3 细胞突出相对细胞胞体有显著的 miRNA 的表达差异, 这些差异的 miRNAs 功能基本围绕在细胞信号传导, 细胞迁移、细胞粘附和肿瘤相关等功能范围, 为 HCC 肿瘤生物标记物的研究提供新思路。

3) 后续还要继续验证这些差异的 miRNA 与肿瘤转移的相关性。

PU-4685

## 血流感染肺炎克雷伯菌的临床特点和耐药性特征分析

郑思涵

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 分析血流感染肺炎克雷伯菌的科室分布和耐药特征, 为临床合理用药和院内感染控制提供依据。

**方法** 选取 2016-2018 年中国人民解放军北部战区总医院临床送检住院患者的血液样本中分离得到的 171 株肺炎克雷伯菌进行细菌鉴定、药敏试验和 ESBL 确证试验, 对血流感染肺炎克雷伯菌的临床特征和耐药性特点进行分析。

**结果** 2016-2018 年本院患者血液中肺炎克雷伯菌共检出 171 株, 检出率以重症监护室 (ICU) 最高 (28.65%); 对亚胺培南、哌拉西林/他唑巴坦和阿米卡星较敏感, 耐药率分别为 4.09%、9.35% 和 6.43%; 对头孢他啶、头孢吡肟和左氧氟沙星耐药率均在 25% 左右。产 ESBLs 的肺炎克雷伯菌共 80 株, 占 46.78%, 对常用抗生素的耐药率均显著高于非产 ESBLs 菌株 ( $P < 0.01$ ), 对亚胺培

南、哌拉西林/他唑巴坦和阿米卡星较敏感,耐药率分别为 0%、6.25%和 8.75%。碳青霉烯类抗生素耐药菌株对常用抗生素耐药率均高于敏感菌株 ( $P<0.01$ )。

**结论** 我院 2016-2018 年患者血流感染肺炎克雷伯菌检出率以 ICU 最高,对亚胺培南、哌拉西林/他唑巴坦和阿米卡星较敏感,对头孢他啶、头孢吡肟和左氧氟沙星耐药率较低。

## PU-4686

### 暴露前后,结核分枝杆菌多阶段抗原促进 Th1 型免疫应答,提供有效保护性

马记磊

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 结核病亚单位疫苗研究

**方法** 本研究筛选出五种免疫反应显著阳性的抗原:原发感染阶段抗原 Ag85A;从快速生长期转化为潜伏期,调节营养和新陈代谢抗原 PhoY2 和 Rv3407;潜伏期 Rv2626c;再活化相关抗原 RpfB;串联后构建成融合多聚蛋白质 WH121。动物水平评价其保护性和保护机制。

**结果** BVG 作为对照,免疫 C57BL/6 小鼠 9 周或者 18 后,滴鼻感染小鼠,每个小鼠经呼吸道吸入 80 个结核分枝杆菌 H37Rv,WH121/DMT 能提供持久和有效的抗结核分枝杆菌感染保护性。并且,WH121/DMT 疫苗能增强 BCG 初免抗结核分枝杆菌暴露后的效果,尤其是对脾脏的结核分枝杆菌的抑制比 BCG 加强免疫组效果显著。WH121/DMT 疫苗有效的保护性主要归功于 WH121 抗原特异性 Th1 免疫应答反应,主要包括增加的抗原特异性 IgG2a/IgG1 比率和免疫小鼠后分泌的高水平 IFN- $\gamma$ 。值得注意的是,脾脏分泌的高水平 IFN- $\gamma$ <sup>+</sup>T<sub>EM</sub> 细胞是重要的早期抗感染保护性生物指标,长期保护性主要依赖于脾脏分泌的 IL-2<sup>+</sup>IFN- $\gamma$ <sup>+</sup>CD4<sup>+</sup> T 细胞和 IL-2<sup>+</sup>IFN- $\gamma$ CD8<sup>+</sup> T 细胞。

**结论** 这些发现表明多阶段特异性抗原可能作为有前景的下一代疫苗研究的靶抗原,例如 WH121 抗原,WH121/DMT 还需进一步的临床前研究。

## PU-4687

### 质粒介导的多黏菌素耐药基因 mcr-1 的研究进展

刘智慧

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 多黏菌素被重新应用于临床治疗多重耐药革兰阴性菌感染。2015 年我国首次发现可整合于质粒的多黏菌素耐药基因 mcr-1,该基因可随着质粒的接合转移在不同细菌中进行水平传播;mcr-1 基因检出量的逐渐增多引起了全球的高度重视。本文通过介绍 mcr-1 的流行分布,介导多黏菌素的耐药机制及传播机制等最新的研究进展,旨在为临床工作者应用多黏菌素抗感染治疗提供理论参考。

**方法** 目前 ISO 标准的微量肉汤稀释法是唯一被美国临床实验室标准协会(CLSI)和欧洲药敏检测委员会(EUCAST)推荐的用于多黏菌素 MIC 检测的可靠方法。由于多黏菌素的耐药性会受到阳离子(如铁离子、镁离子等)的影响,所以 CLSI 推荐用阳离子调节的 MH 肉汤进行微量肉汤稀释法。采用 2018 年新版 EUCAST 的肠杆菌科细菌对多黏菌素折点的判读标准(MIC $\leq$ 2 $\mu$ g/mL 为敏感, MIC $>$ 2 $\mu$ g/mL 为耐药)评价药敏结果。但微量肉汤稀释法检测 mcr-1 基因过程太过繁琐,不利于临床微生物的实施,P.J.Simner 等[67]提出黏菌素肉汤纸片洗脱实验,以方便在临床使用中开展。此外,可以利用 PFGE 判断 mcr-1 基因阳性的菌株之间有无同源性。

**结果** 多黏菌素在畜牧业的长期应用,对多黏菌素耐药的产生起到了关键的作用。其加速了对动物及环境中的多黏菌素耐药细菌的选择,促进了 *mcr-1* 的播散。质粒介导的 *mcr-1* 导致多黏菌素耐药机制的发现,引起人们对多黏菌素耐药情况的广泛关注。在我国多黏菌素使用日益增长的情况下,携带 *mcr-1* 和其他耐药基因的质粒可发生水平传播,同时对多黏菌素、 $\beta$ -内酰胺类、磷霉素、氟喹诺酮类等药物多重耐药的威胁也日益加大,加剧了革兰阴性菌对人类的威胁。

**结论** 因此我们应合理应用多黏菌素,防止耐药基因携带菌株的增多及暴发流行。对质粒携带的 *mcr-1* 基因的研究、耐药水平的检测、以及对世界各国的流行情况的密切关注,都将对提高抗生素对革兰阴性杆菌的治疗有深远的影响。关于 *mcr-1* 还有许多问题有待研究,如 *mcr-1* 对临床抗生素使用的危害,怎样才能防止 *mcr-1* 的进一步扩散等等。随着 *mcr-1* 研究的深入,这些问题终将解决,这将对多黏菌素的临床使用提供有用的建议,避免“超级细菌”的产生。

## PU-4688

### 多重耐药鲍曼不动杆菌联合药敏试验及相关耐药基因的研究

孙瑜<sup>1</sup>,管婧<sup>2</sup>,冯东华<sup>2</sup>,蒋月婷<sup>2</sup>,麦颖<sup>2</sup>,苏丹虹<sup>2</sup>

1.广州医科大学金城检验学院 2015 级

2.广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 针对广医附一院感染多重耐药鲍曼不动杆菌的患者在临床上单药治疗无效情况下,通过联合药敏治疗,以降低死亡率为目的,为临床筛选出优化精准的治疗方案。运用 PCR 技术检测鲍曼不动杆菌 DNA 中相关耐药基因,了解耐药基因对药物联合治疗是否存在不同的耐药性。

**方法** 收集 2018-2019 年广医附一院 50 株鲍曼不动杆菌。运用 VITEK-MS 质谱仪进行鉴定。单药药敏和联合药敏均采用纸片扩散法。联合药敏方案:替加环素+阿米卡星,替加环素+亚胺培南/美罗培南,替加环素+多粘菌素,替加环素+头孢哌酮/舒巴坦;头孢哌酮/舒巴坦+亚胺培南/美罗培南,头孢哌酮/舒巴坦+阿米卡星,头孢哌酮/舒巴坦+米诺环素;多粘菌素+亚胺培南/美罗培南,多粘菌素+头孢哌酮/舒巴坦。运用 PCR 技术检测联合用药实验中有协同作用的耐药基因特点。

**结果** 多粘菌素的敏感率为 100%;替加环素的敏感率为 60%;米诺环素的敏感率为 48%;其余药物敏感率均<5%。头孢哌酮/舒巴坦+米诺环素的协同率最高为 100%;其次为头孢哌酮/舒巴坦+多粘菌素为 98%,其余药物联合协同率均>60%。27 株多重耐药鲍曼不动杆菌存在有 *adeB* 外排泵基因阳性率为 100%,*TetB* 外排泵基因阳性率为 44%, $\beta$ -内酰胺酶 *Bla*<sub>TEM-1</sub> 阳性率为 93%。

**结论** 对重症监护病室多重耐药鲍曼不动杆菌感染患者的治疗,头孢哌酮/舒巴坦+米诺环素有良好的体外抗菌活性,原因考虑单药治疗时受鲍曼不动杆菌携带 *TetB* 外排泵和  $\beta$ -内酰胺酶 *Bla*<sub>TEM-1</sub> 表达产生耐药,而联合药物的作用使该基因外排泵丢失和表达降低,达到杀菌效果。

## PU-4689

### 血浆 miR-92a 和 miR-126 水平变化在冠心病中的应用价值

刘玉薇

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** miR-126 和 miR-92a 广泛存在于内皮细胞和内皮祖细胞,被认为是生理血管生成的主要调节剂,而内皮功能障碍促进了冠脉粥样硬化的发生。因此,本文主要研究血浆 miR-92a 和 miR-126 水平变化在冠心病中的应用价值。

**方法** 通过定量转录聚合酶链反应检测非冠心病患者 (non-CAD n=20), 心绞痛患者 (AP n=24) 和急性心肌梗死患者 (AMI n=49) 血浆中 miR-92a 和 miR-126 的相对表达量, 采用 Spearman 相关检验评价 miR-92a 和 miR-126 表达水平与 hs-cTnT、左室射血分数、Gensini 积分和 GRACE 评分的相关性。绘制 ROC 曲线, 计算曲线下面积 (AUC) 评估 miR-92a 和 miR-126 在冠心病与心梗的诊断价值。

**结果** 在 non-CAD、AP 和 AMI 三组中患者血浆中 miR-92a 和 miR-126 水平呈递降趋势, miR-92a 水平 AP 和 AMI 组较 non-CAD 组降低, 差异有统计学意义 ( $F=23.023$ ,  $P<0.001$ )。而 miR-126 水平, AMI 组较 AP 和 non-CAD 组降低, 差异有统计学意义 ( $F=17.124$ ,  $p<0.001$ )。MiR-92a 和 miR-126 与 hs-cTnT、Gensini 积分、GRACE 评分呈负相关, 与 EF 成正相关。MiR-92a, miR-126 与 miR-92a+miR-126 对冠心病诊断曲线下面积(AUC)分别为 0.840, 0.802, 0.845。当 miR-92a 与 miR-126 联合诊断时, 其敏感度和特异度分别为 0.75,0.80。MiR-92a, miR-126 与 miR-92a+miR-126 对心肌梗死诊断曲线下面积(AUC)分别为 0.762, 0.803, 0.808。当 miR-92a 与 miR-126 联合诊断时, 其敏感度和特异度分别为 0.61,0.86。

**结论** 血浆中 miR-92a 和 miR-126 水平与冠心病的严重程度与预后相关, 但作为冠心病诊断或预测指标仍略显不足。

## PU-4690

### Circular RNA expression profiles and features in mice lens: a study using RNA-seq data

Qian Gao, Qian Li

Department of Clinical Laboratory, Baoshan Campus, Shanghai General Hospital

**Objective** At present, little is known about the expression and function of circRNAs in lens. Beta-B2-crystallin (CRYBB2), is a major protein in the mammalian eye lens that plays an important role in maintaining the transparency of the ocular lens. An experiment was conducted to identify and characterize the circular RNA expression and metabolic characteristics in the lens of WT and Crybb2 knockout (KO) mice.

**Methods** The lens of three WT mice and three KO mice respectively at six months were collected. Total RNA extracted from lens were used to prepare the library and then sequence. Bioinformatic methods were employed to analyze sequence data to identify the circRNAs and predict the potential roles of differentially expressed circRNAs between the two groups.

**Results** We explored circRNA expression profiles using RNA-seq data for lens of WT and KO mice. A total of 49,494 circRNAs were detected, of which 92.44% of reads were covered in the sense-overlapping circRNAs. Compared to the normal lens, there were 149 circRNAs that were significantly upregulated in KO mice lens and 172 circRNAs that were significantly downregulated. For the total differential circRNA enrichment results, the top 300 miRNA-circRNA interaction pair with smaller p value were extracted, and a network map of circRNA-miRNA interactions with Cytoscape was established. Finally, a further Gene Oncology and KEGG analysis demonstrated that the target genes that were related to this circRNA signature participated in various biological processes, such as lens fiber cell development, calcium channel complex, structural constituent of eye lens. The altered circRNAs could also have an impact on several vital pathways, such as canonical Wnt signaling pathway. RT-PCR analysis verified the presence of some different expressed circRNAs.

**Conclusions** We obtained comprehensive circRNA expression profiles in the lens of Crybb2 gene knockout mice, which might help to elucidate the functions of circRNAs during age-related cataracts.

## PU-4691

**EphrinA2 可通过上皮细胞间质转化调控前列腺癌侵袭和转移**赵耀<sup>1</sup>,李世宝<sup>2</sup>

1.苏州大学附属第二医院,215000

2.徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 构建 EphrinA2 过表达和沉默的前列腺肿瘤细胞,探讨 EphrinA2 对肿瘤细胞的增殖、凋亡、迁移及侵袭的影响, EphrinA2 通过上皮细胞转化(EMT)影响肿瘤细胞的生物学功能。

**方法** 1. 采用 RT-PCR 和 Western blotting 分别检测细胞内 EphrinA2 基因转录及蛋白表达水平,以确认靶基因的表达及沉默效果。 2. 采用 CCK-8 检测前列腺肿瘤细胞体外增殖的能力。 3. 流式细胞术检测肿瘤细胞凋亡的情况。 4. 细胞划痕愈合实验和 Trans-well 实验评估前列腺肿瘤细胞的迁移和侵袭能力。 5. Western blotting 检测细胞 EMT 相关蛋白的变化。

**结果** 1. CCK-8 结果显示: EphrinA2 对前列腺肿瘤细胞体外增殖能力无显著影响。 2. 流式结果显示: 与对照组相比, EphrinA2 基因表达沉默后 LNCaP 细胞的凋亡率显著增加; 沉默 EphrinA2 基因表达的 DU145 细胞凋亡率虽有所增加, 却无统计学差异; EphrinA2 基因过表达后对 PC-3 细胞的凋亡未发生显著变化。 3. 划痕愈合实验发现: 与对照组相比, EphrinA2 过表达可显著增强 PC-3 细胞的迁移能力, 但 EphrinA2 却不影响 DU145 细胞的迁移能力。 4. Trans-well 结果显示: 与对照组相比, EphrinA2 过表达可增强 PC-3 细胞的迁移和侵袭能力; EphrinA2 表达沉默可抑制 LNCaP 细胞的迁移和侵袭能力; EphrinA2 表达沉默不影响 DU145 细胞的迁移能力, 但可提高其侵袭能力。 5. EphrinA2 可促进 N-cadherin、 $\beta$ -catenin、vimentin、slug、snail 的表达, 可抑制 Zo-1、E-cadherin 的表达。

**结论** 1. EphrinA2 不影响前列腺肿瘤细胞体外增殖能力, 抑制 LNCaP 肿瘤细胞凋亡。 2. EphrinA2 可增强 PC-3 和 LNCaP 细胞的迁移与侵袭能力; 提高 DU145 细胞的侵袭能力, 不影响 DU145 的迁移能力。 3. EphrinA2 可通过改变 EMT 相关蛋白调控前列腺肿瘤细胞的迁移和侵袭

## PU-4692

**血浆 microRNA 检测标准化的初步研究**

冯晓敏

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 对血浆中 microRNA(miRNA)的标准化检测进行初步研究,为临床实践提供可靠的参考依据。

**方法** 选取 2017 年 9 月于北部战区总医院就诊的 AMI 患者 8 例,健康体检者 23 例为 miRNA 标准化的研究对象,分析实验分析前的饮食状态、抗凝剂的选择、血浆储存条件及溶血情况,对血浆 miRNA 的定量和 AMI 风险评分的影响。分析实验过程中,提取、反转录和 qPCR 对血浆 miRNA 定量的影响,并用 16 例临床标本对实验结果进行验证。

**结果** miRNA 检测标准化的研究中,分析前的影响因素主要来源于饮食状态、抗凝剂的选择和储存条件,溶血与 miRNA 水平呈正相关,但经内参校准后风险评分无明显变化。进食后风险评分立即升高,在 2 h 达到峰值后开始下降。使用肝素锂抗凝剂时,miRNA 定量(>35ct)与风险评分均下降,而 EDTA-K2 与枸橼酸钠抗凝对 miRNA 检测结果影响较小。血浆于 4℃ 储存 1 周后,miRNA 定量与风险评分均较-80℃ 储存时降低。在实验分析过程中,提取血浆 miRNA 时离心柱法优于 Trizol LS,并且血浆量为 200ul 和 300ul 时回收率最高。miRNA 的检测差异主要来源于提取步骤,且主要为有机萃取步骤,而反转录与 PCR 对 miRNA 定量影响较小,选取的 8 例健康体检者和 8 例 AMI 患者进一步验证了上述结果,并且发现差异经内参校准后减小,但经外参校准后却增加。37 份血浆的风险评分呈正态分布,平均值为-3.75,标准差为 3.138。

**结论** 检测 miRNA 时, 严格遵循采样, 检测和分析的标准操作程序, 可以发现和减少检测流程中的非特异性波动。miRNA 检测标准化的初步研究可以为临床血液检测 miRNA 提供参考。

#### PU-4693

### 1 例急性混合型白血病伴 t(9;22)(q34;q11.2) 重现性遗传学异常

广圣芳, 张守永  
六安市人民医院, 237000

**目的** 临床急性混合型白血病 病例的诊断经验不足, 希望通过同行的交流学习中提升自己。

**方法** MICM

**结果** 骨髓形态学、流式细胞术、遗传学及分子生物学的检验结果均支持急性混合型白血病的诊断。

**结论** 该病例是我院首例“急性混合型白血病”的确诊病例, 属急性混合型白血病伴 t(9;22)(q34;q11.2), bcr-abl1 亚型。

#### PU-4694

### The Prognostic and Diagnostic Significance of Long Noncoding RNA H19 in Gastric Cancer: a Meta-Analysis

Wei Jing  
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Recently, H19 was found to be aberrantly expressed and may have a diagnostic and prognostic value in gastric cancer (GC). However, up to date, no meta-analysis have been performed to explore the role of H19 in GC. The aim of the study is to investigate the diagnostic and prognostic value of H19 in GC.

**Methods** We systematically searched PubMed, Cochrane Library and Web of Science. The relationship between the expression of H19 and prognosis were used RevMan 5.3. The Stata11.0 Software was performed to measure the diagnostic value of H19 in GC.

**Results** A total of 9 eligible studies, including 4 on prognosis, and 6 on diagnosis were identified. The results indicated that higher expression of H19 could predict poor OS in GC (pooled HR: 1.21, 95% CI: 1.12-1.31,  $P < 0.0001$ ). For diagnostic value, the pooled result showed that H19 maintained a sensitivity of 0.71 and specificity of 0.61 in GC diagnosis and the area under the curve was 0.72 (95% CI, 0.68-0.76).

**Conclusions** In summary, our meta-analysis demonstrated that H19 could be a suitable diagnostic and prognostic biomarkers for GC.

## PU-4695

## Genome sequence analysis of 112 *Helicobacter pylori* isolates identifies the population structure and molecular genetic characteristics

Feng Yang, Yanmei Zhang, Hu Zhao  
Huadong hospital affiliated to Fudan university

**Objective** To explore their population genetics characteristics, identify candidate genes associated with disease severity and investigate the population structures of 112 Shanghai *H. pylori* isolates and provide an insight into the genetic diversity that exists among *H. pylori* isolates from diverse clinical and geographic origins.

**Methods** We sequenced the genomes of 112 clinical *H. pylori* isolates isolated from patients in Shanghai with different gastric diseases, including chronic superficial gastritis, chronic atrophic gastritis, peptic ulcer and gastric cancer. Then the Gene prediction and annotation, MLST and Population Structure analysis, Core genome analysis were made by corresponding methods and softwares. All statistical analyses were performed using Stata/SE 14.0 for Mac.

**Results** We found the draft genome sequence of 112 Shanghai *H. pylori* isolates showed their chromosome sizes ranging from 1.52 to 1.69 Mb. The genomes also revealed a low average G+C content of 38.7% which is characteristic of *H. pylori* and between 1511 and 1624 genes were identified per genome. The positive rates of virulence genes *cagP*, *cagH*, *cagY*, *cag5*, *babA/hopS*, *fliQ*, *futA*, *futB*, *gluE* and *ureB* were linked to different disease backgrounds. The number of core gene was 1146. A total of 88 STs were detected from the 112 *H. pylori* isolates.

**Conclusions** Totally, several meaningful significant differences, including virulence genes and CRISPRs were found among different isolates from four disease background, while if they could be used as biomarkers indicating severity the isolate might cause need further studies.

## PU-4696

## 缺血性脑卒中患者外周血 D-二聚体、hs-CRP 及血小板参数在不同 TOAST 分型中的差异研究

赵雅  
中国人民解放军北部战区总医院, 110000

**目的** 研究 D-二聚体、超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 及血小板相关参数在缺血性脑卒中不同 TOAST 分型中的差异。

**方法** 收集北部战区总医院 2017 年 10 月至 2018 年 9 月期间确诊的 259 例缺血性脑卒中患者作为病例组, 按 TOAST 病因分型进行分类, 同时收集同期 100 例健康体检者作为对照组, 测定两组受试者的 D-二聚体, hs-CRP, 血小板计数 (PLT), 血小板压积 (PCT), 血小板平均体积 (MPV) 以及血小板分布宽度 (PDW) 等指标, 进行统计学分析。

**结果** 病例组按 TOAST 分型分为五类: 大动脉粥样硬化 (LAA) 型 81 例, 心源性栓塞 (CE) 型 17 例, 小动脉闭塞 (SAO) 型 103 例, 其他原因 (SOE) 型 4 例及不明原因 (SUE) 型 54 例。与对照组相比, 病例组患者的 D-二聚体, hs-CRP, PLT, MPV, PDW 水平均具有统计学意义 ( $|Z|=2.656-5.554$ ,  $P$  值均  $<0.05$ )。不同 TOAST 亚型与对照组相比, 四组的 D-二聚体, hs-CRP, PDW 水平、SAO 型与 CE 型的 PLT 水平以及 CE 型的 PCT, MPV 水平差异均具有统计学意义 ( $|Z|=2.208-5.216$ ,  $P$  值均  $<0.05$ )。不同 TOAST 亚型之间比较, CE 型的 D-二聚体, PLT, PCT 与其余三型之间差异具有统计学意义 ( $|Z|=3.078-4.186$ ,  $P$  值均  $<0.05$ ); LAA 型与 SAO 型的 D-二聚体和 hs-CRP 差异具有统计学意义 ( $|Z|=2.286$ ,  $P=0.022$ ;  $|Z|=2.946$ ,  $P=0.003$ )。



**结论** CE 型 D-二聚体, PLT, PCT 水平与其他亚型比较存在显著差异, LAA 型 D-二聚体、hs-CRP 水平与 SAO 型之间存在显著差异。因此 D-二聚体、PLT、PCT 可用于临床上早期预测 CE 亚型, D-二聚体、hs-CRP 可用于 LAA 与 SAO 亚型的早期鉴别。

#### PU-4697

### Shortened activated partial thromboplastin time and increased superoxide dismutase levels are associated with type 2 diabetes mellitus

Guangzhen Fu, Liang Ming  
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To determine differences in levels of coagulation tested and superoxide dismutase in normal controls and type 2 diabetes mellitus patients with different stages of glucose control

**Methods** Type 2 diabetes mellitus patients were divided into two groups according to their fasting blood glucose (GM1 and GM2) and HbA1c levels (BM1 and BM2). Blood clotting times and levels of serum superoxide dismutase were compared among the three groups. A receiver operating characteristic (ROC) curve was generated to evaluate predictors and determine their sensitivities and specificities. A Pearson correlation analysis was performed on the type 2 diabetes mellitus patients using standard methods to evaluate the association of serum levels of superoxide dismutase and coagulation parameters with certain disease risk factors. A multiple linear stepwise regression analysis was also performed.

**Results** There is a significance difference in levels of superoxide dismutase (SOD) and activated partial thromboplastin time (APTT) between normal controls and type 2 diabetes patients with varying glucose tolerance statuses ( $P < 0.001$ ). The difference between GM1 and GM2 with respect to APTT was also statistically significant ( $P = 0.048$ ). The area under the ROC for APTT and SOD was 0.705 and 0.707, respectively. An inverse and highly significant correlation was found between APTT and fasting plasma glucose ( $r = -0.177$ ,  $P = 0.024$ ), and serum level of SOD was negatively correlated with age ( $r = -0.309$ ,  $P < 0.001$ ), D-Dimer ( $r = -0.253$ ,  $P = 0.001$ ) and APTT ( $r = -0.2$ ,  $P = 0.007$ ).

**Conclusions** Shorter APTT and increased SOD levels might be useful haemostatic markers in patients with type 2 diabetes mellitus.

#### PU-4698

### 强直性脊柱炎药物治疗靶点探究

彭若玉  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 强直性脊柱炎 (AS) 是一种以脊柱及骶髂关节慢性炎症为主的全身性结缔组织疾病, 目前 AS 病因和发病机制尚未明确, 且疾病也无理想的早期诊断及治疗方法。前期研究发现, AS 的发生与遗传因素相关, 且在 AS 发生过程中 miRNA 的改变已经被证实, 据此我们可以推测, 在此过程中相关的 circRNA 也发生改变, circRNA 与 AS 的生物学行为和临床表现有关, 可以作为潜在的分子标志物和治疗靶点。本课题拟通过对 AS 发生相关 circRNA 及其调控 miRNA 的作用进行探讨, 以增加我们对 AS 发病机制的了解, 并进一步寻找有效的分子诊断标志物和药物治疗的作用靶点, 为 AS 发生的早期诊断、有效治疗并改善预后等奠定基础。

**方法** 对 AS 发生相关 circRNA 及其调控 miRNA 的作用进行探讨

**结果** 寻找有效的分子诊断标志物和药物治疗的作用靶点

**结论** 为 AS 发生的早期诊断、有效治疗并改善预后等奠定基础

PU-4699

## Exosomal ephrinA2 derived from serum as a potential biomarker for prostate cancer

Yao Zhao

1.Department of Clinical Laboratory, The Second Affiliated Hospital of Soochow University

2.Medical Technology Institute of Xuzhou Medical University

**Objective** Up-regulation of serum ephrinA2 is common in various malignancies and has been suggested as a potential biomarker for the diagnosis and prognosis of prostate cancer (PCa). However, the type of serum ephrinA2 expressed in PCa patients remains elusive. Furthermore, the level of exosomal ephrinA2 derived from serum is increased in patients with osteoporosis, a common complication of PCa patients undergoing androgen deprivation therapy. It is unknown whether exosomes derived from PCa patient serum contains ephrinA2. In this study, we explored the ephrinA2 expression in whole serum and tissues and identified the circulating exosomal ephrinA2 as a potential biomarker for PCa

**Methods** Exosomes were isolated from patient sera by differential centrifugation and the presence of ephrinA2 was confirmed via electron microscopy and western blotting. The type of ephrinA2 in serum was evaluated by western blotting. The expression of serum ephrinA2 including secreted and cleaved ephrinA2 and exosomal ephrinA2 were detected by ELISA and western blotting.

**Results** Compared with benign prostatic hyperplasia (BPH) and controls, the levels of whole serum ephrinA2 and exosomal ephrinA2 were significantly higher in PCa patients. Moreover, exosomal ephrinA2 expression was positively correlated with TNM staging and Gleason score of PCa patients. The diagnostic efficiency of exosomal ephrinA2 was superior to that of whole serum ephrinA2 and serum PSA in distinguishing PCa patients from those from BPH patents.

**Conclusions** Our study indicates that exosomal ephrinA2 has high potential as a biomarker for the presence of PCa and offers a new therapeutic target for this disease.

PU-4700

## 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌耐药基因 研究及应用 MALDI-TOF MS 对其同源性的分析

张艳双

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 研究 XX 市 6 家医院耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的耐药表型、耐药基因的分型分布情况以及菌株同源性, 为临床治疗耐药菌株提供可靠的科学依据, 为有效控制其暴发流行提出有建设性的指导。

**方法** 收集沈阳市 6 家医院临床分离的耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE), 经基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS)、VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定仪双重鉴定及药敏纸片扩散法 (K-B 法)、VITEK 2 Compact 全自动微生物药敏检测筛选出耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌, 采用改良 Hodge、Carba NP 试验和 EDTA 协同试验检测耐药菌产碳青霉烯酶和 B 类金属  $\beta$ -内酰胺酶的情况, 通过聚合酶链式反应 (Polymerase chain reaction, PCR) 扩增耐药基因, 并经基因测序比对后确定基因分型, 分析耐药菌携带耐药基因的种类及基因分布。

**结果** 收集沈阳市 6 家医院 68 株临床分离的 CRE 菌株, 经鉴定药敏筛选出耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌 41 株。耐药表型检测显示改良 Hodge 和 Carba NP 试验阳性分别有 33 株和 38 株, EDTA 协同试验阳性有 5 株。、第二簇中 1 号菌与剩余的 37 株菌之间距离水平在 200~300 之间, 可分为亲缘关系相对较远的两类 (IIa 类、IIb 类), 而 IIb 类中的 37 株菌距离水平 200 以内, 亲缘关系很

近, 根据距离水平分为两组 (I 组 12 株、II 组 25 株), 两组内菌株距离水平均在 100 内, 可能为同一菌株来源。

**结论** 41 株耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌对各种抗生素耐药率均较高。耐药表型试验中 Carba NP 试验在检测菌株碳青霉烯酶的敏感性、准确性均明显高于改良 Hodge 试验。沈阳市 6 家医院流行传播的肺炎克雷伯菌最常见为 KPC-2 型, 其次还有 SPM 和 NDM-1, 且每株菌往往携带多个耐药基因。同源性分析发现沈阳市 6 家医院流性传播的耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌大多数密切相关, 甚至很多菌株可能为同一菌株来源。

## PU-4701

### 淋巴恶性肿瘤中的 bcl-2 治疗靶点

刘博

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 抗凋亡是癌症的标志之一, B 细胞淋巴瘤 2 (bcl-2) 蛋白家族成员是细胞凋亡的中枢调节因子。细胞凋亡的失败支持了许多肿瘤的发展, 并经常使它们对细胞毒性疗法产生抵抗。许多癌症通过上调 bcl-2 和其他家族成员对化疗和凋亡产生耐药性, 使这些蛋白质成为癌症治疗的靶点。

**方法** 在血液学恶性肿瘤中, 凋亡的这种损害通常是由生存前蛋白 bcl2 的过度表达引起的。由于异常高水平的 bcl2 维持了这些肿瘤的生长, 因此将 bcl2 作为一种治疗各种血液学恶性肿瘤的新方法受到了广泛关注。

**结果** 在过去的 30 年中, 对 bcl-2 调控的凋亡途径的研究已经导致了 bh3 模拟化合物的发展, 模拟 bh3 蛋白作用的小分子, bcl2 的天然拮抗剂及其亲活亲本。这些化合物与生存前的 bcl-2 蛋白结合, 直接激活恶性细胞的凋亡, 并通过恢复细胞经受凋亡细胞死亡的能力发挥作用。

**结论** 在这篇综述中, 我们讨论了以 bcl2 为治疗靶点的基本原理, 重点介绍了最近的发现以及开发这类有趣且有前景的靶点药物的下一步对策, 尤其是针对淋巴恶性肿瘤的治疗。

## PU-4702

### 巨噬细胞极化在类风湿关节炎中的作用

李雪

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 类风湿关节炎 (rheumatoid arthritis, RA) 是侵犯骨和关节为主的多系统炎症的自身免疫性疾病。巨噬细胞具有吞噬、趋化、免疫调节等功能, 参与特异性和非特异性免疫应答, 其在 RA 的发生发展中起到至关重要的作用。巨噬细胞不同亚型极化及其作用是近年来 RA 的致病机制的研究热点。巨噬细胞主要分为经典活化 M1 型和选择活化 M2 型。RA 患者机体内免疫炎症反应直接影响外周血、滑膜和滑液巨噬细胞的极化, 使 M1 型促炎性巨噬细胞不断增加, 从而打破 M1/M2 平衡状态。总结巨噬细胞的极化及其在 RA 发生发展中的作用。

**方法** 巨噬细胞极化; 类风湿关节炎; M1 巨噬细胞; M2 巨噬细胞

**结果** 巨噬细胞极化; 类风湿关节炎; M1 巨噬细胞; M2 巨噬细胞

**结论** 巨噬细胞极化; 类风湿关节炎; M1 巨噬细胞; M2 巨噬细胞

PU-4703

## 中日联谊医院 2018 年不合格血液标本原因分析及改进方法

崔蕊,谢凤

吉林大学中日联谊医院

**目的** 讨论血液标本不合格原因及其改进方法。方法：回顾性分析中日联谊医院 2018 年 1 月—5 月共 397869 份标本，其中 1207 例血液标本不合格的原因，各科室送检标本不合格的比例，以及相关改进措施

**方法** 数据统计

**结果** 导致标本不合格的原因主要有溶血，条码已用，容器用错，采血量少，凝血，脂血等。根据数据显示心内科，胃肠科室，神经外科，骨科不合格标本数量明显高于其他科室。

**结论** 检验科应与临床科室建立联系，并与之沟通降低标本不合格率的方法，有效降低标本的不合格率，确保检验前质量的控制

PU-4704

## Beckman Coulter Access DXI800 与 Abbott I4000 化学发光免疫分析仪测定血清甲胎蛋白的比对分析

叶梦霞

福建省人民医院,350000

**目的** 探讨同一实验室内 Beckman Coulter Access DXI800 与 Abbott I4000 两台免疫分析仪器检测甲胎蛋白结果的可比性，以保证两台仪器检测结果的准确性和一致性。

**方法** 两台仪器均使用美国伯乐公司的质控品，分别进行日常的室内质控，在质控结果都在控的基础上，依据美国临床和实验室标准化委员会（CLSI）EP9-A2 文件的要求，连续 5 日，每日选取 8 例符合要求的患者新鲜血清标本，分别在两台仪器上检测，共收集得 40 组数据。以 Beckman Coulter Access DXI800 为参考仪器，Abbott I4000 为待评仪器，最后对两台仪器得出的结果进行比对。

**结果** 本科两台仪器测定甲胎蛋白的两个水平质控结果，日间及总 CV 均小于 8.33%（日间 CV 的允许范围），两台仪器的检测结果差异无统计学意义，且具有良好的相关性（ $r^2 > 0.95$ ），故而本次试验比对结果符合 EP9-A2 文件要求。

**结论** 两台仪器对甲胎蛋白的检测结果显示具有较高准确性和可比性，系统偏差在可以接受的范围内，可同时报告检验结果，避免了差异过大给临床报告解读带来不便。

PU-4705

## 探讨阿米卡星对 EDTA 依赖性假性血小板聚集的抑制和解离作用

陶芃作,夏全松,朱应芳

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 探讨阿米卡星对乙二胺四乙酸（EDTA）依赖性血小板聚集致血小板数假性减少的纠正作用，为研究不同浓度阿米卡星对血小板聚集的抑制和解离作用提供实验室数据。

**方法** 1例右肺腺癌3月余, EDTA依赖的假性血小板减少症患者, 既往无传染病史、输血史, 为进一步治疗来我院就诊。经患者同意, 门诊分别采集其 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血、枸橼酸钠抗凝血以及预先加入 6.5g/L 阿米卡星的 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝血, 然后用 Sysmex-XE2100 全自动血细胞分析仪分别于不同时间段 (0h、0.5h、1h、2h、4h) 检测血小板数, 每个测量重复三次并取均值; 同时采集患者末梢血 20ul 于 0.38ml 草酸铵稀释液中, 手工计数其血小板数, 并行血涂片镜检并观察血小板的聚集状态。

**结果** 顺利采集患者静脉血及末梢血, 枸橼酸钠抗凝静脉血标本随时间延长血小板计数结果下降, 预先加入阿米卡星的 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝静脉血标本血小板数 4 小时内稳定, 提高阿米卡星浓度可有效缓解 EDTA 导致的假性血小板减少, 末梢血涂片镜检血小板聚集程度有明显改善。

**结论** 高浓度阿米卡星可抑制 EDTA 依赖性假性血小板聚集, 且不影响其他血细胞形态, 是一种有效纠正 EDTA 依赖性假性血小板计数减少的方法。

## PU-4706

### High prevalence of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae colonization among patients in intensive care unit from Fujian Province, China

Shanjian Chen, Yulan Lin, Yongbin Zeng, Tian Chen, Wennan Wu, Zhen Xun, Zhihui Liu, Qishui Ou, Bin Yang  
The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** Intestinal colonization with CRE has been shown as a significant risk factor for subsequent CRE infections, especially in intensive care units. However, data on the intestinal colonization of CRE are limited in China. The aim of this study was to determine the prevalence of intestinal colonization by CRE and to identify the risk factors associated with intestinal CRE colonization among ICU patients.

**Methods** Fecal samples screening for CRE were performed on ICU patients weekly. Logistic regression analysis was used to determine the independent risk factors responsible for CRE colonization. The carbapenemase of all isolates was determined by phenotype and genotypes. Clonal relatedness was analyzed by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE).

**Results** The overall colonization rate of CRE was 40.4% (82/203). 84 isolates of CRE were detected, mostly with *Klebsiella pneumoniae* (78/84, 92.9%). The independent risk factors associated with CRE colonization were invasive procedures ( $P = 0.025$ ), cerebrovascular diseases ( $P = 0.009$ ), and pulmonary diseases ( $P = 0.029$ ). bla<sub>KPC-2</sub> was the most common carbapenemase (69/76, 90.8%). The co-harboring of three genes, bla<sub>KPC-2</sub>, bla<sub>NDM-1</sub>, and bla<sub>IMP-4</sub> were detected in one strain of *Enterobacter Cloacae*. PFGE analysis of 78 isolates of *K. pneumoniae* showed 8 different pulsotypes, and pulsotype A (51/78, 65.4%) were highly prevalent.

**Conclusions** In conclusion, we found the prevalence of CRE colonization was alarmingly high in ICU, effective infection control measures are urgently needed to prevent the dissemination of CRE.

## PU-4707

## 耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌的耐药基因分析及体外联合药敏试验

唐红秀

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 研究北部战区总医院耐碳青霉烯类抗生素的肺炎克雷伯菌(CRKP)的基因型,并在体外进行联合药敏试验(亚胺培南+哌拉西林/他唑巴坦或者头孢吡肟+哌拉西林/他唑巴坦),观察药敏试验结果,为临床治疗碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌的感染提供合理依据。

**方法** 1.收集 45 株北部战区总医院 2016 年 1 月至 2018 年 10 月检出的碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌,18 株 CRKP 纳入研究。使用 Bruker 质谱鉴定系统对分离出的肺炎克雷伯菌株进行鉴定。2.运用聚合酶链式反应(Polymerase Chain Reaction,PCR)技术对常见的碳青霉烯类耐药基因及超广谱  $\beta$ -内酰胺酶基因进行扩增,包括碳青霉烯酶基因 KPC, B 类金属酶基因 IMP, VIM, NDM 与 D 类酶基因 OXA-48, 超广谱  $\beta$ -内酰胺酶基因 TEM, SHV 和 AmpC 酶基因 DHA, 对扩增产物进行琼脂糖凝胶电泳、双向基因测序确定耐药基因型。3.采用 MALDI-TOF MS 对 18 株 CRKP 进行聚类分析。

**结果** 根据耐药基因测序结果显示,18 株 CRKP 共检出 5 种基因型,分别为 KPC, TEM, SHV, NDM 与 DHA。其中 18 株 CRKP 全部携带 KPC, SHV 与 DHA 基因,检出率高达 100.00%,16 株 CRKP 携带 TEM,有 2 株肺炎克雷伯菌携带 NDM。体外联合药敏试验结果显示,当两药联合使用时,MIC 值与单用时相比均有下降,且两种药物之间以相加作用居多,协同作用次之,无关作用最少,无拮抗作用。

**结论** 北部战区总医院分离出的 CRKP 最主要的碳青霉烯耐药基因型为 KPC,并且存在着克隆株的流行情况,相应临床科室应注重耐药菌株的暴发流行,监测其耐药性的变化。体外联合药敏试验表明,美罗培南或头孢吡肟与哌拉西林/他唑巴坦联用,药敏结果以相加作用为主,协同作用和无关作用较少,无拮抗作用,为临床合理用药提供了科学依据。

## PU-4708

## 蛋白质二硫键异构酶 A3 前体在结直肠癌中的表达

杨照微,谭文佳,何成彦,谢凤  
吉林大学中日联谊医院

**目的** 结直肠癌是我国最常见的癌症之一。超过 20%的结直肠癌(CRC)患者就诊时结直肠癌已经发展至晚期。因此,早期、可靠地筛查结直肠癌对该病的早期诊断至关重要。蛋白质二硫键异构酶 A3 前体(PDIA3)在多种癌症中均有表达。然而,人们对 CRC 中 PDIA3 的了解甚少。探索 PDIA3 蛋白的表达与结直肠癌中表达的作用具有潜在的价值。

**方法** 在本研究中,我们通过二维质谱色谱联用技术筛选了 CRC 组织中 PDIA3 的表达。免疫印迹方法观察了结直肠癌组织以及结直肠癌细胞中 PDIA3 的表达。将小干扰 RNA (siRNA)导入结直肠癌细胞 SW480 中,抑制 PDIA3 的表达。观察了 PDIA3 对细胞生长、凋亡的影响。Western blot 法检测经小干扰 RNA 干扰 PDIA3 表达的细胞 SW480 及 HCT116 中凋亡相关蛋白 Bax 和 Bcl-2 表达的变化。

**结果** 与癌旁非癌组织相比,CRC 组织中 PDIA3 表达明显上调,CRC 细胞株(SW480、HCT116、CACO2、NCM460、HT-29)中 PDIA3 表达明显上调。在 SW480 细胞中,siRNA 下调 PDIA3 表达导致亚细胞形态改变,细胞增殖减少,凋亡增加。

**结论** PDIA3 的抑制作用可能通过诱导细胞凋亡来抑制 CRC。PDIA3 可能是治疗 CRC 的潜在靶点

## PU-4709

**Lipoprotein (a) level and its genetic polymorphisms and the risk of coronary heart disease**

Junxu Gu, ShanShan Li, Ming Su, AiMing Zhang, Yue Yin, Na Zhang, Mei Jia  
Department of Laboratory Medicine, Peking University People's Hospital

**Objective** We investigate the correlation between lipoprotein (a) [Lp(a)] levels and Coronary heart disease (CHD). The present study evaluated the association of Lp(a) levels and the single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in the Lp(a) gene (LPA) with incidence of CHD in Chinese Han people.

**Methods** SNP genotyping assays were performed to detect the rs6415084 and rs12194138 genotypes in 1129 Chinese Han participants (657 patients and 472 control subjects). We later assessed whether there was an association of these SNPs with incidence of CHD. Serum lipid profiles were also determined using biochemical methods.

**Results** The Lp(a) levels of CHD group is significantly higher compared with healthy group [41.72(46.45)nmol/L vs 28.93(23.56)nmol/L]. Adjusted age and gender, Glucose, Total cholesterol, Triglycerides, ApoA1, ApoB, hs-CRP, HCY, HDL, LDL and sdLDL, compared with the lowest quartile, the OR of the highest quartile is 3.97. There were significant differences in genotype (C/T, A/T) and major allele frequencies (MAF) of the variants rs6415084 and rs12194138 between CHD group and healthy group. The rs6415084 and rs12194138 variants were associated with the increased Lp(a) levels [98.62(59.15)nmol/L vs 32.67(23.93)nmol/L (CC; TT),  $P < 0.001$ ; 88.15(59.26)nmol/L vs 34.81(34.58)nmol/L (AA; TT),  $P < 0.001$ ]. The variants rs6415084 and rs12194138 of LPA are correlated with CHD (OR: 1.682; 95%CI: 1.39-2.876;  $P = 0.007$ ; OR: 1.656; 95%CI: 1.121-2.996;  $P = 0.026$ ).

**Conclusions** In our study, we found the variants rs6415084 and rs12194138 of LPA was strongly associated with both increased Lp(a) levels and increased CHD risk.

## PU-4710

**microRNA-181 抑制非小细胞肺癌骨转移的研究**

吕少刚, 明亮  
郑州大学第一附属医院, 450000

**目的** 肺癌患者预后差、病死率高, 与其易发生远处转移尤其是骨转移联系紧密。我们在前期研究中构建了肺癌骨转移模型并分离出具有骨转移倾向的肺癌细胞亚株 A549-BM, 经 microRNA 测序发现 miR-181 在 A549-BM 细胞亚株中表达水平明显降低, 因此我们推测 miR-181 具有抑制非小细胞肺癌骨转移的作用并进行相关实验进行验证。

**方法** 用 miR-181 mimics 转染 A549-BM 细胞, 上调其细胞内 miR-181 表达水平, 然后分别通过 MTT 和 Transwell 检测 A549-BM 细胞的增殖和侵袭能力。

**结果** 结果发现, 上调 A549-BM 细胞内 miR-181 的表达水平后, A549-BM 细胞的增殖和侵袭能力均有明显的降低。

**结论** 由上可知, miR-181 具有抑制 A549-BM 细胞增殖和侵袭的作用, 并由此推测其具有抑制非小细胞肺癌骨转移的作用。

PU-4711

## 微矩阵基因芯片技术在 HLA-B27 基因亚型检测中应用的研究

朱雷<sup>1</sup>,戴世荣<sup>1</sup>,赵静<sup>2</sup>,李云<sup>2</sup>,贾汝琳<sup>2</sup>

1.南通市第二人民医院,226000

2.北京大学人民医院,100000

**目的** 评价应用基因芯片技术在人类基因组 DNA 中与疾病相关的 HLA-B27 等位基因的检测中的临床效用。初步探讨强直性脊柱炎和虹膜炎患者中最常见的 HLA-B27 等位基因型。

**方法** 选取 2013 年 3 月-2013 年 8 月在北京大学人民医院以关节痛和眼部炎症就诊的患者 720 例。其中男性 420 例,女性 300 例。分为强直性脊柱炎组、眼部炎症组和关节痛组。利用 EUROArray 微矩阵基因芯片技术和流式细胞术进行 HLA-B27 基因亚型检测,以基因测序技术为参考方法进行对比,分析基因芯片技术检测的灵敏度和准确度,评价其在临床实验室的应用价值。

**结果** 利用基因芯片技术检测 HLA-B27 亚型在强直性脊柱炎患者中的灵敏度为 89.8% (106/118),在眼部炎症患者中的阳性率为 25.6% (11/43),在关节痛患者中的阳性率为 17.7% (65/367)。基因芯片技术与基因测序技术的结果符合率 100%,在 HLA-B\*27 阳性的患者中,HLA-B\*2704 亚型占 55.6% (60/108)、HLA-B\*2705 亚型占 38.0% (41/108)、HLA-B\*2702 和 HLA-B\*2707 均为 1.9% (2/108)。流式细胞术与基因测序技术的结果符合率为 99.3% (715/720),2 例假阴性患者的基因型为 HLA-B\*2705,3 例假阳性患者的基因型为 HLA-B\*0702、HLA-B\*3901 和 HLA-B\*4601。利用流式细胞术检测的报告时间为 1 小时,基因芯片检测报告时间为 4 小时,基因测序检测报告时间为 48 小时。

**结论** 基因芯片技术可准确、快速检测所有已知的 HLA-B27 等位基因,并且区分非疾病相关的 HLA-B\*27 等位基因,值得临床推广。

PU-4712

## 系统性红斑狼疮患者外周血 NK 细胞 TIGIT 的表达和意义

李雪

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 探讨 TIGIT 在系统性红斑狼疮 (SLE) 患者外周血 NK 细胞上的表达及临床意义,以阐明其在 SLE 发生和发展中的作用

**方法** 应用流式细胞仪检测 44 例 SLE 患者和 27 例健康对照外周血 NK 细胞表面 TIGIT 表达水平,比较 SLE 组和健康对照组以及 SLE 稳定组与 SLE 活动组之间 NK 细胞表面 TIGIT 表达水平,并分析其与实验室检查数据及治疗的相关性。2 组间比较采用 t 检验或者非参数检验,2 变量之间相关性采用 Pearson 相关分析

**结果** SLE 组 NK 细胞 TIGIT 表达百分率显著低于健康对照组 ( $P<0.01$ ),SLE 组 NK 细胞 TIGIT 表达平均荧光强度 (MFI) 显著低于健康对照组 ( $P<0.05$ ),SLE 活动组 NK 细胞 TIGIT 表达百分率显著低于 SLE 稳定组 ( $P<0.05$ ),而 SLE 活动组 NK 细胞 TIGIT 表达 MFI 与 SLE 稳定组之间无差异 ( $P>$

0.05)。SLE 患者中抗 rRNP 抗体阳性组外周血 NK 细胞 TIGIT 表达百分率显著低于对应阴性组 ( $P<0.05$ )。SLE 患者 NK 细胞

TIGIT 表达百分率与 C3 呈正相关 ( $P<0.05$ ),与 SLE 疾病活动度指数 (SLEDAI) 呈负相关 ( $P<0.05$ )。经过治疗后 SLE 患者 NK 细胞 TIGIT 表达百分率可明显升高 ( $P<0.05$ )



**结论** SLE 患者外周血 NK 细胞 TIGIT 表达异常, 与 SLEDAI、自身抗体产生、炎症有明显的相关性。

#### PU-4713

### 1, 5-无水山梨醇的概述及临床应用

沈若坚,王蓓丽,郭玮,潘柏申  
复旦大学附属中山医院,200000

**目的** 评价 1, 5-无水山梨醇 (1, 5-AG) 在糖尿病诊断中发挥的作用; 分析其在糖尿病、糖尿病微血管病变、糖尿病大血管病变及糖尿病急性并发症中发挥的作用; 比较 1, 5-AG 的检测方法全酶法, 层析法等几种实验室常规检测方法的优劣。

**方法** 通过查阅相关文献, 分析 1, 5-AG 在糖尿病诊断、糖尿病大血管及微血管病变及糖尿病急性并发症中发挥的作用; 通过查阅相关文献了解 1, 5-AG 几种检测方法的优劣。

**结果** 1, 5-AG 水平越低, 糖尿病发病率越高; 1, 5-AG 水平的降低 ( $<6\mu\text{g/L}$ ) 对于糖尿病微血管病变风险的增加相关; 1, 5-AG 的实验室常用的检测方法为酶偶联法, 比层析法检测更为简便、特异性高。

**结论** 1, 5-AG 在糖尿病重症及其急性并发症、微血管并发症、大血管并发症的诊断中具有重要价值; 通过全酶法检测 1, 5-AG 特异性、重复性、准确度均较好。

#### PU-4714

### Sensitive amperometric immunosensor with improved electrocatalytic Au@Pd urchin-shaped nanostructures for human epididymis specific protein 4 antigen detection

Linlin Cao<sup>1</sup>, Wen Zhang<sup>1</sup>, Qing Liu<sup>2</sup>  
1. Zibo Central Hospital  
2. Shandong University of Technology

**Objective** Sensitive detection of early ovarian cancer is imminent for women's health. Human epididymis specific protein 4 antigen (HE4 Ag), as a novel tumor marker, has good specificity and sensitivity in ovarian cancer markers, especially for the detection of early ovarian cancer.

**Methods** A novel and ultrasensitive sandwich-type amperometric electrochemical immunosensor was constructed using amine modified graphene supported gold nanorods (Au NRs/NH<sub>2</sub>-GS) as a sensor platform and core-shell Au@Pd urchin-shaped nanostructures (Au@Pd USs) as a label of the secondary antibodies (Ab<sub>2</sub>, Au@Pd USs-Ab<sub>2</sub>) to realize the quantitative determination of HE4 Ag. The Au NRs/NH<sub>2</sub>-GS were used for increasing the electrode surface area and effectively immobilizing primary antibodies (Ab<sub>1</sub>) due to its good water-solubility.

**Results** The Au@Pd USs have special morphology with high crystal surface index and good stability, capable of loading secondary antibodies (Ab<sub>2</sub>) and providing a larger active site for the catalysis of hydrogen peroxide (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>). The proposed immunosensor displays excellent performance for HE4 Ag detection over the range from 1 pmol L<sup>-1</sup> to 50 nmol L<sup>-1</sup> with a detection limit of 0.33 pmol L<sup>-1</sup> (signal-to-noise ratio of 3).

**Conclusions** The designed immunosensor exhibits excellent reproducibility, selectivity, and stability, which shows great potential in clinical diagnosis.

PU-4715

## PCR-高分辨率熔解曲线 (HRM) 分析用于 16S rRNA 鉴定细菌的初步研究

邱会茹

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 一种快速、准确、经济的诊断工具对于感染性疾病的早期诊断、科学指导抗菌药物的合理使用至关重要。目前, 16S rRNA 基因在细菌鉴定中的应用已得到广泛认可, 其不同结构区域对细菌种属的鉴别能力也有着明确分析。为此, 本研究着手收集临床常见细菌, 建立一种 PCR-高分辨率熔解曲线 (PCR-HRM) 用于 16S rRNA 鉴定临床常见细菌的方法, 旨在探讨其在病原菌鉴定中的应用前景。

**方法** 收集 186 种共计 510 株临床非重复分离常见细菌, 以常规生化鉴定、基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱鉴定(MALDI-TOF MS)、PCR- HRM 分析对细菌进行鉴定, 三种方法结果不一致的细菌, 进一步用 16S rRNA DNA 测序确认菌种。选取 16S rRNA 三个高度保守区域(V1、V3、V6)基因序列用于引物设计, 用 24 株菌株为实验菌株, 建立相关的 PCR-HRM 分析方法。将 17 种标准菌株和 510 株临床分离菌分为葡萄球菌、链球菌、非发酵革兰阴性杆菌及其它临床分离菌, 分别以上述建立的 PCR-HRM 进行分析, 将分析结果聚类, 并与 MALDI-TOF MS 结果进行对比。

**结果** 510 株临床常见分离菌中, 有 1 株未得到测序结果, 故未将其列入统计。对于 PCR-HRM 分析结果, 其中能被仪器分析软件聚类为同一种 (其中含某一标准菌株, 无标准菌株的以常规鉴定和质谱仪鉴定为同一种的菌株) 的细菌定义为鉴定正确, 未和标准菌株或常规鉴定为同种菌株中的多数聚为一类的定义为鉴定错误。常规生化鉴定、质谱法、PCR-HRM 分析不一致的细菌, 进一步以 16S rRNA 全基因测序结果为准; 以上述定义为判断依据, PCR-HRM 分析法与 MALDI-TOF MS 对葡萄球菌、链球菌、非发酵革兰阴性杆菌及其它临床分离菌鉴定区分正确率分别为 97.8%、94.4%; 98.4%、93.7%; 97.2%、94.4%; 98.0%、96.8%, 两种方法鉴定结果无显著性差异 ( $X^2=0.571$ ; 0.25; 0.167; 1.455;  $P>0.05$ )。将 6 株革兰阴性菌分成一式三份同时进行 PCR-HRM 重复性试验, 同种实验菌的三份熔解曲线图完全聚类, 该方法可检测的模板浓度低至 20pg/ul。

**结论** PCR-HRM 技术操作简便、成本低、敏感性及特异性高, 且闭管操作无交叉污染的风险, 该方法能将临床大部分常见细菌区分至属级, 甚至区分至种水平, 可用于临床常见分离细菌的快速鉴定及大量样本测序前的筛查。

PU-4716

## Identification of circular RNAs hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood as novel biomarkers for Rheumatoid Arthritis

Junming Li, Qing Luo

the First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To investigate the possibility of hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood being used as biomarkers for diagnosis of RA.

**Methods** 77 patients fulfilled the revised American College of Rheumatology criteria for RA and 50 healthy subjects were recruited. The hsa\_circ\_0054189, hsa\_circ\_0008675, hsa\_circ\_0082689, hsa\_circ\_0082688, hsa\_circ\_0010932, hsa\_circ\_0002473 and hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood were determined by quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR). Hsa\_circ\_0044235, only one abnormal expression

circRNAs in peripheral blood was selected as a targeted circRNA to explore the diagnostic value for RA.

**Results** The hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood was significantly decreased in RA patients. The hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood from RA patients did not correlate with CRP, ESR, RF, ACPA or DAS28. ROC curve analysis suggested that the hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood has significant value of RA diagnosis. And, the risk score based on hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood also significantly distinguished the patients with RA from systemic lupus erythematosus.

**Conclusions** The hsa\_circ\_0044235 in peripheral blood may be a potential biomarker of patients with RA.

#### PU-4717

### PCR-HRM 快速鉴定血培养阳性标本中常见细菌的应用研究

王佳琳

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 应用聚合酶链式反应-高分辨率熔解曲线分析 (PCR-HRM) 技术构建一种基于 16S rRNA 基因的 PCR-HRM 法, 以快速鉴定血流感染患者血培养阳性标本中的常见细菌。

**方法** 血流感染患者的留存菌株 (177 株) 和标准菌株 (11 株) 按革兰染色阳性和阴性分组, 提取细菌 DNA。对 G<sup>+</sup>菌分别以用引物 V1、V1V3、V1V6, G<sup>-</sup>菌分别以用引物 V6、V3V6、V1V6 进行 PCR-HRM 实验。分别选择对 G<sup>+</sup>、G<sup>-</sup>组细菌鉴定准确率高的引物, 建立快速鉴定血培养阳性标本中常见细菌的 PCR-HRM 方法, 鉴定结果与临床常用质谱法鉴定结果 (Bruker MALDI-TOF MS) 进行 McNemar 配对卡方检验、Kappa 一致性检验分析。使用 2018 年 10 月-2018 年 12 月收集的临床患者的阳性血培养标本 (84 例) 和模拟血培养标本 (14 例) 验证该方法准确性和可行性。

**结果** G<sup>+</sup>菌引物 V1、V1V3、V1V6 正确鉴定率分别为 66.30%、96.74%、75%, G<sup>-</sup>菌引物 V6、V3V6、V1V6 正确鉴定率分别为 75.29%、97.65%、85.88%, 建立以 V1V3、V3V6 为引物的 PCR-HRM 方法。McNemar 配对卡方检验表明两种检测方法的鉴定结果差异无统计学意义。Kappa 一致性检验表明两种检测方法的一致性具有统计学意义。临床患者阳性血培养标本 (84 例) 和模拟血培养标本 (14 例) 中, 88 例在所建立的 G<sup>+</sup>、G<sup>-</sup>组细菌 PCR-HRM 目标病原菌数据库范围内, 并全部正确鉴定, 5 例不在所建立的 G<sup>+</sup>、G<sup>-</sup>组细菌 PCR-HRM 目标病原菌数据库范围内, 5 例为混合菌感染, 均获得了独特的 HRM 特征曲线。

**结论** 本研究建立的 PCR-HRM 法鉴定能力与临床常用质谱法相当。两种检测方法对不同菌种的检测能力稍有不同。本研究建立的方法具有准确、简单、快速的优点, 具有良好的临床应用价值, 有望作为血流感染病原菌早期诊断的辅助检测应用于临床。

#### PU-4718

### 4 种免疫分析仪与液相色谱串联质谱仪测定 25 羟维生素 D 的比较

岳志红, 夏长胜

北京大学人民医院, 100000

**目的** 比较 4 种免疫分析仪与液相色谱串联质谱仪 (LC-MS / MS) 检测 25 羟维生素 D (25(OH)D) 结果的一致性, 为临床补充维生素 D 提供早期临床干预的实验室依据。

**方法** 采用 SPSS 软件非参数秩和检验分别比较 4 种免疫分析仪与 LC-MS/MS 组间差异。采用 SPSS 软件非参数秩和检验分别比较 4 种免疫分析仪与 LC-MS/MS 组间差异。采用 MedCalc 软件 Passing-Bablok 回归分析和一致性相关系数分析 4 种免疫分析仪与 LC-MS/MS 之间的相关性, 采用 Bland-Altman 图比较 4 种免疫分析仪与 LC-MS/MS 的差异。

**结果** 5 种仪器测定 140 例样本的中位数 (2.5%~97.5%范围) 分别为: LC-MS/MS 23.15(7.87~91.63)ng/ml, 迈瑞 17.80(5.87~95.76)ng/ml, 索灵 18.35(6.48~78.65)ng/ml, 罗氏 17.91(4.44~70.00) ng/ml, 雅培 19.50 (8.21~78.39) ng/ml。4 种免疫分析仪均显著低于 LC-MS/MS ( $Z$  分别为 -7.433、-8.887、-8.284 和 -6.676,  $P$  值均 $<0.001$ )。在 140 份样本中, 索灵得出的结果与 LC-MS/MS 相关性最好 ( $r=0.931$ ), 迈瑞、雅培和罗氏  $r$  分别是 0.925、0.924 和 0.783。雅培与 LC-MS/MS 平均偏差和绝对偏差相对较小, 分别为 -3.0ng/ml 和 -10.6%, 罗氏与 LC-MS/MS 平均偏差和绝对偏差最大, 分别为 -5.2ng/ml 和 -20.1%, 迈瑞和索灵分别是 -3.8ng/ml 和 -17.3%, -4.4ng/ml 和 -17.5%。140 份样本, 均以 LC-MS/MS 法检测 25(OH)D 水平 $<20$ ng/ml, 20-29 ng/ml,  $>30$  ng/ml 的标准判定为维生素 D 缺乏、不足和充足率分别是 32.9% (46/140)、47.1%(66/140)和 20.0%(28/140)。4 种免疫分析仪与 LC-MS/MS 的一致率均低于 70%, 其中, 索灵与 LC-MS/MS 的一致率最高 69.3%, 迈瑞的一致率最低 62.1%。

**结论** 不同仪器检测结果相差较大。不同仪器检测结果临床判定一致率均较低。

#### PU-4719

### Antitumor effect of hyaluronic acid-modified chitosan nanoparticles with siRNA loading for targeting therapy of non-small cell lung cancer

Wenhua Xu  
Qingdao University

**Objective** Nanoparticle-mediated targeted delivery of therapeutic genes or small interfering RNAs (siRNAs) to tumors has potential advantages.

**Methods** In this study, hyaluronic acid (HA)-modified chitosan nanoparticles (CS NPs-HA) loaded with cy3-labelled siRNA (sCS NPs-HA) were prepared and characterized. Non-small cell lung cancer cells A549 with CD44 receptors positive expression, and tumor-bearing mice were used to explore the effect of sCS NPs-HA on cytotoxicity and antitumor efficiency in vitro and in vivo.

**Results** Results showed that CS NPs-HA with small size of 100-200 nm and non-cytotoxicity could effectively deliver the cy3-labelled siRNA to A549 cells via CD44 receptors and inhibit the cell proliferation by downregulating the expression of targeting gene Bcl-2. In vivo experiment results showed that sCS NPs-HA could directly deliver higher levels of cy3-labelled siRNA to the tumor sites, resulting in the inhibition of tumor growth by down-regulating Bcl-2 expression, comparing with non-modified nanoparticles loaded with siRNA (sCS NPs) and naked cy3-labelled siRNA.

**Conclusions** In conclusion, the HA-modified nanoparticles based on chitosan could serve as a promising vector for siRNA delivery and targeted therapy of non-small cell lung cancer with receptor positive expression.

## PU-4720

## CNPt-Direct 和 Blue-Carba 法快速直接检测血培养阳瓶中肠杆菌科细菌产碳青霉烯酶的研究

刘亚萌

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 研究 CNPt-Direct 和 Blue-Carba 这两种化学比色方法从血培养瓶中直接检测肠杆菌科细菌产碳青霉烯酶的临床价值。

**方法** 收集 2016 年 1 月-2018 年 9 月北部战区总医院临床标本中分离的 42 株耐碳青霉烯类药物（亚胺培南和/或美罗培南）的肠杆菌科菌株，CNPt-Direct 和 Blue-Carba 试验检测碳青霉烯酶，并与 PCR 和测序结果进行对比。从第一部分的 42 株耐药菌株中挑出 23 株模拟血培养，报阳后直接进行 CNPt-Direct 和 Blue-Carba 试验。

**结果** 在 CNPt-Direct 和 Blue-Carba 试验检测的 42 株耐碳青霉烯类药物菌株中，35 株显色阳性，说明其产碳青霉烯酶，PCR 和测序结果显示：这 35 株阳性菌株均携带碳青霉烯耐药基因，其中 9 株携带 KPC 基因，22 株携带 NDM 基因，2 株携带 IMP 基因，2 株携带 KPC+NDM 基因。7 株菌不携带所扩增的常见耐药基因，且这 7 株菌的比色法结果也为阴性。PCR 扩增结果和比色法结果完全相符，说明这两种方法的灵敏度、特异性及准确度均为 100%。23 株模拟血培养耐碳青霉烯类药物菌株报阳后直接进行 CNPt-Direct 和 Blue-Carba 检测，17 株阳性，6 株阴性，与 PCR 和测序对比的结果对比发现：17 株比色法阳性的菌株中 16 株携带耐药基因，有 1 株 PCR 扩增阴性的大肠杆菌，CNPt-Direct 和 Blue-Carba 试验出现了假阳性，综上：对血培养阳瓶直接进行 CNPt-Direct 和 Blue-Carba 检测的灵敏度为 100%，特异性 85.7%，准确度 95.7%。

**结论** 与以往传统的方法相比，CNPt-Direct 和 Blue-Carba 方法操作简单，花费低廉，血培养阳瓶中菌株碳青霉烯酶检出时间从 24-48 小时缩短至 3-5 小时，有助于增强医院内感染的控制。

## PU-4721

## 骨代谢标志物各项之间及与 IGF-1 的相关性研究

邱洪

四川省人民医院,610000

**目的** 对骨代谢相关标志物  $\beta$ -胶原特殊序列( $\beta$ -CrossLaps)、总 I 型前胶原氨基端延长肽(total procollagen type 1 amino-terminal propeptide, tP1NP)、人 N 端中段骨钙素(N-MID Osteocalcin, N-MID OC)、25 羟维生素 D(25-(OH)D)各项之间及各项与胰岛素样生长因子 (Insulin-like growth factor, IGF-1) 之间的相关性进行研究。

**方法** 将我院进行常规男、女体检者 22 岁至 60 岁共计 194 名作为研究对象，对骨代谢标志物生物各项之间及各项与 IGF-1 之间的相关性进行研究。

**结果** 性别因素对骨代谢标志物有显著影响，男性组均大于女性组 ( $P < 0.05$ )。tP1NP 及 N-MID OC 水平随年龄的升高而降低，呈现负相关，推测与性激素的减少有直接关系。25-(OH)D 与各骨代谢标志物均无相关性 ( $P > 0.05$ )。IGF-1 水平与  $\beta$ -CrossLaps、N-MID OC 呈正相关关系，再次证实了 IGF-1 参与调节骨形成、骨吸收的过程。

**结论** 性别、年龄为骨代谢标志物的独立影响因素，故应设立相应的参考区间。VD 缺乏广泛存在，但与骨代谢标志物无相关性。IGF-1 通过正向调节  $\beta$ -CrossLaps、N-MID OC 参与机体的骨形成与骨吸收过程。

## PU-4722

## Circadian clock gene Period2 suppresses the growth of human chronic myeloid leukemia cells

Na Wang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Circadian clock genes are crucial regulators governing mammalian rhythmic activities, and their emerging roles in regulating tumor development have also been recognized recently. Our present study aims to explore the expression and function of circadian clock gene Period2 (Per2) in human chronic myeloid leukemia (CML).

**Methods** The expression of Per2 was evaluated in neutrophils isolated from CML patients and healthy donors by quantitative PCR. Then we stably overexpressed Per2 in human CML cell line KCL22, and performed CCK-8 assay as well as flow cytometry to investigate the function of Per2 in regulating cell proliferation, cell apoptosis and cell cycle. In addition, we analyzed Per2 expression in acute myeloid leukemia (AML) patients and chronic lymphocytic leukemia (CLL) patients through re-analyzing microarray data in Gene Expression Omnibus (GEO) database.

**Results** The expression of Per2 is significantly lower in neutrophils isolated from CML patients than those from healthy donors and is negatively correlated with the level of c-Myc. In addition, AML and CLL patients also have lower Per2 level compared with healthy controls. Overexpression of Per2 in KCL22 cells inhibits cell proliferation and induces cell cycle arrest at G1 phase. On the other hand, the apoptosis of KCL22 cells is not regulated by Per2.

**Conclusions** Our data identify Per2 as a potential tumor suppressor in human CML.

## PU-4723

## NSE、CEA、CYFRA21-1、ProGRP 不同组合联合检测在肺癌诊断中的价值

黄玮琨,刘俊鹏  
中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 作为临床常见恶性肿瘤,其特点为早期无特异性症状、癌症易转移、发病率高、病死率高。肺癌诊断的金标准肿瘤组织穿刺活检,是一种有创的检查手段,近年来常采用影像学及血清肿瘤标志物检测的方法进行早期辅助无创筛查。血清肿瘤标志物检测具有操作简便、重复性好且创伤小等优点,目前逐渐成为肺癌早期筛查、诊断疗效监测和预后判断的重要依据[1]。对四种肿瘤标志物(NSE、CEA、CYFRA 21-1、ProGRP)进行检测分析其对肺癌的诊断价值

**方法** 选取三组人群(健康对照组、肺癌良性对照组、肺癌组),对样本进行肿瘤标志物的检测,并进行统计分析。

**结果** 1. 肺癌组血清 CEA、CYFRA 21-1、NSE 及 ProGRP 表达水平均明显高于肺部良性病变组和健康成年人对照组, SCLC 患者血清 NSE 表达水平显著高于鳞癌患者、腺癌患者,腺癌患者血清 CEA 表达水平显著高于 SCLC 患者,其余指标在肺癌不同病理亚型之间的表达水平比较没有统计学意义。CEA、CYFRA 21-1、NSE 及 ProGRP 联合检测肺癌的灵敏度为 88%,特异性为 12%,与三联检测(CEA+CYFRA 21-1+NSE)及(CYFRA 21-1+NSE+ProGRP)、二联检测(CYFRA 21-1+NSE)对肺癌诊断的灵敏度和特异性一致,高于单项检测对肺癌诊断的灵敏度和特异性。单项检测中,CEA 和 CYFRA 21-1 对鳞癌的灵敏度较其他指标高,均为 57.14%;CYFRA 21-1 和 NSE 对腺癌的灵敏度较其他指标高,均为 67.65%;NSE 对 SCLC 的灵敏度最高,为 100%,其次是 ProGRP,为 77.78%。单项检测时血清 CYFRA 21-1 诊断肺鳞癌的 AUC 最高,为 0.837;血清 CEA 诊断肺腺癌的 AUC 最高,为 0.844;血清 ProGRP 诊断肺小细胞癌的 AUC 最高,为 0.949,其次为血清 NSE,为 0.940。

**结论** 就灵敏度、特异性、AUC 来说。联合检测的诊断价值要高于单项检测，联合检测中检测项目越多诊断价值越好。

## PU-4724

### CD64 在 RA 患者单核细胞中的表达及与 TNF- $\alpha$ 的相关性研究

罗清  
江西南昌大学第一附属医院

**目的** 探讨 CD64 在 RA 患者单核细胞中的表达及与 TNF- $\alpha$  的相关性，以阐明其在 RA 中的作用

**方法** 应用流式细胞仪检测 46 例 RA 患者和 22 例正常对照者外周血单核细胞表面 CD64 表达水平以及 RA 患者外周血单核细胞分泌 TNF- $\alpha$  水平，比较 RA 组和正常对照组以及 RA 稳定组与 RA 活动组之间单核细胞表面 CD64 表达水平，并分析 CD64 与实验室检查数据以及 TNF- $\alpha$  的相关性。正态分布数据采用采用 t 检验、配对 t 检验和 Pearson 相关性，非正态分布数据采用非参数检验和 Spearman 相关分析

**结果** RA 组单核细胞 CD64 表达的平均荧光强度（MFI）显著高于正常对照组（ $P=0.010$ ），RA 活动组单核细胞 CD64 表达的 MFI 显著高于 RA 稳定组（ $P=0.040$ ）。RA 患者单核细胞 CD64 表达的 MFI 与 RA 疾病活动性评分（DAS28）、ESR、CRP 呈正相关（ $P<0.05$ ）。RA 患者中 ACPA 阳性组和 RF 阳性组外周血单核细胞 CD64 表达的 MFI 均高于对应阴性组（ $P=0.048$ ； $P=0.004$ ）。此外，RA 患者中 CD64 阳性外周血单核细胞 TNF- $\alpha$  表达水平高于阴性单核细胞（ $P=0.014$ ）。

**结论** RA 患者外周血单核细胞 CD64 表达的 MFI 强度升高，且与疾病活动性相关。

## PU-4725

### 腹主动脉瘤患者超敏 C 反应蛋白、BNP、血沉和同型半胱氨酸测定的临床意义

王伯玉  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨超敏 C 反应蛋白（CRP）、BNP、血沉（ESR）和同型半胱氨酸（HCY）的水平在腹主动脉瘤（abdominal aortic aneurysm, AAA）患者中的变化

**方法** 选取吉林大学第一医院入院的 45 例腹主动脉瘤患者为 AAA 组，60 例健康体检者为对照组；CRP 采用免疫比浊法，BNP 采用发光法、ESR 采用自动化魏氏法，HCY 采用循环酶法；应用 SPSS17.0 软件进行统计分析，计量资料采用  $\bar{x} \pm s$  表示，组间比较采用 t 检验

**结果** AAA 组 CRP、BNP、ESR、HCY 水平显著高于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）

**结论** 超敏 C 反应蛋白、BNP、血沉和同型半胱氨酸（HCY）四者联合检测提高了腹主动脉瘤诊断的敏感度和特异度，为腹主动脉瘤的早期筛查提供理论依据

PU-4726

## ApoE 基因多态性与冠心病患者冠脉病变程度及血脂的关系

苏静静

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 分析讨论 ApoE 基因多态性与冠心病患者冠脉病变程度及血脂的关系。

**方法** 选取 2017 年 6 月至 2018 年 9 月于沈阳军区总医院住院并首次行冠脉造影确诊为冠心病的患者 179 例（心绞痛 90 例，心梗 89 例）；采用 PCR-HRM 方法测定患者 ApoE 基因型，记录患者一般临床资料及冠脉造影情况，并用 Gensini 评分法评估冠脉病变的严重程度。将 179 例患者分为心绞痛组（90 例）和急性心梗组（89 例），对以上两组间 ApoE 基因型及 E2, E3, E4 三个等位基因频率进行比较进一步分析 ApoE 基因型与冠脉病变支数及冠脉病变程度的相关性。

**结果** 1、179 例冠心病患者共发现 6 种基因型和三种等位基因，其中最常见基因型为 E3/E3，最常见的等位基因为 E3，心绞痛组 E2/E3 基因型构成比高于心梗组。2、心梗组 TC、Hcy、年龄及饮酒率均高于心绞痛组，心绞痛组 TG 水平高于心梗组；E2/E3 基因型病例组患者与 E3/E4 基因型病例组患者相比，高密度脂蛋白水平明显升高，logistic 回归分析发现年龄和 Hcy 是冠心病发生的危险因素。3、E4 组与 E3 组相比，血浆 TC、LDL-C 水平升高，E2 组与 E3 组相比血浆 TC、LDL-C 水平降低浓度，但差异无统计学意义。4、E2 携带者发生冠脉多支病变比例高于 E3 携带者；患者多支病变族平均年龄及饮酒率均高于单支病变组，单支病变组 TG 水平高于多支病变组，logistic 回归分析显示年龄和饮酒是患者发生冠脉多支病变的危险因素。5、E4 携带者与 E3 携带者的 Gensini 积分均较 E2 高，但是差异无统计学意义，提示 ApoE 基因型与冠脉病变程度无关。

**结论** 1、冠心病患者中 E3/E4 基因型及 E4 等位基因的升高提示其可能是导致慢性心血管疾病发生发展的危险因素。2、ApoE 基因多态性对血脂有影响，E4 与 E3 相比和 E3 与 E2 相比血浆总胆固醇、低密度脂蛋白水平有升高趋势。3、E4 等位基因与冠脉多支病变及病变程度无关。

PU-4727

## Association of expression of miR-5588 with infection in preterm premature rupture of membranes

Junjun Gao,Zhan Zhang

The third affiliated hospital of Zhengzhou University

**Objective** There has been proved that the occurrence of preterm birth is caused by the interaction of genetic and environmental factors, including reproductive tract infections are the main factors, and premature reaction of the final is caused by Genital tract infections by cytokines, chemokines, and extracellular matrix effects (ECM) involvement, so this study aims to analyzed miR-5588 in PPRM

**Methods** Using quantitative real-time reverse transcription-PCR expression levels in embryo and trophoblast in patients with PPRM

**Results** We found that miR-5588 levels were upregulated in PPRM in comparison with controls.

**Conclusions** PPRM patients appear to have a specific miR-5588 expression profile. High expression of miR-5588 was positively correlated with the infection, suggesting it may have a pathogenic role in the development of PPRM.



## PU-4728

## pH/redox dual sensitive mesoporous silica nanoparticles for universal drug delivery platform

Xingxin Liu

West China Second University Hospital Sichuan University

**Objective** To prepare pH/ redox dual sensitive mesoporous silica nanoparticles as a universal delivery platform for targeting, imaging and gene binding.

**Methods** To synthesize multifunctional mesoporous silica nanoparticles (MSNs) with pH and redox dual-sensitivity, the surface of MSNs was functionalized disulfide linked pyridine and capped with poly ( $\beta$ -cyclodextrin) (PCD) via host-guest interaction (PRMSNs). PCD acted as a gatekeeper to encapsulate drug in extracellular conditions and then de-shield to release the drug triggered by acidic and/or reducing environments in intracellular environment, as well as a multifunctional bridge for targeting, tracing and gene binding. Furthermore, taking the advantage of the surplus cavities of PCD capped on the surface of nanoparticles, we modified different functional groups on adamantane to coat on PRMSNs by self-assembly to realize multifunction.

**Results** The in vitro release experiments demonstrated that the doxorubicin loaded dual-sensitive nanocarriers (DOX@PRMSNs) effectively prevented drug leakage in the neutral media and promoted the drug release in the acidic and reduction conditions, which were all significantly faster than those of mono pH or redox sensitive MSNs (DOX@PMSNs, DOX@RMSNs). Moreover, compared to these mono-sensitive carriers, the pH/redox dual sensitive nanoparticles loaded with DOX exhibited higher tumor-inhibition activity, and notably showed great toxicity in drug-resistant cells (MCF-7/ADR). Furthermore, by modifying targeting ligands (galactose or folate) on the surface of PRMSNs, the functional mesoporous silica nanoparticles exhibited a higher cellular uptake and enhanced tumor inhibition in receptor positive cells (HepG-2 or Hela cells). Meanwhile, modifying fluorescent group (FITC) and cationic polymer (PEI) on PRMSNs allowed nanoparticles to trace the pathway during the therapy process and bind gene.

**Conclusions** Above all, we firstly make the advantage of the interaction between pyridine and PCD to prepare the multifunctional pH and redox dual sensitive mesoporous silica nanoparticles which showed high tumor-inhibition activity and great toxicity in drug-resistant cells that might be potential applied in disease theranostic.

## PU-4729

## HIV 感染者抗病毒治疗与外周血单核细胞趋化因子受体的相关性研究

康婧,耿文清,尚红

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探究抗病毒治疗与外周血单核细胞趋化因子受体的相关性。

**方法** 横断面采取 198 例接受或未接受抗病毒治疗的 HIV 感染者外周血 5ml, 流式细胞术检测单核细胞标志物 CD14、CD16 及趋化因子受体 CXCR4、CCR5、CD181、CD182、CD183、CCR7、CCR2、CX3CR1 的表达水平, 分析抗病毒治疗状态与单核细胞趋化因子受体的相关性。

**结果** 研究共纳入抗病毒治疗患者 145 例, 未治疗患者 52 例。抗病毒治疗组单核细胞 CD181 的平均荧光强度明显低于未抗病毒治疗组 ( $p=0.027$ ), 抗病毒治疗组单核细胞 CX3CR1 的平均荧光强度明显高于未抗病毒治疗组 ( $p=0.014$ ), 而两组单核细胞 CXCR4、CCR5、CD182、CD183、CCR7、CCR2 的平均荧光强度无明显差异 (所有  $p>0.05$ )。

**结论** HIV 感染者单核细胞 CD181、CX3CR1 表达水平与抗病毒治疗状态明显相关。

## PU-4730

## 慢性阻塞性肺疾病患者血清 sRAGE 和 MMP3 水平变化及临床意义

章爽

武汉市第一医院,430000

**目的** 观察慢性阻塞性肺疾病 (COPD) 患者血清可溶性糖基化终末产物受体 (sRAGE) 和基质金属蛋白酶 3 (MMP3) 水平的变化并探讨其临床意义。

**方法** 收集武汉市第一医院 COPD 住院患者 78 例以及 72 例健康体检患者, 根据肺功能检测指标将 COPD 患者分为轻度 (GOLD I), 中度 (GOLD II), 重度 (GOLD III) 以及极重度组 (GOLD IV), 根据吸烟史分为当前吸烟者以及戒烟者, 采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测所有患者血清 sRAGE 和 MMP3 浓度。

**结果** 与对照组血清 sRAGE 水平 ( $921.56 \pm 83.27 \text{ pg/ml}$ ) 相比, COPD 患者血清 sRAGE 水平 ( $452.29 \pm 53.17 \text{ pg/ml}$ ) 显著降低 ( $p < 0.01$ ), 同时与 GOLD I 组 ( $602.35 \pm 72.77 \text{ pg/ml}$ ) sRAGE 水平相比, GOLD III 组 ( $405.65 \pm 53.85 \text{ pg/ml}$ ) 和 GOLD IV 组 ( $351.19 \pm 34.25 \text{ pg/ml}$ ) sRAGE 水平显著降低 ( $p < 0.01$ )。另外, 与从未吸烟者 (健康对照组) sRAGE 浓度相比, 当前吸烟者 ( $417.22 \pm 49.45 \text{ pg/ml}$ ) 和戒烟者 ( $471.11 \pm 55.32 \text{ pg/ml}$ ) sRAGE 浓度也显著降低 ( $p < 0.01$ )。直线相关分析结果显示, COPD 患者血清 sRAGE 浓度与一秒用力呼气容积占预计值百分比 ( $\text{FEV}_1\% \text{ pred}$ ) 呈正相关 ( $R = 0.692$ ,  $p < 0.001$ ), 与患者肺一氧化碳弥散量 (DLCO) 呈正相关 ( $R = 0.661$ ,  $p < 0.001$ ), 另外与对照组 IL-1 $\beta$  水平相比 ( $3.31 \pm 0.75 \text{ pg/ml}$ ), COPD 患者 GOLD III IV 组 IL-1 $\beta$  ( $7.08 \pm 1.03 \text{ pg/ml}$ ) 显著升高 ( $p < 0.01$ ), 而与对照组基 MMP-3 水平 ( $1.37 \pm 0.35 \text{ ng/ml}$ ) 相比, COPD 患者 GOLD I II 组 ( $3.89 \pm 0.76 \text{ ng/ml}$ ,  $p = 0.013$ ) 和 GOLD III IV 组 ( $6.11 \pm 1.09 \text{ ng/ml}$ ,  $p < 0.01$ ) 均显著升高。

**结论** sRAGE 的表达水平与 COPD 疾病的严重程度和肺弥散功能密切相关, 可以作为监测病情的重要指标, MMP-3 升高可能是 COPD 患者外周血 sRAGE 水平降低的机制之一。

## PU-4731

## 2018 年北部战区总医院血培养病原菌的分布与耐药情况分析

刘明聪

中国人民解放军北部战区总医院,110000

**目的** 分析中国人民解放军北部战区总医院 2018 年血培养结果为阳性的病原菌, 了解病原菌的分布及其对常用抗菌药物的耐药情况, 为临床合理用药提供参考依据。

**方法** 对我院 2018 年全年门诊及病房送检的血培养标本进行细菌培养, 阳性标本进行分离鉴定及药敏试验, 对报告结果进行回顾性分析。

**结果** 2018 年我院经血培养共分离出病原菌 596 株, 其中革兰阳性菌 346 株 (58.1%), 革兰阴性菌 231 株 (38.7%), 真菌 19 株 (3.2%); 血培养病原菌检出率最高的科室为 ICU 和急诊科; 病原菌中, 革兰阳性球菌以凝固酶阴性葡萄球菌、金黄色葡萄球菌和屎肠球菌为主; 表皮葡萄球菌对青霉素的耐药率达 96.8%, 对苯唑西林的耐药率为 86.3%; 金黄色葡萄球菌中 MRSA 的检出率为 20%; 表皮葡萄球菌和金黄色葡萄球菌中, 未发现对万古霉素、替加环素耐药的菌株, 对利奈唑胺的敏感率为 96%; 病原菌中的革兰阴性杆菌以大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌及鲍曼不动杆菌为主; 大肠埃希菌对左氧氟沙星耐药率可达 62.8%, 对亚胺培南敏感率为 97.7%, 对阿米卡星敏感率为 94.2%; 肺炎克雷伯菌对头孢曲松耐药率可达 52.4%, 对亚胺培南敏感率 100%, 对阿米卡星敏感率为

97.6%；大肠埃希菌与肺炎克雷伯菌中，产 ESBLs 菌株检出率较高，可达 53.9%；鲍曼不动杆菌对各种常用抗菌药物耐药率较高，对氨曲南的耐药率达 100.00%。

**结论** 我院检出的血流感染病原菌以凝固酶阴性葡萄球菌与肠杆菌为主，病原菌对常用抗菌药物均有不同程度的耐药，临床应加强细菌耐药趋势监测，合理选用抗菌药物。

PU-4732

## 系统性红斑狼疮外周血 NK 细胞 PD-1 表达和意义

罗清  
江西南昌大学第一附属医院

**目的** 探讨程序性死亡蛋白 1 (PD-1) 在系统性红斑狼疮 (SLE) 患者外周血自然杀伤细胞 (NK) 上的表达及临床意义，以阐明其在 SLE 发生和发展中的作用。

**方法** 应用流式细胞仪检测 44 例 SLE 患者和 34 例健康对照者外周血 NK 细胞表面 PD-1 表达水平，比较 SLE 组和健康对照组之间 NK 细胞表面 PD-1 表达水平；应用 t 检验或者非参数检验分析两组各指标的差异，采用 Pearson 相关分析 NK 细胞表面 PD-1 表达与实验室检查数据及临床表现的相关性

**结果** (1) SLE 患者 NK 细胞 PD-1 表达的平均荧光强度 (MFI) 显著高于健康对照组，差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ )；SLE 患者 NK 细胞 PD-1 表达百分率显著高于健康对照组，差异有统计学意义 ( $P = 0.021$ )。(2) SLE 患者外周血 NK 细胞上 PD-1 表达的 MFI 与血沉 (ESR) 呈正相关 ( $r = 0.40$ ,  $P = 0.009$ )，与红细胞计数 (RBC)、血红蛋白 (HGB)、红细胞压积 (HCT) 呈负相关 ( $r = -0.36$ ,  $P = 0.016$ ;  $r = -0.40$ ,  $P = 0.008$ ;  $r = -0.46$ ,  $P = 0.002$ )；且 C-反应蛋白 (CRP) 升高的 SLE 患者 NK 细胞 PD-1 表达的 MFI 显著高于 CRP 正常的 SLE 患者 ( $P = 0.006$ )。SLE 患者外周血 PD-1<sup>+</sup>NK 细胞百分率与 RBC 呈负相关 ( $r = -0.41$ ,  $P = 0.005$ )。(3) 发热组、低红细胞血症组、贫血组 SLE 患者外周血 NK 细胞上 PD-1 表达的 MFI 显著高于对应的阴性组，差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ ;  $P = 0.010$ ;  $P = 0.039$ )。低白细胞血症组 SLE 患者外周血 PD-1<sup>+</sup>NK 细胞百分率显著高于阴性者，差异有统计学意义 ( $P = 0.024$ )。

**结论** SLE 患者外周血 NK 细胞 PD-1 表达异常，与疾病的病情有明确的相关性。

PU-4733

## CEBPA-mediated upregulation of the lncRNA PLIN2 promotes the development of chronic myelogenous leukemia via the GSK3 and Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathways

Chengming Sun  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Accumulating evidence has shown that long noncoding RNAs (lncRNAs) are significant regulators of multiple cellular processes, including the development of chronic myelocytic leukemia (CML). However, the mechanism of how the lncRNA PLIN2 affects CML development remains unclear. In this study, we aimed to investigate the potential roles of CEBPA-mediated upregulation of PLIN2 in the process of CML development by regulating the GSK3 and Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathways.

**Methods** The expression of CEBPA, PLIN2, GSK-3 $\beta$  and  $\beta$ -catenin DNA was evaluated in neutrophils isolated from CML patients and healthy donors by quantitative PCR. Then we stably overexpressed CEBPA, PLIN2, GSK-3 $\beta$  in human CML cell line K562, and performed CCK-8

assay as well as flow cytometry to investigate the function of Per2 in regulating cell proliferation, cell apoptosis and cell cycle. In addition, we analyzed CEBPA、PLIN2、GSK-3 $\beta$  expression in chronic myeloid leukemia (CML) patients.

**Results** We found that both CEBPA and PLIN2 were expressed at significantly higher levels in CML. Simultaneously, we found that CEBPA upregulated the expression of PLIN2 and that there was a positive correlation between CEBPA and PLIN2 in CML patients. CEBPA promoted the progression of CML by upregulating PLIN2. We also found that PLIN2 increased the expression levels of AKT, p-AKT, GSK-3 $\beta$ ,  $\beta$ -catenin and Axin2/Conductin as well as promoted the progression of CML via the GSK3 and Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathways in vitro. Furthermore, we found that CEBPA-mediated upregulation of PLIN2 expression promotes tumor growth via GSK3 and Wnt/ $\beta$ -catenin signaling in vivo.

**Conclusions** our study provided a new theoretical basis for CML treatment through the CEBPA/PLIN2 axis.

#### PU-4734

### 妊娠期甲功三项 TSH、FT4、TPOAB 检测对 妊娠期妇女的意义

李姗姗

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 妊娠期甲状腺疾病是近十几年来内分泌学界和围产医学界研究的热点领域之一。甲状腺疾病是我国育龄妇女和妊娠前半期的常见病之一，妊娠妇女临床甲减、亚临床甲减和 TPOAb 阳性对妊娠结局和后代神经智力发育存在负面影响。2012 年 5 月《妊娠和产后甲状腺疾病诊治指南》中详细讲述了甲状腺功能的实验室检查，育龄妇女、妊娠期妇女检查妊娠期甲状腺功能的必要性和妊娠期妇女甲状腺功能异常未得到诊断治疗的危害。《妊娠和产后甲状腺疾病诊治指南》中还提出根据我国国情,本指南支持国内有条件的医院和妇幼保健部门对妊娠早期妇女开展甲状腺疾病筛查，筛查指标选择血清促甲状腺激素 TSH、游离甲状腺素 FT4、甲状腺过氧化物酶抗体 TPOAb。故探讨 TSH、FT4、TPOAB 检测对妊娠期妇女的意义。

**方法** 统计分析 2019 年 3 月到 2019 年 5 月来我检验中心检查的 455 位妊娠妇女的妊娠期甲功三项结果。

**结果** 其中存在异常结果 70 例，异常率 15 %。

**结论** 妊娠期甲功三项出现异常可能导致不良妊娠结局，在妊娠早期、中期、晚期进行妊娠期甲功三项检测能够及时的查找出孕妇所存在的甲状腺疾病,采取对应的措施加以处理可以有效降低各类不良事件以及医疗纠纷的发生,在临床上具有十分重要的应用价值。在孕前检查时进行妊娠期甲功检测,可避免不良结果发生,以达到优生优育的目的。

#### PU-4735

### RAAS 主要标志物在心房颤动中的临床价值研究

赵强,黄山

贵州省临床检验中心

**目的** 探讨肾素-血管紧张素-醛固酮系统（renin-angiotensin-aldosterone system, RAAS）主要标志物在心房颤动中的临床诊断及应用价值。

**方法** 分别收集正常对照组 100 例和行导管消融治疗的心房颤动患者 108 例；收集所有研究对象的一般临床资料和氨基端脑钠肽前体（N-terminal pro-brain natriuretic peptide, NT-proBNP）检测

结果,并用化学发光仪测定房颤患者术前及术后、对照组卧位血浆血管紧张素(Angiotensin II, Ang II)、肾素活性(Plasma rennin activity, PRA)、醛固酮(Aldosterone, ALD)、皮质醇(cortisol)水平。

**结果** 心房颤动组与正常对照组进行对比,其中 NT-proBNP、LAD 有统计学差异( $P<0.05$ );心房颤动组术前血浆 PRA、Ang II、ALD、cortisol 水平与对照组比较有统计学差异( $P<0.05$ ),术后血浆水平与对照组比较,同样有统计学差异( $P<0.05$ );心房颤动组术后血浆 PRA、Ang II、ALD、cortisol 水平明显升高,与术前相比,有统计学差异( $P<0.05$ )。

**结论** RAAS 主要标志物 PRA、Ang II、ALD 血浆水平可用于房颤的临床常规检查及诊断。

## PU-4736

### miR-192-5p 对胃癌细胞增殖和迁移的抑制作用研究

王战豪

成都市第三人民医院,610000

**目的** 探讨 miR-192-5p 对胃癌细胞增殖和迁移的生物学行为的影响及相关分子机制。

**方法** qPCR (Quantitative PCR) 检测胃癌组织和癌旁组织及胃癌细胞系中 miR-192-5p 表达水平;基因重组技术构建敲降 miR-192-5p 的慢病毒载体细胞株,miR-192-5p mimic 转染胃癌细胞株,检测细胞株的增殖和迁移;双荧光素酶报告基因检测 miR-192-5p 的靶分子;Western blot 检测敲降 miR-192-5p 的胃癌细胞株的蛋白表达水平。

**结果** 胃癌细胞 AGS、SGC-7901 的 miR-192-5p 表达显著高于 BGC-823、KATO-III、MGC-803,胃癌组织和正常组织的 miR-192-5p 的表达水平没有显著差异;敲降 miR-192-5p 后,细胞增殖和迁移能力较阴性对照组升高;而过表达 miR-192-5p mimic 后细胞增殖和迁移则明显受到抑制。双荧光素酶报告基因结果显示, BCL2 是 miR-192-5p 的靶分子。敲降 miR-192-5p 的胃癌细胞 AGS 和 SGC-7901 中 BCL2 蛋白的表达量显著增加。敲降 miR-192-5p 的胃癌细胞 AGS 和 SGC-7901 中, EMT 相关蛋白 Twist1、Snail2 表达升高,细胞凋亡及细胞周期相关蛋白 Capase3、Bax、PCNA 的表达没有差异。

**结论** 抑制 miR-192-5p, EMT 相关分子表达增强,并促进细胞迁移和增殖,而 miR-192-5p 模拟物则抑制胃癌细胞的迁移和增殖。miR-192-5p 可能通过对 BCL2 的靶向调控,促使胃癌细胞发生 MET,从而抑制胃癌细胞的增殖与迁移。

## PU-4737

### Elevated expression of Pglyrp1 in peripheral blood mononuclear cells and PGLYRP-1 in serum from systemic lupus erythematosus patients

Qing Luo, 自坤 黄, 俊明 李

The First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To determine whether Pglyrp1 in PBMCs or PGLYRP-1 in serum could serve as novel non-invasive biomarkers for SLE diagnosis.

**Methods** Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was used to measure the levels of PGLYRP-1 in serum. Quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to detect the levels of Pglyrp1 in peripheral blood mononuclear cells (PBMCs), and correlation analysis was used to analyze the relationship between the levels of Pglyrp1 in PBMCs and clinical characteristics. A receiver operating characteristic (ROC) curve was constructed to evaluate the diagnostic value of Pglyrp1 in PBMCs.

**Results** The expression of Pglyrp1 in PBMCs and PGLYPR-1 in serum from SLE patients were significantly increased compared to healthy controls (HC). ROC curve analysis suggested that Pglyrp1 in PBMCs has significant value of SLE diagnosis (AUC = 0.776), followed by PGLYPR-1 in serum (AUC = 0.695) and the Pglyrp1 in PBMCs provided better diagnostic accuracy. And, the risk score based on Pglyrp1 in PBMCs also significantly distinguished SLE patients from rheumatoid arthritis (RA) patients. The levels of Pglyrp1 in PBMCs was positively associated with erythrocyte sedimentation rate (ESR), C-reactive protein (CRP) and neutrophils (%). The levels of Pglyrp1 in PBMCs were negatively correlated with red blood cell (RBC), hematocrit (HCT) and lymphocytes.

**Conclusions** Pglyrp1 and PGLYPR-1 protein dysregulation may play a role in SLE pathogenesis, and the increased expression of Pglyrp1 in PBMCs from SLE patients may serve as potential biomarkers for SLE patient in future.

## PU-4738

### 鳞状上皮细胞癌抗原（SCCA）和细胞角蛋白 19 片段（CYFRA 21-1）在健康人群中的参考值范围

江铭磊<sup>1,2</sup>, 龚志赞<sup>1,2</sup>, 沈嘉斌<sup>1</sup>, 卢仁泉<sup>1,2</sup>, 郭林<sup>1,2</sup>

1. 复旦大学附属肿瘤医院, 200000

2. 复旦大学上海医学院

**目的** 血清鳞状上皮细胞癌抗原（SCCA）属于基因表型标志物，是由于基因表达和调控失常的结果，常出现在肿瘤的进展阶段。细胞角蛋白 19 片段（CYFRA 21-1）是一种上皮来源性质的肿瘤标志物，近年来在肿瘤临床应用的越来越广泛。健康人群参考范围的建立可帮助疾病的辅助诊断及疾病管理。本研究的目的在于建立健康人群中 SCCA 和 CYFRA 21-1 的参考值范围。

**方法** 在复旦大学附属肿瘤医院选取≥18 岁健康体检者的血清样本，用罗氏公司 SCCA 检测试剂盒（电化学发光法）和 CYFRA 21-1 检测试剂盒（电化学发光法）进行检测，检测结果先去除离群值，再进行正态性检验，对于偏态分布数据采用中位数、四分位间距组进行描述，以百分位数法确定参考范围。检测结果按照性别和年龄（18-49 岁组和≥50 岁组）进行比较。

**结果** 本研究共筛选 520 名健康体检受试者，最终 400 名受试者进入分析。其中 268 名受试者为女性，147 名受试者年龄≥50 岁。在全部受试者中，SCCA 的参考值范围上限为 3.07 ng/mL；CYFRA 21-1 的参考值范围上限为 4.90 ng/mL。通过性别和年龄对受试者进行亚组分析，女性受试者 SCCA 参考值范围上限为 3.00 ng/mL，男性为 3.44 ng/mL；女性 CYFRA 21-1 参考值范围上限为 4.52 ng/mL，男性为 5.96 ng/mL。≥50 岁的受试者 SCCA 参考值范围上限为 2.99 ng/mL；18-49 岁受试者为 3.09 ng/mL；≥50 岁的受试者 CYFRA 21-1 参考值范围上限为 5.96 ng/mL；18-49 岁受试者为 4.21 ng/mL。

**结论** 本研究建立了健康人群中 SCCA 和 CYFRA 21-1 的参考值范围。同时，亚组分析发现两个标志物的参考值范围与受试者的性别和年龄具有显著相关性（ $p < 0.05$ ）。

## PU-4739

## YgaE 在伤寒沙门菌克服环境高渗应激中 促进 HlyE 表达及溶血现象的研究

王敏,张海方,杜鸿  
苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 研究 ygaE 基因在伤寒沙门菌克服环境高渗应激中对溶血素相关基因 hlyE 表达水平以及在血琼脂平板上产生的溶血现象的影响。

**方法** 在等渗和高渗应激条件下,分别提取伤寒沙门菌野生株、ygaE 缺陷株的总 RNA,经逆转录后,利用 qRT-PCR 验证野生株、ygaE 缺陷株中 hlyE 基因的表达水平;在高渗应激条件下,使用浸有肾上腺素的滤纸片分别刺激血琼脂平板中伤寒沙门菌野生株、ygaE 缺陷株在血琼脂平板上的溶血现象。

**结果** 等渗及高渗应激条件下,伤寒沙门菌野生株 hlyE 基因的表达水平明显比 ygaE 缺陷株高。在高渗应激条件下,受肾上腺素刺激后,伤寒沙门菌野生株能在血琼脂平板上产生比 ygaE 缺陷株直径更大的溶血环。

### 结论

在克服环境高渗应激中,伤寒沙门菌 ygaE 基因可能促进溶血素相关基因 hlyE 的表达,继而促进溶血素 E 的释放,在血琼脂平板上产生显著的溶血现象。

## PU-4740

## 抗 Tim-3 抗体联合曲美替尼抑制黑色素瘤的免疫调控机制研究

蔡鹏程,刘扬,张倩雯,王雪萍,胡丽华  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨抗 Tim-3 抗体联合曲美替尼对黑色素瘤联合抑制作用的免疫调控机制。

**方法** 建立小鼠黑色素瘤皮下移植瘤模型,小鼠随机分为对照组,抗 Tim-3 单抗组,曲美替尼组,联合曲美替尼和抗 Tim-3 单抗组。比较各组小鼠肿瘤体积的大小,流式细胞术检测各组小鼠肿瘤浸润淋巴细胞中 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Treg 细胞和 NK 细胞的数量。

**结果** 曲美替尼能明显抑制 B16F10 细胞的生长,最高的抑制率发生在 4h,曲美替尼组与联合曲美替尼和抗 Tim-3 单抗组的抑制率分别为 22.3±0.83%,23.0±1.11%, $P<0.01$ 。与对照组相比,联合曲美替尼和抗 Tim-3 组的小鼠在第 23 天的肿瘤大小的抑制率为 40.8±2.19%, $P<0.01$ ,肿瘤体积明显被抑制。但对照组,曲美替尼组,TIM3 阻断组,曲美替尼与抗 TIM3 联合组四组内 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Treg 细胞和 NK 细胞所占的比例差别均无统计学意义。

**结论** 曲美替尼与抗 TIM3 联合作用对黑色素瘤具有更强的抑瘤效果,但未通过调节 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>Treg 细胞和 NK 细胞的数量来发挥其抗肿瘤免疫调控作用。

## PU-4741

## 多重 PCR 技术与流式细胞术在 B 细胞非霍奇金淋巴瘤骨髓侵犯鉴别诊断比较分析

杨惠聪,林洁,吴阿阳  
福建医科大学附属漳州市医院

**目的** 探讨多重 PCR 技术检测基因重排及流式细胞术检测淋巴细胞表面标志物在非霍奇金淋巴瘤诊断中的应用。

**方法** 为了比较流式细胞术和多重链接 PCR 技术的敏感性和特异性,我们采用 37 例 B-NHL 骨髓侵犯患者骨髓标本作为分析对象,20 例反应性淋巴组织增生患者骨髓标本为对照,同时采用流式细胞术和多重链接 PCR 技术检测,对结果进行分析,并与病理诊断及免疫组织化学结果进行比较,探讨两者的应用价值。

**结果** 在 37 例病理确诊为 B-NHL 患者骨髓的骨髓标本,PCR 检测结果 36 例阳性,1 例阴性;流式细胞术检测结果 34 例阳性,3 例阴性。

**结论** 多重 PCR 技术与流式细胞术检测骨髓标本在非霍奇金淋巴瘤鉴别诊断中具有一定的应用价值,多重 PCR 技术应用价值高于流式细胞术。

## PU-4742

## 11 例 PR3 与 MPO 同时阳性免疫荧光阴性病人临床特征分析

刘爱平,胡尧  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 分析 PR3 与 MPO 同时阳性而 pANCA 与 cANCA 阴性的病人,分析他们的临床特征,鉴别为感染性疾病,不要误诊为自身免疫性疾病。

### 方法

**方法:** 选取 2017.1.1 起就诊华山医院感染科的病人检测 PR3 与 MPO 同时阳性而 pANCA 与 cANCA 阴性 11 例,统计其他实验室检测指标:抗心磷脂抗体 (ACL),抗瓜氨酸抗体 (CCP),免疫球蛋白,铁蛋白,补体,抗核抗体谱等,分析患者的临床诊断,用药和预后。

**结果** 11 例病人其他自身免疫指标:ACA,CCP 检测值均高于正常,免疫球蛋白 M 高于正常者 7 例 (63.6%),免疫球蛋白 E 高于正常者有 7 例 (63.6%),免疫球蛋白 G/A/M/E 均高于正常者 2 例 (18.2%),11 例患者均出现了免疫球蛋白 G/A/M/E 单一高于正常水平,铁蛋白均高于正常,抗核抗体谱均为阴性,其中 10 例 ANA 定性实验为阴性,1 例为胞浆核仁型滴度 1:100。11 例病人虽反复多次血尿培养结果均为阴性,但其中七例被诊断为细菌感染 (两例胆道,一例尿路,一例阑尾,两例沙门菌感染,一例未找到感染灶);四例被为病毒感染可能性大,其中一例为意义未名的丙种球蛋白血症,均不是血管炎等自身免疫疾病,均未用激素,单独抗生素抗感染治疗有效,病人好转出院。

**结论** PR3, MPO 阳性, pANCA 与 cANCA 阴性的病人,不应考虑为自身免疫性疾病,而应为机体被感染时产生了超敏反应,产生了大分子的物质干扰了多项 ELISA 检测导致多项自身抗体包括 ACL 和 CCP 等呈现假阳性。



## PU-4743

## 分枝杆菌核酸检测在疑似结核及非结核分枝杆菌病鉴别诊断中的应用

王晓言<sup>1</sup>,袁超<sup>2</sup>

1.山东省立医院,250000

2.山东大学第二医院,250000

**目的** 探讨基于荧光定量 PCR 技术的分枝杆菌核酸检测对疑似结核及非结核分枝杆菌病 (NTM) 快速鉴别诊断的应用价值。

**方法** 收集山东省立医院呼吸科疑似结核病患者痰液标本, 经 BACTEC MGIT 960 快速培养获得 80 例阳性标本, 用 PNB 检测法对阳性标本做菌型鉴定, 获得结核分枝杆菌 68 株、非结核分枝杆菌 12 株; 将标准株 H37Rv、牛分枝杆菌作为结核分枝杆菌阳性对照, 将龟分枝杆菌、戈登分枝杆菌、胞内分枝杆菌作为非结核分枝杆菌阳性对照; 利用晶芯分枝杆菌核酸测试剂盒对临床标本及阳性对照进行核酸提取和 PCR 扩增, 分析荧光定量 PCR 技术鉴别分枝杆菌的敏感度和特异性, 并且比较该方法与 PNB 检测的一致性。

**结果** 分枝杆菌核酸检测 2 株标准株均为结核分枝杆菌阳性, 3 株非结核分枝杆菌均为非结核分枝杆菌阳性。分枝杆菌核酸检测针对结核分枝杆菌和非结核分枝杆菌的检出限高达 10 个菌/PCR 反应 (结核分枝杆菌) 和 100 个菌/PCR 反应 (非结核分枝杆菌)。荧光定量 PCR 方法检测临床标本的结核分枝杆菌阳性符合率为 95.59% (65/68), 非结核分枝杆菌阳性符合率 100% (12/12)。

**结论** 利用荧光定量 PCR 技术检测及鉴别分枝杆菌的方法灵敏度高、特异性强, 与金标准 PNB 法符合率高, 可为临床实验室分枝杆菌常规检测、流行病学非结核分枝杆菌病 (NTM) 调查及分析提供一个准确快速的辅助检查方法, 也为结核病临床防治工作提供重要的诊断依据和应用指导, 值得临床推广。

## PU-4744

## Decreased expression of TIGIT in NK cells correlates negatively with disease activity in systemic lupus erythematosus

Qing Luo, Xue Li, Junming Li

The First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To detect the expression of TIGIT on NK cells in patients with SLE, explore the function of TIGIT on NK cells and analyze the correlation between the levels of TIGIT on NK cells and activity of SLE.

**Methods** The expression of T-cell immunoreceptor with Ig and immunoreceptor tyrosine-based inhibitory domains (TIGIT) on NK cells was determined by flow cytometry and correlation with markers of autoimmune response, inflammation, disease activity and severity of SLE was further analyzed. Moreover, the function of TIGIT on NK cells in SLE was investigated.

**Results** The frequency of TIGIT-expressing NK cells was significantly decreased in SLE patients. The frequency of TIGIT-expressing NK cells in patients with SLE was decreased significantly in subjects with low complement, positive anti-ribosomal RNP (anti-rRNP), and high SLE Disease Activity Index (SLEDAI) score. Furthermore, the frequency of TIGIT-expressing NK cells was significantly increased in SLE patients after regular treatment. In addition, the activation marker CD69, degranulation marker CD107a and cytokine IFN- $\gamma$  production potential of TIGIT<sup>+</sup> NK cells were significantly lower than those of TIGIT<sup>-</sup> NK cells. Blocking the TIGIT pathway by functional anti-TIGIT monoclonal antibody restored IFN- $\gamma$  secretion of NK cells. In conclusion, TIGIT

expression was significantly decreased on NK cells in patients with SLE and correlated negatively with disease activity and severity of SLE. Additionally, the functional potential of TIGIT<sup>+</sup> NK cells was significantly decreased compared with TIGIT<sup>-</sup> NK cells.

**Conclusions** TIGIT is a powerful negative regulator of NK cells in SLE.

## PU-4745

### 血清 $\beta$ -HCG 与阴道超声下子宫内膜厚度联合检测 在异位妊娠早期的诊断价值

刘娟

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 将血清人绒毛膜促性腺激素  $\beta$ -HCG 与阴道超声联合检测, 评价其在异位妊娠中的诊断价值。

**方法** 收集吉林大学第一医院疑似异位妊娠标本 358 例, 采用化学发光法测定血清  $\beta$ -HCG 水平, 彩色多普勒超声诊断仪进行阴道超声检查子宫内膜厚度。

**结果** 经血清  $\beta$ -HCG、阴道超声以及手术和病理检查确诊正常妊娠组 80 例、自然流产组 82 例、异位妊娠 196 组例。妊娠周数比较, 即正常妊娠组 ( $6.02 \pm 0.36$ ), 妊娠流产组 ( $5.81 \pm 0.34$ ) 与异位妊娠组 ( $5.27 \pm 0.49$ ), 三者比较无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。在相同条件下 (妊娠 5-7 周), 正常妊娠组血清  $\beta$ -HCG 值 ( $1252.07 \pm 189.01 \text{ U/L}$ ) 明显高于妊娠流产组 ( $900.50 \pm 192.22 \text{ U/L}$ ) 及异位妊娠组 ( $824.63 \pm 229.02 \text{ U/L}$ ), 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而流产妊娠组与异位妊娠组相比差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。超声诊断子宫内膜厚度显示, 正常妊娠组 ( $11.33 \pm 0.77 \text{ mm}$ ) 大于妊娠流产组 ( $7.93 \pm 1.22 \text{ mm}$ ) 及异位妊娠组 ( $6.69 \pm 1.49 \text{ mm}$ ) ( $P < 0.05$ ), 但后两者相比差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。诊断异位妊娠, 单独检测血清  $\beta$ -HCG 结果符合率为 45.9%, 单独检测子宫内膜厚度结果符合率为 51.0%, 联合检测诊断符合率为 98% ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清  $\beta$ -HCG 联合阴道超声下检查子宫内膜厚度能更有效诊断异位妊娠。

## PU-4746

### ELISA 检测中的影响因素

曾筱倩

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 简单总结影响 ELISA 的各种影响因素

**方法** ELISA 法的影响因素较多, 主要有以下几个方面: (1) 试剂盒; (2) 标本; (3) 实验原理或操作方法; (4) 环境因素。这些因素会造成检测结果的假性升高或降低, 造成临床诊断的误差。

**结果** 目前酶联免疫吸附试验 (ELISA) 是临床实验室常用的一种标记免疫技术, 具有操作简便、灵敏度较高、试剂成本低、适于大批人群抗原抗体筛查等特点, 广泛应用于肝炎病毒、艾滋病毒、自身免疫抗体等的筛查。但 ELISA 法的影响因素较多, 主要有以下几个方面: (1) 试剂盒; (2) 标本; (3) 实验原理或操作方法; (4) 环境因素。这些因素会造成检测结果的假性升高或降低, 造成临床诊断的误差。

**结论** 在日常工作中, 我们需要总结了解 ELISA 法中的各种影响因素并加以预防控制, 保证结果的准确性。

## PU-4747

## Structure and characterization of a NAD(P)H-dependent carbonyl reductase from *Pseudomonas aeruginosa* PAO1

Shanshan Li

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** To investigate the function of the pa4079 gene from the opportunistic pathogen *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, we determined its crystal structure and confirmed it to be a NAD(P)-dependent short-chain dehydrogenase/reductase.

**Methods** Comparison of apo- and holoPA4079 shows that NADP stabilizes the active site specificity loop, and small molecule binding induces rotation of the Tyr183 side chain by approximately 90° out of the active site. Quantitative real-time PCR results show that pa4079 maintains high expression levels during antibiotic exposure.

**Results** Structural similarity and activity for a broad range of substrates indicate that PA4079 functions as a carbonyl reductase. Quantitative real-time PCR results show that pa4079 maintains high expression levels during antibiotic exposure.

**Conclusions** This work provides a starting point for understanding substrate recognition and selectivity by PA4079, as well as its possible reduction of antimicrobial drugs.

## PU-4748

## 细胞块石蜡包埋切片在鉴别良恶性胸腹腔积液中的应用

王翌

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 通过细胞块石蜡包埋切片的方法获取更多的细胞成分, 提高恶性胸腹腔积液的阳性检出率, 并进一步实施免疫细胞化学染色, 以鉴别肿瘤细胞来源。

**方法** 收集本院临床送检的胸腹腔积液标本 40 例, 离心沉淀后将胸腹水沉淀物经石蜡包埋切片制备细胞块切片, 同时提取沉淀物中间层细胞制备细胞涂片。所有标本均由两名细胞病理学医生采用双盲法阅片。诊断报告采用 3 级分类法, 即: 找到癌细胞; 找到可疑癌细胞; 未找到癌细胞。以找到癌细胞判定为阳性, 即恶性胸腹腔积液。分别计算细胞块切片及细胞涂片的阳性检出率及临床符合率。并用  $X^2$  对各组阳性检出率比较分析。  $P < 0.1$  为有统计学差异。

**结果** 细胞块切片组的阳性检出率为 21.43% (9/42), 细胞涂片组阳性检出率为 14.29% (6/42) ( $P > 0.1$ , 无统计学差异), 前者阳性检出率较后者提高了 49.97%; 细胞块切片组的临床符合率为 95.23%, 细胞涂片组临床符合率为 88.10% ( $P > 0.1$ , 无统计学差异), 前者临床符合率较后者提高了 8.10%。

**结论** 一方面由于细胞块切片可收集更多的细胞成分, 不受胸腹水易形成凝块的影响; 另一方面, 细胞块切片中有时可见组织结构, 如细胞呈腺腔样排列, 与传统涂片相比, 易于做出准确诊断。同时, 细胞块可长期保存、反复切片, 得到相对一致的细胞学切片, 并且不易掉片, 为进一步应用免疫细胞化学染色提供有利条件, 是值得推广的制片技术。

## PU-4749

## 超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP) 在金黄色葡萄球菌血症深部感染中的诊断预测价值

王际亮,牟佩佩  
胜利油田中心医院,257000

**目的** 探讨超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)在金黄色葡萄球菌血症患者中对深部感染的诊断预测价值。

**方法** 回顾分析 2017 年 6 月至 2019 年 2 月胜利油田中心医院收治的 130 例金黄色葡萄球菌血症患者, 男性患者 91 例, 女性患者 39 例, 年龄 60~85 岁, 平均年龄 72 岁, 以是否发生深部感染进行分组, 其中发生深部感染 96 例, 未发生深部感染 34 例, 并于血培养阳性当天、第 7 天、第 14 天分别测定 hs-CRP。分析 hs-CRP 对金黄色葡萄球菌血症患者深部感染的预测价值。两组间正态分布参数比较应用独立样本 t 检验。

**结果** 发生深部感染患者组 hs-CRP 血培养阳性当天 (185mg/L)、第 7 天 (79mg/L)、第 14 天 (45mg/L) 均显著高于未发生深部感染患者组 (97mg/L、32mg/L、16mg/L,  $p<0.01$ )。hs-CRP 于血培养阳性后第 7 天和第 14 天预测发生深部感染的受试者工作特征(ROC)曲线下面积分别为 0.68 (95% CI, 0.58–0.79;  $p=0.004$ )、0.86 (95% CI, 0.79–0.94;  $p<0.0001$ )。血培养阳性第 7 天超敏 CRP 预测深部感染阳性临界值分为 66 mg/L, 敏感度为 73.0%, 特异度为 55%和, 第 14 天阳性临界值 61mg/L, 敏感度为 82.0%, 特异度为 80.0%。

**结论** 超敏 CRP 能较好的早期预测金黄色葡萄球菌血症患者的深部感染, 对评估治疗和预后有重要意义。

## PU-4750

## 急性心肌梗死患者 BNP、hs-CRP 和 HCY 水平与冠状动脉病变严重程度的相关性研究

杨惠聪,吴阿阳,林洁  
福建医科大学附属漳州市医院

**目的** 通过测定不同程度冠脉病变的 AMI 患者血清中 BNP、hs-CRP、HCY 水平变化, 探究其与冠脉病变的关系, 确定在 AMI 早期诊治中联合检测 BNP、hs-CRP 和 HCY 的指导性诊断价值。

**方法** 选用 2013 年 1 月至 2014 年 12 月在福建医科大学附属漳州市医院心内科确诊为 AMI 并于入院后行冠状动脉造影术的患者 122 例。通过三项指标水平和冠脉造影显示的冠脉病变支数、狭窄程度等结果, 分析比较 BNP、hs-CRP 和 HCY 水平冠脉病变严重程度的关系。

**结果** AMI 患者血浆 BNP、hs-CRP 和 HCY 水平显著高于冠脉正常者, 三者水平与 AMI 患者冠脉病变支数及狭窄程度呈正相关。

**结论** 血浆 BNP、hs-CRP 和 HCY 水平是冠状动脉病变的独立危险因素, 可作为分级诊断提供理论依据应用于临床 AMI 患者冠脉病变严重程度的判断中。

## PU-4751

## 血 PCT、CRP、WBC 及 NEU 绝对值检测在血流感染早期诊断中的临床价值分析

王景秀

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨感染性指标降钙素原 (procalcitonins,PCT)、C-反应蛋白(C-reactiveprotein,CRP)、白细胞 (white blood cell,WBC) 及中性粒细胞 (neutrophil,NEU) 绝对值在血流感染 (bloodstreaminfection,BSI) 早期诊断中的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析 2017 年 10 月至 2019 年 2 月昆明医科大学第一附属医院住院患者中同时送检血培养、PCT、CRP、血细胞分析的患者 181 例,以血培养结果将患者分为血培养阳性组和血培养阴性组,再从血培养阳性中分出革兰阳性细菌组和革兰阴性细菌组,比较两组中各感染指标的水平变化。应用受试者工作特征 (ROC) 曲线评价各指标在血流感染早期诊断中的临床价值。

**结果** 90 例血培养阳性患者与 91 例血培养阴性患者中血培养阳性组 PCT、CRP、WBC、NEU 绝对值水平显著高于血培养阴性组 PCT、CRP、WBC、NEU 绝对值水平,差异有统计学意义 ( $Z=-6.842$ ;  $Z=-5.916$ ;  $Z=-2.976$ ;  $Z=-3.847$ ,  $P<0.05$ )。血培养阳性中革兰阴性细菌组 PCT 及 CRP 水平显著高于革兰阳性细菌组 PCT 及 CRP 水平,差异有统计学意义 ( $Z=3.146$ ;  $Z=2.086$ ,  $P<0.05$ ); 而 WBC、NEU 绝对值结果比较差异无统计学意义 ( $Z=-0.010$ ;  $Z=0.244$ ,  $P>0.05$ )。以血培养阳性为阳性标准绘制 ROC 曲线, PCT、CRP、WBC 和 NEU 绝对值的 AUC 分别为 0.794、0.755、0.628、0.666,对 BSI 均有一定诊断价值 ( $P<0.05$ ),其中 PCT 的诊断性能最佳,其次为 CRP。

**结论** PCT、CRP、WBC 和 NEU 绝对值均可作为 BSI 的辅助诊断指标,对血培养结果有较好的预测价值,其中 PCT 对 BSI 的早期诊断价值最高,CRP 次之。联合检测 PCT、CRP、WBC 和 NEU 绝对值可以辅助早期诊断血流感染,判断病原菌类型,及早治疗,改善预后。

## PU-4752

## 四种计算低密度脂蛋白胆固醇公式包含 Martin 方法的比较

车翔林

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 比较 Martin 方法在内的四种计算低密度脂蛋白胆固醇公式的准确性。

**方法** 两个检测血脂四项且年龄 18 岁及以上的独立人群 (门诊患者 95831 人和中国健康营养调查 CHNS7875 人) 用于计算和采用组内相关系数 (ICC) 评估与直接测量比较四种方法 (Friedewald、Martin、DeLong、Chen) 的准确性。

**结果** 在门诊患者人群, DeLong 公式显示出最高的 ICC (0.989, 95%CI (0.988-0.989) 与 Friedewald 公式 ICC (0.987, 95%CI (0.987-0.987), Martin 方法 ICC (0.987, 95%CI (0.987-0.987), Chen 公式 ICC (0.986, 95%CI (0.985-0.986) 相比。在 CHNS 代表的普通人群, DeLong 公式显示出最高的 ICC (0.987, 95%CI (0.986-0.987) 与 Friedewald 公式 ICC (0.984, 95%CI (0.984-0.985), Martin 方法 ICC (0.983, 95%CI (0.982-0.983), Chen 公式 ICC (0.980, 95%CI (0.979-0.981) 相比。

**结论** 第一次用中国人群来验证 Martin 方法估计 LDL-C 的准确性,与其他方法相比, DeLong 公式显示出更好的性能或许 Martin 方法并不适合中国人。

## PU-4753

## 外周血 sTREM-1 联合 PCT 检测在小儿肺炎诊断中的应用价值

张平,万芙蓉  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨外周血可溶性髓系细胞触发受体-1 (sTREM-1) 和降钙素原 (PCT) 在儿童细菌性肺炎诊断中的应用价值。

**方法** 收集我院 2016 年 1 月-2018 年 12 月收治的小儿肺炎患者 85 例作为实验组,同时选取我院行健康体检的受检者 120 例作为对照组。检测两组外周血 sTREM-1、PCT 的水平。

**结果** 观察组血清 sTREM-1 和 PCT 水平均分别显著高于对照组水平 ( $P < 0.05$ )。两个指标联合应用可大大提升细菌性肺炎诊断的准确性,诊断敏感性较高,为 89.01%,特异性为 90.12%。

**结论** 外周血 sTREM-1 与 PCT 联合检测可显著提升小儿肺炎的诊断符合率,尤其对于及时早期诊断,以及指导临床治疗具有较高的应用价值。

## PU-4754

## 血液分析流水线与医院信息管理系统融合探索

刘伟  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 探索血液分析流水线与医院信息系统融合,优化血液分析流程,减少人力干预,提高标本周转效率。

**方法** 我科安装的希森美康 XN 系列血细胞分析流水线由 Sysmex TS-10 试管自动分类系统、XN 系列全自动血液分析仪、SP-10 全自动推片机、D1-60 全自动细胞形态学分析仪以及 ST 系列进样池/存储池和 CV 系列搬送器组成。我室结合实际工作情况,通过将医院信息管理系统与流水线中间软件 Labman 6.0 进行融合对接,事先标本分析的自动化与智能化。

**结果** 通过将医院信息管理系统与流水线中间软件 Labman 6.0 进行融合对接,初步实现了由标本上机编号,仪器分配检测,3R 复检,自动推片,自动阅片和标本归档自动化执行完整流程。

**结论** 简化了工作流程,缩短了周转时间,提高了工作效率和质量。

## PU-4755

## 血清降钙素原 (PCT) 对血流感染致病菌的鉴别诊断

丁春雨  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨血清降钙素原 (PCT) 对临床常见细菌血流感染的鉴别诊断价值。

**方法** 收集血流感染阳性且检测 PCT 指标的患者病例,选取非参数检验的统计学方法进行回顾性分析。

**结果** 常见血流感染致病细菌中大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌的 PCT 值有显著差异,凝固酶阴性葡萄球菌的 PCT 值明显低于其他各菌,大肠埃希菌的 PCT 值最高。

**结论** PCT 在血流感染致病菌菌种鉴定上具有明确的作用。

## PU-4756

## 血清中糖化血红蛋白、胱抑素 C、 $\beta_2$ -微球蛋白及尿素氮与肌酐的比值联合检测在早期糖尿病肾病中的诊断价值

陈潇楷

惠州市第一人民医院

**目的** 探讨联合检测血清中  $\beta_2$ -微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG)、糖化血红蛋白 (HbA1c)、尿素氮与肌酐的比值 (urea nitrogen/creatinine, BUN/Scr) 以及胱抑素 C (Cys C) 四项指标在早期糖尿病肾病中的诊断价值。

**方法** 验组选择惠州第一人民医院 50 例的糖尿病肾病患者, 另外对照组的选择是, 同时间段在同一医院进行健康体检的 50 名健康人, 分别采用免疫透射比浊法、离子交换高压液相法、速率法、苦味酸速率法和乳胶免疫比浊法的方法, 对两组实验对象血清中的  $\beta_2$ -微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG)、糖化血红蛋白 (HbA1c)、尿素氮 (BUN)、肌酐 (Scr) 与胱抑素 C (Cys C) 的含量水平进行检测, 并比较各项指标的测定结果, 计算并对比这四个指标单项检测与联合检测的结果, 分析其对诊断早期糖尿病性肾病的阳性检出率和诊断效能评价指标, 即灵敏度、准确度和特异度。

**结果** 试验组的四项指标的检测结果均较正常组高, 差别具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。相比起四项指标的单项检测, 联合检测结果的阳性检出率和诊断效能评价指标, 即灵敏度、准确度和特异度均较高。

**结论** 联合检测血清中糖化血红蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白、尿素氮与肌酐的比值及胱抑素 C 这四项指标对早期糖尿病肾病具有重要的临床诊断价值, 可提高疾病阳性检出率和诊断效能评价指标的结果。

## PU-4757

## The transcription factor cMaf is targeted by mTOR, and regulates the inflammatory response via the TLR4 signaling pathway.

Chengming Sun

Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** cMaf is a leucine-zipper transcription factor that is involved in cell differentiation, oncogenic transformation, and human diseases; however, the functions of cMaf in inflammatory responses in macrophages are still not fully understood.

**Methods** Western blot analysis showed that cMaf expression was induced by lipopolysaccharide (LPS) stimulation in mouse macrophages. An enzyme-linked immunosorbent assay was performed to detect the level of expression of inflammatory cytokines after knockdown of cMaf expression in macrophages using a small interfering RNA (siRNA).

**Results** Signaling pathway inhibitor analyses indicated that extracellular signal-related kinase and phosphoinositide 3-kinase contribute to mammalian target of rapamycin phosphorylation (mTOR), which controls cMaf expression at the translational level by regulating the expression of eIF4E-binding protein 1 and S6 ribosomal kinase 1 in response to Toll-like receptor 4 signaling. Histopathological findings of the lung and a survival analysis showed that mice transplanted with cMaf-knockdown macrophages were more susceptible to LPS challenge.

**Conclusions** our study revealed that the control of cMaf expression at the translational level by mTOR regulated the expression of inflammatory genes in response to LPS challenge. Moreover, cMaf protected mice from septic shock indicating that cMaf may improve host fitness, thereby enabling the survival of certain infectious diseases.

## PU-4758

## 血清 hcy dd 及颈动脉斑块的联合检测在脑卒中的应用价值

谷秀娟

延安大学附属医院,716000

**目的** 探讨血清 hcy dd 及颈动脉斑块的联合检测在脑卒中的应用价值

**方法** 选取本院 2016 年 10 月-2017 年 2 月确诊为脑卒中患者 192 例为实验组, 根据斑块性质为无斑块组, 软斑块组, 混合型块组和硬斑块组; 选取同期健康体检者 98 例为健康对照组; 检测并比较各组血清 Hcy、D-D 及颈动脉斑块类型。

**结果** 实验组中血清 Hcy、D-D 与颈动脉斑块阳性率水平明显高于健康对照组, 差异有明显的统计学意义 ( $P<0.05$ ); 实验组中血清 Hcy、D-D 及颈动脉斑块联合检测提高了检测结果的阳性率与灵敏度; 软斑块组患者 Hcy 水平平均高于硬斑块和无斑块组患者, 硬斑块组 Hcy 水平高于无斑块组 ( $P<0.05$ ); 软斑组和混合斑块组 D-D 显著高于其他两组 ( $P<0.05$ ), 而硬斑块组与无斑块组之间差异无显著差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 血清 Hcy、D-D 及颈动脉斑块的联合检测能够从脑卒中的不同阶段具有一定的应用价值。

## PU-4759

## 红细胞分布宽度和血小板平均体积与结直肠癌的相关性

丁宁

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析结直肠癌患者红细胞分布宽度 (RDW) 和平均血小板体积 (MPV) 升高的相关性。

**方法** 分析 2016 年 1 月至 2017 年 11 月期间武汉协和医院确诊结直肠癌患者 142 例作为研究对象, 并以同期疑似症状但排除结直肠癌患者 176 例作为对照组 1, 健康人 199 例作为对照组 2。

**结果** 结直肠癌患者 RDW ( $14.58\pm2.30$ ) % 和 MPV ( $10.75\pm1.10$ ) fl 均明显高于对照组 RDW ( $12.84\pm0.61$ ) % 和 MPV ( $9.87\pm1.19$ ) fl ( $P<0.01$ )。且 RDW 和 MPV 在结直肠癌各分期之间无明显统计学差异 ( $P>0.05$ )。RDW 预测结直肠癌的 ROC 曲线下面积为 0.816, 诊断的最佳截断值为 13.2%, 敏感度和特异性分别为 74.6% 和 71.6%。MPV 预测结直肠癌的 ROC 曲线下面积为 0.732, 诊断的最佳截断值 10.1fl, 敏感度和特异性分别为 76.1% 和 65.9%。

**结论** 结直肠癌患者 RDW 和 MPV 水平明显高于对照组, 能够作为早期筛查结直肠癌的指标, 但对于肿瘤分期则无显著意义。

## PU-4760

## Structural insights into YfiR sequestering by YfiB in *Pseudomonas aeruginosa* PAO1

Shanshan Li

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** YfiBNR is a tripartite signalling system in *Pseudomonas aeruginosa* that modulates intracellular c-di-GMP levels in response to signals received in the periplasm. YfiB is an outer membrane lipoprotein and presumed sensor protein that sequesters the repressor protein YfiR.



To provide insights into YfiBNR function, we have determined three-dimensional crystal structures of YfiB and YfiR from *P. aeruginosa* PAO1 alone and as a 1:1 complex.

**Methods** We have determined three-dimensional crystal structures of YfiB and YfiR from *P. aeruginosa* PAO1 alone and as a 1:1 complex. A YfiB(27–168) construct is predominantly dimeric, whereas a YfiB(59–168) is monomeric, indicating that YfiB can dimerize via its N-terminal region. YfiR forms a stable complex with YfiB(59–168), while the YfiR binding interface is obstructed by the N-terminal region in YfiB(27–168).

**Results** The YfiB-YfiR complex reveals a conserved interaction surface on YfiR that overlaps with residues predicted to interact with the periplasmic PAS domain of YfiN. Comparison of native and YfiR-bound structures of YfiB suggests unwinding of the N-terminal linker region for attachment to the outer membrane.

**Conclusions** A model is thus proposed for YfiR sequestration at the outer membrane by YfiB. Our work provides the first detailed insights into the interaction between YfiB and YfiR at the molecular level and is a valuable starting point for further functional and mechanistic studies of the YfiBNR signalling system.

## PU-4761

### 反向点杂交法和荧光法检测人乳头瘤病毒的比较分析

史梅

常州市第一人民医院, 213000

**目的** 将本实验室开展的反向点杂交人乳头瘤病毒 HPV 基因分型法与荧光 PCR 法两种检测 HPV DNA 的方法进行比对, 以判断两种方法检测结果的一致性是否满足临床要求。

**方法** 采集 2017 年 12 月到 2018 年 4 月 496 例常州地区宫颈刷标本, 采用 PCR-反向点杂交法与荧光法分别对其进行检测。

**结果** 1、496 例标本中反向点杂交阳性标本有 143 例, 阴性有 353 例, 其阳性率为 28.83%(143/496); 荧光 PCR 法检测阳性标本有 146 例, 阴性标本 350 例, 阳性率为 29.44%(146/496)。两种方法的阳性率没有统计学差异 ( $P>0.05$ ) 2、496 例宫颈刷标本中, 反向点杂交与荧光 PCR 两者符合的有 475 例, 其中皆阳性有 134 例, 均阴性有 341 例; 两种方法检测结果差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 两者间的一致性较好 ( $\kappa=0.897$ )。

**结论** 反向点杂交与荧光 PCR 两种方法检测 HPV DNA 的方法一致性较好, 能满足临床需要。

## PU-4762

### 血液体液分析仪联合瑞吉染色在恶性积液诊断中的应用

刘燕

济宁医学院附属医院, 272000

**目的** 探讨 Sysmex XN 血液体液分析仪体液模式联合瑞吉染色对恶性积液诊断的价值。

**方法** 利用 Sysmex XN 血液体液分析仪体液模式对本院 2018 年 11 月至 2019 年 4 月 220 例浆膜腔积液标本进行细胞计数, 同时对高荧光细胞计数(HF-BF#)阳性的浆膜腔积液进行离心取沉淀制片瑞吉染色, 以病理科诊断报告为金标准。对瑞吉染色检出率与病理科确诊率进行比较, 数据采用 spss19.0 软件进行统计分析。评估浆膜腔积液高荧光细胞联合瑞吉染色对恶性积液诊断的应用价值。

**结果** 收集 220 例标本中, 92 例 HF-BF 阳性, 26 例瑞吉染色查见恶性细胞, 经病理诊断确认 28 例为恶性肿瘤。瑞吉染色检出率和病理诊断率  $P>0.05$ , 差异无统计学意义。

**结论** Sysmex XN 血液体液分析仪体液模式高荧光细胞计数可以作为恶性积液的一种筛查方法,后者联合瑞吉染色可以提高恶性积液的诊断率。二者结合既降低了漏诊率又提高了确诊率,可以及时为临床提供诊断学依据。

#### PU-4763

### Aberrantly expressed transcription factors C/EBP and SOX4 have positive effects in the development of chronic myeloid leukemia

Chengming Sun  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** The aim of the present study was to examine the expression and significance of CCAAT/enhancer binding protein  $\alpha$  (C/EBP $\alpha$ ) and SRYrelated high mobility group box containing transcription factor 4 (SOX4) in chronic myeloid leukemia (CML).

**Methods** Bone marrow samples were collected from patients with CML, and peripheral blood mononuclear cells were collected from healthy controls. Protein and mRNA were extracted from the collected samples, and analyzed using western blotting and reverse transcription-quantitative polymerase chain reaction analyses, respectively. A total of 79 patients, including 57 patients with newly diagnosed CML and 22 patients treated with imatinib therapy, and 30 controls were enrolled.

**Results** The expression of SOX4 was upregulated in the patients with CML, whereas the expression of C/EBP $\alpha$  was downregulated ( $P<0.05$ ) (Figure 1). However, no differences were observed among the chronic, accelerated and blastic CML phases, respectively ( $P>0.05$ ). In addition, no associations were found between the changes in expression and age, gender, white blood cells or the expression of breakpoint cluster region/abelson in patients ( $P>0.05$ ). However, the expression of SOX4 was negatively correlated with the expression of C/EBP $\alpha$  ( $P<0.01$ ) (Figure 2). Following imatinib treatment, the expression of SOX4 was downregulated in the progressionfree patients, but upregulated in the blastic phase patients, whereas the expression of C/EBP $\alpha$  showed the opposite trend (Figure 3).

**Conclusions** C/EBP $\alpha$  and SOX4 were important and negatively associated with the process of CML, and the C/EBP $\alpha$ SOX4 axis may be a novel potential therapeutic target for the treatment of CML.

#### PU-4764

### 浅析 EDTA 依赖性血小板聚集原因以及纠正方法

丁宁  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 初步分析 EDTA 依赖性血小板聚集的原因以及采用不同方法纠正聚集的可行性。

**方法** 2018 年 1 月至 2019 年 2 月武汉协和医院门诊 EDTA 依赖性血小板聚集患者 22 例作为研究对象,重新采血,并对其加入阿米卡星前后血小板表面抗原进行分析,结合稀释法、枸橼酸钠抗凝剂法、网织红通道法、阿米卡星法进行再次血小板检测。

**结果** 其中 80%患者加入阿米卡星前后抗原位点有变化且加入药物后血小板能够解聚。不同的血小板纠正方法均能相应的纠正血小板计数,但尚未有哪种方法能够纠正所有病例。

**结论** 大部分 EDTA 依赖性血小板聚集是由抗原抗体介导的,但尚有其他不明机制存在。纠正 EDTA 依赖性血小板聚集要结合多种方法同时进行,而避免因单一方法无法解聚的情况出现。

PU-4765

## 血清 IgE 浓度与肾脏损伤性疾病的相关性研究

马舒婷,谢凤

吉林大学第三医院分院(中日联谊三部),130000

**目的** 探讨血清 IgE 的浓度变化与肾脏损伤性疾病的相关性

**方法** 选择 50 例吉林大学中日联谊医院初诊有肾脏损伤疾病的患者为疾病组,选择同期来该院体检的 100 例无过敏性反应及其他疾病的健康人作为对照组。采用贝克曼库尔特 IMMAGE 800 特定蛋白分析仪对疾病组和对照组进行血清 IgE 浓度的测定。

**结果** 疾病组血清的 IgE 浓度升高程度高于对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 IgE 浓度升高与肾脏损伤性疾病的发病可能具有相关性。

PU-4766

## 不同阶段原发性胆汁性胆管炎患者外周血 T 淋巴细胞亚群变化

李卓敏,王晓宁,聂秋燕,刘晴,郑芳芳,韩旭,古媛,田野,张岩,谭延国  
首都医科大学附属复兴医院,100000

**目的** 了解原发性胆汁性胆管炎(PBC)患者外周血单个核细胞中 CD4+T 细胞及调节性 T 细胞(Treg)的改变。

**方法** 采用流式细胞术分析 36 例 PBC 患者及 15 例健康对照外周血 PBMC 中 CD4+T 细胞及 CD4+CD25+FoxP3+Treg 百分比差别及不同疗效及临床分期 PBC 患者治疗前后 Treg 含量变化

**结果** 1. PBC 患者外周血中 CD4+T 细胞数量( $42.71\% \pm 6.12\%$ )与正常人( $47.72\% \pm 5.88\%$ )比较变化不大,但 PBC 患者 CD4+CD25+FoxP3+Treg 数量( $3.61\% \pm 1.82\%$ )比正常人( $9.8\% \pm 4.7\%$ )显著降低且  $P<0.05$ 。2. 分析 PBC 患者治疗前 Treg 数量及实验室指标相关性,可见 PBC 患者 Treg 数量与 ALP( $r=0.257$ ,  $P=0.03<0.05$ )、IgM( $r=0.241$ ,  $P=0.045<0.05$ )等生化指标呈正相关关系,CD4+T 与年龄( $r=-0.252$ ,  $P=0.033<0.05$ )呈负相关。3. Treg%在不同疗效 PBC 患者组内(无应答组  $P=0.511>0.05$ ; 应答良好组  $P=0.662>0.05$ )及组间(治疗前  $P=0.564>0.05$ ; 治疗后  $P=0.256>0.05$ )均无统计学差异,仅在第二阶段 PBC 患者显著升高( $P=0.033<0.05$ )。

**结论** 与正常人对 PBC 患者外周血 CD4+CD25+FoxP3+Treg 显著降低。Treg 数量与 ALP、IgM 等生化指标呈正相关,CD4+T 仅与年龄呈负相关。早期 PBC 患者体内 Treg 数量显著高于其它分期,UDCA 治疗并不会影响 PBC 患者体内 Treg%含量。

PU-4767

## 鲁西南地区孕产期女性乙型肝炎病毒感染情况分析

冯善丽

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 了解孕产妇乙型肝炎病毒(简称 HBV)的感染率和感染模式,为预防控制乙肝母婴传播和新生儿母婴阻断提供参考依据。

**方法** 选取鲁西南地区 2018 年 5 月至 2019 年 5 月医疗机构门诊、住院孕产期妇女作为研究对象,采用化学发光分析法检测其血清乙肝病毒标志物,了解其乙肝病毒感染率和感染模式,然后进行结果分析。

**结果** 鲁西南地区 2018 年 5 月至 2019 年 5 月孕产妇共 24058 例,乙肝病毒感染者 1008 例,平均感染率为 4.19%。18~20 年龄段孕产妇乙肝病毒阳性率最低为 1.47%,21~30 年龄段阳性率约为 3.75%,31~40 年龄段阳性率约为 4.83%,41~45 岁年龄段孕产妇乙肝病毒阳性率为最高为 6.42%。孕产妇 HBV 感染以小三阳和大三阳为主要感染模式,其中大三阳约为 14.65%,小三阳约为 81.97%,其他(乙肝表面抗原和 e 抗原阳性,乙肝表面抗原和核心抗体阳性)约为 3.28%。

**结论** 鲁西南地区孕产妇乙肝感染率较高,表明该地区仍为乙肝高流行地区,要降低人口乙肝病毒携带率,必须实行孕妇产前乙肝筛查全覆盖,对于乙肝病毒携带者的母亲,新生儿在出生时应严格执行乙肝病毒预防接种,所以做好孕期筛查,母婴阻断是预防控制乙肝病毒传播的关键。

## PU-4768

### 菌血症中耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌同源性 及侵袭力分析

杜帅先

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌的同源性和侵袭力,对临床监测耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌传播和致病情况以及预防提供依据。

**方法** 对 2014 年 1 月到 2015 年 12 月血培养检出的耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌进行收集,先对细菌和其耐碳青霉烯进行确证,再利用重复片段聚合酶链式反应进行同源性分析判断菌株的来源及流行因素,然后对其不同的毒力基因进行检测,判断其侵袭力状况。

**结果** 根据同源性分析,可将 28 株 CR-KP 分为 7 种类型。其中 A-E 均有多株细菌存在,有院内流行的趋势,C 型 3 株细菌均在 NICU 检出。ICU 和 NICU 均有多株 CR-KP 存在,也有多种不同类型存在。毒力基因分析显示, *uge*、*iutA*、*rmpA*、*ycfM*、*kpn*、*entB* 均有不同程度的检出。其中 *ycfM*、*entB* 检出率达到 100%,*rmpA*、*kpn* 基因检出率为 82.1%,*uge* 检出率为 60.7%。

**结论** 同源性分析说明 28 株 CR-KP 有不同程度的院内流行趋势,应加强院内感染检测与防控,防止耐药菌出现大规模爆发流行。CR-KP 存在不同的毒力基因,编码脂多糖的 *uge*、*ycfM* 基因和跟粘附有关的 *rmpA*、*kpn* 基因以及铁采集有关的 *entB* 有较高的检出率,说明 CR-KP 的侵袭力主要体现在这几个方面。为今后预防、治疗及开发针对性的新药提供一定参考依据。

## PU-4769

### 十项血清标志物对胃癌的诊断性能评价

韦婕<sup>1</sup>,罗晓红<sup>1</sup>,何灿萍<sup>1,2</sup>

1.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

2.广州医科大学

**目的** 探讨 AFP、CEA、CA199、CA724、CA125、CA50、CA242 及 PG I、PG II、PGR (PG I/PG II)十项血清标志物在胃癌中的诊断性能评价。

**方法** 选取中山大学孙逸仙纪念医院 2018 年 8 月至 2019 年 2 月收治的 67 例胃癌患者血清,记为胃癌组,纳入的患者均经胃镜及病理组织确诊为胃癌;根据是否行腹腔下根治术,分为胃癌术前亚组 30 例,胃癌术后亚组 37 例;采集同时期良性胃病患者 30 例,记为良性胃病组。采集我院体检中心 20 例健康者,记为健康对照组。使用罗氏 E601 全自动电化学发光免疫分析仪检测 AFP、

CEA、CA199、CA724、CA125 和迈瑞 CL-6000i 全自动化学发光免疫分析仪检测 CA50、CA242、PG I、PG II 和 PGR。

**结果** 1) 与健康对照组对比, CA125 在胃癌术前亚组升高,  $P<0.05$ ; 2) 与良性胃病组对比, 胃癌术前亚组 CA125 升高和 PGR 下降,  $P<0.05$ ; 3) 与胃癌术后亚组对比, PG I、PG II 在胃癌术前亚组中升高,  $P<0.05$ ; 4) 与健康对照组对比, 胃癌术后亚组 CEA 升高以及 PG I 和 PG II 减低,  $P<0.05$ ; 5) 对单项和多项指标使用 ROC 曲线分析, 得到 AUC (曲线下面积)、灵敏度和特异性。

**结论** 在胃癌早期诊断 CA125 性能较佳; PGR、CA125 在鉴别良性胃病有辅助作用; PG I、PG II、CEA 在胃癌术后的疗效监测作用较好; 在单项及多项指标联合诊断中, 在 PG I、PG II 和 PGR 三项指标、PG I、PG II、PGR、AFP、CEA 五项指标和十项指标联合分析均有较好的诊断性能。

#### PU-4770

### 计算机辅助软件设计联合体外斑点杂交筛选靶向 *ftsZ* 基因反义寡核苷酸序列

梁树梅

成都市第三人民医院, 610000

**目的** 采用计算机辅助软件设计联合体外斑点杂交筛选能与耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 *ftsZ* 基因 mRNA 紧密结合的高效反义寡核苷酸序列。

**方法** 利用计算机辅助软件 (RNA Structure 5.0) 对 *ftsZ* mRNA 进行二级结构分析计算, 并进行自由能计算, 在膨胀环, 发卡等不稳定的结构区域设计 10 条反义寡核苷酸序列, 另设计一条与 *ftsZ* 基因上的一段碱基序列完全相同的寡核苷酸序列作为阴性对照, 合成反义探针, 和体外转录并且用地高辛标记的 *ftsZ* mRNA 进行斑点杂交, 根据信号的强弱, 筛选出高效的反义寡核苷酸序列。

**结果** 体外斑点杂交实验结果显示, 计算机软件设计的 11 条反义寡核苷酸序列中, 其中有 6 条显示不同程度的杂交信号, 1 条正义序列未显示任何信号。

**结论** 计算机辅助软件联合体外斑点杂交能够减少反义核酸设计的盲目性, 为体外可靠、快速、高通量筛选高效反义寡核苷酸序列提供了一种有效的方法, 并且为筛选所有基因高效反义序列搭建了一个平台。

#### PU-4771

### 长链非编码 RNA LINC01980 在胃癌中表达和功能研究

史爽

山东大学第二医院, 250000

**目的** 消化道恶性肿瘤是常见的一类恶性肿瘤, 且多发于发展中国家, 胃癌是发生率较高的消化道恶性肿瘤。在这项研究中, 我们的目的是发现验证一组在胃癌中差异表达长链非编码 RNA 分子, 可以用作胃癌患者预后预测的风险因子。

**方法** ①通过 TCGA 数据库(The Cancer Genome Atlas)分析 375 例胃癌组织和 32 例癌旁组织, 获取差异表达的 LncRNA 分子; ②深入分析 TCGA 临床信息数据, 探索差异 LncRNA 分子与胃癌患者预后的相关性; ③通过体外实验 (CCK8, 划痕实验、克隆形成等), 探究目标 LncRNA 分子上调或下调对 GC 细胞增殖及迁移、侵袭能力的影响。

**结果** ①我们发现在胃癌中 LncRNA LINC01980 差异表达。TCGA 数据库结果显示, 与癌旁组织相比, 癌组织中, LINC01980 表达显著上调 (baseMean=48.63, [log2FoldChange]=6.30,  $p<0.001$ ); ②LINC01980 的高表达与胃癌患者存活时间减少有显著关系 ( $P=0.033$ ); ③过表达 LINC01980 可以促进 GC 细胞的增殖及迁移及侵袭; ④用 Si-RNA 下调 LINC01980 可以抑制 GC 细胞的增殖及迁移及侵袭。

**结论** LINC01980 在胃癌组织中显著上调, 其上调可以促进胃癌细胞的增殖侵袭迁移, 且与患者预后不良相关。

## PU-4772

### 肺炎克雷伯菌毒力基因检测

樊凯

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 通过对临床耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌菌株的相关毒力基因检测, 了解国内耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的毒力基因分布情况, 为临床进一步明确其作用机制和相关鉴定提供方向, 为疾病的治疗与预防提供理论基础。

**方法** 选取了 2016-2017 年协和医院检验科微生物室分离鉴定为耐碳青霉烯类的肺炎克雷伯菌 51 株, 分离培养后, 挑取合格的单个菌落 45 个, 对与之毒力因子相关的 16 种毒力基因(magA、fimH、uge、iutA、wabG、rmpA、cnf、ycf、hly、iroN、k2A、mrkD、kpn、aII S、entB、wcaG)进行检测。采用细菌基因组重复序列 PCR 技术 (ERIC-PCR) 和琼脂凝胶电泳法 (agarose gel electrophoresis, AGE), 以及相关的基因测序技术, 按照预设过程进行实验。

**结果** 在研究的 45 株对象菌种中, 毒力基因类型出现频次占比最高的为: ycf 占 42 (93.3%), uge 占 41 (91.1%), wabG 占 40 (88.9%) 以及 entB 占 40 (88.9%), 其分别与脂多糖和肠菌素的生产有关。与尿囊素相关的基因 aII S 检出率为 32 (71.1%)。

**结论** 表明在耐碳青霉烯类的肺炎克雷伯菌的毒力因子中, 脂多糖(LPS)是最常见最重要的毒力因子。而与尿囊素相关的毒力因子 aII S 也是比较常见的。

## PU-4773

### 中性粒细胞/淋巴细胞比率早期预测急性胰腺炎病情进展的临床研究

闫萌

济宁医学院附属医院, 272000

**目的** 急性胰腺炎是常见的消化系统重症之一, 在临床上根据病情的轻重分为轻症急性胰腺炎和重症急性胰腺炎, 后者患者常出现全身的炎症反应, 多器官功能不全, 死亡率高达 30%。因此早期预测急性胰腺炎患者病情进展, 对减少患者死亡率, 缩短自然病程及减少诊疗费用至关重要。中性粒细胞/淋巴细胞比率 (neutrophil-lymphocyte ratio, NLR) 即血常规中性粒细胞计数与淋巴细胞计数之比, NLR 代表了炎症激活因子中性粒细胞与炎症调节因子淋巴细胞之间的平衡状态, NLR 越高则表明这种状态失衡越明显, 即炎症越严重。

**方法** 入组 200 名健康对照者和 84 名急性胰腺炎患者, 使用 Sysmex XN-9000 测试了这些外周血样本, 通过白细胞分类计数计算出 NLR, 进行 ROC 曲线分析与临床分类比较。

**结果** 急性胰腺炎患者与健康对照者相比 NLR 参数的中值不同。轻症急性胰腺炎患者和重症急性胰腺炎患者的 NLR 均高于健康对照者，重症急性胰腺炎患者高于轻症急性胰腺炎患者，ROC 曲线下面积分别为 0.81,0.82 和 0.78。

**结论** NLR 为临床诊断提供有价值的信息，更好的辅助临床对胰腺炎特别是重症胰腺炎的的诊疗干预。

#### PU-4774

### NLR,CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值及白介素-6 对慢性阻塞性肺疾病急性加重期的预测价值

孟凡飞,张立群,吴杰红

陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院

**目的** 探讨中性粒细胞/淋巴细胞比值（NLR）、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和白介素 6(IL-6)单独及联合检测对慢性阻塞性肺疾病急性加重期的预测价值，为临床诊治提供参考依据。

**方法** 随机选取 2017 年 11 月~2018 年 12 月在本院确诊的慢性阻塞性肺疾病患者 312 例为研究对象，根据病情又分为急性加重期组 176 例和稳定期组 136 例，另选取同期健康体检者 60 例为健康对照组，分别检测各组中性粒细胞/淋巴细胞比值、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和白介素 6 并进行比较分析，将各指标进行非条件 Logistic 回归分析确定是否为危险因素，采用受试者工作特征（ROC）曲线评价各项指标的预测价值。

**结果** 急性加重期组的 NLR、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值及 IL-6 水平均明显高于稳定期组和对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），稳定期组的各指标水平也均明显高于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），三指标增高均为慢性阻塞性肺疾病急性加重的危险因素，偏回归系数分别为（2.403,1.395, 9.84）（ $P<0.05$ ）。三指标联合检测预测慢性阻塞性肺疾病急性加重的 ROC 曲线下面积（AUC）为 0.988，明显高于各指标单独检测（AUC 分别为 0.965,0.930, 0.829）及两指标联合检测（NLR 和 CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值，NLR 和 IL-6，CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和 IL-6 分别为（0.986,0.985, 0.961），三指标联合检测预测慢性阻塞性肺疾病急性加重具有最高的灵敏度和特异度分别为 98.5%和 97.3%，Youden 指数为 0.958。

**结论** NLR、CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值和 IL-6 是预测慢性阻塞性肺疾病急性加重的有效指标，联合检测三指标对评估慢性阻塞性肺疾病的严重程度及指导治疗有一定的临床意义。

#### PU-4775

### lncRNA NEAT1-2 在急性白血病中的表达水平及其临床意义

耿帆,张丽芳,陈凤花

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 本研究旨在探讨急性白血病中 lncRNA NEAT1-2 的表达水平，及其与急性白血病临床病理特征之间的相关性，为急性白血病的诊断提供一种新的标志物。

**方法** 收集了 92 例初诊急性白血病患者作为病例组，以 31 例健康体检者作为健康对照组。运用实时荧光定量 PCR 方法检测急性白血病患者和健康对照组全血 PBMC 中 lncRNA NEAT1-2 的表达情况。将急性白血病患者全血 PBMC 中 lncRNA NEAT1-2 的表达水平与患者 FAB 分型、性别、年龄、初治时白细胞数、外周血幼稚细胞数以及染色体是否异常进行相关性分析。

**结果** 急性白血病患者组中 lncRNA NEAT1-2 的表达水平低于健康对照组，且差异具有统计学意义（ $P<0.0001$ ）。急性白血病患者全血 PBMC 中 lncRNA NEAT1-2 的表达水平在不同 FAB 分型之

间的分布差异无统计学意义 ( $P=0.079$ )。急性白血病患者全血 PBMC 中 lncRNA NEAT1-2 的表达水平与患者性别 ( $P=0.5117$ )、年龄 ( $P=0.9179$ )、初治时白细胞数 ( $P=0.0612$ )、染色体是否异常 ( $P=0.5612$ ) 均无显著相关性。急性白血病患者 lncRNA NEAT1-2 高表达组的外周血幼稚细胞数低于低表达组的外周血幼稚细胞数,且差异具有统计学意义 ( $P=0.0168$ )。

**结论** lncRNA NEAT1-2 在急性白血病患者中低表达,且患者外周血幼稚细胞数越高,其表达越低。因此急性白血病患者 lncRNA NEAT1-2 的表达下调,与急性白血病的发生发展有一定联系,其可以考虑作为一种新型肿瘤标志物,但后续的研究仍需结合大量临床数据予以验证。

## PU-4776

### 须癣毛癣菌引起头皮脓癣 1 例

李伟霞

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 患儿男,7岁,头部肿物伴疼痛 1 月就诊。患儿 1 月前头皮无明显诱因出现肿物伴疼痛,后逐渐增大,伴破溃。在当地医院就诊,诊断“化脓性头癣”,予以药物治疗,药物具体不详,无好转。

**方法** 于 2019 年 5 月 16 日来我院皮肤科就诊。患儿既往体健,有动物接触史。家长否认患儿有糖尿病史,否认有家属遗传史,否认药物过敏史,发病前否认局部有药物使用史,否认家庭成员有足癣病史。体格检查:一般情况良好,全身浅表淋巴结未及肿大,系统检查未见异常。

**结果** 皮肤科检查:头部可见一 8x9cm 大小肿物,表面可见较多脓血性分泌物,头发稀疏、散在断发,按压有脓血溢出,头发易拔出。实验室检查:真菌镜检(+),培养为须癣毛癣菌,临床诊断:脓癣,皮肤感染。治疗:地塞米松抗炎,碘伏湿敷,皮试阴性后,给予头孢唑啉钠抗感染,氟康唑口服抗真菌感染,100mg, q d。

**结论** 10 天后头部脓肿较前明显变小,无渗液,无流脓,无明显疼痛,带抗真菌药物出院继续口服治疗。

## PU-4777

### 分枝杆菌培养、抗酸染色法和 $\gamma$ -干扰素释放实验 在结核病临床诊断中的价值

刘爱波

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 探讨临床疑似结核病患者分枝杆菌培养、抗酸染色涂片及  $\gamma$ -干扰素释放实验在结核病临床诊断中的价值。

**方法** 收集做过上述三种检测的 148 份临床疑似病例。对标本进行抗酸染色涂片、分枝杆菌培养和  $\gamma$ -干扰素释放实验。并对 3 种方法的检测结果进行一致性评估。

**结果** 分枝杆菌培养和抗酸染色涂片一致性检验 (Kappa 检验) 值为 0.197, 分枝杆菌培养和  $\gamma$ -干扰素释放实验一致性检验 (Kappa 检验) 值为 0.133, 抗酸染色涂片和  $\gamma$ -干扰素释放实验一致性检验 (Kappa 检验) 值为 -0.032。分枝杆菌培养阳性率高于抗酸染色涂片和  $\gamma$ -干扰素释放实验。

**结论** 分枝杆菌培养和抗酸染色涂片二者的一致性好,而抗酸染色涂片和  $\gamma$ -干扰素释放实验间的一致性较差。分枝杆菌培养优于抗酸染色涂片和  $\gamma$ -干扰素释放实验。



PU-4778

## AI 化的肿瘤液体活检研究进展

马舒婷,谢凤

吉林大学第三医院分院(中日联谊三部),130000

**目的** 随着科学技术的飞速发展,癌症仍然是困扰人们的头号杀手。液体活检技术可用于肿瘤诊断、复发监测和疗效评估。作为未来临床诊断和治疗发展方向的液体活检,相比于传统组织活检,具有一定的优势和发展前景。但依现有普通方法无法完全满足其微量检测。人工智能的加入将给这个领域带来新的活力。本文将对液体活检技术做简要概述,介绍目前人工智能技术与液体活检结合后的主要应用。

**方法** 查阅国内外相关文献

**结果** AI 等技术的加入为该领域的发展带来了新的生命和希望。

**结论** 随着液体活检技术的广泛开发与应用,使得液体活检数据量不断增加,大数据与人工智能技术在该领域得以发展与融合, AI 化的液体活检使得资源更好地得到整合,信息得到互补,挖掘潜在的信息和模式。加之其具有深入和自主学习等特点,随着进程的不断深入,敏感性以及准确性会得到极大提升。人们因此对肿瘤的发生发展机制得以进一步深入研究,在推动促进精准医学发展上起到积极而重要的意义。现有大多数检测多关注于单一分析物质,不过在 AI 的帮助下,液体活检也将会进入多参数分析时代。当然,这些都要建立在临床有效性得到进一步证实之后, AI 引导下的液体活检才会对肿瘤患者的临床管理上发挥其更为广泛和有效的潜力。

PU-4779

## 止凝血标志物在危重症血栓与非血栓组患者中的结果比较

王双<sup>1</sup>,刘玉梅<sup>2</sup>,付阳<sup>1</sup>,金亚雄<sup>1</sup>,江虹<sup>1</sup>

1.四川大学华西医院,610000

2.绵阳市第三人民医院

**目的** 探讨 ICU 危重症患者并发静脉血栓相关实验室指标变化,研究止凝血标志物与静脉血栓的相关性,为临床诊断及改善患者的预后提供实验室依据。

**方法** 回顾性分析四川大学华西医院 2017 年 10 月至 2017 年 12 月 ICU 医疗单元危重症患者 143 例,其中发生静脉血栓患者 48 例,未发生静脉血栓患者 95 例。收集两组患者临床资料及止凝血标志物实验室检查结果,采用非参数分析检验比较组间结果,分析两组患者止凝血标志物水平变化趋势。

**结果** 通过比较血栓组与非血栓组止凝血标志物发现,血栓组与非血栓组比较, TM (TU/mL) (15.51 vs 11.91, P 0.004); TAT (ng/mL) (8.64 vs 8.24, P 0.313); PIC (μg/mL) (1.48 vs 0.97, P 0.007); t-PAIC (ng/mL) (5.50 vs 7.92, P 0.124); FDP (mg/L) (16.95 vs 10.65, P 0.022); D-D (mg/L) (7.31 vs 4.76, P 0.027)。

**结论** 血栓组 TM、PIC、FDP、D-D 水平均明显高于非血栓组,差异具有统计学意义 (P<0.05),实验室止凝血标志物检测有利于协助临床诊断危重症患者并发静脉血栓,有助于对并发静脉血栓患者进行早期干预及治疗。

## PU-4780

## 血浆中 lncRNA NEAT1 与 NEAT1-2 在结直肠癌诊断中的临床意义

耿帆,罗颖,陈凤花

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 本研究旨在探讨结直肠癌患者血浆中 lncRNA NEAT1 和 NEAT1-2 的表达水平, 及其与患者各临床病理指征之间的相关性, 为结直肠癌的早期诊断和预后评估提供一种新的标志物。

**方法** 运用实时荧光定量 PCR 方法检测 37 例初诊结直肠癌患者血浆标本和 22 例正常对照血浆标本中 lncRNA NEAT1 和 NEAT1-2 的表达情况。将结直肠癌患者血浆 NEAT1 的表达水平与患者性别、年龄、肿瘤位置、肿瘤分化程度、肿瘤大小、浸润深度、淋巴结转移、远处转移、TNM 分级、基因突变 (APC、KRAS、BRAF、PIK3CA) 进行相关性分析。利用受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 分析 NEAT1 与 CEA 诊断结直肠癌的曲线下面积 (AUC)。

**结果** 结直肠癌患者血浆中 NEAT1 表达水平高于健康体检人群, 具有显著性差异 ( $P = 0.026$ ), 而 NEAT1-2 的表达水平两者没有显著差异 ( $P = 0.293$ )。结直肠癌患者血浆中 lncRNA NEAT1 的表达水平与患者性别 ( $p = 0.264$ )、年龄 ( $p = 1$ )、肿瘤位置 ( $p = 1$ )、肿瘤分化程度 ( $p = 1$ )、肿瘤大小 ( $p = 0.62$ )、浸润深度 ( $p = 1$ )、淋巴结转移 ( $p = 0.414$ )、远处转移 ( $p = 0.322$ )、TNM 分级 ( $p = 0.414$ )、基因突变 (APC、KRAS、BRAF、PIK3CA) ( $p = 0.206$ ) 均无显著相关性。血浆中 CEA 与 lncRNA NEAT1 对结直肠癌的诊断均有一定价值且在现有数据基础上血浆中 lncRNA NEAT1 (AUC = 0.644) 的诊断效能不如 CEA (AUC = 0.823)。

**结论** lncRNA NEAT1 在结直肠癌患者血浆中高表达, 但其表达水平与患者各临床病理参数均无显著相关性, 血浆中 lncRNA NEAT1 对结直肠癌的诊断具有一定价值且在现有数据基础上其诊断效能不如 CEA。因此, lncRNA NEAT1 具有作为结直肠癌肿瘤标志物的潜能但是还是需要进一步的实验研究来判断其在临床实际应用上的可行性。

## PU-4781

## Quantitative proteomic analysis reveals that LukS-PV exerts anti-tumor activity by regulating the key proteins and metabolic pathways in HepG2 cells

Changcheng Zhao

Infectious Hospital Area, Anhui Provincial Hospital

**Objective** LukS-PV could induce differentiation of human AML cells, including AML cell lines and primary AML blasts. Accordingly we speculated that LukS-PV plays a role in HCC progression. Moreover, to explore the underlying cancer suppressor mechanisms of LukS-PV for human HCC.

**Methods** We used liquid chromatography-mass spectrometry (LC/MS) to compare protein expression profiles of the LukS-PV-treated human HCC cell lines HepG2 and the control cells. GO annotations and KEGG pathway analysis were carried out of differential expression followed by Protein-Protein Interactome.

**Results** In this study, we initially revealed that LukS-PV belonged to leukocidin family performs an anti-HCC action. A total of 88 upregulated proteins and 46 downregulated proteins were identified. The top 10 proteins identified by MCC method are FN1, APP, TIMP1, NUCB1, GOLM1, APLP2, CYR61, CD63, ENG, and CD9. Our observation on protein expression indicated that LukS-PV produces a signature affecting central carbon metabolism in cancer, galactose metabolism, and fructose and mannose metabolism pathways.

**Conclusions** This research provides a novel understanding of the mechanisms of anti-cancer in HCC.

## PU-4782

### SLE 患者血清 IL-6、IL-17、补体 C3 和 C4 及相关蛋白的表达变化

宫羽骥

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 通过此次实验旨在研究系统性红斑狼疮患者血清中部分细胞因子 (IL-6、IL-17) 和血清蛋白 (补体 C3、补体 C4、TRF、hs-CRP) 的含量与 SLE 的相关性。探讨各个指标对 SLE 疾病的诊断价值, 辅助诊断系统性红斑狼疮。

**方法** 收集 2017 年 11 月 10 日至 2018 年 3 月 27 日期间华中科技大学附属医院协和医院住院部临床诊断为系统性红斑狼疮的病人血清。根据 SLEDAI 值分为静止组 20 例、轻度活动期组 34 例、中度与重度活动期组 16 例, 和正常对照组 20 例。运用定量双抗原夹心法酶免疫分析技术 (ELISA 法) 测定 IL-17; 运用电化学发光法测定 IL-6; 运用免疫比浊法测定 C3、C4、TRF、hs-CRP; 进行对比分析。

**结果** 研究组中 SLE 组 (静止组、轻度活动期组、中度与重度活动期组) 和正常对照组各个指标的分析如下: SLE 组患者血清 IL-6、IL-17、hs-CRP 水平高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{IL-6} < 0.05$ ,  $P_{IL-17} < 0.05$ ,  $P_{hs-CRP} < 0.05$ )。补体 C3、C4、TRF 水平低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{C3} < 0.05$ ,  $P_{C4} < 0.05$ ,  $P_{TRF} < 0.05$ )。静止组患者血清 IL-6、IL-17 水平高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{IL-6} < 0.05$ ,  $P_{IL-17} < 0.05$ )。补体 C3、C4、TRF 水平低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{C3} < 0.05$ ,  $P_{C4} < 0.05$ ,  $P_{TRF} < 0.05$ )。轻度活动组血清 SLE 组患者血清 IL-6、IL-17、hs-CRP 水平高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{IL-6} < 0.05$ ,  $P_{IL-17} < 0.05$ ,  $P_{hs-CRP} < 0.05$ )。补体 C3、C4、TRF 水平低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{C3} < 0.05$ ,  $P_{C4} < 0.05$ ,  $P_{TRF} < 0.05$ )。中重度活动组患者血清 IL-6 水平高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{IL-6} < 0.05$ )。补体 C3、C4、TRF 水平低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P_{C3} < 0.05$ ,  $P_{C4} < 0.05$ ,  $P_{TRF} < 0.05$ )。

**结论** 系统性红斑狼疮患者血清 IL-6、IL-17、C3、C4、TRF、hs-CRP 的水平对系统性红斑狼疮的临床诊断和进一步治疗具有指导意义。

## PU-4783

### 凝血酶生成试验与常规凝血功能试验对血浆样本测试的相关分析

龚小伟

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨凝血酶生成试验(TGA)与常规凝血功能试验的关系, 并比较 TGA 和活化部分凝血活酶 (APTT) 对检测普通肝素 (UFH) 的共性与差异性。

**方法** ①143 例患者, 每一血液样本按凝血检验要求进行处理, TGA、常规凝血功能试验 (APTT、PT-INR、FIB、TT), 采用线性相关性回归、多元线性回归与偏回归, 评估各参数间相关性。②通过 TGA、APTT 对外加肝素的血浆样本进行检测, 重点分析 APTT、TGA 参数 (Peak、AUC) 与血浆样本中肝素含量的关系。

**结果** ① TGA 主要参数 (tLag、tPeak、Peak、AUC) 均于 PT-INR、APTT 显著相关 ( $0.61 \leq r \leq 0.79$ ); 多元回归分析, TGA 各参数受常规测试 2 个或多个常规凝血参数的影响。TGA

参数 tLag 与 tPeak( $r=0.91$ )和 Peak 与 AUC ( $r=0.95$ ) 高度相关; 多元回归分析 TGA 参数间 tLag 和 tPeak, Peak 和 AUC 之间相互影响。APTT、TGA 参数 (Peak、AUC) 和肝素浓度高度相关。  
**结论** TGA 各参数与常规凝血测试 (PT-INR、APTT) 显著相关, TGA 参数间 (tLag 与 tPeak, Peak 与 AUC) 具有高度相关性; 将 TGA 检测手段用于监测肝素抗凝治疗的前景值得进一步探讨。

## PU-4784

### 呼吸与危重症科病原菌分布及耐药特征

杨敏

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 观察呼吸与危重症患者病原菌分布及耐药情况, 为临床治疗提供理论依据。

**方法** 对我院 2018 年呼吸与危重症科标本分离出的 1360 株病原菌进行种类、耐药类型分析。

**结果** 2693 份送检标本中培养出 1360 株病原菌 (50.5%), 其中革兰阴性菌 548 株 (40.3%), 念珠菌 448 株 (32.9%), 革兰阳性菌 25 株 (1.8%), 分离居前三位的分别是白色念珠菌 (22.06%)、铜绿假单胞菌 (17.13%) 及鲍曼不动杆菌 (16.62%)。鲍曼不动杆菌对头孢唑啉、头孢呋辛和呋喃妥因耐药性较高, 对替加环素、阿米卡星及复方新诺明敏感性较好。铜绿假单胞菌对头孢唑啉、头孢呋辛、氨苄西林耐药性较高, 对阿米卡星、庆大霉素、妥布霉素敏感性较好。

**结论** 呼吸与危重症患者革兰阴性菌的感染率高于革兰阳性菌, 真菌感染率逐年增加。革兰阴性菌对阿米卡星及替加环素敏感性高。对病原菌分布及耐药特征的研究可指导临床对血流感染患者的经验用药。

## PU-4785

### 肝脾 T 细胞淋巴瘤一例报道及分析

卜凡

泰安市中心医院,271000

**目的** 探讨肝脾 T 细胞淋巴瘤的临床表现、实验室检查及病理学特征, 提高对该病的认识和诊断率。

**方法** 对 1 例年龄为 55 岁的原发于脾脏的 T 细胞淋巴瘤结合实验室检查、超声、病理学检查及免疫组化等进行病历分析并复习相关文献。

**结果** 患者腹部超声提示: 巨脾、副脾、门脉高压, 实验室检查: 白细胞计数  $2.88 \times 10^9/L$ , 红细胞计数  $3.29 \times 10^{12}/L$ , 血红蛋白 98 g/L, 血小板  $79 \times 10^9/L$ ,  $\beta_2$ -微球蛋白 5.31 mg/L, 乳酸脱氢酶 198 U/L。淋巴结活检病理(颈部淋巴结)提示非霍奇金 T 细胞淋巴瘤, 免疫组化结果: CD20(-), PAX-5(-), CD2(+), CD3(+), CD5(-), CD7(+), CD4(散在+), CD8(散在+), CD56(散在+), GranzymeB(-), T 细胞胞质内抗原(T-cell-restricted intracellular antigen, TIA-1) (+), Ki67(阳性指数 40%), 脾组织免疫组化结果: PAX-5(局灶+), CD2(+), CD3(+), CD5(-), CD7(+), CD4(-), CD8(散在+), CD56(散在+), CD68(-), CD30(-), ALK(-), Ki67(阳性指数 10%-15%), 符合 T 细胞增生, 脾脏病理切片示脾脏外周 T 细胞淋巴瘤伴脾组织坏死。

**结论** 肝脾 T 细胞淋巴瘤发病率低, 早期临床检查结果无特异性, 结合患者的超声检查、实验室检查、脾脏及淋巴结病理检查等可对该病做出诊断。

PU-4786

## TEG 的临床应用及进展

韩天乐

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 简单总结 TEG 的临床应用及进展。

**方法** 德国博士 Harlert 于 1945 年发明了血栓弹力图( thrombelastography, TEG), 20 世纪 80 年代中末期, 人们将其推广到临床使用。TEG 作为一种血凝块形成动力学描记图和血液流变学检测的一种方法, 目前被广泛应用于临床多学科领域进行凝血功能的监测, 对改善凝血功能障碍发挥着重要作用。

**结果** TEG 作为一种血凝块形成动力学描记图和血液流变学检测的一种方法, 目前被广泛应用于临床多学科领域进行凝血功能的监测,

**结论** TEG 作为一种血凝块形成动力学描记图和血液流变学检测的一种方法, 目前被广泛应用于临床多学科领域进行凝血功能的监测, 对改善凝血功能障碍发挥着重要作用。

PU-4787

## 酶免法乙型肝炎病毒表面抗原标准品的制备

潘晶晶

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨自行制备实验室检测乙型肝炎病毒表面抗原(HBsAg)室内质控品的可行性。

**方法** 收集 HIV、HCV 和梅毒均阴性, 无黄疸、溶血、脂血的高滴度 HBsAg 阳性血清(S/CO>15.0) 2-3ml。将收集到的血清于 60℃水浴 1h 灭活, 3000rpm 离心 15min 弃去沉淀物。取上清用电化学发光法检测 HBsAg 浓度, 然后用生理盐水稀释血清浓度为 2 IU/ml 和 10 IU/ml, 分装后分别于 4℃保存的 2d, 3m, 6m 各取 3 支进行酶联免疫法(ELISA)测定其 S/CO 值, 计算其均值和变异系数。

**结果** 浓度为 2 IU/ml 的质控物 S/CO 值的均值  $\bar{x}=3.054$ , CV=8.7%; 浓度为 10 IU/ml 的质控物 S/CO 值的均值  $\bar{x}=29.952$ , CV=7.6%。经 4℃贮藏 6m 后的检测值与保存 2d 的结果无统计学差异( $P>0.05$ )。

**结论** 临床实验室自制的 HBsAg 室内质控品性能稳定, 结果可靠, 经济实用。

PU-4788

## C10orf116 Gene Copy Number Loss in Prostate Cancer: Clinicopathological Correlations and Prognostic Significance

Jie Meng

1. Medical Science Laboratory, The Fourth Affiliated Hospital of Guangxi Medical University, Liuzhou, Guangxi, P.R. China

2. Key Laboratory of Longevity and Aging-related Diseases (Guangxi Medical University), Ministry of Education, Nanning, Guangxi, P.R. China

**Objective** Prostate cancer (PCa) is the second most commonly diagnosed cancer in males worldwide. This study aimed to identify differentially expressed genes and to investigate the

potential correlation between gene abnormalities and clinical features in PCa to evaluate disease progression and prognosis.

**Methods** A total of 4 independent microarrays of PCa patients from the Oncomine database were used to identify differences in expression of genes contributing to cancer progression. Quantitative real-time polymerase chain reaction (RT-qPCR) analysis was used to evaluate the mRNA expression of the target in human prostate cancer cells. To explore the relationship between the DNA copy number alteration and mRNA expression changes, dataset containing copy number alteration, DNA methylation, and gene expression in PCa were obtained from the cBioPortal online platform (n=273).

**Results** We identified 40 genes that were significantly dysregulated in PCa from 4 independent microarrays. Among these, 3 genes showed a consistent change of over 2-fold in the 4 microarrays. The mRNA expression of C10orf116 showed consistent expression in prostate cancer cells compared with that in prostate gland cells as assessed by RT-qPCR. Moreover, C10orf116 loss was associated with poor distant relapse-free survival (DFS) by analyzing data of 273 PCa patients, but it was not identified as an independent prognostic risk factor for DFS. In addition, we found that C10orf116 loss was associated with higher pathological stage, higher clinical stage, and lymph node metastasis in PCa, and that C10orf116 copy number was highly correlated with PTEN copy number and mRNA expression.

**Conclusions** As a predictive indicator, C10orf116 loss contributes to our understating of the biology of aggressive changes in PCa and also helps evaluate the prognosis of patients.

## PU-4789

# 血浆 BNP 水平与心衰程度相关性的研究进展

皮莉莉

天津市第一中心医院,300000

**目的** 研究目的是血浆 BNP 水平与心衰程度之间的相关性,为心力衰竭的早期诊断和治疗提供依据。

**方法** 选择 2017 年 4 月~2018 年 4 月医院收治的心力衰竭患者 82 例作为观察组,同期选择健康人 72 例作为对照组,对观察组及对照组的血浆 BNP 水平进行检测和对比,同时对比不同心功能分级的心力衰竭患者血浆 BNP 水平。观察指标:对比观察组与对照组的血浆 BNP 水平,以及观察组患者不同心衰程度等级的血浆 BNP 水平。统计学处理:研究得出数据通过 SPSS18.0 软件统计处理,以均数 $\pm$ 标准差( $\bar{x}\pm s$ )表示计量资料,以 t 检验, $P<0.05$  说明差异有统计学意义。结果:观察组血浆 BNP 水平均高于对照组,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。观察组心功能分级越高,血浆 BNP 水平越高。

**结果** 观察组血浆 BNP 水平均高于对照组,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。观察组心功能分级越高,血浆 BNP 水平越高。

**结论** 血浆 BNP 水平与心衰程度之间,具有显著的相关性,因此可利用这一指标进行心力衰竭的早期诊断,具有重要的临床意义。

## PU-4790

## 两种培养法检出的无菌体液中病原菌分布 及耐药性回顾性分析

刘晓强<sup>1</sup>, 申锐<sup>1</sup>, 徐雪梅<sup>2</sup>

1. 中山大学孙逸仙纪念医院, 510000

2. 广州医科大学

**目的** 了解 2013 年 1 月-2018 年 12 月中山市孙逸仙纪念医院临床分离自血培养瓶增菌方法和直接培养法的无菌体液病原菌的分布、病区分布及耐药状况, 探讨血瓶培养法在无菌体液病原菌检测中的临床运用与意义。

**方法** 运用 WHONET 5.6 和 SPSS 20.0 软件对中山大学孙逸仙纪念医院 2013 年-2018 年无菌体液病原菌进行回顾性分析。

**结果** 共收集直接送检出的无菌体液标本 4201 例, 血瓶送检的无菌体液标本 3074 例, 血瓶培养法总体阳性率 (10.1%) 高于直接培养法 (7.3%)。采用直接培养法的无菌体液标本最多的是重症医学科二区, 送检数相对稳定; 采用血瓶培养法最多的是骨外科病区, 送检数呈现逐年递减的趋势。共分离临床无菌体液标本中共分离非重复病原菌 510 株, 革兰阴性菌占 40.6%, 革兰阳性菌占 46.5%, 真菌占 12.9%, 其中采用直接培养法的有 54 种 (268 株), 采用血瓶培养法的有 71 种 (242 株)。金黄色葡萄球菌和凝固酶阴性葡萄球菌中甲氧西林耐药株 (MRSA 和 MRCNS) 的平均检出率分别为 60.9% 和 89.9%, 未发现万古霉素和利奈唑胺耐药株。肠球菌属中屎肠球菌对多数抗菌药物耐药率高于粪肠球菌, 屎肠球菌中有少数万古霉素和利奈唑胺耐药株。肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素敏感度高, 耐药率低于 10.0%。铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 36.6% 和 35.7%。鲍曼不动杆菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率较高, 分别为 80.6% 和 82.1%。

**结论** 血瓶培养法检测无菌体液中病原菌的能力更高, 菌谱更广, 少见疑难菌检出更多。无菌体液中临床分离菌的耐药现象仍较严重, 应加强抗菌药物临床应用管理和与相应病区的临床沟通, 为临床抗感染治疗提供“金标准”。

## PU-4791

## Association between serum 25-hydroxy vitamin D levels and Takayasu arteritis in a northern Chinese Han population

Si Chen

1. Beijing Anzhen Hospital, Capital Medical University

2. Beijing Anzhen Hospital, Capital Medical University

**Objective** Very little research on the effects of vitamin D deficiency on Takayasu arteritis (TA) has been performed. We designed a case-control study and aimed to research the association between vitamin D deficiency and TA in a northern Chinese Han population.

**Methods** A total of 45 patients with TA and 45 healthy controls were collected from An Zhen Hospital (Beijing, China) between May 2016 and November 2017. Serum 25-hydroxy vitamin D (25-OH-D) levels were evaluated using direct competitive immunoassay chemiluminescence.

**Results** Serum 25-OH-D levels were significantly lower in patients with TA ( $12.57 \pm 6.01$  ng/mL) than in healthy controls ( $23.34 \pm 7.71$  ng/mL;  $P < 0.0001$ ). The frequencies of 25-OH-D deficiency (25-OH-D concentration  $< 10$  ng/mL) were 37.8% in patients with TA and 4.4% in healthy controls, and the difference in the distribution of serum 25-OH-D levels between patients with TA and healthy controls was statistically significant ( $\chi^2 = 29.71$ ;  $P < 0.0001$ ). Correlation analysis showed

that serum 25-OH-D levels were significantly positively correlated with the erythrocyte sedimentation rate (ESR) in patients with TA ( $r=0.265$ ;  $P=0.013$ ). However, univariate analysis showed that there were no significant correlations between 25-OH-D levels and clinical and laboratory parameters in patients with TA.

**Conclusions** 25-OH-D deficiency, which has previously been shown to be common in autoimmune disease, appears to be common in Chinese patients with TA. Serum 25-OH-D levels were significantly positively correlated with the TA activity index.

## PU-4792

### HCY、LDH、 $\beta$ 2-MG 及铁蛋白在全血细胞减少的巨幼细胞性贫血与 MDS 鉴别诊断中的意义

陈先春,刘娇,杨小燕,肖作森,袁冬妹,郭立富  
赣州市人民医院,341000

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸 (HCY)、乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\beta$ 2 微球蛋白 ( $\beta$ 2-MG) 及铁蛋白 (Ferr), 各指标在全血细胞减少的巨幼细胞性贫血与 MDS 鉴别诊断中的临床价值。

**方法** 选择我院全血细胞减少的确诊巨幼细胞性贫血 (MA) 112 例、骨髓增生异常综合征 (MDS) 95 例, 健康对照组 50 例, 检测血清 HCY、LDH、 $\beta$ 2-MG 及 Ferr, 进行统计学分析。

**结果** MA 和 MDS 组外周血白细胞 (WBC)、红细胞 (RBC)、血红蛋白 (HB)、血小板 (PLT), 明显低于与健康对照组 ( $P<0.01$ ), 而 MA 和 MDS 组之间无统计学差异 ( $P>0.05$ )。与健康对照组及 MDS 组相比, MA 组血清 HCY、LDH 含量均明显高, 差异具有统计学意义 ( $P<0.01$ ), 而 MDS 组的 Ferr 明显高于 MA 和对照组 ( $P<0.01$ ), 高危 MDS 的  $\beta$ 2-MG 水平高于 MA 和对照组 ( $P<0.05$ ), 而低危组无统计学差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 血清 HCY、LDH、 $\beta$ 2-MG 及 Ferr 含量, 各指标在全血细胞减少的巨幼细胞性贫血与 MDS 鉴别诊断中具有重要的临床价值, 特别是在叶酸、维生素 B12 项目未检测, 或补充了叶酸、维生素 B12 之后检测的情况下, 上述四个指标有助于两者的鉴别诊断。

## PU-4793

### 原发性胃癌中医证型与 TCGA 分型相关性分析

郭长青  
江苏省中医院,210000

**目的** 探讨原发性胃癌的中医辨证分型与原发性胃癌的癌症基因组图谱 (TCGA) 分型相关性。

**方法** 选取江苏省中医院 2016-2018 年胃癌病例 76 例, 均经病理学检查证实为原发性胃癌, 其中男 49 例, 女 27 例; 最小年龄为 27 岁, 最大年龄为 75 岁, 平均年龄 51.2 岁; 肿瘤发生于幽门处 37 例, 胃体部 18 例, 贲门处 11 例, 胃底部 10 例; 腺癌 54 例, 粘液癌 13 例, 鳞癌 2 例, 其它 7 例。用 SPSS 软件分别分析中医证型与 TCGA 分型, 以及实证虚证与 TCGA 分型之间的相关性。

**结果** 中医证型与 TCGA 分型之间无显著相关; 实证和虚证与 TCGA 分型之间有相关性。

**结论** 对原发性胃癌中医分型与 TCGA 分型基础上, 可有针对联合中西医结合用药, 以提高疗效。



## PU-4794

## 胆囊结石性胆囊炎与血清脂蛋白(a) 之间的关系研究

施瑞洁

陕西省人民医院,710000

**目的** 探讨血清脂蛋白(a) [lipoprotein(a), LP(a)]在胆囊结石伴胆囊炎疾病的临床意义。

**方法** 收集 2016 年 3 月至 2017 年 6 月临床确诊为胆囊结石伴胆囊炎患者 126 例和胆囊炎患者 92 例血清标本,以本院体检中心的健康体检者 147 例血清标本作为对照组;采用免疫透射比浊法并使用日立 7170 全自动生化分析仪检测受检者血清 LP(a)水平。

**结果** 胆囊结石伴胆囊炎患者组、单纯胆囊炎患者组和健康对照组血清中 LP(a)分别为  $369.2 \pm 258.5$  mg/L、 $168.6 \pm 110.3$  mg/L 和  $165.9 \pm 135.8$  mg/L,胆囊结石伴胆囊炎患者组 LP(a)均明显高于单纯胆囊炎患者组和健康对照组 ( $t=6.391$  和  $6.100$ , 均  $P<0.01$ ),而单纯胆囊炎疾病组与健康对照组之间血清 LP(a)水平差异无统计学意义 ( $t=0.261$ ,  $P>0.05$ );各实验组中男性受检者和女性受检者的血清(a)水平的差异均无统计学意义 ( $t=0.1006$ ,  $P>0.05$ );单纯胆囊炎男性患者和女性患者血清(a)水平与健康对照受检者的差异均无统计学意义 ( $t=0.1321$ ,  $P>0.05$ ),但是胆囊结石伴胆囊炎男性和女性患者血清 LP(a)水平均明显高于单纯胆囊炎患者组和健康对照组 ( $t=6.100-6.391$ ,  $P<0.01$ )

**结论** 相比单纯胆囊炎患者,胆囊结石伴胆囊炎患者血清 Lp(a)水平会升高,Lp(a)对临床诊断胆囊结石伴胆囊炎有指导作用。

## PU-4795

## 肿瘤生殖基因 nanos 3 参与人神经胶质瘤的形成及耐药

张凤玉,刘春芳,吕元

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 检测肿瘤生殖基因 nanos3 在人神经胶质瘤组织中的表达,并探讨其在胶质瘤形成及耐药中的作用。

**方法** 通过免疫组化、western blot 及 RT-PCR 技术,分析胶质瘤细胞 U251、A172 及 LN229 荷瘤小鼠与正常小鼠各脏器及肿瘤组织中 nanos3 表达。进一步利用 crispr/cas9 基因编辑技术敲除胶质瘤细胞株 U251、A172 及 LN229 中 nanos3 基因的表达,通过 cck-8、transwell 迁移实验以及阿霉素(DOX)、依托泊苷(VP-16)处理等比较胶质瘤细胞野生株 WT 和 nanos3 敲除株 KO 生物学性状及耐药性的差异。

**结果** 免疫组化显示小鼠荷瘤组织中 nanos3 明显表达,而正常小鼠各组织皆不表达 nanos3 基因。western blot 结果显示胶质瘤模型小鼠中肿瘤、肝、肺、脾脏等组织中的 nanos3 的蛋白表达量显著高于正常组织。RT-PCR 结果显示胶质瘤模型小鼠中肿瘤、肝、肺、脾脏等组织中的 nanos3 的 mRNA 表达明显高于正常组织(分别为 13 倍、50 倍、29 倍及 54 倍,  $P<0.05$ )。cck-8 增殖实验也证实 nanos3 敲除后胶质瘤细胞生长速度显著减慢 ( $P<0.05$ );transwell 迁移实验显示 nanos3 敲除后胶质瘤细胞株的迁移能力明显降低 ( $P<0.05$ );侵袭实验证实 nanos3 敲除后胶质瘤细胞株的侵袭能力几乎为零;DOX 耐药实验发现 nanos3 敲除后胶质瘤细胞对 DOX 及 VP-16 更敏感。

**结论** 胚胎生殖细胞关键因子 nanos3 在胶质瘤中大量表达,且 nanos3 在胶质瘤的形成及耐药中起着重要作用,胚胎生殖细胞因子在胶质瘤的研究有望为胶质瘤细胞的起源提供新的思路。

PU-4796

## D-DI、FDP 及降钙素原在不同细菌感染引起的脓毒血症中诊断价值研究

徐舒敏

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 探讨 D-二聚体 (D-DI)、纤维蛋白降解产物 (FDP) 和降钙素原 (PCT) 在不同细菌感染引起的脓毒血症中的诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2019 年 1 月于广州中医药大学第一附属医院住院并连续两次血培养阳性的脓毒血症患者 130 例, 其中鲍曼不动杆菌感染 21 例, 平均年龄  $64.29 \pm 15.32$  岁; 大肠埃希菌感染 50 例, 平均年龄  $61.16 \pm 13.49$  岁; 肺炎克雷伯菌感染 32 例, 平均年龄  $60.5 \pm 14.31$  岁; 金黄色葡萄球菌感染 27 例, 平均年龄  $59.07 \pm 17.76$  岁; 健康对照 24 例, 平均年龄  $61.2 \pm 11.4$  岁。在初入院, 未使用抗生素时采集血培养标本与血液标本, 检测血液中 PCT、WBC、PT、APTT、FIB、TT、ATIII、FDP、DDI 浓度, 采用 Mann-Whitney U 检验比较这些指标在不同细菌感染组间的差异, Pearson 相关性分析 D-DI、FDP、PCT 在不同细菌感染时其变化的一致性。

**结果** 脓毒血症患者的 PCT、WBC、FDP、DDI 浓度均较健康对照组明显升高 ( $P < 0.05$ ), 而凝血时间 PT、APTT 较对照组延长 ( $P < 0.05$ ), TT 未见明显差异 ( $P > 0.05$ ), ATIII 活性较对照组减低 ( $P < 0.05$ )。大肠埃希菌感染组 PCT 为  $173.84 \pm 26.96$ 、FDP 为  $119.06 \pm 14.93$ 、DDI 为  $31.65 \pm 4.62$ , 其浓度升高较其他细菌感染明显 ( $P < 0.05$ ), 且三个指标具有相关性 ( $P < 0.05$ )。

**结论** D-DI、FDP、PCT 在大肠埃希菌感染引起的脓毒血症升高较其他细菌感染升高明显, D-DI、FDP 与 PCT 相关性好, 可作为脓毒血症的诊断指标之一。

PU-4797

## A Two-Photon AIEgen for Simultaneous Dual-Color Imaging of Atherosclerotic Plaques

Bo Situ, Xiaojing He, Lei Zheng

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** High-resolution imaging of lipids within artery is of great value to obtain fundamental knowledge of their roles that play in atherosclerosis, but ideal probes are still highly desirable.

**Methods** Herein, we present a small-molecule probe (IND) with a large two-photon absorption cross section for lipids-specific imaging in biological systems.

**Results** IND can not only be used for quantification of lipids in cultured cells, but also be able to map the three dimensional lipid distributions in atherosclerotic plaques obtained from the mouse model with high spatial resolution. Moreover, IND is capable of dual-color sensing of lipid/water distributions in tissue microenvironment with single excitation, due to their packing structures as unique molecular dimers with remarkable red-shifted emission in the aggregate state.

**Conclusions** The findings described here provide a simple tool for lipids visualization and a universal strategy for engineering probes with single-excitation dual-emission capability that well-suited for two-photon imaging as well as other newly developed microscopes for tissue imaging.

PU-4798

## ANCA 及补体在 ANCA 相关性小血管炎中的致病机制及检测进展

胡国云

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 对 ANCA、补体的致病机制及检测进展作一综述。

**方法** ANCA 新亚型即抗溶酶体膜蛋白-2 (LAMP-2) 表位 P<sub>41-49</sub> 与细菌鞭毛 Fim H 蛋白 P<sub>72-80</sub> 具有 100% 同源性, 从“感染-免疫”的角度, 较为完善地提供了细菌通过“分子模拟”(molecular mimicry) 机制打破免疫耐受的直接证据, 从而使 AAV 的免疫发生机制取得了突破性进展。

**结果** 大量体外实验、动物模型及临床研究结果充分支持 ANCA 的直接致病作用。

**结论** ANCA 相关性小血管炎 (AAV) 是一组多系统受累的自身免疫性疾病, 其病理特点是小血管的炎症与纤维素样坏死, ANCA 是 AAV 特异性的血清学标志物。

PU-4799

## 优化微生物鉴定流程, 缩短微生物 TAT 时间的方法的探索

肖新利, 贾春峰 司秀娟 王小利

西安市长安区医院,710000

**目的** 探索一种能缩短微生物鉴定和药敏试验时间的可行性方法, 缩短微生物鉴定及药敏试验的 TAT 时间。

**方法** 选取来自住院部的各种标本中分离出的典型肠杆菌属、非发酵菌属、葡萄球菌属各 10 株; 链球菌属、嗜血杆菌属各 5 株, 并且同时以 ATCC25922、ATCC27853、ATCC25923、ATCC29212、ATCC49247 为质控菌株和标本同时进行试验, 操作分为快速组和常规组。快速组: 标本和质控菌株同时接种, 第二天早晨进行革兰氏染色形态观察、做触酶、氧化酶试验, 对待鉴定的细菌进行分纯, 质控菌株操作流程同临床标本。在上午十一点完成分纯培养。待细菌完成超过四个小时的对数期生长期后, 用分纯的细菌菌苔配置规定的菌液浓度, 用全自动细菌鉴定仪配套的鉴定板进行鉴定和药敏试验, 同时做相应的 K-B 药敏试验; 常规组: 将分纯的待检菌和质控菌株按常规流程培养到第二天, 按常规流程进行细菌鉴定和 K-B 法药敏试验。

**结果** 快速法和常规法对临床菌株和质控菌株的鉴定概率, 相似度以及药敏试验结果基本一致, 并且质控菌株检测结果在质控范围内, 符合质量控制要求。

**结论** 这种快速的鉴定和药敏方法可用于实验室的日常工作中, 特别是对感染病人的典型菌株能够达到快速鉴定和药敏试验的目的, 可以使检测的 TAT 时间缩短大约一天。是一种可行的方法、流程的优化, 有报道和推广价值。

## PU-4800

## 分割患者样本计划在地市级医院进行实验室室间比对的结果分析

胡志坚,何巍巍,申超  
九江学院附属医院,332000

**目的** 了解九江地区所辖二级以上医院实验室开展的定量及定性检测项目测定能力差异,为实现九江地区不同医疗机构间检验结果互认,保障医疗质量安全提供数据支持。

**方法** 九江市医学检验质量控制中心制备新鲜混合全血、混合血清和混合血浆随机盲样发放给各实验室,按要求进行现场调查和规定项目的室间比对,计算符合要求的实验室比例。

**结果** 定量项目实验室符合率 65.2%~97.4%,定性项目实验室符合率 89%~100%。

**结论** 新鲜标本随机盲样检测室间比对表明九江地区二级以上实验室间定性项目相互间具有可比性,定量项目少部分项目可比性有待提高。质控中心可以通过加强技术培训和实验室督导管理等方式,不断提高各实验室检测能力,为地区检验结果互认提供支持。

## PU-4801

## K-B 法对自动化检测流感嗜血杆菌对阿莫西林克拉维酸药敏误差的校正作用

王战豪  
成都市第三人民医院,610000

**目的** 在流感嗜血杆菌(haemophilus influenzae, Hi)对阿莫西林克拉维酸的药敏实验中,以肉汤稀释法为参考方法,观察 Kirby-Bauer 药敏纸片扩散法(K-B 法)对自动化微量肉汤稀释法(ATB 法)产生误差的校正作用。

**方法** 采集 190 株 Hi,根据临床和实验室标准协会(The Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI)的判定标准,采用肉汤稀释法、K-B 法和 ATB 法同时检测 Hi 对阿莫西林克拉维酸的敏感度。以肉汤稀释法药敏试验为参考方法,观察 K-B 法、ATB 法和肉汤稀释法药敏结果的一致性,分析 K-B 法对 ATB 法产生误差的校正作用。

**结果** K-B 法和 ATB 法分别与肉汤稀释法相比,检验结果一致率分别为 91.58%和 73.16%,二者结果有统计学差异( $\chi^2=22.197$ ,  $P=0.000$ )。在结果误差方面,ATB 法的重大误差率为 24.72%(44/178),显著高于 K-B 法的 3.37%(6/178)( $\chi^2=33.599$ ,  $P=0.000$ );K-B 法和 ATB 法的极重大误差率无统计学差异(Fisher 的精确检验,  $P=0.371$ );这两种方法均未产生次要误差。在误差校正方面,ATB 法产生的重大误差,有 93.18%(41/44)可被 K-B 法校正;K-B 法对 ATB 法的极重大误差率校正效果一般。

**结论** 在 Hi 的阿莫西林克拉维酸药敏试验中,K-B 法可合理校正 ATB 法所产生的重大误差。临床微生物检验用 ATB 法判读 Hi 对阿莫西林克拉维酸药敏实验中,若判读结果为耐药,则建议用 K-B 法对其结果进行复核,以确保该药敏结果不是重大误差所导致。

## PU-4802

**血浆 Septin9 基因甲基化在结直肠癌的应用研究**林卫虹<sup>1</sup>,高俊<sup>1</sup>,陈俐<sup>2</sup>

1.广州医科大学附属第一医院,510000

2.广州医科大学

**目的** 探讨血浆 Septin9 基因甲基化 (mSEPT9) 检测在结直肠癌 (CRC) 诊断、复发转移监测和预后评估的应用价值。

**方法** 对 224 例未经治疗 CRC 患者, 183 例肠道良性疾病患者及 121 例非 CRC 恶性肿瘤患者血浆 mSEPT9 检测结果进行回顾性分析, 比较 mSEPT9 在不同疾病组中的阳性率差异; 分析血浆 mSEPT9 与 CRC 患者年龄、性别、病理特征 (临床分期、肿瘤部位、浸润程度、是否存在淋巴结转移、远处转移等) 的相关性; 建立血浆 mSEPT9 和 FOBT 的 Logistic 回归模型, 绘制受试者工作曲线, 比较血浆 mSEPT9 与 FOBT 以及两者联合诊断的灵敏度和特异度及 ROC 曲线下面积; 追踪分析 273 例治疗后 CRC 患者血浆 mSEPT9 变化与病情发展的一致性。

**结果** 未经治疗 CRC 组血浆 mSEPT9 阳性率为 61.16%, 显著高于肠道良性疾病组和非 CRC 恶性肿瘤组 ( $P<0.001$ ); CRC 患者的血浆 mSEPT9 阳性率在性别、年龄和肿瘤部位中无差异 ( $P>0.05$ ), 而随 CRC 患者临床分期增加, 肿瘤浸润程度的深入, 存在淋巴结转移和 (或) 远处转移, 阳性率明显升高 ( $P<0.001$ ); Logistic 回归结果显示 FOBT 和血浆 mSEPT9 均为 CRC 的危险因素, 而血浆 mSEPT9 与 CRC 更为相关 ( $P<0.001$ ), 若联合两者检测可明显提高对 CRC 诊断效能 (AUC 为 0.862)。均为结直肠癌的危险因素, 而血浆 mSEPT9 与 CRC 相关性更强 ( $P<0.001$ ); ROC 曲线显示 mSEPT9 诊断 CRC 灵敏度 (58.7%) 虽低于 FOBT (79.7%), 但特异度 (92.8%) 远高于 FOBT (72.5%), 联合两者检测明显提高对 CRC 诊断效能 (AUC 为 0.856); 治疗后 CRC 患者血浆 mSEPT9 有 66 例阳性, 其中 43 例确诊癌转移, 1 例确诊 CRC 复发, 8 例目前临床数据怀疑复发或者转移。

**结论** 血浆 mSEPT9 与结直肠癌的发生发展密切相关, 但在 CRC 早期诊断价值有一定局限, 联合检测血浆 mSEPT9 和 FOBT 能够显著提高对 CRC 的诊断效能, 在术后复发或转移监测及疗效评估方面有良好的应用前景。

## PU-4803

**USP13 特异性抑制剂 Spautin-1 对胃癌细胞株 NUGC-3 的作用研究**

杨丹,韩然,张华

贵州省人民医院,550000

**目的** 利用 USP13 特异性抑制剂 Spautin-1, 探讨 USP13 泛素化活性对胃癌细胞株 NUGC-3 的作用, 为胃癌治疗提供新的治疗策略。

**方法** Spautin-1 处理细胞后, (1) 用 MTT 法检测胃癌细胞株 NUGC-3 的细胞增殖情况; (2) 使用 Transwell 及划痕实验检测胃癌细胞株 NUGC-3 的侵袭、迁移能力; (3) 流式细胞术、干细胞成球实验观察 Spautin-1 对 NUGC-3 来源的胃癌干细胞富集影响; (4) 通过 qRT-PCR 和 Western Blot 实验检测微球体中干细胞标志物 (KLF4、c-Myc、Sox2 等) 的 mRNA 和蛋白表达水平。

**结果** Spautin-1 使 NUGC-3 的增殖、侵袭、迁移能力显著降低, 同时能显著抑制胃癌干细胞微球体的形成率、体积及干细胞标志物的 mRNA 和蛋白表达。

**结论** USP13 特异性抑制剂 Spautin-1 能够显著胃癌细胞株 NUGC-3 的侵袭、迁移及胃癌干细胞富集, USP13 可能成为胃癌治疗的新的分子靶点。

## PU-4804

## Positive association between MIC gene polymorphism and tuberculosis in Chinese population

En Chen

The First Affiliated hospital of University of South China

**Objective** To investigate the association of MIC polymorphism with TB infection.

**Methods** 124 patients and 191 ethnically matched controls from Hunan province, Southern China, were genotyped for the MIC polymorphism using polymerase chain reaction sequence specific priming and sequencing-based typing.

**Results** The results showed that allele frequencies of MIC-sequence and MIC-STR were different in TB patients in comparison to normal controls (both  $P < 0.05$ ). MICA-A4 and MICA\*012:01 alleles were positive associated (OR=2.42, 95% CI: 1.69-3.87; OR=3.41, 95% CI: 2.19-5.33, respectively, both  $P < 0.05$ ) while MICA-A5 were inversely associated (OR=0.59, 95% CI: 0.41-0.94,  $P < 0.05$ ) with TB. Homozygote MICA\*012:01/012:01 was observed to have significant risk effects on TB (OR =4.76, 95% CI: 1.94-11.69,  $P < 0.05$ ). Additionally, MICB\*008 allele conduct a significant risk effect for TB (OR=3.17, 95% CI: 1.80-5.61,  $P < 0.05$ ).

**Conclusions** All the data showed that MIC polymorphism was associated with the variable susceptibility to TB in Chinese population.

## PU-4805

## 3298 名体检人群中血清小而密低密度脂蛋白胆固醇的水平分析

林炜炜,李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 分析 18 岁以上体检人群小而密低密度脂蛋白胆固醇(sdLDL-C)水平,了解体检人群 sdLDL-C 水平与分布情况及其与血脂 4 项(TCH、TG、LDL-C、HDL-C)间的关系。

**方法** 采用酶偶联直接终点法测定 3298 名成人体检者的 sdLDL-C,分析不同年龄和性别体检人群 sdLDL-C 水平。

**结果** 3298 名体检者 sd-LDL 水平呈偏态分布, 0.78mmol/L 为第 95%的百分位数的正常参考阈值。以 sdLDL-C $>1.17$  mmol / L (参考家说明书) 为小而密低密度脂蛋白胆固醇升高,阳性总检出率为 20.15%,其中男性为 27.23%、女性为 12.18%,男性 sdLDL-C 升高率明显高于女性 ( $\chi^2=101.294$ ,  $P=0.000$ )。sdLDL-C 按不同年龄、性别进行分组: 18-30 岁组男性阳性率 13.23%,女性 1.34%,男性显著高于女性 ( $\chi^2=22.185$ ,  $P=0.000$ ); 31-40 岁组男性阳性率 26.72%,女性 5.61%,男性显著高于女性 ( $\chi^2=65.02$ ,  $P=0.000$ ); 41-50 岁组男性阳性率 33.58%,女性 11.49%,男性显著高于女性 ( $\chi^2=54.75$ ,  $P=0.000$ ); 而 51-60 岁组男性阳性率 29.64%,女性 22.73%,差异不显著 ( $\chi^2=3.72$ ,  $P=0.054$ ); 61-70 岁组男性阳性率 26.42%,女性 29.10%,差异不显著 ( $\chi^2=0.263$ ,  $P=0.608$ );  $>71$  岁组男性阳性率 16.28%,女性 19.39%,差异不显著 ( $\chi^2=0.000$ ,  $P=0.988$ ); 多元回归分析表明 sd-LDL 与血脂四项相关性较好,有显著影响因素为甘油三酯(TG)的相关系数 0.816 ( $\chi^2=267.76$ ,  $P=0.000$ ),非高密度脂蛋白胆固醇(nonHDL-C)的相关系数 0.714 ( $\chi^2=92.81$ ,  $P=0.000$ ) 具有较高的相关性。

**结论** 体检人群中 sdLDL-C 水平升高的检出率已占有较高的比例, 应高度重视 sdLDL-C 升高这一群体, 应根据不同的性别、年龄 sd-LDL 检出率的特点, 结合血脂四项 (尤其 TG、nonHDL-C), 加强对这一群体的预防及干预。

PU-4806

## 抗菌感染方法的研究进展

马舒婷, 谢凤

吉林大学第三医院分院(中日联谊三部), 130000

**目的** 抗生素是用来预防和治疗细菌感染的药物, 但是由于广谱抗生素的滥用, 细菌耐药趋势日趋严重, 使得人类正在面临耐药危机, 因而催生对新的抗菌思路的渴望。本文在对目前广泛应用的抗生素进行初步分析的基础上, 针对益生菌、抗菌肽、噬菌体、中草药及医用新材料等多种抗细菌感染方法进行阐述, 相信新方法、新技术一定能将抗菌感染治疗带来广阔的发展前景。

**方法** 查阅相关文献

**结果** 近年来, 细菌耐药趋势日趋严重, 成为医学界倍受关注的研究课题, 世界各个国家及地区的医疗水平不同, 不同抗菌药对细菌产生的耐药性也会有所差异, 但耐药菌种类的增多和耐药程度日趋加重却是一个总体趋势。显然, 我们需要以新的思路和新的理念来开辟抗感染治疗的新方法和新途径。

**结论** 这是一个需要绿色和环保的时代, 显然抗生素的应用已经没有办法满足我们对高质量生活的需求。多种耐药手段都是在抗生素得到广泛应用后停止了前进的脚步, 才让现今的耐药性显得如此棘手, 倘若多种方法共同联用, 一定会使抗菌感染治疗带来新的发展前景。

PU-4807

## miR-101/ EZH2 双向负反馈环路在肝癌中的作用研究

黄达, 张德太

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 研究肝癌细胞中 miR-101 与 EZH2 之间的相互调控关系及其在肝癌中的作用。

**方法** 通过基因功能获得与失活策略, 研究 miR-101 与 EZH2 在 mRNA 及蛋白水平上的相互关系。利用 miRNA 前体诱导实验, 证实 miR-101/EZH2 调控环路的效用并确定 miR-101/EZH2 调控环路的参与者。利用定量基因组 PCR, 研究 miR-101 缺失与 miR-101 前体诱导效率之间的关系。利用集落形成实验, 迁移/侵袭实验、划痕实验评价升高 miR-101 后对肝癌细胞迁移及增殖能力的抑制作用。

**结果** 升高 miR-101 可以降低 EZH2 的表达水平, 而 EZH2 的表达升高可以抑制 miR-101 的表达。miR-101 前体诱导实验发现, 成熟 miR-101 只能诱导 pre-mir-101-1 的表达而对 pre-mir-101-2 的诱导作用不明显。HepG2 与 SMMC-7721 细胞中, miR-101 前体诱导效率的不同, 与细胞中 miR-101 位点缺失程度有关。升高 miR-101 可以明显抑制肝癌细胞迁移及增殖能力。

**结论** 在肝癌细胞中, miR-101 与 EZH2 是以双向负反馈环路的形式进行相互调控的。干预这一环路对肝癌有抑制作用。

PU-4808

## 455 株金黄色葡萄球菌临床分布及耐药性分析

施瑞洁  
陕西省人民医院,710000

**目的** 探讨金黄色葡萄球菌的临床分布及金黄色葡萄球菌耐药性分析,为临床合理使用抗菌素治疗提供实验检测依据。

**方法** 统计分析金黄色葡萄球菌阳性病例 455 例,标本处理按照《全国临床检验操作规程》,细菌鉴定使用美国布鲁克生产的全自动生物质谱检测系统 IVD MALDI Biotyper,药敏检测应用法国梅里埃公司生产的全自动微生物检测系统 VITEK 2-compact 进行药敏分析。采 WHONET5.6 软件对标本的临床分布及金黄色葡萄球菌药敏结果进行统计分析。

**结果** 金黄色葡萄球菌分布在前三的科室依次为重症监护室、急诊外科、神经外科;金黄色葡萄球菌药敏的敏感率最高的依次为:万古霉素:100%,利奈唑胺:100%,复方新诺明:94.4%,利福平:88.6%,氯霉素:80.9%。耐药率居前三位的依次为:青霉素:95.4%,红霉素:85.7%及克林霉素:71.1%。

**结论** 金黄色葡萄球菌检出较高的病区,由于患者长期住院,患者在做检查时各种侵袭性操作,在治疗的过程中抗菌药物的大量使用,患者免疫力的降低,导致患者易感染此菌。为控制 MASA 菌株的感染,必须严控住院患者进行侵入性操作时应严格无菌操作,临床治疗时结合药敏结果选择用药,必要时联合用药治疗,提高临床治疗效果,同时亦可降低耐药率的产生。

PU-4809

## AMPK-KLF2 信号通路在 EPO 调节内皮祖细胞血管新生潜能中的分子机制研究

肖光军,刘艳婷,杨娜,魏容  
遂宁市中心医院,629000

**目的** 探究 AMPK-KLF2 信号通路在 EPO 调节内皮祖细胞血管新生潜能中的作用机制。

**方法** 实验设计分组为:对照组和 EPO 诱导组;通过流式细胞仪统计内皮祖细胞血管功能;通过伤口区域 CD31 阳性染色检测伤口愈合度评估内皮祖细胞血管形成和 BM-EPC 迁移的能力;采用 RT-PCR 和 Western blot 法印迹测定各组中的 AMPK-KLF2 基因和蛋白的表达水平。

**结果** 与对照组相比,由伤口面积可知 EPO 诱导提高了小鼠的伤口愈合度 ( $P<0.05$ );且小鼠伤口周围皮肤中 CD31 阳性毛细管状结构的数量显著增加 ( $P<0.05$ )。EPO 诱导能够促进内皮祖细胞血管形成和 BM-EPC 迁移能力提高 ( $P<0.01$ )。EPO 诱导通过上调 AMPK 和 KLF2 mRNA 的表达,增强了内皮祖细胞血管新生功能,表明在 EPO 调节内皮祖细胞血管新生潜能中 AMPK-KLF2 信号通路具有重要作用,内皮祖细胞内特异性 AMPK 和 KLF2 表达能够提高受损的 EPCs 新血管形成能力。

**结论** 内皮细胞谱系特异性 AMPK 和 KLF2 过表达强烈增强了小鼠后肢损伤模型中的体内新血管形成能力,表明 EPO 通过 AMPK-KLF2 信号通路调节的内皮祖细胞有望成为治疗缺血性心血管疾病的新工具。



## PU-4810

## 基于界面识别诱导的均相指数转录扩增用于高灵敏血管内皮生长因子检测新方法研究

滕洁<sup>1</sup>, 丁世家<sup>2</sup>, 张玉洪<sup>1</sup>, 程伟<sup>1</sup>

1. 重庆医科大学附属第一医院, 400000

2. 重庆医科大学检验医学院

**目的** 血管新生是恶性肿瘤生长、浸润和转移的前提条件, 而血管内皮生长因子(VEGF)作为体内重要的促血管生成调节因子, 在恶性肿瘤的发生发展过程中发挥重要作用。高灵敏检测 VEGF 蛋白对疾病的早期诊断、治疗和预后具有指导意义。本文设计了一种基于界面识别诱导的均相指数转录扩增策略的高灵敏 VEGF 检测新方法。

**方法** 微孔板上经典的抗原-抗体结合反应可以实现对靶蛋白的特异性识别, 随后引入生物素-链霉亲和素体系实现在固相界面上的第一级信号放大, 同时其又能发挥桥联作用连接界面识别和均相转录过程, 最后引入生物素标记的 DNA 链实现在溶液中的均相指数级转录扩增。经扩增产生的大量 RNA 产物可以与分子信标结合进行荧光检测。

**结果** 该方法检测 VEGF 靶蛋白的线性范围为 0.01 - 1000 pg/mL (Figure A), 最低检测限为 1 fg/mL (Figure B), 这比传统 ELISA 方法的检测限低 3 个数量级。本方法可用于直接检测肿瘤细胞培养上清液和临床血清样本中的 VEGF (Figure C, D), 其结果与 ELISA 结果具有良好的相关性。

**结论** 通过整合高特异性的界面免疫识别和高效率的均相指数转录扩增, 本文建立的高灵敏血管内皮生长因子检测新方法实现了从靶分子识别事件向核酸转录扩增的有效转化, 可显著提高检测的灵敏度和特异性。该方法成功用于肿瘤细胞培养上清液和临床样本的 VEGF 检测。本方法为疾病标志物的早期高灵敏检测提供了新的检测技术, 具有广阔的临床应用前景。

## PU-4811

## 电导率监测在双向电泳样品检测前质量控制中的运用

黄达, 张德太

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 探讨样品制备过程中全程电导率监测对于优化试验流程及提高双向电泳重复性的价值。

**方法** 通过外源性加入不同浓度的 NaCl, 获得电导率为 1200 ppm、600 ppm、150 ppm、75 ppm 的四种样品。比较电导率为 150 ppm、75 ppm 的两种样品同时在一台等点聚焦仪上进行聚焦与分机聚焦后结果以及 600 ppm 的样本除盐前后的差异。

**结果** 电导率差异大于 20 ppm 的两个样品, 同时在一台等电聚焦仪上进行电泳时, 其电泳结果中蛋白点在位置及数量上的可重复性 (91%) 明显低于分机电泳组 99% 的匹配率。含外源性的盐分的样品经除盐后, 可造成蛋白丢失, 影响最终的蛋白点数 (513/655)。

**结论** 通过对样品制备过程中, 进行全程电导率测定, 可以藉此判断样品中盐分的来源, 以及样品间的电导率差异, 从而有针对性地采取相应的电泳及处理策略, 保证双向电泳结果的可重复性。

## PU-4812

## 检验前期对不合格标本的质量控制重要性

杜秋明,王海燕,郭笑然  
吉林大学第一医院,130000

**目的** 随着时代的发展,科学的进步,先进的仪器和技术的应用,医学检验不断进步和提高越来越受到重视,其准确性在临床诊断中直接影响到医生对疾病的诊断、治疗和预防。为了进一步确保每份标本检验结果的准确性,控制由于标本分析前阶段不合格造成结果的不准确,特制订整改措施,通过对本院不合格的血液标本进行分类,分析,实行全面质量控制。

**方法** 通过选取本院 2018 年 1~6 月门诊患者的 4821 份血液标本进行统计分析,其中有 378 例不合格标本,标本采集不规范占 53.28%,血液标本被污染量不足占 14.2%,标本运送不及时占 17.6%,标本条码不清占 11.5%,标本采集时间不合格占 11.6%,溶血或脂血占 26.9%。分析并总结不合格标本产生的原因主要来自标本采集过程中操作不规范所致,通过影响因素进行整改措施,编辑检验标本采集手册,并进行全员培训,包括标本采集、存放、运送流程、提高护士采集规范性,并进行检验样本跟踪,制订不合格样本登记制度,提高医务工作者对质量控制的重视度。同时从 2018 年 7 月份开始通过整改措施,检验标本采集手册的实施,然后收集本院 2018 年 7 月至 2019 年 1 月期间门诊患者的 3900 份血液标本进行统计,比对制订措施整改前后血液不合格标本的发生情况。

**结果** 实施整改措施前 4821 份血液标本,其中有 378 例不合格标本,标本采集不规范占 53.28%,血液标本被污染量不足占 14.2%,标本运送不及时占 17.6%,标本条码不清占 11.5%,标本采集时间不合格占 11.6%,溶血或脂血占 26.9%。而实施整改措施后收集的 3900 份血液标本中有 210 例不合格标本,标本采集不规范占 21.6%,血液标本被污染量不足占 7.6%,标本运送不及时占 8.3%,标本条码不清占 6.1%,标本采集时间不合格占 5.8%,溶血或脂血占 17.8%。实施整改后明显低于实施整改前,两者对比差异明显。

**结论** 总结出现不合格血液标本的原因并实施整改措施,减少不合格标本的发生,从而确保血液标本的精准率,持续改进,不断增强检验前质量控制,降低临床医疗风险,提高检验质量。

## PU-4813

## 奇异变形杆菌临床耐药性变迁及其耐碳青霉烯类抗生素的耐药机制

叶杨芹,王雪莹,张雯雁,李根,王玉超,单梦玲,范列英  
上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 分析引起上海市东方医院院内感染的奇异变形杆菌的分布及耐药性变迁,为临床合理应用抗生素提供参考依据;明确奇异变形杆菌耐碳青霉烯类抗生素是否由 kpc 基因介导。

**方法** 收集 2014-2018 年间引起院内感染的奇异变形杆菌标本 600 株。分离奇异变形杆菌;用 vitek2-compact 对菌株进行鉴定;利用 k-b 法进行药物敏感实验;用 whonet5.6 分析软件分析奇异变形杆菌耐药性变迁。利用 real-time PCR 技术检测碳青霉烯类抗生素耐药奇异变形杆菌 kpc 基因。

**结果** 本次收集菌株 600 株,其中 2014 年 87 株,2015 年 133 株,2016 年 140 株,2017 年 123 株,2018 年 117 株。菌株主要分离自呼吸监护室、神经外科等,以尿液标本及痰标本为主。从 2014-2018 年奇异变形杆菌耐药率为:奇异变形杆菌对氨苄西林、哌拉西林、头孢唑啉、头孢呋辛、头孢噻肟、环丙沙星、庆大霉素的耐药性在 70%-90%;奇异变形杆菌对头孢他啶、头孢吡肟、阿米卡星耐药率在 20%-50%;对含酶抑制剂类抗生素如氨苄西林/舒巴坦、头孢哌酮/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦维持低水平耐药;碳青霉烯类抗生素中,奇异变形杆菌对美罗培南的耐药率在

2%左右, 奇异变形杆菌对亚胺培南的耐药性 2014 年为 14.7%, 2018 年为 19.7%。ESBL 检出率在 2014-2017 年间持续升高, 从 61%升高至 71.1%, 于 2018 年降至 58.3%。经 real-time PCR 分析, 0 株碳青霉烯类抗生素耐药奇异变形杆菌含有 kpc 基因。

**结论** 上海市东方医院分离之奇异变形杆菌以尿路来源及呼吸道来源为主, 菌株对大部分抗生素的耐药率较高, 奇异变形杆菌对亚胺培南的耐药率升高显著, 提示奇异变形杆菌 CRE 株引起医院感染趋势有所增加, 应引起高度重视, 加以控制和防范。本次研究菌株耐碳青霉烯类抗生素并非由 kpc 基因介导, 耐药机理需深入研究。

## PU-4814

### 2015-2018 年四川地区无菌体液细菌的分布及耐药性分析

钟敏,龙姗姗,黄湘宁,杨永长,殷琳,张凯,喻华  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 对四川省细菌耐药监测网成员单位 2015-2018 年度无菌体液 (未包括血液) 的细菌分布及耐药情况进行统计分析, 为本省临床合理应用抗菌药物提供依据。

**方法** 按照监测方案, 采用标准纸片扩散法、E-test 法或自动化仪器检测法, 依据 CLSI 2018 年标准, 用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 2015-2018 年间四川地区无菌体液共分离出 29754 株非重复的细菌, 其中革兰阳性菌 11351 株, 占 38.1%, 革兰阴性菌 18403 株, 占 61.9%。无菌体液中最常见的细菌依次为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、金黄色葡萄球菌、屎肠球菌和表皮葡萄球菌。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的检出率分别为 28.3 %和 63.9%。MRSA 和 MRCNS 对绝大多数测试药物的耐药率均显著高于甲氧西林敏感株(MSSA 和 MSCNS)。屎肠球菌中分别检出 0.5% (9 株) 对利奈唑胺耐药和 2.2% (40 株) 对万古霉素耐药的菌株, 粪肠球菌中发现 1.7% (22 株) 对利奈唑胺耐药和 0.3% (4 株) 对万古霉素耐药的菌株。耐万古霉素屎肠球菌 (VRE) 由 4%降至 1.8%, 而耐利奈唑胺屎肠球菌由 1.3%降至 0。无菌体液标本中产 ESBL 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的检出率分别为 45.8%和 25.6%, 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对碳氢霉烯类仍然保持较高的活性。非发酵菌对碳青霉烯类抗生素耐药率较高, 其中鲍曼不动杆菌对亚胺培南的耐药率已大于 65%。

**结论** 四川地区无菌体液分离细菌对常见抗菌药物的耐药率部分仍呈增长趋势, 尤其是碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌。对万古霉素耐药的屎肠球菌分离率较高。非发酵菌特别是鲍曼不动杆菌的耐药形势严峻。应充分利用本地细菌耐药监测结果进行感控管理, 促进抗菌药物合理应用。

## PU-4815

### Clonal dissemination of KPC-2-producing *Klebsiella pneumoniae* ST11 and ST48 clone among multiple departments in a tertiary teaching hospital in Jiangsu Province, China

Ruru Bi<sup>1,2</sup>, Bing Gu<sup>1</sup>, Ping Ma<sup>1</sup>  
1.Affiliated Hospital of Xuzhou Medical university  
2.Suzhou Science and Town hospital

**Objective** The world-wide prevalence of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) has been posing a threat to the public health.

**Methods** In this study, a total of 82 non-duplicated CRKP isolates were analyzed for the prevalence of resistant determinants including carbapenemase, extended spectrum  $\beta$ -lactamase (ESBLs), and AmpC as well as integrons and cassette regions by PCR and DNA sequencing. The genetic relatedness was investigated by pulsed field gel electrophoresis (PFGE) and multi-locus sequencing typing (MLST).

**Results** Overall, bla<sub>KPC-2</sub> (n = 75) was the predominant carbapenemase, accompanied with high prevalence of bla<sub>SHV</sub> (92.7%) and bla<sub>CTX-M</sub> (90.2%). PFGE profiles and MLST analysis revealed that 65 out of 68 KPC-2-producing CRKP ST11 isolates were involved in clone dissemination among multiple departments with the department of neurology ICU being the major one. Moreover, first report on clonal dissemination of KPC-2-producing CRKP ST48 clone in four departments and NDM-5-producing CRKP ST337 clone was also identified. Class I integron were detected in 17 (20.7%) of 82 isolates with aadA2 being the most common cassette. And a novel cassette array of integron, aac(6')-II-bla<sub>CARB/PSE-1</sub> was identified.

**Conclusions** Taken together, KPC-2-producing CRKP ST11 and ST48 clone were widely disseminated in multiple departments of our hospital, which triggers the need for urgent and active surveillance and implementation of infection control measures.

## PU-4816

### 耐碳青霉烯大肠埃希菌同源性检测

李冰一,杜帅先

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析耐碳青霉烯大肠埃希菌的同源性,对临床监测耐碳青霉烯大肠埃希菌的传播情况及预防提供依据。

**方法** 对 2015 年 1 月至 2017 年 3 月华中科技大学同济医学院附属协和医院临床分离出的耐碳青霉烯大肠埃希菌(共 23 株)通过 REP-PCR 的方法进行同源性检测。

**结果** 通过对实验结果的分析,发现大致可以分为 A、B、C 型和无法分型四种,其中 B 型最多有 9 株。

**结论** 检测细菌同源性有助于鉴别该耐药菌株的流行情况,是否有爆发流行趋势。Rep-PCR 法可用于医院内感染的流行病学调查。

## PU-4817

### 成都地区人群血清游离脂肪酸参考区间的探索

林倩

成都市第三人民医院,610000

**目的** 初步建立成都地区人群血清游离脂肪酸的参考区间。

**方法** 选择 480 例健康体检者作为研究对象,使用贝克曼 AU5400 生化分析仪检测血清中游离脂肪酸的水平,探讨性别、年龄等因素对血清 NEFA 的影响。

**结果** 采用非参数法初步建立 NEFA 参考区间。女性(21-40)岁: 0.15-0.90mmol/L; 男性(21-40)岁: 0.19-0.83 mmol/L; 女性(41-60)岁: 0.18-0.82 mmol/L; 男性(41-60)岁: 0.17-0.73 mmol/L。女性(21-60)岁: 0.18-0.83 mmol/L; 男性(21-60)岁: 0.18-0.78 mmol/L; 总的参考区间: 0.18-0.81 mmol/L。

**结论** 初步建立了适合本地区健康人群游离脂肪酸的参考区间。

## PU-4818

**Autoimmune disease as a risk factor for cancer patients under PD1/PDL1 treatment**

晏颂欣

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** Immune checkpoint inhibitors (ICIs), such as antagonistic monoclonal antibodies against cytotoxic T-lymphocyte antigen 4(CTLA-4), programmed death-1 (PD1) and programmed death ligand-1 (PD-L1) are effective treatments for a growing list of cancers.

**方法** However, experience in cancer patients with autoimmune disease (AID) is very limited, as these patients were usually excluded from clinical trials of ICIs because of the possible increase of immune-related adverse events (irAEs).

**结果** Thus, it is crucial to examine the possible impact of checkpoint inhibitors on patients with pre-existing AID. As PD1/PDL1 is used in more tumors and patients, it is important to figure out the safety, effectiveness and risk-benefit ratio of anti-PD-1/PD-L1 antibodies in cancer patients with AID.

**结论** This review summarized the evidence of previous research about the anti-PD-1/PD-L1 antibodies in cancer patients with pre-existing AID and hope to help clinicians to better treat cancer patients with pre-existing AID.

## PU-4819

**武汉协和医院 2018 年鲍曼不动杆菌的临床分布及耐药性监测**

李辰

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析 2018 年 1 月至 2018 年 12 月临床分离的鲍曼不动杆菌的分布及药物敏感情况。

**方法** 采集各临床科室送检的标本, 进行鲍曼不动杆菌的分离、培养, 采用手工或 BD Phoenix 100 系统对鲍曼不动杆菌进行鉴定以及药物敏感试验, 采用 WHONET2018 软件进行数据的录入与分析。

**结果** 共分离出鲍曼不动杆菌 1286 株, 其中从痰标本中分离最多为 1012 株(78.69%); 从 SICU 中分离到 191 株, 占比 19.91%; 菌株耐药性较强, 对亚胺培南、美洛培南的耐药率超过 71%。

**结论** 目前鲍曼不动杆菌的检出率较高, 耐药性较强, 应加强鲍曼不动杆菌细菌耐药监测, 临床应合理使用抗菌药物, 加强实施消毒隔离, 减少产生和传播耐药菌的途径。

## PU-4820

**高丝氨酸内酯分子 OHC12-HSL 对鲍曼不动杆菌铁载体相关基因的调控**熊丽,刘志红,李梦娇,宋启飞,戴仲秋,敖科萍,吕纯阳,范玉洁,谢轶  
四川大学华西医院,610000

**目的** 研究群体感应系统(即 QS 系统)中的 N-(3-羟基十二烷酰基)-高丝氨酸内酯(OHC12-HSL)对鲍曼不动杆菌介导  $\text{Fe}^{3+}$  代谢的铁载体合成及转运基因的调控作用。

**方法** 将 OHC12-HSL 外源性加入至鲍曼不动杆菌肉汤中共培养 12h, 利用逆转录定量 PCR 检测铁载体合成基因的 mRNA 表达水平, 包括以基因簇形式排列的 10 个铁载体合成基因 (basABCDEFGHJIJ) 和转运基因 (bauABCDEF), 以及转运能量系统 (tonB-exbB-exbD), 利用  $2^{-\Delta\Delta CT}$  法比较加入和不加入 OHC12-HSL 铁载体合成及转运基因的 mRNA 表达水平的变化。利用 ICP-OES 检测加入和不加入 OHC12-HSL 培养后细菌内铁含量的变化, 并用 t 检验进行比较。

**结果** 加入 OHC12-HSL (100 $\mu$ mol/L) 组所有铁载体合成、转运及 tonB 能量系统相关基因的 mRNA 表达水平相对于对照组均有不同程度的升高, fold change 值分别为 1.84-2.55、1.59-2.66、1.87-2.26。且加入 OHC12-HSL 组细菌内铁含量较对照组增加了 11.9% (0.38 $\mu$ g/ml vs 0.34 $\mu$ g/ml,  $P=0.03$ )。

**结论** 鲍曼不动杆菌通过合成铁载体介导  $Fe^{3+}$  的吸收、参与  $Fe^{3+}$  代谢, 是造成宿主感染或定植的毒力因子之一。而介导铁载体合成及转运的基因可以受到高丝氨酸内酯分子 OHC12-HSL 的上调作用, 增加细菌对铁的摄取。

## PU-4821

### 2015-2017 年四川地区血培养肠杆菌科分布情况 及耐药性分布

黄学东<sup>1</sup>, 王远芳<sup>1</sup>, 敖科萍<sup>1</sup>, 邓杰伦<sup>1</sup>, 谢轶<sup>1</sup>, 吴贤丽<sup>2</sup>, 黄梅<sup>3</sup>, 蒋香梅<sup>4</sup>, 温晓峥<sup>5</sup>, 应军<sup>6</sup>, 李海军<sup>7</sup>, 向尹<sup>8</sup>, 徐雪梅<sup>9</sup>

1. 四川大学华西医院, 610000

2. 攀枝花中心医院

3. 泸州市人民医院

4. 德阳市人民医院, 618000

5. 广安市人民医院, 638500

6. 三台县人民医院, 621000

7. 广元市中心医院

8. 乐山市人民医院, 614000

9. 自贡市第一人民医院, 643000

**目的** 对四川省 9 家医院 2015-2017 血标本来源的病原菌资料进行总结分析, 探讨四川地区血培养肠杆菌科分布情况及其对常用抗药物的耐药性, 为流行调查及临床经验性用药提供依据。

**方法** 收集四川地区 9 家医院血标本来源的非重复病原菌, 分类比较各细菌检出率、科室分布及其对常用抗生素的耐药率。

**结果** 共分离出病原菌 2787 株, 其中大肠埃希菌 1860 株 (67%), 肺炎克雷伯菌 612 株 (22%), 其他肠杆菌属占 6%。其中内科分离率最高占 53%, 其次为外科占 25%、ICU 占 10%。药敏结果显示: 耐碳青霉烯类抗生素 (CRE) 的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌分别检出率为 0.7% 和 3.1%, 产超广谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBL) 的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌检出率分别为 33.3% 和 13.7%。变形杆菌属对厄他培南、美罗培南的敏感性为 100%; 沙门菌属对阿莫西林/克拉维酸、哌拉西林/他唑巴坦、厄他培南、美洛培南的敏感率均为 100%。

**结论** 2015-2017 年四川地区肠杆菌科血流感染多以大肠埃希菌为主, 其次为肺炎克雷伯菌。内科分离率最高, 其次为外科、ICU。四川地区的血流感染中肠杆菌科对碳青霉烯类抗生素保持高度敏感。

PU-4822

## ABO 血型不合造血干细胞移植患者血型改变及其与预后关系的探讨

李归宁

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨 ABO 血型不合骨髓异基因外周血造血干细胞移植 (allo-PBSCT) 患者血型改变特点及其与预后的关系, 同时指导科学、安全输血。

**方法** 收集 2010 年 1 月~2014 年 12 月共计 141 例 ABO 血型不合患者资料, 统计一年内急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 和复发的例数, 观察 ABO 不合模式下血型转变的特点。

**结果** ABO 不合 allo-HSCT 患者一年生存率为 79.9% (1) 发生 aGVHD 51 例, 次侧、主次侧不合组较主侧不合组发生频率高, 且主要集中在移植后的前两个月内; (2) 一年内复发的患者有 18 例, 其中主侧不合 11 例, 次侧不合 5 例, 主次侧不合 2 例; (3) 主侧不合组中有 51 例最终血型正反定型一致, 时间为 76~127 天 (中位时间 102 天), 但有 2 例 (均为 A 供 O) 分别在 +446 天、+211 天再次检测到抗-A。次侧不合组和主次侧不合组最终血型正反定型不一致, 受者红细胞已完全检测不到的时间在次侧不合组为 56~118 天 (中位时间 83 天)、主次侧不合组为 76~139 天 (中位时间 92 天)。主侧不合、次侧不合和主次侧不合组血型转变率分别为 84%、83% 和 70%。

**结论** 不同类型 ABO 不合 PBSCT 患者血型转变特点各不相同, 并呈动态变化, 建议移植 2~3 个月定期复查血型, 根据红细胞嵌合体状态和血型抗体 (IgM+IgG) 的检测结果, 实施相容性输血。

PU-4823

## 三种药敏方法评价流感嗜血杆菌对三种 $\beta$ -内酰胺类药物的药敏实验一致性的研究

王战豪

成都市第三人民医院,610000

**目的** 对比研究三种体外药敏试验在测定流感嗜血杆菌 (*Haemophilus influenzae*, Hi) 对氨苄西林、阿莫西林克拉维酸、头孢呋辛等三种  $\beta$ -内酰胺类药物药物敏感的可靠性及实用性。

**方法** 采用肉汤稀释法、纸片扩散法 (K-B 法) 和自动化微量肉汤稀释法 (ATB 法) 检测 Hi 对氨苄西林、阿莫西林克拉维酸、头孢呋辛的药物敏感度。以肉汤稀释法为参考方法, 分析比较 K-B 法和 ATB 法结果间的一致性和误差率。

**结果** K-B 法与肉汤稀释法对氨苄西林、阿莫西林克拉维酸、头孢呋辛的药敏一致率分别为 77.19%、91.58%、69.16%, ATB 法与肉汤稀释法的一致率分别为 70.18%、73.16%、51.98%, K-B 法对阿莫西林克拉维酸、头孢呋辛这两种药物的一致率显著高于 ATB 法。结果误差方面, K-B 法对氨苄西林和头孢呋辛的重大误差率和极重大误差率都显著低于 ATB 法, K-B 法对阿莫西林克拉维酸的重大误差率也显著低于 ATB 法。

**结论** 检测 Hi 对  $\beta$ -内酰胺类抗生素药敏实验方面, K-B 法和肉汤稀释法的一致性较好; ATB 法对 Hi 药敏试验产生的误差较大。临床工作中报告 ATB 法药敏结果时, 应结合  $\beta$ -内酰胺酶试验, 出现异常药敏表型, 或者对 ATB 药敏结果有疑问时, 建议联合使用其他药敏方法, 对 ATB 法结果进行修正。

## PU-4824

## 大动脉炎标志物研究进展

晏颂欣

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 大动脉炎（TAK）是一种罕见的系统性血管炎，其特征在于主动脉及其主要分支的肉芽肿性炎症。参与 TAK 发病机制的细胞和生理生化过程开始被逐步了解，并发现细胞和抗体介导的自身免疫机制参与其中。

**方法** 然而，目前还未有研究发现有效的用于诊断 TAK 的生物标志物。特异性的血清学标志物的缺乏对 TAK 的早发现早诊断有着严重的影响。

**结果** 近年来，关于 TAK 标志物的研究也有一定的进展，但仍然未发现可转化用于临床的 TAK 生物标志物。

**结论** 本综述通过检索近年来相关的研究文献，总结在 TAK 血清学标志物诊断领域出现的一些进步，讨论新技术和新方法在发掘 TAK 标志物中发挥的作用，期望为 TAK 的早期诊断提供帮助。

## PU-4825

## 两种方法检测香草扁桃酸（VMA）的结果比较

张玲,潘建华

广州金域医学检验中心,510000

**目的** 探讨均相酶免疫法与色谱柱法检测香草扁桃酸（VMA）的的灵敏性、特异性，以及可操作性。选取最佳临床应用可行性的检测方法提高准确率和工作效率。

**方法** 随机选取 120 例检测香草扁桃酸（VMA）患者标本同时用国产苏州博源均相酶免疫法试剂和西班牙 BioSystemsS.A.色谱柱法原装进口试剂,国产均相酶免疫法采用贝克曼 AU2700 全自动生化仪按说明书操作，由生化分析仪自动计算出结果，无需对结果进行额外处理。色谱柱法采用手工操作，样品通过阴离子交换树脂后，再特异地洗脱 VMA，在碱性条件下，用过碘酸盐将 VMA 氧化成香草醛显色后测其吸光度将其测定。两种方法均采用第三方伯乐质控品 376 Normal 和 377 Abnormal（Ctrl.1, Ctrl.2）平行检测作为准确度的判断标准，结果分析采用相关回归分析评估两种方法的相关性。

**结果** 测定博源试剂盒自带高、低浓度质控品（VMA Ctrl.1, VMA Ctrl.2）结果 3.69 和 17.71 均在靶值要求范围内；两种方法测定伯乐质控 Ctrl.1, Ctrl.2 值分别为 3.04 和 14.02 均在靶值要求范围内。120 例随机样本用国产博源 VMA 试剂测定结果与西班牙 VMA 试剂测定结果经统计学分析， $r=0.988$ ，两种方法检测 VMA 具有良好的相关性。

**结论** 应用均相酶免疫法检测 VMA 具有操作更方便，省掉手工繁琐的操作流程；出结果快，结果客观且重复性好，并能每次试验进行室内质控实时监测以保证检测结果准确性；降低了 66.67% 的人力成本，缩短了 TAT 时间，大大提高实验室效率，均相酶免疫法检测 VMA 在临床检测中具有可行性。



## PU-4826

## 脓毒症患者中性粒细胞膜碱性磷酸酶的临床意义研究

张欢欢,杨晋

连云港市第一人民医院,222000

**目的** 感染生物标志物的检测在脓毒症的早期诊断、病情程度及预后判断、疗效评估中发挥着重要作用,而寻求特异性和敏感性高的生物标志物一直是临床研究的热点。中性粒细胞膜碱性磷酸酶(mNAP)是鉴别细菌感染与病毒感染的传统指标,由于方法学限制了其在临床上的应用。我们前期建立流式细胞术检测 mNAP 方法并初步应用于临床,显示其在作为细菌感染诊断指标具有与血清 PCT 等同的临床价值。本文旨在研究脓毒症患者中 mNAP 的表达水平及其对病情严重程度和预后的评估,探讨 mNAP 在脓毒症患者中临床应用价值。

**方法** 选择 2015 年 10 月至 2017 年 10 月连云港市第一人民医院收治的诊断脓毒症患者 121 例,根据患者病情严重程度分为脓毒症组 59 例、严重脓毒症组 27 例和脓毒症休克组 35 例。根据脓毒症确诊 28 d 后结局,分为死亡组 32 例与存活组 89 例。另选 60 名健康体检者为对照组。应用流式细胞术检测 mNAP、免疫荧光法检测血清降钙素原(PCT)、免疫散射比浊法检测 C 反应蛋白(CRP)。比较各组间 mNAP、PCT、CRP、APACHE II 评分变化,及存活组和死亡组 mNAP 水平变化。

**结果** 脓毒症患者的 mNAP、PCT、CRP 中位数分别为 14126 Ab/c、7.14 ng/ml、133.0 mg/l,显著高于健康对照组 1837 Ab/c、0.12 ng/ml、1.60 mg/l,差异有统计学意义( $P<0.01$ );脓毒症休克组的 mNAP 为 18108 Ab/c 高于严重脓毒症组 17309 Ab/c 和脓毒症组 13090 Ab/c,差异有统计学意义( $P<0.01$ );死亡组 mNAP 水平高于存活组(21108 Ab/c vs 14137 Ab/c,  $P<0.01$ )。

**结论** 脓毒症患者外周血 mNAP 表达水平明显升高,并与病情严重程度及预后密切相关,可作为一项临床指标应用于脓毒症的诊断、病情及预后评估。流式细胞术定量检测 mNAP,操作简便,结果准确。

## PU-4827

肠道病毒 71 型感染的星形胶质细胞中肠病毒 71 型 3C 蛋白酶活性与 NF- $\kappa$ B 信号转导效率的关联

魏容,肖光军,杨娜,刘艳婷

遂宁市中心医院,629000

**目的** 探究肠道病毒 71 型感染的星形胶质细胞中肠病毒 71 型 3C 蛋白酶活性与 NF- $\kappa$ B 信号转导效率的关联。

**方法** 通过将 EV71 病毒感染星形胶质细胞后,经过质粒提取、转化、定点突变、基因转变等步骤,将 TAK1 复合体切割后,分别导入 TAB2 质粒和 TAK1 质粒,观察其对 NF- $\kappa$ B 表达的影响。同时,EV71 感染后,通过 RT-PCR 和 Western blot 法对细胞内相关基因表达,并对 EV71 3C 蛋白酶活性进行检测,得到蛋白酶活性与 NF- $\kappa$ B 表达关系,判断其关联。

**结果** EV71 感染可诱导 TAK1 和其复合体蛋白 TAB1\2\3 的降解,并呈现时间依赖性,但对于 TRAF2 和 TBK1 表达无影响。同时,细胞内 IL6 ( $19.4\pm0.62$ )、IL8 ( $13.8\pm2.89$ )、IL12 ( $13.0\pm0.68$ ) 及 IL1 $\beta$  ( $14.6\pm0.96$ ) 的表达均在 24h 后显著提高;TAB2 可诱导 NF- $\kappa$ B 激活,而与 3C 共同表达时可显著抑制 NF- $\kappa$ B 表达,3C 亦可显著抑制由 TAK1 复合体作用诱导 NF- $\kappa$ B 的激活。不同浓度 EV71 感染后,细胞内 EV71 3C 蛋白活性出现明显差异,而随着蛋白酶活性的增加,细胞内 NF- $\kappa$ B mRNA 和蛋白的表达均成明显的下调趋势。

**结论** 肠道病毒 71 型感染的星形胶质细胞中肠病毒 71 型 3C 蛋白酶可通过调节 TAK1 蛋白表达,达到抑制 NF- $\kappa$ B 信号转导的作用。

PU-4828

## 体液免疫 8 项指标室内质量控制失控分析

葛亮

江苏省中医院,210000

**目的** 通过分析体液免疫 8 项指标室内质量控制失控原因,能够细化检验科质量体系检查细则,进一步提升科室检验质量和服务水平。

**方法** 应用伯乐质量控件统计和分析 2018 年 1—12 月体液免疫 8 项指标项目:免疫球蛋白 IgG、免疫球蛋白 IgA、免疫球蛋白 IgM、补体 C3、补体 C4、抗链球菌溶血素 O (ASO)、类风湿因子 (RF)、C 反应蛋白 (CRP) 室内质量控制失控原因及验证纠正措施。

**结果** 2018 年 1—12 月使用同型号 4 台免疫比浊仪检测体液免疫 8 项指标共发生失控 149 次,室内质量控制失控的原因所占比例如下: 四台设备因人为因素分别占 72.15%, 69.48%, 70.71%, 69.15%; 试剂因素分别占 12.51%, 14.63%, 14.12%, 13.28%; 环境因素分别占 2.10%, 2.42%, 2.63%, 1.98%, 仪器设备因素占 11.01%, 11.91%, 10.78%, 13.58%; 其他因素占 2.23%, 2.07%, 1.76%, 2.01%。失控原因分析正确率 87%, 错误率 13%。

**结论** 实验室应规范操作人员室内质控操作规程,多进行室内质量控制失控原因分析讨论,让操作人员对失控问题能正确分析并完成验证纠正措施,专业主管每日要进行当日质控确认,科室质量负责人每月要完成专业点质量控制全覆盖检查,并采取相应的措施,使检测结果更加稳定可靠,保证检验科 ISO15189 质量体系的正常运行。

PU-4829

## PML-RAR $\alpha$ 候选参考物质的研制

崔明,袁丹丹,景蓉蓉,王惠民  
南通大学附属医院,226000

**目的** 急性早幼粒细胞白血病 (acute promyelocytic leukemia, APL) 最为常见的染色体易位是 t (15;17), 这种易位可以累及维甲酸受体  $\alpha$  (RAR $\alpha$ , Retinoic acid receptor  $\alpha$ ) 造成早幼粒细胞白血病 (PML, promyelocytic leukemia) 基因与 RAR $\alpha$  重排,形成 PML-RAR $\alpha$  融合基因。根据断裂点不同,该融合基因有 bcr1 (L 型)、bcr2 (V 型) 和 bcr3 (S 型) 三种基因型,分别占 55%、5%和 45%。PML-RAR $\alpha$  融合基因的检测对 APL 的诊断有显著意义。但目前 qPCR 技术 PML-RAR $\alpha$  融合基因检测所采用的试剂、仪器类型、实验方案以及人员操作水平等均可能对检测结果造成影响,导致同一样本在不同实验室检测,结果不一致。参考物质的制备可在一定程度上解决上述问题。试剂厂家参考物质,建立具有统一且可比的校准品,用于每批试剂的量值溯源和批间质检,从而实现不同试剂方法间的检测结果的标准化;临床实验室也可以将常规测量程序直接溯源至参考物质,尽可能减小测量不确定度。为了促进检测的一致化和标准化,本研究拟构建 PML-RAR $\alpha$  三基因 (bcr1、ABL 和 bcr3 目的片段) 候选质粒参考物质。

**方法** 采用分子克隆技术构建含三基因的质粒并进行电泳及测序验证,紫外分光光度法对候选参考物质进行定值,实时荧光定量 PCR 进行均匀性、稳定性等性能评价,最后采用《测量不确定度表示指南》(GUM 法)对制备的候选参考物质进行测量不确定度评定。

**结果** 本研究基于分子克隆技术成功构建了含有 bcr1、bcr3 以及 ABL 的质粒,通过凝胶电泳、测序、序列比对完全符合 GenBank 公布的结果。构建的候选质粒参考物质的均匀性、稳定性良好,拷贝数浓度为  $(1.04 \pm 0.122) \times 10^8$  cp/mL,测量不确定度为 11.7%。

**结论** 成功制备了候选质粒参考物质,质粒均匀性、稳定性良好,通过紫外分光光度法进行了浓度的测定以及测量不确定度评定。

## PU-4830

## 探讨 CA 125 在慢性心衰患者中危险评估的价值

胡广梅<sup>1</sup>,陈晖<sup>2</sup>,段朝晖<sup>1</sup>

1.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

2.广州医科大学

**目的** 研究血清 CA125 水平对慢性心衰患者的危险评估价值。

**方法** 收集 2014.1~2018.7 中山大学孙逸仙纪念医院收治的慢性心衰患者 284 例,记录各患者半年内再入院次数和原因、本次入院天数、血清 CA125、Nt-proBNP、肌酐和心动图参数。

**结果** NYHA III/IV 级患者 CA125 浓度以及阳性率显著高于 NYHA I/II 级;CA125 异常升高组相较于 CA125、Nt-proBNP 正常组以及单独 Nt-proBNP 异常升高组,其住院天数、LA、RVDd 和 LVDd 明显增高,而 EF%明显降低,同时患者表现出更高的半年内再入院风险(因心脏疾病)。胸腹水或心包积液阳性的患者 CA125 浓度显著高于阴性者,  $P>0.05$ 。

**结论** 慢性心衰患者中,CA-125 异常升高表明更严重的心肌重塑状态,更低 EF%,较差的心功能代偿,预示更长的住院天数以及高风险的半年内再入院概率(因心脏疾病),比单独 Nt-proBNP 更有利于临床对慢性心衰进行危险分级以及预后风险评估。

## PU-4831

## 流式细胞术动态监测儿童急性 B 淋巴细胞白血病微小残留病与预后的关系

李建宇

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 研究流式细胞术动态监测急性白血病完全缓解后微小残留病的变化趋势,并分析诱导缓解后及巩固治疗一个 1 疗程后两个时间点 MRD 水平与预后的关系。

**方法** 跟踪 124 例患儿进行动态 MRD 检测 1-3 年,采用流式细胞术动态监测急性白血病完全缓解后微小残留病的变化趋势。

**结果** 跟踪 124 例患儿进行动态 MRD 检测 1-3 年,首次诱导 MRD $>0.01$  组 33 例,8 例在 3 年内复发;MRD 介于 0.0001 至 0.01 之间组 42 例,7 例在 3 年内复发;MRD $<0.0001$  组 49 例,3 例在 3 个月内复发。MRD $>0.01$  组复发率明显高于 MRD $<0.0001$  组,差异有统计学意义( $P=0.018$ );对本次研究的 124 例患者进行动态检测发现,形态学呈现完全缓解状态时,MRD $<0.0001$  组预后良好(复发率仅为 6.0%),MRD $>0.01$  组预后差(复发率高达 24.2%),提示有高风险复发的可能性,对于 MRD 介于 0.0001 至 0.01 之间组(复发率为 16.7%),提示有复发倾向,建议每月检测;诱导化疗结束治疗后各阶段 MRD $>0.01$  组与 MRD $<0.0001$  组阳性率差异均具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 1.MRD 是监测急性白血病缓解与复发的重要指标,通过 FCM 动态监测 AL 完全缓解后的 MRD 变化情况,可以为临床个体化治疗提供依据。2.多参数流式细胞术检测急性白血病完全缓解后 MRD 差异较大,不能作为评价完全缓解的单一指标。3.诱导缓解后及巩固治疗一疗程后 MRD $\geq 1\%$ 时复发率高,MRD 可作为预后评价的敏感指标。

## PU-4832

## Identification of Differentially Expressed Genes of *Trichinella spiralis* Larvae after Exposure to Host Intestine Milieu

Huijun Ren, Xiaohan Ma, Liang Ming

Department of Clinical Laboratory, the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** identifying differentially expressed genes between IIL and ML to further investigate the mechanisms by which *T. spiralis* infective larvae recognize and invade the intestinal epithelial cells.

**Methods** suppression subtractive hybridization (SSH) was performed to identify differentially expressed genes between IIL and ML.

**Results** Thirty encoded proteins were annotated according to Gene Ontology Annotation in terms of molecular function, biological process, and cellular localization. Out of 30 annotated proteins, 16 proteins (53.3%) had binding activity and 12 proteins (40.0%) had catalytic activity. The results of real-time PCR showed that the expression of nine genes (Ts7, Ts8, Ts11, Ts17, Ts19, Ts22, Ts23, Ts26, and Ts33) from 33 *T. spiralis* genes in IIL were obviously up-regulated compared with that of ML.

**Conclusions** a group of the potential invasion-related candidate genes and will be helpful for the process which *T. spiralis* infective larvae recognize and invade the intestinal epithelial cells.

## PU-4833

## 红细胞分布宽度对电阻抗法血小板计数的影响

李静静

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 分析和比较红细胞分布宽度 (RDW) 变化对电阻抗法血小板计数的影响。

**方法** 搜集  $70\text{fl} \leq \text{红细胞平均体积 (MCV)} \leq 100\text{fl}$ , 血小板 (PLT)  $\geq 100 \times 10^9 / \text{L}$ , 血小板平均体积 (MPV)  $\leq 12\text{fl}$ , 血小板平均分布宽度 (PDW)  $\leq 17.2\%$  的住院血液分析标本 524 例。以血小板手工计数法为金标准, 同时用电阻抗法和光学法检测血小板数量, 分为:  $82\text{fl} \leq \text{MCV} \leq 100\text{fl}$  且  $\text{RDW} < 14.5\%$ ;  $82\text{fl} \leq \text{MCV} \leq 100\text{fl}$  且  $\text{RDW} \geq 14.5\%$ ;  $70\text{fl} \leq \text{MCV} < 82\text{fl}$  且  $\text{RDW} < 14.5\%$ ;  $70\text{fl} \leq \text{MCV} < 82\text{fl}$  且  $\text{RDW} \geq 14.5\%$  四组, 前两组和后两组分别用 SPSS11.5 进行配对 t 检验分析。

**结果** 配对 t 检验分析显示,  $70\text{fl} \leq \text{MCV} \leq 100\text{fl}$  范围内: 当  $\text{RDW} < 14.5\%$  时, 电阻抗法, 光学法和手工计数法血小板计数差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 当  $\text{RDW} \geq 14.5\%$  时, 电阻抗法和手工计数法血小板计数差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 光学法和手工计数法血小板计数差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 电阻抗法和光学法血小板计数差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论**  $70\text{fl} \leq \text{MCV} \leq 100\text{fl}$  范围, 电阻抗法和光学法血小板计数差异受 RDW 影响而非 MCV。血液分析检测中,  $70\text{fl} \leq \text{MCV} \leq 100\text{fl}$  而  $\text{RDW} \geq 14.5\%$  时, 应当考虑用光学法复查血小板计数。

## PU-4834

## 中性粒细胞膜碱性磷酸酶在慢性肾脏病患者中的临床应用

张欢欢,杨晋

连云港市第一人民医院,222000

**目的** 本文比较分析外周血中性粒细胞膜碱性磷酸酶(mNAP)、血清 C 反应蛋白(CRP)、PCT 在 CKD 患者、CKD 合并细菌感染患者中的表达水平,评估 CKD 患者 mNAP、CRP、PCT 水平与肾小球滤过率的相关性。

**方法** 入选 2016 年 9 月到 2017 年 7 月连云港市第一人民医院收治的 102 例 CKD 患者,其中非感染组 67 例、合并细菌感染组 35 例,另选 60 名健康体检者为对照组。采集 EDTA-2K 抗凝全血及血清标本,前者用于流式细胞术检测 mNAP,血清用于检测 CRP、PCT、肌酐,并根据 MDRD 方程评估患者肾小球滤过率(eGFR)。对 CKD 非感染组患者各指标与 eGFR 进行相关性分析,比较 mNAP 在 CKD 非感染组与合并细菌感染表达差异。

**结果** 相关性分析结果显示,CKD 非感染组 mNAP、CRP、PCT 水平与 eGFR 相关性分别为-0.07、-0.12、-0.37;血清 PCT 在 CKD 终末期患者中表达水平显著高于健康对照组,尤其在 eGFR<10mL/min/1.73m<sup>2</sup>,以 PCT 临界值为 0.5ng/ml 判断,阳性率为 44%。CKD 合并感染组外周血 mNAP 中位数 10516 AB/c 显著高于 CKD 非感染组 2289 AB/c 和健康对照组 2124 AB/c ( $P<0.001$ ),而 CKD 非感染组与健康对照组之间差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** CKD 患者 PCT 与 eGFR 呈负相关,表明 PCT 水平受到肾功能的影响,随着 CKD 病程进展,PCT 假性升高,尤其在终末期肾病患者中,PCT 不能准确的诊断细菌感染。mNAP 与 eGFR 基本无相关,表明 CKD 患者的疾病进程对 mNAP 表达水平无影响;CKD 合并感染组 mNAP 显著高于 CKD 非感染组和健康对照组,提示 mNAP 可作为 CKD 患者合并细菌感染诊断的生物标志物。

## PU-4835

## ICU 患者气管吸痰标本分离致病菌的可靠性分析

李涛,邱宗文,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** ICU 患者因病情较重,常进行机械通气,无法自然咳痰,多采取气管吸痰的方式采集下呼吸道标本,为明确 ICU 患者气管吸痰标本分离致病菌在下呼吸道感染诊治中的价值,对我院 ICU 送检痰标本分离致病菌的可靠性进行了分析,以给临床诊疗提供可靠依据。

**方法** 以我院呼吸科 ICU 医生反映我科出具的痰培养结果与临床不符的案例为切入点,对我院 ICU 病房送检痰标本分离致病菌情况进行分析,并与全国耐药数据进行比较;通过查阅资料了解气管插管患者细菌定植情况;采集呼吸机内表面拭子标本作培养,并对培养结果进行分析。

**结果** ICU 病房痰标本分离的致病菌以鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌等多重耐药菌为主,跟全国耐药监测数据相符;气管在插管 24h 后即有定植菌,且随时间推移种类和数量不断增加,细菌培养阳性率达 100%。若未有肺部感染指征时送检气管吸出物,可导致结果与疾病不符;不同科室 ICU 病房呼吸机内表面拭子培养结果细菌种类接近,占比存在较大差异,其次与患者痰培养结果相似,区别在于拭子培养同时存在多种多重耐药菌,呼吸机管道使用时间越长,菌量越大种类越多,而痰培养结果依据《下呼吸道感染细菌培养操作指南》的标准,确定的致病菌种类相对较少,多为一到两种。

**结论** ICU 患者气管吸痰标本易受到呼吸机管道定植菌的影响,尤其是长时间使用呼吸机的患者,培养结果可出现与病情不符的情况;在呼吸机使用过程中,应定期更换管道及消毒。

PU-4836

## 25 羟基维生素 D 及 PTH 骨代谢指标与糖尿病肾病相关性研究

李强,王瞳

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨糖尿病肾病血清 25 羟基维生素 D(25 (OH) VitD)、PTH 等骨代谢指标与糖尿病肾病的关系

**方法** 选取 103 例住院糖尿病肾病患者测定血清 25 (OH) VitD、PTH、Ca、Phos, 选取 100 例体检的健康对照人群测定血清

25 (OH) VitD、PTH、Ca、Phos。并比较糖尿病肾病组和健康对照组 25 (OH) VitD、PTH、Ca、Phos 等骨代谢指标。分别以 25 (OH) VitD 为因变量, 与上述各变量进行 Pearson 相关分析。

**结果** 2 组基本特征, 年龄、体质量、体质量指数(BMI)比较差异无统计学意义( $P>0.05$ ), 糖尿病肾病组与健康对照组比较, PTH、Phos 升高, Ca、25 (OH) VitD 降低, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。糖尿病肾病组 25 (OH) VitD ( $P=0<0.05$ ) 差异有统计学意义。PTH( $P=0.001$ )高于健康对照组, Ca( $P=0.003$ )低于健康对照组, 差异有统计学意义。Phos( $P=0.92>0.05$ )较对照组升高, 但差异无统计学意义。

**结论** 25 (OH) VitD 水平下降在糖尿病肾病患者中十分普遍, 25 (OH) VitD 下降与多种骨代谢异常关系密切, 补充 25 (OH) VitD 可能使患者获益。

PU-4837

## 抗 HIV-1 感染的宿主限制因子研究新进展

胡笑梅

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 本文概述了 2015 年以来针对抑制 HIV-1 复制的各类宿主限制因子相关研究的新进展, 有利于拓宽人们对 HIV-1 感染进程中宿主与病毒间相互作用的认识, 期望为 HIV-1 的抗病毒治疗提供理论参考和借鉴。

**方法** 宿主限制因子(host restriction factors)是固有免疫系统中抑制病毒复制的一类宿主蛋白总称, 它们在病毒生活周期的不同阶段发挥抗病毒作用, 影响疾病的感染进程。21 世纪初期, 多个研究组通过 HIV-1 在不同类型细胞中感染状态的差异性及缺陷型毒株与野生型复制能力不同的现象, 发现了许多宿主限制因子的存在, 如 BST2/Tetherin, APOBEC3G, SAMHD1, MxB 及 TRIM 家族的部分成员, 近两年来又有两个新的抗病毒蛋白被发现, 即 SERINC5 和 GBP5, 扩充了宿主限制因子的范围。因此本文对上述 7 种蛋白在天然免疫抵御 HIV-1 感染作用中的最新研究进展作以综述。

**结果** 随着实验手段的进步发展, 许多新的抗 HIV-1 感染的宿主限制因子被发现, 同时, 早期报道的多个抗病毒蛋白也表现出新的免疫调节作用, 体现了病毒作为严格的细胞内寄生微生物, 在与宿主相互博弈的进程中存在共同进化的现象。

**结论** 本文对近年来关于抑制 HIV-1 的宿主限制因子研究的新进展作以综述, 期望有助于人们追踪 HIV-1 基础研究领域的前沿热点, 以更为全面地理解 HIV-1 感染过程中病毒与宿主的相互作用, 为 HIV-1 的抗病毒治疗提供参考和借鉴。

PU-4838

## Antimicrobial resistance of *Klebsiella pneumoniae* isolated from 2018 to 2019

Xufeng Ji,Jing Huang,Beiyang An,Chun Yang  
The first hospital of Jilin University

**Objective** The main objective of this study is to investigate the antimicrobial resistance of *Klebsiella pneumoniae*. To provide the theoretical guidance for the rational use of antimicrobial agents and the scientific basis for control the drug-resistant strains.

**Methods** 1. The *Klebsiella pneumoniae* were isolated from the clinical laboratory of the First Hospital of Jilin University.

2. The resistance of *Klebsiella pneumoniae* for 20 antimicrobial agents were determined using paper disk method and minimum inhibitory concentration (MIC) method, analyzed the drug-resistant spectrum. The results were evaluated based on Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI-M100-S28). WHONET-5.6 software was used to analyze the drug resistance data.

**Results** 1. Most of 2620 *Klebsiella pneumoniae* strains were collected from sputum (1742 strains), blood (266 strains), pus (207 strains), urine (150 strains), shunt fluid (103 strains), bile (61 strains), broncho-alveolar lavage (46 strains), abdominal fluid (32 strains), pleural effusion (6 strains), Cerebrospinal fluid (5 strains), catheter (1 strains), tissue (1 strains) during the whole year. 2. The drug-resistant rates of the 2620 isolated strains to meropenem and imipenem were 1.8% and 1.7% respectively. The rates of *Klebsiella pneumoniae* resistant to cefuroxime, ceftriaxone, ceftazidime and cefepime were 30.9%, 27.9%, 12.7%, and 9.4% respectively. The rates of *Klebsiella pneumoniae* resistant to levofloxacin and ciprofloxacin were 12.6% and 15.7% respectively. The rates of *Klebsiella pneumoniae* resistant to piperacillin/tazobactam and amikacin were 3.9% and 1.8% respectively.

3. Two thousand six hundred and twenty strains of *Klebsiella pneumoniae* mainly from the internal medicine department. 365 strains from pneumology department, 255 strains from hepatopancreatobiliary surgery department, 234 strains from ICU, 216 strains from neurology, 204 strains from neurosurgery department, 144 strains from Department of Cardiology, 136 strains from Gastrocolonic surgery Department, 133 strains from oncology department, 102 strains from thoracic surgery department, 98 strains from emergency department, 90 strains from The cadre ward, 77 strains from Infectious Disease, 68 strains from neonatology department, 57 strains from cardiac surgery department, 53 strains from urinary surgery department, 32 strains from nephrology department.

**Conclusions** 1. Two thousand six hundred and twenty strains of *Klebsiella pneumoniae* were screened by analyzing the drug resistance spectrum in the research, which has different resistant rates to different antimicrobial agents.

2. Most of the 2620 *Klebsiella pneumoniae* were isolated from sputum. Department of respiration is the department that isolated most numbers of *Klebsiella pneumoniae*. The rate of *Klebsiella pneumoniae* resistant to meropenem and imipenem is lowest. Monitoring of the antimicrobial resistance of *Klebsiella pneumoniae* should be strengthened. The change of the antimicrobial resistance should be investigated in order to direct rational drug usage in clinic.

## PU-4839

**DNA 甲基化机制研究进展及其在肿瘤相关研究中的意义**

李琪琳

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 对近几年对 DNA 甲基化研究进展和未来的展望进行了总结,并对 DNA 甲基化研究所面临的一些问题进行了探讨。

**方法** 就当前针对 DNA 甲基化研究的一些比较新的成果作一综述。

**结果** DNA 甲基化是最早发现的修饰途径之一,在哺乳动物中,它能调控正常基因的表达、维持染色体的完整性,是调节 DNA 重组的关键环节,具有重要的生物学意义。在人类基因组中,DNA 甲基化作为一种最常见的表观遗传修饰方法,是肿瘤抑癌基因的沉默机制之一,普遍存在于所有基因类型,当正常甲基化过程发生异常变化时,会引起机体的一系列分子改变导致肿瘤的发生。

**结论** DNA 甲基化在肿瘤的发生中发挥了重要作用,且与肿瘤的进展与转移也存在相关性,但是其具体机制仍有待进一步研究阐明。

## PU-4840

**胸苷激酶 1 在癌性胸腹水方面的探讨**

邓智铭

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 目前对于癌性胸腹水的鉴别诊断主要依靠细胞学检查和传统的生化免疫学检测,但细胞学检查敏感度较低,而传统生化免疫学检测特异性不高,使得胸腹水性质的鉴别成为医学难题,本次研究通过检测胸腹水中的胸苷激酶 1 的水平,来评估胸苷激酶 1 是否能用于鉴别诊断癌性胸腹水,进而为临床探索出一种新型的,可靠的鉴别诊断癌性胸腹水的方法。

**方法** 本次研究通过收集南方医科大学珠江医院检验科在 2017 年 10 月-2018 年 4 月的胸腹水标本,并查询相应患者的临床资料和病史进行回顾性分析,同时采用免疫点印迹化学发光法检测了 42 例癌性胸腹水和 50 例良性胸腹水中的胸苷激酶 1 的水平,分析胸苷激酶 1 的浓度与胸腹水性质的相关性,以观察其在鉴别诊断癌性胸腹水的意义。根据所得数据,绘制 ROC 曲线初步确定胸苷激酶 1 对癌性胸腹水的鉴别界限。

**结果** 本次研究结果显示癌性胸腹水组 TK1 水平以  $4.63 \pm 2.90 \text{ pg/ml}$  的浓度明显高于良性胸腹水以  $2.06 \pm 1.73 \text{ pg/ml}$  的浓度,以  $P < 0.05$  差异有统计学意义。根据本次研究所得的数据,绘制 ROC 曲线,求得本次研究 TK1 在鉴别诊断癌性胸腹水中的鉴别界值,以大于  $3.10 \text{ pg/ml}$  为阳性,其敏感度为 71.4%,特异性为 74.0%,其表明 TK1 在鉴别癌性胸腹水中具有较高的临床意义和广阔的临床应用前景。本次研究发现当以 TK1 大于  $7.96 \text{ pg/ml}$  时,其特异性为 100%,说明当 TK1 达到一定的浓度时,预示胸腹水为癌性胸腹水。

**结论** 本次研究中癌性胸腹水中胸苷激酶 1 的水平显著升高,其在鉴别癌性胸腹水方面具有一定的临床意义和应用前景。



PU-4841

## 基于 TCGA 数据库构建结肠癌预后相关的 Cox 比例风险回归模型

雷鸣,杨丽

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 以 TCGA (the Cancer Genome Atlas, 癌基因组图谱计划) 结肠癌 (Colon adenocarcinoma, COAD) 转录组数据及其临床随访信息为研究对象, 筛选出影响预后的关键基因, 建立 Cox 比例风险回归模型, 为患者预后风险评估及个体化治疗方案的制定提供依据。

**方法** 本文采用队列研究, 从 TCGA 下载 COAD 转录组和临床病理数据, 用 R 语言对癌旁组织与癌组织中 mRNAs 进行差异分析。将癌症组数据分为训练集 (占 75%, 313 例) 和测试集 (占 25%, 105 例); 同时下载 GEO (Gene Expression Omnibus) 数据集 GSE29623 作为外部验证。采用单因素 Cox 回归分析在训练集中初步筛选得到生存相关的 mRNAs, 而后用 LASSO 回归对数据进行降维, 找出与生存相关的关键基因, 并基于回归系数建立线性风险模型, 计算出每位患者风险值。利用风险值的中位数将患者分为高、低风险组, 用 Kaplan-Meier 曲线及 Log-rank 对数秩检验对生存资料进行分析; 将该模型带入到测试集与验证集进行验证。最后判断基于 Cox 回归分析得到的 mRNAs 风险模型是否独立的预后因子; 利用 ROC (受试者工作曲线) 评估所风险模型的性能, 并将该模型用于各临床分期风险组的划分。

**结果** 我们在训练集中构建了 5 个 (TEX11、CLDN23、ATP6V1B1、LRRN4、NLGN1) 与预后相关 mRNAs 组成的风险线性模型, 以中位数-1.280 作为截断值。将此模型回归系数和中位数分别带入到测试集及验证集样本中。高、低风险组患者相比, 高风险患者生存时间均显著降低 ( $P$  均  $< 0.05$ ), 测试集 ( $HR=1.765$ ,  $95\%CI=0.956-4.873$ ,  $P = 0.035$ ), 验证集 ( $HR=1.653$ ,  $95\%CI=1.103-6.874$ ,  $P = 0.035$ )。经单因素和多因素分析后, 风险模型在训练集、测试集及验证集中均是一个独立的预后因子 ( $P<0.001$ )。通过计算 ROC 曲线下面积, 风险模型和临床分期的组合 ( $AUC=0.887$ ) 高于单独的临床分期 ( $AUC=0.687$ ) 来预测预后 ( $P<0.05$ )。同时风险模型可以很好的将临床一期到四期患者分为高、低风险组  $P$  均  $< 0.05$ 。

**结论** 基于以上 5 个 mRNAs 为构建的 Cox 风险模型能够较好的预测 COAD 患者的生存预后, 且是一个独立的预后因子, 但强有力的证据需要大量外部数据进行验证。

PU-4842

## EDTA 抗凝剂影响免疫检测的探讨

李松,吴冰,徐磊,蔡鹏程

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 研究 EDTA 抗凝剂在 B 型尿钠肽 (BNP)、肌酸激酶 (CK-MB) 和乙肝表面抗体 (HBsAb) 检测项目中的影响。

**方法** 1、研究抗凝管中 EDTA-K<sub>2</sub> 的浓度对 BNP 检测的影响。编号 A1-A20 的 BNP 血浆样本分为相同的两组作为实验组, 分别加入 2 倍与 4 倍常规量的 EDTA-K<sub>2</sub>, 对照组使用 BNP 原始检测值, 观察实验组与对照组结果的差异。2、分别将 NaCl、KCl、CaCl<sub>2</sub>、MgCl<sub>2</sub> 分析纯试剂按照倍比稀释法, 配制浓度梯度溶液。编号 B1-B25, C1-C20 的 BNP 血浆样本 (用去离子水 1:19 稀释) 按照 1:1 比例分别加入 KCl 与 CaCl<sub>2</sub> 浓度梯度溶液, 观察盐溶液离子强度的变化对 BNP 样本的影响。3、BNP 标准液 (用去离子水 1:19 稀释) 按照 1:1 比例加入上述 4 种盐浓度梯度溶液, 观察盐溶液离子强度对 BNP 标准液检测值的影响。4、将 CK-MB 与 HBsAb 混合样本 (用去离子水 1:19 稀释) 按照 1:1 比例分别加入 NaCl 与 CaCl<sub>2</sub> 浓度梯度溶液, 观察盐溶液离子强度的变化在其它免疫项目检测中的影响。

**结果** 1、4 倍常规量 EDTA-K<sub>2</sub> 实验组的 BNP 样本结果为 566.8 (270.7,1040) pg/mL, 显著高于对照组结果 477.5 (231.6,956.2) pg/mL。2、KCl 与 CaCl<sub>2</sub> 溶液离子强度在 942.9mM 与 218.43mM 时, BNP 血浆样本检测偏差达到峰值 118.0% (101.8%, 140.4%) 与 91.3%(85.5%,108.9%)。3、NaCl、KCl、CaCl<sub>2</sub>、MgCl<sub>2</sub> 溶液离子强度分别为 976mM、942.9mM、253.29mM、393.78mM 时, BNP 标准液检测偏差分别达到峰值 303.7%、301.7%、313.2%、320.9%。4、CK-MB 与 HBsAb 检测值随着离子强度的增加, 先处于平台期, 随后下降。CaCl<sub>2</sub> 溶液离子强度为 109.20mM 时, CK-MB 检测值降低显著, 偏差为 -35.23%。NaCl 与 CaCl<sub>2</sub> 溶液离子强度分别为 361.1mM, 109.2mM 时, HBsAb 检测值出现显著降低, 偏差分别为-19.45%, -26.04%。

**结论** 1、4 倍量 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝剂可造成 BNP 结果的异常升高。2、BNP 结果随着盐溶液离子强度的增加, 先升高到峰值, 再逐渐降低。同等离子强度下二价盐溶液的影响大于一价盐溶液。3、盐溶液对不同免疫项目的影响有所不同。

#### PU-4843

### 4 种常用的梅毒检测方法在血清学中的比较

李明莉

潍坊市中医院,261000

**目的** 评价甲苯胺红不加热血清试验 (TRUST)、化学发光法 (CLIA)、梅毒螺旋体明胶颗粒凝集试验 (TPPA)、胶体金法 (Colloidal Gold) 4 种方法检测梅毒螺旋体抗体的临床应用价值。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月临床确诊为梅毒的患者 311 例为观察组, 选取同期健康者 320 例为对照组, 采用 TRUST、CLIA、TPPA、Colloidal Gold 四种方法检测两组血清标本中梅毒螺旋体抗体, 并比较 4 种方法的灵敏度、特异度。

**结果** 4 种检测方法的灵敏度、特异度分别为: TRUST 为 58.5%、99.4%, CLIA 为 99.0%、94.4%, Colloidal Gold 为 99.4%、99.7%, TPPA 为 100.0%、100.0%。同时发现 CLIA S/CO 值与 TRUST 的滴度并不存在线性关系。

**结论** 建议采用 Colloidal Gold 或 CLIA 进行初筛, 经 TPPA 进行确诊, TRUST 作为梅毒病人治疗的疗效观察指标, 检查传染性。

#### PU-4844

### 抑制人表皮细胞恶性增殖中药化学成分的筛选

张文静

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 表皮细胞恶性增生导致的皮肤病变, 给人类的生活、工作等方面带来诸多不便。在寻找治疗方法的过程中, 发现有些中药对于治疗表皮增生具有良好的效果。因此, 本研究就旨在寻找一些高效、低毒的抑制表皮细胞恶性增殖的中药化学成分。

**方法** 为了得到抑制人角质形成细胞 HaCaT 细胞活力的药物, 我们利用 MTT 的方法对 250 多种中药化合物进行了筛选。用 5  $\mu$ g/mL 的化合物来处理 HaCaT 细胞 (对照组为 5 $\mu$ g/ml 的 DMSO), 药物作用 44 h 后加入 MTT 来检测化合物对 HaCaT 细胞活力的影响。而后进一步检测了初筛得到的化合物对 HaCaT 细胞的半数抑制浓度 (IC<sub>50</sub>) 和对人成纤维细胞 HS-68 的无毒剂量 (IC<sub>10</sub>, 抑制率为 10% 时的浓度)。

**结果** 我们初步筛选到 9 种能够明显抑制 HaCaT 细胞活力的中药化合物, 分别是 HI26、HI31、HI33、HI36、HI83、HI86、HI93、HI143 和 HI579 号。经过检测 IC<sub>50</sub> 和 IC<sub>10</sub>, 我们发现 HI579 对 HaCaT 细胞的 IC<sub>50</sub> 值为 1.56  $\mu$ g/mL, 对 Hs-68 细胞的 IC<sub>10</sub> 值都大于 10  $\mu$ g/mL, 表明 HI579

对 HaCaT 细胞的活力具有显著的抑制作用并具有剂量依赖性, 对 Hs-68 细胞的增殖有轻微的促进作用。

**结论** 我们首先利用银屑病体外细胞模型人角质形成细胞 HaCaT 细胞筛选了 250 多种传统中药化合物并发现 9 种化合物对 HaCaT 细胞活力的抑制作用十分明显。通过复筛, 发现 TI579 能够显著抑制 HaCaT 细胞的活性, 但对 Hs-68 几乎无影响。这些结果都提示 HI579 有进一步开发为银屑病治疗候选药物的潜力。

## PU-4845

### 头孢哌酮钠舒巴坦钠治疗妇产科感染效果分析

祝君,解新

上海市第一人民医院宝山分院,155100

**目的** 探究使用静脉注射头孢哌酮钠舒巴坦钠来治疗妇产科感染的临床效果和治疗安全性。

**方法** 选取我院 2017 年 1 月-2018 年 7 月期间收治的 196 例妇产科感染患者作为本次的研究对象, 采用随机分组的方法分为对照组和观察组, 对照组患者使用头孢他啶进行治疗, 观察组患者静脉注射头孢哌酮钠舒巴坦钠来进行治疗, 治疗结束后, 对两组患者的治疗效果、治疗满意度以及患者不良反应发生情况进行对比和分析。

**结果** 给予静脉注射头孢哌酮钠舒巴坦钠来进行治疗的观察组患者的总治愈率为 95.92%, 治疗满意度为 96.94%, 不良反应发生率为 2.04%; 给予头孢他啶治疗的对照组患者总体治愈率为 78.57%, 治疗满意度为 80.61%, 不良反应发生率为 12.24%, 其中  $P$  均 $<0.05$ , 组间差异明显, 具有统计学意义。

**结论** 在对于妇产科感染疾病进行治疗时, 由于临床上对抗生素药物存在滥用的情况, 造成了许多致病微生物产生了不同程度的抗药性, 选用头孢哌酮钠舒巴坦钠两种药物联合使用对于大部分的病原微生物能够产生  $\beta$ -内酰胺酶, 并且在作用时具有不可逆的性质, 头孢哌酮作为第三代新型的抗菌药物, 与舒巴坦钠联合使用, 二者的比例相同进行混合后进行注射后, 能够有效的抑制大部分病原微生物的繁殖, 起到高效的杀菌作用, 极大的降低了患者的治疗周期。进一步探究了妇产科感染疾病使用头孢哌酮钠舒巴坦钠联合静脉注射的治疗效果, 得出给予静脉注射头孢哌酮钠舒巴坦钠来进行治疗能够有效的消除病原菌, 提高治疗的效果和治疗满意度, 并能够在一定程度上降低不良反应发生率, 提高治疗的安全性, 值得广大医护人员进行推广和研究。

## PU-4846

### 780 例孕妇孕中期羊水细胞培养及染色体核型分析

肖雪

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 通过对具有产前诊断指征的妊娠中期孕妇进行羊水细胞培养及核型分析, 探讨胎儿染色体异常与产前诊断指征的关系, 为产前诊断提供客观的实验依据。

**方法** 2015 年 1 月-2018 年 12 月在我科行产前诊断的 780 例孕妇进行羊膜腔穿刺, 羊水细胞培养后进行染色体核型分析。

**结果** 在 780 例孕妇的羊水染色体检查结果中, 共检出异常核型 55 例, 异常率 7.0%。其中 21-三体 26 例, 18-三体 8 例, 13-三体 3 例, 性染色体异常 7 例, 染色体结构异常 8 例, 嵌合体 2 例及染色体多态 2 例。

**结论** 唐氏综合征筛查高风险是进行产前诊断的重要指征, 尤其对伴有 B 超异常者, 建议其行产前诊断。

## PU-4847

## 丙肝病毒感染者合并乙肝感染模式情况分析

何增品

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 分析丙肝病毒感染者体内乙型肝炎病毒感染模式的情况

**方法** 对 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在昆明医科大学第一附属医院就诊的 396 例丙型肝炎抗体阳性患者进行乙肝感染模式检测并进行分析

**结果** 对 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在昆明医科大学第一附属医院就诊的 396 例丙型肝炎抗体阳性患者进行乙肝感染模式检测并进行分析 5 种乙肝感染模式均与全阴模式阳性率差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )

**结论** 感染过丙肝病毒的患者, 应同时关注乙型肝炎病毒感染情况, 因存在丙肝与乙肝共感染的危险性, 应引起高度重视。

## PU-4848

## 多项指标联合检测在细菌感染性疾病中的诊断价值

梁涛, 杨诚, 胡丽华, 王琳, 张德太

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 探讨降钙素原 (PCT)、C-反应蛋白 (CRP)、血清淀粉样蛋白 A (SAA)、中性粒细胞与淋巴细胞比值 (NLR) 在细菌感染性疾病中的诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 11 月~2018 年 6 月武汉协和医院确诊的住院感染患者 119 例, 将其分为四组, 分别为细菌感染组 56 例、病毒感染组 40 例、真菌感染组 15 例以及混合感染组 8 例, 并选取同期健康体检者 30 例作为正常对照组。分别收集患者同一天的空腹静脉全血标本和血清标本同步进行 PCT、CRP、SAA、NLR 测定, 并对结果进行统计分析比较。

**结果** 细菌感染组 PCT、CRP、SAA、NLR 各指标显著高于病毒感染组, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 细菌感染组与真菌感染组相比, 其 PCT、CRP 显著高于真菌感染组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 而 SAA、NLR 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 细菌感染组与混合感染组相比较, 上述各指标差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。4 种检测指标单独使用时, 特异度以 PCT 最高, 为 88.5%, 其次为 NLR 60.5%, 其它两种均较低; 敏感性以 SAA 最高为 95.6%, 其次为 CRP 95.2%; 以 PCT 为主的两两联合检测, 以 PCT 和 SAA 联合模式最佳, 特异度 93.2%, 灵敏度 77.5%; 以 PCT 为主的三者联合检测, 以 PCT 联合 CRP 和 SAA 模式最佳, 特异度 95.5%, 灵敏度 76.4%。此外, 受试者工作特征曲线 (ROC) 分析发现, 上述 4 种检测指标的曲线下面积以 PCT 最高, 为 0.903, 其 cut-off 值为 0.55ng/ml 时, 敏感度和特异度分别为 78.8%, 85.6%。在 G<sup>+</sup>与 G<sup>-</sup>菌感染检测结果的鉴别中 PCT 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 其它指标比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 对细菌感染性疾病诊断, PCT 联合 CRP、SAA 检测具有较高的诊断价值; PCT 对于鉴别革兰阳性菌和革兰阴性菌感染有较高的应用价值, 可为临床早期抗生素治疗提供参考依据。

## PU-4849

## 探讨临产期孕妇凝血常规检测的临床意义

王建红

潍坊市中医院,261000

**目的** 探讨和分析凝血常规的检测在临产期孕妇中的临床价值。

**方法** 选取 2018 年 10 月至 2019 年 4 月期间, 在我院接受产前检查的 556 例临产期孕妇作为研究对象; 同时选取 556 例非妊娠健康妇女作为对照组。两组均进行凝血常规检测。

**结果** 研究组临产妇女的 D-D (D- 二聚体) 水平及纤维蛋白原 (FIB) 均高于对照组, 凝血酶原时间 (PT)、凝血酶时间 (TT)、以及活化部分凝血活酶时间 (APTT) 均低于对照组, 组间比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 临产期孕妇的血液处于一种高凝的状态, 在临产前监测凝血四项、D- 二聚体可评估孕妇状况, 可对临产期孕妇血栓形成加以预防, 对预测产科意外的发生具有一定价值。

## PU-4850

## 三项指标联合检测在糖尿病肾病中的早期诊断价值

梁涛, 张晓宝, 王琳, 胡丽华, 张德太

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 探讨胱抑素 C (CysC)、 $\beta_2$ -微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG)、视黄醇结合蛋白 (RBP) 三项指标单独检测或联合检测对糖尿病肾病的早期诊断的临床价值。

**方法** 收集 2017-11 至 2018-10 内分泌科确诊为糖尿病的住院患者标本 306 例, 从中筛选出 106 例确诊糖尿病肾病患者标本, 并根据肾病程度将其分为 2 组, 即临床糖尿病肾病组 40 例, 早期糖尿病肾病组 66 例, 此外选择无肾损伤的单纯糖尿病患者 60 例作为疾病对照组, 同时选择同期健康体检者样本作为正常对照组, 分别检测各组体内血清 CysC、 $\beta_2$ -MG、RBP 水平及临床常规肾功能指标, 分析其与早期糖尿病肾病的关系。

**结果** 临床糖尿病肾病组 CysC、 $\beta_2$ -MG、RBP 水平显著高于单纯糖尿病组, 早期糖尿病肾病组和正常对照组 ( $P < 0.05$ ), 早期糖尿病肾病组显著高于单纯糖尿病组, 而在单纯糖尿病组和正常对照组间无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。三项指标单独使用时, CysC 的阳性率最高, 两项联合检测以 CysC+ $\beta_2$ -MG 最高, 三项指标联合检测阳性率高达 95%; ROC 曲线评价  $\beta_2$ -MG、RBP、CysC 单独或联合使用对糖尿病肾病诊断的价值时结果显示:  $\beta_2$ -MG、RBP、CysC 单独使用时, 其曲线下面积 (AUC) 分别为 0.863, 0.901, 0.777, 以 RBP 曲线下面积最大;  $\beta_2$ -MG、RBP、CysC 两两联合使用时,  $\beta_2$ -MG 联合 RBP AUC 为 0.915,  $\beta_2$ -MG 联合 CysC AUC 为 0.864, RBP 联合 CysC AUC 为 0.899, 其中以  $\beta_2$ -MG 联合 RBP AUC 最大;  $\beta_2$ -MG、RBP、CysC 三者使用时其曲线下面积为 0.912。

**结论** 对糖尿病患者的 RBP、 $\beta_2$ -MG、CysC 进行联合检测可提高对临床肾损伤的诊断敏感度和准确性。此外, 通过其水平的高低可判断糖尿病患者肾功能损伤程度, 有助于糖尿病肾病的治疗监测。

PU-4851

## 广东地区 G6PD 缺乏筛查结果分析

张玲<sup>1,2</sup>, 潘建华<sup>1,2</sup>

1. 广州金域医学检验中心, 510000

2. 广州医科大学金域检验学院

**目的** 了解广东省粤东、粤中、粤西、粤北四个地区人群中红细胞葡萄糖-6-磷酸脱氢酶(G6PD)缺乏症的发病情况。

**方法** 选取广东省 2014 年 1 月至 2018 年 12 月送检到本中心所有筛查 G6PD 缺乏症标本共 39644 例。其中男性 6861 例, 女性 32783 例, 年龄最小 0 天, 最大 95 岁。将上述人群按区域及送检样本数量分为以下四个地区, 粤东地区: 共 7359 例, 其中男性 1163 例, 女性 6196 例; 粤中地区: 共 27684 例, 其中男性 4711 例, 女性 22973 例; 粤西地区: 共 3774 例, 其中男性 825 例, 女性 2949 例; 粤北地区: 共 827 例, 其中男性 162 例, 女性 665 例。按年龄则分为以下四组, <1 岁, 共 2941 例, 男性 1752 例, 女性 1189 例; 1-15 岁, 共 1215 例, 男性 665 例, 女性 550 例; 16-45 岁, 共 34471 例, 男性 4044 例, 女性 30427 例; 46-95 岁, 共 1017 例, 男性 400 例, 女性 617 例。采用改良 G6PD 测定试剂盒(定量比值法)和贝克曼 AU2700 全自动生化分析仪检测 G6PD 活性。

**结果** 在受检的 39644 例标本中, 共检测出 G6PD 缺乏 2672 例, 检出率为 6.74%。粤东地区 7359 例标本, 占标本总数 18.56%, 检测出 G6PD 缺乏 419 例, 检出率为 5.69% (419/7359); 粤中地区 27684 例标本, 占标本总数 69.83%, 检测出 G6PD 缺乏 1734 例, 检出率为 6.26% (1734/27684); 粤西地区 3774 例标本, 占标本总数 9.52%, 检测出 G6PD 缺乏 386 例, 检出率为 10.23% (386/3774); 粤北地区 827 例, 占标本总数 2.09%, 检测出 G6PD 缺乏 133 例, 检出率为 16.08% (133/827)。

**结论** 广东省是 G6PD 缺乏症的高发地区, 发病率存在地区差异, 应注意在育龄人群和新生儿中进行该疾病的筛查, 以降低 G6PD 缺乏症的发病率及预防其引起的并发症。

PU-4852

## 应用全外显子测序技术对一个先天性挛缩性蜘蛛指症家系进行基因检测和产前诊断

胡林<sup>1</sup>, 李焕铮<sup>2</sup>, 唐少华<sup>2</sup>, 杜鸿<sup>1</sup>

1. 苏州大学附属第二医院, 215000

2. 温州市中心医院

**目的** 为一个关节挛缩症家系患者及其家庭成员进行致病基因突变分析, 揭示其致病遗传机制, 为该家系临床遗传咨询及产前诊断提供依据。

**方法** 使用全外显子测序技术对疑似关节挛缩先症者进行全外显子致病基因筛查, 经过生物信息学分析后, 将得到的样本突变信息与人类基因突变数据库(HGMD)、测序项目数据库(ESP6500)和千人基因组数据库(1000g)进行对比分析, 列出候选突变, 运用 Polyphen-2 和 SIFT 软件对突变位点进行致病性分析。依据临床症状表型和家庭遗传特征, 筛选出后选致病突变位点, 同时结合 Sanger 测序技术对先症者及其家属进行基因验证, 锁定致病突变, 对怀孕的先症者进行羊水穿刺, 对胎儿基因进行验证, 同时应用四维 B 超等手段, 观察胎儿身体结构。

**结果** 基因测序发现先症者及其家庭内部有相似症状的患者都存在 FBN2 基因 c.3344A>T (R1115V) 杂合突变, 先症者所怀胎儿也存在该突变, 其他健康成员未携带该突变。

**结论** 先天性挛缩性蜘蛛指症是一种罕见的先天性遗传疾病，临床上很难对其诊断和治疗，该疾病对患者家庭带来严重的心理负担和经济负担，应用全外显子测序技术能够快速发现先天性挛缩性蜘蛛指症致病突变，结合其它产前诊断技术可以很好的对其进行产前诊断，减少患儿的出生。

## PU-4853

### 一例关于 CKMB 大于总 CK 的案例分析研究

于北凯

潍坊市中医院,261000

**目的** 对查体发现的一例 CK 和 CKMB 活性值明显升高，且 CKMB 大于 CK 的案例进行探讨。

**方法** 1.分析该体检者的所有检查结果，并进行问诊。2.随后对该体检者重新采血分三份标为 A，B，C 检测 CK 及 CKMB 活性，A 在原检测系统复测，B 更换检测系统检测，C 先经 45℃水浴 20min 后再在原系统检测，以一健康人标本 A1/C1 及心梗者标本 A2/C2 做与 A/ C 相同处理为对照。3.为进一步分析原因，采集该人标本分两份标为 D，E，再次更换系统检测 D 标本的 CKMB 质量，E 标本进行 CK 同工酶电泳。

**结果** 1.该体检者除 CK 和 CKMB 活性明显升高外无其他指标异常及不适症状。2.A 结果为 CK702U/L，CKMB1254U/L，B 结果与 A 相近，C 结果数值分别为 625 和 1079，与 A 相比变化不明显，A1 为 22 和 6，A2 为 536 和 254，C1 为 12 和 3，C2 为 135 和 67，水浴前后变化明显。3.D 结果为 CKMB 0.56ug/L,E 结果显示存在巨 CK。

**结论** 巨 CK 对免疫抑制法检测 CKMB 活性存在干扰，质量检测可确定 CKMB 实际含量，CK 同工酶电泳是判断干扰原因的最直接方法，在无质量检测系统及电泳条件时，可以通过水浴处理后复测初步判断是否存在干扰。

## PU-4854

### 联合用药对泛耐药铜绿假单胞菌的作用

刘施函

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨联合用药对泛耐药铜绿假单胞菌的作用

**方法** 采用对倍稀释法和棋盘法，对临床心脏移植术后分离的仅对多粘菌素 B 敏感的铜绿假单胞菌进行多种抗生素联合体外抑菌试验。

**结果** 在亚抑菌浓度下，多粘菌素和舒普深有相加作用，多粘菌素和特治星无相关作用，多粘菌素和环丙沙星有相加作用，舒普深和美罗培南有相加作用，舒普深和环丙沙星有相加作用，舒普深和特治星有相加作用，特治星和美罗培南有相加作用，特治星和环丙沙星有相加作用，环丙沙星和美罗培南无相关作用。

**结论** 合理选择药物、联合用药可以对泛耐药菌株起到更佳的治疗效果。根据近期细菌耐药检测结果合理选择抗生素，等待药敏结果出来后再调整用药，延长抗菌药的使用寿命。

## PU-4855

外周血  $\gamma\delta$ T 细胞水平在妊娠周期及复发性流产中的变化蔡观良<sup>1</sup>,王锐智<sup>2</sup>,陈丽枚<sup>2</sup>

1.惠东县人民医院

2.中山大学附属一院

**目的** 探讨外周血  $\gamma\delta$ T 细胞在正常妊娠各个周期的水平变化以及复发性流产中的水平变化, 推测  $\gamma\delta$ T 细胞在正常妊娠和复发性流产免疫机制中发挥的作用

**方法** 收集 44 例健康妊娠妇女怀孕早期、中期和晚期的外周血标本以及 27 例复发性流产 (RSA) 患者的外周血标本作为实验组, 27 例门诊体检健康未妊娠妇女的外周血标本作为对照组, 利用流式细胞仪得到每一组标本中的  $\gamma\delta$ T 细胞含量并进行比较与分析。

**结果** 结果显示妊娠早期、妊娠中期、妊娠晚期外周血中  $\gamma\delta$ T 细胞含量都有不同的变化, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 复发性流产患者外周血中  $\gamma\delta$ T 细胞含量与未妊娠对照组外周血中  $\gamma\delta$ T 细胞含量有差异 ( $P<0.05$ )。复发性流产患者体内  $\gamma\delta$ T 细胞含量明显高于妊娠早期, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 正常妊娠周期外周血  $\gamma\delta$ T 细胞水平有相应的变化; 复发性流产患者体内  $\gamma\delta$ T 细胞水平显著高于正常妊娠早期。提示  $\gamma\delta$ T 细胞可能在胎儿流产的免疫发病机制有关。 $\gamma\delta$ T 细胞在正常妊娠和复发性流产免疫机制中能发挥的重要作用。

## PU-4856

吸入表达颗粒溶素重组腺病毒保护小鼠抗结核  
分枝杆菌感染

马记磊

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 提供治疗成人结核病一种新的策略

**方法** 在本研究中, 表达人颗粒溶素的 rAdhGLi 包装和纯化; rAdhGLi 感染 U937 和 RAW264.7 后经 western blotting 和间接免疫荧光证实颗粒溶素分子在细胞胞浆中表达。M. tb H37Rv 感染 U937 细胞和 RAW264.7 细胞 96 小时后, 菌落计数和抗酸染色结果显示。rAdhGLi 滴鼻感染小鼠后, 颗粒溶素分子在肺脏中表达。在经滴鼻吸入 M. tb H37Rv 感染的 BALB/c 小鼠和 SCID 小鼠中, 评价其效果。

**结果** 表达人颗粒溶素的 rAdhGLi 被成功包装和纯化; rAdhGLi 感染 U937 和 RAW264.7 后经 western blotting 和间接免疫荧光证实颗粒溶素分子在细胞胞浆中表达。M. tb H37Rv 感染 U937 细胞和 RAW264.7 细胞 96 小时后, 菌落计数和抗酸染色结果显示, 与培养基和 AdNull 组相比, rAdhGLi 处理组细菌数量明显降低。rAdhGLi 滴鼻感染小鼠后, 颗粒溶素分子只在肺脏中表达。在经滴鼻吸入 M. tb H37Rv 感染的 BALB/c 小鼠和 SCID 小鼠中, 肺脏细菌载量结果显示, 与 PBS 和 AdNull 组相比, rAdhGLi 治疗组细菌数量明显降低。在 BALB/c 小鼠结核病模型, 吸入不同剂量的 rAdhGLi 治疗, 呈剂量效应关系杀伤肺部细菌; 吸入  $10^9$  rAdhGLi 的实验组治疗效果最好。

**结论** 本次研究表明 rAdhGLi 能够直接杀伤胞内的 M. tb, 可作为一种有效的结核病治疗型疫苗。



PU-4857

## PDMS 数字 PCR 基因芯片检测肺癌耐药基因 EGFR T790M 突变的研究

冉桥生,蒋栋能,刘飞

陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院检验科

**目的** 利用 PDMS 材料制作数字 PCR 基因芯片并进行性能验证。设计合成特异性 PCR 扩增引物，利用数字 PCR 基因芯片对肺癌耐药基因 EGFR T790M 突变位点进行检测并进行方法学评价。

**方法** 利用 PDMS 材料易浇注成形、低成本制作的优势结合玻璃材料的低通透性和高导热性，通过光刻工艺制作高密度微腔阵列模具，并利用此模具结合水溶性层转移技术浇注制作集成高密度微腔阵列结构的 PDMS 薄膜，然后通过键合制作“玻璃-PDMS-玻璃”夹心式数字 PCR 基因芯片，并进行性能评价，包括外观检查、负压实验、非特异性吸附试验、PCR 预扩增实验等。另外，针对肺癌耐药基因 EGFR T790M 突变检测，设计并合成特异性的 PCR 扩增引物，将包含样品的 PCR 预混液导入预脱气的芯片中，使其在所有阵列区域实行数字化分解，接着加油滴封片后进行扩增。

**结果** 成功构建了以 PDMS 为主要材质的数字 PCR 基因芯片，经验证芯片外观完整，负压足够，几乎无特异性吸附，PCR 预扩增实验阳性，能达到预定实验标准，符合实验需求。对肺癌耐药基因 EGFR T790M 突变进行检测，扩增只针对该突变位点，显示出良好的特异性，方法学评价显示，对已明确 EGFR T790M 突变位点的阳性样本检测，检出率>99%；抗干扰实验，排除率>99%；与临床目前常用的测序检测方法进行同步检测与方法学比对，检测结果的符合率为100%。

**结论** 本试验成功建立了基于 PDMS 材料制作的数字 PCR 基因芯片，该芯片具有良好的性能，能满足数字 PCR 实验的开展需求。用已构建的以 PDMS 为主要材质的数字 PCR 基因芯片能成功实现肺癌耐药基因 EGFR T790M 突变的检测，可以为肺癌个体化、精准化治疗提供可靠的实验室检测数据支撑。

PU-4858

## 被忽视的血常规参数：RDW、MPV、NRBC 及疾病预后预测价值研究进展（摘要）

赵路,陈鸣

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

**目的** 血常规是临床检验中常规的检测项目之一，随着全自动血细胞分析仪的普遍应用，越来越多的参数纳入到项目中，随着对这些参数的了解和运用，我们发现一些易被忽视的参数，具有潜在的临床诊断和疾病预后的预测价值。

红细胞体积分布宽度（RDW）是反应红细胞体积异质性的参数，RDW 反应红细胞的体积变异程度。RDW 增高常见于铁、叶酸、VB<sub>12</sub> 缺乏导致的血液系统疾病，RDW 正常与否有助于不同贫血类型的鉴别。研究表明，RDW 在非血液系统疾病中具有预测疾病预后的价值。RDW 增高与心脏疾病患者总体死亡率呈正相关，这种相关性在心力衰竭患者中更为显著，RDW 表现出比射血分数、心功能分级更好的预测价值。有学者提出 RDW 的增高可能增加了红细胞膜不稳定性，进而导致了患者不良预后。但该假说仍缺乏有力的理论支撑。

平均血小板体积（MPV）是指血小板体积的平均值，该参数与血小板数目呈非线性负相关，主要用于血小板减少症病因的辅助诊断。有数据表明，MPV 在血管性疾病及肿瘤患者预后中具有潜在的预测价值。MPV 较高的患者发生严重冠状动脉血管事件的风险远高于 MPV 较低的患者；而在肿瘤

患者中, MPV 减低与患者不良预后呈正相关。至于 MPV 如何在不同疾病中呈现两种截然不同的预测结果, 我们目前仍所知甚少。

有核红细胞 (NRBC) 是尚未脱核的非成熟细胞, 当机体大量失血、急性溶血、骨髓损伤或血液系统疾病时, 可在外周血中查见 NRBC。多个回顾性研究表明在急危重症中, NRBC 的出现往往预示着患者的不良结局, 在一定程度上, NRBC 成为预示患者死亡的早期标志。有学者认为低氧和炎症损伤是促使 NRBC 释放入血并最终预示不良结局的可能机制, 但目前仍缺乏必要的理论依据, 需要进一步论证探究。

RDW、MPV 及 NRBC 作为疾病预后预测的指标, 未来可能会带来一定的临床应用价值, 目前这些参数预测应用对应的正常范围及可能的理论机制仍需要我们进一步探究和完善。

PU-4859

## 广州从化地区婚检人群地贫初筛结果分析

张玲<sup>1</sup>, 潘建华<sup>1,2</sup>

1. 广州金域医学检验中心, 510000

2. 广州医科大学金域检验学院

**目的** 了解广州从化地区婚检人群地贫筛查情况, 为婚前筛查与诊断寻找最有效的防控筛查方法。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2019 年 2 月从化地区婚检人群作地贫筛查流程, 如果夫妻血常规有下列情况之一者, (1)  $MCV < 82 \text{ fl}$ ; (2)  $MCH < 27 \text{ pg}$ ; (3)  $MCV < 82 \text{ fl}$  和  $MCH < 27 \text{ pg}$ , 加做 Hb 电泳以及 Heinz 小体生成试验以鉴别  $\alpha$ -地贫, 电泳筛查阳性样本, 采用跨越断裂点多聚酶链反应 (gap-PCR) 和反向斑点杂点 (RDB) 技术进行地贫基因确诊, 以 PCR-DNA 测序法进行异常血红蛋白突变的鉴定。

**结果** 采用血常规筛查阳性率为 93.48% (2699/2887), Hb 电泳以及 Heinz 小体生成试验筛查阳性率为 97.81% (1699/1737); 在 1737 例地贫基因确诊为地中海贫血的样本中,  $\alpha_1$ -地贫用电泳法筛查阳性符合率为 99.89% (962/963), 以东南亚缺失型 (--SEA) 为主,  $\alpha_2$ -地贫占 30.20% (61/202); Hb 电泳法筛查出 27 例 HbH 病, 地贫基因确诊 6 例, 部分非缺失点突变 (CS、WS、QS) 及特殊缺失型 (Thail 或香港缺失型) 被漏检;  $\beta$ -地贫占 100% (563/563), 基因突变位点主要为 CD41-42( $\beta^0$ ), IVS-II-654( $\beta^+$ ), CD17( $\beta^0$ ), 其中一例少见型  $\beta$ -地贫电泳筛查阳性, 地贫基因未检测到突变, 经测序证实为  $\beta$ -地贫-90 (C->T)  $\beta$ 杂合突变; 检出变异血色素 21 例, 分别为 Hb E 杂合子 3 例,  $\beta$ E-地贫 9 例; Hb Q-Thailand 6 例、Hb K-NewYork 1 例、Hb J-Bangkok 3 例、Hb G-Chinese 各 1 例;

**结论** 广州从化地区婚检人群地中海贫血携带以  $\alpha$ -地中海贫血居多。对于标准型地贫基因型, 筛查与确诊方法结果符合率较高; 静止型或者其他特殊类型的  $\alpha$ -地贫, 基因确诊优于筛查方法; 对于变异血色素采用传统电泳法检出率更高; 3 种方法联合应用可以互补方法学局限性提高检出率。

## PU-4860

## 2015-2017 年四川地区血培养阳性球菌病原菌分布及耐药性分析

敖科萍<sup>1</sup>,王远芳<sup>1</sup>,黄学东<sup>1</sup>,邓杰伦<sup>1</sup>,吴贤丽<sup>2</sup>,黄梅<sup>3</sup>,蒋香梅<sup>4</sup>,温晓峥<sup>5</sup>,应军<sup>6</sup>,李海军<sup>7</sup>,向尹<sup>8</sup>,徐雪梅<sup>9</sup>,谢轶<sup>1</sup>

1.四川大学华西医院,610000

2.攀枝花中心医院

3.泸州市人民医院

4.德阳市人民医院,618000

5.广安市人民医院,638500

6.三台县人民医院,621000

7.广安市中心医院

8.乐山市人民医院,614000

9.自贡市第一人民医院,643000

**目的** 分析四川地区 2015-2017 年血培养阳性球菌病原菌分布及其对常用抗菌药物的耐药性,为流行调查及临床经验性用药提供依据。

**方法** 收集四川地区 9 家医院血标本来源的非重复阳性球菌病原菌,分类比较各细菌检出率及其对常用抗生素的耐药率。

**结果** 共分离出病原菌 2258 株。其中,表皮葡萄球菌最多共 483 株(21%) 其次是金黄色葡萄球菌 416 株(18%), 位居第三位的病原菌为人葡萄球菌(17%)。2258 株阳性球菌的年龄分布情况,<10 岁的儿童分离所得菌的比例较高,占 17.27%,从临床科室分布来看,内科分离率最高,占 44%,儿科作为独立科室占比也相对较高,为 17%,药敏结果显示,耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)检出率分别为 23.6%和 81.2%,未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药的葡萄球菌。耐万古霉素屎肠球菌检出率分别为 3.6%,未发现对万古霉素耐药的粪肠球菌。在血液中分离的肺炎链球菌中,从非脑膜炎折点统计,未出现青霉素耐药的肺炎链球菌,也未出现对万古霉素和利奈唑胺耐药

**结论** 2015-2017 年四川地区细菌血流感染中的阳性球菌致病菌,以凝固酶阴性葡萄球菌最常见,且在儿童中发生率高,四川地区万古霉素及利奈唑胺对革兰阳性球菌有较好的抗菌活性。

## PU-4861

## 2015-2018 年金黄色葡萄球菌抗生素耐药性变化

林锦琼

广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 了解广州医科大学附属第一医院 2015 年 1 月至 2018 年 12 月临床分离的金黄色葡萄球菌的分布及对常用抗菌药物的耐药性。对 4 年间试验结果进行回顾性调查分析。

**方法** 采用纸片扩散法或自动化仪器法对临床分离株作药物敏感性试验,并按美国实验室标准化协会(CLSI)2016 年版标准判断药敏试验结果。用 WHONET 5.6 软件及 SPSS 24.0 软件对病原菌资料进行统计分析。

**结果** 2015 年 01 月-2018 年 12 月年共收集广州医科大学附属第一医院非重复分离金黄色葡萄球菌 1224 株,耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)共检出 575 株,2015-2018 年间 MRSA 检出率分别为 46.5%、50.4%、51.3%、44.3%(146/336),各年份耐药率差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。金黄色葡萄球菌菌株主要来自痰液 789 株(61.4%)、血液 84 株(6.8%)、尿液 61(5.0%)和脓液 13 (1.1%)及其它类型样本(25.7%)。药敏结果显示,MRSA 对大部分抗生素的耐药率呈下降的趋势。对莫西沙星耐药率下降最为明显,耐药率分别下降 23%,对环丙沙星、庆大霉素、左氧氟沙星和、利福平和复方新诺明耐药率分别下降 21.8%、20.4%、18.7%、18.1%和 5.8%。对其它抗生

素的耐药性幅度变化较小,未发现万古霉素和替考拉宁耐药的葡萄球菌,其中2015年与2016年分别检出1株对利奈唑胺耐药的金黄色葡萄球菌。

**结论** 黄色葡萄球菌感染中 MRSA 的检出率保持在较高水平,具有明显的多药耐药性。我们的研究表明,过去4年内喹诺酮类耐药性具有下降的趋势。通过分析金黄色葡萄球菌耐药率的变迁,可以加强对金黄色葡萄球菌耐药性的监测,并根据药敏试验结果合理使用抗菌药物,指导 MRSA 感染的经验性治疗,有效控制并降低耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的流行。

## PU-4862

### 抗 Tim-3 单抗体联合环磷酰胺对同种异体骨髓造血干细胞移植后淋巴瘤复发的治疗研究

刘扬

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 建立小鼠同种异体骨髓造血干细胞移植后淋巴瘤复发模型,探讨抗 Tim-3 单抗体联合环磷酰胺对此模型的治疗效果及其可能的机制,为临床上治疗移植后白血病复发开创了新的方法。

**方法** 1.以雌性 C57BL/6 小鼠为供鼠、接受 8Gy 全身照射的 BALB/c 小鼠作为受鼠进行同种异体骨髓移植,移植植物中包括  $1 \times 10^7$  骨髓细胞,  $5 \times 10^6$  脾细胞和  $1 \times 10^6$  A20 细胞,建立小鼠骨髓造血干细胞移植后淋巴瘤复发模型。

2.根据小鼠的临床表现、外周血细胞计数和外周血图片判断小鼠骨髓造血干细胞移植后淋巴瘤复发模型是否成功。

3.根据治疗方案的不同,受鼠随机分为4组:同型对照组,抗 Tim-3 单抗组,环磷酰胺组与联合环磷酰胺和抗 Tim-3 单抗组。观察各组小鼠的生存时间,流式细胞术检测小鼠外周血和脾脏淋巴细胞中 CD4<sup>+</sup> T 细胞、CD8<sup>+</sup> T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>FoxP3<sup>+</sup> Treg 细胞和 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>Granzyme B<sup>+</sup> T 细胞的比例。

**结果** 小鼠骨髓造血干细胞移植后淋巴瘤复发模型建立成功。抗 Tim-3 单抗和环磷酰胺联合使用显著提高移植后淋巴瘤复发小鼠生存期(平均提高 7.2 天,  $P < 0.05$ )。与同型对照组相比,抗 Tim-3 单抗组升高了受鼠外周血和脾脏 CD4<sup>+</sup>T 细胞的比例(外周血中升高了 10.1%,脾脏中升高了 2.2%,  $P < 0.05$ ),环磷酰胺组能使受鼠脾脏 CD4<sup>+</sup>T 细胞的比例显著下降(下降了 19.1%,  $P < 0.01$ )。与同型对照相比,抗 Tim-3 单抗和环磷酰胺联合用药显著降低了骨髓移植后免疫抑制性 Treg 细胞的比例(外周血中降低了 1.55%,脾脏中降低了 1.86%,  $P < 0.01$ ),提高骨髓移植后 CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞中颗粒酶 B<sup>+</sup>的细胞毒性 T 淋巴细胞的比例(外周血中升高了 6.84%,脾脏中升高了 5.47%,  $P < 0.001$ ),恢复 CD4/CD8 T 细胞的比值。

**结论** CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD8<sup>+</sup>T 细胞和 Treg 细胞以及 CTL 在移植后淋巴瘤复发中起重要作用,联合抗 Tim-3 单抗和环磷酰胺治疗同种异体骨髓造血干细胞移植后淋巴瘤复发有效。

## PU-4863

### 革兰阴性菌外膜囊泡的提纯方法

王昱滨

甘肃省人民医院,730000

**目的** 革兰阴性菌外膜囊泡有很多生物功能,但要要对其进行研究,首先要分离、提取、纯化外膜囊泡。

**方法** 目前提纯的方法有很多, 本文通过归纳、总结提取纯化的步骤, 对比不同的提取方法比较各种方法的优缺点, 找到一种更加简便、可行的提取外膜囊泡的方法, 以便今后对外膜囊泡做出更好的研究。

**结果** 目前超速离心与超滤结合的方法是使用最普遍的方法, 其提纯的纯度也较高, 但是过程费时。其他提纯方法如插入重组基因提纯, 虽然纯度更高, 但可能会改变外膜囊泡原有的结构和功能。

**结论** 外膜囊泡的提纯方法有待进一步的研究, 期待一种简便、快速且提纯的效果较好的方法。

#### PU-4864

### Association of anti-gangliosides antibodies and anti-CMV antibodies in Guillain-Barré syndrome

Lijuan Wang, Chunqing Shao, Xixiong Kang, Guojun Zhang  
beijing tiantan hospital, capital medical university

**Objective** Numerous types of infection were closely related to GBS, mainly including *Campylobacter jejuni*, Cytomegalovirus, which may lead to the production of anti-gangliosides antibodies (AGA). Currently, although there are increased studies on the AGA and a few studies of anti-CMV antibodies in GBS, the association between them remains poorly documented. Therefore, our research aims to analyze the correlation of anti-CMV antibodies and AGA in GBS.

**Methods** A total of 29 patients with GBS were enrolled in this study. The CMV antibodies were tested by the electrochemiluminescence immunoassay "ECLIA" (Roche Diagnostics GmbH). The serum gangliosides were determined by The EUROLINE test kit.

**Results** Of the 29 patients with GBS, 9 (31%) were AGA seropositive, in which 22 were CMV IgG positive in CSF at the same time, but all 29 samples were CMV IgM negative in both serum and CSF. In the AGA positive group, the rate of both serum and CSF positive was 87.5% (7/8), higher than 50% (7/14) of the negative group, although no statistical significance was found. In addition, we found that there was a trend of higher ratio of men, a younger age onset, less frequent preceding infection, a higher level of CSF proteins, less frequent cranial nerve deficits, although the data failed to reach a statistical significance.

**Conclusions** In spite of no statistical significance association was found between serum AGA and CMV IgG in serum and CSF. However, we found that there was a trend of high positive rate of both serum and CSF CMV IgG in AGA-positive than the negative group. So we should further expand the sample size to analyze the association between AGA and CMV or other neurotropic virus antibodies in various diseases, to observe whether they could be serological marker of these diseases (especially GBS) or the underlying pathogenesis.

#### PU-4865

### 糖尿病合并冠心病患者血清 YKL-40 水平的表达 及其相关因素

吴洋  
甘肃省人民医院, 730000

**目的** 探讨糖尿病合并冠心病患者血清 YKL-40 表达水平及其相关因素, 为该病的预防和治疗提供一定的理论依据。

**方法** 根据造影结果及糖尿病诊断依据, 180 例患者分为对照组( n=45), 冠心病组( n=45), 糖尿病组( n=44)和糖尿病合并冠心病组( n=46)。检测四组患者生化指标 FPG、HbA1c、hs-CRP、LDLC、HDLc、TG、TC、ApoA、ApoB、Lp(a)及 ELISA 法测定血清 YKL-40, Gensini 积分评价冠状动脉病变程度; 经多因素 Logistic 回归分析影响血清 YKL-40 水平的相关因素; 采用 Pearson 相关性分析 YKL-40 与相关因素的相关性。

**结果** 对糖尿病合并冠心病组显著高于冠心病组及对照组的 FPG、HbA1c、ApoB、Lp(a) YKL-40、hs-CRP 水平及 Gensini 积分 ( $P<0.05$ ) 进行多因素 Logistic 回归分析得出, FPG、hs-CRP、HbA1c 及 Gensini 积分是糖尿病合并冠心病患者 YKL-40 表达水平的独立影响因素; Pearson 相关性分析糖尿病合并冠心病患者血清 YKL-40 水平与 FPG、HbA1c、hs-CRP 及 Gensini 积分呈直线正相关, 相关系数分别为 0.948, 0.948, 0.958, 0.953。

**结论** 糖尿病合并冠心病患者的血清 YKL-40 水平与 FPG、HbA1c、hs-CRP 及 Gensini 积分直线正相关, 血清 YKL-40 水平能够反映糖尿病患者冠状动脉病变程度, 对于指导糖尿病合并冠心病患者的临床诊断, 治疗和预后具有一定的临床意义。

PU-4866

## 三例血管免疫母 T 细胞淋巴瘤的骨髓形态及流式检测特征分析

张月,宋晓玉,何淑娅  
四川省肿瘤医院,610000

**目的** 血管免疫母 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 是外周 T 细胞淋巴瘤起源的恶性肿瘤, 发病率占非霍奇金淋巴瘤的 1%-2%, 占外周 T 细胞淋巴瘤的 16.8%, 其发病率低, 缺乏特异的临床表现和病理学特征、发展迅速, 呈侵袭性, 因此对该病诊断和治疗具有一定的挑战性。本文回顾性分析 3 例特殊的 AITL 病例, 其骨髓以反应性的浆细胞、B 细胞、T 细胞增殖为主要特点, 而流式检测并未检测到淋巴瘤细胞, 极易误诊。总结其实验室检查与临床表现的特殊性, 旨在提高本实验室人员和临床医生对此病的认识, 揭示其病理生理的机制。

**方法** 本文对三例血管免疫母 T 细胞淋巴瘤的骨髓形态及流式检测特征分析, 观察指标: 1.实验室指标包括: 血红蛋白、乳酸脱氢酶、肌酐、尿素、球蛋白、免疫固定电泳、骨髓细胞学、骨髓流式细胞免疫分型。2.临床方面包括: B 组症状、淋巴结肿大、肝脾肿大、皮疹、胸腔或腹腔积液, 疗效评价。

**结果** 1 号患者流式检测到浆细胞占 30%, 表达 CD38、CD138、CD19、CD27、CD45, 不表达 CD56、CD117、CD200, 胞浆轻链 Kappa/Lambda 比值无异常, 为多克隆浆细胞, 骨髓形态考虑为反应性浆细胞增多, 未检测到肿瘤细胞; 2 号患者流式检测到异常 B 淋巴细胞占 4%, 表达 CD19、CD20, 不表达胞膜 Kappa/Lambda 轻链, 骨髓形态考虑为反应性 B 淋巴细胞增多, 未检测到肿瘤细胞; 3 号患者流式检测到 CD8+T 淋巴细胞增多, 免疫表型为 CD3+CD2+CD5+HLA-DR+CD7±CD10-, CD4/CD8 比值明显减低为 0.08, 骨髓形态考虑为反应性 CD8+T 淋巴细胞增多, 未检测到肿瘤

**结论** 本文总结了 AITL 涉及到浆细胞、T 淋巴和 B 淋巴细胞的反应性增殖的病例, 形态极易误诊为浆细胞肿瘤、T 细胞和 B 细胞淋巴瘤细胞/白血病骨髓浸润, 均通过流式细胞免疫表型证实为非肿瘤性, 并回顾了 AITL 极易出现反应性细胞增生的分子机制。因此淋巴瘤的诊断中, 必须强调骨髓形态学、流式细胞、病理组化结果和基因重排的综合诊断避免误诊。

## PU-4867

## pvl、tst-1 和 hl- $\alpha$ 基因在儿童金黄色葡萄球菌肺炎中的分布及临床特征

麻明彪,李珏,黄海林,李小娟,袁梅,王海平,世淑兰,杜廷义

昆明市儿童医院,650000

**目的** 研究金黄色葡萄球菌 (SA) 杀白细胞毒素基因 (pvl)、中毒性休克综合征毒素基因 (tst-1) 以及  $\alpha$ -溶血素基因 (hl- $\alpha$ ) 在儿童 SA 肺炎中的分布以及感染后引起的一般临床特征, 为该类感染的临床诊断、病程监测和预后判断提供理论依据。

**方法** 收集 2018 年 10 月—2019 年 3 月昆明市儿童医院软组织感染和肺炎患儿分离得到的 75 株 SA, 记录患儿相关资料和临床指征, 并根据英国胸科协会改良评分系统 (CRB-5) 将肺炎患儿分为轻度肺炎和重度肺炎。革兰染色镜检和 VITEK-2 Compact 全自动微生物分析仪鉴定菌株; 聚合酶链式反应 (PCR) 检测各组别 SA 菌株 pvl、tst-1 以及 hl- $\alpha$ 。

**结果** 75 株 SA 有 34 株为软组织感染对照组, 30 株为轻度肺炎组以及 11 株为重度肺炎组。pvl 在软组织感染组中检出率 (52.94%) 最高, 其次为重度肺炎组 (36.36%), 轻度肺炎组中检出率 (20%) 最低, 差异有统计学意义 ( $X^2=7.54, P=0.02$ ); tst-1 在重度肺炎组中检出率 (72.72%) 最高, 其次为软组织感染组 (29.41%), 轻度肺炎组中未检测到, 差异有显著统计学意义 ( $X^2=24.34, P<0.01$ ); hl- $\alpha$  在三个组别中均检出, 但差异无统计学意义 ( $X^2=1.52, P=0.47$ )。pvl+SA 肺炎患儿的体温、呼吸频率和心率均显著高于 pvl-SA 肺炎患儿, 舒张压也比其低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); tst-1+SA 肺炎患儿的体温和呼吸频率显著高于 tst-1-SA 肺炎患儿, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 但心率和血压差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 在儿童 SA 肺炎中, pvl 在轻、重度肺炎中均分布, 可导致肺炎病情加重; tst-1 与重度肺炎的发生密切相关, 对重度肺炎的诊断有重要的潜在价值; hl- $\alpha$  在 SA 肺炎中有较高携带率, 分布上无明显特异性。

## PU-4868

## 1Antitumor effect of hyaluronic-acid-modified chitosan 2nanoparticles loaded with siRNA for targeted therapy for 3non-small cell lung cancer

Wenhua Xu, Wenhua Zhang  
Qingdao University

**Objective** Nanoparticle-mediated targeted delivery of therapeutic genes or small interfering RNAs (siRNAs) to tumors has potential advantages.

**Methods** In this study, hyaluronic acid (HA)-modified chitosan nanoparticles (CS NPs-HA) loaded with cyanine 3 (Cy3)-labeled siRNA (sCS NPs-HA) were prepared and characterized. Human non-small cell lung cancer (NSCLC) A549 cells expressing receptor CD44 and tumor-bearing mice were used to evaluate the cytotoxic and antitumor effects of sCS NPs-HA invitro and in vivo.

**Results** The results showed that noncytotoxic CS NPs-HA of small size (100–200 nm) effectively delivered the Cy3-labeled siRNA to A549 cells via receptor CD44 and inhibited cell proliferation by downregulating the target gene: BCL2. In vivo experiment results revealed that sCS NPs-HA directly delivered greater amounts of Cy3-labeled siRNA to the tumor sites, resulting in the inhibition of tumor growth by downregulating BCL2, as compared to unmodified nanoparticles loaded with siRNA (sCS NPs) and to naked Cy3-labeled siRNA.

**Conclusions** In conclusion, the HA-modified nanoparticles based on chitosan could serve as a promising carrier for siRNA delivery and targeted therapy for non-small cell lung cancer expressing CD44.

## PU-4869

### NGAL 在乳腺癌患者血液中的表达和意义

刘彧崑

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 揭示中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白( NGAL)与乳腺癌患者分级与淋巴结转移的关系及其临床意义。

**方法** 选择 70 例健康人群及 41 例经病理切片检查确诊的乳腺癌患者为研究对象, 均进行中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白(NGAL)、癌胚抗原(CEA)、糖蛋白 CA15-3 的测定, 并进行比较, 计算 NGAL 含量与乳腺癌患者分级与淋巴结转移的关系。

**结果** NGAL、CEA、CA153 与乳腺癌患者淋巴结是否转移有意义 ( 分别  $P=0.036$ ;  $P=0.048$ ;  $P=0.017$ ); 而与乳腺癌患者分级无关。

**结论** NGAL 可能在判断淋巴结转移中有意义, 在分级中无意义。

## PU-4870

### SIRT1 和 Src 联合过度表达提示管腔型乳腺癌预后不良

刘彧崑

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析 SIRT1 和 Src 与人乳腺癌预后的相关性; 2) 探讨 SIRT1 和 Src 在乳腺癌细胞增殖, 肿瘤侵袭和转移中的作用; 3) 分析 SIRT1 和 Src 之间的相关性和相互作用。

**方法** 1) 采用组织芯片分析人乳腺癌组织中 SIRT1 和 Src 的表达及蛋白表达与癌预后的关系; 2) CCK8 法检测 SIRT1 和 Src 抑制剂对乳腺癌细胞增殖的影响; 3) Transwell 迁移试验和划痕试验用于确定 SIRT1 和 Src 抑制剂对乳腺癌细胞迁移和侵袭的影响; 4) Western blotting 用于分析 SIRT1 和 Src 之间的相关性和相互作用。

**结果** 1) SIRT1 和/或 Src 阳性的组合是乳腺癌的预后因素, 尤其是管腔型; 2) SIRT1 抑制剂 Ex527 抑制 MCF-7 细胞增殖, Src 抑制剂 bosutinib 抑制细胞迁移和侵袭; 3) 结合 Ex527, bosutinib 对 MCF-7 细胞迁移抑制作用显著增强; 4) 在乳腺癌组织和 MCF-7 细胞中 SIRT1 和 Src 之间存在正相关。

**结论** 1) SIRT1 和 Src 过表达均与人 BC 中预后不良相关; 2) SIRT1 + Src (SIRT1 和/或 Src 阳性) 是管腔型乳腺癌的良好预后模型; 3) SIRT1 是 Src 在乳腺癌迁移和侵袭中的共同转化体, 但不是细胞增殖; 4) 我们的结果表明 SIRT1 和 Src 表达和活性之间存在潜在的相互作用或共同的调节途径。



PU-4871

## CRBSI 的判别与诊断

马红玲

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 早期诊断 CRBSI。

**方法** 随着医疗技术的发展,血管介入性导管技术广泛应用于临床,为病人进行输液、营养支持、血透以及血流动力学监测等,但与之相关的各种并发症也随之而来,最常见的是导管相关性血流感染(catheter related bloodstream infection, CRBSI),已成为导致原发性菌血症的主要原因之一。

**结果** CRBSI 发病率高,是临床上比较棘手的问题。对于病人来说,增加了病人的痛苦、延长了住院时间、增加住院费用且死亡率明显增加。对于医院来说,则增加了医护人员的工作量、降低了病床的周转率,有可能使医院面临医疗纠纷。

**结论** 早期诊断 CRBSI,了解高危因素,从而采取有效的治疗及预防措施是非常必要的。

PU-4872

## CD64 指数参考区间的建立

陈少杰,段宝生

鄂尔多斯市中心医院(原伊克昭盟医院),017000

**目的** CD64 指数是新兴的诊断感染性疾病的指标,与传统指标 WBC、CRP、PCT 相比具有更高的灵敏度和特异度,诊断价值最高。CD64 的表达无性别差异,其检测结果与测定仪器、试剂等因素相关,并且现阶段,尚无可以为临床诊断提供依据的参考区间。因此,建立 CD64 指数的参考区间以期临床诊断提供依据。

**方法** 选取 2019 年于我院体检的健康人群分为学龄前儿童组(3-6 岁)、青少年组(7-18 岁)、成年组(19-59 岁)、老年组( $\geq 60$  岁)每组 200 人,共 800 人。所选检测对象均无过敏性、免疫性、感染性及代谢性疾病,血细胞计数及肝肾功能检查正常,排除人类免疫缺陷病毒,乙型肝炎病毒,丙型肝炎病毒和梅毒螺旋体感染,资料的获取与研究以获得知情同意。

**标本的处理与上机:** 取 100 $\mu$ l 乙二胺四乙酸抗凝全血,分别加 10 $\mu$ l CD14-FITC、CD45-PerCP、CD64-PE,混匀后,室温避光静置 15min,加入 2ml 溶血素,混匀后,室温避光静置 10min,1500r/min 离心 5min,倒掉上清液,加 1ml 磷酸盐缓冲液,1500r/min 离心 5min,倒掉上清液,加 450 $\mu$ l 硝酸盐缓冲液,混匀,上机检测。

**统计学处理:** 采用 SPSS22.0 进行统计学分析,对资料进行正态性检验,若资料服从正态性分布,则选用正态分布法计算 CD64 指数的单侧 95%参考值范围,否则采用百分位法计算。

**结果** 建立 CD64 指数各年龄层的正常参考值,为临床诊断以及基础研究提供依据。

**结论** 建立 CD64 指数参考区间

PU-4873

## 高龄孕妇血浆粘度变化的研究

陆秋涯

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 探讨血浆粘度(plasma viscosity, PV)作为监测高龄孕妇凝血状态指标的应用价值。

**方法** 选择我院就诊 100 例高龄孕妇 ( $\geq 35$  岁) 和同期 165 例非高龄妊娠孕妇作为对照组。分别检测两组血常规, 生化常规, 凝血 5 项 (PT、APTT、TT、FIB 和 DD) 和全血粘度 (高中低切变率, 血浆粘度, 红细胞聚集指数, 红细胞刚性指数和红细胞变形指数)。同时记录临床参数 (BMI、血压、孕周、妊娠高血压和糖尿病例数)。

**结果** 两组的 BMI 指数, 血压, 孕周、妊娠高血压和妊娠糖尿病比例并无显著性差异。高龄孕妇组的血清总蛋白 (TP) 水平显著下降 ( $p < 0.01$ )。两组的凝血指标比较, 凝血 5 项未见差异。全血粘度指标中, 高龄孕妇组的红细胞聚集指数升高 ( $p < 0.05$ ), 而 PV 则显著低于对照组 ( $p < 0.01$ )。相关性分析显示, PV 与 TP, FIB 和总胆固醇呈中度正相关 ( $r$  分别为 0.695, 0.381 和 0.321,  $p < 0.01$ ), 与甘油三酯和游离脂肪酸呈轻度正相关 ( $r$  分别为 0.239 和 0.273,  $p < 0.01$ )。

**结论** 通常在妊娠晚期孕妇处于高凝状态, 这是一种预防产后出血的生理性保护机制。而高龄孕妇由于自身机能的衰退, 无法保持生理性的高凝而导致产后出血。血液流变学检查常被用于凝血状态的判断。本研究中, 高龄孕妇 PV 显著下降提示低凝。相关分析显示, PV 主要与 TP 水平相关, 高龄孕妇 TP 水平下降是其易发产后出血的原因之一。

## PU-4874

### FUS2000 尿液分析一体机检测管型的性能评估

祁峰

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 对 FUS2000 型尿液分析一体机检测尿管型的性能进行评估。

**方法** 将镜检管型阳性标本进行线性范围, 携带污染的测试, 对 354 例尿液标本进行仪器自动判读, 仪器自动判读加人工判读, 人工显微镜镜检三种方法学检测。

**结果** 仪器检测管型检出线性范围为 0-20 个/ul, 携带污染率为 0.5%。仪器自动判读管型阳性 75 例 (21.2%), 仪器自动判读加人工判读阳性 34 例 (9.6%), 人工显微镜镜检阳性 36 例 (10.2%)。以人工镜检结果为标准判断, 仪器自动判读与仪器自动判读加人工判读两种方法结果差异有显著性 ( $p < 0.01$ ), 仪器自动判读假阳性率为 54.6%, 假阴性率为 50%, 仪器自动判读加人工判读与人工显微镜镜检两种方法结果差异无显著性 ( $p > 0.05$ ), 仪器自动判读加人工判读无假阳性, 仪器漏检两例为透明管型漏检, 假阴性率为 0.6%, 符合相关要求。

**结论** FUS2000 型尿液分析一体机检测尿管型线性范围及携带污染率符合要求, 但单纯仪器自动判读结果假阳性及假阴性较多, 使用仪器自动判读加人工判读可满足临床要求。

## PU-4875

### 血清淀粉样蛋白 A: 一种与胃癌发病阶段相关的潜在血清标志物

吴洋

甘肃省人民医院, 730000

**目的** 通过研究确诊胃癌患者的 SAA 水平, 评估了其作为早期诊断胃癌的血清生物标志物和作为分期评估的潜力。

**方法** 2017 年 6 月至 2019 年 1 月共收集我院 100 例病理结果确诊胃癌患者为实验组, 130 例病例 (包括 50 例健康成人、80 例胃部良性疾病) 为对照组, 并根据 TNM 分期将胃癌患者分为 4 组, 通过酶联免疫吸附测定样本血清中的 SAA 表达水平。

**结果** 与健康对照和良性胃部疾病患者相比,胃癌患者的 SAA 水平在统计学上并无差异。在正常健康成人中, SAA 浓度为 5.3mg/L,在良性疾病患者中为 6.2mg/L ( $P>0.05$ ),在 I 阶段胃癌患者中为 6.8mg/L ( $P>0.05$ )。与此相反, SAA 值在 TNM 分期的中晚期患者,患者的中值明显高于健康、良性的胃部疾病和 i 期组 ( $P<0.05$ )。胃癌淋巴结转移或远处转移的患者发现,与未转移的患者相比, SAA 浓度明显较高。

**结论** SAA 不是早期胃癌诊断的合适标志,但它的水平与胃癌的发病阶段相关。因此,它可能是胃癌分期和预后的一个好的候选标记。

## PU-4876

### Olympus AU5831 全自动生化分析仪体液样本 基质效应评估

石伍和,张德太,刘凤,张科  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 通过回收试验评估 Olympus AU5831 全自动生化分析仪测定胸水、腹水、脑脊液、穿刺液等标本类型中多项生化检测项目的基质效应。

**方法** 收集临床新鲜的胸水、腹水、引流液和脑脊液,使用 Olympus AU5831 全自动生化分析仪检测系统测定乳酸脱氢酶 (LDH)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、淀粉酶 (AMY)、总胆固醇 (CHOL)、总蛋白 (TP)、白蛋白 (ALB)、葡萄糖 (GLU) 和脑脊液蛋白 (CSF-PRO) 等项目,通过回收试验计算回收率评估各种体液的基质偏差大小。

**结果** 在本实验中,使用 Olympus AU5831 全自动生化分析仪测定血清样本的检测程序对新鲜体液标本以上各项目测定的回收率均在 ( $100\%\pm 10\%$ ) 范围内,在临床可接受范围之内。

**结论** 使用 Olympus AU5831 全自动生化分析仪测定血清样本的检测程序测定新鲜体液标本的基质效应在可接受偏差之内,测定结果准确可靠。

## PU-4877

### 昆明医科大学第二附属医院石林天奇医院肠杆菌科细菌 分布与耐药性分析

李迎军,李滢超,马各富  
昆明医科大学第二附属医院石林天奇医院

**目的** 分析肠杆菌科细菌的临床分布及耐药性,为临床合理使用抗菌药物提供指导,并进一步提高医院感控管理工作,预防院内感染。

**方法** 采用回顾性分析方法选取 2016 年 1 月—2019 年 1 月本院临床送检各类标本中检出的 2440 株肠杆菌科细菌,按照全国临床检验操作规程对标本进行细菌的培养、分离鉴定,依据 CLSI 抗菌药物敏感性试验执行标准进行耐药性分析。

**结果** 分离检出的 2440 株肠杆菌科细菌标本,分布主要以痰(35.12%)为主;其次为尿液(27.17%)、分泌物(12.58%)、脓液(11.61%)、血液(9.63%)。科室分布主要为呼吸内科病区(22.01%),其次为普外泌尿科病区(19.38%)、康复医学科病区(14.88%)。排列前 4 位的肠杆菌科细菌为大肠埃希菌(25.53%)、肺炎克雷伯菌(17.17%)、阴沟肠杆菌(14.96%)和奇异变形杆菌(9.22%)。超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (ESBLs) 阳性的肠杆菌科细菌主要为大肠埃希菌、克雷伯菌、奇异变形杆菌,分别占 ESBLs 阳性的 23.7%、23.4%、3.55%,碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 CRE 共检出 9 株。肠杆菌科细菌抗菌药物敏感性试验总体耐药率较高,其中大肠埃希菌耐药情况较严重,大肠埃希菌对氨苄西林、阿莫西林、头孢唑啉、哌拉西林耐药率较高,分别为 86.8%、82.6%、72.7%、

70.67%。肺炎克雷伯菌对氨苄西林、阿莫西林、头孢唑啉、头孢呋辛耐药率较高，分别为94.2%、98.8%、53.2%、46.8%，肠杆菌科细菌总体对碳青霉烯类药、阿米卡星、哌拉西林/他唑巴坦、头孢哌酮/舒巴坦复合剂类药、四代头孢耐药率较低。

**结论** 我院肠杆菌科细菌检出率高，总体耐药现象日趋严重，加强病原菌耐药性监测，合理使用抗菌药物，对减少细菌耐药性，有效控制医院感染至关重要。

## PU-4878

### 电化学生物传感器在肿瘤来源外泌体检测中的应用

谢晖

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 肿瘤严重威胁人类健康，肿瘤来源外泌体作为新型的临床诊疗生物标志物可发挥靶细胞特异性作用，而如何简单、快速、特异及超灵敏地检测出肿瘤来源外泌体，是亟待解决的问题。

**方法** 电化学生物传感器具有灵敏度高、特异性好、简单等优点，因此在现阶段被广泛的应用于外泌体的检测中。电化学生物传感器是一种用于检测被分析物的分析设备，即把生物成分和物理化学检测器结合在一起的设备，是由固定化的生物敏感材料作识别元件（包括酶、抗体、抗原、微生物、细胞、组织、核酸等生物活性物质）、适当的理化换能器（如氧电极、光敏管、场效应管、压电晶体等等）及信号放大装置构成的分析工具或系统，通过把待分析物种类、浓度等性质通过一系列的反应转变为容易被人们接受的量化数据，便于分析。

**结果** 本文总结了近些年来利用电化学生物传感器检测的各种类型的肿瘤来源外泌体。

**结论** 因电化学生物传感器具有专一、灵敏、响应快等特点，其在基础医学研究及临床诊断等方面具有广泛的应用前景。

## PU-4879

### 获得性肺炎老年患者铜绿假单胞菌分离株毒力基因及耐药基因研究

徐燕<sup>1</sup>,王彦<sup>2</sup>

1.日照市中心医院

2.连云港市第二人民医院

**目的** 研究获得性肺炎老年患者铜绿假单胞菌分离株的毒力基因和耐药基因的携带状况。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2017 年 12 月在山东省日照市中心医院收治的 60 岁以上获得性肺炎患者痰液中分离的 36 株铜绿假单胞菌，采用 Vitek 法对 9 种抗菌药物进行敏感性试验，采用聚合酶链反应及序列分析法分析 9 种毒力基因及 23 种耐药基因（17 种  $\beta$ -内酰胺酶和 6 种氨基糖苷类耐药基因）阳性基因测序后直接作 BLAST 比对。

**结果** 所有菌株对碳青霉烯类药物均敏感，对三代头孢菌素类、氨基糖苷类和喹诺酮类药物耐药率分别为 27.78%、47.22%和 30.56%；每株均检出 5-8 种毒力基因，其中 PlcH、aprA、algD、exoS、exoT、exoY 和 toxA 检出率极高，高达 97.22%-100%；检出 6 种耐药基因，分别为 blaCARB、blaDHA、aac（6'）-I b、aac（6'）-II、ant（3'）-I 和 ant（2'）-I，分离率为 8.33%-27.78%；部分基因的 PCR 产物测序图已比对确认。

**结论** 铜绿假单胞菌毒力基因的高携带率与老年人的获得性肺炎关系密切；铜绿假单胞菌未携带 blaIMP、blaVIM、和 blaNDM、碳青霉烯类  $\beta$ -内酰胺酶基因与对碳青霉烯类药物敏感密切相关；毒力基因和耐药基因的联合检测能更好的分析老年患者感染病原菌的致病机理。

PU-4880

## 侧群细胞在胃癌中的表达及临床意义

全翊宁

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 胃癌是威胁人类健康的主要恶性肿瘤,大部分胃癌发现时已处于中晚期,复发率和转移率较高,严重威胁人群的生命健康。侧群细胞(SP 细胞)是具有癌症干细胞样的特征的肿瘤细胞,其特征是高度自我更新能力和不定向分化潜能,可能是肿瘤发生、转移、复发和耐药性产生的根源。本文拟研究侧群细胞在胃癌患者血清中的表达水平及其临床意义。

**方法** 收集胃癌患者外周血,应用循环肿瘤细胞检测系统筛选胃癌干细胞,制备单细胞悬液,接种于超低粘附培养板。干细胞培养基形成克隆球后,用免疫荧光法检测成球细胞和亲本细胞(普通胃癌细胞)之间 SP 表达的差别,差别明显表明 SP 可作为干细胞标志物。进一步进行 Western blot 半定量检测,进一步明确 SP 在两种细胞中的差别。应用免疫磁珠分离法,以 SP 为标记物进行分离,分离出 SP 阳性细胞和阴性细胞。进一步检测 SP 阳性细胞的生物学特性和蛋白表达。采用单因素及多因素回归分析侧群细胞与患者临床病理特征及预后的关系。

**结果** SP 细胞高表达与胃癌患者的分期、肌层浸润深度和远处淋巴结转移相关,差异均有统计学意义,均  $P < 0.05$ ;高表达组患者总生存时间与低表达组比较,差异均有统计学意义,均  $P < 0.05$ 。

**结论** SP 细胞作为一个特殊的细胞亚群,具有干细胞的特质,且有比较明确的分选纯化方法,可能成为胃癌干细胞研究的一个比较好的指标,为胃癌干细胞的研究和治疗提供线索。

PU-4881

## 低蛋白血症与白蛋白输注在胃肠道疾病中的关系探讨

劳伟思<sup>1</sup>,吴少文<sup>1</sup>,王莉婷<sup>2</sup>,段朝晖<sup>1</sup>

1.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

2.广州医科大学

**目的** 探究白蛋白输注在胃肠道疾病患者中低蛋白血症的应用效果。

**方法** 对中山大学孙逸仙纪念医院医院收治的 57 例胃肠道疾病伴低蛋白血症患者输注外源性白蛋白的临床疗效进行回顾性分析,根据输注效果分为 3 组: A 组效果提高水平  $> 10\text{g/L}$ 、B 组效果提高水平  $5\text{--}10\text{g/L}$ 、C 组效果提高  $< 5\text{g/L}$ 。

**结果** A 组与 B 组、C 组输注前血浆白蛋白浓度具有统计学意义( $P < 0.05$ ),患者输注前的低白蛋白浓度可能对输注效果有一定影响。

**结论** 胃肠患者术后输注外源性白蛋白能够提高患者血浆白蛋白水平,临床上应根据患者实际情况制定治疗方案,施行合理有效的补充疗法。

## PU-4882

## 基质辅助激光解析电离飞行时间质谱仪对丝状真菌鉴定的方法学评价

郑毅,谢小芳,周惠琴,杨欢,王敏,杜鸿,朱雪明

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 对比基质辅助激光解析电离飞行时间质谱仪 (Matrix-assisted Laser Desorption / Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometer, MALDI -TOF MS)、显微镜形态学检查以及 28S rDNA 测序三种方法对丝状真菌的鉴定, 分析各方法的优缺点, 为丝状真菌鉴定提供参考。

**方法** 收集 2017 年第一季度分离自苏州大学附属第二医院临床患者标本的 20 株丝状真菌菌株, 使用 MALDI -TOF MS、显微镜检查进行鉴定, 并以 PCR 扩增 28S rDNA 测序作为金标准, 比较三种方法的鉴定效果。

**结果** 20 株丝状真菌经形态学鉴定后, 有 8 株烟曲霉菌, 2 株黄曲霉菌, 3 株黑曲霉菌, 1 株青霉属菌株、1 株毛霉菌属菌株, 1 株镰刀菌属菌株; 经 MALDI -TOF MS 鉴定后, 有 7 株烟曲霉菌, 2 株黄曲霉菌, 2 株黑曲霉菌, 2 株青霉属菌株, 1 株毛霉菌属菌株鉴定正确; 经 28S rDNA 测序验证后, 形态学鉴定的正确率为 80%, MALDI -TOF MS 鉴定的正确率为 70%。

**结论** 基质辅助激光解析电离飞行时间质谱法 (MALDI -TOF MS) 是一种灵敏、高效、经济适用的快速鉴定丝状真菌的方法, 可作为形态学鉴定的补充方法, 在对曲霉菌属的鉴定中, 其鉴定准确性并不优于形态学鉴定, 而在对青霉菌属的鉴定中, 其鉴定准确性可能优于形态学鉴定。

## PU-4883

## C 反应蛋白 A25 分析仪的性能验证

孟会娟

山东省千佛山医院,250000

**目的** 评价全自动特定蛋白 A25 分析仪对 C 反应蛋白试剂的检测性能。

**方法** 通过本试剂盒在全自动特定蛋白 A25 分析仪对校准品连续测定 10 次, 通过计算均值及偏差进行准确度验证, (偏差小于试剂说明书的 10%符合验证要求); 连续检测 10 次两个水平的样品, 并计算变异系数(CV), 得出批内不精密度验证(CV<7%), 连续 5 天检测两个水平的质控品进行测定计算 CV, 得出批间不精密度(CV<10%); 选取高、低值标本各一份按比例混匀, 测得每份标本分析物浓度, 取平均值。结果判断采用线性回归, 得回归方程  $Y=Ax+b$ 。测得线性范围符合或说明书线性范围 1-120mg/L。

**结果** 本试剂盒在准确度评估、不精密度 (批内、批间) 试验、线性范围验证的分析结果良好, 均符合临床要求

**结论** 本试剂盒适用全自动特定蛋白 A25 分析仪。

## PU-4884

## 血培养中耐碳氢酶烯肠杆菌耐药基因研究

夏鹏程

泰安市中心医院,271000

**目的** 对血培养中耐碳青霉烯的肠杆菌的耐药基因进行研究, 为临床合理使用抗菌药物及控制院内感染提供依据。

**方法** 采用 BD 全自动血培养仪对某院 2015 年 12 月到 2016 年 12 月间临床患者血液标本进行病原菌分离培养,用德国西门子 WalkAway 96 PLUS 自动化微生物鉴定仪 NC50 复合板进行细菌鉴定及药敏试验。改良 Hodge 试验和 EDTA 协同实验进行表型筛选,whonet5.6 软件进行耐药及分布分析,PCR 法对耐碳青霉烯肠杆菌科细菌进行碳青霉烯酶耐药基因的检测,同时用多位点序列(MLST)分析其序列类型。

**结果** 共分离出非重复病原菌 675 株,革兰阴性杆菌的分离率显著高于革兰阳性杆菌的分离率。主要革兰阴性杆菌以此为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌和铜绿假单胞菌,分别为 23.7%、8.15%和 4.59%。1 株耐碳青霉烯的大肠埃希菌产 NDM-1 型金属酶和 KPC-2 型碳青霉烯酶, MLST 属于 ST167 型;1 株耐碳青霉烯的肺炎克雷伯菌产 KPC-2 型碳青霉烯酶, MLST 属于 ST11 型;其余肠杆菌对碳青霉烯类抗菌药物均敏感。

**结论** 本院血培养中耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌主要耐药机制是产 NDM-1 型金属酶和 KPC-2 型碳青霉烯酶,其 MLST 类型为散发类型。

## PU-4885

### 一例四体-8 伴 t(9;11)(p22;q23)儿童 AML 报道并文献复习

傅蕾,黄慧芳

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探讨四体-8 对儿童急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 预后的影响。

**方法** 报道 1 例急性单核细胞白血病患者检出四体-8 伴 t(9;11)(p22;q23)的病例。

**结果** 8 号染色体三体型 (三体-8) 是恶性血液病最多见的染色体数目异常,但 8 号染色体四体型 (四体-8) 却是极少见的染色体畸变,儿童 AML 四体-8 更是鲜有报道。本例患儿骨髓细胞常规染色体核型为 48,XX,+8,+8,t(9;11)(p22;q23)[20], FISH 检测可见 CEP 8 扩增,其中 4 绿占 12%,3 绿占 3%;89% GLP MLL 断裂 (1 黄 1 红 1 绿)。流式细胞术示:骨髓全部有核细胞的 75.1%为恶性髓系细胞;MPO、CD4、CD11c、CD15、CD33、CD64、CD56、CD117、HLA-DR 阳性。qRT-PCR 检测 MLL/AF9 融合基因阳性;基因突变筛查检出 TET2 与 ASXL1 基因突变。予 FLAG+伊达比星方案化疗,首次化疗第 26 天达部分缓解;第二次化疗后获得生物学水平完全缓解。后行脐带血异基因造血干细胞移植,移植后 2 个月、6 个月、9 个月、12 个月复查骨髓象示缓解,MDR 阴性,WT1 值波动于 20.04%-36.07%,随访至今。

**结论** 8 号染色体四体型的总体生存率低,早期行异基因造血干细胞移植可获较好疗效。

## PU-4886

### 男性不育患者 Y 染色体 AZF 区微缺失和血清性激素水平变化关系

毛雄敏,胡莹,王玉明

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 筛查昆明地区男性不育患者 Y 染色体微缺失 (azoospermia factor, AZF) 的发生情况,探讨 AZF 区缺失与男性不育患者的关系,以及 AZF 区缺失类型与性激素水平变化之间的联系。

**方法** 采用回顾分析选择昆明医科大学第二附属医院 2015 年 12 月至 2019 年 4 月的 996 例男性不育患者,运用 Real-time PCR 方法对其进行 Y 染色体 AZF 区微缺失分析,且采用雅培 i2000SR 仪进行 6 种生殖激素水平的测定。实验中每次以 Y 染色体性别决定 SRY 基因为内控对照,正常男性 DNA 作为阳性对照,正常女性 DNA 为阴性对照,灭菌蒸馏水作为空白对照。

**结果** 在 996 例男性不育患者中, AZF 区微缺失检出 53 例, 检出率为 5.32% (53/996)。其中, 单纯性 AZFa 区缺失占全部缺失的 3.77% (2/53), AZFb+c+d 联合缺失占全部缺失的 16.98% (9/53), AZFa+b+c+d 联合缺失占全部缺失的 3.77% (2/53), AZFc+d 联合缺失占全部缺失的 3.77% (2/53), AZFb+c+SY152 (AZFd 区) 缺失占全部缺失的 13.21% (7/53), AZFc+SY152 (AZFd 区) 缺失占全部缺失的 58.5% (31/53)。AZF 微缺失患者 FSH、P 水平明显高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); AZFb+c+d 缺失患者中 E2 水平明显低于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); AZFb+c+d 缺失的患者 E2 水平明显低于 AZFb+c+SY152 (AZFd 区) 和 P 水平明显低于 AZFa 区缺失及 AZFc+SY152 (AZFd 区) 缺失的患者, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 其他 AZF 缺失的各类型之间六种生殖激素水平无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 昆明地区男性不孕患者 Y 染色体 AZF 区微缺失的类型丰富, 其中以 AZFc+SY152 (AZFd 区) 和 AZFb+c+d 区缺失最为常见; Y 染色体微缺失与 FSH、P、E2 有一定的相关性, 其检测有助于男性不育患者明确病因并指导后续治疗和判断睾丸曲细精管的受损程度, 还能提供内分泌因素影响不育的依据。

## PU-4887

### Prevalence of allergen sensitization among 15,534 patients with suspected allergic diseases in Henan Province, China

Xiaoxu Sun

The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** The prevalence of allergen sensitization varies in different geographic areas and population subsets. This study investigated the prevalence and distribution of inhaled and food allergens among allergic patients in Henan Province, China.

**Methods** The prevalence and distribution of 19 inhaled and food allergens among 15,534 patients with suspected allergic diseases were retrospectively analyzed in Henan Province, China between December 2012 and August 2016. Reactivity of their serum-specific immunoglobulin E (sIgE) to allergens was tested using the AllergyScreen test.

**Results** Of the 15,534 patients tested, the sIgE of 6520 (41.97%) was tested positive for at least one of the 19 tested allergens. Dermatophagoides pteronyssinus (3540, 22.79%), cockroach (1398, 9.00%), and mold mix (1301, 8.38%) were the most frequently tested inhaled allergens, while cashew nut (1320, 8.50%), mango (768, 4.94%) and cow's milk (748, 4.82%) were the most frequently tested food allergens. The overall sIgE positive rate was higher in males than that in females ( $p < 0.05$ ). Moreover, the sIgE positive rates to the most of the inhaled and food allergens were statistically different between age groups ( $p < 0.05$ ). The sIgE positive rates of the main inhaled allergens increased with age. However, the sIgE positive rates for the primary food allergens were higher in the younger groups and lower in the older groups.

**Conclusions** The characteristics of allergen sensitization revealed in this study in Henan Province would facilitate the prevention, diagnosis, and management of allergic diseases in this region.



## PU-4888

## 六项肿瘤标志物在宫颈癌病理分型鉴别中的意义

罗玲<sup>1</sup>,陈新亮<sup>1</sup>,潘嘉怡<sup>2</sup>,段朝晖<sup>1</sup>

1.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

2.广州医科大学

**目的** 探讨 CA125、HE4、CEA、CA724、SCCA 及 CYFRA21-1 这六项肿瘤标志物与宫颈癌临床病理分型的相关性。

**方法** 收集来自中山大学孙逸仙纪念医院 2018 年 9 月至 2019 年 2 月的 83 例宫颈癌病例,按照病理类型分为三组,进行肿瘤标志物的检测,分析这六项肿瘤标志物与宫颈癌临床病理类型的相关性。

**结果** 宫颈鳞癌组血清 SCCA 的水平显著高于宫颈腺癌组及其他病理类型组,其他病理类型组血清 CA724 与 CYFRA21-1 的水平明显小于宫颈鳞癌及腺癌组,差异均具有统计学意义( $p<0.05$ ),应用 ROC 曲线分析宫颈鳞癌组对比非鳞癌组(腺癌组和其他组之和)的 SCCA 水平,曲线下面积为 0.774,标准误为 0.051,95%的可信区间为 0.675-0.873。并求得 SCCA 最佳临界值为 2.505ng/ml 时,灵敏度为 0.479,特异度为 100%。

**结论** SCCA 是宫颈鳞癌的首选标志物,可以作为宫颈鳞癌鉴别诊断的辅助检查指标之一,而血清 CA724 与 CYFRA21-1 的水平对于区分宫颈腺癌和其他病理类型,如腺鳞癌、小细胞癌等,有一定的意义。

## PU-4889

## 标本不同状态对荧光定量 PCR 检测 HBV DNA 的影响

崔婷

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 研究分析不同状态的标本对荧光定量 PCR 检测 HBV DNA 的影响。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 方法分别检测不同程度模拟溶血(高溶血组、中溶血组、低溶血组)和模拟脂血(高脂组、中脂组和低脂组)标本的 HBV DNA 浓度。选择 HBV DNA 阳性患者,每人分别抽取 EDTA-K2 和肝素抗凝血各一份,立即分离血浆作 HBV DNA 定量检测。对 HBV DNA 载量进行配对 t 检验,并进行统计分析。

**结果** 不同溶血程度对 HBV DNA 载量没有影响,无统计学意义( $P>0.05$ ),但当血红蛋白浓度达到 113 g/L 时,HBV DNA 载量下降明显;高脂组、中脂组和低脂组 HBV DNA 载量无统计学意义( $P>0.05$ ),但甘油三酯浓度为 6.21 mmol/L 时,HBV DNA 结果明显偏低;EDTA-K2 抗凝血浆组与肝素抗凝血浆组的检测结果差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 血红蛋白浓度低于 113 g/L 的溶血标本、甘油三酯浓度低于 6.21 mmol/L 的脂血标本对 HBV DNA 检测结果无明显影响。EDTA-K2 抗凝血适用于 HBV DNA 检测,而肝素钠抗凝血则不合适。

## PU-4890

## 基于 ELISA 的阿霉素免疫分析药物监测方法的建立

贺安

郴州市第一人民医院,423000

**目的** 制备阿霉素有效免疫抗原,获得特异性阿霉素多克隆抗体,初步建立阿霉素检测方法。

**方法** 采用阿霉素有效免疫抗原免疫小鼠，待小鼠血清效价达到要求后取血，小鼠血清经 Protein G 纯化后获取特异性多克隆抗体，利用特异性多克隆抗体初步建立了阿霉素 ELISA 定量检测分析方法。

**结果** 阿霉素特异性多克隆抗体效价良好，与 OVA 无交叉反应；自制试剂中剂量-反应曲线线性相关系数为 0.995，回收率为 92.5%-108.9%，分析内变异系数和分析间变异系数分别为 11.5%-13.9%和 13.2%-14.3%，与 5-氟尿嘧啶、紫杉醇和吉西他滨均无交叉反应。

**结论** 本研究制备的阿霉素多克隆抗体充实了阿霉素免疫检测试剂的有效抗体资源，初步建立的阿霉素药物检测方法有望用于阿霉素药物监测并指导阿霉素临床精准给药。

## PU-4891

### 纤维蛋白单体对深静脉血栓发生时提示性作用的研究

陈哲,张岩

首都医科大学附属复兴医院,100000

**目的** 探讨纤维蛋白单体 (FM) 在静脉血栓发生中的提示性作用。

**方法** 分别检测患者在术前 (0 天) 以及术后第 1、3、5、7、9 天凝血功能。术后统一采取常规预防性措施。在术后 3-7 天左右予以超声检查，如果更早出现临床症状，则立即予以超声检查以确定血栓是否形成。

**结果** 48 例患者中有 13 例在超声中发现血栓形成，FM 在患者术后 1 天时对血栓的提示效果较好 ( $P<0.05$ )，而术后 3 天时 FM 结合 FDP 来看对血栓的提示效果较好 ( $P<0.05$ )。

**结论** FM 以及 FM 结合 FDP 可作为血栓诊断的参考指标，FM 的出现与血栓的发生密切相关。

## PU-4892

### 矮小症儿童血清脂溶性维生素水平分析

安娜,陈曦,刘运双,吴碧涛

绵阳市中心医院,621000

**目的** 矮小症一种临床常见疾病，对患儿的生理和心理发育均有影响，身材高矮除先天因素影响外，后天因素的作用也不可小觑。维生素作为营养物质分为脂溶性和水溶性两大类，脂溶性维生素包括维生素 A (Vitamin A, Vit A)、D、E (Vitamin E, Vit E)、K (Vitamin K, Vit K)，都是亲脂性的非极性分子或者衍生物，随脂类一同吸收后对人体的作用不容忽视。本研究旨在探讨矮小症儿童血清脂溶性维生素水平的变化规律，讨论及其与疾病发生的关系。

**方法** 收集 2017 年 1 月~2018 年 12 月年来院就诊的矮小症患者 180 例作为研究对象，同时收集常规体检儿童 90 例作为对照组，抽取其静脉血，采用高效液相色谱串联质谱法检测血清 Vit A、25 羟基维生素 D<sub>2</sub>[25-hydroxy vitamin D<sub>2</sub>, 25-(OH) VD<sub>2</sub>]、25 羟基维生素 D<sub>3</sub>[25-hydroxy vitamin D<sub>3</sub>, 25-(OH) VD<sub>3</sub>]、Vit E、Vit K 水平。

**结果** 1. 矮小症儿童的血清 Vit-A、25-(OH)VD<sub>2</sub> 和 Vit-K 水平低于健康对照组 ( $P<0.05$ )，血清 Vit-E 水平高于健康对照组 ( $P<0.05$ )，两组之间血清 25-(OH)VD<sub>3</sub> 和 25-(OH)VD 水平的差异没有统计学意义 ( $P>0.05$ )，见表 1。

2. 矮小症儿童的血清 Vit-E 不足率低于对照组 ( $P<0.01$ )，矮小症与健康对照儿童之间的血清 Vit-A、25-(OH)VD<sub>2</sub>、25-(OH)VD<sub>3</sub>、25-(OH)VD 和 Vit-K 不足率的差异没有统计学意义 ( $P>0.05$ )，见表 2。

3. 经过 Pearson 相关性分析, 矮小症分别与血清 Vit-A、25-(OH)VD<sub>2</sub> 和 Vit-K 水平呈负相关, 与血清 Vit-E 水平呈正相关 ( $P<0.05$ ), 与血清 25-(OH)VD<sub>3</sub> 和 25-(OH)VD 水平无相关性 ( $P>0.05$ ), 见表 3。

**结论** 矮小症儿童与血清脂溶性维生素水平具有密切的相关性, 矮小症可能导致 Vit-A、25-(OH)VD<sub>2</sub> 和 Vit-K 水平降低, Vit-E 水平升高; 而较高的血清 Vit-E 水平也可能导致矮小症的发生或发展。

#### PU-4893

### 血清胃泌素 17 联合肿瘤标志物 CEA、CA724、CA199 早期诊断胃癌的价值分析

齐燕蓉

成都大学附属医院

**目的** 胃癌 (Gastric cancer, GC) 是一种起源于胃黏膜上皮的恶性肿瘤, 其发病率和死亡率均较高, 数据报告表明早期胃癌术后五年生存率  $>90\%$ , 而进展期胃癌则不足  $20\%$ , 由于早期胃癌患者临床症状体征缺乏典型特征, 国内对早期胃癌检出率仍较低。一直以来病理活检、消化道造影等检查技术被认为是确诊胃癌的“金标准”, 但两种检查技术对仪器设备和操作人员有较高要求, 检查费用高, 且消化道造影检查漏诊率高, 探寻科学合理的早期 GC 诊断方案尤为重要。近年来, 胃泌素 17 (Gastrin 17, G17)、肿瘤标志物癌胚抗原 (CEA)、CA724、CA199 等血清因子逐渐应用于胃癌诊断中, 并且血清检测法有定量准确、操作简便且易于普查等特点。本研究旨在分析血清胃泌素 17 (G17) 联合肿瘤标志物癌胚抗原 (CEA)、CA724、CA199 检测在早期诊断胃癌 (GC) 的中临床价值。

**方法** 以 800 例 GC 患者、120 例胃部良性病变者及同期体检的 30 名健康志愿者为对象, GC 患者分为早期组和进展组, 检测各组血清 G17、CEA、CA724、CA199 水平, 受试者工作特征曲线 (ROC) 分析 G17 联合 CEA、CA724、CA199 检测对早期 GC 的诊断价值。

**结果** 胃癌组血清 G17、CEA、CA199 水平明显高于良性组、健康组, CA724 明显低于良性组和健康组 ( $P<0.05$ ); 而良性组与健康组相较差异也有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 进展组血清 G17、CEA、CA199 水平较早期组明显高, 而 CA724 较早期组明显低差异显著 ( $P<0.05$ ); G17 单项检测对早期 GC 的特异度高, 但 G17+CEA+CA724+CA199 联合检测诊断早期 GC 的曲线下面积明显高于 G17、G17+CEA、G17+CA724、G17+CA199。

**结论** G17 联合 CEA、CA724、CA199 检测可明显提高早期 GC 患者诊断效能, 对 GC 早期诊治有重要临床意义。

#### PU-4894

### Hepatitis C Virus (HCV) Core Antigen Assay: An alternative method for hepatitis C diagnosis

Lijuan Wang, Hong Lv, Guojun Zhang

Beijing Tiantan Hospital, Capital Medical University

**Objective** The study aimed to evaluate a fully automated chemiluminescent immunoassay (CLIA) and compared it with a quantitative RNA assay and anti-HCV assay to verify the utility of this automated Ag assay as an alternative method for hepatitis C diagnosis.

**Methods** A total of 229 sera from Beijing Tiantan Hospital were previously tested for anti-HCV levels by the ARCHITECT Anti-HCV assay. Thereafter, all samples were selected for HCV RNA testing by Real Time RT-PCR Kit (Shanghai ZJ Bio-Tec Co., Ltd) and 125 specimen were detected for HCV Ag by the Architect HCV core

Antigen kit.

**Results** The HCV Ag test showed a good correlation between the logarithmic values of HCV RNA and HCV Ag ( $R=0.834$ ), with 100% specificity and positive predictive value (PPV), and 94.82% sensitivity. We found 1pg/ml of total HCV core Ag is equivalent to approximately 6,607 HCV RNA international units (IU)/ml. ROC analysis indicated that the area under the curve of HCV core Ag (0.989) was greater than HCV Ab (0.871). HCV Ag levels and RNA-to-Ag ratio of the groups for HCV RNA levels  $\leq 105$  and  $>105$  IU/ml were both significantly different from each other ( $p<0.05$ ).

**Conclusions** The Architect HCV core Ag assay may be an alternative method for hepatitis C diagnosis, due to the same platform and sample with anti-HCV assay, shortening the widow period, a good correlation with HCV RNA assay and 100% specificity and PPV, 94.82% sensitivity and so on.

## PU-4895

### 儿茶酚胺激素在躯体症状障碍诊断中的价值

林静, 轩乾坤, 马希权, 郭金虎  
上海市东方医院同济大学附属东方医院南院

**目的** 躯体症状障碍 (SSD) 是一类以持久的担心或相信各种躯体症状的优势观念为特征的神经症性躯体障碍, 其核心症状即躯体化。由于 SSD 临床表现复杂多样, 躯体症状与心理冲突密切相关, 且没有明确的理化检查作为诊断依据, 识别和诊断较为困难。本次研究拟探讨去甲肾上腺素、肾上腺素、多巴胺在 SSD 诊断中的价值。

**方法** 采用方便取样的方法纳入 2018 年 1 月到 2019 年 4 月在东方医院南院心理医学科的患者, 知情同意后填写自评量表, 并留取血清标本。同时我们招募体检健康, 心理两卷测评为心理正常的人员为健康对照, 知情同意后填写自评量表, 留取血清标本。问卷结果由专业的心理医学科医生进行评判。使用 IBM SPSS 21.0 软件进行统计分析及 ROC 曲线分析, 结果使用中位数 (25%-75%) 表示。

**结果** 本次研究共收集了 58 例, 根据问卷结果评判, 分成躯体症状障碍组和健康对照组。躯体症状障碍组 28 例, 平均年龄  $36.13 \pm 11.66$  岁, 其中女 9 例, 男 19 例; 健康对照组 30 例, 平均年龄  $40.50 \pm 9.17$  岁, 其中女 10 例, 男 20 例, 两组间年龄和性别分布无统计学差异。研究结果发现, 躯体症状障碍组和健康对照组的去甲肾上腺素中位数分别为 401.76 (263.73-552.74) pg/ml 和 162.81 (154.84-215.52) pg/ml, 肾上腺素分别为 68.59 (52.09-87.9) pg/ml 和 33.18 (32.11-40.16) pg/ml, 差异具有统计学意义。躯体症状障碍组和健康对照组的多巴胺分别为: 52.77 (50.96-57.97) pg/ml 和 59.10 (53.23-68.05) pg/ml, 两组没有显著性差异。去甲肾上腺素和肾上腺素值诊断躯体症状障碍的 ROC 曲线下面积分别为: 0.871、0.895; cut-off 值分别为 251.88 pg/ml、40.37 pg/ml; 敏感度为 78.6%、92.9%, 特异度分别为: 86.7%、76.7%。

**结论** 通过检测患者的去甲肾上腺素和肾上腺素等值对辅助诊断躯体症状障碍具有临床指导意义。

## PU-4896

### 多重耐药铜绿假单胞菌毒力基因的检测

潘凌鸿, 邹小慧  
莆田学院药学与医学技术学院

**目的** 分析出铜绿假单胞菌的耐药性情况, 以及菌株 III 型分泌系统 (T3SS) 相关毒力基因的携带情况, 然后结合患者的临床状况, 探讨耐药性与细菌毒力基因表达的相关性。

**方法** 筛选源于莆田市第一医院的耐药铜绿假单胞菌、经过多次分离、得到纯的菌株；使用 Kirby—Bauer 纸片法检测菌株对医院抗生素药物的敏感性；用 DNA 抽提试剂盒提取 15 株耐药铜绿假单胞菌的基因组；用 PCR 方法扩增毒力基因，凝胶成像仪检测毒力基因条带；在医院收集 2017 年 11 月至 2018 年 4 月患者的临床信息，了解其临床特征、细菌耐药性及毒力基因三者之间的关系。

**结果** 1、主要毒力基因检测结果：15 株铜绿假单胞菌有 6 株携带 *exoS* 基因（占 40%）；有 12 株菌携带 *exoY* 基因（占 80%）；有 14 株菌携带 *exoT* 基因（占 87.5%）；有 8 株菌携带 *13sspopB* 基因（占 53.3%）。2、15 株铜绿假单胞菌耐药特征：左氧氟沙星耐药率（17.1%），氨曲南耐药率（21.9%），头孢吡肟耐药率（7.3%），头孢他啶耐药率（9.7%），庆大霉素耐药率（7.3%），阿米卡星耐药率（9.7%），环丙沙星耐药率（4.8%），哌拉西林耐药率（4.8%），哌拉西林/他唑巴坦耐药率（9.7%），头孢哌酮/舒巴坦耐药率（7.3%）。

**结论** 铜绿假单胞菌含有多重毒力因子，毒力基因（*exoS*、*exoY*、*exoT*、*13sspopB*）属于 TTSS 系统中的一种致病因素，在细菌的侵入、扩散和感染中发挥重要作用。

PU-4897

## 纤溶酶原水平与肿瘤进展的相关性研究

郭勇晖,王罗黎,陈学东,程云,岑炜林,赖伟波  
南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 通过回顾性病例对照研究分析肿瘤患者不同治疗阶段血浆中纤溶酶原（PLG）活性水平，探讨肿瘤患者体内肿瘤进展与 PLG 的相关性，并评估其联合血清学肿瘤标志物对肿瘤进展和预后的预测力。

**方法** 分析南方医科大学珠江医院 2015~2018 收治并经组织病理学确诊为肿瘤患者在不同治疗阶段的 PLG 水平，并以临床的影像学诊断结果为最终评判病情进展与否的标准。根据影像学诊断结果把经治疗的肿瘤患者分为发生进展组和未发生进展组，再根据治疗进度，把患者 PLG 检测结果分为化疗前和化疗后两组，利用配对 T 检验比较肿瘤患者在接受化疗前后 PLG 水平差异，探讨 PLG 水平对肿瘤情况的评估价值。

**结果** PLG 在性别中无显著性差异，在分化程度中无显著性差异。在住院期间无新发肿瘤进展的患者 PLG 水平在化疗前后无显著差异，新发肿瘤进展患者在化疗前后 PLG 水平有显著性差异。PLG 水平能较影像学结果提示出现肿瘤进展最早提前六个月出现升高且维持在高水平。

**结论** PLG 能提示肿瘤患者化疗期间预后不良；能较影像学检查最早提前半年提示肿瘤患者体内肿瘤发生进展，即当肿瘤患者体内 PLG 突然出现升高即可提示肿瘤将发生或出现预后不良。

PU-4898

## Feasibility Study of Serum THBS2 as a Biomarker for Early Diagnosis of Pancreatic Ductal Adenocarcinoma

Bo Zhou, Jialin Fu, Shitong Cheng  
the First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** Pancreatic ductal adenocarcinoma (PDAC) is the most common pancreatic malignancy with poor prognosis and high mortality. The current serum marker carbohydrate antigen 19-9 (CA19-9) lacks sufficient sensitivity for early diagnosis. Thrombospondin 2 (THBS2) is an extracellular matrix glycoprotein expressed in the tumor stroma and is also detectable in serum as tumor progression and metastasis are increased. Therefore, this study aimed to investigate the feasibility of THBS2 as an early diagnostic marker for PDAC and its diagnostic value for early detection of PDAC with CA19-9.

**Methods** 20 patients (including patients with early metastasis and advanced metastases) and 18 healthy controls were included from the First Affiliated Hospital of China Medical University from July 20 to April 2019. The serum levels of THBS2 and CA19-9 were measured using immunoassay methods. Statistical methods were used to analyze the difference in expression of the two proteins between the groups,  $p < 0.05$  was considered statistically significant. The receiver operating characteristic curve (ROC) was used to analyze the differential diagnosis ability of these indicators for different diseases individually and in combination.

**Results** The serum THBS2 concentration in the PDAC group was significantly higher than that in the healthy control group ( $p < 0.001$ ), the AUC was 0.981, the optimal critical concentration was 1646.44 pg/mL, the corresponding sensitivity was 90%, and the specificity was 100%. The combination of THBS2 and CA19-9 was detected, AUC=1.0. The levels of THBS2 and CA19-9 in the serum of patients with early metastasis were significantly higher than those of healthy controls ( $p=0.014$ ,  $p=0.012$ ), AUC were 1.0 and 0.913, respectively, and the optimal critical concentrations were 1491.51 pg/mL and 24.31 U/mL, respectively. The corresponding sensitivity and specificity of THBS2 were 100%, and the sensitivity and specificity of CA19-9 were 85.7% and 94.4%. There was no significant difference in THBS2 between patients with early metastasis and advanced metastases ( $p=1.0$ ). However, the serum concentration of CA19-9 was significantly higher in patients with advanced metastasis than in patients with early metastasis ( $p=0.029$ ), AUC=0.868, optimal critical concentration was 99.745 U/mL, corresponding sensitivity 92.3%, specificity 71.4%.

**Conclusions** Serum THBS2 detection has good sensitivity and specificity in identifying early PDAC patients and can be used as an early diagnostic marker for PDAC. Combined detection of THBS2 and CA19-9 can improve the detection rate of early PDAC and advanced metastasis.

## PU-4899

### 标本类型对结核分枝杆菌核酸检测的影响

杜秋蓉,胡琼英

成都中医药大学附属医院,610000

**目的** 采取不同类型标本,应用荧光定量 PCR 技术检测结核分枝杆菌核酸(TB-DNA)比较检测结果的阳性率。以期临床提供肺结核检测最有效的标本类型。

**方法** 收集四川省人民医院 2017 年 1 月至 2018 年 1 月确诊为肺结核的 132 例患者的支气管灌洗液,痰液,血液标本分别进行 TB-DNA 的检测。

**结果** 132 例患者的支气管灌洗液、痰液及血液标本分别检出阳性结果 123 例、94 例、5 例,其检出率分别为 93.2%、71.2%、3.8%。三种标本检出的阳性数据经统计学处理。支气管灌洗液阳性率比痰液高,差异有统计学意义( $X^2=21.8$ ,  $P=3.03E-06$ ,  $P<0.01$ ),支气管灌洗液阳性率比血液高,差异有统计学意义( $X^2=211.2$ ,  $P=7.52E-48$ ,  $P<0.01$ ),痰液阳性率比血液高,差异有统计学意义( $X^2=128.0$ ,  $P=1.12E-29$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** 三种临床常用标本,支气管灌洗液针对肺结核中结核分枝杆菌的检出率最高。

## PU-4900

### 多种肿瘤标志物联合检测在卵巢癌诊断中的临床价值

朱俊可

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 选取卵巢癌相关肿瘤标志物 CEA、CA125、CA153、CA199、HE4,设计不同的组合,组合 1 CA125、CA153;组合 2 CA125、CA153、CA199;组合 3 CA125、CA153、CA199、

CEA; 组合 4 CA125、HE4、ROMA 罗马指数; 通过分析组合项目的 ROC 曲线下面积 AUC、灵敏度、特异度、似然比和约登指数, 来判断各组合在卵巢癌诊断中的诊断性能和临床价值。

**方法** 回顾性分析 2016 年 12 月~2019 年 3 月在我院接受治疗或体检的 127 例卵巢癌患者, 52 例单纯良性卵巢囊肿, 70 例门诊健康体检女性, 分别设为卵巢癌组、良性肿瘤组和正常组、收集相关信息和检测结果, 数据先进行 logistic 回归处理, 再作 ROC 曲线, 计算出曲线下面积、约登指数、灵敏度和特异度。

**结果** 卵巢癌组、良性肿瘤组和正常组各肿瘤标志物的水平显示 CEA、CA125、CA153、HE4 的水平有统计学差异 ( $P<0.05$ ), 但 CA199 无统计学差异 ( $P>0.05$ )。各血清肿瘤标志物中 HE4 灵敏度最高, 达到 83.9%; CA153 特异度最好, 为 93.3%。综合整体诊断性能, CA125 和 HE4 诊断的灵敏度、特异度都比较高, AUC 面积都大于 0.8, 代表着较高的临床诊断价值。各组合联合诊断中, 组合 3 和组合 4 诊断性能较高, 组合 3 四个项目的联合诊断灵敏度高达 90.90%, 特异度达到 82.20%; 组合 4 也可达到 84.48% 的灵敏度, 72.9% 的特异度。

**结论** 组合 3 CA125、CA153、CA199、CEA 组合 4 CA125、HE4、ROMA 罗马指数在卵巢癌诊断中有较高的临床价值, 有助于提高卵巢癌的诊断水平。

PU-4901

## 不同基因型地中海贫血患者红细胞相关参数和铁代谢指标的结果分析

刘秀丽<sup>1</sup>, 陈敏玲<sup>2</sup>, 段朝晖<sup>1</sup>

1. 中山大学孙逸仙纪念医院, 510000

2. 广东医科大学

**目的** 分析不同基因型地中海贫血患者红细胞相关参数和铁代谢指标的结果。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2018 年 12 月中山市孙逸仙纪念医院内地中海贫血基因检测的标本结果, 选取其中的地中海贫血基因携带者作为病例组, 另将其余地中海贫血基因检测结果正常者作为健康对照组, 对各组的红细胞相关参数和铁代谢指标结果进行统计学分析。

**结果** 健康对照组的红细胞相关参数与  $\alpha$ -地贫组、 $\beta$ -地贫组、 $\alpha\beta$  复合型地贫组均存在显著性差异;  $\alpha$ -地贫各亚型间的红细胞相关参数均存在显著性差异, 静止型  $\alpha$ -地贫、标准型  $\alpha$ -地贫的铁代谢指标与 HbH 病均存在显著性差异;  $\beta$ -地贫各亚型间轻型  $\beta$ -地贫的红细胞相关参数与中间型  $\beta$ -地贫和重型  $\beta$ -地贫均存在显著性差异, 轻型  $\beta$ -地贫的 SI、Tf、UIBC 值与重型  $\beta$ -地贫存在显著性差异。

**结论** 相关的红细胞参数可以初步筛查地中海贫血, 铁代谢指标可以有效评价不同基因型的地中海贫血患者体内铁储存情况, 降低过量铁沉积导致的并发症, 为临床治疗与预后评价提供依据。

PU-4902

## 老年肺炎患者 D-Dimer、FIB 水平检测的应用价值分析

袁晓红<sup>1</sup>, 李雨薇<sup>1,2</sup>

1. 西安交大二附院

2. 西北妇女儿童医院

**目的** 分析老年肺炎患者 D-二聚体 (D-Dimer)、纤维蛋白原 (FIB) 水平检测的应用价值。

**方法** 选择我院 74 例老年肺炎患者, 同期选择健康体检者 74 例为对照组, 比较各组 D-Dimer、FIB 水平, 并分析其对预后情况的预测价值。

**结果** 肺炎组入院时、治疗第 1d、第 3d 及第 7d D-Dimer 及 FIB 水平均高于对照组, 且肺炎组治疗第 1d D-Dimer 及 FIB 水平高于入院时, 且高于治疗第 3d 及第 7d, 比较有统计学意义 ( $P<0.05$ )。存活组 D-Dimer 及 FIB 水平均低于死亡组, 比较有统计学意义 ( $P<0.05$ )。经 ROC

曲线分析可见, D-Dimer 曲线下面积为 0.666, 敏感度及特异度分别为 70%和 60%, FIB 曲线下面积为 0.821, 敏感度及特异度分别为 75%和 84%, 联合检测曲线下面积为 0.849, 敏感度及特异度分别为 95%和 64%, 联合检测曲线下面积明显高于单个指标。

**结论** 老年肺炎患者 D-Dimer、FIB 水平明显上升, 能够测定其水平可了解机体纤溶及凝血状态, 对疾病诊断及病情评估有着重要价值, 以指导临床治疗。

PU-4903

## 纤维化标志物与房颤的相关性及对房颤射频消融术后复发的预测价值研究

陈立东,冯勤颖,黄山  
贵州临床检验中心

**目的** 通过检测房颤的发生和房颤射频消融术对患者纤维化标志物血清学水平, 从而探讨与房颤发生和房颤射频消融术后复发相关的纤维化指标的临床诊断价值。**方法:**收集正常对照组和病例组血清标本, 检测转化生长因子  $\beta 1$  (Transforming Growth Factor beta 1, TGF- $\beta 1$ )、I 型胶原羧基端肽 (I CTP)、III 型前胶原氨基端肽 (Precollagen type III, P IIIP N-P)、透明质酸 (Hyaluronic Acid, HA)、层粘连蛋白 (Laminin, LN) 等主要的纤维化标志物的血清水平, 应用统计学软件 SPSS19.0 绘制 ROC 曲线, 通过 ROC 曲线下面积(AUC)等参数来评价 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、P IIIP N-P、HA、LN 对房颤的诊断价值。**结果:**与对照组相比, 房颤组术前 TGF- $\beta 1$  和 I CTP 水平上在两组间有统计学差异 ( $P < 0.05$ ); 房颤组射频消融手术前及手术后在 TGF- $\beta 1$ 、I CTP 水平上有统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 且术后 TGF- $\beta 1$  的平均水平高于术前, 而术后 I CTP 的平均水平低于术前; 房颤复发组与未复发组在术前 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 上有统计学差异 ( $p < 0.05$ ); 房颤复发组术前及术后 TGF- $\beta 1$  的水平有统计学差异 ( $p < 0.05$ )。**结论:**纤维化标志物 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 中, 以 TGF- $\beta 1$  对房颤的诊断价值最大, TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN 和 P IIIP N-P 血清水平可作为房颤射频消融术后复发的诊断指标。

**方法** 按照说明书进行 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 检测

**结果** 2.1 正常对照组与房颤组术前 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 比较正常对照组与房颤组在术前 HA、LN、P IIIP N-P 水平上无统计学差异 ( $P > 0.05$ ); 在 TGF- $\beta 1$  和 I CTP 水平上, 两组间有统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 且这两个指标在房颤患者中血清学浓度的平均值均远高于正常对照组,

2.2 房颤组术前及术后 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 比较房颤组射频消融手术前及手术后在 HA、LN、P IIIP N-P 水平上无统计学差异 ( $P > 0.05$ ), 在 TGF- $\beta 1$ 、I CTP 水平上有统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 且术后 TGF- $\beta 1$  的平均水平高于术前, 而术后 I CTP 的水平低于术前。

2.3 房颤复发组与未复发组两组术前 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 比较根据房颤患者在射频消融术后房颤是否复发, 将其分为房颤未复发组 (96 例) 和复发组 (12 例); 从下表可知, 房颤复发组与未复发组在术前 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P、HATCH 评分水平上有统计学差异 ( $p < 0.05$ )。

2.4 房颤未复发组术前及术后 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 比较房颤未复发组术前及术后的 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 水平上均无统计学差异 ( $P > 0.05$ )。

2.5 房颤复发组术前及术后 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 比较房颤复发组术前及术后的 I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 水平上无统计学差异 ( $P > 0.05$ ); 在 TGF- $\beta 1$  水平上有统计学差异 ( $p < 0.05$ )。

2.6 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 对房颤病的诊断价值分析绘制 TGF- $\beta 1$ 、I CTP、HA、LN、P IIIP N-P 对房颤病的受试者工作曲线 (received operation of curve, ROC), 并计算曲线下面积 (area under of curve, AUC)。



**结论** TGF- $\beta$ 1、I CTP 血清学水平可作为房颤的诊断指标, TGF- $\beta$ 1、I CTP、HA、LN 和 PIIP N-P 血清学水平可作为房颤射频消融术后复发的诊断指标。纤维化相关指标 TGF- $\beta$ 1、I CTP、HA、LN、PIIP N-P 中, 以 TGF- $\beta$ 1 对房颤的诊断价值最大, 其不仅可作为血清学标志物用于房颤的常规检查, 也可对 TGF- $\beta$ 1 基因是否存在突变作出预测, 是房颤诊断的良好指标。

#### PU-4904

### 肺炎支原体感染患儿的血细胞参数分析

何增品

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨昆明地区儿童肺炎支原体 (MP) IgM 抗体对血细胞分析检测结果的影响

**方法** 选取 2018 年 7 月-11 月昆明医科大学第一附属医院就诊的肺炎支原体感染患儿 502 例作为观察组, 从同期健康体检儿童中选取 221 例作为对照组, 对这两组儿童的血细胞检测结果进行回顾性统计分析

**结果** 502 例肺炎支原体感染患儿中, 滴度为 1:40、1:80、1:160、1:320、1:640 及 1:1280 的患儿例数分别为 185、160、95、43、8、11 例, 构成比分别为 36.85%、31.87%、18.92%、8.56%、1.59%、2.19% ; 观察组和健康组之间淋巴细胞总数、血红蛋白浓度、红细胞压积、红细胞平均体积、平均血红蛋白量、平均血红蛋白浓度、红细胞体积分布宽度结果差异均具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而白细胞总数、中性粒细胞总数、单核细胞总数和红细胞总数之间差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 并且在观察组中不同的抗体滴度间, 白细胞总数、单核细胞总数以及平均血红蛋白浓度差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )

**结论** 肺炎支原体 (MP) 感染患儿与健康儿童之间血细胞分析参数之间有差异, 并且肺炎支原体 (MP) IgM 抗体影响血细胞分析检测结果, 必要时需进行血涂片镜检。

#### PU-4905

### 大连地区秋冬季儿童呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测结果分析

李冰<sup>1</sup>, 范颖<sup>2</sup>, 于淼琛<sup>1</sup>

1. 大连医科大学附属第一医院, 116000

2. 大连医科大学

**目的** 了解大连地区秋冬季儿童呼吸道感染的病原体特点, 为临床诊治提供参考依据。

**方法** 采集 2018 年 10 月至 2019 年 3 月于大连医科大学附属第一医院儿科门诊和住院就诊 1192 例呼吸道感染患儿的血清标本, 使用间接免疫荧光法检测呼吸道合胞病毒 (RSV)、腺病毒 (ADV)、甲型流感病毒 (IVA)、乙型流感病毒 (IVB)、副流感病毒 (PIV)、肺炎支原体 (MP)、肺炎衣原体 (CP)、嗜肺军团菌 (LP)、8 种病原体血清 IgM 抗体

**结果** 从 1192 例患儿血清标本中检测出阳性标本 583 例, 阳性率为 48.9%, 以 MP 阳性率最高, 其次为 IVA、IVB、RSV、LP、PIV、ADV、CP ; 混合感染 254 例, 阳性率为 43.5%, 主要为两种病原体混合感染。各年龄段间以小于 0-3 岁组阳性率最低, 为 39.9%, 最高为 3~7 岁组, 占 66.6%, 各组间比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 不同性别间患儿呼吸道病原体阳性率比较, 男性高于女性, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** MP、IVA 和 IVB 是大连地区秋冬季儿童呼吸道感染的主要病原体, 两种病毒混合感染是一大特点; 病原体感染在各年龄段间和不同性别间比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

PU-4906

## Two Novel WASP Gene Mutations in a Chinese Family with Wiskott - Aldrich syndrome

Wenchao Zhang, Jihong Hao  
Hebei medical university

**Objective** Wiskott - Aldrich syndrome is a hereditary thrombocytopenia characterized by less platelets, immunodeficiency and eczema, and is easily misdiagnosed as immune thrombocytopenia. To investigate the history, the clinical manifestation, laboratory examinations, and molecular variation of a Chinese family with Wiskott-Aldrich syndrome, so as to improve our understanding of the disease.

**Methods** Clinical features and laboratory examinations of the proband with Wiskott-Aldrich syndrome were analyzed, DNA samples were obtained from the proband and his family members. The next generation sequencing analysis of proband's DNA mutation site was performed and identified by Sanger sequencing. His family members were all analyzed by Sanger sequencing. Western blot and Flow cytometry technology were used to analyze Wiskott-Aldrich syndrome protein.

**Results** A three-generation Wiskott-Aldrich syndrome family was identified. There are 4 patients in this family and two patients died years ago. The proband had typical Wiskott-Aldrich syndrome symptoms, such as intermittent bleeding, eczema, recurrent infections, and persistent thrombocytopenia, clinical score was 4 according to the Wiskott-Aldrich syndrome phenotypic scoring standard. Another patient suffered from recurrent infections, thrombocytopenia almost every month, eczema scattering in his face and body continuously and died of fungal infection. His clinical score was 5. The two patients both had severe immune deficiency. They were all misdiagnosed of immune thrombocytopenic purpura and treated with  $\gamma$ -globulin, dexamethasone sodium phosphate and platelet transfusions, the platelet rose to normal and their respiratory tract infection symptoms was under control. But one later, their PLT declined very low and they were suffering from thrombocytopenia, recurrent infections, intermittent bleeding, and eczema frequently again. The Wiskott-Aldrich syndrome protein in proband was significantly lower than normal control and carriers. The analysis results of mutations showed that Wiskott-Aldrich syndrome protein gene in the two patients, and both the two mothers had a missense mutation (158T>C) in exon 2, causing a No.53 Leucine change to Proline. The second-site mutation of IVS 2 273+14C >T was found in the other patient in addition to the missense mutation of 158T > C.

**Conclusions** The family presented here is a Wiskott-Aldrich syndrome family with two novel mutations of Wiskott-Aldrich syndrome protein gene in exon 2. Wiskott-Aldrich syndrome is a rare X-linked immunodeficiency disease usually characterized by microthrombocytopenia, eczema and recurrent infections, which caused by Wiskott-Aldrich syndrome protein gene mutation. It is easy to be misdiagnosed as immune thrombocytopenic purpura. Genetic diagnosis is an effective diagnostic method.

PU-4907

## TRAIL 联合去甲斑蝥素对白血病耐药细胞 K562/A02、HL-60/Adr 增殖的影响

王剑青  
贵州医科大学附属医院,550000

**目的** 研究肿瘤坏死因子相关的凋亡诱导配体 (TRAIL) 联合去甲斑蝥素 (NCTD) 对白血病耐药细胞 K562/A02、HL-60/Ad 增殖的影响。

**方法** TRAIL 组、NCTD 组及联合组分别以 TRAIL (500 $\mu$ g/L)、NCTD(0.05mmol/L)以及 TRAIL (500 $\mu$ g/L) +NCTD (0.05mmol/L) 联合处理 K562/A<sub>02</sub> 和 HL-60/Ad 细胞 48h 后, 显微镜观察细胞生长情况; 细胞增殖抑制率用 MTT 法检测; Bax、Bcl-2 相对表达情况用 WB 法检测。

**结果** (1) 联合用药组细胞生长抑制率明显高于 TRAIL 组和去甲斑蝥素组 ( $P<0.05$ ); (2) 联合用药组 Bax 蛋白表达量显著高于空白对照组、TRAIL 组及去甲斑蝥素组 ( $P<0.05$ ); 联合用药组 Bcl-2 蛋白表达量显著低于空白对照组、TRAIL 组及去甲斑蝥素组 ( $P<0.05$ )

**结论** TRAIL 联合去甲斑蝥素抑制了白血病耐药细胞 HL-60/Ad、K562/A<sub>02</sub> 的增殖。

## PU-4908

### 286 例结直肠癌 KRAS、NRAS、BRAF 和 PIK3CA 基因突变分析

高俊<sup>1</sup>, 林伟<sup>2</sup>

1. 广州医科大学附属第一医院, 510000

2. 广东医科大学医学检验学院

**目的** 分析 286 例结直肠癌 (CRC) 患者 KRAS、NRAS、BRAF 和 PIK3CA 基因突变类型与病理特征的相关性。

**方法** 提取收集的 286 例结直肠癌患者石蜡包埋组织标本核酸, 利用突变扩增阻滞系统 (ARMS) 和荧光 PCR 技术检测样本 KRAS、NRAS、BRAF 和 PIK3CA 基因突变类型, 统计基因突变与临床病理特征的相关性。

**结果** 286 例结直肠癌患者平均年龄为 (56.87 $\pm$ 18.25) 岁, 检出阳性突变 163 例 (57.0%), KRAS 基因突变 137 例 (47.9%), NRAS 基因突变 12 例 (4.2%)、BRAF 基因突变 12 例 (4.2%), PIK3CA 基因突变 11 例 (3.8%)。BRAF 基因右半结肠突变率高于左半结肠 ( $P=0.000$ ), NRAS 基因左半结肠突变率高于右半结肠 ( $P=0.040$ ), 分化程度低的患者 BRAF 基因突变率要高于分化程度高的患者 ( $P=0.014$ )。

**结论** 结直肠癌患者中 KRAS 基因突变率最高, NRAS 和 BRAF 基因突变率次之, PIK3CA 基因突变率最低。BRAF 和 NRAS 基因突变与结直肠癌病理特征存在关联, KRAS、NRAS、BRAF 和 PIK3CA 基因联合检测有助于选择抗 EGFR 单抗药, 为临床提供用药指导。

## PU-4909

### 注射抗 D 免疫球蛋白后产生抗 C 抗 D 抗体 1 例

黄蓉, 白夷, 陈婷婷, 徐苏娟, 叶莉莉, 胡文静

南京市妇幼保健院, 210000

**目的** 病案介绍: 产妇, 33 岁, O 型, Rh 血型: ccdee。其丈夫为 O 型, Rh 血型: CcDee。2015 年初次妊娠, 不规则抗体阴性, 孕 28 周注射抗 D 免疫球蛋白 300 Mg (1500 IU), 足月剖宫产分娩一男婴, 未出现黄染, 产后 72 小时内又注射抗 D 免疫球蛋白 300 Mg (自行注射)。无流产史, 2018 年第二次妊娠 14 周时, 血清中测出抗 C 和抗 D 抗体, 至 36 周抗 C 效价 1:2, 抗 D 效价 1:8, 新生儿为 O 型, Rh 血型: CcDee, 诊断为 Rh 血型不合溶血病。

**方法** 采用微柱凝胶法及试管法鉴定孕妇、其丈夫和患儿 ABO 及 Rh 血型。通过微柱凝胶法筛查孕妇血清中的不规则抗体, 采用谱细胞分析其特异性, 并监测其抗体效价, 对其患儿做溶血三项和胆红素测定。

**结果** 孕妇注射抗 D 免疫球蛋白后产生 C 抗 D 抗体, 36 周 IgG 抗 C 1:2, IgG 抗 D 1:8。患儿溶血三项实验: 直接抗人球蛋白实验 (IgG 和 C3d 片段的混合): 阳性; 游离抗体实验: 阳性; 放散抗

体实验：阳性，游离实验和放散液抗体均检测出 IgG 型抗 C 和抗 D，其效价为 IgG 抗 C1:2，IgG 抗 D1:8。血清总胆红素：51.90 $\mu$ mol/L，直接胆红素：8.80 $\mu$ mol/L，间接胆红素：43.1 $\mu$ mol/L，被诊断为新生儿 Rh 血型不合溶血病。

**结论** Rh 血型抗体易引起新生儿溶血病，即使注射抗 D 免疫球蛋白也不能完全阻止 Rh 血型不合新生儿溶血病的发生。分析原因，可能由于孕妇自行购买抗 D 免疫球蛋白品质无法保证，或者注射的剂量不足以结合胎儿进入母体的红细胞抗原，国内应不断完善母婴 Rh 血型不合溶血病的预防措施。

## PU-4910

### 北京地区慢乙肝患者血清乙型肝炎病毒大蛋白 与 HBV 复制相关性研究

王珍子,王铁山

首都医科大学附属北京友谊医院,100000

**目的** 探讨对比分析北京地区乙型肝炎病毒外膜大蛋白 (HBV-LP)、乙型肝炎病毒 DNA (HBV-DNA) 和前 S1 抗原 (Pre S1-Ag) 与乙型肝炎病毒复制状况的相关性。

**方法** 收集 2017 年 3 月至 2019 年 3 月至我院就诊的 650 例 CHB 患者血清标本，采用 ELISA 法检测 HBV-LP 和 Pre S1-Ag；化学发光微粒子免疫分析 (CMIA) 法检测乙型肝炎病毒标志物 (HBV-M)；实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 法检测 HBV-DNA。回顾性分析比较 HBV-DNA、HBV-LP、Pre S1-Ag 阳性率以及 HBV-LP (S/CO 值)、HBsAg ( $\log_{10}$  IU/ml) 与 HBV-DNA ( $\log_{10}$  IU/ml) 的相关性。

**结果** 650 例 CHB 患者 HBV-DNA、HBV-LP 和 Pre S1-Ag 阳性率分别为 65.4% (425/650)、79.2% (515/650) 和 43.1% (280/650) ( $P < 0.01$ )；243 例 HBeAg 阳性患者的三项指标阳性率分别为 93.0% (226/243)、94.6% (230/243) 和 67.9% (165/243) ( $P < 0.01$ )；407 例 HBeAg 阴性患者的三项指标阳性率分别为 48.9% (199/407)、70.0% (285/407) 和 28.3% (115/407) ( $P < 0.01$ )。HBsAg、HBeAg、HBcAb 阳性患者 HBV-DNA、HBV-LP、Pre S1-Ag 阳性率分别为 92.8% (206/222)、94.1% (209/222) 和 69.8% (155/222) ( $P < 0.01$ )；HBsAg、HBeAb、HBcAb 阳性患者三项指标阳性率分别为 45.4% (124/273)、69.9% (191/273) 和 30.4% (83/273) ( $P < 0.01$ )；HBsAg、HBcAb 阳性患者三项指标的阳性率分别为 57.8% (70/121)、70.2% (85/121) 和 22.3% (27/121) ( $P < 0.01$ )。随着 HBV-DNA 载量的增高，HBV-LP 的 S/CO 值以及阳性率均呈上升趋势 ( $P < 0.05$ )。

**结论** HBV-LP 与 HBV-DNA 载量的相关性良好，与 HBV-M 联合检测可灵敏反映病毒复制状态。

## PU-4911

### Effect of MiR-7 on Resistance of Breast Cancer Cells to Adriamycin via Regulating EGFR/PI3K Signaling Pathway

Zhiwu Yu

Affiliated Cancer Hospital & Institute of Guangzhou Medical University

**Objective** To explore whether micro ribonucleic acid (miR)-7 affects the resistance of breast cancer cells to Adriamycin (ADR) through regulating the epidermal growth factor receptor (EGFR)/phosphatidylinositol 3-hydroxy kinase (PI3K) signaling pathway.

**Methods** MiR-7 expression was compared among MCF-10A, MCF-7 and MCF-7/ADR cells. The MCF-7/ADR cells were divided into three groups, namely miR-7 control group (MCF-7/ADR drug-resistant strains), miR-7 inhibition group (miR-7-inhibited MCF-7/ADR drug-resistant strains) and

miR-7 promotion group (MCF-7/ADR drug-resistant strains transfected with miR-7), and the messenger RNA (mRNA) and protein expression levels of MCF-7/ADR were evaluated via Western blotting.

**Results** The expression level of miR-7 was substantially decreased in MCF-7 and MCF-7/ADR cells ( $p<0.05$ ), and it was lowered more obviously in MCF-7/ADR cells than that in MCF-7 cells ( $p<0.05$ ). Compared with that in miR-7 control group, miR-7 expression in miR-7 promotion group was notably raised ( $p<0.05$ ), proving that the sensitivity of MCF-7/ADR cells to ADR was enhanced, while that in miR-7 inhibition group was obviously lowered ( $p<0.05$ ). Compared with those in miR-7 control group, the mRNA and protein expression levels of EGFR and PI3K were elevated in miR-7 inhibition group ( $p<0.05$ ), while they were lowered in miR-7 promotion group ( $p<0.05$ ). Additionally, compared with those in miR-7 control group, the proliferation and apoptosis abilities of cells in miR-7 inhibition group were markedly enhanced ( $p<0.05$ ) and weakened ( $p<0.05$ ), respectively, while they were weakened ( $p<0.05$ ) and obviously strengthened ( $p<0.05$ ), respectively in miR-7 inhibition group.

**Conclusions** MiR-7 plays an important role in the resistance of breast cancer cells to ADR, and its over-expression can inhibit the EGFR/PI3K signaling pathway to raise their sensitivity to the chemotherapy drug ADR.

## PU-4912

### 血液病患者输注辐照血小板无效的非免疫因素分析

黄小翠<sup>1</sup>,文星力<sup>1</sup>,童闻<sup>2</sup>,马健<sup>2</sup>,李超<sup>1</sup>

1.成都市锦江区妇幼保健院,610000

2.成都市锦欣妇女儿童医院

**目的** 评价不同血液病患者输注辐照血小板治疗效果,分析影响患儿输注血小板疗效的非免疫因素。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月~2018 年 12 月我院住院患儿急性淋巴白血病、再生障碍性贫血、ITP、其他血液病患者反复输注辐照血小板的治疗效果,结合临床资料,根据血小板纠正增加指数(CCI)分析非免疫因素(血型、性别、脾肿大、感染发热、骨髓抑制、出血等)对血小板输注无效(PTR)的影响。

**结果** 253 人次输注辐照血小板,不同血液病患者 PTR 的发生率为:急性淋巴白血病 65.4%、再生障碍性贫血 31.9%、ITP 78.3%、其他血液病 38.4% ( $P<0.05$ );按血型分组,A、B、O、AB 的 PTR 发生率分别为 29.7%、53.9%、73%、54.2% ( $P<0.05$ );感染发热患儿 PTR 发生率为 68.4%,无感染发热患儿 PTR 发生率为 40.6% ( $P<0.05$ );出血患儿 PTR 发生率为 63.2%,无出血患儿 PTR 发生率为 48.0% ( $P<0.05$ );骨髓抑制患儿出血 PTR 发生率为 79%,无骨髓抑制患儿出血 PTR 发生率为 42.8% ( $P<0.05$ );肝脾肿大患儿的 PTR 发生率为 58.8%,无肝脾肿大患儿的 PTR 发生率为 50.2% ( $P>0.05$ );性别两组比较, $P>0.05$  差异无统计学意义。

**结论** 不同血液病患者输注辐照血小板 PTR 发生率有统计学差异,引起 PTR 非免疫因素中,血型、感染发热、骨髓抑制、出血可能导致血小板输注无效,而性别、脾肿大与血小板输注无效无关。

## PU-4913

### 东芝 TBA120FR 试剂间交叉污染对总胆汁酸测定的影响

王文洋,冯强,赵书平

泰安市中心医院,271000

**目的** 探讨生化试剂  $\beta$ -羟丁酸对循环酶法测定血清总胆汁酸(TBA)的干扰因素分析

**方法** 选用常用的生化检测试剂作为污染观察对象,以新鲜血清为样本,通过筛查试验以及验证试验研究生化试剂 $\beta$ -羟丁酸对循环酶法测定血清总胆汁酸的交叉污染情况。

**结果** 东芝 TBA120FR 全自动生化仪在检测 TBA 过程中经试剂针污染的是 $\beta$ -羟丁酸的试剂 1,且不易消除。在检测 TBA 项目之前设置对 $\beta$ -羟丁酸的进一步清洗是有效的解决办法。

**结论** 东芝 TBA120FR 全自动生化仪使用循环酶法测定血清总胆汁酸受多种试剂的干扰。设定该项目目前需要进一步验证和排除污染。

## PU-4914

### 24 小时尿防腐剂在尿蛋白定量中的作用

李月

山东省千佛山医院,250000

**目的** 目的为分析二甲苯等防腐剂对 24h 尿蛋白检测结果的影响及低温、室温下的细菌繁殖情况

**方法** 目的为分析二甲苯等防腐剂对 24h 尿蛋白检测结果的影响及低温、室温下的细菌繁殖情况,探讨留取 24h 尿测定尿蛋白加入二甲苯等防腐剂的必要性。方法在同一时间收集 20 份健康体检者尿蛋白定性为阴性的尿液后,分别将 20 份健康体检者的尿液各分为两份,分别放入 4 度冰箱及室温下储存,并在其每份标本中加入不同量蛋白标准品,在放置 24 小时后,使用罗氏生化分析仪检测初始和低温、室温保存 24h 后的尿蛋白水平以及使用尿 UF-1000I 尿液有形成分分析仪干化学法监测细菌繁殖情况。采用单因素方差分析探讨 3 种蛋白浓度梯度下,含不同细菌数的尿液低温及室温保存 24h 后清蛋白水平变化。结果在保存于低温、室温放置以及不加防腐剂的情况下,不同蛋白浓度水平且含不同细菌数的尿液蛋白浓度水平测定值可稳定保持 24h 之久,在 24h 内尿蛋白测定值没有明显改变。结论用于 24h 尿蛋白定量检测的标本可以不加入防腐剂。

**结果** 结果在保存于低温、室温放置以及不加防腐剂的情况下,不同蛋白浓度水平且含不同细菌数的尿液蛋白浓度水平测定值可稳定保持 24h 之久

**结论** 结论用于 24h 尿蛋白定量检测的标本可以不加入防腐剂。

## PU-4915

### 血清肿瘤标志物联合 ALP 在非小细胞肺癌骨转移的临床价值

王英<sup>1</sup>,罗晓红<sup>1</sup>,梁玉萍<sup>2</sup>,段朝晖<sup>1</sup>

1.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

2.广东医科大学

**目的** 研究血清癌胚抗原(CEA)、糖类抗原(CA)125、糖类抗原(CA)153、细胞角蛋白-19 片段抗原(CYFRA21-1)、碱性磷酸酶(ALP)联合在非小细胞肺癌骨转移诊断的临床价值。

**方法** 检测 91 例为非小细胞肺癌骨转移患者和 87 例非小细胞肺癌无骨转移患者血清中的 CEA、CA125、CA153、Cyfra21-1、ALP 的水平并比较。

**结果** 实验组 CEA、CA125、CA153、Cyfra21-1、ALP 水平均显著高于对照组,差异有统计学意义( $P>0.01$ )。单项检测中 Cyfra21-1 (83.5%) 的阳性率最高,依次是 CEA(72.5%), CA125 (47.3%), ALP (42.5%), CA153 (39.6%)。5 项指标联合检测阳性率可达 96.0%,而特异度为 40.4%,阳性预测值为 50.0%,阴性预测值为 87.9%,虽然特异度,阳性预测值有所下降,但其余均高于单项检测。CEA、CA125、CA153、Cyfra21-1、ALP 对非小细胞肺癌骨转移受试者工作特征(ROC)曲线下面积分别为 0.62、0.67、0.63、0.70、0.83,联合检测的 ROC 曲线下

积为 0.85，均比单项检测高。骨转移病灶 $\geq 3$  个的患者 CEA、ALP 水平高于转移灶 $< 3$  个的患者，结果有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** CEA、CA125、CA153、Cyfra21-1、ALP 联合检测可提高非小细胞肺癌骨转移的诊断性能。并且 CEA、ALP 在诊断多发骨转移灶程度，防止骨相关事件（skeletal related events, SRE）的发生有较高临床的价值。

#### PU-4916

### 使用基于枝状 DNA 的 SERS 平台超灵敏联合检测血清非编码 RNA 和 $\alpha$ -甲胎蛋白用于肝癌的诊断

左铎

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 检测外周血中非编码 RNA 作为潜在的肝癌标志物用于临床诊断和筛查已逐步得到国内外临床的认可，但是目前常规技术实时定量聚合酶链锁反应技术（qRT-PCR）检测非编码 RNA 的局限性大：单次检测使用样本量大，样本预处理过程繁琐，实验流程不易标准化且检测出具相对定量结果不适合医生判读。本研究通过基于枝状 DNA 的表面增强拉曼散射（SERS）平台同时定量检测用于原发性肝癌诊断的潜在标志物血清 miR-223 和  $\alpha$ -甲胎蛋白（ $\alpha$ -AFP），为检测非编码 RNA 提供了一种新的技术手段。

**方法** 首次将枝状 DNA 分子支架用于 SERS 传感器超灵敏检测 microRNA，并且借助纳米微接触印刷技术实现了对不同类型的肝癌生物标志物的多重检测，即同时对 microRNA 和蛋白类标志物  $\alpha$ -AFP 的检测。设计制作出的枝状 DNA 具有多个与 microRNA 互补的单链 DNA（ssDNA）作为粘性末端用于探针的捕获，并且以双链 DNA（dsDNA）为核心和三个分枝（Y-DNA）为支架，可以增加活性粘端距离，从而提高了 DNA 探针捕获 microRNA 的灵敏度。

**结果** 与单链 DNA 探针相比，使用枝状 DNA 可以提高传感器检测 microRNA 的灵敏度达 2 个数量级，即检测血清 miR-223 浓度极限低至 10 渺摩尔级（ $S / N = 3$ ），检测血清  $\alpha$ -AFP 浓度限为  $10^{-12}$ M。此外，该系统平台在检测人生理介质中的 microRNA 和  $\alpha$ -AFP 时显示出较高的特异性和较好的再现性（相对标准偏差小于 20%）。使用此系统检测血清样本中的  $\alpha$ -AFP 结果与目前的金标准检测方法（电化学发光免疫法）结果比对呈良好一致性。

**结论** 该系统平台检测人血清中的物质具有一定的可靠性，并且在定量检测血清中低丰度 microRNA 方面具有较好的优势和潜力，特别是将为同时检测血清非编码 RNA 和  $\alpha$ -AFP 用于原发性肝癌诊断提供一种新的检测平台。

#### PU-4917

### 急性呼吸道感染的常见病原体的检测分析

刘春梅,田文君,邱旻,刘义庆,张炳昌

山东省立医院,250000

**目的** 采用实时荧光定量 PCR 的方法，了解常见呼吸道病原体感染的流行情况，为临床诊疗提供参考依据。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月—2018 年 12 月急性呼吸道感染（ARTI）患者的临床资料，采用荧光定量 PCR 或者恒温扩增的方法检测 7 种常见呼吸道病毒。

**结果** 患者取到咽拭子或者肺泡灌洗液 4803 例。病毒检出阳性共 1760 例，检出率为 36.64%。2016 年—2018 年各年份检出率依次分别为 43.59%、37.14 %、32.12%。单一病毒感染患者 1556 例，占阳性患者的 88.41%；混合感染患者 204 例，占阳性患者的 11.69%。检测的七种常见病毒

中,肺炎支原体阳性检出率最高,为 20.25%。鼻病毒感染阳性率次之。不同季节中病毒阳性检出率比较,差异有统计学意义( $p<0.05$ )。冬季呼吸道病毒阳性检出率最高,为 37.62%,不同年龄段急性呼吸道感染患者病毒阳性检出率比较,差异有统计学意义( $p<0.05$ )。6 月-3 岁组呼吸道病毒检出率最高(29.36%)。

**结论** 我院近年来急性呼吸道感染患者中,以 MP 感染最为常见。呼吸道感染多发生在秋冬季,学龄前儿童为主要感染人群,其主要临床表现为支气管肺炎。

## PU-4918

### 母源性新生儿疾病的用血状况分析

黄蓉,胡文静  
南京市妇幼保健院,210000

**目的** 了解新生儿疾病输血与产妇自身因素或孕产期并发症的相关性,为更好的指导临床输血提供依据。

**方法** 收集南京市妇幼保健院 2018 年 5 月至 2019 年 4 月期间进行输血治疗的 180 例新生儿临床资料,并行回顾性调查分析。

**结果** 在输血治疗的 180 例新生儿中,男 93 例(51.67%)、女 87 例(48.33%),胎龄 25~41 (31.57±4.92) 周,出生体重 0.7~5.2 (1.87±1.19) kg,早产儿 132 例(73.33%),足月儿 48 例(26.67%)。病种以新生儿呼吸窘迫综合征 81 例(45.00%)和新生儿窒息 40 例(22.22%) 为主。新生儿输血量每次 10~15 mL/kg,输注悬浮红细胞、新鲜冰冻血浆、冷沉淀分别为 20.26±16.61mL、29.03±16.95mL、26.79±6.97mL,未有输注血小板病例。输注红细胞用于纠正贫血(71.08%)和新生儿换血(28.92%),输注血浆以补充凝血因子为主(55.50%),还有部分用于抗感染抗休克的支持治疗(22.00%)和新生儿换血(22.50%),输注冷沉淀均用于补充纤维蛋白原(100%)。有 143 例(79.44%)输血新生儿存在母源性疾病(包括合并双胎和/或试管婴儿),其中妊娠期糖尿病 49 例(35.51%),胎膜早破 40 例(28.99%),妊高症 20 例(14.49%),前置胎盘 12 例(8.70%),胎盘早剥 10 例(7.25%),妊娠合并先心病 7 例(5.07%),其它 5 例(3.62%),另有 21 例(11.67%)仅为双胎和/或试管婴儿,无母源性相关因素的 16 例(8.89%)。输血次数 2.18±1.56 次,105 例(58.33%)仅输血 1 次;输血新生儿胎龄越小,体重越轻,输血次数越多( $P<0.05$ )。

**结论** 输血新生儿中,母源性因素占比很大,因此在考虑新生儿疾病诊断和治疗时应考虑母源性相关情况,以便更好的指导临床输血。

## PU-4919

### 空肠弯曲菌性肠炎继发血流感染 1 例

王忠慧<sup>1</sup>,汤自洁<sup>1</sup>,赵静雯<sup>1</sup>,顾娟<sup>3</sup>,努尔夏提 古丽<sup>2</sup>,褚少朋<sup>1</sup>

1.南通大学附属医院,226000  
2.新疆伊犁市人民医院,835000  
3.启东市中医院,226000

**目的** 报道乙型肝炎失代偿期患者血液中分离出空肠弯曲菌的生物学鉴定和药敏试验过程。

**方法** BD 血培养仪阳性报警后,直接涂片革兰染色镜检,转种血平板。结合菌落形态和细菌革兰染色形态,采用梅里埃 VITEK2 NH 板鉴定。参照 CLSI M45 A2 进行纸片法药敏试验,0.5 麦氏单位菌液涂布 SBA 平板,42℃微需氧培养 24h。纸片规格:红霉素(E) 15ug,四环素(TE) 30ug,环丙沙星(CIP) 5ug。



**结果** 患者持续腹泻 4 天后发热，双侧双瓶采血，77h 后单侧需氧瓶报阳，在 35℃ 5%CO<sub>2</sub> 培养 48h 后形成直径 0.5~1mm，灰白色，光滑、凸起、可沿接种线生长的菌落，菌落涂片呈革兰阴性的弯曲杆菌。鉴定为空肠弯曲菌空肠亚种，主要生化反应为氧化酶、触酶阳性，尿素酶阴性，亮氨酸芳胺酶、吡咯烷基芳胺酶、鸟氨酸脱羧酶、丙酮酸盐、D-苹果酸盐阳性。16S rRNA 测序验证病原菌为空肠弯曲菌空肠亚种。抑菌圈直径，E 30 厘米，TE 27 厘米，CIP 9 厘米。

**结论** 该患者为肠炎后的血流感染，单侧单瓶培养出空肠弯曲菌空肠亚种，体外药敏试验 CIP 耐药，E 和 TE 敏感，为临床找到了确切的病原菌，并提供了可靠的体外药敏结果。讨论：弯曲菌在临床工作中不常见，形态把握不易到位。按革兰阴性菌处理，鉴定为土拉热弗朗西斯菌。高年资老师重新观察镜下细菌形态，发现应考虑弯曲菌，采用 NH 卡鉴定，并 42℃ 微需氧培养。24h 后形成直径 2mm，灰色，光滑、凸起、湿润的黏性菌落。细菌的特征性形态是微生物工作的基础，需要充分掌握，才能更好、更准确地报告结果。

## PU-4920

### MicroRNA-218 is a prognostic indicator in colorectal cancer and enhances 5-fluorouracil-induced cytotoxicity through suppressing BIRC5

Peilong Li, Chuanxin Wang

Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University, No. 247 Beiyuan Street, Jinan, 250000, China.

**Objective** One major reason for the failure of advanced colorectal cancer (CRC) treatment is the resistance to fluoropyrimidine(FU)-based chemotherapy. The enhanced ability of tumor cells to undergo anti-apoptosis process is the main contributor to drug resistance. Various reports showed that ectopic expression and function of miRNAs play key roles to mediate apoptosis by primarily down-regulating protein expression at the post-transcriptional level. To further explore the possible mechanisms and promote chemosensitivity of CRC treatment, we evaluated the prognostic effect of miR-218 in patients received 5-FU-based treatment and investigated the pro-apoptotic role of miR-218.

**Methods** Primary tumor specimens and adjacent non-tumor sites were used to determine the miR-218 expression distribution and explore the potential prognostic value of miR-218 on the chemoresponse to 5-FU-based treatment in CRC patients. Human CRC cells (HCT116 and HT29) were transfected with precursor miR-218 or negative control followed by assays to investigate the influence of miR-218 on cell apoptosis, cell proliferation and pathways involved in molecular mechanisms of chemoresistance to 5-FU.

**Results** The expression of miR-218 was significantly decreased in tumour tissues compared with paired normal tissues. Moreover, the CRC tissues in 68.3% (43 of 63) of cases had at least two-fold lower expression of miR-218. In addition, miR-218 expression level was much lower in patients who did not respond to 5FU treatment than those who experienced response to chemotherapy. ROC curve analysis was performed to establish the optimal cut-off value of miR-218 ( $6 \times 10^{-3}$ ) for distinguishing the responding and non-responding patients. Under these stratification criteria, patients were stratified into high ( $n = 34$ ) and low ( $n = 29$ ) miR-218 expression groups. The proportion of patients that responded to chemotherapy was significantly higher in the high miR-218 expression group than in the low miR-218 expression group. Kaplan-Meier survival analysis was performed to further investigate the effect of miR-218 on 5-FU treatment for CRC. The results indicated that high miR-218 expression was associated with long overall survival and progressive-free survival rate.

Up-expression of miR-218 promoted apoptosis, inhibited cell proliferation in CRC cells. The anti-apoptotic gene-BIRC5, was identified as a direct target of miR-218 and the intrinsic apoptotic pathway triggered by miR-218 was through the silence of BIRC5. Gain and loss function assay indicated that miR-218 enhanced 5-FU-induced cytotoxicity and it has a strong synergistic effect

with 5-FU on CRC cell growth. More importantly, western blotting showed that miR-218 silenced the 5-FU targeted enzyme, thymidylate synthase (TS).

**Conclusions** In this study, we demonstrated that high miR-218 predicted positive response to 5-FU-based treatments in CRC patients and discovered a novel mechanism mediated by miR-218 to promote apoptosis and to function synergically with 5-FU to promote chemosensitivity by suppressing TS in CRC. These suggests a unique potential of miR-218 as a tumor suppressor and a novel candidate for developing miR-218-based therapeutic strategies in CRC.

## PU-4921

### 尿酸检测在 4 种常见新生儿疾病中的分布调查

李铮,吴倩

昆明市延安医院,650000

**目的** 对新生儿进行血清尿酸检测,探讨尿酸水平在新生儿 4 种常见疾病中的分布特征。

**方法** 选择某市三甲医院 2018 年 1 月-2018 年 12 月接诊的 450 例新生儿疾病患者作为研究对象,对其进行静脉血采集,并对其血清进行尿酸检测,观察尿酸水平在新生儿疾病中的分布规律并进行分析。

**结果** (1) 新生儿疾病中以早产儿、新生儿黄疸为主,发生例数较高,其占比也相对较高,分别占 45%和 32%。新生儿窒息疾病占 7%,其他疾病占 15%,而新生儿溶血占 1%,占比最低。(2) 对新生儿疾病的分类及其尿酸检测结果进行了提取并统计分析,其均值及中位数分布无显著差异。

(3) 将新生儿性别与尿酸检测结果进行统计分析,发现其统计结果无明显差异,说明性别统计对新生儿疾病的尿酸检测无明显意义。(4) 将新生儿年龄与尿酸检测结果进行统计分析,结果发现其均值分布存在差异,说明年龄的统计对新生儿疾病的尿酸检测有明显意义。

**结论** 尿酸变化分布特点在早产儿、新生儿黄疸等新生儿疾病的疾病发生发展过程中有研究意义,对于尿酸在年龄间的变化差异,可以进一步研究新生儿母体的疾病及胎儿疾病中的意义,并可以进一步研究其发生机理并对其参考区间进行整理归纳,对于新生儿窒息、高危儿、青紫查因以及新生儿溶血等新生儿疾病具有一定的参考价值。

## PU-4922

### ING5 对肝癌细胞增殖的抑制作用的研究

曹漪伊

四川省人民医院,610000

**目的** 研究 ING5 在 HBV 相关肝癌发生发展中起到的作用及其机制。

**方法** 用 qRT-PCR 和 Western blot 检测在肝癌细胞系中 HBV 对 ING5 的作用。构建 ING5 真核表达质粒和过表达细胞系,用 MTS、平板克隆形成等实验检测 ING5 瞬时转染对肝癌细胞系 SMMC7721 增殖的影响以及 ING5 过表达稳定细胞系较其对照细胞增殖能力的变化。用裸鼠成瘤实验检测 ING5 过表达对肿瘤组织增殖的影响。用 Western blot 和免疫组化的方法检测伴随 HBV 感染的肝癌病人肿瘤标本及癌旁组织中 ING5 的表达。

**结果** 在 HBV 表达的肝癌细胞系中 ING5 在 mRNA 和蛋白质水平均受到抑制。无论瞬时转染或稳定过表达 ING5 均能抑制肝癌细胞系 SMMC7721 细胞的增殖。在裸鼠成瘤实验中,过表达 ING5 能够明显抑制肿瘤大小。在伴随 HBV 感染的 HCC 病人中,ING5 在肝癌组织中的表达较癌旁组织中下降。

**结论** HBV 能够抑制 ING5 的表达,从而影响 ING5 对肝癌细胞的增殖的抑制作用。

## PU-4923

**GLP-1 受体激动剂调控 ILC 改善炎症性肠病**盛慧明<sup>1,2</sup>, 孙寒晓<sup>1,2</sup>, 李月<sup>3,1,2</sup>, 姜洁<sup>1,2</sup>

1. 上海同仁医院

2. 上海交通大学医学院附属同仁医院检验科

3. 北华大学

**目的** 明确 GLP-1 受体激动剂 (GLP-1RA) 在炎症性肠病 (IBD) 中对固有淋巴细胞 (ILC) 的作用, 探讨影响 ILC 在 IBD 发生发展中的作用机制。

**方法** 通过对 10 周龄的 C57BL/6 雌鼠进行 DSS (硫酸葡聚糖钠盐) 诱导小鼠炎症性肠病模型, 在 DSS 诱导之日即予以 GLP-1RA 利拉鲁肽腹腔注射, 应用流式细胞术、酶联免疫吸附法、病理组化染色、免疫印迹试验、实时荧光定量 PCR 等方法, 观察小鼠炎症程度及 ILC 分群和功能改变。

**结果** 实验中发现 DSS 组小鼠有粪便稀松、血便等性状的改变, 结肠长度明显缩短, 给予 GLP-1RA 后血便症状等明显缓解。病理组化 HE、PAS 染色后发现, 给药组小鼠炎症细胞浸润程度明显缓解。通过流式分析结肠内炎症细胞发现, 给药组中性粒细胞 (Ly6G<sup>+</sup>CD11b<sup>+</sup>)、嗜酸性粒细胞 (CD11b<sup>+</sup>SiglecF<sup>+</sup>) 比例明显降低、ILC2 比例降低, ILC3 比例升高, 未见明显分泌功能差异。

**结论** GLP-1RA 利拉鲁肽可能通过影响 ILC 亚群比例, 缓解 IBD 的发生发展, GLP-1RA 有望成为治疗炎症性肠病新型药物。

## PU-4924

**尿沉渣红细胞联苯胺染色镜检法鉴别血尿来源**段昱娟<sup>1</sup>, 段昱娟<sup>1</sup>

1. 中南大学湘雅二医院, 410000

2. 中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 本课题采用尿沉渣红细胞联苯胺染色镜检法, 观察分析血尿中红细胞的形态, 以此鉴别血尿来源, 为肾脏疾病的诊断提供辅助依据。

**方法** 选取 2018 年 9 月至 2019 年 4 月湘雅二医院收治的 48 例血尿患者 (肾小球性疾病 37 例、非肾小球性疾病 11 例) 所留取的新鲜尿液样本, 运用改良过的联苯胺染色法对血尿标本尿沉渣中的红细胞进行染色, 置于光学显微镜下观察并分类计数, 将其结果与传统的尿沉渣镜检结果比对, 分析两种方法之间结果的符合率以及结果对肾性疾病及非肾性疾病提示作用的准确性。

**结果** 数据显示, 两种方法的镜检结果差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 尿沉渣联苯胺染色镜检法所提示的诊断结果和传统尿沉渣镜检法的结果均与临床确诊结果无统计学差异, 但尿沉渣联苯胺染色镜检法与临床确诊结果的符合率较高。

**结论** 尿沉渣红细胞联苯胺染色镜检法能够准确地反映患者尿液中红细胞的状态, 相比传统尿沉渣镜检法, 染色的红细胞形态轮廓更为直观、更易观察, 提高了对异型红细胞的检出准确性, 与此同时, 利用染色方法将红细胞从尿液众多有形成分中区分出来, 降低了检验工作人员的工作难度, 同时提高了报告结果的准确性。

## PU-4925

## 多囊卵巢综合征患者血清肌肉生长抑素含量与脂代谢、胰岛素抵抗 及炎症反应的关系

陈曦

绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨多囊卵巢综合征 (PCOS)患者血清肌肉生长抑素 (Myostatin) 含量与脂代谢、胰岛素抵抗及炎症反应的关系。

**方法** 118 例 PCOS 患者作为 PCOS 组, 同期在本院进行体检的健康育龄期女性 100 例作为正常对照组。对比两组血清 Myostatin 含量、脂代谢指标水平、胰岛素抵抗指标水平、炎症介质含量的差异, 进一步分析 PCOS 患者血清 Myostatin 含量与上述病情相关指标水平的内在联系。

**结果** PCOS 组患者血清中 Myostatin 的含量高于正常对照组。PCOS 组患者外周血中脂代谢指标 TC、LDL-C 和 ApoB 的水平高于正常对照组, HDL-C、ApoA- I 的水平低于正常对照组; 胰岛素抵抗指标 FINS、HOMA-IR 的水平高于正常对照组; 炎症介质 IL-18 和 CRP 的含量高于正常对照组。Pearson 检验发现, PCOS 患者血清中 Myostatin 的含量与上述病情相关指标的水平均直接相关。

**结论** PCOS 患者血清中 Myostatin 含量异常增高, 具体含量与患者病情严重程度呈正相关。

## PU-4926

## 25 羟基维生素 D 对孕妇贫血的影响

王佳美,赵劲松,李满元,孙雨婷

锦州市妇婴医院,121000

**目的** 对贫血孕妇血清进行 25 羟基维生素 D 水平进行检测分析, 为临床孕妇孕期贫血的预防与治疗提供依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月-2018 年 12 月来我院就诊的孕中期贫血患者 200 例作为实验组, 选取同期在院就诊的无贫血情况的孕中期患者 100 例作为对照组, 并依据就诊季节分为 4 组, 春季 (A 组)、夏季 (B 组)、秋季 (C 组)、冬季 (D 组) 各 50 例, 分别对其进行血清 25 羟基维生素 D 水平检测, 对结果进行统计分析。

**结果** 实验组 25 羟基维生素 D 缺乏患者所占百分比明显高于对照组, 两组比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。实验组四组患者 25 羟基维生素 D 缺乏所占百分比分别为 82%、36%、50%、86%, B、C 两组 25 羟基维生素 D 缺乏所占百分比明显低于 A、D 两组, 且差异有统计学意义 ( $\chi^2=38.550$ ,  $P < 0.05$ )。

**结论** 孕妇孕期贫血患者 25 羟基维生素 D 水平普遍偏低, 且孕妇在春秋两季应多晒太阳、适当进行户外活动, 补铁的同时注意 25 羟基维生素 D 的补充, 以达到孕妇孕期贫血的预防或辅助治疗的目的。

## PU-4927

## 联合检测尿微量白蛋白与尿肌酐比值和血胱抑素 C 的必要性

邱洪  
四川省人民医院,610000

**目的** 探讨评价肾功能损伤时,联合检测 UmAlb/UCr 与 Scys-C 值的必要性

**方法** 分别收集符合条件的病人尿液和对应的血清标本,散射比浊法测定出病人尿液标本 UmAlb 值,肌氨酸氧化酶法测出 UCr 值,参考美国糖尿病联合会(ADA)的糖尿病临床指南,将病人血清标本按照尿 mAlb/UCr 比值进行粗略分组,乳胶散射增强免疫比浊法测出各血清胱抑素 C (Scys-C) 值。应用 SPSS19.0 统计学软件作 t 检验等统计学方法分析各组间血胱抑素 C (Scys-C) 值间差异有无统计学意义,并对各组中所得的尿 mAlb/UCr 比值和血胱抑素 C (Scys-C) 作 Spearman 相关性检验分析其相关性,探究在评价肾功能损伤时,联合检测 UmAlb/UCr 与 Scys-C 值的必要性。

**结果** 各组间血胱抑素 C (Scys-C) 值间差异有统计学意义,各组中所得的尿 mAlb/UCr 比值和血胱抑素 C (Scys-C) 没有相关性。

**结论** 在评价肾功能损伤时,联合检测 UmAlb/UCr 与 Scys-C 值有很大的必要性。

## PU-4928

## 云南地区汉族人群 CYP2C19 基因多态性分析

刘志强,胡莹,王玉明  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 分析云南地区汉族人群 CYP2C19 基因多态性分布特点,比较云南汉族和白族、彝族之间 CYP2C19 基因型的差异。研究云南地区 CYP2C19 基因多态性与疾病、药物疗效、毒副作用的相关性有一定参考价值。

**方法** 选取 2015 年 12 月-2019 年 4 月就诊于昆明医科大学第二附属医院并行 CYP2C19 基因型检测的 1005 例患者作为研究对象,根据 Hardy-Weinberg 遗传平衡定律检测样本的群体代表性,计算各基因型和代谢型分布的频率,分析云南地区汉族人群 CYP2C19 基因基因型和代谢型分布的特点,并与云南白族、云南彝族、其他地区汉族、少数民族进行比较。

**结果** 云南汉族与白族、彝族、广州汉族、新疆汉族、重庆汉族、江苏汉族、甘肃汉族、安徽汉族以及苗族 CYP2C19 基因代谢型的差异不存在统计学意义 ( $P>0.05$ ),而与维吾尔族、哈萨克族、回族、藏族的 CYP2C19 基因代谢型之间的差异存在统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 云南地区汉族人群存在 CYP2C19 基因多态性,其代谢型与云南地区白族、彝族,我国大部分地区汉族人群之间无明显差异,与维吾尔族、哈萨克族、回族、藏族之间存在一定差异。

PU-4929

## 血清 G 试验和 GM 试验联合检测对侵袭性肺曲霉菌病的诊断价值

李乐乐,李慧,周雨笋

青岛大学附属医院

**目的** 探讨血清(1-3)- $\beta$ -D-葡聚糖试验(G 试验)和半乳甘露聚糖试验(GM 试验)对侵袭性肺曲霉菌病(IPA)的诊断价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2018 年 12 月在我院就诊的疑似 IPA 的住院患者 238 例,按照 IPA 的诊断标准,经分析患者宿主因素、临床特征、微生物学及组织病理学结果,其中确诊 7 例、临床诊断 61 例、拟诊 42 例、非曲霉菌感染 128 例。将确诊及临床诊断 68 例患者纳入病例组,将非曲霉菌感染 128 例患者纳入对照组。通过检测两组患者血清中的 G 和 GM,分析结果并绘制 ROC 曲线,用于评价血清 G 试验联合 GM 试验对 IPA 的诊断价值。

**结果** 病例组和对照组血清 G 的中位数和四分位数间距分别为 39.2 (258.0) ng/L、15.5 (26.7) ng/L,血清 GM 的中位数和四分位数间距分别为 0.70 (0.44)  $\mu$ g/L、0.43 (0.35)  $\mu$ g/L,经 Mann-Whitney U 检验,两组血清 G 试验、GM 试验的结果分布差异有统计学意义(z 值分别为 3.696、6.221, P 值均 < 0.05)。在 ROC 曲线中,血清 G 试验、GM 试验、联合检测的曲线下面积(AUC)分别为 0.658、0.770、0.801。

**结论** 在 IPA 的诊断中,血清 GM 试验的诊断效力高于 G 试验,联合检测的诊断效力显著优于单项检测。因此,血清 G 试验联合 GM 试验检测对指导临床及早诊断 IPA 具有重要价值。

PU-4930

## Leuconostoc pseudomesenteroides-associated Bacteremia in a Patient: A Case Report and Review of the Literature

Shiyi Chen

Xiangya second hospital of central south university

**Objective** *Leuconostoc pseudomesenteroides* (*L. pseudomesenteroides*) belong to *Leuconostoc* species, which are vancomycin-resistant Gram-positive cocci.

**Methods** *Leuconostoc* species is commonly found in daily fermentation, but little is found in human infection. We report a 79-year-old man, due to postoperative infection, was infected with *Leuconostoc pseudomesenteroides* during treatment. The patient was admitted to our hospital due to a persistent fever despite the treatment of a variety of antibiotics, especially a long-term combined treatment of vancomycin.

**Results** Our hospital has given a variety of antibiotics treatment was ineffective, and then in a blood culture results found *Leuconostoc pseudomesenteroides*.

**Conclusions** Therefore doctors removed the vancomycin and selected the suitable antibiotic to carry on the treatment. Soon after, the patient recovered from the infection. Besides, 18 case reports related to *Leuconostoc* bacteremia were reviewed to alert physicians not to neglect the possibility of *Leuconostoc* infection and provide references of antibiotic selection

## PU-4931

## Relationship between estimated glomerular filtration rate and serum biomarkers of cardiovascular disease

Lu Pang, Hai-xia Li  
Peking University First Hospital

**Objective** Chronic kidney disease (CKD) is associated with an increased cardiovascular disease (CVD) mortality risk. The purpose of this study was to investigate the relationship between alterations in estimated glomerular filtration rate (eGFR) and serum biomarkers of CVD.

**Methods** We examined the cross-sectional associations of eGFR and high sensitive cardiac troponin I (hs-cTnI), creatine kinase (CK), CK-MB, lactate dehydrogenase (LDH) and brain natriuretic peptide (BNP) in 812 individuals without overt CVD.

**Results** There were significant differences of hs-cTnI, CK, CK-MB, LDH and BNP among eGFR < 60, 60 – 90 and ≥ 90 ml/min/1.73 m<sup>2</sup>. There was a strong and significant negative correlation between eGFR and hs-cTnI, CK-MB, LDH, BNP whereas there was no significant correlation between eGFR and CK when eGFR was taken into consideration as a continuous variable. eGFR was associated with these biomarkers of CVD. For example, eGFR < 60 ml/min/1.73 m<sup>2</sup> (vs ≥ 90 ml/min/1.73 m<sup>2</sup>) was significantly associated with a [ratio (95% CI, P value)] 11.22 (5.58-22.54, P < 0.001), 3.05 (1.83-5.09, P < 0.001), and 7.84 (4.93-12.45, P < 0.001) times higher hs-cTnI, LDH and BNP, respectively. After adjustment for potential confounders, eGFR was associated with a 2.83 (1.08-7.41, P = 0.035) times higher of elevated hs-cTnI.

**Conclusions** Reduced eGFR is associated with elevated hs-cTnI, LDH and BNP among individuals without clinically evident CVD.

## PU-4932

## YWHAE 在大肠癌中的表达及临床意义

吴昕阳, 谢凤  
吉林大学中日联谊医院

**目的** 研究 YWHAE 在结直肠癌中的表达情况以及临床意义。从而为临床早期诊断大肠癌提供新型肿瘤标志物以及基因治疗靶点。

**方法** 采用色谱与质谱联用技术来检测 YWHAE 蛋白差异表达。

**结果** 质谱分析结果显示, YWHAE 蛋白在大肠癌组织中的表达明显高于在癌旁正常组织中的表达。蛋白质印迹实验得到一致结果。

**结论** YWHAE 蛋白可能成为结直肠癌的新型肿瘤标志物以及治疗的分子靶标, 在大肠癌的发生、发展、转移中起到作用有待研究。

## PU-4933

## Analysis of coagulation index and fibrinolytic activity in perioperative period of orthopaedic trauma patients

Zhiwu Yu  
Affiliated Cancer Hospital & Institute of Guangzhou Medical University

**Objective** To investigate the significance of coagulation index and fibrinolysis index in perioperative examination of traumatic orthopedics.

**Methods** A series of coagulation and D-dimer fibrinolysis tests were measured in 40 patients of our hospital from April,2016 to January,2017. Collecting blood before and after operation, check out prothrombin time (PT), activated partial thromboplastin time (APTT), thromboplastin time (TT), plasmafibrinogen (FIB) and international normalized ratio.

**Results** There are significant difference of PT, INR and D-dimer values before and after operation ( $P<0.05$ ). To analyze of various surgical indicators in patients showed that TT and d-dimer indicators were correlated, which was statistically significant ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** Some of orthopedic patients had changes in PT,TT,INR of coagulation index and D-dimer fibrinolysis index. The changes of coagulation and fibrinolysis should be monitored dynamically to prevent postoperative hemorrhage and thrombosis.

## PU-4934

### 产单核细胞李斯特菌性脑膜炎病例 1 例

王忠慧,李娴,汤自洁,褚少朋  
南通大学附属医院,226000

**目的** 报道产单核细胞李斯特菌病脑膜炎患者的病原学鉴定和药敏试验过程。

**方法** 采用 BD 儿童树脂瓶无菌采集脑脊液标本,阳性报警后,直接涂片革兰染色镜检,接种哥伦比亚血琼脂平板(SBA)。SBA 增菌后结合菌落形态和细菌革兰染色形态,采用梅里埃 VITEK2 GP 板进行鉴定。在 SBA 平板涂布 0.5M 菌液,参照 CLISI M45 A2,用 E-test 对病原菌进行体外药敏试验,试验药物包括青霉素(P)、氨苄西林(AMP)、美罗培南(MEM)和复方新诺明(SXT)。脑脊液标本送华大基因进行二代测序。

**结果** 患者发热伴头痛 4 天,意识不清,烦躁。血培养 5 天未生长细菌,脑脊液培养 12h 阳性报警,革兰染色见阳性短杆菌,35℃ 5%CO<sub>2</sub> 培养 48h 后,形成直径 1~2mm,灰白、光滑、凸起、窄 β 溶血环的半透明菌落。鉴定为产单核细胞李斯特菌,正确率 99%,主要生化反应:触酶阳性,CAMP 试验阳性,发酵乳糖、麦芽糖、甘露糖、海藻糖,水解七叶苷、水杨素、α-甘露糖苷酶、N-乙酰-D-氨基葡萄糖等。体外药敏试验结果,P 0.25,AMP 0.38, MEM 0.048, SXT≤0.5/9.5,所测药物均敏感。二代测序脑脊液中检出产单核细胞李斯特菌序列数 42 条。

**结论** 脑脊液培养的结果为患者的准确诊断和治疗提供了充分的依据,患者根据药敏结果选用氨苄西林和美罗培南联合治疗 10 天后,无头晕头痛和发热症状,顺利出院。讨论:涂片见革兰阳性短杆菌,首先采用 ANC 板鉴定,鉴定结果为乳杆菌属细菌,正确率仅 89%,重新查说明书发现产单核细胞李斯特菌需用 GP 板鉴定,每种板条适用的细菌需要掌握。

## PU-4935

### 检验、细胞遗传学指标在 2 例 46,XY 单纯性腺发育不全的应用分析

陈运春<sup>1</sup>,王名法<sup>2</sup>,曹晓强<sup>2</sup>,郑春娇<sup>2</sup>,许玉妮<sup>2</sup>,胡建东<sup>1</sup>

1.海口市中医医院

2.海南医学院第二附属医院

**目的** 本文对 2 例 B 超异常行遗传咨询女性进行细胞遗传学检查结合检验结果进行分析,为临床的鉴别诊断提供依据和思路。

**方法** 外周血淋巴细胞培养染色体核型分析:抽取患者约 3ml 外周血,肝素钠管抗凝,混匀,取约 1.5ml 接种于外周血淋巴细胞培养基中,混匀,置 37℃ 恒温培养箱中培养 72h,按常规方法收获细胞、制片、显带、分析。核型异常者加数细胞众数和核型分析量;总睾酮(TES):将样本进行离



心分离出血清，上机进行测定（参照西门子 IMMULITE 2000 全自动化学发光分析仪操作规程）；甲胎蛋白：将样本进行离心分离出血清，上机进行测定（参照雅培 i2000SR 全自动免疫发光分析仪操作规程）。

**结果** 发现 2 例罕见的 46,XY 单纯性腺发育不全：病例 1 伴始基子宫，总睾酮(TES): 1268.00 ng/dl（正常值 0-73 ng/dl）；病例 2 伴混合性生殖腺恶性肿瘤（以精原细胞瘤为主约占 95%，伴卵黄囊瘤约占 5%），多种肿瘤标志物（女）：甲胎蛋白 768.35 ng/ml（正常值<10 ng/ml）。

**结论** 应重视对 46,XY 单纯性腺发育不全者的细胞遗传学检查并结合检验结果分析，及时、及早检查，以利早期发现，这是治疗的关键，避免误诊、漏诊、延误治疗，导致癌变。

## PU-4936

### 肺炎支原体 IgM 在 GS1201 试剂分析仪中的性能验证

梁莹莹

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 肺炎支原体是一种原核病原微生物，可引起人类呼吸道疾病，由于其感染难以与其他肺部疾病相鉴别，故实验室诊断对于建立正确的治疗过程十分重要。肺炎支原体感染在临床上的诊断常依赖于其抗体的检测，因此本次中南大学湘雅二医院检验科引进丽珠试剂公司的肺炎支原体 IgM 胶体金试剂在 GS1201 胶体金快速检测分析系统。在仪器投入临床使用之前，临床实验室应对仪器的性能进行验证。

**方法** 我们将通过取临床免疫学定性检验程序性能验证指南（CNAS-GL038）来指导我们对丽珠 GS1201 免疫胶体金试剂分析仪的性能验证，通过其诊断符合率，精密度验证，质量控制，临界值以及抗感染能力等方面进行性能验证。

**结果** 结果：肺炎支原体 IgM 胶体金试剂卡的临界判读值为 0.2238；特异性为 100%；交叉反应方面，肺炎支原体抗原 yu 该试剂卡对甲肝病毒、丙肝病毒、AIDS、梅毒的 阳性标本及含 RF 的标本和孕妇的标本不敏感；准确度验证方面，胶体金试剂卡的阳性符合率达到 95%，阴性符合率达到 100%；精密度验证方面，该试剂卡的重复性良好；

**结论** 丽珠试剂有限公司提供的 GS1201 胶体金快速检测分析系统准确度高、特异性高和重复性好，几乎不受其他因素干扰，能通过性能验证，适合实验室日常检测工作和受检人群并能保证检测质量。

## PU-4937

### LncRNA HOTAIR Contributes to 5-fluorouracil Resistance through Suppressing MiR-218 and Activating NF- $\kappa$ B/TS Signaling in Colorectal Cancer

Peilong Li, Chuanxin Wang

Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University, No. 247 Beiyuan Street, Jinan, 250000, China.

**Objective** In clinical situations, acquired drug resistance and enhanced metastasis frequently follow chemotherapeutic regimens, leading to treatment failure in tumor patients. Despite the extensive research on chemoresistance, the detailed mechanism underlying this phenomenon remains unclear. Long non-coding RNA HOTAIR has been considered as a pro-oncogene in multiple cancers. However, the precise functional mechanism of HOTAIR in chemoresistance is not well known. To further explore the possible mechanisms and promote chemosensitivity of

CRC treatment, we evaluated the prognostic effect of HOTAIR in patients received 5-FU-based treatment and investigated the underlying regulatory mechanism of HOTAIR in 5FU resistance.

**Methods** The small interfering RNAs (siRNAs) that specifically target human HOTAIR, EZH2, and VOPP1 mRNA were designated. The coding sequence of VOPP1 was amplified, cloned into PCDNA3.1 vector. The lentivirus vector containing HOTAIR short-hairpin RNA (Lv-ShHOTAIR) was amplified and cloned. Human CRC cells lines were transfected with small interfering RNAs or overexpressing precursor followed by assays to investigate the influence of HOTAIR and VOPP1 on cell proliferation, cell-cycle phase and pathways involved in molecular mechanisms of chemoresistance to 5-FU. RNA immunoprecipitation (RIP) and Chromatin immunoprecipitation (ChIP) experiments were performed to investigate the potential interaction. Western blot and immunofluorescence analysis were performed to detect the protein expression of NF- $\kappa$ B/TS signaling pathway. Primary tumor specimens and adjacent non-tumor sites were used to determine the HOTAIR expression distribution and explore the potential prognostic value of HOTAIR on the chemoresponse to 5-FU-based treatment in CRC patients.

**Results** HOTAIR negatively regulated miR-218 expression in CRC cells. RIP and ChIP assay showed that HOTAIR interacted with EZH2, and this interaction subsequently silenced miR-218-2. Both HOTAIR and miR-218 suppressed cell proliferation, and HOTAIR knockdown dramatically inhibited cell viability and induced G1-phase arrest by promoting miR-218 expression. Luciferase activity assay showed that VOPP1 was a functional target of miR-218. More importantly, the main downstream targets signaling of NF- $\kappa$ B, including the pathway involved in cell survival (p65-NF- $\kappa$ B, pAkt, pERK), cell cycle (E2F-1) and 5FU-targeted protein (thymidylate synthase, TS), were inactivated by HOTAIR through the suppression of miR-218 expression. Additionally, HOTAIR knockdown partially reversed 5FU resistance through promoting miR-218 and inactivating NF- $\kappa$ B signaling. Furthermore, HOTAIR restrained 5FU-induced cytotoxicity on CRC cells through promotion of TS expression.

Clinical exploration of HOTAIR indicated that the HOTAIR expression level was much higher in CRC tissues from patients who did not respond to 5FU treatment than those from patients who experienced response to chemotherapy. ROC curve analysis was performed, and these patients were stratified into a low (n=56) and a high (n=96) HOTAIR expression group with an established cut-off value (4.01). The area under the curve (AUC) and diagnostic sensitivity and specificity reached 0.716, 81.58%, and 55.26% with the established cut-off value, respectively. Furthermore, the proportion of patients not responding to chemotherapy was significantly higher in the high HOTAIR expression group than in the low expression group. Kaplan–Meier survival analysis indicated that high HOTAIR expression was associated with poor overall survival (OS) and recurrence-free survival (RFS) in CRC patients, and Cox regression univariate/multivariate analysis showed that HOTAIR expression level maintained its significance as independent prognostic factors for OS of CRC patients receiving 5FU treatment.

**Conclusions** Our integrated approach demonstrated for the first time that HOTAIR contributes to CRC tumorigenesis and 5FU resistance through downregulation of miR-218 and activation of NF- $\kappa$ B signaling. This lncRNA directly recruits EZH2 and suppresses miR-218 by binding to its promoter, which provides a mechanistic foundation for the aberrant VOPP1 activation in CRC. This pro-resistant role of HOTAIR was further validated in an independent set of CRC patients who received standard 5FU treatment. Thus, HOTAIR may be a novel prognostic biomarker and therapeutic target in CRC patients. Suppression of HOTAIR could be a future direction for enhancing chemosensitivity to 5FU-based chemotherapy regimens.

PU-4938

## 健康妊娠妇女血清白介素-6 水平变化研究 及参考区间的建立

廖雪淳

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探究健康妊娠妇女血清白介素-6 水平的变化并建立相应的参考区间。

**方法** 按照美国临床和实验室标准化协会(CLSI)C28-A3 文件《医学实验室参考区间的定义、建立和确认》中参考区间研究模式及参考人群筛选标准的要求,采用电化学发光免疫分析法(ECLIA)测定 517 例我国健康妇女血清的白介素-6 的水平,其中包括孕早期 128 例,孕中期 134 例,孕晚期 120 例,未孕妇女 135 例,以非参数百分位数法计算中国健康妇女电化学发光免疫分析法的白介素-6 参考区间。

**结果** 健康妊娠女性血清白介素-6 水平 95%参考区间为 $<4.19\text{pg/mL}$ ,健康妊娠早期女性血清白介素-6 水平 95%参考区间 $<3.52\text{pg/mL}$ ,妊娠中期、晚期血清白介素-6 水平 95%参考区间为 $<4.40\text{pg/mL}$ 。

**结论** 健康妊娠期女性血清白介素-6 水平高于健康非妊娠女性的血清白介素-6 水平,且妊娠晚期白介素-6 水平高于孕早期、中期水平。本文成功建立了妊娠女性血清白介素-6 水平的参考区间,为临床医务人员与实验室工作者提供参考。

PU-4939

## SYSMEX XN-9000 血小板聚集报警的可靠性分析及 PLT-F 在血小板聚集中的联合应用

胡淑婧

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 临床上血小板聚集是导致血小板计数假性降低的常见原因,为了避免这种情况发生, SYSMEX XN-9000 设置了血小板聚集的报警提示功能。本研究主要是探讨血小板聚集与 XN-9000 中血小板聚集的报警信息的相关性,及血小板荧光计数通道 PLT-F 在血小板聚集中的应用。

**方法** 2018 年 8 月至 2019 年 5 月份在湘雅二医院门诊 XN-9000 上进行检测的新鲜 EDTA 抗凝全血标本,进行涂片镜检,同时记录标本报警信息及血小板 5 项参数:PLT、MPV、L-PCR、PCT、PDW. 70 个标本中使用 PLT-F 通道进行二次检测,探究 IPF(%)在判断血小板聚集中的应用。

**结果** 镜检血小板聚集组 PLT、P-LCR 计数均明显高于镜检未聚集组( $P<0.05$ )。

XN-9000 针对血小板聚集的报警信息的敏感性为 79.4%,特异性为 54.1%,阳性预测值为 47.0%,阴性预测值为 83.7%。

镜检聚集组 IPF(%)明显高于为聚集组( $P<0.05$ );根据 ROC 曲线显示,曲线下面积(AUC)为 0.906, IPF(%)作为判断血小板是否聚集的价值极高,使用 Youden 指数处理各坐标点,其最佳判断阈值(Cut-Off 值)为 4.65%。

**结论** SYSMEX XN-9000 对血小板聚集的报警信息具有较高的敏感性,其对血小板聚集判断阴性预测值高于阳性预测值,具有较好的提示作用。

在本次镜检血小板聚集的判断标准下, IPF(%)对于判断血小板是否聚集具有很高的价值。

PU-4940

## 无创假阴性 2 家系并世界首报核型 1 例研究

陈运春<sup>1</sup>, 黄盱宁<sup>2</sup>, 孔嫦娥<sup>2</sup>, 胡建东<sup>1</sup>

1. 海口市中医医院

2. 海南医学院第二附属医院

**目的** 对 2 例无创检查阴性伴先天性心脏病的先证者及父母进一步行细胞遗传学检查, 并分析探讨成因及对策。

**方法** 外周血淋巴细胞培养染色体核型分析: 取肝素抗凝外周血 1.5 ml, 接种含 30% 小牛血清的 1640 培养基, 37℃ 经 72h 培养, 收获, G 显带。羊水离心后取沉淀加张氏培养基 5ml 混匀, 接种 25cm<sup>2</sup> 培养瓶, 二氧化碳培养箱开放式培养, 8-10d 收获, G 显带。北昂 (BEION) 染色体核型分析系统计数 30 个分裂相, 分析 3~5 个核型, 视异常情况进一步加大计数 100 个分裂相、全基因组测序。核型描述参考人类细胞遗传学命名国际体制 (ISCN2016)。异常者进一步加做全基因组测序等。

**结果** 病例 1: 先证者核型 46,XY,der(8)t(6;8)(q23;p23)pat,1qh+pat, 父亲核型 (编号: 4058): 46,XY,t(6;8)(q23;p23),1qh+。病例 2: 先证者核型 46,XY,der(6)t(6;22)(p25;q11.2)pat, 父亲核型: 46,XY,t(6;22)(p25;q11.2)。

**结论** 临床工作中要注意掌握无创 DNA 产前检测技术适应征, 父母有染色体异常携带本身是无创检测的不适用人群, 应直接行核型的产前诊断。故建议要强调行婚前体检的染色体检查, 及早检出染色体异常, 对父母为染色体畸变核型携带者提前干预, 可直接选择做第三代试管婴儿 (PGD), 选择性生育, 避免患儿出生, 避免家庭陷入巨大的精神和经济压力。

PU-4941

## MMP-9 和透明质酸、层黏蛋白、IV 型胶原、III 型前胶原与慢性乙肝患者肝纤维化相关性的初步研究

吴少华, 王海燕

天津市第一中心医院, 300000

**目的** 肝纤维化是许多慢性肝病中的一个重要进程, 其早期诊断及治疗对于肝病患者具有重要意义。基质金属蛋白酶-9 (MMP-9) 是近年来研究显示的和肝纤维化程度密切相关的指标, 而肝纤维化四项: 透明质酸(HA)、III 型前胶原氨基端肽(pIIP)、IV 型胶原(CIV)、层粘连蛋白(LN), 也是临床研究较多的肝纤维化标志物, 本研究拟分别评估 MMP-9 和 HA、pIIP、CIV、LN 与慢性乙肝患者肝纤维化相关性。

**方法** 筛选 97 例来我院就诊的慢乙肝患者, 肝脏活检并行病理学分析其肝纤维化分期。酶联免疫吸附实验和化学发光法分别检测 MMP-9 和肝纤维化四项, 50 名健康体检者作为正常对照。统计学分析 MMP-9 和肝纤维化四项与肝纤维化的相关性, 并初步确定肝纤维化的联合检测的优选指标。

**结果** MMP-9 与肝纤维化密切相关 ( $P < 0.05$ ), 而肝纤维化四项中 pIIP 和 HA 与肝纤维化存在一定的相关性。

**结论** MMP-9、pIIP 和 HA 与肝纤维化密切相关, 联合检测 MMP-9 以及 pIIP 和 HA 对肝纤维化的诊断具有重要意义。

## PU-4942

## 外周血涂片血小板估测系数的评价与验证

刘阳旭

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨利用 DI60 自动阅片机外周血涂片血小板估算因子来估测血小板计数的临床应用价值,并对外周血涂片血小板估测系数进行验证。

**方法** 收集 30 例体检者或住院病人乙二胺四乙酸二钾抗凝静脉血标本,利用全自动推片仪器和 DI-60 型全自动数字化细胞形态分析系统来获取血小板的概览图,并计算得出外周血涂片血小板估测系数。收集共 136 例抗凝血标本使用血液分析仪法、牛鲍氏计数板法、血涂片估算法对血小板进行计数。评价血液分析仪法与血涂片法之间,以及牛鲍氏计数板法、血涂片估算法之间所得血小板检测结果的相关性。

**结果** 干扰标本,应用 DI-60 系统血涂片法估测结果与血液分析仪法和改良牛鲍氏计数板法得到的结果之间相关良好,相关系数分别为 0.962 和 0.938, Bland-Altman 分析表明一致性较好。有干扰因素的标本,血涂片法与血液分析仪法结果之间相关性和一致性会降低,且低于血涂片法与牛鲍氏计数板法结果之间的相关性和一致性。

**结论** 外周血涂片血小板估测系数估测血小板方法简单直观,结果可靠,对血小板结果的复检具有很好的临床应用价值。

## PU-4943

## 自制肿瘤标志物质控品在室内质控中的应用和分析

伍涛

四川省自贡市第四人民医院

**目的** 因在应用全自动免疫分析系统过程中,遇到原厂提供的质控品为单一项目质控品,在做室内质控时使用不便,且成本很高等问题;进口质控品多为干粉,复溶过程容易造成瓶间差;部分检测项目的质控品难以购买等问题;所以探讨自制肿瘤标志物质控品在室内质控中的应用和分析。

**方法** 分别收集日常临床送检血清中 fPSA,PSA,AFP,CEA,Cyfra21-1 的阳性标本和体检人员的阴性血清标本,对变色的标本剔除,离心去除絮状沉淀。将血清标本按照各项目参考值上限 2 倍配制成 200ml 各肿瘤标志物(fPSA,PSA,AFP,CEA,Cyfra21-1)复合血清质控品。待其充分混匀后,分装到 1.5ml 离心管中,每支 1ml,为 200 份质控品-80℃保存。然后对自制质控品批内精密度、批间精密度、有效期进行评价。

**结果** 自制质控品各项目批内精密度 CV 在 1.06%~2.19%之间、批间精密度 CV 在 1.37%~6.39%之间,连续 6 个月每月的均值经 F 检验,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),观测 6 个月的数据无升高或者降低的趋势,提示在 6 个月内,自制质控品的检测结果稳定,证实其有效期可达 6 个月。

**结论** 自制质控品,具有良好的稳定性且价格低廉,来源方便,可替代其原装产品。其应用于室内质控活动,能及时发现检测系统的不稳定性因素,并加以纠正处理,能很好的运用于临床检验中,确保肿瘤标志物检测结果的可靠性。本次实验中的检测的项目均为蛋白质类物质,结构稳定不易降解,-80℃保存下,应该能稳定更长的时间,还需继续观察。自制质控品制备方法、使用规程、靶值设定及相应质控规则选择的还应制定标准化文件。确保实验室管理者在合理考虑成本的同时,保证检验质量,促进质量持续改进。

## PU-4944

## Exosome-transmitted miR-128-3p increase chemosensitivity of oxaliplatin-resistant colorectal cancer

Tong Liu, chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Oxaliplatin resistance is a major challenge for advanced colorectal cancer (CRC). A large proportion of patients, even all metastatic CRC patients, eventually become resistant to oxaliplatin, with a median time to progression of eight months. De novo and acquired resistance to oxaliplatin-based therapies remains a major stumbling block in CRC treatment. Acquisition of epithelial-mesenchymal transition (EMT) and reduced drug accumulation in cancer cells are the key factors for oxaliplatin resistance in the clinic. MicroRNA-128 is a class of small noncoding RNA and a key regulator of neoplasia in several cancers. However, its roles in oxaliplatin-induced EMT and chemo-resistance remain unknown. Therefore, understanding the underlying mechanisms and developing effective strategies against oxaliplatin resistance are highly desired in the clinic.

**Methods** Here we aim to investigate the correlation between miR-128 and clinically response of CRC patients in oxaliplatin-based therapy, and further explore the potential transcriptional regulation targeted Bmi1 and MRP5 based on the established HT29 and HCT116 oxaliplatin-resistant cells. More important, our study designed an exosome-based therapeutic strategy for targeting oxaliplatin-resistant CRC.

**Results** Our results showed that lower expression of miR-128 was associated with poor response to oxaliplatin in advanced CRC patients. Oxaliplatin-resistant CRC cells exhibited low miR-128 expression and EMT. Overexpressed miR-128 enhances E-cadherin expression and inhibits oxaliplatin-induced EMT by suppressing Bmi1 expression in resistant cells. Furthermore, miR-128 enhanced oxaliplatin cytotoxicity through suppressing the drug transporters MRP5. In addition, bioactive miR-128 could be incorporated into exosomes and transmitted to resistant cells, thus performing the resensitization of oxaliplatin through suppressing Bmi1 and MRP5 expression.

**Conclusions** In conclusion, our results indicated that miR-128 negatively regulates Bmi1 and MRP5 in oxaliplatin-resistant CRC and shows promise as a prognostic marker for oxaliplatin-based chemotherapy. More important, exosome transmitted miR-128 may be a promising therapeutic approach to the treatment of oxaliplatin-resistant CRC.

## PU-4945

## 血液中脂类物质检测在过敏性紫癜患儿疾病进展中的意义研究

张益多, 谭希, 于凡  
四川大学华西第二医院, 610000

**目的** 研究血清中脂类物质代谢在过敏性紫癜患儿疾病进展中的变化, 分析脂类物质检测在过敏性紫癜疾病进展过程中的临床应用价值。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 12 月, 在我院就诊的过敏性紫癜患儿 32 例, 过敏性紫癜康复患儿 26 例, 同时选取紫癜性肾炎 (HSPN) 患儿 12 例, 分别对血清中高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、总胆固醇 (TC)、甘油三酯 (TG)、载脂蛋白 A1 (Apo A1)、载脂蛋白 B (Apo B) 以及甘油三酯-空腹血糖指数 (TyG) 进行检测, 比较不同组之间血清中脂类代谢物质含量的差异, 同时对脂类物质在过敏性紫癜疾病进展中的诊断价值进行分析。

**结果** 三组受试者在年龄、性别组成中不存在明显差异 ( $P>0.05$ )。HSPN 组患儿血清中 HDL-C、LDL-C、TC、Apo A1、Apo B 以及 TyG 明显高于过敏性紫癜组以及过敏性紫癜恢复组, 具有显著差异 ( $P<0.05$ )。HSPN 组患儿血清中 TG 与过敏性紫癜组以及过敏性紫癜恢复组不存在明显差异 ( $P>0.05$ )。过敏性紫癜组相比较过敏性紫癜恢复组血清中脂类物质水平均没有明显变化 ( $P>0.05$ )。HDL-C、LDL-C、TC、Apo A1、Apo B 以及 TyG ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.667, 0.614, 0.690, 0.680, 0.631, 0.644, cut-off 值分别为 1.495mmol/L, 4.48mmol/L, 5.375 mmol/L, 1.495 g/L, 1.18 g/L, 8.77。

**结论** 血清中脂类物质代谢和过敏性紫癜进展过程密切相关, HDL-C、LDL-C、TC、Apo A1、Apo B 以及 TyG 对于紫癜性肾炎的诊断以及鉴别诊断具有较好临床意义, 可以用于临床对于过敏性紫癜疾病进展情况的判断和治疗预后分析。

## PU-4946

### EZH2 在卵巢癌发生发展中的初步研究

翟丽

云南省肿瘤医院/昆明医科大学第三附属医院

**目的** 从基因和蛋白水平上阐明 EZH2、p53 在卵巢癌中的表达及与卵巢癌临床参数的关系, 探讨二者的相关性及其作用机制, 同时分析 EZH2 与 CA125、HE4 的相关性。探究 EZH2 在卵巢癌发生、发展中可能发挥的作用, 为卵巢癌的诊断、治疗及预后提供新的思路。

**方法** ①RT-PCR、Western-blot 分别检测 4 组患者卵巢组织中 EZH2 和 p53 的 mRNA、蛋白表达量; ②IHC 法检测卵巢组织中 EZH2 蛋白的表达阳性率和定位情况; ③电化学发光法血清中 CA125、HE4 水平。

**结果** 1 EZH2、p53 表达情况: ① 卵巢癌中 EZH2 表达量均明显高于交界组、良性组和正常组 ( $P<0.01$ ); ②卵巢癌组中 p53mRNA 的表达量明显低于交界组、良性组和正常组 ( $P<0.01$ )。

2 EZH2、p53 与卵巢癌临床参数的关系: ①III-IV期患者 EZH2mRNA 高于 I-II 期 ( $P=0.001$ ), 低-中分化组高于高分化组 ( $P=0.019$ ), 不同年龄及病理分型中 EZH2mRNA 的表达无差别 ( $P=0.270$ ,  $P=0.730$ ); ②EZH2 蛋白在不同年龄、分期、分化及病理分型中的表达均无差别 ( $P=0.855$ ,  $P=0.141$ ,  $P=0.324$ ,  $P=0.079$ ); ③p53 在不同年龄、分期、分化及病理分型中的表达均无统计学意义。

3 EZH2 与 p53 在 mRNA 水平 ( $r=-0.756$ ,  $P<0.01$ ) 和蛋白水平上 ( $r=-0.355$ ,  $P=0.002$ ) 均呈负相关。

4 CA125、HE4 与 FIGO 分期均呈正相关 ( $r=0.321$ ,  $P=0.019$ ,  $r=0.443$ ,  $P=0.006$ ), HE4 与病理分化程度呈负相关 ( $r=-0.361$ ,  $P=0.028$ )。

5 EZH2 与 CA125、HE4 在 mRNA 水平 ( $r=0.620$ ,  $P<0.01$ ,  $r=0.339$ ,  $P=0.005$ ) 和蛋白水平 ( $r=0.557$ ,  $P<0.01$ ,  $r=0.372$ ,  $P=0.002$ ) 均呈正相关。

**结论** 1 EZH2 在卵巢癌中表达升高, 与临床分期, 分化密切相关, 提示 EZH2 参与卵巢癌的发生发展。

2 p53 在卵巢癌中表达降低且与 EZH2 呈负相关, 推测 EZH2 可能通过抑制 p53 的表达从而促进卵巢癌的发生发展。

3 EZH2 与 CA125、HE4 呈正相关, 其机制和途径有待进一步探究。

PU-4947

## 艰难梭菌检测方法比较

吴伶俐

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 艰难梭菌(*Clostridioides difficile*, CD)是一种存在于人体肠道内的厌氧革兰阳性芽孢杆菌,可引起从轻微腹泻到致命的伪膜性结肠炎等轻重不等的临床症状,因此实验室检测尤为重要。本文从艰难梭菌的厌氧培养法、毒素酶免疫分析和基于相关毒素基因的核酸扩增检测等实验室方法的研究进展进行论述,为临床早期诊断和治疗提供新思路。

**方法** 本文从艰难梭菌的厌氧培养法、毒素酶免疫分析和基于相关毒素基因的核酸扩增检测等实验室方法的研究进展进行论述,为临床早期诊断和治疗提供新思路。

**结果** 艰难梭菌(*Clostridioides difficile*, CD)是一种存在于人体肠道内的厌氧革兰阳性芽孢杆菌,可引起从轻微腹泻到致命的伪膜性结肠炎等轻重不等的临床症状,因此实验室检测尤为重要。本文从艰难梭菌的厌氧培养法、毒素酶免疫分析和基于相关毒素基因的核酸扩增检测等实验室方法的研究进展进行论述,为临床早期诊断和治疗提供新思路。

**结论** 综上所述,每个方法都有各自的优缺点,不能单独作为 CDI 的诊断方法,临床医生需要结合实验室检测结果并综合考虑患者的临床症状和体征来最终确诊 CDI。

PU-4948

## 心脏瓣膜疾病手术前后血流动力学异常与 vWF 和 ADAMTS13 的关系

刘军锋<sup>1</sup>,王云平<sup>2</sup>

1.泰达国际心血管病医院,300450

2.天津医科大学心血管病临床学院

**目的** 探讨手术前后血流动力学异常心脏瓣膜疾病(CVDAH)变化对血管性血友病因子(vWF)、血管性血友病因子裂解蛋白酶 ADAMTS13 的影响,动态观察部分围手术期 vWF、ADAMTS13 对血管内皮损伤的诊断价值。

**方法** 收集泰达国际心血管病医院行心脏瓣膜置换手术的 CVDAH 患者 40 例,同期志愿者 32 例为对照组,采用 ACL-TOP700 对 vWF 活性(vWFact)和 vWF 抗原(vWFag)进行检测(免疫比浊法),采用 ELISA 方法对 ADAMTS13 抗原(ADAMTS13ag)进行检测;采用荧光共振能量转移法对 ADAMTS13 活性(ADAMTS13act)进行检测。对患者术前与术后 5-7 天峰值流速(V)、最大跨瓣压差( $\Delta P$ )结果进行比较,观察患者手术后及对照组 vWF、ADAMTS13 的变化趋势,采用 Spearman 法进行术前各观察指标的相关性分析,以受试者工作曲线(ROC)分析 vWF、ADAMTS13 手术前后各时间段对 CVDAH 患者血管内皮损伤的诊断价值。

**结果** CVDAH 患者术前 vWF、ADAMTS13 与对照组比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),术后各时间段 vWF、ADAMTS13 均高于对照组( $P<0.05$  或  $P<0.001$ ),vWFag、vWFact 在术后升高,术后 1 天达峰值,5-7 天开始下降,ADAMTS13ag 及 ADAMTS13act 在术后下降,分别于术后 1 天、术后 1 小时达到谷值,5-7 天开始上升。术后 1 天 vWFag 对血管内皮损伤诊断的曲线下面积(AUC)为[0.922, 95%CI:(0.854-0.989)],敏感度为 85%,特异度为 96.9%。vWFag/ADAMTS13act 对血管内皮损伤诊断的曲线下面积(AUC)为[0.927, 95%CI:(0.862-0.992)],敏感度为 87.5%,特异度为 96.9%。CVDAH 患者术后 5-7 天 V、 $\Delta P$  差明显低于术前水平( $P<0.05$ )。

**结论** CVDAH 患者术后 5-7 天与剪切应力有关的 V 及  $\Delta P$  水平仍明显低于术前,但术后 5-7 天 vWF 的下降趋势、ADAMTS13 的上升趋势有利于止血与血栓形成相互之间的平衡。CVDAH 术后 vWF



与 ADAMTS13 呈明显相反的动态变化。在反映术后血流动力学异常改善及手术对血管内皮损伤方面, 术后 1 天 vWFag、vWFag/ADAMTS13act 诊断价值最大。

#### PU-4949

### 血清指数在西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪中的应用研究

兰培相<sup>1</sup>, 刘渊<sup>2</sup>

1. 自贡市第四人民医院, 643000

2. 四川卫生康复职业学院

**目的** 研究血清指数在西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪中的应用, 通过调整脂血指数阈值提高脂血阳性检出率, 并通过高速离心处理消除脂血浑浊对标本其它项目的检测影响, 提高检测结果的准确性。

**方法** 1. 选取 105 例外观浑浊血清指数脂血阴性的患者标本, 通过西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪, 利用生理盐水法检测脂血指数, 以确定目标阈值的可能存在范围; 2. 通过逐渐降低仪器脂血指数阈值并对阳性标本进行人工验证方式得出合适的阈值。

**结果** 通过两种方法综合分析发现将脂血指数阈值调整为 105 时可以大幅增加阳性率同时假阳性率也低。

**结论** 通过对脂血指数阈值调整为 105 时, 增加的阳性标本进行高速离心处理后检测, 避免了脂血对检测的影响, 提高了这些标本检测结果的准确性。

#### PU-4950

### 胰腺癌患者手术前后外周血淋巴细胞亚群和血小板的变化

程娟<sup>1</sup>, 管世鹤<sup>1</sup>, 陈礼文<sup>1</sup>, 张敬军<sup>2</sup>, 陈淑英<sup>2</sup>

1. 安徽医科大学第二附属医院, 230000

2. 复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 测定胰腺癌患者手术前后外周血淋巴细胞亚群和血小板水平, 并探讨其与胰腺癌患者临床病理参数的相关性。

**方法** 选取 66 例胰腺癌患者作为研究对象, 同时选择 64 例同期健康体检者作为对照组, 采用流式细胞仪检测淋巴细胞亚群 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞、B 细胞和 NK 细胞表达水平, 血液分析仪测定血小板水平, 分析健康体检者、胰腺癌患者术前和术后上述指标的变化, 及其与临床病理参数的相关性。

**结果** 与对照组相比, 胰腺癌术前组外周血 CD3<sup>+</sup>T 细胞和 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞表达水平明显降低 ( $P < 0.05$ ), CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞和血小板表达水平明显升高 ( $P < 0.05$ ); 胰腺癌术后组 CD3<sup>+</sup>T 细胞和 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞表达水平较术前组明显升高 ( $P < 0.05$ ), 血小板较术前组明显降低 ( $P < 0.05$ ); 胰腺癌术后组和对照组 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞、B 细胞、NK 细胞和血小板表达水平均无统计学差异 ( $P > 0.05$ ); 胰腺癌患者术前外周血 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞、B 细胞、NK 细胞、血小板水平与患者年龄、肿瘤大小、肿瘤部位、有无神经浸润、分化程度比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 患者术前外周血 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞、血小板水平与胰腺癌不同组织分级、有无淋巴结转移差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 胰腺癌患者术前外周血中 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞表达水平与血小板呈负相关 ( $r = -0.44$ ,  $P < 0.01$ )。

**结论** 与健康人群相比,胰腺癌患者细胞免疫功能受到抑制,经手术治疗后,患者的细胞免疫功能可得到恢复。并初步证实淋巴细胞免疫异常和血小板相关,并与胰腺癌的组织分级和淋巴结转移相关。

PU-4951

## 流式细胞术快速定量监测手卫生的研究

盛慧明,王亚捷,孙寒晓

上海市同仁医院 上海交通大学医学院附属同仁医院

**目的** 传统手卫生检测方法报告周期长,人工误差大,无法检出全部微生物。本课题旨在利用流式细胞术结合荧光染料对手部微生物快速定量检测,并与传统平皿菌落计数法进行比较,评价流式细胞术用于手卫生检测的时效性与分群优势。

**方法** 利用 SYBR Green I 及碘化丙啶 (PI) 处理样本,用大肠埃希菌和粪肠球菌作为细菌检测的阳性对照,灭活菌液验证 PI 对死菌的染色性;配制大肠埃希菌梯度稀释菌液与平皿菌落计数法对照,验证流式细胞术检测细菌的准确性;检测自来水细菌数排除洗手对样本采集的干扰;无菌袋收集 30 例上海市同仁医院医务人员洗手前后的样本建立流式细胞术检测手卫生的方法,与平皿菌落计数法对照,评价流式细胞术用于手卫生检测的可行性及洗手的有效性。

**结果** 1、流式细胞术检测阳性对照菌: SYBR Green I 可对所有细菌染色,而 PI 仅染色严重受损或死亡的细菌。二者共染色可检测总细菌数,包括活菌、死菌、受损细菌和有活性但不可培养的细菌。2、流式细胞术绝对计数准确性验证:流式细胞仪计数与平皿菌落计数法结果呈正相关,相关系数  $R^2=0.9706$ ,为显著相关。菌液浓度低于  $10^3\text{CFU/ml}$  时,流式检测结果偏离线性趋势,检测结果的可信度降低。菌液浓度高于  $10^4\text{CFU/ml}$  时,平皿菌落计数法需进一步稀释后再计数,流式细胞术可直接计数。3、流式细胞术对自来水细菌的检测:流式细胞术检出自来水中细菌总数为  $2.9\times 10^5/\text{ml}$ ,活菌数为  $1.8\times 10^5/\text{ml}$ ,平皿菌落计数法检出为  $1\text{CFU/ml}$ 。

4、流式细胞术检测洗手样本:FCM 法对细菌总数和活菌计数值均高于平皿菌落计数法。FCM 法检测洗手前后结果差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 与平皿菌落计数法相比,流式细胞术可以快速、准确区分样本的总菌群、活菌群、死菌群以及有活性但不可培养的细菌,可检测浓度范围较大,在手卫生的检测中有其独有的优势。

PU-4952

## 外周血异常红细胞形态联合血常规红细胞参数在缺铁性贫血和地中海贫血诊断中的价值探讨

吴昊,曹露舒

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨外周血异常红细胞形态联合血常规红细胞参数在缺铁性贫血和地中海贫血鉴别诊断中的价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 3 月本院收治的 40 例地中海贫血患者,58 例缺铁性贫血患者,54 例健康体检者作为研究对象。对各组入选样本进行血常规检测,并制作血涂片分类计数 1000 个红细胞。将各组红细胞参数 HGB、MCV、MCH、MCHC,10 种异常红细胞(靶形红细胞、球形红细胞、椭圆形红细胞、泪滴形红细胞、低色素性红细胞、盔形红细胞、红细胞碎片、嗜多色性红细胞、嗜碱性点彩红细胞、其它异常红细胞)检出率共计 14 项指标进行比较分析。

**结果** 与对照组相比, 缺铁贫组除嗜碱性点彩红细胞检出率无统计学差异外, 其余 13 项指标均有统计学差异; 与对照组相比, 地贫组 14 项指标均有统计学差异; 与缺铁贫组相比, 地贫组除 MCH、低色素性红细胞检出率、嗜多色性红细胞检出率 3 项指标外, 其余 11 项指标均有统计学差异。

**结论** 外周血异常红细胞形态联合血常规红细胞参数在缺铁性贫血和地中海贫血的鉴别诊断中具有一定的价值, 提高检验人员外周血红细胞形态识别能力有助于向医生和患者提供更多有意义的信息。

## PU-4953

### 海南地区双随体小染色体伴不良孕史 2 家系研究

陈运春<sup>1</sup>, 黄吁宁<sup>2</sup>, 孔嫦瑛<sup>2</sup>, 胡建东<sup>1</sup>

1. 海口市中医医院

2. 海南医学院第二附属医院

**目的** 对来自生殖中心的 2 例有不良孕产史患者 (1 例配偶流产 5 次, 1 例配偶婚后 6 年未孕) 行细胞遗传学分析并进一步分析探讨。

**方法** 外周血淋巴细胞培养染色体核型分析: 抽取患者约 3ml 外周血, 肝素钠管抗凝, 混匀, 取约 1.5ml 接种于外周血淋巴细胞培养基中, 混匀, 置 37℃ 培养箱中培养 72h, 加入适量秋水仙素终止细胞分裂, 按常规方法收获细胞、制片、显带、分析。奥林巴斯 CX21 显微镜下计数 30 个中期分裂相细胞, 北昂染色体核型分析系统采图分析 3~5 个核型, 核型异常者加数细胞众数和核型分析量, 视情况加做 C 显带或者 N 显带分析等, 核型描述参照人类细胞遗传学国际命名体系 (ISCN2016)。

**结果** 在 3023 例遗传咨询者中检出 2 例 47,XY,+双随体小染色体伴不良孕产史家系, 异常检出率为 0.07% (2 例 / 3023 例)。

**结论** 本研究中两位先证者均携带双随体小染色体, 表型正常, 但均伴随不良孕史、低生育力, 给家庭成员带来精神和身体上的伤害、压力。因此需加强不良孕史人群的细胞遗传学检查, 最好能进一步明确小染色体具体来源, 为临床进一步行遗传咨询提供参考及诊断依据, 对受孕提前干预, 优生优育。

## PU-4954

### 血清 exosome IRX5 mRNA 的检测及其在结直肠癌诊断及预后中的价值

刘童, 王传新

山东大学第二医院, 250000

**目的** 旨在探究血清 exosome IRX5 mRNA 在结直肠癌 (CRC) 中的表达及其临床价值, 为寻找结直肠癌早期诊断及预后标志物提供依据。

**方法** 本实验按照研究目标分成四大部分。(1) 采集血清标本论证 exosome 及 exosomal IRX5 mRNA 的最佳提取方法及可行性; (2) 对 exosome 样本分别进行反复冻融、-80℃ 储存、室温放置、强酸、强碱和 RNA 酶处理, 论证 exosomal IRX5 mRNA 的稳定性及其主要存在形式。(3) 体内试验和体外试验分别阐明血清中 exosomal IRX5 mRNA 的来源。选择 6 种不同的结直肠细胞系, 论证 CRC 细胞能够分泌 exosomal IRX5 mRNA 并释放入血; 通过 Spearman rank 分析配对 CRC 组织标本及术前血清标本中 CRNDE-h 表达量的相关关系、LoVo 移植瘤动物模型的建立、以及对比术前和术后 14 天的血清标本中 exosomal IRX5 mRNA 的表达量等研究, 进一步论证 CRC 病人血液中高表达的 exosomal IRX5 mRNA 来源于 CRC 细胞。(4) 采集 468 例结直肠疾病患者

和健康对照血清标本论证 exosomal IRX5 mRNA 与 CRC 临床病理特征的关系以及在 CRC 的诊断和预后中的价值。

**结果** (1) 低分辨透射电镜观察 exosome 形态, 为直径 40-100nm 的茶托状有被小泡结构。(2) CRC 细胞分泌 exosomal IRX5 mRNA 入血循环, 并且稳定存在于 exosome 中可用 RT-qPCR 进行检测, 满足肿瘤标志物的基本要求。(3) CRC 患者 exosomal IRX5 mRNA 的表达量显著高于良性患者组和健康对照组 ( $P<0.001$ ), 并与 CRC 的恶性程度相关。Exosomal IRX5 mRNA 的 cut-off 值为 0.903, AUC 为 0.8887, 敏感度为 72.3%, 特异度为 86.3%, 显著优于 CEA。(4) Kaplan-Meier 曲线分析证明了高水平的 exosomal IRX5 mRNA 与较低的整体生存期 (OS) 显著相关 ( $P<0.001$ )。Cox 风险比例回归模型分析显示高表达的 exosomal IRX5 mRNA 是结直肠癌整体生存期的独立危险因素。

**结论** 检测 exosome 中的 IRX5 mRNA 的表达水平可以作为结直肠癌早期诊断和预后的一项潜在的血清学肿瘤标志物。

PU-4955

## 新装全自动生化分析仪检测项目性能验证

郭东月<sup>1</sup>, 覃俊龙<sup>2</sup>

1. 深圳市罗湖区妇幼保健院, 518000

2. 深圳市罗湖区人民医院

**目的** 从精密度、分析测量范围 (AMR)、临床可报告范围 (CCR)、参考区间验证及比对试验对新装罗氏 cobas c702 全自动生化分析仪检测的共计 41 个项目进行性能验证, 本文以临床较常见检测指标: 天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、乳酸脱氢酶 (LDH)、肌酸激酶 (CK)、肌酸激酶同工酶 (CKMB)、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 ( $\alpha$ -HBDH)、尿素 (Urea)、肌酐 (CREA)、尿酸 (UA)、胱抑素 C (Cys C) 为例进行考察。

**方法** 从精密度、分析测量范围 (AMR)、临床可报告范围 (CCR)、参考区间验证及比对试验对新装罗氏 cobas c702 全自动生化分析仪检测的共计 41 个项目进行性能验证, 本文以临床较常见检测指标: 天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、乳酸脱氢酶 (LDH)、肌酸激酶 (CK)、肌酸激酶同工酶 (CKMB)、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 ( $\alpha$ -HBDH)、尿素 (Urea)、肌酐 (CREA)、尿酸 (UA)、胱抑素 C (Cys C) 为例进行考察。

**结果** • 罗氏 cobas c702 全自动生化分析仪检测 AST、LDH、CK、CKMB、 $\alpha$ -HBDH、Urea、CREA、UA 和 Cys C 9 个项目的精密度验证均合格; , 各项目在分析测量范围内均表现出良好的线性关系 ( $R^2>0.95$ , 斜率 0.93-1.03 范围内,  $a$  接近于 0);  $f$  最大稀释倍数验证时回收率在可接受范围, 分析测量范围的上限乘以最大的可稀释倍数则为临床可报告范围; ④选择 20 份体检合格的健康人标本, 在检测系统上进行测定, 对结果进行统计并对仪器说明书提供的参考区间进行验证, 参考区间验证通过率均 $\geq 90\%$ , 验证通过; ⑤比对试验中各项目相对偏倚小于实验室允许的相对偏倚或相对偏倚验证值, 比对通过。

**结论** 罗氏 cobas c702 全自动生化分析仪检测项目的精密度、分析测量范围 (AMR)、临床可报告范围 (CCR)、参考区间验证及比对试验均验证通过。

PU-4956

## 膳食干预的相关研究

吴伶俐

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 旨在通过研究健康人群摄入香沙芋前后营养素等指标水平的变化,从而科学评估香沙芋的调节作用,为寻找一种安全有效的干预方法提供科学依据。

**方法** 招募 20~30 岁健康成人志愿者 42 人,对筛选合格的志愿者进行体格检查和血液样本的采集。所有合格的受试者除了用蒸熟的香沙芋替代部分主食外,其余的生活方式和饮食习惯均保持不变,连续食用 30 天,每天食用蒸熟的香沙芋 200g。受试者在试验开始前(第 1 天)和结束后(第 31 天)采集空腹抗凝和非抗凝血样(采血前应禁食 12h,每人采血 10ml),备检。完成受试者血样指标的检测并进行相应的膳食调查。

**结果** 干预前后受试者核黄素、维生素 E、钙、维生素 C 摄入量呈显著上升。

**结论** 根据食物成分分析,香沙芋富含核黄素-即维生素 B<sub>2</sub> (Vitamin 2) 等。干预后试验者的维生素 E、钙、核黄素、维生素 C 摄入量明显升高,对健康人群有调节、干预作用。

PU-4957

## 采用响应性 DNA 纳米钳快速精确检测细胞内质粒基因表达

李毅,刘萍,孟凡飞,汤涛,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 通过在质粒编码区插入靶基因和小段报告基因(REP),利用建立的能够特异性响应 REP RNA 的 DNA 纳米钳检测系统,可实现细胞内质粒靶基因表达的精准检测。

**方法** 构建 pcDNA3.1-GPC3 质粒和 pcDNA3.1-GPC3-REP 质粒,通过酶切,电泳,菌落 PCR 初步筛选和测序鉴定构建的重组载体。制备钳状结构的 DNA 纳米结构检测系统,该系统能够响应 REP RNA 的诱导发生构象变化,进而致末端荧光基团(FAM)脱离淬灭基团(Dabcyl)的作用发出强荧光。此调控过程的表征采用非变性凝胶电泳和荧光光谱来进行。用脂质体将质粒与检测系统共转染至 Huh-7 细胞,检测荧光响应值。用 RT-qPCR 方法检测细胞中 GPC3 mRNA 转录水平。

**结果** pcDNA3.1-GPC3 质粒和 pcDNA3.1-GPC3-REP 质粒经双酶切和测序鉴定证明构建正确;非变性凝胶电泳和荧光光谱证实 DNA 纳米钳结构能够响应 REP RNA 调控。以共转染 pcDNA3.1-GPC3 质粒为对照,在浓度梯度转染 pcDNA3.1-GPC3-REP 质粒的 Huh-7 细胞中,检测系统对 REP RNA 的荧光响应值与 RT-qPCR 测定的 GPC3 基因表达有相关性,回归系数  $R^2$  为 0.9789。响应性 DNA 纳米钳检测系统与 RT-qPCR 的对靶基因表达分析的灵敏度相当。说明该检测系统识别靶基因的特异性和灵敏度良好。

**结论** 成功构建了 REP 基因响应性 DNA 纳米钳系统,建立了原位快速精准检测细胞内质粒编码靶基因的新方法。本方法有较好的通用性,为质粒构建的分子改造提供了思路。同时为新型 DNA 纳米检测体系在细胞内运用提供了实验基础。

## PU-4958

## 2015-2016 年某院肺炎链球菌的临床分布和耐药性分析

敖茂程

四川省攀枝花市中心医院

**目的** 了解某院 2015-2016 年肺炎链球菌的临床分布及耐药情况，为临床合理应用抗菌药物提供依据。

**方法** 采用 WHONET 5.6 软件对某院 2015 - 2016 年培养、分离和鉴定出的 460 株肺炎链球菌的临床分布及药敏试验结果进行分析。

**结果** 2015 年到 2016 年共检出 460 株肺炎链球菌（不含重复菌株），每年秋冬和初春季节检出率最高。两年检出的肺炎链球菌对各类抗生素的耐药率变化不大。从 17 个科室和病区分离出此菌，其中以儿科为主，分离出 371 株，占 80.7%；从 ICU 和呼吸内科分离出 24 株和 21 株，分别占 5.21%和 4.78%；新生儿科分离出 11 株，占 2.39%。痰液中共分离出 426 株，占 93%；其次从血液中分离 23 株，占 5%。脑脊液中分离出 2 株，占 0.40%。非脑脊液标本共检出的 458 株肺炎链球菌，对抗生素耐药率大于 60%的有：复方新诺明（75.5%）、四环素（83.7%）、克林霉素（92.2%）和红霉素（96%）；未出现耐药的抗菌素有厄他培南、莫西沙星、利奈唑胺和万古霉素；其余抗生素的耐药率均小于 30%，其中肺炎链球菌对青霉素的耐药率为 1.5%、中敏率为 23.4%。

**结论** 青霉素仍可作为治疗肺炎链球菌感染的首选药物；三代头孢菌素可用于青霉素非敏感的肺炎链球菌（PNSSP）治疗；未发现万古霉素非敏感菌株；红霉素、克林霉素的耐药率极高，不适合肺炎链球菌的治疗。临床应当根据培养药敏结果合理使用抗菌药物,减少细菌耐药的发生率。

## PU-4959

## 骨髓涂片诊断黑热病 8 例及临床特点分析

吴昊,江秋晓,喻华

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨黑热病的临床特点及实验室检查结果，提高检验人员对黑热病的认识，降低误诊率。

**方法** 对我院 2015 年 1 月至 2018 年 6 月通过骨髓涂片检查确诊的 8 例黑热病患者的临床特点及实验室检查结果进行回顾性分析。

**结果** 8 例患者均有流行病区居住史，主要临床症状有发热，体重下降，并可伴有畏寒、咳嗽、乏力、纳差、腹痛腹胀等症状；主要体征为贫血、肝、脾脏及淋巴结肿大、出血等；实验室检查结果主要表现为全血细胞减少，RK-39 抗体阳性，ALB 降低，GLB 增高，A/G 倒置，AST 增高，血沉加快。2 例黑热病患者继发噬血细胞综合征。

**结论** 对临床上疑似黑热病的患者，尽早进行骨髓涂片送检，查找病原学证据，并结合患者临床特点及实验室检查结果，争取对黑热病早诊断，早治疗。

## PU-4960

## 慢性阻塞性肺疾病与低 T3 综合征的相关性研究

郑青

海口市人民医院/中南大学湘雅医学院附属海口医院,570100

**目的** 检测慢性阻塞性肺疾病(COPD)患者血液中甲状腺激素水平(T<sub>3</sub>、FT<sub>3</sub>等)的变化,探讨慢性阻塞性肺疾病与低 T<sub>3</sub> 综合征的相关性及其对临床治疗和预后的价值。

**方法** 选择海口市人民医院呼吸内科慢性阻塞性肺疾病患者 59 例,诊断标准符合 2017 年 COPD 年 GOLD 标准,依据动脉血氧分压水平分为 PO<sub>2</sub> 正常组(PO<sub>2</sub>80-95mmHg)16 例,轻度缺氧组(PO<sub>2</sub>60-80mmHg)23 例,中重度缺氧组(PO<sub>2</sub><60mmHg)20 例。并选择该科其他肺部疾病患者(上呼吸道感染,气胸,支气管扩张,过敏性哮喘等)99 例作为对照组。所有入选病例均排除甲状腺疾病史及相关用药史。患者入院后在未进行氧气插管呼吸机一切干扰氧分压的前提下采集动脉全血及血清样本检测动脉血氧分压 PO<sub>2</sub> 及甲状腺激素水平。

**结果** 慢性阻塞性肺疾病患者 T<sub>3</sub> 水平(82.30±22.13 ng/dl)明显低于对照组(96.78±33.1 ng/dl),差异具有统计学意义(P<0.05)。随着缺氧程度加重,COPD 患者 T<sub>3</sub> 水平亦随之逐渐下降:中重度缺氧组<轻度缺氧组<PO<sub>2</sub> 正常组,差异具统计学意义(F=4.002, P=0.024)。COPD 患者低 T<sub>3</sub> 综合征的发病率:中重度缺氧组(30%)>轻度缺氧组(13%)>氧分压正常组(0%),差异具有统计学意义(X<sup>2</sup>=6.331, P=0.042)。

**结论** 低 T<sub>3</sub> 综合征与 COPD 患者的病情严重程度相关,病情越重,低 T<sub>3</sub> 综合征越容易出现,利用两者的相关性对病人的病情监测与预后有一定临床价值;缺氧是 COPD 患者出现低 T<sub>3</sub> 综合征的促进因素。

## PU-4961

## 丙酮醛与乙二醛酶 I 对乳腺癌细胞相关生物学影响及其机制的研究

赵苓旭

川北医学院附属医院,637000

**目的** 丙酮醛(Methylglyoxal, MG)是由糖酵解产生的二羰基复合物,初步研究表明 MG 起着重要的抗肿瘤作用。乙二醛酶系统是 MG 降解的主要酶,由乙二醛酶 I(Glyoxalase I, GLOI)和(Glyoxalase II, GLOII)组成。在一些肿瘤中 GLOI 的表达是上调的。本研究主要研究了 MG 与 GLOI 干扰在乳腺癌细胞株中的生物学影响以及其潜在的机制。

**方法** 1. 构建低表达 GLOI 的稳定细胞株

运用脂质体转染的方式将质粒 shGLOI 以及 shNC 转染乳腺癌 MCF-7 细胞、MDA-MB-231 细胞、T47D 细胞。Real-time PCR、Western blot 技术检测乳腺癌细胞中 GLOImRNA、GLOI 蛋白的表达变化,以及酶活性分析检测 GLOI 酶活性的变化。

2. 在稳定低表达细胞模型的基础上进行功能实验

在 MDA-MB-231 细胞、MCF-7 细胞以及 T47D 细胞中和低表达 GLOI 的 MDA-MB-231 细胞、MCF-7 细胞以及 T47D 细胞中加入 MG 后,运用 cck-8 检测其细胞活性变化,transwell 小室实验检测细胞迁移和侵袭能力的变化,划痕实验检测细胞的迁移能力,平板克隆实验检测细胞的克隆形成能力,管状形成实验检测其形成管状物的能力。

3. 在稳定低表达细胞模型的基础上进行机制研究

在 MDA-MB-231 细胞与 MCF-7 细胞中和低表达 GLOI 的 MDA-MB-231 细胞与 MCF-7 细胞中加入 MG 后检测其 MAPK 家族成员 p38、JNK 与 ERK 家族的蛋白表达情况。同时检测单独和联合作用后抗凋亡蛋白 Bcl-2 与 MMP9 的蛋白表达的差异。

**结果** 成功构建了 GLOI 低表达的细胞株。同时发现了 MG 作用后细胞活性、迁移与侵袭等能力明显降低, 细胞早期凋亡明显增多。同时 MG 作用后抗凋亡蛋白 Bcl-2、基质金属蛋白酶 MMP9 的表达明显降低, 而 MAPK 家族的 p-JNK、p-p38 与 p-ERK 蛋白水平明显升高。MG 作用联合 GLOI 干扰时效果更明显。

**结论** MG 作用可抑制细胞活性、迁移与侵袭等相关生物学功能。联合 GLOI 干扰后这些生物学的影响明显加强。这些生物学影响可能通过 MAPK 家族成员 p-p38、p-JNK、p-ERK 蛋白表达的增加进行调节。我们也发现 MG 作用后抗凋亡蛋白 Bcl-2、基质金属蛋白酶 MMP9 的表达明显受到抑制。这些都为乳腺癌的治疗提供新的依据。

## PU-4962

### Lymphocytic Reaction to Colorectal Cancer and Patient Survival: An Updated Analysis

Peilong Li<sup>1,2</sup>, Chuanxin Wang<sup>1</sup>, Shuji Ogino<sup>2</sup>

1.Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University, No. 247 Beiyuan Street, Jinan, 250000, China.

2.Department of Oncologic Pathology, Dana-Farber Cancer Institute and Harvard Medical School, Boston, MA

**Objective** Host immunity in tumor microenvironment may have a critical role in cancer patient survival. Histological lymphocytic reaction could be an independent prognostic marker for colorectal cancer patients. Considering the fact that statistical power and molecular information of previous studies were limited, here, we investigated the association of histological lymphocytic reactions with colorectal cancer survival utilizing the updated database.

**Methods** Using 1,465 rectal and colon carcinoma cases in the Nurses' Health Study and Health Professionals Follow-up Study, we evaluated four lymphocytic reaction patterns [Crohn's-like lymphoid reaction, intratumoral periglandular reaction, peritumoral lymphocytic reaction, and tumor-infiltrating lymphocytes (TIL)] in colorectal cancer tissue. We examined the prognostic association of each lymphocytic reaction and overall lymphocytic reaction score (0-12) by multivariable Cox proportional hazards regression models to adjust for potential confounders, including disease stage, tumor differentiation, microsatellite instability status, CpG island methylator phenotype, long-interspersed nucleotide element-1 methylation, PTGS2 (cyclooxygenase-2) expression, nuclear CTNNB1 (beta-catenin) expression, and KRAS, BRAF, and PIK3CA mutations as well as neoantigen load through whole-exome sequencing.

**Results** Each of four components of lymphocytic reactions was associated with a significant improvement in colorectal cancer-specific survival ( $P_{\text{trend}} < 0.002$ ). Increasing overall lymphocytic reaction score based on four components was also associated with a significant improvement in colorectal cancer-specific survival and overall survival ( $P_{\text{trend}} < 0.0001$  for both). These prognostic associations seemed consistent after controlling for neoantigen load.

**Conclusions** Lymphocytic reactions are associated with improved colorectal cancer survival, suggesting the prognostic significance of host immunity for colorectal cancer survival.



## PU-4963

## 加强医学检验专业学生临床思维培养提高临床诊断能力 教学模式的探讨

赵欣,龙军

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 目的在于结合目前医学检验专业学生培养现状来探讨医学检验专业学生如何加强临床思维的培养。

**方法** 临床思维培养对检验人员至关重要,但是目前医学检验专业学生培养存在着不重视临床思维培养,检验与临床脱节的现象。

**结果** 希望通过本院检验临床教学模式的改革与探讨,提出几点建议希望能有所改善此现象。

**结论** 希望通过本院检验临床教学模式的改革与探讨,提出几点建议希望能有所改善此现象。

## PU-4964

## 冠心病患者血清血红素氧合酶-1 和胆红素表达水平 和相关性研究

李毅,周良琼,罗小舸,熊琦,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 探讨血清总胆红素和血红素氧合酶-1 的含量与冠状动脉病变的关系。

**方法** 回顾性随机选择我院心内科就诊患者 68 例,经冠状动脉(冠脉)造影确诊为冠心病患者 42 例(冠心病组)和非冠心病患者 26 例(对照组);冠心病组患者中根据 Gensini 评分或 SYNTAX 评分中位数进一步分为两组,定义为轻度病变组及重度病变组。各组的血清总胆红素(TBIL)浓度采用生化分析仪测定,血红素氧合酶-1(HO-1)的浓度用 ELISA 方法测定。

**结果** 各组别在年龄、性别及发病因素等方面差异均无统计学意义( $P>0.05$ )。与对照组相比,冠心病组患者血清 TBIL 浓度更低,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。轻度病变组 TBIL 比重度病变组更高,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。相关分析显示血清胆红素与冠状动脉病变严重程度呈负相关。与之相反的是,冠心病组患者血清 HO-1 较对照组明显升高( $P<0.05$ ),重度病变组 HO-1 浓度较轻度病变组更高( $P<0.05$ )。相关性分析显示血清 HO-1 浓度与冠状动脉病变严重程度呈正相关,HO-1 蛋白表达水平随冠心病病情加重而升高。TBIL 与 HO 血清浓度在各组中未见明显的相关性。

**结论** 生理范围内较高血清 TBIL 浓度可提高机体抗冠状动脉粥样硬化的能力。而 HO-1 虽为胆红素合成的始发限速酶,与血清 TBIL 浓度相关性不佳。HO-1 对冠心病的风险评估有正向作用。由此说明,这两项指标各自在冠心病患者的检测具有一定意义,但不为相互反馈关系。

PU-4965

## 雅培 ARCHIT i2000 化学发光仪检测输血八项的方法学性能评价

周蓉

四川省人民医院,610000

**目的** 通过雅培 ARCHIT i2000 化学发光仪检测输血八项的方法学性能评价,对临床免疫学定量、定性检测的性能评价方案进行探讨。

**方法** 按照 CLSI 推荐方法对输血八项中的乙型肝炎病毒表面抗原 (HBsAg)、乙型肝炎病毒表面抗体 (HBsAb) 进行定量检测方法学性能验证,包括可报告范围、精密度、准确度、生物参考区间、携带污染率。对乙型肝炎病毒 e 抗原 (HBeAg)、乙型肝炎病毒 e 抗体 (HBeAb)、乙型肝炎病毒核心抗体 (HBcAb)、人免疫缺陷病毒抗原 P24/Ab(1+2) (HIVAg P24/HIVAb(1+2))、丙型肝炎病毒抗体 (HCVAb)、梅毒螺旋体特异性抗体 (TPAb) 进行定性检测的方法学性能验证,包括最低检出限、符合率、精密度。

**结果** 雅培 ARCHIT i2000 化学发光仪检测输血八项的方法学性能评价结果在厂家提供范围内,符合本实验室临床免疫学定性、定量检测要求。

**结论** 雅培 ARCHIT i2000 化学发光仪检测输血八项的方法学性能满足临床免疫学定性、定量检测要求,方法学性能评价科学可靠。

PU-4966

## 迈瑞 BC6900 体液模式联合 COBIO 尿沉渣仪检测脑脊液、胸腹水细胞计数及分类的评估

付亮<sup>1</sup>,赖碧君<sup>2</sup>,程莎莎<sup>3</sup>,龙铭坚<sup>1</sup>

1.南方医科大学第五附属医院

2.南方医科大学第一临床医学院医学检验技术专业

3.广东三九脑科医院检验科

**目的** 分析比较迈瑞 BC6900 全自动血细胞分析仪 (简称 BC6900) 体液模式联合 COBIO 尿沉渣仪 (简称 COBIO) 检测脑脊液、胸腹水细胞学常规与传统显微镜手工计数的一致性与优缺点,探讨 BC6900 体液模式联合 COBIO 尿沉渣仪用于日常检测临床体液标本的可行性。

**方法** 采用手工计数法与 BC6900 体液模式、COBIO 同时检测脑脊液、胸腹水共 138 份,分别检测红、白细胞计数,对结果进行相关性分析,并对其中 47 份标本的 BC6900 白细胞分类结果与细胞学分类结果进行比较。同时对 COBIO 线性范围及 BC6900 体液模式精密度、线性范围、携带污染率等性能指标进行验证和评价。

**结果** 在白细胞计数 (WBC-BF)  $< 50 \times 10^6/L$ 、红细胞计数 (RBC-BF)  $< 1000 \times 10^6/L$  的标本中,BC6900 体液模式的检测结果与手工计数结果相关性差 ( $r=0.73$ ,  $P>0.05$ ;  $r=0.88$ ,  $P=0.001$ ),COBIO 检测结果与手工计数结果相关性好 ( $r>0.97$ ,  $P>0.05$ )。在 WBC-BF  $\geq 50 \times 10^6/L$ 、RBC-BF  $\geq 1000 \times 10^6/L$  的标本中,COBIO 检测结果与手工计数结果相关性差 ( $r<0.88$ ,  $P<0.05$ ),BC6900 体液模式结果与手工计数结果相关性好 ( $r>0.97$ ,  $P>0.05$ )。BC6900 体液模式白细胞分类结果与细胞学分类结果比较,有核细胞  $> 10 \times 10^6/L$  时, MN% (单个核细胞) ( $r=0.96$ ,  $P=0.006$ )、PMN% (多个核细胞) ( $r=0.92$ ,  $P=0.012$ ) 与细胞学分类结果相关性好。BC6900 体液模式对红细胞、白细胞 2 个项目不同水平标本的精密度检测、携带污染率检测、线性范围检测均符合厂家技术指标。BC6900 体液模式线性范围广,而 COBIO 线性范围窄。

**结论** BC6900 体液模式与 COBIO 联合应用可以作为诊断脑脊液、胸腹水细胞分类计数的一种快速准确的方法,但仪器法检测体液标本仍有一定局限性,尚不能完全替代手工计数法,必要时仍需结合手工法进行复检。

## PU-4967

### 关于影响血细胞检测质量的控制方法

高玉林

山东省千佛山医院,250000

**目的** 本文主要研究临床医学检验中影响血细胞检测质量的有关因素及其控制方法。

**方法** 选取我院 2016 年 3 月-2018 年 2 月自愿进行血液细胞检测的 120 名普通人进行研究,其中男性 50 名,女性 50 名,年龄介于 20-45 岁之间,这些人群的血型必须是一样的,没有出现其他血液性疾病的患者,将这些人群随机进行分组研究(分为四组),对照组 A(30 名)(使用不正常抗凝剂)及研究组 A(30 名)(抗凝剂比例正常)进行分析,对照组 B(30 个血液标本放置时间过长),研究组 B(30 个血液标本放置时间正常),然后对这些人群的白细胞、红细胞、血小板以及血红蛋白的含量进行比较人群的性别、年龄、体重等资料没有明显的差异性,具有可比性( $P>0.05$ )。

**结果** 对照组 A 与研究组 A 结果进行对比,白细胞、红细胞、血小板以及血红蛋白的含量具有明显的差异性,且研究组 A 的含量更趋向于正常值( $P<0.05$ ),对照组 B 与研究组 B 比较白细胞、红细胞、血小板以及血红蛋白的含量具有明显的差异性,研究组 B 的含量更趋向于正常值( $P<0.05$ )。

**结论** 抗凝剂的浓度以及过期的血液样本会影响血液细胞检测的质量,为了提高检测质量,需要配比准确的抗凝剂,并在规定的时间内检验血液样本。

## PU-4968

### $\gamma$ -干扰素释放试验在肺内外、肺部肿瘤及老年结核患者中的临床评价

杨玲,岳娜,田彬,孔海芳

天津医科大学总医院,300000

**目的** 探讨  $\gamma$ -干扰素释放试验(QFT-GIT)在不同群体疑似结核性疾病诊断中的临床应用价值。

**方法** 收集天津医科大学总医院 2014 年至 2017 年间,住院患者中确诊结核的病例共 253 例作为结核组,收集同期入院疑似结核且最终排除结核的患者共 168 例作为非结核组。对  $\gamma$ -干扰素释放试验(QFT-GIT)及结核抗体检测胶体金法(TB-Ab)这两种方法诊断效能进行评价,并根据年龄、结核部位,肺部疾病性质分组对 QFT-GIT 试验的阳性率及  $\gamma$ -干扰素释放量进行分析。

**结果** QFT-GIT 和 TB-Ab 的灵敏度分别为 86.56%, 39.92%, 特异度分别为 76.79%, 91.67%。并对这两种方法进行一致性分析,计算 Kappa 值,得  $Kappa=0.186$ ,一致性很差。QFT-GIT 实验在结核组与非结核组间阳性率及  $\gamma$ -干扰素的释放量比较,  $P$  均 $<0.001$ 。肺结核组和肺外结核组间 QFT-GIT 阳性率及  $\gamma$ -干扰素的释放量比较,  $P$  分别为 0.364、0.471,差异无统计学意义。肺部良性病变组与肺部肿瘤组间 QFT-GIT 阳性率及  $\gamma$ -干扰素的释放量比较,  $P$  均 $<0.001$ 。QFT-GIT 实验在年龄分组:  $15\leq age<60$ ,  $60\leq age\leq 70$ ,  $Age>70$  三组的灵敏度随着年龄的增加不断降低。 $15\leq age<60$  与  $Age>60$  及  $60\leq age\leq 70$  这两组不同年龄段的结核患者的  $\gamma$ -干扰素的释放量进行比较  $P$  值分别为 0.008 和 0.01,差异有统计学意义。

**结论** QFT 实验虽能辅助诊断结核性疾病,但不能用于鉴别结核部位。与 TB-Ag 相比, QFT-GIT 实验在疑似结核患者的辅助诊断中有较高的临床价值,但此实验结果受高龄和肿瘤性疾病的影响,所以诊断结核时要结合其他临床资料进行分析。

## PU-4969

### 抗环瓜氨酸肽抗体和类风湿因子联合检测对类风湿关节炎的诊断价值

谢廷梅<sup>1</sup>,黄婉佳<sup>2</sup>

1.四川省肿瘤医院,610000

2.西南医科大学附属中医医院

**目的** 探讨抗环瓜氨酸肽抗体(抗 CCP 抗体)和类风湿因子(RF)联合检测对类风湿关节炎(RA)的诊断价值。

**方法** 回顾分析 61 例类风湿关节炎病(RA)、61 例非类风湿关节炎病(非 RA)和健康对照组抗 CCP 抗体和 RF 的检测结果。抗 CCP 抗体测定采用酶联免疫吸附试验(ELISA),RF 采用胶乳增强免疫比浊法。

**结果** (1)RA 组患者抗 CCP 抗体和 RF 的检测结果均高于非 RA 组和健康对照组,差异均有统计学意义( $P<0.01$ );(2)RA 组抗 CCP 抗体、RF 及两者联合检测的阳性率均高于非 RA 组和健康对照组( $P<0.05$ )。 (3)RA 组中,抗 CCP 抗体和 RF 检出能力相关( $P<0.05$ )。 (4)抗 CCP 抗体诊断 RA 的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 67.21%, 95.08%, 93.18%, 74.36%; RF 诊断 RA 的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 83.61%, 86.89%, 86.44%, 84.13%; 两者联合检测的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 63.93%、98.36%、97.5%、73.17%。 (5)根据 ROC 曲线分析,两者联合的诊断效能高于两者单独应用(AUC 抗-CCP 抗体: 0.886; AUCRF: 0.879; AUC 抗-CCP 抗体+RF: 0.923,  $P<0.05$ )

**结论** 抗 CCP 抗体和 RF 两者联合检测可显著提高临床诊断类风湿关节炎的特异性有助于与其他自身免疫性疾病的鉴别。

## PU-4970

### 孕妇梅毒血清试验假阳性的原因分析

周蓉

四川省人民医院,610000

**目的** 对孕产妇梅毒血清试验假阳性的原因进行分析,并且做好应对措施。

**方法** 收集我院 2018 年 4 月—2019 年 3 月期间进行梅毒血清学筛查试验的 8051 名孕产妇作为研究对象,对梅毒血清学采用常用试验方法,包括梅毒螺旋体酶联免疫吸附试验(TP-ELISA)、梅毒螺旋体明胶颗粒凝集(TPPA)、快速血浆反应素环状卡片试验(RPR)。分析统计梅毒螺旋体酶联免疫吸附试验(TP-ELISA)和梅毒螺旋体明胶颗粒凝集(TPPA)法假阳性率以及比较 TP-ELISA 和 TPPA 法的符合率。

**结果** 检测的 1024 份检测结果中,其中出现假阳性结果 2 例(1.26%),其中因为血清标本处理不善而造成的假阳性 1 例(0.0097%);药物性因素 1 例(0.097%)。

**结论** TP-ELISA 法检测阳性标本中 S/CO 值为临界值者,应采用 RPR 和 TPPA 法联合检验,以减少误诊及漏检。除了对梅毒进行血清学筛查试验外,还需结合患者的病史、临床症状与反应做出诊断。

## PU-4971

## 用人工制备全血的血糖仪比对的探讨

陈炜钢,沙伟,张楠哲,孔莉  
南京医科大学第二附属医院,210000

**目的** 探讨以人工制备全血进行血糖仪比对的可行性。

**方法** 选择肝素抗凝全血标本 50 份, 常温静置 5-7 天, 取上清血浆测定葡萄糖浓度, 浓度范围在 0.02~0.4mmol/L, 加入 5%葡萄糖溶液, 调整葡萄糖浓度>2.8 mmol/L 2 份, ≥2.8 mmol/L 且<4.2 mmol/L 8 份, ≥4.2 mmol/L 且<6.7 mmol/L 10 份, ≥6.7 mmol/L 且<11.1 mmol/L 15 份, ≥11.1 mmol/L 且<16.6 mmol/L 8 份, ≥16.6 mmol/L 且<22.2 mmol/L 5 份, ≥22.2 mmol/L 2 份, 血糖仪测定前加入同份血浆中的红细胞, 调整 HCT>20%, 静置 15 分钟, 混匀后进行血糖仪比对。比对后立即离心, 取上清血浆再次测定血浆葡萄糖浓度。

**结果** 比对试验用时 3.5 小时, 期间血糖仪无异常数值, 均比对合格; 加入红细胞后血浆葡萄糖检测结果与加入红细胞前比较, CV%在-29.49%~4.6%之间, 加入红细胞前后葡萄糖水平进行 T 检验, P=0.977, 两组数据无明显差异。

**结论** 当葡萄糖浓度低时, 加入红细胞对葡萄糖浓度的影响更为显著。ISO15197:2013 中要求, 极高或极低值 (≥22. mmol/L 2 或≤2.77 mmol/L 时) 可不采用全血标本, 高值或低值 (>16.65 mmol/L ~≤22.2 mmol/L 或>2.77 mmol/L ~≤4.44 mmol/L) 时, 必须使用超过一半的全血标本。本次比对试验, 加入红细胞前后 CV%大于 10% (美国 CLIA'88 能力验证计划的分析质量要求) 标本有 2 份, 一份为极低值, 一份为低值。本次试验认为: 可以以人工全血替代新鲜全血进行血糖仪比对, 测量结果无差异, 并且葡萄糖浓度稳定时间更长, 极低值葡萄糖以血浆替代更为妥当。

## PU-4972

非酒精性脂肪肝病患者红细胞体积分布宽度与血小板的比值  
和其肝纤维化程度的相关研究

周文杰,于凡,张鸽,胡正强,江咏梅  
四川大学华西第二医院,610000

**目的** 非酒精性脂肪肝病的发病率呈逐年升高的趋势, 红细胞体积分布宽度与血小板计数的比值的应用提升了对肝纤维化的筛查的敏感程度。因此本研究的目的是探索非酒精性脂肪肝病患者的红细胞体积分布宽度与血小板计数的比值与其超声下探查肝脏纤维化程度的内在相关性。

**方法** 研究对象: 本研究在排除饮酒、疾病和妊娠等状况共纳入健康体检人群 388 名(男性 201 人, 女性 187 人)。

**研究指标:** 研究对象接受了体重、血压的测量, 空腹外周血检查(红细胞体积分布宽度、血小板、谷丙转氨酶、天门冬氨酸氨基转移酶、γ-谷氨酰转氨酶、甘油三脂、总胆固醇、高密度脂蛋白、低密度脂蛋白、超敏 C 反应蛋白)。肝脏超声检查由同一位高年资超声医师盲法完成, 诊断标准参照 2011 年中华医学会非酒精性脂肪性肝病诊疗指南。红细胞体积分布宽度与血小板计数的比值=红细胞体积分布宽度×100/血小板个数 (10<sup>9</sup>/L), FIB-4 指数=年龄(岁)×天门冬氨酸氨基转移酶 (U/L)/血小板(10<sup>9</sup>/L)×。

**统计方法:** 采用单因素方差分析或 Kruskal-Wallis H 检验分析多组间的差异, 实验室指标和 FIB-4 指数与该比值的相关性分析则采用 spearman 相关分析, 当 P 值<0.05 时认为有统计学差异。

**结果** 在非酒精性脂肪肝病患者中红细胞体积分布宽度与血小板计数的比值高的患者更易发生肝脏纤维化 (P 值<0.001)。在非酒精性脂肪肝病患者该比值是肝脏纤维化指数的一个独立风险因子 (OR: 5.718, 95%CI: 3.326-9.830, p <0.001)。

**结论** 在非酒精性脂肪肝病患者中其红细胞体积分布宽度与血小板的比值和其肝纤维化程度是存在相关性的。

#### PU-4973

### Anti-Rods and Rings Antibodies can exist in hepatopathy and autoimmune diseases in Chinese Population

Lei Zhang, Jian Zhao Zhai, Lu Wang, Zhuochun Huang  
The West China College of Medicine, Sichuan University

**Objective** The study aimed to investigate the prevalence and clinical significance of anti-rods and rings antibodies in clinical research in Chinese population.

**Methods** Total of 197227 patients were collected in January 2016 to November 2018 for detecting ANA, and the laboratory data and clinical details of patients with positive anti-rods and rings antibodies (anti-RR) were retrospectively collected and analyzed.

**Results** Of the 197,227 patients, 109,453 showed positive antinuclear antibodies (55.50%), but only 107 patients with positive anti-rods and rings antibodies (0.10%), including 51 females and 56 males. Diagnoses were established in 51 of 107 patients: 25 with hepatopathy (HCV 8/25 and HBV 12/25), 13 with autoimmune diseases (AID), and 7 with renal insufficiency, 6 with chronic obstructive pulmonary disease (COPD).

**Conclusions** That anti-RR antibodies have low prevalence, and no gender difference was found. The anti-RR antibodies mainly exist besides hepatitis C and hepatitis B, also in some autoimmune diseases, renal insufficiency and COPD, which need further investigation.

#### PU-4974

### Phage display screened a novel C-terminal domain of connective tissue growth factor binding peptide can alleviate bleomycin-induced pulmonary fibrosis in mice

Han Xiao  
Zhongda Hospital Southeast University

**Objective** Idiopathic pulmonary fibrosis is known as a chronic symptom and deadly interstitial lung disease with a bad prognosis and few treatment options. Connective tissue growth factor (CTGF) induced by TGF- $\beta$  has been proved to be an important mediator involved in regulating the formation and development of pulmonary fibrosis. A novel C-terminal domain of CTGF binding peptide is screened and its function to antagonize the pulmonary fibrosis is unknown. We investigated whether 810A could neutralize CTGF to block its biological activity as a specific strategy to combat pulmonary fibrosis in vitro and vivo.

**Methods** Using phage display technology, we screened a small peptide 810A that can specific bind characteristics with CTGF. Then we applied to Human bronchial epithelial cells (16HBE cells) to evaluate its function towards cells by MTT testing, cell migration experiment and western blot. 810A in mouse model of bleomycin (BLM)-induced pulmonary fibrosis was evaluated by leukocyte counts in bronchoalveolar lavage fluid (BALF), hydroxyproline contents and pathological examination.

**Results** 810A that could specifically bound to CTGF C-terminal domain showed a dose-dependent relationship between OD450 value and 810A concentration ( $Y = -0.033X^2 + 0.4297x + 0.0587$ ,  $R^2 = 0.988$ ), and the concentration for 50% of maximal effect (EC50) of 810A was  $2.547 \pm 0.092 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$ . In vitro, it has capacity in inhibiting cell proliferation at

concentration of  $10 \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ , and CTGF at  $1 \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$  could significantly promote the migration of cells while this phenomenon can be prohibited after the addition of 810A at concentrations greater than  $0.1 \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ . TGF- $\beta$  in cells showed significantly increased by CTGF while the adding of 810A could efficiently inhibit this appearance. In vivo, the results quite evident that concurrent injection of 810A and BLM can effectively alleviate various pathological processes caused by BLM in the early stage, and maintained a sustained protection effect until 28 days. As compared to untreated group, 810A significantly alleviated the fibrosis in the lung coefficient. The inflammation was prohibited as implied by the reduced leukocytes in BALF. The results of pathophysiological analysis indicated that the hydroxyproline contents, the alveolar enlargement and interstitial inflammatory infiltration and collagen deposition were reduced.

**Conclusions** Taken together, the CTGF/C specific binding peptide was screened by phage display technology, which could effectively inhibit the proliferation, migration and expression of TGF- $\beta$  in cells pretreated by CTGF. In vivo it showed similar effects, which could effectively intervene to reduce the occurrence and development of pulmonary fibrosis in mice. 810A may potentially be a CTGF specific small molecule antagonist, providing a new way for the prevention and treatment of pulmonary fibrosis.

## PU-4975

### 外周血淋巴细胞染色体 G 显带技术改良

高惠

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 染色体 G 显带核型分析作为一种经典的细胞遗传学检测技术,是染色体病诊断的金标准,在产前诊断、辅助生殖等领域具有重要意义。探讨外周血淋巴细胞染色体吉姆萨(Giemsa)显带技术(G 显带技术)的改良,提高 G 显带效果,并能节约时间,进一步提高染色体诊断效率。

**方法** 300 例疑似患者用常规方法进行外周血淋巴细胞培养及制片、烤片,用 0.05%胰蛋白酶消化液消化 20 s, Giemsa 染液染色,并与 0.025%胰蛋白酶消化液消化时间 5~6 min 的常规显带方法对比。

**结果** 改良方法的标本因为消化时间短更易于操作控制,省时又省力。片带纹清晰,深浅带反差突出,合格率 96%,最佳率 72.6%,而常规方法合格率 96%,最佳率 50.7%,2 种方法在得到最佳片数上差异有统计学意义( $P < 0.01$ )。

**结论** 应用改良技术可缩短染色体制片时间,又能达到最佳效果,同时为工作人员节约时间,及早出结果,可提高临床对染色体病诊断效率,因此本改良方法是值得推广的实验方法。

## PU-4976

### Comparision of five methods for biofilm protein extraction from *Staphylococcus epidermidis*

Ruiling Zu<sup>1</sup>, Jiangyong<sup>2</sup>, Yuling Yi<sup>2</sup>, Yan Li<sup>2</sup>

1. Sichuan Cancer Hospital

2. School of Medical Technology, Chengdu University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** *Staphylococcus epidermidis* is an opportunistic bacteria, which are capable of the strong implant-adhering and biofilm-forming ability. In recent years, the studies on the bacterial biofilms become more and more popular. It has been documented that biofilms allow *S. epidermidis* to tolerate high concentrations of antibiotics and other environmental stresses. In the research process, it was found that the proteins were hard to be extracted with various methods when the biofilms were grown, and no proper ways were found in the literature either.

So an appropriate way of extracting proteins from biofilms was an urgent need for our follow-up researches.

**Methods** The *Staphylococcus epidermidis* biofilms were cultured in vitro. When the biofilms grew into the mature phase, the biofilm proteins were extracted using RIPA, Trizol, Liquid nitrogen grinding, Ultrasonic and centrifuge decomposition and Enzyme method respectively. Bicinchoninic acid assay (BCA) was used to measure the protein concentration of those extractions. And the ultraviolet light absorption centered at 280nm of those extractions were determined by Nanodrop 2000. SDS-PAGE were used to separate the ingredients of those extractions, in order to find the target protein in our future researches.

**Results** The results of BCA showed that there was a statistically significant difference in the concentration of biofilm proteins extracted by 5 ways ( $P < 0.05$ ). The proteins extracted by Trizol was the lowest (0.24mg/mL), while the enzyme method was the most (1.03mg/mL). And the Liquid nitrogen grinding (0.28mg/mL), Ultrasonic and centrifuge decomposition (0.34mg/mL) also showed good effects on the protein extraction. Same as BCA method, the extraction of Trizol method had the lowest ultraviolet light absorption compared with other ways. The protein concentration of products extracted by Trizol was 0.09mg/mL. And the concentration extracted by enzyme method was 0.30mg/mL. The difference of the Liquid nitrogen grinding (0.13mg/mL) and Ultrasonic and centrifuge decomposition (0.14mg/mL) is marginal, which were both better than Trizol method. SDS-PAGE Gel displayed that there were barely no protein extracted by Trizol method. The products of enzyme method run bands around 14 kD, which might be the lysozyme. Otherwise, there were many lanes of Liquid nitrogen grinding and Ultrasonic and centrifuge decomposition extractions, indicating there were many different size proteins range 14KD from 188kd.

**Conclusions** The chemical ways can barely extract proteins from biofilms. The proteins extracted by enzyme method were Lysozyme itself. Liquid nitrogen grinding and Ultrasonic and centrifuge decomposition could break the biofilm and get almost all the proteins. So the physical methods were chosen to extract the biofilm proteins in the future researches.

## PU-4977

# 跨膜型肿瘤坏死因子 (tmTNF- $\alpha$ ) 反向信号转导对 NK92 细胞毒作用的影响

程庆元, 范维, 王萍, 邓巧玲, 黄奔, 柳家翠, 段怡平, 陈梁玥, 喻明霞  
武汉大学中南医院, 430000

**目的** 探究跨膜型肿瘤坏死因子 (tmTNF- $\alpha$ ) 反向信号转导对 NK92 细胞介导的细胞毒效应的影响及其背后分子机制。

**方法** 使用组成型表达 tmTNF- $\alpha$  的 IL-2 依赖性人 NK 细胞系 NK92, 用 sTNFR1 进行预刺激, 运用流式细胞术检测通过 tmTNF- $\alpha$  的反向信号传导对靶细胞 K562 细胞活性的影响, 并运用 ELISA, RT-PCR,  $\beta$ -氨基己糖苷酶释放等实验探究其分子机制。

**结果** 当用可以激活 mTNF- $\alpha$  反向信号的可溶性 TNFR1 (sTNFR1) 预刺激细胞时, 可观察到 NK92 细胞的细胞毒性显著增加。进一步的研究表明, 用 sTNFR1 预刺激增强了穿孔素和颗粒酶 B 这两种细胞毒性分子的胞吐作用和 mRNA 转录, 这可能是 tmTNF- $\alpha$  介导的反向信号促进 NK 细胞对靶细胞 K562 毒性的潜在分子机制。另一方面, 用 sTNFR1 预处理 NK92 增强了分泌形式和膜形式的 FasL 和 TNF- $\alpha$  的表达。这些分子也有助于增强 NK 细胞介导的细胞毒性, 尽管 K562 细胞是 Fas 阴性并对 sTNF- $\alpha$  表现出抗性。有趣的是, tmTNF- $\alpha$  反向信号与 IL-2 协同作用于 NK 所介导的细胞毒性。这种协同作用显著的促进了分泌以及跨膜细胞毒性分子的产生, 这可能是增强的 NK92 介导的细胞毒性的原因。

**结论** 通过反向信号传导, 组成型表达的 tmTNF- $\alpha$  可使 NK 细胞对激活分子如 IL-2 的敏感性增加, 从而通过促进多种细胞毒效应分子的产生, 导致 NK 细胞介导的细胞毒性增加。



PU-4978

## 代谢重排在胰腺癌中的作用

焦沁连

山东大学第二医院,250000

**目的** 胰腺癌的发病率始终呈上升趋势，正在成为癌症相关死亡的第二大病因。其中胰腺导管腺癌（PDAC）是一种恶性程度极高的肿瘤，其治疗极具挑战。胰腺癌细胞具有广泛的代谢重排作用，这是由致癌基因介导的细胞自主途径，肿瘤微环境的独特生理作用以及癌细胞与非癌细胞的相互作用共同驱动的。本文将总结胰腺癌中的代谢重排作用，并讨论其在治疗胰腺癌方面的研究进展。

**方法** 通过阅读国内外有关胰腺癌代谢重排的论文，总结胰腺癌产生营养不良微环境的独特生理学，发生在胰腺肿瘤异质细胞之内和之间的生化反应和代谢适应，以及如何利用代谢重排中可操作的药物靶点实现治疗。

**结果** 虽然代谢发生变化早被认为是癌症的核心标志，但是近期研究者才开始利用癌细胞与正常细胞之间的差异对这些过程进行充分的系统理解。胰腺癌代谢通过致癌基因 **KRAS** 重排，严格的微环境迫使 PDAC 细胞利用独特的方式获取替代的营养源。发展新的疗法治疗胰腺癌是必须的。

**结论** 因为代谢发生变化被认为是癌症的核心标志，所以我们要利用代谢紊乱进行靶向治疗。

PU-4979

## 重度子痫前期出现母婴不良结局的风险因素分析

孔虹

1.中国医科大学附属盛京医院,110000

2.中国医科大学医学检验技术 101K

**目的** 探讨重度子痫前期出现母婴不良结局的风险因素。

**方法** 回顾性分析中国医科大学附属盛京医院 2016 年至 2019 年收治的重度子痫前期孕妇 169 例，其中重度子痫前期患者出现母婴不良结局 117 例；妊娠良好结局 52 例。分析比较两组患者的一般资料包括年龄、发病孕周、是否为初产妇，基本实验室检查包括血小板计数、血清钙、尿酸、白蛋白、24h 尿蛋白定量、胱抑素 C、D-二聚体。

**结果** 两组孕妇年龄、是否初次妊娠、24h 尿蛋白定量、血小板计数、血清白蛋白、ALT、AST、胱抑素 C、D-二聚体相比较，差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ），母婴不良结局发病孕周平均年龄  $29.93\pm 4.30$  岁，平均发病孕周  $31.08\pm 3.19$  周，早于妊娠良好组，血清钙明显低于无母婴不良组，血清尿酸明显高于无母婴不良组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。Logistic 回归分析显示，重度子痫前期发病孕周早、血清钙降低、血清尿酸升高是重度子痫前期发生母婴不良结局的风险因素。

**结论** 重度子痫前期发病孕周早、血清钙降低、血清尿酸升高是重度子痫前期发生母婴不良结局的风险因素。

PU-4980

## 三维基因组学技术的发展与应用

焦沁连

山东大学第二医院,250000

**目的** 三维基因组学是以研究真核生物核内基因组空间构象，及其对不同基因转录调控的生物学效应为主要研究内容的一个新的学科方向；也是后基因组学时代研究的一个热门领域。它的研究重点是空间构象与基因转录调控间的关系。通过三维基因组学技术，研究者能对基因组的折叠和空间构

象、转录调控机制、复杂生物学性状、信号传导通路和基因组的运行机制等一系列重要问题进行更深入的探讨和研究,为系统解读生命百科全书和精准生物学的实施奠定坚实基础。本文综述了目前三维基因组学研究领域中的主要技术,并简单介绍应用这些技术已取得的重要成果以及未来的发展方向。

**方法** 综合国内外对三维基因组学的研究,为三维基因组学的进一步研究提供有力的理论基础和新思路。

**结果** 随着研究的深入,有关技术将进一步被完善创新。为了得到不同组织结构特性,对基因组个性化的研究会越来越多,因此须不断改进单细胞全基因组分析的技术以及计算工具,伴随着测序技术的发展,高通量成像领域也会有更多的发展空间。

**结论** 尽管染色质相互作用的研究还未全面发展,但未来通过探索染色质动力学和基因组结构变异,基因组学将会在各个方向带给人们意想不到的收获。

PU-4981

## 转铁蛋白和血红蛋白胶体金法联合检测粪便 潜血性能评价

左斌生

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 比较粪便潜血检测中转铁蛋白胶体金法和血红蛋白胶体金法的区别,评估转铁蛋白在临床粪便潜血检测中的应用前景。

**方法** 通过分别测定转铁蛋白胶体金法和血红蛋白胶体金法的检测限、稳定性、抗干扰实验、检测灵敏度和特异性。

**结果** 血红蛋白胶体金法的检测上限和下限分别为 1.5mg/ml 和 100ng/ml,转铁蛋白胶体金法的检测上限和下限分别为 1.4mg/ml-40ng/ml;血红蛋白和转铁蛋白胶体金均为阳性标本均可以在体外保持 2 天不变性;动物血、蔬菜、药物等干扰因素均不会对血红蛋白、转铁蛋白胶体金产生影响;转铁蛋白检测,上、下消化道出血的灵敏度分别为 57.3%和 80.7%,用血红蛋白检测,上、下消化道出血的灵敏度分别为 74.6%和 87.5%,两种诊断试剂的特异度均为 98%。两种方法联合应用灵敏度可达 98%。

**结论** 对于消化道出血的患者,转铁蛋白和血红蛋白胶体金法都存在自身的缺陷,二者联合检测要明显优于单独的粪便血红蛋白或者转铁蛋白的检测。

PU-4982

## Blood Routine Parameters Application in Clonorchis Sinensis Infection Screening among Healthy Population.

Zhiwu Yu

Affiliated Cancer Hospital & Institute of Guangzhou Medical University

**Objective** Retrospectively analysis of the results of specific IgG antibody against Clonorchis sinensis in healthy populations and to investigate the application value of blood routine parameters in Clonorchiasis screening.

**Methods** We statistical analysis of the specific IgG antibody against Clonorchis sinensis detected by ELISA assay among healthy subjects in our hospital from March 2017 to November 2018 and selected a total of 62 ELISA positive patients with microscopic examination of Clonorchis sinensis eggs as infected group (exclude any basic disease), 62 ELISA negative healthy subjects as control group. Blood routine parameters were compared between the two groups and receiver operating characteristic (ROC) curve was used for evaluating the blood routine parameters.

**Results** The prevalence was 21.8% within the study period, of which 872 healthy cases were tested for IgG antibody of *Clonorchis sinensis*. Over 40 years old and the male are the risk factors for *Clonorchis sinensis* infection ( $P < 0.001$ ), WBC, NEU, MON, ERO, PLR, NLR, MLR and ELR in the infected group were significantly higher than those in the control group, while Hb level and LYM were significantly lower ( $P < 0.05$ ). No significant difference was found in PLT between the two groups ( $P = 0.697$ ). The area under the curve (AUC) of ELR was 0.828 with superior sensitivity and specificity.

**Conclusions** The blood routine parameters may act as the valuable supplement in *Clonorchis sinensis* infection screening among healthy individuals and worthy popularizing and applying.

## PU-4983

### 儿童血小板参数无数值原因分析及处置方法初探

戴淑芝,宋秦伟,王莹,刘伟杰,马丽娟  
首都儿科研究所附属儿童医院,100000

**目的** 血小板属于多功能血细胞,具有黏附聚集、收缩吸附等功能,最主要的功能有止血与凝血。血常规分析中,涵盖血小板计数(PLT)、平均血小板体积(MPV)、血小板压积(PCT)、血小板分布宽度(PDW)、大型血小板比例(P-LCR)4项参数,这些参数作为间接反映血小板生理功能状态的常规指标,在疾病的发生发展及转归和疗效判定中有着重要的意义。出现不表达,需要予以关注与处置。

**方法** 采用 SYSMEX XN-350 初次计数血小板、发现血小板参数不显示,采用 SYSMEX XN-3000 PLT-F 通道复检加手工计数、同时血涂片镜检血细胞形态,重点关注 PLT 形态。

**结果** 初步跟踪分析 69 例儿童人群中血小板参数无数值案例,发现小细胞贫血(24 例)占 34.8%,大型 PLT(20 例)占 29.0%、其他贫血(10 例)占 14.5%,新发白血病(10 例)占 14.5%,ITP(2 例)占 2.9%,EDTA 依赖性血小板减少(1 例)占 1.4%,其他(2 例)占 2.9%。PLT-F 通道复检统计分析提示,小细胞贫血组 PLT 计数值下将 17.5%无显著性统计学差异,大型 PLT 组 PLT 计数值无显著性统计学差异。手工计数与 PLT-F 通道检测值无显著性统计学差异, $P$  值  $> 0.05$ 。

**结论** 遇到血小板参数无数值结果,在保证无标本凝集下、同时确认采样分析时间得当前提下,建议 PLT 计数值大于  $100 \times 10^9/L$  不采血复检 PLT 计数,小于  $100 \times 10^9/L$  可采用高级仪器通道复检 PLT 计数结果,无仪器条件实验室亦用手工计数替代。血涂片染色镜检复核是必须的,可避免漏检初发血液病,EDTA 依赖性血小板减少,在检验报告中备注 PLT 参数无值原因,提醒临床医生关注。

## PU-4984

### 山东鲁北地区妇女 HPV 感染的型别分布 及 E6/E7 基因表达程度研究

李娜  
滨州医学院附属医院,256600

**目的** 探讨鲁北地区妇女 HPV 感染的型别分布及 E6/E7 基因表达程度。

**方法** 选取 2016 年 10 月-2017 年 3 月 HPV-DNA 分型筛查阳性患者 348 例为研究对象,采用支链 DNA 技术检测 HPV E6/E7 mRNA。探讨在中国不同地区 HPV 型别及 E6/E7 表达程度是否存在地域性差异。

**结果** 1.HPV-DNA 分型筛查阳性标本中前四位分布依次为 HPV-16 (15.8%, 55/348)、HPV-52 (13.2%, 46/348)、HPV-58 (12.1%, 42/348)、HPV-18 (5.4%, 19/348); 2.HPV-58 型 E6/E7 mRNA 阳性率及 copies 值均高于 HPV-16、18、52 型, 差异具有统计学意义 ( $F=22.05$ ,  $P<0.01$ ;  $F=19.25$ ,  $P<0.01$ ); 3.高危型 HPV 混合感染者 E6/E7 mRNA 阳性率及 copies 值均高于单一感染, 差异具有统计学意义 ( $F=22.08$ ,  $P<0.01$ ;  $F=19$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 1.在高危型 HPV 感染患者中, HPV-16 型感染率最高; 2.E6/E7mRNA 表达情况与既往研究有差别, HPV-58 型 E6/E7 mRNA 阳性率及 copies 值均高于 HPV-16、18、52 型, 推测高危型 HPV 致癌性可能存在地域性差异。

#### PU-4985

### Small dense low-density lipoprotein (sd-LDL) to low-density lipoprotein (LDL) ratio as a predictor of the risk of acute coronary syndrome

Zhiwu Yu

Affiliated Cancer Hospital & Institute of Guangzhou Medical University

**Objective** Acute coronary syndrome (ACS) is the leading cause of death in developing and developed countries, yet assessing risk of its development remains challenging. Several lines of evidence indicate that small dense low-density lipoproteins (sd-LDL) associated with increased risk for cardiovascular disease. However, no epidemiological studies have examined whether the cholesterol content of sd-LDL can predict future cardiovascular events in Chinese.

**Methods** Baseline characteristics were obtained in 121 ACS patients and 172 healthy controls of Chinese population. Plasma sd-LDL-C was measured using a newly developed homogeneous assay, and the proportion of sd-LDL-C in LDL-C was detected.

**Results** The sd-LDL-C level and sd-LDL-C/LDL-C ratio was significantly higher in males than in females ( $p<0.05$ ) and there was an age effect on sd-LDL-C and sd-LDL-C/LDL-C ratio ( $p<0.05$ ). Elevated levels of sd-LDL-C and sd-LDL-C/LDL-C ratio was observed in ACS patients of UAP, STEMI and NSTEMI compared to health control ( $P<0.05$ ). According to pearson's correlation coefficient analyses, plasma sd-LDL-C levels and sd-LDL-C/LDL-C ratio were positively correlated with triglycerides (TG) and LDL-C ( $P<0.05$ ), and negatively correlated with HDL-C ( $P<0.05$ ). Based on the receiver operating characteristic (ROC) curve, the cut-off value of sd-LDL-C and sd-LDL-C/LDL-C ratio to predict ACS were 1.06 mmol/L and 34.55%, respectively. Multivariate logistic regression analysis demonstrated that sd-LDL-C/LDL-C ratio but not sd-LDL-C was significantly associated with ACS events [OR (95% CI): 1.25, 1.11-1.39,  $P<0.001$ ].

**Conclusions** It was demonstrated that the presence of sd-LDL-C/LDL-C ratio may be associated with an increased risk of subsequently developing ACS in Chinese population.

#### PU-4986

### 某院 2018 年度细菌分布特点及其药物敏感性分析

姜海迪,贾永娟

兰州市第一人民医院

**目的** 统计分析我院 2018 年度分离的病原菌分布特点, 归纳总结抗菌药物的耐药趋势, 从而为临床合理使用抗生素和控制医院内感染提供参考依据。

**方法** 采用常规方法对临床送检标本进行病原菌培养、分离, 应用珠海迪尔鉴定分析系统及配套鉴定药敏板进行细菌鉴定, 必要时用手工方法对细菌鉴定进行补充, 用 KB 法对药敏结果进行复核, 试验结果应用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 2018 年度我院共检出细菌 1370 株, 其中革兰阴性杆菌 1045 株, 占分离率的 。分离前五位细菌名称分别是大肠埃希菌 321 株 (23%), 肺炎克雷伯菌 188 株 (14%), 金黄色葡萄球菌 174 株 (13%), 铜绿假单胞菌 84 株 (6%), 阴沟肠杆菌 82 株 (6%)。值得一提的是分离到流感嗜血杆菌 61 株、肺炎链球菌 41 株, 分别占全院的第 7、第 8 名, 主要来源于我院儿科吸痰标本, 且冬季较多。多重耐药菌株有: 大肠埃希菌 (ESBL) 154 株 (占该菌分离总数的 48%)、大肠埃希菌 (AmpC) 10 株 (占该菌分离总数的 3.12%); 肺炎克雷伯菌 (ESBL) 17 株 (占该菌分离总数的 9.04%)、肺炎克雷伯菌 (AmpC) 6 株 (占该菌分离总数的 3.19%);

**结论** 我院分离到的细菌多以敏感株为主, 非发酵菌多重耐药现象并不严重, 这可能与我院收住病人的质量以及院内感染监测控制有关, 但是肠杆菌科 ESBLs 和耐甲氧西林葡萄球菌的检出率还是占很大的比例, 因此, 细菌室的工作不仅是报告细菌的鉴定及药敏试验, 更重要的是提供医院感染细菌的流行情况及耐药性分析, 并指导临床合理使用抗生素, 为经验用药提供有力支持。

PU-4987

## A LncRNA Signature Associated with Metastasis of T1 Colorectal Cancers to Lymph Nodes

Tong Liu, chuanxin wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Most T1 colorectal cancers treated by radical surgery can now be cured by endoscopic submucosal dissection. Although 70%-80% of T1 colorectal cancers are classified as high risk, <16% of these patients actually have lymph node metastases. Biomarkers are needed to identify patients with T1 cancers with the highest risk of metastasis, to prevent unnecessary radical surgery.

**Methods** (1) Discovery and validation of dysregulated lncRNA in tissue and serum; (2) Verification of expression of the selected lncRNA in serum; (3) Validation of the constructed lncRNA panel.

**Results** Expression profiles of top 10 lncRNA selected from The Cancer Genome Atlas (TCGA) were validated in 20 pairs of tissues by quantitative real-time PCR, and the dysregulated lncRNA thus identified were further validated in serum samples identified 3 lncRNAs (LINC01234, LINC08375, and MALAT1) with significant changes in expression in T1 and T2 colorectal cancers with vs without lymph node metastases. Levels of the 3 lncRNAs identified patients with lymph node invasion by T1 or T2 cancers with an area under the receiver operating characteristic curve (AUC) value of 0.79. We validated these findings in 2 independent cohorts of patients with T1 cancers, using findings from histology as the reference. The 3-lncRNA signature identified T1 cancers with lymph node invasion in cohort 2 with an AUC value of 0.85, and in cohort 3 with an AUC value of 0.78. When we analyzed biopsy samples from untreated patients, the 3-lncRNA signature identified cancers with lymph node metastases with an AUC value of 0.71.

**Conclusions** The 3-lncRNA therefore identifies high-risk T1 colorectal cancers with a greater degree of accuracy than currently used pathologic features.

## PU-4988

## Comparison between disk diffusion and agar dilution methods to determine in vitro susceptibility of *Neisseria gonorrhoeae* clinical isolates and update of their susceptibility

Yaoyang Fu, Chuanhao Jiang, Lingli Tang  
The Second Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** We assessed the validity of testing for antimicrobial susceptibility of clinical *Neisseria gonorrhoeae* isolates by disk diffusion in comparison to agar dilution, for 4 antimicrobial agents including penicillin, ciprofloxacin, ceftriaxone, spectinomycin and update of their susceptibility.

**Methods** A total of 185 isolates of *N. gonorrhoeae* strains were collected from clinically relevant samples of patients in 4 general hospitals from 2014 to 2018 in Changsha, China. All the isolates were evaluated for resistance to 4 antimicrobial agents, including penicillin, ciprofloxacin, ceftriaxone, and spectinomycin, by the disk diffusion method and the agar dilution method, according to the guidelines established by the CLSI. The correlation and discrepancies between the agar dilution reference method and disk diffusion test was determined by plotting the inhibition zones against their respective MICs, and performing a linear regression analysis.

**Results** The susceptibility of these isolates for 4 antimicrobial agents are respectively 1.8% (penicillin); 0.6% (ciprofloxacin); 98.2% (ceftriaxone); 100% (spectinomycin) by the disk diffusion and 1.6% (penicillin); 0% (ciprofloxacin); 95.7% (ceftriaxone); 100% (spectinomycin). The disk diffusion tests produced good categorical agreements, exhibiting concordance of 98.9%, 99.4%, 96.2%, and 100% with agar dilution for penicillin, ciprofloxacin, ceftriaxone, and spectinomycin. Pearson correlations between disk-diffusion diameters and agar dilution MICs were -0.59, -0.67, -0.81 and -0.72 for penicillin, ciprofloxacin, ceftriaxone, and spectinomycin, respectively.

**Conclusions** Disk diffusion tests remain to be a useful, reliable method for qualitative antimicrobial susceptibility testing for penicillin, ciprofloxacin, ceftriaxone, and spectinomycin.

## PU-4989

## 新疆喀什地区少数民族与汉族甲状腺疾病的发病率

向敏  
新建第三师医院生产建设兵团第三师医院

**目的** 回顾性分析新疆喀什地区 2891 例内分泌科甲状腺功能检测结果，了解喀什地区居民甲状腺疾病患病情况。

**方法** 收集 2015 年 8 月至 2019 年 2 月我院内分泌科 2891 例甲状腺激素检测的数据。其中汉族女性 1239 人，平均年龄 50 岁，男性 723 人，平均年龄 53 岁；维族女性 593 人，平均年龄 53 岁，男性 336 人，平均年龄 56 岁。

**结果** 汉族女性临床甲亢、亚临床甲亢、临床甲减、亚临床甲减的检出率分别为 2.91%、4.68%、3.15%、23.57%，男性检出率分别为 2.35%、4.56%、1.94%、18.53%；维族女性临床甲亢、亚临床甲亢、临床甲减、亚临床甲减的检出率分别为 3.04%、2.87%、8.60%、16.86%，男性检出率分别为 2.98%、3.57%、4.76%、12.50%。

**结论** 结论 在内分泌科检查人群中，一以亚临床甲状腺功能紊乱为主；二 4 种疾病均以女性患者居多；三随年龄增长，甲减与亚甲减患病率也随之增长，尤其以中老年妇女多见；四维族甲减检出率高于汉族。

## PU-4990

**LOX-1、CX3CR1 与冠状动脉狭窄性疾病关系及其预后价值**

谢莉丽,孙萍

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨血凝素氧化低密度脂蛋白 (ox-LDL) 受体-1 (LOX-1)、CXC 趋化因子受体 1 (CX3CR1) 与冠状动脉狭窄性疾病关系及其预后价值。

**方法** 176 例冠状动脉狭窄病例 (病例组) 纳入研究对象, 并设对照组 (129 例)。记录 2 组的一般资料及实验室参数, 检测 LOX-1、CX3CR1、尿酸 (UA)、肌酐 (CREA)。进行各组检测参数比较。对病例组单支病变、多支病变的 LOX-1、CX3CR1 与 Gensini 积分及各变量进行相关分析。随访 1.5 年心脏不良事件 (MACE) 组与非 MACE 组进行比较, 不同 LOX-1、CX3CR1 水平患者随访 1.5 年 MACE 比较。

**结果** 病例组 LOX-1、CX3CR1、UA、CREA 水平明显高于对照组, 差异有统计学意义。多支病变患者 CX3CR1 水平明显高于单支病变患者。LOX-1、CX3CR1 与 Gensini 积分均无相关性, LOX-1 与左心室射血分数 (LVEF) 呈负相关, LOX-1 与左心室舒张末期内径 (LVDD) 呈正相关, LOX-1 与 UA 呈正相关。MACE 组 LOX-1、CX3CR1 水平明显高于非 MACE 组。高 LOX-1 水平组经皮冠状动脉介入治疗 (PCI) 术后 1.5 年内发生 MACE 风险增大, 累计非 MACE 概率明显降低。

**结论** LOX-1、CX3CR1 与冠状动脉狭窄性疾病关系密切, 但 2 指标不能反映冠状动脉狭窄的程度。LOX-1 与患者心脏功能受损有一定的相关性, 可反映左心室收缩和舒张功能的降低。LOX-1 升高与冠状动脉狭窄性疾病 PCI 术后远期 MACE 事件发生率密切相关。

## PU-4991

**2 型糖尿病患者的血同型半胱氨酸与叶酸和维生素 B12 水平的相互关系**

陈立,刘海燕

第一中心医院

**目的** 分析老年糖尿病患者血清中同型半胱氨酸 (Hcy)、叶酸和维生素 B<sub>12</sub> (Vit B<sub>12</sub>) 水平的变化及相互关系, 为早期发现老年糖尿病患者病情的进展提供依据。

**方法** 对入选的 80 例糖尿病组以及 80 例健康对照组分别采集其清晨空腹静脉血清或血浆, -20℃ 冻存, 然后集中测定血 Hcy、维生素 B<sub>12</sub>、叶酸水平。

**结果** 糖尿病组血 Hcy 测定值明显高于健康对照组, 结果有统计学意义 ( $t=6.176$ ,  $P=0.019$ ,  $P<0.05$ ); 同时糖尿病组叶酸及 Vit B<sub>12</sub> 水平低于健康对照组, 结果有统计学意义 (叶酸  $t=4.289$ ,  $P=0.035$ ,  $P<0.05$ ; VB<sub>12</sub>  $t=3.016$ ,  $P=0.043$ ,  $P<0.05$ ); 并且血 Hcy 浓度与叶酸和维生素 B<sub>12</sub> 水平呈负相关 ( $r_{\text{叶酸}}=0.92$ ,  $P=0.025$ ,  $P<0.05$ ;  $r_{\text{VB}_{12}}=0.95$ ,  $P=0.013$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 老年糖尿病患者存在血 Hcy 升高的现象, 同时伴有叶酸及 Vit B<sub>12</sub> 降低。

## PU-4992

## 肿瘤标志物联合检测在肺癌诊断、鉴别诊断及治疗监测中的应用价值

胡艳,刘楚

解放军联勤保障部队天津康复疗养中心

**目的** 比较 6 种肿瘤标志物联合检测在我院肺癌诊断、治疗监测中的应用价值。

**方法** 采用电化学发光免疫法检测 140 例肺癌和 57 例肺良性疾病患者的血清神经元特异性烯醇化酶 (NSE)、细胞角蛋白 19 片段 (Cyfra21-1)、糖类抗原 199 (CA199)、糖类抗原 125 (CA125)、血清鳞状细胞癌抗原 (SCC-Ag)、癌胚抗原 (CEA), 观察肿瘤标志物联合检测对肺癌的诊断、治疗监测及判断预后的价值。

**结果** 肺癌组大部分肿瘤标志物水平均显著高于肺良性疾病组 ( $P$  均  $< 0.05$ ); 6 种肿瘤标志物联合检测的灵敏度和准确度分别为 93.3%、87.3%, 均优于单项检测。

**结论** 肿瘤标志物联合检测可提高肺癌诊断的灵敏度和准确度, 有助于肺癌的诊断。

## PU-4993

## 甲胎蛋白和甲胎蛋白异质体联合检测诊断原发性肝癌的意义

景晔,徐和福

解放军联勤保障部队天津康复疗养中心

**目的** 探讨分析甲胎蛋白和甲胎蛋白异质体的联合检测对诊断原发性肝癌是否有临床意义。

**方法:** 以我院 98 例良性肝病 (肝硬化和慢性肝炎) 患者, 226 例原发性肝癌患者, 45 例肝功能正常的健康人员作为研究对象。所有标本均采用电化学发光法检测甲胎蛋白 (AFP); 采用亲和吸附离心法提取甲胎蛋白异质体 (AFP-L3), 再利用电化学发光法检测。

**结果** 甲胎蛋白和甲胎蛋白异质体联合检测可以提高原发性肝癌的阳性率, 降低原发性肝癌的假阴性结果, 并以甲胎蛋白 (AFP)  $\geq 400\text{ng/ml}$ , 甲胎蛋白异质体 (AFP-L3)  $\geq 10\%$  作为判断原发性肝癌 (PHC) 阳性的诊断值。

**结论** 甲胎蛋白 (AFP) 和甲胎蛋白异质体 (AFP-L3) 联合检测对诊断原发性肝癌 (PHC) 有临床意义。

## PU-4994

## 磁珠法和离心柱法提取 HIV 核酸的比较

黄国虹,刘红春,王昌敏

新疆维吾尔自治区人民医院,830000

**目的** 分析比较磁珠法和离心柱法提取 HIV RNA 的质量、完整性及效率。

**方法** 选用进口的磁珠法和离心柱法试剂同时提取 120 份 HIV 阳性血浆标本 RNA, 通过 A260nm/A280nm 比值判断 RNA 质量, 琼脂糖凝胶电泳法检测 RNA 完整性及不同方法提取 RNA 的效率, 并做相应的统计分析。

**结果** 磁珠法成功提取 116 份 RNA, 离心柱法成功提取 102 份 RNA ( $\chi^2=9.808$ ,  $P=0.002$ ); 磁珠法提取 RNA 平均 A260nm/A280nm 比值为 ( $1.98 \pm 0.12$ ); 离心柱法提取 RNA 的平均



A260nm/A280nm 比值为 (1.89±0.15) ( $t=5.73$ ,  $P=0.002$ ) ; 102 份离心柱法提取 RNA 琼脂糖凝胶电泳中 8 分出现拖尾现象, 而磁珠法未见拖尾现象 ( $\chi^2=9.44$ ,  $P=0.02$ )。

**结论** 磁珠法在 HIV RNA 提取中优于离心柱法, 研究者及各级疾病预防控制机构可考虑选择磁珠法提取 HIV RNA, 以提高后续病毒载量测定、基因型别鉴定的准确性和效率。

## PU-4995

### 抗酸染色对于肺癌细胞检出的最新研究

王兴,陈秋杰

解放军联勤保障部队天津康复疗养中心

**目的** 抗酸染色在实际临床工作中对肺癌的诊断价值的最新研究。

**方法** 对每例病人的痰和支气管镜的刷检分别涂片, 进行抗酸染色检查。然后把每例染色检查结果及病人的临床资料, 影像学资料和支气管镜和病理学检查资料进行综合分析研究。跟踪随访, 随后对实验数据进行系统学分析。

**结果** 抗酸染色在肺癌早期的诊断有一定的价值和优势, 对肺癌细胞的检出率较高。实际临床工作中利用抗酸染色既可以检查抗酸杆菌又可以检查肺癌细胞。

**结论** 抗酸染色在肺癌和肺结核鉴别方面拥有明显优势, 并且是肺结核和肺癌鉴别诊断的一种重要手段。

## PU-4996

### 2016 年至 2018 年四川大学华西医院肾移植术后尿路感染病原菌及药敏情况分析

陶建霞

四川大学华西医院,610000

**目的** 尿路感染 (UTIs) 是肾移植患者术后最常见的感染并发症之一, 也是移植肾功能衰竭和患者致死的重要原因之一。肾移植后尿路感染可由细菌、真菌、病毒等引起, 但细菌感染最常见。对肾移植术后尿路感染的病原菌及药敏分析有利于尿路感染的治疗, 对提高肾移植患者的存活率及保护移植肾有重要意义。了解肾移植患者尿路感染细菌感染情况及药敏结果分析。

**方法** 回顾性分析了 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日 180 例因肾移植术后尿路感染入院患者的病原学检测及药敏测定的资料, 采用描述性流行病学方法对感染情况进行分析。

**结果** 肾移植术后尿路感染患者主要病原微生物为细菌占 76.6%, 其中革兰氏阴性杆菌感染比例较大占 89.2%, 革兰氏阳性球菌占 10.8%, 真菌感染占 23.4%。最常见的致病菌是大肠埃希氏菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌和屎肠球菌, 分别占细菌感染的 36.9%、13.4%、12.1%和 8.9%, 且均出现了不同程度的耐药。真菌感染皆由念珠菌属引起, 主要致病菌为光滑念珠菌、白色念珠菌和克柔念珠菌, 分别占真菌感染的 25%、20.8%和 20.8%。对药敏结果进行分析, 主要的多重耐药菌为 CRE (耐碳青霉烯类肠杆菌), 2016-2018 年的耐药率在逐年上升, 分别为 12.8%、25%和 26.8%。VRE (耐万古霉素的肠球菌) 的耐药率几乎没有变化。

**结论** 大肠杆菌是肾移植术后尿路感染的主要致病菌, 且多重耐药率不断增加, 应引起临床上的高度重视。

PU-4997

## HIV/AIDS Knowledge of College Students at Medical University in Xinjiang

Guohong Huang, Jing Ma, Changmin Wang  
People's Hospital of Xinjiang Uygur Autonomous Region

**Objective** To understand HIV/AIDS knowledge awareness among college students in a medical college in Xinjiang, and provide scientific basis for the further development of AIDS health education.

**Methods** Eight hundred students who were from Grade 1 to 3 were selected in a medical college to fill the questionnaire about the students' demographic information, HIV/AIDS knowledge. The chi square test was applied for categorical outcomes.

**Results** A total of 800 students were investigated, 785 effective questionnaires were recovered, the response rate was 98.13%. The overall awareness rate of HIV/AIDS knowledge about seven models of transmission of HIV/AIDS were 100%(785/785), 100%(785/785), 96.6%(758/785), 89.0%(698/785), 87.1%(683/785), 97.5%(765/785) and 94.3%(740/785) respectively.

**Conclusions** The level of knowledge regarding HIV/AIDS transmission in Xinjiang medical university was considered satisfactory. Health education programs related to HIV/AIDS transmission and prevention for undergraduates can help to improve and strengthen the prevention and control of HIV/AIDS in the future in Xinjiang.

PU-4998

## 探讨血清超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)、尿微量白蛋白(mAlb)和载脂蛋白 A1 (Apo-A1) 在糖尿病肾病早期诊断中的应用价值

张利静, 张敏  
解放军联勤保障部队天津康复疗养中心

**目的** 探讨血清超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)、尿微量白蛋白(mAlb)和载脂蛋白 A1 (Apo-A1) 在糖尿病肾病早期诊断中的应用价值。

**方法** 糖尿病诊断符合世界卫生组织(WHO)1999 年制定的 2 型糖尿病诊断标准[1]。糖尿病肾病(DN)的诊断根据 Mogensen 诊断标准[2], 再根据尿蛋白排泄率(urinary albumin excretion rate, UAE)将糖尿病患者分为三组: 第一组是糖尿病肾病组(diabetic nephropathy, DN 组)(UAE>30mg/24h), 50 例, 第二组是单纯糖尿病组(simple diabetic mellitus, SDM)(UAE<0mg/24h), 50 例, 第三组选择为相同时期来我院体检中心的体检的健康体检者 50 例作为对照组, 为本院健康体检且各项检查指标均正常者。分别测定超敏 C 反应蛋白、尿微量白蛋白和载脂蛋白的水平, 将三组间的平均值比较, 并作统计学的处理。

**结果** 该 50 例糖尿病肾病组患者超敏 C 反应蛋白和平均水平均比单纯糖尿病组和正常对照组都高, 而 Apo-A1 平均水平却比单纯糖尿病组和 mAlb 正常对照组都低, 且差异有统计学意义(P<0.01)。

**结论** Apo-A1、hs-CRP、mAlb 联合检测有助于早期发现糖尿病肾损害, 因此可作为糖尿病早期肾损害的敏感指标。如果能及早给予相关的干预、治疗措施, 可以有效延缓肾功能的恶化, 改善患者的生存状况, 具有很好的临床指导意义。

## PU-4999

## 肝素抗凝血浆与血清标本常规生化指标检测的时间依赖性分析

许程洁

四川省人民医院,610000

**目的** 探讨不同血液样本存放一定时间后生化检测结果的差异性,以期寻找到稳定性较高的标本留取方法,同时为临床生化的快速检验提供技术保证。

**方法** 随机选取 20 名患者,抽取清晨空腹静脉血分别收集于肝素抗凝管和未加抗凝剂的采血管中,常规离心分离血清和血浆标本,保存于 4℃ 冰箱,在相同条件下分别于标本采集后 0h、3h、24h 检测常规生化指标,比较分析不同血液样本留取一定时间后生化检测结果的差异性。

**结果** (1) 标本采集后及时检测 (0h),各项生化指标在肝素抗凝血浆和血清标本中检测结果均无显著性差异 ( $P>0.05$ ) (2) 标本存放 3h 后与 0h 比较,肝素抗凝血浆标本中 GLU 含量显著降低 ( $P<0.05$ ),其余各项指标不同血液样本均无显著性差异 ( $P>0.05$ ); (3) 标本存放 24h 后与 0h 比较,血清标本中 LDH 和 TP 显著增高 ( $P<0.05$ ),肝素抗凝血浆标本中 LDH 和 TP 无显著差异 ( $P>0.05$ ),血清和血浆标本中 GLU、CO<sub>2</sub>、K 与 0h 比较均有显著性变化 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清或肝素抗凝血浆标本均可用于新鲜采集的标本检测;若标本不能及时检测,应将标本存放于 4℃ 冰箱,且优先选择血清标本;4℃ 存放 24h 后的血清和肝素抗凝血浆标本均不建议用于 GLU、CO<sub>2</sub>、K 的检测。

## PU-5000

## 鲍曼不动杆菌在临床的分布和耐药监测分析

龚坤巍,雷敏,何红杰

哈尔滨市第五医院检验科

**目的** 2014-2018 年近五年研究我院在临床送检标本中分离鲍曼不动杆菌的耐药性,掌握医院常见病原菌的分布情况,为临床的合理用药提供有力证据。

**方法** 对分离出的 391 株鲍曼不动杆菌进行鉴定药物敏感试验,对其进行分析及分布监测情况的了解。

**结果** 本院鲍曼不动杆菌对  $\beta$ -内酰胺类、喹诺酮类、氨基糖苷类菌药物的平均耐药率均高,碳青霉烯类耐药率也由原来 60% 到达 70% 以上,氨苄西林/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦一直在耐药率 80% 左右,头孢哌酮/舒巴坦耐药率有所下降,目前多粘菌素 B、米诺环素,替加环素效果显著。

**结论** 及时准确地进行细菌鉴定和药物敏感试验能尽早发现鲍曼不动杆菌的院内感染情况,根据鲍曼不动杆菌的感染分布及耐药性,来控制及预防院内感染,帮助临床上合理选用抗生素,为临床治疗提供重要的实验室依据。

## PU-5001

## 联合检测钙卫蛋白、CA125 和 CEA 在渗出性胸水中的诊断价值分析

郑静,张铁,王国镇,韩呈武,曹永彤

中日医院,100000

**目的** 评价渗出性胸水中钙卫蛋白、CA125 和 CEA 在区分良性和恶性胸水方面的诊断价值。

**方法** 选取本院 2018 年 11 月至 2019 年 5 月收治的渗出性胸腔积液患者 158 例,其中临床确诊为恶性胸水 69 例(肺癌 42 例、血液系统肿瘤 9 例、消化系统肿瘤 6 例、乳腺癌 2 例、泌尿生殖系肿瘤 6 例、其他来源 4 例),良性胸水 89 例(肺炎旁胸水 38 例、肺脓肿 10 例、肺栓塞 3 例、结核性胸水 31 例、其他 7 例)。分别检测胸水中钙卫蛋白、CA125 和 CEA 水平,绘制 ROC 曲线,确定最佳界限值及相应的敏感度和特异度。

**结果** 恶性胸水中钙卫蛋白水平明显低于良性组,而 CA125 和 CEA 水平明显高于良性组( $P<0.01$ )。胸水钙卫蛋白区分良性和恶性胸水的 ROC 曲线下面积为 0.775 (95%CI: 0.701~0.850), cut-off 值为 7.07 ug/ml 时,敏感度为 85.7%,特异度为 64.2%。CA125 区分良恶性胸水的 ROC 曲线下面积为 0.788(95%CI: 0.711~0.865), cut-off 值为 1003 U/ml 时,敏感度为 60%,特异度为 91.3%。CEA 区分良恶性胸水的 ROC 曲线下面积为 0.647(95%CI: 0.548~0.746), cut-off 值为 6.9 ng/ml 时,敏感度为 54.1%,特异度为 85.9%。胸水钙卫蛋白、CA125 和 CEA 联合检测的 ROC 曲线下面积为 0.852(95%CI: 0.791~0.913);联合检测的敏感度为 72.1%,特异度为 84.8%。

**结论** 胸水钙卫蛋白在区分良性和恶性胸水方面诊断价值较高,与 CA125 和 CEA 联合检测能够提高临床诊断效能。

## PU-5002

## Anti- $\beta$ 2GP I 与中性粒细胞 TLR4 信号分子在脑梗死患者外周血中的表达

尹彤彤,张文静,刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** 讨论脑梗死患者外周血抗  $\beta$ 2 糖蛋白 I 抗体 (anti- $\beta$ 2GPI)、白细胞介素-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ) 浓度及中性粒细胞 Toll 样受体 4 (TLR4)、髓样分化蛋白抗原 88 (MyD88) 表达水平的相互关系,初步探讨 anti- $\beta$ 2GPI 可否作用于外周血中性粒细胞 TLR4 并激活其下游 MyD88 依赖信号通路释放 IL-1 $\beta$ ,从而参与脑梗死的缺血性炎症损伤。

**方法** ELISA 法检测 57 例脑梗死患者血清 anti- $\beta$ 2GPI、IL-1 $\beta$  的浓度,实时荧光定量 PCR 法检测外周血中性粒细胞 TLR4 mRNA 及 MyD88 mRNA 的表达水平,与 24 例同期短暂性脑缺血发作组及 36 例健康对照组进行比较。

**结果** 脑梗死组患者外周血 anti- $\beta$ 2GPI、IL-1 $\beta$  浓度及中性粒细胞 TLR4 和 MyD88 mRNA 表达水平均显著高于短暂性脑缺血发作组 ( $P<0.05$ ) 和健康对照组 ( $P<0.05$ )。且与健康对照组相比,短暂性脑缺血发作组患者外周血 anti- $\beta$ 2GPI、IL-1 $\beta$  水平及中性粒细胞 TLR4 和 MyD88mRNA 表达水平明显升高 ( $P<0.05$ )。脑梗死患者血清 anti- $\beta$ 2GPI 浓度与中性粒细胞 TLR4mRNA、MyD88mRNA 及血清 IL-1 $\beta$  水平呈正相关。

**结论** Anti- $\beta$ 2GPI 及中性粒细胞 TLR4 可能参与了脑梗死缺血性炎症损伤过程,其机制可能为 anti- $\beta$ 2GPI 上调中性粒细胞 TLR4 并激活其下游 MyD88 信号通路促进 IL-1 $\beta$  炎性细胞因子的高表达从而在脑梗死缺血性炎症损伤中发挥作用。

## PU-5003

## 尿酸水平与缺血性脑卒中严重程度及预后的相关性分析

李露露,张文静,查才军,刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** 分析尿酸水平与缺血性脑卒中严重程度及预后的相关性。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 10 月我院收治的 210 例缺血性脑卒中患者作为缺血性脑卒中组,选取同期在我院进行健康查体的 210 例健康者作为健康对照组;缺血性脑卒中患者根据美国国立卫生研究院卒中量表(NIHSS)分为轻型卒中组和中-重型卒中组;参照改良 Rankin 量表(mRS)分为预后良好和不良组。比较各组临床资料及实验室结果,探究缺血性脑卒中发生及预后的危险因素。

**结果** 缺血性脑卒中患者尿酸水平明显高于健康对照组( $P<0.05$ )。尿酸升高可增加缺血性脑卒中发生风险,与第 1 分位数尿酸水平相比他水平尿酸 OR 值和 95%可信区间依次为第 2 分位数 1.978 (1.130-3.428,  $P<0.05$ );第 3 分位数 2.257 (1.290-3.950,  $P<0.001$ );第 4 分位数 2.564 (1.468-4.480,  $P=0.001$ )。中-重型缺血性脑卒中患者 UA 水平明显高于轻型患者( $P<0.05$ )。缺血性脑卒中预后不良组(mRS 评分 $\geq 3$ 分)尿酸水平明显高于预后良好组(mRS 评分 $\leq 2$ 分)( $P<0.05$ )。尿酸是缺血性脑卒中不良预后的危险因素(OR =2.013,95CI 2.007-2.019,  $P<0.001$ )。

**结论** 尿酸水平升高可增加缺血性脑卒中的发生风险和严重程度,高水平尿酸提示缺血性脑卒中预后不良。

## PU-5004

Anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 刺激血小板活化通过 MMP-1/ PAR1 轴诱导内皮细胞损伤 查才军 刘彦虹\*

查才军,刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 抗磷脂综合征(APS)是一组以血栓形成和/或病态妊娠为特征的自身免疫性经性疾病,通常与抗磷脂抗体(aPLs)的持续阳性密切相关。课题组前期的研究发现 anti- $\beta_2$  GPI 与  $\beta_2$  GPI 形成的免疫复合物(anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI)可激活血小板促进血栓形成,但其潜在的机制仍有待进一步阐明。为此,本研究探讨了 anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 通过活化血小板对内皮细胞损伤的影响。

**方法** 利用流式细胞术检测血小板活化情况(GP IIb/IIIa、P-选择素表达);ELISA 方法检测血小板、内皮细胞释放外分泌蛋白和细胞因子水平;单层内皮细胞通透性试验检测内皮细胞通透性改变。

**结果** 利用 anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 孵育健康人血小板发现,血小板的活化标记蛋白 GP IIb/IIIa 和 P-选择素表达明显上调。基于血小板表面存在多种基质金属蛋白酶(MMPs)及后者的促炎作用,本研究检测了血小板培养上清液中 MMPs(MMP-1, MMP-2, MMP-3 和 MMP-14)的水平,并发现抗 anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 可促进血小板 MMP-1 释放。用抗 anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 活化后的血小板共培养人脐静脉内皮细胞(HUVECs),经 ELISA 法检测发现内皮细胞乳酸脱氢酶(LDH)、白细胞介素-1 $\beta$ (IL-1 $\beta$ )释放增多;利用单层内皮通透性试验发现经 anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 活化的血小板可导致单层内皮细胞通透性增加。进一步研究发现,通过 RWJ-56110 抑制 HUVECs 蛋白酶活化受体(PAR1)后可逆转 MMP-1 诱导的内皮细胞 LDH、IL-1 $\beta$  分泌和单层内皮细胞通透性损伤。

**结论** 本研究结果表明 anti- $\beta_2$ GPI/ $\beta_2$ GPI 活化的血小板通过 MMP-1/ PAR1 信号轴诱导内皮细胞损伤, 该过程可被小分子抑制剂 RWJ-56110 逆转。有望为自身免疫相关血栓治疗靶点的挖掘提供理论基础。

## PU-5005

### 急性脑梗死患者抗 $\beta_2$ GPI 抗体与 NLRP3、IL-1 $\beta$ 的相关性分析

王兆鑫, 王兆鑫

哈尔滨医科大学附属第二医院, 150000

**目的** 探讨急性脑梗死患者血清中抗  $\beta_2$ GPI 抗体 (anti- $\beta_2$ GPI) 水平与中性粒细胞中 核苷酸 结合 寡聚化 结构域样 受体蛋白 3 (NLRP3) mRNA 的表达水平、血清中白细胞介素-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ) 水平的相关性。旨在为急性脑梗死机制研究和治疗提供新思路。

**方法** 选取 2017 年 8 月至 2018 年 12 月期间于哈尔滨医科大学附属第二医院急性脑梗死患者 52 例, 健康体检者 29 例。ELISA 法检测急性脑梗死患者血清 anti- $\beta_2$ GPI、IL-1 $\beta$  的浓度, 荧光定量 PCR 法检测外周血中性粒细胞 NLRP3 mRNA 的表达水平, 全自动生化分析仪检测血清葡萄糖、尿酸、甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白-胆固醇、低密度脂蛋白-胆固醇, 与健康对照组进行比较。

**结果** 急性脑梗死组与健康对照组相比性别比例、年龄分布、血清葡萄糖、尿酸、甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白-胆固醇、低密度脂蛋白-胆固醇水平均无显著差异。急性脑梗死组血清 anti- $\beta_2$ GPI 水平、外周血中性粒细胞 NLRP3 mRNA 的表达水平和血清 IL-1 $\beta$  水平显著高于健康对照组, 具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。血清中 anti- $\beta_2$ GPI 与外周血中性粒细胞 NLRP3 mRNA 的表达水平无显著相关性 ( $r = -0.024$ ,  $P = 0.886$ )。脑梗死组患者血清中 anti- $\beta_2$ GPI 与 IL-1 $\beta$  水平呈正相关 ( $r = 0.405$ ,  $P = 0.003$ )。

**结论** 急性脑梗死患者血清 anti- $\beta_2$ GPI 水平、中性粒细胞 NLRP3 mRNA 表达水平和血清 IL-1 $\beta$  水平升高, 提示炎症反应参与急性脑梗死病程。anti- $\beta_2$ GPI 可能通过活化炎性小体之外的机制促使血清游离 IL-1 $\beta$  水平升高, 促进急性脑梗死病程发生发展。

## PU-5006

### Anti- $\beta_2$ GPI、IL-33 和 sST2 与急性脑梗死严重程度和预后的关系

王琳, 刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** 探讨抗  $\beta_2$  糖蛋白 I 抗体 (anti- $\beta_2$ GPI)、白介素-33 (IL-33) 和可溶性受体 2 (sST2) 与急性脑梗死严重程度及预后的相关性。

**方法** 收集 2017 年 2 月至 2018 年 5 月期间确诊为急性脑梗死的 206 例患者血清, 其中 109 例为腔隙性脑梗死, 97 例为非腔隙性脑梗死; 同时期收集 40 例健康体检者血清。应用 ELISA 法检测血清 anti- $\beta_2$ GPI、IL-33 和 sST2 浓度。使用 NIHSS 评分判断患者神经缺损情况。利用 mRS 评分评估患者 3 个月后神经功能恢复情况。

**结果** 急性腔隙性脑梗死患者血清 anti- $\beta_2$ GPI 水平高于非腔隙性脑梗死患者组及健康对照组 ( $P < 0.001$ )。血清 anti- $\beta_2$ GPI 水平可用以评估急性腔隙性脑梗死患者 3 个月内的不良预后结局 (OR: 1.313, 95%CI: 1.010-1.600,  $P = 0.001$ )。与非腔隙性脑梗死和健康对照组相比, 腔隙性脑梗死组患者血清 sST2 水平明显升高 ( $P < 0.05$ ;  $P < 0.001$ )。血清 sST2 水平升高在急性腔隙性

脑梗死和非腔隙性脑梗死患者中均为 3 个月临床不良结局的预测因子 (OR: 1.270, 95% CI: 1.093-1.554,  $P=0.008$ ; OR: 1.240, 95% CI: 1.018-1.427,  $P=0.004$ )。三组间比较血清 IL-33 水平无明显差异 ( $P=0.578$ ,  $P=0.823$ ,  $P=0.805$ )，且其水平不能作为患者临床不良结局的预测因子。急性脑梗死患者血清 anti- $\beta_2$ GPI 与 sST2 水平呈正相关 ( $r=0.430$ ,  $P<0.001$ )，血清 sST2 水平与 IL-33 水平呈负性相关 ( $r=-0.358$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 血清 anti- $\beta_2$ GPI 和 sST2 水平可用以评估急性脑梗死患者严重程度和三个月内不良预后结局，有望成为急性脑梗死严重程度和不良结局的预测指标。

## PU-5007

### 维生素 D 与缺血性脑卒中严重程度及预后的相关性研究

高玲玲, 张文静, 刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二医院, 150000

**目的** 探讨血清维生素 D 水平与缺血性脑卒中患者严重程度及预后之间的相关性。

**方法** 选取 2018 年 6 月至 2019 年 1 月就诊于我院神经内科并经头颅 CT 或 MRI 明确诊断为缺血性脑卒中患者 220 例，于入院 24 小时内采集患者空腹静脉血，利用罗氏全自动生化分析仪检测血清总胆固醇 (TC)、甘油三酯 (TG)、高密度脂蛋白 (HDL)、低密度脂蛋白 (LDL) 水平；利用索灵公司全自动化学发光分析仪检测维生素 D 水平，将维生素 D  $< 20\text{ng/mL}$  定义为维生素 D 缺乏；按照美国国立卫生研究院卒中量表 (NIHSS) 对患者缺血性脑卒中严重程度进行评分。使用改良 Rankin 量表 (mRS) 评估缺血性脑卒中患者发病 90 天后的预后情况；并分析维生素 D 与 TC、TG、HDL、LDL 之间相关性，采用二元逻辑回归分析缺血性脑卒中患者预后的影响因素。

**结果** 维生素 D 缺乏组 TC、TG、LDL 水平显著高于维生素 D 不缺乏组，且维生素 D 水平与年龄及 NIHSS 评分具有显著负相关 ( $P < 0.001$ )。共有 47 人 (21.4%) 存在预后不良，且预后不良组维生素 D 水平显著低于预后良好组 ( $P < 0.001$ )，NIHSS 评分显著高于预后良好组 ( $P < 0.001$ )。通过二元逻辑回归，校正年龄、性别、高血压病史、高脂血症病史等混杂因素后发现，血清维生素 D 水平是缺血性脑卒中患者预后不良的独立预测指标 [OR 0.857 (0.796-0.922),  $P < 0.001$ ]。

**结论** 缺血性脑卒中患者维生素 D 水平显著降低，与其严重程度呈负相关。低水平的维生素 D 提示缺血性脑卒中预后不良。

## PU-5008

### 急性肾损伤早期标志物的研究进展

唐凯宏, 金英玉  
哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 急性肾损伤 (acute kidney injury, AKI) 是重症患者的常见并发症，其延长重症患者住院时间、影响患者预后，增加了重症患者的病死率。

**方法** 早期识别急性肾损伤并进行早期干预至关重要。目前急性肾损伤的诊断标准仍是以血清肌酐和尿量的变化为主。但由于血清肌酐的滞后性及受多种因素影响，使其并非为理想的急性肾损伤早期诊断标志物。

**结果** 目前，已有多种急性肾损伤早期标志物受到广泛研究，包括血清胱抑素 C (CysC)、视黄醇结合蛋白 (RBP)、中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL)、肾损伤因子 1 (KIM-1)、可溶性髓样细胞触发受体-1 (sTREM-1)、基质金属蛋白酶组织抑制因子-2 (TIMP-2)、胰岛素样生长因子结合蛋白 7 (IGFBP-7)、微小 RNA (miRNA)、N-乙酰基  $\beta$ -氨基葡萄糖苷酶 (NAG)、白介素-18

(IL-18)、白介素-6 (IL-6)、白介素-5 (IL-5) 等。这些急性肾损伤的早期标志物有些已经应用于临床, 应用于临床的指标中, 对患者急性肾损伤的早期诊断仍存在不足, 导致目前诊断急性肾损伤主要还是依靠血清肌酐的变化。

**结论** 有些指标尚处于临床前的研究阶段。目前对于急性肾损伤的早期识别和诊断非常急迫, 而目前国内外报道多种急性肾损伤指标都只在研究阶段。对于这些指标的继续探索和应用方法需要进一步研究。本文综述目前对急性肾损伤有意义的多种指标。探讨每种指标在诊断急性肾损伤的优势, 讨论其联合使用是否有更大意义。

## PU-5009

### 齐齐哈尔市富拉尔基区 241 例妇女宫颈人乳头瘤病毒 (HPV) 普查结果分析

徐亚茹, 贺明, 闫小景  
齐齐哈尔医学院附属第一医院

**目的** 分析齐齐哈尔富拉尔基区妇女人乳头瘤病毒 (HPV) 的感染状况及不同 HPV 基因型的分布规律。

**方法** 选取 2017 年 10 月至 2018 年 5 月于第一附属医院妇科就诊的 241 例患者为研究对象, 采用 PCR 荧光探针技术对患者宫颈分泌物进行 HPV 基因分型检测, 分析患者 HPV 的感染状况。

**结果** 在 241 例 HPV 普查者中 HPV 感染者 18 例, 感染比例为 7.47%。高危型感染 10 例占总感染的 55.56%。HPV 感染者中单一型感染 12 例(66.67%), 多重感染 6 例(33.33%)。

**结论** 在 241 例 HPV 普查者中 HPV 感染者 18 例, 感染比例为 7.47%。高危型感染 10 例占总感染的 55.56%。HPV 感染者中单一型感染 12 例(66.67%), 多重感染 6 例(33.33%)。

## PU-5010

### 抑郁症与血浆同型半胱氨酸水平的相关性研究

付璐, 李洁  
哈尔滨医科大学附属第一医院, 150000

**目的** 探讨同型半胱氨酸(Homocysteine, Hcy)在抑郁症发病中的作用。

**方法** 收集 30 例抑郁症及 30 名健康者血液标本, 采用高效液相色谱法测定血浆 Hcy, 比较两组间差异。

**结果** 抑郁症组血浆 Hcy 水平高于对照组[(20.31±5.9)umol/L 比(10.96±4.51)umol / L, P<0.01]。

**结论** 抑郁症患者的血浆 Hcy 水平升高, 提示 Hcy 与抑郁症的发病具有相关性。

## PU-5011

### 冠心病患者同型半胱氨酸水平与血小板聚集功能的相关性探讨

李洁, 张云平  
哈尔滨医科大学第一附属临床医学院检验科

**目的** 探讨冠心病患者同型半胱氨酸水平(Homocysteine, HCY)与血小板聚集功能之间的关系



**方法** 检测 112 例冠心死患者及正常的健康体检者 91 例的 HCY 及以二磷酸腺苷 (ADP) 和花生四烯酸 (AA) 为诱导剂的血小板聚集功能, 进行统计对比分析。

**结果** 冠心病组的 HCY 水平、血小板聚集功能与对照组比较有显著差异( $P<0.05$ ); 高 HCY 患者组

的血小板聚集功能与正常 HCY 患者组比较有显著差异( $P<0.05$ )。

**结论** HCY 水平增高可引起血小板聚集功能增强, 是冠心病反复发作的高危因素。

## PU-5012

### 血氨检测在临床中的应用价值

董莉芹, 赵宇

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 氨对于人体是一种有害的物质, 它主要的代谢场所在肝脏, 正常人血内有少量游离氨存在 [1]。

**方法** 血液中氨的来源主要为体内蛋白质在代谢过程中产生的氨基酸, 以及经脱氨作用分解而来的内源性氨; 另一来源是蛋白质类食物在肠道内经细菌分解而成的外源性氨。在正常情况下, 肝脏能将氨通过鸟氨酸循环的特殊酶系, 鸟氨酸氨基甲酰转移酶, 氨基甲酰磷酸合成酶等, 合成尿素, 再经过肾脏排出。

**结果** 脑和肾脏等器官的氨与谷氨酸作用生成谷氨酰胺后被运输到肝脏, 在肝脏转变成尿素或其它含氮化合物后由肾脏排出体外, 或形成铵盐随尿排出。

**结论** 因此正常人血氨含量较低, 这个过程不仅可以解毒, 同时在此过程中消耗了  $\text{CO}_2$ , 故在维持酸碱平衡中也具有重要作用 [2]

## PU-5013

### EB 病毒抗体检测其 VCA-IgM 在实验诊断传染性单核细胞增多症的应用价值

张迎春, 陈凯, 张建坤

齐齐哈尔医学院第二附属医院, 161000

**目的** 通过酶联免疫吸附实验 (ELISA) 分别检测临床上确诊为传染性单核细胞增多症患者、其他类型急性感染 (急性咽炎、急性支气管炎、急性肾小球肾炎、急性肺炎、急性肝炎、发热查因) 的患者血清中 EB 病毒 VCA 抗体 (IgM、IgG、IgA) 中的阳性检出比率。从而探讨 VCA-IgM 在实验诊断传染性单核细胞增多症的应用价值。

**方法** 通过酶联免疫吸附实验 (ELISA) 分别检测 20 例传染性单核细胞增多症患者组 (实验组) 以及 20 例其他的急性感染 (急性咽炎、急性支气管感染、急性肾小球肾炎、急性肺炎、急性肝炎、发热查因) 的患者血清中 EB 病毒中 VCA 抗体 (IgM、IgG、IgA) 中的阳性检出比率。并结合临床表现与症状进行回顾性分析。从而探讨 VCA-IgM 在实验诊断传染性单核细胞增多症的应用价值。

**结果** 在抗体 IgM 抗体检测中, 选取的 20 例患者中阳性比率为 80%, 明显高于对照组 (10%) 经卡方检验计算 ( $P<0.05$ ), 敏感度和特异度分别为 80% 和 90%。在抗体 IgG 抗体检测中, 选取的 20 例患者中阳性比率为 15%, 显低于对照组 (33%) 经卡方检验计算 ( $P<0.05$ ), 敏感度和特异度分别为 15% 和 70%。在抗体 IgA 抗体检测中: 选取的 20 例患者中阳性比率为 5%, 显低于对照组 (60%) 经卡方检验计算 ( $P>0.05$ ), 敏感度和特异度分别为 5% 和 40%。

**结论** VCA-IgM 抗体在诊断传染性单核细胞增多症 (IM) 具有较高的灵敏度与特异度, 是诊断该疾病的重要指标, 并且在操作上简单易行, 在经济上价格低廉, 所以在基层的临床实验室中可以广

泛的应用与普及。在诊断患有染性单核细胞增多症（IM）时，VCA-IgG 抗体的诊断意义不大。VCA-IgA 抗体在诊断传染性单核细胞增多症（IM）之间无统计学上的相关性。

#### PU-5014

### 血清甲胎蛋白、 $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶联合检测对原发性肝癌的诊断价值

许勇臣,陶玉滨,杨春生  
解放军第二一一医院

**目的** 评价血清甲胎蛋白（AFP）、 $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶（AFU）检测对原发性肝癌的诊断价值，期望提高原发性肝癌诊断的阳性率。

**方法** 回顾性分析 39 例原发性肝癌患者与 60 名健康人血清中甲胎蛋白、 $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶的水平，比较两组数据的显著性差异，用受试者工作特征（ROC）曲线评价二者单独检测及联合检测的诊断价值，并在临界值水平对评价性相关指标进行分析。

**结果** 原发性肝癌患者血清中甲胎蛋白、 $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶水平高于健康人（ $P<0.05$ ），从 ROC 曲线确定 AFP、AFU 对原发性肝癌的诊断临界点分别为 21.9ng/ml、32U/L，曲线下面积 AFP 为 0.846，AFU 为 0.853，二者联合检测为 0.877；在临界值处的评价性相关指标显示，AFP 的诊断优势在于特异性，而 AFU 的诊断优势在于敏感性，二者联合应用时的敏感性、特异性、准确度、阳性期望值均高于单独检测的价值，但阴性预期值最低。

**结论** 甲胎蛋白、 $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶用于检测原发性肝癌时各具优势，甲胎蛋白是原发性肝癌最特异的肿瘤标志物，但灵敏度不如  $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶，二者联合用于检测原发性肝癌可相互补充，提高诊断的敏感性、特异性、准确性、阳性期望值等，适合一部分原发性肝癌患者血清中未见甲胎蛋白水平增高的情况，但二者检测结果同时为阴性时，该联合检测并不能作为排除性诊断的依据

#### PU-5015

### NLRP3 基因多态性与胃腺癌的遗传易感性关系研究

檀润先<sup>1,2</sup>,卢宇<sup>3</sup>,李丽敏<sup>2</sup>,胡作建<sup>2</sup>,韦维<sup>2</sup>,秦雪<sup>3,2</sup>

1.广西钦州市第一人民医院

2.广西医科大学

3.广西医科大学第一附属医院,530021

**目的** 探讨 NLRP3（NLR family pyrin domain containing 3）基因位点 rs3806265、rs4612666 和 rs10754558 单核苷酸多态性（SNP）与胃腺癌遗传易感性的关系。

**方法** 收集胃腺癌患者 124 例和健康体检者 119 例。采用 SNaPshot 测序技术对各组患者 3 个 SNP 位点的等位基因和基因型进行检测分析。采用 SPSS23.0 和在线软件 SHEsis 进行卡方检验统计分析。

**结果** rs3806265 的 C 和 T 两种碱基构成比在健康对照组和胃腺癌组间比较无统计差异（ $P>0.05$ ）。rs3806265 三种基因型 CC、CT 和 TT 在健康对照组（分别为 0%、76.5%、23.5%）和胃腺癌组（分别为 0%、78.2%、21.8%）相比基因型分布频率无统计学差异（ $P>0.05$ ）。rs4612666 的 C 和 T 在健康对照组（分别为 50.0%和 50.0%）和胃腺癌组（分别为 39.1%和 60.9%）的中存在统计学差异（ $P<0.05$ ）。rs4612666 的三种基因型 CT、TT 和 CC 在健康对照组和胃腺癌组中的构成无统计学差异（ $P>0.05$ ）。rs10754558 存在 C 和 G 两种碱基。C 和 G 两种碱基在健康对照组和胃腺癌组中比较无统计学差异（ $P>0.05$ ）。该位点 CC、CG 和 GG 三

种基因型在健康对照组和胃腺癌组间比较无统计学差异 ( $P>0.05$ )。NLRP3 基因三个 SNP 位点 rs3806265、rs4612666 和 rs10754558 构建的单倍体未发现与胃腺癌的遗传易感性相关。

**结论** rs4612666 等位基因频率与胃腺癌的遗传易感性相关, 野生型碱基 T 频率较高可能更增加胃腺癌的患病风险。rs3806265 和 rs10754558 等位基因频率与胃腺癌遗传易感性无关。rs3806265、rs4612666 和 rs10754558 基因型与胃腺癌的遗传易感性无关。

## PU-5016

### 肾综合征出血热病原体基因检测的意义

许勇臣,陶玉滨,杜民  
解放军第二一一医院

**目的** 建立肾综合征出血热病原体的基因检测方法, 通过对汉城病毒和汉坦病毒进行基因检测, 实现肾综合征出血热的快速诊断。

**方法** 根据汉坦病毒和汉城病毒的基因序列, 分别设计 2 对引物, 对 65 份患者血清标本和 30 份阴性对照血清标本进行扩增, 并用抗体捕获 ELISA 对其中的特异性 IgM 抗体进行检测。

**结果** 30 份对照血清标本均为阴性结果, 65 份患者血清中有 57 份能扩增得到特异性基因片段, 可以从条带大小区分汉坦病毒与汉城病毒; ELISA 检测阳性例数为 42 份, 基因扩增的灵敏度及阳性率均高于血清学检测 ( $P<0.05$ )。

**结论** 针对汉城病毒和汉坦病毒基因进行检测的阳性率高于 ELISA 法, 能够实现肾综合征出血热的早期快速诊断。

## PU-5017

### 尿液 NAG 活性指数与 CysC 指数在肾综合征出血热中的变化

许勇臣,陶玉滨  
解放军第二一一医院

**目的** 探讨不同时期、不同类型肾综合征出血热 (HFRS) 患者尿液 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶 (NAG) 活性指数、胱抑素 C (CysC) 指数与近端肾小管损伤、功能变化的关系。

**方法** 测定 21 例患者不同时期尿样的 NAG 活性、CysC 含量、肌酐含量, 计算 NAG 活性指数、CysC 指数, 并与 30 名体检者尿液 NAG 活性指数、CysC 指数进行比较。

**结果** 除恢复期外, 其余各期患者的尿 NAG 活性指数、CysC 指数与对照组有显著性差异 ( $p<0.05$ ), 与临床分期、临床类型呈一致性变化 ( $p<0.05$ )。

**结论** 尿液 NAG 活性指数、CysC 指数与 HFRS 患者近端肾小管损伤密切相关, 检测能为临床治疗提供重吸收功能的改变情况。

## PU-5018

### 不同读点时间参数对献血员 ALT 测定值的影响

陶玉滨,许勇臣  
中国人民解放军第 962 医院

**目的** 评价不同的测定读点时间参数对献血 ALT 测定值的影响。

**方法** 将献血员全血、血浆分别置于 4℃、20℃、30℃保存 0h、4h、8h、24h 离心,在全自动生化仪上设置不同的读点时间参数对 ALT 活力进行检测。

**结果** 血浆 ALT 测定值不受保存温度、时间、测定读点参数的影响;测定读点区间未改变,全血 ALT 测定值随保存温度增高而逐渐增高,随保存时间延长而逐渐增高;测定读点区间后移,全血 ALT 测定值受温度、保存时间的影响减小。

**结论** 献血员血浆 ALT 测定值不易受温度、时间影响。献血员全血 ALT 测定值易受保存温度、时间影响,但通过调整测定读点区间参数可在一定程度上避免这种影响。

## PU-5019

### 泌尿系统肿瘤标志物的研究进展

张丽,赵峰,程惠玲,陈珠峰,张晓宁  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 膀胱癌和肾癌是泌尿系统常见的恶性肿瘤,早期发现、诊断和治疗是提高泌尿系统肿瘤生存率和降低病死率的关键。肿瘤标志物具有简单易行、客观、重复性好、创伤性小等优点,在辅助肿瘤早期诊断、监测治疗及预后具有重要临床意义。

**方法** 根据已发表的文献,汇总分析

**结果** 临床应用较为成熟的尿液膀胱癌标志物主要有:膀胱肿瘤抗原(BTA)、核基质蛋白 22(NMP22)、尿纤维连接蛋白(FN)、荧光原位杂交(FISH)、纤维蛋白和纤维蛋白原降解产物(FDP)等,其中 NMP22、BTA、FISH 和 FDP 已经为 FDA 批准,并应用于膀胱癌临床诊断和监测。

**结论** 目前尚无明确用于临床早期诊断肾癌的特异性标志物,血清中游离 DNA 含量、甲基化的 RASSF1A 和 VHL、碳酸酐酶 IX(carbonic anhydrase IX, CAIX)、p53、存活素(survivin)、B7-H4、血清淀粉样蛋白 A(serum amyloid A, SAA)等标志物对肾癌早期诊断均具有一定临床价值

## PU-5020

### 急性布鲁杆菌病患者外周血 NK 细胞数量变化的分析

高庆峰  
黑龙江省农垦总局总医院

**目的** 研究急性布鲁杆菌感染对人体 NK 细胞的影响,为布鲁杆菌病患者机体免疫功能损伤提供新的理论根据。

**方法** 33 例急性布鲁杆菌病患者(急性组)、95 例布鲁杆菌病治疗后患者(治疗后组)和 47 例健康体检人群(对照组)血样标本来自于黑龙江省农垦总局总医院检验科。采用流式细胞术方法测得 NK 细胞百分比,同时进行统计学分析。

**结果** 与对照组比较,急性组、治疗后组 NK 细胞百分比减低,  $P<0.05$  差异有统计学意义;与急性组比较,治疗后组 NK 细胞百分比升高,  $P<0.05$  差异有统计学意义。

**结论** 急性布病患者 NK 细胞明显降低,即使治疗后有所恢复但仍低于健康人,布鲁杆菌感染对人体 NK 细胞造成损伤,影响到固有免疫和适应性免疫功能。

## PU-5021

## 人乳头瘤病毒检测的方法学现状

章蕊

哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 宫颈癌的发病率现居女性生殖道恶性肿瘤的首位.全球每年有近 50 万宫颈癌新发病例,我国年新发病例 13.15 万,占 28.8%[1]

**方法** , 因此,宫颈癌防治已成为全球性的公共卫生问题.近年来,我国政府采取了一系列有效预防举措,研制出多种筛查方法为我国女性带来了福音,值得我国关注的是宫颈癌发病现阶段不仅有上升趋势,而且有明显的年轻化倾向,因而宫颈癌的防治任务仍十分艰巨.本文章评价了目前新发展的和一些常用的几种筛查宫颈癌及其癌前病变的方法.按照国家内不同地区的资源条件和人群风险度不同,适情况选择宫颈刮片、薄层液基细胞学、阴道镜、荧光原位杂交、基因芯片法、人乳头瘤病毒检测等方法,这几种方法均是很有价值的筛查手段

**结果** 新发展的及一些成本较低的筛查技术有利于在资源较差的贫困地区应用,这样可以扩大宫颈癌普查的范围

**结论** 一些成本较高可明确诊断的方法可对资源较好的或有需求的患者进行筛查,通过这些筛查可获得对宫颈癌更好的预防

## PU-5022

## HCY、LPa 与不同程度冠心病的相关性研究

宋美

哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 探讨同型半胱氨酸(HCY)、脂蛋白 a(LP a)与不同程度冠心病的相关性

**方法** 选择符合诊断标准的冠心病患者 526 例设为冠心病组,体检者 328 例设为对照组。(1)根据冠心病患者主要冠脉狭窄的支数不同将分为三组,即单支组、双支组和多支组。(2)将冠心病组分为心肌梗塞(MI)组和非 MI 组。统计各入组患者血浆 HCY 值、LP a 值进行比较得出结果。

**结果** (1)单支组、多支组、双支组血浆 HCY 水平明显高于对照组,差异有统计学意义( $p < 0.05$ ),分别比较多支组与单支组以及多支组与双支组,血浆 HCY 差异有统计学意义( $p < 0.05$ )。

(2)单支组、双支组、多支组血浆 LP a 水平明显高于对照组,差异有统计学意义( $p < 0.05$ ),而单支组、双支组、多支组血浆 LP a 水平差异无统计学意义( $p > 0.05$ )。(3)与对照组比较 MI 组和非 MI 组 HCY 明显升高,差异有统计学意义( $p < 0.05$ ),且 MI 组 Hcy 水平明显高于非 MI 组,差异有统计学意义( $p < 0.05$ )。(4)与正常对照组比较,非 MI 组和非 MI 组 LP(a)水平明显增高,而后者更高,差异有统计学意义( $p < 0.05$ )。

**结论** 血浆 HCY 和 LP a 水平与冠脉病变相关,可能是冠心病的危险因素。

## PU-5023

## 血小板中长链非编码 RNA lnc-STON2 作为肺癌 新型标志物的研究

李欣怡,宋兴国,谢丽,宋现让

山东省肿瘤医院,250000

**目的** 肺癌是我国死亡率和发病率最高的恶性肿瘤,预后往往较差。由于肿瘤演变和异质性,传统的基于组织活检的癌症诊断具有局限性。循环血小板在其整个生命周期内一方面与肿瘤细胞相互作用,获取肿瘤相关的生物分子;另一方面不断摄取并富集循环中游离的蛋白质、核酸以及囊泡、颗粒等。血小板如同被教育一般,其蛋白质组和 RNA 表达谱发生显著变化,被称为“肿瘤教育的血小板(tumor educated platelet, TEP)”。鉴于此,肿瘤教育的血小板(TEPs)可能成为血液癌症诊断的潜在一体化来源,以克服传统癌症活检的局限性。目前的研究旨在检测肿瘤教育的血小板(TEPs)中 lnc-STON2 在肺癌尤其是早期肺癌诊断中的作用,验证其作为肺癌新型标志物的能力。

**方法** 首先通过血小板 lncRNA 表达谱的芯片分析,筛选出差异基因 lnc-STON2。随后采集山东省肿瘤医院诊断为肺癌初治病人 172 名以及健康志愿者 130 名的血浆样本,分离富集血小板并获得血小板 RNA。用 qPCR 的方法大样本验证 lnc-STON2 的表达模式,统计分析其在肺癌初治病人与健康志愿者血小板中的表达差异,同时分析其对于肺癌的诊断效能。

**结果** (1) 采用 qPCR 的方法对肺癌患者和健康供体的血小板中 lnc-STON2 水平进行定量,结果显示 lnc-STON2 的表达水平在肺癌患者中显著升高,差异具有统计学意义( $p=0.0008$ )。采用 qPCR 的方法对早期肺癌患者和健康供体的血小板中 lnc-STON2 水平进行定量,结果显示 lnc-STON2 的表达水平在早期肺癌患者中显著升高,差异具有统计学意义( $p=0.0001$ )。

(2) 利用 ROC 曲线分析,检测 lnc-STON2 表达水平对肺癌尤其是早期肺癌的诊断效能,结果显示,肺癌  $AUC=0.613$ ,灵敏度为 61.5%,特异性为 59.9%;早期肺癌  $AUC=0.713$ ,灵敏度为 69.2%,特异性为 71.9%。

(3) qPCR 检测结果显示,与非远处转移性肺癌患者相比,远处转移性肺癌患者的血小板 lnc-STON2 表达水平降低,差异有统计学意义( $P<0.0376$ );与非淋巴结转移性肺癌患者相比,淋巴结转移性肺癌患者的血小板 lnc-STON2 表达水平降低,差异有统计学意义( $P<0.0366$ )。

**结论** TEP-lnc-STON2 可作为用于肺癌诊断及早期诊断的新型标志物,也可作为理想的肿瘤复发监测与疗效评价标志物。

## PU-5024

## MTHFR C677T 基因检测对脑卒中 预防的应用研究

闫向龙,张强,苏振杰,李庆洋,郭毓鹏

牡丹江市第一人民医院检验科

**目的** 探讨 MTHFR C677T 基因检测对脑卒中预防的应用。

**方法** 收集诊断明确急性脑梗死患者 75 例,健康体检者 199 例作为对照组。检测各组 MTHFR C677T 基因多态性和同型半胱氨酸水平。

**结果** 各组 TT 基因型血浆 HCY 水平高于同组 CT 和 CC 基因型( $p<0.05$ ),急性脑梗死组 CT 基因型血浆 HCY 水平明显高于 CC 基因型( $p<0.05$ )。TT 相对于 CC/CT, TT 是危险因素,  $OR>1$  且  $P<0.05$ ,有显著的统计学意义。

**结论** 对 MTHFR C677T 基因位点检测,可以直接发现被检测者叶酸代谢方面的遗传缺陷,预测脑卒中的风险程度,在脑卒中的预防过程中发挥治未病的作用。

## PU-5025

## 膜联蛋白 A2 及其抗体在抗磷脂综合征中的作用

高玲玲,张文静,刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 血栓形成、反复流产或死胎等为主要特点的一种自身免疫性疾病,其诊断主要基于抗磷脂抗体(antiphospholipid antibodies, APLs),尤其是抗  $\beta 2$  糖蛋白 I 抗体(anti- $\beta 2$  glycoprotein I, anti- $\beta 2$  GP I)的重复检测。膜联蛋白 A2 (annexin A2, ANXA2) 是一种分子量为 36 KD, 依赖钙离子的磷脂结合蛋白,可存在于内皮细胞、单核细胞,巨噬细胞及多种肿瘤细胞的胞质及胞膜上。

**方法** Anti-ANXA2 是以 ANXA2 为靶抗原的自身抗体。研究表明 ANXA2 及其抗体参与了 APS 血栓形成的多个环节

**结果** ANXA2 可与  $\beta 2$  GP I 相互作用,激活磷脂酰肌醇-3-激酶(phosphatidylinositol-3-kinase, PI3-kinase)和 p38 丝裂原活化蛋白激酶(p38 mitogen-activated protein kinases, p38 MAPK)等信号通路,释放组织因子(tissue factor, TF)、白介素 1(interleukin-1, IL-1)等细胞因子

**结论** 促使炎症及血栓发生; anti-ANXA2 则可识别由  $\beta 2$  GP I 和 ANXA2 组成的蛋白复合物,通过抑制纤溶酶产生及激活内皮细胞促进血栓形成。约 25% 的 APS 患者体内可检测到 anti-ANXA2, 在血栓相关性疾病,如先兆子痫,以及其他自身免疫性疾病和癌症中均可检测到该抗体。因此, anti-ANXA2 有望作为诊断血栓性疾病和自身免疫性疾病的新的标志物

## PU-5026

## Toll 样受体 4 与脑梗死关系的研究进展

尹彤彤,刘彦虹  
哈尔滨医科大学附属第二临床医院检验科

**目的** Toll 样受体 4 (toll-like receptor 4, TLR4) 为 Toll 样受体家族中的一员,是一种 I 型跨膜受体,包括胞外段、跨膜段及胞内段。

**方法** TLR4 几乎存在于所有细胞系,如淋巴细胞、中性粒细胞、内皮细胞、单核细胞等,通过与其配体的相互作用,如脂多糖、自身抗体等,激活下游信号转导通路从而参与多种疾病的发生与发展,如自身免疫性疾病、心血管疾病、过敏性疾病等。

**结果** 近年来,TLR4 在脑梗死中的作用逐渐受到关注。大量研究表明,TLR4 与脑梗死严重程度及预后密切相关,但其具体作用机制仍未完全阐明。研究发现,TLR4 与其配体相互作用从而激活 MyD88 依赖通路和 MyD88 非依赖性/TRIF 依赖性通路途径,诱导促炎因子等细胞因子的产生,促进凝血及血栓形成。

**结论** 最近研究显示,TLR4 的激活可使中性粒细胞释放中性粒细胞胞外诱捕网(Neutrophil Extracellular Traps, NETs)及诱导细胞发生凋亡,促进血栓的形成及发展,最终导致脑梗死的发生。TLR4 在脑梗发病机制中起到了至关重要的作用,深入研究 TLR4 相关通路在脑梗死中的作用对于寻找新的脑梗死治疗靶点、降低脑梗死的发生率、死亡率以及改善预后均具有十分重要的意义。

PU-5027

## 外泌体与心血管疾病的研究进展

张梦宇,刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 心血管疾病泛指由于高脂血症、血液黏稠、动脉粥样硬化、高血压或血栓等因素导致的心脏及全身组织发生的缺血或出血性疾病。外泌体是直径约为 30~120nm 的小囊泡,电镜下为脂质双层结构,广泛分布于各种体液中。

**方法** 外泌体能够携带蛋白质、mRNA 和 miRNA 等形式的信号分子,作为复杂的细胞间通讯平台。外泌体与靶细胞结合后可通过直接诱导信号转导、胞吞、吞噬或与靶细胞的质膜融合传递内容物,从而改变受体细胞的生理状态。

**结果** 最新研究表明,外泌体与心血管疾病的发生及转归有关;一方面,外泌体携带的某些蛋白类和核酸类物质通过刺激血管使内皮细胞活化,致使血栓形成,从而促进心血管疾病的发生;另一方面,外泌体能够增强受损心脏功能,促进心肌缺血部位血管生成,减少心肌纤维化及心肌梗死面积。

**结论** 除此之外,外泌体还可通过其膜表面热休克蛋白 HSP70 与细胞表面 Toll 样受体 4 结合,发挥保护心脏的作用。本文将回顾外泌体及心血管疾病的相关文章,探讨其在心血管疾病中的作用,为心血管疾病的发病与转归提供新的思路。

PU-5028

## 抗磷脂抗体与脑梗死研究进展

李露露,刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 脑梗死(Cerebral Infarction,CI)是各种原因导致的脑血管病变,是神经系统的常见病、多发病。

**方法** 脑梗死的发病率呈逐年增高趋势。其发病原因包括血管壁病变、心脏病和血流动力学改变、血液成分和血液流变学的改变等。有研究表明抗磷脂综合征(APS)患者发生脑梗死的风险是正常人的 2 倍,并且这种风险在 50 岁以下的个体中表现的尤为突出。

**结果** 抗磷脂综合征(APS)是以复发性血栓事件、流产和血小板减少症为特点的一种自身免疫性疾病,与抗磷脂抗体(Antiphospholipid Antibody,APA)的持续存在有关。

**结论** 近年来,有研究发现 APA 在脑梗死发病过程中具有一定的作用,并且与青壮年脑梗死密切相关,特别是在无高血压、动脉硬化及高血脂、糖尿病等危险因素的脑梗死患者中,更应注重 APA 的检测。本文将回顾 APA 与脑梗死相关文章,更好地了解 APS 中脑梗死发生的风险以及与健康个体相比存在的差异,进一步探究 APS 中脑梗死患者的临床表现、影像学检查及治疗。深入了解 APA 在脑梗死发生发展中扮演的角色,有利于为临床治疗提供新思路和新治疗方案。

PU-5029

## 缺血性脑卒中相关 NLRP3 炎性体的研究进展

王兆鑫,查才军,刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 缺血性脑卒中(ischemic stroke)是一种高致残及致死率的缺血性脑血管疾病,但其发病机制尚不明确。



**方法** 现有研究表明对脑缺血后炎症的固有免疫应答在缺血性脑卒中的发病机制中起到了重要作用。核苷酸结合寡聚化结构域样受体蛋白 3 (NLRP3) 炎性体是由胞浆内模式识别受体 (PRRs) 参与组装的多蛋白复合物。

**结果** NLRP3 炎性体作为固有免疫系统的关键成分之一, 可在缺血后脑组织发生的无菌性炎症 18604605090 反应过程中被激活, 促进炎性介质释放至胞外参与细胞破坏并调节炎性应答。在缺血性脑卒中的病程中阻断 NLRP3 炎性体的装配过程或抑制其基因表达量和蛋白活性, 可减轻缺血性脑卒中病程中脑组织的损伤程度。

**结论** 但 NLRP3 炎性体在神经或血管损伤过程中的作用机制仍需进一步探索。对 NLRP3 炎性体在缺血性脑卒中病程中的作用进行深入分析, 有利于为缺血性脑卒中患者的治疗带来新的机遇。

## PU-5030

### microRNA-182 在口腔鳞癌细胞中的表达 及对细胞生物学行为的影响

王金辉  
哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 检测 microRNA-182(miR-182)的 mRNA 在口腔鳞癌组织中的表达, 探讨 miRNA-182 对口腔鳞癌细胞增殖和迁移能力的影响。

**方法** 收集 10 例哈医大口腔医院于 2015 年 7 月至 2016 年 10 月期间的住院患者鳞状细胞癌的标本和配对组织, 实时荧光定量 PCR 方法检测 miR-182 mRNA 在口腔鳞癌组织中的表达水平。培养舌鳞状细胞癌细胞系 TCA8113, 实验分四组: 空白对照组 (Control 组), 空载体组 (Vehicle 组), 阴性对照组 (miR-182-NC 组) 和 miR-182-inhibitor 组 (miR-182-i 组)。

**结果** 口腔鳞癌组织与配对组织比较, miRNA-182 的表达显著增高 ( $P<0.05$ ), 转染 miR-182-inhibitor 后, miR-182-i 组细胞的增殖能力和细胞迁移数显著低于 Control 组、Vehicle 组和 miR-182-NC 组 ( $P<0.05$ )。

**结论** miR-182 的高表达可能与口腔鳞癌的发生发展有关, 下调 miR-182 的表达可抑制 TCA8113 细胞的增殖迁移能力。其作用机制尚需进一步研究。

## PU-5031

### 九种特异性自身抗体在抗核抗体筛检阴性者中 的人群分布特征分析

苏真珍,杨滨,王兰兰  
四川大学华西医院,610000

**目的** 以大样本回顾分析探讨间接免疫荧光分析技术 (indirect immunofluorescence, IIF) 未筛检出抗核抗体 (antinuclear antibody, ANA) 的人群中, 多种特异性自身抗体的分布特征。

**方法** 纳入 2017 年 11 月至 2019 年 5 月于四川大学华西医院行 ANA 筛检阴性且特异性抗体 (包括抗 dsDNA、抗 RNP/Sm、抗 Sm、抗 Ro60、抗 Ro52、抗 SSB、抗 Scl-70、抗 Jo-1 及抗 rib-P 抗体) 检测阳性的病例共 2538 例, 其中抗 dsDNA 抗体应用绿蝇短膜虫为底物的 IIF 检测, 其余 8 种抗体以线性免疫印迹法检测。

**结果** 2538 例样本中, 抗 dsDNA、抗 RNP/Sm、抗 Sm、抗 Ro60、抗 Ro52、抗 SSB、抗 Scl-70、抗 Jo-1 及抗 rib-P 抗体可疑及阳性检出率分别为 0.16%及 0.04%、12.57%及 4.41%、4.73%及 1.14%、12.96%及 11.35%、17.93%及 22.10%、2.60%及 0.59%、3.98%及 1.30%、6.97%及 3.35%、2.68%及 1.34%。本研究共纳入男性 1143 例 (45.04%), 女性 1395 例 (54.96%), 其

中抗 Ro60 抗体多见于女性（男：女=17.8%：29.7%），但抗 Sm 抗体在男性中检出率更高（男：女=7.8%：4.3%），差异具有统计学意义（P 值均为 0.000）。以年龄分层后发现抗 RNP（27.36%）、抗 Sm（9.89%）及抗 SSB（6.90%）多见于 30 岁以下人群，而抗 Ro52 抗体与之相反，在 30 岁以上人群中检出率更高（45.27%），不同年龄层间比较差异明显（P 值均 <0.05）。

**结论** ANA 初筛阴性人群中，多种特异性自身抗体检出率差异明显，临床实践中应注意联合不同技术手段共同检测自身抗体（尤其是检出率较高的抗体）以防漏诊，同时注意年龄、性别等因素对检测结果的影响。

## PU-5032

### 超敏肌钙蛋白 I/T 在心肌梗死中的诊断意义 及相关性研究

于小鸥

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 研究高敏肌钙蛋白 I 和高敏肌钙蛋白 T 的相关性，及各自在心肌梗死中的诊断意义，为临床实验的选择提供数据支持。

**方法** 选取我院门诊和住院的同时检测高敏肌钙蛋白 I 和高敏肌钙蛋白 T 的患者 286 例，其中心肌梗死患者 86 例，其他来源患者 200 例。比较两组高敏肌钙蛋白 I 和高敏肌钙蛋白 T 的相关性，检测灵敏度、特异度，以及阳性预测值和阴性预测值。

**结果** 高敏肌钙蛋白 I 和高敏肌钙蛋白 T 在两组中的相关性良好，相关系数分别为 0.853 和 0.850。配对 t 检验显示，高敏肌钙蛋白 I 在心梗组中明显高于高敏肌钙蛋白 T（2.609，0.492， $P<0.05$ ），而在非心肌梗死中无显著差异（0.024，0.016， $P>0.05$ ）。高敏肌钙蛋白 I 和高敏肌钙蛋白 T 在心肌梗死组中的阳性预测值分别为 88.4%和 96.5%（ $P>0.05$ ），无显著性差异；而在非心肌梗死中的阴性预测值差异明显，分别为 87%和 73.5%（ $P<0.05$ ）。

**结论** 高敏肌钙蛋白 I 和高敏肌钙蛋白 T 检测的敏感性和特异性，阳性预测值和阴性预测值均不相同，临床可根据病情出现时相的不同综合选择检测，避免误诊和漏诊。建议建立适合中国人群的参考区间，帮助临床迅速正确做出诊断。

## PU-5033

### 五种肠杆菌科细菌耐碳青霉烯类抗生素 的耐药情况及验证分析

林玉玲

福建医科大学附属泉州第一医院

**目的** 对泉州市第一医院耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌（CRE）进行耐药情况分析以及通过耐药表型的检测，为泉州市第一医院治疗多重耐药的肠杆菌科细菌感染的临床用药提供适当的参照

**方法** 通过收集泉州市第一医院 2016 年 1 月至 2018 年 10 月临床标本中分离出的 CRE 的患者信息、药敏情况等数据资料，采用 WHONET5.6 软件进行数据分析。通过 mCIM、eCIM 及 sCIM 试验，获得本院 CRE 主要的耐药表型。

**结果**（1）本院分离出最多的 CRE 菌种是肺炎克雷伯菌（40.54%），其次是大肠埃希菌（24.32%）。CRE 分布的主要科室是重症医学科（28.38%）。药敏试验表明，分离出的 CRE 对阿米卡星（26.0%）、多粘菌素 B（0%）的耐药率最低；对剩余的二十种抗菌药物的耐药率均大于 50.0%，且大部分大于 70.0%，其中对阿莫西林/克拉维酸等十一种抗菌药物的耐药率最高，为

100%。(2) 本院 CRE 的 mCIM 试验阳性率为 76% (42/55), eCIM 试验阳性率为 57% (24/42), sCIM 试验阳性率为 71% (39/55)。

**结论** 本次研究发现本院 CRE 对阿米卡星、多粘菌素 B 这两种药物的敏感率较高。通过进行耐药表型检测试验, 证明导致本院 CRE 对碳青霉烯类抗菌药物产生耐药的主要原因是产碳青霉烯酶。

#### PU-5034

### Traceability, reproducibility and clinical evaluation of Sansure Realtime HCV RNA assay

Xiangbo Huang

the first affiliated hospital of Zhengzhou University

**Objective** Accurate quantitative detection of hepatitis C virus (HCV) RNA is critical for diagnosis of acute or chronic HCV infection, and is used to monitor the follow-up of virologic response during HCV targeted therapy. In the present study, traceability and reproducibility of a novel China-certified domestic Sansure HCV RNA diagnostic assay (Sansure, Changsha, Hunan, China) was evaluated and the clinical performance of this assay was also analyzed.

**Methods** Traceability of the Sansure HCV RNA assay to the WHO international standard for HCV (genotype 1a) was determined across multiple centers. Reproducibility, accuracy (the differences of observed average titers and expected titers) and precision was assessed using series dilutions of World HCV RNA performance panel WWHV303-02 (HCV-1b), WWHV303-04 (HCV-2a), WWHV303-11 (HCV-3a) and WWHV303-19 (HCV-6a). In addition, Sansure HCV RNA and CAP/CTM HCV (Roche, Branchburg, NJ, USA) assays were both used to detect HCV RNA in 346 EDTA anti-coagulated plasma samples from previous HCV-infected patients, during and after antiviral therapy.

**Results** The Sansure assay showed good traceability by agreeing with the HCV-1a WHO standard across all five titers tested (25, 50, 100, 1000, 10000 IU/ml). The differences between observed average titers and expected titers were all within 0.2 log<sub>10</sub> IU/ml. HCV WWHV303 standards across 4 HCV genotypes (1b, 2a, 3a and 6a) were used for evaluation of reproducibility and the accuracy of the test were all within 0.2 log<sub>10</sub> IU/ml. The inter-assay variations across the above 4 HCV genotypes were all less than 0.03 on each evaluated titer, indicating good precision of Sansure HCV RNA assay. In clinical practice, concordant results were determined in 99.422% (344/346) samples (215 positive and 129 negative samples). 2 specimens were negative with Sansure HCV assay while with detectable HCV RNA by CAP/CTM HCV test. Correlation analysis indicated a significantly positive correlation in detected HCV RNA concentrations ( $r=0.9439$ ,  $P<0.0001$ ). HCV RNA levels in 95.35% (205/215) specimens were within mean difference  $\pm 1.96$  SD as tested by both assays.

**Conclusions** With the advantages of traceability, reproducibility and lower price, Sansure HCV RNA assay represented an alternative option for HCV RNA detection in hospital and medical institution in China.

#### PU-5035

### 血液病患者血流感染病原菌分布及耐药性分析

常文娇, 陈莉, 戴媛媛, 鲁怀伟, 马筱玲

中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

**目的** 分析本院血液科住院患者血流感染病原菌的分布和耐药情况, 为临床合理使用抗菌药物, 减缓细菌耐药性产生提供依据。

**方法** 使用 BACT/ALERT 3D 全自动血培养仪对临床送检的血培养标本进行培养, 使用 VITEK2 Compact 全自动微生物分析系统对血培养阳性标本分离菌株进行菌种鉴定及药敏试验, 使用 WHONET 5.6 软件对病原菌分布和药敏结果进行统计分析。

**结果** 2017 年 10 月-2018 年 9 月本院血液科住院患者血培养阳性标本中共分离病原菌 101 株, 其中革兰阴性菌 77 株 (76.24%), 主要为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌和铜绿假单胞菌。革兰阳性菌 23 株 (22.77%), 主要为凝固酶阴性葡萄球菌 (CNS) 和金黄色葡萄球菌 (金葡菌)。真菌 1 株 (0.99%), 为热带假丝酵母菌。移植和非移植患者病原菌分布构成略有不同。产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (ESBLs) 菌株在大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌中的检出率分别为 42.9 %和 55.0 %。检出亚胺培南耐药的大肠埃希菌 1 株 (2.9%), 肺炎克雷伯菌 3 株 (15%)。铜绿假单胞菌对常用抗菌药物的耐药率均较低。6 株金葡菌中检出耐甲氧西林金葡菌 2 株 (33.3%)。12 株 CNS 中检出 8 株耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (66.7%)。主要革兰阳性菌对万古霉素、利奈唑胺、替加环素和奎奴普丁/达福普汀耐药的金葡菌敏感率均达 100%。

**结论** 本院血液科血流感染病原菌种类复杂多样、革兰阴性菌所占比例居多, 且多重耐药菌检出率高, 及时监测病原菌的菌属分布和耐药变迁, 可指导临床合理、规范地使用抗菌药物。

## PU-5036

### Severe community acquired pneumonia due to Herpes simplex virus type 1

Wenjiao Chang, Lu Huaiwei, Dai Yuanyuan, Ma Xiaoling  
The First Affiliated Hospital of uNIVERSITY of Science and Technology of China

**Objective** The pathologies of the lower respiratory tract are various and micro-organisms are one of the prime causes. The HSV-1 are rarely considered in the diagnostic protocols, especially in the diagnostic process of severe community acquired pneumonia(SCAP). This may be because whether HSVI is the cause of pulmonary infection has previously been controversial.

**Methods** Here we report a case of HSV-1 infection diagnosis by NGS.

**Results** This case revealed the fact that HSV-1 might be pathogens of SCAP, and NGS is valuable in the diagnostic process of these infectious diseases.

**Conclusions** A high index of suspicion for herpes simplex pneumonia must be maintained in critically ill patients with undiagnosed pneumonia. NGS provided accurate and rapid identification of pathogens in infected patients with HSV-1. And HSV-1 is an important subject for clinicians and laboratories, as it is no longer simply the pathogenesis of ventilator-associated pneumonia and requires esoteric testing.

## PU-5037

### Red Cell Formulas Used in Differentiation of $\alpha$ -Thalassemia Trait from Iron Deficiency in Pregnant women

Weixin Wang<sup>1</sup>, Yinhuan Zhong<sup>2</sup>, Xiaoping Wei<sup>1</sup>, Yongping Lin<sup>1</sup>  
1. The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University  
2. Guangdong Women and Children Hospital

**Objective** The present study aimed to retrospectively evaluate the usefulness of a new manual formula,  $[(MCV \times RDW) / (RBC \times MCHC)]^2$ , for discrimination between  $\alpha$ -thalassaemia carrier (ATT) and iron deficiency anemia (IDA), the two most common causes of microcytic hypochromic anemia in pregnant women.

**Methods** We applied our formula and published formulas to retrospectively analyze the hematologic parameters of 207 patients (137  $\alpha$ -Thalassemia carriers, 70 iron deficiency anemia

patients). Positive predict value (PPV), negative predict value (NPV), sensitivity, specificity and Youden index were compared between the proposed formula and the other published formulas.

**Results** Ours and G&K's formula showed the best sensitivity(91.24%) and the best specificity (97.14%) was obtained by RDWI, while our formula provided higher sensitivity (94.8%, the third) and specificity (97.6%, the third), PPV and NPV of our function were the third too (98.6%,91.0%),Youden index (92.4%) was the best.

**Conclusions** With the acceptable sensitivity and specificity, our formula could be a good tool in the discrimination of ATT and IDA in southern China.

## PU-5038

### 探究检测血清免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 对人体抗感染的意义

刘政

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探索免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 和感染性疾病的相关性；是否有助于评价人体对于感染性疾病的抵抗力；探索作为早期应用抗生素治疗的辅助意义。

**方法** 按照每月统计 2017 年至 2018 年某医院的数据 1.所有免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 的血清平均含量。检测仪器为西门子 BN2 特种蛋白分析仪。2.所有体液、组织液、痰和血液的细菌培养阳性病例数和计算阳性率。3.住院感染病人共 412 例，统计此 412 例样本的血清免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 检测结果分布。4. 其他感染性疾病（炎症性疾病、支原体/衣原体感染等）共计 1322 例住院患者的免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 的血清含量分布。5.通过观察比较，研究分析，得出结论。

**结果** 1. 免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 的血清含量在感染性疾病当中，血清免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 含量单项或几项异常升高或减低。2.两年间细菌和其他感染性疾病病患人数有增加趋势。3.感染性疾病的血清免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 联合检测含量异常占比多，接近 70%。

**结论** 1.人群对感染性疾病的抵抗力有一定的下降趋势。2. 疑似或确诊感染性疾病的病患，血清免疫球蛋白 G、A、M，补体 C3、C4 含量的异常对于早期应用抗生素有一定的提示意义。

## PU-5039

### Big data evaluation of clinical application of autoverification in blood analysis

Linlin Qu,WEI XU

the First Hospital of Jilin University

**Objective** To evaluate the autoverification algorithms for routine blood tests, in order to ensure test quality as well as shorten the turnaround time(TAT) of test reports.

**Methods** A total of 324943 EDTA-K2 anticoagulated blood samples were collected from the First Hospital of Jilin University during November 2017 to February 2019. All the samples were analyzed for blood routine tests using Sysmex XN series automatic blood analyzers. and the results were checked through previously established 43 autoverification rules. Autoverification pass rate and average TAT were calculated. Meanwhile, 300 cases were randomly chosen for microscopy to evaluate false negative rate.

**Results** Using autoverification software including 43 judging rules, blasts, abnormal lymphocytes, abnormal RBC morphology and platelets aggregation could be intercepted in blood analysis, and unqualified samples could be screened. Autoverification pass rate was 76%; in 300 samples under microscopic review, there were 5 false negative cases, including 3 cases with metamyelocytes and 2 cases with RBC fragments, false negative rate was 1.7%. Compared to manually verification, average TAT shortened 16min, and samples reported within 30min were elevated by 35%.

**Conclusions** The autoverification algorithm for routine blood analysis were especially applicable for large amount of samples, which could help to ensure test quality and shorten TAT. It is found in large number clinical application that the periodic evaluation on autoverification algorithms was very necessary, which is helpful to know the efficiency of the whole set of autoverification algorithm, as well as timely adjust the algorithms including parameters and cutoff values when necessary.

## PU-5040

### 儿童粪便中大肠埃希菌 mcr-1 基因筛查 及多粘菌素耐药性分析

麦嘉良,熊志乐,梁秉绍,高飞,艾晓兰,龙燕,周珍文  
广州市妇女儿童医疗中心,510000

**目的** 筛查广州地区儿童粪便中大肠埃希菌携带 mcr-1 基因的情况,明确本地区 mcr-1 基因在大肠埃希菌中的携带率,携带 mcr-1 基因菌株的细菌分型以及对多黏菌素的耐药情况

**方法** 从 2018 年 11 月至 2019 年 1 月,收集广州地区 3 家妇幼医院 2754 名门诊及住院儿童的粪便,共计分离大肠杆菌 2785 株,采用 PCR 方法筛查 mcr-1 基因,结果阳性菌株用 Sanger 测序方法进行验证,并采用微量肉汤稀释法进行多粘菌素的药敏试验。提取大肠埃希菌基因组,对 adk、fumC、gyrB、icd、mdh、purA 和 recA 位点进行多位点序列分型(MLST),进一步分析阳性菌株的多态性。

**结果** 2754 名患儿中,住院儿童 1243 名,门诊儿童 1511 名,粪便中大肠埃希菌携带 mcr-1 基因者共 21 名(0.76%),其中住院儿童 9 名(0.72%),门诊儿童 12 名(0.79%)。所有携带 mcr-1 基因的菌株对多粘菌素皆为耐药, MIC $\geq$ 4 $\mu$ g/mL。15 名男性和 6 名女性儿童粪便中检测出耐多粘菌素大肠埃希菌,性别对大肠埃希菌多粘菌素耐药检出率无统计学差异。年龄大于 3 岁的儿童粪便中耐多粘菌素大肠埃希菌检出率较高。MLST 分型结果表明:21 株耐多粘菌素菌株共分为 19 中基因型,其中 3 株为 ST69 型。

**结论** 广州地区儿童粪便中大肠埃希菌 mcr-1 携带率较低,携带 mcr-1 基因与多黏菌素耐药密切相关,耐药菌株未出现爆发流行。

## PU-5041

### 硝基化对脂蛋白相关磷脂酶 A2 功能的影响

秦莉<sup>1</sup>,李丽君<sup>2</sup>,宋俊贤<sup>1</sup>

1.北京大学人民医院,100000

2.中国人民解放军总医院

**目的** 探讨硝基化对脂蛋白相关磷脂酶 A2 活性以及与高密度脂蛋白结合能力的影响。

**方法** 为了解脂蛋白相关磷脂酶 A2 硝基化对高密度脂蛋白功能的影响,我们将脂蛋白相关磷脂酶 A2 硝基化后与预先用 Pefabloc 处理后内源性脂蛋白相关磷脂酶 A2 灭活的高密度脂蛋白进行连接,采用无细胞系检测高密度脂蛋白的抗氧化功能。为了探讨硝基化是否会影响游离状态的脂蛋白

相关磷脂酶 A2 后续与高密度脂蛋白的结合,我们预先用 Pefabloc 处理高密度脂蛋白后,再与硝基化的外源性重组脂蛋白相关磷脂酶 A2 进行连接,分离过滤液与高密度脂蛋白成分,分别应用比色法和 Western blot 法检测脂蛋白相关磷脂酶 A2 活性与含量。同样的,我们也探讨了硝基化是否会影响到结合状态的脂蛋白相关磷脂酶 A2 继续维持与高密度脂蛋白的连接。我们先将重组脂蛋白相关磷脂酶 A2 与 Pefabloc 处理的高密度脂蛋白进行连接反应,其后加入 SIN-1 使重组复合物硝基化,最后分别收集高密度脂蛋白成分与过滤液,同样方法检测脂蛋白相关磷脂酶 A2 活性与含量。

**结果** 0.1mM 的 Pefabloc 可以显著的灭活高密度脂蛋白中内源性的脂蛋白相关磷脂酶 A2;将 SIN-1 介导的硝基化脂蛋白相关磷脂酶 A2 与内源性脂蛋白相关磷脂酶 A2 灭活的 HDL 连接后发现,脂蛋白相关磷脂酶 A2 硝基化使高密度脂蛋白的抗氧化功能下降。硝基化不仅使游离的脂蛋白相关磷脂酶 A2 与高密度脂蛋白结合能力下降,而且已结合的酶在硝基化后也有少量从高密度脂蛋白上脱落。

**结论** 脂蛋白相关磷脂酶 A2 发生硝基化后,酶活性降低,其结合的高密度脂蛋白的功能和连接也发生异常。脂蛋白相关磷脂酶 A2 硝基化在高密度脂蛋白抗动脉粥样硬化活性转变中起重要作用。针对高密度脂蛋白上硝基化的调节与干预可能为纠正 HDL 的功能缺陷和治疗动脉粥样硬化提供一种新思路。

## PU-5042

### 血清 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 水平与宫颈上皮病变组织中 P53、CyclinD1 基因表达的关系

袁育珺,杨秀玲,胡志坚  
九江学院附属医院,332000

**目的** 研究血清 25 羟维生素 D<sub>3</sub> 水平与宫颈上皮病变组织 P53、CyclinD1 基因表达的关系。

**方法** 收集 2017 年 5 月-2018 年 2 月期间 78 例血样和宫颈活检标本(经病理学确认,按照病变程度分为宫颈癌患者组、宫颈上皮内瘤变组和正常组)。采用罗氏电化学发光仪测定血清 25-(OH)D<sub>3</sub> 水平;采用免疫组化和 Western blot 测定 P53、CyclinD1 的蛋白表达量;采用荧光定量 PCR 测定 P53、CyclinD1 的 mRNA 表达量。

**结果** 随着宫颈上皮病变程度的增加血清 25-(OH)D<sub>3</sub> 水平依次降低,但 P53、CyclinD1 的蛋白阳性表达率和 mRNA 表达量却随之增加,并且患者组织中维生素 D<sub>3</sub> 缺乏者 P53、CyclinD1 的蛋白阳性表达率和 mRNA 表达量显著高于维生素 D<sub>3</sub> 不足者。

**结论** 低水平 25-(OH)D<sub>3</sub> 可能通过相关机制影响 P53、CyclinD1 基因表达加速宫颈上皮组织病变。

## PU-5043

### 大学生 MSM 人群 HIV 感染风险预测模型建立及效果验证研究

呼志丽<sup>1</sup>,黄掣驰<sup>1,2</sup>,胡清海<sup>1</sup>,楚振兴<sup>1</sup>,张晶<sup>1</sup>,张永慧<sup>1</sup>,徐俊杰<sup>1</sup>  
1.中国医科大学附属第一医院,110000  
2.辽宁省信息中心

**目的** 建立并验证大学生男男性行为者(Men Who Have Sex with Men, MSM)(简称“大学生 MSM”)的 HIV 感染风险预测模型

**方法** 利用我国 7 大城市(上海、南京、长沙、郑州、济南、沈阳和昆明)MSM 横断面调查数据库中在校大学生 MSM 相关信息,通过单因素和多因素 Logistic 回归模型建立模型并采用 Stepwise 逐

步回归法筛选模型变量；采用 C-statistics 检验、Hosmer-Lemeshow 检验（H-L 检验）对模型进行判别能力和拟合效果的内部验证和评价；采用 Bootstrap 重抽样技术进行模型内部验证

**结果** 共纳入 742 名大学生 MSM 参加研究，其 HIV 感染率为 5.9%（44/742）。经 Logistic 回归模型拟合并通过 Stepwise 法筛选，以下变量进入最终模型：有性传播疾病感染史（OR=5.4，95%CI=2.5~11.4，P<0.01）（5 分）；近半年使用过新型毒品（OR=2.2，95%CI=1.2~4.2，P=0.016）（2 分）；最近一次男男性行为方式为被插入方或同时为插入方和被插入方（OR=2.3，95%CI=1.0~5.0，P=0.044）（2 分）。模型的 C-statistic 检验的统计量 AUC 为 0.71，H-L 检验的卡方值为 1.35（P=0.717）；各变量在 1000 个 Bootstrap 样本中出现的频率均 >50%。

**结论** 大学生 MSM 人群 HIV 感染风险预测模型具有较好的判别能力和拟合效果，能够有效评估学生 MSM 人群 HIV 感染风险，可作为一种简便易行的工具帮助大学生 MSM 客观自我评估 HIV 感染风险，并有望提高其 HIV 检测率。

## PU-5044

### 胆红素对 AFP 检测结果的影响

吴小田,渠文涛,史小芹  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 甲胎蛋白 (AFP)是临床上最常用的诊断原发性肝癌的肿瘤标志物，约 70-95%的原发性肝癌患者呈现 AFP 水平升高。当血清 AFP>400ng/mL 持续 4 周，或者>200ng/ml 持续 8 周，可初步诊断为原发性肝癌，因此甲胎蛋白临床上常用于肝癌的诊断、鉴别诊断和术后监测。病毒性肝炎、肝硬化、肝癌、慢性肝炎等病理性原因都会引起总胆红素偏高，本文探讨了胆红素对 AFP 检测结果是否会产生影响。

**方法** 参考 EP7-A2 的方法，选择两个医学决定水平浓度（200ng/ml 和 400ng/ml）的待测物样本（无溶血、黄疸和脂血），分别加入不同浓度的总胆红素，并以不添加作为对照样本。使用甲胎蛋白检测试剂盒（磁微粒化学发光法）在安图 AutoLumo A2000 全自动化学发光测定仪上检测，评估其干扰率。

**干扰判断：**干扰率%小于项目所在行标允许的正确度偏倚（行标规定的正确度允许偏差，如无行标可参考一般设定为 10%），即可判断为通过。

**干扰率计算公式：**
$$\left[ \frac{(\text{干扰样本浓度} - \text{对照样本浓度}) - (\text{溶剂样本浓度} - \text{对照样本浓度})}{\text{对照样本浓度}} \right] \times 100\%$$

**结果** 两个浓度（200ng/ml 和 400ng/ml）的待测物样本，分别添加 10mg/dl、30mg/dl 和 50mg/dl 胆红素，

**结论** 50 mg/dL 的胆红素对安图甲胎蛋白检测试剂盒（磁微粒化学发光法）试剂盒无明显干扰。

## PU-5045

### 基于液滴数字 PCR 技术检测晚期初治非小细胞肺癌患者 T790M 突变情况分析

代娣,郭晓临  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 表皮生长因子酪氨酸激酶抑制剂（EGFR-TKI）已经成为 EGFR 基因突变的晚期非小细胞肺癌（NSCLC）患者的标准治疗之一，T790M 突变情况直接影响 EGFR-TKI 药物的选择，近来有研究显示 T790M 突变的积累可能是一、二代 EGFR-TKI 耐药的主要驱动因素。因此定量检测 T790M



突变的变化,有助于评价 EGFR-TKI 治疗的效果,对监测疾病的疗效和转归有很好的指示作用。本研究拟利用高敏感性的液滴数字 PCR (ddPCR) 检测技术评估未经 TKIs 治疗患者 T790M 的突变情况。

**方法** 在 2018 年 6 月至 10 月,收集中国医科大学附属第一医院的 45 名晚期非小细胞肺癌 (NSCLC) 患者肿瘤组织样本。分别使用扩增阻滞突变系统 (ARMS) 和 ddPCR 方法检测 EGFR 基因突变和 T790M 突变情况。

**结果** 45 名患者中, ARMS 检出 23 名 (51.1%) 患者存在 EGFR 突变, 其中 1 例 (4.4%) E18 突变, 15 例 (65.2%) E19 突变, 以及 7 例 (30.2%) E21 突变, 未检测到 T790M 突变。ddPCR 方法检测到 5 例 T790M 突变, 其中 3 例同时存在 E19 突变, 2 例存在 E21 突变, 突变率为 0.07%-0.49%。

**结论** 原发 T790M 突变是 EGFR-TKI 疗效的不良预测因子, 针对 T790M 突变的定量检测可更精确指导临床。相对于传统方法检测 T790M 的突变率仅为 2%-3%, 采用高敏感性 ddPCR 方法可以检测到更高的原发性 T790M 突变率, 因此既往未接受过 EGFR-TKI 治疗的晚期 NSCLC 患者也可考虑进行高敏感性的 T790M 检测。但由于在甲醛固定的肿瘤组织样本中用高敏感方法检测到的 T790M 突变也可能是甲醛固定带来的假阳性, 因此亟需明确高敏感方法评估 T790M 的 cutoff 值。

## PU-5046

### 调节性 T 细胞在多发性骨髓瘤中的变化研究

穆润清

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 研究多发性骨髓瘤 (MM) 患者外周血 CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> Foxp3<sup>+</sup> 调节性 T 细胞 (Tregs) 数量变化, 探讨 Tregs 数量与 MM 病程、MM 分型和化疗药物使用的相互关系。

**方法** MM 患者和健康对照者外周血进行临床血常规检测, 生物化学分析。分离 PBMC, 应用流式细胞术检测 MM 患者和健康对照者外周 CD4<sup>+</sup> T 细胞和 CD8<sup>+</sup> T 细胞数量, Tregs 细胞百分含量和绝对值。

**结果** 与正常对照组相比, MM 组淋巴细胞总数明显降低 ( $P<0.05$ ), CD4<sup>+</sup> T 细胞总数 ( $P<0.05$ ), CD8<sup>+</sup> T 细胞总数 ( $P<0.05$ ) 均明显降低。与正常对照组相比, MM 组 CD4<sup>+</sup> CD25<sup>+</sup> Foxp3<sup>+</sup> Tregs 占 CD4<sup>+</sup> T 细胞百分含量明显升高 ( $P<0.05$ ) 且 Tregs 细胞绝对值明显增加 ( $P<0.05$ )。Tregs 细胞百分含量在骨髓瘤 D-S I/II/III 期中均明显增高。采用三种化疗药物治疗后, MM 患者 Treg 百分含量均明显增加, BD 治疗组不影响 Tregs 细胞绝对值, 而 VAD 和其他治疗组均能明显增加 Tregs 细胞绝对值数量。

**结论** 多发性骨髓瘤患者外周血 Tregs 细胞数量的改变与骨髓瘤病程变化有关, 与化疗药物使用有关。

## PU-5047

### Inhibition of telomerase using BIBR1532 enhances imatinib sensibility in chronic myeloid leukemia cells

wen liu, Jinhua Zhang, Ying Li, Jing Zhu, Siqi Long, Lingxu Zhao  
affiliated hospital of North Si chuan Medicine College

**Objective** Targeting telomerase in cancer has increased by the recent disclosure that elevated telomerase activity is associated with disease resistance and poor outcome in cancers. In chronic myeloid leukemia (CML), telomerase activity has been reported as an important factor of drug

resistance. BIBR1532, a selective inhibitor of telomerase, has been shown to confer loss of sensitivity to a wide range of anti-neoplastic agents. However its role in CML has not been investigated.

**Methods** To evaluate whether telomerase inhibition using non-nucleosidic inhibitor of telomerase BIBR1532 could enhance cytotoxic effect of imatinib in CML, K562 cells and its imatinib-resistant derivatives were subjected to combination treatment and subsequent cell viability, growth kinetics, and transcriptional alteration of p73, p21, FOXO3a, c-Myc, hTERT, and other apoptosis-related target genes were investigated.

**Results** BIBR1532 potentially reduced telomerase activity in K562R and K562 cells. Flow cytometry analyse showed that BIBR1532 induce CML cells apoptosis and arrest cells at G2 phase. Combination of BIBR1532 with imatinib produced a synergistic anticancer effect in CML cells. Besides, BIBR1532 suppressed transcriptional activity of c-Myc, transcription factor p73, p21 and Foxo3a were elevated. Our results also report that BIBR1532 induced notably down-regulated protein expression of c-Myc, Stat5 and Erk.

**Conclusions** Overall, it seems that combination of BIBR1532 could be a novel therapeutic strategy for CML that may be clinically accessible in the near future.

## PU-5048

### 来自一名发热待查患者的启示

杨再林

重庆医科大学附属第三医院

**目的** 一例发热待查，无疫区接触史的罕见的原发地的恶性疟原虫感染病例分享。

**方法** 发热待查患者的诊断思路

**结果** 原发地的恶性疟原虫感染

**结论** 1.工作再忙也要看好散点图；仪器再快也要重视形态。

2.恶性疟原虫感染（没有疫区病史也不能除外）。

## PU-5049

### 国产 HIV-HCV-TP-HBsAg 四项联合检测试剂盒的初筛应用评价

杨赛男,张晶,楚振兴,徐俊杰

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 评价国产 HIV-HCV-TP-HBsAg 四项联合检测试剂盒（胶体金法）的临床性能，了解该产品相对于临床标准检测方法的检测效能

**方法** 以第四代人 HIV 抗体和抗原检测试剂盒（电化学发光法）作为 HIV 标准检测方法，通过 cobas e601 仪器读取及采集数据；以丙型肝炎病毒抗体测定试剂盒、梅毒螺旋体抗体检测试剂盒、乙型肝炎病毒表面抗原定量测定试剂盒（均为化学发光微粒子免疫检测法）作为检测 HCV 抗体、梅毒抗体、HBsAg 标准方法，通过 Architect i2000 仪器读取及采集数据；评价广州万孚生物技术有限公司的四联检测试剂的性能。分离血清标本后平行分为两份，同时对中国医科大学附属第一医院自愿咨询与检测门诊 595 份血清标本进行 HIV 抗体检测，中国医科大学附属第一医院常规门诊 106 份血清标本进行 HCV 抗体检测、301 份血清标本进行 TP 抗体检测、148 份血清标本进行 HBsAg 检测，对检测结果数据进行统计和比对。

**结果** 四联检测试剂检测 HIV 抗体、HCV 抗体、梅毒抗体、HBsAg 的灵敏度、特异度、假阳性率、假阴性率、总符合率，Kappa 值，P 值分别为 97.2%（35/36），99.5%（576/579），99.3%

(591/595), 92.1% (35/38)、99.8%(556/557)、94.2%,  $P<0.01$ ; 34.8% (16/46), 98.3% (59/60, 1.7% (1/60), 65.2% (30/46), 70.8%(75/106), 35.7%,  $P<0.01$ ; 64.9% (109/168), 99.2% (132/133), 80.1%, 0.8% (1/133), 35.1% (59/168), 61.3%,  $P<0.01$ ; 61.7%(42/68), 98.8%(79/80), 81.8%(121/148),1.3% (1/80), 38.2% (26/68), 61.3%,  $P<0.01$ 。

**结论** 万孚公司四联检测试剂检测 HIV 抗体的灵敏度、特异度、一致性均较高,能够满足科研和临床初筛要求。但四联检测试剂对 HCV、TP、HBV 的检测灵敏度均较差,假阴性率较高,需提升相关检测性能来满足科研和临床初筛的要求。

## PU-5050

### 国产单纯疱疹病毒 II 型 IgG 抗体检测试剂的检测性能评估研究

李睿,张晶,楚振兴,彭二磊,徐俊杰  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 评价国产单纯疱疹病毒 II 型 (HSV-2) 抗体 (IgG) 酶联免疫法试剂盒的临床性能,了解该产品相对同类进口检测试剂的检测效能。

**方法** 于 2017 年 11 月至 2018 年 3 月在 178 名到中国医科大学附属第一医院自愿咨询与检测门诊求询的男男同性性行为者中采集静脉血,以爱尔兰 Trinity Biotech 公司生产的 HSV-2 IgG 酶联免疫法试剂盒为标准检测试剂,评估北京贝尔生物工程有限公司生产的 HSV-2 IgG 检测试剂的性能。分离血浆标本后平行分为两份同时进行检测。分别采用 MODEL 1575 型全自动洗板机 (美国 BIO-RAD 公司) 洗板,通过 iMark™ 型酶标仪 (美国 BIO-RAD 公司) 读取及采集数据后进行统计和比对。

**结果** 进口 HSV-2 IgG 检测试剂发现 HSV-2 IgG 阳性和阴性标本分别为 82 和 96 份。在此基础上国产 HSV-2 IgG 试剂盒的检测灵敏度 95.1% (78/82)、特异度 88.5% (85/96)、假阳性率 11.5% (11/96)、假阴性率 4.9% (4/82)、总符合率 91.6% (163/178), Kappa 值 83.1%,  $P<0.01$ 。

**结论** 国产试剂盒与进口试剂盒在检测 HSV-2 IgG 方面一致性良好,国产检测试剂在筛查 HSV-2 既往感染者方面具有较高的检出率,能够满足相关科研要求,但国产试剂的假阳性率仍较高,需进一步改善检测试剂性能,以满足临床检测需求。

## PU-5051

### 中国南方尿道福格斯氏菌感染的首次报告

蔡依玫<sup>1</sup>,黄彬<sup>1</sup>,蓝锴<sup>2</sup>  
1.广东省广州市中山大学附属第一医院  
2.广东省中医院,510000

**目的** 对住院病人尿液中新分离的一株尿道福格斯氏菌 SQ023<sup>T</sup> 进行鉴定和分析,研究 SQ023<sup>T</sup> 菌的分类学位置。

**方法** 采用传统的细菌形态学检查、商品化的 API、细菌化学成分、以及全基因组测序等多种手段对 SQ023<sup>T</sup> 菌进行系统的鉴定。结合福格斯氏菌属及相关细菌的 16S rRNA 基因的进化树,研究福格斯氏菌属的系统进化及 SQ023<sup>T</sup> 菌与邻近菌种之间的亲缘关系。

**结果** SQ023<sup>T</sup> 菌为需氧、单鞭毛、无芽孢的革兰氏染色阴性杆菌。最适生长温度为 25–37℃,最适 pH 为 6.0–8.0。SQ023<sup>T</sup> 菌对氧化酶、过氧化氢酶、DNA 酶和吲哚试验均呈阳性,能利用葡萄糖酸盐,可与近缘菌株相鉴别。16S rRNA 基因序列分析显示: SQ023<sup>T</sup> 菌与透明福格斯氏菌的同

源性最高(98.8%)，其次是 *Murenivorans* 福格斯氏菌(98.1%)。SQ023<sup>T</sup> 菌与这两者的平均核苷酸同源性分别为 85.6% 和 85.3%。进一步的系统发生树亦表明，SQ023<sup>T</sup> 菌在福格斯氏菌属中代表了一个独特的谱系，表明 SQ023<sup>T</sup> 菌属于福格斯氏菌属的一个新成员。SQ023<sup>T</sup> 菌的极性脂质包括磷脂酰乙醇胺、磷脂酰甘油、二磷脂酰甘油酯、三种未经鉴别的磷脂、一种未经鉴别的脂质和一种未经鉴别的氨基磷脂。脂肪酸主要为特征 3 (C 16:1 $\omega$ 6 c/C 16:1 $\omega$ 7 c, 24.0%) 和 C 16:0 (14.8%)。呼吸醌为 Q-8。SQ023<sup>T</sup> 菌基因组大小为 4.01 mb, G+C 含量为 63.2 mol%。

**结论** 基于表型、基因型和化学分类学结果，SQ023<sup>T</sup> 菌代表了福格斯氏菌属中的一个新菌种，并命名为尿道福格斯氏菌，这是福格斯氏菌引起的人类尿道感染的首次报道。

## PU-5052

### MDRAB 的 8 种耐药基因与其耐药表型关系的分析

池细倮

福建省南平市第一医院

**目的** 研究多重耐药鲍曼不动杆菌(MDRAB)的耐药机制，为临床有效治疗该菌感染提供依据。

**方法** 应用 PCR 技术对某综合性三甲医院 2013 年 1 月~2013 年 12 月间感染患者的 94MDRAB 菌株进行耐药基因检测，比较 8 种耐药基因阳性组与阴性组菌株的耐药性。

**结果** 94MDRAB 菌株的耐药基因检出率：VIM 35.1%、SIM 55.0%、TEM 59.6%、OXA-23 93.6%、OXA-24 52.1%、SHV 52.1%、PER-1 83.0%、IMP 2.1%；耐药基因与其耐药表型关系比较显示：OXA-23 基因阳性组与阴性组间 IPM、MEM、SAM 的耐药性，SAM 在 SIM 基因阳性组与阴性组间的耐药性有显著差异；MDRAB 菌株的 VIM、TEM、OXA-24、SHV、PER-1、IMP 耐药基因阳性组与阴性组的耐药谱相差均无统计学差异 ( $P > 0.05$ )；94MDRAB 菌株的 MH、PO 的耐药率分别为：74%、0%。

**结论** MDRAB 耐药基因检测不能代替常规药敏试验，无法预测临床治疗效果；MH、PO 仍为治疗 MDRAB 的较好选择。

## PU-5053

### 肺炎支原体感染患儿 SAA、CRP、PCT 血清水平和免疫功能的变化及意义

蒋媛媛,王文洋,冯强,赵书平

泰安市中心医院,271000

**目的** 分析血清淀粉样蛋白 A(SAA)、C 反应蛋白(CRP)和降钙素原(PCT)在 MP 感染病程中的水平变化，用来辅助支原体(MP)病情诊断的检测。

**方法** 选择山东省泰安市中心医院住院的 152 例 MP 感染患儿作为观察组，并随机选择 50 例健康体检儿童作为对照组，分析 SAA、CRP 和 PCT 在观察组急性期、恢复期以及对照组的血清水平，以及两组儿童的血清免疫球蛋白和 T 淋巴细胞亚群水平的结果；并且连续一周检测其中 30 例 MP 感染患儿 SAA 和免疫功能的变化。

**结果** 观察组 SAA、CRP、PCT、IgA 和 IgM 水平高于对照组 ( $P < 0.05$ )，并且急性期高于恢复期( $P$  均  $< 0.05$ )，两组 IgG 变化基本无差异 ( $P > 0.05$ )；观察组 CD3<sup>+</sup>和 CD4<sup>+</sup>低于对照组水平( $P < 0.05$ )，CD8<sup>+</sup>水平高于对照组 ( $P < 0.05$ )，并且急性期和恢复期存在差异( $P < 0.05$ )。观察组血清 SAA 的变化与 IgA、IgM 和 CD8<sup>+</sup>水平的变化呈正相关，与 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>和 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>呈负相关。

**结论** MP 感染患儿血清 SAA、CRP 和 PCT 水平对于早期 MP 感染的诊断有较大的辅助价值，对于及时评估病情，指导临床有重要意义。

PU-5054

## 呼吸道感染病原体检测的诊断价值分析

褚福祿,卢志明  
山东省立医院,250000

**目的** 探讨呼吸道感染 (respiratory tract infection, RTI) 病原体 IgM 抗体 (IgM antibody, IgM-Ab) 检出情况及 IgM-Ab、白细胞 (white blood cell, WBC)、中性粒 (neutrophils%, N%) 及淋巴细胞百分比 (lymphocyte%, L%)、C 反应蛋白 (C-reactive protein, CRP)、前白蛋白 (prealbumin, PA) 和降钙素原 (procalcitonin, PCT) 的诊断价值。

**方法** 2016 年 1~6 月山东省立医院 1 316 例 RTI 者检测 11 种呼吸道 IgM-Ab, 同时 577 例送检细菌培养, 分成细菌组 50 例、病毒组 172 例、混合组 56 例和支原体组 112 例, 对照组为 180 例体检者, 分析 IgM-Ab 及各组 WBC、N%、L%、CRP、PA 和 PCT 资料。

**结果** IgM-Ab 总阳性率为 71.12% (936/1 316)。577 例标本检出致病菌 123 株 (21.32%)。五组病例进行两两比较, 以  $\alpha = 0.05/10 = 0.005$  为检验水准。四个患者组 WBC、N%、L%、PA 水平和对照组比较差别有统计学意义 ( $\chi^2 = 46.180$ 、 $134.850$ 、 $175.400$ 、 $144.520$ , 均  $P < 0.005$ )。混合组 CRP 水平大于病毒组 ( $Z = -3.070$ ,  $P < 0.005$ ), 细菌组、混合组 PCT 水平大于病毒组 ( $Z = -5.512$ 、 $-4.984$ , 均  $P < 0.005$ ) 和支原体组 ( $Z = -5.174$ 、 $-5.654$ ,  $P < 0.005$ ), 四个患者组 WBC、N%、CRP 和 PA 阳性率高于对照组 ( $\chi^2 = 60.81$ 、 $91.09$ 、 $189.60$ 、 $180.00$ ,  $P < 0.005$ )。细菌组、混合组 PCT 阳性率大于病毒组 ( $\chi^2 = 30.286$ 、 $22.695$ ,  $P < 0.005$ ) 和支原体组 ( $\chi^2 = 40.142$ 、 $31.156$ ,  $P < 0.005$ )。PCT 和 CRP 曲线下面积 (area under the curve, AUC) 分别为 0.751 和 0.587, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** PCT 是细菌性感染的理想标志物, 联合血常规和 IgM-Ab 检测对 RTI 诊断和治疗有重要价值。

PU-5055

## A novel $\beta$ -Thalassemia mutation (IVS-II-772 GA) a case report and the family pedigree analysis

Yang Zhang, Jia-Jia Wang  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** Through genetic analysis of a rare thalassemia patient and his family, we can provide reference for the early prevention and diagnosis of rare thalassemia patients and genetic counseling.

**Methods** Blood routine analysis was performed by hematology analyzer; Capillary hemoglobin electrophoresis analyzer was used for hemoglobin analysis; Iron metabolism was analyzed by automatic specific protein analyzer, automatic biochemical analyzer and automatic electrochemiluminescence immunoanalyzer.; Conventional  $\alpha$  and  $\beta$  thalassemia genes were detected by conduction hybridization, and rare genotypes were analyzed by deletion electrophoresis,  $\alpha$  deletion electrophoresis,  $\beta$  deletion electrophoresis, triplet electrophoresis, etc.

**Results** Blood routine, hemoglobin, iron metabolism and other hematological analysis were performed on the proband, and the proband was diagnosed with small-cell hypochromic anemia, but no abnormal hemoglobin F was found; Iron metabolism was abnormal, which is characterized by a simultaneous decrease in the binding force of serum iron and unsaturated iron; No gene mutation in  $\alpha$  and  $\beta$  thalassemia gene detected by routine diversion hybridization; Further analysis of rare type genes confirmed that the proband was the first case of rare type  $\beta$  thalassemia (IVS-II-772 (G > A)). According to the analysis of his family, the genotypes of the mother and the younger brothers of the proband were normal and there was no mutation. The proband and the father

were the same type of rare $\beta$ thalassemia. The rare type of thalassemia gene of the proband was derived from his father.

**Conclusions** IVS-II-772 (G>A) is a rare-type $\beta$ thalassemia with point mutation, which is characterized by small cell hypochromic anemia with abnormal iron metabolism. Therefore, it is recommended that iron metabolism screening should also be used as a project in the three-level screening for thalassaemia. Further rare genotype testing is conducive to the detection of rare thalassemia genotype, avoiding missed diagnosis or misdiagnosis, and contributing to early clinical screening and diagnosis, as well as improving the level of accurate treatment.

## PU-5056

# 肺癌血清七种自身抗体分子在肺癌早期诊断中的临床应用价值研究

马东宵

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 肺癌血清七种自身抗体分子在肺癌早期诊断中的临床应用价值研究。肺癌居所有恶性肿瘤的病死率首位，总体 5 年生存率不超过 15%，如肺癌患者在 IA 期发现并治疗，其五年生存率可达 92%。低剂量螺旋 CT (LDCT) 是肺癌早期诊断的有效方法，但因病因复杂、病变小、临床表现缺乏特异性而对肺内小结节有 96% 的假阳性，这对临床诊断和治疗产生了干扰。在癌症初期，机体的免疫系统就可以识别肿瘤细胞表达的少量异常的蛋白，即肿瘤特异性抗原，并产生对这些抗原的自身抗体。鉴于 CT 对早期肺癌尤其是肺内小结节的高假阳性率，我们希望通过研究搞清楚肺癌七种自身抗体在肺癌的临床诊断和肺部小结节的辅助诊断（联合低剂量螺旋 CT）中的临床应用价值。

**方法** 本研究采用 ELISA 方法检查肺癌患者血清中七种自身抗体分子表达水平，以及研究单独使用七种抗体谱诊断肺癌的敏感性、特异性和胸部 CT 与肺癌七种自身抗体谱联合诊断肺癌的阳性预测值对肺癌七种自身抗体在肺癌的临床诊断和肺部小结节的辅助诊断（联合低剂量螺旋 CT）价值进行探讨。

**结果** 本研究指出肺癌七种自身抗体谱对于 8 毫米以下肺部小结节与 8 毫米以上肺小结节，对于实性结节、半实性结节与磨玻璃结节都有 90% 以上高特异性，对于肺小结节人群如果七种肺癌自身抗体谱指标阳性，提示微小病灶有肿瘤侵袭的可能，建议纳入肺小结节高危（High risk）分层管理。

**结论** 本研究阐述了肺癌血清七种自身抗体分子与肺癌的关系，并提出肺癌血清七种自身抗体分子可作为肺癌的血清学诊断标志物，研究指出血液检查指标可以应用于中国肺癌筛查过程之中。本研究指出肺癌七种自身抗体谱对于 8 毫米以下肺部小结节与 8 毫米以上肺小结节，对于实性结节、半实性结节与磨玻璃结节都有 90% 以上高特异性，对于肺小结节人群如果七种肺癌自身抗体谱指标阳性，提示微小病灶有肿瘤侵袭的可能，建议纳入肺小结节高危（High risk）分层管理。本研究开展的基于中国人种进行肺癌血清七项自身免疫分子谱的临床研究，表明了肺部七种自身抗体谱对吸烟与不吸烟人群、男性与女性、肺癌不同分期与亚型都有很好的敏感性与特异性。

## PU-5057

## 不同浓度游离脂肪酸对 HA-VSMC 增殖活性的影响

杨兴文

甘肃省人民医院,730000

**目的** 探讨不同浓度的游离脂肪酸 (Free fatty acid, FFA) 对人主动脉血管平滑肌细胞 (HA-VSMC) 增殖活性的影响。

**方法** 体外培养 HA-VSMC, 采用不同浓度的 FFA( 25、50、100、200、300、400、500、600 $\mu$ mol/L)处理 HA-VSMC 细胞 24、48h, 同时以未经处理的 HA-VSMC 细胞作为空白对照; 通过倒置显微镜观察细胞形态学变化。

**结果** 100、200 和 400 $\mu$ mol/L 组较对照组存活率和增殖活性均明显增强差异有统计学意义 (均  $P<0.05$ ); 500 和 600 $\mu$ mol/L 组较对照组存活率和增殖活性明显减低; 各实验组中 400 $\mu$ mol/L 组存活率和增殖活性最强。

**结论** 低浓度的 FFA ( $\leq 400\mu$ mol/L) 诱导 HA-VSMC 增殖, 且有时间和剂量依赖性。

## PU-5058

## PPI 药物对 PGI、PGII 检测结果的影响

渠文涛,邓云娟,宁哲,冉盼盼,万鹏,史小芹

郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 质子泵抑制剂 (PPI) 是目前治疗消化性溃疡最常用的一类药物, 它通过高效快速抑制胃酸分泌和清除幽门螺旋杆菌达到快速治愈溃疡。此类药物可以抑制壁细胞分泌  $H^+$  的最后环节  $H^+, K^+$ -ATP 酶(质子泵), 有效地减少胃酸分泌。本文探讨了服用 PPI 药物是否会对血清胃蛋白酶原 I (PGI)、胃蛋白酶原 II (PGII) 的检测结果产生影响。

**方法** 采用磁微粒化学发光法在安图 AutoLumo A2000 全自动化学发光测定仪上检测 236 例受试者的血清 PGI、PGII, 并计算 PGR (PGI/PGII 的比值)。其中服用 PPI 药物组 109 例, 对照组 127 例, 按照试剂盒说明书的要求, 以  $PGI<70ng/ml$ , 且  $PGI/PGII<3$  作为判断界值, 比对各组的血清 PGI、PGI 浓度及 PGR 有无统计学差异。

**结果** 服用 PPI 药物组的血清 PGI、PGII 浓度中位数较对照组偏高 30% ( $P<0.05$ ), 但服用 PPI 药物组和对照组的 PGR 中位数无统计学差异。由于 PGI、PGII 及 PGR 检测结果的是以  $PGI<70ng/ml$ , 且  $PGI/PGII<3$  为判断界值, 因此, 服用 PPI 药物对其检测结果的阴阳性判断无影响。

**结论** PGI、PGII 及 PGR 是反应胃体黏膜泌酸功能的良好指标, 被称为“血清学活检”, 也被用作胃粘膜萎缩及胃癌早期筛查的血清学指标。PPI 药物会导致受试者的血清 PGI、PGII 检测结果偏高, 但对 PGR 无影响, 因此, 血清 PGI、PGII 检测可以用于服用 PPI 药物的人群。

## PU-5059

## 血小板聚集分析仪 LBY-NJ4A 与 Chrono-log700 性能比较

李勤,凌莉琴,刘超男,陈思,周静

四川大学华西医院,610000

**目的** 评价并比较全自动血小板聚集分析仪 (LBY-NJ4A) 与手工血小板聚集分析仪 (Chrono-log700) 的主要性能指标。

**方法** 选取 20 例健康成人的枸橼酸钠抗凝标本, 应用二磷酸腺苷(Adenosine phosphate, ADP), 花生四烯酸(Arachidonic Acid, AA)和胶原(Collagen, COL) 3 种血小板诱导剂, 验证两种仪器间的相关性和参考范围, 评价并比较两种仪器的批内精密度、通道一致性、抗干扰能力以及携带污染率等主要性能。

**结果** 两种仪器相关性好(ADP,  $R=0.847$ ; AA,  $R=0.915$ ; COL,  $R=0.929$ , 所有  $P<0.05$ )。两种仪器的精密度较好均达到美国临床实验室标准化协会的要求(变异系数 $<5\%$ )。两种仪器的通道一致性均符合美国临床实验室修正法规的标准(通道间差异无统计学意义( $P>0.05$ ), 通道间相对偏差 $\leq 1/2$  总允许误差)。两种仪器的参考范围验证均符合美国临床实验室标准化协会的要求( $\geq 18/20$  健康志愿者的检测结果在范围内)。两种仪器对血红蛋白干及三酰甘油抗干扰能力均较强(检测干扰率均小于厂家给定的批内变异率 10%); 抗胆红素干扰能力则 LBY-NJ4A 略优于 Chrono-log700, 胆红素不影响 LBY-NJ4A 检测结果(5/5 样本检测干扰率 $<10\%$ ), 但可影响 Chrono-log700 检测结果(3/5 样本检测干扰率 $>10\%$ )。另外, LBY-NJ4A 携带污染率符合厂家标准( $\leq 5\%$ ), Chrono-log700 不存在携带污染率, 因为其为一次性加样。

**结论** 血小板聚集分析仪 LBY-NJ4A 与 Chrono-log700 的性能基本符合临床及实验室需要。虽然 LBY-NJ4A 较 Chrono-log700 存在一定的携带污染率, 但其抗干扰能力优于 Chrono-log700, 加之 LBY-NJ4A 自动化程度较高, 人工需求较少, 因而 LBY-NJ4A 将更有利于实验室大样本量工作的开展。

## PU-5060

### 利用基因芯片法检测鸟分枝杆菌

冯春风, 刘开翔

陆军军医大学(第三军医大学第二附属医院检验科)

**目的** 利用 PCR 扩增和 DNA 探针杂交技术, 设计基因芯片快速检测鸟分枝杆菌的方法, 以期能应用于临床检验。

**方法** 通过基因比对与引物设计, 设计针对鸟分枝杆菌的 PCR 引物和 DNA 探针; 对临床标本进行 DNA 提取、PCR 扩增、DNA 探针杂交基因芯片检测; 结合临床表现, 对方法进行初步评价。

**结果** 通过基因比对与引物设计, 设计出一套针对鸟分枝杆菌的 PCR 引物和 DNA 探针。对临床标本进行了 DNA 提取、PCR 扩增、DNA 探针杂交基因芯片检测。与临床表现对照发现, 该方法灵敏度高、特异性强、与临床表现完全符合, 而且比常规的培养方法快捷、简便, 非常适合鸟分枝杆菌的临床检验。

**结论** 本试验设计出的针对鸟分枝杆菌的基因芯片检测方法, 该检测方法具有良好的特异性和较高的灵敏度, 操作流程快捷、简便, 能够用于鸟分枝杆菌的临床检验。

## PU-5061

### 北京地区 30626 名教师胃蛋白酶原及胃泌素-17 水平的检测及研究

廖强华, 郭建巍, 兰小琴, 王艳平, 扬大超, 刘燕, 苏霄翔, 王艳平  
北京市第一中西医结合医院

**目的** 对北京地区 30626 名教师进行胃蛋白酶原及胃泌素-17 水平的检测。对北京地区 30626 名教师进行胃蛋白酶原及胃泌素-17 水平的检测。

**方法** 选取 2016 年 4 月至 2019 年 2 月在我院进行健康体检的 30626 名教师, 进行胃泌素-17、胃蛋白酶原 I、胃蛋白酶原 II 及胃蛋白酶原 I 与胃蛋白酶原 II 比值测定, 并进行统计学分析。



**结果** 胃蛋白酶原 I、胃蛋白酶原 II 和胃蛋白酶原 I 与胃蛋白酶原 II 的比值, 男性教师均高于女性教师, 异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 随着年龄增加, 血清中 PGI、PGII、水平都有显著升高的趋势 ( $P<0.05$ ), G-17 水平在中年组降低, 到了老年组又增加。不同年龄组教师间胃泌素-17、胃蛋白酶原 I、胃蛋白酶原 II 和胃蛋白酶原 I 与胃蛋白酶原 II 的比值都有显著差异, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 北京地区教师中男性和高龄人群罹患胃部疾病风险较高, 建议这部分人群定期进行相关指标的动态监测。研究结果为北京地区教师消化系统疾病的防控提供了科学依据。

## PU-5062

### 基于碳纳米角与过氧化物酶构建的巨细胞病毒抗原 电化学传感器

冯春风, 黄微微, 蒲晓允

陆军军医大学(第三军医大学第二附属医院检验科)

**目的** 本研究通过铂钯纳米粒子修饰的碳纳米角与过氧化物酶构建巨细胞病毒抗原电化学传感器, 对临床巨细胞病毒诊断及治疗提供检测技术。

**方法** 1) 基于铂钯修饰后的碳纳米角与过氧化物酶的多重催化过氧化氢的作用建立了检测巨细胞病毒 pp65 抗原的电化学免疫传感器。2) 将制备的免疫传感器进行循环伏安法测定, 根据循环伏安扫描的曲线判断电极的修饰情况。3) 采用差分脉冲伏安法进行扫描测定, 根据峰电流和巨细胞病毒抗原标准曲线计算样品中巨细胞病毒抗原的浓度。

**结果** 1) 在测试液中, 采用不同扫速对免疫传感器进行 CV 表征时均出现了准可逆的氧化还原峰, 表明该免疫传感器的氧化还原反应受扩散过程控制。2) 传感器在含有 3.75 mmol/L  $H_2O_2$  的测试底液中的响应, 还原峰峰电流显著下降, 表明 Pt-PdNPs@SWCNHs 与 HRP 有促进电子转移的作用并能催化  $H_2O_2$ 。3) 传感器检测的线性范围为 0.1ng/mL~100 ng / mL, 检出限为 30 pg / mL, 并具有良好的选择性, 稳定性和重现性。

**结论** 本研究构建的免疫传感器具有简便、快速、灵敏度高、特异性好、重复性好等优点, 在巨细胞病毒抗原检测中具有很好的应用前景。

## PU-5063

### 马尔尼蓝状菌病的临床特点和实验室检测

高世华

福建省南平市第一医院

**目的** 了解马尔尼蓝状菌病 (PSM) 的临床特点, 总结实验室检测的经验。

**方法** 回顾性分析 2015.01-2017.11 某三甲综合性院收治的 13 例 PSM 病例的临床特点; 并对 PM 进行菌型鉴定和药敏试验。

**结果** 13 例 PSM 病例中 AIDS 患者 5 例, 急性毒蕈中毒 1 例, 慢性支气管炎急性加重期 2 例, 扩张性心肌病 1 例, 支气管扩张并咯血 1 例, 慢阻肺、2 型糖尿病 1 例, 肾移植术后 1 例、肺结核 1 例; PM 检出的月份: 一月 1 例、三月 1 例、四月 2 例、六月 2 例、八月 3 例、九月 1 例、十一月 3 例。PSM 患者血清 CRP、SAA 水平显著升高, 均值分别为 49.83mg/l、119.19 mg/l; 7 例血清 AST 异常的患者中 6 例 AST/ALT>1; 5-氟胞嘧啶等 5 种抗真菌药物的 MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 值较低。

**结论** AIDS、肾移植后等免疫力低下的患者易患 PSM; 本地区 PSM 发病无季节性和旱雨季的特征。加强易感人群的管理以降低 PSM 发病率; CRP 及 SAA 可以作为 PM 感染的敏感标志物; AST>1×ULN 且 AST/ALT>1 可做为 PSM 患者肝脏病理变化的辅助指标; 重视血液或骨髓涂片中

PM 的形态学检测、延长真菌培养观察时间可减少漏检；PM 药敏试验时应平行进行菌落计数以提高药敏试验的重复性。

## PU-5064

### Tim-3 信号通路抑制活动性结核患者体内 NK 细胞功能

侯红艳,汪峰,孙自镛

华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** 研究 Tim-3 信号通路在活动性结核患者体内导致 NK 细胞功能受损的作用机制。分析比较活动性结核 (TB) 和潜伏性结核感染 (LTBI) 者 NK 细胞的活化和分泌细胞因子 (IFN- $\gamma$ ) 的能力,以及杀伤功能如脱颗粒 (CD107a) 和穿孔素 (Perforin) 的表达。通过流式细胞术检测 Tim-3 分子在 TB、LTBI 和健康对照 (HC) 组内 NK 细胞上的表达,并分析 Tim-3 表达与 NK 细胞内 IFN- $\gamma$  和 CD107a 之间的关系。进一步封闭 Tim-3 信号通路,检测对 NK 细胞功能以及清除结核菌能力的影响。最后,检测结核患者治疗后 NK 细胞上 Tim-3 的表达和细胞因子分泌能力的关系。

**方法** 分析比较活动性结核 (TB) 和潜伏性结核感染 (LTBI) 者 NK 细胞的活化和分泌细胞因子 (IFN- $\gamma$ ) 的能力,以及杀伤功能如脱颗粒 (CD107a) 和穿孔素 (Perforin) 的表达。通过流式细胞术检测 Tim-3 分子在 TB、LTBI 和健康对照 (HC) 组内 NK 细胞上的表达,并分析 Tim-3 表达与 NK 细胞内 IFN- $\gamma$  和 CD107a 之间的关系。进一步封闭 Tim-3 信号通路,检测对 NK 细胞功能以及清除结核菌能力的影响。最后,检测结核患者治疗后 NK 细胞上 Tim-3 的表达和细胞因子分泌能力的关系。

**结果** 结果表明活动性结核患者体内 NK 细胞的活化、细胞因子分泌和脱颗粒能力降低。Tim-3 在 TB 组内 NK 细胞上的表达显著高于 LTBI 组,且与 IFN- $\gamma$  和 CD107a 的表达负相关。封闭 Tim-3 信号通路后可恢复活动性结核患者 NK 细胞细胞因子的分泌和杀伤功能,以及抑制结核菌生长的能力。我们进一步观察到成功治疗后的结核患者 NK 细胞上 Tim-3 表达降低且功能得到恢复。

**结论** Tim-3 的表达升高与活动性结核患者 NK 细胞功能受损相关,封闭该信号通路可修复 NK 细胞功能,因此, Tim-3 信号通路可能成为结核病治疗的新靶点。本研究也为阐述活动性结核体内 NK 细胞功能抑制提供了新的作用机制。

## PU-5065

### 嵌套式 IS6110 实时 PCR 扩增检测结核分枝杆菌核酸的方法学建立及性能评价

刘勇,韩琦,冯力敏,陈敬贤

广州金域医学检验中心,510000

**目的** 开发一种嵌套式 IS6110 实时聚合酶链反应 (IS6110-qPCR) 方法用于对临床结核分枝杆菌感染的核酸诊断,并进行该方法学的性能评价。

**方法** 本研究采用单步嵌套式实时 PCR 检测方法,设计了熔解点较高的外部引物和熔解温度较低的内部引物序列,同时在单管的 PCR 反应中同时扩增和检测结核分枝杆菌基因组 IS6110 插入序列和同源 IC 片段。为了防止 IS6110 插入序列在反应中被过量的同源 IC 片段所竞争,将同源 IC 片段的工作浓度优化为每反应 10 拷贝,使阴性对照的同源 IC 片段的 ct 值稳定在  $20 \pm 1$  左右。从临床收集 503 例抗酸杆菌涂片阴性的结核感染病例的痰液样本进行所建方法学性能评价,并与 Gene Xpert MTB/RIF、TaqMan MTB 结核分枝杆菌检测方法相比较。

**结果** IS6110-qPCR 方法在抗酸杆菌涂片阴性痰液标本中具有较高的单次检测敏感性 (95.3%) 和特异性 (99.7%)。与 Gene Xpert MTB/RIF、TaqMan MTB 检测方法相比,此两种方法在抗酸杆菌涂片

阳性标本单项检测的敏感性则分别为 87.5%和 88.5%，特异性分别为 98.5%和 98.8%，故 IS6110-qPCR 方法在结核分枝杆菌诊断方面具有优越性。另外 IS6110-qPCR 方法的重复特性也减少了每次测试所需的 DNA 提取量。本方法不需要人工操作 PCR 扩增产物，从而大大减少交叉污染的机会。

**结论** 嵌套式 IS6110-qPCR 作为一种实时 PCR 检测方法，可为检测临床痰液标本中结核分枝杆菌的存在提供定量依据。使用该方法检测结核分枝杆菌核酸具有良好的诊断性能，可应用于临床结核病例的筛选，该方法为初步筛选疑似结核感染病例提供了一种资源节约的选择，该方法准确性高、成本低廉特别适用于资源有限但结核病负担较高的地区。

## PU-5066

### 宫颈病变中 HPV 分型检测与 TCT 细胞学检查相关性分析

罗志舜,丁慕晨  
莆田市第一医院,351100

**目的** 人乳头瘤病毒（HPV）能引起宫颈病变，HPV 分型检测与液基薄层细胞学检测（TCT）是应用于女性宫颈癌筛查的方法，探讨 HPV 分型检测与 TCT 细胞学检查的相关性，以期为大规模宫颈病变的筛查提供科学依据。

**方法** 本课题选取莆田市第一医院 2018 年 9 月~2019 年 3 月间疑似 HPV 感染的患者作为研究对象。采用基因扩增及导流杂交技术，对 21 种 HPV 基因型进行分型检测。再结合 TCT 细胞学检查结果进行分析。

**结果** （1）HPV 在我市感染率位居前三的型别是 HPV-52、HPV-58、HPV-16，分别为 18.05%，11.12%，8.53%。（2）随着 TCT 结果分级的增加 HPV 感染率也升高，差异有统计学意义（ $\chi^2=24.965$ ， $P=0.000$ ）。（3）HPV 单独检测时灵敏度为 40%，特异度为 91.9%；TCT 单独检测时灵敏度为 54.3%，特异度为 77.9%；二者联合检测时敏感度为 93.5%，特异度为 94.4%。

**结论** （1）HPV 感染主要以高危型为主，呈现地区差异化。（2）TCT 分级和 HPV 感染率呈正相关。（3）在早期宫颈病变筛查中，HPV 分型检测与 TCT 细胞学检查二者联用比单一检测时对宫颈病变检出率高。

## PU-5067

### 检验科夜班期间信息系统瘫痪应急预案

马东宵  
吉林大学白求恩第一医院

**目的** 夜班期间当医院发生信息系统大面积或者全部局域网电脑故障，建立主任、护士长、专业组长、白岩老师、夜班人员、LIS 工程师的突发事件应急群，沟通处理突发事件，启动“检验科夜班应急预案”，并告知急诊组及夜班人员提前做好准备。

**方法** 夜班期间信息系统瘫痪应急处理措施：

- 1.向各科室及门诊部发通知，告知医生如何为紧急危重患者提交检验单申请、标本送标本方式、检验科联系方式以及发报告的时间和形式。
- 2.急诊组按各岗位提前打印出报告单空白模版下发给夜班值班人员，内容包括项目名称、项目内子项、参考值、单位、LIS 编号及上机号等。启动预案后，将仪器的检测结果填入空白报告单，并填写患者姓名、性别、住院号（门诊号）、科室、结果、报告时间等信息，并签字或盖章。
- 3.如遇系统瘫痪，夜班人员及小夜人员全员在岗，明确分工协同合作，窗口岗、血液岗、体液岗、生化岗每岗一人，保证报告单准确及时发出。突发事件过后可以给小夜人员适当补休。

- 4.在急诊窗口、打印机及采血室设置“检验信息系统故障”告示牌，小夜人员告知患者报告时间及取报告方式，做好对病人的疏导解释工作。
- 5.提前与临床沟通，门诊、住院医生填写检验申请单，填写姓名，性别，住院号，联系方式，检验项目等内容，检验申请单一式三份，做好信息登记。
- 6.对微生物急诊检验项目可以发简易报告，对电话咨询的可先告知报告结果。住院患者检验报告须由护士或护理员来取报告单，或者电话口头报告；门诊患者凭医生开具的检验申请单来急诊窗口领取报告单。
- 7.当系统恢复后，对故障期间的报告进行补录，使检验信息完整存入数据库，同时明确门诊患者明确补发纸质报告时间。
- 8.检验科会诊电话可提前留给夜班人员。

**结果** 检验科启动夜班期间信息系统瘫痪应急预案后，不良事故发生率下降了 85%，几乎无患者投诉事件，有效的保证了服务质量、提高了与医患的沟通效率，得到临床医生和患者的一致好评。

**结论** 实践出真知，通过统计一年内的急诊夜班期间不良事件概率，证实了《检验科夜班期间信息系统瘫痪应急预案》是一种行之有效的夜班期间信息系统瘫痪的应急预案，与广大检验工作者共同分享。

## PU-5068

### 快速检测蔬菜变质试纸条的制备及性能评价

冯春风,幕之勇,蒲晓允

陆军军医大学(第三军医大学第二附属医院检验科)

**目的** 食物变质过程中滋生的某些细菌可将硝酸盐还原为亚硝酸盐，本研究通过制备快速检测亚硝酸盐的试纸条，检测蔬菜中亚硝酸盐含量，间接反映蔬菜变质的程度，为食品安全检测提供一种快速、准确的技术和方法。

**方法** 1)用苯磺酸、N-1-萘乙二胺盐酸盐、酒石酸按照一定配比制备出试纸浸液，进而制备出目的试纸条，并对其操作性能、灵敏度、特异性等进行初步评价。2)检测应用：取四种常见蔬菜，各分两组，分别在 4℃、20℃干燥处存放，每天各取 10g 蔬菜加入 0.5mL 无菌生理盐水碾磨，用碾磨液接种血平板、麦康凯平板，观察菌落生长情况。每天取定量匀浆测试目的试纸，以观其显色程度与菌落生长的关系。

**结果** 1)本研究制备的试纸条检测方便、快速、灵敏度高、特异性好；2)应用结果：随着储存时间延长，蔬菜滋生细菌随之增加，且 20℃条件下细菌繁殖较 4℃活跃。20℃下存放三天的小白菜碾磨提取液便可使目的试纸显色，这与市售快速检测试剂检测结果基本一致。

**结论** 本研究制备的试纸条具有检测方便、快速、灵敏度高等优点，初步应用也基本能满足现场快速检测的需要，可以用于食品安全快速检测蔬菜的变质情况。

## PU-5069

### HE4 和 CA125 联合 ROMA 指数在子宫内膜癌中的临床应用价值

李晓红

云南省肿瘤医院,650000

**目的** HE4 和 CA125 联合 ROMA 指数在子宫内膜癌中的临床应用价值

**方法** 收集云南省肿瘤医院子宫内膜癌患者 43 例（子宫内膜癌组），子宫肌瘤患者 20 例（良性病变组）以及健康体检人群（健康体检组）40 例作为研究对象，同时收集子宫内膜癌患者临床病理参数资料。检测三组研究对象血清 HE4 和 CA125 的水平以及 ROMA 指数，比较三组人群三项指标水平差异；子宫内膜癌组绘制 ROC 曲线图，比较三项指标单独应用和联合应用对子宫内膜癌的诊断效能。对于子宫内膜癌组，比较不同临床病理参数资料的三项指标水平差异，分析其治疗方面的意义。

**结果** 子宫内膜癌组 HE4、CA125 及 ROMA 指数水平最高，良性病变组次之，健康人群组最低，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；血清 HE4 单项检测的 AUC 为 0.884；CA125 单项检测 AUC 为 0.775；ROMA 指数单项应用的 AUC 为 0.893；HE4、CA125 及 ROMA 指数联合检测的 AUC 为 0.897，三个指标联合检测的诊断效能最大；子宫内膜癌组三个指标水平在年龄分布、绝经状态、病理类型、分化程度、肌层浸润程度的表达水平差异无统计学意义（ $P>0.05$ ），在 FIGO 病理分期的水平差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），CA125 在淋巴结转移情况的表达水平差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 血清 HE4、CA125 及 ROMA 指数水平对子宫内膜癌具有诊断价值，且三项指标联合应用诊断子宫内膜癌比三项指标单独应用诊断子宫内膜癌效果更理想；三项指标水平对子宫内膜癌分期均有鉴别预测价值，CA125 对淋巴结转移情况具有鉴别预测价值。

## PU-5070

### 肠杆菌科与生活方式和疾病的关联分析

吴凡,何彦,周宏伟

南方医科大学珠江医院检验医学部

**目的** 肠杆菌科细菌是常见的人类微生物组成员，是影响肠道微生态的重要菌科，并与多种营养代谢性疾病相关。然而目前对于肠杆菌科在人群中的流行率、丰度、结构组成、宿主疾病关联等基本信息的描述仍不清晰。因此，需要较大的样本量来揭示人群肠道中肠杆菌科的共性。本文目的：1. 基于广东肠道微生物组计划（GGMP）、韩国肠道微生物计划（KR）、荷兰深度生命线计划（LLDEEP）、美国肠道菌群计划（AGP）的菌群数据，对肠杆菌科的人群分布与结构特征做基础描述；2. 探究不同经济水平地区的生活方式与肠杆菌科的关联；3. 关注多个疾病与肠杆菌科的关联，同时探究肠杆菌科对肠道微生态结构和功能的影响。

**方法** 1.对 GGMP、KR、LLDEEP、AGP 数据中的肠杆菌科的人群分布与结构特征做基础描述；2.通过关联分析探究不同经济水平地区的生活方式与肠杆菌科的相关性。3.通过相对危险度分析，探究宿主肠道中肠杆菌科水平与宿主对各系统疾病患病率的关联，同时对广东省人群肠道菌群做功能预测分析，探究肠杆菌科与其他肠道细菌及菌群功能的关系。

**结果** 1. 本研究发现了肠道中肠杆菌科下的两个 sOTU（埃希氏肠杆菌和克雷伯菌）在广东省（中国）、韩国、荷兰的人群分布中不仅具有较高的流行率和丰富度，且具有高度遗传相似性；2. 在广东省人群中，菌科平均水平与当地社会经济发展呈负相关。通过中介效应分析发现，在地区经济与肠道中肠杆菌科的关联作用中，碘盐的摄入量发挥了中介效应。3. 肠杆菌科在不同疾病人群肠道中丰度均增加，肠道中肠杆菌科细菌丰度增高时会增加宿主的患病风险。肠道内高水平的肠杆菌科细菌伴随着产丁酸厌氧菌的降低与机会致病的兼性需氧菌升高，功能预测分析提示肠道内肠杆菌科细菌丰度与宿主肠道微菌群产丁酸能力呈负相关。

**结论** 中国广东省地区，人群肠杆菌科的丰度明显高于西方发达国家地区人群。虽然不同数据集的人群存在非常大的地理差异，但却普遍存在同一种埃希氏菌和克雷伯菌。不同经济水平地区之间，宿主肠道的肠杆菌科丰度存在差异，且受碘盐摄入量的饮食习惯影响。宿主肠道中高水平的肠杆菌科细菌会引起宿主对多种疾病的患病风险增加。当肠道中存在较多肠杆菌科细菌时，肠道菌群产丁酸的能力降低，这可能是肠杆菌科相关疾病的病理机制之一。

PU-5071

## 荧光定量 PCR 快速检测在病毒性角膜炎诊疗中的应用研究

秦力维,石芊,彭秀军,曹利群,高原,郭建巍,陈昌国,陈秋圆,马志家  
中国人民解放军总医院总医院第六医学中心

**目的** 为病毒性角膜炎的患者进行疱疹病毒病原学快速检测。

**方法** 选取未进行抗病毒药物治疗的患者,根据病情分别取其泪液或病变区角膜上皮细胞,用荧光定量 PCR 方法对单纯疱疹病毒-1 型(HSV1)、单纯疱疹病毒-2 型(HSV2)、水痘-带状疱疹病毒(VZV)、人巨细胞病毒(HCMV)和 EB 病毒(EBV)的核酸定量检测。

**结果** 90 例病毒性角膜炎患者中有 54 例检测出五种病毒核酸,检出率为 60%,发病后首次就诊的病毒性角膜炎患者中五种病毒核酸的检出率为 94.7%,明显高于多次发作后就诊的患者(检出率为 34.6%),两者具有显著性差异  $p < 0.00$ 。发病后首次就诊的病毒性角膜炎患者感染的主要病毒为 HSV1、EBV 和 HSV2,多次发作后就诊的患者感染的病毒主要为 HSV1 和 HCMV。五种病毒中 HSV 占病毒检出数的 74%,上皮型角膜炎中五种病毒核酸的检出率为 30.6%,基质型角膜炎中五种病毒核酸的检出率为 95.1%,基质型角膜炎中五种病毒检出率均高于上皮型角膜炎  $P < 0.005$ 。上皮型角膜炎中 HSV1 病毒的检出率和平均拷贝数明显高于其它病毒;基质型角膜炎中 HSV1、HSV2 病毒的拷贝数明显高于其它病毒拷贝数。

**结论** 病毒性角膜炎患者应尽早进行核酸检测以明确病毒类型及拷贝数,以便为进一步的抗病毒治疗和疗效判断提供科学依据。

PU-5072

## Poppers use increases the prevalence of HIV and the prevalence of syphilis among men who have sex with men in China: a systematic review and meta-analysis

Yonghui Zhang<sup>1</sup>, Sequoia I. Leuba<sup>2</sup>, Jiaming Li<sup>1</sup>, Hongyi Wang<sup>1</sup>, Jing Zhang<sup>1</sup>, Zhenxing Chu<sup>1</sup>, Wenqing Geng<sup>1</sup>,  
<sup>1</sup>Yongjun Jiang<sup>1</sup>, Hong Shang<sup>1</sup>, Junjie Xu<sup>1</sup>  
1.The First Affiliated Hospital of China Medical University  
2.Department of Epidemiology, University of North Carolina at Chapel Hill

**Objective** To understand the characteristics of men who have sex with men (MSM) who use poppers in China, and to compare the prevalence of HIV and syphilis, and correlated risk factors between poppers users and poppers nonusers.

**Methods** English and Chinese available literature databases were searched from January 1985 to December 2017 to identify related articles.

**Results** Twenty-one eligible studies with a total of 23,926 MSM participants were included. The meta-analysis showed that the pooled proportion of lifetime poppers use was 27.0% (95% confidence interval: 22.9%-31.1%). Compared to poppers nonusers, poppers users are more likely to be younger, have higher educational level (college and above), and seek sexual partners through the Internet. We found poppers users had higher odds of having HIV-related high-risk sexual behaviors including unprotected anal intercourse (pooled odds ratio (OR) =1.33), group sex (pooled OR=2.26), or commercial intercourse (pooled OR=1.69), and also had higher odds of HIV infection (pooled OR=1.55), current syphilis infection (pooled OR=1.32), and lifetime HIV testing (pooled OR=1.32) compared to the odds of poppers nonusers.

**Conclusions** Young MSM who have higher education were heavily affected by poppers use. Through high-risk sexual behaviors, poppers use increased the risk of both HIV and syphilis infection. Developing countries, including China, with similar context of high poppers use in MSM

should develop targeted Internet-based, especially dating applications-based, interventions to reduce the risk of HIV and syphilis acquisition among MSM who use poppers.

### PU-5073

## 免疫相关性血细胞减少患者血清细胞因子变化 与骨髓免疫的相关性

崔东艳

泰安市中心医院,271000

**目的** 检测 89 例免疫相关性血细胞减少(IRH/RP)患者外周血细胞因子的变化状况,观察骨髓细胞活化状态,探讨 RHRP 的免疫相关机制。

**方法** ELSA 方法检测 IRH/IRP 患者外周血清 LL-2、LL-4、IL-6 和 IFN- $\gamma$  的含量,分析患者组和正常对照组间细胞因子含量的差异,并对患者组 Th1 类细胞因子与 Th2 类细胞因子变化的相关性和升高率以及骨髓细胞免疫活化状况与细胞因子变化的相关性进行分析。

**结果** 89 例患者血清 IL-4、IL-6 和 IFN- $\gamma$  呈现不同程度明显升高( $P<0.01$ ),其中 IFN- $\gamma$  显著高于正常对照组,分别为( $38.75\pm3.67$ )pg/ml 和( $8.69\pm1.68$ )Pg/ml。患者 Th1 活化相关细胞因子的升高率与 Th2 活化相关细胞因子的升高率相比具有统计学差异。

**结论** IFN- $\gamma$  的变化与 RH/RP 者细胞免疫活化密切相关,IL-4 和 IL-6 可能参与与 IRH/IRP 体液免疫的活化,感染等可加重多重免疫活化,细胞因子含量和骨髓细胞免疫状况的监测有助于 IRH/IRP 的诊断并有利于评价患者的免疫机能状态。

### PU-5074

## Clinical significance of serum sialic acid levels in systemic lupus erythematosus

Fulu Chu,Zhiming Lu

Department of Clinical Laboratory, Shandong Provincial Hospital affiliated to Shandong University, 324  
Jingwuweiqi Road, Jinan 250021, Shandong, China

**Objective** Increased total sialic acid (SA) levels have been associated with systemic lupus erythematosus (SLE). However, the relationships among SA, clinical and laboratory characteristics have not been extensively studied. In this study, we aimed to evaluate the associations between SA levels and clinical and serological features of SLE

**Methods** The SA concentration in the serum was measured according to the enzyme method using a colorimetric procedure in 125 patients with SLE, 99 with sjögren's syndrome (SS), 56 with systemic sclerosis (SSC) and 80 healthy controls from January 2016 to June 2018. Demographic data, clinical manifestations and serological markers from 125 SLE patients were collected.

**Results** Serum SA levels were significantly higher in SLE patients than SS, SSC and healthy controls ( $p<0.001$ ). SLE patients with high levels of SA displayed significant higher incidence of renal disorders ( $\chi^2=5.189$ ,  $p=0.023$ ). Plasma SA correlated with SLE disease activity index 2000 (SLEDAI-2K) ( $r=0.640$ ,  $p<0.001$ ), CRP ( $r=0.606$ ,  $p<0.001$ ), ESR ( $r=0.571$ ,  $p<0.001$ ), IgG ( $r=0.225$ ,  $p=0.012$ ), IgA ( $r=0.249$ ,  $p=0.005$ ), proteinuria ( $r=0.269$ ,  $p=0.002$ ), and  $\beta$ 2MG ( $r=0.249$ ,  $p=0.005$ ), while it negatively correlated with C3 ( $r=-0.212$ ,  $p=0.018$ ), C4 ( $r=-0.315$ ,  $p<0.001$ ), PA ( $r=-0.349$ ,  $p<0.001$ ), and SOD ( $r=-0.249$ ,  $p=0.005$ ). The longitudinal samples from fifty SLE patients of 125 hospitalized ones were analyzed before and after treatment or follow-up. Surprisingly, we found that 40 SLE patients (80%) with more than 600 mg/L SA displayed reduced SA levels after

treatment or follow-up, whereas 10 SLE patients (20%) with less than 600 mg/L SA showed elevated SA levels.

**Conclusions** Serum SA might play a role in inflammatory pathogenesis of SLE particularly in periods of disease activity. It might serve as a future useful biomarker for the detection of SLE activity, renal insult, and a promising recommendation for the individualized treatment of SLE.

## PU-5075

### miRNA145 和 miRNA196a 在 HPV16,HPV18 阳性宫颈分泌物中表达情况的研究

陈昌国,陈秋圆,刘新萍,董优优  
解放军总医院第六医学中心检验科

**目的** 探讨 miRNA145 和 miRNA196a 在 HPV16 型阳性, HPV18 型阳性宫颈分泌物中的表达情况。

**方法** 选取 50 例 HPV 阴性宫颈分泌物作为对照组;选取 161 例 HPV 阳性患者(含 101 例 HPV16 型阳性患者、60 例 HPV18 型阳性患者)宫颈分泌物为实验组,以 miRNA145 和 miRNA196a 为检测对象, U6 为内参,采用 TRIzol 法对宫颈分泌物中 miRNAs 进行提取,采用 miRNA145 和 miRNA196a 特异性反转录引物进行反转录,使用 miRNA145 和 miRNA196a 特异性 PCR 引物对目的 miRNA 进行荧光定量 PCR 进行扩增,在 SLAN-96P 荧光定量 PCR 仪上进行检测。

**结果** (1) miRNA145 和 miRNA196a 和 U6 特异性引物进行反转录后均获得良好的扩增曲线,可以用于后续实验;(2) 阴性对照组宫颈分泌物中 miRNA196a 表达水平低于 HPV16 阳性组,差异显著有统计学意义( $P<0.05$ );(3) 阴性对照组宫颈分泌物中 miRNA196a 表达水平低于 HPV18 阳性组,差异显著有统计学意义( $P<0.05$ );(4) 阴性对照组宫颈分泌物中 miRNA145 在 HPV16 阳性组及 HPV18 阳性组表达无差异。

**结论** HPV16 阳性组及 HPV18 阳性组宫颈分泌物中 miRNA196a 表达显著增高,为进一步研究 HPV 诱发宫颈癌的分子机制提供重要线索。

## PU-5076

### 在 PMA/离子霉素诱导下基于分析 IFN- $\gamma$ 释放能力建立健康成人淋巴细胞功能的参考区间

侯红艳,汪峰,孙自镛  
华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

**目的** 建立使用流式评估全血中淋巴细胞活性的方法及健康成人淋巴细胞功能的参考区间。

**方法** 收集 200 例健康成人的新鲜外周血,分离 PBMCs。通过多色流式标记技术检测 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 和 NK 细胞在 PMA/离子霉素诱导下分泌细胞因子(IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$ 、IL-2)的能力;天然状态下活化性受体(HLA-DR、NKG2D)、趋化因子受体(CCR7)的表达;细胞脱颗粒指标 CD107a 的表达以及杀伤活性。使用 PMA/离子霉素诱导 1:5 稀释的全血,检测 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 和 NK 细胞中 IFN- $\gamma$  的表达水平,并建立健康成人淋巴细胞功能的参考区间。

**结果** 相关性分析表明 PMA/离子霉素诱导下, IFN- $\gamma$  的分泌能力与 TNF- $\alpha$  和 IL-2 均呈正相关关系,且与细胞的活化、趋化及杀伤活性之间也存在显著相关性。因此,可以将 IFN- $\gamma$  的分泌能力作为评估淋巴细胞功能的指标。我们建立了在全血中基于检测 IFN- $\gamma$  分泌能力来同时评估 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 和 NK 细胞功能的标准化方法,且该方法在检测同一个体的多个样本时具有很好的可重复性。据此,我们建立了健康成人淋巴细胞功能 2.5%-97.5%的参考区间(CD4<sup>+</sup> T 细胞: 15.31–34.98%; CD8<sup>+</sup> T 细胞: 26.11–66.59%; NK 细胞: 39.43–70.79%)。进一步在新生儿、肾移植术后患者和系



统性红斑狼疮患者中进行验证时发现的和健康成人相比,新生儿和移植术后患者的淋巴细胞活性显著降低,而系统性红斑狼疮患者的淋巴细胞活性则显著升高,说明淋巴细胞功能参考区间可用于反映不同患者的免疫状态。

**结论** 该研究用 IFN- $\gamma$  一项指标同时对三种淋巴细胞功能进行评估,为临床评估淋巴细胞功能提供了更加简便、易行的实验方法。我们建立的健康成人 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 和 NK 细胞功能参考区间,在宿主免疫状态的评估、免疫相关性疾病的诊断、监测、预后判断和个体化治疗中具有重要临床意义。

## PU-5077

### 碱性尿对三个不同品牌尿干化学测定的影响分析

张辉

泰安市中心医院,271000

**目的** 分析碱性尿对三个不同品牌尿干化学测定的影响。

**方法** 分别使用 Combi、Mejer 及迪瑞尿干化学分析仪对不同碳酸氢钠浓度的碱性尿进行检测,对检测结果进行数据分析。

**结果** Combi、Mejer 及迪瑞尿蛋白出现假阳性的 pH 值依次为大于 8.0、8.5、8.0,科宝和美乔出现尿比重假性减低的 pH 值均为大于 7.0,碱性条件下三个品牌潜血、白细胞、葡萄糖、酮体、胆红素、尿胆原、亚硝酸盐、维生素 C 均未出现假阳性情况。

**结论** 碱性条件下尿蛋白会出现假阳性,尿比重假性降低,不同品牌抗碱性干扰能力不同,应根据实验室情况进行校正。

## PU-5078

### 唾液酸酶法及免疫荧光法在细菌性阴道病检测中的比较研究

冯攀,倪丹妮

陆军军医大学第二附属医院

**目的** 比较唾液酸酶法及免疫荧光法在细菌性阴道病检测中的应用,为临床对细菌性阴道病通过新的诊疗方法。

**方法** 采集陆军军医大学第二附属医院妇产科 2017 年 1 月-2019 年 1 月期间女性患者的阴道分泌物标本,分别用唾液酸酶法及免疫荧光法这两种方法进行检测,分析两种方法分别的检出率以及联合应用的检出率,并对结果进行统计学分析。

**结果** 唾液酸酶法检测阳性检出率为 26%,免疫荧光法检测阳性检出率为 25%,两种方法检测结果相比较,无显著差异 ( $p>0.05$ );两种方法联合使用,检出率提高到 45%。

**结论** 唾液酸酶法及免疫荧光法均可用于临床细菌性阴道病的检测,可联合检测,提高细菌性阴道病的检出率。

## PU-5079

## 引入内外参照优化等位基因特异性 PCR 法 提高对 BRAF V600E 突变的检测率

杨昭,陈鸣

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

**目的** 对传统的等位基因特异性 PCR (allele-specific PCR, AS-PCR) 方法进行改造优化, 以提高对 BRAF V600E 突变的检测率。

**方法** 通过改造能结合靶基因 BRAF V600E 野生型的等位特异性引物, 构建竞争性的外部参照质粒 (competitive external allele-specific controller, CEAC), 建立 cAS-PCR 体系。进一步引入阳性内参 (referenced internal positive controller, RIPC) 建立 rcAS-PCR 体系, 通过 Taguchi 方法进行优化。最后应用两种新体系检测 50 例结直肠癌 FFPE 样本中的 BRAF V600E 突变。

**结果** 引入 CEAC 建立 cAS-PCR 体系, 在保证能检测到痕量突变的同时需消除高浓度野生型的非特异性扩增, CEAC 的最佳浓度为 1000 copies。此外, 为监测初始 gDNA 模板量, 避免假阴性结果而引入了阳性内参 (RIPC)。通过 Taguchi 方法确立了优化后的 rcAS-PCR 体系各引物及探针的最适浓度比例。对 50 例结直肠癌 FFPE 样本进行 BRAF V600E 检测, cAS-PCR 和 rcAS-PCR 都能检测出单拷贝, 且具有比传统方法更高的突变筛选率 (0.1%)。

**结论** 与传统观 AS-PCR 相比, cAS-PCR 和 rcAS-PCR 都表现出更高的特异性、敏感性及选择性, 具有快速、简单、成本低等优点, 可用于肿瘤基因突变的临床筛选。

## PU-5080

## 淋巴细胞及相关炎症因子在川崎病中的诊疗意义

刘亚楠

上海市儿童医院

**目的** 通过分析急性期川崎病患者淋巴细胞及相关炎症因子的变化, 探讨其在川崎病中的作用及临床价值

**方法** 对确诊入院的 222 例 KD 病例, 177 例感染发热对照病例, 采用酶联免疫吸附实验检测患儿外周血上清中的 13 种炎症因子 (IL-8、IL-1 $\beta$ 、IL-2、IL-6、IL-10、IL-4、IL-5、IL-12P70、IL-17A、IL-18、TNF- $\alpha$ 、INF- $\gamma$ 、sCD25) 水平, 采用流式细胞术检测外周血淋巴细胞亚群。比较急性期 KD 患儿与感染发热对照组外周血炎症因子及淋巴细胞亚群表达差异, 同时比较 KD 患儿丙种球蛋白静脉注射治疗前后各炎症因子的表达变化

**结果** 急性期 KD 患儿组与感染发热对照组相比, 血清中的炎症因子 IL-8、IL-1 $\beta$ 、IL-2、IL-6、IL-10、IL-4、IL-5、IL-12P70、IL-17A、IL-18、TNF- $\alpha$ 、INF- $\gamma$ 、sCD25 均升高, 除 IL-2 外, 均有统计学差异; 外周血淋巴细胞百分比构成中 CD3+CD4+、CD16+CD56+、CD3+CD4+/CD3+CD8+ 升高, CD3+CD8+ 降低, 有统计学差异, 而淋巴细胞绝对值中各细胞均升高, 仅 CD3+CD8+、CD16+CD56+ 有统计学差异。KD 患儿治疗后血清中 IL-8、IL-1 $\beta$ 、IL-2、IL-6、IL-10、IL-18、TNF- $\alpha$ 、sCD25 均明显降低, 有统计学差异。

**结论** KD 急性期存在明显的相关炎症因子 IL-8、IL-6、IL-10、IL-18、TNF- $\alpha$ 、sCD25 上调并和疾病严重程度成正相关; KD 中存在淋巴细胞亚群失衡, 包括 CD3+CD4+ 细胞升高, CD3+CD8+ 细胞降低, CD3+CD4+/CD3+CD8+ 升高及 CD16+CD56+ 细胞升高。

PU-5081

## Gut Microbiota for Noninvasive Assessment of Esophagogastric Variceal Bleeding Risk in Patients with Compensated Liver Cirrhosis: A Pilot Study in Prospective Multicenter Cohorts

Huimin Zheng<sup>1,2</sup>, Xiaorong Mao<sup>3</sup>, Qingge Zhang<sup>4</sup>, Pan Li<sup>1</sup>, Shan Wang<sup>1</sup>, Wenli Tang<sup>1</sup>, Zewen Li<sup>1</sup>, Xiaojiao Chen<sup>1</sup>, Yan He<sup>1</sup>, Nianyi Zeng<sup>1</sup>, Muxuan Chen<sup>1</sup>, Yongwu Mao<sup>3</sup>, Yongdong Deng<sup>3</sup>, Xuebin Peng<sup>3</sup>, Lei Xue<sup>4</sup>, Jinlong Li<sup>5</sup>, Sizhe Chen<sup>6</sup>, Jitao Wang<sup>7</sup>, Yanna Liu<sup>6</sup>, Hongwei Zhou<sup>1</sup>, Xiaolong Qi<sup>6</sup>

1.State Key Laboratory of Organ Failure Research, Microbiome Medicine Center, Division of Laboratory Medicine, Zhujiang Hospital, Southern Medical University

2.Department of Environmental Health, School of Public Health, Southern Medical University, Guangzhou, China

3.Department of Infectious Diseases, The First Hospital of Lanzhou University, Lanzhou, China

4.Department of Hepatology, Xingtai People's Hospital, Xingtai, China

5.Division of Laboratory Medicine, Xingtai People's Hospital, Xingtai, China

6.CHESS Center, The First Hospital of Lanzhou University, Lanzhou, China

7.Department of Hepatobiliary Surgery, Xingtai People's Hospital, Xingtai, China

**Objective** The primary prevention of esophagogastric variceal bleeding (EVB) requires early screening with noninvasive, accurate and reliable methods to assess risk of bleeding. Gut microbiota biomarkers represent potential noninvasive tools for diagnosis of liver diseases (e.g. cirrhosis, hepatocellular carcinoma). This study aims to investigate the performance of microbiome-based models for predicting the risk of EVB in patients with compensated liver cirrhosis.

**Methods** Patients with compensated cirrhosis who were scheduled to undergo gastroscopy were prospectively enrolled from 2 hospitals in China between October 2018 and February 2019. Eleven out of 42 patients (6/23 in one hospital and 5/19 in the other) were defined as high-risk varices (HRV) by gastroscopy (gold standard). Demographics, laboratory tests, clinical data and stool samples were collected. Compared with patients with low-risk varices (LRV), the characteristics of gut microbiota in HRV were investigated using 16S rRNA gene sequencing. Significant biomarkers were selected to build a model for predicting HRV. The predictive performance of microbiome-based Random Forests models was evaluated by area under ROC curves based on 10-fold cross-validation.

**Results** Based on weighted UniFrac distance, fecal microbial profile was significantly shifted in HRV compared with LRV (PERMANOVA,  $P < 0.05$ ). The phylum Bacteroidetes was decreased in HRV. Conversely, 6 genera under Proteobacteria were enriched in HRV, including Haemophilus, in which all species require at least one blood factor for growth. The proposed microbiome-based RF model showed excellent performance for predicting HRV with the AUCs as high as 0.888 (95% CI: 0.836-0.940), which is higher than APRI (0.643, 95% CI: 0.471-0.815) (DeLong's test,  $P < 0.05$ ), AAR (0.680, 95% CI: 0.505-0.856) (DeLong's test,  $P = 0.145$ ) and FIB-4 (0.779, 95% CI: 0.601-0.958) (DeLong's test,  $P = 0.468$ ).

**Conclusions** Microbiome-based RF models achieved promising accuracy in noninvasive assessment of EVB risk in patients with compensated liver cirrhosis. A cohort with a larger sample size is required to further validate the performance independently.

PU-5082

## 32 例细菌性肺炎患者细菌病原及耐药分析

冯攀,蒋栋能  
陆军军医大学第二附属医院

**目的** 分析住院细菌性肺炎患者细菌病原及耐药分析,对临床细菌性肺炎患者的抗菌药物的使用提供指导。

**方法** 选择陆军军医大学第二附属医院 32 例细菌性肺炎患者,对患者进行采取下呼吸道痰液、血液和分泌物等标本,进行细菌培养及药敏试验。

**结果** 32 例细菌性肺炎患者共检出致病菌 57 株, G-菌 48 株 (84.2 %), G+菌 9 株 (15.8 %)。检出率前 5 位的菌株分别为鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌和流感嗜血杆菌。G-杆菌对氨苄西林、复方新诺明、氨苄西林/舒巴坦、耐药性较高,对阿米卡星、多粘菌素 B、亚胺培南、替加环素等敏感性强; G+球菌对氨苄西林、青霉素、阿莫西林/克拉维酸等耐药性高,对奎奴普丁/达福普丁、利奈唑胺、替考拉宁、复方新诺明和万古霉素等敏感性强。

**结论** 该院住院细菌性肺炎患者病原菌构成以革兰阴性菌为主,并且大多数病原菌耐药。临床应根据痰液细菌培养和药敏结果,合理选择抗菌药物,以减少细菌耐药性,防止滥用抗生素。

PU-5083

## 碳青霉烯类耐药的大肠埃希菌毒力因子与耐药基因相关性研究

宋真,金炎,白媛媛,郝莹莹  
山东省立医院,250000

**目的** 分析碳青霉烯类耐药的大肠埃希菌 (E.Coli) 耐药基因型与所含的毒力因子的关系

**方法** PCR 检测 E.coli 毒力因子和耐药基因;采用 Fisher's 精确法对耐药基因和毒力因子的关系进行分析。

**结果** 95.7% (22/23) 菌株超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)基因阳性, 43.5% (10/23) 菌株检出胞外粘多糖相关基因, 87% (20/23) 菌株检出 P 菌毛相关基因。CTX-M-15 型比 CTX-M-55 型菌株携带 papG II 的概率低 ( $P=0.049$ )。NDM-1 阳性菌株比 NDM-5 阳性菌株中 pap G III 携带率高 ( $P=0.047$ )。

**结论** 不同基因型碳青霉烯类耐药的大肠埃希菌菌株之间毒力因子有一定差异。

PU-5084

## 河南地区学龄前儿童淋巴细胞亚群参考区间建立及应用#

荣守华<sup>1</sup>,石瑛<sup>1</sup>,赵德华<sup>1</sup>,李静<sup>2</sup>,杜红梅<sup>1</sup>,邢金芳<sup>1</sup>,张玉超<sup>1</sup>,贾莉婷<sup>13</sup>  
1.郑州大学第三附属医院  
2.核工业四一六医院检验科  
3.通讯作者

**目的** 医生在疾病诊治过程中查看检验结果是否异常主要依据报告单的参考区间,关于淋巴细胞亚群的参考区间目前多采用国外诊断试剂说明书提供的。为更好服务临床,本研究拟建立河南地区年龄、性别相关的健康儿童淋巴细胞亚群参考区间,并推广应用。

**方法** (1) 根据河南省人口地理区域分布特点及城乡生活水平差异等因素, 选取 5 个地市为调查点; 采用多阶段分层整群随机抽样方法, 依据 WHO 儿童生长发育标准收集 1027 名 7 岁以下健康儿童, 依据《诸福棠实用儿科学》年龄划分习惯, 分为婴儿组(4~12 月,  $n=45$ )、幼儿组(1~3 岁,  $n=190$ )和学龄前组(3~7 岁,  $n=792$ ); 采用流式细胞术双平台法检测淋巴细胞亚群百分比和绝对计数。(2) 利用学术会议等形式向开展儿童淋巴细胞亚群检测的医疗机构推荐使用该参考区间。

**结果** (1) 淋巴细胞亚群百分比和绝对计数在学龄前组不同性别儿童之间比较: 百分比  $CD3^+$ 、 $CD3^+CD4^+$ 、 $CD3^+CD8^+$ 、 $CD4/CD8$  和  $CD3^+CD16^+CD56^+$  差异有统计学意义( $P<0.01$ ), 绝对计数  $CD3^+CD4^+$ 、 $CD3^+CD8^+$ 、 $CD3^+CD16^+CD56^+$  差异有统计学意义( $P<0.01$ ); 在不同年龄组儿童之间比较: 差异均有统计学意义( $P<0.01$ )。(2) 与采用国外诊断试剂说明书提供的淋巴细胞亚群参考区间比较, 更利于临床医师诊治儿童相关疾病。

**结论** 年龄与性别均影响健康儿童淋巴细胞亚群的分布; 建立了适合河南地区健康学龄前儿童的淋巴细胞亚群参考区间。

## PU-5085

### 基于电化学发光法对乳腺癌肿瘤标志物变化及意义的研究

刘芸悠

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 探讨乳腺癌患者血清 CEA、CA125、CA153、CA199 水平变化及意义。

**方法** 收治 200 例乳腺癌患者(乳腺癌组)、300 例乳腺增生患者(乳腺增生组)及 200 例健康志愿者(对照组)。用电化学发光法检测其血清 CEA、CA125、CA153、CA199 水平, 对比三组血清 CEA、CA125、CA153、CA199 及四项联检的阳性率。

**结果** 乳腺增生组与乳腺癌组的血清 CEA、CA125、CA153、CA199 水平均明显高于对照组, 且乳腺癌组明显高于乳腺增生组( $P<0.05$ )。乳腺癌组患者 CEA、CA125、CA153、CA199 及四项联检的阳性率分别为 25.00%、42.37%、71.23%、34.04%、89.23%, 均明显高于乳腺增生组与对照组( $P<0.05$ )。

**结论** 乳腺癌患者血清 CEA、CA125、CA153、CA199 水平表达过度, 对乳腺癌具有一定的鉴别诊断价值, 且联合检测乳腺癌的阳性率较高。

## PU-5086

### 上海地区近 4 年 25202 份脐带血污染菌群分析

张敏敏

上海市临床检验中心

**目的** 探讨脐带血采集和处理过程中微生物的污染情况, 为降低脐带血污染提供参考。

**方法** 收集 2014 年 8 月至 2018 年 7 月上海市脐带血造血干细胞库保存的脐带血 25202 例, 同时进行需氧菌(含兼性厌氧菌)和厌氧菌培养, 对培养出的细菌进行鉴定, 并采用统计学方法对检测结果进行分析。

**结果** 分离出细菌 458 株, 脐带血总污染率为 1.82%, 其中, 需氧菌 210 株(45.85%), 厌氧菌 248 株(54.15%); 剖宫产污染菌 23 株(5.02%), 顺产污染菌 435 株(94.98%); 种类分布主要为: 大肠埃希菌 142 株(31.00%)、脆弱拟杆菌 51 株(11.14%)、多形拟杆菌 36 株

(7.86%)、粪肠球菌 22 株 (4.80%) 和痤疮丙酸杆菌 18 株 (3.93%) 等; 厌氧菌中, 顺产较剖宫产多检出了双歧杆菌属 (*Bifidobacterium*)、消化链球菌属和梭菌属的菌种。

**结论** 脐带血污染细菌厌氧菌高于需氧菌; 相对于剖宫产, 顺产脐带血样本污染率较高、污染菌属中厌氧菌种类较多。

## PU-5087

### 慢性乙型肝炎病毒感染合并慢性肾脏疾病患者血脂水平检测及相关分析

杨晓燕

甘肃省人民医院,730000

**目的** 目前研究发现, HBV 影响宿主体内脂质代谢与胆固醇平衡, 与多种脂蛋白异常有关, 而肾病患者的血脂水平同样存在紊乱, 但是目前关于血脂在 HBV 感染合并肾病患者中的研究比较少。本研究以 HBV 感染合并慢性肾脏疾病患者为研究对象, 分析 HBV 感染血脂水平异常与肾功能之间的关系, 为临床诊断和预防 HBV 感染合并慢性肾脏疾病的进展提供有价值的线索。

**方法** 采集研究对象清晨静脉血 4ml 于含促凝剂的黄头管中, 3800r/min 离心 5min, 收集血清以备检测。肝功能指标丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天门冬氨酸氨基转移酶 (AST) 采用酶促动力学法检测。血脂指标总胆固醇 (TCH)、甘油三酯 (TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C) 水平采用酶法检测。肾功能指标尿素氮 (Urea)、肌酐 (Cr) 和尿酸 (UA) 采用酶法检测,  $\beta_2$  微球蛋白 ( $\beta_2$ -M) 采用免疫比浊法检测。

**结果** HBV 感染合并慢性肾脏疾病患者肌酐和  $\beta_2$ -M 高于 HBV 感染者, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。HBV 感染合并慢性肾脏疾病患者 TG 与  $\beta_2$ -M 和尿酸成正相关, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。HBV 感染合并慢性肾脏疾病患者 TG 和 HDL-C 与肾功能关系密切, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** HBV 感染合并 CKD 患者其肾功能与 TG 水平呈正相关, 与 HDL-C 水平呈负相关。针对此类患者血脂异常的特征, 在诊疗过程中应检测, 并对其进行适时干预以控制病情发展。

## PU-5088

### 肺泡上皮细胞 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号对肺成纤维细胞间质化特性的影响

吴镜

甘肃省人民医院,730000

**目的** 通过在体外建立人肺泡上皮细胞与人肺脏成纤维细胞共培养模型的基础上, 探究肺泡上皮细胞 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号对肺脏成纤维细胞间质化特性产生影响的分子机制, 为临床治疗特发性肺纤维化提供新靶点奠定理论基础。

**方法** 在体外建立人肺泡上皮细胞 A549 的气液相培养模型。采用组织化学染色法、扫描电镜、透射电镜对其表面形态和超微结构进行观察; 同时, 利用免疫荧光染色法、免疫印迹和 RT-PCR 分别对培养不同时间的 A549 细胞气液相培养模型中肺泡 I 型、II 型上皮细胞表面标志物的表达进行分析。

将上述建立的人肺泡上皮细胞气液相培养模型, 与人肺脏成纤维细胞共培养, 改变上皮细胞中的 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号强度, 同时用 BLM 处理共培养模型来探究 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号和 BLM 在肺纤维化发生中的关系。用 Western Blot 的方法检测共培养模型中肺脏成纤维细胞的表面标志物, 用 ELISA 的方法检测共培养上清中炎症因子的分泌量。

**结果** 气液相培养的 A549 细胞在微孔膜上形成了一层完整的细胞层。透射电镜下可以看出细胞与细胞之间有明显的细胞连接。同时, 气液相培养的 A549 细胞, 表达了 AQP-5, TTF-1 和 SP-C 蛋白; 另外, 在转录水平, 气液相条件下的 A549 细胞中 SP-C, AQP-5, TTF-1 和 ZO-1 的 mRNA 表达增高, 且  $P<0.05$ , 有统计学意义。

在肺泡上皮细胞与肺脏成纤维细胞共培养的条件下, 激活上皮细胞中的 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号和用 BLM 刺激时, 使得 vimentin 蛋白表达量降低, 且  $P<0.05$ ; 而  $\alpha$ -SMA 蛋白的表达却明显地增加, 且  $P<0.05$ ; 而且共培养上清中炎症因子 IL-1 $\beta$ 、IL-6 和 TNF- $\alpha$  的分泌量显著地升高, 有统计学意义。

**结论** 气液相培养的 A549 细胞能够部分地分化为肺泡 I 和 II 型上皮样细胞, 具有体内肺泡上皮样结构, 可以作为模拟体内肺泡结构的一个体外模型。

在肺泡上皮细胞与肺脏成纤维细胞的共培养模型中, 改变上皮细胞的 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号, 能够影响共培养体系中上皮细胞炎症因子的分泌。

## PU-5089

### 攀西地区自身免疫性肝病患者自身抗体谱检测分析

冯静

四川省攀枝花市中心医院

**目的** 根据攀枝花地区自身免疫性肝病自身抗体谱的检测结果进行分析, 为自身免疫性肝病患者早发现早治疗提供临床依据。

**方法** 本次研究的时间范围为 2018 年 4 月-2019 年 4 月, 选取我院在此期间接诊的肝病患者为研究对象, 研究病例共 207 例, 使用磁微粒化学发光定量分析进行自身抗体谱检测, 并对结果进行分析。

**结果** 我院接诊的 207 例肝病患者中, 31 例确诊为自身免疫性肝病患者, 其中自身免疫性肝炎(AIH)患者 13 例, 原发性胆汁性肝硬化(PBC)患者 18 例。31 例患者自身抗体谱均为阳性, 13 例 AIH 中 8 例表达为 LKM-1 阳性, 2 例表达为 LC-1 阳性, 3 例表达为 SLA/LP 阳性; 18 例 PBC 中, 10 例表达为 gp210 阳性, 2 例表达为 sp100 阳性, 6 例表达为 gp210、sp100 共同阳性; 在 PBC 患者自身抗体谱检测中, AMA2 均表达为阳性。

**结论** 自身免疫性肝病患者自身抗体谱表达存在差异, 及早进行抗体谱检测, 有利于自身免疫性肝病患者早发现早治疗。

## PU-5090

### 慢性 B 淋巴细胞增殖性疾病的临床病理学特征及免疫表型的分析

张会超

河北医科大学第四医院, 050000

**目的** 探讨慢性 B 淋巴细胞增殖性疾病(B-CLPD) 的病理学和免疫表型特征, 提高对此类疾病的认识。

**方法** 回顾性分析 61 例 B-CLPD 患者的临床资料, 包括慢性淋巴细胞白血病(CLL)43 例、套细胞淋巴瘤(MCL)9 例、淋巴浆细胞淋巴瘤/华氏巨球蛋白血症 LPL/WM)4 例、脾边缘区淋巴瘤(SMZL)3 例、毛细胞白血病 HCL)2 例。61 例 B-CLPD 患者均进行了骨髓细胞形态学及流式细胞免疫表型检测, 分析其特征。

**结果** 细胞形态学表现:CLL 与 MCL 均以异常成熟的小淋巴细胞或中等大小的淋巴细胞为主; SMZL 为细胞胞核偏位, 胞质一侧具有短小的绒毛; LPL/WM 的胞核染色质类似淋巴细胞核, 其他方面具有浆细胞特征; HC 为胞质丰富, 具有纤细和不规则的“毛发样”突起。免疫表型表现:43 例 CL 患者 CD5、CD19、CD23 的阳性率分别为 97.6%、100%、95.3%; 9 例 MCL 患者 CD5、CD19、CD20、CD22、FMC7 均呈强阳性; 4 例 LPL/WM 患者 CD19、CD20、CD79a、SIgM 阳性率 100%, CD79b 阳性率为 75.0%, 且 CD19 免疫表型轻链呈限制性表达; 2 例 HCL 患者 CD19、CD20、CD22、CD79a、CD25、CD11c 及 CD103 均为强阳性, CD5、CD23、CD79b 均为阴性; 3 例 SMZL 患者 CD19、CD20、CD22、CD24、CD79a 均为强阳性, 而 CD5 及 CD23 均为阴性。CLL 患者 CD23 强表达, CD22、CD79b、FMC7 弱表达的特征可与 MCL 患者鉴别。CLL 患者淋巴结组织中 CD23 阳性率较高, MCL 患者淋巴结组织中 CyclinD1 阳性率较高。

**结论** 骨髓细胞形态学及免疫表型对 B-CLPD 的诊断具有重要意义, 对不同类型 B-CLPD 的精确诊断需要结合细胞形态学、免疫表型和(或)分子遗传学检测综合诊断。

PU-5091

## 人 GLIPR-2 基因慢病毒 RNAi 载体的构建 及其在 EMT 研究中的应用

冯攀,黄绍光,张乐乐,蒲晓允  
陆军军医大学第二附属医院

**目的** 构建人 GLIPR-2 基因的慢病毒 RNAi 载体, 干扰 GLIPR-2 表达, 检测 EMT 标志物, 以及细胞的迁移和侵袭能力是否发生改变, 为治疗纤维化和癌症转移的相关疾病提供新的思路。

**方法** 1. 针对 GLIPR-2 基因的 siRNA 靶点和阴性对照 siRNA 靶点设计合成双链寡核苷酸链, 连接到慢病毒载体 pMAGic7.1 上。2. 慢病毒感染 HK-2 细胞和 HepG2 细胞, 建立稳定表达 shRNA-GLIPR-2 的实验细胞株和对照组细胞株, 利用流式分选技术筛选出含标记荧光 GFP 阳性的细胞。3. 在诱导因素存在的情况下, 检测 HK-2 细胞和 HepG2 细胞中 GLIPR-2、EMT 相关标志物以及相应的信号通路的表达水平; 利用 Transwell 迁移和侵袭实验检测细胞迁移侵袭能力的变化。

**结果** 1. PCR 和 DNA 测序结果显示并证实, 设计并合成的针对 GLIPR-2 基因 siRNA 靶点和阴性对照 siRNA 靶点的双链寡核苷酸链成功连接到了慢病毒载体 pMAGic7.1 上。并能够在细胞中稳定表达。2. 高糖条件下培养 HK-2 细胞, 以及缺氧条件下培养 HepG2 细胞, GLIPR-2 表达量都会增加, EMT 相关标志物显示上皮细胞标志物 E-cadherin 表达量明显减少。3. 应用 ERK1/2 抑制剂 PD98059 之后, 可明显抑制间充质细胞标志物  $\alpha$ -SMA 和 Vimentin 的表达, 细胞迁移和侵袭能力也被抑制。4. 采用 RNA 干扰技术后, 诱导条件下, 实验组细胞中 GLIPR-2 表达量明显减少, 细胞迁移和侵袭能力也随之降低。

**结论** 本研究成功构建了人 GLIPR-2 基因慢病毒 RNAi 载体, 进一步确认了 GLIPR-2 在 EMT 中的作用及其促进迁移和侵袭能力的机制, 为治疗纤维化和癌症转移的相关疾病提供了新的思路。

PU-5092

## 不同年龄阶段孕妇妊娠期糖尿病发病率调查 及临床建议

吕忠兴,许小燕,邢金芳,袁恩武,代延朋,朱艳玲,贾鹏  
郑州大学第三附属医院

**目的** 探讨妊娠期糖尿病的发病率并对临床预防治疗提出建议



**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 3 月在我院做糖耐量试验的孕妇作为研究对象, 试验孕周为 24-28 周; 按照产科对生育年龄的划分, 分为最佳生育年龄组 (22-30 岁)、次佳生育年龄组 (31-34) 和高龄生育年龄组 ( $\geq 35$  岁)。随机挑选 1283 名、1151 名、1002 名分别入选上述三组。按照妇产科学第九版妊娠期糖尿病诊断标准 (满足空腹血糖  $\geq 5.1\text{mmol/l}$ 、 $1\text{h} \geq 10.0\text{mmol/l}$ 、 $2\text{h} \geq 8.5\text{mmol/l}$  中的任何一项即可诊断妊娠期糖尿病) 对各组孕妇糖耐量检测结果进行判断。

**结果** 最佳生育年龄组 1283 名发现妊娠期糖尿病患者 146 名, 发病率为 11.38%; 一项、二项、三项超标的分别有 91 名、33 名和 22 名, 分别占 62.33%、22.60%和 15.05%。次佳生育年龄组 1151 名发现妊娠期糖尿病患者 218 名, 发病率为 18.94%; 一项、二项、三项超标的分别有 132 名、52 名和 36 名, 分别占 59.63%、23.85%和 16.52%。高龄生育年龄组 1002 名发现妊娠期糖尿病患者 299 名, 发病率为 29.84%; 一项、二项、三项超标的分别有 152 名、83 名和 64 名, 分别占 50.84%、27.76%和 21.40%。最佳生育年龄组平均年龄为 27.2 岁, 空腹血糖水平  $4.49 \pm 0.70$ ,  $1\text{h}$  血糖  $7.11 \pm 3.06$ ,  $2\text{h}$  血糖  $6.48 \pm 2.20$ ; 次佳生育年龄组平均年龄为 32.1 岁, 空腹血糖水平  $4.55 \pm 0.72$ ,  $1\text{h}$  血糖  $7.70 \pm 3.28$ ,  $2\text{h}$  血糖  $6.93 \pm 2.44$ ; 高龄孕妇组平均年龄为 38 岁, 空腹血糖水平  $4.63 \pm 0.82$ ,  $1\text{h}$  血糖  $8.22 \pm 3.42$ ,  $2\text{h}$  血糖  $7.47 \pm 2.74$ 。上述三组共发现糖尿病患者 663 名, 其中空腹血糖  $< 4.40$  者有 62 名, 占 9.35%。

**结论** 最佳生育年龄组、次佳生育年龄组和高龄生育年龄组孕妇的妊娠期糖尿病发病率分别为 11.38%、18.94%和 29.84%。上述三组孕妇的空腹、 $1\text{h}$ 、 $2\text{h}$  血糖水平也是逐渐增高。可见, 随着年龄的增长, 孕妇发生妊娠期糖尿病的风险越来越高。年龄是血糖代谢异常最重要的影响因素。

## PU-5093

### 临床检验中不合格标本原因分析

王亚兰, 张立群

陆军军医大学 (第三军医大学) 第二附属医院

**目的** 对检验标本不合格的常见原因进行分析及其护理措施进行归纳分析, 以最大限度提升血液标本的合格率, 进一步提升检验质量。

**方法** 由新桥医院检验科技师对本院 2018 年 7 月至 2018 年 12 月期间收集的 1000 例血液标本进行判断, 对标本是否存在凝血问题、抗凝以及标本量不足问题进行验收, 记录好检测不达标的标本, 创建相关档案, 对未达标标本不合格的原因进行记录和分类, 并反馈至相关科室内进行血液标本的再次采集送检。

**结果** 不合格的 132 例血液标本当中, 有 59 例出现凝血问题 (44.7%), 14 例为出现溶血 (10.6%), 13 例为医嘱错误问题 (9.8%), 16 例为标本量少 (12%), 4 例标本标本量过多 (3%), 11 例为采集时间不对 (8.3%), 空管 2 例 (1.5%), 无信息标本 3 例 (2.3%), 试管破裂 1 例 (0.8%), 其他原因不合格的 9 例 (6.8%)。

**结论** 由于护士在操作过程中未严格按照相关标本的采集说明进行采血, 导致血液标本不合格的概率较高。因此在进行标本采集过程中应严格操作规程, 并对临床科室进行正确标本采集方法的培训, 进一步提升各临床科室护士业务能力, 杜绝上述不合格原因的再次出现, 最大限度提升血液标本的合格率。

## PU-5094

### 核纤层蛋白 LaminB1 与食管鳞癌细胞分化的关系

徐莹莹

河北医科大学第四医院, 050000

**目的** 探讨 LaminB1 在食管鳞癌细胞中的表达及与其分化程度的关系。

**方法** 利用实时荧光定量 PCR (real-time PCR) 方法和蛋白免疫印迹法 (western-blot) 分别检测食管鳞癌细胞 Eca-109(高分化)、Kyse170 (中分化)、TE13(低分化)中核纤层蛋白 LaminB1mRNA 和蛋白水平的表达情况, 为进一步分析 LaminB1 的表达与食管癌临床病理特征及预后之间的关系提供证据。

**结果** LaminB1mRNA 在上述三种细胞系中的表达水平为 Eca-109 组低于 Kyse170 组 ( $P < 0.05$ ), Kyse170 组低于 TE13 组 ( $P < 0.05$ ), Eca-109 组低于 TE13 组 ( $P < 0.05$ ), LaminB1 蛋白表达水平在 Eca-109 的条带灰度值比 Kyse170 的条带灰度值小、Kyse170 的条带灰度值比 TE13 条带灰度值小, 三组细胞系免疫组化显示, LaminB1 在上述三种食管鳞癌细胞中的着色强于在正常细胞上的着色。

**结论** 核纤层蛋白 LaminB1 在食管鳞癌细胞中的表达高于正常细胞, 且与食管鳞癌细胞分化程度呈负相关。

## PU-5095

### 我院碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌基因型检测

鄢超,徐雪松,李威,谢凤\*  
吉林大学中日联谊医院

**目的** 研究本院肺炎克雷伯菌产生的碳青霉烯酶的基因分型, 为临床治疗碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌 (carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*, CRKP) 提供理论依据, 同时为防控碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌的发生及流行提供基础材料。

**方法** 收集吉林大学中日联谊医院临床分离的碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌, 应用 M-H 琼脂稀释法测定药物最小抑菌浓度, 应用改良 Hodge 试验检测菌株是否产碳青霉烯酶, 同时应用 EDTA 双纸片协同试验检测菌株是否产金属  $\beta$  内酰胺酶。应用聚合酶链式反应 (PCR) 技术进行常见的  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因的检测, 应用基因测序技术确定基因分型。

**结果** 1.12 株肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类和  $\beta$  内酰胺类抗生素耐药, 对环丙沙星和阿米卡星的耐药率较低, 对多粘菌素 E 不耐药。2.12 株实验菌中 7 株菌都携带 blaNDM1 基因, 未检出其他  $\beta$ -内酰胺酶耐药基因。

**结论** 1.我院分离的碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌对其他  $\beta$ -内酰胺类抗生素全部耐药, 对多粘菌素 E 全部敏感, 部分菌株对环丙沙星及阿米卡星敏感。因此, 除多粘菌素 E 外, 也可以把阿米卡星及环丙沙星作为联合治疗碳青霉烯类抗生素耐药的肺炎克雷伯菌感染的选择药物。2.我院分离的肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类抗生素耐药的主要机制是产生碳青霉烯酶且均为 NDM-1 基因 (blaNDM1), 这不同于我国主要流行的 KPC-2 基因型。

## PU-5096

### 三种 EB 病毒抗体检测鼻咽癌的诊断价值研究

何成禄,段勇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨 EB 病毒 Rta 蛋白 IgG 抗体 (Rta-IgG)、EB 病毒衣壳抗原 IgA 抗体 (VCA-IgA) 和 EB 病毒早期抗原 IgA 抗体 (EA-IgA) 在鼻咽癌诊断中的临床价值

**方法** 收集 2018 年 7 月-2019 年 4 月我院耳鼻喉科经病理活检组织确诊为鼻咽癌的患者 72 例作为研究对象, 并以同期鼻咽部肿物的非鼻咽癌患者 24 例 (对照 I 组)、接受健康体检的正常人 86 例 (对照 II 组) 作为对照, 采用酶联免疫吸附法分别对三组受检者的三种 EB 病毒抗体进行测定, 比较三组受检者的检出阳性率, 同时对不同 EB 病毒抗体单独或联合诊断鼻咽癌的灵敏度、特异

性、准确度、阴性预测值、阳性预测值等进行计算。组间差异比较用卡方检验,采用 ROC 曲线评价诊断效能

**结果** 三组不同受检者的 VCA-IgA、EA-IgA 以及 Rta-IgG 检测阳性率比较,得出鼻咽癌组患者 [66.7% (48/72)、59.7% (43/72)、80.6% (58/72)] > 非鼻咽癌对照组 [8.3% (2/24)、25% (6/24)、8.3% (2/24)] > 健康体检对照组 [9.3% (8/86)、4.7% (4/86)、3.5% (3/86)], 且鼻咽癌组与其他两组对照组的比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。单独检测三种 EB 病毒抗体的灵敏度比较, EA-IgA 与 Rta-IgG 差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ ) 而 VCA-IgA 与 EA-IgA、Rta-IgG 比较,差异无统计学意义 ( $p > 0.05$ ); 而特异性比较中, Rta-IgG VCA-IgA  $\approx$  EA-IgA, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 两两联合检测中 VCA-IgA+Rta-IgG 和三项联合检测较单独检测可获得更高灵敏度、特异性、准确度、阴性预测值、阳性预测值。ROC 曲线下三种抗体面积比较,得出 Rta-IgG (0.937) > EA-IgA (0.905) > VCA-IgA (0.750)

**结论** 鼻咽癌诊断中,三种 EB 病毒均有一定诊断价值,单一抗体检测应首选 Rta-IgG。两两联合检测 VCA-IgA+Rta-IgG 可获得与三项联合检测相接近的诊断价值

PU-5097

## Factors associated with willingness to use oral PrEP among men who have sex with men in Shenyang, China.

Jing Zhang, Zhenxing Chu, Qinghai Hu, Wenqing Geng, Yongjun Jiang, Junjie Xu, Hong Shang  
The First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** This cross sectional study examined pre-exposure prophylaxis (PrEP) acceptability among MSM in Shenyang, China. Understanding the demographic and behavioral predictors of intent to use PrEP may prove useful to identify clinical trial participants.

**Methods** During 2011, 274 MSM were enrolled at VCT through snowball sampling in gay community in Shenyang, China. After a brief introduction about the results of Truvada clinical trial by trained staffs, interviewer -assisted questionnaire were used to collect demographic, behavioral information and attitude to use Truvada as a daily prevention method. All participants were tested for HIV and syphilis. Data were analyzed by univariate and multivariate logistic regression by SPSS 13.0.

**Results** The prevalence of HIV and syphilis was 5.5% and 27.4%. The majority of participants had never heard of PrEP (83.0%). 49.6% of the participants were willing to use PrEP, and 6.6% were very willing to use. Mean age of all participants was 29.0 (SD=8.8), 70.6% were younger than 30. In the past-three-month, 17.5% had female sex partners; 8.2% have sold sex to male clients; 13.8% have used drug. The prevalence of group sex in the past-three-month was 11.3%. Independent associated predictors of willing to use PrEP (each  $P < 0.05$ ) included family support of the use of PrEP (aOR=4.97); expectation of more sex partners after use of PrEP (aOR=2.01); have heard of PrEP before (aOR=2.09); have sold sex in the past-three-month (aOR=2.47).

**Conclusions** PrEP acceptance of Chinese MSM was correlated with awareness and family support. Future PrEP trial participants' enrollment also oral PrEP promotion should focus on medicine orientation propaganda and raising family support of the participants.

PU-5098

## 六西格玛质量管理在新仪器性能评估和质控方案设计中的应用

何春容,傅爱军,林倩,杨清  
成都市第三人民医院,610000

**目的** 应用六西格玛质量管理方法,对我院新引进的全自动生化分析仪贝克曼 AU5800 性能验证数据进行分析,快速了解新仪器各生化项目的分析性能,设计质量控制方案,指导质量改进。

**方法** 选取 21 个常规生化项目,分析贝克曼 AU5800 在 2018 年 10 月装机时的性能验证数据,主要包括偏移(BIAS)和不精密度(CV),根据卫生行业标准 WS/T403-2012 规定的项目允许总误差(TEA),计算西格玛值( $\sigma$ )并绘制标准化的西格玛性能验证图从而设计质控规则。同时计算所有项目的质量目标指数(quality goal index, QGI),查找  $\sigma$  值小于 6 的检验项目分析性能不佳的主要原因。

**结果** 21 个常规生化项目中,分析性能  $\sigma$  值 $\geq 6$ 、5、4 和 3 者分别占 23.81%、47.62%、66.67%和 76.19%,全部检验项目的平均  $\sigma$  值为 5.50;在未达六西格玛的 16 个检验项目中,43.75%的项目需要优先改进精密度;12.50%的项目需要优先改进正确度;有 43.75%的项目需要同时改进精密度和正确度。

**结论** 引进新仪器时,基于性能验证数据的六西格玛质量管理可以快速了解检验项目的分析性能,指导质量控制工作。

PU-5099

## A novel role for ribonuclease 9 in suppressing sperm capacitation and acrosome reaction

Jie Liu, Yuanyuan Hou, Lei Gong, Yuanyuan Gu, Lijun Duan, Yuxiao Tang, Wenting Wang  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** Ribonuclease 9 (RNase 9) is a member of the ribonuclease A superfamily, which is mainly expressed in the epididymis. However, it has no ribonucleolytic activity and its function remains unclear.

**Methods** Immunofluorescence experiments showed that the localization of RNase 9 protein on the sperm surface has moved from the neck to the acrosome cap during capacitation and acrosome reaction. Chlortetracycline staining was used to assay the role of RNase 9 on capacitation and acrosome reaction.

**Results** The spontaneous acrosome reaction induced by progesterone could be suppressed by RNase 9 protein and the acrosome reaction ratio was  $6.5 \pm 1.2\%$ . Furthermore, exposure of spermatozoa to RNase 9 protein reduced the level of cyclic AMP significantly during the acrosome reaction.

**Conclusions** Taken together, we confirmed that RNase 9 protein could impair sperm function, including capacitation and acrosome reaction, and had potential role in male reproductive toxicity.

## PU-5100

**血清 let-7a 和 miR-21 在乳腺癌诊断中临床价值的研究**

刘新萍,陈昌国,陈秋圆,董优优  
解放军总医院第六医学中心

**目的** 探讨血清中 let-7a 和 miR-21 在乳腺癌诊断中的临床价值。

**方法** 选取 62 例非肿瘤人群（含 32 例体检正常人群及 30 例乳腺良性病变患者）血清为对照组；选取 90 例乳腺癌人群（含 30 例原发乳腺癌、30 例原发乳腺癌伴淋巴结转移及其它器官转移、30 例原发乳腺癌伴淋巴结转移）血清为实验组，以 Let-7a 及 miR-21 为检测对象，线虫 Cel-miR-39-3p 作为 spike-in 掺入内参，实用 introvgen 公司的 TRIzol 对血清 miRNAs 进行提取，实用 Let-7a、miR-21 及 Cel-miR-39-3p 特异性反转录引物进行反转录，以反转录产物为荧光定量 PCR 模板，在 SLAN-96P 荧光定量 PCR 仪上进行检测。

**结果** （1）乳腺癌患者血清中 Let-7a 表达水平低于非肿瘤人群（ $P<0.05$ ）；（2）乳腺癌患者血清中 miR-21 表达水平低于非肿瘤人群（ $P<0.05$ ）；（3）乳腺癌患者血清中 Let-7a 降低程度较 miR-21 明显。

**结论** 血清中 let-7a 和 miR-21 的降低在乳腺癌临床诊断中具有一定辅助的价值。

## PU-5101

**骨髓原始细胞计数与微小残留病检测对急性淋巴细胞白血病诱导化疗阶段疗效的评估作用**

胡雷,文春蓉  
贵阳市妇幼保健院贵阳市儿童医院,550000

**目的** 探讨和研究骨髓原始细胞计数与微小残留病（minimal residual disease, MRD）检测在急性淋巴细胞白血病（acute lymphoblastic leukemia, ALL）诱导化疗阶段的指导意义。

**方法** 回顾性分析 37 例 ALL 患者诱导化疗阶段不同时间点（即诱导化疗第 15 天、第 33 天）骨髓原始和幼稚淋巴细胞计数、骨髓 MRD、血常规相关指标（白细胞计数 WBC、血红蛋白 HGB、血小板计数 PLT）的相关数据；按危险度分 3 组，标危组（ $n=16$ ），中危组（ $n=15$ ），高危组（ $n=6$ ）

**结果** ①15d 与 33d 的骨髓原幼淋巴细胞计数比较（ $P<0.05$ ），有显著性差异，标、中、高危组间比较，15d、33d 原幼淋巴细胞计数的差异均无统计学意义；②血常规指标中，15d 与 33d 比较，PLT 的差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），WBC、HGB 的差异均无统计学意义，标、中、高危组间比较，15d 的差异无统计学意义，33d 的 PLT、WBC 差异有统计学意义（ $P<0.05$ ），HGB 无显著差异；③诱导化疗 33d 时检测 MRD，MRD $<10^{-4}$  有 35 例，MRD $>10^{-4}$  有 2 例。

**结论** 骨髓形态学检查结合微小残留病在判断 ALL 化疗阶段的疗效有重要意义。

## PU-5102

**食管癌患者外周血中 micorRNA-1 的表达水平及其诊断意义**

李洁  
河北医科大学第四医院,050000

**目的** 研究食管癌患者外周血中 miRNA-1 的表达情况及其在食管癌诊断中的应用。

**方法** 采集 23 例初治食管癌患者及 11 例体检健康人的血清标本,提取 RNA 后采用实时荧光定量 PCR 检测血清 miRNA-1 水平,并绘制 ROC 曲线。

**结果** 食管癌患者血浆中 miRNA-1 表达水平高于正常组 ( $P<0.05$ ), ROC 曲线下面积为 0.881,最大约登指数 0.688,灵敏度 81.8%,特异度 87%。

**结论** 外周血 miRNA-1 在食管癌患者中的表达明显下调,有望成为用于食管癌筛查的新型分子标志物。

## PU-5103

### 姜黄素对抑郁模型大鼠学习记忆及海马区炎症信号通路的影响

凌迎春

绍兴市第七人民医院(原:绍兴市精神病院),312000

**目的** 探讨姜黄素(Curcumin)对抑郁模型大鼠学习记忆及海马区  $\beta$ -淀粉样蛋白(A $\beta$ )含量、脑源性神经营养因子(BDNF)、Toll 样受体 4(TLR4)、核转录因子- $\kappa$ B(NF- $\kappa$ B)p65 表达的影响。

**方法** 20 只雄性 Wistar Kyoto (WKY) 大鼠随机分为模型组(M 组, $n=10$ )和治疗组(T 组, $n=10$ ),另选 10 只雄性同窝野生型小鼠作为对照组(C 组, $n=10$ )。T 组 4 月龄起喂饲含姜黄素(100mg·kg<sup>-1</sup>·d<sup>-1</sup>)的饲料,M 组和 C 组喂饲普通饲料,9 月龄时进行开放领域运动实验 (Open field locomotor activity, OFLA),强迫游泳测试 (forced swim test, FST) 及 Morris 水迷宫实验,免疫组织化学和 Western blot 分别检测 A $\beta$  和 BDNF、TLR4、NF- $\kappa$ Bp65 蛋白的表达。

**结果** 与 C 组比,M 组水迷宫实验中逃避潜伏期延长( $P<0.05$ ),且平均跨平台次数减少( $P<0.05$ ),海马 CA1 区和 DG 区 A $\beta$ 、BDNF 及 IOD 值增加( $P<0.05$ ),海马中 TLR4 和 NF- $\kappa$ Bp65 表达均增多( $P<0.05$ )。与 M 组比,T 组逃避潜伏期缩短( $P<0.05$ ),且平均跨平台次数增多,海马 CA1 区和 DG 区 A $\beta$ 、BDNF 及 IOD 值降低( $P<0.05$ ),海马中 TLR4 和 NF- $\kappa$ Bp65 表达均减少( $P<0.05$ )。姜黄素在 FST 中不动性的剂量依赖性降低,学习记忆能力增加,而对 OFLA 没有任何显著影响。2 周后,高浓度的姜黄素在 FST 中的作用仍然很明显。

**结论** 持续喂饲姜黄素 6 个月可显著改善抑郁模型大鼠的学习记忆能力并减少海马 A $\beta$  含量,其机制可能与抑制海马 BDNF/TLR4-NF- $\kappa$ B 信号通路有关。

## PU-5104

### 北京某医院近 4 年 HPV 感染阳性率及基因型别分布情况的研究

陈秋圆,陈昌国,刘新萍,董优优  
解放军总医院第六医学中心

**目的** 了解本院近 4 年妇产科门诊及体检部女性 HPV 感染率及基因型别分布情况,为了解本地区 HPV 感染情况提供参考数据。

**方法** 利用医院 Lis 系统收集 2015 年 1 月—2018 年 12 月本院妇产科门诊及体检部正常体检人群 HPV 检测结果,所有 HPV 结果均通过磁珠法提取核酸,采用荧光定量 PCR 技术进行 HPV 基因分型检测,然后采用 Excle 软件进行统计学分析。

**结果** 1.2015、2016、2017、2018 年 HPV 阳性率分别为 17.45% (1366/7826)、14.62% (1149/7857)、14.08% (1417/10062)、15.30% (1558/10182)。2. 2015、2016、2017、2018 年妇产科门诊 HPV 检出阳性率分别为 20.48% (964/4708)、18.51% (772/4170)、16.40% (982/5991)、18.23% (1177/6458); 3. 2015、2016、2017、2018 年体检部 HPV 检

出阳性率分别为 12.89% (402/3118)、10.23% (377/3687)、10.69% (435/4071)、10.23% (381/3724) 4. 近 4 年 HPV15 种高危型别均有检出, 其中 HPV52、HPV58、HPV16 型检出率在 4 年中均占据阳性型别的前三位。

**结论** 上述结果提示, 本院检查 HPV 感染阳性率有逐年下降的趋势; 其阳性型别主要为 HPV52、HPV58、HPV51、HPV56、HPV16, 对了解本地区 HPV 感染情况有重要参考意义。

## PU-5105

### 胸苷激酶 1 (TK1) 在消化道肿瘤患者外周血中的分析

李清靖

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 检测消化道肿瘤患者外周血中胸苷激酶 1 (TK1) 的表达, 同时联合检测消化道肿瘤标记物 CEA、CA199、CA72-4、CA50, 探讨其能否提高在诊治中的临床价值, 观察其在消化道肿瘤患者的早期筛查、疗效评价和预后方面的作用。

**方法** 采用酶免疫点印迹化学发光法检测 150 例消化道肿瘤患者、50 例消化道良性病变患者及 50 例健康体检者血清中 TK1 水平, 采用电化学发光法检测 CEA、CA199、CA72-4、CA50 水平, 比较三组肿瘤标志物的表达水平及灵敏度与特异性。随访收集消化道肿瘤患者术后一周至一个月血清, 检测 TK1 的表达, 比较消化道肿瘤患者治疗前后 TK1 水平的变化。

**结果** 消化道肿瘤患者组 TKI、CEA、CA199、CA72-4、CA50 水平显著高于消化道良性病变组和正常对照组( $P<0.01$ ), 消化道良性疾病组和正常对照组之间无显著性差异 ( $P>0.05$ )。肿瘤标志物单项检测的阳性率为 TK1 (55.26%)、CEA (35.41%)、CA199 (34.85%)、CA72-4 (30.25%)、CA50 (29.37%), 均高于正常对照组, 差异均有统计学意义。消化道肿瘤患者中血清 TKI 阳性率远远高于其他消化道肿瘤标志物 (CEA、CA199、CA72-4、CA50)。消化道肿瘤患者手术后血清 TKI 水平明显下降。

**结论** 血清 TK1 检测在消化道肿瘤患者的早期筛查、疗效评价和预后方面等方面具有一定的临床应用价值。

## PU-5106

### 2018 年性病门诊 112 株淋球菌耐药监测结果分析

罗才会,李雪茹,王有为,李春花,雍刚

四川省人民医院,610000

**目的** 了解 2018 年我院性病门诊收集的 112 株淋球菌对 5 种抗生素的耐药性及产  $\beta$ -内酰胺酶淋球菌(PPNG)和质粒介导的高度耐四环素淋球菌(TRNG)的流行状况。

**方法** 本次耐药试验中, 采用 WHO 西太区淋球菌耐药监测指南推荐的琼脂稀释法测定 6 种抗生素的最小抑菌浓度(MIC)和用纸片酸度法检测  $\beta$ -内酰胺酶, 同时按 WHO 推荐的标准判断药物敏感性。

**结果** 112 株淋球菌检测出 PPNG 58 株(51.79%)、TRNG 31 株(27.68%); 青霉素耐药株 86 株(76.79%), MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 均超过耐药标准; 阿奇霉素耐药株 28 株(25.00%), MIC<sub>50</sub> 在敏感范围, 但 MIC<sub>90</sub> 超过耐药标准; 检测出淋球菌对环丙沙星全部耐药, MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 也均远远超过耐药标准; 未发现对头孢曲松耐药的菌株, 但发现 1 株耐大观霉素的菌株, 大观霉素和头孢曲松的 MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 均在敏感范围。多重耐药 41 株(36.61%), 其中对三种抗生素耐药中, 环丙沙星、青霉素和四环素同时耐药 24 株(21.43%)最高, 环丙沙星、四环素和阿奇霉素同时耐药 12 株(10.71%)最低, 同时对 4 种抗生素(环丙沙星、青霉素、四环素和阿奇霉素)耐药的淋球菌 9 株

(8.04%), 有 1 株(0.89%)淋球菌同时对 5 种抗生素(环丙沙星、青霉素、四环素、阿奇霉素和大观霉素)耐药。

**结论** 在本次淋球菌耐药监测中发现 1 株淋球菌对大观霉素耐药, 应该对本地区的临床医生和相关部门敲响警钟, 在临床上规范用药, 同时加强对大观霉素的耐药监测, 以防止大观霉素耐药菌株的突发爆发流行。根据 WHO 规定, 耐药率高于 10% 时, 应停止使用, 综上可见头孢曲松和大观霉素可作为本地区淋病治疗的一线药物, 同时持续加强监测淋球菌对抗生素的耐药性十分重要, 为本地区淋病治疗方案的制定及预防控制措施的制订提供科学依据。

## PU-5107

### 变应性哮喘急性发作期患者血清中 HO-1、Eotaxin-1 及 IgE 的表达 及相关性研究

杨红芳

河北医科大学第四医院,050000

**目的** 探究哮喘(Asthma)患者血清中血红素氧合酶-1(HO-1)、嗜酸性粒细胞趋化因子-2(Eotaxin-1)及 IgE 的水平及意义。

**方法** 选择 2017 年 3 月至 2018 年 3 月于本院就诊的哮喘急性期患者 50 例作为研究对象, 另选择 30 例体检健康者作为对照组。采用酶联免疫吸附试验(ELISA)方法分别检测各组受试者血清中 HO-1、Eotaxin-1 及 IgE 水平, 同时测定哮喘患者用力肺活量(FVC)、第一秒用力呼气容积(FEV1)及 FEV1/FVC 等肺功能指标, 分析血清中 HO-1、Eotaxin-1 及 IgE 水平与肺功能的关系。

**结果** 急性期哮喘患者血清中 HO-1 水平明显低于对照组, Eotaxin-1 及 IgE 水平高于对照组, 差异有统计学意义( $P<0.05$ ); 肺功能结果显示, 急性期哮喘患者组肺功能指标 FVC、FEV1、FEV1/FVC 值较对照组明显降低, 差异有统计学意义( $P<0.05$ ); Pearson 相关性分析表明, 急性期哮喘组血清 HO-1 水平与 FVC、FEV1、FEV1/FVC 呈正相关, 而 Eotaxin-1 及 IgE 水平分别与 FVC、FEV1、FEV1/FVC 呈负相关。

**结论** HO-1、Eotaxin-1 及 IgE 表达水平与哮喘的发生发展密切相关, 可作为监测哮喘病情的指标。

## PU-5108

### 利用多条重叠引物 PCR 方法制备 sgRNA

胡政<sup>1,2,3</sup>, 王丽<sup>2,3,4</sup>, 罗迪贤<sup>1,2,3</sup>

1.郴州市第一人民医院,423000

2.南方医科大学附属郴州市第一人民医院

3.高通量分子诊断技术国家地方联合实验室

4.郴州市第一人民医院南华大学转化医学研究所

**目的** 重叠延伸 PCR 技术是通过设计具有末端互补的引物, 使 PCR 产物形成重叠链, 从而连接不同的 DNA 片段。本研究在该技术的基础上, 建立一种多条重叠引物快速合成 sgRNA 转录模板的方法, 体外转录即可获得 sgRNA。

**方法** (1) 体外选择 EGFR-Exon19、pu57-1、pu57-2 三个 Cas9/sgrRNA 靶向序列, 设计四条首尾互补的重叠引物, 其中后面三条为通过引物, 通过优化每条引物的反应浓度, 扩增后获得 sgRNA 转录模板, 后者经体外转录合成 sgRNA。用获得的 sgRNA 与 Cas9 核酸酶在体外与靶标 DNA 片段孵育, 通过电泳和测序的方法验证 Cas9/sgrRNA 的活性及特异性。(2) 在体内实验中, 选择 xt.rtdn-Cas9-T1、Znf238.2 和 Znf238 等三个爪蟾基因序列作为靶位点, 用同样的方法合成 sgRNA 的转录模板, 体外转录 sgRNA 及 Cas9 mRNA 后, 一起显微注射到非洲爪蟾的受精卵中,



48h 后收集胚胎, 提取基因组 DNA, PCR 扩增目标序列后, 产物经变性、退火后与 T7 核酸内切酶共孵育, 通过 T7 酶的作用可切割错配的异源双链 DNA, 将目标序列切割成大小不同的 DNA 片段, 通过琼脂糖凝胶电泳对结果进行分析。同时, 将纯化的 PCR 产物克隆到 T 载体上转化大肠杆菌感受态, 进行 TA 克隆, 每个位点随机挑取 20 个菌落进行测序以分析 sgRNA 与 Cas9 在体内的切割效率。

**结果** 通过优化多条重叠引物的反应浓度可不用模板直接合成 sgRNA 转录模板, 体外切割实验和体内爪蟾受精卵显微注射实验均表明通过该方法获得的 sgRNA 和 Cas9 一起可对目标位点进行高效而特异的切割。结果均用 DNA 测序得到确认。

**结论** 通过设计首尾互补的多条重叠引物, 并优化引物反应浓度后, 以不依赖模板的 PCR 方法, 快速制备 sgRNA, 并在体外和体内实验中证实了该方法的可行性。本研究建立的快速获得 sgRNA 的方法在基因编辑实验中具有较好的应用价值。

## PU-5109

### LncRNA-SNHG5 的表达与胃癌 EMT 的关系 及对细胞迁移侵袭的影响

武一鹏

河北医科大学第四医院科研中心

**目的** 检测胃癌组织中长链非编码 RNA SNHG5 的表达及其与上皮间质转化 (EMT) 的关系, 并在胃癌细胞株中探讨其对胃癌细胞迁移和侵袭能力的影响。

**方法** 采用 RT-qPCR 方法检测胃癌组织中 SNHG5 的表达情况及其与 EMT 标志物 E-cadherin、N-cadherin 和 Vimentin 在 RNA 水平的相关性; 使用免疫组化检测胃癌及正常组织中 EMT 标志物的表达情况, 并分析其与 SNHG5 表达的相关性; 在胃癌细胞株 BGC-823 和 SGC-7901 中过表达或敲低 SNHG5, 进行划痕及 transwell 实验检测细胞迁移及侵袭能力的变化。

**结果** RT-qPCR 结果显示 SNHG5 在胃癌组织中明显高表达, 且与上皮细胞标志物 E-cadherin 的 RNA 水平正相关, 与间质细胞标志物 N-cadherin 及 Vimentin 的 RNA 水平负相关 ( $p < 0.05$ )。免疫组化显示相比于正常组织, 胃癌组织中上皮细胞标志物 E-cadherin 表达显著降低而间质细胞标志物 N-cadherin 及 Vimentin 表达显著升高且其 EMT 变化与 SNHG5 的表达水平负相关 ( $p < 0.05$ ); 细胞实验显示在胃癌细胞中过表达 SNHG5 显著抑制细胞的迁移和侵袭能力, 而敲低 SNHG5 则显著增加细胞的迁移和侵袭能力 ( $p < 0.05$ )。

**结论** 胃癌中长链非编码 RNA SNHG5 的表达与 EMT 呈负相关, 且其抑制细胞的迁移及侵袭能力。表明其可能参与胃癌组织的恶性表型及侵袭转移过程。

## PU-5110

### 中国女性血清脂联素与卵巢综合征关系的 Meta 分析

丁芳

绍兴市越城区人民医院, 312000

**目的** 评价中国女性血清脂联素(adiponectin)与卵巢综合征(polycystic ovarian syndrome, PCOS)的相关性。

**方法** 检索主要中英文数据库从建库至 2016 年 12 月 20 日关于中国女性脂联素与 PCOS 相关性的病例对照研究。按纳入排除标准筛选文献并进行质量评价后应用 RevMan5.3 软件进行 Meta 分析。结果: 符合纳入标准的文献共 17 篇。所有研究进行 meta 分析。

**结果**  $\text{Chi}^2 = 435.36$ ,  $P < 0.00001$ ,  $I^2 = 93\%$ 。研究具有异质性, 用随机效应模型;  $\text{MD} = -2.17$  [95%  $\text{CI}(-2.54)-(-1.81)$ ],  $Z = 11.79$ ,  $P < 0.00001$ ), PCOS 组血清脂联素明显低于对照组, 差异有统计学意义。

**结论** 中国女性 PCOS 患者血清脂联素水平低, 可作为 PCOS 患者的一个影响因素。

PU-5111

## 2018 年莆田地区常见病原菌和耐药监测分析

陈凤鸢, 徐敏  
莆田市第一医院, 351100

**目的** 分析莆田地区常见致病菌分布和耐药监测情况, 更好地指导临床使用抗菌药物, 提高疗效。

**方法** 本研究回顾性分析 2017 年 10 月-2018 年 9 月的全部细菌, 采用全自动微生物分析仪 (WalkAway-96Plus, VITEK-2Compact), 对分离菌株进行鉴定和药敏试验, 部分药敏试验采用 K-B 纸片扩散法。按 CLSI 2017 标准判断药敏结果。

**结果** (1) 革兰阳性菌占前五位的是金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、粪肠球菌、表皮葡萄球菌和屎肠球菌。革兰阴性菌占前五位的是大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、流感嗜血杆菌和鲍曼不动杆菌。(2) 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 检出率为 40.0%, 耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 检出率为 78.7%。(3) 红霉素对肺炎链球菌耐药率为 97.5%, 青霉素耐药肺炎链球菌的耐药率为 3.7%。屎肠球菌和粪肠球菌对万古霉素耐药率为 0.0%。(4) 大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌对第三代头孢菌素类抗生素的耐药率分别为 50.9%、40.2%。大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类药物耐药率分别为 0.8%、8.1%, 大肠埃希菌对喹诺酮类抗生素耐药率 41.1%。铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌对亚胺培南的耐药率分别为 10.7%、67.6%。流感嗜血杆菌对对氨苄西林耐药 45.0%。

**结论** 金黄色葡萄球菌居革兰阳性致病菌首位, 大肠埃希菌居革兰阴性致病菌首位。流感嗜血杆菌和肺炎链球菌的检出率高于全国耐药监测。耐碳青霉烯类肠杆菌和耐喹诺酮类大肠埃希菌检出率低于全国耐药监测, MRSA、MRCNS 的检出率高于全国耐药监测。所以要加强耐药和院内感染的监测, 达到最好的治疗效果。

PU-5112

## HBV DNA 阳性的慢性乙肝患者的 T 细胞亚群的表达变化

王芃堉  
河北医科大学第四医院, 050000

**目的** 探讨 HBV DNA 阳性乙肝患者淋巴细胞亚群的变化与表达, 为评估患者预后和指导临床治疗提供依据。

**方法** 选取 2018 年 6 月 2019 年 1 月河北医科大学第四医院收治的 50 例慢性乙肝患者为研究对象, 根据实时荧光定量 PCR 的检查结果将研究对象分为 HBV DNA 阳性组与 HBV DNA 阴性组, 用流式细胞仪检测患者血清中 CD3+细胞、CD3+CD4+细胞和 CD3+CD8+细胞的百分比并计算出 CD4/CD8 比值。

**结果** 同 HBV DNA 阴性组患者相比, 阳性组患者 T 细胞亚群出现了显著失调, 阳性组患者 CD4+T 细胞百分比和 CD4/CD8 比值明显增高 ( $P < 0.05$ ), 而 CD8+T 细胞百分比明显降低 ( $P < 0.05$ )。

**结论** HBV DNA 阳性的慢性乙肝患者中存在显著的 T 细胞免疫功能失调, T 细胞亚群可能成为 HBV DNA 阳性的慢性乙肝患者辅助诊断手段。

PU-5113

## 检验技师规范化培训基地管理心得

赵强元,李娜,马学斌,张静  
解放军总医院第六医学中心

**目的** 总结我院检验技师规范化培训基地运行经验及心得

**方法** 分析我院检验技师规范化培训基地运行中制度制定、师资队伍培训、培训考核的质量管理、对规培生的心理疏导、规培生的入职教育、基地人员的核心作用在检验技师培训中的作用,为进一步做好规培工作提供借鉴。

**结果** 检验医(技)师规范化培训基地的设立,使得检验医(技)师培训质量的均质化得到有效保证,为单位和社会培养合格的医学检验医(技)师,同时也以教促长,对基地的规范化建设和带教人员的理念转变、素质提高大有裨益,在一定程度上可弥补了科室人力资源的不足,对单位 and 行业的发展意义重大。

**结论** 医学规培基地是医学生进一步提高个人素质的良好形式

PU-5114

## 不同血压分级 H 型高血压患者 IMT 与 SAA 及载脂蛋白 B/A1 的关系

叶桂云  
福建省南平市第一医院

**目的** 探讨不同血压分级 H 型高血压患者颈动脉内膜中层厚度(IMT)与血清淀粉样蛋白 A(SAA)及载脂蛋白 B/ A1(ApoB/A1)的水平变化及相互关系。

**方法** 入选 2016 年 8 月至 2017 年 3 月就诊的 H 型高血压患者 626 例,另选取同期体检的正常血压者 186 例为对照组。研究对象均进行一般情况调查,测量 IMT,检测同型半胱氨酸(Hcy)、ApoB、ApoA1、超敏 C 反应蛋白(hsCRP)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)等,计算 ApoB/A1。Pearson 分析 IMT 与 Hcy、SAA、ApoB/A1 的相关性,受试者工作特征曲线(ROC)用于选取不同血压分级患者血管损伤的最佳警示界限值。

**结果** 3 级高血压组的 IMT、Hcy、ApoB/A1、SAA、hsCRP 均高于正常血压组、1 级高血压组和 2 级高血压组( $P<0.05$ )。Pearson 相关分析显示,高血压 1 级组 IMT 与 Hcy、SAA、ApoB/A1 呈正相关( $r=0.324$ ,  $P=0.008$ ;  $r=0.366$ ,  $P=0.003$ ;  $r=0.450$ ,  $P<0.001$ );高血压 2 级组 IMT 与 Hcy、SAA、ApoB/A1、hsCRP 呈正相关( $r=0.312$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.374$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.583$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.357$ ,  $P<0.001$ );高血压 3 级组 IMT 与 Hcy、SAA、ApoB/A1、hsCRP 呈正相关( $r=0.192$ ,  $P=0.002$ ;  $r=0.623$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.752$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.180$ ,  $P=0.004$ )。ROC 曲线示,血清 Hcy、SAA、ApoB/A1 曲线下面积(AUC)增高,血管损伤警示的最佳界限值: Hcy:  $12.01\mu\text{mol/L}$ 、SAA:  $10.05\text{mg/L}$ 、ApoB/A: 0.92。

**结论** SAA、ApoB/A1 的表达与 IMT 在不同的血压水平变化一致,且相互之间密切相关。不同血压水平状态下 H 型高血压患者, SAA、ApoB/A1、Hcy 检测与血压监测相互配合,对阻止动脉粥样硬化的发展和降低患者动脉血管的损伤有重要临床价值。

## PU-5115

## 形态学与功能学结合在诊断外阴阴道假丝酵母菌病中的临床意义

陈良<sup>1</sup>, 郑阳<sup>1</sup>, 刘志磊<sup>2</sup>

1. 郑州人民医院, 450000

2. 郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 探讨形态学与功能学联合诊断的优势及对外阴阴道假丝酵母菌病诊断的意义。

**方法** 对于同一样本分别用形态学（染色镜检）和功能学（阴道五联检试剂盒Ⅱ（干化学酶法）及配套仪器全自动生殖道分泌物分析仪 AutowoMO）进行检测，并接种念珠菌显色平板，分别比较形态学、功能学及二者联合与培养法之间的符合率。

**结果** 与培养法相比，功能学检测假丝酵母菌的灵敏度为 75.14%，特异性为 91.10%，符合率为 87.75%，差异无统计学意义。形态学与培养法相比灵敏度为 67.56%，特异性为 99.37%，符合率为 92.69%。两种方法相结合后与培养法相比灵敏度为 85.42%，特异性为 99.37%，符合率为 96.44%。

**结论** 阴道微生态评价的方法结合形态学和功能学的优势，同时弥补了各自方法学的不足，同时提高检出率和特异性，具有较强的临床指导意义。

## PU-5116

## Genotypic and phenotypic characterization of clinical *Escherichia coli* sequence type 405 carrying IncN2 plasmid harboring blaNDM-1

yingying hao, Chunhong Shao, Xu Geng, Yuanyuan Bai, Yan Jin, Zhiming Lu

Department of Clinical Laboratory, Shandong Provincial Hospital Affiliated to Shandong University, Jinan, China

**Objective** We report a carbapenem-resistant *Escherichia coli* with bla<sub>NDM-1</sub> isolated from the abdominal fluid of a patient at a teaching hospital and was found harboring bla<sub>NDM-1</sub>.

**Methods** This bla<sub>NDM-1</sub>-producing *E. coli* belonged to phylogenetic group D, sequence type (ST) 405. We thus aimed to illustrate the genotype and phenotype of bla<sub>NDM-1</sub>-producing ST405 *E. coli* in China.

**Results** In addition to bla<sub>NDM-1</sub>, this isolate carried the acc(6')-Ib gene and the extended-spectrum  $\beta$ -lactamase genes bla<sub>CTX-M-15</sub> and bla<sub>CTX-M-14</sub>. bla<sub>NDM-1</sub> is located on a self-transmissible plasmid designated as pJN24NDM1 and referred as IncN2. pJN24NDM1 was completely sequenced and compared with eight published IncN2 plasmids harboring carbapenem-resistance genes. pJN24NDM1 is almost identical to pYNKP001-NDM, pNDM-ECS01, and pTR3 from different bacteria, suggesting a common distribution and transmission in Asia.

**Conclusions** Our research indicates that *E. coli* carrying IncN2 plasmids act as a reservoir and play an important role in the spread of bla<sub>NDM</sub>. Further molecular epidemiological studies are needed to monitor the multidrug resistant virulent clones to prevent further dissemination.

## PU-5117

## 血清游离轻链比值在冒烟型多发性骨髓瘤中的价值

肖华  
郑州市中心医院

**目的** 高血清游离轻链比值作为冒烟型多发性骨髓瘤恶性转变高风险的生物标志物临界值

**方法** 血清游离轻链的检测均在郑州市临床检验中心进行,试剂为西门子公司提供(freelite; The binding Site,Birmingham,UK),设备为西门子公司BN II特种蛋白分析仪,k/λ参考区间为0.26—1.65.使用SPSS21.0进行ROC曲线和Chi-square检验

**结果** 117例冒烟型多发性骨髓瘤平均随诊时间为33个月,有22例患者随访少于18个月,这22例中14例(65%)在随诊期间没有疾病进展,没有发展成多发性骨髓瘤,只有一例轻链比值大于100,为317(k9.82mg/l,λ3120mg/l)。冒烟型多发性骨髓瘤血清游离轻链比值≥100发展为多发性骨髓瘤的比率为91%,明显高于血清游离轻链比值<100的44%,其中一年、两年和三年发展为多发性骨髓瘤的比率也明显。

**结论** 所有初诊LCMM患者的sFLC均明显增高。sFLC用于治疗反应的监测较尿轻链更加敏感。

## PU-5118

## 颅脑损伤实验室诊断生物标志物的研究进展

谢凤欣  
陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 创伤性脑损伤(trumatic brain injury, TBI)是指头部突然受到外力打击或发生颠簸引起脑组织结构破坏或功能紊乱的神经系统疾病,易发生于新生儿、儿童、青年、老年各类人群,其发生率在青年和儿童中尤为突出,在世界范围内其发生率每年为150~450/10万。因其具有死亡率高、致残率高的特点,严重影响患者健康并增加社会经济负担。如何早期、快速、准确地诊断TBI,对临床治疗时采取适当措施和判断预后起着极为重要的作用。

**方法** 结合相关文献概述和分析了部分比较有前景的TBI相关生物标志物的研究进展,包括:常规生化标志物,脑组织损伤类标志物,继发性损伤效应标志物,及神经病变人群易感基因,游离核酸等新兴分子诊断标志物

**结果** TBI相关生物标志物为TBI的准确诊断和预后判断提供了新的标准和参考,但是真正走向临床应用还需要进一步的研究。现有的标志物对于TBI的诊断、指导治疗和预后都有一定的作用,可从各个方面反应TBI各个时期生理病理性损伤的变化,但具体到敏感性和特异性表现出有很大的差异性。TBI相关生物标志物为TBI的准确诊断和预后判断提供了新的标准和参考,但是真正走向临床应用还需要进一步的研究。现有的标志物对于TBI的诊断、指导治疗和预后都有一定的作用,可从各个方面反应TBI各个时期生理病理性损伤的变化,但具体到敏感性和特异性表现出有很大的差异性。

**结论** 对于已发现的TBI标志物,使用任何一个单独诊断和预后判断,都无足够敏感度和特异度,而联合使用却能明显打破这一局限。有学者提出联合标志物与神经影像学检查可提高诊断的准确性,但仍需多中心、大样本的研究去进一步证实标志物的功能,积极寻求新的高敏感性和高特异性的TBI标志物,为更深入了解TBI的机制提供更多信息,有助于优化治疗措施,改善TBI的预后。

## PU-5119

**TEL/AML1 融合基因儿童急性白血病的临床特点与预后**

夏敏

上海交通大学附属儿童医院

**目的** 通过对 36 例 TEL/AML1 阳性的儿童急性白血病的回顾性分析,明确该类型白血病的临床特点,并评估其预后关系通过对 36 例 TEL/AML1 阳性的儿童急性白血病的回顾性分析,明确该类型白血病的临床特点,并评估其预后关系

**方法** 2015 年 11 月-2019 年 01 月上海市儿童医院单中心 36 例 TEL/AML1 融合基因阳性的急性白血病患者,男 26 例,女 23 例,年龄 11 月-14 岁,所有患儿均进行 MICM 的诊断,并应用实时荧光探针 PCR 法进行 TEL/AML1 融合基因的检测,应用 FISH 的方法同步进行 TEL/AML1 探针检测

**结果** 36 例患儿中 3 年无事件生存率(EFS)是 86.1%,3 年的累积复发率为 2.8%,其中有 1 例患儿复发,停药 4 年后复发,尽管化疗加强或移植,仍未改善预后,最后死亡;另外一例因高白细胞血症,在诱导缓解期间因感染而死亡,多因素分析发现 D19d MRD  $\geq 0.1$  会影响预后。

**结论** TEL/AML1 融合基因阳性的急性白血病患者可以获得较高的缓解率,常规的化疗就可让其预后较好,诱导缓解后的 MRD 水平可以作为后续治疗方案与药物剂量等提供依据。

## PU-5120

**基于抗蛋白质 A IgY 为识别元件的免疫磁分离技术  
快速检测尿液中的金黄色葡萄球菌**谭文青,石舒友,张赞  
新乡医学院

**目的** 泌尿系统感染是最常见的一类疾病,据统计全球每年约有 1.5 亿的人患病。在我国,泌尿系统感染的发病率在院内感染中居第二位,仅次于呼吸道感染。当机体免疫力下降时,致病微生物入侵引发感染。泌尿系统感染易久治不愈和反复发作,严重时引起败血症等并发症。因此,对泌尿系统感染进行快速诊断具有十分重要的意义。本方法主要对尿液中的金黄色葡萄球菌进行快速灵敏特异地检测,为临床的及时诊断和治疗提供帮助。

**方法** 本方法选择数量充足的 SPA 为抗原表位,以抗蛋白质 A IgY 作为金黄色葡萄球菌的特异性识别元件,利用免疫磁分离技术从样品中分离、捕获和富集金黄色葡萄球菌,从而减少基质对检测体系的干扰;利用辣根过氧化物酶(HRP)标记的 IgG 作为 SPA 的第二种分子识别元件和信号示踪物,HRP 催化底物,检测信号强度。

**结果** 本方法在 90 min 内即可完成金黄色葡萄球菌的检测,尿液中金黄色葡萄球菌的浓度在  $5 \times 10^2$  到  $5 \times 10^4$  CFU/mL 之间与 OD 450 nm 呈良好的线性关系,检出限为 110 CFU/mL。并且该方法能将金黄色葡萄球菌与大肠杆菌 O157:H7、链球菌、沙门氏菌、李斯特菌明显区分。

**结论** 基于抗蛋白质 A IgY 为识别元件的免疫磁分离技术可以快速、灵敏、特异地检测尿液中的金黄色葡萄球菌,为诊断泌尿系统的感染提供有力的实验依据。

## PU-5121

## Six-Year Seroprevalence of HBV, HCV, Syphilis and HIV in a large medical center in Nanjing, China

Huaguo Xu, Wu Zhi-Qi  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** To investigate the seroprevalence of hepatitis B (HBV) & C (HCV), syphilis (TP) and HIV in a large medical center in China.

**Methods** A retrospective analysis was performed on the patients who were screened for hepatitis B & C, Syphilis and HIV from January 2010 to December 2016 in our hospital.

**Results** The prevalence of newly diagnosed HBV, HCV, syphilis and HIV was 8.36%, 1.12%, 2.01% and 0.055% in 2010, and it changed to 6.45%, 0.76%, 2.06% and 0.041% in 2016 respectively. Males constitute 83.59% (275/329) of this newly diagnosed HIV population. In males, route of transmission was predominantly sexually transmitted 82.91% (228/275) and about half of them 53.51% (122/228) were homosexual. The co-infection rate of HIV-HBV, HIV-HCV and HIV-TP was 19/259 (7.34%), 3.47% (9/259), and 28.19% (73/259), respectively.

**Conclusions** Our results show declining prevalence of HIV, HBV, and HCV over time from 2010 to 2016. This decrease in prevalence of these diseases could be due to better education, increased recognition of risk factors and improved and strict screening criteria before donation of blood. The change in the mode of transmission of HIV infection mainly from blood and blood products to sexual transmission has possibly decreased in prevalence of co-infection with HBV, HCV and TP. The testing of the associated infections such as HBV, HCV and TP before transfusion or invasive examination and treatment is not only useful for both of the healthcare facility and personnel, but also to the patients. These practices ensure patient safety, enhance patient satisfaction and prevent life threatening nosocomial infection.

## PU-5122

## GenoType MTBDRplus 分子检测对多重耐药结核病快速诊断的荟萃分析

白媛媛  
山东省立医院, 250000

**目的** 目前亟需结核分枝杆菌快速准确的药物敏感诊断试验。GenoType MTBDRplus 检测试剂盒可对抗结核一线药物异烟肼和利福平的药物敏感结果作出快速诊断。这篇 META 分析的目的是为了评价 GenoType MTBDRplus 对一线药物耐药性的诊断效能。

**方法** 根据制定的纳入和排除标准全面检索 PubMed, EMBASE 及 Cochrane 数据库。RevMan 5.2 软件实现诊断试验质量评价体系-2 (QUADAS-2) 对纳入文献的质量评价。STATA 13.0 软件实现敏感度、特异度、阳性似然比、阴性似然比、诊断比值比及拟合诊断受试者曲线等指标。亚组分析及斯皮尔曼相关系数评价异质性。

**结果** 根据纳入标准, 共纳入 40 项研究。GenoType MTBDRplus 诊断异烟肼、利福平耐药合并敏感性分别为 91%, 96%; 合并特异性分别为 99%, 98%。受试者工作曲线下面积 0.99-1.00。研究间存在显著异质性。

**结论** GenoType MTBDRplus 可有效的快速诊断抗结核一线药物耐药, 对结核杆菌的临床治疗具有重要意义

PU-5123

## 产前诊断中羊水细胞染色体嵌合体研究进展

宋琪玲

1.川北医学院附属医院,637000

2.川北医学院医学检验系

3.川北医学院转化医学研究中心

**目的** 探讨产前诊断中羊水检查发现胎儿染色体嵌合体的发生机制、总结产前诊断羊水检测处理方法和嵌合体患者遗传咨询和随访,为遗传学实验室分析嵌合体核型和产前诊断嵌合体患者提供遗传咨询提供帮助

**方法** 回顾性分析 2000 年至今,国内外羊水染色体嵌合体研究情况。

**结果** 结合羊水细胞产前诊断的特点,阐述真假嵌合体形成机制、真假嵌合体的处理方式以及嵌合体患者的遗传咨询和随访。真性嵌合体主要是由于染色体不分离或染色体丢失、染色体核内复制所致。假性嵌合体是指胎儿不存在嵌合,而是其他因素导致染色体检测结果为嵌合体。实验室可采用不同标本,如胎儿脐血、引产组织、出生后胎儿组长进行进一步检测,另外也可以采用不同方法,如荧光原位杂交技术、QFPCR 等方法。嵌合体患者的临床表型变异较大,在遗传咨询中应充分告知患者及其家属染色体检查的局限性和嵌合体存在的可能性。

**结论** 准确鉴别真假嵌合体,是遗传学实验室需解决的难题。明确真假嵌合体形成机制、处理方式和遗传咨询、随访具有重要意义。

PU-5124

## 阳性血培养直接质谱方法的建立及临床

魏磊,李珣,马晓波,洪国舜

厦门大学附属第一医院

**目的** 本研究利用不含活性炭血培养瓶和普通分离胶促凝管富集病原菌,联合基质辅助激光解析电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)直接检测阳性血培养瓶中的病原菌,以缩短病原菌鉴定所需时间,满足临床急诊所需。

**方法** 收集 2017 年 12 月至 2018 年 4 月厦门大学附属第一医院微生物实验室血培养阳性的临床标本 50 例,按照传统质谱鉴定和直接质谱鉴定同时对 50 例血培养阳性标本进行试验。以传统质谱鉴定结果为金标准,计算直接质谱鉴定对病原菌的检出率以及鉴定的准确率,同时记录单次试验两种方法分别耗时情况,比较两种鉴定方法的鉴定所需时间。

**结果** 直接质谱鉴定的病原菌检出率与鉴定准确率分别是 96%和 100%;对革兰阴性菌的检出率为 95%,鉴定准确率为 100%;对革兰阳性菌的检出率为 100%,鉴定准确率为 100%。并且直接质谱鉴定对病原菌鉴定所需时间远远短于传统质谱鉴定。

**结论** 直接质谱鉴定对临床常见病原菌鉴定准确率高、速度快,具有良好的临床应用前景。



PU-5125

## 血清淀粉样蛋白 A 和载脂蛋白 B/A1 水平 与冠状动脉病变的关系

叶桂云

福建省南平市第一医院

**目的** 探讨血清淀粉样蛋白 A (SAA) 和载脂蛋白 B/A1 水平变化与冠状动脉病变程度及相互关系。

**方法** 入选 2017 年 8 月至 2018 年 10 月就诊于福建医科大学附属南平第一医院胸痛患者 520 例, 其中冠状动脉正常组 191 例, 冠状动脉增厚组 329 例。研究对象均进行一般情况调查, 行冠状动脉 CT 血管造影(CCTA)检查, 检测各组 SAA、脂蛋白 a (LP(a))、载脂蛋白 B (ApoB)、载脂蛋白 A1 (ApoA1)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、三酰甘油(TG)、总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C), 计算 ApoB/A1。Pearson 相关分析冠脉增厚组冠状动脉病变支数、狭窄程度、斑块 CT 值与各指标水平的相关性, 受试者工作特征曲线 (ROC) 评价 SAA、ApoB/A1 与冠脉病变的吻合程度。

**结果** 冠脉增厚组的 ApoB/A1、SAA、hs-CRP 明显高于冠脉正常组 ( $P<0.001$ ); Pearson 相关分析显示, 冠状动脉病变支数与 hs-CRP、SAA、ApoB/A1、收缩压呈正相关( $r=0.247$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.397$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.402$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.116$ ,  $P=0.035$ ); 冠状动脉狭窄程度与 hs-CRP、SAA、ApoB/A1、收缩压呈正相关 ( $r=0.253$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.674$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.650$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.141$ ,  $P=0.011$ ); 冠状动脉斑块 CT 值与 SAA、ApoB/A1 呈正相关 ( $r=0.295$ ,  $P<0.001$ ;  $r=0.279$ ,  $P<0.001$ )。ROC 曲线示, 冠脉病变与 SAA、ApoB/A1 水平吻合程度高。

**结论** 冠状动脉病变中 SAA、ApoB/A1 表达与动脉血管增厚及斑块性质一致, 且相互之间密切相关, 是有意义的反映血管损伤的参考指标。

PU-5126

## 重庆地区 890 例儿童地中海贫血筛查及基因结果分析

赵娜,陈鸣

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 调查重庆地区儿童地中海贫血(地贫)基因突变类型和频率。

**方法** 对 2016 年 7 月~2017 年 6 月重庆地区 890 例贫血儿童进行血红蛋白电泳生化筛查, 对筛查阳性的  $\alpha$ -地贫患儿用 gap-PCR 技术结合反向膜杂交方法进行基因诊断。

**结果** 890 例受检者中, 地中海贫血生化筛查阳性率为 11.80% (105 例), 基因诊断阳性率为 8.31% (74 例)。74 例经基因诊断确诊阳性的样本中,  $\alpha$ -地贫 29 例,  $\beta$ -地贫 42 例,  $\alpha$  合并  $\beta$  地贫 3 例; 29 例  $\alpha$ -地贫中, --SEA/ $\alpha\alpha$  型占 48.28%, - $\alpha 4.2/\alpha\alpha$  型占 24.14%, HbH 病占 3.45%; 42 例  $\beta$ -地贫共检测出 7 种突变类型组合, 最多见的前三种依次为: CD41-42M/N (44.52%)、CD17M/N (23.71%)、IVS-II654 (10.26%)。

**结论** 重庆地区儿童地中海贫血发生率及基因突变率较高, 开展婚检及产前筛查十分重要。

## PU-5127

## 结核感染 T 细胞斑点试验、腺苷脱氨酶及肿瘤坏死因子 $\alpha$ 检测在老年人结核性胸膜炎诊断中的应用价值

王慧

广州医科大学附属第一医院,510000

**目的** 探究结核感染 T 细胞斑点试验 (tuberculosis infection T cell spot test ,T-SPOT.TB)、腺苷脱氨酶 (adenosine deaminase ,ADA) 及肿瘤坏死因子  $\alpha$  (tumor necrosis factor  $\alpha$ ,TNF- $\alpha$ ) 联合检测在老年人结核性胸膜炎诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 3 月-2018 年 8 月 100 例老年人结核性胸膜炎患者作为研究对象,选取同期 100 例老年非结核性胸膜炎患者作为参照组,对所有患者行外周血结核感染 T 细胞斑点试验、胸腔积液腺苷脱氨酶及肿瘤坏死因子  $\alpha$  检测。比较分析三种检测方法诊断结核性胸膜炎的应用价值。

**结果** 比对两组患者的 T-SPOT.TB、ADA、TNF- $\alpha$  单独检测阳性率, 研究组明显高于参照组, 组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。T-SPOT.TB、ADA、TNF- $\alpha$  的检测特异性分别为 82.00%、91.00%、89.00%; ADA 特异性明显高于 T-SPOT.TB, 组间差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。T-SPOT.TB、ADA、TNF- $\alpha$  的敏感度分别为 88.00%、79.00%与 70.00%, 且 T-SPOT.TB 敏感度明显高于 ADA 及 TNF- $\alpha$  敏感度, 组间差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。对比两组患者的三项指标联合检测阳性率, 研究组均高于参照组, 组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。三者联检的检测敏感性 94%, 高于各单项检测指标,差异有显著性 ( $P<0.05$ )。

**结论** 结核感染 T 细胞斑点试验、腺苷脱氨酶及肿瘤坏死因子  $\alpha$  均可用于老年人结核性胸膜炎的检查, 均具有较高的特异性与敏感度, 且三者联合检测更能提高检测的敏感性, 有助于老年人结核性胸膜炎患者的及时诊断及治疗, 值得临床上推广及使用。 腔积液腺苷脱氨酶及肿瘤坏死因子  $\alpha$  检测。比较分析三种检测方法诊断结核性胸膜炎的应用价值。

## PU-5128

## 血脂异常患者 ApoE 基因型对他汀类药物降脂疗效的影响

何思颖<sup>1</sup>,杜鹏辉<sup>2</sup>,张磊<sup>1</sup>,杨娜<sup>1</sup>,郑芳<sup>1</sup>

1.武汉大学中南医院,430000

2.中国地质大学(武汉)医院

**目的** 探讨载脂蛋白 E (apolipoproteins e, ApoE) 基因型对于他汀类药物调脂效果的影响。

**方法** 收集 2016 年 9 月~2017 年 4 月于武汉大学中南医院就诊的血脂异常伴他汀类药物记录患者 223 例, 收集其全血、血清样本和临床资料。Sanger 测序确定 ApoE 基因型, 用药前后分别检测血清总胆固醇 (total cholesterol, TC)、三酰甘油 (total triglyceride, TG)、高密度脂蛋白胆固醇 (high density lipoprotein cholesterol, HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇 (low density lipoprotein cholesterol, LDL-C) 和脂蛋白 a (lipoprotein a, Lp(a)) 水平。将受试者归为 E2 (e2/e2&e2/e3), E3 (e3/e3&e2/e4), E4 (e3/e4&e4/e4) 3 个表型组, 方差分析比较各组“血脂变化率”, 并联合药物分类及吸烟饮酒状况分析。

**结果** 表型组分析显示 3 组在 TC、TG、HDL-C 和 LDL-C 的血脂变化率有差异且差异具有统计学意义 (分别有  $P < 0.001$ ,  $P < 0.001$ ,  $P = 0.009$ ,  $P = 0.001$ ), Lp (a) 差异无统计学意义 ( $P = 0.324$ )。各表型对不同种类他汀类药物敏感性存在差异趋势。吸烟饮酒对 TC 降脂效果存在影响, 其变化率在表型组间的差异有统计学意义 ( $P = 0.032$ )。

**结论** ApoE 基因型影响他汀类药物调脂能力,各表型用药者 TC, TG, HDL-C 和 LDL-C 水平均改善,改善程度 E2 型>E3 型>E4 型,吸烟饮酒对 ApoE2 型患者的他汀药物降 TC 效果影响显著。

## PU-5129

### 性病门诊就诊者支原体感染及培养结果分析

王潇,罗才会,李春花,李雪茹,王有为,雍刚  
四川省人民医院,610000

**目的** 探讨皮肤性病门诊就诊患者泌尿生殖道支原体的感染情况及常用药物敏感性的特征,为临床诊断及合理用药提供依据。

**方法** 采用解脲支原体(Uu)和人型支原体(Mh)分离培养、鉴定、药敏试剂盒对 2018 年 1-12 月本院性病门诊就诊患者的泌尿生殖道分泌物标本进行培养、计数鉴定,同时对培养及药敏结果进行统计分析。

**结果** 共收集 486 例泌尿生殖道支原体标本,男性 338 例,女性 148 例,共检出阳性标本 168 例,总阳性率 34.57%,其中 Uu 阳性 127 例,占 75.59%,Mh 阳性 7 例,占 4.17%,Uu+Mh 混合阳性 34 例,占 20.24%。168 例阳性中,女性患者 88 例,女性患者感染率 59.46%(88/148),男性患者 80 例,男性患者感染率 23.67%(80/338),女性患者感染率高于男性,不同性别患者感染率差异有统计学意义( $\chi^2=56.294$ ,  $P<0.001$ )。年龄组感染率分布情况:20 岁以下感染率 57.14%(8/14),20~29 岁感染率 33.64%(37/110),30~39 岁感染率 31.14%(52/167),40~49 岁感染率 40.44%(55/136),50~59 岁感染率 32.50%(13/40),≥60 岁感染率 15.79%(3/19),各年龄组感染率无统计学差异( $\chi^2=9.177$ ,  $P>0.05$ )。单一 Uu 感染,对强力霉素(90.55%)、美满霉素(95.28%)、克拉霉素(81.89%)、交沙霉素(72.44%)、罗红霉素(61.42%)、阿奇霉素(59.84%)具有较高的敏感性,对诺氟沙星(98.43%)、环丙沙星(98.43%)、氧氟沙星(98.43%)、司帕沙星(97.64%)、左氧氟沙星(90.55%)、壮观霉素(87.4%)耐药率较高;单一 Mh 感染,对强力霉素(100%)、美满霉素(100%)、交沙霉素(85.71%)敏感性较高,对其他抗菌药均有较高的耐药率。Uu+Mh 混合感染时,对强力霉素(82.36%)及美满霉素(79.41%)敏感性较高,对其他抗菌药物的耐药率均较高。

**结论** 本地区性病门诊患者泌尿生殖道支原体感染以 Uu 感染为主,建议临床医生对支原体感染患者用药前选择进行支原体分离培养及药敏试验,根据药敏试验结果用药,对于无条件或未做药敏试验的支原体感染者,建议选择强力霉素和美满霉素对支原体敏感性较高的抗菌药物作为支原体治疗的首选药物。

## PU-5130

### Testing environment conditions can produce false-positive results in Galactomannan testing

Huaguo Xu,Lou Jiang-Fang,Shen Dan-Ting  
Jiangsu Province Hospital

**Objective** Galactomannan (GM) testing is a useful test for the decision making for early drug administration in patients with suspected fungal infections. However, the false-positive rate in GM testing is usually high.

**Methods** GM Test was performed under different environmental conditions. Fungal cultures were done in random air and in strictly sterilized environment, and fungal species were identified.

**Results** In the random air (general work) environment, the GM positive rate was 3.38% with the positive predictive value (PPV) of 29.6%. The sensitivity of GM test in diagnosing fungal infection

was 63.0% while specificity was 40.9%. In the strict sterilized environment, the GM positive rate was 3.94% with the PPV of 58.7%. The sensitivity and specificity was 79.4% and 34.5%, respectively. Air culture and microorganism identification showed that random contamination by *Aspergillus* spp contributed to strong false-positive results, *Mucor* spp contributed to moderate false-positive results, and *Bacillus subtilis* contributed to mild false-positive results.

**Conclusions** Random contamination of the testing environment by *Bacillus subtilis*, *Aspergillus* spp and *Mucor* spp is an important cause of false-positive results in GM testing which can be improved by using disinfected and sterilized testing environment.

## PU-5131

### 联合检测血清降钙素原与超敏 C-反应蛋白对鉴别 产妇细菌感染性发热的临床价值

韩璐,李慧,于腾,赵希芹  
青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 探讨联合检测血清降钙素原(PCT)和超敏 C-反应蛋白(hs-CRP)对鉴别产妇细菌感染性发热的意义。

**方法** 选取青岛大学附属医院 2018 年 4 月至 2019 年 4 月收治的 100 例剖腹产后发热产妇为研究对象,年龄在 25-32 岁,收集背景信息,排除其它疾病及相关干扰因素。采用回顾性分析方法,根据最终确诊诊断分为细菌感染组、非细菌感染组,检测各组产妇的血清 PCT 及 hs-CRP。运用 SPSS21.0 软件对实验结果进行统计分析。

**结果** 细菌感染组产妇血清 PCT 水平明显高于非细菌感染组产妇( $P<0.05$ ),差异有统计学意义;细菌感染组产妇血清 hs-CRP 水平与非细菌感染组产妇分布差异无统计学意义( $P>0.05$ );细菌感染组产妇血清 PCT 及 hs-CRP 同时升高的比例明显高于非细菌感染组产妇( $P<0.05$ ),差异有统计学意义。

**结论** 联合检测 PCT 和 hs-CRP 可以很大程度上提高产妇细菌感染诊断的敏感度、特异度、准确率。联合检测 PCT、hs-CRP 有助于早期鉴别产妇细菌感染和非细菌感染性发热,对指导治疗有重要意义。

## PU-5132

### 浅谈浆膜积液细胞学技术基层医院推广问题与思考

耿立,段爱军  
河南信合医院

**目的** 随着检验医学日新月异的快速发展,伴随着检验仪器的全自动化,检验新技术、新项目应运而生、层出不穷。一些手工显微镜的技术滞后全自动化仪器的今天,已跟不上时代的潮流,慢慢被“淘汰”。传统的骨髓细胞形态检查,与特殊细胞化学染色、流式细胞检测和相应融合基因检测相辅相成,不断在临床检验与诊断中焕发着蓬勃的生机,而与之相近的浆膜积液细胞学技术,由于以下多种因素而无法全面推广:

**方法** 1、检验人员相关专业知识和技能不足

2、阳性率不高,容易漏检

3、科室不重视

4、细胞学收费低,人员配置短缺

5、和病理科组织病理学技术有交叉

**结果** 1、检验人员需要培养吃苦耐劳、发奋进取的精神

- 2、创造良好学习环境
- 3、加强与临床沟通
- 4、网络教学、细胞平台、微课堂学习交流

**结论** 浆膜积液细胞学在整个检验专业技术和临床知识层面要求较高,需要检验人员投身其中,深入挖掘多彩多姿的细胞变化,结合临床才能获得一份完整的高质量检验结果,对患者疾病进展早发现,早治疗,为临床诊疗和患者健康保驾护航!

PU-5133

## 凝血功能与 D-二聚体对严重创伤、多发骨折患者的临床诊断价值分析

赵鹏飞,程婧  
丹东市第一医院,118000

**目的** 探讨凝血功能与 D-二聚体对严重创伤、多发骨折患者的临床诊断价值。

**方法** 随机选取 2018 年 1 月至 2019 年 1 月期间笔者所在医院接收的 44 例严重创伤、多发骨折患者,作为本研究的观察组,创伤严重程度评分 (ISS) > 25 分,男:女=31:13,平均年龄 (39±6) 岁,采集其空腹静脉血标本 2mL 置入 1:9 柠檬酸钠的真空抗凝管,使用全自动血凝分析仪检测 D-二聚体(D-D)、纤维蛋白原(Fbg)、凝血酶时间(TT)、凝血酶原时间(PT)及活化部分凝血活酶时间(APTT),并与同一时期于我院进行健康体检的正常对照组 44 例的结果进行比较,使用 SPSS20.0 统计学软件对数据作处理。

**结果** 观察组的 D-D 为 (1.1±0.7) mg/L, Fbg 为 (4.7±0.4) g/L, PT 为 (13.9±0.8) s, 均明显高于健康对照组 (P<0.05 或 P<0.01); 而 TT 为 (17.5±4.0) s, APTT 为 (36.7±4.1) s, 与健康对照组比较无明显的差异 (P>0.05)。

**结论** 在严重创伤、多发骨折患者中,其 D-二聚体、纤维蛋白原水平明显较正常人异常升高,凝血酶时间明显延长,这些指标的异常变化可对临床评估病情提供一定的参考,指导临床治疗。

PU-5134

## Prevalence of Hepatitis B and C Viral Infections in Patients with Autoimmune Disease in the Chinese Population

Bingru Lu

Clinical Laboratory, Shandong Provincial Hospital Affiliated to Shandong University, 324 Jingwu road, Jinan 250021, People's Republic of China

**Objective** In order to study the prevalence of hepatitis B and C viral infections in patients with autoimmune disease (AD), and to discuss the interplay between them, we retrospectively investigated the prevalence of hepatitis B and C virus in 974 inpatients with AD, as well as 5912 healthy controls.

**Methods** Positive rates of hepatitis B surface antigen (HBsAg), hepatitis B core antibody (HBcAb), and anti-hepatitis C virus antibody (anti-HCV) were analyzed.

**Results** The positive rate of HBsAg in patients with AD (1.85%) was lower than in the control (3.10%). As expected, the prevalence of HBcAb in patients with AD (20.32%) was lower than in the control (33.02%). The proportion of patients with AD with positive anti-HCV antibody (1.24%) was higher than the control (0.58%).

**Conclusions** In conclusion, Patients with active or past HBV infection may have a lower risk of developing AD. In contrast, HCV infection may be a risk factor for developing autoimmunity.

PU-5135

## 军队医院检验科面临的挑战和应对策略

赵强元

解放军总医院第六医学中心

**目的** 探讨技术进步和临床、患者需求的演变、国家统筹医疗资源配置布局政策导向变化和检验专业院校教育类别的调整等对检验科的影响

**方法** 分析技术进步和临床、患者需求的演变、国家统筹医疗资源配置布局政策导向变化和检验专业院校教育类别的调整等的现状，并提出相应对策

**结果** 1、专业学会组织积极向国家部委呼吁改进当前检验专业院校教育类别，仍然回归到医类。2、转变理念，以强烈的危机意识顺应技术变革的发展趋势。3、如检验资源区域化设置的政策导向无法扭转，在科学化配置资源和优化流程方面仍大有可为。4、不断提高医学检验从业者结合临床的知识服务能力。

**结论** 做为军队医院检验科，除了从行业和技术层面需要应对上述的挑战外，还要聚焦保障打赢的主责主业，在军队编成规模和力量调整改革的大背景下，集中优势人力和资源提升医、教、研工作质量

PU-5136

## CLR 信号通路相关基因在结核病患者外周血单个核细胞中的表达与临床意义研究

张贤涛,李珣,洪国舜

厦门大学附属第一医院

**目的** 研究 CLR 信号通路相关基因在结核病患者外周血单个核细胞中的表达与临床意义。

**方法** 运用 RT - qPCR 技术，以 TB 的活跃性进展者、LTBI、非结核肺部感染者和健康者为研究对象，研究 CLR 信号通路中相关受体和关键信号分子 PKC- $\delta$  在外周血单个核细胞中表达量的差异和临床意义。

**结果** PKC- $\delta$  mRNA、Mincle mRNA 和 MCL mRNA 在健康人和活跃性 TB 患者之间表达存在显著性差异 ( $P < 0.0001$ 、 $P < 0.05$ 、 $P < 0.001$ )，联合检测三者对于区分健康人和活跃性 TB 患者具有很高的诊断价值 ( $AUC = 0.989$ ，约登指数 =  $0.85$ ， $P < 0.0001$ )。PKC- $\delta$  mRNA 和 Mincle mRNA 在非结核肺部感染者和活跃性 TB 患者之间表达存在显著性差异 ( $P < 0.01$ 、 $P < 0.05$ )，联合检测两者对于区分非结核肺部感染者和活跃性 TB 患者具有中等的诊断价值 ( $AUC = 0.780$ ，约登指数 =  $0.55$ ， $P = 0.0002$ )。PKC- $\delta$  mRNA 在 LTBI 和活跃性 TB 患者之间表达存在显著性差异 ( $P < 0.05$ )，具有区分 LTBI 和活跃性 TB 患者临床诊断价值 ( $AUC = 0.670$ ，约登指数 =  $0.40$ ， $P = 0.0197$ )。

**结论** 联合应用 PKC- $\delta$  mRNA、Mincle mRNA 和 MCL mRNA 检测区分健康人和活跃性 TB 患者的诊断效能优于单独使用 PKC- $\delta$  mRNA，具有潜在的临床诊断价值。

## PU-5137

## 尿糖、尿微量白蛋白联合检验在糖尿病早期肾损伤诊断中的应用

丁娟,张义,傅善基  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 分析尿糖、尿微量白蛋白联合检验在糖尿病早期肾损伤诊断中的应用效果。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月~2019 年 1 月我院 46 例糖尿病早期肾损伤患者的资料, 将其作为研究组。回顾性分析同期于我院进行体检的 46 例健康对象资料, 将其作为对照组。两组研究对象均接受尿糖、尿微量白蛋白联合检验, 对比两组尿糖与尿微量白蛋白指标差异与阳性率。

**结果** 在尿糖与尿微量白蛋白指标对比中, 研究组显著高于对照组, 对比差异具有统计学意义 ( $P<0.01$ )。在尿糖与尿微量蛋白阳性率对比中, 研究组阳性率显著高于对照组, 对比差异具有统计学意义 ( $P<0.01$ )。

**结论** 尿糖、尿微量白蛋白联合检验在糖尿病早期肾损伤诊断中具有显著的应用价值, 值得临床推广。

## PU-5138

## Effect of GAPDS overexpression on high glucose-induced oxidative damage

Jie Liu,Liping Yang,Lei Gong ,Yuanyuan Gu,Yilin Wang,Chengming Sun,Yuanyuan Hou  
Yantai Yuhuangding Hospital

**Objective** The occurrence of infertility in diabetic patients is attributed to oxidative damage of peroxidized products. High glucose-induced mitochondrial oxidative stress and glycolytic enzyme inactivation is considered to be an important mediator for sperm dysfunction.

**Methods** In this study, we successfully constructed TM3-GAPDS stable strain and investigated the role of sperm specific glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDS) on high glucose-induced apoptosis in TM3 cells.

**Results** High glucose decreased the protein expression of SOD2 and catalase, while the level of intracellular ROS and the apoptosis - related protein increased in TM3 cells. Furthermore, high glucose-induced oxidative stress and apoptosis were reversed by GAPDS overexpression or antioxidant treatment.

**Conclusions** In conclusion, our data suggest that GAPDS overexpression antagonize high glucose-induced apoptosis by controlling ROS accumulation in TM3 cells.

## PU-5139

## 凝血功能数据对疾病辅助诊断意义的探究

滕济森,邵明希,曹文俊  
复旦大学附属眼耳鼻喉科医院,200000

**目的** 探究复旦大学附属眼耳鼻喉科医院病人纤维蛋白原 (FIB) 数据的总体变化趋势。

**方法** 选取 2019 年 4 月复旦大学附属眼耳鼻喉科医院所有病人凝血功能数据 5050 例。凝血数据均采集于 STA-GO 凝血分析仪。对于病人所有的血凝报告根据病种进行分类并进行数据统计研究。

**结果** 在 5050 例凝血报告中, 总体均数为 3.08mg/L, 病种为白内障的患者共 875 例, 其 FIB 均数为 3.32mg/L, 并且在大于 4mg/L 的值中, 白内障患者占其总数的 25%, 突发性耳聋患者共 51 例, 其 FIB 均数为 1.96mg/L, 喉癌患者共 33 例, 其 FIB 均数为 4.24mg/L, 急性会厌炎患者共 33 例, 其 FIB 均数为 4.31mg/L, 屈光不正患者共 295 例, 其 FIB 均数为 2.74mg/L。数据以屈光不正患者均数作为参照, 白内障患者, 喉癌患者以及急性会厌炎患者的 FIB 在患病期间, FIB 值升高显著, 且喉癌患者于急性会厌炎患者的 FIB 均数均大于正常值上限, 突发性耳聋患者在患病期间 FIB 值显著降低并低于正常值下限。

**结论** FIB 的测定值在不同疾病的情况下会出现相应的人群均数的偏移。并且在特定的疾病下, 例如急性会厌炎、喉癌、突发性耳聋等, 偏移的状况会十分显著, 有辅助诊断的作用。与常规的其他特异性指标数据联动, 进行主成分分析可以使得对疾病诊断以及病程诊疗的状况更为精准, 以达到精准医疗目的。

## PU-5140

### 一例从乳腺炎脓液分离的克氏棒状杆菌 的错误鉴定及案例分析

许竹生, 熊星云  
四川省大竹县人民医院

**目的** 了解从乳腺炎脓液分离的克氏棒状杆菌 (克罗彭施泰特棒状杆菌, *Corynebacterium kroppenstedtii*) 导致肉芽肿性乳腺炎 (granulomatous mastitis, GM) 的临床特征, 为微生物实验室培养鉴定及临床诊治提供帮助。

**方法** 收集到的同一患者 2 份乳腺炎脓液穿刺液标本接种于血琼脂平板及厌氧琼脂平板, 对平板生长的细菌做革兰氏染色, 并对细菌进行常规生化鉴定, 质谱鉴定, 和 16S rRNA 核酸序列测定。

**结果** 生化鉴定为极小棒状杆菌, 质谱鉴定为克氏棒状杆菌, 16S rRNA 核酸序列测定为克氏棒状杆菌。

**结论** 克氏棒状杆菌生长缓慢, 传统生化反应鉴定错误, 应用新技术工具质谱技术或基因组测序可以得到准确的结果。根据准确的细菌鉴定及药敏结果有利于指导临床选择合适的治疗方案包括手术和使用抗生素等。

## PU-5141

### 以眼部标本为例谈谈临床微生物室与临床的交流

邱宗文  
陆军军医大学 (第三军医大学) 第二附属医院

**目的** 感染性眼病是眼科的常见病和多发病, 由细菌和真菌引起的眼部感染是常见致盲因素之一, 通过眼部标本细菌学检验阳性率的提升来促进实验室与临床的沟通交流, 实现实验室工作的持续改进。

**方法** 因棉签具有吸附作用, 眼分泌物量很少时, 将过去习惯用棉签采集眼分泌物, 调整为尽可能改用刮勺留取。刮勺取眼分泌物时, 刮取的量也会多一些, 而且减少了标本浪费。由于丝状真菌与组织贴合紧密, 最好用刮勺从溃疡底部和边缘取材。实验室人员去眼科对医生进行眼部标本接种和涂片的培训, 当刮勺取好标本后, 就用刮勺立即接种在相应培养平板上, 或再取标本直接涂片。一般细菌培养接种血平板+巧克力平板, 真菌接种 SDA 平板, 一般不用肉汤增菌, 个别眼内穿刺液量极少时才用肉汤增菌, 临床医生将接种好的平板或涂片及时送实验室。一般细菌培养接种血平板



+巧克力平板, 阴性培养 3 天; 真菌培养接种 SDA 平板, 阴性培养 5 天; 如接种肉汤, 则增菌 24-48h 后转种平板。邀请眼科医生到实验室观察自己接种平板中的菌落生长情况。

**结果** 眼部标本用刮勺床旁接种或涂片结果为: 培养标本 48 份、阳性 10 例、分离阳性率为 20.8%, 分离病原体有铜绿假单胞菌 2 例、溶血葡萄球菌 2 例、粪肠球菌 1 例、肺炎链球菌 1 例、肺炎克雷伯菌 1 例、枯草芽孢杆菌 1 例、烟曲霉菌 1 例、尖端赛多孢子菌 1 例; 细菌涂片 19 份, 镜检阳性 3 份。

**结论** 直接用刮勺床旁接种后, 眼部标本培养和涂片阳性率得到了明显大幅度提高, 而且分离病原菌的种类也明显多样化, 也减少了因肉汤增菌后带来的定植菌污染问题, 对眼部感染性疾病的诊断打开了新视野。

## PU-5142

### 人体血液中的微生物检测

王庆忠, 刘学杰, 王敬华, 陈蓉, 葛平, 徐蓉, 张敏敏, 夏启航, 钱诚凯, 崔琳  
上海市临床检验中心

**目的** 通过文献检索, 评估人体血液微生物群现状。

**方法** 采用血液、微生物、细菌、真菌、检测等中英文关键词, 检索 WEB of SCIENCE、PUBMED、万方、中华知网等主要数据库, 查找 2010 年-至今的文献。

**结果** 共检索到相关文献 153 篇, 其中核心文献 35 篇。通过分析归纳, 二十一世纪以来, 随着基因测序、生物信息学、大数据等现代技术手段在微生物研究中的应用, 推动了人类微生物组学的高速发展。人体皮肤、呼吸道、消化道、生殖系统等部位共生的微生物群落数量庞大。据报道, 在成人人体表面和内部的微生物细胞估计是人类自身细胞的 10 倍, 占人类体重的 1%~2%。如人类肠道中有大约 1000 多种、10 亿多个细菌, 编码了至少 300 万种基因, 是人类基因组的 150 余倍, 构成了一个复杂的微生物生态系统, 该系统的稳定和平衡是人体健康的保证。这些技术应用于人体血液与微生物的关系研究, 颠覆了正常人体血液无菌的固有观念。Paëisse 等采用 PCR 法检测 16s DNA, 对来自法国国家采血中心库的 30 份健康血样进行了微生物组分析。得出总细菌 DNA 93.74%存在于白细胞层, 6.23%红细胞层, 0.03%在血浆层。这些微生物在门水平上, 80%以上变形杆菌门 (Proteobacteria), 其他还包括放线菌 (Actinobacteria)、硬杆菌 (Firmicutes) 和拟杆菌 (Bacteroidetes)。Panaiotov 采用电子显微镜 (TEM)、分离培养和 16s DNA 测序技术分析保加利亚的 28 份健康血液样本。在培养和未培养的样本中, 鉴定了出细菌 15 门 47 个目和真菌 2 门 39 个目。徐敏等利用深度测序的方法对重庆地区 5,000 人份健康无偿献血者标本进行了宏基因组学分析, 通过深度测序将获得的 1.23 Gb 的数据, 其中包括 2,146,844 个有效读长, 去除人类 DNA 背景后, 结果显示属于病毒、寄生虫、细菌, 其中细菌的片段 47 条。这些细菌涵括大肠埃希菌、假单胞菌、肠杆菌、丙酸杆菌、链球菌、不动杆菌等临床常见病原群。

**结论** 在正常血液中发现的微生物, 大部分以 DNA 片断的形式呈现。这主要是因为微生物在体内以可生长培养、潜伏状态和死亡等三种形式存在。临床检测以分离纯化培养为基础, 检测的目标以第一种状态为主, 且一般以优势菌为研究对象, 对潜伏感染的研究较少。对血液样本的所有菌群的全局化检测显得十分必要。

## PU-5143

## 山东地区不同性别、年龄人群血清小而密低密度脂蛋白胆固醇水平调查分析

刘芳,刘义庆  
山东省立医院,250000

**目的** 调查山东地区不同性别、年龄人群血清小而密低密度脂蛋白胆固醇水平。

**方法** 选择 8275 例来自山东地区的健康体检者为研究对象。采用酶法检测研究对象血清小而密低密度脂蛋白胆固醇 (sdLDL-C) 水平, 分析不同年龄、性别的人群中 sdLDL-C 水平的检测结果。

**结果** 8275 例体检者血清 sdLDL-C 水平的总体变化呈现呈先上升后下降的趋势。不同性别体检者中, 血清 sdLDL-C 水平均呈先上升后下降的趋势, 18~29 岁、50~59 岁、60~69 岁、70~79 岁组女性体检者的血清 sdLDL-C 水平高于男性体检者 ( $P < 0.05$ )。男性体检者中, 7~17 岁、18~29 岁、30~39 岁组体检者血清 sdLDL-C 水平依次升高, 50~59 岁、60~69 岁、70~79 岁组血清 sdLDL-C 水平依次降低 ( $P < 0.05$ )。女性体检者中, 7~17 岁、40~49 岁组血清 sdLDL-C 水平分别低于第 18~29 岁、50~59 岁组, 50~59 岁、60~69 岁、70~79 岁组血清 sdLDL-C 水平依次降低 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 山东地区人群中的血清 sdLDL-C 水平存在性别和年龄差异。

## PU-5144

## 尿 NAG、NGAL、 $\beta_2$ -MG 和血清 CYSC 联合检测诊断妊娠性高血压肾损伤的价值

孙昌瑞  
四川省人民医院,610000

**目的** 探讨尿 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白和血清胱抑素联合检测对妊娠性高血压早期妊娠性高血压的诊断价值。

**方法** 选取 2017 年 1 月~2019 年 1 月在本科住院的 147 例妊娠性高血压患者设为疾病组, 另选同期 50 例正常妊娠妇女设为正常妊娠组, 50 例体检正常妇女设为对照组, 采用免疫透射比浊法测定中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白、酶法检测 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、免疫散射比浊法检测  $\beta_2$ -微球蛋白和胶乳增强免疫透射比浊法检测胱抑素 C, 并对三组各指标进行比较。

**结果** ①疾病组的尿 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白和血清胱抑素水平高于对照组和正常妊娠组 ( $P < 0.05$ ), 而正常妊娠组的尿 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白和血清胱抑素和对照组无显著性差异 ( $P > 0.05$ ); ②疾病组的尿 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白、 $\beta_2$ -微球蛋白和血清胱抑素阳性率高于对照组和正常妊娠组 ( $P < 0.05$ ), 而正常妊娠组和对照组无显著性差异 ( $P > 0.05$ ); ③中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白、N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、 $\beta_2$ -微球蛋白和血清胱抑素对妊娠性高血压肾损伤诊断灵敏度分别为 66.67%、60.54%、48.3%和 53.06%, 四种指标联合检测的灵敏度为 80.27%。

**结论** 中性粒细胞明胶酶相关性载脂蛋白对妊娠性高血压肾损伤诊断灵敏度最高, 若与 N-乙酰- $\beta$ -D-氨基葡萄糖苷酶、 $\beta_2$ -微球蛋白和血清胱抑素联合检测, 可提高对妊娠性高血压早期肾损伤的阳性检出率, 有利于临床早期诊断妊娠性高血压肾损伤。

## PU-5145

## 对于同类型病种分布的不同院区的血常规比较的探究

滕济森,韩建平,邵明希,曹文俊  
复旦大学附属眼耳鼻喉科医院,200000

**目的** 探究复旦大学附属眼耳鼻喉科医院汾阳分院与浦江分院两院在同类型病种下的病人血常规中 RBC、HGB、WBC 和 PLT 总体分布趋势。

**方法** 选取 2019 年 4 月复旦大学附属眼耳鼻喉科医院所有病人的血常规数据,其中汾阳院区为 5739 例,浦江分院为 2789 例。数据均采集于两院的 Sysmex-XN1000 血常规分析仪,为同一型号。随后将二者的血常规数据进行统计并分析对比。

**结果** 汾阳院区的血常规均值 RBC 值为  $4.51 \times 10^{12}/L$ 、HGB 值为 135.18g/L、WBC 值为  $6.31 \times 10^9/L$ 、PLT 值为  $229.3 \times 10^9/L$ ,浦江院区的 RBC 值为  $4.39 \times 10^{12}/L$ 、HGB 值为 130.32g/L,白细胞值为  $5.74 \times 10^9/L$ ,PLT 值为  $228.8 \times 10^9/L$ 。浦江院区由于单独存在放疗科的原因,HGB 与 WBC 总体数据趋势明显较汾阳院区左移。在撇去放疗科数据干扰后,浦江院区的 HGB 修正值为 133.92g/L,WBC 的修正值为  $6.47 \times 10^9/L$ 。两者的数据趋势呈大致重叠状况。

**结论** 在病人病种分布趋势趋近的情况下,血常规数值也呈趋近的状态,与地点无关联。在有其他病种的干扰下,将会出现特定的数值出现相关性的偏移。

## PU-5146

## 临床实验室生化自动审核系统的建立及应用

王晶莹,李密阳  
吉林大学中日联谊医院

**目的** 自动审核是计算机根据实验室建立的一组预定边界或规则,执行检验结果的初步审核和验证而不需要人工干预的过程。自动审核从实验室信息系统(LIS)中的基本规则发展到以中间件软件为主的广泛而复杂的规则,精心设计的自动审核系统是解决医疗人员的短缺、测试周转时间的降低、操作效率的提高的重要工具。本实验室依照美国临床实验室标准化协会 2010 年发布的 AUTO10-A《临床实验室检验结果的自动审核》批准指南和医学实验室质量和能力认可准则 ISO15189:2012 的最新要求,应用美国贝克曼生化免疫全自动流水线中间件(DM2),设建立一套适合本实验室常规生化检测项目的自动审核规则,自动审核规则包含以下七个验证标准:内部质量控制、仪器警告、样品状态、参考限值、临床数据、参数之间的一致性和结果的验证。

**方法** 收集吉林大学中日联谊医院的门诊及住院患者 2017 年 1 月至 2017 年 12 月 219882 份常规化学标本应用建立的自动审核的规则,包含质控品和质控规则、

自动审核范围确认规则、标本状态规则、仪器状态判断规则、危急值审核规则、历史数据比对规则、逻辑条件审核规则,评估自动审核的通过率,并同时对该批样本进行人工审核,评估自动审核和人工审核的符合率。检测系统为美国贝克曼库尔特生化免疫自动化流水线、包括自动进出样模块、2 个离心模块、1 个血清探测模块,1 个去盖模块、美国贝克曼库尔特 DXI800 化学发光生化分析仪 2 台、美国贝克曼库尔特 DXC800 全自动生化生化分析仪 2 台、美国贝克曼库尔特 AU5821 全自动生化生化分析仪 2 台、加盖模块、在线储存模块(5440 管)、去盖模块。信息系统为实验室的 lis 系统、美国贝克曼生化免疫自动化流水线 DM2 中间件系统。

**结果** 对于收集的 219882 份常规化学标本,自动审核的通过率为 46.6%,自动审核和人工审核的符合率为 99.99%。

**结论** 建立一套适合本实验室常规生化检测项目的自动审核规则,可以缓解人工审核的压力,减少人工审核的差错率,对 TAT 的提高有明确的意义,随着审核规则设置经验的不断累积,规则的不断更新和优化,临床实验室的自动化审核系统会更为完善、规范、标准、实用。

## PU-5147

### Identification of mutations in the ATP7B gene in children with wilson's disease

jiuxiang Wang,Kaiquan Huang  
The First Affiliated Hospital of Anhui University of Chinese Medicine

**Objective** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive disorder mainly of hepatocellular copper disposition, due to mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. Its clinical disease is highly diverse and can cause fatal neurological and hepatic disease if not diagnosed and treated. In this study, nine children cases of WD were clinically characterized (3 children present with hepatic disease and 2 with neurologic degeneration). We performed Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B. A total of 10 different disease-causing mutations were identified, including 2 novel missense mutations (p.Leu1382Ile, p.Cys1079Phe). We then applied I-TASSER and iGEMDOCK to assess new variants for probable functional impacts. This study has enriched the mutation spectrum of the ATP7B gene in children and can serve as the basis for genetic counseling and clinical/prenatal diagnosis to prevent WD in China.

**Methods** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive disorder mainly of hepatocellular copper disposition, due to mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. Its clinical disease is highly diverse and can cause fatal neurological and hepatic disease if not diagnosed and treated. In this study, nine children cases of WD were clinically characterized (3 children present with hepatic disease and 2 with neurologic degeneration). We performed Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B. A total of 10 different disease-causing mutations were identified, including 2 novel missense mutations (p.Leu1382Ile, p.Cys1079Phe). We then applied I-TASSER and iGEMDOCK to assess new variants for probable functional impacts. This study has enriched the mutation spectrum of the ATP7B gene in children and can serve as the basis for genetic counseling and clinical/prenatal diagnosis to prevent WD in China.

**Results** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive disorder mainly of hepatocellular copper disposition, due to mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. Its clinical disease is highly diverse and can cause fatal neurological and hepatic disease if not diagnosed and treated. In this study, nine children cases of WD were clinically characterized (3 children present with hepatic disease and 2 with neurologic degeneration). We performed Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B. A total of 10 different disease-causing mutations were identified, including 2 novel missense mutations (p.Leu1382Ile, p.Cys1079Phe). We then applied I-TASSER and iGEMDOCK to assess new variants for probable functional impacts. This study has enriched the mutation spectrum of the ATP7B gene in children and can serve as the basis for genetic counseling and clinical/prenatal diagnosis to prevent WD in China.

**Conclusions** Wilson Disease (WD) is an autosomal recessive disorder mainly of hepatocellular copper disposition, due to mutations in the copper-transporting P-type ATPase (ATP7B) gene. Its clinical disease is highly diverse and can cause fatal neurological and hepatic disease if not diagnosed and treated. In this study, nine children cases of WD were clinically characterized (3 children present with hepatic disease and 2 with neurologic degeneration). We performed Sanger sequencing of exons and flanking intron-exon boundaries of ATP7B. A total of 10 different disease-causing mutations were identified, including 2 novel missense mutations (p.Leu1382Ile, p.Cys1079Phe). We then applied I-TASSER and iGEMDOCK to assess new variants for probable

functional impacts. This study has enriched the mutation spectrum of the ATP7B gene in children and can serve as the basis for genetic counseling and clinical/prenatal diagnosis to prevent WD in China.

## PU-5148

### 性病门诊 3303 例就诊患者 HPV 检测结果分析

李春花,罗才会,王有为,李雪茹,雍刚  
四川省人民医院,610000

**目的** 了解性病门诊就诊患者人乳头瘤病毒(Humanpapillomavirus, HPV)感染情况、亚型分布及不同性别分布特征。

**方法** 采用导流杂交基因芯片技术对 2018 年 3303 例性病门诊就诊者进行 HPV 的 21 种分型检测。

**结果** 在 3303 例检测标本中, HPV 阳性有 1802 例(54.56%), 其中男性阳性率为 53.26%(1119/2101), 女性阳性率为 56.82%(683/1202), 两者比例差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。1802 例阳性结果中, 单一型 HPV 亚型感染 1053 例占 58.44%, 多重型 HPV 感染 749 例占 41.56%; 主要 HPV 型别: 6 型(27.04%), 11 型(19.06%), 16 型(6.71%), 52 型(6.35%), 58 型(5.11%), 39 型(4.66%), 51 型(4.36%)。男性阳性患者中, 多重型感染率为 37.53%(420/1119), 高危型感染率为 42.45%(475/1119); 女性阳性患者中, 多重型感染率为 48.17%(329/683), 高危型感染率为 60.18%(411/683); 女性多重感染的比例高于男性, 两者比例差异有统计学意义( $P < 0.001$ ); 男女性 HPV 高危型以 16, 58, 52, 51 亚型为主, 女性高危型 HPV 感染性率明显高于男性, 两者间感染率有统计学差异( $P < 0.001$ )。749 例多重 HPV 亚型混合感染者中, 以二重感染最为常见, 占 57.94%(434/749), 三重及以上感染 315 例占 42.06%(315/749), 组合方式主要以低-高危型为主。HPV 感染年龄分布以  $>60$  岁年龄段感染率最高, 为 63.57%(82/129), 其次是  $\leq 20$  岁 61.58%(117/190), 而后是 51~60 岁 60.40%(122/202), 41~50 岁 53.77%(257/478), 21~30 岁 53.58%(770/1437), 31~40 岁 52.49%(454/865), 各年龄组感染率之间有统计学差异( $P < 0.05$ )。

**结论** 性病门诊尖锐湿疣患者感染 HPV 型别以单一型和低危型为主, 主要流行型别为 HPV6, 11, 16, 52, 58, 39, 51 型。感染人群趋向于老年化( $>60$  岁)和年轻化( $\leq 20$  岁), 不同型别的尖锐湿疣患者感染 HPV 的特点有差异, 男性患者以低危型别和单一型感染为主, 而女性以高危型别和单一型感染为主, 其中女性感染率比例明显高于男性。

## PU-5149

### 流感嗜血杆菌的耐药性分析及分布

姜梅杰<sup>1</sup>, 赵书平<sup>1</sup>, 陈景之<sup>2</sup>  
1. 泰安市中心医院, 271000  
2. 泰安市中医医院

**目的** 监测院内流感嗜血杆菌的耐药性及标本分布, 为临床经验治疗流感嗜血杆菌感染提供依据。

**方法** 采用纸片扩散法检测临床常用 11 种抗菌药物的敏感性, 用 WHONET5.6 分别对 2016 年院内分离的流感嗜血杆菌和 2017 年院内分离的流感嗜血杆菌的耐药率及分布进行分析。用头孢硝噻吩纸片法检测  $\beta$  内酰胺酶。

**结果** 2016 年流感嗜血杆菌对复方新诺明、氨苄西林、四环素、头孢呋辛、氨苄西林/舒巴坦、氯霉素和阿莫西林/克拉维酸的耐药率分别为 3.3%~80.9%, 2017 年分别为 5.4%~77.5%。2016 年和 2017 年  $\beta$  内酰胺酶阳性菌株 51.8% 和 57.6%。标本主要分布在儿内科病房, 其次是呼吸内科病房。96.4% 的标本来源于痰液。

**结论** 流感嗜血杆菌主要引起呼吸道感染, 临床医师根据病原菌的分布及耐药特性选用抗菌药物。

## PU-5150

## 山东地区儿童巨细胞病毒抗体检测分析

马婷婷,刘义庆  
山东省立医院,250000

**目的** 分析山东地区 0~12 岁儿童巨细胞病毒抗体的阳性特征。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2016 年 12 月在山东省立医院门诊就诊和住院的儿童患者 1429 例。用化学发光方法检测血清巨细胞病毒 IgG 和 IgM 抗体。用 SPSS21.0 软件进行统计分析。

**结果** 巨细胞病毒 IgG 抗体和 IgM 抗体阳性率分别为 89.36%和 16.59%，男性巨细胞病毒 IgG 抗体阳性率 88.04%，明显低于女性的 91.32%（ $P<0.05$ ）。男性巨细胞病毒 IgM 抗体阳性率为 14.07%，明显低于女性的阳性率 20.31%（ $P<0.05$ ）。巨细胞病毒 IgG 抗体阳性率以 6 个月~12 个月（73.68%）最低，0~6 个月年龄组最高（92.73%）；巨细胞病毒 IgM 抗体阳性率以 4 岁~12 岁年龄组最低（10.26%），1 岁~3 岁年龄组最高（21.57%）。巨细胞病毒 IgM 抗体阳性率冬季最高为 22.92%，秋季阳性率最低为 11.11%，四个季节之间阳性率差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。共检出 4 种巨细胞病毒抗体项目组合模式，以巨细胞病毒 IgG 抗体阳性、巨细胞病毒 IgM 抗体双阴性模式最多见，占 73.27%。

**结论** 山东地区 0~12 岁儿童巨细胞病毒抗体的阳性率存在性别、年龄和季节差异，应加强对儿童巨细胞病毒感染的防控。

## PU-5151

## 罕见鞘膜积液细胞学 1 例

段爱军,詹郭福,吴香云  
河南信合医院

**目的** 病人男，69 岁，5 年前无意识间发现左侧阴囊肿物约 5×3cm 大小，因无明显疼痛不适未在意，未治疗。5 年来，患者自感较前增大，且偶有行走时阴囊坠胀疼痛，在乡卫生院给予穿刺抽液治疗效果不佳。门诊查体：左侧腹沟有肿块，站立时感觉不适，以左睾丸鞘膜积液，左侧腹股沟疝收入院，患者神志清，精神尚可。

**方法** 鞘膜积液一般检查方法是直接涂片法或离心去沉渣镜检，不经过染色，易造成漏诊、误诊。通过细胞学制片技术的改进，细胞形态学可以给临床提供及时、快捷、准确的诊断依据，采用三种不同染色方法，细胞学可见脂肪滴，嗜中性粒细胞，淋巴细胞，多核巨细胞，组织细胞，巨噬细胞，精子，吞噬红细胞、吞噬白细胞、吞噬精子，聚集成团的细胞、泡沫细胞和间皮细胞，有较多红细胞。

**结果** 细胞学形态分析：苏丹 III 染色可见大量脂肪滴，提示乳糜性积液，考虑有局部淋巴管的损伤，引流不畅，可能为炎症性，或者寄生虫感染；嗜中性粒细胞不高，考虑慢性炎症；有较多红细胞和吞噬红细胞，考虑有炎症性，出血性，肿瘤性；精子，间皮细胞，组织细胞和聚集成团细胞（睾丸间质细胞），结合病史在乡卫生院给予穿刺抽液治疗效果不佳，考虑是否穿刺时穿伤精囊或睾丸所致。积极和临床医生沟通，手术中临床医生支持细胞学提示，符合临床症状。

**结论** 跟踪随访病人 5 个月，病人进行鞘膜翻转手术后无不适，身体恢复很好。该项细胞学制片和细胞学检查不需要昂贵的大型仪器，投入少，化验结果快速、准确、基层医院能够普及推广开展，为临床提供快速准确的化验结果，给临床提供鉴别诊断，避免，漏诊，误诊。使病人的病情得到早期诊断，早期治疗。

PU-5152

## 布鲁氏菌致骨质损伤一例

唐朋

陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院

**目的** 布鲁氏菌感染病例近年来在非牧区有明显的上升趋势，其感染临床表现多样化，极易造成实验室的漏检和临床的误诊误治。本文旨在总结布鲁氏菌临床分离鉴定经验，熟悉其感染流行病学特点，避免布鲁氏菌病的漏诊和误诊。

**方法** 回顾分析本单位确诊的首例布鲁氏菌致骨质损伤感染病例，总结布鲁氏菌的实验室分离鉴定经验和其感染的临床表现。

**结果** 布鲁氏菌的分离主要来自于血液、骨髓、感染组织等样本，该菌生长较慢，血培养报阳时间在 3-5 天，平板生长时间在 24-48 小时出现肉眼可见的灰白色、光滑菌落，菌体形态呈细沙样小杆菌且革兰染色着色不佳；实验室可通过触酶、氧化酶、快速脲酶均呈阳性反应对可疑布鲁氏菌进行初步鉴定，血清学可作为布鲁氏菌的确诊试验，也可通过基因测序进行菌种的鉴定，部分厂家的微生物自动化鉴定仪器可对布鲁氏菌进行鉴定，但需要实验室进一步复核结果的可靠性。

**结论** 布鲁氏菌(*Brucella*)是一类人畜共患感染性疾病的病原菌，主要以牛、羊、猪为传染源，我国主要以羊种布鲁氏菌感染为主，该菌通过体表皮肤黏膜、消化道、呼吸道侵入机体，可侵犯肝、脾、骨髓和关节等全身多个组织器官。人的感染与职业、饮食、生活习惯密切相关，骨质损伤是布鲁氏菌感染的典型临床表现之一，该菌也可致感染性心内膜炎、睾丸疼痛以及流产等并发症，感染患者多有肌肉关节疼痛、不间断发热、乏力、盗汗等多样化的临床表现。该菌因生长缓慢、临床表现多样化、感染指标不典型等特点很容易造成实验室的漏检和临床的误诊误治。临床一线工作人员需要对布鲁氏菌病有详细的了解，在接诊疑似患者时需要详细询问患者疫源接触史避免漏诊、误诊、误治，同时加强与实验室沟通，针对性对可疑患者进行相应的检查和病原菌的分离鉴定，避免实验室的漏检和工作人员职业暴露而感染。

PU-5153

## 乙肝两对半 ELISA 试剂盒性能验证

张萍,赵书利

贵州省妇幼保健院

**目的** 对贵阳市妇幼保健院免疫室所使用的由珠海丽珠试剂股份有限公司提供的乙型肝炎病毒酶联免疫（ELISA）检测试剂盒进行性能验证，以判断该试剂盒是否能够满足本实验室日常检测工作的基本要求。

**方法** 将乙肝五项血清标准物质稀释到各个浓度，以能检测出阳性结果的最低浓度作为该项目的最低检出限；用标准物质进行精密度验证（批内和批间），以变异系数（CV）评价试剂盒的精密度；对实验室参加卫生部临检中心室间质评结果进行统计，评估符合率。以试剂厂商给出的标准作为验证依据评价试剂盒的性能指标，并对试剂盒临界值进行验证。

**结果** 在精密度验证试验中，乙型肝炎表面抗原（HBsAg）、乙型肝炎表面抗体（HBsAb）、乙型肝炎 e 抗原（HBeAg）的批内精密度 CV 与批间精密度 CV 均小于试剂厂商规定的 15%；乙型肝炎 e 抗体（HBeAb）、乙型肝炎核心抗体（HBcAb）的批内精密度 CV 与批间精密度 CV 均小于试剂厂商规定的 20%。HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb 最低检出限分别为 0.2IU/ml、10mIU/ml、0.5NCU/ml、2 NCU/ml、0.5 NCU/ml，均符合厂商提供的最低检出限。准确度验证中符合率均为 100%。临界值验证试验中，检测样本 OD 值的  $X+3SD$  均符合试剂厂商提供的标准。

**结论** 本实验室所采用的乙肝两对半 ELISA 试剂盒性能均符合检测分析要求。

PU-5154

## Waardenburg Syndrome Type II in a Chinese Pedigree Caused by Frameshift Mutation in the SOX10 Gene

Li Li<sup>1</sup>, Jing Ma<sup>1</sup>, Xiaoli He<sup>1</sup>, Yu Zhang<sup>1</sup>, Quandong Chen<sup>1</sup>, Ling Zhang<sup>1</sup>, Biao Ruan<sup>2</sup>, Tiesong Zhang<sup>1</sup>

1. Kunming Children's Hospital

2. First affiliated hospital of Kunming Medical University

**Objective** Waardenburg syndrome (WS) is a congenital hereditary disease, attributed to the most common type of congenital deafness. It is also known as the hearing-pigmentation deficient syndrome. The mutation on SOX10 gene often leads to congenital deafness and has been shown to play an important role in the pathogenesis of WS. This report is to investigate one family of five members, with four patients exhibiting the classic form of WS2.

**Methods** DNA samples were detected by the technique of Whole-exome sequencing (WES).

**Results** From analysis of WES data, we found that both the mother and all three children in this family have a novel heterozygous mutation on the SOX10 gene. The mutation site was at c.298\_300delGCTinsCC in exon 2 of SOX10 (NM\_006941) causing a frameshift of nine nucleotides, hence the amino acids (p. S100Rfs\*9) alteration and possibly early termination of protein translation. No record of this mutation has been found previously in dbSNP, HGMD, 1000 Genomes Project, ClinVar and ESP6500 databases. In addition, three other candidate genes related to disease phenotype in this family, POU4F3, COL11A1, and OCA2, are found to contain a heterozygous point mutation respectively inherited from the mother.

**Conclusions** We suggest that disorders in POU4F3, COL11A1, and OCA2 may affect the regulation of SOX10 gene and indirectly promote WS2 progression.

PU-5155

## Double-hairpin probe and multi-point fluorescence aggregation -based amplification detection for miRNAs correlate with non-small cell lung cancer

Huiyan Tian

Army Medical University

**Objective** Hairpin DNA probe is especially suited for detecting miRNAs due to its high specificity, but have the weakness of sensitivity owing to the difficulty of immobilize on surface of material. The disjoint hairpin probe (hairpin probe with connected by two ends) is important improve to solve the immobilization problem that could keep the fluorescence resonance energy transfer (FRET).

**Methods** On the basis of multi-ring linked hairpin DNA probe and multi-point fluorescence aggregation technique, we developed a double-hairpin DNA probe fixed on the surface of nanoparticles for cyclic miRNAs detection.

**Results** Under the optimum conditions, the limit of detection (LOD) is 50 fM and linear range is from 1 pM to 10 uM. Importantly, the powerful discrimination abilities of the ring sequences help this method obtain the ability to distinguish between single base mutations. Moreover, this fluorescence signal amplifying also exhibits a good applicability in clinical plasma samples.

**Conclusions** The advantages of no amplification, high sensitivity and good accuracy of this developed method making it a promising strategy for clinical diagnostics.



## PU-5156

## 新生儿先天性甲状腺低下症与母孕期碘摄入量相关性研究

付艳

滨州市妇幼保健院,256600

**目的** 通过检测孕妇尿碘浓度和新生儿 FT3、FT4、TSH 含量,分析滨州市新生儿甲状腺功能与母亲孕期碘摄入量的关系。

**方法** 以 2017 年的 154 名待产孕妇及其所产新生儿作为调查对象,收集孕妇随机尿样及其所产新生儿脐带血,分别测定孕妇尿碘浓度及新生儿血清中游离三碘甲腺原氨酸(FT3)、游离甲状腺素(FT4)及促甲状腺激素(TSH)水平。对孕妇碘营养状况和新生儿甲状腺功能进行评价并分析二者之间的关系。

**结果** 孕妇尿碘水平与新生儿血清 FT3、TSH 水平无相关性( $P>0.05$ ),但与 FT4 水平呈正相关( $P<0.01$ ),碘不足孕妇所产新生儿血清 FT4 水平低于碘过量组孕妇所产新生儿血清 FT4 水平,差异具有统计学意义。

**结论** 胎儿与新生儿时期各器官系统与体内的碘含量有着密切的关系,而所有碘均来自母体碘供应,所以母孕期碘摄入量对维持新生儿体内碘平衡非常的重要。

## PU-5157

## 2016-2018 年性病门诊就诊者 HIV 抗体检测结果分析

罗才会,王有为,李雪茹,李春花,雍刚

四川省人民医院,610000

**目的** 了解性病门诊就诊者人类免疫缺陷病毒(HIV)感染状况及其流行病学特点,为防控 HIV 传播提供依据。

**方法** 采集 2016-2018 年来我院性病门诊主动检测 HIV 抗体者的血样,用金标快速检测法和酶联免疫(ELISA)法作为初筛试验,只要有一种检测出现反应性结果,采用免疫印迹试验(WB)进行确证实验,同时初筛试验阳性者留流行病学资料。

**结果** 2016-2018 年共有 11151 例就诊者主动进行检测 HIV 抗体,金标快检法结果为阳性的有 529 例(4.74%),ELISA 法结果为阳性的有 498 例(4.47%),经 HIV 确证阳性者有 496 例(4.45%),其中 2016 年检测 3402 例,确诊阳性 239 例,阳性率为 7.03%,2017 年检测 3413 例,确诊阳性 157 例,阳性率为 4.60%,2018 年检测 4336 例,确诊阳性 100 例,阳性率为 2.31%,三年的阳性检测数差异有统计学意义( $P<0.001$ )。496 例 HIV 阳性患者中男性 411 例(82.86%),女性 85 例(17.14%),男女比例为 4.8:1。HIV 抗体阳性患者以汉族为主占 91.13%,其次为藏族(5.04%);已婚阳性患者 222 例(44.76%),未婚 223 例(44.96%),离异 25 例(5.04%),丧偶 4 例(0.81%),不详 22 例(4.43%);其中年龄最小为 15 岁,最大为 81 岁,平均 37 岁, $\leq 19$  岁占 3.63%,20~29 岁占 38.31%,30~39 岁占 20.16%,40~49 岁占 13.10%,50~59 岁占 11.29%, $> 60$  岁占 13.51%;文化程度以大专/本科为主 169 例(34.07%),初中 95 例(19.15%),中专/高中 83 例(16.73%),小学 80 例(16.13%),硕士/博士 11 例(2.22%),文盲 11 例(2.22%),不详 47 例(9.48%)。阳性患者的职业主要集中为待业(23.79%),其次为商业服务业(19.96%),农民(8.67%),在职人员(6.45%),学生(6.05%),其他(35.08%);户籍主要为本省非本市 272 例(54.84%),其次为本市户籍(33.27%),外省(11.69%),不详(0.20%)。

**结论** 本地区性病门诊 HIV 感染者以青年男性为主,职业以待业、商业服务、农民为多,应加强这类高危人群的艾滋病宣传教育工作,提倡安全性行为,减少及杜绝艾滋病的传播及蔓延。

## PU-5158

**2018 年我院肺炎克雷伯菌的耐药分析研究**

孙倩倩

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 了解我院 2018 年度临床分离的肺炎克雷伯菌耐药情况,为临床合理用药提供依据

**方法** 方法采用 VITEK-2 型药敏分析仪分析药敏结果

**结果** 肺炎克雷伯菌占临床分离出的革兰阴性杆菌的首位,主要来源为痰液标本,对替加环素 100% 敏感,对其他抗生素均产生耐药,且产 ESBL 和耐碳青霉烯酶的肺炎克雷伯菌有增多的趋势。

**结论** 因此应加强医院环境、器械的消毒隔离,合理使用抗生素,及时检测致病菌,根据药敏结果使用抗生素。

## PU-5159

**凝血因子 FXII46C→T 基因多态性与心肌梗死的相关性研究**

田孟茶

泉州市第一医院,362000

**目的** 探究凝血因子 FXII 基因启动子区第 46 位核苷酸多态性和凝血因子 FXII 活性(FXII:C)与心肌梗死的相关性方法选取 39 名经诊断为心肌梗死的患者以及 15 名健康随机个体作为对照,用聚合酶链式反应(PCR)检测两组标本的凝血因子 FXII 基因的第 46 位核苷酸多态性,以及所有受试者的凝血因子 FXII 的活性。

**方法** 利用统计学方法分析凝血因子 FXII 基因第 46 位核苷酸位点的多态性和其与心肌梗死的相关性。

**结果** 通过对心肌梗死组和正常对照组凝血因子 FXII46C→T 基因多态性的检测以及对 FXII 活性的检测,得出了心肌梗死组的基因多态性 46T/T 显著高于 46C/T 和 46C/C,而且 46T/T 基因型的心肌梗死患者的 FXII 活性同样低于 46C/T 基因型和 46C/C 基因型。并且心肌梗死组的 FXII 活性低于正常对照组的 FXII 活性。结论心肌梗死患者的 46T/T 基因型显著高于 46C/T 基因型和 46C/C 基因型,由于 46T/T 基因多态性增多,导致心肌梗死患者 FXII 的活性下降,因此可以说明,46T/T 可能与心肌梗死的形成有相关性,可能是导致其血栓形成的一种易感因素。

**结论** FXII 基因的第 46 位核苷酸多态性在心肌梗死和正常对照中存在差异,心肌梗死患者的 46T/T 基因型增加,导致了其 FXII 活性下降,进而发生疾病,因此,凝血因子 FXII46C→T 基因多态性与心肌梗死存在联系,46T/T 或着 T 等位基因可能是导致心肌梗死患者血栓形成的一种易感因素。

## PU-5160

**新生儿病房产碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的分子流行特点**

赵书平,姜梅杰,张志军

泰安市中心医院,271000

**目的** 研究新生儿病房内分离出耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的分子流行特征。

**方法** 分子流行病学通过经脉冲场凝胶电泳和多位点序列分型进行研究。PCR 及测序分析耐药基因。接合试验检测碳青霉烯酶传播情况。

**结果** 对 14 株碳青霉烯酶筛选呈阳性的 CRKP 检测后发现 2 株含有 blaKPC、blaCTX-M、blaSHV 和 blaDHA 基因,12 株含有 blaKPC、blaIMP、blaCTX-M、blaSHV 和 blaDHA 基因。PFGE 分析

有 6 个谱型, MLST 分析发现 8 株是 ST1621 型克隆株, 3 株是 ST163 型克隆株、1 株 ST37 型、1 株 ST1456 型、1 株 ST1561 型。接合子中含有 *bla*IMP-4 基因。

**结论** 我们新发现的 ST1621 型耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌在该院新生儿病房流行, 是该院新生儿病房耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌重要的 ST 类型。表明医院环境是发生传播重要因素。

## PU-5161

### 本院呼吸道标本和非呼吸道标本分离 的肺炎链球菌药敏分析

罗岚

四川大学华西医院, 610000

**目的** 对本院呼吸道标本和非呼吸道标本分离的肺炎链球菌进行回顾性药敏分析, 为侵袭性肺炎链球菌疾病和非侵袭性肺炎链球菌疾病的临床合理用药提供可靠依据。

**方法** 收集自 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日从本院门诊及住院患者各标本分离的肺炎链球菌菌株, 剔除同一患者相同部位的重复分离菌株。标本的采集、细菌的分离培养根据《全国临床检验操作规程》第 3 版进行操作, 培养后细菌采用法国梅里埃公司 VITEK-2Compact 全自动微生物分析仪进行鉴定及药敏试验, 并采用 2016 版 CISI 标准对结果进行判读。

**结果** 379 株非重复的肺炎链球菌中大多数分离自呼吸道标本, 占 79.2% (300/379), 非呼吸道的肺炎链球菌有 39 株分离自血液, 其次是分离自分泌物, 仅有 5 例分离自脑脊液; 由于本院是除儿科以外的综合性医院, 379 株分离菌主要来自于神经外科和急诊科 (48 株 vs 35 株); 体外药敏情况, 呼吸道标本中青霉素耐药的肺炎链球菌占 8.9% (27/300), 非呼吸道标本中青霉素耐药的肺炎链球菌占 7.0% (5/79), 有 1 例分离自脑脊液的肺炎链球菌对青霉素耐药, 未发现万古霉素和利奈唑胺耐药的菌株, 其余抗生素 (包括红霉素、克林霉素、复方磺胺甲恶唑、左氧氟沙星、莫西沙星和氯霉素) 的耐药率没有显著差异。

**结论** 我院分离的呼吸道肺炎链球菌和非呼吸道肺炎链球菌药敏结果无显著性差异, 临床在对于侵袭性肺炎链球菌疾病和非侵袭性肺炎链球菌疾病选择药物抗菌谱上没有的明显区别。

## PU-5162

### C/EBPY 抑制氧化应激促进肝癌细胞增殖

娄晓丽, 赵静静, 孟俞辰, 丁夏丽, 侯彦强

上海市松江区中心医院, 201600

**目的** C/EBPY 对肝癌细胞增殖和迁移的作用机制

**方法** 细胞株肝癌细胞系 HepG2, 采用 DMEM (10% FBS) 培养基 37℃ 5%CO<sub>2</sub> 常规培养。构建 shC/EBPY-pLKO.1 腺病毒载体, 与包装载体 pMD2G, pMDLg/RE 和 pRSV/Rev 共转染 293T 细胞, 空白载体 pLKO.1 作为对照, 12~16h 后收集病毒上清感染 HepG2 细胞, 重复感染 4 次后加入嘌呤霉素 (puromycin 2μg/mL) 选择培养 48~72h 后, 将 puromycin 浓度改为 1μg/mL 维持选择, 显微镜下观察细胞状态。采用生长曲线 (0, 2, 4, 6d) 检测细胞干扰后增殖情况; 采用无血清培养基或加入 NAP 无血清培养基培养 0.5h, 1h, 3h, 6h, 12h 和 24h 后, DFH-DA 法检测 ROS 的浓度, 采用 Real-time PCR 检测氧化应激相关基因的转录水平变化; 采用划痕实验检测细胞迁移能力。

**结果** 干扰 HepG2 的 C/EBPY 后, 干扰组第 4 (shg1: 1.93±0.70; shg2: 1.28±0.40)、6 (shg1: 3.05±0.90; shg2: 1.31±0.60) 天增殖显著低于对照组 (4d: 6.18±0.80; 6d: 22.41±2.56) (p<0.05); 营养匮乏状态下, 干扰组细胞活性氧 (ROS) 水平与对照度相比明显升高; 干扰组

氧化应激相关基因 (HPRT1, NQO1-tv2 和 NQO1-tv4) 的转录水平在缺乏营养培养 12h 和 24h 后明显升高; 划痕实验显示 72h 干扰组 (shg1 : 174922.5824±1239376 ; shg2 : 1374656±248882.7874) 非愈合面积显著高于对照组 (66690.824±1278954) ( $p<0.05$ ); 加入抗氧化剂 NAP 后, C/EBPY 组 6h 细胞增殖率明显提高, 0.5h, 1h 和 3h 细胞活性氧水平显著降低 ( $p<0.05$ )。

**结论** C/EBPY 干扰后, 细胞增殖和迁移明显抑制, 营养匮乏状态下干扰组细胞活性氧水平和氧化应激相关基因明显升高, NAP 能部分改善细胞的缺氧状态和增殖率。

## PU-5163

### 非小细胞肺癌患者与 IscU 中的相关性研究

孙倩倩

青岛大学医学院附属医院, 266000

**目的** 当今社会, 在中国, 肺癌、胃癌、肝癌、食管癌是发病率最高的 4 大癌症, 这些癌症的发病率约为所有癌症总数的一半以上, 其中肺癌是发病率、死亡率最高的癌症。因此对于肿瘤而言, 进一步探究其发生发现的机制以及发现新的治疗靶点是至关重要的

**方法** 我们利用 Kaplan-Meier Plotter、TCGA 及 Oncomine 等在线数据库分析了 IscU 分子的转录本在非小细胞肺癌肿瘤组织与癌旁组织中的水平, 更进一步地通过 Kaplan-Meier log rank 方法分析 IscU 转录本与非小细胞患者预后的相关性

**结果** IscU 转录本在非小细胞肺鳞癌 (LUSC) 和非小细胞肺腺癌 (LUAD) 患者癌旁较肿瘤组织中是明显下降的。更进一步通过 Kaplan-Meier log rank 生存分析法分析了 488 例肺鳞癌 (LUSC) 患者和 491 例肺腺癌 (LUAD) 患者的生存情况, 根据数据库数据将纳入研究的肺鳞癌 (LUSC) 患者分为两组, 定义为 IscU<sup>Low</sup> (n=244) 和 IscU<sup>High</sup> (n=244), 肺腺癌 (LUAD) 患者分为两组定义为 IscU<sup>Low</sup> (n=245) 和 IscU<sup>High</sup> (n=246), 分析结果发现, IscU<sup>Low</sup> 与 IscU<sup>High</sup> 的肺鳞癌 (LUSC) 患者术后生存情况并无显著的差异性, 而肺腺癌 (LUAD) 患者术后生存情况明显下降 ( $P<0.001$ )。

**结论** 众所周知, 肿瘤的发生和发展与多种因素有关, 例如细胞的无限繁殖, 组织细胞的浸润和转移、基因突变、细胞能量代谢异常等等。我们通过生物信息学发现 IscU 在非小细胞肺癌的表达中存在明显差异, 可能在肿瘤的发生发展中存在必要的联系并发挥重要促进作用。因此, 为了分析 IscU 与肿瘤的关系还需进一步的实验研究验证。

## PU-5164

### Molecular characterization of Carbapenemase-resistant Enterobacteriaceae in Children isolated from Guang Zhou

Fei Gao

Guangzhou Women and Children's Medical Center

**Objective** The aim of this study was to elucidate the molecular epidemiology of Carbapenemase-resistant Enterobacteriaceae (CRE) isolated from children in Guang Zhou, and the possible mechanism of carbapenem resistance.

**Methods** A total of 54 CRE isolates were collected in Guang Zhou Women and Children's Medical Hospital. Sensitivity to antibiotics was determined using the VITEK-2 Compact automatic system. The modified Hodge test (MHT) and modified carbapenem inactivation test (mCIM) were performed for phenotypic identification. Beta-lactamases gene were detected by Polymerase chain reaction (PCR) and DNA sequencing. The clinical data of patients were retrospectively

reviewed. Homology of Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*(CRKP) was conducted by MALDI-TOF mass spectrometry (MS).

**Results** CRE were highly resistant to the majority of antimicrobial agents. The resistance rate was higher than 80% for ampicillin, ampicillin/sulbactam and cephalosporins. Less than 30% resistance was detected for ciprofloxacin, tobramycin and levofloxacin. Among CRE 37(68.51%) and 35(48.81%) of CRE were positive for mCIM and MHT respectively. There were 17 positive NDM-1 genes, 13 IMP genes, one VIM gene, while one of them carried both NDM-1 and IMP resistance genes. Carbapenemase genotype A (KPC, GES) and polymyxin B resistant genotype (mcr-1) were not detected. ESBLs gene positive 43 strains were found in 54 resistant strains, including 32 strains of SHV genotype (59.26%), 24 strains of TEM genotype (44.44%), 4 strains of OXA-23 genotype (7.41%), 1 strain of OXA-10 genotype (1.85%) , while 14 of them carried both TEM and SHV resistance genes. MS clustering was largely in agreement with genotyping results when the similarity cut-off for clonal identity was set on 90%.

**Conclusions** The genotypes of ESBLs carried by carbapenemase-resistant Enterobacteriaceae in our hospital are mainly TEM and SHV, meanwhile NDM1 and IMP are the most common types of metallase genes; resistance to carbapenems is associated with beta-lactamase gene.

## PU-5165

### Spinocerebellar Ataxia or Multiple System Atrophy? Identification Dilemma of Gene Penetrance In Late-Onset Ataxia

旻 jin Wang  
West China Hospital

**Objective** Affected by different abnormal trinucleotide repeats, it is not always easy to definitely diagnose ataxia. The purpose of this retrospective study is to demonstrate the impact of different gene penetrance on clinical diagnosis and also provide ideas for the diagnostic dilemma of similar late-onset ataxia by comparing and showing the clinical characteristics of different ataxia families who carried SCA8 intermediate alleles.

**Methods** We performed an ATXN8 gene test for possible abnormal CTA/CTG repeat alleles on 1137 ataxia patients who had been ruled out the common SCA subtypes including SCA1, SCA2, SCA3, SCA6, SCA7, SCA12, SCA17 and DRPLA before.

**Results** 6 patients were found with abnormal expansion of intermediate-length alleles in ATXN8 ranging from 51 to 125 CTA/CTG repeats. After the comprehensive analysis of their clinical records and the reference to expert consensus statement documents, the results showed that they have two different clinical diagnosis of SCA and MSA-C. It can be seen that differences in the penetrance of intermediate alleles can lead to differences in clinical diagnosis.

**Conclusions** The gene penetrance of the intermediate allele of ATXN8 is uncertain, and its indeterminacy can lead to differences in clinical manifestations and diagnosis. Such late-onset ataxia patients should be diagnosed by comprehensively considering genetic analysis, family histories, phenotypes and etc.

## PU-5166

### 抗核抗体检测在乙肝患者中的应用价值

郑红霞  
郑州市中心医院(原: 郑州市第四人民医院),450000

**目的** 分析乙肝患者血清中抗核抗体(ANA)的阳性率, 探讨其临床应用价值。

**方法** 采用间接免疫荧光法（IIF）对 90 例乙肝患者和 90 例健康体检者血清中的 ANA 进行检测，并测定其 ALT、AST。

**结果** 90 例乙肝患者中 ANA 的阳性率为 18.9%，荧光模型以核颗粒型为主；ANA 阳性组的 ALT、AST 高于 ANA 阴性组，差异有统计学意义。

**结论** HBV 可诱导机体产生低滴度的抗核抗体，自身抗体的产生与肝脏的损伤程度存在一定的相关性。

## PU-5167

### CRE 治疗-单一用药 VS 联合用药

周朝娥

北京大学人民医院,100000

**目的** 探究不同酶基因型、不同耐药水平的 CRE 菌株，单药 VS 联合用药治疗其感染患者的临床疗效。

**方法** 为研究单一用药和联合用药治疗 CRE 感染的患者临床疗效，我们选取 2014-2018 年度，对来自全国 16 所医院近 4 年临床分离的 25 株 CRE (kpn 11 株、eco 6 株、ecl 5 株、kox 2 株和 sma 1 株)，其酶基因型有 4 种（产 KPC 7 株、NDM 8 株、NDM+MCR 5 株、NDM+IMP 4 株、未分型 1 株），用微量肉汤稀释法测单药（MEM、COL、TG、E、RIF）的 MIC，棋盘法看药物联合（COL+MEM、COL+TG、MEM+TG、COL+E、COL+RIF、COL+MEM+TG、）有无协同作用。

**结果** 与单一用药相比，联合用药可以降低其单药的 MIC。对于不同的酶基因型、不同耐药水平以及不同菌种之间，药物联合无明显差异。（1）对于不同的菌种、对于不同的酶基因型（协同率）：COL+RIF 协同率最高（76%）；其次是 COL+E（60%）；COL+TG（20%）；COL+MEM（20%）；MEM+TG（4%）；（2）对于不同耐药水平的菌株，协同作用无明显差异；（3）对于三药联合 MEM+COL+TG，其两两之间药物联合（COL+MEM、COL+TG、MEM+TG）无协同作用，不同的酶基因型、不同的菌种以及不同的耐药水平均有很好的协同作用，其协同率高达 94%。

**结论** 药物联合相对于单药治疗，可以降低其 MIC，减少用量，降低副作用。其中以 COL+RIF 的协同作用最高，其次 COL+E，对于两药之间无联合作用的，可考虑三药联合治疗 CRE 感染的患者。但因为此为体外联合实验，后续将进行体内联合实验以及相关机制的研究。

## PU-5168

### 间接法对建立成人凝血四项生物参考区间的应用

孙余

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 使用间接法建立成人凝血酶原时间（PT）、活化部分凝血活酶时间（APTT）、纤维蛋白原（FIB）以及凝血酶时间（TT）生物参考区间。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2017 年 7 月健康体检成年人群凝血四项数据，经正态性检验与 box-cox 转换，离群值剔除，分析男女组间差异，建立成人凝血四项生物参考区间。

**结果** 凝血四项男女之间差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ），参考区间：男性 PT 11.5s-13.7s，APTT 29.1s-40.7s，FIB 2.14g-4.35g，TT 15.5s-19.2s，女性 PT 11.5s-13.8s，APTT 29.4s-41.4s，FIB 2.27g-4.37g，TT 15.2s-18.6s。

**结论** 间接法分别建立了成人凝血四项生物参考区间。

## PU-5169

## 昆明地区儿童 EB 病毒感染与恶性血液病的相关性研究

宋宇,苏艳丹  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨昆明地区儿童 EB 病毒 (EBV) 感染与恶性血液病的相关性及治疗情况。

**方法** 应用实时荧光 PCR 定量 (RT-PCR) 检测 53 例急性淋巴细胞白血病患者、23 例急性非淋巴细胞白血病患者、31 例淋巴瘤患者、29 例再生障碍性贫血患者及 62 例非血液病患者 (对照组) 外周血 EB-DNA 含量及抗病毒治疗后的载量, 并进行统计分析。

**结果** 急性淋巴细胞白血病患者组、急性非淋巴细胞白血病患者组、淋巴瘤组、再生障碍性贫血组和非血液病 (对照组) 阳性率分别为 37.73%、26%、54.84%、27.59%、9.68%, 急性淋巴细胞白血病患者组、急性非淋巴细胞白血病患者组、淋巴瘤组、再生障碍性贫血组与非血液病 (对照组) EB-DNA 阳性率比较差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。抗病毒治疗后, EB-DNA 转阴者 51 例, 持续阳性者 6 例。

**结论** EB 病毒感染与恶性淋巴系统疾病关系密切。更昔洛韦联合利巴韦林针剂对 EB 病毒治疗有效。

## PU-5170

## 多重呼吸道病原核酸检测在临床中的应用

张晶雅,代娣  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 急性呼吸道感染是世界范围内人类最常见疾病原因之一, 由于传播途径的特殊性, 呼吸系统感染易在人群中传播。致病病原体包括病毒、细菌、支原体和衣原体, 其中非细菌占比超过 70%, 中国 20-60% 的社区获得性肺炎病例无法做出病原学诊断。随着分子生物学技术的不断改进, 病毒核酸检测方法迅猛发展, 多重呼吸道病原体核酸检测能够在一定程度解决临床实践中以往因技术手段限制无法查找呼吸道病毒病原确诊的问题。本研究拟借助多重呼吸道病原体核酸检测方法分析临床患者感染情况。

**方法** 收集 2019 年 2 月传染科收治的疑似病毒性肺炎患者的咽拭子和痰液标本 26 例, 使用毛细管电泳片段分析法分析 H1N1、乙流 Victoria、冠状病毒、呼吸道合胞病毒、副流感病毒、肺炎衣原体、肺炎支原体、博卡病毒、鼻病毒、偏肺病毒、腺病毒和季节性 H3N2 流感病毒。

**结果** 26 名患者中, 检测出鼻病毒 7 例 (26.9%, 其中 1 例合并博卡病毒), H1N1 甲型流感 3 例 (11.5%, 其中 1 例合并肺炎支原体), 季节性 H3N2 流感病毒 2 例 (7.7%), 副流感病毒 1 例 (3.8%), 冠状病毒 1 例 (3.8%), 肺炎衣原体 1 例 (3.8%), 肺炎支原体 1 例 (3.8%, 合并 H1N1), 博卡病毒 1 例 (3.8%, 合并鼻病毒), 复合感染 2 例 (7.7%), 未检出上述病原体 11 例 (42.3%)。

**结论** 不同呼吸系统病原体感染季节分布不一致, 但在非发病高峰期的 2 月, 我们在疑似病毒性肺炎患者中检测出多种 (8 种) 病原体, 且存在复合感染。此外, 虽然采样标本多为采集上呼吸道感染病原体的咽拭子, 但仍检测出了下呼吸道感染的病原体。综上提示多重呼吸道病原核酸检测利于临床诊治。

## PU-5171

## 对血清中胃泌素释放肽前体检测产生干扰因素的研究

万鹏,渠文涛,周金龙,冉盼盼,史小芹  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 血液中的很多物质会对胃泌素释放肽前体(ProGRP)的检测结果产生一定的干扰。本文对安图生物的胃泌素释放肽前体检测试剂盒(磁微粒化学发光法)的抗干扰能力进行了评估,为该项目在临床上的应用提供了参考。

**方法** 内源性干扰,药物干扰及易与ProGRP同时出现的肿瘤标志物比较分析。

**结果** 浓度小于等于 500mg/dl 的血红蛋白样本的检测结果与对照偏差在 $\pm 10\%$ 以内,超过 500mg/dl 时检测结果与对照则产生了明显的偏差;浓度小于等于 3000 mg/dL 的甘油三酯样本的检测结果与对照偏差在 $\pm 10\%$ 以内,浓度超过 3000 mg/dL 则产生了明显的偏差;浓度小于等于 50 mg/dL 的胆红素的检测结果与对照偏差在 $\pm 10\%$ 以内,浓度超过 50 mg/dL 则产生了明显的偏差;添加 9 种药物的检测结果与对照偏差在 $\pm 10\%$ 以内;检测 1000ng/mL 的 CEA、200ng/mL 的 NSE、70ng/mL 的 SCCA、和 500ng/mL 的 Cyfra 21-1,结果均小于 2.0pg/ml,无干扰。

**结论** 一般的溶血、脂血与黄疸样本对 ProGRP 的检测结果影响较小,严重溶血、脂血以及严重黄疸的样本,可能会对 ProGRP 的检测结果产生干扰;因此临床上应尽量避免使用严重溶血、脂血以及严重黄疸的样本用于 ProGRP 的检测。常用于肺癌患者的临床治疗药物浓度对检测结果并不会产生干扰,同时常伴随小细胞肺癌出现的肿瘤标志物与 ProGRP 并无交叉反应,不会对检测结果产生干扰。

## PU-5172

## 高白细胞对迈瑞 BC-5390 测定 C 反应蛋白影响的研究

覃馨  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 研究高白细胞对 CRP 测定的影响。

**方法** 通过对多例高白细胞 EDTA 抗凝静脉血样本分别测定血浆 CRP 及全血 CRP 并加入其他 CRP 浓度同血型 EDTA 抗凝血浆进行测定,最后用统计学中秩和检验进行分析。

**结果** 当全血白细胞高于  $40 \times 10^9/L$  低于  $300 \times 10^9/L$  时,若 CRP 浓度大于 126.37mg/L 均值相差 8.68mg/L,处于 12.83-30.67mg/L 之间时均值相差 3.5215mg/L,以及在 30.68-66.91mg/L 范围内均值相差 5.0082mg/L;而当白细胞高于  $300 \times 10^9/L$  时,若 CRP 浓度在 12.83-30.67mg/L 时均值相差 2.9916mg/L,在 66.92-126.37mg/L 之间时 CRP 均值相差 5.9467mg/L。

**结论** 白细胞数量高于  $100 \times 10^9/L$  时 CRP 测定开始受影响,因为白细胞介于  $40-100 \times 10^9/L$  时全血和血浆测定值没有统计学差异,但白细胞大于  $100 \times 10^9/L$  时两者有统计学差异,均值相差 1.4935mg/L。



## PU-5173

## 应用多种血清学指标联合诊断类风湿性关节炎

郭飞飞

郑州市中心医院(原: 郑州市第四人民医院),450000

**目的** 对类风湿性关节炎(Rheumatoid arthritis, RA)患者同时检测类风湿因子(RF)、抗 RA33 抗体和血清抗环瓜氨酸多肽(CCP)抗体水平,以探讨 3 项抗体联合检测在 RA 诊断中的临床应用价值。

**方法** 选取符合早期类风湿性关节炎诊断标准的患者 93 例为 RA 组,其他自身免疫病组 60 例,健康对照组 60 例,分别对其血清检测类风湿因子(RF)、抗 RA33 抗体和血清抗环瓜氨酸多肽(CCP)抗体水平,并对结果进行统计分析。

**结果** RA 组的 RF、抗 CCP 抗体、抗 RA33 抗体敏感性均高于其他自身免疫病组和健康对照组 ( $p<0.01$ )。其他自身免疫病组的 RF 敏感性高于健康对照组 ( $p<0.05$ )。RF、抗 CCP 抗体、抗 RA33 抗体在 RA 中的敏感性分别为 88.2%、78.5%、20.4%,特异性分别为 60.8%、90.8%、96.7%。抗 CCP 抗体敏感性低于 RF ( $p<0.05$ ),特异性高于 RF ( $p<0.05$ );抗 RA33 抗体的敏感性低于 RF 和抗 CCP 抗体 ( $p<0.05$ ),特异性高于 RF ( $p<0.05$ ),与抗 CCP 抗体比较差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。三项联合检测敏感性为 4.1%,特异性为 98%。

**结论** 联合检测 RF、抗 RA33 抗体和血清抗环瓜氨酸多肽(CCP)抗体水平可以提高 RA 患者的诊断率,具有较高的临床应用价值。

## PU-5174

## Regulatory Role and clinical significance of circular RNAs in Spinocerebellar ataxia type 3

minjin Wang

West China Hospital

**Objective** Spinocerebellar ataxia type 3/Machado-Joseph disease (SCA3/MJD) is the most common autosomal dominant spinocerebellar ataxia and one of many inherited polyglutamine (polyQ) neurodegenerative diseases. Nevertheless, the exact mechanism of the disease still remains ambiguous. At present, circular RNAs (circRNAs) have been attracting extensive research interest in different human diseases, which emerged as new key regulators via different biological functions in genetic and epigenetic processes, but it remains largely unknown if they are correlated with SCA3/MJD pathogenesis. Therefore, the objective of this work was to investigate the significance and potential role of circRNAs in SCA3/MJD.

**Methods** Here, we adopted next-generation sequencing (NGS) to examine the expression profile of circRNAs and mRNAs in cerebrospinal fluid (CSF) samples and peripheral blood samples from 11 SCA3/MJD patients and 10 healthy controls. Next, quantitative real-time reverse transcription polymerase chain reaction(qRT-PCR) was performed to validate NGS data. ROC analysis was also used to evaluate the predictive power of candidate circRNAs. In order to elucidate potential functions and signaling pathways involved in the pathogenesis of SCA3/MJD, we applied Gene ontology(GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes(KEGG) pathway analysis of the differentially expressed mRNAs and parental genes of circRNAs. Furthermore, after the knockdown or overexpression of candidate circRNA, MTT assay along with flow cytometric assays were used to assess changes in cell viability as well as apoptosis, and Western blot was performed to analyze the disease protein—polyQ-ataxin3 expression in SY-SH5Y/SCA3 cell models.

**Results** Our results showed that circRNAs and mRNAs profiles presented a total of 262 circRNAs and 1001 mRNAs commonly expressed in both CSF samples and peripheral blood samples of SCA3/MJD patients. Among them, 14 circRNAs as well as 429 mRNAs were

upregulated and 42 circRNAs as well as 549 mRNAs were downregulated in SCA3/MJD group. The expression level changes of 5 differentially expressed circRNAs estimated by qRT-PCR were in accord with NGS data. Moreover, hsa\_circ\_0019149 (AUC:0.953; 95% CI: 0.911–1.005) were the most upregulated and significantly associated with SCA3/MJD, which could be identified as novel candidate diagnostic biomarker for the disease. Significantly enriched signaling pathways were involved in apoptosis, protein degradation, etc. The viability of cells increased markedly and polyQ-ataxin3 expression decreased following the knockdown of hsa\_circ\_0019149, whereas over expression of hsa\_circ\_0019149 had the opposite effects on cells.

**Conclusions** These findings were the first report of differentially expressed circRNAs in SCA3/MJD, indicating a possible role for circRNAs as potential dynamic monitoring progress biomarkers and possibly original diagnostic or therapeutic targets of the disease. Also, our results provide novel insights into the mechanisms of the pathological process as well as important cues for further functional studies of the disease.

## PU-5175

### 网织红细胞绝对值参考范围的建立及临床应用

陈倩,张硕,李泽鹏,吴卫  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 分析并初步建立网织红细胞绝对值的参考范围。

**方法** 选取自 2015 年 4 月至 2017 年 6 月来我院进行体检的 550 例健康受试者以及就诊的 665 例贫血患者,采用 Simens-Bayer Advia 2120 全血细胞分析仪检测各受试者的红细胞参数及网织红细胞相关指标。

**结果** 对于网织红细胞绝对值,男性检测结果 ( $59.70 \pm 19.25 \times 10^9/L$ ) 高于女性检测结果 ( $47.85 \pm 12.62 \times 10^9/L$ ),两者之间的差异具有统计学意义,应分别建立参考范围(男性:  $21.97 \sim 97.43 \times 10^9/L$ ; 女性:  $23.11 \sim 72.59 \times 10^9/L$ )。

**结论** 男女之间的网织红细胞绝对值具有显著性差异,因此需分别男、女网织红细胞绝对值的建立参考范围。

## PU-5176

### BD BACTEC 与 Versa TREK 血培养仪的临床应用和评价

唐曼琳  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 对 Versa TREK 6240 和 BD BACTEC FX 血培养仪系统的性能进行验证,探讨 Versa TREK 6240 和 BD BACTEC FX 血培养仪在临床应用上的差异。

**方法** 将配置好相应浓度的菌液分别注入需养瓶、厌氧瓶和小儿瓶中,放入 BD BACTEC FX 与 Versa TREK 6240 血培养仪内进行培养,记录每个瓶子的报阳时间。实验完成后比较不同系统的血培养瓶阳性检出时间。

**结果** BD BACTEC FX 与 Versa TREK 6240 血培养仪在培养时间的比较上,BD BACTEC FX 血培养仪的最短报阳时间的频数占 25.0%,Versa TREK 6240 血培养仪的最短报阳时间的频数占 75.0%。

**结论** BD BACTEC FX 与 Versa TREK 6240 血培养仪均能在 48 小时内有效的检测待测的菌株。Versa TREK 6240 血培养系统在细菌的检出时间上有一定的优势,但操作上没有 BD BACTEC FX 血培养系统简便。

## PU-5177

### 多项肿瘤标志物联合检测在甲状腺癌诊断的应用

赵志红

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探讨降钙素(calcitonin, CT), 降钙素基因相关肽(Calcitonin gene related pep-tide, CGRP), 甲状腺球蛋白(thyroglobulin, Tg), 促甲状腺激素受体(TSH Receptor, TSHR), 半乳糖凝集素-3(galectin-3, Gal-3), 间皮瘤抗原-1(HBME-1), 细胞角蛋白 19(Cytokerantin-19, CK-19), 金属基质蛋白酶(Matrix Metdloproteinases, MMPs)对甲状腺癌的临床诊断价值。

**方法** 用电化学发光法和酶化学发光法对甲状腺癌组, 甲状腺良性疾病组和健康对照组的临床资料进行分析。

**结果** 甲状腺癌组八种肿瘤标志物含量明显高于对照组, 单独检测 CT, CGRP, Tg, TSHR, Gal-3 和 HBME-1, CK-19, MMPs 阳性率分别为 72.1%, 63.5%, 57.6%, 78.9%, 68.5%, 54.3%, 64.2%, 67.5%, 联合检测率达到 95.3%。

**结论** 八项肿瘤标志物联合检测在敏感性和准确性方面明显优于单一项目, 分别为 98.56%和 92.36%, 而特异性无显著降低, 说明八项肿瘤标志物联检可明显提升甲状腺癌的检出率。其中 Tg 最高阳性率为 85.3%出现在乳头状癌; TSHR 最高阳性率为 93.2%出现在滤泡状癌, Gal-3 最高阳性率为 85.4%出现在淋巴结转移癌; HBME-1 在微小型甲状腺癌中阳性率较高, 这四项肿瘤标志物对指导甲状腺癌临床病理分型有重要意义。另外良性甲状腺病组和健康组八项肿瘤标志物阳性率明显低于肺癌组, Tg 特异性更是高达 98.5%, 对甲状腺癌不依赖病理诊断有极大帮助, 相对而言 CT, CGRP, CK-19, MMPs 特异性较低, 多种疾病可致其升高<sup>[10]</sup>, 对甲状腺癌诊断只有参考价值。此次研究显示在甲状腺癌诊断中八项肿瘤标志物联合检测的敏感性明显高于单项检测, 弥补了单项检测容易漏诊的不足, 还有助于甲状腺癌的分型, 进而为医生的鉴别诊断和治疗提供可靠依据。

## PU-5178

### 载脂蛋白 B 与冠心病严重程度相关性研究

黄立纲<sup>1</sup>, 张丹丹<sup>2</sup>

1.清华大学第一附属医院

2.河北北方学院

**目的** 探讨血清载脂蛋白 B (apolipoprotein B, ApoB) 与冠心病严重程度的相关性, 从而对冠心病的辅助诊断、治疗监测及预后提供帮助。

**方法** 采用病例对照研究, 随机选取清华大学第一附属医院 437 例行经皮冠状动脉介入术 (PCI) 的住院病人作为研究对象, 根据 PCI 结果分为冠心病组 (345 例) 和对照组 (92 例), 分别统计性别、年龄、PCI 结果, 检测患者血清甘油三酯(TG)、胆固醇(CHOL)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、ApoA、ApoB 等血脂指标。根据 PCI 结果计算冠心病患者的 Gensini 评分。统计学分析采用 t 检验, 方差分析, mann-whitney U 检验及 Spearman 相关分析。

**结果** 经统计分析冠心病组与对照组的 ApoA 与 ApoB 有统计学差异 ( $t=2.813, P=0.006$ ;  $t=-10.43, P<0.001$ )。冠心病组患者 ApoB 与其 Gensini 评分相关 ( $r=0.297, P<0.001$ )。多重线性回归显示,  $Y_{\text{Gensini 评分}}=36.791X_{\text{ApoB}}-13.249$  ( $F=47.922, P<0.001$ )。

**结论** ApoB 与冠心病严重程度相关, 可以作为反映冠心病严重程度的血清学指标。

## PU-5179

### 血栓调节蛋白、凝血酶和抗凝血酶复合物、纤溶酶与纤溶酶抑制物复合物、组织型纤溶酶原抑制物复合物的测定性能研究

陈倩<sup>1</sup>, 崔巍<sup>2</sup>

1. 中国医学科学院北京协和医院, 100000

2. 中国医学科学院肿瘤医院, 100000

**目的** 对血栓调节蛋白(TM)、凝血酶和抗凝血酶复合物(TAT)、纤溶酶与纤溶酶抑制物复合物(PIC)、组织型纤溶酶原抑制物复合物(t-PAI-C)测定仪器的临床性能进行验证研究, 以期为临床提供可靠的检测数据。

**方法** 按照美国临床实验室标准化协会(Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) EP5-A2、EP6-A 文件及卫生部《临床血液学检验常规项目分析质量要求 WS/T 406-2012》标准, 选取 2016 年 2 月至 5 月期间来我院体检的 200 例健康受试者及 12 例 DIC 患者样本, 对测定 TM、TAT、PIC 及 t-PAI-C 的高敏化学发光免疫分析仪的不精密度、携带污染率、线性范围、参考范围、样本稳定性及抗干扰能力进行了分析。

**结果** TM、TAT、PIC 及 t-PAI-C 的批内批间不精密度均小于 5%, 携带污染率均小于 1%。线性验证的相关系数为 0.998~0.999 之间, 均 $\geq 0.99$ 。说明书提供的 TM、TAT 及 PIC 的参考范围适用于本实验室, t-PAI-C 的参考范围需要对性别进行分组, 30 例男性及 30 例女性中分别有 18 例、6 例健康受试者的检测结果超出参考范围, 故需要重新建立参考范围。稳定性试验显示, TM 在室温环境下可稳定 2 天, 其余环境下稳定性较差; TAT 在 4℃及-20℃环境下较稳定, 可稳定保存 5 天, 但在室温环境下稳定性较差, 呈降低趋势。PIC 及 t-PAI-C 在三种温度环境下基本可稳定保存 3 天, 其后呈不同程度的增高或降低。抗干扰试验显示, 高至 510mg/dL 浓度的 HGB、1490FTU 浓度的甘油三酯、21.1mg/dL 浓度的结合胆红素及 21.1mg/dL 浓度的游离胆红素对 TM、TAT、PIC 及 t-PAI-C 无干扰。

**结论** TM、TAT、PIC 及 t-PAI-C 采用高敏化学发光免疫分析技术测定的不精密度、携带污染率、线性、抗干扰能力等性能参数满足临床检测。

## PU-5180

### 体检人群胃泌素 17 浓度水平分析

张杰, 渠文涛, 刘雅奇, 万鹏, 史小芹, 周金龙  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 胃泌素 17(G-17)是一种新型的胃功能评价血清学指标, 对胃粘膜萎缩、胃炎、胃癌等胃部疾病的进行风险筛查有较高临床价值。由于方法具有无创、简便、快速等优点, 非常适合用于健康体检, 本文探讨了体检人群的血清胃泌素 17 浓度水平分布, 以评估体检人群胃泌素 17 的参考区间。

**方法** 对 2793 例胃泌素 17 员工体检数据进行回顾性分析, 人群年龄分布为 18~56 岁, 其中男性 1206 例, 女性 1587 例。数据采用 SPSS19.0 统计软件处理分析。胃泌素 17 检测使用安图生物生产的胃泌素 17 检测试剂盒(磁微粒化学发光法), 仪器型号 AutoLumoA2000, 安图仪器生产。

**结果** 在 2793 例体检人群中, 血清胃泌素 17 检测浓度分布范围 0.6-274.49pmol/L, 整体呈偏态分布, 男性和女性无显著差异( $P < 0.05$ )。统计胃泌素 17 各浓度区段样本例数, 分别是: 0.5~7pmol/L 2312 例; 0.5~15pmol/L 2675 例; 15~40pmol/L 之间 88 例, 40~100pmol/L 之间 10

例, 100~200pmol/L 之间 19 例, >200pmol/L 之间 7 例。使用 SPSS19.0 计算 95%、5%置信区间, 对应浓度分别是 13.74pmol/L 和 1.33pmol/L。

**结论** 约 95%的体检人员的血清胃泌素 17 检测浓度小于等于 13.74pmol/L, 所以, 胃泌素 17 的正常人参考区间设定为 1~15pmol/L。

## PU-5181

### 3992 例婴幼儿 ABO 血型 IgM 抗体回顾性分析

李林徽

四川大学华西第二医院,610000

**目的** 探讨总结新生儿及婴幼儿 ABO 血型正反定相符情况, 分析 IgM 血型抗体产生的趋势及规律。

**方法** 选取 2016 年 9 月至 2018 年 7 月两年间在四川大学华西第二医院接受血型鉴定的 0~2 岁婴幼儿 4336 例作为研究对象, 采用强生 AutoVueInnova 全自动血型分析系统和 4℃ 盐水试管法对参与试验的婴幼儿血标本进行 ABO 血型鉴定, 并分析结果。

**结果** 根据血型鉴定结果, 排除血型为 AB 型的婴幼儿后, 共有研究对象 3992 例, 其中 A 型 1390 例, B 型 1202 例, O 型 1400 例。其中 2 周岁以内婴幼儿血型正反定型符合率为 70.62%, 根据年龄分组后, 0~1 个月, 1~3 个月, 3~6 个月, 6 个月~1 岁, 1 岁~2 岁各组的正反定型符合率分别为 40.52%, 45.57%, 67.96%, 90.35%和 98.62%。在 0~1 个月组中, A 型和 B 型的婴幼儿血液中抗 B 和抗 A 的检出率分别为 45.93%和 60.38%, 抗 A 的检出率显著性高于抗 B ( $p<0.05$ )。在 O 型的婴幼儿血液中, 抗 A 的检出率亦显著性高于抗 B ( $p<0.05$ )。对于正反定不符的婴幼儿血标本, 进一步采用盐水试管法进行血型鉴定后, 0~1 个月, 1~3 个月, 3~6 个月, 6 个月~1 岁, 1 岁~2 岁各组的正反定型符合率分别升高至 42.63%, 46.87%, 69.70%, 91.36%和 98.89%。

**结论** 在 0~2 岁的婴幼儿中, IgM 血型抗体的产生率随年龄增加而递增, 且抗-A 的产生率明显高于抗-B。在 1~2 岁的婴幼儿中, 大部分已产生 IgM 血型抗体, 但仍存在小部分未产生抗体的情况。因此在婴幼儿血型鉴定的临床检验中, 应选取多种合适的方法进行检测, 从而获得更准确的血型检测结果。

## PU-5182

### 966 例异常血红蛋白 K (New York) 结果分析

张玲<sup>1</sup>, 潘建华<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心,510000

2.广州医科大学金域检验学院

**目的** 回顾性分析 966 例血红蛋白 K (New York) 的临床血液学表型。

**方法** 分析广州金域医学检验中心于 2014 年 1 月至 2018 年 12 月期间进行血红蛋白病筛查的孕前, 产前, 婚检、体检样本共 893760 例, 年龄从 0 岁到 94 岁, 平均年龄 31 岁。所有样本经 COULTER-DXH800 全自动血球分析仪进行血液学分析、美国 Helena 全自动电泳仪 (SPIFE3000) 进行血红蛋白电泳、AU2700 全自动生化仪与帝肯酶标仪检测红细胞渗透脆性分析。从 893760 例样本中共筛出 966 例在电泳图谱 K 组位置出现异常条带, 最小年龄 0 岁, 最大年龄 61 岁, 平均年龄 28 岁, 高度怀疑为 HBK 或 HBK 复合地中海贫血的样本, 将 966 例样本结合血液学表型及采用美国 PRIMUS CLC385ä System- HPLC (wHPLC) 或法国 Sebia Capillarys 毛细管电泳进行验证, 并对部分标本以 PCR-DNA 测序法进行异常 HbK 基因突变测序鉴定, 作正常对照组 100 例来自广州金域体检中心, 平均年龄 30 岁, 排除贫血或其他相关疾病。

**结果** 从电泳初筛 966 例异常 HbK 样本经美国 PRIMUS CLC385a System- HPLC (wHPLC) 或法国 Sebia Capillarys 毛细管电泳进行验证, 两种方法结果一致。从 966 例样本中再随机抽取 50 例进行基因测序确诊, 其中 47 例样本在第 113 位的  $\beta$  珠蛋白链上的氨基酸结构发生改变, 谷氨酸取代缬氨酸。另有 3 例新生儿样本与基因测序不符合, 后经其他试验证实为血糖结果升高, 排除 HbK, 50 例基因验证结果其符合率为 94%。966 例异常 HbK 样本的血液学表型分析数据显示 HBK 不同浓度含量的结果比较  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。966 例异常 HbK 样本中有 3 例新生儿血糖高值在 K 组位置出现异常条带。

**结论** HbK (New York) 在我国异常血红蛋白病中突变频率较高, 不同浓度含量的 HbK 血液学表型有所差异, 血红蛋白电泳是最常用和传统的方法, 结合其他方法验证更能提高检出准确性, 对于不发达地区, 可以通过肽链和血液学表型进行初筛分析, 对于新生儿样本在 K 组出现异常条带时, 注意用其他实验鉴别血糖升高和异常 HbK, 对预防或降低异常血红蛋白病的发生, 对开展遗传咨询, 产前诊断具有重要的参考价值。

## PU-5183

### 铜绿假单胞菌的药敏研究

涂子坤

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 分析 2017 年武汉协和医院铜绿假单胞菌的分布及耐药性, 为合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 收集 2017 年 1 月~2017 年 12 月武汉协和医院各科室各类标本中分离的医院内感染铜绿假单胞菌。对分离鉴定出来的铜绿假单胞菌, 采用 WHO 推荐的纸片扩散法进行药物敏感性试验, WHONET5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 本次研究共收集铜绿假单胞菌 245 株, 主要分布在呼吸内科 (32.2%); 标本主要来源于痰液及咽拭子 (60.0%) 和尿液 (15.5%); 药敏结果显示, 铜绿假单胞菌对多粘菌素 B 的耐药率最低 (0%), 其次为阿米卡星 (11.2%); 对氨基糖苷类耐药率最高 (48.8%), 其次为亚胺培南 (36.9%)。分离自儿童、成人及老年人患者菌株的耐药率分别为 7.5%-29.8%、17.6%-48.8% 和 4.4%-46.5%。

**结论** 铜绿假单胞菌感染以呼吸道为主, 除对多粘菌素 B 未发生耐药外, 对其他抗生素均已产生了不同程度的耐药, 分离自不同年龄段患者的菌株对每种抗生素的耐药性也各有差异, 临床医师应根据药敏结果合理使用抗生素, 以便提高疗效, 控制耐药菌株的医院内流行。

## PU-5184

### 环介导等温扩增法检测解脲脲原体的引物组及试剂盒

伦恒忠<sup>1</sup>, 杨炜华<sup>2</sup>, 姜梅杰<sup>1</sup>, 赵书平<sup>1</sup>

1. 泰安市中心医院, 271000

2. 济南市中心医院, 250000

**目的** 建立一种环介导等温扩增法 (LAMP) 检测解脲脲原体的引物组及试剂盒。

**方法** 根据解脲脲原体的 16S ribosomal RNA 基因序列设计引物组, 每组引物包括两条内引物 (FIP 和 BIP)、两条外引物 (F3 和 B3) 和一条环引物 (LB), 通过监测反应进程和结果筛选出特异性高、反应快的最佳引物, 并进行验证。

**结果** 建立了包括装有 23  $\mu$ L 反应液的反应管, 装有 25  $\mu$ L Uu DNA 的阳性对照管, 装有 100  $\mu$ L 无菌超纯水的阴性对照管的 LAMP 检测解脲脲原体的试剂盒。

**结论** 本实验建立的基于颜色判定的 LAMP 引物组及试剂盒能够高效快速地检测解脲脲原体, 并且特异性与敏感性高、易于操作, 适用于各级医院的快速诊断和筛查。

## PU-5185

## 儿童 B-ALL 微小残留病 (MRD) 监测指标的研究

王春丽<sup>1</sup>, 张静文<sup>1,2</sup>, 郑倩<sup>1</sup>, 李明敏<sup>1</sup>, 潘建华<sup>1,2</sup>

1. 广州金域医学检验中心, 510000

2. 广州医科大学金域检验学院

**目的** 本研究通过多参数流式细胞术 (FCM) 检测 375 例初发急性 B 系淋巴细胞白血病患儿的免疫表型特点, 同时对检测 MRD 的标志进行筛查, 探讨 B-ALL 儿童治疗后利用多参数 FCM 进行 MRD 监测的有效标记。

**方法** 收集 2015 年 5 月-2019 年 4 月期间的儿童初发 B-ALL 患者未经治疗骨髓标本 375 例, 经流式免疫分型并对 MRD 监测指标进行筛选。另选取非恶性血液病且含正常 B 系前体细胞的病例 20 例作为阴性对照。经筛选的指标包括 CD58、CD38、CD123、CD66c、CD73、CD97、CD13、CD33 和 CD200 等, 以能与正常 B 系前体细胞表达明显区别的免疫标志作为后续治疗后 MRD 的检测标记。

**结果** (1) 375 例儿童 B-ALL 经免疫分型诊断为 Common-B-ALL (343 例)、Pre-B-ALL (16 例) 和 Pro-B-ALL (16 例), 有合适筛选标记的例数分别为 305 例、15 例和 10 例, 筛选标记覆盖率达 88% (330/375)。(2) 375 例儿童 B-ALL 中筛选标记阳性率高低依次为 CD66c (136 例)、CD38 (122 例)、CD123 (119 例)、CD58 (105 例)、CD73 (69 例)、CD13 (46 例)、CD97 (36 例)、CD99 (17 例)、CD45 (13 例)、CD33 (10 例)、CD200 (7 例)、CD24 (7 例)、CD2 (3 例)、NG2 (3 例)。

**结论** 大部分初发儿童 B-ALL 能检测到用于后续 MRD 检测的有效标记, 其中 CD66c、CD38、CD123、CD58 在儿童 B-ALL 筛选指标中阳性率较高, 可以作为 MRD 检测的首选标记, 适当联合其他指标可用于治疗后 MRD 的检测, 以提高 B-ALL MRD 检测的准确性。

## PU-5186

## 一种基于人工智能的脑脊液癌细胞检测系统的研究与评估

陈轫<sup>1</sup>, 关明<sup>1</sup>, 张正华<sup>2</sup>, 曾昭沛<sup>2</sup>, 王迪<sup>1</sup>, 李向宇<sup>1</sup>

1. 复旦大学附属华山医院, 200000

2. 第牛 (上海) 健康科技有限公司

**目的** 设计开发并评估一种利用人工智能 (深度学习) 算法的影像诊断系统, 可应用于脑脊液癌细胞, 及重要细胞 (“肿瘤、单核、淋巴、中性粒”) 的识别与分类, 并能诊断出相关疾病。该工具能够全自动化的代替医生进行镜检, 具有全视野拼接的功能, 作为检验和病理医生的辅助诊断工具。

**方法** 收集华山医院正常成人, 及诊断为癌症患者的脑脊液穿刺细胞病理数据 20000 例, 以及病理确诊数据 1000~2000 例。按照 6:2:2 随机分为训练集, 验证集和测试集。对数据进行预处理, 并标注特征, 建立人工智能模型, 并利用神经网络对 20+ 个维度的特征变量进行提取和深度学习。选取病理报告, 以及检验科主任医师、副主任医师、主治医生、住院医师各 2 名, 对测试集进行诊断, 并与模型的测试结果进行比较。

**结果** 该检测仪器能够准确的诊断脑脊液癌细胞, 对 “单核、淋巴、中性粒” 进行分类与识别。癌细胞识别正确率达到 80~95%。对 “单核、淋巴、中性粒” 异常引起的相关疾病的识别率达到 70~95%。病理报告主治医师的正确率为 90%。该检测仪器在某些疾病诊断方面, 相当于十年医学检验经验的医生水平。

**结论** 该检测仪器能够有效的识别脑脊液中癌细胞, 并能对脑脊液细胞图像进行 4 大类细胞的检测识别, 及疾病分类。并在结合 GPU 等相关硬件的前提下, 能够支持实时快检!

## PU-5187

## 血培养真菌感染的分布及耐药性分析

时宇

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 回顾性分析我院血培养中培养出的真菌种类、临床分布情况及对临床常见抗真菌药物的敏感性,为临床对真菌的诊断及治疗提供一定参考依据。

**方法** 选取我院 2016 年 6 月 1 日至 2019 年 4 月 31 日血培养为实验标本,上述标本真菌培养均为酵母菌,共计 158 株。所有标本均接种于沙保氏葡萄糖琼脂培养基进行分离培养,采用 CHROMagar 念珠菌显色培养基或 VITEK 2-compact 进行菌种鉴定,使用 ATB FUNGUS 3 药敏试剂盒对上述标本进行真菌药敏试验。

**结果** 158 株血培养酵母菌阳性标本中分离出白假丝酵母菌 56 株 (35.44%)、近平滑假丝酵母 31 株 (19.62%)、热带假丝酵母菌 24 株 (15.19%)、无名假丝酵母 14 株 (8.86%)、假丝酵母菌 13 株 (8.23%)、光滑假丝酵母菌 13 株 (8.23%)、克柔假丝酵母菌 2 株 (1.26%)、阿萨希毛孢子菌 2 株 (1.26%)、季也蒙假丝酵母菌 1 株 (0.63%)、葡萄牙假丝酵母菌 1 株 (0.63%)、新型隐球菌 1 株 (0.63%);高发科室前三位分别为新生儿、ICU 科、肿瘤中心血液科;分离出的 56 株白假丝酵母菌中对伏立康唑敏感为 48 株,中介为 3 株,耐药 5 株;31 株近平滑假丝酵母菌中 30 株对伏立康唑敏感,耐药 1 株;24 株热带假丝酵母菌中 21 株对伏立康唑敏感,耐药 3 株;14 株无名假丝酵母菌均对伏立康唑敏感;13 株光滑假丝酵母菌中 9 株对伏立康唑敏感,1 株为中介,耐药 3 株;13 株光滑假丝酵母菌中 10 株对氟康唑敏感,1 株中介,2 株耐药。2 株阿萨希毛孢子菌 1 株对伏立康唑敏感,1 株对伏立康唑耐药;2 株克柔假丝酵母菌均对伏立康唑敏感;2 株阿萨希毛孢子菌 1 株对伊曲康唑中介,1 株耐药;1 株新型隐球菌对伏立康唑敏感;

**结论** 我院血培养真菌感染以白假丝酵母菌最为多见。培养出的三种主要酵母菌对伏立康唑的敏感性最高,阿萨希毛孢子菌对伊曲康唑耐药性较高。

## PU-5188

## 白血病筛查诊断血常规指标之白细胞数分析

汪金标

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析血常规指标中白细胞数在白血病患者初诊中的价值作用。

**方法** 收集 139 例白血病初诊患者作为研究对象,对所有患者的血常规各项指标基于急慢性白血病患者中的不同之处进行总结,并对白细胞数对白血病患者初诊的影响进行分析。

**结果** 在 139 例白血病初诊患者中,129 例为急性白血病,其中 104 例为急性髓细胞性白血病,25 例为急性淋巴细胞性白血病;10 例为慢性白血病,其中 3 例为慢性粒细胞白血病,7 例为慢性淋巴细胞性白血病。139 例白血病患者的白细胞数,113 例为异常,异常率为 81.29%;82 例为白细胞升高者,占 72.57%;31 例为白细胞降低者,占 27.43%。

**结论** 对于白血病初诊患者,在血常规白细胞数多处于异常的状态,同时升高者居多,需要结合其他血常规指标及血涂片进行进一步的分析,以此使白血病患者的漏诊及误诊现象得到有效避免。



## PU-5189

**肝癌外泌体 miRNAs 研究进展**

司元全

山东省立医院,250000

**目的** 原发性肝癌是世界上最常见的恶性肿瘤之一，肝癌（HCC）早期缺乏典型症状，一般不易诊断，超过 80% HCC 患者在就诊时已处于中晚期。目前原发性肝癌诊断标志物主要是甲胎蛋白（AFP）和异常凝血酶原 II(PIVKA II)，但二者在诊断原发性肝癌时缺乏良好的特异性和灵敏性，早期 HCC 的诊断生物标志物仍然缺乏。

**方法** 肝肿瘤切除术、肝移植、介入放射治疗和不可切除肝癌的化疗栓塞仍是 HCC 治疗的主要选择，但其效果不尽理想。

**结果** 早期 HCC 的诊断迫切需要有效的、无创的、特异的生物标志物。此外，还需要更多的治疗 HCC 的生物疗法。

**结论** 越来越多的外泌体 miRNAs 研究为 HCC 诊治提出了新的方向，它们在肝癌的发生发展中发挥着重要作用，因此在肝癌诊断及治疗方面具有巨大的潜在价值。

## PU-5190

**梗死性中风与修复在组织工程治疗方面的最新进展**

王健

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 从组织工程的角度总结了当前基于细胞和生物材料的梗死后中风的治疗方法。

**方法** 在组织工作策略的使用方面需要考虑这些因素，支架材料的选择，细胞以及细胞因子的选择和释放。

**结果** 中风作为人类死亡的第五大原因，有很高的复发率，还会造成严重的残疾，给社会带来沉重的包袱。当前，还没有长期有效的治疗方法。细胞和细胞因子疗法已经开展研究了一段时间，但是由于受限于移植细胞极低的存活率，不可控的细胞增殖，移植细胞与宿主组织很差的整合效率以及细胞因子不能长期持续的释放，这种疗法的治疗效果一直不是很理想。

**结论** 组织工程方法对于中风的治疗提供了一个更好的选择。

## PU-5191

**颗粒链球菌属鉴定方法及临床感染的研究进展**

吴玲玲

泰安市中心医院,271000

**目的** 对颗粒链球菌属的培养特征，鉴定，感染等进行简要概述。

**方法** 文献综述

**结果** 颗粒链球菌属是人类口腔，泌尿生殖道和肠道内的正常菌群，越来越多的研究表明他们与多种疾病相关。

**结论** 对于临床微生物检验工作者而言，尽早地检出颗粒链球菌将有助于临床及时诊断和治疗。

## PU-5192

## 山东地区 2011-2017 年儿童、青少年 HBV、HCV、TP、HIV 检测结果分析

赵梦麒

山东省立医院,250000

**目的** 了解山东地区儿童和青少年乙肝、丙肝、梅毒、艾滋感染状况。

**方法** 收集 2011 年 1 月至 2017 年 12 月山东地区来山东省立医院东院区门诊、住院 0-18 岁病人血液标本 9463 份,用电化学发光方法进行四项病毒的血清学指标检测。按照性别、年份、年龄模式,用 SPSS21.0 软件进行统计分析。

**结果** 2011-2017 年病人 HBsAg 阳性率呈现出逐年下降,2011 年 HBsAg 阳性率最高为 1.46%,2017 年阳性率最低为 3.69%。HBsAg 的阳性率在 16-18 岁最高为 1.92%,其次是 0 月-6 个月为 1.52%。2011-2017 年病人 HCV-Ab 和 TPAb 阳性率均呈现上升趋势。HCV-Ab 阳性率在 0 月-6 个月最高为 0.81%。TPAb 阳性率在 0 月-6 个月最高为 1.01%。

**结论** 0-18 岁病人中存在一定比例的 HBsAg、HCV-Ab、TPAb 和 HIV-Ag/Ab 的检出情况,但阳性率较低。虽然 HBsAg、HCV-Ab、TPAb 和 HIV-Ag/Ab 阳性检出率较低,但感染状况不容忽视,要加大感染性疾病筛查和相关知识宣传力度。

## PU-5193

## 肾移植患者术后网织红细胞参数的应用分析

王利民

华中科技大学附属协和医院检验科

**目的** 探讨网织红细胞相关参数在肾移植患者术后中的临床应用。

**方法** 选取我院 2017.10-2018.3 月泌尿外科 45 例肾移植患者,分别检测患者术前、术后 3d、7d、14d、28d 的网织红细胞百分比 (RET%)、网织红细胞绝对值 (RET#)、幼稚网织红细胞比率 (IRF%)、尿素氮 (BUN)、肌酐 (Cr)、胱抑素 C (Cys-C),并与 52 例正常对照组进行比较分析,并将不同时间段网织红细胞 3 项参数分别与肾功能 3 项指标进行相关性分析。

**结果** 患者组 IRF%值于术后 7d 开始出现升高;RET%、RET#值术后 14d 开始出现明显的升高,术后 28d 与术前相比有统计学差异 ( $P<0.05$ )。患者组 BUN、Cr、Cys-C 值术后出现显著性下降的时间分别为 7d、3d、3d ( $P<0.05$ )。IRF%、Cys-C 值术后 14d、28d 组间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。术后 14d RET%值与 BUN、Cr、Cys-C 值呈负相关性 ( $P<0.05$ ),RET#值与 BUN、Cys-C 值呈负相关 ( $P<0.01$ );术后 28d RET#值分别与 BUN、Cr、Cys-C 值呈负相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** 移植肾脏功能开始显著恢复的时间大致在术后 3d,IRF%能早期地反映造血功能及肾脏功能的恢复;临床上可通过连续检测网织红细胞相关参数联合肾功能指标来监测肾移植患者术后造血功能状态的变化及肾脏功能的恢复。

## PU-5194

## ecpDC 诱导调节性 B 细胞的产生及其机制研究

孙彬  
解放军总医院

**目的** 探究吞噬了凋亡淋巴细胞的未成熟树突状细胞诱导 Breg 的产生机制,通过建立小鼠皮肤模型,研究 ecpDC 及 Breg 对移植皮肤存活的影响。

**方法** 将 imDC 与 PUVA-SP 共培养获得的 ecpDC 与磁珠分选的小鼠脾脏 B 细胞共培养,获取 Breg 细胞,并分析其表型;通过 Transwell 培养系统初步判断 ecpDC 诱导 Breg 的机制,并通过中和抗体预培养的方式判断 ecpDC 诱导 Breg 的可溶性因子种类。以 BALB/c 小鼠为供体, C57BL/6 小鼠为受体,建立小鼠皮肤移植模型,设立 Breg 组、ecpDC<sub>CC</sub>组、ecpDC<sub>CB</sub>组、imDC 组、mDC 组、B 细胞组及 PBS 对照组,在皮肤移植术前 7 天和移植当天分别输注相应的细胞,观察记录移植皮片生长情况,并分析各组受体小鼠外周血各种细胞因子的浓度,及脾脏中 IL-10+B 细胞和 FOXP3+T 细胞的表达量。

**结果** 1、ecpDC 能刺激 B 细胞向分泌 IL-10 的调节性 B 细胞分化。流式细胞仪检测 B 细胞的表面分子表达量,发现 ecpDC 与 B 细胞共培养组, B 细胞高表达 CD16/32、CD274,低表达 CD93。Transwell 试验说明 ecpDC 既通过细胞膜接触方式又通过可溶性细胞因子诱导 Breg 的产生。而 IP-10 有助于诱导 B 细胞分化为 Breg,并诱导产生 IL-10。2、皮肤移植后,imDC、Breg、ecpDC<sub>CC</sub>和 ecpDC<sub>CB</sub>组特别是 ecpDC 组的外周血 IL-12、IFN- $\gamma$  水平明显低于其余各组,而 IL-10、IDO 的浓度明显高于其余各种。受体小鼠脾脏调节性免疫细胞表达结果显示 ecpDC 组, IL-10 的 B 细胞和 FOXP3 的 T 细胞的表达量明显高于其他各组。输注 Breg、ecpDC<sub>CC</sub>、ecpDC<sub>CB</sub>、mDC、B、imDC 和 PBS 对照组的受体小鼠,抑制皮片的存活期分别为  $10.5 \pm 2.76$ 、 $12.75 \pm 5.47$  和  $18.10 \pm 7.99$ 、 $7.20 \pm 3.08$ 、 $8.30 \pm 2.71$ 、 $9.90 \pm 2.88$ 、 $7.90 \pm 2.42$ , ecpDC 特别是 ecpDC<sub>CB</sub>组受体小鼠的移植皮片存活时间长于其余各组。

**结论** PUVA-SP 能够诱导 ecpDC 的产生, ecpDC 能够诱导调节性 B 细胞的产生,两种细胞均具有免疫抑制的作用,从而为免疫抑制技术提供了实验基础。

## PU-5195

## LRP1B 基因多态性与多发性骨髓瘤易感性分析

李冰洁,袁莹莹,刘璐,秦东春  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 分析 LRP1B 基因多态性位点 rs61070260 与中国汉族人群 MM 患者的易感性以及临床表型的关联性,并通过 Sanger 测序定位 MM 可能的致病突变位点。

**方法** 质谱分型技术对 MM 患者和正常对照者的 LRP1B 基因 rs61070260 位点进行分型,  $\chi^2$  检验和 logistic 回归分析 rs61070260 位点的等位基因频率、基因型频率以及三种遗传模型下的分布是否具有显著统计学差异并使用 logistic 回归分析 MM 患者临床表型与 rs61070260 位点的相关性。

研究进一步使用 Haploview 软件分析 rs61070260 位点上下游 100kb 以内的连锁不平衡情况,确定 rs61070260 位点的连锁不平衡区域,并通过 Sanger 测序法对 178 例 MM 患者 rs61070260 位点的连锁不平衡区域进行测序,以定位可能的致病突变。

**结果** MM 患者和健康对照者的 LRP1B 基因 rs61070260 位点的等位基因频率以及基因型频率差异具有显著统计学意义 ( $P=3.937 \times 10^{-37}$ ;  $P=1.347 \times 10^{-150}$ ); rs61070260 位点在显性模型、隐性模型和加性模型下差异亦具有显著统计学意义 ( $P=1.551 \times 10^{-134}$ ;  $P=3.261 \times 10^{-9}$ ;  $P=9.622 \times 10^{-74}$ )。但是,MM 患者免疫球蛋白分型、轻链分型以及与 MM 患者临床表现相关的评价指标(血肌酐、 $\beta_2$ -微球蛋白以及血红蛋白)与 rs61070260 位点均无相关性,  $P>0.05$ 。

研究对 178 例 MM 患者 LRP1B 基因上 rs61070260 位点的连锁不平衡区域 (2:141601530-141611630) 进行测序, 检测到非同义突变 rs756168629 (C>T), 该位点突变导致 1661 位的精氨酸变成组氨酸, SIFT 及 PolyPhen2 软件预测该突变位点为有害突变, gnomAD 数据库中该突变位点在亚洲人群中尚未有报道。

**结论** LRP1B 基因 rs61070260 位点与中国汉族人群 MM 患者易感性相关, 但是 MM 患者临床表型与 rs61070260 位点均无相关性。MM 患者携带 rs756168629 位点突变且功能预测显示为有害突变, 可能参与 MM 发病。

## PU-5196

### 基于 Excel 的临床实验室结果自动判断工具

闫琨  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 在临床实验室工作的过程中, 有一些实验结果比较复杂, 需要查阅相关的实验室操作规程才可以得到结果, 只有经过长期的积累才可以熟练地掌握相关的判断结果, 对于一些新手确实有困难。如果可以有一种工具, 可以一步一步的对初学者进行指导, 并自动的判断实验者所作的实验结果, 那无疑会帮助这些新手较快的掌握试验套路, 特别是一些常见的化验结果的判断。当然, 对于一些很繁琐的实验结果的判断, 这一工具也可以帮助临床实验室的检验人员, 不用再花时间查阅操作规程, 使工作更加的轻松。

**方法** 这一工具的编写, 大量的使用了 Excel 的相关函数, 通过对这些函数的组合和嵌套, 就得到了自动判断的效果。所用到的公式有逻辑函数 IF(Logical,Value\_if\_true,Value\_if\_false), OR(logical1,logical2, ...), AND(logical1,logical2, ...)1, 文本函数 CONCATENATE (text1, text2) 2 统计函数 COUNTIF(Range,Criteria)3 查找与引用函数 VLOOKUP(lookup\_value, table\_array, col\_index\_num,range\_lookup)4 等等

**结果** 利用这一方法可以让我们自己编写一些在实验室日常工作中可以用到的小工具, 方便我们的工作, 只要是类似于以下要求的事件, 都可以使用这一方法来编辑。

1 需要多个条件来判断一种结果。

2 每一个判读条件可以用不同的符号来表示。

**结论** 利用本表可以逐步的对初学者进行指导, 并自动的判断实验者所作的实验结果, 帮助新进的工作者较快的掌握试验套路, 特别是一些常见的化验结果的判断。当然, 对于一些很繁琐的实验结果的判断, 这一工具也可以帮助临床实验室的检验人员, 不用再花时间查阅操作规程, 将操作规程自动化, 使工作更加的轻松。

而且, 还可以将一些本院自己的, 在工作过程中形成的比较独特的检验方式和方法加入其中, 这样不单有利于知识的传承和积累, 而且可以形成自己的独特体系, 方便更多的临床实验室工作者。

Excel 作为一种最为基础的、大众化的软件, 也使得这一方法更容易推广。

## PU-5197

### 检验仪器自动报警通知系统设计及应用效果评价

赵文玲<sup>1</sup>,胡静<sup>1</sup>,胡朝军<sup>2</sup>,李德均<sup>3</sup>

1.四川大学华西医院,610000

2.中国医学科学院北京协和医学院北京协和医院

3.成都信通网易医疗科技发展有限公司

**目的** 临床检验无法避免故障和操作问题, 当检验仪器出现报警信息时, 操作人员能及时知晓并处理, 从而避免影响进一步扩大, 节约临床检验时间, 避免试剂损耗。

**方法** 检验仪器首次出现报警信息时被技术人员人工记录和做好标识（包括仪器名称、地点、报警信息内容、处理方法及紧急联系人等），再次出现报警信息时通过定时截屏程序将图片自动上传，后台图片实时进行人工智能比对，若比对一致通过短信和/或微信将报警时间及上述标识信息定向传输给指定操作人员，提醒相关人员及时处理。

**结果** 检验仪器自动报警通知系统可以通过短信和微信及时通知操作人员，以我室监控 7 台仪器一周对比结果为例，使用报警通知系统可以有效避免操作人员不在仪器旁而造成仪器无谓等待时间，及时处理可累计节约 200 分钟，不使用该系统造成未能及时发现停机，造成试验过长而导致结果失控，标本必须重做，浪费试剂 3000 多元。

**结论** 检验仪器自动报警通知系统可节约工作人员，避免试剂浪费、提高工作效率，亦可用于评价仪器故障率，为实验室管理和仪器评价提供依据。

## PU-5198

### Sysmex XN9000 全自动血液分析仪流水线复检规则验证

陈倩倩

山东省千佛山医院,250000

**目的** 对本实验室制定的 24 条复检规则，通过实验数据进行分析，评价规则的可行性和可靠性。保证血细胞分析结果的准确性。

**方法** 随机选取我院多个科室的 100 例血液标本，同时分份标本制备一张血涂片进行手工分类，观察红细胞、白细胞及血小板的形态。按照制定的复检规则和涂片镜检结果进行评估，计算真阳性率、假阳性率、真阴性率、假阴性率。

**结果** 100 例标本中触发复检规则有 19 例，镜检 14 例为阴性，5 例为阳性，假阳性率为 74%，真阳性率为 26%；未触发复检规则有 81 例，镜检 80 例为阴性，1 例为阳性，假阴性率为 1.2%，真阴性率为 98.8%。

**结论** 验证结果显示假阴性率≤5%，验证通过，无白血病细胞漏检。

## PU-5199

### 联合血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸及尿酸对冠心病病情评估的价值

沈蓁,张旭光,耿会娟

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 定量分析血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸、尿酸在冠心病病情评估的临床应用价值。

**方法** 研究对象为我院 2017 年 1 月-2019 年 12 月之间于我院就诊的冠心病患者，所有患者行冠状动脉造影检查和心脏超声检查，临床资料齐全的患者为 203 例，根据冠脉狭窄程度分为：轻度狭窄组（57 例）、中度狭窄组（65 例）和重度狭窄组（81 例）。根据 NYHA 分级方法分为心功能 I 级（78 例）、II 级（96 例）和 III 级（29 例）。采用全自动生化分析仪（罗氏日立 7600）检测血清脂蛋白 a、尿酸，采用酶联免疫吸附试验方法（ELISA）检测血清同型半胱氨酸。采用 ROC 曲线方法分析三种指标对冠心病狭窄分组以及心功能分级评估价值。

**结果** 冠状动脉重度狭窄组患者血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸及尿酸水平明显升高，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。冠状动脉中度狭窄组和冠状动脉轻度狭窄组患者血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸及尿酸水平无明显差异（ $P > 0.05$ ）。心功能 I 级、II 级和 III 级组间的血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸及尿酸水平明显升高，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。ROC 曲线显示血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸、尿酸的诊断敏感性不高，同型半胱氨酸特异性最高，AUC 面积均在 50% 以上。

**结论** 联合血清脂蛋白 a、同型半胱氨酸及尿酸对冠心病病情有辅助判定的临床价值。

## PU-5200

### B 痕迹蛋白在健康人群的生理性波动

郑萍,杨新玲,张欢欢,周颖  
连云港市第一人民医院,222000

**目的** 研究 B 痕迹蛋白在健康人群的生理性波动

**方法** 本研究共包括两组实验,第一组实验 7 名受试者(4 男,3 女)连续收集 10 天的晨尿同时做 BTP 和肌酐检测分析。第二组实验 10 名正常受试者(5 男,5 女),收集受试者同一天的晨尿和二次晨尿分别检测尿液 BTP 和肌酐,同时收集当天的 24h 尿液做 BTP 和肌酐检测作为参照。并分别对两组实验的 B 痕迹蛋白的值通过肌酐值进行校准,通过对各组实验的 B 痕迹蛋白变异分析,评价 B 痕迹蛋白的生理性波动

**结果** B 痕迹蛋白在健康人群中变异较大,通过肌酐值进行校准后变异变小;10 名受试者的二次晨尿的值高于晨尿,且不管是 24h、晨尿还是二次晨尿男性的均值都高于女性。

**结论** B 痕迹蛋白在健康人群中存在生理性差异,男女性别之间有差异,日内和日间均存在差异

## PU-5201

### VISION 法与 Westergren (魏氏)法测定 血沉结果比较分析

王晶  
山东省立医院,250000

**目的** 与红细胞沉降率检测的参考方法 Westergren (魏氏)法进行比对,评估 VISION 检测红细胞沉降率的相关性能。

**方法** 随机选取门诊及住院患者 319 例分别用 EDTA-K2 和枸橼酸钠抗凝剂抗凝全血,采用 VISION 法与魏氏法进行红细胞沉降率的测定,对结果进行比较。

**结果** VISION 法和魏氏法对同一患者标本的红细胞沉降率测定结果差异无显著性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 可以用 VISION 全自动动态血沉分析仪对红细胞沉降率进行检测。

## PU-5202

### 癌症及其他疾病患者血清 CA50 水平的研究

田清武,单明,张丽娟  
青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 探讨糖类抗原 50 (CA50) 作为生物标志物的临床应用

**方法** 我们收集了青岛大学附属医院西海岸院区检验科 2013-2018 年健康对照组和临床确诊的各种疾病患者血清 CA50 浓度的实验室数据,每一种疾病包含超过 30 个独立的血清 CA50 水平测试结果,其中有来自 14 种不同疾病的 2113 份 CA50 病人结果和 13997 份健康对照组结果。用低四分位数 (25%)、中位数 (50%) 和上四分位数 (75%) 的范围绘制了血清 CA50 水平的散点图,当 P 值小于 0.05 时,为了比较不同类型疾病的 p 值差异,计算并使用  $-\log_{10} p$  值。基于均值、中位数、 $-\log_{10} p$  值进行有关分析。

**结果** 胰腺癌、肝硬化、胰腺炎、肺癌、2 型糖尿病和结肠癌的患者血清 CA50 水平最高，而冠心病、胃癌和直肠癌患者的血清 CA50 水平与健康对照组相比无显著差异。骨质疏松、贫血或胃炎患者的血清 CA50 水平低于健康对照组。此外，65 岁以上的健康人血清 CA50 水平与健康对照组相比升高。

**结论** 血清 CA50 可能是一个系统功能异常的生物标志物，不仅能用于癌症，而且还可用于其他非肿瘤疾病。

## PU-5203

### 大肠埃希菌对碳青霉烯类抗生素耐药机制研究

刁文晶,朱威南,刘婧娴,刘瑛  
上海交通大学医学院附属新华医院,233000

**目的** 探讨临床分离的耐碳青霉烯类大肠埃希菌的耐药机制及流行特点，为临床抗感染治疗提供依据。

**方法** 收集 2009 年 3 月~2017 年 10 月期间，上海某三甲医院住院患者临床标本中分离到的耐碳青霉烯类大肠埃希菌菌株；采用 Vitek-2 Compact 全自动微生物分析系统联合纸片扩散法（K-B 法）复核药物敏感实验；采用改良碳青霉烯类灭活试验（mCIM 试验）快速筛查大肠埃希菌的产碳青霉烯酶表型；采用 PCR 方法检测 blaKPC,blavim,blaIMP,blaGES,blaNDM 和 blaOXA 等常见碳青霉烯酶基因，并且对扩增阳性的产物进行 DNA 测序；收集相应患者临床资料并进行统计分析。

**结果** 2009 年 3 月~2017 年 10 月期间，共收集到 84 株碳青霉烯类抗生素耐药的大肠埃希菌，其中产碳青霉烯酶的菌株有 71 株（85%）。产酶株中 65 株（92%）产 NDM 酶，6 株（8%）产 KPC-2 酶。产 NDM 酶的菌株以产 NDM-5 酶为主，共有 42 株（65%），其次为产 NDM-1 酶株共 16 株（25%），另有产 NDM-9 酶 4 株，产 NDM-7 酶和 NDM-4 酶各 1 株。菌株来源以尿液和痰为主，分别占 31%和 21%；患者分布以儿科为主（67%，56/84）；大部分患者在住院期间曾接受过手术（54%，45/84）、留置深静脉导管（33%，28/84）等侵入性医疗操作；患者住院期间主要使用三代头孢菌素（30%，25/84）、碳青霉烯类药物（57%，48/84）进行治疗。

**结论** 耐碳青霉烯类大肠埃希菌对大部分抗生素呈高度耐药，其主要耐药机制是产碳青霉烯酶，以 NDM-5 和 NDM-1 酶为主。本研究中儿科患者 NDM 型的检出率高达 78%（51/65），已经成为产碳青霉烯酶的大肠埃希菌重要的组成部分。产 NDM 酶菌株与产 KPC 酶菌株的耐药谱有所差异，治疗方案也有所不同，因此了解菌株的产碳青霉烯酶特点有助于临床医师合理选择抗菌药物。本研究发现大部分患者在分离到耐碳青霉烯类大肠埃希菌前曾采用三代头孢菌素或碳青霉烯类进行治疗，提示上述药物的暴露史可能会增加此类菌株感染风险。

## PU-5204

### 高滴度肺炎支原体抗体患者感染相关指标变化的研究

张少芬,孙德华  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 研究高滴度肺炎支原体抗体患者感染相关指标（白细胞、中性粒细胞、C 反应蛋白、降钙素原）的变化及相关性。

**方法** 对 240 例肺炎支原体感染的患者的白细胞、中性粒细胞、C 反应蛋白、降钙素原进行统计学分析，与正常对照组进行比较。

**结果** 被动凝集法肺炎支原体抗体滴度 $\geq 1:1280$ 的患者，WBC（ $9.148 \pm 4.143$ ） $\times 10^9/L$ ，NEU（ $5.225 \pm 3.433$ ） $\times 10^9/L$ ，CRP（ $10.328 \pm 17.111$ ）mg/L，PCT（ $2.062 \pm 4.079$ ）ng/ml，与正常对照组进行非参数秩和检验，WBC、NEU、CRP、PCT 患者组与正常对照组均有显著性差异

( $P < 0.05$ )。其中 40.42% 的患者 WBC 升高、25% 的患者 NEU 升高、42.19% 的患者 CRP 升高、90% 的患者 PCT 升高。

结论 WBC、NEU、CRP、PCT 可用于肺炎支原体抗体高滴度患者的辅助诊断。

## PU-5205

### The role and mechanism of a novel circRNA, circDIDO1, in gastric cancer progression

Yu Zhang, Xueyan Zang, Zheyang Mao, Yanke Chen, Hui Qian, Xu Zhang, Wenrong Xu  
Zhenjiang Key Laboratory of High Technology Research on Exosomes Foundation and Transformation  
Application, Jiangsu Key Laboratory of Medical Science and Laboratory Medicine, School of Medicine,  
Jiangsu University

**Objective** Circular RNAs (circRNAs), a subclass of noncoding RNA characterized by covalently closed continuous loops, play emerging roles in tumorigenesis and aggressiveness. Nevertheless, the biological roles and clinical significance of circRNAs in gastric cancer (GC) remain unclear. The purpose of this study is to reveal the mechanism of aberrantly expressed circRNAs in GC progression and provide new targets for the molecular diagnosis and therapy of GC.

**Methods** We conducted bioinformatic analysis to evaluate differentially expressed circRNAs in GC tissues compared to adjacent tissues. The data were downloaded from the Gene Expression Omnibus dataset. Fold change  $\geq 2$  and P value  $\leq 0.05$  were set as the threshold for significantly differential expression. We detected the expression of circRNAs in tumor tissues of GC patients by qRT-PCR and analyzed its association with clinicopathological parameters. Cell counting, colony formation, transwell migration and matrigel invasion assays, and flow cytometry analyses were used to examine GC cell proliferation, migration, invasion and apoptosis. RNA sequencing, mass spectrometry, tagged RNA affinity purification, RNA immunoprecipitation and luciferase analyses were used to find key interacting proteins and miRNAs for the novel circRNA and identify key downstream target genes and signaling transduction pathways.

**Results** We identified a novel circRNA (termed circDIDO1) that was down-regulated in GC tissues and its low expression level was associated with tumor size, distal metastasis, and poor prognosis. CircDIDO1 overexpression inhibited GC cell proliferation, migration and invasion while promoted cell cycle arrest and apoptosis. Conversely, circDIDO1 knockdown in GC cells led to the opposite effects. Bioinformatics analysis revealed that there were miR-1307 binding sites in circDIDO1 sequence and the luciferase reporter gene assay showed that miR-1307 could bind to circDIDO1. In addition, circDIDO1 was co-immunoprecipitated with miR-1307 from the Ago2 complex. Furthermore, we found miR-1307 was up-regulated in GC tissues, and could down-regulate the expression of circDIDO1 in GC cells.

**Conclusions** CircDIDO1 could suppress the proliferation, migration and invasion as well as promote apoptosis in GC cells, indicating that it may serve as a new target for the diagnosis, prognosis and therapy of GC.

## PU-5206

### 双侧双瓶血培养的意义评价

吴玲玲  
泰安市中心医院, 271000

**目的** 探讨双侧双瓶血培养的临床应用价值。

**方法** 回顾分析我院 2016 年 1 月至 2016 年 12 月临床送检的 4508 份血培养标本, 双侧双瓶, 对阳性标本进行病原菌统计分析。



**结果** 血培养阳性 641 份, 阳性率 14.2%, 共检出病原菌 628 株。其中革兰阴性杆菌 381 株 (60.7%), 革兰阳性球菌 190 株 (30.3%), 真菌 23 株 (3.67%), 专性厌氧菌 19 株 (3.02%)。在 628 株病原菌中, 需氧厌氧瓶均阳性的有 284 株, 仅需氧瓶阳性 224 株, 仅厌氧瓶阳性 120 株。分离率较高的病原菌中, 141 株仅单瓶生长。需氧厌氧均阳性的肠杆菌科厌氧瓶报阳时间均值明显短于需氧瓶 ( $P<0.05$ )。

**结论** 双侧双瓶可以提高血培养病原菌的检出率, 为血流感染的诊断和治疗提供依据, 临床应多送检血培养, 根据药敏结果合理使用抗菌药物, 减少耐药菌株的产生。

## PU-5207

### Dysfunction of plasmacytoid dendritic cell under persistent EV71 infection

Li Li, Yanchun Wang, Yu Zhang, Xiaoli He, Yunjiao Luo, Haifeng Liu, Pin Guo, Xiaoning Liu, Jing Tian, Xingxing Feng  
Kunming Children's Hospital

**Objective** Previous studies have shown that the replication of Enterovirus 71 (EV71) could occur in DCs and the pathogenicity of EV71 may be related to its ability to evade host innate immunity through inhibiting cellular type I interferon (IFN) signaling. As one type of DCs and type I IFN producing cells, plasmacytoid dendritic cells (pDCs) are important drivers of both innate and adaptive immune responses, but the role of pDCs against EV71 is unknown. Here, we aimed to study the function changes of pDCs from different severity of HFMD patients infected by EV71 and further verify the role of pDCs against EV71 in vitro experiments.

**Methods** Flow cytometry and western-blot were used to investigate live cell numbers and apoptosis level of pDCs, as well as expression of EV71 protein and different cytokines released from pDCs. CTAB-Qdots were used to trace EV71-RNA.

**Results** Flow cytometry results revealed that critical HFMD patients exhibited the lowest percentage of pDCs in the peripheral blood lymphocytes compared to other patients. Decreased live cell numbers, obvious apoptosis of pDCs, reduced levels of IFN- $\alpha$  and IL-6, and increased IL-10 and TNF- $\alpha$  released from pDCs were detected under persistent EV71 infection. The expression of EV71 protein in pDCs increased gradually with the prolongation of EV71 infection, and the same expression trend can be observed by CTAB-Qdots labeled EV71-RNA, which can be tracked in live pDCs.

**Conclusions** Based upon all the data, it suggested that dysfunction of pDCs occurred in case of persistent EV71 infection. Moreover, we predicted that the immune defect of pDCs resulted in the exhausted CD4+T cells in critical HFMD patients, which might be the key reason of the deterioration of the condition.

## PU-5208

### TIM4 的研究进展及其与过敏性疾病、自身 免疫性疾病的关系

魏燕

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 探讨 TIM4 与哮喘、过敏性鼻炎、异位性皮炎等过敏性疾病的关系, 以及其与 RA、SLE 等自身免疫性疾病的关系。

**方法** 回顾分析近期的研究。

**结果** TIM4 主要在巨噬细胞, 树突状细胞和抗原递呈细胞的膜表面上表达。TIM4 能促进 Th2 细胞的分化和增殖, 但须与其受体 TIM1 结合后才能发挥作用。

**结论** TIM4 是 TIM 基因家族的重要成员。TIM 基因家族能调节 Th0 细胞分化为 Th1/Th2 细胞的过程, 并影响其免疫平衡偏移, 而活化 Th2 细胞增多对过敏性疾病和自身免疫分化发育性疾病的的发生起着关键作用。

## PU-5209

### Autof ms1000 与 Microflex 两大质谱系统对临床微生物鉴定结果的评估

赵高岭,戴宝玲,李同同,刘美丽,王旭辉,姚俊飞,代鸣,蔡克亚  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 评估安图公司的全自动微生物质谱检测系统 Autof ms1000 与布鲁克公司的 Microflex 质谱系统对临床微生物的鉴定准确性。

**方法** 共纳入 52 株 (26 个种) 标准菌株和 3312 株 (155 个种) 临床菌株, 所有菌株分别经两质谱系统鉴定, 鉴定结果与标签上的不一致需经 16S rRNA/ITS DNA 测序分析验证。

**结果** 标准菌株: Autof ms1000 和 Bruker Biotyper 总准确鉴定率分别为 94.23%和 84.62%。Autof ms1000 种水平鉴定准确性为 80.77%, Bruker Biotyper 种水平鉴定准确性为 53.85% ( $\chi^2=7.385$ ,  $P<0.01$ )。临床菌株: Autof ms1000 总准确鉴定率为 95.65%, 略高于 Bruker Biotyper 总鉴定准确性 (94.02%)。另外, 在真菌准确鉴定上, Autof ms1000 明显优于 Bruker Biotyper。

**结论** 全自动微生物质谱检测系统 Autof ms1000 对临床常见微生物的有较好的鉴定效果, 可作为临床微生物快速鉴定的重要工具。

## PU-5210

### 三种 CKD-EPI 方程在评价慢性肾脏病患者病情中的作用

王艺霖,赵敏  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 评价三种美国慢性肾脏病流行病合作工作组(CKD-EPI)肾小球滤过率估算公式在评估沈阳地区 CKD 患者病情的作用。

**方法** 根据横断面调查, 收集 2015 年 11 月至 2016 年 5 月在中国医科大学附属第一医院就诊的 CKD 住院患者 399 例。分别用联合肌酐和胱抑素 C 的慢性肾脏病流行病合作工作组方程 (CKD-EPIscr-cys 方程)、单独基于血肌酐和单独基于胱抑素 C 的 CKD-EPI 方程 (分别为 CKD-EPIscr 方程、CKD-EPIcys 方程) 计算的肾小球滤过率与 CKD 临床分期进行一致性比较。

**结果** CKD-EPIscr 公式、CKD-EPIscr-cys 公式两个公式在评价 CKD I 期和 V 期时, 一致性为 84%~97%, CKD II 期一致性为 42%~53%, CKD III 期、IV 期, 一致性为 57%~65%; CKD-EPIcys 公式在评价 CKD I 期~IV 期时, 一致性约为 50%, CKD V 期的一致性为 95%。

**结论** 三个方程在 CKD I 期、V 期与临床分期的一致性较好, 对沈阳地区 CKD 患者病情评估有一定辅助作用, 而对 II 期、III 期、IV 期患者分期集中程度 CKD-EPIscr-cys 公式明显优于其他公式。

PU-5211

## MiR-142-3p functions as a tumor suppressor by targeting RAC1/PAK1 pathway in breast cancer

Tao Xu, Shu-Kui Wang

General Clinical Research Center, Nanjing First Hospital, Nanjing Medical University

**Objective** Breast cancer (BC) is the most common diagnosed malignant tumor and the leading cause of cancer in females worldwide. Although great advances in early detection and treatment strategy lead to the steadily declined mortality, recurrence and metastasis still occurred frequently and remained the major reasons for cancer deaths in BC patients. Human miR-142-3p functions in a cancer type-specific manner as either oncogenes or tumor suppressors in various malignancies. However, the biological functions and detailed molecular mechanisms of miR-142-3p in the development and progression of BC remain far from understood. This study aimed to investigate the possible role of miR-142-3p in the progression of BC.

**Methods** The expression of miR-142-3p in BC cell lines (MCF-7, MDA-MB-231, SK-BR-3), cancer tissues and matched adjacent nontumor tissues were measured by real-time quantitative PCR (RT-qPCR). The Kaplan-Meier method and the log-rank test were adopted for survival analyses. Comprehensive bioinformatics analysis was conducted to seek target genes of miR-142-3p through four online tools (TargetScan, DIANA tools, miRPathDB and PicTar databases). The protein levels of target genes were assessed by western blot and immunohistochemistry (IHC). The in vitro function of miR-142-3p was investigated using Cell Counting Kit-8 (CCK-8), colony formation assay, cell apoptosis, wound-healing assay, transwell invasion assay and tube formation assay. The candidate targets of miR-142-3p were predicted using online tools and were confirmed using Luciferase reporter assay. The function of miR-142-3p in vivo was evaluated in xenograft model in nude mice. Finally, rescue experiment was conducted to investigate miR-142-3p/RAC1 interaction in the progression of BC.

**Results** The levels of miR-142-3p were significantly decreased both in BC tissues and BC cell lines. MiR-142-3p downregulation exhibited poor prognosis in terms of overall survival. Ectopic expression of miR-142-3p suppressed BC cell proliferation, migration, invasion and angiogenesis in vitro. Also, metastasis models indicated that more metastatic nodules were observed in control group than in transfection with miR-142-3p agomir group, suggesting that miR-142-3p could negatively regulate the growth, metastasis and angiogenesis in vivo. Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 (RAC1) was identified as a target of miR-142-3p using online tools and Luciferase reporter assay. RAC1 were obviously upregulated in BC tissues and cell lines, and patients with higher RAC1 level have shorter overall survival time. The inverse correlation between miR-142-3p and RAC1 was significant according to linear regression analysis. MiR-142-3p overexpression reduced the protein levels of RAC1 and simultaneously suppressed the epithelial-to-mesenchymal (EMT) related protein levels and the activity of PAK1 phosphorylation, respectively. In addition, RAC1 overexpression reversed the inhibited proliferation, migration, invasion and angiogenesis function of miR-142-3p. Western blot indicated miR-142-3p-dependent upregulation of the epithelial marker and downregulation of mesenchymal markers was partly reversed by RAC1 overexpression. Moreover, the protein level of p-PAK1 was reversed in the group of co-transfection with miR-142-3p and pcDNA3.1-RAC1. These findings implied that miR-142-3p overexpression could inhibit BC progression through inactivating RAC1/PAK1 signaling.

**Conclusions** In general, our research showed that enforced expression of miR-142-3p could suppress cell growth, migration, invasion and EMT process by targeting RAC1 and subsequently altering the activation of PAK1 pathway in BC cells. We explored the possible function and molecular mechanism of miR-142-3p in BC and provided a novel candidate target for the treatment of BC.

## PU-5212

**发现一个马凡综合征 FBN1 基因新突变 c.649T > C**

荣伽玲,郑芳  
武汉大学中南医院,430000

**目的** 对来我院就诊的一个马凡综合征 (Marfan syndrome, MFS) 家系进行致病性突变筛查, 在基因水平寻找该家系致病的可能原因, 进而为患者进行遗传咨询提供依据。

**方法** 收集患者临床资料, 采集并提取先证者及其他家系成员的外周血基因组 DNA, 经芯片捕获高通量测序技术进行测序筛查突变位点, Sanger 法测序对突变位点进行验证并进行相关生物信息学分析。

**结果** 测序结果显示在先证者 FBN1 基因 7 号外显子上存在一个错义突变位点 c.649T>C (p.Trp217Arg)。目前尚无关于该突变位点致病性的报道。经生物信息学分析, 该突变在正常人群的频率很低, 在线软件预测该突变致病性的可能性很大, 可引起蛋白质二级结构和氨基酸疏水性的改变。

**结论** 测序发现 FBN1 基因一个新突变位点 c.649T > C, 该突变可能会导致原纤维蛋白-1 结构和功能的改变, 导致常染色体显性遗传病 MFS 的发生。

## PU-5213

**类风湿患者中 T-SPOT 检测潜伏性结核感染  
诊断价值的荟萃分析**

李远  
山东省立医院,250000

**目的** 通过 Meta 分析系统评价在类风湿关节炎 (RA) 患者中  $\gamma$  干扰素释放试验 (IGRAs) 用于快速检测潜伏性结核感染 (LTBI) 的诊断价值。

**方法** 按照系统评价的要求检索 Medline、PubMed、EMBASE、万方医学网、中国期刊全文数据库 (CNKI), 获得关于 IGRAs 试验诊断 RA 患者中潜伏性结核感染的临床文献, 对其进行 Meta 分析。

**结果** 纳入文献共 19 篇 (患者共 4789 例), BCG 接种率范围 (2.8%~83%), T-SPOT 与 TST 优势比 OR 为 1.96 (95%CI: 1.65~2.33,  $P < 0.05$ ), QFT 与 TST 优势比 OR 为 1.38 (95%CI: 1.20~1.60,  $P < 0.05$ ), QFT 与 T-SPOT 优势比 OR 为 1.39 (95%CI: 0.98~1.97,  $P > 0.05$ )。

**结论** TST 试验因受卡介苗接种的影响, 诊断效果较低, IGRAs 方法可避免卡介苗接种的影响, 因此, 在类风湿关节炎疾病人群中, 可以使用 IGRAs 方法更确切的诊断潜伏结核患者, 本试验的资料有限还需更多的临床资料的验证。

## PU-5214

**青蒿琥脂联合索拉非尼抗头颈鳞癌作用及其机制的研究**

刘硕<sup>1</sup>, 胡东<sup>1</sup>, 邢应如<sup>2</sup>  
1. 安徽理工大学医学院  
2. 安徽理工大学附属肿瘤医院

**目的** 探讨青蒿琥酯对索拉非尼的抗癌增敏作用及其作用的分子机制。

**方法** 应用 MTS 测得 SOR, ARS 及 SOR+ARS 组系列浓度的 OD 值, 计算每组 IC<sub>50</sub> 值, 并计算其联合用药指数 CI 值。用台盼蓝染色分别统计低浓度 SOR, ARS 及其联合组的活死细胞数进一步验证 SOR 与 ARS 联合用药对肿瘤增殖的抑制作用。通过划痕实验检测 SOR, ARS 联用对 HN30 (头颈鳞状细胞癌细胞) 细胞迁移的改变。PI-ANXIN V 双染后流式仪检测 SOR, ARS 及 SOR+ARS 对 HN30 细胞凋亡情况的影响。流式细胞技术验证 SOR, ARS 及联合对 HN30 细胞周期是否存在阻滞作用。Western blot 法检测 SOR, ARS, SOR+ARS 各组的 p-mtor, PI3K, p-AKT, p-erk, raf 等的蛋白表达水平。采用 Graphpad 7.0 软件进行数据分析, IC<sub>50</sub> 计算采用 Sigmoidal dose-response 法, 两组间计量数据比较采用 two-tailed Student's t 检验法。

**结果** MTS 实验提示 SOR, ARS 联用组对 HN30 细胞增殖的抑制作用显著高于单独用药组且伴随浓度依赖效应; HN30 细胞中 SOR 和 ARS 的凋亡率高于其他组 ( $P < 0.05$ ); 划痕试验结果表明, SOR, ARS 组合组的划痕愈合率变慢, 低于 SOR, ARS 刺激组。SOR + ARS 组和单独药物组之间的细胞周期没有统计学上的显著差异。Western Blot 结果表明, 青蒿琥酯和联合用药组可有效下调 HN30 细胞中 p-AKT 和 p-mTOR, p-erk, raf 蛋白的表达水平。

**结论** 在细胞学实验中青蒿琥酯与索拉非尼联合用药有明显的正向协同作用, 并可显著提高细胞增殖的抑制率和迁移率, 诱导 HN30 细胞的凋亡出现。在 HN30 细胞中这种现象与青蒿琥酯与索拉非尼双重抑制抑制 PI3K/AKT/mTOR 及 MAPK-erk 通路有关。在头颈鳞癌中青蒿琥酯协同索拉非尼促进肿瘤凋亡, 抑制其增殖及迁移。可能为改善头颈癌患者的治疗提供了新的视角和理论依据。

## PU-5215

### HPV 感染基因型亚型分布及与宫颈癌预后相关性研究

蒋滢  
解放军总医院

**目的** 了解 HPV 感染基因型亚型的分布情况及与宫颈癌预后的关系。

**方法** 病例收集于 2017 年 7 月至 2018 年 1 月, 患者为就诊于解放军总院第八医学中心妇科门诊并进行 HPV 检测的女性。年龄为 19~68 岁, 平均 38.519.635 岁, 总共收集标本 378 例。按照我国 WS 334-2011 子宫颈癌诊断标准分为疾病对照组 258 例, 癌前病变组 100 例, 癌症组 20 例。利用 HPV-PCR 技术, 对 HPV15 种高危型别进行分型测定, 并分析 HPV 感染宫颈癌患者治疗预后二者的相关性。

**结果** 378 例患者中, 有 222 例患者感染 HPV, 总体阳性率为 58.73%, 三组 HPV 感染阳性率相比较, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。其中宫颈癌组的阳性率为 100%, 显著高于癌前病变组和对照组 ( $P < 0.05$ ); 癌前病变组阳性率显著高于对照组 ( $P < 0.05$ )。宫颈癌患者主要感染型别为 HPV16、18 型。20 例宫颈癌患者有 16 例为预后良好, HPV 转阴率高。

**结论** 本文通过研究 HPV 感染在三组不同宫颈疾病的分布情况, 了解到 HPV 在本地区的一个总体感染率为 58.73%, 与一些相关文献报导的感染率基本相符, 还发现 HPV 感染随着病程的加重, 阳性感染率越高, 说明 HPV 感染在疾病的发展过程中占据主要地位, 其与宫颈癌的发生更是密不可分。从分布情况中发现本研究中 15 种高危型 HPV 在本地区的感染型别主要以 HPV16、52 型为主, 而 HPV16、18 型为宫颈癌主要感染型别, 这也与相关研究的论证相符。在宫颈癌的预后结果分析中, 本研究 20 例宫颈癌患者, 16 例为预后良好 HPV/TCT 均为阴性, 占 80%, 由此研究得出 HPV 感染在宫颈癌的治疗预后转阴率高, 预后效果好。本研究发现高危型 HPV 感染与宫颈癌及癌前病变密切相关, 所以对宫颈癌的早期筛查和防治能够有效的预防和降低其发病率和死亡率。目前, 国内预防性 HPV 疫苗的研发正在不断提升和改善, 但其针对亚型少, 覆盖面积小, 研发出治疗性疫苗才是防癌的最终目标。本研究能为其提供大量的数据资料, 完善我国的 HPV 亚型资料库, 对治疗性 HPV 疫苗的研究及宫颈癌的早期防治具有一定意义。

## PU-5216

## 基于 G-四链体结构构建可视化检测巨细胞病毒巢式 PCR 产物的新方法

李祥辉<sup>1</sup>, 吴娟<sup>1</sup>, 陈敏<sup>1</sup>, 欧启水<sup>1,2</sup>

1. 福建医科大学, 350000

2. 福建医科大学附属第一医院, 350000

**目的** 巢式 PCR 借助两对引物对目标 DNA 进行两次扩增, 产物无法定量只能采用凝胶电泳进行检测。因此, 本实验将采用 G-四链体模拟过氧化物酶活性构建一种可视化检测巨细胞病毒的巢式 PCR 产物的新方法。

**方法** 利用 Primer Primer6.0 软件针对巨细胞病毒的保守区设计 4 条引物, 引物 1 (P1) 和引物 2 (P2) 为第一次扩增的引物, 引物 3 (P3) 和引物 4 (P4) 为第二次扩增的引物, 并在 P3 的 5'端设计一段悬挂端。该悬挂端不会与引物产生二级结构, 以及通过 BLAST 验证, 与人类的基因组并没有同源性而且不会与巨细胞结合产生非特异性片段扩增。通过优化 PCR buffer、hemin 和 MB 反应时间三个关键的实验变量, 并探讨不同长度的悬挂端、重复序列在 5'端和 3'端以及不对称 PCR 对实验结果的影响。在最优条件下, 采用比色法检测目标物, 并用凝胶电泳验证反应体系的准确性、重复性、灵敏度等。

**结果** 实验结果表明, 基于 G-四链体结构构建一种可视化检测巨细胞病毒的巢式 PCR 产物的方法, 检测限可以达到 82.1 copies/mL, 比色反应时也有明显差异。此外, 特异性、重复性等也具有较好结果。

**结论** 本文首次使用 G 四链体模拟过氧化物酶活性代替凝胶电泳, 构建了一种新型的可视化检测巨细胞病毒巢式 PCR 产物, 降低检测成本, 缩短检测时间。

## PU-5217

## Integrated genome and transcriptome sequencing identifies a novel form of hybrid and aggressive prostate cancer+

Jian Zhang

SHANDONG PROVINCIAL HOSPITAL

**Objective** Next-generation sequencing is making sequence-based molecular pathology and personalized oncology viable.

**Methods** We selected an individual initially diagnosed with conventional but aggressive prostate adenocarcinoma and sequenced the genome and transcriptome from primary and metastatic tissues collected prior to hormone therapy. The histology-pathology and copy number profiles were remarkably homogeneous, yet it was possible to propose the quadrant of the prostate tumour that likely seeded the metastatic diaspora. Despite a homogeneous cell type, our transcriptome analysis revealed signatures of both luminal and neuroendocrine cell types. Remarkably, the repertoire of expressed but apparently private gene fusions, including C15orf21:MYC, recapitulated this biology. We hypothesize that the amplification and over-expression of the stem cell gene MSI2 may have contributed to the stable hybrid cellular identity.

**Results** This hybrid luminal-neuroendocrine tumour appears to represent a novel and highly aggressive case of prostate cancer with unique biological features and, conceivably, a propensity for rapid progression to castrate-resistance.

**Conclusions** Overall, this work highlights the importance of integrated analyses of genome, exome and transcriptome sequences for basic tumour biology, sequence-based molecular pathology and personalized oncology.

## PU-5218

**Analysis of blood glucose level in pregnant women**

Bing Ma

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to study the status quo of blood glucose level in pregnant women and its relationship with various maternal and fetal adverse pregnancy outcomes, which is of great significance to improve the short and long term outcomes of GDM.

**Methods** [methods] 3966 pregnant women in Bozhou people's Hospital from January 2014 to December 2016 were selected. Among them, there were 314 pregnant women with GDM and 3652 non-GDM pregnant women (non-GDM group). The blood glucose level of pregnant women was analyzed. At the same time, 314 pregnant women with GDM were divided into three groups according to certain criteria. The relationship between the probability of adverse maternal and fetal pregnancy outcome.

**Results** the results were as follows: a total of 3966 pregnant women were tested for fasting blood glucose within  $37.3 \pm 3.5$  weeks of pregnancy, 1 hour after taking glucose and 2 hours after taking sugar. The blood glucose level of the parturient in the non GDM group was normal, while that in the GDM group was higher than that in the non GDM group after taking glucose for 1 hour and 2 hours after taking glucose. Then, all samples of GDM group were divided into three groups according to certain conditions. There was a strong correlation between blood glucose level and the main outcome of maternal and infant adverse outcomes in the near and long term. The development of GDM was associated with the increase of blood glucose level during pregnancy. The incidence of complications in pregnant women with diabetes increased from 45.59% to the highest 86.36%, and the incidence of complications of fetus and newborn increased from 19.86% to 81.81%.

**Conclusions** the status quo of blood glucose level in pregnant women and its relationship with various maternal and fetal adverse pregnancy outcomes, which is of great significance to improve the short and long term outcomes of GDM.

## PU-5219

**降低 D-二聚体 (D-D) 检测中复测率偏高的方法探讨**

张鸿伟,洪虹

昆明市第一人民医院,650000

**目的** 探讨降低 STA R Evolution 凝血分析仪检测 D-二聚体 (D-D) 过程中复测率偏高的方法, 节约成本支出。

**方法** 结合 D-D 的检测线性 ( $0.22 \sim 4 \text{ ug/ml FEU}$ ), 选择 D-D 分布在检测上限附近的 102 例患者的 D-D 与 FDP 的检测值, 分析两者的相关性, 并利用 ROC 曲线, 分析出当 D-D 检测值为  $4 \text{ ug/ml}$  (FEU) 时的 FDP 的值, 作为判断 D-D 是否需要稀释的 Cut-off 临界值, 以此临界值作为选择 D-D 检测程序的依据。在 STA R Evolution 凝血分析仪器上设置锁定 D-D 自动检测, 样本检测时先检测 FDP, 根据 FDP 的测值在仪器上手动选择合适的 D-D 检测程序: 对于 FDP 不大于临界值的样本, 选择 DDI4CN 程序进行检测, 对于 FDP 大于临界值的样本, 选择 1/5DDICN 程序进行检测。然后观察改进前、后一个月 D-D 检测数据, 比较应用该方法前后 D-D 复测率变化趋势。

**结果** 1、102 例患者 D-D 与 FDP 的检测值经正态性检验, 呈偏态分布, 以中位数 (M) [四分位数 (P 25 ~ P 75)] 表示分别为  $4.0(2.66-7.69 \text{ ug/ml})$  与  $12.64(9.89-28.9 \text{ ug/ml})$ , 两者具有相关性,  $r=0.974$ ,  $p<0.05$ ; 2、D-D 检测值为  $4 \text{ ug/ml}$  (FEU) 时, FDP 的 Cut-off 临界值为  $12.5 \text{ ug/ml}$  (尤登指数为 0.944), 曲线下面积 (AUC) 为 0.992,  $p<0.05$ , 95% CI 为 1.004 (0.980-

1.004); 3、在应用该方法后 D-D 的复测率从改进前的 16.95%下降到 3.66% ( $\chi^2=1.841$ ,  $p<0.05$ ), 改进前后具有显著性差异。

**结论** 在应用 STA R Evolution 凝血分析仪检测 FDP 和 D-D 时, 可先检测 FDP, 结合 FDP 的检测值, 手动选择合适的 D-D 检测程序, 可以降低 D-D 的复测率, 节约成本支出。

## PU-5220

### 3285 例四川地区抗中性粒细胞胞浆抗体结果分析

胡静,黄卓春,杨滨  
四川大学华西医院,610000

**目的** 研究四川地区抗中性粒细胞胞浆抗体 (ANCA) 及其六个相关抗体 (BPI/CAT/EL/LF/MPO/PR3) 的分布特点。

**方法** 收集我院 2015 年 1 月至 2019 年 5 月期间采用间接免疫荧光 (IIF) 法检测 ANCA 结果为阳性 (报告结果为 a-ANCA、c-ANCA、p-ANCA) 和可疑的病例共计 3285 例。同时采用 ELISA 方法进行验证, 对其六个抗体进行回顾性分析。

**结果** IIF 法检测 ANCA 的结果中, 可疑占 50.62%, p-ANCA 占 38.26%, c-ANCA 占 6.09%, a-ANCA 占 5.02%。采用 ELISA 法验证的六个抗体中, 百分率占前三的分别是 MPO (51.53%), BPI (19.48%), LF (18.5%), a-ANCA 中阳性率最高抗体为 MPO (73.3%), c-ANCA 中阳性率最高的抗体为 PR3 (51%), p-ANCA 中阳性率最高的抗体为 MPO (78.3%); 男女比例为 1: 1.54, 女性在各年龄段的占比均高于男性, 其中 20 岁以下, 21-30 岁, 31-40 岁年龄段女性占比分别为 72.3%、73.9%、74.7%。

**结论** BPI 和 LF 在所有的 ANCA 阳性标本中的占比仅次于 MPO, 女性 ANCA 阳性率更高且比男性出现 ANCA 阳性更为低龄化。

## PU-5221

### 重症监护病房患者病原菌种类检测及耐药性监测

林明辉  
中国人民解放军联勤保障部队第九二〇医院

**目的** 探讨重症监护病房(ICU)患者病原菌的种类及耐药性, 以指导临床合理用药。

**方法** 收集 ICU 感染患者各种标本, 包括痰液、胆汁、尿液、创面分泌物、血液、脑脊液、胸腹水、穿刺液, 分离病原菌, 并行病原菌药敏实验。

**结果** 共分离出 2848 株病原菌, 其中革兰阴性菌 2376 株(占 83. 43%), 革兰阳性菌 310 株(占 10. 88%), 真菌 162 株(占 5. 69%)。检出病原菌前三位的标本是痰液、尿液、各种体液, 分别占全部标本的 73. 24%、14. 26%、8. 29%。鲍曼不动杆菌仅对头孢哌酮/舒巴坦、米诺环素、氨苄西林/舒巴坦敏感率较高, 分别为 97. 16%、96. 02%、86. 08%;对其他抗生素的耐药率均大于 75%。铜绿假单胞菌对阿米卡星、头孢哌酮/舒巴坦、头孢吡肟敏感率较高, 敏感率分别为 93. 53%、84. 91%、82. 72%。

**结论** ICU 病房感染的病原菌以革兰阴性菌为主, 多分布在痰液、尿液及各种体液, 对多种抗生素耐药。



## PU-5222

**糖尿病肾病早期诊断实验室指标的比较筛选**

杨海玉

泰州市中医院,225300

**目的** 检测糖尿病肾病患者尿微量白蛋白（U-mAlb）及糖化血红蛋白（HbA1c）水平浓度，探讨两者结合对于糖尿病肾病的早期诊断价值。

**方法** 随机选择确诊的糖尿病肾病患者和无肾损伤糖尿病患者各 50 例，分别作为糖尿病肾病组和单纯糖尿病组，另外随机抽取同期健康体检者 50 例作为对照组，分别对 U-mAlb、HbA1c 进行检测，同时将选取的糖尿病肾病患者样本按照 HbA1c 浓度分为高值组、中值组和低值组进行统计学分析。

**结果** 糖尿病肾病组的 U-mAlb 和 HbA1c 检测指标均明显高于单纯糖尿病组和健康组，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ），同时伴随 HbA1c 的升高，糖尿病肾病患者 U-mAlb 数值也有增高趋势，优于同期测定的尿素氮和肌酐（ $P<0.05$ ）

**结论** 糖尿病患者加强对 U-mAlb 和 HbA1c 的联合检测对于糖尿病肾病的早期发现具有诊断价值。

## PU-5223

**Lis360 实验室管理系统设计与实现**

付强

暨南大学附属第一医院东圃院区检验科

**目的** 通过对 LIS 系统的实现与开发可以达到为患者提供更良好的医疗服务，为病房里的医护人员提供在线服务，确保检验结果的可靠性和准确性，尽量减少不必要的人为误差。杜绝项目收费方面不必要的人为失误。以往检验科室的检验收费都通过手工操作完成，效率低下而且浪费大量人力物力，如今通过 LIS 系统可以实现自动收费，提高了工作效率，避免错收费和漏收费。

**方法** LIS360 实验室管理系统是专为医院实验室设计的一套简易信息管理系统，其实质是把实验室的各种检验仪器通过计算机连接而组成的局域网络，准确、快速录入患者的检验信息，标本经检验仪器测试分析完毕后，自动导入检验报告管理系统，通过检验局域网与医院主网络的紧密连接，解决检验报告审核后可传递到临床各科室，实现数据共享和检验报告单的无纸化传递。

**结果** LIS360 实验室信息管理软件系统采用目前较为流行的客户机 / 服务器（c / s 结构）体系，数据库管理系统采用 SQL-Server2000,开发工具采用 powerbuid8.0 企业版。

在系统开发过程中，对于该系统的测试是与整个系统开发过程平行进行的。测试计划在需求分析阶段就开始制定，在系统开发过程中不断的根据实际情况对测试进行不断的修改。

**结论** LIS360 实验室信息管理系统的开发应用，大大提高实验室的管理水平，促进实验室管理工作走向标准化、现代化和科学化之路。本系统解决了实验室多年来人工发送检验报告单的传统模式，为临床医生及时了解患者病情赢得了宝贵的时间。

LIS360 实验室信息管理系统的不断发展以及实验室自动化仪器的逐渐增多，临床及科研部门对实验室要求的进一步提高，许多手工检测的检验项目已逐渐被自动化仪器所取代。LIS360 实验室信息管理系统在质量控制、检验信息管理、规范检验流程，适应创新方法，为临床诊断提供真实准确的实验数据。LIS360 实验室信息管理系统为医务工作者搞科研查询资料提供了方便，只需要在查询模块中输入患者姓名、临床诊断、检验日期或审核日期等，点击查询功能，就可以从中找出相应的检验数据，从而可以更加便捷找到与科研有关的资料。

## PU-5224

## 天花粉蛋白通过调节 MDSC 对链脲佐菌素诱导的糖尿病小鼠的抗糖尿病作用研究

爻洁

上海交通大学医学院附属同仁医院

**目的** 探究天花粉蛋白 (trichosanthin, TCS) 对链脲佐菌素 (streptozocin, STZ) 诱导的 1 型糖尿病小鼠抗糖尿病作用的机制。

**方法** 1. 以 C57BL/6 小鼠为研究模型, 腹腔注射 STZ 25mg/kg, 连续注射 5 天, 建立 1 型糖尿病小鼠模型。选取随机血糖水平  $\geq 200\text{mg/dL}$  (11.1mmol/L) 的小鼠视为造模成功。TCS 治疗组小鼠腹腔注射 TCS 10 ug/ml, 连续注射 20 天, 每日一次; 胰岛素治疗组小鼠肌内注射胰岛素 1U/ml, 5 天, 每日一次; 正常组和模型组小鼠腹腔注射 PBS 10ml/kg, 连续 4 周, 每日一次。造模第 3 周测定小鼠随机血糖、糖化血红蛋白(glycated hemoglobin, HbA1c)以及血浆中 IFN- $\gamma$ 、IL-6 水平。2. 通过对各组小鼠胰腺进行苏木精-伊红 (hematoxylin-eosin, HE) 染色、免疫组化观察胰岛形态变化及胰岛素含量。3. 通过流式细胞术, 比较各组小鼠和脾脏、骨髓、腹壁淋巴结、外周血中各类免疫细胞的频数和表型。4. 通过实时荧光定量 PCR 检测各组小鼠胰腺组织中 iNOS、Arg1 相对含量。5. 探索 TCS 通过 AGEs-RAGE 信号通路阻断骨髓来源的髓系来源的抑制性细胞 (myeloid derived suppressor cells, MDSC), 发挥抗糖尿病作用。

**结果** 1. 经 TCS 干预后, 治疗组小鼠随机血糖、HbA1c、血浆 IFN- $\gamma$ 、IL-6 水平与 STZ 糖尿病小鼠比较呈现降低 ( $P < 0.05$ )。2. HE 染色、免疫组化结果显示, 经 TCS 干预后, 小鼠胰腺组织中胰岛形态与 STZ 糖尿病小鼠比较呈现明显改善, 趋于规则; 胰岛素颗粒数趋于正常。3. 流式细胞术结果显示, 经 TCS 干预后, 小鼠骨髓、脾脏中 MDSC 频数与 STZ 糖尿病小鼠比较呈现降低 ( $P < 0.05$ )。4. 经 TCS 干预后, 治疗组小鼠胰腺中 Arg1、iNOS 的 mRNA 水平与 STZ 糖尿病小鼠比较呈现降低 ( $P < 0.05$ )。5. 经 TCS 干预后, 治疗组小鼠骨髓来源的 MDSC 表面 RAGE 的 mRNA 水平与 STZ 糖尿病小鼠比较呈现下降 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 1. TCS 对 STZ 糖尿病小鼠具有的抗糖尿病作用。2. 在 STZ 糖尿病小鼠中 MDSC 发挥免疫抑制功能。3. TCS 通过下调 MDSC 发挥抗糖尿病作用。4. TCS 通过下调骨髓来源的 MDSC 表面 RAGE, 下调 p21 ras/MAP 激酶, 抑制转录因子 NF- $\kappa$ B 激活, 抑制促炎症细胞因子 (IL-6、IL-1、TNF- $\alpha$ ) 产生, 进一步发挥抗糖尿病作用。

## PU-5225

## 耐吡咯类阴道白假丝酵母菌耐药基因研究

李倩璐

广州医科大学附属第一医院, 510000

**目的** 探讨白假丝酵母菌 ERG5、ERG11 基因高表达与吡咯类抗真菌药物耐药的关系。

**方法** 对 150 株临床白色念珠菌进行药物敏感试验, 选取 4 种吡咯类抗真菌药物 (氟康唑、酮康唑、克霉唑、伊曲康唑) 中一种或一种以上中介或耐药株作为实验菌株; 提取白假丝酵母菌总 RNA, 逆转录合成 cDNA, 实时荧光定量 PCR (FQ-RT-PCR) 分别检测 ERG5, ERG11 基因表达水平, 比较耐药株组与敏感株组表达水平差异。

**结果** 氟康唑和酮康唑耐药组有 19 株发生 ERG5 高表达, 占 73.12%, 敏感组中 6 株发生高表达, 占 43.25%。耐药株组 ERG11 基因表达量与敏感组比较, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 耐药菌株组 ERG5 基因的表达式与敏感组比较, 差异无统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 白假丝酵母菌 ERG11 基因高表达可能与氟康唑、酮康唑产生耐药有关, 白假丝酵母菌 ERG5 基因高表达在耐药中的作用还有待进一步研究证实。

PU-5226

## cTnI 检测在胸痛病人中早期鉴别诊断心肌梗死的临床意义

滕毅

中国人民解放军联勤保障部队第九二〇医院

**目的** 探讨心肌肌钙蛋白 I (cTnI) 水平对胸痛患者早期鉴别诊断急性心肌梗死 (AMI) 的临床意义。

**方法** 采用回顾性分析的方法收集 216 例急诊胸痛患者的血清中 cTnI 的检测结果, 将胸痛患者分为 cTnI 阳性和 cTnI 阴性两组 (血清 cTnI<1 为阴性, 血清 cTnI>1 为阳性); 以临床最终诊断为主, 统计这些胸痛患者最后诊断为急性心肌梗死的情况, 分析 cTnI 在胸痛患者早期筛查 AMI 的意义。

**结果** 216 例胸痛患者中, 以 cTnI>1ng/ml 为临床决定水平, cTnI 阳性 72 例, 占 33.3%; 阴性 144 例, 占 66.7%; cTnI 阳性患者中最终确诊 AMI 阳性 62 例, 占 86.1%, 阴性 10 例, 占 13.9%; 使用四格表计算出 cTnI 在胸痛患者中诊断 AMI 的敏感性为 52.1%, 特异性为 89.7%。

胸痛患者早期筛查 AMI 的意义。

**结论** cTnI 存在于心肌细胞中, 在健康人中含量甚少, 在心肌损伤特别是 AMI 时, 能够迅速释放进入血液, 且持续时间较长。因此, cTnI 对于 AMI 的早期诊断具有较高特异性。通过对胸痛患者进行 cTnI 的检测, 可以尽早发现 AMI 尤其是症状不典型的 AMI 的发生, 及时对其进行治疗, 及时有效的挽救患者生命。

PU-5227

## FBXO39 targets SNAIL for degradation and Tumor Metastasis

Fajin Li

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** refers to the loss of epithelial cells by plasticized cells during embryonic development, and is converted into interstitial cells. There are F-box domain proteins in FBXO39. We used a small-interfering RNA library to perform genomic screening based on fluorescein for over 200 E3 ligase and ubiquitin-related genes, and the F-box protein FBXO39

**Methods** There are F-box domain proteins in FBXO39. We used a small-interfering RNA library to perform genomic screening based on fluorescein for over 200 E3 ligase and ubiquitin-related genes, and the F-box protein FBXO39 as a new type The E3 ligase component, targeting SNAIL, degrades SNAIL.

**Results** the extreme expression of FBXO39 can inhibit tumor metastasis by regulating the degradation of SNAIL both in vitro and in vivo.

**Conclusions** FBXO39-mediated SNAIL degradation plays a crucial role in regulating EMT and cancer progression.

PU-5228

## 循证检验医学在预防隐匿性乙肝感染漏检 新策略中的实践应用

瞿良

解放军联勤保障部队第920医院,650000

**目的** 利用循证检验医学的实践理论,在亚高原地区体检人群中,防止隐匿性乙肝病毒感染漏检,建立一套新策略进行预防。

**方法** 首先分析体检 892000 例普通成年人乙肝两对半检测结果后,保存 HBsAb 阳性和/或 HBcAb 阳性,以及全阴性的血清 5780 份,分批次进行 PCR 检测 HBV-DNA,并对阳性标本进行 DNA 序列分析。然后利用循证检验医学的方法制定出体检人群隐匿性乙肝感染漏检的策略,对随机 93 份体检和 93 份临床标本分别进行实验验证。

**结果** HBV 血清标志物均阴性的患者血清 5780 份中,HBcAb 共有 528 例,阳性率为 9.13%,血清 HBcAb 阳性的标本中 HBV-DNA 阳性 68 例,阳性率为 93.15%,大多以 HBV B 型基因为主(65 例)。

**结论** 对亚高原地区体检人群进行乙肝“两对半”检测的结果中,建议 HBcAb 阳性的被体检者继续进行 HBV-DNA 检测,对预防隐匿性乙肝病毒感染具有重要的临床意义。

PU-5229

## IL-4/IL-4R and IL-6/IL-6R genetic variations and gastric cancer risk in a Chinese population

Bangshun He, Shukui Wang

General Clinical Research Center, Nanjing First Hospital, Nanjing Medical University

**Objective** Gastric cancer is the fifth most common cancer and the second most common cause of cancer-related death worldwide. More than half of the gastric cases worldwide are diagnosed in eastern Asia, predominantly in China, and *Helicobacter pylori* infection is one of important risk factors for the development of gastric cancer. In 1994, the World Health Organization and the International Agency for Research on Cancer identified *H. pylori* as a class I carcinogen. The infection rate of *H. pylori* is approximately 40–50% of the global human population, and studies have shown that people with *H. pylori* infection are five times more likely to develop gastric cancer than people without *H. pylori* infection. *H. pylori* colonization can cause chronic inflammation, which significantly increases the risk of developing duodenal and gastric ulcers and gastric cancer. Epidemiologic studies have suggested that the interaction between the host genetic background and *H. pylori* contributes to the development of gastric cancer. Moreover, epidemiologic studies also have investigated the IL-4/IL-4R and IL-6/IL-6R signaling pathways are involved in immune response and play roles in gastric carcinogenesis. Thus, we performed a case-control study to assess the association of IL-4/IL-4R and IL-6/IL-6R genetic variations with the risk and prognosis (determined by the number of overall survival (OS) days) of gastric cancer.

**Methods** This case-control study enrolled 479 gastric cancer patients and 483 age- and sex-matched healthy controls. All patients were histologically diagnosed to have gastric cancer, and the controls were individuals who came to the hospital for routine physical examinations. The genotypes were detected using a Mass-array platform. The *Helicobacter pylori* infection status was determined using a commercial immunogold testing kit. The differences in the demographic features of the two groups were assessed by the t test or the chi-square ( $\chi^2$ ) test and Survival curves were assessed by Kaplan-Meier analyses.

**Results** We found that the IL-6 rs1800796 G allele was associated with an increased risk of gastric cancer (GG vs. CC:  $OR_{adjusted} = 2.20$ , 95% CI = 1.33–3.63; GG/CG vs. CC:  $OR_{adjusted} = 1.41$ , 95% CI = 1.09–1.82). The stratified analysis showed that rs1800796 G allele carriers were associated with an increased risk of gastric cancer in the following subgroups: age >64 years old ( $OR_{adjusted} = 1.67$ , 95% CI = 1.17–2.39); female ( $OR_{adjusted} = 1.82$ , 95% CI = 1.09–3.05); positive for H. pylori infection ( $OR_{adjusted} = 1.54$ , 95% CI = 1.07–2.22); non-cardiac gastric cancer ( $OR_{adjusted} = 1.53$ , 95% CI = 1.15–2.04); stage T3-T4 tumor ( $OR_{adjusted} = 1.41$ , 95% CI = 1.06–1.88); and median to high differentiation ( $OR_{adjusted} = 1.45$ , 95% CI = 1.08–1.96). None of the genetic variations were associated with overall survival.

**Conclusions** The IL-6 rs1800796 GG genotype is a risk factor for gastric cancer. The rs1800796 G allele carriers have an increased risk of gastric cancer, and the association was stronger in individuals that were >64 years old, female, or positive for H. pylori infection. None of the genetic variations were associated with gastric cancer prognosis.

## PU-5230

### Poly-Gene Fusion Transcripts and Chromothripsis in Prostate Cancer

Jian Zhang  
SHANDONG PROVINCIAL HOSPITAL

**Objective** To understand the molecular consequences of these events, we sequenced the genomes and transcriptomes of two prostate tumors exhibiting evidence of chromothripsis.

**Methods** We identified several complex fusion transcripts, each containing sequence from three different genes, originating from different parts of the genome. One such poly-gene fusion transcript appeared to be expressed from a chain of small genomic fragments. Furthermore, we detected poly-gene fusion transcripts in the prostate cancer cell line LNCaP, suggesting they may represent a common phenomenon. Finally in one tumor with chromothripsis, we identified multiple mutations in the p53 signaling pathway, expanding on recent work associating aberrant DNA damage response mechanisms with chromothripsis.

**Results** Overall, our data show that chromothripsis can manifest as massively rearranged transcriptomes.

**Conclusions** The implication that multigenic changes can give rise to poly-gene fusion transcripts is potentially of great significance to cancer genetics.

## PU-5231

### 119 例初诊多发性骨髓瘤临床特征分析

马莉<sup>1</sup>, 谭丁及<sup>2</sup>

1. 云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院, 650000

2. 昆明医科大学检验技术专业

**目的** 分析初诊多发性骨髓瘤患者临床表现、实验室检查, 通过总结其临床及实验室检查特点, 以期协助临床进行诊断, 降低误诊率。

**方法** 回顾性分析 2015 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 20 日期间在昆明医科大学第三附属医院初次确诊为多发性骨髓瘤的患者临床资料及实验室检查结果。

**结果** 119 例初诊多发性骨髓瘤患者平均发病年龄 59.7 岁, 男女比 1.64:1。首发症状以骨痛为主, 共 99 例 (83.2%), 并与其他如牙痛、咳嗽咳痰等罕见症状; 临床 DS 分期以 II 期、III 期为主, 共计 115 例 (96.6%)。119 例中共 50 例进行分型, 以 IgG 型、IgA 型为主, 分别为 30 例 (60.0%)、17 例 (34.0%)。血常规检查中 95 例 (79.8%) 患者血红蛋白降低, 而超过 70% 的

患者白细胞、血小板正常；生化检查结果中白蛋白降低 90 例（75.6%），总蛋白、球蛋白升高各 73 例（61.3%）、89 例（74.8%）；尿素、肌酐、 $\beta$ 2-MG 增高者分别为 36 例（30.2%）、59 例（49.6%）、115 例（96.6%）；119 例患者血钙校正前升高 17 例（17.3%），降低 48 例（40.3%），血钙校正后升高 30 例（25.2%），校正前后高血钙比较， $P<0.05$  有统计学意义。骨髓象以增生活跃为主，94 例（79.0%）检出浆细胞比例 $\geq 10\%$ ，外周血红细胞检出缗钱状排列 64 例（53.8%）。

**结论** MM 多发于中老年,但其中青年人群中的发病也不容忽视，应加强人群的健康管理，以提高诊疗率；临床表现复杂多样，缺乏特异性，容易误诊；初诊病人临床分期较晚。单一的实验室检查缺乏特异性，必须联合多种实验室检查指标进行诊断。因此怀疑为多发性骨髓瘤的患者应尽早完善相关检查，以期早期确诊，提高诊疗效果。

## PU-5232

### 三亚地区甲型流感病毒、乙型流感病毒和腺病毒感染 临床特征及流行病学分析

匡慧慧

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 了解三亚地区甲型流感病毒、乙型流感病毒和腺病毒感染人群的临床特征和流行病学特点，为三亚地区甲型流感病毒、乙型流感病毒和腺病毒感染防治提供依据。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2019 年 3 月中国人民解放军总医院海南医院就诊的 1061 例有呼吸道感染症状的病例，收集整理临床资料，采集这些有呼吸道感染症状患者的咽拭子作为样本，应用的检测方法是实时荧光定量 PCR，对收集的标本进行的检测项目是甲型流感病毒、乙型流感病毒和腺病毒，检测完毕后，采用 spss 软件进行统计分析。

**结果** 1061 例患者标本中，382 例患者的咽拭子标本中检测出呼吸道病毒阳性，总阳性率为 36.00%（382/1061）。3 种呼吸道病毒在不同性别的检出阳性率差异无统计学意义（ $\chi^2=0.407$ ， $P>0.05$ ）。不同年龄组人群 3 种呼吸道病毒阳性检出率差异有统计学意义（ $\chi^2=28.06$ ， $P<0.05$ ）。不同季节 3 种呼吸道病毒阳性检出率不同，夏季最高（50.00%），其次是冬季（37.45%），秋季最低（13.64%）。各种被检测的呼吸道病毒感染临床特征前三名分别为发热（95.8%）、咳嗽（72.8%）和咽痛（43.5%）。

**结论** 在检测的 3 种呼吸道病毒中，甲型流感病毒是三亚地区呼吸道病毒感染的主要病原体，主要发生在冬季，无性别差异。3 种呼吸道病毒感染主要发生在 0~14 岁人群中，以甲型流感病毒感染居多。检测出阳性的患者临床表现排在前三位的分别是发热、咳嗽和咽痛。

## PU-5233

### 新建医院开诊五年血流感染细菌分布情况

匡慧慧

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 了解某新建医院开诊五年来血培养病原菌分布特征，为血流感染临床诊疗提供流行病学依据。

**方法** 研究我院 2012 年 5 月-2017 年 12 月临床送检的所有血培养阳性标本，对血培养病原菌的分布特点进行分析总结。

**结果** 本院五年来所有血培养阳性菌株共 485 株，革兰阳性菌共 247 株（占 50.93%），革兰阴性菌株共 200 株（占 41.24%），真菌共 38 株（占 7.84%）。革兰阳性菌株中，常见病原菌为凝固酶阴性葡萄球菌（171 株，35.26%），链球菌属（15 株，3.09%）和金黄色葡萄球菌（10 株，2.06%）。而革兰阴性菌常见病原菌是大肠埃希菌（77 株，15.88%），肺炎克雷伯菌（46 株，9.84%）及鲍曼不动杆菌（17 株，3.51%），除此外还可见热带特殊致病菌株假鼻疽伯克霍尔德菌（11 株，2.27%）。真菌中常见病原菌为近平滑念珠菌（16 株，3.30%），热带念珠菌（8 株，1.65%）及白色念珠菌（7 株，1.44%）。病原菌主要分布科室为重症医学科、急诊科、消化内科、血液科和肝胆外科。

**结论** 新建医院开诊五年来血流感染病原菌主要以革兰阳性菌为主，不同科室血培养阳性菌株分布特点不一，且出现热带特殊病原菌株假鼻疽伯克霍尔德菌，应值得临床注意。

## PU-5234

### 基于杂交链式反应和靶向循环主-客体识别适配体酶传感器 检测肿瘤坏死因子- $\alpha$

刘琳琳,刘飞,张立群,蒲晓允  
陆军军医大学新桥医院

**目的** 本文提出了一种新的杂交链式反应（HCR）结合靶向循环增强电化学信号的肿瘤坏死因子  $\alpha$ （TNF- $\alpha$ ）适配体传感器技术，利用主-客体识别相互作用进行电信号的采集，进行肿瘤坏死因子  $\alpha$  的检测。

**方法** 通过杂交链反应（HCR）诱导的 DNA 纳米线可以在电极表面负载大量的电化学物质亚甲基蓝（MB），在靶向 TNF- $\alpha$  和 RecJF 外切核酸酶的存在下，TNF- $\alpha$  首先与相应的 TNF- $\alpha$  结合适体 S2（用于 TNF- $\alpha$  识别和 HCR 的启动）结合，从而导致 MB 插入的 DNA 纳米线从电极表面解离后进入溶液中，而 RecJF 核酸外切酶进一步使 TNF- $\alpha$  回收利用，得到更多解离的 DNA 纳米线。在双专一核酸酶（DSN）的辅助下，在溶液中存在大量游离的 MB 插入的 DNA 纳米线继而释放出游离 MB，然后通过主客体相互作用选择性地被葫芦脲 7（CB）/纳米金@壳聚糖功能化电极捕获，产生的电化学信号会因 TNF- $\alpha$  的量而改变。

**结果** 通过对吸附的 MB 的电化学信号的检测，我们的电化学传感器对 TNF- $\alpha$  的检测具有很高的灵敏度。线性范围从 0.001 ng/ml 到 100 ng/ml，检测限极低，为 0.5 pg/ml。

**结论** 此电化学传感器在复杂的高特异性样品中也能特异性极强的检测出 TNF- $\alpha$ ，具有很大的临床应用潜力。

## PU-5235

### 血小板四项参数与肝硬化 child-pugh 分级关系的探讨

吴冰  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 通过肝硬化患者血小板四项参数（PLT、PDW、MPV、PCT）的测定，了解肝硬化患者血小板各项值的变化情况及其临床意义，并分析这四项参数与肝硬化 Child-Pugh 分级的关系。

**方法** 采用日本 SYSMEX-XE2100 型自动化血细胞分析仪测定 108 例肝硬化患者和 30 例健康对照者的全血血小板四项参数。

**结果** 与正常对照组比较，肝硬化组 PLT、PCT 显著降低（ $P<0.01$ ），而 MPV、PDW 显著升高（ $P<0.01$ ）；Child-Pugh 分级组中，A 级组 PLT、PDW、MPV、PCT，B 级组 PLT、PDW、MPV 以及 C 级组 PLT、PDW、MPV、PCT 与对照组存在显著差异（ $P<0.01$  或  $P<0.05$ ），其中

PLT、PCT 显著降低，MPV、PDW 显著升高。B 级组与 A 级组比较，PLT 显著下降（ $P<0.05$ ），MPV 显著升高（ $P<0.05$ ），C 级组与 B 级组比较，PLT、PCT 显著下降（ $P<0.05$ ），MPV 显著升高（ $P<0.05$ ）。

**结论** 血小板四项参数可间接反映血小板的功能，对评估肝硬化患者肝脏功能损害程度，指导临床治疗具有重要意义。

## PU-5236

### 肠杆菌科碳青霉烯酶三种不同检测方法间的比较

肖圣达

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 简单的评估了我们所选的三种碳青霉烯酶检测方法——改良 hodge 试验、Carba NP 试验、碳青霉烯类失活法（CIM 试验）对 23 株肠杆菌科耐碳青霉烯类抗生素菌株的筛选能力，从中寻找和探究各个方法的优劣，希望能在未来临床上更深入的研究路途上奠定基石，并对临床上预防有关疾病的方式、病情的传播、治疗疾病有着显著、有效、及重大的意义。

**方法** 对 2015 年 1 月到 2016 年 12 月总共两年里药敏鉴定中检测出的耐碳青霉烯类药物的肠杆菌科菌株进行收集，先对菌株进行接种纯分确定最终菌株数和是否为所需菌株，将其作为待检菌株，再通过实施这三种试验，从试验材料、步骤、时间、试验结果等各种方面进行全程记录并进行综合比较。

**结果** 我们发现这三类试验对我们所选的这 23 株耐碳青霉烯类抗生素的肠杆菌株筛选能力是不同的，而且它们在试验的前期准备、试验操作步骤的难易程度、试验结果出现的时间等各方面也不尽相同。临床工作中，可以根据实际情况进行选择。

**结论** 改良 hodge 试验材料简单，步骤易行，结果稳定，阳性率高，但用时较长，可用于试验结果的再次验证，也可用于大量临床住院标本。Carba NP 试验前期准备及步骤复杂，对操作者技术要求高，但它最短 30min 内出现结果，颜色对比显著，可用于实验初期的快速检验。CIM 试验操作简单，用时中等，但在本次试验中阳性率较低，可能需要更多试验菌株更有说服力，可用于简单实验室操作。

## PU-5237

### From sequence to molecular pathology, and a mechanism driving the neuroendocrine phenotype in prostate cancer

QIAN WANG

SHANDONG PROVINCIAL HOSPITAL

**Objective** The current paradigm of cancer care relies on predictive nomograms which integrate detailed histopathology with clinical data. However, when predictions fail, the consequences for patients are often catastrophic, especially in prostate cancer where nomograms influence the decision to therapeutically intervene.

**Methods** We hypothesized that the high dimensional data afforded by massively parallel sequencing (MPS) is not only capable of providing biological insights, but may aid molecular pathology of prostate tumours. We assembled a cohort of six patients with high risk disease, and performed deep RNA and shallow DNA sequencing in primary tumours and matched metastases where available. Our analysis identified copy number abnormalities, accurately profiled gene expression levels, and detected both differential splicing and expressed fusion genes. We revealed occult and potentially dormant metastases, unambiguously supporting the patients' clinical history, and implicated the REST transcriptional complex in the development of



neuroendocrine prostate cancer, validating this finding in a large independent cohort. We massively expand on the number of novel fusion genes described in prostate cancer; provide fresh evidence for the growing link between fusion gene aetiology and gene expression profiles; and show the utility of fusion genes for molecular pathology.

**Results** Finally, we identified chromothripsis in a patient with chronic prostatitis.

**Conclusions** Our results provide a strong foundation for further development of MPS-based molecular pathology.

## PU-5238

### 炎性标志物 CRP、IL-6、TNF- $\alpha$ 、PCT 与白细胞计数 相关性研究及其应用

刘琳琳,舒利琼,杨柳,冉曦,项贵明  
陆军军医大学新桥医院

**目的** 通过对 C 反应蛋白 (CRP)、白细胞介素 6 (IL-6)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、降钙素原 (PCT) 检测及血常规分析, 研究患者的传统炎性标志物与白细胞计数的相关关系, 探讨炎性标志物用于快速检验的可行性。

**方法** 采集我院 2017 年 3 月至 2019 年 3 月门诊或住院患者静脉血。采用免疫比浊法检测 CRP, 免疫化学发光法检测 IL-6、TNF- $\alpha$ , 胶体金免疫色谱法检测 PCT, 电阻抗法检测白细胞计数并记录检测结果。采用 Spearman's 相关分析对这 5 项指标间的相互关系做出评估。

**结果** 分析得到 WBC 和四种炎性标志物 CRP、IL-6、TNF- $\alpha$ 、PCT 共 346 组数据, 将四种炎性标志物分别与 WBC 做回归相关性分析: CRP、IL-6、TNF- $\alpha$  与 WBC 在线性相关时, 相关性较高。其中, IL-6 与 WBC 的相关性最高:  $R^2 = 0.9832$ , 其次为 TNF- $\alpha$  与 WBC 的相关性:  $R^2 = 0.9754$ , CRP 与 WBC 的相关性较低:  $R^2 = 0.9217$ 。而 PCT 与 WBC 在线性相关时, 相关性最低:  $R^2 = 0.8642$ , 在指数相关时, 相关性较高:  $R^2 = 0.9812$ 。

**结论** 四种传统炎性标志物与白细胞计数值之间存在着较好的相关性, 尤其是 IL-6 值与白细胞计数值之间线性相关性最好。免疫法检测四种炎性标志物免疫法灵敏度高, 干扰因素少, 特异性强, 准确性好, 操作简单, 检测快速, 可以反映机体的炎症情况, 对疾病的诊断与鉴别诊断、治疗及预后具有重要意义。

## PU-5239

### HucMSCs 调控巨噬细胞 15-LOX-1 表达促进炎症性 肠病修复的机制研究

康晶晶,王静燕,王高莹,蔡秀,毛飞  
镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 通过建立人脐带间质干细胞(human umbilical cord mesenchymal stem cells, hucMSCs)修复葡聚糖硫酸钠(Dextran Sulfate Sodium Salt, DSS)诱导的小鼠炎症性肠病(inflammatory bowel disease, IBD)模型以及白喉毒素(diphtheria toxin, DT)诱导的巨噬细胞清除模型, 明确巨噬细胞在 hucMSCs 修复 IBD 中的作用, 探讨 hucMSCs 调控巨噬细胞修复 IBD 的作用机制, 以提高 hucMSCs 治疗 IBD 的疗效。

**方法** 选取 6 周雄性 CD11b-DTR 纯合子转基因小鼠, 腹腔注射 DT 以构建巨噬细胞清除模型。饮用含 3% DSS 的双蒸水以构建 IBD 模型。根据不同实验目的将小鼠随机分组, 每天记录体重及分析 DAI, 于 10 天左右处死, 取结直肠与脾脏观察组织大体观, 提取组织并准备制备组织切片、提取

蛋白及总 RNA 以检测组织中 caspase-3、PCNA 和 15-LOX-1 等表达水平。DT 于饮用 3% DSS 的前一天注射，每 4 天注射一次。3×10<sup>6</sup> 个的 hucMSCs 均于实验第 3 天进行腹腔注射，每隔 3 天注射一次。1×10<sup>9</sup> PFU 的 GFP 或 15-LOX-1 重组腺病毒分别于饮用含 3% 的 DSS 水前两天进行尾静脉注射。设计 miR-148b-5p mimics、negative control 和 inhibitor 分别转染 hucMSCs 以过表达或敲减 hucMSCs 中 miR-148b-5p。不同转染处理的 hucMSCs 与 LPS 刺激的 RAW 264.7 细胞共培养 48h 后，检测 15-LOX-1 的 RNA 及蛋白表达水平。

**结果** 巨噬细胞参与了 DSS 诱导的 IBD 的发生发展，同时 hucMSCs 是通过 miR-148b-5p 调节巨噬细胞 15-LOX-1 表达水平以缓解 DSS 诱导的 IBD。

**结论** HucMSCs 是通过 miR-148b-5p 下调巨噬细胞 15-LOX-1 的表达水平从而缓解 DSS 诱导的 IBD。

## PU-5240

### TNF- $\alpha$ 通过抑制 INS-1E 中的 OBRb / JAK / STAT3 途径促进胰岛素合成和 GSIS 的瘦素抵抗

靳伟东

陆军军医大学第一附属医院

**目的** 胰岛素抵抗是 II 型糖尿病 (T2DM) 的主要特征，并且对许多外周组织产生损伤。已有研究表明，瘦素抵抗可促进过度肥胖患者中高胰岛素血症和 II 型糖尿病的发生和发展。然而，胰岛  $\beta$  细胞中瘦素抵抗的潜在发病机制在很大程度上是未知的。因此在本研究中，我们探讨了胰岛  $\beta$  细胞中胰岛素抵抗和瘦素抵抗的产生机制，从而希望为治疗肥胖找到新的有效靶点。

**方法** 在该研究中，我们首先采用单独或联用 TNF- $\alpha$  和瘦素的方法处理 INS-1E 细胞和分离的大鼠胰岛细胞，通过胰岛素释放实验观察 TNF- $\alpha$  和瘦素在胰岛  $\beta$  细胞中的作用；其次，通过 MTT 实验检测了瘦素和 TNF- $\alpha$  对 INS-1E 细胞增殖的影响；最后，通过 Western blot 研究了 TNF- $\alpha$  对 INS-1E 细胞瘦素受体 OBRb 的表达及 STAT3 磷酸化的影响。此外，我们还通过预测 Leptin Receptor 的启动子区域潜在的转录因子结合位点，扩增了三段 H-LEPR 5' 调控序列 LR1 (-3296~+105bp)、LR2 (-2376~+105bp) 和 LR3 (-1824~+105bp)，构建了启动子报告基因质粒，进而进行了启动子分析实验。

**结果** 我们的研究结果显示，瘦素 (10nmol / L) 显著抑制了葡萄糖刺激的胰岛素分泌 (GSIS)、胰岛素原 mRNA 的表达，胰岛素蛋白表达水平和  $\beta$  细胞的活率。然而，我们发现 TNF- $\alpha$  (20ng / ml) 对瘦素介导的胰岛素基因表达和分泌有显著的拮抗作用。进一步研究结果表明，TNF- $\alpha$  可抑制瘦素受体 OBRb 的表达，并下调 JAK / STAT3 信号通路中 STAT3 蛋白的磷酸化水平。为了进一步对可能的发生机制进行研究，我们构建了不同长度的 OBRb 启动子报告载体，发现 TNF- $\alpha$  能够显著抑制它们的转录活性，表明下调的 OBRb 表达是通过拮抗转录活性来介导的。

**结论** 我们的研究表明，炎症因子可能通过抑制 OBRb 启动子的活性和胰腺  $\beta$  细胞中的 JAK / STAT3 途径，在与肥胖相关的高胰岛素血症和葡萄糖代谢紊乱的发展中起重要作用。

## PU-5241

## Comrad detection of expressed rearrangements by integrated analysis of RNA-Seq and low coverage genome sequence data

Chun Xiao Wu  
SHANDONG PROVINCIAL HOSPITAL

**Objective** Comrad is a novel algorithmic framework for the integrated analysis of RNA-Seq and whole genome shotgun sequencing (WGSS) data for the purposes of discovering genomic rearrangements and aberrant transcripts.

**Methods** The Comrad framework leverages the advantages of both RNA-Seq and WGSS data, providing accurate classification of rearrangements as expressed or not expressed and accurate classification of the genomic or nongenomic origin of aberrant transcripts. A major benefit of Comrad is its ability to accurately identify aberrant transcripts and associated rearrangements using low coverage genome data. As a result, a Comrad analysis can be performed at a cost comparable to that of two RNA-Seq experiments, significantly lower than an analysis requiring high coverage genome data.

**Results** We have applied Comrad to the discovery of gene fusions and read-throughs in prostate cancer cell line C4-2, a derivative of the LNCaP cell line with androgen-independent characteristics. As a proof of concept, we have rediscovered in the C4-2 data 4 of the 6 fusions previously identified in LNCaP. We also identified six novel fusion transcripts and associated genomic breakpoints, and verified their existence in LNCaP, suggesting that Comrad may be more sensitive than previous methods that have been applied to fusion discovery in LNCaP.

**Conclusions** We show that many of the gene fusions discovered using Comrad would be difficult to identify using currently available techniques.

## PU-5242

## Correlation between carcinoembryonic antigen elevation and malignant tumors in Hannan District of Wuhan

YANG YU  
yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** This paper researches distribution of patients with abnormally high carcinoembryonic antigens between benign and malignant tumors and level of carcinoembryonic antigen in serum of the patients in Hannan, Wuhan Region, analyzes the elevated levels of carcinoembryonic antigen in patients with malignant tumors and the proportion of diagnosed patients, explores the correlation between increase of carcinoembryonic antigen and malignancy.

**Methods** The samples in this paper are collected from March 2017 to March 2018, including 387 hospitalized patients with abnormal CEA From Xiehe Hospital West District , affiliated by Tongji Medical College of Huazhong University of Science and Technology. Electrochemiluminescence assays is used on the samples to detect CEA level and determine the basic sample data, followed with statistical data analysis.

**Results** According to the analysis, in the 387 patients, 214 cases are malignant tumor (55.3%), 173 cases are benign diseases (44.7%). The result also shows that there is an obvious relationship between abnormal increase in cancer embryo antigen and the incidence of malignant tumors. When CEA>11.0ng/ml, it is more likely to provide Auxiliary information in the diagnosis of malignant tumor.

**Conclusions** As the increase of cancer embryo antigen may occur simultaneously in benign diseases and various malignant tumor diseases, it is a nonspecific tumor-related antigen.

Although it cannot be regarded as the diagnosis index of malignant tumor, when CEA is as high as above 11.0ng/ml, it can be taken as an important diagnosis basis. In such cases, the abnormal increase of CEA is positively correlated with the evaluation of malignant tumors. Therefore, CEA plays an important role in the diagnosis of malignant tumor and even the recovery after healing.

## PU-5243

### 快速短时离心条件对凝血常规检查的影响

邢辉

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 研究短时、快速离心条件处理标本对凝血常规检查项目的影响。

**方法** 将 20 例标本进行短时（5 分钟），快速（4500 转/分）离心，取离心后血浆进行血小板计数。将另外 20 例标本分为 2 份，分为对照组及实验组，分别进行常规条件离心及快速短时离心，然后取血浆进行凝血酶原时间、部分活化凝血活酶时间、纤维蛋白原、凝血时间、D-二聚体、纤维蛋白（原）降解产物、抗凝血酶Ⅲ活性测定，观察离心条件改变对结果的影响。

**结果** 通过短时快速离心可获得合格乏血小板血浆。常规条件离心及快速短时离心标本检测结果有良好的相关性，结果之间差异无显著性（ $P>0.05$ ）。

**结论** 快速短时离心标本可缩短检测时间，不影响常规凝血检查的结果。

## PU-5244

### 海南百岁老人收缩压与血细胞参数的相关性分析

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 调查海南地区百岁老人收缩压（Systolic Blood Pressure, SBP）与 22 个血细胞参数的相关性，及不同收缩压等级对血细胞参数的影响，探讨百岁老人 SBP 与血细胞参数间的关系。

**方法** 选择 2014 年 6 月至 2016 年 12 月期间，采用现况调查对海南省 18 市县全部百岁老人进行入户调查，并对该人群进行血压测量和采集血液标本。根据标准化流程，对红细胞计数（RBC）、血红蛋白（HGB）、白细胞计数（WBC）等 22 项血细胞参数进行检测。选取其中同时完成血压测量和血细胞检测 889 例，分析收缩压与血细胞参数间的相关性。

**结果** 百岁老人的收缩压为  $151.8\pm24.1$  mm Hg（男  $147.3\pm1.8$  vs 女  $153.0\pm0.9$ ,  $P<0.05$ ），与血细胞参数中的 RBC、HGB、中性粒细胞比例（N）、淋巴细胞比例（L）、淋巴细胞计数（L#）、红细胞压积（Hct）呈正相关性（ $P<0.05$ ），与 RDW 呈负相关性（ $P<0.05$ ），与其他血细胞参数不具有相关性（ $P>0.05$ ）。百岁老人不同收缩压等级间的 RBC、HBG、L、HCT、MCHC、RDW 的均值比较存在差异（ $P<0.05$ ），其余血细胞参数不同收缩压等级间的均值差异不具有统计学意义（ $P>0.05$ ）。

**结论** 海南百岁老人血压偏高，且女性高于男性，同时收缩压可以部分影响血细胞参数分布。

## PU-5245

## Culture results and drug sensitivity analysis of bile pathogens in patients with biliary tract infection

Meiyong Zhuo

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** Objective to understand the distribution and drug resistance of main pathogenic bacteria in bile culture, the popularization of antibiotics rapidly and the lack of popularization and level of clinical microbiology, resulting in the loss of antibiotics use, unreasonable application of serious adverse reactions and the rapid growth of bacterial resistance, so the correct guidance of clinical medication.

**Methods** Bacterial culture and drug sensitivity test were performed in 326 patients with various biliary tract infections.

**Results** 185 bacteria were detected in 326 bile specimens, and the positive rate was 61.3%. There were 25 strains of compound bacteria growing, and a total of 192 bacteria were detected. Gram Negative Bacilli 146 strains (76%), Gram positive cocci 46 strains (34.07%). The highest detection rate of Escherichia coli was 79 cases (41.2%), and the susceptibility of drug was different from that of bacteria.

**Conclusions** Gram-negative bacilli is the main bile duct infection, and gram-positive bacteria is a minority. Different pathogenic bacteria have different antibiotic resistance in clinical application. Bile culture and drug sensitivity test should be carried out to guide the rational use of drugs in biliary tract infectious diseases.

## PU-5246

## 系统性红斑狼疮患者 Th17 相关基因的表达及其意义的研究

严瑾

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 研究 SLE 患者与健康人群 Th17 细胞相关转录因子 TAGAP, JunB, IRF4, ETV5 mRNA 表达水平的差异以及 TAGAP 蛋白水平的差异, 为 SLE 的治疗提供新靶点。

**方法** 收集 28 例初诊 SLE 患者和 42 例健康体检者的抗凝外周血, 用淋巴细胞分离液提取 PBMCs, qPCR 检测 SLE 患者与健康体检者外周血 PBMCs 中 Th17 细胞相关转录因子 TAGAP, JunB, IRF4, ETV5 mRNA 的表达水平, Western blot 检测 9 例 SLE 病人与 9 例健康体检者外周血 PBMCs 中 TAGAP 蛋白的水平。采用 SPSS19.0 进行统计分析。

**结果** 28 例 SLE 患者外周血 PBMCs 中 Th17 细胞相关转录因子 TAGAP mRNA 水平显著高于健康对照组 ( $P < 0.01$ ), 而 JunB, IRF4, ETV5 mRNA 水平与正常组相比无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。9 例 SLE 患者外周血 PBMCs 中 TAGAP 蛋白水平相对于正常组显著升高。

**结论** SLE 患者外周血 PBMCs 中 Th17 细胞相关转录因子 TAGAP mRNA 及蛋白水平相对于健康对照组显著升高, TAGAP 可能成为 SLE 治疗的新靶点。

## PU-5247

**nFuse: Discovery of complex genomic rearrangements in cancer using high-throughput sequencing**

Chun Xiao Wu  
SHANDONG PROVINCIAL HOSPITAL

**Objective** Complex genomic rearrangements (CGRs) are emerging as a new feature of cancer genomes. CGRs are characterized by multiple genomic breakpoints and thus have the potential to simultaneously affect multiple genes, fusing some genes and interrupting other genes. Analysis of high-throughput whole-genome shotgun sequencing (WGSS) is beginning to facilitate the discovery and characterization of CGRs, but further development of computational methods is required.

**Methods** We have developed an algorithmic method for identifying CGRs in WGSS data based on shortest alternating paths in breakpoint graphs. Aiming for a method with the highest possible sensitivity, we use breakpoint graphs built from all WGSS data, including sequences with ambiguous genomic origin. Since the majority of cell function is encoded by the transcriptome, we target our search to find CGRs that underlie fusion transcripts predicted from matched highthroughput cDNA sequencing (RNA-seq). We have applied our method, nFuse, to the discovery of CGRs in publicly available data from the well-studied breast cancer cell line HCC1954 and primary prostate tumor sample 963. We first establish the sensitivity and specificity of the nFuse breakpoint prediction and scoring method using breakpoints previously discovered in HCC1954. We then validate five out of six CGRs in HCC1954 and two out of two CGRs in 963.

**Results** We show examples of gene fusions that would be difficult to discover using methods that do not account for the existence of CGRs, including one important event that was missed in a previous study of the HCC1954 genome.

**Conclusions** Finally, we illustrate how CGRs may be used to infer the gene expression history of a tumor.

## PU-5248

**CXCL12、CA153 血清学指标在乳腺癌中的临床意义**

陈紫萱,蒋燕成,王青兰,张志珊  
泉州市第一医院,362000

**目的** 检测乳腺癌患者血清 CXCL12 和 CA153 的表达量,以评估 CXCL12 作为乳腺癌诊断的应用价值。

**方法** 收集 2018 至 2019 年在泉州市第一医院就诊确认为乳腺癌的病人,以酶联免疫吸附方法检测,检测乳腺癌患者和健康体检者的血清 CXCL12 的表达量,用 ROC 曲线评价 CXCL12、CA153 在乳腺癌诊断中的应用价值。

**结果** II 期、III 期、IV 期 CXCL12、CA153 与健康对照组比较有统计学意义  $P<0.05$ 。以 II、III 期、IV 期乳腺癌患者的 CXCL12、CA153 测定值为检测组,健康志愿者的测定值为对照组绘制 ROC 曲线,分析显示 CXCL12、CA153 的 ROC 曲线下面积(AUC)分别为 85.0%、72.1%,95%可信区间分别为 0.778~0.906、0.637~0.795。

**结论** CXCL12 不能作为早期诊断乳腺癌的血清标志物指标,通过 ROC 曲线评价, CXCL12 对乳腺癌诊断有一定的临床参考价值。

## PU-5249

## D-二聚体、降钙素原和中性粒细胞在肺炎患者中的变化 在临床诊疗中的意义

陈珠峰

山东省千佛山医院,250000

**目的** 研究中老年肺炎患者外周血中 D-二聚体 (D-dimer, D-D)、中性粒细胞比例 (proportion of neutrophils, N%) 和降钙素原 (Procalcitonin, PCT) 变化在临床诊疗中的意义。

**方法** 收集 2017 年 10 月至 2019 年 2 月在我院进行治疗的中老年肺炎患者 80 例作为观察组, 选取同期健康体检的健康 50 岁以上人员 110 例作为对照组。两组研究对象, 采集空腹静脉血, 检测 D-二聚体 (D-D)、降钙素原 (PCT) 水平、白细胞计数 (WBC) 和中性粒细胞比例 (N%), 分析上述指标在两组人群中的变化及相关性。

**结果** 中老年肺炎组与健康对照组相比, D-D、PCT、WBC 和 N% 均升高 ( $P < 0.01$ ); (2) 中老年肺炎组中, D-D 与 PCT、N% 之间均存在显著正相关性。

**结论** 在中老年肺炎患者, 随着炎症程度升高 (炎症生物标志: 降钙素原水平、白细胞计数及中性粒细胞比例), 血栓风险增加 (D-二聚体增高), 及时检测 D-二聚体, 采取干预措施, 有助于减少血栓发生。

## PU-5250

## 心脏移植样本梅毒抗体检测的影响研究

熊俊琪

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 心脏移植的标本, 由于活体心脏采集的步骤和要求, 使用心脏停跳液会对检测标本带来稀释效应。对于此类标本, 又必须进行感染免疫检测, 此类标本检测的准确性会大大减低, 甚至会出现“假阴性”等问题。实验关注了心脏移植标本 (稀释样本) 的梅毒抗体检测, 通过对多例梅毒样本进行不同浓度稀释, 以及建立“假阴性”的稀释样本模型, 探究了心脏停跳液对于梅毒抗体检测的影响, 并且利用试验方法, 在一定程度上减小了停跳液对梅毒抗体检测的干扰。

**方法** 通过实验研究, 发现不同成分的稀释液对梅毒抗体检测的影响是不同的; 在不同范围内, 停跳液的对梅毒抗体检测稀释作用也不一样。通过建立模型和改良实验方法, 由于稀释作用导致的“假阴性”样本被重新还原为阳性样本。

**结果** 心脏停跳液对于梅毒特异性抗体检测的稀释作用, 在一定的稀释区间内, 是复合正常预期的, 即稀释一倍, 待测样本中的抗原检测量也应该下降一半。

**结论** 心脏停跳液对梅毒特异性抗体检测的影响是存在的, 并且存在可能, 由于心脏停跳液的稀释作用导致“假阴性”样本的存在, 这对临床病人和检验工作人员而言, 都会带来潜在隐患。

## PU-5251

## 探讨不同方法检测核心抗体的可比性

杨森

甘肃省人民医院,730000

**目的** 探讨酶联免疫吸附试验 (ELISA) 与微粒子化学发光技术 (CMIA) 在乙肝不同模式中核心抗体 (HBcAb) 的阳性检测率。

**方法** 1. 根据 ELISA1:30 倍生理盐水稀释方法初筛获得 HBsAg 阴性、HbcAb 阳性标本, 利用相同方法再次检测 HbcAb, 检测结果为阴性的标本再利用 ELISA 原倍及发光技术复检 HbcAb。

2. 通过发光技术获得 HBsAg 阴性、HbcAb 阳性标本, 利用 ELISA 原倍及 1:30 生理盐水稀释方法复检 HbcAb。

**结果** 1. 针对 ELISA1:30 倍初筛标本, 运用相同方法再次复检 HbcAb, 其阳性率为 63.6%。结果重复性较差的是 HbcAb 单阳性模式; HBsAb、HbcAb 双阳性模式。

2. 针对发光技术所检测的 HBsAg 阴性、HbcAb 阳性标本, 再次利用 ELISA1:30 倍稀释和原倍模式分别检测 HbcAb, 其阳性率分为 32.8%、80.5%。

**结论** 对于 ELISA1:30 倍初筛 HBsAg 阴性、HbcAb 阳性标本有必要进行二次复检, 尤其是 HbcAb 单阳性模式及 HBsAb、HbcAb 双阳性模式, 复检结果不一致时, 可利用 ELISA 原倍或微粒子发光技术为 HbcAb 检测的参考和补充试验。在 HBsAb、HBeAb、HbcAb 三阳性模式及 HBeAb、HbcAb 双阳性模式中, ELISA1:30 倍稀释、ELISA 原倍模式及微粒子发光法检测 HbcAb 的比对结果具有较好的一致性。

PU-5252

## 溶藻弧菌噬菌体 vB\_ValP\_IME271 的生物学特性及其全基因组分析

李飞<sup>1</sup>, 冯强<sup>1</sup>, 李璐<sup>2</sup>, 童贻刚<sup>3</sup>, 赵树平<sup>1</sup>

1. 泰安市中心医院, 271000

2. 泰安市疾病预防控制中心

3. 北京化工大学生命科学学院

**目的** 以溶藻弧菌为宿主菌, 从黄海海域的污水中筛选出相应的溶藻弧菌噬菌体, 研究其生物学特性; 并通过高通量测序并得到其全基因组序列, 深入研究其基因组学特征。

**方法** 以多重耐药溶藻弧菌为宿主菌, 利用海水污水筛选噬菌体并纯化; 对噬菌体 IME271 生物学特性进行了深入的研究, 包括电镜观察噬菌体形态、最佳感染复数、一步生长曲线、噬菌体 IME271 对紫外线的敏感度、对温度的耐受程度、对 pH 的耐受程度、对氯仿是否敏感; 通过蛋白酶 K/SDS 法提取噬菌体 IME271 全基因组; Ion Torrent 高通量测序; 测序后进行噬菌体全基因组序列组装、注释、进化分析和比较分析。

**结果** 通过对噬菌体梯度稀释, 双层培养基平板法得到的噬菌斑边缘分明、斑体透明的裂解性噬菌体 IME271, 最佳感染复数为 0.01, 一步生长曲线显 IME271 的潜伏期为 40 min, 裂解期约 60 min, 暴发量为 73 pfu。该噬菌体对紫外线比较敏感, 对氯仿不敏感, 噬菌体对高温比较敏感, 该噬菌体在 pH 7.0-9.0 范围内具有良好的裂解活性; 电镜观察结果显示该噬菌体属于尾病毒目短尾噬菌体科 Sphvirinae 属; 全基因组分析表明: 噬菌体 IME271 基因组大小只有 50345bp (Gen Bank 登录号: MF431726), G+C 含量为 41%。BLASTn 比对结果表明, 该噬菌体和 Gen Bank 中的噬菌体 Vibrio phage VPp1 只有 84% 的相似性, 但是 Vpp1 尚未分类。对噬菌体 IME271 进行了全基因组功能注释和进化分析。

**结论** 分离鉴定了一株溶藻弧菌噬菌体, 溶藻弧菌噬菌体 vB\_ValP\_IME271, 简称 IME271, 进行了生物学特性、全基因组测序和生物信息学深入分析, 为以后预防和控制溶藻弧菌的感染提供了一个新的途径, 为噬菌体治疗多重耐药细菌奠定了基础。



## PU-5253

## 尿白蛋白干化学法与 DCA Vantage 免疫比浊法 10 倍稀释前后的一致性比较

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** DCA Vantage 免疫比浊法白蛋白检测的线性范围为 5~300mg/L, 通过对尿标本同时进行原倍检测和 10 倍稀释后检测, 尿白蛋白(Urine-albumin,U-Alb)浓度的检测范围可增至 5~3000mg/L, 通过分析 DCA Vantage 检测尿标本 10 倍稀释前后的 U-Alb 结果的变化, 确定 DCA Vantage 检测 U-Alb 项目出现 HOOK 效应的临界值, 通过干化学法 U-Alb 等级与 DCA Vantage 检测 U-Alb 浓度的一致性评价, 了解出现 HOOK 效应时, U-Alb 浓度对应的干化学等级, 进而通过干化学法初步确定 DCA Vantage 检测 U-Alb 需要稀释的复检条件。

**方法** 采用等级随机抽样法选取解放军总医院海南分院检验中心 2017 年 9 月至 2017 年 10 月期间门诊和住院患者进行尿常规检测且干化学 U-Alb>200mg/L 随机尿标本, 共计 129 例, 采用西门子 DCA Vantage 检测仪对同一尿标本进行原倍和 10 倍稀释后 U-Alb 检测。绘制 10 倍稀释前后白蛋白浓度的散点图, 确定出现 HOOK 效应的白蛋白浓度范围。干化学法尿蛋白浓度值为 200mg/L、500mg/L、1000mg/L、2000mg/L、5000mg/L 与免疫比浊法蛋白值对应关系为 100~349mg/L、350~749mg/L、750~1499mg/L、1500~3499mg/L、>3500mg/L, 两者之间的一致性评价采用 Kappa 检验,  $P<0.05$  表示差异具有统计学意义。

**结果** DCA Vantage 测定 U-Alb 产生钩状效应的范围为>2250mg/L。干化学法与 DCA Vantage 白蛋白的一致性具有统计学意义, 但是一致性较差 ( $Kappa=0.15, P<0.001$ )。当干化学 U-Alb 低于 2000mg/L 时, 未发现 DCA Vantage U-Alb 高于 2250mg/L 的样本; 当干化学 U-Alb 为 2000mg/L 时, >2250mg/L 的尿标本占 13.0%, 当干化学 U-Alb 为 5000mg/L 时, U-Alb>2250mg/L 的尿标本占 95.2%。

**结论** DCA Vantage 免疫比浊法联合干化学法检测 U-Alb 可提高高浓度白蛋白尿标本发生 HOOK 效应的检出率, 干化学法 U-Alb 大于 2000mg/L 且 DCA Vantage U-Alb<300mg/L 时, 尿标本需要进行稀释检测, 以免造成高蛋白尿假性低值的错误。

## PU-5254

## Correlation analysis between anti SSA antibody positive and peripheral blood abnormality

Yan Zhang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** Study whether there is correlation between anti SSA antibody positive and peripheral blood abnormalities.

**Methods** Antinuclear antibody (IgG) test kit(EUROIMMUN) was used to detect anti SSA antibody, peripheral blood was detected by automated hematology analyzer (Sysmex XN-1000 hematology analyzer), statistical comparison of abnormal peripheral blood in 149 patients with anti SSA antibody from 2017 to 2018.

**Results** The statistical results are as follows, among 149 patients with positive SSA antibody, 71 had peripheral blood abnormality, the positive rate was 47.65%, among them, men and women accounted for 12.67% and 87.32%, respectively, higher than negative population ( $X^2=11.04$ ,  $P<0.05$ )

**Conclusions** There was a certain degree of correlation between anti SSA antibody positive and peripheral blood abnormality.

PU-5255

## 信号传导与转录激活因子(STAT)3 在肿瘤形成及恶性转化中的研究进展

熊秋爽

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨 STAT3 在肿瘤形成及恶性转化中的研究进展。

**方法** 回顾分析近期相关研究。

**结果** 信号传导与转录激活因子 (STAT) 蛋白家族包括 7 个成员, 由不同基因编码分别为 STAT1, STAT2, STAT3, STAT4, STAT5a, STAT5b 和 STAT6。在这些 STAT 蛋白中, STAT3 广泛存在于各种不同类型的细胞和组织中, 尤其在大脑、心脏、肝脏、睾丸、胸腺等组织中含量较高, 在早期胚胎发育和许多正常组织分化进程中发挥着不可或缺的重要作用。信号传导与转录激活因子 3 (STAT3) 是可与靶基因调控区 DNA 结合的蛋白, 主要分布在胞质中, 可易位至线粒体和细胞核。作为一种重要的胞内信号分子, STAT3 在 IL-6、IL-6 家族细胞因子受体以及 GPCRs, TLRs 等多种受体激活下将细胞外信号传递至细胞核并诱导靶基因转录从而发挥一系列生物学作用。STAT3 参与调控细胞生长, 分化, 自噬, 恶性转化和凋亡等过程, 其持续激活会引起细胞内信号过度放大, 进而导致胞内一系列生理活动异常, 最终促进肿瘤的形成和发展。

**结论** 围绕 STAT3 发展有效的方式来调节相应的信号通路以抑制肿瘤的发生发展显得尤为重要。

PU-5256

## 长链非编码 RNA AC012073.1 在乳腺癌中的作用及临床意义研究

李娟,孔雪,王传新

山东大学第二医院,250000

**目的** 乳腺癌是女性最常见的恶性肿瘤, 长链非编码 RNAs (lncRNAs) 与乳腺癌发生发展密切相关。本研究旨在探讨 lncRNA AC012073.1 对乳腺癌细胞恶性生物学行为的影响, 并探讨其预后判断价值。

**方法** 通过高通量 lncRNAs 芯片检测及 TCGA 数据挖掘分析 AC012073.1 在乳腺癌中的表达及其与患者预后的相关性。运用 CCK-8 实验及 Transwell 实验检测 AC012073.1 对乳腺癌细胞恶性生物学行为的影响。

**结果** 将高通量 lncRNAs 芯片检测得到的乳腺癌及癌旁正常组织 lncRNAs 差异表达谱、TCGA 数据分析得到的乳腺癌及正常组织 lncRNAs 差异表达谱进行比对, 发现共有 359 个 lncRNAs 呈显著差异表达。其中, AC012073.1 在乳腺癌患者中表达升高, 且其高表达与患者不良预后显著相关。细胞功能实验结果显示, AC012073.1 敲减后, 乳腺癌细胞增殖显著减慢, 侵袭能力显著减弱。

**结论** 本研究有助于补充和完善 lncRNA 在乳腺癌发生发展中的作用, 并为乳腺癌患者的预后判断提供新的潜在标志物。

## PU-5257

## 热带地区 16228 例吸入性及食源性过敏原检测结果的单中心分析

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 通过分析热带地区 16228 例疑似过敏性疾病患者吸入性及食物性过敏原结果，了解热带地区过敏原分布特点，为临床防治过敏性疾病提供科学依据。

**方法** 选择 2012 年 5 月至 2018 年 5 月，在解放军总医院海南分院疑似过敏性疾病就诊的 16228 例患者，采用德国欧盟公司免疫印记法，检测患者吸入性及食入性过敏原特异性 IgE 抗体，并对结果进行统计分析。

**结果** 16228 例疑似过敏性疾病患者过敏原的检测中，88.7%送检的过敏原中，耳鼻喉科 26%，健康医学部占 23.2%，儿科占 18.4%，皮肤科占 12.5%，呼吸科占 8.6%，其他科室占 11.3%。过敏原检测前四位阳性结果为屋尘螨/粉尘螨占 19.1%，鱿鱼/龙虾/扇贝占 11.1%，螃蟹占 9.4%，蟑螂占 8.6%。将人群按 0-17 岁、18-40 岁、41-109 岁分为三组，不同年龄组过敏原分布比较存在差异 ( $P<0.001$ )。海南地区除葎草、猫毛、艾蒿的阳性率低于非海南地区，其余所有阳性过敏原海南地区均高于非海南地区。男性患者无论吸入性或食源性过敏原阳性率均高于女性患者，男性和女性阳性过敏原分布比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。过敏性鼻炎和荨麻疹患者对尘螨组合的阳性率最高，荨麻疹除了尘螨、狗上皮、猫毛阳性率低于过敏性鼻炎外，其余所有阳性过敏原均高于过敏性鼻炎，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 三亚地区吸入性过敏原检测阳性率高于食入性过敏原，该地区吸入性过敏原以屋尘螨/粉尘螨、蟑螂较常见，食物过敏原以海鱼组合、蟹较常见。不同年龄、季节、性别其阳性检出率有所差异，通过特异性过敏原的检测，了解三亚地区过敏原的分布情况。对过敏性疾病的病因诊断、预防和治疗有重要指导意义。

## PU-5258

## 辽宁地区儿童侵袭性肺炎链球菌感染特征及耐药性分析

王倩,张芙蓉

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 了解辽宁地区儿童侵袭性肺炎链球菌感染特征及耐药性，为临床合理治疗儿童侵袭性肺炎链球菌病提供科学依据，遏制耐药肺炎链球菌的传播。

**方法** 收集 2009 年-2017 年辽宁地区分离的 43 株儿科非重复性侵袭性肺炎链球菌，回顾性分析其临床资料；采用法国生物梅里埃 VITEK-2 全自动细菌鉴定药敏仪进行菌种鉴定及药敏试验，青霉素进一步用 E-Test 法确认其 MIC 值。

**结果** 43 例患儿中，≤2 岁的婴幼儿感染居多，占 51.2%。感染类型分布，血液感染占 67.4%，中枢神经系统感染占 16.3%，胸腔积液占 16.3%。侵袭性肺炎链球菌对红霉素和克林霉素的耐药率均为 100%；四环素、复方新诺明的耐药率较高，分别占 79.1%、67.4%；所有菌株对左氧氟沙星、万古霉素、莫西沙星、利奈唑胺、泰利霉素敏感；侵袭性 Spn 对青霉素，头孢噻肟、头孢曲松的耐药性按非脑膜炎标准判定，耐药率分别为 4.6%、14%、23.8%；按脑膜炎标准判定，耐药率分别为 88.4%、27.9%、23.8%。青霉素不敏感 (PNSSP) 组对头孢噻肟、头孢曲松、美罗培南、阿莫西林的耐药性明显高于青霉素敏感 (PSSP) 组 ( $P<0.05$ )，差异有统计学意义。两组细菌对四环素和复方新诺明的耐药性比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。侵袭性肺炎链球菌多重耐药率为 88.4%，且同时对五类及五类以上抗生素耐药的菌株占 31.6%，红霉素+四环素+复方新诺明+克林霉素为最主要的多重耐药模式。

**结论** 辽宁地区儿童侵袭性肺炎链球菌对大环内酯类药物和克林霉素耐药严重, 对  $\beta$ -内酰胺类抗生素耐药率相对较低; 多重耐药现象严重, 红霉素+四环素+复方新诺明+克林霉素为最主要的多重耐药模式。

## PU-5259

### Distributive characteristics of CYP2C9 and AGTR1 genetic polymorphism to guide the antihypertensive drugs selection of angiotensin II receptor antagonist in Han Chinese

Keping Chen<sup>1</sup>, Peng Xiao<sup>1</sup>, Guochun Li<sup>2</sup>

1.Zhongda Hospital, School of Medicine, Southeast University

2.Nanjing central hospital, Nanjing Municipality Government Hospital, Nanjing, 210009, China

**Objective** To investigate the allele and genotype frequencies of CYP2C9 and AGTR1 genetic polymorphism in different class of hypertensive patients to guide the selection of angiotensin II receptor antagonist in Han Chinese population.

**Methods** From 2017 to 2018, a total 1148 Han Chinese were recruited into the study in the Zhongda Hospital, who provided venous blood samples. CYP2C9 and AGTR1 genetic polymorphism were determined using a gene chip platform, and the allele and genotype frequency and the combined genotypes of the CYP2C9 and AGTR1 were analyzed respectively

**Results** The A and C allele frequency of CYP2C9 was 97.04%, 2.96%, and for the genotype frequencies, \*1/\*1 wild-type homozygous was 94.51%, \*1/\*3 heterozygous was 5.05%, and \*3/\*3 mutant homozygous was 0.09%. The A and C allele frequency of AGTR1 was 95.64%, 4.36%, respectively. The genotype of AA wild-type homozygous was 91.72%, AC heterozygous was 7.84%, and CC mutant homozygous was 0.44%. CYP2C9 and AGTR1 polymorphism frequency were satisfied with Hardy-Weinberg equilibrium. The most combined genotype of CYP2C9 and AGTR1 was \*1/\*1 and AA, whose frequency was 87.02% (999/1148). The combined genotypes \*3/\*3 and AC, and \*3/\*3 and CC were not detected.

**Conclusions** our study showed the CYP2C9 and AGTR1 genetic polymorphism, and first report the combined genotypes in the Han Chinese. These results suggested the almost all Han Chinese had appropriate metabolites, however have normal sensitivity for the antihypertensive angiotensin II receptor antagonist. So, while the efficacy of angiotensin II receptor antagonist was not effective and was not recommended for Han Chinese.

## PU-5260

### 对婴幼儿中常见的诱发过敏的食物分析

张明珍

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 食物过敏和造成食物过敏性疾病的食物和食物添加剂一直被人们所关注, 为了更好的避免婴幼儿因食入某种食物而发生过敏现象, 进而做好对食物过敏的预防工作。

**方法** 收集 100 例 3 岁以下 (含 3 岁) 婴幼儿的标本血清, 用于食物特异性 IgG 抗体试验的检测。该试验是定性检测人血清中 14 种食物特异性抗体: 包括牛肉、鸡肉、鳕鱼、玉米、蟹、蛋清/蛋黄、蘑菇、牛奶、猪肉、大米、虾、大豆、西红柿、小麦。采用酶联免疫法进行检测, 微孔板的反应孔内分别包被有食物抗原。患者血清中的特异性抗体与食物抗原反应。清洗微孔板后去除反映过剩的血清蛋白。加入酶标记的抗体结合液, 同抗原抗体复合物反应。在加入偶联酶的生色底物, 发

生显色反应。用酶标仪进行读板,测定反应产物的吸光度值,该值与食物特异性 IgG 抗体浓度成正比。

**结果** ①食物特异性 IgG 抗体水平 $<50\text{U/ml}$ 时,判断为阴性,说明对某种食物不存在食物 IgG 抗体。食物特异性 IgG 抗体水平 $>50\text{U/ml}$ 时,判断为阳性,说明对某种食物存在食物 IgG 抗体。②通过对收集的 100 例婴幼儿的标本血清进行检测后得到的结果,其中有 64%的婴幼儿显示对牛奶和蛋黄/蛋清或牛奶或蛋黄/蛋清的存在不同程度的阳性反应,也就是过敏反应,需要进行“忌食”处理,过敏程度严重的应在忌食的同时还要改变调整饮食结构。③有 20%的婴幼儿不存在阳性反应的食物特异性抗体,有 16%的婴幼儿对其他几种食物也存在不同程度的阳性反应。

**结论** 婴幼儿的饮食中,最常见的诱发过敏的食物是牛奶和蛋黄/蛋清,婴幼儿食物的选择应遵循其发育规律,减少食物过敏的发生。

## PU-5261

### Relationship between cirrhotic cirrhosis and reticulocyte count

Guangqing Lin

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to explore the clinical significance of four serum hepatic fibrosis and the multiple parameters of reticulocyte in patients with liver cirrhosis.

**Methods** 42 patients with different degrees of liver disease were selected in our hospital during the period of January -2018 November 2017. The experimental group was 20 cases of decompensated cirrhosis after hepatitis B, and 22 cases of chronic hepatitis B in the control group. The composition of patients with viral hepatitis. Blood routine examination (including reticulocyte count) was performed on these two groups by the automatic blood cell analyzer in our hospital, and the serum liver fibrosis of patients with decompensated liver cirrhosis after hepatitis B was quantified by chemiluminescence. The four items included (hyaluronic acid), laminin (LN), type III procollagen N-terminal peptide P III NPP, type IV collagen (IV -Cn). Through the analysis of the above parameters, and the results of statistical analysis.

**Results** in patients with decompensated liver cirrhosis after hepatitis B and those with chronic hepatitis B, The five parameters of reticulocyte count, reticulocyte percentage, immature reticulocyte ratio, high fluorescence reticulocyte ratio and medium fluorescence reticulocyte ratio were significantly different.  $P < 0.05$ . In addition, there was a positive correlation between RET# and serum hepatic fibrosis in decompensated patients. There was a positive correlation between RET% and IV -Cnn. IRF was positively correlated with all the other three items except IV -C.

**Conclusions** reticulocyte related parameters are of clinical significance in patients with decompensated liver cirrhosis and chronic hepatitis B.

## PU-5262

### 类风湿因子对 IAT/DAT 检测的干扰初探

徐磊<sup>1</sup>,李好<sup>2</sup>

1.华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

2.华中科技大学附属武汉儿童医院

**目的** 间接抗人球蛋白试验(indirect antiglobulin test, IAT)和直接抗人球蛋白试验(direct antiglobulin test, DAT)是输血检验中的常用方法。近来,我们发现患者血清中的类风湿因子(rheumatoid factors, RF)可以对免疫法检测乙肝表面抗原(hepatitis B surface antigen,

HBsAg) 和 B 型钠尿肽 (B-type natriuretic peptide, BNP) 的结果产生负干扰。因此, 我们考虑 RF 是否对 IAT 和 DAT 检测产生同样的干扰。

**方法** 将 IAT 阳性血浆和 RF 阳性血浆混合制成 IAT 模型, 分别采用微柱凝胶法分别对 IAT 模型进行一步法和两步法 IAT 试验。同样的, 将 DAT 阳性红细胞和 RF 阳性血浆混合制成 DAT 模型, 孵育后采用微柱凝胶法检测 DAT 模型。采用同一 RF 阳性血浆对 DAT 模型进行倍比稀释, 并检测稀释后模型的 DAT 结果。

**结果** IAT 两步法结果假性降低发生率 (40.63%) 显著高于一步法 (31.51%)。在 60 例 DAT 模型中, DAT 模型结果假性减低发生率与 IAT 模型无统计学差异, 但在 DAT 模型倍比稀释后, 无论是 DAT 模型结果的假性升高发生率 (16.67%) 还是假性减低发生率 (76.67%) 均显著高于 IAT 模型。

**结论** 微柱凝胶法检测 IAT 和 DAT 试验易受样本中 RF 的干扰。只要样本中的 RF 能与致敏红细胞表面的 IgG 抗体结合, RF 对 IAT 和 DAT 检测的干扰就与 RF 和致敏红细胞的相对含量呈相关性。

## PU-5263

### 一种新型呼吸道拭子核酸样本保存液评估

高利飞, 秦明明, 李进福  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 比较不同呼吸道拭子保存液对核酸检测结果的影响, 期望找到一种常温条件下实现样本中的核酸稳定保存的保存液, 以解决样本采集后从采集地点送往检验科过程中的保存稳定性问题。

**方法** 使用模拟样本对三种样本采集液进行了样本保存稳定性的评估

**结果** 一种新型保存液能够在不同条件下对拭子核酸样本进行稳定保存

**结论** 采用此新型保存液能够有效的解决拭子样本采集后运送过程中的保存稳定性问题

## PU-5264

### 可能被低估的导管相关性血流感染发生率: 超声波裂解法处理中心静脉导管尖端进行细菌培养的敏感性研究

冯忠军, 吕欣哲, 闻海丰, 宋春蒙  
河北医科大学第三医院, 050000

**目的** 观察超声波裂解法应用在中心静脉导管尖端培养的效果, 探讨该方法在诊断导管相关性血流感染中的作用和价值

**方法** 对 2015 年 7 月到 2016 年 10 月间我院送检的 122 份中心静脉导管尖端标本进行细菌培养。所有标本均来自我院 ICU 病房住院并接受中心静脉导管留置术治疗的患者。所有标本均同时应用导管尖端滚动培养法和超声波裂解液血培养瓶增菌培养法进行细菌培养, 并对两种培养方法的敏感性和培养效率进行对比分析。

**结果** 2 种培养方法中超声波裂解液血培养瓶增菌培养法有 35 例导管尖端培养结果为阳性, 得到 37 株病原菌。导管尖端滚动培养法敏感性较低, 出现 17 例标本培养结果为阳性, 只培养得到病原菌 18 株。2 种培养方法的培养敏感性之间差异有统计学意义, 超声波裂解培养法的敏感性明显好于导管尖端滚动培养方法。研究还发现超声波裂解液培养法的培养阳性生长时间明显缩短, 导管尖端的细菌培养效率明显好于滚动接种培养法

**结论** 应用超声波裂解液培养法相比导管尖端滚动培养法表现出较好的敏感性, 并且超声波裂解培养法表现出更好的培养效率。研究结果显示, 当前中心静脉导管尖端培养可能存在一定的假阴性结果。我院导管相关性血流感染确诊率可能比实际情况偏低。

## PU-5265

## 探讨高浓度类风湿因子对速率散射比浊法测血清 CRP 的负干扰

徐磊

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨高浓度类风湿因子 (Rheumatoid factor, RF)对速率散射比浊法 (rate nephelometry) 测血清 C 反应蛋白 (c-reactive protein, CRP) 的负干扰。

**方法** 将 RF 阳性 (RF>400IU/mL)CRP 阴性 (CRP<3.45IU/mL) 的血清与 CRP 阳性 (CRP≈20IU/mL) RF 阴性 (RF<10.7IU/mL)的血清按 9:1 的比例混合构建模型后测 CRP 的值,并计算回收率 (recovery,R),再将回收率小于空白对照组回收率的模型中的 RF 阳性 CRP 阴性血清经磁珠吸附 RF 后再与原模型中 CRP 阳性 RF 阴性的血清混合构建模型后再测 CRP 的值,并计算回收率,比较 RF 吸附前后回收率的变化。

**结果** 在 35 例 RF>400 的模型中,有 4 例模型的回收率小于空白对照组回收率,经磁珠吸附 RF 后与原 CRP 构建的模型回收率较吸附前的回收率有明显升高。

**结论** 血清中 RF 对速率散射比浊法测 CRP 有干扰这一现象是存在的,并且是使 CRP 的值假性降低。

## PU-5266

## 妊娠高血压肾功能损伤与红细胞参数相关性分析

孙晓春

虎林市人民医院检验科

**目的** 探讨妊娠高血压肾功能损伤与红细胞参数相关性。

**方法** 将妊娠妇女分为正常妊娠组 201 例、妊娠高血压非肾病组 125 例、高血压肾损伤组 108 例,测定其红细胞参数及肾功能指标:红细胞计数 (RBC)、血红蛋白浓度 (Hb)、血细胞比容 (Hct)、红细胞体积分布宽度变异系数 (RDW-CV)、 $\beta_2$  微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG)、肌酐 (CR)、微量白蛋白 (mALB)、尿素氮 (BUN)。对各组的红细胞参数和肾功能指标进行比较并对二者进行相关性分析。

**结果** 正常妊娠组与妊娠高血压非肾病组、妊娠高血压肾损伤组之间 RBC、Hb、HCT、RDW 之间有显著性差异,两两比较差异显著 ( $p<0.05$ ),肾功能指标中肌酐、尿素氮、 $\beta_2$ -MG 在正常妊娠组和妊娠高血压非肾病组无差异,但是妊娠高血压肾损伤组与其他两组均有显著差异。相关性分析显示妊娠高血压肾损伤组  $\beta_2$ -MG 和 mALB 与 RBC、Hb、HCT 与具有负相关性 ( $p<0.05$ ),与 RDW 有正相关性,而 Hct 和 RDW 仅与肌酐、尿素氮有相关性。

**结论** 红细胞参数 RBC、Hb、HCT、RDW 对妊娠高血压肾损伤有一定的辅助诊断作用。

## PU-5267

## microRNA 生物标志物关于诊断缺血性脑卒中的研究进展

张钦政,闫海润

牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 缺血性脑卒中 (IS) 发病率具有增高的趋势,且致死率和致残率高,发病机制复杂,预后差。

**方法** 改善 IS 的关键是早期诊断和干预,临床上,目前尚缺乏诊断 IS 敏感的特异性生物学标志物,往往导致早期有效治疗的延误。从分子生物学的角度对 IS 的发病机制进行深入研究,积极探索有效生物学标志物具有重大的临床价值。

**结果** 微 RNA (micro RNA,miRNA) 是一种内源性的非编码单链微小 RNA 分子,因其具有组织特异性强、易于放大信号通路、平均半衰期较长、能够反复冻融等优点,故其作为生物标志物已成为诊断 IS 的研究热点。

**结论** miRNA 作为蛋白表达过程中的调节物质,较其他标志物可早期地反映 IS 患者的生理病理变化。在 IS 发生后的短时间内可以在体液中检测到 miRNA 表达水平上调或下调,有助于 IS 的诊断和监测预后。本文综述了 miRNA 在 IS 中对细胞的保护与损伤作用机制,并且讨论了对于 IS 具有潜在诊断价值的 miRNA,以及有助于确定 IS 分期的 miRNA。研究 miRNA 与 IS 的关系,为明确 IS 发病机制提供了新角度,并可能成为 IS 新的诊断标志物和治疗靶点。

## PU-5268

### 非空腹血脂水平在预估心血管疾病风险中的作用

徐远东

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探究非空腹血脂水平在预估心血管疾病风险中的作用。

**方法** 选取武汉市协和医院 2017.7.17-2017.9.17 已确诊为心血管疾病的住院患者 663 例进行自身对照实验,回顾性分析患者空腹血脂水平。同时选取其当日的餐后两小时血糖标本作为实验样本,检测其血脂水平,作为非空腹状态下的数据。采用  $\chi^2$  检验比较空腹与非空腹时的血清甘油三酯(TG)、总胆固醇(TC)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)的水平差异。

**结果** 与空腹血脂结果相比较,非空腹状态下 TC 升高 0.03mmol/l ( $P=0.11$ ),无统计学意义;TG 升高 0.57 mmol/l, ( $P<0.05$ ),有统计学意义;HDL-C 升高 0.27 mmol/l, ( $P=0.13$ ),无统计学意义;LDL-C 降低 0.43 mmol/l, ( $P=0.54$ ),无统计学意义。

**结论** 通过这次实验数据的比较得出非空腹血脂与空腹血脂水平同样具有预估心血管疾病风险的作用。并且非空腹血标本采集在临床操作上更简洁,也能实时监测患者生活状态下的血脂水平。

## PU-5269

### 外周血嗜酸性粒细胞在各种疾病中增多的临床意义分析

刘阔

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨外周血嗜酸性粒细胞在各种疾病中增多的临床意义。

**方法** 收集 2018 年住院患者标本,对仪器结果异常增高的标本进行显微镜镜检确认并统计分析。

**结果** 在收集的 358 例嗜酸性粒细胞增高的患者中,冠心病 87 例,占 24.3%;皮肤病 68 例,占 19.0%;肿瘤 66 例,占 18.4%;腹痛及消化道疾病 43 例,占 12.0%;肾病 39 例,占 10.9%;白血病 35 例,占 9.8%;其余病种 20 例,占 5.6%。

**结论** 外周血中嗜酸性粒细胞的数量表现为昼夜周期性波动。对于健康人来说,体内的嗜酸性粒细胞数量极少,仅为白细胞总数的 1%左右,而只有在机体出现某些病变时,嗜酸性粒细胞的数量才会升高。



PU-5270

## 一种新型定位显色培养基的应用研究

王利英,王则宇,崔晓晓  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 研究一种新型的定位显色培养基的应用性能。

**方法** 对 463 份患者中段尿标本分别采用尿定位显色培养基、念珠菌显色培养基和细菌真菌显色定位琼脂平板进行检测,比较检测结果的差异。

**结果** 检出大肠杆菌 61 例,肺炎克雷伯氏菌 33 例,铜绿假单胞菌 4 例,肠球菌 79 例,金黄色葡萄球菌 8 例,白色念珠菌 16 例,热带念珠菌 3 例,克柔氏念珠菌 2 例,光滑念珠菌 7 例。尿定位显色培养基仅能检测细菌,念珠菌显色培养基仅能检测真菌,细菌真菌显色定位琼脂平板可以同时检测细菌和真菌型病原菌,其细菌性病原菌检测结果与尿定位显色培养基结果差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ),其真菌性病原菌检测结果与念珠菌显色培养基相比,仅光滑念珠菌的检测结果显示有统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 细菌真菌显色定位琼脂平板可以同时分离鉴定细菌和真菌,对引起感染尤其是泌尿道感染的细菌和真菌性病原菌起到一步到位的鉴定作用。

PU-5271

## Long non-coding RNA LINC00310 affects breast cancer cell growth and represents a novel diagnostic biomarker

Juan Li,Lutao Du,Xue Kong,Chuanxin Wang  
The Second Hospital of Shandong University

**Objective** Recent studies have revealed that long noncoding RNAs (lncRNAs) are involved in different processes of breast cancer. This study was designed to explore the oncogenic roles and diagnostic value of LINC00310 in breast cancer.

**Methods** We assessed clinical attributes, prognostic value and potential targets of LINC00310 by TCGA data. The oncogenic roles of LINC00310 were evaluated in vitro and in vivo by dual-gRNA CRISPR/Cas9 system. Furthermore, we detected the expression of serum LINC00310 by qRT-PCR and evaluated its diagnostic significance for breast cancer.

**Results** LINC00310 expression was elevated as breast cancer progress, and the deregulation of LINC00310 was significantly associated with patients' survival. Experiments with KO and rescue approach revealed that LINC00310 promoted cell proliferation by regulating c-Myc expression in vitro. Nude mouse xenograft assay demonstrated that LINC00310 KO significantly suppressed tumor growth in vivo. Furthermore, we found that serum LINC00310 expression was significantly upregulated in breast cancer patients and ROC curve analysis indicated that LINC00310 had powerful capability for distinguishing breast cancer patients from healthy individuals (the AUC 0.828).

**Conclusions** The results suggest that LINC00310 may play an oncogenic role and serve as a novel diagnostic biomarker in breast cancer.

## PU-5272

## 表观健康人群血浆 TBIL 和 DBIL 参考区间的建立

李祥坤,肖光军,刘艳婷,杨娜,赵思涵,李理  
遂宁市中心医院,629000

**目的** 建立表观健康人群血浆总胆红素(TBIL)和直接胆红素(DBIL)的参考区间。

**方法** 参照行业标准 WS/T 404.4-2018 和 WS/T 402-2012,通过 2655 例表观健康者(男 1325 例、女 1330 例)血浆 TBIL 和 DBIL 的浓度水平,以非参数方法建立血浆 TBIL 和 DBIL 的参考区间[0~第 95 百分位数( $P_{95}$ )]。

**结果** 按性别分组时,男性和女性血浆 TBIL 参考区间分别为 0~22.6  $\mu\text{mol/L}$ 、0~16.8  $\mu\text{mol/L}$ ,血浆 DBIL 参考区间则分别为 0~7.7  $\mu\text{mol/L}$ 、0~5.2  $\mu\text{mol/L}$ ;同时按性别和年龄段分组时参考区间为:TBIL:男性 20~49 岁和 50~79 岁分别为 0~21.8 $\mu\text{mol/L}$ 、0~25.9 $\mu\text{mol/L}$ ,女性 20~79 岁为 0~16.8  $\mu\text{mol/L}$ ;DBIL:男性 20~59 岁和 60~79 岁分别为 0~7.4 $\mu\text{mol/L}$ 、0~8.7 $\mu\text{mol/L}$ ,女性 20~29 岁和 30~79 岁分别为 0~4.8  $\mu\text{mol/L}$ 、0~5.0  $\mu\text{mol/L}$ 。

**结论** 成功建立了适合于本实验室检测系统和服务人群的血浆 TBIL 和 DBIL 参考区间,与行业标准 WS/T 404.4-2018 中的参考区间存在一定差异,说明实验室在引用行业标准、试剂说明书或其他实验室的参考区间时,应进行必要的验证和评估,必要时可自建参考区间。

## PU-5273

## 狼疮性肾炎鉴别诊断的实验室检查

郭欣,宋丽婷  
哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨抗核抗体(ANA)系列指标在狼疮性肾炎(LN)患者中的表达情况及临床意义。

**方法** 对 406 例系统性红斑狼疮(SLE)患者(其中 LN 122 例)和 74 例其他自身免疫病患者及 120 例健康体检者采用间接免疫荧光法测定抗核抗体(ANA),应用欧蒙印迹法测定抗核抗体系列。

**结果** SLE 患者 ANA 阳性率为 94.49%,与其他自身免疫病组间差异显著, ( $p<0.05$ );与对照组比较  $P<0.01$ ,差异极显著。LN 组 ANA 系列中,8 个检测项目阳性率均高于不伴肾炎 SLE 组,差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。抗双链 DNA 抗体+抗 Sm 抗体+抗 nRNP 抗体同时阳性时, LN 组阳性表达显著高于不伴肾炎 SLE 组 ( $p<0.05$ )。当抗双链 DNA 抗体阳性时, LN 组抗组蛋白抗体、抗核小体抗体和抗核糖体 p 蛋白抗体同时阳性的表达也显著高于不伴肾 SLE 组 ( $p<0.05$ )。

**结论** 抗核抗体及抗核抗体系列的联合检测可以相互补充,对提高狼疮性肾炎的诊断率及判断预后、指导治疗等方面具有重要意义。

## PU-5274

## 肝素结合蛋白的临床应用进展

冯忠军,牛晓东,王海成  
河北医科大学第三医院,050000

**目的** 肝素结合蛋白(HBP)又被称为 CAP37 或天青杀素(文中统称 HBP),是中性粒细胞受到外界刺激释放产生的功能多样的颗粒蛋白,主要有抗菌活性,促使血管渗漏,在宿主的免疫防御和免疫调节中也发挥至关重要的作用。

**方法** HBP 在感染性疾病等其他炎性相关疾病中的应用受到了广泛关注和研究,在脓毒症、细菌性脑膜炎、尿路感染、肺部感染等的应用,同时也发现在创伤性疾病、阿尔茨海默症、动脉粥样硬化、角膜愈合等 HBP 同样显示了其独特的预测价值和超强的调节功能。

**结果** 由于 HBP 主要是由 PMN 受到外界刺激所产生释放,所以健康人血液中 HBP 的含量很低,一般不超过 10ng/mL,当有感染发生时,血中 HBP 的水平会升高,一般感染时 HBP 能达到 20-30ng/mL,ICU 中严重感染者可达到 100ng/mL,甚至是 1000ng/mL 以上,此时患者可能面临随时死亡的危险。因此 HBP 的连续监测对临床感染患者来说意义重大,特别是有严重感染的患者作为一种新兴的感染性疾病相关的国际创新型生物标志物。有学者甚至用免疫系统的“警报素”来形容 HBP。

**结论** HBP 发挥其功能的分子机制尚不清楚,学者普遍认为是 HBP 受体尚未发现,体外重组 HBP 作为治疗干预作用的靶点有待证实,HBP 的临床应用还需进一步的研究。目前 HBP 主要用于辅助临床诊断,相信在不久的将来 HBP 可以给予临床诊断和治疗更大的帮助。

## PU-5275

### 临床非空腹血脂的研究进展

徐远东

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨非空腹血脂临床意义、非空腹血脂与空腹血脂的比较、非空腹血脂的优势和非空腹血脂在我国将来的展望。

**方法** 在基于空腹血脂的检验项目的基础上,国内外均有关于非空腹血脂研究实验,通过对大量的实验研究分析和比较。

**结果** 非空腹血脂与空腹血脂有很好的相关性

**结论** 非空腹血脂与空腹血脂有很好的相关性。

## PU-5276

### The PEAK1-PPP1R12B axis inhibits the development of colorectal cancer by regulating Grb2/PI3K/Akt signaling

Chenbo Ding<sup>1,2</sup>, Guoqiu Wu<sup>1,2</sup>

1. Medical School of Southeast University

2. Center of Clinical Laboratory Medicine, the Affiliated Zhongda Hospital of Southeast University

**Objective** PEAK1, a novel non-receptor tyrosine kinase, has recently been implicated in actin cytoskeleton, focal adhesion and cancer pathogenesis. However, the functional role of PEAK1 in colorectal carcinogenesis is little known.

**Methods** The expression levels of PEAK1 in CRC clinical tissues and cell lines were tested by immunohistochemistry, qRT-PCR and western blot analyses, respectively. The effects of PEAK1 on CRC cell growth and metastasis was examined via CCK-8, clonogenic, transwell migration, invasion and wound healing assays in vitro, tumorigenicity and liver metastasis assays in nude mice. The potentially regulated targets and signaling pathways of PEAK1 were explored using the microarray, KEGG pathway, western blot and site mutation analyses. And the correlation between PEAK1 and potentially regulated targets was analyzed by Spearman's correlation analysis in CRC specimens and cell lines. Then, the impact of regulated targets on PEAK1-invoked cell growth, metastasis and signaling transduction was evaluated via gene re-introduced or silencing. Finally, the relationship between PEAK1-mediated pathways and tumor development was analyzed though using immunohistochemistry analysis and small molecular inhibitors.

**Results** We show that PEA1 is frequently decreased in human CRC specimens and highly invasive cancer cell lines. Reduced PEA1 expression was significantly associated with tumor size and differentiation status, tumor metastasis as well as clinical stage. Overexpression of PEA1 suppressed CRC cell growth, invasion and metastasis abilities in vitro and in vivo, whereas knockout of PEA1 had the opposite effects. Further evaluation revealed that PEA1 expression was positively correlated with protein phosphatase 1 regulatory subunit 12B (PPP1R12B) in CRC cell lines and clinical tissues, and depressed the activation of Grb2/PI3K/Akt signaling. PEA1  $\Delta$ Shc mutant only partly recuperated the inhibited function of PEA1 on CRC cell biology and signaling transduction. Notably, knockdown of PPP1R12B could markedly abrogate PEA1-mediated suppression function, while upregulation of PPP1R12B could recapitulate the effects of PEA1 knockout in cell biology and signaling transduction. In accordance with the in vitro results, PEA1 expression was inversely associated with Grb2/PI3K/Akt signaling and ki-67 protein expression in clinical CRC tissues. Mechanically, PI3K and Akt inhibition reversed impaired PEA1 function on cells proliferation, migration and invasion abilities.

**Conclusions** Our results provide compelling evidence that PEA1-PPP1R12B loop inhibits intestine tumorigenesis and metastasis by the dephosphorylation of Grb2/PI3K/Akt pathway, which may provide a novel therapeutic strategy for future CRC treatment.

#### PU-5277

### 多重 TaqMan 实时荧光定量 PCR 快速检测淋病 奈瑟菌头孢曲松低敏株

赵立红,刘爱华,李瑞英,赵书平  
泰安市中心医院,271000

**目的** 淋病奈瑟菌对头孢曲松低敏菌株逐年增多,对全球公众健康危害很大。因而,建立快速筛选淋病奈瑟菌头孢曲松低敏菌株的方法迫在眉睫。

**方法** 设计引物及探针,通过检测 PBP2 501 位的丙氨酸替换以及 PBP2 镶嵌状结构改变,来快速筛选头孢曲松低敏菌株。

**结果** 建立的多重 Taqman 实时荧光定量 PCR 方法,诊断特异度和敏感度分别为 95%, 100%。

**结论** 建立的多重 Taqman 实时荧光定量 PCR 方法简便、快速、敏感度和特异度都非常高,能够用来快速筛选头孢曲松低敏菌株。

#### PU-5278

### Analysis of the specimens rejected in pre-analytical phase by clinical laboratory of Zhongda hospital

Haiyan Zhang<sup>1</sup>, Keping Chen<sup>1</sup>, Guochun Li<sup>2</sup>

1.Zhongda Hospital, School of Medicine, Southeast University, Nanjing 210009, China

2.Nanjing central hospital, Nanjing Municipality Government Hospital, Nanjing, 210009, China

**Objective** This study took the records of the samples rejected by clinical laboratory of Zhongda hospital from 2014 to 2018 as basic data, analyzed the reasons of sample rejection and the source of them, the influence of each type of errors on delayed time was also investigated.

**Methods** The records of the rejected specimen from January 2014 to December 2018 in the clinical laboratory of Zhongda hospital were downloaded from the laboratory information system (LIS), including the time unqualified samples were rejected and the time right samples were received again, few samples lacking the time information were not taken into analysis. The

number of samples received by clinical laboratory in the recent five years were also searched to analyze the total quality of the received samples.

**Results** Among the 27,110 samples rejected by the clinical laboratory, insufficient samples became the major reason causing rejection, which happened 13,304 times, accounted for 49% of the rejected samples. As the most common reason, insufficient samples (49%,  $n=13304$ ) happened most frequently in Otorhinolaryngology Head and Neck (ENT & HN) Surgery department (1.45%,  $n=360$ ), compared to other clinical departments. Among the 34 departments, NICU had the highest rate of rejected samples (2.3%,  $n=1530$ ), and the Burn and Plastic Surgery Department ranked the second, 2.2% ( $n=223$ ) of the samples sent out were rejected by clinical laboratory.

**Conclusions** from 2016 to 2018, the rate became stable and decreased every year, indicating an improvement of education to the nurses and assistants, it was also the result of technology development and improvement of laboratory management.

## PU-5279

### Fas/FasL 介导的细胞凋亡在桥本氏甲状腺炎中的作用

张娜,郭欣

哈尔滨医科大学附属第一医院检验科

**目的** 为了研究 Fas/FasL 介导的细胞凋亡在桥本氏甲状腺炎发病机制中的作用, 评价其在治疗中的意义。

**方法** 采用流式细胞仪、双抗体夹心 ELISA 法及免疫组化方法分别测定桥本氏甲状腺炎(HT)及正常对照组外周血 T 淋巴细胞 Fas 抗原表达情况, 血浆中 sFas 水平及甲状腺腺泡细胞 Fas 抗原及 Fas 配体的表达情况。

**结果** 发现 HT 组甲状腺细胞 Fas 和 FasL 表达强度显著高于正常对照组( $P<0.01$ ), 血浆 sFas 水平( $2.05\pm0.54\text{ng/ml}$ )明显低于正常组( $3.59\pm0.68\text{ng/ml}$ ,  $P<0.001$ ), HT 外周血 T 淋巴细胞 Fas 抗原阳性细胞数( $79.99\%\pm16.08\%$ )显著高于正常对照组( $57.22\%\pm11.57\%$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** Fas 系统与桥本氏甲状腺炎发病密切相关。

## PU-5280

### 脑钠肽水平检测对于心衰患者的诊断价值

徐兆珍,宋丽婷

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨血浆 BNP 水平检测对于心衰患者的诊断意义。

**方法** 对 107 例心衰患者和 50 例健康体检者采用化学发光微粒子法测定血浆脑钠肽 (BNP) 水平。心衰患者根据美国 NYHA 心功能分级分成 I、II、III、IV 级四组。

**结果** 正常对照组与心衰组 BNP 水平及阳性率差异极显著,  $P<0.001$ 。NYHA 心功能分级各级之间均差异显著, 有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 并且随着分级的增高, BNP 水平也明显升高, 除 I 级中有一例阴性外, 其他阳性率均为 100%。

**结论** 血浆 BNP 水平对于心衰的诊断、预后判断及指导治疗等方面具有重要意义。在筛选 LVD 方面具有明显的优越性, 是评估心功能的一项重要指标。

## PU-5281

**化学发光法检测心型脂肪酸结合蛋白的方法学评价**

杨振鹏,尚晓楠,李双法,于林,李奎  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 采用化学发光法原理,初步建立心型脂肪酸结合蛋白检测试剂盒的方法学评价。

**方法** 用化学发光法在安图化学发光免疫分析仪上测定心型脂肪酸结合蛋白,依据 CLSI EP 文件对该方法精密度、准确度、线性、干扰进行评估并与朗道免疫比浊法试剂进行方法学比对。

**结果** 该方法的批内和批间精密度均小于 5%;在 1.87ng/ml~146.47ng/ml 范围内,线性良好,线性相关方程为  $y=0.9751x-0.4516$ ,  $R^2=0.9993$ ;临床样本平均回收率为 95.2%;500mg/dL 血红蛋白、500mg/dL 甘油三酯、30mg/dL 胆红素对于 H-FABP 检测无干扰;与朗道免疫比浊法试剂进行方法学比较,回归方程为:  $y=1.0018x-0.0863$ ,  $R^2=0.9881$ ,两者相关性较好。

**结论** 使用化学发光法测定心型脂肪酸结合蛋白,结果准确,线性范围宽,重复性好,与进口朗道试剂相关性好,能够满足临床使用需求。

## PU-5282

**结核感染 T 细胞与结核杆菌 DNA 检测  
对肺结核的诊断**

曾雪曦  
四川省人民医院,610000

**目的** 探讨结核感染 T 细胞(T-SPOT.TB)和结核杆菌 DNA 检测在肺结核病的诊断价值

**方法** 对 2018 年 1 月到 2018 年 12 月我院确诊为肺结核的 503 例患者的结核感染 T 细胞实验结果和结核杆菌 DNA 实验结果筛选比较 **结果** 结核感染 T 细胞的灵敏度(78%)明显高于结核杆菌 DNA 检测的灵敏度(70.9%) ( $P<0.05$ )。

**结果** 结核感染 T 细胞的灵敏度(78%)明显高于结核杆菌 DNA 检测的灵敏度(70.9%) ( $P<0.05$ )。

**结论** 结核感染 T 细胞和结核杆菌 DNA 检测有助于对肺结核的确诊,并且联合检测更有利于提高其诊断的灵敏度。

## PU-5283

**抗-SSA/Ro60 和抗-Ro52 在自身免疫性疾病中的  
临床应用价值**

阳德才  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 以回顾性分析为主,研究抗-SSA/Ro60 和抗-Ro52 抗体与不同自身免疫性疾病的相关性。

**方法** 收集抗-SSA/Ro60 和(或)抗-Ro52 阳性的 844 例临床样本数据,包括有 ANA 阳性样以及 ANA 阴性的样本。其中,ANA 利用间接免疫荧光检测,ENA 利用免疫印记法检测。重点分析 ANA(+)时抗-SSA/Ro60 和抗-Ro52 与不同 AID 的相关性。

**结果** AID 患者的 ANA 阳性率显著高于非自身免疫性疾病 ( $P<0.05$ );在 AID 组中,抗-SSA/Ro60 和抗-Ro52 双阳性的阳性率较抗-SSA/Ro60 单阳性( $P<0.05$ )和抗-Ro52 单阳性 ( $P<0.05$ ) 时都高。抗-SSA/Ro60 与系统性红斑狼疮 ( $P=0.038$ )、原发性干燥综合征 ( $P=0.012$ )以及

免疫性血小板减少症 ( $P=0.041$ )有独立相关性。在自身免疫性肝病 ( $P<0.05$ )、类风湿性关节炎 ( $P<0.05$ ) 患者中的抗-Ro52 的阳性率明显高于抗-SSA/Ro60 的阳性率。

**结论** AID 患者年龄小于 NAID, 且多发于女性患者; ANA(+)时 AID 患病率高于 ANA(-)时的患病率, 抗-SSA/Ro60 和抗-Ro52 双阳性时, AID 患病率更高; 抗-SSA/Ro60 与 SLE、PSS、ITP 的发生有关; 而抗-Ro52 则在 AIH、DM、RA 中更有优势, 且抗-Ro52 与多发性肌炎以及系统性硬化症都有一定相关性。

## PU-5284

### 血清 hs-CRP 及心肌标志物检测对冠心病患者的应用价值

徐兆珍,郭欣

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨冠心病患者血清 hs-CRP、TnI、CK-MB 测定的临床意义。

**方法** 利用乳胶增强免疫比浊法和电化学发光法, 对 112 例健康人群和 52 例急性心肌梗死 (AMI), 64 例不稳定性心绞痛 (UA), 32 例稳定性心绞痛 (SA) 患者检测超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)、肌钙蛋白 I(TnI)和肌酸激酶 (CK-MB) 水平。

**结果** SA 组、UA 组和 AMI 组 hs-CRP、TnI、CK-MB 水平明显高于健康组 ( $P<0.05$ )。

**结论** hs-CRP 是心血管疾病的独立危险因素, 与 TnI、CK-MB 联合检测对冠心病的诊断、治疗及预后判断有重要意义。

## PU-5285

### 淋病奈瑟菌常用抗生素耐药趋势及头孢曲松低敏菌株基因特征研究

赵立红,刘爱华,李瑞英,赵书平

泰安市中心医院,271000

**目的** 淋病奈瑟菌对头孢曲松低敏问题已严重威胁全球公众健康, 但是淋病奈瑟菌对头孢曲松的低敏机制目前尚不完全清楚。目前研究表明, NG 对头孢曲松低敏的分子机制涉及染色体上 penA、penB、ponA、mtrR 以及 pilQ 等多个基因。而且, 大多研究者普遍认为 PBP2 501 位的丙氨酸替换以及 PBP2 镶嵌状结构改变是造成头孢曲松低敏的主要因素。

**方法** 通过对筛选出的山东地区淋病奈瑟菌头孢曲松低敏株进行相关基因测序的方法, 来探讨淋病奈瑟菌对头孢曲松低敏的分子机制。

**结果** 所有头孢曲松低敏菌株均有 PBP2 A501 替换或 PBP2 镶嵌状结构改变, penB 编码的孔蛋白上均有 Gly120 和 Ala121 氨基酸替换, MtrR 上发现 3 种新的氨基酸替换: R44G/L47R/H105F。

**结论** 头孢曲松低敏与 penA、penB、ponA、mtrR 及 mtrR 启动子等多个基因突变相关, 尤其与 PBP2 (penA) A501 氨基酸替代以及其镶嵌状结构改变紧密相关。

## PU-5286

## hucMSC-Ex 转运 CK1δ/ β-TRCP 激酶泛素系统促进 YAP 降解延缓糖尿病肾病

纪成,张家慧,王琼妮,孙丰田,许文荣,钱晖

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 探讨人脐带间充质干细胞外泌体 (hucMSC-Exo) 抑制 YAP 活性延缓糖尿病肾病进展的作用机制。

**方法** 45%高脂饮食联合链佐脲菌素 (STZ, 35mg/kg), 饲养 12 周制备糖尿病肾病大鼠模型。离心化学沉淀法提取 hucMSC-Exo, 大鼠 12 周后尾静脉注射 hucMSC-Exo 治疗, 大鼠血糖、体重、24 h 尿总蛋白、肌酐清除率, HE、PAS 染色观察肾组织结构, 天狼星红染色检测肾间质纤维化。DIR 标记 hucMSC-Exo, 小动物活体成像仪观测体内分布。Western blot, qRT-PCR 和免疫荧光检测各组 8, 16, 24 周肾组织 YAP 蛋白表达情况。利用高糖刺激肾小球系膜细胞 (HBZY-1), 共聚焦观测 YAP 在胞质与胞核变化。Western blot 检测胞质中 YAP 的表达。免疫共沉淀检测 hucMSC-Exo 处理 YAP 蛋白结合的泛素。蛋白质谱分析、Western blot 证实 hucMSC-Exo 内 CK1δ/ β-TRCP 的表达。

**结果** hucMSC-Exo 可迁移至大鼠肾损伤部位。STZ 造模, 体重下降, DKD 组血清、尿素氮增高, 肾小球系膜明显增厚, 肾小球囊性纤维化。尾静脉注射 hucMSC-Exo, 维持体重, 血清尿素氮降低, 肾组织间质纤维化减弱。第 8, 16, 24 周肾 YAP 增加, hucMSC-Exo 干预降低 YAP。在高糖刺激 HBZY-1 48h YAP 入核, hucMSC-Exo 处理后胞质内磷酸化 YAP 增加。免疫共沉淀发现 YAP 蛋白结合的泛素增多。蛋白质谱和 WB 证实 hucMSC-Exo 含有 CK1δ/ β-TRCP 促进 YAP 泛素化降解。干扰 CK1δ/ β-TRCP 的 hucMSC-Exo, 肾间质纤维化加重。

**结论** hucMSC-Exo 转运 CK1δ/ β-TRCP 激酶泛素系统促进 YAP 降解延缓糖尿病肾病的作用。

## PU-5287

## Micro RNA 及其与肝癌的关系

杨倩倩

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** mi RNA 与肝癌的关系作一综述。

**方法** 回顾分析相关文献。

**结果** 微小 RNA (micro RNA, mi RNA) 是一类长度为 21-25 个核苷酸的非编码小分子 RNA, 广泛存在于各种真核生物中。mi RNA 主要通过促进靶 mRNA 的降解或抑制其翻译过程而发挥负调控作用。

**结论** mi RNA 起着调控基因表达的重要作用, mi RNA 的变异与疾病, 尤其是恶性肿瘤的发生发展存在密切的关系。



PU-5288

## 尿液 5-羟吲哚乙酸对消化道病变筛查的意义

刘红春,李雨晴

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 5-HT 是在机体应激时异常增多的一种神经递质,有多种代谢途径,5-HIAA 作为 5-HT 的代谢途径之一的主要终产物经尿液排出,测定其量可反映体内 5-HT 含量。应激反应使尿液 5-HIAA 排泄量升高,检测尿液可预测疾病的发生。本文采用生化方法对比检测消化道病变患者和健康体检者尿液 5-羟吲哚乙酸(5-HIAA)的含量,研究尿液 5-HIAA 在消化道良、恶性病变筛查中的应用。

**方法** 随机抽取健康体检者 515 人和组织学已证实的消化道良、恶性病变住院患者 321 人新鲜清洁晨尿,用尿液 5-HIAA 试剂检测新鲜尿液样本,颜色沉积物是试剂中汞盐与尿液中不同含量 5-HIAA 发生特征显色反应的产物,产物颜色比标准比色卡。

**结果** 健康体检者阳性率 10.1%,消化道良性病变(炎症、息肉)者阳性率 37.3%,消化道恶性病变者阳性率 50.6%。在消化道恶性病变中,胃癌阳性率 60.8%,食管癌阳性率 47.9%,肠癌阳性率 41.1%。消化道病变者尿液 5-HIAA 排泄量比健康体检者显著升高( $\chi^2=147.6$   $P<0.01$ ),且恶性病变高于良性病变( $\chi^2=4.352$ ,  $P=0.025$ )。

**结论** 消化道病变患者尿液 5-HIAA 阳性率明显高于健康个体,恶性病变患者更高。尿液 5-HIAA 可与其它肿瘤标志物结合作为消化道病变筛查项目,有一定诊断价值。

PU-5289

## 化学发光法检测梅毒螺旋体特异性抗体在血液筛查中的应用评价

江雪,姜本光

郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 评估在血液筛查中磁微粒化学发光法检测梅毒螺旋体特异性抗体的应用情况。

**方法** 在血站日常筛浆的基础上,增加一种磁微粒化学发光试剂作为梅毒螺旋体特异性抗体的筛查试剂,与现有的两个酶免厂家进行平行对比,对临床符合率进行统计,评估化学发光试剂在血液筛查中的应用情况。

**结果** 11865 份检测样本中,两个酶免试剂与化学发光试剂检测一致阳性 18 例,TPPA 检测均为阳性,有 11831 例三个厂家检测均为阴性,有 16 例样本三个厂家检测不一致,16 例样本检测 TPPA 均为阴性。

**结论** 统计结果分析得出,化学发光试剂与两个酶免厂家试剂整体检测符合率较高,在试剂性能方面与酶免厂家表现一致,可以应用在血液筛查过程中。与酶免试剂相比,化学发光试剂有更高的灵敏度,能够进一步降低假阴性导致的输血交叉感染风险。但同时与酶免试剂相比,化学发光试剂有相对较高的假阳性率,在一定程度上增加了血浆报废浪费的风险。

PU-5290

## MTHFR 基因多态性与心血管疾病相关性的研究进展

饶玲玲,冯勤颖,黄山

贵州省临床检验中心

**目的** 本综述简要介绍心血管疾病相关基因的一些研究进展,以及基因之间的联合作用。

## 方法 综述

**结果** 研究发现 MTHFR C677T、MTHFR A1298C 可以分别单独和交互性地对缺血性脑病产生影响并且和同型半胱氨酸的水平有关，体内代谢异常，导致 MTHFR 基因多态性基因突变，引起 MTHFR 酶活性下降，导致 Hcy 水平升高。MTHFR C677T、A1298C 基因多态性在代谢过程中影响着 Hcy 水平，从而导致高 Hcy 血症，导致心血管损伤。

**结论** 心血管疾病存在多因素致病，MTHFR C677T、A1298C 基因多态性可能增加了心血管疾病的遗传易感性。

## PU-5291

### 化合物 X 对脐静脉内皮细胞增殖作用的影响

余超

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 通过测定在  $H_2O_2$  刺激条件下，化合物 X 对人脐静脉内皮细胞存活率的影响，探讨化合物 X 对  $H_2O_2$  介导的细胞损伤是否有保护作用。

**方法** 1.用 96 孔板培养人脐静脉内皮细胞，设定不同的组，在细胞长好后，加入不同浓度的化合物 X 作用，用 CCK-8 法测定细胞的存活率，研究该化合物对该细胞的直接作用。2.在相同条件下培养人脐静脉内皮细胞，设定不同的组，在细胞长好后，加入  $H_2O_2$  作用，洗去  $H_2O_2$ ，加入不同浓度的化合物 X，同样测定细胞的存活率，研究该化合物对  $H_2O_2$  介导的人脐静脉内皮细胞作用的拮抗作用。

**结果** 在未用  $H_2O_2$  处理条件下，只有  $10\mu\text{mol/L}$  的化合物 X 对细胞存活率有显著的降低作用。在  $H_2O_2$  处理条件下，只用  $H_2O_2$  处理组存活率有明显降低，对于化合物 X，只有  $10\mu\text{mol/L}$  对  $H_2O_2$  作用有显著性拮抗。

**结论** 化合物 X 对脐静脉内皮细胞的直接作用： $0.01\mu\text{mol/L}$ 、 $0.1\mu\text{mol/L}$ 、 $1\mu\text{mol/L}$  的化合物 X 对细胞是安全的，而  $10\mu\text{mol/L}$  的化合物 X 对细胞有明显的毒性作用。对于  $H_2O_2$  处理组， $10\mu\text{mol/L}$  的化合物 X 能有效保护  $H_2O_2$  对人脐静脉内皮细胞的损伤。该结论为进一步研究化合物 X 的药理作用和临床应用奠定了基础。

## PU-5292

### In vitro activity of carbapenem and $\beta$ -lactam/ $\beta$ -lactamase inhibitor combination drugs against carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolates from a general hospital in China

Can Luo, Min Wang, Qi Yan, Jingjing Tian, Bingqi Wang  
the second xiangya hospital of central south university

**Objective** The resistance rate of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolates is growing rapidly and posing a threat to the world. while the optimal treatment has not defined. This report aimed to evaluate antibacterial efficacy of carbapenems and beta-lactams/inhibitors combinations in vitro and attempt to find the relationship between resistant genes and antibacterial activity with a hope to lay the foundation for recommended carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) isolates therapy.

**Methods** 52 CRKP isolates collected from the second Xiangya Hospital during August 2016 to May 2017 were screened by Kirby-Bauer method. Kpc-2, ndm-1 and oxa-48 were detected by polymerase chain reaction (PCR). Modified Carbapenem Inactivation Method (mCIM) is used to test Carbapenem phenotype of strains. The broth microdilution method is used to determine the minimum inhibitory concentrations (MICs) of imipenem (IPM), meropenem (MEM), amoxicillin/clavulanic acid (AMC), ampicillin/sulbactam (SAM), ceftazidime /avibactam (CAZ/AVI) and cefepime/avibactam (FEP/AVI). Microbroth checkerboard method is used to test antibacterial activity of different regimen combinations. Fractional Inhibitory Concentration index (FIC) and Susceptible breakpoint index (SBPI), are used to evaluate combined antibacterial efficacy. The chi-square test is used to determine the statistical significance between the antibacterial activity of the drug combination and the drug resistance gene.

**Results** CRKP strains in our study were resistant to most clinical antibiotics. The positive rate of kpc-2, ndm-1 was 69.23%, 11.54%, separately. And no isolate was detected oxa-48. All CRKP strains showed positive results in mCIM test. MIC<sub>50</sub> and MIC<sub>90</sub> of regimens in combinations are all smaller than alone. Rates of synergistic effect and additive effect in tested combinations were IPM+AMC (92.31%), MEM+AMC(80.77%), IPM+SAM(42.31%), MEM+SAM(46.15%), IPM+CAZ/AVI(100%), MEM+CAZ/AVI(87.92%), IPM+FEP/AVI(96.15%), MEM+FEP/AVI(88.45%). Among all drug combinations, CAZ/AVI+IMP showed biggest SBPI value (1.125), followed by FEP/AVI +IMP (0.625). There exists statistical significance between antibacterial efficacy of IPM+AMC, MEM+SAM, IPM+SAM and kpc-2 carrying. There also exists statistical significance between antibacterial efficacy of MEM+SAM and ndm-1 carrying.

**Conclusions** SAM based combinations should be avoid being used in clinical settings. CAZ/AVI + IPM is the optimal choice for CRKP isolates positive people. Of note, take great safety, easier accessibility and potential less economic burden into consideration, AMC combined carbapenems provide new alternative options for clinical CRKP treatment

## PU-5293

### 多重 RT-PCR 检测金黄色葡萄球菌的方法评价

高歌,高利飞,李振红,吕月庆,杜美  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 对多重 RT-PCR 法检测临床患者中金黄色葡萄球菌与耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的方法进行可靠性评估,为金黄色葡萄球菌与耐甲氧西林金黄色葡萄球菌感染的诊断提供依据。

**方法** 收集郑州市中心医院 2017 年 9 月-2018 年 10 月住院的患者样本 356 例,采用培养法和多重 RT-PCR 方法对痰液分泌物进行金黄色葡萄球菌与耐甲氧西林金黄色葡萄球菌检测。

**结果** 356 例临床患者中培养法检出金黄色葡萄球菌和耐甲氧西林金黄色葡萄球菌分别 31 例、15 例,阳性率为 8.71%、4.21%,多重 RT-PCR 方法检出金黄色葡萄球菌和耐甲氧西林金黄色葡萄球菌分别 33 例、16 例,阳性率为 9.27%、4.49%;培养法检测和多重 RT-PCR 检测临床患者金黄色葡萄球菌和耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的阳性率经比较,差异不明显 ( $P>0.05$ ),不一致临床样本经第三方核酸试剂盒确认,结果与多重 RT-PCR 方法一致。

**结论** 多重 RT-PCR 方法具有很好的准确度,适于金黄色葡萄球菌临床患者的辅助诊断。

金黄色葡萄球菌;耐甲氧西林;荧光定量 RT-PCR

## PU-5294

## 三甲基嘌呤通过 NF- $\kappa$ B 途径调控肝星形细胞自噬减轻四氯化碳诱导的肝纤维化的机制研究

王冰莹,杨勇,曹伟,贾延伟  
苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 阐明三甲基嘌呤 (3-methylpurine, 3-MA) 通过 NF- $\kappa$ B 途径调控肝星形细胞 (hepatic stellate cell, HSC) 自噬的从而减轻四氯化碳 (carbon tetrachloride, CCl<sub>4</sub>) 诱导的肝纤维化的作用机制。

**方法** 建立体内肝纤维化模型,将昆明白小鼠 30 只随机分成 3 组,分别为对照组,正常饲养;损伤组,一周两次腹腔注射体积分数 20% 的四氯化碳 (CCl<sub>4</sub>) 0.6ml/kg; 3-MA 干预组,一周两次腹腔注射 3-MA15mg/kg。全部小鼠 8 周后处死,用胶原酶肝脏灌注消化法获得小鼠 HSC。通过 HE、Masson 染色检测肝脏纤维化情况。建立体外 HSC 活化模型,将人肝星形细胞 LX-2 细胞株,分为三组,分别是对照组,正常培养; TGF- $\beta$  诱导组,以的 TGF- $\beta$  诱导; 3-MA 干预组,在 TGF- $\beta$  诱导的基础上同时加入 3-MA, 72 小时收集各组细胞。在上述基础上加入 NF- $\kappa$ B 激动剂,免疫印迹法检测 HSC 细胞活化相关蛋白  $\alpha$ -平滑肌动蛋白 ( $\alpha$ -SMA)、自噬相关蛋白 LC3-II、Becline 及 NF- $\kappa$ B/p-NF- $\kappa$ B 通路蛋白的表达; 荧光定量 PCR 法检测 HSC 细胞 LC3-II、Becline 等基因,观察 HSC 的自噬及活化情况。

**结果** 与对照组相比,损伤组肝脏纤维组织增多、纤维架桥形成, HSC 的  $\alpha$ -SMA、LC3-II 蛋白的含量明显升高 ( $P<0.05$ ), LC3-II、Becline 基因的表达水平也上升, p-NF- $\kappa$ B 与 NF- $\kappa$ B 比值升高 ( $P<0.05$ )。而 3-MA 干预组小鼠肝组织内纤维组织明显减少,  $\alpha$ -SMA、LC3-II 蛋白、p-NF- $\kappa$ B 与 NF- $\kappa$ B 比值及 LC3-II、Becline 基因无显著升高 ( $P<0.05$ )。体外 TGF- $\beta$  诱导 LX-2 细胞,与对照组相比, TGF- $\beta$  诱导组  $\alpha$ -SMA、LC3-II 蛋白明显升高 ( $P<0.05$ ), LC3-II、Becline 基因的表达升高, p-NF- $\kappa$ B 与 NF- $\kappa$ B 比值升高 ( $P<0.05$ )。而 3MA 干预组  $\alpha$ -SMA、LC3-II 蛋白、p-NF- $\kappa$ B 与 NF- $\kappa$ B 比值及 LC3-II、Becline 基因的表达无显著升高 ( $P<0.05$ )。加入 NF- $\kappa$ B 激动剂后 3-MA 的上述作用明显减弱。

**结论** 3-MA 通过抑制 NF- $\kappa$ B 通路来抑制 HSC 的自噬,从而抑制 HSC 的活化,有明显减轻 CCl<sub>4</sub> 诱导肝纤维化的作用。

## PU-5295

## Assembly and purification of the mixed-lipid nanodiscs mimicing the bacterial membrane

YAN LI,XIAOFANG WANG,LEI WANG,LUYANG JIAO  
The First affiliated Hospital of Xinxiang Medical University

**Objective** The appearance of multi-resistant bacterial strains result in the need for new drug to alternate the synthetic antibiotics, antimicrobial peptides (AMPs) have become a perfect therapeutic weapons to fight microbial since mid-1980s. AMPs come from immune system exhibit broad-spectrum functions with antibacterial, antifungal, and tumoricidal activity. Most AMPs interact with cell plasma membranes consisting of phospholipid and disrupt membrane integrity. Their modes of action included "barrel-stave", "toroidal pore", "carpet" models, but the exact details of molecular mechanisms of how AMPs interact with cell membrane are still unclear, the insights about the mechanism of antimicrobial will help us develop the novel antibacterial drugs. AMPs can disrupt he bacteria membrane, leading to the bacteria cell death. The composition of lipid between the membranes of bacteria and eukaryotes are different. A synthetic AMP analogues specifically active against bacteria and inactive against eukaryotic cells, can form

pores in the bacteria membrane due to its membrane component rich in PG and PE lipid, cannot lyse eukaryotes membrane which are found in high concentrations of PS and PC lipids. There are micelles, bicelles and nanodiscs to mimic the membrane. Micelles and bicelles contain detergents which are not included in the natural membrane. The detergents in these mimic membrane systems influence the natural states of AMPs. Nanodiscs are a new membrane system which do not have detergents. They are a "native-like" phospholipid bilayers enriched by stabilizing amphipathic helical membrane scaffold proteins(MSPs) and relatively monodisperse, stable, easy diluted. So in mimicing the bacterial membrane, the mixed phospholipid nanodiscs were assembled in order to study the mechanism interactions between AMPs and bacteria.

**Methods** The membrane scaffold proteins were over-expressed and purified. POPG and POPE were used as a model of bacterial membrane. Nanodiscs were assembled with the ratios of 1:20 of MSP to lipid. The lipids were incubated at 287k and 298k respectively, because the POPE phase transition temperature is 298k while the POPG is 271k. Then the hydrophobic adsorbent Bio-Beads SM-2 were added to the nanodiscs system and incubated for 2 hours. The supernatant were obtained after centrifuging 10 min with 13000rpm, and further purified by FPLC on a calibrated size exclusion chromatography column with Superdex 200 10/30 chromatography column (GE Healthcare) with mobile phase flow rate of 1 ml/min. Transmission electron microscopy were used to measure the size and morphology of the purified nanodiscs. Finally the AMPs ORBK was used to interact with this membrane and measured the interaction by  $^{31}\text{P}$  NMR spectra on 850 MHz Bruker spectrometer(Germany) which was equipped with a cryo-probe and  $^{31}\text{P}$  direct-detection channel at 298k.

**Results** The results of size exclusion chromatography showed that mixture POPG and POPE nanodiscs assembled higher at 298k, the lipid mixed for 4h before mixed with the MSP protein assembled higher than that of not mixed at temperature. TEM was employed to measure the diameter size of nanodiscs. It showed that the Nanodiscs which mimic the bacteria membrane were about 10nm. The NMR results indicated that ORBK changed the chemical shift of POPG and POPE nanodiscs membrane.

**Conclusions** In this work, the nanodiscs system was established to mimic the membrane of bacteria. The production of membrane was related to the incubation time, the procedure of mixture or not. The size of membrane of nanodiscs was just 10nm which was suitable for the study in nuclear magnetic resonance (NMR). This bacterial mimic membrane system could be used to the study of the molecular mechanism of interactions between AMPs and membrane.

## PU-5296

### 某三级医综合医院六年间肺炎克雷伯菌的耐药性变迁与分布

张志军,赵书平  
泰安市中心医院,271000

**目的** 分析院内不同时间临床分离肺炎克雷伯菌的耐药性变迁与分布,为临床合理使用抗生素提供理论依据。

**方法** 对 2012 年 01 月-2017 年 12 月六年间临床各类标本中分离的肺炎克雷伯菌,采用 WalkAway 96 PLUS 型全自动细菌分析仪进行鉴定和药敏试验,应用 WHONET 5.6 软件对结果进行统计和分析。

**结果** 六年间,我院临床标本中共分离出 4313 株目标菌株,2012-2017 年的检出例数分别为 764 株,747 株,708 株,644 株,669 株与 781 株。药敏结果显示:肺炎克雷伯菌对头孢菌素类(头孢他啶除外)的耐药率较高(32.0%-59.2%);对哌拉西林/他唑巴坦的耐药率<10%;对左氧氟沙星与环丙沙星的耐药率分别为 15.7%-19.7%与 25.7%-26.6%;对碳青霉烯类药物耐药率呈上升趋势,其中亚胺培南和美罗培南耐药率分别从 1.6%上升到 5.9%和 1.6%上升到 6.2%。科室分布主要

为儿科病房，重症医学科病房、神经外科病房等，所占比例分别为 21.73%、10.09%、9.85%；检出率最高的标本为痰液（65.91%），其次是尿液（14.77%）与分泌物（5.41%）。

**结论** 肺炎克雷伯菌对临床常用的头孢菌素类抗生素耐药性较高，是引起儿内科，重症医学科与神经外科患者呼吸道感染的重要病原菌之一。临床医生应根据药敏结果选择合理的抗菌药物。

PU-5297

## Cytological examination External Quality Assessment of variant lymphocytes—summary after 4 years in Hebei Province in China

Xuening Hou<sup>1</sup>, Jihong Hao<sup>1</sup>, Jianhong Zhao<sup>2,1</sup>

1.the second hospital of Hebei Medical University

2.Center for Clinical Laboratory of Hebei Province

**Objective** Blood cell morphological examination has been one of the most important analysis means in diagnostic and monitoring of hematological disorders. In spite of dynamic technological developments in laboratory diagnostics, none of the new techniques can entirely replace optical microscopy in diagnosis of hematological disorders. Variant lymphocytes are a series of complex cell population derived from bone marrow stem cells which had distinct morphological characteristics at different stage and matured periods. These cells are diverse in morphology and function, and have important diagnostic value in different diseases. Accurate identification of such cells under the microscope can provide clinicians with diagnostic basis and clues for further examination of lymphocytic proliferative diseases. However, the diagnose coincidence rate depends on the knowledge and experience of the laboratory personnel. Due to the great morphological changes of lymphocytes in different body situation and diseases, it is difficult to identify these cells for some poor experienced staffs. To fill this gap, we tried to design an external quality assessment scheme to identify variant lymphocytes as a section of the whole program.

**Methods** The cell images used for evaluation were derived from clinically diagnosed lymphocytic proliferative diseases such as infectious mononucleosis, acute lymphoblastic leukemia, prolymphocytic leukemia, adult T cell leukemia, hairy cell leukemia, hand mirror lymphocytic leukemia, lymphoplasmacytic lymphoma, chronic lymphocytic leukemia. Peripheral blood and bone marrow smears of these cases were stained by Wright-Giemsa stain and were observed under microscope. Pictures of lymphocytes with typical morphology were taken by microscopy imaging system including normal lymphocytes, reactive lymphocytes of Downey I, II, III, lymphoblasts, prolymphocytes, plasmacytoid lymphocytes, immature T cells, flower cells, hairy cells and hand mirror lymphocytes. After the identification by many experts in hematologic examination with rich clinical experience in morphology, 25 pieces of digital images were made and numbered randomly.

The images were published on HBEQA net. The participants in different labs downloaded the images from the system on the specified date when they engaged in EQA. After finishing the examination, the answers were uploaded through the HBEQA net. The staffs of HBCCL downloaded the answers, collected and analyzed the data and scored them. Statistical analysis was performed using IBM SPSS Statistics 21.0, applying both the median and interquartile range as measures of location.

**Results** The laboratory numbers of participating this item were 35, 61, 51 and 42 from 2015 to 2018, respectively. The total qualified rate of provided >50% correct responses was raised from 2015 to 2018. Common lymphocytes has maintained a higher coincidence rate for four years. The coincidence rate of Downey II was always higher than I and III. The result showed higher coincidence rate of variant lymphocytes after 4 years especially for the hairy cell and lymphoblast. The overall score was also apparently increased in the four-year EQA process.

**Conclusions** This project can promote and urge professionals to improve the identification ability of blood cell morphology. The program would be continually improved to solved the insufficient and carried on

## PU-5298

### 对临检细胞形态学进修自学互教模式的探讨与实践

巩中华  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 在临检细胞形态学学习过程中,对进修学生自学互教模式的一些探讨和实践。

**方法** 带教老师在日常工作中对临床细胞学要不断学习,不断更新自己的知识,和学生参与实验教学的"导学导思-自学自练-合作探究-展示共享-评价总结"互教模式,培养学生综合运用理论知识和细胞鉴别识别能力的同时,注重学生在合作交流、自我学习及探索新知识、新技能等方面能力的提升,制定相关的学习制度,对现有的学习资料进行有效地优化

**结果** 在学生进修结束时,对其考核,考核结果与前几届相比,结果显示现有的自学互教模式更加有利于进修学生的学习,更加有效的提高进修学生对细胞形态鉴别识别能力。

**结论** 细胞形态学在临检专业占的位置是相当重要,地位是毋庸置疑的,所以从而培养符合当今社会需求的、专业知识全面的、具有一定创新精神和科研能力、善于交流和合作的高素质医学检验专业人才。

## PU-5299

### TORCH IgM 抗体检测试剂盒检测结果比对分析

钱方,李伟丽,王春霞,于鹏鹤,王万利,陶占领  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 分析比对市场部分主流厂家 TORCH IgM ELISA 法抗体检测试剂盒检测结果。

**方法** 选择 460 份临床样本,其中孕妇样本 240 份,儿童样本 100 份,体检样本 120 份,分别采用五个厂家的 IgM 抗体检测试剂盒(酶联免疫法)进行检测。

**结果** 不同项目各厂家阳性率不一致,且符合率极低,提示目前 TORCH IgM 检测结果比较混乱,不建议临床医生只将 IgM 结果作为判断的唯一标准,需按照 TORCH 标准化检测流程,以 IgM 和 IgG 联合检测为基础,动态监测抗体滴度变化,同时配合 IgG 抗体亲和力判断原发感染和复发感染,以此为临床提供正确的判断。

**结论** 目前能够改善这种乱象的有效手段是建立 TORCH 规范化检测程序,以 IgM 和 IgG 联合检测为基础,动态监测抗体滴度变化,同时配合 IgG 抗体亲和力判断原发感染和复发感染,以此为临床提供正确的判断。

## PU-5300

### 105 株儿童鲍曼不动杆菌临床分布与耐药性分析

杜琴  
江西省儿童医院,330000

**目的** 分析儿童鲍曼不动杆菌的临床分布以及对 11 种常见抗菌药物的耐药状况。

**方法** 对 2014 年至 2017 年患儿标本中分离出来的 105 株鲍曼不动杆菌进行回顾性分析统计。

**结果** 105 株鲍曼不动杆菌标本以全血为主, 共 67 株 (63.8%), 四年来平均耐药率最高药物依次为四环素 39.0%、哌拉西林 34.0%、头孢他啶 33.3%、头孢吡肟 32.4%、头孢噻肟 31.4%、哌拉西林/他唑巴坦 27.6%、亚胺培南、美罗培南 26.7%、左氧氟沙星 20.0%、阿米卡星 16.2%。且四年间多重耐药菌株比例以 2015 年最高达 38.1%

**结论** 儿童鲍曼不动杆菌对抗菌药物耐药率虽然普遍低于成人, 但是若不规范临床用药, 后果仍然十分严峻。临床应该重视鲍曼不动杆菌杆菌引起的医院感染, 合理使用广谱抗菌药物, 减少耐药株的产生。

## PU-5301

### HucMSC 外泌体靶向抑制 HIF-1 $\alpha$ 防治糖尿病视网膜膜病变的作用及机制

孙丰田, 纪成, 张家慧, 王琼妮, 尹思琪, 许文荣

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 糖尿病视网膜膜病变 (DR) 患病率高是成人致盲的主要原因之一, 早期防治是降低 DR 致盲的关键。本研究主要探讨人脐带间质干细胞来源的外泌体 (hucMSC-Ex) 对 DR 的保护作用。

**方法** 以滴注或玻璃体腔内注射的方式对糖尿病大鼠进行 hucMSC-Ex 干预。通过 HE 染色、免疫组化、Western-blot 等技术分析视网膜结构变化、视网膜细胞增殖、凋亡、炎症及血管新生能力的改变、HIF-1 $\alpha$  表达、定位等情况, 以评价 hucMSC-Ex 调控 HIF-1 $\alpha$  信号通路延缓糖尿病视网膜膜病变的作用。用 hucMSC-Ex 处理高糖环境下培养的人视网膜微血管内皮细胞 (hRMECs)。应用 CCK8 增殖实验观察细胞增殖能力, transwell 实验观察细胞迁移能力, 小管形成实验检测血管形成能力以及 HIF-1 $\alpha$  的表达及核转位情况, 以进一步评价 hucMSC-Ex 对高糖刺激下 hRMECs 的作用。

**结果** hucMSC-Ex 干预后视网膜各层结构清晰, 视网膜明显增厚, western blot 结果显示 BAX、Caspase-3 表达降低, Bcl-2 表达增加, 同时 hucMSC-Ex 抑制 DR 动物模型和细胞模型炎症因子和促血管物质释放。体外研究表明, hRMECs 在 hucMSC-Ex 处理后增殖和迁移能力减弱, 血管形成减少。在高糖刺激下, HIF-1 $\alpha$  蛋白表达整体水平和核内表达皆显著增加, hucMSC-Ex 干预后 HIF-1 $\alpha$  蛋白下调且入核明显减少; 进一步研究证实 hucMSC-Ex 干预后降低 DR 动物模型和细胞模型中糖酵解限速酶 PFKFB3 的表达。

**结论** hucMSC-Ex 可延缓糖尿病视网膜膜病变进程, 其作用机制可能是通过抑制 HIF-1 $\alpha$  表达, 减弱糖酵解, 减少促炎因子与促血管生成物质释放, 为临床糖尿病视网膜膜病变的防治提供新方法和思路。

## PU-5302

### 类风湿因子对 CMIA 检测 TnI 标志物的影响

臧思思

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 探讨类风湿因子 (RF) 对化学发光微粒子免疫分析 (CMIA) 检测心肌肌钙蛋白 (TnI) 的影响。

**方法** 采用美国 ARCHITECT i2000SR 化学发光分析仪分别测定用 RF 阳性血清和正常对照阴性血清同比例稀释的 TnI 阳性标本。

**结果** RF 阳性模型 TnI 结果较 RF 阴性模型 TnI 结果显著降低 ( $p < 0.05$ ); 10ng/ml 和 50 ng/ml TnI 标准品 RF 阳性模型较对应的 RF 阴性模型 TnI 结果显著降低 ( $P_A < 0.05, P_B < 0.01$ ); 不同浓度 RF 与 TnI 混合, 检测结果与其对应的阴性对照计算偏差值, 结果与 RF 浓度无相关性 ( $r = -0.206$ ,



$p < 0.05$ ) ; 6 例胶乳吸附 RF 后 TnI 结果较阳性对照结果 4 例升高, 2 例无明显变化; 将 4 例可引起 TnI 假性降低结果的 RF 阳性血清倍比稀释, 与 TnI 阳性血清混合制备模型, TnI 结果随 RF 浓度变化程度不同波动。

**结论** RF 对 TnI 结果会造成假性降低。

### PU-5303

## 红细胞分布宽度与冠状动脉病变相关性的初步研究

陈克平, 玛依努尔  
东南大学附属中大医院, 210000

**目的** 探析红细胞分布宽度变异系数 (RDW-CV) 和红细胞体积分布宽度标准差 (RDW-SD) 与冠状动脉病变程度相关性, 辅助患者的诊断与治疗。

**方法** 检索 2017 年 8 月至 2017 年 10 月间在本单位接受冠脉造影检查的患者共 258 例, 收集其冠脉造影结果、肝功能、肾功能、病毒八项等临床基本资料, 以及血细胞分析等检测指标。根据冠脉造影结果, 计算 CAD 患者 Gensini 积分\狭窄程度与动脉病变支数, 借助 t 检验等统计学方法处理数据。

**结果** CAD 与非 CAD 患者 RDW-CV 和 RDW-SD 水平 P 值均大于 0.05, 差异无统计学意义; 冠状动脉狭窄程度 (最大值) 与 RDW-CV 和 RDW-SD 无统计学意义。3. CAD 患者冠状动脉狭窄程度 > 25% 时, 病变支数 (单支病变, 多支病变) 与 RDW-CV 存在相关性; CAD 患者冠状动脉造影 Gensini 积分与 RDW-CV 水平存在相关性。

**结论** RDW-CV 水平与冠脉病变支数及 Gensini 积分相关。

### PU-5304

## UTM 运输培养液在支原体检测中的应用

郑业焕, 伊首璞, 付光宇, 杨增利, 马冰  
郑州安图生物股份有限公司

**目的** 通过运输培养液的临床研究, 为临床支原体标本的运输、贮存提供参考依据。

**方法** 针对标准菌株、临床分离阳性菌株、临床标本三类样本, 分别进行直接检测和通过运输培养液中保存后的检测, 对两种检测结果进行统计学分析。

**结果** 通过临床分离阳性菌株和标准菌株试验, 在接种量为 400ul 时, 使用效果最佳, 235 份临床样本验证中, 运输液内常温保存 24 小时, 或者 2~8℃ 保存 48 小时, 与直接培养相比, 无显著差异。

**结论** UTM 运输培养液可以用于临床支原体标本的贮存、运输, 其中室温有效保存 24 小时, 2~8℃ 保存 48 小时。

### PU-5305

## 江西儿童患者 704 株金黄色葡萄球菌耐药性分析

闵亮  
江西省儿童医院, 330000

**目的** 分析江西地区儿童患者中临床分离的金黄色葡萄球菌标本分布率及对常用抗菌药物的耐药率, 为临床抗生素合理使用提供依据。

**方法** 收集江西省儿童医院 2014 年 1 月-2017 年 12 月各类临床标本中分离的 704 株金黄色葡萄球菌，利用 WHONET5.6 软件对常用抗菌药物的耐药情况及其在不同标本中的分布情况进行统计分析。

**结果** 四年间，临床分离金黄色葡萄球菌中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, MRSA) 的检出率分别为 41.8%、40.9%、43.4%、41.8%，未检出耐万古霉素、耐利奈唑胺、耐替考拉宁的菌株；704 株金黄色葡萄球菌主要分离自脓液（61.7%）、血液（15.5%）、分泌物（15.3%）及痰液（7.5%）。

**结论** 江西地区儿童患者临床分离金黄色葡萄球菌中，MRSA 的检出率较高且无明显下降趋势，应加强临床抗生素合理使用及院感管理，以防止出现多重耐药菌传播。

## PU-5306

### 结直肠癌患者外周血 NSE 高表达提示肺转移的风险

王丽雯

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 探讨结直肠癌患者外周血 NSE 水平检测在肺转移的临床价值。

**方法** 收集确证的 274 例结直肠癌患者为实验组、114 例健康者和 136 例肺癌患者为对照组，检测其外周血 NSE 的表达水平，比较其表达差异。通过 Logistic 回归建立结直肠癌患者中 NSE≤16.3 组与 NSE>16.3 组，肺转移组与非肺转移组的临床病例因素模型，分析肺转移与 NSE 之间关系，绘制肺转移组与非肺转移组的 ROC 曲线并计算曲线下面积（AUC）来探讨 NSE 在结直肠癌患者发生肺转移的诊断价值。

**结果** 结肠癌组 NSE 水平与正常组相比有显著性差异，与肺癌组无统计学意义；其阳性率与正常人、肺癌相比有显著性差异。卡方检验评价 NSE 与临床分期、肝转移、肺转移存在显著性相关。建立 NSE≤16.3 组与 NSE>16.3 组、肺转移组与非肺转移组的临床病例因素 Logistic 回归模型，说明肺转移与 NSE 存在显著性相关。最后 ROC 曲线证明 NSE 在结直肠癌患者发生肺转移的具有诊断价值。

**结论** 外周血 NSE 高表达在结直肠癌患者发生肺转移的有临床诊断价值，具有高风险提示。

## PU-5307

### 探讨妊娠晚期孕妇尿碘含量与甲状腺功能异常的关系

曹文明

潍坊市中医院,261000

**目的** 通过测定晚期妊娠孕妇体内碘含量，探究碘含量与甲状腺功能异常的关系。

**方法** 选取 2018 年 5 月~2019 年 5 月在我院进行产检的晚期妊娠孕妇 526 例为研究对象，清晨时期，采集孕妇空腹静脉血，测定患者甲状腺功能五项，包括游离 T<sub>3</sub>、游离 T<sub>4</sub> 和促甲状腺激素等；收集孕妇尿液，完成孕妇尿液中碘含量水平的测定；分析碘含量跟甲状腺功能异常之间的关系。

**结果** 亚甲亢、甲亢、亚甲减、甲减的患病率分别为：5.72%、3.52%、7.63%、4.36%，总患病率为 19.93%；碘缺乏、碘适量、碘超足量、碘过量的构成比分别为 8.55%、73.20%、12.55%、5.70%；亚甲亢、甲亢、亚甲减、甲减在不同的碘摄入水平比较，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 妊娠期需要加强碘摄入的营养健康宣传教育，实现碘摄入的有效控制，并且从根本上解决碘缺乏的问题，避免过量摄入碘，同时，还需要定期检测尿碘和甲状腺功能，第一时间纠正偏差，避免出现甲状腺功能异常的情况。

## PU-5308

## 不同采血管对甲状腺激素免疫检测的影响

李严,靳增明,高俊杰,任永茂  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 探讨不同类型采血管对甲状腺激素免疫检测结果的影响。

**方法** 选取美国 BD 公司 5 种不同类型的真空采血管,对 30 例健康人进行采血测试,使用安图生物化学发光免疫分析仪检测血清中促甲状腺素(TSH)、总三碘甲状腺原氨酸(TT3)、总甲状腺素(TT4)、游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)、游离甲状腺素(FT4),以普通无添加剂真空采血管为对照,考察不同类型采血管对甲状腺激素免疫检测的影响。

**结果** 经配对 t 检验、直线回归及 Bland-Altman 分析,促凝管、分离胶管、EDTA-K2 管、肝素锂管测定的 5 项甲状腺激素与普通管测定的结果比较均无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 使用安图生物化学发光免疫分析仪检测甲状腺激素,所研究的 5 种不同类型采血管对检测结果无显著影响。

## PU-5309

## PLZF 调控白血病细胞凋亡及其机制的研究

厉吉霞  
烟台市烟台山医院,264000

**目的** 探讨 PLZF 在非 apl 急性髓系白血病(AML)恶性表型中的调控作用及其机制。

**方法** 采用定量聚合酶链反应(qPCR)和蛋白质印迹(WB)检测 AML 所选细胞株中 PLZF 的表达。选取 THP-1 细胞,分为 mock 组(未处理)、scramble 组(转染 shRNA)和 shPLZF 组(转染 shPLZF)。用 qPCR 和 WB 方法检测 shPLZF 的表达。用 CCK-8 (cell counting kit-8)法和菌落形成法检测 THP-1 细胞的增殖情况和菌落形成情况。采用流式细胞术测定 THP-1 细胞凋亡率。WB 检测 THP-1 细胞凋亡相关基因的蛋白水平。WB 检测 AKT、Foxo3a、pAKT、pFoxo3a 蛋白水平。

**结果** 在 THP-1 细胞中,PLZF 的 mRNA 和蛋白水平都相对较高。构建稳定表达 shPLZF 的 THP-1 细胞株后,shPLZF 组的细胞增殖能力和菌落形成能力均较 mock 组和 scramble 组有所提高。shPLZF 组细胞凋亡率降低,Bax 表达下调,Bcl-2 表达上调。干预 PLZF 后 AKT 和 Foxo3a 磷酸化水平升高,但 AKT 和 Foxo3a 总水平无明显变化。

**结论** PLZF 对髓系白血病的发生具有抑制作用。PLZF 通过调控 AKT/Foxo3a 通路抑制 AML 的恶性表型。

## PU-5310

## 耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌分子流行病学研究

姜梅杰,赵书平  
泰安市中心医院,271000

**目的** 研究院内某段时间分离的耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌(CRAB)的分子流行病学特征,为评估 CRAB 引起院内感染的流行情况提供科学依据。

**方法** 对 2013 年 10 月至 2013 年 12 月该院临床分离的 26 株 CRAB 用多位点序列分型(MLST)鉴定菌株之间的亲缘关系,PCR 法检测碳青霉烯类耐药基因、氨基糖苷类耐药基因、质粒介导的喹诺酮类耐药基因和消毒剂 qacE $\Delta$ 1 基因。

**结果** MLST 有 5 个序列类型: ST369(50%)、ST208(23%)、ST368(15.4%)、ST191(7.7%)和 ST195(3.8%)。26 株 CRAB 碳青霉烯酶耐药基因 blaOXA-23 型和 blaOXA-51 型都阳性。氨基糖甙类耐药基因检出率高的是 armA (92.3%)、ant(3'')-I (69.2%) 和 aac(3)-I (57.7%), 其次是 aac(6')-I (11.5%)。96.2% CRAB 携带 qacE $\Delta$ 1 基因。未检出质粒介导的喹诺酮类耐药基因。

**结论** 本研究证实了该院这段时间 ST369 型和 ST208 型产 blaOXA-23 型碳青霉烯酶基因的 CRAB 是该院的主要克隆流行株。

## PU-5311

### 维持性血液透析患者血清铁蛋白水平与感染住院的相关性研究

刘春燕,李晓苗,冶学燕,仝雪薇,邓朝晖,张烨,葛若卿,李丽莎,刘鲜鲜,张新  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 探讨维持性血液透析(MHD)患者血清铁蛋白水平与感染住院的相关性,为临床诊疗提供参考依据。

**方法** 选取 2017 年 9 月 1 日至 2017 年 9 月 30 日就诊于新疆生产建设兵团医院血液净化中心使用动静脉内瘘或长期深静脉导管的 MHD 患者,观察至 2019 年 3 月 31 日或退出血液透析(转腹膜透析、转肾移植或死亡)时,排除透析龄不足 3 个月及拒绝参与研究者,共纳入患者 99 例,中位年龄 62.0[49.0, 72.0]岁。按基线铁蛋白中位水平,将患者分为高铁蛋白组(>267.3 ng/mL)和高铁蛋白组( $\leq$ 267.3 ng/mL),观察并分析两组患者基线特征及感染住院发生率,Kaplan-Meier 生存曲线比较两组累积感染住院生存率的差异,Cox 回归模型分析感染住院发生的独立危险因素。

**结果** 99 例 MHD 患者基线中位透析月龄为 25.0[14.0, 53.0]月,其中高铁蛋白组中位透析月龄高于低铁蛋白组(29.0[16.0, 54.5]月 vs 20.0[10.5, 43.5]月,  $P<0.05$ )。与低铁蛋白组比较,高铁蛋白组的血清铁蛋白和 C-反应蛋白均偏高,差异有统计学意义(均  $P<0.05$ )。在 640 天随访期间,退出队列研究患者 8 例,感染住院患者 48 例(52.7%),其中肺部感染 25 例(52.1%),导管相关源性感染 7 例(14.6%),尿路感染 3 例(6.3%)、其他感染 9 例(18.8%)。Kaplan-Meier 生存曲线分析提示高铁蛋白组累积感染住院生存率比低铁蛋白组显著下降(Log-rank=4.030,  $P=0.045$ )。COX 回归分析提示年龄、血清铁蛋白水平与感染住院的相对风险显著增加相关(HR 1.038, 95%CI 1.009-1.068,  $P=0.010$ ; HR 1.001, 95%CI 1.000-1.002,  $P=0.004$ )。

**结论** 年龄、高血清铁蛋白水平是 MHD 患者感染住院发生的独立危险因素,应定期监测患者的血清铁蛋白水平,以降低感染相关住院的发生风险。

## PU-5312

### NLR、PLR、NT-proBNP 在川崎病早期诊断及冠脉病变的预测价值

石莉  
江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨川崎病(KD)的临床早期诊断指标及冠状动脉病变(CAL)的预测因子。

**方法** 对 172 名 KD 患儿进行研究分析,根据超声心电图结果分为,冠状动脉病变(CAL)61 例,未合并冠状动脉病变(NCAL)111 例,同时选取性别、年龄相匹配的 60 例上呼吸道发热的患儿和 40 例健康体检儿童作为对照组,电阻抗法检测得到 NLR、PLR 值,免疫比浊法检测 CRP,溴甲酚绿法检测 ALB,化学发光法检测 NT-proBNP、IL-6 水平。比较 KD 组和对照组间 NLR、PLR、

NT-proBNP 的差异;评价其与 CAL 的相关性;ROC 曲线分析其预测 CAL 的价值;多因素回归分析 KD 并发 CAL 的风险因素。

**结果** (1) KD 患儿中性粒细胞绝对值与淋巴细胞绝对值的比值(NLR)、血小板绝对值与淋巴细胞绝对值的比值(PLR)及 N 端脑利钠肽前体(NT-proBNP)显著高于发热组和正常对照组( $P=0.00$ );(2) CAL 组 NLR、PLR、NT-proBNP 等值显著高于 NCAL 组( $P<0.05$ );(3)  $NLR\geq 2.71$  预测 CAL 的敏感度为 95.1%,特异度为 42.3%; $PLR\geq 132.75$  预测 CAL 的敏感度为 80.3%,特异度为 71.4%; $NT-proBNP\geq 708.45$  预测 CAL 的敏感度为 75.6%,特异度为 73.9% (4) 多变量 Logistic 回归分析表明 PLR、NT-proBNP、CRP 是预测 CAL 的高危风险因素。

**结论** NLR、PLR、NT-proBNP 可作为 KD 的早期诊断指标; PLR、CRP、NT-proBNP 可作为 KD 合并 CAL 的预测指标。

## PU-5313

### 耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌携带氨基糖苷类及 16S rRNA 甲基化酶基因的研究

赵书平

泰安市中心医院,271000

**目的** 研究医院耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌(CRKP)中氨基糖苷类修饰酶基因及 16S rRNA 甲基化酶基因的携带情况,为临床治疗及医院感染控制提供实验室依据。

**方法** 收集院内 2015 年 01 月至 2017 年 06 月临床分离的碳青霉烯类抗生素耐药肺炎克雷伯杆菌 48 株,采用 WalkAway 96 PLUS 型全自动细菌分析仪进行细菌鉴定和药敏试验;PCR 方法扩增氨基糖苷类抗生素耐药相关基因,并对部分阳性基因进行测序。

**结果** CRKP 对阿米卡星、庆大霉素与妥布霉素的耐药率分别是:79.2%(38/48),87.5%(42/48)与 85.4%(41/48)。经 PCR 测序确认,CRKP 菌株中,aac(3)-I 基因 2.1%(1/48)阳性、aac(3)-III 基因 2.1%(1/48)阳性、aac(3)-IV 基因 4.2%(2/48)阳性、armA 基因 20.8%(10/48)阳性、Rmtb 基因 72.9%(35/48)阳性。

**结论** 该院这段时间分离的 CRKP 菌株对氨基糖苷类抗菌药物耐药与携带 16S rRNA 甲基化酶基因 Rmtb 有关,院感部门应重点监测以防院内感染的爆发。

## PU-5314

### 甲状腺乳头状癌患者与甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)的相关性研究

栾兆棠

潍坊市中医院,261000

**目的** 甲状腺癌是最常见的内分泌恶性肿瘤,其中甲状腺乳头状癌(PTC)又是最常见的高分化型甲状腺癌。但目前导致甲状腺癌发病率增加的因素尚未可知。本研究旨在探讨中国患者甲状腺乳头状癌(PTC)的发生与甲状腺过氧化物酶抗体的变化关系。

**方法** 以本院 318 名疑似甲状腺乳头状癌住院患者为研究对象,根据术后病理结果,将所有受试者分为 PTC 组( $n=183$ )和对照组(甲状腺良性结节组, $n=135$ )。收集并记录 PTC 组和对照组患者的年龄、性别、体重指数(BMI)、相关病史等基础信息,采用本实验室的罗氏电化学发光全自动免疫分析系统 cos601 和贝克曼库尔特全自动生化分析仪 DXC800 检测两组患者的空腹血糖、空腹胰岛素、促甲状腺激素(TSH)、FT4、FT3、甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)、甲状腺球蛋白抗体(TGAb)、血清尿酸(UA)、血脂水平并将数据进行统计分析。

**结果** 组患者年龄、性别、BMI、高血压病史、空腹血糖、FT3、FT4、TGAb、总胆固醇、甘油三酯、低密度脂蛋白、高密度脂蛋白水平无显著差异( $p>0.05$ )。经 logistic 回归分析, PTC 的发生和 TPOAb 水平呈正相关。

**结论** 本文通过比较中国一组患者 PTC 与甲状腺良性结节的差异, 探讨 TPOAb 与 PTC 发展的关系, 研究结果证明高 TPOAb 水平可能是 PTC 的危险因素, 但与中国患者的疾病严重程度无关。为了进一步评价 TPOAb 水平对 PTC 发生发展的影响, 仍需要大样本量验证。

## PU-5315

### 原发性肺癌及胃癌患者机体氧化/抗氧化状态研究

张德太,梁涛,石伍和,刘凤,张科  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 观测原发性肺癌及胃癌患者机体氧化/抗氧化水平的变化, 探讨血清氧化/抗氧化实验室指标在肿瘤诊断及监测中可能价值并为临床辅助治疗提供循证医学依据。

**方法** 收集新鲜血清(原发性肺癌 93 例, 原发性胃癌者 67 例, 年龄相当的健康对照人群 103 例), 用比色法分别测定总抗氧化能力(TAOC)、总超氧化物歧化酶(TSOD)、谷胱甘肽过氧化物酶(GPX)、过氧化氢( $H_2O_2$ )、丙二醛(MDA)水平, 用 ELISA 法测定过氧化氢酶(CAT)并结合临床资料作统计学分析。

**结果** 肺癌及胃癌患者血清 TAOC [(13.41±4.07) U/ml] 及 (10.87±3.74) U/ml、TSOD[(58.62±7.38)U/ml 及 (52.43±5.97)U/ml]、GPX[(177.03±30.45)U/ml 及 (146.52±28.77)U/ml]、CAT[(19.22±8.75)U/ml 及 (21.12±10.43)U/ml] 均较健康对照组 TAOC [(25.14±6.44) U/ml]、TSOD[(78.51±13.64)U/ml]、GPX[(279.36±53.40)U/ml]、CAT[(35.74±10.83)U/ml] 显著降低(均  $P<0.01$ )；肺癌及胃癌患者血清  $H_2O_2$ [(157.40±44.71)mmol/L 及 (164.21±42.39)mmol/L]、MDA[(20.42±6.57) nmol/ml 及 (17.96±6.17)nmol/ml]较对照组  $H_2O_2$ [(49.75±15.69)mmol/L]、MDA [(3.51±0.71)nmol/ml]显著升高(均  $P<0.01$ )；相关分析显示, 健康对照组血清 TAOC 与  $H_2O_2$  水平呈正相关( $r=0.517$ ,  $P<0.01$ ), 其它指标之间均不相关；肺癌及胃癌患者血清 TAOC 与  $H_2O_2$  水平呈正相关( $r$  分别为 0.447 及 0.503, 均  $P<0.05$ ), MDA 与 GPX 之间均呈负相关( $r$  分别为-0.376 及-0.414, 均  $P<0.01$ ), 其它各指标之间均不相关；不同 TNM 分期的肺癌及胃癌患者血清上述各指标间差异均不显著。

**结论** 原发性肺癌及胃癌患者体内氧化/抗氧化状态失衡, 明显升高的氧化应激水平是恶性肿瘤的一个显著特征, 血清氧化/抗氧化指标可用于恶性肿瘤的辅助诊断。

## PU-5316

### 诺卡菌肺炎病例

马建萍  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 诺卡菌不属于人体正常菌群, 其广泛存在于世界各地的土壤、腐烂蔬菜和水生环境中, 多通过空气播散, 尤其是通过尘埃颗粒。经鼻吸入诺卡菌是最常见的进入体内方式, 大多数感染累及肺部其严重程度不一, 肺诺卡菌病所致重症肺炎在临床上较罕见。本次报导一例反复发作性诺卡菌肺炎

**方法** 病例报告

**结果** 奴卡菌通常呈现为纤细的丝状革兰阳性分枝杆菌，形态类似放线菌属。由于诺卡菌细胞壁中含分枝菌酸成分，常呈现出不同程度的抗酸性，因此通过弱抗酸染色可进行鉴别。在实验室中，诺卡菌可表现为伸入培养基内部生长的基内菌丝和沿培养基表面生长的气生菌丝。这些微生物由于其菌丝状外观曾经一度被认为是真菌，经过对其细胞壁的分子学分析证实后，认为其归属于细菌

**结论** 由于诺卡菌培养缓慢，菌落形成时间长，加之诺卡菌侵袭性、播散性及耐药性特点，诺卡菌肺病的临床表现并不典型，极易与肺结核混淆，也可伴有发热、盗汗、胸痛及体重减轻等症状，影像学表现亦不典型，包括肺肿块、实变、结节、及胸腔积液等。又因其发病率低而不被临床医生所熟悉，导致临床诊断及治疗较为困难，严重影响患者的预后。故对免疫力低下、长期应用皮质激素、免疫抑制剂、广谱抗生素且患有严重疾病的患者，常规抗感染及抗结核治疗无效时应考虑诺卡菌感染的可能，及时获取有效病原学证据，尽早治疗，降低病死率。

## PU-5317

### 两种化学发光平台在游离甲状腺素检测中的性能评估

杨阳,邢刚冬,李仔义,王玉堂,李林,付光宇,吴学炜  
郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 对某品牌国产化学发光 HRP 平台及自建吡啶酯平台检测游离甲状腺素 (FT4) 的性能评价对比。

**方法** 基于某国产全自动化学发光仪及雅培 I2000 检测 FT4，对其分析内、批间精密度进行评价，并对两种化学发光平台进行相关性分析。

**结果** 磁微粒 FT4 吡啶酯试剂盒的低、中、高浓度的 CV<sub>批内</sub> 分别为 4.3%、4.4%、3.3%；CV<sub>批间</sub> 分别为 8.2%、5.8%、6.4%。两种化学发光平台构建的 TF4 试剂盒临床相关系数达到 0.986，具有非常高的一致性。

**结论** 磁微粒 FT4 吡啶酯检测试剂盒经雅培 I2000 全自动化学发光仪测定性能满足要求，与 HRP 平台进行初步对比，且总体来看两种化学发光平台的试剂盒性能相当。

## PU-5318

### PCT、CRP 和 SAA 检测在鉴别儿童早期细菌和病毒感染中的诊断意义

李慧明  
江西省儿童医院,330000

**目的** 评价降钙素原(PCT)、C 反应蛋白 (CRP)、血清淀粉样蛋白 A (SAA) 白细胞计数 (WBC) 和血小板计数 (PLT) 对儿童细菌和病毒感染中的鉴别诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 5 月到 7 月就诊于江西省儿童医院的明确诊断为感染性疾病患者病例 570 例，其中病毒感染 278 例，细菌感染 292 例，收集并检测其血清 PCT、CRP 和 SAA，全血 WBC 和 PLT。两组年龄性别均匹配。

**结果** 病毒感染组 CRP 15.1 (5.8-34.1) mg/L 和 PCT 0.077 (0.043-0.198) ug/L 均显著低于细菌感染组 CRP 38.7 (14.2-73.8) mg/L 和 PCT 0.353 (0.256-0.784) ug/L，P 值分别为 0.038、<0.001。WBC 和 PLT 在两组间没有差异。病毒感染组 SAA 174.1 (95.9-219.3) mg/L 明显高于细菌感染组 SAA 156.4 (50.8-212.7) mg/L，P=0.018。血清 CRP 的 AUC 为 0.706，SAA 的 AUC 为 0.605，PCT 的 AUC 为 0.943，三者联合诊断的 AUC 为 0.946。鉴别细菌和病毒感染时，

CRP 检测值小于 36.2 mg/L 或者 PCT 小于 0.518ug/L, 患者倾向于病毒感染, SAA 小于 219.1 mg/L 时, 则倾向于细菌感染。

结论 CRP、SAA 和 PCT 能为临床鉴别儿童细菌与病毒感染和治疗提供指导。

## PU-5319

### Hcy 和 D-二聚体在骨折并发 DVT 患者中的临床意义

张科,黄雯婷,张德太,胡丽华

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸 (Hcy) 以及血浆 D-二聚体水平在老年骨折后并发深静脉血栓 (DVT) 中的临床应用价值。

**方法** 选取协和医院骨科收治的骨折患者 104 例, 根据骨折后是否发生下肢深静脉血栓分为骨折不合并 DVT 组和骨折合并 DVT 组, 其中骨折合并 DVT 组 31 例, 骨折不合并 DVT 组 73 例, 选取健康体检者 22 例作为健康对照组, 采用酶循环法检测血清 Hcy 水平, D-二聚体采用胶乳增强免疫透射比浊法, 对各组 Hcy 和 D-二聚体水平进行比较, 并统计 Hcy 和 D-二聚体在各组中的阳性率。

**结果** 骨折不合并 DVT 组和骨折合并 DVT 组的 Hcy 和 D-二聚体均较健康对照组增高 ( $P < 0.05$ ), 骨折合并 DVT 组的 Hcy 和 D-二聚体较骨折不合并 DVT 组增高, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 骨折合并 DVT 组的 Hcy 阳性率高于健康对照组和骨折不合并 DVT 组 ( $P < 0.05$ ), 骨折不合并 DVT 组的 Hcy 阳性率同健康对照组相比没有统计学差异 ( $P > 0.05$ ), 骨折合并 DVT 组和骨折不合并 DVT 组的 D-二聚体阳性率高于健康对照组 ( $P < 0.01$ ), 骨折合并 DVT 组的 D-二聚体同骨折不合并 DVT 组相比没有统计学差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 血清同型半胱氨酸和血浆 D-二聚体在骨折特别是合并 DVT 患者中较健康人群高, 对于评价骨折后深静脉血栓形成具有一定的临床意义。

## PU-5320

### 转录因子 ZNF747 在高级别浆液性卵巢癌组织中的表达及其对临床预后的意义

吴永琴,应春妹

复旦大学附属妇产科医院,200000

**目的** 探索 KRAB 型锌指转录因子 ZNF747 在高级别浆液性卵巢癌患者中的表达水平及其对患者预后判断的影响。

**方法** 分别从基因表达数据库 (GEO) 及人类癌症基因组图谱 (TCGA) 网站中下载 GSE26193, GSE63885, GSE51088 和 TCGA 中的 ZNF747 基因表达谱, 剔除数据库中非高级别浆液性卵巢癌的病例, 基于 ZNF747 基因表达水平中位数将其分为高表达组和低表达组, 通过 Kaplan-Meier 生存分析判断 ZNF747 表达水平对高级别浆液性卵巢癌的预后价值。

**结果** GEO 和 TCGA 数据显示 ZNF747 基因 mRNA 水平在肿瘤组织中显著低于正常组织 ( $P < 0.05$ ), 且患者年龄不影响 ZNF747 基因的表达水平; 同时 GEO 和 TCGA 数据显示 ZNF747 基因高表达的患者临床预后明显优于低表达者 ( $P < 0.05$ ), 而且对于不同的临床分期患者, ZNF747 基因高表达的患者预后较其低表达者好 ( $P < 0.05$ )。

**结论** KRAB 型锌指蛋白是哺乳动物中最大的转录调控因子家族, 本研究首次证实该家族转录因子 ZNF747 的表达水平对判断高级别浆液性卵巢癌患者临床预后具有重要意义。



## PU-5321

## 探讨甲状腺功能对血肌酐和胱抑素 C 的不同影响

张科,童书韬,胡丽华,张德太  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨未经治疗的原发性甲状腺功能异常的体检患者甲状腺功能对血肌酐和胱抑素 C 的不同影响。

**方法** 选择 270 例健康体检人群和 368 例初发未经治疗的甲状腺功能异常体检人群作为研究对象,测定血清 TSH、FT<sub>4</sub>、FT<sub>3</sub>、Cr、CysC, 368 例甲状腺功能异常体检人群据甲状腺激素水平分为亚临床甲减组、甲减组、亚临床甲亢组、甲亢组,并作分组比较 Cr 和 CysC 的水平;分别作 TSH、FT<sub>4</sub>、FT<sub>3</sub> 与 Cr 和 CysC 的相关性分析。

**结果** 甲亢组的 Cr 较正常对照组偏低,差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 甲亢组的 CysC 较正常对照组偏高 ( $P<0.01$ ), 亚临床甲减组和甲减组的 CysC 较正常对照组偏低,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ,  $P<0.01$ ); Cr 与 FT<sub>3</sub> 和 FT<sub>4</sub> 呈负相关,与 TSH 呈正相关,相关系数分别为-0.082, -0.119 及 0.202 ( $P<0.05$ ,  $P<0.01$ ,  $P<0.01$ ); CysC 与 FT<sub>3</sub> 和 FT<sub>4</sub> 呈正相关,与 TSH 呈负相关,相关系数分别为 0.197, 0.281 及 -0.214 ( $P<0.01$ ,  $P<0.01$ ,  $P<0.01$ )。

**结论** 甲状腺功能对血 Cr 和 CysC 浓度的影响是不同的,应慎用 CysC 评价甲状腺功能异常特别是甲亢患者的肾功能。

## PU-5322

## MALDI-TOF-MS 在大型食用菌领域的应用探索

李昊燃<sup>1</sup>,赵高岭<sup>1</sup>,刘美丽<sup>1</sup>  
1.安图实验仪器(郑州)有限公司  
2.郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 通过 MALDI-TOF-MS 技术,对块菌、牛肝菌、松茸三种食用菌干品及香菇、平菇、杏鲍菇三种新鲜食用菌进行分析,探索 MALDI-TOF-MS 在大型食用菌检测领域的应用价值。

**方法** 将经过液氮研磨成粉状的样本,通过甲酸裂解与乙腈萃取后,获得样本的蛋白提取液;经 MALDI-TOF-MS 获得样本指纹图谱,对不同样本的指纹图谱进行比对与聚类分析,分析不同样本之间指纹图谱的异同。

**结果** 除样本 CS4 外,其余样本被分为三大类,不同类之间的图谱峰差异明显。

**结论** 基质辅助激光解析电离飞行时间质谱仪可以用于大型食用菌的甄别,不同种类的食用真菌之间具有差异明显的特征蛋白。

## PU-5323

## PDCA 循环在提高检验报告合格率中的应用

胡晓璐  
江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨 PDCA 循环法在提高检验报告合格率中的应用。

**方法** 应用 PDCA 循环管理方法通过计划、实施、检查、处理 4 个阶段进行科学管理,对江西省儿童医院检验科 2017 年 9 月 1 日~2017 年 11 月 31 日所有检验报告进行随机抽查,得出合格率;且对造成不合格检验报告的原因进行 PDCA 循环持续改进,分析原因,制订并实施相应的措施,并对改进结果持续监测,评估改进效果,持续 PDCA 循环等。

**结果** 通过 PDCA 循环的持续改进, 每月检验报告合格率得到提高, 均达到目标值 99.0% 以上。

**结论** PDCA 循环法可有效提高检验报告合格率, 改进医院实验室质量管理问题; 在质量改进过程中, 深入分析、多部门协作、全员参与是有效改进的关键; 信息系统在医疗质量改进中的作用不容忽视。

## PU-5324

### 侵袭性肺炎球菌病

曹文静

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 本专题将侧重于肺炎球菌菌血症的流行病学、临床表现、诊断和治疗, 以及其他形式的侵袭性肺炎球菌感染的特定方面, 如脑膜炎、心内膜炎、腹膜炎和各种局灶感染。

**方法** 肺炎球菌抗原试验是一种快速免疫层析薄膜检测, 可检测所有肺炎链球菌血清型共有的 C 多糖细胞壁抗原的存在。

**结果** 侵袭性肺炎球菌病在任何人群的发病率均受地理位置、季节、血清型流行情况、年龄、共病及疫苗接种状态影响。肺炎球菌菌血症或侵袭性肺炎球菌感染的确诊需要来自血液或其他正常情况下无菌的部位的肺炎链球菌的培养。

**结论** 肺炎链球菌可在几乎任何部位引起化脓性感染, 而且, 这些局部性感染可于肺炎球菌菌血症发作后发生, 或与肺炎球菌菌血症同时发生。在前一种情况下, 这些不常见的局灶性感染可能被错误地推断为新发感染。

## PU-5325

### 维生素 C 对尿液干化学项目结果的干扰分析 及其纠正方法初探

冯丹琴, 林金表, 蔡建国, 叶辉铭

厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 分析维生素 C 对尿液干化学项目检测结果的干扰, 探讨其纠正方法, 以降低和预防维生素 C 对尿液检验的影响。

**方法** 分析维生素 C 对尿液干化学法检测的葡萄糖、隐血、白细胞、胆红素和亚硝酸盐在临床检测中的干扰程度。采用长春迪瑞 FUS3000plus 尿液分析仪对尿液进行干化学及维生素 C 浓度检测。选择维生素 C 浓度为阴性且伴葡萄糖、隐血、白细胞、胆红素和亚硝酸盐中一项或多项为阳性结果的 200 个尿液标本, 加入不同浓度维生素 C 配制成 (0.6 mmol/L、1.4 mmol/L、2.8 mmol/L 和 5.7 mmol/L) 的尿液。再对配制完毕的尿液进行干化学检测, 并与原始尿液结果进行比较, 探讨维生素 C 干扰尿葡萄糖、隐血、白细胞、胆红素和亚硝酸盐为临界浓度。并用相应浓度的碘单质-碘化钾溶液拮抗维生素 C 干扰。

**结果** 1、5.7 mmol/L 维生素 C 对白细胞酯酶无干扰; 2、5.7 mmol/L 维生素 C 有致亚硝酸盐阳性结果为假阴性的倾向; 3、2.8 mmol/L 维生素 C 会还原尿液葡萄糖的弱阳性为阴性结果且其降低了其它浓度葡萄糖的等级; 4、0.6 mmol/L 维生素 C 有致隐血的弱阳性转变为阴性结果的倾向, 1.4 mmol/L 维生素 C 具有将隐血的弱阳性转变为阴性结果的能力且将致其它浓度隐血的等级下降; 5、2.8 mmol/L 维生素 C 有致胆红素弱阳性为假阴性结果的倾向; 6、相应浓度的碘单质-碘化钾溶液与维生素 C 氧化还原反应, 且不会造成尿液干化学其他项目假阳性结果, 但尿液仍有部分假阴性项目未能还原至原始尿液阳性结果。

**结论** 不同尿液干化学项目抗维生素 C 的干扰能力不同，有必要在检验报告中标注维生素 C 对各项目产生干扰的临界浓度；碘单质-碘化钾溶液可以纠正维生素 C 的干扰。

## PU-5326

### PDCA 循环改善室内质量控制执行不良情况

杨细媚

江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨 PDCA 循环在检验科室内质量控制管理中的应用价值，以提高临床检验质量管理水平。

**方法** 应用 PDCA 循环管理方法对我科室内质控执行不良情况（包括质控检测的完成率，失控后的处理率）进行 PDCA 循环，分析原因，制订并实施相应的措施、检查并巩固效果，持续改进计划。

**结果** 通过 PDCA 循环，室内质控检测完成率达到 100%，失控处理率由原来的 85.50%上升到 95.79%。

**结论** PDCA 循环能明显改善室内质控的执行情况，是检验科质量管理的一种有效手段。

## PU-5327

### 鳞状细胞癌抗原组织与血清水平在原发性肝癌的临床作用

张玲,马玲,李一荣,胡丽华

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 肝细胞癌（HCC）是全世界第五个最常见的癌症，并且在西部和北美国家的患者还经常伴发肝硬化。超声检查是一肝癌诊断的强有力的技术，甲胎蛋白是唯一可用的血清学检查，但特异性不高。现研究鳞状细胞癌抗原（SCCA）在原发性肝癌（HCC）组织中表达程度，以及体现在血清水平。

**方法** 在我们的研究中，52 例 HCC 患者的肿瘤组织和肿瘤周围组织和血清以及 48 例肝硬化患者血清分别检测 SCCA 的表达。结果表明，SCCA 在肿瘤组织比在肿瘤周围组织表达具有显著差异（ $P=0.017$ ）。

**结果** 鳞状细胞癌抗原（SCCA）还存在在肿瘤周围组织转移结节中。SCCA 血清水平肝癌样本明显高于肝硬化样本。然而，SCCA 的表达与肝癌病例程度之间没有相关性的结果（ $P>0.1$ ），其水平与肿瘤的大小、转移也没有关联。

**结论** 在研发性肝癌患者中，我们研究得出，鳞状细胞癌抗原可以作为微转移组织和血清中作为大规模筛选检测的新型有用标志物。

## PU-5328

### 2014—2018 年解放军第三一六医院妊娠期女性人型支原体和解脲支原体感染状况及耐药性分析

郭景玉,贺先奇,李锦泽

解放军总医院

**目的** 分析 2014-2018 年妊娠期女性泌尿生殖道支原体感染状况及耐药情况。

**方法** 采用回顾性分析的方法,对2014年1月至2018年12月解放军三一六医院的1171例妊娠期女性泌尿生殖道支原体感染状况及耐药情况进行分析。

**结果** 1171例妊娠期女性中,有644人感染了解脲脲原体和/或人型支原体,其中1人感染了人型支原体,590人感染了解脲脲原体,53人共同感染了两种支原体。药敏试验结果显示解脲脲原体和/或人型支原体对喹诺酮类抗生素及阿奇霉素和红霉素敏感性较低,对交沙霉素、克拉霉素、美满霉素、强力霉素和四环素敏感性较高。

**结论** 妊娠期女性泌尿生殖道支原体的感染率高,耐药严重,一定要根据培养鉴定和药敏试验选用敏感抗生素进行治疗。

## PU-5329

### IgG4 及 IgG-RD RI 在 IgG4 相关性疾病疗效评估中的临床应用价值

徐燕萍,李敏

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** IgG4 相关性疾病 (IgG4-RD), 是一种慢性、进行性炎症伴纤维化的疾病,可累及多个脏器。本研究总结了 IgG4 相关性疾病临床资料,为此病的诊断、疗效评估和进一步的研究提供临床依据。

**方法** 对在我院住院期间通过病理和临床特征确诊的 30 例 IgG4 相关性疾病患者临床资料进行回顾性分析,并使用 IgG4 相关性疾病应答指数 (IgG4-RD Responder Index, IgG4-RD RI) 进行评估分析。

**结果** 30 例患者中,男性 26 例,女性 4 例,平均年龄 62.3 岁。27 例患者存在活动性病变,其中淋巴结、腹膜后及腹主动脉是最常见受累器官。只有 55% 的活动性病变患者血清 IgG4 浓度升高,40.5% 患者血清补体 C3 和 C4 明显降低。血清 IgG4 浓度升高的活动性病变患者的年龄较大, IgG4-RD RI 评分较高,涉及的器官数量较多。血清 IgG4 升高组与浓度正常组相比, IgG4-RD RI 更高,血清 IgG4 水平与 IgG4-RD RI 有明确的相关性 ( $P < 0.01$ )。23 例患者使用糖皮质激素治疗后 IgG4 浓度与 IgG4-RD RI 均明显降低 ( $P < 0.01$ )。

**结论** IgG4 血清水平与疾病活动的程度有很好的相关性, IgG-RD RI 和 IgG4 均可作为病情活动度和疗效评估的有效指标。

## PU-5330

### 化学发光微粒子免疫分析法检测输血前患者乙肝标志物的结果分析

张敏,陈凤花,饶神宗,胡丽华

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 分析化学发光微粒子免疫分析法 (CMIA) 检测输血前患者乙型肝炎病毒 (HBV) 血清标志物的结果以了解临床输血前患者 HBV 感染情况。

**方法** 对我院 36200 例输血前检查标本采用 CMIA 检测乙肝血清标志物,并对检测的各种乙肝标志物模式进行统计分析。

**结果** HBsAg、HBsAb、HBcAb 的阳性率分别为 12.05% (4363/36200)、61.07% (22107/36200)、59.04% (21373/36200); 在 36200 例标本中检出 24 种乙肝标志物模式,其中常见模式 9 种,共 35851 例 (99.04%), 在 HBsAg 阳性模式中以 HBsAg+HBeAb+HBcAb 模式最常见,比例为 9.31%, 在 HBsAg 阴性模式中以单独 HBsAb, HBsAb+HBcAb 和全阴模式最常

见, 比例分别为 22.65%、22.87%、18.53%; 特殊模式有 15 种, 共 349 例 (0.96%), 以 HBsAg+HBsAb+HBeAb+HBcAb 和 HBsAg+HBeAg+HBeAb+HBcAb 模式最常见, 比例分别为 40.69%和 24.64%。

**结论** 在临床输血前检查患者中 HBV 感染处于一个高流行性, 要予以重视; CMIA 法对乙肝特殊模式的检出率较高, 和其灵敏度高有关, 对于这样的患者建议进行 HBV-DNA 检测, 为患者的治疗和预后提供帮助。

## PU-5331

### 蛋白芯片在儿童幽门螺杆菌感染诊断中的应用研究

应蕾

江西省儿童医院,330000

**目的** 研究幽门螺旋杆菌(Hp)抗体在慢性胃炎、消化性溃疡、血小板减少性紫癜及其他消化道外疾病组血清中的阳性情况; 探讨不同类型 Hp 感染与胃肠疾病发病的关系及蛋白芯片技术在儿童幽门螺杆菌感染诊断中的应用价值。

**方法** 应用蛋白芯片法检测 2588 例血清标本中(包括慢性胃炎组、消化性溃疡组、血小板减少性紫癜组及对照组) 细胞毒素相关基因蛋白(CagA)、空泡毒素(VacA)、尿素酶(Ure)抗体的表达情况, 计算阳性率, 用统计学方法比较各组的差异。

**结果** 在一定年龄范围内 (5~15 岁) HP 感染率随年龄的增长有升高趋势( $P<0.01$ ); 胃炎组、溃疡组三种抗体阳性率明显高于正常对照组( $P<0.01$ )。而消化道出血组抗体阳性率与对照组无显著差异。

**结论** CagA 阳性的 Hp 感染是胃肠疾病发生和发展的关键因素。蛋白芯片法用于 HP 感染的分型诊断以及治疗后的复查有其独特的优点, 值得临床推广。

## PU-5332

### 差速离心法与十二烷基硫酸钠在血流感染阳性标本直接质谱检测中的应用探究

李昊燃<sup>1</sup>,赵高岭<sup>1</sup>,刘美丽<sup>1</sup>

1.安图实验仪器(郑州)有限公司

2.郑州安图生物工程股份有限公司

**目的** 比较差速离心法与 SDS 法在血培养阳性样本直接质谱(MALDI-TOF-MS)检测上的应用

**方法** 采用本实验室收集的 127 株经过准确鉴定的菌株模拟血培养, 制作了 127 瓶模拟血瓶, 报阳后相同条件下经过差速离心法与 SDS 法进行前处理, 在进行质谱鉴定。

**结果** 差速离心法和 SDS 法鉴定的准确率分别为 66.9%与 81.9%,  $P<0.01$ , 差异具有统计学意义; 阴性菌的鉴定准确率分别为 88.3%与 78.3%,  $P>0.05$ , 差异不具有统计学意义; 阳性菌的鉴定准确率分别为 51.6%和 87.1%,  $P<0.01$ , 差异具有统计学意义。

**结论** 相较于差速离心法, SDS 法更适用于临床血流感染标本的鉴定, 差速离心法在阴性菌的鉴定上更具优势, SDS 法在阳性菌的鉴定上优势明显, 且在不同属性菌种的鉴定上更稳定, 并能显著缩短临床上关于血流感染标本的鉴定时间。

## PU-5333

**Sysmex UF-500i 全自动尿沉渣分析仪性能评价**

李惺

四川省人民医院,610000

**目的** 对 Sysmex UF-500i 全自动尿沉渣分析仪进行性能评价。

**方法** 参照厂家说明书和相关行业标准,对 Sysmex UF-500i 全自动尿沉渣分析仪的本底计数、携带污染率、精密度、线性、准确度进行评价。

**结果** Sysmex UF-500i 全自动尿沉渣分析仪的精密度以及准确性良好;携带污染率最高为-0.025%,符合厂家要求;仪器检测线性范围:WBC 为 0.0-20350.75/ul, RBC 为 0.90-39991.8/ul, EC 为 0.0-1382.45/ul, BACT 为 0.0-36567.3/ul, CAST 为 0.0-132.88/ul;本底计数均符合厂家要求。

**结论** Sysmex UF-500i 精密度良好、携带污染率低、线性范围宽广、准确度较高,其检测结果准确可靠,能够满足本临床实验室的工作需求。

## PU-5334

**CLpP 通过调节线粒体功能影响胰腺癌细胞功能的研究**

周雁

温州医科大学

**目的** 为了发现胰腺导管细胞癌(PDAC)发生发展中的生物学标志物,为 PDAC 的诊断和预后提供可靠的参考标志物。

**方法** 收集 28 例胰腺癌病人的组织进行免疫组织化学染色,观察 CLpP 在胰腺癌病人体内的表达量;为了明确 CLpP 在胰腺导管细胞癌(PDAC)发生、发展中的作用,构建胰腺导管细胞癌(PDAC)细胞模型,进行细胞水平检测。利用 BN-PAGE 技术、氧耗能力(OCR)检测技术分析线粒体与胰腺导管细胞癌发生、发展的关系。整合 TCGA 数据库及 GTEx 等数据库分析 CLpP 与 PDAC 患者生存预后关系及在体内表达量情况。通过计数细胞、细胞平板克隆、细胞划痕、Transwell 小室迁移和侵袭实验等体外实验检测 CLpP 蛋白敲低后对胰腺癌细胞增殖、迁移和侵袭能力的影响进行分析。

**结果** 在对 28 例胰腺癌病人组织切片以及正常对照进行 CLpP 免疫组织染色分析后发现胰腺癌组织中 CLpP 蛋白的表达量呈高表水平,具有统计学意义。通过相关数据库的比对分析,发现,CLpP 在胰腺癌中的表达量也呈高表的状态,而且,在 TCGA 数据库中我们还发现,CLpP 高表的胰腺癌患者具有更好的生存预后能力。在 SDS-PAGE 的结果中可以看出 CLpP 蛋白在胰腺癌细胞中表达量增加。通过一系列体外实验发现,CLpP 敲低的细胞模型中,侵袭迁移的能力显著高于对照组,具有统计学意义。对内源性氧呼吸能力进行检测,发现,CLpP 低表的细胞模型的内源性氧呼吸能力均高于对照组细胞。

**结论** 本研究发现,CLpP 蛋白与胰腺癌的发展存在着一定的关系。通过腺癌病人组织切片 HE 染色,我们发现,CLpP 在胰腺癌组织中呈高表水平。通过 TCGA 数据库分析,我们推断,CLpP 在胰腺癌患者体内或许具有抑制肿瘤发展的作用。通过体外实验,我们发现,CLpP 可能在抑制肿瘤的侵袭迁移能力方面具有显著意义。通过氧耗能力(OCR)检测,我们发现 CLpP 低表的细胞模型中,其线粒体功能呈现升高的状态。

## PU-5335

**Exosomal long noncoding RNA lnc-GNAQ-6:1 may serve as a diagnostic marker for gastric cancer**

Miaomiao Zhang

Xuzhou Medical University Affiliated Hospital

**Objective** Gastric cancer(GC) is one of the most aggressive cancers, with limited early diagnostic measures. Tumor-originated exosomal molecules are regarded as suitable candidates for non-invasive diagnosis. This study aimed to investigate the capacity of exosomal long noncoding RNA lnc-GNAQ-6:1 as a biomarker for early diagnosis of GC.

**Methods** In this study, we collected sera from 43 patients with gastric cancer and 27 healthy subjects, then exosomes were isolated and identified through particle size analysis and Western Blotting. Expression levels of exosomal lnc-GNAQ-6:1 were detected by quantitative reverse transcription PCR (qRT-PCR). The receiver operating characteristic curve (ROC) and area under curve (AUC) were used to estimate the diagnostic capacity. Furthermore, we investigated the potential relationship between serum exosomal lnc-GNAQ-6:1 expression and clinicopathological parameters of gastric cancer.

**Results** The exosomes extracted in this study exhibited the typical characteristics of the reported exosomes. The results of qRT-PCR showed that compared with the healthy control, the expression of lnc-GNAQ-6:1 was significantly lower in the gastric cancer group. The area under the ROC curve is 0.732, which was higher than the diagnostic accuracy of CEA, CA 19-9 and CA72-4. However, the expression level of lnc-GNAQ-6:1 was not correlated with gender, age, tumor metastasis, serum carcinoembryonic antigen (CEA), carbohydrate antigen 19-9 (CA19-9), and carbohydrate antigen 72-4(CA72-4).

**Conclusions** Our data demonstrated that serum exosomal lnc-GNAQ-6:1 is lowly expressed in patient with gastric cancer and might be used as a new tumor marker for gastric cancer diagnosis.

## PU-5336

**乙型肝炎病毒血清标志物与 HBV-DNA 的相关性研究**

张敏,陈凤花,饶神宗,胡丽华

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨乙型肝炎病毒(HBV)血清标志物与 HBV-DNA 的相关性,为临床更好的诊断和治疗 HBV 提供依据。

**方法** 采用化学发光微粒子免疫分析法(CMIA)和 PCR-荧光探针法分别对 1093 例标本进行乙肝血清标志物和 HBV-DNA 的检测,采用  $\chi^2$  和 Spearman 统计方法对乙肝标志物含量和 HBV-DNA 水平进行统计分析。

**结果** HBV-DNA 含量  $\geq 10^3$  IU/ml 的比例在 HBsAg+HBeAg+HBcAb 模式中最高,为 81.71%;在单独 HBcAb, HBeAb+HBcAb 和 HBsAb+HBeAb+HBcAb 模式中检出了 7 例 HBV-DNA 含量  $\geq 10^3$  IU/ml, HBeAb+HBcAb 模式中的比例最高为 11.54%;HBeAg 含量在  $1 \leq A < 10$ 、 $10 \leq A < 100$  和  $A \geq 100$  三组中,检出 HBV-DNA 含量  $\geq 10^3$  IU/ml 的比例分别为 59.57%, 80.00% 和 100%,三组中 HBV-DNA 的比例在统计学上有显著性差异( $\chi^2=21.177$ ,  $P < 0.05$ ),且 HBeAg 含量和 HBV-DNA 水平有正相关性( $r=0.482$ ,  $P < 0.01$ );对 HBeAg 阳性的标本,其 HBsAg 浓度在  $0.05 \leq A < 100$ 、 $100 \leq A < 250$  和  $A \geq 250$  三组中,HBV-DNA 含量  $\geq 10^3$  IU/ml 的比例分别为 66.67%、100% 和 80.22%,在统计学上无明显差异( $\chi^2=1.944$ ,  $P > 0.05$ ),按 HBsAg 浓度和 HBV-DNA 水平进行相关性分析,显示两者存在正相关性( $r=0.240$ ,  $P < 0.05$ );对 HBeAg 阴性 HBsAg 阳性的标本,HBsAg 浓度在  $0.05 \leq A < 100$ 、 $100 \leq A < 250$  和  $A \geq 250$  组中检出 HBV-DNA 含量  $\geq 10^3$  IU/ml 的比例

分别为 11.63%、29.93%和 50.31%，且在统计学上有显著性差异（ $\chi^2=61.926$ ， $P<0.01$ ），按 HBsAg 浓度与 HBV-DNA 水平进行相关性分析，显示两者存在正相关性（ $r=0.360$ ， $P<0.01$ ）。

**结论** 不同 HBV 血清标志物模式与 HBV-DNA 存在一定的关系，在 HBeAg 阳性患者中，HBeAg 含量能很好地反映病毒复制水平，但在 HBeAg 阴性患者中，仍检出一定比例的 HBV-DNA，因此 HBeAg 不能完全代替 HBV-DNA 的检测；在 HBeAg 阴性患者中，HBsAg 浓度与 HBV-DNA 水平有很好的相关性，可作为患者 HBV 病情判断和治疗的参考指标之一。

## PU-5337

### 江西地区地中海贫血基因突变类型调查

周红平

江西省儿童医院,330000

**目的** 调查江西地区地中海贫血患儿基因突变类型分布情况汇报

**方法** 论收集我院 2016 年 7 月至 2018 年 7 月 1028 例临床表现为轻度、中度或重度贫血病人地中海贫血基因  $\alpha$ （--SEA,  $-\alpha^{3.7}$ ,  $-\alpha^{4.2}$ ）， $\beta$ （CD41-42, IVS-II-654, CD17, CD71-72, -28, CD27-28, CD43, CD14-15,）， $\alpha$  点突变（CS, QS, WS）基因检测。

**结果** 经统计下列基因型颁布顺序：杂合子：1）654M/N 166 例 占 16.14%；2）41-42M/N 72 例 占 7.00% 3）17M/N 30 例 占 2.90%；4）27-28M/N 14 例 占 1.36%；5）-28M/N 12 例 1.16%；6）71-72M/N 7 例 占 0.68%；7）43M/N 5 例 占 0.48%；8）14-15M/N 3 例 占 0.29%；纯合子或双重杂合子：1）654M/654M 6 例；2）41-42M/41-42M 4 例；3）654M/41-42M 4 例；4）41-42M/-28M 2 例；5）-28M/-28M 1 例；6）654M/27-28M 1 例； $\alpha$  地贫基因型排列顺序：1）--SEA/ $\alpha\alpha$  128 例；2）--SEA/ $-\alpha^{3.7}$  42 例；3）--SEA/ $-\alpha^{4.2}$  8 例；4） $-\alpha^{3.7}$ / $\alpha\alpha$  5 例；5） $-\alpha^{4.2}$ / $\alpha\alpha$  2 例；6） $-\alpha^{4.2}$ / $-\alpha^{3.7}$  8 例；7） $-\alpha^{WS}$  3 例；8）--SEA/ $-\alpha^{CS}$  2 例；9） $-\alpha^{CS}$ / $\alpha\alpha$  2 例；

**结论** 从数据分析来看，IVS-II-654 突变为我省  $\beta$  突变的主要类型，其次为 CD41-42；通过近十年地贫筛查和防控及产前诊断，我省重型地贫病人明显减少，并得到有效控制；--SEA 型为我省  $\alpha$  地贫主要的缺失类型，该调查结果为进一步普及地中海贫血基因检测，对大量杂合子病人进行告知义务并指导婚配，杜绝重型地贫患儿出生具有重大的意义。

## PU-5338

### 不同温度下放置时间对献血员 ALT 测定值的影响

许勇臣,孟贺

联勤保障部队第九六二医院

**目的** 评价不同的温度下放置时间对献血 ALT 测定值的影响。

**方法** 获取献血员全血、血浆分别置于 4℃、20℃、30℃保存 0h、4h、8h、24h 离心，在全自动生化仪上设置不同的读点时间参数对 ALT 活力进行检测。

**结果** 血浆 ALT 测定值不受保存温度、时间、测定读点参数的影响；测定读点区间未改变，全血 ALT 测定值随保存温度增高而逐渐增高，随保存时间延长而逐渐增高；测定读点区间后移，全血 ALT 测定值受温度、保存时间的影响减小。

**结论** 献血员血浆 ALT 测定值不易受温度、时间影响。献血员全血 ALT 测定值易受保存温度、时间影响，但通过调整测定读点区间参数可在一定程度上避免这种影响。



PU-5339

## 结核分枝杆菌的检测法及其意义

常文博,刘彭源

安图实验仪器(郑州)有限公司

**目的** 快速准确的诊断出结核分枝杆菌感染是控制和治疗结核病的前提和关键。

**方法** 根据感染部位的不同进行标本采集。痰液标本最好收集清晨第一口痰液,盛于无菌痰盒内或者试管内送检,痰液应来与肺部,取材时应挑取浓样干酪样颗粒或带褐色血丝部分;尿液标本可收集清晨 1 次全部尿量或 24h 尿沉淀 10-15mL 送检,必要时无菌导尿送检;粪便标本可选取浓性部分;胃液标本应于空腹时抽取胃液或者洗胃液(特别是儿童)置于无菌瓶中送检;穿刺液标本应置于无菌试管中送检。

**结果** 结核分枝杆菌是引起人和动物结核病的病原体。对人类有致病性的结核分枝杆菌主要是人型结核分枝杆菌、牛型结核分枝杆菌、非洲型结核分枝杆菌,其中尤以人型结核分枝杆菌致病力最强,所致感染最常见。

**结论** 结核分枝杆菌不产生内毒素、外毒素,无侵袭性酶。其致病性可能与细菌在组织细胞内大量繁殖引起炎症、代谢产物的毒性以及机体对菌体成分产生的免疫损伤有关。

PU-5340

## 黑色素瘤的治疗研究

张倩雯

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 评估抗 Tim-3 和 mek 抑制剂在黑色素瘤中的抗肿瘤效果。通过下调 MEK 表达探寻 TIM3 水平变化。

**方法** 建立小鼠黑色素瘤模型,分组给药。提取单个核细胞,流式检测淋巴细胞亚群和 IL-17a 的变化, CCK-8, 划痕实验检测各实验组对 B16F10 增殖, 迁徙的影响, 评估 MEK 抑制剂多种给药途径产生的抗肿瘤效果。检测 CD8+T 上 TIM3 水平变化, 观察 PMA 对 Jurkat 细胞表面 TIM3 表达的影响, Si-h-MEK2 质粒电转染 JurkatT 细胞比较 MEK2 沉默状态下 TIM3 的水平变化。

**结果** Anti-Tim3 上调 PBMC 中 CD8+T, IL-17a 水平。GSK1120212 组对黑素瘤抑制率达到 30%, 联合组抑制率 40.8%。CCK-8, 划痕实验显示, GSK1120212, 联合组作用下 B16F10 增殖, 迁徙能力明显减弱。给药 4h 时, GSK1120212, 联合组对 B16F10 细胞株增殖抑制达到 21%, 24%。比较 GSK1120212 不同给药途径时, 灌胃组肿瘤大小的抑制效率大于 30%, 皮下和腹腔注射两组抑制率约 15%。GSK1120212 阻断小鼠黑色素瘤 MEK 后, CD8+T 细胞 TIM3 表达水平增高。JurkatT 细胞经过 PMA 刺激后活化, 表达 TIM3 水平增高。在转染了 Si-h-MEK2 的 Jurkat 细胞中 TIM3 的 mRNA 和蛋白水平表达升高。

**结论** Anti-TIM3 和 MEK 抑制剂在黑色素瘤的抗肿瘤效应中存在着协同作用。其中 Anti-Tim3 可恢复 CD8+T 细胞活性。MEK 抑制剂促进黑色素瘤细胞凋亡并抑制其增殖, 迁徙。下调 MEK 可以促进 TIM3 的表达。

## PU-5341

## 基于单壁碳纳米角修饰传感器、DSN 酶辅助信号放大的肿瘤相关 microRNA203 超灵敏检测的研究

罗福康,唐锦华,陈国会  
陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 以 MicroRNA 203 为检测目标分子,通过在单壁碳纳米角修饰的玻碳电极表面电沉积纳米金, MicroRNA 203 特异性探针通过金-硫键与纳米金结合,制备了对目标分子有特异性响应新型电化学传感器。通过 DSN 酶特异高效切割 DNA/RNA 双链中 DNA 链的特性,将探针 DNA 链循环切割,达到放大检测信号的目的,实现高敏、快速检测目标分子的目的。

**方法** 利用循环伏安法(C-V 法)和差分脉冲伏安法(DPV)对此传感器的表面修饰及性能进行了表征,并且优化了检测条件,研究了新型电化学传感器对模板分子及其结构类似物的选择性响应。

**结果** 在优化条件下,该生物传感器检测 MiR-203 在  $2 \times 10^{-18} \text{mol/L}$  至  $2 \times 10^{-14} \text{mol/L}$  的浓度范围内呈现良好的线性,检测限大约为  $1.33 \times 10^{-18} \text{mol/L}$  ( $S/N=3$ ),且具有较好的选择性响应。

**结论** 结果表明该生物传感器通过纳米材料和 DSN 酶的运用,与同期相同领域的其他研究报道相比,表现出了极高的灵敏度,体现出了对体内极微量 microRNA 的浓度改变的极高检出性,可使用的线性范围也表现得令人满意。

## PU-5342

## 江西儿童耳聋患者的耳聋基因分析

刘会华  
江西省儿童医院,330000

**目的** 进一步完善本地区儿童耳聋的分子流行病学资料,运用基因芯片技术分析江西儿童非综合征型耳聋患者常见耳聋基因的特点。

**方法** 提取患者外周静脉血基因组 DNA,采用博奥晶芯九项遗传性耳聋基因检测试剂盒对常见的 4 个耳聋基因(GJB2、GJB3、SLC26A4 以及线粒体 12S rRNA) 的 9 个突变位点进行检测。对 197 例非综合征型耳聋患者的耳聋基因筛查数据和临床资料进行回顾性分析。

**结果** 197 例聋病患儿中,检测到 28 例患儿耳聋基因突变携带(14.21%),其中检出 GJB2 基因突变 16 例(8.12%),包括 GJB2-235del C 纯合突变 4 例(2.03%), GJB2-235del C/GJB2-176del 16 复合杂合突变 1 例(0.51%), GJB2-235del C/GJB2-299del AT 复合杂合突变 1 例(0.51%), GJB2-235del C 单杂合突变 9 例(4.57%), GJB2-299del AT 单杂合突变 1 例(0.51%);检出 SLC26A4 基因突变 11 例(5.58%),其中 SLC26A4-IVS7-2 A>G 纯合突变 3 例(1.52%), SLC26A4-2168 A>G 纯合突变 1 例(0.51%), SLC26A4-IVS7-2 A>G 单杂合突变 7 例(3.55%);线粒体 12S rRNA 突变 1 例(0.51%),为 12S rRNA 1555 均质突变型。

**结论** 四个常见的致聋基因中,江西省儿童聋病患者 GJB2 基因突变携带率最高,SLC26A4 基因突变携带率次之;其中又以 GJB2-235 del C 与 SLC26A4-IVS7-2A>G 两个位点为主。耳聋基因筛查可以为遗传性耳聋患儿提供早期诊断、及时干预以预防由聋致哑的理论依据,同时对于家庭再生育风险评估有重要意义。

## PU-5343

## 血流感染患者血清中氨基末端脑利钠肽前体的分布特征

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 通过回顾性分析疑似血流感染（BSI）患者血清中 N 末端脑利钠肽前体（NT-proBNP）在革兰阳性菌血流感染和革兰阴性菌血流感染、真菌血流感染和连续血培养阴性中的分布差异，初步探讨血流感染对心脏负荷的影响。

**方法** 选择医院 2012 年 12 月—2016 年 9 月期间就诊的疑似败血症或血流感染，且同一天进行静脉血培养和 NT-proBNP 检测的全部样本，共 174 例。按照血培养结果分四组，分别为革兰阳性菌感染、革兰阴性菌感染、真菌感染和阴性对照组，比较四组中 NT-proBNP 的差异。

**结果** 革兰阳性菌感染、革兰阴性菌感染、真菌感染和阴性对照组在年龄、性别差异无统计学意义。四组间 NT-proBNP 两组间比较，仅革兰阴性菌感染组的 NT-proBNP 871(301-3688) pg/ml 和真菌感染组的 NT-proBNP 4398 (1283-8436) pg/ml 与阴性对照组的 NT-proBNP 485 (146-1716) pg/ml 差异具有统计学意义，均高于对照组 ( $P<0.05$ )，其余组间比较差异不具有统计学意义。

**结论** 革兰阴性菌感染和真菌感染更容易出现 NT-proBNP 的增高，增加心脏的负荷，在临床血流感染治疗过程中，对于革兰阴性菌和真菌感染的血流感染患者应注意心脏负荷的监测。

## PU-5344

## 四川绵阳 0-6 岁儿童全血微量元素检测结果分析

李永超

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 检测四川绵阳地区 0-6 岁以下不同年龄段儿童全血微量元素的含量，对各年龄段铜、锌、钙、镁、铁的检测结果进行分析。

**方法** 回顾性分析在本院采用原子吸收分光光度法检测的 1504 例 0-6 岁儿童的微量元素检测结果，根据年龄分为婴儿组（0-1 岁）、幼儿组（1-3 岁）以及学龄组（3-6 岁），对各组儿童的微量元素含量进行统计、分析。

**结果** 四川绵阳地区儿童全血中的铁、锌、钙缺乏率分别为 29.12%、24.73%、7.65%。各年龄组间比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )，0-1 岁组铁、锌、钙缺乏率明显高于其他组。全血中铜、镁的水平及缺乏率比较差异均无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 四川绵阳地区儿童微量元素缺乏以铁、锌、钙为主，0-1 岁缺乏更为严重。因此，家长应有充足的认识，对婴幼儿的饮食应丰富、合理、营养全面。定期检测微量元素，适时、科学、联合补充。

## PU-5345

## 金黄色葡萄球菌特异性分子信标探针的设计与评价

章波,刘春燕,伊贝拜汗·买买提,张新  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 设计、合成针对金黄色葡萄球菌（SA）16S rRNA 特异性序列的分子信标探针，并评价探针的性能。

**方法** 登录 NCBI 网站, 下载 SA 16S rRNA 基因全序列, 在 Clustal Omega 网站上进行同源性比对, 通过 Beacon Designer 8.14 软件, 设计多条待选的探针序列, 并在 BLAST 在线比对, 找出针对 SA 的特异性基因序列, 并合成分子信标。通过二级结构分析、信噪比 (S/N)、热变性曲线、杂交熔解曲线等评价分子信标探针的性能。

**结果** 设计、合成了两条 SA 16S rRNA 特异性分子信标探针 (MB1 和 MB2)。MB1 二级结构完全符合分子信标“茎环结构”的典型特点, 而 MB2 内部的部分序列形成折叠结构。MB1 的 S/N ( $66.07 \pm 8.85$ ) 值明显高于 MB2 ( $13.82 \pm 0.35$ ), 且不同浓度 MB1 的 S/N 值均大于 20, 两者 S/N 值差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。热变性曲线显示 MB1 荧光强度在温度低于  $50^{\circ}\text{C}$  保持稳定 (接近本底荧光), 在  $50^{\circ}\text{C} \sim 65^{\circ}\text{C}$  荧光强度逐渐增强, 大于  $65^{\circ}\text{C}$  荧光逐渐减弱。MB1 与不同基因序列杂交熔解曲线显示, MB1 能够较好区分单碱基不匹配的基因序列。当温度低于  $45^{\circ}\text{C}$  时, MB1 仅能区分两个碱基不匹配基因序列; 当温度在  $45^{\circ}\text{C} \sim 50^{\circ}\text{C}$  时, MB1 能较好区分单碱基不匹配基因序列; 当温度大于  $50^{\circ}\text{C}$  时, 分子信标杂交稳定性受影响。

**结论** 设计、合成的 MB1 是理想的 SA 16S rRNA 特异性分子信标探针, 为进一步研究 SA 奠定了基础。

## PU-5346

### 某三甲医院血细胞分析项目参加室内质控室间对比结果分析

张瑞敏

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 利用血细胞分析项目室内质控数据室间比对数据评价本实验室检测水平, 并为实验室改进方向提供数据。

**方法** 收集本实验室血细胞分析白细胞计数 (WBC)、红细胞计数 (RBC)、血红蛋白浓度 (HGB) 和血小板计数 (PLT) 四项目中值和高值 2 个浓度水平室内质控数据参加室间比对结果, 比对实验室 12 家, 均为三甲医院临床实验室。通过西格玛度量值评价实验室检测水平, 通过质量目标指数为实验室提供改进依据。

**结果** RBC 项目中值高值 2 个水平和 HGB 项目中值的  $\sigma$  值均  $> 6$ , WBC 和 PLT 项目 2 个浓度 HGB 项目高浓度水平  $4 < \sigma < 6$ 。WBC 项目的中值高值两个浓度水平 QGI 值均小于 0.8; RBC 和 HGB 项目 QGI 值均大于 1.2; PLT 项目的两个浓度水平 QGI 值均在 0.8-1.2 之间。

**结论** 本实验室的四个项目在参加比对实验室中均处于较好的检测水平, 同时采用  $6\sigma$  质量管理方法和质量目标指数两盒管理指标评价室内质控比对数据可以为实验室室内质控数据比对效果分析和利用提供参考。

## PU-5347

### 血清淀粉样蛋白 A 等炎症标志物在不同分型手足口病患儿鉴别诊断中的意义

汪玲

江西省儿童医院, 330000

**目的** 探讨血清淀粉样蛋白 A (SAA)、降钙素原 (PCT)、C 反应蛋白 (CRP) 等炎症标志物检测在不同分型手足口病患儿鉴别诊断中的意义。

**方法** 回顾江西省儿童医院住院部 2017 年 1 月-2018 年 5 月确诊为手足口病的患儿, 应用实时荧光定量 PCR 法检测患者咽拭子肠道病毒类型, 筛选肠道病毒 (EV) 通用阳性患儿分为肠道病毒 71 型 (EV71) 组 191 例、A 组柯萨柯病毒 16 型 (CA16) 组 226 例和其他肠道病毒组 210 例, 检测

并分析各组患儿 SAA、PCT、CRP 的浓度水平差异,绘制 ROC 曲线进一步讨论各炎症标志物在鉴别 EV71 感染手足口病的诊断价值。

**结果** EV71 组患儿 SAA 和 CRP 表达水平均低于 CA16 组, PCT 水平显著高于 CA16 组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); EV71 组患儿 SAA、CRP 水平显著低于其他肠道病毒组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); EV16 组 SAA 和 CRP 水平显著低于其他肠道病毒组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。CRP、SAA 及联合诊断的 ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.711、0.857、0.868, SAA 单独鉴别 EV71 与非 EV71 肠病毒感染手足口病的临界值 (Cut off 值) 为 56.3 mg/L。

**结论** 血清 SAA 和 CRP 可用于鉴别诊断 EV71、CA16 及其他肠道病毒感染的小儿手足口病; 血清 SAA 在 EV71 感染手足口病的鉴别诊断价值要优于 CRP。

## PU-5348

### 烟台地区不同人群维生素 D 水平分析

杨红梅

烟台市烟台山医院,264000

**目的** 了解烟台地区不同人群维生素 D 水平。

**方法** 收集来我院体检和就诊的不同人群共 1144 例, 按年龄与性别分为六组: 男性儿童组、女性儿童组、男性中青年组、女性中青年组、男性老年组、女性老年组, 分别检测并分析 25-OH 维生素 D 的水平。

**结果** 男性儿童组 ( $22.17\pm 11.81\text{ng/ml}$ ), 女性儿童组 ( $22.28\pm 10.13\text{ng/ml}$ ), 维生素 D 水平尚在适宜范围内; 男性中青年 ( $18.29\pm 7.66\text{ng/ml}$ ), 女性中青年组 ( $18.40\pm 5.95\text{ng/ml}$ ), 男性老年组 ( $18.76\pm 11.35\text{ng/ml}$ ), 女性老年组 ( $14.70\pm 8.59\text{ng/ml}$ ), 存在明显的维生素 D 缺乏。

**结论** 烟台地区中青年和老年维生素 D 缺乏情况严重, 儿童维生素 D 水平尚可。

## PU-5349

### hs-CRP 与白细胞、中性粒细胞联合检测对呼吸道感染类型的诊断价值

邹飞平

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨白细胞数、中性粒细胞比率及 hs-CRP 在呼吸道感染性疾病中的临床应用价值。

**方法** 选择 436 例呼吸感染的患者, 其中根据咽拭培养和七项呼吸道病毒检测分为细菌感染组 (198 例)、病毒感染组 (118 例), 另外选择 100 例健康体检正常者为对照组。分析患者 hs-CRP、中性粒细胞和白细胞的阳性率。

**结果** 两组患者初次就诊时阳性率均高于对照组, 且细菌感染组白细胞总数、中性粒细胞比率及 hs-CRP 阳性率均高于其他两组。

**结论** 当联合检测 hsCRP、白细胞及中性粒细胞比率时可提高诊断呼吸道感染类型的准确度。

## PU-5350

## 不同亚型高毒力碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌感染人上皮细胞引起免疫反应的比较研究

靳龙阳,王辉

北京大学人民医院,100000

**目的** 在感染过程中,肺炎克雷伯菌引起的炎症反应抑制对其抵抗免疫系统清除至关重要。有证据表明,肺炎克雷伯菌 Kp52.145 菌株(ST66, K2)可以通过激活 MKP-1 基因和拮抗 NF- $\kappa$ B 通路,抑制早期炎症反应的发生。但对于在中国流行的高毒力碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌(CR-hvKP)是否具有同样的特点,亟需深入研究。

**方法** 采用不同亚型的 CR-hvKP 感染人肺上皮细胞 A549,应用炎症因子 IL-1 $\beta$  刺激免疫应答,通过 qRT-PCR 方法检测 A549 细胞的 IL-8、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$ 、CYLD、MKP-1 等相关基因的表达水平,与未感染的 A549 细胞相比,探究 CR-hvKP 菌株对 A549 细胞的炎症反应抑制作用。

**结果** 选取 2 株 ST11 K47 型 CR-hvKP 菌株(C3916,Z46)和 2 株 ST11 K64 型 CR-hvKP 菌株(C2166,C4042)进行 A549 上皮细胞感染,NTUH-K2044 菌株作为对照;应用 IL-1 $\beta$  对感染之后的 A549 细胞进行刺激,qRT-PCR 检测 IL-8 基因表达发现,K64 型菌株感染的 A549 细胞与 NTUH-K2044 感染的 A549 细胞 IL-8 表达量相似,显著低于 K47 型菌株感染的 A549 细胞('NTUH-K2044' 132.06 vs 'K64' 136.24 vs 'K47' 249.00);检测 MKP-1 基因表达情况显示,NTUH-K2044 和 K64 型菌株感染的 A549 细胞在 1h 达到高峰,4h 后下降('NTUH-K2044' 1.89-2.61-0.56, 'K64' 1.80-3.11-0.60),而 K47 型菌株表现为 MKP-1 持续表达下降(4.26-2.66-1.33);检测 CYLD 基因表达情况显示,K64 型菌株感染的 A549 细胞与 NTUH-K2044 感染的 A549 细胞 CYLD 表达量相似,显著低于 K47 型菌株感染的 A549 细胞 'NTUH-K2044' 1.77 vs 'K64' 0.81 vs 'K47' 4.41);TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$  在所有菌株的感染的 A549 细胞中表达量较低,没有显著性差异。

**结论** K64 型 CR-hvKP 菌株感染 A549 细胞引起的免疫反应表型与高毒力参照菌株 NTUH-K2044 类似,具有抑制 IL-8 表达、诱导 MKP-1 表达升高,不诱导 CYLD 的表达升高,该表型与已报道的 Kp52.145 菌株引起的免疫反应有较大差异,提示我们应加强对中国流行的特有菌株进行深入的感染机制研究。

## PU-5351

## 1261 株肺炎克雷伯菌的临床分布及耐药性变迁

庞载元

攀枝花市中心医院

**目的** 了解肺炎克雷伯菌的临床分布特点及耐药性变化趋势,为指导临床抗菌药物合理应用及耐药菌防控管理提供依据。

**方法** 用 whonet5.6 和 SPSS17.0 软件对医院 2015~2018 年间临床分离的 1261 株肺炎克雷伯菌的分布及药物敏感性进行统计分析。

**结果** 1261 株肺炎克雷伯菌中,52.8%的标本分离自痰液,临床科室分布中,前三位是 ICU (17.0%)、儿科(16.0%)和呼吸内科(12.0%);不同科室来源的肺炎克雷伯菌对相同抗菌药物的耐药性存在差异,神经科和 ICU 分离的肺炎克雷伯菌对多种药物的耐药率高于其他科室;肺炎克雷伯菌对头孢唑林的耐药率最高(40.7%),对亚胺培南的耐药率最低(2.9%),ESBLs 检出率为 22.4%,除亚胺培南、厄他培南、头孢替坦和哌拉西林/他唑巴坦外,ESBLs 阳性菌株对抗菌药物的耐药率明显高于 ESBLs 阴性菌株;2015 年肺炎克雷伯菌对大多数抗菌药物的耐药率高于其它年份,2018 年和前两年比较,亚胺培南、厄他培南、头孢替坦和哌拉西林/他唑巴坦的耐药率呈上升趋势;71 岁及以上年龄组分离的菌株对大多数抗菌药物的耐药率高于其它年龄组。

**结论** 分离自不同年龄段、不同标本、不同科室的菌株对同一抗菌药物的耐药性存在差异, 临床应针对不同标本来源合理用药, 加强细菌耐药性监测, 控制肺炎克雷伯菌的院内感染流行。

## PU-5352

### Dicer1 及其突变在肿瘤中的研究进展

张杨

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨 Dicer1 及其突变在肿瘤中的研究进展。

**方法** 回顾分析相关研究。

**结果** Dicer 是 miRNA 剪切成熟的关键酶, 在各种肿瘤的发生发展过程中发挥重要作用, 与肿瘤易感性和侵袭转移都有密切的关系; 同时也能介导对药物治疗的敏感性, 影响肿瘤预后。

**结论** 编码人类 Dicer 基因的 Dicer1 胚系突变和体细胞突变与多种肿瘤的发生有关, 而其与 miRNA 之间复杂的调控体系是参与肿瘤发生发展的重要途径。

## PU-5353

### 新生儿血型鉴定困难的探讨

章小丽

江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨分析疑似 B 亚型的 ABO 溶血新生儿的血型。

**方法** 对患儿进行新生儿溶血病检测, 对患儿 ABO 血型进行血清学鉴定和基因检测。

**结果** ABO 血型血清学鉴定疑似 B3, 基因检测结果为 B101/O01 基因型。

**结论** 新生儿 ABO 血型鉴定困难时可以通过基因检测技术来进一步确认, 待年龄到一周岁以后复查血型来验证为佳。

## PU-5354

### 探讨实验室 CP3000 与 CA7000 是否具有可比性

肖维雷

宜宾市第一人民医院,644000

**目的** 探讨 SYSMEX CA7000 全自动血凝分析仪(简称 CA7000)和积水 CP3000 全自动血凝分析仪(简称 CP3000)的检测结果是否具有可比性。

**方法** 以 CA7000 检测结果出的正常与异常结果随机选取共 89 例患者新鲜血浆, 样本分别在两台仪器上进行凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、纤维蛋白原 (Fbg)检测, 并对结果进行配对 t 检验和相关回归统计学分析, 以医学决定水平处的系统误差来判断检测系统间的结果是否为临床可接受性。

**结果** CA7000 与 CP3000 在凝血三项检测上均具有较高的稳定性; CP3000 的 PT 测定结果与 CA7000 比较 PT、APTT、Fbg 测定结果差异无统计学意义( $P>0.05$ ), APTT 相关系数为 0.848, 相关不好, 其他项目相关性较好; 此次比对结果医学决定水平偏倚均在 CLIA $\phi$ 88 规定的允许误差范围内, 处于临床可接受水平范围之内。

**结论** 两个不同的检测系统相关性可能存在差异,但是以临床可接受水平来说是可接受的,从中可以看出不同系统之间的相关性(  $r$  )不是唯一评判两个不同系统之间可比性的唯一标准,它可以通过不同系统之间的定期比对试验,保养维护,定期校准更换来实现其更好的相关性。

## PU-5355

### 肺纤维化的相关病理机制研究进展

章骅

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨肺纤维化的相关病理机制研究进展。

**方法** 介绍了肺纤维化近年来相关的病理机制研究进展,总结了肺部受损后,肺泡上皮细胞的生物级联反应以及氧化损伤反应在肺纤维化的病理机制中的作用。

**结果** 当肺部受损后,肺泡上皮细胞活化,机体通过一系列生物级联反应在修复受损组织的过程中调节失控、重建异常,导致促纤维介质的过度产生及间充质细胞迁移及分化,这些分化的肌成纤维细胞分泌大量细胞外基质(ECM),造成纤维胶原蛋白的堆积,引起肺部组织结构破坏,造成肺功能紊乱、呼吸衰竭

**结论** 氧化损伤在肺纤维化病理机制中也起着重要作用,氧化应激的失衡会导致囊性肺纤维化的发生。

## PU-5356

### Potential association between elevated serum human epididymis secretory protein 4 and chronic kidney disease in female patients

zhijun meng<sup>1</sup>,Xiaojuan Li<sup>2</sup>,Feng Liu<sup>1</sup>,Hongping Liang<sup>1</sup>

1.Clinical Laboratory, Affiliated People's Hospital of Shanxi Medical University, Shanxi Provincial People's Hospital, Taiyuan 030012, Shanxi Province, People's Republic of China

2.Department of laboratory medicine, Shanxi Medical University, Taiyuan 030001, Shanxi, People's Republic of China

**Objective** Chronic kidney disease (CKD), characterized by gradual loss of kidney function, is highly prevalent in developing countries. However, early and precision diagnosis of CKD remains to be improved clinically, even though Kidney Disease: Improved Global Outcomes (KDIGO) recommended some standards for CKD classification. Serum levels of human epididymis secretory protein 4 (HE4) are elevated in a large number of women with chronic kidney disease (CKD). However, it is not clear whether HE4 can be used as a potential biomarker for the diagnosis of CKD. This study is to investigate whether serum HE4 is a potential biomarker for CKD, and will provide a new clue for CKD diagnosis and improve early management of female CKD patients.

**Methods** To assess the potential of serum HE4 in female CKD diagnosis, we recruited 154 healthy control individuals and 193 female hospitalized patients with CKD as subjects. We obtained their demographic characteristics and measured the level of serum HE4, serum creatinine(Scr), beta 2 microglobulin(B2M), and Cystatin C(CysC) between healthy and CKD groups to assess their renal function. HE4 was tested by electrochemiluminescence in Roche HE4 method (Cobas 6000, Roche) according to the manufacturer's instructions. Immune-turbidimetric assay (AU5800, Beckman Coulter) was employed to determine B2M and CysC. After that, we compared the diagnostic value of HE4 to other clinical indicators in screening CKD.



**Results** Individuals in CKD group aged  $63.05(\pm 13.68)$  yrs and healthy controls aged  $59.91(\pm 18.50)$  yrs ( $P = 0.08$ ). The median serum HE4, Scr, B2M, and CysC level was 349.70 pmol/L, 153.86 mol/L, 5.65 mg/L, and 2.49 mg/L respectively in CKD patients, which was statistically higher than that in control group ( $P < 0.001$  for each group). Moreover, the concentrations of HE4, Scr, B2M, and CysC were higher as the CKD deteriorated. And also, the results showed that there was a significant positive correlation between HE4 level and serum Scr, B2M, and CysC levels ( $P < .001$ , respectively). Meanwhile, a negative correlation was observed between HE4 and estimated Glomerular Filtration Rate (eGFR) value ( $P < .001$ ). Besides, diagnostic value of HE4 was significantly higher than other indicators by ROC curve analysis.

**Conclusions** Our study confirmed the correlation between serum HE4 elevation and CKD, and the analysis results indicated that elevated serum HE4 may be a potential new biomarker for CKD. In addition, these data were able to determine the diagnostic cut-off value, sensitivity, or specificity of serum HE4 for CKD.

## PU-5357

### 适配体在临床诊断中的研究进展

赵镭,邢辉,王琳

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨近年来适配体在相关临床疾病诊断中的研究情况和应用展望。

**方法** 总结并分析了近年来适配体在相关临床疾病诊断中的研究情况和应用展望。

**结果** 随着 SELEX 技术的发展,现已有适配体用于肿瘤标志物和肿瘤细胞、病毒和细菌等病原微生物、细胞因子和相关酶类的检测。

**结论** 适配体 (Aptamer) 是一类经过指数富集技术 (SELEX) 在核苷酸文库中筛选得到的能够特异性结合靶标分子的寡核苷酸序列。其与抗体相比具有高亲和力、高特异性、高稳定性、无免疫原性、合成高效等优点。

## PU-5358

### 江西地区儿童谷胱甘肽还原酶 参考区间建立

黄超

江西省儿童医院,330000

**目的** 建立江西地区儿童谷胱甘肽还原酶 (Glutathione reductase, GR) 参考区间范围,填补不同年龄段谷胱甘肽还原酶参考值的空白,为相关疾病提供诊断价值。

**方法** 选取 1171 例 14 岁以下健康体检儿童,利用全自动生化分析仪采用紫外酶法检测血清中 GR 的活性水平。

**结果** 男童组 GR 水平为  $57.25 \pm 7.57$  U/L,女童组 GR 水平为  $58.07 \pm 7.57$  U/L,不同性别组间差异无显著性 ( $P > 0.05$ ),在不同年龄组间 GR 水平差异无统计学差异 ( $P < 0.05$ ),江西地区健康儿童 GR 生物参考区间为 42.5-72.7 U/L。

**结论** 实验室应对不同仪器、试剂,不同人群测量 GR 水平建立适合临床需要的生物参考区间。

## PU-5359

## 血流感染对肾功能的影响

于帅

中国人民解放军总医院海南医院

**目的** 通过回顾性分析疑似血流感染患者血清中肾小球滤过率在革兰阳性菌血流感染和革兰阴性菌血流感染、真菌血流感染和连续血培养阴性中的分布差异，初步探讨血流感染对肾功能的影响。

**方法** 选择某医院 2012 年 12 月—2016 年 9 月期间就诊的疑似败血症或血流感染，且同一天进行了静脉血培养和肌酐检测的全部样本，共 254 例。按照血培养结果分四组，分别为革兰阳性菌感染组、革兰阴性菌感染组、真菌感染组和阴性对照组，比较四组中 eGFR 的差异。

**结果** 革兰阳性菌感染、革兰阴性菌感染、真菌感染和阴性对照组在年龄、性别差异均无统计学意义。四组间两组间比较，革兰阳性菌感染组、革兰阴性菌感染组的血肌酐大于阴性对照组（ $P$  值分别=0.016、=0.042），差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；仅革兰阳性菌感染组的肾小球滤过率 81.31(49.51-102.96)ml/min/1.73m<sup>2</sup> 与阴性对照组 93.4(73.98-107.32) ml/min/1.73m<sup>2</sup> 差异具有统计学意义，低于对照组（ $P<0.05$ ），其余组间比较差异不具有统计学意义。

**结论** 革兰阳性菌感染更容易出现肾小球滤过率降低，使得肾功能作用减弱，在临床血流感染治疗过程中，对于革兰阳性菌的血流感染患者应注意肾功能的监测。

## PU-5360

## 流感嗜血杆菌生物膜形成对抗生素的耐药性变化研究

高雪

泰安市中心医院,271000

**目的** 体外建立流感嗜血杆菌（*Haemophilus influenzae*）生物膜（BF），观察细菌形成 BF 后对抗生素敏感性的变化。

**方法** 从腺样体肥大患儿离体腺样体中分离 30 株流感嗜血杆菌，并以 96 微孔板培养，采用结晶紫染色和扫描电镜（SEM）鉴定 BF 形成；分别测定氨苄西林（AMP）、头孢曲松（CRO）、左氧沙星（LVFX）和阿奇霉素（AZM）4 种抗菌药物浮游菌的最低抑菌浓度（MIC）、最低杀菌浓度（MBC）以及生物膜菌最低生物膜清除浓度（MBEC）。

**结果** 30 株流感嗜血杆菌体外都有不同程度 BF 形成。当 BF 形成后，不同抗生素的 MBEC 较其 MIC、MBC 增高程度大小不一，差异有统计学意义（MBEC/MBC：H=91.54，MBEC/MIC：H=87.91； $P$  均  $<0.001$ ）。AMP 的 MBEC 最高，可高达 MBC 和 MIC 的 100 多倍；CRO 的 MBEC 较 MBC 和 MIC 可增高数十倍，LVFX 和 AZM 对 BF 的 MBEC 最接近于 MBC 和 MIC。

**结论** BF 形成后，流感嗜血杆菌耐药性增强；氟喹诺酮类 LVFX 和大环内酯类 AZM 对流感嗜血杆菌 BF 作用相对良好。

## PU-5361

**Child\_Pugh 分级联合血清 PA、CHE、PTA.....**

刘玲,裴依菲  
平煤神马医疗集团总医院

**目的** 分析肝功能 Child\_Pugh 分级联合血清胆碱酯酶 (CHE)、凝血酶原活动度 (PTA)、前白蛋白 (PA) 水平在肝硬化患者病情评估中的应用价值。

**方法** 选取我院 2016 年—2017 年 9 月 112 例肝硬化患者作为肝硬化组, 根据 Child\_Pugh 分级标准, 其中 45 例为 A 级, 40 例为 B 级, 27 例为 C 级, 选取同期健康体检者 52 例作为对照组, 采集所有患者肘静脉血, 分别检测 CHE、PA、PTA 水平, 比较不同 Child\_Pugh 分级患者, 肝硬化患者与健康体检者、肝硬化患者中存活病例与死亡病例血清 PA、CHE、PTA 水平。

**结果** 肝硬化组血清 CHE、PA、PTA 水平较对照组低, 且不同 Child\_Pugh 等级患者血清 PA、PTA、CHE 水平相比, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 并随肝硬化程度加重, 呈逐渐下降趋势; 经随访 1 年, 存活率 79.46% (89/112), 且存活病例血清 CHE、PA、PTA 水平较死亡病例高 ( $P<0.05$ )。结论 血清 PA、PTA、CHE 水平在肝硬化患者中呈低表达, 肝功能 Child\_Pugh 分级联合血清 PA、PTA、CHE 水平对评估肝硬化病情严重程度具有重要临床意义。

**结论** 不同 Child\_Pugh 分级血清 CHE、PA、PTA 水平 A 级组血清 CHE、PA、PTA 水平较 B 级组、C 级组高, 且 B 级组 CHE、PA、PTA 水平较 C 级组高 ( $P<0.05$ ), 随肝硬化程度加重, 血清 CHE、PA、PTA 水平呈逐渐下降趋势。肝硬化属于慢性肝炎患者病情进展的一个重要阶段, 可对人们生命安全造成严重威胁。Child\_Pugh 分级标准最早于 1964 年由 Child 提出, 逐渐被临床广泛应用, 成为临床评估肝硬化患者肝脏储备功能的量化分级标准, 为临床制定治疗方案提供了具体参考依据, 对肝硬化患者治疗具有重要意义。

## PU-5362

**儿童 APTT 纠正试验的实验条件摸索**

卢娟  
江西省儿童医院, 330000

**目的** 探讨一种适合在儿童医院检验科开展的 APTT 纠正试验的实验方法。

**方法** 将 APTT 时间超过正常对照 10 秒以上的标本在不同的实验条件下进行 APTT 检测, 正常人制备正常混合血浆所需的人份数和 37℃温育纠正试验的时间为所需探讨的实验条件, 结果判断使用 Rosner 指数。

**结果** 控制人员操作因素的影响, 儿童 APTT 纠正试验所需正常人混合血浆份数是 10 份, 增加混合血浆份数对结果没有很大改善; 37℃温育纠正试验的时间最少为 50 分钟, 延长温育时间增加了实验时间, 对结果没有影响。

**结论** 与成人 APTT 纠正试验不同, 儿童 APTT 纠正试验的实验条件可以适当放宽, 实验室可根据自身条件尽可能选择多份 (最少 10 份) 正常人血浆制备混合血浆, 37℃水浴时间可以选择 50 分钟就可以完成 APTT 纠正试验, 较常规纠正试验省时省事。

## PU-5363

## 内毒素与降钙素原联合检测对儿童革兰阴性菌血流感染的诊断价值

汪玲

江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨血浆内毒素（脂多糖 LPS）与血清降钙素原（PCT）联合检测对儿童革兰阴性菌血流感染的诊断价值。

**方法** 选取 2017 年 1 月-2019 年 3 月江西省儿童医院血培养结果为革兰阴性菌感染的患儿 106 例为实验组，健康儿童 50 例为对照组，同时检测 LPS 和 PCT 的表达水平。

**结果** 实验组 LPS 0.0927(0.0371-0.3115)EU/ml 与 PCT 2.61(0.46-7.94)ng/ml 的表达水平显著高于对照组 ( $p<0.05$ )；LPS 诊断阴性菌血流感染的灵敏度为 52.8%，特异度为 80.0%，PCT 诊断阴性菌血流感染的灵敏度为 72.6%，特异度为 92.0%，LPS 与 PCT 联合检测的灵敏度为 84.0%，特异度为 76.0%。

**结论** LPS 与 PCT 联合检测可提高革兰阴性菌血流感染诊断的敏感性，减少漏诊，有助于临床早期识别并诊断患儿血流感染。

## PU-5364

## 血清淀粉样蛋白 A 在儿童 EB 病毒感染早期诊断中的价值

刘志强

江西省儿童医院,330000

**目的** 研究血清淀粉样蛋白 A(SAA)在儿童 EB 病毒感染早期诊断中的价值。

**方法** 2018 年 7 月至 2018 年 10 月期间本院收治的 100 例外周血 EBV-DNA 阳性患儿为病例组，同期来院健康体检的 50 例外周血 EBV-DNA 阴性儿童为对照组，进行 SAA、C 反应蛋白(CRP)和外周血白细胞计数(WBC)检测，并采用 ROC 曲线进行统计与分析。

**结果** 病例组 SAA、CRP、WBC、SAA/CRP 水平均高于健康对照组，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；病例组的 SAA、CRP、WBC 及 SAA/CRP 曲线下的面积分别为 0.911、0.803、0.766 及 0.928，三项指标联合检测曲线下面积为 0.961。

**结论** SAA 对 EB 病毒感染均有较高的诊断价值，SAA、CRP、WBC 三项联合检测意义更大。

## PU-5365

## 乙型病毒性肝炎与抗心磷脂抗体关系的探讨

苗霞

潍坊市人民医院,261000

**目的** 探讨抗心磷脂抗体（ACA）与乙型病毒性肝炎患者的发病的相关性，以更好地为乙型肝炎的临床诊断、治疗及预后判断提供支持

**方法** 选择 2011 年 7 月~2018 年 12 月来我院传染科就诊的 226 例乙型病毒性肝炎患者为研究对象，按照 2000 年 9 月全国第十次病毒性肝炎及肝病学术会议（西安）修订的《病毒性肝炎防治方案》标准分为急性病毒性肝炎患者、慢性病毒性肝炎患者、淤胆型病毒性肝炎患者、重型病毒性肝炎患者、肝硬化患者 5 组，采用 ELISA 法对所有被检者进行 ACA 检测，计算各组 ACA 阳性率。

**结果** 乙型病毒性肝炎 ACA-IgG 和 ACA-IgM 阳性率显著高于正常对照组 ( $P<0.01$ )，重型肝炎和肝炎后肝硬化组 ACA-IgG 和 ACA-IgM 阳性率比较，差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )，而两项指标与慢性肝炎组患者相比有显著性差异 ( $P<0.05$ )，与淤胆型肝炎患者和急性肝炎患者相比有非常显著性差异 ( $P<0.01$ )；在治疗后最终死亡的重型肝炎患者中，ACA 阳性率高达 94.4%，明显高于 76.9% 的最终存活者，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；慢性肝炎的 63 例患者，44 例 ACA 阳性患者中有 11 例患者在 15~36 个月演变为肝硬化，19 例 ACA 阴性患者未出现肝硬化。

**结论** ACA 阳性例数在乙型肝炎患者中明显增加，表明 ACA 参与了乙型病毒性肝炎的发病，应对 ACA 追踪检测，ACA 对慢性肝炎是否会进一步演变为肝硬化有预测价值。

## PU-5366

### Hp 感染与上消化道疾病和 ITP 的相关性研究

胡晓璐

江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨上消化道功能紊乱和特发性血小板减少性紫癜 (Idiopathic Thrombocytopenic Purpura, ITP) 与幽门螺杆菌 (*Helicobacter pylori*, Hp) 感染的相关性。

**方法** 收集 2018 年 7 月至 2018 年 12 月就诊于江西省儿童医院的年龄、性别比例相近的上消化道功能紊乱患儿 90 例，ITP 患儿 138 例和常规体检的健康儿童 104 例，其中上消化道功能紊乱患儿中有 44 例消化性溃疡，46 例浅表性胃炎。采集各组患儿静脉血 2mL，离心分离血清，采用蛋白芯片技术严格按照产品说明书操作检测各组患儿血清 Hp 蛋白，抗体谱应包括抗细胞毒素相关蛋白 A (Cytotoxin associated A, CagA)、抗空泡毒素 (Vaculating cytotoxin A, VacA)、抗尿素酶 (Urease, Ure) 等相关抗体。统计单纯消化道功能异常组、ITP 组、消化性溃疡组和浅表性胃炎组三个抗体的单阳性率和 CagA, VacA 抗体双阳性率。

**结果** 消化性溃疡组 CagA、VacA、Ure 抗体的单阳性率及 CagA、VacA 抗体双阳性率分别 52.27%、41.86%、77.27%、41.86%；浅表性胃炎组 CagA、VacA、Ure 抗体的单阳性率及 CagA、VacA 抗体双阳性率分别 8.7%、6.98%、73.91%、6.98%；消化道功能异常组的 CagA、VacA、Ure 抗体的单阳性率及 CagA、VacA 抗体双阳性率分别 16.3%、15.4%、62.4%、14.0%；ITP 组 CagA、VacA、Ure 抗体的单阳性率及 CagA、VacA 抗体双阳性率分别为 13.8%、11.6%、39.1%、9.4%；实验组与对照组之间阳性率比较差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 浅表性胃炎的 CagA、VacA 阳性率显著低于消化性溃疡，提示着 I 型 Hp 菌株比 II 型 Hp 菌株导致更为严重的上消化道疾病；并发现 ITP 与 Hp 感染有较大的相关性，国内外研究较少，值得进一步研究。

## PU-5367

### sCD14-ST 在新生儿早发型脓毒症中的表达及其临床研究

肖婷,陈丽萍,黄晓华,武小娇,吴定昌

龙岩市第一医院,364000

**目的** 研究全血可溶性白细胞分化抗原 14-亚型 (sCD14-ST) 的在新生儿早发型脓毒症的期诊断中的价值。

**方法** 病例对照研究。

**检测** 2017 年 7 月至 2018 年 4 月期间我院新生儿重症监护病房 42 例出生后 72 小时内的脓毒症患儿，以及 30 例同期的健康新生儿全血中 sCD14-ST、白细胞计数 (white blood cell count, WBC)、C

反应蛋白（C-reactive protein, CRP）、降钙素原（procalcitonin, PCT）等的水平，通过检测受试患儿工作曲线（ROC）评价 sCD14-ST 等在新生儿早发型脓毒症早期诊断的价值。

**结果** sCD14-ST 水平在新生儿早发型脓毒症组明显高于健康对照组（ $X^2=19.74$ ,  $P<0.05$ ），早发型脓毒症患儿 sCD14-ST 的 ROC 曲线下面积为 0.851，与 WBC（曲线下面积为 0.851）、CRP（曲线下面积为 0.769）、PCT（曲线下面积为 0.728）等曲线下面积比较，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** sCD14-ST 作为早发型脓毒症诊断的新指标，其灵敏度与特异度较高，诊断意义显著，可作为新生儿早发型脓毒症诊断的新型实验室指标之一。

## PU-5368

### Cephameycins cause false increases in creatinine picric acid test results

Jing-Yu Huang, Jun Yin, Wei Fang

Department of Clinical Laboratory Medicine, the Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College

**Objective** To examine the interference of cephamycins on the Jaffe's method of creatinine (Cr) determination, guiding sample collection time to avoid false positive results caused by cephamycins interference.

**Methods** Added different concentrations of cephamycins to low- and high-concentration (340.7  $\mu\text{mol/L}$  and 374.4  $\mu\text{mol/L}$ ) creatinine (Cr) standard solutions, and determined the creatinine (Cr) concentration of the mixture by the Jaffe's method.

**Results** Cephamycins cause false increases in creatinine to varying degrees, and the degree of interference is positively correlated with the drug concentration.

**Conclusions** The cephamycins can cause a false increase in the creatinine concentration, Creatinine should not be determined immediately after the patient takes or injects cephamycins. In order to reduce the interference with the detection of serum creatinine, it should be determined after 6 hours of medication

## PU-5369

### SAA 及 PTX3 在川崎病患儿血清中的表达情况及其临床意义

胡晓璐

江西省儿童医院, 330000

**目的** 通过测定 SAA 及 PTX3 在 KD 患儿血清中的水平，研究 SAA、PTX3 水平与 KD 之间的关系，进一步探讨二者在 KD 发生发展中的意义，为 KD 的判断和治疗提供新思路。

**方法** 应用奥普 SAA 仪测定 KD 患儿治疗前、治疗后及正常对照组血清中 SAA 的含量；ELISA 法测定 KD 患儿及对照组血清中 PTX3 含量。对血清中 SAA 及 PTX3 水平进行分析，并进行相关性检验。

**结果** 1、KD 患儿血清 SAA、PTX3 水平均高于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；2、KD 患儿治疗前 VAS 评分、血清 SAA 水平均高于治疗后水平，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；3、KD 患儿治疗前血清 SAA 与 PTX3 水平均呈正相关（ $r$  分别为 0.913、0.876， $P<0.05$ ）；KD 患儿治疗前 VAS 评分与 PTX3 水平均呈正相关（ $r$  分别为 0.865、0.866， $P<0.05$ ）；KD 患儿治疗前 VAS 评分与血清中 SAA 的水平均呈正相关（ $r$  分别为 0.848、0.980， $P<0.05$ ）；KD 患儿治疗后 VAS 评分与血清中 SAA 的水平均呈正相关（ $r$  分别为 0.753、0.787， $P<0.05$ ）。

**结论** SAA、PTX3 可能参与了 KD 的发病过程, 且 SAA 可能与其严重程度相关。

## PU-5370

### 质谱鉴定和分析粘液型细菌的方法建立及应用

何雨佳,杨敏,王雪巧,康梅,何超  
四川大学华西医院,610000

**目的** 建立基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry, MALDI-TOF MS)鉴定粘液型细菌的方法, 并在临床菌株中应用。

**方法** 收集粘液型临床分离株 100 株, 菌株分别经过甲酸直接涂抹法(I 法)、乙醇提取法(II 法)和去离子水洗涤法(III法)三种前处理方法后再使用 MALDI-TOF MS 系统进行菌种鉴定, 对于未有鉴定结果的菌株采用甲酸萃取法(IV法)进行前处理。将所有菌株同时使用 VITEK 2 Compact 系统进行菌种鉴定, 比较两种系统的菌种鉴定结果, 当结果不相符时, 采用 16S rDNA 扩增测序进行结果验证。

**结果** 采用 I 法、II 法和 III 法处理粘液型细菌后使用 MALDI-TOF MS 系统进行菌种鉴定, 鉴定率分别为 48%、66%和 90%, 差异具有统计学意义( $P < 0.001$ ), 两两比较分析得出 III 法前处理后质谱鉴定率最高。将三种方法均无法鉴定的 10 株菌进行 IV 法, 均能得到鉴定结果。所有菌株经 MALDI-TOF MS 系统的菌种鉴定结果与经 VITEK 2 Compact 系统的菌种鉴定结果符合率为 99%。

**结论** 采用去离子水洗涤法处理粘液型临床分离株可提高 MALDI-TOF MS 系统的菌种鉴定率, 为感染性疾病的早期诊断和治疗提供依据。

## PU-5371

### 中国汉族人群慢性乙肝患者、携带者和健康人群血清来源差异表达 miRNAs 在血清外泌体中的表达比较分析

王大明<sup>1</sup>,汪洪富<sup>1</sup>,肖利佳<sup>1</sup>,聂赫中容<sup>1</sup>,宋春丽<sup>1</sup>,刘娇<sup>1</sup>,黄婷婷<sup>1</sup>,任婷玉<sup>1</sup>,马雯<sup>1</sup>,周义文<sup>1</sup>  
1.Shenzhen Hospital, Southern Medical University  
2. Southern Medical University

**目的** 探讨慢性乙肝患者和乙肝携带者与健康体检者外周血血浆中差异表达 miRNAs 与血浆外泌体中的表达比较分析。

**方法** 实验 1 组(慢性乙肝患者)19 例, 实验 2 组(乙肝携带者)共 16 例, 对照组(健康体检者)15 例, 提取血浆 RNA, 基因芯片杂交后进行图像采集和数据分析, 根据 miRNAs 差异表达筛选与乙肝发生相关的候选基因, 采用荧光定量 PCR 验证, 筛出候选基因。而后提取血浆外泌体中的 RNA, 荧光定量 PCR 方法检测血浆候选基因的表达情况。统计学分析。

**结果** 芯片杂交 miRNA 表达谱显示, 呈上升或下降趋势, 实验 1 组和实验 2 组与对照组相比, 同时有 16 个 miRNAs 上升( $P$  值小于 0.05), 实验 1 组和实验 2 组与对照组相比同时有 26 个下降( $P$  值小于 0.05)。荧光定量 PCR 验证发现, 实验 1 组和实验 2 组与对照组相比, 上调的候选基因中 miRNA-7a-5p、miRNA-7f-5p、miRNA-7i-5p、miRNA-16-5p、miRNA-29a-3p、miRNA-142-3p 和 miRNA-221-3p,  $P$  值均小于 0.05。下调的候选基因中 miRNA-518c-5p、miRNA-4750-5p、miRNA-5787、miRNA-7155-3p、miRNA-8069、miRNA-3194-5p 和 miRNA-518a-5p,  $P$  值均小于 0.05。实验 1 组和实验 2 组比较, 无统计学意义。在血清外泌体中 miRNA-5787 的表达, 实验 1 组和实验 2 组与对照组比较均有统计学意义,  $P$  值均小于 0.01。血清外泌体中 miRNA-7i-5p 的表达没有统计学意义。血清外泌体中 miRNA-8069 的表达, 实验 1 组与对照组比较有统计学意义,  $P$  值均小于 0.05; 实验 2 组与对照组比较没有统计学意义。

**结论** 初步设定这十四个 miRNA 被列为乙肝病毒感染后外周血浆中候选的 miRNA 生物标志物。经 Go、pathway 和靶基因分析, 候选基因参与调节 PI3K-Akt 信号转导通路过程、癌症通路、MAPK 信号转导通路、癌症中的蛋白多糖、肌动蛋白细胞骨架的调控、神经营养因子信号转导通路、Hippo 信号转导通路和 relaxin 信号通路等生物过程。具体机制将进一步研究。有些慢性乙肝患者和乙肝携带者与健康体检者外周血血浆中差异表达 miRNAs 在外泌体中的表达存在很大差别, 与外泌体和靶细胞的通讯交流相关。

## PU-5372

### 能力矩阵图在医学检验工作中的应用

常中宝,张明亮,魏琦,赵勇,袁征  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 通过拆解临床化学检验岗位中的工作流程与工作内容, 分析各岗位的工作职责与内容, 达到人岗匹配的精细化管理。

**方法** 按照医学实验室质量与能力认可准则 (ISO15189:2012) 管理责任 (4.1.2) 条款中要求实验室应明确所有人员的职责、权限和相互关系, 通过引入工业管理中能力矩阵图作为管理工具, 将实验室工作岗位、能力要求、人员的职责权限采用矩阵图表的方式进行制度和流程化。

**结果** 通过引入能力矩阵图的作为管理工具, 将实验室人员培训后的技能以矩阵形式与工作岗位进行匹配, 确保了是实验室员工职责权限与能力相适应, 有利于不同级别的实验室人员胜任当前岗位工作, 实现实验室工作岗位与人员的精细化管理。

**结论** 通过能力矩阵分布和人员职责授权, 可以加强实验室科室人员管理, 降低检验结果差错、提高人员工作效率。

## PU-5373

### 检验科员工满意度与需求的多维度分析

牛书敏,姜宏兵,刘春燕,刘艳雯,张新,邓朝晖  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 采用多维度问卷了解检验科员工工作满意度与需求, 并分析其主要影响因素, 为科室管理提供决策依据。

**方法** 通过问卷调查法分析新疆生产建设兵团医院检验科 34 名员工的工作满意度, 以明尼苏达满意度量表为雏形, 马斯洛“需求层次理论”为基础, 结合中国检验科实践工作设计相关评价指标。满意度调查分为 5 个维度, 共 40 个项目, 采用净推荐值(NPS)打分系统(1-6 分)及排序量化记分, 评价科室不同专业组、不同年资员工对工作环境、收入和机遇、尊重与归属感、员工管理、组织承诺与结构 5 个维度的满意度。

**结果** 34 名员工平均满意度为 5.0 分, 感到满意的员工达到 76%; 其中, 工作不满 5 年的员工满意度最高, 微生物组、样本前处理组员工满意度最高, 临检组满意度较低。满意度调查的 5 个维度中, 收入和机遇维度满意度最低, 平均满意度为 4.6 分; 组织承诺与结构维度满意度最高, 平均满意度高达 5.4 分; 其他三个维度满意度居中。在收入和机遇维度满意度调查中, 工作大于 10 年和临检组的员工满意度较低, 平均满意度为 4.4 分、4.2 分, 其中分别有 54%和 60%的员工持中性甚至负面态度。

**结论** 检验科员工对工作总体较为满意, 收入和机遇是影响科室员工满意度的主要因素, 科室有的放矢地采取改进措施, 提高员工满意度。



PU-5374

## Study on the Mechanism of Longevity under the Mitochondrial DNA Haplogroup Genetic Background by the Cell Model

Lin Ma

the first affiliated hospital of zhengzhou university

**Objective** According to our previous study, we and others have shown that haplogroup D4a is a high-frequency haplogroup of the long-lived population, and that haplogroup B4a and N9 served as the low-frequency haplogroups. we aim to reveal the role of specific mitochondrial DNA haplogroups implicated in the mechanism of longevity by trans-mitochondrial cell models.

**Methods** Trans-mitochondrial cybrids are obtained by fusion of mtDNA-less p0 human osteosarcoma 143B cells with platelets separated from peripheral blood of specific haplogroup D4a (n=3), B4a (n=3) and N9 (n=3) individuals. The mitochondrial function of cybrid cells are measured and compared.

The entire mtDNA genome sequencing; mitochondrial respiration detection; total ATP production of cybrid cells; MMP (mitochondrial membrane potential) level among cybrid cells; ROS contents of three different cybrid cells; a ratio of mtDNA versus nDNA is generated to represent the relative amount of mtDNA copy number; mRNA levels of mtDNA-encoded OXPHOS complexes subunits are analyzed; the contents of all mitochondrial OXPHOS complexes of cybrids.

**Results** The oxygen consumptions of mitochondrial respiratory chain, the ATP production and the total ROS level are reduced in cybrids with mtDNA haplogroup D4a compared with those of B4a and N9 haplogroups. The mRNA levels and the amounts of the respiratory chain complexes of cybrid cells D4a are significantly lower when compared with cybrid cells N9.

**Conclusions** Based on the experiment data from the cell models, maybe we can try to explain the reason why individuals with haplogroup D4a are likely to have a longer lifespan compared with those of B4a and N9 haplogroups. All in all, under the specific mitochondrial genetic background, individuals with haplogroup D4a have a comparatively lower activity of mitochondrial transcription, which decreased the mRNA and protein levels of all mtDNA-encoded OXPHOS complexes subunits. In consideration of the experiment data which are confined to cell models, the specific mechanism of longevity that mitochondrial haplogroup involved in still requires further investigation.

PU-5375

## HIV/AIDS 患者血清 IL-2R 和 IL-8 检测的临床意义

马成霞,张兴旺,叶华,杨伟国

甘肃省人民医院,730000

**目的** 探讨检测 HIV/AIDS 患者白细胞介素 2 受体(IL-2R) 和白细胞介素 8(IL-8)的临床意义。

**方法** 采用化学发光法测定 100 例 HIV/AIDS 患者和 50 名正常人血清 IL-2R 和 IL-8 的含量。

**结果** HIV/AIDS 患者组血清 IL-2R 高于正常对照组( $P<0.01$ ); HIV/AIDS 患者组血清 IL-8 也高于正常对照组( $P<0.01$ )。

**结论** 血清 IL-2R、IL-8 的含量与 HIV 感染密切相关, 在预测 AIDS 的发生、及病情判断中的应用价值有待进一步研究。

PU-5376

## ELISA 法检测 HBcAb 阳性的血清中低浓度 HBsAg 结果分析

何成禄,段勇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** ELISA 法检测 HBcAb 阳性的血清中低浓度 HBsAg 的检出情况及原因探讨

**方法** 收集昆明医科大学第一附属医院 2018 年 1 月至 2019 年 3 月经 ELISA 定性筛查 HBsAg(-)、HBcAb (+)的标本 458 例(245,25,及 5 三组模式),根据 S/CO 值由低到高将其分为 A、B、C 三组(A:S/CO<0.1;B:0.1《S/CO<0.5;C:0.5《S/CO<1),同时采用 CMIA 方法检 HBsAg,分析比较两种方法对 HBsAg 检出情况,进一步通过 HBV-DNA 加以验证。组间比较采用卡方检验

**结果** 458 例 ELISA 定性筛查 HBsAg(-)、HBcAb (+)的结果中,CIMA 法检出 HBsAg (+) 33 例占总数的 7.21%,其中 28 例 HBsAg<0.1 IU/mL,占 84.85%;245、25、5 三种模式的 HBsAg 检出率分别为 2.82%、8.94%、15.22%,三种不同模式间 HBsAg 比较,P<0.05。33 例 HBsAg 阳性血清检测 HBV DNA 结果有 13 例阳性,占 39.39%,其中 8 例 HBV DNA 拷贝数小于  $1 \times 10^4$  IU/mL,5 例 HBV DNA 拷贝数大于  $1 \times 10^4$  IU/mL。245、25、5 三种模式的 HBV-DNA 检出率分别为 20%、28.57%、85.71%,三种不同模式间 HBsAg 比较,P<0.05。458 例血清标本通过  $\chi^2$  检验对 A、B、C 三组的 HBsAg 阳性率进行比较,差异有统计学意义(P<0.05);而比较 A 组与 B 组的 13 例 HBV DNA 阳性率时,P>0.05,C 组未检出 HBV DNA 阳性。进一步对 HBV DNA 拷贝数大于  $1 \times 10^4$  IU/mL 的 5 例标本稀释后用 ELISA 法重复测定 HBsAg 以验证是否存在钩状效应,结果显示 5 例标本 HBsAg 均为阳性,其中 4 例标本 S/CO 值>3.0,1 例标本 S/CO 值<3.0。若将 B 组中 HBV DNA 拷贝数大于  $1 \times 10^4$  IU/mL 的 5 例排除后,B 组中 HBV DNA 拷贝数小于  $1 \times 10^5$  IU/mL 仅有 4 例,此时 A 组与 B 组 HBV DNA 阳性率比较,P<0.05

**结论** ELISA 法对于低浓度的 HBsAg 存在较大的漏检,CIMA 法和 HBV-DNA 可作为补充实

PU-5377

## 人体共生葡萄球菌 S34-1 产生 micrococcin P1 帮助宿主抵御病原菌入侵

刘瑶  
上海交通大学医学院附属仁济医院,200000

**目的** 金黄色葡萄球菌是一种重要的致病菌,可导致局部皮肤软组织感染,也可引起脊髓炎和肺炎甚至败血症等严重的系统性感染。耐万古霉素金葡菌的出现提示急需新的抗生素来应对金葡菌的感染。共生菌在维持人体正常功能,有效抵抗病原菌入侵中扮演重要角色,有很多人体共生菌群可以产生具有抑菌活性的次级代谢产物,因此从人体共生菌群挖掘新的抑菌物质具有重要意义。

**方法** 健康大学生皮肤菌群收集鉴定,对具有抑菌活性的凝固酶阴性葡萄球菌进行筛选;上清抑菌试验验证该抗菌分子是否是分泌型;全基因组测序探究合成抗菌物质的基因;转座子插入突变寻找合成基因位点。

**结果** 我们近期发现来源于健康大学生人肘窝皮肤表面分离出一株对临床主要革兰阳性病原菌(MRSA、VRE 及肺炎链球菌)具有明显抗菌活性的人葡萄球菌 S34-1 可以产生抑菌物质,该抗菌分子在人葡萄球菌 S34-1 指数生长期即可合成,并分泌至上清中发挥抗菌活性。这种物质具有抗 MRSA、VRE 和多种革兰阳性病原菌的生物活性,对革兰阴性菌无抑制作用。通过转座子插入突变文库筛选,我们发现合成该抑菌物质的基因簇位于一个 29kb 的质粒上,生物信息学方法 antismash 预测其为硫肽类物质,该基因簇与 *Micrococcus caseolyticus* strain 115 的 pBac115 质

粒上的 micrococccin P1 的合成基因簇具有较高的同源性。四株突变株与野生株的 HPLC 分析提示该化合物的出峰时间为 14.5min, 提纯的化合物的分子质量为 1144.22Da, NMR 解析其分子式为  $C_{48}H_{49}N_{13}O_9S_6$ 。

**结论** 该株人葡萄球菌可以产生 MP1 从而参与对宿主抵御病原菌入侵的保护作用, 提示人体共生菌在抵抗病原菌感染中的巨大价值。

## PU-5378

### ROC 曲线对流式细胞法 HLA-B27 阳性判断值的确定和应用

何成禄,段勇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 运用 ROC 曲线确定流式细胞法 HLA-B27 的阳性判断标准 (Cut-off), 并分析 901 例 HLA-B27 检测结果。

**方法** 收集 901 份标本运用流式细胞术进行 HLA-B27 检测, 并通过敏感性和特异性绘制 ROC 曲线, 得出流式细胞法检测 HLA-B27 在本实验室的最佳 Cut-off。

**结果** HLA-B27 新 Cut-off 为 148, 灵敏度: 31.71%, 特异度: 99.25%; 性别比较  $P < 0.05$  具有统计学意义; 20-40 岁年龄段 HLA-B27 阳性率为 55.86%。

**结论** 进口试剂盒其 Cut-off 设定偏低, 可能会使部分结果偏高出现假阳性, 为早诊断, 早治疗, 建立适合自身实验室的 HLA-B27 Cut-off 判断标准是有必要的。

## PU-5379

### 加酶间隔时间对不同温育条件下 ELISA 法检测 HBcAb 结果的影响

何成禄,段勇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨“加酶间隔时间”对不同温育条件下 ELISA 竞争法检测结果的影响

**方法** 收集 2019 年 1 月-2019 年 5 月昆明医科大学第一附属医院经 ELISA 竞争法检测 HBcAb(+) 的标本 273 例, 根据 S/CO 值由低到高将其分为 A、B、C 三组 (A:  $S/CO < 0.4$ ; B:  $0.4 \leq S/CO < 0.8$ ; C:  $0.8 \leq S/CO < 1$ ), 每组各 91 例。A、B、C 三组经 TECAN 仪器各双份平行加样后, 于 25℃ 和 37℃ 同时放置 0 min、5 min、10 min、15 min、20 min, 再加入酶标抗体。分析比较加酶间隔时间在 25℃ 和 37℃ 条件下, 对不同 S/CO 的 HBcAb(+) 的影响的比较, 组间比较采用卡方检验, 多组间比较采用秩和检验

**结果** A、B、C 三组在 25℃ 温育 5 min、10 min、15 min、20 min 后加入酶标抗体, HBcAb 最终比色的 S/CO 较 0 min 下降率分别为 12.3% (13.2%, 14.9%)、20.9% (23.2%, 25.9%)、29.5% (33.2%, 35.9%)、34.2% (38.2%, 45.9%) 37.3%; 37℃ 同样条件下, HBcAb 最终比色的 S/CO 较 0 min 下降率分别为 5.3% (6.2%, 8.9%)、10.9% (13.2%, 15.9%)、19.5% (23.2%, 25.9%)、24.2% (25.2%, 27.9%)。A、B、C 三组在 25℃ 温育环境下, 下降率逐渐增高, 5min 与其余各时间间隔比较  $p < 0.05$ , 5min 与 10min 比较  $p > 0.05$ , 37℃ 下降率逐渐增高, 10min 与其余各时间间隔比较  $p < 0.05$ ; 25℃ 与 37℃ 下, 多组间比较 5min 与其余各时间间隔比较  $H < 0.05$

**结论** 随着加入样本与酶标抗体间隔时间的延长, HBcAb 测定的 S/CO 下降率逐渐增加, 尤其以 25℃ 环境下更明显, 故应在加样后 25℃ 5min 内和 37℃ 10min 内加入酶标抗体, 避免因 S/CO 下降率增高引起假阳性

## PU-5380

### MicroRNA-146a 在鲍曼不动杆菌定植与感染中的作用

雷红  
解放军总医院

**目的** 目前临床难以鉴别患者呼吸道标本分离到鲍曼不动杆菌是定植菌还是致病菌, 我们试图寻找一种新型的生物标志物, 该标志物在定植和感染患者血清应该具有差异表达。研究表明 miRNA 参与机体基因的转录和调控作用, 它可以通过影响下游炎性因子的分泌或影响免疫系统的发育和分化过程, 从而参与机体炎症反应的发生和发展。本文研究 microRNA-146a 在鲍曼不动杆菌定植与感染患者中差异表达和临床意义。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 检测鲍曼不动杆菌定植组、鲍曼不动杆菌感染组和健康对照组各 30 例患者血清中的 miR-146a 表达量。

**结果** MicroRNA-146a 在鲍曼感染患者血清中的表达情况, 鲍曼感染患者为  $8.58 \pm 0.25$ , 鲍曼定植患者为  $5.44 \pm 0.60$ , 健康对照者为  $1.66 \pm 0.10$ 。鲍曼感染组与定植组比较,  $P < 0.01$ , 结果有统计学意义; 鲍曼定植组与健康对照组比较,  $P < 0.01$ , 结果有统计学意义。

**结论** 鲍曼不动杆菌感染者血清中 miR-146a 表达量与定植者具有显著性差异, ( $P < 0.01$ ); 定植组患者血清中 miR-146a 表达与健康对照组, 具有显著性差异, ( $P < 0.01$ ), miR-146a 在鲍曼不动杆菌感染患者血清中表达水平比定植患者明显下调。因此 MicroRNA-146a 有可能成为鉴别下呼吸道分离鲍曼不动杆菌定植与感染的新型标志物。

## PU-5381

### 尿中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白在心肾综合征中的应用

宋醒良  
上饶市人民医院, 334000

**目的** 探讨中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (NGAL) 在心肾综合征 (CRSI) 中的早期诊断价值。

**方法** 选择 165 例心力衰竭 (CHF) 患者, 根据 CRSI 诊断标准筛选出 CRSI 患者, 其中急性失代偿性心力衰竭 (ADHF) 合并新型急性肾损伤 (AKI) 患者 38 例为 CRSI 组, 其余 127 例为普通 CHF 组。分别检测 0、2、4、8、18 小时尿液 NAGL (uNGAL) 及血清组合 N-末端脑钠肽前体 (N-proBNP)、胱蛋白酶抑制剂 (Cys-C)、尿素氮 (BUN)、肌酐 (Scr) 浓度。48 小时后复测血清 Scr (0 小时为基线 Scr 值)。分析不同时间段 uNGAL、NT-proBNP、Cys-C、BUN 与 48 小时 Scr 的相关性。同时选取本院正常体检人员 60 名为对照组。根据受试者工作曲线 (ROC) 分析 uNGAL 诊断 CRSI 的价值。

**结果** CRSI 患者 uNGAL、NT-proBNP、Cys-C 与 CHF 患者组及正常人组结果对照有显著性差异, 与 48 小时 Scr 水平呈正相关 ( $P$  均  $< 0.01$ )。CRSI 患者 uNGAL 的 ROC 曲线下面积 (area under the curve, AUC) 2 小时为 0.879, 灵敏度 92.3%, 特异性 82.3%。

**结论** uNGAL 是急性心力衰竭患者预后的短期独立预测指标,能反映急性心衰患者肾小管损伤的情况,其水平与心衰及血流动力学改善程度明显相关且与急性失代偿性心力衰竭患者住院期间发生急性肾损伤有关。尿 NGAL 检测基线值越高,患者肾功能预后越差,ROC 曲线数据显示 uNGAL 是心衰患者住院期间肾功能恶化的独立预测指标。

## PU-5382

### 儿童重症监护室无菌体液致病菌分布及耐药性分析

程莉

贵阳市妇幼保健院贵阳市儿童医院,550000

**目的** 了解贵阳市妇幼保健院 PICU 病房无菌体液样本中常见病原菌的流行情况及耐药情况,为临床合理使用抗菌药物提供参考。

**方法** 分析 2016 年 1 月至 2019 年 1 月贵阳市妇幼保健院 PICU 病房无菌体液样本的病原菌组成和耐药性。

**结果** 显示 2016—2019 年间 PICU 病房分离的 165 株非重复的细菌中,其中革兰阴性杆菌 95 株,占比 57.6%,革兰阳性球菌 70 株,占比 42.4%。无菌体液标本中分离率占前 5 位的细菌依次为大肠埃希菌、人葡萄球菌人亚种、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌、克雷伯菌属。大肠埃希菌超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)检出率为 66.7%。革兰阴性杆菌对丁胺卡那霉素、亚胺培南和哌拉西林/他唑巴坦等药物敏感,革兰阳性球菌对利奈唑胺、替加环素和万古霉素等药物敏感。

**结论** PICU 病房致病菌以革兰阴性杆菌为主,同时细菌耐药情况比较严重,临床应合理使用抗菌药物。

## PU-5383

### EB 病毒特异性抗体检测及临床意义分析

于洋,吴国才

青岛大学医学院附属医院,266000

**目的** 探讨 EB 病毒特异性抗体检测在诊断临床疑似 EB 病毒(EBV)感染中的意义。

**方法** 随机收取青岛大学附属医院疑似 EBV 感染患者血清,采用化学发光法检测每份血清 EBV-EA IgA、EBV-EA IgG、EBV-NA IgG、EBV-VCA IgA、EBV-VCA IgG、EBV-VCA IgM,对检测结果及相关疾病进行统计学分析。

**结果** EBV-EA IgA 阳性率为 6.8%(43/631)、EBV-EA IgG 阳性率为 10.8%(68/631)、EBV-NA IgG 阳性率为 94.3%(595/631)、EBV-VCA IgA 阳性率为 7.3%(46/631)、EBV-VCA IgG 阳性率为 75.1%(474/631)、EBV-VCA IgM 阳性率为 8.4%(53/631)。6 种抗体检测结果均为阴性的未感染者 1.4%(9/631)。各种抗体阳性率在男性和女性之间均无统计学意义。EBV-EA IgG、EBV-VCA IgA 和 EBV-VCA IgM 抗体在不同季节及不同年龄之间阳性率的差异均无统计学意义。EBV-VCA IgG 阳性率有季节性差异,秋季高于春季、夏季、冬季。不同年龄组间阳性率有统计学差异,随年龄增长有升高趋势;70 岁以上组(86.2%)、50~69 岁组(78.9%)均高于 30~49 岁组(70.5%)。EBV-NA IgG 高发于 30~49 岁组(97.9%),与 50~69 岁组(92.1%)及 70 岁以上组(89.7%)比较,均有统计学意义。EBV-EA IgA 阳性好发于秋季,与春季比,差异有统计学意义。好发于 70 岁以上年龄组(17.2%),高于 50~69 岁组(7.9%)及 30~49 岁组(3.4%);50~69 岁组(7.9%)高于 30~49 岁组(3.4%)。

**结论** 该人群 EBV 感染非常普遍;急性感染相关疾病以发热、自身免疫性疾病、慢性肾功能不全、尿毒症、淋巴瘤等为主;不明原因发热患者等人群进行 EBV 抗体检测有助于尽早明确病因,指导临床诊疗工作。

## PU-5384

## Transcriptome analysis reveal overall metabolic difference between male and female in lung adenocarcinoma

Chenglu He, Yong Duan

The First Affiliated Hospital Of Kunming Medical University

**Objective** Multiple evidence suggests that metabolic abnormalities play an important role in lung cancer. Lung adenocarcinoma (LUAD) is the most common subtype among all lung cancers. This study aimed to explore the global metabolic difference, as well as identified risk metabolic genes in male and female patients in LUAD

**Methods** Transcriptome and clinical LUAD data were acquired from TCGA database. Information regarding the metabolic genes and metabolic subsystems were collected from the Recon3D human metabolic model. Two validation datasets (GSE68465 and GSE72094) were downloaded from NCBI-GEO database

**Results** There were distinct expression patterns of global metabolic genes in tumor and adjacent samples both in male and female. Furthermore, we found methionine and cysteine metabolism, pyruvate metabolism, cholesterol metabolism, NAD metabolism and nuclear transport showed large difference between male and female LUAD patients. Furthermore, we identified 34 risk metabolic genes in male and 15 risk metabolic genes in female. Most of these risk metabolic genes showed high lung cancer prediction accuracy (AUC > 0.9)

**Conclusions** These risk metabolic genes alone or in combination may be used as diagnostic markers for LUAD. Future studies are need to verify the function of these genes

## PU-5385

## 厦门地区荨麻疹患儿过敏原特异性 IgE 检测分析

李德法, 林闽川, 李秀娟

厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 分析厦门地区儿童荨麻疹患者常见吸入性及食物性过敏原, 为临床经验性用药提供依据。

**方法** 利用吸入性及食物性过敏原特异性 IgE 抗体检测试剂盒(欧蒙印迹法)对我院 2015 年 10 月至 2018 年 10 月 369 例荨麻疹患者进行变应原监测及分析。

**结果** 369 例荨麻疹患儿中吸入组过敏原以尘螨(35.23%)为最高, 其次为: 屋尘(31.71%)、蟑螂(14.91%)、艾蒿(12.74%)等; 食入组过敏原以牛奶(37.94%)为最高, 其次为鸡蛋(31.71%)淡水鱼(23.04%)牛肉(23.04%)。

**结论** 在厦门地区最常见的引起儿童荨麻疹的吸入性过敏原主要有尘螨, 屋尘; 食物性过敏原主要有牛奶, 鸡蛋。

## PU-5386

## 我院 Sysmex XN-9000 血细胞分析仪复检规则的制订及评价

阎俊文

甘肃省人民医院, 730000

**目的** 建立适合该 ISO15189 实验室中 Sysmex XN-9000 血细胞分析流水线的复检规则, 保证检测结果的准确性。

**方法** 方法随机选取 2016 年 5 月住院、门诊及体检患者的全血标本 300 例,以国际血液学复检专家组推荐的 41 条血细胞复检规则为基础,根据希森美康 XN9000 血液分析流水线(简称 XN9000)的仪器性能特征,以人工镜检为金标准,对自定义的 24 条复检规则进行验证评价,统计阳性预测值、阴性预测值、假阳性率、假阴性率和复检率等。

**结果** 结果将仪器报警信息与镜检结果进行比较,阳性预测值为 80.59%,阴性预测值为 93.64%,假阳性率为 4.33%,假阴性率为 3.67%,复检率为 22.67%。

**结论** 结论制订的 Sysmex XN-9000 血细胞分析仪复检规则符合该实验室特点,提高了检测效率,防止了漏检和误检,具有临床指导意义。

## PU-5387

### 2018 年中国 13 家教学医院革兰阴性杆菌耐药监测分析

王启<sup>1</sup>,杨滨<sup>2</sup>,孙自镛<sup>3</sup>,梅亚宁<sup>4</sup>,俞云松<sup>5</sup>,廖康<sup>6</sup>,郭大文<sup>7</sup>,徐修礼<sup>8</sup>,徐英春<sup>9</sup>,胡志东<sup>10</sup>,褚云卓<sup>11</sup>,李轶<sup>12</sup>,季萍<sup>13</sup>,王辉<sup>1</sup>

1.北京大学人民医院,100000

2.福建医科大学附属第一医院,350000

3.华中科技大学同济医学院附属同济医院,430000

4.南京医科大学第一附属医院,210000

5.浙江大学医学院附属邵逸夫医院,310000

6.中山大学附属第一医院,510000

7.哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

8.空军军医大学西京医院,710000

9.中国医学科学院北京协和医院,100000

10.天津医科大学总医院,300000

11.中国医科大学附属第一医院,110000

12.河南省人民医院,450000

13.新疆医科大学第一附属医院,830000

**目的** 监测 2018 年中国院内革兰阴性杆菌对常用抗菌药物的敏感性。

**方法** 前瞻性收集 2018 年 1 至 12 月全国 13 家教学医院革兰阴性杆菌。采用琼脂稀释法及微量肉汤稀释法测定美罗培南等抗菌药物的最低抑菌浓度(MICs)。药敏结果判断采用 CLSI 2019 年 M100S(第 29 版)标准。数据分析采用 WHONET-5.6 软件。

**结果** 共收集 1214 株非重复革兰阴性杆菌,血及无菌体液标本来源占 96.7%(1174/1214)。主要抗菌药物对 935 株肠杆菌科细菌的抗菌活性,敏感率依次为美罗培南(95.1%,889/935)、阿米卡星(94.5%,884/935)、厄他培南(92%,860/935)、哌拉西林/他唑巴坦(88%,823/935)、亚胺培南(87.9%,822/935)、头孢哌酮/舒巴坦(83%,776/935)、头孢吡肟(72.2%,675/935)、头孢他啶(72.1%,674/935)及左氧氟沙星(68.7%,642/935)。大肠埃希菌对三代头孢菌素的耐药率分别为 61.7%(头孢曲松)和 60.9%(头孢噻肟)。肺炎克雷伯菌对三代头孢菌素的耐药率分别为 56.6%(头孢曲松)和 57.9%(头孢噻肟)。产超广谱  $\beta$  内酰胺酶的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌发生率分别为 50.2%和 18.2%。碳青霉烯耐药的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的发生率分别为 2.8%和 20.4%。对阴沟肠杆菌、产气克雷伯菌和弗劳地柠檬酸菌,抗菌活性最高的药物依次为替加环素(96.3%-100%)、阿米卡星(94.9%~97.1%)、美罗培南(89.8%~96.6%)及亚胺培南(89.8%~94.9%)。铜绿假单胞菌对美罗培南和亚胺培南的敏感率分别为 73.2%和 66%。鲍曼不动杆菌对黏菌素的敏感率最高(100%),其次是替加环素(87.3%)。来源于血流感染与其他感染标本相比较,肺炎克雷伯菌(17.6% vs 27.1%)和鲍曼不动杆菌(68.3% vs 71.2%)碳青霉烯耐药比例低,而大肠埃希菌(2.5% vs 0%)和铜绿假单胞菌(37% vs 18.8%)碳青霉烯耐药比例高。

**结论** 碳青霉烯类对肠杆菌科细菌仍保持较高的抗菌活性,尤其是 ESBLs 阳性菌株。碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌应引起足够重视。产碳青霉烯酶是当前我国碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌最重要的耐药机制。

PU-5388

## CSF-CXCL13 在神经梅毒的诊断价值研究

李冬冬,石明巧,陶传敏  
四川大学华西医院,610000

**目的** 目前神经梅毒的诊断主要通过综合考虑患者临床表现、脑脊液异常检查结果以及临床医生的判断而得出。实验室缺乏除性病研究室实验（VDRL）以外有效诊断项目。本文旨在研究新指标 CSF-CXCL13 梅毒血清学试验在神经梅毒中诊断价值

**方法** 材料与方法：收集 2018 年 1 月至 2019 年 1 月期间梅毒筛查阳性且行腰椎穿刺的患者 CSF 样本，共收集了 142 对标本，排除肉眼可见的血性脑脊液样本 16 对，最后纳入的患者共有 116 例。测定 CSF-CXCL13 水平，分析该指标在神经梅毒与非神经梅毒组患者中的变化，通过 ROC 以及曲线下面积（AUC）来评估 CSF-CXCL13 对神经梅毒的诊断价值。

**结果** 神经梅毒患者 41 例，占 58.57%，包括 30 例确诊神经梅毒患者和 11 例疑似神经梅毒患者。ROC 分析发现 CSF-CXCL13 可以很好的用于区别神经梅毒患者和非神经梅毒患者，AUC 为 0.874（95%CI：0.803-0.944； $P<0.001$ ）。CSF-CXCL13 诊断神经梅毒的最佳 cut-off 值为 50.09pg/ml，此时诊断神经梅毒的敏感性和特异度分别为 72.7%和 90.1%。对假阳性的患者进行分析发现 3 例患者为颅内占位性病变，3 例患者为其他颅内感染性疾病包括 1 例结核性脑膜炎患者、1 例隐球菌脑膜炎患者以及 1 例化脓性脑膜炎患者，还有 1 例患者为多发性颅神经损害。此外，ROC 分析发现 CSF-CXCL13 可以很好的用于区别确诊神经梅毒患者（CSF-VDRL/TRUST 阳性），AUC 为 0.959（95%CI：0.927-0.992）CSF-CXCL13 诊断确诊神经梅毒的最佳 cut-off 值为 57.85pg/ml，此时诊断神经梅毒的敏感性和特异度分别为 93.3%和 88.2%。

**结论** 在神经梅毒患者 CSF-CXCL13 是明显高于非神经梅毒患者，CSF-CXCL13 可望成为神经梅毒的新指标。

PU-5389

## 染色体微阵列分析技术分析胎儿染色体微缺失和微重复两例

韦华  
漳州市医院,363000

**目的** 探讨利用染色体微阵列分析技术在诊断胎儿染色体微缺失和微重复中的应用价值，为产前遗传咨询提供更多信息。

**方法** 首先利用超声检查胎儿的发育情况，同时进行无创产前筛查，最后抽取脐带血细胞行染色体分析和染色体微阵列分析。

**结果** 胎儿一超声检查发现心脏畸形，脐带血染色体核型分析结果是 45,XN,psu dic(5;13)(p13;p11.2),inv(9)(p11q13)[49]/46,XN,del(5)(p13),inv(9)(p11q13)[78]，染色体微阵列分析结果是 arr[hg19] 5p15.33p13.2(113,576-35,764,608)x1；胎儿二超声检查发现胎儿发育异常，无创产前筛查提示 9 号染色体偏多，脐带血染色体核型分析结果是 47,XN,?+psu idic(9)(q21)[43]/46,XN[57]，染色体微阵列分析结果是 arr[hg19] 9p24.3p13.1(326,183-38,772,005)x3。

**结论** 染色体微阵列分析技术是产前超声检查发现胎儿结构异常者有效的遗传学诊断方法，可以提高产前诊断的检出率，为遗传咨询提供更多的信息。



## PU-5390

## 肿瘤细胞来源外泌体 (exosome) 选择性转运 miR-423 促进肺癌上皮-间质转化及转移研究

唐月汀<sup>1</sup>, 李一荣<sup>1</sup>, 郑磊<sup>2</sup>, 王前<sup>3</sup>

1. 武汉大学中南医院, 430000

2. 南方医科大学南方医院, 510000

3. 南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 肺癌发病率和死亡率居恶性肿瘤之首, 转移是肺癌的恶性标志和特征。上皮-间质转变 (EMT) 是转移的重要机制之一。外泌体 (exosome) 是由细胞主动分泌的纳米级囊泡, 通过携带了大量蛋白和核酸分子介导细胞间信息传递而发挥促癌作用。miRNA 是 exosome 主要的核酸, 本研究主要探讨肿瘤细胞能否通过 exosome 转运 miRNA 促进肺癌 EMT 及转移。

**方法** 利用高通量测序技术对肺腺癌细胞 A549 和正常支气管上皮细胞 16HBE 来源的 exosome 内小 RNA 表达谱分析, 筛选与 EMT 和转移有关的多种差异表达的 miRNA; 并初步探讨血清 exosome 中该 miRNA 作为循环生物标志物应用于肺癌诊断的可能性。

**结果** 成功分离并鉴定了 A549 和 16HBE 来源 exosome, 通过高通量测序筛选出了多种差异 miRNA, KEGG 基因表达富集分析显示 A549 分泌 exosome 中差异表达 miRNA 主要参与肿瘤 EMT 和转移密切相关的信号通路。其中 A549 exosome 中有 miR-423 富集, 不仅比 A549 细胞水平高, 而且比 16HBE-exosome 高; 对 miR-423 靶基因预测分析, 发现与 EMT 和转移关系密切的靶基因; 此外初步验证了 miR-423 在肺癌患者血清 exosome 中有高水平表达。

**结论** exosome 选择性转运 miR-423 并可能通过 EMT 等途径促进肺癌转移, 其有望作为循环生物标志物应用于肺癌早期诊断和实时监测。

## PU-5391

## 急性心梗患者经皮冠状动脉介入术治疗前后 hsCRP、BNP 和 IMA 水平表达的研究

赵国栋

潍坊医学院附属医院, 261000

**目的** 目前, 急性心梗发病率逐年增高并呈年轻化趋势, 其产生的后果严重影响患者生活, 经皮冠状动脉介入术 (PCI) 是治疗冠心病的重要手段之一。该研究主要记录急性心梗患者经皮冠状动脉介入治疗术前、术后超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)、脑钠肽 (BNP) 水平、缺血修饰蛋白 (IMA) 的表达来动态观察患者疗效的临床应用价值。

**方法** 选择 65 例接受 PCI 治疗的 AMI 患者在术前及术后 1 h, 3 h, 6 h, 24 h, 48 h, 1 周, 抽取静脉血检测 hs-CRP、BNP、IMA, 对检测结果进行分析。

**结果** hs-CRP 在术后逐渐升高, 峰值出现在术后 24 h, 与术前比较差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ ), 在术后 1 周与术前比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。BNP 水平在术后逐渐下降, 术后 3 h 与术前比较差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ ), 术后 48 h 明显降低 ( $P < 0.001$ ); IMA 在术后逐渐升高, 3 h 时达到高峰, 与术前比较差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ ), 在术后 24 h 逐渐降至接近术前水平 ( $P > 0.05$ )

**结论** BNP、IMA、hs-CRP 在 PCI 术前、术后的动态表达对疗效的观察、判断及病情预后具有重要的参考价值。

## PU-5392

## 急性缺血性脑卒中患者与氧化应激相关血清 miRNAs 的水平及其临床意义

韦伟市,吴嘉

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 1、分析与氧化应激相关的血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 在急性缺血性脑卒中患者中的水平及其治疗前后的水平变化; 2、探讨血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平对急性缺血性脑卒中病情监测的临床价值。

**方法** 选取急性缺血性脑卒中患者和健康对照者各约 32 例为研究对象; 详细记录所有研究对象的基线临床特征; 分别采集其促凝和抗凝静脉血液标本, 分离血清和血浆; 急性缺血性脑卒中患者标本于入院时即刻和出院时采集; 健康对照者均采集禁食 12 小时以上标本。通过全自动生化分析仪检测研究对象的血清胆固醇酯 (TC)、甘油三酯 (TG)、高密度胆固醇酯 (HDL-C)、低密度胆固醇酯 (LDL-C)、同型半胱氨酸 (HCY)、白介素 6 (IL-6)、降钙素原 (PCT) 水平; 通过全自动凝血分析仪检测其血浆活化部分凝血酶原时间 (APTT)、凝血活酶时间 (PT)、凝血酶时间 (TT)、D 二聚体 (D-D)、纤维蛋白原 (FBG) 水平; 采用 qRT-PCR 方法检测其与氧化应激相关的血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平。通过多种统计学方法, 分析急性缺血性脑卒中患者与对照者相比的水平差异, 以及急性缺血性脑卒中患者治疗前后血清 miR-21-5p、miR-23b-3p 及各生化指标、血浆各凝血指标的水平变化, 全面评估血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 对急性缺血性脑卒中病情监测的临床价值。

**结果** 1、与对照者相比, 急性缺血性脑卒中患者血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平显著升高。与入院时即刻 (治疗前) 相比, 急性缺血性脑卒中患者治疗后血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平显著降低。2、与对照者相比, 急性缺血性脑卒中患者血清 TC, 血浆 PT、TT 等指标显著上升; 血清 HDL-C 指标, 血浆 APTT 指标显著下降。与入院时即刻 (治疗前) 相比, 急性缺血性脑卒中患者治疗后血清 TC 显著降低; 血浆 FBG 显著增高。3、ROC 曲线分析显示, 血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平可判别急性缺血性脑卒中患者。联合血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平具有更高的判别价值。

**结论** 急性缺血性脑卒中患者血清 miR-21-5p 和 miR-23b-3p 水平显著升高; 且可作为急性缺血性脑卒中患者病情监测的生物标志物。

## PU-5393

## 脂血对血常规主要指标的影响

鞠雁冲

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨脂血对 Sysmex-XN 血液分析仪测定血常规主要指标的影响

**方法** 取 90 例无溶血、黄疸、脂血的已测定的血常规标本, 其结果作为对照组。之后将标本离心, 使血液中细胞与血浆分离, 将血浆用相同体积的脂肪乳置换出来, 形成低、中、高三个不同浓度的人工脂血标本, 将测定结果分别与其未加脂肪乳的测定结果进行比较。

**结果** 低浓度脂血标本的 13 项参数结果与对照组比较, 差异均无统计学意义。中、高浓度脂血标本的白细胞计数、血红蛋白、红细胞平均血红蛋白含量以及红细胞平均血红蛋白浓度较对照组均升高, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 中、重度脂血对 Sysmex-XN 血液分析仪测定血常规白细胞计数、血红蛋白、红细胞平均血红蛋白含量以及红细胞平均血红蛋白浓度参数的影响较大, 并随着脂血程度的加深而加重, 因此在实际工作中要予以纠正。

## PU-5394

## 总前列腺特异性抗原定量测定试剂盒（胶乳免疫比浊法）的性能验证

雷志<sup>1</sup>,康铁军<sup>1</sup>,付光宇<sup>2</sup>

1.北京百奥泰康生物技术有限公司

2.郑州安图生物工程股份有限公司, 郑州

**目的** 验证自制的总前列腺特异性抗原（total prostate specific antigen, tPSA）定量测定试剂（胶乳免疫比浊法）的检测性能。

**方法** 参照美国临床和实验室标准化协会（CLSI）颁布的 EP 系列文件和行业标准要求，对自制试剂盒的精密度、正确度、线性、定量限以及批间差进行考察。

**结果** 自制试剂盒的批内精密度为 2.2%和 6.7%，线性相关系数  $r=0.9994$ ，定量限（LOQ）为 2.05ng/ml，批间差为 5.1%，与标杆发光试剂盒测值相关性  $R^2=0.9857$ ，且二者相对平均偏倚为 3.24%，均符合产品标准要求。

**结论** 自制试剂盒的各项性能指标均符合临床检测的质量要求。结合全自动生化仪，可以实现高通量自动化检测，且试剂成本较低，对诊断试剂国产化替代具有重要的意义。

## PU-5395

## CCR6+CD4+T 细胞 CD32 表达升高与 HIV-1 感染疾病进展相关

孙宏,耿文清,崔华露,尚红

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 明确影响 HIV-1 疾病进展和治疗效果的关键免疫学因素是艾滋病研究的热点问题之一。本研究评估了未经治疗的 HIV-1 患者外周 CD4+T 细胞亚群中 CD32 表达的作用，并分析了 CD32 对 ART 后 CCR6+CD4+T 细胞中 HIV-1 感染的贡献。

**方法** 本研究应用未接受 ART 治疗和接受 ART 治疗的 HIV-1 感染患者的新鲜外周血单核细胞，应用流式细胞仪分析 CD32+CD4+T 细胞亚群的百分比。

**结果** 本研究发现在疾病状态差（病毒载量高和 CD4 T 细胞计数低）的患者中，CCR6+CD4+T 细胞内 CD32 细胞的频率显著增高，在记忆性 CCR6+细胞亚群中非常明显。而且，其表达频率与病毒载量正相关，与 CD4+T 细胞计数呈负相关。CCR6+T 细胞高表达 CD32 与细胞高活化水平和病毒复制相关。而且，治疗基线 CD32+CCR6+Th17 细胞的比例高与 CD4+T 细胞数量恢复差显著相关。因此，Th17 细胞高表达 CD32 与细胞高活化和病毒高水平复制有关，是 HIV-1 感染的重要特征。

**结论** 研究结果强调了应用富集 Th17 细胞的 CCR6+CD4+T 细胞上的 CD32 表达水平作为 HIV-1 疾病进展和治疗后免疫重建特征的重要性。

PU-5396

## microRNA 在乳腺癌中的研究进展

易帆

湖南中医药大学第一附属医院,410000

microRNA(miRNA)是非编码单链 RNA 分子,其在乳腺癌中的作用已逐渐被发现,也得到了临床的认知和重视。miRNA 在乳腺癌中发挥着调控相关靶基因和信号通路作用,参与乳腺癌细胞增殖、凋亡、侵袭和转移,并且 miRNA 具有乳腺癌临床诊断和预后预测新生物标志物的潜力,为乳腺癌临床靶点治疗提供新途径和新方法,在降低耐药性和增强药物敏感性,有着重要的价值和应用前景。本文综述了 miRNA 在乳腺癌中分子机制、临床诊断、预后预测、临床靶点治疗等方面的研究进展,并对未来的研究方向提出建议和展望。

PU-5397

## 2 型糖尿病患者肾脏病变血栓弹力图参数的变化

曾覃平,彭碧,杜秀娟,刘国雄,张秀梅,张任飞,马永能

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 通过本研究探讨 2 型糖尿病 (T2DM) 患者不同肾脏病阶段血栓弹力图 (TEG) 参数变化的意义及相关影响因素。

**方法** 选取 2017 年 9 月—2019 年 2 月我院内分泌病科确诊的 T2DM 患者 274 例,随机选取同期于我院健康体检中心的健康体检者 70 例作为正常对照组 (NC 组)。根据尿白蛋白与肌酐比值 (ACR),将 T2DM 患者分为 3 组: ACR<30mg/g 为单纯性糖尿病组 (SDM 组) 151 例,ACR 介于 30mg/g~300mg/g 之间为早期糖尿病肾病组 (EDN 组) 76 例, ACR>300mg/g 为临床期糖尿病肾病组 (CDN 组) 47 例。根据糖化血红蛋白 (HbA1c),将 SDM 患者分为 2 组: HbA1c<6.5%为控制达标组 (A 组) 38 例, HbA1c>6.5%为控制未达标组 (B 组) 113 例。搜集治疗前空腹采血检测的 TEG 及血脂指标。

**结果** 与 NC 组比较, SDM 组、EDN 组、CDN 组 R、K、HDL-C 均降低, Angle、MA、CI、TC、TG、LDL-C 均升高; 与 SDM 组比较, EDN 组、CDN 组 K 降低, Angle、MA、CI 均升高; 与 EDN 组比较, CDN 组 K 降低, Angle、MA、CI 均升高, B 组与 A 组比较, K 降低, Angle、MA、CI 均升高; DN 患者 R 与 HbA1c 呈负相关, K 与 ACR、HDL-C 均呈负相关, Angle 与 ACR、HDL-C 均呈正相关, MA 与 ACR 呈正相关, 与 TG 呈负相关, CI 与 ACR、HbA1c 均呈正相关, 与 TG 呈负相关; 条件 Logistic 回归分析显示, ACR、血脂、吸烟、糖尿病病程为 DN 高凝状态的独立危险因素 (OR=3.992、2.381、2.185、1.960, P=0.000、0.008、0.023、0.046)。

**结论** T2DM 患者 TEG 参数均出现异常,随 HbA1c 水平的升高而加重,显示患者血液呈明显高凝状态,有发生血栓风险;肾脏疾病的发生、发展逐渐增加血栓发生的风险,与蛋白尿、血脂异常、吸烟史、糖尿病病程等因素有关; TEG 可作为监测 T2DM 患者肾脏病变凝血功能紊乱的有效手段之一。

## PU-5398

## 正常核型急性髓系白血病中 CD7 阳性表达的临床意义

王春丽<sup>1</sup>,张静文<sup>1,2</sup>,郑倩<sup>1</sup>,李明敏<sup>1</sup>,潘建华<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心,510000

2.广州医科大学金域检验学院

**目的** 研究正常核型急性髓系白血病 (AML) 中 CD7 阳性患者的免疫表型特点和 NPM1,CEBPA,FLT3 基因突变的发生情况并探讨其临床意义。

**方法** 选取 55 例初发正常核型的 AML 患者为研究对象,以流式细胞术检测白血病细胞的免疫表型特点,以白血病细胞膜表面抗原 CD7 表达率 $\geq 20\%$ 判定为阳性,分成 CD7 阳性 AML 组 32 例和 CD7 阴性 AML 组 23 例。提取 AML 患者外周血或骨髓单个核细胞基因组 DNA,通过 PCR 扩增产物直接测序法检测 FLT3/ITD、NPM1 和 CEBPA 突变。

**结果** (1) CD7 阳性 AML 中 CD34 阳性率为 90.62% (29/32),明显高于 CD7 阴性 AML 中 CD34 的阳性率 60.87% ( $\chi^2=13.977$ ,  $P<0.01$ )。 (2) CD7 阳性和 CD7 阴性 AML 组中 FLT3/ITD 基因突变分别为 7 例 (7/32) 和 11 例 (11/23),CD7 阳性 AML 患者 FLT3/ITD 突变率小于 CD7 阴性患者 ( $\chi^2=4.093$ ,  $P=0.043$ )。 (3) 不伴 FLT3/ITD 基因突变的 AML 患者,CEBPA 基因在 CD7 阳性 AML 患者中的突变发生率明显高于 CD7 阴性 AML 患者 (20/32 vs 2/23,  $\chi^2=13.977$ ,  $P<0.01$ ); CD7 阳性和阴性 AML 患者中 NPM1 基因突变率则无明显差异 (2/32 vs 4/23,  $\chi^2=0.755$ ,  $P=0.383$ )。

**结论** 作为正常核型 AML 患者的独立预后因素,预后较好的 CEBPA 基因突变率在 CD7 阳性 AML 患者明显高于 CD7 阴性 AML,预后较差基因 FLT3/ITD 基因突变率在 CD7 阳性 AML 患者明显低于 CD7 阴性 AML。正常核型 AML 中 CD7 阳性绝大多数伴 CD34 阳性,可能提示白血病细胞来源于更早期的造血干细胞。因此,本研究结果表明 CD7 阳性并非正常核型 AML 的不良预后因素。

## PU-5399

## 检验科临床投诉原因分析及防范措施初探

赵晓丽,钱净,黎海生,杨悦林,胡大春

昆明市第一人民医院,650000

**目的** 分析本检验科投诉产生的原因及预防措施,并对防范措施有效性进行评价。

**方法** 将检验科近 4 年接受的投诉 43 例,分两个阶段来分析,第一阶段:2014 年 1 月~12 月,总结归类分析投诉的原因,制定预防措施,第二阶段:2015 年 1 月~2017 年 12 月,对不同阶段投诉发生率、投诉构成比变化进行比较,并评定各种预防措施的有效性、可行性。

**结果** 1.2014 年 1 月~12 月我科共接到有效投诉 20 例,总结归类分析投诉的原因,其中前五位投诉内容为:报告发放不及时 4 例,采血时等候时间长 3 例,检验结果不准确 3 例,手工计费失误 3 例,危急值漏报 2 例。2. 采用预防措施后,2015-2017 年每年投诉量均较 2014 年明显减低,分别为:2015 年 7 例,2016 年 8 例,2017 年 8 例。3. 2015-2017 年的年投诉量较 2014 年降低 60% 以上,至 2017 年“报告发放不及时”、“采血时等候时间过长”、“手工计费失误”等投诉发生率为 0。

**结论** 分析投诉的产生原因,制定行之有效地预防措施并实施,可进一步规范检验流程,提高检验质量和服务质量,完善质量管理体系。

## PU-5400

## 小而密低密度脂蛋白胆固醇、同型半胱氨酸与脑梗塞 中医证型的相关性分析

易帆

湖南中医药大学第一附属医院,410000

**目的** 探讨小而密低密度脂蛋白胆固醇(sdLDL-C)、同型半胱氨酸(Hcy)与脑梗塞中医证型的相关性,为脑梗死患者中医辨证分型提供微观辨证参考。

**方法** 根据中医证型相关诊断标准于 2017 年 9 月至 2019 年 4 月将符合入选标准的 233 例脑梗死患者为研究对象分为风火上扰组(9 例)、风痰火亢组(30 例)、风痰瘀阻组(83 例)、气虚血瘀组(41 例)、痰热腑实组(33 例)、痰湿蒙神组(20 例)和阴虚风动组(17 例),分析各组患者血清小而密低密度脂蛋白胆固醇(sdLDL-C)和同型半胱氨酸(Hcy)水平的变化。

**结果** (1) 风火上扰组、风痰瘀阻组和痰热腑实组的 sdLDL-C 水平明显高于风痰火亢组、痰湿蒙神组和阴虚风动组( $P<0.01$ );痰热腑实组的 sdLDL-C 水平明显高于气虚血瘀组、风痰瘀阻组和痰湿蒙神组( $P<0.01$ );气虚血瘀组的 sdLDL-C 水平高于风痰火亢组和痰湿蒙神组( $P<0.05$ );(2) 气虚血瘀组和痰热腑实组的 Hcy 水平明显高于风痰火亢组和痰湿蒙神组( $P<0.01$ );痰热腑实组的 Hcy 水平明显高于风痰瘀阻组和阴虚风动组( $P<0.01$ );风火上扰组和风痰瘀阻组的 Hcy 水平高于风痰火亢组( $P<0.05$ );(3) 脑梗死患者 sdLDL-C 与 Hcy 进行相关性分析,相关系数为 0.608,  $P<0.01$ 。

**结论** 脑梗死不同中医证型患者 sdLDL-C 和 Hcy 水平存在差异,有着一定的相关性,且与中医学理论存在一致性,或可作为脑梗死中医辨证分型的参考指标。

## PU-5401

## 床旁快速血糖仪与生化仪西门子 ADVIA2400 测定血糖结果对比

温静雅

中国平煤神马医疗集团总医院

**目的** 比较探讨床旁快速血糖仪与西门子 ADVIA2400 测量血糖的效果。方法:选取 2017 年 1—3 月我院内分泌科就诊的 169 例糖尿病与非糖尿病患者作为研究对象,其中男 73 例,女 96 例,使用快速血糖仪与生化血糖测定空腹血糖进行结果比对。结果:床旁快速血糖仪测定值为( $7.73\pm 3.3$ ) mmol/L,生化血糖测定值为( $7.3\pm 3.1$ ) mmol/L,两种不同检测方法比较  $P>0.05$ ,则说明差异无统计学意义。结论:床旁快速血糖仪检测和生化血糖检测绝可以有效的检测人们血糖水平,但都具有各自的局限性,临床操作中,对患者病情进行诊断时,需使用生化分析仪,日常生活中,人们可选择血糖仪在家里进行血糖监控。

**方法** 1. 在经过实验者知情同意后,在采血处用 75%酒精消毒,采集其清晨空腹手指血和静脉血 4ml,每份样本都测定三次,取其平均值。

2. 快速血糖的检测方法是:将采的手指血滴在血糖仪配备的血糖试纸上,5 秒钟后,读取血糖仪上显示的数据。

3. 统计学方法:本次实验统计学方法采用的是 SPSS20.0 软件进行处理,两种方法比较若  $P>0.05$ ,差异无统计学意义。

**结果** 床旁快速血糖仪测定值为( $7.73\pm 3.3$ ) mmol/L,生化血糖测定值为( $7.3\pm 3.1$ ) mmol/L,两种不同检测方法比较  $P>0.05$ ,则说明差异无统计学意义,红细胞压积 30%-50%,见表 1。

表 1 两种血糖测定方法结果比较

试验方法 N 血糖值 (mmol/L) P 值

快速血糖仪  $1697.73 \pm 3.3 > 0.05$ 生化血糖仪  $1697.3 \pm 3.1$ 

**结论** 本实验中生化血糖采用的己糖激酶法, 己糖激酶法的特异性比葡萄糖氧化酶法高, 是目前公认为测定血糖的参考方法, 适用于自动分析仪, 轻度溶血、脂血、黄疸、维生素 C、氟化钠、EDTA 和草酸盐等不干扰本法测定, 因此诊断效果显著, 稳定性较快速血糖仪好, 还可以进行大批量的血糖检验, 但血糖监测时间比较长, 且需抽静脉血, 对于有些不能抽取静脉血的患者来讲, 具有一定的局限性。

## PU-5402

## 胶乳免疫比浊法测定甲胎蛋白的性能验证

黄雨薇<sup>1</sup>, 刘泊湾<sup>1</sup>, 康铁军<sup>1</sup>, 付光宇<sup>2</sup>

1. 北京百奥泰康生物技术有限公司

2. 郑州安图生物工程股份有限公司, 郑州

**目的** 本文主要探讨了胶乳免疫比浊法检测甲胎蛋白含量的方法的性能验证。

**方法** 收集新鲜的血清样本, 采用精密度、线性范围、极限参数和临床实验进行验证。

**结果** 高、低 2 个浓度水平的血清样测定的批内 CV 分别为 1.90% 和 4.72%, 批间精密度分别为 2.18% 和 5.12%; 空白限为 4.24 ng/ml, 最低检出限为 21.9 ng/ml 左右; 线性范围在 300 以内, 相关系数大于 0.999; 临床检测正常人体检样本 1259 例, 对筛选出大于 12 ng/ml 的 147 例样本进行迈瑞化学发光复测, 阴阳符合个数为 114 例样本, 阴阳符合率可达 75.55%, 其中阳性样本为 11 例, 阳性率为 0.84%, 迈瑞复测为阳性样本为 9 例。

**结论** 胶乳免疫平台法适合甲胎蛋白的血液筛查, 适合推广。

## PU-5403

## Two novel mutations cause hereditary antithrombin deficiency in a Chinese family

Haiyue Zhang, Mingshan Wang

The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

**Objective** To analyze the phenotype and genotype of hereditary antithrombin (AT) deficiency in a Chinese family, and to investigate its molecular mechanism.

**Methods** The AT activity (AT:A) and AT antigen (AT:Ag) were tested with chromogenic substrate and immunoturbidimetry, respectively. Activated partial thromboplastin time (APTT), prothrombin time (PT) and thrombin time (TT) were determined by the one-stage clotting method on the Stago STA analyzer (Diagnostica Stago, Asnières sur Seine, France). The D-Dimer (D-D) was tested by immunoturbidimetry method using matched commercially available kits. To identify the novel mutation, the SERPINC1 gene sequencing was carried out. The conservatism of mutated gene locus were analyzed by ClustalX - 2.1 - win. The functional importance of the novel missense mutations identified in this paper was done on four different software mutation tasters. The protein model generate based on the X-ray 3D structure of the Protein and Swiss-Pdb Viewer version 4.01, which was helps to analyze the molecular structure of the mutant protein.

**Results** The AT:A levels of the proband and his two grandfathers, father, aunt and sister were reduced to approximately 50%, while his mother's AT:A dropped slightly to 88%. The above mentioned people, AT:Ag was reduced in parallel with AT:A. The proband grandmother's AT:A and AT:Ag were normal. The proband's D-D was 12.73 mg/L (reference range: 0-0.5 mg/L), other

indexes such as the APTT, PT, TT were within normal ranges. Sequence analysis of SERPINC1 gene revealed the proband took compound heterozygous mutations. One was a frameshift mutation (c.318\_319insT) in exon 2. Another was a c.922G>T point mutation resulting in the substitution of glycine to cysteine (Gly276Cys). His father, sister, aunt and two grandfathers were all heterozygous for c.318\_319insT. His mother carried a heterozygous c.922G>T. Grandmother was the wild type. The c.318\_319insT is predicted to be 'disease causing' by the Mutation Taster software. The c.922G>T is predicted to be 'Health', 'Disease causing', 'Deleterious' and 'Damaging', corresponding to 'PolyPhen-2', 'Mutation Taster', 'PROVEAN', and 'SIFT'. The homologous sequence alignment revealed that Gly276 was highly conserved among homologous species. Analysis of the AT protein model indicated that substitution of Gly276 with Cys276 resulted in the extension of the side chain formed another hydrogen bond with Asp278.

**Conclusions** In conclusion, we reported two novel mutations (c.318\_319insT and c.922G>T) in a patient with AT deficiency, which may reduce the affinity between AT and heparin, as well as disrupt the spatial structure of the protein, resulting in a decrease in AT:A and AT:Ag. We preliminarily analyzed their molecular pathogenesis, which will help to further research on antithrombin.

## PU-5404

### mTOR 信号调控 MAIT 细胞的发育并决定 MAIT1 和 MAIT17 的分化

褚帅<sup>1</sup>, 裘宇容<sup>2</sup>, 钟小平<sup>2</sup>

1. 南方医科大学南方医院, 510000

2. 华银健康科技有限公司

3. 美国杜克大学医学研究中心

**目的** 探究哺乳动物雷帕霉素靶蛋白 (mTOR) 信号在黏膜相关恒定的 T 淋巴细胞 (MAIT) 发育和功能性亚群分化中的作用。

**方法** 使用分别携带 mTORf/f、Raptorf/f 和 Rictorf/f 的 C57bl/6J 小鼠与携带 CD4cre 的 C57bl/6J 小鼠繁殖出 mTOR、Raptor 和 Rictor 分别条件性敲除和未敲除的小鼠, 获取胸腺、脾脏、外周淋巴结、肺和肝脏中的免疫细胞, 应用流式细胞仪检测各组织中 MAIT 细胞的发育状况和功能性亚群。利用 Mr1-tetramer 和 TCRαβ 标记检测 MAIT 细胞在各组织中的数量; 利用 CD24 和 CD44 检测 MAIT 细胞所处发育阶段; 检测转录因子 PLZF、T-bet 和 RORγt, 表面分子 ICOS 和 CD122 的表达, 细胞因子干扰素 γ (IFN-γ) 和白介素 17A (IL-17A) 反应 MAIT 细胞功能性亚群 MAIT1 和 MAIT17 的分化。骨髓移植实验观察 MAIT 的发育和功能性亚群的分化。

**结果** mTORf/f CD4cre、Raptorf/f CD4cre 和 Rictorf/f CD4cre 小鼠体内各组织 MAIT 细胞数目均下降, 三种小鼠 MAIT 细胞的发育均受阻, Raptorf/f CD4cre 小鼠 PLZF+T-bet+MAIT 细胞群缺失, PLZF+RORγt+MAIT 细胞群比例上升; CD122+ICOS-MAIT 细胞群缺失, CD122+ICOS+MAIT 细胞群比例上升但是数目下降。Rictorf/f CD4cre 小鼠 PLZF+T-bet+MAIT 细胞群比例增加, PLZF+RORγt+MAIT 细胞群比例降低; CD122+ICOS-MAIT 细胞群比例增加, CD122+ICOS+MAIT 细胞群比例降低。与正常小鼠相比, Raptorf/f CD4cre 的 MAIT 细胞中分泌的 IFN-γ 的细胞群比例增多而分泌 IL-17A 的细胞群比例减少。骨髓移植实验结果显示三种条件性敲除的小鼠发育受阻, MAIT 细胞表型与各条件性基因敲除的小鼠中 MAIT 细胞表型吻合。

**结论** mTOR、Raptor 和 Rictor 蛋白在 MAIT 细胞的发育和功能性亚群分化过程中起重要作用。Raptor 倾向于支持 MAIT1 细胞的分化而 Rictor 倾向于支持 MAIT17 细胞的发育。



## PU-5405

## 通过 PI3K/Akt/mTOR 信号通路调控的鸟氨酸脱羧酶在胃癌早期诊断中的作用

颜丽

甘肃省人民医院,730000

**目的** 本文主要阐述通过 PI3K/Akt/mTOR 信号通路调控的鸟氨酸脱羧酶在胃癌早期诊断中的作用。

**方法** 胃癌是全世界最常见的恶性肿瘤之一, PI3K/Akt/mTOR 信号通路在肿瘤的发生发展中发挥重要的作用。鸟氨酸脱羧酶(ODC)是细胞周期的关键,多种生长因子、致癌物质、致癌基因通过 PI3K/Akt/mTOR 信号通路调控 ODC 的过表达。ODC 的过度表达能增强肿瘤细胞的侵袭性,并诱导肿瘤新生血管的生成。

**结果** 鸟氨酸脱羧酶的表达与胃疾病有良好的相关性,与胃癌恶性程度呈正相关,这对于癌前疾病的诊断,对胃癌筛查、早期诊断具有一定的参考价值。

**结论** 鸟氨酸脱羧酶的表达与胃疾病有良好的相关性,与胃癌恶性程度呈正相关,这对于癌前疾病的诊断,对胃癌筛查、早期诊断具有一定的参考价值。

## PU-5406

## 慢性前列腺炎病原学诊断及试验性诊疗的研究

山峰

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 慢性前列腺炎是男性常见多发性疾病,也是男性不育症的病因之一,约占泌尿外科门诊疾病的 26%。该疾病诊断较易,治愈比较困难并易转为慢性。78~89%的患者以慢性前列腺炎(chronic prostaritis,CP)就诊。本研究依附 150 例慢性前列腺炎患者的前列腺液标本,同时做了多项病原因子检测。试图达到对 CP 明确病原学诊断,找出用药规律外,同时还为该病的诊治提供参考。

**方法** 以无菌手续采集前列腺液(expressed prostatic secretion,EPS),30 分钟内分别接种厌氧培养基(anaerobic medium)、普通血平板(bloodplate)。对培养出病原菌再做药敏试验。

**结果** 通过同时多种微生物学方法检测证实,CP 为多种致病因子所致的混合感染,同时检出三种致病因子的约占 46.5%,两种约占 60.2%。在检出细菌中的两种优势菌分别是痤疮丙酸杆菌(占 24.3%)和表皮葡萄球菌(占 56.7%),大肠杆菌只占 10%,与教科书中 CP 以大肠杆菌为主要致病菌的传统论断有明显差别。表皮葡萄球菌所致 CP 年龄分布特征:年龄越高感染率越低( $p < 0.05$ )。

**结论** 药敏试验得出以下规律:慢性前列腺炎的抗炎治疗依次可选用抗菌药物是利福平、氟哌酸、庆大霉素;而青霉素、氨苄青霉素、洁霉素对慢性前列腺炎的治疗对基本上是无效的。同时青霉素还有可能促使细菌型转变为 L 型的作用。

PU-5407

## 乙肝五项不同检测模式的临床应用

赵峰

山东省千佛山医院,250000

**目的** 不同的报告模式提示乙型肝炎病毒在体内不同的感染阶段及不同的免疫水平,正确解读乙肝五项不同的报告模式,有助于乙肝的临床诊断及治疗监测。

**方法** 乙肝五项包括乙肝表面抗原 HBsAg、乙肝表面抗体 HBsAb、乙肝 e 抗原 HBeAg、乙肝 e 抗体 HBeAb、乙肝核心抗体 HBcAb。常见的报告模式有:大三阳—HBsAg (+)、HBeAg (+)、HBcAb (+);小三阳—HBsAg (+)、HBeAb (+)、HBcAb (+);二五阳性—HBsAb (+)、HBcAb (+) 等。少见报告模式:一二三四五阳性—HBsAg (+)、HBsAb (+)、HBeAg (+)、HBeAb (+)、HBcAb (+);一二三阳性—HBsAg (+)、HBsAb (+)、HBeAg (+) 等。

**结果** 不同的报告模式提示乙型肝炎病毒在体内不同的感染阶段及不同的免疫水平

**结论** 有助于乙肝的临床诊断及治疗监测

PU-5408

## 幽门螺杆菌不同抗体与鲁西南地区胃癌、消化性溃疡和慢性胃炎相关性的研究

秦静静

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨免疫印迹技术在检测幽门螺杆菌 (Hp) 抗体和分型中的特性,探讨 Hp 不同分型与鲁西南地区胃癌 (GC)、消化性溃疡 (PU)、慢性胃炎 (CG) 的关系。

**方法** 选取 2018 年 2 月至 2019 年 2 月本院经胃镜、病理及  $^{13}\text{C}$  尿素呼气试验 ( $^{13}\text{C}$ -UBT) 检查的 260 例上消化道疾病患者作为研究对象,其中,GC56 例、PU98 例、CG106 例。采用免疫印迹法检测 Hp 细胞毒素相关基因 (CagA)、空泡毒素 (VacA)、尿素酶 A(UreA)和尿素酶 B(UreB)等抗体,并将阳性的 Hp 分为 I 型和 II 型,以  $^{13}\text{C}$ -UBT 结果作为诊断 Hp 感染的参考标准,评价免疫印迹法诊断 Hp 感染的敏感性和特异性;分析入选患者与 Hp 不同抗体的关系。

**结果** 260 例患者中免疫印迹法诊断 Hp 感染的阳性率高达 76.56%,敏感性为 95.88%,特异性 81.22%。GC 组 Hp I 型感染率为 58.26%,PU 组为 46.550%,CG 组为 38.40%,呈递减趋势。不同组别中,Hp I 型感染率均显著高于 II 型,差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ );GC、PU 和 CG 组间 CagA、VacA 和 UreB 的感染率差异有统计学意义 ( $P = 0.013$ ,  $P = 0.022$ ,  $P = 0.012$ )。

**结论** 免疫印迹法检测 Hp 具有敏感性高、特异性强的特点,I 型 Hp 感染与上消化道疾病的发生及严重程度密切相关,尽早对上消化道疾病患者进行 Hp 分型检测可指导临床对 Hp 的根除治疗,有利于预防胃癌的发生。

## PU-5409

## 线粒体单体型与冠心病的相关性研究

王珺仪,李美男  
温州医科大学

**目的** 分析冠心病、脑卒中病人线粒体 DNA(mtDNA)单倍体型分布同正常人的差异,以期从分子水平揭示线粒体遗传学背景对心脑血管疾病的影响,并评估 mtDNA 单倍体型对冠心病、脑卒中患病风险影响作用。

**方法** 根据病理诊断结果,选取温州人群中 1037 例冠心病病人,305 例脑卒中病人,1295 例糖尿病患者以及相对应的 973 例健康体检人群作为正常对照。选取郑州人群中 482 例冠心病病人以及相应的 364 例健康体检人群作为正常对照。提取所有冠心病病人、脑卒中病人、糖尿病患者以及正常人群全血基因组 DNA,通过 PCR 方法扩增病人及正常人群的 D-loop, ND3, ND4L 区,直接测序后与剑桥参考序列(revised Cambridge Reference sequence, rCRS)比较并分析多态性。对于部分通过上述三个区域仍然无法确定单倍体型的样本,对此类样本进一步进行单倍体型特征位点的酶切鉴定分类。借助统计学方法,结合病人临床资料分析冠心病 mtDNA 单倍体型与正常人群的差异、冠心病 mtDNA 单倍体型与糖尿病的差异、脑卒中单倍体与正常人群的差异。

**结果** 我们在校正年龄、性别、单体型的多因素回归中,郑州冠心病患者与正常对照人群单倍体型 A、B4、B5、D4、D5、F1、F2、M7、CZ 中无显著性差异。温州脑卒中患者与正常对照人群单倍体型 A、B4、B5、D4、D5、F1、F2、M7、CZ 也无显著性差异,单倍体型 D4 在温州脑卒中患者和正常对照人群中存在微小差异(OR(95% CI) 0.478(0.229-0.997)  $P=0.0049$ )。同时我们发现温州冠心病患者单倍体 D4 频率显著低于正常对照组(OR(95% CI) 0.418(0.244-0.716)  $P=0.001$ )和糖尿病患者组(OR(95% CI) 0.449(0.273-0.740)  $P=0.002$ )。

**结论** 多因素回归分析校正年龄、性别、单体型后我们发现线粒体单倍体型 D4 与温州冠心病发病率和进程呈负相关。但在中国北方地区郑州心脑血管患者和正常对照中我们并未发现线粒体单体型存在显著差异。说明在不同环境条件等因素影响下,单倍体型 D4 在心脑血管病人和正常对照人群中存在显著差异。

## PU-5410

## 不同孕期孕妇尿蛋白检测的临床意义

张晓红  
济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨不同孕期孕妇尿蛋白检测的临床意义。

**方法** 选取 2017 年期间在山东省济宁医学院附属医院产科门诊就诊并同时进行尿蛋白检测的孕妇 180 例为观察组(包括孕早期、孕中期及孕晚期各 60 例),同期体检中心健康女性 60 例为对照组,比较不同孕期及不同生理指标时尿蛋白阳性率的差异,以及对妊娠结局和新生儿的影响是否有差异。

**结果** 1.孕期尿蛋白阳性率(13.89%)高于未孕健康女性尿蛋白阳性率 0, ( $P<0.01$ )。2.孕晚期尿蛋白阳性率(33.33%)与未孕健康女性尿蛋白阳性率 0 相比差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。3.孕期不同生理指标时尿蛋白阳性率分别为: 双胎 55.56%, 体重 $>66\text{kg}$  28.75%, 血压 $>140\text{mmHg}$  100%, 均与其他生理指标相比差异有统计学意义 ( $P<0.01$ );不同胎次,不同年龄组尿蛋白阳性率差异无统计学意义( $P>0.01$ )。4.尿蛋白阳性孕妇剖宫产率,妊娠并发症及产后出现异常临床症状的比率明显增加,与对照组有显著不同( $P<0.01$ )。5.尿蛋白阳性孕妇新生儿早产率及小儿并发症出现率明显增加,与对照组相比差异有统计学意义( $P<0.01$ )。

**结论** 尿蛋白阳性孕妇更容易出现妊娠并发症, 产后异常临床症状, 新生儿早产及小儿并发症, 因此孕期尿蛋白的监测十分必要, 尤其双胞胎妊娠、肥胖、高血压孕妇在孕晚期更应密切监测尿蛋白, 便于临床医生及早发现异常并采取干预措施, 减少剖宫产率, 降低妊娠风险。

#### PU-5411

### 基于氧化还原电位(ORP)建立过氧化氢(H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>)电位法 测定人血清抗氧化能力

何敏<sup>1</sup>, 刘辉<sup>2</sup>

1. 四川省人民医院检验科

2. 大连医科大学检验医学院

**目的** 建立一种准确, 灵敏, 精密度良好的测定人血清抗氧化能力的方法, 并用建立的方法对机体氧化还原状态进行评价。

**方法** 基于氧化剂过氧化氢(H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>)浓度的对数与氧化还原电位(ORP)呈线性关系, 血清与已知固定浓度的过氧化氢反应后, 电对液 ORP 值发生改变来建立方法。用血清和维生素 C 与过氧化氢进行反应, 评价方法的准确性。多因素线性回归分析实验评价各因素对方法的影响。并测定 60 例糖尿病人的血清抗氧化能力来验证该方法的潜在临床应用价值。

**结果** 氧化剂过氧化氢(H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>)的浓度的对数与氧化还原电位(ORP)呈线性关系(R<sup>2</sup>=0.9991)。在过氧化氢存在的条件下, 血清与 ORP 呈线性关系(R<sup>2</sup>=0.9890), 维生素 C 与 ORP 呈线性关系(R<sup>2</sup>=0.9750)。多因素线性回归分析实验, 血清、过氧化氢、重复次数三个变量中, 血清和过氧化氢对于 ORP 值的贡献具有统计学意义(P<0.05), 重复次数无统计学意义(P=0.061)。其中血清与 ORP 呈负相关, 贡献最大(β= -0.757), 过氧化氢与 ORP 呈正相关。糖尿病组和健康体检组的 ORP 值, 糖尿病组为 384.35±11.23 mv, 正常对照组为 380.67±8.98 mv, 差别有统计学意义(P=0.015)

**结论** 初步建立了利用加入过氧化氢并结合氧化还原电位(ORP)测定血清抗氧化能力的方法, 本方法适用于测定人血清抗氧化能力, 具有潜在的临床应用价值。

#### PU-5412

### Aspirin exerts anti-tumor effect through inhibiting Blimp1 and activating ATF4/CHOP pathway in multiple myeloma

Hongchun Liu<sup>1</sup>, Chao Xiong<sup>2</sup>

1. First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

2. The Second Affiliated Hospital of Henan University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** Multiple myeloma (MM) is characterized by clonal proliferation of malignant plasma cells in the bone marrow, which can lead to multiple osteolytic lesions, anemia and immunodeficiency. It is the second most common hematological malignancy in the United States. B lymphocyte induced maturation protein 1 (Blimp1) is a key gene for inducing differentiation of B lymphocytes into plasma cells. During long-term (endoplasmic reticulum) ER stress, activated ATF4 may also stimulate the CCAAT-enhancer-binding protein homologous protein (CHOP) gene, triggering the unfolded protein response (UPR) terminal apoptotic pathway. However, it has rarely been reported that whether Blimp1 regulates ATF4/CHOP apoptotic pathway leads to changes in plasma cell activity in multiple myeloma.

**Methods** Primer and lentiviral expression vector construction, immunomagnetic beads sorting CD138+ plasma cells in bone marrow fluid, detection of Blimp-1 ATF4 and CHOP mRNA

expression in cells by Real-time fluorescence quantitative PCR, calculating the cell proliferation inhibition rate by Cell Counting Kit-8 assay, flow cytometry.

**Results** Knockdown of Blimp1 in multiple myeloma cells can enhance the expression of ATF4 and CHOP. Aspirin can inhibit the expression of Blimp1 and attenuate its inhibition of ATF4/CHOP apoptotic pathway induced by ER stress, thereby promoting the apoptosis of MM cells and exerting anti-tumor effects.

**Conclusions** Aspirin inhibits the expression of Blimp1 and attenuate its inhibition of ATF4/CHOP apoptotic pathway induced by endoplasmic reticulum stress, thereby promoting the apoptosis of MM cells and exerting anti-tumor effects.

#### PU-5413

### N 末端 B 型利钠肽前体在慢性稳定性心力衰竭患者中的短期和长期生物学变异

刘慧玲,王冰,张颖,刘雪雪,马永能  
四川省绵阳市第三人民医院

**目的** 探讨 N 末端 B 型利钠肽前体 (NT-proBNP) 在慢性稳定性心力衰竭患者中的短期和长期生物学变异。

**方法** 选取四川省绵阳市第三人民医院心血管内科 2018 年 1-9 月门诊的慢性稳定性心力衰竭患者 29 例, 其中男性 15 例、女性 14 例, 另选取同期健康个体男女各 10 名。每个研究对象隔天同一时间采血一次, 用于评估短期生物学变异; 隔周同一时间采血一次, 用于评估长期生物学变异。分别计算项目的个体内变异 (within-subject coefficient of variations,  $CV_I$ )、个体间变异 (between-subject coefficient of variations,  $CV_G$ )、个体指数 (index of individuality, II) 和参考变化值 (reference change value, RCV)。

**结果** 健康人群 NT-proBNP 的总体短期  $CV_I$ 、 $CV_G$ 、RCV、II 分别为 32.55%、27.94%、92.21%、1.19, 总体长期  $CV_I$ 、 $CV_G$ 、RCV、II 分别为 30.91%、25.52%、87.69%、1.24。慢性稳定性心衰患者总体短期  $CV_I$ 、 $CV_G$ 、RCV、II 分别为 12.96%、66.22%、37.89%、0.21, 总体长期  $CV_I$ 、 $CV_G$ 、RCV、II 分别为 13.41%、65.51%、39.29%、0.22。所有人群的短期和长期、男性和女性差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 慢性稳定性心衰患者个体内生物学变异较正常健康个体小, 个体间的变异相对较大。临床在评估慢性稳定性心衰患者 NT-proBNP 两次检测结果是否有显著性病理改变时, 使用参考值来判断的方法将不可取, 更适合应用生物学变异计算的 RCV 来指导判断, 推荐使用 1.5 倍 RCV 的值, 即 57%。

#### PU-5414

### A whole genome sequence study of a breakout of ST15 Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* carrying with OXA-232 in China

Kun Ye, Xin Li, Yongqing Zhang, Liyan Ye, Ling Guo, Qiang Zhao, Yanning Ma, Jiyong Yang  
Center for Clinical Laboratory Medicine, Chinese PLA General Hospital

**Objective** This study aiming to reveal the distribution and transmission of the ST15 Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) in China and the phylogenetic relationship with other isolates around the world.

**Methods** The genome of 11 strains of ST15 carbapenem producing *Klebsiella pneumoniae* were analyzed with ST-types, resistance gene, plasmid existence and single-nucleotide polymorphism-based (SNPs) phylogeny. All ST15 carbapenem producing *K. pneumoniae* with whole-genome sequenced was uploaded to GenBank was also enrolled for the phylogeny analysis.

**Results** The 11 isolates are from Shanghai, China. Current outbreak of ST15 CRKP were mainly carrying with bla<sub>CTX-M-15</sub>, bla<sub>OXA-232</sub>, bla<sub>SHV-28</sub>, bla<sub>TEM-1B</sub>. Through SNPs analysis and comparison with other, one strain which has the closest to the strains we got has a out break in Hangzhou, China. And the commonest Carbapenem producing gene among the are bla<sub>CTX-M15</sub>, bla<sub>OXA-232</sub>, bla<sub>SHV-106/28</sub>, bla<sub>TEM-1B</sub>.

**Conclusions** The outbreak ST15 CRKP of china were mainly carrying bla<sub>CTX-M-15</sub>, bla<sub>OXA-232</sub>, bla<sub>SHV-28</sub>, bla<sub>TEM-1B</sub>, the strains shows highly homology and the outbreak this time may related to the strain reported in Hangzhou 2018. With the high-risk and high resistance of the spread of ST15 CRKP, this break-out shows a great potential risk of reoccurrence.

## PU-5415

### 乳糜血对血细胞分析仪结果的影响

唐倩,李梦竹,朱雷  
解放军总医院

**目的** 评价不同程度乳糜血标本血浆对血细胞分析仪测定结果影响的临床应用价值

**方法** 我们本次实验选取的对象为 20-45 岁、血型相同(O 型)、血色素接近( $\pm 10\text{g/L}$ )健康人全血 40 份,混匀后测血常规两次,结果取均值。配制不同浓度的脂肪乳,测脂肪乳中甘油三酯的含量,将混合全血分若干份后,3000rpm 离心 10min 利用血浆置换的方法加入不同浓度的脂肪乳,混匀放置一段时间,再次混匀后均测血常规两次,结果取均值

**结果** 不同程度乳糜血标本的测定结果与标本基础值的 WBC、HGB、MCH、MCHC 有明显差异, ( $P < 0.05$ ), 均具有统计学意义,且浓度越低对其影响越小。不同浓度的乳糜血标本与未加入脂肪乳的标本比较二者 RBC 结果无明显差异, ( $P > 0.05$ ), 无统计学意义

**结论** 乳糜血对 WBC、HGB、MCH、MCHC 的结果有一定影响,且浓度越低对血常规的相关检测结果的影响越小;乳糜血对红细胞的检测结果影响不大

## PU-5416

### 系统性红斑狼疮患者血栓危险因素分析

赵金霞  
青岛大学附属医院

**目的** 探讨系统性红斑狼疮患者外周血  $\beta 2$ -糖蛋白-1 IgM 抗体(抗  $\beta 2$ -GP1-IgM)、小板活化及血小板聚集率、血清脂蛋白(a)与血栓形成的关系。

**方法** 对 30 例系统性红斑狼疮合并血栓患者、43 例系无血栓统性红斑狼疮患者及 36 例健康献血员用酶联免疫吸附法(ELISA)检测血清抗  $\beta 2$ -GP1-IgM 滴度,免疫比浊法测定血清 Lp(a),流式细胞术检测血小板活化标志物 CD62P,电阻抗法计数血小板,连续动态血小板计数法检测血小板聚集率。

**结果** (1)73 例系统性红斑狼疮患者中抗  $\beta 2$ -GP1-IgM 阳性率明显高于健康对照组( $P < 0.01$ );并发血栓组显著高于无血栓组( $P < 0.01$ );(2) 系统性红斑狼疮患者中血小板的聚集率明显高于健康对照组( $P < 0.01$ ),并发血栓组显著高于无血栓组( $P < 0.01$ );且血栓组中血小板的聚集率与抗  $\beta 2$ -GP1-IgM 滴度呈明显正相关( $P < 0.01$ );(3) 系统性红斑狼疮患者中血清脂蛋白(a)与健康对照组无显著性差异( $P > 0.05$ )。

**结论** 抗  $\beta 2$ -GP1-IgM 与血小板的活化与聚集均与系统性红斑狼疮的血栓形成相关, 抗  $\beta 2$ -GP1-IgM 活化血小板、提高血小板聚集功能可能是抗  $\beta 2$ -GP1-IgM 参与系统性红斑狼疮患者血栓形成的机制之一。

#### PU-5417

### Chemiluminescent Immune-based S100A1 Assay for Early Identification and Prognostic Monitoring of Acute Myocardial Infarction

Xuchu Wang, Zhihua Tao  
the Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine

**Objective** S100A1 is a member of the S100 family of  $\text{Ca}^{2+}$ -binding proteins and highly expressed in cardiac muscle. It has been reported that circulating S100A1 can be used as a novel biomarker for determination of acute myocardial infarction. However, detecting technique with high simplicity and sensitivity is still urgently needed.

**Methods** In this study, we proposed an automated chemiluminescent immunoassay for S100A1 detection. Analytical performances of the newly developed assay were then evaluated to investigate the potential clinical application of S100A1. Eighty-seven Patients with acute myocardial infarction or angina pectoris were enrolled to further explore early diagnosis and prognostic assessment values for acute myocardial infarction.

**Results** The chemiluminescent immune-based S100A1 assay shows an applaudable detecting sensitivity with a limit of detection (LOD) of 0.13 ng/mL, and a wide linear range between 0.13 ng/mL and 31.66 ng/mL. Further clinical research demonstrate that plasma S100A1 has a higher diagnostic sensitivity beyond conventional cardiac biomarkers (creatinine kinase-MB and cardiac troponin T), and shows better prognostic monitoring value over cardiac troponin T.

**Conclusions** The newly developed chemiluminescent immune-based S100A1 assay has a potential clinical application in early identification and prognostic assessment of acute myocardial infarction.

#### PU-5418

### AVE-772 尿液分析仪有形成分识别能力的临床应用评价

黎海生, 徐敏, 赵丽芝, 杨悦林, 赵晓丽, 钱净  
昆明市第一人民医院, 650000

**目的** 评价 AVE-772 全自动尿液全项分析仪对尿液有形成分的识别能力。

**方法** 随机抽取本院 209 份住院患者尿液样本, 同一尿液样本双盲法同时采用人工镜检法和 AVE-772 全自动尿全项分析仪 (简称 AVE-772) 进行尿液有形成分的检测, 以人工镜检法为参考方法, 对 AVE-772 检测 (人工辅判前/后) 的白细胞、红细胞、上皮细胞和管型的结果进行比对分析。

**结果** 以人工镜检法的阴阳性结果为标准, 仪器法人工辅判前/后的符合率分别为红细胞 85.17%/89.47%、白细胞 87.56%/92.34%、上皮细胞 90.43%/90.91%、管型 91.87%/98.56%; 仪器法人工辅判前/后的假阳性率分别为红细胞 13.22%/7.47%、白细胞 12.99%/7.14%、上皮细胞 5.43%/4.89%、管型 8.13%/1.44%; 仪器法人工辅判前/后的假阴性率分别为红细胞 22.86%/25.71%、白细胞 10.91%/9.09%、上皮细胞 40.0%/40.0%、管型 0%/0%。人工镜检法与仪器法人工辅判前比较, 红细胞、白细胞的检测差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 上皮细胞、管型的检测差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 人工镜检法与仪器法人工辅判后比较, 红细胞、白细胞、管型的检测差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 上皮细胞的检测差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 仪器

法人工辅判前/后比较,红细胞、白细胞、上皮细胞的检测差异无统计学意义( $P>0.05$ ),管型的检测差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** AVE-772 全自动尿全项分析仪用于尿液有形成分检测,人工辅判必不可少,仪器法人工辅判后白细胞、红细胞、管型的检测结果与人工镜检法比较,符合率较高,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),能够满足临床的需求。

## PU-5419

### 基于石墨烯淬灭作用的开关荧光适配体用于临床金黄色葡萄球菌的鉴定

范小波,许伟,蒋兴禄,吴国球  
东南大学附属中大医院,210000

**目的** 临床上细菌的鉴别以包括 63 个生化反应的生化鉴别为主,鉴别过程繁琐,耗时数天。临床细菌菌种鉴别中超过四分之一的临床分离菌株是金黄色葡萄球菌。金黄色葡萄球菌的鉴别是临床微生物实验室的主要工作任务之一,占用了大量的人力物力。本研究拟开发一种快速,简单可行的鉴别金黄色葡萄球菌的方法,显著提高临床微生物实验室的工作效率。

**方法** 本研究基于能和金黄色葡萄球菌特异结合的核酸适配体 SA17 为模板,通过合成一系列截断形式的 SA17,并和大肠杆菌、表皮葡萄球菌进行比较,评价合成适配体与金黄色葡萄球菌结合的特异性。选取亲和力最高的 SA-17-S 进行研究,在其一端连接荧光分子 FAM,并通过和纳米石墨烯按一定比例混合制备可开关荧光纳米探针;通过滴定优化两者的最优浓度及配比;优化细菌的最佳使用浓度;并将优化的探针体系应用于临床分离菌株的金黄色葡萄球菌的分离鉴定。

**结果** 研究发现,SA-17 在剔除末端 17 个碱基后得到 SA-17-S,其与金黄色葡萄球菌结合的荧光信号是大肠杆菌和表皮葡萄球菌荧光信号的 8 倍以上,与金葡菌的结合特异性提高了 20%以上。金黄色葡萄球菌与 FAM-SA17-S 的结合具有显著的浓度依赖,在大于 25 nM 的 FAM-SA17-S 溶液中,金黄色葡萄球菌在荧光显微镜下具有显著的荧光。以 1 mg/ml 的石墨烯溶液滴定 1 ml 的 25 nM 的 FAM-SA17-S 溶液,结果显示,石墨烯和 FAM-SA17-S 质量配比为 1: 0.4 时,荧光淬灭达到最大值,约为 98.5%。最终优化得到的可开关荧光探针体系为: 25 nM FAM-SA17-S : 1.78 mg 石墨烯。实验进一步研究了金黄色葡萄球菌的浓度对恢复探针体系荧光的影响,结果显示,细菌浓度越大,荧光恢复的越多,但是当细菌浓度超过 1 个 OD600 后,荧光不再显著提高,说明此时已达到荧光探针的最大开关比例。综上,最终的检测体系为: 25 nM FAM-SA17-S, 1.98 mg 石墨烯和 OD600=1 的细菌。将优化的检测体系应用于 40 株临床分离菌株的鉴别,发现 12 株为金黄色葡萄球菌,结果与生化鉴别结果一致,假阴性为 0%,准确率为 100%。

**结论** 说明本方法在临床金黄色葡萄球菌的分离鉴定中,高效快捷、简单准确,具有非常好的应用潜力。

## PU-5420

### 膀胱癌患者尿液外泌体中 lncRNA NORAD 表达水平及其临床诊断效能研究

杨玉玲,俎高钰,黄兰祥,汪付兵  
武汉大学第二临床学院

**目的** 膀胱癌是男性泌尿系统最常见的肿瘤,分为非肌层浸润型和肌层浸润型,非肌层浸润型占 75%,但非肌层浸润型复发率高达 50~70%,进展为肌层浸润型的几率为 1~2%。目前膀胱癌的主要诊断手段是尿液脱落细胞学、CTU、组织活检等灵敏度低或有创的方法,尚缺乏有效的生物标志



物和无创的实验诊断手段。“液体活检”作为一种无创、可多次取样、实时反映肿瘤进展情况的检测方式,在肿瘤的诊断方面体现出巨大的发展潜能和应用价值。膀胱是尿液的储存器官,尿液中含有从膀胱脱落的各种生物标志物。由膀胱直接分泌到尿液中的外泌体内含丰富的核酸小分子和外泌体,可能是膀胱癌检测和辅助治疗的突破性技术。本研究中我们探讨尿液外泌体中 lncRNA NORAD 的表达水平及其在膀胱癌的临床诊断效能。

**方法** 在武汉大学中南医院收集膀胱癌、泌尿系统良性疾病和健康对照尿液标本 131 例,血液标本共 61 例。使用试剂盒分离尿液和血浆外泌体,用透射电子显微镜对外泌体进行鉴定,提取外泌体 RNA,采用 qRT-PCR 检测外泌体中 lncRNA NORAD 表达情况。运用统计学方法分析外泌体 lncRNA NORAD 的表达水平与膀胱癌病理参数的关系,同时绘制受试者工作特征曲线(ROC)来评估 lncRNA NORAD 的诊断价值。

**结果** 尿液外泌体在透射电镜下呈直径为 50-150nm 的圆形脂质囊泡。在训练集中,膀胱癌组尿液外泌体 lncRNA NORAD 表达水平相对于良性疾病组和正常对照组显著增高,而其血浆外泌体 lncRNA NORAD 表达水平与良性疾病组和正常对照组无明显区别。在验证集中,58 例膀胱癌尿液外泌体 lncRNA NORAD 表达水平趋势与训练集一致。通过对病例参数的分析发现 lncRNA NORAD 的表达水平与浸润程度和病理级别具有显著相关性,其在肌层浸润性膀胱癌中明显高于非浸润型( $P=0.0025$ ),且在高级别膀胱癌中明显高于低级别( $P=0.0020$ )。ROC 分析表明,尿液外泌体 lncRNA NORAD 对膀胱癌的诊断效能为 0.8270,对肌层浸润性膀胱癌的诊断效能为 0.8740,对高级别膀胱癌的诊断效能为 0.8698。

**结论** 尿液外泌体 lncRNA NORAD 在膀胱癌患者中表达水平高于泌尿系统良性疾病患者和健康人,且在肌层浸润性、高级别膀胱癌患者的表达水平高于非肌层浸润性和低级别膀胱癌。尿液外泌体 lncRNA NORAD 可作为膀胱癌的潜在生物标记物。

## PU-5421

### 三种隐球菌检测方法在艾滋病合并隐球菌性脑膜炎患者治疗过程中的应用

赵晨飞,朱明利

浙江中医药大学附属杭州西溪医院

**目的** 分析艾滋病合并隐球菌性脑膜炎患者在治疗过程中三隐球菌检测方法结果的变化并比较它们的差异。

**方法** 回顾性分析 22 例艾滋病合并隐球菌性脑膜炎患者的临床资料。在 5 个治疗时间段内(0 天、1 周、2 周、1 个月、2 个月)采用培养法、墨汁染色法和胶体金免疫层析法分别检测脑脊液中的隐球菌或隐球菌抗原,观察不同方法在不同时间段的差异。

**结果** 培养法每个阶段阳性率分别为 95.45%、90.90%、81.82%、45.45%和 4.55%,墨汁染色法阳性率分别为 100%、100%、95.45%、90.91%和 72.73%,胶体金免疫层析法阳性率均为 100%。0 天到一个月的治疗时间段内各方法之间没有统计学差异( $P>0.05$ ),到治疗一个月以后各方法之间出现了统计学差异( $P<0.05$ ),只有一个月时墨汁染色法与胶体金免疫层析法没有统计学差异( $P>0.05$ )。

**结论** 墨汁染色法和胶体金免疫层析法适用于隐球菌感染的早期诊断,且胶体金免疫层析法持续阳性时间较长,培养法阳性率随治疗进程显著下降,更适用于阶段性治疗。

## PU-5422

## Biological fitness of carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* with reduced susceptibility to last-line agents

Yawei Zhang, Qi Wang, Ruobing Wang, Xiaojuan Wang, Longyang Jin, Hui Wang  
Peking University People's Hospital

**Objective** Although carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (CR-hvKP) have increasingly emerged in China, research on CR-hvKP defined by animal infection models is limited. Further, data on the biological effects of CR-hvKP becoming resistant to last-line agents are still lacking.

**Methods** A total of 120 carbapenem-resistant *K. pneumoniae* (CRKP) strains were retrospectively collected. All isolates were analyzed by carbapenemase, detection of virulence genes and multilocus sequence typing. For the strains carrying all virulence genes tested, cps genotyping, serum killing assays and *Galleria mellonella* lethality assays were performed to identify CR-hvKP. Further, experimental evolution of tigecycline and colistin resistance was conducted in CR-hvKP. We investigated the growth curve and in vitro competition to elucidate the fitness cost between the mutants and parent strain.

**Results** Among 120 strains, 107 were the KPC-2-producing ST11 clones, and only 3 of them had all virulence genes tested (*iucA*, *iroN*, *rmpA*, and *rmpA2*). Importantly, two KPC-2-producing ST11 CRKP strains were identified as CR-hvKP. A significant increase in *G. mellonella* mortality and serum killing resistance was observed. After experimental evolution, tigecycline- and colistin-resistant mutants of CR-hvKP were obtained. Although there was no statistical difference in growth rate, the competitive index indicated that a significant fitness cost was observed in the resistant mutants compared to the parent strain.

**Conclusions** Our study identified two CR-hvKP strains in China using an animal infection model. For CR-hvKP strains, acquisition of tigecycline and colistin resistance was associated with a significant fitness cost, indicating a low potential for CR-hvKP transmission.

## PU-5423

## 粘液型铜绿假单胞菌耐药特性的实验研究

张永轻, 张樱  
中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

**目的** 了解粘液型铜绿假单胞菌感染的危险因素, 探讨其临床致病特点及其耐药性, 为临床治疗选药提供依据。

**方法** 应用肉汤稀释法、纸片扩散法分别测试粘液型铜绿假单胞菌对常见抗生素的敏感性, 并进行统计分析。

**结果** 应用纸片扩散法, 粘液型铜绿假单胞菌对哌拉西林/他唑巴坦的敏感性为 71.05%, 明显高于单药 (57.89%); 对阿米卡星、亚胺培南、头孢他啶、环丙沙星的敏感率分别为 52.63%、65.79%、76.32%、44.74%。而应用肉汤稀释法检测抗生素的敏感率则与纸片扩散法无明显差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 粘液型铜绿假单胞菌感染除与长期住院、抗生素的广泛应用等因素密切相关外, 粘液型铜绿假单胞菌在无菌体液中的持续存在原因还需要受到关注。而对多种抗生素耐药性较高, 在临床用药时需考虑生物被膜等的影响。

PU-5424

## 大肠埃希菌的临床分布及其耐药性分析

唐文  
兰州市第一人民医院

**目的** 分析兰州市第一人民医院 2018 年 1 月~2019 年 1 月临床分离大肠埃希菌感染的临床分布特点及耐药性, 为临床合理使用抗生素提供科学依据。

**方法** 对从临床分离的 392 株大肠埃希菌的临床分布和药物敏感试验结果进行回顾性分析。

**结果** 大肠埃希菌感染的标本类型主要见于痰液、中段尿、分泌物、血液等, 大肠埃希菌耐药性较低的抗生素有亚胺培南、阿米卡星、哌拉西林/他唑巴坦(耐药率<14%), 对氟喹诺酮类及头孢菌素类耐药率较高。

**结论** 目前临床分离大肠埃希菌耐药率和耐药性逐渐增加, 应根据药敏结果及患者病情合理选用抗生素。

PU-5425

## In vitro Activities of Eravacycline against 336 Isolates Collected from 2012 to 2016 from 11 Teaching Hospitals in China

Chunjiang Zhao, Xiaojuan Wang, Yawei Zhang, Ruobing Wang, Qi Wang, Henan Li, Hui Wang  
Peking University People's Hospital

**Objective** In China multidrug-resistant bacteria pose a considerable threat to public health. Antimicrobial resistance has weakened the effectiveness of many medicines widely used today. Thus, discovering new antibacterial drugs is paramount in the effort to treat emerging drug-resistant bacteria.

**Methods** Eravacycline, tigecycline and other clinical routine antibiotics were tested by reference broth micro-dilution method against 336 different strains collected from 11 teaching hospitals in China between 2012 and 2016. These isolates included Enterobacteriaceae, non-fermentative, Staphylococcus spp., Enterococcus, and a number of fastidious organisms. The strains involved in this study possess the most important drug resistance characteristics currently known in China. Drug resistant bacteria such as those producing extended spectrum  $\beta$ -lactamases (ESBL) and carbapenemases (KPC-2 and NDM-1), and those exhibiting colistin resistance (mcr-1) and tigecycline were included in this study. Additionally, methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA), vancomycin-resistant enterococci (VRE),  $\beta$ -lactamase positive Haemophilus influenzae, and penicillin resistant Streptococcus pneumoniae (PRSP) were also included.

**Results** Eravacycline exhibited good efficacy against all the strains tested, especially for organisms with ESBLs, carbapenemases, and mcr-1 gene compared with tigecycline and other antibiotics tested. The MIC values of eravacycline against carbapenemase producing Enterobacteriaceae and OXA-23-producing A. baumannii were much lower than the MIC values of other antibiotics. MRSA, VRE,  $\beta$ -lactamase positive Haemophilus influenza, and PRSP were sensitive to eravacycline in every strain tested. Furthermore, in most strains tested, the MICs of eravacycline were two to four-fold lower than the MICs of tigecycline.

**Conclusions** Eravacycline has shown potent antibacterial activity against common and clinically important antibiotic-resistant pathogens. The MIC distribution of eravacycline was generally lower than that of tigecycline which demonstrates that this new drug is potentially more effective than the existing medications.

## PU-5426

## 金黄色葡萄球菌耐药性分析及分子流行病学特征

叶丽艳<sup>1</sup>, 吕凯悦<sup>1,2</sup>, 郭玲<sup>1</sup>, 宋林键<sup>1</sup>, 张有江<sup>1</sup>, 王成彬<sup>1</sup>, 杨继勇<sup>1</sup>

1. 中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

2. 长沙医学院

**目的** 分析临床分离的金黄色葡萄球菌的耐药性及分子分型, 以便指导临床合理使用抗菌药物。

**方法** 通过分析 2014 年 1 月到 2018 年 12 月五年间临床分离的金黄色葡萄球菌的耐药特征 (依据 CLSI M100-S28 标准), 随机选择一定的菌株进行耐药基因的筛选, 运用吸附柱法提取模板后采用多重 PCR 技术筛查出 *mecA* 和 *mecC* 基因, 筛查阳性的菌株用头孢西丁纸片法及 E-test 法确认其耐药性。

**结果** 2014 年 1 月至 2018 年 12 月共收集金黄色葡萄球菌(Sau)2117 株, 其中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 652 株, MRSA 的检出率为 30.80%, 门诊最多 (15.73%), 痰标本分离率最高 (30.70%); 在耐药方面, 住院分离的 Sau 比门诊菌株耐药。在基因筛查中, MSSA 的 *mecA* 和 *mecC* 的检出率均为零, BORSA 没有检出 *mecC* 但 *mecA* 的检出 (12.79%), MRSA 中 *mecA* (5.56%) 和 *mecC* (18.06%) 均有检出; 含 *mecC* 的 Sau 菌株苯唑西林的 MIC 值集中在 2.0 μg/ml 以上, 而含 *mecA* 的 Sau 菌株的苯唑西林 MIC 值均为 ≥4 μg/ml。

**结论** MRSA 的检出率较高, *mecA* 基因不再是耐甲氧西林的唯一抗性基因, 基因型和表型存在一定差异, 所以临床 MRSA 的基因型筛查很有必要。

## PU-5427

## 中性粒细胞载脂蛋白——细菌感染诊断的有效指标

方超, 汪自然, 戴媛媛, 常文娇, 马筱玲

中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

**目的** 中性粒细胞载脂蛋白 (HNL) 是诊断细菌感染新的生物标志物。本研究的目的是评估 HNL 对细菌感染的诊断效能, 并探究在不同感染部位发生感染和感染不同种类细菌时患者血清 HNL 浓度是否有差异。

**方法** 本研究根据入院患者临床症状, 结合客观的微生物学, 血清学或 PCR 等实验室结果, 共纳入了 439 名急性细菌感染以及 71 名病毒感染的患者, 67 名健康体检者作为对照。通过成熟的技术测量其血清 C-反应蛋白 (CRP), HNL 和降钙素原 (PCT) 水平并分组统计分析。

**结果** 基于工作受试者曲线下面积 (ROC) 的统计分析表明, 各指标对于细菌感染均有辅助诊断价值, 但 HNL 在区分细菌和病毒感染方面优于 CRP ( $P < 0.05$ ) 和 PCT ( $P < 0.05$ )。HNL 水平在不同部位发生感染时均升高, 在血流感染 ( $P < 0.05$ ) 和腹腔感染 ( $P < 0.05$ ) 时升高更加明显, CRP 表现出与 HNL 相同的趋势。在血流感染, 腹部感染或细菌性肺炎患者中 PCT 水平均明显升高 ( $P < 0.05$ )。然而, 在软组织感染 ( $P = 0.4378$ ) 或尿路感染 ( $P = 0.423$ ) 的患者中没有发现显著差异。根据患者的细菌培养结果, HNL ( $P = 0.566$ ) 和 CRP ( $P = 0.1299$ ) 水平在感染革兰阴性菌和革兰阳性菌的患者中均无显著差异, 而革兰阴性菌感染者的 PCT 浓度则显著升高 ( $P = 0.0258$ )。

**结论** 与传统生物标志物相比, HNL 在鉴别细菌和病毒感染方面具有更优越的效能。检测患者 HNL 水平将有助于诊断局部的轻度感染, 还可以提高革兰阳性细菌感染时诊断的准确性。

## PU-5428

## 济南地区乙型肝炎病毒基因分型及流行病学分布研究

段鹏

山东省千佛山医院,250000

**目的** 研究山东济南地区的乙型肝炎病毒基因分型, 乙肝病毒的耐药情况及乙肝的地区性流行病学分布特征, 为济南的乙肝防治工作提供理论依据。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 法检测济南地区的乙肝病毒感染者血清中的乙肝病毒 DNA(HBV DNA)含量,采用 PCR-反向点杂交法检测乙肝病毒基因分型及耐药位点。

**结果** 在 219 例 HBV DNA 阳性的标本中, C 基因型占 89.04% (195/219), B 基因型占 9.59% (21/219), (B+D) 基因型占 1.37% (3/219), 未检测到其他基因型。各基因型在不同年龄组分布上的差异有统计学意义 ( $P=0.009$ ), 在性别上的分布差异无统计学意义 ( $P=0.152$ )。乙肝病毒的耐药位点, 野生型位点以 rt250M (90.41%), rt236M (90.41%), rt204M (69.86%), rt202S (84.93%), rt181A (80.82%), rt184T (86.3%), rt180L (72.6%), rt207V (86.3%) 为主; 突变型位点以 rt180M (26.03%), rt204V (17.81%), rt181V (10.96%), rt250V (10.96%) 为主。核苷(酸)类似物药物耐药率检测结果显示: 拉米夫定(LDM)和替比夫定(LdT)的耐药率最高, 其次是阿德福韦酯(ADV)和恩替卡韦(ETV)。

**结论** 济南地区 HBV 基因型以 C 型为主, 其次为 B 型, B+D 型少见, 未检测到其他型。突变型位点常见于 rt180M、rt204V、rt181V 和 rt250V。出现耐药性较高的药物是拉米夫定和替比夫定。

## PU-5429

## 碳青霉烯类耐药肠杆菌对粘菌素的耐药特征研究

叶丽艳<sup>1</sup>, 赵月<sup>2</sup>, 郭玲<sup>1</sup>, 赵强<sup>1</sup>, 张有江<sup>1</sup>, 王成彬<sup>1</sup>, 杨继勇<sup>1</sup>

1. 中国人民解放军总医院第一医学中心, 100000

2. 重庆医科大学检验学院

**目的** 了解粘菌素耐药基因 *mcr1-5* 在临床碳青霉烯类耐药肠杆菌 (Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, CRE) 中的携带情况及该类菌的耐药特征分析。

**方法** 收集来自全国 13 省市三级医院患者分离的碳青霉烯类耐药肠杆菌科菌株, 利用多重 PCR 筛查所收集的 CRE 菌株中是否含有 *mcr* 耐药基因 (*mcr-1*、*mcr-2*、*mcr-3*、*mcr-4*、*mcr-5*), 利用革兰阴性需氧菌药敏检测板对其进行药敏试验, 并对其进行耐药性、临床资料等流行病学特征研究。

**结果** 收集了 959 株临床分离的 CRE 菌株, 筛查出 7 株菌 *mcr-1* 耐药基因阳性, 未筛查出携带 *mcr-2*、*mcr-3*、*mcr-4*、*mcr-5* 耐药基因的菌株。在 *mcr-1* 基因阳性的 7 株菌株中, 标本来源分别是痰 (2 株)、尿液 (2 株)、伤口分泌物 (1 株)、引流液 (1 株)、囊液 (1 株)。携带 *mcr-1* 基因的菌株分别是大肠埃希菌 (6 株) 和肺炎克雷伯菌 (1 株); 菌株来源分别是新疆、上海、西安、沈阳、郑州和贵阳。*mcr-1* 阳性菌株发现有多粘菌素 B 敏感菌株 (57.14%, 4/7)。

**结论** 临床 CRE 标本 *mcr* 耐药基因的携带阳性率并不是很高, 并且多粘菌素耐药的菌株大部分未携带 *mcr* 耐药基因。因此, 仅 *mcr* 耐药基因的筛查不能有效地临床用药的指导, 多粘菌素的耐药性分析至关重要。

## PU-5430

## 碱性磷酸酶（ALP）和乳酸脱氢酶（LDH）指定比对方法（DCM）建立和评价

郭琦,汪静,张传宝

卫生部北京医院卫生部临床检验中心,100000

**目的** 目前 IFCC 发布的 ALP 和 LDH 参考测量程序为手工操作,单个样本测试时间长,试剂用量大,难以适应大样本量的测定,阻碍了碱性磷酸酶测定标准化的推进,为提高工作效率,最大限度发挥酶学参考方法在标准化工作中的作用,拟在 IFCC 酶学参考参考测量程序的基础上,建立适用于 INDIKO 自动生化分析仪的指定比对方法。

**方法** 以参考方法定值的一批临床血清作为校准品,校准方式为两点法;依照 IFCC 参考测量程序配制试剂 R1 和试剂 R2, LDH 指定比对方法 (LDH-DCM) 检测参数为 200ulR1,20ulR2,10ul 样本,孵育时间 390s, 340nm; ALP 指定比对方法 (ALP-DCM) 的检测参数为 200ulR1,50ulR2,5ul 样本,孵育时间 390s, 405nm。根据 EP 文件对建立好的指定比对方法进行方法性能评价(精密度评价、正确度评价、线性、干扰实验)和方法学比对。

**结果** ALP-DCM 的 CV<sub>批内</sub><1%, CV<sub>总</sub><1%, 在 50.3-946.1U/L 范围内成线性, R=0.998; LDH-DCM 的 CV<sub>批内</sub><1.5%, CV<sub>总</sub><1.5%, 在 157.6-1322.9U/L 范围内成线性, R=0.998;两种方法分别测定 2015 国际环形比对 (RELA) 样本,结果均在其给定的等效限 $\pm 5.25\%$ 内,正确度较好;ALP 样本测定不受血红蛋白(0-500mg/dl)、胆红素(0-20mg/dl)、乳糜(0-3000 度)的干扰;LDH 样本检测受血红蛋白干扰明显,不受乳糜(0-3000 度)、胆红素(0-20mg/dl)的干扰。与参考方法比对的相对偏倚均小于 2%,满足生物学变异推导的最佳性能规范中的 $\pm 5.3\%$  (ALP)和 $\pm 5.2\%$  (LDH)允许偏倚的要求。

**结论** 本实验室建立的 LDH-DCM、ALP-DCM 的精密度、正确度及线性范围等性能指标均符合方法要求且与参考方法相关性良好,可以用于基质效应评估、RELA 比对样本测定、正确度验证样本的定值、常规方法溯源性的建立以及局地标准化活动。

## PU-5431

## 全自动凝血仪特殊凝血项目的临床前性能验证与评价

邹梦雪,程云,郭勇晖

南方医科大学珠江医院检验医学部

**目的** 对 ACL TOP 700 全自动血凝分析仪的特殊凝血项目进行临床前的性能验证及评价,确定该检测系统的特殊凝血项目稳定、准确、可靠,为临床血栓与止血相关疾病提供可靠的检验结果。

**方法** 根据《临床血液学检验常规项目分析质量要求》、《临床化学设备线性评价指南》和《临床实验室检验项目参考区间的制定》等标准,对本实验室 ACL TOP 700 全自动血凝分析仪测定蛋白 C (PC), 蛋白 S (PS), 血管性血友病因子抗原 (vWF: Ag), 第八因子 (VIII), 第九因子 (IX), 狼疮抗凝物 (LA), 抗 Xa 因子, 抗凝血酶 (AT) 等特殊项目的精密度、准确度、携带污染率、线性范围以及正常参考区间进行性能验证。

**结果** 精密度、准确度、携带污染率、线性及正常参考区间等均符合要求

**结论** ACL TOP 700 全自动血凝分析仪对血栓与止血特殊项目检测的准确度、精密度、携带污染率、线性范围及正常参考区间验证等性能验证评价效果良好,符合临床使用要求,可为临床血栓与止血相关疾病提供可靠的检验结果。

## PU-5432

## 多指标评价贫血在肾移植术前后对移植肾功能的影响

丁修冬  
解放军总医院

**目的** 探讨肾移植患者在术前和术后贫血的发生对移植肾的功能影响。

**方法** 收集 2018 年 8 月-2019 年 4 月入我院移植外科需要肾移植的患者，根据临床诊断（医生查体、化验、影像）分为肾移植术前贫血组、肾移植术前未患贫血组、肾移植术后贫血组、肾移植术后未患贫血组，检测尿素氮、血肌酐、胱抑素 C、铁、叶酸、维生素 B12、血红蛋白、转铁蛋白、促红细胞生成素、视黄醇结合蛋白、同型半胱氨酸等指标，对所有数据进行分析。查询 262 例在我院移植外科肾移植患者的病例资料，筛选出患者移植后 1-5 年的血细胞分析指标及生化分析指标结果进行统计学分析。

**结果** 肾移植术前贫血患者组和术前未贫血患者组比较促红细胞生成素（ $P<0.05$ ）存在明显差异，具有统计学意义，而肌酐、尿素氮、胱抑素 C、转铁蛋白、视黄醇结合蛋白、同型半胱氨酸、铁、叶酸和维生素 B12 两组间差异不显著，无统计学意义（ $P>0.05$ ）；肾移植术前贫血组和术前未贫血组在肾移植术后一周时患者肾功能恢复情况的检测结果比较发现促红细胞生成素、肌酐、胱抑素 C 比较\* $P<0.05$  存在明显差异，具有统计学意义，而尿素氮两组间差异不显著，无统计学意义。肾移植术后贫血患者组和术后未贫血患者组的肌酐（ $P<0.05$ ）、尿素氮（ $P<0.05$ ）、胱抑素 C（ $P<0.05$ ）、促红细胞生成素（ $P<0.05$ ）、转铁蛋白（ $P<0.05$ ）、视黄醇结合蛋白（ $P<0.05$ ）、同型半胱氨酸（ $P<0.05$ ）存在明显差异，具有统计学意义，而铁、叶酸和维生素 B12 两组间差异不显著，无统计学意义（ $P>0.05$ ）。肾移植术后贫血的发生与血肌酐、胱抑素 C 及促红细胞生成素有明显相关性（ $P<0.01$ ），肾移植术前组的贫血发生与肌酐、尿素氮、胱抑素 C、转铁蛋白、视黄醇结合蛋白、同型半胱氨酸、铁、叶酸和维生素 B12 项目相关性均无统计学意义。肾移植术后第一年贫血的发生率是近五年最高的（为 36.78%），同时随着年限增加贫血率有增加的趋势，第 5 年的贫血率（26.53%）要明显高于第 2 年（12.82%）第 3 年（14.58%）第 4 年（15.38%）。

**结论** 血肌酐、胱抑素 C 及促红细胞生成素在肾移植术后贫血的早期诊断和移植肾功能的监测中有着明显的优势，肾移植术后贫血发生率高，需要及时预防和治疗。促红细胞生成素在肾移植术前可用于贫血的诊断，在肾移植术前如尽早纠正贫血，有利于肾移植后移植肾功能的及早恢复。

## PU-5433

## PCR 在疟疾诊断中的应用研究

陆凤,李爽,何新龙  
扬州大学医学院

**目的** 及时、准确的诊断是疟疾治疗的基础，优化完善疟疾诊断方法对于疟疾的消除起着至关重要的作用。与传统镜检法相比，PCR 检测方法在准确鉴定疟原虫虫种以及检测疟原虫混合感染等方面具有明显优势。以疟原虫核糖体 RNA 小亚基（SSU rRNA）为基础设计的 NP-1993 体系是疟原虫基因检测的常用体系，其敏感性高、特异性强，但体系仍有一定的局限性，比如不能对卵形疟原虫进行分型，操作繁琐等。

因此，需要对已有的疟疾诊断 PCR 检测体系进行优化，以实现五种疟原虫的鉴定、分型，更好地应用于疟疾的诊断。

**方法** 以疟原虫核糖体 RNA 小亚基（SSU rRNA）为基础设计合成引物，对巢式 PCR 的反应体系、反应条件进行优化，建立新的 PCR 检测体系。对新的 PCR 体系进行敏感性、特异性检测，应用新的 PCR 体系对疟疾患者、疑似病例和健康人群血样进行检测，与传统镜检法和 RDTs 结果进行比较分析。

**结果** 使用该 PCR 体系检测样本, 与传统镜检法和 RDTs 相比, 敏感性高, 特异性强, 结果更为客观可靠, 且可对二者不能分型的样本进行分型。

**结论** 新建立的 PCR 体系敏感性高、特异性强, 可操作性强, 可以同时检测五种疟原虫, 并对卵形疟原虫进行分型, 在鉴别诊断和低密度感染诊断中具有重要价值, 可为目前国内复杂的输入性疟疾提供更为可靠的诊断方式。

#### PU-5434

### Distribution of serum amyloid A and establishment of reference intervals in healthy adults

Fumeng Yang, Qian Liu  
The Second People's Hospital of Lianyungang

**Objective** Serum amyloid A (SAA) is an acute phase-reactive protein and is one of the markers of an inflammatory response. Elevated SAA is closely related to inflammation-mediated diseases such as diabetes mellitus, diabetic nephropathy, chronic obstructive pulmonary disease, and tumors. However, there is no unified population reference interval for SAA. This study aimed to investigate the distribution of SAA in healthy Chinese adults 20–79 years of age and to establish its population reference interval.

**Methods** A total of 720 healthy subjects met the requirements of this study. The levels of SAA were detected using an AU5821 automatic biochemical analyzer and its original reagents. According to the recommended methods of CLSI C28-A3 and WS/T 402-2012, the population reference interval of SAA was established by using the unilateral 95th percentile.

**Results** The distributions of SAA levels were not significantly different between sexes ( $P > 0.05$ ) and also did not differ by age ( $P > 0.05$ ). Therefore, the population reference interval for SAA was established as an upper limit of 11.0 mg/L (90% confidence interval; 9.3–12.3 mg/L).

**Conclusions** We established the population reference interval for SAA by using latex-enhanced immunoturbidimetry in a healthy Chinese population. It may provide important clinical value for the diagnoses, treatments, and prognoses of its associated diseases.

#### PU-5435

### 多发性肌炎/皮肌炎患者血清补体 C1q 水平及临床意义

石磊  
上海中医药大学附属曙光医院

**目的** 检测多发性肌炎/皮肌炎 (PM/DM) 患者血清补体 C1q 水平, 并分析其在 PM/DM 的临床意义。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2018 年 12 月在我院内分泌科收治的 PM/DM 患者 30 例作为病例组, 同时选取我院同期健康体检者 30 例作为对照组, 检测所有研究对象血清中补体 C1q 和肌酸激酶 (CK) 的水平, 比较不同临床症状和抗体表达 PM/DM 患者血清中补体 C1q 和 CK 水平; 绘制出研究对象受试者工作特征 (ROC 曲线), 确定补体 C1q 和 CK 诊断 PM/DM 的效能。

**结果** 与对照组相比, 病例组患者血清中补体 C1q 和 CK 水平增高 ( $P < 0.05$ ), 但 PM 患者和 DM 患者血清中补体 C1q 及 CK 水平差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 有肌痛、四肢肌无力、雷诺现象、关节痛、向阳疹、肺间质病变、Gottron 征、V 字征、吞咽困难和其他脏器所累患者血清中补体 C1q 和 CK 水平高于无相应症状患者 ( $P < 0.05$ ); Jo-1 和 ANCA 表达阳性患者血清中补体 C1q 和 CK 水平低于表达阴性患者 ( $P < 0.05$ ); RNP 表达阳性患者血清中补体 C1q 和 CK 水平高于表达阴性患者 ( $P < 0.05$ ); 补体 C1q 和 CK 诊断 PM/DM 的 ROC 曲线分别为 0.842 和 0.783, 对诊断



PM/DM 都有一定的价值,但补体 C1q 的诊断价值高于 CK,以 231.820 mg/L 作为临界值,补体 C1q 诊断的灵敏度和特异度分别为 88.95%和 92.10%,均高于 CK (68.42%与 85.00%) ( $P<0.05$ )。

**结论** 补体 C1q 在 PM/DM 患者血清中表达水平增高,并与 PM/DM 患者临床症状及抗体水平有关,可能参与了 PM/DM 疾病进展过程,可作为 PM/DM 早期诊断的标志。

#### PU-5436

### The Lymphocyte Count and other parameters in the Evaluation of SLE Activity

Sen Wang  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** There was some controversy on whether Neutrophil to lymphocyte ratio (NLR), monocyte to lymphocyte ratio (MLR), and platelet to lymphocyte ratio (PLR) are associated with disease activity in Systemic Lupus Erythematosus patients.

**Methods** The NLR, MLR, PLR, and lymphocyte count results were retrospectively analyzed in regard to their correlations with SLE disease activity index.

**Results** The NLR, MLR, PLR and the lymphocyte count were all significantly different from the controls as expected. However, it was the lymphocyte count and the PLR, but not the NLR and MLR, that showed statistical difference between two subgroups. Further regression analyses shown that the PLR and the lymphocyte count correlations with the SLEDAI scores. The ROC curve analysis of these four parameters demonstrated that the lymphocyte count displayed the largest AUC.

**Conclusions** The lymphocyte count correlates better than NLR, MLR and PLR with the SLEDAI, and thus it might be more suitable for the evaluation of SLE disease activity.

#### PU-5437

### 基于患者风险管理的自动审核规则设置

李云飞,马建锋  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 设计实验室检测结果自动审核规则,在避免错误结果被误审发出报告的前题下,提高自动审核率,减轻员工工作强度。

**方法** 排查临床检测过程中,检测结果发生错误的原因,评估错误产生的可能性,可能导致的严重程度,通过认真讨论研究,征询临床专家建议,规定在室内质控合格,样本采集、运输、接收等满足质量要求条件下,符合以下条件时,仍强制执行人工审核程序:(1)有项目结果达到规定限值样本;(2)重症监护病房患者样本;(3)脑脊液样本;(4)与前回结果比较,同一项目两次结果有一次超过正常参考区间,且变化大于规定的百分偏差和/或绝对偏差;(5)反映临床诊治密切相关项目变化幅度,其中一项结果超过正常参考上限 1 倍,其它项仍有在正常区间内;(6)有逻辑关系项目,结果不符合逻辑关系;(7)婴幼儿(3 岁以下)和老年人(85 岁以上)。要求员工进行纠正或强烈关注,据此设定自动审核规则,再次评价规则设定后的剩余风险,保证临床诊治风险在可控范围内。

**结果** 该规则能有效地降低导致临床诊疗错误报告发出的风险,剩余风险在可控范围内。

**结论** 实验室可以通过设置自动审核规则,建立安全高效智能审核系统,并通过人工审核规避不可控风险,提高工作效率,保障临床诊疗安全。

PU-5438

## HIV 感染者与未感染者肠道微生物群的研究

赵晨飞,朱明利

浙江中医药大学附属杭州西溪医院

**目的** 研究 HIV 感染者与 HIV 未感染者肠道微生物群的差异。

**方法** 提取粪便中的 DNA 并扩增,通过 16S rDNA 测序技术对肠道微生物群分析,统计学分析组间差异性。

**结果** HIV 感染者与 HIV 未感染者之间 OTU 数有统计学差异;HIV 感染者与 HIV 未感染者之间 chao1 指数和 observed\_species 指数有统计学差异,HIV 未感染者拥有较多的物种数。门水平物种分析:HIV 感染者与 HIV 未感染者在拟杆菌门和疣微菌门上有统计学差异;属水平物种分析:HIV 感染者与 HIV 未感染者在拟杆菌属、肠球菌属、未命名的肠杆菌科、巨单胞菌属、未命名的毛螺菌科、考拉杆菌属、放线菌属、另枝菌属、瘤胃球菌属、副萨特氏菌属、毛线梭菌属、颤杆菌属、未命名的紫单胞菌科、萨特氏菌属、嗜胆菌属、梭菌属\_XIVb、梭菌属\_IV、气味杆菌属、厌氧棍状菌属、瘤胃梭菌属、Phoceae、Fusicatenibacter、Tyzzereella 上有统计学差异。

**结论** HIV 的感染使得肠道微生物种类变少,物种丰富度也发生改变。

PU-5439

## 421 cases of suspected tuberculosis sputum specimens Xpert MTB/RIF test

Guiliang Liang,Tingting YU ,Shan Huang,Lin Wang,Xiaofei Li  
The third people's Hospital of Kunming

**Objective** To evaluation the use of Xpert MTB / RIF in sputum specimen testing.

**Methods** A retrospective analysis of our hospital using Xpert MTB / RIF sputum specimens in one year results.

**Results** There were 175 positive sputum samples from 421 sputum samples for inspection, the positive rate was 41.6%; Of 175 cases, rifampicin was found to be sensitive in 108 cases, The sensitivity rate was 61.71% (108/175); There are 67 cases of resistance, resistance rate was 38.29%.

**Conclusions** Use of Xpert MTB / RIF for Rapid Detection of Mycobacterium Tuberculosis in Sputum Specimens,It is a very suitable primary hospital for tuberculosis diagnosis test.

PU-5440

## NF- $\kappa$ B 和 AP-1 在 IL-17 诱导心肌细胞 CCL2 表达中的作用

杜诗友,王南,沈燕

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 病毒性心肌炎(viral myocarditis, VMC)是一种常见的炎症性心肌疾病,慢性持续的病毒感染可导致扩张性心肌病,甚至发生心衰。在 VMC 早期,病毒感染可直接损伤心肌细胞,而中晚期主要是自身免疫所介导的心肌细胞炎症反应。IL-17 是自身免疫性疾病的早期炎症因子,其可通过促进多种趋化因子的表达参与自身免疫性疾病的发生和发展。CCL2 是趋化因子 CC 家族的一个重要的促炎细胞因子,在单核细胞的浸润中发挥重要作用。我们前期研究发现 IL-17 与其受体 IL-17R

结合后可诱导 CCL2 的表达,引起单核细胞向心肌组织的迁移从而加重心肌损伤。然而,关于 IL-17 促进心肌细胞 CCL2 表达的分子机制尚不明确。NF- $\kappa$ B 和 AP-1 是炎症反应中重要的转录因子,本文通过研究 NF- $\kappa$ B 和 AP-1 在 IL-17 诱导心肌细胞 CCL2 表达中的作用,旨在为病毒性心肌炎的诊疗提供新靶点。

**方法** 差速贴壁法分离 BALB/c 小鼠心肌细胞,并进行心肌细胞原代培养。分别采用 qRT-PCR 和 ELISA 的方法检测 IL-17 刺激下心肌细胞中 CCL2 mRNA 和蛋白的表达,Western blot 检测 IL-17 刺激不同时间后心肌细胞中 NF- $\kappa$ B 和 AP-1 的表达情况,qRT-PCR 和 ELISA 检测转染 NF- $\kappa$ B siRNA 和使用 AP-1 抑制剂处理后心肌细胞 CCL2 mRNA 和蛋白水平。

**结果** IL-17 诱导心肌细胞 CCL2 表达呈剂量和时间依赖性;IL-17 可以通过激活转录因子 NF- $\kappa$ B 和 AP-1 从而上调 CCL2 的表达;转染 NF- $\kappa$ B siRNA 和 AP-1 抑制剂作用后心肌细胞 CCL2 的表达降低。

**结论** IL-17 可以通过激活 NF- $\kappa$ B 和 AP-1 来上调 CCL2 的表达,干扰 NF- $\kappa$ B 和 AP-1 能有效抑制 IL-17 对 CCL2 的上调作用。

PU-5441

## 幽门螺杆菌血清学分型及其感染模式

刘志

山东省立医院,250000

**目的** 探讨健康人群幽门螺杆菌血清学分型及其感染模式在性别与年龄的分布情况。

**方法** 收集来自山东大学附属省立医院 4112 例健康体检者的血清样本,用免疫印迹法分别检测其幽门螺杆菌抗 UreA30KD 抗体、抗 UreB66KD、抗 VacA91KD 抗体、抗 VacA95KD 抗体、抗 CagA116KD 抗体并统计分析。

**结果** 4112 例检测结果统计得到 15 种感染模式,其中 II 型 3 种, I 型 11 种。II 型最常见的是一十——, I 型最常见的是+++++。男性总体 ( $\chi^2=17.796$ ,  $p<0.001$ )、II 型 ( $\chi^2=18.026$ ,  $p<0.001$ )、I 型 ( $\chi^2=17.796$ ,  $p=0.009$ ) 感染率均显著高于女性。男性 41-50 岁 ( $\chi^2=7.024$ ,  $p<0.008$ )、 $\geq 71$  岁 ( $\chi^2=5.581$ ,  $p=0.018$ ) 感染率显著高于女性。男性 UreA30 ( $\chi^2=16.051$ ,  $p<0.001$ )、UreB66 ( $\chi^2=14.72$ ,  $p<0.001$ )、VacA91 ( $\chi^2=9.782$ ,  $p=0.002$ )、VacA95 ( $\chi^2=120.943$ ,  $p<0.001$ )、CagA116 ( $\chi^2=12.384$ ,  $p<0.001$ ) 阳性率均显著高于女性。各年龄组总体 ( $\chi^2=55.419$ ,  $p<0.001$ )、II 型 ( $\chi^2=35.027$ ,  $p<0.001$ )、I 型 ( $\chi^2=40.83$ ,  $p=0.009$ ) 感染率和 UreA30 ( $\chi^2=18.236$ ,  $p=0.003$ )、UreB66 ( $\chi^2=67.643$ ,  $p<0.001$ )、VacA91 ( $\chi^2=21.059$ ,  $p=0.001$ )、VacA95 ( $\chi^2=21.076$ ,  $p=0.001$ )、CagA116 ( $\chi^2=17.387$ ,  $p=0.004$ ) 阳性率间存在显著性差异。

**结论** 幽门螺杆菌 II 型感染率高于 I 型。男性总体、41-50 岁年龄组、 $\geq 71$  岁年龄组感染率高于女性。男性 5 种抗体阳性率高于女性。各年龄组的总体、I 型、II 型感染率和 5 种抗体的阳性率均有所不同。

PU-5442

## 健康成人血浆凝血四项检测结果的分布及其参考区间的建立

刘倩

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 初步建立连云港地区 20~79 岁健康成人血浆凝血酶原时间(prothrombin time, PT)、活化部分凝血活酶时间(activated partial thromboplastin time, APTT)、凝血酶时间(thrombin time, TT)和纤维蛋白原(fibrinogen, FIB)的参考区间。

**方法** 运用完全随机化方法选取 2018 年 6 月至 2018 年 12 月于连云港市第二人民医院体检中心的健康体检者 2436 例，男 1395 例，女 1041 例，年龄 20~79 岁。将研究对象按照性别分为男性组和女性组，再按照年龄将其分 20~29 岁组、30~39 岁组、40~49 岁组、50~59 岁组、60~69 岁组、70~79 岁组。应用 ACL TOP700 全自动凝血分析仪及其配套试剂检测血浆中 PT、APTT、TT 和 FIB 的水平，并依据 CLSI C28-A3 和 WS/T 402-2012《临床实验室检验项目参考区间的制定》推荐方法建立血浆凝血四项的参考区间。

**结果** 连云港地区健康成人血浆中 PT、APTT、TT 和 FIB 的结果分布在性别、年龄上的差异不具有统计学意义( $P>0.05$ )，故本研究建立的血浆凝血四项的参考区间分别为：PT：10.0~13.6 s，APTT：25.2~37.8 s，TT：11.9~17.7 s，FIB：2.13~4.56 g/L。

**结论** 本地区健康成人血浆 PT、APTT、TT 和 FIB 参考区间的建立，能够为临床相关疾病的诊断、监测和预后评估提供重要的参考价值。

PU-5443

## Study on the Relationship between Serum Amyloid Protein A ( SAA ) and Infectious Diseases

Dongshan Yan

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To investigate the clinical diagnostic value of serum amyloid A (SAA) in patients with bacterial infectious diseases and viral infectious diseases, and to carry out this experimental study.

**Methods** from January, 2018 to April, 2018, 350 patients with infectious diseases were selected from Binzhou affiliated Hospital. 187 patients were diagnosed with pathogenic bacteria and 163 patients with virus infection. Among them, 8 cases were in the early stage of infection. At the same time, 150 healthy persons were selected as the result of physical examination in the physical examination center. Mainly by measuring the index value of SAA in the blood serum of the tested patient. The levels of C-reactive protein (CRP) and procalcitonin (PCT) were measured. The whole blood of the patients should be detected by WBC. At the same time, we should also analyze the results of the patients with infectious diseases in combination with the area distribution under the subject's work characteristic curve, the results of the patients with infectious diseases should be analyzed. Among them, serum amyloid AmoSAA was mainly detected by colloidal gold method. And through the gold standard digital quantitative analysis instrument to read the data.

**Results** the investigation showed that serum amyloid Agna) and other three indexes had different clinical statistical significance. The significance of calculation is  $< 0.05$ . And Compared with the healthy population tested, the detection values of the four major infectious indexes were all increased. The most significant change of SAA index was found in infectious diseases. The level of serum amyloid A was significantly higher in pathogenic bacteria and viral invasive infections, and the elevation of serum amyloid A was significantly higher than that of the other three indicators. The increase of serum amyloid A level was higher than the normal value.

**Conclusions** serum amyloid Agnia is of great significance in the detection of pathogenic bacteria and virus-induced diseases.

## PU-5444

## Nosocomial Spread of OXA-232-producing *Klebsiella pneumoniae* ST15 in a Teaching Hospital, Shanghai, China

Xin Li, Liyan Ye, Jiyong Yang

Center for Clinical Laboratory Medicine, Chinese PLA General Hospital

**Objective** In China, the spread and outbreak of Enterobacteriaceae producing OXA-48-like carbapenemases have become more and more prevalent.

**Methods** The genetic relatedness of OXA-232-producing isolates was analyzed by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE), antimicrobial susceptibility of isolates was analyzed by broth microdilution method, and sequence type (ST) was analyzed by multilocus sequence typing. Genome sequencing was performed to analyze resistance genes and plasmids.

**Results** A total of 62 non-duplicated OXA-232-producing *K. pneumoniae* (OXA232Kp) isolates were recovered between 2015 and 2017. An outbreak of OXA232Kp was observed at a burn ICU. The 62 OXA232Kp isolates were categorized into two PFGE types (A and B). The majority of the isolates belonged to type A, which contained 61 clinical isolates and was further divided into ten subtypes (A1-A10). All strains belonged to ST15. In addition, most of OXA232Kp strains exhibited low-level carbapenems resistance. All strains carried a 6,141bp ColKP3 plasmid harboring the bla<sub>OXA-232</sub> gene which is highly homologous to other bla<sub>OXA-232</sub>-bearing plasmids involved in other studies in the region.

**Conclusions** In this study, clone transmission of OXA232Kp ST15 was observed. Highly significant homology among the bla<sub>OXA-232</sub>-bearing plasmids indicated the important role of the 6.1 kb ColE-like plasmid on the prevalence of bla<sub>OXA-232</sub> gene in China.

## PU-5445

## 肾病患者及正常人群体内群体反应性抗体检测及临床意义

李露瑶

四川省人民医院, 610000

**目的** 采用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测肾移植术前肾病患者以及正常体检人群的群体反应性抗体 (panel reactive antibodies, PRA), 探讨反复输血和 (或) 透析的肾病患者体液致敏水平及临床意义。

**方法** 实验组: 随机选择在四川省人民医院肾病中心临床诊断为肾衰待移植术前患者 40 例; 对照组: 随机选择在四川省人民医院健康体检中心检测的正常人群 40 例。两组年龄区间均在 35-60 岁之间。抽取外周血 5ml, 离心分离血清, 采用检测两组人群体内的 PRA 水平及特异性。

**结果** 实验组 40 例肾病患者血液样本中, PRA 阳性 15 例, 阳性检出率 37.5%, PRA 强度为 10%~85%; 对照组 40 份血液样本中, PRA 阳性 0 例, 阳性检出率 0%。两组比较, 差异有极显著意义 ( $P < 0.01$ )

**结论** 肾移植术前患者由于长期肾性贫血输血、反复透析, 体内出现 PRA 阳性的比率远远高于正常人群。

## PU-5446

## HIV 感染者粪便 HIV-RNA 的检测

赵晨飞,朱明利

浙江中医药大学附属杭州西溪医院

**目的** 研究 HIV 感染者粪便 HIV RNA, 分析其与血液 HIV RNA 的相关性,并比较它们在接受抗反转录病毒治疗和未接受抗反转录病毒治疗的区别。

**方法** 收集 HIV 感染者粪便和血液标本, 根据临床资料将其分为治疗组和未治疗组, 分析粪便和血液 HIV-1 RNA 的组内相关性和组间相关性。

**结果** 两组都表现出粪便 HIV-1 RNA 检出率低于血液且粪便中病毒载量低于血液, 而且两组之间粪便 HIV 阳性率存在差异 ( $P<0.05$ ), 血液 HIV 阳性率也存在差异 ( $P<0.05$ ) 其中未治疗组粪便和血液的 HIVRNA 阳性率较高。

**结论** 粪便中可以检测到 HIV RNA, 其在未经过抗反转录病毒的患者中易检出, 同一患者粪便中的 HIV 病毒载量比血液低。

## PU-5447

## 粪便全自动分析仪性能评估

佟小萌,曹永彤

中日医院,100000

**目的** 粪便检验是临床常规检验项目之一, 对消化道疾病的诊断和治疗具有重要意义。它包括了一般性状理学观察、显微镜检查和化学检查。随着粪便分析仪的推广和普及, 加速了粪便检验自动化进程, 有利于临床举证, 提高了生物安全等级。但目前粪便分析仪生产缺乏统一的行业标准, 各厂家基本都是在企业自行认定的基础上进行研发和生产的。某些仪器有形成份回收率偏低, 在进行仪器和人工结果比对时, 检测项目的阳性检出率存在明显差异, 性能验证方案也尚未规范和统一。本研究旨在探讨 AVE-562 粪便全自动分析仪检测方法的最低检测限、回收率、重复性、携带污染率、有形成分仪器和人工镜检的比对, 评价其在临床应用中的价值。

**方法** 1.1FOBT 的最低检测限浓度验证

1.2 仪器检出限验证

1.3 仪器法检测样本有形成份回收率及重复性验证

1.4 仪器法携带污染率的评价

1.5 仪器法与手工法的比较

**结果** 2.1 胶体金免疫层析法: FOBT 的 Hb 的最低检测限为  $0.2\mu\text{g/mL}$ , 当  $\text{Hb}\geq 0.2\mu\text{g/mL}$  时, 结果为弱阳性或阳性, 当  $\text{Hb}<0.2\mu\text{g/mL}$  时, 结果为阴性; 当  $\text{Hb}>2000\mu\text{g/mL}$ , 结果为阴性, 原因是抗原过量造成后代现象使结果呈假阴性。因此, FOBT 的检测范围为  $0.2\sim 2000\mu\text{g/mL}$ 。

化学法: FOBT 的 Hb 的最低检测限为  $0.5\mu\text{g/mL}$ 。

2.2 细胞浓度为 10 个/ $\mu\text{L}$  左右的模拟样本, 按照仪器正常测试方法测定 20 次, 结果均大于 0, 满足仪器要求

2.3 仪器法检测样本中红细胞低、中、高三个浓度的样本回收率分别为 84.9%, 86.2%, 87%, 变异系数 CV 分别为 5.9%, 4.1%, 3.2%; 白细胞低、中、高三个浓度的样本回收率分别为 87.3%, 87.8%, 84.9%, 变异系数 CV 分别为 5.5%, 3.7%, 2.7%, 均满足仪器性能要求。

2.4 仪器法检测浓度为 5000 个/ $\mu\text{L}$ 、10000 个/ $\mu\text{L}$  的红细胞悬液后再测定缓冲液, 6 次均未发现红细胞, 携带污染率为 0, 满足仪器性能要求。

2.5 仪器法检测潜血试验、红细胞、白细胞的灵敏度分别为 96.3%，86.8%，90.5%，特异性分别为 99.8%，99.4%，97.6%，正确率分别为 99.4%，97.2%，97%，Kappa 值分别为 0.969，0.883，0.819，与手工法相比具有高度一致性。

结论 AVE-562 粪便全自动分析仪性能满足临床要求，其仪器法手工法镜检有较好的一致性。

## PU-5448

### The relationship between Y chromosome microdeletion and gonadal hormone in male infertility patients

Zhichao Zhao

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** Through the clinical laboratory daily of serum human epididymis protein 4 (HE4) and carbohydrate antigen (CA125) and carcinoembryonic antigen (CEA) the combination of three tumor marker detection in tumor (mainly for ovarian malignant tumors) disease of department of gynaecology diagnosis of the clinical application value

**Methods** From July 2017 to May 2018, during the 11-month period, the clinician of the Affiliated Hospital of Binzhou Medical College diagnosed 65 patients with gynecologic oncology as a group A, and then selected 96 patients with benign tumors. As a group B, and at the same time, 130 women in the same age group who received a physical examination in the medical center of the Binzhou Medical College Affiliated Hospital were in the C group. Human epididymis protein 4 (HE4) and carbohydrate antigen 125 (CA125) and carcinoembryonic antigen (CEA) were administered in serum using a fully automated electrochemiluminescence analyzer (Roche 601) in the labeling immunization room of the Laboratory of Affiliated Hospital of Binzhou Medical College. Detection of indicators, detection of three tumor marker indicators, comparison of test results.

**Results** Confirmed by clinical laboratory testing and analysis, the team other three patients with serum index levels are much higher than the average level in the observation group and control group relatively healthy crowd, clinical laboratory test results significant difference ( $P < 0.05$ ), the observation group and control group in two groups of relatively healthy crowd detection index comparison, there was no significant difference ( $P > 0.05$ )

**Conclusions** Usually suffer from gynecological tumors (mainly for ovarian tumor) in female patients with serum specimens of human epididymis protein 4 (HE4) and carbohydrate antigen 125 (CA125) and carcinoembryonic antigen (CEA) three testing numerical test indexes can appear abnormal condition, the rise of objective reference index can be used as auxiliary departments detection applied in clinical diagnosis

## PU-5449

### 抑郁症患者免疫功能紊乱的相关研究

席倩

四川省人民医院,610000

**目的** 探讨血清免疫球蛋白 (IgA、IgM、IgG)、补体 (C3、C4) 以及外周血 T 淋巴细胞亚群 (CD3+、CD4+、CD8+、CD4/CD8) 水平与抑郁症的相关关系。

**方法** 测定血清免疫球蛋白、C3、C4 以及外周血 T 淋巴细胞亚群的水平，分析并比较病例组与健康对照组以及不同性别、临床症状抑郁患者之间免疫相关成分的水平。

**结果** ①与健康对照组相比，抑郁症患者的血清 IgM 水平及外周血 CD4+细胞数和 CD4/CD8 比值明显升高，而血清 C3 水平降低；②男性抑郁症患者与正常男性相比，其血清 IgM 和外周血 CD4+细

胞数升高, 血清 IgG、C3 降低; 女性抑郁症患者与正常女性相比, 其血清 IgM 和外周血 CD4+细胞数升高; 不同临床症状的抑郁症患者间无明显差异; ③Logistic 多因素分析显示血清 C3、外周血 CD4+细胞数的改变与抑郁症关系密切, 血清 IgM 水平改变可能与抑郁症相关。

**结论** 血清 C3 和外周血 CD4+细胞数是抑郁症的独立影响因素, 他们可能作为抑郁症的监测指标。抑郁症患者血清免疫球蛋白 IgM、IgG、C3 和外周血 T 淋巴细胞亚群 CD4+水平的改变, 提示抑郁症患者存在体液免疫异常和细胞免疫激活, 同时抑郁症患者可能存在慢性免疫炎性损伤, 进一步证实了抑郁症与免疫功能紊乱密切相关。

## PU-5450

### Genomic and biological characterization of the *Vibrio alginolyticus* infecting “Podoviridae” bacteriophage, vB\_ValP\_IME271

fei li  
Taian City Central Hospital

**Objective** As an opportunistic pathogen, *Vibrio alginolyticus* causes disease in marine animals. Bacterial contamination of seafood is not uncommon, and phage therapy is considered a safe way to decontaminate such foods to limit the emergence of vibriosis. Here, we report on the isolation of a new, virulent phage called vB\_ValP\_IME271 (designated phage IME271), which infects *V. alginolyticus* and was isolated from seawater.

**Methods** In this study, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio fluvialis*, *Vibrio furnissii* was selected as the host bacterium, and the corresponding lytic phage vB\_ValP\_IME271 of *Vibrio alginolyticus* was isolated from seawater of the Qing Dao Yellow Sea. The biological characteristics of the phage are as follows: the incubation period is 90 minutes, the cracking stage is about 60min, and the outbreak volume is 40 pfu. IME271 is sensitive to ultraviolet radiation and high temperatures, and insensitive to chloroform treatment. Phage IME271 has good cracking activity in the range of pH 7.0-9.0. Electron microscopy analysis showed that phage IME271 belonged to the genus Sphvirinae of the Podoviridae. Genome analysis showed that 87% of the IME271 genome query cover with phage *Vibrio* phage VPp1, and 95.93% Ident (VPp1 was directly submitted to NCBI and had not yet been classified), indicating that IME271 is a new discovered phage. Genome-wide functional annotation and evolutionary analysis of phage IME271 showed that there were 67 open reading frames (ORFs) in the IME271 genome, of which 45 ORFs are hypothetical protein sequences and the remaining 22 ORFs are coding sequences of proteins with known functions. By using mass spectrometer to identify its proteome, a total of 17 proteins were identified, and no bacterial virulence factors or related proteins were found.

**Results** Phage IME271 displayed good pH (7–9) and temperature tolerance (<40°C), and had a broad host range against *Vibrio* isolates, including 7 strains of *V. alginolyticus* and 11 strains of *V. parahaemolyticus*. The IME271 genome was sequenced and annotated, the results of which showed that this phage is a Podoviridae family member with a genome length of 50,345 base pairs. The complete genome is double-stranded DNA with a G+C content of 41.4%. Encoded within the genome are 67 putative proteins, of which only 22 coding sequences have known functions, and no tRNAs are present. The BLASTn results for IME271 showed that it only shares similarity with the *Vibrio* phage VPp1 (sequence identity score of 96% over 87% of the genome), whose host is *V. parahaemolyticus*. Comparative analysis showed that IME271 and VPp1 share a similar genomic structure and the structural proteins are highly similar (> 95% similarity score). In summary, our work identified a new lytic Podoviridae bacteriophage, which is infective to *V. alginolyticus* and *V. parahaemolyticus*. This bacteriophage could potentially be used to control infections by these two species in marine animals.



**Conclusions** The above study not only provides abundant data resources for the diversity of *Vibrio alginolyticus* phage genome, but also provides theoretical basis and technical guidance for the prevention and control of *Vibrio* resistance by using phage lysins, and provides scientific basis for the implementation of phage therapy at the same time. The results show that Lys271 fills the gap in the study of *Vibrio alginolyticus* phage therapy, which has a very good application prospect as an antimicrobial strategy of Gram-negative bacteria infection.

#### PU-5451

### Pathogenic Detection and Drug Resistance Analysis of Pulmonary infection in patients with ICU

quan Xian

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To monitor the drug resistance of various pathogens and bacteria in patients with resected bronchus in ICU department.

**Methods** From October 2017 to May 2018, the sputum samples of 159 patients with bronchopulmonary infection were collected from ICU department, and sputum bacteria culture and drug sensitivity test were carried out.

**Results** The results showed that 232 strains of pathogenic bacteria were detected in 159 sputum samples, of which 176 were G- bacteria (75.86), 41 were G bacteria (17.6767) and 15 were fungi (6.4775). In Gram. Among them, 57 cases had *Pseudomonas aeruginosa*, accounting for 24.57%, 43 cases were infected with *Acinetobacter baumannii*, 18 cases were *Escherichia coli*, accounting for 7.7660% 35 patients were infected with *Klebsiella pneumoniae* and 15.09% were 15.09% 10 cases of *Stenomonas maltophilia*. There were 4.43.9 cases of Gram-positive bacteria, of which 2 cases were *Enterococcus* (0.86%) and 7 cases were *Staphylococcus aureus* (3.02%).

**Conclusions** In ICU department, the patients after bronchial resection were mainly patients with G- bacteria in their lungs. At the same time, different kinds of bronchotomy were detected. Bacteria have different degrees of resistance to different antibiotics. Finally, the rational selection and application of antibiotics is of great significance in clinical efficacy.

#### PU-5452

### 异常凝血酶原 II 和白细胞介素 18 在肝癌患者血清中的表达及临床意义

江华

湖北省襄阳市中心医院

**目的** 观察肝癌患者异常凝血酶原 (PIVKA-II) 和白细胞介素 (IL-18) 的变化及其临床意义。

**方法** 采取化学发光法检测 112 例肝癌患者、50 名健康对照者以及 30 例肝硬化患者血清中的 PIVKA-II 水平, 酶联免疫吸附实验检测 IL-18 水平, 分析各单项指标及联合检测对肝癌的诊断价值。

**结果** 肝癌组 PIVKA-II、IL-18 水平均显著高于肝硬化与健康对照组, 差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ )。肝癌组 PIVKA-II 阳性率为 86.36%, 明显高于肝硬化组的 18.76%, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=183.4, P<0.05$ ); IL-18 在肝癌组中阳性率为 52.4%, 高于肝硬化组的 22.6%, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=152.6, P<0.05$ )。PIVKA-II 的受试者工作特征曲线下面积为 0.905 (95%CI: 0.871~0.925,  $P<0.05$ ), IL-18 曲线下面积为 0.706 (95%CI: 0.695~0.784,  $P<0.05$ ), 2 项指标联合检测的曲线下面积最大, 为 0.918 (95%CI: 0.887~0.946,  $P<0.05$ )。

**结论** PIVKA-II 与 IL-18 对肝癌均有较高的诊断阳性率,二者联合检测可提高对肝癌的诊断价值。

#### PU-5453

### 2011-2017 年临床分离金黄色葡萄球菌的感染分布及耐药性变迁

林涛,唐朝贵

淮安市第一人民医院(南京医科大学附属淮安第一医院),223001

**目的** 了解临床金黄色葡萄球菌(SA)的感染分布及耐药变迁情况。

**方法** 收集 2011 -2017 年临床送检标本,采用 VITEK-2 Compact 全自动微生物鉴定及药敏分析仪进行菌株鉴定和药敏试验。使用 WHONET5.6 软件进行耐药性分析,SPSS16.0 软件进行统计分析。

**结果** 2016 年起 SA 分离率呈明显下降趋势,前三位的标本类型依次为痰液(38.2%)、脓液(35.2%)、血液(16.5%)。七年 SA 对青霉素、红霉素、阿奇霉素、克拉霉素的耐药率均>75.0%,对利福平、庆大霉素耐药率<50.0%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)检出率为 51.5%(1497/2909),2011-2016 年无明显波动,2017 年 MRSA 检出率下降显著。MRSA 对红霉素、阿奇霉素、克拉霉素耐药率均>90.0%,从 2015 年起对喹诺酮类抗菌药物的耐药率呈明显下降趋势( $P<0.05$ ),庆大霉素的耐药率从 2016 年起亦呈明显下降趋势( $P<0.05$ )。MSSA 对克林霉素、左氧氟沙星、莫西沙星、庆大霉素、四环素、利福平的耐药率<40.0%。

**结论** MRSA 检出率高、2017 年检出率下降显著,耐药率高,万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁敏感率 100%,对其动态监测有利于指导临床合理使用抗菌药物、预防和控制医院感染及暴发流行。

#### PU-5454

### Investigation and Research on Maternal Syphilitic Infection

Xiaoqing Shi

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To study the status of syphilis infection and its effect on foetus in pregnant women who come to our hospital, and to explore the importance and necessity of maternal syphilis antibody detection, to perfect our adjustment of maternal provided a reference for syphilis prevention intervention plan.

**Methods** choose 2016 - January 2018 to January 3950 cases of pregnant women in our hospital as the research object of syphilis, the control group selected the period to our hospital 16714 cases in women at the same age, blood samples, with treponema pallidum enzyme-linked immunosorbent assay (TP-ELISA) screening, for detection of specimens with gelatin particles indirect agglutination test (TPPA) and toluidine red unheated serum test (TRUST) to confirm. The test results were statistically treated with SPSS13.0 statistical software, and the difference was statistically significant with  $P<0.05$ .

**Results** Of the 3,950 maternal cases tested, 65 were patients with syphilis and previous infections, and the positive rate was 1.65 %(65/3950). In the control group, 16714 cases were tested, and 264 cases were patients with syphilis and previous infections. Its positive rate was 1.58 %(264/16714), and the results were statistically significant compared with the control group.

**Conclusions** Syphilitic disease has a high rate of infection in pregnant women. It is important to carry out health education on syphilis in pregnant women and encourage pregnant women and their sexual partners to conduct syphilis screening at the same time. It is important to prevent the outcome of maternal and child pregnancy. The sooner the syphilis of pregnancy is discovered,

the more likely it is to be cured, the lower the incidence of adverse pregnancy outcomes and neonatal syphilis.

## PU-5455

### HCV RNA 载量和肝功能联合检测在丙型肝炎诊断中的意义

李娟  
山东省立医院,250000

**目的** 探讨丙肝患者超敏丙肝病毒核糖核酸 (HS-HCV RNA) 载量与主要肝功能指标之间的关系及其在丙肝诊断中的应用价值。

**方法** 同时检测 904 例丙肝患者的超敏丙肝病毒核糖核酸 (HS-HCV RNA)、总胆红素 (total bilirubin, TBIL)、间接胆红素 (Indirect bilirubin, DBIL)、门冬氨酸氨基转移酶 (aspartate aminotransferase, AST)、丙氨酸氨基转移酶 (alanine aminotransferase, ALT) 和  $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶 ( $\alpha$ -L-fucosidase, AFU) 并将检测结果进行组间比较。

**结果** 女性患者的 HS-HCV RNA 阳性率明显高于男性 ( $\chi^2=29.076$ ,  $P<0.05$ )；HS-HCV RNA 病毒载量不同分组间 TBIL、DBIL、AST、ALT 和 AFU 的异常率有显著性差异 ( $P<0.05$ )；异常率最高的是 AST (40.27%)；肝功能单项检测 AUC 最高是 AST (0.765)，联合检测的 AUC 为 0.853；ALT 的特异度最高 (79.70%)；AST 检测的灵敏度最高 (74.77%)；联合检测的灵敏度和特异度均高于单项检测。

**结论** 肝功能单项检测与联合检测均有诊断价值，可以全面了解患者病情进展与转归，为患者治疗提供可靠的依据。

## PU-5456

### 六种检测方法在结核分枝杆菌感染诊断中的应用价值分析

钟敏,喻华,杨永长  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 目的：用目前的结核感染诊断的六种检测方法，Gene Xpert Mtb/RIF 检测、胸片 CT 检查、抗酸杆菌涂片镜检、分枝杆菌培养、结核杆菌 IgG 抗体检测和 TB-DNA 检测，对比分析检测结果，评估六种检测技术的诊断效果。

**方法** 收集在四川省人民医院检验科 2017 年 11 月至 2018 年 4 月住院病人使用 GeneXpert MTB/RIF 检测项目且调查确诊为肺结核的患者，调查使用了 GeneXpert MTB/RIF、胸片 CT、抗酸杆菌涂片等六种检测方法的数据，对比分析六种检测技术的灵敏度及特异度。

**结果** Gene Xpert Mtb/RIF 检测、胸片 CT 检查、抗酸杆菌涂片涂片镜检、分枝杆菌培养、结核杆菌 IgG 抗体检测和 TB-DNA 检测阳性率分别为 86.6%、86.6%、16.7%、53.3%、35.0%和 60.0%。Gene Xpert Mtb/RIF 检测与胸片 CT 检查符合率为 90%，胸片 CT 检查灵敏度为 94.2%，特异度为 62.5%；与涂片、培养检查符合率分别为 30%、56.7%，灵敏度分别为 100%、90.6%，特异度分别为 16%、17.9%；与 TB-IgG 抗体、TB-DNA 检查符合率分别为 48.3%、60%，灵敏度分别为 100%、97.2%，特异度分别为 16%、29.2%。

**结论** GeneXpertMTB/RIF 检测具有快速、灵敏度好的特点，为临床的诊断提供有效依据，大大提高临床确诊概率，在降低病死率方面有重大意义。GeneXpert 检测值得临床推广及应用。

## PU-5457

**标本不同保存条件和放置时间对 G6PD 活性的影响**

彭传梅,胡光秀,高辉,王杨,王佳,徐益,鲁祥辉  
昆明市延安医院

**目的** 探讨标本不同保存条件及放置时间对 G6PD 活性的影响。

**方法** 选取 26 份枸橼酸钠抗凝血标本为检测标本,用全自动生化分析仪贝克曼 Au5421 以葡萄糖-6-磷酸底物法对标本进行处理后立刻上机测定 G6PD 活性,依次对保存在室温和 4℃条件下且放置 4 小时、8 小时、24 小时、48 小时、72 小时的标本测定 G6PD 活性,所得结果分别与即刻测定结果两两比较,以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 室温和 4℃保存条件下放置 4 小时、8 小时、24 小时与即刻测定的 G6PD 活性结果比较差异均无统计学意义 ( $P>0.05$ ),而标本放置 48 小时、72 小时后 G6PD 活性与即刻相比有显著性差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 采用葡萄糖-6-磷酸底物法测定 G6PD 活性时,标本保存在室温或者 4℃冰箱条件下放置时应在 24 小时内完成检测。

## PU-5458

**基因芯片技术在 HBV 耐药检测中的应用**

李丽红  
吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000

**目的** 应用基因芯片技术检测乙肝患者血清中乙型肝炎病毒(HBV)基因相关的耐药位点,探讨其在临床诊治的意义。

**方法** 应用前瞻性方法,对 30 例初诊断为乙型病毒性肝炎患者观察 18 个月,以聚合酶链反应扩增血清 HBV DNA,应用基因芯片方法检测乙型肝炎病毒的 6 种药物 8 个耐药位点。

**结果** 基因芯片技术能有效分辨乙型肝炎基因的野生型和突变型。HBV 的耐药基因突变随用药治疗的时间延长,突变率显著增加, ( $\chi^2=5.98, p<0.01$ )。并且,应用核苷(酸)类似物治疗乙型肝炎,检测 18 个月,统计耐药基因可以发现,以 L180M+M204V 耐药基因突变最多,与拉米夫定治疗相关,而以 A194T 耐药基因较少突变,提示替诺福韦酯药物引起突变较少。

**结论** 对于乙型肝炎的治疗过程中,应定期检测是否有耐药基因突变,指导临床治疗。

## PU-5459

**白介素-6、降钙素原等炎症指标在血液细菌感染不同革兰染色菌鉴别诊断中的应用**

张灵玲,熊大迁,葛一漫,任然  
成都中医药大学附属医院,610000

**目的** 探讨白介素-6 (IL-6) 和降钙素原(PCT)与血液细菌感染性疾病的相关性、在不同革兰染色菌种血液细菌感染鉴别诊断中的价值。

**方法** 收集 2018 年 1-6 月我院住院且诊断为血液细菌感染的患者 90 例(男 48 例,女 42 例);健康体检者 50 例(男 25 例,女 25 例)为对照组,并将血液细菌感染组按检出菌种的革兰染色进一步分为两个亚组 (G+/G-),同时检测白介素-6 (IL-6)、降钙素原 (PCT)、全血 C 反应蛋白

(CRP)、白细胞总数(WBC)、中性比(N%)和中性粒 VCS 参数等炎症指标, 统计分析 IL-6 和 PCT 等炎症指标在各组中的表达, 并用 ROC 曲线判断诊断价值。

**结果** 各炎症指标在血液细菌感染组中的浓度分别为 IL-6 :321.65 ( 726.03-104.05 ) , PCT:0.93(9.3-0.22) , CRP:87.0 ( 149.0, 46.0 ) , WBC:8.8 ( 12.2, 6.7 ) , N%:86.0 ( 91.0, 79.0 ) , MNC:167.9(187.1, 151.55) , MNV:153.8 ( 161.7, 148.1 ) , MNS:157.6 ( 158.7, 155.5 ) , 与对照组相比, 差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ ) ; IL-6、PCT、CRP 和 N%在革兰阴性菌 (G-) 感染中的浓度水平高于阳性菌(G+), 分别为 IL-6: 375.5 (717.8, 240) 和 115.8 (551.9, 70.6) ; PCT: 1.61 (16.71-0.43) 和 0.35 (1.74, 0.15) ;CRP:101.0(158.0, 66.0)和 55.0 (102.0, 26.0) ; N%:88.0 (91.25, 80.0) 和 83.0 (88.5, 76.5) , 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ) , 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.641, 0.667, 0.683 和 0.666; 其余炎症指标在 G+/G-菌感染中的浓度差异不具有有统计学意义 ( $P>0.05$ ) 。

**结论** IL-6 和 PCT 在血液细菌感染的早期诊断具有较高的诊断价值; IL-6 和 PCT 还可辅助鉴别革兰阴性菌和阳性菌感染, 指导早期临床抗生素的使用, 有效控制病情及降低病死率。

#### PU-5460

### The Relationship Between The Results of Atypical Squamous Cells of Undetermined Significance (ASCUS) and Human Papillomavirus (HPV) Subtype in The Thin-Cytologic Test (TCT) for Cervical Cancer Screening

Naixin Zhang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To explore the liquid based cytology results atypical squamous cells of the pathological changes and the relationship between the human papilloma virus subtype.

**Methods** using liquid based cytology and reverse dot blot hybridization technology were used to observe and detect on 210 women with physical examination of cervical cells were microscopically observed subtype and 23 species of HPV testing.

**Results** of 210 specimens of ASCUS positive specimens of 144 cases, accounting for more than 68.57%; There were 66 negative specimens, accounting for 31.43%. Among the 144 positive specimens, there were 9 cases of pure low-risk HPV (HPV6.11.42.43.81.83) infection, accounting for 6.25%. A total of 25 cases of pure high-risk HPV(HPV16.18)infection accounted for 17.36%. There were 65 cases of HPV infection in single secondary high-risk type, accounting for 45.14%. A total of 21 cases of multiple high-risk mixed infection,4 cases, 4 cases of high-risk and secondary high risk HPV infection, accounted for 2.78%; low risk type and high-risk type (including sub high-risk type) 20 cases of HPV mixed infection, accounting for 13.89%.

**Conclusions** the results of liquid based cytology examination are most high risk and secondary high risk type of human papillomavirus in atypical squamous epithelial cells. TCT examination has some reference help.

## PU-5461

## 虚拟仿真免疫学技术实验教学平台建设及探索

江华

湖北省襄阳市中心医院

**目的** 由于临床免疫实验室检测设备的更新换代越来越快,使得传统的医学检验免疫学实践教学与临床实践脱节严重。为了改革医学免疫学课程教学模式,通过多种呈现方式积极探索线上线下教学相结合的个性化实验教学新模式,促进高等教育教学质量的提升和创新人才的培养。

**方法** 我们初步建立了虚拟仿真免疫学技术实验教学平台及医学实验电化学发光仪器模拟操作系统。该模拟操作系统将临床检验科常用的电化学发光仪器的原理、结构、使用等制作成数字 3D 动画,学生在学习过程中可以利用虚拟化操作仪器进行标本检测。

**结果** 使学生沉浸到该环境中,熟悉临床实验室的规划布局及电化学发光分析系统的结构和功能,体验临床工作中样本采集、处理、上机检测等工作流程,与实验室的真机、实作相互印证、融合,虚实结合,完成以能力为本的实训目标,收到了很好的教学效果。

**结论** 利用虚拟现实技术再现临床实验室交互式的三维动态实景,让学生对检验仪器的原理、性能、操作流程和功能有直观的认识,为今后实习和工作打下良好的基础,有效地培养学生研究和创新能力。

## PU-5462

## 特殊小 B 细胞淋巴瘤-边缘区淋巴瘤个案分析

路其凤

山东省立医院,250000

**目的** 小 B 细胞淋巴瘤是一组与弥漫大 B 细胞淋巴瘤(DLBCL)相对的、主要由中、小 B 淋巴细胞构成的肿瘤,包括小淋巴细胞淋巴瘤(SLL)、淋巴结边缘区 B 细胞淋巴瘤(NMZL)、结外黏膜相关淋巴组织边缘区 B 细胞淋巴瘤(MALToma)、脾边缘区淋巴瘤(SMZL)等。2008 年 WHO 恶性淋巴瘤分类将这几种淋巴瘤都归于各自具有临床表现、形态学、免疫表型、遗传学特点的独立疾病<sup>[1]</sup>。

**方法** 骨髓细胞形态、流式细胞免疫分型、骨髓活检

**结果** 小 B 细胞淋巴瘤,符合边缘区淋巴瘤,免疫组化:CD20+, PAX5+, CD3-, CD5-, CyclinD1-, CD23-, CD10-, AnnexinA1-, CD103+, CD11c+, CD25-。

**结论** 结合该患者临床表现、形态学、免疫表型、遗传学等综合分析,该患者符合边缘区淋巴瘤(MZL)分类中三种亚型 NMZL、MAL 和 SMZL 部分特征性特点,属于特殊的小 B 细胞淋巴瘤中的边缘区淋巴瘤,所以在临床工作中需对小 B 细胞淋巴瘤的各亚型所具有的临床表现、形态学、免疫表型、遗传学特点综合分析,避免误诊、漏诊

## PU-5463

## 尿液有形成分参考测量程序的建立终版

张瑞

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 建立基于人工显微镜定量计数板法的准确、精密测定尿液有形成分(RBC、WBC 和 EC)的候选参考测量方法,逐步建立起尿液有形成分检查的量值溯源与标准化体系;建立机器视觉原理全

自动尿液有形成分分析仪的评价程序,规范镜检类仪器检测程序,实现尿液有形成分检验自动化和标准化。

**方法** 朝阳医院联合地坛医院、佑安医院、复兴医院、房山医院,各单位要求有经验的检验技师三人,按国际标准文件 ISLH (2003<sup>[1]</sup>和 GP16-A3<sup>[2]</sup> 执行,采用人工显微镜法计数不离心尿液标本,每个单位要求计数白细胞、红细胞、上皮各 10 个不同样本。每人每份标本计数 6 次,低倍镜计数上皮,每次至少计数 50 个/ul,要求达到变异系数 CV<14%;高倍镜分别计数红、白细胞,每次至少计数 200 个/ul,要求达到 CV<7%,建立我国尿液有形成分的参考方法。同一标本用仪器法进行连续测定 6 次,计算两方法测定每个样本的均值、变异系数及仪器法与人工法测定结果的偏倚。当偏倚超过+5%范围时,以建立的参考方法计数为准,校准仪器。

**结果** 低倍镜计数上皮, CV 为 12.7%;高倍镜分别计数红、白细胞, CV 分别为 6.6%和 6.4%,对应的仪器法精密度分别为 9.2%、5.6%和 4.7%。经维护保养后的仪器测定结果偏倚均控制在+5%范围内。尿液 EC、RBC 和 WBC 计数板计数的不确定度分别为 14.0%、14.4%和 26%。

**结论** 标准化的尿有形成分显微镜定量计数法精密度较高、准确性良好,是保证尿液分析结果质量的基础,推荐其作为尿液有形成分测定参考方法,经校准、评价后的镜检自动化仪器提高了检测的精确性和有效性,适用于大批量样本检测。

## PU-5464

### T-SPOT.TB 在肺结核早期抗痨治疗有效过程中的变化趋势研究

李晓非

昆明市第三人民医院,650000

**目的** 研究 T-SPOT.TB 在肺结核早期抗痨治疗有效过程中的变化趋势。

**方法** 通过对招募于 2016 年-2019 年,在我院进行正规抗痨治疗 50 例确诊初治活动性肺结核患者的追踪观察,分析其抗痨治疗前、治疗后(0.5 个月、1 个月、3 个月),这 4 个时间点 T-SPOT.TB 结果动态变化趋势及治疗前后机体对结核特异性抗原刺激应答水平变化。

**结果** ESAT-6 抗原孔、CFP-10 抗原孔和“ESAT-6 + CFP-10”抗原孔抗痨治疗前斑点数分别与抗结核治疗后 0.5 个月、1 个月和 3 个月比较呈下降趋势, P 值均<0.001,差异有统计学意义;治疗前和治疗 3 个月后机体对 ESAT-6、CFP-10 刺激免疫应答变化趋势差异无统计学意义( $\chi^2=1.954$ , P=0.162)。

**结论** T-SPOT.TB 斑点数在肺结核早期抗痨治疗有效过程中呈下降趋势;治疗前与抗痨治疗有效后(第 3 个月时)机体对 ESAT-6、CFP-10 刺激应答水平变化一致。

## PU-5465

### 大肠杆菌噬菌体的宿主耐受菌耐受机制的研究

李飞

泰安市中心医院,271000

**目的** 随着抗生素药物的广泛使用,临床多重耐药菌的逐渐增多,噬菌体治疗多重耐药致病菌的感染重新开始被人们关注。噬菌体也能够与抗生素联合使用来治疗多重耐药性致病细菌引起的感染,是解决致病菌多重耐药性问题的最佳选择之一。

**方法** 针对噬菌体的宿主特异性,目前的应对方案为噬菌体鸡尾酒疗法。噬菌体的宿主特异性使得噬菌体的裂解谱有限,分析噬菌体宿主特异性原因是很有必要的。本研究通过对噬菌体敏感菌和耐受菌的比较基因组学分析,初步建立噬菌体宿主特异性的分析技术,为噬菌体治疗提供基础。

**结果** 宿主菌感染噬菌体 IME253 后有极少数的菌落存活下来, 这些存活下来的菌落不再对该株噬菌体敏感, 筛选出耐受该噬菌体的菌株, 将敏感菌和耐受菌进行高通量测序, 分析基因组差异和突变位点, 预测噬菌体耐受相关基因, 结果发现耐受菌基因组中与外膜受体蛋白 (FepA) 有关。利用向导 sgRNA 引导 Cas9 蛋白切开目的基因位点, 同时利用 Red 同源重组系统产生同源重组酶, 利用外源基因为模板发生同源重组, 达到基因无痕敲除的目的。利用噬菌体重新侵染敲除过基因的细菌和 PCR 的方法, 来验证大肠杆菌外膜受体蛋白是宿主的噬菌体受体。由于噬菌体宿主特异性原因, 使得噬菌体裂解谱有限,

**结论** 本实验利用比较基因组学分析平台, 建立了一种宿主耐受噬菌体机制分析方法, 并且利用 CRISPR 无痕敲除技术来验证这一结果, 研究其耐受相关基因, 分析宿主特异性原因, 为噬菌体治疗提供基础。

PU-5466

## ABSTRACT

Zhenzi Hua

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To master the regularity of positive pathogenic bacteria distributed in the blood culture of a hospital in the past three years.

**Methods** Retrospective analysis of the results of blood samples from a hospital in the past three years. Specimen culture will use a fully automatic blood culture instrument, the specific model is BacT/ALERT 3D/240. The 6208 blood samples cultivated during the study were all submitted samples in the past three years. Analysis of pathogenic bacteria taken against positive specimens revealed a total of 745 positive specimens. Among them, there are 228 strains of Staphylococcus aureus, accounting for 30% of the total number of specimens, followed by E. coli, 140 strains, accounting for 18% of the total number of specimens, and 86 other strains of Staphylococcus epidermidis. , accounting for 11% of the total number of specimens, 64 strains of human mycoplasma of Staphylococcus, accounting for about 9% of the total number of specimens, 53 strains of hemolytic staphylococci, accounting for about 7% of the total number of specimens, 28 strains of Klebsiella pneumoniae The bacteria accounted for about 4% of the total number of specimens.

**Results** Gram-positive cocci are the bacteria most frequently found in this blood culture and increase the possibility of fungal-induced bloodstream infections and should be strengthened. In the future, it will be necessary to comprehensively implement drug resistance surveillance for various pathogens that can induce blood infections and appropriately select appropriate antimicrobial agents to prevent blood infections.

**Conclusions** Gram-positive cocci are the bacteria most frequently found in this blood culture and increase the possibility of fungal-induced bloodstream infections and should be strengthened. In the future, it will be necessary to comprehensively implement drug resistance surveillance for various pathogens that can induce blood infections and appropriately select appropriate antimicrobial agents to prevent blood infections.



## PU-5467

## A rapid identification and detection resistance gene of pathogen with whole genome sequencing

Kun Ye,Yongqing Zhang,Jiyong Yang

Center for Clinical Laboratory Medicine, Chinese PLA General Hospital

**Objective** This study aiming shorten the time of clinical pathogen identification and resistance gene for clinical patient.

**Methods** The whole genome sequencing was used for identify the resistance genes existence and plasmids exists. Furthermore, the blind test for the pathogen identification has a high accuracy and high sensitivity with isolate 16s sequence. Through the tool Pathogen-finder, Res-finder and Plasmid-finder to rapid detect the resistance gene and plasmid. And from the resistance gene to the phenotype of the antimicrobial resistance test result.

**Results** Primary identification of the resistance gene has a highly coherence with the phenotype result. And the identification of pathogen shows high accuracy than traditional bio-chemistry tests, and for the rare pathogens, the WGS shows great advantage

**Conclusions** The WGS shows great advantage in identification for common pathogen and rare pathogen. The resistance gene were shows great potential in furfure clinical usage. But the confirmed results were still need traditional ASTs to confirm, for those non-acquired gene resistance circumstances.

## PU-5468

## EDTA 依赖性假性血小板减少病例分析

战然

山东省千佛山医院,250000

**目的** 目前血小板计数基本都是采用全自动血液分析仪进行,在检测过程中,困扰检验人员的血小板计数异常,主要表现为血小板 EDTA-K2 抗凝血使用血液分析仪计数时血小板假性减低。对异常结果和仪器上提示需要镜检的标本手工血涂片镜检还是必不可少的,验证 EDTA 依赖性假性血小板减少症几种检测方法的可靠性,为检验工作人员提供参考依据

**方法** 对 50 例 EDTA 依赖性假性血小板减少症病例采全血分别用 EDTA-K2 和枸橼酸钠(9:1)抗凝仪器法,采外周血稀释模式仪器法分别于 5 min、30 min、60 min、120 min 检测并制作血涂片,计数样本在不同抗凝剂不同时间段血小板数和血液涂片中的血小板聚集情况,另做手工计数法计数。

**结果** 在 5 min 内即刻检测,各种抗凝剂结果均可接受,且计数值相近。30 min 后 EDTA-K2 抗凝的标本计数值下降明显,部分枸橼酸钠抗凝的标本也有不同程度的下降,外周血稀释模式仪器法各标本结果下降均在可接受范围内。

**结论** 对于 EDTA 依赖性假性血小板减少症患者可采取 EDTA-K2 抗凝即刻检测,或做外周血稀释模式仪器法检测及手工法计数,而采取枸橼酸钠抗凝法不可取。应该用无任何物质的生化管,抽血后立马上机,结果准确。

## PU-5469

## 全自动化学发光法检测结核感染 T 细胞释放 $\gamma$ -干扰素 试验的临床应用

李晓非

昆明市第三人民医院,650000

**目的** 比较两种结核病诊断试验诊断性能差异,以探索新试验的临床应用价值。

**方法** 采用前瞻性研究,同步盲法进行。通过 ROC 曲线来比较两试验诊断价值的优劣性, Kappa 检验来评价两种诊断方法结果的一致性,并对结果进行分析。

**结果** 实际收集 400 例样本,有效样本为 364 例:结核组 141 例,易于结核病混淆的非结核组 43 例,随机健康人群 180 例。复星长征试验、T-SPOT.TB 试验(A 孔和 B 孔)的 AUC 分别是 0.897、0.884 和 0.879, Kappa 值 $\approx$ 0.75。

**结论** 复星长征试验和 T-SPOT.TB 试验诊断性能具有较好一致性,但前者操作显著优于后者,因此前者在结核病诊断方面将有更好的临床应用价值。

## PU-5470

## 放置时间和血浆吸取部位对富血小板血浆 的血小板分布影响分析

朱丽娜

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探究富血小板血浆(PRP)在室温保存时,不同放置时间不同吸取位置血小板数量的变化。

**方法** 选择我院 40 例成人患者,抽取中心静脉血 3ml 注入枸橼酸钠抗凝管内,经离心(离心力 100g)处理制成 PRP,将其转移至塑料试管,挑选 PRP $>$ 1ml 标本,共 20 份。混匀后,在希森美康 XN9000 全自动血液分析仪上测定每份标本的即刻(0h)血小板数值,再按照放置时间分成 1h 组、2h 组、4h 组、8h 组和 12h 组。每组根据对应的时间分层吸取 PRP(即:在对应的时间下,将一份标本从表层吸取 PRP,每次 250ul,吸 4 次,分 4 层)。测定不同时间不同层面的 PRP 血小板数值。

**结果** 1h 组、2h 组、4h 组同一份标本不同层面的 PRP 值均无显著性差异( $p>0.05$ ), 8h 组和 12h 组同一份标本不同层面的 PRP 值均有显著性差异( $p<0.05$ ),随着层面的减低,PRP 的血小板数量呈上升趋势。12h 组不同层面血小板数值差异大于 8h 组。

**结论** 富血小板血浆(PRP)在室温保存时,4h 内不同吸取位置血小板数量变化不大,即均匀分布。8h 后不同吸取位置血小板数量有显著差异,随着层面的下降呈上升趋势,即血小板下沉,分布不均。随着时间的延长血小板下沉的数量增多。

PU-5471

## 河流弧菌菌群感应信号分子 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 的生物学活性检测及作用评价

李飞

泰安市中心医院,271000

**目的** 河流弧菌是一种常见的致病弧菌,在感染过程中,3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 是河流弧菌产生的重要菌群感应信号分子,但其在天然环境下产生量少,参与的功能调控尚不明确,故本研究在前期人工合成 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 的基础上,对其生物学活性进行验证,并就 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 对河流弧菌及其哺乳动物宿主的影响做出评价。

**方法** 首先采用生物敏感菌株检测法对人工合成 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 进行生物学活性验证;检测不同浓度 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 对河流弧菌海水分离株 VFB0009 生物学功能的影响,通过半定量黏附实验检测其生物膜形成,通过平板泳动实验检测其泳动能力,通过静置聚集实验检测菌体自聚集能力;对 BalB/C 小鼠皮下注射 100 $\mu$ L 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL,通过光镜观察小鼠注射部位周边病理变化。

**结果** 1) 不同浓度 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 与紫色色杆菌 *C. violaceum* CV026 与大肠杆菌 *E. coli* MG4 交叉共培养 12 h 后可使其菌落由接触近端至远端呈现由深至浅的蓝色变化,且呈浓度正相关。2) 与对照组相比, 50  $\mu$ M, 100  $\mu$ M 和 1 mM 的 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 处理组能够显著抑制 VFB0009 生物膜的形成,且呈浓度正相关;不同浓度 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 处理组均可显著增加 VFB0009 泳动环的半径,提示 VFB0009 的泳动能力增强;不同浓度 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 处理组自聚集菌体细胞均显著减少,提示 VFB0009 自聚集能力显著下降。3) BalB/C 小鼠皮下注射后 6 h 可见注射部位皮肤充血肿胀,小鼠接触躲避,注射部位周边 1 cm<sup>2</sup> 病理学结果可见炎细胞聚集,炎症细胞数量较对照组 (PBS) 显著增多,具体表现为细胞增大,部分形状异常化,胞核浓染,核质比明显增大,呈现典型的急性期炎症表现。

**结论** 成功验证了人工合成的 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 具有天然生物学活性,弥补了天然菌群感应信号分子获得不易,浓度低等的限制性实验条件;故本研究明确了 3-oxo-C<sub>10</sub>-HSL 在河流弧菌感染中的重要生物学作用,为探究菌群感应信号分子的作用机理奠定了理论基础。

PU-5472

## 外周血淋巴细胞绝对计数对异型淋巴细胞阴性结果的预示意义

杨西贤

山东省立医院,250000

**目的** 分析外周血淋巴细胞绝对计数对异型淋巴细胞阴性结果的预示意义。

**方法** 将在山东省立医院检验部进行异型淋巴细胞检测的 210 例患儿根据检测结果的不同分为研究组 (异型淋巴细胞<5%) 和对照组 (异型淋巴细胞 $\geq$ 5%),采集两组患儿外周血进行检验,比较两组患儿外周血的淋巴细胞百分数、淋巴细胞绝对值、白细胞计数,并将上述三者作为检验标量,作 ROC 曲线,分析患儿外周血淋巴细胞绝对计数与异型淋巴细胞阴性结果的相关性。

**结果** 126 例年龄在 3 个月~4 岁的研究组患儿的外周血淋巴细胞百分数为 (63.29 $\pm$ 2.16) %,较对照组患儿的 (70.16 $\pm$ 2.72) %低 ( $P<0.05$ ),淋巴细胞绝对值、白细胞计数分别为 (9.89 $\pm$ 1.14)  $\times 10^9$ /L、(15.96 $\pm$ 1.03)  $\times 10^9$ /L,较对照组患儿的 (7.25 $\pm$ 1.31)  $\times 10^9$ /L、(9.37 $\pm$ 1.15)  $\times 10^9$ /L 高 ( $P<0.05$ )。以研究组异形淋巴细胞作为检验标量得到的 ROC 曲线下面积较对照组大 ( $P<0.05$ ),其差异均具有统计学意义。

**结论** 当外周血淋巴细胞绝对值、白细胞计数明显增加、淋巴细胞百分数明显降低, 异型淋巴细胞检测结果通常为阴性。临床可根据上述三个指标的变化和 ROC 曲线下面积的大小预测异型淋巴细胞的检测结果。

#### PU-5473

### 呼吸道分离 425 株肺炎链球菌耐药性变化趋势分析

刘刚,杨永清  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 通过对我院 2008~2015 年间肺炎链球菌的分离率以及耐药性变化趋势进行调查分析, 为临床肺炎链球菌的病原学诊断和治疗提供依据。

**方法** 用新鲜哥伦比亚血琼脂培养基对来自不同科室的呼吸道标本进行分离培养, 传统手工法鉴定肺炎链球菌; 采用纸片扩散法进行 11 种抗菌药物的药敏试验

**结果** 根据美国临床实验室标准化研究所(Clinical Laboratory Standardization Institute, CLSI)药敏试验指南判断; 用 E-test 法检测青霉素的最低抑菌浓度。8 年共分离肺炎链球菌 425 株。对肺炎链球菌的耐药性进行监测, 结果显示肺炎链球菌对红霉素、克林霉素、复方新诺明的耐药率较高, 对奎奴普丁/达福普汀、四环素的耐药率总体呈现上升的趋势。此外, 对利福平及左氧氟沙星耐药率一直较低。未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药的菌株

**结论** 肺炎链球菌对各种抗菌药物的耐药性较严重且逐年增加, 需加强监测。

#### PU-5474

### 非病毒载体在肿瘤基因治疗中的研究进展

陈晓庆<sup>1</sup>,陈晓庆<sup>1</sup>  
1.吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000  
2.吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000

**目的** 随着人们对肿瘤发生和发展分子机制的认识的不断深化, 基因治疗已成为征服和治愈肿瘤最具前途和挑战的研究领域。研究者们所面对的重要难题之一是选择合适的载体, 目前已经广泛应用于基础研究及临床试验的是病毒载体, 虽然有转移效率高的优点, 但是存在安全性问题; 非病毒载体导入效率低, 但是易于制备且安全性良好, 因此越来越受到重视。现就近年来国内外对于肿瘤基因治疗中所使用的非病毒载体的研究现状及发展趋势作一综述。

#### PU-5475

### Significance of combined detection of CRP, SAA and white blood cell level in diagnosis of infectious diseases

Peng Yuan  
yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** The value of combined detection of CRP, SAA and leukocyte levels from patients' serum samples in the diagnosis and treatment of infectious diseases is of great importance.

**Methods** By comparing the difference between the single item index and the joint detection project index in the diagnosis and treatment of infectious diseases, the advantages of the joint

detection are demonstrated. The data of CRP, SAA and white blood cells in the serum of two groups of patients were detected, and the results were statistically analyzed.

**Results** The results showed that the levels of CRP and leucocyte were not significantly increased in the patients with virus infected diseases, but the level of expression in the patients with bacterial infection disease was significantly higher, and there was a significant difference in each group ( $P<0.05$ ). Compared with the statistical data of bacterial infection patients, the expression level of SAA in viral infection patients increased significantly. CRP and white blood cell level were low, and the difference was statistically significant ( $P<0.05$ ). The subjects' work feature curve (ROC) analysis showed that the area under the curves of SAA, CRP and white blood cells in the patients with bacterial infection were 0.712, 0.76, and 0.65, respectively. The area under the curve of SAA, CRP and WBC levels in patients with viral infectious diseases were 0.92, 0.552, and 0.582 respectively.

**Conclusions** The combined detection of CRP, SAA and leucocyte levels can be more effective than the detection of CRP or SAA or white blood cell levels and the combination of both of them more effectively and more comprehensively to improve the efficiency and function of the diagnosis of infectious diseases.

## PU-5476

### 胃泌素、胃蛋白酶原及 HP 抗体指标在胃部疾病的联合应用价值探讨

张忠源

福建省南平第一医院

**目的** 通过测定血浆胃泌素 17( G-17)、胃蛋白酶原 I ( PG I )、胃蛋白酶原 II ( PG II )、和 H.pylori IgG ( Hp ) 抗体来探讨其在胃部疾病中的联合诊断价值。

**方法** 选取 2014 年 8 月—2015 年 12 月在南平市第一医院 216 例住院患者, 根据胃镜和组织病理学检查结果将受检者分为胃癌组( 74 例)、慢性萎缩性胃炎组(22 例)、慢性浅表性胃炎组( 70 例)、正常对照组(50 例)。每一例均用酶联免疫吸附试验( ELISA )定量测定空腹血浆 PG I、PG II 和 G17 水平, 定性测定 H.pylori IgG 抗体。

**结果** ①PG I、PG II 和 G-17 水平在慢性浅表性胃炎 ( $176.50\pm128.55\mu\text{g/L}$ 、 $17.77\pm15.75\mu\text{g/L}$ 、 $12.54\pm16.39\text{pmol/L}$ ) 明显高于正常组 ( $107.78\pm25.48\mu\text{g/L}$ 、 $8.13\pm2.79\mu\text{g/L}$ 、 $4.34\pm3.33\text{pmol/L}$ ) 和胃癌组 ( $79.59\pm83.37\mu\text{g/L}$ 、 $9.42\pm10.83\mu\text{g/L}$ 、 $5.20\pm9.91\text{pmol/L}$ ) , 组间 t 检验具有显著性差异 (均  $P<0.01$ ) ; ②PGR (PG I / PG II 比值) 水平在慢性浅表性胃炎 ( $12.90\pm6.50$ ) 高于慢性萎缩性胃炎 ( $9.29\pm5.80$ ) , 差异有统计学意义 (  $P<0.05$  ) ; ③ PG I 水平在胃癌 ( $79.59\pm83.37\mu\text{g/L}$ ) 明显低于正常组 ( $107.78\pm25.48\mu\text{g/L}$ ) , 组间 t 检验具有显著性差异 (  $P<0.01$  ) 。 PG I 和 PG II 水平在胃癌 ( $79.59\pm83.37\mu\text{g/L}$ 、 $9.42\pm10.83\mu\text{g/L}$ ) 低于慢性萎缩性胃炎 ( $165.40\pm144.77\mu\text{g/L}$ 、 $23.40\pm28.89\mu\text{g/L}$ ) , 差异有统计学意义 (均  $P<0.05$ ) 。

**结论** 血浆 PG I、PG II 与胃黏膜炎性病变密切相关, 可作为慢性浅表性胃炎初步筛查和动态疗效评价的重要辅助诊断手段; PGR 可用于慢性萎缩性胃炎的筛查; PG I 水平显著低下可做胃镜进行胃癌筛查, 有助于提高胃癌的早期诊断率。

## PU-5477

## 儿科感染性疾病中炎症标志物 CRP、IL-6、TNF- $\alpha$ 、PCT 与 WBC 的相关性研究

刘孝波

陆军军医大学新桥医院

**目的** 通过对 C 反应蛋白 (CRP)、白细胞介素-6 (IL-6)、肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、降钙素原 (PCT) 检测及白细胞计数分析, 研究小儿感染性疾病中的炎症标志物与白细胞计数的相关关系。

**方法** 根据发热温度高低将 186 例感染性疾病的发热患儿分为 A 组 (体温 37.4~39℃, n=110) 和 B 组 (体温>39℃, n=76), 同期 100 例健康体检儿童作为对照组 (体温<37.4℃, n=100)。采用免疫比浊法检测 CRP, 免疫化学发光法检测 IL-6、TNF- $\alpha$ 、PCT, 流式细胞术检测白细胞计数 (WBC) 并记录检测结果。依据体温将患者分为与), 对照组为 C 组。利用 SPSS 统计软件中 Spearman 秩相关分析和线性回归分析对 4 种炎症标志物与 WBC 的相关关系做出评估。

**结果** A 组、B 组各项指标明显高于对照组 C 组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。Spearman 秩相关分析显示 CRP 与 WBC ( $R_s=0.35, P=0.001$ )、IL-6 与 WBC ( $R_s=0.35, P=0.001$ )、PCT 与 WBC ( $R_s=0.32, P=0.001$ ) 存在较弱的正相关关系, 而 TNF- $\alpha$  与 WBC ( $R_s=0.07, P=0.41$ ) 无明显的相关关系 ( $P>0.05$ )。线性回归分析提示 CRP 与 WBC ( $\beta=0.363, P=0.001, 95\%CI=2.016\sim 5.352$ )、IL-6 与 WBC ( $\beta=0.233, P=0.008, 95\%CI=0.329\sim 2.157$ ) 呈较弱的正相关关系, 而 TNF- $\alpha$ 、PCT 与 WBC 无明显的相关性 ( $P>0.05$ )。此外, A 组 CRP、IL-6 较 B 组高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 感染性疾病中的发热患儿中 CRP、IL-6 与 WBC 之间存在着一定的相关性, 而 TNF- $\alpha$ 、PCT 与 WBC 无明显的相关性。儿科诊疗中常联合检测四种炎症标志物和白细胞计数, 可作为患儿机体炎症情况的参考, 对疾病的诊断与鉴别诊断、治疗及预后有重要意义。

## PU-5478

## 对不同检验方法对以阴道念珠菌的检验效果进行比较, 以建立一种快速、简便的阴道念珠菌检验方式。

闫平

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 对不同检验方法对以阴道念珠菌的检验效果进行比较, 以建立一种快速、简便的阴道念珠菌检验方式。

**方法** 从 2016 年 1 月-2017 年 1 月期间在我院妇科门诊就诊的患者中选取 150 例疑似阴道念珠菌感染者, 对患者实施阴道念珠菌检验, 以无菌消毒棉签拭子取患者阴道、宫颈内的分泌物或阴道壁的乳白色薄膜, 作为待检查标本, 对待检标准分别应用直接镜检法、革兰染色涂片法、胶体金法和培养法四中方法进行检测。计算各检验方法对阴道念珠菌的检出率, 并使用 SPSS19.0 统计学分析软件, 以方差分析和卡方检验所得数据, 以  $P<0.05$  作为检验标准, 对比直接镜检法、革兰染色涂片法、胶体金法以及培养法四种不同检测方法对阴道念珠菌的检出率。

**结果** 直接镜检法中阳性标本为 78 例, 检出率为 52.0%, 革兰染色涂片法的阳性标本为 121 例, 检出率为 80.7%, 胶体金法的阳性标本为 123 例, 检出率为 82.0%, 培养法的阳性结果标准为 127 例, 检出率为 84.7%。四种检验方法的检出率大小比较培养法>胶体金法>革兰染色涂片法>直接镜检法。直接镜检法的检出率低于革兰染色涂片法、胶体金法和培养法, 差异有统计学意义 ( $X^2=24.572, P=0.000; X^2=27.091, P=0.000; X^2=32.590, P=0.000$ ), 格兰仕染色图片法、胶体金法与培养法三种检验方法对阴道念珠菌的检出率比较无统计学差异 ( $U=0.250, P=0.620$ ;

格兰仕染色图片法、胶体金法比较  $X^2=0.069$ ,  $P=0.793$ ; 胶体金法与培养法比较  $X^2=0.293$ ,  $P=0.589$ ; 格兰仕染色图片法、培养法比较  $X^2=0.645$ ,  $P=0.422$ 。

**结论** 培养法可做为检验阴道念珠菌的金标准, 胶体金法与革兰染色涂片法相较于直接镜检法对阴道念珠菌均有较高的检出率, 而胶体金法的操作方法检验, 可作为阴道念珠菌筛查的首选方法。

#### PU-5479

### The role of PCT and CRP in the diagnosis and treatment of patients with acute exacerbation of copd combined with bacterial infection was analyzed

Xu Wang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** In this paper, calcitonin (PCT) and C- reactive protein (CRP) were combined to be used in the treatment of patients with acute exacerbation of chronic obstructive pulmonary disease (AECOPD) and with bacterial infection.

**Methods** 116 AECOPD patients were studied in our hospital from October 2017 to March second, and the bacterial culture was carried out. According to the results, the patients were divided into two species, of which 78 were bacterial infection groups, the other 38 patients were non bacterial infection groups, and 30 healthy people were selected as the control group. Serum PCT and CRP levels were examined before and after treatment.

**Results** the content of PCT and CRP in the bacterial infection group was significantly higher than the other two groups before treatment ( $P < 0.05$ ). After the treatment, the content of PCT and CRP in the bacterial infection group showed a significant decreasing trend ( $P < 0.05$ ), but the PCT content was still significantly higher than that of the non bacterial infection group at the level of 0.05. ( $P < 0.05$ ). Before treatment, the levels of PCT and CRP in the non bacterial infection group were significantly higher than those in the healthy control group ( $P < 0.05$ ), but there was no significant difference in the content of PCT and CRP ( $P > 0.05$ ) before and after the treatment in the non bacterial infection group. The AECOPD and the patients with bacterial infection were detected and analyzed by PCT and CRP, and PCT and CRP were combined. Compared with the single test, the specificity, missed diagnosis rate and misdiagnosis rate of this method were significantly increased, but the sensitivity was reduced.

**Conclusions** The combination of CRP and PCT for AECOPD and the patients with bacterial infection is a relatively reliable method, and has important clinical significance for the treatment of patients and the rational use of antibiotics.

#### PU-5480

### 脂蛋白相关磷脂酶 A2 与 HCY 的相关性分析

郭争艳

山东省千佛山医院,250000

**目的** 对冠心病患者脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lp-PLA2) 和同型半胱氨酸 (HCY) 水平的变化进行分析和研究, 讨论 Lp-PLA2 和 HCY 的相关性。

**方法** 随机选取 50 例冠心病患者作为观察组, 选择同期在院内健康查体中心进行体检的健康受试者 30 例作为对照组, 用全自动生化分析仪对两组研究对象进行脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lp-PLA2) 和同型半胱氨酸 (HCY) 的分析测定。对两组研究对象两项指标之间的差异进行比较和分析。

**结果** 观察组 Lp-PLA2 水平测量结果明显高于对照组, 两组比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); LP—PLA2 与各项变量之间存在正相关的关系 ( $P < 0.05$ ); 观察组血清 HCY 检测结果显著高于对照组, 两组比较差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lp-PLA2) 和同型半胱氨酸 (HCY) 的变化与冠心病的变化呈正相关, 可能参与了冠心病的发生以及发展过程; 血清 Lp-PLA2 水平和 HCY 检测在冠心病的诊治和健康管理具有重要的临床意义, 可作为参考的依据对冠心病的风险层次进行判断。

#### PU-5481

### The Expression of SOCS and NF- $\kappa$ B p65 in Hypopharyngeal Carcinoma

shu feng  
Shandong Provincial Hospital

**Objective** Hypopharyngeal carcinoma is one of the most common types of head and neck tumors. Sup-pressers of cytokine signalling (SOCS) family members are key regulators of cytokine homeostasis, they play important roles in the process of cell proliferation, differentiation, maturation and apoptosis, and participate in the occurrence and development of tumor. The abnormal activation of NF- $\kappa$ B is an important feature of the tumor. The aim of this study was to investigate the relationships among SOCS, NF- $\kappa$ B p65 and hypopharyngeal carcinoma development.

**Methods** We included 72 hypopharyngeal cancer patients and 9 swallow cyst patients. The patients were re-cruited at The Second Hospital of Shandong University (Jinan, China) between 2014 and 2016. The mRNA and protein expression levels of SOCS-1, SOCS-3 and NF- $\kappa$ B p65 in hypopharyngeal carcinoma tissues, para-cancerous tissues and control tissues were detected by RT-PCR and Western blot analysis, respectively.

**Results** Hypopharyngeal carcinoma tissues had lower level expression of SOCS-1 and SOCS-3 than pericarcinoma tissues, but there was no significant difference, while cancer tissues had significantly higher level expression of NF- $\kappa$ B p65 than that of pericarcinoma tissues ( $0.412 \pm 0.266$ ,  $0.281 \pm 0.231$ ,  $t=2.969$ ,  $P=0.004$ ). The early stage patients had striking higher level expression of SOCS-1 and SOCS-3 than that in advanced stages ( $F=16.202$ ,  $P<0.001$ ;  $F=52.295$ ,  $P<0.001$ ), while the expression of NF- $\kappa$ B p65 in early stages had lower level than that in advanced stages ( $F=3.383$ ,  $P=0.04$ ).

**Conclusions** SOCS-1, SOCS-3 may be protective factors while NF- $\kappa$ B p65 could be a harmful factor in hypopharyngeal carcinoma.

#### PU-5482

### 传统开腹恶性肿瘤切除术后肺部感染分离的鲍曼不动杆菌耐药基因检测

韩飞<sup>1</sup>, 李彩云<sup>2</sup>, 胡丽杰<sup>2</sup>, 刘强<sup>1</sup>

1. 南京医科大学第四附属医院 (南京市浦口医院)  
2. 江苏省人民医院浦口分院 (南京市浦口区中心医院)

**目的** 分析传统开腹切除术与腹腔镜恶性肿瘤切除术患者术后感染情况, 并且进一步探讨分离病原菌的耐药特点及基因型, 为指导临床医院用药提供理论依据

**方法** 选取 2017 年 2 月-2019 年 2 月期间在我院接受手术治疗的 184 例腹部恶性肿瘤患者为研究对象, 并将其随机分为开腹组 131 例、腹腔镜组 53 例。开腹组患者采用开腹切除术治疗, 腹腔镜组



患者采用腹腔镜切除术治疗，术后采集感染患者的标本，数据采用 WHONET5.6 软件进行统计分析，分析两组患者术后病原菌的感染及药敏情况，采用 PCR 技术检测多重耐药菌的耐药基因。

**结果** 开腹组感染患者 42 例，腹腔镜组感染患者 13 例，开腹组感染率明显高于腹腔镜组，比较两组患者术后的感染部位发现肺部感染开腹组较腹腔镜组高，差异均有统计学意义，腹腔感染、血流感染、尿路感染、切口感染差异无统计学意义；开腹组多重耐药菌占 68.2%，腹腔镜组多重耐药菌占 13.6%，差异有统计学意义；开腹组中多重耐药菌株中鲍曼不动杆菌检出率最高，用 PCR 检测两组中耐药基因，发现 OXA-23 的检出率最高，依次为 OXA-51、AdeB、AdeR、OXA-24。

**结论** 传统开腹手术感染率明显高于腹腔镜，且以肺部感染为主，而且分离出的多重耐药菌中鲍曼不动杆菌菌株检出率很高，提示我们应加强细菌耐药检测，合理规范的使用抗生素，从而有效降低医院感染的发生。

## PU-5483

### 碳青霉烯耐药的肠杆菌科细菌检测方法评价

张安汝,王晓娟,梁馨月,尹玉瑶,张建港,王启,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 碳青霉烯耐药的肠杆菌科细菌是人类健康的重要威胁，快速甄别和检测是对其防控的关键。我们对几种新的碳青霉烯酶快速检测方法做了评价。

**方法** 我们一共选择了 221 株 CPE、23 株 CPAB（产碳青霉烯酶的鲍曼不动杆菌）和 61 株 non-CPE（非产碳青霉烯酶的肠杆菌科细菌），涵盖 KPC、NDM、IMP、VIM、SIM、OXA-48-like、OXA23、OXA58 酶，分别为 104、66、28、5、1、6、22、1 株，有 11 株产两种碳青霉烯酶的细菌。对其中 300 株菌进行了 BD 凤凰 CPO 检测；其中 190 株菌进行了 Carba-NP 和 O.K.N 免疫胶体金条的检测，对其中 280 株肠杆菌进行了 mCIM 和 eCIM 实验，以及 sCIM 实验，此外，还使用 sCIM 实验对 13 株鲍曼不动杆菌进行了检测。

**结果** BD 凤凰 CPO 检测板条的 P/N 检测的敏感度为 98.74%，特异度为 78.69%。而 Ambler 分型检测的敏感度为 57.32%，特异度为 90.16%，其对 KPC 和 OXA-23 型酶的分型检测敏感度分别为 25.24%和 68%，而对 B 类金属酶的分型检测敏感度 89%。

Carba-NP 的检测灵敏度和特异性均较高，分别为 97.97%和 88.10%；O.K.N 胶体金条对产 KPC、NDM、OXA-48-like 酶的菌株有非常高的检测敏感度和特异性，分别为 99.21%和 96.88%。

碳青霉烯灭活实验 mCIM 和 eCIM，在本研究中有着很高检测敏感度和特异性；在对于肠杆菌科细菌的检测中，sCIM 的检测结果与 mCIM 无显著性差异，但是在对于 12 株携带 OXA-23 的非发酵菌（鲍曼不动杆菌）的检测中，本研究只有 2 株为阳性结果，4 株为“不确定”的结果。

**结论** BD 凤凰 CPO 检测板条中的 P/N 检测的敏感度较高，特异性较低，Ambler 分型敏感度低而特异性较高；Carba-NP 和 O.K.N 胶体金条操作简便，检测敏感度和特异性都很高；mCIM 和 eCIM 存在一定的假阴性结果和错误分型结果，sCIM 对于肠杆菌科细菌的检测敏感性和特异度高，但是对于鲍曼不动杆菌的检测效率较低。

## PU-5484

### HIV 抗体检测替代策略可行性研究

闫新丽  
昆明市第三人民医院,650000

**目的** 探讨第四代 HIV 抗原抗体（ELISA 法）试剂加 HIV 抗体快速试剂在 HIV 检测中替代 WB 实验的可行性。

**方法** 采用酶联免疫吸附法（ELISA）对我院 2015 年门诊及住院患者进行 HIV 初筛检测。ELISA 筛查有反应（阳性）的样本再用两种胶体金试剂复核，并同时用免疫印迹法（WB）进行检测，不确定样本及时随访或进一步做核酸检测。

**结果** 533 例 HIV 初筛有反应（阳性）的样本，WB 确证 495 例阳性，阳性符合率为 92.9%；与 WB 法相比较，当 ELISA S/CO>6.67 时，阳性预测值为 99.2%；ELISA S/CO>6.67，HIV 抗体复检时两种快速金标试剂结果均为阳性时，与 WB 法或核酸的符合率为 100%。

**结论** ELISA 法随着 S/CO 值的升高阳性符合率也随着升高。ELISA 法 S/CO>6.67、HIV 抗体复检时两种快速金标试剂结果均为阳性时，在保证检测结果质量情况下，可以作为 WB 确证试验的替代策略。WB 检测不确定的早期与晚期感染者应及时做核酸检测以便为患者及时提供抗病毒治疗。

## PU-5485

### 冰冻混合血清钾候选标准物质均匀性及稳定性评价

张瑞

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 对血清钾候选标准物质进行均匀性、稳定性检验，使其成为较高水平的、满足临床检验需求的标准物质，有效解决量值溯源传递问题。

**方法** 制备 3 个浓度水平的冰冻混合人血清钾候选标准物质，分装于冻存管中各 1000 支（1ml/支）。每个浓度各取 10 支，每支重复测定 3 次。采用单因素方差分析法，以  $F < F_{0.05}$  为判定标准评价候选标准物质的均匀性。采用同步稳定性研究方法，对血清钾候选标准物质在运输条件下的短期稳定性冷藏（2-8℃），室温（18-25℃），37℃分别观察 30 天，15 天，7 天，用直线作为经验模型，不同温度条件下各水平血清钾含量与时间关系进行直线回归方差分析，直线斜 $|b_1| < t_{0.95, n-2} \cdot s(b_1)$ 为判定标准。

**结果** 通过 SPSS 17.0 统计软件进行统计分析，3 个浓度水平的冰冻混合人血清钾候选标准物质均匀性检验 F 值分别为 0.247，0.117，0.162，均小于  $F_{0.05(9,20)} = 2.39$ ；短期稳定性观察中，2-8℃，室温，37℃分别观察至 30 天，12 天，4 天时， $|b_1| < t_{0.95, n-2} \cdot s(b_1)$ ，未观测到不稳定。

**结论** 冰冻混合血清钾候选标准物质三个浓度水平的样品均匀性良好；在冷藏（2-8℃），室温，37℃分别至少稳定 30 天、12 天、4 天，血清钾候选标准物质在此类运输条件下足够稳定。

## PU-5486

### Resistance and Molecular Epidemiological Analysis of Carbapenilene Resistance to Enterobacteriaceae in Blood Ward

Zhengfei Chen

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to analyze the drug resistance and molecular epidemiology characteristics of carbapenem resistant enterobacteriaceae bacteria in the hematology ward.

**Methods** to collect lishui central hospital onset in July 2011 - February 2017 clinical isolated drug-resistant strains, the French merry Emmanuel Vitek2 - Compact bacteria identification instrument of bacteria, drug sensitive test by disc diffusion method (K - B) joint Vitek2 - Compact susceptibility system, using polymerase chain reaction (PCR) to detect drug resistant genes

**Results** collect 8 strains of penicillium carbon ene resistant enterobacteriaceae bacteria, is highly resistant to most of the beta lactam drugs, the polymyxin b are sensitive, minocycline, amikacin, levofloxacin, and compound new Ming the sensitive rate of 50%, 37.5%, 37.5% and 37.5%

respectively. PCR amplification and sequencing results indicated that carbapenase blaNDM and blaKPC genes were detected, and the ultra-broad spectrum enhanced lactamase gene blaCTX and blaTEM and cephalosporin enzyme gene blaCIT were detected. Penicillium.

**Conclusions** the onset ward separation of carbon olefine resistant enterobacteriaceae bacteria resistance mechanism is mainly produce carbon alkene enzyme, with NDM and KPC, part of the strain at the same time carry the ultra broad spectrum beta lactamase and cephalosporin enzyme genes. Carbon black alkene resistant enterobacteriaceae in most clinical common antimicrobials were highly resistant, clinical treatment to bring huge difficulties, clinicians need to rational use of antimicrobial agents, and make the hospital feeling epidemic prevention and control to prevent drug-resistant bacteria.

#### PU-5487

### 抗 CCP 抗体及 RF 联合检测在类风湿性关节炎诊断中的临床意义

李婧,刘芳  
兰州大学第二医院,730000

**目的** 比较抗环瓜氨酸肽 (CCP) 抗体及类风湿因子 (RF) 联合检测及单独检测抗环瓜氨酸肽抗体对类风湿性关节炎的诊断意义。

**方法** 纳入 2018 年 1 月至 2018 年 12 月在我院就诊的类风湿性关节炎患者 86 例,将这 86 例患者随机分为两组,每组 43 例,其中,实验一组联合检测患者血清中的抗 CCP 抗体和 RF,实验二组只检测抗 CCP 抗体。另选择 45 例健康人群作为对照组,检测每个人血清中的抗 CCP 抗体和 RF。

**结果** 通过比较实验一组、实验二组及健康对照组的血清中抗 CCP 抗体和 RF 的水平,发现在抗 CCP 抗体和 RF 的水平上实验一组和实验二组分别与对照组比较,差异具有统计学意义,  $P<0.05$ ;在阳性率上,实验一组与实验二组比较,差异有统计学意义,  $P<0.05$ 。

**结论** 抗 CCP 抗体和 RF 可以作为诊断类风湿性关节炎的重要指标,且联合检测 CCP 抗体及 RF 类风湿性关节炎诊断阳性率高,具有重要的临床意义,建议临床上进一步推广应用。

#### PU-5488

### XN2000 血细胞分析仪荧光染色法检测血小板的临床应用

王莹,吕晓艳,肖贺欣  
吉林大学第二医院,130000

**目的** 探讨 Sysmex XN-2000(简称 XN2000)全自动血液分析仪检测血小板(PLT) 3 种方法的临床应用价值。

**方法** 收集吉林大学第二医院 2018 年 4 月-12 月住院病人血液标本共 382 例。分为三组,其中第一组:平均红细胞体积 (MCV) 正常,血小板 (PLT) 减低 ( $<100\times 10^9/L$ ) 187 例;第二组: MCV 减低, PLT 正常 ( $100\times 10^9/L\sim 300\times 10^9/L$ ) 112 例;第三组 (Control): MCV 正常 PLT 正常 83 例,分别用 XN2000 血液分析仪的电阻抗法(PLT-I)、光学法(PLT-O)、荧光染色法(PLT-F)检测同一标本的血小板计数,以手工法为参考标准,比较 XN2000 血液分析仪 3 种方法的准确性。

**结果** 当 MCV 正常, PLT ( $100\times 10^9/L\sim 300\times 10^9/L$ ) 正常时,3 种仪器法与手工法结果比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ );当 MCV 正常 PLT  $<100\times 10^9/L$  时,仪器法中的 PLT-O 和 PLT-F 法分别与手工法结果比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ ),而 PLT-I 法与手工法结果比较,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),当 MCV 减低 PLT 正常时,仪器法中的 PLT-O 和 PLT-F 法分别与手工法结果比较,差异无统计学意义

( $P>0.05$ ),而 PLT-I 法与手工法结果比较,差异有统计学意义( $P<0.01$ ),PLT-F、PLT-O 和 PLT-I 分别与手工法的相关性系数 R 分别为:PLT-F 法:0.8051;PLT-O 法: 0.756; PLT-I 法:0.5567;

**结论** 1、当无小红细胞干扰 MCV 正常, PLT 介于 ( $100\times 10^9/L\sim 300\times 10^9/L$ ) 时,XN2000 仪器检测血小板计数的 3 种方法的准确性均较好;2、当存在小红细胞 MCV 减低, PLT 正常时,PLT-F 和 PLT-O 法的检测准确性优于 PLT-I 法, 3 当无小红细胞干扰 MCV 正常,  $PLT<100\times 10^9/L$  时,PLT-F 检测准确性优于 PLT-O 法和 PLT-I 法。XN2000 低值血小板通道(PLT-F)计数血小板比 PLT-I 法更准确,能替代手工显微镜计数。

## PU-5489

### 四种常规方法 GGT 检测结果正确性及参考物质互通性评价

张瑞,张顺利,王宁

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 研究  $\gamma$ -谷氨酰转移酶 (GGT) 参考方法与常规方法可比性及相关参考物质互通性,为常规检测系统实现量值溯源打下基础。

**方法** 从临床上收集 25 份包含 GGT 低、中、高不同浓度水平新鲜冰冻单人份血清样品,随机插入 2 水平卫生部、北京市室间质评物质及 3 水平美国病理学家协会 (CAP) 的室间质评物质,2 水平朗道和贝克曼室内质控品,1 水平中生北控、贝克曼和罗氏校准品以及 3 水平朝阳医院检验科参考实验室研制的酶学标准物质,共 42 份样本。每个样本混匀后分成 5 份,采用国际临床化学联合会 (IFCC) 推荐参考方法和 4 种常规检测系统 (以 A,B,C 和 D 系统代替) 将所有样本分别测定 2 次和 3 次。利用 Microsoft Excel 2010 进行统计学分析。依据美国临床实验室标准化协会 (CLSI) EP9-A2 文件在三个医学决定水平 (20 U/L, 60 U/L, 150 U/L) 评价 4 种常规检测系统与参考方法测定结果的可比性。依据 CLSI EP14-A2 文件评价质控品、校准品及自制标准物质的互通性。

**结果** A 系统与参考方法在低、中、高 3 个医学决定水平处的偏倚分别为 -28.8%, -4.5% (0.0~-9.0%) 和 -2.8%; B 系统分别为 -27.1%, -10.9% 和 -6.1%; C 系统分别为 -30.7%, -7.1% 和 0.0%; D 系统分别为 -83.0%, -24.7% 和 -7.2%。与基于生物学变异度导出的适中的允许偏差 (11.1%) 相比,除低值医学决定水平不能接受外,在其余 2 个医学决定水平具有可比性。线性相关分析表明 D 系统与参考方法的相关性较 A, B 和 C 系统差,剩余标准差 (Sy.x) 分别为 30.3, 6.7, 5.2 和 7.3。GGT 候选标准物质的 3 个相关点全部位于 25 份人血清样本的直线回归 95% 预测区间范围内,在各系统间具有互通性;而室间、室内质控品及校准品某些相关点处于以上区间范围外,在某些系统间缺乏互通性。

**结论** 通过 IFCC 推荐参考方法和常规方法比较发现,常规方法在低值医学决定水平的正确性不理想,某些试剂的分析特异性略差;自制标准物质的互通性好,有望在 GGT 的室间质量评价和标准化计划中发挥重要作用。

## PU-5490

### 艾滋病合并丙肝肝硬化患者血栓弹力图与凝血功能检测相关性分析

闫新丽

昆明市第三人民医院,650000

**目的** 探讨血栓弹力图与常规凝血功能检测在艾滋病合并丙肝肝硬化患者中的相关性,动态监测患者的整个凝血功能。

**方法** 选取我院艾滋病合并丙肝肝硬化住院患者 70 例，同时做血栓弹力图、凝血功能及血小板（PLT）计数检测，结果进行相关性分析。

**结果** 70 例患者血栓弹力图、凝血功能及血小板计数相关性分析：R 值与 APTT 相关性不高（ $r=0.207$ ），与 PLT 负相关（ $p<0.05$ ）；K 值与 INR 正相关，与 FIB、PLT 负相关（ $p<0.05$ ）；Angle 角与 PT、INR 负相关，与 PT%、FIB、PLT 正相关（ $p<0.05$ ）；MA 与 PT、APTT、INR、PT%无相关性（ $P>0.05$ ），但与 FIB、PLT 正相关（ $p<0.05$ ）；CI 与 PT%正相关，与 PLT 负相关（ $p<0.05$ ）。

**结论** AIDS 合并丙肝肝硬化患者血栓弹力图与凝血功能检测部分项目之间具有相关性，两种方法联合检测有助于及时、全面、准确掌握患者的整个凝血功能状态，对患者进行针对性治疗。

#### PU-5491

### Application of amylase combined with lipase in the diagnosis of pancreatitis

Jielan He  
yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To explore the changes of serum amylase and lipase in the development of pancreatitis.

**Methods** The concentration of lipase (Lipase) and amylase (Amylase) in bleeding were detected by automatic biochemical analyzer in our hospital.

**Results** The large volume of experimental data showed that the serum lipase concentration was high in the patients with pancreatitis, but the serum amylase concentration was slightly lower than the lipase levels, but the results of the combined determination of the serum lipase concentration and amylase concentration showed that the positive rate of the diagnosis was very high. And the difference is statistically significant.

**Conclusions** The clinical use of serum amylase and lipase can greatly improve the positive rate of acute pancreatitis, so that it can predict the disease early and effectively, control the development of the disease, and guide the correct clinical medication[4].

#### PU-5492

### VIRTOS<sup>o</sup>R 干化学法 TBIL 和 BuBc 健康成人参考区间建立

宋晓冬  
复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 由于目前国内缺少干化学法 TBIL 和 BuBc 的参考范围，目前在用参考范围均来自试剂说明书，而试剂说明书给予的参考范围是基于美国健康人群得出的参考区间，该参考范围不一定符合中国人群实际情况，故本课题旨在研究 VIRTOSR 总胆红素测定干片（比色法）和结合非结合胆红素测定干片（双波长比色法）建立中国人群 VIRTOSR 干化学法参考区间，并用瑞士罗氏 cobas 湿生化总胆红素测定试剂盒（重氮法）和直接胆红素测定试剂盒（重氮法）同步测试，对两种方法测得的参考区间进行比较。

**方法** 从来本院参加健康体检的人群中，经问卷调查，体格检查和实验室筛查，筛选出健康人群共计 300 例（男 160 例，女 140 例）为研究对象，采集空腹静脉血，在 VITROS 检测平台上进行 TBIL 及 BuBc 检测，并在对照湿化学 Roche Cobas 检测平台上，进行 TBIL、DBIL 检测，

VITROS 平台检测和对照平台检测时间间隔不超过 2 小时。记录检测结果并做统计学分析, 得出各参数 95%置信区间。

**结果** 在比较男性和女性分组的均值后, 发现两者的差异无统计学意义, 可以合并为一组。合并组别后得到的参考区间与厂商提供的参考区间有着较为明显的差别, 同时与湿生化测得 TBIL、DBIL 结果比较也有较为明显的差别。

**结论** 检测指标往往会因种族、性别、饮食、生长环境等因素的差异而导致参考区间的不同, 实验室不可直接套用外国相关研究得出的结果, 因此建立基于我国人群的临床常用检验项目参考范围, 已成为急需解决的医学问题。

#### PU-5493

### Studies on serum cystatin C, homocysteine and glomerular filtration rate (e-GFR) in diabetic nephropathy.

Qing Deng

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To investigate the correlation between serum cystatinC, homocysteine and glomerular filtration rate (e-GFR) in diabetic nephropathy in the development of diabetes mellitus.

**Methods** 40 patients with diabetes alone from linyi city people's hospital endocrinology randomly selected as a simple diabetes group, 40 cases of patients with diabetic nephropathy as diabetic nephropathy group, 40 cases then select outpatient health physical examination as contro group. The horizontal changes and clinical significance of serum CysC, Hcy and GFR in the three groups were compared and analyzed.

**Results** The serum level of CysC concentration in the simple diabetic group was  $(1.04 \pm 0.41)$  mg/l, Hcy  $(11.23 \pm 2.04)$   $\mu$ mol/l, and GFR was  $(86.67 \pm 23.07)$  ml/min in the simple diabetic group; those of diabetic nephropathy group were CysC  $(3.13 \pm 1.69)$  mg/l, Hcy  $(19.9 \pm 8.34)$   $\mu$ mol/l, GFR  $(45.33 \pm 21.18)$  ml/min in Control group, serum level of CysC  $(0.96 \pm 0.38)$  mg/l, Hcy  $(8.72 \pm 1.59)$   $\mu$ mol/l, and GFR  $(112.29 \pm 27.01)$  ml/min. Serum level of CysC and Hcy were higher in the pure diabetes group and the diabetic nephropathy group than those in the control group ( $P < 0.05$ ). GFR was significantly lower in the pure diabetic group and diabetic nephropathy group than that in the control group ( $P < 0.05$ ).

#### Conclusions

Serum CysC, Hcy and GFR in diabetic nephropathy in the development of mutual influence, interaction, combined detection of CysC, Hcy and GFR can be used as a sensitive index for renal damage degree evaluation, for the diagnosis and treatment of diabetic nephropathy scheme, provide important reference basis.

#### PU-5494

### 平均红细胞体积、红细胞体积分布宽度对 XE-5000 血细胞分析仪血小板计数影响

赖伟波

南方医科大学珠江医院, 510000

**目的** 探讨平均红细胞体积 (MCV) 和红细胞体积分布宽度 (RDW) 对 XE-5000 全自动血细胞分析仪鞘流电阻抗法 (impedance, PLT-I) 计数血小板和荧光染色法 (optical, PLT-O) 计数血小板的影响。 **方法** 根据 MCV 和 RDW 值选出所需的 89 例标本并进行分组, 采用 XE-5000 血细胞分析

仪对选定样本分别用常规电阻抗法和荧光染色法进行血小板计数, 将两者的血小板计数相比较并对数据进行统计学分析。

**方法** 根据 MCV 和 RDW 值选出所需的 89 例标本并进行分组, 采用 XE-5000 血细胞分析仪对选定样本分别用常规电阻抗法和荧光染色法进行血小板计数, 将两者的血小板计数相比较并对数据进行统计学分析。

**结果** RDW<15%时, 当 MCV $\geq$ 80fL, 电阻抗法和荧光染色法计数血小板差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 当 70fL $\leq$ MCV<80fL 时, 电阻抗法和荧光染色法计数血小板结果差异仍然无统计学意义 ( $P>0.05$ )。RDW>15%时, 当 MCV $\geq$ 80fL 和 70fL $\leq$ MCV<80fL 时, 两种方法测定血小板结果差异并无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 而当 MCV<70fL 时, 电阻抗法和荧光染色法血小板测定结果差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 电阻抗法比荧光染色法血小板计数平均约高 8.1%。

**结论** 平均红细胞体积和红细胞体积分布宽度对血小板计数存在一定的影响。当患者 RDW 大于 15%且 MCV 小于 70fL 时, 增多的小红细胞及其他类血小板颗粒的干扰会引起血小板计数假性增高, 可改用荧光染色法或者手工涂片镜检进行血小板复查, 得出较为准确的测定值。本文的结果也将对 XE-5000 血细胞分析仪复检规则的制定与完善起到一定的参考作用。

#### PU-5495

### 血清 ProGRP、CEA、CYFRA211、NSE、CA199 和 AFP 联合检测在肺癌诊断的临床价值

李冬玲

昆明市第三人民医院,650000

**目的** 探讨联合检测血清肿瘤标志物胃泌素释放肽前体 (英文全称, ProGRP)、癌胚抗原(英文全称, CEA)、细胞角蛋白 19 片段(英文全称, CYFRA211)、神经特异性烯醇化酶(英文全称, NSE)、糖类抗原 199(英文全称, CA199)和甲胎蛋白 (英文全称, AFP) 在肺癌诊断中的价值。

**方法** 收集 2016 年 10 月至 2017 年 9 月期间昆明市第三人民医院 560 例血清, 其中 280 例为肺癌患者、180 例肺部良性疾病患者和 100 例健康体检者, 采用电化学发光法罗氏 Cobas e601 全自动免疫分析仪分别检测血清中这 6 种肿瘤标志物的含量。

**结果** 6 项肿瘤标志物含量在肺癌组的含量均高于肺部良性疾病组和健康对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。小细胞肺癌组、腺癌组和鳞癌组血清 ProGRP、CEA、CYFRA211、NSE 和 AFP 水平比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。ProGRP 和 NSE 联合检验在小细胞肺癌中的灵敏度高达 97.9%, CEA、CYFRA211 和 NSE 联合检验在腺癌中的灵敏度达 87.7%。

**结论** 血清肿瘤标志物 ProGRP、CEA、CYFRA211、NSE、CA199 和 AFP 含量的联合检测对肺癌的诊断和疗效监测均具有较高的临床应用价值, 联合检测可进一步提高敏感度和特异性。

#### PU-5496

### Necroptosis-triggered NLRP3 inflammasome in intestinal epithelial cells and its initial role in colitis

Yujiao Chen

Department of Laboratory Medicine, the Second People's Hospital of Lianyungang City,  
Jiangsu Province, China

**Objective** Inflammation mediated epithelial damage, including necroptosis of the intestinal epithelial cells (IECs), can leads to subsequent immune responses, but the molecular mechanism of mucosal immunity at the initial regulatory stage is not clear. NLRP3 inflammasome is reported to involve in the inflammatory response during colitis by activating and secreting cytokines IL-1 $\beta$

and IL-18. As the important intestinal barrier, IECs are the first cells to contact pathogens. It is meaningful to investigate the inflammasome formation in IECs for the following immune response, and its regulating mechanism under pathological condition. In this study, we investigated the cross-talking between necroptosis and NLRP3 inflammasome signaling pathways, and its function in inflammatory initiation in colitis.

**Methods** Our research was based on HT-29 cell line experiments and DSS-induced colitis mice models. Immunoblotting, immunofluorescent staining and NLRP3 inhibitor MCC950 were performed to investigate the cross-talking between necroptosis and inflammasome signaling pathways; ELISA and RT-PCR were used to detect the IL-1 $\beta$  in the colon tissue of mice models; Histopathology were further used to examine the intestinal epithelial damage and mucosal immune response in DSS-induced colitis mice models.

**Results** The results showed that the intestinal epithelial cells shed severely during the most intense 7-10 days of inflammation in the DSS-induced mice model. Immunoblotting showed epithelial cells undergo phosphor-MLKL-dependent necroptosis. Meanwhile, the NLRP3 inflammasome signaling pathway is triggered in the necroptotic epithelial cells with the following caspase-1 activation and IL-1 $\beta$  maturation. Mechanism study showed the components of inflammasome were primed through NF- $\kappa$ B signaling pathway, and ASC-NLRP3 organization relied on mitochondrial reactive oxygen species (ROS). Furthermore, we found the molecular mechanism of the Tempol, a general superoxide dismutase (SOD) - mimetic drug that efficiently neutralizes ROS, in alleviating colitis. It can inhibit the NLRP3 pathways activated, prevent programmed of intestinal epithelial cell necrosis, thus effectively reduce intestinal inflammation in mice.

**Conclusions** Taken together, our research showed under necroptosis condition, the activating of NLRP3 inflammasome in IECs plays an important role in the initiation of inflammatory response in colitis. Our results provide a novel insight into the mechanism of necroptosis triggering NLRP3 inflammasome, and the effect mechanism of ROS inhibitor Tempol for preventing the immune response and inflammation induced tissue damage in intestinal epithelium as a potential therapeutic target for colitis.

## PU-5497

### Neutrophil-To-Lymphocyte Ratio as a Novel Biomarker of Neovascular Glaucoma

Aiping Zhang, Li Ning, Jianping Han, Yi Ma, Yingbo Ma, Wenjun Cao  
Eye & ENT Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University, China

**Objective** To investigate the role of blood count-derived inflammation indexes in patients with neovascular glaucoma (NVG) secondary to retinal vein occlusion (RVO) and diabetic retinopathy (DR).

**Methods** The following groups were enrolled in the study: 38 patients with NVG secondary to RVO, 46 patients with NVG secondary to DR, and 59 healthy subjects. The following blood cell count-derived indexes were evaluated: white blood cell (WBC), neutrophil (N), monocyte (M), lymphocyte (L), neutrophil-to-lymphocyte ratio (NLR), platelet-to-lymphocyte ratio (PLR), and lymphocyte-to-monocyte ratio (LMR). A one-way ANOVA was used to compare the levels of these indexes among the three groups. Logistic regression and multiple linear regression analysis were performed to identify inflammation risk factors and associations of NVG patients with RVO or DR as compared to control subjects.

**Results** A significant difference was found in terms of WBC, N, NLR, and LMR between RVO, DR, and the control group ( $p < 0.05$ ). Logistic regression analysis revealed that WBC (OR = 2.330, 95% confidence interval (CI) = 1.303 ~ 4.165,  $p < 0.05$ ), N (OR = 2.280, 95% CI = 1.252 ~ 4.150,  $p < 0.05$ ), NLR (OR = 1.772, 95% CI = 1.950 ~ 3.303,  $p < 0.05$ ) and LMR (OR = 0.619, 95% CI = 0.427 ~ 0.897,  $p < 0.05$ ) were associated with the risk of DR group. The area under the receiver operating characteristic curve (AUROC) value of WBC, N, NLR, and LMR was found to



be 0.714, 0.730, 0.681, and 0.771, respectively. A similar trend was observed in the RVO group, WBC (OR = 1.960, 95% CI = 1.124 ~ 3.419,  $p = 0.018$ ), N (OR = 2.343, 95% CI = 1.121 ~ 4.894,  $p < 0.05$ ), NLR (OR = 2.221, 95% CI = 1.054 ~ 4.680,  $p < 0.05$ ) and LMR (OR = 0.579, 95% CI = 0.372, 0.902,  $p < 0.05$ ), with the AUROC value of WBC, N, NLR, and LMR: 0.658, 0.682, 0.676, and 0.715. Multiple linear regression analysis showed that there was a significant correlation between NLR and visual fields mean deviation ( $B = 0.646$ ,  $p < 0.05$ ) in the RVO group.

**Conclusions** Our study indicates that WBC, N, NLR, and LMR were related to NVG and NLR may be useful as a biomarker in patients with NVG secondary to RVO.

## PU-5498

### 淄博地区健康人群肌酐参考区间建立的研究

类承斌,张文  
淄博市中心医院,255000

**目的** 调查淄博地区健康人群血清肌酐的正常参考范围, 建立该地区血清肌酐的参考区间。

**方法** 采用酶法及贝克曼 AU5831 自动生化分析仪对该地区 1500 例健康成年人 (年龄范围 18-72, 其中男 676 例, 女 824 例) 进行血清肌酐的测定, 并按性别和年龄组分别比较。

**结果** 男性体检者的肌酐浓度明显高于女性 ( $P < 0.001$ ), 其 95% 参考区间为 56.3~91.0  $\mu\text{mol/L}$  (18~30 岁)、56.2~95.6  $\mu\text{mol/L}$  (>30~70 岁)、60.1~112.7  $\mu\text{mol/L}$  (>70 岁); 女性体检者肌酐的 95% 参考区间为: 41.0~65.4  $\mu\text{mol/L}$  ( $\leq 60$  岁)、44.7~86.1  $\mu\text{mol/L}$  (>60 岁)。

**结论** 以酶法建立了淄博地区健康人群血清肌酐的参考区间供检验人员参考。

## PU-5499

### Detection and clinical significance of serum M protein

Kexin Sun  
yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** Objective M proteins mostly appear in the serum and /or urine of patients with M proteinemia ,M proteinemia is mainly seen in myeloma and macroglobulinemia, to investigate the use of serum immunofixation electrophoresis in the detection of multiple myeloma in multiple myeloma, and what issues we should pay attention to in the experiment.

**Methods** we used agarose gel immunofixation electrophoresis to detect sera from 350 patients with multiple myeloma.

**Results** in the serum of 350 patients with MM, there were 70 IgA- $\gamma$ , 77 IgA-K, 63 IgG-K, 35 IgG- $\gamma$ , 7 IgD, 4 K type light chain 70  $\gamma$  type light chain. The MM patients had significantly higher  $\beta_2$ -TG, CRP and Cr serum levels than the control ( $P < 0.05$ ) the MM patients had significantly higher  $\beta_2$ -TG, CRP, and Cr serum levels than the control ( $P > 0.05$ ).

**Conclusions** Immunofixation electrophoresis is a good method for detecting and identifying M proteins. The use of immunofixation electrophoresis multiple myeloma to type, its specificity and sensitivity are high, is an important means of identifying multiple myeloma, characterized by less interference, and easy to identify, it should be strengthened in the clinical applications.

PU-5500

## 新型布尼亚病毒感染患者实验室指标 及病重危险因素分析

李亚丽

山东大学第二医院检验医学中心

**目的** 发热伴血小板减少综合征（SFTS）是一种自然疫源性疾​​病，它由新型布尼亚病毒（SFTSV）感染引起，主要临床表现为发热伴白细胞、血小板减少和多脏器功能损害，可以通过蜱虫叮咬传播。于 2007 年在我国河南、安徽、山东等地陆续报道，直至 2010 年，李德新等专家组对送检标本的全基因组信息进行了分析，确定其为布尼亚病毒科白蛉病毒属的一种新病毒，并将其命名为 SFTSV<sup>[3]</sup>。近几年，山东地区 SFTS 发病人数呈上升趋势。通过回顾性分析新型布尼亚病毒感染患者的临床特点、实验室指标和流行病学特征，探讨危重患者相关危险因素，为提高危重患者的治愈率提供依据。

**方法** 收集 2016 年 5 月~2017 年 10 月山东大学附属济南市传染病医院确诊的新型布尼亚病毒感染患者住院病例，用描述流行病学方法进行病例分析，根据预后情况分为普通组和危重组，对两组患者入院首诊时的实验室指标、临床特征、流行病学特点等因素进行对比分析，并用单因素 Logistic 回归分析与病情严重程度相关的危险因素。

**结果** 期间共收治 146 例新型布尼亚病毒感染患者，病死率为 21.92%，普通组（114 例）与危重组（32 例）相比较，发现危重组的年龄、ALT、AST、GLU、CK、CK-MB、LDH、HBDH、APTT、BUN、Cr、D-二聚体等指标明显高于普通组，PLT 计数明显低于普通组（ $P$  均 $<0.05$ ），差异有统计学意义。经单因素 Logistic 回归分析，发现伴有神经精神症状（ $OR=24.083$ ，95%CI: 6.064~95.642）、皮肤出血点（ $OR=30.000$ ，95%CI: 6.936~129.764）、多器官功能障碍（ $OR=34.048$ ，95%CI: 7.740~149.782）、既往病史（ $OR=3.792$ ，95%CI: 1.284~11.200）和空腹葡萄糖升高（ $OR=1.359$ ，95%CI: 1.106~1.668），对病情严重程度具有预测作用。

**结论** 新型布尼亚病毒感染患者实验室指标异常程度、特殊的临床表现、伴有既往病史是判断患者病情严重的重要依据。应引起医护人员的高度重视。

PU-5501

## Study on the relationship between trace element content and anemia in children

Qianfeng Xia

Yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to study the relationship between serum trace elements and anemia in children so as to provide scientific basis for rational diet and health care.

**Methods** from January to June 2016, 514 children in Yantai affiliated Hospital of Binzhou Medical College in Muping District were examined for trace elements and hemoglobin, which were divided into anemia group ( $n = 41$ ) and control group ( $n = 473$ ).

**Results** the levels of serum iron and zinc in anemia group were significantly lower than those in control group ( $P < 0.05$ ), and the serum lead level was higher than that in control group. There were 154 cases of anemia, 12 cases of anemia aged 1 year old (108 cases, 7 cases of anemia).

**Conclusions** there is a certain trace element deficiency in this area and it has a certain effect on anemia. It is suggested that we should pay attention to the regular screening of trace elements in children and advocate a reasonable diet and scientific diet in our daily life.

## PU-5502

## 人脐带间质干细胞调控中性粒细胞缓解炎症性肠病的实验研究

王高莹,王静燕,蔡秀,严永敏,张徐,毛飞  
江苏大学医学院, 医学科学与检验医学重点实验室

**目的** 探究人脐带间质干细胞(hucMSCs)调控中性粒细胞发挥其修复炎症性肠病的作用,为hucMSCs治疗炎症性肠病提供新的思路和实验依据。

**方法** 建立了DSS诱导C57小鼠炎症性肠病模型,观察小鼠体重、粪便性状、结肠/脾脏大体观、组织HE/免疫组化染色以及炎症因子等指标评价hucMSCs修复炎症性肠病的效果。采用磁珠标记并经MACS分选出肠组织中浸润的中性粒细胞,运用Western blotting及qRT-PCR鉴定其表面分子(ICAM-1、FAS、CCL3、CCL2、VEGF、CXCR4)表达水平。同时,体外通过中性粒细胞与LPS共培养模拟炎症环境,加入ERK磷酸化抑制剂从而研究hucMSCs调控中性粒细胞表型的关键信号通路。

**结果** 研究结果显示hucMSCs可缓解DSS诱导的体重减轻、结肠缩短、损伤和临床疾病活动指数。且经hucMSCs处理后的小鼠肠内浸润的中性粒细胞N1型表面标志物(ICAM-1、FAS、CCL3)的表达水平降低,N2型表面标志物(CCL2、VEGF、CXCR4)表达水平升高,同时肠组织中ERK磷酸化受抑制。体外经LPS诱导后,ICAM-1、FAS、CCL3的表达水平升高,CCL2、VEGF、CXCR4表达水平降低,在与hucMSCs共培养后,中性粒细胞表面ICAM-1、FAS、CCL3的表达水平降低,CCL2、VEGF、CXCR4表达水平升高。加入ERK抑制剂后,中性粒细胞表面ICAM-1、FAS、CCL3的表达水平降低,CCL2、VEGF、CXCR4表达水平升高。

**结论** 在缓解炎症性肠病过程中,hucMSCs通过抑制ERK信号通路活化从而诱导中性粒细胞向N2型极化。

## PU-5503

## The application of serum calcitonin and c-reactive protein in the detection of bacteremia.

Shaoyi Lei  
yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To evaluate the effect of serum calcitonin(PCT) and C-reactive protein(CRP) combined detection. [Original: English]

**Methods** In 69 patients with bacterial infection and 69 normal non-infected patients, calcitonin and C-reactive protein and blood culture were studied to compare their specificity, sensitivity and accuracy.

**Results** Compared with the PCT and CRP of the two groups, the levels of patients with bacterial infections were high and no infected person was at normal levels. The two projects have good sensitivity, specificity and accuracy. [Original: English]

**Conclusions** As the disease deteriorated, the levels of PCT and CRP also increased, which showed positive correlation. The combined analysis could improve specificity, reduce missed diagnosis and misdiagnosis, and guide the rational application of antibiotics. The combination of PCT and CRP has a good effect on bacterial infection and should be popularized.

## PU-5504

## 细胞生物学与流行病学的发展

冯双亮

山东省千佛山医院,250000

**目的** 合理分配基础性实验与设计创新实验、科研性实验各部分的时间,充分提高时间利用率,使我们得到更多的独立动手机会,提高独立思考、分析解决问题的能力

**方法** “假说-演绎法”

**结果** 阐明大约 10 万个人类基因的结构与功能对揭示生命起源、进化和医学实践具有划时代的意义,关系到人类的遗传、生长、病变、衰老、死亡等生命活动的各个方面,是一项造福于全人类的科研合作计划<sup>[13]</sup>。我国国家自然科学基金于 1993 年将“中国人类基因组计划”列入重大研究项目,利用我国多人口、多民族、历史渊源、遗传资源丰富的优势

**结论** 细胞生物学实验课既是理论课程的验证和补充,又是培养我们创新能力、独立思考能力、分析解决问题能力的重要手段

## PU-5505

## 尿沉渣中 NLRP3 基因在膀胱癌诊断中的价值

汪晓巍

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 旨在明确膀胱癌患者尿沉渣中 NLRP3 基因的表达,通过与 CK20 的比较,探讨其在诊断膀胱癌中的可能性。

**方法** 收集从 2016 年 4 月到 2017 年 1 月在我院就诊的初发膀胱癌患者 (BCa 组, 52 例)、膀胱炎患者 (CTR1 组, 55 例) 和健康人 (CTR0 组, 53 例) 尿液。提取尿沉渣中总 RNA, 采用实时定量 PCR 法测定 NLRP3 和 CK20 的 mRNA 表达水平。比较各组间 NLRP3 和 CK20 的表达差异, 使用受试者工作特征曲线评价 NLRP3 和 CK20 对膀胱癌的诊断价值。

**结果** BCa 组中 NLRP3 的表达量为 10.09(8.43-10.99)明显高于 CTR0 组 7.52(5.52-8.70)和 CTR1 组 9.35(7.25-10.60), 且均有显著性差异 ( $P<0.001$ ,  $P<0.01$ )。而 CK20 的表达量为 9.15(7.96-12.19)高于 CTR0 组的 7.78(5.36-8.74)和 CTR1 组的 8.92(6.90-10.43), 与 CTR0 组相比具有统计学差异,  $P<0.001$ 。NLRP3 用于诊断 BCa 的敏感度为 47.4%, 特异度 86.5%; CK20 用于诊断 BCa 的敏感度为 50%, 特异度 82%。两者联合诊断 BCa 的敏感度为 61.5%, 特异度 75.9%。

**结论** NLRP3 可以作为新的候选肿瘤标记物用于膀胱癌的临床诊断, 还需要大样本量的深入研究。

## PU-5506

## PIVKA-II 和 AFP 在原发性肝癌的诊断和疗效监测的临床应用

李冬玲

昆明市第三人民医院,650000

**目的** 探讨血清异常凝血酶原 (protein induced by vitamin K absence or antagonist-II, PIVKA-II) 和甲胎蛋白 (alpha fetoprotein, AFP) 在原发性肝癌 (primary hepatocellular carcinoma, PHC) 中的诊断和疗效监测的临床应用。

**方法** 收集 2015 年 11 月至 2017 年 11 月期间昆明市第三人民医院 572 例血清, 采用罗氏 Cobas e601 全自动免疫分析仪和 LUMIPULISE G1200 全自动免疫分析仪分别检测血清标本 PIVKA-II 和 AFP 水平, 分析两者单独及联合检测诊断 PHC 的受试者工作曲线下面积 (ROC-AUC)、敏感度和特异性, 比较 PHC 患者治疗前后血清水平的变化。

**结果** 原发性肝癌患者血清 PIVKA-II 和 AFP 水平均明显高于肝硬化组、慢性乙型肝炎组、肝内胆管细胞癌组和健康对照组。PIVKA-II 诊断是肝细胞癌 (hepatocellular carcinoma, HCC) 的敏感度 87.28%, 高于 AFP 诊断原发性肝细胞癌 (primary hepatocellular carcinoma, PHC) 的敏感度 70.52%, PIVKA-II 和 AFP 联合检测诊断 PHC 的敏感度 94.21%。采用 PIVKA-II 和 AFP 联合诊断方案, 可提高诊断原发性肝癌的敏感性和特异性。原发性肝癌患者接受治疗后, PIVKA-II 和 AFP 水平均显著降低, 与治疗前比较具有统计学差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清 PIVKA-II 和 AFP 对原发性肝癌的诊断和疗效监测均具有较高的临床应用价值, 联合检测可进一步提高敏感度和特异性。

## PU-5507

# 7S 管理模式在希森美康 CS-5100 血凝流水线管理和维护中的应用体会

王诗瑶, 谢鸿翔  
山东省千佛山医院, 250000

**目的** 凝血分析流水线由 Aptio 自动化流水线和 CS-5100 凝血分析仪组成, 结合实验室实际工作情况, 探讨 7S 管理模式在该流水线中的应用效果。

**方法** 将 7S 管理引入希森美康 CS-5100 凝血流水线管理实践中, 对仪器实施“整理、整顿、清扫、清洁、素养、安全、节约”的 7S 现场管理, 具体如下(1)整理, 将仪器需要的试剂、耗材等常用物品划定储藏空间, 软件对其出入库、有效期进行管理, 将 SOP 操作文件、记录表格等整理好, 将不用的物品移除。(2)整顿, 按照标本的实验流程调整仪器设备摆放位置, 将仪器所需的试剂耗材、SOP 文件、记录表格、维修工具等经常使用的东西贴上标签, 使物品合理布局, 拿取方便, 缩短取物耗时。(3)清扫, 每日工作结束后对实验操作区按规定进行清扫, 包括仪器设备、实验室台面、地面等, 特别是实验室台面需彻底清除污秽, 防止污染发生。分析仪的清扫注重对仪器的维护和保养, 每日擦拭加样针、试剂针, 排除仪器管道、阀门的漏水现象, 发现问题及时解决, 并做好相关记录。(4)清洁, 在前三项工作的基础上进一步对仪器进行检查和保养, 成立相关质控小组对上述三项环节的工作情况进行随机检查, 检查结果以记分制形式参与每月绩效考核, 使整理、整顿、清扫标准化、持久化和制度化。(5)素养, 使用人员进行仪器管理与维护的知识培训, 遵守各项仪器操作规程, 养成良好的仪器使用习惯。(6)安全, 严格遵守相关规则制度与 SOP 操作, 定期对仪器检修、校验, 做好仪器安全问题及应急处理预案。(7)节约, 运用管理软件对各种试剂耗材进行规范化管理, 杜绝过期、污染、变质, 每月进行收支核算, 通过 PDCA 循环和持续改进, 增强节约意识。

**结果** 管理相比, 7S 管理实施后分析仪故障率明显降低, 人员操作技能、人员仪器维护知识等个人素质明显高于实施前, 节约了成本, 有效控制了实验室支出, 工作效率得到了很大的提高。

**结论** 7S 管理能够提高希森美康 CS-5100 凝血流水线的管理和维护, 降低仪器故障率的发生, 提高了工作效率和质量, 缩短了周转时间(TAT), 有助于深化实验室的精细化管理程度。

PU-5508

## 降钙素原在判断血流感染患者细菌类型及预后中的价值研究

贾红兵,王靖

中日友好医院

**目的** 评估降钙素原在判断细菌性血流感染患者细菌类型及预后中的价值。

**方法** 回顾性分析 2016 年我院血培养阳性住院患者 274 例,选择血培养阴性患者 92 例作为对照组,收集患者基础资料,比较血培养采集当日的降钙素原(PCT)、C 反应蛋白(CRP)、白细胞(WBC)、中性粒细胞(Neut)及其百分比(Neut%)分别在细菌性血流感染组和对照组、革兰阴性菌血流感染组(GNB-BSI)和革兰阳性菌血流感染组(GPB-BSI)及存活组和死亡组中有无差异。

**结果** ①GNB-BSI 组 PCT、WBC、Neut 的值均高于 GPB-BSI 组( $P<0.05$ ); GPB-BSI 组 PCT、WBC、Neut、Neut%的值均高于对照组( $P<0.05$ )。②细菌性血流感染中 PCT-AUC 为 0.835, Neut-AUC 为 0.770, CRP-AUC 仅为 0.687,但 PCT、CRP、Neut 三者联合的 AUC 高达 0.862。③死亡组患者的 PCT、Neut、Neut%、WBC 水平均高于存活组患者,但 ROC 曲线显示 PCT 及 Neut 能预测 28 天预后的意义微弱。

**结论** PCT 水平对早期判断细菌性血流感染和血流感染细菌类型有一定的参考价值,但预测细菌性血流感染预后的意义微弱。

PU-5509

## Relationship between plasma lipoprotein a and coronary artery sclerosis

ming huang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to investigate the relationship between plasma lipoprotein and coronary atherosclerosis. To investigate whether the severity of coronary artery disease and the level of LPPA were significantly related to the population in the survey and whether LPPA could be used as a predictor of coronary heart disease.

**Methods** A total of 160 patients who underwent selective coronary angiography in their internship hospital were selected. There was a significant correlation between severity of coronary artery disease and LP(a) levels in the survey population, and whether LP(a) was a predictor of coronary heart disease.

**Results** 1) Plasma LP(a) level was directly proportional to the degree of coronary artery disease ( $P<0.01$ ); (2) other blood lipids were not associated with plasma LP(a); (3) LP (a) increased significantly in coronary arteriosclerosis There was also a decrease in HDL-C levels and an increase in LDL-C levels in the coronary arteriosclerosis group ( $P<0.05$ ). (4) Logistic statistical analysis showed that the independent influencing factor of coronary atherosclerosis group was plasma lipid

**Conclusions** affecting coronary atherosclerosis The factor is plasma lipoprotein (a).

## PU-5510

## 影响非小细胞肺癌生存率的相关因素分析

马洪蕊

山东省立医院,250000

**目的** 探讨影响非小细胞肺癌(NSCLC)患者生存与预后因素的关系。

**方法** 调查研究本院从 2010-01/2015-09 治疗的 700 例 NSCLC 患者的临床资料,并对其年龄、病理类型、临床分期、淋巴结中的微转移灶和治疗方式对预后的影响进行调查,并分析其对患者的预后因素。

**结果** 本组患者在家族史、临床分期等因素为患者治疗后较差的生存预后因素,而治疗方式的选择为最大影响因素。本组患者选用手术+化疗,化疗+放疗,单纯化疗和对症治疗 4 组,在生存率比较中四组患者存在统计学差异( $P<0.05$ )。而患者的年龄、临床分期、淋巴结中的微转移灶、病理类型、糖尿病以及肾功能不全对患者预后的影响有统计学意义。

**结论** 非小细胞肺癌受多种因素影响,对于此类病人要综合考虑,最大程度上减轻减轻患者痛苦、经济压力,延长患者寿命。

## PU-5511

## 乳腺癌间质干细胞通过 STAT3 信号通路促进乳腺癌细胞的增殖与迁移

周颖,徐会涛,杨晋

连云港市第一人民医院,222000

**目的** 本实验分离、培养、鉴定乳腺癌间质干细胞(BC-MSCs),探讨其通过分泌的 IL-6 促进肿瘤细胞的生长与迁移。

**方法** 采用组织贴壁法分离培养 BC-MSCs,成骨成脂诱导法检测其分化能力。收集 BC-MSCs 与骨髓 MSCs (BM-MSCs) 48 小时的培养上清液,分别培养 MCF-7 细胞。MTT 实验检测各不同处理组 MCF-7 细胞的增殖情况;ELISA 检测 MSCs 培养上清中白细胞介素 6 (IL-6)水平;RT-PCR 检测不同处理组 MCF-7 细胞 IL-6 mRNA 的表达;划痕实验和 Transwell 迁移实验检测 MCF-7 细胞的迁移情况;IL-6 中和抗体加入 BC-MSCs 培养上清中,检测 IL-6 对 MCF-7 细胞的增殖与迁移的影响

**结果** 乳腺癌组织中能够分离培养出 MSCs,诱导后可分化为脂肪细胞和成骨细胞;MSCs 各组 MCF-7 细胞增殖能力明显高于对照组 ( $P<0.05$ ), BC-MSCs 处理组的 MCF-7 细胞增殖能力高于 BM-MSCs 组 ( $P<0.05$ ); BC-MSCs 能够显著促进 MCF-7 细胞的迁移; BC-MSCs 培养上清中 IL-6 水平与 BM-MSCs 相比显著增加 ( $P<0.01$ ); 经 BC-MSCs 处理的 MCF-7 细胞,其 IL-6 mRNA 表达明显升高, IL-6 中和抗体能够逆转 BC-MSCs 对 MCF-7 细胞的作用, MCF-7 细胞的增殖能力与 BC-MSCs 组相比显著降低,细胞迁移数明显减少; BC-MSCs 能够活化 stat3, IL-6 中和抗体能够减少 p-stat3 蛋白表达。

**结论** 由此我们认为, BC-MSCs 促进肿瘤细胞生长与迁移通过其分泌的 IL-6 发挥作用。

PU-5512

## 2017 年、2018 年泌尿外科感染大肠埃希菌耐药率及变化趋势

蒋蓁芳

贵州航天医院,563000

**目的** 调查 2017 年、2018 年医院泌尿外科感染大肠埃希菌的耐药率及变化趋势。**方法** 收集 2017 年和 2018 年送检的标本,经培养、分离和鉴定,筛除同一患者相同部位的重复菌株。采用 WHONET5.5 软件进行数据处理。把泌尿道感染和其它部位感染的结果分别进行统计。

**方法** 收集 2017 年和 2018 年送检的标本,经培养、分离和鉴定,筛除同一患者相同部位的重复菌株。采用 WHONET5.5 软件进行数据处理。把泌尿外科和其它科室的结果分别进行统计。

**结果** 2018 年泌尿外科标本分离大肠埃希菌的耐药率对 AMP 为 93.9%,其它大于 70%的有环丙沙星(CIP)、头孢曲松(CRO)、头孢唑啉(CZO)、左旋氧氟沙星(LVX)、氨苄西林/舒巴坦(SAM),对阿米卡星(AMK)、头孢替坦(CTT)、呋喃妥因(NIT)和哌拉西林/他唑巴坦(TZP)的耐药率低于 20%,对厄他培南(ETP)和亚胺培南(IPM)全部敏感。泌尿外科标本分离的大肠埃希菌对抗菌药物的耐药率,除 ETP 和 IPM 都敏感外,均比其它科室标本分离的大肠埃希菌的高。与 2017 年的耐药率相比,2018 年泌尿外科分离大肠埃希菌的耐药率除对 ETP 和 IPM 均敏感外,都呈下降趋势。

**结论** 泌尿外科分离大肠埃希菌的耐药率除对 ETP 和 IPM 均敏感外,都呈下降趋势。AMK、CTT、NIT(仅限于尿路感染)、TZP 可以在泌尿外科作为大肠埃希菌感染的经验治疗用药,而 CIP、CRO、CZO、LVX、SAM 均不适宜,应严格限制应用。

PU-5513

## 高湿环境损伤检测方法研究

陈欣,刘华伟,王战豪,张彦懿

成都市第三人民医院,610000

**目的** 高湿环境分布广泛,与呼吸系统疾病、过敏性疾病、风湿性关节炎等多种疾病有关。目前其影响人体健康的机制尚未阐明,国内外有关高湿环境损伤的检测方法也未见报道。本研究旨在构建高湿损伤动物模型,并在此基础上建立检测高湿损伤的方法和筛选高湿损伤的外周血基因分子标记。

**方法** 本研究首先通过气候仓模拟高湿环境构建了高湿致病动物模型,检测了动物模型血常规血生化等各项生理指标,同时通过 HE 染色的方法分析了心、肝、肺、脑、肠、脾器官的病理改变。其次,在高湿致病动物模型基础上,利用第二代高通量转录组测序和生物信息学分析平台,建立了高湿致病大鼠模型的外周血转录谱和高湿致病基因数据集。

**结果** 结果表明,与对照组相比高湿组大鼠体重显著性降低。高湿组动物外周血中红细胞、血红蛋白显著增加( $P<0.05$ )。血液生化检测中高湿组大鼠血浆谷氨酰胺转移酶显著性增高,总胆红素显著性降低、结合胆红素显著性降低。病理学检测中肺、肾脏、肝脏有病理变化,以肺部病变最为显著。经高通量转录组测序发现高湿组与对照组外周血表达显著的基因 88 个,经高湿条件处理后表达上调的基因有 10 个(11.4%),表达下调的基因 78 个。对这些基因进行 GO 和 KEGG 功能注释,发现高湿环境主要影响动物体代谢、物质转运和免疫等方面的功能。

**结论** 因此,高湿环境会导致外周血红细胞、血红蛋白显著增加,并导致肺部病理改变。此外,高湿处理还会影响代谢、物质转运和免疫相关基因的表达,对其进一步研究可开发高湿环境机体损伤的分子标志物。本研究为探索高湿环境致病的机理和筛选高湿环境机体损伤的生物标志物奠定了基础。



## PU-5514

## Clinical significance of monitoring three items of myocardial infarction and BNP in elderly patients with non-cardiac surgery during perioperative period

Junjie Fang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to monitor three items of Myocardial infarction and clinical significance of BNP in elderly patients with non-cardiac surgery during perioperative period.

**Methods** 105 patients with hip fracture were randomly selected from May 2017 to May 2018. The changes of the concentrations of three items and BNP were recorded and compared within 4 hours before and 4 hours after operation, and the positive rate of each index was calculated. In order to find cardiac complications earlier and reduce the incidence of postoperative cardiac complications.

**Results** MYO:80.1  $\pm$ 45.1 was measured before operation. CTnT:0.12  $\pm$ 0.38 CK-MB:2.40  $\pm$ 1.55 BNP:58.4  $\pm$ 32.53, 1 ~ 2 h after operation: Myo: 126.1  $\pm$ 90.4cTnT:0.71.1  $\pm$ 2.74 CK-MB:3.27  $\pm$ 1.80 BNP:84.72  $\pm$ 75.60 and the positive rates of cTnT:0.12  $\pm$ 0.38  $\pm$ 1.55  $\pm$ 1.55 BNP:58.4  $\pm$ 32.53,  $\pm$ 90.4cTnT:0.71.1  $\pm$ 2.74 CK-MB:3.27  $\pm$ 1.80 BNP:84.72  $\pm$ 75.60, and the positive rates of cTnT:0.12  $\pm$ 0.38 CK-MB:2.40  $\pm$ 1.55  $\pm$ 1.55 BNP:58.4  $\pm$ 32.53,operation CK-MB:3.27  $\pm$ 1.80 BNP:84.72  $\pm$ 75.60, and the positive rate of each item in each of the three items before and after the operation and the increase in BNP concentration were more obvious.

**Conclusions** Monitoring three items of myocardial infarction and BNP in elderly patients with non-cardiac surgery during perioperative period has certain clinical significance in early detection of cardiac complications and reducing the incidence of postoperative cardiac complications.

## PU-5515

## 长春地区 38260 例女性高危型人乳头瘤病毒感染现状研究

王铁,续薇

吉林大学第一医院检验科

**目的** 了解长春地区女性高危型人乳头瘤病毒近四年来的感染现状,分析其与时间、年龄的关系以及门诊和体检女性进行高危型人乳头瘤病毒检测的年龄构成比。

**方法** 收集 2011.05~2015.05 就诊于吉大一院的 35568 例门诊女性以及 7886 例体检女性的高危型人乳头瘤病毒检测结果。

**结果** 从 2011 年 5 月至 2015 年 5 月,长春地区女性进行高危型人乳头瘤病毒检测的总人数及总阳性人数逐渐增加,但 HR-HPV 的阳性率逐渐下降。门诊女性 HR-HPV 检出阳性率具有季节性,体检女性 HR-HPV 检出阳性率不具有季节性。进行高危型人乳头瘤病毒检测的门诊人群和体检人群但均以 41~45 岁最多(分别为 19.01%和 21.77%),其次是 35~40 岁(分别为 16.96%和 19.24%)。门诊人群各年龄组间检出阳性率:①0~20 岁 HR-HPV 检出阳性率(39.59%)最高,除 61~65 岁组外,与其余各年龄组的差异均有统计学意义;②21~25 岁、56~60 岁和 61~65 岁 HR-HPV 检出阳性率(28.11%; 28.28%; 30.29%)较 0~20 岁低,但高于 21~55 岁间各组的检出阳性率,上述三组各自的检出阳性率分别与 21~55 岁间各组的差异有统计学意义;③21~55 岁间六个年龄组检出阳性率的差异有统计学意义;④21~25 岁、56~60 岁和 61~65 岁 HR-HPV 检出阳性率(28.11%; 28.28%; 30.29%)两两之间的差异均无统计学意义,≥65 岁 HR-HPV 检出阳

性率除了与 0~20 岁的差异有统计学意义外, 与其余各组的差异均无统计学意义。体检人群各年龄组间检出阳性率无差异。

**结论** 长春地区女性进行高危型人乳头瘤病毒检测的总人数及总阳性人数逐渐增加, 但 HR-HPV 的阳性率逐渐下降。门诊女性检出阳性率具有季节性。检出阳性的人群以 41~45 岁居多, 其次为 35~40 岁。门诊人群各年龄组间检出阳性率有差异, 以 0~20 岁最高, 21~25 岁和 56~65 岁的检出阳性率较高, 21~55 岁间的检出阳性率较低。

## PU-5516

### 关于医学实验室标准化设计与装饰的探讨

汪竟成<sup>1</sup>, 汪明航<sup>2</sup>

1. 安徽省妇女儿童保健中心

2. 安徽星科实验室系统工程有限公司

**目的** 本文对医学实验室的标准化设计与装饰所依据的标准与实际情况作了相关阐述, 以有利于医学实验室的标准化建设。

**方法** 依据相关论文报道和国家标准进行分析阐述。

**结果** 医学实验室的标准设计与装饰是生物安全和实验室管理水平提升的基础。

**结论** 医学实验室的检验水平与生物安全需要标准化的实验室设计与装饰。

## PU-5517

### The clinical value of ischemic modified albumin (IMA) combined with H-FABP in acute coronary syndrome

Sha Zhan

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To investigate the clinical value of ischemic modified albumin (IMA) combined with H-FABP in acute coronary syndrome.

**Methods** Methods from January 2016 to January 2017, 150 cases of chest pain patients suspected of ACS in our hospital (experimental group), 18 cases of non ischemic chest pain (group NICP), 132 cases of ACS and 100 cases of healthy control group were selected. The levels of IMA, cTnI, CK-MB and H-FABP were measured and compared.

**Results** The results of four indexes of IMA, H-FABP, cTnI and CK-MB in group ACS were all higher than those in the NICP group and the control group, and the comparison with those of the two groups was statistically significant,  $P < 0.05$ . The sensitivity of A combined with H-FAB was better than that of IMA or H-FABP alone, and the difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The sensitivity of each index of 7-12h: IMA +H-FAB =cTnI>H-FABP>IMA>CK-MB, the difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The AUC of IMA combined with H-FAB for ACS diagnosis was 0.93 (95%CI:0.88 to 0.98). The sensitivity and specificity of combined detection with single index increased significantly ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** The combination of IMA and H-FABP can improve the early diagnostic sensitivity of ACS and provide a basis for timely and rational treatment of ACS.

## PU-5518

## Lung cancer screening with low-dose CT at a tertiary hospital in Anhui and secondary analysis of trial data

Wulin Shan, Donghua Wei, Zhaowu Chen, Ming Li, Liting Qian  
Western Branch of The First Affiliated Hospital of University of Science and Technology of China

**Objective** Lung cancer screening with low-dose CT can partly reduce lung cancer-specific mortality. However, there are few data concerning this specific population for screening in the mainland of China. We conducted a population-based screening program for lung cancer in Anhui from June 1, 2014 to May 31, 2017.

**Methods** Low-dose was offered to all individuals who joined the program. Serum biomarkers levels were analysed by ELISA.

**Results** Of 9084 individuals undergoing low-dose CT during the study, we detected 54 lung cancers, which gave an overall detection rate of 0.594%. Among the detected cancers, most (98.1%, 53/54) patients were in stage I-II (early stage), and only one was in stage III (advanced stage). Adenocarcinomas, squamous cell carcinoma and small cell lung cancer accounted for 57.4% (31/54), 37% (20/54) and 5.6% (3/54), respectively. Furthermore, we found that diagnostic sensitivity of MIC-1 (81.48%) for early-stage lung cancer was significantly higher than Cyfra21-1, NSE, CA125, CEA and SCC. In addition, MIC-1 alone was sufficient to differentiate lung cancer patients from healthy control or asymptomatic adults with positive pulmonary nodules.

**Conclusions** Our study qualified the efficiency of low-dose CT to detect early-stage lung cancers in Anhui, China. Moreover, MIC-1 had great capacity in early-stage lung cancer diagnosis, which probably was a potential ancillary to lung cancer screening with low dose CT.

## PU-5519

## A nomogram based on hematological inflammation markers and tumor staging system predicts long-term survival in lymphnode-metastatic colorectal cancer

Lin Wang<sup>1</sup>, Wen-Hao Teng<sup>1</sup>, Min-Zhe Li<sup>2</sup>, Jun Xiao<sup>1</sup>, Jing Jia<sup>1</sup>, Lu Lin<sup>1</sup>, Sheng Liu<sup>1</sup>, Xing-ming Ye<sup>1</sup>, Wei-Dong Zang<sup>1</sup>, Ying Chen<sup>1</sup>

1. Fujian Cancer Hospital & Fujian Medical University Cancer Hospital  
2. Beijing Chao-Yang Hospital, Capital Medical University

**Objective** To evaluate a nomogram model for predicting the long-term overall survival (OS) in lymphnode-metastatic colorectal cancer patients, by combining hematological inflammation markers with TNM classification system.

**Methods** A total of 399 patients with stage III (pT<sub>x</sub>N<sub>1-3</sub>M<sub>0</sub>) colorectal cancer (CRC) were enrolled for the retrospective study. All patients underwent D<sub>2</sub> lymphadenectomy in the hospital. The prognostic value of the systemic inflammatory markers of pretreatment NLR (neutrophil-to-lymphocyte ratio) and PLR (platelet-lymphocyte ratio) were evaluated. An effective prognostic nomogram based on TNM stage and inflammatory markers was established using R software, and compared with the nomogram based on TNM alone. The ROC curves were further applied to verify the predictive accuracy of established model.

**Results** Both NLR (P<0.0001) and PLR (P=0.031) predicts the 5-year OS. In multivariate analysis, age, T4a category, T4b category, N1 category, N2 category, N3 category, NLR level, PLR level were proved to be independent (all P≤ 0.05). The nomogram based on above eight factors showed better predictive power than that of TNM staging alone (c-index: 0.67 versus 0.62, P= 0.003), in both training and validation cohorts. Extrenal assessment by ROC curve analysis demonstrated that the established model had good predict accuracy of 5-year OS in stage III

CRC patients, with AUC (area under curve) values of 0.668 and 0.729 in both training and validating sets.

**Conclusions** A nomogram based on TNM stage and inflammatory markers (NLR and PLR) could provide more precisely long-term prognosis information for lymphnode-metastatic CRC patients. This model might be useful for clinical application in personalized evaluation.

## PU-5520

### 血小板形态异常致计数假性减少 1 例分析

蒋菲,贾明,宋颖博,葛敏  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 对 1 例由血小板体积小和/或颗粒缺失引起血细胞分析仪测定假性减低的患者进行分析。

**方法** 分别用电阻抗法(PLT-I)、光学法(PLT-O)计数血小板和涂片镜检观察血小板数量及形态分布并间接计数血小板的数量,以手工法计数血小板为参照,进行血小板假性减低原因分析。

**结果** 患者乙二胺四乙酸二钾(EDTA-K2)抗凝全血及末梢血涂片中均可见体积小和/或颗粒缺失的血小板,血小板间接计数明显高于血细胞分析仪检测结果,但与手工计数结果无明显差异。

**结论** 血涂片镜检对血小板假性减低有重要提示作用,体积小和/或颗粒缺失的血小板应引起足够重视。

## PU-5521

### Exosomal circNRIP1: A circulating tumor-derived and potential biomarker for the detection of colorectal cancer

Bei pan, Shukui Wang  
Nanjing First Hospital

**Objective** Colorectal cancer (CRC) ranks as the third incidence but second mortality around the world and the American Cancer Society (ACS) predicted that, in 2019, 145,600 new cases of CRC will be diagnosed in both sexes combined and 51,020 people will die of the disease. Therefore, novel, non-invasive, more sensitive and accurate biomarkers for early detection of CRC and monitoring of tumor progression dynamically are urgently needed.

Circular RNAs (circRNAs) which associated with tumor biological functions are single-stranded, covalently closed and formed by backsplicing process of pre-mRNA. Due to the special loop structure and lacking of 5'-3' polarity and polyadenylated tail, circRNAs are more stable than line RNAs and could resistant to the effects of RNA exonuclease or RNase R degradation. Moreover, as dysregulated circRNAs are secreted into the circulation and could be detected from plasma, serum or exosome in stable form, some of these circRNA have potential as diagnostic and prognostic value for tumor. Due to the stable, non-invasive, and readily available advantages, exosome circRNAs could be expected as tumor biomarkers. Nevertheless, the widespread clinical use of the technology is limited, caused by shortage of research, sample size and effective patient information.

Since the available researches on circNRIP1 have not been comprehensive, the aim of this study is to discuss the power of diagnosis and prognosis of circNRIP1 for CRC. Herein, through comparing the expression of exosome circNRIP1 between CRC patients and healthy controls in serum, we try to identify the circulation circNRIP1 which can be potential CRC biomarkers.

**Methods** The candidate circRNA was selected by analysis of GEO database and further explored by RT-qPCR. Exosomes were confirmed by electron microscopy, Nanosight particle tracking analysis and western blot. The existence of RNA binding proteins was verified by RNA pull-down assay.

**Results** After comprehensively analyzing the GSE10026 (n=32) and GSE10063 (n=12), up-regulated circNRIP1 was observed in the blood exosome of CRC patients compared with healthy person, and this uptrend was further confirmed by qRT-PCR. The AUC of circulating exosomal circNRIP1 to distinguish all CRC patients and patients with TNM I-II stage from healthy people were 0.878 (95%CI, 0.815-0.940) and 0.859 (95%CI, 0.785-0.933), respectively, suggesting that circNRIP1 has the ability to distinguish between CRC patients and healthy people. To explore the source of circNRIP1, 10 pairs of pre-operation and post-operation serum specimens were examined and we found that expression of circNRIP1 was relatively decreased after operation. We also observed that expression of circNRIP1 in medium exosomes was up-regulated as the cell numbers increasing ( $5 \times 10^6$  and  $1 \times 10^7$ ) and the culture time prolonging (12h, 24h and 48h). Subsequent application of GW4869, the exosomal specific blocker, further verified that expression of circNRIP1 was down-regulated simultaneously in culture medium of GW4869-acting CRC cells, indicating circNRIP1 was derived from colorectal cells. Unexpectedly, the sequencing results shown that expression of circNRIP1 was reduced in CRC tissues compared with para-carcinoma tissues, and the similar down-regulated trend of circNRIP1 was observed between CRC cells (HT-29, HCT-8, HCT-116 and SW-480) compared with colorectal epithelial cells (FHC). Since noncoding RNA have been reported to bind to some specific RNA-binding proteins (RBP) and play a role as transporter, we hypothesized there could be a RBP which results in high expression of circNRIP1 in CRC patients serum exosomes and low expression in CRC cells and tissues. Afterwards, we predicted two potential RBP, ELAVL1 and SFRS1, by the RNA binding protein database (RBPDB) and observed that the circNRIP1 was bound to ELAVL1. The expression of circNRIP1 was decreased in the exosomes of HCT-116 and SW-480 medium after suppressing ELAVL1, suggesting that circNRIP1 is bound to ELAVL1 and transported from the colorectal tumor cells to the exosomes.

**Conclusions** Taken together, our founding revealed that circNRIP1 could serve as a potential diagnostic biomarker in CRC.

## PU-5522

### Diagnosis of Acute Myocardial Infarction by cTnl and CKMB Comparative analysis of clinical application value

Liang Wang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to explore the diagnostic value of myocardial injury marker troponin cTnl and creatine kinase isoenzyme CKMB in the diagnosis and application of acute myocardial infarction (AMI).

**Methods** Thirty - nine patients with AMI and 280 control groups were determined by time - resolved immunofluorescence technique , and the concentrations of cardiac troponin I , CKMB , NT - proBNP and MYO in the blood of patients were detected .Statistical analysis was carried out using spss17 . 0 office software.

**Results** the concentration of NT-proBNP MYO in the blood of patients with acute myocardial infarction was compared with that of the control group. The difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The specificity and sensitivity of cTnl were higher than that of cTnl and cTnl BNP, and the value of CK-MB BNP was higher than that of CK-MB in clinical application.

**Conclusions** the detection of serum cTnl is better than CKMB in the diagnosis of AMI, and the clinical application value is better than that of CKMB.

## PU-5523

**成都地区男性不育患者鱼精蛋白 mRNA 表达的研究【四川省卫生厅基金资助项目（项目编号: 16PJ471）】**

孙昌瑞

四川省人民医院,610000

**目的** 采用荧光定量聚合酶链反应（FQ-PCR）检测成都地区男性不育患者精子鱼精蛋白（PRM1 和 PRM2）的 mRNA 表达水平，探讨鱼精蛋白的表达对男性不育症的影响。

**方法** 以 GAPDH 为内对照，采用 FQ-PCR 检测 30 例健康体检者、83 例少精子症、61 例畸形精子症患者的精子鱼精蛋白（PRM1 和 PRM2）mRNA 表达水平。

**结果** 少精子组的 PRM1 和 PRM2 mRNA 表达水平显著低于健康体检组和畸形精子症组，畸形精子症组与健康体检组的表达率无差异，联合检测 PRM1 和 PRM2，可提高对少精子症诊断的灵敏度和阴性预测值。

**结论** FQ-PCR 检测精子鱼精蛋白（PRM1 和 PRM2）的 mRNA 表达水平，具有操作简便、价格便宜、标本来源容易等优点，联合检测 PRM1 和 PRM2，可提高对少精子症诊断的灵敏度和阴性预测值，成都地区少精子症 PRM1 和 PRM2 的 mRNA 表达量降低，提示与精子发生存在密切关系，有助于临床对男性不育患者进行基因检测、诊断和个体化治疗，以及进行较大规模的流行病学调查。

## PU-5524

**Anti-domain 1 of beta2-glycoprotein I aids risk stratification in lupus anticoagulant-positive patients**

Han Guo

Peking University Third Hospital

**Objective** Lupus anticoagulant (LA) is considered a risk factor for thromboembolism (TE) and adverse pregnancy outcomes (APOs). However, quite a few patients diagnosed with LA positivity do not suffer these adverse events. Further testing of anticardiolipin (aCL), anti-beta2-glycoprotein I (anti-β2GPI) or anti-domain 1 of β2GPI (anti-D1) may help to assess the occurrence risk of TE and APOs. Therefore we aimed to study how to stratify LA-positive patients.

**Methods** In our study, adult patients who had tested LA positivity twice or more occasions at least 12 weeks apart were consecutively enrolled from January 2015 to December 2016. Serum aCL and anti-β2GPI (IgG, IgM and IgA), and anti-D1 IgG were simultaneously measured by chemiluminescence immunoassay. Besides, they were followed up for the occurrence of TE or APOs.

**Results** A total of 167 LA-positive patients who met the inclusion criteria were consecutively enrolled. The outcomes showed 21 patients experienced TE, 89 patients suffered APOs (5 patients had both TE and APOs) and 62 patients were LA carriers. Comparing with LA carriers, the Diluted Russell's viper venom time ratio (dRVVT-R) and Silica Clotting Time ratio (SCT-R) were significantly increased in patients with the history of TE ( $p<0.001$  and  $p<0.05$ , respectively) and APOs ( $p<0.001$  and  $p<0.05$ , respectively), especially with the patients who had both TE and APOs ( $p<0.001$  and  $p<0.001$ , respectively).

By analyzing antiphospholipid antibodies (aPL) panel, we found that anti-D1 had good consistency with triple positivity (LA+, aCL+, anti-β2GPI+) ( $\kappa=0.742$ ) in LA-positive patients. Compared with LA carriers, the titers of anti-D1 were significantly high in patients with TE and APOs ( $p<0.001$  and  $p<0.001$ , respectively). And elevated anti-D1 was related to a stronger risk for TE [odds ratio (OR) =29.87, 95% confidence interval (CI), 8.05-110.74] and APOs (OR=8.73, 95%CI, 3.41-22.31) in comparison with aCL, anti-β2GPI or triple positivity. Area under curve

(AUC) showed that diagnostic power of anti-D1 for TE and APOs were 0.856 (95%CI, 0.743-0.970) and 0.682 (95%CI, 0.599-0.765), respectively. And the optimal cut-off value of anti-D1 to help predict TE and APOs were 24.6 CU (sensitivity and specificity were 81% and 90.3%) and 32.4 CU (sensitivity and specificity were 57.2% and 91.9%), respectively.

Moreover, 114 patients (68.3%) were followed up for an average of 36.5 months. During the follow-up, none of patients suffered TE events; we observed that 37 patients were pregnant. There were 15 patients suffering APOs events. The levels of anti-D1 were significantly increased compared with the non-APOs patients. 37 pregnant LA-positive patients were divided into two groups: a high-value group (n=16) and a low-value group (n=21) based on the anti-D1 cut-off value (32.4 CU). The Kaplan-Meier survival analysis showed that high anti-D1 titers had a significant higher cumulative incidence of APOs compared with the low-value group (p=0.009) and the hazard ratio (HR) was 4.66 (95%CI, 1.46-14.87).

**Conclusions** Anti-D1, based on a good consistency with triple positivity in LA-positive patients, has a stronger association with TE or APOs and in some degree could predict the pregnancy outcomes. Therefore anti-D1 may aid risk stratification in LA-positive patients.

#### PU-5525

### Relationship between serum uric acid level and blood lipid profile in general middle-aged and elderly population in China

Xueying Yu, Jiang Li  
China-Japan Friendship Hospital

**Objective** To investigate the relationship between serum uric acid (SUA) level and blood lipid profile in general middle-aged and elderly population in China.

**Methods** Using China Health and Nutrition Survey (2009 CHNS) database, 5123 adult investigators over the age of 40 were analyzed. 2009 CHNS is a cross-sectional survey conducted by random sampling in nine provinces across the country.

**Results** The population was divided into two groups. The correlation analysis showed that serum uric acid (SUA) was positively correlated with triglyceride (TG), total cholesterol (TC) and apolipoprotein B (apo-B), and negatively correlated with high density lipoprotein cholesterol (HDL-C). After adjusting for physiological signs, life factors, dietary composition, and glucose metabolism and insulin resistance, SUA was still significantly associated with TG, TC, HDL-C, apo-B, and low density lipoprotein cholesterol (LDL-C) in multiple regression models. But the correlation with apo- A1 is not significant, and there is a gender difference in the correlation with Lp(a).

**Conclusions** There is an independent correlation between SUA and blood lipid profile, including TG, TC, HDL-C, LDL-C and apo-B.

#### PU-5526

### 我院 2017 年-2018 年从痰标本中分离的 80 株金黄色葡萄球菌耐药谱分析

赵梅娥  
兰州市第一人民医院

**目的** 了解导致我院患者呼吸感染的金黄色葡萄球菌的耐药性流行趋势

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月~2018 年 12 月从我院呼吸道感染住院患者送检痰标本中分离的金黄色葡萄球菌 250 株, 对其进行鉴定及药敏检测。

**结果** 我院呼吸道感染患者痰标本分离 MSSA 182 株 (72.8%), MRSA 68 株 (27.2%)。耐药性结果表明, MSSA 株对苯唑西林、万古霉素、利奈唑胺、替考拉林敏感, 对青霉素 G、红霉素和阿莫西林/克拉维酸耐药性依次是 82.64%、59.63%、20.88% 外, 对其他抗菌药耐药率均 <15%, MRSA 对万古霉素、利奈唑胺、替考拉林敏感, 对苯唑西林、莫西沙星、克林霉素、红霉素、青霉素 G、四环素、环丙沙星、阿莫西林/克拉维酸和氨苄西林/舒巴坦的耐药率显著高于 MSSA。

**结论** 我院呼吸道感染患者痰标本分离的金黄色葡萄球菌以 MSSA 为主, 但是分离的 MRSA 株的耐药率显著高于 MSSA。临床诊疗时应充分考虑 MSSA 和 MRSA 的耐药性, 合理应用抗生素。

## PU-5527

### Distribution of high and low risk subtypes of human papillomavirus infection in central Shandong

Lu Han

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** to explore the subtypes and distribution of human papillomavirus (HPV) infection in the central Shandong Province.

**Methods** reverse dot blot hybridization was used to detect 23 HPV subtypes in 95 male skin lesions.

**Results** the infection rate of 95 positive HPV was five (HPV6), 29.5% (HPV11) (HPV11), HPV68 (15.8%), HPV52 (14.7%) and HPV16.81 (13.7%) respectively. Among them, multiple infection accounted for 56.8%, and single infection accounted for 43.2%. Among multiple infections, the highest proportion of mixed infection of high and low risk HPV was the highest in male HPV infected age group (42.1%) at 21-30 years old.

**Conclusions** the main HPV infection of male in the middle of Shandong Province is mainly 6, 11 and 68.52.16.81, which mostly occur in the young men of 21-30 years old. The mixed infection of high and low risk is common, and the proportion of multiple HPV mixed infection is high.

## PU-5528

### 中国南方地区儿童过敏筛查及阳性分布情况

黄柳桥, 胡海圣, 孙宝清

广州医科大学附属第一医院, 510000

**目的** 过敏常见于儿童。本研究旨在探讨儿童过敏筛查的阳性分布情况, 为临床预防、诊断和治疗过敏性疾病提供可靠依据。

**方法** 采用 ImmunoCAP 法对 2016-2017 年间来自广州医科大附属第一医院就诊的 2202 例 1-14 岁的儿童进行血清 8 种 (屋尘螨、狗毛、烟曲霉、德国小蠊、蛋清、牛奶、小麦、虾) 吸入性及食入性过敏原的特异性 IgE 检测。

**结果** 2202 例儿童患者过敏率高达 70.89%; 吸入性过敏原阳性率 (52.09%) 显著高于食入性过敏原阳性率 (46.73%) ( $\chi^2=12.648, P<0.05$ ), 吸入性变应原阳性率最高为屋尘螨 (50.27%); 其次是德国小蠊 (13.49%)、狗毛 (4.59%)、烟曲霉 (1.68%); 食入性过敏原最高为牛奶 (32.61%); 其次是蛋清 (24.93%)、虾 (11.08%) 小麦 (6.4%); 其中屋尘螨、烟曲霉、小麦阳性率在性别间的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 而狗毛 ( $\chi^2=5.372, P<0.05$ )、德国小蠊 ( $\chi^2=4.071, P<0.05$ )、蛋清 ( $\chi^2=4.633, P<0.05$ )、牛奶 ( $\chi^2=4.638, P<0.05$ )、虾 ( $\chi^2=12.859, P<0.05$ ) 阳性率在性别间有显著的差异。



**结论** 儿童过敏性疾病常见的过敏原是屋尘螨，其次是牛奶、蛋清、德国小蠊、虾。狗毛、德国小蠊、蛋清、牛奶、虾等过敏原性与性别存在联系。

## PU-5529

### 循环 microRNA-193 簇，一种潜在的乳腺癌检测生物标志物

潘蓓,王书奎  
南京医科大学附属南京医院

**目的** 乳腺癌（BC）是影响女性健康的主要肿瘤之一，但对乳腺癌诊断的敏感性及特异性仍不乐观，特别是早期诊断仍面临巨大挑战。MiR-193 簇由 miR-193a-3p、miR-193a-5p、miR-193b-3p 和 miR-193b-5p 四个 miRNAs 组成。大量研究证实 miR-193 簇在 BC 中起重要作用，但 miR-193 簇是否能够作为乳腺癌的诊断标志物仍有待探索，本研究旨在探讨 miR-193 簇作为 BC 中的诊断标志物的潜在价值。

**方法** 检索 GEO 数据库分析 miR-193 簇表达。RT-qPCR 检测乳腺癌患者血清中 miR-193 簇的水平。受试者工作特征（ROC）曲线分析 miR-193 簇对 BC 的诊断效能。

**结果** 在筛选阶段，检测来自 10 名健康对照和 10 名 BC 患者的血清样品中 miR-193 簇的表达。我们发现，与健康对照相比，BC 患者血清中的 miR-193a-3p（ $P = 0.0016$ ），miR-193a-5p（ $P=0.0004$ ）和 miR-193b-5p（ $P=0.0002$ ）的表达水平具有显著差异，而 miR-193b-3p 表达与 BC 之间没有显著关联（ $P=0.2911$ ）。由于 miR-193a-3p 的丰度在 BC 患者的血清中较低，我们综合了上述结果并选择了 miR-193a-5p 和 miR-193b-5p 作为潜在的 BC 生物标志物以进行更深入的研究。在验证阶段，为了进一步评估 miR-193 簇的辨别能力，我们从 35 名健康对照和 110 名 BC 患者中提取血清 RNA。正如所预期的，与健康对照相比，miR-193a-5p 在 BC 患者的血清中显著低表达（ $P<0.01$ ）。采用 ROC 曲线评估 miR-193a-5p 的潜在诊断价值，结果显示，miR-193a-5p 的 AUC 为 0.888（95%CI: 0.808-0.969），灵敏度为 99.17%，特异性为 77.14%。此外，与健康对照相比，miR-193b-5p 同样在 BC 患者的血清中显著低表达（ $P<0.01$ ），且 AUC 为 0.954（95%CI: 0.902-1.000），敏感性为 94.17%，特异性为 91.43%。最后，我们分析了两种 miRNA 联合诊断的效能，结果显示联合诊断的 AUC 被进一步改善为 0.982（95%CI: 0.966-0.999）。

**结论** 血清 miR-193a-5p 和 miR-193b-5p 可以作为 BC 的诊断标志物，二者联合显著诊断效能高，有较好的临床应用潜能。

## PU-5530

### 275 株多重药耐药鲍曼不动杆菌耐药性及临床分布现状

池细倬  
福建省南平市第一医院

**目的** 了解多重耐药鲍曼不动杆菌（MDRAB）耐药性现状及临床分布特征，为临床成功治疗 MDRAB 感染，制定有效的防控措施提供依据。

**方法** 回顾性调查某三甲综合性医院 2018 年 275 例鲍曼不动杆菌（AB）感染患者（其中 MDRAB 感染 123 例）：所在病区、感染标本类型、感染发生月份、性别、年龄，等有关因素；统计分析 MDRAB 耐药率。

**结果** 2018 年综合性医院的 MDRAB/AB 为 44.7%；123 株 MDRAB 对 15 种常用抗菌药物中 12 种耐药率达 90%以上，仅对米诺环素(MH)耐药率较低为 19.23%；AB 及 MDRAB 呈现病区集中分布

趋势, ICU (26.91%、38.21%)、呼吸内科 (18.91%、21.95%)、神经外科 (17.82%、22.76%) 为主要感染病区; 痰标本来源的 AB 及 MDRAB 占 84.00%、93.50%; MDRAB 感染率在全年 12 个月中无显著变化; MDRAB 与非 MDRAB 患者性别、年龄分组无显著差异。

**结论** MDRAB 对常用抗菌药物的耐药情况严重, MH 仍可做为临床治疗 MDRAB 的重要抗菌药物, 加强 ICU、呼吸内科、神经外科等重点病区, 以及呼吸道、创口等 MDRAB 重点感染门户的感控管理, 对降低 MDRAB 感染风险有重要意义。

## PU-5531

### Analysis of Mycoplasma pneumoniae antibody and immune level in children with respiratory tract infection

Bing Hu

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To analyze and study the antibody levels in infants and adolescents in Binzhou City after MP infection in the respiratory tract and the immune levels in children of different ages.

**Methods** A total of 1800 children who were admitted to the outpatient department of our hospital for treatment of respiratory tract infection from January 2018 to May 2018 were randomly selected and used a pneumonia mycoplasma test kit (passive agglutination method) for children with pneumonia. Mycoplasma antibodies were detected and analyzed, followed by an automated photochemical chemiluminescence detector LICA500 to analyze the immune status of the children.

**Results** The test results showed that the total positive rate of Mycoplasma pneumoniae in children was 23.06%; Among them, the positive detection rate of male children was 12.61%, the positive rate of female children was 29.96%, and that of female patients was 14.35% higher than that of male patients. The similarities and differences among the results obtained were statistically significant ( $P < 0.05$ ); The positive rate detected by children under 6 months was 1.25%, and the positive rate detected by children from 6 months to 12 months was 13%. The similarities and differences between the results obtained were statistically significant. Academic significance ( $P < 0.05$ ). [

**Conclusions** Mycoplasma pneumoniae is one of the main pathogens of respiratory tract infections in infants and adolescents. The particle agglutination test can be used as a common test for the diagnosis of MP antibodies in the laboratory. The detection rate of MP antibodies in children within 6 months is low, and does not have clinical significance.

## PU-5532

### 血常规冷凝集标本不同处理方法的分析

王鑫

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 通过比较血常规冷凝集标本的不同处理方法, 探讨日常工作中遇到血常规冷凝集标本的最佳解决方案。

**方法** 收集日常工作中遇到的 22 例冷凝集标本, 分别用血液分析仪 A(RET 通道)检测 (方法 1); 血液分析仪 B 检测 (方法 2); 37°水浴 1h 后血液分析仪检测 (方法 3); 血浆置换后在血液分析仪检测 (方法 4)。

**结果** 以方法 4 为参考方法, 计算其他方法在 RBC,MCHC,WBC,PLT 四项的相对偏差 (%), 确定纠正效果。依据本实验室的允许偏差标准 (RBC3%, MCHC3.5%,WBC7.5%,PLT12.5%)。

方法 1: 血液分析仪 A 上研究参数 RBC-O 有 1 例 RBC、3 例 MCHC、1 例 PLT 不在允许偏差范围; WBC 在允许偏差范围。

方法 2: 血液分析仪 B 上的参数 CH, 通过 (HGB/CH) 反算得到 RBC, MCHC 均在允许偏差范围。1 例 WBC、1 例 PLT 不在允许偏差范围。

方法 3: 8 例 RBC、4 例 MCHC、1 例 PLT 不在允许偏差范围; WBC 在允许偏差范围。

**结论** 在血常规检测中遇见冷凝集标本时, 如能测 CH 值, 通过计算可以得到消除干扰的 RBC 值; 如能测 RBC-O 值, 可用 RBC-O 替代 RBC, 但是否直接采用需对相关参数进行判断; 水浴法适用于弱冷凝集现象的标本; 血浆置换法是目前排除冷凝集干扰结果的传统方法, 但其易受操作手法的干扰。

PU-5533

## 血清 HCY 和血脂的相关性分析

刘鹏

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨冠心病患者 HCY 和血脂中各指标的含量与冠心病发生的相关性。

**方法** 检测 50 例冠心病患者和 50 例健康体检对照组人群血清同型半胱氨酸 (HCY)、甘油三酯 (TG)、总胆固醇 (CHOL)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL—C) 及低密度脂蛋白胆固醇 (LDL—C) 水平。

**结果** 冠心病患者血清 HCY、TG、TCHO、LDL—c 含量分别为 (16.11±9.19) μmol/L、(1.26±0.40) mmol/L、(4.61±0.83) mmol/L、(3.20±0.75) mmol/L, 而健康体检人群血清中其相应含量分别为 (11.70±4.75) μmol/L、(1.02±0.34) mmol/L、(3.93±0.82) mmol/L、(2.64±0.70) mmol/L, 各指标在两组血清中含量具有显著性差异 (P<0.05); 而 HDL—C 两组比较差异无统计学意义 (P>0.05)。

**结论** 综上所述, 高同型半胱氨酸 (HCY) 是冠心病致病的高危因素, 也与动脉粥样硬化程度成正比相关。同时, 在高血压、脑梗死等病患者血清中的 HCY 值也显著增高, 对于这些病患定期进行 HCY 检测, 是心血管疾病诊断有效的预测指标之一。

PU-5534

## An Improved Mini Flow Cytometry Score in the Differential Diagnosis and the Prognosis of Myelodysplastic Symptom of Clinical Application

Jinjing Guo

Fu&#39;yang People&#39;s Hospital

**Objective** 2012 Della Porte et al proposed a flow cytometric score (FCM-score) was published for MDS patients by integrating four parameters capable of distinguish between low-grade MDS and non clonal cytopenias. Our research reference for this method and do a minor modification to test the clinical practicability of FCM - score.

**Methods** We use a set of antibody combination: CD34/CD19/CD33/CD45 to analysis of the four parameters. Compared with the published method using low SSC and CD45 expression to separate progenitor B-cell blasts and myeloblasts, our minor modified FCM-Score(MFCM-score) using CD19 and CD33 to separate progenitor B-cell blasts and myeloblasts from myeloid blasts within the CD34+CD45dim population. In the first stage of this study, the MFCM-Score were compared with the FCM-score. Study population was analyzed by two kinds of schemes, and

respectively calculated their specificity and sensitivity, analyzed of their differences to evaluate efficacy of the MFCM-Score. The second part of our research was aimed at analyzing the relationship between the MFCM-Score and the Revised International Prognostic Scoring System (IPSS-R) in MDS, the four parameters of the MFCM-Score, and also be analyzed respectively.

**Results** There was no significant difference between the MFCM - score and FCM-score in the diagnosis of MDS. ( $P > 0.05$ ); MFCM-score had a positive correlation with the IPSS-R prognosis classification of MDS (Spearman  $r = 0.848$ ,  $P < 0.001$ ). Every parameter of MFCM-score had a positive correlation with every grade of IPSS-R in MDS ( $P < 0.01$ ).

**Conclusions** The modified FCM four parameters score is simple and practical for screening MDS patients and the FCM-score could be used to evaluate the risk of MDS patients.

## PU-5535

### Experimental Analysis and Countermeasures of EDTA-dependent Pseudo-reduction of Platelet

Liping Chen

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** To analyze the cause and reexamination method of pseudo—reduction of platelet by the blood cell analyzer.

**Methods** 56 cases of patients with pseudo-reduction of platelet were selected as the research objects according to the reexamination standards, and the causes and reexamination method were analyzed.

**Results** In the cases of samples, Ethylenediaminetetraacetic acid - dependent occurred to 23 cases, giant platelet occurred to 16 cases, and white blood cell satellite phenomenon occurred to cases, and cold agglutination occurred to 4 cases, and the platelet results within the normal range could be obtained after reexamination.

**Conclusions** he gather phenomenon is found in patients with EDTA-PTCP after the microscopy smear, and the platelet figure can be reexamined by the manual counting to avoid the misdiagnosis.

## PU-5536

### ELISA 法检测血清 HAV-IgM 抗体结果解读

王甫

开阳县中西医结合医院,550000

**目的** 通过查阅文献和统计我院患者血清 HAV-IgM 抗体、HAV-IgM 抗体阳性患者 ALT 检测结果,整理 ELISA 法检测血清甲型肝炎病毒 IgM 抗体结果的解读,方便临床医生使用。

**方法** 用参考文献、本院检测结果进行综合分析。

**结果** 血清 HAV-IgM 抗体出现与 HAV 感染的时间有关,ELISA 法可能出现假阴性和假阳性。

**结论** 用 ELISA 法检测血清甲型肝炎病毒 IgM 抗体存在缺陷,阴阳性结果必须结合临床信息进行分析,不能作为临床诊断的唯一依据。

## PU-5537

## Human Papillomavirus Type 16 Disables the Increased Natural Killer Cells in Early Lesions of the Cervix

Jiexin Zhang, Mengyao Yu, Dan Wang

Department of Laboratory Medicine, Jiangsu Province Hospital

**Objective** The mechanism for pathogenesis of human papillomavirus (HPV) in the cervix has been investigated intensively. However, detailed differences in the distribution and function of innate immune cells between high-risk HPV types, especially during the chronic inflammation phase, have not been described fully.

**Methods** In this study, histologic pathology results of 245 women with HPV type 16 only (HPV16+) or type 18 only (HPV18+) were analyzed retrospectively from January 2015 to November 2016. In total, 212 cervical brush specimens were collected from women suffering from chronic inflammation, HPV16+, or HPV18+ from December 2016 to December 2018 for flow cytometry analysis, qPCR detection and ex vivo cytotoxicity examination. Twenty paraffin sections of cervical conization tissue were collected for qPCR validation.

**Results** More severe lesions of the cervix were observed in HPV16+ women compared with those in HPV18+ women. Abundant NK cells along with aberrant Treg cells were found in the HPV16-infected cervix. Higher expression levels of IFN- $\gamma$  but muted IL-2 and KLRG-1 expression was detected in the cervix of patients with HPV16+ compared to HPV18+. The cytotoxicity of NK cells was significantly decreased in the cervix of HPV16+ patients compared with that of HPV18+ patients.

**Conclusions** Collectively, our results suggested that HPV16 disables the increased NK cells in the early lesion of the cervix, indicating that the local immune system of the cervix is hyporesponsive to HPV16 infection and this may explain its bias for malignant transformation.

## PU-5538

## Overexpressed WAVE3 in esophageal squamous cell carcinoma and its effect on the migration of human esophageal cancer cell lines in vitro

Hongchun Liu, Xuebing Li, Jie Geng

First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

**Objective** Our study aimed to investigate the significance of Wiskott-Aldrich syndrome verprolin-homologous protein 3 (WAVE3) in the progression of ESCC and explore its effect on the migration and invasion of esophageal cancer cell lines in vitro.

**Methods** We detected the expression of WAVE3 in ESCC tissues by immunohistochemistry and then examined the relative levels of WAVE3 mRNA and miRNA200b in serum of ESCC patients with fluorescence quantitative PCR. By cell transfection, the level of miRNA200b and WAVE3 protein level were determined by RT-qPCR and Western blot, and cell migration and invasion ability was examined by Transwell chamber assay. Subsequently, the clinical parameters were employed to analyze whether the expression level of WAVE3, in tissues and serum, respectively, was correlated with the occurrence and development of ESCC.

**Results** The higher expression of WAVE3 were found in ESCC tissues and serum and the relative lower expression of miRNA200b in serum was determined. The overexpression of WAVE3 was correlated with tumor TNM stage, tumor invasion depth and whether metastasis occurs. In the transfected cells with miRNA200b mimic, the expression of miRNA200b was upregulated and the WAVE3 protein was downregulated, and cell migration ability of transfected cells were decreased.

**Conclusions** Our findings demonstrate that WAVE3 plays a role of oncogene in ESCC and its inhibition by miRNA200b suppresses the cell migration and invasion ability. WAVE3 is expected to become a new biological marker and new therapeutic target for the treatment of ESCC.

## PU-5539

### 肿瘤患者真菌血症的危险因素和流行病学分析

许青霞

河南省肿瘤医院,450000

**目的** 本研究旨在确定念珠菌血症的危险因素,评估肿瘤患者中白色念珠菌和其他非白色念珠菌之间可能存在的临床显著差异。并对白色念珠菌血症和近平滑念珠菌血症的临床特点及危险因素进行统计分析,旨在通过该类分析,及时开展干预,尽量避免及改善易感因素,最终改善真菌血症预后。

**方法** 本研究回顾性分析了本院肿瘤患者 2012 年-2018 年间发生的 323 例念珠菌血症,通过统计学软件 SPSS 22 分析了患者临床信息以确立念珠菌血症发生的危险因素,同时对比分析了近平滑念珠菌和非近平滑念珠菌、白色念珠菌和非白色念珠菌念珠菌血症的临床差异。同时,通过微量肉汤稀释法对念珠菌常见抗真菌药物进行了药敏试验和分析。

**结果** 本研究念珠菌血症分离病原体中,最常见的为近平滑念珠菌(37.15%, 120/323),而白色念珠菌仅占 34.37%。多变量回归分析结果表明,以下因素与近平滑念珠菌血症的发生相关,即肠外营养( $p<0.001$ )、粒缺( $p<0.001$ )、化疗( $p<0.001$ )和抗真菌药物的使用( $p<0.001$ ),同时肠外营养是近平滑念珠菌血症发生的独立危险因素(OR, 0.183; 95% CI, 0.098-0.340;  $p<0.001$ )。

**结论** 研究表明近平滑念珠菌正超越白色念珠菌成为本院肿瘤患者念珠菌血症主要病原体。本研究强调需要评估肿瘤患者念珠菌血症发生的可能危险因素,并应加强和制定院感控制策略预防念珠菌血症的传播。

## PU-5540

### Cervical coinfection of high-risk human papillomavirus and 10 sexually transmitted pathogens in Shanghai: a hospital-based study

Li Xie, Qian Li, Yuping 段

Shanghai First People's Hospital Baoshan Branch, Shanghai, P.R.China

**Objective** Although infection of high-risk human papillomavirus (HR-HPV) is the main cause of cervical cancer, other infectious pathogens are involved in the cervical progression. Due to the scarceness of the coinfection data and lack of consensus, this study aims to analyze the prevalence differences of 10 sexually transmitted infections (STIs) between HR-HPV positive and HR-HPV negative patients.

**Methods** Cervical specimens were collected from outpatients who underwent routine gynecological examinations for HPV typing. The study enrolled 399 HR-HPV positive and 269 HR-HPV negative samples. Ten STI pathogens including *Neisseria gonorrhoeae*(NG), *Chlamydia trachomatis*(CT), *Ureaplasma urealyticum*(Uu, Uuu, Uup1, 3, 6, 14), *Mycoplasma hominis* (Mh), *Mycoplasma hominis* (Mg) and Herpes Simple Virus Type II (HSV II) were detected by amplification and flow-through hybridization technique.

**Results** Among the HR-HPV infections, the most frequent type was HPV-52, followed by HPV-58, 16 and 53. Uup was the most common coinfection of HR-HPV(50.38%), followed by Mh(22.56%), Uuu(14.04%) and CT(12.03%). Compared with HR-HPV negative subjects, HR-HPV positive patients had higher infection rates of CT( $P=0.050$ , odds ratio,  $OR=2.316$ ), Mh( $P=0.000$ ,  $OR=2.973$ ), Mg( $P=0.022$ ,  $OR=0.975$ ), Uuu( $P=0.031$ ,  $OR=1.746$ ) and Uup( $P=0.026$ ,  $OR=1.658$ ), specifically Uup6( $P=0.000$ ,  $OR=2.398$ ).

**Conclusions** Coinfection of STI microorganisms with HR-HPV was common. It was important to screen pathogens such as CT, Uu, Mh and Mg, which were associated with HR-HPV infection.

## PU-5541

### 肿瘤患者血管内皮生长因子检测及相关因素分析

谢宜君

四川省人民医院,610000

**目的** 研究肿瘤患者与血管内皮生长因子(VEGF)的相关性,并对其相关因素进行分析

**方法** 采用酶联免疫分析法对 300 例肿瘤患者和 20 例健康体检人员血清样本进行 VEGF 检测,并对其检测结果进行比较。300 例标本均取自我院 2017 年-2018 年收治肿瘤患者,体检样本均选取体检各项指标都正常,无其他疾病的人员,采用酶联免疫双抗体夹心法对其血清 VEGF 进行检测。

**结果** 肿瘤患者血清 VEGF 水平明显高于正常对照组,尤其肺癌、乳腺癌和肝癌患者的检测值明显高于正常对照组,有显著性差异( $P<0.05$ ),且以分期越靠后检测值越高。肿瘤患者血清 VEGF 水平与肿瘤的转归和预后明显相关,有统计学差异( $P<0.05$ )。肿瘤患者在治疗前与治疗后缓解期血清 VEGF 水平比较有统计学差异( $P<0.05$ ),而缓解期肿瘤患者血清 VEGF 水平与正常对照组比较没有明显差异;而肿瘤复发期患者血清 VEGF 水平明显高于缓解期及正常对照组,但肿瘤患者血清 VEGF 水平随着肿瘤缓解呈下降态势。

**结论** 肺癌、乳腺癌和肝癌患者的血管内皮细胞生长因子检测值较高,尤其远端转移病组检测值最高,检测 VEGF 水平对判断肿瘤细胞的发生,转归和预后有重要临床意义。

## PU-5542

### Bacteremia caused by *Turicella otitidis* in a patient with diffuse large B-cell lymphoma

Wulin Shan,Dan Li,Chunyang Dai,Jinsong Kan,Ming Li,Meiling Yin

Western Branch of The First Affiliated Hospital of University of Science and Technology of China

**Objective** Invasive Gram-positive Bacilli infections are commonly encountered in immunocompromised patients. In this paper, we report a bacteremia caused by *Turicella otitidis* in a patient with diffuse large B-cell lymphoma.

**Methods** Bacteria was identified by VITEK MALDI-TOF MS. Drug sensitivity was analyzed by disk diffusion method.

**Results** Bacteria was isolated from blood cultures. After 48 hour of incubation at 37 °C in air enriched with 5% CO<sub>2</sub>, Colony morphology of the organism was round, opaque and creamy, and the diameter was about 1-2 mm. Gram staining showed that bacteria arranged in a V-shape. MALDI-TOF MS data demonstrated that the infected bacteria was *Turicella otitidis*. Drug susceptibility data showed that *Turicella otitidis* was possibly sensitive to vancomycin, polymyxin B, and chloramphenicol. Body temperature of the patient dropped after administration of vancomycin.

**Conclusions** The data indicated that MALDI-TOF MS can be used for the rapid and accurate identification of rare bacteria, such as *Turicella otitidis*. In addition, vancomycin could be used to

treat the infection caused by *Turicella otitidis*. This study may provide a reference for the diagnosis and treatment of *Turicella otitidis*.

#### PU-5543

### SALL4 调控胃癌细胞糖酵解促进恶性进展作用及机制研究

邵孟,茅浙英,张徐

江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 研究人婆罗双树样基因 4 (spalt-like transcription factor 4, SALL4) 在胃癌细胞糖酵解中的作用及机制, 为阐明 SALL4 在肿瘤中的作用提供理论基础和实验依据, 并为胃癌分子诊断和治疗提供新靶点。

**方法** 在人胃癌细胞株中分别敲减和过表达 SALL4, 采用 qRT-PCR 和 western blot 检测糖酵解相关基因表达, 采用 Transwell 迁移和 Matrigel 侵袭实验评价细胞迁移以及侵袭能力, 采用平板克隆实验和生长曲线实验检测细胞增殖能力, 采用血管形成拟态实验检测细胞血管形成能力, 采用葡萄糖、乳酸、乳酸脱氢酶、己糖激酶、ATP 检测试剂盒检测胃癌细胞及上清中糖酵解相关指标。通过荧光素酶报告基因实验检测 SALL4 和 HK2 启动子区域结合情况。在过表达 SALL4 同时干扰 HK2 表达, 阐明 HK2 在 SALL4 调控胃癌细胞糖酵解促进恶性进展中的作用。

**结果** MGC803、SGC7901 细胞敲减 SALL4 后, 糖酵解相关基因和蛋白表达下降。细胞功能学实验表明, 细胞迁移、侵袭、增殖能力下降, 血管形成拟态实验显示细胞血管形成能力下降。糖酵解相关指标检测结果显示葡萄糖摄取、乳酸生成、乳酸脱氢酶活性、己糖激酶活性、ATP 水平下降。相反, HGC27、AGS 细胞过表达 SALL4 后, 糖酵解相关基因、蛋白表达上升, 细胞迁移、侵袭、增殖和血管形成能力增强。SALL4 基因过表达同时干扰 HK2 基因表达导致 SALL4 调控糖酵解促进胃癌细胞恶性进展的能力下降。

**结论** SALL4 通过促进 HK2 表达调控胃癌细胞糖酵解, 从而促进胃癌恶性进展。SALL4 调控 HK2 表达是其发挥促肿瘤作用的新机制。

#### PU-5544

### Analysis of drug resistance of clinical isolates of Enterobacteriaceae in Changzhi area from 2015 to 2017

Ruiyu Wang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** Objective to analyze the drug resistance of common Enterobacteriaceae bacteria isolated from Heji Hospital Affiliated to Changzhi Medical College in recent 2015-2017 years.

**Methods** a total of 1103 strains of Enterobacteriaceae isolated from the hospitalized patients in our hospital for 2015-2017 years were found from the WHONET system, and the drug resistance was analyzed retrospectively.

**Results** among the 1103 Enterobacteriaceae, five strains of *Escherichia coli* (61.74%), *Klebsiella pneumoniae* (28.01%), *Proteus mirabilis* (2.90%), *Enterobacter cloacae* (2.65%) and *Klebsiella acid* (1.81%) were produced. The resistance rate of *Escherichia coli* to piperacillin and first generation or two generation cephalosporins was more than 60%, *Klebsiella pneumoniae* was mainly resistant to fourth generation cephalosporins, while *Klebsiella acid* was sensitive to Amikacin, carbapenems and tobramycin, and the other resistance rates were almost all in 50%~70%. Amikacin and piperacillin / tazobactam and Cefoperazone / sulbactam are highly sensitive to the main Enterobacteriaceae bacteria. Conclusion the drug resistance of Enterobacteriaceae bacteria in Heji Hospital Affiliated to Changzhi Medical College is on the rise.



**Conclusions** In the treatment of Enterobacteriaceae, Amikacin, piperacillin / tazobactam and Cefoperazone / Shubatan can be used as the first choice for the experience of our doctors.

#### PU-5545

### 降钙素原在骨髓移植后患者中菌血症的早期诊断中的价值

李珊珊

北京大学人民医院,100000

**目的** 探讨降钙素原在骨髓移植后患者中菌血症早期诊断的价值。

**方法** 选取 2016 年 6 月—2018 年 3 月在北京大学人民医院血液科收治的骨髓移植后菌血症的病人 142 例, 根据血培养结果分为革兰氏阴性菌菌血症组(A)、革兰氏阳性菌菌血症组(B)及真菌菌血症组(C)。分别采用电化学发光法、免疫比浊法检测患者的降钙素原 (PCT)、C 反应蛋白 (CRP) 及 D-二聚体 (D-Dimer) 的水平, 采用非参数检验比较 3 组 PCT、CRP 及 D-DIMER 水平, 建立受试者工作曲线, 计算曲线下面积, 并分析 PCT、CRP 及 D-DIMER 对 3 种不同感染类型的诊断价值。

**结果** A 组、B 组及 C 组 PCT 值分别为 2.60 (10.07)  $\mu\text{g/L}$ , 0.31 (0.60)  $\mu\text{g/L}$ , 0.23 (0.67)  $\mu\text{g/L}$ , 差异有统计学意义; A 组和 B 组的受试者工作曲线下面积 (AUC) 为 0.770, 当 PCT 为 0.365  $\mu\text{g/L}$  时, 诊断灵敏度为 82%, 特异度为 63%。

**结论** PCT 能够初步快速辅助诊断骨髓移植病人菌血症的感染类型, 可为临床医生应用有效抗菌药物提供依据。

#### PU-5546

### 骨髓细胞学涂片淋巴瘤骨髓浸润的检出率与淋巴瘤亚型的 的关系分析

郑亚婷,赵秀玲

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 研究已确诊骨髓浸润的两种不同类型淋巴瘤, 在骨髓细胞学检查中骨髓浸润的检出率是否不同, 统计分析骨髓涂片检出率与淋巴瘤亚型的相关性, 从而得知骨髓浸润的骨髓涂片检出率与淋巴瘤的分型是否有关。

**方法** 收集云南省肿瘤医院于 2012 年 6 月~2018 年 12 月经病理确诊为淋巴瘤, 并经骨髓活检确诊骨髓浸润的弥漫大 B 细胞淋巴瘤和滤泡型淋巴瘤患者共 67 例。以患者骨髓细胞学涂片中的淋巴瘤细胞 $\geq 5\%$ 者诊断为淋巴瘤骨髓浸润, 淋巴瘤细胞 $\geq 25\%$ 者诊断为淋巴瘤细胞白血病为诊断标准, 采用统计学软件 SPSS22.0 分析数据, 以  $\chi^2$  检验的方法对骨髓细胞学涂片骨髓浸润的检出率与两种淋巴瘤亚型进行回顾性研究, 分析骨髓细胞学涂片中骨髓浸润的检出率与淋巴瘤亚型之间是否存在相关性。

**结果** 经统计学软件 SPSS22.0 以  $\chi^2$  检验的统计方法进行数据分析得出, 36 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤骨髓细胞学涂片浸润患者 9 例, 阳性检出率为 25.0%, 低于 31 例滤泡型淋巴瘤骨髓细胞学涂片浸润患者 20 例, 阳性检出率为 64.5%,  $P < 0.05$ 。说明骨髓细胞学检查涂片的淋巴瘤骨髓浸润涂片检出率在两种不同类型 B 型淋巴瘤患者中存在显著意义。

**结论** 骨髓细胞学检查涂片的淋巴瘤骨髓浸润涂片检出率在两种不同类型 B 型淋巴瘤患者中存在差异。弥漫大 B 细胞淋巴瘤骨髓浸润患者的骨髓细胞学涂片检出率低于滤泡型淋巴瘤骨髓浸润患者的

骨髓细胞学涂片检出率。利用骨髓涂片检查对淋巴瘤是否发生骨髓浸润进行准确判断对淋巴瘤的分期、治疗以及预后判断具有重要意义。

#### PU-5547

### Serum syphilis antibodies were determined by different serological methods and the results were evaluated

Lipei Jiang

yantai affiliated hospital of binzhou medical university

**Objective** Serum syphilis antibodies were determined by different serological methods and the results were evaluated.

**Methods** The sensitivity and specificity of these were measured by TRUST, ELISA, colloidal gold and chemiluminescence immunoassay, which are most commonly used in China at present.

**Results** In the outpatient and hospitalized patients, 100 patients with positive syphilis and 100 syphilis negative were selected, 100 cases were positive by automatic chemiluminescent immunoassay analyzer, the positive rate was 100%, 86 cases were detected by TRUST method, the positive rate was 86%, and 98 cases were positive by chemiluminescence immunoassay method, the positive rate was 98%. The sensitivity and specificity of chemiluminescent immunoassay were high, and there were significant differences in their sensitivity to the sensitivity of the two methods of TRUST and colloidal gold ( $P < 0.05$ ). Compared with the enzyme linked immunosorbent assay, the difference was not significant ( $P > 0.05$ ), and the statistical significance was not significant.

**Conclusions** The specific chemiluminescence immunoassay method and TRU The difference of ST was significant ( $P < 0.05$ ), but the specificity of the two methods was not significant ( $P > 0.05$ ) with the enzyme linked immunosorbent assay and colloid gold ( $P > 0.05$ ).

#### PU-5548

### 慢性丙型肝炎患者自身免疫性肝病相关抗体的检测和结果分析

徐军

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 检测丙型肝炎患者血清自身免疫性肝病相关抗体并分析其临床意义。

**方法** 以 HEP-2 细胞、猴肝、大鼠胃和大鼠肾组织为抗原，采用间接免疫荧光法以及免疫线性印迹法对 80 例丙型肝炎患者血清、对照组 80 例乙型肝炎血清作抗核抗体、抗平滑肌抗体、抗线粒体抗体、抗肝肾微粒体抗体和抗肝细胞胞浆 I 型抗原进行检测。

**结果** 丙型肝炎患者自身抗体总阳性率为 76.5%，高于对照组 ( $P < 0.05$ )，自身抗体的阳性与患者的性别有关 ( $P < 0.05$  女性高于男性，达到 70%)。与年龄有关 ( $P < 0.05$ )，HCV RNA 阳性组与 HCV RNA 阴性组自身抗体的检出率无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** HCV 感染能引起自身免疫反应致使患者血清中出现多种自身抗体，自身抗体的检出率与患者的年龄、性别和肝硬化发生率明显相关。在常规治疗中检测自身抗体，对于慢性丙型肝炎患者的诊断和治疗具有一定的指导意义。

## PU-5549

## 新型全自动分析前标本质量核查系统：一款提升实验室凝血检测质量的工具

周睿

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 使用未添加外部干扰物的真实患者凝血检测标本，复现实验室实际操作过程，评价新型全自动分析前标本质量核查系统，较传统手工目测法是否有效提升了实验室凝血检测质量。

**方法** 收集北京市朝阳区医院门诊检验科 2018 年 4 月至 5 月期间的凝血检测标本 2949 例，通过目测法及自动化系统对收集的凝血检测标本进行分析前质量评估，比较两种方法对异常标本（溶血、脂血、黄疸、标本量不足及凝块）的评估能力。

**结果** 评估均属质量合格的标本共计 2915 例，符合率为 98.8%，两种方法评估属于质量不合格的标本共计 2 例，符合率为 0.06%；两种方法间评估结果不一致的标本共 32 例，不符合率为 1.09%；对异常标本的检测另种检测方法间差异性的比较  $P < 0.01$ ；

**结论** 全自动分析前标本质量核查系统准确、高效地识别临床异常凝血标本，提高凝血检测质量和检测效率，提升检验品质和患者满意度，保证患者安全。

## PU-5550

## OXA-423, a novel OXA-23 variant with reduced carbapenem resistance in *Acinetobacter baumannii*

Zhenghai Yang<sup>1</sup>, Peng Wang<sup>2</sup>, Ping Song<sup>3</sup>, Wenzheng Han<sup>1</sup>, Xiaoning Li<sup>1</sup>

1. Clinical Laboratory, The First Affiliated Hospital, Wannan Medical College

2. College of Life Sciences, Anhui Normal University

3. College of Biological and Chemical Engineering, Anhui Polytechnic University

**Objective** A novel variant of OXA-23, named OXA-423, was identified in an *Acinetobacter baumannii* clinical isolate. The aim of this study was to analyse the resistance phenotype of OXA-423 in vitro.

**Methods** PCR screening of *Acinetobacter baumannii* WY-0713 was positive for bla<sub>OXA-23-like</sub> and bla<sub>OXA-51-like</sub>, but negative for bla<sub>OXA-24/40-like</sub> and bla<sub>OXA-58-like</sub>. DNA sequencing of the complete bla<sub>OXA-23-like</sub> identified a novel bla<sub>OXA-23-like</sub>, named bla<sub>OXA-423</sub> which encoding the OXA-423. OXA-423 differed from OXA-23 by a crucial amino acid substitution at position 128 (Val128Ala). Noticeably, the V128A substitution was located in the second of three conserved active-site motifs of OXA-23 (STFK, SAV and KTG). Antibiotic susceptibility testing showed that *E. coli* transconjugant harboring pET-OXA-423 showed 4-fold and 8-fold lower imipenem and meropenem MICs, respectively, as compared to that harboring pET-OXA-23. SDS-PAGE analysis of the crude extracts of the two transformants, *E. coli* pET-OXA-423 and *E. coli* pET-OXA-23, showed conspicuously expression of the two proteins. The modified Hodge tests to carbapenemases were positive for both transconjugants, demonstrating that the expressed of OXA-423 and OXA-23 were functional.

**Results** PCR screening of *Acinetobacter baumannii* WY-0713 was positive for bla<sub>OXA-23-like</sub> and bla<sub>OXA-51-like</sub>, but negative for bla<sub>OXA-24/40-like</sub> and bla<sub>OXA-58-like</sub>. DNA sequencing of the complete bla<sub>OXA-23-like</sub> identified a novel bla<sub>OXA-23-like</sub>, named bla<sub>OXA-423</sub> which encoding the OXA-423. OXA-423 differed from OXA-23 by a crucial amino acid substitution at position 128 (Val128Ala). Noticeably, the V128A substitution was located in the second of three conserved active-site motifs of OXA-23 (STFK, SAV and KTG). Antibiotic susceptibility testing showed that *E. coli* transconjugant harboring pET-OXA-423 showed 4-fold and 8-fold lower imipenem and meropenem MICs, respectively, as compared to that harboring pET-OXA-23. SDS-PAGE

analysis of the crude extracts of the two transformants, *E. coli* pET-OXA-423 and *E. coli* pET-OXA-23, showed conspicuously expression of the two proteins. The modified Hodge tests to carbapenemases were positive for both transconjugants, demonstrating that the expressed of OXA-423 and OXA-23 were functional.

**Conclusions** OXA-423, a novel variant of OXA-23, was identified which conferred to reduced carbapenems resistance, and this is the first report of an amino acid substitution located at conserved active-site motif of OXA-23. Considering the differences of the resistance and amino acid sequence between OXA-423 and OXA-23, OXA-423 could be an interesting model for structure-function and molecular evolution studies of OXA.

## PU-5551

### 基因芯片技术在流产组织遗传学诊断中的应用研究

魏娜

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探讨基因芯片技术在流产组织遗传学诊断中的应用研究

**方法** 本研究对 2016-2017 年临沂市人民医院的 32 例早期流产孕妇的流产组织应用基因芯片技术进行检测, 分析基因芯片技术在流产组织遗传学中的应用价值

**结果** 基因芯片技术检测 32 例胚胎组织均获成功, 检出成功率为 100%, 其中正常结果 11 例, 异常结果 21 例, 检出率为 65.6% (21/32)。在 21 例染色体异常中, 染色体数目异常 13 例, 占 61.9% (13/21), 其中三倍体 2 例 (9.5%, 2/21), 非整倍体 11 例 (52.4 %, 11/21); 染色体结构异常共 8 例 (38.1%, 8/21), 其中染色体微缺失 5 例 (23.8%, 5/21), 染色体微重复 3 例 (14.3%, 3/21)

**结论** 基因芯片技术可快速准确检出流产组织的染色体异常, 是一种非培养, 快速和高效的流产组织染色体异常的检测方法, 在流产组织遗传学诊断中具有重要作用

## PU-5552

### 脑脊液中 CEA、CA19-9、CA125、及 NSE 水平变化对 脑膜癌病的诊断价值分析

杨亚平

陆军军医大学西南医院

**目的** 探讨脑脊液中癌胚抗原 (CEA)、糖类抗原 CA125、糖链抗原 19-9(CA19-9)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)的水平变化对脑膜癌病(MC)的诊断特异性。

**方法** 选取确诊的 25 例 MC 患者作为 MC 组, 23 例细菌性脑膜炎患者作为 BM 组, 检测两组患者脑脊液中 CEA、CA19-9、CA125、及 NSE 的水平, 分析 4 种指标单独及联合应用对 MC 患者的诊断学意义。

**结果** MC 组患者的脑脊液细胞总数、脑脊液白细胞计数、脑脊液红细胞计数、脑脊液葡萄糖水平均低于 BM 组患者 ( $P < 0.05$ ); MC 组患者脑脊液中的 CEA、CA19-9、CA125、及 NSE 水平均明显高于 BM 组患者 ( $P < 0.01$ )。脑脊液中 CEA 水平诊断 MC 灵敏度为, CA19-9 的水平诊断 MC 的灵敏度为 56%(14/25), 特异度为 52%(13/25), 漏诊率为 44%, 误诊率为 42.50%; 脑脊液中 CYFRA21-1 的水平诊断 MC 的灵敏度为 42.50%(17/40), 特异度为 50.00%(20/40); 脑脊液中 NSE 的水平诊断 MC 的灵敏度为 35.00%(14/40), 特异度为 40.00%(16/40), 漏诊率为 65.00%, 误诊率为 60.00%; CA19-9+NSE+CYFRA21-1 三者联合诊断 MC 的灵敏度为 77.50%(31/40), 特异度为 77.50%(31/40), 漏诊率为 22.50%, 误诊率为 22.50%。

**结论** 检测 MC 患者脑脊液中的 CA19-9、CYFRA21-1、NSE 水平,可早期初步判断肿瘤脑转移的发生,对临床治疗 MC 具有一定的诊断价值。

## PU-5553

### Lp-PLA<sub>2</sub> 与 D-D 联合检测对缺血性脑卒中的诊断及神经功能损伤的影响

刘强<sup>1</sup>,韩飞<sup>1</sup>,李彩云<sup>2</sup>,曾慧<sup>1</sup>,杨灿<sup>1</sup>

1.南京医科大学第四附属医院(南京市浦口医院)

2.江苏省人民医院浦口分院(南京市浦口区中心医院)

**目的** 通过检测缺血性脑卒中患者血浆脂蛋白相关磷脂酶 A<sub>2</sub>(Lp-PLA<sub>2</sub>)与血浆 D-D 二聚体的含量,分析其对缺血性脑卒中的诊断价值及神经功能损伤程度的相关性。

**方法** 选取我院 230 例临床确诊的缺血性脑卒中患者设为病例组,同期 50 例健康体检者设为对照组,分析检测各组血浆 Lp-PLA<sub>2</sub>、D-D 二聚体的表达差异,并与受试者的美国国立卫生院神经功能缺损评分(NIHSS)进行相关性分析。

**结果** 缺血性脑卒中组 Lp-PLA<sub>2</sub> 及血浆 D-D 二聚体含量明显高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ ); Lp-PLA<sub>2</sub>、D-D 二聚体与患者 NIHSS 评分呈正相关(0.234,0.583),但 D-D 二聚体的相关性较弱; Lp-PLA<sub>2</sub>、D-D 二聚体二者联合检测的敏感度(88.9%)、特异性(81.3%)及 ROC 曲线下面积(0.862)均高于单独检测。

**结论** Lp-PLA<sub>2</sub> 与 D-D 二聚体联合检测对缺血性脑卒中有明显的诊断价值,同时 Lp-PLA<sub>2</sub> 可作为缺血性脑卒中神经损伤严重程度的相关指标,对缺血性脑卒中的诊断和病情评估提供帮助。

## PU-5554

### 心肌标志物检测鉴别急性心梗与心绞痛的意义

廖才志

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探讨检测心肌标志物,对于急性心梗与心绞痛的鉴别价值。

**方法** 此次研究活动,共选取了 80 名参与者,全部是因心绞痛或急性心梗前来我院进诊的患者。就诊时间为:2016 年度与 2017 年度,其中心绞痛参与者与急性心梗参与者各 40 名。分别提取和检测三个不同发病时间段的心肌标志物。第一个标志物提取时间点为发病 1~4h,第二个标志物提取时间点为 4~8h,第三个标志物的提取时间点为 12~24h。主要提取物如下:其一为 MB(即,肌红蛋白),其二为, Tn-T(即,肌钙蛋白),其三为 CK-MB(即,肌酸激酶同工酶),以及其他一些必要的标志物。

**结果** 检测显示:第一个时间点提取的心肌梗死者的标志物中,发现肌红蛋白明显增高;第二个时间点肌红蛋白升至最高值,同时肌钙蛋白也明显增长;第三个时间点的提取物中,发现明显的肌酸激酶同工酶增长。而这三个时间点提取的心绞痛者的标志物,均未发现任何异常。

**结论** 心肌标志物检测鉴别急性心梗与心绞痛有很大意义

## PU-5555

## 胎盘拭子细菌培养菌群分布及耐药性分析

吴佳音,陈玲,陈小丽,黄舒莹,叶辉铭  
厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 研究胎盘拭子细菌培养结果,了解产妇产下生殖道细菌上行性感染的分布情况,为围产期母婴相关细菌感染性疾病提供实验室依据。

**方法** 收集本院 2016 年所有产妇胎盘拭子的细菌培养结果进行回顾分析。

**结果** 从 2205 例胎盘拭子细菌培养的标本中分离出 190 例阳性标本,阳性检出率为 8.62%;分离菌株以大肠埃希菌居多,所占比率高达 60.53%,其它分离较多的菌株依次为粪肠球菌、无乳链球菌、阴沟肠杆菌、金黄色葡萄球菌,各占阳性标本比率为 15.26%、7.89%、4.21%、4.21%;革兰阴性杆菌对亚胺培南、美罗培南、哌拉西林/他唑巴坦敏感性最高;无乳链球菌对青霉素、氨苄西林、万古霉素高度敏感,未出现耐药菌株。其他革兰阳性球菌对万古霉素、呋喃妥因均高度敏感。

**结论** 产妇产下生殖道细菌上行性感染多为革兰阴性杆菌,以大肠埃希菌为主,进行耐药性分析,对控制围产期母婴相关细菌感染具有重要意义。

## PU-5556

## 细胞因子微球法检测血清游离免疫球蛋白轻链的方法学初探

何淑娅,宋晓玉,张莉,李石,张月  
四川省肿瘤医院,610000

**目的** 采用细胞因子微球法(简称 CBA 法: Cytometric Bead Array)检测血清游离免疫球蛋白 kappa 轻链和 lambda 轻链,探讨此方法在判定免疫球蛋白轻链性质上的准确性,以期在临床上作为诊断浆细胞和 B 细胞肿瘤的方法。

**方法** CBA 法是一种基于流式细胞检测系统的多重蛋白定量检测方法,它能够同时对单个样品中的多个指标进行检测。将多发性骨髓瘤患者的血清与抗人免疫球蛋白轻链 kappa 和轻链 lambda 的单克隆抗体共同孵育,由微球捕获,通过流式细胞仪检测即可获得血清中免疫球蛋白轻链的值。

**结果** 通过对 2 例已确诊为多发性骨髓瘤的血清游离轻链进行比较,其中 IgA-λ 型经免疫比浊测定其 λ 轻链为 68.3mg/L, CBA 法测定结果为 50.6 mg/L。另外 1 例 IgG-κ 型经免疫比浊测定其 κ 轻链值为 46.3 mg/L,但 CBA 法测定结果无效。

**结论** CBA 法对于人血清游离免疫球蛋白轻链检测还不成熟,分析原因在于方法学中微球、抗体、链接的生物素位点可能会有竞争性的抑制,导致检测系统不稳定。

## PU-5557

## 脐带 MSC 来源外泌体转运 Ang-2 促进血管新生修复 皮肤损伤的作用及机制研究

刘锦雯,赵婷,杨馥吉,严永敏

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 探究 hucMSC-Ex 通过转运 Ang-2 上调血管内皮细胞的增殖、迁移、成管, 从而促进皮肤血管新生的作用及机制。

**方法** 贴壁法分离培养 hucMSC 细胞, 蔗糖/重水超速离心法提取 hucMSC-Ex, 透射电镜观察 hucMSC-Ex 的形态和大小, NanoSight 纳米颗粒跟踪分析仪检测 hucMSC-Ex 的直径分布, Western blot 检测 hucMSC-Ex 表面标志物 CD9、CD63 和 CD81 的表达。80°C 热水烫伤 8s 制作 SD 大鼠皮肤深 II 度烫伤模型, 并应用 hucMSC-Ex 进行治疗; 通过创面大体、HE 染色的组织化学染色等方法分析其修复效果, 免疫组化检测 CD31 及 Ang-2 的表达分析其血管生成情况。体外将脐静脉内皮细胞 (HUVECs) 与 hucMSC-Ex 共培养, Western blot 检测细胞中 Ang-2、VEGFA 和 Tie2 的表达, 并观察 hucMSC-Ex 对 HUVECs 的增殖、迁移和以及小管形成的调控作用。过表达或敲减 hucMSCs 中 Ang-2 构建 hucMSC-Ex<sup>Ang-2</sup> 和 hucMSC-Ex<sup>shAng-2</sup>, 观察 hucMSC-Ex<sup>Ang-2</sup> 或 hucMSC-Ex<sup>shAng-2</sup> 对 HUVECs 的增殖、迁移以及小管形成的作用, Western blot 检测 HUVECs 中 Ang-2、VEGFA 和 Tie2 表达。

**结果** 成功建立 SD 大鼠皮肤深 II 度烫伤模型, hucMSC-Ex 促进烫伤皮肤的血管生成, 加快创面愈合。Ang-2 过表达的 hucMSC-Ex<sup>Ang-2</sup> 进一步促进了 HUVECs 的增殖、迁移和成管能力。而 Ang-2 敲减的 hucMSC-Ex<sup>shAng-2</sup> 作用后, HUVECs 增殖、迁移以及成管能力明显减弱。Western blot 结果显示 hucMSC-Ex 中含有大量 Ang-2 蛋白, 且经 hucMSC-Ex 作用后血管内皮的 Ang-2、VEGFA 和 Tie2 的表达均明显上调。

**结论** hucMSC-Ex 可促进血管生成修复皮肤损伤, 其机制可能与 hucMSC-Ex 转运 Ang-2 调控血管内皮细胞的 VEGFA 和 Tie2 有关。

## PU-5558

## Identification of key regulators and drugs of lung cancer progression based on integrated multifactor analysis

Liangyuan Chen<sup>1,2</sup>, Chunli Huang<sup>2</sup>, Qiumei Wu<sup>1,2</sup>, Falin Chen<sup>1,2</sup>

1.Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou, China

2.Department of Clinical Laboratory, Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University, Fuzhou, People's Republic of China

**Objective** Lung cancer is one of the most common cancers with poor survival worldwide. Due to the complexity of pathogenesis in lung cancer, the integrated multifactor analysis from different dimension to explore the underlying molecular mechanism still require further exploration for this gene.

**Methods** In our study, we proposed a functional module-based approach that combined with integrated multifactor analysis to reveal key regulators and drugs in lung cancer progression. Firstly, the gene modules associated with lung cancer were performed to identify using weighted gene co-expression network analysis (WGCNA).

**Results** The crosstalk analysis between the 37 co-expression modules obtained, which showed the interaction of these modules. In addition, pivot analysis identified as the drivers force including ANCR, pivot miR-335 and transcription factors (TFs) including ATF4, CDX2, GATA3, HDAC1 etc. that might play key parts of the crosstalk module subnetworks and work together to drive

functional modules in lung cancer. Finally, based on the target role of the drugs on the functional modules, we found that atorvastatin, zinc etc. had certain therapeutic effects in lung cancer.

**Conclusions** In conclusion, our study provides novel insights into molecular targets and candidate drugs as the driver regulators involved in the pathogenesis of lung cancer.

## PU-5559

# 2018 年杭州市手足口病与疱疹性咽颊炎流行新特征分析

周俊  
杭州市儿童医院

**目的** 回顾和分析 2018 年肠道病毒流行高发期杭州市手足口病和疱疹性咽颊炎的流行情况及病原体构成, 为疾病的预防与控制提供参考。

**方法** 采集 2018 年 4-6 月杭州市儿童医院收治的疱疹性咽颊炎和手足口病患儿的咽拭子或粪便标本, 采用实时荧光定量 RT-PCR 法检测肠道病毒核酸通用型、EV71 型、CA16 型、CA6 型和 CA10 型。对两组疾病患儿在性别、年龄、感染病毒的构成比, 并分析不同病原体感染在两组疾病诊断上的差异。

**结果** 在 77 例疱疹性咽颊炎病例中, 男女比例为 2.08 : 1, 5 岁及以下病例占 92.2%, 1-2 岁年龄段检出率最高达 49.4%, 肠道病毒 CA10、CA6、CA16 和其他未知类型的检出率分别为 42.9% (33/77)、15.6% (12/77)、6.5% (5/77) 和 35.1 (27/77), 未检出 EV71; 在 285 例手足口病病例中, 男女比例为 2.47: 1, 5 岁及以下病例占 97.5%, 1-2 岁年龄段检出率最高 62.1%, 肠道病毒 CA6、CA16、CA10、EV71 和其他未知类型的检出率分别为 55.4%(158/285)、15.8%(45/285)、14.4% (41/285)、4.6% (13/285) 和 9.8% (28/285)。疱疹性咽颊炎和手足口病感染病原体亚型的构成比有统计学意义( $P<0.05$ )。疱疹性咽颊炎和手足口病病例中发热的比例为 89.6%和 70.5% ( $P<0.05$ ), 咽痛的比例分别为 59.3%和 25.6% ( $P<0.05$ )。诊断为疱疹性咽颊炎的病例全部为轻症, 而手足口病中有 5.3% (15 例, 由 EV71 和 CA6 引起) 发展为重症。在 CA6 型感染病例中, 3 岁以下患儿占 92.9% (158/170)。

**结论** 疱疹性咽颊炎与手足口病发病人群近似, 男性高于女性, 主要为 5 岁以下儿童。疱疹性咽颊炎检出以 CA10 为主, 手足口病检出以 CA6 为主, 且两者的病原体构成不同, 临床症状也有所区别, 应重视疱疹性咽颊炎, 并参考手足口病进行病例隔离和环境消毒。CA6 较其他病原体发病年龄小, 对于低龄儿童尤其注意 CA6 病毒感染。

## PU-5560

# TBA 和 AFP 联合检测对肝癌诊断及转移的指导意义

石琼,曹紫曦  
云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院,650000

**目的** 明确总胆汁酸 (TBA)、甲胎蛋白 (AFP) 联合检测对原发性肝癌(PHC)的诊断价值及临床意义, 探讨 TBA、AFP 联合检测在肝癌侵袭转移中的作用。

**方法** 选取 85 例经病理学确诊为原发性肝癌的患者, 81 名健康体检对照者; 27 例原发性肝癌转移组, 27 例未转移组 (从原发性肝癌患者中随机选择)。运用循环酶法检测 TBA 水平, 运用电化学发光方法检测 AFP 水平, 对 TBA、AFP 指标进行联合检测。并对检验结果进行统计分析, 同时应用受试者工作特性曲线 (ROC 曲线) 及其曲线下面积 (AUC) 分析各指标在肝癌诊断及转移中的价值。



**结果** (1) 原发性肝癌 (PHC) 组 TBA、AFP 的水平检测结果显著高于健康对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 联合检测的特异度为 98.8%, 灵敏度为 92.9%, ROC 曲线下面积为 0.986; (2) 发生转移的患者 TBA、AFP 血清水平检查结果高于未转移的患者, 与对照组相比差异均具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 联合检测的特异度为 66.7%, 灵敏度为 63.0%, ROC 曲线下面积为 0.628; (3) TBA 和 AFP 两项指标联合诊断的阳性率, 无论是在早期诊断还是发生侵袭转移, 均大于单一指标阳性率, 分别为 89.41%、92.59%。应用受试者工作特性曲线 (ROC 曲线) 分析, 结果说明 TBA、AFP 的联合检测在肝癌诊断方面的价值较高, 然而在肝癌转移方面的价值较小。

**结论** 对肝癌患者进行血清 TBA、AFP 联合检测能提高肝癌诊断的敏感性和特异性, 可以弥补单一检测指标检测的不足, 在肝癌转移评估中具有一定的指导意义, 有助于肝癌侵袭转移方面的研究以及寻找新的治疗方向。

## PU-5561

### 流式荧光分析仪 AtheNA 系统 Luminex200 性能验证

太继琼

昆明市第一人民医院, 650000

**目的** 对美国 ZEUS 公司 AtheNA 系统 Luminex200 流式荧光分析仪的主要性能进行验证, 确定设备能否达到所要求的性能指标及设备性能是否合格, 以确保仪器检测所得结果的准确性和可靠性, 更有助于临床病情监测与临床用药指导。

**方法** 根据美国“临床和实验室标准化委员会”(CLSI) 有关定量检测系统性能评价/验证的标准, 对该仪器检测的自身抗体 ENA 谱 (抗核抗体谱) 16 项进行精密度、正确度 (回收实验)、线性范围、检出限、参考区间验证。

**结果** 所检测项目的批内精密度, 计算每水平的均值、标准差、变异系数, 获得批内精密度和总精密度, 通过该方案实验得到的实际项目的标准差小于性能要求的标准差, 所测项目的精密度性能得以验证通过; 正确度 (回收实验) 验证相对 CV% 值在 0.37-7.48, 结果计算通过评价; 线性范围验证, 试验分析结果通过; 检出限验证, 试验分析结果通过; 参考区间验证, 结果分析通过。

**结论** AtheNA 系统 Luminex200 流式荧光分析仪进行 ENA 谱 (抗核抗体谱) 检测项目的精密度、正确度 (回收实验)、线性范围、检出限、参考区间方法学性能满足规定的质量目标要求, 满足临床使用。

## PU-5562

### 检验信息化在检验管理中发挥的重要作用

白岩

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 使实验室网络信息系统满足检验科学大数据快速发展, 以检验科、现代通信技术、网络技术和计算机技术, 实现高效管理, 提高检验综合效能的复杂的人机系统。

**方法** 一、提高了检验医嘱质量 LIS 实施后, 医生在网上开标准的电子检验申请单, 使申请单不合格率大为降低, 保证医嘱质量。

二、提高了标本采集的质量 医院采用国际标准的真空采血管, 护士根据条码标签上的检验项目要求取管, 降低了失误率。

三、有效控制标本运送和接收全过程 对标本送检、接收等环节通过对条码进行扫描确认, 记录标本转送过程的责任者和转送时间全面监控, 追踪标本状态。

四、从流程控制和管理溯源两方面入手,采用多环节交接确认、电子签名等方式,减少了可能产生的错误和偏差。

五、将标本的登记电子化,对日后标本信息的查阅、完整保存、资料的溯原、整理、查询的快捷、网络共享;

六、杜绝科室由于大量人情化验导致漏收费问题 将 LIS 系统设定只对有条码的标本进行一切流程的处理,条码是在已交费的基础上产生的,杜绝了漏费的发生,加强了管理,提高了效益;

七、统计分析功能及综合查询条件丰富,可快速检索数据,对于临床科研、教学掌握资料有很大帮助,科研人员可充分利用。

**结果** 全面整合临床实验室业务信息和管理信息,最大限度地将采集、存储、处理、传输流程整合,使资源有效利用、业务流程最大限度优化,实现降低运行成本、提高检验质量和工作效率,提升检验服务。

**结论** 检验大数据对信息化要求越来越高,我们要积极开展信息化管理的应用,使检验信息化为医疗工作提供更便捷的服务,为医疗事业发展提供更高更好的平台。

PU-5563

## 血清淀粉样蛋白 A 胶乳增强免疫比浊法 检测试剂盒性能验证

吴华仙

南方医科大学珠江医院,510000

**目的** 感染是指细菌、病毒、真菌、寄生虫等病原体侵入人体所引起的局部组织和全身性炎症反应,感染的途径有:呼吸道感染、消化道感染、创伤感染、接触感染、垂直传播(母婴传播),而根据入侵病原体的不同,感染又分为:细菌感染、病毒感染、真菌感染等,近些年来,由于不能高效的鉴别感染病原体而导致抗生素的滥用现象越来越严重,细菌感染引发的耐药细菌性疾病不断发生,抗生素耐药性的现象也频频出现。SAA 全名血清淀粉样蛋白 A,是一种由肝细胞产生后被分泌到血清中的一种急性时相蛋白,当机体发生感染或损伤时,可在 4-6h 内迅速升高约 1000 倍,当机体抗原清除后则迅速降低至正常水平。SAA 是急性相蛋白,机体受感染后,4-6h 内即可迅速升高约 1000 倍,清除病体后又可迅速的降低至正常水平,是反映机体感染情况和炎症恢复的灵敏指标;互补应用:SAA 与目前临床最广泛使用的 CRP 相比较,有一个最重要的不同之处:SAA 升高见于病毒、支原体、细菌感染,且敏感性高于 CRP;CRP 升高见于细菌感染,病毒及支原体等病原体感染不升高或仅轻微升高。在雅 C16000 全自动生化仪上才有免疫比浊法检测 SAA,评价该试剂盒性能指标。

**方法** 参考美国临床和实验室标准化协会 EP 系列文件,对 SAA 试剂盒性能指标做出评估。

**结果** 胶乳增强免疫比浊法有较好的稳定性,其正确度检测偏移为 4.2%,小于试剂说明书 10%的要求,验证通过;批间精密度低值水平与高值水平的 CV%分别为 1.98%与 1.08%,在试剂说明书声明的范围内(6%),日间精密度低值水平与高值水平的 CV%分别为 2.91%与 0.92%,在试剂说明书声明的范围内(10%);而其可报告范围验证的结果为:1.61mg/L-1058.32 mg/L,并且其参考区间也通过相关验证。

**结论** 该 SAA 检测试剂盒正确性、精密度、可报告范围以及参考区间符合临床要求。

PU-5564

## Performance of Matrix-assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF-MS) in Diagnosis of Ovarian Cancer: A Systematic Review and Meta-Analysis

Kexin Li, Yuqing Pei, Yue Wu, Yi Guo, Wei Cui

National Cancer Center/National Clinical Research Center for Cancer/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing, 100021, China

**Objective** Ovarian cancer (OC) is one of the leading causes of cancer-related death among the gynecological malignancies in women. Early diagnosis is highly significant to improve prognosis and increase the survival rates. MALDI-TOF-MS is a new type of soft ionization biological protein spectrum technology, which has been developed rapidly in recent years. To evaluate the diagnostic performance of matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF-MS) for ovarian cancer.

**Methods** A thorough research was conducted in PubMed, Web of Science and Embase (until November 2018) to identify studies evaluating the accuracy of MALDI-TOF-MS for ovarian cancer. Using Meta-Disc1.4, Review Manager 5.3 and Stata 15.1 software to analyze the pooled results: sensitivity, specificity, positive likelihood ratio (PLR), negative likelihood ratio (NLR), diagnostic odds ratio (DOR), and 95% confidence intervals (CI). The summary receiver operating characteristic curves (SROC) and area under the curve (AUC) show the overall performance of MALDI-TOF-MS. Quality Assessment of Diagnostic Accuracy Studies-2 (QUADAS-2) was used to assess the quality of included studies. The Spearman correlation coefficient is used to analyze and calculate the threshold effects or non-threshold effects. Egger's test was used to analyze the publication bias.

**Results** Eighteen studies were included in the meta-analysis. We extracted the data from including 592 samples (224 cases and 358 controls). The specimen included serum and plasma. Control group consisted of health or benign ovarian disease patients. Methodological quality analysis of the included studies showed that these articles were at low risk of bias and applicability concerns in total. The Spearman correlation coefficient is 0.403 ( $P=0.097$ ), and the shape of ROC show no typical shoulder arm distribution, the result showed that no threshold effect. Summary estimates of the diagnostic parameters were as follows: sensitivity, 0.77 (95% CI: 0.73-0.80); specificity, 0.72 (95% CI: 0.70-0.74), PLR, 2.80 (95% CI: 2.41-3.24); NLR, 0.30 (95% CI: 0.22-0.40) and DOR, 10.71 (95% CI: 7.81-14.68). And the AUC was 0.8336. To explore the source of the heterogeneity, we conducted meta-regression analysis based on five variables: region (Asia and others), control (health and others), sample (>100 and <100), screening methods (MB-WCX and others) and quality (high and low). The results showed that no source of heterogeneity was observed. Egger's test showed no significant publication bias in this meta-analysis.

**Conclusions** In conclusion, MALDI-TOF-MS shows a good ability for diagnosing ovarian cancer. Further evaluation and optimization of standardized procedures are necessary for complete relying on MALDI-TOF-MS to diagnose ovarian cancer.

PU-5565

## 尿微量白蛋白与肌酐比值对糖尿病肾病 早期诊断的价值

邱提提

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 为了更好地诊断早期糖尿病肾病，需要对多个指标进行检测，所以本文目的是分析尿微量白蛋白和肌酐的比值对此疾病是否有价值。

**方法** 检测 58 例 2 型糖尿病患者的尿液和血液标本。 并与 48 例健康查体者相同检测指标进行数据统计。

**结果** 在 2 型糖尿病病人的各项检查指标中，对糖尿病肾病初期有显著诊断意义的是尿微量白蛋白和肌酐的比值。 但两个实验组之间的尿素氮和血肌酐检测结果并没有特别显著的差异。 [

**结论** 此方法用来检测早期糖尿病肾病，准确度高，方便操作，可视作诊断此疾病的重要指标之一

PU-5566

## Characteristic and Risk factors of Carbapenem Resistant Enterobacteriaceae in a university hospital in Yunnan ,China

Shumin Liu

the First Affiliated Hospital of Kunming Medical University

**Objective** To investigate the characteristic of carbapenem resistant Enterobacteriaceae(CRE) in the First Affiliated Hospital of Kunming Medical University, and evaluate risk factors associated with CRE ,which provide solid basis for rational antimicrobial therapy.

**Methods** Clinical strains were collected between December 2011 and December 2014, the molecular prevalence of strains were first detected by antimicrobial susceptibility; At the same time ,resistance determinants and clonality of CRE were characterized by polymerase chain reaction(PCR) and ERIC-PCR respectively ; Secondly, the control group of 206 carbapenem-susceptible enterobacteriaceae (CSE) were matched with the cases to identify the main factors associated with CRE.

**Results** ①A total of 206 CRE were identified, Klebsiella pneumonia(71%) is the most common of the strains , patients were mainly distributed in the department of EICU (33.5%), cultures were obtained mainly from sputum(44.7%), they are characterized by multi-drug resistant(MDR); ② PCR analysis showed ESBLs and carbapenemase were highly prevalent, mainly TEM-1, SHV-12 and KPC-2,with a prevalence of 85.4%,71.3% and 61.6% respectively. Notably,NDM-1 was detected in 19.4% of the CRE, increase the risk of MDR;ERIC-PCR demonstrated clone dissemination was found mainly in Klebsiella pneumonia. ③ Statistical Analysis revealed Meropenem, multiple organ dysfunction syndrome (MODS) hypertension,sex and the total charges were independent risk factors for CRE , however,Meropenem is the only modifiable independent predictor of CRE .

**Conclusions** These findings suggest that CRE is highly prevalent and transmission in our hospital,appropriate antibiotic is necessary to the prevention of CRE.

## PU-5567

## 1 例血浆 D-二聚体检测干扰案例的发现及应对

孙胜利

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 分析血浆 D-二聚体检测的常见干扰因素及解决办法,以严谨审核 D-二聚体结果并发出可靠临床报告。

**方法** 本文报告 1 例骨科髋关节手术患者(来自中国医学科学院北京协和医院)住院前后检测 D-二聚体,发现其为假性增高的病例,结合工作经验并通过文献复习,分析引起假性增高的常见干扰因素及应对措施。

**结果** 怀疑检测系统检测的 D-二聚体出现了假性增高,需结合甘油三酯(TG)、血红蛋白(HGB)、直接胆红素(TBI)、类风湿因子(RF)或嗜异性抗体(HP)等指标排除干扰因素。

**结论** 怀疑检测系统检测的 D-二聚体出现了假性增高,需结合甘油三酯(TG)、血红蛋白(HGB)、直接胆红素(TBI)、类风湿因子(RF)或嗜异性抗体(HP)等指标排除干扰因素。

## PU-5568

## 多指标联合监测冠状动脉粥样硬化性心脏病的预测价值

游义琴,张征,康玲,蒋栋能

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 联合监测患者的病史资料、生化指标(甘油三酯、总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、载脂蛋白 A1、载脂蛋白 B、载脂蛋白 E、脂蛋白、空腹血糖、同型半胱氨酸等)、免疫指标(Lp-PLA2)水平,比较并评价其对冠状动脉粥样硬化性心脏病的预测价值。

**方法** 连续收集 2018 年 1 月至 2019 年 1 月于陆军军医大学第二附属医院心内科首次发病住院的冠状动脉粥样硬化性心脏病 100 例(患者组)和体检中心正常体检人员 100 例(对照组),比较两组人员的一般资料(年龄、性别、吸烟史、高血压等)及实验室检查(Lp-PLA2、甘油三酯、总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、载脂蛋白 A1、载脂蛋白 B、载脂蛋白 E、脂蛋白、空腹血糖、C 反应蛋白及血同型半胱氨酸等)。组间比较采用 SPSS 22.0 软件的  $\chi^2$  检验分析,冠状动脉粥样硬化性心脏病发生的主要危险因素采用 logistic 多因素回归分析。

**结果**  $\chi^2$  检验结果显示,患者组在吸烟时间、血压值、Lp-PLA2、甘油三酯、总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、载脂蛋白 A1、载脂蛋白 B、载脂蛋白 E、脂蛋白、空腹血糖、C 反应蛋白及血同型半胱氨酸等水平与对照组差异显著( $p<0.05$ )。logistic 多因素回归分析结果显示, Lp-PLA2、甘油三酯、总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、脂蛋白对冠状动脉粥样硬化性心脏病的危险性更大( $p<0.05$ )。

**结论** 联合检测患者的 Lp-PLA2、甘油三酯、总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、脂蛋白水平,对冠状动脉粥样硬化性心脏病的诊断、监测及疗效评价有一定的预测价值。

PU-5569

## 肿瘤外泌体中 lncRNA SFTA1P 和 CTA-384D8.35 对 NSCLC 的诊断

罗昌亮,张武文,黄兰祥,易可桢,汪付兵

武汉大学中南医院,430000

**目的** 由于肿瘤进展和异质性,基于组织活检的癌症诊断在其评估中具有一定局限性,目前,循环肿瘤细胞,游离肿瘤 DNA,外泌体及肿瘤“驯化”血小板为主的液体活检作为体外诊断的一个分支,能对肿瘤进行实时监测,是肿瘤检测和辅助治疗的突破性技术。本研究旨在探讨肿瘤源外泌体中链非编码 RNA (lncRNAs) 对非小细胞肺癌 (NSCLC) 的诊断效能。

**方法** 用生物信息学从 GEO 和 TCGA 数据库筛选出 14 个在 NSCLC 组织中具有较高潜在诊断效能的 lncRNAs。临床收集 147 例肺腺癌、25 例肺鳞癌患者和 30 健康对照组作为训练集标本,收集 127 例肺腺癌、64 例肺鳞癌患者和 30 健康对照组作为验证集标本,分离外泌体和对应血浆,RT-qPCR 检测 14 个 lncRNAs 的表达情况,并分析肿瘤源外泌体和血浆来源的 14 个 lncRNAs 在 NSCLC 的诊断价值。

**结果** 基于数据库筛选出 14 个 lncRNAs,只有 SFTA1P、CTA-384D8.35 和 PGM5-AS1 能在外泌体和血浆中表达。在训练集外泌体标本中,相对于健康对照组,SFTA1P、CTA-384D8.35 在肺腺癌和肺鳞癌的表达水平显著升高,但 PGM5-AS1 在肺腺癌和肺鳞癌与健康对照组间无差异表达,这些结果在验证集标本中得到验证,病理参数分析发现外泌体 SFTA1P、CTA-384D8.35 与 NSCLC 的 TNM 分期 ( $P_{SFTA1P}=0.019$ ;  $P_{CTA-384D8.35}=0.009$ ) 和远端转移 ( $P_{SFTA1P}<0.01$ ;  $P_{CTA-384D8.35}<0.01$ ) 的临床病理特征之间显著相关;ROC 分析发现外泌体 SFTA1P 和 CTA-384D8.35 对 NSCLC 具有较好诊断效能。对于血浆,无论训练集和验证集中,CTA-384D8.35 和 PGM5-AS1 在肺腺癌和肺鳞癌的中表达水平显著升高,但 SFTA1P 仅在肺腺癌中显著升高,在肺鳞癌和正常组间无差异表达;病理参数分析发现血浆 CTA-384D8.35 与 NSCLC 的 TNM 分期 ( $P=0.016$ ) 和远端转移 ( $P=0.041$ ) 的临床病理特征之间显著相关;ROC 分析发现,血浆 CTA-384D8.35 和 PGM5-AS1 对 NSCLC 具有较好诊断效能。

**结论** 外泌体 SFTA1P、CTA-384D8.35 和血浆 CTA-384D8.35、PGM5-AS1 可用于 NSCLC 鉴别诊断。

PU-5570

## The Effect of Temperature on New Virucidal Antivirals against HSV-2

Ran Jing

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Herpes simplex virus (HSV) is a member of the herpesviridae family which can result in severe infectious diseases among the large populations (Gavanjiet al., 2014). Most importantly, herpes simplex virus 1 and 2 (HSV-1 and HSV-2) can frequently cause infections in humans (Freeman et al., 2006). With the threat of HSV infections, the aim of this project is to investigate a group of new antiviral polymers based on polystyrene sulfonate against HSV-2, including StDP30PSS, StDP40PSS, StDP50PSS, 4IPSS and 6IPSS. This study will focus on the effect of different incubation temperatures on the antiviral activity of virucidal antivirals.

**Methods** In this project, in order to determine the efficacy of the five antiviral polymers on inhibition of HSV-2 infection, viral inhibition assay was carried out on Vero cells. Meanwhile, virucidal assay was carried out to test the effect of different incubation temperatures (4°C and 37°C) on virucides. The basic methods were cell culture and virus culture.

**Results** The concentration of HSV-2 stock was  $4.7 \times 10^8$  pfu/ $\mu$ l, determined by viral plaque formation assay. The effective concentrations of these antiviral polymers were depended on their IC<sub>50</sub> values. Therefore, the order based on the efficacy among them were 6IPSS > StDP50PSS > StDP40PSS > 4IPSS > StDP30PSS, in sequence. Based on the virucidal assay, 6IPSS showed the highest inactivation activity of HSV-2 infection at 37°C, compared with StDP40PSS and 4IPSS. In addition, 6IPSS and StDP40PSS could exert the inhibition activity at 37°C, however, they did not inhibit HSV-2 infection at 4°C.

**Conclusions** All the five antiviral polymers could exert inhibition activity against HSV-2 infection. Especially, it was indicated that 6IPSS could inactivate HSV-2 completely at 37°C. The accurate temperature where the inactivation against HSV-2 of the virucides will be exactly stopped will be hopefully tested at a range of temperatures in prospective project.

## PU-5571

### Assessment of the Correlation between Serum Ferritin Level and the Risk of Gestational Diabetes Mellitus Onset

Ling Chen<sup>1</sup>, Liangjin Zhuang<sup>2</sup>, Fuhui Zhang<sup>1</sup>, Tianhua Chen<sup>1</sup>, Qiong Guo<sup>1</sup>, Zhiying Su<sup>1</sup>, Huiming Ye<sup>1</sup>

1. Women and Children's Hospital, School of Medicine, Xiamen University

2. The First Affiliated Hospital of Xiamen University

**Objective** Anemia is a common complication of pregnancy. Iron supplements taken during pregnancy increase maternal iron reserves that can be estimated by serum ferritin (SF) concentration. It has been reported that elevated SF levels may increase the risk of type 2 diabetes and gestational diabetes mellitus (GDM). We therefore assessed the relationships between blood glucose, hemoglobin (HGB), and SF levels in pregnant women at gestational ages of 24–28 weeks.

**Methods** The retrospective analysis was conducted at the Xiamen Maternity and Child Care Hospital during 2015. Oral glucose tolerance test (OGTT) results were performed at 13,932 women at 24–28 weeks of gestation. These included 2,510 cases of GDM and 11,422 control patients exhibiting normal glucose tolerance (NGT). Data from 3,758 pregnant women for whom both SF measurements and OGTT results were available were selected to analyze SF and HGB indices in GDM and NGT groups.

**Results** Fasting and 1- and 2-h postprandial blood glucose levels were significantly higher in older patients and lower in anemic group (HGB < 110 g/L) than in two other HGB groups. Significant differences were identified in 2-h postprandial blood glucose levels between mean corpuscular volume groups and in fasting blood glucose levels between mean corpuscular HGB concentration groups. The odds ratio corresponding to GDM onset risk in the  $20 \leq \text{SF} < 100$  ng/mL group was 0.966 (0.976 after adjustment for age, body mass index, and HGB;  $P > 0.05$ ).

**Conclusions** SF levels below 100 ng/mL do not affect GDM onset risk.

## PU-5572

### Correlation between ApoE gene polymorphism and cardiovascular disease and blood lipid levels in patients

Liangyuan Chen<sup>1,2</sup>, Qiumei Wu<sup>1,2</sup>, Chunli Huang<sup>1,2</sup>, Falin Chen<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou, China

2. Department of Clinical Laboratory, Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University, Fuzhou, China

**Objective** To analyze the relationship between patient apolipoprotein E (ApoE) gene polymorphism and cardiovascular disease and blood lipid levels.

**Methods** ApoE gene polymorphism and blood lipid levels were detected in 1324 patients suffering from chronic cardiovascular disease (experimental group) and 191 healthy controls (control group) by gene chip analysis system and a biochemical analyzer.

**Results** The distribution of  $\epsilon 2/\epsilon 3$  genotype was significantly lower in the experimental group than the control group, while the distribution of  $\epsilon 3/\epsilon 4$  was significantly higher than the control group. The levels of total cholesterol (TC) and triglyceride (TG) in the experimental group were significantly higher than those in the control group ( $P < 0.05$ ). The TG level of patients with  $\epsilon 3/\epsilon 4$  genotype was significantly higher than that of the  $\epsilon 3/\epsilon 3$  genotype. The difference was statistically significant ( $P < 0.05$ ). The LDH-C level of patients with the  $\epsilon 3/\epsilon 4$  genotype was significantly lower than that of the  $\epsilon 2/\epsilon 3$  genotype.

**Conclusions** ApoE gene polymorphism can affect the occurrence and development of cardiovascular disease, among which the  $\epsilon 2$  allele is a protective factor while the  $\epsilon 4$  allele produces a higher risk.

PU-5573

## IL-17、MMP-9、PCT 在颅脑术后颅内感染中的诊断价值研究

薛长山

广东省珠海高新区人民医院

**目的** 探讨 IL-17、MMP-9、PCT 在颅脑术后颅内感染中的诊断价值

**方法** 收集颅脑术后颅内感染和颅内未感染的患者，共计 51 例，分为 A 组与 B 组，分析两组患者血清及脑脊液白细胞介素-17 (IL-17)、基质金属蛋白酶-9 (MMP-9)、降钙素原 (PCT) 水平。

**结果** 在颅脑术后感染患者血清 IL-17、MMP-9、PCT 水平均高于 B 组，组间比较存在显著性差异 ( $P$  均  $< 0.05$ )，A 组血清 PCT、IL-17 和 MMP-9 呈正向相关，在脑脊液方面，A 组脑脊液 PCT 显著高于 B 组 ( $P < 0.05$ )，但脑脊液 IL-17 及 MMP-9 无显著性差异。

**结论** 外周血 IL-17、MMP-9、PCT 及脑脊液 PCT 在颅脑术后颅内感染中存在一定诊断价值。

PU-5574

## Correlation between the cell population in the automated hematology analyzer high-fluorescence region and atypical lymphocyte flags

hongjie xie

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing

**Objective** The aim of this study was to investigate the correlation of high fluorescence cell (HFC) parameter and lymphocyte flags determined from an automated hematology analyzer.

**Methods** A total of 93 samples were divided into an "atypical lymphocytes" group ("atypical" for short), an "immature lymphocytes/blasts" flag group (abnormal), a mixed-flag group that includes "atypical lymphocytes" (mixed), and a non-flag group (non-flag).

**Results** The numbers of HFCs in the atypical, abnormal, mixed, and non-flag groups were 1.8% (0.9-5.5%), 0.7% (0.1-5.0%), 2.3% (1.2-5.0%), and 0.8% (0.7-1.2%), respectively. The HFCs of "atypical" appeared as a separate cluster with clear boundaries. The HFCs of "abnormal" as an unclear boundaries, and it was difficult to accurately distinguish between the HFCs from the



immature lymphocytes and the normal lymphocytes. The lower limit of HFC when the atypical lymphocyte flag appeared was  $0.04 \times 10^9/L$ . The number of HFCs was similar to atypical lymphocytes detected by microscopy and CD19<sup>+</sup>CD20<sup>+</sup>CD27<sup>++</sup> cells by flow cytometry at 78% and 76%, respectively. The number of HFCs detected in "atypical" and CD19<sup>+</sup>CD20<sup>+</sup>CD27<sup>++</sup> cells showed good consistency ( $r = 0.715$ ), whereas the consistency was poorest for "abnormal" ( $r = 0.176$ ).

**Conclusions** It demonstrates that HFCs reflects atypical lymphocytes better than immature lymphocytes/blasts.

## PU-5575

### 缺氧对滑膜成纤维细胞增殖的影响

宋煜中

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨缺氧在滑膜成纤维细胞增殖过程中的作用机制

**方法** 1.进行滑膜成纤维细胞的体外培养,进行细胞传代,实验采用5~8代的细胞。

2.实验分为2组,缺氧组以及正常组。缺氧组置于3%O<sub>2</sub>的低氧培养箱培养,正常组置于21%的正常培养箱培养,二者的CO<sub>2</sub>含量均为5%。在分别培养12h、24h、48h后,用以下方法进行实验:

①western-blot检测HIF1- $\alpha$ (低氧诱导因子 $\alpha$ )的表达。

②MTT法测定细胞对基底膜的粘附能力。

③划痕实验检测细胞的侵袭能力。

④Transwell小室法检测细胞迁移情况。

⑤流式细胞仪检测缺氧对细胞周期有无改变。

**结果** 通过对缺氧诱导滑膜成纤维细胞的生物学功能进行的验证。结果显示:缺氧培养后,HIF1- $\alpha$ 的表达水平上调;细胞的粘附能力、侵袭、迁移的能力都明显增强;流式结果显示缺氧可急速FLS G1→S期转换,加速细胞的活化增殖。

**结论**

1.经western-blot方法比较缺氧与正常条件HIF1- $\alpha$ 的表达可以看出缺氧促进HIF1- $\alpha$ 的表达。

2.增强了细胞的粘附、侵袭以及迁徙能力,缺氧组与正常组经统计学分析有显著差异( $P < 0.05$ )

3.缩短细胞周期,加速细胞的活化增殖,流式结果显示缺氧组的滑膜成纤维细胞可急速细胞G1向S期转换。

## PU-5576

### 碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌分子流行病学研究

高悦,王启,王晓娟,张雅薇,靳龙阳,尹玉瑶,王辉

北京大学人民医院,100000

**目的** 为了解2017-2018年某地区碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌的分子流行病情况,本研究通过对2017-2018年某地区碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌的临床分离株的耐药基因、毒力基因及血清型进行分析,了解其耐药谱、毒力基因和血清型分布,并分析毒力基因与血清型两者间的相关性。

**方法** 本研究收集某地区2017-2018年442株碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌,采用改良碳青霉烯类灭活试验、EDTA碳青霉烯类灭活试验、拉丝试验、聚合酶链反应等方法鉴定菌株的高粘液表型、耐药基因和毒力基因谱以及血清分型。

**结果** 442 株碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌中, 14 株 (3.2%) 表现出高粘液表型。384 株携带 KPC-2(86.9%), 1 株携带 KPC-3 (0.2%); 10 株携带 NDM-1 (2.3%), 3 株携带 NDM-5 (0.7%); 1 株携带 IMP-26 (0.2%); 无 OXA 阳性菌株。毒力基因 *rmpA*、*rmpA2*、*iroN*、*iutA* 的阳性率分别为 17.2%、60.6%、17.9%、61.5%。在所分析的 4 种血清型中, 232 株(52.5%)为 K47 型; 79 株(17.9%)为 K64 型; 1 株(0.2%)为 K1 型。四毒力基因阳性 (63 株, 14.3%) 以及全因死亡率 (18 人, 11.9%) 与血清型 K64 型显著相关 ( $P<0.001$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 某地区 2017-2018 年碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌中暂未出现高毒耐药菌株, 442 株碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌多携带碳青霉烯酶基因 KPC-2; 血清型 K47 型和 K64 型为主, 且 K64 型相比于 K47 型, 携带了更多毒力基因, 临床病死率也更高。

## PU-5577

### 学情梯度教学模式在临床检验实习教学中的探索

张任飞,唐雪莉,黄玲,康月茜

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 为了提升临床医学学生的实习带教水平, 对实习教学整体课程设置、动态管理、考核评估等方面进行教学改革探索, 尝试寻找新的教学思路和管理方法。

**方法** 通过制订“医学生学情评估调查表”, 了解临床实习生学情现状, 根据学情评估情况开设多层教学课程, 将临床实习生个性化教育和系统教学相结合, 全面提升临床实习生整体素质和专业水平

**结果** 对 2018-2019 年度 26 名本科实习生带教情况分析发现, 该模式在具体教学中取得较好的效果, 理论水平、解决问题能力、交流沟通能力、科研水平等四个方面有很大提升, 医学院校和实习学员对这种教学模式很认可, 认为这种教学模式可有效提升学生实践水平。

**结论** 学情梯度教学管理模式”有效衡量医学生的临床实习质量, 规范临床考核、监控临床实习质量, 能更好实现医学教育人才培养目标。对全国各临床实习教学基地带教起到借鉴作用。

## PU-5578

### 研究血清学产前筛查对新生儿出生有怎样的影响。

**[方法]**收集实习医院中 2016 年 3 月至 2017 年 12 月份的 4000 例孕产妇, 对其产前筛查进行统计, 并追踪其婴儿的健康状况。

何鹏飞

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 研究血清学产前筛查对新生儿出生有怎样的影响。

**方法** 收集实习医院中 2016 年 3 月至 2017 年 12 月份的 4000 例孕产妇, 对其产前筛查进行统计, 并追踪其婴儿的健康状况。

**结果** 产前筛查中, 389 例为 TORCH- IgM 抗体阳性, 3 例失去访问, 6 例选择人工流产, 余下 380 例中, 有 64.3% 孕妇发生了不良妊娠, 以自然流产占多数。

**结论** TORCH 感染对妊娠的各个时期的胎儿的发育危害极大, 并且是导致不良妊娠结局的重要病因, 同时 TORCH- IgM 抗体阳性对不良孕产史孕妇产前筛查具有深远意义。

## PU-5579

**血清免疫球蛋白检验在肝衰竭诊断中的应用价值研究**

强仕兴,王甫  
开阳中西医结合医院检验科

**目的** 研究肝衰竭诊断中进行血清免疫球蛋白检验的效果。

**方法** 选择 2015 年 1 月至 2019 年 4 月我院 200 例肝衰竭患者为观察组,在同期选择 100 例肝功能健康的受检者为对照组,均进行血清免疫球蛋白 IgA、IgG、IgM 检验,比较两组检验结果。

**结果** 观察组血清免疫球蛋白检验中 Ig A、Ig G、Ig M 结果均高于对照组,  $P < 0.05$ 。

**结论** 肝衰竭患者血清免疫球蛋白各项检验结果呈显著升高,通过测定血清免疫球蛋白指标水平能够更好地为临床肝衰竭患者的诊断提供有用信息,价值突出。

## PU-5580

**结直肠癌血清 lncRNA 诊断模型的建立及其对结直肠癌预后监测的临床意义**

孔雪,王传新  
山东大学第二医院,250000

**目的** 筛选并验证结直肠癌(CRC)血清中差异表达的 lncRNAs,建立 CRC 血清 lncRNA 诊断模型,并探讨其在 CRC 预后监测中的意义。

**方法** 对 CRC 及癌旁正常组织进行基因芯片分析,并结合相关文献,选出候选 lncRNAs。采用 qRT-PCR 技术,在 80 对 CRC 及癌旁组织中检测候选 lncRNAs,将差异表达具有统计学意义的候选分子在 120 例 CRC 患者及 120 例对照者血清中进一步验证,最终确定在组织及血清中均存在显著差异表达的 lncRNAs。基于 logisitc 回归建立 CRC 血清 lncRNA 诊断模型,采用受试者工作曲线(ROC)分析结直肠癌血清 lncRNA 模型的诊断效能。通过 Kaplan-Meier 和 Cox 比例风险回归模型对 CRC 患者进行生存曲线分析和独立预后因素分析。

**结果** 筛选出 18 个候选 lncRNAs,经 qRT-PCR 验证,4 个 lncRNAs (BANCR, NR\_026817, NR\_029373 和 NR\_034119)在 CRC 组织及血清中均存在显著差异表达(均  $p < 0.001$ ),其中 BANCR 表达上调, NR\_026817, NR\_029373 和 NR\_034119 表达下调。4 个 lncRNAs 的受试者工作曲线下面积(AUC)分别为 0.638, 0.708, 0.812 和 0.724。通过 Logistic 多元回归分析建立 4 个 lncRNAs 的结直肠癌血清 lncRNA 诊断模型(AUC 为 0.891),具有较高的诊断效能。Kaplan-Meier 分析显示, NR\_029373 和 NR\_034119 越低,结直肠癌患者生存率越低( $p = 0.013$  和  $0.044$ )。Cox 回归分析显示, NR\_029373 和 NR\_034119 可作为结直肠癌的独立预后指标( $p$  分别为 0.013 和 0.038)。

**结论** 1、结直肠癌血清 lncRNA 诊断模型(BANCR, NR\_026817, NR\_029373 和 NR\_034119)对结直肠癌早期诊断具有一定的临床意义。

2、NR\_029373 和 NR\_034119 可作为结直肠癌预后监测的独立指标。

## PU-5581

## Circulating tumor cell (CTC) and its SALL4 expression status: a novel marker for distinguishing patients with gestational trophoblastic disease

Danfei Xu<sup>1</sup>, Fengzhi Feng<sup>2</sup>, Yuqing Pei<sup>1</sup>, Yujuan Zhang<sup>1</sup>, Kexin Li<sup>1</sup>, Wei Cui<sup>1</sup>

1. Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

2. Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Gestational trophoblastic neoplasm (GTN), especially non-molar GTN, is high malignant which metastases easily and cause unfavorable outcomes. Human chorionic gonadotropin (hCG) is a major blood marker to make a diagnosis and monitor therapeutic effect in GTN. However, exploring new biomarkers that can discriminate GTN from other hCG-elevated circumstances is still of utmost importance.

**Methods** We utilized the CanPatrol CTC detection system in combination with SALL4 RNA in situ hybridization to investigate the profile of circulating tumor cells (CTCs) in patients with different types of gestational trophoblastic disease (GTD). Circulating CTCs were phenotyped and annotated with SALL4 expression in 41 GTD patients, including 12 HM and 29 GTN, as well as 22 pregnant volunteers.

**Results** A positive correlation between the number of CTC and serum  $\beta$ -hCG concentration was found among the GTN patients. The number of E/M-CTC was positively correlated with serum  $\beta$ -hCG, while M-CTC was positively correlated with prognostic score. Comparison among malignant GTD, benign GTD and healthy pregnant women revealed a significant difference in the number of total CTC, E/M-CTC and M-CTC but not in E-CTC. ROC analysis was conducted to evaluate the performance of CTC phenotypes in distinguishing GTD patients from healthy pregnant women. Results showed that area under the ROC curve was 0.826. Youden's index was maximal at the cutoff value of 8.5/4mL with sensitivity and specificity at 53.66% and 100%, respectively. SALL4 expression was evaluated in GTD patients with CTC count greater than cutoff value. SALL4 high expressing CTCs (> 2 signal dots) were detected in 66.67% (10/15) of malignant GTD patients but not in benign patients (0/5).

**Conclusions** The profile of CTCs in GTD patients may be developed as a new marker in treatment evaluation, prognosis, and early diagnosis complementary with  $\beta$ -hCG.

## PU-5582

## LncRNA-ZFAS1 contributes to colorectal cancer progression through the miR-150-5p/VEGFA axis

Xiaoxiang Chen, Shukui Wang

General Clinical Research Center, Nanjing First Hospital, Nanjing Medical University

**Objective** Increasing long noncoding RNAs (lncRNAs) have been reported to play key role in the development and progression in many types of malignancies. ZNF1 antisense RNA1 (ZFAS1) has been reported to be aberrant expression and suggested as a tumor suppressor or oncogene in many cancers. However, the biological role and underlying molecular mechanism of ZFAS1, especially the miRNA sponge role of which in CRC remain largely unknown.

**Methods** Quantitative PCR was employed to evaluate the level of ZFAS1, miR-150-5p and VEGF-A mRNA expression in CRC tissues and cell lines. CCK-8, colony formation, wound-healing, transwell chamber and tube formation assays were used to detect the effects of ZFAS1 on CRC cell proliferation, migration, invasion and angiogenesis, respectively. Luciferase reporter assays were applied to confirm the miR-150-5p target genes, and RIP assay was used to determine whether ZFAS1 binds to miR-150-5p in an AGO2-dependent manner. In vivo tumor

growth and metastasis were conducted in nude mice, and in vivo tumor angiogenesis was conducted using chicken chorioallantoic membrane model. The markers of metastasis and angiogenesis- VEGFA, CD31, MMP-9, E-cadherin, N-cadherin and Vimentin, VEGFR2, Akt , mTOR and p-Akt,p-mTOR were detected by using immunohistochemistry and western blot analysis.

**Results** In our study, by using TCGA database, we identified a group of differentially expressed lncRNAs in human CRC, including ZFAS1, which mainly located in the cytoplasm with RNA-FISH. We found that ZFAS1 expression was higher in CRC tissues, where it was associated with poor overall survival. Moreover, ZFAS1 and VEGF-A are target genes of miR-150-5p, while ZFAS1 binds to miR-150-5p in an AGO2-dependent manner. Additionally, ZFAS1 knockdown significantly suppressed CRC cell proliferation, migration, invasion, EMT and angiogenesis in vitro, and also inhibited tumor growth, metastasis and angiogenesis in vivo. While antagomiR-150-5p or VEGF-A could reverse ZFAS1 knockdown- induced suppressing of proliferation, metastasis and angiogenesis both in vitro and in vivo. Lastly, we verified that ZFAS1 promoted CRC growth and metastasis via activating VEGFA-mediated Akt/mTOR signaling pathway.

**Conclusions** ZFAS1 promoted tumor progression by upregulating VEGFA via competitively binding to miR-150-5p, which acts as a tumor suppressor by targeting VEGFA in CRC. Furthermore, we verified that ZFAS1 promoted EMT process and activated VEGFA-mediated Akt/mTOR signaling pathway in CRC.

### PU-5583

## 骨髓基质细胞诱导分化中基因表达谱变化的研究

许苗

山东省千佛山医院,250000

**目的** 利用基因表达谱芯片研究大鼠骨髓基质细胞向成骨细胞分化中基因表达谱的变化。

**方法** 分离、培养大鼠骨髓基质细胞,以地塞米松、 $\beta$ -甘油磷酸钠和维生素 C 诱导分化,抽提细胞 mRNA 并逆转录成 cDNA,用基因表达谱芯片检测相关基因的差异表达。

**结果** 经诱导后的细胞可见有钙化结节,与正常传代的细胞相比有 27.7% 基因的差异表达超过了 3 倍,而参与转录、翻译、糖基化修饰和调节细胞外基质、信号分子形成及参与代谢的相关基因表达均有不同程度的上调。

**结论** 基因表达谱芯片技术可显示细胞在诱导分化中多基因的差异表达,这些差异表达基因是大鼠骨髓基质细胞在增殖和成骨分化诱导中所必需参与的基因。

### PU-5584

## T-UCR expression profiling of lung adenocarcinoma in Xuanwei, China

Xiao Liu<sup>1,2,3</sup>, Yanliang Zhang<sup>1,2,3</sup>, Yong Duan<sup>1,2,3</sup>

1. First Affiliated Hospital of Kunming Medical University

2. Yunnan Key Laboratory of Laboratory Medicine

3. Yunnan Institute of Laboratory Diagnosis

**Objective** Lung cancer in Xuanwei (LCXW), China, is known throughout the world for its high morbidity and mortality, the grim situation necessitates the exploration of its pathogenesis. This study attempted to screen potential transcribed ultraconserved region(T-UCR)biomarkers related to LCXW.

**Methods** We performed T-UCR microarrays in 26 paired tumor and adjacent lung tissues to explore the T-UCR expression profiling of LCXW. Then the microarray data were carried out by bioinformatics analysis. The candidate T-UCRs were further validated by real-time quantitative PCR (RT-qPCR), and performed the clinical relevance analysis in 50 paired tissues.

**Results** T-UCRs and RNA transcripts whose transcription units overlap UCRs (RTOUs) significantly dysregulated in LCXW tissues by comparing with the corresponding non-cancerous lung (NCL) tissues, the dysregulated number of them presented an increasing trend from stage I to III. Both Scatter Plot and Hierarchical Clustering showed a distinguishable expression profiling between LCXW and the corresponding NCL specimens no matter for total samples or any single group. GO analysis on related mRNAs differentially expressed in each stage, showing that these genes were mainly enriched in RNA metabolic process, RNA splicing, cell fate commitment. Signaling pathway analysis showed that these mRNA were mainly associated with spliceosome, cAMP signaling pathway, MAPK signaling pathway. This study also found T-UCRs and host genes or flanking genes can presented a certain positive and negative correlation. RT-qPCR analysis showed that uc.63- and uc.280+ were up-regulated in LCXW tissues ( $P < 0.05$ ). Correlation analysis with clinical parameters found that uc.63- up-regulation was associated with tumor stage and poor prognosis in patients, uc.280+ up-regulation was associated with the age of patients. RTOUs differential expression analysis showed that uc.63- was related to XPO1 gene and uc.280+ was related to PBX3 gene. GO and pathway analysis of XPO1 and PBX3 indicated that uc.63- and 280+ were involved in the carcinogenesis of LCXW and played an important biological functions.

**Conclusions** This study established the expression profile of T-UCRs, RTOUs of LCXW and revealed some potential T-UCR biomarkers, which may be involved in the carcinogenesis of LCXW.

## PU-5585

### 血栓弹力图与骨折患者的术前评估

孙占东

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 应用血栓弹力图(thrombelastograph,TEG)检测骨折患者术前凝血状态,探讨 TEG 在评价骨折患者术前高凝状态的临床意义。

**方法** 实验采用 TEG5000 对患者血样进行检测。第一组为对照组,是 11 例临沂市人民医院健康献血者,第 II 组为实验组,为未经抗凝治疗的 24 例清晨空腹静脉采血的骨折患者。分别于骨折第 2 天(II 2d),第 6 天(II 6d)和第 8 天(II 8d)的 TEG 参数进行对比检测。通过两项实验测定数据对比得出结论。

**结果** 对照组 TEG 参数结果正常,实验组 II 2d、II 6d 和 II 8d 分别与对照组进行比较。反应时间 R 和凝血块的形成时间 K 都减小,并且  $\alpha$  角、血栓最大幅度 MA 值、血栓硬度 G 值和 CI 值均增大,与对照组相比较,其差异具有临床意义。第二天和第八天有不同程度的高凝状态;II 组中 II 6d 与 II 8d 相比较,血栓最大幅度 MA 值和血栓硬度 G 值均升高。

**结论** : 血栓弹力图检查能提高骨折患者术前凝血功能的早期诊断,是预测和判断骨折患者术前血液高凝状态的有力指标,在 TEG 提示高凝状态的情况下,应采取有效措施预防深静脉血栓 DVT 的形成并尽早给予治疗。

PU-5586

## 质谱技术在临床微生物样本检测中的应用

宋娜

哈尔滨市儿童医院,150000

**目的** 基质辅助激光解析电离飞行时间质谱 (MALDI-TOF MS) 技术通过检测蛋白质鉴别微生物样本是近年来发展起来的一项新兴的微生物鉴定技术, 包括细菌和真菌在内, 与传统的生化表型鉴定方法和分子生物学方法相比

**方法** MALDI-TOF MS 具有操作简单、快速、准确和经济的特点。鉴于其对培养出的纯菌落鉴定的准确性和稳定性, MALDI-TOF MS 也可被应用于临床样本的直接检测, 包括阳性血培养瓶、中段尿、脑脊液等。本文主要就 MALDI-TOF MS 用于检测临床样本的原理、鉴定方法的建立、与传统鉴定方法的比对、鉴定效能及其研究进展等方面做一综述。介绍 MALDI-TOF MS 的应用范围包括 MALDI-TOF MS 对临床样本的鉴定、在科研中的应用 (1) 用 MALDI-TOF MS 进行分型 (2) MALDI-TOF MS 为一些特殊的、难鉴定的细菌提供了一条新的检测思路 (3) 用 MALDI-TOF MS 进行基因组注释 (4) 检测生物标志物。在微生物鉴定过程中 MALDI-TOF MS 也受很多外界因素限制

**结果** 例如微生物蛋白指纹图谱数据库有待完善, 一些罕见菌种或新型细菌的图谱尚未被分析存录, 从而难以鉴定; 多菌种混合的血培养样本难以准确鉴别; 同一菌属中相近的菌种容易产生混淆, 错误鉴定; 直接鉴定时, 血培养和尿液样本中菌量少对鉴定造成一定影响; 以及各临床实验室间由于培养习惯 (培养基、培养时间、培养温度等) 的差异对实验重复性的影响, 这些问题都有待解决。

**结论** 未来我们可以通过完善图谱数据库、规范微生物的前处理、临床实验室培养标准化、建立标准的检测流程提高准确性, 还可以与部分常规方法相结合, 最大程度上发挥蛋白质谱技术的作用。

PU-5587

## LINC01296 as a diagnosis biomarker for lung adenocarcinoma promotes aggressiveness of lung adenocarcinoma cells via activating WNT/ $\beta$ -catenin signaling

Ting ZHU

Cancer Center of Guangzhou Medical University

**Objective** Metastasis can occur early in the course of lung adenocarcinoma (LAD) development and the majority of LAD deaths are due to metastasis. However, the effective molecular biomarkers for early diagnosis and prognosis prediction remain incompletely understood.

**Methods** LncRNA LINC01296 expression levels in LAD cells and tissues were examined by quantitative reverse transcription-PCR (qRT-PCR). ROC curves were used to estimate the sensitivity and specificity of LINC01296 in LAD. Survival analysis was evaluated using the Kaplan-Meier method and assessed using the log-rank test. In vitro and in vivo assays were performed to investigate the mechanisms of invasion and metastasis of LINC01296 in LAD cells.

**Results** LINC01296 is highly expressed in LAD and its expression correlates the prognosis of patients with the disease. LINC01296 is a suitable molecular marker for early LAD with highly sensitivity and specificity. LINC01296 affects LAD cell invasiveness and metastasis both in vitro and in vivo. Furthermore, LINC01296 is found to be associated with activation of WNT/ $\beta$ -catenin signaling in clinical LAD specimens.

**Conclusions** These results suggest that LINC01296 mediates the constitutive activation of WNT/ $\beta$ -catenin signaling and likely representing a diagnosis and therapeutic target for early metastatic LAD.

## PU-5588

### EB 病毒三种抗体检测在鼻咽癌诊断中的价值

王宗丹,王宏洁,李学祥,崔巍  
医科院肿瘤医院

**目的** Rta 蛋白是 EB 病毒裂解期立早基因 BRLF1 的产物, 分子量为 70kDa, 含有 605 个氨基酸, 是 EB 病毒由潜伏期向裂解期转变的关键调节因子, 本研究的目的旨在评价 EB 病毒 Rta-IgG、EA-IgA、VCA-IgA 水平在鼻咽癌与健康人群之间的表达水平, 以及三种抗体水平在不同疗效患者表达水平, 以评价三种抗体水平在鼻咽癌辅助诊断和预后判断中的价值。

**方法** 选择鼻咽癌患者作为实验组, 健康人群作为对照组, 采用酶联免疫法 (ELISA) 检测鼻咽癌患者及健康查体者血清中 Rta-IgG、EA-IgA、VCA-IgA 水平, 比较三种抗体水平在鼻咽癌患者和健康查体者之间表达水平和鼻咽癌分期之间的关系; 比较三种抗体分别及联合检测在鼻咽癌早诊早治及预后判断中的价值。

**结果** 比较实验组和对照组的 Rta-IgG、EA-IgA、VCA-IgA 表达水平, 实验组阳性率均显著高于对照组, 结果有统计学意义 ( $p<0.01$ ), 三种抗体联合检测将更有助于鼻咽癌的辅助诊断。

**结论** ELISA 方法检测 EB 病毒 Rta-IgG、EA-IgA、VCA-IgA 表达水平联合分析有助于鼻咽癌的辅助诊断, 对于鼻咽癌患者的早期发现具有一定价值。

## PU-5589

### FIB-4 指数在预测 HBV 相关肝硬化发生风险中的应用

陈添彬  
福建医科大学,350000

**目的** 乙型病毒性肝炎是由乙型肝炎病毒 (HBV) 引起的以肝脏病变为主的一种传染病。据统计, 在世界范围内, 20 亿人曾感染过 HBV, 其中有 3.6 亿发展为慢性 HBV 肝炎。在中国, HBV 感染率可达 70%; 以此可得, 全国约有 9300 万人携带 HBV 病毒, 当中慢性乙型肝炎患者约 2000 万例。由于 HBV 病毒对肝脏长期感染及反复作用, 可导致广泛的肝细胞坏死, 残存的肝细胞结节性再生, 逐渐使纤维隔形成, 最终使肝小叶结构被破坏而假小叶形成, 进而发展为肝硬化。肝硬化目前且没有根治办法, 临床治疗主要在于早期发现从而阻止病程进展。因此, 本研究目的在于探讨 FIB-4 指数与肝硬化的相关性, 寻找慢性乙肝感染转化为肝硬化的 cutoff 值。

**方法** 回顾性生存研究包括 2008 年 1 月 1 日至 2008 年 12 月 31 日 511 例在福建医科大学附属第一医院证实为慢性乙型肝炎患者。调查入院时患者基本资料以及各项指标与慢性乙型肝炎相关的变量, 随访截止时间为 2018 年 12 月 31 日。统计学分析采用 SPSS16.0 以及采用 R 语言的 survminer 包, 运用独立 T 检验 (T-Test) 与卡方检验 (Chi-Square) 对基线进行基本描述, 生存分析采用 Kaplan-Meier 分析法, 多因素分析采用 Cox 回归模型法。

**结果** 1.随访到 511 例, 随访时间为 1-116 月。至随访终点共有 54 例发生为肝硬化。2.入选病例的 CHB 组和肝硬化组相比较, 肝硬化组的年龄更大, HBsAg 较高, ALT、AST、HBeAb 较低, 而 FIB-4 指数水平无显著性差异 ( $P>0.05$ ), 但在随访终点时, FIB-4 指数在预测患者是否发生肝硬化时有显著性差异 ( $P<0.05$ )。3.相关性分析中, FIB-4 指数与年龄、ALT、AST、GGT 呈正相关性 ( $P<0.05$ )。4.以 FIB-4 指数、性别、年龄、HBsAb 指标建立模型进行 Cox 生存分析。随访终点预示着 FIB-4 是肝硬化发生的独立因素, 且高值 FIB-4 指数患者更容易发展为肝硬化。



**结论** 根据随访结果, 基线 FIB-4 指数为 2.6 时可作为慢性乙型肝炎发生肝硬化的临界值。高值 FIB-4 ( $>2.6$ ) 发展为肝硬化的风险是低值 FIB-4 ( $<2.6$ ) 的 5.314 倍。

PU-5590

## 红细胞分布宽度和中性粒细胞/淋巴细胞比值 在类风湿关节炎中的临床意义

张秋琴<sup>1</sup>, 章良铭<sup>1,2</sup>, 黄程勇<sup>1,2</sup>

1. 福建省立医院, 350000

2. 福建医科大学, 350000

**目的** 探究红细胞分布宽度(RDW)和中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)检测在类风湿关节炎(RA)疾病中的意义。

**方法** 收集并分析 2016 年 1 月至 2018 年 12 月福建省立医院 175 名确诊 RA 患者和 131 名健康对照者之间 RDW 和 NLR 指标水平差异, 并将两者与 C-反应蛋白(CRP)和血沉(ESR)进行相关性分析; 同时按照抗核抗体滴度高低差异将患者分为滴度 1:100、1:320 以及 $>1:1000$  三组, 分析三组间 RDW 和 NLR 的差异情况; 并通过受试者工作特征(ROC)曲线以探讨 RDW 和 NLR 在 RA 诊断的临床意义。

**结果** RA 患者组 RDW 和 NLR 水平明显比正常健康对照组高( $P<0.001$ ); RA 患者 RDW 和 NLR 均与 CRP 具有相关性, 相关系数  $r$  分别为 0.150( $P<0.05$ )、0.343( $P<0.001$ ); 另外, ESR 与 NLR 也具有正相关性,  $r$  值为 0.180( $P<0.05$ ); RDW、NLR 在抗核抗体滴度分组中无明显差异; ROC 曲线结果表明, RDW 曲线下面积(AUC)为 0.896(0.862~0.930), 对应最佳临界值为 13.25%; NLR 的 AUC 为 0.831(0.785~0.877), 最佳临界值为 2.25。

**结论** RDW 和 NLR 在 RA 患者中均有明显增高, 在 RA 患者临床诊断上或可当作一种潜在的辅助检测项目

PU-5591

## 血清肿瘤标志物联合检测在肺癌诊断与临床分期中的应用价值

梁雪

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 研究血清癌胚抗原(CEA)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)、和可溶性角蛋白 19 片段(CYFRA21-1)对肺癌诊断与临床分期意义[1]。

**方法** 采纳电化学发光免疫分析监测 30 位经组织学与细胞方面诊断的肺癌病人和 20 位良性肺部疾病病人。20 位安康人血清中的 CEA、NSE、及 CYFRA21-1 的浓度。

**结果** 肺部癌症病人中 3 项肿瘤标志物浓度全都超过良性肺部疾病病人与正常对照组 ( $P<0.05$ )。在腺癌、非小细胞肺癌与鳞状细胞癌中, CEA、CYFRA21-1 与 NSE 水平浓度最高。这三项 TM 的浓度随着 TNM 肺癌临床阶段的进展而增加( $P<0.05$ )。

**结论** 结合采用多项血清肿瘤标记物能够提升肺部肿瘤诊断特异性与准确性。对治疗肺癌、临床分期与疾病预后具备较好的临床运用性能。

PU-5592

## RT-qPCR 技术比较圣湘一步法与纯化法乳汁乙型肝炎 DNA 定量结果

张炳杨

山东省千佛山医院,250000

**目的** 利用荧光实时定量 PCR 技术分析一步法与纯化法对乳汁乙型肝炎 DNA 定量检测结果的影响。

**方法** 收集我院 2017 年 5 月-2019 年 5 月 200 例乙肝患者产妇血清及乳汁样本,采用荧光实时定量 PCR 技术分别检测乳汁类标本一步法提取与纯化法提取对乙型肝炎 DNA 复制检测结果的影响,利用达安乳汁标本处理方法作为评价标准,对结果的准确度、灵敏度和特异性进行比较分析。

**结果** 200 例产妇中达安检测结果为 79 乙肝病毒阳性,病毒携带率为 39.5%,其中病毒含量  $1.0 \times 10^5$  IU/mL 以上 18 例,  $1.0 \times 10^3 \sim 1.0 \times 10^5$  IU/mL 之间 52 例,  $1.0 \times 10^2 \sim 1.0 \times 10^3$  IU/mL 之间 9 例。圣湘一步法检测结果灵敏度为(94.54%)、特异度为(96.49%)、准确度为(96.30%)。纯化法检测结果灵敏度为(96.12%)、特异度为(97.31%)、准确度为(99.74%)。

**结论** 荧光定量 PCR 法比较一步法与纯化法乳汁乙型肝炎 DNA 定量结果,得出圣湘纯化法灵敏度、特异性、准确度均好于一歩法。纯化法将最大化降低乳汁中干扰物质对荧光定量 PCR 反应过程中的影响,具有更好的操作价值。

PU-5593

## 围产期孕产妇生殖道感染菌群分布及耐药分析

陈玲,吴佳音,陈小丽,黄舒莹,叶辉铭

厦门大学附属妇女儿童医院

**目的** 回顾分析孕产妇生殖道细菌培养结果,了解孕产妇宫颈分泌物感染细菌的分布情况和耐药率。

**方法** 整理分析 2016 年本院 2120 例围产期孕产妇宫颈分泌物的细菌培养结果。

**结果** 2120 例细菌培养宫颈分泌物标本中分离出 105 例阳性标本,阳性检出率为 4.96%;前五位的细菌分别为大肠埃希菌、粪肠球菌、肺炎克雷伯菌、阴沟肠杆菌、金黄色葡萄球菌,各占阳性标本比率 37%、18.1%、14.3%、11.4%、8%,GBS 的感染率不足 1%;革兰阴性杆菌对亚胺培南、美罗培南、哌拉西林/他唑巴坦敏感性最高;革兰阳性球菌对万古霉素、呋喃妥因敏感性最高。

**结论** 引起围产期生殖道感染的细菌以革兰阴性杆菌为主,且头孢噻肟的耐药率较高,临床应注意合理使用抗生素。

PU-5594

## 重视细菌耐药性监测合理应用抗菌药物

臧文凭,多丽波

哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** 当前,细菌的耐药性已成为公共卫生领域广泛注意的灾难性问题,临床致病菌的耐药性广泛存在,甚至一些特殊耐药菌的出现,不仅对人类健康造成了严重的威胁,而且对院内感控也带来了严峻的挑战。为此,世界卫生组织呼吁各国应加强对细菌耐药性进行监测,用来评估、预防以及控制耐药细菌的传播。

**方法** 2014 年,世界卫生组织在全球抗微生物耐药性监测系统中特别强调各国应该在各方面对细菌耐药性监测给与重视<sup>[1]</sup>。

**结果** 目前医院感染不断发生,细菌对于抗菌药物的耐药性也在逐年增加,不仅给患者的治疗带来困难、导致较高的死亡率,同时也给人类的公共卫生、经济等领域带来了相应的问题。

**结论** 因此,对细菌耐药性进行监测,控制耐药菌的传播已是刻不容缓。新型有效抗菌药物的使用,对于耐药菌株的治疗是不争的事实,但对于新品种抗菌药物的研发和生产,需要大量的人力、物力以及较长周期,想要通过研发新药来解决问题很难实现。

## PU-5595

### LINC00978 调控 EZH2 介导的 p21 和 E-cadherin 沉默促进肝癌进展

徐雪莹,张佳音,臧雪燕,张徐  
江苏大学医学院,江苏省检验医学重点实验室

**目的** 检测 LINC00978 在肝癌患者肿瘤组织、血清及血清外泌体中的表达水平,阐明 LINC00978 在肝癌增殖、迁移侵袭中的生物学作用及分子机制,为肝癌的早期诊断及治疗寻找新的靶点。

**方法** 提取肝癌患者肿瘤与健康正常组织、肝癌患者及健康体检者血清、肝癌患者及健康体检者血清外泌体、肝癌细胞及正常肝细胞总 RNA, qRT-PCR 检测 LINC00978 的表达水平。采用过表达及敲减 LINC00978 质粒转染肝癌细胞,生长曲线及平板克隆实验评价细胞增殖能力,Transwell 细胞迁移和 Matrigel 细胞侵袭实验评价细胞迁移侵袭能力,流式细胞术分析细胞周期及凋亡变化。通过裸鼠皮下荷瘤实验观察 LINC00978 对肝癌生长的影响。采用 RNA 结合蛋白免疫沉淀(RIP)和染色质免疫沉淀法(ChIP)分析 LINC00978 的调控机制,并通过共转染实验进行验证。

**结果** LINC00978 在肝癌患者组织、血清、血清外泌体及肝癌细胞中表达量显著升高。体外实验发现敲减 LINC00978 能明显抑制肝癌细胞增殖、迁移和侵袭能力,诱导细胞周期阻滞,促进细胞凋亡,而过表达 LINC00978 则与此相反。在体内敲减 LINC00978 可抑制肝癌生长。RIP 和 ChIP 检测发现 LINC00978 可通过调节 EZH2 介导的 p21 和 E-cadherin 沉默发挥作用。共转染实验发现敲减 p21 及 E-cadherin 均可以部分逆转 LINC00978 敲减引起的肝癌细胞功能学改变。

**结论** LINC00978 在肝癌中表达上调,血清 LINC00978 可作为肝癌诊断的潜在指标。LINC00978 可通过调节 EZH2 介导的 p21 和 E-cadherin 沉默促进肝癌进展。

## PU-5596

### Ten years prevalence and clinical laboratory features of CMV infected children in south river of Jiangsu Province

Jiexin Zhang,Wenwen Shang  
Department of Laboratory Medicine, Jiangsu Province Hospital

**Objective** Human cytomegalovirus (CMV) is prevalent worldwide and causes lifelong infection. We conducted a retrospective study to determine the epidemiology and clinical laboratory characteristics of CMV infection in children in south river of Jiangsu Province.

**Methods** Totally 2600 urine specimens from children who were hospitalized in general pediatric from 2009 to 2018 were collected followed by CMV-DNA loads detection. Among them, clinical records and laboratory results of 971 infants aged 3-12 months were selected for further statistics analysis.

**Results** Urine CMV-DNA load test was intensively ordered in 2011 (17.76%; 532/2996) for infants under 1 month but the rate continuously dropped ever since. In fact, infants under 1 month had the lowest detection sensitivity and children aged between 3 to 24 months had the highest positive rate. On the contrary, analysis of blood routine test showed that the absolute counts of peripheral leukocytes ( $P=0.008$ ), monocytes ( $P=0.039$ ), neutrophils ( $P<0.001$ ) and platelets ( $P=0.006$ ) were significantly decreased in CMV+ group compared with CMV- group. The percentages of neutrophils (NEUT%) were decreased ( $P<0.001$ ) while the percentages of lymphocytes (LYM%) were increased ( $P<0.001$ ) by CMV infection. Moreover, NLR (neutrophil to lymphocyte ratio) ( $P<0.01$ ), MLR (monocyte to lymphocyte ratio) ( $P=0.017$ ) and SII (systemic immune index) ( $P=0.002$ ) were also decreased in CMV+ group.

**Conclusions** CMV survey has not drawn much attention in hospitalized infants and children. They should be benefit from the combined application of urine CMV detection and blood routine test, and the prognosis will be improved by the overall peripheral immune status assessment.

## PU-5597

# ELISA 法和 TRIFA 法作为筛选试验测定 丙肝抗体的应用比较及评价

梁沥文

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 通过时间分辨荧光免疫分析技术 (TRIFA 法) 和酶联免疫吸附试验 (ELISA) 两种方法测定 HCV-Ab 在 HCV 感染诊断中的检出准确率, 并进行对比和分析, 解释两种方法作为 HCV 感染早期筛查试验的临床意义。

**方法** 使用 TRIFA 法和 ELISA 法对临床送检标本中的 HCV-Ab 进行初步筛选试验。筛选 HCV-Ab 初筛选试验为阳性的样品标本进行 HCV-RNA 的确认。使用 TRIFA 法和 ELISA 法对临床送检标本中的 HCV-Ab 进行初步筛选试验。筛选 HCV-Ab 初筛选试验为阳性的样品标本进行 HCV-RNA 的确认。

**结果** 在 7326 例样本中, TRIFA 法和 ELISA 法检测 HCV-Ab 的阳性率分别为 3.49% 和 2.84%; 在验证性试验中, 应用 TRIFA 法中检测 HCV-Ab 为阳性和 HCV-RNA 的符合率为 97.3%, 明显高于应用 ELISA 法检测 HCV-Ab (92.3%)。应用 ELISA 法检测 HCV-Ab,  $S:CO^{5.0}$  以上, 其与 HCV-RNA 检测符合率可达到 100%; 弱阳性样本检测其 HCV-Ab, 与 HCV-RNA 检测符合率为 64.1%; 应用 TRIFA 法检测 HCV-Ab,  $S:CO^{2.0}$  以上, 其与 HCV-RNA 检测符合率可达 100%; 弱阳性样本检测其 HCV-Ab, 与 HCV-RNA 检测符合率为 94.3%。其中有 35 份样本经 TRIFA 法检测 HCV-Ab 呈阳性, HCV-RNA 也呈阴性, 而应用 ELISA 法检测 HCV-Ab 呈阴性。5 个样品通过 ELISA 法检测 HCV-Ab 呈阳性, 而通过 TRIFA 方法对 HCV-Ab 和 HCV-RNA 检测呈阴性。

**结论** 和传统的 ELISA 方法检测 HCV-Ab 进行对比, TRIFA 法被用来检测 HCV 抗体作为检测丙型肝炎病毒感染的初级筛选试验, 具有较高的阳性预测值和更高的特异性, 假阴性率降低, 有助于对丙型肝炎的临床诊断和 HCV 感染的治疗。

## PU-5598

## A CNV related lncRNAs signature predicts poor outcome in colorectal cancer

Huimin Liu, Xudong Wang  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Increasing evidence suggests copy number variations(CNVs) are series of crucial genetic change elements exerting vital impact in initiation and progression of malignancies, including colorectal cancer(CRC). lncRNAs are supposed as well-known regulating factors in driving or inhibiting human oncogenesis and may be responsible for prognostic evaluation. However, how to construct communications between these two factors underlying CRC is largely unknown.

**Methods** Here, we introduce diverse machine learnings for investigating prognostic-related copy number changes of lncRNAs. R package-iCluster is initially applied to reveal five prognostic subtypes from 289 cases of CRC by integrating messenger RNA expression levels, DNA methylation and DNA copy numbers. Differentially expressed lncRNAs(DE-lncRNAs) and protein-coding genes(DE-PCGs) across five subtypes are determined based on DESeq2, and WGCNA is furtherly exploited to chase modules closely associated with clinical phenotypes. Profiling frequency change involved with lncRNAs, we wonder whether deregulated lncRNAs are accompanied with copy differences, as well as exploration for lncRNAs tightly implicated with clinical outcome.

**Results** There are originally 27 modules obtained according to WGCNA on the foundation of 4253 DE-lncRNAs and 5808 DE-PCGs among five subtypes, of which only 4 modules are contacting frequently with more than three kinds of clinical features, namely, tan, blue, yellow, magenta. Comparing lncRNAs expression patterns between copy-deleted or copy-amplified and the normal samples, we identify 9 lncRNAs(FAM87A, LOC101927752, KBTBD11-OT1, LOC100287015, LOC101929066, CASC11, HM13-AS1, ABALON, NKILA), the expression levels of these 9 lncRNAs are significantly guided by copy number deletions or amplifications. Besides, survival probabilities imply total 10 lncRNAs(LOC101927604, LOC105377267, CASC15, LINC-PINT, CLDN10-AS1, C14orf132, LMF1, LINC00675, CCDC144NL-AS1, LOC284454) conspicuously contribute to poor prognosis in CRC.

**Conclusions** In conclusion, our research is interested in copy number changes of lncRNAs, not only expanding the spectrum of CNVs concerned with CRC, but also perfecting the regulation network of lncRNAs in CRC. The main purpose is to provide novel biomarkers for prognostic managements of CRC patients.

## PU-5599

## 丙肝核心抗原酶联免疫检测在丙型肝炎病毒感染诊断中的价值

崔丽君  
滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探究酶联免疫检测法检测丙肝核心抗原在丙型肝炎病毒感染诊断中的价值

**方法** 荧光定量 PCR 法测丙型肝炎病毒 RNA, 酶联免疫吸附法测丙型肝炎核心抗原, 酶联免疫吸附法测丙肝抗体。分别对来自临床的 160 例样本进行检测, 以 HCV-RNA 检测阳性结果为标准, 筛选出所需样本, 再用后两种方法分别测抗原和抗体, 统计其阳性率, 比较两种方法的检出率。

**结果** 采用丙肝核心抗原检测法的阳性率达 95%, 而丙肝核心抗体检测法的阳性率为 80%, 两种检测结果对比准确率有很大差异, 且差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )

**结论** HCV 感染标本采用酶联免疫吸附实验检测丙肝核心抗原的方法后, 有着更高的检出率, 临床应用效果较好。丙肝核心抗原酶联免疫检测在丙型肝炎病毒感染诊断中具有及其重要的价值。

PU-5600

## 临夏州东乡族人群 ABO 和 Rh 血型分布调查

王芳  
甘肃省人民医院, 730000

**目的** 临夏州是一个多民族居住的地区, 东乡族是稀有少数民族, 通过调查东乡族人群 ABO 和 Rh 血型的分布情况, 指导在临床输血安全中有重要的意义。

**方法** 采用玻片直接凝集法通过对东乡族人群 6621 份 ABO 和 187 份 Rh 血型分析鉴定并进行实验室数据分析。

**结果** 东乡族 6621 名 ABO 血型分布特点为 O>A>B>AB, O 型占 30.43%, AB 型占 11.4%, 血型分布符合 Hardy-Weinberg 的平衡法则, 其中东乡族 AB 型的比例数超过中国人群 AB 型占总人口 5% 的比例。167 名 Rh 血型分布情况, Rh 阳性占 97.7%, Rh 阴性占 2.3%, Rh 阴性且明显高于汉族人群。

**结论** ABO 血型、Rh 血型是当前临床输血中最关注的血型系统, 采供血机构掌握临夏州东乡族人群 ABO 血型、Rh 血型分布情况, 建立临夏州东乡族 Rh 阴性患者的数据库, 选择与患者 Rh 相匹配的献血员进行输血, 可在一定程度上减少同种抗体的产生, 有效降低输血不良反应的发生率。

PU-5601

## ALDH1 的表达在 Mφ 对胃肿瘤细胞抑制作用中的影响

张强, 王凤超, 柴烁, 张钢强, 黄岩  
蚌埠医学院第一附属医院. 检验科

**目的** 研究 ALDH1 作为胃癌干细胞潜在标志分子的可能及与胃癌细胞干性的关系; 探讨 ALDH1 的表达在 Mφ 对胃肿瘤细胞抑制作用中的影响。

**方法** 胃癌细胞株 (SGC-7901) 的常规培养及扩增; THP-1 单核细胞株的常规培养和 Mφ 的获取及培养; 无血清培养获得 ALDH1<sup>high</sup> 的胃癌细胞并鉴定, 从干性相关标记、增殖、侵袭、克隆等方面对 ALDH1<sup>high</sup> 胃癌细胞相关干性进行检测, 分析 ALDH1 能否作为胃癌干细胞的潜在标志分子; 通过建立 ALDH1<sup>high</sup> 和 ALDH1<sup>low</sup> 胃癌细胞分别与 Mφ 的共培养体系, 检测共培养后 ALDH1 不同表达水平的胃细胞的存活率、迁移、侵袭、克隆等能力, 分析 Mφ 对不同 ALDH1 表达水平的胃癌细胞抑制作用。

**结果** 成功培养并扩增 THP-1 细胞并通过 PMA 诱导 THP-1 单核细胞获得 Mφ; 相较于 ALDH1<sup>low</sup> 胃癌细胞, ALDH1<sup>high</sup> 胃癌细胞的 CD44、Oct-4 等干性相关标记表达更高, 在生物特性上具有更强的增殖、侵袭和克隆能力; 成功通过 Transwell 小室建立起胃癌细胞株 (SGC-7901) 与 Mφ 的共培养体系; 发现共培养后 ALDH1<sup>high</sup> 胃癌细胞的存活率、抗凋亡能力、侵袭、迁移、克隆能力均高于 ALDH1<sup>low</sup> 胃癌细胞。

**结论** 高表达 ALDH1 的胃癌细胞具有更强的干细胞特性, ALDH1 具有作为胃癌干细胞潜在标志分子的可能; 高表达 ALDH1 的胃癌细胞在一定程度上可以抑制 Mφ 对其生物学特性的影响。

## PU-5602

## 分子生物学技术在检测石蜡组织切片中结核分枝杆菌的应用与研究进展

陈磊,唐媛媛,韩守华,李万生,单晓雪,王海志,潘兆宝,刘光福  
潍坊市第二人民医院,261000

**目的** 组织病理学检查是结核病诊断非常重要的手段。在石蜡包埋组织切片中,缺乏典型结核结节和干酪样坏死、抗酸染色阴性、临床怀疑结核的病例,以病理形态学诊断极为困难。

**方法** 随着分子生物学技术的发展,结核分枝杆菌的检测方法不断增多,敏感性也在不断提高。

**结果** 基因测序技术在分枝杆菌菌种鉴定和结核病耐药诊断中发挥了重要作用,然而昂贵的设备导致了该技术无法普及。

**结论** 荧光定量 PCR 技术在检测石蜡组织中结核分枝杆菌的应用比较广泛。但其也存在一定的缺陷与不足,如模板浓度、纯度以及操作不当等,均会严重影响扩增结果,出现假阴性或假阳性。

Gene Xpert MTB/RIF 是一种半巢式实时荧光 PCR 体外诊断技术,可对结核分枝杆菌以及利福平耐药性进行检测。Gene Xpert MTB/RIF 应用于石蜡组织切片的研究也取得了一定的进展,有报道称其检出率能够达到结核分枝杆菌固体培养的灵敏度。然而 Gene Xpert MTB/RIF 运营成本较高,在一定程度上影响了其推广和应用。环介导等温扩增 (Loop-Mediated Isothermal Amplification, LAMP) 技术在检测结核杆菌 DNA 中也得到了广泛的应用,该方法快速高效、特异性强,能够在 1 小时等温条件下完成检测,该方法较之荧光定量 PCR、Gene Xpert MTB/RIF,其对实验室仪器依赖程度小,试剂成本低,操作简单,然而, LAMP 技术在检测石蜡组织切片中结核杆菌的报道鲜而有之,组织切片的前期处理及 DNA 提取步骤繁琐,且切片中的其他成分复杂,是否会对结果造成影响也有待进一步的研究。

## PU-5603

## Clinical performance of non-criteria antibodies to phospholipids in Chinese patients with antiphospholipid syndrome.

Shulan Zhang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Increasing evidence suggests the role of non-criteria aPLs as important supplements to the current criteria aPLs in APS. In this study, we evaluated the clinical performance of a panel of non-criteria antibodies to phospholipid antigens, including, phosphatidylserine (aPS), phosphatidylinositol (aPI), sphingomyelin (aSM), phosphatidylcholine (aPC) and phosphatidylethanolamine (aPE) in a well-defined Chinese APS cohort.

**Methods** A total of 229 subjects were tested, including 86 patients with APS, 104 disease controls (DCs) and 39 healthy controls (HCs). Serum IgG/IgM aCL, IgG/IgM a $\beta$ 2GPI, IgG/IgM aPS, IgG/IgM aPI, IgG/IgM aSM, IgG/IgM aPC, and IgG/IgM aPE were tested by ELISA.

**Results** The presence of aPE, aPS, aPI, aPC, and aSM in patients with APS and Disease Controls were 8.1% (7/86) and 1.0% (1/104), 37.2% (32/86) and 9.6% (10/104), 50.0% (43/86) and 8.7% (9/104), 23.3% (20/86) and 1.0% (1/104), and 18.6% (16/86) and 1.9% (2/104), respectively. In criteria aPLs, aCL IgG demonstrated the highest positive likelihood ratio (LR+) of 35.75, followed by LA (LR+ of 13.51) and aCL IgM (LR+ of 11.64). In non-criteria aPLs, aPC IgG demonstrated the highest LR+ of 24.94 followed by aSM IgM (LR+ of 14.97). Importantly, the non-criteria aPLs were detected in 18.8% (3/16) of seronegative APS patients. The criteria aPLs, including LA, IgG aCL and IgG a $\beta$ 2GPI, were significantly correlated with both arterial thrombosis

and venous thrombosis, while the non-criteria aPLs, including IgG aPS, IgM aPS, IgG aPI and IgG aPC were significantly associated with arterial thrombosis but not venous thrombosis.

#### Conclusions

In summary, our findings indicate that those non-criteria aPLs may be particularly helpful for patients in whom APS is highly suspected, but conventional aPLs are repeatedly negative as well as for predicting APS patients with arterial thrombosis.

#### PU-5604

### Evaluate the clinical benefit of AdvanSure AlloScreen allergen multiplex Specific IgE Detection Assay in allergen testin

Xiangwei Zou, Haisheng Hu, Zhifeng Huang, Wenting Luo, Baoqing Sun  
Guangzhou Institute of Respiratory Health, First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** In recent years, the prevalence of allergic diseases have been on the rise, and it is particularly important to explore effective allergen screening methods. In this study, ImmunoCAP was used as the "gold standard" to evaluate the clinical diagnostic efficacy of the immunoblotting AdvanSure automated allergen IgE antibody analyzer.

**Methods** 135 multi-allergen sIgE positive (ImmunoCAP positive) serum samples from the First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University were tested for 13 common allergen sIgE using the AdvanSure AlloScreen automated allergen IgE antibody analyzer, including inhalant allergens: Cat dander, Alternaria, Dog dander, Cockroach, Mugwort, House dust mite, Dust mite; Ingestion allergens: Soy, Wheat, Peanut, Milk, Egg, Shrimp.

**Results** Among the 810 comparisons, the total accuracy of AdvanSure and ImmunoCAP was 80.4%, the negative accuracy was 93.4%, and the positive accuracy was 69.0%. Except for the allergen-positive CLASS 1(38.1%) and CLASS 2(51.0%) detected by ImmunoCAP, the total accuracy of AdvanSure and ImmunoCAP at all other levels was greater than 70.0%. Spearman correlation analysis showed that AdvanSure and ImmunoCAP had higher correlations between sIgE detection of milk, house dust mite, egg white, shrimp, wheat and dust mite allergens ( $r_s > 0.709$ ,  $P < 0.001$ ). Interestingly, we also found that 11.1% and 10.4% of patients were allergic to chicken and pork.

**Conclusions** As a new detection system, AdvanSure has a good test performance and a broader spectrum of allergen detection. If AdvanSure was used instead of ImmunoCAP for clinical screening, its test efficacy was not significantly different from that using ImmunoCAP, but its low price, short experimental operation time, and low instrument requirements made it possible to be used as a clinical allergen screening method in primary hospitals in Guangdong.

#### PU-5605

### 探讨同型半胱氨酸与甲状腺疾病的相关性

张宇钧, 齐发梅, 坚娜娜, 尹会媛, 石福娜, 张利娟  
甘肃省人民医院西院区检验科

**目的** 了解同型半胱氨酸(Hcy)在各类甲状腺疾病中的含量, 旨在探讨 Hcy 在甲状腺疾病中的临床应用价值。

**方法** 选择 2016 年 1 月-2017 年 12 月, 在甘肃省人民医院已确诊住院的 184 例甲状腺疾病患者作为病例组, 健康体检人群 50 例作为对照组。使用 Beckman AU680 型全自动生化分析仪检测 Hcy,



雅培 i2000 化学发光仪检测甲状腺激素(TSH)、三碘甲腺原氨酸(T3)、甲状腺素(T4)、抗甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)、甲状腺球蛋白抗体(TGAb)。检测数据用 spss19.0 统计分析。

**结果** 健康对照组及甲状腺疾病各病例组之间 Hcy 水平皆有显著性差异 ( $P<0.05$ )。健康对照组与甲状腺病例组甲功五项均有显著性差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 Hcy 水平与甲状腺疾病密切相关, 可以作为甲状腺疾病辅助诊断指标。

## PU-5606

### 血清肌酐水平对肿瘤标志物 CEA,CA199,CA125,AFP 浓度的影响

霍虹<sup>1</sup>,王清涛<sup>1,2</sup>

1.首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

2.首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 探讨血清肌酐(CRE)水平变化对肿瘤标志物 CEA,CA199,CA125,AFP 浓度的影响。

**方法** 回顾性分析我院 2017 年 11 月至 2018 年 11 月期间,具有完整血清肌酐以及 CEA,CA199,CA125,AFP 检测数据的肾脏内科住院患者 330 例。按照血清肌酐(CRE)水平分为未见异常组 ( $CRE \leq$  参考范围上限)、轻度异常组 ( $CRE < 450 \mu\text{mol/L}$ ) 和重度异常组 ( $CRE \geq 451 \mu\text{mol/L}$ )。以我院 86 例心内科门诊患者为正常对照组。应用 SPSS 16.0 对其进行统计分析。

**结果** CEA,CA199,CA125,AFP 在正常对照组与血清肌酐异常组间变异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。各患者组间 CEA 检测水平变化有统计学意义 ( $p<0.05$ ), CA199,CA125,AFP 水平在各个血清肌酐异常组间变异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。血清 CEA,CA125,AFP 在正常对照组与肾脏疾病尚未致血清肌酐升高患者组间变化同样具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。

**结论** 血清肌酐水平变化对 CEA,CA199,CA125,AFP 浓度影响明显, 肾功能损伤程度加重会对 CEA 浓度产生影响。而 CA199,CA125,AFP 变化不随血清肌酐进一步升高而升高。急性肾损伤或肾功能损伤较轻未致血清肌酐升高时就可导致 CEA,CA125,AFP 检测水平异常。

## PU-5607

### 两种中性杆状核分类标准方法比较及正常范围的确立

程温琳

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探讨两种中性杆状核粒细胞分类差异和正确范围。

**方法** 应用静脉血涂片镜检方法, 采用国际国内两种分类方法分别计数, 比较两种方法的检测数据得出结论。

**结果** 检测结果如下, 实验选用了来自医院健康体检中心的 50 例健康成年人群, 与两组观察员的微观检查结果相比, 国际法的检测结果比国内法的检测结果有所不同。

**结论** 国际中性杆状核粒细胞的分类方法更为准确。

## PU-5608

## Circular RNA CCDC66 promotes gastric cancer progression by activating TGF- $\beta$ /SMAD signaling pathway to promote EMT

Guifang Xu<sup>1,2</sup>, Hui Qian<sup>1</sup>, Wenrong Xu<sup>1</sup>, Pengcheng Jiang<sup>1,2</sup>, Xu Zhang<sup>1,2</sup>

1. Jiangsu Key Laboratory of Medical Science and Laboratory Medicine, School of Medicine, Jiangsu University

2. Institute of Digestive Diseases, The Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

**Objective** Circular RNAs play important roles in cancer development and progression and have the potential to serve as cancer biomarkers. The aim of this study was to investigate the role of circular RNA CCDC66 (circCCDC66) in gastric cancer (GC) and to reveal the underlying mechanisms.

**Methods** The expression of circCCDC66 in GC tissues and cell lines were examined by qRT-PCR. The correlation between circCCDC66 expression level and clinicopathological characteristics was analyzed. The biological roles of circCCDC66 in GC cell apoptosis, proliferation, migration and invasion were determined by flow cytometry, cell counting, cell colony formation, wound healing, transwell migration and matrigel invasion assays. The role of circCCDC66 in GC growth was further confirmed by mouse xenograft tumor model. Western blot and qRT-PCR were used to explore the effects of circCCDC66 on epithelial-mesenchymal transition (EMT)-related gene and protein expression.

**Results** CircCCDC66 expression was elevated in both GC tissues and cell lines compared to adjacent normal tissues and normal gastric epithelial cell line. The upregulation of circCCDC66 in GC tissue was related to tumor stage and lymphatic metastasis. CircCCDC66 knockdown significantly inhibited GC cell proliferation, migration and invasion and induced cell apoptosis in GC cells. On the contrary, circCCDC66 overexpression had the opposite effects. In addition, circCCDC66 knockdown in GC cells suppressed tumor growth in nude mice. Furthermore, circCCDC66 knockdown inhibited the activation of TGF- $\beta$ /SMAD signaling pathway and reversed EMT in GC cells.

**Conclusions** CircCCDC66 promoted GC growth and metastasis by activating TGF- $\beta$ /SMAD signaling pathway to promote EMT and could serve as a potential biomarker for GC.

## PU-5609

## 肺泡灌洗液 GM 试验的临床应用

陈金花<sup>1,2</sup>, 李薇薇<sup>2</sup>, 杨国溜<sup>1</sup>

1. 福建立医院

2. 福建医科大学, 350000

**目的** 回顾性分析支气管肺泡灌洗液 (BALF) 半乳甘露聚糖抗原检测 (GM 试验) 在侵袭性肺曲霉感染的早期诊断价值, 为临床疾病诊治提供参考。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2019 年 3 月于福建省立医院进行 GM 试验检查的 149 例高危感染 IPA 患者为研究对象, 收集患者临床病史资料。利用 BALF 及血清 GM 试验结果绘制 ROC 曲线, 综合评价 BALF、血清和 BALF 并联血清在 IPA 诊断中的灵敏度、特异度等相关研究指标。

**结果** 血清 GM 试验曲线下面积为 0.770 (95%CI: 0.670-0.870), 肺泡灌洗液 GM 试验 ROC 曲线下面积 (AUC) 为 0.895 (95%CI: 0.830-0.961); 以 GM 值为 0.5 做为诊断临界值, BALF、血清及 BALF 并联血清诊断 IPA 灵敏度分别为 50.0%、18.8%、56.3%; 特异度分别为 67.7%、94.0%、65.4%; 准确度分别为 73.7%、96.2%、72.2%; 阳性预测值分别为 15.7%、27.3%、

43.7%；阴性预测值分别为 91.8%、90.6%、92.6%。相较于传统检查方法，GM 试验的阳性率（56.3%）明显高于微生物学检查（50.0%）、组织病理学（50.0%）和影像学表现（23.1%）。

**结论** 与传统方法比较，GM 试验在侵袭性肺曲霉菌病的临床诊断上灵敏度高、特异度强。相较于血清 GM 试验，肺泡灌洗液 GM 试验阳性率明显增高，对 IPA 早期诊断具有更重要临床意义。为兼顾敏感性及特异性，对 BALF 及血清标本进行 GM 试验的联合诊断，同时综合考虑病人临床表现，可为临床提供更加及时准确、安全可靠的诊断依据。

## PU-5610

### 血浆 miRNAs 在结直肠癌早期诊断中的价值探究

陈佳,胡晓波

上海中医药大学附属龙华医院,200000

**目的** 检测结直肠癌患者血浆 miRNAs 表达水平，并进一步探究 miRNAs 作为结直肠癌早期诊断标志物的可能性。

**方法** 1.收集 15 例正常人血浆，将其随机分为三组，组内 5 例血清标本混合，作为正常对照组。收集 15 例结直肠癌患者血浆，将其随机分为三组，组内 5 例血清标本混合，作为病例组；2.采用 miRNA 芯片分析结直肠癌患者和正常人血浆标本，筛选出差异表达的 miRNAs；3.采用 qRT-PCR 检测结直肠癌组织标本，对芯片结果进行验证；4. 采用 qRT-PCR 对结直肠癌患者和正常人血浆中候选 miRNAs 表达水平进行分析。

**结果** 1. miRNA 芯片结果显示，hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p、hsa-miR-205-5p、hsa-miR-92a-3p、hsa-miR-425-3p、hsa-miR-33a-5p 等 12 个候选 miRNAs 在结直肠癌患者血浆中的表达与对照组相比具有统计学差异。其中，hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p、hsa-miR-425-3p 等 miRNAs 在病例组中的表达高于对照组，hsa-miR-205-5p、hsa-miR-92a-3p、hsa-miR-33a-5p 等 miRNAs 在病例组中的表达低于对照组；2. qRT-PCR 检测结果显示，70~80%的结直肠癌患者表现为 hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p 在肿瘤组织中的表达水平高于正常组织，与芯片结果较为一致，而其它候选 miRNAs 在结直肠癌组织标本中的表达水平与芯片结果差异较大，故后续实验选择 hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p 进一步探究；3. 通过 qRT-PCR 检测 50 例结直肠癌患者和 50 例正常人血浆中 hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p 表达水平，结果显示 hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p 在结直肠癌患者血浆中的表达相对较高，与芯片结果及结直肠癌组织中的表达情况较为一致。

**结论** hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p 在结直肠癌患者和正常人血浆中的表达水平具有差异，且此种差异同样存在于结直肠癌组织标本中。hsa-miR-505-3p、hsa-miR-223-5p 可能可作为结直肠癌早期诊断的分子标志物，后续应扩大样本例数进一步探索其作为结直肠癌临床诊断标志物的可能性，并建立相应的检测置信区间。

## PU-5611

### Evaluation of a commercial immunoassay for autoantibodies in Chinese Han systemic sclerosis population

Chenxi Liu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** The autoantibody profile, which varies between races, has rarely been reported in Chinese Han systemic sclerosis (SSc) patients. The present study aims to investigate the autoantibody profile of Chinese Han SSc patients using a commercial line immunoassay.

**Methods** The prevalence of autoantibodies to Ro-52, PDGFR, Ku, PM75, PM100, Th/To, NOR90, Fib, RP155, RP11, CENP-B, CENP-A and Scl-70 were analyzed in serum samples obtained from healthy controls (n = 30), SSc patients (n = 320) and non-SSc connective-tissue disease patients (n = 100) using an Euroline Systemic Sclerosis Profile kit.

**Results** SSc patients had increased prevalence of anti-RP11 (P = 0.032), anti-CENPB (P < 0.001), anti-CENPA (P = 0.001) and anti-Scl-70 (P < 0.001), but had decreased prevalence of anti-Ro-52 (P = 0.004), when compared to non-SSc CTDs. Furthermore, SSc patients had increased prevalence of anti-Ro-52 (P = 0.003), anti-CENPB (P = 0.034), anti-CENPA (P = 0.034) and anti-Scl-70 (P < 0.001), when compared to HCs. In addition, SSc patients with interstitial lung disease (ILD) had increased prevalence of anti-Ro-52 (P = 0.046) and anti-Scl-70 (P = 0.035), but had decreased prevalence of anti-CENPB (P < 0.001) and anti-CENPA (P < 0.001). Moreover, SSc patients with pulmonary arterial hypertension (PAH) had increased prevalence of anti-Ro-52 (P = 0.013) and decreased prevalence of anti-Scl-70 (P = 0.001). Anti-Ro-52 and anti-Scl-70 had increased values for predicting ILD in SSc patients, while anti-Ro-52 had increased values for predicting PAH in SSc patients.

**Conclusions** A commercial line immunoassay was used to evaluate the diagnostic value of autoantibodies in Chinese Han SSc patients. The results clearly indicate that the immunoblot assay has good diagnostic utility for SSc. Anti-Ro-52, anti-RP11, anti-CENPB, anti-CENPA and anti-Scl-70 are useful for diagnosing SSc in the Chinese Han population. Anti-Ro-52, anti-CENPB, anti-CENPA and anti-Scl-70 have a potential value for diagnosing ILD in SSc patients. Furthermore, anti-Ro-52 and anti-Scl-70 may be used to diagnose PAH in SSc patients.

## PU-5612

### miR-301b 在卵巢癌中的病例分析及靶基因分析

任伟绮

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 研究 miR-301b 在卵巢癌中的表达情况，并进一步预测分析其靶基因。

**方法** 对 TCGA 数据库中的卵巢癌患者的 miR-301b 表达量和生存状况进行分析，对其靶基因生物学预测，并对 GSE14407 中健康人群与患者之间重要靶基因的表达量进行统计分析。

**结果** miR-301b 高表达患者具有更长的生存时间 (OS:P<0.001, DFS:0.019)，综合 3 个预测数据库的结果得到 12 个靶基因，编码的蛋白多数与肿瘤的发生发展有关，其参与的信号通路也与肿瘤有至关重要的作用。其中，靶基因 TEAD1、NBEA、FM46b 表达量在癌组织中表达高于癌旁组织；相反，ERBB2IP, NR3C2, ARTN1 的表达在癌组织中表达低于癌旁组织，(P<0.05)。

**结论** miR-301b 表达对卵巢癌患者的预后具有重要的意义，表现出抑癌因子的作用，在卵巢癌的预后评估和治疗方面的意义很大。

## PU-5613

### C 反应蛋白医学浅析

刘航

山东省千佛山医院,250000

**目的** C 反应蛋白是一种能与肺炎链球菌 C 多糖体反应形成复合物的急性时相反应蛋白。组织损伤后迅速增加，其作用是激活补体；促进单核细胞对黑色素瘤细胞的破坏作用；促进粒细胞和巨噬细胞的运动与吞噬；影响淋巴细胞对促细胞分裂物质的反应性，并与部分 T 淋巴细胞结合，抑制其功能；抑制混合淋巴细胞反应；对血小板凝集和血块收缩有抑制作用。

**方法** 常用的检测患者血清、脑脊液等不同体液中的 C 反应蛋白含量的方法有速率散射浊度法、单向免疫扩散法 (SID)、ELISA 法和胶乳凝集法等。

**结果** 血清: 0~5mg/L (速率散射浊度法) <10mg/L (胶乳凝集法) 新生儿: 0.1~0.6mg/L 幼儿: 0.15~1.6mg/L 学龄儿童: 0.17~2.2mg/L 成人: 0.42~5.2mg/L 孕妇: 4.4~46.8mg/L (ELISA)

**结论** CRP 升高见于: 组织损伤、感染、肿瘤、心肌梗死及一系列急慢性炎症性疾病, 如风湿性关节炎、全身性血管炎、多肌痛风湿病等。病后数小时 CRP 迅速升高, 病变消退后又迅速降至正常水平, 且不受化疗、放疗、皮质激素治疗的影响。对器官移植术后的患者在出现排斥反应, CRP 也会显著升高, 因此 CRP 可协助临床诊断排斥反应。另外, 测定 CRP 还有助于对烧伤患者进行预后估计以及选择去痂和植皮的最适合的时间。

CRP 可作为术后感染及并发症的指标: 手术后病人 CRP 升高, 术后 7~10 天 CRP 水平应下降, 如 CRP 不降低或再次升高, 提示可能并发感染或血栓栓塞。CRP 还可用于细菌性感染和病毒性感染的鉴别诊断: 大多数细菌性感染会引起患者血清 CRP 升高, 而病毒性感染则多数不升高。

PU-5614

## 白介素 6,10 在自身免疫性疾病中的应用研究

徐亚楠

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探讨 IL-6 和 IL-10 异常表达与常见自身免疫性疾病患者血清各种临床表现及免疫学指标的相关性, 为探讨这两种白介素分子应用于临床检验诊断奠定基础。

**方法** 设立实验组选择 46 例在实习医院内初诊并根据患者临床病征和实验室检查相关诊断为系统性红斑狼疮 (SLE) 患者并且无其他伴随疾病。另设立对照组为 50 例无任何疾病的健康的体检人群。采用电化学发光免疫法检测 IL-6 和 IL-10 在 SLE 患者外周血清中含量与健康人作对比, 所得结果通过统计学分析得出 IL-6、IL-10 与 SLE 的相关性。

**结果** 检测结果如下: ① SLE 病人组血清中 IL-6 浓度为  $(60.28 \pm 20.73) \text{ ng/l}$ , IL-10 为  $(90.56 \pm 16.8) \text{ ng/l}$ ; 正常体检者血清中 IL-6 浓度为  $(7.02 \pm 8.13) \text{ ng/l}$ , IL-10 为  $(4.96 \pm 3.95) \text{ ng/l}$ 。② IL-6 和 IL-10 在 SLE 病人血清中线性回归分析为  $r=0.542$ 。③ 在系统性红斑狼疮病人血清中, IL-6 与抗 ds-DNA 抗体线性分析为  $r=0.425$ 。IL-10 与其相关性为  $r=0.368$ 。④ 活动性 SLE 病人血清中 IL-6 浓度为  $(73.02 \pm 26.13) \text{ ng/l}$ 、IL-10 浓度为  $(96.38 \pm 25.62) \text{ ng/l}$ , 非活动性 SLE 血清中 IL-6 浓度为  $(68.47 \pm 21.68) \text{ ng/l}$ 、IL-10 浓度为  $(93.82 \pm 34.61) \text{ ng/l}$ ; 狼疮肾炎阳性的 SLE 病人 IL-6 浓度为  $(116.35 \pm 25.87) \text{ ng/l}$ 、IL-10 浓度为  $(127.64 \pm 26.78)$ , 阴性的 SLE 病人 IL-6 浓度为  $(53.25 \pm 21.48) \text{ ng/l}$ 、IL-10 浓度为  $(45.69 \pm 18.34) \text{ ng/l}$ 。[结论] 白介素 6 和白介素 10 的含量在系统性红斑狼疮患者实验组外周血清中显著高于正常体检人员,  $p < 0.05$ , 差异有统计学意义, 白介素 6 和 10 它们与其他相关免疫学指标 (抗 dsDNA 抗体) 有相关性。

**结论**。白介素 6 和 10 在活动性指标之间浓度无显著差异,  $p > 0.05$ , 差异无统计学意义。但与 SLE 患者是否有狼疮性肾炎表现中存在显著差异,  $p < 0.05$ 。

PU-5615

## Myositis-specific autoantibodies in dermatomyositis/polymyositis with interstitial lung disease

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** The prevalence and diagnostic values of myositis-specific autoantibodies (MSAs) and myositis-associated autoantibodies (MAAs) in dermatomyositis/polymyositis (DM/PM) were studied.

**Methods** A commercial immunoblot assay with 16 autoantigens was used to detect MSAs and MAAs in serum samples from 130 DM/PM patients, 100 disease controls, and 50 healthy subjects.

**Results** The prevalence of anti-Jo-1, anti-MDA5, anti-TIF1 $\gamma$ , anti-Mi-2 $\alpha$ , and anti-Mi-2 $\beta$  was significantly higher in DM/PM than in other connective-tissue diseases (CTDs). Moreover, anti-MDA5 and anti-Ro-52 were significantly higher in DM/PM with interstitial lung disease (ILD) than in DM/PM without ILD, while that of anti-TIF1 $\gamma$  and anti-NXP2 were significantly lower in DM/PM with ILD than in DM/PM without ILD. For distinguishing DM/PM from other CTDs, the sensitivity, specificity, and positive predictive value (PPV) for anti-MDA5 were 28.46, 99.00, and 97.37%, respectively, with a positive likelihood ratio (LR+) of 28.46; they were 46.15, 58.00, and 58.82%, respectively, for anti-Ro-52 with an LR+ of 1.10. For distinguishing DM/PM with ILD from DM/PM without ILD, the sensitivity, specificity, and PPV for anti-MDA5 were 45.57, 100.00, and 100.00%, respectively, and for anti-Ro-52 were 60.76, 73.91, and 80.00%, respectively.

**Conclusions** MSAs and MAAs serve as biomarkers for differentiating DM/PM from other CTDs as well as distinguishing DM/PM with ILD from DM/PM without ILD.

PU-5616

## B 族链球菌快速筛查及耐药性检测多重 PCR 体系构建

侯盼飞,潘艳,房凤梅,周建宁

涟水县人民医院,223001

**目的** 建立 B 族链球菌 (Group B Streptococcus, GBS) 鉴定及克林霉素、红霉素耐药性检测的多重 PCR 反应体系, 为快速筛查和临床治疗提供依据。

**方法** 以 *cfb* 基因、*ermB* 基因和 *linB* 基因为靶点设计引物, 构建 B 族链球菌快速筛查和克林霉素、红霉素耐药检测的多重 PCR 反应体系, 并对反应条件进行优化。

**结果** 成功构建 GBS 筛查和药敏的 PCR 反应体系, 56℃ 为最佳退火温度。

**结论** 本研究建立的 GBS 鉴定、耐药性检测为一体的多重 PCR 体系, 对围产期 GBS 筛查、临床治疗具有重要意义。

PU-5617

## 医院分离大肠埃希氏菌耐药性分析

张诗佳

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 研究本院一段时间内 (2017 年 1 月日-2017 年 12 月 31 日期间) 临床分离的大肠埃希氏菌耐药性变迁及发展趋势, 探究出临床常用抗生素的使用对大肠埃希菌的耐药性所产生的影响, 从而得出可以为临床医生在临床治疗中提供怎样合理使用抗菌药物以及控制医院感染的可靠理论依据。

**方法** 采用 WHONET5.6 药敏统计系统软件对 2017 年 1 月 1 日至 12 月 31 日滨州市人民医院临床分离的 504 株大肠埃希菌中, 针对所收集到的不同标本中和各个病房中分离的大肠埃希菌进行培养和耐药性分析。

**结果** 所分离的不同标本中和各个病房来源的大肠埃希菌对我们常用的抗菌药物氨苄西林、左旋氧氟沙星、头孢呋辛、头孢曲松、头孢噻肟、头孢唑啉、头孢他啶、头孢吡肟、头孢西丁、头孢哌酮/舒巴坦、氨苄西林/舒巴坦、哌拉西林/他唑巴坦、哌拉西林、复方新诺明、环丙沙星、庆大霉素、氨曲南、米诺环素、妥布霉素、阿米卡星、亚胺培南、美罗培南和厄他培南的耐药率

**结论** 本院分离的大肠埃希菌对抗菌药物碳青霉烯类的三种药物(美罗培南、亚胺培南和厄他培南)敏感率已高达 99%, 所以亚胺培南、美罗培南和厄他培南等碳青霉烯类一类抗菌药物仍然是对大肠埃希菌抗菌活性最强的抗菌药物; 同时对哌拉西林/他唑巴坦、头孢哌酮/舒巴坦、阿米卡星、头孢吡肟和头孢西丁等也有较高的敏感性, 对氟喹诺酮类耐药性较高, 临床医生应及时了解本院临床各科室分离的大肠埃希菌的耐药性变化情况, 随时与微生物科室联系探讨, 以此来大大提高临床经验用药的正确率以免无效治疗。

## PU-5618

### 单核细胞 CD38 双向免疫信号研究

杨相彩

云南省第一人民医院,650000

**目的** 细菌性肺炎是最常见的肺炎, 也是最常见的感染性疾病之一。

**方法** 检测细菌性肺炎患者外周血中 CD38 内向型和外向型单核细胞, 进一步收集临床病例 T 细胞功能数据; 尼克氨酸处理 2 个小时 U937 细胞, 检测 CD38 的表达。

**结果** 我们发现在细菌性肺炎患者外周血中能够同时分离到 CD38 内向型和外向型单核细胞, 并且发现单核细胞向 CD38 外向型和内向型转化。发现单核细胞 CD38 双向信号与 T 细胞功能信号分子 zap70 的功能密切相关。尼克氨酸处理后, 可以检测到大量的 U937 表达内向型 CD38。

**结论**

提示链球菌肺炎免疫过程中存在尼克氨酸和单核细胞 CD38 双向信号的免疫调节机制。

## PU-5619

### Sysmex XN-2800 全自动血液分析仪“低值血小板模式”通道的方法学评价

黄建新<sup>1</sup>, 杨国溜<sup>1</sup>, 陈金花<sup>1</sup>

1.福建省立医院,350000

2.福建医科大学,350000

**目的** 对 Sysmex XN-2800 全自动血细胞分析仪的低值血小板模式 (PLT-F) 进行方法学评价。

**方法** 从 2019 年 3 月至 2019 年 4 月住院的患者中, 选取检测血小板计数小于或等于  $80 \times 10^9 / L$  临床血常规标本 94 例作为研究样本, 并对其进行分组, 即  $30 \times 10^9 / L \sim 50 \times 10^9 / L$  和  $50 \times 10^9 / L \sim 80 \times 10^9 / L$  两组, 使用 XN-2800 血细胞分析仪的电阻抗 (PLT-I) 通道和荧光染色 (PLT-F) 通道以及手工显微镜法检测血小板, 其中以显微镜法计数结果作为金标准, 使用统计学软件 SPSS19.0 和 excel 对所有检查结果进行分析。

**结果** 两种通道的血小板检测结果均与手工法检测结果相关性较大, PLT-F 通道更接近于手工法计数结果, 配对  $t$  检验差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 对于异常样本的检测, PLT-F 模式可以起到更好地提示或纠正作用。

**结论** 在日常使用中, 考虑到成本, 可以把 PLT-I 通道当做常规检测通道。如果分析仪提示血小板聚集警报或是检测结果触犯复检规则等, 可以把 PLT-F 通道作为仪器重新检测的方法和推片染色镜检以确定结果, 来确保每份血小板检测的结果均为真实准确的。

## PU-5620

### 1562 株真菌的分布特点及两种唑类耐药分析

王瞳

中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 通过对中国侵袭性真菌监测网 (CHIF-NET) 中 2013 年所收集到的 1562 株真菌数据进行分布特点及唑类耐药的分析, 为临床侵袭性真菌的唑类用药提供依据。

**方法** 收集 2013 年全国共 48 家医院的真菌菌株及其原始信息, 用显色培养基进行培养, VITEK 进行鉴定及药敏。

**结果** 共分离出真菌 1562 株。其中白色念珠菌占比最高 (38.4%), 其次为近平滑念珠菌复合体 (18.4%) 和热带念珠菌 (16.4%), 光滑念珠菌复合体 (9.4%) 及新型隐球菌 (5.7%) 也均属于常见菌种。标本来源以血标本 (46.4%) 稳居第一位, 其次为腹水 (10.2%)、导管 (9.2%) 及引流液 (8.5%)。住院类型中病房患者 (93%) 遥遥领先于门急诊患者 (7%)。药敏结果中显示白色念珠菌及近平滑念珠菌复合体对氟康唑及伏立康唑敏感性均较高。热带念珠菌对两种唑类耐药率较一致, 均为 20.7%。光滑念珠菌复合体对氟康唑耐药率 (27.2%) 相比伏立康唑耐药率 (15%) 稍高些。新型隐球菌对氟康唑耐药率为 10%, 对伏立康唑较为敏感。

**结论** 由于患者入院后为治疗疾病进行如手术、导管插管、服用抗菌药物等多种治疗措施, 造成免疫力大幅度下降, 而白色念珠菌为最常见机会性致病菌, 因此使得此类真菌有机可乘, 血液是提供其大量繁殖的有效便利场所, 因而引起菌血症威胁患者的生命健康。这也解释了白色念珠菌、血液标本及病房患者均排列在第一位的原因。当被白色念珠菌或近平滑念珠菌感染后, 氟康唑、伏立康唑目前仍为首选唑类抗菌药物, 热带念珠菌, 光滑念珠菌对氟康唑耐药率均大于 20%, 对于耐药菌株可采用两性霉素 B 与 5-氟胞嘧啶联合用药。在使用抗菌药物过程中, 必须合理控制其用量, 防止耐药率的上升。

## PU-5621

### The clinical significance of pretreatment serum CEA levels in predicting the prognosis of non-metastatic colorectal cancer

Jing Jia, Jun Xiao, Wenhao Teng, Lin Wang, Lu Lin, Sheng Liu, Xingmin Ye, Weidong Zang, Ying Chen  
Fujian Cancer Hospital & Fujian Medical University Cancer Hospital

**Objective** Colorectal cancer (CRC) is the third most common cancer in men and the second in women worldwide. Over the past decades, carcinoembryonic antigen (CEA), known as an intracellular adhesion molecule, has been widely used for the clinical surveillance of CRC. In addition, several studies had suggested that preoperative CEA could serve as a promising biomarker for predicting the survival of CRC patients. However the prognostic role of serum level of CEA in CRC patients still remains inconclusive. This study aimed to investigate the clinical



significance of pretreatment serum levels of CEA in a selective patient group who had non-metastatic (pT<sub>x</sub>N<sub>x</sub>M<sub>0</sub>) CRC underwent surgery therapy.

**Methods** A retrospective study was performed in 615 patients, who were diagnosed with non-metastatic CRC at stage pT<sub>x</sub>N<sub>x</sub>M<sub>0</sub> according to American Joint Committee on Cancer (AJCC) 8th edition staging system. The local ethic committee approved the study. All patients underwent surgical operation during the period of January 2007 to December 2012. The follow up information were obtained by letters or telephone interviews. The last follow-up was conducted at January 1, 2019. Data about the patient's characteristics, clinicopathological features including location, depth of tumor infiltration and lymph node metastases were retrieved from the hospital database. The pretreatment serum level of CEA was defined as the first measurement when a patient admits to the hospital. Statistical analyses were conducted using SPSS software version 19.0 (SPSS Inc., Chicago, IL, USA) and the X-tile program. The Fisher's exact test or Chi-square test was used for the comparison of baseline characteristics. The Cox regression model and the Kaplan-Meier method were applied for the multivariate and the overall cumulative probability of survival analysis. The values of  $P < 0.05$  were considered statistically significant.

**Results** The study group consist of 87 patients in stage I, 237 patients in stage II and 291 patients in stage III. There are 386 males and 229 females, with mean age of  $57.14 \pm 12.85$  yrs. The median follow up duration is 116 months (range from 84 to 144). At cut-off value of 4.9 ng/mL serum CEA level (created by X-tile program), significant difference of the 5-year overall cumulative probability of survival was observed ( $P < 0.0001$ ). There are 82.61% in CEA-low group ( $< 4.9$  ng/mL) ( $n = 257$ ) compared to 65.52% in CEA-high group ( $\geq 4.9$  ng/mL) ( $n = 358$ ). Both groups share similar basic characteristics, including gender, age, and tumor location ( $P > 0.05$ ), but differs in TNM stages, T categories, and N categories. The proportion of IIIB-C, T3-4b, and N-positive were significantly higher in CEA-high group than those in CEA-low group ( $P < 0.05$ ). Further multivariate analyses demonstrated that tumor stage of IIIB, IIIC, T4a, T4b, N2a s, N2b, and serum CEA levels were the independent factors associated with 5-year survival rate in CRC, with the odd ratios (OR) of 2.426, 3.902, 2.426, 3.902, 2.533, 3.056, and 2.231, respectively.

**Conclusions** In conclusion, this work demonstrated that pretreatment serum CEA level is an independent prognosis factor for non-metastatic CRC patients. CEA level higher than 4.9 ng/mL indicated a worse and unfavorable outcome, with a 2.231-time risk of mortality within 5 years in those patients.

## PU-5622

### 甘肃省 4 个不同民族丙型肝炎病毒 (HCV) 感染的基因型特征研究

杨伟国,张兴旺,居军,魏莲花  
甘肃省临床检验中心

**目的** 因丙型肝炎病毒的不同基因型和病情的严重程度有关,在治疗上用药的时间长短有很大的区别。在我国不同地区 HCV 的基因型也存在很大差异;甘肃属多民族集居区, HCV 感染者的基因型及各民族之间的基因型是否有差异未有人调查研究。

**方法** 本研究拟对甘肃省不同民族的丙型肝炎病毒感染者的血清进行荧光定量 PCR, 然后, 采用 DA8000 对其产物进行杂交基因分型, 来确定我省丙型肝炎病毒感染的主要基因型, 以及了解各民族之间 HCV 感染的基因型是否有差别。

**结果** 通过对甘肃省四个不同民族丙型肝炎感染者的样本利用多重 PCR 进行分型;发现丙型肝炎病毒感染以 1b 型为主, 其次是 2a 型, 还有 3a 型、1c 型、2c 型。四个不同民族丙型肝炎病毒感染主要为 1b 型, 其次是 2a 型, 还有 3a 型。无显著性差异。另外甘肃省发现在中国其它地区没有发现的 1c 型、2c 型的感染;这两个型不同民族有显著性差异, 汉族、回族、藏族以 2c 型为主, 东乡族以 1c 型为主。

**结论** 丙型肝炎病毒 HCV 不同基因型的感染者的临床表现各不相同, 肝病的严重程度也有差异。不同的基因型对抗病毒药物的敏感性存在差异。因此, 此研究: 1、初步确定我省丙型肝炎病毒感染的主要基因型; 2、了解丙型肝炎病毒感染的分布特征 3、初步确定我省不同民族人群丙型肝炎病毒感染的基因型是否存在差异。4、对丙型肝炎病毒感染者的临床表现、肝病严重程度的判断更具依据。5、对不同基因型的感染者的治疗更具针对性。

PU-5623

## 基于荧光 PCR 熔解曲线技术对鲁西南地区不同种族人群哮喘易感基因 SNP 位点检测

陈明凯

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 应用 qPCR 结合熔解曲线技术对鲁西南地区不同种族人群哮喘易感基因 IL13、IL33 及 GSDMA 的 SNP 位点检测。

**方法** 分类收集 478 例(汉族 302 例, 回族 176 例)健康体检者外周血, 运用荧光 PCR 熔解曲线方法分别对 3 个 SNP 位点进行基因型检测, 并与 1000Genomes 网站公布的其他群体(HapMap-CEU、HapMap-YRI、HapMap-JPT、HapMap-MXL 及 HapMap-HCB) SNPs 数据库进行比较; 此外, 通过 Haploview 连锁不平衡分析, 得出 IL13、IL33 及 GSDMA(rs1295686、rs1330383 及 rs3894194) 三种 SNPs 之间共同导致哮喘存在的内在联系。

**结果** 鲁西南地区 3 个 SNP 位点的基因型及等位基因分布频率在男、女性别间差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。回族与汉族人群 rs1295686 和 rs1330383 两个位点基因型及等位基因频率分布差异无统计学意义( $P > 0.05$ ); rs3894194 位点基因型及等位基因频率在鲁西南地区回族与汉族人群的分布差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。鲁西南地区 rs1330383 与 CEU 地区、YRI 地区及 MXL 地区人群基因型频率差异显著, 有统计学意义( $P < 0.05$ ); rs1295686 与 YRI 地区人群基因型频率差异显著, 有统计学意义( $P < 0.05$ ); rs3894194 与 MXL 地区人群基因型频率有差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。Haploview 分析得出 rs1295686、rs1330383 与 rs3894194 三个位点存在连锁不平衡。

**结论** qPCR 结合熔解曲线技术可以快速、简便、准确的筛查哮喘易感基因 SNPs 的基因型频率与等位基因频率; 各地区人群之间哮喘易感基因 SNPs 的基因型频率与等位基因频率存在地域差异性; rs1295686、rs1330383 与 rs3894194 三个位点连锁不平衡。

PU-5624

## 关于食品中副溶血性弧菌检测的调查报告

李永辉

山东省千佛山医院,250000

**目的** 微生物与食品的关系密切相关。一方面, 人们利用微生物直接使用和生产加工食品; 另一方面, 微生物又可引起食品腐败变质及因微生物污染食品后在食品中生长繁殖或产生毒素而引起人与动物感染和中毒性疾病。根据世界卫生组织的估计, 全球每年发生食源性疾病十亿人。根据我国近两年食源性疾病监测网的资料显示, 我国沿海地区和部分内地省份, 副溶血性弧菌中毒已跃居首位。因此, 通过调查副溶血性弧菌的发生状况探讨引起副溶血性弧菌食物中毒的因素并制定出相应的应对措施有助于控制副溶血性弧菌的发生减少。

**方法** 本实验根据国标 GB4789.7—2013 进行样品制备, 增菌, 分离, 鉴定, 对样品中是否含有副溶血性弧菌进行检测。

**结果** 本实验分别记录了淡水鱼 188 份样品, 4 份样品检出副溶血性弧菌, 阳性率为 2.13%, 海水鱼 381 份样品, 73 份样品检出副溶血性弧菌, 阳性率为 19.16%以及不同年份中在不同月份副溶血性弧菌的检出量。

**结论** 从统计数据可以看出淡水鱼的检出率明显低于海水鱼的检出率说明吃海水鱼更容易副溶血性弧菌引起的食物中毒并且副溶血性弧菌的发生率具有明显的季节差异。所以要对副溶血性弧菌带菌率较高的海产品从采购、储存、加工、烹饪等各个环节加强监管, 减低副溶血性弧菌食物中毒的发生率。

## PU-5625

### 2018 年四川省人民医院细菌耐药监测报告

黄湘宁

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 了解四川省人民医院临床分离菌对临床常用抗菌药的敏感性和耐药性。

**方法** 采用纸片扩散法或自动化仪器法进行抗菌药物敏感性试验。按 CLSI M100-28th 版判断结果。

**结果** 收集 2018 年 1 月-12 月该院临床分离菌共 6471 株 (去除重复株), 其中革兰阳性菌 2183 株, 占 33.7%, 革兰阴性菌 4288 株, 占 66.3%。金黄色葡萄球菌(SAU)和凝固酶阴性葡萄球菌(CNS)中甲氧西林耐药株的平均检出率分别为 29.8%和 78.7%。甲氧西林耐药株 (MRSA 和 MRCNS) 对绝大多数测试药的耐药率均显著高于甲氧西林敏感株 (MSSA 和 MSCNS), 未发现万古霉素耐药株。肠球菌属中粪肠球菌对多数测试抗菌药的耐药率均显著低于屎肠球菌, 屎肠球菌有少数万古霉素耐药株。肺炎链球菌非脑膜炎株儿童株对青霉素的耐药率为 0.8%。肠杆菌科细菌尤其是肺炎克雷伯菌对碳青霉烯类抗生素耐药率较往年有降低, 为 18.0%。鲍曼不动杆菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 72.2%和 72.1%。铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 26.1%和 21.9%。

**结论** 临床分离菌对常见抗菌药物的耐药性仍较高, 尤其是肠杆菌科细菌各菌属均出现碳青霉烯类耐药菌株, 临床应加强细菌耐药监测, 遏制耐药细菌的进一步流行播散。

## PU-5626

### 凝血-纤溶系统标志物与肺癌临床分期 及中医证型相关性研究

陈文欣,薛赢俊,李贞,胡晓波

上海中医药大学附属龙华医院,200000

**目的** 探讨肺癌患者血浆血栓调节蛋白 (Thrombomodulin, TM)、凝血酶-抗凝血酶复合物 (thrombin-antithrombin complex, TAT)、纤溶酶- $\alpha_2$ -抗纤溶酶复合物 (Plasmin- $\alpha_2$  plasmin inhibitor complex, PIC)、组织型纤溶酶原激活剂-纤溶酶原激活物抑制剂-1 复合物 (Tissue plasminogen activator - plasminogen activator inhibitor - 1 complex, t-PAI-C) 4 项标志物与临床分期, 中医辨证分型的关系。

**方法** 选取 2016 年 11 月~2018 年 4 月上海中医药大学附属龙华医院肺癌患者 310 例, 其中男 131 例、女 179 例, 年龄 26~85 岁, 平均年龄 60 岁。选取同期上海中医药大学附属龙华医院体检健康者 52 名作为正常对照组, 其中男 29 名、女 23 名, 年龄 34~86 岁, 平均年龄 54 岁, 按 TNM 分期标准为 I、II、III、IV 期; 按中医辨证分型分为气阴两虚证、肺脾气虚证、津气亏虚证三种证型, 采用 SYSMEX 公司 HISCL-800 自动化学发光免疫分析仪 (化学发光酶免疫法) 分别检测

各组血浆 TM、TAT、PIC、t-PAI-C 水平,应用 SPSS 19.0 软件进行统计分析。采用(均数 $\pm$ 标准差)表示,组间比较采用单因素方差分析。以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** I 期肺癌组各证型间均无统计学差异,II 期肺癌组因例数太少此次研究不做比较。III, IV 期肺癌患者 TAT、PIC 与健康对照组及 I 期肺癌患者均有显著差异,IV 期肺癌患者 TM 显著高于健康对照组及 I 期患者。肺癌 III 期、IV 期组各中医证型中四项血栓分子标志物也存在一定程度差异。其中,气阴两虚证 TAT、PIC、t-PAIC 高于健康对照组,肺脾气虚证 TM、TAT、PIC 高于对照组;精气亏虚证 TAT 高于健康对照组。

**结论** TM、TAT、PIC、t-PAI-C 水平与肺癌临床分期密切相关,随疾病进展逐渐升高,有助于肺癌 TNM 分期判断。同时,四项分子标志物在肺癌中医证型中也有所不同,精气亏虚证 $<$ 气阴两虚证 $<$ 肺脾气虚证,可为肺癌中医辨证分型提供一定基础,从而指导临床用药,改善肿瘤患者预后。

## PU-5627

### 四项血清肿瘤标志物联合检测在肺癌诊断中的临床价值

詹静慧

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探讨单项与多项血清肿瘤标志物联合检测对肺癌诊断的临床价值。

**方法** 应用电化学发光免疫分析的方法测定该医院 220 例肺癌患者、与 96 例健康人血清中的与肺癌密切有关的四个肿瘤标志物:神经元特异性烯醇化酶(NSE)、癌胚抗原(CEA)、细胞角蛋白片段 21-1(CYFRA21-1)、胃泌素释放肽前体(Pro-GRP)的水平,比较单项与多项联合检测对肺癌诊断中的效能差异。

**结果** 检测结果如下,肺癌组患者血清中 NSE、CEA、CYFRA211 及 ProGRP 的水平高于健康对照组,差异均具有统计学意义( $P<0.05$ )。血清肿瘤标志物联合检测时敏感度均高于单项检测,其中 NSE+CEA+CYFRA211+ProGRP 具有较高的特异度和准确度。

**结论** 单项肿瘤标志物检测对于肺癌的诊断仍存在着一定的限制性,但是,联合多项肿瘤标志物检测对于肺癌诊断可以弥补单项检测的局限性,可以有效地提升对于肺癌检出的敏感性。

## PU-5628

### 血清胱抑素 c 联合 $\beta$ 2 微球蛋白检测在多发性骨髓瘤早期肾损伤中的诊断价值

孙磊,张松涛,张守永

六安市人民医院,237000

**目的** 探讨血清胱抑素 C(Cys-C)联合  $\beta$ 2-微球蛋白检测在多发性骨髓瘤(MM)早期肾损伤中的诊断价值。

**方法** 选取 2013 年至 2017 年在六安市人民医院初诊为 MM 的 70 例患者,按血清肌酐(Cr)值( $176.8\mu\text{mol/L}$ )分为肾功能正常组 43 例和肾功能异常组 27 例,另选取 57 例正常人为健康对照组,分别测定其血清 Cys-c、血清  $\beta$ 2-微球蛋白( $\beta$ 2-MG)、血清尿素(BUN)、血清肌酐(Cr)、血清尿酸(UA)以及血清白蛋白(Alb)值,比较各组之间的差异;根据国际分期标准(ISS)将 MM 患者分为 I 期 5 例、II 期 15 例和 III 期 50 例,分析各指标与分期的关系;利用 pearson 相关分析研究 Cys-C 与  $\beta$ 2-MG、BUN、Cr、UA 和 Alb 的相关性;比较血清 Cys-C、 $\beta$ 2-MG 以及二者联合检测在 MM 患者中的阳性率。

**结果** 肾功能正常组血清 Cys-C、 $\beta$ 2-MG、BUN、Cr、UA 明显高于健康对照组 ( $P<0.05$ )，血清 Alb 明显低于健康对照组 ( $P<0.05$ )；肾功能异常组血清 Cys-C、 $\beta$ 2-MG、BUN、Cr、UA 明显高于健康对照组 ( $P<0.05$ )，血清 Alb 明显低于健康对照组 ( $P<0.05$ )；肾功能异常组血清 Cys-C、 $\beta$ 2-MG、BUN、Cr、UA 明显高于肾功能正常组 ( $P<0.05$ )；III 期 MM 患者血清 Cys-C、 $\beta$ 2-MG、BUN、Cr、UA 明显高于 I 期+II 期 MM 患者 ( $P<0.05$ )；pearson 相关分析显示，血清 Cys-C 与  $\beta$ 2-MG、BUN、Cr、UA 呈正相关，与血清 Alb 呈负相关；在 MM 肾功能正常组血清  $\beta$ 2-MG 的阳性率为 90.7%，血清 Cys-C 阳性率为 65.1%，两项联合阳性率提高到 93.0%。

**结论** 血清 Cys-C 和血清  $\beta$ 2-MG 在 MM 早期肾损伤中的有重要诊断价值，二者联合检测可以提高 MM 早期肾损伤的检出率。

#### PU-5629

### Association between the BANK1 rs3733197 polymorphism and polymyositis/dermatomyositis in a Chinese Han population.

Si Chen

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** The aim of our study was to investigate the association between single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the BANK1 gene and polymyositis/dermatomyositis (PM/DM) in a Chinese Han population.

**Methods** In total, 363 PM patients, 654 DM patients, and 1280 healthy controls were recruited and genotyped using the Sequenom MassArray system.

**Results** A significant allele association was observed in rs3733197 among the PM/DM patients (OR 0.81, 95%CI 0.70-0.94,  $P_c = 1.83 \times 10^{-2}$ ). Notably, rs3733197 was associated with DM and PM/DM patients with ILD involvement ( $P_c = 0.026$ ;  $P_c = 6.0 \times 10^{-3}$ , respectively). However, no statistically significant difference was observed in the allele or genotype frequencies of three SNPs (rs4522865, rs17266594, and rs10516487) among the DM, PM, and PM/DM patients and healthy controls (all  $P_c > 0.05$ ).

**Conclusions** This study was the first to demonstrate that a BANK1 gene SNP (rs3733197) could confer genetic predisposition in PM/DM patients and PM/DM patients with ILD in a Chinese Han population.

#### PU-5630

### Comparison and Agreement Analysis of ARCHITECT i2000SR and i-CHROMATM reader for Detecting Human Chorionic Gonadotropin Beta Subunit in the Plasma

Mei Ma, Bimin Zhuo, Xiuqing Wang, Zhihui Wu, Liangpu Xu\*

Fujian Provincial Maternity and Children's Hospital affiliated hospital of Fujian Medical University

**Objective** When a new measurement method is introduced into a clinical laboratory, a comparison study is often needed to ensure that the measurement by the existing method is reproducible by the new method with clinical acceptability. The comparison study of ARCHITECT i2000SR analyzer and i-CHROMA<sup>TM</sup> reader analyzer in measuring plasma human chorionic gonadotropin beta subunit ( $\beta$ -HCG) have not been reported.

**Methods** Blood samples for  $\beta$ -HCG were collected from pregnancy women seen at the outpatient clinic, and they were divided into two groups, those below 20 mg/mL or above, due to its wide

concentration range in pregnancy woman. Comparison study was performed according to the EP09-A3 guidelines of the National Clinical and Laboratory Standards Institute (NCCLS).  $\beta$ -HCG's levels measured from the comparison analyzers were inspected on Bland-Altman plot and outliers were identified by Extreme Studentized Deviate (ESD). Correlation analysis was performed using Passing-Bablok model.

**Results** Passing-Bablok regression analysis showed that Slope B 95% Cis (confidence intervals) of the two groups contain 1, indicating there was a proportional difference between the two methods. Both groups had a ratio of less than 95% percent of the values in the  $\pm 1.96$  RSD (residual standard deviation) interval, indicating that there might be inconsistencies between the two methods with respect to random differences. According to Bland-Altman analysis, 95% Limit of Agreement (LOA) between the two methods exceeded the clinically acceptable limits. The deviation between these two detecting platforms was beyond clinically acceptable ranges when samples fell within the concentrations of 15000-30000 and 1.2-20 mU/mL

**Conclusions** Measurements of  $\beta$ -HCG by ARCHITECT i2000SR and i-CHROMA™ Reader are consistent and reproducible only at a certain concentration range. Further research is needed to reduce the biases between these two analyzers.

## PU-5631

### C 反应蛋白在临床小儿感染性发热的诊断价值及方法学评价

吴舒

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 针对参加急诊的 FUO 婴儿, 验证 POCT CRP 试验测定值, 并将所得测定值与标准实验室 CRP 试验结果进行比较, 同时评估最佳 CRP 截止值。

**方法** 采取回顾性分析方法, 选取 81 名不明原因发热患儿, 并根据出院时的诊断结果将其分为 2 组: (1) 细菌感染组 (n=51); (2) 非细菌感染组 (n=51)。通过 Kolmogorov-Smirnov 试验、组内相关系数、直线回归方程验证三种方法测定 CRP 结果的一致性, 再经由独立样本 t 检验、ROC 曲线分析得出非细菌感染组和细菌感染组的最佳截断值

**结果** 免疫比浊法、干化学法、POCT 检测三者之间在 Kolmogorov-Smirnov 试验中, slope = 1, P 值均小于 0.05, 回归分析 r 值均大于 0.9, 存在良好的正相关关系。POCT ROC 曲线面积为 0.72 (95%CI:0.60-0.82), 最佳 CRP 截断值 $\geq 13.36$ mg/L (敏感性: 90.2%, 特异性 46.7%, 阳性预测值: 74.2%, 阴性预测值: 73.7%)。

**结论** 三种方法检测 CRP 的结果具有可比性, POCT 检测方法结果准确可靠, 可预测细菌感染患者。

## PU-5632

### CK-MB 异常增高与肿瘤进展的相关性研究

周欢<sup>1</sup>, 黎贵娣<sup>2</sup>

1.福建省立医院,350000

2.福建医科大学,350000

**目的** 探讨 CK-MB 与恶性肿瘤位置、病理分型、分化程度、转移等肿瘤特征的相关性, 研究 CK-MB 与 D-D、癌胚抗原等临床指标的相关性。

**方法** 收集福建省立医院 2018 年 1 月到 5 月 CK-MB 异常增高患者的临床数据资料, 根据纳入标准和排除标准剔除部分数据后, 剩余数据作为研究数据和对照组。此外, 收集了 CK 正常, CK-MB>31(IU/L)的未明确肿瘤及非肿瘤患者作为实验组进行肿瘤标志物的检测, 比较实验组和对照组的阳性率。本研究收集了肿瘤位置、病理组织分型、分化程度、转移情况、相应的肿瘤标志物以及 DD 检测值等临床资料。

**结果** 在 CK 正常, CK-MB>31(IU/L)这种情况下, 最常见的恶性肿瘤为肝癌 (n=88, 28.66%), 其次是胃癌(n=62, 20.20%)、结直肠癌 (n=51, 16.61%)。腺癌的 CK-MB 活性显著高于鳞癌 ( $P<0.05$ )。中分化癌、中-低分化癌、低分化癌 CK-MB/CK 值之间存在显著性差异 ( $P<0.01$ )。转移癌的 CK-MB( $P<0.05$ )活性和 CK-MB/CK ( $p<0.001$ ) 值显著高于未转移癌的活性。此外, 转移待除肿瘤的 CK-MB( $p<0.01$ )活性也显著高于未转移癌的活性。对照组的肿瘤阳性率为 61.69%, 实验组的肿瘤阳性率为 65.00%, 实验组与对照组之间的肿瘤阳性率不存在显著的统计学差异 ( $p>0.05$ )。CK-MB 与 CA153、CK、CK-MB/CK、CA199、DD 均成正相关, 相关系数最高的肿瘤标志物是 CA153 ( $r=0.505$ )。

**结论** CK-MB 可能作为临床诊断癌症的一个筛查指标, 其筛查率大约为 65%, 结合 CK-MB/CK 和肿瘤标志物有助于提高肿瘤的筛查率, 此外, CK-MB 活性的升高与某些恶性肿瘤相关, 如: 肝癌、胃癌、结直肠癌、乳腺癌、肺癌等, 并与恶性肿瘤病理组织学类型、分化程度、转移等肿瘤相关状态因素相关

## PU-5633

### Mutation of carO participates in drug resistance in imipenem resistant *Acinetobacter Baumannii*

Yan Pan, Pan-Fei Hou  
Lianshui County People's Hospital

**Objective** To assess the antimicrobial resistance profile and explore the role of membrane porin in imipenem resistance of *Acinetobacter Baumannii*.

**Methods** Sixty-three isolates of imipenem resistant *Acinetobacter Baumannii*(IRAB) and 21 of imipenem sensitive *Acinetobacter Baumannii*(ISAB) were collected. Susceptibility testing to 16 kinds of antimicrobial agents was conducted by K-B method. PCR technique was used to detect carO and oprD genes and sequencing was performed to compare carO and oprD sequences between IRAB and ISAB. Three-dimensional structure model of CarO protein was established.

**Results** While ISAB isolates presented sensitive to most classes of antibiotics, isolates of IRAB displayed much higher resistance rate except tetracycline (3.2%), cefoperazone/sulbactam (28.6%) and minocycline (30.2%). All 84 isolates were observed carrying both carO and oprD genes. Further sequencing revealed important mutations of carO gene existed in IRAB in comparison with ISAB. Meanwhile, significant differences of three-dimensional structure of carO protein molecule were also found between IRAB and ISAB.

**Conclusions** The multi-drug resistance profile of IRAB is increasingly severe in clinical settings. Gene mutation of carO was identified one of the molecular mechanisms involved in drug resistance in IRAB.

## PU-5634

## 回顾性分析 CHIF-NET (2010-2014) ICU 侵袭性酵母菌感染的分布特征和唑类药物敏感性变化趋势

井然

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 现如今,侵袭性真菌感染对住院病人造成了极大的恐吓,尤其对免疫功能低下的病人影响最大,导致死亡率与治病率明显升高。在中国,对于造成侵袭性感染的真菌的流行病学特征和耐药研究数据尚且欠缺。为了弥补缺陷,辅助临床用药治疗,中国侵袭性真菌耐药监测网(CHIF-NET)于2009年建立,其中主要研究侵袭性念珠菌属和非念珠菌属的感染。

**方法** CHIF-NET是一个具有前瞻性,以实验为基础的侵袭性真菌感染的多中心研究。每年都会收集被侵袭性真菌感染的病人的标本,并送至北京协和医院检验科做菌种鉴定及真菌药敏试验。其中,对真菌的种属鉴定采用ITS区域的rDNA测序方法,或用MALDI-TOF MS, Vitek MS系统进行鉴定;采用CLSI M44-S3纸片扩散法对两种唑类药物(氟康唑和伏立康唑)的药敏结果进行判断。结果用SPSS Version 12.0软件系统进行分析。

**结果** 在5年间(2010年-2014年),共收集来自中国21家医院总计9673株酵母菌,其中从ICU病人标本中分离得到的菌株总计2863株(30%),且菌株的收集数量逐年递增。其中,念珠菌属数量最多(96.8%),其次是隐球菌属(1.4%),占比最少的是毛孢子菌属(0.6%)。ICU病人标本收集的类型总共有13种(血液,其他体液,组织和静脉导管等),其中,所有的标本均能分离出念珠菌属,且约50%念珠菌属分离于血液标本;然而隐球菌属、毛孢子菌属和其他菌属仅能从血液、腹水和静脉导管标本中分离得到。总体观察5年间念珠菌属对两种唑类药物的耐药率是明显下降的。相比下,在2011年,分离的念珠菌属对氟康唑和伏立康唑的耐药率是最低的(各占7.8%,2.8%);从2013年到2014年,开始出现了氟康唑耐药的隐球菌属和毛孢子菌属,且在2014年分离出对伏立康唑耐药的毛孢子菌属,且敏感性下降;相反,5年内,没有出现对伏立康唑耐药的隐球菌属,均为敏感型。

**结论** 念珠菌属是侵袭性真菌感染的主要酵母菌属,能够侵袭感染人体各个部位,以血流感染为主;血液、腹水和静脉导管也是其他非念珠菌属广泛侵袭感染的场所。5年内,念珠菌属对唑类药物的耐药率明显下降,敏感性增高,但同时也逐渐出现对唑类药物耐药的念珠菌属。

## PU-5635

## SysmexXN1000 血细胞分析仪白细胞通道在辅助诊断白血病的价值研究

曲磊

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探究 SysmexXN1000 血细胞分析仪的白细胞通道对白血病的诊断有一定的价值。

**方法** SysmexXN1000 使用半导体激光的流式细胞术检测对白细胞进行分类和计数,手工推片以及瑞氏-吉姆萨染色法检测原始细胞、幼稚细胞及正常细胞,比较两项测定的实验数据得出结论。

**结果** 检测结果如下,SysmexXN1000 血细胞分析仪辅助诊断白血病敏感性:73.68%,特异性:91.67%,阴性预测值:52.38%,阳性预测值:96.55%。经过卡方检验得出  $P>0.05$ ,差别无统计学意义,即 SysmexXN1000 血细胞分析仪在白血病诊断中与手工涂片方法无差异,具备高度可靠性。

**结论** SysmexXN1000 血细胞分析仪的白细胞通道在对白血病的辅助诊断中具有重要价值。



## PU-5636

## 吉米沙星等氟喹诺酮类药物对临床分离菌株敏感性研究

黄湘宁

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 研究吉米沙星、左氧氟沙星和莫西沙星对临床分离菌株的药物敏感性,为临床合理使用氟喹诺酮类药物提供参考依据。

**方法** 参照 2016 年 CLSI 文件要求,采用 E 试验测定细菌对抗菌药物的敏感性。采用 CLSI 推荐的纸片法筛选和酶抑制剂增强确证试验检测大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、产酸克雷伯菌和奇异变形杆菌中产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶菌株。

**结果** 大肠埃希菌对吉米沙星和左氧氟沙星耐药率分别为 56.7%、48.3%,产 ESBL 株对吉米沙星和左氧氟沙星的耐药率分别为 66.7%、62.2%,非产 ESBL 株对吉米沙星和左氧氟沙星的耐药率分别为 41.5%、34.0%。肺炎克雷伯对吉米沙星和左氧氟沙星的耐药率分别为 36.8%、19.7%,产 ESBL 株对吉米沙星和左氧氟沙星的耐药率分别为 81.6%、39.5%,非产 ESBL 菌株对吉米沙星和左氧氟沙星的耐药率分别为 14.7%、12.1%。肺炎链球菌对吉米沙星、左氧氟沙星、莫西沙星耐药率分别为 2.8%、4.6%和 2.8%;吉米沙星、左氧氟沙星、莫西沙星对流感嗜血杆菌的 MIC<sub>90</sub> 范围为 0.5mg/mL-0.75 mg/mL,左氧氟沙星和莫西沙星对流感嗜血杆菌的敏感率分别为 100%、93.7%。吉米沙星对卡他莫拉菌的 MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 分别为 0.016mg/mL 和 0.125mg/mL。

**结论** 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对氟喹诺酮类的耐药率较高,但肺炎链球菌、流感嗜血杆菌和卡他莫拉菌对三种氟喹诺酮类药物高度敏感。

## PU-5637

## LINC00978 在结直肠癌中的作用和临床价值研究

仓明明<sup>1,2</sup>,张佳音<sup>1</sup>,张徐<sup>1</sup>

1.江苏大学医学院,江苏省检验医学重点实验室

2.江苏大学附属人民医院

**目的** 检测 LINC00978 在结直肠癌患者组织、血清中的表达水平,研究 LINC00978 在结直肠癌中的生物学作用和分子机制,为结直肠癌的早期诊断与精准治疗提供新的思路。

**方法** 收集结直肠癌患者肿瘤与正常组织、结直肠癌患者及健康体检者血清,提取总 RNA,采用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测 LINC00978 的表达水平,分析其与临床病理资料的相关性。采用 LINC00978 敲减和过表达质粒转染结直肠癌细胞,采用生长曲线、平板克隆实验和 transwell 细胞迁移和侵袭实验评价细胞增殖、迁移和侵袭能力,流式细胞技术分析细胞周期及凋亡变化。采用 qRT-PCR 和 Western blot 检测 LINC00978 敲减和过表达后 EMT 相关基因和蛋白的表达水平,分析转移相关信号通路的变化情况。

**结果** LINC00978 在结直肠癌患者的血清和肿瘤组织中表达水平明显提高,与肿瘤大小 ( $P = 0.020$ )、分化程度 ( $P = 0.045$ ) 以及淋巴结转移 ( $P = 0.031$ ) 显著相关。体外实验发现, LINC00978 能加速细胞周期进程、抑制细胞凋亡,促进结直肠癌细胞增殖、迁移和侵袭能力。LINC00978 可通过激活 TGF- $\beta$ /SMAD 信号通路,诱导结直肠癌细胞上皮-间质转化,发挥促癌作用。

**结论** LINC00978 在结直肠癌组织和血清中表达上调,在结直肠癌的生长及转移过程中发挥着促进作用,血清 LINC00978 可作为结直肠癌诊断的潜在指标。

## PU-5638

**INTS10 基因对 HBV 感染慢性化机制的初步研究**

吴文楠

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** HBV 感染是全球主要的健康问题之一。HBV 感染慢性化和病毒复制有关系,本次试验主要探讨新发现的抑制 HBV 复制的 INTS10 基因表达与 HBV 感染转归之间的关联。

**方法** 我们通过实时荧光定量 PCR 检测中国福建人群的 61 例 CHB 和 33 例 HBV 携带者的 INTS10 表达,下一步我们检测 INTS10 下游 RIG-I 通路中关键分子 IRF3 的表达,结合样本的一般临床资料,在临床标本上探讨 INTS10 是否为真正抗病毒基因及其对 HBV 感染慢性化的可能作用机制。

**结果** 研究结果显示 INTS10 和 IRF3 的表达在两组均有差异性 (INTS10: CHB 组  $57.79 \pm 11.18$ , 携带组  $191.70 \pm 50.79$ ; IRF3: CHB 组  $41.74 \pm 11.46$ , 携带组  $86.58 \pm 17.41$ , 均  $P < 0.05$ )。

**结论** INTS10 可能是通过激活 RIG-I 通路中的关键分子 IRF3,促进 III 型干扰素表达,抑制病毒复制,最终延缓 HBV 慢性化。

## PU-5639

**老年人梅毒假阳性影响因素分析**

杨伟国,张晓梅,叶华,王平

甘肃省临床检验中心

**目的** 探讨老年人梅毒特异性抗体容易产生假阳性结果的原因。

**方法** 采用 TP-ELISA 分别检测 500 例老年患者及 1000 例中青年患者血清中梅毒特异性抗体,阳性者再用梅毒螺旋体诊断试剂 TPPA 进行确诊。

**结果** TP-ELISA 法检测老年组梅毒抗体假阳性率明显高于中青年组,二组间有显著性差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 已知可造成 TPHA 阳性的疾病有:类风湿性关节炎、红斑狼疮、糖尿病、结肠癌、淋巴肉瘤、丙型肝炎、肝硬化、AIDS、麻风、生殖器疱疹、海洛因成瘾等。除疾病外,某些生理状况的改变,如妊娠,也可导致 RPR 及 TPHA 阳性。特别值得一提的是,老年人梅毒血清学检查,假阳性率较一般人高,有报道可达 2%。许多老年人患常见的内科疾病,也可导致梅毒化验阳性。因此年龄、疾病及检测方法是造成老年人梅毒抗体易产生假阳性的重要原因。

## PU-5640

**Effect of Group B Streptococcus screening on pregnancy outcome and neonatal**

Lijing Zhu,Xiang Hua

Lianshui County People's Hospital

**Objective** To study the effect of Group B Streptococcus (GBS) infection during pregnancy on pregnancy outcome and neonatal, and explore the clinical significance of GBS screening.

**Methods** 800 pregnant women accepting GBS screening in our hospital from January 2016 to June 2017 were selected as the subjects. PCR technique was used to detect the GBS. According to the results of GBS screening and whether willing to receive intervention treatment, the women were divided into three groups: treatment group, non-treatment group and GBS negative group. The pregnancy outcomes and conditions of neonates were compared among the three groups.

**Results** 136 cases (17%) were positive for GBS. The rates of premature rupture of membranes, premature delivery, intrauterine infection, fetal distress & neonatal pneumonia, asphyxia, septicemia and pathological jaundice in the treatment group were not statistically different from those in GBS negative group ( $P>0.05$ ). However, there were significant differences between treatment group and non-treatment group in all the indexes except neonatal meningitis.

**Conclusions** It is of great significance to conduct screening of GBS during pregnancy. Timely intervention can effectively reduce the incidence rates of bad pregnancy outcome and neonatal infection.

## PU-5641

### Sysmex XN-20 全自动血细胞分析仪性能验证

龙炫辉

广东省中医院珠海医院,519000

**目的** 评价 Sysmex XN-20 全自动血液分析仪的分析性能。

**方法** 随机选择符合要求的本院新鲜血常规检测标本, 参照卫生部 WS/T 406-2012《临床血液学检验常规项目分析质量要求》的验证方案, 分析 Sysmex XN-20 血液分析仪测定血细胞的正确度、本底计数、携带污染率(CR)、精密度(CV)、线性范围、可比性等主要性能。

**结果** Sysmex XN-20 血液分析仪的正确度验证, 白细胞计数(WBC)、红细胞计数(RBC)、血红蛋白(HGB)、血细胞比容(HCT)、血小板计数(PLT)、平均红细胞体积(MCV)、平均红细胞血红蛋白含量(MCH)、平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC) 偏倚都低于允许偏差。检测 WBC、RBC、HGB 及 PLT 的 CR 分别为 0.00%、0.00%、0.00%、0.00%。正常浓度水平的临床样本 WBC、RBC、HGB、HCT、PLT、MCV、MCH、MCHC 批内精密度 CV 值都达到厂家说明书的要求。低、中、高三个浓度质控品 WBC、RBC、HGB、HCT、PLT、MCV、MCH、MCHC 批间精密度 CV 值均低于允许最高限。在临床样本覆盖浓度范围内, WBC、RBC、HGB、HCT 及 PLT 理论值与测定值呈线性相关(斜率  $a \leq 1 \pm 0.05$ , 相关系数  $r \geq 0.975$ )。Sysmex XN-20 与 XE-2100 血液分析仪的可比性验证, WBC、RBC、HGB、PLT、HCT、MCV、MCH、MCHC 结果偏倚符合率都  $\geq 80\%$ 。

**结论** Sysmex XN-20 全自动血液分析仪在正确度、精密度、本底计数、携带污染率、线性范围、可比性等方面均达到了相关标准的要求, 可用于临床血液标本检测。

## PU-5642

### 白介素 6 和皮质醇在盆腔肿物鉴别中的作用

林有东, 黄诗榕

福建医科大学省立临床医学院, 350000

**目的** 探讨皮质醇在卵巢良性肿瘤和卵巢癌患者血清中的表达情况及其与卵巢癌病理参数之间的关系; 分析血液中有核细胞白介素 6 (IL-6mRNA) 在卵巢良性肿瘤和卵巢癌中的表达差异。阐明其与卵巢癌的发生发展的关系。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2019 年 3 月福建省立医院卵巢良性肿瘤和卵巢癌患者的临床资料和血液标本。采用化学发光法测定血清中皮质醇含量, 并结合临床资料进行相关性分析。提取卵巢良性肿瘤和卵巢癌有核细胞中的 RNA, 进行逆转录, 采用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 方法测定 IL-6mRNA 的表达水平。

**结果** 卵巢良性肿瘤和卵巢癌患者的病人特征大部分无统计学意义。卵巢癌患者的浆液性占比 (20/37, 54.1%) 明显高于卵巢良性肿瘤患者 (13/42, 31.0%), 差别有统计学意义 ( $P=0.038$ )。血清

中 CA125、HE4、ROMA 前、ROMA 后的浓度在卵巢良性肿瘤和卵巢癌患者中存在显著差异 ( $P<0.001$ )，血清中 WBC、NEU、PLT、HDL 的测定值在卵巢良性肿瘤和卵巢癌患者中存在差异 ( $P<0.05$ )，LYM、CA199、TG、CHOL、LDL、皮质醇和 IL-6mRNA ( $P>0.05$ )。卵巢患者血清皮质醇浓度在 3+4 期临床阶段 ( $451.37\pm144.60\text{nmol/L}$ ) 明显高于卵巢癌 1+2 期 ( $340.98\pm108.18\text{nmol/L}$ )，具有明显的统计学意义 ( $P=0.017$ )，而与其他病理参数 (年龄、大小、早晚期、级别、ER、Vimentin、Ki67 以及是否大网膜淋巴结转移) 无关 ( $P>0.05$ )。

**结论** 卵巢患者血清皮质醇浓度在 3+4 期临床阶段明显高于卵巢癌 1+2 期，可能与卵巢癌的发展相关。

## PU-5643

### 不同年龄阶段乙肝表面抗原阳性率的比较分析

周正云

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 分析比较不同年龄阶段乙肝表面抗原的阳性率并找出其原因。

**方法** 采用酶联免疫法检测乙肝表面抗原，利用电脑统计不同年龄阶段阳性率并用卡方检验分析比较各组别数据是否具有统计学意义。

**结果** 检测结果如下，0-10 岁组阳性率为 0.9%，11-20 岁组阳性率为 3.8%，21-30 岁组阳性率为 4.5%，31-40 岁组阳性率 5.9%，大于 40 岁组阳性率为 5.3%。

**结论** 乙肝表面抗原在各年龄阶段具有明显差异。接种乙肝疫苗，注意个人卫生情况，提升自身免疫力是预防和控制乙肝病毒的有限措施。

## PU-5644

### 福州地区无偿献血人群 HCV 感染情况分析

林洪铿,江伟梅

福建省血液中心

**目的** 了解福州地区无偿献血人群 HCV 感染情况，探讨低流行率人群中 HCV 抗体初筛反应性率与阳性率之间差异的原因。

**方法** 参照中国疾病预防控制中心 2011 年发布的《丙型肝炎病毒实验室检测技术规范》推荐的抗-HCV 检测疫情报告流程，对我中心使用 2 种不同厂家 ELISA 试剂检测抗-HCV 数据进行分析。

**结果** 从 2006 年至 2017 年，除我中心使用 1 遍酶免加 1 遍核酸期间外，共检测 619 838 份献血者血液标本，2 种 ELISA 试剂筛查的总反应性率在 0.21%至 0.33%之间，均值为 0.26%。按照 CDC 推荐流程判定的抗-HCV 阳性率分别为 0.038%、0.026%、0.032%、0.034%、0.046%、0.038%、0.039%和 0.015%，平均为 0.034%。

**结论** 在 HCV 低流行率的无偿献血人群中，采用高灵敏度的试剂筛查出的反应性结果种绝大部分为非特异性反应，本地区无偿献血人群中 HCV 处于非常低的感染水平。

## PU-5645

## 土槿皮乙酸与氟康唑联用体外抗白色念珠菌的活性研究

李贞,陈伟琴,胡骏,殷红梅,胡晓波  
上海中医药大学附属龙华医院,200000

**目的** 白色念珠菌是目前临床分离率最高的致病念珠菌, 且对临床常用唑类抗真菌剂耐药现象逐渐加剧。土槿皮乙酸(Pseudolaric Acid B, PAB)是我国传统抗真菌药物土槿皮的主要活性成分。至今土槿皮酊仍用于治疗真菌所致的皮肤癣症。本研究旨在探讨土槿皮乙酸联合氟康唑对白色念珠菌的抑菌效果, 为克服临床耐药加剧现状及新型抗真菌药物研发提供理论基础。

**方法** 选取临床分离的对氟康唑耐药及敏感的白色念珠菌, 经微量稀释法及棋盘式微量稀释法分别测定 PAB 单独及与氟康唑联用时的最低抑菌浓度(Minimum Inhibitory Concentration, MIC), 以部分抑菌浓度指数(Fractional Inhibitory Concentration Index, FICI)评估联用时药物体外相互作用的方式, 时间-杀菌曲线试验动态监测两药体外联用的效果。

**结果** PAB 单独作用时, 对氟康唑耐药及敏感的白色念珠菌有类似的抑菌效果, MIC 范围为 4-32 $\mu$ g/ml。PAB 与氟康唑联用可增加耐药白色念珠菌对药物的敏感性(氟康唑 MIC 由 $\geq 512\mu$ g/ml 降至 $\leq 16\mu$ g/ml; PAB MIC 降至 $\leq 2\mu$ g/ml)。对氟康唑耐药的 6 株白色念珠菌(100%)均表现出协同抑菌的效果(FICI 范围 0.063-0.125); 而 6 株对氟康唑敏感的菌株中, 有协同抑菌效果的有 4 株(66.67%, FICI 范围 0.094-0.313), 无相互作用的有 2 株(FICI $>0.5$ )。

**结论** 土槿皮乙酸不仅本身能抑制白色念珠菌的生长, 与氟康唑联用还有协同抑菌作用, 尤其对耐氟康唑的菌株, 两药联用在较低的药物浓度就可达到较好的抑菌效果。

## PU-5646

ApoE4 对 Neuro-2a 细胞中线粒体融合与分裂  
相关分子表达的影响

刘晓峰  
福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 载脂蛋白 E4(ApoE4)是目前公认的阿尔兹海默症(Alzheimer's disease, AD)的遗传易感基因。线粒体是一个动态的细胞器, 通过持续进行分裂融合来维持动态平衡, 近来发现线粒体分裂融合动态异常可能参与了 AD 的发生。同时有研究显示 ApoE4 可影响线粒体的分裂融合动态, 但对于其具体作用机制目前尚不清楚。本研究旨在观察 ApoE4 引发线粒体分裂融合动态而参与 AD 病变的具体分子机制。

**方法** 通过体外培养的 Neuro-2a 细胞, 提取转染了 ApoE4 组及空载体对照组的 Neuro-2a 细胞的总 RNA, 逆转录得到 cDNA 后进行实时荧光定量 PCR, 检测 ApoE4 对线粒体融合分裂蛋白的表达水平的影响。

**结果** 转染 24h 之后, 与空载体对照组相比, Neuro-2a 细胞过表达 ApoE4 组线粒体融合的相关基因 Mfn1 的 mRNA 表达上调, Opa1 的 mRNA 表达降低, 而 Mfn2 的表达未见明显改变; 同时, 在 ApoE4 组中, 调控线粒体分裂的关键基因 Drp1 的 mRNA 水平的表达增强, 而 Fis1 的 mRNA 水平的表达未见明显改变。

**结论** 我们的研究发现 ApoE4 可能同时通过影响线粒体分裂和融合的关键基因表达而引发线粒体分裂融合动态异常。

## PU-5647

## 探讨浙南地区莫拉菌感染性角膜炎的临床特点、 临床治疗及危险因子

陈鹏飞

温州医科大学附属眼视光医院

**目的** 探讨浙南地区莫拉菌感染性角膜炎的临床特点、临床治疗及危险因子

**方法** 收集 2008 年 1 月至 2019 年 6 月温州医科大学附属眼视光医院确诊为莫拉菌感染性角膜炎的样本 16 例，分析其临床特点、临床治疗及危险因子。

**结果** 在共计 16 例确诊为莫拉菌感染性角膜炎的病例中，腔隙莫拉菌感染最为多见，占 25% (4/16)。莫拉菌感染性角膜炎治疗效果差，反复发作，病程较长，平均随访治疗时间为 20 周。在 16 例莫拉菌感染性角膜炎中，有 4 例患者有眼科手术史，3 例外伤史，2 例有干眼，另外 5 例不详。16 例莫拉菌感染性角膜炎中，1 例有糖尿病史，1 例有吸烟史。16 例莫拉菌感染性角膜炎的体外药物敏感试验显示：左氧氟沙星、妥布霉素、氧氟沙星均敏感，5 例莫拉菌感染性角膜炎对复方新诺明耐药。

**结论** 浙南地区莫拉菌感染性角膜炎以腔隙莫拉菌感染最为多见。莫拉菌感染性角膜炎感染导致的眼部疾病病程长、预后较差。莫拉菌感染性角膜炎的主要局部危险因子是：外科手术、外伤。系统性疾病危险因子暂不明了。对于莫拉菌感染性角膜炎，左氧氟沙星、妥布霉素、氧氟沙星等常用眼部抗生素均有效，但是莫拉菌感染性角膜炎反复发作、预后差的原因仍有待研究。对于浙南地区莫拉菌感染性角膜炎的临床特点、临床治疗及危险因子的研究，可了解该地区莫拉菌感染性角膜炎的发展趋势，为莫拉菌感染性角膜炎的预防及治疗提供理论依据，具有积极的临床诊疗意义。

## PU-5648

## 分析儿童全血部分常量和微量元素含量的年龄差异

韩旭

山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨儿童全血常量元素（钙、镁）和微量元素（铁、锌、铜）含量的年龄差异，并建立临床正常参考范围。

**方法** 以 20 946 例健康查体的儿童（男 12 447 例，女 8 499 例）为对象 按照年龄分为四组(<1 岁，1 岁～，3 岁～，>6 岁)。采用原子吸收光谱法测定末梢血钙、镁、铁、锌、铜元素的含量。计算出各年龄组、各元素含量第 3，10，25，50，75，90，97 百分位的相应数值。

**结果** 不同年龄组之间血钙、镁、铁、锌、铜的含量有显著性差异 ( $P < 0.05$ )，且随年龄的变化而变化。便于临床应用，取第 25-75 百分位的相应数值作为正常参考范围。

**结论** 判断 5 种元素含量是否正常应考虑年龄因素，各年龄组需分别参考其相应的正常范围。

## PU-5649

## Role of AdeABC efflux pump in resistance to imipenem of *Acinetobacter baumannii*

Panfei Hou, Lijing Zhu, Yan Pan, Hui Sun

Department of Clinical Laboratory, Rushan Hospital of Binzhou Medical University

**Objective** To investigate the role of AdeABC efflux pump in the resistance to imipenem of *Acinetobacter baumannii*.

**Methods** 30 isolates of Imipenem-resistant *Acinetobacter baumannii* (IRAB) and imipenem-sensitive *Acinetobacter baumannii* (ISAB) were collected, respectively. Minimum inhibitory concentrations (MIC) of antimicrobial agents were detected by agar dilution method. Efflux pump phenotype was detected by efflux pump inhibitor PA $\beta$ N. The positive rate and relative expression of adeB gene were detected by PCR and RT-qPCR, respectively. AdeABC-RS gene was transferred into adeB-negative ISAB by DNA recombination technique. MIC was detected before and after DNA recombination.

**Results** All IRAB were sensitive to polymyxins and the resistance rate to cefoperazone/sulbactam was 46.7%. The resistance rate to other antibiotics was significantly higher than ISAB. 70.0% of IRAB efflux pump phenotype was positive, while ISAB was all negative. The adeB positive rate and relative expression of IRAB were significantly higher than those of ISAB. DNA recombination displayed that MIC to imipenem increased 64-128 times when adeABC-RS gene was introduced into ISAB.

**Conclusions** AdeABC efflux pump plays an important role in the resistance to imipenem of *Acinetobacter baumannii*.

## PU-5650

## 自身抗体与女性不孕不育的相关性研究

任宗娇

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 通过研究肿瘤坏死因子 (TNF- $\alpha$ )、白细胞介素-6 (IL-6)、白细胞介素-8 (IL-8) 等细胞因子在自身抗体阳性的女性不孕不育患者血清中的表达水平来探讨自身抗体与女性不孕不育的相关性。

**方法** 采用间接免疫荧光法检测血清中的自身抗体, 通过酶联免疫吸附法检测 33 例自身抗体阳性的女性不孕不育患者和 40 例健康女性外周血中 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-8 等细胞因子水平。并对它们的表达进行相关性分析。

**结果** 自身抗体阳性组 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-8 的表达明显高于正常对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清中 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-8 等细胞因子的表达与自身抗体的产生有密切关系, 可能是导致不孕不育患者流产、死胎、畸胎的重要免疫学因素之一。

## PU-5651

## EB 病毒感染传染性单核细胞增多症患儿诊断及治疗指标统计

吕瑞雪,渠巍,梁璐,程莉  
贵阳市妇幼保健院贵阳市儿童医院,550000

**目的** 对 EB 病毒 (EB virus,EBV) 感染传染性单核细胞增多症 (Infectious mononucleosis, IM) 患儿诊断及治疗指标进行统计。

**方法** 统计我院自 2017 年 9 月到 2019 年 3 月 EB 病毒感染传染性单核细胞增多症患儿 (EBV-IM 组) 诊断及治疗指标,并与 EB 病毒感染非传染性单核细胞增多症患儿组 (EBV-非 IM 组)、正常健康对照组进行比较。

**结果** 经研究,EBV-IM 组,白细胞计数 (WBC)、谷丙转氨酶 (ALT) 以及谷草转氨酶 (AST) 浓度高于 EBV-非 IM 组和正常健康对照组、血小板计数 (PLT) 低于对照组,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),血红蛋白浓度 (Hb)、尿素 (UREA)、肌酐 (CREA) 比较差异无统计学意义;其 EBV 特异性抗体,抗 EBV-VCA-IgM 抗体以及抗 EBV-VCA-IgG (低亲和力) 抗体阳性率明显高于 EBV-非 IM 组,而抗 EBV-VCA-IgG (高亲和力) 抗体、抗 EBV-NA-IgG 抗体阳性率明显低于 EBV-非 IM 组;临床指标中,EBV-IM 组发热 (87.8%)、咽扁桃体炎 (92.7%)、颈部淋巴结肿大 (87.8%)、眼睑水肿 (65.9%)、肝脏肿大 (31.7%)、脾脏肿大 (53.7%) 发病率均明显高于 EBV-非 IM 组;其住院天数也大于 EBV-非 IM 组 ( $P=0.016$ )。

**结论** 与 EBV-非 IM 组患儿相比,EBV-IM 患儿血清实验室指标阳性率高,临床症状较重,有利于鉴别诊断;其住院治疗病程较长,应给予更多关注。

## PU-5652

## 胃腺癌患者血小板中反应蛋白的表达及其意义

林有东,郭宇虹  
福建医科大学省立临床医学院,350000

**目的** 探讨血小板反应蛋白 1 (TSP1) 在正常健康对照、慢性萎缩性胃炎和胃腺癌患者血小板中的表达差异及其与胃腺癌发生发展的关系。

**方法** 收集 2018 年 8 月至 2019 年 4 月福建省立医院健康人群、慢性萎缩性胃炎和胃腺癌患者的临床资料和血液样本,立即分离和保存血液中的血小板。提取血小板的 RNA 进行逆转录,应用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测 TSP-1 mRNA 的表达水平。再使用统计学方法分析 TSP-1 mRNA 表达在慢性萎缩性胃炎和胃腺癌患者的差异以及其与胃腺癌患者的病理参数的关系。

**结果** 健康人群、慢性萎缩性胃炎和胃腺癌患者的性别和年龄没有差别。胃腺癌患者中 60 岁以上占 53.3%,男性占 70.0%,T3 和 T4 期占 53.4%,低分化腺癌占 62.9%。慢性萎缩性胃炎患者 TSP-1 mRNA 下调表达率 (73.1%) 明显高于胃腺癌患者 (57.1%),两者有统计学意义 ( $P=0.012$ )。TSP-1 mRNA 的表达水平与胃腺癌患者的性别、年龄、肿瘤位置大小、分化程度、淋巴结转移、脉管侵犯、Ki-67 和 HER-2 表达等参数无关 ( $P$  值均  $>0.05$ )。

**结论** 慢性萎缩性胃炎患者血小板中的 TSP-1 mRNA 低表达率高于胃腺癌患者。



## PU-5653

## Whole exome sequencing reveals a novel CDHR1 mutation in a Chinese family with autosomal recessive retinitis pigmentosa

Li Gan, Bo Gong

The Key Laboratory for Human Disease Gene Study, Sichuan Academy of Medical Sciences and Sichuan Provincial People's Hospital, School of Medicine, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu, China.

**Objective** Retinitis pigmentosa (RP) is the leading hereditary retinal disease characterized by progressive loss of retinal photoreceptor cells. The purpose of this study was conducted to identify the disease-causing gene in a Han Chinese family with autosomal recessive RP (arRP).

**Methods** A Chinese arRP family (RP-2373) was recruited in this study, involving three affected siblings and six unaffected family members. All participants underwent complete ophthalmic examinations, including visual field testing, best-corrected visual acuity, fundus photography and electroretinography. Whole exome sequencing was performed on the three patients and Sanger sequencing was used to confirm the mutations identified in all family members and 2010 unrelated controls.

**Results** A novel homozygous nonsense mutation, c.1231C<T (p.Q411X) in the Cadherin-Related Family Member 1 (CDHR1) gene was identified in the RP-2373 family. This nonsense mutation that led to a truncated protein at nucleotide 411 of exon 12, was detected in the proband and her two affected sisters, whereas other unaffected family members either carried heterozygous mutation, or none. This mutation was absent in 2010 ethnically matched normal controls or in the Genome Aggregation and Exome Aggregation Consortium Database. These data showed a complete co-segregation of the CDHR1 mutation with arRP in this family. Comparative amino acid sequence alignment of the CDHR1 protein across different species showed that this novel mutation occurred in a highly conserved region.

**Conclusions** Our study identified a novel homozygous CDHR1 mutation in a Chinese arRP family. This result expanded the CDHR1 mutation spectrum of RP in the Chinese population and might provide new insights for the pathogenesis and clinical diagnosis of RP.

## PU-5654

## Antibodies to phosphatidylserine/prothrombin (aPS/PT) enhanced the diagnostic performance in Chinese patients with antiphospholipid syndrome

Shulan Zhang

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Increasing evidence has highlighted the role of non-criteria antiphospholipid antibodies (aPLs) as important supplements to the current criteria aPLs for the diagnosis of antiphospholipid syndrome (APS). In this retrospective study, we evaluated the clinical relevance of antibodies to phosphatidylserine/prothrombin (aPS/PT) in Chinese patients with APS.

**Methods** A total of 441 subjects were tested, including 101 patients with primary APS (PAPS), 140 patients with secondary APS (SAPS), 161 disease controls (DCs) and 39 healthy controls (HCs). Serum IgG/IgM aPS/PT was determined by ELISA

**Results** The levels of IgG/IgM aPS/PT were significantly increased in patients with APS compared with DCs and HCs. IgG and IgM aPS/PT were present in 29.7% and 54.5% of PAPS, and 42.1% and 53.6% of SAPS, respectively. For diagnosis of APS, IgG aCL exhibited the

highest positive likelihood ratio (LR+) of 21.60, followed by LA (13.84), IgG a $\beta$ 2GP1 (9.19) and IgG aPS/PT (8.49). aPS/PT was detected in 13.3% of seronegative PAPS patients and 31.3% of seronegative SAPS patients. LA exhibited the highest OR of 3.64 in identifying patients with thrombosis, followed by IgG aCL (OR, 2.63), IgG aPS/PT (OR, 2.55) and IgG a $\beta$ 2GP1 (OR, 2.33). LA and IgG aCL were correlated with both arterial and venous thrombosis, whereas IgG aPS/PT and IgG a $\beta$ 2GP1 correlated with venous or arterial thrombosis, respectively.

**Conclusions** Our findings suggest that the inclusion of IgG/IgM aPS/PT may enhance the diagnostic performance for APS, especially in those in whom APS is highly suspected, but conventional aPLs are repeatedly negative. In addition, IgG aPS/PT may contribute to identify patients at risk of thrombosis.

## PU-5655

### 45 株碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌 MALDI-TOF MS 指纹图谱分型与 PFGE 分型的比较

杨滨

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 评价基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(MALDI-TOF MS)技术对碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌(CRKP)同源性分析的能力。

**方法** 收集福建医科大学附属第一医院 2017 年 1 月至 2018 年 9 月临床标本中分离的 45 株 CRKP 菌株,分别采用脉冲场凝胶电泳(PFGE)和 MALDI-TOF MS 技术进行回顾性同源性分析。

**结果** 根据亲缘关系远近,45 株 CRKP 菌株被 PFGE 分为 A~O 共 15 个脉冲型:其中 A 型 1 株、B 型 1 株、C 型 6 株、D 型 4 株、E 型 18 株、F 型 1 株、G 型 1 株、H 型 1 株、I 型 1 株、J 型 1 株、K 型 2 株、L 型 3 株、M 型 1 株、N 型 3 株、O 型 1 株;被 MALDI-TOF MS 分为两大簇 6 个型,分别为 Ia 型 14 株、Ib 型 11 株、IIa<sub>1</sub> 型 3 株、IIa<sub>2</sub> 型 9 株、IIa<sub>3</sub> 型 4 株、IIb 型 4 株。MALDI-TOF MS 分型与 PFGE 分型结果的一致性较差,没有明显符合 PFGE 的分组趋势。

**结论** MALDI-TOF MS 技术对碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌进行同源性分析虽快速方便,但与 PFGE 的分子分型结果仍有较大差距,需要继续优化条件才能满足病原体流行病学分析的需求。

## PU-5656

### 同型半胱氨酸与血脂含量的相关性分析

贺润瑜

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探讨同型半胱氨酸与血脂含量的相关性。

**方法** 选取 2017 年 7 月-2018 年 5 月所在实习医院 132 名患者对他们的血脂与同型半胱氨酸进行测定。运用 Beckman Coulter AU-5800 生化分析仪,试剂分别采取由 Beckman Coulter 实验系统(苏州)有限公司产的 TG、TC、HDL-C、LDL-C 试剂以及重庆中元生物技术的 Hcy 试剂。最终患者数据使用 SPSS19.0 进行本次所测数值的处理:对所有的数据用均数 $\pm$ 标准差来表达,最后用线性相关来进行相关性的说明。

**结果** 以血脂为因变量线性回归剖析后发现,同型半胱氨酸与血脂检测中的甘油三酯以及高密度脂蛋白具有相关性,并且 Hcy 和 HDL-C 有高度相关性( $r=0.160$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 血清中的同型半胱氨酸与血脂含量是正相关。

## PU-5657

## 常用纤溶标志物与原发性膜性肾病的相关性研究

李臻,李贞,陈伟琴,殷红梅,胡晓波  
上海中医药大学附属龙华医院,200000

**目的** 本研究旨在分析纤溶标志物在原发性膜性肾不同 CKD 分期的表达差异,探究原发性膜性肾病患者随疾病进展血液凝集状态的变化,为预防高凝状态引起的血栓并发症提供理论基础。

**方法** 选取 200 例经肾穿刺活检证实为膜性肾病(MN)患者与 97 例健康对照组,并将 MN 患者按 CKD 分期分为 5 期,用自动免疫分析仪检测 PIC、t-PAIC、Fib、FDP、D-D 的表达水平。

**结果** 膜性肾病纤维蛋白原( $3.7\pm 1.15$  g/L)和 PIC( $0.96\pm 0.7$  ug/mL)水平明显高于正常人组( $2.72\pm 0.7$  g/L、 $0.5\pm 0.21$  ug/mL)( $P<0.01$ ),t-PAIC( $6.64\pm 3.9$  ng/mL)水平明显低于正常人组( $8.18\pm 3.9$  ng/mL);此外,纤维蛋白原和 t-PAIC 在膜性肾病不同分期的水平有差异,且与疾病分期有相关性( $P<0.05$ ),Fib 浓度随 CKD 分期而上升,依次为  $3.62\pm 1.1$  g/L、 $3.97\pm 1.13$  g/L、 $4.34\pm 1.51$  g/L、 $4.69\pm 1.57$  g/L;t-PAIC 浓度随 CKD 分期而下降,依次为  $8.2\pm 3.54$  ng/mL、 $7.7\pm 4.77$  ng/mL、 $6.34\pm 4.28$  ng/mL、 $6.07\pm 4.66$  ng/mL。

**结论** 膜性肾病患者存在纤溶系统功能低下,容易形成血管栓塞,并且纤维蛋白原和 t-PAIC 浓度与疾病分期相关,可以作为膜性肾病疾病进展及血栓预防的观察指标。

## PU-5658

## 兰州地区 2010-2016 年耐碳青霉烯类抗菌药物研究

刘刚,杨永清,邹凤梅,魏莲花  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 通过对我院 2008~2015 年间肺炎链球菌的分离率以及耐药性变化趋势进行调查分析,为临床肺炎链球菌的病原学诊断和治疗提供依据。

**方法** 用新鲜哥伦比亚血琼脂培养基对来自不同科室的呼吸道标本进行分离培养,传统手工法鉴定肺炎链球菌;采用纸片扩散法进行 11 种抗菌药物的药敏试验。

**结果** 根据美国临床实验室标准化研究所(Clinical Laboratory Standardization Institute, CLSI)药敏试验指南判断;用 E-test 法检测青霉素的最低抑菌浓度。8 年共分离肺炎链球菌 425 株。对肺炎链球菌的耐药性进行监测,结果显示肺炎链球菌对红霉素、克林霉素、复方新诺明的耐药率较高,对奎奴普丁/达福普汀、四环素的耐药率总体呈现上升的趋势。此外,对利福平及左氧氟沙星耐药率一直较低。未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药的菌株。

**结论** 肺炎链球菌对各种抗菌药物的耐药性较严重且逐年增加,需加强监测。

## PU-5659

## 浙南地区角膜炎的病原菌分布变化及其耐药性趋势

陈鹏飞  
温州医科大学附属眼视光医院

**目的** 探讨浙南地区角膜炎的病原菌分布变化及其耐药性趋势。**方法** 收集 2014 年 1 月至 2018 年 12 月温州医科大学附属眼视光医院诊断为角膜炎的样本 3121 份,分析病原菌的分布变化及其耐药性趋势。

**方法** 收集 2014 年 1 月至 2018 年 12 月温州医科大学附属眼视光医院诊断为角膜炎的样本 3121 份, 分析病原菌的分布变化及其耐药性趋势。

**结果** 在共计 3121 份送检样本中, 培养检出细菌 216 份, 细菌阳性率为 6.92% (216/3121)。检出真菌 370 例, 真菌阳性率 11.86% (370/3121)。细菌性角膜炎中革兰阳性球菌占 59.92% (148/247), 表皮葡萄球菌所占比例最高为 51.35% (76/148); 革兰阴性杆菌其次, 占 25.91% (64/247), 铜绿假单胞菌为主要菌群, 占 18.75% (12/64); 革兰阳性杆菌较少, 占 1.62% (4/247)。真菌性角膜炎中以镰刀菌属感染为主, 占 37.57% (139/370); 曲霉菌属其次, 占 11.08% (41/370)。细菌性角膜炎的体外药物敏感试验显示: 环丙沙星的敏感率最高, 耐药率最低。真菌性角膜炎的体外药物敏感试验显示: 伏立康唑的敏感率最高, 耐药率最低。

**结论** 浙南地区角膜炎以真菌性角膜炎较为常见。细菌性角膜炎中以表皮葡萄球菌、铜绿假单胞菌、蜡样芽孢杆菌感染为主。对于细菌性角膜炎, 环丙沙星的敏感率最高。对于真菌性角膜炎, 伏立康唑的敏感率最高。通过对浙南地区角膜炎病原菌分布变化及其耐药性趋势的研究, 可了解该地区角膜炎的发展趋势, 为角膜炎的预防及治疗提供理论依据, 具有积极的临床诊疗意义。

## PU-5660

### 蓝莓对酒精性脂肪性肝病影响的初步研究

任婷婷

贵州医科大学附属医院, 550000

**目的** 初步探讨蓝莓对小鼠酒精性脂肪性肝病的影响

**方法** 将 C57BL / 6J 小鼠 30 只随机分为正常对照组 (Control Group, CG 组), 模型组 (Model Group, MG 组), 蓝莓干预组 (Blueberry Juice group, BJ 组), 每组 10 只。建立 C57BL / 6J 小鼠 AFLD 实验动物模型。用全自动生化分析仪对蓝莓干预急性酒精性脂肪肝小鼠的肝损伤指标丙氨酸氨基转移酶 (alanine aminotransferase, ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (aspartate aminotransferase, AST), 脂代谢指标甘油三脂 (total triglyceride, TG)、胆固醇 (total cholesterol, TC)、高密度脂蛋白胆固醇 (high-density lipoprotein-cholesterol, HDL-c)、低密度脂蛋白胆固醇 (low-density lipoprotein-cholesterol, LDL-c); 采用 ELISA 检测小鼠肝组织丙二醛 (Malondialdehyde, MDA) 和抗氧化指标超氧化物歧化酶 (Superoxide Dismutase, SOD)、还原型谷胱甘肽 (glutathione, GSH) 活性的改变。

**结果** 蓝莓组较模型组小鼠血清中 ALT, AST, TG, TC, LDL 含量降低, HDL 升高, SOD、GSH 活性升高, MDA 含量降低

**结论** 蓝莓能增加小鼠肝脏抗氧化酶系表达, 从而减轻肝脏氧化应激、脂质过氧化, 对小鼠急性酒精性脂肪肝具有明显的拮抗效果。

## PU-5661

### 性传播疾病相关病原体检测方法研究进展

张晶

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 研究性传播疾病相关病原体于男性不孕不育之间是否存在影响。

**方法** 应用细菌培养的方法来培养相关病原体, 培养出的相关病原体与实际临床结果相结合来得出结论。

**结果** 检测结果如下: 男性不孕不育患者中 Uu 的感染率为 7.6%, 正常人中为 7.0%; 男性不孕不育患者 Mh 的感染率为 3.0%, 正常人为 3.2%; (总的不孕不育患者支原体感染率为 10.6%, 正常人为 10.2%)

**结论** 性传播疾病相关病原体（即为支原体）的感染与男性不孕不育之间并无明显关系。

## PU-5662

### 肿瘤活化的中性粒细胞诱导 MSC 向 CAF 转化促胃癌进展

张家慧,纪成,钱晖,许文荣,张徐  
江苏大学医学院,江苏省检验医学重点实验室

**目的** 探讨肿瘤活化的中性粒细胞调控 MSC 向 CAF 转化以及在胃癌进展中的作用。

**方法** 从脐带组织中分离培养 huc-MSC 并鉴定。利用胃癌细胞上清刺激中性粒细胞,收集其培养上清。将培养上清与 MSC 共孵育,采用 qRT-PCR 和 Western Blot 检测 CAF 相关纤维化指标。及相关信号通路活化情况。用中性粒细胞上清处理 MSC 后,收集其培养上清,作用于胃癌细胞株,检测胃癌细胞迁移和增殖能力变化。Western Blot 和 qRT-PCR 检测胃癌细胞 N-cadherin、E-cadherin、PCNA、CyclinD1 等蛋白表达情况。裸鼠皮下荷瘤实验检测对肿瘤生长的影响。采用中和抗体与活化的中性粒细胞培养上清共同刺激 MSC 验证中性粒细胞发挥作用的效应分子。

**结果** 肿瘤活化的中性粒细胞刺激 MSC 后,CAF 相关纤维化指标 FAP 和  $\alpha$ -SMA 表达增高,明显促进胃癌细胞增殖和迁移。Western Blot 和 qRT-PCR 检测发现胃癌细胞增殖和迁移相关蛋白表达增加,裸鼠荷瘤实验结果表明胃癌细胞成瘤能力增强。IL-17/IL-23/TNF $\alpha$  中和抗体作用后,中性粒细胞诱导 MSC 向 CAF 转化和发挥上述作用的能力减弱。

**结论** 肿瘤活化的中性粒细胞能诱导 MSC 向 CAF 转化并促进胃癌进展。

## PU-5663

### 口咽部菌群与患者呼吸道标本培养菌的对比分析

吴长生,钟亚猛,胡辛兰  
福建省立医院,350000

**目的** 通过对比患者口咽部菌群与痰细菌培养结果,为临床微生物痰培养工作中鉴别口咽部污染菌与下呼吸道可疑病原菌提供参考。

**方法** 选取 80 例非重症住院患者,分别取唾液与痰标本进行细菌培养鉴定

**结果** 80 例患者唾液中检出率较高的菌依次为微黄/黄/深黄奈瑟菌、粘滑罗斯菌、口腔/缓症链球菌等,痰培养中检出率较高的菌与唾液培养一致;铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌于痰培养阳性标本检出时,相应唾液标本未见。

**结论** 微黄/黄/深黄奈瑟菌、粘滑罗斯菌、口腔/缓症链球菌等为口咽部优势菌群,于痰培养中检出说明标本污染的可能性大;铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、肺炎克雷伯菌为较可疑的呼吸道病原菌。住院患者痰标本的合格率、痰培养前的质量控制有待进一步提高。

PU-5664

## 多种指标在儿童难治性肺炎支原体肺炎感染 早期诊断中的临床意义

崔小健,张同强  
天津市儿童医院,300000

**目的** 分析多种实验室常用指标在儿童难治性肺炎支原体肺炎感染(RMPP)早期诊断中的临床意义。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在天津市儿童医院呼吸科住院治疗的 328 例肺炎支原体感染患儿,其中难治性肺炎支原体肺炎(RMPP)儿童 114 例(难治组)、普通肺炎支原体肺炎(GMPP)儿童 214 例(普通组),比较两组患儿各指标水平的差异,将两组间存在统计学差异的指标行受试者工作特征(ROC)曲线和 Logistic 回归分析,寻找提示重症肺炎支原体感染的参考指标。

**结果** 1、RMPP 组 白细胞(WBC)、中性粒细胞百分比(NEUT%)、C 反应蛋白(CRP)、降钙素(PCT)、白细胞介素 6(IL-6)、乳酸脱氢酶(LDH)、天冬氨酸氨基转移酶(AST)、丙氨酸氨基转移酶(ALT)、铁蛋白(Fe)、D-二聚体(DD)、血浆凝血酶原时间(PT)、纤维蛋白原(FIB)水平均高于 GMPP 组,差异有统计学意义。但 RMPP 组血浆活化部分凝血活酶时间(APTT)、血浆凝血酶时间(TT)水平低于 GMPP 组,差异有统计学意义。2.通过 ROC 曲线分析,DD、Fe、IL-6、FIB、CRP,对于区别 GMPP 与 RMPP 有重要价值,回归分析法显示  $DD > 0.915 \text{ mg/L}$ 、 $Fe > 175.1 \text{ ng/ml}$ 、 $IL-6 > 27.035 \text{ pg/ml}$  是 RMPP 是重要的预测因子。

**结论** 当 MPP 患儿出现血浆  $DD > 0.915 \text{ mg/L}$ 、血清  $Fe > 175.1 \text{ ng/ml}$ 、 $IL-6 > 27.035 \text{ pg/ml}$ ,应当注意该 MPP 可能为 RMPP。应及时给予患儿更积极有效的治疗,避免其进一步进展为重症肺炎。

PU-5665

## 粪便幽门螺杆菌抗原检测在消化性溃疡诊断中的价值

潘艳  
涟水县人民医院,223001

**目的** 探讨幽门螺杆菌(Helicobacter Pylori, HP)抗原检测在消化性溃疡中的临床意义,为临床诊断提供依据。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2017 年 12 月我院消化科收治的 380 例同时接受胃镜检查 and HP 抗原检测的患者为研究对象,根据胃镜检查结果分为胃溃疡组、十二指肠溃疡组和正常组。分析 3 组 HP 感染情况。

**结果** 胃溃疡组 HP 阳性率 86.7%(91/105),十二指肠溃疡组 HP 阳性率 81.6%(129/158),正常组 HP 阳性率 16.2%(19/117),三组相比差异有统计学意义( $P < 0.01$ )。

**结论** HP 感染与消化性溃疡密切相关,抗原检测可用于早期筛查。

PU-5666

## CEA、CA125、He-4 在联合诊断卵巢癌方面的价值与应用

臧晓琴

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 通过对血清中多种 TM CA125、CEA 和 He4 的联合检测来讨论有关卵巢癌诊断中的价值与意义。

**方法** 是从滨州医学院附属医院妇科就诊的患者随机选取 50 名患有卵巢癌 患者、50 名被确诊为卵巢良性肿瘤和子宫良性肿瘤的患者及 40 名健康对照组妇女人群（经过体检、妇检均合格者）进行血液学 TM 的检测,应用标记免疫室的全自动电化学发光免疫法测定 CA125、He-4（人类附睾蛋白 4）和癌胚抗原 CEA 在血清中的含量,（统计）通过对数据统计分析

**结果** 将卵巢癌组数据和卵巢良性肿瘤组数据与健康人群对照组数据进行对比,经研究发现卵巢癌组肿瘤标记物 CA125、He-4 和 CEA 在人体血清中的含量及阳性率远远高于健康对照组,差异较为明显,而卵巢良性肿瘤组测定值略微高于健康对照组,差异不明显[1]。3 项 TM 的阳性率依次为 86.5%、70.3%和 31.7%。

**结论** 血清 CA125、He-4 和 CEA 三项 TM 联合检测可以提高卵巢恶性肿瘤早期诊断的阳性率,比 TM 单项检测更加敏感,联合检测两种或者两种以上的 TM 对卵巢肿瘤的良好鉴别和辅助诊断具有积极意义,同时对卵巢癌的预后观察和监测也有重要价值[2]

PU-5667

## 沙眼衣原体 CT143 蛋白诱导 THP-1 细胞分泌炎症性细胞因子水平研究

贾丽娜

河南省肿瘤医院,450000

**目的** 沙眼衣原体 CT143 蛋白是一个新发现的免疫原性最强的衣原体特异蛋白,84%的衣原体感染患者血清中均检测到高浓度抗 CT143 抗体。本研究拟通过表达和纯化 CT143 蛋白,研究该蛋白对 THP-1 细胞分泌促炎症细胞因子 IL-1 $\beta$ 、IL-8 和 TNF- $\alpha$  的影响,以初步探讨 CT143 蛋白诱导 THP-1 细胞分泌促炎症细胞因子的机制,为进一步阐明沙眼衣原体致病机制提供新的实验基础。

**方法** PCR 法扩增沙眼衣原体 CT143 基因全长,构建原核表达重组质粒 pGEX-6p/CT143,转化大肠杆菌感受态细胞 BL21, IPTG 诱导表达融合蛋白 GST-CT143。50 ng/ml PMA 诱导 THP-1 细胞分化为巨噬细胞,分别以 0, 6, 12, 24, 48 $\mu$ g/ml 的 CT143 蛋白刺激人源化巨噬细胞,ELISA 分别检测 0, 12, 24, 36, 48h 培养上清中促炎症细胞因子 IL-1 $\beta$ 、IL-8 和 TNF- $\alpha$  的水平。

**结果** 构建了原核表达质粒 pGEX-6p/CT143,表达并纯化了 GST-CT143 融合蛋白; CT143 蛋白能够刺激 THP-1 细胞分泌 IL-1 $\beta$ 、IL-8 和 TNF- $\alpha$ ,并于刺激后第 24 h 各细胞因子水平达最高,且 IL-1 $\beta$ 、IL-8 的水平与 CT143 蛋白刺激量有明显的剂量依赖性 ( $p < 0.01$ ), IL-1 $\beta$  在 24  $\mu$ g/ml 剂量分泌量至最大值, IL-8 于 12  $\mu$ g/ml 剂量达峰值。

**结论** 成功构建了工具质粒 pGEX-6p/CT143,并制备了 GST-CT143 融合蛋白; CT143 蛋白能够刺激 THP-1 分化的巨噬细胞分泌促炎症细胞因子 IL-1 $\beta$ 、IL-8 和 TNF- $\alpha$ 。

## PU-5668

## Case Study of An Autoantibody Panel For Early Detection of Lung Cancer

Wenli Huo, Zijian Guo  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** A panel of autoantibodies (AABs), including p53, GAGE7, PGP9.5, CAGE, MAGEA1, SOX2 and GBU4-5, has been studied in the clinical setting to aid in the early diagnosis of lung cancer. Here we report a study undertaken at Peking Normal Hospital in China to further evaluate the clinical performance of this diagnostic kit.

**Methods** This study included serum samples of 121 newly diagnosed lung cancer patients, 34 healthy subjects, 50 patients with benign lung diseases and 100 human subjects with indeterminate solid nodules from low-dose computed tomography (CT). Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was performed to measure levels of seven autoantibodies. The concentration of autoantibodies differed significantly in lung cancer group compared to control group, which comprised healthy control and benign lung disease subjects.

**Results** The test result was determined to be positive if there was at least one strong positive antibody responses. The sensitivity was 45.5% (38%-56%, 95% CI), with specificity at 83.3% (75-94%, 95% CI), and AUC of ROC analysis was 0.660. When the test result was determined to be positive if there was at least one strong positive antibody responses or at least two medium strong positive antibody responses, the sensitivity was increased to 55.4% while the specificity remained the same as 85.3%. The AUC of ROC curve was 0.719. The 7-AAb ELISA assay was also performed in 100 patients presented with GGNs or solid nodules of lung without diagnosis of any lung diseases. The goal of the study was to follow up patients with positive test results to look for new incidence of lung cancer in prospective fashion. The first time point was after half a year, when 8 subjects were diagnosed with lung cancer and 2 subjects were diagnosed with benign lung diseases among 28 patients with positive test results. And information of the rest 18 subjects remained to be the same.

**Conclusions** So we report here that positive results of 7-AAb kit point to high risk of lung cancer. And 7-AAb panel showed high positive predictive values (PPV) to predict risk of lung cancer in patients with solid nodules.

## PU-5669

## 2125 份血液细菌培养及耐药性分析

侯素君  
日照市中医院医院

**目的** 分析我院住院患者血培养标本中病原菌分布及耐药性，以便指导用药，提高诊疗效果。**方法** 对我院 2012 年 11 月-2014 年 11 月 2125 份血液标本的细菌培养及药敏结果进行分析。

**方法** 病原菌分布及耐药性分析

**结果** 125 份血液标本分离出病原菌 233 株，阳性率 10.96%；其中革兰阳性球菌 57 株，占 24.46%，革兰阴性杆菌 174 株，占 74.68%，革兰阳性球菌以凝固酶阴性葡萄球菌和金黄色葡萄球菌为主，MRCNS 和 MRSA 检出率分别是 84.2%、40.0%，对青霉素、红霉素、克林霉素等耐药率 >80.0%；革兰阴性杆菌以大肠埃希氏菌、肺炎克雷伯氏菌、铜绿假单胞菌为主，产 ESBLs 大肠埃希氏菌和肺炎克雷伯氏菌检出率分别是 35.85%、28.13%，对亚胺培南敏感率 100%。

**结论** 病原菌以革兰阴性杆菌为主，具有多药耐药性，因此应及时送检血培养，指导临床合理选择用药。



## PU-5670

## 动脉粥样硬化性脑梗死患者血清 LP-PLA2 检测的意义

张兴旺,张晓梅,杨伟国  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 探讨动脉粥样硬化性脑梗死患者血清脂蛋白相关磷脂酶 A2( Lp-PLA2) 的意义

**方法** 选取甘肃省人民医院 2017 年 3 月-2018 年 12 月收治的动脉粥样硬化性脑梗死患者 120 例(观察组), 非动脉粥样硬化血栓形成性脑梗死患者 60 例(对照组), 比较两组血清 Lp-PLA2; 观察组按颅内动脉血管狭窄率分为轻、中、重度狭窄(分别为 38、50、32 例), 按颅内动脉血管病变范围分为单、多支病变(分别为 25、95 例), 比较其 Lp-PLA2 水平

**结果** 观察组血清 Lp-PLA2 及 LDL-c 高于对照组(  $P<0.05$  )。轻度狭窄者血清 Lp-PLA2 低于中、重度狭窄者, 中度狭窄者低于重度狭窄者(  $P<0.05$  )。单支病变者血清 Lp-PLA2 低于多支病变者(  $P<0.05$  )。观察组血清 Lp-PLA2 与 LDL-c、血管狭窄程度、血管病变范围呈正相关。

**结论** 动脉粥样硬化性脑梗死患者血清 Lp-PLA2 水平升高, 且随颅内动脉血管狭窄程度、病变范围的变化而变化, 检测此指标可以有效评估颅内动脉血管狭窄程度及血管病变范围。

## PU-5671

## 乙肝两对半酶联免疫法、化学发光法检测结果比对分析及处理对策

樊化  
南京市市级机关医院,210000

**目的** 酶联免疫法对 HBV 血清标志物检测不能进行定量分析, 临床上难以判断患者 HBV 感染复制状况。实际检测工作中常会遇到一些血液标本的 OD 值接近临界值, 其结果难以判断, 即灰区标本。然而实验的灰区结果容易造成假阳性又是引起误诊和医疗纠纷的主要因素。罗氏 Cobas e 601 全自动免疫分析仪将化学发光反应与免疫反应相结合, 该方法灵敏度高、特异性强、能进行快速定量分析, 已逐渐应用于 HBV 血清学标志物的定量测定。但是有一个最大的问题就是检验成本相对定性检测来说非常昂贵, 在我国目前的国情下, 不可能全面替代定性检测。国家临床实验室质量管理规范要求检验项目在用于临床检测前需评价其检测性能, 且在不同检测系统上检测的相同项目要进行一致性评价, 以确定能得到一致的结果。

**方法** 使用上海科华生产的乙型肝炎病毒相关检测试剂盒(酶联免疫法)手工操作, 行定性检测, 使用深圳华科瑞生产的 HW1812 洗板机、HR801 酶标仪进行洗涤反应板步骤操作和读板步骤操作; 使用德国罗氏公司生产的 Cobas e 601 全自动免疫分析仪(化学发光法)行定量检测, 试剂为厂家原装配套试剂。

**结果** 两种方法检测乙肝两对半项目, 虽然前四项数据无统计学差异, 但是从临床诊断角度来看, 除了乙肝 e 抗原, 其它项目酶联免疫法均有一定程度的漏检率。化学发光法的检测灵敏度高,  $<1\text{pmol}$ , 线性范围宽,  $>106$ 。因此, 当酶联免疫法在低浓度测定下有较高的漏检率时, 而化学发光法能够进行准确有效的检测, 提高阳性确诊率。五个项目的统计结果显示, 均未出现化学发光法阴性而酶联免疫法阳性的情况。

**结论** 对于检测结果的差异, 化学发光法因其灵敏度高, 线性范围宽, 人为影响因素少, 批内、批间差异较小, 不存在灰区等优点, 故在经济条件允许的情况下, 尽量给病人做化学发光法的相关免疫项目测定, 酶联免疫法仅作为筛查检测。在进行酶联免疫法检测时, 首先要做好酶标仪的质量控制, 其次要设定本科室自己的灰区范围, 尽量减少假阳性、假阴性的产生。许多实验室将灰区恒定设置为 CO 值加减 10%, 事实上, 不同试剂或同一试剂不同实验环境, 检测结果差异显著。因此, 每个实验室应根据自己的实验条件, 设定适合的灰区范围。对于乙肝核心抗体检测(酶联免疫

法) 建议单项操作, 这样能明显缩短加样时间, 孵育时间、加终止液时间也要严格按照操作说明书操作。

## PU-5672

# Assessment of anti-MDA5 antibody as a diagnostic biomarker in patients with dermatomyositis-associated interstitial lung disease or rapidly progressive interstitial lung disease

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Anti-melanoma differentiation-associated protein 5 (MDA5) antibody have been found in dermatomyositis (DM)-associated interstitial lung disease (DM-ILD) and DM-associated rapidly progressive ILD (DM-RPILD). Due to the conflicting results regarding the association between anti-MDA5 antibody and DM-ILD or DM-RPILD and the diagnostic value of this antibody for DM-ILD and DM-RPILD, we performed this meta-analysis.

**Methods** A systematic search was performed to identify studies published to January 14, 2017.

**Results** Sixteen publications with 491 DM with ILD versus 605 DM without ILD, as well as eighteen publications with 186 DM with RPILD and 790 DM without RPILD were included. The pooled sensitivity, specificity, and area under the curve (AUC) values of anti-MDA5 antibody for DM-ILD were 0.47 (95% CI: 0.37-0.57), 0.96 (95% CI: 0.92-0.97), and 0.90 (95% CI: 0.88-0.93), respectively, with a low sensitivity value. The pooled sensitivity, specificity, and AUC values were 0.83 (95% CI: 0.77-0.88), 0.86 (95% CI: 0.80-0.91), and 0.87 (95% CI: 0.84-0.90) for DM with RPILD versus without RPILD with good sensitivity and specificity values. Trial sequential analysis showed sufficient evidence to support that anti-MDA5 antibody was associated with DM-ILD and DM-RPILD. The statistical power of this study calculated using G\*Power version 3.1.9.2 was more than 99% ( $\alpha = 0.05$ ).

**Conclusions** Taken together, these findings suggest that anti-MDA5 antibody has a potential useful ability as a noninvasive biomarker in the diagnosis of RPILD in patients with DM.

## PU-5673

# 淮安涟水地区正常妊娠女性红细胞相关参数参考区间的建立及验证

孙文娟, 杨荣

涟水县人民医院, 223001

**目的** 建立适合本实验室正常妊娠女性红细胞相关参数的生物参考区间的建立并验证其适用性。

**方法** 根据孕周的不同, 将 391 例健康孕妇分为妊娠早期组、妊娠中期组和妊娠晚期组, 选择与孕妇年龄相近的 248 例健康非妊娠女性作为对照组。检测并比较红细胞计数(RBC)、血红蛋白(Hb)、红细胞压积(HCT)、平均血红蛋白量(MCH)、平均血红蛋白浓度(MCHC)、红细胞平均体积(MCV)、红细胞分布宽度(RDW-CV)、红细胞分布宽度(RDW-SD), 建立可用于诊断妊娠期红细胞相关参数的参考区间并进行验证。

**结果** 4 组间比较, RBC、Hb、HCT、MCHC 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 孕早中期与孕晚期组比较, RDW-CV、RDW-SD 具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 4 组间 MCV、MCH 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 建立本实验室孕早、中、晚期的红细胞相关参数的参考区间经验证符合要求。

**结论** 正常妊娠早期、中期、晚期女性的红细胞相关参数的参考区间与非妊娠女性有明显差异,各实验室应建立妊娠期红细胞相关参数的参考区间。这对临床评估妊娠女性的健康水平,促进优生优育有着非常重要的作用。

## PU-5674

### 可溶性转铁蛋白受体在原发性肝癌中的应用初探

王凤清

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 探究肝癌患者血清中可溶性转铁蛋白受体(sTfR)含量变化及其与肝病相关指标谷丙转氨酶(ALT)、谷草转氨酶(AST)、谷氨酰转肽酶(GGT)、白蛋白(ALB)及血红蛋白(Hb)的水平的相关性。

**方法** 分别检测各50例的原发性肝癌(HCC)、乙型肝炎(CHB)、肝硬化(LB)患者、健康体检者血清中铁代谢指标sTfR、铁蛋白(SF)、血清铁(SI)及肝病相关指标ALT、AST、GGT、ALB、Hb的水平。分析各组间铁代谢指标的差异性及肝癌患者铁代谢指标和肝病相关指标间的相关性。

**结果** 各组患者血清中sTfR含量由高到低为肝癌>肝硬化>健康对照组>慢性肝炎组且肝癌组与肝炎组和健康对照组均具有统计学差异( $P < 0.05$ ),但与肝硬化组间的差异性不显著( $P > 0.05$ )。肝癌患者血清中sTfR与肝病相关指标GGT( $r=0.586, P < 0.01$ )及Hb( $r=0.339, P < 0.05$ )具有正相关性但与AST、ALT、ALB之间无显著差异性。

**结论** 肝癌患者血清中sTfR含量增高,提示sTfR作为肝癌辅助诊断指标可能存在临床意义。

## PU-5675

### 免疫化学鉴别间叶性与上皮性肿瘤的意义

邹伟炜

滨州医学院烟台附属医院

**目的** 探究免疫组织化学技术在上皮性和间叶性恶性肿瘤的病理诊断和临床治疗中的意义。

**方法** 采用免疫组织化学方法特异性结合Ag和Ab的原理。标记Ab的着色剂通过化学反应着色以确定肿瘤组织中的细胞内Ag,以此来对恶性肿瘤进行鉴别诊断和分类。

**结果** 免疫组织化学检查200例,其中6例在免疫组化后仍诊断为3%,上皮性肿瘤占86%,间叶性肿瘤占11%。

**结论** 免疫组织化学技术对鉴别上皮性和间叶性恶性肿瘤具有一定的意义

## PU-5676

### 2011年-2017年ICU患者感染菌谱及耐药性分析

刘刚,杨永清,邹凤梅,吴玲

甘肃省人民医院,730000

**目的** 调查某三甲医院ICU患者感染菌谱及耐药现状,为临床合理应用抗菌药物进行抗感染治疗提供依据。

**方法** 将2011年1月-2017年12月某医院ICU感染患者送检的标本按照《全国临床检验操作规程》进行分离培养及药物敏感性检测,采用WHONET5.6进行细菌分布及耐药性分析。

**结果** 7 年内 ICU 患者送检的各类标本中共分离细菌 812 株, 分离率前 4 位为鲍曼不动杆菌 (245/812, 30.2%)、肺炎克雷伯菌(96/812, 11.8%)、大肠埃希菌(94/812, 11.6%)以及金黄色葡萄球菌(74/812, 9.1%)。鲍曼不动杆菌中泛耐药株分离率为 82.8%; 肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌中, 产 ESBLs 的菌株分离率分别为 55.2%和 80.9%, 对哌拉西林/他唑巴坦耐药率较低; 金黄色葡萄球菌中 MRSA 的占比为 75.7%, 对万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺未发现耐药株; 调查标本中 CRE 分离率为 13.4%。

**结论** ICU 感染患者感染菌谱以革兰氏阴性杆菌为主, 进行经验性抗感染治疗时应重点考虑; 一旦获得药敏结果, 及时选用敏感药物, 对提高治疗效果有重要意义。

## PU-5677

### 血清 PCT、BNP、CRP 及 cTnT 联合检测在 AECOPD 伴 PH 中的价值

王迪

内蒙古自治区包钢公司第三职工医院,014000

**目的** 探讨联合降钙素原、B 型脑钠肽、C-反应蛋白及白细胞水平和分类, 在慢性阻塞性肺炎急性加重期 (AECOPD) 伴心衰早期识别及预后中的评估价值。

**方法** 收集我院 2018 年 5 月至 2019 年 5 月期间, 内系重症监护室 (ICU) 收治的 125 例 AECOPD 患者, 根据是否伴 PH 及 AECOPD 的严重程度分为无 PH 组、轻度 PH 组、中度 PH 组和重度 PH 组。将 4 组患者血清 PCT、BNP、CRP 及 cTnT 的水平进行比较, 统计 4 组患者治疗后恢复的比例; 同时比较伴 PH 组的患者治疗后的恢复或死亡病例的血清 PCT、BNP、CRP 及 cTnT 水平。

**结果** 伴 PH 组患者入院时 PCT、BNP、CRP 及 cTnT 的水平明显高于无 PH 患者, 随着 PH 严重程度的加重。患者 PCT、BNP、CRP 及 cTnT 水平逐渐增高 ( $P<0.05$ ); 无 PH 的 AECOPD 患者恢复的比例明显高于重度 PH 的 AECOPD 患者 ( $P<0.05$ ); 经治疗后恢复的伴 PH AECOPD 患者 PCT、BNP、CRP 及 cTnT 水平明显低于治疗后无效死亡的伴 PH AECOPD 患者。

**结论** PCT、BNP、CRP 及 cTnT 的联合检测对 AECOPD 伴 PH 的早期诊断、病情严重程度和预后有一定的价值。

## PU-5678

### 社区获得性金黄色葡萄球菌毒力蛋白 EsxB 与 GRP78 蛋白相互作用影响宿主细胞凋亡

吕慧颖

上海交通大学医学院附属仁济医院(东院),200120

**目的** 选鉴定出高毒力社区获得性金黄色葡萄球菌 ST398 克隆株中与细菌毒力相关的蛋白 EsxB 与宿主细胞直接相互作用的宿主蛋白, 了解该毒力蛋白对宿主细胞凋亡的影响, 并筛选出由于该毒力蛋白与宿主细胞的相互作用, 导致宿主细胞中凋亡相关的信号通路的变化, 从而揭示金葡菌 EsxB 蛋白在侵袭宿主细胞过程中发挥作用的机制。

**方法** 构建毒力蛋白表达载体获得携带 His 标签的 EsxB 蛋白, 同时对细胞系 A549、THP-1 进行 SILAC 标记后, 在细胞蛋白提取物中加入带有 His 标签的毒力蛋白, 共同孵育后用特异性亲和吸附 His 的树脂对发生相互作用的宿主细胞蛋白进行富集, 并进行蛋白电泳, 找出与对照的差异条带, 割胶进行质谱分析, 确定与毒力蛋白相互作用的宿主细胞蛋白。之后利用 CO-IP、pull down 及细菌双杂交等方法验证这种相互作用。同时构建 esxB 敲除株及 grp78 缺陷细胞系, 利用野生株和突变株与宿主细胞相互作用, 通过流式细胞仪 FITC-AnnexinV/PI 双染法及 western blot 法检测

**Caspase-3**，确定 **EsxB** 对宿主细胞凋亡的影响。并通过检测 **Caspase-12** 确定宿主细胞的凋亡通路。

**结果** 通过质谱分析及 CO-IP 验证，内质网应激相关的葡萄糖调节蛋白 **GRP78** 能与 **EsxB** 毒力蛋白相互作用。**esxB** 突变株能够以 **Caspase-12** 凋亡通路抑制宿主细胞的凋亡，并且凋亡受蛋白 **GRP78** 的影响。证明 **EsxB** 通过与宿主细胞 **GRP78** 蛋白相互作用，影响宿主内质网应激反应，诱发宿主细胞早期凋亡，促进细菌的毒力。

**结论** 在金葡菌侵染宿主细胞的过程中，毒力蛋白 **EsxB** 能够与 **GRP78** 发生相互作用，影响宿主细胞的内质网应激，诱发未折叠蛋白反应（UPR），导致新生肽的错误折叠，通过 **Caspase-12** 通路，促进宿主细胞的凋亡，提升社区获得性金黄色葡萄球菌的毒力。

## PU-5679

### 细胞外囊泡在妊娠相关疾病中的研究进展

张佳音,张徐

江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 细胞外囊泡（Extracellular Vesicles, EVs）是细胞主动释放的纳米级膜囊泡。根据其大小、起源和生物物理性质，可以进一步分为外泌体和微泡等。EVs 含有多种生物活性因子，参与机体的生理和病理过程。EVs 广泛存在于外周血、羊水、尿液等体液中，可以用作疾病的生物标志物。

**方法** 最近的研究表明，在妊娠各个阶段，EVs 可以介导母胎交流，影响胎盘功能和妊娠结局。母体（如子宫、脂肪组织、免疫细胞等）、胎盘（如滋养层细胞等）、胎儿（如胎儿肺、胚胎干细胞等）的细胞均可以产生 EVs，参与妊娠期间的炎症反应、免疫调节、血管生成、代谢适应等过程，可能在胚胎植入、发育、胎儿分娩等关键事件中起重要作用。EVs 发生、组成和功能的异常变化可能会导致妊娠相关疾病，如先兆子痫、妊娠相关糖尿病和胎儿宫内生长受限等。血清 EVs 浓度及其携带的小 RNA、线粒体 DNA 和蛋白质等都可作为妊娠相关疾病的非侵入性诊断标志物。

**结果** 人类生殖系统十分复杂，妊娠相关疾病缺乏理想的动物和细胞模型，在不同的模型中不一定能获得一致的研究结果。而且人类组织标本往往只能在分娩后获得，并不能准确地反映标志物在妊娠过程中的动态变化。另外，目前仍然缺乏标准化的 EVs 分类、定量和表型分析的方法。

**结论** EVs 在妊娠并发症的早期诊断、疾病进展监测中有极大的应用前景。目前，需要建立稳定可靠的 EVs 分离和鉴定方法，实现对临床标本中的 EVs 快速分离和自动化分析。动态观察标志物在正常和复杂妊娠中的变化，并建立数学模型，提高诊断效率。

## PU-5680

### 血清淀粉样蛋白 A（SAA）检测对感染性眼内炎诊断的临床价值

杨媛媛,李亚利,陈鹏飞,王大选,郑美琴

温州医科大学附属眼视光医院

**目的** 探讨血清淀粉样蛋白 A(SAA)、C-反应蛋白(CRP)和白细胞计数(WBC)在感染性眼内炎诊断的临床应用价值。

**方法** 收集 2016 年 06 月至 2019 年 03 月温州医科大学附属眼视光医院就诊的 270 例患者，其中 116 例感染性眼内炎患者作为研究组，154 例非感染性患者作为对照组。分别采用胶体金免疫层析法、免疫荧光干式定量法检测两组 SAA、CRP 水平，WBC 检测采用 Sysmex XT-1800i 全自动血液分析仪。采用 Mann-Whitney U 检验，用受试者工作特征(ROC)曲线分析诊断效能。

**结果** 感染性眼内炎患者和对照组 SAA 中位值分别为 14.98mg/L 和 2.565mg/L，两组比较差异有统计学意义( $Z=-7.764$ ,  $P<0.001$ )；CRP 中位值分别为 5.00 mg/L 和 5.00 mg/L，两组比较差异有统计学意义( $Z=-6.299$ ,  $P<0.001$ )；WBC 中位值分别为  $8.87\times 10^9/L$  和  $7.90\times 10^9/L$ ，两组比较差异有

统计学意义( $Z=-3.329$ ,  $P<0.001$ )。SAA、CRP、WBC 诊断感染性眼内炎的 ROC 曲线下面积分别为 0.772、0.638、0.618, SAA 检测取 Youden 指数最大值所对应的最佳临界值为 6.975mg/L, 其灵敏度为 63.79%, 特异度为 84.42%。

**结论** SAA 联合 CRP 及 WBC 有助于提高感染性眼内炎的诊断效能。SAA 可为感染性眼内炎的辅助诊断提供有用的参考信息, 值得临床广泛应用。

#### PU-5681

### Frequencies and hematological manifestations of the HK $\alpha$ allele in southern Chinese population

Min Zhang, Hailong Huang, Meihuan Chen, Lingji Chen, Yan Wang, Na Lin, Yuan Lin, Liangpu Xu  
Fujian Provincial Maternity and Children's Hospital, affiliated Hospital of Fujian Medical University, Fujian Key Laboratory for Prenatal Diagnosis and Birth Defect

**Objective** To investigate the rate of Hong Kong $\alpha$  (HK $\alpha$  alleles) gene in  $-\alpha^{3.7}$  carriers in southern Chinese population, and analyzed the hematological clinical manifestations.

**Methods** The genetic diagnosis was performed in 17166 cases, using single PCR and two-round nested PCR to detect the HK $\alpha$  allele in 895 cases showed  $-\alpha^{3.7}$  and  $\alpha^2$  bands by gap-PCR, and the reverse dot-blot assays were performed to detect the non-deletional  $\alpha$  thalassemia point mutations and  $\beta$  thalassemia point mutations.

**Results** The HK $\alpha$  allele was found in 56 samples, the rate of HK $\alpha$ / $\alpha\alpha$ , HK $\alpha$ / $-\alpha^{3.7}$  and HK $\alpha$ / $--^{SEA}$  were 4.92%, 0.67% and 0.67%. The rate of the HK $\alpha$  allele was 0.33% in southern Chinese population. In HK $\alpha$ / $\alpha\alpha$  thalassemia group, the levels of hemoglobin (Hb), mean cell volume (MCV) and mean cell hemoglobin (MCH) were similar to the  $-\alpha^{3.7}$ / $\alpha\alpha$  thalassemia group. The hematology of the HK $\alpha$ / $--^{SEA}$  carriers were similar with the  $\alpha^0$  thalassemia carriers, and Hb is usually over 100g/l. The two families carrying HK $\alpha$ / $--^{SEA}$  genotype choosed to retain the fetuses in our study.

**Conclusions** There was a certain proportion of the HK $\alpha$  allele in southern Chinese population, and the hematologic manifestations were mild. Differential diagnosis of HK $\alpha$  genotype from  $-\alpha^{3.7}$ / $\alpha\alpha$  can provide more accurate genetic diagnosis and thalassemia genetic counseling for clinical.

#### PU-5682

### Adult reference intervals for IgG subclasses with Siemens immunonephelometric assays in Chinese population

Ping Li  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** To determine the adult reference intervals for the Siemens IgG subclass reagents.

**Methods** 636 blood samples of healthy adults were analyzed to determine the level of IgG subclass using the reagents of Siemens immunonephelometric assay with molecular biology kits.

**Results** IgGSc reference intervals were as follows: IgG1 4.45-9.76 g/L, IgG2 2.07-8.57 g/L, IgG3 0.08-0.80 g/L and IgG4 0.05-1.54 g/L. There was an excellent correlation between the total IgG and the sum of the IgG subclasses. No significant gender and age differences were observed.

**Conclusions** Our data provide the missing reference intervals and enable the use of the nephelometric IgG subclass reagents in Chinese. The study can offer reference on clinic diagnose.

## PU-5683

## 通过检测血清 HE4、CA125 的表达水平及计算 ROMA，探讨血清 HE4、CA125 与 ROMA 单项和联合检测在常见子宫内膜疾病的诊断价值。

陈敦雁,阙厦丹  
福建省立医院,350000

**目的** 通过检测血清 HE4、CA125 的表达水平及计算 ROMA，探讨血清 HE4、CA125 与 ROMA 单项和联合检测在常见子宫内膜疾病的诊断价值。

**方法** 收集并统计分组于 2017 年 1 月至 2019 年 1 月福建省立医院入院手术治疗的患者，以病理诊断为“金标准”分为子宫内膜癌患者（93 例）、子宫内膜良性病变患者（239 例）、健康对照组（62 例），应用电化学发光免疫法分别测定 HE4、CA125 水平以及计算 ROMA 指数，比较各组血清 HE4、CA125 水平及 ROMA 指数，分析 HE4、CA125、ROMA 各单项和联合子宫内膜疾病患者检测中的意义。

**结果** 1.子宫内膜癌组 CA125、HE4、ROMA 和三者联合的阳性例数均高于其他两组，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；各组年龄比较，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ），且子宫内膜癌组最高。2.血清 HE4 表达水平结果显示子宫内膜癌组>良性病变组>健康对照组，差异有统计学意义（ $p<0.05$ ），血清 CA125 表达水平结果显示子宫内膜癌组与良性病变组差异无统计学意义（ $p>0.05$ ），正常组低于子宫内膜癌组和良性病变组，差异有统计学意义（ $p<0.05$ ）。3.结果显示，联合检测的灵敏度最高，特异性则是 HE4 最高，而 ROMA 诊断 Kappa 值和约登指数最大。ROMA 检测方式曲线下面积最大，诊断价值越高，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。4.子宫内膜癌中晚期 HE4、CA125 和 ROMA 值均高于子宫内膜癌 I 期。5.正常人、子宫内膜癌 1 期、子宫内膜非典型性增生患者 HE4、CA125 差异性分析，三组 HE4 和 CA125 差异有统计学意义（ $p<0.05$ ）。

**结论** 通过 HE4 和 CA125 计算所得的 ROMA 值对子宫内膜癌的诊断价值应给予肯定，但对于子宫内膜癌特异性最高的 HE4 仍是一个重要的筛查指标。

## PU-5684

## 关于临床医学检验重要环节的质量控制

魏聪  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 通过对临床医学检验的重要环节进行有效质量控制，促使更好的为临床提供更加全面、准确、有效的检验报告。

**方法** 按照我国规定的《医疗机构临床实验室管理办法》，从而对临床医学中检验的各种信息和设备仪器以及试剂管理等方面进行有效的质量控制，以此保障重要环节的整体质量。

**结果** 通过对临床医学检验的重要环节实施质量控制，以此促进检验各类报告的准确性。

**结论** 对临床医学中重要环节进行有效质量控制可以保障医疗的质量和医疗的安全，同时为患者提供准确的检验报告，从而提高临床医学的诊疗水平。

## PU-5685

## 外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值在诊断肺癌转移及分期中的临床应用

陈佳,薛赢俊,陈文欣,胡晓波  
上海中医药大学附属龙华医院,200000

**目的** 探讨外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值(NLR)在肺癌转移及分期中的临床应用价值。

**方法** 根据分期、有无转移将 78 例肺癌患者进行分组,并与同期 74 例健康体检者进行比较,比较多组患者间 NLR 的差异。

**结果** 有转移组 NLR 显著高于未转移组( $p<0.01$ ),转移组与未转移组 NLR 均高于健康体检组( $P<0.01$ );对于不同分期的肺癌患者,III 期 NLR 分别显著高于健康体检组、I 期肺癌组( $p$  均 $<0.01$ )。IV 期患者 NLR 分别显著高于健康对照组、I 期、II 期( $p<0.01$ )。此外,NLR 与肺癌是否转移及其分期均有一定的相关性( $r=0.418; 0.445, p$  均 $<0.01$ )。

**结论** NLR 对判断肺癌分期,是否发生转移有一定的临床价值,可以为肺癌分期及转移的诊断提供一定的帮助。

## PU-5686

## 两个厂家血培养瓶的性能评价

张胜男,杨柳,李慧  
杭州迪安医学检验中心有限公司

**目的** 评价在非配套的梅里埃血培养系统中厂家 M 和厂家 X 需氧瓶和厌氧瓶的性能。

**方法** 无菌生长试验:随机选取厂家 M 和厂家 X 的需氧瓶和厌氧瓶各 2 个直接上机培养;有菌试验:用 15 种模拟临床标本(覆盖临床常见微生物,需氧瓶验证菌株包括需氧/兼性厌氧革兰阳性菌、需氧/兼性厌氧革兰阴性菌、苛养菌和真菌,厌氧瓶验证包括厌氧革兰阳性菌、兼性厌氧革兰阴性菌、专性厌氧菌)置于梅里埃血培养系统上进行培养、检测,记录报阳时间。

**结果** 无菌生长试验:厂家 M 和厂家 X 生产的需氧瓶和厌氧瓶各 2 瓶在 Bact/Alert 3D 240 型全自动血培养仪内连续培养检测 5 天(120h)报阴性;有菌生长试验:厂家 M 生产的需氧瓶和厌氧瓶接种相应的细菌后均能在 3 天内阳性报警;厂家 X 生产的需氧瓶接种流感嗜血杆菌后 3.25 天报阳,厌氧瓶铜绿假单胞菌接种后 0.56 天报阳性,铜绿假单胞菌为专性菌在厌氧瓶内不应生长,应在 5 天(120h)报阴性,厌氧瓶第一次接种流感嗜血杆菌、伤寒沙门菌、产气荚膜梭菌、脆弱拟杆菌连续培养 5 天(120h)均报阴性,故进行重复试验,重复试验均在 3 天内报阳。除需氧瓶的白色念珠菌培养和厌氧瓶的肺炎链球菌培养厂家 M 的报阳时间多于厂家 X,其余有菌试验均是厂家 M 的报阳时间少于厂家 X。

**结论** 在非配套的梅里埃血培养系统中,厂家 M 和厂家 X 的血培养瓶均可满足临床实验室日常血培养的检测要求,但厂家 M 血培养瓶优于厂家 X 血培养瓶。



PU-5687

## 抗突变型瓜氨酸波形蛋白抗体在类风湿性关节炎 诊断中的价值探讨

李建新  
日照市中医医院

**目的** 了解抗突变型瓜氨酸波形蛋白抗体（抗 MCV 抗体）对类风湿关节炎（RA）的诊断价值。  
**方法** 采用酶联免疫吸附试验检测 50 例 RA 患者，50 例其他 RA 患者及 50 例正常对照者抗 MCV 抗体，并同时检测类风湿因子，计算两项指标的灵敏度、特异性、阳性及阴性预测值。  
**结果** RA 组抗 MCV 抗体阳性率为 88%，非 RA 关节炎组抗 MCV 抗体阳性率为 8%，正常对照组为阴性。RA 组抗 MCV 抗体灵敏度、特异性、阳性预测值、阴性预测值分别为 88.1%、91.0%、90.7%、88.7%；类风湿因子则为 74.9%、79%、77.9%、75.2%。  
**结论** 抗 MCV 抗体诊断 RA 的灵敏度、特异性明显高于类风湿因子，可作为诊断 RA 的血清学指标之一。

PU-5688

## 高敏肌钙蛋白 T（hs-cTnT）量子点荧光免疫检测试剂 的性能评价

牛莉莉, 闫文萍, 李建国  
昌吉回族自治州人民医院

**目的** 急性冠状动脉综合征（acute coronary syndrome, ACS）是一组由急性心肌缺血引起的临床综合征，主要包括不稳定性心绞痛（UAP）和急性心肌梗死（acute myocardial infarction, AMI）。研究表明，cTnT 对 AMI 的早期诊断具有较高的特异性和敏感性，而超敏感法是目前临床上检测 cTnT 的新方法，具有更高的检测灵敏度。因此，其在微小心肌损伤及更早期 AMI 的诊断中较传统的 cTnT 检测法具备更出色的表现。本研究对高敏肌钙蛋白 T（hs-cTnT）量子点荧光免疫法床旁快速检测试剂进行性能评价，判断其是否可以满足临床需求，并评估该试剂是否可以准确检测心肌损伤。

**方法** 基于量子点荧光免疫层析技术制备 hs-cTnT 全血检测试剂盒，建立 hs-cTnT 全血检测体系，评估该检测试剂的日间和日内精密度、重复性、检出限（LoD）、线性范围和第 99 百分位值，验证了该试剂与 Roche 化学发光法 hs-cTnT 检测试剂的量值一致性。

**结果** 大量检测数据验证表明，该试剂盒重复性和精密度试验的 CV 均 <10%；LoD 值为 4.7 ng/L；第 99 百分位值为 13.5 ng/L；检测的线性范围达到 5-10000 ng/L。该试剂与 Roche 化学发光法 hs-cTnT 检测试剂的相关系数为 0.9944。

**结论** hs-cTnT 量子点荧光免疫法床旁快速检测试剂具有良好的性能，其值在第 99 百分位值上限到诊断心肌梗死的下限值之间范围的值也有其临床诊断意义，对微小心肌损伤有一定的预测作用。通过与 Roche 化学发光法 hs-cTnT 的性能比对，其临床比对相关性较好，检测结果具有较好的一致性，其检测性能达到临床使用的要求，可以满足临床的使用需求，对于快速诊断及医生制定治疗方案的指导具有重要价值。

## PU-5689

## 福州地区无偿献血人群 HCV 基因型分布研究

林洪铿,江伟梅,林授  
福建省血液中心

**目的** 通过对血液筛查 HCV 阳性标本进行 5' UTR 区扩增并测序,了解本地区无偿献血人群 HCV 感染的基因型分布特点。

**方法** 同时采用 ELISA 抗体检测试剂和 TMA 核酸检测试剂对献血者血液标本进行 HCV 项目筛查,对两者检测均为反应性的标本进行 HCV 基因 5' UTR 区扩增并测序分析,再将测得序列通过构建进化树分型。

**结果** ELISA 法和核酸检测均为反应性的标本共 92 份,进行 5' UTR 区基因成功扩增并测序 52 份,分型结果为: 6a[(19/52)36.54%], 1b[(18/52)34.62%], 3a[(6/52) 11.54%], 1a [(2/52)3.85%], 3b[(2/52)3.85%], 其他[(5/52)9.60%]。

**结论** 本地区无偿献血人群 HCV 感染的基因型主要以 6a 和 1b 为主。

## PU-5690

## 肺炎克雷伯菌毒力因子的差异研究

陈东杰,胡辛兰  
福建省立医院,350000

**目的** 研究肺炎克雷伯菌毒力基因在不同耐药表型的存在情况,探讨其耐药性与毒力的关系。

**方法** 收集福建省立医院微生物室 2016 年 1 月至 2017 年 12 月从不同病区各种临床标本分离的肺炎克雷伯菌 96 株,包括产 ESBLs 肺炎克雷伯菌菌株、耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌菌株和全敏感肺炎克雷伯菌菌株各 32 株;采用荧光定量 PCR 分别检测分离株中八个毒力基因(wcaG、mrkD、alls、fimH、rmpA 和 iucC)的存在情况;SPSS 21.0 统计软件进行数据分析。

**结果** 本次研究收集的分离株中 wcaG、mrkD、alls 和 fimH 基因在三种耐药表型中的存在情况没有明显差异( $P > 0.05$ );而 rmpA 和 iucC 基因在产 ESBLs 分离株和耐碳青霉烯类分离株的存在情况分别相对于全敏感分离株有显著差异( $P < 0.01$ );而且在全敏感分离株、产 ESBLs 分离株和耐碳青霉烯类分离株中 rmpA 和 iucC 基因的阳性率逐渐降低。

**结论** 肺炎克雷伯菌的某些毒力基因(例如 rmpA 和 iucC)的存在情况与耐药水平有一定相关性。

## PU-5691

## 小檗碱对临床常见 5 种念珠菌体外抑菌效果分析

姚冬婷,胡骏,张雪清,张俊,胡晓波  
上海中医药大学附属龙华医院,200000

**目的** 检测小檗碱对临床常见 5 种念珠菌的抑菌效果。

**方法** 收集 2017 年 1 月-12 月龙华医院临床分离的念珠菌 56 株,其中白色念珠菌 23 株,光滑念珠菌 20 株,热带念珠菌 6 株,克柔念珠菌 4 株,近平滑念珠菌 3 株。采用微量肉汤稀释法进行实验。采用秩和检验方法进行统计学分析。

**结果** 小檗碱对白色念珠菌、光滑念珠菌、热带念珠菌、克柔念珠菌以及近平滑念珠菌的 MIC<sub>50</sub> 分别为 32  $\mu\text{g/mL}$ 、16  $\mu\text{g/mL}$ 、8  $\mu\text{g/mL}$ 、4  $\mu\text{g/mL}$ 、16  $\mu\text{g/mL}$ 。经比较发现,小檗碱对白色念珠菌的抑菌效果与其余 4 种念珠菌差异均有统计学意义( $P < 0.05$ ),而其余 4 种念珠菌之间小檗碱的抑

菌效果差异均没有统计学意义 ( $P>0.05$ )。小檗碱对敏感组和非敏感组光滑念珠菌的抑菌效果也没有统计学差异 ( $P=0.063$ )。

**结论** 小檗碱对临床 5 种念珠菌, 包括非敏感光滑念珠菌均有较好的抑菌效果, 对非白色念珠菌的抑菌效果优于白色念珠菌。

## PU-5692

### 不同防腐剂及保存时间对 24h 尿液生化定量结果的影响

林娅<sup>1</sup>, 李俊贤<sup>1</sup>, 蔺亚晖<sup>2</sup>, 康金锁<sup>2</sup>

1. 云南省阜外心血管病医院

2. 中国医学科学院阜外医院, 100000

**目的** 探索在不同的保存条件下, 24 小时尿钠、尿钾及尿蛋白的检测方法与即时尿的检测方法有无差异, 得出尿液生化定量 24 小时尿标本应如何保存, 何种保存方式对结果影响最小。

**方法** 在同一时间收集本院住院、门诊患者的随机尿 50 例, 每份尿液分为 2ml\*4 份, 做尿钠总量、尿钾总量、尿总蛋白定量的测试。第一份收集时立即检测、第二份用二甲苯防腐保存 24h 后检测、第三份冷藏保存 24h 后检测、第四份放置室温保存 24h 后检测。采用完全随机设计的配对 t 检验, 对比三种保存方式的检测结果与即时尿的检测结果有无显著差异。

**结果** 尿钠的检测中, 三种保存方法的检测结果与即时尿的检测结果无显著差异 ( $P>0.05$ ), 二甲苯保存 24h 后与即时尿的结果差异最小 (平均 bias=11.31%), 冷藏保存 24h 后与即时尿的结果差异次之 (平均 bias=13.02%), 室温放置 24h 后差异最大 (平均 bias=16.42%)。尿钾检测中, 三种保存方法的检测结果与即时尿的检测结果均有显著差异 ( $P<0.05$ ), 冷藏保存 24h 后与即时尿的结果差异最小 (平均 bias=8.30%), 二甲苯保存 24h 后与即时尿的结果差异次之 (平均 bias=9.26%), 室温放置 24h 后差异最大 (平均 bias=13.13%)。尿蛋白检测中, 二甲苯保存和冷藏保存后的检测结果与即时尿的检测结果无显著差异 ( $P>0.05$ ), 室温保存 24h 后的检测结果与即时尿的检测结果有显著差异 ( $P<0.05$ ), 冷藏保存 24h 后与即时尿的结果差异最小 (平均 bias=9.47%), 二甲苯保存 24h 后与即时尿的结果差异次之 (平均 bias=16.30%), 室温放置 24h 后差异最大 (平均 bias=26.47%)。

**结论** 三种保存方法与即时尿相比, 对尿钠的检测结果均无显著差异, 且防腐剂保存优于冷藏保存优于室温放置; 对尿钾的检测结果均有显著差异, 且冷藏保存优于防腐剂保存优于室温放置; 对尿蛋白可采取防腐剂或冷藏保存, 不可直接放置室温保存, 且冷藏保存优于防腐剂保存优于室温放置。为保证检测结果最接近患者的真实水平, 24 小时尿液检测应冷藏保存或用二甲苯防腐, 拒绝直接放置室温。

## PU-5693

### 血清 CA72-4、CA19-9、CEA 及 CA125 在胰腺癌诊断中的临床价值

陈媛, 陈丽萍

龙岩市第一医院, 364000

**目的** 探讨肿瘤标志物 CA72-4、CA19-9、CEA、CA125 单独或联合检测在胰腺癌早期诊断中的临床价值。

**方法** 选取 2017 年 5 月至 2018 年 5 月就诊龙岩市第一医院的 31 例胰腺癌患者、31 例良性胰腺疾病患者和 33 名健康体检者。采用电化学发光法对各组血清 CA72-4、CA19-9、CEA、CA125 进行

检测并分析各指标间的相关性。同时采用 ROC 曲线分析各指标单项或联合测定在胰腺癌中的诊断效能。

**结果** 胰腺癌组血清 CA19-9、CEA、CA125 水平显著高于良性胰腺疾病组和健康对照组 ( $P$  均  $<0.05$ )，而 CA72-4 仅高于良性胰腺疾病组 ( $P < 0.05$ )，CEA 与 CA125 间存在较好相关性 ( $r=0.764, P=0.000$ )。胰腺癌组 CA199 的曲线下面积 (ROCAUC) 为 0.953，敏感度、特异度分别为 83.9%、98%。CA199 联合 CEA 的 ROCAUC 为 0.983，敏感性为 93.5%，高于 CA199 联合 CA724 或 CA125。四项指标联合检测的 ROCAUC 最大，为 0.991，高于单项和其他指标联合检测，敏感性和特异性分别为 96.8% 和 99%，且曲线下面积间比较无统计学差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** CA19-9 在胰腺癌中的诊断效能明显优于 CEA、CA125、CA724，联合检测提高了胰腺癌诊断的敏感性，有助于提升胰腺癌诊断检出率。

## PU-5694

### 福州地区无偿献血人群血液核酸检测情况分析

林洪铿, 林海娟  
福建省血液中心

**目的** 了解核酸检测技术在福州地区无偿献血者血液筛查中的应用情况，评估开展血液核酸检测的必要性和试剂升级前后的检测性能差异。

**方法** 采用 Procleix TIGRIS 全自动核酸检测系统，对无偿献血者血液标本进行 HBV/HCV/HIV-1 联合检测，同时采用 2 种血清学 ELISA 试剂对所有标本进行 HBsAg、抗-HCV、抗-HIV/P24 和抗-TP 等项目并行检测，并对核酸联合筛查反应性的标本进行鉴别试验。

**结果** 从 2012 年至 2017 年，共检测 491159 份献血者血液标本，其中 ELISA 无反应性 NAT 反应性标本共计 1637 份，检出 HBV 窗口期标本共 477 份，HIV 窗口期标本 2 份。2015 年核酸检测升级后，ELISA 无反应性 NAT 反应性率由 0.28% 提高至 0.41%，鉴别阳性的预测值由 25.61% 提高到 33.89%。

**结论** 核酸检测技术应用于无偿献血者血液筛查能有效降低输血感染风险，保证临床用血安全，试剂的更新升级有助于检测性能提高。

## PU-5695

### Gastric cancer cell derived exosomal HMGB1 upregulate PD-L1 expression of neutrophils to foster immune suppression

Yinghong Shi, Hui Qian, Xu Zhang, Wenrong Xu  
Zhenjiang Key Laboratory of High Technology Research on Exosomes Foundation and Transformation Application, Jiangsu Key Laboratory of Medical Science and Laboratory Medicine, School of Medicine, Jiangsu University

**Objective** Exosomes are extracellular vesicles that mediate cellular communication in health and diseases. Neutrophils are prominent components of solid tumors and exhibit distinct phenotypes in different tumor microenvironments. However, the function of tumor-derived exosomes in neutrophil regulation remains unclear. We investigated the effects of gastric cancer cell-derived exosomes (GC-Ex) on the expression of immunosuppressive molecule programmed death-ligand 1 (PD-L1) in neutrophils and the underlying mechanism.

**Methods** Neutrophils were isolated and cultured with GC-Ex in vitro to generate tumor associated neutrophils (TAN). Flow cytometric analyses were performed to determine PD-L1 expression levels in TAN. Western blot was used to detect the phosphorylation of activator of transcription 3

(STAT3) signal in TAN. TAN and human peripheral blood CD3<sup>+</sup> T cells were co-cultured with or without neutralizing antibody against PD-L1 for the analyses of T cell function. Specific small interfering RNA (siRNA) was used to silence HMGB1 in gastric cancer cells.

**Results** We found that GC-Ex increased PD-L1 expression in neutrophils by activating STAT3 pathway. Blocking STAT3 pathway reversed GC-Ex induced PD-L1 expression in neutrophils. In addition, GC-Ex-stimulated neutrophils suppressed normal CD3<sup>+</sup>T cell immunity in vitro. In the neutrophils/T cells co-culture system, the activation, IFN- $\gamma$  production and proliferation of T cells were suppressed by GC-Ex stimulated neutrophils. These effects could be reversed by neutralizing antibody against PD-L1. HMGB1 was confirmed as a key factor for GC-Ex-mediated expression of PD-L1 in neutrophils. Compare to control GC-Ex, si-HMGB1 Ex showed impaired effects on inducing PD-L1 expression in neutrophils and the following suppression of T cell function. Meanwhile, we found gastric cancer tissue-derived exosomes acted similarly as exosomes derived from gastric cancer cell lines.

**Conclusions** Our results illustrated a novel mechanism for PD-L1 expression regulation in TAN and provided evidence for the importance of exosomal HMGB1-PD-L1 pathway in immune invasion in GC. These findings provide new insights into the regulation of neutrophils in GC and sheds lights on the multifaceted role of exosomes in reshaping tumor microenvironment.

## PU-5696

### 血清样本中的甲胎蛋白，甲胎蛋白异质体,异常凝血酶原水平在肝癌的诊断价值

沈菁,李浩

福建省立医院,350000

**目的** 研究血清样本中的甲胎蛋白（AFP），甲胎蛋白异质体(AFP-L3),异常凝血酶原(PIVKA-II)水平在肝癌的诊断价值。

**方法** 研究福建省立医院 2018 年 12 月到 2019 年 2 月收治的 120 例肝癌患者（肝癌组）以及 120 例肝硬化（良性组）作为研究对象，收集血清样本，采用电发光化学法测定样本中甲胎蛋白（AFP），甲胎蛋白异质体(AFP-L3)，异常凝血酶原(PIVKA-II)的血清水平，比较两组患者血清样本中的甲胎蛋白(AFP)，甲胎蛋白异质体(AFP-L3)，异常凝血酶(PIVKA-II)原检测水平，分析单个指标和多个指标联合诊断对肝癌的诊断价值。

**结果** 肝癌组甲胎蛋白肝癌组阳性率为 80.00%（96/120），明显高于良性肝病组 20.00%（24/120），差异有统计学意义（ $X^2=118.78, p<0.05$ ）。甲胎蛋白异质体在肝癌组中阳性率为 85.00%（102/120），高于良性肝病组的 15.00%（18/120），差异有统计学意义（ $X^2=148.297, p<0.05$ ）。异常凝血酶原肝癌组阳性率为 78.33%（94/120），明显高于良性肝病组 21.66%（26/120），差异有统计学意义（ $X^2=92.164, P<0.05$ ）。在肝癌组中，甲胎蛋白异常的血清中甲胎蛋白异质体异常的有 92 个（92/96），而异常凝血酶原异常者有 90 个（90/96），甲胎蛋白异质体异常的血清中甲胎蛋白异常的有 90 个（90/102），异常凝血酶原异常的有 91（91/102）个，在异常凝血酶原异常的血清中，甲胎蛋白异常的有 88 个（88/94），甲胎蛋白异质体异常的有 92 个（92/94）。单一的检测甲胎蛋白，甲胎蛋白异质体，异常凝血酶原，敏感度均没有联合检测甲胎蛋白，甲胎蛋白异质体，异常凝血酶原高。

**结论** 联合检测甲胎蛋白，甲胎蛋白异质体，异常凝血酶原对原发性肝癌具有较高敏感性和特异性，为原发性肝癌的临床诊断和治疗提供了可靠的理论依据。

PU-5697

## LIS 信息节点大数据分析在不合格标本精准管理中的应用

孙峰

安徽省亳州市人民医院

**目的** 利用实验室信息系统（LIS）中记录的信息节点进行大数据分析为不合格住院标本管理提供决策支持。

**方法** 在 LIS 中设置不合格标本类型并结合科室实际情况，把不合格标本类型分为：标本种类错误、采样容器错误、标本采集量不够、标本采集量过多，标本凝固、标本污染、标本溢洒、标本溶血、标本脂血、未送检标本、条码已入库等，利用 EXCEL 软件对从 LIS 中导出的不合格标本的节点数据进行整理并使用数据透视图、表功能进行分类展示，分类按照不合格标本产生的时间、采样地、不合格原因、检验项目、采样人、被采样人等单一要素或多要素联合递进式展示。

**结果** 对不合格标本出现的单一要素进行展示，如不同时段分布、月份分布、年份分布、病区分布、不合格原因分布、检验项目分布、采样人一览与被采样人的年龄段分布的图或表等共性数据；也能对两个或多个要素联合精准展示具体问题，以二十九病区的其中一条不合格原因再展示该不合格原因常见的检验项目进而提出改进决策，展示持续改进后的效果。

**结论** 利用 LIS 信息节点大数据分析可为高效、精准、有效管理不合格标本提供决策支持。

PU-5698

## 利用 MALDI-TOF MS 建立产生生物膜表皮葡萄球菌的鉴定

杨滨

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 利用 MALDI-TOF MS 建立产生生物膜表皮葡萄球菌的鉴别方法，并评估其方法的临床诊断价值。

**方法** 收集福建医科大学附属第一医院引起人工关节感染的表皮葡萄球菌 16 株，采用结晶紫检测其生物膜形成能力；并利用 MALDI-TOF MS 分别采集表皮葡萄球菌生物膜阳性标准菌株和阴性标准菌株蛋白质指纹图谱做 MSP 区分，并将临床菌株的质谱图与 MSPs 进行匹配，鉴别其生物膜形成能力。

**结果** MALDI-TOF MS 分析中，11 株的质谱图与表皮葡萄球菌 ATCC 35984(生物膜阳性)的 MSP 匹配度较高，其中 8 株经结晶紫分析鉴定为生物膜形成能力++。5 株的质谱图与表皮葡萄球菌 ATCC 12228(生物膜阴性)的 MSP 匹配度较高，其中 3 株经结晶紫染色法鉴定为生物膜形成能力阴性，鉴定符合率为 68.75%，灵敏度为 80.00%，特异度为 50.00%。

**结论** MALDI-TOF MS 分析法灵敏度较高，可用于快速、高通量、简便地筛查表皮葡萄球菌生物膜阳性菌株，有助于临床选择有效的抗生素治疗。

## PU-5699

## 解离抗凝剂依赖性血小板聚集的临床研究

张伟红,李颖能

广州市第一人民医院,510000

**目的** 本课题对 16 例 EDTA 依赖性假性血小板减少症 (EDTA-PTCP) 聚集血小板的解离进行研究,通过不同方法对聚集血小板解离的效果比较,为解离抗凝剂依赖性血小板聚集提供有效的解聚方法。

**方法** 对照组 50 例无血小板聚集标本在两台血细胞分析仪 (XE-5000 和 BC-6800P) 检测血小板并进行比较。实验组 16 例 EDTA-PTCP 患者,在血细胞分析仪旁采集静脉血置于无抗凝剂管、枸橼酸钠抗凝管、肝素抗凝管各一管,EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝管三管 (A、B、C 管)。无抗凝剂管即抽即检后所得值为患者准确血小板数值;肝素抗凝管、枸橼酸钠抗凝管及 A 管在不同时间段 (即时、0.5、1.0、2.0、3.0 h) 分别在两台血细胞分析仪上测定血小板数;B、C 管分别放置 0.5、1.0 h 测定血小板数后,加入丁胺卡那霉素,解离 1.0、2.0、3.0 h 分别在 XE-5000 和 BC-6800P 上测定血小板数,比较各管各时间段在两台血细胞分析仪的血小板解聚效果。

**结果** 对照组 50 例标本在两台血细胞分析仪光学法通道检测血小板结果比较无显著差异  $P > 0.05$ 。A 管即时检测结果与无抗凝剂管即时检测结果无显著差异  $P > 0.05$ ,肝素、枸橼酸钠抗凝管即时检测结果与无抗凝剂管即时检测结果有显著差异  $P < 0.05$ ;16 例患者三种抗凝剂管血小板数均随着标本放置时间的延长而下降;BC-6800P 在 1h 内对 A 管检测结果与无抗凝剂管即时检测结果无显著差异  $P > 0.05$ ;BC-6800P 对 EDTA-PTCP 患者 A、B、C 管聚集血小板的检测结果显示在各时间段均优于 XE-5000,用丁胺卡那霉素解聚后于 BC-6800P 检测的血小板数值更接近于患者准确血小板计数值。

**结论** 实验组 16 例患者均为多抗凝剂依赖性假性血小板减少症患者,对抗凝剂依赖性假性血小板减少的患者,首选分析仪旁即抽即检,若因某种原因无法即抽即检,可考虑在抽血 1h 内用 BC-6800P 检测或尽快加入丁胺卡那霉素进行解离并检测以获得准确的血小板数值。

## PU-5700

## 健康成人外周血红细胞计数与血清碱性磷酸酶含量的相关性研究

谷晓楚,徐晓文,惠李

苏州市广济医院,215000

**目的** 造骨运动和血细胞生成之间存在着一定的关联,成骨细胞可能在血细胞生成中扮演着重要的角色,来自成骨细胞的信号分子可以激活造血干细胞的增殖。人外周血中的碱性磷酸酶是一组能够催化核酸的 5'-P 末端转换成 5'-OH 末端的同工酶,主要来自于肝脏和骨骼。外周血的碱性磷酸酶含量可能能够反映个体的造血功能。本研究通过分析正常健康成年人外周血中红细胞和碱性磷酸酶含量之间的关联,探讨骨形成和血细胞生成之间可能的关系。

**方法** 收集了来自温州康宁医院的 439 位健康成年职工的外周全血和血清,其中男性 124 例,女性 312 例,平均年龄 32.6 岁 (标准差 9.9 岁)。应用西斯美康全自动血液细胞分析仪分析了所有全血样本的红细胞浓度,应用日立 7600 全自动生化分析仪分析了血清样本的碱性磷酸酶、直接胆红素和总胆红素含量。采用 spearman 相关分析了所有指标之间的相关性,所有统计分析均在 R 软件平台完成。

**结果** 采用 K-S 正态性检验分析,所有指标均不符合正态分布。Spearman 相关分析显示,碱性磷酸酶与红细胞计数之间的关联性最高 ( $r=0.68, p=2.08E-60$ ),红细胞计数与直接胆红素及总胆红素含量之间也存在着一定的关联性 ( $r=0.39, p=3.43E-18; r=0.59, p=1.01E-42$ )。

**结论** 红细胞计数与外周血碱性磷酸酶含量之间存在着显著的关联, 并且这种关联主要与骨骼形成有关, 而与红细胞增加后胆红素代谢增强对肝功能的影响关系不大。

## PU-5701

### Assessing effects of different processing procedures on the yield of *Treponema pallidum* DNA from blood

Xiaozhen Zhu, Tian-Ci Yang  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** In this work, we employed real-time PCR analysis targeting tp0574 to investigate the effects of different processing procedures on the yield of *T. pallidum* DNA from blood to improve assay sensitivity.

**Methods** we investigated differences in *T. pallidum* DNA yield achieved using different processing methods (including methods that vary centrifugal force, processing time and storage temperature) with different sample types (whole blood, plasma, serum, hematocytes, and blood clots) and with red blood cell lysis pretreatment.

**Results** The *T. pallidum* DNA yields following red blood cell lysis pretreatment were 40.4 times greater from whole blood and 32.4 times greater from residual hematocytes than yields without pretreatment. For the simulated whole-blood experiments, the *T. pallidum* DNA yields from the lower layer were 2.8, 4.6, 7.3, 12.6, 15.24, 16.7, 65.1 and 73.1 times those from the upper layer following centrifugation at 500x, 1000x, 2000x, 4000x, 5000x, 7000x, 10,000x and 20,000xg, respectively. However, the *T. pallidum* DNA yields from blood clots were only 1.0% at different centrifugal forces. The experiment with infected rabbit blood showed results similar to those mentioned above. In addition, sample processing time (within 48 h) and storage temperature (4 °C and 25 °C) did not affect *T. pallidum* DNA extraction efficiency.

**Conclusions** The *T. pallidum* DNA yield can be significantly improved by red blood cell lysis pretreatment and appropriate centrifugation. Furthermore, the *T. pallidum* DNA extraction yield is greater from whole blood or residual hematocytes from anti-coagulated blood than from plasma, serum or blood clots

## PU-5702

### 新型布尼亚病毒感染患者外周血淋巴细胞亚群动态变化分析

李亚丽  
山东大学第二医院检验医学中心

**目的** 发热伴血小板减少综合征 (SFTS) 是近年来在我国最先发现的一种由新型布尼亚病毒 (SFTSV) 感染引起的新发传染病。在 2013 年, 日本和韩国也相继确诊了该病例。自 2006 年以来, 先后在我国河南、湖北、安徽、山东、江苏等地报道多例以不明原因发热、乏力起病, 实验室检查血小板减少、白细胞减少的散发病例, 少数病情危重患者因多器官功能衰竭而死亡。作为一种病毒感染性疾病, 目前, SFTSV 感染人体后引起发病的机制尚不明确。本研究通过动态观察发热伴血小板减少综合征 (SFTS) 患者不同时期外周血淋巴细胞亚群特征, 探讨 SFTSV 感染后的机体免疫状态及其在疾病进展中的意义。

**方法** 采用病例对照研究, 收集临床确诊的 79 例发热伴血小板减少综合征住院患者的临床资料, 同时, 选取 30 名健康人作为健康对照组。根据预后情况将 SFTS 住院患者分为普通组和危重组。采用实时荧光定量 PCR 法检测血清中 SFTSV 核酸, 流式细胞仪检测健康对照者及 SFTS 住院患者



在不同病程阶段外周血中 CD3<sup>+</sup>T 淋巴细胞 (T 细胞)、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞 (Th 细胞)、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞 (Tc 细胞)、B 细胞、NK 细胞百分比值和 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值。健康对照组和 SFTS 患者组间各淋巴细胞亚群计数进行 t 检验统计学分析,应用单因素 ROC 曲线分析各指标对判断患者预后的预测价值。

**结果** (1) SFTSV 感染人体后可以引起患者外周血 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞百分比及 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值减低,并伴有外周血 NK 细胞减少和 B 细胞升高。

(2) SFTS 普通组和危重组相比,SFTS 危重组患者 SFTSV-RNA 水平升高更显著,且均在发病后 II 期 (7~10d) 达到最高值;SFTS 危重组患者 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞百分比减低更显著。

(3) 经单因素 ROC 分析发现,CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞百分比、CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值和 SFTSV-RNA 水平对判断疾病预后较好的预测价值。

**结论** SFTSV 侵入人体后,细胞免疫受到损害,体液免疫功能相对亢进,适度的细胞免疫应答有助于疾病的康复,过度的细胞免疫应答以及高载量的病毒水平意味着预后不良,适时监测人体外周血淋巴细胞亚群的动态变化对临床治疗和改善危重患者预后具有重要意义。

## PU-5703

### 红细胞体积分布宽度在高血压并发脑梗死中的临床价值

阙荣良,陈丽萍,吴定昌  
龙岩市第一医院,364000

**目的** 探讨红细胞体积分布宽度(RDW)在高血压并发脑梗死中的临床价值。

**方法** 回顾性研究。选取 2014 年 1 月~2016 年 12 月收治的高血压住院患者 1040 例,其中单纯高血压 815 例,同期高血压合并脑梗死 225 例,分析高血压合并脑梗死患者的危险因素与 RDW、RDW 与脑梗死发生率的相关性。

**结果** 高龄所占比、饮酒率、高 HCY 百分比、IMT 增厚率、高血压病程、LP( $\alpha$ )、CYS-C、NUE% 随着 RDW 四分位数增加而增加,而 HDL-C、APOA 随着 RDW 四分位数增加而降低 ( $P \leq 0.05$ );在 RDW Q4,并发脑梗死发生率最大,为 29.2%;纠正部分影响因素后,RDW Q4 的 OR 值最大,为 1.897(1.134-3.174);并发脑梗死组治疗前 RDW 明显高于治疗后和单纯高血压组 ( $P \leq 0.05$ )。

**结论** RDW 在一定程度上可作为高血压并发脑梗死诊断及疗效评价的指标。

## PU-5704

### SAA 联合 CRP 及 WBC 计数检测在小儿肺炎鉴别诊断中的研究

许雯静<sup>1</sup>,闫文萍<sup>2</sup>,牛莉莉<sup>2</sup>,李建明<sup>2</sup>  
1.新疆阿克苏地区妇幼保健院检验科  
2.新疆昌吉州人民医院

**目的** 探讨多项指标联合检测对小儿肺炎的鉴别诊断、疗效评价的作用。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年 1 月至 2019 年 5 月住院未经抗感染治疗的 <5 岁的符合入组要求得肺炎患儿共 117 例,细菌性肺炎 89 例,病毒性肺炎 45 例,支原体肺炎 37 例,对其样本进行 CRP、SAA、SAA/CRP 比值及 WBC 检测,分析各指标的诊断效能。

**结果** CRP 及 WBC 在细菌性肺炎组中增高最明显,SAA 及 SAA/CRP 比值在病毒性肺炎及支原体肺炎中均增高,差异有显著性意义。

**结论** 通过 ROC 曲线得出, CRP 及 WBC 可作为诊断细菌性肺炎的指标, 三项指标联合检测可为临床诊断不同肺炎类型及治疗方案提供依据。

## PU-5705

### 外周血染色体制备影响因素及改良措施的探究

吴淞航

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 出生缺陷, 也称为先天出生异常, 已成为围产期和新生儿死亡的主要原因, 也是儿童患病和致残的重要原因。染色体异常作为出生缺陷的重要原因之一, 已被临床上用作确定是否进行产前诊断的独立危险因素。目前, 诊断染色体疾病的基本手段仍然是核型分析技术。本研究从诊断染色体核型制备及分析技术的影响因素进行探索并进一步优化现有常规操作方法。

**方法** 改进实验室外周染色体制备操作, 包括从秋水仙素处理的浓度与时间、低渗处理的时间、固定及预固定操作的工作液浓度及时间、制片方法。建立了多因素影响下外周血染色体制备的分析模型。通过上述方法研究染色体的分散性, 从多角度评估各因素影响下染色体制备的效果, 为染色体制备技术改进实验提供稳定和一致的最佳染色体制备条件。

**结果** 研究表明, 秋水仙碱的作用时间延长至 180 分钟, 低渗时间缩短至 20 分钟, 固定液的比例 (醋酸: 甲醇) 为 1: 3 时, 所得出的染色体核型数目最多, 分辨率最好, 完整度和分散度最好。

**结论** 秋水仙碱的作用时间延长至 180 分钟, 低渗时间缩短至 20 分钟, 固定液的比例 (醋酸: 甲醇) 为 1: 3 时, 所得出的染色体核型数目最多, 分辨率最好, 完整度和分散度最好。

## PU-5706

### 开瓶后的缓冲液放置时间对纤维蛋白原测定的影响

杨艳玲,王慧

青海省人民医院,810000

**目的** 找出开瓶后缓冲液在仪器内放置的有效时间。**方法** 模拟在 CS-5100 全自动凝血分析仪上缓冲液的环境条件, 将缓冲液敞开放置不同时间, 用 Clauss 凝固法分别测量 20 份纤维蛋白原 (FIB) 高值血浆。

**方法** 模拟在 CS-5100 全自动凝血分析仪上缓冲液的环境条件 (室温 24~28℃), 将一瓶缓冲液打开瓶盖在室温分别放置, 并在 2h、4h、6h、8h、10h、12h、24h 时分别测定随机十份凝血样本的 FIB, 并且在每次测量时再用一瓶新开封的缓冲液同时测定 FIB。以每次新开封的缓冲液测得的 FIB 结果分别对其使用开封放置的缓冲液测定同一组样本的结果进行配对检验统计处理。

**结果** 1、随时间的延长, 缓冲液 PH 值呈下降趋势; 2、与刚开瓶的缓冲液所测得的 FIB 结果比较, 放置 8h 时结果差异显著 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 随缓冲液放置时间的延长, FIB 检测结果下降明显, 开瓶后的缓冲液超过 8h 应该及时更换。

## PU-5707

## 血浆及腹水乙醛脱氢酶 1 浓度检测在消化道恶性肿瘤患者临床诊疗中的价值

万诚诚<sup>1</sup>,张强<sup>1</sup>,梅传忠<sup>2</sup>

1.蚌埠医学院第一附属医院.检验科

2.蚌埠医学院.检验医学院

**目的** 检测消化道恶性肿瘤患者血浆及腹水中 ALDH1 的深度,探讨 ALDH1 浓度变化在消化道恶性肿瘤患者临床诊疗及鉴别诊断的价值

**方法** 收集 2016 年 12 月-2017 年 12 月蚌埠医学院第一附属医院住院的消化道恶性肿瘤患者血清、腹水标本共 48 例、妇科恶性肿瘤患者血清、腹水标本共 26 例、非肿瘤患者血清、腹水标本 30 例,建立临床资料档案,同时收集正常健康人血清 30 例。采用酶联免疫吸附(ELISA)法检测血浆及腹水中 ALDH1 的浓度,探讨 ALDH1 浓度检测在部分消化道恶性肿瘤诊疗方面的临床意义。

**结果** 消化道恶性肿瘤患者血浆 ALDH1 浓度水平较非肿瘤患者及健康人明显升高( $P<0.05$ ),消化道恶性肿瘤患者腹水 ALDH1 浓度较非肿瘤患者也明显升高( $P<0.05$ );根据肿瘤组织来源不同,血浆及腹水 ALDH1 浓度水平在不同的原发肿瘤中也不一致,血浆中以肝癌患者最高( $P<0.05$ ),腹水中以肝癌患者最高,子宫内膜癌次之( $P<0.05$ );根据腹水性质不同,消化道恶性肿瘤患者渗出性腹水 ALDH1 浓度水平明显高于其漏出性腹水及非肿瘤患者腹水( $P<0.05$ ),脱落细胞检查结果提示有恶性细胞存在的腹水 ALDH1 浓度水平显著高于脱落细胞检查结果提示无恶性细胞存在的腹水( $P<0.05$ );消化道恶性肿瘤发生转移患者其血清及腹水 ALDH1 浓度水平显著高于未发生转移者( $P<0.05$ );血清及腹水 ALDH1 浓度水平与患者的性别及年龄无关( $P>0.05$ );消化道恶性肿瘤患者血浆和腹水 ALDH1 浓度水平存在相关性,相关系数  $r=0.505$ ,  $P<0.05$ ,且腹水 ALDH1 浓度水平明显高于其血浆水平( $P<0.05$ )。

**结论** 血浆及腹水 ALDH1 浓度检测对消化道恶性肿瘤的诊断、鉴别诊断及在鉴别腹水来源、性质方面具有重要意义;血浆及腹水 ALDH1 浓度水平与消化道恶性肿瘤转移有关;消化道恶性肿瘤患者的血浆及腹水的 ALDH1 浓度水平存在相关性,且腹水 ALDH1 浓度水平明显高于其血浆水平。

## PU-5708

## 福州地区全血献血相关血管迷走神经反应的调查研究

曾嘉<sup>1</sup>,叶丽琴<sup>2</sup>,陈辉<sup>1</sup>

1.福建省血液中心

2.厦门市中心血站

**目的** 了解全血捐献过程中献血相关血管迷走神经反应(donation related vasovagal reation,DRVR)发生的基本情况及相关危险因素。

**方法** 对福州地区 2017 年 7 月 1 日-2018 年 6 月 30 日期间全血采集 75784 人次进行描述性分析、重点分析 DRVR 发生的人群分布特征及相关危险因素。

**结果** 各类不良反应总体发生率为 2.76%,其中 DRVR 发生率为 2.67%。男性 DRVR 发生率(2.30%)低于与女性(3.19%),差异有统计学意义( $P<0.01$ )。按年龄段分析,18-55 岁献血者中,18-20 岁发生率最高;随着年龄增长,发生率呈下降趋势( $P<0.01$ )。按采血地点分析,高校 DRVR 发生率最高,为 6.10%。初次献血者 DRVR 发生率(4.26%)高于重复献血者(1.24%), $P<0.01$ 。多因素 Logistic 回归分析显示,初次、低龄和高校献血是 DRVR 发生的独立危险因素。

**结论** 初次、低龄及高校献血者是全血捐献过程中 DRVR 的易发人群。加强对这些特殊人群的关注及干预措施的实施将有助于降低 DRVR 的发生,提高献血体验,更好的保留献血者。

## PU-5709

**2015 年-2018 年肠杆菌科细菌药物敏感性分析**

王璐,黄新明,卢晓辉,毕景芳,章杰  
六安市人民医院,237000

**目的** 分析某三甲医院 2015~2018 年肠杆菌科细菌对常用抗菌药物的敏感性,为临床治疗肠杆菌科细菌感染提供参考。

**方法** 回顾性分析某三甲医院 2015 年 1 月~2018 年 10 月分离自临床标本的 6125 株肠杆菌科细菌在不同科室及不同标本类型中的分布情况,采用全自动细菌鉴定药敏分析仪进行菌种鉴定及对 18 种常用抗菌药物进行药物敏感性试验,并对耐碳青霉烯肠杆菌科细菌进行药敏分析。

**结果** 6125 株肠杆菌科细菌多来自 ICU 病房,其次为神经外科,标本类型以痰液和尿液为主;对常用抗菌药物:哌拉西林/他唑巴坦、头孢替坦、阿米卡星、亚胺培南、厄他培南的耐药性较低,均 <10.0%,对氨苄西林耐药率最高,耐药率为 82.4%;耐碳青霉烯肠杆菌科细菌的检出数逐年上升,除阿米卡星外,对其他抗菌药物耐药率均高于 50%。

**结论** 肠杆菌科细菌感染标本多来自呼吸及泌尿系统,对头霉素类、 $\beta$ -内酰胺酶抑制剂复方药物、碳青霉烯类、部分氨基糖苷类耐药率较低。耐碳青霉烯肠杆菌科检出率逐年上升,其中耐碳青霉烯克雷伯菌属细菌检出率最高,对常用抗菌药物耐药率均较高。

## PU-5710

**Comparison between serum HE4 and CA125 as tumor markers in premenopausal women with benign pelvic mass**

Xiaoli Huang,Yanlong Wang,Xiaoqin He,Fenhong Kang,Linhua Luo,Zhiying Su,Huiming Ye  
Women and Children's Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** To evaluate the role of human epididymal secretory protein (HE4), cancer antigen 125 (CA125), and the Risk of Ovarian Malignancy Algorithm (ROMA) in diagnosing benign pelvic masses in premenopausal women.

**Methods** Serum was collected from 391 premenopausal women with benign pelvic mass prior to surgery and from 45 healthy individuals. Serum HE4 and CA125 levels and ROMA scores were evaluated separately.

**Results** Among the 391 women with benign pelvic mass, 2.3% (9/391) had elevated HE4 levels(>70 pmol/L),while 37.1% (145/391) had elevated CA125 levels (>35 U/mL) (P <0001). Endometriosis provided false-positive results for CA125 level in more than half of the cases but resulted in no significant change for HE4 level. In 13 gravid women with a mass,30.8% (4/13) and 38.5% (5/13) had elevated HE4 and CA125 levels, respectively; however, the difference was not significant (P>0.05). Moreover, serum levels and patient percentages for CA125 elevation significantly increased with increase in mass diameter, whereas those for HE4 did not.

**Conclusions** CA125 elevation showed random results for benign pelvic masses, while HE4 elevation showed a higher specificity. Thus, serum HE4 testing is a better approach than CA125 testing for diagnosing benign pelvic masses in premenopausal women.

PU-5711

## CXCL5 调控胃癌细胞 EMT 和诱导中性粒细胞促瘤型活化作用研究

茅浙英,邵孟,张徐

江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 探讨趋化因子 CXCL5 对胃癌细胞 EMT 和中性粒细胞促瘤型活化的调控作用及临床意义。

**方法** qRT-PCR 检测 117 对胃癌及癌旁组织 CXCL5 表达情况, ELISA 检测 11 对胃癌及癌旁组织培养上清 CXCL5 含量。重组 CXCL5 (rhCXCL5) 处理胃癌细胞、健康体检者外周血中性粒细胞 (PBNs), 胃癌组织上清 (TCM) 及 CXCL5 中和抗体 (anti-CXCL5) 处理 PBNs, 收集 PBNs 条件培养上清处理胃癌细胞, transwell 实验检测胃癌细胞迁移、侵袭能力。qRT-PCR 及 western blot 分析胃癌细胞 EMT 相关指标表达变化、胃癌细胞及 PBNs 相关信号通路的变化。

**结果** 胃癌组织 CXCL5 表达量高于癌旁组织, 癌组织培养上清 CXCL5 含量高于癌旁组织。rhCXCL5 处理后胃癌细胞迁移、侵袭能力增强, ERK、STAT3 通路活化, N-cadherin、snail、slug 和 vimentin 升高, E-cadherin 降低, 且可被 ERK 抑制剂 PD98059 所逆转。rhCXCL5 处理 PBNs 后其趋化能力增强, ERK 磷酸化增加; rhCXCL5 处理 PBNs 后的条件培养上清促进胃癌细胞迁移、侵袭能力, 增加 N-cadherin、slug、snail 和 vimentin 的表达; TCM 处理 PBNs 条件培养上清促进胃癌细胞迁移、侵袭能力, N-cadherin、slug、snail 和 vimentin 升高, 且可被 anti-CXCL5 所抑制。

**结论** CXCL5 一方面通过活化 ERK 信号通路促进胃癌细胞 EMT, 另一方面趋化并活化中性粒细胞, 进而增强胃癌细胞迁移、侵袭能力, 提示 CXCL5 通过调控肿瘤微环境中的多种细胞共同促进胃癌恶性进展。

PU-5712

## 福建地区病毒性脑膜炎、脑炎肠道病毒感染情况及其临床特征分析研究

张维清

福建医科大学附属第一医院, 350000

**目的** 探讨福建地区病毒性脑膜炎、脑炎中肠道病毒的流行情况及其临床特征, 为该疾病的早期诊断和治疗提供必要的参考资料。

**方法** 收集 2017.05-2019.05 之间在福建医科大学附属第一医院临床诊断为病毒性脑膜炎、脑炎的患者脑脊液 44 例, 其中病毒性脑膜炎 19 例, 病毒性脑炎 25 例。采用实时荧光定量 PCR (RT-PCR) 对 44 份非重复脑脊液标本进行肠道病毒检测, 并收集患者相应的临床资料进行分析总结。

**结果** 脑脊液肠道病毒阳性 2 例, 均为小于 10 岁儿童, 仅占总数的 4.55% (2/44), 占病毒性脑膜炎的 10.5% (2/19); 根据 44 例病患者的临床表现, 病毒性脑膜炎、病毒性脑炎患者多表现为发热 (65.90%)、头痛 (81.81%)、颈强直 (59.09%) 等症状; 病毒性脑膜炎、脑炎患者脑脊液常规检查绝大部分呈现正常 (外观无色透明: 占 95.45%, 潘氏阴性: 占 77.27%, 氯离子正常: 占 54.76%, 葡萄糖正常: 占 78.57%, 微量蛋白正常: 占 57.76%, 乳酸正常: 占 75.60%); 影像学绝大部分表现为异常信号 (62.79%)。

**结论** 肠道病毒可能不是引起 2017.05-2019.05 年福建地区病毒性脑膜炎、脑炎的主要病原体, 其临床特征缺乏特异性且具有多样性, 脑脊液一般检查及影像学检查对病毒性脑炎具有较大的辅助作用。

## PU-5713

## 乙肝大三阳患者 HBV-DNA 病毒载量与 HBeAg、PreS1、AST/ALT 水平之间的关系研究

刘君君,张炳杨,逯素梅  
山东省千佛山医院,250000

**目的** 探讨乙肝大三阳患者血清中 HBV-DNA 病毒载量与血清中 HBeAg 水平、PreS1 抗原水平、肝功能指标(AST/ALT 比值)之间的关系。

**方法** 回顾性分析 2017 年 7 月至 2018 年 4 月在山东省千佛山医院就诊的乙肝大三阳患者 692 例,统计其 HBV-DNA 病毒载量检测结果,同时统计其乙肝五项(HBeAg 水平)、PreS1 抗原水平、肝功能(AST/ALT 比值)结果。将纳入研究的患者按照 HBV-DNA 病毒载量结果分为三组,病毒高复制组(HBV-DNA $\geq 10^6$  IU/mL, 305 例),中低复制组( $10^6 >$  HBV-DNA $\geq 10^2$  IU/mL, 375 例),无复制组(HBV-DNA $< 10^2$  IU/mL, 即低于检测下限, 12 例),借助 SPSS 16.0 统计分析软件分析三组中 HBeAg 水平、PreS1 抗原水平、AST/ALT 比值的变化以及其与 HBV-DNA 病毒载量的相关性。

**结果** HBV-DNA 病毒高复制组 HBeAg $> 1000$  COI 者占 61.97% (189/305), HBV-DNA 病毒中低复制组 HBeAg $> 1000$  COI 者占 12.80% (48/375),相关性分析发现乙肝大三阳患者 HBV-DNA 病毒载量与 HBeAg 水平呈正相关(相关系数  $r=0.482$ );乙肝大三阳患者 HB-DNA 病毒载量与 PreS1 抗原水平相关系数  $r$  为-0.095,提示 PreS1 抗原水平与 HBV-DNA 病毒复制水平相关性不大;HBV-DNA 低复制组 AST/ALT 为  $1.05 \pm 0.92$ , HBV-DNA 高复制组 AST/ALT 为  $0.91 \pm 0.57$ , AST/ALT 比值在 HBV-DNA 高复制组下降差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 乙肝大三阳患者 HBV-DNA 病毒载量与血清中 HBeAg 水平呈正相关,与 PreS1 抗原水平相关性差,且 HBV-DNA 高复制状态下常伴随 AST/ALT 下降的现象。

## PU-5714

## Preoperative high c-reactive protein/albumin ratio is a poor prognostic factor of oral squamous cell carcinoma

Qiuju Wang  
Sichuan Cancer Hospital & Institute

**Objective** The c-reactive protein/albumin (CRP/Alb) ratio is a newly reported prognostic marker that has been reported to be linked to poor prognosis of several types of cancer, however, its prognostic value for oral squamous cell carcinoma (OSCC) has never been studied. Thus, this study aims to explore whether CRP/Alb ratio is a poor prognostic factor for patients with OSCC.

**Methods** We performed receive operating characteristic (ROC) analysis to evaluate the optimal cutoff value of CRP/Alb ratio in 240 patients with OSCC. The Kaplan-Meier method was used to plot the overall survival (OS) and disease-free survival (DFS) curves. Cox proportional hazards model was used to implement univariate and multivariate analyses.

**Results** Preoperative CRP/Alb ratio greater than or equal to 0.525 was associated with age, advanced stage, lymphatic metastasis, platelet to lymphocyte ratio (PLR) and neutrophil to lymphocyte ratio (NLR) (all  $P < 0.05$ ). Elevated CRP/Alb ratio independently predicts worse OS and DFS of patients with OSCC.

### Conclusions

Preoperative high CRP/Alb ratio was a poor independent prognostic marker of OSCC.

## PU-5715

## 血清长链非编码 RNA PTTG3P 对原发性肝细胞癌的 诊断价值分析

黄金兰

福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 检测原发性肝细胞癌 (Hepatocellular carcinoma, HCC) 患者血清中长链非编码 RNA (long non-coding RNA, lncRNA) PTTG3P 的表达水平, 明确 lncRNA PTTG3P 是否与 HCC 患者临床病理特征、AFP、GGT 等检验指标相关, 并分析血清 lncRNA PTTG3P 对 HCC 的诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 9 月至 2019 年 5 月期间在福建医科大学附属第一医院接受治疗并确诊为 HCC 的患者血清 133 例、肝硬化患者血清 49 例、肝炎患者血清 27 例和健康体检者血清 93 例, 提取血清总 RNA, 逆转录后, 通过实时荧光定量 PCR (quantitative real-time polymerase chain reaction, qRT-PCR) 分别测定 HCC 患者、肝硬化患者、肝炎患者和健康对照者血清 lncRNA PTTG3P 的表达水平, 分析血清 lncRNA PTTG3P 表达量与 HCC 患者临床病理特征及 AFP、GGT 等检验指标的相关性, 通过 ROC 曲线评估 lncRNA PTTG3P 对 HCC 的诊断价值。

**结果** HCC 患者血清 PTTG3P 的表达水平较健康对照、肝炎患者、肝硬化患者显著升高, 肝硬化患者血清 PTTG3P 含量高于肝炎患者 ( $P<0.05$ )。HCC 患者血清 PTTG3P 的表达水平与年龄、性别、HBsAg、吸烟史、饮酒史、肿瘤大小无明显相关性 ( $P>0.05$ ), 而与 AFP 水平密切相关 ( $P<0.05$ )。AFP 水平高于 20ng/ml 的 HCC 患者比 AFP 水平低于 20ng/ml 的患者具有更高的 PTTG3P 水平。HCC 患者血清表达水平与生化指标 AST、ALT/AST、TP、G、A/G、TBIL、DBIL、IBIL、CHOL、TG、HDL、LDL、APOA1、APOB、VLDL 无明显相关性, 与 GGT ( $r=0.240, P<0.01$ )、ALT ( $r=0.176, P=0.046$ )、ALB ( $r=-0.179, P=0.043$ )、APOA1/APOB ( $r=-0.180, P=0.044$ ) 相关。ROC 曲线分析结果显示, 血清 PTTG3P 区别于健康人的曲线下面积 (Area Under Curve, AUC) 为 0.826, 区别于健康对照、肝炎患者和肝硬化患者的 AUC 为 0.818, 与 AFP 联合, AUC 可达 0.869。

**结论** 血清 PTTG3P 对 HCC 具有较好的辅助诊断价值, 与 AFP 联用可提升 HCC 的诊断效能。

## PU-5716

## 血流感染患者血培养结果与降钙素原水平的相关性分析

李宁, 胡辛兰

福建省立医院, 350000

**目的** 对血流感染患者血培养结果与降钙素原水平的相关性进行分析。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年 1 月至 2018 年 7 月收治的住院和门诊的 262 例血培养阳性患者, 以及同时检测的 PCT、CRP、WBC 结果, 并以 100 例血培养阴性患者作为对照组, 以 SPSS19.0 软件进行数据分析。

**结果** 262 例血培养阳性组的 PCT 值 1.43 (0.31~9.04) ng/mg, 100 例血培养阴性组 PCT 值 0.20 (0.07~0.78) ng/mg, 二者结果有显著性差异 ( $P<0.05$ ); 其中血培养阳性组中, 革兰阳性菌组 103 例 (39.3%), PCT 值 0.77 (0.25~3.73) ng/mg, 革兰阴性菌组 137 例 (52.3%), PCT 值 2.46 (0.45~20.13) ng/mg, 真菌组 22 例 (8.4%), PCT 值 1.03 (0.36~4.73), 革兰阳性菌组和革兰阴性菌组 PCT 水平有显著性差异 ( $P<0.05$ ); 同时采用 ROC 曲线分析试验组 PCT 与 CRP 及 WBC 进行比较, 结果显示 PCT 的敏感度和特异度均高于 CRP 及 WBC。

**结论** 血流感染患者血培养阳性患者的 PCT 水平明显高于阴性对照组, 并且感染革兰阴性菌患者 PCT 水平明显高于感染革兰阳性菌患者; PCT 对早期血流感染的诊断价值优于 CRP 及 WBC。

## PU-5717

## Effect of maternal and neonatal factors on neonatal thyroid screening results

Ye Wang<sup>1</sup>, Ying He<sup>1</sup>, Liangjin Zhuang<sup>2</sup>, Xiujuan Li<sup>1</sup>, Tianhua Chen<sup>1</sup>, Lijin Chen<sup>1</sup>, Zhiying Su<sup>1</sup>, Huiming Ye<sup>1</sup>

1. Women and Children's Hospital, School of Medicine, Xiamen University

2. The First Affiliated Hospital of Xiamen University,

**Objective** Thyroid-stimulating hormone (TSH) levels are an important parameter in screening for congenital hypothyroidism (CH). This study aimed to analyze the effects of birth weight, gestational age, and delivery mode on the incidence of neonatal CH.

**Methods** A retrospective cohort study of neonates born in 2015 at a maternity hospital in Xiamen, China and their mothers was conducted. Differences in TSH levels, CH positivity at baseline, and the incidence of CH according to gestational age, birth weight, and delivery mode were assessed using matched neonatal and maternal data.

**Results** Of the 15,615 enrolled neonates, 150 had positive CH screening results at baseline and nine had confirmed CH. Premature and low-birth-weight neonates had a significantly higher incidence of CH and lower TSH levels when compared to full-term neonates and normal-to-high birth weight neonates, respectively. Neonates delivered vaginally had significantly lower TSH levels and a reduced incidence of baseline CH positivity; cesarean section delivery (odds ratio [OR] = 2.06, P = 0.006) and a maternal TSH level >2.5 mIU/L (OR = 2.37, P = 0.002) were risk factors for CH positivity at baseline.

**Conclusions** In this study, the incidence of CH in neonates was associated with gestational age and birth weight. Neonatal baseline CH positivity was positively associated with cesarean delivery and an early-pregnancy maternal TSH level >2.5 mIU/L.

## PU-5718

## MicroRNA-98 targets HMGA2 to inhibit the development of retinoblastoma through mediating Wnt/ $\beta$ -catenin pathway

Unmei wang J  
rizhaoshizhogniyiyuan

**Objective** Recently, the incidence and mortality of retinoblastoma (RB) have gradually increased. Many studies support the pivotal role of microRNAs (miRNAs) in the pathogenesis of RB. Alternation of microRNA-98 (miR-98) expression has been detected in several cancers, excluding RB. This study was designed to assess the regulatory mechanisms of miR-98 in human RB.

**Methods** RT-qPCR and Western blot analysis were used to detect miR-98 and HMGA2 expression. The effects of miR-98 were explored using the CCK-8 and Transwell assays. Dual-luciferase reporter assay was performed to confirm the relationship between miR-98 and HMGA2.

**Results** In RB, downregulation of miR-98 was identified. Upregulation of miR-98 inhibited proliferation, invasion and migration of RB cells. Further, HMGA2 was confirmed as a direct target gene of miR-98. And knockdown of HMGA2 suppressed the progression of RB. Moreover, upregulation of HMGA2 reversed the suppressive effects in the development of RB. In addition, miR-98 also showed suppressive effect on EMT and Wnt/ $\beta$ -catenin pathway.

**Conclusions** MiR-98 targets HMGA2 to act as a tumor suppressor in RB by mediating Wnt/ $\beta$ -catenin pathway.



## PU-5719

**血清缺血修饰蛋白（IMA）和超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)在急性心肌梗死患者经皮冠状动脉介入治疗前后的表达**

李建花

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探讨急性心肌梗死（AMI）患者经皮冠状动脉介入治疗（PCI）术前、术后缺血修饰蛋白（IMA）和超敏 C 反应蛋白表达的临床应用价值。

**方法** 选择 65 例接受 PCI 治疗的 AMI 患者术前、术后 1 h, 3 h, 6 h, 24 h, 48 h, 1 周, 抽取静脉血检测缺血修饰蛋白（IMA）和超敏 C 反应蛋白(hs-CRP), 并对检测结果进行分析。

**结果** IMA 在术后逐渐升高, 3 h 时达到高峰, 与术前比较差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ ), 在术后 24 h 逐渐降至接近术前水平 ( $P > 0.05$ )。hs-CRP 在术后逐渐升高, 峰值出现在术后 24 h, 与术前比较差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ ), 在术后 1 周与术前比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** IMA、hs-CRP 在 PCI 术前、术后的动态表达对疗效的观察、判断及病情预后具有重要的临床应用价值。

## PU-5720

**不同年龄阶段儿童呼吸道感染病原体 抗体检测结果分析**

高宗鹰

云南省第二人民医院,650000

**目的** 通过对 590 例呼吸道感染儿童的病原体抗体检测结果进行分析, 了解呼吸道感染病原体在不同年龄阶段儿童中的分布情况, 探讨呼吸道感染病原体抗体检测的临床意义。

**方法** 采集呼吸道感染 0-14 岁儿童的血清, 用间接免疫荧光法测定不同年龄阶段儿童呼吸道感染病原体的 IgM 抗体。

**结果** 590 例儿童患儿中, 阳性率为 60.51%。不同年龄阶段组儿童病原体抗体检测阳性率差异有统计学意义 ( $\chi^2 = 47.64$ ,  $P < 0.01$ )。

**结论** 呼吸道感染病原体抗体检测有年龄差异, 且 1-3 岁患儿阳性率最高。3 岁以上的儿童随着机体免疫功能不断增强, 病原体检出率与幼儿期相比逐渐下降, 说明幼儿期为本地区小儿急性呼吸道感染的好发年龄, 幼儿期应是病原体感染的重点防御时期。

## PU-5721

**某院 ICU 耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌耐药性及同源性分析**王璐<sup>1</sup>, 黄新明<sup>1</sup>, 张凤丽<sup>1</sup>, 黄颖<sup>2</sup>, 徐元宏<sup>2</sup>

1. 六安市人民医院, 237000

2. 安徽医科大学第一附属医院, 230000

**目的** 了解某三甲医院 ICU 病房耐碳青霉烯鲍曼不动杆菌（CR-AB）耐药机制并进行同源性分析。

**方法** 分析某三甲医院 2018 年 4-5 月 ICU 病房的 CR-AB 耐药性, 采用改良 Hodge 试验（MHT）、改良的碳青霉烯类灭活法（mCIM）进行碳青霉烯酶表型检测, 采用 PCR 方法对主要碳青霉烯耐药基因: OXA-23 及 OXA-58 进行筛选, 并利用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱（MALDI-TOF MS）对其进行同源性分析。

**结果** 本次试验 29 株鲍曼不动杆菌中共分离到 25 株 CR-AB，分离率为 86.2%，标本全部来自于下呼吸道。25 株 CR-AB 对阿米卡星耐药率为 64%，对氨苄西林舒巴坦耐药率为 60%，对其余测试抗生素的耐药率都在 80% 以上。MHT 试验检出 19 株碳青霉烯酶阳性菌株，未检出 mCIM 阳性菌株。PCR 结果显示，其中 24 株携带 OXA-23 基因，未发现携带 OXA-58 基因的菌株。MALDI-TOF-MS 分析结果表明，该院 ICU 病房 CR-AB 25 株菌分为四大簇，I 型（22 株）、II 型（1 株）、III 型（1 株）和 IV 型（1 株），I 型中主要以 Ia 型（15 株）为主。

**结论** 2018 年 4-5 月，该院 ICU 病房 CR-AB 痰标本检出率较高，阿米卡星和氨苄西林舒巴坦对 CR-AB 有较好的抗菌活性。ICU 病房的 CR-AB 以 Ia 型为主，存在爆发流行。

## PU-5722

### T-cadherin 基因通过雄激素受体（AR）通路抑制前列腺癌 LNCaP 细胞的增殖

王秋菊

四川省肿瘤医院, 610000

**目的** 研究 T-cadherin 基因在前列腺癌组织中的表达；探讨 T-cadherin 基因对前列腺癌 LNCaP 细胞增殖的影响及具体分子机制。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR 检测 30 例前列腺癌及癌旁正常组织中 T-cadherin mRNA 的表达；CCK-8 法检测 T-cadherin 对前列腺癌 LNCaP 细胞增殖的影响；Western blot 法检测过表达 T-cadherin 后前列腺癌 LNCaP 细胞雄激素受体（AR）及 PSA 蛋白的表达，并分别检测该细胞株的细胞浆及细胞核中 AR 的表达情况。

**结果** T-cadherin 基因在癌组织中较癌旁组织中表达明显减少（ $P < 0.01$ ），其表达与前列腺癌的分期（ $P = 0.0251$ ）、格里森评分（ $P = 0.0425$ ）及分化（ $P = 0.0378$ ）有关；过表达 T-cadherin 能下调 LNCaP 细胞中 AR 及下游靶基因 PSA 的表达。

**结论** T-cadherin 在前列腺癌中表达减少且能通过 AR 通路抑制前列腺癌 LNCaP 细胞的增殖。

## PU-5723

### Application of different molecular diagnostic techniques in diagnosis of two patients with PWS syndrome

Shuna Li

Zhuhai Municipal Maternity and Child Healthcare Hospital

**Objective** Objective: Through the use of different molecular diagnostic methods, two cases of PWS syndrome patients and their direct relatives were analyzed to compare the advantages and disadvantages of the two different molecular diagnostic methods in the diagnosis of the same kind of hereditary disease. Then the most convenient and efficient diagnostic methods for the diagnosis of genetic disease would be discovered.

**Methods** Methods: Preliminary analysis of chromosomes for patient A was used chromosome microarray analysis, followed by pedigree analysis of chromosomes of patient A and its parents using G-banding analysis and DNA methylation assays; analysis of patient B using chromosome microarray for a preliminary analysis was performed, and then the pedigree analysis was performed on the chromosomes of patient B and its parents using G-banding method and chromosome microarray analysis in combination with UPD-tool software.

**Results** Results: Pedigree analysis showed that patient A is a paternal-deficient type PWS and patient B was a maternal UPD type PWS.

**Conclusions** Conclusion: Rational use of different types of diagnostic methods of molecular genetics to diagnose the same kind but different types of hereditary diseases can get twice the result with half the effort.

#### PU-5724

### Soluble CD14 subtype (sCD14-ST) is a biomarker for neonatal sepsis

Dingchang WU, Liping Chen, Ting Xiao  
Fujian Longyan First Hospital

**Objective** This prospective observational study evaluated soluble CD14 subtype (sCD14-ST) as an early diagnosis and monitoring biomarker for neonatal sepsis in controls, patients with sepsis, or systemic inflammatory response syndrome (SIRS).

**Methods** sCD14-ST, procalcitonin (PCT), C-reactive protein (CRP), white blood cell (WBC), and acute physiology and chronic health evaluation II (APACHE-II) score were evaluated before and after therapy.

**Results** sCD14-ST levels were significantly higher in sepsis than in SIRS, and higher in SIRS than controls. Treatment significantly decreased sCD14-ST, APACHE-II, PCT, CRP, and WBC. sCD14-ST levels correlated with APACHE-II before and after therapy, and with PCT before therapy ( $r=0.201$ ,  $P=0.05$ ). The receiver operating characteristic area under the curve of sCD14-ST was 0.958. A 304.5 pg/mL cutoff value was associated with 95.8% sensitivity and 84.9% specificity. sCD14-ST had superior diagnostic power for neonatal sepsis than the other indicators.

**Conclusions** In conclusion, sCD14-ST is a potential biomarker for the early diagnosis and monitoring of neonatal sepsis.

#### PU-5725

### 血清白介素 6、白介素 8 和白介素 10 成人参考区间的建立

吴文冰, 沈菁  
福建医科大学省立临床医学院, 350000

**目的** 建立本实验室福州地区白介素 6 (IL-6)、白介素 8 (IL-8) 和白介素 10 (IL-10) 成人参考区间并与厂家提供的参考区间以及北京协和医院的实验结果对比, 观察是否有差异并探讨其原因。

**方法** 根据实验要求收集并筛选出正常成人血清, 运用西门子 Immulite1000 自动化学发光分析仪及其原装配套试剂检测参考人群的血清中的

IL-6、IL-8 和 IL-10 的水平。

**结果** IL-6 的 95%参考区间为  $<3.27\text{pg/mL}$ , IL-8 的 95%参考区间为  $<7.68\text{pg/mL}$ , IL-6 的 95%参考区间为  $<3.27\text{pg/mL}$

**结论** 初步建立了本实验室的血清 IL-6、IL-8 和 IL-10 在 Immulite1000 自动化学发光分析仪的参考区间; 本研究的实验结果与厂家以及北京协和医院的数据存在差异, 考虑是由于样本数量不同, 参考人群年龄段不一致造成的。

## PU-5726

**LncSox4 在 NSCLC 中的表达检测和生物学作用研究**

陈妍珂,丁小鸽,张佳音,张徐  
江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 检测 LncSox4 在人非小细胞肺癌 (NSCLC) 中的表达变化, 初步探讨其生物学作用及机制, 为 NSCLC 诊断和治疗提供新的靶点。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测 LncSox4 在 NSCLC 患者肿瘤组织和细胞系中的表达情况。采用小干扰 RNA 沉默 A549 细胞中的 LncSox4 表达, 通过克隆形成实验、生长曲线分析、transwell 迁移和侵袭实验研究对生物学功能的影响, 采用流式细胞术分析细胞凋亡情况, 采用 western blot 与 qRT-PCR 检测 EMT 相关基因与蛋白的表达情况。

**结果** 与正常对照相比, LncSox4 在 NSCLC 组织与细胞系中显著高表达。LncSox4 基因沉默后, NSCLC 细胞生长速度减缓、细胞克隆形成数量减少, 细胞迁移和侵袭能力降低, 细胞凋亡数量增加。LncSox4 基因沉默抑制 NSCLC 细胞中 Cyclin D1、N-cadherin、Vimentin 蛋白表达, 促进 E-cadherin 蛋白表达。LncSox4 基因沉默还显著降低 EMT 相关转录因子 Snail、Slug 和 Twist 蛋白表达。

**结论** LncSox4 在 NSCLC 中高表达, 通过影响细胞增殖、迁移和侵袭在 NSCLC 恶性进展中发挥着重要促进作用, 有望成为 NSCLC 诊疗新靶点。

## PU-5727

**肌氨酸脱氢酶 SARDH 在肝癌细胞转移中的作用  
及血清肌氨酸对肝细胞癌的诊断价值研究**

黄金兰  
福建医科大学附属第一医院,350000

**目的** 分析肌氨酸脱氢酶 (SARDH) 在肝细胞癌 (HCC) 组织中的表达情况, 探讨 SARDH 对肝癌细胞侵袭、转移的影响, 同时阐明 SARDH 的催化底物肌氨酸对 HCC 的临床诊断价值。

**方法** 收集 41 例在本院经病理确诊为 HCC 的患者癌组织和配对癌旁组织, 应用实时荧光定量 PCR (quantitative real-time PCR, qRT-PCR) 及 Western blot 技术检测 SARDH mRNA 及蛋白在 HCC 癌组织和癌旁组织中的表达情况。构建稳定过表达 SARDH 的 HepG2 肝癌细胞株, 通过划痕愈合实验、Transwell 小室迁移实验检测 SARDH 对肝癌细胞迁移能力的影响, 通过 Boyden 小室侵袭实验检测 SARDH 对肝癌细胞侵袭能力的影响。收集 77 例 HCC 患者和 42 例肝炎、48 例肝硬化、61 例健康成人的血清标本及相应的临床资料, 用 ELISA 方法检测血清中肌氨酸的含量, 绘制受试者工作特征曲线 (Receiver Operating Characteristic, ROC) 曲线, 通过曲线下面积 (Area under curve, AUC) 评估肌氨酸能否作为 HCC 的有效诊断标志物, 并且分析血清中肌氨酸含量与生化指标之间的相关性。

**结果** HCC 患者癌组织中 SARDH mRNA 和蛋白的表达量明显低于癌旁组织 ( $P < 0.01$ )。在细胞水平, 划痕愈合实验、Transwell 小室迁移实验结果显示过表达 SARDH 可明显抑制肝癌细胞的迁移能力 ( $P < 0.05$ ), Boyden 小室侵袭实验结果显示, 过表达 SARDH 可抑制肝癌细胞的侵袭能力 ( $P < 0.05$ )。血清 ELISA 实验结果显示, HCC 组、肝炎组、肝硬化组血清肌氨酸浓度均高于健康对照组 ( $P < 0.05$ )。HCC 患者血清肌氨酸水平与肿瘤体积  $> 3\text{cm}$  及  $\text{AFP} > 20\text{ng/ml}$  具有明显的相关性 ( $P < 0.05$ ), 而与生化指标中的  $\text{AFP}(r=0.649)$ 、 $\text{AST}(r=0.296)$ 、 $\text{CHOL}(r=0.264)$ 、 $\text{VLDL}(r=0.261)$ 、 $\text{TG}(r=0.247)$ 、 $\text{GGT}(r=0.236)$  具有明显的相关性 ( $P < 0.05$ )。ROC 曲线显示, 相对于健康对照组, 肌氨酸诊断 HCC 的 AUC 为 0.762, 而相对于所有对照组, 肌氨酸诊断 HCC 的 AUC 为 0.625。

**结论** SARDH mRNA 及蛋白在肝癌组织中低表达, 可通过抑制肝癌细胞的迁移及侵袭, 从而参与肝癌的发生发展。血清肌氨酸水平对 HCC 的筛查和诊断具有一定的价值。

## PU-5728

### Comparison of Clinical and Laboratory Characteristics of General Paresis and Non-Neurosyphilis Dementia

Manli Tong, Tian-Ci Yang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** The differential diagnosis of general paresis (GP) and non-neurosyphilis (NS) dementia is not clearly defined. The present study examined the differences in clinical and laboratory features of GP and non-NS dementia.

**Methods** We retrospectively examined clinical and laboratory features of 85 GP patients and 196 non-NS dementia patients. Data were collected from Zhongshan Hospital between June 2005 and June 2014.

**Results** The GP group had a higher percentage of males (83.53%, 71/85) and younger median age ([52 [interquartile range 47.0–61.0] vs. 76 [68.3–82.0] years) than the non-NS dementia group. GP have higher Mini-Mental State Examination (MMSE;  $Z = -5.809$ ;  $p = 0.000$ ) than non-NS dementia. Distribution of CDR scores were significantly higher in the non-NS group than GP group ( $\chi^2 = 29.153$ ;  $p = 0.000$ ). The laboratory findings showed significantly different total cholesterol (CH), low-density lipoprotein CH and homocysteine levels between the 2 groups. Serologic testing for syphilis revealed that the GP group had higher seropositive rapid plasma reagin (RPR) and Treponema pallidum particle agglutination (TPPA) rates than the non-NS dementia group (96.47% [82/85] vs. 0.51% [1/196],  $Z = -2.663$ ,  $p = 0.008$ ; 100% [85/85] vs. 1.02% [2/196],  $Z = -2.663$ ,  $p = 0.008$ ). Interestingly, cerebrospinal fluid (CSF) biochemical indices, including pleocytosis rates, increased protein levels, and positive RPR and TPPA rates in the GP group were higher than that in the non-NS dementia group.

**Conclusions** Based on these preliminary data, patients with clinically evident symptoms of dementia, especially middle-aged males, should undergo blood tests for syphilis. All patients with positive serology results should undergo CSF examinations to diagnose GP dementia before further pharmaceutical and behavioral interventions.

## PU-5729

### 血清 YKL-40 在可疑过敏性疾病患儿的临床应用

李秀娟<sup>1</sup>, 赖歆<sup>2</sup>, 李德法<sup>1</sup>, 吴星东<sup>1</sup>, 叶辉铭<sup>1</sup>

1. 厦门大学附属妇女儿童医院

2. 厦门大学公共卫生学院

**目的** 评价血清 YKL-40 在可疑过敏性疾病患儿诊断、病情监测等方面的临床应用价值。

**方法** 应用美国 QUIDEL 公司 Microvue YKL-40 试剂盒检测 162 例 12 岁以下可疑过敏性疾病患儿血清 YKL-40 浓度, 同时应用德国欧蒙生物技术有限公司的食入物与吸入物变应原特异性 IgE 检测试剂盒检测患儿血清变应原, SPSS19.0 和 Numbers 软件整合分析患儿血清 YKL-40 与各变应原的相关性。

**结果** 可疑吸入性过敏患儿血清 YKL-40 显著高于过敏原结果全部阴性患儿 ( $p=0.018$ ), 其中葎草 IgE 阳性者差异最显著 ( $p=0.015$ ); 而可疑食入物过敏患儿血清 YKL-40 与过敏原阴性患儿无显

著差异 ( $p=0.439$ )。需要注意的是血清 YKL-40 浓度与白细胞 ( $r=0.347$ ,  $p=0.000$ )、单核细胞 ( $r=0.312$ ,  $p=0.000$ ) 和中性粒细胞 ( $r=0.335$ ,  $p=0.000$ ) 具有一定相关性。

**结论** 可疑吸入过敏患儿血清 YKL-40 显著升高, YKL-40 在吸入性过敏患儿发病过程中起何作用需要进一步研究。

## PU-5730

### DEFAs 基因多态性与 IgA 肾病易感性的病例对照研究

武其文

皖南医学院弋矶山医院

**目的** 探讨 DEFAs 基因区域多态性位点 rs2615787、rs6984215、rs2738048、rs2738081 与 IgA 肾病易感性之间的关系。

**方法** 采用病例-对照研究, 收集临床确诊的 IgA 肾病患者 134 例, 同时收集健康体检者 136 例血液标本作为对照, 用 Sanger 测序法对两组人群进行 DEFAs 基因 4 个 SNP 位点 rs2615787、rs6984215、rs2738048、rs2738081 基因分型; 应用日立 7600 型全自动生化分析仪对血清标本进行尿素、肌酐、血尿酸指标的定量测定。

**结果** DEFAs 基因区域的 SNP 位点 rs2615787、rs6984215、rs2738048 位点基因型频率在病例组和对照组中的分布具有明显的统计学差异,  $P$  值均  $<0.01$ 。rs2738081 位点基因频率在病例组和对照组中的分布差异没有统计学意义 ( $P=0.112$ )。四个位点不同基因型与 IgAN 的病理分级及血清学指标尿素、肌酐和尿酸水平未见组间差异,  $P$  值均  $>0.05$ 。

**结论** DEFAs 基因区域的 SNP 位点 rs2615787, rs6984215, rs2738048 与 IgAN 的发病存在相关性, DEFAs 基因可能是 IgAN 的易感基因之一

## PU-5731

### Recent advances of bispecific antibodies in tumor targeted therapy

Tian Lu

Beijing Chao-Yang Hospital, Capital Medical University

**Objective** This review aims to give a brief review of the constructing and the mechanism of BsAb, as well as the recent advances in tumor targeted therapy.

**Methods** Bispecific antibodies (BsAb) have two different antigen binding sites, and can bind to the target cells and the effectors at the same time. BsAb can effectively recruit effectors to the surrounding of the target cells, mediating specific killing effects.

**Results** BsAb is a novel and potential form of antibodies with a series of advantages, such as strong targeting effects, high specificity and sensitivity, less damage to normal tissue and cells.

**Conclusions** With the development of research, many different forms of BsAb are designed and widely used in tumor immunotherapy. This review aims to give a brief review of the constructing and the mechanism of BsAb, as well as the recent advances in tumor targeted therapy.

## PU-5732

## Downregulation of serum exosomal miR-223 as a diagnostic biomarker of multiple myeloma

Yu Zhang

Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** To investigate whether serum exosome miR-223 can be used as a new biomarker for the diagnosis of multiple myeloma (MM).

**Methods** Serum samples were taken from 68 primary MM patients, 20 relapsed MM patients and 56 healthy controls. The expression of exosomal miR-223 in the sera were detected by real-time quantitative PCR (RT-qPCR). Using Receiver operating characteristic (ROC) curves to evaluate the effectiveness of exosomal miR-223 alone and in combination with  $\beta_2$ M, albumin and LDH in the diagnosis of MM. The correlation between exosomal miR-223 levels and the clinicopathological parameters in MM patients was analyzed.

**Results** The expression level of serum exosomal miR-223 in MM patients was significantly lower than that in the normal controls ( $P < 0.0001$ ). The expression of serum exosomal miR-223 could also be used to roughly judge the progression of MM and was found to be closely correlated with the abnormal expression of albumin ( $P = 0.0431$ ) and bone damage ( $P = 0.001$ ). The AUC of serum exosomal miR-223 was 0.853, which was significantly higher than the other relevant indicators. In addition, combined detection of serum exosomal miR-223 with  $\beta_2$ M was shown to be most sensitive in detecting MM as compared with the other indicators alone or their combinations.

**Conclusions** These results suggested that serum exosomal miR-223 may prove to be a novel tumor biomarker to improve the diagnostic efficiency of MM.

## PU-5733

## LINC00978 在 NSCLC 中的作用机制和诊断价值研究

丁小鸽,臧雪燕,张佳音,张徐

江苏大学医学院, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 研究表明 LncRNA 在人非小细胞肺癌 (non-small cell lung cancer, NSCLC) 发生发展中起着重要作用。本文拟探究 LINC00978 在 NSCLC 中的表达模式及生物学功能, 并初步探讨其潜在的作用机制。

**方法** 采用 qRT-PCR 检测 NSCLC 患者肿瘤组织、血清及细胞系中 LINC00978 的表达水平。采用过表达及敲减 LINC00978 质粒转染 A549 细胞, 通过克隆形成、生长曲线、transwell 细胞迁移、侵袭实验分别观察过表达和敲减 LINC00978 对 A549 细胞生物学功能的影响, 采用流式细胞术、qRT-PCR 和 western blot 探究 LINC00978 在 A549 细胞中的潜在作用机制。

**结果** LINC00978 在 NSCLC 患者肿瘤组织和血清中高表达。LINC00978 基因敲减后, A549 细胞生长速度减缓、细胞克隆形成数量减少, 细胞发生 G1 期阻滞, 细胞凋亡比例增加, Cyclin D1、Bcl2 基因和蛋白表达下降; 同时, LINC00978 基因敲减的 A549 细胞迁移和侵袭能力减弱, N-cadherin、Vimentin 基因和蛋白表达下降, E-cadherin 基因和蛋白表达上升, EMT 相关转录因子 Snail、Slug 和 Twist 表达下降。LINC00978 基因过表达具有相反效果。表明 LINC00978 通过促进细胞周期进展及抑制细胞凋亡, 增强 A549 细胞的增殖能力, 通过增强 EMT 促进 A549 细胞的转移能力。

**结论** LINC00978 在 NSCLC 中高表达, 具有促进 NSCLC 生长和转移的重要作用, 可能作为一个潜在的生物标志物, 为 NSCLC 的早期诊断及治疗提供新靶点。

PU-5734

## 创新检验医学专业实习模式培养实用型人才

宋立兴,宋自阗

自贡市第四人民医院,643000

**目的** 临床检验医学专业的实习是将理论知识与基本操作技能相结合的重要环节,临床实习是学生理论基础向临床实践过渡的重要环节,是培养临床思维的过程。在新的形势下,检验专业实习带教呈现出新的特点。我们大胆改革教学内容、创新教学方法和改进教学形式,致力于学生的操作能力、临床思维能力、适应社会能力的培养,并将这一新型实习教学模式在四年制医学检验专业临床实习教学中进行探索与实践。

**方法** 通过更新实习模式增添新的实习内容强化考核力度,我们通过召开座谈会和问卷调查等形式,定期与带教教师和实习学生进行沟通交流,对实习同学学习效果和带教老师教学效果进行评价,从而不断完善实习教学模式,对实习同学职称考试过关率和就业率的调查,以及用人单位对实习同学适应工作能力等整体情况反馈的调查进行分析,不断丰富完善实习内容,拓展实习模式。

**结果** 经统计 2016-2018 在我科实习的 74 名同学就业率 94.6%,与同级医院实习的同学就业率高 10%。实习生通过全国专业技术职称考试过关率为 96.8%,与同级医院实习的同学职称考试过关率高 15%,通过用人单位的调查满意率为 96%,比在同级医院实习的同学满意率高 8%。

**结论** 在医学检验专业临床实习教学过程中,应结合医学检验和临床医学的发展,结合实习生的实际情况,结合用人单位对人才培养要求的新变化,不断探索实习新模式,改革实习方法和内容,以规范化培训为特点,在临床实习过程中使学生做到理论联系实际,培养学生具有良好的临床沟通能力、临床思维能力和解决临床实际问题的能力,为用人单位培养适应现代医学发展的新型实用型人才。

PU-5735

## 环状 RNA FBXW7 在胃癌中的生物学作用和诊断价值研究

牛艳龙,张佳音,张徐

江苏大学医学院,江苏省检验医学重点实验室

**目的** 检测环状 RNA FBXW7 (circ-FBXW7) 在胃癌患者肿瘤组织中的表达水平,研究 circ-FBXW7 在胃癌中的生物学作用和潜在机制,为胃癌的早期诊断与精准治疗提供新的思路。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检胃癌细胞系、胃癌组织及配对正常组织中的 circ-FBXW7 表达水平,统计分析 circ-FBXW7 表达水平与临床病理资料的相关性。受试者工作特性 (ROC) 曲线用于评估 circ-FBXW7 在胃癌中的诊断价值。在胃癌细胞系中敲减和过表达 circ-FBXW7,流式细胞技术分析细胞周期及凋亡变化,生长曲线分析和克隆形成实验检测细胞增殖能力,transwell 迁移和侵袭实验检测细胞迁移、侵袭能力。采用 qRT-PCR 和 Western blot 检测 circ-FBXW7 敲减和过表达后 EMT 相关基因和蛋白的表达水平,分析转移相关信号通路的变化情况。

**结果** Circ-FBXW7 表达水平在胃癌组织和细胞系中明显降低,与肿瘤大小 ( $P = 0.027$ )、分化程度 ( $P = 0.003$ )、TNM 分期 ( $P = 0.027$ ) 以及 Bormann 分型 ( $P=0.04$ ) 显著相关。Circ-FBXW7 过表达诱导细胞周期阻滞和细胞凋亡,抑制胃癌细胞增殖、迁移和侵袭能力。Circ-FBXW7 敲减则具有相反作用。Circ-FBXW7 过表达抑制 TGF- $\beta$ /SMAD 以及 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路活化,逆转上皮-间质转化 (EMT),从而发挥抑癌作用。

**结论** circ-FBXW7 在胃癌组织中表达水平下调, circ-FBXW7 抑制胃癌进展,可作为胃癌的潜在生物标志物。



## PU-5736

## 长期频繁单采血小板对献血者部分血常规指标的影响

褚晓凌<sup>1</sup>,刘少娟<sup>2</sup>,王明<sup>1</sup>

1.福建省血液中心

2.福建省卫生计生监督所

**目的** 评估长期频繁单采血小板对献血者血常规的影响。

**方法** 选择在本中心跨度 2016-2018 年仅捐献单采血小板且献 2 次以上的 701 名自愿无偿献血者,比较不同单采时间间隔、性别、单次血小板采集量献血者 2016-2018 年期间初末次单采前外周血 PLT、WBC、RBC、HCT、Hb 指标的变化。

**结果** 献血者按平均单采间隔时间分为>24 周、12-24 周、8-12 周、4-8 周、≤4 周组,各组献血者初末次单采前 PLT、WBC 计数值和间隔期≤4 周组的 RBC、Hb、HCT 值的差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。末次单采前 PLT 计数平均较初次高( $7.55 \pm 34.49$ )  $\times 10^9/L$ , WBC 较初次低( $0.48 \pm 1.19$ )  $\times 10^9/L$ , RBC 较初次低( $0.06 \pm 0.26$ )  $\times 10^{12}/L$ ,但组间差异无统计学意义( $P > 0.05$ ); ≤4 周组的 Hb 值较初次低( $4.45 \pm 10.10$ ) g/L, HCT 较初次低( $1.22 \pm 2.64$ ) %,分别是平均值( $1.69 \pm 8.94$ ) g/L 的 2.6 倍和( $0.42 \pm 2.55$ ) %的 2.9 倍,与其它 4 组的差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。不同性别和不同单次血小板采集量献血者前述 5 项指标初末次单采前差值的差异均无统计学意义( $P > 0.05$ )。

**结论** 长期频繁单采对献血者外周血 PLT 和 WBC 的影响较小,但单采间隔≤4 周献血者的 Hb 有降低趋势,与单采血小板同时丢失 RBC 而引发铁储备量降低有关,应关注这些献血者的铁储备情况,指导献血者补充铁元素,预防献血者铁缺乏而减少发生贫血的风险。

## PU-5737

## 过敏性紫癜肾炎外周血淋巴细胞亚群和免疫球蛋白的变化及意义

李淑惠

贵阳市妇幼保健院贵阳市儿童医院,550000

**目的** 探讨过敏性紫癜肾炎(HSPN)患儿外周血淋巴细胞亚群和部分免疫球蛋白的变化及其意义。

**方法** 采用流式细胞术检测贵阳市妇幼保健院 62 例过敏性紫癜(HSP)患儿外周血淋巴细胞亚群的水平,同时采用速率散射比浊法检测外周血部分免疫球蛋白水平(包括 IgA、IgG 和 IgM),比较 HSPN 与非肾炎过敏性紫癜(NHSPN)患儿外周血淋巴细胞亚群和免疫球蛋白的差异。

**结果** HSPN 与 NHSPN 患儿相比: CD3<sup>+</sup>,CD4<sup>+</sup>,CD8<sup>+</sup>和 IgA 水平升高,两组间对比有统计学意义( $P < 0.05$ ); CD19<sup>+</sup>和 IgG 水平下降,差异有统计学意义( $P < 0.05$ );两组之间其余指标的差异无统计学意义( $P$ 均 $> 0.05$ )。

**结论** HSP 患儿外周血细胞免疫和体液免疫功能同时紊乱,肾炎与非肾炎 HSP 患儿相比,肾炎型的 CD8<sup>+</sup>细胞与 IgG 变化明显,有助于肾炎与非肾炎的鉴别。

## PU-5738

## 疑似脑炎患儿肠道病毒疱疹病毒分子生物学检测分析

黎赛  
湖南省儿童医院

**目的** 探究肠道病毒、疱疹病毒检测在疑似脑炎患儿脑脊液、血液配对标本中的阳性率。

**方法** 随机选取湖南省儿童医院 2017 年 8 月至 2018 年 2 月收集的 365 份疑似脑炎患儿脑脊液、血清配对标本作为研究对象，采用一步法巢式实时荧光定量 RT-PCR 和实时荧光定量 PCR 法分别进行肠道病毒 (Enterovirus, EV) 和疱疹病毒 (Herpesvirus, HSV) 属检测，分析两类病毒在临床疑似脑炎患儿中的感染率。同时收集 132 例确诊为肠道病毒性脑炎、疱疹病毒性脑炎患儿入院后的脑脊液、血清、全血、痰、大便、尿液标本，比较分析病毒在各种标本中的检出时间，拟帮助临床医生选择最佳送检标本。

**结果** 365 例疑似脑炎患儿中有 21.5% 的患儿证实为肠道病毒性脑炎，9.3% 患儿证实为疱疹病毒性脑炎。75 例肠道病毒脑炎患儿以埃可病毒 6 型 (Echovirus 6, echo 6) 感染为主，占 10.7%；其次为 EV71 感染 (6.3%)，echo11 (1.4%)，柯萨奇病毒 A 组 6 (Coxsackie virus A group 6, CA6, 0.8%) 及 echo30, echo9, echo4 等各一例。57 例疱疹病毒脑炎主要以人疱疹病毒 6 型 (Human herpesvirus 6, HHV6) 感染最多见，占 5.5%。其次依次为巨细胞病毒 (Cytomegalovirus, CMV, 4.9%)，EB 病毒 (Epstein Barr virus, EBV, 1.9%)，单纯疱疹病毒 1 型 (Herpes simplex virus 1, HSV1, 1.6%)，单纯疱疹病毒 2 型 (Herpes simplex virus 2, HSV2, 1.4%)，水痘带状疱疹病毒 (Varicella zoster virus, VZV, 0.2%)。在脑脊液和血液样本中可检出 Echo 6、EV71 病毒阳性的最长时间分别为发病后 2 天和 7 天。可检出 CMV 病毒阳性的最长时间分别为发病后 3 天和 26 天。可检出 HHV6 病毒阳性的最长时间分别为发病后 7 天和 8 天，痰标本中可存在 15 天以上。可检出 HSV1 病毒阳性的最长时间均为发病后 12 天在血清样本中可检出。

**结论** 肠道病毒 Echo 6、EV71，疱疹病毒 HHV6、CMV 是导致本地区病毒性脑炎的最主要的病原体。可根据发病时间合理选择标本类型进行测定。

## PU-5739

## Evaluation of real-time PCR coupled with multiplex probe melting curve analysis for pathogen detection in patients with suspected bloodstream infections

Yao Xiao, Xu Shen, Qi-Feng Zhao, Yi-Hui Yao, Jian-Jun Niu  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** This study aimed to evaluate real-time polymerase chain reaction coupled with multiplex probe melting curve analysis (PCR-MCA) for pathogen detection in patients with suspected bloodstream infections (BSIs).

**Methods** A PCR-MCA assay was developed for the simultaneous identification of 28 kinds of the most common pathogens and two resistance genes within a few hours. Diagnostic performance of the PCR-MCA assay was determined compared to results of a blood culture.

**Results** A total of 2844 consecutive new episodes of suspected BSI in 2763 patients were included in this study. There were 269 episodes of pathogens identified by blood culture. For all the pathogens tested, the PCR-MCA assay displayed a sensitivity of 88.8% (239/269), specificity of 100% (2575/2575), and agreement of 98.9% (2814/2844). For the pathogens on the PCR-MCA list, the PCR-MCA results had a sensitivity of 99.2% (239/241), specificity of 100% (2575/2575), and agreement of 99.9% (2814/2816) compared with the results of blood culture. For seven

samples with multiple pathogens identified simultaneously during one blood culture investigation, the PCR-MCA assay repeated the results of the blood culture, with an agreement rate of 100% for each.

**Conclusions** The PCR-MCA assay could discover 88.8% of pathogens in clinical practice, showing excellent diagnostic performance versus that of blood culture for pathogen detection in patients with suspected BSI, and would contribute to rapidly diagnosis and correct antibiotic administration.

## PU-5740

### 重庆地区 111846 位妇女中 3724 例人乳头瘤病毒 21 型感染的阳性人数和各年龄段的关系。

杨清翔

陆军军医大学（第三军医大学）第一附属医院

**目的** 探讨重庆地区妇女人乳头瘤病毒 21 型感染的阳性人数和各年龄段的关系。

**方法** 回顾性分析 2017 年 11 月 14 到 2008 年 11 月 13 日在本院就诊的 111846 位妇女。用（PCR+膜杂交法）技术对 21 种 HPV 进行检测，将筛查人群分为 5 个年龄段，分别计算阳性检出人数，分析 HPV 的阳性检出人数和年龄段的关系，并以年龄段和阳性人数的关系作图加以分析。

**结果** HPV 18 型感染人数远超其他类型，且感染人数最多的年龄段为大于 45 岁，其次 36 岁-45 岁，再其次 24-35 岁。结论 重庆地区妇女 HPV 的阳性检出人数和年龄段相关，且以大于 45 岁年龄段阳性检出人数高。

**结果** 1.多重荧光 PCR 结果共检测样本 2782 例，其中阳性 564 例，阳性率为 20.3%，见表 1。从表中可以看出 26~30 岁和 36~40 岁这两个年龄组的阳性例数最高，HR-HPV 感染的例数最多，当然这也和这个年龄段的筛查例数最多是相关的。

2.各年龄段 HPV 检出阳性人数的关系：随着年龄的增加，感染 HPV 的阳性人数呈上升的趋势。其中大于 45 岁年龄段感染人数最多。

**结论**（PCR+膜杂交）法的原理采用基因扩增技术及导流杂交原理，通过反向点杂交检测扩增产物与被有型性探针膜杂交结果，采用碱性磷酸酶系统定性检测，从而对 21 型 HPV 基因型（6、11、16、18、31、33、35、39、42、43、44、45、51、52、53、56、58、59、66、68、和 CP8304（81））进行分型检测。结果判断更方便，联合应用 TCT 等检查方法,早期进行预防、治疗，防止从癌前病变到宫颈癌的发生、发展。

众多研究表明 HPV 感染在宫颈癌的发生及发展中起主要作用。HPV 的阳性检出率是和年龄有关系的。且感染人数最多的年龄段分别为大于 45 岁，其次 36 岁-45 岁，再其次 24-35 岁这说明在绝经期妇女有一个较高的 HPV 的感染率。可能与常年累月的性生活有关，也可能与生二胎有关。随着我国生活物质水平的提高，大家的自我保护意识提高，这些对于全人类共同期盼减少宫颈癌的发生、发展有着积极重大的意义。对于这部分妇女，我们有必要加强宣传宫颈癌的防治知识。

## PU-5741

## Screening and verification of related lncRNA in plasma exosomes of patients with lung cancer

Liangyuan Chen<sup>1</sup>, Lili Jiang<sup>2</sup>, Chunli Huang<sup>2</sup>, Falin Chen<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou, China

2. Department of Clinical Laboratory, Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University, Fuzhou, China

**Objective** Lung cancer is the most malignant tumor with morbidity and mortality in China, which seriously threatens the health and life of the population. In recent years, studies have shown that a variety of exogenous long-chain non-coding RNAs (lncRNA) are differentially expressed in tumor patients and normal populations, so they can be used as tumor diagnostic markers, but lack of exosomal lncRNA in lung cancer. This study aimed to identify altered lncRNA in the serum of patients with lung adenocarcinoma using high-throughput sequencing.

**Methods** First, high-throughput sequencing was used to determine the differential expression of lncRNA in plasma exosomes of lung adenocarcinoma patients and normal subjects, and further analysis was performed using GO and KEGG signaling pathway enrichment. High-throughput sequencing results were then verified using real-time fluorescent quantitative PCR (qPCR).

**Results** There were 448 lncRNAs differentially expressed in plasma exosomes of patients with lung adenocarcinoma and normal subjects, of which 17 were up-regulated and 417 were down-regulated. The enrichment of GO and KEGG signaling pathways may affect lncRNA in lung cancer. Played an important role in development. qPCR verified ENST00000514855, ENST00000437559 results consistent with high-throughput sequencing.

**Conclusions** The lncRNA in plasma exosomes of patients with lung adenocarcinoma is differentially expressed with healthy subjects. The results of ENST00000514855 and ENST00000437559 are consistent with high-throughput sequencing results. Exosomal lncRNA has the potential to become a new type of tumor diagnostic marker.

## PU-5742

## Relationship between genetic polymorphism of MTHFR and platelet parameters in cerebral infarction patients

Heya Na, Hongmei Zhao

The People's Hospital of Liaoning Province

**Objective** Objective: MTHFR plays an important role in the folate metabolism system, and its gene polymorphism can lead to decrease many of key enzymes activities. Thus, MTHFR variation can cause hyperhomocysteinemia when the ingestion of folate in the body is inhibited. Previous studies have reported that hyperhomocysteinemia results in increasing the risk for development of stroke, coronary heart disease and venous thrombosis. However, the role of MTHFR in the extent of microvascular damage in the central nerve system is still unclear. In this study, we aimed to analyse different MTHFR polymorphism in patients with cerebral infarction and whether there exists the relationship between MTHFR polymorphism and platelet parameters, namely mean platelet volume (MPV), platelet distribution width (PDW) and thrombocytocrit (PCT).

**Methods** Methods: First, we measured the MTHFR gene polymorphism among 210 cerebral infarction patients by quantitative real-time PCR. Based on the Ct values, we divided three groups (CC, CT and TT groups). The platelet parameters were detected by flow cytometry. Second, we used Mann-Whitney U test to analyse the expression levels of platelet parameters in different MTHFR gene polymorphism.

**Results** Results: Based on the Ct values , we divided three groups in cerebral infarction patients. And the volume of platelet in CT and TT groups was significantly higher than that in CC group patients, which were no mutation of MTHFR. And the platelet distribution width and thrombocytocrit were statistically different between different patients groups. However, there was no significance in platelet parameters between CT and TT groups.

**Conclusions** Conclusion: In summary, we demonstrate that MTHFR genetic polymorphism may be a independent biomarker of microvascular damage in central nerve system and joint detection of MTHFR and platelet parameters may provide a novel strategy for cerebral infarction development and prognosis.

## PU-5743

### 我国 MRSA 流行克隆 ST239 和 ST59 毒力和生物被膜形成能力比较研究

于志雨

北京大学人民医院,100000

**目的** 检测临床分离的金黄色葡萄球菌生物膜形成情况及溶解红细胞的能力, 比较我国 MRSA 流行克隆 ST239 和 ST59 的毒力表型, 为解释其流行变化寻找方向。

**方法** 1、培养前期鉴定、分离自临床的 2 个流行克隆群 ST239 和 ST59 中 6 个 Lineage (分为早、中、后期, 以 Lineage\_A、Lineage\_b、Lineage\_C 表示) 的 204 株耐甲氧西林金黄色葡萄球菌;

2、利用 96 微孔板龙胆紫染色法检测临床分离菌株生物膜形成能力;

3、利用临床分离菌株培养上清液溶解红细胞实验定量检测其溶解红细胞的能力;

4、借助 SPSS 软件用单因素方差分析的方法比较 2 个克隆群、6 个 Lineage 实验结果的差异,  $P < 0.05$  时有显著差异。

**结果** 1、在 TSB 肉汤中, 204 株金黄色葡萄球菌临床分离株均可形成肉眼可见的生物膜, 2 个流行克隆群生物膜形成能力 ( $P=0.011 < 0.05$ ) 有显著性差异, 且 ST59 生物膜形成能力高于 ST239, ST239 克隆群中各时期 Lineage 变化不如 ST59 明显;

2、将 204 株金黄色葡萄球菌临床分离株培养上清液与红细胞混合孵育, 均可见不同程度的红细胞溶解; 结果显示, ST59 克隆群溶解红细胞能力明显大于 ST239 克隆群 ( $P=0.000 < 0.05$ ), 而且随着时间的推移, ST59 分化后期的 Lineage 溶解红细胞能力比分化早期更强。

**结论** ST59 与 ST239 毒力表型与 MRSA 流行克隆群的变化相符, 表明金黄色葡萄球菌毒力强弱及变化可能是 MRSA 流行克隆群替换的原因之一。

## PU-5744

### FilmArray 在儿童重症肺炎中的应用价值研究

柳鹏程, 胡语歆, 徐锦

复旦大学附属儿科医院, 200000

**目的** 探讨 FilmArray 在儿童重症肺炎患儿病原体检测中的应用价值

**方法** 收集于复旦大学附属儿科医院 PICU 住院, 临床诊断为重症肺炎患儿咽拭子标本 57 份, 使用 FilmArray 对其进行呼吸道病原体检测, 并将结果与直接免疫荧光法、间接免疫荧光法和 real-time PCR 等临床实验室常规检测方法结果进行比较

**结果** 使用 FilmArray 方法病原体的总检出率为 82.5%, 检出率依次为呼吸道合胞病毒 (22.8%)、腺病毒 (19.3%) 和副流感病毒 3 型 (14.0%), 其中混合感染占总检出的 29.8%。比较不同方法间的共同检测病原谱, FilmArray 与直接免疫荧光法的总符合率为 68.0%; 与间接免疫荧光法的总

符合率为 48.8%；与 real-time PCR 的总符合率 87.1%。造成不符合的主要原因为 FilmArray 检测阳性的标本使用其他方法检测为阴性。

**结论** FilmArray 在重症肺炎患儿病原体检测中相比较于其他常规的实验室检测技术具有更高的检出率，在儿童重症肺炎病原体诊断中具有广大的临床应用前景。

## PU-5745

### Metabolic disorders in patients with central nervous system infections: Associations with neurosyphilis

Yao Xiao, Mei-Jun Chen, Xu Shen, Li-Li Liu, Jian-Jun Niu  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** In recent years, neurosyphilis was found to be associated with diabetes mellitus (DM). Whether the association was specific to neurosyphilis among central nervous system (CNS) infections, as well as whether neurosyphilis is associated with other prevalent metabolic disorders, deserves further study.

**Methods** An in-depth cross-sectional study was conducted by enrolling 74 neurosyphilis patients and 74 sex- and age-matched patients with other CNS infections. DM-, hypertension-, and dyslipidaemia-related factors were compared between patients with neurosyphilis and those with other CNS infections.

**Results** The prevalence of hypertension and hyperlipidaemia in neurosyphilis was 45.9% and 21.4%, respectively, higher than that in other CNS infections (45.9% versus 28.4%,  $P=0.027$ ; 21.4% versus 8.3%,  $P=0.028$ ). Accordingly, neurosyphilis patients had significantly higher systolic blood pressure (median, 139 mmHg; interquartile range [IQR], 121–151 mmHg), diastolic blood pressure (median, 83 mmHg; IQR, 76–89 mmHg), total cholesterol (median, 4.86 mmol/L; IQR, 3.80–5.51 mmol/L), low-density lipoprotein (median, 3.39 mmol/L; IQR, 2.52–3.95 mmol/L), apolipoprotein A1 (median, 1.31 g/L; IQR, 1.06–1.52 g/L), and lower apolipoprotein B/A1 ratios (median, 0.67; IQR, 0.49–0.99) than patients with other CNS infections ( $P<0.05$ ). There was no difference in the DM-related factors between neurosyphilis and other CNS infections ( $P>0.05$ ).

**Conclusions** Potential associations between neurosyphilis and metabolic disorders were found among CNS infections. The results could have important implications for clinical practice and alerting more clinicians to this issue.

## PU-5746

### The Role of Macrophage Activated By Lung Cancer Derived Exosomes In Lung Cancer Progression

Liangyuan Chen<sup>1,2</sup>, Chunli Huang<sup>2</sup>, Yang Yang<sup>1</sup>, Falin Chen<sup>1,2</sup>

1.Department of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital, Fuzhou, China

2.Department of Clinical Laboratory, Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University, Fuzhou, China

**Objective** Lung cancer is one of the most common malignancies in the world. The purpose of this work is to investigate the effect of lung cancer derived exosomes on macrophage polarization and the biological effects of macrophages on lung cancer after exosome treatment, providing a certain basic research further study for the biological behavior of tumors.

**Methods** The culture supernatant of lung cancer cells was collected, and the culture supernatant was concentrated by ultrafiltration. The exosomes were extracted by reagent method, and the morphology of exosomes was identified by transmission electron microscopy and nanometer particle size. The surface markers of exosomes were identified by Western blot. When THP-1

cells were cultured in good growth state, they were treated with 100 ng/ml PMA for 2 days, the cells were adherent, the macrophage marker CD68 was detected by real-time PCR, then the macrophage was detected Phagocytosis function; macrophages were co-cultured with exosomes(200µg/ml) for 24 h, then qPCR was used to detect macrophage phenotype molecules INOS and CD163, and chemoluminescence was used to detect IL-10, IL-6 and IL-8 expression; macrophage after exosome treatment were co-cultured with lung cancer cells by transwell chamber co-culture system, lung cancer after co-cultured were used cell invasion assay. MMP9, MMP2 and E-cadherin were detected by real-time PCR

**Results** The small vesicles were diameter of about 130 nm by transmission electron microscopy and nano-particle size analysis. The high expression of CD9 and CD63 in the extracted exosomes was detected by Westen blot, indicating that we successfully isolated exosomes from the tumor culture supernatant; macrophages induced by PMA were highly expressed CD68 by real-time PCR, macrophage phagocytosis experiments showed that exosomes can be phagocytosed by macrophages, indicating that macrophages induced by PMA can be used for subsequent experiment. The macrophages after exosome treatment were detected by real-time PCR, the expression of INOS was decreased, the expression of CD163 was increased, and the macrophages after exosome treatment were detected by chemiluminescence, the secreted IL-10, IL-6 and IL-8 were all increased. cell invasion assays found that lung cancer cells co-cultured with macrophages after exosome treatment highly expressed MMP9, MMP2 and E-cadherin.

**Conclusions** Lung cancer can further enhance its invasion and metastasis ability by regulating macrophages in the microenvironment through the regulation of macrophages in the microenvironment.

PU-5747

## 自贡市 5446 例急性呼吸道感染患者常见 病毒检测结果分析

宋立兴,曾宏威

自贡市第四人民医院,643000

**目的** 回顾分析自贡地区 2016.01-2019.03 急性呼吸道感染患者, 常见呼吸道病毒感染在不同年份、季节、年龄、性别方面的分布情况及流行病学特点, 为自贡地区呼吸道疾病的治疗和预防提供理论依据。

**方法** 对 5446 例我院确诊急性呼吸道感染的患者取其鼻咽分泌物, 采用直接免疫荧光法检测 7 种病毒即: 呼吸道合胞病毒(RSV)、腺病毒、副流感病毒 I 型、II 型、III 型、流感病毒 A 型、流感病毒 B 型, 分析其分布情况和流行病学特点。

**结果** 自贡地区 2016.01-2019.03 呼吸道感染患者呼吸道病毒感染的总阳性率为 31.11% (1694 / 5446), 病毒感染类型主要为合胞病毒、流感病毒 A 型、流感病毒 B 型, 检出率分别为 10.47%、9.62%、4.66%; 呼吸道病毒感染以单一感染为主占 98.8%、混合感染仅占 1.20%, 以合胞病毒合并其他病毒感染为主; 呼吸道病毒冬季感染率明显高于其他各季, 以 0-6 岁儿童为主要感染人群, 占整个阳性标本的检出的 80.17%, 其中呼吸道合胞病毒好发于 1 岁以内婴幼儿, 流感 A 病毒以 1-6 岁感染为主; 呼吸道病毒感染男女性别感染率有明显区别, 男性感染高于女性。

**结论** 通过检测自贡地区呼吸道病毒感染情况, 可以为临床提供快速、准确的诊断依据, 有利于早诊断早治疗, 还可通过季节、性别、年龄等流行病学资料加强病毒感染的预防和控制, 降低高发季节、高危人群感染率。

## PU-5748

**老年支气管哮喘患者体液免疫变化对哮喘发作进展的影响**

周洋  
陆军军医大学第一附属医院

**目的** 探讨老年支气管哮喘患者体液免疫 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 各抗体水平变化对哮喘发作进展的影响。

**方法** 选择 2016 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日本院收治的老年支气管哮喘患者 40 例为观察组,同时选择同期正常体检者 40 例为正常对照组。对所有入组者的体液免疫 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 各抗体水平进行检查,同时测定其肺功能,重点了解第一秒用力呼气容积(FEV1%)变化,并计算 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 各类抗体水平与 FEV1 相关性;分析观察组与正常对照组体液 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 免疫各抗体水平差异及两组之间抗体水平与 FEV1 相关性差异,评价体液免疫 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 各抗体水平变化对哮喘发作进展的影响。

**结果** 观察组 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 水平均明显低于正常对照组( $P<0.05$ ),观察组 FEV1 小于正常对照组( $P<0.05$ ),FEV1/FVC 水平低于正常对照组( $P<0.05$ ),老年支气管哮喘患者 sIgA 水平及 IgM 与 FEV1 值呈正相关( $r=0.8923$  和  $0.8317$ , $P=0.000<0.05$ )。及 sIgA 各类抗体水平与 FEV1 相关性;分析观察组与正常对照组体液 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 免疫各抗体水平差异及两组之间抗体水平与 FEV1 相关性差异,评价体液免疫 IgM、IgG、IgA 及 sIgA 各抗体水平变化对哮喘发作进展的影响。

**结论** 老年支气管哮喘患者体液免疫变化肺功能变化之间存在正相关性,对哮喘发作进展产生影响。

## PU-5749

**质谱快速鉴定辅助诊断 AIDS 合并真菌性血流感染研究**

丁宁<sup>1</sup>,王玉月<sup>2</sup>  
1.常州市德安医院  
2.常州市第一人民医院,213000

**目的** 探讨质谱快速鉴定在辅助诊断 AIDS 合并真菌性血流感染中的价值。

**方法** 回顾性分析常州市第一人民医院呼吸科及血液科收治的 2 例合并真菌性血流感染的 AIDS 患者的诊断过程,应用 MALDI-TOF MS 质谱仪对 2 例 AIDS 患者阳性血培养进行快速鉴定。

**结果** 确诊 2 例患者均为真菌性血流感染,传统的真菌鉴定方法耗时比较长,而通过质谱鉴定可以较为快速地鉴定到真菌的属或种的水平,极大的缩短了真菌鉴定的时间。

**结论** 采用质谱鉴定真菌性血流感染快速辅助诊断了 AIDS 合并真菌性血流感染,更加及时地为临床诊断治疗提供精准的依据。

## PU-5750

**TACE 对原发性肝癌患者肝功能、凝血功能的影响**

胡黎娅<sup>1</sup>,陈姝<sup>2</sup>  
1.云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院,650000  
2.昆明医科大学医学检验技术专业 2015 级

**目的** 评价首次经肝动脉化疗栓塞术(TACE)对原发性肝癌患者肝功能,凝血功能的影响。

**方法** 回顾性分析经首次 TACE 治疗原发性肝癌 165 例,比较术前、术后一周内、术后 1-3 个月的总蛋白(TP)、白蛋白(ALB)、前白蛋白(PA)、谷丙转氨酶(ALT)、谷草转氨酶(AST)、谷氨酸转



肽酶(GGT)、胆汁酸(TBA)的变化情况,以及术前、术后 1-3 个月的凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原(FIB)、血小板(PLT)的变化情况,对各项指标 TACE 前后的变化采用配对样本 t 检验或配对设计资料的秩和检验。

**结果** 术后一周内 TP、ALB、PA 水平降低,AST、ALT 水平显著升高,差异均有统计学意义( $P<0.05$ );术后 1-3 月与术后一周内相比,TP、ALB、PA 水平升高,AST、ALT 水平显著降低,差异均有统计学意义( $P<0.05$ )。术后 1-3 月与术前相比,PLT 水平显著降低,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 原发性肝癌患者经首次 TACE 治疗可引起一过性肝脏损害,术后适当的保肝措施可使其恢复至术前的肝功水平;而有凝血因子参与的凝血指标无影响,能使参与一期止血的血小板降低。

## PU-5751

# Metabolite Profiles of the Cerebrospinal Fluid in Neurosyphilis Patients Determined by Untargeted Metabolomics Analysis

Lili Liu, Yong Lin, Hui-Lin Zhang, Jiang-Hua Yan, Jian-Jun Niu, Tian-Ci Yang  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** The mechanism underlying the stealth property of neurosyphilis is still unclear. Global metabolomics analysis can provide substantial information on energy metabolism, physiology and possible diagnostic biomarkers and intervention strategies for pathogens.

**Methods** To gain better understanding of the metabolic mechanism of neurosyphilis, we conducted an untargeted metabolomics analysis of cerebrospinal fluid (CSF) from 18 neurosyphilis patients and an identical number of syphilis/non-neurosyphilis patients and syphilis-free patients using the Agilent, 1290 Infinity LC system.

**Results** The raw data were normalized and subjected to subsequent statistical analysis by MetaboAnalyst 4.0. Metabolites with a variable importance in projection (VIP) greater than one were validated by Student's T-test. A total of 1,808 molecular features were extracted from each sample using XCMS software, and the peak intensity of each feature was obtained. Partial-least squares discrimination analysis provided satisfactory separation by comparing neurosyphilis, syphilis/non-neurosyphilis and syphilis-free patients. A similar trend was obtained in the hierarchical clustering analysis. Furthermore, several metabolites were identified as significantly different by Student's T-test, including L-gulono-gamma-lactone, D-mannose, N-acetyl-L-tyrosine, hypoxanthine, and S-methyl-5'-thioadenosine. Notably, 87.369-fold and 7.492-fold changes of N-acetyl-L-tyrosine were observed in neurosyphilis patients compared with syphilis/non-neurosyphilis patients and syphilis-free patients. These differential metabolites are involved in overlapping pathways, including fructose and mannose metabolism, lysosomes, ABC transporters, and galactose metabolism. Several significantly expressed metabolites were identified in CSF from neurosyphilis patients, including L-gulono-gamma-lactone, D-mannose, N-acetyl-L-tyrosine, and hypoxanthine.

**Conclusions** The role of these differential metabolites in the development of neurosyphilis deserves further exploration.

## PU-5752

## 肝硬化患者血液中检出非 O1 非 O139 群霍乱弧菌

孙慧冰,李佩珊,郭维龙,李榕娇  
南方医科大学第五附属医院

**目的** 对 1 例肝硬化患者血液中检出的霍乱弧菌进行实验室分析、鉴定、毒力检测及药物敏感性试验

**方法** 调查患者的临床基本情况、实验室检查结果、治疗和预后；用梅里埃 Bact3D/Alert120 全自动血培养仪培养细菌；分别用全自动微生物鉴定及药敏分析系统 VITEK 2 compact、全自动快速微生物质谱检测系统 VITEK MS、一代测序三种方法鉴定细菌；分别用玻片凝集法、聚合酶链式反应法进行毒力检测；按照《全国临床检验操作规程》（第三版）用 K-B 药敏纸片法进行药物敏感性测定，药敏结果按照美国临床实验室标准化协会（CLSI）2016 M45 版本标准判断。

**结果** 经鉴定为非 O1 非 O139 群霍乱弧菌；药敏结果对氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、头孢他啶、头孢吡肟、亚胺培南、美罗培南、左氧氟沙星、四环素、复方磺胺甲恶唑、庆大霉素、氯霉素均敏感；临床使用头孢哌酮/他唑巴坦、盐酸莫西沙星治疗有效。

**结论** 本例为非 O1、O139 群霍乱弧菌（NOVC），不产生毒素，不引起霍乱，无需按甲类传染病上报，可按一般细菌感染处理。但此菌可引起非流行性的腹泻和肠道外感染，免疫功能低下患者并发 NOVC 败血症时，死亡率并不低，应引起重视。本例非 O1、O139 群霍乱弧菌对多种抗生素敏感，确定病原菌后及时调整用药，对提高患者的生存率有重要意义。

## PU-5753

## 献血者核酸检测单反应性归队情况分析

王丽梅,林授,何小兰,詹友知,王明  
福建省血液中心

**目的** 分析献血者核酸检测单反应性归队情况。

**方法** 回溯 2012-2017 年我中心无偿献血者血液 NAT 检测单反应性和鉴别情况，以我中心献血时血液核酸检测单反应性且屏蔽 6 个月以上，在 2016-2017 年归队的 233 名献血者为研究对象，进行 ALT 速率法检测，HBV、HCV、HIV、TP 两种不同厂家 ELISA 试剂检测，HBV、HCV、HIV 单人份 NAT 检测。并对其中归队检测反应性的 11 名献血者进行追踪检测。

**结果** 2012-2017 年 491159 名无偿献血者，0.33%血液核酸检测单反应性，其中 30%鉴别为 HBV DNA；233 名归队献血者中，24.5%（57 / 233）归队检测反应性，75.5%（176 / 233）归队检测非反应性，归队检测非反应性的 58.0%（102 / 176）献血者已再次成功献血；233 名归队献血者中 76 名既往鉴别为 HBV DNA，44.7%（34/76）归队检测非反应性，157 名核酸既往鉴别为不可鉴别，90.4%（142 / 157）献血者归队检测非反应性；11 名归队检测反应性献血者追踪试验结果为 8 名核酸检测反应性，3 名核酸检测非反应性。

**结论** 我中心对于核酸检测单反应性献血者归队有其必要性和现实意义。血站应根据实际情况，建立适合的核酸检测单反应性献血者归队策略并不断完善。

## PU-5754

## 念珠菌血流感染临床与实验室特点分析

曹云

延安市人民医院,716000

**目的** 根据血培养真菌阳性标本,进行病原学与药敏试验分析,探讨念珠菌在血流感染中的临床和实验室特点。

**方法** 收集某院 2012 年 6 月至 2018 年 9 月的血培养结果为真菌的临床资料,对真菌种类、阳性报警时间(TTP)、标本送检科室、病原菌来源和氟康唑药敏试验结果进行分析。

**结果** 血培养分离出真菌共 86 株,非重复分离株为 50 株,49 株为念珠菌属。排在前三位的念珠菌分别为白念珠菌 18 株(36.73%),近平滑念珠菌和光滑念珠菌各 10 株各占(20.41%);新生隐球菌 TTP [(68.24±5.93) h] 最长,热带念珠菌 TTP [(19.36±1.24) h] 最短,白念珠菌 [(34.67±2.98) h] 与光滑念珠菌 [(38.16±4.12) h] TTP 接近居中;念珠菌血症前 3 位科室为神经外科 10 株(20.41%)、肿瘤血液科 8 株(16.33%)、重症监护病房 6 株(12.24%);泌尿系统为最常见感染来源,其次为引流感染和导管感染;近平滑念珠菌、新生隐球菌、热带念珠菌对氟康唑敏感率均为 100%,白念珠菌和光滑念珠菌分别为 88.89%和 70%,克柔酵母菌和酿酒酵母菌各 1 株为耐药和敏感。

**结论** 院念

菌血流感染最常见为白念珠菌,其次为近平滑念珠菌和光滑念珠菌。如果血培养需氧瓶阳性且 TTP 大于 40h,发生念珠菌血流感染的可能较大,临床或实验室应高度重视。泌尿系感染、导管相关血流感染、手术部位感染是念珠菌血症的重要感染源。大部分念珠菌对于氟康唑敏感,但临床采取预测性用药的同时不应完全排除细菌耐药的可能。

## PU-5755

## HucMSC 来源的外泌体转运 miR-373 缓解肝纤维化

蔡梦洁,江文倩,赵婷,刘锦雯,王岩金,严永敏

江苏大学

**目的** 探讨人脐带间质干细胞来源外泌体(hucMSC-ex)转运 miR-373 修复肝纤维化的作用及机制。

**方法** 1) 提取健康人和肝纤维化患者血清 exosome、健康小鼠和肝纤维化小鼠肝组织及血清 exosome 中的 miRNA,并检测 miR-373 的表达。2) 过表达、敲减肝星状细胞(LX-2)中 miR-373, q-PCR、Western blot 和细胞免疫荧光检测 Col1、Col3、Col4 和 FAP 的表达差异。双荧光素酶报告基因验证 miR-373 的靶基因 TGF-βR2。过表达、敲减 miR-373 后,检测 LX-2 中 TGF-βR2 的表达差异。3) 腹腔注射 CCl<sub>4</sub> 建立肝纤维化小鼠模型,经 hucMSC-ex 治疗,活体成像仪观察 hucMSC-ex 定位,HE、Masson 和 Sirius Red 染色观察肝组织结构和胶原分布,检测组织中 Col1、Col3、Col4 和 TGF-βR2 的表达。q-PCR 和 Western blot 检测比较 hucMSC-ex 和 hucMSC-ex-miR-373 作用于活化的 LX-2 细胞后,Col1、Col3 和 FAP 的表达差异以及 TGF-βR2 和下游分子 p-smad2/3 的表达水平。hucMSC-ex-miR-373 治疗后,观察肝组织结构和胶原分布,免疫组织化学、组织可溶性胶原和 Western blot 比较相关指标、TGF-βR2 和下游分子 p-smad2/3 的表达变化。

**结果** 1) 肝纤维化患者血清 exosome、纤维化小鼠肝组织和血清 exosome 中 miR-373 的表达显著低于健康组。2) 过表达 miR-373 抑制 LX-2 中胶原合成,敲减 miR-373 增强 LX-2 胶原相关蛋白表达。miR-373 可靶向结合 TGF-βR2,且下调 LX-2 细胞中 TGF-βR2 及下游 p-smad2/3 的表达。

3) hucMSC-ex 定位于纤维化小鼠肝组织。hucMSC-ex 治疗后, 组织中胶原纤维的表达减少。HucMSC-ex-miR-373 可显著下调 LX-2 细胞中胶原蛋白、TGF- $\beta$ R2 和下游 p-smad2/3 的表达。

**结论** miR-373 与肝纤维化进展相关, hucMSC-ex 可通过转运 miR-373 调控肝星状细胞 TGF- $\beta$ R2 表达, 抑制胶原合成, 修复肝纤维化。

## PU-5756

### Origin of Nontreponemal Antibodies During *Treponema pallidum* Infection: Evidence From a Rabbit Model

Kun Gao, Tian-Ci Yang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** The origin of nontreponemal antibodies during syphilis infection is hotly debated.

**Methods** Here, we analyzed the immune response in rabbits immunized with various antigens.

**Results** Inactivated treponemes elicited the production of low-titer nontreponemal antibodies in some rabbits. Cardiolipin combined with bovine serum albumin also induced anticardiolipin antibody production. These findings indicate that *Treponema pallidum* contained a cardiolipin antigen with weak immunogenicity. However, active *T. pallidum* induced higher nontreponemal antibody production with strong immunogenicity at an earlier time point, and the antibody titer was consecutive, suggesting the high nontreponemal antibody titer resulted from the combined effects of both the *T. pallidum* cardiolipin antigen and the damaged host-cell cardiolipin antigen during syphilis infection, the latter of which plays a major role in the induction of nontreponemal antibody production.

**Conclusions** Our study provides direct animal evidence of the origin of nontreponemal antibodies during *T. pallidum* infection.

## PU-5757

### 高血压患者 NPR-C 基因 A-55C 位点多态性研究

赵晓丽, 岳薇薇, 苗文清, 李穗雯, 钱净, 黎海生, 胡大春△

昆明市第一人民医院, 650000

**目的** 了解云南地区高血压患者 NPR-C 基因 A-55C 位点多态性分布情况。

**方法** 从昆明市第一人民医院体检、门诊和住院患者中, 筛选出 100 例云南汉族原发性高血压患者作为研究对象(父系、母系三代均为汉族, 均居住云南境内), 年龄在 40-80 之间, 其中男 48 例, 女 52 例。采用 PCR-RFLP 法检测研究对象 NPR-C 基因 A-55C 位点多态性分布。

**结果** 对 100 例云南汉族原发性高血压患者进行 NPR-C 基因 A-55C 位点多态性检测, 未发现 AA 基因型; AC 基因型 25 例, 频率为 0.25; CC 基因型 75 例, 频率为 0.75。A 等位基因频率为 0.125; C 等位基因频率为 0.875。

**结论** 云南汉族原发性高血压患者中 NPR-C 基因 A-55C 位点基因多态性分布以 CC 基因型为主, 未见 AA 基因型。CC 基因型与高血压病易感相关。

## PU-5758

**碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌耐药机制研究**

胡辛兰,陈东杰  
福建省立医院,350000

**目的** 分析碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌(CRKP)对临床常用抗菌药物的药敏情况和基因分布情况,为研究 CRKP 的耐药机制提供实验依据。

**方法** 收集福建省立医院微生物室 2014 年 1 月至 2017 年 12 月从不同病区各种临床标本分离的 CRKP 166 株,用 MALDI-TOF MS 质谱仪重新鉴定为肺炎克雷伯菌,所有菌株均应用 VITEK-2 全自动细菌分析仪进行细菌鉴定及药敏分析,采用 MIC 法检测其对 17 种常用抗菌药物的敏感性,通过 WHONET5.6 软件对药敏资料进行统计分析。采用聚合酶链反应(Polymerase chain reaction, PCR)方法检测 9 种耐药基因,其中包括碳青霉烯基因(IMP-4、KPC-2、NDM-1 和 OXA-48)、超广谱  $\beta$ -内酰胺酶基因(CTX-M1、CTX-M9)、膜孔蛋白编码基因(OmpK35, OmpK36, OmpK37)。

**结果** 166 株 CRKP 对头孢菌素类、碳青霉烯类等  $\beta$ -内酰胺类、喹诺酮类抗生素耐药率高达 90%以上,对阿米卡星的耐药率低于 45%。感染患者主来自于 ICU 病房占 63.25%,标本主要类型为痰液占 42.17%,感染的主要来源为医院获得性感染。PCR 结果表明,检测出碳青霉烯酶 KPC-2 基因,为 126 株(75.9%);超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 CTX-M9 和 CTX-M1 基因,分别为 133 株(68.07%)和 13 株(7.83%);膜孔蛋白编码基因 OmpK35, OmpK36 和 OmpK37 分别缺失 8 株(4.82%), 156 株(93.98%)和 9 株(5.42%)。

**结论** 我院临床感染患者分离的 CRKP 主要的耐药机制可能为产碳青霉烯酶 KPC-2 基因,产 ESBLs 合并膜孔蛋白缺失也是导致 CRKP 耐药的重要原因。

## PU-5759

**两种 ELISA 试剂检测献血者抗-HTLV 结果分析**

周晓真,林洪铿,涂东晋  
福建省血液中心

**目的** 探讨两种酶联免疫吸附试验(ELISA)试剂检测 HTLV 抗体特异性及阳性结果的符合程度,并分析产生差异的原因。

**方法** 分别对 35144 份标本采用试剂 A 和 69538 份标本采用试剂 B 进行 HTLV 抗体检测,对筛查出的反应性标本再采用另一种试剂进行符合性的检测,同时采用 Western Blot 法对 ELISA 法筛查出 HTLV 抗体为反应性的血浆标本进行确证。

**结果** 种试剂阳性符合率为 50.47%,试剂 A 检测 HTLV 抗体初筛反应性率 1.707‰,确证阳性率 28.33%;试剂 B 检测 HTLV 抗体的初筛反应性率 0.676‰,确证阳性率 63.83%;两种试剂的初筛反应性率、确证阳性率这两组数据差异有统计学意义。

**结论** 试剂 A 和试剂 B 均存在不同程度的假阳性,试剂 B 检测 HTLV 特异性较优于试剂 A。

## PU-5760

**应用 NGS 在脑脊液中检出布尼亚病毒感染一例**

石玉如,戚应杰,岳莉,谷妍,刘杨,王云  
安徽省立医院感染病院

**目的** 利用高通量二代测序 (NGS) 检测技术, 在脑脊液中检出一例布尼亚病毒感染, 描述其临床特征和实验室相关检查, 探讨 NGS 在脑脊液病原微生物感染诊断方面的价值。

**方法** 对我院就诊的一例患者行腰椎穿刺, 抽取脑脊液 1ml, 提取 DNA 基因组, 经超声波破碎产生 200-300bp 的片段, 采用 PMseq™ 测序平台进行测序, 获得高质量的测序数据与 Microbial Genome Database 进行比对。同时观察重症感染患者的相关临床特征和相关实验室检测结果。

**结果** 患者脑脊液基因测序结果显示, 布尼亚病毒检出序列数最高为 1321。患者可出现发热, 畏寒、精神不佳甚至昏迷、抽搐等意识障碍, 血培养和脑脊液培养均为阴性, 白细胞和血小板计数呈进行性下降, PCT 升高, 肝肾功能结果升高, 凝血象指标 APTT、D-D 二聚体升高, 心肌酶谱 CK、CK-MB、LDH、MB 均升高。重症感染患者会出现全身性的器官衰竭, 预后不佳。

**结论** 使用 NGS 检测可明确病原体, 进行针对性治疗, 减少病人痛苦, 降低死亡率。NGS 有望实现精准医疗的目的。

## PU-5761

**Hcy 与 ApoE 联合检测对冠心病的诊断价值**

李帅  
延安市人民医院,716000

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸 (Hcy) 与载脂蛋白 E (ApoE) 联合检测对冠心病的诊断价值。

**方法** 采用速率法和免疫比浊法分别检测 59 例冠心病患者 (冠心病组) 和 47 例健康体检者 (对照组) 血清中 Hcy 的水平和 ApoE 的水平, 并进行统计学分析。

**结果** (1) 冠心病组血清 Hcy 水平明显高于对照组, ApoE 水平明显低于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); (2) Hcy 与 ApoE 联合检测的灵敏度和约登指数的数值均高于其单项检测, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** Hcy 和 ApoE 的水平与冠心病关系密切, 联合检测更有助于冠心病的诊断。

## PU-5762

**尿液标本分离河生肠杆菌生物 I 群 1 例**

李海军, 郑州大学  
郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 河生肠杆菌属于肠杆菌属分为生物 1 群和 2 群<sup>[1-3]</sup>,2019 年 4 月本院自 1 例前列腺增生患者的尿液中分离出河生肠杆菌 1 群。现报道如下。

**方法** 生化反应 O/F 试验为 F 型,氧化酶、尿素、苯丙氨酸脱氨酶、H<sub>2</sub>S、赖氨酸脱羧酶、精氨酸双水解酶、明胶酶均为阴性;葡萄糖酸盐、硝酸盐还原、鸟氨酸脱羧酶、KCN 生长均为阳性;IMViC 为- - + +, 克氏双糖:斜面产碱、底层产酸产气;能发酵葡萄糖、蔗糖、麦芽糖、蜜二糖阿拉伯糖、棉子糖、鼠李糖;对乳糖、卫矛醇、肌醇、山梨醇未发酵。两株菌生化反应不同之处是痰标本中丙二酸盐-、水杨素+,而烧伤创面分泌物中丙二酸盐+、水杨素-。

**结果** 细菌学特征：将尿标本接种于血平板上,置 35℃24 h 培养后观察。血平板上菌落大小约 2~3 mm,光滑、湿润、无溶血、无特殊气味。尿液离心成渣和血平板菌落革兰染色,镜下均见革兰阴性杆菌。用生物梅里埃革兰阴性菌鉴定卡鉴定,结果为河生肠杆菌 1 群。

**药敏试验**：以 K-B 纸片扩散法和梅里埃革兰阴性菌药敏卡 GN13 做药敏试验,并以大肠埃希菌 ATCC 25923 做质控,两种方法获得的药敏结果基本一致。均对头孢唑啉、头孢曲松、庆大霉素、妥布霉素、复方新诺明耐药。对头孢他啶、厄他培南、亚胺培南、左旋氧氟沙星、阿米卡星敏感。

**结论** 河生肠杆菌分生物 1 群,生物 2 群,本例鉴定为生物 1 群<sup>[1-3]</sup>。河生肠杆菌隶属肠杆菌科肠杆菌属,是水中的腐生菌<sup>[4]</sup>,较少引起人的感染,各类报道河生肠杆菌感染致病并不多见<sup>[5-6]</sup>,只有当机体抵抗力低下时易发生感染。本患者年龄偏大并且患有严重的前列腺增生,免疫力低下可能是其感染的主要原因,并且患者的连续三次尿常规均是白细胞升高,临床有尿路感染症状。因此,这里检出的河生肠杆菌分生物 1 群,不应看做污染菌,应视为条件致病菌。

## PU-5763

### Profile of the tprK gene in primary syphilis patients based on next-generation sequencing

Dan Liu,Tian-Ci Yang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** The highly variable tprK gene of *Treponema pallidum* has been acknowledged to be one of the mechanisms that causes persistent infection. Previous studies have mainly focused on the heterogeneity in tprK in propagated strains using a clone-based Sanger approach. Few studies have investigated tprK directly from clinical samples using deep sequencing.

**Methods** We conducted a comprehensive analysis of 14 primary syphilis clinical isolates of *T. pallidum* via next-generation sequencing to gain better insight into the profile of tprK in primary syphilis patients.

**Results** Our results showed that there was a mixture of distinct sequences within each V region of tprK. Except for the predominant sequence for each V region as previously reported using the clone-based Sanger approach, there were many minor variants of all strains that were mainly observed at a frequency of 1–5%. Interestingly, the identified distinct sequences within the regions were variable in length and differed by only 3 bp or multiples of 3 bp. In addition, amino acid sequence consistency within each V region was found among the 14 strains. Among the regions, the sequence IASDGGAIKH in V1 and the sequence DVGHHKANAANVNGTVGA in V4 showed a high stability of inter-strain redundancy.

**Conclusions** The seven V regions of the tprK gene in primary syphilis infection demonstrated high diversity; they generally contained a high proportion sequence and numerous low-frequency minor variants, most of which are far below the detection limit of Sanger sequencing. The rampant variation in each V region was regulated by a strict gene conversion mechanism that maintained the length difference to 3 bp or multiples of 3 bp. The highly stable sequence of inter-strain redundancy may indicate that the sequences play a critical role in *T. pallidum* virulence. These highly stable peptides are also likely to be potential targets for vaccine development.

PU-5764

## 福州地区献血者 Rh 表型调查分析

张爱,林洪铿,何觅,余毅敏,任本春  
福建省血液中心

**目的** 研究福州地区无偿献血者 Rh 不同表型、RhD 阴性、部分 D 和弱 D 分布情况,建立 Rh 血型表型库。

**方法** 采用血型血清学方法对福州地区 2010 年 1 月至 2017 年 12 月的 313210 名次初次献血者进行 RhD 初筛,初筛阴性者再进行 RhD 阴性确认和表型检测;随机抽取 13015 名 RhD 阳性无偿献血者进行表型检测,并建立 Rh 血型系统表型数据库。

**结果** 313210 名献血者初筛 RhD 阴性 1208 人,弱 D30 人,RhD 阴性血型抗原表现型以 dccee(53.59%)和 dCcee(34.37%)居多,其次为 dCCee(7.02%)和 dccEe(3.35%),发现稀有表型 dCCEE 1 人,频率为 0.08%,未见 dCcEE 表现型;RhD 阳性献血者各表型中 DCCee 比例最高(45.42%),其后依次为 DCcEe(34.11%)、DCcee(8.85%)和 DccEE(6.55%),发现 DCCEE 表型 2 人,频率为 0.015%。

**结论** 福州地区无偿献血者 Rh 血型血清学具有多种表型,RhD 阴性献血者以 dccee 表型为主,RhD 阳性献血者以 DCCee 表型为主;发现 Rh 血型系统稀有表型 dCCEE 1 人,DCCEE 2 人。通过研究无偿献血人群 Rh 血型分布,建立本地区 Rh 血型表型数据库与实用型稀有血型库,对保证合理用血及特殊血型患者的安全输血具有重要的临床意义。

PU-5765

## X-linked ichthyosis: molecular findings in four pedigrees

Min Zhang,Hailong Huang,Na Lin,Shuqiong He,Gang An,Yan Wang,Meihuan Chen,Lingji Chen,  
Yuan Lin,Liangpu Xu

Fujian Provincial Maternity and Children's Hospital, affiliated Hospital of Fujian Medical University, Fujian Key Laboratory for Prenatal Diagnosis and Birth Defect

**Objective** To detect and prenatal diagnosis of X-linked ichthyosis in four families.

**Methods** In this study, chromosome karyotype analysis, bacterial artificial chromosomes-on-Beads™ (BoBs) assay, fluorescence in situ hybridization (FISH) and single nucleotide polymorphism array (SNP-array) were employed for the prenatal diagnoses in three pregnant women with high-risk serological screening results and a pregnant woman with mental retardation.

**Results** STS deletion was identified at chromosome Xp22.31 in all four fetuses. Postnatal follow-up confirmed the diagnosis of ichthyosis in two male fetuses and revealed normal dermatological manifestations in other two female fetuses carrying ichthyosis.

**Conclusions** The results of the present study demonstrate that a combination of karyotyping, prenatal BoBs, FISH and SNP-array may avoid the missed detection of common microdeletions and ensure the accuracy of the detection results, which provides a feasible tool for the reliable etiological diagnosis and better genetic counseling of XLI.



PU-5766

## AZT 通过促进 AQP9 的表达增加 AS<sub>2</sub>O<sub>3</sub> 对 HepG2 细胞的增殖抑制作用

梁永娟  
日照市中医医院

**目的** 观察水通道蛋白 9 (aquaporin9, AQP9) 在三氧化二砷 (arsenic trioxide, As<sub>2</sub>O<sub>3</sub>) 联合 3'-叠氮-3'-脱氧胸腺嘧啶核苷 (3'-azido-3'-deoxythymidine, AZT) 抑制 HepG2 细胞增殖过程中的表达, 并探讨其可能的作用机制。

**方法** 以未经药物处理的 HepG2 细胞为空白对照, 用实时荧光定量 PCR 法和蛋白质免疫印迹法检测 AS<sub>2</sub>O<sub>3</sub>、AZT 及两药联合用药 48h 后 HepG2 细胞中 AQP9 的 mRNA 及蛋白表达水平。用电转染法将 siEgr1RNA 转入 HepG2 细胞中沉默 Egr1 的表达, 以联合用药组 HepG2 细胞为空白对照组, 转染 negative control 加药组为非特异性对照组, 转染 Egr-1siRNA 加药组为实验组, 用 qPCR 和 western blot 法分别从 mRNA 水平和蛋白水平检测 AQP9 和 Egr-1 的表达。

**结果** AZT 组和联合用药组 AQP9 的 mRNA 和蛋白的表达量明显高于 AS<sub>2</sub>O<sub>3</sub> 组和空白对照组 ( $P<0.05$ ), 沉默 Egr-1 后, 阴性对照组和非特异性对照组的 AQP9 的 mRNA 及蛋白表达量明显高于 siEgr-1 转染组 ( $P<0.05$ ), 阴性对照组与非特异性对照组比较, 差异没有统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** AZT 该通过增加 AQP9 的表达促进 HepG2 细胞对 AS<sub>2</sub>O<sub>3</sub> 的摄入, 且这个过程与 Egr-1 有关。

PU-5767

## 成都地区体检人群幽门螺旋杆菌感染与骨转换标志物相关性分析

麦涛  
四川省人民医院, 610000

**目的** 骨质疏松症可导致脆性骨折, 严重影响患者的生活质量。其病因复杂, 尚未完全明确。有研究认为患者骨质疏松可能与其幽门螺旋杆菌感染有关, 但存在诸多争议。因此笔者分析成都地区体检人群幽门螺旋杆菌感染及其骨转换标志物检测结果, 探讨幽门螺旋杆菌(HP)感染与骨质转换标志物之间的相关性。

**方法** 研究对象包括成年健康体检者 1484 名, 其中男性 854 名, 年龄 20~87; 女性 630 名, 年龄 24~81 岁。分成 HP(-)男性组、HP (+) 男性组、HP(-)女性组和 HP(+)女性组。采用电化学发光法检测血清总 I 型胶原氨基端延伸肽 (TPINP)、 $\beta$ -胶原降解产物( $\beta$ -CTX)和骨钙素(N-MID), 胶体金法检测血清 HP 抗体。使用 SPSS19.0 软件进行统计分析。

**结果** 成都地区体检健康人群中 HP 感染率高达 60~61.5%, 无性别差异 ( $P>0.05$ )。骨形成标志物 TPINP、N-MID, 男性均小于女性, 但方差分析结果表明为性别之间的差异不具有统计学意义 ( $P>0.05$ )。骨吸收标志物  $\beta$ -CTX 则表现为男性大于女性, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

HP 感染对男性或者女性的骨转换标志物不存在显著性影响 ( $P>0.05$ )。

**结论** 幽门螺旋杆菌感染与人群骨质疏松可能不存在相关性。但成都地区幽门螺旋杆菌感染率高, 需关注其对人们健康的影响。

## PU-5768

## 5381 例儿童肺炎支原体感染情况的流行病学分析

葛敏,刘春燕,宋颖博,章波,蒋菲,牛书敏,姜宏兵,王海叶,董清清,唐金路,张新  
新疆生产建设兵团医院

**目的** 了解某地区儿童肺炎支原体(MP)感染情况及流行病学特点,为临床诊治和治疗提供有力依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2019 年 1 月就诊于新疆生产建设兵团医院儿科出现呼吸道系统疾病的患者 5381 例,依据临床诊断分为上呼吸道感染组(1639 例)、支气管炎组(2106 例)及肺炎组(1636 例)。采用酶联免疫法检测患儿血清中肺炎支原体特异性 IgM 抗体,并分析不同组 MP 感染与性别、年龄、季节的关系。

**结果** 5381 例患者 MP 感染率为 22.6%,其中男性患者 MP 感染率为 18.7%,女性患者 MP 感染率为 27.3%,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。上呼吸道感染组 MP 感染率为 21.03%,支气管炎组 MP 感染率为 25.45%、肺炎组 MP 感染率为 20.66%。与 6~14 岁组比较,1~<3 岁和 3~<6 岁的 MP 感染率均偏低,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。春季、夏季、秋季、冬季 MP 感染率分别为 28.29%、17.79%、19.47%、19.55%。

**结论** 本地区 MP 感染好发于春季,儿童是 MP 感染的高发人群,临床应根据流行病学分析特点积极开展相应的预防和治疗活动。

## PU-5769

## 单宁酸对艰难梭菌及其芽孢的抑制作用

翟宇,杨靖,牛亚楠,强翠欣,魏宏莲,李志荣,张慧敏,睦刻刻,赵宝鑫,赵建宏  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨五倍子主要成分单宁酸和没食子酸对艰难梭菌及其芽孢的体外抑制作用。

**方法** 采用琼脂稀释法测定单宁酸和没食子酸对 155 株艰难梭菌的最低抑菌浓度(MIC)。制备 5 株艰难梭菌芽孢并测定 30min 内芽孢在牛磺胆酸钠作用下正常萌发时的  $OD_{620}$  以及加入 1/2MIC 或 MIC 单宁酸、万古霉素孵育后的  $OD_{620}$ ,计算  $OD_{620(t/t_0)}$ 并绘制萌发曲线。

**结果** 单宁酸对艰难梭菌的 MIC 范围为 16-64  $\mu\text{g/ml}$ ,没食子酸对艰难梭菌 MIC 均为  $>256 \mu\text{g/ml}$ 。芽孢在萌发时吸光度下降,加入 1/2MIC 或 MIC 万古霉素孵育后的芽孢萌发时  $OD_{620(t/t_0)}$ 下降,与芽孢正常萌发无异,而经 1/2MIC 或 MIC 单宁酸孵育后的芽孢萌发时  $OD_{620(t/t_0)}$ 不变。

**结论** 单宁酸对艰难梭菌有抑菌作用,而没食子酸没有;单宁酸可以抑制艰难梭菌芽孢萌发。

## PU-5770

## 网织红细胞血红蛋白含量在贫血性疾病中的临床应用

王言,吕晓艳,王莹,肖贺欣,赵丽艳  
吉林大学第二医院,130000

**目的** 分析网织血红蛋白含量在鉴别缺铁性贫血和慢性病贫血的临床价值。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 6 月在我院治疗的贫血患者 148 例,根据《临床诊疗指南血液学分册》疾病诊断标准为依据,将贫血患者分为缺铁性贫血组、慢性病贫血组和慢性病贫血缺铁组。正常对照组为同期在我院进行身体检查并证实无贫血且排除相关影响因素的健康体检者 70 例。应用 SYSMEX-XN2000 全自动血细胞分析仪检测网织红细胞血红蛋白含量(Ret-He)等红细胞相关

参数,应用 Beckman Coulter UniCel™ DXI 800 Access Immunoassay System 化学发光分析仪检测血清铁蛋白(SF)。利用 SPSS24.0 软件,采用 Kruskal-Wallis 检验对以上数据进行组间比较,同时将对照组和 IDA 组的 Ret-He 和 SF 采用 Spearman 检验进行相关性分析,采用 ROC 曲线评估 Ret-He 和 SF 对于缺铁性疾病的诊断价值。

**结果** 缺铁性贫血组和对照组比较, SF、Ret-He 均显著减低, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 慢性病贫血组的 Ret-He 与对照组相比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。慢性病贫血组 SF 较对照组明显增高, 慢性病贫血伴缺铁组的 SF 与对照组相比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。对照组的 Ret-He 和 SF 无相关性 ( $r$  为 0.187,  $P>0.05$ ), IDA 组的 Ret-He 和 SF 呈正向弱相关 ( $r$  为 0.498,  $P<0.05$ )。Ret-He 临界值为 29.55(pg/ml)时, 其诊断缺铁性贫血的 ROC 曲线下面积为 99.7, 其诊断缺铁性疾病的灵敏度为 98.6%, 特异度为 97.2%。SF 临界值为 13.4 ( $\mu\text{g/L}$ ) 时, 其诊断缺铁性贫血的 ROC 曲线下面积为 81.0; 其诊断缺铁性疾病的灵敏度为 100%, 特异度为 71.3%。

**结论** Ret-He 不易受到急性时相反应影响,可准确反映机体的缺铁状态, 其价值优于传统的检测指标, 同时其操作简便、快捷、价廉、实用, 可广泛用于缺铁性疾病的诊断和鉴别诊断。

#### PU-5771

### 晚期妊娠 B 族链球菌核酸检测在新生儿败血症 预防筛查中的应用分析

张峰  
日照市中医医院

**目的** 探讨晚期妊娠 B 族链球菌核酸检测在新生儿败血症预防筛查中的应用

**方法** 选择 2013 年 7 月-2015 年 5 月在我院产科门诊进行常规产检的孕妇 300 例, 在其孕周为 35 周-37 周时取阴道分泌物和肛周分泌物, 并对这两种分泌物进行两种操作, 一种是细菌培养作为对照组, 另一种则为 PCR 检测作为研究组, 观察两种方法检测结果, 分析 B 族链球菌阳性和阴性对晚期妊娠中的作用和新生儿败血症影响。

**结果** 300 例孕妇中 B 族链球菌检出结果显示阳性 9 例, 实行 PCR 检测检出 25 例;B 族链球菌阳性对象中, 孕妇宫内感染 4 例 (16.0%), 胎膜早破 9 例 (36.0%), 早产 4 例 (16.0%), 均明显高于 B 族链球菌阴性对象。

**结论** 在晚期妊娠 B 族链球菌携带会增加孕妇宫内感染、胎膜早破、早产的几率, 导致新生儿败血症几率增大, 因此 B 族链球菌核酸检测在晚期妊娠对新生儿败血症的预防和筛查有重要意义。

#### PU-5772

### Recombinant Treponema pallidum protein Tp47 promotes the migration and adherence of THP-1 cells to human dermal vascular smooth muscle cells by inducing MCP-1 and ICAM-1 expression

Zhengxiang Gao, Tian-Ci Yang  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** Vascular inflammation is a complex and multifactorial pathophysiological process that plays a crucial role in all stages of syphilis and is responsible for tissue damage. Little is known about the interactions of infiltrating immunocytes with human dermal vascular smooth muscle cells (HDVSMCs) in arterioles during the immunopathogenesis of syphilis. T

**Methods** The *Treponema pallidum* subsp. *pallidum* membrane protein Tp47 is considered a major inducer of inflammation initiation and development. In this study, we demonstrated that Tp47 promoted the migration and adhesion of THP-1 cells to HDVSMCs.

**Results** Tp47 increased monocyte chemoattractant protein-1 (MCP-1) and intercellular adhesion molecule-1 (ICAM-1) mRNA and protein expression levels in a dose- and time-dependent manner. The migration and adhesion of THP-1 cells to HDVSMCs were significantly suppressed by anti-MCP-1 and anti-ICAM-1 neutralizing antibodies, respectively. Further studies revealed that treatment of HDVSMCs with Tp47 activated the PI3K/Akt, p38 MAPK and NF- $\kappa$ B signalling pathways. Inhibition of PI3K/Akt, p38 MAPK and NF- $\kappa$ B suppressed the MCP-1 and ICAM-1 expression induced by Tp47. In addition, the migration and adhesion of THP-1 cells to Tp47-treated HDVSMCs were significantly decreased by pretreatment with PI3K/Akt, p38 MAPK and NF- $\kappa$ B inhibitors. These findings demonstrate that Tp47 promotes the migration and adherence of THP-1 cells to HDVSMCs by inducing MCP-1 and ICAM-1 expression, which is mediated by activation of the PI3K/Akt, p38 MAPK and NF- $\kappa$ B pathways.

**Conclusions** This study provides a novel potential therapeutic strategy for controlling the vascular inflammatory response in syphilis patients.

### PU-5773

## The clinical significance and oncogenic potentials of long non-coding RNA AC020891.2 in colorectal cancer

Xue Kong, Weili Duan, Chuanxin Wang  
The second hospital of Shandong university

**Objective** Colorectal cancer (CRC) is one of the most common cancers worldwide. Long non-coding RNAs (lncRNAs) have been found to play a crucial role in the development of CRC. The purpose of this study was to investigate the clinical significance and oncogenic potentials of lncRNA AC020891.2 in CRC.

**Methods** We assessed the prognostic value of AC020891.2 by TCGA data and detected its expression in cell lines and serum samples using qRT-PCR. The diagnostic value of AC020891.2 was assessed by ROC curve. The oncogenic roles of AC020891.2 were evaluated by CCK8 assay.

**Results** AC020891.2 expression was elevated in the tumor samples compared with normal tissues and patients with high AC020891.2 expression had a poorer overall survival by TCGA data. Serum AC020891.2 expression was significantly up-regulated in CRC patients compared to healthy controls. ROC curve analysis demonstrated that AC020891.2 had powerful capability for distinguishing CRC patients from healthy individuals. In addition, AC020891.2 was found to be significantly higher expressed in CRC cell lines than in normal colon epithelial cell, and AC020891.2 knockdown caused significant reduction of cell proliferation.

**Conclusions** The results suggest that AC020891.2 may play an oncogenic role and serve as a novel prognostic and diagnostic biomarker in CRC.

### PU-5774

## 基于 LC-MS 的早期宫颈癌患者血清中脂质组学研究

程峰, 陈亚军, 文志发, 陈辰  
南京市妇幼保健院, 210000

**目的** 发现早期诊断宫颈癌的脂类标记物, 以期为宫颈癌的早期诊断、治疗及预后监测找到新的特异性的肿瘤标记物

**方法** 收集健康人、早期宫颈癌患者（Ⅰ期及Ⅱ期）血清样本，采用甲醇祛除蛋白质等干扰物质，并用甲基叔丁基醚萃取脂类物质，萃取后的脂类物质用氮吹仪吹干后加复溶液复溶后上机进样，采用UHPLC进行脂质分离，分离开的脂质依次进入QTOF/MS检测。选出VIP(Variable Importance)>1, FC(Fold Change)>1.5, P<0.05的脂质作为候选的生物标志物

**结果** 在正离子模式下共检测到286种脂质，包括固醇脂13种、甘油二酯14种、溶血磷脂酰胆碱12种、溶血磷脂酰乙醇胺6种、甘油一酯2种、磷脂酰胆碱74种、磷脂酰乙醇胺25种、磷脂酰肌醇9种、鞘磷脂31种、甘油三酯100种。其中VIP>1, FC>1.5, P<0.05的脂质有CE(18:4), DAG(18:1\20:4), LPC(16:0), LPC(17:0), PC(15:0\18:2), PC(18:2\18:2), PE(16:1\18:2), PE(18:1\18:1), PE(18:1\18:2), PE(16:1\20:4), PE(18:1\18:1), PE(18:1\18:2), PE(16:1\20:4), PE(18:1\20:3), PE(18:1\20:4), PE(16:1\22:5), PE(18:1\22:5), PE(20:2\20:4), SM(32:1\0;0), TAG(12:0\14:0\16:0), TAG(18:2\18:2\20:4)

**结论** 多种脂类在宫颈癌患者血清中的含量显著低于健康人，同时发现有少量脂质在宫颈癌患者血清中的含量显著高于健康人，揭示了宫颈癌患者和健康人血清中脂质谱的表达具有明显差异，尤其VIP>1, FC>1.5, P<0.05的21种脂质，有望成为宫颈癌的早期诊断、治疗及预后监测的新的特异性的肿瘤标记物

PU-5775

## PFGE、RAPD、Diversilab and MLST four molecular typing methods in the homology analysis of *Acinetobacter* species

Wenjing Liu  
peking union medical college hospital

**Objective** To evaluate PFGE、RAPD、Diversilab and MLST four molecular typing methods in the homology analysis of *Acinetobacter* species.

**Methods** Carbapenems resistant mutant of *Acinetobacter* were induced from the sensitive isolates under imipenem and meropenem selective pressure, Amplified rDNA restriction analysis (ARDRA) was used to identify all isolates at a genomic level. Four typing methods random amplification of polymorphic DNA (RAPD), pulsed field gel electrophoresis (PFGE), automatic Rep-PCR (Diversilab) and multilocus sequence typing (MLST), were used to determine the genetic background.

**Results** Parent sensitive and resistant mutant strains have the same ARDRA results, included genospecies 2 *Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter* genospecies 3 and *Acinetobacter* genospecies 13TU. Results of the four typing methods, RAPD, PFGE, Diversilab and MLST, displayed that: every parent sensitive stain and its resistant mutant had close homology relationship. As to PFGE, RAPD and Diversilab had poorer resolution, they can't discriminate the strains having close genetic relationship, such as the parent and mutant strains of pu53 and pu61, while PFGE displayed the two strains had no relationship, because they had seven different bands. Although, the *gdhB* and *gpi* two housekeeping genes had failed PCR or sequencing results for *Acinetobacter* genospecies 3, comparing to the other three gene typing methods, MLST display that the stains with the same gene background had the same STs. *rpoD* non-degenerate primers had failed PCR results for *Acinetobacter* genospecies 3 and *Acinetobacter* genospecies 13TU.

**Conclusions** RAPD and Diversilab were suitable for rapid homology analysis in laboratory, PFGE and MLST should be selected if there were not well differentiated results.

PU-5776

## 儿童青少年单纯性肥胖症与代谢综合征

骆晓燕

江西省儿童医院,330000

**目的** 探讨儿童单纯性肥胖代谢综合征的发生率,为临床早期干预提供依据。

**方法** 对 2016 年 7 月—2018 年 6 月在我院以肥胖就诊的 115 例儿童依体质指数 BMI 分为正常、超重及肥胖三组,对他们的腰围、血压、血糖和血脂进行比较分析。

**结果** 115 例儿童正常 28 例,超重 51 例,肥胖 36 例;正常组儿童无代谢综合征和分组异常。超重组腹型肥胖 6 例,高血压 1 例,高甘油三酯 1 例,肥胖组高血压 6 例,腹型肥胖 27 例,空腹血糖增高 1 例,高甘油三酯 3 例,低高密度胆固醇 2 例;正常、超重及肥胖三组的平均收缩压分别为  $96.4 \pm 4.3$ ,  $100.2 \pm 5.9$ ,  $103.8 \pm 12.7$  mmHg, 正常组与超重、肥胖组间差异有统计学意义,  $P < 0.05$ , 平均腰围分别为  $67.8 \pm 6.8$ ,  $87.7 \pm 6.7$  和  $98.4 \pm 6.1$  cm, 三组间差异均有统计学意义,  $P < 0.05$ , 平均空腹血糖分别为  $4.6 \pm 0.7$ ,  $4.7 \pm 0.5$  和  $4.8 \pm 0.6$  mmol/L, 三组间差异无统计学意义, 平均 HDL-C 分别为  $1.26 \pm 0.28$ ,  $1.28 \pm 0.22$ ,  $1.27 \pm 0.28$  mmol/L, 三组间差异无统计学意义, 但血糖血脂异常检出率肥胖组明显高于超重组;肥胖组 2 例符合 MS 标准。

**结论** 单纯肥胖儿童存在不同程度的代谢异常,或有代谢综合征发生。

PU-5777

## Combining Pin1 and CRP with WBC as a novel predictor for children with community-acquired pneumonia

heng Xue<sup>1</sup>, Hui Liu<sup>2</sup>, Liangpu Xu<sup>1</sup>, Bimin Zhuo<sup>1</sup>, Qingquan Chen<sup>3</sup>, Meifeng Dai<sup>1</sup>, Zhihui Wu<sup>1</sup>, Min Chen<sup>3</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, Fujian Provincial Maternity and Children's Hospital, Affiliated Hospital of Fujian Medical University

2. Department of Pediatrics, Fujian Provincial Maternity and Children's Hospital, Affiliated Hospital of Fujian Medical University

3. Department of Laboratory Medicine, Medical Technology and Engineering College, Fujian Medical University

**Objective** The early diagnosis of children with community-acquired pneumonia (CAP) is still a challenge as the condition lacks sensitive and specific biomarkers. This study was designed to investigate the predictive value of the combination of Pin1 and CRP with WBC for children with CAP.

**Methods** A total of 74 children with a discharge diagnosis of CAP and 67 healthy children were included in this retrospective study. The clinical manifestations and data of laboratory examinations of children were recorded. Serum Pin1 level was estimated by enzyme-linked immunosorbent assay.

**Results** The median serum Pin1 concentrations in children with CAP ( $1.39$  ug/mL) were significantly higher than that in controls ( $0.23$  ug/mL;  $P = 0.001$ ) with adjustment for age and weight. Receiver operating characteristic curve (ROC) analysis showed that the area under the ROC curve (AUC) of Pin1 + C-reactive protein (CRP) + white blood cell (WBC) ( $0.920$ ) was higher than Pin1, CRP, WBC and Pin1+CRP (the  $P$  values were  $0.0003$ ,  $0.0009$ ,  $0.002$  and  $0.025$ , respectively). The sensitivity of Pin1+CRP+WBC ( $95.95\%$ ) was significantly higher than that of Pin1+ WBC ( $87.84\%$ ) ( $P = 0.031$ ) and the specificity of CRP+WBC ( $77.61\%$ ) was significantly higher than that of Pin1+CRP+WBC ( $68.66\%$ ) ( $P = 0.031$ ).

**Conclusions** This study suggested that the combined Pin1, CRP and WBC might serve as a novel promising predictor for children with CAP.

## PU-5778

## 7S 管理在 XN9000 (2+1) 全自动血细胞分析流水线管理和维护中的应用体会

付笋笋

山东省千佛山医院,250000

**目的** 本实验室希森美康 XN9000(2+1)全自动血细胞分析流水线由希森美康 XN9000 全自动全血细胞分析仪和推片机 SP-10 组成,我们将探讨 7S 现场管理模式在该流水线管理和维护中的应用效果。

**方法** 2019 年 1~5 月山东省千佛山医院检验科根据 7s 管理中“整理、整顿、清扫、清洁、节约、素养、安全”的管理原则,对希森美康 XN9000(2+1)全自动血细胞分析流水线的管理和维护实施 7S 现场管理,比较实施前后该流水线的管理和维护水平。

**结果** 实施 7S 管理前希森美康全自动 XN9000(2+1)全自动血细胞分析流水线运行 500 次出现故障或标本测试错误共 12 次(2.4%),实施后出现故障或标本测试错误 3 次(0.6%)( $P<0.05$ );实施 7S 管理后人员操作技能评分、人员仪器维护知识评分明显高于实施前( $P<0.05$ )。

**结论** 7S 现场管理模式能够提高 XN9000(2+1)全自动血细胞分析流水线的仪器管理水平和提高维护质量,降低仪器故障率的发生。

## PU-5779

## 2039 例患儿呼吸道病毒特异性 IgM 检测结果的临床分析

侯芳

乐山市人民医院,614000

**目的** 统计分析本地区婴幼儿呼吸道感染常见的 11 种呼吸道病毒感染情况,了解呼吸道病毒谱的构成,为患儿呼吸道疾病的预防、诊断、治疗提供重要依据。

**方法** 收集我院 2017 年 4 月-2018 年 3 月呼吸道感染患儿 2039 例的血清,采用间接免疫荧光法检测其呼吸道合胞病毒(RSV)、流感 A(FluA)、流感 B(FluB)、副流感病毒(PIV)、肺炎衣原体(CP)、卡萨奇病毒 A(CoxA)、卡萨奇病毒 B(CoxB)、埃可病毒(ECHO)、嗜肺军团菌(LP)、肺炎支原体(MP)、腺病毒(ADV) 11 种病毒的特异性抗体 IgM。

**结果** 2039 例样本中阳性样本为 411 例,总阳性率为 20.16%,其中阳性检出率最高的三种病毒分别为 FluB 224 例(10.99%)、MP 189 (9.27%)、FluA 42 例(2.06%)。在 411 例阳性血清中单一病毒感染 311 例(75.67%),感染 2 种或 2 种以上的病毒 100 例(24.33%),存在混合感染情况发生。不同季节随月份的变化,呼吸道病毒阳性检出率存在明显差异,在 1、4、5、11、12 月均出现检测阳性高峰,阳性检出率为 12.41%、14.36%、12.17%、11.92%、13.14%。不同病毒随季节变化在不同月份阳性检出率也有差异,检出率最高的 FluB 在 4 月出现第一个检出高峰,为 44 例(10.71%),其后下降趋于平稳,在 11 月再次出现第二个检出高峰,为 30 例(7.3%)此检出高峰持续四个月直至 3 月才有所下降;MP 在 4 月至 7 月均为检出的小高峰时期,2 月出现一个检测大高峰时期,为 30 例(7.30%)。不同年龄段的阳性检出率在  $>1\sim\leq 3$  岁年龄段检出率最高,不同年龄间差异具有统计学意义( $\chi^2=16.12$ ,  $P=0.001$ )。

**结论** 我院 2017 年 4 月到 2018 年 3 月常见呼吸道病毒阳性检出 411 例,阳性率为 20.16%,其中以 FluB 检出最高,其次为 MP,随年龄和季节的变化,11 种病毒均有不同的流行趋势。

## PU-5780

## 香烟烟雾通过 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路促进膀胱癌干细胞的干性研究

郭文浩,梁照锋,钱晖,许文荣  
江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 探讨香烟烟雾对膀胱癌干细胞的自我更新能力及干性基因表达等的影响及 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路在其中的作用。

**方法** 不同浓度 (0%、0.1%和 0.25%) 的香烟烟雾悬液处理人膀胱癌细胞 EJ 来源的膀胱癌干细胞 4 天, 显微镜下观察香烟烟雾悬液对膀胱癌干细胞球大小及数量的影响, Western blot 检测干性基因 CD44、ALDH1-A1、OCT-4、Nanog 及 Wnt、 $\beta$ -catenin、GSK3 $\beta$ 、C-myc 等的表达情况; 利用  $\beta$ -catenin 低表达腺病毒与香烟烟雾悬液单独或联合处理膀胱癌干细胞, 观察各组细胞球大小及其数量的变化, 并检测 CD44、ALDH1-A1、OCT-4、Nanog 表达情况。

**结果** 0.1%和 0.25%的香烟烟雾悬液能够促进膀胱癌干细胞细胞球的形成, 香烟处理组的细胞球明显大于对照组; Western blot 结果显示 0.1%和 0.25%的香烟烟雾悬液处理膀胱癌干细胞的 CD44、ALDH1-A1、OCT-4、Nanog 表达显著增加;  $\beta$ -catenin 低表达腺病毒能显著抑制膀胱癌干细胞球的大小及其数量, 抑制香烟烟雾促进的 CD44、ALDH1-A1、OCT-4、Nanog 的表达。

**结论** 吸烟能够促进膀胱癌干细胞的自我更新能力和干性基因的表达, Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路在该过程中发挥重要作用。

## PU-5781

## The characteristics of beta 2-glycoprotein I-dependent anticardiolipin antibody and blood coagulation status in subjects with classical biological false

Xu Shen, Tian-Ci Yang  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** Anticardiolipin antibody (ACA) includes beta2-glycoprotein I-dependent ( $\beta$ 2-GPI-dependent) and  $\beta$ 2-GPI-independent forms. The appearance of  $\beta$ 2-GPI-dependent ACA and its association with blood coagulation have never been investigated in subjects with classical biological false-positive syphilis reactions (CBFP).

**Methods** In total, 146 CBFP subjects, 465 syphilis patients and 64 presumed antiphospholipid antibody syndrome (pAPS) patients were enrolled, and  $\beta$ 2-GPI-dependent ACA IgA/IgG/IgM and anti- $\beta$ 2-GPI IgA/IgG/IgM antibodies were detected via chemiluminescence assay. Conventional blood coagulation indices were measured to analyze their associations with these autoantibodies.

**Results** In current study, the positive rate of  $\beta$ 2-GPI-dependent ACA in CBFP subjects was 22.60%, which was significantly higher than that in syphilis patients (3.87%) ( $P < 0.001$ ) and similar to that in pAPS patients (32.81%) ( $P=0.119$ ). The predominant autoantibody isotypes were IgG in CBFP subjects and pAPS patients and IgM in syphilis patients. Positive autoantibody rates were independent of rapid plasma reagin titers. CBFP and pAPS subjects had longer prothrombin times ( $P < 0.001$ ) and activated partial thromboplastin times (APTTs,  $P < 0.001$ ) but lower fibrinogen concentrations ( $P=0.022$ ) and platelet counts ( $P < 0.001$ ) than syphilis patients. APTTs were prolonged in CBFP, syphilis and pAPS subjects with positive autoantibodies compared with those in subjects with negative autoantibodies ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** In conclusion, ACAs in CBFP and syphilis subjects are heterogeneous;  $\beta$ 2-GPI-dependent ACA constitutes a significant proportion of ACAs in CBFP subjects, while  $\beta$ 2-GPI-independent ACA predominates in syphilis patients. CBFP subjects are more prone to blood



coagulation disorders than syphilis patients, and these autoantibodies may impact the intrinsic coagulation cascade in CBFP subjects, similar to pAPS patients.

## PU-5782

### 四川地区成年人血清异常凝血酶原参考值范围的建立

魏彬,吴晓娟,王璐,蔡蓓,王兰兰  
四川大学华西医院,610000

**目的** 异常凝血酶原 (protein induced by vitamin K absence or antagonist- II, PIVKA- II) 已被广泛用作肝脏相关疾病(特别是肝癌)诊断的生物标志物。但其在中国人群 95%参考区间的研究少见。本研究基于四川地区大样本健康人群, 根据不同年龄及性别, 建立血清异常凝血酶原在四川地区成年人的参考水平。

**方法** 回顾性分析四川大学华西医院 2016 年 8 月至 2019 年 4 月 16184 例大于 18 岁体检正常人群的血清异常凝血酶原结果, 实验室使用 LUMIPULSE G1200 检测血清 PIVKA- II 浓度, 采用非参数方法估计 95%参考区间。

**结果** 16184 例体检正常人群的中位年龄为 46.98 岁, 其中男性 9870 例, 女性 6314 例。总体血清 PIVKA- II 95%参考区间为 13.00-34.00 mAU/ml。与日本人群 95%参考区间(11.12-32.01 mAU/ml)基本一致, 明显低于欧洲人群(17.36-50.90 mAU/mL)。其中男性 95%参考区间为 14.00-36.00 mAU/ml, 女性 95%参考区间为 12.00-30.00 mAU/ml, 两者差异有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。 <30 岁、30-40 岁、40-50 岁、50-60 岁、≥60 岁的人群 95%参考区间分别为 13-34 mAU/ml、13-35 mAU/ml、13-34 mAU/ml、13-34 mAU/ml、13-35 mAU/ml, PIVKA-II 结果分布与年龄无明显相关性。

**结论** 四川地区成年人血清 PIVKA-II 检测结果分布与性别相关, 与年龄无明显相关性。各实验室应制定适合自己所在区域的 PIVKA-II 参考值范围, 有助于临床医生对检测结果的正确判断, 减少医疗浪费。

## PU-5783

### 精神分裂症患者血清 MT、CRT、UA、Hcy、HDL 和 TRF 的变化及临床意义

唐亚梅  
中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨精神分裂症(SZ)患者血清褪黑素(MT)、皮质醇(CRT)、尿酸(UA)、同型半胱氨酸(Hcy)、高密度脂蛋白(HDL)和转铁蛋白(TRF)的变化及临床意义, 为精神分裂症的临床诊断和治疗提供实验依据。

**方法** 从中南大学湘雅二医院精神科收治的 123 名精神分裂症患者, 以及在湘雅二医院健康管理中心体检的 45 名年龄和性别匹配的健康对照组(HC)。将这些患者分为两组:精神分裂症首发组(SZ' initial)60 例, 精神分裂症复发组(SZ' relapse)63 例, 测定各组血清 MT、CRT、UA、Hcy、HDL、TRF 水平。

**结果** 精神分裂症首发组和复发组血清 MT 水平( $25.01 \pm 1.72$  pg/ml,  $19.62 \pm 1.20$  pg/ml)显著低于 HC 组血清 MT 水平( $62.94 \pm 4.82$  pg/ml); 精神分裂症首发组和复发组血清 Hcy 水平( $13.20 \pm 0.60$  umol/ml,  $13.96 \pm 0.55$  umol/ml)则显著高于 HC 组 ( $10.70 \pm 0.54$  umol/ml); 精神分裂症复发组血清 CRT 水平( $417.04 \pm 12.85$ )显著低于 HC 组( $493.22 \pm 14.50$ ), 但精神分裂症首发组血清 CRT 水平与 HC 组比较则无显著性差异; 精神分裂症复发组血清 UA 水平( $386.94 \pm 12.96$  pg/ml)显著高于 HC 组

(305.21±6.73 pg/ml), 而首发组与 HC 组无显著性差异。精神分裂症首发组、复发组和健康对照组的血清 HDL、TRF 水平均无显著性差异。

**结论** 血清 MT 和 Hcy 可能是精神分裂症患的血清标志物, 而血清 CRT 和 UA 水平可能反映精神分裂症的病程长短, 临床应重视这四种血清物质的浓度变化。

## PU-5784

### 2017 年北京协和医院细菌耐药性监测

刘文静

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 了解 2017 年北京协和医院临床分离细菌对抗菌药物的耐药性。

**方法** 收集 2017 年 1 月 1 日-至 12 月 31 日北京协和医院临床分离的 9515 株非重复细菌, 采用纸片扩散法或 Etest 法进行药敏试验, 按美国临床实验室标准化协会 2017 年版标准判读药敏结果, 采用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 9515 株非重复细菌中, 10 种最常见细菌分别为: 大肠埃希菌 (19.4%)、肺炎克雷伯菌 (11.7%)、铜绿假单胞菌 (10.9%)、鲍曼不动杆菌 (7.9%)、金黄色葡萄球菌 (7.8%)、粪肠球菌 (6.8%)、B 群链球菌 (5.6%)、屎肠球菌 (4.4%)、阴沟肠杆菌 (3.3%) 和凝固酶阴性葡萄球菌 (3.1%)。其中革兰阴性菌占 68.2%, 革兰阳性菌占 31.8%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的检出率分别为 25.6% 和 73.3%。MRSA 和 MRCNS 菌株对  $\beta$  内酰胺类和其他抗菌药物的耐药率明显高于甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌和甲氧西林敏感凝固酶阴性葡萄球菌菌株。未发现对万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药的葡萄球菌。粪肠球菌对大多数抗菌药物 (除氯霉素外) 的耐药率要明显低于屎肠球菌。屎肠球菌有少数万古霉素耐药株。 $\beta$  溶血链球菌对青霉素的敏感率为 98.9%。产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的大肠埃希菌、克雷伯菌属和奇异变形杆菌的检出率分别为 47.6%(877/1842)、27.6%(335/1213) 和 33.0%(59/179)。肠杆菌科细菌对碳青霉烯类仍高度敏感, 总耐药率  $\leq$  3.8%。泛耐药肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌的检出率分别是的检出率为 3.0% (33/1117), 31.7 % (239/753) 和 1.0 % (10/1035)。肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 8.5% 和 8.2%, 72.7% 和 70.4%, 7.8% 和 29.3%。

**结论** 常见细菌对不同抗菌药物呈现不同的耐药性, 应加强实验和临床的沟通, 合理使用抗菌药物, 避免耐药菌株的广泛传播。

## PU-5785

### 金黄色葡萄球菌无菌体液感染株细胞毒素及侵袭性毒素与临床相关性研究

唐朝贵

南京医科大学附属淮安第一医院

**目的** 研究一组无菌体液标本分离金黄色葡萄球菌细胞毒素及侵袭性毒素基因携带情况, 并探讨其与临床相关性。

**方法** 采用 VITEK2comp 及多重 PCR 方法对一组患者无菌体液标本分离 33 株金黄色葡萄球菌进行生化鉴定药敏试验, 并对 7 大类 17 种细胞毒素及侵袭性毒素基因进行检测, 对菌株携带毒力基因情况用系统聚类分析法作聚类分析, 采用 SPSS 5.6 进行数据统计分析。

**结果** 33株侵袭性金黄色葡萄球菌 MRSA 检出率为 15/33 (45.45%)，。7 大类 17 种毒素基因均有阳性菌株检出，其中溶血素 hla、hly、hld、hlgB 阳性检出率最低达 31/33(93.94%)，杀白细胞素检出率最高为 LuKE 17/33 (51.52%)，侵袭性毒素蛋白酶除 splB 检出率为 17/33(51.52%)外，其余均在 27/33(81.82%)以上。33 株菌共有 21 种基因模式，15 株 MRSA 溶血素 hla、hly 和脂肪酶 lip 检出率为 100%，18 株 MSSA 溶血素 hla、hly、hld、hlgB 和脂肪酶 lip 检出率最高，均为 17/18(94.4%)，杀白细胞素 PVL 检出率最低为 1/18(5.6%)。溶血素 hlgC、杀白细胞素 lukF MSSA 检出率明显高于 MRSA ( $P<0.05$ )，杀白细胞素 PVL、蛋白酶 sspB MSSA 检出率明显低 MRSA ( $P<0.05$ )。样本聚类分析树状聚类图显示，菌株 15 和 30 号金黄色葡萄球菌的毒素及侵袭性毒素基因检测结果较为相似。33 例患者中均有不同程度的基础性疾病，其中高血压、糖尿病占 13/33(39.0%)，创伤、感染占 11/33 (33.0%)，23/33 (70.0%) 的患者有发热症状，12/33 (36.0%)患者有进行侵入性通道，33/33 (100.0%) 患者进行过侵入性医疗操作，有 19/33(57.0%)患者转归良好，死亡患者 2/33(6.0%)。

**结论** 本研究 33 株侵袭性金黄色葡萄球菌菌株对常规抗菌药物高度耐药，患者侵入性医疗操作是感染本组菌株的主要原因，本组菌株以溶血素基因高检出率为特点，MRSA 与 MSSA 阳性基因携带率有明显不同，本组菌株耐药性与毒素基因的携带状况与患者的感染临床症状、病程转归等存在一定的相关性，侵袭性金黄色葡萄球菌毒素基因检测有助于感染病例的治疗转归分析及流行病学调查。

## PU-5786

### Efficacy and safety of sodium-glucose cotransporter 2 inhibitors in East Asians with type 2 diabetes: a systematic review and meta-analysis.

Lidan Yang<sup>1</sup>, Lin Zhang<sup>2</sup>, He He<sup>1</sup>, Mei Zhang<sup>1</sup>, Zhenmei An<sup>1</sup>

1. West China Hospital, Sichuan University

2. The Third Affiliated Hospital of Chengdu University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** As a new type of anti-hyperglycemic drug, SGLT2 inhibitors have been recommended as first-line or second-line drugs for diabetes by the European Diabetes Association and the American Diabetes Association. Global health spending on diabetes and the prevention of complications is projected to grow to \$1452 billion by 2040. Compared with Caucasians, reduced insulin secretion and higher insulin sensitivity were characteristic of Japanese prediabetes and early-stage diabetes. The differences between East Asians and Western subjects in type 2 diabetes pathophysiology lead to discrepancies in the therapeutic approaches. The aim of our study was to perform a systematic review and meta-analysis to evaluate the efficacy and safety profiles of SGLT2 inhibitors in East Asians with type 2 diabetes.

**Methods** A literature search was carried out mainly in the PubMed, Embase, and Cochrane library databases. Randomized controlled trials (RCTs) were considered. The primary outcome of efficacy was the change in HbA1c from baseline. The secondary results covered the proportions of patients with HbA1c <7.0% (53 mmol/mol), the mean changes in fasting plasma glucose (FPG), postprandial glucose (PPG) and body weight (BW). The indicators of safety and tolerability events were hypoglycemia, urinary tract infections (UTIs), genital tract infections (GTIs), cardiovascular safety, acute renal failure, hypotension, bone fractures. Two researchers independently screened and extracted the data according to the eligibility and exclusion criteria; any disagreements were discussed, and a consensus reached. For dichotomous data and continuous outcomes, risk ratios (RRs) and weighted mean differences (WMDs) were used as statistical indicators, respectively. Pooled estimates were obtained using random-effects models in Review Manager Software Version 5.3.5. The methodological quality of the included RCTs was assessed using the Cochrane Collaboration risk of bias tool.

**Results** Thirty-three RCTs fulfilled the eligibility criteria. Our meta-analysis showed that, compared with control group, the SGLT2 inhibitors improved HbA1c (WMD -0.73% [-0.84, -0.61]) and the percentage of patients with HbA1c<7% (RR 2.33 [1.74, 3.12]), lowered both fasting plasma glucose (FPG) (WMD -28.47 mg/dl [-32.86, -24.08]) and postprandial glucose (PPG) (WMD -52.32 mg/dl [-67.67, -39.96]), reduced body weight (WMD -1.73 kg [-2.28, -1.17]), did not increase the risk of hypoglycemia (RR 1.27 [0.89, 1.82]) and urinary tract infection (RR 0.93 [0.68, 1.27]). However, SGLT2 inhibitors increased the risk of genital tract infections (GTIs) (RR 1.73 [1.02, 2.96]). Western population-based studies have shown that the risk of hypoglycemia with SGLT2 inhibitors is similar to that with other drugs, but the risk of genitourinary infections has increased. Only the increased risk of urinary and genital infections was consistently reported in clinical trials and observational studies.

**Conclusions** Current research suggests that SGLT2 inhibitors have favorable efficacy and safety in patients with type 2 diabetes in East Asia. And we should focus on GTIs in East Asian patients who use SGLT2 inhibitors and be alert to UTIs.

## PU-5787

### Caspase-4 表达水平对 HeLa229 细胞中沙眼衣原体增殖的研究

吴永斌

郑州大学第五附属医院 (原:郑州铁路局中心医院),450000

**目的** Caspase-4 的表达水平对 HeLa229 细胞中沙眼衣原体增殖的影响。

**方法** 利用 Western blot 和免疫荧光检测沙眼衣原体感染 HeLa229 细胞中 Caspase-4 的表达及定位情况; Western blot 和免疫荧光检测沙眼衣原体感染 CASP4-knockdown 稳定细胞系中沙眼衣原体感染情况; Western blot 和直接免疫荧光检测沙眼衣原体感染过表达 Caspase-4 的 HeLa229 细胞中沙眼衣原体感染情况。

**结果** 沙眼衣原体感染 HeLa229 细胞, Caspase-4 表达增高呈时间依赖关系, Caspase-4 在沙眼衣原体感染后由胞浆均匀分布移位至包涵体膜周边; 过表达 Caspase-4 沙眼衣原体感染受抑制, 不表达 Caspase-4 增强沙眼衣原体感染。

**结论** 沙眼衣原体感染 HeLa229 细胞中 Caspase-4 的表达增高, 并定位于包涵体膜周边; 抑制 Caspase-4 的表达利于沙眼衣原体增殖; 高表达的 Caspase-4 可以抑制沙眼衣原体的感染。

## PU-5788

### 脐带间质干细胞外泌体介导 miR-13474/CPEB2/TWIST1 轴参与糖尿病足溃疡创面修复的机制研究

韩新烨,史惠,纪成,张家慧,吴佩佩,孙丰田,钱晖,许文荣

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 探讨人脐带间质干细胞来源外泌体 (hucMSC-Ex) 对糖尿病足溃疡 (DFU) 的促修复作用及其关键分子机制, 以期为 DFU 临床治疗提供新策略。

**方法** 采用高脂饲料和小剂量链脲佐菌素 (STZ) 构建 II 型糖尿病大鼠模型, 并在糖尿病大鼠背部进行皮肤全皮层切除构建 DFU 模型。基于课题组前期建立的外泌体分离提取技术提取 hucMSC-Ex。DFU 造模成功大鼠随机分为 PBS 组、hucMSC-Ex 治疗组, 去 Ex 上清组, HFL1-Ex 组, 临床藻酸盐敷料组。在不同时间点观察创面愈合情况, 计算并比较创面愈合率、HE 染色观察皮肤及其附属结构的完整性、免疫组化检测增殖指标 PCNA、天狼星红染色等检测胶原沉积, 综合以上各

项共同评价 hucMSC-Ex 对 DFU 修复的影响。体外选取大鼠真皮成纤维细胞 (DFL) 和人脐静脉内皮细胞 (HUVEC) 为靶细胞, 以葡萄糖刺激构建高糖损伤细胞模型, 并加入 hucMSC-Ex 处理, 观察其对细胞活力、增殖迁移情况、旁分泌细胞因子水平的影响。通过 RNA 测序筛选出 hucMSC-Ex 中可能起作用的 microRNA 分子, 在体内外模型中验证该分子的作用。通过双荧光素酶报告基因实验、microRNA 的模拟物和抑制剂探究该分子起修复作用的具体机制。

**结果** HucMSC-Ex 对 DFU 模型的修复明显优于其他对照组, 并在体外对能逆转高糖对皮肤细胞的损伤。基于 RNA 测序结果筛选出 hucMSC-Ex 中富集全新的 miRNA 分子—miR-13474, 并在体内外模型中验证 miR-13474 的促修复作用。通过双荧光素酶报告基因实验、microRNA 的模拟物和抑制剂确认 miR-13474 的促修复作用是通过 miR-13474/CPEB2/TWIST1 轴完成的。

**结论** HucMSC-Ex 可通过介导 miR-13474/CPEB2/TWIST1 轴参与 DFU 修复, 为临床 DFU 治疗提供新方案。

## PU-5789

### 质谱技术联合大数据医疗在地方病防治方面的价值

李贞贞, 朱建宏, 张彦平, 何谦, 耿燕  
西安交通大学第二附属医院, 710000

**目的** 地方病是某些特定地区内相对稳定并经常发病的疾病, 我国是世界上地方病病种最多分布最广的国家之一, 也是世界上受地方病危害最严重的国家, 现已成为一些地方致残、致贫阻碍社会发展的主要因素。为查找出真正病因, 从根本上上消灭这种疾病。

**方法** 我们将在未来三年内, 以本院国家地方病重点专科心血管内科为中心, 依靠我院检验科和科研实验室组建地方病研究实验平台, 重点以代谢组学和宏基因组学为方向, 以质谱检测技术为方法, 开展地方病相关研究。通过与我院医学人工智能研究院合作, 整合地方病病人基本病例信息 (包含既往史、生存环境及饮食习惯等)、医学检验数据、医学影像数据、质谱代谢组学及宏基因组学数据、治疗方案、入院时长、住院花费及复发率等等。利用大数据技术对海量医疗数据进行深度挖掘分析, 从中筛选出治病率最高的因素, 并通过人工神经网络构建机器学习模型, 逐步修正参数, 最终优选出最重要的指标及参数。

**结果** 建立我们本地区地方病研究实验平台, 引进质谱检测技术, 开展代谢组学和宏基因组学研究, 得出大量代谢组学和宏基因组学研究数据, 通过大数据分析平台, 筛选出治病率最高的目标因子。

**结论** 通过质谱检测技术联合大数据分析平台, 更加精细化的研究成因复杂的地方病, 将更有利于锚定治病率更高的致病因子, 为临床科研更高效的提供有效信息, 为个体化精准医疗提供平台, 为医院精细化管理提供依据, 为常见疾病临床诊疗提供科学决策参考, 提高医生诊疗效率, 形成“源于临床、回归临床”的临床决策支持系统。

## PU-5790

### 检验科实习带教中应用 PBL 教学法的价值评价

张育超  
惠州市妇幼保健计划生育服务中心

**目的** 观察检验科实习带教中应用 PBL 教学法的价值评价。

**方法** 选取了 2016 年 6 月—2018 年 6 月在我院检验科进行实习的学生 12 例, 平均且随机的分配, 其中 6 例采用传统教学模式作为对照组, 另 6 例采用 PBL 教学作为实验组, 观察两组学生的成绩和满意度以及学生的自主学习能力。

**结果** 发现实验组比对照组成绩更高, 差异显著 ( $P<0.05$ ), 学生满意度实验组比对照组也高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 学生自主学习能力实验组也比对照组有明显提高 ( $P<0.05$ )。

**结论** PBL 教学可以有效的提高学生的成绩, 学生满意度更高, 学生的学习热情更高涨, 学生自主学习的劲头更强, 值得在今后临床教学中推广应用。

## PU-5791

### Elevated serum procalcitonin level in patients with end-stage renal failure without infection: A case-control study

Yong Lin, Huo-Chun Yi

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** Inflammation is a necessary component of chronic renal failure (CRF) that can be attributed to an accumulation of toxins and a reduced clearance of proinflammatory cytokines. Procalcitonin (PCT) is a widely applied biomarker in the diagnosis of infection, and considering the presence of pre-existing inflammation in CRF patients, the PCT level could be high in such a population; however, no reference value for PCT in CRF patients has been available to date.

**Methods** During the present study period, 361 CRF patients and 119 healthy controls were included. The PCT level was determined by using a COBAS E602 immunology analyzer, and other biochemistry parameters were assayed by using a COBAS C501 biochemistry analyzer. Statistical analysis was conducted to compare the differences in PCT levels and other biochemistry parameters between the two groups, and linear regression was used to assess the correlation between two variables. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was performed to evaluate the performance of PCT and the optimal cut-off value to differentiate between CRF patients and healthy controls.

**Results** The PCT level in CRF patients was significantly higher than that in healthy controls, and among the CRF patients, the PCT level was increased with advanced clinical stage. Moreover, PCT was moderately correlated with CysC. The optimal off-value was 0.075 with a sensitivity of 94.7% and specificity of 90.8%.

**Conclusions** The PCT level was significantly higher in CRF patients than in healthy controls, and the reference value for CRF patients should be adjusted to avoid unnecessary treatment and to preserve residual renal function.

## PU-5792

### 血清总蛋白和白蛋白在两种生化分析系统的比对和偏倚评估

马春苗

山东省千佛山医院, 250000

**目的** 分析两种不同生化检测系统间总蛋白和白蛋白两项检测结果的相对偏倚, 探讨不同生化分析系统间结果的可比性, 为本实验室不同检测系统检验结果的一致性提供依据。

**方法** 选择高值质控品和中值质控品分别对罗氏 CS8000 和强生 VITROS 350 两种生化分析系统进行批内精密度检测以及日间精密度检测, 并以全国临床检验操作规程第四版要求的精密度的评价标准。并依据美国临床实验室标准化协会 (CLSI) 的 EP9-A2 文件, 以罗氏 CS8000 生化分析仪为比较方法, 以强生 VITROS 350 生化分析仪为实验方法。分别在两种生化分析系统测定 40 例患者血清总蛋白和白蛋白的含量, 计算相关系数、直线回归方程和不同医学决定水平处的相对偏倚 (SE%), 并以美国临床实验室改进修正案能力验证 (CLIA'88) 允许总误差的 1/2 为判断标准, 判断不同生化分析系统的一致性。

**结果** 两种生化分析系统肝功能项目的批内精密度和日间精密度均低于全国临床检验操作规程第四版的精密度要求,符合临床要求,即比对实验数据可靠。总蛋白在低、中、高三个医学决定水平的 SE%分别为 1.91%、1.72%、1.58%,白蛋白的 SE%分别为 2.39%、0.09%、1.09%,均在临床可接受范围,且两种不同生化检测系统的检测结果相关性良好,两个项目的相关系数均大于 0.975。

**结论** 当同一实验室内同一检测项目存在两种及两种以上分析系统时,应进行方法比对以及偏倚评估,已实现检测结果的可比性

## PU-5793

### The clinical analysis of the hb New York disease case compounded with aplastic anemia and XYY syndrome:a rare case report and pedigree analysis

Wangdong Zhang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University, Xiamen

**Objective** Compound XYY syndrome in a family from FU Jian in china.

**Methods** Blood sampling revealed Erythrocyte anemia ( Hb 104g/L,MCV 102.7fL,MCH 34.6pg ) .

**Results** A peak of Hb New York located ahead of Hb A at the electrophoretic zone 11 with a level of 48.7% and another peak with a level of 6.1% at the electrophoretic zone F by using capillary electrophoresis . Molecular analysis of the family members revealed that farther carried gene mutation[ $\beta$ 113 (G15) Val→Glu, GTG>GAG], and son was inherited Hb New York.Cytogenetic analysis of blood cell has been performed.Father has normal karyotype,but son's karyotype is 47,XYY.

**Conclusions** This is the first reported case of Hb New York disease Compound extra Y chromosome which can lead to aggravate Hb New York disease.

## PU-5794

### 甲状腺激素干扰物四溴双酚 A 的电化学检测方法研究

赵强

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 构建氮掺杂石墨烯-纳米金复合材料,提高氮掺杂石墨烯对甲状腺激素干扰物四溴双酚 A (Tetrabromobisphenol-A) 的电化学响应性能。在此基础上,构建 TBBPA 的电化学检测方法。

**方法** 利用电沉积法,将纳米金修饰在氮掺杂石墨烯材料表面,构建氮掺杂石墨烯-纳米金复合材料。利用电子显微镜, X 射线衍射图谱,紫外-红外可见光谱等多种表征方式,对复合材料的形貌及材料的复合形式进行研究。同时,利用循环伏安法等电化学表征手段考察复合材料对 TBBPA 的电化学响应性能。最后,固定阳离子表面活性剂十六烷基三甲基氯化铵 (CTAB) 于修饰后的电极表面,对 TBBPA 进行电化学测定。

**结果** 材料表征结果显示,纳米金较为均匀的分散在氮掺杂石墨烯的单层片层结构表面。电化学分析表明,修饰后的氮掺杂石墨烯对 TBBPA 的电化学响应得以进一步提高。同时,电极表面修饰 CTAB 后,TBBPA 在电极表面的电化学氧化反应得到了增强,可能是因为 CTAB 的疏水端长链通过疏水作用对 CTAB 分子进行了富集。最终,该传感器检测 TBBPA 的线性范围为 0.05  $\mu$ M – 1.5  $\mu$ M,基于三倍信噪比的检出限为 0.01  $\mu$ M

**结论** 纳米金成功提高了氮掺杂石墨烯对 TBBPA 的电化学响应性能。对 TBBPA 的灵敏测定表明,该方法简单、快速,具有一定的实际应用前景。

PU-5795

## 简析临床检验分析前质量管理

张炯

四川省人民医院,610000

**目的** 检验科的质量目标是能否及时向临床提供准确高效可靠的高质量检验报告,使检验结果更好地符合患者的实际情况,得到患者和临床的信赖和认可

**方法** 分析前阶段是指从临床医师开出医嘱起始,按时间顺序的步骤,包括提出检验要求,患者的准备,原始标本的采集,运送到实验室并在实验室内传送,至分析检验程序启动,此期终止[2]。这一环节的执行涉及面较广,包括检验科人员、临床科室医师、护士、护工以及受检者本人,任一环节的疏漏和不规范均可导致检验结果的误差。

**结果** 浅析加强检验分析前的质量管理。

**结论** 浅析加强检验分析前的质量管理。

PU-5796

## hucMSC-EXs 介导的 miRNAs 在慢性肾间质纤维化中的作用及机制研究

胡玉燕,尹磊,石映红,钱晖

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室,江苏省检验医学重点实验室,江苏大学医学院

**目的** 课题组前期研究发现人脐带间充质干细胞(hucMSC)外泌体(hucMSC-EXs)可缓解大鼠肾间质纤维化,但具体机制尚不明确,而 microRNAs(miRNAs)在肾间质纤维化进程中发挥重要作用。因此,本研究体外内探讨 hucMSC-EXs 携带 miRNAs 缓解肾间质纤维化的作用及机制。1

**方法** 建立大鼠单侧输尿管结扎(unilateral ureteral obstruction, UUO)肾间质纤维化模型,以假手术组为对照, hucMSC-EXs/HFL-EXs 干预,7天后处死大鼠。人肾小管上皮细胞(HK-2)经 TGF- $\beta$ 1 诱导,与 hucMSC-EXs 共培养。HE 染色观察肾脏组织结构,Masson 染色分析胶原沉积情况;免疫组织化学、Western-blot 检测肾组织  $\alpha$ -平滑肌肌动蛋白( $\alpha$ -SMA)、TGF- $\beta$ 1、胶原水平。qRT-PCR 检测组织中 miRNA NC\_000019.10\_13474 的表达情况,并验证其下游靶基因 ADAM17。、过表达或敲减 NC\_000019.10\_13474;并通过 HucMSC-EXs 过表达 NC\_000019.10\_13474(hucMSC-EXs-miR-13474)处理细胞,qRT-PCR、Western-blot 检测  $\alpha$ -SMA、TGF- $\beta$ 1 及 ADAM17 的表达。

**结果** 与 UUO 组相比, hucMSC-EXs 和 HFL-EXs 干预组肾小管扩张减缓,炎性细胞浸润减少,间质胶原沉积减少; $\alpha$ -SMA、TGF- $\beta$ 1、胶原等表达下降,且 hucMSC-EXs 组修复效果更明显。qRT-PCR 检测发现 hucMSC-EXs 干预组 miRNA NC\_000019.10\_13474 高表达,并且其下游靶基因 ADAM17 表达下降。体外实验 hucMSC-EXs 干预后  $\alpha$ -SMA、TGF- $\beta$ 1、胶原蛋白下调。过表达 NC\_000019.10\_13474,胶原合成减少,TGF- $\beta$ 1 表达下调;敲减 NC\_000019.10\_13474,增加胶原的表达。HucMSC-EXs 高表达 NC\_000019.10\_13474,可通过下调 ADAM17 抑制 TGF- $\beta$  合成缓解肾纤维化。

**结论** HucMSC-EXs 携带 NC\_000019.10\_13474 在体内外调控细胞 ADAM17 的表达,抑制 TGF- $\beta$  的表达,减少细胞外沉基质积,缓解肾脏纤维化。



## PU-5797

## 血清抗 C1q 抗体在系统性红斑狼疮及狼疮性肾炎中的临床诊断价值

张小云

淮安市第一人民医院（南京医科大学附属淮安第一医院），223001

**目的** 目的 探讨系统性红斑狼疮（systemic lupus erythematosus, SLE）患者血清抗 C1q 抗体与疾病活动及狼疮性肾炎（lupus nephritis, LN）的相关性。

**方法** 方法 采用 ELISA 法测定 110 例 SLE 患者和 60 例正常对照组血清中抗 C1q 抗体的水平。110 例 SLE 患者按 LN 判定标准分为 LN 组（41 例）和非 LN 组（69 例）。比较分析其与补体 C3、C4、超敏 C 反应蛋白(hypersensitive C-reactive protein, hs-CRP)以及疾病活动性指标抗双链 DNA(anti-double-stranded DNA antibody, anti-dsDNA)抗体的相关性，以及通过联合检测抗核小体抗体(anti-nucleosome antibodies, AnuA)以及抗 dsDNA 抗体判断其在 LN 中的临床价值。

**结果** 结果 SLE 患者中血清抗 C1q 抗体水平显著高于正常对照组 [ (11.90±23.83) U/ml vs (2.73±4.18) U/ml,  $P<0.05$  ]。在 LN 病人血清中抗 C1q 抗体水平与抗 dsDNA 抗体、hs-CRP 水平呈显著正相关，与补体 C3、C4 含量水平呈显著负相关。联合检测抗 C1q 抗体、抗 dsDNA 抗体和 AnuA 显著提高 LN 的诊断价值。

**结论** 结论 抗 C1q 抗体水平能反映 SLE 的疾病活动程度，并与 SLE 肾损害相关，联合检测抗 C1q 抗体、抗 dsDNA 抗体和 AnuA 有助于 LN 的诊断。

## PU-5798

## 乙型肝炎五项与乙型肝炎病毒 DNA 定量的相关性分析

李文聪

昆明医科大学第三附属医院

**目的** 探究乙型肝炎五项与乙肝病毒 DNA 定量的相关性。

**方法** 将 2018 年 6 月到 2018 年 12 月到云南省肿瘤医院就诊的乙肝表面抗原阳性的患者作为研究对象，分别用酶联免疫吸附法和荧光定量 PCR（polymerase chain reaction）法对 421 位患者进行乙型肝炎五项和乙肝病毒 DNA 含量的检测，分析两者的相关性。

**结果** HBsAg（hepatitis B surface antigen）、HBeAg(hepatitis B e antigen)、HBcAb(hepatitis B core antibody)阳性组的乙型肝炎病毒 DNA 阳性率均明显高于其他组。HBeAg(hepatitis B e antigen)阳性组的乙型肝炎病毒 DNA 的阳性率为 95.8%，HBeAg 阴性组的乙型肝炎病毒 DNA 的阳性率为 36.2%。

**结论** 乙型肝炎病毒 DNA 阳性率与 HBeAg 的阳性率呈正相关，但有一部分 HBeAg 阴性的患者乙型肝炎病毒 DNA 为阳性，因此将乙型肝炎病毒 DNA 定量同乙型肝炎五项检测结合起来，更有助于监测病毒的复制情况及患者的传染性，对于判断治疗效果和估计预后也非常重要。

## PU-5799

## Expression and Clinical Value of Gastrin-Releasing Peptide Precursor in Nephropathy and Chronic Kidney Disease

Zhang Dai, Jian-Hui Zhu, Li-Li Fang, Yong-Zhi Lin, Song-Jie Huang, Fang Xie, Nan Sheng, Xian-Ming Liang  
Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** Overexpression of serum proGRP in nephropathy patients, especially in chronic kidney disease (CKD) cases, and the elevation mechanism in renal failure remain unclear.

**Methods** A total of 498 nephropathy patients and 170 healthy subjects were selected in Zhongshan Hospital, Medical College of Xiamen University, from February 2016 to September 2017. The clinical data of the different groups were analyzed by group comparison, correlation analysis and receiver operating characteristic (ROC) curve.

**Results** Serum proGRP levels were significantly higher in the CKD group compared with the other groups of kidney disease patients ( $p < 0.01$ ), and increased with CKD grade ( $p < 0.01$ ). Serum proGRP was substantially correlated with serum creatinine (CREA;  $r = 0.637$ ,  $p < 0.01$ ) and cystatin C (Cys-C;  $r = 0.837$ ,  $p < 0.01$ ). Serum proGRP had moderate correlations with urine  $\beta$ 2-macroglobulin ( $\beta$ 2-m;  $r = 0.587$ ,  $p < 0.01$ ) and  $\alpha$ 1-macroglobulin ( $\alpha$ 1-m;  $r = 0.557$ ,  $p < 0.01$ ). There were fair associations of serum proGRP with albumin (AlbU;  $r = 0.10$ ,  $p = 0.067$ ), 24-hour proteinuria (24hr-TPU;  $r = 0.092$ ,  $p = 0.099$ ), urinary albumin/urocreatinine (uAlb/Cr;  $r = 0.29$ ,  $p < 0.01$ ) and urinary N-acetyl- $\beta$ -D-glucosidase (uNAG;  $r = -0.142$ ,  $p < 0.01$ ). The sensitivity of proGRP was superior to that of eGFR in diagnosing CKD1 (81.25% vs 66.67%), CKD2 (86.42% vs 74.36%) and CKD3 (71.19% vs 69.64 %), while its specificity was inferior to that of eGFR in diagnosing CKD1 (37.65% vs 66.97%), CKD2 (56.25% vs 86.67%) and CKD3 (75.31% vs 88.46 %).

**Conclusions** Serum proGRP is elevated in renal failure and increases with CKD grade. GRP could cause moderate electrolyte imbalance by binding its receptor in kidney tubules. Serum proGRP is mainly affected by GFR and could be used for CKD staging.

## PU-5800

## Real-time RT-PCR 法和血清 IgM 间接免疫荧光 (IIFA) 法检测甲型流感病毒的比较

赵亚楠

河北省中医院/河北中医学院附属医院, 050000

**目的** 探讨实时荧光逆转录聚合酶链扩增反应 (real-time RT-PCR) 和血清 IgM 间接免疫荧光 (IIFA) 检测法在检测甲型流感中的应用。

**方法** 选择 2009 年 1~3 月在我院就诊的 292 例流感样症状病例, 采集咽拭子及血清标本。采用 real-time RT-PCR 和 IIFA 同时检测甲型流感病毒核酸或甲型流感病毒 IgM 抗体。

**结果** 在 292 例流感样病例中, real-time RT-PCR 方法检测 133 例 (45.5%) 为甲型流感患者。血清 IgM 间接免疫荧光 (IIFA) 检测, 136 例患者为甲型流感 IgM 抗体阳性 (45.9%)。与 real-time RT-PCR 方法比较, 血清 IgM (间接免疫荧光 IIFA) 方法检测甲型流感的灵敏度为 56.4%, 特异度为 61.6%。阳性预测值 PPV 为 55.1%, 阴性预测值 NPV 为 62.8%。两种方法的总符合率为 59.2%, 一致性 KAPPA 检验  $\kappa$  系数为 0.18 ( $P = 0.002$ ), 血清 IgM 间接免疫荧光 (IIFA) 法与 real-time RT-PCR 方法比较,  $\kappa < 0.4$ , 一致性很差。采用两种不同方法检测甲型流感阳性率的差异不受患者年龄的影响 ( $P > 0.05$ )。甲流核酸检测 Ct 值  $< 35$  的标本其 IgM 抗体阳性率大于 Ct 值在 35~37 之间的抗体阳性率 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 血清 IgM 间接免疫荧光 (IIFA) 检测法检测甲型流感的敏感性低于 real-time RT-PCR 方法, 其敏感性可能受标本的病毒量影响。

## PU-5801

### 沈阳地区健康女性阴道微生态流行病学分析

王晓娜  
沈阳市妇婴医院, 110000

**目的** 了解沈阳地区健康女性阴道微生态状况。

**方法** 采用生殖道微生态综合评价法评估 1 640 例沈阳地区健康女性阴道微生态状况。

**结果** 1 640 例女性阴道微生态平衡者 703 例, 占比 42.87%, 微生态失衡者 937 例, 占比 57.14%。能够明确致病菌诊断为阴道炎者 455 例, 占 27.74%, 其中 AV 76 例 (4.63%), BV 105 例 (6.40%), TV 65 例 (3.96%), VVC 127 例 (7.74%), 混合感染 81 例 (4.94%), 未明确感染的阴道微生态失衡为 482 例, 占 29.39%。BV 的感染率随年龄的增长上升, 差异具有统计学意义 ( $\chi^2=7.897, P<0.05$ ); VVC 的感染率在育龄期最多, 之后随年龄的增长下降, 差异具有统计学意义 ( $\chi^2=9.269, P<0.05$ ); 无明确感染微生态失衡率随年龄增长逐渐上升, 差异具有统计学意义 ( $\chi^2=59.169, P<0.05$ ); AV、TV、混合感染的感染率与年龄的变化相关性不大 (分别  $\chi^2=1.901、1.112、3.077$ , 均  $P>0.05$ )。BV 的发病率以春季最高, 冬季最低, 冬春两季差异有统计学意义 ( $\chi^2=8.395, P<0.05$ ); VVC 的发病率以夏季最高, 冬季最低, 夏冬两季差异有统计学意义 ( $\chi^2=8.471, P<0.05$ ); 无明确感染微生态失衡随季节变化差异不大, 差异具有统计学意义 ( $\chi^2=42.258, P<0.05$ ); AV、TV、混合感染的感染率在一年中变化不大, 各季节比较差异无统计学意义 (分别  $\chi^2=6.289、3.411、0.397$ , 均  $P>0.05$ )。

**结论** 沈阳地区健康女性阴道微生态失衡的状况比较常见, 并且与年龄和季节存在一定相关性。及时进行健康体检, 筛查阴道微生态, 通过早发现、早预防、早治疗, 可减少妇科疾病发病率, 保障妇女身心健康。

## PU-5802

### 循环肿瘤细胞分型检测在肝癌中的应用

王贵宇  
陆军军医大学第一附属医院

**目的** 探讨肝癌患者外周血中循环肿瘤细胞(circulating tumor cells, CTCs)的数量和型别分布, 分析其与临床病理特征之间的关系。

**方法** 采用 Can Patrol™ CTCs 分型检测技术, 基于滤膜法收集 162 例肝癌患者外周血中的 CTCs, 通过 RNA 原位杂交、分支 DNA 技术对循环肿瘤细胞内的上皮、间质标志物 mRNA 进行荧光检测, 将 CTCs 分成上皮型、混合型、间质型, 分析其与年龄、性别、临床病理分期和是否远处转移的关系。

**结果** 93% 肝癌患者检出 CTCs, 混合型 CTCs 检出比例最高。总 CTCs, 上皮型、混合型、间质型 CTCs 数量与临床分期和远处转移有关 ( $P<0.05$ ), 与年龄和性别无关 ( $P>0.05$ )。Logistic 回归分析结果显示, 间质型 CTCs 是临床分期和远处转移的危险因素。

**结论** 在外周血循环肿瘤细胞检测中, 数量和分型均有重要价值, 其中间质型 CTCs 可能为肝癌患者肿瘤分期及远处转移提供重要线索。

## PU-5803

## Treponema pallidum promotes macrophage polarization and activates the NLRP3 inflammasome pathway to induce interleukin-1 $\beta$ production

Lirong Lin, Tian-Ci Yang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University, Xiamen

**Objective** The involvement of inflammasome activation and macrophage polarization during the process of syphilis infection remains unknown.

**Methods** In this study, A series of experiments were performed using human macrophages to research the role of NLRP3 inflammasome regulation in interleukin (IL)-1 $\beta$  production and its influence on macrophage polarization triggered by T. pallidum.

**Results** The results showed that in M0 macrophages treated with T. pallidum, the M1-associated markers inducible nitric oxide synthase (iNOS), IL-1 $\beta$  and TNF- $\alpha$  were upregulated, and the M2-associated markers CD206 and IL-10 were downregulated. In addition, we observed NLRP3 inflammasome activation and IL-1 $\beta$  secretion in T. pallidum-treated macrophages, and the observed production of IL-1 $\beta$  occurred in a dose- and time-dependent manner. Moreover, the secretion of IL-1 $\beta$  by macrophages after T. pallidum treatment was notably reduced by anti-NLRP3 siRNA and caspase-1

inhibitor treatment. NAC, KCl, and CA074-ME treatment also suppressed IL-1 $\beta$  release from T. pallidum-treated macrophages.

**Conclusions** These findings showed that T. pallidum induces M0 macrophages to undergo M1 macrophage polarization and elevate IL-1 $\beta$  secretion through NLRP3. Moreover, the process of NLRP3 inflammasome activation and IL-1 $\beta$  production in macrophages in response to T. pallidum infection involves K<sup>+</sup> efflux, mitochondrial ROS production and cathepsin release. This study provides a new insight into the innate immune response to T. pallidum infection.

## PU-5804

## 石家庄地区 2019 年流感暴发期间 754 例甲型流感病毒检测结果分析

赵亚楠

河北省中医院/河北中医学院附属医院,050000

**目的** 分析 2019 年石家庄地区流感爆发期 754 例疑似流感患者中甲型流感发病情况及人群分布特征, 为流感的防治提供科学数据依据。

**方法** 选取 2019 年 1 月至 2019 年 3 月在河北省中医院治疗的 754 例疑似流感患者, 回顾病历资料, 分析其人口学、流行病学、甲流核酸检测结果, 并作统计分析。

**结果** 收治的 754 例疑似流感病人中甲流阳性患者共 277 例, 阳性率为 36.7%, 主要集中在 0-14 岁年龄段, 阳性率为 54.2%, 该年龄段阳性率明显高于其他年龄段, 且差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ), 男性与女性无统计学差异 ( $P=0.45$ )。在 3 个月中, 一月份甲流检出阳性率最高 (42.1%) 且差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。流感高峰期, 主要集中于一月底二月初。

**结论** 2019 年流感暴发期石家庄地区甲型流感流行特征为, 爆发高峰期为一月下旬到二月初, 流行人群为 0-14 岁, 以儿童青少年为主。

## PU-5805

## 一种基于微流控的化学发光定量检测系统

闵小平,付达,张建中,翁振宇,曾俊添,张师音,张东旭,葛胜祥,张军,夏宁邵  
厦门大学,361000

**目的** 为了有效地实现分级诊疗,需要发展小型的、智能化、操作简单、结果准确的现场快速检测系统(POCT)。目前化学发光免疫诊断系统,凭借其极高的灵敏度和准确性,成为目前体外诊断的主流技术。本文设计了一种基于微流控芯片的小型自动化学发光定量检测平台,用于生物标志物的高灵敏度现场检测。

**方法** 采用吖啶酯类标记的直接化学发光方法,利用光电倍增管对发光进行光子检测。针对所需实验步骤,设计并制作了微流控芯片,芯片材料为 PMMA,由激光切割机和热压机制作而成。同时我们搭建了化学发光仪器平台。将相关试剂首先加载到芯片储液室后,将芯片放入仪器。仪器内用真空吸盘作为试剂气动驱动装置,驱动试剂有序释放,并完成孵育、混匀、洗涤、反应、发光检测等过程。根据测得的发光曲线,计算发光的总光子数。

**结果** 我们用此系统实现了血清铁蛋白在微流控芯片上的化学发光免疫检测。检测结果显示结合吖啶酯的铁蛋白的发光强度与血清铁蛋白浓度在 5.1-1300 ng/mL 之间的存在良好的线性关系,相关度达到 0.969,并且检测下限为 2.55 ng/mL。此外,我们还通过本系统对临床血清样本中的铁蛋白进行了检测,检测结果和现在市面上的大型化学发光仪器的检测结果相关性达到了 0.9786。

**结论** 我们搭建了一种基于微流控芯片技术的自动化化学发光免疫检测平台,并将此平台应用于商品铁蛋白以及临床血清铁蛋白的检测,实验结果显示平台的检测灵敏度和相关性都较好,从而也验证了芯片设计和控制、驱动和检测方法的可行性。

## PU-5806

## 珠海市皮肤性病专科门诊就诊人群 7 种性传播疾病 检出情况分析

杜鹏,刘小凤,沈守星,魏秋姣  
珠海市慢性病防治中心

**目的** 了解珠海市皮肤性病专科门诊就诊人群性传播疾病(STD)病原体的感染情况,为临床性病的防治提供实验室依据

**方法** 对我院 2015-2017 年皮肤科、性病科和妇科就诊者沙眼衣原体、解脲支原体、人型支原体、梅毒、念珠菌、淋病奈瑟菌和人类免疫缺陷病毒 7 种病原体检出率情况进行分析,统计分析剔除阳性复诊患者,同时统计分析混合感染和反复感染情况

**结果** 三年共有 6862 人进行 STD 不同项目检查,7 种病原体检测共有 14828 例,检出阳性 1963 例(13.2%),CT、NG、TP、HIV、UU、MH 和 CA 检出率分别为 14.2%、23.6%、11.1%、2.9%、31.9%、4.8%和 17.3%,三年间 STD 检出率无显著性差异。不同科室中,妇科送检病原体检出率最高,为 19.2%;不同性别中,女性检出为 19.3%,男性为 9.8%,两者检出率有统计学差异,但男性 CT、NG 和 HIV 感染率高于女性。患者混合感染率为 2.5%,男性混合感染比女性高,但女性反复感染率明显高于男性

**结论** 专科门诊就诊者 7 种病原体检出率较高,女性感染率显著高于男性,女性支原体、念珠菌反复感染现象较普遍,男性泌尿生殖道支原体和念珠菌感染应受到重视。加强对该类人群的性传播疾病的健康教育,引导就诊者进行 STD 联合筛查,对性传播疾病的防控具有重要意义。

## PU-5807

## 环状 RNA circ1477 对胃癌进展的作用机制及其临床价值

李荣,王君怡,王妍,王蓉蓉,史惠,张徐,钱晖,许文荣

江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 阐明环状 RNA circ1477 在胃癌组织和血清及外泌体中的表达变化、生物学作用及分子机制, 为胃癌诊断及预后判断提供新的分子标志物, 为胃癌治疗寻找潜在的靶点。

**方法** 收集胃癌患者的胃癌组织及癌旁组织, 胃癌患者及健康人血清及外泌体, 采用 qRT-PCR 检测分析 circ1477 的表达水平。Fish 和核质分离定量 PCR 确定其亚细胞定位, RNase R 和 Actinomycin D 处理检测其成环特性及半衰期。通过 siRNA 和过表达质粒转染在胃癌细胞中分别敲减和过表达 circ1477, 检测细胞增殖、克隆形成、迁移、侵袭、等生物学功能变化。利用生物信息学技术预测与 circ1477 结合的 miRNA 及其调控靶基因, 并通过荧光素酶报告基因检测和 RNA 免疫共沉淀进行验证。

**结果** 环状 RNA circ1477 在胃癌组织和胃癌细胞系中显著低表达, 但在胃癌患者血清及血清外泌体显著高表达, 且胃癌组织 circ1477 的表达水平与淋巴结转移相关, 胃癌血清 circ1477 的表达水平与远端转移有关。组织 circ1477 低表达的胃癌患者生存时间显著短于高表达者。circ1477 主要表达于胞质中, 能抵抗 RNase R 作用, 其半衰期显著高于线性 RNA。敲减 circ1477 抑制细胞迁移和侵袭, 过表达 circ1477 则相反, 但敲减和过表达 circ1477 对细胞增殖影响不显著。生物信息学分析显示 circ1477 具有多种 miRNA 结合位点, 且能与 Ago2 蛋白免疫共沉淀。双荧光素酶报告基因检测结果显示 miR-190a 和 miR-190b 能显著抑制 circ1477 载体 3'UTR 荧光素酶报告基因活性, 且 miR-190b 在胃癌组织中显著低表达并与 circ1477 表达呈显著正相关。

**结论** 环状 RNA circ1477 可以作为胃癌诊断与预后判断的新分子标志物; circ1477 能体外抑制胃癌迁移和侵袭, 可能是通过与 miR-190 家族结合发挥作用。

## PU-5808

## HGB、PLT 在两台血球分析仪的比对和偏倚评估

郭亮亮

山东省千佛山医院,250000

**目的** 分析两种不同检测系统间 HGB、PLT 两项检测结果的相对偏倚, 探讨不同分析系统间结果的可比性, 为本实验室不同检测系统检验结果的一致可靠性提供更有力的依据。

**方法** 选择高值质控品和中值质控品分别对西斯美康 XN-1 和西斯美康 900i 两台血球分析系统进行批内精密度检测以及日间精密度检测, 并以全国临床检验操作规程第四版要求的精密度为评价标准。以 900i 分析仪为比较方法, 以 XN-1 分析仪为实验方法。分别在两台血球分析仪系统测定 300 例患者全血 HGB、PLT 含量, 计算相关系数、直线回归方程和不同医学决定水平处的相对偏倚 (SE%), 并以临床血液行业标准为判断标准, 判断不同血球分析仪间的一致性。

**结果** 两台血球分析系统的批内精密度和日间精密度均低于全国临床检验操作规程第四版的精密度要求, 符合临床要求, 即比对实验数据可靠。HGB 在中、高三个医学决定水平的 SE%分别为 1.51%、1.47%, PLT 的 SE%分别为 2.39%、3.09%, 均在临床可接受范围, 且两种不同血球检测系统的检测结果相关性良好, 两个项目的相关系数均大于 0.98。

**结论** 当同一实验室内同一检测项目存在两种及两种以上分析系统时, 应进行方法比对以及偏倚评估, 以实现检测结果的可靠性。

## PU-5809

## 抗中性粒细胞胞浆抗体相关性血管炎神经系统 病变临床分析

曾燕丽,王雪恋,肖芸,张琰,彭峰,林益强

厦门大学附属中山医院

**目的** 探讨抗中性粒细胞胞浆抗体（ANCA）检测对于临床医生在及早发现、诊断 ANCA 相关性血管炎（ANCA-associated vasculitis, AAV）神经系统病变的重要性和必要性。

**方法** 回顾性分析我院确诊的 26 例 AAV 神经系统病变患者的临床资料，对其临床表现、影像学检查、实验室检查等结果进行汇总分析

**方法** 回顾性分析我院确诊的 26 例 AAV 神经系统病变患者的临床资料，对其临床表现、影像学检查、实验室检查等结果进行汇总分析。

**结果** 26 例患者神经精神症状以眩晕最为常见（38.5%，10/26），其次是头痛和认知功能障碍（均为 26.9%，7/26）；肢体无力（34.6%，9/26）和小脑共济失调（23.1%，6/26）则是较为常见的体征。26 例患者除神经系统累及外，心血管系统和肾脏系统累及分别二、三位（50%，13/26 和 46.2%，12/26），呼吸系统累及也较为常见（38.5%，10/26）。头颅影像学检查发现异常占 80.8%，脑梗死是最为常见占 58.5%，其次是脑动脉硬化（34.6%，9/26）。实验室检查 ANCA 均为阳性，其中 cANCA 阳性率 23.1%，pANCA 阳性率 76.9%，PR3-ANCA 型占 cANCA 阳性 100%（6/6），MPO-ANCA 型占 pANCA 阳性 80%（16/20）。除此之外抗核抗体（ANA）阳性率占 26.9%，WBC 和 CRP 升高在本研究疾病活动期较常见，占 60%以上。

**结论** AAV 的神经损害表现较为常见，但仅有一小部分患者进行了彻底的神经学检查和肌肉活检，提示 AAV 的神经损害可能存在漏诊。IIF-ANCA 检测应作为常规检查筛查，尽早进行治疗，控制患者神经损伤，防止复发。

## PU-5810

## 6 $\sigma$ 质量设计和控制在临床生化质量改进中的应用

曾华<sup>1</sup>,陈锦欣<sup>2</sup>,段朝晖<sup>1</sup>

1.中山大学孙逸仙纪念医院,510000

2.中山大学,510000

**目的** 探讨 6 $\sigma$  质量设计和控制方法在临床生化项目的质量管理中的应用。

**方法** 选择 23 个常规生化项目作为研究对象，计算每个项目的  $\sigma$  值和质量目标指数（QGI），并以此为依据设计不同的质控规则和改进措施。运行一段时间后，再次计算项目的  $\sigma$  值，比较改进前后  $\sigma$  值的变化。

**结果** 改进前，生化 23 个常规项目的平均  $\sigma$  值为 3.30，其中  $\sigma \geq 4$  有 6 项， $4 > \sigma \geq 3$  有 5 项， $3 > \sigma \geq 2$  有 7 项， $\sigma < 2$  有 5 项。改进后，平均  $\sigma$  值为 4.16， $\sigma \geq 4$  有 9 项， $4 > \sigma \geq 3$  有 8 项， $3 > \sigma \geq 2$  有 4 项， $\sigma < 2$  有 2 项，整体呈现上升趋势。

**结论** 6 $\sigma$  质量设计和控制方法可对项目进行性能评价，选择适当的质控规则和整改措施，进而更有效地进行质量控制，可以用于临床生化项目的质量改进。

PU-5811

## 珠海地区 985 例变态反应性皮肤病患者变应原检测结果分析

魏秋娇,杜鹏

珠海市慢性病防治中心

**目的** 了解变态反应性皮肤病患者血清总 IgE 和特异性 IgE (sIgE) 的种类与分布, 为临床诊疗提供实验室依据

**方法** 了解变态反应性皮肤病患者血清总 IgE 和特异性 IgE (sIgE) 的种类与分布, 为临床诊疗提供实验室依据

**结果** 985 例患者中 578 例总 IgE 检测有反应性, 716 例 sIgE 检测有反应性。吸入性过敏原最多的是尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨), 其次是蟑螂, 食入性过敏原最多的是海鱼组合 1 (鲑鱼/龙虾/扇贝), 其次是淡水鱼组合 1 (鲑鱼/鲈鱼/鲤鱼); 按年龄分组, 在吸入性过敏原中各组最多的是尘螨组合, 在食入性过敏原中, 婴幼儿组最多是鸡蛋蛋白, 其它三组为海鱼组合。当总 IgE 的浓度大于 3 倍参考值时 sIgE 浓度 6 级 (非常高的抗体滴度) 数量明显增加, 其余基本一致。

**结论** 尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨), 蟑螂, 海鱼组合 1 (鲑鱼/龙虾/扇贝), 和淡水鱼组合 1 (鲑鱼/鲈鱼/鲤鱼) 是变态反应性患者最常见的过敏原物质, 当总 IgE 的浓度大于 3 倍参考值时 sIgE 6 级 (非常高的抗体滴度) 数量明显增加, 血清特异性过敏原的检测对个体化治疗和健康教育具有重要作用。

PU-5812

## piR-hsa-1282 在急性肾损伤中的作用及机制研究

李杨,王妍,胡玉燕,王琼妮,钱晖

江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 分析 piR-hsa-1282 在 AKI 中的表达变化规律, 分析其表达水平与肾损伤程度的相关性; 探讨 piR-hsa-1282 参与 AKI 发展的作用机制, 为临床治疗 AKI 提供新靶点。

**方法** 收集临床 AKI 患者血清标本并检测 piR-hsa-1282 表达水平。体外建立 LPS 诱导 HK-2 细胞急性损伤模型并检测 piR-hsa-1282 表达变化。western blot 分析 piR-hsa-1282 干扰前后凋亡、炎症相关蛋白的表达变化。TUNEL 法检测细胞凋亡水平改变。RBPDB 数据库筛选预测 piR-hsa-1282 的下游靶点, RIP 实验和 IFA 实验检测下游相关信号通路蛋白水平。利用 CLP 法和顺铂注射构建两种 AKI 小鼠动态模型。qRT-PCR 检测 piR-hsa-1282 在两种 AKI 模型中表达变化。

**结果** 与健康人相比, AKI 患者血清中的 piR-hsa-1282 表达升高。不同浓度 LPS 刺激 HK-2 细胞后, CCK-8 法检测发现细胞活力减弱, cleaved caspase3 和 IL-6 表达增强, qRT-PCR 检测发现 piR-hsa-1282 表达上调。western blot 检测显示敲减 piR-hsa-1282 后, HK-2 细胞中 cleaved caspase3、cleaved caspase9 和 IL-1 $\beta$  表达量下调。TUNEL 实验分析敲减 piR-hsa-1282 后细胞凋亡减弱。RIP 实验表明 piR-hsa-1282 与 FUS 蛋白结合。IFA 结果显示敲减 piR-hsa-1282 抑制 NF- $\kappa$ B p-p65 入核。在 CLP-AKI 和顺铂-AKI 模型中, HE 染色显示受损时间越久, 肾小管空泡、坏死越严重。血清 BUN、Cre 水平逐渐增高。IFA 检测发现 cleaved caspase3 表达也逐渐增高。qRT-PCR 检测发现 piR-hsa-1282 表达水平在 CLP-AKI 和顺铂诱导 AKI 动态模型中呈时间依赖性增高。

**结论** piR-hsa-1282 在 AKI 中高表达, 且具有时态性。piR-hsa-1282 可能通过靶向作用于 FUS 蛋白, 激活 NF- $\kappa$ B 信号通路, 进而促进 AKI 发展。



## PU-5813

**梅毒实验诊断程序研究进展**

童曼莉,杨天赐  
厦门大学附属中山医院

梅毒螺旋体不能体外培养,血清学检查依旧是梅毒实验诊断和疗效监测的主要方法。然而,单一的血清学试验存在着敏感性或特异性的局限。由 2 种或 2 种以上的梅毒血清学试验组合而成的实验诊断程序,有助于提高梅毒实验诊断效能,减少漏诊和误诊。本文阐述梅毒病原学检查、血清学试验,以及实验诊断程序等领域的研究进展,重点介绍目前存在的 3 种实验诊断程序的优缺点,探讨适合的梅毒感染指标的筛查方法,为有关行政主管部门制定梅毒相关法规、规范和诊疗指南提供依据。

## PU-5814

**T-SPOT、TB 联合胸部 CT 检查在肺结核中诊断价值**

侯向萍,龚河军  
新疆生产建设兵团第一师阿拉尔医院

**目的** 探讨结核感染 T 细胞斑点试验(T-SPOT、TB)联合胸部 CT 检查在肺结核临床诊断中的应用价值。

**方法** 选取本院 2018 年 8 月至 2019 年 5 月疑似结核感染的住院或门诊患者 62 例,采用 T-SPOT、TB 试验联合胸部 CT 检查。年龄 18-93 岁,男性 38 例,女性 24 例,男:女之比 1.6:1。分析 T-SPOT、TB 联合胸部 CT 检查对结核感染的诊断价值。

**结果** 1、一般资料

62 例患者中,非结核病 24 例,肺结核病 38 例。其中 CT 诊断阳性率 56% (35/62), T-SPOT、TB 试验阳性 61% (38/62), 二者联合诊断阳性率 64%(40/62), CT 诊断阴性病例中, T-SPOT、TB 试验显示阳性率 54%(34/62), CT 诊断肺结核病 T-SPOT、TB 试验阳性率 58% (30/62)。

2、T-SPOT、TB 试验与胸部 CT 联合检查对诊断肺结核的结果分析

62 例肺结核病例中 T-SPOT、TB 阳性 38 例,胸部 CT 阳性 35 例, T-SPOT、TB 试验的灵敏度 78% (30/38),胸部 CT 检查的灵敏度 84% (32/38), 二者联合检查的灵敏度 92% (35/38), T-SPOT、TB 联合胸部 CT 检查,灵敏度提高。

3、不同民族人群的阳性率

38 例肺结核中维吾尔族阳性率 57% (22/38) 高于汉族 42% (16/38) 阳性率,不同民族比较差异有统计学意义。

**结论** 二者联合检查对肺结核的诊断具有重要价值。因维吾尔族卫生保健意识欠缺,卫生健康知识匮乏,造成阳性率略高于汉族。

## PU-5815

## Gold nanoprobe assay detection of nucleic acid sequence-based amplification products for rapid diagnosis of Invasive Aspergillosis

Wenyao Wu

Affiliated Hospital of Qingdao University

**Objective** Invasive aspergillosis (IA) is a serious and often fatal infection in immunocompromised patients. Owing to the lack of an appropriate detection method for simple and rapid diagnosis of IA resulting in an increasingly morbidity and mortality. In our study, a novel method was established for rapid diagnosis of Invasive aspergillosis.

**Methods** We combined the isothermal RNA amplification technique known as acid sequence-based amplification (NASBA) with the gold nanoprobe which was prepared by a specific pair of primers designed for the conserved regions of 18S rRNA of *Aspergillus* assembling to the surface of the 60nm diameter gold nanoparticles, to detect the Invasive aspergillosis. After the hybridization, the color of the reaction system would change from red to gray or aggregated particles appeared on the reverse-phase chromatography plate. According to European Organization for Research and Treatment of Cancer/Invasive Fungal Infections Cooperative Group and the National Institute of Allergy and Infectious Diseases Mycoses Study Group (EORTC/MSG), 106 samples classified into "proven", "probable" and "possible" were detected by the NASBA-gold nanoprobe method and galactomannan test respectively. The efficiency of the two methods was evaluated.

**Results** The reaction system with *Aspergillus* NASBA products can see the color changes from red to grey, the black agglutination particles appeared on the reverse-phase chromatography plate, other strains were negative. The sensitivity of the NASBA-gold nanoprobe method and GM-ELISA was 82.61% (95%CI, 71.66%-93.56%), 56.52% (95%CI, 42.19%-70.85%), respectively, and the specificity was 81.67% (95%CI, 71.88%-91.46%), 83.33% (95%CI, 72.28%-91.72%). The area under the ROC curve was 0.890 (95%CI 0.829-0.952), 0.723 (95%CI 0.625-0.822).

**Conclusions** In summary, this method was improved to lower the overall assay time and enhance the reproducibility of the detection process. Also, it is a cost-effective and promising assay suited for quick diagnosis even in less developed countries with fewer resources.

## PU-5816

## PCT、NLR 和 PLR 对预测脓毒血症患者预后的价值研究

嵇金陵

淮安市第一人民医院, 223001

**目的** 研究降钙素原 (PCT)、中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR) 及血小板/淋巴细胞比值 (PLR), 在脓毒血症患者的诊断、动态检测及预后评估中的临床意义。

**方法** 收集 2016 年 1 月~2018 年 12 月在我院 ICU 治疗的 363 例脓毒血症患者的临床资料, 根据预后分为存活组 (211 例) 和死亡组 (152 例), 比较两组在 PCT、NLR 和 PLR 之间的差异, 分析各指标对脓毒血症的诊断意义和预后的相关性。

**结果** 存活组与死亡组的性别、白细胞计数、中性粒细胞计数及淋巴细胞计数的比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。生存组年龄 ( $60 \pm 19$ ) 岁、降钙素原 (PCT)  $2.94(0.69-12.85)$  ng/ml, NLR  $[13.28(7.02-22.57)]$ 、PLR  $[180.86(118.03-243.22)]$  较死亡组显著下降 ( $P < 0.05$ ), 血小板

[146(101-218)] $\times$ 109/L 较死亡组显著增高 ( $P<0.05$ )。多因素分析 PCT、NLR 和 ZLR 为影响脓毒血症预后的独立因素 ( $P<0.05$ )。

**结论** PCT、NLR 与 ZLR 同脓毒血症预后密切相关, 可用于辅助诊断及动态检测脓毒症患者。

## PU-5817

### 男性肝病患者空腹血清胃泌素的观察

戴彰

厦门大学附属中山医院

**目的** 研究分析男性慢性肝病患者的空腹血清胃泌素, 为探究肝病患者内分泌变化提供参考。

**方法** 选择 2017 年 1 月~2018 年 1 月我院收治的慢性肝病患者共 200 例为临床研究对象, 其中包括肝炎患者 133 例, 肝硬化患者 67 例; 根据 child-pugh 分级, A 级为 98 例, B 级为 62 例, C 级为 40 例, 并选取同期在我院进行健康体检者 200 例为对照组, 对比分析肝病患者与健康者、肝功能分级及肝病类型患者的空腹血清胃泌素。

**结果** 肝病患者血清胃泌素为  $778.71\pm 210.87\text{pg/ml}$ , 明显高于对照组,  $p<0.05$ , 差异有统计学意义; 肝硬化患者血清胃泌素高于肝炎患者,  $p<0.05$ ; 肝功能分级中, C 级患者血清胃泌素高于 A 级和 B 级,  $p<0.05$ , 差异有统计学意义。

**结论** 男性慢性肝病患者空腹血清胃泌素水平较高, 检测此指标有助于分析肝病患者的肝功能状态。

## PU-5818

### 丙型肝炎患者 HCV-RNA 载量与 HCV-cAg 及 SOD、FFA 相关性分析

方伟祯<sup>1</sup>, 曾无艺<sup>2</sup>, 段朝晖<sup>1</sup>

1. 中山大学孙逸仙纪念医院, 510000

2. 广州医科大学

**目的** 探究丙型病毒性肝炎患者血清中 HCV-RNA 载量与丙型肝炎核心抗原 (HCV-cAg) 及超氧化物歧化酶 (SOD)、游离脂肪酸 (FFA) 的相关性。

**方法** 对 2015 年 1 月至 2019 年 2 月 105 例 HCV-RNA 定量检测为阳性的临床标本, 同时检测其 HCV-cAg 及 SOD、FFA 的含量。

**结果** HCV-RNA 载量与 HCV-cAg、SOD、FFA 水平有显著相关性, 随着患者体内 HCV-RNA 载量的升高, HCV-cAg 阳性率也随之升高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 两者呈正相关; HCV-RNA 载量不同组间 SOD 水平比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), SOD 水平随着患者体内 HCV-RNA 载量的升高而降低, 两者呈负相关关系; 低、中载量组间 FFA 水平比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 而均与高载量组比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** HCV-cAg 与 HCV-RNA 有良好的相关性, 出现时间早且适合基层推广, SOD、FFA 在一定程度上可以反映病情进展情况, 四项指标联合检测可以提高丙型肝炎的早期检出率以及在诊断和监测治疗效果上有重要的临床意义。

PU-5819

## 一种基于微流控芯片的核酸快速提取平台

张建中<sup>1,2</sup>, 苏晓蕊<sup>1,2</sup>, 徐佳素<sup>1,2</sup>, 张师音<sup>1,2</sup>, 葛胜祥<sup>1,2</sup>

1. 厦门大学公共卫生学院

2. 分子疫苗学和分子诊断学国家重点实验室

**目的** 作为核酸检测的重要步骤, 核酸提取存在着操作流程复杂的缺点, 鉴于核酸提取的复杂程序, 这给核酸即时检测 (Point of Care Testing, POCT) 的实现带来了巨大的挑战。目前, 由于微流控技术具备高度集成化、一体化、高效化的特点, 高度契合即时检测的需求。本研究拟尝试使用微流控芯片实现核酸的高效快速提取。为了以更快速和更具成本效益的方式实现核酸即时检测, 我们设计了蛇形管状微流控芯片, 以实现试剂预先存储, 省时, 操作简单的核酸提取。

**方法** 将核酸提取所需的所有试剂, 包括裂解缓冲液, 洗涤缓冲液, 洗脱缓冲液等, 都预装在蛇形管中, 并通过膜阀牢固隔离, 无需使用任何其他设备, 在使用时, 简化了繁琐的人工操作步骤, 操作者在进行实验时只需加入待提取标本, 无需额外的操作步骤。通过集成化的生物芯片和超声装置, 从复杂的血清样品中完成病毒核酸的提取, 并与传统大仪器的核酸提取得率进行比较。我们使用混合了不同血清来源的乙型肝炎病毒 (HBV) 和人类免疫缺陷病毒 (HIV) 作为待提取的样本。

**结果** 微流控芯片上 HBV 和 HIV 提取的变异系数分别为 1.32% 和 2.74%; 对于不同稀释比例病毒标本, 芯片和商品仪器核酸提取得率无统计学意义 ( $P > 0.05$ ,  $\alpha = 0.05$ )。

**结论** 本研究建立的核酸提取装置具有较好的稳定性和灵敏度。

PU-5820

## 2014-2016 年惠州市惠城区流行性感冒的流行病学调查分析

王健, 潘俊辉

惠州市第三人民医院

**目的** 了解 2014 年 1 月-2016 年 7 月惠城区流行性感冒的流行病学特征和不同型别流感病毒的发病情况, 为基层医院预测流感流行趋势并做好流感的预防和控制提供理论依据。

**方法** 收集惠州市第三人民医院的门诊流感样病例和流感病毒抗原检测结果数据, 分析惠城区流行性感冒的流行病学特征。

**结果** 2014 年 1 月-2016 年 7 月惠州市第三人民医院门诊共有 16055 例流感样病例, 发病率为 0.7%。总体上是春夏季高发。在各年龄组中 10 岁以下的发病人数最多。男性发病人数高于女性, 男女比例为 1.28:1。流感病毒抗原检测阳性率为 23.1%, 男性和女性阳性率分别 23.1% 和 23.1%, 差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 0$ ,  $P > 0.05$ )。2014 年和 2015 年以甲型为主, 2016 年甲乙型并存。1 至 8 月份的优势流感病毒抗原主要为甲型; 9 至 12 月份甲乙型混合感染阳性构成比最高。0 岁~、10 岁~与 80~90 岁组的流感病毒抗原检测阳性率较高, 以甲型流感病毒抗原为主。

**结论** 2014 年 1 月-2016 年 7 月惠城区流行性感冒的高发人群为 10 岁以下的少儿, 流行高峰主要出现在春夏季节更替时, 流行的优势流感病毒以甲型为主, 易感人群广泛, 应加强流感监测, 预防流感疫情暴发。

PU-5821

## 小鼠乳腺上皮培养 3D 干细胞层级鉴定

宋暮

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 乳腺上皮干细胞的起源及干祖细胞进一步分化方向一直是颇具争议的一个话题，而此前的研究多针对体内模型，体外培养较体内模型而言，操作简便，周期短，重复性高，因此本文旨在研究乳腺干细胞体外层级分化模型，而 3D 培养较传统的 2D 培养而言，更能模拟体内环境，因而我们对不同形态的乳腺上皮 3D 结构进行上皮特性及分化特性鉴定，可为干细胞分化层级研究提供体外研究基础。

**方法** 本实验研究对象为 C57 雌性小鼠，第一步将 C57 雌性小鼠的乳腺组织取出，经消化后制备乳腺上皮单细胞悬液，然后以 CD24/CD49 进行抗体染色，经流式分选出富含基底相关干细胞群及富含管腔相关干细胞群，最后对这两群细胞进行 3D 培养，得到不同形态的乳腺 3D 结构；第二步通过免疫组化染色鉴定不同形态的 3D 结构的基底及管腔特性；第三步将不同形态 3D 消化成单细胞悬液，进行 2D 集落的培养，待集落成熟后用免疫荧光染色对不同形态 3D 单细胞悬液长成的 2D 集落进行基底及管腔特性的鉴定。

**结果** 1.富含基底干细胞群乳腺上皮单细胞悬液生成较多圆球状实心 3D 结构及花球型实心 3D 结构。富含管腔干细胞群上皮单细胞悬液生成的基本为圆球状空心 3D 结构及少量树杈状空心结构。2.经免疫组化染色显示，圆球状实心 3D 结构和花球型实心 3D 结构同时表达基底相关标志物 K14 及管腔相关标志物 K8，圆球状空心 3D 结构及树杈状 3D 空心结构基本只表达管腔相关标志物 K8。3.2D 集落培养及免疫荧光结果显示，圆球状实心 3D 结构和花球型实心 3D 结构消化单细胞生成的集落为基底和管腔标志物（K14 及 K8）双阳表达，而圆球状空心 3D 结构及树杈状 3D 空心结构生成集落呈管腔标志物 K8 的单阳表达。4.通过对免疫组化量化显示，圆球状 3D 实心结构基底标志物表达程度较花球型实心 3D 结构高。

**结论** 不同形态 3D 结构具有不同的分化层级，其中以圆球状 3D 实心结构最高，花球型 3D 实心结构次之，而圆球状 3D 空心结构和树杈状 3D 空心结构可能为管腔组细胞的两个亚群，其功能有待下一步验证。

PU-5822

## 血清 GPC-3 联合 AFP、PIVKA-II 检测对原发性肝癌的诊断价值

王妮<sup>1,2</sup>, 蔡佳斌<sup>1,2</sup>, 杨丽<sup>1</sup>

1.昆明医科大学第三附属医院 云南省肿瘤医院

2.昆明医科大学

**目的** 探讨血清磷脂酰肌醇蛋白聚糖-3（GPC-3）联合甲胎蛋白（AFP）、异常凝血酶原（PIVKA-II）检测在原发性肝癌（PHC）中的诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 8 月~11 月昆明医科大学第三附属医院 云南省肿瘤医院收治的 PHC 患者 111 例为实验组，同期昆明医科大学第一附属医院、昆明市第三人民医院收治的良性肝病患者 104 例为良性对照组，体检中心体检无异常者 64 例为健康对照组，三组血清标本共 279 例，分别进行 GPC-3、AFP、PIVKA-II 含量测定。血清 GPC-3 水平检测使用瑞典富吉瑞必欧诊断公司生产的 Glypican-3 酶联免疫检测试剂盒；血清 AFP 水平检测使用罗氏 e602 全自动电化学发光分析仪；血清 PIVKA-II 水平检测使用雅培 ARCHITECT i2000sr 免疫发光检测系统。比较不同组别 3 种标记物的浓度表达水平，并分析各项指标单独检测及联合检测对肝癌的诊断价值。

**结果** 1. 3种标记物在不同组血清中的表达水平比较: PHC组 GPC-3、AFP、PIVKA-II 水平均高于肝病组和体检组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 肝病组 GPC-3、AFP、PIVKA-II 水平高于体检组, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

2. 用 ROC 曲线分析各项指标诊断性能, GPC-3 以 0.12 ng/ml 为截断值, 诊断肝癌的 AUC 为 0.698, 敏感性为 64.9%, 特异性为 68.9%; AFP 以 18.81  $\mu\text{g/L}$  为截断值, 诊断肝癌的 AUC 为 0.65, 敏感性为 40.5%, 特异性为 90.9%; PIVKA-II 以 34.77mAU/ml 为截断值, 诊断肝癌的 AUC 为 0.643, 敏感性为 59.5%, 特异性为 77.4%。

3. 3种标记物联合诊断(平行试验)肝癌的 AUC 为 0.761, 敏感性为 84.5%, 特异性为 41.1%。GPC-3 联合 AFP、PIVKA-II 检测诊断的敏感度高于单纯 GPC-3、AFP、PIVKA-II 单项检测。

**结论** 血清 GPC-3 对 PHC 有较大的诊断价值, 通过 GPC-3、AFP、PIVKA-II 联合检测能够提升 PHC 的诊断灵敏度, 使患者得到有效诊断从而延长生存期和提高治愈率。

### PU-5823

## First case report of bacteremia caused by *Solobacterium moorei* in China and literature review

Wenjing Liu  
peking union medical college hospital

**Objective** *Solobacterium moorei*, the only species in the genus *Solobacterium*, is a Gram-positive, non-spore-forming, strict anaerobic, short to long bacillus. It has rarely been documented to cause blood stream infections. Here we report the first case of bacteremia caused by *S.moorei* in China.

**Methods** Antimicrobial susceptibility of *S.moorei* was determined by the Etest gradient method according to the manufacturer's instructions. 16S rRNA gene sequencing was performed to reliably identify the organism.

**Results** A 61-year-old male presented to Peking Union Medical College Hospital (Beijing) with thrombotic thrombocytopenic purpura (TTP) and several other underlying diseases. He also had persistent coma accompanied by intermittent convulsions, halitosis, and intermittent fever. Blood cultures taken when the patient had a high fever were positive, with the anerobic bottle yielding an organism identified as *S.moorei* by 16S rRNA gene sequencing, whilst the aerobic bottle grew *Streptococcus mitis*. After replacement of venous pipeline, and empirical use of vancomycin and meropenem, the patient's body temperature and white blood cell count returned to normal. Unfortunately, the patient died of severe TTP.

**Conclusions** This is the first case report of *S. moorei* isolation from blood stream in China. 16S rRNA gene sequencing is the only method that can identify *S. moorei*. Blood cultures must be taken before administration of antibiotics, and anaerobic culture should be considered for such rare pathogens in patients with oral diseases and immune deficiency

## PU-5824

## 胎球蛋白 A、脂联素及胎球蛋白 A/脂联素比值 与代谢综合征的相关性

孙明忠,居会祥,周中卫,陈红梅

盐城市第三人民医院

**目的** 胎球蛋白 A (AHSG)与脂联素 (APN)均与代谢综合征 (MS) 相关组分如肥胖、胰岛素抵抗及糖脂代谢紊乱密切相关,但两者在调节机体代谢活动中调节方向相反,本研究旨在探讨 AHSG、APN 及 AHSG/APN 比值分别在男性人群及女性人群中与 MS 的相关性。

**方法** 采用随机数字表法选取本院体检者 1500 例。排除患有心脑血管疾病、肝肾功能不全、恶性肿瘤、自身免疫性疾病及其他代谢性疾病等,最后入选者为 1336 例,其中男 726 例,女 610 例。采用 ELISA 法检测血清 AHSG 及 APN 水平,同时计算 AHSG/APN 比值;另收集和检测相关人体参数数据及相关临床生化参数数据,采用 SPSS 20.0 统计学软件进行统计分析。

**结果** 男性人群及女性人群中 MS 组 AHSG 及 AHSG/APN 比值均显著高于非 MS 组,APN 则反之 ( $P<0.01$ );在以是否为 MS 为因变量,AHSG、APN 及 AHSG/APN 比值为自变量并校正相关混杂因素的 logistic 回归模型中,与最低四分位数相比,AHSG/APN 比值的最高四分位数与 MS 关系的 OR 及 95%CI 在男性人群及女性人群中分别为 5.184 (2.433-8.585)及 6.636 (3.284-10.792),而 AHSG 的对应值为 2.536 (1.402-4.477)及 3.182 (1.793-5.852)、APN 的对应值为 0.417 (0.259-0.683)及 0.362 (0.229-0.630)。ROC 曲线分析显示,AHSG、APN 及 AHSG/APN 比值诊断 MS 的 ROC 曲线下面积在男性人群中分别为 0.682、0.647 及 0.725,在女性人群中分别为 0.669、0.731 及 0.774;在男性人群中,当 AHSG/APN 比值取最佳临界值 32.20 时,其对应的敏感度和特异度分别为 0.682 及 0.656;在女性人群中,当 AHSG/APN 比值取最佳临界值 29.58 时,其对应的敏感度和特异度分别为 0.765 及 0.673。

**结论** 无论在男性人群还是女性人群中,AHSG/APN 比值与 MS 的相关度均明显强于 AHSG 或 APN,但在女性人群中表现尤为显著;在比较三者对 MS 的诊断价值中,AHSG/APN 比值对 MS 诊断效能均明显优于 AHSG 或 APN,但在女性人群中诊断效能更高。

## PU-5825

## 洗液温度对 ELISA OD 值及结果的影响

郑水华

珠海市中西医结合医院 (珠海市第二人民医院)

**目的** 探索不同温度的洗液对 ELISA OD 值及结果的影响

**方法** 以检测 HBsAg 为例,对 54 标本 (分组为:阴性 21 例、弱阳性 9 例、阳性 24 例) 进行 3 次 ELISA 重复实验,在洗板时使用 3 种不同温度 (温度分别为:4℃、22℃、37℃) 的洗液洗板,其余操作步骤均严格一致。最后通过 ELISA 的 OD 值结果比较,判断其影响有无差异

**结果** 1、在“4℃”、“22℃”、“37℃”三种温度洗液间,各分组标本 ELISA 的 OD 值统计分析,  $P>0.05$ ,均无差异。2、各组在不同温度洗液的 ELISA 判读结果均相符。

**结论** 洗液不同温度对 ELISA 的 OD 值及结果判断无影响

## PU-5826

## 高血压动脉粥样硬化患者血清 APN 和 MIP-1a 与颈动脉和心血管病变的关系

孙萍,许青霞,周丽莉,张瑞丽,盛家和

河南省肿瘤医院,450000

**目的** 探讨高血压动脉粥样硬化患者血清中 APN 和 MIP-1a 与颈动脉病变程度及心血管事件的关系

**方法** 回顾性分析我院 2017 年 9-2019 年 2 月期间, 确诊为高血压合并颈动脉粥样硬化患者 75 例作为研究对象, 所有患者均采用酶联免疫吸附法检测患者血清中 APN 和 MIP-1a 水平, 探讨不同颈动脉病变程度患者血清中 APN 和 MIP-1a 水平, 并采用 logistics 回归分析探讨患者心血管事件发生的危险因素。

**结果** APN 高水平组患软斑块、符合斑块发生率为 39.5%、31.3%明显高于低水平组患者; MIP-1a 高水平组患者软斑块、符合斑块发生率为 41%、32.1%明显高于低水平组患者, 扁平斑块、硬斑块发生率分别为 16.7%、12.7%明显低于低水平组, APN 高水平组患者内-中膜厚度、斑块面积分别为  $2.3\pm 1.2$ 、 $2.6\pm 1.1$  明显高于对应低水平组患者, MIP-1a 高水平组患者分别为  $2.3\pm 1.4$ 、 $2.8\pm 1.4$  明显高于对应低水平组患者, APN ( $P=0.01$ )、MIP-1a ( $P=0.04$ ) 是患者心血管事件的独立风险因素

**结论** 高血压动脉粥样硬化患者血清中 APN 和 MIP-1a 与颈动脉病变程度及心血管事件的密切相关。

平组患者分别为  $2.3\pm 1.4$ 、 $2.8\pm 1.4$  明显高于对应低水平组患者, APN ( $P=0.01$ )、MIP-1a ( $P=0.04$ ) 是患者心血管事件的独立风险因素;

## PU-5827

## Recombinant Treponema pallidum protein Tp47 induces angiogenesis by modulating the MMP/TIMP balance in endothelial cells

Zhengxiang Gao,Tian-Ci Yang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University, Xiamen

**Objective** In this study, we intend to determine the role of recombinant Treponema pallidum protein Tp47 in prompting angiogenesis of endothelial cells and relative mechanisms.

**Methods** A recombinant Treponema pallidum protein Tp47 was used to evaluate its pro-angiogenic activity on human umbilical vein endothelial cells (HUVECs) and to explore the balance of Matrix metalloproteinase (MMP) / tissue inhibitor of metalloproteinase (TIMP) and mechanisms underlying the involvement of the Akt/mTOR/S6 signalling pathways in this process.

**Results** Under stimulation by Tp47, HUVECs exhibited obvious proliferation, migration and tube formation. In addition, in a zebrafish embryo model, the apparent promotion of angiogenesis by Tp47 was observed. In the process of angiogenesis, the levels of MMP-1 and MMP-10 significantly elevated, but the levels of TIMP-1 and TIMP-2 did not change. In addition, after transfection with siRNAMMP-1 and siRNAMMP-10, migration and tube formation were significantly inhibited. The Akt/mTOR/S6 signalling pathways were found to be involved in the upregulation of MMP-1 and MMP-10 expression, and the sequential blockade of these signalling steps effectively prevented Tp47-induced angiogenesis.

**Conclusions** These findings revealed the underlying mechanism of angiogenesis promoted by Tp47, namely, upregulating MMP-1 and MMP-10 expression to disrupt the MMP/TIMP balance



through the Akt/mTOR/S6 pathway. These findings could provide another novel step towards the syphilis pathophysiology.

PU-5828

## 临床试验用医疗器械、体外诊断试剂临床验证 监管存在的问题与对策

胡汉宁<sup>1</sup>,陈薇<sup>1</sup>,吴建元<sup>2</sup>

1.武汉大学中南医院,430000

2.武汉大学中南医院临床试验中心

**目的** 当前我国临床试验用医疗器械（包括临床检验器械）和外诊断试剂（IVD）的研发正飞速发展，产品类型各异，然而上市前临床验证的产品源源不绝，为保证医疗器械和 IVD 的安全性、有效性与一致性，对于医疗器械、IVD 临床验证的规范性和数据质量的要求势必会越来越严格。如何加强监管，发现问题解决问题势在必行。

**方法** 近年来经过了 2015 年 7 月 22 日，习总书记提出的“四个最严”要求，我国医疗器械临床试验监管工作取得了很好的成效。随着对医疗器械临床试验认识的不断深入，该规定的不足之处逐渐显露出来。为了解决医疗器械临床试验管理面临的新问题，依据原国家食品药品监督管理总局（以下简称 CFDA）与原国家卫计委于 2016 年 3 月联合发布《医疗器械临床试验质量管理规范》（简称《医疗器械 GCP》），内容涵盖医疗器械、IVD 临床试验的全过程，条款全面清晰，具有指导性与操作性，既保障了临床试验受试者的权益，也保证了临床试验结果的科学性。

**结果** 然而，医疗器械临床试验监管中仍然存在一些问题值得思考和讨论：如开展临床试验的医疗器械、IVD 产品数量较多，各方监管职责不明确，临床试验工作缺乏技术性指导，临床试验申办方、研究者及合同研究组织缺乏规范化意识。文中立足监管主体给出解决问题的建议，比如，医疗器械临床试验机构如何进行备案工作；哪些医疗器械的注册可以免除临床试验；哪些可以接受境外临床试验数据；对拓展性临床试验所持的态度；对创新型医疗器械伦理审批的立场；临床试验数据完整性及真实性问题如何处理等给出了相应的对策。

**结论** 对医疗器械、IVD 临床验证的规范性实施，产品注册相关方面提出相应的建议与对策，有一定的指导意义。

PU-5829

## ε-多聚赖氨酸对白色念珠菌抑菌活性及机制研究

余甜,魏莲花

甘肃省人民医院,730000

**目的** 了解 ε-多聚赖氨酸对白色念珠菌的抑菌活性，以及对主要毒力菌丝、生物膜的影响，并进一步探究 ε-多聚赖氨酸对白色念珠菌抑菌机制。

**方法** 参照 CLSI-M27 文件微量稀释法测定 ε-多聚赖氨酸的 MIC、MFC 和 SMIC<sub>50</sub> 值；微量比浊法绘制 48h 内的浮游菌株时间-生长曲线；结晶紫法测定 ε-多聚赖氨酸对白色念珠菌生物膜形成过程以及成熟生物膜的影响，并绘制生物膜抑制-时间曲线；激光共聚焦显微镜观察 ε-多聚赖氨酸干预白色念珠菌后生物膜形态；光学显微镜观测并记录 4h 内的芽管形成率和芽管长度，并拍摄白色念珠菌在含有不同浓度药物的诱导菌丝培养基中菌丝的形成情况；使用碘化丙啶测定药物处理前后白色念珠菌细胞膜的损伤情况。荧光分光光度计测定 ε-多聚赖氨酸处理前后白色念珠菌菌体内 ROS 活性氧含量；丙二醛（MDA）测定 ε-多聚赖氨酸作用前后白色念珠菌细胞膜脂质氧化程度；紫外分光光度计测定白色念珠菌细胞内和线粒体内细胞色素 C 的含量变化；荧光 PCR 检测白色念珠菌

氧化应激通路和主要毒力基因的变化；飞行质谱仪检测白色念珠菌不同浓度药物作用前后蛋白谱的变化。

**结果**  $\epsilon$ -多聚赖氨酸对白色念珠最低抑菌浓度（MIC）为 512 $\mu$ g/mL，最低杀菌浓度（MFC）为 1024 $\mu$ g/mL，SMIC50 为 512 $\mu$ g/mL； $\epsilon$ -多聚赖氨酸对白色念珠菌浮游菌及生物膜抑制作用与药物浓度呈正相关，在生物膜形成早期即可以看到显著的抑制作用； $\epsilon$ -多聚赖氨酸对白色念珠菌生物膜形成过程和成熟生物膜均有显著的抑制作用；激光共聚焦实验结果表明  $\epsilon$ -多聚赖氨酸可以抑制生物膜内的菌体增殖并降低成熟生物膜厚度；高浓度的  $\epsilon$ -多聚赖氨酸对白色念珠菌的芽管形成率、芽管长度具有明显抑制作用； $\epsilon$ -多聚赖氨酸作用于白色念珠菌细胞膜损伤程度与药物浓度大小成正相关。 $\epsilon$ -多聚赖氨酸作用白色念珠菌后导致菌体内 ROS 活性氧累积、脂质氧化程度加剧，且与药物浓度呈现正相关性； $\epsilon$ -多聚赖氨酸诱导白色念珠菌线粒体中的细胞色素 C 释放至细胞内；荧光 PCR 结果显示  $\epsilon$ -多聚赖氨酸作用白色念珠菌诱导氧化应激基因高表达、毒力基因低表达； $\epsilon$ -多聚赖氨酸作用于白色念珠菌后菌体的质谱图中的主峰出现了明确的变化。

**结论**  $\epsilon$ -多聚赖氨酸在体外对白色念珠菌浮游菌株和生物膜均有显著的抑制作用。

## PU-5830

### miR-146b/Merlin/YAP 通路在 hucMSC-Ex 延缓糖尿病肾病中的作用机制研究

王琼妮,纪成,尹思琪,胡玉燕,孙丰田,钱晖

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室，江苏省检验医学重点实验室，江苏大学医学院

**目的** 本文研究 miR-146b 在糖尿病肾病（diabetic kidney diseases, DKD）发生发展中的重要作用并探讨其作为早期 DKD 标志物的可能性；明确 hucMSC-Ex 调控 miR-146b/Merlin/YAP 信号轴延缓 DKD 的作用机制，为临床应用提供新的实验依据。

**方法** 收集临床血清标本，检测 miR-146b 表达；高脂饮食及 STZ 诱导 SD 大鼠构建 DKD 模型，正常大鼠做对照，hucMSC-Ex 干预治疗；取造模 16 周肾组织，检测 miR-146b 表达量；TargetScan 预测 miR-146b 靶基因为 Merlin，调控 Hippo/YAP 信号通路，双荧光素酶报告基因实验进行验证，Western Blot 检测各组 Merlin/YAP 表达量；体外实验以大鼠肾小球系膜细胞（HBZY-1）为模型，分为低糖组、高糖组、hucMSC-Ex 修复组，qRT-PCR 检测 miR-146b 表达量。Western Blot 与 qRT-PCR 检测 Merlin 及下游分子表达量。过表达/敲减 HBZY-1 中 miR-146b，Western Blot 及 qRT-PCR 检测 Merlin 及下游分子表达差异。

**结果** 比较正常人及糖尿病人血清中 miR-146b 表达，结果显示 miR-146b 在糖尿病组表达升高。体内实验显示 miR-146b 在 DKD 组升高，hucMSC-Ex 组下降；双荧光素酶报告基因实验证明 Merlin 为 miR-146b 的靶基因，Western Blot 结果显示 DKD 组 Merlin 下调，YAP 上调；hucMSC-Ex 组 Merlin 上调、YAP 下调。体外实验显示 miR-146b 在高糖组升高，hucMSC-Ex 组下降。Western Blot 结果显示 Merlin 蛋白在高糖组下调，hucMSC-Ex 组上调。过表达 miR-146b 后，Western Blot 与 qRT-PCR 结果显示 Merlin 下调，YAP 上调；敲减后，Western Blot 与 qRT-PCR 结果显示 Merlin 表达上调，YAP 下调。

**结论** miR-146b 在糖尿病肾病体内及体外模型中表达升高；hucMSC-Ex 能降低其表达，改善肾功能。miR-146b 的下游靶基因为 Merlin，通过 Hippo/YAP 信号通路作用于糖尿病肾病。

## PU-5831

## 肺结核患者血液及痰标本中检出非 O1/非 O139 群霍乱弧菌的报道

孙增辉,朱丛,杨小兰,邱淑妍,李峻雅

惠州市第三人民医院

**目的** 对 ICU 肺结核患者送检的 1 例血液及痰标本中分离得到的疑似霍乱弧菌进行系统鉴定。

**方法** 对该菌株进行生化试验、血清学诊断、16S-RNA 及病例随访调查,同时采用 K-B 法对多种抗生素进行药敏实验。

**结果** 综合生化试验、血清学诊断及 16S RNA 鉴定该菌株为非 O1/非 O139 群霍乱弧菌,此患者为菌血症无症状带菌者,仅表现为肺部感染相关表现。

**结论** 患者为一例确诊的肺结核患者,存在非 O1/O139 群霍乱弧菌血流感染及肺部感染,为无消化道症状的带菌者,对肺 O1/O139 群霍乱弧菌的诊断出常规形态学检查及生化鉴定外,更重要的是血清学检查和患者随访咨询,分子生物学诊断将有效促进菌株鉴定及相关分析的研究。

## PU-5832

## 白细胞形态参数在感染性疾病的鉴别诊断和程度判断中的临床价值

张文萍,张仲明

深圳市第三人民医院,518000

**目的** 研究血球仪上白细胞形态参数在感染性疾病中的临床诊断价值。

**方法** 选取 104 例患者为研究对象,其中 39 例为健康体检患者,另外 65 例为不同科室的感染患者,并根据回顾性的临床诊断分为急性病毒感染组(20 例),细菌感染组(26 例)和脓毒症组(19 例),收集患者 EDTA-K2 抗凝全血样本在迈瑞 BC-6800Plus 全自动血细胞分析仪进行检测,对 BC-6800Plus 中 SF-Cube 技术平台输出的白细胞形态学新参数中性粒细胞、淋巴细胞在散射光和荧光方向下的位置以及分布信息在不同分组之间的差异进行方差分析,并应用 Tukey-Kramer 方法进行组间的两两比较,同时对白细胞形态参数用于诊断细菌感染、脓毒症的效能进行 ROC 分析。

**结果** Neu-FLW 参数在细菌感染组和脓毒症组,较正常体检组有显著性的偏高( $P<0.001$ ), Neu-X 也具有相同的表现( $P=0.0257$ ,  $P=0.0004$ ), Neu-FLW 参数在急性病毒感染组也有较正常体检组显著性的偏高( $P=0.026$ ),但升高幅度弱于脓毒症组( $P=0.0035$ ); Neu-Y 参数在脓毒症中较细菌感染组升高更加显著( $P=0.0255$ ); Lym-X 参数在急性病毒感染组较正常体检组显著偏低( $P=0.043$ ),在脓毒症组则较正常体检组显著偏高( $P=0.046$ );同时,应用白细胞形态参数对细菌感染、脓毒症的诊断进行 ROC 分析,发现 Neu-FLW 参数在预测细菌感染时的 AUC 为 0.859,当 cut-off 值在 205.57 时,其灵敏度和特异性分别为 0.849 和 0.758;在预测脓毒症时的 AUC 为 0.826,当 cut-off 值在 205.57 时,其灵敏度和特异性分别为 0.947 和 0.563,说明 Neu-FLW 参数在筛查细菌感染,尤其是脓毒症中具有非常良好的价值。

**结论** BC-6800Plus 血液细胞分析仪上产生的白细胞形态参数有助于辅助临床判断病原微生物感染类型,有助于临床对脓毒症做出更加准确的预测,且方法实现简便、快速、低廉,可作为临床实验室首选的感染类型鉴别和程度感染的常用参考依据之一。

## PU-5833

 **$\epsilon$ -聚赖氨酸对鲍曼不动杆菌生长及生物膜形成的影响**

史文静,魏莲花  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 研究  $\epsilon$ -聚赖氨酸对鲍曼不动杆菌菌株的生长和生物膜形成有无作用,探究其对鲍曼不动杆菌的作用机制。

**方法** 以鲍曼不动杆菌标准菌株 ATCC19606 和鲍曼不动杆菌的临床菌株进行试验研究。根据 CLSI-M100 采用微量肉汤稀释的方法来测定最低抑菌浓度 (Minimum Inhibitory Concentration, MIC), 及最小杀菌浓度 (Minimum Bactericidal Concentration, MBC), 通过酶标仪来观察鲍曼不动杆菌标准菌株 ATCC19606 的生长曲线, 通过 96 孔板结晶紫染色检测每种菌株的生物膜的形成情况。比较测定药物处理前和用药物处理后菌体丙二醛 (MDA) 和活性氧 (ROS) 的含量。

**结果**  $\epsilon$ -聚赖氨酸对 ATCC19606 和临床菌株的 MIC 均为 4.096mg/mL, MBC 均为 8.192 mg/mL。随着  $\epsilon$ -聚赖氨酸浓度的增加, 鲍曼不动杆菌生长和生物膜的抑制作用越来越明显。从抑菌-时间曲线结果来看,  $\epsilon$ -聚赖氨酸对鲍曼不动杆菌标准菌株 ATCC19606 的浮游菌在大约 6h 前后就显示出了明显的抑制作用。鲍曼不动杆菌使用  $\epsilon$ -PL 作用后丙二醛 (MDA) 和活性氧 (ROS) 含量升高。

**结论**  $\epsilon$ -PL 作为一种安全有效的天然防腐剂, 能有效抑制鲍曼不动杆菌细菌的生长和生物膜的形成, 使用  $\epsilon$ -PL 作用后可以使鲍曼不动杆菌菌内产生大量的活性氧 (ROS) 和丙二醛 (MDA), 提示  $\epsilon$ -PL 可能通过氧化作用发挥抑菌效果。

## PU-5834

**临床医学检验中血液细胞检验的质量控制方法探究**

王富伟,魏爱婷  
漯河医学高等专科学校第三附属医院

**目的** 分析临床医学检验工作中影响血液细胞检验质量的因素,同时对质量控制方法进行总结。

**方法** 选取所在医院 2018 年 3 月至 2018 年 12 月期间来我院就诊的 83 例符合研究条件的血液细胞检验受检者, 所选受检者血型均相同, 同时均接受正规血液细胞检验, 对血液细胞检验情况进行分析, 分析各个流程 (包括血液标本采集、抗凝处理及储存) 可能对检验结果所产生的影响。

**结果** 1:5000 和 1:10000 血液稀释比例的血液标本, 在白细胞 (WBC)、红细胞 (RBC)、血红蛋白 (HGB)、血小板 (PLT) 对比上存在明显差异 ( $P < 0.05$ ); 在相同室温下, 放置时间 0.5h、3h、6h, 白细胞 (WBC)、红细胞 (RBC)、血红蛋白 (HGB)、血小板 (PLT) 含量存在明显差异 ( $P < 0.05$ ); 低温条件下, 血液标本放置 0.5h、3h, 检验结果存在较大差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血液细胞检验质量的影响因素比较多, 稀释比例、标本放置时间、放置温度等均会对检验结果产生较大影响。基于此, 应在开展血液细胞检验时严格对每个环节进行严格把关, 采取必要措施, 最大程度保证检验结果正确性。

## PU-5835

应用探针熔解曲线法快速筛查常见缺失型  $\alpha$ -地中海贫血

李恋湘

珠海市妇幼保健院,519000

**目的** 探讨探针熔解曲线法在常见缺失型  $\alpha$ -地中海贫血快速诊断中的应用。

**方法** 选取已经单管多重 PCR 法 (gap-PCR) 结合 DNA 测序方法确诊为 3 种常见缺失型  $\alpha$ -地贫血标本 158 份 (羊水标本 13 份), 其中  $\alpha\alpha/\alpha\alpha$  型 71 例、-3.7 $\alpha/\alpha\alpha$  型 17 例、-4.2 $\alpha/\alpha\alpha$  型 23 例、-3.7 $\alpha/-3.7\alpha$  型 2 例、-4.2 $\alpha/-4.2\alpha$  型 4 例、--SEA/ $\alpha\alpha$  型 28 例、-3.7 $\alpha$ --SEA 型 5 例、-4.2 $\alpha$ --SEA 型 6 例、--SEA/--SEA 型 2 例, 通过盲法方式, 采用探针熔解曲线法进行检测其缺失型  $\alpha$ -地贫以评价该技术的特异性、准确度和可靠性。

**结果** 探针熔解曲线法对 3 种常见缺失型  $\alpha$ -地贫基因型诊断与经 gap-PCR 结合 DNA 测序方法确诊的结果完全一致, 准确度达到 100%。

**结论** 探针熔解曲线法对 3 种常见缺失型  $\alpha$ -地贫基因型诊断与经 gap-PCR 结合 DNA 测序方法确诊的结果完全一致, 准确度达到 100%。结论 探针熔解曲线法能快速准确检测 3 种常见缺失型  $\alpha$ -地贫, 可用于大规模人群筛查及产前诊断。

## PU-5836

A seroepidemiological survey of *Mycoplasma pneumoniae* infection in patients from a general hospital in Beijing: a 10-year retrospective study

Wenjing Liu

peking union medical college hospital

**Objective** To analyze the seroepidemiologic data of *Mycoplasma pneumoniae* (*M. pneumoniae*) infection and follow-up pediatric inpatients for antibiotics medication.

**Methods** Serodia Mycoll particle agglutination assay was routinely used to detect serum antibodies against *M. pneumoniae* in patients in Beijing from Jan 2008 to Dec 2017, and retrospective study was used to analyze the results.

**Results** In the total of 12,985 serum samples, 15.0% (1,950/12,985) was tested to have anti-*M. pneumoniae* antibodies in 1:160 titers or greater (acute antibody). The prevalence of acute antibody in female patients was 17.7% (1,133/6,410), which was significant higher than 12.4% (817/6,575) in male patients ( $\chi^2 = 70.089$ ,  $P < 0.001$ ). The peak season of *M. pneumoniae* infection was found in autumn with 17.8% (561/3,160) positive rate of acute antibody, the difference among four seasons was statistically significant ( $\chi^2 = 30.352$ ,  $P < 0.01$ ). The highest prevalence (45.5%, 356/783) of acute antibody was observed in school-age (6-10 years old) patients. Compared with patients from other sources, pediatric patients from both outpatients and hospitalized were found to have the highest rate of acute antibody (36.6% and 26.3%, respectively). Compared with patients with other diseases, patients with community-acquired pneumonia (CAP) were found to have the highest prevalence (25.6%, 360/1,405) of acute antibody to *M. pneumoniae*. 254 pediatrics patients with acute antibody to *M. pneumoniae* and completed medical records were followed-up, 176 of 254 (69.3%) were medicated with macrolide antibiotics, 12 (4.7%) with cephalosporin, 59 (23.2%) without antibiotic or only symptomatic treatment; The average period of antibiotics medication was between 3 to 21 days (mean 8.2 days), 8 (3.1%) patients were cured, 177 (69.7%) patients were shown improvement and 10 (3.9%) patients had poor response.

**Conclusions** Female patients were more often to be infected with *M. pneumoniae* than male patients. 6-10 years old children and patients with CAP were found to have most frequent of acute *M. pneumoniae* infection compared with patients of other age groups or with other diseases. Macrolide antibiotic is still first choice for physicians to treat *M. pneumoniae* infection and the outcome seems moderated.

## PU-5837

### 外泌体 circ50547 作为胃癌诊断标志物的潜在价值及作用机制研究

王蓉蓉,梁照锋,王君怡,郭文浩,钱晖,许文荣  
江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 检测胃癌患者组织、血清和血清外泌体 (exosomes) 内 circ50547 的表达情况, 阐明 circ50547 在胃癌中的生物学作用及分子机制, 为胃癌的诊断和治疗提供新的分子标志物和靶点。

**方法** 采用透射电镜、纳米颗粒跟踪分析仪、Western-blot 检测血清 exosomes 的形态、粒径、表面标记蛋白。收集胃癌患者的组织及癌旁组织, 胃癌患者及健康人血清, 采用 qRT-PCR 检测组织、血清及血清 exosomes 中 circ50547 的表达水平; 绘制 ROC 曲线, 分析其诊断效能; 结合临床病理资料, 分析 circ50547 的表达水平与临床病理参数间的相关性。采用 siRNA 转染胃癌细胞株敲减 circ50547 并验证。生长曲线和平板克隆形成实验检测转染前后细胞增殖能力; Transwell 迁移侵袭实验检测细胞迁移和侵袭能力; 流式细胞仪检测细胞凋亡。利用生物信息学软件预测与 circ50547 结合的 miRNAs, 并采用荧光素酶报告基因实验进行验证。

**结果** 胃癌患者和健康人血清提取的 exosomes 为“杯状”或“盘状”的膜性小囊泡, 直径大小在 100nm 左右, 表达 exosomes 膜表面标志物 CD9、CD63、CD81。qRT-PCR 检测结果显示 circ50547 在胃癌组织、胃癌患者血清及血清 exosomes、胃癌细胞及细胞上清 exosomes 中显著高表达, 且 circ50547 的表达水平与患者年龄、TNM 分期相关。在胃癌细胞株 HGC-27 和 AGS 中转染 siRNA 后, circ50547 表达下调。敲减 circ50547 抑制胃癌细胞增殖、克隆形成、迁移、侵袭, 诱导细胞凋亡。生物信息学软件预测发现 circ50547 具 miR-217 结合位点。

**结论** Circ50547 在胃癌组织、胃癌血清及血清 exosomes 中显著高表达, 是胃癌诊断潜在的新型分子标志物。Circ50547 促进胃癌细胞增殖、迁移和侵袭。

## PU-5838

### 血清 LDH、HBDH、胆红素、可溶性 CD44s 和 SF MA 和 MDS 鉴别诊断中的作用研究

李色,李新丽  
成都市第六人民医院,610000

**目的** 通过比较巨幼细胞性贫血 (megaloblastic anemia, MA) 和骨髓增生异常综合征 (myelodysplastic syndromes, MDS) 患者血清乳酸脱氢酶 (lactate dehydrogenase, LDH)、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 ( $\alpha$ -hydroxybutyrate dehydrogenase,  $\alpha$ -HBDH 简写 HBDH)、胆红素 (Bilirubin)、可溶性 CD44s 和铁蛋白 (SF) 水平, 探讨其水平对于鉴别诊断两种疾病是否具有指导意义。

**方法** 回顾分析我院自 2016 年 1 月至 2018 年 12 月明确诊断为 MA 的 29 例患者和 25 例 MDS 的患者的血清 LDH、HBDH、胆红素及可溶性 CD44s 和 SF 测定水平, 健康成人 20 例作为对照, 应用 SPSS19.0 软件进行统计学处理, 对两组之间及各指标之间进行两两比较和相关性分析, 观察 MA 和 MDS 之间有无差异, 这些指标分别与 MA 和 MDS 是否有相关性。

**结果** (1) 29 例 MA 患者组中 27 例 (93.1%) 血清 LDH 和 HBDH 水平明显增高, 且有 23 例 (79.3%) 表现不同程度黄疸, 以 26 例 (89.7%) 间接胆红素 (IBIL) 增高为主; 25 例 MDS 患者组中 19 例 (76%) 血清 LDH、HBDH 处于正常范围, 24% 略高, 胆红素基本处于正常范围。(2) MA 组和 MDS 组中 HBDH 与 LDH 水平均具有高度相关 ( $P < 0.01$ ) 且 MA 患者血清 LDH 和 HBDH 均与总胆红素 (TBIL) 及 IBIL 呈显著相关 ( $P < 0.05$ ); MA 组和 MDS 组水平均高于对照组。(3) MDS 组血清可溶性 CD44s 水平明显高于对照组与 MA 组 ( $P < 0.05$ ), MA 组与对照组比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。(4) MDS 组与 MA 组血清 SF 水平均明显高于对照组, 两两比较 MDS 组 SF 水平高于 MA 组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** MA 患者血清 LDH、HBDH 及胆红素明显高于 MDS 患者; MDS 组血清可溶性 CD44s、SF 水平明显高于 MA 组。MA 患者血清 LDH、HBDH 及胆红素的增高与骨髓内原位溶血、红细胞破坏增加有关, 因此, 血清可溶性 CD44s、SF、LDH、HBDH 和胆红素的测定对于临床鉴别诊断 MA 和 MDS 具有临床指导意义。

## PU-5839

### 2016-2017 年儿童碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌的分布特点和耐药性分析

王冰洁, 潘芬, 张泓

上海市儿童医院, 上海交通大学附属儿童医院

**目的** 了解我国儿童人群中碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 (CRE) 分布及耐药现状, 为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 2016 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日, 收集国内十所三级甲等儿童医院, 采用纸片扩散法 (KB 法) 和仪器法对 CRE 菌株进行药敏试验, 采用美国临床实验室标准化协会 (CLSI) 2017 年版判断结果。不同组分离菌株耐药率采用 WHONET 5.6 统计分析软件进行分析。

**结果** 共收集 3065 株 CRE 临床分离株, 总体检出率为 7.7%, 新生儿组检出率 (13.5%) 较非新生儿组 (5.8%) 高, 2017 年 CRE 常见菌种检出率较 2016 年均不同程度的上升。3065 株 CRE 分离株前 5 位分别是肺炎克雷伯菌 1912 株 (62.0%)、大肠埃希菌 667 株 (22.0%)、阴沟肠杆菌 206 株 (7.0%)、产气克雷氏菌 (56 株, 2%)、粘质沙雷菌 (47 株, 2%)。主要分布科室为新生儿科 (含 NICU)、重症监护室 (ICU), 分别占 45%、20%。呼吸道标本 (62.0%)、尿液标本 (19.0%)、血液标本 (6%) 是 CRE 分离株的主要来源。药敏结果显示, CRE 菌株对亚胺培南、美罗培南、厄他培南等碳青霉烯类抗菌药物以及青霉素类、大多数头孢菌素类呈高度耐药, 尤其是新生儿组, 另外儿童对阿米卡星、妥布霉素、磷霉素等氨基糖苷类、氟喹诺酮类、替加环素等耐药率相对较低, 均小于 50%, 目前未分离到多粘菌素 B 耐药株。

**结论** 儿童尤其是新生儿对临床常用抗菌药物耐药形势十分严峻, 应引起高度重视并及时采取措施

## PU-5840

### 骨微环境细胞因子在肺癌骨转移诊断和监测中的价值

滕小艳, 魏丽荣, 杨莹, 杜玉珍

上海交通大学附属第六人民医院 (东院)

**目的** 肺癌发生骨转移将严重影响患者的生存质量, 并导致生存期缩短。现有的骨转移诊断手段存在局限性, 多无法对肺癌骨转移进行及时诊断和治疗监测。肺癌细胞转移到骨组织, 与骨微环境成骨细胞、破骨细胞以及基质细胞通过细胞因子交互作用, 使得肿瘤细胞生存并增殖, 破坏骨组织。骨微环境中的成骨细胞分泌 CaN 和 OPG, CaN 促进破骨细胞的分化成熟, OPG 抑制破骨细胞形

成,阻止肿瘤细胞的凋亡从而促进其存活和生长;骨微环境中的肿瘤细胞分泌 PTHrP 和 IL-6 促进破骨细胞的分化和骨吸收,进而介导骨质破坏。本研究旨在检测肺癌患者(有或无骨转移)血清中骨微环境细胞因子(CaN、OPG、PTHrP 和 IL-6)的浓度水平,探讨这些细胞因子在骨转移诊断和监测中的价值。

**方法** 以 2015 年 10 月-2018 年 8 月来我院就诊的 205 例原发肺癌 IV 期患者(骨转移组 127 例和无骨转移组 78 例)及健康志愿者 106 例为研究对象;采用 ELISA 和 ECLIA 检测血清中 CaN、OPG、PTHrP 及 IL-6 浓度,非参数 t-test 进行组间比较,ROC 分析和多因素 Logistic 分析其诊断和监测价值,  $P<0.05$  有统计学差异。

**结果** 1.骨转移组的四种细胞因子的血清水平明显高于无骨转移组和健康对照组(图 1 A/B/C/D)。

2. 细胞因子 CaN/OPG/PTHrP 和 IL-6 联合诊断骨转移的 AUC 高达 0.898,灵敏度 79.49%,特异度 89.76%,优于单指标(图 1 E/F)。3.血清 OPG 和 PTHrP 为骨转移的独立风险因子(图 2 A);且 OPG 和 PTHrP 对肺癌患者骨转移有良好的进展监测价值(图 2 B)。

**结论** 血清骨微环境细胞因子联合检测可提高肺癌骨转移的诊断效率;血清 OPG 和 PTHrP 可作为肺癌骨转移诊断和进展监测的辅助指标。

## PU-5841

### circ-ITCH 在胃癌中的诊断价值和作用机制研究

王妍,李荣,许文荣,钱晖

江苏省检验医学重点实验室,江苏大学医学院

**目的** 检测胃癌患者肿瘤组织中环状 RNA circ-ITCH 的表达情况,分析其与临床病理参数之间的相关性,揭示 circ-ITCH 潜在的临床应用价值,探讨 circ-ITCH 参与胃癌发生发展的作用机制,为胃癌诊断提供新的标志物。

**方法** 采用 qRT-PCR 检测 circ-ITCH 在胃癌患者肿瘤组织中的表达水平,结合相应的临床病理资料,运用统计学分析 circ-ITCH 的表达水平与性别、年龄、肿瘤大小、分化程度、TNM 分期等临床病理因素间的相关性。采用 siRNA 干扰以及慢病毒过表达载体过表达 circ-ITCH 在胃癌细胞系 SGC-7901 和 MGC-823 中的表达,检测功能学的相关变化。数据库预测环状 RNA 下游相互作用的 miRNA, qRT-PCR 和 Western Blot 检测下游相关信号通路的基因及蛋白的变化。

**结果** qRT-PCR 检测发现胃癌患者肿瘤组织中 circ-ITCH 的表达水平较癌旁组织明显下调( $P<0.05$ ),统计学分析发现其低表达与 TNM 分期密切相关( $P<0.05$ )。siRNA 干扰后 circ-ITCH 表达降低,过表达后 circ-ITCH 表达升高,且干扰和过表达 Western Blot 实验结果表明 circ-ITCH 可以通过抑制 EMT、mmp2、mmp9 等指标从而抑制胃癌细胞迁移和侵袭能力。进一步研究发现, circ-ITCH 可以作为 miR-214 的“海绵分子”发挥作用, siRNA-circ-ITCH 与 miR-214 的抑制物共转时,可以逆转 circ-ITCH siRNA 对胃癌细胞增殖、迁移、侵袭能力的影响。

**结论** circ-ITCH 在胃癌患者肿瘤组织中低表达,其表达水平与 TNM 分期密切相关; circ-ITCH 可能通过靶向作用于 miR-214,抑制 TGF- $\beta$ /Smad 信号通路的活化,从而抑制胃癌细胞的增殖、迁移和侵袭。



## PU-5842

## 痰液 PCT 评估儿童哮喘患者病情进展及预后的早期预测价值

杨海,陈远东,杨小兰,周晓云

惠州市第三人民医院

**目的** 本研究目的是通过动态监测痰液降钙素原(procalcitonin, PCT)水平变化评估哮喘儿童病情的变化,为临床提供一个新的治疗和预防的依据,从而提高哮喘儿童的临床疗效机制预防,降低复发率。

**方法** 将 105 例支气管哮喘患儿分为(1)哮喘缓解组 41 例;(2)轻度间歇组 52 例;(3)中重度组 12 例。30 例正常对照组。用免疫色谱法测定患儿痰 PCT 水平,同时对痰液进行培养,并且对患儿的痰液 PCT、EOS 与血清 PCT、ECP 水平比较。

**结果** 痰液 PCT、EOS 与血清 PCT、ECP 水平比较:中重度组、轻度间歇组、缓解组痰液中 PCT、EOS 和血清 PCT、ECP 明显高于对照组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。中重度组痰液中 PCT、EOS 和血清 PCT、ECP 明显高于轻度间歇组、缓解组和对照组( $P$  均  $< 0.05$ )。但后二者比较差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。各组痰液的 PCT 水平和细菌感染的相关性:105 例患儿 PCT 阳性痰培养出 9 种细菌,共 93 株。其中肺炎链球菌的阳性率最高(33 株),铜绿假单胞菌(17 株)、肺炎克雷伯菌(15 株)、大肠埃希菌(10 株);革兰阴性细菌感染 51 例, PCT 为(0.5-10.0~)  $\mu\text{g/L}$ , 其中 27 例  $\text{PCT} \geq 2.0$ -10.0~ $\mu\text{g/L}$ , PCT 阳性比例为 52.9%(27/51)。革兰阳性细菌感染 39 例, PCT 为(0.5-10.0~)  $\mu\text{g/L}$ , 25 例  $\text{PCT} \geq 2.0$  10.0~- $\mu\text{g/L}$ , PCT 阳性比例为 64.1%(25/39)。本组资料中有细菌混合感染 3 例,其中肺炎链球菌合并肺炎克雷伯菌 2 例,肺炎链球菌合并大肠埃希菌 1 例。细菌感染组痰液 PCT 浓度高于非细菌感染组和对照组,组间差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。痰 PCT 阳性检出率与血清 PCT、EOS、ECP 结果呈正相关性。

**结论** 痰液 PCT 的检测可作为儿童支气管哮喘病情变化是否存在细菌感染的辅助指标,检测快速、方便,对评估儿童哮喘患者病情进展及预后的早期预测具有重要意义。

## PU-5843

## 中性粒细胞/淋巴细胞比值和血小板/淋巴细胞比值与高脂血症患者的相关性

丁耀东,刘琴,刘爱平,张波

复旦大学附属华山医院,200000

**目的** 中性粒细胞与淋巴细胞比值(NLR)和血小板与淋巴细胞比值(PLR)与各种疾病,尤其是心脑血管疾病的预后不良有关。高脂血症(HLP)作为心脑血管疾病的独立危险因素,在心血管疾病方面尤为突出,早期发现血脂异常显得尤为重要。本研究旨在探讨高脂血症患者与 NLR 和 PLR 的关系。

**方法** 采用统计学软件对 995 例高脂血症患者的实验室参数进行回顾性分析。其中 136 例患者为低密度脂蛋白(LDL), 59 例为高甘油三酯血症(TG), 98 例为高胆固醇血症(TC)以及 202 例混合高脂血症,500 例正常体检者作为对照组。

**结果** 两组患者的基本人口统计学特征相似。高脂血症患者 NLR 和 PLR 明显高于对照组[(1.82+0.64 vs 1.72+0.61,  $P < 0.001$ ), (122.75+46.59 vs 115.64+36.09,  $P < 0.007$ )]。单因素分析中,白细胞、血红蛋白水平、中性淋巴比、血小板淋巴比与高脂血症呈中度相关。ROC 曲线分析截止水平与最优 NLR 敏感和特异点为 1.71(曲线下面积(AUC) = 0.652 [0.596~0.681],  $P < 0.001$ )。该水平的敏感性为 68.0%,特异性为 78.5%,NLR 的预测强度优于其他指标,且高脂血症的严重程度与 NLR 呈高度正相关。

**结论** 我们发现高脂血症患者的 NLR 和 PLR 明显高于健康人,这是以前没有报道过的。此外,PLR 大于 106 时也可做为高脂血症的独立预测因子。随着 HLP 严重程度的加重,NLR 值也随着上升。

#### PU-5844

### 血清 CEA、CA50、CA199、CA724 在结直肠癌中的临床应用价值分析

郭晓军

舞阳县人民医院,462000

**目的** 观察血清 CEA、CA50、CA199、CA724 在结直肠癌诊断、预后判断中的应用价值。

**方法** 选择我院收治的 120 例结直肠癌患者为观察组,同期入院行健康体检者 50 例作为对照组。检测两组患者血清 CEA、CA50、CA199、CA724 浓度,Kaplan-Meier Plotter 数据库验证 CEA、CA50、CA199、CA724 与生存期的关系

**结果** 观察组血清 CEA、CA50、CA199、CA724 含量显著高于对照组 ( $P<0.05$ )。早期组 (Duke 分期 I 期+II 期) 血清 CEA、CA50、CA199、CA724 含量显著低于晚期组 (Duke 分期 III 期+IV 期) ( $P<0.05$ )。手术治疗后血清 CEA、CA50、CA199、CA724 含量显著低于手术治疗前 ( $P<0.05$ )。

**结论** 结直肠癌中血清 CEA、CA50、CA199、CA724 含量显著高于健康对照组,不同分期血清 CEA、CA50、CA199、CA724 含量存在差异。

#### PU-5845

### Molecular epidemiology of KPC-2- and NDM-5-producing *Klebsiella pneumoniae* in a paediatric hospital in China

Bingjie Wang,Fen Pan,Hong Zhang

Shanghai Children's hospital, Shanghai Jiaotong university

**Objective** Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) poses a massive threat to human health especially for paediatric populations due to limited treatment options. Worse still, carbapenem-resistance hypervirulence *K. pneumoniae* (CR-hvKP) became increasingly prevalent.

**Methods** CRKP strains were consecutively collected between January and December 2018. Antibiotic susceptibility was determined by VITEK 2 or disc diffusion methods. Polymerase chain reaction (PCR) was used to analyze drug resistance and virulence genes, and capsular types were analyzed by wzi sequence. Multilocus sequence typing (MLST) was used to determinate clonal relatedness.

**Results** Among 172 CRKP strains, blaKPC-2 (58.1%) was the predominant carbapenemase genotype, followed by blaNDM-5 (32.6%). A total of 29 distinct sequence types (STs) were identified, with ST11 (51.7%) and ST48 (25.6%) being the most frequently isolated. Most KPC-2 producers belonged to ST11, while NDM-5 producers were mainly identified as ST48. The CRKP strains were successfully assigned to 11 capsule types and KL47 and KL62 were commonly detected, representing 54.7% and 34.9%, respectively. Importantly, ST11 KPC-2-KP strains always belonged to KL47, and ST48 NDM-5-KP isolates were all typed to KL62. Forty-four isolates (25.6%) were detected with diverse virulence genes, with 18 strains harbouring a combination of all tested virulence factors, which were considered as hypervirulent.

**Conclusions** Our study revealed the predominant carbapenemase of CRKP strains have changed in paediatric patients and ST11-KL47 KPC-2-KP and ST48-KL62 NDM-5-KP were representative clonal expansion. Although not prevalent, hypervirulence associated genes have

begun to spread in these strains. Active long-term surveillance should be performed in both drug resistance characteristics and virulence traits to provide a basis for clinical treatment and infection control measures.

## PU-5846

### 沈阳地区维生素 D 水平与年龄、性别及季节的相关性研究

杨梅,刘勇

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探究沈阳地区维生素 D 水平与年龄、性别及季节的相关性,为该地区维生素 D 的补充提供科学依据。

**方法** 采用电化学发光法检测 25-羟维生素 D 水平,根据被检测者年龄分组,分为婴儿组、幼儿组、儿童组、少年组、青年组、中年组及老年组并进行不同年龄组之间的比较,在年龄分组的基础上进行性别分组比较。统计夏季与冬季 25-羟维生素 D 水平并进行分析比较。

**结果** 受检者 13610 例中维生素 D 缺乏者 2930 例占 21.53%,维生素 D 不足者 3819 例占 28.06%,维生素 D 正常者 6861 例占 50.41%;年龄分组中,婴儿组维生素 D 水平显著高于其他各组,其次幼儿组,随着年龄增加,维生素 D 水平逐渐减低,而老年组维生素 D 水平则高于青年组及中年组;按性别分组,男性维生素 D 水平显著高于女性,其中少年及以上年龄段不同性别间维生素 D 水平有显著差异,以下年龄段不同性别间无显著差异;夏季维生素 D 水平显著高于冬季。

**结论** 沈阳地区维生素 D 缺乏及不足者占近受检者一半,而儿童及以上年龄段维生素 D 缺乏及不足尤为明显,因此不仅婴幼儿需加强维生素 D 的补充与监测,也要及时有效的给予儿童及以上年龄段的人群补充维生素 D,尤其少年及以上年龄段女性。沈阳地区冬季维生素 D 水平显著低于夏季,因此冬季需重点加强维生素 D 的补充与监测。

## PU-5847

### CDR1as 对人脐带间质干细胞增殖和分化的作用研究

杨伦宇,史惠,李荣,尤本帅,韩新烨,钱晖,许文荣

江苏省检验医学重点实验室,江苏大学医学院

**目的** 探讨环状 RNA CDR1as 对人脐带来源间质干细胞(human umbilical cord mesenchymal stem cells, hucMSCs)增殖和分化的影响。

**方法** 采用 qRT-PCR 检测 CDR1as 在 hucMSCs 的表达水平以及诱导 hucMSCs 成脂分化和药物 DIM 处理 hucMSCs 后 CDR1as 的表达改变;siRNA 敲除 CDR1as 后,通过平板克隆实验、CCK-8 测定和细胞周期分析评估 CDR1as 对 hucMSCs 增殖的影响;Western blot 检测凋亡相关蛋白结合流式细胞仪分析 CDR1as 敲减后对 hucMSCs 凋亡的影响;通过 qRT-PCR 和 Western Blot 检测干性转录因子的表达变化,结合成骨和脂肪分化形成实验检测 CDR1as 敲减后对 hucMSCs 的干性和分化潜能的影响。

**结果** CDR1as 在 hucMSCs 中显著高表达,其表达变化与干转录因子的表达呈正相关。敲减 CDR1as 后 hucMSCs 的生长速度减慢,形成的克隆数显著减少,细胞被阻遏在 G1/0 期,其 PCNA 蛋白表达减少,细胞凋亡比例增加,抗凋亡蛋白 Bcl-2 减少,活化的 caspase3 和 caspase9 表达上调;干性转录因子如 Oct4、Sox2 和 Nanog 等表达下调, hucMSCs 成骨和成脂分化能力减弱。

**结论** CDR1as 在 hucMSCs 中高表达, 敲减 CDR1as 后抑制 hucMSCs 的增殖, 促进其凋亡, 下调 hucMSCs 的干性以及分化潜能。这为改造 MSCs 更好用于损伤修复提供新思路。

**PU-5848**

## 氨基酸转运蛋白 SLC6A14 调控大肠癌细胞生长的作用及其机制研究

陆英

上海市东方医院 (同济大学附属东方医院)

**目的** 精氨酸及其代谢信号通路 (一氧化氮合酶途径和鸟氨酸多胺途径) 中的关键分子与大肠癌的发生发展密切相关, 氨基酸转运蛋白 SLC6A14 是细胞摄取精氨酸的关键蛋白。本研究旨在探讨 SLC6A14 的表达与大肠癌细胞分化的相关性及其调控大肠癌细胞生长的作用机制。

**方法** 免疫组织化学、Real-time PCR 方法检测大肠癌组织中 SLC6A14 蛋白和 mRNA 的表达水平; 使用大肠癌细胞株 HCT116, 通过 siRNA 和质粒, 下调和过表达 HCT116 细胞中 SLC6A14 的表达, 或使用 SLC6A14、mTOR 及 PKC 抑制剂和激动剂, 对细胞生长的影响: MTT 检测细胞生长曲线, 流式检测细胞凋亡, western blot 检测下游信号通路分子 SLC6A14、PKC $\alpha$ 、mTORC1、mTORC2 等。

**结果** 在 RNA 水平, 122 例大肠癌组织中有 96 例 (78.7%) 高表达 SLC6A14, 表达最高的比正常大肠组织高 661 倍;

免疫组织化学结果证实 SLC6A14 在癌组织中的表达明显增高, 并且大肠癌细胞的分化越差 SLC6A14 的表达越高。

在体外实验中, 应用 siRNA 下调 SLC6A14 在大肠癌细胞株 HCT116 中的表达后, 大肠癌细胞发生明显的死亡和凋亡, 细胞生长缓慢, 下游分子 PKC $\alpha$ 、mTORC1、mTORC2 表达降低。过表达 HCT116 细胞中 SLC6A14 的表达后, 细胞生长增快, 下游信号通路分子表达增加。使用 SLC6A14、mTOR 及 PKC 抑制剂, 细胞凋亡增加, 增殖减慢; 使用 SLC6A14、mTOR 及 PKC 激动剂, 细胞增殖明显增快。

**结论** SLC6A14 的表达与大肠癌的发生发展密切相关, 并通过 mTOR 信号通路促进肿瘤细胞生长。

**PU-5849**

## L-PGDS 修饰人脐带间质干细胞来源的外泌体抑制肿瘤的实验研究

尤本帅, 吴佩佩, 钱晖, 许文荣

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室

**目的** 旨在探究脂质运载蛋白型前列腺素 D 合成酶 (lipocalin-type prostaglandin D synthase, L-PGDS) 修饰的人脐带间质干细胞 (hucMSCs) 来源的 exosomes 体内外对胃癌的抑制作用。

**方法** 编码 L-PGDS (Ad-L-PGDS) 和空载体 (Ad-Vector) 的腺病毒转染 hucMSCs, 产生过表达 L-PGDS 的 exosomes (EX-L-PGDS) 和空载体 exosomes (EX-Vector)。通过 Western blot、透射电镜、Nanosight 可视型纳米颗粒分析仪对 exosomes 进行鉴定和表征。共聚焦显微镜检测胃癌细胞对 exosomes 的摄取情况, RT-PCR 和 Western blot 检测胃癌细胞内 L-PGDS 的表达。通过迁移和侵袭实验、平板克隆、流式凋亡检测体外探寻 EX-L-PGDS 对胃癌细胞的抑制作用; 体内构建 SGC-7901 皮下荷瘤小鼠模型, 观察 EX-L-PGDS 体内对肿瘤生长的抑制效果。

**结果** EX-L-PGDS 除表达特异性标记 CD9、CD63 和 CD81 外, L-PGDS 的表达量较 EX-Vector 明显增高。EX-L-PGDS 能够被内吞进入 SGC-7901, 并增加细胞内 L-PGDS 的表达水平。EX-L-PGDS 能抑制 SGC-7901 细胞的迁移和侵袭能力。EX-L-PGDS 促进 SGC-7901 凋亡发生。同时, EX-L-PGDS 抑制 SGC-7901 细胞克隆形成能力。裸鼠皮下荷瘤实验显示, EX-L-PGDS 处理的 SGC-7901 肿瘤生长更加缓慢, 形成的肿瘤更小。HE 切片显示 EX-L-PGDS 组肿瘤组织更加疏松, 有更少的血管形成。EX-L-PGDS 组 PCNA 表达较低, TUNEL 检测可见更多的凋亡细胞。EX-L-PGDS 组肿瘤组织 L-PGDS 表达增高, Bax 表达上调。

**结论** 成功构建了 EX-L-PGDS, EX-L-PGDS 体内外能够有效抑制胃癌进展, 这为以 exosomes 为载体的肿瘤治疗提供了新思路。

## PU-5850

### 105 株儿童鲍曼不动杆菌感染与耐药性分析

杜琴

江西省儿童医院,330000

**目的** 分析鲍曼不动杆菌在江西省儿童医院的感染情况以及对 11 种常见抗菌药物的耐药状况。

**方法** 对 2014 年至 2017 年患儿标本中分离出来的 105 株鲍曼不动杆菌进行回顾性分析统计。

**结果** 105 株鲍曼不动杆菌标本以全血为主, 共 67 株 (63.8%), 四年来平均耐药率最高药物依次为四环素 39.0%、哌拉西林 34.0%、头孢他啶 33.3%、头孢吡肟 32.4%、头孢噻肟 31.4%、哌拉西林/他唑巴坦 27.6%、亚胺培南、美罗培南 26.7%、左氧氟沙星 20.0%、阿米卡星 16.2%。且四年间多重耐药菌株比例以 2015 年最高达 38.1%。

**结论** 儿童鲍曼不动杆菌对抗菌药物耐药率虽然普遍低于成人, 但是若不规范临床用药, 后果仍然十分严峻。临床应该重视鲍曼不动杆菌杆菌引起的医院感染, 合理使用广谱抗菌药物, 减少耐药株的产生。

## PU-5851

### Losartan attenuates gunpowder smog-induced acute lung injury in rats

Fan Zhang, Cheng bin Wang

Chinese People's Liberation Army General Hospital

**Objective** Recent study has shown that renin-angiotensin system (RAS) plays an important role in the development of acute lung injury (ALI) with high level of angiotensin II (AngII) generated from AngI catalyzed by angiotensin-converting enzyme (ACE). AngII plays its major effect through AngI type (AT1) receptor. Losartan is a selective antagonist of AT1 receptor, which is widely used as a clinical medicine for hypertension. Recent studies have shown that losartan was shown to protect from lipopolysaccharide-induced ALI. However, whether losartan is useful in smoke inhalation-induced acute lung injury and the underlying mechanism remains unclear. The aim of the current study was to investigate the therapeutic efficacy of losartan on gunpowder smog-induced acute lung injury in rats.

**Methods** Wistar rats were equally randomized to four groups (normal control group, losartan control group, smoke inhalation injury group, losartan treatment plus smoke inhalation injury group). The severity of lung injury was evaluated by histopathology, cell counting in bronchoalveolar lavage fluid (BALF), myeloperoxidase (MPO) activity in lung homogenates, and lung vascular permeability parameters including lung wet to dry weight ratio and protein

concentration in BALF. Besides, immunohistochemical staining and western blot were used to analyze AT1 receptor, ACE and ACE2.

**Results** Histopathological findings and MPO activity showed that losartan attenuated neutrophil infiltration and tissue injury. Lung vascular permeability was also relieved by losartan. Additionally, losartan administration significantly decreased the number of neutrophils and lymphocytes in BALF compared with smoke inhalation injury group. Inflammatory cytokines in BALF together with Ang II in the lung and peripheral blood were increased after smoke exposure, which can be reduced by losartan. Furthermore, losartan relieved the up-regulation of AT1 receptor and ACE and the down-regulation of ACE2.

**Conclusions** Our findings suggested that losartan can suppress inflammatory responses in gunpowder smog-induced acute lung injury, and may be a potential therapeutic agent for smoke inhalation injury.

## PU-5852

### 肺炎支原体肺炎患儿体内维生素 A 和锌水平分析

蒋文强

绵阳市中心医院,621000

**目的** 分析本地区肺炎支原体肺炎患儿体内维生素 A 和锌水平, 为儿童肺炎支原体肺炎的预防与治疗提供理论基础。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月我院儿科门诊就诊并确诊为肺炎支原体肺炎的患儿和同期体检的健康儿童各 150 例, 采用 AB SciexQTRAP® 4500 LC/MS/MS 系统和 NexION 300Q 电感耦合等离子体质谱仪分别检测血清维生素 A 和全血锌水平, 采用 SPSS19.0 软件对数据进行统计学处理。

**结果** 150 例肺炎支原体组 VA 和 Zn 含量分别为  $388.4 \pm 184.3 \text{ ng/ml}$ ,  $81.8 \pm 14.5 \mu\text{mol/L}$ ; 150 例健康对照组 VA 和 Zn 含量分别为  $451.0 \pm 174.6 \text{ ng/ml}$ ,  $87.5 \pm 14.2 \mu\text{mol/L}$ 。肺炎支原体组与正常对照组 VA 和 Zn 水平差异均有统计学意义  $P < 0.05$ 。肺炎支原体肺炎组中, 77 例男童 VA 和 Zn 含量分别为  $404.5 \pm 184.3 \text{ ng/ml}$ ,  $81.8 \pm 14.4 \mu\text{mol/L}$ ; 73 例女童的 VA 和 Zn 含量分别为  $371.3 \pm 184.1 \text{ ng/ml}$ ,  $81.7 \pm 14.8 \mu\text{mol/L}$ , 男童 VA 水平高于女童, Zn 水平差异不明显, 但差异均无统计学意义  $P > 0.05$ 。

**结论** 及时补充维生素 A 和锌对儿童肺炎支原体肺炎的预防、有效治疗及缩短肺炎支原体肺炎病程有重要意义。

## PU-5853

### 传染性单核细胞增多症合并地中海贫血误诊一例

黄微微, 张立群

陆军军医大学 (第三军医大学) 第二附属医院

**目的** 通过一例延误诊治的传染性单核细胞增多症合并地中海贫血病例, 探讨如何解读检验报告, 快速从实验室角度为临床医生提供有效的诊疗依据。

**方法** 患者, 女, 22 岁, 因“双眼睑水肿, 咽痛”多次于我院门诊就诊。实验室辅查: 外周血白细胞  $5.75 \times 10^9/\text{L}$ 、中性粒细胞百分比 31.3 %、淋巴细胞百分比 61.7 %、血红蛋白 117 g/L、红细胞平均体积 72.6 fL、平均血红蛋白量 23.1 pg; 血清铁 4.2  $\mu\text{mol/L}$ ; 地中海贫血基因-28 杂合突变, 诊断为急性扁桃体炎合并地中海贫血。抗感染治疗中有间断发热, 复查血常规白细胞  $6.31 \times 10^9/\text{L}$ 、淋巴细胞百分比 68.6 %、淋巴细胞绝对值  $4.33 \times 10^9/\text{L}$ 。淋巴细胞比例仍未降低, 血涂片查见异常淋巴细胞。建议至血液科行血液细胞学检测, 外周血查见异常淋巴细胞 22 %。

**结果** 通过血液科看诊,初步考虑为EB病毒引起的传染性单核细胞增多症合并地中海贫血。完善实验室检查:谷丙转氨酶 245.2 IU/L、谷草转氨酶 260.7 IU/L、碱性磷酸酶 253.5 U/L、LDH888.8 IU/L;尿素 2.69 mmol/L、肌酐 69.7  $\mu$ mol/L、CK41.1 IU/L、CK-MB16 IU/L;EB病毒IgG、IgM阳性;EB病毒核酸检测  $7.09 \times 10^5$  IU/mL。确诊为EB病毒引起的传染性单核细胞增多症合并地中海贫血。入院立即行抗病毒、抗感染、保肝、保心治疗。治疗5天后患者好转出院。

**结论** 对于外周血象异常结果,实验室工作人员除了应具有相应的专业技能外,还因具备敏锐的洞察力和临床知识储备。通过解析检验指标,尽早为临床提供有价值的建议,有利于不典型的复杂性传染性单核细胞增多症的早期诊断,避免因误诊造成患者病情延误。

## PU-5854

### 自身抗体与动脉粥样硬化心血管并发症

苏广明,关秀茹

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 在有或没有自身免疫病患者中确认自身抗体与动脉粥样硬化之间关联的强度。

**方法** 对五个数据库进行电子搜索,对现有文献进行荟萃分析。纳入标准是成人的分析研究,每个自身抗体至少进行两项研究。

**结果** 抗心磷脂,抗氧化的低密度脂蛋白 IgG,抗环瓜氨酸化蛋白和抗人热休克蛋白 60IgA 会增加心血管事件的风险。相反的,抗磷酸胆碱 IgM 降低心血管事件的风险。

**结论** 我们的研究结果支持自身抗体在心血管事件中的重要作用,未来可能研究其作为心血管事件的生物标志物的应用价值。

## PU-5855

### 分析胆道感染病原菌 分布和药敏试验结果 为临床合理用药提供依据。

马亮,范力,严良峰,董玉兰

景德镇市第一人民医院,333000

**目的** 分析胆道感染病原菌 分布和药敏试验结果,为临床合理用药提供依据。

**方法** 2016年01月至2018年9月景德镇市第一人民医院胆汁标本采用珠海迪尔公司DL-bt112全自动血培养仪及配套的血培瓶进行增菌培养,DL-96III微生物鉴定药敏分析仪进行细菌鉴定及药敏试验,运用WHONET 5.6软件进行数据统计分析。

**结果** 208例分离出肠球菌属与肠杆菌科2种病原菌混合感染(15例,7.2%),革兰阳性菌44株(21.1%),革兰阴性菌155株(74.5%),真菌7株(3.3%);分离率居前5位为大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、弗劳地枸橼酸杆菌、粪肠球菌和屎肠球菌;常见肠杆菌科细菌对头孢哌酮/舒巴坦、碳青霉烯类和哌拉西林/他唑巴坦耐药率低于15.5%,大肠埃希菌对喹诺酮类的耐药率达51.7%;粪肠球菌和屎肠球菌对万古霉素、利奈唑胺的耐药率极低,对高浓度链霉素和高浓度庆大霉素的耐药率均达37.5%。

**结论** 不同的菌种或者同菌种不同菌株其药敏结果会相差很大,因此检测病原菌的耐药性是抗感染的治疗的关键,也是合理使用抗生素的重要依据,病原菌对头孢类和喹诺酮类抗菌药物的耐药性日趋严峻。

PU-5856

## 罗氏 E602 与雅培 I2000 检测系统对血清感染性标志物的性能评价

吴宇

陆军军医大学（西南医院）附属第一医院

**目的** 对罗氏 E602 和雅培 I2000 检测系统对乙肝三对 5 项血清学标志物的性能评价和比较

**方法** 采用国际临床和实验室标准协会（clinical and laboratory standards institute.CLSI).评价方案（evaluation protocols.EP).评价两种检测系统性能。评价内容包括：准确度、最低检出限、一致性、精密度、线性范围。

**结果** 两种检测系统的准确度均为 100%。HBSAG、HBSAB、HBEAG、HBEAB、HBCAB 罗氏的最低检出限为:0.02IU/ML、2MIU/ML、0.05NIC/ML、1NIC/ML、1NIC/ML

雅培 I2000 的最低检出限分别为：0.05IU/ML、10MIU/ML、0.2NIC/ML、1NCU/ML、1NCU/ML

一致性验证：两种系统方法比对 KAPPA 值分布于 0.8~0.9 之间，定性项目仪器之间比对 KAPPA 值均为 1，定量项目（HBSAB）仪器比对观察误差 $<1/2TEA$ ，浓度误差指数绝对值 $<1$ 。精密度评价：批内变异系数（CV）范围为 1.2%~7.05%，室内 CV 范围为 1.8%~9.89%。雅培 I2000HBSAB 的线性范围为：4.25MIU/ML~960.95MIU/ML。

**结论** 罗氏 E602 与雅培 I2000 的准确度、最低检出限、一致性、精密度和线性范围与厂家提供声明一致，并且能够满足实验室的要求。

PU-5857

## 体检人群幽门螺杆菌感染的调查分析

彭玉凤,张扬南

郴州市第一人民医院,423000

**目的** 了解体检人群幽门螺杆菌感染情况，初步调查分析 HP 感染与生活习惯、血糖、血脂的关系。

**方法** 选取 2016 年 1 月至 2017 年 1 月在本院就诊的 3123 例体检人群作为研究对象，采用免疫胶体金法检测研究对象血清 HP 抗体，采用全自动生化分析仪检测肝肾功能、血糖、血脂。同时，测量研究对象血压，并填写生活习惯调查分析表。根据 HP 抗体检测结果将体检人群分为 HP 阳性组和阴性组，并对检测结果进行统计分析。

**结果** ①3123 例体检者中，HP 抗体阳性率为 34.01%（1062/3123）。男性体检者阳性率（34.68%，680/1975）高于女性体检者阳性率（33.28%，382/1148），差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。②3123 例体检者中，有 21.67%（611/3123）出现了上消化道不适症状（恶心、呕吐、泛酸、上腹痛等）。其中 HP 阳性组（30.04%，319/1062）出现上消化道不适症状概率高于 HP 阴性组（14.17%，292/2061），差异具有统计学意义（ $\chi^2=112.165$ ， $P=0.000$ ）。③肥胖或超重体检人群 HP 感染率高于体质正常或偏轻体检人群，差异具有统计学意义（ $\chi^2=20.942$ ， $P=0.000$ ）。相比于血压、血脂、血糖正常或偏低人群，高血压、血脂异常、高血糖体检人群的 HP 感染率升高，差异具有统计学意义（ $P=0.000$ ）。④喝酒、碗筷消毒、饮食时间、体育锻炼等习惯与 HP 感染相关，可能是引起 HP 感染的因素（ $P < 0.05$ ）。抽烟、饭前洗手等习惯与 HP 无明显感染相关。

**结论** HP 感染与某些不良生活习惯相关，还与高血压、高血糖、高血脂等疾病发病相关，应提倡对健康人群进行常规 HP 检测。



PU-5858

## 滨州市 2011 年-2015 年耐碳氢酶烯类鲍曼不动杆菌 blaOXA 基因的流行病学特征

杨莉

滨州市人民医院,256600

**目的** 了解滨州市人民医院 2011 年 1 月-2015 年 12 月鲍曼不动杆菌的流行病学特征,为临床合理用药提供参考和依据。州市人民医院 2011 年 1 月-2015 年 12 月鲍曼不动杆菌的流行病学特征,为临床合理用药提供参考和依据。

**方法** 收集 2011 年 1 月-2015 年 12 月在滨州市人民医院住院病人的标本,分离出 350 株鲍曼不动杆菌,用聚合酶链法(PCR 法)扩增 blaOXA-23、blaOXA-24、blaOXA-51、blaOXA-58 和 blaOXA-64 基因。

**结果** 350 株鲍曼不动杆菌中 301 株为多重耐药菌株,除头孢哌酮外,对碳氢酶烯类、氨基糖苷类、喹诺酮类耐药率均>50%。50%的鲍曼不动杆菌携带 blaOXA-51 基因,51.4%的携带 blaOXA-23 基因,51.1%的携带 blaOXA-64 基因,5 株携带 blaOXA-58 基因,未发现 blaOXA-24 基因。多重耐药鲍曼不动杆菌中 95%的携带 blaOXA-51、blaOXA-23、blaOXA-64 基因,5 株携带 blaOXA-58 基因。

**结论** OXA-23、OXA-51 和 OXA-64 是本院鲍曼不动杆菌对碳氢酶烯类耐药的主要基因,近年在 ICU 病房发现携带 blaOXA-58 的多重耐药鲍曼不动杆菌,与以往研究不同应引起临床尤其是 ICU 病房医务工作者的关注和重视。

PU-5859

## 296 例糖尿病患者尿 ACR (尿白蛋白与尿肌酐比值) 检测结果分析

李丽莉,邓德耀,周林华,李宜铮

云南省第二人民医院,650000

**目的** 对云南省第二人民医院糖尿病患者尿 ACR (尿白蛋白与尿肌酐比值) 检测结果来进行分析讨论。

**方法** 收集云南省第二人民医院内分泌科 2018 年 1 月-12 月确诊为糖尿病的患者尿 ACR 检验结果阴性 198 例,尿 ACR 阳性结果 98 例,其中尿 ACR 阳性结果中尿素氮、血肌酐正常 74 例,血肌酐、尿素氮异常 24 例,再择 300 例同期在该院进行健康体检的受检者作为对照组,对 4 组对象进行尿 ACR 检测,对比 4 组尿 ACR、尿素氮与肌酐三项指标上的不同,并分析三项指标的临床指导意义。

**结果** 对照组的尿 ACR 为  $(6.88 \pm 3.2 \text{ mg/g Cr})$ ,尿素氮为  $(5.2 \pm 1.6 \text{ mmol/L})$ ,血肌酐为  $(70.2 \pm 12.4 \mu\text{mol/L})$ ;糖尿病非肾损伤组 ACR: 0-30mg/g Cr 组的尿 ACR 为  $(16.6 \pm 9.8 \text{ mg/g Cr})$ ,尿素氮为  $(5.8 \pm 1.7 \text{ mmol/L})$ ,血肌酐为  $(72.2 \pm 32.2 \mu\text{mol/L})$ ;糖尿病肾损伤 ACR>30mg/g Cr,血肌酐、尿素氮正常组的尿 ACR 为  $(168.4 \pm 70.8 \text{ mg/g Cr})$ ,尿素氮为  $(6.1 \pm 2.8 \text{ mmol/L})$ ,血肌酐为  $(78.6 \pm 12.432.8 \mu\text{mol/L})$ ;糖尿病肾损伤 ACR>30mg/g Cr,血肌酐、尿素氮异常组的尿 ACR 为  $(824.6 \pm 382.8 \text{ mg/g Cr})$ ,尿素氮为  $(6.8 \pm 2.7 \text{ mmol/L})$ ,血肌酐为  $(109.4 \pm 46.6 \mu\text{mol/L})$ 。

**结论** 尿 ACR 可以作为糖尿病患者监测早期肾损伤的敏感指标,且敏感性高于血肌酐和血尿素氮,从而有效地预防糖尿病肾病的发生。

## PU-5860

## HucMSC Exosome Confer Protection Against Ultraviolet radiation Induced Acute Photodamage via Modulation of SIRT1 Pathway

Peipei Wu,Bin Zhang,Xinye Han,Yaoxiang Sun,Hui Shi,Benshuai You,Lunyu Yang,Hui Qian,Wenrong Xu  
Zhenjiang Key Laboratory of High Technology Research on Exosomes Foundation and Transformation  
Application, Jiangsu Key Laboratory of Medical Science and Laboratory Medicine, School of Medicine,  
Jiangsu University

**Objective** Exosomes are nano-sized (30-150nm) lipid-bound membrane vesicles secreted by nearly all living cells, including human umbilical cord mesenchymal stem cells (hucMSC). hucMSC derived exosomes (hucMSC-ex) have been reported to significantly facilitate skin regeneration, resembling the effect of parental cells. However, the role of hucMSC-ex in ultraviolet radiation (UV) induced skin damage and the underlying mechanisms are largely unknown.

**Methods** We constructed UV-induced acute skin photodamage models. hucMSC-ex was pretreated to the subcutaneous of rats before exposure to UV radiation, an equal volume of PBS was used as control. All animals were sacrificed after three consecutive days of treatment. We evaluated the benefit of hucMSC-ex in a rat acute skin photodamage model by detecting histopathological changes, apoptosis and proliferation, and degree of oxidative stress. In vitro, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> were used to treated human immortalized epidermal cells with or without hucMSC-ex. Cells were harvested after co-cultured for 12h and 24 h. Western blotting, qRT-PCR, immunohistochemical staining were used to detect the expression level of sirtuin1(SIRT1).

**Results** We found that the subcutaneous injection of hucMSC-ex elicited noted antioxidant and anti-inflammatory effects against UV induced DNA damage and apoptosis in vivo. Further studies shown that SIRT1 expression level in skin keratinocytes (HaCaT) decreased in a time- and dose-dependent manner under oxidative stress in vitro, however, the treatment of hucMSC-ex reverses this phenomenon. Activation of SIRT1 significantly attenuated UV and H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-induced cytotoxic damage by inhibiting oxidative stress and promoting autophagy activation. Furthermore, we also discovered that the cytoprotection function provided by hucMSC-ex carried 14-3-3 $\zeta$  was potential associated with modulation of SIRT1 dependent antioxidant response.

**Conclusions** Our findings indicated that hucMSC-ex can effectively alleviate UV-induced acute skin photodamage, which is a new potential agent for preventing and/or treating UV-induced skin photodamage and aging.

## PU-5861

## 肿瘤患者碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌的临床感染特征及危险因素分析

杨晓芳,苏珊,杨伟  
云南省肿瘤医院,650000

**目的** 了解肿瘤患者 CRE 的临床感染特征及危险因素,为临床合理用药、及时有效抗感染提供理论依据。

**方法** 收集 2015 年 1 月到 2018 年 12 月云南省肿瘤医院肿瘤患者 27 株 CRE,详细分析其临床感染特征,同时以同期临床分离的碳青霉烯类敏感肠杆菌科细菌(CSE)为对照组,查阅患者病历,通过单因素及多因素分析,研究可能诱发肿瘤患者 CRE 感染或携带的危险因素。

**结果** ①本院收集的肿瘤患者 27 株 CRE 菌株以肺炎克雷伯菌(45%)和大肠埃希菌(22%)为主,标本类型以尿液标本(37.04%)为主,科室分布主要集中分布于重症医学科、泌尿外科等外

科科室,患者年龄以 $\geq 50$ 岁(85.19%)的患者居多;男性多于女性;肿瘤以消化系统肿瘤(37.04%)为主;②部分抗生素使用(一二代头孢菌素、 $\beta$ -内酰胺酶抑制剂、氨基糖苷类)、激素的使用、插管置管术、培养出细菌前住院时长、总住院时长、总费用、转入ICU分别是肿瘤患者CRE感染或携带的危险因素,但肿瘤患者CRE感染的独立危险因素未见。

**结论** 肿瘤患者CRE感染的危险因素众多,临床应尽量减少各种不必要的有创操作,加强院内感染的监管,控制CRE菌株在肿瘤患者中的流行与播散。

## PU-5862

### ICU耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌blaOXA基因型分析

杨莉

滨州市人民医院,256600

**目的** 对2015年1月-4月滨州市人民医院ICU病房检出的耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌基因型进行分析,为我院ICU合理使用抗菌药物和控制感染提供依据。

**方法** 采用BD PHOENIX-100全自动微生物分析鉴定系统进行菌株鉴定和药敏试验,结果判定依据NCCLS颁布的标准;聚合酶链反应即PCR法扩增blaOXA-23、blaOXA-24、blaOXA-51、blaOXA-58、blaOXA-60、blaOXA-64、blaIMP-1、blaVIM-2和blaVIM-7基因并对部分阳性菌株进行测序。

**结果** 2015年1月-4月我院ICU共检出14株耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌,其对米诺环素耐药率小于20%;对复方新诺明、美罗培南、亚胺培南、头孢他啶、环丙沙星、左氧氟沙星、庆大霉素、氨曲南、头孢吡肟、妥布霉素、哌拉西林/他唑巴坦、替卡西林/克拉维酸、阿米卡星耐药率大于70%,耐药现象严重,并呈现泛耐药趋势。PCR检测出这14株耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌blaOXA-23基因、blaOXA-51、blaOXA-64基因阳性率为100%(14/14),1株携带blaOXA-58基因,未检出blaOXA-24、blaOXA-60、blaIMP-1、blaVIM-2和blaVIM-7基因。

**结论** 我院ICU病房检出的14株耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌均携带blaOXA-23、blaOXA-51和blaOXA-64基因,并且有1株同时携带blaOXA-58基因,与以往研究不同,应引起临床重视

## PU-5863

### 血清AFU、ALP活性与胎盘成熟度关系的研究

吕火华,厉倩

上海市第一人民医院宝山分院,155100

**目的** 探讨 $\alpha$ -L-岩藻糖苷酶(AFU)、碱性磷酸酶(ALP)与胎盘成熟度的关系。

**方法** 选择306例孕产妇作为研究对象,根据B超将胎盘分成胎盘成熟II度组(141例)、胎盘成熟III度组(165例);提取常规产前实验室生化检查AFU、ALP、ALT结果。并采用SPSS17.0软件对两组AFU、ALP、ALT的结果进行t检验;并进一步对AFU、ALP作受试者工作特征(ROC)曲线分析

**结果** 胎盘成熟III度组AFU、ALP的活性显著高于胎盘成熟II度组( $P < 0.05$ );ALT活性在两组之间无明显差异( $P > 0.05$ )。AFU、ALP、AFU+ALP辅助诊断胎盘成熟度III度的ROC曲线下面积分别为0.757、0.7和0.797。

**结论** 血清中AFU、ALP活性与胎盘成熟度有关,可能是胎盘成熟度判断的客观辅助指标,两者联合诊断效果可能更佳。

PU-5864

### 333 例初诊急性白血病的 CDSS 实验指标分析

肖作森<sup>1</sup>,陈先春<sup>1</sup>,钟磊<sup>1</sup>,肖德俊<sup>1</sup>,王小中<sup>2</sup>

1.赣州市人民医院,341000

2.南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 分析初诊急性白血病(AL)患者的CDSS 5项实验指标,为临床及早诊治AL继发的DIC提供实验室依据。

**方法** 将333例AL患者分为AML-M1等7个组,观察各组的实验指标变化、CDSS积分值并进行两两比较,并以100例健康体检者作为对照组。同时分析所有病例中的早期死亡等临床事件。

**结果** 5项实验指标中阳性率最高的是PLT(59.76%),其次是D-D(30.93%),而APTT最低(2.70%);与对照组比较,除APTT(AML-M3组)和FIB(其他AML组)外,其余实验指标结果的差异均有显著的统计学意义( $P<0.01$ );所有AL的CDSS之实验室指标积分为 $1.50\pm 1.51$ 分,而达到现症DIC诊断标准者( $\geq 4$ 分)47例,阳性率为14.11%;CDSS积分值最高为AML-M3组,为 $3.34\pm 1.71$ 分。DIC患者的早期死亡和脑(肺)出血事件的发生率的差异分别为,具有显著统计学意义( $P<0.05$ )和非常显著统计学意义( $P<0.01$ )。

**结论** CDSS量化式积分法标准,客观易行,对急性白血病继发DIC诊断的早诊断、早治疗具有重要的临床意义。

PU-5865

### Losartan alleviates smoke inhalation injury by up-regulation of Th1 and Treg expression and inhibition of Th2 and Th17 cells in rats

Fan Zhang, Cheng bin Wang

Chinese People's Liberation Army General Hospital

**Objective** Angiotensin II (AngII) plays its function mainly by AngI type (AT1) receptor of Ang II. Losartan is a selective antagonist of AT1 receptor. In our previous studies, we have shown that losartan could protect from gunpowder smog-induced acute lung injury (ALI). However, the underlying mechanism remains unclear. The aim of the current study was to explore whether losartan plays its therapeutic role by regulation of CD4-positive T lymphocytes in gunpowder smog-induced acute lung injury in rats.

**Methods** Wistar rats were equally randomized to four groups (normal control group, losartan control group, smoke inhalation injury group, losartan treatment plus smoke inhalation injury group). The severity of lung injury was evaluated by histopathology, cell counting in bronchoalveolar lavage fluid (BALF) and lung vascular permeability parameters including wet to dry weight ratio in the lung and protein concentration in BALF. Flow cytometry was used to analyze Th1/Th2/Th17/Treg expression.

**Results** The results showed that losartan attenuated neutrophil infiltration and tissue injury, as well as pulmonary vascular permeability. In addition, losartan significantly decreased the number of neutrophils and lymphocytes in BALF compared with smoke inhalation injury group. Moreover, losartan increased Th1 and Treg immunity and reduced Th2 and Th17 responses and thereby altering the Th1/Th2/Th17/Treg imbalance (down-regulation of Th1 and Treg as well as up-regulation of Th2 and Th17) caused by smoke inhalation.

**Conclusions** Our findings suggested that losartan suppressed inflammatory responses in gunpowder smog-induced acute lung injury partly by regulation of Th1/Th2/Th17/Treg balance.

PU-5866

## 临床化学实验室常规操作下生化结果差异分析

李世红

昆明市第一人民医院,650000

**目的** 研究血液样本采集后,离心前随放置时间延长钠、钾、氯和血糖检验结果的变化,及样本离心后 4℃保存 24 小时,钠、钾、氯和血糖检验结果的变化,优化检验流程,提高检验质量,保证检验结果准确。

**方法** 120 位门诊患者,血液标本采集时采集两支生化检验样本,其中一支样本放置室温 20 分钟,4000r/min 离心 10 分钟,分离血清样本 500  $\mu$ l, -20℃保存,标记为 A 组样本;另一支样本室温放置 2h,4000r/min 离心 10 分钟,分离血清 500  $\mu$ l, -20℃保存,标记为 B 组样本,剩余样本加盖后 4℃保存 24 小时,分离血清 500  $\mu$ l, -20℃保存,标记为 C 组样本。样本收集完成当日集中检测,收集数据,用配对 t 检验统计学分析。

**结果** A 组与 B 组比较:  $\text{Cl}^-$ 和  $\text{Na}^+$ 检测结果无显著性差异 ( $P>0.05$ ),  $\text{K}^+$ 和 GLU 检测结果有显著性差异 ( $P<0.05$ ); B 组与 C 组比较,  $\text{Cl}^-$ 和  $\text{Na}^+$ 检测结果无显著性差异 ( $P>0.05$ ),  $\text{K}^+$ 和 GLU 检测结果有显著性差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** 离心前血液样本放置 2 小时,  $\text{Cl}^-$ 和  $\text{Na}^+$ 检测结果不受影响,  $\text{K}^+$ 随放置时间延长,检测结果升高, GLU 随放置时间延长,检测结果降低;样本离心后 4℃保存 24 小时,  $\text{K}^+$ 随放置时间延长,检测结果升高, GLU 随放置时间延长,检测结果降低。

PU-5867

## 痰革兰染色在社区获得性肺炎和健康护理相关性肺炎中的应用

杨莉

滨州市人民医院,256600

**目的** 探讨痰革兰染色在社区获得性肺炎和健康护理相关性肺炎中病原学诊断和抗生素合理使用上的作用。

**方法** 收集 2013 年 1 月-2015 年 1 月确诊为肺炎的病人,在给予抗生素治疗前采集痰标本并立即送检进行革兰染色,根据染色结果给予相应抗生素治疗,并与经验治疗进行比较。

**结果** 700 例肺炎病人中 330 例为 CAP, 370 例为 HCAP。收集了 600 份痰标本,其中 488 份为合格痰标本。痰革兰染色对肺炎链球菌、流感嗜血杆菌、卡他莫拉菌、肺炎克雷伯氏菌、铜绿假单胞菌、金黄色葡萄球菌的灵敏度和特异性分别为 62.4%和 91.6%、60.8%和 95.2%、68.5%和 96.1%、39.8%和 98.1%、22.5%和 99.5%、9.0%和 99.8%。痰革兰染色对接受过抗生素治疗的病人和吸入性肺炎病人的诊断率较低。根据痰革兰染色结果给予的抗生素治疗比经验治疗引起的不良反应要少,两者差异有统计学意义,  $P<0.05$ 。

**结论** 痰革兰染色对病原学诊断有较高的特异性,并且能够指导临床对 CAP 和 HCAP 病人进行针对病原体的抗生素治疗。

PU-5868

## Association between genetic variants in the human leukocyte antigen-B/MICA and Takayasu arteritis in Chinese Han population

Xiaoting Wen  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Takayasu arteritis (TA) is a rare autoimmune disease with ethnic differences. Genome-wide association studies (GWAS) showed novel genetic variants in the human leukocyte antigen (HLA) region were associated with TA. The present study aimed to investigate the linkage between these single nucleotide polymorphisms (SNP) and TA in a Chinese Han population.

**Methods** Four hundred and twelve patients from multiple centers and 597 healthy controls were genotyped using the Sequenom MassArray iPLEX platform. The association between these SNPs and various clinical symptom of TA was also investigated.

**Results** Our study showed a higher risk allele frequency of rs12524487 in TA patients compared to healthy controls (26.6% vs. 21.7%, odds ratio [OR] 1.31, 95% CI 1.06-1.61). The other SNP rs9366782 in HLA-B/MICA (major histocompatibility complex class I polypeptide-related sequence A) showed association with TA ischemic brain disease (OR: 1.78, 95% CI: 1.16-2.73,  $P_c = 0.03$ ). However, rs3763288 and rs114202986 in MICA were negatively related to TA either as a whole or in any clinical features. Meanwhile, ATGT(rs9366782, rs12524487, rs3763288 and rs114202986) were the risk haplotypes ( $P_c = 2.48 \times 10^{-10}$ ).

**Conclusions** Our findings indicated that rs12524487 in HLA-B/MICA was a genetic risk factor for TA in a Chinese Han population and rs9366782 in this region was associated with ischemic brain disease in TA but not TA susceptibility.

PU-5869

## 免疫球蛋白重/轻链检测在 IgG 型多发性骨髓瘤疗效评估中的意义

梁玉芳,李秭瑶,陈文明,王清涛  
首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 评估 HLC 在 IgG 型多发性骨髓瘤患者疗效评价中的意义。

**方法** 选取 2017 年 6 月至 2017 年 10 月在北京朝阳医院确诊及治疗的 IgG 型多发性骨髓瘤患者 25 例,采用常规 M 蛋白评估方法,流式 MRD 检测及 HLC、FLC 方法同时评估疗效,比较 HLC 和其他方法的差异。

**结果** 选取 2017 年 6 月至 2017 年 10 月在北京朝阳医院确诊及治疗的 IgG 型多发性骨髓瘤患者 25 例,采用常规 M 蛋白评估方法,流式 MRD 检测及 HLC、FLC 方法同时评估疗效,比较 HLC 和其他方法的差异。

**结论** HLC 检测在 MM 患者的疗效监测中有重要的意义,可作为 MM 患者微小残留病变的辅助评价手段,结合 MRD 及 FLC 检测可以更有效的评估 MM 患者疾病状态。

PU-5870

## 幽门螺杆菌脂多糖的研究进展

杨莉

滨州市人民医院,256600

**目的** 幽门螺杆菌脂多糖的结构在不同地区和分离株中存在不同,这可能是引起不同地区间疾病的种类和严重程度不同的原因之一。幽门螺杆菌脂多糖可以通过识别多种受体,激活不同信号通路,最终导致炎症因子的过度表达;其也能调节胃癌细胞 miRNA 的表达,两者可能最终促进了幽门螺杆菌感染到胃癌的各个阶段的转变。此文对幽门螺杆菌脂多糖的结构和其在幽门螺杆菌感染向胃癌转变过程的促进作用进行了综述。

PU-5871

## The role of p300 in the radiation-induced chromosome translocation

Yueshan Liang<sup>1,2</sup>, Zhengbo Cheng<sup>1,2</sup>, Jinxia Tang<sup>1,2</sup>, Meiling Jian<sup>1,2</sup>, Lihuang Guo<sup>1,2</sup>, Yue Huang<sup>1,2</sup>, Keqian Xu<sup>1,2</sup>

1.The Third Xiangya Hospital, Central South University

2.Department of Laboratory Medicine, Xiangya School of Medicine, Central South University

**Objective** As a serious genetic defect, chromosome translocation exists in various malignant diseases with unclearly molecular mechanism. The study aimed to investigate the role of p300 in the formation of X-ray-induced chromosome translocation in human lymphoblast cells (AHH-1).

**Methods** AHH-1 cells were treated with X-ray radiation or C646, a selective p300 acetyltransferase inhibitor. The potential role of p300 in radiation-induced chromosome translocation was speculated by detecting the changes of p300 expression level and the translocation rate of chromosome with irradiation dose. Subsequently, by inhibiting the function of p300 acetyltransferase with C646, we detected the effect of p300 acetyltransferase on the irradiation-induced DNA damage repair and the chromosome translocation frequency, and confirmed the specific role of p300 in the formation of radiation-induced chromosome translocation. In this study, the expression of p300 was detected by Western blot and Q-PCR; the chromosome translocation frequency was detected by fluorescence in situ hybridization; the viability of cell was detected by CCK8 test; the ability of DNA damage repair was reflected by the detection of  $\gamma$ -H2AX with immunofluorescence assay.

**Results** X-ray irradiation decreased the expression of p300 both in levels of protein and mRNA in 48-72h after irradiation when compared to control ( $P < 0.05$ ); with the increase of irradiation dose, the expression of p300 was down-regulated in a dose-dependent manner, while the frequency of chromosome translocation increased opposite ( $P < 0.05$ ); inhibition of p300 acetyltransferase with C646 significantly enhanced the DNA damage repair after irradiation ( $P < 0.05$ ), and increased the translocation rate after irradiation ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** p300 plays a role in the formation of the X-ray-induced chromosome translocation in the human B lymphocyte radiation, which may be related to the elevated DNA double strand break repair regulated by the decreased acetylase activity of p300.

## PU-5872

## 一例罕见前列腺液细胞形态变化

段爱军,吴香云  
河南信合医院

**目的** 病人男, 51 岁, 一年前肚子胀痛, 尿道痒等不适, 近期尿道不适加重, 在乡卫生院输液 30 天, 门诊就诊送检前列腺液常规+细胞学。

**方法** 前列腺液一般常规检查方法是直接涂片法, 不经过染色, 易造成漏诊、误诊。通过前列腺液细胞学制片技术的改进, 通过细胞形态变化可以给临床提供及时、快捷、准确的诊断依据, 采用三种不同染色方法, 细胞学可见脂肪滴和含脂肪颗粒细胞, 嗜中性粒细胞, 淋巴细胞, 巨多核细胞, 上皮细胞, 前列腺主上皮细胞, 胆红素结晶, 大量精子, 红细胞吞噬细胞, 多核变性细胞、泡沫细胞, 发现细菌。通过三种不同染色方法清晰观察到含脂肪颗粒细胞和泡沫细胞的鉴别, 另外, 瑞姬氏染色中观察到含脂肪颗粒细胞, 而染色后待干油镜下再观察同视野细胞(因染色液甲醇等所致)变成泡沫细胞。

**结果** 细胞形态分析: 苏丹 III 染色可见中等量脂肪滴和含脂肪颗粒细胞, 考虑有局部淋巴管的受压损伤渗出; 嗜中性粒细胞增高, 查到细菌同时伴有红细胞吞噬细胞和胆红素结晶, 考虑有出血和细菌感染; 巨多核细胞上皮细胞, 前列腺主上皮细胞, 大量精子, 多核变性细胞等细胞建议细胞学动态观察, 进一步做相关检查, 肿瘤细胞待排除。

**结论** 通过改进前列腺液细胞学制片, 采用多种染色方法, 前列腺液细胞形态完整, 细菌清晰易识别, 可以给临床医生提供及时、快速、准确的鉴别诊断依据。

前列腺液细胞学检查不需投入资金, 有一台显微镜, 培训临床检验人员掌握细胞学技术技能就具备开展工作的需求, 化验结果快速、简便、准确、该项技术适合基层医院推广应用, 为临床提供快速、准确的鉴别诊断, 避免漏诊、误诊, 使病人的病情得到早期诊断, 早期治疗。

## PU-5873

**Single nucleotide polymorphisms of IL12B are associated with Takayasu arteritis in Chinese Han population.**

Xiaoting Wen  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Takayasu arteritis (TA) is a rare autoimmune disease of unknown etiology. Genome-wide association studies (GWAS) have demonstrated association between genetic variants of IL12B and IL6 and TA. Since TA has been reported with ethnic heterogeneity, we sought to investigate whether the single-nucleotide-polymorphisms (SNPs) reported in these studies are associated with TA in the Chinese Han population.

**Methods** A multi-center study involving 412 patients with TA and 597 healthy controls was conducted. Sequenom MassArray iPLEX platform was used to determine the frequencies of SNPs in the IL12B and IL6 region.

**Results** We demonstrated a allele association between the four SNPs of IL12B and TA (rs6871626: OR 1.52, 95% CI 1.26-1.83; rs4921492: OR 1.46, 95% CI 1.21-1.75; rs60689680: OR 1.41, 95% CI 1.17-1.69; rs4921493: OR 1.45, 95% CI 1.21-1.75, all  $P < 10^{-3}$ ). A meta-analysis consist of four populations showed rs6871626 was a susceptible locus of TA. Its OR was 1.51, and 95% CI was 1.31-1.74. The four SNPs were in strong linkage disequilibrium and two haplotypes were significantly different between patients and controls. Conditional analysis shows that these SNPs were not independent factors contributing to TA. Nevertheless, neither genotype nor allele frequencies of rs2069837 in IL6 showed significant between-group differences.



**Conclusions** Thus SNP of IL12B may be considered a high-risk factor for TA in Chinese Han population and provide further clues for research into the pathogenesis of TA.

#### PU-5874

### 滨州地区 14 岁及 14 岁以下呼吸道感染患儿肺炎支原体抗体检测结果分析

杨莉  
滨州市人民医院,256600

**目的** 分析 14 岁及 14 岁以下呼吸道感染儿童肺炎支原体 (*mycoplasma pneumoniae*,MP) 感染情况及流行病学特征。

**方法** 对 2016 年 1 月-12 月在滨州市人民医院就诊的患儿 12838 例采用被动凝集法检测血清 MP 抗体,分析其结果和临床资料。采用 SPSS16.0 软件进行  $\chi^2$  检验。

**结果** MP 感染率为 41.42% (5318/12838), 其中女性患儿感染率为 48.71%, 男性患儿感染率为 37.3%。6-14 岁组 MP 感染率为 59.85%, 高于 <1 岁组感染率为 18.22%, 1-3 岁组感染率为 26.66%, 3-6 岁组感染率为 41.88%, 随年龄增长阳性标本检出率逐渐增高, 学龄期儿童检查率最高。12 月感染率最高为 57.59%, 高于 1-11 月, 7 月感染率最低为 28.49%。肺炎支原体感染在不同性别、年龄组、季节间比较差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。呼吸道感染患儿中以大叶性肺炎 MP 感染阳性率最高, 其次为间质性肺炎。

**结论** 滨州地区儿童 MP 感染全年均有发生, 女性患儿发病率高于男性患儿, 冬季常见, 学龄期儿童感染率最高, 呼吸道感染患儿以大叶性肺炎感染 MP 阳性率最高。

#### PU-5875

### 某院急诊检验溶血标本对生化结果的影响分析

赵秀娟  
潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 标本溶血是检验科实验室标本不合格的主要原因,也是实验室最常见的误差原因,溶血的标本很可能干扰检测结果,导致检验报告的错误发放。基于急诊检验工作的特殊性,重新抽血不仅会增加患者的痛苦,容易引发医患纠纷,也会延长实验结果的发放,耽误患者最佳治疗机会。而且标本复查还会造成医疗机构人力,物力的损失,增加经济支出。所以正确判断溶血标本对生化结果的影响显得尤为重要。

**方法** 收集我院急诊检验 2018 年 3 月-2018 年 12 月的 80 例进行生化检验的未溶血的标本,每份标本均分成 AB 两组, A 组作为实验组,人工诱导溶血后进行生化检验, B 组作为对照组,进行正常的生化检验,实验结束后,对比 AB 两组的检验结果。

**结果** 经过对两组检验结果的对比分析,发现实验组 A 组的天冬氨酸转氨酶(AST)、丙氨酸转氨酶(ALT)、血钾(K)数值明显高于对照组 B 组,  $P<0.05$ , 具有统计学差异。而 AB 两组的尿素(BUN)、葡萄糖(GLU)、肌酐(Cre)数值无明显差异,  $P>0.05$ , 没有统计学意义。

**结论** 标本溶血的本质是红细胞的破坏,在检验过程中,细胞内容物释放、光学干扰或者与试剂成分发生化学反应等,都会对检验结果产生干扰,可导致检验结果假性升高或降低,对检验结果产生或多或少的的影响。所以在检验过程中要尽量避免使用溶血标本,保证检验结果的准确性。但由于急诊检验患者的特殊性,需要快速及时的出具检验报告,才能给与患者最及时的治疗,尽可能挽救患者的生命,所以更需要急诊检验人员能够正确的判别溶血标本对检验结果的影响性,对基本无影响的项目进行检测,对影响较大的项目要做出正确的处理。

PU-5876

## Treponema pallidum Induces the Secretion of HDVSMC Inflammatory Cytokines to Promote the Migration and Adhesion of THP-1 Cells

Zhengxiang Gao, Tiang-Ci Yang

Zhongshan Hospital, School of Medicine, Xiamen University

**Objective** The pathological features of syphilis, a disease caused by *Treponema pallidum* (T. pallidum), are characterized by vascular involvement with endarteritis and periarteritis. Little is known about the interactions of infiltrating immunocytes with human dermal vascular smooth muscle cells (HDVSMCs) in arterioles during the immunopathogenesis of syphilis.

**Methods** HDVSMCs were stimulated with T. pallidum and the expression of inflammatory cytokines and adherence of immunocytes to VSMCs were detected.

**Results** In the present study, we demonstrated that stimulation of HDVSMCs with T. pallidum resulted in the upregulated gene transcription and protein expression of interleukin (IL)-6, monocyte chemoattractant protein-1 (MCP-1) and intercellular adhesion molecule-1 (ICAM-1) in a dose- and time-dependent manner. Moreover, the migration and adhesion of THP-1 cells to HDVSMCs were significantly suppressed by anti-MCP-1 and anti-ICAM-1 neutralizing antibodies, respectively. Further studies revealed that T. pallidum activated the NF- $\kappa$ B signalling pathway in HDVSMCs. Inhibition of NF- $\kappa$ B suppressed T. pallidum-induced IL-6, MCP-1 and ICAM-1 expression. In addition, the migration and adhesion of THP-1 cells to T. pallidum-treated HDVSMCs were significantly decreased by pretreatment with an NF- $\kappa$ B inhibitor.

**Conclusions** These findings demonstrate that T. pallidum induces the production of IL-6, MCP-1 and ICAM-1 in HDVSMCs and promotes the adherence and migration of THP-1 cells to HDVSMCs through the NF- $\kappa$ B signalling pathway, which may provide new insight into the pathogenesis of T. pallidum infection.

PU-5877

## 2014 年医院感染流行病学及细菌耐药性监测分析

杨莉

滨州市人民医院, 256600

**目的** 分析医院感染病原菌分布及耐药性变化, 为临床合理使用抗菌药物提供依据。方法 回顾性分析 2014 年 1 月-2014 年 12 月各种标本的病原菌分布及耐药性, 采用 BD PHOENIX-100 全自动微生物分析鉴定系统进行菌株鉴定和药敏试验, 部分药敏试验采用 K-B 纸片扩散法, 结果判定依据 NCCLS 颁布的标准。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月-2014 年 12 月各种标本的病原菌分布及耐药性, 采用 BD PHOENIX-100 全自动微生物分析鉴定系统进行菌株鉴定和药敏试验, 部分药敏试验采用 K-B 纸片扩散法, 结果判定依据 NCCLS 颁布的标准

**结果** 2014 年标本培养阳性率低于山东省培养阳性率; 临床分离菌株中痰标本 980 份, 占 61.25%, 血液标本 220 份, 占 13.75%; 检出革兰氏阴性菌 2230 株占 71.5%, 革兰氏阳性菌 812 株占 26.0%。革兰氏阴性菌中大肠埃希菌对碳青霉烯类保持高度敏感, 其次为头孢哌酮/舒巴坦; 非发酵菌中铜绿假单胞菌对阿米卡星的耐药率最低, 其次为哌拉西林/他唑巴坦; 鲍曼不动杆菌呈现泛耐药趋势; 革兰氏阳性菌不同菌种耐药不同, 均未发现耐万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁菌株。

**结论** 应加强对细菌耐药性的监测, 使临床合理使用抗菌药物, 降低耐药率。

## PU-5878

## 肺癌患者化疗前后 T 淋巴细胞亚群和 NK 细胞免疫功能变化

杨伟

云南省肿瘤医院,650000

**目的** 监测肺癌患者化疗前后外周血 T 淋巴细胞亚群和 NK 细胞的数量, 并从细胞水平分析肺癌患者的细胞免疫状态及化疗对其影响。

**方法** 选择 2012 年至 2018 年到院治疗的 46 例肺癌患者分别于化疗开始前和第二次化疗结束后抽取空腹静脉血, 采用流式细胞术检测  $CD_3^+T$ 、 $CD_4^+T$ 、 $CD_8^+T$  和  $CD_4^+/CD_8^+T$  细胞及 NK 细胞数量。统计采用 t 检验和回归直线分析。

**结果** 肺癌患者化疗后外周血  $CD_3^+$ 、 $CD_4^+$  和  $CD_8^+$  细胞数量较化疗前升高, 差异有显著性 ( $P<0.05$ );  $CD_4^+/CD_8^+$  细胞及 NK 细胞数量较化疗前减低, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 化疗能改善肺癌患者的免疫状况。

## PU-5879

## 四川省某医院精神科患者尿路感染的病原菌分布及耐药性分析

侯钧

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 了解精神科住院患者尿路感染的病原菌分布趋势及细菌耐药情况, 为临床经验性抗感染治疗提供参考。

**方法** 收集 2016 至 2018 年在四川省精神卫生中心诊治为尿路感染的精神科住院患者 171 例, 对送检的尿液标本进行细菌分离培养, 使用质谱 (MALDI-TOF-MS) 和 VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定系统进行细菌鉴定, 采用微量肉汤稀释法进行体外药敏试验, 使用 WHONET5.6 软件对药敏试验结果进行分析。

**结果** 精神科患者尿路感染人群以女性为主 (61.99%), 共分离出病原菌 171 株, 最常见的致病菌是大肠埃希菌 (56.14%), 其次是肺炎克雷伯菌 (9.36%) 和摩根菌属 (5.26%)。大肠埃希菌对氨苄西林、哌拉西林、庆大霉素、环丙沙星、左氧氟沙星、复方新诺明的敏感性均低于 50%; 对哌拉西林/他唑巴坦、头孢西丁、亚胺培南、磷霉素、呋喃妥因的敏感性均高于 90%, 检出 1 例对亚胺培南非敏感的大肠埃希菌, 未发现对美罗培南、阿米卡星耐药的菌株。

**结论** 精神科住院患者尿路感染以女性多见, 常见病原菌包括大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、摩根菌属, 大肠埃希菌的耐药性非常严重。

## PU-5880

## Evaluation of a pulsed xenon ultraviolet light device for reduction of pathogens with biofilm formation ability and impact on environmental bioburden in Clinic medicine department

Lihua Chen, Yong Wu  
The Third Xiangya Hospital of Central South University

**Objective** To investigate the effects of a Pulsed xenon ultraviolet (PX-UV) light device on pathogens with biofilm formation ability. In addition, to evaluate the PX-UV effectiveness on environmental bioburden in Clinic medicine department.

**Methods** Selected and identified *P. aeruginosa* PA47, *Staphylococcus aureus* B1 and *K. pneumoniae* CR52 from clinic isolates. The biofilm-forming ability was quantified via microtiter plates with crystal violet staining and qualified by microscopic photography. The effects of PX-UV for killing these three biofilm formation strains on surfaces were evaluated by plate culture method. Body fluid testing laboratory, microbiology laboratory, immunology and HIV prescreening laboratory were chosen to test the environmental bioburden in Clinic medicine department. The air samples and high-touch surfaces specimens in the three laboratories were obtained before and after routine manual cleaning, post 6 minutes of PX-UV disinfection. The cultured microbes in Clinic medicine department environment were identified with MALDI-TOF-MS.

**Results** *P. aeruginosa* PA47, *Staphylococcus aureus* B1 and *K. pneumoniae* CR52 had strong biofilm formation ability. PX-UV significantly reduced the counts of these three strains on surfaces. PX-UV could reduce the bioburden of air samples in body fluid testing laboratory (from 4.4 to 0.4,  $p=0.039$ ), microbiology laboratory (from 3.62 to 0.5,  $p=0.001$ ) and immunology and HIV prescreening laboratory (from 4.75 to 0.5,  $p=0.014$ ). Before manual cleaning the mean microbe counts in the three laboratories were 22.14, 13 and 20 respectively. PX-UV could eliminate all the bioburden on surfaces to 0 ( $p<0.05$ ). All the microbes identified in Clinic medicine department were conditional pathogens. The types consist of cocci, rods and fungi. Most of the microbes had low pathogenicity, such as *Staphylococcus haemolyticus*, *Micrococcus luteus*, and *Staphylococcus epidermidis*. But *K. pneumoniae*, *E. coli*, and *Moraxella Oslo*, which could cause healthcare associated infections and lead to severe infections were also identified.

**Conclusions** The PX-UV device could effectively reduce the recovery of biofilm formation pathogens on surfaces. The environmental bioburden in Clinic medicine department were significantly eliminated by PX-UV. The microbes identified in Clinic medicine department were potential to cause nosocomial infection. PX-UV can effectively disinfect them.

## PU-5881

## 血清 IgG4 水平在 IgG4 相关性疾病中的诊断价值研究

侯钧  
绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心, 621000

**目的** 探讨血清 IgG4 水平在 IgG4 相关性疾病中的诊断价值。

**方法** 采用回顾性分析方法, 收集 2017 年 03 月 01 日至 2019 年 02 月 28 日期间, 在我院确诊为胰腺炎并检测了血清 IgG4 水平的住院患者, 以及确诊患有其他疾病 (非胰腺炎) 并且血清 IgG4  $\geq 1.350$ g/L 的患者临床资料。共收集到临床患者 60 例, 其中胰腺炎患者 29 例、IgG4 相关性疾病患者 9 例、肿瘤患者 7 例、肝损伤患者 5 例、其他疾病患者 10 例。使用免疫散射比浊法检测患者血清 IgG4 水平, 探讨血清 IgG4 检测的临床价值。

**结果** 以 1.350g/L 作为血清 IgG4 水平的阳性 cut-off 值, 血清 IgG4 水平异常患者共有 37 例(男 21 例, 女 16 例), 其中胰腺炎患者 6 例、IgG4 相关性疾病患者 9 例、恶性肿瘤患者 7 例、肝损伤患者 5 例、其他疾病患者 10 例。

**结论** 血清 IgG4 的检测对于 IgG4-RD 的诊断以及鉴别诊断至关重要, IgG4 在不同疾病中的价值仍需进一步研究。

PU-5882

## 化学发光法和 TPPA 凝集法检测梅毒螺旋体抗体的比较分析及方法学评价

陈欢,谢凤

吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000

**目的** 评价化学发光微粒子免疫测定(CMIA)法和梅毒螺旋体明胶颗粒凝集试验(TPPA)试验在梅毒抗体检测中的敏感性、特异性以及两种方法之间的符合率。

**方法** 对 614 例受检者同时进行 CMIA 法和 TPPA 检测, 以 TPPA 试验为金标准, 计算 CMIA 法的灵敏度、特异度等指标及其与 TPPA 试验的阳性符合率。

**结果** CMIA 法检测阳性率为 38.02%, TPPA 凝集法检测阳性率为 35.80%, 二者差异无统计学意义。CMIA 法的灵敏度为 96.85%, 特异度为 93.09%。CMIA 法与 TPPA 凝集法的阳性符合率为 90.90%, CMIA 法在 S/CO 值为 1.0 至 10.0 范围内, 使用 TPPA 凝集法复检, 均出现了 TPPA 阴性结果。CMIA 法的 S/CO 值越小, 其与 TPPA 试验的阳性符合率越低。而在 S/CO 值 10.0 以上的各组中, TPPA 结果均呈阳性。此外受检者年龄越大, 两种方法的阳性符合率越低。65 岁以上者两种方法的阳性符合率显著低于 65 岁以下者。

**结论** CMIA 法的诊断效能与 TPPA 试验接近, 是较好的梅毒筛查方法。CMIA 是近两年推出的全自动微粒子化学发光检测法, 操作简单, 时间短。TPPA 凝集法对梅毒特异性抗体的检测具有高度敏感性和特异性, 是目前国内外广泛应用的梅毒确认试验。但由于操作繁琐, 反应时间长, 肉眼判读结果主观性强, 限制了其大样本检测的能力。临床检验工作中, 可以结合以上两种方法的优缺点, 使用 CMIA 法进行大批量样本的初筛, CMIA 法检测阳性的标本使用 TPPA 凝集法复检, 可以最大程度的降低由于生物学原因及标本本身因素而造成的假阳性结果, 尤其对于 CMIA 法筛查出的低值标本和 65 岁以上老年人的阳性标本更有检测意义及临床指导意义。

PU-5883

## hucMSC-Ex 促进小胶质细胞向 M2 表型极化缓解脊髓损伤的实验研究

周新茹,胡新远,金倩,许文荣,钱晖

镇江市外泌体基础与转化应用高技术研究重点实验室, 江苏省检验医学重点实验室, 江苏大学医学院

**目的** 探讨人脐带间质干细胞来源外泌体(hucMSC-Ex)对 SD 大鼠脊髓损伤(SCI)的修复作用及其可能的机制。

**方法** 体内构建 SD 大鼠 SCI 模型, 分假手术组、SCI+PBS 组和 SCI+ hucMSC-Ex 组, Basso-Beattie-Bresnahan(BBB)评分法评估大鼠后肢运动功能; 在术后不同的时间点行心脏灌注术取脊髓组织进行 HE 染色; western blot 和免疫组织化学染色检测组织 M1/M2 型小胶质细胞标志物 Arg1 和 iNOS 变化;体外培养原代小胶质细胞, 免疫荧光鉴定原代小胶质细胞及其纯度, 分 PBS 组、LPS 组和 LPS+hucMSC-Ex 组, 显微镜观察处理后各组细胞形态变化; western blot、免疫荧光和 qRT-PCR 检测各组 M1/M2 型小胶质细胞标志物以及可能的信号通路变化; 收集各处理组细胞上

清, ELISA 检测上清炎症因子的变化; 各组细胞上清处理 PC12 细胞系检测突触后致密蛋白 PSD95 的变化; 各组细胞上清处理人脐静脉内皮细胞进行迁移和小管形成实验。

**结果** 成功构建了 SD 大鼠 SCI 模型, BBB 评分显示原位注射 hucMSC- Ex 可促进大鼠后肢运动功能恢复。HE 染色显示 hucMSC- Ex 可显著改善受损脊髓组织结构。Western blot、免疫组化、免疫荧光以及 qRT-PCR 结果显示 hucMSC- Ex 显著减少 M1 小胶质细胞标志物表达及增加 M2 小胶质细胞标志物表达。ELISA 显示 LPS+hucMSC- Ex 组细胞上清促炎因子水平显著下调、抑炎因子水平显著上调。western blot 提示 stat3 和 mTOR 信号通路在 LPS+hucMSC-Ex 组表达上调。LPS+hucMSC- Ex 组细胞上清促进 PC12 细胞系突触后致密蛋白 PSD95 表达上调, 促进人脐静脉内皮细胞迁移及血管形成。

**结论** hucMSC- Ex 对 SCI 有修复作用, 可能通过 stat3 和 mTOR 信号通路促进 M1 小胶质细胞向 M2 小胶质细胞极化减少 SCI 继发性炎症损伤、促进神经元突触形成和促血管形成缓解脊髓损伤。

#### PU-5884

### 液相色谱-串联质谱联用检测血清油酸的建立及其在非酒精性脂肪肝分级中的应用

叶致含, 马萌萌, 吕红根, 郭一德, 王科力, 范列英  
上海市东方医院 (同济大学附属东方医院)

**目的** 建立液相色谱-串联质谱联用技术 (LC-MS/MS) 检测血清油酸 (OA) 的方法, 分析 OA 在非酒精性脂肪肝 (NAFLD) 分级中的作用。

**方法** 使用 OA- $[^{13}\text{C}_5]$  作为同位素内标物, OA 和 OA- $[^{13}\text{C}_5]$  的离子对分别为 281.3/281.3 和 286.3/286.3。ZORBAX SB-Aq C18 反相色谱柱, 流动相 A 为超纯水, 流动相 B 为甲醇: 乙腈 (1:1, v/v), 进行梯度洗脱, 流速 0.3 mL/min。考察精密度、线性、稳定性、携带污染率等性能以评价该方法的可靠性。选取体检 B 超和临床表现诊断 NAFLD 者 180 名及健康体检者 60 名, 采用 LC-MS/MS 检测 OA, B 超评价 NAFLD 分级程度。最后进行综合分析, 评价 OA 与脂肪肝分级的相关性。组间比较使用单因素方差分析, 相关分析采用 Spearman 分析。

**结果** 所建立的 OA LC-MS/MS 方法特异性好, 在 10~1000  $\mu\text{mol/L}$  范围内线性关系良好,  $y=0.00737x+0.00673$ ,  $r=0.9994$ , 定量限 (LLOQ) 为 10  $\mu\text{mol/L}$ , 批内精密度 (CV)  $\leq 0.88\%$ , 实验室内总 CV  $\leq 1.41\%$ , 方法精密度较好, 适合临床血清样本的测定。与对照组 ( $200.53 \pm 67.45$ ,  $\mu\text{mol/L}$ ) 相比, NAFLD 组血清 OA 含量 ( $337.81 \pm 141.84$ ,  $\mu\text{mol/L}$ ) 显著升高, 且 OA 水平与 NAFLD 分级程度正相关。

**结论** 所建立的 LC-MS/MS 检测方法能够科学、高效定量血清中 OA 的含量, 为动态监测代谢性疾病病人 OA 含量的变化提供可靠的方法。

#### PU-5885

### 西格玛规则在肿瘤标志物及内分泌项目室内质量控制的应用

宋真真<sup>1</sup>, 许青霞<sup>1</sup>  
1. 河南省肿瘤医院, 450000  
2. 河南省肿瘤医院, 450000

**目的** 根据卫生行业标准 WS/T 641-2018, 使用西格玛规则评价 Roche e601 肿瘤标志物、内分泌项目的检测性能并选择合适的质控方法。

**方法** 使用连续 6 个月室内质控数据累积的变异系数 (CV)，2018 年参加国家卫健委临检中心室间质量评价数据计算的偏倚 (Bias) 和卫健委临检中心室间质量评价允许总误差，根据公式  $\sigma = (\text{TEa} - |\text{Bias}|) / \text{CV}$ ，计算肿瘤标志物、内分泌项目的西格玛度量值，并根据西格玛规则图法选择合适的质控规则。

**结果** 雌二醇的检测性能大于  $6\sigma$  (世界一流水平)，使用  $1_{3s}$  (N=2, R=1) 质控方法即可满足需要；游离 T3、游离 T4、FSH 的  $\sigma$  值在  $5\sim 6\sigma$  之间 (优秀水平)，可选用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  (N=2, R=2) 质控方法；LH、TSH 的  $\sigma$  值位于  $4\sim 5\sigma$  之间 (良好水平)，可选用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  (N=2, R=2) 质控方法；睾酮、孕酮和肿瘤标志物项目中 AFP、CA125、TPSA 的检测性能在  $3\sim 4\sigma$  之间 (临界水平)，宜选用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/8X$  (N=2, R=4) 质控方法；CEA、CA19-9、CA15-3 以及总 T3、总 T4 的  $\sigma$  值小于 3 (性能欠佳)，需采用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/8X$  判断质控是否在控，且需增加质控频率。

**结论** 雌二醇的检测性能最高；CEA、CA19-9、CA15-3 和总 T3、总 T4 的检测性能欠佳，需积极寻找原因，改进检测精密度和准确度。

PU-5886

## 维生素 D 稳定性研究

贾婷婷  
朝阳医院

**目的** 研究血液标本在不同条件下保存三周维生素 D 的稳定性，完善维生素 D 稳定性研究数据。讨论流水线验后标本储存系统与一般储存方式相比是否有其特有的优势。

**方法** 普通采血管收集 50 名患者的血液样本。分别研究离心、不同温度储存和置于不同储存系统后样本中 25 羟基维生素 D 的稳定性，通过统计学分析和相对偏倚判断维生素 D 的稳定性，根据文献报道以偏移大于 8.5% 认为样本不稳定。

**结果** 所有储存温度和条件下维生素 D 的相对偏移均大于 8.5%

**结论** 维生素 D 长期稳定性不佳，需要及时检测。

PU-5887

## 液相色谱串联质谱法和化学发光免疫分析法测定血浆醛固酮的结果比较分析

赵蓓蓓<sup>1,2</sup>, 姜二岗<sup>1</sup>, 刘伟霞<sup>1,2</sup>, 汪慧<sup>1,2</sup>, 余旭辉<sup>1,2</sup>, 程雅婷<sup>1,2</sup>

1. 广州金域医学检验中心有限公司

2. 广州医科大学金域检验学院

**目的** 比较评价测定血浆醛固酮的两种检测方法：液相色谱串联质谱法 (LC-MS/MS) 和化学发光免疫分析法 (CLIA)。

**方法** 收集 134 例高血压患者的血浆标本，分别采用 LC-MS/MS 和 CLIA 平行检测血浆醛固酮，并将两种方法的检测结果分别采用 Spearman's 相关性、Passing-Bablok 检验及 Wilcoxon test 统计学方法进行结果比较分析。

**结果** LC-MS/MS 测定血浆醛固酮的均数为  $13.28 \pm 8.71 \text{ ng/dl}$ ，CLIA 法测定的均数为  $24.27 \pm 12.97 \text{ ng/dl}$ 。Spearman's 分析结果显示，LC-MS/MS 和 CLIA 检测血浆醛固酮的结果之间具有显著相关性 (相关系数为 0.922, 95% CI: 0.889-0.945,  $P < 0.01$ )；Passing-Bablok 回归分析的回归方程为  $Y = 1.18X + 7.28$  (Y 表示 CLIA, X 表示 LC-MS/MS)，两种检测方法检测得到的血

浆醛固酮结果之间存在系统差异和比例差异; Wilcoxon 配对检验显示两种血浆醛固酮检测结果存在显著性差异 ( $P < 0.01$ )。

**结论** LC-MS/MS 和 CLIA 测定血浆醛固酮相关性较高, 但前者结果显著偏低, 血浆醛固酮的准确定量对原发性醛固酮增多症的筛查、确诊及分型诊断非常重要, 但目前尚缺乏 LC-MS/MS 检测血浆醛固酮应用于临床的参考值, 还需要结合临床建立合适的参考值。

PU-5888

## Ku70 contributes to the formation of chromosome translocation and the carcinogenesis of T-cell acute lymphoblastic leukemia

Meiling Jian<sup>1</sup>, Yupeng Wang<sup>2</sup>, Yueshan Liang<sup>1</sup>, Lihuang Guo<sup>1</sup>, Yue Huang<sup>1</sup>, Keqian Xu<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, the Third Xiangya Hospital of Central South University

2. Department of Laboratory Medicine, Hunan Provincial People's Hospital

**Objective** The molecular mechanism of chromosome translocation is poorly understood. The study aimed to investigate the role of Ku70 in the formation of chromosome translocation.

**Methods** In this article, peripheral blood lymphocytes (PBLs) from 12 healthy volunteers were irradiated with 0, 0.5, 1 and 2 Gy X-rays. The mRNA and protein of Ku70 were detected by RT-PCR and Western blotting, DNA double strand breaks (DSBs) and the frequency of chromosome translocations were explored by neutral comet assay and whole chromosome painting technique with fluorescence in situ hybridization (FISH). Pearson correlation coefficients were calculated to explore associations between Ku70 mRNA, Ku70 protein and chromosome translocation. Besides, we knocked down XRCC6, the gene encoding Ku70, by shRNA and analyzed the impact of Ku70 deficiency on chromosome translocation. Meanwhile, poly (ADP-ribose) polymerase (PARP) inhibitor olaparib was used to further explore the role of classical nonhomologous end joining (C-NHEJ) in chromosome translocation. Besides, a web-based microarray database (Oncomine; [www.oncomine.org](http://www.oncomine.org)) was used to explore the transcriptional expression of Ku70 in T-cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL) and normal tissues.

**Results** We found that Ku70 expression and the frequency of chromosome translocation were both significantly increased in PBLs irradiated with X-rays ( $P < 0.05$ ). The DSBs in PBLs at 72 h after being exposed to 0.5, 1 and 2 Gy radiation markedly reduced, compared with that at 0 h ( $P < 0.05$ ). Besides the frequency of chromosome translocation showed a moderate positive correlation with the expression of Ku70 mRNA ( $r = 0.4877$ ,  $P < 0.001$ ) and a weak positive correlation with the expression of Ku70 protein ( $r = 0.3038$ ,  $P < 0.05$ ). Our studies also ascertained that chromosome 1 and 2 were more radio-sensitive than chromosome 4 in metaphase stages in PBLs irradiated with X-rays. Furthermore, XRCC6 knockdown decreased the frequency of chromosome translocations accompanied with increased protein level of PARP1, a key factor in alternative end joining (alt-EJ) ( $P < 0.05$ ). Moreover, PARP1 increased after X-rays ( $P < 0.05$ ), and inhibited PARP1 expression in PBLs increased the expression of Ku70 after 2Gy ( $P < 0.05$ ) and the frequency of chromosome translocations after 1 and 2Gy ( $P < 0.05$ ), suggesting that the effect of Ku70 on chromosome translocation might mainly work through the C-NHEJ but not alt-EJ in human PBLs. Besides, we had investigated the clinicopathological significance of XRCC6 (Ku70) expression in T-ALL.

**Conclusions** In conclusion, we showed evidence that Ku70 was a hotspot for chromosome translocation and might be a potential molecular therapy target for T-ALL.



PU-5889

## 2746 例门诊患者生殖道沙眼衣原体、解脲脲原体与淋球菌检测结果分析

范新萍,高瑞丰

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 分析门诊患者沙眼衣原体(CT)、淋病奈瑟菌(NG)、解脲脲原体(UU)的感染情况,为临床和疾控机构提供实验室诊断依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 12 月两年间就诊于北京朝阳医院门诊且行 CT、NG 及 UU 三者之一检测的患者,共 2746 例,收集三种病原体的核酸扩增数据,进行统计学分析。

**结果** 共检测 CT1420 例,阳性 288 例,阳性率 20.3%; UU1790 例,阳性 787 例,阳性率 43.9%; NG932 例,阳性 115 例,阳性率 12.3%。男性患者中,NG 和 CT 的阳性检出率均显著高于女性;女性 UU 的阳性检出率显著高于 NG 和 CT。混合感染的感染类型以 CT+UU 以及 CT+NG 为主。三种病原体的阳性率主要集中于 21-≤40 岁年龄段患者,各年龄段间阳性率差异有统计学意义。皮肤科和泌尿外科的 NG 和 CT 检出率高,生殖医学科和妇科的 UU 检出率高。

**结论** 临床上 CT、UU、NG 的感染情况很常见,在临床工作中要注意对易感人群同时筛查多种性病病原体,加强青少年性健康方面的预防宣传工作,及时控制传染源,预防疾病进一步传播。

PU-5890

## Association between C4 copy number variation and Systemic lupus erythematosus: a meta-analysis

ziyan wu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Systemic lupus erythematosus (SLE) was a chronic autoimmune disease characterized by multiple genes. C4 copy number variation (CNV), which located in chromosome 6, had been the hotspot in the genetic study for SLE. Low C4 level had also been associated with the activity of SLE. Although several studies tried to figure out the association between C4 CNV and SLE, disparity still existed. Thus, it was time for us to carry out a meta-analysis to comprehensively understand the role of C4 CNV in SLE.

**Methods** Literature searches were performed in Pubmed, Embase and the Web of Science, in order to identify studies pertaining to the association between C4 CNV and SLE. Two investigators independently extracted and evaluated the data from eligible studies. The association between C4 CNV and SLE was estimated overall by the odds ratio (OR) and 95% confidence intervals (95% CI). Further analysis was conducted with STATA 12.0 software (Stata Corp.; College Station, TX).

**Results** Eight studies with 4107 SLE patients and 5889 healthy controls were finally included in the meta-analysis. Lower total C4 CNV and C4A CNV was associated with SLE in the overall analysis (pooled OR: 1.55, 95% CI: 1.23-1.95; pooled OR: 1.86, 95% CI: 1.51-2.29). And subgroup analysis found significant association between lower total C4 CNV, lower C4A CNV and SLE in Caucasians (pooled OR: 1.84, 95% CI: 1.60-2.12; pooled OR: 2.23, 95% CI: 1.92-2.59). While that was not shown in East Asians. However, the association were not shown in C4B CNV, long C4 CNV, short C4 CNV and SLE.

**Conclusions** The meta-analysis confirmed that lower total C4 CNV and lower C4A CNV were associated with SLE. Additional studies from other ethnic populations and functional experiments are necessary to determine the extent to which the C4 gene underlies the development of SLE.

PU-5891

## 呼吸科病房耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌碳青霉烯酶基因型的检测

刘建梅<sup>1</sup>,邓德耀<sup>1</sup>,杨泽芳<sup>2</sup>,袁文丽<sup>1</sup>,徐红云<sup>1</sup>,张唤<sup>1</sup>,陈弟<sup>1</sup>

1.云南省第二人民医院,650000

2.曲靖市妇幼保健院,655000

**目的** 分析某院 2017 年 1 月-2017 年 12 月呼吸科临床分离的耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌(carbapenem-resistance acinetobacter baumannii,CRAB)碳青霉烯酶的基因型,为临床科室有效控制院内感染和对患者进一步治疗提供帮助和支持。

**方法** 收集某院呼吸科病房临床分离的 CRAB 共 68 株,应用聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)检测 OXA-51、OXA-23、ISAbal-oxa-51、ISAbal-oxa-23 共四种碳青霉烯酶基因。

**结果** 在 68 株 CRAB 中 OXA-51 的检出率是 95.6%, OXA-23 的检出率是 66.1%, ISAbal-oxa-51 的检出率是 25.0%, ISAbal-oxa-23 的检出率是 41.2%。

**结论** ISAbal-oxa-23+OXA-23+OXA-51 型碳青霉烯酶基因表达模式是该院呼吸科 CRAB 碳青霉烯酶的主要表达模式;产 OXA-23 型碳青霉烯酶是鲍曼不动杆菌碳青霉烯类抗生素耐药的主要原因。

PU-5892

## Eosinophilic granulomatosis with polyangiitis: Elevated serum IgG4 and association of IgG4 level with number of involved organs

ziyan wu

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Determine the levels and clinical impact IgG4 and other IgG subclasses in a Chinese population with eosinophilic granulomatosis with polyangiitis (EGPA).

**Methods** We enrolled 49 patients who had EGPA, 27 who had granulomatosis with polyangiitis (GPA), 31 who had microscopic polyangiitis (MPA), and 30 healthy controls (HC). Serum IgG subclasses were measured using commercial immunonephelometric assays and compared among different groups.

**Results** Fifteen EGPA patients (30.61%) had elevated IgG4 levels, based on a 135 mg/mL cut-off value. In addition, 2 GPA patients (7.40%) and 1 MPA patient (3.33%) had elevated IgG4 levels. The EGPA group had a higher IgG4 level (65.60 mg/dL) than the GPA group (32.70 mg/dL,  $p = 2.1 \times 10^{-3}$ ), the MPA group (30.00 mg/dL,  $p = 2.1 \times 10^{-3}$ ), and the HC group (28.55 mg/dL,  $p = 2.0 \times 10^{-4}$ ). The EGPA group also had a higher IgG4/IgG ratio (6.44%) than the GPA group (3.22%,  $p = 1.3 \times 10^{-2}$ ), the MPA group (2.89%,  $p = 5.5 \times 10^{-3}$ ), and the HC group (2.12%,  $p < 1.0 \times 10^{-4}$ ). Analysis of the EGPA group indicated a positive correlation of serum IgG4 level with the number of affected organs ( $r = 0.32$ ,  $p = 0.024$ ) and the erythrocyte sedimentation rate ( $r = 0.34$ ,  $p = 0.017$ ).

**Conclusions** Our results indicate that Chinese patients with EGPA have increased levels of serum IgG4, and the level of IgG4 had a positive correlation with the number of involved organs. Further study is needed to determine the pathogenic role of IgG4 and IgG4 antineutrophil cytoplasmic antibodies in EGPA.

## PU-5893

## Tst 基因通过促进炎症因子分泌并介导免疫抑制增强了金黄色葡萄球菌的致病性

郑毅,杜鸿,谢小芳,周惠琴,张海方,王敏

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 研究 *tst* 基因在耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (methicillin resistant *S. aureus* MRSA) 致病过程中的作用机理,明确其在感染性病理过程中的地位与意义。

**方法** 通过 PCR 技术分析 *tst* 基因在金黄色葡萄球菌临床分离株中的存在比率。细胞学实验评价巨噬细胞吞噬后 *tst* 基因阳性细菌在胞内存活能力、诱导细胞因子产生情况。建立 BALB/c 小鼠感染模型,检测 *tst* 阳性 MRSA 介导动物体内细胞因子水平变化以及不同器官载菌量的差异。病理切片技术评价各主要组织器官病理损害情况。

**结果** *tst* 基因在金黄色葡萄球菌临床分离株中阳性率约为 17.8, *tst* 基因阳性 MRSA 在巨噬细胞内能更好地存活,并可诱导该细胞 IL-6、IL-2 与 IL17 释放水平上升,体内实验表明 *tst* 阳性 MRSA 能显著介导 IL-6 血清水平的上升且在各器官中的载菌量均高于 *tst* 基因阴性的菌株,同时病理切片显示 *tst* 阳性 MRSA 对各主要组织器官的损害更为严重。

**结论** *tst* 基因在感染过程中不仅通过直接且持续的毒性作用,并且间接借由刺激机体产生炎症因子介导免疫抑制,增强了金黄色葡萄球菌的致病性。

## PU-5894

## Regulation of macrophage polarization by PADI4-hypoxia coordination in rheumatoid arthritis

Yu Cheng,Lieying Fan

Shanghai East hospital

**Objective** Hypoxia, a common feature of rheumatoid arthritis (RA), induces peptidyl arginine deiminase 4 (PADI4) overexpression in fibroblast-like synoviocytes (FLSs) and macrophages of RA. The imbalance between classically activated macrophages(M1) and alternative activated macrophages(M2) is proposed to participate in pathology of RA. This study aimed to investigate the effect of hypoxia and PADI4 on the polarization of macrophages.

**Methods** The distribution of M1and M2 in synovial tissues from RA and osteoarthritis (OA) patients was examined by immunohistochemical and double immunofluorescence analysis. Macrophages derived from THP-1 were cultured under normoxic (21% oxygen) or hypoxic (3% oxygen) environment, then we detected M1(marked by CD197) and M2(marked by CD206). Next, transfection of AdPADI4 and PADI4 inhibitor was conducted to manipulate the expression of PADI4 and its effect on macrophages was tested. HIF-1 $\alpha$  and HIF-2 $\alpha$  was detected. Finally, we investigatedthe roles of FLSs-induced PADI4 on macrophages polarization.

**Results** M1 and M2 were both abundant in RA synovial tissues. Hypoxia enhance the gene and protein expression of M1 and M2 markers. HIF-1 $\alpha$  was expressed in both phenotypes and HIF-2 $\alpha$  mainly expressed in M2. M1-type genes expression were enhanced when PADI4 overexpression and decreased after using PADI4 inhibitor, while M2-type genes expression had no change. RA-FLSs promoted M1 and M2 type genes expression and M1 activation can be reversed by PADI4 inhibitor.

**Conclusions** Our findings suggest that the inflammatory environment can be eased through decreasing PADI4 expression and improving hypoxic environment.

## PU-5895

## 血清高值肌酸激酶(CK)测定算法与稀释法结果的比较分析

张炳峰,蒋叶,颜承靖,颜群

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨血清高值肌酸激酶(CK)测定中的算法与稀释法的差异

**方法** 选择 20 例超出检测线性范围高值肌酸激酶(CK)血清标本,用稀释法和反应进程曲线计算法得出 CK 活性值。

**结果** 20 例高值(无结果显示) CK 通过反应进程曲线计算结果与标本稀释后测定的结果无显著差异( $P > 0.05$ )。

**结论** 在高值血清肌酸激酶检测时,反应进程曲线计算方法可代替稀释法。

## PU-5896

## 发热患者 EBV-DNA 和 EBV-CA IgM 检测结果分析

范新萍

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 探讨发热、呼吸道感染患者 EB 病毒血清学及核酸检出情况。

**方法** 选取首都医科大学北京朝阳医院三年间以发热、呼吸道感染就诊且曾进行过 EBV-DNA 和/或 EBV-CA IgM 的检测的患者,对两项指标的检测结果进行分析。

**结果** ①疑似 EBV 感染患儿和成人中,EBV-DNA 的阳性率分别为 43.8%、38.9%,EBV-CA IgM 阳性率分别为 29.4%和 9.1%;②对疑似 EBV 感染患儿和成人的 EBV-DNA 阳性标本拷贝数分层分析发现,二者间拷贝数占比分布不同,儿童 EBV-DNA 阳性标本拷贝数多集中于 103 和 104 数量级,成人 EBV-DNA 阳性标本拷贝数近一半为 103 数量级,且儿童 EBV-DNA 高拷贝数( $\geq 105$ copies/ml)较成人更常见;③将疑似 EBV 感染患儿按年龄分组,各年龄段 EBV-DNA 拷贝数和 EBV-CA IgM 分布均无差异④对于儿童,两项指标联合检测阳性率为 67.9%,成人联合检测阳性率为 51.3%。两检测指标结果之间的一致性差。

**结论** EB 病毒血清学及 PCR 检测对于 EBV 感染的诊断及病情评估意义重大,联合检测可减少临床漏诊、误诊率,建议对于临床疑似 EBV 感染的发热或呼吸道感染患者同时进行 EB 病毒血清学及 PCR 检测。

## PU-5897

## 2016-2018 年滨州市细菌耐药监测质量控制中心工作总结

崔莎莎

滨州市人民医院,256600

**目的** 贯彻落实《“健康中国 2030”规划纲要》和《遏制细菌耐药国家行动计划(2016-2020 年)》。总结滨州市细菌耐药监测质量控制中心自 2016 年成立以来的发展及工作情况。

**方法** 根据市卫生健康委统一部署,滨州市细菌耐药监测质量控制中心通过总结上报的形式,全市 22 家二三级医院进行了总结上报(其中三级综合医院 5 家,二级综合医院 9 家,中医院妇保院 8 家)。

**结果** 各家医院在实验环境、人员配备、实验室设备、室内质控、室间质评、标本数量等方面有了显著的提高。

**结论** 滨州市细菌耐药监测质量控制中心成立后,市质控中心通过对质控单位进行技术培训、督导、检查,在挂靠单位及滨州市各级医院的共同努力下,我市细菌耐药监测工作有了实质性的提高。

## PU-5898

### 关于导师制实习模式的教学启示

陈远东,马玲娣,杨海,周晓云  
惠州市第三人民医院

**目的** 提高本科生对本专业的应用能力和创新能力,更好地完成大学本科教学任务。

**方法** 组织学科带头人和广大具有教授、副教授职称的骨干教师,以基本技能训练为主,并结合一定的科研训练以提高本科生对本专业的应用能力和创新能力,更好地完成大学本科教学任务。

**结果** 在本科生的实习中采用导师制的实习模式,是一种崭新的本科生培养模式,是当前大学生实习管理体制、育人体制改革的重要突破口,是实现创新教育的重要保证。

**结论** 本科教育是我国高等教育的重要组成部分,在本科生的实习中实行导师制,是当前大学生管理体制、育人体制改革的重要突破口,是实现创新教育的重要保证,也是新形势下做好学生思想政治工作、培养德才兼备的社会主义事业建设者与接班人的重要保证。

## PU-5899

### ANA 检测对系统性红斑狼疮诊断的临床意义

周新华  
南昌市第三医院,330000

**目的** 探讨抗核抗体(ANA)检测对系统性红斑狼疮(SLE)患者的诊断及临床意义。

**方法** 分别检测 76 例 SLE 患者(SLE 组)和 50 例健康体检者(对照组)的 ANA。ANA 采用免疫印迹分析法测定。

**结果** SLE 组患者 ANA 各项抗体阳性率为:抗 Sm 抗体 31.6%、抗 ds-DNA 53.9%、抗 SSA 59.2%、抗 SSB 31.6%、抗 U1-RNP 32.9%、抗 PO 1.3%、抗 scl-70 0.0%、抗 Jo-1 1.3%。

**结论** 抗核抗体 (ANA)的检测对系统性红斑狼疮(SLE)的诊断与鉴别诊断、病情的发展、疗效的观察均有重要的临床意义。

## PU-5900

### 马红球菌综述并文献复习

杨永清,吴玲,邹凤梅,刘刚,李军春,魏勤  
甘肃省人民医院,730000

**目的** 由于免疫抑制剂的应用以及免疫缺陷患者不多增多,马红球菌引起的严重感染,近年来发病率有上升趋势,病死率较高,而马红球菌早期诊断及有效的治疗是改善预后的关键。

**方法** 检索马红球菌相关文献,

**结果** 就马红球菌的病原学及危险因素、临床表现、治疗进展进行总结分析予以综述。

**结论** 马红球菌的检出率日益增高,需引起临床及实验室人员的共同关注。

## PU-5901

## 布-加综合征合并子宫浸润性腺癌伴附件、盆腔转移一例分析

张楠<sup>1</sup>,陈燕<sup>2</sup>

1.河北省中医院/河北中医学院附属医院,050000

2.海军军医大学附属长海医院

**目的** 本文通过介绍一例以布-加综合征为首发,合并妇科子宫恶性肿瘤患者的诊疗过程,探讨体液细胞形态学检查在临床诊断及鉴别中的价值。

**方法** 回顾分析患者整个诊断和治疗过程,探讨体液细胞形态学的诊断价值。

布-加综合征(Budd-Chiari syndrome,BCS)一种以门静脉高压为主的综合征,由于肝静脉主干和(或)下腔静脉肝段的阻塞或狭窄最终发展而成<sup>[1]</sup>。BCS 临床表现复杂,急性期通常会出现肝功能损伤,腹水、腹痛等<sup>[2,3]</sup>,容易和其它引起肝损伤、腹水的疾病相混淆,临床应根据患者各项检验、检查资料及临床表现综合分析,以期为患者提供精准治疗。

**结果** 本病例患者以腹胀、大量腹水、双下肢肿胀起病,第一次入院腹部 CT 提示下腔静脉肝段狭窄趋闭塞,肝左、肝中、肝右静脉入下腔均狭窄,BCS 诊断明确,行下腔静脉造影球囊扩张术后,患者症状消失,痊愈出院。患者第二次仍以“腹胀、大量腹水、双下肢肿胀”入院,虽腹水细胞学检查提示查见癌细胞,但患者以 BCS 起病,行下腔静脉造影 PTA 支架成形术+置管溶栓术后,腹胀及双下肢肿胀症状消失,病情好转出院。两个月后,患者以“盆腔肿块”再次入院,此次腹水细胞学检查和腹水病理学检查均查见癌细胞,临床各项检查指标均显示恶性肿瘤。

**结论** 急性 BCS 的肝脏肿大压痛、腹痛及腹水三联征,与某些恶性肿瘤比如肝癌、腹盆腔恶性肿瘤等的症状非常相似,临床上容易混淆。而且有文献报道由于 BCS 可造成肝脏淤血,静脉回流不畅,从而导致肝脏细胞缺氧而引起肝脏恶性肿瘤<sup>[4,5]</sup>。BCS 合并肝癌多见报道<sup>[6]</sup>,BCS 合并妇科腹盆腔恶性肿瘤罕见报道。BCS、肝癌、腹盆腔恶性肿瘤均可导致腹痛、大量腹水,临床遇到此类病人一定要注意区分,尤其是 BCS 患者大量腹水时,一定要考虑到恶性肿瘤的可能,并加以排除<sup>[7]</sup>,而此时腹水细胞形态学检查作为一种简便快捷的方法就显得尤为重要。从本病例可以看出,在患者第二次入院时,即通过腹水细胞形态学检查查见癌细胞,但由于患者以 BCS 为首发疾病,且 BCS 本身就可引起腹水,患者行下腔静脉造影 PTA 支架成形术+置管溶栓术后,病情好转,临床未予重视,直至第三次入院同样查见癌细胞,两次的结果均与临床病情发展吻合,所以无论是临床还是检验科在日常工作中均应重视体液细胞形态学检查对疾病的预警作用,体液细胞形态学检查简便快捷,对于恶性肿瘤、淋巴瘤、白血病、细菌感染、真菌感染等都具有很好的临床诊断价值。

## PU-5902

## U-mAlb 联合 SCr、HbA1C、 $\beta$ 2-MG、Hcy 和 CysC 评估 早期糖尿病肾病的临床价值

李丽萍

南昌市第一医院/江西医学院第三附属医院,330000

**目的** 为探讨尿微量白蛋白(U-mAlb)联合血清肌酐(SCr)、糖化血红蛋白(HbA1C)、 $\beta$ 2-微球蛋白( $\beta$ 2-MG)、同型半胱氨酸(Hcy)和胱抑素 C(CysC)检测对糖尿病早期诊断价值。将

**方法** 100 例糖尿病患者依据肾小球滤过率(GFR)分为单纯糖尿病组(A组),早期糖尿病肾病组(B组)、中晚期糖尿病肾病组(C组),并且设置 60 例健康体检人员为正常对照组。检测并比较 4 组 U-mAlb、SCr、HbA1C、 $\beta$ 2-MG、Hcy 和 CysC 水平并且进行相关分析。

**结果** 结果显示糖尿病组血清各项指标均明显高于正常对照组 ( $P<0.05$ ) ; B 组检测指标 SCr、HCY、HbA1C、 $\beta$ 2-MG 检测结果高于 A 组, 但组间比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ) ;B 组检测指标 CysC、U-mAlb 检测结果显示高于 A 组, 具有显著统计学意义 ( $P<0.01$ ) 。这两个项目联合诊断对早期糖尿病肾病阳性预测率达 97.4%, 明显高于各项指标单独检测。

**结论** 可见, U-mAlb、SCr、HbA1C、 $\beta$ 2-MG、Hcy 和 CysC 对糖尿病早期肾功能损害的诊断均具有一定指导意义, 六项指标联合检测可提高对糖尿病早期诊断的特异性。

## PU-5903

### 两种方法检测红细胞沉降率的临床应用探讨

金玲,冯雪飞,关丽,王庭利  
吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000

**目的** 本研究应用 EDTA 抗凝血-全自动血沉仪法和肝素抗凝血-Westergren 手工法对红细胞沉降率 (ESR) 检测进行对比研究, 探讨其临床应用价值, 为临床实验室的选择提供参考依据。

#### 方法

1. 相关性分析: 随机选取于 2016 年 6 月至 2016 年 12 月在吉林大学中日联谊医院门诊及住院患者 1038 例, 对收集 1038 例患者血液标本用 Westergren 法和 VISION-C 全自动血沉仪分别进行实验室 ESR 值检测。两组数据差值进行正态性分布检验, 对于符合正态分布资料采用配对  $t$  检验, 不符合正态分布资料采用 Wilcoxon 符号秩检验, 采用线性回归进行相关性分析。检验水准为 0.05,  $P<0.05$  表示差异具有统计学意义。

2. 操作简便性和结果回报时间分析: 分别探讨两种方法的平均结果回报时间及人工成本等进行对比。

**结果** 1.相关性分析: 1038 例患者, VISION 法与 Westergren 法测量 ESR 相关性分析表明, 两种方法呈显著线性正相关 ( $r=0.886$ ,  $P<0.05$ )

2.临床应用价值探讨: 两种方法的操作, 经典魏氏手工方法平均结果回报时间在 60 分钟以上, 随着每批检测标本数量增多, 结果回报时间相应延长数分钟到数十分钟, 仪器法具有操作简便, 每批量最大处理 32 份标本, 结果回报时间在 30 分钟左右, 标本为 EDTA 抗凝血, 可以用一份标本进行血常规检测与 ESR 测定, 避免患者多次采血, 减少医源性贫血发生率。

**结论** 1. EDTA 抗凝血-全自动血沉仪 VISION 法和肝素抗凝血-Westergren 手工法 VISION 法测量 ESR 结果具有良好的相关性。

2. VISION-C 全自动血沉仪缩短了 ESR 检测时间, 可与血常规共用一个样本减少采血量, 并在封闭环境下检测, 避免了潜在的生物危害性。临床上在 ESR 检测标本量大时有必要替代 Westergren 手工法。

## PU-5904

### 铜绿假单胞菌耐碳青霉烯机制研究

吴泉明,胡辛兰,陈发林  
福建省立医院,350000

**目的** 研究仅对碳青霉烯类耐药的铜绿假单胞菌的耐药机制, 为临床用药和新药研发提供实验室证据。

**方法** 选择 VITEK2 自动微生物鉴定与药敏分析仪和 VITEK MS 质谱仪鉴定为仅对碳青霉烯类抗菌药物耐药的铜绿假单胞菌, MIC 法复核亚胺培南耐药情况, mCIM 实验进行碳青霉烯酶筛选, 设计九种引物 GES、IMP、VIM、OXA-10、OprD2、OprM、mexA、mexB、int I, PCR 扩增、琼脂糖凝胶电泳和序列分析。

**结果** 23 株实验组菌株均不表达 GES、IMP、VIM、OXA-10 碳青霉烯酶基因, 22 株表达 OprD2, 1 株不表达 OprD2, 23 株表达外排系统 MexAB-OprM。对照组 20 株菌株均表达 OprD2、MexAB-OprM 基因。

**结论** 仅对碳青霉烯耐药的铜绿假单胞菌的耐药机制主要不是产碳青霉烯酶, 可能为通道蛋白 OprD2 表达下调, 外排系统 MexAB-OprM 表达上调, 需要检测 mRNA、菌体通道蛋白 OprD2 表达情况。

## PU-5905

### 血清 miRNA-26 和 miRNA-122 对原发性胆汁性肝硬化的诊断价值

杨彩娥  
解放军总医院

**目的** 探讨血清 miRNA-26 和 miR-122 水平对原发性胆汁性肝硬化患者的诊断价值及其对病情严重程度评估的价值。

**方法** 严格按照纳入排除标准选取 2018 年 8 月-12 月中国人民解放军总医院的原发性胆汁性肝硬化确诊患者 39 例, 另选取同期本院性别和年龄匹配的慢性乙肝患者 21 例作为疾病对照组, 以及同期体检中心的健康查体人员 19 例作为正常对照组。采用 mirVana PARIS 试剂盒提取血清总 RNA, 采用 ABI 公司设计的茎-环特异引物进行 miRNA-26 和 miR-122 的逆转录和荧光实时定量 PCR。

**结果** 1. 原发性胆汁性肝硬化患者血清 miR-26 和 miR-122 的表达水平明显低于健康对照组 ( $P<0.001$ ,  $P<0.001$ ) 和慢性乙肝组 ( $P<0.001$ ,  $P<0.001$ ), 血清 miR-26 和 miR-122 对原发性胆汁性肝硬化具有良好的诊断效能 ( $AUC=0.916$ ,  $AUC=0.895$ ) 和鉴别诊断效能 ( $AUC=0.817$ ,  $AUC=0.831$ )。2. 原发性胆汁性肝硬化患者病理分级重度组 (III-IV 级) 的 miR-26 和 miR-122 水平平均低于轻度组 (I-II 级), 差异有统计学意义 ( $P=0.042$ ,  $P=0.048$ )。

**结论** 血清 miR-26 和 miR-122 对原发性胆汁性肝硬化具有良好的诊断价值, 有望成为该疾病新的诊断标志物; 此外, 还有望作为肝脏病理的补充, 用于肝硬化严重程度的评估。

## PU-5906

### 脑脊液 肺泡灌洗液 鼻黏膜分泌物中新型隐球菌引起的隐球菌病 3 例报道

吴玲, 邹凤梅, 魏勤, 刘刚, 李军春, 杨永清, 王欣  
甘肃省人民医院, 730000

**目的** 探讨脑脊液 肺泡灌洗液 鼻黏膜分泌物中新型隐球菌引起的隐球菌病的病例特点

**方法** 收集分离自脑脊液 肺泡灌洗液 鼻黏膜分泌物中新型隐球菌引起的隐球菌病的病例

**结果** 但很少见 AIDS 伴发的隐球菌病是由该变种引起的。已报道可引起人类疾病的还有浅黄隐球菌、浅白隐球菌和罗伦隐球菌等, 但很少见。

引起隐球菌感染最主要的传染源是鸽子的粪便, 一般认为该菌可经呼吸道或皮肤黏膜破损处侵入人体, 血行播散至脑、骨骼和皮肤。

**结论** 新型隐球菌可引起除中枢神经系统外的感染, 常以肺部感染为主, 需引起临床及实验室人员的高度关注。



## PU-5907

## 40 例婴幼儿巨细胞病毒肺炎的临床观察

李海港

潍坊市人民医院,261000

**目的** 对 40 例婴幼儿巨细胞病毒感染引发肺炎的临床特点及治疗方法进行观察研究

**方法** 抽取 2017 年 4 月~2018 年 4 月本院接诊的 40 例婴幼儿巨细胞病毒肺炎患者作为研究对象,按照抽签法将其分为观察组与对照组,每组各 20 例,对照组予以常规抗感染及对症治疗,观察组患儿在对照组基础上加更昔洛韦治疗,分析两组患者临床特点,并比较两组患者临床疗效。

**结果** 两组患儿治疗后,在咳喘、呼吸困难等方面临床症状表现无差异,观察组患儿治疗后逐渐转为低热,对照组患儿还是以中热为主,观察组总有效率为 100.0%,明显高于对照组 75.0%,组间比较差异具有统计学意义( $P$  均 $<0.05$ )

**结论** 对巨细胞病毒感染性肺炎患儿予以尿 CMV-DNA 或者是血清 CMV-IgM 检测,简单易行,结果较为准确;更昔洛韦治疗巨细胞病毒性肺炎具有确切疗效。

## PU-5908

## 免疫学指标及补体水平在原发性胆汁性肝硬化 合并自身免疫性 疾病患者病情评估、诊断中的价值分析

秦华超

泉州海峡医院检验科

**目的** 分析免疫学指标、补体水平在 PBC 合并自身免疫性疾病患者病情评估、诊断中的价值。

**方法** 随机选定 2016 年 5 月至 2018 年 5 月本院收治的 PBC 患者 100 例,根据是否合并自身免疫性疾病分组,甲组(PBC 合并自身免疫性疾病 48 例)、乙组 52 例是未合并自身免疫性疾病者,以及同期门诊体检的健康人员 50 例作为对照组,检测并对比三组免疫学指标及补体水平。

**结果** 三组免疫学指标、补体相比, $P<0.05$ ;TBIL 与 IgA、IgM、IgG 呈正相关性,与 C3、C4 呈负相关性, $P<0.05$ ;PTA 与 IgA、IgM、IgG、CD4<sup>+</sup>呈正相关性,与 C3、C4、NK 细胞、CD8<sup>+</sup>呈正相关性, $P<0.05$ 。

**结论** 免疫学指标、补体水平与 PBC 合并自身免疫性疾病患者病情发展中存在一定的相关性,可为疾病的诊断与评估提供一定的参考依据,值得借鉴。

## PU-5909

## 一种基于微流控膜分离技术的廉价血浆分离模块

苏晓崧<sup>1,2,3</sup>,张师音<sup>1,2,3</sup>,葛胜祥<sup>1,2,3</sup>,陈梦媛<sup>1,2,3</sup>,张建中<sup>1,2,3</sup>,张军<sup>1,2,3</sup>,夏宁邵<sup>1,2,3</sup>

1.厦门大学,361000

2.国家传染病诊断试剂与疫苗工程技术研究中心

3.分子疫苗学及分子诊断学国家重点实验室

**目的** 目前,在如基层医疗单位、社区门诊、私人诊所、山区保健医生等医疗资源受限区域,基于微流控技术的 POCT 检测正为医生的诊疗过程中扮演着越来越重要的作用。然而,受限于现有的技术,目前的微流控一体化检测系统在样本的预处理方面仍难以满足“样本进,结果出”的技术要求。因此,本研究旨在研发一款可实现与大部分微流控检测系统整合的全血样本预处理系统,实现快速、方便、廉价的微流控血浆分离。

**方法** 本研究基于双选分离技术,通过简单的技术流程与芯片结构实现了对全血样本的快速分离。本方法首先基于免疫捕获分离技术,通过抗红细胞抗体与红细胞的特异性结合与玻璃纤维素膜的非特异性吸附相结合,去除全血样本中大部分的红细胞,获得去除大部分红细胞的初纯血浆。继而通过孔径筛选的物理分离技术,将白细胞及剩余的红细胞予以分离,从而获得可用于大部分临床检验项目的血浆样本。本方法与其他已报道的方法及仪器不同之处在于,全血样本无需经过离心或预稀释处理,即可通过使用本装置进行直接分离。

**结果** 使用本装置分离 300uL 肝素抗凝的全血样本,可以获得约 50~70uL 血浆样本,血浆回收率约为 73%。以铁蛋白为参照物进行蛋白质回收率评价,回收率约为 70~95%。

**结论** 本研究所设计的水浆分离模块,可高效、简便地实现全血样本的分离及纯化,快速地获得可用于生化、免疫等临床检测的水浆样本。本设计除了可以与现有的各种微流控检测平台进行对接之外,更可以作为一个独立的产品进行使用,帮助无力购置离心机的检验实验室开展更多的检验项目。

## PU-5910

### 不孕不育女性性激素六项临床分析

秦华超

泉州海峡医院检验科

**目的** 分析化学发光免疫法检测性腺激素的临床价值。

**方法** 随机选定本院收治的不孕不育女性患者 60 例作为观察组,以及同期门诊体检的健康女性 60 例作为对照组,2016 年 5 月至 2018 年 5 月为研究时段,均进行性腺激素检测,并对比两组以及不孕不育患者不同月经周期性腺激素水平。

**结果** TES、PRL、LH、FSH: 观察组显著较对照组高,PROG、E2: 观察组显著对照组低,  $P<0.05$  (具统计学差异); TES、PRL、PROG 相比: 黄体期组>排卵期组>卵泡期组, LH、FSH、E2: 排卵期组>卵泡期组>黄体期组,  $P<0.05$ ,  $P<0.05$  (具统计学差异)。

**结论** 性腺激素检测可为临床医师诊断患者病情提供更加科学、严谨的参考依据,效果显著,值得借鉴。

## PU-5911

### NLR 对 2 型糖尿病周围神经病变的诊断价值

田永建,吴洋,曾婷婷,余建林,宣睿,李华,吴琼,应后群,章海斌,谭立明

南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 探究 2 型糖尿病 ( $T_2DM$ ) 患者中性粒细胞与淋巴细胞比值 (NLR) 在糖尿病周围神经病变 (DPN) 的诊断价值。**方法** 纳入 240 例确诊  $T_2DM$  患者,其中 120 例单纯  $T_2DM$  患者 (DM 组) 和 120 例合并 DPN 患者 (DPN 组)。

**方法** 采集空腹 8h 静脉血,电阻抗法计数外周血细胞、葡萄糖氧化酶法检测血糖、酶法检测血脂、化学发光法检测空腹胰岛素 (FinS)、空腹 C 肽 (CP)。比较 2 组间各指标水平的差异,二元 Logistic 回归分析 2 型糖尿病周围神经病变的危险因素。

**结果** DPN 组中性粒细胞,空腹血糖 (FPG),甘油三酯 (TG),尿微量白蛋白 (mAlb),餐后 2h 血糖 (2hPG) 水平显著增高,而 DPN 组淋巴细胞水平显著低于 DM 组 ( $P<0.05$ )。DPN 组 NLR 值比 DM 组显著增高 ( $2.92\pm 1.61$  vs  $2.69\pm 1.80$ ,  $P=0.02$ )。Logistic 回归分析显示 NLR (OR=2.411,  $P=0.040$ )、2hBG (OR=1.241,  $P=0.049$ )、mAlb (OR=1.012,  $P=0.019$ )、

TG (OR=1.376, P=0.04) 是 2 型糖尿病周围神经病变的独立危险因素。当 NLR cut-off 为 1.645, 敏感性和特异性分别为 0.865 和 0.583。

**结论** 2 型糖尿病患者 NLR 升高与糖尿病周围神经病变相关, 可作为早期 DPN 的辅助诊断指标。

## PU-5912

### 乳杆菌发酵上清对肺炎克雷伯菌生物膜形成的抑制作用及其机制的初步研究

陈丽华, 伍勇

中南大学湘雅三医院, 410000

**目的** 研究发酵乳杆菌和德氏乳杆菌发酵上清对肺炎克雷伯菌 (KPN) 生物膜形成的影响, 并对其抑膜有效成分和机制进行初步研究, 为 KPN 生物膜的控制和治疗提供新思路。

**方法** 从定君生胶囊中分离鉴定出德氏乳杆菌 (LD), 从健康妇女阴道分泌物中分离鉴定出发酵乳杆菌 (LF)。利用结晶紫微量孔板染色法从 35 株来源于医院获得性肺炎病人的 KPN 临床菌株中筛选出 2 株生物膜成膜能力最强的耐碳青霉烯酶菌株 CR17 和 CR4。用微量肉汤稀释法测量 LD 和 LF 发酵上清对标准菌株 KPN ATCC 700603 的最低抑菌浓度 (MIC)。检测 LD 和 LF 发酵上清对 3 株 KPN 生物膜的形成和分散作用。分别利用蛋白酶 K 和 NaOH 处理发酵上清后再测其对 KPN 生物膜形成的影响, 初步研究发酵上清中的效应成分。用 qPCR 方法检测 LD 和 LF 发酵上清作用后 KPN 的 mrkA、wzm、luxS 及 wbbm 四种基因表达量的变化。

**结果** LD 和 LF 发酵上清均可抑制 KPN 生物膜的形成和促进其分散。用蛋白酶 K 和 NaOH 处理后的发酵上清对 KPN 生物膜的作用显著减弱。两种发酵上清均可使 CR4 和标准菌株的 mrkA、wzm、luxS 及 wbbm 四种基因表达量显著下降, 但 CR17 菌株各基因的表达量并未受影响。

**结论** LD 和 LF 发酵上清对 KPN 生物膜形成有抑制作用, 其机制可能与下调与菌毛及脂多糖表达相关的基因有关, 效应成分初步推测为有机酸和蛋白质类代谢物。

## PU-5913

### 四种类型酒精性肝病对肝脏相关血液指标的影响

焦瑞宝

铜陵市人民医院, 244000

**目的** 探讨四种类型酒精性肝病 (ALD) 对肝脏相关血液指标的影响。

**方法** 收集住院酒精性肝病 137 例患者, 分为轻症酒精性肝病 (MALD) 31 例, 酒精性脂肪肝 (AFL) 26 例, 酒精性肝炎 (AH) 27 例, 酒精性肝硬化 (AC) 53 例, 并选择同期住院的非酒精性肝病患者 37 例为对照组, 分析相关血液指标与酒精性肝病分型之间的关系。

**结果** 所有四种类型酒精性肝病患者的血清谷丙转氨酶、谷草转氨酶、碱性磷酸酶、g-谷氨酰转肽酶均高于对照组; 肝硬化 AC 组年龄、谷草转氨酶/谷丙转氨酶、凝血酶原时间、国际标准化比值大于其他三组和对照组, 但血清总蛋白质、清蛋白、白球比、总胆固醇、甘油三酯、凝血酶原活动度、红细胞、血红蛋白、血细胞压积低于其他三组和对照组, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 所有酒精性肝病均可造成肝脏酶谱的升高。当病情发展至肝硬化期时, 可引起血清蛋白质、血脂及血细胞及凝血指标的改变, 严重危害广大饮酒者的身体健康。

PU-5914

## 不同核酸抽提方法用于检测呼吸道分泌物中的肺炎支原体的应用评价

曹凌峰,吴志坚,苏犁云,董妞妞,徐锦

复旦大学附属儿科医院,200000

**目的** 评价煮沸裂解法和磁珠吸附法用于检测呼吸道分泌物中的肺炎支原体(MP)的分析性能和临床应用价值。

**方法** 分别采用煮沸裂解法和磁珠吸附法平行抽提 101 例确诊或疑似为呼吸道感染患儿的下呼吸道分泌物或肺泡灌洗液,使用紫外分光光度计 260/280 比较两种核酸的纯度,通过实时荧光定量 PCR 检测 MP-DNA,并比较两种方法的检出率、正确度和相关性。

**结果** 两种抽提方法的正确度均符合临床检测要求,煮沸法抽提结果阳性率为 68.32% (69/101),磁珠法抽提结果阳性率为 72.28% (73/101),经统计学分析显示无显著差异 ( $\chi^2=0.57$ ,  $P>0.05$ ),Kappa 系数为 0.833,两种抽提方法检测 MP-DNA 的结果的相关性具有高度一致性,回归方程为:  $y=0.75x+1.252$ ,两者的定量检测结果线性相关性较一致 ( $2.17E+08$ copies/ml V.S  $6.94E+07$ copies/ml  $r=0.827$ )。煮沸法检测限为  $1.00E+04$  copies/ml,磁珠法检测限约为  $2.68E+03$  copies/ml。紫外分光光度法显示煮沸法所得 DNA 的 OD 值的平均值为  $0.53\pm0.11$ ,磁珠法所得 DNA 的 OD 值平均值为  $1.91\pm0.46$  ( $P<0.001$ )

**结论** 磁珠法相较于煮沸法在检测结果上无明显差异,都可满足临床对肺炎支原体感染的诊断需求,但磁珠法对于低载量 MP-DNA 样本的检测有更好的灵敏度,可能具备更高的临床应用价值。此外,纯度更高的核酸样本更加便于测序分析。

PU-5915

## Association of MSH5 C85T polymorphism with radiation sensitivity of spermatogenic cells

Mingyue Lin<sup>1,2</sup>,Yueshan Liang<sup>1,2</sup>,Meiling Jian<sup>1,2</sup>,Yue Huang<sup>1,2</sup>,Keqian Xu<sup>1,2</sup>

1.Department of Laboratory Medicine, the Third Xiangya Hospital, Xiangya School of Medicine, Central South University

2.Department of Laboratory Medicine, Xiangya School of Medicine, Central South University, Changsha

**Objective** Single nucleotide polymorphisms(SNPs) are associated with individual differences in spermatogenic abnormalities caused by ionizing radiation(IR), but the molecular mechanisms remain unclear.The study aimed to investigate the association of MSH5 C85T polymorphism (encoding MSH5 P29S)with radiation sensitivity of spermatogenic cells and its role in the individual differences of IR-reduced spermatogenic abnormalities.

**Methods** We constructed the pcDNA-hMSH5 P29S vector by PCR-site-directed mutagenesis.Then pcDNA6 vector, pcDNA-wild-hMSH5 vector, pcDNA-hMSH5 P29S vector were tranfected into Spermatogonia GC-1 , spermatocyte GC-2 , Leydig cells TM3 and Sertoli cells TM4, respectively. After radiation, we detected the survival, apoptosis and DNA damage of spermatogenic cells with/without the treatment of the c-Abl kinase inhibitor STI 571. Moreover, the NHEJ reporter was stably integrated into GC-2 cells to create the NHEJ reporter cell line GC-2/NHEJ, and then GC-2/NHEJ cells were transiently transfected with pCBA-(I-SceI) plasmid together with pcDNA6-based expression vectors encoding either hMSH5 or hMSH5 P29S. Relative NHEJ activities were monitored and recorded by FACS analysis of 100,000 reporter cells.

**Results** Among the four cell lines,only spermatocytes GC-2 transfected with pcDNA-hMSH5 P29S vector had significant difference in cell survival, apoptosis and DNA damage compared to that transfected with pcDNA6 vector and pcDNA-wild-hMSH5 vector after IR( $P<0.05$ ).In addition,

the c-Abl kinase inhibitor STI 571 could inhibit IR-induced apoptosis of GC-2( $P<0.05$ ).And the NHEJ repair assay of GC-2 was significantly elevated in the pcDNA-hMSH5 P29S vector compared with the control and pcDNA-wild-hMSH5 vector ( $P < 0.05$ ) .

**Conclusions** The MSH5 P29S polymorphism may lead to an abnormal increase in IR-induced apoptosis of GC-2 by enhancing the interaction with c-Abl, and the MSH5 P29S polymorphism may also increase DNA damage of GC-2 through lessening the control on error-prone NHEJ,thereby changing the radiosensitivity of spermatocyte and leading to the individual differences of IR-reduced spermatogenic abnormalities.

## PU-5916

### 2018 年全年解放军总医院第八医学中心 MRSA 分布情况 和耐药性分析

董跃明  
解放军总医院

**目的** 统计分析 2018 年全年解放军总医院第八医学中心耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（MRSA）菌株临床分布特点和耐药性情况，从而指导临床医生及时应用抗菌药物以提高该病的治疗效果并积极保护高危人群，达到控制效果。

**方法** 搜集并统计 2018 年至今全院分离的耐甲氧西林金黄色葡萄球菌及其药敏数据，使用 WHONET5.6 软件对全年数据进行分析，筛选出 MRSA 菌株，分析其感染分布及耐药性。

**结果** 从 2018 年全年 213 株金黄色葡萄球菌中找出对苯唑西林耐药的菌株，共分离出 MRSA 共 64 株，其检出率为 30%。这些菌株主要分离自痰液、脓液、血液及伤口分泌物。科室分布主要是 ICU、结核、呼吸科及外科。

**结论** 本院 2018 年分离出的 MRSA 对绝大多数抗生素耐药率较高，但对万古霉素、利奈唑胺、替拉考宁敏感度依然为零。虽然 MRSA 对这几种抗生素敏感，但是会有增强 MRSA 的耐药性变迁的风险，目前不建议直接使用这些抗菌药物。临床上应该根据微生物室的药敏结果合理使用抗生素，密切关注耐药趋势，便于患者更及时的治疗。

## PU-5917

### 血液细胞分析危急值报告临床应用探讨

杨悦林,徐敏,陈晓蕾,黎海生,赵晓丽,李琴  
昆明市第一人民医院,650000

**目的** 对血液细胞危急值报告、临床接收和应用情况进行探讨，以期进一步优化当前血液细胞危急值报告的临床价值。

**方法** 利用危急值项目通报率、通报及时率、临床确认率、干预率和干预有效率五个指标，对 2018 年 1 月 1 日至 6 月 30 日临床实验室报告的 1374 例血液细胞危急值的报告情况和临床针对危急值患者的对症处理情况及处理效果进行统计分析。

**结果** 现有血液细胞三个危急值项目（白细胞计数、血红蛋白含量、血小板计数）在现有危急值界限下，1 至 6 月危急值实验室月平均通报率 99.6 %、月平均通报及时率 92.6%。；血细胞危急值在不同临床科室（含门诊患者）血液细胞危急值的临床确认率 63.6%~100%、临床干预率 22.2%~100 %、临床干预有效率 32.3 %~100 %；；

**结论** 血液细胞危急值报告率和报告及时率与不同临床科室的危急值确认率和干预率相比较发现存在显著差异，当前临床实验室血液细胞危急项目选择、危急报告界限、危急值确认方式有待与临床进一步的沟通和优化。

## PU-5918

## 免疫胶体金法检测胃液隐血的方法学评价

王斌,李艳丽

徐州医科大学附属医院,221000

**目的** 免疫胶体金法 (gold immunochromatography assay, GICA)检测胃液隐血的方法学评价。

**方法** 分别用免疫金标试纸检测浓度为 0.2 $\mu$ g/ml (隐血试纸检出限),PH 为 2、3、4、5、6、7 的自制样本各 10 份的隐血;以我院 2019 年 1 月至 2019 年 5 月胃液隐血检测的 41 例患者样品为研究对象,用免疫金标试纸分别检测调至 PH=7 的胃液标本,分别在常温及 37 $^{\circ}$ C 孵育 10 分钟、30 分钟、60 分钟时检测的隐血。

**结果** 自制样本在 PH 为 2、3、4、5、6、7 时的隐血阳性率分别为 40.00%、30.00%、60.00%、80.00%、100.00%、100.00%。不同 PH 对于隐血检测结果的差异存在统计学意义,PH 在 5、6、7 是检出率较 PH 为 2、3、4、要高,41 份病人胃液在常温及 37 $^{\circ}$ C 孵育 10 分钟、30 分钟、60 分钟的隐血阳性率分别为 56.09%、53.66%、0.05%、0.00%。PH=7 时胃液在常温及 37 $^{\circ}$ C 孵育 10 分钟时的隐血检出率较孵育 30 分钟、60 分钟的隐血阳性率高,有统计学意义。

**结论** 胃液的 PH 多集中在 2 到 3,所以胃液的强酸性可能影响 GICA 对胃液隐血的阳性检出率;而胃液中存在的一些酶类在 37 $^{\circ}$ C 可以改变血红蛋白抗原性质,影响 GICA 阳性检出率。

## PU-5919

粪便中耐万古霉素肠球菌筛查方法的建立  
及对儿童携带的调查

熊志乐,周珍文,麦嘉良,梁秉绍,艾晓兰,高飞,龙燕

广州市妇女儿童医疗中心,510000

**目的** 临床耐万古霉素肠球菌感染上升,其与肠道耐万古霉素肠球菌定植相关。我们建立粪便耐万古霉素肠球菌筛查的方法。并对广州市妇女儿童医疗中心儿童大便携带耐万古霉素肠球菌进行调查。

**方法** 配制含 0 $\mu$ g/ml, 2.5 $\mu$ g/ml, 5 $\mu$ g/ml, 7.5 $\mu$ g/ml, 10 $\mu$ g/ml 万古霉素的胆汁七叶苷叠氮钠培养基,使用万古霉素耐药的 ATCC 700327 铅黄肠球菌和对万古霉素敏感的 ATCC 29212 粪肠球菌株作为质控菌株,万古霉素耐药菌株在四种梯度培养基中均生长,ATCC 29212 粪肠球菌仅在不含万古霉素的培养基生长。预实验发现当万古霉素浓度为 7.5 $\mu$ g/ml、10 $\mu$ g/ml 时,除耐药肠球菌生长外,其它杂菌比 5 $\mu$ g/ml 板生长较少,且两种浓度板杂菌数量差异不明显,故选取 7.5 $\mu$ g/ml 浓度对 2019.4-2019.5 我院儿童大便标本进行筛查。并用 K-B 法对菌落形态似肠球菌菌株进行药敏实验,对筛查出的万古霉素耐药菌株进行梅里埃 ViteK MS 质谱仪鉴定。

**结果** 总共对 0-14 岁儿童 1038 例大便标本进行筛查,共筛出 113 株天然耐万古霉素肠球菌,分别为铅黄肠球菌 28 株、鹌鹑肠球菌 85 株,未发现耐万古霉素粪肠球菌、屎肠球菌及其它肠球菌。

**结论** 对粪便耐万古霉素肠球菌的筛查对于万古霉素耐药肠球菌感染的预防及控制提供线索,具有一定的临床意义。

## PU-5920

## 抗人氧化低密度脂蛋白自身抗体与冠状动脉狭窄的关系

苏广明,关秀茹

哈尔滨医科大学附属第一医院,150000

**目的** 探讨稳定受试者和急性冠状动脉综合征（ACS）患者的抗 oxLDL 抗体人免疫球蛋白 G（IgG）与心血管疾病风险标志物的关系，以及血清抗 oxLDL 滴度与冠状动脉狭窄病变的严重程度和程度之间的关系。

**方法** 通过酶联免疫吸附试验（ELISA）测定 132 名接受冠状动脉造影检查疑似冠心病（CHD）的患者的抗 oxLDL（IgG）滴度。通过 Gensini 评分对冠状动脉造影结果进行冠状动脉狭窄病变的严重程度评估。

**结果** 93 例冠心病患者的抗 oxLDL 滴度显著低于 39 例对照组（ $p < 0.01$ ），抗 oxLDL 滴度与超敏 C 反应蛋白（hs-CRP）（ $r = -0.263$ ），结合胆红素（ $r = 0.261$ ），高密度脂蛋白（HDL）（ $r = 0.225$ ），甘油三酯（ $r = -0.209$ ），晚期糖基化终产物（AGEs）（ $r = -0.188$ ）和丙二醛（ $r = -0.190$ ）之间存在显著相关性。多元回归分析显示，抗 oxLDL 滴度，以及血清 hs-CRP 水平与 Gensini 评分显著相关。

**结论** 抗 oxLDL 的滴度与致动脉粥样硬化代谢危险因素成反比，并且通过 Gensini 评分计算冠状动脉狭窄病变的严重程度与 oxLDL 的滴度负相关，这些都支持抗 oxLDL 对动脉粥样硬化进展的保护作用。

## PU-5921

## 样本采集后的颠倒混匀状况之与检测结果的关系

王晶

吉林金域医学检验所有限公司

**目的** 血液标本的正确采集与送检是检验结果准确的基础环节，是临床医生在对疾病诊断、病情发展以及药物治疗做判断时的指南针，一个看似简单的采血过程，其实却是极容易出错的环节，如采集部位不合理，消毒不到位，用错采集管，采集标本量不足或过多等等，本文将针对血液样本采集后颠倒混匀次数进行验证，以研究其对部分方法学检测项目结果的影响。

**方法** 由同一名护士采集 50 名患者的血液样本，每人采集两管血液样本，其中一管采集后颠倒混匀 5-10 次，另外一管不进行颠倒混匀，采集管均为 BD 厂家加有分离胶的促凝管，放置 2 小时后，以 5000rpm 离心 5 分钟后进行 HCV-IgG 的检测，混匀组为 A 组，未混匀组为 B 组，并将 100 个数据进行分析。

**结果** 所有样本均在 450nm/630nm 双波长下进行检测<sup>[1]</sup>，A 组内 0 例假阳性结果，假阳性率为 0%，而 B 组内 11 例假阳性结果，假阳性率为 22%。

**结论** 一份准确的检验报告除了检验中的人员操作以外，检验前的人员操作也尤为关键，样本采集后颠倒混匀与否直接关乎部分方法学检测项目结果的准确性，曾有文献报道，检验前的误差率已经高达 50% 以上<sup>[2]</sup>，远远超过了检验中的误差率，因此，严格把控样本检验前的质量关变得尤为重要，提高样本采集人员的专业技能，减少不合格样本的产生，是为保证检验结果准确性的基础，也是改善医患矛盾的关键。

## PU-5922

## Rapid Nanopore Assay for Carbapenem-resistant *Klebsiella Pneumoniae*

Weili Zhang<sup>1</sup>, Haofu Niu<sup>1,2</sup>, Liangwan Wei<sup>2</sup>, Meng Liu<sup>2</sup>, Hao Liu<sup>2</sup>, Changjian Zhao<sup>1</sup>, Peng Zhang<sup>1</sup>, Quanfeng Liao<sup>1</sup>, Ya Liu<sup>1</sup>, Qingyue Yuan<sup>1</sup>, Siying Wu<sup>1</sup>, Mei Kang<sup>1</sup>, Jia Geng<sup>1</sup>

1. West China Hospital of Sichuan University

2. West China School of Basic Medical Sciences & Forensic Medicine, Sichuan University

**Objective** The prevalence of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* (CRKP) is rapidly increasing worldwide in recent decades and poses a challenge for today's clinical practice. Rapid detection of CRKP can avoid inappropriate antimicrobial therapy and save lives. Traditional detection methods for CRKP are extremely time-consuming; PCR and other sequencing methods are too expensive and technologically demanding, making it hard to meet the clinical demands. Nanopore assay has been used for screening biomarkers of diseases recently because of its high sensitivity, real-time detection and low cost.

**Methods** In this study, we distinguished CRKP from carbapenem-sensitive *K. pneumoniae* (CSKP) by the detection of increasing amount of extracted 16S ribosomal RNA (16S rRNA) from bacterial culture with antibiotics imipenem, indicating the uninhibited growth of CRKP by the imipenem. Specific signals from single channel recording of 16S rRNA bound with probes by MspA nanopore allowed the ultra-sensitive and fast quantitative detection of 16S rRNA.

**Results** We proved that only 4 hours of CRKP culture time was needed for nanopore assay to distinguish the CRKP and CSKP. The time-cost of the assay is only about 5% of disk diffusion method while reaching the similar accuracy.

**Conclusions** This new method has the potential application in the fast screening of drug resistance in clinical microorganism samples.

## PU-5923

## 儿童肺炎支原体感染两种实验室诊断方法的比较分析

赵志伟, 钟秋蓉  
厦门市海沧医院

**目的** 探讨临床儿童肺炎支原体感染简单、快速、有效的实验室诊断方法。

**方法** 采集 2018 年 1~2 月 400 例 0~15 岁临床疑似肺炎支原体感染患儿静脉血和咽拭子样本, 分别进行肺炎支原体实时荧光定量 PCR、被动颗粒凝集抗体检测以及抗体金标法检测。以实时荧光定量 PCR 为诊断肺炎支原体感染的金标准, 对肺炎支原体被动颗粒凝集抗体检测和金标法两种实验室检测结果进行比较分析。

**结果** 198 例肺炎支原体实时荧光定量 PCR 阳性标本中, 被动颗粒凝集法 175 例阳性, 检出率为 88.4%, 金标法 131 例阳性, 检出率为 66.2%。两种检测方法共为阳性 130 例, 共为阴性的 22 例。

**结论** 肺炎支原体抗体被动颗粒凝集法抗体检测可以提高肺炎支原体感染的阳性诊断率, 是肺炎支原体感染简单、快速及有效的临床实验室诊断方法。



## PU-5924

## 四种培养基对白念珠菌生物膜形成的影响

陈丽华,伍勇

中南大学湘雅三医院,410000

**目的** 研究 RPMI1640 液体培养基、添加了 10%胎牛血清（FBS）的 RPMI1640 液体培养基、沙氏葡萄糖液体培养基和 YPD 肉汤这四种培养基在不同时间和不同培养温度条件下对白念珠菌体外形成生物膜的含量、初始黏附菌量和结构的影响，为白念珠菌生物膜的研究提供基础。

**方法** 采用微量孔板建模法，分别使用 RPMI1640、加 10%FBS 的 RPMI1640、沙氏葡萄糖液体培养基和 YPD 肉汤对白念珠菌 ATCC14053 进行体外培养，采用 XTT/PMS 分别测量四种培养基在 37℃培养 24h、48h、72h 后白念珠菌生物膜的含量，并测量四种培养基分别在 28℃和 37℃培养 48h 后白念珠菌生物膜的含量。采用平板培养法，比较四种培养基培养在 37℃培养 3h 后的黏附菌量。在 6 孔板中放入盖玻片建模，结晶紫染色后显微镜下观察 4 种培养基生物膜的结构和组成。

**结果** YPD 肉汤和沙氏葡萄糖液体培养基能够增加在同一培养时长时白念珠菌生物膜的含量，同时培养 3h 后白念珠菌黏附菌量更多。四种培养基培养的白念珠菌生物膜的最佳时间都在 48h。与 28℃培养温度相比，37℃更有利于白念珠菌生物膜的形成。RPMI1640 和加 10%FBS 的 RPMI1640 培养的生物膜主要以菌丝体和假菌丝组成为主，YPD 肉汤和沙氏葡萄糖液体培养基培养的生物膜则以孢子为主。

**结论** 四种培养基培养白念珠菌生物膜的最佳时间和最佳培养温度都为 48h 为 37℃。YPD 肉汤和沙氏葡萄糖液体培养基能显著增加白念珠菌生物膜的初始黏附菌量。四种不同的培养基对白念珠菌生物膜的结构影响不同。

## PU-5925

## HCV- RNA 实时荧光定量 PCR 检测试剂盒性能验证

杨佳佳,张彦懿,刘华伟,黄江渝

成都市第三人民医院,610000

**目的** 基于 ISO15189:2012 要求，对一种国产 HCV-RNA 实时荧光定量 PCR 检测试剂盒的性能参数进行验证，以评价其是否可应用于临床检测。

**方法** 依据《医学实验室质量和能力认可准则》相关文件对试剂盒的正确度、精密度、线性范围和抗干扰能力进行性能验证。

**结果** 试剂盒正确度符合要求（<靶值对数值±0.4）。两个浓度的批内精密度 CV 分别为 2.18%、1.35%，标准差（s）为 0.09、0.60；低值和高值的中间精密度 CV 分别为 6.38%、3.65%，s 为 0.21、0.20。线性范围为  $1.00 \times 10^3 \sim 1.00 \times 10^7$  IU/mL。血红蛋白浓度不大于 28g/dL、总胆红素浓度不大于 30mg/dL、甘油三酯浓度不大于 3200mg/dL，对检测结果没有影响（<靶值对数值±0.4）。

**结论** 试剂盒的性能参数符合厂家声明，可以应用于临床检测工作。

## PU-5926

**万古霉素联合利福平体外抑制 MRSA 活性的实验研究**

金桂林,杨军平, 杨小军,梁华,陶霄  
江西省中医院,330000

**目的** 探讨万古霉素联合利福平体外对 MRSA 抑菌效应。

**方法** 采用试管二倍稀释法测定万古霉素、利福平及两者联用时对 MRSA 的抑菌的各自 MIC 值,同时利用棋盘微量稀释法测定不同浓度组合的万古霉素、利福平抗菌药物对 MRSA 的最低抑菌浓度,计算相应的联合抑菌指数 FIC。

**结果** 单用抑制 MRSA 时, MIC<sub>万古霉素</sub>为 1.563 $\mu$ g/ml,

MIC<sub>利福平</sub>为 4 $\mu$ g/ml;当两者联用时, MIC<sub>万古霉素</sub>、MIC<sub>利福平</sub>分别为 0.3910 $\mu$ g/ml、1.0 $\mu$ g/ml,两组数据采用 t 检验分析后发现联用前后 MIC 有显著差异 ( $p<0.05$ ),其相应的 FIC $<0.5$ 。

**结论** 万古霉素与利福平联用有协同抑菌作用,具有较高的体外抗菌活性,为其它抑制 MRSA 活性的实验研究提供可靠的数据参考,为有效降低临床细菌耐药率提供新途径。

## PU-5927

**(首例) 2019 年陕西省安康地区首例牛肉绦虫感染的调查并文献复习**

华星  
陕西省安康市中心医院

**目的** 目前,陕西省安康地区未有一例公开报道“牛带绦虫病”的完整病例;该病人于 2019 年 1 月初诊,确诊,治疗,康复均在我院完成,特撰写出来,作为牛肉绦虫感染的调查并文献复习。

**方法** 1.2 方法

1.2.1 粪便直接涂片法<sup>[2]</sup> 在洁净玻片中央加等渗生理盐水 1~2 滴,用竹签挑取受检者粪便不正常部分,或挑取不同部位的粪便,涂成一均匀半透明的粪膜,其厚度以能透过印刷物字迹为宜,覆以盖玻片镜检。

1.2.2 绦虫节片的印度墨汁染色法<sup>[3]</sup> 在鉴别绦虫成虫时常需进行节片的检查,节片应为孕节,具有发育完全的子宫分枝。用一个注射器(1ml 或更小)和一个 25 号针头,将印度墨汁注入节片的中央子宫茎干中,使其充满子宫枝或进入子宫孔,之后节片可用水或盐水冲洗,用纸巾吸干水分,将节片放在两玻片间用橡胶带按压固定后镜检。

**结果** 2.1 粪便直接涂片镜检 镜下查见带绦虫卵,呈圆形或近圆形,黄褐色,直径 31 $\mu$ m~43 $\mu$ m,卵壳薄而易碎,有一个厚而坚固,放射状条纹的棕黄色胚膜,内含一个有六个小钩的胚胎或六钩蚴(图 1-2)。

2.2 印度墨汁染色法 未染色的带绦虫孕节呈乳白色,较厚,短带状,不透明,内部结构不清;经印度墨汁染色的带绦虫孕节内部结构清晰,孕节中子宫分枝较整齐,每侧约为 26 枝,未见头节(图 3-4)。

**结论** 2.1 粪便直接涂片镜检 镜下查见带绦虫卵,呈圆形或近圆形,黄褐色,直径 31 $\mu$ m~43 $\mu$ m,卵壳薄而易碎,有一个厚而坚固,放射状条纹的棕黄色胚膜,内含一个有六个小钩的胚胎或六钩蚴(图 1-2)。

2.2 印度墨汁染色法 未染色的带绦虫孕节呈乳白色,较厚,短带状,不透明,内部结构不清;经印度墨汁染色的带绦虫孕节内部结构清晰,孕节中子宫分枝较整齐,每侧约为 26 枝,未见头节(图 3-4)。

## PU-5928

## 血清中的 CA199 和 CEA 的表达水平对胰腺癌的诊断价值

李建华

天津医科大学肿瘤医院,300000

**目的** 探讨血清 CEA 与 CA199 的表达水平联合检测对胰腺癌的临床诊断价值, 及与临床病例特征的关系, 以期寻找胰腺癌诊断的新方法。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2016 年 12 月期间天津医科大学肿瘤医院检验科检测的 34 例胰腺癌患者、20 例良性胰腺疾病患者及 34 名健康者中 CA199 的含量和 CEA 的相对表达值, 评价两个指标单独检测和其联合检测对于胰腺癌的诊断价值。采用受试者工作特征曲线, 灵敏度和特异度评价指标的诊断价值。

**结果** 与健康对照组相比, 良性胰腺患者疾病组和胰腺癌患者组的 CA199 和 CEA 均显著升高; 与良性胰腺疾病组相比, 胰腺癌组的 CA199 和 CEA 也均显著升高。在区别胰腺癌组和健康对照组时, 当 CA199 和 CEA 两者联合检测的敏感度和特异度分别为 79.61%和 69.81%, 其曲线下面积为 0.85, 与 CA199、CEA 比较, 均显著升高( $P=0.011$ ,  $P=0.036$ )。区分良性胰腺疾病组和胰腺癌组时, 当 CA199 和 CEA 两者联合检测后其敏感度和特异度分别为 70.40%和 66.98%, 其曲线下面积为 0.78, 与 CA199、CEA 比较, 均显著升高( $P=0.017$ ,  $P=0.023$ )。

**结论** CEA 和 CA199 在胰腺癌诊断中具有诊断价值, 在区分胰腺癌和良性疾病及健康对照组时都有显著的诊断意义。

## PU-5929

## 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌药敏、毒力及临床特征分析

郝彦斐

中国人民解放军总医院

**目的** 本研究主要探讨解放军第三〇九医院耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌 (Carbapenem resistant *Klebsiella pneumoniae*, CRKP) 的流行分布、耐药性、毒力及检出患者的临床特征, 给临床治疗和感染控制提供理论依据, 指导临床合理使用抗生素。

**方法** 收集解放军第三〇九医院 2017 年 1 月至 12 月由住院患者各标本分离的 CRKP 菌株, 剔除重复菌株。采用全自动细菌鉴定仪 Vitek2 Compact 仪器及配套药敏卡对菌株进行鉴定及药敏试验; 采用碳青霉烯类抑制法 (CIM) 法初筛产碳青霉烯酶菌株; 利用黏液丝实验来检测 CRKP 菌株毒力情况, 初步筛选高毒力 CRKP 菌株; 利用病案查询系统查询感染患者的临床相关信息, 包括性别、年龄、住院天数、是否进行过器械性操作治疗及抗生素使用情况及预后等。

**结果** 24 株 CRKP 菌株对临床上大多数常用抗菌药物耐药率均高于 95%, 对妥布霉素、庆大霉素、阿米卡星、复方新诺明的耐药率依次降低, 对替加环素耐药率最低; CIM 实验检测出 24 株 CRKP 均为产碳青霉烯酶菌株; 黏液丝实验结果显示 24 株 CRKP 菌株中有 3 株菌为拉丝实验阳性, 即高毒力 CRKP 菌株; 病案资料显示 24 位临床感染患者以男性居多占 70.8% (17/24), 科室主要来自于重症监护病房 (ICU), 占比 50% (12/24), 其它来自于老年干部病房, 移植科室和结核科。

**结论** 本研究科室分布广泛, 年龄范围宽。使用抗生素情况针对各科室均有效果。尤其是碳青霉烯类抗生素联合其他抗生素使用时, 对 CRKP 感染患者病情的恢复有很大帮助。本次分离的高毒力 CRKP 使用替加环素联合头孢菌素类抗生素等有显著疗效。其感染特征正逐步由社区获得转向医院获得, 应该引起临床医师的重视。

## PU-5930

**miR-449a inhibits proliferation and migration by regulating mutant p53 in MDA-MB-468 cells**

Guangcheng Huang<sup>1,2,3</sup>, Qiang Ma<sup>1,2,3</sup>, Jiang Zou<sup>1,2,3</sup>, Lihua Yao<sup>1,2,3</sup>, Ru Sun<sup>3,2,4</sup>, Dongsheng Wang<sup>1,2,3</sup>, Xiaolan Guo<sup>1,3,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, the Affiliated Hospital of North Sichuan Medical College

2. Department of Laboratory Medicine, North Sichuan Medical College

3. Translational Medicine Research Center, North Sichuan Medical College

4. Blood transfusion department, the Affiliated Hospital of North Sichuan Medical College

**Objective** To clarify the role of miR-449 in regulating mutant p53 in TNBC cells and the involved mechanisms.

**Methods** miR-449a-mimic was transfected into TNBC cells, then the expression of P53 and downstream signal pathway protein which involved in proliferation and migration were measured by RT-PCR and Western Blot. The migration and proliferation abilities of the TNBC cells were determined by scratch-wound healing test and Transwell migration assay and the growth curve through crystal violet staining method.

**Results** Overexpression of miR-449a could suppress breast cancer cells proliferation and migration, further study shown mutant p53 reduced and in breast cancer cells might involved it.

**Conclusions** Our findings suggested that miR-449a functioning as a tumor suppressor might be through regulating p53 in breast cancers which harboring mutant p53, especially in TNBCs

## PU-5931

**血清胆红素与尿酸在冠心病患者临床检验中的效果评价**

马稚强, 马顺高, 桑卫洪, 马云  
大理州人民医院, 671000

**目的** 探讨血清胆红素与尿酸检验在冠心病患者临床诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 10 月-2019 年 4 月期间在我院进行诊治的冠心病患者 900 例作为观察组, 同时选取同期在我院进行健康体检的健康自愿者 900 例作为对照组。分别采集两组研究对象的清晨空腹静脉血, 并使用全自动生化分析仪对血清中的总胆红素、直接胆红素和尿酸水平进行检验, 并在此基础上计算获得血清间接胆红素水平。然后对比两组研究对象的血清胆红素和尿酸水平, 以此来评估血清胆红素与尿酸检验在冠心病患者临床诊断中的应用价值。

**结果** 观察组研究对象的血清总胆红素、血清直接胆红素、血清间接胆红素, 均显著低于对照组研究对象, 比较差异均具有统计学意义  $P < 0.05$ 。观察组研究对象的尿酸水平, 显著高于对照组研究对象, 比较差异均具有统计学意义  $P < 0.05$ 。

**结论** 血清胆红素和尿酸检验在冠心病患者的临床诊断中具有较高的应用价值, 可将其作为冠心病临床诊断的参考指标进行推广应用。

PU-5932

## ZIP14 对于原发性肝细胞癌细胞 BEL-7404 生物学行为的影响

郑佳莹,李亚东,郑庆祝,余丽丽,吴庆伟,邱福南,伍严安

福建省立医院,350000

**目的** 研究锌转运蛋白 ZIP14 在原发性肝细胞癌(HCC)组织的表达,以及 ZIP14 过表达对 HCC 细胞生物学行为的影响。

**方法** 应用 real-time PCR 法与免疫组织化学法分别检测 HCC 癌组织与癌旁组织 ZIP14 的 mRNA 与蛋白表达。构建 GV365-ZIP14 表达慢病毒,感染低表达 ZIP14 的 HCC 细胞株 BEL7404,应用 real-time PCR 法和 Western blot 法分别检测 ZIP14 的 mRNA 与蛋白表达;应用 MTT 法、DNA 倍体法和 transwell 小室法分别检测不同浓度硫酸锌刺激下感染 GV365-ZIP14 表达慢病毒的 BEL7404 细胞活力、细胞周期、迁移与侵袭能力的变化。

**结果** HCC 癌组织 ZIP14 的 mRNA 表达水平和蛋白强阳性表达率均明显低于癌旁组织 ( $P<0.01$ );构建的 GV365-ZIP14 表达慢病毒可感染 HCC 细胞株 BEL7404 使 ZIP14 过表达;与阴性对照组相比较,ZIP14 过表达组细胞的存活率、迁移与侵袭能力明显下降,G2/M 期细胞比例明显升高,且变化的幅度随着培养环境锌离子浓度的提高而明显加大。

**结论** ZIP14 在 HCC 癌组织存在低表达。ZIP14 的过表达可抑制 HCC 细胞的活力、迁移和侵袭能力,并使细胞周期被阻滞在 G2/M 期,其机制可能与 ZIP14 促进锌离子的胞内转运,导致 HCC 细胞内锌的积聚增多有关。

PU-5933

## 我院 3 例在无菌体液中分离出都柏林沙门菌

崔蕊,谢风,李威

吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000

**目的** 都柏林沙门氏菌属于沙门氏菌的 D 群,是需氧或兼性厌氧,该细菌临床上经常会引起败血症,主要是因为细菌菌体裂解时释放出毒力较强的内毒素或肠毒素。临床表现为持续性高热、畏寒、腹痛、腹泻、中毒性肝炎、中毒性心肌炎等,也可引起肺炎、急性胆囊炎、腹膜炎等。由于内毒素的作用白细胞一般降低或正常,而分类中性粒细胞轻度增高或正常

**方法** 我院近年已发现多例在无菌体液内分离出都柏林沙门氏菌,现举 3 例较特殊病例汇报如下

**结果** 统计结果可以看出沙门氏菌对于其常见的治疗药物都具有一定程度的耐药性,并且随着沙门氏菌耐药性产生及增强,多重耐药菌株的致病性也会有所增强。

**结论** 相信在不久的将来,我们必将找到方法去预防、治疗、战胜沙门菌属。

## PU-5934

## 血流感染肺炎克雷伯菌 pLVPK 毒力质粒的分布 及与耐药的关系

刘洋,万腊根

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 了解血流感染肺炎克雷伯菌中 pLVPK 毒力质粒的分布情况, 分析其与荚膜血清分型及耐药之间的关系。

**方法** 收集医院 2016 年 1 月-2017 年 6 月所有非重复血流感染的肺炎克雷伯菌 96 株, 使用 Vitek—Compact 全自动微生物分析系统进行菌株鉴定及药物敏感性分析; PCR 方法检测 6 种常见高毒力荚膜血清型、7 种常见毒力基因、13 种常见耐药基因及毒力质粒 pLVPK 相关基因, 使用卡方检验进行统计学分析。

**结果** 血流感染肺炎克雷伯菌株中携带 pLVPK 毒力质粒率 39.6%。其中毒力质粒 pLVPK 阳性菌株 K1 荚膜血清分型率显著高于毒力质粒 pLVPK 阴性菌株 ( $P<0.05$ ), 而在其他非高毒力荚膜血清分型上, 毒力质粒 pLVPK 阳性菌株显著低于毒力质粒 pLVPK 阴性菌株 ( $P<0.05$ )。pLVPK 毒力质粒阳性菌株的毒力基因携带率均显著高于 pLVPK 毒力质粒阴性菌株 ( $P<0.05$ )。而 pLVPK 毒力质粒阳性菌株在耐药性则显著低于 pLVPK 毒力质粒阴性菌株 ( $P<0.05$ ), 其中 pLVPK 毒力质粒阳性菌株对 bla<sub>KPC</sub> 基因, bla<sub>TEM</sub> 基因, bla<sub>CTX-M</sub> 基因, qnrB 基因及 acc(6')-Ib-cr 基因的携带显著低于 pLVPK 毒力质粒阴性菌株 ( $P<0.05$ )。

**结论** pLVPK 毒力质粒主要集中在 K1 荚膜血清分型血流感染肺炎克雷伯菌株, pLVPK 毒力质粒与毒力基因的携带成正相关, 而 pLVPK 毒力质粒也直接影响了血流感染菌株的耐药性及耐药基因的携带。

## PU-5935

## 血流感染相关病原微生物分析

刘豪

吉林大学第三医院(中日联谊医院),130000

**目的** 血流感染是临床中常见的感染性疾病

**方法** 回顾性统计分析 2017 年全国血液感染标本分离出常见菌株的分布情况

**结果** 革兰阳性菌分离率排名前五位的是: 表皮葡萄球菌 34672 株 (占革兰阳性菌 25.4%)、人葡萄球菌 25 428 株 (占革兰阳性菌 18.6%)、金黄色葡萄球菌 17814 株 (占革兰阳性菌 13.0%)、溶血葡萄球菌 11227 株 (占革兰阳性菌 8.2%) 和屎肠球菌 7363 株 (占革兰阳性菌 5.4%), 革兰阴性菌分离率排名前五位的是: 大肠埃希菌 68389 株 (占革兰阴性菌 49.6%)、肺炎克雷伯菌 27728 株 (占革兰阴性菌 20.1%)、铜绿假单胞菌 7026 株 (占革兰阴性菌 5.1%)、鲍曼不动杆菌 5 510 株 (占革兰阴性菌 4.0%) 和阴沟肠杆菌 5093 株 (占革兰阴性菌 3.7%)

**结论** 葡萄球菌和大肠埃希菌分别为革兰阳性菌和革兰阴性菌在血流感染中的常见细菌。临床医生可根据患者症状在微生物室血液培养报告结果之前, 根据以上数据经验性选择低等级抗生素进行治疗。

## PU-5936

## 428 株铜绿假单胞菌的临床分布及耐药性分析

李前辉,陈云

淮安市第一人民医院(南京医科大学附属淮安第一医院),223001

**目的** 分析我院铜绿假单胞菌的临床分布及耐药性,为临床合理选用抗菌药物提供实验室依据。

**方法** 对我院 2016 年 1 月到 12 月住院和门诊患者临床分离的铜绿假单胞菌的临床分布及耐药性进行回顾性分析。

**结果** 共分离出 428 株铜绿假单胞菌,其中多重耐药菌 93 株(21.7%),秋冬季共 255 株(59.6%),主要来源于痰和咽拭子(82.2%)、分泌物(4.7%)、尿液(3.5%)等,分布科室主要为神经外科(15.0%)、综合重症监护病房(14.3%)、呼吸内科(11.2%)、神经内科(7.9%)等;铜绿假单胞菌对多粘菌素 B 的耐药率最低(4.2%),对头孢哌酮/舒巴坦的耐药率低于 10%,对美罗培南的耐药率最高(>20%),对其余常见抗菌药物耐药率介于 10%-20%之间。

**结论** 我院住院和门诊患者分离出的铜绿假单胞菌主要来源于痰和咽拭子,以秋冬季感染多见,以神经外科、ICU 和呼吸科分布为主,应加强对铜绿假单胞菌耐药性监测及选用合适的抗生素,减少多重耐药菌株。

## PU-5937

## 脑脊液细胞学在脑膜癌病中的临床应用研究

李相磊,高标

开封市中心医院

**目的** 分析脑脊液细胞学在脑膜癌病(Meningeal carcinomatosis, MC)中的临床应用价值。

**方法** 选取 2013 年 5 月~2018 年 5 月我院收治的 55 例 MC 患者,均做腰椎穿刺采集脑脊液(cerebrospinal fluid, CSF),行 CSF 常规检查、生化检查、细胞学检查,统计患者首发临床症状表现、白细胞计数(WBC)、蛋白含量、葡萄糖含量、氯化物水平分布情况,并采用免疫细胞化学方法检测上皮膜抗原(EMA)、细胞角蛋白 20(CK20)、癌胚抗原(CEA)、新天冬氨酸蛋白酶 A(Napsin A)、甲状腺转录因子(TTF-1)、细胞角蛋白 7(CK7)6 种肿瘤标记物在 CSF 中定位表达,统计各指标诊断 MC 情况,比较各指标在原发灶中阳性表达率。

**结果** (1) 55 例 MC 患者 MGG 染色结果均为阳性,其中 49.09%患者首次腰穿发现肿瘤细胞,50.91%患者经反复腰穿发现;(2) MC 首发症状以头痛(83.64%)、恶心/呕吐(78.18%)、精神改变(78.18%)、脑膜刺激征(63.64%)、意识不清(47.27%)、听神经受累(32.73%)为主, WBC、蛋白含量、葡萄糖含量、氯化物水平均伴有不同程度异常,肿瘤原发病灶为肺癌(34.55%)、乳腺癌(25.45%)、胃癌(21.82%)、卵巢癌(18.18%);(3) EMA、CEA、CK7、EMA+CEA、EMA+CK7、EMA+CEA+CK7 诊断 MC 阳性预测值均为 100%,灵敏度比较差异显著( $P<0.05$ ); EMA+CEA+CK7 诊断 MC 灵敏度高于任何单一或两两联合灵敏度( $P<0.05$ );(4) CK7 在胃癌、卵巢癌、乳腺癌、肺癌中阳性表达率比较差异显著( $P<0.05$ ); CK20 在卵巢癌、乳腺癌、肺癌中阳性表达率均为 0,低于胃癌中阳性表达率 25.00%( $P<0.05$ ); CEA 在乳腺癌中阳性表达率为 0,低于胃癌、卵巢癌、肺癌中阳性表达率 66.67%、100.00%、52.63%( $P<0.05$ ); Napsin A、TTF-1 在胃癌、卵巢癌、乳腺癌中阳性表达率均为 0,低于肺癌中阳性表达率 84.21%、73.68%( $P<0.05$ )。

**结论** MC 临床表现缺乏特异性,对于脑脊液常规检查与生化检查异常中枢神经系统病变患者应开展脑脊液细胞学检查,EMA+CEA+CK7 可用于 MC 辅助性诊断,CK20、CEA、Napsin A、TTF-1 有助于 MC 原发灶鉴别。

PU-5938

## 线粒体钙单向转运体在 $\beta$ 淀粉样蛋白诱导小胶质细胞凋亡中的作用机制

王翠

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 探讨线粒体钙离子单向转运体在  $\beta$  淀粉样蛋白诱导小胶质细胞凋亡中的作用机制。

**方法** 将体外原代培养小胶质细胞随机分为对照组、 $A\beta_{25-35}$  组、Ru360 组和 Spermine 组,采用线粒体特异性抗氧化剂 MitoQ 进行干预,采用流式细胞术、荧光探针及 Western blotting 等技术检测细胞凋亡、线粒体钙离子浓度、ROS 生成及相关蛋白表达。

**结果** (1) 与对照组相比,  $A\beta_{25-35}$  显著增加小胶质细胞凋亡, Ru360 显著减少  $A\beta_{25-35}$  诱导的小胶质细胞凋亡,而 Spermine 发挥相反作用;(2) 与对照组相比,  $A\beta_{25-35}$  显著增加线粒体钙离子浓度及线粒体 ROS 生成水平, Ru360 显著降低  $A\beta_{25-35}$  诱导的线粒体钙离子浓度及线粒体 ROS 生成水平的升高,而 Spermine 发挥相反作用;(3) 与对照组相比,  $A\beta_{25-35}$  组 GRP78、CHOP 和 caspase-12 的表达显著增加, Ru360 显著减少  $A\beta_{25-35}$  诱导 GRP78、CHOP 和 caspase-12 表达的增加,而 Spermine 发挥相反作用;(4) 与  $A\beta_{25-35}$  组相比, MitoQ 组显著减少线粒体 ROS 产物水平,并减少 GRP78、CHOP 和 caspase-12 表达。

**结论** (1) MCU 在  $A\beta_{25-35}$  诱导的小胶质细胞凋亡发挥重要作用,抑制 MCU 可减少细胞凋亡,而激活 MCU 增强细胞凋亡;(2) 氧化应激介导的内质网应激反应可能在 MCU 参与  $A\beta_{25-35}$  诱导的小胶质细胞凋亡中发挥重要作用。

PU-5939

## ISO15189 质量管理体系在医院检验科新入职人员与实习生 带教工作中的实践和运用

华星

陕西省安康市中心医院

**目的** 随着现代医学的不断进步,医院对于检验科新入职人员、实习生的带教要求也越来越高,借鉴 ISO15189 质量管理体系对实习教学过程进行全面质量控制,培养学生独立操作、发现问题、分析问题和解决问题的能力,综合运用医学检验与理论知识的能力,加强与临床医患沟通的能力。将 ISO15189 质量管理体系融入实习带教中,引导新入职人员、实习生关注影响检验结果的各个环节,训练其从检验和临床的角度全面分析问题,有助于拓宽他们的知识面,帮助形成系统的全面的综合判断思路,从而有效的提高新入职人员与实习生的理论知识与专业技能,提升他们的学习效果。

**方法** 检验科; ISO15189; 质量体系; 实习带教

**结果** 详见下面论文

**结论** 详见下面论文资料



PU-5940

## 宫颈分泌物致病菌和 HR-HPV 感染与宫颈病变的相关性研究

钟汇

福建省妇幼保健院,350000

**目的** 了解宫颈癌和宫颈上皮内瘤变 (CIN) 患者宫颈分泌物致病菌菌株感染情况, 初步探讨宫颈致病菌、HR-HPV 与宫颈病变的相关性

**方法** 选择 424 例我院入院收治且病理确诊为宫颈癌或 CIN 的患者设为研究组 (其中宫颈癌组 200 例、CIN 组 224 例), 另选 458 例妇科良性疾病患者为对照组, 两组在治疗前均行宫颈分泌物致病菌培养及 HPV-DNA 检测。

**结果** 致病菌在 CIN、宫颈癌中检出率分别为 40.00%、35.00%, 均高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 宫颈癌、CIN 组菌群分布与对照组均无显著差异, 且都以革兰阴性大肠埃希菌为主; HR-HPV 阳性时, 研究组宫颈分泌物致病菌培养情况与对照组差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); HR-HPV 阴性时, 研究组宫颈分泌物致病菌培养与对照组差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )

**结论** 宫颈致病菌感染对 HR-HPV 导致的宫颈病变可能存在协同作用

PU-5941

## 15449 名儿童血清维生素 A 水平的调查分析

陈文彬<sup>1</sup>, 赵蓓蓓<sup>1,2</sup>, 余旭辉<sup>1,2</sup>, 刘伟霞<sup>1,2</sup>, 董衡<sup>1,2</sup>, 李卓阳<sup>1,2</sup>, 程雅婷<sup>1,2</sup>

1. 广州金域医学检验中心有限公司

2. 广州医科大学金域检验学院

**目的** 分析中国多省份 15449 名儿童血清维生素 A 整体水平及分布特征, 并探讨其发展趋势, 为儿童合理补充血清维生素 A 提供参考。

**方法** 回顾性分析 2015 年 1 月至 2018 年 9 月期间采用超高效液相色谱法 (UPLC) 检测的 15449 名体检儿童 (0~14 岁) 维生素 A 结果, 统计分析不同性别、年龄、季节和年份之间, 儿童维生素 A 水平的分布是否存在差异。

**结果** ①中国多省份 15449 名儿童的血清维生素 A 水平为  $0.36 \pm 0.08 \text{ mg/L}$ , 其中低于正常人群参考值 ( $0.30 \text{ mg/L}$ ) 的儿童数量共计 3536 名 (占比 22.89%); ②男童血清维生素 A 水平为  $0.36 \pm 0.08 \text{ mg/L}$ , 女童血清维生素 A 水平为  $0.36 \pm 0.09 \text{ mg/L}$ , 性别差异无统计学意义 ( $\chi^2 = 2.533$ ,  $P > 0.05$ )。③年龄差异有统计学意义, 血清维生素 A 水平随着年龄的增长而上升, 其中婴儿期血清维生素 A 水平最低 ( $0.34 \pm 0.08 \text{ mg/L}$ ), 缺乏率最高 (29.94%); ④2015~2018 年, 维生素 A 水平呈现逐年上升的趋势; ⑤不同季节的两两比较中, 秋季的维生素 A 水平最高 ( $0.36 \pm 0.08 \text{ mg/L}$ ), 缺乏率最低 (18.08%)。

**结论** 15449 名儿童中维生素 A 缺乏率较高, 需加强维生素 A 的补充; 2015~2018 年间, 儿童维生素 A 水平持续上升, 说明居民生活水平与饮食健康意识逐年提升。

PU-5942

## 河南省 2015-2018 年 HIV 感染孕产妇所生婴儿 HIV 感染流行病学分析

宋晓妍  
河南省妇幼保健院

**目的** 了解河南省 2015-2018 年 HIV 抗体阳性孕产妇分娩婴儿母婴传播情况及其影响因素

**方法** HIV 抗体阳性孕产妇所生婴儿在 42 天、3 月时行 HIV 核酸初筛检测，在婴儿 12 及 18 个月采用免疫印记行确诊实验。采用二元 Logistic 回归分析孕产妇是否药物阻断、孕产妇分娩方式、孕产妇分娩医院级别、婴儿是否药物阻断及婴儿喂养方式与婴儿 HIV 抗体阳性的关系

**结果** 402 名孕妇分娩的 409 例婴儿中，HIV 核酸早诊检测为阳性 12 例，在 12 月龄及 18 月龄抗体确诊试验阳性为 13 例，其中 2015 年 54 名孕妇分娩 54 例新生儿，阳性 4 例，母婴传播阳性率为 7.4%，2016 年 80 名孕妇分娩 81 例新生儿，阳性 5 例，其中一例 HIV 核酸早诊检测阴性，母婴传播阳性率为 6.2%，2017 年 126 名孕妇分娩 129 例新生儿，阳性 4 例，母婴传播阳性率 3.1%，2018 年 142 名孕妇分娩 145 例新生儿，阳性 0 例。母婴传播阳性率呈现逐年下降的趋势，2015 至 2018 年累计母婴传播率阳性率为 3.2%。二元 Logistic 回归分析结果提示孕产妇分娩医院级别是影响母婴传播的影响因素之一。

**结论** 本研究显示河南省孕产妇 HIV 检测阳性率保持在较低水平，并呈现逐年递减趋势，应继续开展育龄期女性 HIV 筛查工作，加强基层医院预防艾滋病母婴传播的综合干预措施。

PU-5943

## G 试验、GM 试验、降钙素原在肾移植患者侵袭性真菌感染中的诊断价值

寇秦洁  
中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨 G 试验、GM 试验、PCT 在肾移植患者术后侵袭性真菌感染的临床诊断价值。

**方法** 统计分析中南大学湘雅二医院 2017 年肾移植术后肺部感染患者 194 例，根据侵袭性真菌病临床诊断定义，将其分为阳性组（侵袭性真菌病）98 例、阴性组（非侵袭性真菌感染组）96 例，对其血清内降钙素原、（1,3）- $\beta$ -D-葡聚糖抗原成分及半乳甘露聚糖抗原成分进行定量检测，根据检测结果，计算特异度、灵敏度、PPV、NPV 等指标，绘制受试者工作特征曲线，进而对 G 试验、GM 试验及 PCT 进行诊断效能分析。

**结果** G 试验诊断灵敏度为 74.49%，特异度为 80.21%，PPV 为 79.35%、NPV 为 75.49%、诊断效率为 77.32%；GM 试验诊断灵敏度为 11.22%，特异度为 83.33%，PPV 为 40.74%、NPV 为 47.9%、诊断效率为 46.91%；G 试验和 GM 试验联合检测时，特异度为 96.88%，灵敏度为 80.61%，对侵袭性真菌病的整体诊断效能提高；G 试验联合 PCT 检测时，特异度为 94.55%，特异度明显提高

**结论** G 试验联合 GM 试验对肾移植术后侵袭性真菌病具有一定的临床诊断价值，联合 PCT 检测还可提高对侵袭性真菌病的诊断效能。

PU-5944

## 全国 861 家临床实验室特殊蛋白检验项目 现状调查及结果分析

杜雨轩,王薇,何法霖,钟堃,袁帅,刘佳丽,张志新,王治国

国家卫生健康委临床检验中心

**目的** 统计并分析全国 861 家临床实验室特殊蛋白检验项目参考区间来源及上下限现状。

**方法** 2018 年 10 月全国各省级临床检验中心同步向所有实验室下发参考区间信息调查表,实验室自愿参加此次调查活动,并按照规定格式以 WEB 方式上报参考区间相关信息,调查包括血清免疫球蛋白(Ig) G、IgA、IgM、补体(C) 3、C4、血清 C-反应蛋白、前白蛋白和转铁蛋白参考区间上下限、来源、是否验证、分组规则等,并与已颁布参考区间行业标准中特殊蛋白检验项目参考区间行业标准进行比较。

**结果** 此次共有 861 家实验室回报了参考区间。特殊蛋白参考区间的来源主要包括操作规程、说明书,其中 41.7%-49.7%的实验室对参考区间进行了验证;参与此次调查实验室中仅有 1.0-3.3%的临床实验室按照性别分组来制定参考区间。实验室参考区间上下限与已发布的行业标准进行比较,结果显示,大部分项目存在显著差异( $P<0.05$ )。除 C4 参考区间上下限、血清 C-反应蛋白参考区间下限、前白蛋白参考区间下限外,其他项目不足 50%的实验室使用参考区间上下限与行业标准给出的参考区间一致。

**结论** 目前只有个别临床实验室使用特殊蛋白检验项目参考区间行业标准,且有相当一部分实验室未对参考区间进行验证,因此推广参考区间行业标准很有必要。

PU-5945

## HIV-1 感染与 MDSCs 相关性研究

常谦

郑州大学第一附属医院,450000

髓源性抑制细胞(myeloid-derived suppressor cells ,MDSC)是来源于骨髓祖细胞和未成熟髓系细胞的异质细胞群。MDSCs 可在肿瘤、炎症、自身免疫病等病理条件下增殖,抑制固有免疫和适应性免疫的细胞毒性反应。

PU-5946

## Phenotypical profile and Global Transcriptomic Profile of Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* due to carbapenemase-plasmid acquisition

Yang Liu,La-gen Wan

First Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Plasmids play an important role in driving the rapid dissemination of antimicrobial resistance and adaptation to changing environmental conditions. It has been suggested that the presence of plasmids can pose various impacts on the host physiology or function. However, little is known regarding the contributions of carriage of carbapenemase-plasmid on the physiology and pathogenicity of hypervirulent *K. pneumoniae* (hvKP)

**Methods** Here we performed a transcriptomic analysis of hvKP with or without carbapenemase-plasmid p24835-NDM5.

**Results** The results had shown 683 genes with differential expression (false discovery rate,  $\leq 0.001$ ;  $>2$ -fold change), of which 107 were up-regulated and 576 were down-regulated. Gene groups with functions relating to carbohydrate metabolism and multidrug efflux system were enriched in genes with increased expression, and those relating to capsule biosynthesis and virulence factors were accumulated in the genes with decreased expression. In agreement with these changes, we found obvious alterations in fitness cost and serum resistance in strain containing the plasmid, revealing that the presence of p24835-NDM5 has a broad impact on the physiology of hvKP and serum resistance in multiple aspects. However, the p24835-NDM5-containing hvKP strain retained its high neutrophil-mediated phagocytosis and murine lethality. These results indicated an influence of carbapenemase-plasmid on virulence in hvKP strain.

**Conclusions** In conclusion, apart from antibiotic resistance selective advantages, carbapenemase-plasmid-carriage may also lead to virulence change or adaption to specific habitats in hvKP strain.

## PU-5947

### Reference intervals of renal function set established for healthy pregnant women in Changsha

Lizi Jin

the Second XiangYa Hospital of Central South University

**Objective** This cross-sectional study aims to explore how the levels of renal function change during pregnant and whether there are significant differences in the level of renal function between healthy non-pregnant women and pregnant women at different gestational age, and to establish reference intervals of renal function set tests according to trimester of pregnancy.

**Methods** A total of 120 healthy pregnant women with normal pregnancies and 40 healthy non-pregnant women were enrolled in Changsha, and they were divided into early trimester of pregnancy group (1-13 weeks of gestation,  $n=40$ ), second trimester of pregnancy group (14-27 weeks of gestation,  $n=40$ ), third trimester of pregnancy group ( $\geq 28$  weeks of gestation,  $n=40$ ), and non-pregnant women group ( $n=40$ ). Analytes of UA, BUN, Cr, and  $\beta 2$ -MG, Cys-C, RBP, NAG,  $\text{CO}_2$ , C1q and NGAL were measured using the analytical systems mainly used in the Second Xiangya Hospital. The RIs were defined using non-parametric 95% intervals.

**Results** We established RIs of renal function set for healthy pregnant women according to trimester of pregnancy and non-pregnant women. The RIs for UA, Cr,  $\beta 2$ -MG, NAG,  $\text{CO}_2$  and C1q were, respectively, 131.188-290.333 mmol/L, 35.503-58.865 mmol/L, 0.900-1.970 mmol/L, 19.655-43.690 mmol/L, 14.808-23.193 mmol/L and 187.363-282.153 mmol/L for the first and second trimester group (1-27weeks), 211.050-374.428 mmol/L, 33.570-68.945 mmol/L, 1.170-2.497 mmol/L, 34.308-83.613 mmol/L, 12.523-24.093 mmol/L, 6.125-16.745 mmol/L and 165.993-283.375 mmol/L for the third trimester group ( $\geq 28$ weeks), and 180.42-366.81 mmol/L, 40.110-69.140 mmol/L, 1.030-2.830 mmol/L, 12.110-24.280 mmol/L, 16.820-25.190 mmol/L, 8.250-22.920 mmol/L and 280.270-389.200 mmol/L for non-pregnancy women. The RI for BUN was 1.732-4.248 mmol/L for the first trimester (1-13weeks), 2.191-4.778 mmol/L for the second and third trimester (14-28weeks), and 2.920-7.220 mmol/L for non-pregnancy women. For pregnant women and non-pregnant women, the differences of the RIs for Cys-C and RBP were found no significance. The RIs for NGAL for pregnant women and non-pregnant women were 128.768-559.840 mmol/L and 51.522-387.076 mmol/L, respectively.

**Conclusions** Changes of renal function set in normal pregnant women were confirmed. These used reference intervals are no longer applicable for the current pregnancy population. The RIs for renal function tests in pregnant women were established, thus providing clinical reference intervals for the clinicians.

## PU-5948

## 液相串联质谱方法在原醛症筛查中的应用

刘鹏云,谢聪,袁小芬,刘华芬  
杭州凯莱谱精准医疗检测技术有限公司

**目的** 血浆醛固酮与肾素活性比值（ARR）是原醛症筛查最常用的筛查指标，而目前免疫测定技术常用于检测肾素浓度（DRC）或血浆肾素活性（PRA），前者是直接利用免疫法测定血浆肾素浓度，后者是通过测定血管紧张素 I 产生的速率来反映 PRA。DRC 和 PRA 的免疫学检测方法仍在不断改进中，而且不同试剂和方法得到的检测结果差别也比较大。对于醛固酮的检测，大多数检测中心亦采用免疫法测定，同样存在不同试剂和方法的检测结果显示差别大的问题。此外，部分降压药物，比如  $\beta$ -受体阻滞剂、排钾利尿剂等，可能会对 ARR 产生假阳性或者假阴性的影响，导致错误的筛查结果。我们建立原醛筛查的液相串联质谱的目的在于建立抗干扰能力强的准确的原醛症筛查方法。

**方法** 液相串联质谱方法

**结果** 考虑到肾素活性 I 的含量对样本的采集、储存及运输条件非常敏感，我们分别对不同的样本分离条件、储存及运输条件等进行了严格的考察，并依此制定了合理的样本处理条件，确保结果的准确性。对于血浆醛固酮的检测，我们的质谱方法的检测灵敏度能够达到 10 pg/mL，并且有很高的特异性和准确性。同时，考虑到不同药物对测定结果的影响，我们在进行醛固酮和血管紧张素 I 检测的同时，可对常用降压药进行筛查，降低检测结果假阳性和假阴性的概率。

**结论** 因此，与传统检测方法相比，原醛筛查的液相串联质谱方法，灵敏度、准确度和抗干扰能力得到了大幅提升，是原醛筛查的有效手段。

## PU-5949

低剂量 3,3'-二吲哚甲烷活化 Wnt4/ $\beta$ -catenin 信号通路促进胃癌进展

朱艳华  
大理州人民医院,671000

**目的** 研究低剂量的 3,3'-diindolylmethane（DIM）对胃癌细胞 SGC-7901 增殖、迁移及干性的影响，并探讨其作用机制。

**方法** 应用平板克隆形成实验分析低剂量的 DIM 对胃癌细胞 SGC-7901 生长增殖的影响，用 Western blot 检测低剂量的 DIM 作用胃癌细胞 10d 后对其增殖相关蛋白表达的影响；Transwell 迁移实验检测低剂量的 DIM 对胃癌细胞 SGC-7901 迁移能力的影响；Western blot 检测低剂量的 DIM 作用 10d 后的胃癌细胞 SGC-7901 干性相关蛋白的表达；Western blot 分析低剂量的 DIM 对胃癌细胞 SGC-7901 中  $\beta$ -catenin 的活化情况。

**结果** 平板克隆形成实验显示低剂量的 DIM 显著增强 SGC-7901 细胞克隆形成能力；Western blot 结果表明低剂量的 DIM 作用的 SGC-7901 细胞增殖和干性相关蛋白表达均比对照组增强；Transwell 实验表明低剂量的 DIM 明显促进 SGC-7901 细胞迁移；Western blot 显示低剂量的 DIM 作用的 SGC-7901 细胞 Wnt4/ $\beta$ -catenin 信号表达也一致增强。

**结论** 低剂量 DIM 通过活化 Wnt4/ $\beta$ -catenin 信号通路促进胃癌细胞 SGC-7901 的增殖、迁移和增强其干性。

## PU-5950

## 流式细胞术单平台与双平台检测外周血 T 淋巴细胞亚群绝对计数的比较

董艳迎, 刘海龙, 孟昊, 尹佳锋, 张磊, 李妙羨\*

西安交通大学第二附属医院, 710000

**目的** 通过比较流式细胞术单平台与双平台检测外周血 T 淋巴细胞亚群绝对计数的相关性、差异性与一致性, 为临床实验室外周血 T 淋巴细胞亚群绝对计数检测方法选择提供依据。

**方法** 分别基于 Beckman Coulter FC500 流式细胞仪单平台和基于 FC500 流式细胞仪结合日本 Sysmex XN-9000 全自动血液分析仪双平台检测西安交通大学第二附属医院 307 例门诊和住院患者外周血 T 淋巴细胞亚群的绝对值, 比较单平台和双平台两种方法结果的相关性、差异性与一致性。

**结果** 单平台流式细胞术检测的 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 细胞绝对值与双平台流式细胞术检测的 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 细胞绝对值分别具有显著相关性(单平台&双平台 CD4<sup>+</sup>T,  $r=0.8717$ ,  $P<0.05$ ; 单平台&双平台 CD8<sup>+</sup>T,  $r=0.8733$ ,  $P<0.05$ )。配对 T 检验结果显示单平台与双平台 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 细胞绝对值间均具有明显差异性 ( $P<0.05$ )。Bland-Altman 分析显示两个平台在检测 CD4<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>T 细胞绝对值时均存在偏倚(单平台&双平台 CD4<sup>+</sup>T,  $\text{bias}=-92.34$ ; 单平台&双平台 CD8<sup>+</sup>T,  $\text{bias}=-45.05$ )。单平台与双平台检测 CD4<sup>+</sup>T 与 CD8<sup>+</sup>T, 95% 的一致性界限分别为 (-936.6, 751.9) 和 (-515.3, 425.2)。

**结论** 流式细胞术单平台和双平台检测患者外周血 T 细胞亚群的绝对值结果间差异较大。单平台在单一系统中完成, 但手工加样的误差会影响结果的准确性, 而双平台法相对自动化, 较单平台成本低。外周血 T 细胞亚群绝对计数在临床上常作为连续监测疾病进展和治疗疗效的指标, 两种方法各有利弊, 因此在临床实验室建议选用一种方法进行检测, 为临床提供更加准确和稳定的数据。

## PU-5951

## 2 型糖尿病外周血 DNA 羟甲基化与血糖水平的相关性研究

袁二凤<sup>1</sup>, 杨迎<sup>2</sup>, 程林<sup>3</sup>, 刘松梅<sup>2</sup>

1. 郑州大学第三附属医院河南省妇幼保健院, 450000

2. 武汉大学中南医院, 430000

3. 武汉大学药学院

**目的** 糖尿病已成为全球持续增长的经济负担。IDF 报道, 目前全球糖尿病成年患者已达到 4.15 亿, 其中 2 型糖尿病 (type 2 diabetes mellitus, T2DM) 患者占糖尿病患者的 90% 以上。研究发现, 表观遗传学的改变与 T2DM 发病密切相关。然而, 人类外周血基因组 DNA 5-羟甲基胞嘧啶 (5-hmdC) 修饰改变是否与 T2DM 相关仍有待研究。

**方法** 收集本院 212 份空腹外周血标本, 包括 104 例 T2DM 和 108 名健康对照。检测空腹血糖、血脂、糖化血红蛋白 HbA1c 水平, 以及 11 例患者和 5 名正常对照的 OGTT。TSQ 液质联用仪 (LC-MS/MS) 检测血液 DNA 的 5-hmdC 含量, 实时荧光定量 PCR (qPCR) 检测去甲基酶 (TET1、TET2、TET3) 的 mRNA 表达水平。

**结果** 血液 DNA 的 5-hmdC 含量较正常对照升高 (T2DM,  $p=0.036$ )。OGTT 实验发现口服葡萄糖后, 5-hmdC 水平在 0.5 h 开始上升, 3 h 升至最高 (0.5 h→3 h,  $p=0.006$ )。外周血 5-hmdC 含量与空腹血糖正相关 ( $\beta=0.224$ ,  $p=0.006$ ), TET2 ( $p=0.012$ ) 和 TET3 ( $p=0.026$ ) 在患者组表达升高。

**结论** T2DM 患者血液 5-hmdC 含量升高, 可能与血糖的动态调控有关。去甲基酶尤其是 TET2 和 TET3 的高表达导致 T2DM 外周血 5-hmdC 含量升高的主要原因。

## PU-5952

## 不同化学基团对膀胱癌细胞行为的影响

曹卉

海口市人民医院/中南大学湘雅医学院附属海口医院,570100

**目的** 探讨不同微环境对膀胱癌细胞生物学行为的影响

**方法** 采用自组装单分子膜技术,将不同的化学基团(-CH<sub>3</sub>, -OH, -COOH)接枝到玻璃片表面,引入不同的微环境对人膀胱癌(5637)细胞的影响。

**结果** 结果表明-COOH 表面的 5673 细胞在第 1 和第 5 天表现出最低的增殖率和最高的凋亡率。

**结论** 这可能有助于优化生物医学材料和寻找治疗膀胱癌的新方法。

## PU-5953

## MLL 基因重排急性淋巴细胞白血病的免疫表型分析

张长林

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 回顾性分析 5 例成人 MLL 基因重排阳性急性淋巴细胞白血病(ALL)的免疫表型特征,初步探讨其在预测疾病预后和指导临床治疗中的价值。

**方法** 应用多参数流式细胞仪(FCM)技术对 5 例 MLL 基因重排阳性 ALL 患者的骨髓标本进行细胞免疫表型检测,并分析其异常表达。

**结果** 5 例重排阳性 ALL 均为 B 淋系表达,同时伴有 CD19、CD15、cCD79a 的表达,且 CD10、CD20 均为阴性。

**结论** MLL 基因重排阳性 ALL 存在较为特征性的免疫表型,在成人 B-ALL 中 CD19、CD15 的免疫表型分析有助于提示存在 MLL 基因重排的可能,以上特征性免疫表型可能有助于临床上评估疾病的进展及预后。

## PU-5954

## 阴道微生态检测与高危型 HPV 感染的相关性分析

张秋燕,李娟

莆田学院附属医院,351100

**目的** 了解本地区不同年龄段就诊女性人乳头瘤病毒(human papillomavirus, HPV)的感染情况,探讨阴道微生态改变和细菌性阴道病(BV)与高危型人乳头瘤病毒(high risk human papillomavirus, HR-HPV)感染的关系。

**方法** 回顾性分析 2017 年 10 月-2018 年 10 月在莆田学院附属医院同时进行阴道微生态和 HPV 筛查的 3755 例女性患者的临床资料,比较 HR-HPV 与非高危人乳头瘤病毒(NHR-HPV)患者间各项阴道微生态指标的发生情况。

**结果** (1) 3755 例受试者中有 918 例为 HPV 阳性,其中 762 例为 HR-HPV,最常见的亚型依次为 HPV52、HPV58 和 HPV16。(2) HR-HPV 的患者与 NHR-HPV 的患者间霉菌和滴虫的检出率中无统计学意义( $P > 0.05$ ); HR-HPV 患者中过氧化氢、白细胞酯酶和唾液酸酶的阳性率明显高于 NHR-HPV 的患者,有统计学差异( $P < 0.05$ )。(3) 细菌性阴道病共 136 例,HR-HPV 患者中 BV 感染者有 45 例(5.9%),NHR-HPV 患者中 BV 感染者有 91 例(3.0%),细菌性阴道病在 HR-HPV 和 NHR-HPV 之间的差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。(4) 细菌性阴道病的感染与高危

型 HPV 单一感染类型无明显相关性,而双重、多重 HPV 感染类型分别为 10 例(7.4%)、3 例(2.2%),均高于 BV 阴性患者感染率,有统计学差异( $P < 0.05$ )。

**结论** 细菌性阴道病和阴道微生态的改变与高危型人乳头瘤病毒的感染具有一定的相关性。通过减少细菌性阴道病的发生,保持阴道微生态的平衡,可降低高危型人乳头状瘤病毒的感染率。

## PU-5955

### 抗菌肽 lycosin-I 抗耐药型肺炎克雷伯菌活性研究

蒋硕

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 通过体外实验探讨 lycosin-I 对耐药型肺炎克雷伯菌抑菌作用的活性研究。

**方法** 收集湘雅二医院临床耐药的肺炎克雷伯菌菌株,实验中利用微量肉汤稀释法进行 MIC 测定;利用体外实验构建细菌生长模型,在相应的 lycosin-I 浓度作用下观察细菌的生长情况并绘制杀菌动力学曲线;检测抗菌肽 Lycosin-I 对耐药型肺炎克雷伯菌形成的成熟生物膜的消除效果。

**结果** Lycosin-I 在体外条件下对耐药型肺炎克雷伯菌具有良好的抑菌作用;Lycosin-I 为 16 $\mu$ g/mL 的情况下能有效杀死 50%左右的耐药型肺炎克雷伯菌;lycosin-I 在 40min 可消除 50%的耐药型肺炎克雷伯菌;lycosin-I 能有效抑制肺炎克雷伯菌已成熟的生物膜,大致能消除 10%~40%耐药型肺炎克雷伯菌的成熟生物膜。

**结论** lycosin-I 在体外条件下可以有效抑菌杀灭耐药型肺炎克雷伯菌浮游菌,具有快速高效的特点,这种抗生物膜的特性可以被临床用于新药的开发与利用。

## PU-5956

### 基于不连续密度梯度离心法尿小细胞囊泡提取方案优化

陈青根,王小中

南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 本研究旨在对蔗糖密度梯度离心法提取尿液小细胞外囊泡进行改良,并基于蔗糖密度梯度离心法对尿液的小细胞外囊泡提取整个操作过程进行优化,以寻找适用于科学研究,特别是临床检验的基于蔗糖密度梯度离心法提取尿液小细胞外囊泡的优化方案。

**方法** 使用 PBS (PH7.4) 和 20mM Tris-HCL (PH8.6) 蔗糖重水溶液分别在 4℃ 和 25℃ 下进行密度梯度离心提取尿液 sEV, Western Blot 检测小细胞囊泡标志物比较四种方法的梯度液中小细胞外囊泡分布差异;等分尿液分别在 4℃ 或常温下以及是否结合超滤法或盐析法的情况下差速离心,最后每组都使用改良密度梯度离心提取尿小细胞外囊泡,使用透射电镜(TEM)、一维凝胶电泳、Western Blot 比较每组的小细胞外囊泡差异,可调电阻脉冲传感(TRPS)计数纳米颗粒数量差异。使用上述分析方法确定 NP40 和 DTT 处理 16000g 沉淀(P16)是否能提高 sEV 产量。

**结果** 改良蔗糖梯度液在 25℃ 下超速离心比其他三种方案能获得更集中的小细胞外囊泡分布层。NP40、DTT 和 Tris 比 PBS 处理 P16 后的上清液(SN2)含有更多的 sEV,但 SN2 和 P16 中的 sEV 含量都远远低于 16,000g 上清液(SN1)中的 sEV,合并 SN1 和 SN2 并不能明显增加 sEV 产量。在常温下差速离心而不使用超滤和盐析,提取到的 sEV 样本含有最多的 sEV 蛋白标志物(ALIX、TSG101 和 Syntenin-1)和纳米颗粒数;在常温下结合 100kDa 超滤能获得最高纯度的 sEV。

**结论** 使用改良蔗糖梯度液在 25℃ 下超速离心能获得更高产量的 sEV。NP40、DTT 和 Tris 处理 P16 沉淀能释放 sEV,合并 SN1 和 SN2 对提高 sEV 产量效果不明显。在常温下差速离心而不使用超滤和盐析,再进行改良蔗糖密度梯度离心法提取到的 sEV 样本含有最多的 sEV,在常温下结合 100kDa 超滤能获得最高纯度的 sEV。



PU-5957

## MicroRNA 参与幼年特发性关节炎免疫调节的研究进展

刘新乐,江咏梅

四川大学华西第二医院,610000

**目的** 本篇研究的目的在于重点说明在目前研究中 miRNA 在幼年特发性关节炎中的表达, 以及讨论其作为幼年特发性关节炎新型标志物的价值。幼年特发性关节炎是儿童时期最常见的风湿性疾, 其发病机制目前尚未完全阐明, 许多研究表明, 基因、环境以及自身免疫参与其免疫炎性损伤。

**方法** 通过检索 CNKI 中国知网、维普数据库、万方数据库、Pubmed 和 Web of Science 在 2000 年 1 月 1 日到 2019 年 4 月 30 日期间发表的 miRNA 与幼年特发性关节炎相关的文献, 对其进行科学归纳分析总结。

**结果** 在幼年特发性关节炎患者的血浆中, 与健康对照相比, 表达显著性上调的有 miR-16、miR-155、miR-146a、miR-26a、miR-125a-5p、miR-181c 和 miR-223 等, 表达下调的有 miR-132; 其中血浆 miR-16 水平在多关节型患者中显著高于少关节炎患者中, 与 IL-6 表达显著相关; 而且发现 miR-125a-5p 和 miR-181c 在全身型幼年特发性关节炎中, 通过两种不同机制显著降低巨噬细胞中 CD163 的表达参与炎性反应。在外周血单核细胞中, 全身型幼年特发性关节炎患者中的 miR-19a 和 miR-21 表达水平显著低于健康对照者, 其可能通过参与活化 JAK/STAT 信号通路参与炎症反应。

**结论** 早期诊断和治疗对于控制病情尤为重要, 早期特异性生物标志物的发现可以提高幼年特发性关节炎的诊疗效果。这些异常表达的 miRNA 通过调节关键细胞功能, 如信号通路、细胞因子应答反应进而参与幼年特发性关节炎发病。但是 miRNA 在幼年特发性关节炎患者中临床上广泛的应用还有待于进一步研究支持。

PU-5958

## 恶性肿瘤患者 ESKAPE 病原菌血流感染 临床特征和危险因素分析

胥萍瑶

四川省肿瘤医院,610000

**目的** 探讨恶性肿瘤患者合并 ESKAPE 病原体血流感染的危险因素及死亡危险因素, 探寻有效的早期诊断及预后指标, 为临床预防、诊断及治疗提供有效依据。

**方法** 收集 2013 年至 2018 年就诊于四川省肿瘤医院的恶性肿瘤合并血流感染患者的临床资料和实验室数据, 利用单因素和多因素 logistic 回归比较 ESKAPE 血流感染组与非 ESKAPE 血流感染组患者的临床特征, 分析其易感因素及死亡危险因素。用 ROC 曲线评估实验室常用炎症指标在诊断 ESKAPE 血流感染以及死亡预测中的作用。

**结果** 共计 753 例患者纳入研究, 以宫颈癌患者 (18.19%) 最多。共分离出 795 株病原菌, 其中 ESKAPE 病原菌 278 株, 占全部分离菌的 35.0%。经过单因素及多因素分析显示, 男性患者、多种病原体感染、酶抑制剂暴露史及中性粒细胞缺乏是恶性肿瘤患者发生 ESKAPE 病原菌血流感染的独立危险因素, 合并腹腔感染及真菌感染是其死亡的独立危险因素。联合 PCT、CRP、PLT 三项指标诊断恶性肿瘤患者 ESKAPE 血流感染, 其 ROC 曲线下面积为 0.77, 特异性是 81.3%, 阳性预测值为 76.77%。ESKAPE 血流感染组中死亡患者 PLR 和 PLT 明显低于存活组, 差异有统计学意义。

**结论** ESKAPE 病原菌血流感染对于有中性粒细胞缺乏、既往抗菌药物暴露及合并真菌感染、腹腔感染的恶性肿瘤患者, 是值得临床重视的问题。联合 PCT、CRP、PLT 能早期、迅速、有效诊断恶性肿瘤患者 ESKAPE 血流感染。

PU-5959

## 141 名儿童全血和血清中 15 项元素的相关性分析

梁秋妮<sup>1</sup>,陈文彬<sup>1</sup>,赵蓓蓓<sup>1,2</sup>,张少玉<sup>1</sup>,余旭辉<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心有限公司

2.广州医科大学金域检验学院

**目的** 同时测定 141 名儿童全血和血清中 15 项元素的浓度, 并进行相关性分析, 为探索不同样本类型中元素浓度及其相关性提供参考, 同时减少血液样本采集次数, 减轻受试者的痛苦。

**方法** 选择 141 名健康体检儿童的全血和血清标本, 采用电感耦合等离子体质谱仪测定, 利用 SPSS17.0 分别对全血和血清中镁、铁、钙、硒、钴、钼、锶、铬、锰、镍、铜、锌、砷、镉、铅共 15 项元素进行相关性分析。

**结果** 儿童全血和血清中镁、钙、硒、钴、钼、锶、铜、砷、镉存在相关性, Pearson 相关性及其显著性(双侧)分别为: 镁( $r=0.331, P=0.000$ )、钙( $r=0.583, P=0.000$ )、硒( $r=0.678, P=0.000$ )、钴( $r=0.921, P=0.000$ )、钼( $r=0.801, P=0.000$ )、锶( $r=0.943, P=0.000$ )、铜( $r=0.887, P=0.000$ )、砷( $r=0.998, P=0.000$ )、镉( $r=0.786, P=0.000$ ); 铁、锰、镍、锌、铅、铬未见相关关系, Pearson 相关性及其显著性(双侧)分别为: 铁( $r=0.112, P=0.185$ )、锰( $r=0.151, P=0.073$ )、镍( $r=-0.041, P=0.628$ )、锌( $r=-0.072, P=0.396$ )、铅( $r=-0.138, P=0.105$ )、铬( $r=-0.019, P=0.826$ )。

**结论** 儿童全血和血清中镁、钙、硒、钴、钼、锶、铜、砷、镉存在相关性, 评价体内元素含量水平时可选全血或血清任一样本类型; 铁、锰、镍、锌、铅、铬未见相关关系, 评价体内元素含量水平时, 需综合元素的代谢途径、生理作用等要素进行选择适当的样本类型。

PU-5960

## Diagnostic value of the antiglycoprotein-2 antibody for Crohn's disease: a PRISMA-compliant systematic review and meta-analysis

chuiwen deng

Peking Union Medical College Hospital,

**Objective** To perform a meta-analysis to evaluate the diagnostic performance of the antiglycoprotein-2 (GP2) antibody for Crohn's disease (CD).

**Methods** Three databases (EMBASE, ISI Web of Knowledge and PubMed) were systematically searched. There were 17 eligible studies included in the meta-analysis. A total of 2439 patients with CD and 3184 controls were involved in these studies. STATA V.11.2 and Meta-DiSc V.1.4 were used to perform the meta-analysis.

**Results** The area under the summary receiver operating characteristic curve was 0.68-0.72. The pooled diagnostic sensitivity of the anti-GP2 antibody ranged from 14% to 24%, and the specificity was 96%-98%.

**Conclusions** The anti-GP2 antibody is a specific biomarker for CD, and further exploration of its prevalence among different clinical phenotypes of CD will provide a better understanding of its diagnostic performance.

## PU-5961

## 肺腺癌差异表达基因的生物信息学分析

王兵

淮安市第一人民医院（南京医科大学附属淮安第一医院）,223001

**目的** 初步探索肺腺癌发生发展相关差异表达基因，为筛选肺腺癌早期诊断、治疗和预后的分子生物学标志物奠定基础。

**方法** 从公共基因表达数据库 (GEO) 下载肺腺癌相关芯片数据，利用 R 语言 Limma 程序包筛选差异表达基因，对差异表达基因进行 GO 和 KEGG 富集分析、蛋白相互作用网络分析及网络关键基因生存分析。

**结果** 筛选出共有差异表达基因 321 个，其中上调基因 105 个，下调基因 216 个。对共有差异基因进行生物信息学相关分析，发现补体及凝血级联通路、疟疾通路、PPAR 信号通路、蛋白质消化吸收等信号通路与肺腺癌发生发展有关。同时筛选出了 UBE2C、KIAA0101、TOP2A 3 个关键基因，这些关键基因在肺腺癌组织中全部表达上调且与患者预后相关。

**结论** 筛选出 3 个差异表达非常显著且对患者预后影响明显的基因，对肺腺癌的诊断和预后治疗提供了新思路。

## PU-5962

## The clinical application of Filmarray respiratory panel in children with severe respiratory infections

Fen Pan, Yingying Shi, Hong Zhang

Shanghai Children's Hospital, Shanghai Jiaotong University

**Objective** The Filmarray respiratory panel (FARP) reliably and rapidly identifies 17 viruses and 3 bacterial pathogens. This study was to describe the performance of FARP comparing to direct fluorescence assay (DFA) methods and also to characterize the clinical effect of FARP in children.

**Methods** The FARP and DFA assays were simultaneously performed on respiratory samples collected from children with severe respiratory infections in 2018. Clinical data of all positive patients was also collected and evaluated.

**Results** Among the 90 samples, 58 samples (64.4%) were positive for 17 pathogens by FARP and 18 positive samples were detected with multiple-virus. Human rhinoviruses/ enteroviruses (21.0%, 17/58) were predominant pathogen, followed by adenovirus (18.5%). However, only 11 samples (12.2%) with single virus were positive and adenovirus was mostly detected by using DFA method. FARP showed lower TAT of 1.7h than DFA with 5.2h. Among 58 FARP positive patients, there were no significant difference in hospitalization stay, cost, use of anti-virus, rate of secondary infection, and clinical outcome between single virus and multiple virus group ( $P>0.05$ ), but significant difference were in antibiotic prescription and use of hormone ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** Comparison of DFA assay, FARP can provide the rapid detection of a wide number of respiratory organisms for children with severe respiratory infections.

PU-5963

## 阿尔茨海默病早期诊断标志物研究及其进展

蒋姣伏

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 阿尔茨海默病 (Alzheimer disease, AD), 又称为老年性痴呆, 是一种中枢神经系统变性病, 起病隐袭, 病程呈慢性进行性, 是老年期痴呆最常见的一种类型。主要表现为渐进性记忆障碍、认知功能障碍、人格改变及语言障碍等神经精神症状, 严重影响社交、职业与生活功能。

**方法** AD 的病因及发病机制尚未阐明, 一般认为 AD 是复杂的异质性疾病, 多种因素可能参与致病, 如遗传因素、神经递质、免疫因素和环境因素等。开展 AD 相关诊断标志物的研究, 有助于临床诊断极早期 AD, 在不可逆性神经元受损和认知障碍症状发生之前进行早期干预、早期治疗具有重大意义。

**结果** AD 早期诊断标志物的应用, 目前大多仍然处于科研与临床应用的过渡阶段, 主要有基因诊断、生化诊断标志物 (脑脊液标志物和尿液标志物等)、影像学标志物 ( $A\beta$  标志物正电子发射断层显像、氟标记脱氧葡萄糖-PET、结构磁共振成像技术和功能磁共振成像技术等), 如果能够将多种诊断标志物联合使用, 将为 AD 早期准确的诊断提供巨大帮助。本文对 AD 早期诊断生物标志物研究及其进展进行综述。

**结论** AD 早期诊断标志物的应用, 目前大多仍然处于科研与临床应用的过渡阶段, 主要有基因诊断、生化诊断标志物 (脑脊液标志物和尿液标志物等)、影像学标志物 ( $A\beta$  标志物正电子发射断层显像、氟标记脱氧葡萄糖-PET、结构磁共振成像技术和功能磁共振成像技术等), 如果能够将多种诊断标志物联合使用, 将为 AD 早期准确的诊断提供巨大帮助。本文对 AD 早期诊断生物标志物研究及其进展进行综述。

PU-5964

## CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值异常系统性红斑狼疮患者 PD-L1 和 IFN- $\alpha$ 血清水平检测及其临床意义

廖永强

江西省萍乡市人民医院

**目的** 通过检测 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值异常的系统性红斑狼疮(Systemic lupus erythematosus,SLE)患者血清 PD-L1 和 IFN- $\alpha$  水平, 探讨 PD-L1 和 IFN- $\alpha$  与 SLE 患者 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值异常的关系。

**方法** 73 例 SLE 患者以 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>参考范围(1.5-2.5)为标准, 分为 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置组(29 例), CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>升高组(17)例, CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>正常组(27 例), 另选取 20 位健康体检者为对照组; 采用流式细胞术检测 SLE 患者 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>和 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞, ELISA 法检测 SLE 患者血清 PD-L1、IFN- $\alpha$  和抗 dsDNA 抗体水平, 分析 PD-L1、IFN- $\alpha$  与抗 dsDNA 抗体的相关性。

**结果** (1) CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置和升高组补体 C3 和 C4 水平显著低于其余二组(均  $P<0.01$ )。CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置组 CRP 水平显著高于健康组( $P<0.01$ ), 与正常组比较无统计学差异( $P>0.05$ ), 升高组 CRP 水平显著高于其余三组(均  $P<0.01$ )。CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置及升高组 SLE 患者抗 dsDNA 抗体滴度、SLEDAI 明显高于正常和健康组(均  $P<0.01$ )。(2)CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置及升高组 PD-L1 水平显著高于健康组和正常组(均  $P<0.01$ )。CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置组 IFN- $\alpha$  水平显著高于其余三组(均  $P<0.01$ ), 升高组 IFN- $\alpha$  水平显著高于健康组( $P<0.01$ ), 与正常组比较无统计学意义( $P>0.05$ )。(3)CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>倒置和升高组 SLE 患者血清 PD-L1 和 IFN- $\alpha$  均与抗 dsDNA 抗体滴度成正相关(均  $P<0.01$ )。(4) CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>异常组 SLE 患者病原体感染率显著高于其余二组(均  $P<0.01$ )。

**结论** 病原体感染是 SLE 患者 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>比值异常的直接原因, CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>异常 SLE 患者血清 PD-L1 和 IFN- $\alpha$  水平均升高且与抗 dsDNA 抗体成正相关, 提示 PD-L1 和 IFN- $\alpha$  调节 T 细胞活化共同参与免疫过程。

## PU-5965

### 低密度脂蛋白胆固醇在极低水平上的准确性评估

余超

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 比较 Friedewald 公式和 Martin 方法在非常低的水平上评估 LDL-C 的准确性。

**方法** 在 21783 例 LDL-C<70 mg/dL 的患者中, 我们比较了 Friedewald 公式和 Martin 方法在直接测量中的准确性和相关性。

**结果** 在线性回归分析中, LDLm-C 比 LDLf-C 与 LDLd-C 的相关性 Rho 基本一致 (0.731 vs 0.732)。我们进一步分析了血清甘油三酯 (TG) 浓度对 LDLf-C 和 LDLm-C 准确性的影响。虽然 LDLd-C 水平与 TG 水平呈正相关, 但 LDLf-C 与 LDLm-C 水平相比, 随 TG 水平变化显示更大的差异。我们首次用中国人群数据证明了通过 Martin 方法估计的 LDL-C 水平比 Friedewald 方程估计的更有用。

**结论** 在 LDL-C 水平非常低的患者中, 水平越低, 估计值越不准确, 尤其是通过 Friedewald 公式进行估计。通常情况下, Friedewald 公式估计 <40mg/dL 是错误的低, 绝大多数值 <25 和 <15mg/dL, 需要一种更准确的估算方法, Martin 方法。

## PU-5966

### Musashi2 在慢性粒细胞白血病细胞中对 hedgehog 信号通路的调控研究

张慧娟

赣南医学院第一附属医院,341000

**目的** 探讨在慢性粒细胞白血病 (CML) 细胞株 K562 细胞中, Msi2 是否参与调控 Hedgehog 信号通路。

**方法** 构建干扰 Msi2 的慢病毒载体, 定量 PCR 和 Westernblot 检测 K562 细胞中 Msi2 的干扰效率; 定量 PCR 检测 Hedgehog 信号通路中相关分子 Shh, PTCH 的 mRNA 表达, 定量 PCR 和 Westernblot 检测 Hedgehog 信号通路终末效应分子 Gli1 的 mRNA 和蛋白表达。

**结果** 成功构建干扰 Msi2 的慢病毒载体, 在 K562 细胞中, 与对照组比较, 实验组中 Msi2 的 mRNA 和蛋白表达明显减少 ( $p<0.05$ ); 下调 Msi2 后 Shh, PTCH 的 mRNA 水平显著下降 ( $p<0.05$ ), Gli1 的 mRNA 和蛋白表达水平也显著降低 ( $p<0.05$ )。

**结论** 下调 Msi2 可以抑制 K562 细胞中 hedgehog 信号通路相关分子, 表明 Msi2 可能通过调控 hedgehog 信号通路参与 CML 的发生发展。

PU-5967

## Positive Association between ANKRD55 Polymorphism 7731626 and Dermatomyositis/Polymyositis with Interstitial Lung Disease in Chinese Han Population

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Single nucleotide polymorphisms (SNPs) in TNFSF4 and ANKRD55 genes have been shown to be associated with several autoimmune diseases, although whether these genes are susceptibility genes for dermatomyositis/polymyositis (DM/PM) has, to date, not been reported. This study aimed to investigate the potential associations of these SNPs with DM/PM in a Chinese Han population.

**Methods** Five SNPs in TNFSF4 (rs2205960, rs844644, and rs844648) and ANKRD55 (rs6859219, rs7731626) genes were genotyped using the SequenomMassArray system in 2297 Chinese individuals. In total, 1017 DM/PM patients and 1280 gender-matched healthy controls were genotyped. No significant associations were observed in DM/PM patients for the five SNPs analyzed.

**Results** The association between SNPs and interstitial lung disease (ILD) was also investigated. Both DM-ILD ( $P_c = 0.030$ , OR = 0.65, 95% CI: 0.47-0.88) and DM/PM-ILD ( $P_c = 0.015$ , OR = 0.67, 95% CI: 0.51-0.87) exhibited a significant association with the rs7731626-A allele. Rs7731626-A was less frequently found in DM-ILD and DM/PM-ILD patients compared with healthy controls.

**Conclusions** This is the first study to demonstrate a positive association between ANKRD55 polymorphism and DM-ILD and DM/PM-ILD. A decreased frequency of rs7731626-A in DM-ILD and DM/PM-ILD patients suggests that the A variant may be protective against DM/PM-ILD.

PU-5968

## 迈瑞 cl-900i 化学发光分析仪检测降钙素原 (PCT) 性能验证

杨丽华, 车翔林, 宫羽骥

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 验证迈瑞 cl-900i 化学发光分析仪检测降钙素原 (PCT) 的主要性能。

**方法** 参考美国临床实验室标准协会 (CLSL) 系列文件, 对检测 PCT 的精密度、线性范围、临床可报告区间、参考区间、正确度、携带污染率等方面进行验证。

**结果** 迈瑞 cl-900i 化学发光分析仪检测 PCT 高、低水平样本批内精密度变异系数 (CV) 分别为 0.83%、2.07%, 实验室总精密度变异系数 (CV) 分别为 1.81%、3.05%, 符合实验室要求; 线性范围为 0.006-96.96ng/ml 与厂家声明的一致; 参考区间 0-0.05ng/ml 与厂家声明一致, 且与临床应用专家共识判读标准一致; 携带污染量 0.005ng/ml, 与厂家声明一致; 与罗氏 E602 电化学分析仪的 PCT 检测结果相比  $R^2$  为 0.9986, 斜率 1.0241, 接近于 1, 截距 0.124, 接近于 0。

**结论** 迈瑞 cl-900i 化学发光分析仪检测降钙素原的主要性能指标能满足临床要求, 可用于临床检测。

## PU-5969

## 龟/脓肿分枝杆菌复合体血流感染 1 例

任玉吉

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 提高临床医生对非结核分枝杆菌的认识, 避免误诊

**方法** 回顾性分析患者的临床资料及相关文献

**结果** 整个病程中多次进行支气管镜纤刷物、针吸液、痰抗酸染色及培养均为阴性,  $\gamma$ -干扰素释放试验为阴性, 早期影像学上虽疑似结核感染但缺乏确切证据, 最终在血液培养和淋巴结切片抗酸染色中找到病原菌。

**结论** 血液培养阳性和淋巴结切片抗酸染色阳性在此患者诊疗过程中起了非常重要的作用。同时在检出抗酸分枝杆菌而  $\gamma$ -干扰素释放试验阴性时, 应高度怀疑 NTM 感染。患者影像学结果与肺癌难于鉴别, 应增加不同检查方法进一步确诊。

## PU-5970

## 糖化白蛋白在糖尿病及糖调节受损筛查中的应用

马锦洪

常州市第一人民医院, 213000

**目的** 探讨血清糖化白蛋白 (GA) 在糖尿病 (DM) 及糖调节受损 (IGR) 患者中的临床意义。

**方法** 对 326 例体检人群进行糖耐量试验和血清糖化白蛋白检测, 根据检测结果分为糖耐量正常组、糖调节受损组、糖尿病组, 进行统计分析。

**结果** 糖耐量正常组、糖调节受损组、糖尿病组三组之间糖化白蛋白水平具有显著性差异, 糖尿病组 > 糖调节受损组 > 糖耐量正常组 ( $P < 0.01$ ); 糖耐量正常组 GA 阳性率为 4.6% (10/219), 糖调节受损组 GA 阳性率为 79.3% (73/92), 糖尿病组 GA 阳性率为 93.3% (14/15)。糖尿病组和糖调节受损组 GA 阳性率均明显高于糖耐量正常组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。

**结论** 糖化白蛋白与空腹血糖联合检测可作为提高糖尿病和糖调节受损检出率的筛选性指标, 尤其是对于糖耐量减低 (IGT) 人群和空腹血糖正常而餐后异常的糖尿病人群, 尽早对其进行各种有效的干预、对于延缓或阻止糖尿病的发生、降低各种并发症均具有重要的临床意义。

## PU-5971

## 门诊空腹与非空腹血脂的比较

余超, 潘玉洁, 车翔林

华中科技大学同济医学院附属协和医院, 518000

**目的** 探讨非空腹血脂检测在门诊患者中实施的可行性, 并对 Friedewald 公式和 Martin 公式两种计算方法进行比较。

**方法** 连续收集 2017 年 7 月 17 日至 2017 年 9 月 17 日华中科技大学同济医学院附属协和医院门诊患者年龄 18 岁及以上检测餐后两小时血糖保存样本当日并检测血脂四项 646 例, 其中 597 例  $TG < 4.52 \text{ mmol/L}$  (92.4%) (NS 组) 与 2017 年 1 月 1 日至 2017 年 12 月 31 日, 所有门诊患者年龄 18 岁及以上, 空腹时间通常 > 12 小时, 样本在采集后 2 小时内检测,  $TG < 4.52 \text{ mmol/L}$  (FS 组) 的 46140 (96.4%) 例样本采用独立样本的非参数 Mann-Whitney U 检验法进行比较。在 NS 组内同

时有 160 例患者当日同时检测了空腹血脂, 作为自身对照组, 两次检测结果采用 Wilcoxon 符号秩检验法进行对比。

**结果** 与空腹相比, 非空腹 TC、HDL-C、LDL-C、NHDL-C、CLDL-M 和 TG 升高, CLDL-F 降低。除 LDL-C, CLDL-M 差异无统计学意义外 ( $P>0.05$ ), 其余各项目差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), 直接测定法中 LDL-C 的变异小于 5.0%, HDL-C (20.0%) 和 TG (28.9%) 变异很大, 计算法中 CLDL-F 变异较大, 为 5.45%, CLDL-M 变异为 1.14%。

**结论** 非空腹血脂检测可以作为门诊患者的常规血脂谱的评价方法, 且与 Friedewald 公式相比, Martin 公式与直接测定法的相关性及一致性均较好, 更适用于空腹和非空腹人群。

## PU-5972

### Clonal dissemination of the bla<sub>NDM-5</sub> gene via IncX3-type plasmid among Enterobacteriaceae in children

Dongxing Tian, Bingjie Wang, Hong Zhang  
Huashan Hospital, Shanghai Medical College, Fudan University

**Objective** The continuous emergence of novel New Delhi metallo- $\beta$ -lactamase-5 (NDM-5)-producing Enterobacteriaceae isolates is receiving increased public attention.

**Methods** 22 NDM-5-producing strains were identified by PCR assays from 146 CRE strains collected from pediatric patients between January and March 2017, indicating that bla<sub>NDM-5</sub> has spread to children and caused further clonal dissemination.

**Results** All isolates, including 16 *Klebsiella pneumoniae* strains, four *Klebsiella aerogenes* strains, and two *Escherichia coli* strains, showed high resistance to all  $\beta$ -lactam antibiotics and inhibitors, but all remained susceptible to tigecycline and colistin. *K. pneumoniae* and *K. aerogenes* strains were respectively defined as genetically related isolates by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). Multilocus sequence typing (MLST) results confirmed the genetic relatedness, and all *K. pneumoniae* belonged to sequence type (ST) 48. Two *E. coli* isolates (ST617 and ST1236) were considered genetically unrelated. Four representative strains (*K. pneumoniae* K725, *K. aerogenes* CR33, *E. coli* Z214, and *E. coli* Z244) were selected for further study. Plasmids harboring bla<sub>NDM-5</sub> showed strong stability both in clinical isolates and transconjugants, without apparent plasmid loss after 100 serial generations. S1-PFGE followed by Southern blot analysis demonstrated that the bla<sub>NDM-5</sub> gene was all located on plasmid of similar size (~46 Kb). Plasmid sequences showed almost identical among pNDM-K725, pNDM-CR33, and pNDM-Z214, but slightly different sequences for pNDM-Z244. Compared with pNDM-Z244,  $\Delta$ ISAba125 and partial copies of IS3000 were missing. The genetic background of the bla<sub>NDM-5</sub> gene was slightly different from that of the commonly reported pNDM\_MGR194.

**Conclusions** This study comprehensively characterized the IncX3-type plasmid carrying the bla<sub>NDM-5</sub> gene of *K. pneumoniae*, *E. coli*, and *K. aerogenes* clinical isolates. To our knowledge, this is the first time to report clonal disseminations of bla<sub>NDM-5</sub>-carrying isolates in different species of Enterobacteriaceae isolates in pediatric patients.



PU-5973

## Anti-MDA5 antibody as a potential diagnostic and prognostic biomarker in patients with dermatomyositis

Liubing Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** The presence of anti-MDA5 antibodies in serum represents an important biomarker in the diagnosis and prediction of prognosis for patients with idiopathic inflammatory myopathies (IIMs). Due to conflicting results that have been reported regarding the detection of anti-MDA5 antibodies, the goal of this study was to assess a potential association between the presence of anti-MDA5 antibodies and dermatomyositis/polymyositis (DM/PM), as well as the diagnostic and prognostic values of anti-MDA5 antibodies for DM/PM.

**Methods** For this, a review of literature published prior to October 15, 2016 was conducted. Eight studies with 286 PM patients and 216 healthy controls and nine studies with 628 DM patients and 221 healthy controls were selected according to specific inclusion criteria.

**Results** The outcomes of these studies revealed that the presence of anti-MDA5 antibodies was associated with DM, especially CADM, and not with PM. Furthermore, the pooled sensitivity, specificity, and area under the curve (AUC) values were 0.62 (95% confidence interval (CI): 0.52-0.70), 1.00 (95% CI: 0.97-1.00), and 0.9381 for CADM patients versus healthy controls when an immunoprecipitation method was used. The presence of anti-MDA5 antibodies was also found to be significantly associated with an increased risk of death in DM (relative risk = 3.32, 95% CI: 1.65-6.67,  $P = 0.001$ ).

**Conclusions** These findings suggest that anti-MDA5 antibodies correlate with DM and could be used as a biomarker in the clinical diagnosis of CADM. The presence of anti-MDA5 antibodies was also associated with poor prognosis regarding the overall survival of patients with DM.

PU-5974

## WS/T 347-2011 校准指南校准血液分析仪

田忠黄

江西肿瘤医院

WS/T 347-2011 血细胞分析的校准指南由国家卫计委（原卫生部）2011-09-30 发布，2012-04-01 实施。本标准规定了血细胞分析校准的技术要求。江西省肿瘤医院高度重视医疗服务质量和医疗服务的规范性，检验科 2013 起就开始执行此标准，每年常规两次对血液分析仪按 WS/T 347-2011 标准程序进行测试条件评价、精密度试验、携带污染率试验、校准试验等步骤校准仪器后，仪器的准确性有很大的提高，并按标准程序对检验科所有的血液分析仪进行比对试验，使检验结果更加准确。本文主要介绍按 WS/T 347-2011 血细胞分析的校准指南校准血液分析仪的方法。在每天认真做好仪器的保养与维护的同时认真做好室内质控，积极参加国家卫计委临床检验中心的室间质评，四年来国家卫计委临床检验中心的室间质评都能满分通过

## PU-5975

## Development of up-converting phosphor technology-based lateral flow assay for quantitative detection of serum PIVKA-II: inception of a near-patient PIVKA-II detection tool

Songgao Zhang  
Fujian Provincial Hospital

**Objective** Development of a test card based on up-conversion phosphor technology-based immune lateral flow (UPT-LF) assay as a near-patient detection tool for serum Prothrombin induced by vitamin K absence or antagonist II (PIVKA-II).

**Methods** up-converted phosphor nanoparticles (UCPs) were used to bind to PIVKA-II monoclonal antibodies as labeled probes to develop the test card for detecting serum PIVKA-II. The UPT-LF test card was evaluated by the limit of detection, linearity, stability, recovery rate, precision and interference. Preliminary clinical validation was conducted by detection of 498 serum samples from 228 patients with hepatocellular carcinoma (HCC), 170 patients with liver benign lesion (LBL) and 100 healthy controls (HC). Additionally, the correlation of serum PIVKA-II detection between UPT-LF assay and Chemiluminescence enzyme immunoassay (CLEIA) assay were performed.

**Results** Modified and activated UCPs bound to monoclonal antibodies powerfully to form the luminescent labeled probes. Limit of detection and linear range of UPT-LF test card for serum PIVKA-II were 2.66 and 4.8-20000 ng/ml, respectively. Test card had good 25 °C thermal and 4 °C validity period stability, 93.1%-99.2% of recovery rate, 2.6-5.8% and 5.4-8.9% of intra-assay and inter-assay variation, and strong anti-interference ability for 8 common serum analytes. The sensitivity and specificity (vs LBL+HC group) of test card for HCC were 71.5% and 88.9%, respectively. The  $R^2$  between UPT-LF assay and CLEIA assay was 0.901.

**Conclusions** UPT-LF assay provides a reliable, rapid and convenient test for quantitative detection of serum PIVKA-II as well as diagnosis of HCC by a point of care testing way.

## PU-5976

## CircRNA microarray profiling identifies novel circulating biomarkers for detection of active tuberculosis

Zikun Huang<sup>1</sup>, Qing Luo<sup>1</sup>, Yiping Peng<sup>1,2</sup>, Junming Li<sup>1</sup>  
1.The First Affiliated Hospital of Nanchang University  
2.Jiangxi Chest Hospital

**Objective** Recent studies have demonstrated that circular RNAs (circRNAs) could serve as potential molecular markers for disease diagnosis; however, little is known about their diagnostic impact on active tuberculosis (TB). This study was designed to determine whether plasma circulating circRNAs could be used as novel biomarkers for active TB diagnosis.

**Methods** Expression profile of circRNAs in plasma from 3 active pulmonary TB patients and 3 healthy controls were analyzed by microarray assay. Six circRNAs were selected for validation using qRT-PCR in 50 TB patients and 50 healthy controls. ROC curve was constructed to evaluate their values in TB diagnosis. Hsa\_circ\_0001953 and hsa\_circ\_0009024 was chosen for further evaluation in an independent cohort consisting of 120 TB, 100 healthy controls, 40 pneumonia, 40 COPD, and 40 lung cancer patients. An six-month follow up was performed in 25 newly diagnosed TB patients to investigate the expression change of hsa\_circ\_0001953 and hsa\_circ\_0009024 after chemotherapy.

**Results** Among 61 differentially expressed circRNAs, 43 were up-regulated and 18 were down-regulated in TB plasma. The validation study demonstrated that plasma levels of these 6 circRNAs (hsa\_circ\_0009024, hsa\_circ\_0001953, hsa\_circ\_0008297, hsa\_circ\_0003528, hsa\_circ\_0003524 and hsa\_circ\_0015879) were all remarkably increased in TB patients. Plasma levels of hsa\_circ\_0001953 and hsa\_circ\_0009024 were correlated with TB severity. The AUC for distinguishing TB patients was 0.915 when hsa\_circ\_0001953 and hsa\_circ\_0009024 were used in combination. Additionally, plasma levels of hsa\_circ\_0001953 and hsa\_circ\_0009024 declined significantly in patients after treatment.

**Conclusions** This study identified a set of deregulated circRNAs in active TB plasma, our data also suggest that plasma circulating hsa\_circ\_0001953 and hsa\_circ\_0009024 may represent novel biomarkers for active TB diagnosis.

## PU-5977

### 过敏原屋尘混合项 hx2 特异性 IgE 的检测结果分析

梁雪清<sup>1,2,3</sup>, 韦妮莉<sup>1,2,3</sup>, 黄惠敏<sup>1,2,3</sup>, 胡海圣<sup>1,2,3</sup>, 孙老师<sup>1,2,3</sup>

1. 广州医科大学附属第一医院, 510000

2. 广州呼吸健康研究院

3. 呼吸疾病国家重点实验室

**目的** 分析过敏原屋尘混合项 hx2 特异性 IgE (slgE) 的阳性分布特征及 hx2 slgE 与单项过敏原 slgE 的相关性。

**方法** 收集 2004 年 11 月至 2016 年 11 月就诊于广州医科大学附属第一医院并用 ImmunoCAP 过敏原检测系统检测过敏原屋尘混合项 hx2 的患者 2134 例, 分析其阳性分布特点及 hx2 slgE 与单项过敏原 (屋尘螨 d1、粉尘螨 d2、德国小蠊 i6 和屋尘 h1) slgE 的相关性。

**结果** hx2 阳性率为 41.6%, hx2 slgE 浓度与 4 个单项过敏原 slgE 浓度均相关, 其中 hx2 和 d1、d2 均高度相关 ( $r=0.969$  &  $r=0.963$ ,  $p<0.001$ ), 与 h1 中度相关 ( $r=0.680$ ,  $p<0.001$ ), 与 i6 弱相关 ( $r=0.206$ ,  $p=0.003$ )。d1、d2 和 h1 slgE 在 hx2 slgE 为三级以上时阳性几率均升高。hx2 slgE 的阳性率随年龄变化, 呈先上升后下降的趋势, 学龄期组达最高峰 (79.0%)。在青壮年组和中老年组, 男、女性的 hx2 slgE 浓度有显著的统计学差异 ( $p=0.003$  &  $p=0.007$ ), 而性别导致的 hx2 阳性率差异仅在青壮年组有显著统计学意义 ( $p=0.014$ )。

**结论** 过敏原屋尘混合项 hx2 与屋尘螨 d1、粉尘螨 d2、屋尘 h1 和德国小蠊 i6 均有不同程度相关, 不同年龄和性别的 hx2 阳性分布存在差异, 检测屋尘混合项 hx2 能有效地筛查常见的吸入过敏原, 临床诊断应根据不同患者的情况选择合适的过敏原检测方案。

## PU-5978

### 学龄前儿童布鲁菌病患者的流行病学及临床特点分析

何晶晶, 张雁, 郑遵荣, 刘长民

黑龙江省农垦总局总医院

**目的** 分析学龄前儿童布鲁菌患者的流行病学和临床特点, 以提高对儿童布鲁菌病的认识及诊断水平。

**方法** 回顾性分析 2016 年 12 月至 2018 年 11 月黑龙江省农垦总局总医院收治确诊的 45 例学龄前儿童布病的流行病学特征, 临床症状, 实验室检查、治疗和转归情况。

**结果** 学龄前儿童布病患者 45 例, 其中男性 29 例, 女性 16 例, 年龄 ( $3.7\pm1.6$ ) 岁, 范围 6 月 ~ 6 岁。45 例布病患儿年龄集中在  $>3 \sim 6$  岁 (64.44%, 29/45); 居住地以农村为主 (97.78%,

44/45)；发病时间主要集中在 3－6 月 (46.67%，21/45)；临床症状以发热、关节痛居多，分别占 97.78% (44/45)、57.78% (26/45)。淋巴结及肝脾肿大较多见，分别占 42.22% (19/45) 和 35.56% (16/45)。患儿治疗前、后 ALT、AST、CK-MB、HBDH 及 LDH 比较，差异有统计学意义 ( $t = 4.774、2.970、2.229、5.664、5.805$ ， $P$  均  $< 0.01$  或  $< 0.05$ )。血标本培养布鲁菌阳性 36 例 (80.0%)，治疗后均转为阴性，差异有统计学意义 ( $\chi^2 = 60.000$ ， $P < 0.01$ )。

**结论** 对于布病流行区域、多发季节以及不明原因发热的患儿，应详细询问其流行病史。及时监测布病患儿的肝功能和心肌酶，可提示临床慎重用药防止患儿肝脏和心肌进一步受损。

## PU-5979

### 三氯蔗糖提高炎症性肠病易感性的研究

郭君钰  
青岛大学附属医院

**目的** 炎症性肠病是一种病因尚不明确的慢性非特异性肠道炎症性疾病，包括溃疡性结肠炎和克罗恩病，非热量人工甜味剂在不添加卡路里或葡萄糖的情况下为食物提供甜味。近年来，炎症性肠病病例急剧增加，其原因不清。据统计学推测，全世界 90 年代早期批准的零卡路里人造甜味剂三氯蔗糖的批准使用可能是 IBD 发病率增加的一个重要因素。在本课题中，我们初步探讨了三氯蔗糖提高三硝基苯磺酸诱导克罗恩病的易感性的机制。

**方法** 动物实验所用的 SD 大鼠随机分成两组：正常饮水对照组，三氯蔗糖组 (FDA 食品安全标准三氯蔗糖的使用浓度)。6 周后，将成年雄性 SD 大鼠 (约 180g) 随机分成正常对照组与克罗恩病模型组，其中正常对照组灌肠 0.9% 生理盐水，克罗恩病模型组灌肠 TNBS 乙醇溶液。SD 大鼠和三氯蔗糖大鼠即被随机分成四个实验组：(1) 对照组；(2) 三氯蔗糖组；(3) 模型组 (正常饮水 + TNBS 组)；(4) 三氯蔗糖模型组 (三氯蔗糖 + TNBS 组)。在实验第七天，安乐死动物进行取材，收集动物的血浆、结肠及其肠道内容物，运用 H&E、ELISA、WB、酶-底物催化方法、qPCR 等实验技术分别检测实验动物组织病理学变化、炎症因子表达水平 (IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$ )、消化蛋白酶活性 (胰蛋白酶-Trypsin、胰蛋白酶-Chymotrypsin)、髓过氧化物酶含量、肠黏膜通透性 (血清中 D-Lac，组织中 Occludin 表达水平)。

**结果** 与对照组比较，三硝基苯磺酸诱导炎症性肠病模型中，体重增长率显著降低，结肠的宏观和微观疾病评分增加。另外，结肠组织中肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )，白介素-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ) 和 MPO 水平升高，Occludin 水平降低。胰蛋白酶和糜蛋白酶水平升高，粪便中  $\beta$ -葡萄糖醛酸酶水平降低，血浆中的 D 乳酸水平增加，同时肠道微生物也发生改变。三氯蔗糖的使用加剧了这些临床和形态学参数。

**结论** 三氯蔗糖可以通过影响肠道菌群的组成，引起消化蛋白酶的灭活障碍，使得肠黏膜通透性提高，从而使三硝基苯磺酸诱导炎症性肠病易感性提高。

## PU-5980

### $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶与乳酸脱氢酶比值在发现 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶和转氨酶底物耗尽中的应用研究

万祥辉  
江西省肿瘤医院/江西省第二人民医院,330000

**目的** 寻找能够发现  $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 (HBDH) 和转氨酶底物耗尽的筛查指标

**方法** 分析 HBDH 与乳酸脱氢酶 (LDH) 在参考人群中的比值 (HBDH/LDH)，根据比值的升高或降低来推断 HBDH 和转氨酶是否存在底物耗尽的可能性，并通过查看反应曲线加以确认。

**结果** 29 例 HBDH、ALT、AST 底物耗尽案例均可通过 HBDH/LDH 比值关系推断发现, 敏感性达 100%。

**结论** HBDH/LDH 的比值可以用于发现 HBDH 和转氨酶的底物耗尽, 尤其是有利于发现容易被忽略的转氨酶底物耗尽情况。

#### PU-5981

### Retrospective evaluation of the clinical utility of serological biomarkers in Chinese patients with inflammatory bowel disease: 2-year clinical experience

Shulan Zhang

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Antibodies to *saccharomyces cerevisiae* (ASCA), antibodies to perinuclear anti-neutrophil cytoplasmic (pANCA), pancreatic autoantibodies (PAB) and antibodies against intestinal goblet cells (GAB) are important in diagnosing Crohn's disease (CD) and ulcerative colitis (UC). However, little is known about their diagnostic value in real clinical practice in China. This retrospective study aimed to present our 2-year clinical experience with those biomarkers in diagnosis of CD and UC.

**Methods** A total of 140 patients with UC, 128 patients with CD, and 224 patients with intestinal associated diseases as disease controls were included. Serum ASCA were determined by ELISA. Serum pANCA, GAB, and PAB were tested by indirect immunofluorescent assay. Retrospective review of laboratory results and clinical information was performed.

**Results** ASCA and ASCA+/pANCA- showed poor abilities in differentiating CD from UC, CD from intestinal Behçet's disease (BD), or CD from intestinal tuberculosis (ITB). In contrast, PAB exhibited good capacities in differentiating CD from UC, CD from intestinal BD, and CD from ITB. IgG pANCA demonstrated a high sensitivity and specificity in differentiating UC from CD. pANCA+/ASCA- or pANCA+/PAB- displayed a high sensitivity and specificity in differentiating UC from CD. GAB showed poor potential in differentiating UC from CD. PAB were positively correlated with early disease onset, ileocolonic disease, and perianal disease in CD patients.

**Conclusions** Our data suggest that pANCA and PAB are helpful in diagnosis of UC and CD, respectively, while ASCA and GAB were not. Our findings indicate a clear need for additional biomarkers for diagnosis of CD in China.

#### PU-5982

### 长沙地区健康成人脂蛋白相关磷脂酶 A2 参考区间初步建立

黄愉雯

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 调查长沙地区健康成人血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lp-PLA2) 水平, 初步建立长沙地区 Lp-PLA2 参考区间

**方法** 选择 424 例健康成人作为研究对象, 其中男 175 名, 女 249 名, 分别按年龄段 20~29 岁、30~39 岁、40~49 岁、50~59 岁、60 岁以上分为 5 组。用连续监测法检测血清 Lp-PLA2 活性, 依据美国临床和实验室标准协会 (CLSI) C28-A3 要求, 以非参数法建立 Lp-PLA2 的 95% 参考区间。

**结果** 男、女性血清 Lp-PLA2 活性均呈正态分布, 男性 Lp-PLA2 为 (478±135) U/L, 女性为 (402±116) U/L, 两者差异有统计学意义 ( $t=6.184$ ,  $P<0.001$ )。经 Z 检验, 男女两组  $Z>$

Z\*, 需按性别建立参考区间。男性各年龄段间差异无统计学意义 ( $F=1.259$ ,  $P=0.288$ ), 不需要分年龄段建立参考区间; 女性各年龄段间差异有统计学意义 ( $F=9.341$ ,  $P<0.001$ ),  $<40$  岁女性 2 个年龄组间差异无统计学意义 ( $F=0.114$ ,  $P=0.736$ ),  $>40$  岁女性 3 个年龄组间差异无统计学意义 ( $F=1.873$ ,  $P=0.158$ ),  $>40$  岁女性 Lp-PLA2 活性高于  $<40$  岁女性 ( $t=5.732$ ,  $P<0.01$ ), 因此将女性分为两个年龄段建立参考区间。最终得到长沙地区健康人群 Lp-PLA2 生物参考区间为: 男性 217~761 U/L, 女性: 168~566 U/L (20~39 岁), 203~702 U/L (40~86 岁)。

**结论** 初步建立了长沙地区健康人群 Lp-PLA2 参考区间, 为 Lp-PLA2 在心脑血管疾病风险评估中的应用提供了参考依据。

## PU-5983

### 非高密度脂蛋白胆固醇是冠心病的独立危险因素

干伟,樊吉文,朱雅琪,陈奕君,凌秋艳  
四川大学华西医院,610000

**目的** 心血管疾病是我国第一位死因, 传统观点认为冠心病最主要的实验室危险因素是血脂异常, 即总胆固醇(TC)过高、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)过高、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)过低。而临床诊疗数据显示, 血脂异常并不能完全提示冠心病风险, 本研究旨在对冠心病的可控性危险因素进行再评估, 寻找更全面的冠心病预警指标。

**方法** 收集经冠脉造影确诊为冠心病, 且确认入院前未服用过他汀类等降脂药的 99 例患者作为病例组, 收集无冠心病的健康体检人群 320 例作为对照组, 分析两组患者一般情况, 包括 BMI、高血压、糖尿病、脑梗史和吸烟史, 以及实验室指标, 包括甘油三酯(TG), TC, HDL-C, LDL-C, 载脂蛋白 A(apoA), 载脂蛋白 B(apoB), 非高密度脂蛋白胆固醇(Non-HDL-C), 残余胆固醇(RC), 同型半胱氨酸(Hcy), 脂蛋白 a[Lp(a)], 单核细胞数和单核/HDL-C 的差异, 采用多因素 logistic 回归分析冠心病的危险因素。

**结果** 冠心病组 TG、Non-HDL-C、单核细胞数、单核细胞/HDL-C 显著高于对照组 ( $P<0.05$ ), 有糖尿病史和吸烟史的患者比例也显著高于对照组 ( $P<0.05$ ); 冠心病组 TC、HDL-C、apoA 和 Hcy 低于对照组 ( $P<0.05$ )。多因素 logistic 回归分析提示 Non-HDL-C 是冠心病的独立危险因素 ( $P<0.001$ )。上述各项指标在冠心病单支病变组和多支病变组之间无明显差异。

**结论** Non-HDL-C 升高是冠心病的独立危险因素, Non-HDL-C 由 TC 减去 HDL-C 得到, 是所有致动脉粥样硬化颗粒的总和, 其检测准确性高于 LDL-C, 可作为新的冠心病风险指标和降脂治疗靶标在临床推广。

## PU-5984

### HLA-DPB1 variant rs3117242 is associated with anti-neutrophil cytoplasmic antibody-associated vasculitides in a Han Chinese population

ziyan wu  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** The vasculitis diseases granulomatosis with polyangiitis (GPA) and microscopic polyangiitis (MPA) are the two major forms of anti-neutrophil cytoplasmic antibody (ANCA)-associated vasculitides (AAV). A recent genome-wide association study has shown that the genes HLA-DPB1 and HLA-DQ conferred susceptibility to GPA and MPA, respectively. We

investigated the linkage between putative AAV-related genes (HLA-DPB1, ARHGAP18, CD226, CTLA-4, MOSPD2 and PRTN3) and AAV in a Han Chinese population.

**Methods** A Sequenom MassArray system (iPLEX assay, Sequenom, San Diego, CA, USA) was used to genotype single nucleotide polymorphisms (SNPs) in 176 Han Chinese patients with AAV (100 with GPA, 76 with MPA) and 485 ethnically matched healthy controls.

**Results** The frequency of the rs3117242 variant T allele (HLA-DPB1) was significantly higher in GPA patients than in the controls (68.0% compared with 50.4%, OR = 2.09, 95% CI: 1.51-2.88, Bonferroni corrected P-value [Pc] = 6.24E-5), but was not significantly different between MPA patients and controls (Pc = 0.14). The same results were obtained via genotype distribution and logistic regression analysis based on three genetic models. The allele and genotype distributions of the other polymorphisms were not significantly associated with AAV patients as a whole or GPA or MPA patients considered separately.

**Conclusions** The rs3117242 of HLA-DPB1 could be considered a genetic risk factor for GPA in Chinese Han people. These findings provide further insights and clues into the etiology of GPA and MPA.

## PU-5985

### 陕西省 2018-2019 年快速流感病毒抗原检测 筛查结果统计分析

华星

陕西省安康市中心医院

**目的** 分析流感病毒抗原检测试剂盒（胶体金法）检测的有效性，评价流感病毒抗原检测试剂盒在临床中的应用。

**方法** 选择 2018 年（1 月、2 月）—2019 年（1 月、2 月）同期在陕西省安康市中心医院就诊的体温  $>38^{\circ}\text{C}$ ，且具有流感样症状的患者，采集咽拭子标本，用甲型/乙型流感病毒抗原检测试剂盒检测筛查统计分析。

**结果** 5877 例流感样病例中，共检出 1915 例流感病例，阳性率为 32.5%；其中甲型流感病毒阳性 1505 例，阳性率为 78.6%；乙型流感病毒阳性 358 例，阳性率为 18.7%；甲、乙型流感病毒混合感染 52 例，阳性率为 2.7%；其中，2018 年与 2019 年同期的甲型流感病毒阳性率差异较大（ $P<0.05$ ），2019 年 1 月乙型流感病毒阳性率比同期差异较大（ $P<0.05$ ）；而甲、乙混合感染阳性率无显著差异（ $P>0.05$ ）。流感病毒主要分布在 0-12 岁的婴幼儿及儿童患者，以甲型流感病毒为主，阳性率在 78.0%左右，乙型流感病毒次之，为 20.0%，甲、乙混合感染较为稳定，为 3.0%左右

**结论** 在流感爆发时期，由于流感样本量大，流感病毒快速抗原检测方法可以在数十分钟时间内显示结果，而且具有操作简便，快速、易判读，故可用于流感早期筛查。

## PU-5986

### 鲍曼不动杆菌碳青霉烯酶耐药基因分析及同源性研究

饶丽华

南昌市第二医院

**目的** 分析鲍曼不动杆菌碳青霉烯酶耐药基因型和医院感染鲍曼不动杆菌同源性。

**方法** 回顾性分析 2013 年 1 月至 2014 年 12 月非重复分离的 68 株耐碳青霉烯酶鲍曼不动杆菌 (CRAB)，用多重 PCR 的方法检测 6 种常见的  $\beta$ -内酰胺酶基因 IMP、VIM、OXA-23、OXA-24、

OXA-58 和 OXA-51, 并对其中确定为医院感染的 8 株用脉冲场凝胶电泳(PFGE)进行基因同源性分析。

**结果** 68 株多重耐药鲍曼不动杆菌全部检出 OXA-23、OXA-51 基因, 其余基因均未检出; 8 株经 PFGE 同源性分析提示为同一来源克隆株, 且同源性较高。

**结论** 我院临床分离的耐碳青霉烯酶鲍曼不动杆菌主要携带 OXA-23、OXA-51 基因型, 且存在克隆传播。

PU-5987

## 福州地区儿科与新生儿科住院患者血培养病原菌及耐药性差异研究

陈惠瑜

福建省妇幼保健院,350000

**目的** 了解儿科和新生儿科住院患儿血培养主要病原菌分布及耐药性, 为临床抗感染治疗提供依据。

**方法** 收集 2011 年 1 月~2018 年 12 月我院住院儿科和新生儿科患儿血液分离菌株, 采用法国生物梅里埃 VITEK-2 全自动细菌鉴定分析仪进行鉴定和药敏试验; 应用 WHONET 5.6 软件进行药物敏感性结果的统计分析。

**结果** 我院儿科患儿血培养主要的病原菌是嗜麦芽窄食单胞菌、大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、肺炎链球菌, 以革兰阴性杆菌为主, 占 65.8%, 其中嗜麦芽窄食单胞菌是最主要的病原菌, 占 40.9%, 对磺胺甲噁唑/甲氧苄啶、米诺环素、左氧氟沙星、头孢哌酮/舒巴坦耐药率分别为 3.2%、0%、1.1%、12.8%; 儿科患儿血培养肺炎克雷伯菌对亚胺培南、美洛培南的耐药率高达 23.1%, 应引起重视。新生儿血培养主要的病原菌是凝固酶阴性葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌、无乳链球菌。新生儿血培养以革兰阳性球菌为主, 占 61.7%, 凝固酶阴性葡萄球菌是最主要的病原菌, 占 45.0%, MRCNS 占 87.3%; 未出现万古霉素、利奈唑胺耐药株。

**结论** 我院儿科住院患儿与新生儿血培养的病原谱和耐药性明显不同, 应对住院患儿血培养病原菌分布和耐药性加以关注。

PU-5988

## 卵巢癌相关静脉血栓栓塞的研究进展

胡倩

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 目前, 卵巢癌(Ovarian cancer)与静脉血栓栓塞症(venous thromboembolism, VTE)的相关性已成为国内外研究的热点之一。

**方法** 发生静脉血栓栓塞是导致卵巢癌患者死亡率较高的主要原因之一。导致卵巢癌患者发生静脉血栓栓塞的危险因素较多, 且形成机制较为复杂。

**结果** 了解卵巢癌患者发生静脉血栓栓塞的原因及机制对于诊断、预防其发生静脉血栓栓塞具有重要的意义。

**结论** 本综述将从以下几方面进行阐述: (1) 卵巢癌患者发生 VTE 的危险因素; (2) 卵巢癌患者发生 VTE 的相关机制; (3) 卵巢癌相关静脉血栓诊断和预后生物标志物, 以及治疗和未来发展方向。



## PU-5989

**CXCR5 基因变异对中国人群结核病易感性无显著影响**

陈豪,焦琳,宋佳佳,白浩,刘堂瑜,吴涛,吴茜,应斌武  
四川大学华西医院,610000

**目的** CXCR5 可引导 CD4<sup>+</sup> T 滤泡辅助细胞(Tfh)促进 B 细胞分化成浆细胞来调节抗体应答, CXCR5 可介导 TB 肉芽肿中的 T 细胞定位, 促进有效的巨噬细胞活化, 并促进淋巴滤泡形成, 有数据表明 CD4 + CXCR5<sup>+</sup> T 细胞在动物模型中对抗 TB 的免疫应答中起保护作用。我们希望通过本研究来关注 CXCR5 多态性是否与结核的发病风险相关。

**方法** 我们在 1302 名中国西部结核患者和 1511 名健康人群中对 CXCR5 基因中的总共 4 个 SNP (rs630923, rs523604, rs613791, rs3922) 进行基因分型。基于等位基因频率的分布和不同的遗传模型确定 SNP 与结核的患病风险。

**结果** 通过分析单个基因座, 单倍型和亚组差异, 校正多次检测后病例和对照的统计学比较未与 TB 风险产生任何显著关联。

**结论** 我们目前的数据显示 CXCR5 多态性不太可能在中国西部人群中赋予结核病易感性, 这对 CXCR5 基因在结核病发展中的作用提出了挑战。

## PU-5990

**急性早幼粒细胞白血病免疫表型、PML/RARa 亚型及染色体特征分析**

许芳,胡从华  
上海金域医学检验所有限公司

**目的** 分析急性早幼粒细胞白血病 (Acute promyelocytic leukemia, APL) 患者骨髓异常早幼粒细胞的免疫表型、PML/RARa 亚型及染色体特征, 探讨其特点及意义。

**方法** 回顾分析 44 例分子生物学或细胞遗传学确诊为 APL 患者的结果, 根据流式免疫表型中 CD45-SSC 的反应特性, 分成高 SSC 和低 SSC 两组, 分别探讨两组在免疫表型、PML/RARa 亚型及染色体特征的差异。

**结果** 在免疫表型上, 两组的免疫表型特征均为 CD117<sup>+</sup> CD33<sup>+</sup> CD13<sup>+</sup> CD64<sup>+</sup> CD11b<sup>-</sup> HLA-DR<sup>-</sup>, 但低 SSC 组在提示预后的 CD34、CD2 及 CD56 表达阳性率明显高于高 SSC 组。在 PML/RARa 亚型方面, 低 SSC 组更多的为 S 型。在染色体上, 高 SSC 患者出现附加染色体异常的比例更高, 同时有约 10% 的病人染色体检查为正常核型。

**结论** 免疫表型检测可为 APL 的快速诊断提供依据, 并在一定程度上提示预后。染色体因为培养及制片等多方面因素, 会有假阴性情况的出现, APL 的最终确诊必须有 PML/RARa 基因检测结果。

## PU-5991

## 头孢哌酮钠/他唑巴坦钠复方制剂对多重耐药临床分离菌株体外药效学评价

崔莎莎

滨州市人民医院,256600

**目的** 评价头孢哌酮钠/他唑巴坦钠（Cefperazone/tazobactam, CFP/TAZ）对临床常见致病菌的体外抗菌活性。

**方法** 临床分离经 Vitek 鉴定的临床菌株 665 株，用 Nitrocephin 纸片法测试各菌  $\beta$ -内酰胺酶及纸片扩散法测定超广谱  $\beta$ -内酰胺酶（ESBLs）。采用琼脂平板二倍稀释法测定最低抑菌浓度（Minimal inhibitory concentration, MIC）；同时与对照药头孢哌酮钠进行对比。

**结果** 头孢哌酮钠/他唑巴坦钠（8: 1）对产 ESBLs 菌株的 MIC<sub>50</sub> 和 MIC<sub>90</sub> 分别比单头孢哌酮钠低 32-64 倍及 16-32 倍，对非产 ESBLs 菌株的 MIC<sub>50</sub> 与单头孢哌酮钠相同，但 MIC<sub>90</sub> 比单头孢哌酮钠低 16 倍，本品杀菌活性强于单头孢哌酮钠，头孢哌酮钠/他唑巴坦钠较单头孢哌酮钠酶稳定性更强。头孢哌酮钠/他唑巴坦钠对革兰氏阳性菌如葡萄球菌、肺炎链球菌有较强的抗菌活性，MIC<sub>50</sub> 分别为 2 $\mu$ g/ml 和 1 $\mu$ g/ml。对革兰氏阴性菌如大肠埃希菌，克雷伯菌属，产气肠杆菌，阴沟肠杆菌，变形杆菌及其他肠杆菌属，铜绿假单胞菌，不动杆菌属，嗜麦芽窄食单胞菌及其他非发酵菌，流感嗜血杆菌均有较强的抗菌活性，且抗菌活性明显优于单头孢哌酮钠。MIC 值随细菌接种量的增高而增高；对 G-杆菌的 MIC 随 PH 升高而下降，链球菌的 MIC 随 pH 升高而上升；MIC 随血清蛋白的增高而增高。

**结论** CFP/TAZ 8: 1 是一个有效的  $\beta$ -内酰胺酶的复合制剂，对于产  $\beta$ -内酰胺酶及超广谱  $\beta$ -内酰胺酶（ESBLs）的菌株有较强的体外抗菌作用，且明显增加了头孢哌酮的抗菌谱。细菌所处的条件不同会影响药物的抗菌活性。

## PU-5992

## Characterization and clinical significance of Mycobacteria-infection associated Low-density granulocytes in tuberculosis

Yating Deng

XiangYa Hospital CentralSouth University

**Objective** A distinct population of granulocytes termed low-density granulocytes (LDGs) was recently reported to be elevated and in some conditions such as systemic lupus erythematosus and HIV infection. However, the frequency, origin and clinical significance of LDGs in tuberculosis are still unclear. To determine and compare LDGs levels between subjects with active pulmonary tuberculosis (PTB) and healthy control, between PTB patients with mild to moderately disease (PTB-mod) and patients with advanced disease (PTB-adv), among PTB patients received different duration of anti-tuberculous therapy (ATT), and confirm the correlation of Mycobacterium tuberculosis infection and LDGs levels.

**Methods** Newly diagnosed PTB patients with different disease severity and PTB patients received different duration of ATT were recruited. The levels of LDGs, the surface phenotypic markers and intracellular ROS of cells were quantified by polychromatic flow cytometry. The correlation of M. tuberculosis infection and LDGs levels was confirmed by in vitro infection of whole blood or isolated granulocytes with mycobacteria.

**Results** PBMCs of subjects with PTB contained significantly elevated percentages of LDGs compared with PBMCs of control subjects. The frequency of LDGs in patients with positive AFB

were significantly increased compared with patients with negative AFB. These LDGs in tuberculosis expressed different levels of activation and degranulation markers compared to autologous NDGs and NDGs from control subjects. In vitro infection assay demonstrated that M.tuberculosis can induce the generation of LDGs in both whole blood and isolated NDGs from control subjects. The elevation of LDGs levels upon mycobacteria infection was found to associate with virulence properties and metabolic activity of mycobacteria. Furthermore, our results showed that the frequencies of LDGs in patients with PTB-adv were significantly higher than patients with PTB-mod. And, the frequencies of LDGs in PTB patients received TAA was significantly lower than patients received no TAA.

**Conclusions** In tuberculosis, the frequency of LDG is elevated and associated with disease severity. The origin of LDG in the condition of M.tuberculosis infection is likely from in situ activation

## PU-5993

### MALDI-TOF-MS 检测泌尿系统病原菌价值分析

林仁贵,林静怡  
莆田学院附属医院,351100

**目的** 随着医学技术的发展,全自动细菌鉴定仪广泛应用于微生物检验中,取代传统的手工鉴定技术和方法。如今蛋白质组学和分子生物学越来越多的应用于临床检验,关于微生物鉴定的新兴技术和仪器设备也越来越多。其中, MALDI-TOF-MS 就是利用蛋白质组学的一种新兴的细菌鉴定技术,本课题通过利用传统的全自动微生物鉴定仪器 VITEK2 Compact 和 VITEK MS 仪分别对泌尿系统感染病原菌进行鉴定,分析 MALDI-TOF-MS 检测泌尿系统感染病原菌的价值。

**方法** VITEK MS 仪对泌尿系统感染患者的中段尿标本以及中段尿标本短期培养后的纯种细菌进行检测,检测鉴定结果与传统鉴定仪器梅里埃 VITEK2 Compact 全自动细菌鉴定仪以及结合细菌形态学所得的鉴定结果对比,以 VITEK2 Compact 全自动细菌鉴定仪鉴定结果作为标准,分析 MALDI-TOF MS 检测泌尿系统病原菌诊断价值。

**结果** MALDI-TOF MS 短期培养鉴定结果和 VITEK2 Compact 全自动细菌鉴定仪鉴定结果基本符合;直接鉴定临床标本鉴定率高的为大肠埃希菌 88.46%和肺炎克雷伯菌 80%,鉴定率低的为真菌 29.6%。

**结论** MALDI-TOF MS 能快速准确有效的鉴定经过尿液中经短期培养的纯种病原菌,成本低廉,方法便捷,且直接鉴定中段尿标本有一定的临床意义,发展空间更好。

## PU-5994

### CKMB 活性法和质量法检测结果回归方程建立和临床应用

刘建平<sup>1</sup>,熊思忆<sup>2</sup>,杨爱平<sup>3</sup>,杨柳<sup>4</sup>  
1.南昌大学第一附属医院,330000  
2.南昌大学公共卫生学院  
3.萧山人民医院检验科  
4.南昌市第三医院病理科

**目的** 探讨 CKMB 活性法和质量法检测结果回归方程建立及临床应用。

**方法** 对我院 2017 年体检正常人的 25 份和确诊心肌梗病人的 35 份血清同时进行 CKMB 活性法和质量法检测并建立两种检测结果之间的回归方程;统计分析我院临床 CKMB 活性法结果假性升高资料及回归方程在纠正 CKMB 活性法假性升高结果之中的作用。

**结果** CKMB 活性法和质量法结果相关回归方程  $Y=0.0263X^3-1.0666X^2+11.72X-18.747$ ,  $R^2>0.9$ 。我院一周 CKMB 活性法检测结果总数 1883, 其中 CKMB>0.3CK 假性升高结果数 220, 占比 11.2%, CK-MB>CK 的结果数为 66, 占比 3.505%, CK-MB>CK>50u/L 结果数 18, 占比 0.96%。CKMB 活性法假性升高结果与经回归方程纠正结果比较,  $P<0.05$ , 两者之间有显著的差异。

**结论** 建立 CKMB 活性法和质量法检测结果回归方程有助于纠正 CKMB 活性法假性升高结果。

## PU-5995

### 单中心单独 APTT 显著延长原因分布

周普辉

南昌大学第一附属医院,330000

**目的** 探讨单独 APTT 显著延长原因分布, 合理使用血浆制品减少患者不合理诊治的机率。

**方法** 回顾性分析 2017 年 6 月至 2018 年 5 月单独 APTT 显著延长患者临床资料, 将 APTT 单独显著延长定义为:APTT 超出参考范围上限值 10 秒,同时 PT、TT 均在参考范围内。

**结果** 208 例单独 APTT 显著延长的病例中, 最常见的原因是存在免疫性的抑制物 100 例 (48.1%), 其中狼疮抗凝物阳性 89 例 (42.8%)、血友病患者输入血浆制品产生的异种免疫和获得性血友病产生自身免疫的 FVIII抑制物各 5 例 (2.4%)、1 例系统性红斑狼疮继发产生获得性的 FXI抑制物和 5 例未明确病因。获得性的内源性凝血因子缺乏 57 例 (26.8%)。遗传性凝血因子缺乏共 48 例 (23.1%), 其中血友病 A 19 例 (9.1%)、血友病 B 15 例 (7.2%)、遗传性 FXI缺乏症患者 8 例 (3.8%)、遗传性 FXII缺乏症患者 4 例 (1.9%) 和血管性血友病 2 例 (1.0%)。抗凝药物治疗导致单独 APTT 显著延长 3 例 (1.4%)。

**结论** 大部分导致单独 APTT 显著延长的原因并未发生出血风险, 事实上大部分有发生血栓倾向。单独 APTT 显著延长应建立实验室处理流程寻找原因以减少患者不合理诊治的机率。

## PU-5996

### 髓系来源的抑制性细胞 (MDSCs) 在 PCOS 发病机制中免疫抑制作用的研究

易楠

郑州大学第一附属医院,450000

**目的** 本研究旨在探讨多囊卵巢综合征患者与健康人群 MDSCs 细胞亚群的表达差异, 明确 MDSCs 细胞在 PCOS 的发病机制中的作用。

**方法** 将 2018 年 1 月至 2018 年 4 月于我院诊疗的 30 例 PCOS 不孕患者作为观察对象, 选择 30 例同期就诊于我院的正常非妊娠妇女作为对照组。于月经周期第 2~4 天抽血行性激素检查; 使用流式细胞术检测 MDSCs 细胞及 T 细胞淋巴亚群百分比。

**结果** PCOS 不孕患者外周血淋巴细胞中 MDSCs 细胞比例显著低于对照组 ( $p<0.05$ )。这说明 MDSCs 细胞在 PCOS 发病中发挥着一一定的作用。

**结论** PCOS 不孕患者外周血淋巴细胞中 MDSCs 细胞比例显著低于对照组 ( $p<0.05$ )。这说明 MDSCs 细胞在 PCOS 发病中发挥着一一定的作用。

## PU-5997

## “ESKAPE”在中枢神经系统医源性细菌感染的流行病学及耐药性的变迁

郑光辉,李方强,张艳,唐明忠,康熙雄,张国军

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探索 2007-2016 年 ESKAPE 在神经外科医源性细菌性感染患者的流行病学与耐药性变迁。

**方法** 回顾性分析 2007 年 1 月至 2016 年 12 月首都医科大学附属北京天坛医院神经外科术后患者脑脊液培养阳性的六类耐药菌并分析其流行病学与耐药性。

**结果** 10 年间,脑脊液培养阳性患者 2731 例。其中六类致病菌占 24.5%,鲍曼不动杆菌,金黄色葡萄球菌与肺炎克雷伯菌的分离率高于屎肠球菌,铜绿假单胞菌与肠杆菌属。2007-2016 年神经外科医源性感染金黄色葡萄球菌方面,MRSA 的构成比并未上升,碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌与鲍曼不动杆菌的比例上升明显,整体耐药率超过 40%,万古霉素耐药屎肠球菌比例超过 20%。

**结论** 近十年间,ESKAPE 在神经系统医源性感染方面较为严重,尤其是 CRAB, VRE, CRE 等耐药菌的泛滥,使得临床应对神经外科医源性细菌感染更为棘手。

## PU-5998

## 正常孕妇游离雌三醇的动态检测及临床意义

孟祥颖

河南省妇幼保健院

**目的** 探讨正常孕妇不同孕期游离雌三醇检测的临床意义

**方法** 利用化学发光免疫技术检测血清中的游离雌三醇含量。

**结果** 正常孕妇血清中的游离雌三醇值随孕周增加而升高,孕 17-24 周缓慢升高,孕 25-29 周变化不大,孕 30 周升高变快,孕 35-37 周几乎在同一个水平,孕 38 周快速上升,孕 40 周最高。与以往报道相符。

**结论** 检测不同孕周的孕妇游离雌三醇的值,可以有效地监测胎盘功能,判断胎儿发育情况。

## PU-5999

## Th17/Treg 细胞在反复自然流产中的研究进展

周心怡

珠海市妇幼保健院,519000

**目的** 对 Th17 /Treg 细胞在反复性流产中的作用做一简要叙述。

**方法** 综述论文

**结果** 无

**结论** 因此,对于上述的 T 淋巴细胞致病原因以及治疗方向还存在众多争议:首先,对于 Th17/Treg 细胞在复发性自然流产的研究中涉及到信号通路及分子层面上具体的作用机制还尚未明确;其次,对于妊娠母体若直接给予抗 Th17 抗体/或给予刺激 Treg 细胞分化的药物输注对胎儿的成熟和发育是否可行,其安全性以及出现的并发症都有待考究;最后, Th17 细胞与 Treg 细胞在不同的免疫微环境中能相互转化, IL-6 作为调控此两种细胞分化的关键因子,对于反复自然流产患者可否直接给予 IL-6 抑制剂进行治疗也有待下一步研究。

## PU-6000

## 正常人 24 小时和随机尿液生化指标参考区间的建立

何宇佳

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 检测正常人 24 小时和随机尿液临床常用生化检验项目, 建立相应的参考区间。

**方法** 在中南大学湘雅二医院选择 64 例健康个体作为研究对象, 进行 24 小时及随机尿液标本的采集, 采用日立 7600、7180 全自动生化分析仪检测 24 小时尿及随机尿液的 UTP、BUN、UALB、UA、CREA、GLU、CA、NAG、VMA、BMG、URBP、17-OH、17-KS、P、Na、K、Cl, 并计算其在 24 小时尿液中的总值及与肌酐的比值。统计分析不同性别间有无显著性差异, 采用非参数 95%百分位数法计算参考区间, 并计算各百分位数的 90%置信区间, 建立正常人 24 小时和随机尿液相关生化指标的参考区间(Reference intervals, RIs)。

**结果** 本研究满足试验标准的研究对象共 64 名, 其中男 26 名, 女 38 名, 男女比例 1: 1.46。本研究建立了正常人 24 小时及随机尿液临床常用生化检验项目参考区间, 结果显示各项目间不存在性别差异, 无需分组建立参考区间。

**结论** 本研究成功建立了正常人 24 小时及随机尿液临床常用生化检验项目参考区间, 为临床医务工作者和实验室人员提供参考。

## PU-6001

## 福州地区过敏性鼻炎儿童过敏原检测结果分析

钟文辉

福建省妇幼保健院暨妇儿医院,350000

**目的** 了解福州地区儿童过敏性鼻炎 (AR) 的主要过敏原, 为其的临床诊断和治疗及预防提供依据。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 2019 年 1 月在我院儿童保健耳鼻喉科就诊的过敏性鼻炎患儿共 705 例, 男 366 例, 女 339 例; 年龄 10 个月~14 岁, 进行皮肤点刺试验 (SPT), 分析过敏原的整体分布情况, 比较不同年龄、季节过敏原阳性率的差异。

**结果** 采用 SPSS 19.0 软件进行统计学处理, 计数资料采用  $\chi^2$  检验, 多个阳性率间的多重比较  $\chi^2$  分割法, 以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。在 705 例 AR 患儿中, SPT 阳性者 609 例 (阳性率 86.38%)。其中粉尘螨 (82.26%)、户尘螨 (72.19%)、狗毛皮屑 (25.53%)、蟑螂 (21.13%)、鸡蛋白 (20.28%)、树花粉 (19.57%)、猫毛皮屑 (18.29%)、混合霉菌 (16.31%) 等为主要过敏原。 $\geq 5$  岁组粉尘螨和户尘螨的阳性率高于  $< 5$  岁组 ( $\chi^2_{\text{粉尘螨}} = 20.478$ ,  $\chi^2_{\text{户尘螨}} = 27.517$ ,  $P < 0.001$ )。粉尘螨和户尘螨阳性率存在季节性差异, 粉尘螨夏季的阳性率高于冬季 ( $\chi^2_{\text{粉尘螨}} = 9.672$ ,  $P < 0.007$ ), 户尘螨夏季阳性率高于春季 ( $\chi^2_{\text{户尘螨}} = 9.104$ ,  $P < 0.007$ )。

**结论** 福州地区 AR 儿童的最常见的过敏原是粉尘螨和户尘螨。年长的儿童 ( $\geq 5$  岁组) 阳性率较高, 夏季的发病率较高。SPT 可以协助诊断 AR, 为其防治提供依据。

## PU-6002

## 江西儿童聋病患者的耳聋基因分析

柯江维, 刘发娣, 沈佳, 周红平

江西省儿童医院, 330000

**目的** 为进一步完善本地区儿童耳聋的分子流行病学资料,本研究采用基因芯片技术,对江西儿童耳聋患者进行分子遗传学诊断。

**方法** 选取江西省儿童医院住院部耳聋患者 170 例,提取被检者外周静脉血基因组 DNA,采用博奥晶芯九项遗传性耳聋基因检测试剂盒对常见的 4 个耳聋基因(GJB2、GJB3、SLC26A4 以及线粒体 12S rRNA) 的 9 个突变位点进行检测。

**结果** 170 例聋病患者中总体阳性突变率为 10. 59%(18/170), 其中检出 GJB2 基因突变 9 例(5. 29%), 包括 GJB2-235del C 纯合突变 1 例(0. 59%), GJB2-235del C/GJB2-176del 16 复合杂合突变 1 例(0. 59%), GJB2-235del C/GJB2-299del AT 复合杂合突变 1 例(0. 59%), GJB2-235del C 单杂合突变 5 例(2. 94%), GJB2-299del AT 单杂合突变 1 例(0. 59%); 检出 SLC26A4 基因突变 9 例(5. 29%), 其中 SLC26A4-IVS7-2 A>G 纯合突变 1 例(0. 59%), SLC26A4-2168 A>G 纯合突变 1 例(0. 59%), SLC26A4-IVS7-2 A>G 单杂合突变 7 例(4. 12%)。

**结论** 江西省儿童聋病患者致聋基因 GJB2 基因的突变率与 SLC26A4 基因的突变率相当, 其中 GJB2-235 del C 与 SLC26A4-IVS7-2A>G 的突变率最高; 而 GJB3 基因和线粒体 12srRNA 基因突变未检出。耳聋基因筛查可以为遗传性耳聋患儿提供早期诊断、及时干预以预防由聋致哑的理论依据。

12%)

## PU-6003

### 肺结核病人血清中 IL-22、IL-17、IFN- $\gamma$ 和 IL-4 的表达水平及临床意义分析

梁华

江西省中医院,330000

**目的** 研究肺结核病人血清 IL-22、IL-17、IFN- $\gamma$  和 IL-4 的表达水平并分析其临床意义。

**方法** 采用 ELISA 法检测 59 例肺结核患者(TB)和 44 例健康志愿者(HD)外周血清 IL-22、IL-17、IFN- $\gamma$  和 IL-4 的表达水平,同时检测了白细胞计数(WBC)、红细胞沉降率(SR)、C 反应蛋白(CRP)的水平,并分析细胞因子之间及细胞因子与三项炎症指标的相关性。

**结果** TB 组外周血清 IL-22、IL-17 和 IFN- $\gamma$  的浓度分别为  $26.70\pm 10.63$  pg/mL、 $128.02\pm 6.96$  pg/mL 和  $29.32\pm 3.67$  pg/mL, 均显著高于 HD 组( $12.21\pm 1.79$  pg/mL,  $109.07\pm 3.02$  pg/mL,  $16.89\pm 4.56$  pg/mL,  $R<0.05$ ), IL-4 的浓度则无显著性差异; 使用常规化疗药物治疗后 TB 病人血清 IL-22、IL-17 和 IFN- $\gamma$  的浓度分别为  $15.12\pm 1.08$  pg/mL、 $115.63\pm 2.98$  pg/mL 和  $19.92\pm 4.32$  pg/mL, 均显著低于治疗前三者的浓度水平( $26.70\pm 10.63$  pg/mL,  $128.02\pm 6.96$  pg/mL,  $29.65\pm 15.34$  pg/mL,  $R<0.05$ ); 痰涂片 TB 菌检测阳性患者 IL-22、IL-17 和 IFN- $\gamma$  的浓度分别为  $30.68\pm 9.13$  pg/mL、 $131.67\pm 4.96$  pg/mL,  $35.68\pm 12.73$  pg/mL, 均显著高于痰涂片 TB 菌检测阴性患者的水平( $19.89\pm 2.54$  pg/mL,  $125.15\pm 4.58$  pg/mL,  $20.89\pm 5.66$  pg/mL,  $R<0.05$ )。

Pearson 相关性分析显示, TB 患者外周血清 IL-22 的浓度和 IL-17 的浓度呈显著正相关( $R<0.05$ ), 且 TB 患者血清中 IL-22 和 IL-17 的浓度与 SR、CRP 的水平均为正相关( $R<0.05$ ), 与 WBC 的水平无明显相关性( $R>0.05$ ); 痰涂片 TB 菌阳性患者血清 IL-22 的浓度和 IL-17 的浓度呈显著正相关( $R<0.05$ ), 且 TB 菌阳性患者血清 IL-22 和 IL-17 的浓度分别与 WBC、SR、CRP 的水平均为正相关( $P<0.05$ )。

**结论** IL-22、IL-17、IFN- $\gamma$  在机体的抗结核免疫过程中发挥重要作用。

## PU-6004

## Performance of Sebia Capillarys 2 Flex Piercing and Helena Biosciences V8 for hemoglobin electrophoresis

Hao Chen, Liqin Ling, Chaonan Liu, Si Chen, Jun Wang, Minjin Wang, Hong Jiang, Jing Zhou  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** Hemoglobin (Hb) electrophoresis allows the detection of the majority of Hb disorders, and provides basic information for gene testing and genetic counseling. We assessed the performance of capillary zone electrophoresis on Sebia Capillarys 2 Flex Piercing and capillary isoelectric focusing on Helena Biosciences V8 instrument for Hb electrophoresis.

**Methods** Imprecision of Hb A and Hb A<sub>2</sub> measurement, and linearity of Hb F measurement were assessed. Blood samples of 85 known patients with Hb disorders were analyzed on Capillarys2 and V8, respectively. The detection sensitivity to different Hb disorders was calculated.

**Results** Both instruments had acceptable imprecision of Hb A and Hb A<sub>2</sub> measurement (within-run < 2.5%, between-run < 3.5%), and good linearity of Hb F measurement ( $R^2 > 0.99$ ). Both instruments showed 100% detection sensitivity to Hb H disease and simple  $\beta$ -thalassemia, but Capillarys2 had higher detection sensitivity to  $\alpha$ -thalassemia trait (33% versus 11%). Both instruments showed > 90% detection sensitivity to structural Hb variants, but Capillarys2 had better capacity to indicate whether the abnormality was on  $\alpha$ - or  $\beta$ -globin chain ( $\alpha$ : 86% versus 0%;  $\beta$ : 100% versus 90%). Additionally, for compound  $\alpha$ -thalassemia ( $--^{SEA}/\alpha^{CS}\alpha$ , non-deletional Hb H disease), both methods could detect Hb H, but only Capillarys2 could detect Hb Constant Spring; for compound  $\beta$ -thalassemia (Hb E /  $\beta$ -thalassemia), both instruments could detect Hb E, but only Capillarys2 could detect  $\beta$ -thalassemia.

**Conclusions** Both instruments meet the clinical requirements of screening for Hb disorders. But Capillarys2 has better capacity to localize the abnormality to  $\alpha$ - or  $\beta$ -globin chain, therefore, it might be more favorable for clinical application.

## PU-6005

## 环状 RNA circRNF13 在非小细胞肺癌中的生物学功能初探

何姝仪

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 研究环状 RNA circRNF13 对人非小细胞肺癌细胞 A549 凋亡及迁移转移能力的影响。

**方法** 通过二代测序构建非小细胞肺癌细胞株 circRNA 表达谱, 对筛选到的环状 RNA 分子 circRNF13 使用 qRT-PCR 和 sanger 测序进行验证, 进一步基于拼接位点设计特异靶向环状 RNA circRNF13 的小干扰 RNA (siRNA), 利用设计的 siRNA 在体外培养的人非小细胞肺癌细胞 A549 中敲低环状 RNA circRNF13 的表达, 采用四甲基偶氮唑蓝 (methyl thiazolyl tetrazolium, MTT) 比色法检测敲低环状 RNA circRNF13 对体外培养人非小细胞肺癌 A549 细胞增殖的影响、流式细胞术检测敲低环状 RNA circRNF13 对体外培养人非小细胞肺癌 A549 细胞凋亡的影响, transwell 侵袭实验观察敲低环状 RNA circRNF13 对体外培养人非小细胞肺癌 A549 细胞侵袭能力的影响。

**结果** 发现一批在非小细胞肺癌细胞中特异表达的 circRNA, MTT 实验表明敲低环状 RNA circRNF13 的表达后人肺腺癌细胞 A549 增殖速度明显提高、流式细胞术检测发现敲低环状 RNA circRNF13 的表达后人非小细胞肺癌 A549 细胞凋亡率降低、transwell 侵袭实验观察敲低环状 RNA circRNF13 的表达后人非小细胞肺癌 A549 细胞侵袭能力明显增高。

**结论** 环状 RNA circRNF13 可抑制非小细胞肺癌细胞增殖并促进其凋亡, 且能使细胞侵袭能力降低。



## PU-6006

**Association of FCGR2A/FCGR3A variant rs2099684 with Takayasu arteritis in the Han Chinese population.**

Si Chen

Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Takayasu arteritis (TA) is a chronic large-vessel vasculitis of unclear pathogenesis. A recent genome-wide association study (GWAS) has revealed that the FCGR2A/FCGR3A, EEFSEC, RPS9/LILRB3, RIPPLY2 and MLX genes confer susceptibility to TA. We investigated the linkage between presumptive TA-related genes (FCGR2A/FCGR3A, EEFSEC, RPS9/LILRB3, RIPPLY2 and MLX) and TA in the HanChinese population.

**Methods** We performed a large case-control multi-center study of 412 Han Chinese TA patients and 597 ethnically matched healthy controls. Five single nucleotide polymorphisms (SNPs) were assessed and genotyped using Sequenom MassArray system (iPLEX assay, Sequenom, San Diego, CA, USA).

**Results** The frequency of the rs2099684 variant G allele in the FCGR2A/FCGR3A gene was significantly higher in the TA patients than in the controls (37.5% compared with 25.4%, OR =1.77, 95% CI: 1.46-2.14,  $P=1.5 \times 10^{-8}$ ). Similar results were observed in genotype distribution analysis and logistic regression analyses conducted using three genetic models.

**Conclusions** The allele and genotype distributions for the other polymorphisms were not significantly associated with TA among the Han Chinese patients. The SNP rs2099684 in FCGR2A/FCGR3A can be considered a genetic risk factor for TA in the Chinese Han population. These findings provide further insights into the etiopathogenesis of TA.

## PU-6007

**衣原体毒力基因遗传分析的研究进展**

付瑶阳

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 衣原体是一类专性细胞内寄生、具有独特发育周期的原核细胞型微生物，能够感染从变形虫到哺乳动物的不同分类的多种真核生物。衣原体是人类重要的致病菌之一，不同衣原体感染会引起多种人类疾病。

**方法** 然而，对于衣原体细胞生物学的相关内容以及其致病机制我们仍然知之甚少。由于缺乏合适的基因工具，衣原体毒力基因遗传分析的研究停滞不前。随着横向基因转移技术建立衣原体基因重组，穿梭质粒载体的构建以及衣原体稳定转化，衣原体染色体的遗传操作等技术的不断发展，衣原体毒力基因的遗传分析迎来了新的时代

**结果** 在本篇综述将详细的介绍如何使用这些基因操作技术来验证有关衣原体毒力基因功能的假说，并发现新的衣原体相关基因的功能。

**结论** 如果将现有的基因操作技术改进并应用到其他的衣原体属的研究，将大大提高对这一重要病原体的细胞生物学的相关内容以及其致病机制的认知。

## PU-6008

## 鼻咽癌发展过程中抗体水平升高预示着 EBV 间歇性激活失败

汤家宝<sup>1</sup>, 郭小怡<sup>2</sup>, 李付贵<sup>3</sup>, 季明芳<sup>3</sup>, 李廷栋<sup>1</sup>, 葛胜祥<sup>1</sup>

1. 厦门大学公共卫生学院

2. 厦门大学生命科学学院

3. 广东省中山市人民医院肿瘤研究所

**目的** 基于前期研究中建立的重组抗原 ELISA 法检测潜伏 II 期蛋白 EBNA1、即刻早期和早期蛋白 Zta、TK、EA-D 及裂解后期蛋白 VCA p18 抗原特异性 IgA、IgG 抗体水平, 探究其与鼻咽癌发展过程中 EB 病毒感染的关系。

**方法** 在中山市人民医院收集 272 人份鼻咽癌血清标本及 233 人份健康人血清标本, 并基于前期研究中建立的 EBV IgA、IgG 抗体 ELISA 检测试剂检测血清标本的抗体水平, 通过统计分析其与鼻咽癌发生发展的关系。

**结果** 与以往的研究一致, 鼻咽癌患者血清抗体水平高于健康对照组; 6 种 EBV 抗原的特异性抗体水平随着鼻咽癌的进展而升高, 这些抗体分别代表不同的 EBV 复制状态; 除抗 EBNA1 IgG 外, 对潜伏 II 期表达的 EBNA1 抗原特异的 IgA 抗体和对裂解后期抗原 VCA p18 特异的 IgG 抗体均不随鼻咽癌进展而发生显著变化; 在 III 期和 IV 期肿瘤中, 即刻早期和早期裂解期抗原的特异性抗体明显高于 I 期和 II 期肿瘤; 除 VCA/IgA 和 EBNA1/IgA 外, 抗体水平的变化大多与 T 期相关; TK/IgA、VCA/IgA、TK/IgG 与 N 分期呈正相关, TK/IgA、EAD/IgG 与鼻咽癌转移呈负相关;

**结论** 在本研究中, 我们同时测定了 6 种纯化重组 EBV 特异性 IgA 和 IgG 抗体的水平, 发现其与 EBV 的不同复制状态相关: EBNA1 与潜伏 II 期相关; 非结构抗原 Zta、TK、EA-D、EA-R 与即刻早期和早期裂解相关联; EBV 基质蛋白 VCA p18 参与了细胞的晚期裂解。早期和早期抗原特异性抗体的水平与肿瘤进展相关, 尤其是肿瘤大小。某些裂解期抗原特异性抗体的水平与淋巴结包绕和转移有关。然而, 特异性于潜伏 II 期抗原 EBNA1 的抗体与肿瘤大小或转移均无相关性。与以往的转录组研究结果一致, 该结果提示了鼻咽癌裂解基因在蛋白水平上的表达以及间歇性裂解复制的发生。

## PU-6009

## 一种基于免疫磁珠和适配体的化学发光外泌体检测新方法

何磊, 于晓程, 李智洋

南京鼓楼医院检验科

**目的** 为达到对癌症进行早期检测的目的, 本团队基于磁分离技术, 结合适配体对外泌体的特异性识别能力, 构建出一种“三明治”夹心的检测癌细胞分泌外泌体的新方法。本课题初步建立了该检测方法并确定了检测方法的最优条件, 为今后癌症的预后提供了工作基础。

**方法** 首先, 将修饰有 CD63 抗体的磁珠与目标外泌体孵育结合; 接着, 将带有生物素的特异性适配体修饰在外泌体上; 最后, 加入链霉亲和素标记的碱性磷酸酶, 孵育结合清洗后, 加入化学发光试剂 AMPPD, 得到需要的检测信号。

**结果** 经实验, 最佳优化条件为: 适配体最佳浓度为 15  $\mu\text{M}$ ; 免疫磁珠与外泌体最佳孵育时间为 60 min; 免疫磁珠与外泌体最佳孵育温度为 4  $^{\circ}\text{C}$ 。

**结论** 在磁珠的用量固定时, 配合标准曲线, 此方法可以灵敏检测外泌体, 方法简单, 稳定性和重复性好, 且磁分离的方法易于实现自动化, 有望实现对癌症的早期自动化预后。

PU-6010

## COX2 基因慢病毒载体的构建及对肺腺癌细胞 A549 的影响

刘联斌,张相民,曾汶,周茂华,叶桂林,叶永强,王刚,李韶今

赣州市肿瘤医院赣州市三六二医院,341000

**目的** 构建 COX2 基因慢病毒表达载体,并观察其对非小细胞肺癌 A549 细胞系增殖和凋亡的影响。

**方法** 针对 COX2 基因的不同片段设计 3 对 shRNA 的寡核苷酸片段并克隆至慢病毒载体 GV248 中,构建并筛选最佳抑制效率的靶向 COX2 基因的慢病毒载体 COX2-shRNA。靶向 COX2 基因的 shRNA 载体转染 A549 细胞为 shRNA 组,以空载体质粒转染作为 NC 组,以不转染质粒的 A549 细胞为 CON 组,MTT 法和流式细胞仪检测干扰 COX2 表达后对 A549 细胞增殖、凋亡能力的影响。

**结果** 成功构建靶向 COX2 基因的慢病毒载体;稳定转染 A549 细胞后,COX2 基因表达下降,其中以 COX2-shRNA1 干扰效率最为显著;shRNA 组细胞增殖活性显著低于 NC 组和 CON 组( $0.976\pm 0.016$  vs  $1.557\pm 0.015$ 、 $1.880\pm 0.034$ ,  $P<0.05$ );shRNA 组细胞凋亡率显著高于 NC 组和 CON 组( $[6.28\pm 0.31]\%$  vs  $[3.8\pm 0.05]\%$ 、 $[3.01\pm 0.31]\%$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 成功构建靶向 COX2 基因的慢病毒表达载体,干扰 COX2 表达可抑制人肺腺癌 A549 细胞的增殖,促进细胞凋亡。

PU-6011

## Aggregation-Induced Emission Probe/Graphene Oxide Aptasensor for Label-Free and “Turn-On” Fluorescent Detection of Cancerous exosomes

Bo Li,Chunchen Liu,Weilun Pan

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou 510515, PR China

**Objective** Exosomes are the smallest subset (30–150 nm) of extracellular vesicles (EVs), a heterogeneous population of vesicles originate from all types of tissue cells, which can freely pass through the blood vessel wall and distribute in various body fluids. Exosomes carry different macromolecules, such as nucleic acids, proteins, lipids and small molecules for intercellular communication. In the last decade, numerous researches demonstrated that exosomes' cargo is affected in the progression of malignant tumors, positioning exosomes as potential sources for the discovery of novel biomarkers. For example, it is confirmed that prostate specific membrane antigen (PSMA) is enriched in exosomes from prostate cancer cells. So, PSMA positive exosomes subpopulation is regarded as the diagnostic biomarker for prostate cancer. But conventional methods can hardly quantify low-concentration PSMA positive exosomes subpopulation in small volumes of clinical samples rapidly. In this work, we constructed the label-free and “turn-on” aptasensor for the detection of the PSMA positive prostate cancer exosomes.

**Methods** This aptasensor employed PSMA aptamer as the recognition element, Aggregation-Induced Emission (AIE) probes: TTAPE as fluorescent indicators and Graphene Oxide (GO) as fluorescent quencher. In the absence of PSMA positive exosomes, the fluorescence of TTAPE aggregated in the aptamer would be quenched efficiently by GO. However, in the presence of PSMA positive exosomes, the specific and stronger binding between aptamers and PSMA positive exosomes could weaken the binding interaction between aptamer and GO. And the fluorescence of TTAPE aggregated in the aptamer would recover, which could appear “turn-on”

fluorescent property. Exosomes isolated from prostate cancer cell LnCap were characterized by TEM, NTA and WB. Moreover, the binding capacity of PSMA aptamer was confirmed by SDS-PAGE. Plasma from prostate cancer patients and healthy individuals were collected and examined by our method.

**Results** Exosomes isolated from LnCap cell supernatant were well concentrated between 30-150 nm, with typical vesicle shape under negative stain and clear protein bands could be observed in WB. Under optimal conditions (37°C, 15 min), the linear range of detection for prostate cancer exosomes is estimated to be  $4.07 \times 10^5$ - $1.83 \times 10^7$  exosomes/ $\mu$ L with a detection of limit (LOD) of  $3.43 \times 10^5$  exosomes/ $\mu$ L. Moreover, clinical sample experiments clearly showed that the fluorescent signal of prostate cancer exosomes was significantly higher compared to healthy controls ( $p < 0.001$ ).

**Conclusions** In summary, a label-free and “turn-on” aptasensor combining merits of DNA aptamer, aggregation-induced emission phenomena and nanomaterial is developed here for exosomal membrane protein PSMA detection. Our strategy displays potential for the applications of clinical use, which would lead to rapid high-throughput screening for cancerous exosomes resulting in improved clinical outcomes.

## PU-6012

### 超敏 CRP 与血清同型半胱氨酸联检对心血管类疾病 早期诊治及危险度评估的价值

华星

陕西省安康市中心医院

**目的** 研究探讨血清同型半胱氨酸与全程 C 反应蛋白（即同时包含 C 反应蛋白与超敏 C 反应蛋白二者的全量程测量），检测在心血管类疾病中的早期诊治及危险度评估的应用价值。

**方法** 选择 2018 年 3 月~2019 年 3 月在安康市中心医院接受诊治的心血管类疾病患者 126 例实施研究,根据疾病种类进行分组,其中冠心病组 44 例,心肌梗死组 42 例,心绞痛组 40 例,另选同期在医院的 40 例 H 型高血压患者作为 H 型高血压组,以及进行健康体检的 40 例志愿者作为对照组,对比各组患者的血清同型半胱氨酸及全程 CRP 水平及异常检出率情况,分析血清同型半胱氨酸及全程 CRP 对心血管类疾病的诊断价值。

**结果** 冠心病组和心肌梗死组,以及心绞痛组患者的血清同型半胱氨酸及全程 CRP 水平均分别显著高于对照组及 H 型高血压组(均  $P < 0.05$ )。但冠心病组、心肌梗死组以及心绞痛组患者组间比较血清同型半胱氨酸及全程 CRP 水平,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。冠心病组和心肌梗死组,以及心绞痛组患者的血清同型半胱氨酸及全程 CRP 异常检出率均分别显著高于对照组及 H 型高血压组( $P < 0.05$ )。但冠心病组和心肌梗死组,以及心绞痛组患者组间比较血清同型半胱氨酸及全程 CRP 异常检出率,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。联合血清同型半胱氨酸及全程 CRP 对冠心病、心肌梗死以及心绞痛疾病的诊断准确率最高,分别达到 97.73%、94.62%及 97.50%。联合血清同型半胱氨酸及全程 CRP 检测对心血管类疾病并发症及预后的预测时间显著少于单用血清同型半胱氨酸及全程 CRP,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 联合检测血清同型半胱氨酸以及全程 CRP,对心血管类疾病患者具有较好的预测价值,效果明显,值得在临床上广泛应用。

## PU-6013

**drug resistance analysis of Staphylococcus aureus**

Yanxia Liu  
wei fang medical university

**Objective** Staphylococcus aureus is one of the common clinical pathogens, can produce a variety of toxins, enzymes and antigen protein, virulence, may cause the skin soft tissue infection, the blood stream infection and the whole body each organ infection.

**Methods** comprehensive exposition

**Results** Aureus is virulent and resitant, generally distributed in hospital and community environment, bring great difficulty to clinical treatment, caused clinical height concern. The mechanism of drug resistance of Staph. Aureus was analyzed and summarized in this paper.

**Conclusions** Aureus is virulent and resitant, generally distributed in hospital and community environment, bring great difficulty to clinical treatment, caused clinical height concern. The mechanism of drug resistance of Staph. Aureus was analyzed and summarized in this paper.

## PU-6014

**原发性肝癌 BCLC 分期与 AFP、Fbg、D-D、FDP 的相关性分析**

谢珊珊,郭笑如  
福建省龙岩市第一医院

**目的** 探讨原发性肝癌 (PHC) 患者 BCLC 分期与甲胎蛋白 (AFP)、纤维蛋白原 (Fbg)、D-二聚体 (D-D)、纤维蛋白 (原) 降解产物 (FDP) 的相关性。

**方法** 173 例 PHC 患者依据 BCLC 分期进行分组: BCLC A 期 (A 组 51 例)、BCLC B 期 (B 组 43 例)、BCLC C 期 (C 组 42 例)、BCLC D 期 (D 组 37 例), 同期选择 50 名健康体检者作为对照组 (HC 组), 比较各组血清 AFP 及血浆 Fbg、D-D、FDP 水平, 同时绘制 ROC 曲线, 计算曲线下面积 (AUC), 以评价各指标在 PHC 中的诊断价值, 并对 BCLC 分期、AFP、Fbg、D-D、FDP 进行相关性分析。

**结果** 1)与 HC 组比较, 各病例组 (A 至 D 组) 中 AFP、D-D、FDP 水平显著升高, 并随着 BCLC 分期的进展而逐渐提高, 而 Fbg 先升高, 后降低; 2)通过 ROC 分析, AFP、Fbg、D-D、FDP 在 PHC 中的 AUC 分别为 0.852、0.223、0.775、0.727; 3)BCLC 分期与 AFP、Fbg、D-D、FDP 显著相关 ( $r=0.716$ 、 $-0.360$ 、 $0.569$ 、 $0.614$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** AFP、Fbg、D-D、FDP 可作为 PHC 的监测指标, 对 PHC 具有较高的辅助诊断价值。

## PU-6015

**抗菌肽 Lycosin-1 作用于热带念珠菌的转录组学研究**

陈芷阳  
中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 体外研究 lycosin-I 抗热带念珠菌的可能作用机制。

**方法** 转录组测序研究 lycosin-I 与热带念珠菌结合后的分子机制。

**结果** 抗菌肽 lycosin-1 处理过的热带念珠菌在转录组学数据上产生了较大的改变, 共有 598 个基因上调, 239 个基因下调。在 GO 富集分析中, 与膜结构相关的 GO 分类中差异基因数较多; 生物途径与细胞组成中基因表达差异最显著的是呼吸链复合物 IV 相关基因 (GO:0008535); 分子功能中基因表达差异最显著的是三价铁离子结合相关基因 (GO:0008199)。在 KEGG 富集分析中, 基因差异表达最显著的是丙酮酸代谢 (ko00620) 相关基因。

**结论** lycosin-I 结合热带念珠菌细胞后通过调控热带念珠菌基因表达来发挥抗菌活性。

## PU-6016

### Meta-analysis of the changes of peripheral blood regulatory T cell to CD4+ T cell ratio in patients with systemic sclerosis

Chuiwen Deng

Peking Union Medical College Hospital,

**Objective** Current reports on the changes in peripheral blood regulatory T cell (Tregs) to CD4<sup>+</sup> T cell ratio in systemic sclerosis (SSc) patients are varied in their conclusions.

**Methods** We therefore performed a meta-analysis to identify the actual change in the proportion of peripheral Tregs in SSc. Three databases, namely EMBASE, ISI web of knowledge, and Pubmed were systematically searched for relevant literature.

**Results** Comprehensive Meta Analysis Version 2.0 software was used to conduct the meta-analysis. Six studies were included in the meta-analysis. Results of the meta-analysis showed high degree of heterogeneity ( $I^2 = 96.98$ ), and a random-effect model was used in the subsequent analysis. The ratio of circulating Tregs to CD4<sup>+</sup> T cell in SSc was lower than in controls, but not statistically significantly so ( $-0.61 \pm 0.94$ ,  $P = 0.52$ ). Subgroup analysis did not identify any potential source of heterogeneity.

**Conclusions** This meta-analysis indicated that Tregs might play a less prominent immunosuppressive role in the immune system in SSc patients, but needs further confirmation.

## PU-6017

### 关于 ISO15189 实验室认可生化现场评审的一点体会

张才成

南昌大学第一附属医院, 330000

**目的** 南昌大学第一附属医院检验科自 2013 年初次评审以来, 2015 年进行监督评审, 2017 年复评审, 因此生化现场评审共经历了 3 次, 现将一些心得体会总结分享给大家。

**方法** 现场评审的文件依据

CNAS-CL02:2012《医学实验室质量和能力认可准则》

CNAS-CL38:2012《医学实验室质量和能力认可准则在临床化学检验领域的应用说明》

实验室质量管理体系文件: 质量手册、程序文件、专业组 SOP 文件等

CL38 文件是在 CL02 文件框架下对临床化学检验领域的细化, 具有一定的实用性和可操作性, 因此是现场评审的重要依据。实验室的质量管理体系文件是实验室在上述文件框架下根据实验室自身情况制订的一套本实验室切实可行的文件体系。评审专家会对照这些文件的条目进行现场询问、查看以及现场试验等。

**结果** 对于管理要求和技术要求各要素的现场评审

评审专家会对 15 个管理要素和 10 个技术要素中全部或部分要素的相关文件、记录、报告等进行查看、询问, 有疑问或发现不符合会与陪同人员进行沟通并核实。

**结论** 关于不符合项

评审专家在开具每个不符合项之前均会与陪同人员或分管主任沟通核实，核实无误后才会开具。有一些不符合项若为多个专业的共性问题，专家商议后会一起开具。13年初评审生化开具不符合项 5 项，涉及水质监测、试剂管理、体系文件、仪器故障、室内质控 5 个方面；15 年监督评审开具不符合项 4 项，涉及新仪器 LIS 数据核查、室内质控、仪器校准、校准品分装 4 个方面；17 年复评审开具不符合项 4 项，涉及室内质控、性能验证、记录控制 3 个方面。

**PU-6018****CD4<sup>+</sup>T cell-released exosomes potentiate the efficacy of HBsAg vaccine by enhancing B cell responses**

Jian Lu, Shengjun Wang  
The Affiliated People's Hospital, Jiangsu University,

**Objective** T cells excrete bioactive exosomes, but the potential biological effects of CD4<sup>+</sup>T cell exosomes are not clear. The main purpose of this research was to investigate the effects of CD4<sup>+</sup>T cell exosomes on B cell responses and explore its role in antigen-mediated humoral immune responses.

**Methods** In this study, CD4<sup>+</sup>T cell exosomes were purified from in vitro activated CD4<sup>+</sup>T cells. After immunized with HBsAg vaccine, CD4<sup>+</sup>T cell exosomes treated mice showed a stronger humoral immune responses, as reflected by a higher HBsAb level in serum and a higher proportion of plasma cells in bone marrow.

**Results** In vitro experiments, we found that exosomes released from activated CD4<sup>+</sup>T cells played an important role in B cell responses, which can dose-dependently promote B cell activation, proliferation and antibody production. Interestingly, antigen-specific exosomes were more efficient than wild-type exosomes in enhancing B cell responses. Using mouse T-cell lymphoma EL-4, we showed that CD40L was involved in T cell exosome mediated B cell responses.

**Conclusions** Taken together, our results demonstrated that CD4<sup>+</sup>T cell exosomes can enhance B cell responses in vitro and could be served as a novel adjuvant to promote mouse antigen-specific humoral immune responses.

**PU-6019****Evaluation and comparison the diagnostic performance of several non-invasive markers in predicting liver fibrosis of chronic hepatitis B patients**

Wei Lu  
Department of Laboratory, the Second Affiliated Hospital of Xi'an Jiao Tong University

**Objective** Liver biopsy is the golden standard for staging liver fibrosis, but it may be accompanied by complications. To avoid liver biopsy, non-invasive markers have been developed. Whereas, their clinical significance remains controversial. Here, we compare the diagnostic values of seven non-invasive markers in patients with chronic hepatitis B (CHB).

**Methods** A total of 196 CHB patients who received transient elastography and routine laboratory tests were enrolled into this single-centre retrospective study. The diagnostic performance of non-invasive markers were compared with transient elastography and were assessed based on the area under the receiver operating characteristic curve (AUROC).

**Results** Elevated gamma-glutamyl-transpeptidase to platelet ratio (GPR) and fibrosis index based on the four factors (FIB-4) and total bilirubin (TBil) were independent predictors of liver stiffness ( $\beta = 7.34$ ,  $P < 0.001$ ;  $\beta = 1.02$ ,  $P < 0.001$ ;  $\beta = 0.18$ ,  $P < 0.001$ , respectively). The AUROCs of GPR were significantly larger than that of FIB-4 ( $P = 0.037$  and  $P = 0.008$ ) and aspartate transaminase-to-platelet ratio index (APRI) ( $P = 0.008$  and  $P = 0.005$ ) in predicting both advanced fibrosis and cirrhosis. FIB-4, APRI as well as red cell volume distribution width-to-platelet ratio (RPR) had similar diagnostic values in discriminating different levels of liver fibrosis. The diagnostic values of these non-invasive markers were better at excluding advanced fibrosis or cirrhosis than confirming the different levels of liver fibrosis.

**Conclusions** GPR showed the best diagnostic value and RPR was easily available and inexpensive marker in evaluating fibrosis and cirrhosis.

## PU-6020

### 血液酒精浓度三种标本和两种方法检测结果相关性的应用研究

华星

陕西省安康市中心医院

**目的** 陕西省安康市中心医院检验科也是安康市血液酒精检测鉴定中心，承担全市酒驾、醉驾的血液酒精浓度检测并出具法律量刑采用的检测报告。酒精浓度检测大于 20mg/dl 即为提示饮酒驾驶，大于 80mg/dl 即为醉酒驾驶。饮酒与醉酒量刑不同，责任重大，且很多标本来源于车祸现场，第一现场由于其特殊性，采集标本类型不定，不仅仅为全血，还有血清、血浆等。不同标本类型对于结果的影响究竟有多大，血清、血浆标本是否和标准全血结果呈一致性相关或偏倚，带着这些问题，我们在日常工作中采用同一病人的血清，血浆，全血分别用干片法与气相色谱法两种方法检测得出的结果比较，得出统计学结论。为应对突发车祸事件和临床相关疾病等送检的各种类型检测标本结果的准确度提供可靠性依据，该项研究工作，责任重大，有着很高的实际应用价值和指导意义。

**方法** 选择来我院体检的健康志愿者与疑似酒精中毒病患 312 例，碘伏消毒后同时抽取肝素钠抗凝管和普通生化真空管取得血液后得到全血，血浆和血清。分别采用干片法和气相色谱法对血清酒精浓度进行检测，并对比检测结果。

**结果** 干片法与气相色谱法对血浆可检测的范围更大，通过统计对比发现，气相色谱法全血检测的均值显著高于干片法和气相色谱法中血浆、血清检测的结果。并且干片法回收率及用时均显著低于气相色谱法，差异均有统计学意义（均  $P < 0.05$ ）。

**结论** 干片法对血清酒精浓度的测试具有操作简便、环保等显著优势，结果的准确度相对较低。而气相色谱法操作结果准确度高，但检测成本高。两种检测方法对酒精的检测结果具备统一的同向性，且伴有一定的差异性，可以根据实际情况对检测方法进行选择。在最大经济化的前提下检测，既保证检测的有效性，同时减少使用成本。

## PU-6021

### 新生儿葡萄糖-6-磷酸脱氢酶(G6PD)基因突变检测室间质量调查结果分析

杜雨轩,王薇,何法霖,钟堃,袁帅,刘佳丽,张志新,王治国

国家卫生健康委临床检验中心

**目的** 分析评价新生儿葡萄糖-6-磷酸脱氢酶(G6PD)基因突变检测室间质量调查结果。



**方法** 2018 年 9 月向全国 21 家开展新生儿 G6PD 基因突变检测的实验室发放 5 个批号质控样本（批号 201811 -201815）。实验室自愿参加此次调查活动，并按照规定格式上报结果、测定方法、仪器和试剂等相关信息。组织者采用 Clinet EQA 程序和 Microsoft Excel 2010 等软件对各实验室检测结果进行统计分析，对质控样本的结果采用正确率（回报结果正确实验室数/参加该项目检测实验室总数）进行描述性评价。

**结果** 有 21 家实验室回报了结果，回报率为 100.0%（21/21）。参与此次调查的实验室均使用荧光 PCR 熔解曲线法进行检测，且使用的试剂均为厦门致善生物科技有限公司的试剂盒，因此本次调查并未进行分组。此次调查涉及的突变位点包括 c.95A>G、c.1376G>T 和 c.1388G>A，5 个批号中，所有实验室 5 个批号均符合预期结果，占参加实验室的 100.0%（21/21）。

**结论** 本次新生儿葡萄糖-6-磷酸脱氢酶(G6PD)基因突变检测室间质量调查结果总体上是满意的，但此次调查未涉及其他方法或其他公司试剂；且质控品为 DNA 溶液，未对核酸提取等检验前相关步骤进行评价。筛查实验室应加强质量控制意识，持续监测其检测质量水平。

**PU-6022**

## HBsAg、HBsAb 双阳性患者临床指标分析

李俐漫,黎安玲,刘颖娟,刘松梅  
武汉大学中南医院,430000

**目的** 不同的乙型肝炎血清标志物模式具有不同的临床意义，HBsAg 与 HBsAb 不应同时出现。但近几年临床实验室经常遇到一些 HBV 血清标志物乙型肝炎表面抗原（HBsAg）与乙型肝炎表面抗体（HBsAb）同时阳性的不常见模式，这些模式难以用 HBV 感染后血清学指标规律性的改变来解释，而对于这些血清学诊断结论异常的标本应进行进一步的核酸检测分析以便筛选基因突变株，并根据其临床特征给予个性化临床治疗。HBsAg、HBsAb 双阳性患者 HBV-DNA 载量、乙肝五项及肝功能指标特征，旨在为 HBsAg、HBsAb 双阳性患者临床治疗提供一定指导。

**方法** 将 167 名 HBsAg、HBsAb 双阳性患者按照 HBV-DNA 拷贝数水平分为低（ $<5 \times 10^2$ ）、中（ $5 \times 10^2 \sim 10^5$ ）、高（ $>10^5$ ）三组，比较不同拷贝数分组中 HBsAg、HBsAb 双阳患者乙肝五项以及肝功能指标的差异以及各指标与 HBV-DNA 拷贝数的相关性。

**结果** HBsAg（ $F=22.38$ ， $p<0.001$ ）、HbsAb1（ $F=3.095$ ， $p=0.042$ ）、乙型肝炎 e 抗原（HBeAg）（ $F=14.591$ ， $p<0.001$ ）、乙型肝炎 e 抗体（HBeAb1）（ $F=10.735$ ， $p<0.001$ ）、乙型肝炎核心抗体（HBcAb1）（ $F=13.203$ ， $p<0.001$ ）、丙氨酸氨基转移酶（alanine aminotransferase，ALT）（ $F=4.371$ ， $p=0.013$ ）、天冬氨酸转氨酶（aspartate aminotransferase，AST）（ $F=4.952$ ， $p=0.008$ ）在 HBV-DNA 拷贝数低、中、高三组中差异均有统计学意义。HBV-DNA 拷贝数与 HBsAg（ $r=0.360$ ， $p<0.001$ ）和 HBeAg（ $r=0.632$ ， $p<0.001$ ）水平呈正相关，与肝功能指标无相关性（ $p>0.05$ ）。

**结论** HBsAg、HBsAb 双阳性患者在不同 HBV-DNA 拷贝数中的乙肝五项指标和肝功能指标存在一定差异性，为 HBsAg、HBsAb 双阳性患者的临床个性化治疗提供实验室数据支持。

**PU-6023**

## Single nucleotide polymorphisms of IL12B are associated with Takayasu arteritis in Chinese Han population

Yongzhe Li  
Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

**Objective** Takayasu arteritis (TA) is a rare autoimmune disease of unknown etiology. Genome-wide association studies (GWAS) have demonstrated association between genetic variants of IL12B and IL6 and TA. Since TA has been reported with ethnic heterogeneity, we sought to

investigate whether the single-nucleotide-polymorphisms (SNPs) reported in these studies are associated with TA in the Chinese Han population.

**Methods** A multi-center study involving 412 patients with TA and 597 healthy controls was conducted. Sequenom MassArray iPLEX platform was used to determine the frequencies of SNPs in the IL12B and IL6 region.

**Results** We demonstrated a allele association between the four SNPs of IL12B and TA (rs6871626: OR 1.52, 95% CI 1.26-1.83; rs4921492: OR 1.46, 95% CI 1.21-1.75; rs60689680: OR 1.41, 95% CI 1.17-1.69; rs4921493: OR 1.45, 95% CI 1.21-1.75, all  $P < 10^{-3}$ ). A meta-analysis consist of four populations showed rs6871626 was a susceptible locus of TA. Its OR was 1.51, and 95% CI was 1.31-1.74.

**Conclusions** The four SNPs were in strong linkage disequilibrium and two haplotypes were significantly different between patients and controls. Conditional analysis shows that these SNPs were not independent factors contributing to TA. Nevertheless, neither genotype nor allele frequencies of rs2069837 in IL6 showed significant between-group differences. Thus SNP of IL12B may be considered a high-risk factor for TA in Chinese Han population and provide further clues for research into the pathogenesis of TA.

## PU-6024

### MCV、MCH、Hb 结合毛细管电泳在 地贫筛查中的价值

俞柳敏,陈杰  
莆田学院附属医院,351100

**目的** 地中海贫血在我国南方是常见血液病,在当今医疗水平下并无治愈可能。因此,筛查地中海贫血是防治地中海贫血的最佳途径。本研究致力于寻找易于推广筛查地贫的方法,以提高人口素质,减轻社会和家庭压力。

**方法** 本研究以地贫基因检测为金标准,分析 MCV、MCH、Hb 和毛细管电泳结果在诊断地贫中的灵敏度、特异度。评价 MCV、MCH、Hb 和毛细管电泳在筛查地贫中的价值。

**结果** (1) MCV、MCH、Hb 测定比毛细管电泳技术测定血红蛋白筛查地中海贫血灵敏度较高,但特异度较差。(2) 毛细管电泳测定血红蛋白筛查对 Hb A2 异常检出率较高,对  $\beta$  地中海贫血检测特异度为 96.8%。(3) MCV、MCH、Hb 联合毛细管电泳技术检测筛查地中海贫血,灵敏度 98.6%,可增高灵敏度。

**结论** MCV、MCH、Hb 联合毛细管电泳技术筛查地中海贫血有很高的临床应用价值。

## PU-6025

### 抗生素对肠道菌群改变介导的肠黏膜屏障的破坏作用

侯宝煜  
青岛大学附属医院

**目的** 探究抗生素对肠道菌群改变所介导的肠黏膜屏障的破坏作用。

**方法** 将雄性昆明小鼠随机分为生理盐水组和盐酸林可霉素组。通过每天灌胃给药分别给予两组小鼠生理盐水和盐酸林可霉素。观察小鼠体重变化。通过测定肠道菌群和两种消化蛋白酶的变化以及肠道通透性的改变观察抗生素对肠道的影响。用 BAPNA 法测胰蛋白酶,用 BTEE 法测糜蛋白酶。应用 Real time PCR 技术检测四大菌门的表达变化。应用小鼠(Mouse) D-乳酸(D-LA) ELISA 法检测小鼠肠通透性。

**结果** 小鼠体重无明显差异。厚壁菌门 (Firmicutes) 和放线菌门 (Actinobacteria) 细菌数量急剧降低, 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和变形菌门 ( $\epsilon$ -proteobacteria) 细菌数量下降较缓慢。小鼠肠道消化蛋白酶活性降低, 但都随着给药时间的增长而增长。小鼠肠通透性增高。

**结论** 抗生素能够改变肠道菌群比例, 升高消化蛋白酶活性, 增高肠通透性, 破坏肠道黏膜屏障。

## PU-6026

### Normal Reference Intervals of prognostic nutritional index in healthy adults

Yulin Liao

Sichuan Cancer Hospital & Institute

**Objective** More and more studies have suggested that PNI is closely related to the prognosis of diseases, especially in malignant tumors, PNI can even affect the survival of patients as an independent factor. However, there were few studies on the reference interval of PNI. The objective of this study was to establish the normal reference interval of PNI in western China.

**Methods** A retrospective cohort study was conducted on healthy han population aged 18-79 years, and the data were retrieved from the database and laboratory information of physical examination center, and there were four participating central systems in the western region of china. Following the Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI), the RI of PNI was established and verified.

**Results** 5839 healthy persons were included in the analysis. The value of PNI decreases with age, and PNI detected from the 3 different instruments and manufacturers showed statistically significant differences.

**Conclusions** RIS of PNI based on age and instrument are more accurate than which was simply calculated from the known reference intervals of albumin and peripheral blood lymphocytes.

## PU-6027

### 赣南地区地中海贫血基因突变类型分析

胡晓梅

赣南医学院第一附属医院,341000

**目的** 了解赣南地区地中海贫血的基因突变类型, 为遗传咨询提供参考。

**方法** 选取 2012 年 7 月至 2017 年 11 月我院 4534 例疑似地中海贫血者, 采用 Gap-PCR 法和 PCR-反向斑点杂交法进行中国人常见  $\alpha$ -和  $\beta$ -地中海贫血的基因突变检测, 对表型阳性 (符合以下任意一项: 有典型地中海贫血临床表现、HbA<sub>2</sub>>3.5%、HbA<sub>2</sub>≤2.3%、出现血红蛋白变异性) 但常见地中海贫血基因检测结果阴性的样品进行测序。

**结果** 检出  $\alpha$ -地中海贫血 1381 例、 $\beta$ -地中海贫血 923 例、 $\alpha$ -复合  $\beta$ -地中海贫血 96 例和 9 例稀有型地中海贫血。其中 HbH 病 308 例, 中重型  $\beta$ -地中海贫血 60 例。最常见的  $\alpha$ -地中海贫血基因型为 -SEA/ $\alpha\alpha$  (868 例, 占 62.85%); 最常见的  $\beta$ -地中海贫血基因型为 IVSII-654(C>T)/N (380 例, 占 41.17%), 其次为 CD41-42(-CTTT)/N (302 例, 占 32.72%); 9 例稀有型地中海贫血中包括 2 例 CD41-42(-CTTT)/SEA-HPFH、1 例 SEA-HPFH/N、1 例 Twiwanese/N、1 例 --SEA/HK $\alpha\alpha$ 、1 例 CD17(A>T)/-90(c>T)、1 例 CD41-42(-CTTT)/Gy+(A $\gamma$  $\delta$  $\beta$ )0、1 例 - $\alpha$ <sup>4.2</sup>/ $\alpha\alpha$ <sup>Q-Thailand</sup> 和 1 例  $\alpha\alpha$ / $\alpha\alpha$ <sup>Q-Thailand</sup>。本研究发现赣南地区地中海贫血基因突变类型具有种族和地域特性。为在本地区开展遗传咨询、产前诊断提供了参考资料。并率先在本地区检出常规检测手段无法检出的 9 例罕见突变类型, 提示本实验采用的地贫检测流程可有效避免稀有型重型地贫患者的漏诊和误诊。检出双重或三重杂合子 96 例。

**结论** 本研究结果有助于深入了赣州市地中海贫血基因突变类型和分布,为地贫防控工作提供参考资料,对于提高人口素质具有重要参考价值。

PU-6028

## Graves 病合并肝细胞损害血清甘胆酸检测的临床意义

谢珊珊,陈丽萍  
福建省龙岩市第一医院

**目的** 探讨毒性弥漫性甲状腺肿 (Graves 病) 合并肝细胞损害患者血清甘胆酸 (CG) 检测的临床意义。

**方法** 选择 Graves 病患者 136 例,将 136 例患者根据是否合并肝细胞损害分为 2 组: Graves 病合并肝细胞损害 (A) 组 (69 例) 和单纯 Graves 病 (B) 组 (67 例)。检测 2 组血清 CG、丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、碱性磷酸酶 (ALP)、 $\gamma$ -谷氨酰转氨酶 (GGT) 的活性及总胆红素 (TBIL) 的水平,并与正常对照组进行比较。对 Graves 病合并肝细胞损害患者血清 CG 水平与血清 ALT、AST、GGT、ALP 活性, TBIL 水平进行相关性分析。分析 CG 单独及联合 AST、ALT 指标在诊断 Graves 病合并肝细胞损害的 ROC<sup>AUC</sup>、敏感性和特异性。

**结果** B 组血清 ALT、AST、GGT、ALP 活性及 CG、TBIL 水平与正常对照组比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), A 组血清 ALT、AST、GGT、ALP 活性及 CG、TBIL 水平均明显高于 B 组及正常对照组 (均  $P<0.05$ )。Graves 病合并肝细胞损害患者血清 CG 水平与血清 ALT、AST、GGT、ALP 活性, TBIL 水平均呈正相关 ( $r=0.191$ 、 $0.357$ 、 $0.246$ 、 $0.148$ 、 $0.473$ , 均  $P<0.05$ ); Graves 病合并肝细胞损害患者 CG 和 AST 的曲线下面积分别为 0.697 和 0.771, CG 联合 AST 的 ROC<sup>AUC</sup> 最大,为 0.811,且敏感性 (68.97%)、特异性 (94.03%) 均明显高于单独血清 CG 或 AST。

**结论** 血清 CG 是评价 Graves 病合并肝细胞损害的敏感指标,联合 AST 检测可以为临床医生对 Graves 病患者合并肝细胞损害的诊断提供参考。

PU-6029

## Granulocytic myeloid-derived suppressor cells exosomes attenuate collagen induced arthritis via increasing IL-10+CD19+B cells

Xinyu Wu, Dongwei Zhu, Shengjun Wang  
Affiliated People's Hospital, Jiangsu University

**Objective** Recent researches have shown that Granulocytic-myeloid derived suppressor cells (G-MDSCs) can secrete exosomes which transport various biological molecules with regulatory effect on immune cells, but the role of G-MDSCs-derived exosomes (G-exo) in rheumatoid arthritis (RA) remains to be further explored.

**Methods** In this study, we sought to define the effect of G-exo on collagen-induced murine arthritis (CIA).

**Results** G-exo treated mice showed lower arthritis index and decreased inflammatory cells infiltration. The treatment of G-exo improved splenic B cells to secrete IL-10 both in vivo and vitro. There was a decrease in the proportion of plasma cells and follicular helper T cells (TFH) in draining lymph nodes (DLNs) from G-exo treated mice. Moreover, the serum level of IgG was reduced after G-exo treatment. Mechanistic studies revealed that Prostaglandin E2 (PGE2) in G-exo was crucial for the production of IL-10+CD19+B cells via the activation of PI3K/AKT/GSK-3 $\beta$ /CREB signal pathway in B cells.

**Conclusions** Taken together, our results demonstrated that PGE2 derived from G-exo attenuate collagen-induced arthritis (CIA) through promoting the generation of IL-10<sup>+</sup>CD19<sup>+</sup>B cells.

#### PU-6030

### 类风湿因子 RF、抗角蛋白抗体 AKA、C 反应蛋白 CRP、抗环瓜氨酸肽抗体 CCP 四项血清学指标联检 诊断类风湿性关节炎的价值研究

华星  
陕西省安康市中心医院

**目的** 评价联合检测类风湿因子(RF)、抗角蛋白抗体(AKA)、C 反应蛋白(CRP)和抗环瓜氨酸(抗-CCP)抗体在诊断类风湿关节炎(RA)的临床意义。

**方法** 检测 75 例 RA 患者和 50 例健康体检者的血清 RF、AKA、CRP 和抗-CCP 抗体水平, 比较两组 4 项指标的阳性比例并评价 4 项指标诊断 RA 的能力。

**结果** 观察组的血清 RF、AKA、CRP 和抗-CCP 抗体阳性比例均显著高于对照组(P 均<0.01 或 P<0.05); 联合检测 4 项指标的特异度高于单独 RF、CRP 检测(P 均<0.05), 灵敏度高于单独 RF、AKA、CRP、抗-CCP 抗体检测(P 均<0.05)。

**结论** 联合检测血清 RF、AKA、CRP 和抗-CCP 抗体水平能够大幅度提高 RA 的诊断灵敏度, 有利于早期诊断 RA。

#### PU-6031

### EZH2 在肺动脉高压血管重塑中的作用研究

王颖  
首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 肺动脉高压(PAH)是一种严重的甚至危及生命的疾病。目前认为血管重塑是其重要的病理特征。肺动脉平滑肌细胞(PASMCs)是该过程的主要参与者。本研究的目的是以 PASMCs 为基础寻找肺动脉高压进展过程组蛋白甲基转移酶 EZH2 对血管重塑的影响。

**方法** 采用体外培养的来源于慢性血栓栓塞病人手术组织的平滑肌细胞及体外制作的低氧肺动脉平滑肌细胞为模型, 利用核转法将 EZH2 过表达于以上细胞模型后, 对细胞增殖迁移等细胞行为学特征进行研究, 分析过表达后的基因表达特征并进行验证。

**结果** 研究发现 EZH2 在不同类型肺动脉高压平滑肌细胞中出现高表达。EZH2 可引起 PASMCs 增殖和迁移水平的增高。通过后续的基因表达谱检测发现, 发生改变的基因参与多种生物学作用。富集分析表明这些功能的重要特征集中于细胞内离子通道、补体产生、IL-6 通路等。

**结论** 研究发现 EZH2 对肺动脉高压血管重塑过程发挥重要作用。EZH2 可能通过引发平滑肌细胞表型的改变影响细胞迁移和增殖。该结果为从临床实验诊断角度进行该类疾病的诊疗标志物研究提供了新的思路。

## PU-6032

**3462 例过敏性疾病患者血清 IgE 检测结果分析**

杨小军,杨军平,魏志勇,刘意  
江西中医药大学附属医院

**目的** 了解南昌地区人群常见过敏原的种类及分布特点,为本地区过敏性疾病防治提供依据。

**方法** 应用免疫印迹法检测患者对 20 种过敏原的血清特异性 IgE (sIgE)。比较不同性别、不同年龄之间过敏原的差异。

**结果** 3462 例患者中,过敏原总 IgE (tIgE) 阳性 1496 例,总阳性率 (41.1%),其中男性总阳性率 45.2% (666/1474),女性总阳性率 38.3% (830/2168),两者之间比较差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。不同性别之间树组合 (柳树/杨树/榆树)、普通豚草 (西瓜/瓜/黄瓜/香蕉)、尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨)、屋尘、虾的差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。不同年龄之间过敏原总阳性率差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ ), 0~10 岁组以尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨) 屋尘、艾蒿 (芹菜/胡萝卜/调料/扁豆/芥末/榛子)、花生、鸡蛋白等为主, 11~20 岁及 >20 岁组以尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨) 屋尘、艾蒿 (芹菜/胡萝卜/调料/扁豆/芥末/榛子)、花生、蟹为主,其中尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨)、屋尘、鸡蛋白、花生和蟹 5 组之间差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ )。

**结论** 南昌地区人群过敏性疾病主要吸入性过敏原为艾蒿 (芹菜/胡萝卜/调料/扁豆/芥末/榛子)、尘螨组合 (屋尘螨/粉尘螨) 和屋尘;主要食入性过敏原为蟹、花生和虾。

## PU-6033

**Clinical performance of antibodies to prothrombin and thrombin in Chinese patients with antiphospholipid syndrome: potential interest in discriminating patients with thrombotic events and non-thrombotic events.**

Shulan Zhang  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** A hallmark feature of antiphospholipid syndrome (APS) is the presence of a wide spectrum of antiphospholipid antibodies. In this study, we evaluated the clinical relevance of antibodies to prothrombin (PT) (aPT) and thrombin (aThr) in Chinese patients with APS.

**Methods** A total of 229 subjects were tested, including 86 patients with APS [35 patients with primary APS (PAPS), 51 patients with APS associated with other diseases (APSAOD)], 104 patients with non-APS diseases (disease controls), and 39 healthy controls. Serum IgG/IgM/IgA aPT and aThr were determined by ELISA.

**Results** The levels of both IgG/IgM/IgA aPT and IgG/IgM/IgA aThr were significantly increased in patients with PAPS and APSAOD compared with patients with non-APS thrombosis and non-APS PRM, and HC. Both IgG aPT and IgG aThr exhibited promising diagnostic potentials for APS with sensitivities and specificities of 16.3 and 95.8% (IgG aPT), and 19.8 and 99.3% (IgG aThr), respectively. Importantly, both IgG aPT (OR 4.06; 95% CI 1.49-11.05) and IgG aThr (OR 4.49; 95% CI 1.62-12.45) were significantly correlated with arterial, but not venous, thrombotic events.

**Conclusions** Our findings highlighted that IgG aPT and IgG aThr could serve as promising biomarkers to identify patients at risk of arterial thrombosis in China.

## PU-6034

## 脑脊液培养快速鉴定及快速药敏方法初探

乔玉莉

1.上海复旦大学附属华山医院

2.普洱市人民医院

**目的** 探讨脑脊液培养阳性标本细菌快速鉴定和快速药敏方法的可行性，为临床用药提供快速准确的诊断依据。

**方法** 统计上海复旦大学附属华山医院 2018 年 12 月至 2019 年 5 月的 874 份脑脊液标本，比较普通培养与血培养瓶增菌培养的阳性率。23 份血培养瓶报阳脑脊液标本，采用 BD 凝胶分离血清管收集菌膜，采用 MALDI-TOF MS 蛋白质谱仪进行直接快速鉴定，肠杆菌科及葡萄球菌同时采用 KB 法、微量肉汤稀释法和 Vitek 2 compact 全自动药敏法进行快速和常规药敏试验，隐球菌使用 ATB FUNGUS2 药敏条进行快速和常规药敏试验。

**结果** 脑脊液经普通培养与血培养瓶增菌培养的阳性率分别是 3.62% (24/663) 和 10.90% (23/211)，血培养瓶增菌后的阳性率明显增高。快速鉴定出 3 株肠杆菌科细菌、7 株葡萄球菌、10 株新型隐球菌，其他为 1 株棒状杆菌、1 株念珠菌及 1 株诺卡菌，与纯培养最终鉴定结果相比，准确度为 91.30%。肠杆菌科药敏试验（阿米卡星、头孢他啶、头孢吡肟、氨曲南、环丙沙星、左氧氟沙星、亚胺培南、美罗培南、米诺环素、头孢他啶/他唑巴坦、复方新诺明）三种药敏方法结果分类一致率及标准一致率为 100% (3/3)。葡萄球菌的药敏试验（头孢西丁、苯唑西林、利福平、红霉素、克林霉素、复方新诺明、左氧氟沙星、庆大霉素、莫西沙星、替考拉宁）中，红霉素的 KB 法、微量肉汤稀释法分类一致率为 85.71% (6/7)，庆大霉素微量肉汤稀释法、仪器法分类一致率为 85.71% (6/7)，其他抗生素 3 种方法分类一致率为 100%；葡萄球菌的药敏标准一致率为 100% (7/7)。隐球菌（5 氟胞嘧啶、两性霉素 B、氟康唑、伏立康唑、伊曲康唑）快速药敏分类一致率及标准一致率为 100% (10/10)。

**结论** 用血培养瓶进行脑脊液培养能提高脑脊液培养阳性率，缩短了培养时间，而基于 MALDI-TOF MS 对脑脊液血培养阳性标本快速鉴定和快速药敏也是切实可行的，大幅度缩短了报告时间，为临床用药提供快速准确的依据。

## PU-6035

## 血清 cA125 检测对肝炎后肝硬化与肝细胞癌患者诊疗的临床意义

黄素钦,柳丽娟

福建医科大学孟超肝胆医院

**目的** 研究肝炎后肝硬化与肝细胞癌患者血清 cA125 升高的情况、原因及临床意义。

**方法** 共有 180 例患者入选，分成 5 组：组 1，肝炎后肝硬化不伴腹水患者 30 例；组 2，肝炎后肝硬化伴腹水患者 35 例；组 3，肝细胞癌患者 45 例；组 4，肝细胞癌伴腹水患者 20 例；组 5，正常对照组，正常体检者 50 例。同时检测血清 cA125、AFP 和 cEA 肿瘤标记物。

**结果** 23.2% 的组 1 患者、91.4% 组 2 患者、93.3% 组 3 患者存在血清 cA125 异常升高，组 2、组 3 和组 4 的 CA125 含量以及阳性率都显著大于组 1，组 2、组 3、组 4 之间无显著性差异。组 3、组 4 的 AFP 和 cEA 含量以及阳性率都显著高于组 2 和组 1 ( $p < 0.05$ )，组 2 与组 1、组 4 与组 3 无显著性差异 ( $p > 0.05$ )。组 2 患者经过治疗腹水消去后，血清 AFP 和 CEA 没有显著性差异 ( $p > 0.05$ )，而血清 cA125 显著下降 ( $p < 0.05$ )。

**结论** CA125 可用来做反映肝脏损害程度的一个指标，可用来预测肝硬化是否会出现腹水的一个指标，可做为监测肝炎后肝硬化伴腹水患者预后的一个很有用的一个指标。单一的 CA125 检测对肝

硬化和肝癌的鉴别诊断还是很有限，但是联合 AFP 和 CEA 肿瘤标记物检测，可以提高对这些疾病的诊断效能。

## PU-6036

### 非分泌型多发性骨髓瘤临床特征及相关实验室指标浅析

赵冠飞

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 探讨非分泌型 MM 的临床特征及相关实验室指标的特点，探讨其在 NSM 诊断及预后判断中的提示作用。

**方法** 回顾分析 24 例非分泌型 MM，按 Durie-Salmon 分期标准将患者分期，记录骨髓瘤细胞比例、M 蛋白鉴定结果、血红蛋白、白蛋白、肌酐、尿素氮等相关实验室指标及骨损伤情况。

**结果** 24 例非分泌型 MM 病例中：骨损害 20 例。贫血 16 例，感染 4 例，临床分期 IIIA 期 20 例，IIA 期 4 例，M 蛋白鉴定结果：血清免疫球蛋白其中一项或一项以上低于正常范围者 20 例，均在正常范围 4 例，血清蛋白电泳及免疫固定电泳未见单克隆条带，血红蛋白含量  $114 \pm 10 \text{ g/L}$ ，白蛋白  $38.1 \pm 3.1 \text{ g/L}$ ，肌酐  $62 \pm 16 \text{ } \mu\text{mol/L}$ ，尿素氮  $5.5 \pm 1.8 \text{ } \mu\text{mol/L}$ ， $\beta_2$ -微球蛋白  $2746 \pm 883 \text{ ng/ml}$ ，钙  $2.14 \pm 0.11 \text{ mmol/L}$ ，骨髓涂片中 16 例骨髓瘤细胞比例  $> 30\%$ ，8 例骨髓瘤细胞比例  $< 30\%$ 。

**结论** 非分泌型 MM 的临床特征及相关实验室指标表现不突出，临床表现缺乏特异性，骨髓瘤细胞比例及骨损害对其诊断有重要的提示作用。

## PU-6037

### 手足口病的病原学检测及分析

陈倩

南京医科大学附属儿童医院

**目的** 手足口病是由一组肠道病毒引起的儿童常见传染性疾病。由于疫苗的单一和缺乏有效的感染预防机制，引起手足口病的主要病原体在发生变化。本文研究南京在 2017 年度引起手足口病的主要病原体图谱，以期有效地帮助手足口病的预控和治疗。

**方法** 收集我院住院的手足口病患者咽拭子标本 997 例。用实时荧光定量 PCR 法检测手足口病的病原体，并收集患儿相关信息进行流行病学分析研究。

**结果** 997 例临床诊断为手足口病的患儿标本中，816 例经实验室检测证实病原学阳性。实验结果表明，手足口病的主要病原体为柯萨奇病毒 A6 型（coxsackievirus A6, CA6），占 39.09%；下面依次为肠道病毒 71 型（enterovirus 71, EV71），占 26.1%；柯萨奇病毒 A16 型（coxsackievirus A16, CA16），占 10.05%；柯萨奇病毒 A10 型（coxsackievirus A10, CA10），占 7.23%；其它未分型的肠道病毒占 17.52%。进一步的临床数据分析显示，CA6 感染的手足口病患者，临床症状较轻者多；而 EV71 感染的手足口病患者，临床症状较重者多。另外，农村地区发现的手足口病患者多于城镇地区，呈现一定的区域差异。

**结论** 本文研究结果表明，CA6 和 EV71 是该时段该地区主要的手足口病病原体；预防手足口病的重点对象为农村地区的非学龄幼儿。本文为手足口病的防治、将来疫苗的研制提供了有效的数据。



## PU-6038

**L-精氨酸对红细胞氧亲和力 P<sub>50</sub> 的影响**

国杰

中国人民解放军总医院

**目的** 探究不同浓度 L-精氨酸对不同库存期悬浮红细胞、冰冻保存红细胞氧亲和力 P<sub>50</sub> 的影响。

**方法** 分别在悬浮红细胞、冰冻红细胞保存前、冰冻红细胞保存解冻后的 CPDA 或 MAP 保存液中加入 L-精氨酸溶液，使其终浓度分别为 5mmol/L、10 mmol/L、50mmol/L，分别在库存期 0d、7d、14d、21d、28d、35d 检测红细胞氧亲和力 P<sub>50</sub> 的变化。

**结果** 随库存时间的延长，悬浮红细胞、冰冻保存红细胞的氧亲和力 P<sub>50</sub> 呈总体降低趋势，尤其在库存期开始 2 周内降低明显，于库存期 14d 内下降了 15.6%，随后下降较为缓慢，第 35d 下降了 25.4%，在库存期末其值仅为采血当天的 74.6%，且冰冻保存红细胞的氧亲和力 P<sub>50</sub> 较同库存期悬浮红细胞低；L-精氨酸对冰冻保存红细胞氧亲和力 P<sub>50</sub> 的提高作用较悬浮红细胞大，且在冰冻红细胞保存解冻后添加 L-精氨酸作用最为显著；终浓度为 10mmol/L 的 L-精氨酸对红细胞氧亲和力 P<sub>50</sub> 的提高影响最为明显。

**结论** 添加适宜浓度的 L-精氨酸对库存期内悬浮红细胞、冰冻保存红细胞的氧亲和力 P<sub>50</sub> 有提高作用。

## PU-6039

**EXCEL 数据透视图分析室内质控不精密度模型的建立与应用**

夏良裕

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 建立应用 EXCEL 数据透视图分析室内质控不精密度的模型，为实验室质量的分析改进提供依据。

**方法** 从 LIS 中导出室内质控数据到 EXCEL 表，在数据透视图区域以 SD 或 CV 平均值为输出，对项目、月份、水平、仪器四个字段进行排列组合，选择合适的图表类型制作透视图对三台仪器测定血钾等 10 个项目的室内质控每月变异进行分析。

**结果** 建立了多种图表模型，可直观地分析同一项目在不同时间段、不同水平、不同仪器之间每月室内质控不精密度的差异及变化趋势。

**结论** 应用 EXCEL 数据透视图制作的室内质控不精密度分析模型操作简单，呈现结果直观，可应用于临床实验室分析室内质控。

## PU-6040

**血常规五分类散点图识别各种疟原虫**

华星

陕西省安康市中心医院

**目的** 弃繁从简、另辟蹊径——识散点，辨疟原虫，共话疟疾。

**方法** XN 系列血液分析仪的 WDF 通道主要用于白细胞五分类，正常红细胞在 WDF 通道中因溶血素的作用使红细胞溶解，轮廓消失，会留下残骸的“影子”，如红细胞中有疟原虫而不能被破坏，未能破坏的疟原虫可引起白细胞五分类散点图异常变化，这里主要是由于疟原虫环状体以下的各个时

期（如大滋养体、裂殖体及配子体期）引起的白细胞五分类散点图异常；因为纵坐标 SFL 反映细胞内 RNA 和 DNA 含量，与影红细胞强度一致，且处于同一水平线上；横坐标 SSC，反映细胞内容物的复杂程度，比未寄生疟原虫的红细胞强，主要是由于寄生在红细胞内未破坏的疟原虫所致，特别是与中性粒细胞侧向散射光强度相似，较酸性粒细胞侧向散射光强度弱，所以在中性粒细胞散点区域下方出现紫红色异常离群散点（如图 1）；

2.WNR 通道的溶血素对红细胞溶解能力强，对被疟原虫感染的红细胞破坏更大，不易被误认为有核细胞，但比影红细胞的荧光强度要强，因此在影红细胞区域（如图 3）右上出现紫红色异常离群散点（如图 2）。

**结果 1.**血常规五分类散点图识别间日疟原虫

2.疟原虫胶体金法检测结果及外周血涂片中查见疟原虫环状体、阿米巴样大滋养体及配子体，其形态特征符合“间日疟原虫”，考虑间日疟原虫感染，建议送 CDC 确诊。

3.该患者经实时荧光 PCR 技术确诊为间日疟原虫感染。

**结论** 血常规三系仅血小板减低，WDF、WNR 通道出现紫红色离群异常散点，询问流行病学史，高度怀疑疟原虫感染，最终“金镜检”检出疟原虫环状体，大滋养体，配子体；第一时间给予了临床可靠的病原学诊断依据，再次完美展现了散点与形态结合分析，这一颇具检验特色的强项优势！

## PU-6041

### Decreased expression of SLAM on Tfh-like cells affects IL-21 production in allergic rhinitis

Jun Yang, Shengjun Wang  
Affiliated People's Hospital, Jiangsu University

**Objective** Allergic rhinitis can be defined as an immune disorder disease characterized by high levels of IgE. However, whether Tfh cells are involved in the pathogenesis of this IgE-mediated disease remains unexplored. We sought to investigate the roles of Tfh cells in allergic rhinitis.

**Methods** The levels of IL-21 and IgE in serums were tested by ELISA. Related molecules: CD4, CXCR5, CD19, SLAM, SAP on peripheral blood mononuclear cells were detected by means of flow cytometry. Blood CD4<sup>+</sup>CXCR5<sup>+</sup> Tfh-like cells were sorted and stimulated in vitro.

**Results** The levels of pivotal cytokine IL-21 of Tfh cells enhanced in AR patients, while the frequencies of circulating CD4<sup>+</sup>CXCR5<sup>+</sup>Tfh-like cells appeared with no change. The expression of surface molecule SLAM and SAP on CD4<sup>+</sup>CXCR5<sup>+</sup>Tfh-like cells from peripheral blood significantly decreased in AR patients. And SLAM on B cells of AR patients displayed lower expression too; however, the percentages of B cells increased. Stimulated by anti-SLAM mAbs resulted in a marked reduction of IL-21 from CD4<sup>+</sup>CXCR5<sup>+</sup> cells.

**Conclusions** Tfh cells may play important roles in the pathogenesis of AR. Decreased SLAM expression on CD4<sup>+</sup>CXCR5<sup>+</sup>Tfh-like cells may contribute to the high levels of serum IL-21 in AR patients.

## PU-6042

### 红细胞血型基因分型在输血管理中的应用

王蕊  
中国人民解放军总医院

**目的** 分子基因分型有望变得更便宜，不依赖于血清学免疫球蛋白试剂。患有血红蛋白病的患者可能通过基因分型而获益

**方法** 患者/供体相容性因该方法而不仅限于表型 Rh / Kell 等, 有利于改善输注后的红细胞 (RBC) 的存活率, 从而导致输血需求减少, 铁负荷减少, 降低同种异体免疫的风险。

**结果** 目前仅能检测已知突变的基因分型技术的优势和局限性。此外, 靶向富集的二代测序技术 (NGS) 已经用于检测已知和未知遗传多态性, 包括单核苷酸多态性, 插入/缺失和结构变化。

NGS 方法可用于开发扩展血型基因分型。

**结论** 进行高通量 RBC 基因分型, 并结合相关的信息系统来比较患者的抗原谱与现有献血者的阴性抗原谱和/或稀有血型, 有利于改善患者 RBC 配型的效率和可靠性。

## PU-6043

### Identification of novel biomarkers for Behcet Disease diagnosis using HuProt array approach

Chaojun Hu  
Peking Union Hospital

**Objective** Behcet disease (BD) is a chronic systemic vasculitis and considered as an autoimmune disease. Although rare, BD can be fatal due to ruptured vascular aneurysms or severe neurological complications. To date, no known biomarker has been reported for this disease, making it difficult to diagnosis in the clinics. To undertake this challenge, we employed the HuProt arrays, each comprised of ~20,000 unique human proteins, to identify BD-specific autoantibodies using a Two-Phase strategy established previously.

**Methods** In Phase I, we profiled the autoimmunity on the HuProt arrays with 75 serum samples collected from 40 BD patients, 15 diagnosed autoimmune patients who suffer from Takayasu arteritis (TA; n = 5), ANCA associated vasculitis (AAV; n = 5), and Sjogren's syndrome (SS; n = 5), and 20 healthy subjects, and identified 20 candidate autoantigens that were significantly associated with BD. To validate these candidates, in Phase II we constructed a focused array with these 20 candidate BD-associated antigens, and use it to profile a much larger cohort, comprised of serum samples collected from 130 BD patients, 103 autoimmune patients (i.e. 40TA, 40 AAV and 23 SS), and 110 healthy controls.

**Results** This allowed us to validate CTDP1 (RNA polymerase II subunit A C-terminal domain phosphatase) as a BD-specific autoantigen. The association of anti-CTDP1 with BD patients was further validated using the traditional Western blotting analysis.

**Conclusions** In conclusion, anti-CTDP1 antibody serves a novel autoantibody for Behcet disease and is expected to help more accurate clinical diagnosis.

## PU-6044

### 空腹血浆 Nesfatin-1 水平与抑郁症严重程度的相关性研究

肖敏敏, 李江波, 姜兰兰  
芜湖市第二人民医院, 241000

**目的** 分析抑郁症患者和正常对照者空腹血浆 Nesfatin-1 水平, 探讨血浆 Nesfatin-1 与抑郁症严重程度的相关性。

**方法** 选择 103 例抑郁症患者和 32 例健康对照者作为研究对象。测量体重、身高, 计算出 BMI 指数; 评估 HAMD-17 抑郁量表分数并根据分数将抑郁症患者分为轻、中、重度三个组别; 采用竞争抑制酶联免疫分析法检测 Nesfatin-1, 化学发光法检测血清 TSH、FT3 和 FT4 水平, 酶促反应法检测血清 FBG、TC、TG、HDL-C 和 LDL-C 水平。统计分析血浆 Nesfatin-1 水平在不同患者组之间的差异以及与上述指标间的相关性。

结果与正常对照组( $8.11\pm 3.31\text{ng/mL}$ )比较, 抑郁症患者血浆 Nesfatin-1 蛋白水平( $17.52\pm 9.79\text{ng/mL}$ )显著升高, 且与 HAMD-17 分数呈显著正相关 ( $r = 0.651$ )。HAMD-17 分数( $\beta = 0.715$ )是影响 Nesfatin-1 蛋白的独立因子之一。依据 HAMD-17 分数将抑郁症组分为轻度、中度、重度三组, Nesfatin-1 蛋白水平分别为:  $11.17\pm 3.58\text{ng/mL}$ 、 $16.33\pm 8.78\text{ng/mL}$ 、 $27.65\pm 8.26\text{ng/mL}$ , 各组间差异均有显著性 ( $P < 0.01$ ), 随着抑郁症病情的加重, Nesfatin-1 蛋白平均水平呈逐步升高的趋势。多元 logistic 回归分析显示, Nesfatin-1 蛋白( $OR = 1.269$ ,  $P = 0.001$ )是影响抑郁严重程度的独立相关因素。ROC 曲线分析显示, Nesfatin-1 蛋白诊断抑郁症的最佳界点为  $8.905\text{ng/mL}$ , 诊断灵敏度和特异性分别为  $84.5\%$ 和  $75.0\%$ , ROC 曲线下面积(AUC)为  $0.837$  (95%置信区间为  $0.760$ - $0.914$ ); Nesfatin-1 蛋白诊断严重抑郁症的最佳界点为  $20.25\text{ng/mL}$ , 诊断敏感度和特异性分别为  $82.4\%$ 和  $91.3\%$ , AUC 为  $0.903$  (95%置信区间为  $0.835$ - $0.971$ )。

结论 抑郁症患者血浆 Nesfatin-1 蛋白水平与抑郁严重程度密切相关, 随着抑郁程度的加重, 血浆 Nesfatin-1 蛋白水平呈逐步上升趋势。血浆 Nesfatin-1 蛋白水平是影响抑郁严重程度的独立相关因素之一, 可作为临床预测严重抑郁症的标志物。

## PU-6045

### 手足口病患儿免疫球蛋白和超敏 C 反应蛋白的检测及临床意义

黄坚尧

珠海市妇幼保健院, 519000

目的 应用免疫比浊法检测手足口病患儿免疫球蛋白和超敏 C 反应蛋白并评价其在手足口病诊断中的应用价值。

方法 随机选取我院 2017 年 6 月~2018 年 7 月期间收治的手足口病患儿 53 例作为研究组, 并选取同一时期于我院近行体检的健康小儿 56 例作为对照组, 比较两组小儿的免疫球蛋白(IgA、IgG、IgM)水平及超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)水平。

结果 研究组患儿的 IgA 水平 ( $0.63\pm 1.21$ )、IgG 水平 ( $7.91\pm 2.65$ ) 低于对照组 ( $1.16\pm 0.64$ )、( $9.18\pm 2.57$ ), 而 IgM 水平 ( $2.16\pm 0.37$ )、hs-CRP 水平 ( $5.77\pm 2.08$ ) 高于对照组 ( $1.27\pm 0.28$ )、( $1.68\pm 0.87$ ), 差异有统计学意义 (均  $P < 0.05$ )。

结论 免疫球蛋白和超敏 C 反应蛋白可作为手足口病临床诊断的辅助指标, 有效指示患儿的感染情况, 对手足口病的疗效观察及预后具有指导作用。

## PU-6046

### 广州地区 delta 地贫基因的突变谱与血液学分析

钟良英, 林文彬, 雷会雯, 刘敏

中山大学附属第一医院, 510000

目的 研究中国广东地区汉族产前人群中  $\delta$  地贫球蛋白基因(HBD)的突变类型以及各类型突变频率, 并统计分析各类型突变的血液学变化, 以丰富人群  $\delta$ -地贫基因突变图谱。

方法 收集 2015 年 6 月至 2019 年 1 月在我院进行产前地中海贫血筛查的样本 15452 例, 筛选出符合条件的 45 例患者, 男 13 例, 女 31 例, 年龄 7~65 岁。用 XE 4000i 血细胞分析仪进行血细胞分析, 高效液相色谱法(HPLC)进行血红蛋白(Hb)、血红蛋白 A2(HbA2)和血红蛋白 F(HbF)定量检测。提取基因组 DNA 后进行 PCR 扩增、基因测序方法检测目标样本基因突变。

结果 45 例患者中检出 32 例存在  $\delta$ -地贫突变, 突变率约为  $0.2265\%$  ( $32/15452$ )。检测出 13 种不同的突变类型。其中 6 种为已知的突变类型, 包括 16 例基因型为  $-77(T>C)$  [HBD c.-127 (T>C)]

(50.0%)，4 例为 -30 (T>C)[HBD c.-80 (T>C)] (12.5%)，1 例为 Codon 10 (-G) (HBD c.31delG)，1 例为 HBD c.1 G> A (HBD:c.3G>A)，1 例为 codon 115(GCC>GTC) (HBD:c.347C>T) 1 例为 HbA2-Huadu (HBD:c.127T >C)；另外新发现 7 种突变，1 例为 codon5 (CCT>TCT) (HBD:c.16C>T)，1 例为 codon73 (GAT>GTT) (HBD:c.221A>T)，1 例为 codon87(CAG>TAG) (HBD:c.262C>T)，1 例为 HbA2-GuangXi (HBD:c.314 G>A)，1 例为 codon125 (CAA>CGA) (HBD:c.377 A>G)，1 例为 codon140 (GCC>GAC) (HBD:c.422 C>A)，1 例为 codon142 (GCC>GTC) (HBD:c.428 C>T)。

**结论**  $\delta$  地贫基因突变类型多样，-77(T>C)是广东地区汉族产前人群最常见的  $\delta$  球蛋白基因突变。本研究报道的 7 例新突变丰富了  $\delta$  球蛋白基因的突变谱，应重视产前人群的  $\delta$  球蛋白基因检测，对产前咨询和诊断有重要意义。

## PU-6047

### Development and Verification of a Discriminate Algorithm for Diagnosing Post-neurosurgical Bacterial Meningitis -a multi-centre observational study

Guanghai Zheng

Beijing Tiantan Hospital & Capital Medical University

**Objective** To evaluate the diagnostic accuracy of cerebrospinal fluid (CSF)-based routine clinical examinations for post-neurosurgical bacterial meningitis (PNBM) in multi-centre post-neurosurgical patients.

**Methods** The diagnostic accuracies of routine examinations to distinguish between PNBM and post-neurosurgical aseptic meningitis (PNAM) were evaluated by determining the values of the area under the curve (AUC) of the receiver operating characteristic (AUC-ROC) in a retrospective analysis of post-neurosurgical patients in four centres.

**Results** An algorithm was constructed using the discriminant analysis as a classical method to maximise the capacity for differentiating the two classes by integrating the measurements of five variables. The AUC-ROC value of this algorithm was 0.907 (95% CI 0.737–0.782), which was significantly higher than those of individual routine blood/CSF examinations. The predicted value from 70 PNBM patients was greater than the Cut-off value, and the diagnostic accuracy rate was 75.3%. The results of 181 patients with PNAM showed that 172 patients could be correctly identified with specificity of 95.3%, while the overall discriminant correctness rate of the algorithm was 88.6%.

**Conclusions** Routine biomarkers such as CSF/blood glucose ratio (C/B-Glu), CSF lactate (C-Lac), CSF glucose concentration (C-Glu), CSF leukocyte count (C-Leu) and blood glucose concentration (B-Glu) can be used for auxiliary diagnosis of PNBM. The multi-centre retrospective research revealed that the combination of the five above-mentioned biomarkers can effectively improve the efficacy of the PNBM diagnosis.

## PU-6048

### 荧光 PCR 检测人 Y 染色体 AZF 微缺失方法学性能验证程序的探讨

梁燕,王清涛

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 探讨荧光聚合酶链反应 (PCR) 检测人 Y 染色体 AZF 微缺失的方法学性能验证程序。

**方法** 参考《医学实验室质量和能力认可准则在分子诊断领域的应用说明》（CNAS CL36）以及试剂盒说明书中标称的性能指标对实验室开展荧光 PCR 检测人 Y 染色体 AZF 微缺失基因型进行方法学性能验证。

**结果** 荧光 PCR 检测人 Y 染色体 AZF 微缺失的最低检测下限为 10ng 基因组 DNA/test；10 例正常男性样本经电泳法与荧光 PCR 检验结果均为未缺失，10 例缺失男性样本经电泳法与荧光 PCR 检验，所缺失位点均一致，试剂盒的检测特异性为 100%（10/10）、检测灵敏性为 100%（10/10），试剂盒的检测准确度 100%（20/20）；涵盖 8 种缺失位点的样本经荧光 PCR 检验均可被检测出来，该项目的可报告范围包括人 Y 染色体 AZF 区 8 个 STS 位点；抗干扰能力：低、中、高浓度的高脂血检验结果无干扰；非缺失型和缺失型的批内精密度（ $CV_{批内}$ ）的最大值分别为 1.41% 和 2.33%，批间精密度（ $CV_{批间}$ ）的最大值分别为 3.11% 和 4.63%，均小于试剂盒说明书的标称值  $CV \leq 5\%$ 。

**结论** 实验室开展荧光 PCR 检测人遗传病基因型项目有必要进行方法学验证，根据开展项目和实验室的实际情况选择实验方案和统计方法，既满足性能验证的要求，又能节约人力物力。

## PU-6049

### 血清骨代谢水平在原发性胆汁性肝硬化合并骨质疏松病情监测中的潜在临床价值

林燕

赣州市人民医院,341000

**目的** 探讨血清骨代谢水平在原发性胆汁性肝硬化（PBC）患者合并骨质疏松（OP）病情监测的潜在临床价值。

**方法** 江西省赣州市人民医院及南昌大学第二附属医院 2014 年 10 月至 2017 年 7 月门诊及住院 112 例 PBC 患者纳入观察组，包括并发 OP（OP 组）45 例，未并发 OP（NOP 组）67 例，未并发 OP 患者中 PBC 代偿期 37 例，失代偿期 30 例，同期 50 例健康体检者纳入对照组，采用电化学发光法（ECLIA）进行血清 25-羟维生素 D（25-（OH）D）、骨钙素（OC）以及甲状旁腺激素（PTH）检测，采用冷凝集亲合法检测血清骨源性碱性磷酸酶（BALP），比较分析各项骨代谢指标与临床 PBC 患者合并 OP 的相关性。

**结果** （1）OP 组患者血清各项骨代谢指标与 NOP 组和正常对照组均具有显著统计学差异（ $P < 0.05$ ），NOP 组中，代偿组和失代偿组 25-（OH）D 差异也存在显著的统计学意义（ $P < 0.05$ ）；（2）二元 Logistic 回归分析结果显示，25-（OH）D 与 OC 是 PBC 合并 OP 的保护因素，BALP 与 PTH 是 PBC 合并 OP 的危险因素，四项指标均与 PBC 合并 OP 的发生具有密切相关性；（3）ROC 曲线分析结果显示，BALP 的曲线下面积为 0.809， $P = 0.001$ ，95%CI 为 1.022~1.062，对于 PBC 患者并发 OP 的诊断价值最高。

**结论** PBC 患者血清 25-（OH）D、BALP、OC、PTH 水平与合并 OP 有较强相关性，临床上检测这四项骨代谢指标对于 PBC 患者合并 OP 的早期预防和有效治疗方案的制定具有重要指导意义。

## PU-6050

### HCV RNA 定量检测系统性能验证方案的制定

廖威

江西迪安华星

**目的** 制定 HCV-RNA 定量检测系统的性能验证方案，评估该检测方法的临床运用价值。

**方法** 依据中国合格评定国家认可委员会(CNAS)和卫生行业标准颁布的系列文件,采用卫生部临床检验中心室间质控品、康彻斯坦生产的标准物质、实验室收集的高浓度 HCV-RNA 临床标本和健康人群阴性血清,对检测系统的精密度、标本携带污染、正确度、分析测量范围、定量限、检出限、分析特异性和抗干扰能力进行验证和评价。

**结果** 低浓度和高浓度标本批内精密度分别为 1.82 %、1.27 %,总精密度分别为 3.72 %、2.69 %,均小于厂家声明 5 %;无标本携带污染;正确度符合卫生部临床检验中心室间质评要求;在 (50~1×10<sup>8</sup>) IU/ml 分析测量范围内线性关系良好;验证的定量限和检出限分别为 50IU/ml 和 25IU/ml;与甲型肝炎病毒(HAV)、乙型肝炎病毒(HBV)、梅毒螺旋体(CT)、巨细胞病毒(CMV)、EB 病毒(EB)、单纯疱疹病毒(HSV)无交叉反应;总胆红素(550 mmol/L)、血红蛋白(23 g/L)、甘油三酯(40 mmol/L)和 IgG(45 g/L)对检测结果无影响。

**结论** 验证结果证明,本研究制定的 HCV RNA 定量检测系统性能验证方案合理,各项性能指标符合厂家声明,能满足临床预期要求。

## PU-6051

### 高白细胞血症引起肝癌患者假性低血糖一例

文灿

江西肿瘤医院

**目的** 患者男性,60岁,2018年7月10日11:30以“原发性肝癌介入治疗后2月余”遵医嘱第2次入院复查。因肝硬化导致脾功能亢进,于7月25日行脾动脉栓塞术。

**体格检查:**腹平坦,未见腹壁静脉曲张,未见胃肠型及蠕动波。腹软,无压痛,无反跳痛,未触及肿块,肝肋下未触及,脾肋下未触及,Murphy 征(-),肾脏未触及。腹部叩诊鼓音,肝浊音界正常,移动性浊音阴性,肝肾无明显叩击痛。肠鸣音正常,4-5次/分,未闻及气过水声,未闻及血管杂音。肛门及外生殖器未查。

**方法** 影像检查:CT示:1.“肝癌术后改变”,肝切缘肿块伴残肝多发转移瘤。2.肝硬化、脾大;腹膜后多发稍大淋巴结。3.右肾囊肿。4.两下肺少许炎症。

**结果** 实验室检查。入院检查:7月11日血常规白细胞 12.83×10<sup>9</sup>/L,红细胞数目 3.72×10<sup>12</sup>/L,血小板数目 25×10<sup>9</sup>/L,血红蛋白 99g/L,红细胞压积 31.9%,血糖 5.8mmol/L;其余肝肾功能及大小便常规基本正常。7月30日术后首次血常规:白细胞数目 48.05×10<sup>9</sup>/L,红细胞数目 3.74×10<sup>12</sup>/L,血小板数目 334×10<sup>9</sup>/L,血红蛋白 98g/L,红细胞压积 32.6%,镜检未见异常;术后首次生化检查中空腹葡萄糖:0.6mmol/L,其余肝肾功能与大小便常规基本正常;查看标本、仪器、试剂均无异常后复查葡萄糖:0.3mmol/L,遂报告危急值。临床立即查看病人,医生反馈患者未诉明显特殊不适,未出现低血糖症状。通知病房重抽血立刻送检,葡萄糖检测结果:4.0mmol/L。后该患者8月内三次检测血常规与血糖:13日白细胞 3.27×10<sup>9</sup>/L,血糖 3.6mmol/L;16日白细胞 3.38×10<sup>9</sup>/L,血糖 4.0 mmol/L;22日白细胞 1.82×10<sup>9</sup>/L,血糖 4.2mmol/L。

**结论** 从本例患者血常规及血糖变化中可以发现,当患者7月11日初入院时白细胞数略高于参考范围时,血糖正常;至7月30日患者白细胞跃升至 48.05×10<sup>9</sup>/L,血糖测定值极低,但通过与临床沟通,考虑为假性低血糖,而后面三次复查血常规及血糖,白细胞均处于参考范围内,而血糖亦正常或略低。引起假性低血糖常见的几个因素有白血病、真性红细胞增多症及紫绀型先天性心脏病等[1]。其中白血病与红细胞增多症因素是由于其患者血液血细胞数目增多、代谢活跃而大量消耗葡萄糖,致使血液离体后随时间推移血糖含量迅速降低

## PU-6052

## 慢性乙型肝炎外周血淋巴细胞亚群结果分析

李彬,邱盼

自贡市第四人民医院,643000

**目的** 分析慢性乙型肝炎患者与健康人外周血各淋巴细胞亚群绝对数和百分比之间的差异,寻找各淋巴细胞亚群变化与慢性乙型肝炎患者的关联,为乙型肝炎诊治提供依据。

**方法** 选取 2018 年 12 月到 2019 年 1 月在本院就诊的乙型肝炎患者 66 例,排除有代谢性肝病、肝癌、肝硬化的患者,收集紫头真空采血管(EDTA)采集的外周静脉血标本作为乙型肝炎实验组,其中男性患者 28 例,女性患者 38 例,年龄在 23 到 74 之间,平均年龄为 44 岁,男性平均年龄 42 岁,女性平均年龄 46 岁;同时收集同一时间段前来体检的健康检查者血常规标本 40 例,其中男性 20 例,女性 20 例,平均年龄 53 岁,作为正常对照组,收集 EDTA 真空采血管采集的静脉血,使用流式细胞计数仪计算各样本淋巴细胞亚群数值,并运用 SPSS 统计学软件对各数据进行处理和比较。

**结果** 经比较,在 28 例男性患者和 38 例女性患者的外周血淋巴细胞比较中,CD3+T 细胞、CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、B 细胞和 NK 细胞  $\text{sig.}>0.05$  且 P 值均大于 0.05,男性和女性患者外周血淋巴细胞分布差异无统计学意义;慢性乙型肝炎患者外周血各淋巴细胞亚群中,CD3+T 细胞、CD4+T 细胞、CD8+T 细胞和 B 细胞的绝对数都低于健康对照组,且  $P<0.05$ ,差异具有统计学意义,NK 细胞绝对数和各细胞亚型百分比的 P 值  $>0.05$ ,无统计学意义;乙型肝炎患者外周血淋巴细胞百分比的变化,乙型肝炎患者的实验组中,CD3+T 细胞的百分比值的均值稍高于正常对照组,且 P 值大于 0.05,差异不具有统计学意义,实验组中 CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、B 细胞和 NK 细胞百分数值均低于对照组,  $P>0.05$ ,差异无统计学意义,实验组 CD4+/CD8+ 的比值稍高于对照组,  $P>0.05$ ,差异也不具有统计学意义。

**结论** 慢性乙型肝炎外周血淋巴细胞亚群绝对值与慢性乙型肝炎的免疫功能状态有相关性。

## PU-6053

## HLA-B27 基因亚型与南昌汉族人群强直性脊柱炎遗传易感性的研究

余建林

南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 探讨南昌汉族人群人白细胞抗原 B27 (HLA-B27) 基因亚型在强直性脊柱炎 (AS) 的表达及亚型分析,评价其检测在临床上的应用价值。

**方法** 对南昌大学第二附属医院门诊及住院 74 例 AS 患者;65 例类风湿关节炎 (RA)、51 例腰椎间盘突出 (LIDH)、50 例脊柱结核 (ST) 和 53 例骨关节炎 (OA) 患者;40 例健康对照应用 BD FACSCalibur 流式细胞仪检测细胞 HLA-B27 抗原;聚合酶链反应-直接测序分型 (PCR-SBT) 技术对 HLA-B27 基因亚型进行分型。

**结果** ①AS 患者 HLA-B27 阳性率明显高于 RA、LIDH 和 ST 等疾病及健康对照组 ( $\chi^2=183.7$ ,  $p<0.01$ ); ②30~40 岁年龄组与其他年龄组相比较,HLA-B27 阳性人数更多 ( $\chi^2=11.85$ ,  $P<0.05$ ); ③AS 患者 HLA-B27 基因亚型以 B2704 为主 ( $\chi^2=33.47$ ,  $p<0.01$ )。

**结论** 南昌汉族人群中 AS 患者 HLA-B27 基因亚型以 B2704、B2705 为主,且 B2704 是 AS 的发病易感基因亚型 ( $p<0.01$ )。



## PU-6054

## 膀胱癌筛查新方法--科宝尿液有形成分分析仪 数字图像技术提示膀胱癌案例分享

吴康,徐健,岳展伊,周道银,刘善荣

海军军医大学附属长海医院

**目的** 通过研判尿液有形成分自动化分析专家共识并结合案例探究膀胱癌筛查的新方法,即探讨能否利用科宝尿液有形成分分析仪的数字图像技术辅助筛查膀胱癌。

**方法** 学习并总结专家共识要点:①显微镜检查是尿液有形成分检测的“金标准”。②数字图像尿液有形成分分析仪,可以直接对仪器拍摄的实景图像进行人工审核并确认。③图像审核不能满足鉴别要求时,应辅以标准的尿沉渣镜检或染色法。

找到符合专家共识要求的科宝数字图像尿液有形成分分析仪,其操作简便,图像清晰,智能识别,可以直接对拍摄的实景图像进行复核,并对其进行新应用探索,举一案例分享。

**病人资料:** 吴某,女,58岁。血尿待查,B超示膀胱占位。科宝数字图像尿液有形成分分析仪拍摄的实景图像及智能识别结果,如图1。

直接对图像进行审核确认时,发现有仪器未能智能识别的细胞及细胞团,引起检验人员高度重视,怀疑此类细胞可能为肿瘤细胞,为进一步研究分析,离心涂片镜检,如图2。同时行瑞吉染色后镜检,如图3。

**结果** 检出肿瘤细胞并及时报告临床,临床积极完善相关检查,行膀胱镜并最终病理确诊为膀胱腺癌。

**结论** 科宝数字图像尿液有形成分分析仪符合中国专家共识的要求,其直接审核图像的特点还可以快速、无创、准确辅助筛查膀胱癌,为膀胱癌筛查提供了新方法。

## PU-6055

## 冷凝集素对血细胞检测的干扰与对策

许光辉,肖丽娟

莆田学院附属医院,351100

**目的** 分析冷凝集素对血细胞测定的影响以及使用不同处理方法后的检测效果。冷凝集是血液检查中常出现的情况,血细胞一旦发生凝集,就会使检验结果出现误差,从而影响临床诊断及治疗。

**方法** 将收集的7例有冷凝集现象的支原体性肺炎患者的血常规标本,分别采用37℃水浴法、双重加温稀释法处理,并在System XN-3000全自动血细胞分析仪进行检测。与此同时,涂片染色镜检并进行冷凝集素的效价测定,确定7例均为低效价冷凝集素标本。

**结果** 冷凝集标本直接上机检测,结果为RBC检测值假性减低,平均红细胞体积(MCV)假性增高,由此造成红细胞压积(HCT)、红细胞平均血红蛋白量(MCH)和平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC)检测值假性增高,血小板计数假性减低,而白细胞和血红蛋白浓度基本保持不变。镜下观察有红细胞凝集现象。且有“RBC Agglut? Turb/HB 干扰?”等仪器报警信息。对于低效价冷凝集素标本,两种方法均可消除冷凝集素的干扰,镜检再次确认。两种处理结果分别与未处理组对比,双重加温稀释法的消除效果可能更为显著。

**结论** 37℃水浴法简单易行,但双重加温稀释法的消除效果可能更好,且该法既能够消除低温的影响,又可以降低血液中冷凝集的效价,使红细胞呈均匀悬浮状态,可作为冷凝集素较佳的消除方法。

PU-6056

## UPLC-MS/MS 检测万古霉素和去甲万古霉素 方法建立评估

白杨娟,邹远高,李壹,王晶,王兰兰

四川大学华西医院,610000

**目的** 建立测定人血浆万古霉素 (VCM) 和去甲万古霉素 (NCVM) 浓度的 UPLC-MS/MS 方法, 并对其临床应用进行初步分析。

**方法** 血浆样品经过乙腈沉淀蛋白质, 离心取上清液, 采用 Waters C<sub>18</sub> (2.1mm×50 mm, 1.7 μm) 色谱柱, 流动相为 0.1%甲酸水-乙腈 (40:60, v/v), 流速 0.3mL/min, 运行时间 1 分钟。赛庚啶作为内标, 采用电喷雾离子源、正离子多反应监测模式检测万古霉素和去甲万古霉素血药浓度。

**结果** UPLC-MS/MS 检测 VCM 和 NVCM 的专属性良好, 0-50ug/mL 范围内线性良好, 定量下限 0.05ug/mL, 日内不精密度 VCM 2.2-5.4% NVCM 0.6-5.9%, 日间不精密度 VCM 1.5-9.3% NVCM 2.6-10.2%, 准确度 VCM 92.1-100.3% NVCM 92.2-102.2%。114 例患者分析 VCM 浓度, 发现药物浓度达标率低, 药物浓度个体变异大, 剂量与药物浓度相关性差, 肌酐清除率降低 (≤80mL/min) 患者血浆万古霉素浓度显著升高。

**结论** 本研究建立了一种快速、简便、灵敏、可靠的适用于临床大样本量的血浆万古霉素和去甲万古霉素浓度检测的 UPLC-MS/MS 分析方法。血浆万古霉素药物浓度监测仍需加强以保证临床药物的合理使用。

PU-6057

## Hypoxia increases adipogenesis at the expense of osteogenesis of RA-FLS

Menglei Ding,Lieying Fan

Shanghai Dongfang Hospital Affiliated Tongji University

**Objective** Fibroblast-like synoviocytes (FLS) have been recognized to play a major role throughout the course of rheumatoid arthritis (RA), especially in bone erosion and bone loss. However, the regulation on bone formation of RA-FLS in RA was little to know. This study aimed to investigate the performance of RA-FLS on multipotential differentiation under the anoxia condition.

**Methods** RA-FLS were isolated and cultured from the synovium of RA patients. Flowcytometry was used to identify the expression of CD90, CD105 and CD73 both on RA-FLS and osteoarthritis related RLS (OA-FLS). OA-FLS were referred as control. RA-FLS and OA-FLS were cultured and induced with osteo-induced medium for 21 days under 21% O<sub>2</sub> and 3%O<sub>2</sub> condition, respectively. All the induced cells were stained with Alizarin Red to evaluate the osteogenic potential. Hypoxic effect on adipogenesis of RA-FLS and OA-FLS were assessed with oil red O staining after adipogenic differentiation for 21 days. Bioinformatical analysis was performed to figure out the key pathways and different express genes from gene expression omnibus (GEO) database. Osteogenesis- and adipogenesis-specific markers were detected with western blot.

**Results** RA-FLSs and OA-FLSs were uniformly positive for CD73, CD90, CD105 and negative for CD45. Both of RA-FLS and OA-FLS showed mesenchymal stem cell (MSC)-like phenotype. The percentages of these markers were not influenced by hypoxia. The Alizarin Red and Oil Red O staining RA-FLS and OA-FLS displayed the ability of osteogenic and adipogenic differentiation. The Alizarin Red staining of RA-FLS was weaker under anoxia condition than normoxia condition

while the Oil Red O staining was stronger. GSE21959 was downloaded from GEO database. GSEA analysis revealed VEGF pathway was the most important pathway and protein-protein interaction network proved that VEGF as hub gene which owned highest degree. After 48h hypoxic treatment, the expression of adipogenetic-specific makers (leptin) increased in RA-FLS, which in line with bioinformatical result above.

**Conclusions** RA-FLS showed similar characteristics of MSC. Hypoxia did not change the phenotype of RA-FLS, but destroyed the balance of osteogenesis and adipogenesis. RA-FLS preferred to differentiate to adipocytes instead of osteocytes. VEGF pathway may respond to this imbalance.

## PU-6058

### CD4 细胞和 HIVRNA 检测对 HIV 确诊试验 不确定患者诊疗的临床意义

黄素钦,柳丽娟  
福建医科大学孟超肝胆医院

**目的** 为了对 HIV 抗体初筛阳性而 HIV 确诊试验不确定可疑 AIDS 患者做出准确和及时判断, 现对这些患者进行 CD4 细胞和 HIVRNA 检测, 探讨这些检测对可疑 AIDS 患者诊断的临床意义。

**方法** 共有 150 例患者入组, 根据 HIV 抗体初筛结果、HIV 抗体免疫印迹试验结果分为 A 组 100 例和 B 组 50 例, 如果 HIV 抗体初筛结果和 HIV 抗体免疫印迹试验结果均为阳性即为 A 组 (AIDS 患者), 如果前者阳性而后者条带不足以判断 AIDS 即为 B 组 (AIDS 不确定患者)。对这些患者进行 HIV 抗体初筛、HIV 抗体免疫印迹、CD4 计数和 HIVRNA 检测。

**结果** 100 例 AIDS 患者中, 他们的 CD4 均 $<200/\mu\text{l}$ , HIVRNA 均 $>10^4/\text{ml}$ 。50 例 AIDS 不确定患者有 40 例患者的临床症状和流行病学调查均支持是 AIDS, 他们的 CD4 均 $<200/\mu\text{l}$ , HIVRNA 均 $>10^4/\text{ml}$ , 这些患者可以被诊断为 AIDS; 另 10 例患者的临床症状和流行病学调查均不支持是 AIDS, 他们的 CD4 均为 $>500/\mu\text{l}$ , HIVRNA 均为阴性, 这些患者可以被排除为 AIDS。

**结论** 100 例 AIDS 患者中, 他们的 CD4 均 $<200/\mu\text{l}$ , HIVRNA 均 $>10^4/\text{ml}$ 。50 例 AIDS 不确定患者有 40 例患者的临床症状和流行病学调查均支持是 AIDS, 他们的 CD4 均 $<200/\mu\text{l}$ , HIVRNA 均 $>10^4/\text{ml}$ , 这些患者可以被诊断为 AIDS; 另 10 例患者的临床症状和流行病学调查均不支持是 AIDS, 他们的 CD4 均为 $>500/\mu\text{l}$ , HIVRNA 均为阴性, 这些患者可以被排除为 AIDS。

## PU-6059

### PBL、CBL 与微课相结合的教学模式在 MBBS 教学中的 应用研究

王潇  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨以案例为基础的教学模式 (CBL) 结合问题为导向的教学模式 (PBL) 及微课在 MBBS 教学中的应用效果。

**方法** 选择 2018 年 2 月~20179 年 2 月昆明医科大学 60 名 MBBS 班级同学, 采用随机数字表法分为实验组 (30 名) 和对照组 (30 名)。对照组采用传统教学法, 实验组采取 CBL、PBL 与微课相结合的教学模式。通过理论知识, 病例分析能力和临床操作技能的考试评价教学效果, 同时采用问卷调查的方式对教学满意度进行评价。

**结果** 两组 MBBS 留学生实习前理论知识、病例分析能力和临床操作技能成绩比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 实习结束后实验组理论知识及病例分析考试成绩明显高于对照组, 差异有高度统计学意义 ( $P < 0.01$ ); 两组临床操作技能考试成绩比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。此外, 实验组在提升学习兴趣、自主学习能力、提高临床思维以及增强沟通协调能力方面的满意度高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ )。

**结论** 在实验诊断学教学中 CBL、PBL 与微课相结合的教学模式提高了教学质量, 增强了 MBBS 学生的学习主动性, 提高了临床思维能力和实践应用能力。

## PU-6060

### 布氏杆菌分离情况分析

李万翔

潍坊市人民医院, 261000

**目的** 回顾性分析我院布氏杆菌分离情况, 分析其易感因素、感染特点等。

**方法** 通过 WHONET 对 2011 年第一次发现布氏杆菌以来到 2015 年 12 月 30 日进行统计分析。

**结果** (1) 标本类型: 全血 178 株、穿刺液 4 株、切口分泌物 2 株和组织培养 1 株。

(2) 标本来源: 门诊病人分离 63 株, 门诊科室分别为: 感染性疾病科 40 株、老专家门诊 16 株、呼吸门诊 4 株, 另外变态(过敏)反应科门诊、查体中心各分离 1 株。

病房病人分离 122 株, 病房科室分别为: 感染性疾病科 56 株、风湿免疫科 15 株、呼吸内科 12 株、脊柱外科 16 株、神经科 8 株、消化科 4 株, 另外妇科、急诊、血液各分离 2 株, 泌尿、内分泌, 心内、肝胆外, 小儿内科各分离 1 株。

(3) 病人年龄分布: 0-20 岁 4 人、21-40 岁 41 人、41-60 岁 114 人、60-80 岁 26 人。

(4) 分离时间分布: 一月 7 株、二月 9 株、三月 13 株、四月 21 株、五月 22 株、六月 21 株、七月 29 株、八月 26 株、九月 16 株、十月 7 株、十一月 4 株、十二月 8 株。

(5) 疾病诊断及基础疾病情况: 以上感症状、发热头痛就诊者为 143 例占 77.3%; 以骨关节和脊柱基础疾病患者 17 例占 9.2%; 肝胆基础疾病患者 12 例占 6.5%; 其他基础疾病共 13 例 7%。

(6) 感染者性别特点: 男性感染者 136 人占 73.5%; 女性 49 人占 26.5%。

**结论** 1.通过对潍坊地区畜牧养殖特点调查, 潍坊地区布鲁氏杆菌感染率如此之高的原因为: 居民散养牲畜、无严格的养殖防疫工作、个人屠宰牲畜、生肉加工不测底, 未注意个人防护等原因。

布鲁氏杆菌主要通过血培养、穿刺液培养发现, 有较少部分侵犯组织的比例为切口分泌物甚至是组织培养发现。

病例主要来自住院病人, 多以发热就诊; 相当数量病人在经过基层医院以“感冒”治疗迁延不愈后侵犯组织、关节、脊柱等部位就诊; 少数病人在有基础疾病免疫力低下的情况下被感染而就诊。

该菌的感染的特点为: 多以青壮年、中年男性为主; 多发于春夏两季; 感染早起多以反复发热不能治愈, 以“感冒”治疗可转好但不久反复发热; 感染后期可累及脊柱、关节、甚至肝胆等组织。

针对本疫情, 如果不对居民散养家畜、宠物等及各大养殖场严格监管做好防疫工作; 如果不对病畜实行严格的消毒、隔离。如果不对病患进行严格消毒、隔离, 制定严格的治疗方案, 都将导致严重后果。

## PU-6061

### 宝鸡地区丙型肝炎患者 HCV 基因分型状况分析

王倩, 李耀妮, 赵秋剑, 王静, 张瑜兰, 岳倩

宝鸡市中心医院, 721000

**目的** 研究丙型肝炎病 (HCV) 基因分型, 了解宝鸡地区的基因分型情况。

**方法** 收集 1126 例丙型肝炎患者的血清标本, 采用 PCR-反向点杂交法对丙型肝炎进行基因分型

**结果** 1126 例丙型肝炎患者中共检出 5 种基因型, 分为 1b459 例, 2a603 例, 3a43 例, 3b16 例, 6a5 例; 对丙肝基因型与性别关系关系进行分析显示有统计学差异; 2016-2019 年各基因型患病率有一定统计学差异

**结论** 宝鸡地区患者基因型以 2a,1b 为主, HCV 基因型分布与性别有一定统计学意义( $P<0.05$ ), 且近四年患病率有一定变化趋 ( $P<0.05$ )

## PU-6062

### 广州地区 Hb Westmead 异常血红蛋白复合 $\alpha$ -地中海贫血的基因型和血液学分析

钟良英,张将,梁楚嘉,刘敏  
中山大学附属第一医院,510000

**目的** 分析血红蛋白 Hb Westmead(hemoglobin Westmead, Hb WS,  $\alpha^{WS}\alpha/\alpha\alpha$ )复合  $\alpha$ -地中海贫血患者的基因型和表现型的关系, 探讨不同基因型的 Hb WS 的血液学特征, 以指导临床诊断和遗传咨询。

**方法** 收集经血液学分析、血红蛋白分析和基因检测确诊的 Hb WS 患者 137 例和地贫基因检测为阴性的正常体检样本 63 例为对照。用 XE 4000i 血细胞分析仪进行血细胞分析, 高效液相色谱法(HPLC)进行 Hb、HbA2 和 HbF 定量检测, 用 Gap-PCR 技术检测缺失型  $\alpha$ -地贫, 并用反向斑点杂交技术检测  $\beta$ -地贫和非缺失型  $\alpha$ -地贫基因。

**结果** 137 例患者中 49 人有贫血, 其中 46 例为轻度贫血, 3 例为中度贫血。检出单纯 Hb WS 杂合子 ( $\alpha^{WS}\alpha/\alpha\alpha$ ) 98 例 (71.5%), 其次为 Hb WS 复合  $\alpha$ -地贫 36 例 (26.3%); WS 纯合子 ( $\alpha^{WS}\alpha/\alpha^{WS}\alpha$ ) 2 例 (1.2%); Hb WS 杂合子复合 Hb QS ( $\alpha^{QS}\alpha/\alpha^{WS}\alpha$ ) 1 例 (1.2%)。Hb WS 杂合子和  $\alpha^{WS}\alpha/-\alpha$  患者对表型的影响较小, 血红蛋白处于正常范围, 红细胞平均体积 (MCV) 和 (或) 红细胞平均血红蛋白含量 (MCH) 下降。Hb WS 合并  $--SEA/\alpha\alpha$  或 Hb QS 表现为 HbH 病的特征, 与  $\alpha^{WS}\alpha/-\alpha$  或 Hb WS 杂合子比较, 差异有显著的统计学意义。

**结论** Hb WS 杂合子与其它类型地贫突变合并存在时, 不同基因型组合可出现表型多样化, 在遗传咨询中需注意。另外, 对此类复合地贫仅用血红蛋白电泳很难检测出, 容易漏诊误诊, 对其确诊需要依赖基因型分析。

## PU-6063

### 安徽省滁州市第一人民医院南院区 2016 年临床分离菌的耐药性监测

谢瑞玉,谢强  
安徽省滁州市第一人民医院

**目的** 了解滁州市第一人民医院南院区 2016 常见病原菌的临床分布及耐药情况。

**方法** 采用纸片扩散法或自动化仪器进行药物敏感性实验, 按 CLSI2015 年标准判读药敏结果, 采用 WHONET 5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 2016 年共分离病原菌 1207 株, 其中革兰阳性菌 327 株, 占 27.1%; 革兰阴性菌 880 株, 占 72.9%。甲氧西林耐药金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和甲氧西林耐药凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的检出率分别为 34.3%和 80.6%。葡萄球菌属中未见万古霉素、达托霉素和利奈唑胺的耐药株。肠球菌对达托霉素、万古霉素和利奈唑胺全敏感, 屎肠球菌对大多数抗菌药物的耐药率

明显高于粪肠球菌。大肠埃希菌、克雷伯菌属(肺炎克雷伯菌和产酸克雷伯菌)和奇异变形杆菌产超广谱  $\beta$  内酰胺酶 (ESBLs) 的检出率分别为 54.5%、41.8%和 46.2%，产 ESBLs 株对大多数监测药物的耐药率均显著高于非产 ESBLs 株。铜绿假单胞菌对碳青霉烯类抗菌药物的耐药率均小于 15%。不动杆菌属细菌对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 64.8%和 67.6%。

**结论** 细菌耐药情况严重，特别是耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE)，应引起临床的高度重视，合理选用抗菌药物。

## PU-6064

### 高浓度非结合胆红素对血红蛋白测定的影响初探

贾文祥<sup>1</sup>,贾文祥<sup>1</sup>

1.山东省千佛山医院,250000

2.山东省千佛山医院,250000

**目的** 本人自工作以来，发觉高胆红素血症的病患，其血常规结果几乎都有所异常，经过文献查询发现业界有对高胆红素血症影响血常规内测定白细胞、红细胞、血小板的较深入研究，但对研究其影响血红蛋白测定较浅，故尝试从试验方面对高胆红素血症常出现的人群——新生儿入手，探究高胆红素血症对血常规测定血红蛋白的影响，且新生儿高胆红素血症以非结合胆红素升高为主，故特研究非结合胆红素对血红蛋白测定的影响。

**方法** 选定高胆红素血症诊断患儿 EDTA-K2 抗凝全血标本一份，同时调取其生化项目中胆红素数据：总胆红素 228.0 $\mu$ mol/L、未结合胆红素 276.0 $\mu$ mol/L、结合胆红素 1.0 $\mu$ mol/L 确认其为高胆红素血，初始测定该全血标本血红蛋白数值：206.0g/L，利用血浆置换方法：按 3500r/min，每次离心一分钟后用生理盐水等体积置换含高胆红素血浆，重复十二次，选取第三、六、九、十二次进行血常规检测。仪器：希森美康 XS-900i 血细胞分析仪。

**结果**第三次 213.0g/L

第六次 203.0g/L

第九次 194.0g/L

第十二次 183.0g/L (本次测定白细胞、血小板数值严重偏离原始测定，故认为结果不可信)

**结论** 希森美康 XS900i 血细胞分析仪采用 SLS 无氰化物血红蛋白测定法，利用溶血素释放红细胞内血红蛋白，并形成十二烷基月桂酰硫酸钠与血红蛋白的复合物，并于 535nm 处有最大吸收峰，从而得到血红蛋白浓度值。根据结果，初步认为通过血浆置换法，血红蛋白得到一定程度校正，故认为含未结合胆红素全血在血浆置换下，可以减少其对血常规内血红蛋白测定的影响，但也可以看出，高未结合胆红素对血红蛋白测定结果影响也并非很大，临床上并不纠结于此，鉴于平时庞大的工作量，如若皆用血浆置换法处理此类标本，恐难以进行正常工作，故建议面对此类标本时，与临床进行沟通后，于检验备注中嘱以高胆红素血，结果仅供参考予以结果发放。

## PU-6065

### 缺氧通过上调 HIF-1 $\alpha$ 表达促进卵巢癌细胞间充质转化

赵金金,焦路阳,王朝晖,莫清江,汪磊,王小方

新乡医学院第一附属医院,453100

**目的** 卵巢癌严重威胁女性健康，当前手术治疗和化疗是治疗卵巢癌的主要方法。但是手术后复发和卵巢癌的转移成为降低生存期的主要原因。间充质转化在肿瘤的侵袭及迁移过程中起到重要的作用。卵巢癌手术后的复发和间充质转化之间存在密切关系。缺氧能否诱导卵巢癌的间充质转化仍未见报道。研究缺氧是否能够诱导卵巢癌细胞间充质转化及其机理为卵巢癌的治疗提供新的候选靶点。

**方法** 以 20% O<sub>2</sub> 浓度作为正常培养, 1% O<sub>2</sub> 浓度作为缺氧, 比较在不同培养条件下 HO-8910 细胞形态变化; Transwell 实验和划痕实验比较不同 O<sub>2</sub> 浓度下细胞的迁移能力; RT-PCR 检测间充质转化分子 Vimentin、E-cadherin、SLUG、ZEB1、SNAIL 在不同 O<sub>2</sub> 浓度下 mRNA 水平; western blot 检测 Vimentin、E-cadherin、SLUG、ZEB1、SNAIL 在不同 O<sub>2</sub> 浓度下蛋白表达水平。将 HIF-1 $\alpha$  的 siRNA 导入 HO-8910 细胞, 在不同 O<sub>2</sub> 浓度条件下比较细胞形态; Transwell 实验和划痕实验比较不同 O<sub>2</sub> 浓度下细胞的迁移能力; RT-PCR 检测间充质转化分子 Vimentin、E-cadherin、SLUG、ZEB1、SNAIL 在不同氧浓度下 mRNA 水平; western blot 检测 Vimentin、E-cadherin、SLUG、ZEB1、SNAIL 在不同 O<sub>2</sub> 浓度下蛋白表达水平。

**结果** HO-8910 细胞由 20% O<sub>2</sub> 浓度下的梭型变为 1% O<sub>2</sub> 浓度下的两端伸出细长的伪足; Transwell 结果显示在缺氧状态下细胞数量为  $150 \pm 5$  个, 正常氧浓度下细胞数量为  $53 \pm 6$  个, 当将 HIF-1 $\alpha$  的 siRNA 导入细胞后缺氧状态下的细胞降到  $67 \pm 7$  个; 划痕实验显示在缺氧状态下细胞划痕的愈合速度显著快于正常氧浓度, siRNA 敲低 HIF-1 $\alpha$  的表达后划痕愈合的速度明显降低; RT-PCR 和 western blot 的结果显示缺氧时上皮细胞标记物 E-cadherin、ZEB1、Vimentin、SLUG 的表达量显著降低, 而间充质细胞标记物的表达显著升高, 在缺氧时用 siRNA 敲低 HIF-1 $\alpha$  的表达上述分子的表达能够显著逆转。

**结论** 缺氧时 HIF-1 $\alpha$  可促进卵巢癌细胞间充质转化进而促进肿瘤的侵袭和迁移, HIF-1 $\alpha$  可作为卵巢癌治疗的候选靶点。

#### PU-6066

### 中性粒细胞/淋巴细胞比值和血小板/淋巴细胞比值 对流感患者辅助诊断的意义

蒋小燕

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR)、血小板/淋巴细胞比值 (PLR) 在甲、乙型流感病毒感染患者中的临床价值。

**方法** 纳入四川省人民医院急诊 2019 年 1-2 月甲型或乙型流感病毒感染患者 307 例以及疑似流感患者 320 例, 检测甲、乙型流感病毒抗原或抗体(胶体金法), 并采集患者外周血进行血常规检测。

**结果** 流感患者组和疑似流感患者 NLR 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。Logistic 回归显示: NLR 与甲、乙型流感病毒感染相关, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); PLR 与甲、乙型流感病毒感染无明显相关性, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。ROC 分析发现: NLR 最佳截断值为 2.86, 其敏感性和特异性分别为 85.3%和 87.9%。

**结论** NLR 与甲、乙型流感病毒感染密切相关, 能为临床对甲型或乙型流感病毒感染的诊断和治疗提供新的线索

#### PU-6067

### 2821 例急性呼吸道感染住院儿童病原学流行特征分析

马瑜珊

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 探讨 2018 年绵阳地区急性呼吸道感染 (ARI) 的住院患儿的病原体流行特征。

**方法** 选取绵阳市第三人民医院 2018 年因 ARI 住院治疗的患儿 (0-14 岁) 作为研究对象, 共 2821 例。采集鼻咽部分泌物、痰标本以及血清标本进行多病原体检测。应用直接免疫荧光法检测呼吸道合胞病毒 (RSV)、流感病毒 A (IV-A) 和流感病毒 B (IV-B)、副流感病毒 1-3 型 (PIV-

1~3)、腺病毒(ADV);痰培养检测致病菌,血清学检测肺炎支原体抗体;分析各病原检出情况、不同年龄患儿各病原体检出率、各病原体季节分布及其致病情况。

**结果** 2821例急性呼吸道感染住院患儿痰培养送检2821例,送检率达100%,呼吸道病毒送检1471例,送检率52.14%,肺炎支原体抗体送检2445例,送检率86.67%。2821例患儿中有1472例至少有1种病原体检测结果为阳性,总检出率为52.18%(1472/2821),其中,病毒检出率为33.24%(489/1471),细菌检出率为22.62%(638/2821),肺炎支原体检出率为28.22%(690/2445),混合感染有11.84%。在所研究的病原体中,肺炎支原体和呼吸道合胞病毒为最常见病原体,检出率分别为28.22%(690/2445)、24.07%(354/1471);根据病原体检出率与季节关系的分析,金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌、肺炎支原体、流感病毒均在冬季检出率最高,卡他莫拉菌、呼吸道合胞病毒在秋季检出率最高,副流感病毒3型在春季好发,其余病原体呈全年散发;根据病原体检出率与患儿年龄段关系的分析,流感嗜血杆菌、金黄色葡萄球菌、呼吸道合胞病毒、副流感病毒3型均在0-1岁患儿中检出率最高,卡他莫拉菌在3-5岁患儿中检出率最高,肺炎支原体好发6-14岁儿童。

**结论** 本研究对绵阳地区2018年因急性呼吸道感染住院儿童的病原体进行分析,了解这期间该地区呼吸道病原体在儿童中的流行特征,为本地区儿童急性呼吸道感染的治疗、疾病控制和用药提供实验室依据,提高预后效果。

## PU-6068

### 凝血指标与小细胞肺癌的相关性研究

高莉丽

云南省肿瘤医院/昆明医科大学第三附属医院

**目的** 通过分析小细胞肺癌在局限期和广泛期凝血指标的变化,探讨凝血指标和小细胞肺癌的相关性。

**方法** 本研究收集2014年1月至2018年12月,经病理检查确诊为小细胞肺癌并未接受化疗的云南省肿瘤医院患者67例,健康人为正常对照组53例,分析患者治疗前的凝血指标:凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间(APTT)、纤维蛋白原(FIB)凝血酶时间(TT)。收集患者资料,包括性别、年龄、病理分析等,采用SPSS22.0统计软件分析。

**结果** 小细胞肺癌患者与对照组相比,凝血指标APTT( $P<0.05$ )和FIB( $P<0.05$ )存在差异,具有统计学意义。经二元logistic回归分析后,FIB( $P<0.01$ )是小细胞肺癌的独立危险因素,再经ROC曲线分析,FIB在小细胞肺癌的诊断中具有一定意义,且FIB在局限期的诊断价值高于广泛期。

**结论** 小细胞肺癌的凝血指标APTT和FIB与正常人相比具有显著差异,且差异具有统计学意义,故凝血指标与小细胞肺癌存在一定的相关性。

## PU-6069

### XN-9000网织红细胞参数在缺铁性贫血和地中海贫血的临床应用

谢珊珊,廖清霞

福建省龙岩市第一医院

**目的** 探讨网织红细胞(reticulocyte, Ret)参数在缺铁性贫血(iron deficiency anemia, IDA)和地中海贫血中的临床价值。

**方法** 选取2018年10月至2019年4月80例缺铁性贫血患者、90例地中海贫血患者及50例健康体检者作为研究对象,采用Sysmex-XN9000全自动血细胞分析仪检测研究对象网织红细胞百分率



(RET%)、网织红细胞绝对值(RET #)、未成熟网织红细胞比率(IRF)、低荧光强度网织红细胞百分率(LFR%)、中荧光强度网织红细胞百分率(MFR%)、高荧光强度网织红细胞百分率(HFR%)和网织红细胞血红蛋白含量(Ret-He)七项指标。

**结果** IDA 组和地贫组的 RET%、RET #、IRF%、MFR%、HFR%、Ret-He 有显著性差异( $P<0.05$ ), 且两组与健康对照组相比均有显著性差异( $P<0.05$ )。

**结论** 网织红细胞多项参数可作为临床上 IDA 和地中海贫血筛查和鉴别的良好指标。

## PU-6070

### 基于 G 四链体结构的比色法在巨细胞病毒 DNA 检测中的应用

陈敏<sup>1,2</sup>, 王文强<sup>1</sup>, 林煦晨<sup>2</sup>, 李祥辉<sup>1</sup>, 吴娟<sup>1,2</sup>, 杨秀霖<sup>1</sup>

1. 福建医科大学, 350000

2. 福建医科大学附属协和医院, 350000

**目的** 设计一种基于 G 四链体结构比色法检测巨细胞病毒 DNA 巢式 PCR 产物的方法, 并评价该方法的性能。

**方法** 首先设计扩增巨细胞病毒的特异性引物, 在第二次扩增用的引物的 5'端添加一段悬挂序列, 在 DNA 扩增中该序列会被作为模板进行扩增形成一段特异的序列, 该序列再与后来加入的分子信标结合, 使分子信标的发夹结构打开, 形成 G 四链体结构, 该结构具有类过氧化物酶的活性, 可以直接催化底物显色。

**结果** 成功地将巢式 PCR 法与 G 四链体结构模拟过氧化物酶的方法相结合, 实现了对巨细胞病毒 DNA 扩增结果的比色检测。实验条件优化如下: PCR buffer 优化为含有 400mM NaCl, 放弃用不对称 PCR 来进行扩增, 选用较长的悬挂端来进行实验, 将比色反应的总时间优化为 30min, 发现 G 四链体结构在分子信标的 5'或 3'端并不会影响实验结果, 灵敏度可到 82.1 copies/ml, 特异度良好, 批内 CV=5.41%, 批间 CV=5.62%。

**结论** 基于 G 四链体结构的比色法可用于检测巨细胞病毒巢式 PCR 产物, 该方法具有灵敏度高、特异度强、重复性好、方便快捷的优点。

## PU-6071

### 胶乳增强免疫比浊法检测抗可提取性核抗原抗体的性能评估

秦艳, 罗静

山西医科大学第二医院, 030000

**目的** 评价胶乳增强免疫比浊法(PETIA)检测抗可提取性核抗原(ENA)抗体的临床性能, 并与目前常用的免疫印迹法(LIA)进行比较。

**方法** 于 2018 年 5 到 7 月收集山西医科大学第二医院 606 份血清样本并进行分析, 通过 PETIA 和 LIA 两种方法同时测定抗干燥综合征 A 抗原抗体(Anti-SSA)、抗 Sm/RNP 抗体(Anti-Sm/RNP)、抗干燥综合征 B 抗原抗体(Anti-SSB)、抗 Sm 抗体(Anti-Sm)和抗 U1-snRNP 抗体(Anti-U1RNP)。评价 PETIA 检测各抗体的敏感性、特异性, PETIA 与 LIA 的一致性, 同时以 LIA 为参比方法绘制受试者工作特征(ROC)曲线, 通过曲线下面积(AUC)分析其准确性。

**结果** 与 LIA 相比, PETIA 检测抗-SSA、SSB 和 Sm 的敏感性分别为 100.00%、88.89%和 90.00%, 抗-Sm/RNP 和 U1-snRNP 分别为 75.00%和 70.59%; 其检测抗-Sm/RNP、SSB、Sm 和 U1-snRNP 特异性高, 分别为 97.87%、98.90%、97.80%和 94.68%, 而抗-SSA 特异性为

81.52%。PETIA 和 LIA 检测抗-Sm/RNP、SSB 和 Sm 抗体具有良好的一致性( $\kappa>0.75$ ),  $\kappa$  系数分别为 0.776 ( $p<0.001$ )、0.901 ( $p<0.001$ )和 0.841 ( $p<0.001$ ), 抗-SSA 和 U1-snRNP 的一致性一般( $0.50<\kappa<0.75$ ),  $\kappa$  系数分别为 0.731 ( $p<0.001$ )和 0.685 ( $p<0.001$ )。以 LIA 为参比方法绘制 ROC 曲线, 结果显示两种方法在检测抗-SSA,Sm/RNP,SSB,Sm,U1-snRNP 有良好的准确度, 其 AUC 分别为 97.2% (95% CI:0.941-1.000)、82.8% (95% CI:0.715-0.941)、98.6%(95% CI:0.967 -1.000)、91.2%(95% CI:0.763-1.000)和 82.9%(95% CI:0.731-0.928)。

**结论** PETIA 检测 ENA 抗体的结果与 LIA 具有可比性, 且具有检测时间短、结果定量、通用性强等优点。故 PETIA 能较好地满足 ENA 抗体定量检测的需求。

## PU-6072

### 耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌耐药基因分析

赵明才<sup>1</sup>,刘芮<sup>2</sup>

1.遂宁市中心医院,629000

2.川北医学院检验系

**目的** 通过分析临床分离鲍曼不动杆菌耐药性与耐药基因检出情况, 探讨我院感染耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌的耐药机制, 为临床合理用药提供参考。

**方法** 选择 2015 年临床分离非重复鲍曼不动杆菌 58 株, 根据临床药敏试验分成碳青霉烯类耐药组 (40 例) 和敏感组 (18 例), 采用 PCR 扩增技术检测 OXA-23、OXA-51、VIM-2、AmpC 基因的携带情况, 利用琼脂糖凝胶电泳初步鉴定, 同时选取部分扩增产物测序鉴定, 比较其在耐药组与敏感组中的分布差异。

**结果** 58 株鲍曼不动杆菌中, 对碳青霉烯类药物 (亚胺培南) 耐药率为 68.97%, 在耐药组 (敏感组) 基因检出率依次为 OXA-23 97.5% (77.8%), OXA-51 100% (61.1%), AmpC 100% (88.9%), 未检出 VIM-2; 统计学分析结果显示在碳青霉烯类药物耐药组与敏感组中比较差异均有统计学意义。

**结论** 我院临床分离鲍曼不动杆菌碳青霉烯类药物耐药情况比较严重, 基因 OXA-23、OXA-51、AmpC 在介导鲍曼不动杆菌碳青霉烯类耐药性形成中发挥重要作用。

## PU-6073

### Sysmex UF-1000i 全自动尿液分析仪与显微镜镜检管型检测比对分析

王金华

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 观察 Sysmex UF-1000i 全自动尿沉渣分析仪检测尿液中管型的灵敏度和特异性, 并分析管型检测的影响因素。

**方法** 随机选择 2000 例患者新鲜尿液标本进行检测, 观察尿蛋白和管型 (CAST) 的检测结果, 以显微镜镜检为标准, 对结果进行分析。

**结果** 2000 例尿液标本中, 蛋白阳性 270 例, 提示 CAST 阳性者 153 例, 114 例为真阳性, 39 例为假阳性, 即假阳性率 33.2%; 39 例为假阴性, 即假阴性率 25.5%; 蛋白阴性标本 1730 例, 其中 265 例提示 CAST 阳性, 均为假阳性, 1465 例未提示 CAST 阳性, 显微镜镜检也未发现管型, 即不存在假阴性。蛋白阳性与蛋白阴性的 CAST 的阳性率与阴性率差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), UF-1000i 全自动尿沉渣分析仪检测管型的总体假阳性率 16.5%, 假阴性率 33.3%, 灵

敏度 66.7%，特异性 83.50%。分析 UF-1000i 检测管型的影响因素主要是黏液丝、上皮细胞、结晶、红白细胞团等。

**结论** UF-1000i 尿沉渣分析仪对于管型的检测只能用于初筛，对于提示管型阳性时，必须进行显微镜镜检，并对管型分类、计数，为临床提供准确的信息。

## PU-6074

### 低氧通过非 PPAR $\gamma$ 依赖通路促进类风关成纤维细胞的成脂分化能力

丁梦蕾

上海市东方医院（同济大学附属东方医院）

**目的** 类风湿关节炎（Rheumatoid Arthritis, RA）患者骨量减少，骨生成不足，骨质受损且难以修复是目前临床的治疗痛点，脂肪细胞的分化成熟与增加也是造成骨损伤和骨量减少的主要原因。本文探索 RA 关键病变细胞类风关成纤维样滑膜细胞（Rheumatoid Arthritis Fibroblast-like Synoviocytes, RA-FLS）在缺氧下的成脂生成能力，旨在探索 RA 患者骨生成不足与脂肪分化的关系。

**方法** 从行关节置换术的 RA 患者病变关节组织分离培养得到 RA-FLS，体外模拟 RA 缺氧的微环境（3%O<sub>2</sub>）培养 RA-FLS，对 RA-FLS 进行流式分析检测 CD90，CD105，CD73 的表达。通过成脂定向诱导培养基，将 RA-FLS 分别定向诱导为脂肪细胞并进行油红 O 染色鉴定 RA-FLS 的成脂分化能力、通过生物信息学分析结合蛋白印迹，筛选并验证调控 RA-FLS 成脂分化的关键通路。

**结果** RA-FLS 具有间充质干细胞的特征，高表达 CD73，CD90 和 CD105，能够向脂肪细胞分化成熟。RA 特有的低氧微环境促进细胞向成脂细胞分化，脂肪细胞成熟标志 Leptin 的 mRNA 与蛋白水平明显上升，但成脂特征转录分子 C/EBP $\alpha$  与 PPAR $\gamma$  在缺氧刺激后明显下降。生物信息学分析结果显示 APLN、FABP4 等脂肪分化调控分子的表达明显高于骨关节炎（Osteoarthritis, OA）患者。

**结论** RA-FLS 应答低氧刺激通过非 PPAR $\gamma$  依赖的脂肪细胞成熟经典途径向脂肪细胞分化能力增强，可能是间接造成 RA 患者骨生成减少的原因之一。

## PU-6075

### 少见细菌一例 Terrisporobacter glycolicus

许前进

淄博市中心医院,255000

**目的** 少见治病菌种 Terrisporobacter glycolicus1 例报告

近年来，由于质谱仪的广泛应用，发现了一些过去难以发现的少见细菌种类。现将我们发现的 Terrisporobacter glycolicus 报告如下：

患者，女，89 岁。一月前因重度贫血，低钠血症，低钾血症，低氯血症入院，患者近六天来无明显诱因出现咳嗽，有黄粘痰，不易咳出，偶有全身大汗，未监测体温，无鼻塞，流涕，咽痛，口角疱疹，头痛，无，全身肌肉酸痛，无呼吸困难，意识模糊，紫绀，无胸痛，乏力，无烦躁，面色苍白，四肢厥病程中伴有腹部疼痛，部位及性等其它不适，不明原因左手中指指环及小指伴紫绀，伴疼痛入院，抽血检查血液培养需氧厌氧双侧双瓶，经厌氧培养培养三天报阳性，经质谱仪检测，结果为 Terrisporobacter glycolicus 菌种。

讨论 *Terrisporobacter glycolicus* 菌种临床报道较少。且为血培养检测报阳性，较有临床价值，同时因次菌种位少见菌种，临床药敏结果未有统一，故有讨论价值，先报到我微生物是病例一例。

参考文献：临床微生物学

方法 质谱仪检出

结果 少见细菌一例

结论 临床报道少见细菌一例

## PU-6076

### 环介导等温核酸扩增技术检测呼吸道感染肺炎克雷伯菌方法的建立及初步应用

司玉莹

上海市东方医院（同济大学附属东方医院）

**目的** 建立环介导等温核酸扩增（LAMP）技术检测呼吸道感染常见细菌肺炎克雷伯菌（以下简称 KP）的方法，分析 LAMP 检测结果，与细菌培养法、一代测序结果进行比较，评估检测体系并初步临床应用。

**方法** 收集 2018 年 5 月至 2018 年 11 月上海市东方医院呼吸道感染患者痰液样本 248 例，248 例痰液细菌培养剩余样本经 4%NaOH 液化、提取核酸。设计针对 KP 的 LAMP 引物，进行 LAMP 检测，检测结果与传统的细菌培养法、一代测序结果进行比较。

**结果** 248 例痰液样本经检验科微生物室细菌培养鉴定，其中 KP 单一阳性样本 95 例、KP 合并其他细菌多重感染样本 35 例、非 KP 阳性样本 118 例。LAMP 方法检测 248 例结果与细菌培养法比较，KP 阳性符合率为 93.84%，阴性符合率为 65.25%。分析不一致结果，KP 阳性组（单一阳性与 KP 合并其他细菌多重感染组），LAMP 方法 8 例阴性，但非 KP 阳性组，LAMP 有 41 例结果为阳性。采用一代测序鉴定，发现上述 LAMP 方法阴性的 8 例样本中 5 例 KP 阳性、3 例阴性，同时上述 41 例 LAMP 检测阳性标本中有 37 例一代测序为阳性。为了进一步评价 LAMP 方法的可靠性，除上述不一致样本 49 例，另随机选择一致样本 82 例进行一代测序，结果显示 64 例一代测序 KP 阳性样本，LAMP 方法全部阳性，18 例阴性样本中 LAMP 方法检出 17 例阴性、1 例阳性。

**结论** LAMP 方法与细菌培养法符合率高，具有更高的准确性，灵敏度高，特异性强，技术简便，反应省时，可以作为肺炎克雷伯菌的快速检测方法。

## PU-6077

### 脂蛋白 a 与新疆维、汉族冠心病患者相关性研究

苏欣

石河子大学医学院

**目的** 调查脂蛋白 a 与维吾尔族和汉族冠心病患者的相关性。

**方法** 选取 2017 年 12 月—2018 年 3 月在石河子大学医学院第一附属医院住院，并行冠脉造影确诊冠心病的 292 例患者，其中维吾尔族 88 例（30.14%），汉族 204 例（69.86%），收集患者一般临床资料，入院后采集次日清晨空腹静脉血脂蛋白 a 及其他生化指标，并结合病变程度分析与脂蛋白 a 的相关性。

**结果** ①一般临床资料的比较：维吾尔族冠心病患者的年龄较轻，多有饮酒史、血运重建病史，多合并高血压、糖尿病等情况，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。②血脂水平和患病相关性的分析：

维吾尔族较汉族冠心病患者脂蛋白 a 水平高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。③多因素 Logistic 回归分析: 年龄、高血压、糖尿病、脂蛋白 a、血运重建、是维吾尔族冠心病的独立危险因素, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 脂蛋白 a 是维吾尔族冠心病患者的独立危险因素, 较汉族冠心病患者, 可以作为更强的预测因子。

## PU-6078

### 长春地区高龄孕妇糖化血红蛋白正常参考区间的建立 以及在妊娠期糖尿病中的诊断价值

武婧, 王吉峰, 高艺航  
吉林大学第二医院, 130000

**目的** 建立长春地区高龄孕妇糖化血红蛋白 (HbA1c) 正常参考区间, 并探讨 HbA1c 在高龄孕妇妊娠期糖尿病 (GDM) 筛查中的价值。

**方法** 回顾性分析 2014 年 1 月至 2019 年 1 月在吉林大学第二医院产科产前检查时年龄  $\geq 35$  周岁的孕妇, 筛查出 GDM 患者 271 例, 随机抽取同期正常孕妇 300 例为对照组。分别采用己糖激酶法检测血糖、高效液相色谱法检测 HbA1c。将 GDM 患者按葡萄糖耐量试验 (OGTT) 3 个检测结果 (空腹血糖、1 h 葡萄糖、2 h 葡萄糖) 的异常个数分别分组, 其中 1 个结果异常者 160 例、2 个结果异常者 70 例、3 个结果异常者 41 例, 分别比较各组 HbA1c 水平。各项目之间的相关性采用 Pearson 相关分析。采用受试者工作特征 (ROC) 曲线及 Logistic 回归分析评价 HbA1c 诊断 GDM 的价值。

**结果** 与对照组比较, GDM 组 HbA1c 水平明显升高 ( $P<0.05$ )。在 GDM 患者中, OGTT 3 个结果异常者 HbA1c 水平明显高于 2 个结果异常者和 1 个结果异常者 ( $P<0.05$ )。相关性分析显示, HbA1c 与空腹血糖呈明显正相关。ROC 曲线分析显示, 高龄孕妇 HbA1c 的 95% 医学参考区间为 4.69% - 6.52%。当 HbA1c 诊断界值为 5.85% 时, 诊断 GDM 的敏感度为 48.0%, 特异度为 86.5%, 阳性预测值为 66.1%, 阴性预测值为 65.9%, 此时的 AUC 最大, 为 0.865。

**结论** HbA1c 检测对辅助诊断高龄孕妇妊娠期糖尿病有重要价值。

## PU-6079

### Evaluation of a Micro/nanofluidic Chip Platform for the High-throughput Detection of Bacteria and their Antibiotic Resistance Genes in Post-neurosurgical Meningitis

Guojun Zhang, Guanghui Zheng, Yan Zhang, Ruimin Ma, Xixiong Kang  
Beijing Tiantan Hospital, Capital Medical University

**Objective** Post-neurosurgical meningitis (PNM) is one of the most severe hospital-acquired infections (HAI) worldwide, and a large number of pathogens, especially those possessing multi-resistance genes, are related to these infections.

**Methods** Existing methods for detecting bacteria and measuring their response to antibiotics lack sensitivity and stability, and laboratory-based detection methods are inconvenient, which require at least 24 h to complete. Rapid identification of bacteria and the determination of their susceptibility to antibiotics are urgently needed, in order to combat the emergence of multi-resistant bacterial strains. In this study, we evaluated a novel, fast, and easy-to-use micro/nanofluidic chip platform (MNCP), which overcomes the difficulties of diagnosing bacterial

infections in neurosurgery. This platform can identify 10 genus or species targets and 13 genetic resistance determinants within 1 h, and it is very simple to operate. A total of 108 bacterium-containing cerebrospinal fluid (CSF) cultures were tested using the MNCP for identifying bacteria and determinants of genetic resistance.

**Results** The results were compared to those with conventional identification and antimicrobial susceptibility test methods. Among the 108 CSF cultures, the concordance rate between the MNCP and the conventional identification method was 94.44%, and 6 species attained 100% consistency. For the production of carbapenemase- and extended spectrum beta lactamase- (ESBL-) related antibiotic resistance genes, both the sensitivity and specificity of the MNCP tests were high (> 90.0%) and could fully meet the requirements of clinical diagnosis.

**Conclusions** In conclusion, the MNCP is fast, accurate, and easy to use, and has great clinical potential in the treatment of post-neurosurgical meningitis.

## PU-6080

### Performance evaluation on quantum dot-labelled immunoassay reagent for lipoprotein-associated phospholipase A2

Tian Cai<sup>1</sup>, Yongping Lin<sup>2</sup>, Qiang Zhou<sup>3</sup>

1. Nanhai Hospital Affiliated to Southern Medical University
2. The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University
3. The Second Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** This study aimed to evaluate the performance of quantum dot-labelled immunoassay reagent for lipoprotein-associated phospholipase A2 (Lp-PLA2) and to determine whether its performance met clinical requirements. Whether the quantum dot-labelled immunoassay reagent could accurately detect plaque stability in atherosclerosis patients was also evaluated.

**Methods** The inter-day and within-day precision values were determined for the reagent, along with the limit of quantification and linear range.

**Results** Both the inter-day and within-day precision values of the reagents were less than 10%, which satisfied the requirement for fast detection. The limit of quantification was 35.1 ng/ml, and the linear range was 35.1 ng/mL – 784.3 ng/mL. This quantum dot-labelled immunoassay reagent was used to determine serum Lp-PLA2 in apparently healthy individuals and atherosclerosis patients with unstable plaques. The results demonstrated the applicability of this reagent in determining plaque stability of atherosclerosis patients.

**Conclusions** Quantum dot-labelled immunoassay reagent for Lp-PLA2 exhibited excellent performance and evaluated plaque stability accurately in atherosclerosis patients. This method proved to be valuable for risk evaluation in atherosclerosis patients.

## PU-6081

### 凝血酶原时间测定试剂复溶稳定性研究

赵太强

四川省人民医院, 610000

**目的** 试剂稳定性与检测结果准确性密切相关, 为保证凝血检验的结果准确可靠, 本研究选取我室凝血工作中发现的相对不稳定试剂-凝血酶原时间 PT 试剂 Thromborel S (Siemens), 比较复溶方式、时间对检测结果的影响程度, 探讨其复溶稳定性, 为日常检验工作及全面质量控制提供数据支持。

**方法** PT 试剂恢复室温后, 按三种方法配置 (A, 溶解后室温低速震荡混匀 30 分钟, 置于 4℃冰箱过夜; B, 溶解后立即放置于 37℃水浴锅 45 分钟; C, 溶解后室温低速震荡混匀 30 分钟立即使用), 其中 B 方法为试剂说明书推荐方法, 同时放入 Sysmex CS-5100 全自动凝血分析仪待用; 取四川省凝血室间质评物一套 5 个水平按要求复溶, 再随机选取 5 份新鲜血浆, 立即上机分别使用 A、B、C 三瓶试剂检测 PT。试剂一直置于检测仪器, 新鲜血浆加盖置于常温, 室间质评物每个检测时间新鲜配置, 均复溶 15 分钟后立即检测。选取的检测时间点为试剂放入仪器后的 0、1、2、3、4、6、8、12、24、48 小时。

**结果** 新鲜血浆放置 24 小时后, 3 瓶试剂检测结果均显著延长, 故使用质评物继续后面时间点试验。新鲜血浆及质评物结果均显示, 方法 A 和 B 配置的 PT 试剂, 在放置 48 小时后检测 10 份标本结果与 0 小时无显著差异 ( $p>0.05$ ), 但使用方法 C 配置的 PT 试剂, 在 6 小时以后的检测结果与 0 小时结果相比差异显著 ( $p<0.05$ )。

**结论** 按方法 A 和 B 复溶的 Siemens 凝血酶原时间 PT 试剂 Thromborel S, 放置于 Sysmex CS-5100 仪器 48 小时内稳定性好, 检测结果一致可靠; 考虑到说明书推荐方法 B 在实际工作中不方便操作, 我们使用方法 A, 即溶解后室温低速震荡混匀 30 分钟、置于 4℃冰箱过夜为本室 PT 试剂的复溶方法, 可有效保证标本检测结果的准确性。

## PU-6082

# Establishment of a rapid and simple liquid chromatography tandem mass spectrometry method for measuring aldosterone in urine

Yicong Yin

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academic Medical Science and Peking Union Medical College

**Objective** Aldosterone (ALD) measurement plays a critical role in screening and diagnosis of primary aldosteronism. A variety of liquid chromatography tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) methods for serum ALD have been developed. However, the few LC-MS/MS methods for 24 h urinary ALD that have been reported require tedious sample pretreatment procedure. This study aimed to establish a novel method for quantification of ALD in urine by LC-MS/MS.

**Methods** Urine samples from study participants were hydrolyzed and subjected to anion exchange solid phase extraction (SPE) followed by the detection of eluates by the negative electro-spray ionization and multiple reaction monitor modes. The established method was compared with two CLIA methods and 114 participants (M:39, F:75) were recruited to study the distribution of urinary ALD in an apparently healthy population.

**Results** The pretreatment time was reduced to 4 h and the total run time for each sample was 4.5 min. The linearity of the method was in the range of 2–2000 pg/mL ( $r > 0.999$ ); within laboratory coefficient variation (CV) and repeatability were both  $< 5\%$  and recovery was within  $100\% \pm 10\%$ . The established method showed good consistency with two CLIA methods with the correlation coefficients of 0.993(DiaSorin) and 0.980(Auto), respectively. In the 114 apparent healthy individuals, urinary ALD was 0.74–17.09  $\mu\text{g}/24 \text{ h}$  (P2.5–P97.5).

**Conclusions** The method showed an excellent performance of the method, prompting us to conclude that this method may be adopted in the clinic for routine testing and analysis of ALD in urine samples.

## PU-6083

## 血栓弹力图在患儿凝血功能检测中的应用进展

郭凯

中国人民解放军总医院

**目的** 凝血系统形成了 1 个复杂的动态平衡机制,这对维持机体稳态至关重要。

**方法** 新生儿及儿童生理性凝血与成人亦有所不同,新生儿常出现常规凝血试验指标异常。但其和临床症状之间的关系,如血栓形成或出血风险相关性依然不明确。

**结果** 人们对新生儿和儿童凝血功能的认识仍旧不足。血栓弹力图(thromboelastography,TEG)是血凝块形成动力学的描计图,能够反映血栓形成及降解的凝血过程全貌,属于血液流变学检测,一定程度上弥补了传统常规凝血试验的不足,

**结论** 评估患儿的凝血功能提供了有力保障。且相对常规凝血试验检查,TEG 所需标本量小,适用于对儿科患者凝血状态的评估。

## PU-6084

## 近三年川中地区鲍曼不动杆菌临床分布及耐药变迁

赵明才<sup>1</sup>,林芳<sup>1</sup>,刘亮华<sup>2</sup>,刘家瑞<sup>1</sup>,黎昆<sup>1</sup>,刘海波<sup>1</sup>

1.遂宁市中心医院,629000

2.川北医学院检验系

**目的** 分析川中地区临床分离鲍曼不动杆菌的分布特点和耐药变迁,为该菌所致感染性疾病的有效防治提供实验室依据。

**方法** 分析 2015 年 1 月至 2017 年 12 月临床各科室送检标本中鲍曼不动杆菌的检出情况、分布特点和药敏试验。

**结果** 近三年鲍曼不动杆菌分离率分别是 1.5% (297)、0.8% (274) 和 0.4% (165)。736 株鲍曼不动杆菌主要分离自呼吸道痰标本(64.3%), 其次为脓液(7.5%), 其他标本检出率较低。鲍曼不动杆菌以呼吸中心检出率最高(21.1%), 其次为神经外科(15.1%), 内科的检出率高于外科。2015 年 1 月至 2017 年 12 月耐药率总体呈上升趋势, 其中头孢哌酮 / 舒巴坦的耐药率上升显著, 米诺环素有所下降; 除氨曲南、头孢唑林、头孢替坦和头孢曲松天然耐药外, 其它头孢类、氨基糖苷类和喹诺酮类 (除左氧氟沙星外) 抗菌药物的耐药率大多在 70% 以上。

**结论** 川中地区鲍曼不动杆菌分离率有下降趋势, 但仍然是临床常见致病菌, 科室分布广泛, 耐药率高, 临床治疗应根据药敏结果选择合适的抗菌药物。

## PU-6085

## 患者数据质控

陈晓婷

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 探讨各种患者数据质控摘要的方法, 弥补传统质控的缺陷。

**方法** 正态均值法通过计算一组连续患者结果的平均值来确定特定分析的 AON。患者人群应尽可能接近“正常”或“健康”人群, 例如来自健康筛查人群。然后将该平均值与预先确定的总体平均值和控制限进行比较。与 AON 相比, 移动均值法不断重新计算, 因此产生新的符合条件的患者分析物结果, 将其添加到移动平均值中, 并删除之前使用的 n (块大小) 样本的最早患者结果。由模拟退火算法确定的协议比使用 SDR 建立的协议更快速 (较低的 ANPED) 检测到诱导的 SE 条件, 在偏态



总体分布中观察到最大的差异。指数调整加权移动平均数 (eamm) 和趋势法本质上是对布尔算法的概括。移动中值法也被用来监测分析性能。离群值移动法可以设置基于人口分布的限制。在持续变化等于或大于临界偏差的情况下, 阳性患者比例会增加。随着时间的推移, 患者阳性结果的移动总数将超过控制限。另外还有参考间隔异常值的百分比、患者移动标准差等。

**结果** 各种方法各有一定的优点, 可以弥补传统质控的缺陷。

**结论** 患者数据质控是传统质控的很好补充。

## PU-6086

### 重症监护室临床病原菌的分布及耐药分析

任方芳

四川省人民医院,610000

**目的** 了解我院 ICU、急诊 ICU、儿科 ICU、新生儿 ICU、呼吸科 ICU 临床分离病原菌的分布特点及耐药情况, 为临床合理选用抗菌药物提供依据。**方法** 收集 2017 年 1~12 月各 ICU 临床标本中分离的病原菌, 采用 VITEK2-compact 全自动微生物分析仪进行细菌鉴定和药敏试验。按美国临床和实验室标准协会(CLSI)2017 年版标准判断结果, 应用 WHONET 5.6 软件进行统计和分析。

**方法** 收集 2017 年 1~12 月各 ICU 临床标本中分离的病原菌, 采用 VITEK2-compact 全自动微生物分析仪进行细菌鉴定和药敏试验。按美国临床和实验室标准协会(CLSI)2017 年版标准判断结果, 应用 WHONET 5.6 软件进行统计和分析。

**结果** 2017 年我院 ICU 病区共分离病原菌 1413 株, 其中革兰阴性菌 1081 株, 占 76.5%, 革兰阳性菌 332 株, 占 23.5%; 分离率居前五位的病原菌分别是鲍曼不动杆菌 (16.4%)、肺炎克雷伯菌 (13.2%)、大肠埃希菌 (11.4%)、金黄色葡萄球菌 (11.1%)、铜绿假单胞菌 (5.9%)。其中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)检出率为 36.9%, MRSA 对氨基糖苷类、喹诺酮类抗菌药呈多重耐药, 耐药率均>80.0%, 而对大环内酯类药耐药率<50.0%; 未发现耐万古霉素和利奈唑胺的金黄色葡萄球菌; 产 ESBLs 大肠埃希菌及肺炎克雷伯菌的检出率分别为 52.8%和 37.6%; 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对厄他培南、阿米卡星、头孢替坦、亚胺培南保持较高的敏感性, 耐药率均低于 10%; 大肠埃希菌对氨曲南、环丙沙星、庆大霉素、复方新诺明的耐药率明显高于肺炎克雷伯菌; 大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对亚胺培南的耐药率分别为 0.6%和 1.6%; 鲍曼不动杆菌对常用抗菌药物的耐药率达 60.0%以上, 对亚胺培南的耐药率为 85.9%; 铜绿假单胞菌对临床常用的有抗假单胞菌活性的药物, 如头孢他啶、哌拉西林 / 他唑巴坦、头孢吡肟、喹诺酮类及氨基糖苷类抗菌药物耐药率均<40.0%, 对阿米卡星有高度敏感性 (耐药率为 2.5%)。

**结论** 我院 ICU 病原菌来源以金黄色葡萄球菌、多重耐药的鲍曼不动杆菌、产 ESBLs 的肺炎克雷伯菌为主, 多重耐药现象较为严重。开展多重耐药菌的主动筛查, 加强手卫生管理, 对指导临床合理使用抗生素, 降低医院感染率和控制细菌耐药性有重要意义。

## PU-6087

### 不同抗凝剂及保存时间的全血测定 HbA1c 结果分析

朱东东

平煤神马医疗集团总医院

**目的** 探明糖尿病患者的 HbA1c 测定, 用不同抗凝剂以及在同一标本在 4℃条件下保存多长时间测定结果仍然可靠。

**方法** 严格按照临床标本采集手册要求以及 HbA1c 检测的标准操作流程, 使用不同抗凝剂并分别在规定时间内测定 25 例标本, 观察所得数据是否落在均值的 95%的可信区间内。

**结果** 使用 3 种抗凝剂抗凝的全血测定 HbA1c 结果均无差异( $P$  均  $>0.05$ ); 采血后 30min 及  $4^{\circ}\text{C}$  条件下保存至第 2、4、8、16 天测定 HbA1c 结果无差异。

**结论** EDTA—K<sub>2</sub>、枸橼酸钠(1:4)、枸橼酸钠(1:9)抗凝全血的测定结果分析表明其均可作为临床上 HbA1c 测定的抗凝剂,测定结果无差异。因此,某些检查项目可合用一管,减少了患者的采集次数;通过将 3 种抗凝全血保存于  $4^{\circ}\text{C}$  条件下,不同时间测定与采样 30min 后测定 HbA1c 的结果比较表明:3 种抗凝剂的抗凝全血保存时间可达到 16 d,不影响测定结果。

## PU-6088

### 儿童咽拭子和血清中 EB 病毒核酸检测结果的对比分析

赵昕峰,周俊,陈东,叶萃英,吴亦栋  
杭州市儿童医院

**目的** 探讨患儿咽拭子、血清标本的 EBV 核酸(EBV-DNA)检出率及载量的异同对传染性单核细胞增多症的诊断价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2019 年 4 月 358 例疑似 EB 病毒感染患儿为研究对象,采集血液标本及咽拭子并进行实时荧光定量 PCR(FQ-PCR)和酶联免疫吸附法(ELISA)分别检测血清、咽拭子 EBV-DNA 和 4 项抗体(抗衣壳抗原 IgM 抗体 VCA-IgM,抗衣壳抗原 IgG 抗体 VCA-IgG,抗早期抗原 IgM 抗体 EBNA-IgM,抗核心抗原 IgG 抗体 EBNA-IgG),并对其结果进行统计学分析。

**结果** 358 份标本咽拭子 EBV-DNA 检测阳性 121 份(阳性率 33.80%),血清 EBV-DNA 检测阳性 86 份(阳性率 24.02%),VCA-IgM 阳性 102 份(阳性率 28.49%),咽拭子 DNA 检测阳性率与血清 EBV-DNA 检测阳性率间的比较差异有统计学意义( $\chi^2=8.235$ ,  $P<0.01$ )。IM 最常见的血清学抗体模式为“VCA-IgM 阳性”(占 45.0%)和“VCA-IgM 和 VCA-IgG 阳性”(占 20.0%)。不同抗体模式下咽拭子 EBV-DNA 和血清 EBV-DNA 检出率的差异无统计学意义( $P>0.05$ ),但 DNA 载量的差异有统计学意义( $P<0.01$ )。120 例 IM 患者咽拭子标本中 EBV-DNA 载量为 7000 拷贝/ml,显著高于血清中的载量 1000 拷贝/ml,差异有统计学意义( $P<0.01$ )。Spearman 相关性分析显示 IM 患者中咽拭子和血清 EV-DNA 载量无相关性,  $p>0.05$ 。

**结论** 对于 EB 病毒感染的诊断与监测,不同标本的检测结果有所差异。联合咽拭子、血清 EBV-DNA 及血清抗体检测可提高 IM 阳性检出率,可为临床提供更多的病原学诊断及治疗依据。

## PU-6089

### 189 株无菌部位白色念珠菌的药敏变迁分析

刘秘  
潍坊市人民医院,261000

**目的** 回顾分析本院近五年分离自无菌部位的白色念珠菌的临床分布情况及其对 5 种常用抗真菌药物的敏感性变化。

**方法** 收集本院 2014 年至 2018 年分离自尿液、分泌物、穿刺液等无菌部位的白色念珠菌,采用科玛嘉显色培养基和 VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定系统鉴定筛选出白色念珠菌,用 ATB 药敏板条进行药敏试验。

**结果** 189 株白色念珠菌株主要来自泌尿外科、ICU 及神经内科,标本类型主要为尿液及分泌物。药敏检测 MIC 值(最小抑菌浓度)发现,白色念珠菌对两性霉素 B 的五年敏感率均为 100%,三种唑类药物 2015 至 2017 年其敏感率较高( $>83\%$ ),2017 年均出现下降趋势(73%~80%)。另外,由于 5-氟胞嘧啶无具体的药敏判定标准,在此次白色念珠菌药敏结果中, MIC 值  $\leq 4\text{mg/L}$  者 187 株,占 98.94%。

**结论** 白色念珠菌对两性霉素 B 联合 5-氟胞嘧啶敏感性最高，氟康唑及伏立康唑药物敏感性高于伊曲康唑。

#### PU-6090

### Circulating miRNA-199a as a potential diagnosis marker and miRNA-122 as a potential prognosis marker for hepatocellular carcinoma

Juan Wu<sup>1</sup>, Yunbin Wu<sup>1</sup>, Yue Luo<sup>1</sup>, Xianghui Li<sup>1</sup>, Ni Lin<sup>1</sup>, Xiulin Yang<sup>1</sup>, Yanfeng Lin<sup>1</sup>, Jiadi Chen<sup>1,2</sup>, Min Chen<sup>1</sup>

1. Fujian Medical University

2. Fujian Medical University Union Hospital

**Objective** MicroRNAs(miRNAs) are associated with the hepatocellular carcinoma (HCC) progression and metastasis. Whereas, whether the miRNAs could act as the biomarkers for diagnosis and prognosis of HCC remains elusive. Here, we conducted the study to investigate whether circulating miR-199a and miR-122 expression levels in the peripheral blood can serve as predictive biomarker for diagnosis and prognosis of HCC.

**Methods** Our studies included 48 HCC patients and 50 healthy individuals. Serum miRNAs (miR-122 and miR-199a) were quantified by quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR). Go Enrichment analysis and KEGG pathway analysis were employed to analyze the function and molecular mechanism of predictive target genes of miR122 and miR-199a. The correlation between miRNAs (miR-122 and miR-199a) expression levels and overall survival of HCC patients were performed by Kaplan-Meier analysis.

**Results** We observed that the expression of serum miR-122 increased in HCC patients but had no significant difference comparable to healthy controls (HC). While the expression of serum miR-199a significantly decrease in HCC patients comparable to HC ( $p < 0.05$ ). miR-199a have potential for serving as an effective diagnostic biomarker for HCC using Receiver-operator characteristic (ROC) curve analysis. Moreover, we observed that miR-199a could also be helpful for diagnosis for HCC among HCC patients with AFP $<20$  and HC, indicating that miR-199a might be more helpful for HCC diagnosis than AFP. Furthermore, the predicted target genes of miR-122 and miR-199a showed different functions and miR-199a exhibited a more obvious polarization on the expression pattern than miR-122. Kalplan-Meier analysis displayed that miR-122 expression levels predicted better survival ( $p < 0.001$ ), implying that the miR-122 is a potential predictor of prognosis of HCC.

**Conclusions** Collectively, our result demonstrates that the circulating miR-199a and miR-122 could be served as novel non-invasive biomarkers for HCC diagnosis and HCC prognosis, respectively.

#### PU-6091

### 妊娠早期孕妇血清 PAPP-A 水平与妊娠结局的相关性分析

李彬

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 研究发现，早孕期唐氏综合症血清学筛查指标（如 PAPP-A、F $\beta$ -hCG 等）对不良妊娠结局有一定的预测能力，如孕期自然流产、胎死宫内、胎儿生长受限等多种妊娠并发症。本研究拟进一步探索唐氏筛查的生化指标异常与妊娠结局的相关性。

**方法** 以 2016 年 1 月-2017 年 6 月于我院行早孕期（11-13+6 周）唐氏综合征筛查的病例 8464 例为研究对象，正常分娩孕妇作为对照组，不良妊娠结局孕妇作为实验组，采用统计软件 SPSS19.0 统计软件分析两组中 PAPPa 中位值倍数（MOM）。

**结果** 早孕期唐氏筛查样本共 8464 例，8244 例随访成功，其中活产正常婴儿的孕妇 7993 例（97.0%）；活产畸形儿 8 例（0.1%）；孕期自然流产 103 例（1.2%）；孕期胎死宫内 29 例（0.4%），因染色体异常而终止妊娠 23 例（0.3%），因胎儿畸形终止妊娠 52 例（0.6%），因孕期母体并发症终止妊娠 11 例（0.1%），新生儿死亡 25 例（0.3%）。统计分析发现，低 PAPPa 水平与自然流产及不良妊娠结局有显著相关性（ $P < 0.0001$ ）。当 PAPPa 数值低于第 5（0.43MOM）或第 10（0.53MOM）百分位时，早孕期自然流产的发生率明显升高（ $P < 0.01$ ）。

**结论** 早孕期母体血清中低水平的 PAPPa 与多种不良妊娠结局具有显著相关性。这一结果可能为产科临床提供科学、可靠的医学证据，从而为预防或监测妊娠期并发症提供帮助。

## PU-6092

### 1350 名患儿血小板抗体检测结果分析

张慧敏

解放军总医院

**目的** 分析血小板抗体检测患儿阳性率,探讨其与血小板输注次数及其疾病相关性。

**方法** 回顾性分析本院 2016 年 1 月—2018 年 6 月 1 350 例患儿血小板抗体检测结果,根据血小板抗体检测时血小板输注次数分成 3 组:0 次组(675 例)、1—3 次组(384 例)和>3 次组(291 例),分别统计分析各组血小板抗体检测阳性发生率,并分析抗体阳性患儿的疾病分布情况。

**结果** 1 350 例患儿共检出血小板抗体阳性 162 例(12%)。0 次组血小板抗体检测阳性 28 例(4.15%),1—3 次组和>3 次组的阳性例数分别为 55 例(14.32%)和 79 例(27.15%),血小板抗体阳性率随血小板输注次数增加而升高( $z=104.2, P < 0.05$ )。162 例阳性患儿疾病分布情况为:血液病 142 例(18.54%)、实体肿瘤 8 例(8.99%)、重症感染 5 例(4.77%)、新生儿血小板减少 3 例(3.75%)、外科手术患儿 3 例(1.66%)、其他疾病患儿 1 例(0.78%),血液病患儿阳性率最高( $\chi^2=94.321, P < 0.05$ )。

**结论** 血小板输注次数与血小板抗体产生密切相关,且疾病本身亦可能导致血小板抗体阳性。

## PU-6093

### USP18 转录水平应答预测 IFN- $\alpha$ 治疗 HBeAg 阳性慢乙肝患者的疗效

刘伟,王绍娟,刘洋,刘永亮,熊丽霞,钟周玥,葛胜祥

厦门大学,361000

**目的** 泛素特异性蛋白酶 18 (Ubiquitin-specific protease 18 ,USP18) 是一个重要的干扰素 (interferon,IFN) 抗病毒活性抑制剂。本研究旨在探究刺激前后基线 USP18 基因转录水平变化与 IFN- $\alpha$  疗效果的关系。

**方法** 本研究共入组 44 例 HBeAg 阳性慢乙肝患者,纳入病例均接受标准化的 IFN- $\alpha$  抗乙型肝炎病毒治疗。使用 IFN- $\alpha$  刺激乙肝病毒 e 抗原 (HBeAg) 阳性慢性乙肝患者治疗前分离的外周血单个核细胞 (PBMCs), 采用实时荧光定量 PCR 检测 IFN- $\alpha$  刺激培养的 PBMCs 中 USP18 转录水平, 与未刺激组相比较。

**结果** 根据结果显示, 无论以病毒学应答 (virological response ,VR) 还是血清学应答 (serological response ,SR) 为判定标准, IFN- $\alpha$  特异性 USP18 水平在无应答组(VR,n = 23 ;SR,n = 33)均显著高于(VR,  $p = 0.018$ ;SR, $p = 0.008$ )应答组(VR, n = 21 SR, n=11)。根据入组队列多变量分析结果显

示, 基线水平 USP18 是一个独立于病毒学( $OR = 0.292$ ,  $95\% CI = 0.102-0.835$ ,  $p = 0.022$ )和血清学( $OR = 0.173$ ,  $95\% CI = 0.035-0.849$ ,  $p = 0.031$ )之外的预测指标。此外, 基线 USP18 转录水平联合 HBV DNA 载量或 HBeAg 水平可以提高治疗前预测是否能产生病毒学应答或血清学应答的准确性

**结论** 基线 USP18 水平与病毒学和血清学应答均存在联系, 并且可能成为 HBeAg 阳性慢乙型肝炎患者接受 IFN- $\alpha$  治疗前预测治疗效果的潜在预测指标。

## PU-6094

### MTHFR C677T 基因多态性与乳腺癌的相关性研究

莫少华,张蕾,程江  
新疆石河子大学第一附属医院

**目的** 探讨亚甲基四氢叶酸还原酶(MTHFR)基因 C677T 多态性与女性乳腺癌的相关性

**方法** 选取 200 例女性乳腺癌患者(乳腺癌组)和 200 例健康女性体检者(对照组)为研究对象, 采用聚合酶链反应-限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)的方法检测 MTHFR 基因 C677T 多态性, 并采用电化学发光分析仪检测肿瘤标志物, 分析 MTHFR 基因 C677T 多态性与乳腺癌的相关性

**结果** 乳腺癌组和对照组 MTHFR C677T 基因型 CC、CT、TT 分别为 25.4%、43.4%、31.2%; 70.0%、24.0%、6.0%。两组 MTHFR C677T 等位基因频率 C、T 分别为 46.0%、54.0%; 82.0%、18.0%, 差异有统计学意义( $P = 0.003$ )

**结论** MTHFR C677T 基因突变与女性乳腺癌的发生具有相关性。

## PU-6095

### 鲍曼不动杆菌耐头孢哌酮/舒巴坦机制的初步研究

赵明才,刘海波,刘家瑞,黎昆  
遂宁市中心医院,629000

**目的** 检测  $\beta$ -内酰胺酶、外膜蛋白及外排泵相关基因, 初步研究耐头孢哌酮/舒巴坦鲍曼不动杆菌的耐药机制, 为该菌所致感染性疾病的有效防治提供实验数据。

**方法** 从 599 株医院感染鲍曼不动杆菌中随机选取 148 株(106 株耐药菌和 42 株敏感菌), 通过普通 PCR 扩增检测  $\beta$ -内酰胺酶相关基因(CTXM2、GES、VEB、TEM; IMP、VIM; OXA-23、24、51, ISAbal)、外膜蛋白基因(CarO 和 OprD)及主要外排系统 RND 家族 AdeABC, AdeIJK, AdeFGH 结构基因(adeB、J、F 和 G), 实时荧光定量 PCR 检测外排泵基因 adeB、J 和 G 的表达。

**结果** 106 株头孢哌酮/舒巴坦耐药株 OXA-51 全部检出, ISAbal、TEM、OXA-23、VIM、GES 及 VEB 检出率超过 85%, CTXM2 和 OXA-24 检出率约 50%, 未检出 IPM。共存在 16 种耐药基因组合, 以耐药基因型 O 为主( $n=33$ , 31.13%), 其次为 N ( $n=18$ , 16.98%)和 E ( $n=14$ , 13.21%)。基因 CarO、OprD、adeB、adeJ、adeF 及 adeG 在耐药株和敏感株中检出率约 100%, 但耐药菌株的外排泵基因 AdeG、AdeB 和 AdeJ 表达量较敏感株分别增加 2.84 倍、2.34 倍和 1.82 倍。

**结论** 本研究范围内医院感染鲍曼不动杆菌的头孢哌酮/舒巴坦耐药机制复杂多样, 涉及  $\beta$ -内酰胺酶、外膜蛋白和外排泵相关耐药基因的大量存在, 以及外排泵基因的高表达。

PU-6096

## 鼻骨发育异常胎儿的染色体微阵列分析

谢晓蕊

福建省妇幼保健院,350000

**目的** 探讨胎儿鼻骨发育不良与胎儿染色体异常的关系及产前诊断的必要性。

**方法** 对 81 例经超声筛查提示胎儿鼻骨发育异常的孕妇行绒毛膜、羊膜腔或脐带血穿刺术,应用单核苷酸多态性微阵列 (SNP-array) 技术对胎儿的染色体进行分析。

**结果** 81 例鼻骨发育异常的胎儿中,共检出染色体异常 20 例 (24.7%),包括 21-三体 14 例,18-三体 1 例,其它拷贝数变异 5 例。81 例中单纯性鼻骨发育异常 37 例,检出染色体异常 5 例 (13.5%);鼻骨发育不良合并其它超声结构或软指标异常 44 例,检出染色体异常 15 例 (34.1%)。两组异常检出率有明显差异。

**结论** 胎儿鼻骨发育不良可作为介入性产前诊断的指征,若合并其它的超声结构或软指标异常,染色体异常的检出率提高,部分鼻骨发育不良胎儿可有染色体微缺失微重复,应用单核苷酸多态性微阵列技术进行诊断可降低漏诊率。

PU-6097

## 凝血项目室内质量控制失控分析

梅泽宣,杨是晶

昆明安琪儿妇产医院

**目的** 通过探讨凝血项目室内质量控制失控原因,制定标准化室内质控失控处理措施。

**方法** 参照 Westgard 质控规则,回顾统计和分析 2016 年 1 月~2018 年 12 月三年间凝血分析 7 个项目,凝血酶时间 (TT)、凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血活酶时间 (APTT)、纤维蛋白原 (FIB)、D 二聚体、纤维蛋白(原)降解产物 (FDP)、抗凝血酶 III (ATIII) 室内质量控制失控原因及纠正措施。根据试剂原因、质控品原因、仪器原因、人为原因及其它原因 5 个方面统计分析失控情况。

**结果** 凝血分析 7 个项目,3 年间共失控 102 次,失控率逐渐下降,失控原因中,试剂原因占 34.32%,人为原因占 29.41%,质控品原因占 26.47%,其他因素占 6.86%,仪器原因占 2.94%,其中试剂原因、人为原因和质控品原因三项占 80%以上。

**结论** 试剂原因、质控品原因和人为因素,是造成本实验室凝血项目室内质量控制失控的主要原因,实验室应查找失控原因并采取纠正措施,定期汇总分析,减少失控次数。

PU-6098

## 脑脊液降钙素原、乳酸联合常规生物标志物在神经外科术后细菌性脑膜炎的诊断价值

郑光辉,张艳,李方强,唐明忠,吕虹,张国军

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 利用脑脊液降钙素原 (Procalcitonin, PCT)、乳酸及常规实验室检查建立神经外科术后细菌性脑膜炎 (Post-neurosurgical bacterial meningitis, PBM) 的预测模型并验证其诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 3 月至 12 月于首都医科大学附属北京天坛医院神经外科收治的术后脑膜炎患者 213 例,根据脑膜炎类别不同分为 PBM 组 (n=85) 和无菌性脑膜炎组 (PAM 组, n=128)。所有

患者进行 14 种生物标志物的检测, 通过单因素分析与多因素 Logistic 回归分析选择与脑脊液降钙素原和乳酸联合诊断的生物标志物, 建立预测模型, 利用受试者工作特征曲线 (ROC) 分析预测模型对术后 PBM 的诊断价值, 并对预测模型进行验证。

**结果** 213 例脑膜炎患者, 其中 PBM 患者 85 例, PAM 患者 128 例。单因素分析显示, 脑脊液的细胞计数、白细胞计数、蛋白浓度、葡萄糖浓度、葡萄糖/血糖比、PCT 及乳酸为预测术后 PBM 的相关因素。多因素 Logistic 回归分析显示, 脑脊液 PCT、脑脊液乳酸、脑脊液蛋白浓度与脑脊液血液葡萄糖比值为预测术后 PBM 的独立预测因子, 建立预测模型为:  $4.315 \times \text{PCT} + 0.822 \times \text{乳酸} + 0.009 \times \text{脑脊液蛋白浓度} - 5.480 \times \text{脑脊液葡萄糖/血糖比} - 3.074$ 。预测模型的 ROC 曲线下面积最大, 为 0.947, 敏感度和特异度分别为 90.6% 和 85.1%。通过验证, 在区分两种脑膜炎上, 预测模型的诊断阳性率、阴性率及总体一致率分别为 84.06%、94.44% 与 90.40%。

**结论** 采用脑脊液 PCT、脑脊液乳酸、脑脊液蛋白浓度与脑脊液血糖比值进行联合检测对神经外科术后 PBM 具有较好的诊断价值, 可缩短患者的诊断时间并提高患者治疗的成功率。

## PU-6099

### Hb-J-Bangkok and a novel $\beta$ -globin mutation [IVS-II-806(G->C)] occurrence in combination with $\alpha^+$ -Thalassemia in a Chinese pregnant woman

Liangying Zhong, Wenbin Lin, Lingling Xu, Min Liu  
The First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University

**Objective** A better understanding of the effects of combination on hematological analysis data will be useful for providing accurate diagnosis, genetic counseling, prevention and control programs of  $\beta$ -thalassemia. Novel  $\beta$ -globin gene mutations are occasionally reported

**Methods** A 26-year-old pregnant woman who presented at our Obstetric clinic for her first prenatal visit at 12 weeks' gestation. Complete blood cell count was performed on a XE4000i automatic hemocyte analyzer. Hb, HbF and HbA<sub>2</sub> were tested by high performance liquid chromatography (HPLC). Genomic DNA was extracted from whole blood samples using a whole blood genomic DNA extraction kit (Quickgene, Fujifilm, Japan). Polymerase chain reaction (PCR) was used to amplify three different fragments corresponding to the exons and the regulatory sequences using three different couples of primers for the beta-globin gene.

**Results** Direct sequencing of  $\beta$ -globin gene showed a hitherto undescribed condition of double heterozygosity for Hb-J-Bangkok (HBB: c.170G>A) and a novel mutation in the intron region of the  $\beta$ -globin gene [IVS-II-806(G->C) (HBB: c.316-45 G>C)]. Thus, a combination of  $\alpha^+$ -thal and a compound heterozygosity of Hb-J-Bangkok and IVS-II-806(G->C) with  $\alpha^+$ -thal ( $-\alpha^{3.7}/\alpha\alpha$ ) was finally diagnosed.

**Conclusions** IVS-II-806(G->C) (HBB: c.316-45 G>C) has not been reported before in the literature. We herein report a very rare case of compound heterozygosity of Hb-J-Bangkok (HBB: c.170G>A) and a novel mutation in the intron region of the  $\beta$ -globin gene [IVS-II-806(G->C) (HBB: c.316-45 G>C)] with  $\alpha^+$ -thal ( $-\alpha^{3.7}/\alpha\alpha$ ) in a Chinese pregnant woman. Our report enlarges the mutation spectrum of beta-globin gene and emphasizes DNA analysis in resolving unusual patterns on Hb analysis.

## PU-6100

## 单采血小板来源外泌体的提取与鉴定

程福  
解放军总医院

**目的** 研究单采血小板来源外泌体提取和鉴定的常见影响因素,为后续开展单采血小板来源外泌体研究提供参考。

**方法** 利用超速离心法分离提取单采血小板来源外泌体,并通过透射电镜、Western Blotting 验证提取产物;利用 BCA 试剂盒测定外泌体总蛋白浓度。

**结果** 5 天组外泌体蛋白浓度( $1822.2 \pm 11.4 \mu\text{g/mL}$ )明显高于 1 天组( $775.7 \pm 11.5 \mu\text{g/mL}$ ), $P < 0.001$ ;未冻存组蛋白浓度( $1822.2 \pm 11.4 \mu\text{g/mL}$ )明显高于不含 DMSO 冻存组( $1153.6 \pm 2.6 \mu\text{g/mL}$ )和含 5%DMSO 冻存组( $1403.4 \pm 6.1 \mu\text{g/mL}$ ), $P < 0.001$ 。

**结论** 单采血小板来源外泌体含量随标本保存时间延长逐渐增加;冻存处理会一定程度上降低外泌体提取产量和影响其形态观察。

## PU-6101

## 976 株鲍曼不动杆菌的临床分布与耐药性分析

陈弟,邓德耀,徐红云,刘春林  
云南省第二人民医院,650000

**目的** 了解昆明医科大学第四附属医院 2013-2016 年鲍曼不动杆菌的临床分布与耐药性变化,为指导临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 对该院 2013-2016 年临床分离的鲍曼不动杆菌的临床分布与耐药性进行回顾性分析。

**结果** 分离的 976 株鲍曼不动杆菌,鲍曼不动杆菌临床分离主要来自痰液(69.5%)、其次为伤口分泌物(10.1%);科室分布主要集中在 ICU 病房(39.7%)、其次为神经外科(10.3%)以及创伤外科(10.0%);药敏分析结果显示,鲍曼不动杆菌对碳青霉烯类亚胺培南和美洛培南的敏感率分别达 33.4%、32.3%;氨基糖苷类阿米卡星和庆大霉素的敏感率分别达 31.7%、30.4%。

**结论** 鲍曼不动杆菌对现有多种抗菌药物耐药严重,临床应根据药敏结果合理使用抗菌药物。

## PU-6102

## 黏液型和非黏液型铜绿假单胞菌的临床分布与耐药性分析

凌云映<sup>1</sup>,路冉<sup>2</sup>  
1.北京华信医院/清华大学第一附属医院,100000  
2.河北北方学院

**目的** 了解黏液型和非黏液型铜绿假单胞菌的临床分布与耐药性特点、标本涂片中细菌的形态特征及临床药物对黏液型铜绿假单胞菌的疗效,为今后早期临床诊断是否为黏液型铜绿假单胞菌感染及临床合理应用抗生素提供参考依据。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月-2019 年 4 月门诊及住院患者标本中分离出非重复 239 例铜绿假单胞菌感染病例,以 WHONET 5.6 分析黏液型和非黏液型铜绿假单胞菌分布特征及对抗生素的耐药特点。通过查阅病历获得黏液型铜绿假单胞菌感染患者的疾病情况、标本涂片革兰染色结果及抗菌药物使用等信息,通过 Excel 分析黏液型铜绿假单胞菌的疾病分布情况、涂片结果与培养鉴定的符合情况及疗效。



**结果** 临床标本共检出非重复铜绿假单胞菌 239 株, 其中黏液型 21 株, 非黏液型 218 株; 菌株主要分离自呼吸内科、干部保健科等科室, 黏液型主要来自呼吸内科和综合 ICU 等。黏液型铜绿假单胞菌对抗菌药物的耐药性明显高于非黏液型铜绿假单胞菌, 其中非黏液型铜绿假单胞菌对头孢吡肟、阿米卡星、妥布霉素、多粘菌素保持较高的敏感性, 耐药率均低于 10%, 而黏液型铜绿假单胞菌对妥布霉素和多粘菌素的耐药率低于 10%。21 例黏液型铜绿假单胞菌临床标本涂片经革兰染色可见被染成淡粉色生物膜包裹物, 内有聚集革兰阴性杆菌, 经培养与鉴定 15 例为黏液型铜绿假单胞菌, 符合率 71%。黏液型铜绿假单胞菌主要分离自肺部疾病中, 其中在支气管扩张症中的检出率最高, 占 75%。黏液型铜绿假单胞菌感染的前期或后期联合使用大环内酯类或喹诺酮类药物, 疗效的有效率为 100%, 高于单纯使用抗铜绿假单胞菌药物的 42.9%。

**结论** 黏液型铜绿假单胞菌是呼吸道感染的重要影响因素。通过临床标本的涂片能够检出黏液型铜绿假单胞菌, 因此临床报告为铜绿假单胞菌时, 应为临床标注是否黏液型, 临床治疗选药时必须参考体外药敏试验结果, 并使用可抑制生物膜形成的大环内酯类药物, 及时调整给药方案。

## PU-6103

### Association of OPN polymorphisms with the risk of SLE in Chinese women

Xiaoxia Pang, Junli Wang

The Affiliated Hospital of Youjiang Medical University for Nationalities

**Objective** This study was designed to investigate whether OPN gene polymorphisms contribute to the risk of systemic lupus erythematosus (SLE) in Chinese women.

**Methods** We genotyped rs1126772, rs11728697, rs4754 of OPN using multiple single nucleotide primer extension technique. Haplotype analyses were performed by an online SHEsis software.

**Results** We found that rs11728697 was associated with increased risk of SLE (CT vs. CC: adjusted OR = 1.713, 95%CI, 1.122-2.672, P=0.013; CT+TT vs. CC: adjusted OR = 1.549, 95%CI, 1.010-1.041, P=0.036). CT and CT+TT genotypes in rs11728697 were associated with increased risk of anti-Sm (CT vs. CC: OR = 2.121, 95%CI, 1.141-3.944, P=0.017; CT+TT vs. CC: OR = 2.016, 95%CI, 1.114-3.648, P=0.020), while with decreased risk of photosensitivity (CT vs. CC: OR = 0.270, 95%CI, 0.138-0.528, P=0.000; CT+TT vs. CC: OR = 0.338, 95%CI, 0.182-0.629, P=0.000). Besides, CT and CT+TT were independently associated with increased levels of CRP and IgG (CT vs. CC: OR = 2.262, 95%CI, 1.179-4.341, P=0.013; CT+TT vs. CC: OR = 1.954, 95%CI, 1.065-3.581, P=0.029). Haplotype A-T-C (rs1126772-rs11728697-rs4754) increased the risk to SLE (OR=1.771, 95%CI, 1.005-3.118, P=0.045).

**Conclusions** This study suggests that rs11728697 CT and CT+TT genotypes and A-T-C haplotype may be the risk factors for SLE.

## PU-6104

### 妊娠性血小板减少症患者与妊娠合并特发性血小板减少性紫癜患者的血小板参数及血小板膜糖蛋白 2b/3a 的差异

田维娟

云南省第二人民医院, 650000

**目的** 探讨妊娠性血小板减少症 (GT) 与妊娠合并特发性血小板减少性紫癜 (ITP) 的血小板参数及血小板膜糖蛋白 2b/3a 的差异。

**方法** 选取 2015 年 1 月~2018 年 5 月我院收治的 72 例 GT 患者与 66 例 ITP 患者, 采用 MAIPA 法测定血小板膜糖蛋白 2b/3a, 采用全血细胞分析仪测定血小板参数, 并比较差异。

**结果** GT 组 PCY ( $0.09\pm 0.04$ )、PLT ( $66.89\pm 4.81$ ) 水平、血小板膜糖蛋白 2b/3a 浓度 ( $1.48\pm 0.25$ ) 高于 ITP 组, PDW ( $15.47\pm 1.78$ ) 水平低于 ITP 组, 两组比较差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。GT 组 RBC ( $4.42\pm 0.67$ )、HGB ( $109.89\pm 12.35$ )、HCT ( $31.06\pm 3.72$ )、MCV ( $88.89\pm 7.95$ )、MCH ( $31.92\pm 1.28$ )、MCHC ( $362.57\pm 12.72$ ) 水平高于 ITP 组 ( $P<0.05$ )。对比 GT 组与 ITP 组治疗后的 PT、APTT、FIB, 经统计学分析差异均具有显著性 ( $P<0.05$ )。

**结论** GT 与 ITP 的血小板参数及血小板膜糖蛋白 2b/3a 具有明显差异, 可作为鉴别 ITP、GT 的重要指标。

## PU-6105

### 改良显色平板在碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 主动筛查 应用中的性能评价

陈善建, 曾勇彬, 林宇岚, 陈甜, 林佳, 刘智慧, 欧启水, 杨滨  
福建医科大学附属第一医院, 350000

**目的** 评估改良显色平板、美国 CDC 推荐方案、麦康凯平板+厄他培南纸片、CHROMagar KPC 显色培养基用于碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌主动筛查的性能。

**方法** 收集福建医科大学附属第一医院 2018 年 3 月至 2018 年 8 月期间入住 ICU 患者的非重复粪便标本共 191 份, 以上述四种方法对所收集的标本进行筛查。以 PCR 方法及碳青霉烯类药物的药敏结果为参考, 评估这四种筛查方法的敏感度与特异度。

**结果** 191 份粪便标本中, 有 61 份标本 (31.9%) CRE 筛查结果为阳性, 余下 130 份标本 (68.1%) 筛查结果为阴性。改良显色平板的敏感度为 98.4% (60/61), 特异度为 98.5% (128/130); 美国 CDC 推荐方案的敏感度为 80.3% (49/61), 特异度为 79.2% (103/130); 麦康凯平板+厄他培南纸片的敏感度为 80.3% (49/61), 特异度为 96.9% (126/130); CHROMagar KPC 显色培养基的敏感度为 93.4% (57/61), 特异度为 97.7% (127/130)。改良显色平板和美国 CDC 推荐方案之间敏感度与特异度的差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 改良显色平板与麦康凯平板+厄他培南纸片的敏感度差异具有统计学意义 ( $P=0.006$ ), 但两者间特异度的差异无统计学意义 ( $P=0.480$ ); 改良显色平板与 CHROMagar KPC 显色培养基之间敏感度与特异度的差异均无统计学意义 ( $P=0.248$ ); 康凯平板+厄他培南纸片与美国 CDC 推荐方案之间的敏感度差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 但特异度的差异具有统计学意义 ( $P<0.001$ ); CHROMagar KPC 显色培养基的与美国 CDC 推荐方案之间敏感度与特异度的差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); CHROMagar KPC 显色培养基和麦康凯平板+厄他培南纸片之间敏感度的差异具有统计学意义 ( $P=0.027$ ), 但特异度的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 改良显色平板具有敏感度高、特异性强、操作简便、价格低廉等优点, 适用于国内临床微生物实验室, 尤其是基层微生物实验室的应用。

## PU-6106

### MicroRNA199 在 1b、2a 基因型 HCV 感染患者中的 表达分析

涂海健, 卢小丽  
莆田学院附属医院, 351100

**目的** 通过对 HCV 感染者外周血 Micro-199 检测, 分析 Micro-199 与 HCV 基因型、HCV 病毒载量及肝脏疾病相关指标的关系, 进而了解 Micro-199 在不同基因型 HCV 感染患者病毒复制、肝脏疾病进程中的表达水平。

**方法** 以抗 HCV 抗体阳性及 HCV 病毒量大于 10000IU/ml 的标本为研究对象, 运用 Sanger 基因测序法检测 HCV 基因型、实时荧光定量 PCR 检测 HCV 核酸载量与 MicroRNA199 表达量, 以统计学软件 SPSSv18 对实验数据行整理分析。

**结果** (1) Micro-199 在 HCV 1b 型 ( $29.1107 \pm 8.24200$ )、2a 型 ( $27.8893 \pm 9.85876$ ) 中  $t=0.503$ ,  $P=0.617$ , 按  $\alpha=0.05$ , 差异无统计学意义。(2) Micro-199 在 HCV 不同病毒载量组间的  $P$  值均大于 0.05, 差异无统计学意义。(3) Micro-199 在肝癌组 ( $31.2000 \pm 0.45826$ ) 与慢性病毒性肝炎组 ( $31.3048 \pm 0.48423$ ) 中  $t=0.502$ ,  $P=0.620$ , 差异无统计学意义; 在肝癌组与肝功能不全组 ( $25.6786 \pm 12.21282$ ) 中  $t=2.386$ ,  $P=0.024$ , 差异有统计学意义; 在慢性病毒性肝炎组肝功能不全组中  $t=2.435$ ,  $P=0.022$ , 差异有统计学意义。

**结论** (1) Micro-199 在 HCV 1b、2a 基因型中的表达无差异。(2) Micro-199 的表达与外周血 HCV 病毒载量无关。(3) Micro-199 在肝癌及慢性病毒性肝炎中的表达量均高于肝功能不全。

## PU-6107

### Serum lipoprotein-associated phospholipase A2 predicts plaque vulnerability in carotid atherosclerotic patients

Tian Cai<sup>1</sup>, Yongping Lin<sup>1,3</sup>, Qiang Zhou<sup>1,2</sup>

1.Nanhai Hospital Affiliated to Southern Medical University  
2.The Second Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University  
3.The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** To investigate the relationship between lipoprotein-associated phospholipase A2 (Lp-PLA2) level and the stability of carotid artery atherosclerotic plaque in patients with atherosclerosis.

**Methods** According to carotid ultrasound examination, 91 patients with atherosclerosis were divided into smooth plaque group (41 cases), irregular plaque group (52 cases) and ulcerated plaque group (39 cases). 40 apparently healthy people were taken as the control. Lp-PLA2 level was determined by quantum dot fluorescence immunoassay.

**Results** The level of Lp-PLA2 in atherosclerosis patients was significantly higher than that in the control group ( $P < 0.05$ ). Lp-PLA2 levels increased significantly in the irregular plaque group and the ulcerated plaque group comparing with smooth plaque group. The area-under-curve (AUC) of Lp-PLA2 to diagnose ulcerated plaque was 0.776 and when combining with hs-CRP, the AUC reached 0.801. The optimal cut-off value of Lp-PLA2 to diagnose ulcerated plaque was 179.5 ng/mL.

**Conclusions** The level of Lp-PLA2 in atherosclerosis patients is related to the stability of carotid atherosclerotic plaques. Lp-PLA2 alone or together with hs-CRP were of great value to screen ulcerated plaque in atherosclerotic patients.

## PU-6108

### 高尿酸血症相关研究进展

陈志平

赣南医学院第一附属医院, 341000

**目的** 本文对近年来有关高尿酸血症的研究进展进行整理概括, 主要论述了高尿酸血症的发病机制、危害及治疗。

**方法** 对近年来有关高尿酸血症的研究进展进行整理概括

**结果** HUA 是一种严重危害人们身体健康的代谢综合征, 病因复杂, 应早发现早预防早治疗, 阻止其恶化。

**结论** 通过论述 HUA 发病机制, 及其对多种重大疾病影响的探讨, 发现更完美的治疗方案及治疗药物, 在此倡导人们健康意识提高, 相信 HUA 的防治工作会更进一步。

## PU-6109

### M2 样肿瘤相关巨噬细胞通过增加胶质瘤 IL-6 的表达促进血管拟态的形成

张琳  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 探索血管拟态和 CD163<sup>+</sup>巨噬细胞在胶质瘤组织中的表达情况, 分析 M2 样巨噬细胞是否会影

**方法** 本研究回顾性纳入行胶质瘤切除术的患者 87 例。采用免疫组化的方法检测血管拟态和 CD163<sup>+</sup>巨噬细胞在胶质瘤中的表达情况, 并分析两者之间的相关性。采用成管实验检测血管拟态的形成。利用 qRT-PCR 和 Western Blot 检测血管拟态相关指标的表达。利用 qRT-PCR 和 ELISA 检测 IL-6 的表达。采用成管实验、qRT-PCR、ELISA 以及 Western Blot 检测相关的信号机制。

**结果** 在本课题中, 我们发现, VM 数目和 CD163<sup>+</sup>细胞浸润密度均与肿瘤级别呈正相关, 与患者生存期呈负相关。体外实验结果显示, M2 样巨噬细胞可以促进胶质瘤 VM 的形成。同时, M2 巨噬细胞可以显著促进胶质瘤细胞 IL-6 的分泌。此外, IL-6 中和抗体可阻断 M2 样巨噬细胞介导的 VM 形成。使用 PKC 抑制剂 (bisindolylmaleimide I) 可以抑制 M2 诱导的 IL-6 上调, 进一步抑制胶质瘤 VM 形成。

**结论** 总之, 我们的研究表明, M2 样巨噬细胞通过激活 PKC 信号通路促进胶质瘤细胞 IL-6 的分泌, 进而促进胶质瘤 VM 的形成。

## PU-6110

### 北京某医院五种血源检测结果对比分析

肖艳  
解放军总医院

**目的** 对比分析 2013-2017 年某医院献血中心采集的 5 种血源的检测结果数据, 提出优化采血工作模式, 减少血液不合格率的建议。

**方法** 收集 2013~2017 年某医院院内团体献血、院外团体献血、成分献血、街头采血、互助献血五种血源 ALT 及血液感染性指标 HBsAg、抗-HCV、抗-HIV、抗-TP 数据进行统计分析。

**结果** 2013~2017 年五种血源标本共 198662 例, 互助献血人群血液不合格率最高, 其次是街头采血; 5 项检查中 ALT 不合格率居第一, 其次为 HBsAg; 初筛可以有效降低采血后血液不合格率, 其差异具有统计学意义。结论优化献血流程, 加强质量管理和规范操作, 确保输血安全, 减少浪费。

**结论** 优化献血流程, 加强质量管理和规范操作, 确保输血安全, 减少浪费。

## PU-6111

## 神经外科病区不同来源的致病菌耐药差异性分析-一项单中心的临床研究

郑光辉,李方强,张艳,唐明忠,康熙雄,张国军

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探索神经外科病区呼吸道来源与脑脊液来源的病原菌的耐药性差异。

**方法** 2012年1月-2016年12月首都医科大学附属北京天坛医院神经外科病区呼吸道与脑脊液分离出的致病菌进行耐药性分析,并通过t检验或M-W检验判断其是否存在显著性差异。

**结果** 2012年1月-2016年12月,首都医科大学附属北京天坛医院神经外科病区共收集呼吸道来源阳性分离株6091株,脑脊液来源阳性分离株共1597株;四种常见菌的结果显示,铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌与鲍曼不动杆菌对抗生素的敏感性差异显著( $P<0.05$ ),但两种来源的金黄色葡萄球菌对整体抗生素的敏感性差异无统计学意义( $P>0.05$ )。两种来源的病原菌对 $\beta$ -内酰胺类抗生素的敏感性差异明显,但对多粘菌素B,万古霉素、利奈唑胺等抗生素的敏感性差异较小。

**结论** 呼吸道来源阳性分离株对抗生素的敏感性显著低于脑脊液来源的阳性分离株,原因是多方面的,可能是由于基因横向迁移或抗生素诱导产生耐药性的问题,需要我们进一步探讨与验证。

## PU-6112

## DNA self-assembly assisting Magnetic Fluorescence Nanosensor based on Aggregation-Induced Emission Probe/Graphene Oxide for Cancerous Exosome Analysis

Bo Li, Chunchen Liu, Weilun Pan

Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou 510515, PR China

**Objective** Breast cancer is the most common cause of cancer in women under 45 years of age in China. Early diagnosis is an important mean to improve the prognosis of breast cancer. The current diagnostic strategies suffer from one or more of the following disadvantages: low sensitivity, invasive, radioactive and other shortcomings. Exosomes are emerging as noninvasive diagnostic biomarkers of cancer because they carry biomolecules that include proteins and nucleic acids for intercellular communication. Glypican-1 (GPC-1), an exosomal membrane protein, was discovered to have much higher expression on the cancerous exosomes than the noncancerous for the early diagnosis of pancreatic, breast and colorectal cancer. However, quantification of low concentrations of specific exosomes present in very small volumes of clinical samples remains a challenge. Herein, we proposed a magnetic fluorescence nanosensor based on GPC-1 antibody functionalized magnetic microcarriers for GPC-1(+) exosome subpopulation isolation and detection.

**Methods** In this work, after capturing the GPC-1(+) exosome by magnetic beads, the recognition signal was transformed into the formation of free-state DNA nanostructure by the trigger containing CD63 aptamer. To increase the sensitivity of this method, a "Y" shape DNA self-assembly nanostructure amplification strategy was adapted to assist Aggregation-Induced Emission Probe/Graphene Oxide (AIE/GO) "turn-on" fluorescence reporting system to realize the label-free and ultracentrifugation-free quantitative analysis of GPC-1(+) exosome subpopulation of breast cancer in a homogeneous. Exosomes were observed for their morphological characterization and size distribution under transmission electron microscopy and nanoparticles tracking analysis, respectively. In addition, exosomal proteins GPC-1 and CD63 were confirmed through western blot, flow cytometry and dual-color super resolution imaging. Furthermore, the

signal amplification element, DNA self-assembly nanostructure, was identified by SDS-PAGE. Finally, Feasibility of applying this method to distinguish plasma from breast cancer patients and healthy individuals were investigated.

**Results** We optimized the reaction conditions, and evaluated the detection performance of the method, such as specificity, sensitivity, and linear range. Under optimal conditions, the results shows this magnetic fluorescence nanosensor could distinguish breast cancer exosomes from five other types of cancerous exosomes and the linear range of detection for breast cancer exosomes is estimated to be  $7.8 \times 10^4$ - $3.9 \times 10^9$  exosomes/ $\mu\text{L}$  with a detection of limit (LOD) of  $6.56 \times 10^4$  exosomes/ $\mu\text{L}$ . Moreover, we demonstrated the application of the magnetic fluorescence nanosensor in quantitative detection of exosomes in plasma samples directly from breast cancer patients, which clearly showed that the fluorescent signal of breast cancer exosomes was significantly higher compared to healthy controls ( $p < 0.001$ ).

**Conclusions** A label-free and ultracentrifugation-free “turn-on” aptasensor combining merits of DNA aptamer, aggregation-induced emission phenomena and nanomaterial was developed here for exosomal membrane protein GPC-1 detection. Advantages of this method originated from fluorescent aptasensor such as fast, low-cost and portable make it possible to be used in developing POCT devices for early diagnosis of breast cancer.

## PU-6113

### 云南省农村地区育龄妇女孕前血清 TSH 水平筛查

李彬

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 甲状腺疾病是影响女性生育的第二大内分泌疾病。妊娠期甲状腺功能异常与不孕不育、流产、早产、胎盘早剥等不良妊娠结局密切相关。妊娠期妇女甲状腺激素缺乏也会导致胎儿大脑发育受损,严重者可导致新生儿患有呆小症。但由于目前检测血清 TSH 的设备品牌众多,检测方法多种多样,正常 TSH 的参考范围存在差异,使得孕前血清 TSH 高危风险阈值尚无统一标准。本研究旨在了解云南农村地区育龄妇女甲状腺疾病的流行情况及患病率,筛查出云南省的甲状腺疾病高发区,研究分析血清 TSH 与 TPOAb 阳性率之间的关系,评估孕前血清 TSH 筛查的效果。

**方法** 本研究采用贝克曼全自动化学发光系统对 30163 例育龄妇女(包括 10402 例少数民族)进行了血清 TSH 筛查,按照孕前血清 TSH 值分为  $0 \sim 0.35 \text{ mIU/L}$ ,  $0.35 \sim 2.5 \text{ mIU/L}$ ,  $2.5 \sim 4.5 \text{ mIU/L}$ ,  $4.5 \sim 5.5 \text{ mIU/L}$ ,  $5.5 \sim 10 \text{ mIU/L}$ ,  $>10.0 \text{ mIU/L}$  6 组,每组不少于 50 人,并检测相应样本的 TPOAb。利用卡方检验比较各组 TPOAb 阳性率之间的差异,并以  $0.35 \sim 2.5 \text{ mIU/L}$  组的阳性率为 1,利用 logistic 回归分析方法统计血清 TSH 值对 TPOAb 阳性的相对危险度,得出孕前血清 TSH 的高危风险区间。

**结果** 检测结果显示,云南省农村地区育龄妇女血清 TSH 的平均值  $2.30 \text{ mIU/L}$ ,中位数为  $1.93 \text{ mIU/L}$ ,呈非正态分布,TSH 水平异常率为 5.96%。

**结论** 在筛查血清 TSH 的基础上,通过对高危育龄人群进行点对点的,个性化的孕前指导和精准医疗服务,具有重要意义。

## PU-6114

## 不同方法检测肺结核病的临床应用评价

张雯燕,叶杨芹,王玉超,范列英  
上海市东方医院同济大学附属东方医院,200120

**目的** 分析抗酸杆菌直接涂片法、改良罗氏（L-J）培养法、手工 MGIT 液体培养法及利福平耐药实时荧光定量核酸扩增检测技术（XpertMtb / RIF）对结核分支杆菌检测的结果，以评价四种方法在结核病的临床应用价值。

**方法** 对 120 份痰标本用直接涂片法、L-J 培养法、手工 MGIT 液体培养法及 XpertMtb / RIF 进行检测结果比较。

**结果** 120 份标本中直接涂片镜检结核分支杆菌检出率为 20.0%（24/120）；L-J 培养法检出率 31.6%（38/120）；手工 MGIT 液体培养检出率为 44.2%（53/120）；XpertMtb / RIF 检出率为 45.8%（55/120）。XpertMtb / RIF 检测敏感度高于涂片镜检（ $X^2=18.13, P<0.05$ ）及 L-J 培养法（ $X^2=5.07, P<0.05$ ），与手工 MGIT 液体培养法无明显差异（ $X^2=0.07, P>0.05$ ）；手工 MGIT 液体培养法检测敏感度高于涂片镜检（ $X^2=16.8, P<0.05$ ）及 L-J 培养法（ $X^2=3.98, P<0.05$ ）；L-J 培养法敏感度高于涂片镜检（ $X^2=4.26, P<0.05$ ）。

**结论** 四种方法中，传统的直接涂片法阳性检出率最低但简便、直观、价廉；改良罗氏（L-J）培养法培养时间长；手工 MGIT 液体培养法对分枝杆菌的检出率高，阳性报告时间短，不需要昂贵仪器，适用于基层实验室常规开展。XpertMtb / RIF 检测操作简单安全，检测敏感度高于传统的涂片镜检和固体培养，且同时可以诊断患者是否对利福平耐药，对发现结核病患者和耐药结核病患者具有重要价值。

## PU-6115

## 补体 C3 基因单核苷酸多态性与原发性开角型青光眼的关联分析及中国人群中 C3 基因多态性分析

李圣杰,曹文俊  
复旦大学附属眼耳鼻喉科医院,200000

**目的** 探讨补体 C3（complement component 3）基因的单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP) rs2230199 位点与原发性开角型青光眼（primary open-angle glaucoma, POAG）发病的关联性。

**方法** 应用病例对照研究，收集复旦大学附属眼耳鼻喉科医院 2012 年 1 月-2014 年 5 月有完整临床资料的 60 例 POAG 患者和 84 例健康个体，应用 PCR 产物直接测序法对 C3 基因 SNP rs2230199 位点进行基因多态性分析。本文同时检索中国学术期刊全文数据库（CNKI）、万方数据库、维普期刊数据库、PubMed 和 Web of Science，检索时间范围为建库至 2015 年 01 月 31，应用 Comprehensive Meta-analysis 软件对中国人群中 SNP 位点 rs2230199（G>C）等位基因和基因型出现的频率进行 Meta 分析。

**结果** C3S 等位基因在 POAG 和正常对照组中的频率均为 100%，因此 C3S、C3F 等位基因的频率在 POAG 和正常对照组间差异无统计学意义（ $p>0.05$ ）。基因型 CC 在 POAG 和正常对照组中的频率均为 100%，因此两组之间基因型频率差异也无统计学意义（ $p>0.05$ ）。Meta 分析结果显示：在中国人群中 SNP 位点 rs2230199 C3F 等位基因出现的频率为 0.9%（95%CI=0.005-0.017），GC 基因型出现的频率为 1.6%（95%CI=0.008-0.031）。

**结论** 在中国人群中，补体 C3 基因 SNP 位点 rs2230199 与 POAG 的发病不存在相关性；在中国人群中 SNP 位点 rs2230199 G 等位基因出现的频率为 0.9%，GC 基因型出现的频率为 1.6%。

## PU-6116

## 体外模拟大量失血模型输血前凝血功能研究

罗圆圆  
解放军总医院

**目的** 选择体外模拟大量失血模型的输血前凝血功能检测指标,为建立指导合理输血策略提供依据。

**方法** 自 2017 年 3 月 2 日在解放军总医院选择 8 名体检合格的健康献血者采集血液标本。按正常成人血容量建立失血量 40% (M1) 和 60% (M2) 的血液稀释模型,体外模拟大出血患者不同程度血容量丢失及输血前以晶体和胶体液补充血容量。对原始标本和 2 个大量失血模型做血常规、基础凝血功能、主要凝血因子活性、血栓弹力图 (TEG) 检测并做统计学分析。

**结果** M1 的 TEG 各主要参数都在正常范围值内,提示尚能维持稳定凝血块,但 K 值均值延长接近正常值上限 (参考值范围 1—3 min),MA 值均值则落到了正常值下限 (参考值范围 50—70 mm);而血小板计数 (Plt) 降为  $(102.25 \pm 15.07) \times 10^9/L$ ,纤维蛋白原 (Fib) 浓度下降为  $(1.18 \pm 0.27) g/L$  ( $P < 0.01$ ),主要凝血因子活性约为不及基线活性的一半,而 PT 和 APTT 则已明显延长至  $(20.36 \pm 1.48) s$  和  $(58.46 \pm 4.81) s$  ( $P < 0.01$ )。M2 的 TEG 检测只有 R 值尚维持正常,K 值明显延长至  $(4.63 \pm 0.86) min$ ,MA 值降低至  $(42.83 \pm 4.80) mm$  ( $P < 0.05$ ),提示需要补充纤维蛋白原和血小板制剂;而 Plt 降为  $(85.63 \pm 15.22) \times 10^9/L$ ,Fib 进一步下降为  $(0.95 \pm 0.25) g/L$  ( $P < 0.01$ ),主要凝血因子活性不及初始 (基线) 活性的 4 成,尤其是 FV 和 FVIII 活性下降至 3 成左右;PT、APTT 的延长更加明显 ( $P < 0.01$ )。

**结论** Plt 和 Fib 变化符合 TEG 的 MA、K 值的变化趋势;面对大出血患者,临床应该重视 Plt 和 Fib 监测。

## PU-6117

## 贝克曼库尔特 PE 生化流水线流程优化

陈晓婷  
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 优化 PE 生化流水线流程,进一步保证质量,提高检测效率。

**方法** 调研分析 PE 流水线各全自动生化分析仪项目分配和检测效率的数据,按质量第一、效率优先的原则,避开互相污染的试剂项目,将各单机项目科学合理地重新分配,试运行 10 天后,数据统计分析,与原来模式比较。

**结果** 流程优化后,线上危急值结果最快速复查、样品线上周转时间优化、样本复查流程优化 (更便捷,更高效)、各台单机样本智能平衡。与原来模式比较,质控检测量降低,同一仪器同一单元同一内外圈的项目数降低了,试剂间污染的可能性降低了,检验质量得到保证。线上周转时间峰值由 120 分钟变为 110 分钟,有所缩短,检测效率提高了。

**结论** PE 生化流水线流程优化保证了质量,提高了检测效率。



## PU-6118

## 皮炎/多肌炎患者外周血淋巴细胞亚群的变化及短周期、低剂量 IL-2 的治疗作用

冯敏,罗静,赵向聪

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 本研究旨在探讨 DM/PM 患者外周血 Th17 和 Treg 细胞等淋巴细胞亚群的变化。

**方法** 将山西医科大学第二医院 2017 年 10 月-2018 年 12 月确诊的 10 例 PM 患者和 61 例 DM 患者纳入研究,均符合 Bohan 和 Peter 诊断标准。选取 30 名年龄、性别均匹配的健康人作为对照组。

DM 患者中 26 例仅接受了常规疗法,其余 35 患者同时还接受短周期、低剂量 IL-2 (ld-IL-2) 处理 ( $5.0 \times 10^5$  IU, 5 天)。通过流式细胞仪检测 DM、PM 和对照组的淋巴细胞亚群 (CD3<sup>+</sup>T, CD4<sup>+</sup>T, CD8<sup>+</sup>T, B 及 NK 细胞), CD4<sup>+</sup>T 细胞亚群 (Th1, Th2, Th17 和 Treg 细胞) 及多种细胞因子 (IL-2, IL-4, IL-6, IL-10, TNF- $\alpha$  和 IFN- $\gamma$ )。采用 Spearman 相关检验计算各项指标与肌炎活动视觉模拟评估工具 (MYOACT) 的相关系数。

**结果** (1) 与对照组相比,PM 和 DM 患者的 CD3<sup>+</sup>T ( $P=0.018$ ,  $P=0.003$ ), CD4<sup>+</sup>T ( $P=0.035$ ,  $P=0.016$ ) 和 Treg 细胞 ( $P \leq 0.001$ ) 显著降低,而 Th17 细胞没有显著变化。PM/DM 患者中 Th17/Treg ( $P=0.015$ ,  $P=0.001$ ) 明显升高。(2) 与对照组相比,患者血清中 IL-2 含量明显降低 ( $P \leq 0.000$ ),而 IL-4, IL-6, IL-10, TNF- $\alpha$ , IFN- $\gamma$  和 IL-17 升高。(3) 常规治疗使 DM 患者的淋巴细胞呈下降趋势,差异无统计学差异;而 ld-IL-2 使 DM 患者 CD3<sup>+</sup>T, CD4<sup>+</sup>T, B 和 Treg 细胞显著升高 ( $P=0.030$ ,  $P=0.001$ ,  $P=0.019$ ,  $P=0.001$ )。(4) 在 DM 患者中,MYOACT 与 CD3<sup>+</sup>T ( $r=-0.388$ ,  $P=0.002$ ), CD4<sup>+</sup>T ( $r=-0.360$ ,  $P=0.004$ ), CD8<sup>+</sup>T ( $r=-0.364$ ,  $P=0.004$ ), Th1 ( $r=-0.386$ ,  $P=0.002$ ), Th2 ( $r=-0.282$ ,  $P=0.028$ ) 和 Treg 细胞 ( $r=-0.262$ ,  $P=0.041$ ) 呈显著负相关。

**结论** DM/PM 患者中促炎性 T 细胞和 Treg 细胞均呈下降趋势,提示免疫耐受缺陷是其发病的重要机制。DM 血清 IL-2 水平显著降低,而 ld-IL2 联合常规治疗可上调 Treg 细胞,提示 ld-IL2 对于治疗 DM/PM 是合理且有前景的一种方法。

## PU-6119

## 脓毒血症患者血小板聚集体的变化

苗林子,屈晨雪,龚岩,陆遥,由然,李涛,李晓晶

北京大学第一医院,100000

**目的** 分析 33 例脓毒血症患者和 20 例正常志愿者血小板聚集体的表达,结合患者临床转归探讨血小板聚集表达在脓毒血症诊断及预后判断的价值。

**方法** 选择我院急诊科 2017 年 10 月至 2018 年 12 月期间临床诊断为脓毒血症的患者以及体检中心健康志愿者 20 例,用流式细胞仪检测健康对照组和脓毒血症患者初发、治疗 3 天、治疗 1 周和出院前四个时间点血小板聚集体的表达。脓毒血症患者根据转归分为好转组 (26 例),死亡组 (7 例)。比较好转组、死亡组、健康对照组 3 组间血小板一中性粒细胞聚集体、血小板淋巴细胞聚集体和血小板一单核细胞聚集体的水平;另外比较好转组和死亡组组内初发、治疗 3 天、治疗 1 周和治疗 10 天四个时间点血小板聚集体的变化;并且比较同一治疗节点好转组和死亡组血小板聚集体的差异,探讨血小板聚集表达在脓毒血症诊断及预后判断的价值。

**结果** 好转组相对健康对照组初发时、治疗 3 天、治疗 1 周血小板一中性粒细胞聚集体表达均明显减低, ( $3.17 \pm 2.07$ ) % / ( $3.71 \pm 2.31$ ) %、( $3.25 \pm 1.75$ ) % / VS ( $6.75 \pm 3.99$ ) %, 差异有统计学意义 ( $P < 0.0001$ ,  $P=0.005$ ,  $P=0.003$ ), 但出院前好转组相对健康对照组血小板一中性粒细胞聚集体表达无明显差异。死亡组相对健康对照组初发时、治疗 3 天、治疗 1 周血小板一中性粒细胞聚

集体表达同样明显减低, 差异有统计学意义 ( $P=0.004$ 、 $P=0.006$ 、 $P=0.022$ )。好转组和死亡组四个时间点间血小板聚集体表达均无明显差异, 同一治疗时间点好转组和死亡组血小板聚集体表达无明显差异。血小板—淋巴细胞聚集体和血小板—单核细胞聚集体在各组及各治疗时间点无明显差异。

**结论** 脓毒血症患者血小板—中性粒细胞聚集体明显降低, 且治疗好转时血小板—中性粒细胞聚集体表达恢复正常, 可以对脓毒血症的诊断和治疗监测提供依据。

## PU-6120

### 421 例疑似肺结核病人痰标本 Xpert MTB/RIF 检测

梁桂亮,余婷婷,黄山,王霖,李晓非  
昆明市第三人民医院,650000

**目的** 了解 Xpert MTB/RIF 在痰标本检测中的运用

**方法** 回顾性分析本院一年中使用 Xpert MTB/RIF 检测痰标本的效果

**结果** 421 例送检的痰标本中, 阳性痰标本共有 175 例, 阳性率为 41.6%; 175 例中利福平敏感的有 108 例, 敏感率为 61.71% (108/175); 耐药的有 67 例, 耐药率为 38.29%。

**结论** 使用 Xpert MTB/RIF 能快速检测痰标本中是否有结核分枝杆菌感染, 是一种很适合基层医院开展结核病诊断的检测手段。

## PU-6121

### A Quantum Dot-based Immunofluorescence Chromatography for Quantitative Detection of Mycoplasma Pneumoniae

Tian Cai<sup>1</sup>, Yongping Lin<sup>2</sup>, Qiang Zhou<sup>3</sup>

- 1.Nanhai Hospital Affiliated to Southern Medical University
- 2.The First Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University
- 3.The Second Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University

**Objective** Anti-Mycoplasma Pneumoniae IgM antibody (anti-MP IgM Ab) is an important biomarker for early detection of Mycoplasma Pneumoniae Pneumonia(MPP). For clinical diagnosis of MPP in the early stage, an immunochromatographic test strip for anti-MP IgM antibody detection was developed based on quantum dots.

**Methods** Firstly, preparation of MP-antigen, Mp-antigen and Control-antibody were dotted on the nitrocellulose membrane as test line and control line, respectively. Subsequently, quantum dots marked rabbit anti-human IgM antibody were sprayed to the glass fibers and dried. Last, all components of immunochromatographic test strip were assembled, cut and packaged. The test strip has been applied to the detection of 200 clinic serum samples from MPP patients and healthy people, respectively. The sensitivity and specificity of the test strip were calculated with PCR assay as the control.

**Results** The sensitivity was 89.0 % , specificity was 93.5 % and overall coincidence rate was 91.25%.

**Conclusions** The test strip could be a powerful diagnostic tool for the early detection of MPP with advantages of simplicity and high speed manipulation, and can be used in point-of-care testing (POCT)

PU-6122

## Hsa\_circ\_0006766 targets miR-4739 to regulate osteogenic differentiation of human bone marrow mesenchymal stem cells

Zhaodi Guo<sup>1,2</sup>, Qing Zhao<sup>1</sup>, Qianxin Liang<sup>2</sup>, Jing Su<sup>1</sup>, Zhiliang He<sup>1</sup>, Xiuping Cai<sup>1</sup>, Zhixiang Chen<sup>1</sup>,  
Lei Zheng<sup>2</sup>, Kewei Zhao<sup>1,2</sup>

1. The Third Affiliated Hospital of Guangzhou University of Chinese Medicine

2. Guangzhou University of Chinese Medicine

**Objective** Studies have shown that circular RNA (circRNA) plays an important regulatory role in bone metabolism, which is mediated by microRNA (miRNA) sponges. However, the mechanism by which circRNA regulates osteogenic differentiation of human bone marrow mesenchymal stem cells (hBM-MSCs) remains unclear. Here, based on previous circRNA chip results, we investigated how hsa\_circ\_0006766 regulates the osteogenic differentiation of hBM-MSCs.

**Methods** According to the results of our previous circRNA chip, hsa\_circ\_0006766 was screened for differential expression in the peripheral blood mononuclear cells of postmenopausal osteoporosis patients and non-osteoporotic patients and it was differentially expressed in the osteogenic differentiation of hBM-MSCs. Bioinformatics analysis was performed to predict potential target miRNAs of hsa\_circ\_0006766. During osteogenic differentiation of hBM-MSCs, cell that underwent osteogenic differentiation for 14 days were stained with Alizarin Red, and osteogenic differentiation phenotypic gene ALP, Runx2, hsa\_circ\_0006766 and its target miRNAs (miR-4739, miR-619-5p, miR-5787, miR-7851-3p, miR-3192-5p) were detected by quantitative reverse transcription-polymerase chain reaction (qRT-PCR). Target gene prediction for the differentially expressed target miRNA was performed, and target genes were validated by dual luciferase reporter gene assay and qRT-PCR.

**Results** Alizarin Red staining revealed red calcified nodules were observed on day 14. The expression of ALP, Runx2 increased at day 7 compared to day 0 and there was a statistically significant difference ( $P < 0.01$ ). We also observed that hsa\_circ\_0006766 was significantly upregulated during osteogenic differentiation of hBM-MSCs and there was a statistically significant difference between the day 7 of osteogenic differentiation of hBM-MSCs and those at day 0 ( $P < 0.01$ ), whereas miR-4739 was significantly downregulated and there was a statistically significant difference ( $P < 0.05$ ). Notch2, ZFP36L1, and Wnt1, which were associated with bone metabolism and were predicted to be target genes of miR-4739. The target genes Notch2, ZFP36L1, and Wnt1 were predicted to be highly expressed during osteogenic differentiation and there was a statistically significant difference ( $P < 0.0001$ ). Dual luciferase assay indicated that The expression of Notch2 decreased in the miR-4739 mimic-group compared to the NC mimic-group and there was a statistically significant difference ( $P < 0.05$ ). whereas expression of ZFP36L1, Wnt1 increased in the miR-4739 mimic-group compared to the NC mimic-group and there was no statistically significant difference ( $P > 0.05$ ). Dual luciferase assay confirmed that Notch2 but not ZFP36L1 or Wnt1 is a target gene of miR-4739.

**Conclusions** Hsa\_circ\_0006766 may play an important regulatory role in osteogenic differentiation of hBM-MSCs via an hsa\_circ\_0006766-miR-4739-Notch2 regulatory axis. Accordingly, hsa\_circ\_0006766 may become a valuable tool for promoting bone regeneration, then affect the development of osteoporosis and may thus represent a therapeutic target.

## PU-6123

## 血清 $\gamma$ -谷氨酰转移酶对于 冠状动脉疾病患者狭窄程度的预测价值

杨璐

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 探讨血清  $\gamma$ -谷氨酰转移酶浓度水平对于冠状动脉疾病患者狭窄程度的预测价值。

**方法** 收集 500 例 2015 年 1 月-2017 年 12 月在南京医科大学第一附属医院住院的冠心病患者，依据其双源 CT 的检查结果将患者分为重度狭窄阻塞组（狭窄程度大于或等于 50%），共计 232 例；轻度狭窄阻塞组（狭窄程度低于 50%），共计 268 例，健康对照组 252 例，分别记录不同组别的血清 GGT 水平和血脂水平，进行统计学分析。

**结果** 血清 GGT 水平与冠心病患者有显著相关性。其中，50% 梗阻患者的 GGT 水平显著高于健康和冠状动脉阻塞率低于 50% 的患者，同时我们还发现血清 GGT 的升高和冠心病的严重程度密切相关，血清 GGT 的水平和 HDL-C 的值密切相关。

**结论** 血清 GGT 水平联合 HDL-C 可以用于冠心病患者冠脉狭窄程度的预测。

## PU-6124

## 胶乳增强免疫比浊法和 ELISA 测抗 CCP 抗体的比较研究

武艳瑶,罗静

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 我们研究的目的是评价胶乳增强免疫比浊法（PETIA）与 ELISA 在测 139 名患者抗环瓜氨酸肽抗体（CCP）检测中的性能一致性，以及对早期类风湿关节炎(RA)的诊断价值。

**方法** 收集 2018 年 6 月 28 号到 2018 年 7 月 16 号在山西医科大学第二医院风湿科就诊的 RA 患者或疑似 RA 患者的血清或血浆标本总共 139 例。用 PETIA 和 ELISA 同时检测病人血清中的抗 CCP 抗体。并用 ELISA 和 PETIA 对高、低浓度样品连续检测 10 次。所有的化验按照制造商的标准程序完成的，并将这两种方法进行对比研究,比较技术性能和诊断准确性。我们评估了这两种方法的临床敏感性和特异性。同时用酶联免疫吸附法为参比方法来绘制 ROC 曲线。当  $P < 0.05$  时认为有统计学意义。根据接收机工作特性曲线和 95% 置信区间(CI)对诊断性能进行比较。

**结果** 两种方法测定的 Kappa 系数和一致性率均大于 0.91。PETIA 的灵敏度和特异度分别是 83.33% 和 95.6%，阳性预测值和阴性预测值分别是 90.91% 和 91.58%。阳性符合率 95% 的置信区间是 78.97%-82.75%，阴性符合率 95% 的置信区间是 92.72%-94.79%。使用制造商提出的截止值，ELISA 对临床诊断 RA 的灵敏度为 82%，特异度为 95%。高、低样本 ELISA 变异系数均小于 10%，不同水平样本中 PETIA 的变异系数均低于 6.12%，且都小于 ELISA 的变异系数。ROC 曲线分析显示 PETIA 曲线下面积(AUC)为 0.90(95% 置信区间:0.83-0.97)。

**结论** PETIA 和 ELISA 之间的一致性很高。总的来说，PETIA 测血清中抗 CCP 抗体更准确、重复性好，耗时较少，整体诊断性能是可以与 ELISA 比较的。PETIA 提供了关于抗体水平的可靠信息，使它们在监测疾病活动方面有用,可与经典的 ELISA 相媲美。

PU-6125

## 重组人血小板生成素对肺癌化疗患者 血小板输注效果的影响

关晓珍  
解放军总医院

**目的** 评估肺癌化疗患者预防性使用重组人血小板生成素(rhTPO)对化疗后输注血小板效果的影响。

**方法** 应用临床输血智能管理与评估系统(v1.0),选取本院2015年1月1日—12月31日输注血小板的276名肺癌化疗患者的病历资料,按照是否曾使用rhTPO将患者分为rhTPO组(n=146)和对照组(n=130),比较2组患者年龄、性别、体表面积、体重指数(BMI)、输前血小板计数(Plt)等基线资料,以及血小板输注效果(以血小板校正增高指数判断输注疗效)、输注量。

**结果** 2组患者基线资料数据相近( $P>0.05$ ); rhTPO组146例共输注血小板407 U、对照组130例共输注血小板379 U,2组患者平均血小板输注量(U)分别为 $2.97\pm0.34$  vs  $3.81\pm0.14$  ( $P<0.05$ ); 2组患者输注总体为有效( $P<0.05$ ); 2组输注血小板前后均检测血常规的患者比例分别为73.97%(108/146) vs 76.15%(99/130),输注有效率分别为86.9%(279/321) vs 76.5%(235/307) ( $P<0.05$ )。

**结论** 肺癌化疗患者预防性使用rhTPO可减少化疗后异体血小板输注量,且血小板输注效果较未使用rhTPO者高

PU-6126

## Circulating cell-free DNA-based Generation Sequencing and Gene Amplification in breast cancer

Juan Xu,Wang Li,Hailin Peng,Chenglin Zhou  
the Hospital Affiliated to Nanjing University of Traditional Chinese Medicine (Taizhou People's Hospital)

**Objective** Circulating cell-free DNA (cfDNA) has recently been recognized as a resource for biomarkers of cancer progression, treatment response, and drug resistance. However, few have demonstrated the usefulness of cfDNA for Gynecologic tumor, such as Breast Cancer. Thus, the aim of the present study was to evaluate plasma cell-free DNA (cfDNA) as a promising biomarker for Breast Cancer (BC).

**Methods** Fifty-five eligible patients with diagnosed BC were recruited from Taizhou People's Hospital between April 2018 and April 2019. Approximately 2 mL of peripheral blood was drawn, and plasma cfDNA levels were measured via quantitative polymerase chain reaction (qPCR). Total cfDNA analysis was performed using the long interspersed nuclear element 1 (LINE-1) 97 bp fragment, and DNA integrity was calculated by the ratio of the LINE-1 259 bp fragment to the LINE-1 79 bp fragment. 50 genes of interest as circulating cell free DNA in blood cell and plasma were examined. The copy number of genes were accessed by Z score.

**Results** A total of 55 BC patients with a median age of 46 years comprised the group of I/II, III/IV stage BC patients. Compared with I/II stage BC patients, the DNA integrity in III/IV patients were worse ( $P<0.05$ ). Carcinoembryonic Antigen (CEA), Cancer Antigen15-2 (CA15-3), and cfDNA levels were dramatically increased in the III/IV stage BC patients than I/II patients. Moreover, the concentration of cfDNA was much higher in metastatic patients. By analyzing the area under the receiver operator characteristic (ROC) curve (AUC), the areas of total cfDNA, CEA, and CA153 levels were 0.931, 0.919, and 0.902, respectively. The total of 9 mutant genes (PIK3CA, TP53, EGFR, KRAS, CDKN2A, NRAS, FBXW7, CTNNB1, VHL) were found in enrolled patients. The 3 most frequently mutated genes are tumor protein p53 (TP53), phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate 3-kinase catalytic subunit alpha (PIK3CA) and epidermal growth factor receptor

(EGFR). Interestingly, TP53 mutation is related with Z score, which means the copy number of gens. Moreover, all patients with EGFR mutation in the BC group has potential for progressing early lung metastatic.

**Conclusions** The sensitivity and specificity data clarified that the level of circulating cfDNA in plasma can be considered as a reliable biomarker for describing tumor load in BC. The plasma cfDNA concentration was as good as the levels of CEA and CA15-3 to discriminate the tumor burden in BC patients. Targeted NGS of cfDNA has potential for monitoring response to targeted therapies through both mutations and gene amplification, for analysis of dynamic tumor heterogeneity and stratification to targeted therapy.

## PU-6127

### 妊娠中期游离 T3、游离 T4 及其比值与妊娠期糖尿病的相关性分析

彭永正<sup>1</sup>, 卢晓彤<sup>1,2</sup>

1. 南方医科大学珠江医院, 510000

2. 广东省东莞市康华医院检验科

**目的** 妊娠糖尿病在早期难以发现及诊断, 容易产生误诊。本研究分析妊娠中期 FT3、FT4 水平与妊娠期糖尿病 (GDM) 发病的相关性, 初步评估妊娠中期 FT3、FT4 水平是否为 GDM 的风险指标; 并初步根据 FT3/FT4 水平为 GDM 的发病机制提供新的见解。

**方法** 采集 2018 年 5 月至 2019 年 4 月在南方医科大学珠江医院进行治疗的 29 例妊娠期糖尿病的孕妇作为 GDM 组, 并采取随机选择原则, 选择同一时期在珠江医院接受正常产前诊断及检查的 140 例正常妊娠的孕妇作为非 GDM 组。选取 UniCel DXI 800 Access 全自动微粒子化学发光仪, 检测 GDM 组与非 GDM 组孕妇在妊娠中期 (14-27 周) 的血清游离三碘甲状腺原氨酸 (FT3) 和游离甲状腺素 (FT4) 水平。比较分析两组孕妇 FT3、FT4 水平及其比值 (FT3/FT4) 与是否患妊娠期糖尿病的相关性。

**结果** GDM 组孕妇 FT3、FT4 分别为 (4.50±0.42) pmol/L、(7.61±1.63) pmol/L, 非 GDM 组孕妇 FT3、FT4 的数据分别为 (4.69±0.62) pmol/L、(8.59±1.60) pmol/L, 两组差异进行比较均有统计学意义 (P<0.05); GDM 组孕妇的 FT3/FT4 为 (0.61±0.13), 非 GDM 组孕妇的 FT3/FT4 为 (0.56±0.11), 两组比较差异有统计学意义 (P<0.05); FT3 的 95%CI、P 值分别为 0.283~1.160、0.122, FT4 的 95%CI、P 值分别为 0.457~0.853、0.003。

**结论** 患有妊娠期糖尿病的孕妇的血清游离三碘甲状腺原氨酸 (FT3) 和游离甲状腺素 (FT4) 水平确实与健康孕妇存在差异; 且 FT4 水平是 GDM 发病的危险因素, 即妊娠中期孕妇 FT4 水平下降将使孕妇 GDM 发病率升高; FT4 的代谢加快可能为 GDM 发病的机制之一。

## PU-6128

### 2016~2018 年武汉市 933 例 HIV 抗体确证检测结果分析

郭爽, 黎锦, 杨桂

武汉大学中南医院, 430000

**目的** 分析 2016~2018 年武汉大学中南医院检验科艾滋病确证实验室 HIV 抗体确证检测结果, 了解艾滋病疫情流行现状。

**方法** 按照国家规定的检测方案, 对本院 HIV 抗体筛查实验室检测点送检的 933 例 HIV 抗体筛查阳性样本进行复检、确证和分析。

**结果** 2016~2018 年共对 805 例 HIV 抗体复检阳性样本进行确证试验, 其中 689 例 (85.59%) 为阳性, 89 例 (11.06%) 为不确定, 27 例 (3.35%) 为阴性。确诊阳性样本男女比例为 4.74:1; 人群年龄分布以 21~30 岁年龄组为主, >50 岁年龄组次之; 人群文化程度分布不一。HIV 抗体确证不确定样本带型以 gp160、gp120、p41 和 gp160、p24 为主, 对 25 例不确定样本进行了随访, 16 例随访确证为阳性。

**结论** 武汉市 HIV 阳性感染者呈逐年上升趋势, 且男性多于女性, 以青年, 高学历人群居多。HIV 确证不确定受检者随访率低。应加大面向社会尤其是青年、中老年人人群的艾滋病防治宣传工作, 切实提高 HIV 抗体检出率和随访率, 遏制艾滋病的传播。

## PU-6129

### 胆道闭锁特异性自身抗原的筛选及鉴定

邓蕾, 庞舒尹, 刘海英  
广东省广州市妇女儿童医疗中心

**目的** 采用人类全基因组编码蛋白质芯片技术筛选有诊断价值的胆道闭锁 (BA) 特异性自身靶抗原。

**方法** 以 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在本中心就诊的 20 例 BA 患儿、5 例疾病对照组 (DC) 患儿和 15 例正常对照组 (NC) 血清为探针, 利用全基因组蛋白质芯片技术和生物学聚类分析建立 BA 自身靶抗原差异谱, 基于此制备抗原差异谱蛋白质小芯片, 扩大临床样本量 (BA 患儿、其他淤胆性疾病患儿、正常对照组各 80 例血清), 从中鉴定 BA 特异性自身靶抗原。

**结果** 本研究共筛选出差异响应抗原 281 个, 其中 IgG 响应 79 个, IgM 响应 150 个, 二者同时响应的 26 个, 以差异倍数  $\geq 2$ 、表达稳定的标准得到 49 个高响应抗原。GO 功能分析发现差异抗原主要涉及调控细胞发育、增殖、凋亡及胆道形成。其中 CENP6、UBQLN3、PDCD2、SPEG 和 RBPJ、CNPY4 抗原在 BA 组中阳性率显著高于对照组 (100% vs 0%,  $P < 0.05$ )。进一步加大样本量鉴定发现, 与对照组相比, BA 组中 CNPY4-IgM、RBPJ-IgG 抗原表达显著上调, 其对 BA 的诊断灵敏度可达 52%、38%, 特异度分别为 92%、91%, 两者作为区分 BA 患儿和健康对照的曲线下面积均可达 77% ( $p$  均  $< 0.05$ ), GO 功能分析提示这两个抗原参与 Notch 信号通路传导、TLR4 受体表达等 BA 自身免疫致病机制过程。

**结论** 本研究成功筛选出有可能作为 BA 无创性诊断标志物的特异性自身靶抗原, 但仍需要更为深入的鉴定。

## PU-6130

### 借鉴 KTQ 认证标准促进检验科员工满意度的提升

高锦, 潘峰  
杭州师范大学附属医院

**目的** 探讨 KTQ (Cooperation for Transparency and Quality in Health Care) 认证体系对于医院检验科员工满意度提升的意义。

**方法** 依据 KTQ 以员工为导向的评审标准, 了解员工对现有工作的满意度以及其个人发展需求, 采取相应管理措施持续改进, 如: 1) 以员工为导向, 广泛采纳员工的合理化建议, 采取民主、公开的科室决策; 2) 重视员工的个人职业发展, 提供外出进修深造机会, 建立符合本科室的培训、教育体系, 在员工关爱方面, 对于压力过大的员工给予心理疏导; 3) 完善科室绩效考核体系, 执行公平、公正、公开的绩效分配方案, 充分调动员工积极性。根据科室实际情况, 建立相应的评价指标, 采取问卷调查的方式比较认证工作启动前、后员工总体满意度以及受员工工作态度、热情等因素直接影响的服务对象的满意度。

**结果** KTQ 认证工作启动后员工满意度调查问卷回收率较前大幅提升（97.1% vs 40.6%）；认证工作启动前、后员工总体满意度分别为 92.3% 和 95.5%、患者满意度分别为 94.1% 和 95.4%、护理人员对检验科满意度分别 93.0% 和 97.1%，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 在 KTQ 认证契机下，以员工为导向的评审标准在一定程度上能使员工的个人潜能得到充分发挥，工作成就感提高，促进员工满意度的提升，进而调动员工的积极性、主动性，员工对工作的热情与敬业度随之升高，便于检验质量与服务质量的提高。

## PU-6131

### 中性粒细胞 CD64 指数与补体、CRP、WBC 和 B 细胞联合检测 鉴别系统性红斑狼疮继发细菌感染和疾病复发的临床价值

冯敏,罗静,梁朝珩,赵向聪  
山西医科大学第二医院,030000

**目的** 探讨外周血中性粒细胞 CD64 (nCD64) 指数、补体 C3、补体 C4、C-反应蛋白 (CRP)、降钙素原 (PCT)、白细胞数 (WBC)、淋巴细胞亚群、CD4<sup>+</sup>T 细胞亚群及其联合检测鉴别系统性红斑狼疮 (SLE) 继发细菌感染和疾病复发的临床意义。

**方法** 回顾性研究本院 2015 年 10 月-2018 年 3 月确诊的 36 例继发细菌感染 (男 4 例, 女 32 例, 平均年龄 41 岁) 和 45 例疾病复发 (男 7 例, 女 38 例, 平均年龄 39 岁) SLE 住院患者, 均符合 1997 年 ACR 标准。流式细胞仪检测 nCD64 指数、淋巴细胞亚群和 CD4<sup>+</sup>T 细胞亚群, 血细胞分析仪检测 WBC, 免疫比浊法检测 C3、C4、CRP 和 PCT。定量资料比较采用 t 检验或 Mann-Whitney U 检验, 定性资料比较采用卡方检验, 以 Spearman 秩相关分析两变量间相关性。通过 ROC 曲线及生物标志物评分评价上述指标及其联合检测对细菌感染的诊断意义。

**结果** 感染组 nCD64 指数、CRP 和 WBC 高于疾病复发组 [1.06 (0.75~3.13)、7.93 (3.35~23.15) 和 4.43 (3.42~8.01) vs. 0.92 (0.73~1.17)、4.81 (2.01~10.48) 和 3.75 (2.46~6.72),  $p < 0.05$ ]; C3、C4 和 B 细胞显著低于疾病复发组。上述六个指标 ROC 曲线下面积无显著性差异 [nCD64 指数: 0.619 (CI 0.504~0.724), CRP: 0.608 (CI 0.492~0.715), WBC: 0.625 (CI 0.510~0.730), C3: 0.658 (CI 0.540~0.764), C4: 0.646 (CI 0.526~0.754), B cells: 0.652 (CI 0.538~0.754)]。nCD64 指数与 C3、C4、CRP 和 WBC 联合检测 ROC 曲线下面积为 0.783, 灵敏度为 85.3%, 特异度为 62.5%。nCD64 指数与 CRP 呈显著正相关 ( $r=0.281$ ,  $p=0.012$ ), 与 Th1、Th2 和 B 细胞呈显著负相关 ( $r=-0.321$ ,  $p=0.010$ ;  $r=-0.300$ ,  $p=0.017$ ;  $r=-0.236$ ,  $p=0.034$ ), 与 C3、C4 无相关性。10 个患者标志物评分  $\leq 2$  且细菌感染率为 0%, 2 个患者评分为 6 且细菌感染率为 100%。

**结论** nCD64 指数与 C3、C4、CRP、WBC 和 B 细胞联合检测对于鉴别 SLE 继发细菌感染和疾病复发具有一定的参考价值。

## PU-6132

### ATIII 与慢加急性肝衰竭进展及短期死亡的相关研究

袁宇珊,吴晓娟,魏彬,周静,苏真珍,王鹭,陈捷,蔡蓓,王兰兰  
四川大学华西医院,610000

**目的** HBV 感染引起的急性失代偿肝硬化 (AD) 或慢加急性肝衰竭 (ACLF) 是导致患者短期死亡的重要原因, 凝血功能紊乱被认为与患者发生上消化道出血甚至死亡相关。抗凝血酶 III (Antithrombin III, ATIII) 是由肝细胞分泌的人体内最重要的抗凝物质之一, 除具有强大的抗凝功能外, 还具有抗炎, 抗菌等生理功能。然而, ATIII 在 HBV 感染相关 AD 和 ACLF 的临床应用价值



还尚未明确。本研究旨在探讨抗凝血酶 III 与 HBV 感染 AD 患者疾病进展、与 ACLF 患者多器官系统衰竭和生存率的相关性。

**方法** 回顾性收集我院 2011 年 1 月到 2018 年 7 月 442 例未使用人工肝治疗的 HBV 感染患者，其中包括 ACLF 患者 267 例、AD 患者 175 例，收集患者临床信息及实验室指标，研究 ATIII 与 ACLF 患者的疾病进展和 28 天死亡率的关系。

**结果** 失代偿性肝硬化组，住院进展为 ACLF 的患者基线 ATIII 中位数显著低于未进展组（36.2% vs 47.8%， $p=0.021$ ）；ACLF 患者中，28 天死亡组 ATIII 基线水平显著低于存活组（ $19.1\pm 10.6\%$  vs  $24.6\pm 12.2\%$ ， $p=0.000$ ）；在各器官衰竭组中，ACLF 患者中伴发凝血衰竭者 ATIII 水平显著低于无凝血衰竭者（ $15.5\pm 9.3\%$  vs  $25.5\pm 11.5\%$ ， $p=0.000$ ）；ACLF 患者中发生肾衰竭者 ATIII 水平显著低于无肾衰竭者（ $17.6\pm 10.4\%$  vs  $23.4\pm 11.8\%$ ， $p=0.000$ ）；同时，ATIII 水平与评分系统 MELD（ $r=-0.344$ ， $p=0.000$ ）MELD-NA（ $r=-0.311$ ， $p=0.000$ ），CLIF-ALCF（ $r=-0.311$ ， $p=0.000$ ）及 CLIF-OF（ $r=-0.315$ ， $p=0.000$ ）均呈负相关性。Kaplan-Meier 生存分析显示，与 ATIII $\geq 20\%$ 组相比，ATIII $< 20\%$ 组患者累计生存率显著降低。标准治疗 5 天后，死亡组患者 ATIII 水平仍显著低于存活组（ $18.6\pm 8.9\%$  vs  $25.1\pm 14.1\%$ ， $p=0.001$ ）。

**结论** ATIII 水平降低与 ACLF 进展及不良预后相关，对疾病的评估及治疗效果的监测均具有一定的辅助诊断价值。

## PU-6133

### 神经外科术后感染脑脊液培养革兰阳性菌 的临床分布及耐药性分析

郑光辉,李方强,张艳,唐明忠,康熙雄,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探索 2011-2015 年神经外科术后感染革兰阳性菌的分布与耐药性分析。

**方法** 收集 2011 年 1 月至 2015 年 12 月首都医科大学附属北京天坛医院神经外科术后患者脑脊液培养阳性的革兰阳性菌进行流行病学分析，且分别对临床诊断真感染的凝固酶阴性葡萄球菌，金黄色葡萄球菌，粪肠球菌与屎肠球菌的耐药情况进行分析。

**结果** 2011-2015 年间，神经外科术后分离出革兰阳性菌共 1 284 例，分离率为 4.53%，其中表皮葡萄球菌、人葡萄球菌和金黄色葡萄球菌的分离率最高，依次为 38.32%、12.31%和 10.75%。真感染的凝固酶阴性葡萄球菌比例为 21.28%。药敏试验结果显示，革兰阳性菌对万古霉素、利奈唑胺与替考拉宁敏感度最高；真感染 CoNS 对万古霉素与利奈唑胺无法达到 100.0%敏感率，对阿米卡星与利福平的敏感率大于 90.0%；葡萄球菌对苯唑西林耐药率较高，肠球菌对万古霉素的耐药率为 4.8%。

**结论** 神经外科术后革兰阳性菌感染问题较为严重，由于凝固酶阴性葡萄球菌的感染不确定性，金黄色葡萄球菌与肠球菌感染的严重性，临床治疗时需特别注意。万古霉素，替考拉宁与利奈唑胺为神经外科术后革兰阳性菌感染应用最有效的抗生素。

## PU-6134

## TSH 国际标准物质 (WHO NIBSC 81/565) 在不同基质互换性研究

张顺利,王清涛

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 通过选择适当的稀释液,使 TSH 国际标准物质 (WHO NIBSC 81/565) 在多系统间具有互换性。

**方法** 在首都医科大学附属北京朝阳医院检验科收集 29 例 TSH 高中低浓度 (0.081~87.656  $\mu\text{IU/ml}$ ) 患者检验完成后剩余血清组成血清盘。随后,将不同基质 (D-PBS/BSA, Hanks 平衡盐溶液/BSA, PBS/BSA, 生理盐水/BSA, 蒸馏水/BSA, 人 TSH0 值血清) 稀释的 WHO NIBSC 81/565 随机插入血清盘中,在 8 种市场主流检测方法间 (西门子 ADVIA CENTAUR XP, 西门子 Immulite 2000, 罗氏 Cobas 601, 贝克曼 DXI800, 雅培 Architect i2000, 索灵 Liaison XL, 安图 Autolumo A2000 Plus 和利德曼 CI100) 采用 CLSI EP30-A 推荐方案进行国际标准物质 2 水平 (理论浓度约为 0.4 和 47.9  $\mu\text{IU/ml}$ ) 互换性研究。

**结果** 以西门子 ADVIA CENTAUR XP 为对照系统,其他 7 方法为比对系统。人 TSH0 值血清稀释的国际标准物质在 6 中方法间具有互换性,某种配方在 4 种方法间具有互换性。

**结论** TSH 国际标准物质 WHO NIBSC 81/565 在不同基质中互换性不同。

## PU-6135

## 血清 miRNA 快速检测方法的建立

李春梅,范列英

上海市东方医院同济大学附属东方医院,200120

**目的** 利用实时荧光定量建立免抽提的直接检测血清 miRNA 的新方法

**方法**

收集 5 名健康志愿者血清,每份血清中加入等量外源性人工合成拟南芥 miR173(ath-miR173)作为外源性质控 miRNA,监测 miRNAs 提取过程对检测结果的影响程度。每份血清再分为三等份,分别采用酸性酚提取 RNA 法 (PC)、试剂盒提取 RNA 法 (Kit) 和直接检测方法 (DS) 检测血清人 miR-16 (has-miR-16),比较不同方法对 miRNA 检测结果的影响。同时,检测 has-miR-16 观察血清保存方式及反复冻融对检测结果的影响。

**结果** DS 方法检测的 ath-miR173 的平均 Ct 值 (20.56) 显著低于 PC 方法 (25.20) 和 Kit 方法 (24.66) ( $p<0.001$ )。同样地,DS 方法检测的 hsa-miR-16 的平均 Ct 值 (25.21) 也显著低于 PC 方法 (30.60) 和 Kit 方法 (29.87) ( $p<0.001$ )。DS 方法可检测的 miRNA 的 Ct 值范围为 4-37,在 8-30 范围内呈线性。血清保存于 4℃ 24h 后,DS 方法检测的 has-miR-16 的 Ct 值显著升高 3.02 ( $p<0.01$ ),并且随着时间延长逐渐升高。血清保存于 -20℃ 时,在第一个 24h 后 has-miR-16 的 Ct 值显著增加 2.36 ( $p<0.05$ ) 后保持稳定。血清保存于 -80℃ 时,has-miR-16 的 Ct 值保持稳定,没有明显变化。

**结论** 本研究创新了血清 miRNAs 的检测方法,提高了检测的效率和灵敏度,更利于 miRNAs 作为生物标志物在临床检测中的应用。

## PU-6136

**磁珠偶联血型抗体过程对抗体活性的影响**

程福  
解放军总医院

**目的** 探讨磁珠与血型抗体偶联过程对抗体活性的影响,为后续利用液相芯片技术检测血型提供实验依据。

**方法** 分别将抗 D 血型抗体直接或者利用抗人 Ig G 间接与磁珠偶联,再利用磁力架、显微镜观察其与 D 抗原阳性红细胞的反应情况。

**结果** Ig M 型抗 D 与磁珠偶联后与 D 阳性红细胞可反应,但 Ig G 型抗 D 与磁珠偶联后与 D 阳性红细胞不反应;利用抗人 Ig G 作为桥联间接偶联磁珠的 Ig G 型抗 D 不能与 D 阳性红细胞结合;Ig G 型抗 D 与 D 阳性红细胞形成的抗原抗体复合物与磁珠可进一步偶联。

**结论** 血型抗体与磁珠偶联后会对其活性产生一定影响,尤其是 Ig G 型血型抗体。

## PU-6137

**PDCA 循环法在提高检验科服务质量中的应用**

邓克廷,李卓  
西安医学院第一附属医院,710000

**目的** 探讨 PDCA 循环法在提高检验科患者满意度管理中的应用及效果。

**方法** 按照计划(P)、执行(D)、检查(C)、反馈(A)的步骤对检验科服务工作进行整改,在存在问题的原因分析阶段采用鱼骨图分析方法,在 PDCA 循环法运用前(2018 年 1~3 月)和运用后(2019 年 1~3 月)分别对 300 名患者进行满意度调查,并采用 t 检验进行分析比较。

**结果** 应用 PDCA 循环法后,患者的满意度与实施前比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** PDCA 循环法在提高检验科服务质量工作中的应用效果显著。

## PU-6138

**Beckman Coulter AU5821 全自动生化分析仪检测 SAA 的性能验证分析及其在糖尿病肾病中的临床应用研究**

陶亚  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 对血清淀粉样蛋白 A(SAA)试剂盒在 Beckman Coulter AU5821 全自动生化分析仪上的检测性能进行评价,并探讨其在糖尿病肾病中的应用价值。

**方法** 通过实验计算 AU5821 全自动生化分析仪检测 SAA 的正确度,精密度,最低检测限,线性范围,可报告范围,生物参考区间,与厂家说明书提供的参考值比较,评估 SAA 试剂在 AU5821 生化分析仪上的检测性能。选取临床明确诊断的单纯糖尿病患者 34 例、早期糖尿病肾病患者 21 例、临床糖尿病肾病患者 30 例,体检健康者(正常对照组)30 名,检测血清 SAA 水平。

**结果** SAA 的高、低水平相对偏差分别为-4.78%和-4.25%,均 $\leq 10\%$ ,符合厂家试剂正确度要求;新鲜混合血清标本高、低水平的批内精密度的变异系数(CV)分别为 1.38%、1.85%,批间精密度的变异系数(CV)分别为 2.74%、4.41%,均满足厂家说明书的要求;最低检测限为 1.37mg/L,不高于 5mg/L,符合要求。SAA 线性回归方程  $Y=1.0248x-0.9715$ ,决定系数( $R^2$ ) $=0.998$ ,斜率  $b=1.0248$ (在  $1.00\pm 0.03$  范围内), $p>0.05$ , $R^2=0.998>0.95$ ,SAA 可接受线性

范围为 3-175.82 mg/L。结合线性范围结果,得出该试剂临床可报告范围为 3.00- 2813.12mg/L。检测的 20 份体检标本中只有 1 例标本测定结果超出厂家该项目的参考值 ( $\leq 10\text{mg/L}$ ), 厂家提供的参考值 ( $\leq 10\text{mg/L}$ ) 可用。单纯糖尿病组血清 SAA 水平高于健康对照组 ( $P<0.01$ ), 且随着肾病的加重而升高(早期糖尿病肾病组血清 SAA 水平高于单纯糖尿病组( $P<0.05$ ), 临床糖尿病肾病组血清 SAA 水平高于早期糖尿病肾病组( $P<0.01$ ))。

**结论** SAA 试剂盒在 AU5821 生化分析仪上检测性能能满足厂家和卫生行业标准要求, 且其正确度高、重复性好, 结果可靠, 能较好地满足临床工作。血清 SAA 水平升高是糖尿病肾病重要危险因素。

## PU-6139

### 新生儿高胆红素血症换血治疗的临床结果分析

吴坤海,陈陆飞,黄慧芳  
福建省妇幼保健院,350000

**目的** 分析换血治疗新生儿重度高胆红素血症的临床效果和临床相关资料, 为临床的治疗提供相关依据。

**方法** 选择 2011 年 1 月-2016 年 12 月福建省妇幼保健院新生儿科 125 例因重度高胆红素血症而收治入院进行高胆红素血症相关治疗且均有换血治疗处理的患儿作为分析案例, 对换血前后血清总胆红素、直接胆红素、间接胆红素、血红蛋白的变化进行比较分析并回顾性分析患儿的临床相关资料, 探讨影响换血治疗效果的相关因素。

**结果** 患儿经过换血治疗后(结果用  $\bar{d}\pm S_d$  表示)血清总胆红素、直接胆红素和间接胆红素( $\mu\text{mol/L}$ )平均分别下降  $219.682\pm 82.896$ 、 $14.318\pm 14.559$  和  $203.673\pm 81.372$ ; 血红蛋白( $\text{g/L}$ )上升  $30.12\pm 36.867$ ; AST、 $\gamma\text{-GT}$ ( $\text{U/L}$ )平均分别下降  $28.85\pm 41.958$  和  $91.97\pm 68.749$ , 差异有统计学意义( $P$  均 $<0.001$ ); ALT 差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 换血治疗是临床上治疗新生儿重度高胆红素血症最及时、有效的方法。

## PU-6140

### 分析前因素对雅培 i2000SR 检测抗-HCV 结果的影响

江雅平,侯艳峰,王玎玲  
北京大学第一医院,100000

**目的** 探讨标本的储存温度及储存时间, 标本的反复冻融和试剂盒平衡时间 4 种不同分析前因素对雅培 i2000SR 型全自动化学发光仪检测丙型肝炎病毒抗体(抗-HCV)结果的影响, 为抗-HCV 分析前质量控制提供参考依据。

**方法** 纳入抗-HCV S/CO 值分别约为 0.48 (A1), 1.85 (A2), 2.56 (A3), 9.12 (A4) 和 14.97 (A5) 的 5 份血清标本各自分装 12 份于冻存管, 每 4 份分别放置在室温、 $4^{\circ}\text{C}$  和  $-20^{\circ}\text{C}$ , 用雅培 i2000SR 观察稳定性。纳入抗-HCV S/CO 值分别约为 0.83 (B1), 1.25 (B2), 1.30 (B3), 3.51 (B4) 和 13.80 (B5) 的 5 份血清标本各自分装 8 份于冻存管, 4 份用于反复冻融的评价(保存在  $-20^{\circ}\text{C}$ , 取出室温解冻 2h, 检测抗-HCV, 再放回  $-20^{\circ}\text{C}$  保存 2h, 再取出, 如此反复 4 次)。另 4 份用于试剂盒平衡时间对抗-HCV 检测结果影响的评价, 将冷藏抗-HCV 检测试剂盒(温度为  $4^{\circ}\text{C}$ ) 分别放在室温( $25^{\circ}\text{C}$ )0h, 1h, 2h, 3h 平衡后装于雅培 i2000SR 分析仪, 检测每个试剂盒平衡时间点的 B1~B5 的抗-HCV 值。

**结果** 线性回归分析表明室温和  $4^{\circ}\text{C}$  保存 1,2,3,5, 7 天, 抗-HCV 的 S/CO 值统计学差异不显著( $P>0.05$ ), 抗-HCV 阴阳性的判断未有改变, 稳定性能满足日常使用需要。 $-20^{\circ}\text{C}$  至少稳定 71 天。试剂盒放室温平衡 3h 亦不会对抗-HCV 的检测有影响。但反复冻融一次可使抗-HCV 最高下降

46.99% (表 1), 对抗-HCV S/CO 值越低的标本影响越大, 随着反复冻融次数增加, 抗-HCV S/CO 值呈进行性下降, 很大程度影响了抗-HCV 检测结果。

**结论** 仅 1 次的反复冻融亦会很大程度降低抗-HCV 的 S/CO 值, 尽量避免, 及时检测。

## PU-6141

### TSH 厂家校准品互换性研究

张顺利, 王清涛

首都医科大学附属北京朝阳医院, 100000

**目的** 研究 TSH 厂家用户端校准品互换性。

**方法** 在首都医科大学附属北京朝阳医院检验科收集 29 例 TSH 高中低浓度 (0.081~87.656  $\mu\text{IU/ml}$ ) 患者检验完成后剩余血清组成血清盘。随后, 将 7 厂家检测仪器 (西门子 ADVIA CENTAUR XP, 罗氏 Cobas 601, 迈克 IS1200, 新产业 Maglumi2000plus, 索灵 Liaison XL, 迈瑞 CL2000i 和利德曼 CI100) 用户端校准品按照操作说明进行溶解, 在 8 种市场主流检测方法间 (西门子 ADVIA CENTAUR XP, 西门子 Immulite 2000, 罗氏 Cobas 601, 贝克曼 DXI800, 雅培 Architect i2000, 索灵 Liaison XL, 安图 Autolumo A2000 Plus 和利德曼 CI100) 采用 CLSI EP30-A 推荐方案进行厂家校准品互换性研究。

**结果** 以西门子 ADVIA CENTAUR XP 为对照系统, 其他 7 方法为比对系统。没有厂家校准品在所有方法间具有互换性。

**结论** 在量值溯源链中, 用户端校准品互换性不足, 这可能会影响其定值的准确性。

## PU-6142

### 精浆弹性硬蛋白酶与初诊生殖系统感染男性的精液质量相关性研究

李红林, 梁健, 吕述彦, 乔宇, 窦晓予

南京医科大学附属淮安一院

**目的** 研究初诊生殖系统感染的男性患者精液常规分析、精子形态学参数的变化, 探讨生殖系统感染对男性不育的影响。

**方法** 选择 2016 年 01 月至 2019 年 04 月来我院初次诊断为生殖系统感染的 110 例男性患者作为研究对象, 并选择 61 例生殖健康的男性作为对照组, 依据世界卫生组织标准(WHO, 2010 年), 采用北京穗加精子质量检测系统进行精液常规分析, 采用 Diff-Quik 染色法检查精子形态, 采用酶联免疫吸附法检测精浆弹性硬蛋白酶, 精液白细胞计数采用正甲苯胺蓝过氧化物酶染色法。根据精浆弹性硬蛋白酶和精液白细胞水平, 并结合临床症状分成 3 组, 统计分析精液常规和精子形态学参数之间的差异; 并分析精浆弹性硬蛋白酶与各参数间是否存在相关性。

**结果** 正常对照组、隐性感染组和确证感染组的精浆弹性硬蛋白酶分别为 (134.92 $\pm$ 56.8) ng/ml、(476.17 $\pm$ 179.86) ng/ml、(1738.2 $\pm$ 577.31) ng/ml; 精液白细胞数分别为 (0.02 $\pm$ 0.06)  $\times 10^6$ /ml、(0.48 $\pm$ 0.75)  $\times 10^6$ /ml、(2.93 $\pm$ 1.76)  $\times 10^6$ /ml; 精子浓度分别为 (127.21 $\pm$ 107.28)  $\times 10^6$ /ml、(90.95 $\pm$ 93.25)  $\times 10^6$ /ml、(92.33 $\pm$ 68.67)  $\times 10^6$ /ml; 精子总数分别为 (447.6 $\pm$ 252.06)  $\times 10^6$ /1 次射精、(347.56 $\pm$ 240.96)  $\times 10^6$ /1 次射精、(337.79 $\pm$ 301.35)  $\times 10^6$ /1 次射精; 正常形态精子百分率分别为 (4.1 $\pm$ 1.5)%、(3.7 $\pm$ 1.5)%、(3.4 $\pm$ 1.5)%; 精子畸形指数 (SDI) 分别为 (1.43 $\pm$ 0.11)、(1.49 $\pm$ 0.13)、(1.52 $\pm$ 0.16); 畸形精子指数 (TZI) 分别为 (1.49 $\pm$ 0.10)、(1.54 $\pm$ 0.13)、(1.57 $\pm$ 0.16); 组间比较差异均具有统计学意义 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ )。3 组间男性年龄、禁欲天

数、前向运动精子百分率(%)、曲线速率(VCL)、直线速率(VSL)、平均路径速率(VAP)、前向性(STR)、鞭打频率(BCF)、精子头侧摆幅度(ALH)差异均无统计学意义。

**结论** 男性生殖系统感染对精子形态学参数的影响大于动力学参数,在感染初期主要通过影响精子形态学参数引起男性不育症。

#### PU-6143

### 具有肝癌肿瘤标志物检测性能的一维光子晶体的调控制备、应用及检测机理研究

范厚臻

临沂市中医医院,276000

**目的** 通过利用多孔材料的吸附特性吸附肝癌肿瘤抗体,基于肝癌肿瘤抗体与肝癌肿瘤标志物之间的特异性结合来实现掺杂聚苯胺缺陷层的二氧化钛/氧化石墨烯一维光子晶体对肝癌肿瘤标志物的特异性检测。

**方法** 基于层层组装技术构筑并调控光子晶体材料,具体步骤如下:1)预处理基底材料,使基底材料表面带负电;2)建立不同的组装体系,调控组装基元的分子量、组装溶液的pH、组装周期、组装温度和组装时间等条件,在基底材料上交替沉积组装溶液;3)吸附肝癌肿瘤抗体,得到掺杂聚苯胺缺陷层的二氧化钛/氧化石墨烯一维光子晶体。

**结果** 理论计算研究聚合物之间的结合形式,空间构型和微观作用机制,从结合能、键级、键长分析和电子密度等角度分析和阐明聚合物之间的作用机制,筛选出最佳构筑基元;获得层层组装凝胶光子晶体的可控制备方法,大幅度提高层层组装凝胶光子晶体的肝癌肿瘤标志物检测性能;从宏观层面和微观层面全面阐明组装条件对层层组装光子晶体微观结构和肝癌肿瘤标志物监测性能的影响机理,为新型功能复合材料的设计制备和性能调控提供技术支持和理论指导。

**结论** 制备的掺杂聚苯胺缺陷层的二氧化钛/氧化石墨烯一维光子晶体可以特异性识别肝癌肿瘤标志物,可通过简单的颜色反应对肝癌肿瘤标志物进行特异性检测。

#### PU-6144

### 头孢哌酮钠舒巴坦钠致药物溶血性贫血的分析

马春娅

解放军总医院

**目的** 建立针对药物溶血性贫血的诊断流程

**方法** 应用卡式抗人球蛋白法完成患者红细胞直接抗人球蛋白试验(DAT)及DAT分型检测,应用药物致敏红细胞方法检测患者血浆内的药物抗体,分析患者的溶血及凝血指标。

**结果** 患者DAT阳性,分型为IgG+C3型,血浆内存在针对头孢菌素类药物抗体;患者用药后Hb从122 g/L下降至80 g/L,PLT从 $90 \times 10^9/L$ 下降至 $17 \times 10^9/L$ ;LDH从用药前 $189.5 \mu\text{mol/L}$ 上升至 $347.2 \mu\text{mol/L}$ ,AST从25.7 U/L上升至63.5 U/L;患者用药后PT从用药前的13.4 s延长到20.9 s,APTT从35.8 s最长延长到56.6 s,INR从1.19延长到1.8

**结论** 患者因使用头孢哌酮钠舒巴坦钠发生针对血液系统的不良反应,导致药物溶血性贫血。

## PU-6145

## 神经外科术后患者脑脊液培养凝固酶阴性葡萄球菌真感染 诊断值的确定与临床意义

郑光辉,张国军,李方强,张艳,唐明忠,康熙雄

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 获取凝固酶阴性葡萄球菌 (CoNS) 在神经外科术后感染方面实验室检查指标的贡献与最佳诊断值, 优化感染诊断标准。

**方法** 连续收集 2013-2015 年首都医科大学附属北京天坛医院神经外科术后感染 CoNS 的患者脑脊液标本 650 例, 采用传统培养法获得, 统计其流行病学数据且测试 8 项常规临床实验室检查指标, 利用 t 检验统计分析判断感染组与污染组在 8 项指标中具有统计学差异的项目, 绘制 ROC 曲线, 得出曲线下面积(AUC), 最佳诊断值及相应的敏感度、特异度等。

**结果** 2013-2015 年间, 共收集脑脊液标本 19756 份, CoNS 共 650 株, 分离率为 3.3%, 为分离率最高的细菌。感染组与污染组脑脊液白细胞计数 ( $P=0.012$ ), 脑脊液多核细胞所占比例 ( $P=0.001$ )、脑脊液葡萄糖浓度/血葡萄糖浓度 ( $P=0.000$ )、脑脊液葡萄糖浓度 ( $P=0.001$ ) 等差异具有统计学意义; 受试者工作曲线结果显示, 脑脊液白细胞计数, 脑脊液葡萄糖浓度/血葡萄糖浓度与脑脊液葡萄糖浓度的 AUC 均大于 0.8, 三项指标的敏感度均大于 80.0%, 脑脊液葡萄糖浓度/血葡萄糖浓度与脑脊液葡萄糖浓度的特异性也大于 90.0%。

**结论** 神经外科术后感染 CoNS 分离率最高, 且脑脊液白细胞计数, 脑脊液葡萄糖浓度/血葡萄糖浓度与脑脊液葡萄糖浓度可作为优化 CoNS 在神经外科术后真感染方面的辅助诊断指标。

## PU-6146

## 2018 年全院临床 POCT 血气分析比对数据分析

杨佳,李顺君

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 通过定期开展全院临床科室 POCT 血气分析仪和检验科血气分析仪的比对试验, 验证临床 POCT 血气分析仪和检验科血气分析仪检测结果的一致性。

**方法** 采用质控品和临床病人动脉血气样本, 将所属不同科室的 POCT 血气分析仪和检验科血气分析仪进行比对, 并将检测得到的数据, 按照单台仪器和相同生产商分组的方式, 运用相关统计学知识进行分析。

**结果** 临床科室 POCT 血气分析仪在比对试验中, 动脉血气样本 pH、pCO<sub>2</sub> 和 pO<sub>2</sub> 与检验科血气分析仪具有良好的相关性, 满足临床可接受允许误差的要求。

**结论** 通过定期比对试验的开展, 更好的完善了临床 POCT 血气分析仪的质量管理。

## PU-6147

## 2 型糖尿病微血管病变不同部位及数量外周血 YKL-40 水平的表达

贾安奎

新乡医学院第一附属医院,453100

**目的** 探讨 2 型糖尿病患者不同微血管病变发生部位及区域数量外周血 YKL-40 水平的表达。

**方法** 酶联免疫吸附试验方法检测 180 例 2 型糖尿病患者外周血 YKL-40 水平, 比较糖尿病视网膜病变 (DR)、糖尿病慢性肾脏疾病 (CKD) 和糖尿病神经病变 (DN) 患者之间以及不同损伤区域数量间外周血 YKL-40 水平

**结果** 糖尿病微血管病变患者外周血 YKL-40 水平高于无血管病变患者和健康对照者 ( $P<0.01$ )。DR、CKD 及 DN 患者外周血 YKL-40 水平比较差异无统计学意义。合并 3 种微血管病变患者 YKL-40 水平高于合并 1 种及 2 种微血管病变患者 ( $P<0.01$ )

**结论** 糖尿病微血管病变患者外周血 YKL-40 水平升高, 外周血 YKL-40 水平与微血管病变部位无关, 与微血管病变损伤区域数量有关, 外周血 YKL-40 水平与糖尿病微血管病变的广泛性一致

## PU-6148

### TSH 候选标准物质多系统联合定值方案研究

张顺利, 王清涛

首都医科大学附属北京朝阳医院, 100000

**目的** 通过适当的稀释液, 使 TSH 国际标准物质 (WHO NIBSC 81/565) 在多系统间具有互换性, 从而为候选标准物质定值。

**方法** 采用 CLSI C37-A 推荐的方案制备 11 浓度混合人血清 TSH 制备物 (0.247~54.920  $\mu\text{IU/ml}$ ), 即候选标准物质, 每个浓度取 2 支用于定值实验。随后采用使国际标准物质具有互换性的 2 种基质 (人 TSH0 值血清和某种配方), 将国际标准物质溶解并稀释为高中低 13 个浓度点, 分别为 0.00~64.45  $\mu\text{IU/ml}$  和 0.00~65.64  $\mu\text{IU/ml}$ 。每个样本连续检测 3 次。

**结果** 共有 6 种检测系统 (西门子 ADVIA CENTAUR XP, 西门子 Immulite 2000, 贝克曼 DXI800, 雅培 Architect i2000, 索灵 Liaison XL 和利德曼 CI100) 采用人 TSH0 值血清稀释国际标准物质为候选标准物质定值, 有 4 种检测系统 (西门子 ADVIA CENTAUR XP, 罗氏 Cobas 601, 贝克曼 DXI800 和安图 Autolumo A2000 Plus) 采用某种配方稀释国际标准物质为候选标准物质定值。11 个候选标准物质最终定值分别为 0.194, 0.506, 2.138, 4.156, 5.007, 6.795, 8.340, 12.772, 16.603, 24.329 和 44.929  $\mu\text{IU/ml}$ , CV 从 3.6% 到 8.7%, 均小于基于生物学变异度导出的中等 CV 要求 (9.7%)。

**结论** 采用使国际标准物质具有互换性的基质配制校准点, 能使候选标准物质的定值达到一致化。

## PU-6149

### 抗中性粒细胞胞浆抗体相关性血管炎患者外周血中 CD4<sup>+</sup>T 亚群细胞百分比及绝对值表达及其与临床指标的相关性

王艳林, 罗静 (通讯作者), 赵向聪, 张娜, 高崇

山西医科大学第二医院, 030000

**目的** 探讨抗中性粒细胞胞浆抗体相关性血管炎 (AAV) 患者外周血中 CD4<sup>+</sup>T 亚群细胞表达及临床意义。

**方法** 随机选取 54 例符合纳入和排除标准的 AAV 病人 (38 例为肾血管炎, 其余 16 例为未累及肾的血管炎), 其中有最初表现为活动性 AAV 的 10 名患者在病情缓解后再次接受分析, 同时选取 19 例健康人作为对照组。采用流式细胞术测定外周血 CD4<sup>+</sup>T 亚群细胞的百分比、绝对值及血清细胞因子水平, 同时系统分析 CD4<sup>+</sup>T 亚群细胞与临床指标的相关性。

**结果** (1) AAV 患者原始 T 细胞、持续分化效应 T 细胞和活性 Treg 细胞比例明显低于正常对照组, 而效应记忆 T 细胞 (T<sub>EM</sub>)、Treg 和 Foxp3<sup>low</sup>CD45RA<sup>-</sup> T 细胞比例明显高于正常对照组 ( $p<0.05$ )。 (2) 除 T<sub>EM</sub> 细胞外, 上述其余细胞的绝对值计数亦得到相似的结果。 (3) 活动期



患者较缓解期 Th17/aTreg 比率增高, Th17 与 Treg 亚群的比值与肌酐或 BUN 含量呈正相关 ( $p<0.05$ )。 (4) 较未累及肾的血管炎, 肾血管炎患者 Th17 细胞百分比增高, aTreg 细胞百分比降低, Th17/aTreg 比率增高, Th17 与 Treg 亚群的比值与肌酐或 BUN 含量亦呈显著正相关, 差异均有统计学意义 ( $p<0.05$ )。 (5) AAV 患者血清 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$  和 IL-17A 水平显著升高, 而 IL-2 和 IL-4 水平显著降低 ( $p<0.05$ )。

**结论** AAV 患者 CD4<sup>+</sup>T 亚群细胞和细胞因子含量表达异常, aTreg 最为明显, 其细胞百分比和绝对值均下降, 由此可见, T 亚群在 ANCA 相关自身免疫疾病发病机制中发挥重要作用, 可能是 AAV 治疗的一个新靶点。

## PU-6150

### 血清白介素-6 在新生儿感染中的诊断价值

孙雨婷,赵劲松,李满元,王佳美,金玉  
锦州市妇婴医院,121000

**目的** 通过比对分析新生儿感染患者的不同发展阶段和正常新生儿的血清白介素-6 水平, 探讨白介素-6 (IL-6) 在新生儿感染中的诊断价值和预后判断价值,为新生儿感染的尽早诊断和治疗提供依据。

**方法** 从 2018 年 10 月-12 月在我院出生的新生儿中选取 50 例, 其中新生儿早期感染组 25 例和正常新生儿非感染组 25 例作为对照组, 在感染组新生儿的感染早期和恢复期分别抽取 2mL 静脉血, 同时正常新生儿非感染组也抽取静脉血 2mL, 离心取血清, 检测血清中 IL-6 水平, 并对新生儿感染早期、恢复期以及正常新生儿的血清 IL-6 水平进行统计学分析。

**结果** 新生儿感染组感染早期的 IL-6 水平为  $268.51\pm58.49\text{ng/L}$ , 新生儿感染组感染恢复期的 IL-6 水平为  $65.46\pm13.72$ , 正常新生儿非感染组的 IL-6 水平为  $52.71\pm9.79\text{ng/L}$ , 新生儿感染组感染恢复期和正常新生儿非感染组的 IL-6 水平明显低于新生儿感染组的 IL-6 水平, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 新生儿感染是指在新生儿期因致病微生物的侵入而造成的感染性疾病, 是目前造成新生儿死亡的重要原因之一, 新生儿感染早期血清白介素-6 水平升高且明显高于正常非感染新生儿, 同时感染恢复期血清白介素-6 水平明显下降。因此血清白介素-6 水平检测对于新生儿感染的早期诊断、预后判断和相关治疗都具有重要临床意义。

## PU-6151

### Research of clinical features with an MYH9-related disorder

Xiaohong Wen, Shufang Zhang  
Affiliated Haikou Hospital of Xiangya Medical College, Central South University

**Objective** To investigate the clinical features of 2 deaf patients in a family with an MYH9-related disorder, to search for candidate mutated genes related to deafness and to define the gene mutation sites associated with deafness in this family.

**Methods** Detailed medical histories, physical examinations, biochemical examinations, audiological testing and immunofluorescence assays of the MYH9 protein in the peripheral blood were performed. Genomic DNA was extracted from peripheral blood samples from the 2 patients; more than 100 known genes associated with deafness were sequenced by whole exome sequencing, and the results were confirmed by Sanger sequencing.

**Results** All affected members in this family had the typical triad of giant platelets, thrombocytopenia and neutrophil inclusion bodies, and the pedigree analysis revealed autosomal dominant inheritance. In this study, the 2 deaf patients also suffered from anemia, hyperlipidemia and elevated levels of liver enzymes; the characteristics of their deafness were postlingual deafness, late-onset and progressive hearing loss, and medium- and high-frequency dominant sensorineural hearing loss. The MYH9 gene pathogenic mutation site c.G4546C:p.V1516L was detected by whole exome sequencing, and no other pathogenic mutations of known genes involved in deafness were found.

**Conclusions** The deaf phenotype of 2 patients in this family may be related to the MYH9 pathogenic mutation p.V1516L and this report confirms that the whole exome sequencing technique is an effective molecular diagnostic tool, which can providing valuable information for the genetic counseling of deaf patients

## PU-6152

# 2016-2017 年中国西部地区儿童患者细菌 耐药监测数据分析

殷琳,喻华,黄湘宁,龙姗姗  
四川省人民医院检验科

**目的** 目的 对我国西部地区 10 省市 10 家省级及教学医院 2016-2017 年度儿童（14 岁及以下）细菌分布及耐药情况进行统计分析，为西部各省市临床合理应用抗菌药物提供依据。

**方法** 10 家医院临床分离菌，采用自动化仪器检测法或标准纸片扩散法按照细菌耐药检测方案测定细菌对药物敏感性，依据 CLSI2017 年标准，用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 按患者首次分离菌株进行统计分析，共收集细菌 14640 株，其中革兰阴性菌 8408 株 (57.4%)，革兰阳性菌 6232 株 (42.6%)。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的检出率分别为 26.7% 和 82.7%，未发现对万古霉素、利奈唑胺不敏感的金黄色葡萄球菌。万古霉素耐药屎肠球菌占 0.2%，未检出万古霉素耐药的粪肠球菌；利奈唑胺耐药粪肠球菌和屎肠球菌分别占 0.5% 和 0.6%，肺炎链球菌中青霉素敏感株 (PSSP) 检出率为 88.9%。革兰阴性菌中分离率前三位分别为大肠埃希菌、流感嗜血杆菌和肺炎克雷伯菌，分别为 1963 株 (13.4%)、1628 株 (11.1%) 和 1363 株 (9.3%)。除氨苄西林、哌拉西林、氨基糖苷类、喹诺酮类抗菌药物外，肺炎克雷伯菌对各种抗菌药物的耐药率均高于大肠埃希菌，其中对亚胺培南、美罗培南的耐药率分别为 8.4% 及 10.1%，大肠埃希菌分别为 1.1%、1.4%。在分离出的 240 株儿童 CRE 菌株中，肺炎克雷伯菌为 143 株 (59.5%)，流感嗜血杆菌对氨苄西林的耐药率和产  $\beta$  内酰胺酶率约 60% 左右，铜绿假单胞菌对各种抗菌药物均有较高的抗菌活性，对氨基糖苷类、喹诺酮类、哌拉西林/他唑巴坦、头孢哌酮/舒巴坦、头孢吡肟、头孢他啶、美罗培南的耐药率低于 10%，鲍曼不动杆菌，除头孢哌酮/舒巴坦、阿米卡星、妥布霉素和米诺环素外，其它抗菌药物的耐药率均在 30.0% 以上。

**结论** 西部地区儿童患者分离菌耐药性呈增长趋势，应充分利用本地细菌耐药监测数据进行感控管理，合理选用抗菌药物。

## PU-6153

## MiR-1827 acts as an oncogene via suppressing GPC5 in colorectal cancer

Xuezhong Zhang  
Central Hospital of Zibo

**Objective** Colorectal cancer (CRC) is one of the most common cancers in the world. Plenty of studies have verified that miRNAs play vital roles in cancer initiation and progression. However, the function and mechanism of miR-1827 in CRC is not well known.

**Methods** MiR-1827 was detected by qRT-PCR in CRC tissues and CRC cell lines. MiR-1827 mimic or inhibitor was transfected into CRC cell. The role of miR-1827 in CRC cell proliferation was detected by cell counting kit-8 (CCK-8) assay, and the role of miR-1827 in CRC cell invasion was used by cell migration and invasion assay. The target gene of miR-1827 was identified by luciferase assay. And then, the expression of target gene of miR-1827 was detected by western blotting and qRT-PCR.

**Results** We demonstrated that miR-1827 was upregulated in CRC tissues and CRC cell lines. Overexpression of miR-1827 promoted CRC cell proliferation, migration and invasion. And, glypican-5 (GPC5) was detected as a direct target gene of miR-1827 in CRC, and GPC5 was also verified to inhibit CRC cell proliferation and invasion.

**Conclusions** Our results revealed that up-regulation of miR-1827 promoted CRC cell proliferation, migration and invasion by targeting GPC5.

## PU-6154

## IgG 抗 A(B)效价与 ABO 新生儿溶血病相关因素分析

张如婧,许梅花  
莆田学院附属医院,351100

**目的** 探讨 ABO 新生儿溶血病的发病率与抗体效价、胎儿血型、性别、标本采集时间的相关性以及不同孕龄、孕次与 O 型孕妇 IgG 抗 A (B) 效价的关系,为临床早诊断、高效治疗 ABO 新生儿溶血病提供理论依据。

**方法** 采用血型血清学方法,对孕妇进行 ABO、RhD 血型鉴定、抗体筛查、抗体效价测定;对高胆红素血症患儿进行 ABO、RhD 血型鉴定、溶血三项检测。

**结果** (1) 30 岁及以上的孕妇抗体效价 $\geq 1:128$  检出率为 53.4%;多次妊娠孕妇抗体效价 $\geq 1:128$  检出率为 74.8%;(2)送检 98 例高胆红素血症患儿标本,直接抗人球蛋白试验阳性率为 1.02%,血清游离抗体试验阳性率为 40.82%,抗体释放试验阳性率为 67.35%。(3)母亲 IgG 抗体效价 $\geq 1:64$  时,新生儿发生 ABO-HDN 阳性率为 75.29%,患儿标本采集时间为 0-3 天 ABO-HDN 阳性率为 89.36%,A 型患儿和 B 型患儿 ABO-HDN 阳性率分别为 52.94%和 75%,男婴和女婴的 ABO-HDN 阳性率分别为 67.31%和 67.39%。

**结论** O 型孕妇 IgG 抗 A (B) 效价与孕龄、孕次成正相关关系;ABO 新生儿溶血病发生与 IgG 抗体效价存在正相关关系,母婴血型组合为 O-B 型较 O-A 型 ABO-HDN 阳性率更高,高胆红素血症患儿应在 0-3 天内采集标本进行血清学检测。

## PU-6155

## 两种适用于 TSH 国际标准物质定值的基质

张顺利,王清涛

首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

**目的** 采用 2 种使 TSH 国际标准物质 (WHO NIBSC 81/565) 在多系统间具有互换性适当的稀释液, 探索对其他两种检测系统 (迈克 IS1200 和新产业 Maglumi2000plus) 适用性。

**方法** 采用 CLSI C37-A 推荐的方案制备 11 浓度混合人血清 TSH 制备物(0.247~54.920  $\mu\text{IU/ml}$ ), 即候选标准物质, 每个浓度取 2 支用于定值实验。随后采用使国际标准物质具有互换性的 2 种基质 (人 TSH0 值血清和某种配方), 将国际标准物质溶解并稀释为高中低 13 个浓度点, 分别为 0.00~54.79  $\mu\text{IU/ml}$  和 0.00~56.66  $\mu\text{IU/ml}$ 。每个样本连续检测 3 次。

**结果** 共有 2 种检测系统 (迈克 IS1200 和新产业 Maglumi2000plus) 采用人 TSH0 值血清稀释国际标准物质为候选标准物质定值, 有 1 种检测系统 (迈克 IS1200) 采用某种配方稀释国际标准物质为候选标准物质定值。11 个候选标准物质最终定值分别为 0.184, 0.480, 1.947, 3.994, 4.670, 6.593, 7.927, 12.047, 15.729, 22.382 和 45.174  $\mu\text{IU/ml}$ , 与 10 系统定值偏差 CV 从 0.5%到 8.9%, 均小于基于生物学变异度导出的最低允许偏倚 (11.73%)。

**结论** 采用使国际标准物质具有互换性的基质配制校准点, 能外推到其他系统, 从而使定值一致化。

## PU-6156

## 中国福建泉州地区地中海贫血基因突变类型分析

蒋燕成,陈紫萱,陈雅斌,张志珊

福建医科大学附属泉州市第一医院

**目的** 探讨泉州地区地中海贫血患者的基因突变类型以及常见地中海贫血基因携带率等, 并分析其在泉州地区的分子流行病学特征

**方法** 对 2017 年 1 月至 2018 年 10 月在泉州市第一医院进行地贫基因检查的确诊为地中海贫血的 546 例患者, 回顾性分析基因突变类型及其携带率。

**结果** 送检的 4226 例样品中, 共检出阳性样品 546 例, 地贫基因总携带率为 12.92%; 其中  $\alpha$ -地贫基因携带率为 8.16%;  $\beta$ -地贫基因携带率为 4.76%; 检出的  $\alpha$ -地贫缺失型患者远比非缺失型患者多, 以东南亚缺失型 ( $--^{SEA}/\alpha\alpha$ ) 最为常见, 构成比为 68.98%, 其次为 22.61% ( $-\alpha^{3.7}/\alpha\alpha$ )、2.61% ( $\alpha^{WS}\alpha/\alpha\alpha$ )、2.32% ( $\alpha^{CS}\alpha/\alpha\alpha$ )、2.32% ( $\alpha^{QS}\alpha/\alpha\alpha$ )、1.16% ( $-\alpha^{4.2}/\alpha\alpha$ ); 检出 9 种  $\beta$ -地贫基因突变类型, 最常见的 3 种突变类型依次为 IVS II-654 (C $\rightarrow$ T, 42.29%)、CD41-42 (-TTCT, 33.83%)、CD17 (A $\rightarrow$ T, 12.94%)。并检测出 2 例  $--^{THAI}/\alpha\alpha$ , 1 例  $\alpha\alpha/\alpha\alpha^{anti3.7}$  和 1 例 HK $\alpha\alpha$  罕见基因突变类型。

**结论** 本研究表明泉州地区地中海贫血基因携带率较高, 并具有多样性, 可为泉州地区地中海贫血的预防和控制提供参考。

PU-6157

## Rh 系统血型抗体联合抗-Wr~a 的鉴定 2 例 及其临床意义研究

台胜飞  
解放军总医院

**目的** 探讨抗-Wra 的鉴定方法及该抗体的临床意义。

**方法** 对两名不规则抗体筛查阳性的患者均应用两个批号的抗体鉴定谱细胞完成抗体鉴定,以明确抗体特异性。

**结果** 患者体内存在 Ig G 抗-c 联合抗-Wra,Rh 分型:CCDee;郭某体内存在 Ig G 抗-E 联合抗-Wra,Rh 分型:CCDee。

**结论** 2 名患者均存在 Ig G 类 Rh 系统血型抗体联合抗-Wra,选择与患者 Rh 分型一致且抗人球蛋白法配血相合的红细胞输注,无不良输血反应发生。

PU-6158

## 糖代谢异常老年患者钙、镁、磷检测的临床意义探讨

袁玉涛  
厦门市海沧医院

**目的** 探讨老年糖代谢异常患者钙、镁、磷检测的临床意义。

**方法** 收集我院收治的老年患者 131 例,根据 WHO 有关诊断和分类标准分成 3 组,其中 II 型糖尿病组 52 例,糖调节异常组 36 例,血糖正常对照组 45 例。3 组均测定钙、镁、磷、空腹血糖、HbA1C 等指标,对 3 组检测数据进行分析。

**结果** 3 组间比较,BMI、钙、磷等差异无统计学意义( $P>0.05$ );II 型糖尿病组和糖调节异常组血清镁明显低于血糖正常组,3 组血清镁分别为 $(0.73\pm 0.11)\text{mmol/L}$ 、 $(0.77\pm 0.1)\text{mmol/L}$ 和 $(0.87\pm 0.12)\text{mmol/L}$ ,差异有统计学意义( $P<0.01$ );II 型糖尿病组和糖调节异常组空腹血糖、HbA1C 与血糖正常组比较,差异有统计学意义( $P<0.01$ );II 型糖尿病组和糖调节异常组低血镁检出率明显高于血糖正常组,分别是 25.0%、27.8%和 7.0%,差异有统计学意义( $P<0.01$ );血清镁水平与空腹血糖和 GHbA1C 呈明显负相关( $r=-0.356$ 、 $-0.295$ , $P<0.01$ )。

**结论** 糖尿病和糖调节异常老年患者进行镁、钙、磷的监测,有利于控制血糖水平。

PU-6159

## Xpert 诊断结核性脑膜炎的 Meta 分析

张杰  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 系统评价 Xpert 诊断结核性脑膜炎的价值。

**方法** 计算机检索 PubMed、EMbase、The Cochrane Library、Web of Science、CNKI、CBM、WanFang Data 和 VIP 数据库,搜集 Xpert 诊断结核性脑膜炎的诊断性试验,检索时间从建库截止至 2018 年 8 月 30 日。经过独立筛选文献、提取资料,并评价纳入研究的偏倚风险后,采用 Meta-Disc 软件进行 Meta 分析,计算其合并敏感度(Sen)、特异度(Spe)和绘制受试者工作特征曲线(SROC)并计算曲线下面积(AUC)。

**结果** 共纳入 10 个研究。Xpert 诊断结核性脑膜炎的合并敏感度、合并特异度和 AUC 分别为 0.57 [95%CI (0.52, 0.71)]、0.96 [95%CI (0.95, 0.98)] 和 0.9135。根据是否离心进行亚组分析, 其结果显示: 未离心组的合并敏感度和特异度是 0.56(0.49, 0.61), 0.96(0.94, 0.97), 离心组的合并敏感度和特异度是 0.58(0.51, 0.65)和 0.98(0.96, 1.00)。

**结论** Xpert 诊断结核性脑膜炎具有一定的诊断效能。将来需要更多的研究来验证本研究结果

## PU-6160

### 神经外科术后脑脊液分离出凝固酶阴性葡萄球菌真感染的菌群分布与耐药性分析

郑光辉

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探索神经外科术后感染凝固酶阴性葡萄球菌(CoNS) 真感染的菌群分布与耐药性分析。

**方法** 收集 2013 年 1 月至 2015 年 12 月首都医科大学附属北京天坛医院神经外科术后患者脑脊液培养阳性的凝固酶阴性葡萄球菌进行流行病学分析且对其真感染进行判断,并对感染组的耐药情况进行分析。

**结果** 2013 年 1 月至 2015 年 12 月, 脑脊液培养出 CoNS 共 650 株 (46.90%), 其中 130 株 CoNS 被诊断为感染菌, 真感染率为 20.00%。表皮葡萄球菌共分离出 322 株, 共 77 株表皮葡萄球菌被诊断为感染菌, 相比于其他 CoNS, 表皮葡萄球菌的构成比 (59.23%) 更高。总的耐药性方面, MR-CoNS 所占比例为 79.06%, 万古霉素, 利奈唑胺等抗生素对表皮葡萄球菌的敏感性均大于 90.00%。

**结论** 神经外科术后脑脊液培养凝固酶阴性葡萄球菌的分离率最高, 而在治疗方面, 表皮葡萄球菌感染应区别于其他凝固酶阴性葡萄球菌来对待, 长远来看, 该类细菌的感染情况值得我们注意。

## PU-6161

### 肺炎克雷伯菌药物敏感性的快速分子诊断

牛浩芙<sup>1</sup>, 张为利<sup>1</sup>, 韦良婉<sup>2</sup>, 刘猛<sup>2</sup>, 刘浩<sup>2</sup>, 康梅<sup>1</sup>, 耿佳<sup>1</sup>

1.四川大学生物治疗国家重点实验室

2.四川大学华西基础医学与法医学院

**目的** 近几十年来, 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌(CRKP)在全球范围内的迅速流行给临床治疗带来了巨大挑战。对 CRKP 的快速检测可以避免不恰当的抗菌治疗, 从而挽救生命。传统的药敏检测方法非常耗时, PCR 等测序方法对技术和成本要求较高, 难以满足临床需求。基于纳米孔道材料的检测技术具有灵敏度高、实时性好、成本低等优点, 近年来已经广泛应用于疾病生物标志物的筛选。本研究拟通过纳米孔技术完成一种快速、灵敏度高且相对成本较低的药敏检测方案来解决临床诉求。

**方法** 本研究通过检测抗生素与细菌短期培养后提取的核酸量的增加, 来完成对 CRKP 与碳青霉烯敏感肺炎克雷伯菌(CSKP)的区分。通过在单分子电生理平台分析纳米孔单通道记录的核酸与探针结合的特异性信号, 可以完成超灵敏、快速的定量检测, 以此做出药敏检测的结果判断。

**结果** 研究证明, 仅需 4 小时的细菌培养即可利用纳米孔技术区分出肺炎克雷伯菌株是否耐药。在后续对 20 株来自临床的双盲样品检测中, 纳米孔检测方法对 9 株敏感菌株判定全部正确, 11 株耐药菌株中 9 株判定正确, 总准确率为 90%。

**结论** 纳米孔药敏检测在保证准确度的前提下所需时间极大减少, 并且具有成本相对较低、灵敏度高的优势, 有望作为一种全新的快速药敏检测方案应用于临床检验分析。

PU-6162

## 结核分枝杆菌效应 T 细胞检测在诊断 活动性结核病中的价值

李根

上海市东方医院同济大学附属东方医院,200120

**目的** 分析结核分枝杆菌效应 T 细胞检测法在诊断活动性结核病中的价值

**方法** 选取 2015 年 1-12 月来自上海市公共卫生临床中心、上海市肺科医院和沈阳市胸科医院的 708 例活动性结核病患者、289 例非结核肺部疾病患者和 55 名健康志愿者作为研究对象,将 55 名健康志愿者和 289 例非结核肺部疾病患者作为非活动性结核组。活动性结核组包括 68 例肺外结核患者和 640 例肺结核患者,肺结核并发肺外结核者归属为肺结核患者;在肺结核患者中有 230 例患者痰标本的细菌学检查呈阳性,410 例痰标本细菌学检查阴性,分离研究对象外周血单核细胞,应用结核分枝杆菌效应 T 细胞检测试剂盒进行检测,评价该检测方法的诊断效能。

**结果** 结核分枝杆菌效应 T 细胞检测试剂盒检测活动性结核组的敏感度为 81.78%;检测非活动性结核组的特异度为 79.36%检测健康志愿者的特异度为 89.09%,在经检测结果为阳性的 650 例研究对象中,正确检出阳性 579 例,阳性预测值为 89.08%在所有检查结果为阴性的 402 例研究对象中,正确检出阴性 273 例,阴性预测值为 67.91%,阳性似然比-阴性似然比和正确诊断效率依次为 3.96、0.23 和 80.99%。检测痰检阳性患者的阳性检出率相对更高 84.78%,检测肺结核并发肺外结核患者的阳性检出率为 91.49%。

**结论** 结核分枝杆菌效应 T 细胞检测试剂盒对于活动性结核病的诊断具有较高的敏感度和特异度,尤其在肺结核并发肺外结核的患者以及痰检阳性的肺结核患者中效果较好,可用于辅助诊断活动性结核病。

PU-6163

## 化学发光法检测丙肝抗体临界值的建立

潘洁

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 背景:丙型肝炎(HCV)是由丙型肝炎病毒(HCV)引起的肝脏炎症性反应疾病,多呈慢性疾病。目前全球大约有 1.7 亿~2 亿人感染了丙型肝炎病毒,呈广泛性、世界性分布,是严重危害人类健康的传染性疾病,是继乙型肝炎和艾滋病之后的一种引起全球范围内密切关注的传染性疾病。由于丙肝病毒经胃肠外传播,感染的慢性化率高,病情常常迁延不愈,导致受累肝脏多呈慢性炎症性坏死和纤维化改变,甚至有部分患者可发展为肝硬化甚至肝癌(HCC),严重危害患者的宝贵健康与生命,同时给社会造成沉重的负担,成为全世界的公共卫生问题。能够早期诊断丙肝并进行有效的诊疗显得尤为重要。

建立本实验室化学发光法检测丙肝抗体的最佳 S/CO 阈值。

**方法** 对 2018 年 3 月至 2019 年 2 月间送检本实验室的 32139 份血清标本进行雅培试剂化学发光法丙肝抗体检测,288 份阳性标本采用补充实验 RIBA(Mikrogen recomline-HCV IgG 条免疫法)检测。绘制受试者工作特征曲线(ROC 曲线)进行分析,确定最佳 S/CO 阈值并计算灵敏度和特异度。

**结果** 对 288 例阳性样本中的 276 例进行 RIBA 检测(其中 12 例样本血清量不足以完成检测),结果表明有 44 例样本 S/CO 介于 1~10 之间,除 1 例样本外其余样本 RIBA 均为阴性;而 S/CO $\geq$ 10 的样品中绝大部分(223/232, 96.1%)为 RIBA 阳性。ROC 曲线分析表明,雅培丙肝抗体检测试剂最优检测 S/CO 阈值为 5.12,灵敏度为 97.44%,特异度为 82.14%。

**结论** 各个临床实验室需根据自身条件建立本室的 S/CO 阈值。本研究为临床丙肝抗体检测提供了一定的数据,但因 RIBA 试剂费用昂贵,从经济上来考虑,建议先对低 S/CO 的疑似 丙肝感染的阳性样本进行 HCV-RNA 检测, HCV-RNA 结果为阴性的样本再由 RIBA 进行补充试验,以减少不必要的浪费。

PU-6164

## 6932 例患者泌尿生殖道沙眼衣原体 与淋病奈瑟菌感染调查分析

蒋燕成,陈紫萱,张建明,张志珊  
福建医科大学附属泉州市第一医院

**目的** 了解泉州地区人群泌尿生殖道沙眼衣原体 (CT) 和淋病奈瑟菌 (NG) 临床感染现状,为临床诊断治疗提供参考。

**方法** 选取 2016 年 9 月-2018 年 3 月间在我院就诊的患者共计 6932 例,其中男性患者 1320 人,女性患者 5612 人,采用荧光 PCR 法检测患者泌尿生殖道的 CT 和 NG,并分析结果。

**结果** 在 6932 例患者当中,总感染率为 14.22%,CT 和 NG 检出率分别为 8.98%和 6.85%,二者同时检出的患者达 1.6%。其中男性患者 (1360 例) CT 和 NG 检出率分别为 3.48%和 4.95%,二者同时检出的占 1.11%;女性患者 (5612 例),CT 和 NG 检出率分别为 5.50%和 1.90%,二者同时检出的占 0.49%。男性的 NG 感染率 (4.95%) 显著高于女性 (1.90%),差别具有统计学意义 ( $P<0.05$ );而男性 CT 的感染率 (3.48%) 却低于女性 (5.50%),差另具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。从年龄分布来说,以 20-30 岁年龄段两种病原体感染率最高。

**结论** 男性患者以 NG 感染为主,而女性患者以 CT 感染为主,同时感染 CT/NG 在男性患者中较为常见,20-30 岁年龄感染率最高,应该加强监测。

PU-6165

## 低龄婴儿侵袭性 B 族链球菌喹诺酮类耐药机制研究

关小珊  
广州市妇女儿童医疗中心,510000

**目的** 调查本院低龄婴儿 ( $<90d$ ) 侵袭性 B 族链球菌 (GBS) 感染临床分离株喹诺酮类耐药现状,并探讨耐药株基因突变位点与体外喹诺酮类耐药表型及血清学分型之间的关系。

**方法** 对近六年收集到的 120 株低龄婴儿侵袭性 GBS 感染临床分离株进行复苏,使用 VITEK-2 Compact 全自动细菌鉴定及药敏分析系统对 GBS 分离株进行鉴定和抗菌药物最小抑菌浓度 (MIC) 测定;应用 PCR 法扩增耐药菌株及 2 株敏感菌株喹诺酮类耐药决定区 (QRDR) 的靶基因 DNA 促旋酶 A 亚基 (gyrA) 和拓扑异构酶 IV A 亚基 (parC),并进行基因测序;运用多重 PCR 法检测上述菌株的血清型。

**结果** 共检测出 14 株高水平耐药菌株,耐药率为 11.7%;2 种血清型,分别为 III 型 (90.9%) 和 Ib 型 (9.1%)。所有耐药菌株 (100%) 均存在 gyrA 基因第 81 位氨基酸序列突变,即 gyrA Ser81Leu (TCA $\rightarrow$ TTA),其中 gyrA Ser81Leu 单位点突变占 45.45% (5/11), gyrA Ser81Leu 和 gyrA Ala219Pro (GCC $\rightarrow$ CCC) 双位点突变占 45.45% (5/11), gyrA Ser81Leu 和 gyrA Ala219Val (GCC $\rightarrow$ GTC) 双位点突变占 9.10% (1/11);所有耐药菌株 (100%) 均存在 parC 基因碱基序列多位点突变,但仅有 1 株为有义突变,即 parC ile218Thr (ATC $\rightarrow$ ACA) 和 parC ile219Phe (ATT $\rightarrow$ TTT) 双位点突变,且本实验新发现了 parC ile218Thr 和 parC ile219Phe 突变,为国内外首次报道。



**结论** 近六年来, 本院低龄婴儿侵袭性 GBS 感染临床分离株喹诺酮类药物耐药率为 11.7%, 主要以 *gyrA* 基因突变为主, 表现为 81 位氨基酸序列 (*gyrA* Ser81Leu) 的改变, 且发现了 *parC* 基因新的变异型可能与喹诺酮类药物耐药有关, 国内外未见报道。

## PU-6166

### 探讨显著差异基因在前列腺癌早期诊断及防治中的意义

单孟林

上海市东方医院同济大学附属东方医院,200120

**目的** 结合患者临床病例资料, 评估显著差异基因在前列腺癌早期诊断及防治中的应用价值。

**方法** 采用 *t* 检验比较差异基因在 PCa 组和 BPH 对照组 2 组间的表达水平是否有差异, 具有统计学意义。结合患者临床病例资料, 评估其在前列腺癌早期诊断中的应用价值。采用皮尔逊相关分析 (Pearson's correlation coefficient) 探讨可能引起前列腺癌发病的危险因素, 如吸烟、喝酒及糖脂代谢异常等, 与显著差异基因的相关性。

**结果** 采用两独立样本 *t* 检验, 结果显示 *ITGBL1*, *HOXA7*, *KRT15* 和 *TGM4* 等 4 个基因在 2 组间的差异表达显著, 具有统计学意义, 而基因 *DTL* 和 *VCAN* 在 2 组中的表达差异不显著, 无统计学意义。结合患者临床病例资料, 我们发现基因 *KRT15* 和 *ITGBL1* 在前列腺癌吸烟群体和不吸烟群体中的表达水平具有显著差异 (分别为  $p=0.025$  和  $p=0.008$ ); 基因 *KRT15* 和 *TGM4* 在前列腺癌喝酒群体中的表达水平较不喝酒群体发生显著下调 (分别为  $p=0.025$  和  $p=0.009$ )。此外, 基因 *ITGBL1* 随 PSA 水平的升高发生显著上调 ( $p=0.000$ )。采用皮尔逊相关分析上述 4 个显著差异基因与患者糖脂代谢指标的相关性, 结果发现基因 *ITGBL1* 与患者血清总胆固醇 ( $r=0.454$ ,  $P=0.045$ ) 和甘油三酯 ( $r=0.500$ ,  $P=0.025$ ) 水平呈正相关。基因 *HOXA7* 表达水平与患者空腹血糖值呈负相关 ( $r=-0.532$ ,  $P=0.009$ )。基因 *TGM4* 与  $\gamma$ -谷酰基转移酶 ( $\gamma$ -GGT) 水平呈负相关 ( $r=-0.513$ ,  $P=0.001$ )。另外, 我们还发现基因 *HOXA7* 和 *KRT15* 亦有显著正相关 ( $r=0.328$ ,  $P=0.001$ )。

**结论** PCa 的发生发展是基因与环境因素 (吸烟、饮酒、饮食习惯等) 共同作用的结果, 涉及多条信号通路, 是由多个基因共同参与的复杂的、多步骤的生物学过程。

## PU-6167

### Cancer-associated methylated lncRNAs in bladder cancer patients

Shufang Zhang

Affiliated Haikou Hospital of Xiangya Medical College, Central South University

**Objective** Although epigenetic modifications via DNA methylation and long non-coding RNAs (lncRNAs) have been identified in bladder cancer (BC), DNA methylation of lncRNAs involved in BC has not been elucidated.

**Methods** DNA immunoprecipitation-sequencing (MeDIP-Seq) and RNA-sequencing (RNA-seq) were carried out using samples from eight paired tumor and adjacent normal tissues from BC patients. Differences in methylation patterns between tumor and normal groups were compared, and the percentage of differentially methylated genes, including lncRNA genes, were calculated. RNA-seq data were subjected to Gene Ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) analysis. The association between DNA methylation modification and lncRNA expression was determined via pairwise analyses of MeDIP-Seq and RNA-seq data. The most

enriched motifs in the promoter region, and the methylated density in the 3 kb region surrounding the super-enhancers of lncRNA genes, were analyzed.

**Results** There is a peak of 5mC methylation in the region 3 kb upstream of the transcription start site (TSS), with the lowest point in the TSS region. In total, 436 and 239 genes were identified to be hyper- and hypomethylated in BC tissues around the TSS region. RNA-seq revealed differentially expressed lncRNAs between tumor and normal tissues, many of which were cancer-associated lncRNAs based on GO and KEGG pathway analysis. Combined analysis of MeDIP-Seq and RNA-seq results revealed that expression of 23 lncRNAs were candidates of 5mC controlled genes. The possible link between 5mC modification and differential lncRNAs may relate to the enrichment of 5mC reads in the region surrounding super-enhancers of lncRNA. Survival analysis using indicated that the methylated lncRNA, LINC00574, was associated with shorter overall survival time in BC patients.

**Conclusions** lncRNAs genes are under control of DNA methylation. Methylated lncRNA, including LINC00574, can be served as potential biomarkers for BC prognosis.

## PU-6168

### The clinical application value of sCD14-ST in Neonatal hematosepsis

Dingchang WU, Liping Chen, Ting Xiao, Shanshan Xie  
Fujian Longyan First Hospital

**Objective** To explore the value of soluble cluster of differentiation 14 subtype (sCD14-ST) in whole blood for differential diagnosis of neonatal hematosepsis at an early stage, and it is used in evaluation of the severity about sepsis which is combined with APACHE II score, PCT, WBC, and CRP.

**Methods** Samples from 42 neonates with hematosepsis, 54 neonates with non-hematosepsis, 44 non-infectious SIRS neonates and 53 healthy neonatal controls were collected at Fujian Longyan First Hospital from August 2013 to March 2015 admitted to the pediatric intensive care unit (PICU). sCD14-ST, PCT, WBC and CRP were determined and APACHE II score was assigned before treatment, on day 3 and day 5 after treatment. The correlation of sCD14-ST with APACHE II score was assessed, and ROC curve was created to identify the value of sCD14-ST in diagnosis of hematosepsis. Simultaneously, the bacteria in hematosepsis group were analyzed. Paired T-test, quartiles, non-parametric rank sum test, ROC curve analysis and Pearson test were done on experimental data using SPSS19.0 statistical software.

**Results** The difference in sCD14-ST levels between hematosepsis group [ $n=42$ , 786.04 (674.96-897.12)] ng/L and non-hematosepsis group [ $n=54$ , 626.00 (556.01-695.98)] ng/L was statistically significant ( $t=-2.112$ ,  $P=0.041$ ). And, the sCD14-ST levels between sepsis group and non-infectious SIRS group [207.86 (203.74-211.98)] ng/L & healthy control group [124.20 (113.73-134.68)] ng/L were significantly different ( $X^2=57.812$ , 68.944,  $P<0.01$ ). The difference in sCD14-ST levels between Gram-positive bacteria group [802.92 (669.55-936.28)] ng/L and Gram-negative bacteria group [761.24 (550.54-971.92)] ng/L was not statistically significant ( $t=-0.055$ ,  $P=0.957$ ); in hematosepsis group, sCD14-ST was positively correlated with APACHE-II score ( $R$  value=0.415,  $P<0.01$ ) and The sCD14-ST level was decreased obviously along with APACHE-II score, PCT, CRP, and WBC before and after treatment ( $X^2=35.019$ , 78.399, 52.363, 25.912, 7.252, all  $P$  values  $<0.01$ ); ROC-AUC of sCD14-ST was 0.942, the differences in ROC-AUCs among sCD14-ST and PCT, CRP, and WBC were statistically significant ( $Z=-6.034$ , -4.474, -5.722, all  $P$  values  $<0.01$ ), the sensitivity and specificity of sCD14-ST were 95.2%, 84.9% respectively.

**Conclusions** The findings of our study suggest that sCD14-ST is an important laboratory indicator for neonatal hematosepsis, and its diagnostic value is superior to other laboratory

indexes, especially useful in early identification of hemato-sepsis and therapeutic effect evaluation in neonates.

## PU-6169

### 间质干细胞对紫杉醇诱导的乳腺癌细胞凋亡的作用

徐会涛,周颖,杨晋  
连云港市第一人民医院,222000

**目的** 分离、培养、鉴定乳腺癌来源间质干细胞(BC-MSCs)及癌旁组织来源间质干细胞(BN-MSCs),探讨其对紫杉醇诱导的人乳腺癌 MCF-7 细胞凋亡的影响。

**方法** 采用组织贴壁法分离培养 BC-MSCs 和 BN-MSCs,成骨、成脂诱导法检测 BC-MSCs 的分化能力,流式细胞术检测 BC-MSCs 和 BN-MSCs 的表面标记。收集 BC-MSCs 和 BN-MSCs 48h 培养上清液,分别与紫杉醇共同处理 MCF-7 细胞,四甲基偶氮唑蓝(MTT)实验检测不同处理组 MCF-7 细胞增殖抑制率, Muse 全能细胞分析仪检测 MCF-7 细胞凋亡, ELISA 检测 MSCs 培养上清中白细胞介素 6(IL-6)水平, IL-6 中和抗体加入到 BC-MSC-CM 中处理 MCF-7 细胞, MTT 实验检测 MCF-7 细胞增殖抑制率, Muse 分析仪检测 MCF-7 细胞凋亡情况。

**结果** MSCs 镜下呈纤维样长梭形,高表达 CD29、CD44,不表达 CD14、CD34 表面分子标志,诱导后可分化为脂肪细胞和成骨细胞。BC-MSCs-CM+紫杉醇处理组的细胞抑制率低于紫杉醇处理组;BC-MSCs-CM+紫杉醇处理组 MCF-7 细胞凋亡率显著低于紫杉醇组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ );BC-MSC-CM 中 IL-6 水平明显升高;BC-MSCs-CM+IL-6 中和抗体+紫杉醇处理组 MCF-7 细胞增殖抑制率及细胞凋亡率高于 BC-MSCs-CM+紫杉醇处理组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** BC-MSCs 能够显著减少紫杉醇诱导 MCF-7 细胞的凋亡,通过其分泌的 IL-6 发挥作用。

## PU-6170

### 基于量子点纳米材料的高灵敏免标记光谱生物分析研究

陈飘飘,耿佳  
四川大学华西临床医学院,610000

**目的** 构建多种新颖的基于核酸适配体的原子/分子光谱生物分析策略

**方法** 实验中,我们发现了碲化镉量子点可以选择性地识别汞离子和 T-Hg<sup>2+</sup>-T 发卡结构,而触发阳离子交换反应释放出游离的镉离子,以及滤膜可以选择性分离碲化镉量子点和镉离子的现象。在以上现象的基础之上,我们设计了 T-Hg<sup>2+</sup>-T 发卡结构并将其作为识别探针,结合碱基互补配对、以及核酸适配体等特性,将其应用于 DNA 和癌胚抗原的检测。

**结果** 该方法不仅具有高的检测灵敏度(0.2 nM DNA, 0.2 ng/mL 癌胚抗原),且具有良好的序列特异性和蛋白质选择性。该体系被成功地应用于血清中癌胚抗原的检测,且其检测结果与现有 ELISA 方法相近。

**结论** 以上方法设计和操作简单且成本低,使用滤膜辅助分离可有效降低基质干扰,为发展简单分离的原子光谱生物分析方法提供了新的研究思路。

PU-6171

## AGTR1 基因和 ACE 基因多态性分析及其 与原发性高血压病相关性研究

孙谦,欧阳雅莉  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨血管紧张素 II-1 型受体 (AGTR1) 1166A/C 基因和血管紧张素转换酶 (ACE) I/D 基因多态性以及两种基因与原发性高血压病之间的关系。

**方法** 对 2015-2018 年于湘雅医院进行高血压相关基因检测患者以不同高血压分级情况进行分组,采用微阵列基因芯片技术检测 AGTR1 1166A/C 和 ACE I/D 多态性基因型频率及其等位基因频率。运用 SPSS21.0 将其与患者高血压相关临床检测资料 (脂质代谢指标、血糖等) 进行统计学分析,分析 AGTR1166A/C 和 ACEI/D 基因多态性与原发性高血压病的相关性。

**结果** ①观察组与对照组比较 AGTR1 基因型频率 ( $X^2=0.776$ ,  $P=0.557$ )、等位基因频率 ( $X^2=0.964$ ,  $P=0.479$ ), 差异无统计学意义 ( $P\geq 0.05$ ), 但各组内等位基因 A 的频率高于等位基因 C; 观察组 AGTR1A/A 基因型 LDL-C, TG, TC, Glu 浓度均高于 A/C+C/C 基因型, A/A 基因型 HDL-C 患者小于 A/C+C/C 基因型患者, 但无统计学差异 ( $p\geq 0.05$ )。②观察组与对照组比较 ACE 基因型频率 ( $X^2=1.261$ ,  $P=0.514$ ) 和等位基因频率 ( $X^2=1.516$ ,  $P=0.218$ ), 差异无统计学意义 ( $P\geq 0.05$ ), 但各组内等位基因 I 的频率高于等位基因 D; 观察组 I/I 基因型患者 HDL-C 浓度高于 I/D+D/D 基因型, LDL-C、TG、TC、Glu 浓度低于 I/D+D/D 基因型, 但无统计学差异 ( $p\geq 0.05$ )。

**结论** AGTR1166A/C 基因在本研究人群中与原发性高血压患病情况无相关性, 研究人群 A 等位基因频率远高于 C 等位基因。ACE I/D 基因在本研究人群中与原发性高血压患病情况无相关性, 研究人群 I 等位基因频率远高于 D 等位基因。

PU-6172

## 循环 ICOS+PD-1+滤泡辅助性 T 细胞和活性滤泡调节性 T 细胞 在原发性干燥综合征患者中的表达及与临床指标的相关性

王艳林,罗静 (通讯作者),梁朝珺,赵向聪  
山西医科大学第二医院,030000

**目的** 原发性干燥综合征 (pSS) 是以外分泌腺受累为主要表现的系统性自身免疫性疾病。滤泡辅助性 T 细胞 (Tfh) 和滤泡调节 T 细胞 (Tfr) 是新近发现的两种 CD4<sup>+</sup>T 细胞亚群, 已被证实可参与自身免疫性疾病的发生发展。然而, 这些亚群在 pSS 中的确切作用和表达状况仍不清楚。因此本文探讨 Tfh 和 Tfr 亚群细胞在 pSS 患者外周血中的表达及临床意义。

**方法** 随机选取 64 例符合纳入和排除标准的 pSS 病人, 同时选取 26 例健康人作为对照组。其中有 13 名最初表现为活动性 pSS, 在病情缓解后再次检测。采用流式细胞术测定外周血 Tfh 和 Tfr 亚群细胞的百分比、绝对值及多种细胞因子的表达, 且结合患者临床资料进行分析。

**结果** (1) pSS 患者 ICOS+PD-1+Tfh 细胞百分比与绝对值较正常人显著升高 ( $p<0.05$ ), 而在 Tfr 和活性 Tfr (aTfr) 细胞中得到相反的结果 ( $p<0.001$ )。 (2) pSS 患者 Tfh/Tfr 与 Tfh/aTfr 比值均升高, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ) (3) pSS 患者细胞因子 IL-2、IL-4、IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$  和 IL-17A 的含量明显高于正常对照组 ( $p<0.05$ )。 (4) ICOS+PD-1+Tfh 细胞与疾病活动指数 (ESSDAI)、多种抗体 (抗 SSA、Ro52 和 ENA)、细胞因子 (IL-2、IL-4、IL-10、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$  和 IL-17A) 及血清 IgG 呈正相关 ( $p<0.05$ )。 (5) aTfr 细胞绝对值与 IgM 水平呈

显著负相关( $r=-0.483$ ,  $p=0.002$ )。(6) 活动性患者 ICOS+PD-1+Tfh 细胞 ( $p=0.005$ ) 比例及 Tfh/aTfr 比值升高 ( $p=0.045$ )。

**结论** pSS 患者外周血中 ICOS+PD-1+Tfh 细胞表达增高而 aTfr 细胞表达下降。推测 T 亚群可能与 pSS 的自身免疫反应有关, 可作为疾病活动的诊断标志物及 pSS 潜在强有力的治疗靶点。

#### PU-6173

### 四川省人民医院 2016-2017 年耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌 (CRKP) 感染病例回顾分析

喻华

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 对 2016-2017 年四川省人民医院采集的耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌 (CRKP) 临床菌株进行基因型及患者预后分析。

**方法** 使用 Vitek2 Compact 对临床收集的肺炎克雷伯菌进行药敏测试, 判断是否为 CRKP 菌株。通过 RAPIDEC CARBA NP 对 CRKP 菌株进行确认。使用 Xpert Carba-R 多重 PCR 试剂盒 CRKP 菌株进行基因型分析。得到 CRKP 基因型后与临床数据进行比较分析。

**结果** 2016-2017 年四川省人民医院共检出 77 株 CRKP 病原菌, 其中 60 株分离自成人病区, 17 株分离之儿童病区。成人病房中 CRKP 以 KPC 及 NDM 为主, 儿科和新生儿病房中流行的 CRKP 以 IMP 和 NDM 为主, 且无患儿死亡。不同标本类型中下呼吸道相关复合感染是最常见的感染部位, 占比 67%, 预后不佳比例为 58%。血流感染以及合并感染是最危险感染类型, 预后不佳比例为 83%。

**结论** 耐碳青霉烯肺炎克雷伯菌 (CRKP) 感染是导致患者高死亡率及不良预后的重要原因, 现有治疗方案非常有限。血流感染及下呼吸感染预后相对较差, 对此类患者需引起临床高度重视。

#### PU-6174

### 茶皂素对预防鼠伤寒沙门菌感染小鼠的影响

阴银燕, 何凯明

扬州大学医学院

**目的** 鼠伤寒沙门菌既可感染家禽和哺乳动物, 也可感染人类, 具有重要的公共卫生学意义。茶皂素是从山茶科、山茶属植物中提取的纯天然产品, 具有消炎、镇痛、抗癌等药理活性, 本研究主要探讨茶皂素对预防鼠伤寒沙门菌感染小鼠的影响。

**方法** 首先在培养基中加入终浓度为 150、250、350 mg/mL 的茶皂素, 作用不同时间, 检测其对鼠伤寒沙门菌体外生长的影响; 其次给小鼠灌胃低剂量 (1 g/kg)、中剂量 (10 g/kg) 和高剂量 (30 g/kg) 茶皂素, 记录小鼠体重, 7 天后, 给小鼠灌胃  $10^7$  CFU 鼠伤寒沙门菌, 连续观察 15 天, 记录小鼠体重、存活情况和粪便中细菌量; 感染后 1、3、5 和 7 天, 取小鼠脏器肠系膜淋巴结、肝脏、脾脏和血液, 涂板计数统计脏器中载菌量。

**结果** 结果显示, 加入茶皂素 2 h、4 h 和 6 h, 鼠伤寒沙门菌活菌数量与未处理组相比均显著下降; 提前灌胃茶皂素组, 与未灌胃组相比, 小鼠体重下降迟缓 ( $P<0.05$ ), 小鼠存活率由 20% 提高到 80%, 粪便中细菌的数量显著下降, 肠系膜淋巴结、肝脏、脾脏和血液中, 细菌的载菌量也显著下降。

**结论** 结果表明, 茶皂素对小鼠安全性较高, 且体外和体内试验证实, 茶皂素可以抑制鼠伤寒沙门菌生长和鼠伤寒沙门菌感染小鼠, 本研究将有助于预防鼠伤寒沙门菌感染引起的相关疾病。

PU-6175

## 糖化血红蛋白和糖化血清蛋白在妊娠期糖尿病诊断中的价值初探

彭永正<sup>1</sup>, 郭妍蓉<sup>1,2</sup>

1. 南方医科大学珠江医院, 510000

2. 中山大学第五附属医院

**目的** 近年来, 全球妊娠期糖尿病的患病率日益升高, 亚洲地区尤为明显。该病对孕妇的妊娠结局, 以及产后母婴的生活质量, 均有较严重的影响。本课题主要探讨糖化血红蛋白(HbA1c)和糖化血清蛋白(GSP)两个指标, 在妊娠期糖尿病中的诊断价值和应用效果。

**方法** 选取南方医科大学珠江医院 2019 年 1 月~3 月, 进行产检的孕妇 98 例, 其中 GDM 者(GDM 组) 28 例, 正常孕妇(正常组) 70 例。比较两组孕妇的 GSP、HbA1c 水平, 分析这两个指标对妊娠期糖尿病的诊断价值, 以及方法学评价。

**结果** 妊娠期糖尿病组孕妇的糖化血红蛋白(HbA1c)水平明显比正常孕妇对照组高, 结果有显著差异; 妊娠期糖尿病组孕妇的糖化血清蛋白(GSP)水平与正常孕妇对照组相比, 无显著增高。在妊娠期糖尿病的诊断中, 糖化血红蛋白(HbA1c)的特异度为 94.29%, 这表明在妊娠期糖尿病的诊断中, 糖化血红蛋白(HbA1c)的检测具有一定应用价值。

**结论** HbA1c 与 GSP 相比, HbA1c 指标对妊娠期糖尿病的诊断价值较好; 研究表明, HbA1c 在妊娠期糖尿病的诊断中有一定的积极作用。

PU-6176

## 异常糖化血红蛋白检测的干扰处理

倪宁

中国医科大学附属盛京医院, 110000

**目的** 结合长期在工作中的临床试验和总结的经验, 完善检验结果的准确性, 综合考虑多种影响因素, 更大程度的为临床提供可靠的检验结果。更好的服务于临床, 更好的服务于广大患者。

**方法** 总结经验

**结果** 完善检验结果的准确性, 综合考虑多种影响因素, 更大程度的为临床提供可靠的检验结果。

**结论** 完善检验结果的准确性, 综合考虑多种影响因素, 更大程度的为临床提供可靠的检验结果。

PU-6177

## 高原地区成人甲状腺功能减退症患病率调查

赵新艳<sup>1</sup>, 蒯亚晖<sup>2,1</sup>, 周洲<sup>2,\*</sup>, 康金锁<sup>2,1</sup>

1. 云南省阜外心血管病医院

2. 中国医学科学院阜外医院, 100000

**目的** 甲状腺功能减退症(甲减)是由于甲状腺激素合成及分泌减少, 或其生理效应不足所致机体代谢降低的一种疾病, 是临床较常见的内分泌疾病, 甲减的早期阶段, 无临床症状仅有实验室指标变化的一种潜在疾病, 其主要不良后果是发展成临床甲减, 它包括临床甲状腺功能减退症、亚临床甲状腺功能减退症; 随着人们健康意识的提高和对甲状腺疾病的不断深入了解, 甲减日益受到人们的重视。本次研究主要目的是为了了解云南省成人甲减患病率特点以及与性别、年龄的关系。

**方法** 根据《甲状腺功能减退症诊治指南》2017 年版指出血清促甲状腺激素 (TSH) 和游离四碘甲状腺原氨酸 (FT4)、总四碘甲状腺原氨酸 (TT4) 是诊断原发性甲状腺功能低下症 (甲减) 的第一线指标, 亚临床甲减得诊断主要依赖实验室检查, TSH 升高且 FT4、TT4 正常, 根据 TSH 水平, 将亚临床甲减分为两类, 即轻度亚临床甲减 (TSH<10mU/L) 和重度亚临床甲减 (TSH>10mU/L)。

纳入云南阜外心血管病医院 2018 年 4 月至 2019 年 5 月共 2317 例体检人群为研究对象, 按实验项目标准化操作程序 (SOP) 文件, 采用 Roche 公司 Cobas E602 化学发光分析仪及其配套试剂和校准品, 对仪器进行开机、试剂准备、校准和室内质量控制, 测定受检者血清促甲状腺素 (TSH)、游离甲状腺素 (FT4)、总四碘甲状腺原氨酸 (TT4), TSH、FT4、T4 试剂的批间变异均 < 5%, 比较甲状腺功能减退症患病率与性别的关系; 比较不同年龄组亚甲减患病率。

**结果** 2317 例研究对象 2018—2019 年平均临床甲减患病率为 0.6%, 亚临床甲减患病率为 14.5%, 其中轻度亚临床甲减 13.4% 和重度亚临床甲减 1.0%, 女性轻度亚临床甲减患病率 15.9% 高于男性 10.8% ( $P<0.05$ ), 重度亚甲减患病率 1.3% 高于男性 0.9%, 甲减患病率女性 0.86% 远远高于男性 0.34%。

老年组亚甲减患病率为 26.2%, 高于青年组和中年组的 14.9% 和 10.7% (两两比较均  $P<0.01$ )。

**结论** 高原地区女性轻度亚临床甲减患病率高于男性。老年人亚甲减患病率高于中青年, 甲状腺功能随着年龄增加逐渐减退。

## PU-6178

### 感染高通量测序方法诊断 AIDS 患者患马红球菌肺炎一例

刘岩, 江冠民, 郭兆旺, 汤艳平  
中山大学附属第五医院, 519000

**目的** 免疫缺陷患者易被多种机会致病菌感染, 其中多数机会致病菌利用常规微生物学培养手段不易被检出, 且由于数据库信息有限, 商业化生化表型鉴定仪及质谱鉴定仪易误判或不能识别该类细菌, 延误临床治疗时机。因此, 快速、准确诊断免疫缺陷患者机会性感染病原菌是及时进行临床干预, 改善患者预后的先决条件。

**方法** 2019 年 4 月 11 日, 一名 61 岁男性患者以反复咳嗽 4 月余, 入住中山大学附属第五医院呼吸科, 后经人类免疫缺陷病毒 (HIV) 血清学检测, 诊断为 AIDS 患者, 遂转入我院感染病防治中心继续治疗。该患者 9 天前在外院就诊时, CT 检查显示肺实变, 右上肺多发性空洞, 电子胃镜提示霉菌性食管炎。为尽快明确感染病原, 患者肺泡灌洗液样本被同时送检普通微生物培养及感染病原高通量基因检测。

**结果** 该患者肺泡灌洗液样本培养出革兰阳性球菌, 经梅里埃 VITEK2 Compact 全自动细菌鉴定仪鉴定提示为库克氏菌。然而同时期的肺泡灌洗液样本高通量基因检测结果, 报告马红球菌核酸序列检出 3768 个。为进一步确诊, 我们将保存的肺泡灌洗液样本进行弱抗酸染色, 找到弱抗酸球菌, 证明该患者肺部感染病原为马红球菌。

**结论** 高通量测序基于对病原核酸序列的检测, 可快速检出免疫缺陷患者感染条件性致病菌的种属, 是诊断免疫缺陷患者感染病原体的有力工具。对于免疫缺陷患者的革兰阳性球菌感染, 可补充弱抗酸染色, 以排除马红球菌感染。

## PU-6179

## Enhancement of proliferation and anti-lung-tumor activity of human peripheral blood lymphocytes by low-intensity pulsed ultrasound

Denggao Huang

Affiliated Haikou Hospital of Xiangya School College, Central South University

**Objective** Tumor immunotherapy is a hot topic in the field of basic medicine at present. However, how to improve the anti-tumor effect is still an unconquered problem in the clinical medicine

**Methods** In this study, we investigated the effects of low intensity pulsed ultrasound (LIPUS) on the proliferation and anti-lung-tumor effect of human peripheral blood lymphocytes (HPBL). Separation of HPBL by Ficoll gradient centrifugation. The proliferation of HPBL was stimulated by the intensity of LIUPS between 0 and 80mW/cm<sup>2</sup>. The proliferation activity of the cells was measured by the CCK-8 assay. The expressions of anti-tumor factors (INF- $\gamma$ , IL-2, TNF- $\alpha$  and GM-CSF) in the supernatant of culture medium were detected by the ELISA assay. The antitumor activity was detected by co-culture of HPBLs and human lung giant cell carcinoma cells (95D).

**Results** Our study shows that, compared to the control group (0 mW/cm<sup>2</sup>), the proliferation of HPBL cells was enhanced ( $P < 0.01$ ) after 2 days of stimulation. The intensity of LIPUS is 30 mW/cm<sup>2</sup> and duration is 10 minutes a day. The anti-tumor factors are INF- $\gamma$  (39.66 ng/L  $\pm$  8.30 > 24.40 ng/L  $\pm$  6.84,  $P < 0.05$ ), IL-2 (619.84 pg/mL  $\pm$  125.94 > 279.56 pg/mL  $\pm$  128.18,  $P < 0.01$ ), TNF- $\alpha$  (461.29 ng/L  $\pm$  14.08 > 417.17 ng/L  $\pm$  21.44,  $P < 0.01$ ), GM-CSF (108.11 ng/L  $\pm$  2.07 > 96.53 ng/L  $\pm$  1.56,  $P < 0.05$ ) respectively; Co-culture experiment showed that the killing rate of tumor was 14.9%  $\pm$  0.03 in the stimulation group and 8.6%  $\pm$  0.01 in the control group.

**Conclusions** The proliferation activity and killing rate of HPBLs were increased after LIPUS stimulation

## PU-6180

## PEG 沉淀法测定血淀粉酶沉淀率

许冬,何梦焱,金博,关杰,逢璐,焦莉莉,李海霞  
北京大学第一医院,100000

**目的** 利用 PEG 沉淀法测定 120 例表观健康人群的血淀粉酶沉淀率,并建立其参考区间。

**方法** 收集 2019 年 4 月于北京大学第一医院进行健康体检的表观健康人群标本 120 例(男女各 60 例),使用浓度为 240g/L 的 PEG6000 作为沉淀剂,对血浆中的淀粉酶进行沉淀,用全自动生化分析仪 AU5800 测定其总淀粉酶浓度,并计算血淀粉酶沉淀率,其计算公式为:PEG 沉淀法淀粉酶沉淀率(%)=[(淀粉酶浓度<sub>对照</sub>-淀粉酶浓度<sub>PEG 沉淀</sub>)/淀粉酶浓度<sub>对照</sub>] $\times$ 100%。统计分析数据是否符合正态分布,并计算 PEG 沉淀法血淀粉酶沉淀率的参考区间。

**结果** 120 例健康人群血浆标本经 PEG 沉淀的淀粉酶活性占淀粉酶总活性的百分比为(28 $\pm$ 7)%,男性为(26 $\pm$ 7)%,女性为(31 $\pm$ 7)%,与文献报道的<52%一致,并与本实验室鉴定出的一例巨淀粉酶血症患者的淀粉酶沉淀率有明显差异。PEG 沉淀法测定血淀粉酶沉淀率的参考区间为(28 $\pm$ 14)%。

**结论** 本实验室 PEG 沉淀法测定血淀粉酶沉淀率的参考区间为(28 $\pm$ 14)%,该方法可用于巨淀粉酶血症的鉴别诊断。



## PU-6181

## 全血直扩并多重 PCR-荧光探针法对 CYP2C19\*2 和 CYP2C19\*3 SNP 位点的检测

孔令君,钟敏,窦亚玲,韩建华,张睿,叶阿里

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 验证全血直扩并多重 PCR-荧光探针法对 CYP2C19\*2 和 CYP2C19\*3 SNP 位点检测的准确性。

**方法** 收集 2018 年 10 月至 12 月在北京协和医院就诊的冠状动脉粥样硬化性心脏病患者的剩余 EDTA 抗凝全血 200ul, 采用卡尤迪生物科技宜兴有限公司研制生产的“人类 CYP2C19 基因分型检测试剂盒 (PCR-荧光探针法)” (以下简称为“试验试剂”) 与临床普遍认为质量较好的武汉友芝友医疗科技股份有限公司生产的“人类 CYP2C19 基因检测试剂盒 (PCR-荧光探针法)” (以下简称为“对比试剂”) 进行独立对比试验, 同时对这些样本进行 Sanger 测序再次验证。试验试剂与对比试剂、试验试剂与测序结果进行 2×2 列联表统计分析, 计算总符合率, Kappa 系数。试验试剂检测结果特异性 (抗干扰物质) 统计, 考察试验试剂抗常见干扰物质的检测能力, 选取了溶血、黄疸、高脂血等样本, 共 38 例, 包括溶血 3 例, 黄疸 7 例, 高脂血 28 例。

**结果** CYP2C19 基因\*2 位点检测结果符合率统计总表

考核试剂“AA”36 例、“GA” 145 例、“GG”185 例; 对比试剂“AA”36 例、“GA” 145 例、“GG”185 例; 测序结果 “AA”36 例、“GA” 145 例、“GG”185 例。

GG 符合率为 100%, GA 符合率为 100%, AA 符合率为 100%、总符合率为 100%; Kappa 系数为 1。

CYP2C19 基因\*3 位点定性检测结果符合率统计总表

考核试剂“AA”3 例、“GA” 31 例、“GG”332 例; 对比试剂“AA”3 例、“GA” 31 例、“GG”332 例; 测序结果 “AA”3 例、“GA” 31 例、“GG”332 例。

GG 符合率为 100%, GA 符合率为 100%, AA 符合率为 100%、总符合率为 100%。Kappa 系数为 1。

试验试剂抗常见干扰物质的检测能力: 三种检测方法对 38 例含干扰物质的样本中 CYP2C19 基因的\*2 位点和\*3 位点均能检出, 且试验试剂、对比试剂、测序检出的基因型完全一致。

**结论** 结果表明卡尤迪生物科技宜兴有限公司生产的“人类 CYP2C19 基因分型检测试剂盒 (PCR-荧光探针法)” 适用于无需提取 DNA, 直接检测人全血样本中的 CYP2C19 基因\*2 和\*3 两个位点的多态性, 可为氯吡格雷的个体化用药提供参考。

该试剂抗干扰物质检测能力与已上市产品等效; 含溶血、黄疸和高脂血症等干扰物质的样本对检测无影响。

## PU-6182

## 九项呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测在急性呼吸道感染诊断中的应用价值

陈文强

淄博市中心医院,255000

**目的** 通过对 2015 年至 2018 年淄博市中心医院病人九项呼吸道感染病原体 IgM 抗体(间接免疫荧光法)检测结果进行分析, 了解九项呼吸道感染病原体 IgM 抗体试剂对呼吸道感染的诊断价值, 为临床提供一种快速诊断呼吸道感染病原体的方法。

**方法** 回顾 2015 年至 2018 年期间淄博市中心医院 6091 例病人九项呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测结果，九项主要病原体的 IgM 抗体包括嗜肺军团菌(LP)、肺炎支原体(MP)、Q 热立克次 4(cox)、肺炎衣原体(ce)、腺病毒(ADV)、呼吸道合胞病毒(RSv)、甲型流感病毒(IFA)、乙型流感病毒(IFB)和副流感病毒 1、2 和 3 型(PIVS)。

**结果** 研究表明非典型病原体感染率为 28.8%(1759 / 6091)，其中以乙型流感病毒最为多见，其次为肺炎支原体，次之为副流感病毒 1、2、3 型；混合感染率达 17.3%(1052/6091)；感染人群以儿童多。九项主要病原体的 IgM 抗体的感染率分别为：嗜肺军团菌(12)5.68% (346/6091)、肺炎支原体(MP)15.51% (945/6091)、Q 热立克次体(cox)0.56% (34/6091)、肺炎衣原体(ce)0.66% (40/6091)、腺病毒(ADV)3.66% (223/6091)、呼吸道合胞病毒(RSv)1.31% (80/6091)、甲型流感病毒(IFA)0.11% (7/6091)、乙型流感病毒(IFB)23.2% (1413/6091)和副流感病毒 1、2 和 3 型(PIVS)6.99% (426/6091)

**结论** 九项呼吸道联检试剂对于急性呼吸道感染的病原学诊断, 有着重要的临床指导意义。

PU-6183

## 5S 管理结合心理学在医学实验室日常管理中的应用及体会

吴志丹

江苏省江阴人民医院

**目的** 通过借鉴日本现代化企业管理中运用的“5S”管理体系，结合现代心理学知识，将它们运用到医学实验室的日常管理工作中，以提高工作效率，患者及员工的满意度。

**方法** 根据“5S”管理体系的要求，对实验室各个工作区域开展“整理、整顿、清扫、清洁及素养”5 项实践活动，结合现代心理学知识，制定科学的工作流程，优化各项服务举措，降低员工劳动强度，满足患者的心理需求。

**结果** 通过“5S”管理结合心理学知识的运用，优化了检验科门急诊各个工作岗位的人力分配，不浪费人力资源，使得门急诊数量有限的工作人员各自发挥了自身最大的工作潜能，门诊日常效率得到了极大的提升，得到了患者的肯定。

**结论** 医学实验室适合采用“5S”管理理念进行科学的规划与管理，结合运用心理学知识进一步揣摩员工与患者的心理需求，能达到最大程度的优化效果。

PU-6184

## 区域检验中心检验项目设置与管理的几点体会

韩丽敏,杜玉珍

上海市第六人民医院东院

**目的** 在分级诊疗医联体模式下，区域检验中心建设是优质资源上下贯通的重要举措。区域检验中心检验项目设置与管理是医联体健康、高效、高质发展的重要保障。检验项目可细分为常规项目、急诊项目以及 LDT 项目。本文就我院在区域检验中心建设实践中遇到的检验项目设置、项目管理、报告时限及危急值的管理等方面问题交流体会。

**方法** 样本的采集、运输条件等进行事先梳理和评估，对样本的采集质量、采集时间、血清分离及样本的保存、运输方式、运送温度等进行严格把控，保证分析前的质量控制；常规项目、急诊项目以及相应的组合项目设置，既要考虑临床应用角度的优化配置，也要考虑区域检验中心服务对象单位的病种结构，为其提供既能满足临床诊疗需要，又不造成过度检查，如社区服务中心以小病、常见病、慢性病为主，因此针对罕见病、疑难病的检验项目建议谨慎配置；建立有效的管理机制，制

定针对下级医联体单位的检验项目更新或配置的管理规范及操作流程, 确保样本携带的信息流顺畅; 建立报告时限和危急值的管理制度, 定期对医联体样本的报告时限进行统计分析并评估, 对危急值传报准确性、及时性进行评估。

**结果** 满意度调查发现, 区域检验中心的检测质量在医联体合作单位得到认可, 检验报告时限的满意率高, 医联体样本的危急值传报准确率、及时率达到 100%。

**结论** 区域检验中心通过对样本采集运输的规范管理、检验项目的合理设置、报告时限及危急值的管理, 使区域检验中心优质的检测资源真正实现下沉, 为临床医疗质量与上级医联体主体同质化提供了保障。

## PU-6185

### 基于适配体和铜纳米颗粒的超敏荧光传感器 直接检测大肠埃希菌的研究

肖玉玲<sup>1</sup>, 王丽<sup>1</sup>, 张鹏<sup>2</sup>, 王榛榛<sup>1</sup>, 陈凤宁<sup>3</sup>, 谢轶<sup>1</sup>, 康梅<sup>1</sup>, 耿佳<sup>1,2</sup>, 应斌武<sup>1</sup>

1. 四川大学华西医院, 610000

2. 四川大学生物治疗国家重点实验

3. 四川大学华西临床医学院, 610000

**目的** 大肠埃希菌是临床最常见的病原菌, 常引起各种感染, 传统检测方法时效性不高且检测程序复杂, 本研究拟建立一种快速、准确、高灵敏、低成本的免培养直接检测新方法。

**方法** 本研究设计了一种偶联了大肠埃希菌特异性适配体和触发 DNA 的新型识别探针, 并通过以自保护发卡 DNA 为模板的循环三重恒温链置换反应, 生成稳定的 Y 型铜纳米颗粒(Copper nanoparticles, CuNPs)。反应所产生的 CuNPs 发出荧光信号, 从而对大肠埃希菌进行快速定量检测。

**结果** 本研究设计的基于适配体和铜纳米颗粒的大肠埃希菌超敏荧光传感器, 能够直接快速检测大肠埃希菌。在活的大肠埃希菌存在时, 适配体特异性地结合大肠埃希菌, 释放出触发 DNA, 继而诱发等温三重链置换反应, 反应循环往复进行, 引发稳定的 Y 型 CuNPs 的连续释放, 产生显著增强的荧光信号, 从而实现了级联信号放大。我们将此方法成功运用于直接检测模拟尿液、胸腹水、脑脊液、血液样本中的大肠埃希菌, 检测限降低至 10 CFU/mL, 线性检测范围为 10-10<sup>5</sup>CFU/mL。

**结论** 本研究基于特异性适配体, 建立了一种新型免标记、免修饰、免 DNA 提取、免酶促反应的超敏荧光传感器, 创新性地使用了等温三重链置换反应, 实现了触发 DNA 的循环利用。该方法不再需要酶促反应, 使用铜纳米颗粒进一步降低了成本, 构建的 Y 型纳米颗粒结构更加稳定, 实现了更低的检测限, 且能够区分死活大肠埃希菌。我们将该方法成功应用于直接检测临床模拟尿液、胸腹水、脑脊液、血液样本中的大肠埃希菌, 免去培养过程, 为病原菌的直接、快速、灵敏、准确检测提供了新的技术支持和解决方案。

## PU-6186

### 酒精性肝损伤的临床检验及葛根素干预作用的研究

赵东

包头医学院第二附属医院

**目的** 基于葛根素的干预作用, 研究酒精性肝损伤的临床检验指标及炎症因子水平, 探讨其发病及治疗机制。

**方法** 雄性昆明小鼠 60 只, 随机分为葛根素大剂量组、葛根素中剂量组、葛根素小剂量组、酒精性肝损伤模型组、空白对照组和硫普罗宁阳性对照组; 葛根素提取物大中小剂量组分别按照 0.8g/kg、0.6g/kg、0.4g/kg 剂量灌胃给药, 空白对照组给予等剂量生理盐水, 阳性对照组给予 20mg/kg 剂量硫普罗宁, 每日一次, 共 15d。灌胃给药的同时, 以 56° 散白酒灌胃造模, 每日 1 次, 每次 0.2ml/10g。末次给药结束后, 小鼠称重, 以 0.3% 戊巴比妥钠 0.1ml/10g 剂量麻醉小鼠后, 断头取血, 3000r/min 离心 10min, 取上清置于 EP 管内, 放在 -20℃ 冰箱内保存。迅速取出肝脏称重。计算小鼠肝脏与体重比例作为肝脏指数; 测定小鼠血清 ALT、AST; Elisa 法检测小鼠血清 IL-1、IL-6 含量。

**结果** 与模型组比较, 葛根素大剂量组肝脏指数显著降低 ( $p < 0.01$ ), 葛根素中剂量组与小剂量组小鼠肝脏指数也有所降低 ( $p < 0.05$ ); 葛根素各剂量组均不同程度使小鼠血清 ALT、AST 含量降低, 其中大剂量组趋势更为显著。葛根素大剂量组和中剂量组均不同程度使小鼠血清 IL-1、IL-6 含量降低, 小剂量组中, IL-1 含量具有统计学意义 ( $p < 0.05$ ), IL-6 含量仅有降低趋势。

**结论** 葛根素能够减轻酒精性肝损伤大鼠肝脏指数, 降低 ALT、AST 水平, 并且能够对炎症因子 IL-1 和 IL-6 的水平进行调控, 从而起到保护肝脏的损伤作用, 其机制可能与抑制炎症因子过量释放, 减轻炎症损伤有关。

## PU-6187

### 基于信息化的门诊流程改造对 TAT 时间管理的探讨

李昕

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 利用信息化改造打通门诊采采流程, 尽可能缩短检验报告时限 (TAT 时间), 减少病人采血排队等待时间, 尽早拿到检验结果。

**方法** 昆明医科大学第一附属医院门诊采血中心购买门诊智能采血系统, 试管分拣机、轨道等硬件及软件, 并将其与 LIS 系统无缝对接完成信息流、样品流的改造, 通过对比改造前后 TAT 时间变化, 对患者进行问卷调查等方法, 判断信息化流程改造的作用。

**结果** 门诊改造前后 TAT 时间对比, 改造前门诊生化从采集到报告发出 TAT 平均 4.4h, 改造后 TAT 平均 1.9h, 改造后 TAT 明显缩短, 改造后检验速度提升了 56%, 门诊生化标本实现 2 小时内取结果。门诊患者满意度提高 19.6%。

**结论** 利用信息化可以打通门诊采采流程, 实现全流程监控, 有利于改善患者采血的就医体验, 同时更快速的得到检测结果, 帮助临床医生尽早诊断病情。

## PU-6188

### 湘雅医院尿道感染大肠埃希菌的分子流行病学分析

王海晨, 李军, 邹明祥

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 分析湘雅医院 2016 年 10 月至 2017 年 4 月从尿路感染患者尿液标本中分离到的大肠埃希菌的分子流行病学, 包括大肠埃希菌鉴定基因分析, 系统发育群分析, 药敏结果的统计分析和毒力基因的分析。

**方法** 分离菌采用 VITEK MS 质谱仪(生物梅里埃公司, 法国)进行菌种鉴定, 采用 VITEK 2 COMPACT 全自动细菌鉴定药敏系统(生物梅里埃公司, 法国)进行药物敏感试验, 用 PCR 去检测大肠埃希菌的 *uspA* 鉴定基因, *ChuA*, *YjaA*, *TspE4C2* 系统发育群基因和 *kpsMT K1*, *kpsMTIII*, *rfc*, *kpsMTII*, *kpsMT K5* 等毒力基因。

**结果** 1) 83 例尿路感染患者中男性 27 人 (32.5%), 女性 56 人 (67.5%), 年龄分布在 0-80 岁, 其中 61-70 岁组最多, 为 31.2% (26/83)。2) 83 例尿路感染患者以泌尿结石专科最多, 占 25.3% (21/83)。3) 83 株大肠埃希菌对氨苄西林这种抗生素的耐药率最高, 为 92.8%; 83 株大肠埃希菌对抗生素厄它培南和亚胺培南最敏感, 敏感率为 98.8%。大肠埃希菌中能产生超广谱  $\beta$  内酰胺酶(ESBL)的有 58 株, 阳性率为 69.9%。4) 83 株菌株都是大肠埃希菌。5) 83 株大肠埃希菌的系统发育群中以 B1 组最多, 有 25 株; 6) 83 株大肠埃希菌中 kpsMTII 的阳性菌株最多, 为 51 株; kpsMTIII 和 rfc 最少, 分别为 3 株和 2 株。

**结论** 从尿路感染患者中分离出的大肠埃希菌的以女性居多; 这些患者多就诊于泌尿结石专科; 大肠埃希菌对氨苄西林耐药性较高, 对抗生素头孢替坦敏感; 大肠埃希菌系统发育群分析 B1 组最多; kpsMTII 的阳性菌株最多。

## PU-6189

### 抗-HI 抗体的筛查和鉴定在临床输血中的应用价值

马春娅

解放军总医院

**目的** 探讨抗-HI 抗体的筛查和鉴定在临床输血中的应用价值

**方法** 选取 2016 年 2-11 月该院 4 例抗-HI 抗体阳性患者作为研究对象, 采用抗人球蛋白法和盐水试管法进行不规则抗体的筛查和鉴定, 并对临床输血效果进行评价。

**结果** 4 例患者均为 ABO 血型, 其中 A 型 RhD 阳性 2 例, AB 型 RhD 阳性 2 例。抗人球蛋白法的筛查结果均为弱阳性, 盐水试管法的筛查结果均为阳性。在盐水介质条件下, 4 例患者血清与 16 系谱细胞反应结果均为阳性, 与自身红细胞反应结果均为阴性; 在抗人球蛋白介质条件下, 4 例患者血清与 16 系谱细胞反应结果除 1 例弱阳性外均为阴性, 与自身红细胞反应结果均为阴性。2 例治疗用血患者输血后, 血红蛋白上升达到预期效果, 无输血不良反应发生。

**结论** 为抗-HI 抗体阳性患者输血时, 应选择 ABO 同型且盐水试管法及抗人球蛋白法配血结果均相合的血液。

## PU-6190

### 使用性别特异的 hs-cTnT 第 99 百分位值评估老年胸痛患者急性心肌梗死的诊断价值

郭英<sup>1</sup>, 罗薇<sup>2</sup>, 丁菲<sup>2</sup>, 李贵星<sup>2</sup>

1. 四川大学华西第二医院, 610000

2. 四川大学华西医院实验医学科

**目的** 使用性别特异的 hs-cTnT 第 99 百分位值 (男性: 15.5ng/L, 女性: 9ng/L), 评估老年胸痛患者急性心肌梗死(AMI)的诊断价值

**方法** 纳入因胸痛就诊于四川大学华西医院胸痛中心、年龄超过 65 岁、心电图无典型 ST 段升高的可疑 AMI 患者, 收集患者基本信息和心电图(ECG)、hs-cTnT 值等临床资料, 评估使用性别特异的 hs-cTnT 第 99 百分位值后对老年胸痛患者诊断 AMI 的诊断价值

**结果** 共纳入 757 例符合标准的研究对象, 平均年龄 75 岁, 男性 522 例, 女性 235 例。对心电图非典型 ST 段抬高、年龄超过 65 岁的胸痛患者, 使用传统第 99 百分位值 (14ng/L) 对男性和女性诊断为 AMI 的灵敏度和特异度分别为 99%、66%和 100%、53.2%; 使用性别特异的第 99 百分位值 (男性: 15.5ng/L, 女性: 9ng/L) 对男性和女性诊断为 AMI 的灵敏度和特异度分别为 98.1%、62.4%和 100%、69.4%

**结论** 传统的 hs-cTnT 第 99 百分位值 (14ng/L) 依然可作为老年胸痛患者诊断 AMI 的标准。

#### PU-6191

### 我国成年人高血压前期发生率及影响因素的 meta 分析

罗艺鑫

山东省千佛山医院,250000

**目的** 为了解我国成年人群高血压前期人群的现状,采用 meta 分析法综合定量评价高血压前期的检出率现状并界定其影响因素,从而为后期制定相关措施预防高血压前期的发生及控制提供基本的参考依据。

**方法** 通过以高血压前期、正常高值血压、发生率、危险因素、影响因素、prehypertension、high-normal blood pressure、incidence、influencing factors、risk factors 为检索词检索 CNKI、Wan-Fang Data、VIP、CMB、PubMed、Web of Knowledge 数据库中有关文献,借助 EndNote 软件筛选后最终纳入分析文献 15 篇,然后使用 Stata 软件对高血压前期发生率进行统计分析,RevMan 软件对高血压前期的影响因素进行 meta 分析。

**结果** 数据分析发现合并高血压前期发生率为 37%。吸烟、饮酒和高血压家族史合并暴露比值比 (Odds ratio, OR) 及 95%可信区间 (CI) 分别为 1.40[1.22, 1.61]、1.63 [1.46, 1.81]和 1.14 [0.88, 1.48]; 年龄、腰围 (WC)、体重指数 (BMI)、空腹血糖 (FBG)、总胆固醇 (TC)、甘油三酯 (TG)、低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、高密度脂蛋白胆固醇 (HDL-C) 合并标准均数差值 (SMD) 及 95%CI 分别为 0.30 [0.09, 0.51]、0.88 [0.45, 1.32]、1.06 [0.55, 1.57]、0.27 [0.20, 0.34]、0.59 [0.14, 1.03]、0.33 [0.15, 0.51]、0.20 [0.15, 0.24]和-0.13 [-0.23, -0.02]。

**结论** 我国普通成年人高血压前期发生率较高;吸烟、饮酒、WC、BMI、FBG、TC、TG、LDL-C 等均是高血压前期发生、发展的危险因素;HDL-C 是高血压前期发生、发展的保护因素;我国卫生有关机构急需针对危险因素开展各种防治措施,从而有效降低高血压前期转化为高血压以及发生其他心血管疾病的风险。

#### PU-6192

### Rta-IgG,EA-IgA 及 VCA-IgA 联合检测在 EBV-DNA 阳性和阴性鼻咽癌患者中的临床价值研究

夏全松

云南省肿瘤医院/昆明医学院第三附属医院,650000

**目的** 比较 EBV-DNA 阳性和 EBV-DNA 阴性的鼻咽癌患者血清 EB 病毒 Rta-IgG (Rta-IgG), EB 病毒早期抗原 IgA (EA-IgA) 和 EB 病毒衣壳抗原 IgA (VCA-IgA) 的表达差异及临床特征 (有无吸烟史、转移、分期) 的不同,探讨鼻咽癌患者 Rta-IgG (Rta-IgG), EB 病毒早期抗原 IgA (EA-IgA) 和 EB 病毒衣壳抗原 IgA (VCA-IgA) 的表达在 EBV-DNA 阳性和阴性两分群鼻咽癌患者的关系。

**方法** 回顾性分析自 2010 年 6 月-2019 年 4 月在昆明医科大学第三附属医院住院患者,经病理确诊为鼻咽癌且进行了 EBV-DNA 及 EB 病毒组套检测的病例资料 51 例,其中男性 42 例、女性 9 例,另外非鼻咽癌对照组 50 例,其中包括肝癌患者 10 例,肺癌患者 10 例,胃癌患者 10 例,淋巴瘤患者 10 例,健康体检者 10 例;研究组中 EBV-DNA 阳性鼻咽癌患者 17 例,男性 14 例、女性 3 例,EBV-DNA 阴性鼻咽癌患者 34 例,男性 28 例、女性 6 例,将病历资料分为 EBV-DNA 阳性鼻

咽癌组和 EBV-DNA 阴性鼻咽癌组, 比较两组患者血清的 Rta-IgG, EA-IgA 和 VCA-IgA, 进行组间差异性比较, 并比较两组患者的临床特征。

**结果** 鼻咽癌组和非鼻咽癌对照组的 Rta-IgG、EA-IgA、VCA-IgA 比较差异有统计学意义 ( $p < 0.05$ ); EBV-DNA 阳性鼻咽癌组和 EBV-DNA 阴性的鼻咽癌组患者有无吸烟史、是否转移比较差异无统计学意义 ( $\chi^2=0.044$ 、 $0.463$ ,  $p=0.834$ 、 $p=0.496$ ), I、II 期与 III、IV 期比较有统计学意义 ( $p=0.047$ ); EBV-DNA 阳性鼻咽癌组和 EBV-DNA 阴性的鼻咽癌组的 Rta-IgG 比较差异无统计学意义 ( $p=0.464$ ), EA-IgA、VCA-IgA 比较差异有统计学意义 ( $p=0.023$ ,  $p=0.022$ )。

**结论** 鼻咽癌患者的 Rta-IgG、EA-IgA、VCA-IgA 明显高于其他癌症患者和健康体检者。EBV-DNA 阳性的鼻咽癌患者血清 EA-IgA、VCA-IgA 表达水平较 EBV-DNA 阴性的鼻咽癌患者高。EBV-DNA 阳性和 EBV-DNA 阴性的鼻咽癌患者的 Rta-IgG 表达无明显差异。

## PU-6193

### 浅谈利用 EXCEL 采集月临床检验质量控制指标

马斌国

山西省临床检验中心

**目的** 探讨月临床检验质量控制指标的采集现状。

**方法** 利用 Microsoft Excel 编辑与统计功能, 对月临床检验质量控制指标进行采集与统计。

**结果** 通过实际应用, 能够获得准确可靠的月临床检验质量指标。

**结论** 临床实验室若不具备通过 LIS 系统采集月质量控制指标, 可以利用 Microsoft Excel 编辑与统计功能, 实施月质量控制指标的采集与统计。

## PU-6194

### 敲除 PD-L1 可以增强内毒素耐受巨噬细胞对铜绿假单胞菌的清除作用

俞娟, 丁烨

南通大学附属医院, 226000

**目的** 内毒素耐受性发生在脓毒症的晚期, 以保护细胞免受早期炎症反应。但是由于它诱导免疫抑制环境, 脓毒症晚期患者会受到继发性感染的影响, 尤其是耐药性强的铜绿假单胞菌感染, 难以治疗, 死亡率高。PD-1/PD-L1 信号通路可以诱导和维持外周组织的免疫耐受而防止过度炎症反应。通过敲除 PD-L1 基因可以恢复内毒素巨噬细胞的炎症反应, 增强对铜绿假单胞菌的杀伤和清除作用。

**方法** 采用 LPS 诱导的内毒素耐受模型和内毒素耐受铜绿二次打击模型进行研究。通过构建 shRNA 敲除巨噬细胞 PD-L1 基因。为了检测内毒素耐受过程中炎症反应的抑制, 采用实时荧光定量 PCR 和 ELISA 检测炎症细胞因子的表达水平。

**结果** 敲除 PD-L1 基因可以缓解机体感染铜绿假单胞菌败血症。因此, 在感染铜绿假单胞菌的感染性宿主的症状得到改善, 感染细菌被清除。

**结论** 对于脓毒症患者, 确定免疫状态可以指导选择合适的免疫调节和内毒素应激是一种新的治疗策略, 可恢复内毒素耐受患者的免疫反应。

PU-6195

## 老年人血清梅毒抗体假阳性与抗核抗体水平的相关性研究

蔡淑静

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨老年人血清梅毒抗体假阳性与抗核抗体水平的相关性。

**方法** 以 230 例血清梅毒抗体检测结果弱阳性或阳性（以下统称阳性）的 $\geq 60$  岁老年人为试验组，200 例健康体检梅毒抗体阴性的 $\geq 60$  岁老年人为对照组，对两组老年人血清标本进行抗核抗体检测，统计分析两组抗核抗体阳性率的差异性及老年人血清梅毒抗体假阳性现象与抗核抗体等自身抗体水平的相关性。

**结果** 230 位试验组梅毒抗体阳性老年人中 144 人抗核抗体为阳性，阳性率为 62.6%，而 200 位对照组老年人中 33 人为阳性，阳性率为 16.5%，二者具有显著差异性（ $P < 0.05$ ）。

**结论**  $\geq 60$  岁老年人梅毒抗体假阳性率与人抗核抗体阳性率呈高度相关性。

PU-6196

## 6 种药敏试验方法检测碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌对替加环素敏感性的方法学评价

陈霞,刘文恩

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 碳青霉烯耐药的肠杆菌科细菌（Carbapenem Resistant Enterobacteriaceae, CRE）是指对任意一种碳青霉烯类药物耐药的或证实产碳青霉烯酶的肠杆菌科细菌，大多具有广泛耐药的特点。而替加环素则是一种治疗该类菌种感染的有效药物。

由于目前不同替加环素的体外药敏试验的常用方法所测定的药敏结果存在一定差异，本研究拟探求更适用于临床实验室使用的、更精确的替加环素体外药敏试验方法。

**方法** 本研究通过比较 6 种临床常用的体外药敏试验方法：微量肉汤稀释法、琼脂稀释法、纸片扩散法、E-test 法、Vitek2 COMPACT 全自动微生物药敏鉴定系统、BD Phoenix100 全自动微生物鉴定药敏系统在测定碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌对替加环素敏感性结果的差异，对以上 6 种方法做出评价。

**结果** 6 种方法所得耐药率无明显统计学差异（ $P < 0.05$ ），纸片法存在“假耐药”现象，E-test 法与所得 MIC 值低于微量肉汤稀释法，vitek2 系统一致性不佳，BD Phoenix100 系统所得结果需要做进一步肉汤稀释法对 MIC 值进行复核确认。

**结论** 不同替加环素的体外药敏试验的常用方法所测定的药敏结果存在一定差异，纸片法不推荐使用。



## PU-6197

## 产 KPC 酶肺炎克雷伯菌的耐药性及高危因素分析

黄亚雨,吴梅儿  
莆田学院附属医院,351100

**目的** 通过对莆田学院附属医院临床分离的产 KPC 酶肺炎克雷伯菌的耐药性进行分析以及高危因素分析,为临床预防和控制产 KPC 酶肺炎克雷伯菌的传播提供实验室依据。

**方法** 收集 2018 年 9 月至 2019 年 2 月莆田学院附属医院临床科室分离的耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌 (CRKP) 35 株,利用 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统进行细菌鉴定确认,采用改良 Hodge 试验对耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌进行初筛,采用 PCR 法进一步对 CRKP 菌株进行产 KPC 酶的确认,通过 VITEK 2 Compact 全自动微生物分析系统对产 KPC 酶肺炎克雷伯菌株进行药敏试验,分析产 KPC 酶肺炎克雷伯菌的耐药性。利用医院 LIS 软件系统收集患者临床资料,探究其高危因素。

**结果** 35 株耐碳青霉烯类的肺炎克雷伯菌,其中有 30 株改良 Hodges 试验呈现出阳性结果,阳性率 85.70%,PCR 法检测出携带 KPC 基因的有 33 株,即产 KPC 酶的菌株有 33 株,检出率 94.29%。对 33 株产 KPC 酶的肺炎克雷伯菌进行药敏试验,得出其对丁胺卡那霉素、庆大霉素、复方新诺明、妥布霉素的耐药率分别为 78.80%、87.88%、66.67%、87.88%,对其他的抗菌药物均在 90%以上。根据 LIS 软件系统收集得出导致临床上产生 KPC 酶肺炎克雷伯菌的高危因素为年龄大、病情危重、住院时间长、长期使用大量抗生素和高频率的有创性临床操作。

**结论** 莆田学院附属医院临床 CRKP 菌株主要为产 KPC 酶的肺炎克雷伯菌株,此类菌株的检出率很高且耐药率也很高,故耐药形势严重。通过系统收集临床病人信息可知,年龄大、病情危重、住院时间长、长期使用大量抗生素和高频率的有创性临床操作。临床手术可能成为临床产生 KPC 酶肺炎克雷伯菌的高危因素,临床上应严格控制抗生素的滥用,并加强医院的监测工作。

## PU-6198

## 红细胞体积分布宽度在 HBV 相关慢性疾病中的应用

刘忱,朱梦捷,陆松松,宋英,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 本研究的目的是阐明 RDW 在无症状 HBV 携带者,慢性乙型肝炎 (CHB) 患者和 HBV 相关肝硬化患者中的临床意义。

**方法** 使用 Sysmex XN-9000 在未经选择的成人门诊患者中确定 RDW,包括 42 名慢性乙型肝炎患者,65 名无症状 HBV 携带者和 58 名 HBV 相关性肝硬化患者。与 32 种健康对照相比,评估了 RDW 的变化。进行 RDW 与其他临床指标之间的相关性,并通过 ROC 曲线评估 RDW 区分肝硬化与 CHB 和乙型肝炎携带者的效率。

**结果** 肝硬化患者的 RDW 值显著高于其他患者和健康对照组 ( $p < 0.05$ )。HBeAg 阳性 CHB 患者的 RDW 高于 HBeAg 阴性 CHB 患者和无症状 HBV 携带者 ( $p < 0.05$ )。RDW 与总胆红素 (T-BIL) 显著正相关,与肝硬化患者白蛋白呈负相关。用于评估 RDW 诊断肝硬化的效率的 ROC 曲线的 AUC 为 0.772 (RDW-CV) 和 0.766 (RDW-SD)。

**结论** HBV 相关性肝硬化患者 RDW 明显增加,可作为区分肝硬化与 CHB 和乙型肝炎携带者的一个潜在标志物。

## PU-6199

## 细胞因子及血清学指标联合检测提高类风湿关节炎 细菌感染的诊断性能

秦艳,罗静

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 探讨细胞因子 (IL-2、IL-4、IL-6、IL-10、IL-17、IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$ ) 在类风湿关节炎 (RA) 患者中鉴别细菌感染与非感染的临床价值, 同时分析其与淋巴细胞亚群 (T、B、NK 细胞)、白细胞计数 (WBC)、血沉 (ESR)、补体 C3、C4、C 反应蛋白 (CRP) 联合检测的鉴别性能。

**方法** 将 2018 年 1 月至 2019 年 1 月于山西医科大学第二医院诊断为 RA 的 168 例患者纳入研究。RA 患者分为感染组 (76 例) 和非感染组 (92 例), 并随机选取 81 例年龄性别均匹配的健康人作为对照。本研究采用流式细胞术检测细胞因子和淋巴细胞亚群的表达, 并结合其他血清学指标进行分析与比较。所有血清学指标对细菌感染的诊断价值通过曲线下面积 (AUC) 进行评估, 并构建生物评分系统进行检测。

**结果** RA 患者细胞因子水平较健康对照组均显著升高 ( $p < 0.001$ ), 组间差异有统计学意义。感染组 IL-6 ( $p=0.006$ )、IL-10 ( $p=0.019$ )、IFN- $\gamma$  ( $p=0.033$ )、CRP ( $p<0.001$ ) 和 ESR ( $p<0.001$ ) 较非感染组明显升高, 而 B 淋巴细胞 ( $p < 0.001$ ) 和 T 淋巴细胞 ( $p=0.031$ ) 绝对计数在感染组明显降低。补体 C3、C4、NK 细胞、IL-2、IL-4、TNF- $\alpha$  水平和白细胞计数在两组间无显著差异。根据受试者工作特征曲线 (ROC) 分析, IL-6、IL-10、IFN- $\gamma$ 、CRP、ESR、B 淋巴细胞和 T 淋巴细胞联合检测提高了 RA 感染的诊断性能, AUC 达到 0.820 (95%置信区间 (CI): 0.753, 0.876)。当评分为 0 时, 细菌感染率为 0%; 当评分为 7 时, 细菌感染率为 100%。

**结论** 临床诊断中联合检测细胞因子, CRP, ESR, T 淋巴细胞及 B 淋巴细胞有助于鉴别 RA 细菌感染, 同时可为临床治疗和预后评估提供一定参考依据。

## PU-6200

## 针对全国临床检验质量指标初步质量规范未达标指标 进行持续质量改进及综合分析

宋辉

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 依据 2018 年全国临床检验质量指标初步质量规范三级医院标准, 针对我院未达标指标 (住院标本常规生化、自动化免疫、三大常规、凝血项目检验前周转时间中位数) 制定具体持续质量改进措施, 开展多种形式的质量控制活动, 提高临床检验规范化管理水平。

**方法** 自 2018 年 4 月至 2019 年 4 月, 检验科联合医务处、护理部、质量管理办公室共同制定持续质量改进措施, 例如: 护理部统一采血时间在 5:0-6:00; 检验科收血护理人员收集标本时间统一在 5:30-6:30; 检验科生化组、免疫组、临检组部分岗位人员 6:30 上班, 标本及时接收, 及时上机; 每月统计质量指标并对改进效果做统计分析, 未严格执行科室或个人上报医务处及质量管理办公室, 针对不合格原因具体制定改进措施, 并持续观察改进效果。

**结果** 常规住院标本检验前周转时间 (从采样到接收) 中位数 (50 百分位): 生化标本由 123 分钟缩短至 87 分钟, 自动化免疫由 130 分钟缩短至 88 分钟、三大常规标本由 157 分钟缩短至 103 分钟, 凝血标本由 132 分钟缩短至 89 分钟, 整改效果显著。

**结论** 由于我院无物流传输系统, 所有标本必须靠人工收取, 费时费力, 虽然优化工作流程后整改效果显著, 但仍有个别指标虽然接近目标值但仍然未合格。以上质量改进措施的实施几乎需要全院

各个部门的参与,虽耗时又耗费很多的精力, 但我院临床检验质量控制体系的进一步完善,是遵守质量管理规范,保证检验质量的必经之路。希望能给兄弟医院在检验质量改进方面提供帮助。

## PU-6201

### 广州地区健康人群胃蛋白酶原参考区间的建立

汪杨

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 基于化学发光微粒子免疫测定法建立广州地区健康体检人群胃蛋白酶原的参考区间。

**方法** 收集广州地区健康体检人群共 4108 例,检测 PG I 和 PG II,并计算 PG I /PG II 比值

**结果** 广州地区的健康成年居民血清 PG I、PG II 及 PG I /PG II 均呈偏态分布,PG I /PG II 和年龄呈负相关性。男性的 PG I、PG II 和 PG I /PG II 的数值比女性高,男性和女性 PG I 和 PG II 在  $\leq 40$  岁、41-50 岁和  $\geq 51$  岁这三个年龄段分别建立不同的参考范围。PG I /PG II 男性参考区间为  $\geq 3.72$ ,女性为  $\geq 3.15$ 。

**结论** 分别依据性别和年龄段建立了广州地区健康体检人群胃蛋白酶原参考范围,为临床进一步研究打下基础。

## PU-6202

### 一种高灵敏无标记检测前列腺特异性抗原的 荧光生物传感方法

孙玉洁,王晨韵,张玉林,张国军

湖北中医药大学

**目的** 建立一种超高灵敏度检测前列腺特异性抗原 (PSA) 的荧光检测技术,实现前列腺癌的早期诊断。

**方法** 本文构建结合 GelRed 的纳米核酸适配体为荧光供体,氧化石墨烯(GO)为荧光受体的荧光能量共振能量转移 (FRET) 生物传感器,联合杂交链式反应 (HCR) 放大用于前列腺特异性抗原的检测。作为探针的纳米核酸适配体具有茎环结构,其序列由两个部分组成:一部分为可结合 PSA 的识别序列,另一部分则是发夹结构的杂交链式反应 (HCR) 的触发序列。当 PSA 存在时,适配体探针识别序列与之结合,同时发夹结构被打开,触发序列暴露,从而触发杂交链式反应,形成双螺旋的长链产物。GelRed 作为荧光核酸染料,与长链产物结合,产生强烈的荧光信号。氧化石墨烯(GO)对双螺旋的长链产物亲和力较弱,猝灭作用弱,荧光信号强。而在没有 PSA 时,HCR 不能被触发,发夹链被氧化石墨烯吸附,导致荧光猝灭。通过检测荧光信号,实现对 PSA 的定量检测。

**结果** 优化后的体系检测条件为 pH7.4, 15ug/mlGO, HCR 反应时间 60 分钟, HCR 反应温度 37℃。在优化条件下, PSA 在 100pg /mL-200ng /mL 浓度范围内,与体系荧光信号呈线性关系,检测限低至 10pg /mL。利用本生物传感器同时对 CD63, BSA, CEA, AFP, HCG, D-D 二聚体 (各 150ng/mL)和随机 ssDNA(5 nmol/mL)杂质存在下用荧光光谱进行研究,发现在这些干扰杂质存在下荧光强度没有显著变化,说明了本生物传感器对 PSA 有很高的选择性。此外,检测加入 PSA (5ng /mL)的经缓冲液十倍稀释的各种体液(人血清、唾液、尿液)标本,其荧光信号与空白对照有显著性差异。

**结论** 基于杂交链式反应的氧化石墨烯荧光生物传感器用于 PSA 的检测,具有操作简单、成本低廉、稳定性好、特异性强、灵敏度高等优点。更重要的是,该生物检测方法可以实现对生物复杂样品中 PSA 的检测,有望未来应用于前列腺癌的临床早期诊断,并与其他蛋白类生物标志物的检测提供新的思路。

## PU-6203

## UC-3500 尿干化学分析仪与生化 7180 检测微量白蛋白、肌酐结果的对比分析

王清

天津医科大学总医院,300000

**目的** 对患者随机尿 ACR 与 24 小时尿 ACR 结果进行分析,探讨二者的一致性,以期寻找一个更简单易行的检测方法。

**方法** 随机选取天津医科大学总医院 2018 年 9 月份-11 月份就诊的 280 例不同病种的患者。通过全自动生化分析仪日立 7180 与全自动尿液分析仪 UC-3500 检测微量白蛋白与肌酐的比值,然后比较两种方法检测结果的一致性。

**结果** 1) 全自动尿液分析仪 UC-3500 随机尿的微量白蛋白/肌酐比值与全自动生化分析仪 24 小时尿的微量白蛋白/肌酐比值两者之间具有中度的一致性。(2) 全自动尿液分析仪 UC-3500 随机尿的尿蛋白与全自动生化分析仪 24 小时尿的尿蛋白两者之间具有中度的一致性。

**结论** 全自动尿液分析仪 UC-3500 随机尿的微量白蛋白/肌酐比值可以对早期肾损伤提供更方便、易行的指标。随机尿标本采集的方式与 24 小时尿标本相比采集方式简单,患者依从性好,其结果可靠性较高,因此便于推广在临床中应用。

## PU-6204

## 蛋白激酶 WEE1 和钙调蛋白激酶 CAMK1G 对胃癌增殖迁移影响

金玉,赵劲松,王佳美,孙雨婷

锦州市妇婴医院,121000

**目的** 研究蛋白激酶 WEE1 和钙调蛋白激酶 CAMK1G 对胃癌细胞生长增殖迁移的影响和其作用机制,为探讨 CAMK1G-WEE1 调节轴对胃癌细胞的调控机制奠定实验基础。

**方法** 1、利用胃癌组织芯片和免疫组织化学染色观察 WEE1 在癌组织和癌旁组织的表达情况。

2、体外培养正常的胃上皮细胞 GES-1 和胃癌细胞 SGC-7901、BGC-823。

3、Western Blot 检测 CAMK1G 在三株细胞中的本底表达

4、基因转染:采用转染试剂 Lip 2000 将 CAMK1G 质粒转入胃癌细胞 BGC-823 中。实验分为未转染组、空载体转染组、CAMK1G 基因转染组。

5、MTT 实验检测过表达 CAMK1G 后胃癌细胞 BGC-823 细胞生长曲线。

6、克隆形成实验检测过表达 CAMK1G 后胃癌细胞 BGC-823 的增殖情况。

7、划痕实验检测过表达 CAMK1G 后胃癌细胞 BGC-823 的迁移情况。

**结果** 1、免疫组织化学结果显示, WEE1 在癌组织中表达明显高于癌旁组织( $p < 0.01$ ),并且随着临床分期增加而 WEE1 表达增加。

2、Western Blot 检测 CAMK1G 本底表达显示, CAMK1G 在 SGC-7901 和 BGC-823 细胞中表达明显高于 GES-1,并且在 BGC-823 细胞中表达最高( $p < 0.01$ )。

3、MTT 实验检测过表达 CAMK1G 后, BGC-823 随时间变化增殖能力增强( $p < 0.01$ )。

4、克隆形成实验结果观察到,过表达 CAMK1G 后 BGC-823 细胞增殖数量明显高于空白组和 pcDNA3.1 空载体转染组( $p < 0.01$ )。

5、划痕实验结果观察到,过表达 CAMK1G 后 BGC-823 细胞迁移能力明显高于空白组和 pcDNA3.1 空载体转染组( $p < 0.01$ )。

6、Western Blot 检测过表达 CAMK1G 后 BGC-823 细胞中 SNAL1、SNAL2 蛋白表达增加( $p < 0.01$ ), E-cadherin 蛋白表达减少( $p < 0.01$ )。

结论 1、WEE1 抑制剂 MK1775 通过调控 EMT 标志物 (SNAL1、SNAL2、TWIST1) 抑制胃癌细胞株 BGC-823 的增殖和迁移。

2、过表达 CAMK1G 通过调控 EMT 标志物 (SNAL1、SNAL2、E-cadherin) 促进胃癌细胞株 BGC-823 的增殖和迁移。

## PU-6205

### HBsAg 极低水平慢性 HBV 感染者检测 HBeAg 临床价值

安哲

西安交通大学第二附属医院,710000

目的 研究慢性 HBV 感染者 HBsAg 极低水平时 HBeAg 的诊断价值。

方法 化学发光法定量检测 HBV-M, 分别按 HBeAg 和抗 HBs 水平分组, 比较不同分组中抗 HBs 和 HBeAg 阳性率的统计学差异。

结果 115 例样本中, HBeAg 阳性率 17.39%, 抗 HBs 阳性率 30.43%; HBeAg 阳性组的抗 HBs 阳性率明显高于 HBeAg 阴性组的抗 HBs 阳性率 (90.00% vs. 17.89%,  $\chi^2=40.5721$ ,  $P < 0.01$ ); 抗 HBs 阳性组的 HBeAg 阳性率明显高于抗 HBs 阴性组的 HBeAg 阳性率 (51.43% vs. 2.50%,  $\chi^2=40.5721$ ,  $P < 0.01$ )。

结论 慢性 HBV 感染者 HBsAg 极低水平时, HBeAg 有助于鉴别 HBsAg/抗 HBs 共存的慢性 HBV 感染者。

## PU-6206

### 四川省细菌耐药监测网 2018 年细菌耐药性监测

殷琳,喻华,黄湘宁,龙姗姗

四川省人民医院检验科

目的 统计分析四川省细菌耐药监测网成员单位 2018 年度细菌分布及耐药情况, 为我省临床抗菌药物合理应用提供依据。

方法 各成员单位按照监测方案要求, 进行目标细菌收集、鉴定, 采用标准纸片扩散法或自动化仪器检测法, 测定细菌敏感性, 依据 CLSI2017 年标准, 用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

结果 共有 65 家医院参加了 2018 年度细菌耐药监测工作, 按患者首次分离菌株进行统计分析, 共收集细菌 194995 株, 其中革兰阴性菌 138876 株, 占 71.2%, 革兰阳性菌 56119 株, 占 28.8%。革兰阳性菌中, 葡萄球菌为主要菌属, 共分离出 29743 株, 占阳性菌 53.0%, 其中以金黄色葡萄球菌为最多, 19814 株, 占葡萄球菌属 66.6%, 革兰阴性菌中分离率第一位的是大肠埃希菌, 为 39679 株 (28.6%), 其次为肺炎克雷伯菌 25971 株 (18.7%)、铜绿假单胞菌 15638 株 (11.3%)。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的检出率分别为 28.0%和 79.8%, 未发现万古霉素、利奈唑胺耐药的葡萄球菌。万古霉素耐药粪肠球菌和屎肠球菌分别占 0.3%和 1.5%, 利奈唑胺耐药粪肠球菌和屎肠球菌分别占 1.3%和 0.3%。耐青霉素肺炎链球菌为 1.5%, 化脓性链球菌主要对大环内酯类、克林霉素耐药, 耐药率均超过 60.0%。革兰阴性杆菌中, 大肠埃希菌耐药比较突出, 对喹诺酮类耐药率在 40.0%以上, 对三代头孢菌素中的头孢噻肟和头孢曲松的耐药率有所上升, 均在 50.0%以上, 肠杆菌科细菌对碳青霉烯类抗生素仍高度敏感, 总耐药率 <10.0%。铜绿假单胞菌对阿米卡星、妥布霉

素、多粘菌素 B 的敏感率在 90.0%以上,对碳青霉烯类耐药率 $<20.0\%$ ,;鲍曼不动杆菌对包括碳青霉烯类在内的大多数监测药物耐药率超过 50.0%,亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 56.5%、58.9%。

**结论** 我省细菌耐药情况较为严重,应充分利用本地细菌耐药监测结果进行监督管理,降低细菌耐药性产生,促进抗菌药物合理应用。

## PU-6207

# 血小板计数及血小板/淋巴细胞比值对判断脊柱结核病情的价值探讨

刘耀婷,周琳  
海军军医大学附属长征医院

**目的** 了解外周血白细胞、淋巴细胞、血小板计数、平均血小板体积以及 D-二聚体在脊柱结核初治、规律化疗及手术结合化疗患者中的变化。

**方法** 回顾性分析 2015 年 12 月至 2016 年 12 月住院期间病理明确诊断为脊柱结核患者共 182 例,根据疾病进程及治疗方案分为:初治脊柱结核进展期患者 62 例、规律抗痨治疗 9-12 个月患者 58 例以及手术结合化疗 9-12 个月患者 62 例。采用血常规细胞计数仪检测外周血白细胞、淋巴细胞、血小板计数、平均血小板体积以及血浆检测凝血指标 D-二聚体,同日送检红细胞沉降率(ESR)和 C 反应蛋白(CRP);同时评估血小板计数同血沉、C 反应蛋白之间相关性。SPSS18.0 统计软件处理数据。

**结果** 脊柱结核初治患者血小板计数均值( $326.44\pm74.79$ ),高于正常参考值上限占 67.7%,明显高于规律化疗组( $239.71\pm54.76$ )和手术结合化疗组( $207.11\pm38.67$ ), $P<0.05$ ;初治患者血小板计数/淋巴细胞比值( $240.77\pm93.90$ )明显高于规律化疗组( $192.13\pm111.71$ )手术结合化疗组( $165.84\pm68.09$ ),初治和治疗组相比, $P<0.05$ ;初治患者 D-二聚体( $0.92\pm0.55$ )均显著高于规律化疗组( $0.38\pm0.18$ )和手术结合化疗组( $0.30\pm0.12$ )( $P<0.005$ )。三者血沉均高于正常参考值,且血小板计数与 ESR 呈正相关,。而白细胞计数及中性粒细胞比值三组之间比较差异无统计学意义( $P>0.05$ )。三组患者平均血小板体积均在正常范围之内,但脊柱结核初治进展期患者血小板体积均值低于规律化疗和手术结合化疗患者( $P<0.005$ );

**结论** 脊柱结核初治患者外周血血小板计数、血小板/淋巴细胞比值、D-二聚体均高于正常参考值,经过规律化疗及手术结合化疗后,数值下降至正常范围;脊柱结核初治患者平均血小板体积在治疗有效后缓慢升高;血小板计数同血沉之间呈正相关。结核病患者对判断病情的活动性及治疗效果具有一定参考价值。

血小板和 D-二聚体增高,平均血小板体积减少不仅表明机体可能继发血栓形成,同时表明机体处于慢性炎症状态;通过抗痨治疗后,血小板计数和 D-二聚体降低,平均血小板体积增高,表明机体治疗好转。而不同治疗方案的影响疾病的转归,通过本实验的大样本回顾性分析,手术结合化疗效果优于单独化疗。

## PU-6208

# 腹腔引流液中含有肠液和肠道内容物的精准检验诊断

徐健  
海军军医大学附属长海医院

**目的** 通过对一例腹腔引流液是否含有肠液和肠道内容物进行精准检验诊断,探索适宜检验技术在精准检验诊断中的应用。

**方法** 整合常用、简便、快速、有效的检验项目开展精准检验诊断。首先混匀腹腔引流液样本观察其性状；然后将样本离心，取上悬液检测生化项目淀粉酶和胆汁酸，取沉渣制备干片用于瑞吉染色、革兰染色行形态学检查，取沉渣制备湿片用于显微镜直接观察；最后对以上检验结果进行评价，并结合其他实验室检查结果以及临床和检验基本理论知识综合分析判断。

**结果** 引流液常规形态学检查：外观呈棕黄色、浑浊、蛋白阳性（+++）、细胞溶解无法计数；涂片瑞吉染色及革兰染色镜检：涂片细胞退化溶解、可见大量杆菌及少量球菌、可见胆红素结晶、可见脂类滴状物。引流液生化检测：引流液淀粉酶 1120U/L，引流液胆汁酸 25 $\mu$ mol/L，二者均高于患者自身血清对照的 5 倍。引流液沉渣湿片：检出植物细胞、植物纤维。

**结论** 引流液沉渣湿片检出植物细胞、植物纤维是确认引流液含有肠道内容物的形态学诊断依据；引流液淀粉酶、胆汁酸检测结果均高于患者自身血清对照的 5 倍是提示引流液含有肠液的生化学诊断依据。运用多参数适宜检验技术能够对腹腔引流液是否含有肠液和肠道内容物作出精准检验诊断。

## PU-6209

### 血栓弹力图在骨折患者中的应用及其与凝血指标的关系

刘忱,赵磊,徐秦竹,赵京忠,刘宁,宋英,王辉  
北京大学人民医院,100000

**目的** 骨折患者的凝血状态发生严重变化。我们关注骨折患者凝血功能呢的变化并进行了回顾性分析，旨在阐明老年骨折患者 TEG 值的变化及其与传统凝血测试之间的关系。

**方法** 该研究纳入了 23 名骨折患者。在手术前 4 小时内通过血栓弹性图（TEG）评估凝血状态，与对照组相比分析 TEG 参数的变化。使用常规凝血指标与 TEG 参数进行相关性分析。

**结果** 老年骨折患者的 K 和 R 值低于对照组，Angle，G，E，TPI，MA 高于对照组，处于高凝状态。纤维蛋白原与 MA /角度，血小板与 MA 之间以及 APTT 与 R 之间存在显着正相关。纤维蛋白原与 K 之间存在显着的负相关。

**结论** 骨折患者倾向于处于高凝状态并通过 TEG 测试来反映。骨折患者的 TEG 参数在与相关的常规凝血试验有关。

## PU-6210

### POCT 血糖仪和生化分析仪的血糖结果比对分析

王晓君,王育芳  
大理州人民医院,671000

**目的** 通过 POCT 血糖仪与生化分析仪血糖结果相关性分析，判断临床科室使用的 POCT 血糖结果是否可靠，是否能满足临床对血糖进行快速初筛的需求。

**方法** 选取本院住院 50 例临床血液标本分析。血糖浓度<4.2mmol/L 8 例，血糖浓度 $\geq$ 4.2mmol/L 42 例。标本浓度范围及比对的例数尽量满足原卫生部发布的《医疗机构便携式血糖仪管理和临床操作规范（试行）》。分别采用 POCT 血糖仪和生化分析仪，按相关操作规程规范检测血液葡萄糖浓度，并做结果分析。

**结果** 5 科室 POCT 血糖仪均达到国家标准，血糖浓度<4.2mmol/L 时 $\geq$ 95%的检测结果显示在 $\pm$ 0.83mmol/L 范围内，血糖浓度 $\geq$ 4.2mmol/L 时 $\geq$ 95%的检测结果显示在 $\pm$ 20%范围内，总符合率大于 95%。配对 t 检验显示 5 科室 POCT 血糖仪与生化检测的结果比较，差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ），且相关系数均大于 0.95，表明相关性良好。

**结论** 5 科室 POCT 血糖仪与生化分析仪相关性良好，POCT 血糖仪可以对患者血糖进床旁急诊初筛，结果可以相信。在临床各科室日常工作中，还存在许多干扰结果的因素，医院各个科室应当做

好培训工作,优化工作流程,改善工作条件,共同做好此项工作。POCT 血糖仪临床中已广泛应用,其结果关系到医生的诊疗计划和患者的预后,所以其结果可靠是我们工作的重点。这是全院各个科室相互协作,共同完成的工作任务,需要大家的共同努力,所以医院各科室应当重视该工作,多沟通交流,相互协作,保证医疗质量。

## PU-6211

### 痰标本涂片镜检对 HAP 早期诊断效能分析及降低涂片细菌漏检率的方法探索

姬鹏宇,姚立琼  
兰州大学第一医院,730000

**目的** 分析重症监护室(ICU)医院获得性肺炎(HAP)患者细菌涂片与培养结果符合情况,探讨降低痰细菌涂片漏检率的方法,对 HAP 患者的早期诊断及指导用药提供依据。

**方法** 对某院 ICU 2017 年 6 月-2018 年 6 月疑诊 HAP 的患者,经人工气道抽取的下呼吸道痰标本,分别进行痰涂片革兰染色镜检和病原学培养,评价二者的检验结果,并对革兰染色未查到但血培养细菌阳性的标本做瑞氏染色、镜检。

**结果** 收集合格痰标本 395 份,共培养出病原菌 225 株(63.38%),其中革兰阴性(G-)菌 160 株,革兰阳性(G+)菌 65 株,阴性 130 份。革兰染色与培养结果比较,两者结果符合率为 71.83%(255/355),差异无统计学意义( $\chi^2=1.83$ ,  $P=0.031$ );痰涂片革兰染色镜检诊断敏感性为 77.78%(175/225),特异性为 57.69%(75/130),阳性预测值为 74.47%(175/235),阴性预测值为 57.69%(75/130)。有 175 例标本革兰染色未查到细菌,其中 50 例培养阳性,瑞氏染色有 45 例查到细菌。

**结论** 下呼吸道痰标本革兰染色镜检有助于 HAP 患者早期诊断与用药调整。对革兰染色未检出细菌的痰标本行瑞氏染色可降低细菌漏检率。

## PU-6212

### 基于声流控的 3D 肿瘤细胞球体药物筛选平台的构建

陈斌<sup>1</sup>,钟志敏<sup>1</sup>,徐邦牢<sup>1</sup>,郭峰<sup>2</sup>  
1.广州市第一人民医院,510000  
2.美国印第安纳大学

**目的** 传统二维(2D)平皿细胞培养常用于体外抗癌药物的筛选,其无法模拟体内三维(3D)细胞组织和肿瘤组织的真实情况,但三维(3D)多细胞球体培养不仅能模仿肿瘤微环境,还能重现肿瘤细胞结构,揭示更现实的药物反应结果。本研究拟基于微流控芯片和声波技术构建一种新的 3D 药物筛选平台。

**方法** 本研究以使用聚二甲基硅氧烷(PDMS)作为微流控芯片材质,芯片内含微通道灌入肿瘤细胞;以铌酸锂基片作为声波发生器;将 PDMS 芯片和铌酸锂基片通过氧等离子体键合封接制作声流控芯片。将肿瘤细胞以  $15 \times 10^6$  个/ml 的浓度灌注入芯片微通道,然后使用共振频率为 13.41 兆赫兹使肿瘤细胞聚集成簇,放置 37℃ 孵育 2 小时后吹出到非贴壁培养皿进行培养。拟选用小鼠胰腺癌细胞 Pan02 作为肿瘤细胞,使用吉西他滨作为筛选药物,利用 MTT 方法比较二维和三维细胞药物筛选结果。

**结果** 使用本研究的声流控平台制作的肿瘤细胞球体能有效成球生长、活性和增殖能力较好;制作的 Pan02 细胞在 12 小时内成球生长,二维细胞培养的吉西他滨药物 IC50 为  $18.38 \pm 0.09 \mu\text{M}$ ;三维细胞培养的吉西他滨药物 IC50 为  $9.99 \pm 0.07 \mu\text{M}$ ;两者存在统计学差异( $P < 0.001$ )。



**结论** 本研究的声流控平台制作 3D 肿瘤细胞球体具有高通量、快速、高效等优点,且成本较低和易于操作。本研究平台为肿瘤药物筛选提供一种新的工具,可应用于肿瘤药物研发和肿瘤机制研究。

#### PU-6213

### 妊娠及体检妇女宫颈感染人乳头瘤病毒基因分型检测特征分析

张丽敏,方芳,陈柯霖,刘淑静,周金,吕虹,张国军,康熙雄  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨妊娠及体检妇女宫颈感染人乳头瘤病毒的基因分型情况。

**方法** 选取 2014 年 1 月至 2016 年 6 月北京地区来北京天坛医院就诊的 3265 例妊娠期妇女和 7378 例体检妇女宫颈上皮细胞标本,采用基因扩增及导流杂交技术进行 21 种 HPV 分型检测。

**结果** 妊娠妇女检出 HPV 感染 340 例(感染率 10.41%),主要感染类型为 HPV-52、16 和 58。体检妇女检出 HPV 感染 947 例(感染率 12.84%),主要感染类型为 HPV-52、CP8304 和 58。两者均以高危感染和单一感染为主。妊娠妇女以<23 岁感染率最高,为 20.24%,体检妇女以<26 岁感染率最高,为 23.08%。

**结论** 妊娠妇女 HPV 感染率低于体检妇女,主要感染类别相近,高感染率呈现年轻化趋势。

#### PU-6214

### 复合杂粮对代谢综合征患者糖脂代谢的影响

于晓明  
解放军总医院

**目的** 探讨食用黑米黑木耳粉(一种新型复合杂粮)对代谢综合征患者血糖血脂的影响。

**方法** 60 名代谢综合征患者随机分为黑米黑木耳粉组和普通糙米组,实验时间 1 个月。研究期间登记受试者饮食情况。研究开始前和干预 1 个月后进行血液生化、维生素浓度和人体成分测定,其中血糖测定分别选择空腹、餐后 0.5、1 和 2h 等 4 个时间点,血脂测定选择空腹和餐后 2h 等 2 个时间点。

**结果** 4 例患者退出研究,获得有效数据 56 例,其中黑米黑木耳组 27 例、普通糙米组 29 例。研究前后 2 组身高、体重、BMI、血糖、总胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、高密度脂蛋白胆固醇、甘油三酯、维生素浓度均无统计学意义。实验结束后与普通糙米组比较,黑米黑木耳组代谢综合征患者空腹血糖、LDL-C、餐后 2h 甘油三酯明显降低,有显著性差异( $P<0.05$ );黑米黑木耳组维生素 B9(叶酸)浓度高于普通糙米组,黑米黑木耳组维生素 B1、维生素 B9 浓度亦明显高于实验前( $P<0.05$ )。

**结论** 食用黑米黑木耳粉,可以降低代谢综合征患者空腹血糖、低密度脂蛋白胆固醇及餐后甘油三酯,可作为代谢综合征的主食选用。

## PU-6215

## 染色体核型分析及微阵列分析技术在高龄孕妇产前诊断中的应用研究

江利青,董海新,贾苒,常虹,颜金艳,张秀,谷文静,孙晶,郭焕

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 探讨高龄孕妇随着年龄的增长,染色体核型分析及微阵列分析技术在不同年龄分层中的应用价值。

**方法** 回顾性分析我院 2015 年 8 月至 2018 年 6 月在本院进行产前诊断的 984 例高龄孕妇,排除资料记录不详及失访的孕妇,共计纳入 915 例,按照生产年龄在 35-39 岁及 40-44 岁,≥45 岁进行年龄分层,计算各年龄层染色体及 CMA 异常的发生率,统计异常结果发生率的差异。

**结果** 915 例高龄孕妇中检出染色体异常 36 例,异常率 3.93%,常染色体异常 16 例其中 18 三体 5 例,21 三体 11 例,性染色体异常 10 例,结构异常 8 例,额外 mar2 例,CMA 异常(包含临床致病性及临床可疑致病 CNV) 49 例,异常率 5.36%。35 岁至 39 岁孕妇共计 637 人,染色体异常 13 例,异常率 2.04%,其中常染色体异常 4 例,其中 18 三体 3 例,21 三体 1 例,性染色体异常 3 例,mar1 例,结构异常 5 例,CMA 异常 21 例,异常率 3.30%。40-45 岁孕妇共计 267 人,染色体异常 22 例,异常率 8.23%,其中 18 三体 1 例,21 三体 10 例,性染色体异常 7 例,mar1 例,结构异常 3 例,CMA 异常 26 例,异常率 9.74%,45 岁以上包含 45 岁孕妇 11 人,其中 18 三体 1 例,CMA 异常 2 例。

**结论** 高龄孕妇随着年龄增加染色体异常及病理性变异的概率有明显升高,尤其是生产年龄在 40 周岁及以上的孕妇有着更高的染色体异常及病理性变异的发生率,所以针对生产年龄在 40 周岁及以上的孕妇进行核型分析及染色体微阵列(CMA)分析是非常有必要的,可有效降低出生缺陷,具有重要的社会效益。

## PU-6216

## RNA 结合蛋白 MRPL13 作为乳腺癌肿瘤标志物的研究

王科<sup>1</sup>,符亮<sup>2</sup>

1.重庆市永川区人民医院,402160

2.重庆医科大学附属永川医院

**目的** 通过 TCGA、Oncomine 和 cBioPortal 数据库,探讨线粒体核糖体蛋白 MRPL13 在乳腺正常组织和癌组织的表达差异,并进一步分析 MRPL13 作为乳腺癌肿瘤标志物研究。

**方法** 首先利用 TCGA、Oncomine 和 cBioPortal 数据库分析 MRPL13 在乳腺癌中表达,用 CCLE 数据库分析 MRPL13 在乳腺癌细胞系中的表达情况,然后利用 The human protein atlas 数据库分析 MRPL13 在蛋白水平的表达情况。接着,通过 String 数据库建立 MRPL13 共表达基因网络,并且利用 DAVID 数据库对 MRPL13 表达谱数据进行 GO 和 KEGG 功能分析。最后利用 cBioPortal 和 Kaplan-Meier Plot 在线工具分析 MRPL13 表达与乳腺癌患者生存预后的关系,收集临床乳腺癌样本利用免疫组化检测乳腺癌患者 MRPL13 表达。

**结果** TCGA 和 Oncomine 数据库发现 MRPL13 在乳腺癌中呈现高表达( $P=5.55E-9$ ),cBioPortal 数据库显示在 816 例乳腺癌患者组织样本中 43%的 MRPL13 基因表达上调。CCLE 数据库同样发现 MRPL13 在乳腺癌细胞系中呈现高表达,三个数据库结果一致。The human protein atlas 数据库发现 MRPL13 蛋白呈现中等程度表达且主要集中表达在细胞质与细胞膜内。cBioPortal 和 Kaplan-Meier Plotter 均显示乳腺癌患者中 MRPL13 高表达能显著降低乳腺癌患者生存期( $P_{\text{cBioportal}}=0.00101$ ,  $P_{\text{KM}}=0.011$ ),临床样本免疫组化证实 MRPL13 在乳腺癌中表达明显高于乳腺正常组织。

**结论** MRPL13 在乳腺癌中表达明显升高与乳腺癌患者预后相关, 高表达 MRPL13 者预后差, MRPL13 可作为乳腺癌患者肿瘤标志物。

## PU-6217

### UF-5000 尿沉渣分析仪对于尿红细胞来源鉴别的临床应用

王清

天津医科大学总医院,300000

**目的** 评价 UF-5000 对于尿中红细胞来源鉴别的临床应用。

**方法** 选择 213 例患者的 20ml 清洁中后段尿液为检测样本, 充分混匀后分为两管, 每管 10ml。其中一管进行 UF-5000 全自动尿沉渣分析仪检测, 另一管进行显微镜(金标准)检测。比较 UF-5000 尿沉渣分析仪检测结果与显微镜检测结果的相符性, 如不相符, 分析出现误判的原因。

**结果** UF-5000 尿沉渣分析仪检测结果与显微镜检测结果一致的有 105 例, 不一致的有 108 例, 其中误判 21 例(19.44%)。UF-5000 尿沉渣分析仪鉴别肾性血尿的特异度为 34.23%, 敏感度为 87.25%; 鉴别非肾性血尿的特异度为 70.37%, 敏感度为 100%。

**结论** UF-5000 尿沉渣分析仪与显微镜镜检的一致性较高, 当仪器对样本判断结果为非均一性红细胞时极大概率可确诊为肾性血尿, 当仪器对样本判断结果为均一性红细胞和混合性红细胞时必须使用显微镜镜复查。

## PU-6218

### Surface-enhanced Raman spectroscopic(SERS) characterization of urine of normal and chronic kidney disease (CKD) subjects

MING ZONG<sup>1</sup>, LIEYING FAN<sup>1</sup>, QIUNONG GUAN<sup>2</sup>, CAIGEN DU<sup>2</sup>

1. Shanghai east hospital

2. University of British Columbia

**Objective** Chronic kidney disease (CKD) usually gets worse slowly, and symptoms may not appear until the kidneys are badly damaged. Patients with CKD need routinely monitoring the renal condition. However, in addition to the high cost and inconvenience, the existing approaches are invasive and impractical for longitudinal disease monitoring. Non- and minimally-invasive techniques can provide advantages in the monitoring and clinical diagnostics in renal diseases.

**Methods** In this work, dispersive Raman spectroscopy (785 nm, 150 mW, 1s accumulation) has been employed as a rapid and nondestructive technique to detect the metabolites in urine of normal and CKD subjects in different stages of kidney damage and in the fingerprint region (500–1800 cm<sup>-1</sup>).

**Results** The Raman spectra of urine from normal subjects showed peaks related to urea, creatinine, ketone bodies, phosphate, and other nitrogenous compounds. These metabolic biomarkers presented peaks with different intensities in the urine of CKD subjects compared to normal subjects, measured by the intensity of selected peaks the Raman spectra, which means different concentrations. A quantitative model based on partial least squares (PLS) regression has been developed to estimate the concentration of these compounds, taking the biochemical concentrations assayed by the colorimetric method as the sample's actual concentrations. The PLS model based on leave-one-out cross-validation approach estimated the concentration of eGFR and creatine with  $r = 0.72$  and  $0.67$ . Moreover, principal component analysis-based linear discriminant analysis is performed to discriminate CKD patients from normal subjects. The

discriminant analysis classifies the CKD patients from normal subjects with a sensitivity and specificity of 85.0% and 88.3%, respectively, with an overall accuracy of 86.7%.

**Conclusions** These results evidenced the possibility of using SERS combined with multivariate analysis as a diagnostic tool for monitoring the renal condition in CKD.

## PU-6219

### 一个先天性眼缺损家系致病基因的研究

刘小琦,杨正林,张侯斌  
四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 先天性眼缺损是一种严重的常染色体显性遗传疾病,通常表现为双眼缺失病变,多数患者致病是由于 PAX6 基因突变造成。为了研究先天性眼缺损的致病机制,我们对一个先天性眼缺损家系进行研究后发现了位于 PAX6 基因 3'大片段缺失造成了先天性眼缺损的发生。

**方法** 本研究采集一先天性眼缺损家系,25 人中有 9 人被诊断为先天性眼缺损,有些病人还并发有先天性白内障和眼球震颤。采用外显子测序、全基因连锁分析(Illumina Human Linkage-12 芯片)等方法对该家系突变进行研究,最后用 Sanger 测序法对该片段缺失进行了验证。

**结果** 经全外显子测序,未能在 PAX6 基因发现有意义的突变。经全基因扫描,发现 11 号染色体 rs973556 与疾病很强的关联性(LOD Score=2.37)。然后通过 rs973556 附近多个 SNP 基因型分型和 Sanger 法测序确定 PAX6 基因 3'端下游 125Kb 位置存在一段 471kb 片段的杂合缺失。

**结论** 该研究新发现一导致先天性眼缺损致病的位于 PAX6 基因下游 125Kb 的一段 471kb 片段的杂合缺失,该发现不但丰富了先天性眼缺损基因突变谱,也证明 PAX6 基因下游存在调控元件对 PAX6 基因的表达和功能有调控作用,该段区域的缺失将引起先天性眼缺损的发生。

## PU-6220

### Neglected parasitic diseases: Lophomonas blattarum infection presented as an acute exacerbation of chronic obstructive pulmonary disease

Pengyu Ji<sup>1</sup>, Wei Li<sup>1</sup>, Lei Zhang<sup>1</sup>, Chengmin Yang<sup>2</sup>  
1.the first hospital of lanzhou university  
2.Gansu provincial center for disease control and prevention

**Objective** The present case described a 61-year-old male who was initially diagnosed and treated as acute exacerbation of chronic obstructive pulmonary disease (AECOPD). Ultimately Lophomonas blattarum (L. blattarum), a rare protozoan causing opportunistic infection, was found in bronchoalveolar lavage fluid (BALF). Bronchoscopy showed a lot of white and ropy sputum on bronchus. After treatment with ornidazole, symptoms and inspection result showed significant improvement compared with previous routine treatment on AECOPD. Neglected parasitic diseases present challenges to the empirical treatment of common diseases, especially in patients with abnormal immune function. at the same time, it confirms that the ornidazole treatment is efficacy in L. blattarum infection.

## PU-6221

## 血浆 ADAMTS-13 活性降低对骨髓移植后 ALL 患者的预后的预测作用

刘忱,赵磊,朱梦捷,徐秦竹,宋英,王辉

北京大学人民医院,100000

**目的** 探讨骨髓移植(BMT)后急性淋巴细胞白血病(ALL)中 ADAMTS-13 活性降低的意义。

**方法** 纳入 35 例 ALL 患者,在 BMT 前测量其 ADAMTS-13 活性,其中 20 例 ADAMTS13 活性低( $<481\text{ng/ml}$ ),15 例 ADAMTS-13 活性正常( $481\text{-}785\text{ng/ml}$ )。收集 BMT 前和 BMT 后一个月的相关指标。跟踪所有患者并记录和评估他们的疾病进展。比较两组医学指标和预后情况的水平变化。

**结果** ADAMTS13 活性低的患者与 ADAMTS13 活性正常的患者相比,BMT 相关并发症更多。两组间 APTT,PT,CRP 和 D-Dimer 无显著差异。低 ADAMTS13 组在 BMT 后一年随访期间和从 ALL 发病计算两年随访期间死亡率高于正常组。

**结论** 低 ADAMTS-13 活性可预测 BMT 后 ALL 的预后不良。

## PU-6222

## 艰难梭菌感染患者粪便中 AB 毒素与钙卫蛋白水平的相关性研究

刘成成,范坤,刘根焰

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 初步探讨艰难梭菌(*Clostridium difficile*, C.diff)感染患者粪便中 AB 毒素(CDAB)与钙卫蛋白(Calprotectin)水平的相关性。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 2019 年 4 月间在我院诊断为肠道艰难梭菌感染的 36 例患者的粪便 CDAB 与钙卫蛋白水平之间的关系。

**结果** 与正常参考区间( $0\text{-}50\mu\text{g/g}$ )相比,36 例艰难梭菌感染患者粪便钙卫蛋白含量显著升高,为  $707\pm 252.80\mu\text{g/g}$ (均数 $\pm$ 标准误)。其中,CDAB 阴性组( $<0.13$ )、可疑组( $0.13\text{-}0.37$ )与阳性组( $\geq 0.37$ )的钙卫蛋白含量分别为  $669.72\pm 252.80\mu\text{g/g}$ 、 $669.60\pm 177.77\mu\text{g/g}$ 、 $744.72\pm 181.68\mu\text{g/g}$ ,三组间无统计学差异( $P>0.05$ )。艰难梭菌感染患者粪便 CDAB 与钙卫蛋白无相关性( $P>0.05$ ,  $R^2 = 0.03$ )。CDAB 阴性组 CDAB 与钙卫蛋白无相关性( $P>0.05$ ,  $R^2 = 0.11$ );可疑组 CDAB 与钙卫蛋白无相关性( $P>0.05$ ,  $R^2 = 0.30$ );阳性组 CDAB 与钙卫蛋白无相关性( $P>0.05$ ,  $R^2 = 0.15$ )。

**结论** 艰难梭菌感染患者粪便中钙卫蛋白水平显著升高,但与其与 CDAB 之间无相关性。

## PU-6223

## Clinical significance of High-Mobility Group Box-1 (HMGB1) in Subjects with Type 2 Diabetes Mellitus (T2DM) combined with Chronic Obstructive Pulmonary Disease (COPD)

Jiayi Huang

the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Simple method to predict type 2 diabetes mellitus (T2DM) combined with chronic obstructive pulmonary disease (COPD) is in great need clinically. This study aims to assess the clinical significance of High-Mobility Group Box-1 (HMGB1) in predicting T2DM combined with COPD in Chinese patients with T2DM or COPD.

**Methods** Serum concentrations of glycated hemoglobin (HbA1C), fasting plasma glucose (FPG), fasting insulin (FINS), total cholesterol (TC), triglyceride (TG), low-density lipoprotein cholesterol (LDL-c), high-density lipoprotein cholesterol (HDL-c), C-reactive protein (CRP), fibrinogen (FIB), HMGB1, white blood cell count (WBC), neutrophil% (NEU%) and lung function test such as forced expiratory volume 1/forced vital capacity (FEV1/FVC) and forced expiratory volume 1% predicted value (FEV1%pred) were measured in 126 T2DM patients, 118 COPD patients, 112 T2DM combined with COPD patients and 120 healthy controls. Logistic regression was used to estimate the risk factors for T2DM combined with COPD.

**Results** HMGB1 elevated in patients with T2DM combined with COPD, significantly higher than other subjects ( $P < 0.05$ ) and differences of HMGB1 also existed between patients with T2DM or COPD and healthy individuals ( $P < 0.01$ ). HMGB1 was positively correlated with HOMA-IR, FBG and HbA1c ( $P < 0.01$ ), and negatively correlated with FEV1/FVC and FEV1%pred ( $P < 0.01$ ). Logistic regression showed that HMGB1 was identified to be independent risk factor of T2DM combined with COPD.

**Conclusions** HMGB1 was independent risk factor of T2DM combined with COPD and can be served to predict the occurrence of T2DM combined with COPD. .

## PU-6224

## 2018 年湘雅医院腹腔感染患者病原菌分布及耐药性分析

罗珊<sup>1</sup>, 张靖舒<sup>2</sup>, 刘文恩<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院, 410000

2.中南大学湘雅医学院

**目的** 统计分析 2018 年湘雅医院腹腔感染患者病原菌分布与耐药情况, 为临床合理选用抗菌药物提供依据与指导。

**方法** 回顾性分析 2018 年湘雅医院腹腔感染患者腹腔相关标本阳性培养结果与药敏试验结果。

**结果** 2018 年湘雅医院腹腔感染患者共 278 例。病原菌共 394 株, 其中革兰阳性菌 131 株 (33.25%), 革兰阴性菌 232 株 (58.88%), 真菌 31 株 (7.87%)。居前五位的为: 肺炎克雷伯菌 (82/394 株, 20.81%) 与大肠埃希菌 (78/394 株, 19.80%), 均对头孢唑林耐药率高 (44.87% 与 75.34%); 屎肠球菌 (36/394 株, 9.14%), 对红霉素耐药率高 (91.67%); 粪肠球菌 (31/394 株, 7.87%), 对四环素耐药率高 (62.07%); 白色念珠菌 (21/394 株, 5.33%), 对常用药物均敏感。肠球菌属细菌中耐万古霉素肠球菌 (Vancomycin-resistant Enterococcus, VRE) 检出率 12.79% (11/86 株), 均为天然耐药的鹌鹑肠球菌与铅黄肠球菌; 金黄色葡萄球菌中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (Methicillin-resistant Staphylococcus aureus, MRSA) 占 20.00% (1/5 株); 凝固酶阴性葡萄球菌中耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (Methicillin-resistant coagulase-negative Staphylococcus, MRCNS) 占 84.62% (11/13 株);

肠杆菌科细菌中耐碳青霉烯类肠杆菌 (Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, CRE) 占 13.59% (25/184 株), 产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (Extended Spectrum  $\beta$ -Lactamases, ESBLs) 菌占 28.26% (52/184 株)。

**结论** 腹腔感染病原菌以肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌为主; MRCNS 检出率较高; 合理使用抗菌药物是治疗腹腔感染的关键。

## PU-6225

### 新型感染标志物中性粒细胞/淋巴细胞比 (NLR) 和血小板/淋巴细胞比 (PLR) 正常参考区间的建立

姜王庆, 徐倩倩, 沈林杰, 陆英杰, 陈健, 蒋浩琴  
复旦大学附属华山医院, 200000

**目的** 近年来中性粒细胞/淋巴细胞比 (NLR) 和血小板/淋巴细胞比 (PLR) 作为新型感染标志物被广泛关注。本研究旨在建立 NLR 和 PLR 的正常参考区间, 为临床开展这些新型感染标志物提供可靠的参考区间。

**方法** 收集复旦大学附属华山医院 2019 年 3 月~2019 年 5 月正常体检者的血常规标本至少各 1000 例, 用 Dixon 法剔除离群值后, 采用 STATA 软件进行统计分析。用 Shapiro-Wilk W 检验分析各组 NLR 和 PLR 数据正态分布情况, 用成组 t 检验 (正态分布) 或 Wilcoxon rank-sum 检验 (非正态分布) 进行 NLR 和 PLR 的性别组间差异比较, 用 (正态分布) 或  $P_{2.5}$  和  $P_{97.5}$  (非正态分布) 来统计正常参考区间。

**结果** 剔除离群值后, 正常体检者男、女各 1000 例。男性平均年龄为  $44.8 \pm 13.0$ ; 女性平均年龄为  $46.4 \pm 15.7$ 。NLR 和 PLR 均属偏态分布 ( $P < 0.001$ ), 参考区间取  $P_{2.5} \sim P_{97.5}$ 。NLR 的男、女参考区间无统计学差异 ( $P = 0.17$ ), 均值为 1.7, 正常参考区间为 0.9~3.1; PLR 的男、女参考区间有统计学差异 ( $P < 0.001$ ), 均值 112.7 (男)、123.2 (女), 正常参考区间为 63.0~176.2 (男)、69.5~182.6 (女)。

**结论** NLR 和 PLR 正常参考区间的建立将有助于协助临床加强对感染性疾病的诊断和鉴别诊断, 也有助于后续联合其他感染性标志物对特定感染性疾病的进一步研究。

## PU-6226

### Plasma YKL-40: A potential biomarker for tumor invasion in esophageal cancer

Rongfu Huang  
The second affiliated Hospital of Fujian Medical University

**Objective** YKL-40, a chitinase-like glycoprotein has been identified as a candidate tumor marker. The current study evaluated the clinical significance of plasma YKL-40 in esophageal cancer patients.

**Methods** We enrolled 127 esophageal cancer patients, 29 healthy controls. Plasma YKL-40 levels were measured through ELISA. ROC curve analysis was used to evaluate the diagnostic efficiency of plasma YKL-40 in esophageal cancer patients. The correlations between plasma YKL-40 and clinicopathological characteristics of esophageal were analyzed.

**Results** Plasma YKL-40 levels were significantly higher in patients with lymph node metastasis than those that were non-metastatic ( $P = 0.005$ ). Patients with tumor thrombus formation presented with significantly higher YKL-40 levels than those without thrombus formation (160.3 vs. 74.72 ng/mL,  $P = 0.012$ ). YKL-40 levels in patients with advanced stage (III and IV) were

significantly higher than those in the early stages (I and II,  $P = 0.016$ ). ROC curve analysis showed that the AUC was 0.791, and the best diagnostic threshold of YKL-40 for esophageal cancer was 82.06 ng/mL with 68.9% sensitivity and 80.0% specificity.

**Conclusions** This study indicated that YKL-40 may be a biomarker for esophageal cancer and potential biomarker for identification of invasive esophageal cancer.

## PU-6227

### 新生儿溶血病患儿红细胞致敏抗体热放散效果 与红细胞量的关系

杨璐  
解放军总医院

**目的** 比较不同量的患儿压积红细胞进行热放散的放散效果差异,进而研究达到最强放散效果的压积红细胞最适使用量

**方法** 以 14 例疑似新生儿溶血病(HDN)患儿的血标本为研究对象,每例标本分别吸取 100 $\mu$ L、200 $\mu$ L、300 $\mu$ L、500 $\mu$ L、1mL 的患儿压积红细胞进行放散试验,采用微柱凝胶法检测放散后抗体,比较不同量的压积红细胞放散效果的差异。

**结果** 14 例疑似 HDN 患儿中,确诊为 HDN 11 例。11 例标本随着压积红细胞量增加,放散抗体凝集强度均增加,到 500 $\mu$ L 增到最大,1mL 与 500 $\mu$ L 凝集强度相同。其中 8 例标本(72.7%),5 个梯度压积红细胞均可放散出抗体;3 例标本(27.3%),红细胞量 200 $\mu$ L 以上才可放散出抗体

**结论** 不同量的患儿压积红细胞进行热放散的放散效果不同,随着红细胞量增加,放散抗体凝集强度增加,红细胞量过少可能导致放散试验假阴性

## PU-6228

### 丙型肝炎患者 T 淋巴细胞亚群及调节性 T 细胞 的变化研究

郭绪晓  
山东中医药大学附属医院,250000

**目的** 研究丙型肝炎患者外周血 T 淋巴细胞亚群和免疫调节 T 细胞在病程发展中的变化

**方法** 采用流式细胞术(FCM)检测丙肝患者 RNA 高拷贝组、低拷贝组、RNA 阴性组及健康对照组外周血 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>及 CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>CD127<sup>+</sup>调节 T 细胞百分率,分析其在丙型肝炎病程中的变化。

**结果** 丙型肝炎患者 CD4<sup>+</sup>T 细胞降低,CD8<sup>+</sup>T 细胞升高,CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>降低,患者组与对照组差异均有统计学意义( $P < 0.05$ );RNA 阴性组和低拷贝组调节性 T 细胞(CD4<sup>+</sup>CD25<sup>+</sup>CD127<sup>+</sup>)与正常对照组明显偏高( $P < 0.05$ ),RNA 高拷贝组与对照组无明显统计学差异( $P > 0.05$ )。

**结论** 在丙型肝炎病程发展过程中 T 淋巴细胞亚群均发生变化且有调节性 T 细胞的增高,说明细胞免疫及调节机制参与了丙型肝炎的发病及发展,为临床诊疗提供了新的思路。



PU-6229

## 脑肿瘤患者围手术期凝血-纤溶相关指标 及血小板数水平变化

张丽敏

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 观察神经外科脑肿瘤患者围手术期血小板数量及凝血-纤溶系统相关指标的动态变化。

**方法** 收集北京天坛医院神经外科住院脑肿瘤患者共 73 例, 分别于术前、术后第 1 天、术后第 3 天采集空腹静脉血标本, 检测血小板数量、血浆 D-二聚体及 FIB 含量, 与健康对照组比较, 分析其变化情况。

**结果** 脑肿瘤患者术前 PLT 水平低于健康对照组, 但差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 而术前 D-二聚体及 FIB 含量较对照组明显升高 ( $P<0.05$ )。开颅术后第 1 天, PLT 计数与 FIB 水平均较术前明显下降, 而 D-二聚体水平显著升高 ( $P<0.05$ )。术后第 3 天 PLT 水平仍较术前下降, FIB 呈回升趋势, 与术前相比差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。而 D-二聚体仍维持较高水平, 但与术后第 1 天相比呈下降趋势 ( $P<0.05$ )。

**结论** 脑肿瘤患者围手术期存在凝血及纤溶功能异常, 严密监测围手术期凝血及纤溶相关指标对早期发现静脉血栓等术后并发症有重要价值。

PU-6230

## Inflammation level and renal function injury in AAV: a correlation with low albumin and high density lipoprotein.

Tingting Zeng

the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** to explore correlation of inflammation level and organs involvements in anti-neutrophil cytoplasmic antibody(ANCA)-associated vasculitis(AAV) patients with albumin(Alb) and high density lipoprotein(HDL).

**Methods** Serum levels of Alb and HDL were detected, with AAV patients being grouped according to serum Alb and HDL levels, and indicators reflecting inflammation and renal injury were compared.

**Results** Serum levels of creatinine(Cr), uric acid(URIC) and C reactive protein(CRP) and renal involvement rates were higher in lower Alb patients; Cr, CRP, renal and cardiovascular involvement rates in lower HDL patients were higher. Alb and HDL were negatively correlated with CRP and erythrocyte sedimentation rate (ESR).

**Conclusions** serum Alb and HDL were good indicators for disease monitoring in AAV.

PU-6231

## ICU 危重症患者凝血功能指标与预后的关系

孙磊,张松涛,张守永

六安市人民医院,237000

**目的** 探讨重症监护室 (ICU) 危重症患者凝血功能指标与预后的关系

**方法** 选取 2016 年 3 月至 2017 年 8 月在六安市人民医院 ICU 住院的危重症患者 68 例, 检测 24h 内的凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血活酶时间 (APTT)、凝血酶时间 (TT)、纤维蛋白原 (FIB)、D-二聚体、纤维蛋白 (原) 降解产物 (FDP)、按出院结局分为死亡组和存活组, 分析凝血指标与预后的关系。

**结果** 利用单因素分析显示, 两组患者在 PT、APTT、FIB、D-二聚体、FDP 等方面差异有统计学意义, 与生存组相比, 死亡组 PT 和 APTT 延长, FIB 减少, D-二聚体和 FDP 升高; 多因素 Logistic 回归模型分析显示, D-二聚体为 ICU 危重症患者预后不良的危险因素。

**结论** 凝血指标对重症患者的预后判断有重要意义, D-二聚体可作为重症患者死亡的独立危险因素。

## PU-6232

### 在用全自动生化分析仪性能测试分析

刘竞争

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 通过对在用全自动生化分析仪进行主要指标的性能测试, 结合设备使用和维护等方面的调研情况, 分析使用维护过程中影响设备性能的因素和测试指标选择的合理性。

**方法** 依据行业标准的要求和试验方法进行检测。

**结果** 三台生化分析仪中 A、C 全部符合所选指标的测试要求, B 在三项指标中有两项不符合要求。

**结论** 在设备的计量、维护保养、消耗性部件更换、清洗液配套等情况相同的情况下, 设备的生产使用年限以及设备的开机频次和日常维护频次对吸光度稳定性和吸光度的重复性影响较大, 对样品携带污染率没有显著影响。本次测试和所选测试指标能够反映在用全自动生化分析仪的使用和维护情况对性能的影响, 达到了客观评价在用全自动生化分析仪性能的目的。

## PU-6233

### Noninvasive indices for monitoring disease course in Chinese patients with autoimmune hepatitis

Tingting Zeng

the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Noninvasive and simple tests to forecast cirrhosis is in great need clinically. This study aimed to assess the clinical significance of several noninvasive indices in predicting cirrhosis in Chinese patients with autoimmune hepatitis (AIH).

**Methods** Liver function test and blood cell analysis were conducted in 76 AIH patients and 75 paired healthy subjects to calculate aspartate aminotransferase to alanine aminotransferase ratio(AAR), aspartate aminotransferase to platelet ratio index (APRI), fibrosis index based on the four factors (FIB-4), gamma-glutamyl transferase to platelet ratio (GPR), red blood cell distribution width (RDW), neutrophil to lymphocyte ratio (NLR), lymphocyte to monocyte ratio (LMR), and platelet to lymphocyte ratio (PLR). Binary logistic regression was performed to analysis the risk factors of liver cirrhosis and receiver operating characteristic (ROC) curve was conducted to evaluate the diagnostic value of each index and compare their diagnostic performance with serum biomarkers commonly used in the clinical setting for liver fibrosis assessing including hyaluronic acid (HA), laminin(LN), procollagen III N terminal peptide (PIIINP) and type IV collagen (ColIV). Results: AAR, APRI, FIB-4, GPR, NLR and RDW were elevated remarkably in AIH patients with cirrhosis; AAR, FIB-4 and RDW were identified to be independent risk factors of cirrhosis with OR (95%CI) of 3.517 (1.300-9.514), 1.247(1.032-1.506) and 1.414 (1.086-1.842) respectively; ROC analysis showed that the area under the ROC curve (AUC) of AAR, FIB-4 and

RDW were 0.801,0.82 and 0.739, with moderate diagnostic value and better than HA, LN, PⅢNP and ColⅣ in identifying those with cirrhosis from AIH patients.

**Results** ROC analysis showed that the area under the ROC curve (AUC) of AAR, FIB-4 and RDW were 0.801,0.82 and 0.739, with moderate diagnostic value and better than HA, LN, PⅢNP and ColⅣ in identifying those with cirrhosis from AIH patients.

**Conclusions** AAR, FIB-4 and RDW were independent risk factors of AIH cirrhosis and can be served as reference indices to monitor disease course in AIH.

## PU-6234

### 妊娠期肝内胆汁淤积症孕妇临床特征及围生儿预后的分析

范芳梅

贵阳市妇幼保健院贵阳市儿童医院,550000

**目的** 分析妊娠期肝内胆汁淤积症(ICP)孕妇临床特点及对围生儿预后的影响。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1 月~2019 年 1 月贵阳市妇幼保健院产科诊治的 182 例 ICP 孕妇,根据临床诊断将 ICP 孕妇分组,其中轻度组 82 例、重度组 100 例,并收集同期分娩的 110 例正常孕妇为对照组,比较各组孕妇临床特点、妊娠结局及围生儿预后。

**结果** P 组孕妇平均孕周较正常对照组明显减少 ( $P < 0.05$ ); ICP 组剖宫产率及初产妇所占比例较正常对照组明显增加 ( $P < 0.05$ )。此外,ICP 组孕妇出现皮肤瘙痒及肝功异常均较正常对照组明显增加 ( $P < 0.05$ ),且与 ICP 的严重程度有关;(2)ICP 组产后出血/贫血率及住院天数均明显高于正常对照组 ( $P < 0.05$ ),且重度组明显高于轻度组 ( $P < 0.05$ );重度 ICP 组围生儿低体重、早产率、羊水污染率、胎儿窘迫/窒息发生率及 NICU 入住率均明显高于正常对照组 ( $P < 0.05$ ),而轻度组与正常对照组差异无统计学意义;(3)TBA、ALT、AST、DBIL 四项指标联合检测鉴别轻、重度 ICP 的灵敏度和特异性均可达 95%。

**结论** ICP 对妊娠结局及围生儿预后常有不良影响,且与 ICP 的严重程度相关,因此临床应对 ICP 患者进行分度诊断,便于对孕妇采取积极的管理,准确把握分娩时机,改善妊娠结局及围生儿预后。

## PU-6235

### AIDS 患者隐球菌菌株种族特征分布及临床预后的初步研究

张宇,柳丽娟

福建医科大学孟超肝胆医院

**目的** 调查福建地区 AIDS 患者新型隐球菌菌株种族分布特征,分析其与临床预后的关系。

**方法** 收集 2014-2017 年福建地区获得性免疫综合征患者新型隐球菌感染临床株 40 株,采用特异性引物聚合酶链反应扩增分型,同时鉴定新型隐球菌血清型和交配型。对 40 例患者随访 1 年,分析其临床预后。结果 40 株新型隐球菌临床株均为血清 A 型、 $\alpha$  交配型,未发现其他血清型和 a 交配型。35 例 AIDS 合并隐球菌感染患者 1 年生存率 71.4%。结论 福建地区 AIDS 患者新型隐球菌临床株表型分布特征比较单一,主要以 A $\alpha$  型为主。早期诊断、足量使用抗真菌药物可以降低隐球菌感染死亡率,及时予以高效抗反转录病毒治疗可以减少 AIDS 合并隐球菌性脑膜炎的复发。

**【关键词】** 获得性免疫缺陷综合征 新型隐球菌 血清型 交配型 临床预后

**结果** 40 株新型隐球菌临床株均为血清 A 型、 $\alpha$  交配型, 未发现其他血清型和 a 交配型。35 例 AIDS 合并隐球菌感染患者 1 年生存率 71.4%。

**结论** 福建地区 AIDS 患者新型隐球菌临床株表型分布特征比较单一, 主要以 A $\alpha$  型为主。早期诊断、足量使用抗真菌药物可以降低隐球菌感染死亡率, 及时予以高效抗反转录病毒治疗可以减少 AIDS 合并隐球菌性脑膜炎的复发。

#### PU-6236

### ADH1-ADH3 as the potential prognostic markers for breast cancer

Jiadi Chen, Huifang Huang  
Fujian Medical University Union Hospital University

**Objective** A growing body of evidence suggests that alcohol consumption consistently increase the breast cancer risk. This association maybe result from the expression levels of enzyme alcohol dehydrogenases (ADHs). However, the distinct roles of each ADH in the development and treatment of breast cancer remain unexplored. In this study, the mRNA expression and prognostic value of each ADH in breast cancer are explored.

**Methods** We examined the transcriptional and survival data of ADHs in patients with breast cancer from ONCOMINE, GEPIA, Kaplan-Meier Plotter, and cBioPortal databases.

**Results** The mRNA expression levels of ADH1-ADH4 were all significantly down-regulated in breast cancer patients, whereas, the mRNA expression levels of ADH5-ADH7 in breast cancer patients were also slightly down-regulated but have no significant difference. Kaplan-Meier analysis demonstrates that the low expression of ADH1, ADH3, ADH5 were obviously related the poor prognosis. On the contrary, the low expression of ADH2, ADH4, ADH6, ADH7 were associated with better prognosis. Furthermore, the expression of ADH1-ADH3 showed prognostic prediction value in breast cancer with different cancer stages and pathological grades. However, we rarely found mutation in ADHs in breast cancer.

**Conclusions** The expression of each ADHs was involved with the prognosis in breast cancer patients. ADH1-ADH3 may be applied for the prognostic markers for breast cancer.

#### PU-6237

### 床边心肌肌钙蛋白 T、血清 LDL 及 ApoB 在急性冠脉综合征中的临床价值

董谦, 陈康, 李任洲, 黄子健, 王伟佳  
Zhongshan Hospital of Sun Yat-sen University

**目的** 床边心肌肌钙蛋白 T、血清 LDL 及 ApoB 在急性冠脉综合征中的临床价值。

**方法** 与健康对照组对比, ACS 组床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 显著升高 ( $P < 0.05$ ); NSTEMI 组的床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 显著高于 UA 组 ( $P < 0.05$ ); 单支、双支及三支冠脉病变组患者床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 水平均显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ), 单支冠脉病变组患者床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 水平  $<$  双支冠脉病变  $<$  三支冠脉病变组 ( $P < 0.05$ ); ROC 曲线显示, 3 种指标联合诊断的曲线下面积 (AUC) [AUC = 0.729] 高于床旁 cTnT (AUC = 0.672)、血清 LDL (AUC = 0.652) 和 ApoB (AUC = 0.69) 单独诊断。

**结果** 与健康对照组对比, ACS 组床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 显著升高 ( $P < 0.05$ ), NSTEMI 组的床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 显著高于 UA 组 ( $P < 0.05$ ), 单支、双支及三支冠脉病变组患

者床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 水平均显著高于对照组( $P<0.05$ )；单支冠脉病变组患者床旁 cTnT、血清 LDL 及 ApoB 水平 $<$ 双支冠脉病变 $<$ 三支冠脉病变组( $P<0.05$ )，

**结论** 联合床边心肌钙蛋白 T、血清 LDL 及 ApoB 能够快速诊断 ACS，其诊断准确率、特异度、敏感度均较单一检测高，为 ACS 的早期诊断和干预以及初诊为 ACS 患者的非 ST 心梗及心绞痛的鉴别诊断鉴别，提供了可靠的参考价值，值得临床推广。

PU-6238

## 2018 年北京市三级医院实验室互认项目室内质控 实时上传数据分析

张建平<sup>1</sup>, 岳育红<sup>1,2</sup>, 王清涛<sup>1,2</sup>  
1.首都医科大学附属北京朝阳医院,100000  
2.北京市临床检验中心

**目的** 了解 2018 年北京市三级医院实验室互认项目室内质控情况

**方法** 收集 2018 年参加北京市临床检验中心室内质控实时监控系统中上传的室内质控数据信息，汇总每个项目变异系数，并将该项目全年最高变异系数与《京津冀区域互认实验室质量与技术要求（试行）》要求中的实验室内精密度要求进行比较，得到满足各项目相应标准的比例情况，进而分析北京市互认项目检测的室内质控现状。

**结果** 2018 年参加北京市室内质控实时监控系统中上传的三级医院实验室共 90 家，京津冀互认项目 36 项中，除外 HBsAg、HBsAb、抗-HCV 属于定性项目未统计外，所有项目均有一定程度上未达到室内质控不精密度要求的情况，其中不符合精密度要求的实验室占 25.5%以下的项目有 20 项，分别为 K、P、ALT、TSH、FT3、LDL、CEA、HDL、AST、TG、FT4、UA、HGB、WBC、CHOL、GLU、HbA1c、RBC、AFP、LDH；不符合精密度要求的实验室占 25.0-50.0%以下的项目有 11 项，分别为 CL、NA、CREA、UN、GGT、PLT、TP、PSA、T3、T4、ALB；其余两项 TP 和 CA 不符合精密度要求的实验室占比分别为 54.8 和 55.0%。所有项目中，生化离子及血常规的部分项目精密度控制相对较好，其余项目例如免疫专业中甲状腺功能检测相关项目，实验室室内精密度需进一步改进。

**结论** 目前北京市三医院实验室互认项目检测的不精密度水平仍需进一步提高，各实验室需要继续加强室内质量控制，建立严格的室内质控制度，定期对相关技术人员进行培训，提高室内质控水平，以实现区域内检测结果准确基础上的互认。

PU-6239

## 人 septin9 基因甲基化检测在肠癌中的临床应用

孔令君, 叶阿里, 窦亚玲, 张冠楠, 张睿  
中国医学科学院北京协和医院, 100000

**目的** 探讨人 septin9 基因甲基化检测试剂盒（荧光 PCR 法）的检测在肠癌辅助诊断中的临床应用。

**方法** 采用苏州工业园区为真生物医药科技有限公司生产的人 septin9 基因甲基化检测试剂盒（荧光 PCR 法），对 2014 年-2017 年间入组的 250 例（病理诊断为结直肠癌 119 例，非结直肠癌 131 例）样本进行检测。四格表方法对人 septin9 基因甲基化（荧光 PCR 法）检测结果与临床诊断结果比较。

**结果** 该试剂盒在结直肠癌的辅助诊断中的敏感度为 70.59%（95CI%：61.54%—78.58%），特异度为 93.89%（95CI%：88.32%—97.33%），总符合率为 82.80%（95CI%：77.54%—

87.26%)。阳性预期值: 91.30% (84/92); 阴性预期值: 77.85% (123/158); KAPPA 系数 0.6516 (95CI%: 0.5592—0.7440)。

**结论** 血液 septin9 甲基化检测辅助诊断结直肠癌的敏感度 (70.59%) 和特异度 (93.89%) 均较高, 是一个较好的结直肠癌分子标志, 适用于因依从性差或其他医学原因无法做肠镜检查的患者的辅助诊断, 使病人多了一种无创性结直肠癌辅助诊断方法的选择。

PU-6240

## 14-3-3 $\eta$ protein: a promising biomarker for rheumatoid arthritis

Tingting Zeng

the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** Effective management of rheumatoid arthritis(RA) depends on early identification followed by timely invention and proper monitoring of treatment responses which remain challenges facing rheumatologists for lacking biomarkers of high sensitivity and specificity. 14-3-3 $\eta$  has been reported to be a novel RA-related biomarker inducing the expression of multiple factors mediating the pathogenesis of RA, and increasing the diagnostic capture when combined with rheumatoid factor(RF) and anti-cyclic citrullinated peptide antibody (anti-CCP). Besides, elevated serum 14-3-3 $\eta$  was relevant to more serious joint erosion and worse therapy outcomes. Here, we summarized the emerging knowledge regarding the roles 14-3-3 $\eta$  plays in RA and its clinical implications as diagnostic, prognostic and therapeutic response surrogate as well as potential drug target for RA.

**Methods** Effective management of rheumatoid arthritis(RA) depends on early identification followed by timely invention and proper monitoring of treatment responses which remain challenges facing rheumatologists for lacking biomarkers of high sensitivity and specificity. 14-3-3 $\eta$  has been reported to be a novel RA-related biomarker inducing the expression of multiple factors mediating the pathogenesis of RA, and increasing the diagnostic capture when combined with rheumatoid factor(RF) and anti-cyclic citrullinated peptide antibody (anti-CCP). Besides, elevated serum 14-3-3 $\eta$  was relevant to more serious joint erosion and worse therapy outcomes. Here, we summarized the emerging knowledge regarding the roles 14-3-3 $\eta$  plays in RA and its clinical implications as diagnostic, prognostic and therapeutic response surrogate as well as potential drug target for RA.

**Results** Effective management of rheumatoid arthritis(RA) depends on early identification followed by timely invention and proper monitoring of treatment responses which remain challenges facing rheumatologists for lacking biomarkers of high sensitivity and specificity. 14-3-3 $\eta$  has been reported to be a novel RA-related biomarker inducing the expression of multiple factors mediating the pathogenesis of RA, and increasing the diagnostic capture when combined with rheumatoid factor(RF) and anti-cyclic citrullinated peptide antibody (anti-CCP). Besides, elevated serum 14-3-3 $\eta$  was relevant to more serious joint erosion and worse therapy outcomes. Here, we summarized the emerging knowledge regarding the roles 14-3-3 $\eta$  plays in RA and its clinical implications as diagnostic, prognostic and therapeutic response surrogate as well as potential drug target for RA.

**Conclusions** Effective management of rheumatoid arthritis(RA) depends on early identification followed by timely invention and proper monitoring of treatment responses which remain challenges facing rheumatologists for lacking biomarkers of high sensitivity and specificity. 14-3-3 $\eta$  has been reported to be a novel RA-related biomarker inducing the expression of multiple factors mediating the pathogenesis of RA, and increasing the diagnostic capture when combined with rheumatoid factor(RF) and anti-cyclic citrullinated peptide antibody (anti-CCP). Besides, elevated serum 14-3-3 $\eta$  was relevant to more serious joint erosion and worse therapy outcomes. Here, we summarized the emerging knowledge regarding the roles 14-3-3 $\eta$  plays in RA and its

clinical implications as diagnostic, prognostic and therapeutic response surrogate as well as potential drug target for RA.

## PU-6241

### 新生儿溶血病放散试验异常结果原因的体外模拟实验探讨

马春娅  
解放军总医院

**目的** 探讨 A(或 B)型新生儿在新生儿溶血病放散试验中放散出抗-B(或抗-A)的原因。

**方法** 采用体外模拟实验:取 O 型孕妇血浆 2 mL 经 2-Me 破坏后分别与 A(或 B)型红细胞 2 mL 37℃ 孵育 1 h,分离红细胞和血浆,分离出的血浆再用 2 mL A(或 B)型红细胞完成 2 次吸收,检测红细胞吸收前后血浆的 Ig G 抗-A 和抗-B 效价;对吸收后红细胞做 56℃ 热放散,检测放散液中的抗-A 和抗-B。

**结果** O 型血浆用 A 型红细胞 2 次吸收后,抗-A 效价下降至 0,抗-B 效价下降 1-4 个滴度;O 型血浆用 B 型红细胞 2 次吸收后,抗-B 效价下降至 0,抗-A 效价下降 1-2 个滴度;第 1 次吸收后的 Ac 和 Bc 放散液均检出抗-A 和抗-B,第 2 次吸收试验后的 Ac 放散液只检出了抗-B,Bc 放散液只检出了抗-A。

**结论** 新生儿溶血病放散试验 A(或 B)型新生儿放散出的抗-B(或抗-A)为低效价抗-AB。

## PU-6242

### 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌的耐药机制

黄亚雨  
南方医科大学附属莆田医院

**目的** 分析耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌(CRKP)的耐药机制及其同源性,为临床治疗此类耐药菌株感染提供依据。

**方法** 收集临床分离的 CRKP 菌株,采用法国梅里埃 VITEK 2-compact 分析仪进行细菌检测和药敏试验,改良 Hodge 试验和 EDTA 纸片协同试验检测耐药表型,PCR 法扩增检测碳青霉烯酶基因(8 种)及膜孔蛋白基因,ERIC-PCR 法及多位点序列分型(MLST)法进行同源性分析及基因分子分型。

**结果** 33 株 CRKP 对米诺环素、复方新诺明、丁胺卡那霉素、庆大霉素、妥布霉素、舒普森、呋喃妥因、氨苄西林、哌拉西林/他唑巴坦、环丙沙星、左旋氧氟沙星、优立新、头孢曲松、头孢唑林、头孢吡肟和头孢他啶等 16 种抗菌药物存在多重耐药。改良 Hodge 试验发现产金属  $\beta$ -内酰胺酶菌株 30 株,EDTA 纸片协同试验发现产金属  $\beta$ -内酰胺酶菌株 1 株。PCR 检测结果显示,携带 KPC 基因 32 株,携带 SHV 基因 30 株,携带 NDM-1 基因 1 株,未检测出其他耐药基因;ompk35 膜孔蛋白基因缺失 1 株,ompk36 膜孔蛋白基因缺失 3 株。ERIC-PCR 法及 MLST 法结果显示,ST11/A 型 29 株,ST15/B 型 2 株,ST11/C 和 ST2193/D 各 1 株。

**结论** 肺炎克雷伯菌耐碳青霉烯类药物的机制为细菌携带 KPC 耐药基因并产生 KPC 酶;大部分 CRKP 为 ST11/A 型,同源性程度高,可在院内克隆性传播。

## PU-6243

## 随机尿微量白蛋白/肌酐比值的半定量试纸条法的临床评价

刘竞争

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 评价半定量试纸条法检测随机尿微量白蛋白/肌酐比值(ACR)方法学性能。

**方法** 选取 2016 年 12 月—2018 年 3 月 2288 份随机尿标本,分别通过全自动生化分析仪和半定量试纸条法检测 ACR,检测结果用相关分析及  $\chi^2$  检验分析比较两种方法学检测结果的差异。

**结果** 半定量试纸条法检测方法与全自动生化分析仪定量检测方法之间成正相关,相关系数为 0.577,  $P<0.01$ 。半定量试纸条检测法的敏感度为 90.7%,特异度为 66.7%。假阳性率为 37.0%,假阴性率为 8.3%。

**结论** 半定量试纸条法存在假阳性率和假阴性率,可结合定量方法作为一种筛查方法。

## PU-6244

## 血清白蛋白和淋巴细胞在结直肠癌筛查中的临床价值

冯杰

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 探究血清白蛋白(Serum albumin, ALB)和淋巴细胞(lymphocyte)在结直肠癌筛查中的诊断价值。

**方法** 筛选 2017 年 1 月-2019 年 1 月在解放军总医院第一医学中心住院并且进行治疗的结直肠癌患者 103 例、结直肠息肉患者 54 例和此阶段健康体检者 59 例的相关临床病例,并且利用 SPSS 20.0 软件对其基本情况、血常规结果和部分生化指标进行相应的统计分析。

**结果** 统计分析结果显示三组中血清白蛋白(ALB)、糖化血清蛋白(GA)、血清唾液酸(SA)、丙氨酸转氨酶(ALT)、血清葡萄糖(GLU)、岩藻糖苷酶(AFU)、总蛋白(TP)、糖化血清蛋白(GA)、血红蛋白、红细胞、白细胞、中性粒细胞、淋巴细胞、嗜酸性粒细胞、嗜碱性粒细胞、红细胞比积的差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。其中 ALB+LYM 组合对结直肠癌的诊断较理想 (AUC:0.820, 95% CI:0.76-0.87),灵敏度为 73.8%,特异性为 75.2%,二分类 Logistic 回归模型对结直肠癌与结直肠息肉的诊断准确率为 74.5%。

**结论** 血清白蛋白和淋巴细胞计数两项指标的联合使用对结直肠癌的筛查具有较好的作用。

## PU-6245

## The significance of serum IgG4 and CA19-9, autoantibodies in diagnosis and differential diagnosis of IgG4-related sclerosing cholangitis

Liming Tan

the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To investigate the value of serum levels of IgG<sub>4</sub> and CA19-9, and autoantibodies in the diagnosis of IgG<sub>4</sub>-related sclerosing cholangitis (IgG<sub>4</sub>-SC).

**Methods** We detected the serum IgG<sub>4</sub> and CA19-9 of 45 IgG<sub>4</sub>-SC patients, 173 non-IgG<sub>4</sub>-SC patients and 48 healthy controls by immunoassay and chemiluminescence respectively, with



antinuclear antibody (ANA), anti-neutrophil antibody (ANCA), anti-smooth muscle antibody (SMA), and anti-mitochondrial antibody (AMA) level detected by indirect immunofluorescence. Then analyze the detection results.

**Results** ①The positive rates of ANA, ANCA, SMA, and AMA in patients with IgG<sub>4</sub>-SC were 40%, 6.67%, 0 and 2.22%. Among them, the positive rate of ANA was significantly higher than that of the healthy control group ( $P<0.01$ ), and the positive rate of ANA, ANCA, SMA, and AMA were significantly different from that of non-IgG<sub>4</sub>-SC group ( $P<0.05$ ) ②Serum levels of IgG<sub>4</sub> and CA19-9 increased significantly in patients with IgG<sub>4</sub>-SC compared with healthy controls ( $P<0.01$ ). The areas under the ROC curve (AUC) of IgG<sub>4</sub> and CA19-9 were 0.9750 and 0.6498 respectively ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** The high levels of serum IgG<sub>4</sub> and CA19-9, and autoantibodies detection are of great important clinical value in diagnosis and differential diagnosis of IgG<sub>4</sub>-SC.

## PU-6246

# 以疾病为目录的数字全切片临床检验形态学资源系统的构建与应用

元涛

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 传统形态学教学模式大多是教师在现场指导,学生用显微镜观察玻璃标本。这种教学模式存在很多局限性,我们根据实际教学需要构建临床检验数字切片资源库,可以在计算机上进行不同倍率观察,如同在显微镜下观察玻璃切片一样,便于保存和数据传输,使学习不受时间和空间限制,极大地提高学生的自学能力和学习效率。

**方法** 通过全自动扫描平台的扫描与控制软件系统,将传统的玻璃切片进行逐行逐列扫描,通过软件进行无缝拼接,生成包括传统玻璃切片内预取的感兴趣区所有信息,即一整张全视野的数字化切片图像文件。然后在服务器安装在线切片浏览系统,将扫描的数字切片导入服务器建成资源库。借助数字切片教学网络系统,可通过IE浏览器进行数字切片网络浏览、数字切片网络化后台管理。系统自2018年对医学检验专业学生、实习进修生开放,共计200余名学生通过资源库进行常见疾病的形态学习。

**结果** 数字切片资源库取得了较好的教学效果,受到授课教师和学生的一致好评:92%的学生对该系统非常满意;90%的学生认为该系统明显提高了教学效果;96%的学生表示该系统节省了实验学习时间。实验课教师也普遍反映数字切片网络教学系统提高了实验课教学效果,学生的学习兴趣明显提高。

**结论** 在医学院校的形态学教学中,应根据科学技术的发展,不断革新教育教学手段,克服传统教学中的不足之处是教学发展的主题。通过数字切片网络应用与管理系统的建设,克服了传统实验室课学习的限制,实现了以学生为主的教育理念。方便、人性化的教学提升了医学形态学实验教学的效果,进而全面提升形态学实验教学的质量。

PU-6247

## 大肠癌患者粪便脱落细胞中 SLex 表达的检测及临床意义

洪章萍<sup>1</sup>, 夏曙华<sup>2</sup>, 杨兴林<sup>1</sup>

1. 贵阳市公共卫生救治中心

2. 贵州医科大学

**目的** 探讨大肠癌患者粪便脱落细胞中 SLex 的表达及对大肠癌诊断的价值。

**方法** 应用免疫组织化学(S-P)法检测大肠癌患者和非恶性肠道疾病患者粪便脱落细胞中 SLex 的表达情况。

**结果** 大肠癌组 SLex 表达显著高于非恶性肠道疾病组, SLex 表达与大肠癌患者肿瘤的局部浸润程度、Dukes 分期、是否有淋巴结转移相关。

**结论** 采用淘洗过滤法可提取肠道脱落细胞用于肿瘤相关抗原的免疫组化检测, SLex 表达阳性率与大肠癌的发生发展, 恶性程度, 是否转移, 预后密切相关。

PU-6248

## LncRNA-CYTOR works as an oncogene through the CYTOR/miR-3679-5p/MACC1 axis in colorectal cancer

Mingjie Li<sup>1</sup>, Yan'an Wu<sup>1,2</sup>

1. Shengli Clinical Medical College of Fujian Medical University

2. Departments of Clinical Laboratory, Fujian Provincial Hospital

**Objective** The current study aimed to investigate the clinical significance of CYTOR in the prognosis of colorectal cancer (CRC) patients and identify the relevant potential signaling pathways and underlying mechanism of competing endogenous RNA (ceRNA).

**Methods** The RNA-sequencing (RNA-seq) dataset and clinical information of all CRC patients were downloaded from The Cancer Genome Atlas (TCGA). Reverse transcription-quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR) was used to valid the expression patterns of the cytoskeleton regulator RNA (CYTOR) and metastasis-associated in colon cancer-1 (MACC1) in CRC tissues and cell lines. Kaplan-Meier plot and Log-rank test were performed to estimate the patient overall survival (OS) and relapse-free survival (RFS). Cox proportional hazards regression model were used to assess the relative factors. Bioinformatic Analysis was applied to identify CYTOR-related miRNAs and corresponding target genes. LncRNA/miRNA/mRNA networks was constructed. Finally, GO and KEGG analysis were performed by DAVID6.8 tool.

**Results** RT-qPCR indicated that the expression of CYTOR was significantly elevated in CRC tumor tissues and cell lines. Aberrant expression of CYTOR was significantly related to TNM stage, T stage, N stage, perineural and venous invasion. Survival analysis indicated that high-CYTOR expression was associated with poor overall survival (OS) in CRC patients ( $p = 0.0057$ ), and multivariate analysis showed that high-CYTOR expression was an independent prognostic factor which led to poor overall survival. In addition, bioinformatics analysis revealed that there were 18 microRNAs (miRNAs) interacted with CYTOR, and one of them, miR-3679-5p might collaborate with metastasis-associated in colon cancer-1 (MACC1), which was selected for further analysis. Pearson correlation analysis showed a significant positive correlation between the expression levels of CYTOR and MACC1.

**Conclusions** In conclusion, the present study suggested that lncRNA-CYTOR played an important role in tumorigenesis and development of CRC through the CYTOR/miR-3679-5p/MACC1 axis.

## PU-6249

### 侵袭性肺曲霉病体液标志物联合诊断模型的建立及应用

李伟,孙恩华,潘宏伟,李勇,张义  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 评估支气管肺泡灌洗液 (BALF) 与血清中半乳甘露聚糖 (GM 试验), 以及 1,3-β-D 葡聚糖 (G 试验) 联合检测在非粒缺乏患者侵袭性肺曲霉病 (IPA) 中的诊断价值, 探讨非粒缺乏患者 IPA 实验室诊断的最佳组合。

**方法** 前瞻性收集 2015 年 6 月至 2016 年 5 月间于山东大学齐鲁医院就诊的考虑为 IPA 的住院患者数据资料 (排除粒细胞缺乏症患者), 检测血清和 BALF 中半乳甘露聚糖, 同时检测血清 1,3-β-D 葡聚糖; 对患者进行肺穿刺病理组织染色、BLAF 真菌培养、BLAF 真菌荧光染色等病原学检查, 以 2016 IDSA 曲霉病的诊断和管理指南为标准确定是否为 IPA, 利用 ROC 曲线分别分析血清 G 试验、血清 GM 试验、BALF-GM 试验的敏感度、特异度、阳性预测值、阴性预测值, 并通过 logistic 回归将三者数值引入方程, 构建 IPA 诊断模型, 评估联合后的新指标对 IPA 敏感度和特异度。

**结果** 血清 G 试验的敏感度 88.9%, 特异度 85.4%, 阳性预测值 82%, 阴性预测值 91.21%; 血清 GM 试验的敏感度 77.4%, 特异度 92.5%, 阳性预测值 76.0%, 阴性预测值 90.6%; BALF-GM 试验的敏感度 82.6%, 特异度 93.2%, 阳性预测值 76.0%, 阴性预测值 95.1%。经逐步 logistic 回归分析, 血清 GM 被剔除 ( $P=0.178$ , 选入变量的检验标准为  $P<0.05$ , 剔除变量为  $P>0.1$ ), 筛选出有意义的变量为血清 G 试验和 BALF-GM, 构建联合检测 IPA 的诊断模型:  $\text{logit}(Y)=0.36+0.03 \times G - 5.90 \times \text{BALF-GM}$ , 得到新变量 Y 诊断 IPA 的 AUC 为 0.92(95%CI=0.873~0.967), 高于血清 G 试验和 BALF-GM ( $P<0.05$ ), 敏感度为 94.1%, 特异度为 80.2%。

**结论** G 试验和 GM 试验是侵袭性肺曲霉病的重要早期实验室指标, BALF-GM 对 IPA 的诊断效能高于血清 GM 和 G 试验, 联合检测 BALF-GM 和血清 G 试验可进一步提高诊断效能, 可为侵袭性肺曲霉病的早期诊断和治疗提供有力的实验室证据。

## PU-6250

### Diagnostic value of vitamin D status and bone turnover markers in rheumatoid arthritis complicated by osteoporosis

Liming Tan  
the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To research the diagnostic performance of clinical potential bone turnover indexes in rheumatoid arthritis (RA) complicated with osteoporosis (OP).

**Methods** This study involved 87 RA patients, 48 with OP and 39 without OP, 204 non-RA cases, including systemic lupus erythematosus, ankylosing spondylitis, primary Sjogren's syndrome, systemic sclerosis, healthy physical examiners. The levels of 25-hydroxyvitamin D [25(OH)D], β-crosslaps (β-CROSSL), parathyroid hormone (PTH) were measured by electrochemiluminescence (ECLIA), and the level of bone alkaline phosphatase (BALP) was measured by lectin affinity method. Statistical analyses were performed by SPSS software.

**Results** The serum concentration of 25(OH)D of RA with OP group was significantly lower than control group ( $P<0.01$ ), while the levels of  $\beta$ -CROSSL, BALP of RA with OP group considerably exceeded those found in control group ( $P<0.01$ ), and the levels of  $\beta$ -CROSSL, PTH were significantly higher in RA patients with OP than without OP ( $P<0.01$ ), while the level of 25(OH)D was statistically lower than without OP ( $P<0.01$ ); An unconditional logistical regression analysis proved an association with low 25(OH)D and elevated  $\beta$ -CROSSL in RA with OP, with 25(OH)D demonstrating greatest diagnostic potential according to the ROC curve.

**Conclusions** The significant reduced 25(OH)D and excessive  $\beta$ -CROSSL may indicate a high risk of the secondary osteoporosis in RA patients.

## PU-6251

### 血液中 miR-155 对胰腺癌诊断价值的 meta 分析

陈光,李玲,杨晓婷  
潍坊市人民医院,261000

**目的** 探讨血液检测 miR-155 表达水平对胰腺癌的诊断价值。

**方法** 检索 pubmed、万方数据库、中国知网 (CNKI) 等数据库, 获取 2019 年 4 月以前公开发表的 miR-155 诊断胰腺癌的诊断性试验, 按照文献纳入标准进行内容筛选、资料提取和质量评价, 采用 MetaDiSc1.4 及 Stata12.0 软件进行 Meta 分析。

**结果** 经过严格筛选, 共纳入 6 篇文献, 累计 291 例胰腺癌患者和 237 例对照。根据 Meta 分析结果显示, 循环 miR-155 诊断胰腺癌的合并敏感度是 75% (95%CI=0.69~0.79), 合并特异度 81% (95%CI=0.75~0.86), 合并阳性似然比是 3.21 (95%CI=2.02~5.11), 合并阴性似然比是 0.35 (95%CI=0.24~0.52), 合并诊断比值比是 11.30 (95%CI=5.09~25.07)。综合受试者工作特征曲线 (SROC) 下面积 (AUC) 为 0.8424。

**结论** 血液中 miR-155 对于胰腺癌的诊断具有一定的价值。

## PU-6252

### “ESKAPE”在神经外科医源性感染的流行病学研究

刘竞争,郑光辉,吕虹,陈燕,马瑞敏,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探索 2012-2016 年六类严重耐药菌在神经外科医源性感染患者的流行病学研究。

**方法** 收集 2012 年 1 月至 2016 年 12 月首都医科大学附属北京天坛医院神经外科术后患者脑脊液培养阳性的六类耐药菌并分析其分类与耐药问题。

**结果** 5 年来, 脑脊液培养阳性分离株共 2250 株。其中六类致病菌共 523 株, 占 23.2%, 肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌与金黄色葡萄球菌的分离率高于屎肠球菌, 铜绿假单胞菌与肠杆菌属。2012-2016 年神经外科医源性感染金黄色葡萄球菌方面, MRSA 的构成比高达 49%, 肺炎克雷伯菌与鲍曼不动杆菌的碳青霉烯耐药率也高于 40.0%。

**结论** 2012-2016 年间, 六类常见院内感染致病菌在神经系统医源性感染方面耐药较为严重, 尤其是 MRSA, VRE, CRE 等耐药菌的泛滥, 使得临床上选择抗生素对神经外科医源性感染的疗效不容乐观。

## PU-6253

## Long intergenic noncoding RNA LINC00173 may serve as a potential serum biomarker for the diagnosis of non-small-cell lung cancer

Qian Yang

Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Long intergenic non-coding RNA (lincRNA) belongs to a special type of RNA that is unable to encode proteins while proved to have gene regulatory abilities and differential expression in various malignant tumors. In this study, we aimed to identify whether serum lincRNA LINC00173 was differentially expressed in non-small-cell lung cancer (NSCLC) patients and whether it could serve as a potential diagnostic biomarker.

**Methods** The relative expression levels of serum LINC00173 were determined by RT-qPCR. The diagnostic value of LINC00173 in NSCLC was evaluated by the receiver operating characteristic (ROC) curve. Chi-square test was used to analyze the correlation between serum LINC00173 expression and clinicopathological parameters of NSCLC.

**Results** Results showed serum LINC00173 expression was higher in 66 NSCLC patients than that in 65 healthy donors and 36 benign pulmonary diseases (BPD) by qRT-PCR analysis. Receiver operating characteristic (ROC) curves was used to evaluate the diagnostic performance of serum LINC00173, and the area under the curve (AUC) of serum LINC00173 to diagnose NSCLC was 0.8093 (95% CI: 0.7315-0.8871,  $p < 0.001$ ), 0.6092 for BPD (95% CI: 0.5877-0.7927,  $P=0.002$ ) and 0.7742 for small-cell lung cancer (SCLC; 95% CI: 0.6739-0.8746,  $P<0.001$ ). Besides, we established a diagnostic model that included LINC00173, CEA and Cyfra21-1, and found combination of these indicators significantly improved the diagnostic efficiency. Clinicopathological analysis showed the high LINC00173 expression was associated with age, lymph node metastasis and distant metastasis. Furthermore, serum LINC00173 expression in NSCLC patients with tumor recurrence was higher than that of patients after chemotherapy treatment.

**Conclusions** Above all, serum LINC00173 may have potential to be a non-invasive auxiliary diagnostic biomarker for NSCLC patients.

## PU-6254

## 鼻咽癌患者放疗期医院感染的危险因素分析及预防对策

高琳

解放军总医院

**目的** 探究鼻咽癌患者放疗期间医院感染的危险因素并依据患者医院感染的相关危险因素采取相应的预防对策

**方法** 选择 2013 年 1 月-2015 年 10 月医院收治 200 例经病理诊断确诊的鼻咽癌患者为研究对象,分析患者感染的致病菌分布,并对其发生医院感染的相关因素进行单因素及多因素分析,其中多因素分析采用 logistic 回归分析

**结果** 200 例鼻咽癌患者中,放射治疗后共 157 例患者发生医院感染,感染率为 78.5%;患者感染部位中主要以口腔感染为主占 64.3%;感染患者共分离出病原菌 184 株,而病原菌中主要以真菌为主 127 株占 69.0%,革兰阴性菌 40 株占 21.7%,革兰阳性菌 17 株占 9.3%;多因素 logistic 回归分析显示,患者年龄 $\geq 60$  岁,常规放疗、同步化疗、相关侵入性操作、肿瘤分期高、抗菌药物 $\geq 2$  种以及免疫抑制剂使用情况是鼻咽癌患者放疗期发生医院感染的独立危险因素( $P<0.05$ )

**结论** 鼻咽癌患者在医院治疗期部分患者因发生感染,对其治疗和预后有着严重影响,因此详细了解鼻咽癌患者放疗期医院感染的好发部位、病原菌种类以及导致感染的相关危险因素,对于指导临床依据病原菌分布和其耐药情况给予合理抗菌药物。

## PU-6255

### ICU 重症肺炎患者深部真菌感染危险因素分析

吕晓莉

陕西省人民医院,710000

**目的** 探讨 ICU 重症肺炎患者深部真菌感染的危险因素;

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 12 月 44 例 ICU 诊断为重症肺炎合并真菌感染者的临床资料及真菌培养结果和种类,并对感染情况与影响因素进行分析

**结果** 44 例重症患者合并真菌感染者中,基础疾病位于前 3 位分别为慢性阻塞性肺疾病 19 例(43.18%),肺癌及肺转移癌 9 例(20.45%),支气管扩张 5 例(11.36%)。真菌培养结果显示:白色念珠菌占院内侵袭性真菌感染的首位 25 例(56.81%),其次为热带念珠菌 8 例(18.18%),光滑念珠菌 5 例(11.36%),近平滑念珠菌 2 例(4.5%)。患者大量使用广谱抗菌素感染者 28 例,感染率 63.63%,使用免疫抑制剂感染者 13 例,感染率 29.54%,使用激素感染者 11 例,感染率 25.0%。上述患者治疗有效率 96.4%,无效率 3.6%。

**结论** ICU 重症肺炎合并真菌感染与其免疫功能低下、基础疾病多、营养状况差有关。使用广谱抗菌药、激素、呼吸机进行治疗和进行侵入性治疗是引起 ICU 重症患者深部真菌感染的主要危险因素,临床应加强对该方面的重视,以减少肺部真菌感染的发生率。

## PU-6256

### 单中心 7155 例孕妇乙肝梅毒艾滋的检测与分析

安哲

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 研究西北医院孕妇的乙肝、梅毒、艾滋感染率,为本地区实施三种疾病的母婴传播预防工作提供依据。

**方法** 对我院妇产科门诊知情同意后完成相关检测的 7155 例孕妇采集外周静脉血,当日或次日完成检测;HBV-M 五项、TP-Ab、HIV-Ab 采用 ELISA 法检测;TP-Ab 初筛阳性者再进行 TPPA 确证实验,经 TPPA 确证阳性者进一步检测 RPR 定量;HIV-Ab 初筛阳性者进行二次采样并采用不同的两种方法进行复检,复检结果两种试剂均为阳性者送 CDC 进行确证。

**结果** 7155 例孕妇平均年龄 29.3 岁,高龄孕妇占 11.40%;HIV-Ab、TP-Ab 和 HBsAg 阳性率分别为 0.00%、0.36%、3.82%;TPPA 阳性孕妇 23 例,RPR 不同滴度病例构成比分别为:52.17%、30.43%、4.35%、4.35%、8.70%;HBV-M 共检出 12 种模式,HBsAg 阳性率 3.68%,抗 HBc 或抗 HBe 的总阳性率 14.87%,抗 HBs 阳性率 65.6%,HBV 易感人群 29.88%。

**结论** 本次研究结果在过去三年里 7155 例孕妇中存在一定比例的 HBV 和 TP 感染,应进一步加强对育龄妇女的宣传教育,对合并感染孕妇应及时干预以减少胎传疾病发生,推进优生优育;同时存在大量抗 HBs 阴性孕妇,应建议及时接种乙肝疫苗。

## PU-6257

## Clinical diagnostic significance of serum prealbumin, cholinesterase and retinol binding protein in liver cirrhosis combined with hepatic encephalopathy

Liming Tan  
the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** This study aimed to investigate the clinical diagnostic value of serum prealbumin (PA), cholinesterase (ChE), retinol binding protein (RBP) in liver cirrhosis (LC) combined with hepatic encephalopathy (HE).

**Methods** 306 cirrhotic patients, 100 chronic hepatitis B patients and 50 healthy controls were enrolled in this study. Data were compared in LC patients, chronic hepatitis and healthy controls, as well as in cirrhotic patients with/without HE. Logistic regression analysis was undertaken for cirrhotic patients to assess predictive factors for HE. Diagnostic value of PA, ChE, and RBP for LC with HE were evaluated via comparing using areas under the receiver operating characteristic curves (AUCs).

**Results** Differences of ALT, AST,  $\gamma$ -GT, ALP, TBIL, ALB, PT, PA, ChE, RBP and HE rate among cirrhotic patients, chronic hepatitis patients and healthy controls were statistically significant ( $P < 0.001$ ). PA, ChE, RBP showed significant differences between LC with HE and without HE groups ( $P < 0.001$ ). Logistic regression analysis showed low PA, ChE, RBP levels were significant predictors for LC with HE. Serum PA, ChE and RBP showed significant differences among Child-Pugh groups in HE patients ( $P < 0.05$ ). The AUCs of PA, ChE and RBP for diagnosing LC with HE were 0.839, 0.807 and 0.725, respectively.

**Conclusions** Serum PA, ChE and RBP levels are of great important clinical value in diagnosis of LC complicated with HE.

## PU-6258

## Downregulation of miR-196b promotes glioma cell sensitivity to temozolomide chemotherapy and radiotherapy

Ruimin Ma, Guanghui Zheng, Chunqing Shao, Jingzheng Liu, Hong Lv, Guojun Zhang  
Beijing Tiantan Hospital, Capital Medical University

**Objective** Human glioma is the most common type of primary brain tumor. The survival rate of people with a malignant glioma is extremely low, primarily due to a lack of effective treatments.

**Methods** We previously reported that miR-196b expression is upregulated in glioblastoma tissues and overexpression of miR-196b is associated with poor patient prognosis. miR-196b acts as an oncogene by enhancing cellular proliferation and increasing the expression of E2F1, which plays an important role in the PI3K/AKT signaling pathway. In the present study, we explored the effects of miR-196b expression on glioma cells and characterized the relationship between miR-196b expression and the PI3K/AKT signaling pathway. We found that downregulation of miR-196b decreased the proliferation of U87 and U251 glioma cells. When anti-miR-196b and radiotherapy were used together, cellular proliferation decreased, whereas apoptosis and caspase 3/7 activity, an indicator of apoptosis, increased. Meanwhile, downregulation of miR-196b remarkably inhibited glioma cell growth and colony formation when concurrent with temozolomide administration.

**Results** Further studies demonstrated that neither upregulation nor downregulation of miR-196b markedly changed the protein expression levels of downstream molecules in the PI3K/AKT

signaling pathway in cellular experiments. Therefore, whether miR-196b plays a role by activating the PI3K/AKT signaling pathway has not yet been determined. Together, our findings indicate that downregulation of miR-196b increased glioma cell sensitivity to temozolomide chemotherapy and radiotherapy and may be a valuable target when treating malignant gliomas.

**Conclusions** However, further studies are required to accurately characterize the mechanism by which miR-196b elicits its pivotal roles.

## PU-6259

### Clinical Significance of Detecting HLA-DR,14-3-3 $\eta$ Protein, D-dimer in the Diagnosis of Rheumatoid Arthritis

Liming Tan

the Second Affiliated Hospital of Nanchang University

**Objective** To investigate the clinical significance of detecting HLA-DR (HLA-DR4,HLA-DR53),14-3-3 $\eta$  protein, D-dimer(DD) collectively in the diagnosis of rheumatoid arthritis (RA).

**Methods** 128 patients with RA,174 Non-RA patients and 80 healthy controls from the second affiliated hospital of Nanchang University were enrolled in this study .HLA-DR4,HLA-DR53 were detected by PCR-SSP method, with 14-3-3 $\eta$  protein, anti-cyclic citrullinated peptide(anti-CCP), anti-Sa detected by ELISA , DD was detected by latex immunoturbidimetric assay (LITM). Then analyzed the results respectively.

**Results** (1) The positive rates of HLA-DR4,HLA-DR53,14-3-3 $\eta$  protein, anti-CCP, anti-Sa were obviously higher in RA group(43.8%, 38.3%, 51.6%, 80%, 40.6% respectively ), and DD had the highest positive rate (49.2%) in systemic lupus erythematosus (SLE) group. (2)OR values of HLA-DR4,HLA-DR53,14-3-3 $\eta$  protein, DD, anti-CCP and anti-Sa were 5.444,3.515,13.130,9.800,153.000,17.561 respectively, showing that they were strongly correlated with RA. (3)In RA group, anti-CCP was of highest sensitivity (79.68%) ,highest specificity(97.5%) and Youden index(0.77). Youden index was significantly increased in parallel detection and specificity of the series detection increased obviously, too. (4)The consistency analysis showed that HLA-DR4, HLA-DR53, anti-CCP, anti-Sa were highly consistent with each other, with kappa values greater than 0.6. (5)The area under the ROC curve (AUC) of 14-3-3 $\eta$  protein, DD, anti-CCP, anti-Sa were 0.813,0.859,0.930,0.861, respectively, indicating high diagnosis rates of RA.

**Conclusions** All indicators were strongly correlated risk factors for RA, and the consistency between HLA-DR4, HLA-DR53, anti-CCP and anti-Sa was high, and the combination of multiple indexes might be very useful for diagnostic and therapeutic strategies in RA of recent onset.

## PU-6260

### 血清隐球菌抗原滴度与肺隐球菌病相关研究

朱波,马晓波,洪国舜

厦门大学附属第一医院

**目的** 了解临床肺隐球菌病患者血清隐球菌抗原的滴度分布, 回顾分析血清隐球菌抗原滴度与肺隐球菌病诊断的意义

**方法** 对临床病理确认的肺隐球菌病患者, 用胶体金法测定血清中的隐球菌抗原的滴度, 对临床病例进行回顾性分析。

**结果** 临床病理学确诊肺部隐球菌感染患者, 其血清隐球菌抗原滴度从 1:2-1:640。另有部分患者未在血清中测出隐球菌抗原。



**结论** 隐球菌抗原滴度可以辅助诊断肺隐球菌病，部分患者是隐球菌携带者，应随访。

## PU-6261

### FecA2 与 KL64 型高毒力高耐药肺炎克雷伯菌毒力相关性研究

吕晶南<sup>1</sup>, 杜鸿<sup>1</sup>, 陈亮<sup>2</sup>

1. 苏州大学附属第二医院, 215000

2. 罗格斯大学

**目的** 明确 FecA2 在 KL64 型高毒力高耐药肺炎克雷伯菌在致病中的作用。

**方法** 回顾性筛选 52 株 ST11 型碳青霉烯耐药高毒力肺炎克雷伯菌。运用多重 PCR 明确 pLVPK-like 相关的毒力基因以及 KL 分型进行。利用 Southern blot 筛选携带 pLVPK-like 的临床分离的 CR-hvKp 菌株并通过蜡螟幼虫感染模型做进一步的确定。利用普通 PCR 检测 fecA2 基因，分析在 KL47 型以及 KL64 型 CR-hvKp 中 fecA2 基因的阳性携带率，以及不同年份收集的菌株中的检出率变化。

**结果** 52 株 ST11 的菌株中主要对应两种荚膜多糖分型，KL47 (11/52, 21.2%)、KL64 (41/52, 78.8%)。经 S1 核酸酶消化后，PFGE 电泳图谱显示 11 株 KL47 和 41 株 KL64 的菌株中都存在 2-3 个质粒。进一步杂交显示，KL47 rmpA 基因都定位在质粒上，大小近似，约 ~210kb。KL64 rmpA 基因都定位在质粒上，~210kb，大小一样。与毒力质粒 pLVPK (AY378100) 进行了同源比对，所有 52 株 ST11 碳青霉烯耐药肺炎克雷伯菌全部携带与 pLVPK 类似的质粒，该质粒与 pLVPK 质粒的大部分同源。蜡螟幼虫感染模型，24 小时后 KL64 存活率约为 45%，KL47 存活率约为 80%。7 天后 KL64 存活率约为 20%，KL47 存活率约为 45%。PCR 结果表明 KL64 中 fecA2 阳性携带率为 73.1% (38/52)，KL47CR-hvKp 全部表现为 fecA2 基因缺失。

**结论** 中国分离的 ST11 型碳青霉烯耐药的肺炎克雷伯菌主要有两大群 clade1 和 clade2, 即 KL47 和 KL64。这两种都能携带 pLVPK 类似的毒力质粒。并且携带 pLVPK 类似的毒力质粒 KL64 比值携带 pLVPK 类似的毒力质粒 KL47 的毒力更高。fecA2 可能与 KL64 型碳青霉烯耐药的高毒力肺炎克雷伯菌引起感染密切相关。

## PU-6262

### 肺炎链球菌感染的临床特征与耐药性分析

方雪瑶

南昌大学第二附属医院, 330000

**目的** 对我院肺炎链球菌分离株的分布特点及耐药率变迁进行分析，为临床治疗提供病原学依据

**方法** 对 2014 年-2018 年南昌大学第二附属医院送检标本采用 VITEK-2 Compact 鉴定分析仪，VITEK MS 质谱仪、Optochin 试验及胆汁溶解试验对细菌进行鉴定；用 AST-GP68 药敏卡及纸片扩散法对抗菌药物进行体外药敏试验，并用 E-test 进行青霉素补充药敏试验，使用 WHONET5.6 软件分析临床特征和耐药性。

**结果** 共分离获得 448 株肺炎链球菌，标本主要来源于痰液标本占 63.17%，脓液标本 27.68% 和血液标本 3.79%；收集标本中儿童组 (<14 岁)、老年组 (>60 岁) 和 14~60 岁组患者肺炎链球菌分离率分别为 7.36%、51.79% 和 40.85%；此外，春冬季检出率明显高于夏秋季，其中春、夏、秋、冬季检出率分别为 30.14%、18.30%、18.97% 和 32.59%；分析药敏结果显示，肺炎链球菌对复方新诺明、四环素和红霉素的 5 年平均耐药率最高，分别为 55.48%、69.56% 和 90.66%，对左氧氟沙星 (2.05%)、头孢曲松 (9.97%) 和美罗培南 (13.47%) 的 5 年平均耐药率较低，未发现泰利霉素、莫西沙星、万古霉素和利奈唑胺耐药株；依据非脑膜炎口服给药折点判读显示，我院

近 5 年分离的肺炎链球菌对青霉素耐药率均 $\geq 25.00\%$ ，不同年份肺炎链球菌对临床常见抗菌药物的耐药率略有差别。

**结论** 我院肺炎链球菌主要来源较广，以痰液为主，老年人为主要易感人群，感染好发于秋冬季；肺炎链球菌对青霉素耐药性较严重，对左氧氟沙星、头孢曲松及美罗培南敏感性较高，未发现泰利霉素、莫西沙星、万古霉素和利奈唑胺耐药株。

PU-6263

## 微生物检验技术研究

李思齐

山东省千佛山医院,250000

**目的** 大多致病源来自于食品，所以对食品微生物安全的检查是至关重要的，检测技术是至关重要的。

**方法** 从微生物的角度出发，代谢学技术，抗体的方法，分子生物学技术、仪器法。

**结果** 发现许多电阻抗法、快速酶法及代谢产物检验、微量升华法、ATP 生物发光法、放射检测技术；乳胶凝集反应，酶联免疫吸附法；核酸探针技术，PCR 技术；流式细胞术，免疫磁性微球，电阻电导检测器，VITEK-AMS，VIDAS 全自动免疫分析仪，质谱技术，拉曼光谱仪等微生物检验技术。

**结论** 由于微生物种类复杂，也可能有所改变，随着科技的发展，对微生物检验技术，进行总结，发现了许多新的微生物技术，为临床提供了方便。

PU-6264

## High expression of UBE2C is associated with the aggressive progression and worse outcome of malignant glioma

Ruimin Ma

Beijing Tiantan Hospital, Capital Medical University

**Objective** Ubiquitin-conjugating enzyme E2C (UBE2C) is one of the key regulators of cell cycle progression and involve in the tumorigenesis of a variety of cancer.

**Methods** Recent studies have demonstrated that UBE2C plays a role in the malignant progression of astrocytic tumors. However, the correlation between UBE2C expression and clinical prognosis of glioma patients has not been defined. In the present study, the expressions of UBE2C in gliomas and normal brain tissues were detected by microarray and immunohistochemistry analysis. The correlation between UBE2C expression and clinicopathological factors was evaluated. Kaplan-Meier method and multivariable Cox proportional hazards model were used in survival analysis.

**Results** The results showed that the expression levels of UBE2C in anaplastic gliomas and glioblastoma patients were significantly higher than low-grade gliomas both in microarray and immunohistochemistry analysis. Patients with higher UBE2C expression tissues had significantly decreased overall survival both in anaplastic gliomas ( $P < 0.01$ ) and glioblastoma patients ( $P < 0.05$ ). Multivariate analysis of 80 GBM patients showed that UBE2C expression was an independent prognostic factor. Our data suggest for the first time that UBE2C overexpression is strongly related to the aggressive progression and worse outcome of malignant glioma.

**Conclusions** Thus, UBE2C overexpression can be used as an unfavorable predictor for prognosis of malignant glioma patients.

## PU-6265

## 三种间充质干细胞对巨噬细胞极化状态调节能力的对比研究

卢海源,刘文恩  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 间充质干细胞 (Mesenchymal stem cell, MSC) 的免疫调节是其发挥治疗作用的重要机制。但 MSC 组织来源十分广泛,而干细胞所处的微环境对其生物学特性具有重要影响,因此,不同组织来源的 MSC 可能存在免疫调节能力的差异。本研究对比了人脂肪 (ADSC)、脐带 (UCMSC)、子宫内膜 (EMSC) 来源的 MSC 对巨噬细胞极化状态调节的差异。

**方法** 小鼠巨噬细胞系通过 transwell 与三种 MSC 分别进行非接触式共培养 24h 后,用 LPS 刺激巨噬细胞 4 小时,随后继续共培养 24h。使用流式细胞术检测 M1、M2 型细胞所占比例。使用 q-PCR 检测共培养后的巨噬细胞中 M1、M2 相关基因的表达水平。使用分光光度计法检测细胞上清中 NO 的浓度。

**结果** 与三种 MSC 非接触共培养并经 LPS 刺激后,巨噬细胞中促炎的 M1 型所占比例均显著下调,抑炎的 M2 型细胞逐渐增多,而与 ADSC 共培养后 M1 型所占比例显著低于 UCMSC 和 EMSC 组,其 M2 型所占比例显著高于另外两组。ADSC 共培养组中 M1 型相关基因 TNF- $\alpha$  和 IL-1 $\beta$  的表达较对照组均显著下调,M2 型相关基因 CD36 和 Arg-1 的表达显著升高;而 UCMSC 和 EMSC 共培养组中巨噬细胞基因表达变化趋势不统一。与 ADSC 共培养的巨噬细胞上清中由 M1 型细胞分泌的 NO 浓度明显低于其他实验组。而 UCMSC 和 EMSC 组中 NO 浓度与对照组相比未见差异。

**结论** 三种 MSC 均可显著抑制巨噬细胞向促炎的 M1 型极化,促进其向抑炎的 M2 型极化,其中以 ADSC 的调节效应最强

## PU-6266

## 基于 mVOCs 为标记物快速鉴定病原菌的研究进展

刘衍伶  
南昌大学第二附属医院,330000

**目的** 细菌挥发性代谢产物 (microbial Volatile Organic Compounds, mVOCs) 是细菌在生命活动过程中,经多种代谢途径产生的一大类低分子量、低沸点、高蒸气压的次级代谢产物,可作为细菌生命活动过程的“化学信息分子”。越来越多的研究证实不同种属的细菌具有特异性的 VOCs 谱,或是存在疾病相关性 VOCs 谱,是目前国内外研究热点之一。随着对 mVOCs 认识的加深,现代分子生物学的发展以及检测技术的提高,mVOCs 作为细菌鉴定生物标志物的潜力巨大。现就 mVOCs 的性质,检测方法,mVOCs 在细菌鉴定方面的应用及在感染性疾病诊断的临床应用综述如下。

**方法** mVOCs 在细菌鉴定方面的应用及在感染性疾病诊断的临床应用综述如下。

**结果** mVOCs 在细菌鉴定方面的应用及在感染性疾病诊断的临床应用综述如下。

**结论** 细 mVOCs 在细菌鉴定方面的应用及在感染性疾病诊断的临床应用综述如下。

PU-6267

## 雷度 ABL90 与 IL GEM3000 血气分析仪 检测结果一致性的评价

杨佳

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 通过将丹麦雷度 ABL90 血气分析仪与美国 IL GEM3000 血气分析仪的检测结果进行比对, 判断两仪器的检测结果的一致性。

**方法** 采集两种血气分析仪对病人动脉全血样本以及质控品检测得到的数据, 运用相关统计学知识进行分析。

**结果** 丹麦雷度 ABL90 血气分析仪检测两种样本分别得到的结果对 pH、pCO<sub>2</sub> 和 pO<sub>2</sub> 具有良好的相关性, 可被临床接受。

**结论** 两种血气分析仪一致性较好, 均可为临床诊断和治疗提供依据。

PU-6268

## MSC 对小鼠下肢缺血模型中 B 细胞分布 的调节作用研究

卢海源, 刘文恩

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 应用间充质干细胞 (Mesenchymal stem cell, MSC) 进行下肢缺血治疗, 可促进缺血部位的血管再生, 并最终显著降低缺血下肢的截肢率。而 MSC 的免疫调节作用是其发挥治疗效应的重要机制, B 细胞是在缺血性疾病康复中起重要调节作用的免疫细胞。本研究使用裸鼠构建下肢缺血模型, 并应用脂肪来源间充质干细胞 (ADSC) 进行治疗三天后, 分析了小鼠脾脏、骨髓、外周血和淋巴结中 B 细胞的分布变化。

**方法** 使用裸鼠经下肢股动脉结扎术构建缺血模型, 模型构建 24h 后, 经尾静脉注射给予 ADSC 治疗 ( $1 \times 10^5$ ), 3 天后颈椎脱臼法处死小鼠, 分别取脾脏、股骨骨髓、外周血、左右腹股沟淋巴结进行研磨或破红后, 行流式细胞术检测 B 细胞数量。

**结果** 与对照组相比, 治疗组小鼠脾脏中 B 细胞总数未见明显变化, 其中滤泡 B 细胞和边缘区 B 细胞的比例也未见差异; 骨髓中 B 细胞总数和 mature B 细胞数量未见变化; 但经 ADSC 治疗后, 外周血 B 细胞总数和 immature B 细胞数量均显著升高; 小鼠缺血侧和健康侧腹股沟淋巴结中 B 细胞数量均显著增多。

**结论** 经 ADSC 治疗后短时间内, 模型小鼠机体中骨髓和脾脏中 B 细胞与对照组比未见显著变化, 而外周血和腹股沟淋巴结中出现了更多 B 细胞的归巢。这一 B 细胞归巢状况的差异, 可能是 MSC 发挥其对下肢缺血修复作用的重要机制。

## PU-6269

## 多指标联合检测对儿童呼吸道感染病原学的诊断价值

唐小凤

兰州市第一人民医院

**目的** 研究超敏 C-反应蛋白 (hs-CRP)、降钙素原 (PCT) 与血清淀粉样蛋白 A (SAA) 联合诊断在儿童呼吸道感染病原学诊断中的应用价值。

**方法** 选取 2018 年 11 月至 2019 年 3 月因呼吸道感染就诊我院的 400 例儿童患者纳入研究, 对其资料进行回顾性分析, 将其分为细菌感染组 (163 例) 与病毒感染组 (237 例), 并选择同期体检的健康儿童作为健康对照组 (60 例), 比较三组的血清 hs-CRP、PCT 和 SAA 水平, 并计算 SAA/PCT 和 SAA/hs-CRP 比值。

**结果** 1) 细菌感染组与健康对照组血清 hs-CRP、PCT、SAA 水平有统计学差异 ( $P<0.05$ ); 2) 病毒感染组与健康对照组血清 SAA 和 hs-CRP 水平有统计学差异 ( $P<0.05$ ), PCT 水平无统计学差异 ( $P>0.05$ ); 3) 细菌感染组与病毒感染组 hs-CRP、PCT 水平有统计学差异 ( $P<0.05$ ), 血清 SAA 水平无统计学差异 ( $P>0.05$ ); 4) 病毒感染组 SAA/PCT 和 SAA/hs-CRP 比值明显高于健康对照组。

**结论** hs-CRP、PCT、SAA 联合检测对儿童呼吸道感染具有较高的诊断价值。其中 PCT 对于细菌感染的敏感性最高, SAA 在病毒感染时升高比 hs-CRP 更明显, SAA/PCT 和 SAA/hs-CRP 比值显著增高可作为病毒感染的重要评价指标。

## PU-6270

## 血清淀粉样蛋白 A(SAA) 在手足口病病原分型与临床分期中的诊断价值研究

吴亦栋, 赵昕峰, 周俊

杭州市儿童医院

**目的** 探索 SAA 在手足口病主要肠道病毒型中的滴度分布特征及与重症手足口病间的相互关系, 为 SAA 在手足口病患者中的诊断提供新参考。

**方法** 随机选取 2017-2018 年手足口病流行期间我院 815 例实验室确诊病例作为研究对象, 采用散射比浊法检测 SAA 水平, 采用荧光定量 RT-PCR 方法检测手足口病肠道病毒 EV71 型、CA16 型、CA6 型、CA10 型和其他型肠道病毒; SAA 与肠道病毒分型、临床分期等相关指标进行统计学分析。

**结果** EV71 ( $n=108$ ) SAA 值 13.85 (8.2, 37.05) mg/L, CA16( $n=39$ )SAA 值 73.10 (25.7, 158.3) mg/L, CA6( $n=472$ ) SAA 值 156 (122.1, 176.6) mg/L, CA10( $n=63$ ) SAA 值 148 (131, 172.9) mg/L, 未分型肠道病毒( $n=133$ )值 146.9 (121.9, 171.5) mg/L, SAA 在常见肠道病毒型间滴度差异有统计学意义 (Kruskal-Wallis 值: 204.94,  $p=0.000$ ); 以 SAA-EV71 为实验组, 非 EV71 型 SAA 为对照组, 建立 SAA 诊断 EV71 型手足口病 ROC 曲线下面积 AUC 为 0.907 (95%CI:0.884-0.926), 取 SAA=92.1 ml/L 为阈值, 其灵敏度为 93.52%, 特异度为 81.05%; 危重症 ( $n=11$ ) SAA 值 17.00 (5.80, 24.30) mg/L, 重症 ( $n=82$ ) SAA 值 18.00 (9.30, 49.90) mg/L, 普通型 ( $n=722$ ) SAA 值 148.90 (112.20, 174.60) mg/L, 普通型手足口病 SAA 与危重症和重症比较差异具有统计学意义 (Kruskal-Wallis 值: 119.882,  $p=0.000$ ); 以临床分期重症及以上为因变量行自变量 SAA、肠道病毒分型、性别和年龄二元 Logistic 回归分析, EV71 与重症手足口病高度相关 ( $p<0.05$ ), SAA 值与重症手足口病无相关 (Wald 值 0.3275,  $p=0.5671$ )。

**结论** SAA 值在手足口病常见肠道病毒型间分布有统计学差异,以 SAA 值 $\leq 92.1$  ml/L 对鉴别诊断 EV71 型手足口病具有较好敏感度和特异性;SAA 辅助诊断手足口病临床分期与肠道病毒分型存在混杂因素关系,进行多因素回归分析,SAA 值与重症手足口病之间没有关系。

## PU-6271

### 脑胶质瘤恶性进展关键 microRNAs 的表达研究

马瑞敏

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 寻找影响胶质瘤恶性进展的关键 microRNAs。

**方法** 使用 microRNAs 表达谱芯片检测 198 例不同级别胶质瘤组织标本中 microRNAs 的表达情况,之后挑选代表性的差异表达 microRNAs,采用荧光定量 PCR 方法进行验证。在人胶质瘤细胞系,通过 MTT 试验、平板克隆形成试验、细胞周期试验,探讨关键 microRNAs 对肿瘤细胞增殖能力的影响。

**结果** 相对于Ⅱ级胶质瘤组织,在Ⅲ级胶质瘤组织中表达上调的包括 miR-374a、miR-590-3p、miR-374b、miR-29c、miR-153 等,而 let-7c、miR-544、let-7a、miR-132、miR-7d 等则表达下调。对 miR-374a、miR-544 的表达水平进行验证,结果与芯片方法一致。人胶质瘤 H4 细胞转染 miR-374a mimics 后,细胞生长率明显增高,细胞克隆数量明显增加。H4 细胞转染 miR-544 mimics 后,细胞生长率明显降低,细胞克隆数量明显减少。与Ⅱ级或Ⅲ级胶质瘤组织相比,miR-196b 在Ⅳ级胶质母细胞瘤组织中表达水平明显增高,转染 miR-196b 可明显增加 U251 细胞的生长率,S 期细胞比例增加。

**结论** 在不同级别胶质瘤中差异表达的 miR-374a、miR-544、miR-196b,可能是通过影响细胞增殖能力推动胶质瘤恶性进程。

## PU-6272

### Protection of peritoneal membrane by peritoneal dialysis effluent-derived mesenchymal stromal cells in a rat model of chronic peritoneal dialysis

Ian Zhou<sup>2</sup>,MING ZONG<sup>1</sup>,QIUNONG GUAN<sup>1,2</sup>,LIEYING FAN<sup>1</sup>,GAIGAN DU<sup>2</sup>

1.Shanghai east hospital

2.University of British Columbia

**Objective** Peritoneal dialysis (PD) is a renal replacement option for patients with end-stage renal disease. However, a long-term exposure to hypertonic PD solutions leads to peritoneal membrane (PM) injury, resulting in ultrafiltration (UF) failure. This study primarily evaluated efficacy of PD effluent-derived mesenchymal stromal cells (pMSCs) in the prevention of PM injury in rats.

**Methods** pMSCs were isolated from PD effluent. Male Wistar rats received daily intraperitoneal (IP) injection of 10 mL of Dianeal (4.25% dextrose), and were treated with pMSCs ( $10^6$ /rat, twice a week, IP). UF was determined by IP injection of 30 mL of Dianeal (4.25% dextrose) with dwell time of 1.5 h, and PM injury by histology. Apoptosis was quantitated by using flow cytometric analysis, and gene expression by using PCR array and Western blot.

**Results** As compared to naive control, daily IP of the Dianeal PD solution for 6 weeks without pMSC treatment significantly reduced UF, which was associated with an increase in both PM thickness and blood vessel, while pMSCs treatment prevented the UF loss and reduced PM injury

and blood vessels. In vitro, incubation with pMSCs-conditional medium prevented cell death in cultured human peritoneal mesothelial cells (HPMCs) and downregulated pro-inflammatory gene expression in activated THP1 cells.

**Conclusions** In conclusion, pMSCs prevents bioincompatible PD solution-induced PM injury and UF decline, suggesting that IP infusion back of ex vivo-expanded pMSCs may have therapeutic potential for reduction of UF failure in PD patients.

## PU-6273

### 脓毒症病人血清对间充质干细胞生物学特性影响的初步研究

卢海源,张媛媛,刘文恩  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 研究脓毒症病人血清对间充质干细胞 (mesenchymal stem cell, MSC) 增殖、迁移和表面标记分子表达等生物学特性的影响。

**方法** 实验分为三组,分别为对照组,正常组与菌血组。对照组中 MSC 采用常规胎牛血清培养,正常组中 MSC 采用健康正常人血清培养,菌血组中 MSC 用血液存在明显感染的患者血清进行培养。采用 MTT 法测定三个组别所培养的 MSC 的增殖活性,采用划痕法测定三个组别 MSC 的迁移能力,使用流式细胞仪分别测定三组 MSC 的细胞表面分子 CD54 与 CD106 的表达情况。

**结果** 对照组与正常组的 MSC 在增殖活性,迁移能力以及 CD54 及 CD106 的表达情况上均无明显差异,而菌血组的 MSC 与对照组、正常组相比,迁移能力明显增强,迁移率由约 50%增加至约 80%,CD54 表达阳性率增加,由约 60%增加至约 78%,而增殖活性及 CD106 表达无明显差异,增殖指数均约为 1.0,CD106 的表达阳性率均约为 1%-2%。

**结论** 脓毒症病人血清可显著增强 MSC 的迁移能力,但对其增殖能力无明显影响,细胞表面 CD54 表达水平显著上调,而 CD106 表达无明显变化。

## PU-6274

### 脑血管病患者血清甲状腺激素水平检测的临床意义

马瑞敏,刘竞争,郑光辉,刘志伟,吕虹,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 通过大样本研究了解不同类型脑血管病患者甲状腺激素水平的变化。

**方法** 选取 4496 例脑血管病患者,包括脑出血患者 1060 例、脑梗死患者 3145 例、头颈部动脉狭窄患者 25 例、短暂性脑缺血发作 (transient ischemic attack, TIA) 患者 266 例,另外选取 2516 名健康体检者为对照组,采用化学发光免疫分析方法,检测血清中 FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub>、T<sub>3</sub>、T<sub>4</sub>、TSH 水平。

**结果** 脑血管病患者与对照组相比,FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub>、T<sub>3</sub>、T<sub>4</sub>、TSH 在两组之间的差异均有统计学意义。脑血管病患者血清 FT<sub>3</sub>、T<sub>3</sub>、T<sub>4</sub>、TSH 水平低于对照组,FT<sub>4</sub> 高于对照组。将脑血管病患者进一步分为脑出血组、脑梗死组、头颈部动脉狭窄组及 TIA 组等 4 组,与对照组比较,FT<sub>3</sub>、FT<sub>4</sub>、T<sub>3</sub>、T<sub>4</sub>、TSH 在 5 组之间的差异均有统计学意义。FT<sub>3</sub>、T<sub>3</sub>、TSH 在各组中位数均为脑出血组<脑梗死组<头颈部动脉狭窄组<TIA 组,FT<sub>4</sub> 在各组中位数为脑出血组>脑梗死组>TIA 组>头颈部动脉狭窄组, T<sub>4</sub> 在各组中位数为脑出血组>脑梗死组>头颈部动脉狭窄组>TIA 组。

**结论** 甲状腺激素水平变化可反映不同类型脑血管患者病情严重程度,是辅助诊断的重要指标。

## PU-6275

## 半定量粪便 Hp 抗原金标法检测在幽门螺杆菌感染诊断中的准确性及临床应用价值评价

姬鹏宇,李伟,张磊  
兰州大学第一医院,730000

**目的** 评估半定量粪便 Hp 抗原金标法在幽门螺杆菌感染诊断中的准确性及临床应用价值评价, 筛选最佳检测方法, 为临床诊疗提供思路。

**方法** 采用随机、双盲、双验证和与  $^{13}\text{C}$  呼气试验对比的方法, 对 145 例接受  $^{13}\text{C}$ -BUT 检测的患者, 采用幽门螺杆菌抗原检测试剂盒(胶体金法)检测粪便幽门螺杆菌抗原, 并将金标试纸条反应线做灰度扫描, 分为 5 级(-,  $\pm$ , +, 2+, 3+), 以  $^{13}\text{C}$ -BUT 检测结合胃镜检查结果为诊断幽门螺杆菌感染的“金标准”, 并将两者进行对比研究, 所有检测结果均拍照存档, 采用随机、双盲和双验证法, 以期客观真实地评价幽门螺杆菌抗原检测试剂盒检测粪便幽门螺杆菌的效果。

**结果** 幽门螺杆菌抗原检测试剂盒检测幽门螺杆菌抗原总敏感度为 92.1%, 特异度为 81.3%, youden 指数为 73.4%, 检测 ROC 曲线下面积为  $0.76\pm0.038$ ; 剔除掉“ $\pm$ ”标本即只以“+”, 2+, 3+”为阳性, 则诊断敏感度为 92.1%, 特异度为 95.3%, youden 指数为 87.4%, 检测 ROC 曲线下面积为  $0.89\pm0.068$ 。

**结论** 粪便幽门螺杆菌抗原检测试剂盒在检测幽门螺杆菌感染时建议对试纸条反应线做灰度扫描分级, 使检测结果更具有临床诊疗价值。

## PU-6276

## IFN- $\gamma$ 在 9 种单病原菌性血流感染小鼠模型中的表达及意义

杨明  
中南大学湘雅三医院,410000

**目的** 探讨 IFN- $\gamma$  浓度在 9 种临床常见的单病原菌性血流感染小鼠模型中的动力学变化及在区分不同病原菌感染中的价值

**方法** 建立金黄色葡萄球菌、粪肠球菌、屎肠球菌、大肠杆菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、变形杆菌和白色念珠菌标准菌株的 CD-1(ICR)小鼠血流感染模型, 然后用蛋白液相芯片(Millipore)技术检测各实验组和 PBS 对照组感染后 0.5h、1h、3h、6h、12h、24h 和 48h 时血清中 IFN- $\gamma$  的浓度。

**结果** 对照组小鼠血清中 IFN- $\gamma$  的浓度极低, 而金黄色葡萄球菌组、粪肠球菌组和屎肠球菌组 IFN- $\gamma$  浓度均于细菌入血后 12h 时达峰值, 分别为  $(863.4\pm80.4)$  pg/mL、 $(1618.0\pm150.0)$  pg/mL 和  $(432.2\pm200.0)$  pg/mL; 而 G-菌除铜绿假单胞菌组外均于感染后 6 h 时达峰值。大肠杆菌组、肺炎克雷伯菌组、鲍曼不动杆菌组和变形杆菌组峰浓度分别为  $(4051.0\pm 500.0)$  pg/mL、 $(8918.8\pm1591)$  pg/mL、 $(6663.4\pm1537.7)$  pg/mL 和  $(14768.5\pm4516.0)$  pg/mL; 白色念珠菌感染后 24h 时 IFN- $\gamma$  的浓度达峰值, 为  $(39.4\pm8.0)$  pg/mL。G<sup>+</sup>菌组与 G-菌组或白色念珠菌组相比, G<sup>+</sup>菌组与白色念珠菌组相比, IFN- $\gamma$  浓度的差别有统计学意义 ( $P<0.05$ )

**结论** IFN- $\gamma$  在病原菌感染早期即明显升高且不同种类细菌感染后达峰时间各不相同, G-菌感染后 IFN- $\gamma$  浓度升高最快且幅度最大, G<sup>+</sup>菌次之, 白色念珠菌感染后升高最慢且幅度最小。联合运用 IFN- $\gamma$  等炎症指标可能在细菌性血流感染的早期诊断和鉴别不同病原菌感染方面有一定价值



## PU-6277

## 安贞医院碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌耐药表型和基因型 及对患者预后影响的分析

刘玉磊<sup>1</sup>, 刘碧荷<sup>1,2</sup>

1.首都医科大学附属北京安贞医院,100000

2.首都医科大学

**目的** 统计安贞医院 2017 年-2019 年碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌耐药表型 MIC 分布等流行病学数据,明确碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌分离株产酶基因型,分析碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌感染对患者住院期间死亡率、康复出院率、ICU 留住天数等预后结果的影响。为我院抗 CRE 感染合理选择抗生素及评估患者预后提供数据支持。

**方法** 收集 2017 年-2019 年安贞医院就诊的住院患者分离碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌分离株。通过药敏试验明确分离菌株耐药表型及对常用抗生素的 MIC 分布。通过 KPC、NDM、OXA、IMP、SIM、VIM 碳青霉烯酶特异性引物进行扩增测序明确产酶基因型。收集 CRE 感染患者及同期非 CRE 感染患者的住院期间死亡率、康复出院率、ICU 留住天数、住院天数、呼吸机使用时长等数据并进行组间差异性统计分析。

**结果** 共分离收集到 50 株分重复 CRE 菌株。其中肺炎克雷伯菌 41 株占 82%,大肠埃希菌 3 株占 6%,阴沟肠杆菌 3 株占 6%,产酸克雷伯菌 2 株占 4%,弗劳地柠檬酸杆菌 1 株占 2%。分离菌株对亚胺培南、美罗培南的 MIC 分布 MIC<sub>90</sub> 均 $\geq 64\mu\text{g/ml}$ , MIC $\geq 16\mu\text{g/ml}$  的菌株占 87%。进行扩增测序的 40 株 CRE 菌株中,检出产 KPC 酶基因的菌株有 38 株(95%),产 blaNDM 酶基因有 10 株(25%),产 blaOXA 酶基因的菌株 6 株(15%),同时携带产 blaKPC 酶和 blaNDM 酶两种基因的菌株 8 株(20%),未检出带有产 IMP、SIM 和 VIM 型酶基因的菌株。CRE 感染患者组和非 CRE 感染患者住院期间死亡率分别为 22/50 和 10/66 ( $P<0.05$ ),康复出院率分别为 20/50 和 45/66 ( $P<0.05$ ),ICU 留住天数中位数分别为 5 天和 1 天 ( $P<0.05$ ),呼吸机呼吸支持时长中位数分别为 64.5 小时和 15.5 小时 ( $P<0.05$ )。

**结论** 老年患者为 CRE 感染主要人群。分离菌株对亚胺培南和美罗培南的 MIC $\geq 16\mu\text{g/ml}$  分布比例高于全国平均水平。产酶基因型以 KPC-2 为主,并出现国内较少发现的 KPC-3 型菌株,可能为安贞医院内部传播基因型。CRE 感染显著降低了住院患者康复出院率,增加了住院期间死亡率,同时显著延长患者住院日及 ICU 留住日,并导致患者呼吸机脱机困难,严重影响患者预后,增加患者和医保支出负担。应进一步明确 KPC-3 型菌株传播途径,采取更积极的院内感染预防措施,防控 CRE 菌株的院内感染和传播。

## PU-6278

## URSA 患者中 Th1/Th2 细胞因子失衡和胰岛素抵抗 的相关性分析

姚亚超,张知洪,邱厚匡,曹东林

广东省第二人民医院,510000

**目的** 探讨糖代谢正常的不明原因复发性流产(Unexplained recurrent spontaneous abortion, URSA)患者妊娠早期胰岛素抵抗和外周血 Th1/Th2 细胞因子失衡的发生状况,进一步探讨不明原因复发性流产的发病机制。

**方法** 收集有 URSA 病史且孕前经口服葡萄糖耐量试验(oral glucose tolerance test, OGTT)排除糖代谢异常的 63 例,其中没有胰岛素抵抗的 URSA 患者 27 例(单纯 URSA 组),合并胰岛素抵抗的 URSA 患者 36 例(IR 合并 URSA 组)。采取回顾性分析外周血 12 种细胞因子(Bio-rad 公

司生产, 包含: GM-CSF, IL-1 $\beta$ , IL-2, IL-4, IL-5, IL-6, IL-8, IL-10, IL-12, IL-13, IFN 和 TNF- $\alpha$ )、空腹血糖及空腹胰岛素等临床资料, 并计算胰岛素稳态模型指数(Homeostatic model assessment-insulin resistance, HOMAIR), 比较两组胰岛素抵抗水平。

**结果** 两组的年龄、平均孕期、雌二醇相比无统计学差异(  $P > 0.05$ ); 与单纯 URSA 组相比, IR 合并 URSA 组的 BMI、甘油三酯、FPG、FIN 及 HOMAIR 指数均明显升高(  $P < 0.01$  ), Th1 型细胞因子 IL-1 $\beta$  的水平升高(  $P < 0.05$  ), 而 Th2 型细胞因子 IL-5、IL-10 和 IL-13 的水平显著降低(  $P < 0.01$  )。

**结论** IR 合并 URSA 组妇女 Th1/Th2 细胞因子失衡较单纯 URSA 组妇女更加严重, 提示 Th1/Th2 细胞因子失衡有可能导致胰岛素抵抗, 进而促进 URSA 发生。

## PU-6279

### Molecular epidemiology and the spread of Amikacin resistant *Klebsiella pneumoniae* in Hospitals

Zhijun zhang  
Shandong Tumor Hospital

**Objective** To investigate the molecular epidemiological characteristics and the diversity of clonal transmission within and between hospitals of Amikacin resistant *Klebsiella pneumoniae* (ARKP) in two Three-level A-rate Hospitals in Shandong, China.

**Methods** 27 non-repetitive ARKP strains were collected from June 2013 to November 2014. The clonal correlation were identified by pulsed gel electrophoresis (PFGE) and multilocus sequence typing (MLST). PCR method was used to detect the beta lactam resistance genes and aminoglycoside resistance genes.

**Results** By PFGE analysis, we discovered 14 PFGE types in these 27 strains, among which, the main genotype was type E (22.22%), and the rest genotypes contain 1 to 3 strains respectively. By MLST, we assigned these isolates to 9 sequence types (STs), including ST37 (25.9%), ST11 (25.9%), ST1 (11.1%), ST789 (11.1%), ST15 (7.4%), ST147 (7.4%), ST76 (3.7%), ST722 (3.7%) and ST290 (3.7%). The carrying rates of beta-lactam resistant genes TEM-1, SHV-12, SHV-11, SHV-1, CTX-M-15, CTX-M-65, CTX-M-14, CTX-M-3, DHA-1, KPC-2 and NDM-1 were 100%, 40.74%, 33.33%, 11.11%, 22.22%, 37.4%, 14.81%, 11.11%, 51.85%, 22.22% and 3.7% respectively. The carrying rates of aminoglycoside resistance genes rmtB, aac(3)-II, aac(6')-I and ant(3'')-I were 51.9%, 40.7%, 40.7% and 40.7% respectively. ARKP clonal strains belonged to PFGE type E and ST11 were all found in these two hospitals.

**Conclusions** This study clarified that the clonal epidemic of ARKP occurred in hospitals and between hospitals. The multiple resistance of ARKP is closely related with the simultaneous carrying of multiple resistance genes.

## PU-6280

### 举办全国医学检验专业学生形态大赛及以赛促学 促教模式的研究与实践

元涛  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 医学检验是一门专业性、实践性很强的学科, 成为一名优秀的检验技师不仅要掌握扎实的理论知识, 还要拥有过硬的职业技能。检验形态学识别能力, 是医学检验学生一个重要技能。我们借

助举办全国检验院校形态技能大赛,激发学生学习技能的热情,理论结合实践,也更符合现代高校医学人才培养的目标。本文旨在探讨“以赛促学、以赛促教”对提高高校医学检验师生形态学习的促进作用。

**方法** 我们借助高等学校教育部高等学校国家级实验教学示范中心联席会、全国高等医学教育医学检验专业校际协作会等组织,积极动员全国高校师生参与。并积极利用现代教育信息化手段,使用在线考试系统考核单细胞形态、通过数字切片浏览系统考核疾病的全片白细胞分类。考核方式紧密结合临床工作,促进师生的临床实战能力。

**结果** 全国高校医学检验学生形态大赛取得极大成功,2017年第一次举办全国70余所高校150名学生参与,2018年第二次举办,全国90所高校200名学生参与。与此同时,每年动员相关辅导老师100名参与其中。经过调查,95%的师生都表示,比赛极大促进了学生的形态识别能力,对老师的教学水平也有很大的促进作用。

**结论** 通过大赛举办,诸多学生都自愿、积极主动地加入培训活动的行列,真正做到以赛促学、以赛促练。通过指导参加全国大赛的契机,既给指导教师提供了各高校相互交流提升的平台,也使指导教师可以了解职业技能的核心考核点,提升自己本专业的实践水平。所以,举办全国比赛,不管是对学校的发展,还是对形态医学事业的发展,都具有双向促进作用,有着深远的社会意义。

## PU-6281

### 神经系统病毒抗体检测及临床应用分析

马瑞敏,郑光辉,刘竞争,刘志伟,吕虹,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 了解神经系统病毒抗体的流行病学特点,并通过分析血脑屏障完整性和是否存在鞘内合成判断脑脊液中病毒抗体的来源。

**方法** 对2014年1月至2017年12月送检的3509份血清标本和2774份脑脊液标本进行回顾性分析,检测单纯疱疹病毒(HSV)1型、2型IgG及IgM、巨细胞病毒(CMV)IgG及IgM、风疹病毒(RV)IgG及IgM、柯萨奇病毒(COX)IgM、EB病毒(EBV)IgG及IgM共12种病毒抗体。通过计算白蛋白商(QAib)、24h鞘内IgG合成率判断血脑屏障完整性和是否有鞘内合成。

**结果** 血清标本中,CMV IgG、EBVCA-IgG、RV IgG、EBNA-IgG、HSV-1 IgG检出率较高,均在80%以上,HSV-2检出率为8.06%。脑脊液标本中,CMV IgG检出率最高,为50.90%,其他均低于3%。血清标本中,病毒IgM抗体的检出率均低于3%,CSF标本中只检测到HSV 1+2 IgM、COX IgM、EBVCA-IgM。对于同时留取血和CSF标本进行检测的523例患者,8例患者血清标本病毒抗体阳性、CSF标本病毒抗体阴性,QAib及24h鞘内IgG合成率结果均符合血脑屏障正常,没有鞘内合成的情况。对于血清和CSF标本均病毒抗体阳性的515例患者,根据QAib和24h鞘内IgG合成率结果,患者脑脊液中病毒抗体来源可分为4种情况:炎症性渗透、损伤性渗透、鞘内合成、鞘内合成合并损伤性渗透。

**结论** HSV-1、CMV、RV、EBV在人群中流行广泛,但IgM抗体检出率不高。通过QAib、24h鞘内IgG合成率判断脑脊液中病毒抗体来源,可为疾病诊疗提供帮助。

## PU-6282

### 内分泌激素水平与垂体瘤手术患者预后的关联性分析

俞少扬,何玲玲  
福建医科大学附属第二医院,362000

**目的** 探究分析内分泌激素水平与垂体瘤手术患者预后的关联性。

**方法** 将我院 2014 年 1 月到 2016 年 9 月入院的 80 例垂体瘤患者作为研究对象, 动态观察研究患者术前术后血清泌乳素、生长激素水平变化情况等, 对患者实施后期随访, 统计对比随访内分泌激素水平改善程度以评价患者预后。

**结果** 患者手术 3 周后血清泌乳素、生长激素水平较术前显著降低, 泌乳腺瘤患者术后血清泌乳素水平与术前对比差异显著, 具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 生长激素腺瘤患者术后生长激素水平与术前对比差异显著, 具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 无功能垂体瘤患者术后血皮质醇、促肾上腺素水平较术前差异明显, 患者术后相关症状缓解, 对比具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 内分泌激素水平与垂体瘤手术患者预后存在显著相关性, 生长激素若下降至  $0.34\text{nmol/L}$  以下则表示患者手术治愈, 患者手术 3 周后血清泌乳素、生长激素水平能够作为评估手术效果的重要指标, 可以在一定程度上预测患者预后, 为临床治疗提供依据, 在临床上具有重要诊断价值。

## PU-6283

### 隐球菌感染的临床资料和实验室检查以及药敏分析

吴思颖, 刘雅, 肖玉玲, 陈知行, 康梅  
四川大学华西医院, 610000

**目的** 了解西南地区隐球菌的临床流行病学资料, 同时检测隐球菌对常用抗真菌药物的敏感性。

**方法** 对四川大学华西医院 43 例隐球菌感染病例的临床资料进行回顾性分析, 包括年龄、性别、HIV 感染情况、科室分布、基础疾病、用药情况以及临床预后。参照 CLSI M27-A3 药敏判读标准, 采用 E-test 法检测隐球菌分离株对两性霉素 B、伏立康唑、伊曲康唑、氟康唑和氟胞嘧啶的体外敏感性。用 Wilcoxon 秩和检验分析 HIV 和非 HIV 患者对 5 种抗真菌药物的 MIC 值。

**结果** 标本类型主要是脑脊液(35 株, 81.4%), 隐球菌感染患者以男性为主(28 人, 65.1%), 41-50 岁年龄段人数最多(20 人, 46.51%), 合并 HIV 感染 16 人(37.2%)。常见的基础疾病为 HIV 感染, 高血压, 糖尿病, SLE 及其他自身免疫系统疾病, 肺结核, 肾脏疾病, 器官移植及乙肝肝硬化。22.2% (8/36) 无明显基础疾病。90.5% 的患者出现脑脊液常规或者生化检查结果异常, 多为白细胞和蛋白质升高, 葡萄糖和氯化物降低。住院期间总病死率为 5.6% (2/36)。所有受试菌株对两性霉素 B、伏立康唑和氟康唑敏感, 27 株(62.8%)对伊曲康唑剂量依赖敏感, 5 株(11.6%)对氟康唑剂量依赖敏感, 11 株(25.6%)对氟胞嘧啶中敏, 12 株(27.9%)对伊曲康唑耐药, 2 株(4.6%)对氟胞嘧啶耐药。26 株从非 HIV 感染患者分离的隐球菌和 16 株从 HIV 感染者分离的隐球菌对 5 种抗真菌药物的 MIC 值差异均无统计学意义。

**结论** 西南地区隐球菌以非 HIV 感染者为主。43 株隐球菌对除伊曲康唑外的其他 4 种抗真菌药物包括两性霉素 B、氟胞嘧啶、氟康唑和伏立康唑的体外敏感性较高。

## PU-6284

### Hcy 联合 Lp (a) 检测在冠状动脉粥样硬化疾病诊断的意义

郑秋金, 朱婷  
莆田学院附属医院, 351100

**目的** 探讨同型半胱氨酸 (Hcy) 联合脂蛋白 (a) 对于冠状动脉粥样硬化疾病诊断的意义。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2019 年 1 月莆田学院附属医院心血管内科收治的冠状动脉粥样硬化疾病患者 80 例为观察组, 再随机选择 80 例同期来我院体检的健康人群为对照组。检测并比较两组研究对象标本血清中的同型半胱氨酸与脂蛋白 (a) 水平, 分析两项指标单独与联合检测对于冠状动脉粥样硬化疾病检测阳性率及诊断的特异性、敏感性、符合率。

**结果** (1) 观察组血清中 Hcy、Lp (a) 的平均水平分别为 (18.01±5.21) μmol/L、(386.80±27.11) mg/L, 对照组血清中的 Hcy、Lp (a) 的平均水平分别为 (11.02±2.34) μmol/L、(186.05±9.08) mg/L, 可见观察组显著高于对照组, 两组的结果差异具有统计学意义 (P<0.05)。(2) 观察组的 Hcy、Lp (a) 两者单独检测与联合检测的阳性率均高于对照组, 两组的检测结果差异有统计学意义 (P<0.05)。(3) Hcy 与 Lp (a) 联合检测对冠状动脉粥样硬化疾病诊断的敏感性、符合率优于 Hcy、Lp (a) 的单独检测。

**结论** 血清同型半胱氨酸和脂蛋白 (a) 水平的升高对于诊断冠状动脉粥样硬化疾病具有显著的临床意义, 两者联合检测更有利于临床提升对冠状动脉粥样硬化疾病诊断的效果。

## PU-6285

### 巨核细胞胞核形态在 ET、PV、早期 PMF 鉴别诊断中的价值

肖辉建,王秋菊,赵桂梅,凌月明  
联勤保障部队第 910 医院

**目的** 探讨骨髓涂片中巨核细胞胞核形态在原发性血小板增多症(ET)、真性红细胞增多症(PV)及早期原发性骨髓纤维化(PMF)鉴别诊断中的价值。

**方法** 回顾性分析 2009 年 1 月-2018 年 9 月的 113 例 3 种骨髓增殖性疾病的骨髓涂片中 3 型巨核细胞胞核形态所占的比例, 并比较各型在疾病组中的差异, 同时界定特定疾病中的临界百分比, 计算出各疾病组的诊断效率。

**结果** 高分叶型巨核细胞占 ET 组的 31.12±9.34%, ET 组为高分叶型中最高, 分别与 PV 组、早期 PMF 组比较, 差异都有统计学意义 (P 均<0.05); 低分叶型巨核细胞占 PV 组的 30.84±5.97%, PV 组为低分叶型中最高, 并分别与 ET 组、早期 PMF 组比较, 差异都有统计学意义 (P 均<0.05); 核固缩型巨核细胞占早期 PMF 组的 18.62±2.38%, 为低分叶型中最高, 分别与 ET 组、PV 组比较, 差异都有统计学意义 (P 均<0.05)。高分叶型巨核细胞在 ET 组的临界百分比为 21.8%; 低分叶型巨核细胞在 PV 组的临界百分比为 24.9%; 核固缩型巨核细胞在早期 PMF 组的临界百分比为 16.2%。高分叶型巨核细胞占 ET 的百分比大于 21.8%时, 诊断效率为 90.1%; 低分叶型巨核细胞占 PV 的百分比大于 24.9%时, 诊断效率为 87.9%; 核固缩型巨核细胞占早期 PMF 的百分比大于 16.2%时, 诊断效率为 97.2%。

**结论** 高分叶型巨核细胞的形态及其百分比增高在 3 种 MPN 中对 ET 有具有鉴别诊断价值; 低分叶型巨核细胞的形态及其百分比增高在 3 种 MPN 中对 PV 有具有鉴别诊断价值; 核固缩型巨核细胞的形态及其百分比增高在 3 种 MPN 中对早期 PMF 有具有鉴别诊断价值。当鉴别 3 种 MPN 疾病有困难时, 可使用巨核细胞胞核形态来提供诊断信息, 方便、直观、高效、易于推广, 具有较高的实用价值。

## PU-6286

### 血清生长激素、胰岛素样生长因子 1 水平对垂体瘤和其它脑部肿瘤鉴别诊断价值的探讨

马瑞敏  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨血清生长激素 (Growth hormone, GH) 与胰岛素样生长因子 1 (Insulin-like growth factor, IGF-1) 含量变化对脑部肿瘤的辅助诊断价值。

**方法** 收集北京天坛医院神经外科住院患者血清样本 721 份, 根据病理结果分为垂体瘤组、恶性肿瘤组及良性肿瘤组, 对照组为门诊健康体检者血清样本 62 份。测定各组人群血清中 GH 及 IGF-1 含量, 分析其对脑部肿瘤的辅助诊断价值。

**结果** 垂体瘤组、良性肿瘤组、恶性肿瘤组及对照组间 GH 及 IGF-1 水平差异有统计学意义, 垂体瘤组 GH 及 IGF-1 水平明显高于良性肿瘤组及对照组, 且两者具有明显相关。对垂体瘤组患者手术前后的 GH 及 IGF-1 水平进行分析, 发现患者术后 GH 及 IGF-1 水平明显下降。根据垂体瘤组与健康对照组的血清 GH 及 IGF-1 含量绘制 ROC 曲线, 两者诊断垂体瘤的最佳临界值分别为 3.5350 ng/mL 和 277ng/mL, 特异度分别为 96.77%和 100%。对于其他脑部肿瘤, 血清 GH 水平表现为恶性肿瘤组>良性肿瘤组>对照组, 在恶性肿瘤与良性肿瘤、恶性肿瘤与健康体检者之间, 血清 GH 水平的差异有统计学意义; 而血清 IGF-1 水平为恶性肿瘤组> 对照组>良性肿瘤组, 血清 IGF-1 水平在恶性肿瘤与良性肿瘤之间差异有统计学意义, 在其他组间差异无统计学意义。

**结论** 血清 GH 及 IGF-1 水平对垂体瘤具有重要辅助诊断价值, 可作为排除指标在垂体瘤的诊断中发挥作用。对于其他脑部肿瘤, 血清 GH 及 IGF-1 均表现出随肿瘤恶性程度增加而增高的趋势, 该结果有待通过扩大样本量进一步研究证实。

PU-6287

## 血浆 EB 病毒 DNA 水平在非高发区鼻咽癌患者中的临床价值探讨

丁柳,刘显中,周娟,叶远馨  
四川大学华西医院,610000

**目的** EB 病毒(Epstein Barr virus,EBV)与鼻咽癌的发生相关, EBV DNA 浓度可能是一项能反映鼻咽癌分期、治疗反应、预后的灵敏、特异的分子生物学指标。但鼻咽癌患者的 EBV 血浆载量水平在鼻咽癌高、中、低发区不同, 可能与鼻咽癌患者预后相关。本文的目的是探讨非高发区——西南地区的鼻咽癌 (nasopharyngeal carcinoma,NPC) 患者血浆 EB 病毒 DNA 水平及其对鼻咽癌预后的意义

**方法** 对 2014 年 1 月-2015 年 12 月间在四川大学华西医院初诊的 155 例非角化型鼻咽癌患者进行回顾性分析, 其中男性 103 人, 女性 52 人, 平均年龄  $46\pm 12.3$  岁。收集患者在治疗前及治疗 6 个月后的血浆 EBV DNA 载量, 同时收集患者预后信息。应用 SPSS 22.0 软件分析 EBV DNA 与预后风险的关联性。

**结果** NPC 患者治疗前血浆 EBV DNA 阳性率为 88.4% (137/155), 平均载量为 2080 copies/ml, 早期 (I 期,II 期) 和晚期 (III 期, IV 期) 患者的阳性率分别为 73.1% (19/26) 和 91.5% (118/129), 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。123 例患者治疗后 6 个月内进行了血浆 EBV DNA 检测, 共有 19.5% (24/123) 的患者检出阳性。对于治疗前 EBV DNA 为阴性的患者, 治疗后六个月内 18.8% (3/16) 的患者检出阳性, 而治疗前 EBV DNA 为阳性的患者, 治疗后六个月内 19.6% (21/107) 的患者检出阳性, 两组监测次数和阳性检出率无显著差异 ( $P>0.05$ )。对鼻咽癌患者预后随访发现, 42.9% (3/7) 的复发患者及 50% (5/10) 的转移患者 EBV DNA 为阳性, 而只有 14.0% (15/107) 的无进展患者检出阳性, 但差异无统计学意义。

**结论** 对鼻咽癌患者治疗后半年内 EBV DNA 阳性有一定的预后意义, 还需在多区域、大样本中进行验证。

PU-6288

## 血清唾液酸对脑胶质瘤的诊断价值

马瑞敏

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨血清唾液酸在脑胶质瘤辅助诊断中的价值。

**方法** 采用回顾性研究,收集 2014 年 10 月至 2015 年 3 月首都医科大学附属北京天坛医院确诊的 95 例不同病理级别 (Ⅰ~Ⅳ级) 脑胶质瘤患者 (脑胶质瘤组)、175 例脑部良性肿瘤患者 (脑部良性肿瘤组) 及 400 例健康对照者 (健康对照组) 血清,在全自动生化分析仪采用酶法检测血清唾液酸含量,采用 ANOVA 方差分析及 SNK-q 检验进行各组间比较。绘制受试者工作特征 (ROC) 曲线,计算最佳诊断临界值及相应的敏感度、特异性、阳性预测值、阴性预测值,以判断血清唾液酸对脑胶质瘤的辅助诊断价值。另外,从门诊和体检科分别收集 30 例脑胶质瘤和 30 例健康对照者血清标本,对计算得到的最佳诊断临界值进行临床验证。

**结果** 脑胶质瘤组、脑部良性肿瘤组及健康对照组血清唾液酸含量分别为 ( $0.66\pm 0.14$ ) g/L、( $0.61\pm 0.09$ ) g/L、( $0.54\pm 0.07$ ) g/L,脑胶质瘤组血清唾液酸含量显著高于脑部良性肿瘤组 ( $q=6.74$ ,  $P<0.05$ ) 及健康对照组 ( $q=16.42$ ,  $P<0.05$ ), 4 个不同病理级别脑胶质瘤血清 (Ⅰ级 8 例,Ⅱ级 32 例,Ⅲ级 24 例,Ⅳ级 31 例) 之间差异无统计学意义 ( $F=1.67$ ,  $P>0.05$ ), 低级别组 (Ⅰ级和Ⅱ级) 和高级别组 (Ⅲ级和Ⅳ级) 间血清唾液酸含量差异无统计学意义 ( $t=0.55$ ,  $P>0.05$ ), 但与低级别组相比,高级别组血清唾液酸含量有增高趋势。血清唾液酸诊断脑胶质瘤的 ROC 曲线下面积为 0.79,最佳诊断临界值为 0.61 g/L,敏感度为 67.74%,特异度为 80.69%,阳性预测值为 44.68%,阴性预测值为 90.76%。以血清唾液酸 0.61 g/L 为诊断临界值,对 30 例脑胶质瘤和 30 例健康对照者进行检测,结果显示敏感度为 63.3%,特异度为 83.3%。

**结论** 血清唾液酸在脑胶质瘤有较好的特异度及阴性预测值,可能是一个有价值的诊断指标。

PU-6289

## Anticentromere antibody in Systemic sclerosis: utility in disease subsetting from laboratory parameters

Limei Luo<sup>1</sup>, Jiajia Yao<sup>2</sup>, Jing Hu<sup>1</sup>, Lei Zhang<sup>1</sup>, Wenling Zhao<sup>1</sup>, Lanlan Wang<sup>1</sup>

1. West China Hospital of Sichuan University

2. Qinghai Traditional Chinese Medicine Hospital

**Objective** Systemic sclerosis (SSc) or scleroderma is an autoimmune disease characterized by excessive fibrosis, microangiopathy, and immune dysregulation. As the clinical presentation of SSc patients is highly variable, disease subgrouping analysis is extremely important in clinical setting. The anticentromere antibody (ACA) has long been considered as SSc-specific ANA, so our study aims to describe the laboratory parameters of patients with systemic sclerosis (SSc) and associate them with centromere pattern of antinuclear antibody.

**Methods** A total of 125 patients who visited our hospital for the first time and met the SSc screening criteria were included. Clinical information, including age and sex, and laboratory tests were evaluated, including liver function parameters, renal function parameters, humoral immunity parameters, blood routine examination, C-Reactive Protein (CRP), Antinuclear antibodies (ANA), extractable nuclear antibody spectrum (ENA), Erythrocyte sedimentation rate (ESR), and so on. Patients were divided into two groups according to the positive and negative result of ACA. Independent-samples T test was used to compare the continuous quantitative variables of two groups, and P value  $<0.05$  was considered statistically significant.

**Results** 78.4%(n=98) of the patients were women, and ACA positive patients accounted for 30.4% (n=38). Gender, ALB( $39.32\pm0.54$  vs  $42.66\pm0.63$ ), CRP( $8.71\pm1.2$  vs  $4.14\pm0.58$ ), ESR( $39.93\pm2.68$  vs  $24.82\pm3.46$ ) were statistically significant between ACA negative group and ACA positive group. In order to exclude statistical differences caused by gender, stratified analysis of gender found that in female, the above parameters were still statistically significant between ACA negative group and ACA positive group (The number of men was too small to be statistically analyzed). And no correlation were found between the above indicators and age and gender, which means that patients in the ACA positive group had lower-grade inflammation than those in the ACA negative group.

**Conclusions** The laboratory features of ACA positive and negative patients with SSc are different, ACA could be used as an indicator for subgroups. And more clinical information, such as cutaneous, vascular, gastrointestinal, renal, pulmonary and cardiac involvement, should be collected to verify whether ACA can be used as a disease subgroup classification index.

## PU-6290

### 临床常见的两种血培养系统性能评估研究

张学林,陈艳芝  
保山市人民医院,678000

**目的** 评估 BD BACTEC FX 和梅里埃 BacT/ALERT 3D 两种血培养系统使用的培养基能否满足 CNAS-GL28《临床微生物检验程序验证指南》的性能要求,并进一步判定两种血培养系统培养结果是否存在差异。

**方法** 采用留样验证的方法模拟临床血流感染患者的细菌含量,对留样菌株进行一系列稀释,接种细菌的最终浓度为 5-30CFU/瓶;苛养菌添加适量的新鲜无菌血液(成人瓶 5-10ml,儿童瓶 1-3ml)后置于血培养系统上进行培养、检测。比较两种血培养系统配套的需氧瓶、厌氧和兼性厌氧瓶、儿童瓶的阳性率和 3 天的检出率。

**结果** BD BACTEC FX 和梅里埃 BacT/ALERT 3D 配套的培养瓶对 17 株病原菌的阳性率均为 100%, BD BACTEC™ Plus 需氧瓶和 BacT/ALERT FA 需氧瓶阳性报警时间(h)和 BD BACTEC™ Peds 儿童瓶和 BacT/ALERT PF 儿童瓶阳性报警时间(h)的 P 值分别为 0.13 和 0.16,两者差异无统计学意义( $P>0.05$ ), BD BACTEC™ Lytic 厌氧瓶和 BacT/ALERT SN 厌氧瓶阳性报警时间(h)的 P 值为 0.03,两者差异显著( $P<0.05$ ),有统计学意义。

**结论** 两种血培养系统的性能能检出血液中的大部分病原菌,满足 CNAS-GL28《临床微生物检验程序验证指南》关于血培养系统性能验证 4.4.1.1.3 的要求。

## PU-6291

### 泌尿系统病原菌分布及耐药性分析

张文静  
中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

**目的** 探讨泌尿系统病原菌的分布及耐药性。

**方法** 对 472 株泌尿系感染病原菌进行常规鉴定,用 KB 法进行体外药物敏感试验。

**结果** 病原菌中分离率居前 5 位的是大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、粪肠球菌。

**结论** 泌尿系统病原菌对药物已产生了比较大的耐药性,临床应结合药敏结果,规范选用抗生素。



## PU-6292

## Association of polymorphisms at the SIX1-SIX6 locus with primary open-angle glaucoma

jiixin xu, Bo Gong  
Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** To evaluate the association of single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in the SIX1-SIX6 locus with primary open-angle glaucoma (POAG) through a systematic review and meta-analysis.

**Methods** All case-control association studies on SNPs in the SIX1-SIX6 locus and POAG reported up to August 30, 2018 in PubMed, Embase and Web of Science were retrieved. Unadjusted and adjusted odds ratios (ORs) and 95% confidence intervals (95% CIs) were calculated for SNPs using fixed- or random-effect model according to inter-study heterogeneity. Sensitivity analysis was conducted to test the robustness of results. Publication bias was analyzed using Egger's test.

**Results** This meta-analysis involved 12 SNPs in SIX1-SIX6 reported in 22 studies. The association of rs10483727 with POAG has been presented in 16 studies involving 14,402 patients and 27,425 health controls, while rs33912345 has been investigated in 13 studies with 10,563 cases and 16,740 controls. Meta-analyses revealed significant associations of the two SNPs with POAG in the pooled population under all genetic models using unadjusted and adjusted ORs. Stratified analyses detected significant association of the both SNPs in East Asian and Caucasian populations, but not in South Asian. Data of the other SNPs were extracted from  $\leq 3$  cohorts and only rs12436579 showed significant association with POAG ( $P_{\text{unadjusted}} = 1.08\text{E-}04$ ,  $I^2 = 16.1\%$  and  $P_{\text{adjusted}} = 1.65\text{E-}04$ ,  $I^2 = 0\%$ ).

**Conclusions** This meta-analysis confirmed the association of SNPs rs10483727 and rs33912345 in SIX1-SIX6 with POAG, especially in East Asian and Caucasian. Rs12436579 is a candidate variant for the disease that awaits validation in other populations.

## PU-6293

## 遂宁地区 1657 例地中海贫血基因检测结果分析

李凤, 梁艳丽, 邓劲松  
遂宁市中心医院, 629000

**目的** 了解遂宁地区地中海贫血基因型的构成比及基因携带类型。

**方法** 收集我院 2018 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 31 日门诊及住院患者中小红细胞低色素、临床体征疑似地贫患者 1657 例, 采用缺口-聚合酶链反应(gap-PCR)+琼脂糖凝胶电泳检测缺失型  $\alpha$ -地贫基因- $\alpha 3.7/\alpha\alpha$ 、- $\alpha 4.2/\alpha\alpha$ 、--SEA/ $\alpha\alpha$  三种中国人常见的  $\alpha$  缺失。采用聚合酶链反应(PCR)-反向斑点杂交检测非缺失型  $\alpha$ -地贫基因  $\alpha$  (CS)  $\alpha/\alpha\alpha$ 、 $\alpha$  (QS)  $\alpha/\alpha\alpha$ 、 $\alpha$  (WS)  $\alpha/\alpha\alpha$  三种中国人常见的  $\alpha$  点突变和  $\beta$ -地中海贫血基因 17 个常见突变位点。

**结果** 1657 例中 285 例(17.20%)地中海贫血基因阳性, 其中  $\alpha$ -地贫 131 例,  $\beta$ -地贫 154 例,  $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫 6 例, 阳性率分别为 7.91%、9.29%、0.36%。 $\alpha$ -地中海贫血 131 例中发现基因缺失类型七种 124 例。分别为: --SEA/ $\alpha\alpha$  101 例; - $\alpha 3.7/\alpha\alpha$  14 例; - $\alpha(4.2)/\alpha\alpha$  1 例; --SEA/- $\alpha 3.7$  5 例; 另--SEA/- $\alpha 4.2$ 、- $\alpha 3.7/-\alpha 3.7$ 、- $\alpha 4.2/-\alpha 4.2$  各 1 例。非缺失型点突变类型三种 7 例, 分别为  $\alpha$  (QS)  $\alpha/\alpha\alpha$  4 例;  $\alpha$  (CS)  $\alpha/\alpha\alpha$  2 例;  $\alpha$  (WS)  $\alpha/\alpha\alpha$  1 例;  $\beta$ -地贫 154 例中发现基因突变类型 8 种。分别为:  $\beta 41-42/$  51 例;  $\beta 17/$  50 例;  $\beta 654/$  39 例;  $\beta E/$  5 例;  $\beta 27-28/$  3 例;  $\beta 43/$  4 例;  $\beta-29/$  1 例;  $\beta 71-72/$  1 例。 $\alpha$  复合  $\beta$ -地贫发现 4 种基因类型。分别为- $\alpha 3.7/\alpha\alpha$  复合  $\beta 41-42/$ 、- $\alpha 3.7/\alpha\alpha$  复合  $\beta 17/$ 、--SEA/ $\alpha\alpha$  复合  $\beta 41-42/$ 、--SEA/ $\alpha\alpha$  复合  $\beta 17/$ 。

**结论** 遂宁地区地贫基因携带可疑人群中,携带率为 17.20%,以  $\beta$  地中海贫血偏多;其基因型以  $\beta 41-42/$ 、 $\beta 17/$ 和  $\beta 654/$  居多。 $\alpha$  地中海贫血基因缺失型以--SEA/ $\alpha\alpha$  型缺失最为多见。非缺失型以  $\alpha$  (QS)  $\alpha/\alpha\alpha$  型  $\alpha$  点突变多见。

#### PU-6294

### 血清 CysC、IL-6、IL-8、VDBP 及尿 VDBP 联合检测在糖尿病肾病早期诊断中的价值分析

王福党

河南大学淮河医院,475000

**目的** 分析血清胱抑素 (CysC)、白介素-6 (IL-6)、白介素-8 (IL-8) 及血清、尿液维生素 D 结合蛋白 (VDBP) 在早期糖尿病肾病的诊断价值。

**方法** 选取河南大学淮河医院 2015 年 3 月至 2018 年 6 月收治 178 例 2 型糖尿病肾病患者作为研究对象,按照糖尿病肾病的诊断标准分为糖尿病组 (DM 组, 37 例)、早期糖尿病组 (EDN 组, 82 例)、糖尿病肾病组 (DN 组, 59 例),另选取健康志愿者作为对照组 (30 例),进行血清 Cysc、IL-6、IL-8、VDBP 及尿 VDBP 水平检测,并分析结果。绘制接受者操作特性曲线 (ROC 曲线),计算曲线下面积,评价指标诊断价值。

**结果** 与对照组比较,DM 组、EDN 组、DN 组血清 Cysc、IL-6、IL-8、VDBP 及尿 VDBP 水平均升高,存在统计学差异 ( $P < 0.05$ );DN 组上述指标较 EDN 组及 DM 组升高,存在统计学差异 ( $P < 0.05$ );EDN 组及 DM 组无差异。血清 Cysc、IL-6、IL-8、VDBP 及尿 VDBP 联合 AUC 为 0.84,高于各指标单项检测时的 AUC。切各指标任何两者之间呈正相关关系 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 血清 Cysc、IL-6、IL-8、VDBP 及尿 VDBP 联合检测有利于早期糖尿病肾病患者的诊断,具有一定意义。

#### PU-6295

### 三种不同检测方法检测糖化血红蛋白结果可比性分析

普智飞,孟利,吴晓琪,董维,景建瑜,李晓博

杭州迪安医学检验中心

**目的** 对三种不同检测方法检测糖化血红蛋白结果的可比性进行分析。

**方法** 收集 2017 年 7 月 12 日至 2018 年 6 月 20 日杭州迪安医学检验中心 40 份无变异体全血样本和 40 份含变异体全血样本,使用 HPLC 法 (Tosoh G8)、毛细管电泳法 (Capillarys 2 Flex Piercing)、免疫比浊法 (Roche Cobas c501) 分别检测糖化血红蛋白浓度,比较三者结果的一致性 & 抗变异体干扰的能力。

**结果** 对无变异体样本,毛细管电泳法与 HPLC 法比较  $R^2$  为 0.9964、免疫比浊法与 HPLC 法比较  $R^2$  为 0.9949,毛细管电泳法与免疫比浊法比较  $R^2$  为 0.9966,对含变异体样本三种方法间结果较无变异体样本检测差异较大。

**结论** 三种检测方法对无变异体样本检测结果一致性较高,对含变异体的样本,实验室应选择适当的检测方法以更好的服务临床。

PU-6296

## 血脑屏障完整性及鞘内 IgG 合成率在中枢神经系统疾病中的应用

邵春青

首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨血脑屏障 (BBB) 完整性和鞘内 IgG 合成率检测在中枢神经系统疾病诊断中的意义。

**方法** 收集中枢神经系统疾病患者 527 例,分为三组,其中神经系统炎性脱髓鞘 (IDD) 组 190 例 (包括多发性硬化 32 例,视神经脊髓炎 26 例,急性播散性脑脊髓炎 4 例,吉兰-巴雷综合征 23 例,其他神经系统脱髓鞘疾病 105 例),神经系统炎性疾病 (NID) 组 107 例和神经系统非炎性疾病 (NIND) 组 230 例。采用速率散射比浊方法测定血清和脑脊液的白蛋白 (Alb) 和免疫球蛋白 IgG 含量,利用公式计算 Alb 商值 (Q Alb, 反映 BBB 的完整性)、IgG 指数、24 小时 IgG 合成率,并进行对比分析。

**结果** (1) 吉兰-巴雷综合征和 NID 患者 QAlb 异常率明显高于 NIND 组 ( $P < 0.05$ ); (2) 多发性硬化、急性播散性脑脊髓炎和 NID 患者 IgG 指数明显高于 NIND 组,其中多发性硬化组 IgG 指数最高; (3) 多发性硬化、吉兰-巴雷综合征和 NID 患者 24 小时 IgG 合成率增高者明显多于 NIND 组。

**结论** 明确血脑屏障完整性和鞘内免疫球蛋白的合成对某些中枢神经系统疾病的诊断和鉴别诊断有重要的临床意义。

PU-6297

## 血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平与细胞因子及 T 淋巴细胞亚群相关性分析

钟敏,杨永娇

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平与外周血中细胞因子及 T 淋巴细胞亚群水平变化的关系

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2019 年 4 月间在我院就诊的 186 名患者的血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平与外周血中细胞因子及 T 淋巴细胞亚群水平进行回顾性统计分析,把其中 92 例血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平升高 ( $>100\text{ng/ml}$ ) 的患者作为观察组,94 例血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平正常 ( $<100\text{ng/ml}$ ) 的患者作为对照组,分析两组间外周血中细胞因子及 T 淋巴细胞亚群水平变化的关系。

**结果** 血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平升高的同时,外周血清中 IL-4、IL-6、IL-10 及 TNF- $\alpha$  表达水平明显高于对照组 ( $P < 0.05$ ),而 IL-2、INF- $\gamma$  无明显变化,并且观察到 CD4、CD8 数量及 CD4/CD8 较对照组降低 ( $P < 0.05$ ),而 B 淋巴细胞及 NK 细胞无明显改变。

**结论** 血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖水平升高会导致细胞免疫功能紊乱,IL-4、IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$ 、CD4 和 CD8 是影响深部真菌感染的重要介质,联合进行血清中 1,3- $\beta$ -D 葡聚糖、细胞因子及 T 淋巴细胞亚群检测,将有助于深部真菌感染的病情判断。

PU-6298

## 广东地区 8006 例血清蛋白电泳结果分析

张玲<sup>1,2</sup>, 潘建华<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心血液室

2.广州医科大学金域检验学院

**目的** 了解广东省珠三角、粤东、粤西、粤北四个地区人群中单克隆免疫球蛋白（M 蛋白）检出情况。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2018 年 12 月广东省各地区送至广州金域检验中心进行血清蛋白电泳筛查 M 蛋白的标本共 8006 例。其中男性 4326 例，女性 3680 例，年龄最小 1 小时（新生儿），最大 96 岁。将上述人群按区域及送检样本数量纬度分析，粤东地区共 112 例；珠三角地区 6825 例，其中男性 3678 例；粤西地区 678 例；粤北地区共 448 例。各区域按年龄纬度分以下 9 组进行分析，0-14 岁，15-30 岁，31-40 岁，41-50 岁，51-60 岁，61-70 岁，71-80 岁，81-90 岁，91-96 岁。样本分析使用美国 Helena 全自动琼脂糖凝胶电泳仪 SPIFE3000 及配套琼脂糖凝胶血清蛋白电泳测定试剂盒筛查 M 蛋白。

**结果** 在受检的 8006 例标本中，共检测出 M 蛋白 1466 例，检出率为 18.18%。其中，珠三角地区 6825 例标本，占标本总数 84.62%，检测出 M 蛋白 880 例，检出率为 12.89%（880/6825）；粤东地区 112 例标本，占标本总数 1.39%，检测出 M 蛋白 33 例，检出率为 29.46%（33/112）；粤西地区 678 例标本，占标本总数 2.76%，检测出 M 蛋白 223 例，检出率为 32.89%（223/678）；粤北地区 448 例，占标本总数 5.55%，检测出 M 蛋白 33 例，检出率为 7.37%（33/448）。

**结论** 广东不同地区人群中 M 蛋白检出率比较  $P < 0.05$ ，有统计学意义，各区 M 蛋白存在地域性检出差异，应注意在筛查率较高的粤东粤西两地加强注重 M 蛋白的筛查的重要性，早发现早干预以降低或减少单克隆免疫球蛋白血症的发病率及预防进一步发展为多发性骨髓瘤的风险。

PU-6299

## 雅培 ARCHITECT i2000 化学发光分析仪测定 HBV 标记物的性能评价

郑维威

中国科学技术大学附属第一医院/安徽省立医院

**目的** 对雅培 i2000 全自动化学发光免疫分析仪的性能进行了评价。

**方法** 对 Architect i2000 全自动化学发光免疫分析仪（简称 Architect i2000）的准确度、重复性、线性范围、交叉污染等指标进行评价，并与酶免 ELISA 法进行对比。

**结果** 批内 CV 均小于 3%，批间 CV 均小于 5%；各指标回收率都在 95%~110% 之间；携带污染率 < 1%，线性评价良好。

**结论** 雅培 Architect i2000 化学发光分析仪检测系统能满足临床和科室要求，试验数据可靠，准确性好，仪器需每年做一性能验证，有助于提高数据的准确性。

PU-6300

## 四川地区成人中 EB 病毒感染情况调查

丁柳,刘显中,叶远馨  
四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨四川地区 EB 病毒 (EBV)感染的不同疾病种类、不同年龄段 EBV 感染分布情况

**方法** 对 2016 年 1 月至 2019 年 5 月四川大学华西医院就诊的 38704 例患者, 采集乙二胺四乙酸 (EDTA) 抗凝血, 用荧光定量聚合酶链反应 (PCR) 方法检测血浆样本中的 EB 病毒 DNA EB-DNA, 根据不同医院科室, 不同年龄段进行分组, 对 EBV 的检出率采用  $\chi^2$  检验进行统计学分析。

**结果** 38704 例就诊患者 EB 病毒总检出率为 32.70% (12656/38704), 其中急诊科 EB 阳性检出率最高, 其送检 5022 例标本中, 检出率为 32.08% (1611/5022), 头颈部肿瘤科 (主要为鼻咽癌) 送检 11333 例, EB 病毒检出率 31.89% (3614/11333), 感染科送检 3580 例, EB 病毒检出率 28.54% (1022/3580), 这三个科室的 EB 病毒检出率显著高于其他科室 ( $P<0.001$ ); 在不同年龄组中, 以 45-60 岁人群 EB 病毒检出率最高, 占 32.81% (4152/12656), 阳性率显著高于其余年龄组 ( $P<0.001$ ); 而在感染性疾病中心检测出的 1022 例阳性病人中, 又以 18-30 岁检出率最高 41.68% (426/1022), 阳性率显著高于其余年龄组 ( $P<0.001$ )。

**结论** EB 病毒感染与鼻咽癌发病密切相关, 且感染率与患者年龄相关。因此, 针对 EB 病毒感染的潜在风险提示我们对于中老年及肿瘤患者等免疫力相对较低的人群, 检测 EB 病毒感染情况是非常有必要的。此外, 我们还需关注到急诊门诊中其 EB 病毒送检量和检出率呈现逐年上升趋势, 情况不容忽视, 也提示临床是否应对部分发热尤其已出现鼻咽部症状的患者, 提示其后期需要定期进行 EB 病毒的复检, 对于其 EB 病毒持续阳性病人尚需引起医生的高度重视。

PU-6301

## 缺血性脑卒中患者凝血相关实验室指标变化规律的探讨

赵晖,马瑞敏,李斌,张国军  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 研究急性缺血性脑卒中患者血栓弹力图检测指标、纤维蛋白原和血小板质和量的变化规律。

**方法** 选择 90 例急性缺血性卒中患者 (实验组) 和 76 例健康体检者 (对照组), 采集静脉血, 用 TEG5000 血栓弹力图仪检测 TEG 参数 (K 值、Angle 角、MA 值); 用 SysmexCA-7000 全血凝仪检测血浆纤维蛋白原 (Fib); 用 Sysmex xs-800i 血细胞分析仪检测血小板的质和量 (PLT,MPV), 对比 2 组上述指标的差异。

**结果** 急性缺血性卒中后 MA 值、Angle 角、Fib 和 MPV 明显高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), K 值、PLT 虽低于对照组, 但差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 急性缺血性脑卒中患者有着 Fib 水平和 PLT 数量、形态的改变, 血栓弹力图检测中的 MA 值、Angle 角能比较敏感地反应脑血管疾病时凝血和血小板高凝的指标, 可以作为对脑血管疾病具有实用价值的筛查试验。

PU-6302

## 我院 2018 年度细菌分布特点及其药物敏感性分析

姜海迪,贾永娟  
兰州市第一人民医院

**目的** 统计分析我院 2018 年度分离的病原菌分布特点及抗菌药物的耐药趋势,为临床合理使用抗生素和控制医院内感染提供参考依据。

**方法** 采用常规方法对临床送检标本进行病原菌培养、分离,应用珠海迪尔 96II 进行细菌鉴定和药敏试验,必要时用传统手工方法进行补充复核,试验结果应用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 2018 年度我院共检出细菌 1370 株,其中革兰阴性杆菌 1045 株,占分离菌株总数的 76.28%。分离前四位细菌名称分别是大肠埃希菌 321 株,肺炎克雷伯菌 188 株,金黄色葡萄球菌 174 株,铜绿假单胞菌 84 株。分离到流感嗜血杆菌 61 株、肺炎链球菌 41 株,分别位居全院的第 7、第 8 位。多重耐药菌株有:产 ESBL 大肠埃希菌 154 株和肺炎克雷伯菌 17 株;产 AmpC 酶大肠埃希菌 10 株和肺炎克雷伯菌 6 株; MRSA 60 株; MRSCON 7 株; 鲍曼不动杆菌 (MDR-AB) 9 株; CRE 4 株。标本类型以痰居多,尿次之,血培养送检标本 707 例,分离细菌 42 株,其中流感嗜血杆菌 1 例;无菌部位送检标本 937 例,分离细菌 266 株。我院大肠埃希菌对氨苄西林耐药率 87.2%、头孢呋辛 52.3%、头孢曲松 50.5%、头孢他啶 19%、头孢吡肟 24.6%、左氧氟沙星 51.1%、复方新诺明 60.1%、庆大霉素 38.3%;其他主要肠杆菌科细菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌(除 MDR-AB)对常用抗生素的耐药率均在 25% 以下;嗜麦芽窄食单胞菌对头孢他啶耐药率 78.4%;流感嗜血杆菌对氨苄西林耐药率 50.8%、复方新诺明 55.7%、头孢呋辛 21.3%、阿奇霉素 18.6%;葡萄球菌对青霉素耐药率 92.1%、红霉素 74.4%、克林霉素 44.4%、阿奇霉素 75.8%、四环素 24.6%,未检出对万古霉素、利奈唑胺、替考拉宁不敏感的菌株;肺炎链球菌对红霉素耐药率 100%、克林霉素 97.6%、四环素 87.8%、复方新诺明 63.4%、头孢呋辛 41.5%,未检出对青霉素、万古霉素、利奈唑胺不敏感的菌株。

**结论** 我院分离到的细菌多以敏感株为主,非发酵菌多重耐药现象并不严重,这可能与我院收住病人的质量以及院内感染控制有关,但是肠杆菌科 ESBLs 和耐甲氧西林葡萄球菌的检出率还是占很大的比例。因此,细菌室的工作不仅是报告细菌的鉴定结果及药敏试验,更重要的是提供医院感染细菌的流行情况及耐药性分析,为临床合理使用抗生素提供参考依据。

PU-6303

## Lack of Association Between Polymorphism rs4986791 and rs4998670 in TLR4 and Primary Open-Angle Glaucoma in Chinese Population

yi shu,Bo Gong  
Sichuan Provincial People's Hospital

**Objective** Toll-like receptor 4 (TLR4) is a transmembrane receptor, a common player in autoimmunity. Some studies suggested that TLR4 may be associated with POAG. This study was conducted to investigate whether TLR4 polymorphisms play a significant role in POAG in a Chinese population.

**Methods** A cohort of 799 unrelated POAG patients and 799 unrelated control subjects was enrolled in this case-control association study. TLR4 functional single-nucleotide polymorphisms (SNPs), including rs4986790 and rs4986791, were genotyped by SNaPshot method. The genotype and allele frequencies were evaluated using the  $\chi^2$  tests. The linkage disequilibrium (LD) and haplotype block structure association were examined using the program Haploview (Broad Institute, Cambridge, MA).

**Results** Allelic association analysis showed that there were no statistically significant association was detected in the allelic distributions between POAG cases and controls for SNPs rs4986790 ( $p = 0.317$ ). and rs4986791 ( $OR = 1.000$ ,  $95\% CI = 0.0625-16.0022$ ,  $p = 1.000$ ). Strong linkage disequilibrium was observed among the SNPs which were located in one haplotype block.

**Conclusions** we did not find any direct link between the TLR4 gene and the genotype or allele frequency of SNP rs4986790 and rs4986791 in the Chinese Han POAG cohort.

## PU-6304

### 精子膜表面抗体与精液参数的影响

杨胜,汤理锋,沈国松,朱玉蓉  
潮州市妇幼保健院,313000

**目的** 探讨男性不育症患者精子膜表面抗体对精液参数的影响。

**方法** 回顾性分析男性不育患者 982 例,经混合抗球蛋白反应试验(MAR)及计算机辅助精液分析系统(CASA)检测的精液结果,分析精子膜表面抗体对精液参数的影响。

**结果** MAR 阳性组 126 例, MAR 阴性组 856 例,抗精子抗体阳性组精子浓度为  $(65.96 \pm 26.43)$  百万/ml, 阴性组  $(72 \pm 22.54)$  百万/ml, 两组比较无统计学意义,  $P=0.68$ ; 前向运动精子(PR, %) 阳性组  $(24.19 \pm 5.22)$  与阴性组  $(44.35 \pm 9.25)$  比较有统计学意义,  $P=0.002$ ; 摆动性(WOB, %) 阳性组与阴性组分别为  $(34.8 \pm 8.22)$  与  $(47.45 \pm 10.22)$  比较有统计学意义,  $P=0.02$ ; 阳性组精子活率  $(55.43 \pm 6.23)\%$  与阴性组  $(49.37 \pm 7.24\%)$  比较无统计学意义,  $P=0.68$ 。

**结论** 精子膜抗体阳性可通过影响精子活力及代谢降低男性生育能力;精子膜抗体检测对男性免疫性不育患者的辅助诊断具有重要价值,为男性不育的生育指导提供指导。

## PU-6305

### 血栓弹力图在实验分析前影响因素的探讨

赵晖  
首都医科大学附属北京天坛医院,100000

**目的** 探讨血栓弹力图标本在不同时间段和不同的保存环境里各参数的差异,以保证检验的准确性。

**方法** 选取常规做普通 TEG 的患者 60 例,甲组为抽血后立即将血放入高岭土小瓶内进行检测,乙组为将血放入高岭土小瓶内 2 h 后进行检测,丙组为抽血后 2 h 再将血放入高岭土小瓶内进行检测。

**结果** 甲组与乙组比较, R 值、K 值明显延长, Angle 角及 MA 值明显缩短, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。甲组与丙组比较, R 值、K 值、Angle 角及 MA 值变化并不明显, 差异没有统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 本实验从标本抽血后放置的不同时间和在不同的放置环境来进行比较, 将血液标本放置在高岭土小瓶内之后再检测会对血栓弹力图各参数造成影响, 因此不应该将血液在高岭土小瓶中放置时间过长; 抽血后在常温下保持 2 h 之后再进行检测, 血栓弹力图各项指标相对比较稳定, 对结果的影响不大。

PU-6306

## T 淋巴细胞亚群与抗核抗体（ANA）在不明原因流产的应用

刘聪聪

胜利油田中心医院,257000

**目的** 探讨 T 淋巴细胞亚群与抗核抗体（ANA）在不明原因流产的应用。

**方法** 采用流式细胞仪检测不明原因流产患者流产后外周血 CD3+、CD4+、CD8+ 亚群含量以及 CD4+/CD8+ 比率和采用间接免疫荧光法（IIF）检测不明原因流产患者流产后血清中 ANA 滴度。

比较 60 例不明原因流产患者和 60 例健康已生育妇女的外周血 CD3+、CD4+、CD8+ 亚群含量以及 CD4+/CD8+ 比率和血清中 ANA 滴度。

**结果** （1）与对照组相比，不明原因流产患者外周血 CD4+ 细胞百分率及 CD4+/CD8+ 比率升高，两组 CD3+，CD8+ 细胞百分率无明显异常。

（2）与对照组相比，不明原因流产患者血清 ANA 滴度阳性率升高。

**结论** 不明原因流产患者 T 淋巴细胞免疫功能发生紊乱，或因再次怀孕并不明原因流产导致免疫功能缺陷疾病被激发。因此 T 淋巴细胞亚群与抗核抗体（ANA）在不明原因流产起到了指导作用，为下次怀孕治疗指导方向。

PU-6307

## Diagnosis of Central Nervous System Lymphoma via Cerebrospinal Fluid Cytology: A Case Report

Hui Zhao

Beijing Tiantan Hospital, Capital Medical University

**Objective** Background: Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is the most prevalent brain, spinal cord, eyes, and leptomeningeal lymphoma. It is often misdiagnosed due to an unspecific presentation or unavailable biopsy and results in a poor prognosis. Although the craniocerebral imaging examination of PCNSL has some characteristics, it is limited, and atypical cases are especially difficult to identify with intracranial tumours and other diseases. The biopsy, as the gold standard for PCNSL diagnosis, is not eligible for all patients suspected of having PCNSL.

**Methods** Case presentation: This report documents a woman who presented with a three-month history of numbness and weakness in the right leg. She was treated with drugs at a local hospital for one month. She developed demyelination lesions and her symptoms were aggravated. The patient was admitted to the Department of Nerve Infection and Immunology at Tiantan Hospital. Head magnetic resonance imaging (MRI) enhanced scanning indicated significant inflammatory demyelinating disease, and lymphoma was not excluded. CSF revealed a high protein level and CSF cytology detected abnormal cells. PCNSL was eventually presumed according to positive CSF cytology and cytological detection of the cerebrospinal fluid flow.

**Results** Conclusions: PCNSL is a highly invasive tumour. With the development of technologies such as cerebrospinal fluid cytology and flow cytology, CSF analysis has become one of the definite diagnosis methods, and the tumour cell finding in CSF is the only reliable basis for diagnosis. Flow cytometric analysis and gene rearrangement testing also provide objective evidence.

**Conclusions** Conclusions: PCNSL is a highly invasive tumour. With the development of technologies such as cerebrospinal fluid cytology and flow cytology, CSF analysis has become one of the definite diagnosis methods, and the tumour cell finding in CSF is the only reliable basis



for diagnosis. Flow cytometric analysis and gene rearrangement testing also provide objective evidence.

## PU-6308

### 长沙地区淋病奈瑟菌对头孢曲松和阿奇霉素敏感性 及其耐药机制研究

袁千钦

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 了解 2014 至 2018 年长沙地区淋球菌临床分离株对头孢曲松和阿奇霉素的耐药情况, 研究本地区淋球菌对头孢曲松及阿奇霉素的耐药机制。

**方法** 琼脂稀释法检测 185 株淋球菌临床分离株头孢曲松及阿奇霉素的最小抑菌浓度 (MIC); 所测得的 32 株头孢曲松低敏株 ( $MIC \geq 0.125 \text{ mg/L}$ ) 及 20 株头孢曲松敏感株进行 *penA*、*mtrR*、*porB*、*ponA* 基因测序, 13 株阿奇霉素耐药株 ( $MIC > 1 \text{ mg/L}$ ) 及 10 株阿奇霉素敏感株进行 23S rRNA 四个等位基因及 *mtrR* 基因测序, 比较耐药基因在低敏/耐药组与敏感组间的差异。

**结果** 头孢曲松敏感率 95.1%、阿奇霉素敏感率 93.0%, 头孢曲松低敏菌株比例为 17.3%。*porB* 及 *penA* 基因突变在头孢曲松敏感组与低敏组之间无明显差异; *mtrR* 启动子区 A 碱基缺失在头孢曲松敏感组突变频率较高; 镶嵌状 *penA* 模式与头孢曲松 MIC 值升高有关; 阿奇霉素耐药组中有两株菌出现 23S rRNA 基因 4 个等位基因的 A2059G 突变, 其 MIC 均  $> 16 \text{ mg/L}$ , 一株菌出现 23S rRNA 基因 4 个等位基因的 C2611T 突变, 敏感组未检测到 23S rRNA 突变。

**结论** 1. 头孢曲松仍可作为长沙地区治疗淋病的首选药物, 阿奇霉素耐药率已超过 WHO 建议的耐药率  $< 5\%$  可推荐用药的标准, 提示在长沙地区联合用药的效果可能并不理想; 2. 镶嵌状 *penA* 及 *mtrR* 启动子区 A 碱基缺失可能介导了本地区淋球菌对头孢曲松的低敏及耐药; 23S rRNA 基因 A2059G 及 C2611T 突变与阿奇霉素耐药相关。

## PU-6309

### HLA-B27 抗原表达强度诊断强直性脊柱炎最佳临界值确定

马丽菊, 邵文萍, 崔晓花, 朱敏, 何成祿, 何增品, 钟敏  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨流式细胞术检测人类白细胞抗原 HLA-B27 对强直性脊柱炎 (AS) 的诊断价值, 以及确定昆明地区 HLA-B27 抗原表达平均荧光强度值 (MFI) 诊断 AS 的最佳临界值。

**方法** HLA-B27 抗原 MFI 值采用流式细胞术检测, 仪器和试剂均为 BD 公司 FACSCanto II 流式细胞仪及 HLA-B27 抗原检测试剂盒, 取 10  $\mu\text{L}$  抗体与 16.7  $\mu\text{L}$  全血孵育, 应用 FACSCanto 临床软件收集、分析数据后得出结果, 判断阴阳性临界值依试剂盒批号变化波动于 147-149 间。收集最近二年就诊于本院的资料完整的 AS 患者 117 例, 非 AS 患者 (包括痛风性关节炎、类风湿性关节炎、股骨头坏死、系统性硬化症、银屑病性关节炎等) 及健康体检者计 60 例, 通过病例回顾性分析, 以符合 1984 年修订的 AS 纽约标准的临床诊断作为金标准, 利用受试者工作曲线 (ROC 曲线) 确定诊断 AS 的最佳 HLA-B27 MFI 值。

**结果** HLA-B27 检测结果在 AS 患者中的阳性率为 93.16% (109/117), 阴性率为 6.8% (8/117)。ROC 曲线下面积为 0.965, 最佳诊断临界值 (MFI) 为 147, 约登指数为 1.864, 敏感性为 98.20%, 特异性为 87.88%, 阳性预测值为 93.16%, 阴性预测值为 3.3%, 阳性似然比 8.10%, 阴性似然比 0.02%。

**结论** HLA-B27 与 AS 存在高度疾病相关性; HLA-B27 阳性有助于 AS 的诊断, 但 HLA-B27 阴性亦不能排除 AS 的诊断; 疑诊 AS 患者应尽早进行 HLA-B27 检测。昆明地区诊断 AS 的 HLA-B27 MFI 值为 147。另外, 对于 HLA-B27 检测阴性患者, 不能仅凭其阴性结果而否定 AS 诊断, 应该根据临床症状特点, 追踪观察影像学变化情况, 以利尽早诊断。

#### PU-6310

### 术前甲状腺癌患者血清 25 (OH) D 水平与多项 甲状腺血清指标的相关分析

陈刚

绵阳市中心医院,621000

**目的** 探讨甲状腺癌患者血清 25-羟维生素 D [25 (OH) D] 水平及其与 FT3、FT4、TSH、Tg、TPOAb 和 TGAb 血清指标的相关性。

**方法** 根据研究标准纳入甲状腺癌患者 56 例, 另选择甲状腺良性结节 69 例为对照组。检测两组血清 25 (OH) D、游离三碘甲状腺原氨酸 (FT3)、游离甲状腺素 (FT4)、促甲状腺激素 (TSH)、甲状腺球蛋白 (TG)、甲状腺过氧化物酶抗体 (TPOAb) 及抗甲状腺球蛋白 (TGAb) 水平。分析患者 25 (OH) D 水平与其他甲状腺相关指标水平的相关性。

**结果** 与对照组比较, 甲状腺癌患者组患者 25 (OH) D 水平明显降低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。患者组血清中 25 (OH) D 水平与 TGAb ( $r=-0.8241$ ,  $P<0.01$ )、TG ( $r=-0.7534$ ,  $P<0.05$ ) 水平呈负相关, 与 FT3、FT4、TSH、和 TPOAb 水平无明显相关性。

**结论** 25 (OH) D 水平与甲状腺癌发生发展密切相关, 缺乏或不足会升高患甲状腺癌的风险。

#### PU-6311

### 间接免疫荧光法与免疫印迹法联合检测 2967 份 血清自身抗体结果分析

段玲

云南省第二人民医院,650000

**目的** 回顾性分析本实验室从 2014 年 7 月 1 日-2016 年 1 月 31 日共计 2967 份血清标本, 同时采用间接免疫荧光法 (IIF) 检测抗核抗体 ANA 和免疫印记法 (LIA) 检测抗核抗体谱 ANAs, 探讨分析两种方法检测结果间的相关性及两种方法联合检测自身抗体在临床诊断自身免疫性疾病中的临床意义。

**方法** 对 2967 例疑似或确诊为自身免疫性疾病的血清标本, 同时用 IIF 和 LIA 检测, 收集检测结果进行对比分析, 研究两种检测方法结果间的相关性。

**结果** 本研究表明 IIF 检测的阳性率为 16.35%, LIA 检测的阳性率为 11.53%; LIA 阳性检出主要以抗 SSA 抗体最多占 36.48%。其中 cenp-B 与着丝点型、抗 SSA 与核颗粒型、抗 AMA-M2 与胞浆颗粒型三种抗体类型与荧光模型相关性较高; 当荧光滴度在 1:320 时, LIA 检出率相对较高。

**结论** IIF 检测 ANA 时检出率高于 LIA, LIA 检测 ANA 时特异性高于 IIF; 单独使用 IIF 筛查易导致以抗 SSA、抗 AMA-M2 抗体为主要抗体的患者 ANA 假阴性。LIA 检出率与荧光滴度无明显的正负相关性, 两种方法联合检测可提高自身免疫性疾病诊断的准确性, 降低漏检率及误诊率。

## PU-6312

## Target-driven rolling walker for sensitive electrochemical detection of circulating tumor DNA based on Au-tetrahedron@doxorubicin tag

Dandan Li<sup>1</sup>, Yixin Xu<sup>1</sup>, Shijia Ding<sup>1,2</sup>, Weixian Chen<sup>1</sup>

1. Department of Laboratory Medicine, The Second Affiliated Hospital of Chongqing Medical University, Chongqing 400010, China

2. Key Laboratory of Clinical Laboratory Diagnostics (Ministry of Education), College of Laboratory Medicine, Chongqing Medical University, Chongqing 400016, China

**Objective** The detection of circulating tumor DNA contributes significantly to the early diagnosis and identification of different stages of cancer. DNA walker, a newly-developing sensing strategy, is susceptible to derailment, premature stagnancy, or steric hindrance.

**Methods** Here, we rationally developed a multiple-legged and highly integrated DNA rolling walker for ultrasensitive ctDNA analysis, through rolling circle amplification (RCA) with doxorubicin@tetrahedron-Au (DOX@TDN-Au) electrochemical indicators. Firstly, the products of target-driven RCA can offer numbers of legs that bind irreversibly to iStep probes, which gradually improve the binding power of the legs and the preset path to prevent the walker from derailing. Secondly, the integrated walker need not to supply external strands for moving, because all core components of the rolling walker are immobilized on the sensing surface. Thirdly, the movement of the multiple-legged walker along the predesigned track is guided by strand displacement reactions rather than protein enzymes, which avoids the steric hindrance effect. In the presence of target ctDNA, massive generated legs displace the protruding domain (c) of iStep probes, which impedes DOX@TDN-Au tags to bind to the surface of sensor and then reach a "signal off" state.

**Results** As a result, the rolling walker performed a low limit of detection (LOD) down to 0.24 pM. Moreover, the target ctDNA hybridizes with the ring and capture probe, simultaneously, enhancing the specificity of the developed strategy.

**Conclusions** Thus, the developed method is a promising tool to detect ctDNA and has potential applied to diagnose and assess tumor progression.

## PU-6313

## 阴道微生态 300 例子分析

许闽益

南平市延平区总医院水东分院

**目的** 探讨妇女阴道微生态状况，为进一步施行干预措施提供实验依据。

**方法** 采用病例对照研究，采集

研究对象下阴道 2/3 的白带样本进行阴道微生态检测，判定研究对象的阴道微生态

**结果** 妇女由于雌激素水平的急剧改变，容易发生需氧性阴

道炎及细菌性阴道炎等，临床医师需及时监测妇女的阴道微生态环境，治疗极端的炎症后积极培育阴道有益菌，

早日恢复妇女阴道微生态的平衡状态。

**结论** 妇女由于雌激素水平的急剧改变，容易发生需氧性阴

道炎及细菌性阴道炎等，临床医师需及时监测妇女的阴道微生态环境，治疗极端的炎症后积极培育阴道有益菌，

早日恢复妇女阴道微生态的平衡状态。

## PU-6314

## 10287 例血清免疫固定电泳结果分析

张玲<sup>1,2</sup>, 潘建华<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心,510000

2.广州医科大学金域检验学院

**目的** 探讨免疫固定琼脂糖凝胶电泳技术在多发性骨髓瘤诊断和分型中的应用。

**方法** 对 2017 年 1 月至 2018 年 12 月送往广州金域医学检验中心进行免疫固定电泳筛查多发性骨髓瘤的 10287 例样本使用美国 Helena 全自动琼脂糖凝胶电泳仪 (SPIFE3000) 及配套琼脂糖凝胶免疫固定电泳试剂盒检测, 并对结果以性别和年龄段为纬度, 分析不同性别和年龄段与患多发性骨髓瘤的相关性, 其中男性 5567 例, 女性 4720 例, 年龄在 28-90 岁, 平均年龄 68.9 岁。

**结果** 10287 例血清样本中检出免疫固定电泳出现沉淀条带为阳性结果的患者有 1943 例, 免疫固定电泳分型结果分别为 IgG $\kappa$  621 例, 占 31.96% (621/1943); IgG $\lambda$  387 例, 占 19.92% (387/1943); IgA $\kappa$  221 例, 占 11.37% (221/1943); IgA $\lambda$  263 例, 占 13.54% (263/1943); IgM $\kappa$  71 例, 占 3.65% (71/1943); IgM $\lambda$  22 例, 占 1.13% (22/1943);  $\kappa$  轻链 60 例, 占 3.09% (60/1943);  $\lambda$  轻链 182 例, 占 9.37% (182/1943)。小于 45 岁患多发性骨髓瘤 IgM 型的比例较高, 达 8.3%; 45-59 岁患多发性骨髓瘤 IgA 型比例较高, 达 31.2%; 60-74 岁患多发性骨髓瘤 IgG 型比例较高, 达 52.7%, 75-89 岁患多发性骨髓瘤 IgM 型比例较高, 达 28.1%;  $\geq 90$  岁患多发性骨髓瘤 IgM 型比例较高。男性患 IgG 型多发性骨髓瘤的比例为 54.3%, 患 IgA 型多发性骨髓瘤的比例为 58.2%, 患 IgM 型多发性骨髓瘤的比例为 77.1%; 女性患 IgG 型多发性骨髓瘤的比例为 45.7%, 患 IgA 型多发性骨髓瘤的比例为 41.8%, 患 IgM 型多发性骨髓瘤的比例为 22.9%。

**结论** 免疫固定电泳可直接对 M 蛋白进行鉴定分型, 具有较高的敏感性和特异性, 可作为多发性骨髓瘤的常规检测方法, 辅助临床诊断具有重要的应用价值。

## PU-6315

## 新鲜全血在血液分析仪间比对及传递的临床应用

徐阳

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 探讨新鲜全血在血液分析仪比对及传递的临床应用。

**方法** 用 HST-302 流水线 1 号机血细胞分析仪作为参比检测系统, 对非血液系统疾病门诊病人新鲜全血白细胞 (WBC)、红细胞 (RBC)、血红蛋白 (HB)、血小板 (PLT) 和红细胞压积 (HCT) 进行定值, 再用该血对 HST-302 流水线 2 号机进行比对校准, 最后利用该定值新鲜全血在 HST-302 流水线 1、2 号机进行传递, Sysmex 软件 IPU 有 Cumulative 累计功能, 可保存检测结果, 我们通过 Cumulative 即可随时监测仪器是否存在随机误差或系统误差。

**结果** 通过新鲜全血对 HST-302 流水线 1、2 号机的比对, 发现两台仪器一致性良好; 新鲜全血传递可帮助我们及时发现仪器状态是否在控。

**结论** 采用健康人新鲜全血比对校准后, 提高了不同血液分析仪之间检测结果的一致性; 同时利用新鲜全血在不同血液分析仪间进行传递是一种经济、实用和有效的措施, 具有一定的临床可行性。

## PU-6316

## 肺癌患者凝血及纤溶指标的变化及临床意义分析

徐阳

西安交通大学第二附属医院,710000

**目的** 研究肺癌患者的凝血及纤溶指标的变化并且分析其临床意义。

**方法** 收集西安交通大学第二附属医院 177 例肺癌患者、116 例健康体检者的抗凝全血,对 PT、APTT、FIB、TT、D-dimer、FDP、PLT、MPV、PDW、P-LCR、PCT 进行测定,分析各项指标的变化。

**结果** 肺癌组 FIB、D-dimer、FDP、P-LCR 明显升高,与对照组相比,差异有统计学意义( $P<0.05$ ),而其余检测项目差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 肺癌患者血浆中 FIB、D-dimer、FDP、P-LCR 可以作为其血液高凝状态的灵敏的指标,可辅助临床及时进行诊治,对提升肺癌患者的生存率有重要的意义。

## PU-6317

## 实时荧光核酸恒温扩增技术在淋球菌检测中的应用分析

苗文静

日照市妇幼保健院,276800

**目的** 采用统计学方法评价实时荧光核酸恒温扩增技术(SAT)在临床淋球菌检测中的应用

**方法** 以淋球菌培养法为标准对照,采用实时荧光恒温扩增技术同时对 150 例疑似患者的生殖道拭子标本和尿液标本进行检测,对结果进行统计学分析比较,并用 PCR 法进行验证。

**结果** 使用 SAT 检测的生殖道拭子和尿液阳性检出均为 110 例,培养法阳性检出 1-8 例。其中培养法检出阴性的 2 例通过 PCR 验证为阳性。两种取样方式的 SAT 检测法和培养法三者阳性率差异均无统计学意义( $P>0.05$ );以培养法为金标准, SAT 检测拭子的敏感度为 100%,特异度为 95.2%。

**结论** 采用实时荧光核酸恒温扩增技术对生殖道拭子和尿道标本的检测效果和培养法相比,阳性率高,敏感度较高,且尿道标本收集方法比较简便,患者依从性高,可代替拭子道取样方法,此方法可在临床推广使用。

## PU-6318

## 结核感染 T 细胞斑点试验在结核病诊断中的应用研究

易浪<sup>1</sup>,张新星<sup>2</sup>,高骞<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.中南大学湘雅医学院医学检验系

**目的** 探究结核感染 T 细胞斑点试验(T cell spot test for tuberculosis infection, T-SPOT.TB)在肺结核及肺外结核中的诊断价值。

**方法** 回顾性分析 395 例疑似或待排结核进行 T-SPOT.TB 检测的患者资料,分析 T-SPOT.TB 对肺结核诊断的敏感性、特异性、比值比(OR)、阳性预测值、阴性预测值等,并与 PPD 试验、痰抗酸染色、结核抗体检测等结果比较,分析其诊断价值;根据 T-SPOT.TB 斑点数初步探讨该方法对活动性和非活动性肺结核的鉴别诊断价值;此外,分析 T-SPOT.TB 检测在肺外结核诊断中的敏感性、特异性等;以及自身免疫性疾病,感染性疾病,炎性疾病和肿瘤等疾病因素对 T-SPOT.TB 检测结果的影响。

**结果** 1.在肺结核中 T-SPOT.TB 诊断敏感性为 92.3%，特异性为 69.7%，比值比 (OR) 为 27.6，阳性预测值为 54.6%，阴性预测值为 95.8%；2.活动性肺结核的 T-SPOT.TB 斑点数量显著高于非活动性肺结核 ( $P < 0.05$ )；3. T-SPOT.TB 诊断肺外结核的敏感性为 83.3%，特异性为 100%；4. 自身免疫性疾病，感染性疾病，炎性疾病和肿瘤等疾病状态对 T-SPOT.TB 的影响分析差异不具有统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** T-SPOT.TB 在结核病的诊断中有较高的敏感性和特异性，较其他结核诊断方法具有明显优势；T-SPOT.TB 斑点数对活动性及非活动性肺结核鉴别诊断具有一定价值；此外，自身免疫病，感染性疾病，炎性疾病和肿瘤等疾病状态对 T-SPOT.TB 检测结果影响不大，值得临床推广应用。

## PU-6319

### AIP 对经糖皮质激素联合羟氯喹治疗的 SLE 和 RA 患者发生心血管疾病风险的评估价值

晏波<sup>1</sup>,祝静<sup>2</sup>,王东生<sup>1</sup>,王强<sup>2</sup>,汪光蓉<sup>2</sup>,卢小岚<sup>1</sup>,杜琴<sup>1</sup>,郭晓兰<sup>1</sup>,邢艳<sup>2</sup>

1.川北医学院附属医院,637000

2.川北医学院

**目的** 本文拟通过分析 SLE 和 RA 患者经糖皮质激素联合羟氯喹治疗后 AIP 值的变化，评估患者血脂变化。探究 AIP 在评价 SLE 和 RA 等自身免疫性疾病发生心血管疾病风险中的应用价值，为临床更好的应用 AIP 提供科学依据。

**方法** SLE 住院患者 25 例，接受糖皮质激素联合羟氯喹治疗的患者 21 例，单用糖皮质激素治疗的患者 4 例；RA 住院患者 24 例，接受糖皮质激素联合羟氯喹治疗的 11 例，单用糖皮质激素的 13 例。入院次日和治疗结束次日采集患者空腹静脉血浆用于测定 TG、HDL-C 和 LDL-C。于美国 SIEMENS ADVIA Chemistry XPT system 上进行检测，统计分析治疗前后 AIP 的变化，并与 TG、HDL-C 和 LDL-C 的统计结果进行比较。

**结果** 经糖皮质激素联合羟氯喹治疗的 21 例 SLE 患者，AIP 显著降低 ( $p < 0.05$ )，HDL-C 显著升高 ( $p < 0.05$ )，表明联合治疗后血脂紊乱得到明显改善，同时 TG 和 LDL-C 没有显著变化，表明 AIP 在评估患者 CVD 风险方面的价值优于 TG 和 LDL-C。再根据糖皮质激素剂量分为大 ( $>40\text{mg}$ )、中 ( $15\sim40\text{mg}$ )、小 ( $<15\text{mg}$ ) 三个剂量组，发现大剂量组的患者 AIP 显著降低 ( $p < 0.05$ )，HDL-C 显著升高 ( $p < 0.05$ )，而接受中、小剂量糖皮质激素治疗的患者 AIP、TG、HDL-C、LDL-C 均无明显统计学差异 ( $p < 0.05$ )，提示羟氯喹可能对接受大剂量糖皮质激素治疗的患者的血脂改善更有效。

仅采用小剂量糖皮质激素治疗的 13 例 RA 患者，治疗后 AIP 显著升高 ( $p < 0.05$ )，HDL-C 显著降低 ( $p < 0.05$ )，TG、LDL-C 无明显统计学差异 ( $p < 0.05$ )，结果表明单用糖皮质激素造成患者血脂紊乱。小剂量糖皮质激素联合羟氯喹治疗的 11 例 RA 患者，治疗前后 AIP、TG、HDL-C、LDL-C 均无明显统计学差异 ( $p < 0.05$ )，表明羟氯喹可以改善糖皮质激素所导致的血脂紊乱。同样，AIP 在评估 CVD 风险方面的价值优于 TG 和 LDL-C。

**结论** SLE 患者经糖皮质激素联合羟氯喹治疗可降低 AIP，表明患者发生心血管疾病的风险降低；RA 患者单用糖皮质激素治疗后 AIP 显著升高，表明患者发生心血管疾病的风险增大。与 TG 和 LDL-C 相比，AIP 能更有效地评价患者发生心血管疾病的风险

## PU-6320

## 流式细胞仪 BD FACSCanto II 专用溶血剂和普通次氯酸盐溶血剂功效对比

母璨

四川大学华西医院,610000

**目的** 探讨使用 BD FACSCanto II 流式细胞仪检测标本过程中, 使用迈瑞公司生产的“流式细胞仪用溶血剂”和普通次氯酸盐溶血剂对试剂经济支出、溶血时间、溶血效率的影响, 以便获得一个低支出、高溶血效率的溶血剂。

**方法** 选取我院 2019 年 1 月到 2019 年 3 月的 200 例送检白血病患者骨髓标本和 100 例非白血病患者骨髓标本作为实验对象。分别用专用溶血剂和普通次氯酸盐溶血剂对每一名实验对象标本进行 5min、10min、15min 溶血, 并利用它们在流式细胞仪上的分群效果对比溶血效率。

**结果** 通过实验发现, 经济支出专用溶血剂高于普通溶血剂  $P>0.05$ ; 超过 10min 以后, 溶血时间越长标本分群效果越差, 最佳溶血时间为 5-10min; 溶血效率无明显统计学差异  $P<0.05$ 。

**结论** 对于流式细胞仪 BD FACSCanto II 来说, 专用溶血剂和普通次氯酸盐溶血剂在控制好溶血时间的情况下, 两者溶血效率相似, 但经济支出更少。

## PU-6321

## 荧光定量聚合酶链反应在梅毒患者诊断中的应用价值

郑水华

珠海市第二人民医院

**目的** 探究梅毒患者诊断中荧光定量聚合酶链反应的应用价值。

**方法** 选取 2017 年 1~2019 年 1 年收治的 62 疑似为梅毒患者为研究对象, 所有患者分别予以快速血清反应 (RPR)、荧光定量聚合酶链反应 (FQ-PCR) 检验, 比较不同检查方法诊断的准确率、敏感度、特异性及 ROC 曲线下面积

**结果** 62 例疑似梅毒患者经过病理诊断, 确诊梅毒患者共 46 例, FQ-PCR 诊断的准确率 97.83%、敏感度 67.39%、特异性 87.5% 高于 RPR 诊断 65.22%、45.65%、56.25%, 组间有差异性 ( $P<0.05$ ), FQ-PCR 诊断 ROC 曲线下面积为 0.942 比 RPR 诊断 ROC 曲线下面积 0.716 大

**结论** 荧光定量聚合酶链反应应用于梅毒患者诊断中, 诊断效果好, 推广应用价值高。

## PU-6322

## 脲原体属和人型支原体体外药物敏感性及其对喹诺酮类药物耐药机制分析: 单中心回顾性研究

刘亚丽<sup>1</sup>, 张文娟<sup>2</sup>, 王洁<sup>3</sup>, 叶莎<sup>4</sup>

1. 中国医学科学院北京协和医院, 100000

2. 保定市传染病医院检验科

3. 河北省人民医院检验科

4. 巴州人民医院检验科

**目的** 分析脲原体属和人型支原体体外药物敏感性特点, 并分析其对喹诺酮类药物耐药的相关机制。

**方法** 回顾性总结北京协和医院 2012 年 9 月至 2017 年 4 月通过体外培养方法检测出的脲原体属和人型支原体资料, 结合患者和菌种鉴定结果, 分析其体外药物敏感性特点。针对喹诺酮类药物耐药特点, 采用普通 PCR 法扩增目的基因并测序, 将测序结果翻译成蛋白质序列, 在 NCBI 数据库中参考序列进行比对, 检测 DNA 促旋酶 (GyrA/GyrB) 和拓扑异构酶 IV (ParC/ParE) 序列的突变情况。

**结果** 脲原体属混合人型支原体的敏感性总体显著低于脲原体属或人型支原体单独的体外敏感性; 除大环内酯类外, 脲原体属对喹诺酮类、四环素类、交沙霉素、原始霉素、强力霉素的敏感性普遍低于人型支原体, 但差异无统计学意义 ( $P$  均  $>0.05$ )。女性患者体内分离脲原体属对阿奇霉素、红霉素、克拉霉素、氧氟沙星的体外敏感性较男性低 ( $P$  均  $>0.05$ )。微小脲原体对大部分抗菌药物的敏感性高于解脲脲原体, 尤以对四环素的敏感率差异最大 (98.48% 比 72.73%, 差值 25.8%,  $P<0.05$ )。在 GyrA、GyrB、ParC 和 ParE 的序列比对中, 本研究共发现 21 个突变位点, 其中 ParC S83L 突变占 96.22% (51/53), 为最主要突变位点; 另外, 还发现了 ParC A136T 和 ParE R448K 突变, 以及 1 例 GyrA L176F 和 ParC S83L 联合突变; 最后, 该研究还发现 6 个目前尚未报道过的突变位点, 即 ParC 的 L540F、R718W、Q767E、S789N、M828I 和 I831T。

**结论** 脲原体属和人型支原体的体外药物敏感性与感染种属有关, 脲原体属的体外敏感性还与菌种、患者性别有关。对脲原体属喹诺酮类耐药的机制研究表明, 单独 ParC S83L 突变是脲原体属对喹诺酮类耐药的主要机制, 而新发现 6 个突变位点可能的作用机制还有待深入研究。

## PU-6323

### HLA-B27 抗原表达强度与强直性脊柱炎临床特点研究

邵文萍<sup>1</sup>, 赵海南<sup>2</sup>, 施丽江<sup>1</sup>, 陈传江<sup>1</sup>, 杨永平<sup>1</sup>, 陈树花<sup>1</sup>

1. 昆明医科大学第一附属医院

2. 昆明医科大学

**目的** 探讨流式细胞术检测人类白细胞抗原 HLA-B27 对强直性脊柱炎 (AS) 的临床诊断价值, 并回顾分析 HLA-B27 抗原表达平均荧光强度值 (MFI) 与疾病状态之间的关系。

**方法** HLA-B27 抗原 MFI 值采用流式细胞术检测, 仪器和试剂均为 BD 公司 FACSCanto II 流式细胞仪及 HLA-B27 抗原检测试剂盒, 取 10 $\mu$ L 抗体与 16.7 $\mu$ L 全血孵育, 常规裂解红细胞、洗涤后上机, 应用 FACSCanto 临床软件收集、分析数据后得出结果, 判断阴阳性临界值依试剂盒批号变化波动于 147-149 间。收集最近二年就诊于本院的符合 1984 年修订的 AS 纽约标准的强直性脊柱炎住院患者 63 例, 非 AS 的腰痛患者 54 例, 通过病例回顾性分析, 比较 HLA-B27 阴性与阳性间、HLA-B27 阳性病例中不同 MFI 值之间的临床特点, 探讨 HLA-B27 抗原表达平均荧光强度与 AS 患者疾病状态之间的关系。

**结果** HLA-B27 检测结果在 AS 患者中的阳性率为 92.1% (58/63), 阴性率为 7.9% (5/63)。在 HLA-B27 阳性组中, 随着 HLA-B27 平均荧光强度值的增加, 发病年龄趋小, 临床症状明显, 且较早出现骶髂关节间隙变窄及骨质破坏。随着病程的延长, 不论 HLA-B27 检测为阴性或阳性, 也不论阳性者平均荧光强度值大小, 患者都趋向与骨质破坏与关节融合强直, 增加骨科手术的几率。另外, 对于 HLA-B27 检测阴性患者, 不能仅凭其阴性结果而否定 AS 诊断, 应该根据临床症状特点, 追踪观察影像学变化情况, 以利尽早诊断。

**结论** HLA-B27 抗原与 AS 存在高度的疾病相关性; HLA-B27 阳性有助于 AS 的诊断, 但 HLA-B27 阴性亦不能排除 AS 的诊断; 疑诊 AS 患者应尽早进行 HLA-B27 抗原检测。HLA-B27 抗原的平均荧光强度值有助于判断 AS 病情的轻重程度及预估 AS 的进展速度, 可为临床及时采取强有力的干预措施提供实验室依据。



## PU-6324

## Genotypic Differences in CC224, CC363, CC449 and CC446 of *Moraxella catarrhalis* Isolates Based on Whole Genome SNP, MLST and PFGE Typing

Yali Liu, XINMIAO JIA, SHUYING YU  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Understanding the evolutionary path of *M. catarrhalis* from macrolide-susceptible to macrolide-resistant organism, is important for hindering macrolide resistance from propagation. Multilocus sequence typing (MLST), pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) and whole genome SNP typing (WGST), as useful and practical typing tools, have both advantages and disadvantages.

**Methods** We studied the utility of these 3 typing methods, including the level of agreement, consistency and draw backs, in characterizing *M. catarrhalis* clones and clonal complexes.

**Results** We focused on four clonal complexes [CC224, CC363, CC449 (CCN10) and CC446 (CCN08)] and found that PFGE and WGST had a high level of agreement and a proper consistency of the same clone or very closely related clones, while MLST is less discriminatory for different clones. Moreover, we detected macrolide-resistant *M. catarrhalis* in CC224, which has previously been considered a macrolide-susceptible clonal complex. A higher number of isolates belonged to ST215 compared to ST446, implying that ST215 is more likely to be the primary founder. Furthermore, we also tried to establish an evolutionary distance cut-off value for specific clonal complexes and discovered that the cut-off value was very variable. Our study also demonstrated that all the four clonal complexes belong to the *M. catarrhalis* lineage 1, which is considered to be related to increased virulence potential and serum resistance. We also observed that *copB* II was highly related to CC449 and LOS type B was mainly confined in CC224.

**Conclusions** In conclusion, these findings provide further insight into the evolutionary characteristics of *M. catarrhalis*.

## PU-6325

## Evaluation of the value of serum SAA, CRP and PCT in the diagnosis and differential diagnosis of aseptic inflammation

Junlong Liu  
The Second People's Hospital of Hunan Province

**Objective** To evaluation the diagnostic value of the serum amyloid A (SAA), C-reactive protein (CRP) and procalcitonin (PCT) in aseptic inflammatory.

**Methods** Ninety-one aseptic inflammation patients included acute myocardial infarction (AMI), acute pancreatitis (AP) and acute trauma (AT) enrolled in this study, infection diseases and healthy people as control. The levels of serum SAA, CRP and PCT were analyzed.

**Results** Compared with the healthy control, the levels of serum SAA, CRP and PCT in patients with infectious diseases and aseptic inflammatory were significantly increased ( $p = 0.000 / 0.000 / 0.000$ ), but the serum SAA, CRP and PCT in aseptic inflammation were obviously lower than that of infection control ( $p = 0.000 / 0.000 / 0.000$ ); the levels of serum SAA and CRP in the AMI were significantly lower than those in the AP and AT ( $p = 0.000 / 0.000 / 0.000 / 0.005$ ), there was not significant difference in the levels of serum PCT among the groups ( $p = 0.642$ ); Serum SAA was positively correlated with CRP; AUC of SAA, CRP and PCT for diagnosis of infection and non-infection were 0.759, 0.747 and 0.871, cutoff values were 97.3 mg/L, 42.15 mg/L and 0.64 ng/L; the AUC of SAA combined with PCT for diagnosis of infection and non-infection was 0.882, and

the AUC of SAA, CRP and PCT combined detection for diagnosis of infection and non-infection was 0.884.

**Conclusions** Serum SAA, CRP and PCT combined analysis in the differential diagnosis of infections and aseptic inflammatory play a certain role.

## PU-6326

### The epidemiological and clinical characteristics of hand, foot and mouth disease in Hangzhou, China, 2016-2018

Jie Wang<sup>1</sup>, Jun Zhou<sup>1</sup>, Guoliang Xie<sup>2,3</sup>, Shufa Zheng<sup>2,3</sup>, Bin Lou<sup>2,3</sup>, Yu Chen<sup>2,3</sup>, Yidong Wu<sup>1</sup>

1. Hangzhou Children's Hospital

2. Center of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital, School of Medicine, Zhejiang University

3. Key Laboratory of Clinical In Vitro Diagnostic Techniques of Zhejiang Province

**Objective** Hand, foot and mouth disease (HFMD) is most frequently caused by several serotypes of human enterovirus (EV) including Enterovirus 71 (EV71), Coxsackievirus A16 (CV-A16) or other types of EV. Children under 5 years old are the most susceptible to HFMD. The aim of this study was to determine the epidemiological characteristics and the relationship between severe and mild HFMD.

**Methods** We collected 4760 probable HFMD cases with skin papular or vesicular rashes on the hands, feet, mouth or buttocks in Hangzhou from 2016 to 2018. Specimens of these cases were collected and the pathogen of EV71, CV-A16, CV-A6, CV-A10, CV-A2 and CV-A5 was classified by RT-PCR. Then the pathogen distribution and clinical status of children with HFMD were described.

**Results** From Jan. 1, 2016 to Dec. 31, 2018, the incidence and prevalence of HFMD were seasonal each year. Among the 4760 probable HFMD cases, 3559 cases were confirmed (74.8%, 3559/4760), including 426 cases of EV71 infections (8.9%, 426/4760), 249 cases of CV-A16 infections (5.2%, 249/4760) and 2884 cases of other enteroviruses infections (60.6%, 2884/4760). The percentage of EV positive HFMD cases with non-EV71 and non-CV-A16 was more than 80% (2884/3559), which increased year by year. The percentage of EV71 decreased year by year in the last three years especially in 2018. Among the 1297 cases randomly selected of other EV infections in 2017 and 2018, there were 835 (64.4%) cases of CV-A6 infections, 177 (13.6%) cases of CV-A10 infections, 100 (7.7%) cases of CV-A2 infections, 40 (3.1%) cases of CV-A5 infections, 3 (0.02 %) cases of mixed infections and 11.0% untyped enteroviruses infections. Preschool children were still the primary population susceptible to HFMD, and the age of the children infected with other enteroviruses tended to be younger. In severe cases, EV71 infection was the main cause.

**Conclusions** Characterizing the epidemiology and the relationship between severe and mild cases of HFMD would provide relevant evidences for the prevention and treatment of HFMD.

## PU-6327

### 恒温扩增技术检测男性淋球菌性尿道炎病原菌 RNA 方法的建立

戴显宁, 童郁, 林建萍, 施建有, 陈璐, 许锴  
温州市人民医院

**目的** 利用 RNA 恒温扩增技术建立一种快速、可靠的从男性尿液样本中检测淋球菌 RNA (NG-RNA) 的方法。

**方法** 对 322 例男性疑似淋球菌性尿道炎感染患者运用 RNA 恒温扩增技术 (RNA-SAT) 和实时荧光定量 PCR 技术 (FQ-PCR) 进行 NG 检测, 并对结果统计分析。

**结果** NG 阳性率最高为尿液-RNA-SAT 法 35.1% (113/322), NG 阳性率最低为尿液-FQ-PCR 法 27.3% (88/322)。尿液-RNA-SAT 法、尿液-FQ-PCR 法与分离培养法经  $\chi^2$  检验, 三者阳性率比较有统计学差异 ( $\chi^2=6.312$ ,  $P<0.05$ ); 同样将拭子-RNA-SAT 法、拭子-FQ-PCR 法与分离培养法经  $\chi^2$  检验, 三者阳性率比较无统计学差异 ( $\chi^2=1.039$ ,  $P>0.05$ ); 以分离培养法作为参考, 尿液-RNA-SAT 法检测 NG 的敏感度最高为 97.9%(93/95), 尿液-FQ-PCR 法的敏感度最低为 81.1% (77/95); 根据 ROC 曲线判断, 拭子-RNA-SAT 法和尿液-RNA-SAT 法的曲线下面积中等偏上, 具有较高的诊断价值 ( $AUC>0.9$ ); 对其中用药 7 天后临床症状、体征消失且尿常规白细胞阴性的 81 例患者采样复查, 比较尿液-RNA-SAT 法、尿液-FQ-PCR 法以及分离培养法的阴转率, 经  $\chi^2$  检验, 三者阴转率无统计学意义 ( $\chi^2=2.531$ ,  $P>0.05$ ); 同样比较拭子-RNA-SAT 法、拭子-FQ-PCR 法以及分离培养法的阴转率, 经  $\chi^2$  检验, 三者阴转率无统计学意义 ( $\chi^2=2.933$ ,  $P>0.05$ )。

**结论** RNA-SAT 法和 FQ-PCR 法对初诊病人 NG 病原菌检测中作用相当, 均可作为判断 NG 病原菌感染的指标。但 RNA-SAT 法既具备了 FQ-PCR 的高敏感度和特异度, 又能很好的判断预后效果, 同时可采用尿液作为待检样本, 具有取样方便、耗时短、污染小及反应稳定等优点, 可用于男性淋球菌尿道炎 NG 检测与疗效监测。

## PU-6328

### 不同方法对细菌性阴道病检出效果的研究

董一红

首都医科大学附属复兴医院,100000

**目的** 探讨湿片镜检法、干化学酶法、乳胶免疫层析法、核酸杂交法、革兰染色 Nugent 评分法等方法对检测阴道分泌物标本中细菌性阴道病的检出效果。

**方法** 同时使用上述方法检测 211 例阴道分泌物标本, 并以革兰染色 Nugent 评分法为金标准, 对数据进行统计分析。

**结果** 湿片镜检法、干化学酶法、乳胶免疫层析法及核酸杂交法, (1) 其敏感度分别为 100%、100%、44.19%和 78.38%; (2) 特异度分别为 93.09%、93.58%、89.88%和 95.98%; (3) 诊断符合率分别为 93.83%、94.31%、80.57%和 92.89%, (4) 分别与革兰染色 Nugent 评分法相比, Kappa 值 (一致性检验) 分别为 0.746、0.768、0.363 和 0.752; (5) 相对于革兰染色 Nugent 评分法, 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.819、0.833、0.695 和 0.880, 核酸杂交法 AUC 值最大, 乳胶免疫层析法 AUC 值最小; (6) 五种方法总符合率为 64.9%。

**结论** 五种方法中, 核酸杂交法对细菌性阴道病的检出效果最佳, 湿片镜检法和干化学酶法次之, 乳胶免疫层析法效果很不理想, 不建议单独使用; 五种方法间总体符合率非常低, 不建议不同实验室和不同方法间进行比较。实验室应根据自己的实际情况选择相应的检测方法。

## PU-6329

### 凝血曲线在妊娠妇女产前诊断中的应用价值

赵佳强,余伙梅,黄翠珍,卢春风,詹永聪,张振林\*

珠海市人民医院,519000

**目的** 通过凝血曲线图分析评价正常妊娠妇女临产前的凝血状态, 并探讨凝血曲线图参数与常规凝血检查指标的相关性, 给予临床更多的帮助。

**方法** 本文采用回顾性研究分析的方法,使用透射法血凝仪对在珠海市人民医院自 2018 年 7 月至 2019 年 2 月间做凝血曲线分析的 200 个先兆临产孕妇和 50 个体检健康未妊娠的妇女的临床资料进行分析,结果应用 SPSS19.0 进行统计。

**结果** 先兆临产妊娠组的平均 PT、APTT、INR 和血小板计数明显低于正常未妊娠组,先兆临产妊娠组的 Fbg 值显著高于未妊娠组。先兆临产妊娠组与正常未妊娠组相比 bH(基线)显著减低( $\alpha=0.05$ ); dH(反应强度)显著升高( $\alpha=0.05$ )。

**结论** 先兆临产妊娠妇女处于高凝状态,凝血曲线和临床传统检测指标具有可靠的相关性,是临床连续监测和指导临产的良好手段。

## PU-6330

### 反向斑点杂交法和基因芯片法在 HPV 基因分型检测中的应用比较

张振林,黄琳,彭正科,黄建宏,何锦文,李慧欣  
珠海市人民医院,519000

**目的** 探讨 PCR-反向斑点杂交法和 PCR-基因芯片法在人乳头瘤病毒(HPV)基因分型检测中的应用比较。

**方法** 选取用 PCR-反向斑点杂交法检测过的 166 例尿道口或宫颈脱落细胞标本(其中阳性 110 例,阴性 56 例),再用 PCR-基因芯片法进行对比检测,检测结果应用 SPSS18.0 软件统计分析。

**结果** PCR-反向斑点杂交法阳性检出率为 66.3%(110/166),PCR-基因芯片法阳性检出率为 62.7%(104/166),卡方检验两者总体阳性率  $\chi^2=0.473$ ,  $P>0.05$ ,差异无统计学意义。两种方法的总符合率为 92.8%(154/166),阳性符合率为 91.8%(101/110),阴性符合率为 94.6%(53/56)。两种方法检出 HPV16、52 两种型一致阳性率最高。对于两种方法能共同检测的 20 种型别均  $P>0.05$ ,差异无统计学意义。

**结论** PCR-反向斑点杂交法和 PCR-基因芯片法在 HPV 基因分型检测中检验性能无明显差异,均可应用于 HPV 基因分型检测。

## PU-6331

### 河南省 1 至 7 岁健康儿童性别和年龄特异性血细胞参考区间建立

张小安,丁燕子,袁恩武  
郑州大学第三附属医院

**目的** 建立河南地区儿童年龄和性别依赖的血细胞参考区间。

**方法** 本研究采用直接法收集了河南省 2,164 名 1 至 7 岁的健康儿童的静脉血样本。利用迈瑞血细胞分析仪分析了 17 种血液学指标,使用参数方法(平均值 $\pm 2SD$ )和非参数方法(2.5-97.5 百分位数)建立了不同年龄和性别的血细胞参考区间。

**结果** 本研究建立的血细胞参考区间包括红细胞计数(RBC),血红蛋白浓度(HGB),血细胞比容(HCT),平均红细胞体积(MCV),平均红细胞血红蛋白(MCH),平均红细胞血红蛋白浓度(MCHC),红细胞分布宽度(RDW),白细胞计数(WBC),中性粒细胞百分数(NEUT%)、淋巴细胞百分数(LYM%)、单核细胞百分数(MO%)、嗜酸性粒细胞百分数(EO%)、嗜碱性粒细胞百分数(BASO%),血小板计数(PLT),平均血小板体积(MPV)、血小板比容(PCT)、血小板分布宽度(PDW)。研究显示,1 至 7 岁儿童的白细胞和血小板计数高于成人,但红细胞没有变

化。HCT, HGB, MCV, MCH, MCHC 的水平低于成人。男孩的 MO%, EO%, BASO%, MCHC, RDW-CV 高于女孩 ( $P < 0.05$ )。女孩的 MCV 和 MCH 高于男孩 ( $P < 0.05$ )，但 LYM 和 NEUT 无性别差异 ( $P < 0.05$ )。除了红细胞外，其余指标存在显著的年龄差异 ( $P < 0.05$ )。WBC, LYM%, RDW, PLT 随年龄增加而减少，MCV, MCH, HCT, HGB, NEUT% 随年龄增加而增加。

**结论** 本研究建立了河南省 1 至 7 岁儿童的年龄和性别特异性血细胞参考区间，为儿科疾病的诊断和治疗提供了依据。

## PU-6332

### 老年Ⅱ型糖尿病患者 HbA1c 与肿瘤标志物 AFP、CEA、CA199 的相关性研究

陈亚军, 赵明薇, 郑通明, 林绍庆, 曾雅, 张振林\*  
珠海市人民医院, 519000

**目的** 分析老年Ⅱ型糖尿病糖化血红蛋白水平 (HbA1c) 水平与肿瘤标志物 AFP、CEA、CA199 的相关性。

**方法** 选取 2017-2018 年在珠海市人民医院门诊和病房就诊的 200 例年龄在 60 岁以上的Ⅱ型糖尿病患者，并排除糖尿病并发症者，确诊恶性肿瘤者，胰腺病史胆囊病史者，消化道出血等人作为研究对象，同时抽取 150 例健康体检标本作为对照组，研究组根据 HbA1c 值分为  $>6\%$ 、 $6\% \sim 8\%$ 、 $8\% \sim 10\%$  和  $>10\%$  4 组，观察不同组之间肿瘤标志物 AFP、CEA、CA199 水平的变化，比较组间水平差异并进行相关性分析。

**结果** 糖尿病组的 HbA1c 水平高于对照组，血清 CA199、CEA 的浓度也均高于对照组，差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。同时随着 HbA1c 的升高，肿瘤标志物 CA199、CEA 呈升高趋势，差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。相关性分析结果显示，糖尿病组 HbA1c 水平与血清 CA199、CEA 浓度呈显著正相关 ( $P < 0.05$ )，与血清 AFP 浓度无明显相关性 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 老年Ⅱ型糖尿病患者血清肿瘤标志物浓度会有不同程度升高，其中 HbA1c 的升高可能导致血清 CA199、CEA 浓度的升高，但对血清 AFP 的浓度无显著影响。因此对 HbA1c 水平控制较差的老年Ⅱ型糖尿病患者应更加注意监测其血清 CA199、CEA 的浓度。

## PU-6333

### AUTOF MS 1000 安图微生物质谱鉴定仪 质量控制体系的构建

张青  
成都中医药大学附属医院, 610000

**目的** 构建 AUTOF MS 1000 安图微生物质谱鉴定仪的质量控制体系

**方法** AUTOF MS 1000 安图微生物质谱仪鉴定

**结果** AUTOF MS 1000 安图微生物质谱鉴定仪是 2018 年由国内安图股份有限公司生产的基质辅助激光解析电离飞行时间质谱仪，主要用于细菌，酵母样菌，丝状真菌和分枝杆菌等检测，具有快速、准确、高通量、操作简单的特点，目前已建立起拥有 4500 多种细菌的微生物质谱数据库。AUTOF MS 1000 的准确鉴定需要建立在完善的质量控制体系的基础之上，仪器性能状态是否最

优、检验操作是否规范，结果判读是否准确，每一个操作环节的失误均直接影响鉴定结果的准确性。

**结论** 因此，对 AUTOF MS 1000 安图微生物质谱鉴定仪，亟待建立起适合本实验室的一套完整的覆盖检验前、中、后的质量控制体系，从实验室生物安全，人员培训，仪器性能参数设置，质量控制，仪器操作及检验程序性能验证等方面进行全面的质量管理，以保证 AUTOF MS 1000 检验结果的准确性。

## PU-6334

### 关于网络交流平台中毛蠓幼虫感染与 蝇蛆病鉴别的探讨

周玉利<sup>1</sup>,曹兴午<sup>3</sup>,吴茅<sup>2</sup>

1.杭州市第一人民医院,310000

2.浙江省人民医院,310000

3.无

**目的** 针对寄生虫检验网络交流平台中的高频问题，毛蠓幼虫和蝇蛆的鉴别做进一步的探讨，阐明鉴别要点，规避漏诊、误诊。

**方法** 通过显微镜下观察毛蠓幼虫和蝇蛆的形态特征，阐述生活史和流行病学等方面区分异同。

**结果** 毛蠓幼虫细长乳白色，头尾灰褐色，头部呈圆锥形，咀嚼式口器，体部覆有长短不等的簇毛，患病与环境卫生情况和个人卫生情况密切相关；蝇蛆病种类繁多，多见于眼部感染和皮肤感染，人体感染属偶然现象，在牧区多发，鉴别虫种结合临床病史，有利于明确诊断。

**结论** 通过虫体形态特征，结合临床病史和流行病学研究，增进对寄生虫的认识和探索，能够更好地辅助临床明确诊断。

## PU-6335

### 北京市部分地区献血人群中 HTLV-I/II 情况调查

张培星

河北省沧州中西医结合医院

**目的** 调查北京市部分地区献血人群中人类 T 淋巴细胞白血病病毒-I/II (HTLV-I/II) 感染情况。

**方法** 采用酶联免疫吸附实验 (ELISA) 测定献血者血清中 HTLV-I/II 的抗体，初筛阳性标本送至卫计委临检中心用免疫印迹法 (Western Blot ,WB) 及实时荧光定量 PCR 技术进行确诊。

**结果** 已完成的北京市部分地区 9034 份献血者中，初筛发现 3 例阳性，初筛阳性率 0.033%。确诊 1 例，其阳性率为 0.011%。

**结论** 提示本市人群中 HTLV-I/II 感染率低，是否将 HTLV-I/II 筛查作为常规检测项目，还需进一步进行大规模调查。

PU-6336

## 基于临床检验指标的男性冠心病风险预测模型建立与评估

王吉妍

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探究临床检验指标与男性冠心病诊断的相关性，筛选可能成为男性冠心病独立危险因子的指标，构建冠心病风险预测模型。

**方法** 选择云南省昆明医科大学第一附属医院心脏内科于 2018 年 6 月至 2018 年 12 月间确诊为冠状动脉粥样硬化性心脏病（Coronary atherosclerotic heart disease, CHD）男性患者 359 例，年龄分布 26-90 岁，平均年龄 60.35 岁；同期接受健康体检的健康体检男性 359 例，年龄分布 22-72 岁，平均年龄 40.42 岁为研究对象。收集研究对象入院初次血细胞分析、血生化结果。分析各变量内部相关性以及在 CHD 组和对照组之间的差异性；采用二分类 logistic 多因素回归分析方法筛选可能成为男性冠心病相关因子的变量，并构建男性冠心病风险预测模型。

**结果** 最终确认 age、lnAST、NEUT%、lnPDW、TC 为独立相关因子，最终预测方程为：

$Probability(CHD-final)=1/\{1+\exp(-6.511+0.229age+2.744lnAST+0.131NEUT\}$   
 $-6.714lnPDW-0.82TC\}$

**结论** age、lnAST、NEUT%、lnPDW、TC 可能是男性冠心病的独立相关因子；

通过严格控制的统计学分析，对常用血细胞分析、血生化指标实施合理筛选，可以得到理想的 CHD 风险预测模型。

PU-6337

## 由 S.tigurinus 引起的外伤性眼内炎 1 例

徐芳依<sup>1,2</sup>, 郑美琴<sup>3,1</sup>

1.温州医科大学检验学院

2.温州医科大学附属眼视光学院

3.温州医科大学附属眼视光医院

**目的** 报告 1 例外伤后由 *Streptococcus oralis* subsp. *tigurinus* (S.tigurinus) 引起的爆发性眼内炎病例。S.tigurinus 属于草绿色链球菌中的 S.mitis 群，是常见的人类口腔菌，也是新发现的口腔链球菌亚种，已有报道发现该菌可引起感染性心内膜炎、椎间盘炎和脑膜炎等，也有少量眼部感染病例，包括玻璃体腔药物注射以及角膜交联术后的感染。我们发现的这一例是外伤后导致的爆发性眼内炎，进展迅速，预后极差，在入院 48H 后行眼球摘除术而致残。

**方法** 病例回顾分析及文献复习。通过分析病例记录及微生物表型、DNA 分析（包括 16S 及全基因测序结果分析）等，确认感染病原菌，并结合文献报告，分析该菌引起的眼内炎特点及结果，以期临床诊疗提供建议。

**结果** 患者，男性，62 岁，否认糖尿病、高血压及眼科手术史，此次因右眼铁片溅入后视物不清 4 小时入院。专科查体：右眼角膜 9 点位见“Y”字型角膜全层创口，周围角膜轻度水肿，晶状体前囊膜破裂伴晶状体混浊，玻璃体及眼底均窥视不清；左眼可。眼底示小瞳下视乳头界清色红，C/D=0.3，黄斑中心凹反光未见，余窥视不清。眼眶 CT 检查发现右眼球穿通伤，右侧球内后缘见一径约 6.7mm 结节状致密影。B 超示右眼玻璃体浑浊，右眼眼底病可能。该患者先后进行了右眼角膜穿通伤清创缝合并前房冲洗并球内异物磁吸术和右眼前房冲洗并玻璃体腔注药术，但仍由于严重疼痛且视力较差，患者要求手术以减轻疼痛，最终选择行眼内容物剜除术。术后无诉不适后出院。其中实验室检查：房水及玻璃体涂片镜检显示 G 阳性球菌和白细胞感染，房水培养和术后眼内容物分别在有氧和厌氧条件下培养出此菌落，且实验室常规培养鉴定此菌为口腔链球菌，药敏试

验结果示此菌对阿莫西林、万古霉素敏感,但对红霉素、左氧氟沙星、加替沙星耐药。但后续我们进行 16S rRNA 基因测序,结果证实此菌为 *Streptococcus oralis* subsp.

**结论** 由该菌引起的眼内炎,结果普遍较差。对该菌的鉴定,分子生物技术具有较高的诊断准确性,可更好的辅助临床医生诊断和治疗,对患者得到及时治疗和改善预后具有极其重要的意义。

## PU-6338

### 甲状腺激素与血糖水平的相关性研究

杨霞霞

济宁医学院附属医院,272000

**目的** 通过收集并检测甲亢患者的一系列甲状腺相关激素,研究其与空腹血糖间的相关性。

**方法** 收集 300 例初诊甲亢患者检测游离 T<sub>3</sub> (FT<sub>3</sub>)、游离 T<sub>4</sub> (FT<sub>4</sub>)、总 T<sub>3</sub> (TT<sub>3</sub>)、总 T<sub>4</sub> (TT<sub>4</sub>) 和促甲状腺激素 (TSH) 及患者的空腹血糖、尿糖结果并进行分析。

**结果** 高年龄组甲亢患者空腹血糖水平高于同年龄正常对照组,FT<sub>4</sub> 与空腹血糖呈正相关。

**结论** 甲状腺激素水平与血糖水平相关,且随年龄增加,相关性增加。甲状腺激素是体内最重要的激素之一,并与胰岛素抵抗相关从而在 II 型糖尿病的发病机制中有重要作用。本研究通过回顾分析甲亢患者甲状腺激素水平与血糖水平并探讨其相关性,以期对临床诊断和治疗提供相应的实验室依据。

## PU-6339

### 化学发光微粒免疫分析法检测抗 TP 抗体的性能评价和应用探讨

童明宏

上海市同仁医院,200000

**目的** 通过梅毒血清学方法数据的分析评估,探讨化学发光微粒免疫分析法 (Chemiluminescence microparticle immunoassay, CMIA) 检测抗梅毒螺旋体 (*Treponema pallidum*, TP) 抗体的性能指标和信号/临界值 (S/CO) 比值设定方案。

**方法** ADVIA Centaur XP CMIA 系统检测 116 例患者血清抗 TP 抗体 S/CO, 其中 98 例 S/CO>1.1, 18 例 S/CO≤1.1。同时用荧光螺旋体抗体吸收试验 (Fluorescent treponemal antibody absorption test, FTA-ABS) 分析确认。采用受试者工作特征曲线 (receiver operating characteristic, ROC) 评价 CMIA 的检测性能。

**结果** ADVIA Centaur XP CMIA 系统检测 116 例患者,经 FTA-ABS 确认,阳性 70 例,弱阳性 16 例,阴性 30 例。以 FTA-ABS 结果作为金标准绘制 ROC 曲线,诊断效能最好时,约登指数为 0.757,抗 TP 抗体 S/CO 比值的临界值为 3.66,曲线下面积为 0.885。当初筛试验结果阳性预测值 ≥95% 时,其 S/CO 比值为 4.25。

**结论** CMIA 的灵敏度高,几乎无漏诊病例,适合作为初筛实验;有误诊率,梅毒确诊需要紧密结合病史和临床症状,必要时采用其他的确诊实验的流程,为较为合理的梅毒实验室检测方案。



## PU-6340

## 他汀类药物基因检测在心血管疾病个体化用药的探讨

童明宏

上海市同仁医院,200000

**目的** 研究他汀类药物基因组学在心脑血管疾病患者中的应用情况,探讨其与血脂管理的关系。

**方法** 选择确诊为心脑血管疾病患者 141 例,其中冠心病 72 例,脑梗死 69 例,以健康体检者 70 名作为正常对照组。(1) 所有对象均检测血脂常规项目,比较各组的基础指标。(2) 选择 141 例心脑血管疾病患者作为心脑血管疾病组,其中脑梗死 69 例为脑梗死组,冠心病 72 例为冠心病组,进行他汀类药物 13ACB1(2677G>T)、62ACB1(3435C>T)和 67SLCO1B1\*5(T>C)基因单核苷酸多态性(single-nucleotide polymorphism, SNP)的基因分型和等位基因频率分析,比较各组的基因分布频率。(3) 72 例冠心病患者中选取 41 例患者进行他汀类药物治疗前后基因多态性与血脂水平相关性的分析和研究。

**结果** (1) 心脑血管疾病组中脑梗死组和冠心病组血脂异常,其中 TG、Lp(a)血清水平明显高于正常对照组( $P<0.05$ ),HDL 血清水平低于正常对照组( $P<0.05$ )。(2) 心脑血管疾病组、脑梗死组,冠心病组的基因分型和基因频率分布存在高度一致性,均呈现 13ACB1(2677G>T)的等位基因 G 频率高于突变 T、62ACB1(3435C>T)等位基因 C 频率高于突变 T 和 67SLCO1B1\*5(T>C)等位基因 T 频率高于突变 C 的结果。(3) 41 例冠心病患者在接受他汀类药物治疗后,降脂疗效明显,血清 TG、TC、LDL 水平较治疗前明显降低( $P<0.05$ ),血清 HDL 水平较治疗前明显升高( $P<0.05$ ),且不同基因型患者对该类药物的调脂疗效存在明显差异( $P<0.05$ )。

**结论** 心脑血管疾病患者存在血脂水平异常情况;心脑血管疾病组,脑梗死组、冠心病组患者基因分型和基因频率高度一致,同一组内患者存在明显的个体差异;心脑血管疾病患者的药物基因组学检测对指导他汀类药物临床降脂治疗发挥着重要作用。

## PU-6341

## Infection in Patients with HBV-Related Acute-on-Chronic Liver Failure in Southwest China: Prevalence, Characteristics and Impact on Prognosis

Bin Wei,Xiaojuan Wu,Lu Wang,Bei Cai ,Lanlan Wang  
West China Hospital, Sichuan University

**Objective** In China, HBV-related Acute-on-chronic liver failure (ACLF) is the leading cause of death in patients with liver disease, of which infection is an important cause of high mortality. In this investigation, we aim to evaluate the prevalence and characteristics of bacterial and fungal infections in patients with HBV-related ACLF, and its impact on short-term outcome in southwest China where no data was available at present.

**Methods** Nine hundred and seventy-eight patients (age ranges from 15 to 85 years old, median=44) with HBV-related ACLF during the period from January 2011 to December 2018 were selected in West China Hospital of Sichuan University (a university-affiliated hospital with 4,300 beds). The clinical data of patients were collected to analyze the clinical features of the infected and non-infected groups and the influencing factors of short-term prognosis.

**Results** In 978 patients (male to female ratio is 5.94:1) with HBV-related ACLF, 683 patients (69.84%) were complicated with infections, of which the top five sites of infections were peritonitis (72.91%, 498/683), pneumonia (47.58%, 325/683), septicemia (7.32%, 50/683), Intestinal infection(6.30%, 43/683) and Urinary tract infection (3.66%, 25/683). 308 patients (45.10%, 308/683) had infections at more than 2 sites. 24.16% (165/683) of the infections were culture-positive, of which bacterial and fungal infections account for 16.54% (113/683) and 7.61%

(52/683), respectively. 39.97% (61/165) of them were caused by multidrug-resistant organisms (MDROs). ESBL-producing Enterobacteriaceae were the most frequent MDROs isolated in this series (26.23%, 16/61). Logistic regression analysis showed that age, comorbidities (edema, diabetes, hypertension, gallstones), whether artificial liver is used, coagulation function, liver function, renal function and end-stage liver disease score were independent risk factors for the induction of infections in HBV-related ACLF patients. Moreover, the 28-day mortality rate (38.51%, 263/683) of infected patients is significantly higher than that of non-infected patients (16.27%, 48/295) ( $P<0.05$ ), and patients with multi-organ infections had a higher 28-day mortality rate (43.18%, 133/308) than those with one organ infections (34.67%, 130/375) ( $P<0.05$ ).

**Conclusions** HBV-related ACLF patients have a high incidence of infection. MDR bacterial infections is becoming a prevalent and complex healthcare problem in HBV-related ACLF patients in southwest China. Age, comorbidities, whether artificial liver is used, and organ failure are independent risk factors for the incidence of infections in HBV-related ACLF patients.

## PU-6342

### 阴道炎五联检试剂盒与常规镜检结果的对比分析

李欣

重庆市沙坪坝陆军军医大学第一附属医院

**目的** 与白带直接涂片镜检结果进行对比分析, 考察阴道炎五联检试剂盒的临床诊断意义和价值。

**方法** 收集我院 310 例临床白带标本, 分别用直接涂片镜检和五联检试剂盒(安图)进行检查, 对结果进行对比分析。

**结果** 310 例标本分别用五联检试剂盒和直接涂片镜检法霉菌检测结果的符合率为 99.0%, 滴虫检测结果的符合率为 99.6%。白细胞酯酶阳性程度与镜下白细胞数量相关性较好, 但敏感性欠佳, 导致清洁度的检测结果符合率仅为 85.4%。

**结论** 五联检试剂盒(安图)中乙酰氨基葡萄糖苷酶与滴虫、真菌关联性良好, BV 与唾液酸苷酶和脯氨酸氨基肽酶的关联性良好, 可有效的筛查妇科阴道炎疾病。但清洁度符合率偏低, 有必要对仪器灵敏度进行校准后再投入使用。阴道炎干式化学联合检测是实验室进行阴道炎疾病筛查的有效方法, 使用前进行科学评估及验证是确保结果可靠性的必要条件。

## PU-6343

### Research of the replantation application of the post-proliferation in vitro of autologous lactobacillus in the vaginal microbial ecology

Xiaobo Dai

Laboratory of People's Hospital, Zhuhai High-tech Industrial Zone

**Objective** To explore the effects of the replantation technique of post-proliferation in vitro of autologous residual hydrogen peroxide lactobacillus in the restoration of the vaginal micro-ecology imbalance.

**Methods** replantations of the post-proliferation in vitro of autologous lactobacillus were conducted on 26 cases of women with micro-ecological imbalance, and after the plantations vaginal secretions were taken at intervals of 1m, 3m, 6m and 12m for evaluations of the vaginal micro-balance.

**Results** 12 months after the plantations, observations showed the WBC count inside the vaginas of the objects obviously declined ( $H_c=18.17$ ,  $P=0.000<0.05$ ), and, as the concentrations of the Gram-positive bacilli bacteria, which were the dominant bacteria were substantially increased.

During the observation period, 9 cases had recurrent vaginitis, among which 7 cases were recurrent fungal vaginitis.

**Conclusions** the replantation technique of post-proliferation in vitro of autologous residual hydrogen peroxide lactobacillus featured obvious efficacies in the aspect of restoring vaginal micro-biological imbalance, featured excellent effects of long-term plantation and proliferations, but it had no obvious inhibition effects on fungi.

## PU-6344

### 美国对实验室自建方法（LDT）的监管及个人思考

樊高威<sup>1</sup>,贾婷婷<sup>1</sup>,王清涛<sup>1</sup>,李金明<sup>2</sup>,徐国兵<sup>3</sup>

1.首都医科大学附属北京朝阳医院,100000

2.国家卫健委临床检验中心

3.北京大学肿瘤医院,100000

**目的** 实验室自建方法（LDT）近年来发展迅速，对公众健康有重要作用。为保障患者安全,促进技术创新，美国的行政机构及医疗专家们对 LDT 提出监管办法。

**方法** 本文介绍了美国食品药品监督管理局（FDA）、临床实验室改进修改案（CLIA）、国会和一些学术机构如美国病理家学会（CAP）、美国分子病理学会（AMP）、美国医学遗传学会（ACMG）提出的 LDT 监管意见。

**结果** 综述了美国对 LDT 的监管方式

**结论** 最后，我们提出可通过第三方评审专家来加强我国的 LDT 监管。

## PU-6345

### 两种 HPV 检测方法结果一致性的评估

邢志芳<sup>1</sup>,夏建红<sup>2</sup>,陈淑英<sup>1</sup>,王志成<sup>1</sup>

1.复旦大学附属华山医院,200000

2.复旦大学附属闵行医院

**目的** 人乳头瘤病毒（HPV）感染与宫颈癌的关系密切，而当前临床实验室所用的 HPV 检测试剂种类繁多、参差不齐，本文旨在探讨罗氏 4800 与安娜（Analitica）两种不同 HPV 分型检测系统结果的一致性与可比性，为临床疾病诊断提供参考。

**方法** 收集 231 例妇科门诊的宫颈分泌物样本，同时用以上两套 HPV 检测系统进行分析，并将两种检测系统结果不一致样本送第三方做进一步检测，最后统计分析两种检测系统结果的一致性。

**结果** 231 例临床样本经两套检测系统分析，定性结果显示：有 168 例样本均为 HPV 阴性（168/231，72.73%），48 例样本均为 HPV 阳性（48/231，20.78%），15 例样本两套检测系统结果不符（15/231，6.49%），阳性样本中的总体不符合率为 23.81%（15/63）；分型结果显示：两种检测系统的 HPV-16 型阳性结果不一致率为 13.64%（3/22），HPV-18 型阳性结果不一致率为 13.64%（2/13），其他分型结果的不一致率为 35.71%（10/28），以上结果经 SPSS16.0 软件卡方分析：提示两种检测系统的结果差异显著，具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。HPV 阳性患者组的平均年龄较 HPV 阴性患者组的平均年龄高 1.5 岁，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 可能由于不同 HPV 检测体系的设计方案与分型标准等方案的差异，罗氏 4800 与安娜（Analitica）两种不同 HPV 分型检测系统结果具有明显的差异，此情况容易给临床医生的疾病诊断造成困惑和干扰，不利于临床诊疗水平的提高，为解决此问题，将来仍需进行多中心大样本的研究，探索和完善当前存在的不足，提高检测性能，增强不同检测系统间结果的可比性。

PU-6346

## 分离自儿科患者肺炎克雷伯菌的常见 碳青霉烯酶基因检测

刘婧娴<sup>1</sup>,李媛睿<sup>1</sup>,阿旺穷吉<sup>2</sup>,刘瑛<sup>1</sup>

1.上海交通大学医学院附属新华医院,233000

2.西藏阜康医院妇产儿童分院检验科

**目的** 探讨分离自上海某三甲医院儿科患者 CRKP 的耐药机制,为儿科患者 CRKP 感染的抗菌药物合理使用提供参考。

**方法** 收集 2010-2016 年上海某三甲医院儿科患者临床标本中分离到的非重复 CRKP 菌株,复苏后采用基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱(Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time of Flight Mass Spectrometry, MALDI-TOF MS)进行菌株鉴定复核。采用 K-B 法联合 Vitek-2 Compact 全自动药敏分析系统对实验菌株进行药敏试验。采用煮沸法提取菌株 DNA,PCR 及基因测序方法检测 KPC、NDM、IMP、VIM、GES、OXA 等常见碳青霉烯酶基因。结合菌株临床信息,对实验结果进行分析。

**结果** 2010-2016 年该院儿科患者临床标本中共分离到 197 株 CRKP,主要来自于痰液、尿液、分泌物及血液等标本。197 株 CRKP 对亚胺培南、美罗培南及厄他培南的耐药率分别为 93.4%、96.0%和 100%,对大部分头孢菌素类抗菌药物耐药率达 100%,对喹诺酮类的耐药率也较高,但对氨基糖苷类及磺胺类抗菌药物仍保持较高的敏感性。儿科患者 CRKP 对碳青霉烯类耐药机制主要为产 KPC-2 酶,其次为 NDM-5 和 NDM-1。共分离到 13 株携带 IMP-4 基因和 5 株携带 OXA-232 基因的菌株,这些菌株多同时携带两种甚至两种以上耐药基因。该院自 2010 年在儿科患者中分离到 CRKP 以来,CRKP 在儿科患者中检出率逐年上升,菌株所携带的耐药基因种类也越来越多,检出 CRKP 的患儿分布于 11 个不同科室,其中以儿科 ICU 检出率最高。

**结论** 分离自儿科患者的 CRKP 临床菌株耐药程度较高,其携带的碳青霉烯酶基因以 KPC-2、NDM-1 及 NDM-5 为主。该院儿科病区 CRKP 流行情况较为严重,尤其是 ICU 病区。

PU-6347

## 自身免疫抗体鉴别诊断克罗恩病误诊溃疡性结肠炎一例

陈存存,范列英

上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 溃疡性结肠炎(ulcerative colitis, UC)和克罗恩病(Crohn's disease, CD)均以肠道炎症性病变为主,两者合称为炎症性肠病(inflammatory bowel disease, IBD)。克罗恩病发热、消瘦等肠外症状多见;而血便、里急后重以溃疡性结肠炎多见;但腹痛、腹泻两者无明显的差别,二者不容易进行鉴别诊断,易混淆

**方法** 肠镜结合病理检查为确诊的主要手段,但对于克罗恩病病变仅累及或同时累及小肠时,极易混淆为溃疡性结肠炎[2]。克罗恩病治疗较复杂与难治,与溃疡性结肠炎不同,且要长时间小剂量服用激素类药物[3],因此两者的鉴别诊断十分关键。我们临床中碰到一例外院克罗恩病 4 年一直误诊为溃疡性结肠炎患者,经我院确诊及治疗方案调整,患者康复出院,维持治疗。

**结果** 本患者 4 年前被诊断为溃疡性结肠炎,期间按照溃疡性结肠炎治疗,效果不好。本次因腹痛加重伴发热入院,炎症指标升高,按溃疡性结肠炎治疗合并抗感染,效果不佳;因右下腹反跳痛怀疑急性阑尾炎,后排除;经实验室其他检查排除肠结核及肠道肿瘤;考虑克罗恩病但肠镜进一步检查未见明显异常,未明确诊断。后自身抗体检查发现抗中性粒细胞胞浆抗体(pANCA)阳性,怀疑克罗恩病,而病变仅累及结肠,故之前可能与溃疡性结肠炎混淆。后经自身免疫抗体检查,显示抗胰腺腺泡抗体及抗小肠杯状细胞抗体均阳性,确诊克罗恩病,经治疗,明显好转,后维持治疗。

**结论** 该病例提示我们，在临床发现炎症性肠病后，在进行电子肠镜及腹部 CT 等常规影像学检查外，不能忽视相关自身抗体检查的重要性，尤其是在鉴别诊断及特殊病例的诊断中。随着自身抗体检测技术和项目的丰富和提高，可为临床提供更多的鉴别诊断价值。

## PU-6348

### Novel evidence for Retinoic Acid-Induced G (Rig-G) as a tumor suppressor by activating p53 signaling pathway in lung cancer

Junjun Sun, Zujun Sun, Dong Li  
Tongji Hospital, School of Medicine, Tongji University

**Objective** Lung cancer is one of most common malignancies worldwide. We have previously identified retinoic acid-induced gene G (Rig-G) as a tumor suppressor in not only acute promyelocytic leukemia, but as well in other solid tumors. However, the clinical significance of Rig-G and the underlying mechanism(s) for its biological function in lung cancer remain largely unexplored.

**Methods** We first compared the expression of Rig-G between lung cancer (n=138) and normal tissues (n=23), from public-available datasets and our patient cohort. We further analyzed the correlation of Rig-G expression with key clinico-pathological features and survival outcomes in a multi-site clinical cohort of 300 lung cancer patients. Functional studies for Rig-G were performed in cell lines, and an animal model to support clinical findings.

**Results** We found that Rig-G was frequently downregulated in lung cancer tissues and celllines, and correlated with poor prognosis in lung cancer patients. Overexpression of Rig-G led to significantly reduced cell growth and suppressed migration in A549 and NCI-H1944 cells, accompanied by reduced epithelial-mesenchymal transition. Likewise, restoration of Rig-G in Lewis lung carcinoma cells permitted development of fewer cancer metastases vs. controls in an animal model. Gene expression profiling results identified p53 pathway as a key downstream target of Rig-G, and p53 inhibition by pifithrin- $\alpha$  caused abrogation of tumor-suppressive effects of Rig-G in lung cancer.

**Conclusions** We for the first time have identified Rig-G as a novel and important tumor suppressor, which may serve as a potential therapeutic target for restoring p53 expression in lung cancer patients.

## PU-6349

### 再谈风险管理的应用与实践

杜艳  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 如何进行切实有效的风险管理，采取措施真正防患于未然，降低实验室潜在的风险，并没有统一的方法和明确的手段。

**方法** 本文就风险管理的计划和执行、风险评估、风险预防以及风险监督、风险审核等做一探讨。

**结果** 促进风险管理的规范和推广，更加有效发挥促进实验室管理的作用。

**结论** 促进风险管理的规范和推广，更加有效发挥促进实验室管理的作用。

## PU-6350

## Tumor-associated macrophages promote invasion of lung cancer cells via the induction of EMT by hCAP-18/LL-37

ping ji,Dong Li

Tongji Hospital, School of Medicine, Tongji University

**Objective** Non-small cell lung cancer (NSCLC) associated deaths are predominantly attributed to invasive cancers and metastasis with epithelial-mesenchymal transition (EMT). However, the mechanism for controlling the EMT during metastatic process is unclear. Tumor-associated macrophages (TAMs) are a major component of the leukocyte infiltrate of tumors and play a pivotal role in the progression of NSCLC. TAMs could be recruited at tumor site and promote tumor growth by enhancing EMT progression but the direct evidence of such linkage remains unclear.

**Methods** Lewis lung carcinoma and Kras-driven lung cancer mouse models were used to detect the role of LL-37 in lung cancer growth and metastatic. Immunohistochemistry analysis and clinical investigation were used to analysis the relationship between LL-37 expression and NSCLC metastasis.

**Results** Here we showed that TAMs are enriched in NSCLC and LL-37 secreted by TAMs can promote EMT in both mouse and human lung cancer cells. We observed that the migrate and invade ability of lung cancer cells increased after treated with LL-37, with upregulated expression of N-Cadherin and downregulated expression of E-Cadherin. Furthermore, we used both Lewis lung carcinoma and Kras-driven lung cancer mouse models demonstrated that silencing LL-37 expression results in a significant reduction in lung cancer growth and metastatic burden. Immunohistochemistry analysis and clinical investigation finally suggested that high LL-37 expression is correlated with NSCLC metastasis.

**Conclusions** Taken together, these results suggest that macrophages that have infiltrated tumors may induce EMT of lung cancer cells by LL-37.

## PU-6351

## IL-1 $\beta$ 对类风湿关节炎滑膜成纤维样细胞 microRNA 表达的影响

虞珊珊,范列英

上海市东方医院 (同济大学附属东方医院)

**目的** 通过白细胞介素 1 $\beta$  (interleukin-1 $\beta$ , IL-1 $\beta$ ) 刺激类风湿关节炎滑膜成纤维样细胞 (RA-FLS), 检测 RA-FLS 中 microRNA (miR-let-7a-5p、miR-16-5p、miR-27a-3p、miR-146a-5p、miR-210-3p) 的表达量, 分析 IL-1 $\beta$  对 RA-FLS 中 miRNA 表达的影响。

**方法** 选择上海东方医院关节镜手术中取出的 RA 患者滑膜组织进行细胞培养, 待细胞培养至 3~5 代时加入 CD14/CD90 在流式细胞仪 (FITC) 上进行分析鉴定是否为成纤维细胞。经胰酶消化后转种于 6 孔板并加入不同剂量 IL-1 $\beta$  继续培养, 对照组则不加 IL-1 $\beta$  刺激, MTS 法检测细胞增殖情况。提取细胞内 RNA 并用实时荧光定量 PCR 技术检测 miRNA 表达量, 分析 IL-1 $\beta$  刺激对 RA-FLS 中 miRNA 表达的影响, 统计学处理采用 t 检验进行数据相关性分析。

**结果** 与对照组相比, 实验组所检测的 5 种 miRNA 之中, miR-let-7a 的表达出现显著下调, 而 miR-146a-5p 的表达显著上调 ( $P < 0.05$ ), 差异具有统计学意义, 其余三种 miRNA 的表达则无明显差异。此外, 还发现 IL-1 $\beta$  刺激 miR-146a 表达具有明显的时间依赖性和剂量依赖性, 且差异具有统计学意义。

**结论** RA-FLS 经 IL-1 $\beta$  刺激后 miRNA 表达量发生改变, 表明 IL-1 $\beta$  与 RA-FLS 的 miRNA 表达密切相关, 提示 IL-1 $\beta$  可能是通过上调 miR-146a, 并且下调 miR-let-7a 的表达从而促进滑膜细胞增生, 炎症细胞因子分泌, 参与 RA 的发病。

## PU-6352

### 常见干扰因素及不同前处理方法对圣湘高危型 HPV 检测试剂影响

张战锋

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 根据湖南圣湘生物技术有限公司高危型人乳头瘤状病毒 (HPV) 检测试剂盒说明, 研究常见干扰因素及不同前处理方法对该试剂检测能力影响。

**方法** 通过在样本中加入不同浓度沙眼衣原体核酸和血红蛋白的方法, 分别分析沙眼衣原体核酸和血红蛋白对该试剂检测 HPV16、18 能力的影响; 通过四种不同方法对含 HPV16、18 型血性标本进行前处理, 分析不同处理方法对血红蛋白的去除程度及对结果影响。

**结果** 高浓度沙眼衣原体核酸 (1.0E+8 IU/mL) 和高浓度血红蛋白 (3g/L) 及以下对该试剂盒的 HPV16、18 检测能力均无影响; 对血性标本四种不同前处理方法中有两种方法不能够明显去除标本中血红蛋白 (肉眼观察), 但对试剂盒的 HPV16、18 检测能力无影响; 另外两种方法均能够明显去除标本中血红蛋白 (肉眼观察), 但使 HPV16、18 检测的荧光阈值循环数 (CT) 明显推后 ( $P<0.05$ )。

**结论** 该试剂盒对 HPV16、18 的检测达到其说明书声明的对沙眼衣原体核酸和血红蛋白抗干扰能力的性能; 对血性标本, 该试剂盒无需进行特别的去除血红蛋白处理即可达到较为理想的检测结果, 说明该试剂对血红蛋白具有一定的抗干扰能力。

## PU-6353

### Xpert DIFF 检测系统检测难辨梭状芽胞杆菌感染的横断面研究

马晓波

福建省厦门么大学附属第一医

**目的** 初步分析厦门地区的难辨梭状芽胞杆菌相关感染的流行病学。

**方法** 采用横断面研究的方法, 以 Xpert DIFF 检测系统免疫荧光 PCR 方法检测患者粪便标本中 CD 的毒素基因, 采用显色培养的方法分离难辨梭状芽胞杆菌, 细菌鉴定采用 MOLDI-TOF Vitek-MS 质谱分析。

**结果** 该日收集腹泻患者标本 172 份, 12 例患者为难辨梭状芽胞杆菌感染, 均培养到细菌, 菌株为毒素基因 tcdB 阳性 (阳性率为 6.98%), 其中 1 例同时包含二元毒素, 本次未发现高毒力菌株 O27。

**结论** 横断面该日的 CDI 阳性率为 6.98%, 其中住院患者的发病率为 7.24/万住院患者。Xpert DIFF 检测系统方便省时, 可促进 CDI 患者的早发现、早隔离。

## PU-6354

## Identify Filamentous Fungus Like Bacteria: A Fast and Accurate Direct Smear Method of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry Identification for Clinically Relevant Pathogenic Fungus

Liyun Wang,Xinxin Lu,Mei Wang  
Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University,

**Objective** Matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) is a powerful tool for the rapid and accurate identification of clinical pathogens but has challenges in extracting filamentous fungal ribosomal proteins. We develop a rapid and effective direct smear method to identify filamentous fungus by use of microscale mycelium, 1 µl of 70% formic acid and matrix solution (a saturated solution of  $\alpha$ -cyano-4-hydroxycinnamic acid in 50% acetonitrile and 2.5% trifluoroacetic acid).

**Methods** The majority of these isolates were analyzed when the diameter of the colonies reached 2mm-3mm. (*Aspergillus*, *Penicillium*, *Fusarium* and *Alternaria* are included, figer1 to figer4). *Mucor*, *Rhizopus*, and *Rhizomucor* can be identified until the aerial hyphae grow to 2-3 mm (figer5). Add 1 µl of formic acid solution to the target of the 96-well stainless steel plates of Microflex Biotyper MALDI-TOF MS (Bruker) using tips. *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Alternaria*, *Common Schizophyllum*, *Curvularia*, scraping a bit of young hyphae on the outermost periphery of the colony adhere to the same tip. *Mucor*, *Rhizopus*, and *Rhizomucor* need to pick up 2-3 aerial hyphae (length 2-3mm) which are extending outside the SDA plate. Rotating the tip as much as possible so that the hyphae adhere to the tip falling on the target. Observing while grinding. The tiny amount of hyphae is grounded and mixed in formic acid. During the grinding process, the mixed solution gradually becomes viscous, especially before the formic acid is dried. At the critical moment, the force and the speed of the grinding are increased, so that the tip is in contact with the target plate well. A good performance of the grinding effect is a sticky feeling. 1 µl of the matrix solution was added dropwise to the target plate to cause crystallization when the solution was changed from a gelatinous viscous to completely dry. After the substrate is dried, the strain is identified by mass spectrometry.

**Results** A total of 107 clinically relevant filamentous fungus were identified by MALDI-TOF MS and molecular analysis. The Bruker Biotyper MALDI-TOF MS system was able to identify 64.49% (69/107) of the isolates to the species level (score values of  $\geq 2.000$ ) and 33.64% (36/107) to the genus level (score values of 1.700-1.999). There are still two strains (*Aspergillus parasiticus* and *Scedosporium apiospermum*) whose identification scores do not reach 1.70 (1.642, 1.562). Using *Aspergillus flavus* (ATCC® 22546), *Aspergillus fumigatus* (ATCC® 204305), *Penicillium chrysogenum* (ATCC® 10106), *Penicillium citrinum* (ATCC® 9849) and *Rhizopus stolonifer* (ATCC® 6227b) for identification and verification. The effective identification scores were 2.276, 2.315, 2.339, 2.200, 1.962 respectively.

**Conclusions** In conclusion, the direct smear method for filamentous fungus of MALDI-TOF MS is suitable for the routine identification in a medical microbiology laboratory.

## PU-6355

## 低隐球菌抗原滴度在诊断肺隐球菌病的应用

朱波  
厦门大学附属第一医院

**目的** 了解临床检测隐球菌抗原的滴度分布，回顾分析其在预测肺隐球菌病中的作用。



**方法** 对临床病理确认的肺隐球菌病患者，用侧流免疫层析法测定血清中的隐球菌抗原的滴度，对临床病例进行回顾性分析。

**结果** 临床患者均经病理学确诊肺部隐球菌感染，选取 22 例，头痛 1 例，高血压 1 例，结缔组织病 1 例，肺部占位 2 例，肺部阴影 10 例，肺部感染 7 例。隐球菌抗原滴度从 1:2-1:640。

**结论** 低隐球菌抗原滴度可以预测临床肺隐球菌病的潜在风险。

## PU-6356

### 血清免疫球蛋白与补体检测在肾病综合征患者中的临床应用价值

敖家富

亳州市人民医院,236000

**目的** 了解肾病综合征患者体内血清免疫球蛋白及补体含量与正常人的差异，并探讨检测患者血清免疫球蛋白及补体的临床意义。

**方法** 以 2015 年 1 月~2016 年 7 月在亳州人民医院进行诊断治疗的肾病综合征患者 45 名和同时期的 40 名健康体检人群为研究对象，对二者之间的血清免疫球蛋白及补体含量进行检测，比较其含量水平差异。

**结果** 患者组 IgG 和 IgA 水平明显低于对照组，差异具有显著性 ( $P<0.05$ )；IgM 和 IgE 水平高于对照组，差异均有显著性 ( $P<0.05$ )，患者组 C3 水平显著低于对照组，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )，C4 水平与对照组比较差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 肾病综合征患者血清免疫球蛋白和补体水平与健康人群相比存在明显的异常，对二者进行检测有助于该病的及时诊断，并为临床治疗提供指导。

## PU-6357

### 厦门地区碳青霉烯类抗生素不敏感鲍曼不动杆菌的分子流行病学研究

房丽丽,李珣,马晓波,洪国舜

厦门大学附属第一医院

**目的** 通过对 61 株碳青霉烯类抗生素不敏感的鲍曼不动杆菌进行表型和耐药基因检测，以揭示厦门地区 CRAB 产碳青霉烯类酶的情况，为临床合理使用抗菌药提供流行病学依据。

**方法** 采用 VITEK-2 COMPACT 全自动微生物鉴定系统鉴定细菌种类及亚胺培南或美罗培南的最小抑菌浓度 (MIC)；采用美罗培南纸片法改良 Hodge 实验检测 CRAB 菌株产碳青霉烯酶的情况；通过金属浴细胞煮沸法提取细菌 DNA，采用聚合酶链式反应 (PCR 法) 检测细菌耐药基因 (包括 B 类酶中的 bla<sub>NDM-1</sub>；D 类 OXA 酶的 bla<sub>OXA23</sub>、bla<sub>OXA24</sub>、bla<sub>OXA51</sub> 和 bla<sub>OXA58</sub>)，并经琼脂糖凝胶电泳和凝胶成像分析仪分析产物；基因测序法检测耐药基因的碱基序列，结果与 Genbank 中的数据比对。

**结果** ICU 患者标本 CRAB 的分离率占全院首位 (45.90%)，呼吸内科患者分离率次之 (9.84%)；标本类型以分泌物居多 (29.51%)；改良 Hodge 实验显示产碳青霉烯酶菌株占 85.25% (52/61)；耐药基因检测结果为 61 株实验菌株中 57 株 (93.44%) 为 bla<sub>OXA-23</sub> 基因阳性，57 (93.44%) 株菌株检测到 bla<sub>OXA51</sub> 基因，4 (6.56%) 株菌株为 bla<sub>OXA58</sub> 基因阳性，仅有 1 (1.64%) 株菌株为 bla<sub>NDM-1</sub> 基因阳性，61 株实验菌株均未检测到 bla<sub>OXA24</sub> 基因，有 1 株菌株同时

携带 bla<sub>NDM-1</sub>、bla<sub>OXA23</sub>、bla<sub>OXA51</sub> 和 bla<sub>OXA58</sub> 四种耐药基因; bla<sub>NDM-1</sub>、bla<sub>OXA23</sub>、bla<sub>OXA51</sub> 和 bla<sub>OXA58</sub> 阳性扩增产物的碱基序列与 Genbank 比对, 一致性均为 100%。

**结论** OXA 型碳青霉烯酶是本地区鲍曼不动杆菌的主要耐药机制, 以 OXA-23 型和 OXA-51 型基因为主。

PU-6358

## PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 在冠心病中的临床应用分析

敖家富

亳州市人民医院,236000

**目的** 研究氨基酸末端 B 型脑钠肽前体 (NT-ProBNP)、超敏 C 反应蛋白 (hs-CRP)、载脂蛋白 B (APO-B) 在冠心病上的临床应用价值, 为冠心病的诊疗、预防提供有力的判断依据。

**方法** 收集来我院诊治的已确诊患有心肌梗死冠心病患者 37 例及无心肌梗死冠心病患者 22 例作为实验组, 在我院体检无冠心病、高血压、糖尿病等疾病的 40 位健康献血者为对照组。将三组 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 检测结果相比较, 计算结果的统计学意义。

**结果** 冠心病心肌梗死组及无心肌梗死冠心病组与健康体检组 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 水平非参数检验分析, 冠心病心肌梗死组及无心肌梗死冠心病组与健康体检组血清 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 含量经统计学分析均为 ( $P < 0.05$ ), 差异有统计学意义。在冠心病心肌梗死组与无心肌梗死冠心病组比较重 PDW、hs-CRP、APO-B 中 ( $P > 0.05$ ), 无统计学意义, 差异不明显; 两组血清 NT-ProBNP 含量 ( $P < 0.05$ ), 有显著性差异。冠心病心肌梗死组与健康体检组 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 比较 ( $P < 0.05$ ), 存在显著性差异, 有统计学意义。无心肌梗死冠心病组与健康体检组在 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP 比较时 ( $P > 0.05$ ), 无统计学意义, 差异不明显; 无心肌梗死冠心病组与健康体检组 APO-B 比较 ( $P < 0.05$ ), 存在显著性差异, 有统计学意义。以冠心病心肌梗死组和无心肌梗死冠心病组为实验组, 以健康体检组为对照组做 ROC 曲线, 计算曲线下面积 (AUC), 显示在冠心病的诊断中 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 的 AUC 分别为 0.82、0.739、0.733、0.662。

**结论** PDW、NT-ProBNP、hs-CRP、APO-B 联合检测不但在临床诊断冠心病上作为参考, 而且 PDW、NT-ProBNP、hs-CRP 还可以作为冠心病患者病情变化发生心肌梗死的灵敏监测指标, 对临床更早发现冠心病患者病情变化, 降低冠心病心肌梗死的发生率及治愈率都有着积极意义。

PU-6359

## Burden of basic diseases, epidemiology of pathogenic microorganisms and clinical biomarker analysis in patients with bloodstream infections during 2012-2018

Qiangsheng Feng, Yuejuan Song, Xiaoqin Ha

Clinical Laboratory The 940th Hospital of Joint Logistics Support Force of People's liberation Army

**Objective** The aim of this study to investigate the burden of basic diseases, epidemiology of pathogenic microbes in patients with BSIs and analyze their clinical biomarkers, so as to provide evidence for prevention, diagnosis and treatment of bloodstream infections.

**Methods** Data on BSIs from 2012 through 2018 were obtained from the Lanzhou General Hospital of Lanzhou Military Area. We collect 45151 blood cultures of 1990 patients with basic diseases, pathogenic microorganisms and corresponding clinical laboratory biomarkers (PCT, CRP, IL-6, NEU%, LAC and D-Dimer), 722 cases with non-bloodstream infections, and then

receiver operating characteristic(ROC) area under the curve (AUC) analysis performed to evaluate the diagnostic of these biomarkers on bloodstream infections.

**Results** The incidence of blood culture was 8.91% in our study, and the contamination rate was 0.24%.1043 strains were isolated belong to 75 species contained gram negative bacilli, gram-positive cocci, anaerobic and rare species, fungi accounted for 62.00%,31.64%,2.40% and 2.01% overall respectively. After statistical analysis the burden of basic diseases,blood disease was the most frequent disease caused BSIs (no. of episodes per years: 56 overall) accounted for 16.88% overall, followed by Hepatobiliary diseases, Central nervous system diseases, urinary disease respiratory diseases and digestive tract disease accounted for 12.31%,11.61%,10.75%,6.35 and 9.95% overall respectively. And we The employed AUC method to evaluate the biomarker for diagnostic value of BSIs showed that the AUC value of NEU%, PCT, IL-6, CRP, D-Dimer and LAC were 0.974, 1.000, 1.000, 0.438, 0.932 and 0.784,respectively,that mean the accuracy for predicted bloodstream infection was PCT=IL-6>NEU%> D-Dimer>LAC .

**Conclusions** This study documents a very timely picture the strains of the BSIs epidemiology in Lanzhou General Hospital of Lanzhou Military Area over a 6-year period, the burden of basic diseases with BSIs in patients, and the biomarker diagnostic value for BSIs. Rapid and accurate biomarkers measurement and etiological diagnosis by blood culture were very important for BSIs, and basic diseases were the most important factor to prevent the occurrence of BSIs.

## PU-6360

### 新型隐球菌感染临床分布及其特征分析

刘智勇,杨媚,黄雪芹,郑玉婷,陈鸣  
陆军军医大学第一附属医院

**目的** 通过对 56 例隐球菌感染的临床病例的实验室检查结果和临床表现进行分析, 提高隐球菌感染的早期诊断和治愈率

**方法** 我们收集了 2015 年至 2018 年间在我院住院的隐球菌感染者, 根据患者自身免疫情况分成免疫缺陷组(35 例)和免疫健全组(21 例), 汇总研究病例的性别、发病年龄、职业组成, 并结合患者的体征和临床症状, 实验室检查结果, 影像学表现, 预后以及抗真菌药物和疗效进行分析。

**结果** 56 例患者中, 隐球菌脑膜炎患者 40 例, 肺隐球菌感染患者 11 例, 血液感染 3 例, 多部位感染 2 例。; 56 例患者仅 1 例密切接触鸽子及其它飞禽类接触史, 75%为免疫力低下人群, 主要分布在中枢神经系统感染者中; 临床表现依感染部位不同而各异, 但均无特异性。

**结论** 新型隐球菌感染可发生于全身多个部位, 而且隐球菌感染的患者缺乏典型的临床症状和体征, 一般实验室检查结果和影像学结果也缺少特异性, 容易误诊。当我们怀疑隐球菌感染的时候应立即进行特殊检查, 尽早确诊。同时当确诊为隐球菌感染时, 应排查其它高发部位是否同时感染, 指导治疗, 判断预后。

## PU-6361

### 法洛氏四联症罕见变异相关基因的筛选

王波,法菁菁,王腾,张晓青,游国岭,项盈,李晓亮,张星玉,傅启华  
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心,200120

**目的** 先天性心脏病(CHD)是最常见的出生缺陷疾病。遗传因素在 CHD 的发生发展中扮演重要的角色。随着高通量测序技术的发展及成本的下降, 通过人群样本评价罕见变异对疾病性状的影响成为可能。本研究通过对 250 例严重的 CHD 表型-法洛氏四联症(TOF)进行全基因组测序, 通过与 1000 人基因组中中国汉族人样本变异信息进行关联分析, 筛选出了与 TOF 罕见变异相关的基因

**方法** 基因组测序数据分析参照 GATK (v4.1.0.0) 最佳实践 (Best Practice) 分析流程完成。利用 SKAT-O 检验针对非同义突变进行基因水平的罕见可能成为影响变异关联分析, 此检验的结果再对样本性别及基于 HapMap3 SNP 的前 10 个主成分进行校正。

**结果** 我们只保留了人群中的低频位点进行罕见变异的关联分析 (ExAC, 1000 Genome 等数据库人群中频率小于  $10^{-5}$ ), 最终发现 TTN ( $p=2.51 \times 10^{-19}$ ), OBSCN ( $p=1.44 \times 10^{-8}$ ) 和 DNAH17 ( $p=4.44 \times 10^{-8}$ ) 的罕见变异在全基因组水平上与 TOF 显著相关。其中 TTN 和 OBSCN 均为心肌组织的结构蛋白, DNAH17 为给运动纤毛提供动力的动力蛋白。

**结论** 通过本研究, 我们首次通过人群关联分析筛选出了 TOF 罕见变异显著相关的基因, 为 CHD 发病机制的研究提供了新的理论依据及研究思路

## PU-6362

### 胶体金免疫层析法在隐球菌感染诊断中的应用价值

刘智勇<sup>1</sup>, 杨媚<sup>1</sup>, 杨丹妮<sup>1</sup>, 刘俐君<sup>1</sup>, 赵爽<sup>2</sup>

1. 陆军军医大学第一附属医院

2. 陆军军医大学学员队

**目的** 探讨胶体金检测隐球菌荚膜多糖抗原对隐球菌感染的诊断价值尤其是该方法在隐球菌性脑膜炎诊断中应用于不同标本类型时的价值

**方法** 选取 2017 年 1 月—2019 年 3 月陆军军医大学第一附属医院疑似隐球菌感染病人的 2714 例抗原检测结果为研究对象, 分析应用胶体金免疫层析法检测患者隐球菌荚膜多糖抗原对隐球菌感染诊断, 尤其是应用于疑似隐球菌脑膜炎患者的不同标本类型中的敏感性、特异性、阳性预测值和阴性预测值。

**结果** 不区分感染部位及标本类型时, 胶体金隐球菌抗原检测的灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 80.37%、99.43%、92.47% 和 98.33%。胶体金隐球菌抗原检测在隐球菌脑膜炎诊断时, 应用于脑脊液和血液中灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为 87.27%、99.73%、97.96%、98.13% 和 83.33%、98.06%、88.23%、97.12%。

**结论** 胶体金免疫层析法具有准确率高、快速简便的特点, 可作为隐球菌性脑膜炎和隐球菌性肺炎的辅助诊断, 具有一定的临床应用价值, 在疑似隐球菌脑膜炎中, 在脑脊液标本中的应用价值略高于血液标本。

## PU-6363

### Down-regulation of miR-133a is associated with tumor progression with colorectal cancer

Lili Wang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** To investigate microRNA-133a (miR-133a) expression in colorectal cancer and its relationship with tumorigenesis and prognosis of colorectal cancer (CRC).

**Methods** One hundred and sixty-nine patients with colorectal cancer who underwent radical resection were enrolled in this study. Quantitative real-time PCR (qRT-PCR) were performed to measure miR-133a levels in 169 CRC tissues and adjacent non-cancerous tissues. The associations between miR-133a expression and clinicopathological parameters were analyzed by Mann-Whitney U or Kruskal-Wallis test. Kaplan-Meier method and Cox proportional hazards regression analysis were performed to estimate the prognostic factors for survival prediction.

**Results** The expression of miR-133a was significantly down-regulated in CRC tissues compared with adjacent non-cancerous tissues ( $P<0.05$ ). And the reduced miR-133a level was found to be associated with depth local invasion, poor differentiation, lymph node metastasis and advanced disease ( $P<0.05$ ). Moreover, Kaplan–Meier analysis demonstrated that patients with low miR-133a expression had poorer overall survival (OS) than those with high miR-133a expression ( $P<0.001$ ). Univariate analysis revealed a statistically significant correlation between OS and miR-133a level, tumor local invasion, lymph node metastasis and TNM stage ( $P<0.001$ ). Furthermore, we found that miR-133a level and TNM stage had independent relations to OS (HR=0.590, 95% CI 0.350-0.995,  $P=0.048$ ; and HR=6.111, 95% CI 1.029-36.278,  $P=0.046$ , respectively).

**Conclusions** The down-regulation of miR-133a expression may play an important role in the progression of CRC development and be useful as an independent factor for CRC prognosis.

#### PU-6364

### The value of serum pregnancy-associated plasma protein A, hypersensitivity C-reactive protein and S100 in ischemic stroke patients

Lili Wang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** The concerns regarding the pre-analytical bias caused by medicine treatments have been raised in the diagnostic and prognosis of ischemic stroke recently. The aim of this study was to examine the prognostic value of serum pregnancy-associated plasma protein A (PAPP-A), S100 and hypersensitivity C-reactive protein (hs-CRP) in heparin-naïve patients of acute ischemic stroke.

**Methods** Serum levels of PAPP-A, S100 and hs-CRP were determined in 205 heparin-naïve patients of acute ischemic stroke and 50 healthy controls. Clinical and radiological information were collected. Unfavorable outcomes (stroke recurrence, myocardial infarction or death) were also recorded after six months. The associations between serum biomarker levels and stroke severity/outcome were assessed.

**Results** Serum PAPP-A, S100 and hs-CRP levels increased in patients compared with controls ( $P<0.05$ ). S100 and hs-CRP levels were significantly higher in patients with larger cerebral infarction sizes ( $P<0.05$ ) and more severe neurological impairment ( $P<0.05$ ). Serum PAPP-A level showed a progressive increase with the increase of stroke severity ( $P<0.05$ ). Serum hs-CRP and National Institutes of Health Stroke Scale (NIHSS) scores were identified as independent predictors for unfavorable outcomes with odds ratio of 2.884 (1.154 to 7.210,  $P=0.023$ ) and 2.887 (1.146 to 7.273,  $P=0.024$ ), respectively.

**Conclusions** Serum PAPP-A, S100 and hs-CRP were associated with stroke severity or outcome after ischemic stroke and may offer complementary information, essential for clinical decision making. Serum PAPP-A showed a potential value for the evaluation of stroke clinically.

#### PU-6365

### 大连市儿童静脉全血钙、锌、铁元素含量分析

张鹤,张子军  
大连市儿童医院,116000

**目的** 探讨大连市 0-9 岁儿童静脉全血钙、锌、铁微量元素体内含量, 并进行统计分析, 为临床医生指导儿童膳食营养提供可靠依据。

**方法** 采集 2018 年 4 月-2018 年 10 月来我院儿保科体检的适龄儿童 2222 例静脉全血，依据年龄分成 0-6 个月组、7-12 月组、幼儿组（1-3 岁）、学龄前组（4-6 岁）、学龄组（7-9 岁）共 5 组，利用原子吸收光谱法进行钙、锌、铁元素含量检测。同期采集 220 名健康志愿者儿童做正常对照，对照组儿童在采样前 7 天停用各种营养元素，且空腹进行血液采集。

**结果** 两组人群中，锌、铁微量元素含量随着年龄增长逐渐升高，钙元素在随着年龄增长的过程稍有所降低。来院体检人群，铁元素男、女童间存在显著性差异（ $P=0.000$ ）。来院体检群体锌元素含量明显高于健康对照组群体，存在统计学差异（ $P<0.05$ ）；铁元素学龄前组及学龄组均低于健康对照人群且存在统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 男、女童在铁营养素添加上应有所不同；营养元素的服用对微量元素的检测结果尤其是微量元素的锌元素有一定的影响，因此临床医生在进行结果判读及膳食指导时，不能仅仅依靠单一检测结果，应充分了解儿童饮食结构、营养元素补充史进行综合考虑从而提供更加个体化的膳食指导。

## PU-6366

### 长链非编码 RNA XLOC\_109948 在急性髓系白血病中的表达变化及临床意义

周晋宇,王玉明,尹冶,辉红蕾  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过检测急性髓系白血病(acute myeloid leukemia, AML)患者骨髓和血清中 LncRNA XLOC\_109948 的表达水平，验证两者表达的一致性。同时探讨 LncRNA XLOC\_109948 表达变化在 AML 发生发展中的作用。

**方法** 收集 62 例 AML 样本，其中 36 例为 AML 患者，26 例为完全缓解的 AML 患者(AML-CR)及 20 例的健康体检人。采用实时荧光定量 PCR 检测 LncRNA XLOC\_109948 表达量，结合临床数据分析不同患者的 LncRNA XLOC\_109948 表达差异达。

**结果** AML 患者骨髓中及血清中 LncRNA XLOC\_109948 表达量均高于 AML-CR 和健康体检人群（ $P<0.001$ ）。而 LncRNA XLOC\_10994 在 AML-CR 组患者与健康对照组中的表达差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。LncRNA XLOC\_109948 的表达水平在化疗缓解前后明显下调，AML 复发前后明显上调，且均具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。LncRNA XLOC\_109948 的表达与细胞遗传学（ $P<0.05$ ）临床病理参数显著相关，但不同性别、年龄、WBC Blast、FAB 亚型等临床特征与 LncRNA XLOC\_109948 的表达高低无统计学意义（ $P>0.05$ ）。

**结论** AML 患者骨髓和血清中 LncRNA XLOC\_109948 呈高表达，且两者表达具有一致性，且其表达变化可反映 AML 发生发展、化疗效果及预后。

## PU-6367

### 淋巴细胞亚群检测在儿童疾病中的临床意义

沈阳,徐春艳,张净好  
大连市儿童医院,116000

**目的** 探讨淋巴细胞亚群与不同疾病患儿关系的临床意义。

**方法** 选取肺炎患儿 24 例，过敏性紫癜患儿 32 例，血小板减少性紫癜患儿 20 例，健康儿童 30 例作为对照组，用流式细胞仪检测患儿及健康外周血淋巴细胞亚群 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD8<sup>+</sup>T 细胞、CD19<sup>+</sup>B 细胞、CD56<sup>+</sup>NK 细胞百分率的变化并与对照组对比进行统计学分析。

**结果** 儿童肺炎患儿体内 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD8<sup>+</sup>T 细胞百分率均显著降低（ $P<0.05$ ），CD19<sup>+</sup>B 细胞百分率显著升高（ $P<0.05$ ），CD56<sup>+</sup>NK 细胞百分率差异无统计学意义；过敏性紫癜

患儿外周血中 CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>T 细胞百分率显著降低 ( $P<0.05$ )，CD19<sup>+</sup>B 细胞百分率显著升高 ( $P<0.05$ )，CD8<sup>+</sup>T 细胞和 CD56<sup>+</sup>NK 细胞百分率差异无统计学意义；血小板减少性紫癜患儿体内 CD56<sup>+</sup>NK 细胞百分率显著降低 ( $P<0.05$ )，CD3<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>T 细胞、CD8<sup>+</sup>T 细胞、CD19<sup>+</sup>B 细胞百分率差异无统计学意义。

**结论** 儿童常见疾病中存在免疫功能紊乱，淋巴细胞亚群检测在儿童疾病的诊断及预后评估方面存在一定的临床参考价值，具有重要临床意义。

PU-6368

## Lipid Raft mediated Exocytosis is employed by Kaposi's Sarcoma-associated Herpesvirus Assembly/Egress

Xin Wang<sup>1</sup>, Yi Zhang<sup>1</sup>, Yan Yuan<sup>2</sup>

1. Qilu Hospital of Shandong University

2. University of Pennsylvania School of Dental Medicine

**Objective** A herpesvirus is composed of a viral genomic DNA-containing capsid surrounded by an amorphous protein layer referred to as tegument, and enclosed in a lipid envelope derived in part from cell membrane. Although the proteins in tegument layer, connecting capsid and envelope, are crucial components of virion structure, their functions on virion assembly/egress remain elusive. Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus (KSHV), belonging to  $\gamma$ -herpesvirus, is the etiological agent of Kaposi's sarcoma (KS). ORF45 encodes a multifunctional tegument protein, which only conserved in  $\gamma$ -herpesvirus. Here we report that ORF45 associates with lipid rafts (LRs) suggesting a new function of tegument protein in targeting membrane LR for final envelopment.

**Methods** The lipid raft were extracted by membrane flotation assay. The virion were titrated by qPCR.

**Results** LRs are membrane micro-domains, which have been implicated as relay stations in intracellular signaling and transport including viral entry and virion assembly. In this study, we found LRs are crucial for KSHV egress. ORF45 targets LRs in both of transfected cells and KSHV-replicating cells. The LR-localization motif of ORF45 was mapped to one amino acid, Lys297 (K297). Mutation at K297 (K297R) abolished LR-association of ORF45. The LR dynamic staining indicated that LR-associated ORF45 mainly co-localized with Golgi network. The colocalization was not observed with K297R mutant. Furthermore, the virion particles trafficking and releasing were examined in the context of wild type KSHV (BAC16) and mutant virus (BAC-K297R) in iSLK cells. The mutant virus failed to be transported in trans-golgi network and early endosome as the wild type virus, but accumulated in lysosome. Meanwhile, the amount and infectivity of extracellular progeny mutant virus is dramatically lower than that of wild type virus.

**Conclusions** Overall, our findings suggest that ORF45 targets LR to direct KSHV virion assembly/egress through Golgi and Golgi-derived vesicles. Loss of ORF45 LR-localization function will interrupt the maturation and egress of virion particles.

## PU-6369

## Pathogenic role of Interleukin 18 induced CD83+CCR7+ NK cells in experimental autoimmune uveitis

Xin Wang<sup>1</sup>, Wei Lin<sup>2</sup>, Yi Zhang<sup>1</sup>

1. Qilu Hospital of Shandong University

2. Institute of Basic medicine, Shandong Academy of medical Sciences

**Objective** Natural killer (NK) cells have been reported to play a pathological role in autoimmune uveitis. As activated NK cells produce a significant increase in the expression of IFN- $\gamma$  in Behcet's disease, a type of autoimmune uveitis, any prevention in the secretion of IFN- $\gamma$  from NK cells would have the potential to alleviate uveitis. An alteration in the status of NK cells may also contribute to the recovery of Behcet's disease through suppression of Th1 responses. Previous findings from our laboratory have revealed that EAU increased the number of CD3<sup>+</sup>NK1.1<sup>+</sup> NK cells during its inflammatory stages within the eyes and spleen. Moreover, these cells expressed increased levels of CD83 and secreted elevated levels of IFN- $\gamma$ . However, the role of such CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK cells in EAU remains unknown and the specific factors affecting activation of NK cells in uveitis is unclear.

**Methods** To establish the experimental autoimmune uveitis (EAU) mice, C57BL/6 mice were immunized via subcutaneous injections with 350  $\mu$ g human interphotoreceptor retinoid-binding protein peptide (IRBP)1–20. Subsequently, a single dose of 500 ng pertussis toxin (PTX) was injected intraperitoneally. After immunization, the severity of EAU mice was evaluated by histopathology of eyes and clinical scoring. The NK cells were sorted from eyes and spleens of EAU mice, and the phenotype of NK cells were examined by FCM.

**Results** Here we report that the number of CD3<sup>+</sup>NK1.1<sup>+</sup>CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup> cells are increased in inflamed eyes and spleens within EAU mice, and these cells express elevated levels of NKG2D, CD69 and IFN- $\gamma$ . CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup> NK cells migrate into the eyes to aggravate EAU symptoms and increase the number of CD3<sup>+</sup>T cells and DCs within the eye. These cells then promote the maturation of DCs and IFN- $\gamma$  expression within T cells in vitro. Moreover, IL-18, promotes CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK cells activation. The number of CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK decreased when blocking IL-18R in NK cells. In EAU mice, anti-IL-18R antibody treatment also decreased retinal tissue damage and the number of CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK cells, CD3<sup>+</sup>T cells and DCs in eyes and spleens of EAU mice.

**Conclusions** These results suggest that CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK cells, as induced by IL-18, play a critical pathological role in EAU. Anti-IL-18R antibody might serve as a potential therapeutic agent for uveitis through its capacity to inhibit CD83<sup>+</sup>CCR7<sup>+</sup>NK cell infiltration.

## PU-6370

## 一种新型微流控芯片--集成核酸的提取扩增和检测

刘元斌

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 检测基因突变的能力对于个体化医疗的发展和治疗肺癌患者的生存路都至关重要。我们发明了一种端到端的, 环介导等温扩增技术 (LAMP) 为基础的, 化学修饰玻璃微珠为辅助的 POCT 检测装置, 可以高效率的检测 EGFR 基因突变。

**方法** 利用微流控芯片的可设计性, 设计微型气囊、微管路、微栅栏等。化学修饰的玻璃微珠可以将细胞中释放的 DNA 吸附。环介导等温扩增技术可以在 65 度恒温将目的核酸片段大量扩增。肽核酸探针 (PNA) 来保证非目的片的沉默 (非点突变样本不扩增)。

**结果** 我们成功的利用此微流控芯片技术将 EGFR L858R 点突变检测出来, 45 分钟后, 携带此点突变的 H1975 细胞系显示肉眼可见的绿色, 而非携带此突变的 A549 细胞系则为橙色。



**结论** 微流控芯片技术完美地将化学修饰玻璃微珠和环介导等温扩增相结合, 辅助以肽核酸(PNA) 钳制和 SYBR 显色。虽然此方法在之前有过报道, 但此技术增加了肽核酸钳制, 增加了结果的稳定性。并且创造性地设计出微流控芯片的气囊结构, 使微流控芯片更有利于 POCT。

## PU-6371

### TAZ 在类风湿性关节炎发病过程中的作用

陈兴,李珣,洪国焱  
厦门大学附属第一医院

**目的** 探究 Hippo 信号通路关键转录共激活因子 TAZ 在类风湿性关节炎(RA) 发病过程中的作用, 对于揭示 TAZ 的功能以及在疾病中的作用提供线索, 对于 RA 的实验室诊断和治疗具有重要意义。

**方法** 使用鸡 II 型胶原蛋白诱导 CIA 模型; RT-qPCR 技术检测外周血 PBMC 或淋巴结的相关基因的 mRNA 水平; 流式细胞术检测淋巴结 Th1/Th17 的比例; ELISA 分析 IL-6、IL-17A 在血浆的浓度。

**结果** (1) Hippo 信号通路成员 TAZ 在 CIA 模型中高表达。(2) ROR $\gamma$ t、TAZ、IL-17 mRNA 在 CIA 模型外周血单个核细胞(PBMC) 和淋巴结中高表达以及之间存在线性关系。(3) T 细胞缺乏 TAZ 抑制 CIA 模型的发展。(4) T 细胞缺乏 TAZ 抑制 CIA 模型中 Th17 细胞的分化。(5) T 细胞缺乏 TAZ 影响 CIA 模型中促炎基因的表达。

**结论** 我们证明 TAZ 在 RA 发病过程中具有重要作用, TAZ 可能通过调控 Th17 细胞的分化从而参与 RA 发病过程, 降低 TAZ 可以抑制 RA 的发展。

## PU-6372

### DNA 标记技术

韩笑  
延安市人民医院,716000

**目的** 一大批蛋白质标记物的出现, 从过去的十几个一下子增长到了 100 个左右。但是还可以更多一点标记物。人体细胞内大约有 2 万多个蛋白质编码基因, 还有 1 万多个变异体。所以我们肯定还需要更多的标记物。

**方法** DNA 小片段标记方法。仅仅依靠 ATGC 这四个碱基就可以编码出无数个独特的条形码序列(barcode), 用来标记各种细胞和分子。利用这些经过了 DNA 序列标记的抗体对细胞进行染色, 然后将细胞送入仪器, 裂解细胞, 并且将抗体上的标记序列裂解成二级序列(second barcode), 然后根据这些序列判断出相应的细胞, 最后用 DNA 测序仪对这些序列进行分析。为了能够对单细胞进行分析, 用上了微流体设备。他们开发出了 Abseq 技术, 将一个经过抗体染色的细胞注入只有 10 微米大小的液滴中, 这些液滴里含有特定的 DNA 条形码, 可以对细胞和抗体进行标记。尽管与流式细胞技术相比, Abseq 技术的处理速度更慢, 但是从理论上来说, Abseq 技术可以对单个细胞里的无数个蛋白质进行检测和分析。这样一来, 我们就可以了解在不同的病理状态下, 都有哪些免疫反应在发生。这对于肿瘤这种高度异质性的疾病尤为重要, 因为每一种肿瘤激活或抑制的免疫细胞都有可能不一样。

**结果** Abseq 技术可以对单个细胞里的无数个蛋白质进行检测和分析。这样一来, 我们就可以了解在不同的病理状态下, 都有哪些免疫反应在发生。这对于肿瘤这种高度异质性的疾病尤为重要, 因为每一种肿瘤激活或抑制的免疫细胞都有可能不一样。

**结论** 只有和其它单细胞技术结合起来,才能发挥出 Abseq 技术的真正实力。因为 Abseq 技术的输出结果都是测序仪可以直接读取的,所以完全可以和其它单细胞突变信息、蛋白质组学、转录组学等各个组学数据结合起来,以发挥出更大的作用。

## PU-6373

### 蛋白激酶 C 在巨噬细胞抗结核分枝杆菌感染中的作用

亢然,李珣,洪国旻  
厦门大学附属第一医院

**目的** 研究蛋白激酶 C 在巨噬细胞抗结核分枝杆菌感染中的作用。

**方法** 利用 PKC  $\delta$  基因敲除的小鼠模型,体外分离培养骨髓源原代巨噬细胞。用 TDM 的体外合成物 TDB 刺激巨噬细胞,比较野生型与突变型小鼠巨噬细胞的 IL-1 $\beta$ 、IL-6 等细胞因子以及 NO 产量在 RNA 和蛋白质水平的变化。将 TDM 制备成乳剂,通过尾静脉注射入小鼠体内,观察小鼠肺部组织的变化,并测量肺部炎症因子的水平。

**结果** 与野生型小鼠相比,PKC  $\delta$  基因敲除小鼠的巨噬细胞在接受 TDB 刺激后,IL-1 $\beta$ , IL-6 等细胞因子以及 NO 的产量都出现了显著下降;同样在 PKC  $\delta$  基因敲除的巨噬细胞中,上述蛋白编码基因在转录水平也出现了明显下降。TDM 注入小鼠体内后,野生型小鼠出现厌食、体重下降等现象,并有部分小鼠死亡。七天后剥离存活小鼠肺部发现其器官体积增大,并形成明显的肺炎肉芽肿。同时裂解其肺部组织,我们发现与突变型小鼠相比野生型小鼠肺部 IL-1 $\beta$ , IL-6 等炎症因子的分泌产量显著升高。相反,在实验过程中 PKC  $\delta$  基因敲除小鼠并未出现死亡现象,小鼠饮食和体重也未出现较大波动。剥离小鼠肺部发现其体积和形态正常,也未发现肺部肉芽肿的形成。

**结论** PKC  $\delta$  在巨噬细胞识别 TDB 刺激后炎症因子的分泌过程中发挥着重要作用;PKC  $\delta$  参与了 TDM 介导的肺炎肉芽肿的形成。

## PU-6374

### T-spot 检测病例报告一例

谭琪,虞珊珊,范列英  
上海市东方医院(同济大学附属东方医院)

**目的** 通过该病例提示临床检验时间点尤为重要,对高度怀疑结核病或部分病情较复杂的患者,我们提倡在药物使用之前尽量完善相关抽血化验,避免药物使用后的药理作用及其使用过程中出现体内环境改变对检验项目结果的影响,准确出具检验结果,降低临床假阴性率和假阳性率,让一份检验报告真正发挥其价值,更好服务于临床,从而使患者获益。

**方法** 通过临床一例患者就诊过程,分析该患者 T-spot 检测结果。

**结果** 临床电话咨询为何 T-spot 会出现不确定结果。我科室检验工作人员结合患者病史及诊疗情况分析:患者入院持续低热,行 T-spot 检测前使用大量抗生素,口服醋酸泼尼松。诸多文献报道抗生素治疗后体内炎症因子均有不同程度降低,如王朝智等人研究莫西沙星治疗肺结核后可显著降低患者体内 INF- $\gamma$  等炎症细胞因子的分泌<sup>1</sup>;患者口服糖皮质激素,糖皮质激素具有广泛的抗炎和免疫抑制作用,郭榕等人对比研究口服和胸腔注射糖皮质激素对结核性胸膜炎患者的血清和胸腔积液中  $\gamma$  干扰素(INF- $\gamma$ )表达水平的影响,结果显示无论口服或胸腔注射糖皮质激素后第 3、6、9 天,血清和胸腔积液中 INF- $\gamma$  表达水平均明显下降,差异有统计学意义( $P < 0.001$ )<sup>2</sup>。

**结论** 我科室 T-spot 采用体外释放 INF- $\gamma$  免疫夹心法原理检测。该患者新鲜全血 8h 内培养细胞,收集上清后立即检测,排除了因细胞死亡导致细胞活性丧失的假阴性可能。根据患者病史及诊疗过程综合判断,我们考虑该患者行 T-spot 检测前已使用抗生素,口服糖皮质激素,后抽血送检 T-

spot, 大量抗生素及糖皮质激素的使用可能导致体内 INF- $\gamma$  的分泌抑制, 故 T-spot 阳性刺激孔亦无反应, 无法判断结果。

## PU-6375

### CD47 促使非小细胞肺癌的侵袭和转移

刘元斌

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** CD47 在许多人类癌症中过度表达, 其水平与肿瘤侵袭和转移正相关。然而, 在非小细胞肺癌中 CD47 过度表达是否会导致转移和如何导致的转移, 这在很大程度上是未知的。

**方法** western blotting, RT-PCR, 免疫荧光染色, 免疫化学染色, 微流控芯片技术, 细胞存活实验和动物模型。

**结果** 在这项研究中, 我们进行了分析 NSCLC 标本和细胞系, 并显示 CD47 的表达水平高于无肿瘤对照样品。此外, 增加的 CD47 表达与临床分期, 淋巴相关淋巴结转移和正相关。为了理解潜在的分子机制, 我们在细胞系中应用了干扰 RNA 和增量 RNA 技术。该 siRNA 介导的 CD47 下调可抑制体外细胞的侵袭和转移; 通过质粒转染过表达 CD47 产生相反的效果。在分子水平上, CD47 的表达与细胞系和 NSCLC 标本中的 Cdc42 相关。抑制 Cdc42 减弱 CD47 过表达, 细胞的侵袭和转移能力降低。

**结论** 这些结果表明 Cdc42 是 CD47 促进转移的下游介质。

我们的研究结果首次证明了 CD47 是疾病进展和转移的不良预后因素, 并且是有希望治疗 NSCLC 的免疫学方法。

## PU-6376

### ApoE 等位基因多态性对糖尿病视网膜病变病人的影响

余汉忠,王丽

徐州市第一人民医院(徐州医学院附属市立医院、徐州市红十字会医院)

**目的** 探讨糖尿病视网膜病变患者及糖尿病未伴发视网膜病变患者 ApoE 等位基因多态性及其之间的关系, 分析 2 型糖尿病视网膜病变患者及 2 型糖尿病未伴发视网膜病变患者血糖、血压、病程、血液脂类、肾功能等指标水平, 探讨影响糖尿病患者视网膜病变的因素。

**方法** 糖尿病患者根据是否伴发眼底病变分为两组: 糖尿病视网膜病变组(DR 组)和糖尿病未伴发视网膜病变组(NDR 组)。应用 PCR-荧光探针法分别检测两组患者的 ApoE 基因型; 采集患者病史记录中的血压、病程等情况, 应用全自动生化分析仪分别检测两组病人的空腹血糖(GLU)、总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)、高密度脂蛋白(HDL)、低密度脂蛋白(LDL)、载脂蛋白 A1(ApoA1)、载脂蛋白 B(ApoB)、脂蛋白 a(Lpa)、载脂蛋白 E(ApoE)、游离脂肪酸(NEFA)、尿素(BUN)、肌酐(Cr)、尿酸(UA), 餐后 2 小时血糖(2H GLU)含量; 采集患者 EDTA 抗凝全血, 应用高压液相色谱法测定两组患者糖化血红蛋白(HbA1C)含量; 留取患者晨尿, 应用免疫比浊仪测定尿微量白蛋白(m-ALB)含量, 对所有检测结果进行统计学分析。

**结果** ApoE 基因型在糖尿病视网膜病变组和糖尿病未伴发视网膜病变组间无明显差异( $P>0.05$ ), 糖尿病视网膜病变组 ApoE 等位基因频率  $\epsilon 2$  明显高于糖尿病未伴发视网膜病变组( $P<0.05$ ); 糖尿病视网膜病变组的病程、空腹 GLU、卧位舒张压、总胆固醇(TC)、高密度脂蛋白(HDL)、低密度脂蛋白(LDL)、载脂蛋白 A1(ApoA1)和尿微量白蛋白(m-ALB)水平明显高于糖尿病未伴发视网膜病变组( $P<0.05$ ), 其余指标两组间无明显差异( $P>0.05$ )。

**结论** ApoE 基因型与糖尿病患者是否并发视网膜病变无关, ApoE 等位基因  $\epsilon 2$  可能是糖尿病伴发视网膜病变的危险因素; 糖尿病患者病程、空腹 GLU、卧位舒张压、总胆固醇(TC)、高密度脂

蛋白（HDL）、低密度脂蛋白（LDL）、载脂蛋白 A1（ApoA1）和尿微量白蛋白（m-ALB）可能是糖尿病伴发视网膜病变的危险因素。

PU-6377

## 微生物检验对控制医院感染的应用价值

薛乐  
延安市人民医院,716000

**目的** 探讨微生物检验对控制医院感染的应用价值。**方法**: 选取我院在 2014 年 1 月~2016 年 1 月期间收治的 200 例住院患者, 根据患者治疗选择方式的不同分为观察组与对照组各 100 例, 对照组患者采用常规治疗, 观察组患者在此基础上加以微生物检验治疗, 比较两组患者住院期间的医院感染发生率以及感染发生情况的轻重程度。

**方法** 我院为对照组患者提供常规治疗, 医疗人员紧密结合患者疾病、生命体征和临床经验对症治疗。在此基础上, 我院为观察组患者加以定期的微生物检验治疗: 采用法国梅里埃公司生产的 ID32 试条行细菌检测, 并通过 ATBG-5 展开药敏试验, 对患者的确诊试验采用 K-B, 并服用头孢他啶 30g/片、头孢他啶/克拉维酸 10g/片、头孢泊肟 30g/片、头孢泊肟/克拉维酸 10g/片, 在试验的过程中密切监测患者加以克拉维酸的抑菌环, 如果直径增大超过 5.0mm, 那么就定为产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 ESBLs 菌, 医疗人员再根据具体的微生物检测结果进行相应的药物治疗。

**结果** 观察组患者最终出现了 7 例医院感染, 感染发生率为 7%, 低于对照组感染发生率的 24%,  $P<0.05$ 。而在发生感染的患者当中, 观察组 7 例感染患者有 5 例 I 级轻度感染, 2 例中度 II 级感染, 无重度 III 级感染的情况发生, 且多集中于轻度感染。对照组的 24 例发生医院感染的患者中, 出现了 7 例轻度 I 级感染, 14 例中度 II 级感染以及 3 例重度 III 级感染, 大多集中于中度 II 级感染, 表明受到感染的情况更为严重。

**结论** 微生物检验对控制医院感染具有很高的应用价值, 有助于保障患者的治疗效果。值得临床上广泛推广和应用。

PU-6378

## 宫颈癌标志物的初步筛选与验证探讨

刘腾, 龙梓暄, 许颖  
成都医学院第一附属医院 (原: 中国人民解放军第四十七医院), 610000

**目的** 宫颈癌的发病率和死亡率在全球女性恶性肿瘤中排名第四。宫颈癌虽有很多诊断方法, 但各有优劣, 且一些发展中国家没有建立有效的宫颈癌筛查方案, 大部分的宫颈癌患者直到晚期才被发现, 结果导致 83% 的女性患者死于本可预防的疾病。因此, 使宫颈癌的筛查更有预见性尤为重要。本研究将微阵列技术应用于宫颈癌新型生物标志物的筛选, 并利用实时荧光定量 PCR 技术从核酸水平对宫颈癌患者的基因表达进行验证, 以期发现新的预测因子。

**方法** 分析 3 个和宫颈癌相关的基因表达数据集, 筛选出候选基因 CRNN、CRISP3、MAL, 利用实时荧光定量 PCR 技术在 30 例健康人和 27 例宫颈癌患者的核酸水平验证基因的上调与下调, 确定差异表达最明显的基因作为宫颈癌新的生物标志物

**结果** 3 个微阵列数据集的基因热图如图 1 所示, 宫颈癌患者与健康对照组宫颈上皮细胞 20 个基因表达的双向聚类分析, 红色区域为高表达, 绿色区域为低表达; 从 20 个基因里筛选出 3 个重叠基因, 分别为 MAL, CRISP3, CRNN, 如图 2 所示; 为了使我们的结果更具代表性, 同时也为了确认我们所收集的标本中确实存在肿瘤细胞, 于是我们进行了宫颈脱落细胞学染色检查, 巴氏染色代表性图如图 3, A、B 为健康人宫颈刮片染色结果, C、D 即宫颈癌患者样本镜下形态; 如图 4 所示,

CRNN、CRISP3、MAL 在核酸水平表达下调, PCR 结果显示 CRNN、CRISP3、MAL 在宫颈癌患者中的 mRNA 表达量分别为(  $0.4086 \pm 0.0737$  )、(  $0.0607 \pm 0.0155$  )、(  $0.2644 \pm 0.0736$  ), 在正常对照组中的 mRNA 表达量分别为(  $0.9028 \pm 0.1360$  )、(  $0.4085 \pm 0.0828$  )、(  $0.6790 \pm 0.2111$  )。CRISP3 肿瘤组基因表达量下调为对照组的 7 倍左右, 且具有明显差异。

GSE6791

**结论** 我们的研究证实了微阵列数据分析的结果, 强调了 CRISP3 基因在宫颈癌患者中的表达下调, CRISP3 可能作为一个新的宫颈癌生物标志物。

## PU-6379

### 血浆髓过氧化物酶水平与冠状动脉狭窄程度的相关性分析

王光彦

云南省楚雄州人民医院

**目的** 探讨血浆髓过氧化物酶水平与冠状动脉狭窄程度的相关性。方法选取 2013 年 7 月至 2015 年 12 月在云南省楚雄彝族自治州人民医院心内科住院接受冠状动脉造影(CAG)的 710 例患者, 在其入院手术前测定血浆髓过氧化物酶水平, 行 CAG 手术后按照冠状动脉狭窄程度分成无狭窄组、冠状动脉粥样硬化组、冠心病组。其中冠心病组又分为主要冠状动脉直径狭窄程度 $\geq 50\% < 70\%$ 的 3A 组、主要冠状动脉直径狭窄程度 $\geq 70\% < 100\%$ 的 3B 组和主要冠状动脉直径狭窄程度 100%的 3C 组。采用非参 Wilcoxon 秩和检验分析血浆髓过氧化物酶水平与冠状动脉狭窄程度的相关性

**方法** 研究方法

1.2.1 受试者入院后(CAG 手术前)空腹采集肘静脉血, 肝素锂抗凝, 采用九强公司试剂盒测定 MPO, 同时查血常规、血生化(包括转氨酶、血肌酐、尿素氮、血糖、总胆固醇、甘油三酯、低密度脂蛋白胆固醇、高密度脂蛋白胆固醇)。

1.2.2 患者行 CAG 手术后按照冠状动脉狭窄程度资料分组, 分组标准如上。收集样本 710 例, 其中冠状动脉无狭窄组 269 例; 冠状动脉粥样硬化组 37 例; 冠心病组 391 例( $50\% \leq$ 狭窄程度 $< 70\%$ 组 66 例,  $70\% \leq$ 狭窄程度 $< 100\%$ 组 244 例, 完全闭塞组 81 例), 心肌肌桥 13 例(先天性心肌病变, 不纳入数据统计)

**结果** 710 例患者中, 冠状动脉无狭窄组 269 例, 冠状动脉粥样硬化组 37 例; 冠心病组 391 例( $50\% \leq$ 狭窄程度 $< 70\%$ 组 66 例,  $70\% \leq$ 狭窄程度 $< 100\%$ 组 244 例, 完全闭塞组 81 例), 心肌肌桥 13 例(先天性心肌病变, 不纳入数据统计)。冠心病组血浆髓过氧化物酶水平高于冠状动脉无狭窄组, 差异具有高度统计学意义( $P < 0.01$ )。冠状动脉无狭窄组与冠状动脉完全闭塞组血浆髓过氧化物酶水平之间差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 冠状动脉狭窄患者血浆髓过氧化物酶水平增高, 可将血浆髓过氧化物酶作为冠状动脉病变的辅助诊断指标。

## PU-6380

### 应用 ROC 曲线分析血清及 BALF 半乳甘露聚糖试验在老年侵袭性曲霉菌感染的诊断价值

黄宇, 戴淑惠, 刘朔婕, 李珣

厦门大学附属第一医院

**目的** 分析比较血清及支气管-肺泡灌洗液(BALF)两种不同标本的半乳甘露聚糖(GM)试验在老年侵袭性曲霉菌感染的诊断价值。

**方法** 回顾分析就诊于厦门大学附属第一医院 2018 年 1 月 1 日- 12 月 31 日住院和门诊的老年 ( $\geq 60$  岁) 患者血清和 BALF 标本半乳甘露聚糖 (GM) 试验结果, 其中 41 例拟诊为侵袭性曲霉菌感染病例作为病例组, 82 例普通肺部感染、肺部纤维化、支气管扩张等的患者作为对照组。统计分析以及采用 ROC 曲线初步分析血清及 BALF 半乳甘露聚糖试验在老年侵袭性曲霉菌感染的诊断价值

**结果** 血清 GM 试验病例组阳性率是 12.19%, 对照组为 3.65%, 差异具有统计学意义 ( $\chi^2=123$ ,  $P=0$ ) ; BALF GM 试验病例组阳性率为 65.85%、对照组为 25.6%, 差异具有统计学意义 ( $\chi^2=113$ ,  $P=0$ ) , 当血清和 BALF GM 试验的诊断界值分别取 0.5 和 0.575 时, 灵敏度分别为 62.5%、65.9%, 特异度分别为 68.7%、77.4%, ROC 曲线下面积分别为 55.1%、69.6%, 阳性预测值分别为 52.7%、58.9%, 阴性预测值分别为 76.7%、79.6%。

**结论** BALF 标本类型在老年侵袭性曲霉菌感染中诊断价值优于血清学, 本研究结果为老年侵袭性真菌感染的诊治提供参考

## PU-6381

### 尿微量蛋白在Ⅱ型糖尿病肾病诊断中的意义

闫晓琴

延安市人民医院, 716000

**目的** 探讨联合检测尿液中微量白蛋白 (ALB)、转铁蛋白 (TRF)、 $\alpha 1$  微球蛋白 ( $\alpha 1$ -MG) 和  $\beta 2$ -微球蛋白 ( $\beta 2$ -MG) 在Ⅱ型糖尿病肾病 (T2 DN) 诊断中的临床意义。方法 选择单纯Ⅱ型糖尿病 (T2 DM) 患者 41 例, Ⅱ型糖尿病肾病 (T2 DN) 患者 167 例, 健康对照组 32 例, 应用免疫散射比浊法测定三组尿液中 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 含量, 对结果进行统计学分析。结果 T2 DN 患者尿液中 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 的含量均显著高于 T2 DM 组及健康对照组,  $P < 0.05$ , 有显著差异, 且联合检测 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 较单项检测阳性率明显增加。结论 尿液中 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 联合检测对 T2 DN 诊断有较高的临床诊断价值, 为 T2 DN 的诊断及早期干预提供了参考。

**方法** 选择单纯Ⅱ型糖尿病 (T2 DM) 患者 41 例, Ⅱ型糖尿病肾病 (T2 DN) 患者 167 例, 健康对照组 32 例, 应用免疫散射比浊法测定三组尿液中 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 含量, 对结果进行统计学分析。

**结果** 结果 T2 DN 患者尿液中 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 的含量均显著高于 T2 DM 组及健康对照组,  $P < 0.05$ , 有显著差异, 且联合检测 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 较单项检测阳性率明显增加。

**结论** 尿液中 ALB、TRF、 $\alpha 1$ -MG、 $\beta 2$ -MG 联合检测对 T2 DN 诊断有较高的临床诊断价值, 为 T2 DN 的诊断及早期干预提供了参考。

PU-6382

## 14-3-3 $\eta$ 蛋白联合抗 MCV 抗体检测对类风湿性关节炎的临床

石娇,银凤至,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 探讨 14-3-3 $\eta$  蛋白和抗突变型瓜氨酸波形蛋白 (Mutated citrullinated vimentin, MCV) 抗体水平在类风湿关节炎患者 (Rheumatoid arthritis, RA) 中的表达, 评估其联合检测在 RA 诊断中的临床诊断价值

**方法** 收集 80 例类风湿性关节炎 (RA) 患者为 RA 组, 45 例骨关节炎 (OA) 患者为 OA 组, 45 例体检健康者为 HC 组, 应用酶联免疫吸附实验 (ELISA) 法检测血清中抗 MCV 抗体和 14-3-3 $\eta$  蛋白的表达, 同时检测血清中抗 CCP 抗体水平、类风湿因子 (RF)、C 反应蛋白 (CRP) 的含量, 计数全血中的白细胞 (WBC)、血沉 (ESR) 读数, 进行统计分析

**结果** 三组患者血清 Anti-CCP、RF、WBC、CRP 及 ESR 水平分别进行比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。见表一。RA 组中的 14-3-3 $\eta$  蛋白和抗 MCV 抗体分别为  $1.205 \pm 0.675 \text{ ng/ml}$ 、 $6.05 \pm 2.08 \text{ ng/ml}$ ; 阳性率分别为 34%、37%, 均高于 OA 组和 HC 组。见表 2-表 5。RA 组的血清 Anti-CCP、WBC、CRP、ESR、抗 MCV 抗体以及 14-3-3 $\eta$  蛋白阳性率高于 OA 组以及 HC 组。见表 6。各指标对 RA 诊断敏感性、准确性、阴性预测值以及约登指数最高的均是 Anti-CCP, 阳性预测值最高的是 14-3-3 $\eta$ , 阳性似然比最高的是 14-3-3 $\eta$ , 阴性似然比最高的是 14-3-3 $\eta$ 。见表 7。14-3-3 $\eta$  蛋白和抗 MCV 抗体联合检测对 RA 诊断的敏感性为 91.68%。

**结论** 14-3-3 $\eta$  蛋白和抗 MCV 抗体联合检测对类风湿性关节炎有较高的诊断价值

PU-6383

## 辽宁省 HIV-1 CRF01\_AE 亚型毒株的分子流行病学特征和传播规律研究

安明晖,赵彬,韩晓旭,尚红

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** CRF01\_AE 是我国 HIV-1 主要流行毒株亚型, CRF01\_AE 于 80 年代中后期从泰国传入我国后, 进化出 8 个主要的流行簇, 并且在不同危险人群中各簇的分布比例不同。在东北地区 HIV-1 CRF01\_AE 毒株的分布明显不同于我国其他省市。本研究通过分析辽宁省 HIV-1 CRF01\_AE 亚型的分簇和起源, 明确辽宁省 CRF01\_AE 毒株传播的特点和规律, 为精准防控提供基础数据支持。

**方法** 从本单位 2002-2017 年 HIV 基因型耐药数据库中筛选具有详细人口学信息的 CRF01\_AE 亚型的病毒序列, 构建系统进化树确定 CRF01\_AE 毒株的分簇情况, 通过 Beast 软件重建毒株传入辽宁省各危险人群的历史。

**结果** 筛选获得辽宁省 2002-2017 年间 HIV-1 CRF01\_AE 亚型 pol 基因 (蛋白酶和部分逆转录酶区) 序列 1738 条。性传播是主要的感染途径 (98.7%), 其中男男同性和双性恋占 88.1%。最大似然树明确辽宁省 CRF01\_AE 毒株主要有 6 流行簇, 成簇率达 98.5%, 分别占 0.7%、0.1%、21.3%、75.1%、0.4%和 0.8%, 其中主要的两簇以男男同性和双性恋为主 (92.2%和 89.3%), 但第 4 簇中异性恋人数较多 (7.6% vs 10.3%), 而且第 4 簇毒株的采样时间较早。分子钟分析显示第 4 簇中异性恋人群感染的 HIV 毒株最近共同祖先时间早于男男同性和双性恋人群。

**结论** 辽宁省 HIV-1 CRF01\_AE 毒株主要在男男同性恋和双性恋人群中传播, 男男同性恋人群中的两个流行簇具有不同的毒株来源, 其中主要的流行簇来自当地的异性恋人群, 另一簇来自其他地区的男男同性恋人群, 并均于 2000 年左右进入了辽宁当地的男男同性恋人群。

## PU-6384

### 离心时间及速度对血钾测定的影响探讨

田野

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 探讨离心因素对钾离子浓度的影响, 为保证实验室的高效率报告发送和质量提供参考依据

**方法** 随机选取 10 名正常人, 每人抽取全血 8 管, 每管 2~3ml, 固定速度(4000 转/min), 时间分别为 2min、5 min、10 min、30 min, 固定时间(10min): 离心速度分别为 1000 转/min、3000 转/min、5000 转/min、8000 转 d/min), 在一个小时内完成, 自动生化分析仪检测, 记录数据与处理、绘制图表、统计学处理。

**结果** 固定速度(4000 转/min)时间分别为 2min、5 min、10 min、30 min;1.均值 3.912mmol/l 标准差 0.07; 2.均值 3.785mmol/l 标准差 0.03; 3.均值 3.758mmol/l 标准差 0.07; 4.均值 3.93mmol/l 标准差 0.03;5. 均值 3.882mmol/l 标准差 0.14; 6. 均值 4.466mmol/l 标准差 0.14; 7. 均值 3.967mmol/l 标准差 0.10; 8.均值 3.865 标准差 0.06; 9.均值 3.788mmol/l 标准差 0.08; 10. 均值 4.12mmol/l 标准差 0.03, 数据经过统计学分析, T 检验,  $P>0.05$  差异不显著

固定时间(10min)离心速度分别为 1000 转/min、3000 转/min、5000 转/min、8000 转 d/min) 1.均值 4.112mmol/l 标准差 0.13; 2.均值 4.125mmol/l 标准差 0.14; 3.均值 4.094mmol/l 标准差 0.11; 4.均值 4.094mmol/l 标准差 0.44 ;5. 均值 4.015mmol/l 标准差 0.32 ; 6. 均值 3.972mmol/l 标准差 0.40 ; 7.均值 4.574mmol/l 标准差 0.41 ; 8.均值 4.551 标准差 0.35 ; 9.均值 3.934mmol/l 标准差 0.13 ; 10. 均值 4.008mmol/l 标准差 0.28

数据经过统计学分析, T 检验,  $P<0.01$  差异显著

**结论** 通过固定时间, 改变转速和固定转速, 改变时间两个方法验证了离心对血钾的影响, 固定转速, 改变时间  $P>0.05$  差异不显著, 说明时间长短对钾离子结果检测影响不大, 我们应合理分配时间, 能更高效的报告发送。固定时间, 改变转速  $P<0.01$  差异显著。血钾在细胞内含量丰富, 实验中高速离心标本有部分出现溶血情况, 钾离子的流出, 导致钾离子浓度增高。我们应严格控制离心速度避免溶血。

## PU-6385

### 巴西苏木素对 MRSA 的抗菌作用研究

彭丹,陈慧玲,许颖

成都医学院第一附属医院(原: 中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 研究 BN 对 MRSA 的体外抗菌作用, 并对 BN 的安全性进行评价; 同时研究 BN 对 MRSA 相关基因的影响, 为解决抗 MRSA 感染治疗提供新的策略与手段。

**方法** 首先采用肉汤微量稀释法测定 BN 对 MRSA 的最低抑菌浓度(MIC), 随后根据 MIC 测定最低杀菌浓度(MBC), 同时采用动态杀菌曲线评价 BN 的杀菌能力; 其次通过 MTT 实验观察 BN 对小鼠腹腔巨噬细胞活力的影响, 以此评价 BN 的安全性; 最后利用 RT-qPCR 观察 BN 对 mecA 基因的影响

**结果** BN 抗 MRSA 的 MIC 值为 32 $\mu$ g/mL, MBC 值为 64 $\mu$ g/mL, 同时观察动态杀菌曲线可知: BN 浓度为 1MIC 时抗 MRSA 作用不明显, 而 2MIC 和 4MIC 浓度的 BN 抗 MRSA 作用较强, 见图 1;



小鼠腹腔巨噬细胞活力在不同浓度的 BN 作用后是不受影响的,见图 2;结果显示 1/2MIC、1MIC、2MIC 浓度的 BN 作用于 *mecA* 基因 24h 后,三个实验组与空白组比较,差异不具有统计学意义( $P>0.05$ ),并结合图 3 分析可知 BN 对 MRSA 主要耐药机制 *mecA* 基因无明显影响,见表 1 和图 3。

**结论** BN 对 MRSA 具有体外抗菌作用,同时显示 BN 于小鼠巨噬细胞具有安全性,BN 对 *mecA* 基因无明显影响

## PU-6386

### 血清降钙素原在社区获得性肺炎患者中的临床意义

潘丹妮

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨血清降钙素原(PCT)在成人社区获得性肺炎(CAP)患者中的临床意义。

**方法** 选择中国医科大学附属盛京医院 2015 年 6 月~2016 年 5 月收治的 129 例 CAP 患者作为观察对象,根据病情严重程度分为重症肺炎组(16 例)和普通肺炎组(113 例);并选择同期健康体检者 30 例设为对照组。采用电化学发光免疫检测研究对象血清 PCT 水平,通过免疫胶乳比浊法对其 CRP 进行检测,并采集静脉血进行白细胞计数。观察 PCT 在 CAP 中的敏感性和特异性,并结合 CURB-65、CRP 及 WBC 指标对 CAP 的预后及病情作出评估。

**结果** PCT 在 CAP 中的升高率为 89.15%,正常率为 10.85%。CAP 治疗后较治疗前 PCT 显著降低。血清 PCT 水平与 CAP 患者严重程度呈正相关。

**结论** CT 对 CAP 的早期诊断、严重程度的评估及预后的预测有一定的价值。

## PU-6387

### “翻转课堂”教学模式在 MBBS《实验诊断学》教学中的应用

黄松苓

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 探讨“翻转课堂”教学模式在 MBBS《实验诊断学》教学中的应用效果。

**方法** 选取昆明医科大学 2015 级临床专业 MBBS 留学生为实验研究对象,分为实验组和对照组。在进行《实验诊断学》教学时,对照组采用课堂讲授法教学,实验组授课时充分使用 MBBS 教学模式,以期末考试成绩和教学满意度,比较两种教学模式的教学效果。

**结果** 完成《实验诊断学》教学工作后,实验组学生期末考试成绩明显高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。实验组学生对教学方法与教学效果的评价明显高于对照组,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** “翻转课堂”教学方法应用于 MBBS《实验诊断学》课程教学,可调动学生的学习积极性并且显著提升学生学习效果,值得在 MBBS《实验诊断学》教学中加以推广。

## PU-6388

## 血清同型半胱氨酸与冠心病的相关性分析

潘丹妮

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸（HCY）与冠心病（CHD）的相关性,并为冠心病的早期预防和临床治疗提供依据。

**方法** 选择中国医科大学附属盛京医院 2016 年 1~12 月在我院住院的 CHD 患者 110 例作为观察对象,选择同一时期中的 50 例健康体检者作为对照组。患者血清的 HCY 用循环酶法来检测,得到相应数据后进行两者之间的相关性分析。

**结果** UAP 组、AMI 组、SAP 组的血浆 HCY 水平分别为: (20.56 ± 6.58)、(23.80±7.97)、(15.56±5.19)  $\mu\text{mol/L}$ , 均高于对照组(10.52±2.34)  $\mu\text{mol/L}$ , ( $P<0.05$ ), 其中 SAP 组的 HCY 水平是最低的, UAP 组、AMI 组比 SAP 组高很多, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 冠心病与血清同型半胱氨酸有显著的相关性, 并且血清同型半胱氨酸浓度越高, 冠心病的病情越严重。不同类型的冠心病患者, 血浆 HCY 水平也不相同。其中 SAP 组的 HCY 水平是最低的, UAP 组、AMI 组比 SAP 组高很多, 三者间 HCY 相比较差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。血清同型半胱氨酸可作为冠心病的早期预测的指标, 也可以为临床治疗的依据。

## PU-6389

## 实验室信息系统故障应急预案的建立与应用

侯兵兵

中国人民解放军总医院第六医学中心

实验室信息系统 (Laboratory information system,LIS) 在医院检验科的日常管理工作中起到十分重要的作用, 为了保证实验室信息系统在出现故障时检验科医疗服务仍能有效地正常开展, 医院检验科建立了一套行之有效的应急预案并且已经应用于现实工作中。

## PU-6390

## 延安市 0~6 岁儿童维生素 A、D、E 营养状况调查分析

张晓艳

延安市人民医院,716000

**目的** 了解延安市 0~6 岁儿童维生素 A、D、E 水平, 为预防儿童维生素缺乏症, 合理补充维生素提供科学依据。

**方法** 选取 2018 年 6 月至 2019 年 3 月来延安第二医疗集团进行维生素 A、D、E 检测的 0~6 岁儿童, 共 2229 例, 维生素 A891 例, 维生素 D453 例, 维生素 E885 例。用化学发光法检测维生素 D, 用高效液相色谱法检测维生素 A、E。分析不同性别、不同年龄段 (0~1 岁组、1~3 岁组、3~6 岁组)、不同居住地 (城乡) 儿童维生素 A、D、E 水平差异情况。

**结果** 延安市 891 例维生素 A 平均水平为 (0.30±1.30)  $\text{mg/L}$ , 不足率为 40.8%, 缺乏率为 25.1%; 453 例维生素 D 平均水平 (36.31±21.12)  $\mu\text{g/mL}$ , 不足率为 28.9%, 缺乏率为 25.4%; 885 例维生素 E 平均水平 (9.38±2.87)  $\text{mg/L}$ , 不足率为 20.8%, 缺乏率 0.1%。不同性别间维生素 A、D、E 平均水平比较差异无统计学意义( $P>0.05$ ), 不同性别的维生素 A 缺乏率与不足率有统计学意

义( $P<0.05$ ), 不同年龄组维生素 E 比较差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 延安市儿童城乡维生素 D、E 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 延安市 0~6 岁儿童维生素 A、D、E 水平缺乏与不足占一定比例, 尤其是维生素 E 应及时进行补充, 城乡儿童维生素仍需及时检测与合理补充。

## PU-6391

### AX-4030 尿液干化学分析仪尿肌酐检测结果评价

侯兵兵

中国人民解放军总医院第六医学中心

**目的** 对 ARKRAY AX-4030 尿液干化学分析仪尿肌酐检测结果进行评价

**方法** 随机收集本院门诊患者新鲜尿液标本 500 例, 分别采用 AX-4030 尿液干化学分析仪及 Beckman Coulter AU-680 全自动生化分析仪(苦味酸法)对其尿肌酐含量进行平行检测, 并对结果进行比较分析。

**结果** 以 AU-680 全自动生化分析仪(苦味酸法)检测结果为参照, AX-4030 尿液干化学分析仪尿肌酐检测结果与其相比无统计学差异( $P>0.05$ )。

**结论** AX-4030 尿液干化学分析仪基本能满足临床尿肌酐测定需求, 但应用过程中应注意不同仪器之间的量级差异。

## PU-6392

### MTHFR 基因 C677T 多态性与老年脑小血管病及其危险因素相关性分析

梁广铁,李卓然,雷秀霞,明凯,龙幼敏,吴银霞

广州市第一人民医院,510000

**目的** 探讨 5,10-亚甲基四氢叶酸还原酶(MTHFR)基因 C677T 多态性与老年脑小血管病变的关系。

**方法** 选取我院年龄大于 65 岁脑小血管病住院患者, 进行 MTHFR 基因测定和血浆同型半胱氨酸(Hcy)水平监测, 同时行头颅 MRI 和 MRA 检查并分析不同基因分型患者与脑小血管病变的关系。

**结果** 血浆 Hcy 水平在 TT 型组明显高于 CC 型和 CT 型组( $F=7.996$ ,  $P<0.01$ ), 通过 Spearman 相关性分析, 脑白质病变的严重程度与女性、年龄、既往有冠心病、腔梗、血浆 Hcy 水平、MTHFR 基因分型呈正相关, 相关系数分别为 0.148 ( $P=0.010$ )、0.034 ( $P<0.001$ )、0.152 ( $P=0.008$ )、0.189 ( $P=0.001$ )、0.015 ( $P=0.029$ ) 和 0.170 ( $P=0.003$ );多因素 Logistic 回归分析, 年龄[OR95%CI=(1.042-1.114)]、MTHFR 基因分型(TT 组)[OR95%CI=(1.046-2.279)]和腔隙性脑梗死[OR95%CI=(1.003-3.523)]是脑白质高信号(WMH)独立危险因素。

**结论** 血浆 Hcy 水平与 MTHFR 基因多态性有明显相关性, MTHFR 基因分型(TT 组)是脑白质损害独立危险因素, 建议早期进行 MTHFR 基因检测, 提早干预危险因素, 延缓老人脑小血管病的发展可能。

## PU-6393

## 超敏 C 反应蛋白、白细胞计数及降钙素原在儿童感染性疾病中的诊断价值

高伟树

合肥市第一人民医院/安徽医科大学第三附属医院,230000

**目的** 探讨降钙素原、超敏 C 反应蛋白及降钙素原在儿童感染性疾病中的诊断价值

**方法** 选取我院儿科病房的感染性疾病患者 184 例,根据诊断结果分为细菌感染组 112 例,病毒感染组 75 例,并选取同期的健康儿童对照组 68 例,对三组患儿分别测定血清降钙素原(PCT)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)和白细胞计数(WBC),比较检测结果在儿童感染性疾病诊断中的价值。

**结果** hs-CRP、WBC、PCT 在细菌感染组、病毒感染组以及对照组的比较结果见表 1。

表 1 三组 hs-CRP、WBC、PCT 水平结果比较

分类 hs-CRP ( $<3\text{mg/L}$ ) WBC ( $\times 10^9/\text{L}$ ) PCT ( $\text{ng/mL}$ )

细菌组  $23.42\pm 5.93$   $16.35\pm 4.56$   $4.3\pm 1.26$

病毒组  $6.58\pm 7.69$   $6.78\pm 3.26$   $0.5\pm 0.31$

正常对照组  $1.43\pm 0.32$   $6.95\pm 2.18$   $<0.1$

P 值  $<0.05$   $<0.05$   $<0.05$

**结论** 在儿童感染早期的诊断过程中,联合检测患儿的血清 hs-CRP、WBC 和 PCT 水平,可及时有效的鉴别与诊断感染的类型,对临床诊治有较大的价值。

## PU-6394

## 对比 PIVKA 检测分别联合 AFP 与 AFP-L3 检测在肝癌诊断中的应用效果

谢万红

四川省旺苍县人民医院

**目的** 比较异常凝血酶原Ⅱ(PIVKA-Ⅱ)联合甲胎蛋白(AFP)与 PIVKA-Ⅱ联合甲胎蛋白异质体 3(AFP-L3)诊断原发性肝癌的效能。

**方法** 选取本院 2017 年 5 月~2019 年 2 月收治的 46 例原发性肝癌患者纳入肝癌组,同期收治的慢性乙型肝炎患者 46 例纳入肝炎组。2 组均检测血清 AFP、AFP-L3、PIVKA-Ⅱ水平,比较 PIVKA-Ⅱ联合 AFP 与 PIVKA-Ⅱ联合 AFP-L3 诊断原发性肝癌的敏感度与特异度及 PIVKA-Ⅱ联合 AFP-L3 诊断Ⅰ期、Ⅱ期肝癌患者的敏感度与特异度。

**结果** 肝癌组血清 AFP、AFP-L3、PIVKA-Ⅱ水平均显著高于肝炎组( $P < 0.05$ )。PIVKA-Ⅱ联合 AFP-L3 诊断原发性肝癌的敏感度与特异度分别为 91.30%与 84.78%,显著高于 PIVKA-Ⅱ联合 AFP 的 76.09%与 65.22%( $P < 0.05$ )。以肝炎组作为对照,PIVKA-Ⅱ联合 AFP-L3 诊断Ⅰ期肝癌患者的敏感度与特异度分别为 75.00%与 80.43%,诊断Ⅱ期肝癌患者的敏感度与特异度为 84.62%与 89.13%,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。

**结论** PIVKA-Ⅱ联合 AFP-L3 诊断原发性肝癌的效能优于 PIVKA-Ⅱ联合 AFP,且可用于肝癌 TNM 分期的诊断。

## PU-6395

## 南京地区成人 RET 相关参数的参考区间的建立

王贤

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 对南京地区健康体检成人进行了 RET-He、LFR、MFR、HFR 参数的检测,建立了本地区本实验室的参考区间,为本科室开展这些参数提供了依据。

**方法** 选取本院体检中心的健康体检人员 1188 例,要求血常规、生化检查均无异常,无血液系统疾病既往史。空腹抽取静脉血, EDTA-K<sup>2</sup> 抗凝,4 h 内采用日本 SYSMEX-5000 全自动血细胞分析仪完成检测。根据数据分布类型,选择统计技术剔除离群值后,得到计算各参数参考范围建立的数据,确定参考区间。

**结果** 1、RET-He、LFR、MFR、HFR 数据均成偏态分布。2、RET-He、LFR、MFR、HFR 按照性别分组,RE-THe、MFR、HFR 男性高于女性,LFR 女性高于男性,组间比较差异有统计学意义。3、对各年龄组 RET-He、LFR、MFR、HFR 进行比较分析,差异均有统计学意义。随着年龄的增长,REThe、MFR、HFR 逐渐升高,LFR 逐渐降低。

**结论** RET 相关参数有着重要的临床意义,尤其在贫血的诊断和评估骨髓造血方面。我们建立了南京地区健康成人的本实验室的 RET-He、LFR、MFR、HFR 参考区间,使其作为常用检测项目成为可能。

## PU-6396

## 玉溪市红塔区 1476 例儿童过敏原检测分析

汤国宁

玉溪市中医医院

**目的** 了解玉溪地区儿童变态反应性疾病患者过敏原分布情况及特点,为临床防治提供依据。

**方法** 将 2013 年 1 月至 2016 年 12 月 1476 例体检儿童纳入检测范围。对儿童进行血清学总 IgE 和免疫印迹法试验,筛查吸入性过敏原及食入性过敏原。

**结果** 1476 例 3~7 岁儿童中,男童 757 例,女童 719 例。男女比为 1:0.95,共检出特异性吸入性及食物性过敏原 346 例,其中男童为 209 例,阳性率 27.6%,女童为 137 例,阳性率 19.05%。男女童两组人群间阳性率差异具有显著性 ( $\chi^2=14.703$ ,  $P<0.001$ )。检出特异性吸入性及食物性过敏原 346 例 (23.44%),其中对一种过敏原显示阳性的 68 例 (19.65%),对两种和两种以上过敏原显示阳性的 278 例 (80.35%),食物组中最常见过敏原为鸡蛋白(186 例,53.3%),其次为牛奶 (145 例,41.5%)和螃蟹(136 例,38.9%);吸入组最常见过敏原为螨虫(185 例,占 53%),其次为蟑螂(118 例,占 33.8%)。

**结论** 玉溪市红塔区儿童过敏原检测具有性别差异,由多种过敏原综合致敏引起,血清过敏原测定有利于了解患者过敏状态,协助过敏性疾病的诊断,可为过敏性疾病制订环境干预措施和免疫治疗方案提供可靠依据。

PU-6397

### 33 638 例人乳头瘤病毒基因分型检测结果分析

胡亮  
上海市浦东医院

**目的** 对上海市浦东医院 33 638 例人乳头瘤病毒 (human papillomavirus, HPV) 基因分型检测结果进行分析, 为本地区宫颈癌的防治提供依据。

**方法** 收集上海市浦东医院 2016 年 1 月~2018 年 9 月 HPV 基因分型的检测结果, 并结合临床资料, 分析本地区 HPV 感染情况。

**结果** 33 638 例患者的 HPV 感染率为 21.81%; 试剂盒可检测的 21 种基因亚型均有检出, 感染率前 5 位的亚型是 HPV52 型 (20.45%)、16 型 (14.56%)、58 型 (13.02%)、81 型 (10.97%) 和 53 型 (10.28%); HPV 单一感染的比例为 71.47%, 二重感染为 19.56%、三重感染为 6.31%、四重感染为 1.99%、五重及以上感染为 0.67%; 男性前 3 位的感染亚型是 HPV11 型 (28.95%)、6 型 (22.37%) 和 53 型 (11.84%), 女性前 3 位的是 HPV52 型 (20.56%)、16 型 (14.63%) 和 58 型 (13.02%); 各年龄组的感染率: <20 岁组为 33.82%、21~30 岁组为 20.23%、31~40 岁组为 19.50%、41~50 岁组为 21.41%、51~60 岁组为 28.41%、>60 岁组为 29.54%; 近 3 年 HPV 的年感染率分别为 20.36%、24.74%和 20.53%, 主要感染亚型未发生变化。

**结论** 本地区 HPV 的感染率较高, 不同年龄组的感染率不同, 感染以单一亚型为主, 主要感染亚型男女不同, 本地区 HPV 的年感染率及主要感染亚型稳定。

PU-6398

### Characteristic and Complete Genome Sequencing of A Novel Member of Infective Endocarditis Causative Bacteria: *Bergeyella cardium* QL-PH

Hongwei Pan, Enhua Sun, Yi Zhang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Recently, worldwide, three case of *Bergeyella cardium* sp. were reported to be isolated from patients with infective endocarditis. The strains were recognized as a new species belonging to of the genus *Bergeyella*. The increasing cases of *Bergeyella cardium* in patients with infective endocarditis suggested their important pathogenesis roles. However, studies regarding themicrobiological characteristics and genetic feathers of this species are very rare. In this study, we reported the isolation, identification and characteristic of another *Bergeyella cardium* from blood cultures of patient with infective endocarditis. Then, whole genome sequencing was carried out and the possible original of this newly identified speices was investigated.

**Methods** Morphological, physiological and biochemical characteristics of the newly isolated strain was performed. E-test method was ultimately selected for AST analysis. The whole genome of the newly isolated strain *Bergeyellacardium* QL-PH was sequenced using Novogen with MPS (massively parallel sequencing) Illumina technology. Genomic assembly and annotation were carried out at Novogen Bioinformatics Technology Co., Ltd.

**Results** We reported another isolation and identification of a *Bergeyella* spp from blood cultures of patient with infective endocarditis. Both NCBI Blastn analysis and phylogenetic analysis results indicated the new isolation belonged to the novel specie of *Bergeyella cardium*. Detailed phenotypic analysis demonstrated that the strain is a fastidious gram-stain-negative, aerobic, non-motile, oxidase-positive, catalase-negative, rod-shaped bacterium. PDM Epsilometer test indicated that the minimum inhibitory concentration values for most tested antibiotic were low,

with the exception of fluoroquinolones. The whole genome sequence of the isolate consists of a circular chromosome with a total length of 2,036,902 bp. Four antibiotics related genes and eighty-six pathogenesis related genes were predicted from the genome sequences. To our knowledge, this is the first complete genome sequence of *Bergeyella*.

**Conclusions** Our data, together with other studies, clearly document that *Bergeyella cardium* strains is an important newly identified human pathogen. The phylogenetic, phenotypic results and whole genome sequencing extensively expand the knowledge of the newly identified *Bergeyella* spp related to human infective endocarditis. Our results will provide clues for the clinical diagnosis and treatment of this pathogen.

## PU-6399

### 临床医学检验重要环节的质量控制

张雅楠

延安市人民医院,716000

**目的** 检验医学是一门临床医学中的新兴的独立的医学学科,是在我国现代科学实验技术和生物学互相结合的基础上产生和发展起来的。国外先进技术以及设备的引进,促进了我国临床检验工作效率的提高,推动了我国医学检验学科的迅速发展。本文分别从医学检验前,检验过程中和检验后这三个方面探讨了提高医学检验质量的措施。

**方法** 检验医学是一门临床医学中的新兴的独立的医学学科,是在我国现代科学实验技术和生物学互相结合的基础上产生和发展起来的。国外先进技术以及设备的引进,促进了我国临床检验工作效率的提高,推动了我国医学检验学科的迅速发展。本文分别从医学检验前,检验过程中和检验后这三个方面探讨了提高医学检验质量的措施。

**结果** 通过以上分析就可以看出,临床试验这个部分在整个医学中占了非常重要的一部分,无论是对于疾病的及时和准确的检查,还是对于病人的病症的判断,都是非常精准的。所以这就要求不断地扩展和实验医学检验的措施,这对于促进医学的发展有着非常重要的意义。

**结论** 通过以上分析就可以看出,临床试验这个部分在整个医学中占了非常重要的一部分,无论是对于疾病的及时和准确的检查,还是对于病人的病症的判断,都是非常精准的。所以这就要求不断地扩展和实验医学检验的措施,这对于促进医学的发展有着非常重要的意义。

## PU-6400

### 尿微量蛋白在Ⅱ型糖尿病肾病诊断中的意义 1

闫晓琴

延安市人民医院,716000

**目的** 探讨联合检测尿液中微量白蛋白(ALB)、转铁蛋白(TRF)、 $\alpha_1$ 微球蛋白( $\alpha_1$ -MG)和 $\beta_2$ -微球蛋白( $\beta_2$ -MG)在Ⅱ型糖尿病肾病(T2 DN)诊断中的临床意义。

**方法** 选择单纯Ⅱ型糖尿病(T2 DM)患者41例,Ⅱ型糖尿病肾病(T2 DN)患者167例,健康对照组32例,应用免疫散射比浊法测定三组尿液中ALB、TRF、 $\alpha_1$ -MG、 $\beta_2$ -MG含量,对结果进行统计学分析。

**结果** T2 DN患者尿液中ALB、TRF、 $\alpha_1$ -MG、 $\beta_2$ -MG的含量均显著高于T2 DM组及健康对照组,  $P < 0.05$ ,有显著差异,且联合检测ALB、TRF、 $\alpha_1$ -MG、 $\beta_2$ -MG较单项检测阳性率明显增加。

**结论** 尿液中 ALB、TRF、 $\alpha$ 1-MG、 $\beta$ 2-MG 联合检测对 T2 DN 诊断有较高的临床诊断价值，为 T2 DN 的诊断及早期干预提供了参考。

#### PU-6401

### 线粒体 DNA (mtDNA) 的可变拷贝数预测急性髓细胞白血病患者预后

黄松苓

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 线粒体 DNA (mtDNA) 拷贝数的变化在包括急性髓细胞白血病在内的各种人类癌症中被广泛报道，并被认为是癌症的一个重要标志。然而，对于可变 mtDNA 含量在该癌症预后评估中的价值还尚未有相关报道。

**方法** 采用实时定量 PCR 方法，对一组急性髓细胞白血病患者和正常对照组进行 mtDNA 拷贝数检测，探讨不同 mtDNA 含量与急性髓细胞白血病患者临床结局的关系。

**结果** 与对照组相比，大多数急性髓细胞白血病患者 mtDNA 含量较低，前者的相对平均 mtDNA 含量高于后者。值得注意的是，可变 mtDNA 含量并不影响急性髓细胞白血病患者总生存率，但是我们发现，mtDNA 含量增加与晚期肿瘤患者的生存率低相关。

**结论** 在本研究中，我们发现 mtDNA 含量的增加与晚期肿瘤患者生存率的下降有着密切的联系。

#### PU-6402

### Clinical impact of high ratio of circulating miR-210 to miR-92b levels in bladder cancer patients

Yongmei Yang, Yi Zhang

Qilu Hospital, Shandong University

**Objective** Recent studies have demonstrated that circulating microRNAs (miRNAs) are low-invasive useful biomarkers for cancers. MiR-210 is the master hypoxamir that generally exhibits oncogenic properties in most human solid tumors including bladder cancer (BC). However, it remains unknown about the clinical significance of circulating miR-210 levels in BC. Herein, we aimed to test miR-210 and miR-92b, which are reported to be highly and poorly expressed in BC tissues, as candidates for serum biomarkers in BC.

**Methods** This study was divided into three parts: (1) Evaluation of serum miR-210, miR-92b and ratios of miR-210/miR-92b using RT-PCR by comparing results from 84 BC patients and 62 healthy controls. (2) Analysis of the correlation between serum miR-210 and clinicopathological factors. (3) Evaluation of whether serum miR-210 expression level could be used to reflect tumour dynamics in patients with BC.

**Results** (1) The serum level of miR-210 was significantly higher in BC patients ( $P < 0.0001$ ), while that of miR-92b was significantly lower ( $P = 0.0009$ ) and the miR-210/miR-92b ratio was significantly higher ( $P < 0.0001$ ) in BC patients than in controls. Moreover, the miR-210/miR-92b ratio was significantly correlated with advanced clinical stage. The receiver-operating characteristic curve (ROC) analysis showed that the area under ROC (AUC) was highest for the miR-210/miR-92b ratio assay. (2) MiR-210 expression was significantly correlated with Grade ( $P = 0.040$ ) and T stage ( $P = 0.003$ ) in BC patients. (3) Serum miR-210 level was significantly reduced in paired post-operative samples ( $P = 0.005$ ), and was significantly increased ( $P < 0.0001$ ) in relapsed samples.



**Conclusions** The increased ratio of serum miR-210 to miR-92b levels contributes to tumor detection, stage prediction and dynamic surveillance in patients with BC.

#### PU-6403

### 不同系统间进行糖化结果比对的评估

黄树华  
玉溪市中医医院

**目的** 探讨不同糖化检测系统间结果的可比性和临床可接受性。**方法**：运用 NCCLS 的 EP9-A 方案**方法** 采用临床患者新鲜标本，与本地区同级医院已通过 NGSP 认证的罗氏 C501 自动生化分析仪进行比对。将罗氏 C501 作为标准检测系统，我科国产 MQ-2000PT 糖化血红蛋白分析仪作为待检测系统。用罗氏 C501 和 MQ-2000PT 同时测定 HbA1c，进行室内比对并采用配对 t 检验和回归分析的方法进行检测结果的方法比对及偏倚评估。**结果** MQ-2000PT 的仪器根据回归方程系数经校准和调整，结果偏倚可接受，基本能得到具有一致临床意义的检测结果。**结论** 实验室比对可以对检测能力进行有效的质量监控。

#### PU-6404

### 我室三台血细胞分析仪自动进样模式日常检测结果比对分析

藏小晴  
延安市人民医院,716000

**目的** 比对分析我室 3 台血细胞分析仪同一自动进样模式结果的准确性及一致性**方法** 以我室参加省临检、卫生部室间质评仪器 XN-20 为参比仪器，选择自动进样模式进行检测，收集标本后分别在三台仪器上进行自动进样模式检测，分析每台仪器白细胞 WBC、红细胞 RBC、血红蛋白 HGB、血小板 PLT、红细胞压积 HCT 五个项目检测数据，评价三台仪器自动进样模式检测主要指标的结果可比性**结果** XN-20 分别与 XT4000i、XE2100 两台仪器 WBC、RBC、HGB、PLT、HCT 五个指标均值计算偏差，除 HCT 外，其余结果均在允许误差范围内，且相关性均较好。**结论** 三台仪器自动进样模式结果均可靠，具有可比性，均可用于临床。

#### PU-6405

### 150 例乙型肝炎病毒感染者血清抗核抗体检测结果分析

沈秀芬  
昆明医科大学第二附属医院检验科

**目的** 分析乙型肝炎病毒（HBV）感染者血清中抗核抗体（ANA）的阳性率并分析其与年龄的相关性。**方法** 收集 150 例 HBV 感染者血清标本，其中“小三阳”（乙肝血清标志物 HBsAg+,HBsAb-,HBeAg-,HBeAb+,HBcAb+）90 例，“大三阳”（乙肝血清标志物 HBsAg+,HBsAb-,HBeAg+,HBeAb-,HBcAb+）60 例；以及 81 例健康体检者血清标本，采用间接免疫荧光法（IIF）检测血清中的 ANA，采用免疫印迹法检测抗核抗体谱（ANAs）。

**结果** (1) 150 例 HBV 感染者中 ANA 阳性率为 32.0%，明显高于正常对照组 (3.7%)，差异有统计学意义 ( $P>0.05$ )。(2) HBV 感染者血清检出的 ANA 以低滴度 (1: 100) 为主，占 89.5%；ANA 荧光模式以核颗粒型 (73.7%) 最为常见。(3) “大三阳”组 ANA 谱以抗双链 DNA 抗体为主 (10%)，“小三阳”组 ANA 谱以抗重组 Ro-52 抗体为主 (10%)。(4) ANA-IIF 阳性在 45 岁以上乙型肝炎感染者中较常见。

**结论** HBV 感染可诱导机体产生低滴度为主的 ANA，且年龄可能会影响 ANA 的阳性率。

## PU-6406

### 全血和血浆 C 反应蛋白检测对比分析

普永冰

玉溪市中医医院

**目的** 探讨同一患者全血和血浆 C 反应蛋白在不同仪器上检测结果之间的相关性。

**方法** 血浆 C 反应蛋白的检测方法是速率法 (干片)；全血 C 反应蛋白的检测方法是散射比浊法。

**结果** 116 例的全血 C 反应蛋白测定均值 64.63 mg/L；血浆 C 反应蛋白测定均值 97.30mg/L；男 60 例全血 C 反应蛋白均值 65.58 mg/L；血浆 C 反应蛋白均值 116.94 mg/L；女 56 例，全血 C 反应蛋白均值 63.60 mg/L；血浆 C 反应蛋白均值 76.27 mg/L。

**结论** 全血与血浆 C 反应蛋白在两种机型检测，其检测结果趋势有一致性。 sera@IPR|ge:ZH-CN; mso-bidi-language:AR-SA'>例的全血 C 反应蛋白测定均值 64.63 mg/L；血浆 C 反应蛋白测定均值 97.30mg/L；男 60 例全血 C 反应蛋白均值 65.58 mg/L；血浆 C 反应蛋白均值 116.94 mg/L；女 56 例，全血 C 反应蛋白均值 63.60 mg/L；血浆 C 反应蛋白均值 76.27 mg/L。

## PU-6407

### 医院检验科不合格标本的原因分析

刘亚栋

延安市人民医院,716000

**目的** 为了解我科检验不合格标本的原因，提高分析前质量控制水平，对 2004-2007 年标本按不同目的、类别进行统计分析。

**方法** 2004—2007 年我科共收到标本 552601 份，其中 2004 年 117123 份，2005 年 129980 份，2006 年 140129 份，2007 年 165369 份，包括血液、尿液、粪便和胸腹水标本，不合格标本 6245 份，不合格率 1.13%。

**结果** 果，统计发现血液标本和胸腹水标本的不合格比率较大，其中血液标本溶血和标本凝固占不合格标本比率达 71.18%，并逐年下降。溶血和标本凝固是标本不合格的主要原因，加强对血液标本的采集和处理可提高分析前质量控制水平。

**结论** 果，统计发现血液标本和胸腹水标本的不合格比率较大，其中血液标本溶血和标本凝固占不合格标本比率达 71.18%，并逐年下降。溶血和标本凝固是标本不合格的主要原因，加强对血液标本的采集和处理可提高分析前质量控制水平。

PU-6408

## Aberrant expression of CCR4 in gastric cancer and its role in tumor immunity

Yongmei Yang, Yi Zhang  
Qilu Hospital, Shandong University

**Objective** Here we aimed to determine the difference of CCR4 expression between lymphocyte-rich GC and conventional GC, establish co-culture systems and further explore the regulatory role of highly expressed CCR4 in tumor immunity.

**Methods** 1. The difference of CCR4 expression between lymphocyte-rich GC and conventional GC was further explored by IHC.

2. Generation of SGC-7901 cells transiently overexpressing the full length CCR4 was accomplished using the plasmid CCR4-EGFP with Lipofectamine. The CCR4 expression was determined by a fluorescence microscope, real-time RT-PCR and FCM, respectively. We established co-culture systems of SGC-7901 cells overexpressing CCR4 and human PBMC isolated from heparinized whole blood by use of Ficoll density gradient centrifugation.

3. Then, we detected the co-culture supernatant by using Bio-Plex cytokine assays and the production of GrzA, GrzB, and perforin in human PBMC by FCM.

**Results** 1. More frequently moderate to strong positive staining for CCR4 in lymphocyte-rich carcinomas than those in conventional carcinomas ( $P < 0.05$ ) was accompanied by the development of lymphoid aggregates with germinal centers that was related to Th2 responses.

2. The transfection efficiency was confirmed by a fluorescence microscope, RT-PCR and FCM at 24 or 48 hours after transfection, respectively. Coculture experiments showed the levels of IFN- $\gamma$  in the PBMC + CCR4 groups were significantly lower than those in the PBMC + MOCK groups ( $P < 0.01$ ) and the PBMC + CCR4 + compound 39 groups ( $P < 0.05$ ). While the IL-10 levels in the CCR4 groups were much higher than those in the other two groups (both  $P < 0.01$ ). Significantly, the CD56<sup>+</sup>NK cells in PBMC + CCR4 groups displayed decreased GrzA production compared with those in the PBMC + MOCK groups ( $P < 0.05$ ) and the PBMC + CCR4 + compound 39 groups ( $P < 0.05$ ), respectively. There were no significant changes in GrzB and perforin among each group.

**Conclusions** 1. More frequently moderate to strong positive staining for CCR4 in lymphocyte-rich carcinomas than those in conventional carcinomas ( $P < 0.05$ ) was accompanied by the development of lymphoid aggregates with germinal centers that was related to Th2 responses.

2. The transfection efficiency was confirmed by a fluorescence microscope, RT-PCR and FCM at 24 or 48 hours after transfection, respectively. Coculture experiments showed the levels of IFN- $\gamma$  in the PBMC + CCR4 groups were significantly lower than those in the PBMC + MOCK groups ( $P < 0.01$ ) and the PBMC + CCR4 + compound 39 groups ( $P < 0.05$ ). While the IL-10 levels in the CCR4 groups were much higher than those in the other two groups (both  $P < 0.01$ ). Significantly, the CD56<sup>+</sup>NK cells in PBMC + CCR4 groups displayed decreased GrzA production compared with those in the PBMC + MOCK groups ( $P < 0.05$ ) and the PBMC + CCR4 + compound 39 groups ( $P < 0.05$ ), respectively. There were no significant changes in GrzB and perforin among each group.

PU-6409

## 九项呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测

普永冰  
玉溪市中医医院

**目的** 探讨血清中的嗜肺军团菌血清 1 型、肺炎支原体、Q 热立克次体、肺炎衣原体、腺病毒、呼吸道合胞病毒、甲型流感病毒、乙型流感病毒和副流感病毒 1.2 和 3 型病原体在呼吸道感染产生其 IgM 抗体的情况。

**方法** 间接免疫荧光法。

**结果** 共计检测 762 例，九联检 IgM 抗体阳性的患者共计 180 例，占检测数 23.6%。阳性人群中男性 93 例，占阳性率 51.7%。女性 87 例，占阳性率 48.3%。

**结论** 九项呼吸道感染病原体 IgM 抗体结果对患者的治疗及监测有着重要的临床意义。

PU-6410

## 基于聚吡咯 DNA 生物传感器检测耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌

张泽,张颖聪,于洪伟,常东  
上海市浦东医院

**目的** 制备一种新型、无标记检测耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌 DNA 生物传感器。

**方法** 采用电聚合方法将 5-羧酸吡咯(ICA)修饰于玻碳电极表面，通过偶合剂连接探针。扫描电镜(SEM)表征玻碳电极表面，循环伏安(CV)、电化学阻抗图谱(EIS)表征传感器电化学性能。差分脉冲伏安法(DPV)检测杂交信号，检测耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌 DNA 提取液。

**结果** 线性范围为  $1 \times 10^{-15} \sim 1 \times 10^{-10}$  mol/L，检测限为  $3.0 \times 10^{-16}$  mol/L，传感器对不同错配碱基有良好的特异性，15 天后重复检测传感器稳定性良好。

**结论** 基于 5-羧基吡咯制备的电化学 DNA 生物传感器，灵敏度高，稳定性好，能够对耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌进行准确检测。

PU-6411

## 实验室应如何做好抗 HLA 抗体检测的质量控制

何军  
苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨和规范抗 HLA 抗体检测的方法学和质量控制。

**方法** 应用美国 ASHI 委员会推荐的免疫磁珠液相芯片(Luminex)技术进行抗 HLA 抗体筛查，特异性抗 HLA 抗体检测，采用平均荧光强度值强弱用于分析抗供者特异性 HLA 抗体。

**结果** 检验前的质量控制制定样本采集、处理及核收的要求。实验室对所有收到的试剂均需进行质控(quality control, QC)，试剂 QC 通过才可用于临床检测。室内质控的设置每批样本检测中采用两个 MFI 水平值的已知实验结果标本作为室内 QC 标本，QC 标本覆盖整个实验全过程，可判断是否发生样本混淆、样本污染、技术人员操作失误造成假阳性或假阴性结果、评估技术人员的稳定性和重复性。因目前国内还没有机构可以提供抗 HLA 抗体检测的室内质控品，故推荐可选择美国 ASHI 委员会、ACP 协会、美国 UCLA 免疫遗传中心提供的抗体质控血清作为实验室的外部质控标本，以此评估该实验室在抗体检测方面的实验操作、结果分析和判断的水平。美国 ASHI 委员会对于抗 HLA 抗体熟练检测(PT)的评断要求是：该实验室与其他世界上各个中心上报的结果达到 80% 以上的符合率。建立 Luminex 仪器的激光信号、光路、数据收集系统的维护和校正体系，每个

月、半年和一年由工程师对仪器进行专业维护和校正。实验室至少需要专业培训三名以上的技术人员从事抗体检测,技术人员经过个人重复性和稳定性、技术人员之间的重复性和误差性培训后,方可参与临床检测。

**结论** 实验室在开展检测抗 HLA 抗体前必须按照国际检测标准做好各个环节的质量控制。

## PU-6412

### 连云港地区 Sysmex-UF4000 尿液有形成分 参考区间的确定

王琨,刘娟,周红,姚丽,孙瑾,梁伟(通讯作者)  
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 确立 UF4000 尿液有形成分的成人生物学参考区间。

**方法** 使用 UF4000 尿液分析仪检测 1200 例健康成人,其中男性 600 例,中位年龄:38 岁;女性 600 例,中位年龄 37 岁,对随机中段尿液中红细胞(RBC)、白细胞(WBC)、上皮细胞(EC)、鳞状上皮细胞(Squa.EC)、管型(CAST)、细菌(BACT)、电导率(Cond.)、渗透压(Osmo.)指标汇总,用 SPSS 软件分析男、女各个指标的峰度系数和偏度系数,以观察不同指标的数值分布类型,对于符合正态分布的数值采用双侧 95%的参考区间,对于不符合正态分布的数值采用百分位数  $P_{95}$  来表示。不同性别之间正态分布采用成组设计的  $t$  检验,非正态分布采用 Mann-Whitney U 秩和检验,观察不同性别之间尿有形成分的差异。

**结果** 健康成人尿液有形成分的参考区间为 RBC: 0.00-18.62/ $\mu$ L (男性)、0.00-29.51/ $\mu$ L (女性),  $Z=4.817$ ,  $P=0.000$ ; WBC 0.00-9.95/ $\mu$ L (男性)、0.00-47.55/ $\mu$ L (女性),  $Z=2.268$ ,  $P=0.023$ ; EC: 0.00-7.55/ $\mu$ L (男性)、0.00-132.80/ $\mu$ L (女性),  $Z=6.574$ ,  $P=0.000$ ; Squa: EC 0.00-3.37/ $\mu$ L (男性)、0.00-124.14/ $\mu$ L (女性),  $Z=7.808$ ,  $P=0.000$ ; BACT: 0.00-39.50/ $\mu$ L (男性)、0.00-3945.00/ $\mu$ L (女性),  $Z=7.484$ ,  $P=0.000$ ; Cond. 12.38-34.86mS/cm (男性)、2.35-34.35mS/cm (女性),  $t=4.178$ ,  $P=0.000$ , Osmo: 217.36-660.00mOsm/kg(男性)、26.36-647.48mOsm/kg (女性),  $t=4.134$ ,  $P=0.000$ , 上述各项男、女间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); CAST: 男性, 0.00-0.833/ul, 女性, 0.00-0.700/ul),  $Z=0.765$ ,  $P=0.444$ , 男女间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 连云港地区成人 UF4000 尿液有形成分的参考范围男女之间差异明显,管型数量之间差异并不显著,首次确定了本地区的参考值范围,值得广大同行借鉴。

## PU-6413

### Application of highly expressed exosomes in the detection of gastric cancer

Yanyan Xia  
The Affiliated Drum Tower Hospital of Nanjing University Medical School

**Objective** Exosomes have been shown to influence the tumor microenvironment as vehicles for cell-cell communication in cancer, harboring a diverse repertoire of molecular cargo that are shielded from degradation in circulation and that are representative of their originating cells. In this article, the difference in expression levels of exosomes were measured for the diagnosis of gastric cancer.

**Methods** We isolated exosomes from plasma by size-selective method. The morphology of exosomes were characterized by transmission electron microscopy (TEM); particle size and

concentration of exosomes were detected by nanoparticle tracking analysis (NTA) using NanoSight.

**Results** Results showed that the expression level of exosomes in gastric cancer patients is higher than that in healthy people.

**Conclusions** Therefore, the concentration of exosomes may be used as a diagnostic indicator for gastric cancer.

#### PU-6414

### The clinical significance of serum free DNA concentration detection in patients with schizophrenia

Lingyun Chen 陈, Shaoqing Ju  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Cell-free DNA(cf-DNA), which is generally believed mainly derived from the cell apoptosis and necrosis, which is a state of acellular extra cellular DNA, has been described as an effectived biomarker in autoimmune disease. Interleukin-18 (IL-18) and interleukin-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ ) are the members of the IL-1 family of cytokines and they are pro-inflammatory, widely expressed in brain regions involved in emotional regulation. In this study, we hypothesized and explored the influencing factors of the appearance and development of schizophrenia, so as to provide the basis for further research, prevention and treatment.

**Methods** Serum samples were randomly collected from 47 SZ patients (including 22 primary cases) in the Nantong Fourth Peoples Hospital, and matching surem samples from 40 healthy subjects during the same period were collected from the Physical Examination Center. The serum cf-DNA concentration was quantitatively detected by the Alu-qPCR method. Serum cytokines interleukin-18 (IL-18) and interleukin-1beta (IL-1 $\beta$ ) levels were measured by an enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). Biochemical indexes of SZ patients were detected on the biochemical analyzer.

**Results Results:** The median absolute concentration of serum cf-DNA in SZ (1460.5 ng/ml, 551.9~ 2105.7 ng/ml) were significantly higher than that in normal controls (352.7 ng/ml, 288.5~ 495.8) ng/ml ( $P<0.0001$ ). As for the relevant indicators, serum cf-DNA concentration in SZ patients was uncorrelated with patient age, sex, duration of psychosis, treatment time and medication regimen ( $P>0.05$ ). However, detection of serum cf-DNA concentration could effectively distinguish SZ group from the normal control group ( $AUC=0.8373$ , cut off= 913.0 ng/ml). By tracking the median absolute concentration of serum cf-DNA in 22 primary cases, we found a distinct increase at prior treatment (1563.0 ng/ml, 529.9~ 2280.9 ng/ml) and it then decreased progressively at post treatment (814.4 ng/ml, 409.5~ 1337.7 ng/ml) ( $P<0.05$ ). Besides, serum cf-DNA concentration had a positive correlation with IL-18 ( $P=0.0309$ ,  $r=0.3462$ ) and IL-1 $\beta$  ( $P=0.0242$ ,  $r=0.3699$ ). Additionally, serum cf-DNA was also positively correlated with AST-m ( $P=0.0292$ ,  $r=0.5815$ ), LDH ( $P=0.0156$ ,  $r=0.3584$ ),  $Ca^{2+}$  ( $P=0.0155$ ,  $r=0.3588$ ), APOA ( $P=0.0334$ ,  $r=0.4032$ ), APOB ( $P=0.0421$ ,  $r=0.3866$ ) and APOE ( $P=0.0151$ ,  $r=0.4546$ ).

**Conclusions** According to the analysis, concentration of serum cf-DNA in SZ patients was significantly higher than that healthy control group. Our study shows the elevated the levels of cf-DNA in schizophrenia patients, which provided direct evidences supporting increased apoptotic activity in the disease. Viewing cf-DNA as a molecular marker could effectively distinguish SZ patients from healthy people. The detection of cf-DNA concentration was also valuable for monitoring disease duration of SZ patients. It was significantly positively correlated with the inflammatory molecules IL-18 and IL-1 $\beta$ , suggesting that the accumulation of cf-DNA played a role in the occurrence and development of SZ and laid a foundation for the study of the molecular mechanism of SZ disease.

PU-6415

## 小儿颅内感染的 NSE 检测结果探讨

吕皓  
延安市人民医院,716000

**目的** 小儿颅内感染的 NSE 检测结果探讨

**方法** 电化学发光

**结果** 各观察组与对照组 NSE 含量有统计学意义( $P < 0.05$ ), 观察组 NSE 均高于对照组。且血清中 NSE 水平和脑脊液中 NSE 水平呈正相关, 相关系数  $r$  分别为 0.42(化脑组)、0.63(结脑组)、0.26(病脑组)、0.29 (对照组) ( $P < 0.05$ ), 且结脑组的相关度最高。化脑组和结脑组 NSE 水平与病脑组有统计学意义( $P < 0.01$ ), 化脑组和结脑组 NSE 水平显著高于病脑组。化脑组与结脑组 NSE 水平有统计学意义( $P < 0.05$ )。化脑组 NSE 水平高于结脑组。详见表 1

**结论** NSE 可作为小儿颅内感染的灵敏指标, 不同类型颅内感染患儿血清和脑脊液中 NSE 存在显著差异, NSE 在血清或脑脊液中的浓度水平能够帮助临床对小儿颅内感染疾病进行诊断。测定 NSE 同时合理选择检测标本类型增加了检测结果的可靠性, 对神经系统感染性疾病的诊断具有重要意义。

PU-6416

## 2 型糖尿病患者血清 TH, UA 和 IR 相关性的临床分析

时振华  
苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 目的 探讨 2 型糖尿病 (Type 2 diabetes mellitus,T2DM) 患者血清甲状腺激素 (thyroid hormone,TH), 尿酸 (uric acid,UA) 和胰岛素抵抗 (insulin resistance, IR) 相关性的早期诊断和严重程度度的临床研究。

**方法** 方法 血清 TH, UA 和 FBG 和 FIns 水平测定。全部患者和 NC 组隔夜空腹 12h 以上并于清晨抽取空腹静脉全血 3ml,3000r/min 离心 10 分钟分离血清, 当天测定 TH, UA, FBG 和 FIns 水平。仪器和试剂为雅培 i2000 化学发光免疫检测仪, 罗氏 cobas8000 全自动生化分析仪及其配套试剂。采用电化学发光免疫分析和化学酶法测定了 125 例 T2DM 患者、31 例尿毒症和 80 例正常对照组(normal controls,NC)的血清 TH, UA, 空腹血糖 (fasting blood glucose,FBG) 和空腹胰岛素 (fasting insulin,FIns) 水平, 计算稳态模型 IR 指数 (homestasis model assessment-insulin resistance,HOMA-IR) =FBG×FIns/22.5, 并进行对比性研究。

**结果** 结果 125 例 T2DM 患者血清 T3, FT3 和 FT4 水平较之 80 例 NC 明显降低 ( $P < 0.05 \sim < 0.01$ ), 并随 T2DM 患者严重程度增高而降低, 血清 TSH 水平增高 ( $P < 0.05 \sim < 0.001$ ), 并随 T2DM 严重程度增高而增高, 血清 T4 水平和 T2DM 无相关性 ( $P$  均  $> 0.05$ ), T2DM 患者 UA 水平较之 NC 明显增高 ( $P < 0.05 \sim < 0.001$ ), 并随 T2DM 严重程度增高而增高。125 例 T2DM 和 31 例尿毒症患者 HOMA-IR 水平较之 80 例 NC 明显增高 ( $P < 0.05 \sim < 0.001$ )。

**结论** 结论 血清 TH, UA 和 HOMA-IR 是 T2DM 患者早期诊断和严重程度衡量的有价值指标。

## PU-6417

## 抗凝剂类型、放置时间及温度对应用贝克曼 Access2 检测 B 型钠尿肽的影响

王琨,刘娟,周红,姚丽,孙瑾,梁伟(通讯作者)  
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** BNP 厂家推荐的抗凝剂 EDTA-K2, 而心肌酶及肌钙蛋白厂家推荐抗凝剂为肝素锂或血清标本, 为了让患者少抽一管血, 降低医源性失血的可能, 探讨抗凝剂类型、放置时间及温度对使用贝克曼 Access2 检测 B 型钠尿肽 (BNP) 的影响。

**方法** 经患者知情同意, 选取涵盖 BNP 低、中、高值共 15 例患者, 分别用 EDTA-K2 抗凝、肝素锂抗凝、无抗凝剂处理的试管采集患者外周血, 应用贝克曼 Access2 全自动化学发光分析仪检测离体后 30min、1h、2h、3h 的 BNP 结果的差异; 检测 EDTA-K2 抗凝的标本于 4℃放置 1h、2h、3h、4h 的 BNP 结果的差异。

**结果** 15 例患者 EDTA-K2 抗凝、肝素锂抗凝、无抗凝剂标本离体后 30min 的 BNP 浓度分别为用中位数 M (P25-P75) 来表示, EDTA-K2 抗凝组: 133 (43-247) pg/ml, 肝素锂抗凝组: 201(56-317) pg/ml, 血清组: 185 (48-287) pg/ml; 肝素锂抗凝标本和血清中 BNP 浓度均明显高于 EDTA-K2 抗凝标本 (P 均小于 0.01); 与相同抗凝剂离体后 30min 的结果相比较, EDTA-K2 抗凝标本放置 1h 和 2h 的 BNP 水平统计学差异不显著 (P>0.05), EDTA-K2 抗凝标本放置 3h 的 BNP 水平差异具有显著性 (P=0.041), 肝素锂抗凝标本放置 1h、2h、3h 和血清放置相应时间后检查的 BNP 水平均有差异 (P 均小于 0.01); EDTA-K2 抗凝的标本 4 度放置 1h、2h、3h、4h 的 BNP 检测结果差异并不显著 (P 均大于 0.05)。

**结论** 不同抗凝剂获取的标本结果有差异, 肝素锂抗凝和无抗凝剂不利于标本的保存, 应使用厂家推荐的抗凝剂 EDTA-K2; 留取的标本应尽快送检, 如不能立即送检可放置 4 度冰箱暂存。

## PU-6418

## miR-221-3p and miR-15b-5p promotes tumor cell proliferation and invasion by targeting Axin2 in hepatocellular carcinoma

feng li

1.nantong university

2.Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** The purpose of this paper is to explore the mechanisms that miR-221 promotes the proliferation of liver cancer cells and seek the suitable target for liver cancer treatment.

**Methods** We mainly detected the expression of miR-221 in liver cancer tissues and cells by qPCR and analyzed the relationship between miR-221 and AXIN2 expression in HCC cells by cell transfection technique.

**Results** MicroRNA-221(miR-221) was up-regulated frequently in HCC cells and affected clinical TNM stage, tumor capsular infiltration and HCC patient survival. The aberrant expression of miR-221 promoted HCC cell proliferation, invasion and migration in vitro. Further studies demonstrated that Axin2 was a direct and functional target of miR-221 in HCC cells.

**Conclusions** All the experimental data indicated that miR-221 could be used as one of the prognostic indicators. Furthermore, the miR-221/Axin2 axis could be expected to potentially serve as a therapeutic target in patients with HCC.



## PU-6419

**阴道分泌物留置时限对阴道微生态评价成效分析**

马永能

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 探究阴道分泌物留置时限对阴道微生态评价结果影响。

**方法** 收集 100 例本院妇产科就诊患者阴道分泌物标本，分别进行形态学检测，包括：清洁度、霉菌、滴虫，功能学检测，包括：过氧化氢浓度（ $H_2O_2$ ）、白细胞酯酶（LE）、唾液酸苷酶浓度（SNa）、 $\beta$ -葡萄糖醛苷酶浓度（GUS）、乙酰氨基葡萄糖苷酶浓度（NAG）以及生化指标：酸碱度（PH），并比较阴道分泌物标本采集后立即检测（15mins）以及留置 2h、4h、24h 后检测结果的差异。

**结果** 随着阴道分泌物标本留置时间的增加，形态学及功能学检测结果都发生了一定程度的变化；其中，实验组（2h）的检测结果变化较小，在可接受程度范围内（其相对对照组的差异平均值为 3.42%）；而实验组（4h、24h）标本，时间因素对检测结果影响较大（其相对对照组的差异平均值分别为 5.86%、28.00%）

**结论** 为保证阴道微生态评价结果准确性，阴道分泌物标本应在送检后两小时内进行检测。

## PU-6420

**糖化血红蛋白检测的影响因素**

孟国波

昆明医科大学第五附属医院/个旧市人民医院

**目的** 多种因素可影响 HbA1c 的准确性，临床医生应以患者为中心，结合标本处理、保存和运送、检测方法等因素综合考虑，全面衡量患者基础疾病、用药和治疗整体情况对检验结果进行判断和分析。进一步可结合患者具体疾病选用最优检测方法，推动 HbA1c 检测的标准化进程，为临床监测和调整患者治疗方案提供精准依据。

**方法** 本文就影响 HbA1c 检测结果的可能影响因素进行讨论，包括样本采集、处理及储存、样本自身原因、检测水平、药物及治疗、妊娠、血糖水平等

**结果** 影响 HbA1c 检测结果的影响因素很多，包括样本采集、处理及储存、样本自身原因、检测水平、药物及治疗、妊娠、血糖水平等

**结论** 多种因素可影响 HbA1c 的准确性，临床医生应以患者为中心，结合标本处理、保存和运送、检测方法等因素综合考虑，全面衡量患者基础疾病、用药和治疗整体情况对检验结果进行判断和分析。进一步可结合患者具体疾病选用最优检测方法，推动 HbA1c 检测的标准化进程，为临床监测和调整患者治疗方案提供精准依据。

## PU-6421

**执行医学检验行业标准，规范检验工作，推进检验结果互认**

孙素艳

吉林大学第一医院,130000

**目的** 通过组织基层医疗机构的检验部门进行关于国家卫生健康委医疗管理服务指导中心发布的现行医疗相关标准中医学检验的行业标准的培训学习及解读，呼吁基层医院检验科按着行业标准规范

日常检验工作，确保基层医院检验结果的准确性和稳定性，推进检验结果互认的进程，为就医患者节省费用支出，缩短病人就诊的时间，为提高临床诊断和治疗效率提供可信的辅助依据。

**方法** 通过基层检验联盟、检验学会、继续教育项目和继续教育基地巡讲等方式和途径，组织对国家卫生健康委发布的临床检验相关标准进行宣贯解读。医疗管理服务指导中心从 1998 年至 2018 年共发布了现行有效临床检验相关标准 106 项，内容包括临床检验项目分类代码、标本采集……，一直到检验项目参考区间等等，全面实用。带头执行并呼吁基层各级检验机构依据行业标准对各方检验面的要求，通过集中办理论培训班和下基层讲课、现场指导等方式对县、区级基层医院（包括厂矿企业医院、专科医院、妇幼保健院和民营医院）等医疗机构的检验人员进行培训，内容包括开展检验项目是否在临床检验项目分类代码范围内、室内质控、室间质量评价、标本采集注意事项、参考区间的建立及临床应用等等。定期寻访再培训，指导参加室间质评，并利用质评结果指导常规检验工作。执行行业标准发布的参考区间。

**结果** 基层医院检验流程得到规范，检验质量有了保证，检验结果稳定可信，病人缩短就医时间，减少费用支出，社会效益甚好，符合国家当前医改的方向。采用统一的参考区间，有利于不同医疗机构检验结果互认。

**结论** 通过理论培训、实际指导和督促整改，基层医院检验人员业务能力得到提高，检验质量得到保证，为推进检验结果互认提供保障。

## PU-6422

# Mutation Detection of Mitochondrial DNA D-loop Region in Bone Marrow Cells of Acute Myeloid Leukemia

黄松苓

昆明医科大学第一附属医院

**目的** The aim of this study was to detect the mutations in the D-loop region of mitochondrial DNA (mtDNA) in bone marrow cells of patients with acute myeloid leukemia and to analyze their relationship with the pathogenesis of acute myeloid leukemia.

**方法** Twenty-nine newly diagnosed patients with acute myeloid leukemia were selected to extract mtDNA from bone marrow cells and amplify the sequence of mtDNA D-loop region by PCR. The gene sequence of the amplified products was detected by direct forward and reverse sequencing. The results were compared with the revised Cambridge standard sequence and related databases (MITOMAP database, GenBank database, mtDB database).

**结果** The results showed that the mutation rate of mtDNA D-loop region in acute myeloid leukemia was 82% (24/29 cases), and there was no significant difference in the number of mutations among patients of different ages and types of acute myeloid leukemia ( $P > 0.05$ ).

**结论** CONCLUSION: There are high frequency mutations in mtDNA D.1 OOP region of bone marrow cells from acute myeloid leukemia, and the mutations may be related to the pathogenesis of acute myeloid leukemia.

PU-6423

## Evolution analysis and full-length cDNA construction of Newcastle disease virus BJ strain

Chengxi Sun

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** To gain the purified NDV BJ strain and detect the virulence. To amplify genome of NDV BJ strain by PCR and sequence the full length genome of NDV BJ. To analyze the evolutionary history and probable origin of NDV BJ strain. To construct the full length cDNA and helper plasmids system of NDV BJ strain for the rescue of NDV BJ strain.

**Methods** 1. NDV BJ strain was purified by limiting dilution method and determinate the mean death time by allantoic cavity inoculation in 9 days SPF embryo eggs. Intracerebral inoculation was used to detect virulent of NDV BJ strain by intracerebral pathogenicity index.

2. 12 pairs of primers of NDV BJ strain were designed to amplify the gene fragments of NDV BJ genome. PCR productions were sequenced to get the full length genome of NDV BJ strain. Phylogenetic analysis of F gene and L gene of NDV BJ strain was made to find clues of the evolutionary evidence and potentially origin of NDV BJ strain.

3. Available restriction sites were chose in the NDV BJ genome base on the sequence to construct the full length cDNA. The full length genome of NDV BJ strain was inserted into pVAX-1 vector.

4. Primers of NP, P and L genes of NDV BJ strain were designed and the genes were amplified by PCR. NP, P and L genes were inserted into T-vector, sequenced and cloned into pVAX-1 vector.

5. Primers of leader and trailer in genome 3'and 5' end of NDV BJ strain were designed. Primers of EGFP gene was designed and amplified by PCR from pEGFP-N3 vector; Recombined the leader region, trailer region and EGFP gene by homologous recombinant PCR, the product was named TGL. TGL DNA fragment was inserted into pVAX-1 vector to confirm the function of helper plasmids.

**Results** 1. The purified NDV BJ strain was isolated from plaque by limiting dilution method, the full length genome was amplified by PCR and sequenced. The sequence was uploaded to GeneBank and the accession number is HQ317394.

2. The virulence of NDV BJ strain was determinated by MDT and ICPI. MDT was 52.4h. Tissue adhesion, hemorrhage and histolysis were found in dead embryo eggs. ICPI of NDV BJ strain was 1.92, the 1 day chicken showed serious clinical symptoms including blinking quickly, shaking head, astasia, wings ptosis and paralysis and chicken died in 30h. NDV BJ strain was an NDV isolation with very high virulence.

3. Phylogenetic analysis of high variety region of F gene (47-435nt) demonstrated NDV BJ strain being a member of genotype IX of NDV. NDV BJ strain belonged to genotype IX with a closed phylogenetic relationship to I-IV genotypes from the phylogenetic tree. NDV BJ strain was a sister branch of genotype III. It probably plays an important role in evolutionary process of NDV.

4. Helper plasmids and mini-genome of NDV BJ were co-transfected into BHK-21 cells. The results demonstrated that NP, P and L genes could expression and formed the RNPs with biological function.

**Conclusions** 1. NDV BJ strain was a member of IX genotype with high virulence. The infection of NDV BJ strain caused death of embryo eggs and 1 day chicks within a short time.

2. NDV BJ strain was a potential recombination strain of III/IV and VI-VIII genotypes. It was a transition genotype of NDV between the isolation before and after 1960s.

3. Co-transfection the helper plasmids and TGL can produce green fluorescence in BHK-21 cells. It demonstrated that the helper plasmids formed RNPs with biological function.

## PU-6424

**HIV 感染者 ART 治疗后免疫重建及细胞因子特征研究**

雷洁

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨 HIV 感染者 ART 治疗不同阶段的免疫重建情况及不同免疫应答人群细胞因子的分泌特征。

**方法** 选取中国医科大学附属第一医院经 ART 治疗的 HIV 感染者 225 例, 跟踪观察其 CD4<sup>+</sup>T 细胞恢复情况; 从中选取 16 例免疫应答者和 14 例免疫无应答者, 另外还纳入了 20 例 HIV 慢性感染未治疗者和 20 例 HIV<sup>-</sup>者作为对照, 使用 Bio-Plex 测定四组人群血浆中细胞因子水平。

**结果** HIV 感染者随着 ART 治疗时间的延长 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数逐渐增长, 在治疗起始时 CD4<sup>+</sup>T 细胞增长速度最快, 并且基线 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数高的 HIV 感染者在长时间 ART 治疗后 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数也相对较高, 多数 HIV 感染者 ART 治疗后免疫重建情况良好。经过 ART 治疗后 IR 组的 Th1 型细胞因子 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\gamma$ 、IL-10、IL-12, Th2 型细胞因子 IL-6, 生长因子 IL-2、G-CSF、IL-1ra 的分泌基本与 HIV<sup>-</sup>者相同 ( $P > 0.05$ ), 但是 INR 组的分泌水平仍然显著低于 HIV<sup>-</sup>者 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ )。

**结论** ART 治疗可有效恢复 HIV 感染者 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数和细胞因子分泌功能, 尤其对 Th1 类细胞功能恢复效果显著。

## PU-6425

**乙肝病毒前 S1 抗原与乙肝五项联合检测的临床应用研究**

孙成玺

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 研究 HBV 前 S1 抗原阳性标本的乙肝五项表型, 分析各种不同表型在前 S1 阳性标本中的构成比, 探讨乙肝五项联合前 S1 抗原检测在乙型肝炎诊疗中的临床应用价值。

**方法** 收集酶联免疫吸附法检测的 HBV 前 S1 抗原阳性患者血清 1370 例, 电化学发光法检测乙肝五项表型, 统计各表型的构成比, 分析前 S1 与乙肝五项结果之间的相关性。

**结果** 在 1370 例 HBV 前 S1 抗原阳性标本中, 1+3+5 (大三阳) 表型 304 例, 占 22.2%; 1+4+5 (小三阳) 表型 805 例, 占 58.8%; 1+3+4+5 表型 132 例, 占 9.6%; 其他特殊表型 1+2+4+5 表型 57 例, 1+5 表型 35 例, 1+2+3+5 表型 19 例, 1+2+3+4+5 表型 15 例, 1+2+5 表型 2 例, 1+3 表型 1 例, 共占 9.3%, 4+5 表型未检测到前 S1 阳性病例。其中 1+3+5, 1+4+5 和 1+3+4+5 表型占前 S1 阳性标本的绝大多数, 共 90.7%。

**结论** HBV 核酸检测是检测 DNA 复制的金标准, 但其耗时长成本高, 基层实验室颇难开展。HBV 前 S1 抗原检测作为 DNA 复制的平行指标, 可以用于初步检测 HBV 复制情况, 且酶联免疫吸附试验技术成熟、简便、快速、敏感、成本低, 适合中小实验室开展。对于乙肝五项结果为 1+3+5, 1+4+5 和 1+3+4+5 表型患者, 可联合 HBV 前 S1 抗原检测病毒复制情况, 特殊表型应结合临床表现进行进一步实验室检测。

## PU-6426

## 2 型糖尿病患者糖化血红蛋白水平与肾功能关系的研究

欧兴义,陈淑钿  
珠海市人民医院,519000

**目的** 结合 2 型糖尿病患者糖化血红蛋白 (HbA<sub>1c</sub>)、血清尿素、血清肌酐、尿微量白蛋白多项肾功能相关指标变化情况,探究 2 型糖尿病患者糖化血红蛋白水平及其肾功能的关系。

**方法** 选取由该院收治并已确诊为 2 型糖尿病患者 180 例,由患者的糖化血红蛋白水平进行分组:6.3% < HbA<sub>1c</sub> < 8.0% 为 L 组,8.0% < HbA<sub>1c</sub> < 9.7% 为 M 组,HbA<sub>1c</sub> > 9.7% 为 H 组,和对照组(正常体检、HbA<sub>1c</sub> < 6.3% 且不伴肾功能受损者)49 例,测定各组全血 HbA<sub>1c</sub>、血清尿素、血清肌酐,和尿微量白蛋白,比较分析四组患者多项指标的变化情况及关系。

**结果** 实验组血清尿素、血清肌酐,和尿微量白蛋白水平均与对照组之间有显著差异,具有统计学意义。实验组各组血清尿素和尿微量白蛋白水平与对照组之间的差异具有统计学意义。实验组各分组之间血清尿素和尿微量白蛋白水平差异具有统计学意义。实验组组内糖化血红蛋白与尿微量白蛋白水平呈正相关,具有统计学意义。

**结论** 血清尿素,尿微量白蛋白,血清肌酐均可作为 2 型糖尿病患者的肾功能检测指标,而血清尿素及尿微量白蛋白灵敏度更高;其次,糖化血红蛋白对临床上 2 型糖尿病患者肾功能损伤的早期发现及其肾病理程监测具有重要意义。

## PU-6427

## β2-AR 及 AKR1B1 在胰腺导管腺癌组织中的表达及其临床意义

江枫  
南通大学附属医院,226000

**目的** 研究 β2-肾上腺素能受体 (β2-AR) 及醛固酮类还原酶 1 B1 (AKR1B1) 在胰腺导管腺癌 (PDAC) 组织中的表达及与患者临床病理参数间的关系,初步探讨组织中 β2-AR 及 AKR1B1 表达对 PDAC 的预后评估价值。

**方法** 采用免疫组化法检测 138 例手术切除胰腺导管腺癌组织及癌旁组织中 β2-AR 及 AKR1B1 的表达,Western blot 法检测 4 对新鲜胰腺癌及癌旁组织中 β2-AR 和 AKR1B1 表达。Pearson 相关分析 β2-AR 和 AKR1B1 两者总得分间的相关性;比较分析 β2-AR 及 AKR1B1 表达水平与各临床病理参数之间的关系;对术后患者进行随访,并对患者生存期进行统计描述分析;采用 logrank 单因素生存分析及 Cox 比例风险回归模型多因素分析 β2-AR、AKR1B1 及各临床病理参数对患者的预后判断价值;应用 Kaplan-Meier 法作生存分析并绘制累积生存和风险函数图。

**结果** ①免疫组化结果显示 β2-AR 和 AKR1B1 主要在细胞质表达,β2-AR 还在细胞膜上表达,AKR1B1 在细胞核中有表达,β2-AR 和 AKR1B1 两者在相应的癌旁组织中也有低度表达;WB 结果与组化结果类似,β2-AR 和 AKR1B1 在胰腺癌及癌旁组织中均有表达,但癌组织中的表达水平略高于癌旁组织。②Pearson 相关分析显示 PDAC 组织中 β2-AR 的表达水平与 AKR1B1 表达水平具有相关性 (P = 0.0153);③β2-AR 或 AKR1B1 的表达在 PDAC 患者有、无淋巴结转移 β2-AR (P=0.014) 及 AKR1B1 (P=0.024) 表达差异均有统计学意义,其他无差异。④生存相关单因素分析结果显示有无淋巴结及远处转移、不同分化程度、不同 TNM 分期、β2-AR 及 AKR1B1 表达水平分别与患者生存期长短有相关性 (P 均<0.05),但经 Cox 比例风险回归模型分析仅淋巴结转移、远处转移、β2-AR 及 AKR1B1 表达水平为影响患者生存期的独立指标 (P 均<0.05)。Kaplan-Meier 分析显示 β2-AR 和 AKR1B1 的表达水平与患者生存率呈负相关 (P 均<0.05)。

**结论** ① $\beta 2$ -AR 及 AKR1B1 在胰腺导管腺癌组织中的表达存在相关性, 且与患者有无淋巴转移有关; ②淋巴转移、远处转移及  $\beta 2$ -AR 及 AKR1B1 表达水平为影响患者预后的独立因子, 发生淋巴转移及远处转移、 $\beta 2$ -AR 及 AKR1B1 高表达可增加患者的生存风险。

## PU-6428

### 免疫比浊两点法定量检测 D-二聚体的后带现象

许丽萍

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨用免疫比浊两点法检测 D-二聚体出现“后带现象”而造成检测值偏低的发生原因及解决方法。

**方法** 取 4 份 FDP 检测结果大于 150ug/mL 而 D-二聚体检测结果相对较低的标本, 分别将 D-二聚体按原液、1:7、1:20 使用仪器自动稀释后, 在思塔高公司生产的 STA-R Evolution<sup>R</sup> 全自动血凝仪上用免疫比浊两点法测定, 然后对结果进行分析。

**结果** 测定结果 D-二聚体 1:7 倍稀释检测结果及 D-二聚体 1:20 倍稀释检测结果均明显高于原液检测结果, 比较具有明显的统计学差异,  $p < 0.05$ 。

**结论** 免疫比浊两点法检测 D-二聚体会出现“后带现象”, 须经稀释后才能得到可靠结果。

## PU-6429

### 胰腺癌患者凝血指标检测的临床意义及其对血栓形成风险的评估价值

肖明兵

南通大学附属医院,226000

**目的** 比较健康人、胰腺癌(PC)患者及不同肿瘤分期患者之间各项凝血指标的变化趋势, 探索相关指标对于评价血栓形成风险的价值。优化以往血栓风险评分表, 建立全新的血栓量表用于评估 PC 患者的血栓形成风险。

**方法** 1. 收集 142 例胰腺癌患者的凝血参数资料, 随机选取同期 48 例健康体检者的凝血指标作为对照组, 分析各个指标的统计学差异及临床意义。

根据肿瘤病理和(或)影像学检查结果, 排除病理不明确或分期困难的 13 例 PC 患者, 将剩下的 129 名患者进行 TNM 肿瘤分期, 根据肿瘤分期结果进行分组, 比较不同期患者的凝血指标差异。

根据南通大学附属医院静脉血栓评估量表结合 Autar 血栓量表, 对 142 名 PC 患者进行血栓风险评分。并根据评分结果, 将患者进行分组(高危、中危、低危), 比较不同组别的凝血指标。分析相关指标对于判断血栓形成危险的价值。

结合有意义的凝血指标, 完成新血栓评估量表。并采用新量表对 16 名已知不伴血栓形成、及 15 名伴血栓的 PC 患者进行血栓风险评分, 并将结果与 Autar 血栓评分相比较。

**结果** 1. 胰腺癌组与健康对照组相比, PT、FbGC、INR、D-二聚体和 FDP 明显升高, AT-III 水平降低。

2. 与早期(I+IIA 期)胰腺癌相比, 晚期(IV 期)患者具有更高水平的 PT、APTT、FbGC、D-二聚体和 FDP 以及更低水平的 AT-III, 组间差异有统计学意义; 有局部淋巴转移或血行转移的患者与无转移者相比, 上述指标的差别更为显著。

3. 血栓形成风险越高的患者, FbGC、D-二聚体和 FDP、PLT 水平明显高于低风险人群, 而 TT、AT-Ⅲ的浓度水平较低, 差别有统计学意义 ( $P<0.05$ )。
  4. 结合以往血栓形成危险因素, 以及本次研究发现的影响血栓形成的相关指标, 制定了一张全新的血栓评估量表。
  5. 运用新建的血栓量表, 对 31 名恶性肿瘤患者 (16 名不伴血栓和 15 名伴血栓形成) 重新进行血栓评估, 发现其评估效果优于 Autar 评分表, 两表评估效果差别有统计学意义 ( $P<0.05$ )。
- 结论** 胰腺癌患者常伴有凝血功能异常, 主要表现在 PT、FbGC、D-二聚体、FDP 的显著升高和 AT-Ⅲ的降低。该些指标与胰腺癌的分期、转移相关, 可用于判断胰腺癌肿瘤分期及是否转移。此外, 上述指标对于评估血栓形成风险 also 具有重要意义, 优化的血栓评估量表具有更好的评估效果。

## PU-6430

### 金属蛋白酶 9、D-二聚体、脂蛋白 (a) 及降钙素原在急性脑卒中患者的水平及相关性分析

杜坤, 张广慧, 项忠伟

上海交通大学医学院附属新华医院, 233000

**目的** 探讨金属蛋白酶 9 (MMP-9)、D-二聚体 (D-D)、脂蛋白 a (Lpa) 及降钙素原 (PCT) 在急性脑卒中患者的中的水平, 比较分析各生物标志物水平在缺血性脑卒中 (IS) 和出血性脑卒中 (ICH) 患者之间差异, 探讨各生物标志物与急性脑卒中疾病分级的相关性

**方法** 选取 2018 年 8 月至 2019 年 1 月上海交通大学附属新华医院急诊中心收治的经头颅电子计算机断层扫描、磁共振成像等影像学检查确诊的急性脑卒中患者 203 例, 其中缺血性脑卒中 (IS) 患者 185 例, 出血性脑卒中 (ICH) 患者 18 例。选择同期进行健康体检者 34 例作为对照组。分别测定急性脑卒中患者入院时的 MMP-9、D-D、Lp (a)、PCT 等指标水平, 记录患者入院时的美国国立卫生研究所卒中量表 (NIHSS) 评分, 根据 NIHSS 评分将患者分为轻度组 72 例, 中度组 70 例和重度组 61 例

**结果** 出血性脑卒中和缺血性脑卒中患者的 MMP-9、D-D、Lp (a)、PCT、CRP、WBC、TG、Hcy 及 NT-proBNP 水平均明显高于对照组 ( $P<0.05$ ), 出血性脑卒中患者组的 PCT、D-D、CRP 水平均明显高于缺血性脑卒中患者组 ( $P<0.05$ ), 但 Lp (a)、TG、Hcy、WBC、NT-proBNP 及 MMP-9 水平在两组之间并无统计学意义 ( $P>0.05$ )。NIHSS 评分重度组的患者血清 MMP-9、D-D、PCT、CRP, Lp (a) 水平高于轻度组和中度组, 中度组患者血清 MMP-9、PCT、CRP, Lp (a) 水平高于轻度组 ( $P<0.05$ )。Pearson 相关性分析结果显示, 血清 MMP-9、D-D、Lp (a)、PCT 与 NIHSS 评分呈正相关 ( $r$  值分别为 0.51, 0.61, 0.47, 0.59,  $P<0.05$ )。

**结论** 急性脑卒中患者血清 MMP-9、D-D、Lp (a) 及 PCT 水平明显增高, 且与病情的严重程度呈正相关, 可以作为判断急性脑卒中严重程度的实验室指标, 对其进行检测有助于对急性脑卒中的患者进行疾病的诊断以及病情的分层有良好的应用价值。

## PU-6431

### 传染病的预防措施

张夏璐

延安市人民医院, 716000

发传染病是近 40 年来新发现、新出现或重新出现发生变异、进化的传染病, 如 SARS、禽流感、手足口病等, 对人民健康及社会公共安全产生重大影响, 是传染病教学的必修课程。

由于新发传染病存在突发性、不确定性等特点,很难按照常见传染病教学模式进行.文章对新发传染病的流行病学特征和教学现状进行分析,进而提出新发传染病的教学应对策略。

PU-6432

## 某辖区内 4023 例幼儿园教师阴道分泌物常规和宫颈刮片体检结果分析

胡雁云<sup>1</sup>,赵粉琴<sup>2</sup>

1.兰州市城关区妇幼保健院

2.甘肃中医药大学

**目的** 对兰州市城关区辖区内 4023 例幼儿园教师 2015 年-2017 年阴道分泌物常规体检结果分析比较。

**方法** 取前来城关区妇幼保健计划生育服务中心体检的 18~45 岁幼儿园教师阴道分泌物常规检查和宫颈液基细胞学防癌检查。

**结果** 三年做比较滴虫性阴道炎感染率由 8.03%, 3.18%, 下降至 1.44%, 三者比较 ( $p<0.05$ ) 差异有统计学意义; 念珠菌感染率由 3.06%, 5.04%, 上升至 8.2%, 三者比较 ( $p<0.05$ ) 差异有统计学意义; 细菌性阴道病检出率由 1.54%, 2.63%, 3.43%, 三者差异不明显; 细胞学异常者检出率为 0.9%, 1.04%, 1.31%, 有所上升; 其中高级别病变 0.28%, 0.22%, 0.16%, 下降, 最终确诊为宫颈癌变 0.10%, 0.05%, 0.02%; 。

**结论** 幼儿园教师阴道感染仍以菌群失调和念珠菌感染为主, 与阴道乳酸杆菌缺失和个人卫生及滥用抗生素, 洗液局部冲洗有关。宫颈细胞学异常高级别病变逐渐减低, 所以定期检查很有必要。

PU-6433

## 巨大血小板对血细胞计数造成的双重干扰

王琳

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 针对临床发现的因巨大血小板同时对血小板计数和白细胞计数造成干扰的病例, 采用合适的方法对假性结果进行校正。

**方法** 采用手工稀释法, 将 EDTA 抗凝外周血和草酸铵稀释液按比例混合, 在显微镜下对指定区域的血小板和白细胞进行计数。

**结果** 校正前结果: WBC  $3.3 \times 10^9/L$ , PLT  $13 \times 10^9/L$ ; 经手工稀释法校正后: WBC  $1.4 \times 10^9/L$ , PLT  $30 \times 10^9/L$ , 校正后结果与血涂片结果相符。

**结论** 精确的血小板计数和白细胞计数是临床决策的重要实验室参数, 当仪器报错无法修正时, 可用手工法对结果进行校正。



PU-6434

## 慢性腹泻患者艰难梭菌、人芽囊原虫和隐孢子虫感染的研究

周亚玲<sup>1</sup>, 吴亮<sup>2</sup>, 阴晴<sup>1</sup>, 吴瑶<sup>1</sup>, 何蕾<sup>1</sup>, 邹治情<sup>2</sup>, 戴晓玥<sup>2</sup>, 夏雯<sup>2</sup>

1. 江苏大学附属医院, 212000

2. 江苏大学医学院

**目的** 调查江苏大学附属医院收治慢性腹泻患者艰难梭菌、人芽囊原虫和隐孢子虫感染情况。

**方法** 收集江苏大学附属医院 2018 年 1 月~12 月期间住院和门诊收治慢性腹泻患者粪便标本共计 96 份, 涂制薄片以瑞-吉氏联合染色法染色, 同时提取粪便总 DNA, 采用多重 PCR 技术检测样本中艰难梭菌 16S rDNA 基因, 毒素 A 基因 (tcdA)、毒素 B 基因 (tcdB) 以及二元毒素基因 (cdtA 和 cdtB); 采用常规 PCR 技术检测人芽囊原虫 SSU rRNA 基因; 采用巢式 PCR 技术检测隐孢子虫 SSU rRNA 基因。

**结果** 96 份慢性腹泻患者粪便总 DNA 中, 共有 64 例样本检出艰难梭菌 16S rDNA 基因, 阳性率为 66.7%; 所有艰难梭菌阳性样本中, tcdA 基因共检出 24 例, tcdB 基因共检出 18 例, 未检出单独携带 tcdB 基因样本, 艰难梭菌感染者中产毒株携带率为 37.5%, 所有样本中均未检出二元毒素 cdtA 基因和 cdtB 基因; 人芽囊原虫 SSU rRNA 基因共检出 21 例, 阳性率为 21.9%, 经瑞-吉联合染色法染色后在油镜下可见人芽囊原虫多为空泡型虫体, 未检测到艰难梭菌和人芽囊原虫复合感染; 所有样本中均未检出隐孢子虫 SSU rRNA 基因。

**结论** 艰难梭菌和人芽囊原虫是导致我院慢性腹泻患者的主要病原体, 且两种病原体的感染不重叠, 应引起临床医生的高度重视, 同时开展病原体分子生物学诊断工作具有较高的紧迫性。

PU-6435

## 中性粒细胞自发凋亡中的代谢组学研究

熊御云, 阴晴

江苏大学附属医院, 212000

**目的** 中性粒细胞 (PMN) 是参与机体固有性免疫的主要细胞, 它存活期很短, 其分化成熟后就会启动自发性的凋亡程序, 但其机制尚不明确。本研究主要探讨中性粒细胞死亡过程中代谢组学变化, 为相关疾病的诊断及治疗提供新思路。

**方法** 通过 percoll 密度梯度离心法提取小鼠骨髓中性粒细胞后, 用 CCK-8 法检测培养 0-24 h 后中性粒细胞的死亡; 用流式细胞术分析糖代谢与脂代谢在中性粒细胞凋亡中的作用; 用亲水相互作用色谱 超高效液相色谱与四级杆-飞行时间 (Q-TOF) 质谱联用技术进行代谢组学分析。

**结果** 中性粒细胞提取分离后, 随着培养时间的延长, 其存活率显著降低, 凋亡率逐渐增高; 利用糖酵解抑制剂 2-脱氧葡萄糖抑制中性粒细胞糖代谢后, 凋亡率显著增高, 而脂肪酸合酶抑制剂 G28UCM 抑制中性粒细胞脂肪酸合成后, 凋亡率显著降低。主成分分析模型 (Principal Component Analysis, PCA) 结果表明, 正常对照组与中性粒细胞培养 4 h 组相比存在显著性差异, 通过正交偏最小二乘判别分析 (orthogonal projection to latent structures squares-discriminant analysis, OPLS-DA) 确定 8 种脂质代谢相关标志物和 5 种氨基酸代谢相关标志物。

**结论** 代谢参与了中性粒细胞的自发凋亡过程, 其中脂质代谢和氨基酸代谢可能在其中具有重要作用, 本研究为脓毒症等中性粒细胞参与调控的相关疾病的诊治提供新基础, 也会该类疾病潜在药物靶点的筛选提供了新的思路。

PU-6436

## Early molecular diagnosis of HIV/AIDS co-infected with Fungal and drug susceptibility test of *Talaromyces marneffe* in vitro

li gao

Yunnan Provincial Hospital of Infectious Diseases

**Objective** Early molecular testing of HIV/AIDS patients with invasive fungal infection samples was studied to provide laboratory support for clinical diagnosis. To explore the drug susceptibility test in vitro of five antifungal drugs against *Talaromyces marneffe* infection, and provide a theoretical reference for the clinical selection of highly sensitive antifungal drugs for the treatment of *Talaromyces marneffe*.

**Methods** It collects blood samples of inpatients who have been diagnosed with HIV/AIDS and opportunistic infections(bacteria,fungal,TB and so on).The ITS region of the fungus is amplified,and then are sequenced and homologously analyzed by Nested PCR to determine the fungal infection, and compared with clinical results.

It collects clinical specimen (blood, bone marrow, pleural effusion, sputum, etc.) of inpatients who have been diagnosed with HIV/AIDS combined with *Talaromyces marneffe*, and then are transplanted by the Sabouraud Gentamicin Chloramphenicol Agar into a 37°C incubator.Finally,the cultures are used for drug susceptibility test to 5 antifungal drugs, 5-flucytosine, voriconazole, itraconazole, fluconazole and amphotericin B.It can get the MIC in vitro.

**Results** Among the 107 inpatients with HIV/AIDS and invasive fungal infections, 71.03% were males and 28.97% were females, more men than women. The age ranged from 10 to 81 years, with an average age of 45.87 years. The average CD4<sup>+</sup> T lymphocyte count was 119 cells/μl for young adults, and the number of cases with ≤50 cells/μl was mostly. In the 107 samples, 48(44.86%) were *Aspergillus*, 35 (32.71%) were Yeast-likefungi, and 24 (22.43%) were other fungi. In 107 patients, there were 19 sterile samples in clinical culture samples. 4 of them were consistent with PCR amplification results in *Talaromyces marneffe*. 4 of *Cryptococcus* were identical with the results of PCR amplification. 7 of blood culture were *Talaromyces marneffe*,but the results of PCR amplification were *Penicillium*, *Streptospora* and *Aspergillus*, etc.The results of PCR amplification needed further optimization of primers. The remaining 4 were cerebrospinal fluid, urine and other aseptic samples. It may be that the cultured strains do not enter the blood, and the samples of corresponding infection sites should be considered for molecular detection.

Among the 119 patients with HIV/AIDS combined with *Talaromyces marneffe*., the number of male patients was 2.61 times that of female patients. The average age is 37.08 years old, and the age range is 3 to 70 years old, mainly young and middle-aged. The number of sexually transmitted infections among patients infected with HIV is mostly 105, 88.24% of the total. The mean CD4<sup>+</sup>T lymphocyte count was 39 cells/μl, and most patients were in advanced AIDS. In this paper, the MIC values of five antifungal agents of *Talaromyces marneffe*, were determined: the MIC value of 5-fluorocytosine was <4-16 mg/L, and the MIC value of amphotericin B was <0.5-0.5 mg / L, itraconazole MIC value is <0.125, fluconazole MIC range is <1-16 mg / L, voriconazole MIC value range is <0.06-0.125 mg / L

**Conclusions** HIV/AIDS patients with CD4<sup>+</sup>T lymphocyte counts ≤50 cells/μl are more susceptible to invasive fungal infections. Nested PCR methods are more sensitive to the amplification of fungal ITS regions and can be combined with traditional assay methods. It is good for determining the type of fungus.

HIV/AIDS patients with CD4<sup>+</sup>T lymphocyte counts ≤50 cells/μl are more susceptible to infection with *Talaromyces marneffe*, voriconazole, amphotericin B and itraconazole. The effect of *Talaromyces marneffe* is better than 5-fluorocytosine and fluconazole.And clinicians can give preference to these three antifungal drugs.

PU-6437

## 长链非编码 RNA CCAT2 在多发性骨髓瘤中的表达水平及临床意义

徐洪磊, Jushaoqing  
南通大学附属医院, 226000

**目的** 检测长链非编码 RNA CCAT2 在多发性骨髓瘤 (MM) 患者血清中的表达水平, 分析其与患者临床特征的关系, 探讨其在 MM 中的诊断和预后价值。

**方法** 采用病例对照研究, 收集 2016 年 7 月至 2017 年 9 月在南通大学附属医院就诊的 5 例 MM 初诊患者及 6 例健康对照者骨髓标本、106 例患者及 106 例在此院体检的健康对照者血清标本。使用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测骨髓及血清中 CCAT2 的表达水平, 采用非配对 t 检验、单因素方差分析 (One-way ANOVA assay) 及回归性分析等统计学方法分析 CCAT2 与临床分型、分期及其他临床相关指标之间的关系。

**结果** MM 患者骨髓 CCAT2 的相对表达量 ( $3.629 \pm 1.147$ ) 显著高于健康对照者 ( $0.782 \pm 0.232$ ) ( $t=4.151$ ,  $P<0.01$ ); MM 患者血清 CCAT2 的相对表达量 ( $2.254 \pm 0.931$ ) 也显著高于健康对照者 ( $0.993 \pm 0.505$ ) ( $t=13.96$ ,  $P<0.001$ )。MM 患者血清 CCAT2 的相对表达量与 Durie-Salmon 分期、临床分型、骨质损害无关 ( $P>0.05$ ), 与 ISS 分期、MM 瘤细胞、肾功能异常显著相关 ( $P<0.05$ ); 与 IgA、血红蛋白 (HGB) 及肌酐 (Scr) 浓度具有弱相关性 (相关系数分别为 0.253、-0.251、0.248,  $P$  值均小于 0.05); 与轻链  $\kappa$ 、轻链  $\lambda$  及  $\beta_2$  微球蛋白 ( $\beta_2$ -M) 浓度具有良好相关性 (相关系数分别为 0.358、0.303、0.335,  $P$  值均小于 0.01)。ROC 曲线分析表明血清 CCAT2 的曲线下面积 (AUC) 为 0.899, 其灵敏度和特异度分别为 85.80% 和 83%。

**结论** CCAT2 在 MM 患者血清中高表达, 对 MM 的诊断和预后具有潜在的临床应用价值。

PU-6438

## HIV 感染者体内 CXCL13 水平在预测疾病进展中的作用

王悦  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 探究 HIV 感染者体内 CXCL13 水平与疾病进展的关系, 能否作为预测疾病进展的生物标志物

**方法** 选取中国医科大学附属第一医院 HIV 感染者 82 例, 其中 25 例接受了 HAART 治疗; 24 例健康对照为体检中心随机选取的 HIV 抗体检测阴性且未暴露于 HIV 的健康人, 对研究人员的 CXCL13 水平以及感染者设定点病毒载量、感染一年后以及治疗一年后的 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量进行检测。

**结果** HIV 感染后的 CXCL13 水平明显高于感染前 ( $P<0.0001$ ), HIV+ 组 CXCL13 水平明显高于 HIV- 组 ( $P<0.0001$ ), 平均水平约为感染前的 2 倍。设定点病毒载量高的一组 CXCL13 水平高于低病毒载量组 ( $\text{LogVL}<3.5, P=0.0128$ ), 感染一年后的 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量高的一组其 CXCL13 水平明显低于 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量低的一组 ( $\text{CD4}<450, p=0.0048$ ), 治疗一年后的 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量高的一组其 CXCL13 水平明显低于 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量低的一组 ( $\text{CD4}<450, p=0.0192$ ), CXCL13 水平高的 HIV 感染者, 其 CD4<sup>+</sup>T 细胞数量减少到低于 350 cells/ $\mu\text{L}$  时所经历的平均时间显著少于 CXCL13 水平低的感染者 ( $P=0.0477$ )。

**结论** CXCL13 水平升高与 HIV 疾病进展有关, CXCL13 水平能预测 HIV 的疾病进展可以作为疾病进展的潜在标志物。

PU-6439

## 分析前因素对肌钙蛋白 I 的影响

王建新  
南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨分析前因素（不同标本型、不同抗凝剂和样本保存条件）对肌钙蛋白 I 测定的影响，改进分析前工作程序，提高检测结果准确性，从而缩短 TAT。

**方法** 检测 20 例门急诊病人 cTnI 分离胶管血清、EDTA 血浆、肝素血浆，研究样本类型对结果影响。检测 20 例门急诊病人 cTnI 标本，评价肝素血浆不同离心力和离心时间对测定结果的影响。探索将 NIST cTnI 有证标物 2921 添加至正常人血浆，研究放置不同贮存管的稳定性。用 Graphpad Prism 绘图软件进行绘图与数据统计分析，组间两两比较分析，以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 血清分离胶组(A 组)、EDTA(B 组)组、肝素组(C 组)组间差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。cTnI 测定血浆 4000rpm 至少离心 10min。将不同浓度的 cTnI 标物加入到正常人肝素血浆，然后转移至塑料管 (EP 管)、玻璃瓶进行稳定性研究，cTnI 在塑料管降解缓慢，玻璃瓶 (管) 不稳定。

**结论** 分析前因素对检测结果的影响容易被忽视。检验人员应充分识别采血管引起的潜在干扰，加强分析前质量管理。强生 VITROS 5600 全自动生化免疫系统检测 cTnI,宜用肝素抗凝管，可保证结果准确，缩短 TAT。

PU-6440

## 稀释液置换法消除乳糜血对 Sysmex XE2100 血球分析仪测定结果的干扰

吴卫平,王凯玲  
莆田市第一医院,351100

**目的** 探讨稀释液置换法在消除乳糜血标本对 Sysmex XE2100 血球分析仪测定结果的干扰中的应用。

**方法** 本文收集 20 例无脂血、无黄疸、无溶血标本为对照组，人工添加脂肪乳制备成不同浓度的乳糜血，设为乳糜血组，标本离心后记录吸取出的上层乳糜血量，测定及记录甘油三酯浓度，通过离心将患者的血浆和血液细胞分层，弃掉上层含大量乳糜微粒的混浊血浆，再补充固定量稀释液以达到消除干扰。3 组标本运用稀释液置换法后，在确保当天质控结果在控的前提下用 XE2100 血球分析仪进行全血细胞计数，记录白细胞、红细胞、血红蛋白、红细胞压积、红细胞平均体积、红细胞平均血红蛋白量、红细胞平均血红蛋白浓度、血小板 8 大项目结果进行统计学分析。

**结果** (1) 乳糜血对 XE2100 血球分析仪干扰主要是血红蛋白、红细胞平均血红蛋白量、红细胞平均血红蛋白浓度三项指标升高。(2) 干扰程度与乳糜血的甘油三酯浓度呈正相关。

**结论** 稀释液置换法能有效消除乳糜血的干扰，操作方便，在临床上具有推广价值。

PU-6441

## 血清同型半胱氨酸与睾酮溯源性研究

王建新,季伙燕,李亚男  
南通大学附属医院,226000

**目的** 评价同型半胱氨酸及睾酮血清标准物质在同型半胱氨酸及睾酮测定中的基质效应。

**方法** 根据美国临床实验室标准化委员会(NCCLS)方案进行基质效应评价。建立同型半胱氨酸及睾酮同位素稀释质谱参考方法并将其作为比对方法,临床同型半胱氨酸(酶法)及睾酮(直接化学发光法)为待评价方法,分别测定 28 份新鲜人血清及血清标准物质,将两种方法测定结果的均值作直线回归,求得 Y 值双侧 95%的预测区间,评价血清标准物质的基质效应。

**结果** 新鲜冰冻人血清标准物质未表现出明显的基质效应。

**结论** 血清标准物质不存在明显的基质效应,互通性好。在标准化计划和临床应用,可作为校准物和质控物质,来提高同型半胱氨酸及睾酮测定的准确性和量值溯源的有效性。

## PU-6442

### 外源性 ATP 对脂多糖诱导的急性肾损伤保护作用的研究

夏琳,阴晴  
江苏大学附属医院,212000

**目的** 脓毒症引起的急性肾损伤死亡率高,但目前仍缺乏有效的预防和治疗手段。脂多糖(LPS)诱导的脓毒症模型被广泛用于脓毒症引起的急性肾损伤的相关研究。嘌呤核苷酸信号在免疫应答和炎症反应中发挥重要作用,胞外 ATP 及腺苷是炎症中重要的内源性信号分子。本实验通过强化胞外 ATP 信号,考察外源性 ATP 对 LPS 引起的 AKI 的影响。

**方法** 将 8 周龄 C57BL/6J 雌鼠随机分为 3 组:对照组,腹腔注射 PBS; LPS 组,腹腔注射 LPS; ATP 预处理组, LPS 处理前腹腔注射 ATP。分别在 4 h 及 24 h 处死小鼠,收集血液、肾脏组织。试剂盒检测 24 h 血清中肌酐(Scr)及尿素氮(BUN)水平,考察小鼠肾损伤情况。试剂盒检测 4 h 及 24 h 小鼠血清中肿瘤坏死因子  $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、白介素-1 $\beta$  (IL-1 $\beta$ )及白介素-6 (IL-6)的含量,考察炎症反应情况。接着,利用荧光定量 PCR 检测 4 h 收集的肾脏组织中相关细胞因子的 mRNA 水平。

**结果** 外源性 ATP 预处理明显抑制了 LPS 引起的 BUN 和 Scr 水平升高,改善了肾损伤。ATP 预处理显著性降低了血清中 TNF- $\alpha$  及 IL-1 $\beta$  水平,IL-6 仅有下降趋势。定量 PCR 结果也表明 ATP 预处理降低了 LPS 引起的 Tnf- $\alpha$  及 Il-1 $\beta$  mRNA 高表达。

**结论** 外源性 ATP 对 LPS 引起的急性肾损伤有保护作用,这将为临床上治疗脓毒症引起的 AKI 提供新思路。

## PU-6443

### 探讨抗核抗体检测对乙肝患者临床意义

张龙锋,邹晓月  
江苏大学附属医院,212000

**目的** 回顾性分析乙肝表面抗原阳性(>216.00IU/mL)患者自身抗体情况以及临床意义。

**方法** 查阅患者的检验数据,选择 2015 年 1 月到 2018 年 7 月的同时进行乙肝表面抗原、谷丙转氨酶和抗核抗体(间接免疫荧光法)检测的患者 166 例。按照谷丙转氨酶分为正常组合异常组,比较两组间的抗核抗体阳性率的差异。

**结果** 166 例病人中,谷丙转氨酶异常组 99 例,其中抗核抗体阳性患者 22 例,阳性率 22.2% (22/99);谷丙转氨酶正常组 67 例,其中抗核抗体阳性患者 4 例,阳性率 6.0% (4/67);两组相比较差异有统计学意义( $\chi^2=7.99, P=0.005$ )。抗核抗体以 1:100 低滴度的弱阳性为主,主要核型是抗纺锤体型和着丝点型。

**结论** HBV 感染能够诱导产生自身免疫反应,转氨酶异常的活动型的乙肝患者应适当进行抗核抗体的检测,分析产生自身免疫性疾病的可能性,产生的多种自身抗体可能能够促进乙型肝炎发展。

PU-6444

## Brain Microbiome and Alzheimer's disease

Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Alzheimer's disease is the most common dementia in people older than 65 years. This ageing related irreversible neurodegenerative disorder is hallmarked by extracellular plaques and intracellular tangles mainly in the neocortex of brain, whose core components are A $\beta$  peptides and hyperphosphorylated Tau respectively. Currently, all three AD familial genes (APP, PSEN1 and PSEN2) are directly involved in the A $\beta$  generation, indicating A $\beta$  is the initiating factor in AD pathogenesis. However, the A $\beta$  load in the brain has no correlation with the dementia severity and overexpression of A $\beta$  in the mouse brain fails to elicit either AD-like dementia phenotype or significant neuronal loss and neurofibrillary Tau tangles. This suggests A $\beta$  alone is not sufficient to induce AD pathogenesis and thus a second hit might clearly be required. This second hit should presumably fulfill at least three criteria: 1) it is an independent event in the brain; 2) it should be largely silent until it meets the A $\beta$ ; 3) in combination of A $\beta$ , it can induce Tau pathology, neuronal death and dementia. Accumulating genetic and pathologic evidence highlight inflammation in the AD molecular mechanism and the microbial infection might be the cause of inflammation.

**Methods** We searched the DNA and peptide sequences of the nearly 100 microorganisms reported to be present in human brains against the transcriptomic and proteomic datasets that we have recently completed on human Alzheimer brains, to find the evidence of their existence in these brains.

**Results** Several microorganisms were found in the transcriptomic and proteomic datasets. These microorganisms are usually latent and some are intracellularly sequestered, and their brain infection incidence increases over ages. A $\beta$  is known to be able to elicit inflammation, and thus possibly releasing the inhibition of the intracellular immune on microorganisms, so that they can be activated to stimulate the proliferation of its own and the host neurons as well. As postmitotic neurons are non-dividable, cell-cycle reentry might initiate its death process. The microtubule associated protein Tau is known to be phosphorylated to stop the transportation of molecular cargos along the microtubules during cell division.

**Conclusions** Therefore, the microbiome hypothesis meets the criteria as the second hit in AD etiology and explains many unresolved questions in the AD pathology.

PU-6445

## Differential Enrichment and Elution Proteome (DEEP) Profiling of Amyloid Precursor Protein Interactome in Alzheimer's Brain

Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Amyloid Precursor Protein (APP) is a transmembrane protein expressed in the brain, and its genetic mutations are linked to Alzheimer's disease (AD). APP-derived amyloid- $\beta$  peptide highly accumulates in AD brain and is postulated to trigger a pathogenic cascade. The physiological function and dysregulation of APP processing, however, are incompletely defined. Here we report a comprehensive analysis of APP interactome directly in AD brain using an antibody-based differential enrichment and elution profiling (DEEP) strategy.

**Methods** The DEEP strategy utilized the 10-plex isobaric labeling method to compare the input of whole brain lysate with multiple antibody-enriched eluates under different stringency, including

regularly washed eluates and even unwashed eluates, in which weak binding proteins survive sample processing.

**Results** We quantified 7,804 proteins and extracted 323 putative APP interactors. The APP interactome was further ranked into multiple tiers according to differential enrichment at various elution conditions, reflecting different binding affinity of individual proteins. In addition, we found that protein-associated antibody resins were more significantly affected by co-immunoprecipitation conditions than the usage of different antibodies. We also utilize the enrichment of APP antigen itself to evaluate different antibody quality. The study revealed a large number of novel components involved in cellular processing and functional networks. Integration with AD genetic risk factors recapitulates possible involvement of inflammation in pathogenesis.

**Conclusions** In conclusion, the DEEP strategy improves the sensitivity and specificity of affinity purification by high throughput quantitative mass spectrometry, and the tiered APP interactome in human diseased brain provides a valuable resource for subsequent functional and pathological investigation.

## PU-6446

### 探讨肺癌患者治疗前后凝血因子改变的临床意义

龙丹丹

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 探讨肺恶性肿瘤患者治疗前、治疗后血浆凝血因子（外源途径凝血因子 VII，内源途径凝血因子 VIII、IX、XI、XII，共同途径凝血因子 V、X、II）的变化，以了解这些凝血因子活性的变化对肺恶性肿瘤患者的临床意义。

**方法** 采用回顾性研究的方法，收集 2017 年 1 月至 2019 年 2 月期间在昆明医科大学第二附属医院就诊且确诊为肺恶性肿瘤患者共计 40 例，所有患者均经病理学确诊为肺恶性肿瘤。记录患者的年龄、性别、肺恶性肿瘤的临床分期及凝血因子的变化等，应用 SPSS.23 统计学软件进行统计分析肺恶性肿瘤患者治疗前、治疗后凝血因子活性改变的特点。

**结果** 肺恶性肿瘤患者血浆凝血因子 II、V、VII、VIII、X、XII 活性治疗前较治疗后明显增高（ $P < 0.05$ ）有统计学差异，血浆凝血因子 IX、XI 活性治疗前较治疗后对比无明显差异（ $P > 0.05$ ）。

**结论** 检测肺恶性肿瘤患者血浆凝血因子（内源途径、外源途径、共同途径的凝血因子活性）水平的变化对肺恶性肿瘤患者止凝血系统（是否有血栓形成）的判断有一定的临床意义，有利于提高患者治疗效果及改善预后。

## PU-6447

### 一种罕见的菌血症的病原菌-霍氏鲍特菌 的分离鉴定及意义分析

浦江

南通大学附属医院, 226000

**目的** 通过探讨一株罕见菌-霍氏鲍特菌（*Bordetella holmesii*, B. holmesii）的鉴定及耐药特征，分析其临床意义，提高对该菌的检出及临床诊疗水平。

**方法** 从细菌培养特性、生化特征以及 16S rRNA 基因序列分析来鉴定一株菌血症分离菌；运用 Mega 7.0 软件对鲍特菌属全部成员模式菌株与所分离菌 16S rRNA 基因序列进行同源性比对并构建系统进化树；E-test 法检测该分离菌的药物敏感性；分别添加不同浓度核黄素及其抑制剂光黄素于该菌培养基中，检测其生长活力。

**结果** (1) 引起该免疫功能完善者菌血症的病原菌为 *B. holmesii*, 并将菌种上传中国普通微生物菌种保藏管理中心( CGMCC, 菌种保藏号: CGMCC 1.13721); 同时将该分离菌 *B. holmesii* ABD2 16S rRNA 基因序列上传美国国家生物技术信息中心( NCBI, 序列号: KT828544.1); (2) 无根树显示 *B. holmesii* 与百日咳鲍特菌更具有亲缘性; (3) 药物敏感性试验 (AST) 显示该菌株对哌拉西林、头孢他啶、头孢吡肟、亚胺培南、美罗培南、环丙沙星、左氧氟沙星、庆大霉素、阿米卡星、红霉素、四环素以及多粘菌素 MIC 值较低, 而头孢唑啉、头孢呋辛酯、头孢西丁、头孢噻肟、氨基糖苷及复方新诺明 MIC 值较高; (4) 核黄素能够促进 *B. holmesii* 的生长, 光黄素则抑制该菌的生长。

**结论** *B. holmesii* 分离率极低, 鉴定困难, 因此临床、微生物学以及流行病学相关资料甚少, 为一种罕见的病原菌, 有待我们更深入地探讨。

PU-6448

## 国际医院多元文化背景下临床沟通实践

侯琦, 吴炯  
上海嘉会国际医院

**目的** 对国际医院多元文化背景下检验医师与临床医护的沟通服务模式进行综述

**方法** 回顾两年来上海嘉会国际医院检验科参与临床医护沟通实践案例

**结果** 多种方式拓展检验医师职能, 全方面融入到临床诊疗全过程。夯实顶层基础, 在医疗运营的组织架构中搭建好与临床医护沟通平台; 以检验医师为核心, 建立双语背景临床医护沟通渠道; 以临床需求为主导推动检验医师的服务进入临床诊疗全过程; 以临床投诉建议为抓手, 打造实验室 PDCA 闭环; 与医护团队进行主动沟通和定期沟通, 就热点问题定期发布检验科撰写的文章, 让临床医护人员对检验科有更多的了解, 展现检验科的软实力; 打造检验医师的服务意识, 充分调动和发挥专业组长的能力和作用, 通过检验科团队的内部分工与配合, 提供优质的检验服务; 提供非固定菜单式的个性化服务, 站在临床的角度, 积极配合临床需求, 解决临床遇到的问题; 通过微信工作群、微信公众号多种方式拉近与临床的沟通距离; 尝试创新沟通; 同时强调沟通纪律, 认真对待每一位临床医护人员提出的意见和要求, 做到有问必回, 首问负责以提高沟通效率; 让专业主管参加临床委员会, 让检验医师了解临床流程, 提供培训来提高检验医师与临床的沟通技巧和能力。

**结论** 通过多种沟通实践, 提供有效沟通, 满足国际医院不同文化背景下临床医护需要, 使得检验咨询成为临床医疗活动中的必不可少的环节。

PU-6449

## Neuronal expression of Alzheimer's disease-associated U1-70K cleavage product causes splicing dysfunction and cognitive impairment in mice

Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Alzheimer's disease (AD) displays protein aggregation pathology and progressive cognitive decline, but the causative mechanisms are not fully illustrated. In addition to  $\beta$ -amyloid and tau aggregation, recent proteomics profiling has identified, in sporadic and familial cases, an early, tangle-like pathology of U1 small nuclear ribonucleoprotein complex (snRNP), including U1-70K and its N-terminal cleavage product (N40K) 1-6 .



**Methods** Here we present the generation and characterization of a transgenic mouse model by neuronal expression of N40K, which renders a dominant negative effect to downregulate full length U1-70K.

**Results** The animals recapitulate AD-associated events, including N40K insolubility, U1-70K downregulation and cytoplasmic mislocalization, and neuronal loss. Importantly, the transgenic mice show the impairment of long-term potentiation and cognitive damage of memory. Deep transcriptomic analysis of the mice and human AD cases reveal overlapped spectra of intron-retaining mRNAs, of which synaptic pathways are highly enriched.

**Conclusions** Thus the splicing-defective N40K mouse model study supports a role of U1snRNP deregulation and splicing alteration in AD pathogenesis, representing a novel pathway for potential therapeutic intervention.

## PU-6450

### 成人产单核李斯特菌致急性脑膜炎一例分析

倪芳, 文怡

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）, 210000

**目的** 通过分析一例脑脊液中培养分离的李斯特菌株，详细介绍培养鉴定和进行体外药敏试验的方法，为临床提供抗生素的用药依据。

**方法** 梅里埃 VITEK 2 COMPACT 鉴定系统，API 的 Lister 鉴定板条鉴定系统，动力实验，生化试验，冷增菌，E-TEST 体外药敏试验

**结果** 生物编码为 342210324733621，重要的其他鉴定试验及结果：触酶（+）、CAMP（+）、4℃冷增菌（+）。25℃动力（+）、37℃动力（-）。E-TEST MIC(μg/ml)结果：青霉素 G 0.38（S）；万古霉素 1.0；美罗培南 0.064（S）。

**结论** 产单核李斯特菌是李斯特菌属 7 个种中唯一对人类和动物治病的细菌，为条件致病菌，胞内寄生，致病力强，预后凶险。经粪-口途径传播，分别引起孕妇李斯特菌病、新生儿李斯特菌病、成人李斯特菌病和局部感染。本例病人职业为司机，有可能通过食用或接触不洁食物等途径感染此菌，同时患有 2 型糖尿病，属易感人群。此菌在 CSF 标本中成对排列，形如球菌，易误认为肺炎链球菌；G 染色过度脱色形似流感杆菌；有时与类白喉杆菌也极易混淆，可用该菌 1 型和 4 型及多价荧光抗体染色，同时作动力检查。与肠球菌鉴别：虽耐盐、耐碱，但本菌触酶试验阳性；与 B 群链球菌鉴别：均有 CAMP 试验阳性，但本菌触酶试验阳性。产单核李斯特菌对头孢菌素类抗生素天然耐药，目前未发现有青霉素或氨苄西林耐药株。本例患者糖尿病史三年多，入我院后临床积极寻找原发感染灶，并多次专科会诊。第一次穿刺脑脊液即培养出此菌，临床及时修正治疗方案，予足量、全程的以青霉素为主的抗感染治疗，一个月后患者好转出院。

## PU-6451

### 阿尔茨海默病的实验室和影像学检查

柏兵, 许秦凤

南京大学医学院附属鼓楼医院, 210000

**目的** 阿尔茨海默病（Alzheimer's disease, AD）是最常见的老年痴呆病。随着人口老龄化，它所带来的社会问题日趋严重。患者早期以记忆受损为主，后期则表现为认知功能降低，直至丧失生活自理能力，成为家庭和社会的沉重负担。因为该疾病主要是由神经元大量死亡引起，而神经元不可再生，因此它的应对关键在于早期发现，以便及时干预。

**方法** 我们对可能用于对 AD 早期常规筛查的实验室检测和影像学检查分别进行了回顾和比较。

**结果**  $A\beta$  的血清水平在 AD 患者和正常之间没有明确的显著性统计学差异。血清 Tau 水平虽有统计学差异,但灵敏性不高,也难以用于 AD 的筛查。影像学可直接检测脑部斑块形成情况。

**结论** 目前 AD 的早期筛查还主要靠脑组织的影像学检查。

PU-6452

## miR-182 对人非小细胞肺癌细胞迁移、侵袭及增殖能力的影响

唐瑶瑶,沈荣春,申娟娟,鞠少卿  
南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨 miR-182 对小细胞肺癌细胞增殖、迁移、侵袭及抗凋亡能力的影响。

**方法** 采用实时荧光定量 PCR (quantitative real-time PCR, qRT-PCR) 检测 28 对非小细胞肺癌 (NSCLC) 患者癌组织及对应癌旁组织标本中 has-miR-182 的表达水平。选取 NSCLC 细胞株 A549, 分别将 miR-182 模拟物、抑制物和各组阴性对照转染细胞后, 采用 WST 细胞增殖实验及细胞克隆形成实验检测细胞增殖能力; 应用 transwell 实验检测 miR-182 对 NSCLC 细胞侵袭和迁移能力的影响; Western Blot 实验检测 miR-182 对 NSCLC 细胞凋亡相关蛋白 Bax、Bcl-2 表达的影响。

**结果** NSCLC 患者癌组织中 miR-182 的相对表达量 ( $5.547 \pm 0.905$ ) 显著高于癌旁组织 ( $1.856 \pm 0.178$ ,  $P=0.0002$ )。miR-182 模拟物使 A549 细胞增殖、侵袭和迁移能力增加, 凋亡相关蛋白 Bax 表达下调、Bcl-2 明显上调, miR-182 抑制物转染组效应则与其相反。

**结论** miR-182 促进 NSCLC 细胞的增殖、迁移和侵袭能力, 为 NSCLC 靶向治疗提供新思路。

PU-6453

## Technical Considerations in the TMT-based Quantitative Proteomic Analysis

Bing Bai  
Nanjing Drum Tower Hospital

**Objective** Next generation sequencing proteomics is experiencing an unprecedented advance nowadays. The TMT (tandem mass tags) technique ushers in a new era of the quantitative proteomic analysis by mass spectrometry. However, there might be two inherent limitations in this type of multiplexed approach: the ion co-isolation and the ion statistics. In ion co-isolation, interference ions with similar  $m/z$  and retention time and more commonly from the peptide residuals during the liquid chromatography, are co-isolated with the target precursor ion. They simultaneously generate reporter ions to confound the final quantification.

**Methods** In ion statistics, the abundance of precursor ions determines the occurrence of stable proportion of reporter ions generated from precursor ions in each channel.

**Results** For example, in TMT 10-plex, if there are 10,000 precursor ions from 10 equally mixed samples, there will be 1000 in each channel, a sufficient amount for random fragmentation to generate comparable numbers of reporter ions. However, when the total ions are fewer, the variation in the number of report ions will significantly increase, resulting in distorted ratios among the sample in each channel and thus causing an inaccurate quantification.

**Conclusions** Therefore, sample purity and abundance are two key factors in the TMT based proteomic analysis. Based on this principle, I review and emphasize some key procedures that might be neglected in the routine TMT-based proteomics analysis pipeline. This should also be applicable to iTRAQ and other possible multiplex approaches.

## PU-6454

## 乳腺癌患者血清中游离 DNA 浓度和完整性检测的研究

汤自洁  
南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨血清游离 DNA 浓度和完整性的检测在乳腺癌 (breast cancer, BC) 早期辅助诊断中的临床应用价值; 研究其与 CEA、CA153 联合检测在 BC 诊断方面的应用价值。

**方法** 收集 40 例 BC 初诊患者、40 例良性乳腺增生患者及同期 40 例健康对照者血清样本, 采用基于 ALU 序列的实时荧光定量 PCR 方法检测血清游离 DNA 长、短片段 (247bp、115bp) 的含量, 并以 ALU115 作为血清 DNA 的总水平、以 ALU247/115 比值作为检测 cf-DNA 完整性的指标; 用化学发光方法检测相关肿瘤标志物 CEA、CA153 的水平。对患者血清 cf-DNA 浓度与 CEA、CA153 的含量及不同病理特征之间关系等进行相关性分析。用 ROC 曲线下面积 (area under the ROC curve, AUC) 评估各指标对乳腺癌的辅助诊断价值, 并评价 cf-DNA 水平及完整性指标单独或联合检测乳腺癌时的诊断效率。

**结果** BC-初诊组患者血清 ALU115 和 ALU247/115 中位数 (1083.66ng/ml、1.81) 显著高于良性增生组 (145.87 ng/ml、0.33) 和正常对照组 (228.19 ng/ml、0.48) ( $P$  均 $<0.005$ ), 良性组与正常对照组间的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 以血清 ALU115 浓度 300.96 ng/ml、ALU247/115 指数 0.78 和 CEA 浓度 5 ng/ml、CA153 水平 31.3 ng/ml 作为区别 BC-初诊患者和正常对照者的临界值 (cut off 值), ROC 曲线下面积 (area under the ROC curve, AUC) 分别为 0.70 (95% CI 0.58~0.81)、0.97 (95% CI 0~1) 和 0.75 (95% CI 0.65~0.86)、0.89 (95% CI 0.82~0.96)。

**结论** 血清 cf-DNA 的定量检测及其完整性指标对乳腺癌的辅助诊断有一定价值, 其可能成为乳腺癌诊断的重要生物学指标。

## PU-6455

## 结直肠癌患者癌及癌旁组织 IDO1、CD274 及 LAG-3 表达研究

李霖<sup>1</sup>, 李伟峰<sup>2</sup>, 郭薇薇<sup>2</sup>, 蒋黎<sup>1</sup>  
1. 四川省人民医院, 610000  
2. 航空工业三六三医院

**目的** 本研究试图揭示结直肠癌 (colorectal cancer, CRC) 及癌旁组织中免疫检查点蛋白表达情况, 为结直肠患者进行免疫治疗提供参考依据。

**方法** 本研究共纳入 69 名在四川省人民医院接受手术治疗的 CRC 患者, 所有纳入患者均签署知情同意书。手术中去癌组织及癌旁组织, 采用免疫组化对 69 名 CRC 患者的癌/癌旁组织进行 IDO1 (indolamine 2'3'-dioxygenase 1)、CD274 (programmed death-ligand 1, PD-L1) 及 LAG-3 (lymphocyte-activation gene 3) 蛋白表达分析。

**结果** 在纳入的 69 名 CRC 患者中, 年龄中位值为 60 (范围: 35-89 岁), 其中男性 37 人, 女性 32 人; 肿瘤位置: 直肠 45 人, 升结肠 5 人, 横结肠 3 人, 降结肠 7 人, 乙状结肠 9 人; 分化程度: 高 21 人, 中 34 人, 低 14 人; TNM 分期: 1 期 12 人, 2 期 32 人, 3 期 25 人。免疫组化分析显示 IDO1 在肿瘤细胞及肿瘤浸润淋巴细胞中阳性表达率为 82.6% (57/69), 显著高于癌旁组织 36.2% (25/69); CD274 在肿瘤细胞及肿瘤浸润淋巴细胞中阳性表达率为 68.6% (47/69), 在癌旁组织阳性表达率为 24.7% (17/69); LAG-3 在肿瘤细胞及肿瘤浸润淋巴细胞中阳性表达率为 13.5% (9/69), 在癌旁组织阳性表达率为 10.7% (7/69)。

**结论** IDO1 和 CD274 在多数 CRC 患者癌组织中高表达,而在癌旁和正常组织中处于沉默状态,这一结果为开发靶向 IDO1、PD-L1 的 CRC 肿瘤免疫治疗提供了临床基础。

## PU-6456

### 维生素 C 对单试剂氧化酶法检测总胆固醇和甘油三酯的干扰分析

李得娟,贺勇  
四川大学华西医院,610000

**目的** 分析不同维生素 C 浓度对单试剂氧化酶法检测总胆固醇(CHOL)和甘油三酯(TG)的干扰影响,确定维生素 C 干扰分析结果影响临床应用价值的最低维生素 C 干扰浓度。

**方法** 收集覆盖 CHOL、TG 检测线性范围的血清样本各 10 份,制备不同浓度梯度的维生素 C 干扰管,单试剂氧化酶法测定 CHOL 和 TG,计算加入不同梯度浓度的维生素 C 前后 CHOL、TG 的差值及相对偏差,使用国家卫生行业标准(WS/T403-2012)的允许总误差判断偏差是否具有临床意义,确定不同 CHOL、TG 浓度水平维生素 C 影响检测结果不可接受的浓度。

**结果** 1.维生素 C 对单试剂酶法检测 CHOL、TG 的干扰为负干扰,干扰值与 CHOL 和 TG 的浓度无关,而与维生素 C 浓度有关;2. CHOL、TG 检测干扰值与 VC 干扰浓度呈正相关关系,随着干扰浓度的增加,干扰值越大。相关关系方程式为 TG:  $Y=-1.0021X$  ( $R^2=0.9956$ ), CHOL:  $Y=-0.997X-0.0213$  ( $R^2=0.9976$ )。3. 当 TG 浓度为 1mmol/L 时,0.07mmol/L 的 VC 干扰浓度对 TG 产生的干扰就具有临床意义;随着 TG 浓度的增加,产生临床意义的 VC 干扰浓度也增加,同样的规律在 CHOL 检测中也存在。

**结论** 维生素 C 对单试剂氧化酶法检测 CHOL 和 TG 产生负干扰,产生具有临床意义的干扰与 VC 干扰浓度及 CHOL、TG 值密切相关。

## PU-6457

### 无创 DNA 检测在产前诊断中的应用

洪桂华,林华  
莆田学院附属医院,351100

**目的** 探讨无创 DNA 产前检测在胎儿染色体异常疾病筛查中的应用及意义。

**方法** 收集 2016 年 1 月 1 日至 2017 年 6 月 30 日在我院接受孕妇外周血中游离胎儿 DNA 检测者共 2788 例,对无创 DNA 提示阳性者劝说接受进一步羊水/脐血细胞核型分析,阴性者进行电话跟踪和出生后随访。

**结果** 2788 例患者中无创提示阳性 37 例,包含 17 例 21-三体,3 例 18 三体,14 例性染色体异常,其他染色体异常 3 例,分别是 1 例 Chr13-/Multi,1 例 4 号染色体 q12-q13.1 处重复 4.6Mb,1 例 13-染色体单体或部分缺失。其中 28 例接受进一步产前诊断,确诊 10 例 21-三体,3 例 18 三体,6 例性染色体异常。

**结论** 无创 DNA 检测对 21-三体准确率达到 83.33%,对 18-三体检测准确率达到 100%,性染色体检测准确率达到 50%。无创 DNA 检测对胎儿的非整倍体疾病检出率比较高,对性染色体和其他染色体异常的检出率还有待进一步提高。

## PU-6458

**加味身痛逐瘀汤对老年骨质疏松性椎体压缩性骨折患者血液中钙、磷，镁，骨源性碱性磷酸酶，白介素-6 含量的影响**

高建平  
漳州市中医院,363000

**目的** 探究运用加味身痛逐瘀汤治疗老年骨质疏松性椎体压缩性骨折时对患者血液中钙、磷，镁，骨源性碱性磷酸酶，白介素-6 含量的影响。

**方法** 将符合诊断老年骨质疏松性椎体压缩性骨折患者 120 例随机分为 4 组，每组 30 例，检测患者血液中治疗前、治疗后 1 月、治疗后 3 月钙、磷，镁，骨源性碱性磷酸酶（BA2P），白介素-6（IL-6）含量。

**结果** 实验 A 组和实验 B 组白介素-6（IL-6）和骨源性碱性磷酸酶（BA2P）含量，治疗后明显比治疗前降低（ $P < 0.05$ ），但对照 A 组和对照 B 组白介素-6（IL-6）骨源性碱性磷酸酶（BA2P）含量，治疗后比治疗前降低不明显（ $P > 0.05$ ）；实验 A 组和实验 B 组中的钙、磷，镁浓度在治疗前后均出现不同程度的改变，但与对照组比较无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。

**结论** 加味身痛逐瘀汤可以通过改善老年骨质疏松性椎体压缩性骨折患者血液中骨源性碱性磷酸酶（BA2P），白介素-6（IL-6）含量调节体内血液中钙、磷，镁浓度达到治疗作用。

## PU-6459

**620 对不孕不育及不良孕产史夫妇细胞遗传学分析**

洪桂华,林华  
莆田学院附属医院,351100

**目的** 通过对临床表现为不孕不育及不良孕产史就诊的夫妇进行外周血染色体核型分析，了解染色体异常与不孕不育及不良孕产史的关系。

**方法** 对 620 对不孕不育及不良孕产史夫妇采集静脉血，淋巴细胞培养，G 显带，核型分析，必要时增加 C 显带或 N 显带。

**结果** 620 对不孕不育及不良孕产史夫妇的 1240 份样本中检出 102 例异常核型，异常发生率 8.2%。其中相互易位 18 例，插入易位 1 例，罗氏易位 5 例，倒位 35 例，性染色体异常 11 例，标记染色体 2 例。染色体多态变异患者检出 30 例，检出率 2.4%。

**结论** 染色体异常是不孕不育及不良孕产史的重要影响因素，对不孕不育及不良孕产史夫妇进行细胞遗传学分析有助于明确病因。

## PU-6460

**The Effect of Rotating Magnetic Field on Lower Urinary Tract Symptoms in Old Male with Troublesome Benign Prostatic Hyperplasia**

Juan Ding,Yi Zhang  
Quill Hospital of Shandong University

**Objective** To investigate the effect of rotating magnetic field on lower urinary tract symptoms in old male with troublesome benign prostatic hyperplasia.

**Methods** Patients were randomly assigned (2:1) to two groups: the study group and control group. The study group accepted daily treatment with a rotating magnetic field therapeutic apparatus and the control group were treated with waiting observation. We compared IPSS, QOL, urinary flow rate, RU before and after treatment.

**Results** For the study group, 87 patients finished the study. After treated with rotating magnetic field for seven days, IPSS, QOL, urinary flow rate and RU improved significantly ( $P < 0.05$ ). For the control group, IPSS, QOL, urinary flow rate and RU were all similar between pre- and post-treatment ( $P > 0.05$ ).

**Conclusions** Rotating magnetic field has good effect on lower urinary tract symptoms in old male with troublesome benign prostatic hyperplasia.

## PU-6461

### 脂联素基因近侧启动子区单核苷酸多态性与 2 型糖尿病患者中医证型相关性研究

杨国宗

漳州市中医院,363000

**目的** 探讨血清脂联素(adiponectin, APN)基因启动子区域单核苷酸多态性频率与 2 型糖尿病(type 2 diabetes, T2DM)患者中医证候的关系。

**方法** 将符合入选标准的 120 例 T2DM 患者按中医辨证分型分为气阴两虚组 42 例、阴虚燥热组 38 例、阴阳两虚组 40 例,另选取 50 例正常体检者为对照组,采用 PCR 扩增技术筛选脂联素基因(adiponectin gene, aPM1)启动子多态性位点,采用日本日立全自动化生化分析仪测定患者 TG、TC、LDL-C、HDL-C,并计算胰岛抵抗指数(insulin resistance index, HOMA-IR)。

**结果** 阴虚燥热组患者血清 APN $[(6.98 \pm 1.23) \mu\text{g/ml}$  比  $(2.55 \pm 0.78) \mu\text{g/ml}$ 、 $(3.48 \pm 0.22) \mu\text{g/ml}$ ]水平高于气阴两虚组及阴阳两虚组( $P < 0.05$ ),TG $(4.48 \pm 0.87) \text{mmol/L}$ 、LDL-C $(4.98 \pm 0.42) \text{mmol/L}$ 、TC $(5.36 \pm 0.79) \text{mmol/L}$  高于气阴两虚组  $(3.25 \pm 0.75) \text{mmol/L}$ 、 $(4.02 \pm 0.69) \text{mmol/L}$ 、 $(3.12 \pm 0.52) \text{mmol/L}$  及阴阳两虚组  $(3.18 \pm 0.69) \text{mmol/L}$ 、 $(4.09 \pm 0.71) \text{mmol/L}$ 、 $(3.22 \pm 0.78) \text{mmol/L}$  ( $P < 0.05$ );不同证型 T2DM 患者血清 HOMA-IR、HDL-C 水平比较,差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。

阴虚燥热组 aPM1-11377G/C 基因型中 GG 基因型  $[78.95\% (30/38)$  比  $42.86\% (18/42)$ 、 $35.00\% (14/40)$ ]显著高于气阴两虚组及阴阳两虚组( $P < 0.05$ ),气阴两虚组及阴阳两虚组 aPM1-11377G/C 基因型中 GG 基因型高于健康对照组( $P < 0.05$ )。GG 基因型血清 APN 水平  $[(7.02 \pm 1.23) \mu\text{g/ml}$  比  $(3.25 \pm 0.78) \mu\text{g/ml}$ 、 $(2.42 \pm 0.22) \mu\text{g/ml}$ ,  $F = 8.123$ ]显著高于 GC 型及 CC 型( $P < 0.001$ ),其他指标比较差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。

**结论** T2DM 患者阴虚燥热型与 aPM1-11377G/C 基因多态性有关,aPM1-11377G/C 基因多态性可在一定程度上反映 T2DM 患者中医证候分型,并通过影响患者胰岛素抵抗、动脉斑块及血清 APN 水平,影响 T2DM 发生发展。

## PU-6462

### 脑出血对患者血清中 SAA 水平的影响

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 检测脑出血患者血清淀粉样蛋白 A (serum amyloid A, SAA) 水平,探讨脑出血对患者血清中 SAA 水平的影响

**方法** 收集武汉大学人民医院经 MRI 或 CT 确诊的脑出血患者 113 例，分为轻度组 47 例，中度组 34 例，重度组 31 例；健康对照组 118 例。分析比较各组患者血清中 SAA 表达水平的差异。

**结果** 脑出血患者血清中 SAA 水平于 3.5 d 左右升至最高，并且发现脑出血患者组血清中 SAA 表达水平 ( $95.47 \pm 89.54$  mg/L) 显著高于健康对照组 ( $6.99 \pm 1.84$  mg/L)，差异具有统计学意义 ( $P < 0.001$ )；患者组中即轻度组、中度组、重度组血清中 SSA 表达水平两两比较发现：轻度组患者血清中 SAA 水平 ( $13.17 \pm 8.81$  mg/L) 显著低于中度组 ( $123.15 \pm 69.60$  mg/L)，中度组患者血清中 SAA 水平又显著低于重度组患者 ( $189.90 \pm 59.35$  mg/L)，差异均有统计学意义 ( $P < 0.001$ )；经 ROC 曲线分析，当 SAA 临界值为 10.40 时曲线下面积达最大值 0.891，敏感度为 78.60%，特异性为 94.10%，说明具有较好的诊断效率，但仍不及 D-二聚体 (AUC=0.958，敏感度 87.5%，特异性 96.6%)。

**结论** SAA 水平与脑出血有关，提示其可能是脑出血的一个危险因素。

## PU-6463

### Circular RNA profiling identifies hsa\_circ\_0001821 as a novel diagnostic biomarker in gastric cancer

shan kong

Affiliated hospital of nantong university

**Objective** The morbidity and mortality of gastric cancer (GC) remained high, exerting great pressure on GC diagnosis and treatment. With the advent of human genome sequencing project, circRNAs attracted widespread attention in cancer research due to its stable ring structure. Our aim was to identify differentially expressed circRNAs in GC and explore their potential roles in GC diagnosis and treatment.

**Methods** High-throughput sequencing was used for large-scale gene screening in 3 pairs of GC tissues and adjacent tissues. Quantitative RT-PCR (qRT-PCR) was used to verify hsa\_circ\_0001821 expression in 80 pairs of tissue samples. RNA exonuclease digestion assay was performed to verify the stability of its ring structure. The receiver operating characteristic (ROC) curves was depicted to analysis its diagnostic value. Besides, nucleoplasm separation assay was used to detect the location of hsa\_circ\_0001821 in GC cells.

**Results** A total of 25,303 circRNAs was identified, among which about 2,007 circRNAs were significantly differentially expressed (fold changes  $> 2.0$ ,  $P < 0.05$ ). Hsa\_circ\_0001821 was significantly down-regulated in 80 cases of GC tissue samples and whole blood specimens obtained from 30 GC patients, its tumor-specificity was also demonstrated. Hsa\_circ\_0001821 was relatively stable after RNA exonuclease digestion compared with its parental gene PVT1. Clinicopathological parameters and spearman correlation analysis showed hsa\_circ\_0001821 expression was negatively correlated with tumor depth ( $r = -0.255$ ,  $P = 0.022$ ) and lymph node metastasis ( $r = -0.235$ ,  $P = 0.036$ ). The area under the curve (AUC) of circulating hsa\_circ\_0001821 in distinguishing GC patients from healthy donors was 0.872 (95%CI: 0.767-0.977), higher than that in GC tissues (AUC=0.792, 95%CI: 0.723-0.861). Combined application of circulating hsa\_circ\_0001821 with existing tumor markers yielded the largest AUC of 0.933 and highest sensitivity of 93.33%. Nucleoplasm separation assay showed hsa\_circ\_0001821 was mainly located in the cytoplasm, implying the potential post-transcriptional regulatory mechanism.

**Conclusions** Hsa\_circ\_0001821 was promised to serve as a potential biomarker for GC diagnosis.

## PU-6464

**EB 病毒 DNA 载量与儿童肝肾损害的研究**

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨 EB 病毒 DNA 载量与肝、肾功能的关系

**方法** 收集 147 例 EB 病毒感染患儿的临床资料, 检测其 EB 病毒 DNA 载量和生化指标; 收集健康对照组 80 例。按照 DNA 载量的高低, 分为低载量组 80 例, 中载量组 41 例, 高载量组 26 例, 分析比较不同 DNA 载量与肝功能、年龄、性别的关系。

**结果** EB 病毒 DNA 低载量组、中载量组、高载量组肝损害率分别为 17.50%, 43.90%, 61.54%; 肾损害率分别为 3.75%, 12.2%, 37.5%。DNA 载量越高, 发生肝、肾损害的概率越大, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); 低年龄组 DNA 载量 ( $4.93 \pm 0.75$ ) 高于中年龄组 ( $4.60 \pm 0.83$ ) 与大年龄组 ( $4.63 \pm 0.84$ ), 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 中龄组 DNA 载量对数与高龄组 DNA 载量对数间差异无统计学意义。女患儿组 DNA 载量对数 ( $4.55 \pm 0.62$ ) 低于男患儿组 DNA 载量对数 ( $4.93 \pm 0.86$ ),  $P = 0.003$ , 差异具有统计学意义。患儿组白蛋白低于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.005$ )。

**结论** 小儿感染 EB 病毒, EB 病毒 DNA 载量越高, 发生肝肾损害的可能性越大

## PU-6465

**HCMV-DNA 载量与婴儿巨细胞病毒性肝炎的关系**

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目** 探讨人巨细胞病毒 (human cytomegalovirus, HCMV) 的 DNA 载量与肝损伤的关系

**方法** 收集 2016 年 3 月至 2016 年 7 月收入武汉大学人民医院儿科的 HCMV-DNA 载量阳性的患儿 128 例, 将其分为低载量组 ( $< 5.00E+4$ ) 44 例、中载量组 ( $5.00E+4$  至  $5.00E+5$ ) 56 例和高载量组 ( $> 5.00E+5$ ) 28 例; 收集符合条件的 80 例婴儿作为对照组。比较各组患儿肝功能检查结果并使用 SPSS 19.0 软件分析

**结果** 128 例患儿中有 109 例 (85.16%) 发生肝损害; 对照组丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶 (GGT)、总胆汁酸 (TBA)、亮氨酸氨肽酶 (LAP) 分别为  $14.74 \pm 4.66$  U/L,  $29.76 \pm 4.96$  U/L,  $11.09 \pm 3.15$  U/L,  $5.01 \pm 2.42$   $\mu$ mol/L,  $58.51 \pm 5.29$  mg/dL; 患者组 ALT, AST, GGT, TBA, LAP 分别为  $29.48 \pm 22.82$  U/L,  $53.38 \pm 3.97$  U/L,  $17.67 \pm 18.64$  U/L,  $13.23 \pm 20.00$   $\mu$ mol/L,  $64.84 \pm 10.12$  mg/dL, 均高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。对照组总胆红素 (TBil) 为  $6.31 \pm 3.30$   $\mu$ mol/L, 患者组 TBil 为  $6.96 \pm 5.74$   $\mu$ mol/L, 两者差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。低载量、中载量、高载量三组的肝损害比例分别为 84.09%, 83.93%, 89.29%, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。HCMV-DNA 载量与 ALT、AST、TBA、LAP 无相关性 ( $P > 0.05$ ), 而与 GGT 有相关性,  $r = 0.203$ ,  $P < 0.05$ 。

**结论** HCMV-DNA 载量升高的患儿肝损害发生率极高, 但 HCMV-DNA 载量的高低与肝损害发生率、肝损害的程度无线性相关关系。



PU-6466

## NSE 在呼吸系统疾病中的意义

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨神经元特异性烯醇化酶 (neuron-specific enolase, NSE) 在呼吸系统疾病中的意义

**方法** 使用全自动化学发光免疫分析仪检测 239 例患者血清 NSE 水平, 比较不同疾病 NSE 水平的差异。使用 SPSS19.0 软件进行统计学分析

**结果** 肺炎的阳性率为 18.07%, 慢性阻塞性肺疾病急性加重期 (acute exacerbation of chronic obstructive pulmonary disease, AECOPD) 阳性率 22.58%, 重症肺炎阳性率 33.33%, 呼吸衰竭阳性率 33.33%, 支气管扩张阳性率 44.44%, 肺结核阳性率 18.18%, 结核性胸膜炎阳性率 62.50%, 非小细胞肺癌 (nonsmall-cell lung cancer, NSCLC) 不伴转移阳性率 43.75%, 非小细胞肺癌伴转移阳性率 76.47%, 小细胞肺癌 (small cell lung cancer, SCLC) 不伴转移阳性率 70.00%, 小细胞肺癌伴转移阳性率 100.00%。各疾病组与对照组相比, NSE 水平均升高, 差异具有统计学意义。

**结论** NSE 在呼吸系统的各种疾病中均会升高, 且其浓度存在差异, 但对疾病做出诊断前应联合多种诊断指标。

PU-6467

## Graves 病相关性肾损害的研究

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨 Graves 病与肾损害的关系。

**方法** 收集 127 例 Graves 病患者, 采用西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪检测血清三碘甲状腺原氨酸 (FT3)、游离甲状腺素 (FT4)、促甲状腺素 (TSH)、甲状腺球蛋白抗体 (TGAb) 和甲状腺过氧化酶抗体 (TPOAb), 采用西门子 CENTAUR XP 化学发光免疫分析仪检测促甲状腺受体抗体 (TRAb)。

**结果** 肾损害组与未损害组的 FT3、FT4、TGAb、TPOAb 水平差异无统计学意义, TRAb 水平差异有统计学意义; 年龄、性别与肾损害率无关 ( $P>0.05$ ); 血清 FT3、FT4、TGAb、TPOAb 水平于肾损害率无关 ( $P>0.05$ ); 血清 TRAb 越高, 肾损害率越高, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** Graves 病相关肾损害与免疫因素有关; TRAb 可能参与了 Graves 病肾损害的进程。

PU-6468

## The Risk Factor of False-negative and False-positive for T-SPOT.TB in Active Tuberculosis

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** The factors that affect the results of T-SPOT.TB remains unclear. In this study, we aim to figure out the risk factor of T-SPOT.TB for active TB.

**方法** Three hundred forty-nine patients were recruited between January 1<sup>st</sup>, 2016 and January 22<sup>st</sup>, 2017 at Renmin Hospital of Wuhan University, including 98 subjects with TB and 251 subjects with non-TB disease, and received T-SPOT.TB(Oxford Immunotec Ltd).

**结果** Patients with tuberculous meningitis were more likely to have false-negative results(OR 17.4, 95%CI 3.068-98.671;  $P<0.001$ ) while patients with cured TB tended to induce false-positive results(OR 30.297; 95%CI 7.069-129.849;  $P<0.001$ ).

**结论** Tuberculous meningitis was a risk factor of false-negative for T-SPOT.TB, while cured TB was a risk factor of false-positive.

#### PU-6469

### Preoperative hematologic inflammatory markers as prognostic factors in patients with glioma

Chunjing Jin

Affiliated Hospital of Nantong University, Nantong

**Objective** Hematologic inflammatory markers are simple, inexpensive prognostic markers for various conditions. The objective of this study was to determine the prognostic significance of representative markers neutrophil-to-lymphocyte ratio (NLR), platelet to lymphocyte ratio (PLR), monocyte-lymphocyte ratio (MLR) and red cell distribution width (RDW) in patients with glioma in terms of overall survival (OS).

**Methods** A retrospective chart review study was conducted for 219 patients who met the criterion of diagnosis for glioma between January 2012 and January 2017. Patient records were evaluated and pretreatment neutrophil, lymphocyte, monocyte counts and RDW were documented together with survival data, sex, age, and disease staging. The values of the NLR, PLR, MLR and RDW on the prognosis were evaluated. And correlations between these hematologic inflammatory markers were examined.

**Results** Patients were divided into high and low NLR, PLR, MLR and RDW groups according to cutoff points from the receiver operating characteristic curve (2.50, 127, 0.26 and 12.5 respectively). The high NLR groups were associated with tumor grade ( $p = 0.000$ ). K-M survive analyses were conducted to study the prognostic role of NLR, PLR, MLR and RDW on OS. The high NLR group experienced inferior median survival compared with the low NLR group (11 vs. 32 months;  $p = 0.000$ ). The high PLR group experienced inferior median survival compared with the low PLR group (12 vs. 21 months;  $p = 0.001$ ). The high MLR group experienced inferior median survival compared with the low MLR group (12 vs. 22 months;  $p = 0.006$ ). However, there was no significant difference in median survival between the high and low RDW groups (15 vs. 23 months;  $p = 0.184$ ). Multivariate analysis demonstrated that NLR is an independent predictor for OS of glioma along with clinicopathological grades and age (HR 1.758;  $p = 0.008$ ).

**Conclusions** High preoperative NLR, PLR, MLR were predictors of poor prognosis for patients with glioma. NLR is an independent prognostic factor for OS in glioma.

#### PU-6470

### Elevating DNA loads of Epstein-Barr virus in children associated with increasing liver injuries rate

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** to investigate the relationship between the DNA loads of Epstein-Barr virus (EBV) as well as human cytomegalovirus (HCMV) and the liver injuries in children

**方法** 139 patients infected with EBV, 116 patients infected with HCMV and 105 healthy controls were included, and received biochemistry test and FQ-PCR test

**结果** Compared with control group, ALT, AST and ALB was significantly different ( $P<0.01$ ) in EBV and HCMV group. In EBV group, the levels of ALT and AST were positively correlated ( $r=0.334$ ,  $r=0.377$  respectively) with EBV-DNA loads. But in HCMV group, no significant association ( $P>0.05$ ) was observed. Liver injuries rate raised with the increasing levels of DNA loads in EBV subjects ( $\chi^2=18.046$ ,  $P<0.001$ ), but on significant alteration was observed in HCMV subjects ( $\chi^2=1.753$ ,  $P=0.416$ ).

**结论** The incidence of liver injuries increases with the elevating levels of EBV-DNA loads.

#### PU-6471

### Hemorheology associated with fasting plasma glucose in prediabetes patients

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** investigated the relationship between hemorheology test and glucose in patients with prediabetes and diabetes

**方法** Control ( $n=50$ ) and patients with prediabetes ( $n=23$ ), diabetes ( $n=29$ ) and diabetic complication ( $n=47$ ) were included and received biochemical and hemorheology test

**结果** The levels of sdLDL, blood viscosity (BV) and HCT was significantly lower in prediabetes group compared with the diabetes group and diabetic complication group ( $P<0.05$ ). Triglyceride (TG) was significantly higher in diabetes group compared with other three groups ( $P<0.05$ ). The fasting plasma glucose was significantly higher in high viscosity patients compared with low viscosity patients ( $P=0.004$ ). Blood viscosity significantly correlated to fasting glucose (FPG) ( $P<0.05$ ). The AUC of the ROC curve of FPG was 0.774(0.667, 0.880).

**结论** The current study discover a relationship between BV and FPG. It also shows that patients with diabetes have increased BV compared with patients with prediabetes.

#### PU-6472

### The application of NADPH oxidases 4 in diagnosis of atherosclerosis

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** to investigate the performance of NADPH oxidases homologs Nox4 in patients with atherosclerotic coronary arteries

**方法** Patients with atherosclerosis ( $n=60$ ) and healthy controls ( $n=30$ ) were included in our study. Nox4 in plasma were quantified by ELISA Kit. Blood lipids were quantified by biochemical analyzer. The severity of atherosclerosis was evaluated by Genisi score.

**结果** The Nox4 elevated in patients with angina pectoris (AP) and acute myocardial infarction (AMI) compared to healthy control ( $P<0.05$ ). TCh and LDL-Ch was significantly lower in AP patients compared to healthy control. HDL-Ch was significantly lower in control group compared with other groups. However, no significant correlation was observed between Nox4 and other index ( $P>0.05$ ). ROC curve showed that the AUC was 0.730 for diagnosis of atherosclerosis.

**结论** The current study discovered that Nox4 in plasma was associated with atherosclerosis.

## PU-6473

**雌雄激素对血管内皮细胞自噬水平的影响**

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 探讨雌雄激素对内皮细胞自噬水平的影响

**方法** 收集 2016 年 10 月-2017 年 5 月男性健康体检人群 (n=115), 取静脉血采用 ADVIA Centaur XP 全自动化学发光免疫分析仪对雌激素 (E2) 和睾酮 (T) 水平进行定量分析, 使用 ELISA 试剂盒对 LC3-II 和 Beclin 1 进行定量分析。WB 检测 E2 和 T 处理 24 小时后的内皮细胞 LC3 蛋白水平

**结果** LC3-II 与 E2、T 的相关系数分别为  $r=0.003, -0.019$ , Beclin 1 与 E2、T 的相关系数分别为  $r=0.003, -0.020$ , P 值均大于 0.05。E2 和 T 处理后的内皮细胞 LC3-II 水平及 LC3-II/LC3-I 水平均无明显改变

**结论** 性激素 E2 和 T 可能并不参与内皮细胞自噬过程的调控。

## PU-6474

**Non-cancer death as a leading cause of mortality in prostate cancer: A Population-Based Study**

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** The risk of death from prostate cancer (PC) is superseded by the risk of death from other causes. Our data aims to provides accurate estimates of competing risk of PC.

**方法** We conducted a competing risk analysis of 456 851 men  $\geq 20$  between 2004 and 2015. Data were stratified by age, overall stage. Competing risk regression were performed to identify causes of death.

**结果** The overall mortality of PC death, non-cancer death and second primary cancer (SPC) death were 5.5%, 10.3% and 3.1%. The 3-, 5- and 10- year cumulative incidence probabilities of PC death, non-cancer death and SPC were 3.6%, 5.1%, 8.1%; 4.1%, 7.5%, 18.2% and 1.9%, 2.8%, 4.7%, respectively.

**结论** Physicians should consider using cause-specific data to estimate the threat posed by PC and competing risk.

## PU-6475

**Longitudinal Association Between Apolipoprotein B and Depressive Symptoms: Results from the Study of Women's Health Across the Nation**

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** examined whether apolipoprotein B (apoB) levels are related to subsequent depressive symptoms/or whether depressive symptoms associate with subsequent apoB in later midlife women.

**方法** Women (n=917) included in the Study of Women's Health Across the Nation (SWAN) were followed for seven years and had measures of CES-D depression scores and apoB seven times during the visit periods.

**结果** Longitudinal mixed linear regression models with full adjustment indicated that higher apoB at time X was a predictor for higher subsequent CES-D score at time X+1 over a 7-year period ( $\beta=0.014$ ,  $p=0.003$ ). With additionally adjustment for hormone use in full multivariate models, a bi-directional association between apoB levels and depressive symptoms were found.

**结论** In this longitudinal study, apoB levels predicts depressive symptoms in later midlife women independent of hormone use and other time-varying covariates.

#### PU-6476

### **Longitudinal Association Between Insulin Resistance and Depressive Symptoms: Results from the Study of Women's Health Across the Nation**

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** examined whether insulin resistance is related to subsequent depressive symptoms/or whether depressive symptoms associate with subsequent insulin resistance in women during menopausal transition period.

**方法** Women (n=901) included in the Study of Women's Health Across the Nation (SWAN) were followed for seven years and had measures of CES-D depression scores and insulin resistance seven times during the visit periods.

**结果** Insulin resistance was higher among women with high CES-D score ( $\geq 16$ ) compared with low CES-D score ( $< 16$ ) at baseline. There was a weak cross-sectional association between insulin resistance and depressive symptoms in crude model ( $p=0.053$ ). Longitudinal mixed linear regression models with full adjustment indicated that higher insulin resistance at time X was a predictor for higher subsequent CES-D score at time X+1 over a 7-year period ( $\beta=0.315$ ,  $p=0.001$ ).

**结论** In this longitudinal study, insulin resistance levels predict depressive symptoms in women during menopausal transition period independent of demographic, behavioral, and clinical characteristic covariates.

#### PU-6477

### **Associations of Dietary Saturated Fatty Acids Intakes with Depressive Symptoms in Midlife Women**

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** To study the association of saturated fatty acids intakes from diet with depressive symptoms.

**方法** Cross-sectional study used data from the Study of Women's Health Across the Nation (SWAN). Linear regression, logistic regression and restricted cubic spline models were performed to examine the association saturated fatty acids intakes with depression

**结果** Saturated fatty acids intakes were positively associated with CES-D scores in unadjusted and age-, race/ethnicity-, total family income- and education-adjusted linear regression model. The multivariate adjusted regression coefficient with 95% confidence intervals (CIs) of CES-D score were 0.078 (0.009-0.148) for saturated fatty acids intakes. Saturated fatty acids intakes were positively associated with depressive symptoms (CES-D score  $\geq 16$ ).

**结论** Saturated fatty acids intakes may be positively associated with depressive symptoms in late midlife women.

#### PU-6478

### Associations of Dietary Trans fatty acids Intakes with Depressive Symptoms in Midlife Women

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** To study the association of trans fatty acids intakes from diet with depressive symptoms.

**方法** Linear regression, logistic regression and restricted cubic spline models were performed to examine the association trans fatty acids intakes with depressive symptoms.

**结果** Trans fatty acids intakes were positively associated with CES-D scores in unadjusted and age-, race/ethnicity-, total family income- and education-adjusted linear regression model. The fully adjusted regression coefficient with 95% confidence intervals (CIs) of trans fatty acids intakes were 0.152 (0.030-0.275) for CES-D score. Trans fatty acids intakes were positively associated with depressive symptoms (CES-D score  $\geq 16$ ) in unadjusted and age-, race/ethnicity-, total family income- and education-adjusted logistic regression model. The fully adjusted odds ratios (ORs) with 95% confidence intervals (CIs) of depressive symptoms were 2.104 (1.303-3.400) in quartile 4 compared with quartile 1 for trans fatty acids intakes.

**结论** Trans fatty acids intakes may be positively associated with depressive symptoms in late midlife women

#### PU-6479

### Associations between oleic acids and linoleic acids and depressive symptoms in perimenopausal women: The Study of Women's Health Across the Nation

李迪

武汉大学人民医院,430000

**目的** To study the association of oleic acids and linoleic acids intakes from diet with depressive symptoms.

**方法** Linear regression, logistic regression and restricted cubic spline models were performed to examine the association oleic acids and linoleic acids intakes with depression.

**结果** Oleic acids and linoleic acids intakes were positively associated with CES-D scores in unadjusted and age-, race/ethnicity-, total family income- and education-adjusted linear regression model. The fully adjusted regression coefficient were  $\beta=0.089$  and  $\beta=0.145$  for oleic acids and linoleic acids intakes, respectively. Oleic acids and linoleic acids intakes were positively associated with depressive symptoms (CES-D score  $\geq 16$ ) in unadjusted and age-, race/ethnicity-, total family income- and education-adjusted logistic regression model.

**结论** Oleic acids and linoleic acids intakes may be positively associated with depressive symptoms in perimenopausal women

**PU-6480**

## **Associations of Dietary Calcium, Magnesium, Phosphorus, Sodium and Potassium Intakes with Anxious in Midlife Women**

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** To study the association of dietary calcium, magnesium, phosphorus, sodium and potassium intakes with anxious in midlife women

**方法** Logistic regression and restricted cubic spline models were performed to examine the association of calcium, magnesium, phosphorus, sodium and potassium intakes with depressive symptoms.

**结果** The crude ORs of anxious indicated that calcium, magnesium, phosphorus and sodium intake was positively associated with anxious. After adjustment for age, race/ethnicity, total family income and education in model1, the results were similar to the crude model. This association remained statistically significant with full adjustment in model2. The fully adjusted ORs of anxious were 1.447 (1.112-1.883), 1.396 (1.079-1.806), 1.718 (1.322-2.232) and 1.445 (1.108-1.884) in the quartile 4 (the highest) versus quartile 1 (the lowest) of calcium, magnesium, phosphorus and sodium intakes. |

**结论** Dietary calcium, magnesium, phosphorus and sodium intakes may be positively associated with anxiety in late midlife women.

**PU-6481**

## **纳米医学与未来个体化医疗发展的前景及问题**

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 21 世纪是纳米医学发展的黄金时代。

**方法** 纳米医学技术包括纳米药物载体、纳米光热治疗、纳米修复技术、量子点纳米微粒、纳米笼、磁性纳米颗粒等。纳米材料的特殊性质使其在诊断技术、药物载体、组织修复、靶向治疗等个体化医疗方面显示出巨大的发展潜力

**PU-6482**

## **MALDI-TOF MS 在病原微生物鉴定中的进展**

李迪  
武汉大学人民医院,430000

**目的** 基质辅助激光解吸电离飞行时间质谱 (matrix assisted laser desorption ionization-time of flight-mass spectrometry, MALDI-TOF MS) 技术在国内临床微生物检验中正逐步推展开来,

**方法** 作为一种新的诊断技术,它具有快速、准确、廉价的特点,被认为是微生物检验的一场革命。

**结果** 但 MALDI-TOF MS 在病原体鉴定方面显示出巨大潜力的同时也有其局限性,有待进一步完善和发展

**结论** 但 MALDI-TOF MS 在病原体鉴定方面显示出巨大潜力的同时也有其局限性,有待进一步完善和发展

PU-6483

## C 反应蛋白、降钙素原与血清铁及贫血的相关性探讨

庞雪利,许颖

成都医学院第一附属医院

**目的** 研究 C 反应蛋白和降钙素原两者分别反映的炎症下,两者与血清铁及贫血的关系;探讨 C 反应蛋白、降钙素原与血清铁变化的相关性。

**方法** 选择 CRP 升高的患者 200 例,CRP 正常的患者 200 例,对其血清铁以及血红蛋白进行检测,统计 CRP 升高组、CRP 正常组的血清铁降低率和贫血率并进行卡方检验。将其中的 200 例 CRP 升高患者的 C 反应蛋白浓度与血清铁含量进行双变量关联性分析;选择 PCT 升高的患者 200 例,PCT 正常的患者 200 例,统计 PCT 升高组、PCT 正常组的血清铁降低率和贫血率并进行卡方检验。将其中的 200 例 PCT 升高患者的降钙素原浓度与血清铁含量进行双变量关联性分析

**结果** C 反应蛋白正常组的贫血发生率明显低于 C 反应蛋白升高组 ( $P < 0.001$ ),血清铁水平降低率明显低于 C 反应蛋白升高组 ( $P < 0.001$ ),并且 C 反应蛋白浓度越高,血清铁含量越低,两者呈负相关,相关系数  $r = -0.435$ ,具有中等强度相关性。降钙素原正常组的贫血发生率明显低于降钙素原升高组 ( $P < 0.001$ ),血清铁水平降低率明显低于降钙素原升高组 ( $P < 0.001$ ),但降钙素原浓度越高时,血清铁含量并非越低,两者极弱相关或无相关,相关系数  $r = -0.04$ 。见表 2,图 1,2。

**结论** 炎症指标 C 反应蛋白、降钙素原升高时,常伴有机体血清铁水平下降,导致的铁缺失利用可能是产生贫血的重要原因。患者 C 反应蛋白浓度与血清铁含量的负相关关系,可为临床的严重炎症患者预防贫血的发生提供理论依据,临床医生可根据 C 反应蛋白和降钙素原的检验结果来预测患者发生贫血的可能性,并作出相应地预防措施,及时调整治疗方案。

PU-6484

## IFI16 在 PD-L1 阳性的多发性骨髓瘤患者外周血淋巴细胞中的表达水平研究

范英子,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 初步研究 IFI16 基因在 PD-L1 阳性的多发性骨髓瘤患者外周血中的表达水平,探讨在 MM 患者外周血淋巴细胞中 IFI16 基因和骨髓瘤细胞 PD-L1 表型的相关性

**方法** 收集不同类型和分期的 MM 患者外周血标本和病例数据,进行流行病学分析;流式细胞术筛选 PD-L1 阳性的 MM 患者;qPCR 法检测正常人群和 MM 患者外周血淋巴细胞中 IFI16 的表达水平

**结果** 我院 2018 年 12 月-2019 年 4 月 MM 患者中女性患者人数:男性人数为 2/1,其中 IgA 型、IgG 型患者占 86.9%,均采用 BDT/MDT 疗法(见表 1);筛选首次确诊 MM 患者外周血标本,其中有 6 例 PD-L1 阳性(CD38+/CD274(PD-L1)+%>3%)患者,CD38+/CD274(PD-L1)+%分布为  $7.38 \pm 3.25$ (见表 2、表 3);PD-L1 阳性的 MM 患者和健康人群、PD-L1 阴性的 MM 患者的 IFI16



表达量分别为  $1.92 \pm 1.17$ 、 $1.77 \pm 0.79$  和  $3.02 \pm 0.57$ ，均无统计学差异， $P$  值均大于 0.05（见图 1）；IFI16 和 CD38+/CD274(PD-L1)+ 百分比相关系数为 0.637（见图 2）。

**结论** 我院 IgA/IgG 型多发性骨髓瘤患者外周血中，淋巴细胞 IFI16 的表达水平随着 CD38+ 的骨髓瘤细胞中 PD-L1 表达量的增加而升高，表现为正相关。

## PU-6485

### IL-6 时间分辨荧光免疫层析检测方法的建立

黄德智,应昊俊,蒲晓允

陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院

**目的** 本课题组拟建立一种简便、经济、快速、定量的时间分辨荧光免疫层析检测方法检测血清中的 IL-6。

**方法** 利用双抗体夹心法原理，以时间分辨荧光的纳米微球作为标记示踪物，运用免疫层析技术建立 IL-6 免疫检测方法，并对该方法进行了线性、灵敏度、精密度、特异性、相关性等性能指标的测定。

**结果** 血清用量 80 $\mu$ L，20min 左右反应完成，通过时间分辨免疫荧光分析仪检测 C 线和 T 线的荧光值，得到 T/C 比值，通过 T/C 比值在标准曲线上得到相应的浓度值。

**结论** 本研究建立了 IL-6 时间分辨免疫层析检测方法，该本研究建立了 IL-6 时间分辨免疫层析检测方法，该方法简便、经济、快速并可以定量，可用于临床血清 IL-6 浓度的检测，尤其利于基层医疗机构应用。

## PU-6486

### miRNA-1254 在食管癌患者血清中的表达及临床意义

邓仕华,许颖

成都医学院第一附属医院（原：中国人民解放军第四十七医院），610000

**目的** 探讨 miRNA-1254 在食管癌患者血清中的表达及临床意义。

**方法** 选取食管癌患者 60 例，同期健康体检者（正常人）30 例。采用实时荧光定量 PCR 检测食管癌患者和健康体检者血清 miRNA-1254 的表达水平，并结合临床病理资料，探讨它们与食管癌的关系。

**结果** 食管癌患者血清中 miR-1254 的表达量明显高于健康体检者（ $P < 0.05$ ），如图 1；血清中 miR-1254 的表达与肿瘤 TNM 分期（ $t = 2.833$ ， $P = 0.006$ ）及淋巴结转移相关（ $t = 3.057$ ， $P = 0.003$ ），与患者年龄、性别，肿瘤分化程度无明显关联（ $P > 0.05$ ），见表 1；诊断效能显示，曲线下面积（AUC）为 0.864，具有较好的诊断价值，取敏感度及特异度均较高时候的值为 cut-off 值 0.052，此时的敏感度为 90%，特异度为 78%，如图 2 所示。

**结论** 食管癌患者血清中 miRNA-1254 表达明显升高，可作为食管癌早期诊断的潜在标志物。

## PU-6487

**抗核抗体、抗双链 DNA 抗体和抗核抗体谱的性能验证**

寸倩滢

云南省保山市人民医院

**目的** 建立抗核抗体（ANA）、抗双链 DNA 抗体（ds-DNA）和抗核抗体谱（ENA）检测项目方法学性能验证的方案，确保检测方法的性能满足实验室及临床诊疗的质量要求。**方法** 按照 ISO158 相关文件的要求，对其符合率、重复性、参考范围验证、检出限、干扰、人员比对等 6 个方面进行验证。

**方法** 根据医学实验室质量和能力认可准则与说明书的要求，符合率、重复性、参考范围验证、检出限、干扰、人员比对等 6 个方面进行性能验证。

**结果** 6 个方面的性能验证符合相应的标准要求。

**结论** 核抗体、抗双链 DNA 抗体和抗核抗体谱检测项目方法学性能验证的方案能够满足 ISO15189 的要求，同时满足临床实验室的要求，能够为临床实验室更合理的评价和应用检测方法提供参考。

## PU-6488

**T 细胞亚群在梅毒患者中治疗应用价值研究**

杨敏,许颖

成都医学院第一附属医院（原：中国人民解放军第四十七医院）,610000

**目的** 探讨青霉素治疗梅毒时的临床疗效与 T 细胞亚群及免疫球蛋白的相关性，为梅毒的诊治工作提供临床指导依据

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 4 月在成都医学院第一附属医院接受治疗的 13 例梅毒治疗三个月滴度下降大于等于四倍患者作为实验组，13 例梅毒治疗三个月滴度下降小于四倍患者作为对照组，13 例身体健康的人群作为空白对照组。使用流式细胞仪检测 CD3+、CD4+、CD8+ 淋巴细胞亚群在外周血中表达情况，使用双光径免疫浊度分析仪检测 IgA、IgM、IgG 在外周血中的含量，使用统计学的方法来判断青霉素治疗梅毒时的临床疗效与 T 细胞亚群表达情况及免疫球蛋白含量是否具有相关性。

**结果** 青霉素 3 个月治疗有效组与 3 个月治疗无效组患者外周血 T 淋巴细胞 CD8+、CD4+/CD8+ 的细胞水平差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )，青霉素 3 个月治疗无效组患者 CD3+ 绝对数 ( $984.00\pm245.916$ )、CD4+ 绝对数 ( $472.16\pm130.222$ ) 小于 3 个月治疗有效组 CD3+ 绝对数 ( $1478.00\pm520.061$ )、CD4+ 绝对数 ( $737.73\pm270.571$ )，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )，见表 2.1-1。IgG、IgA、C3、C4 免疫球蛋白含量差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。青霉素 3 个月治疗无效组 IgM 测定值 ( $2.07\pm0.699$ ) 大于青霉素 3 个月治疗有效组 IgM 测定值 ( $1.44\pm0.619$ )，差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )，见表 2.2-1

**结论** 青霉素 3 个月治疗无效组患者比有效组患者外周血 CD3+、CD4+ 水平低，早期监测梅毒患者的 T 细胞亚群，在治疗前检测 T 细胞亚群，可及早掌握患者的免疫功能，改变治疗方案，诊断治疗时局。

PU-6489

## 2016-2018 年肠杆菌科细菌耐药性现状及趋势

李伟,潘宏伟,李勇,孙恩华  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 对 3 年来我院肠杆菌科细菌的耐药情况进行统计分析, 探寻耐药性变迁趋势, 为本地区临床合理用药及感染控制提供依据。

**方法** 回顾性研究山东大学齐鲁医院 2016-2018 年所分离的肠杆菌科细菌分布特点及药敏结果, 利用布鲁克 MALDI Biotyper 飞行时间质谱仪进行菌株鉴定, 采用 VITEK 2 Compact 进行药敏测试, 耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 的复核采用纸片扩散法, 排除重复菌株, 应用 WHONET 5.6 软件对药敏结果进行耐药率统计分析。

**结果** 2016-2018 年分别分离肠杆菌科细菌 1843 株、2008 株和 2214 株, 主要来源于尿液 (32%)、痰液 (27%)、分泌物 (11.2%) 和血液 (7.5%)。其中大肠埃希菌 2862 株 (47.19%)、肺炎克雷伯菌 1852 株 (30.54%)、阴沟肠杆菌 312 株 (5.14%)、奇异变形杆菌 263 株 (4.34%)。3 年间肠杆菌科细菌 ESBL 阳性率分别为 42%、45%和 47%, CRE 的发生率分别为 4.3%、4.5%和 5.4%, 其中 CRKPN 的发生率分别为 8.4%、8.9%和 9.3%, CRECO 的发生率分别为 1.1%、1.4%和 1.7%。

**结论** 肠杆菌科细菌 ESBL 阳性率和 CRE 发生率逐年上升, 耐药形势日益严峻。加强对肠杆菌科细菌耐药性变迁的检测, 对临床合理使用抗菌药物、延缓耐药趋势具有重要意义。

PU-6490

## 罗氏 cobas e 601 电化学发光分析仪检测 甲功五项的性能评价

白杰  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 对罗氏 cobas e 601 电化学发光分析仪检测甲功五项 (TSH, TT3, TT4, FT3, FT4), 在正式投入临床实验室运用前进行试剂性能评价。

**方法** 根据美国临床实验室标准化研究所 (CLSI) 系列文件和其他相关文献的实验方案, 对罗氏 cobas e 601 电化学发光分析仪测定 TSH, TT3, TT4, FT3, FT4 五个项目的精密度, 正确度, 线性, 携带污染及参考区间五大性能进行评价, 并与试剂厂商声称的性能进行比较。

**结果** 罗氏 cobas e 601 电化学发光分析仪检测 TSH, TT3, TT4, FT3, FT4 的批内精密度 (CV%) 分别为: 0.81%-1.15%, 0.79%-2.11%, 1.12%-1.25%, 1.67%-2.19%, 1.51%-2.13%; TSH, TT3, TT4, FT3, FT4 的室内精密度分别为: 1.37%-1.40%, 1.97%-2.82%, 1.32%-1.38%, 1.94%-2.44%, 2.41%-2.85%, 批内精密度和室内精密度均小于厂商声称的精密度 (CV%≤10%)。正确度验证, TSH、TT3、TT4、FT3、FT4 的平均偏移分别为: 1.53%、2.25%、2.39%、2.26%和 1.90%, 均≤1/2 TEa (TT4 的 TEa 为 20%, 其余四个项目的 TEa 为 25%), 验证通过。线性验证, TSH、TT3、TT4、FT3、FT4 验证的线性范围分别为: 0.015-93.240μIU/ml、0.300-8.860nmol/L、7.557-303.200nmol/L、2.360-46.190pmol/L、6.750-96.530pmol/L, 斜率 a 分别为: 0.995、1.005、0.997、1.027、0.978, 相关系数 r 分别为: 0.9989、0.9975、0.9999、0.9981、0.9963 参考区间验证, TSH、TT3、TT4、FT3、FT4 检测的 20 例样本均在厂商提供的各项目的参考区间内, 验证通过。

**结论** 罗氏 cobas e 601 电化学发光分析仪上配套的甲功五项试剂的精密度, 正确度, 线性及携带污染性率均达到实验室要求, 性能良好, 厂商提供的参考区间可直接运用于临床。

## PU-6491

**本院糖尿病感染患者病原菌分布及其耐药性分析**

唐璐,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 分析本院糖尿病患者合并感染时的病原菌分布及耐药情况,为临床糖尿病患者的感染预防和治疗提供理论依据

**方法** 采用回顾性调查方法,收集 2017 年 1 月-2018 年 12 月本院就诊糖尿病患者病例,统计糖尿病合并感染患者送检标本,送检标本采用 COMPACT 全自动微生物分析系统进行鉴定和药敏实验,补充药敏实验应用琼脂扩散法(改良 Kirby-Bauer),药敏数据用 WHONET 软件进行统计,采用 SPSS21.0 软件进行分析。

**结果** 2017 年 1 月-2018 年 12 月本院就诊糖尿病患者送检标本阳性率 38.37%;阳性标本以尿液标本为主占 47.27%,其次为痰液和血液标本,分别占 27.27%、10.00%,见表 1;分离的病原菌中革兰阴性菌占 65.76%,革兰阳性菌和真菌分别占 20.91%、13.33%,在革兰阴性菌中以大肠埃希菌最为常见,其次为肺炎克雷伯菌、流感嗜血杆菌等,见表 2;大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对常用抗菌药的耐药率较高,对三代头孢菌素头孢曲松的耐药率分别达到 56.25%、33.33%,见表 3。

**结论** 糖尿病患者发生感染机率较高,病原菌以革兰阴性菌为主,临床应加强对糖尿病患者的日常护理以降低感染率,使用抗菌药物时应结合病原菌培养及药敏结果。

## PU-6492

**两种 HIV 检测试剂盒检测结果一致性的比对研究**

戴学佳

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 本试验研究通过比较某公司新研发的人类免疫缺陷病毒抗原及抗体联合检测试剂盒(即:考核试剂)与 Roche Diagnostics GmbH 生产的人类免疫缺陷病毒抗体和抗原(p24)检测试剂盒(即:对比试剂)检测血清样本结果的一致性和评价考核试剂检测同源血清与血浆结果的一致性。

**方法** 严格按照试剂盒说明书要求,在 VITROS 3600 全自动免疫分析仪用考核试剂和在罗氏 cobas e 601 用对比试剂共检测了 165 例血清样本,其中包括阳性组 40 例,阴性组 110 例,干扰组 15 例。另外在 VITROS 3600 全自动免疫分析仪用考核试剂检测了 15 例的阳性同源血清与血浆样本,35 例的阴性同源血清与血浆样本。然后分别对两组实验的结果进行统计学分析。

**结果** 考核试剂与对比试剂检测同一份血清样本,包括干扰组样本,所得结果都是一致的;考核试剂检测同源血清与血浆样本的结果是一致的。

**结论** 考核试剂与对比试剂的结果高度一致,具有一定的临床适用性和有效性,可以为 HIV 的临床诊断提供一定的指导和帮助。

PU-6493

## 不同方法对肺炎链球菌 $\beta$ -内酰胺类药物敏感性的结果分析

王丹,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 用不同方法对肺炎链球菌  $\beta$ -内酰胺类药物敏感性进行检测,其中试验方法为仪器法,全自动微生物鉴定药敏分析仪对肺炎链球菌 GP68 卡的药敏检测;参比方法为 E-test 试验。探究其之间存在的差异并为临床治疗提供参考,具有一定的临床意义

**方法** 收集 2018 年 6 月-2019 年 5 月间,于成都医学院第一附属医院就诊患者的标本中的肺炎链球菌分离株 67 株,采用仪器法对 GP68 卡进行检测,药敏结果与 E-test 试验结果相比较。

**结果** 美国临床和实验室标准化协会(CLSI)推荐 1ug 苯唑西林纸片用于筛选青霉素敏感性。对于非脑膜炎分离株,苯唑西林抑菌圈直径 $\geq 20\text{mm}$  的青霉素可预测  $\beta$ -内酰胺类药物的敏感性,如阿莫西林、头孢曲松、厄他培南等。当苯唑西林抑菌圈直径 $\geq 20\text{mm}$  时,提示肺炎链球菌分离株对青霉素敏感;当苯唑西林抑菌圈直径 $\leq 19\text{mm}$  时,肺炎链球菌对青霉素不能判断其敏感性,结果便可能为耐药、中介或敏感,需要用 MIC 的方法对其进一步检测。检测结果见表 1 所示。以 E-test 方法为该试验的参比方法,对全自动微生物鉴定药敏分析仪药敏结果中的  $\beta$ -内酰胺类药物检测结果进行分析,结果见表 2 所示。按照 CLSI 标准,67 株肺炎链球菌中头孢曲松的标准符合率(CA)为 86.57%,非常重大错误(VME)为 0,重大错误(ME)为 0,微小错误(mE)为 13.43%;美罗培南的标准符合率(CA)为 29.85%,非常重大错误(VME)为 0,重大错误(ME)为 11.94%,微小错误(mE)为 58.21%;阿莫西林的标准符合率(CA)为 59.70%,非常重大错误(VME)为 0,重大错误(ME)为 26.87%,微小错误(mE)为 13.43%;厄他培南的标准符合率(CA)为 100%,非常重大错误(VME)为 0,重大错误(ME)为 0,微小错误(mE)为 0;头孢噻肟的标准符合率(CA)为 89.55%,非常重大错误(VME)为 0,重大错误(ME)为 0,微小错误(mE)为 10.45%,见表 3。

**结论** 仪器法所检测的药敏结果与手工法检测的结果存在差异,如青霉素、头孢曲松、美罗培南等  $\beta$ -内酰胺类药物有假耐药的現象。因此当遇到这种情况时,需采用其它的方法对其复核检测。

PU-6494

## 地中海贫血孕妇的甲状腺功能检测

周晓萍,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 地中海贫血的患者后期各脏器会发生功能紊乱,特别是内分泌腺的功能会发生紊乱。本研究旨在探究地中海贫血孕妇的血液分析、血红蛋白电泳、铁蛋白以及甲状腺功能相关检测指标的变化趋势,并探讨其变化原因及意义。

**方法** 选取 2017 年 9 月至 2019 年 5 月在成都医学院第一附属医院建档立卡的早期孕妇约 174 例,其中作为阴性对照的正常健康孕妇约 87 例。采集空腹静脉血约 3ml 并选用 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝,进行血液分析检测、血红蛋白电泳检测,采用 PCR+反向杂交法确诊地中海贫血;采集空腹静脉血约 4ml,注入添加了促凝剂的红头管中,检测该标本的促甲状腺激素(TSH)、游离三碘甲状腺原氨酸(FT3)、游离甲状腺激素(FT4),铁蛋白(Fer)。

**结果** 对照组的血红蛋白(Hb)、平均血红蛋白容积(MCV)、平均血红蛋白含量(MCH)、平均血红蛋白浓度(MCHC)检测结果均高于地中海贫血孕妇组( $P<0.05$ ),差异有统计学意义,见表 1;地中海贫血孕妇组的 FT3 和 FT4 低于对照组( $P<0.05$ );地中海贫血孕妇组的 TSH 高于对照组( $P<0.05$ );地中海贫血孕妇组的 Fer 高于对照组( $P<0.05$ ),差异有统计学意义,见表 2;

地中海贫血孕妇组的 A2 高于对照组 ( $P<0.05$ )；地中海贫血孕妇组的 A+F 低于对照组 ( $P<0.05$ )，差异有统计学意义，见表 3，图 2-1，图 2-2。

**结论** 综上所述，大范围筛检地中海贫血时可以采用 MCV+MCH+HbA2 的组合，灵敏度和特异度均较好。合理的动态监测地贫孕妇的甲状腺激素水平可以非常简便快捷的为胎儿的生长发育提供指导意见。

## PU-6495

### 标本储存时间对凝血四项的影响

普媛  
昆明医科大学

**目的** 探讨标本储存时间对凝血四项(PT,APTT,TT,FIB)检测结果的影响，为临床提供准确可靠的检测数据。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院门诊及住院患者共 10 例，将枸橼酸钠抗凝血浆标本放于室温 ( $20-25^{\circ}\text{C}$ )，分别在 0, 4,6h 进行凝血四项检测，用 SPSS 17.0 统计学软件进行统计学分析，计量资料以  $\bar{x}\pm s$  表示，比较采用 t 检验（配对 t 检验），若  $P < 0.05$  则差异显著，有统计学意义。以此来分析不同储存时间对各项检测结果的影响。

**结果** 在室温条件下 ( $20-25^{\circ}\text{C}$ )，保存 4h，APTT,PT,FIB,TT 结果未见明显异常，差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。保存 6h APTT 明显长于 0h，PT 明显短于 0h，差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )，FIB,TT 差异无明显统计学意义。

**结论** 标本于室温保存时间过长将会对凝血四项结果造成影响，为保证结果可靠性，APTT,PT 应在 4h 内检测为宜。

## PU-6496

### Novel serum peptide model revealed by MALDI-TOF-MS and its diagnostic value in early bladder cancer

Dapeng Ding<sup>1</sup>,Mingying Chen<sup>2</sup>,Xiaoguang Xiao<sup>1</sup>,Lin Lin<sup>1</sup>,Penglong Cao<sup>1</sup>,Shuang Liu<sup>1</sup>,Yang Liu<sup>1</sup>,Shijun Li<sup>1</sup>

1.Department of clinical laboratory, the First Affiliated Hospital of Dalian Medical University

2.College of Laboratory Medicine, Dalian Medical University

**Objective** Bladder cancer is the ninth most common cancer worldwide and has high morbidity and mortality. We aimed to search for potential serum peptide biomarkers and establish a diagnostic model for early bladder cancer.

**Methods** Sixty-seven bladder cancer patients and 64 healthy volunteers were randomly divided into a training set and testing set 1. Thirty hematuria patients were used as testing set 2. Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry based on weak cation exchange magnetic beads was used to obtain and analyze the serum peptide profiles between bladder cancer patients and healthy volunteers in the training set, and a serum peptide diagnostic model, through a k-nearest neighbor algorithm, was established and validated, and significantly differentially expressed protein biomarkers were ultimately identified.

**Results** We constructed a diagnostic model containing five peptides ( $m/z$  1954.9 Da,  $m/z$  2081.0 Da,  $m/z$  3938.3 Da,  $m/z$  3946.5 Da, and  $m/z$  4268.8 Da). In the training set, the AUC value of the five-peptide model was 0.923, and the sensitivity and specificity was 93.75% and 96.77%, respectively. In testing set 1, the sensitivity and specificity was 91.43% and 90.91%, respectively, and the specificity of testing set 2 was 73.33%. For early-stage bladder cancer, the sensitivity and specificity was 92.31% and 93.75%, respectively, the sensitivity of early low-grade bladder cancer

was 90.00%, and the AUC value was 0.944. The AUC value of serum CEA in the diagnosis of early bladder cancer was 0.593. Two of the five peptides were identified as fragments of AHSG and serotransferrin, and elevated serum levels of the two proteins in bladder cancer patients were verified by ELISA.

**Conclusions** Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry technology was able to conduct peptide analysis in complex serum samples. The five-peptide diagnostic model established in this study had high sensitivity and specificity, especially in the diagnosis of early bladder cancer, and could differentiate between healthy volunteers and hematuria patients.

## PU-6497

### 泌尿系统感染耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌的危险因素及转归的回顾性分析

邓星

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 探讨泌尿系统感染耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌(carbapenem-resistant Enterobacteraaceae, CRE)的危险因素及转归。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院 2018 年 1 月到 2018 年 12 月泌尿系统感染耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌患者 110 例作为观察组, 同期临床分离出泌尿系统感染碳青霉烯类抗生素敏感的肠杆菌科患者为对照组, 分别查阅两组患者的病历资料, 对收集的两组资料进行单因素和多因素分析及转归分析, 研究临床工作中可能诱发患者泌尿系统感染 CRE 的危险因素及转归。

**结果** 110 株耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌中包括: 肺炎克雷伯菌 71 株 (64.54%)、大肠埃希菌 20 株 (18.18%)、阴沟肠杆菌 13 株 (11.82%)、弗氏柠檬酸杆菌 3 株 (2.73%)、产酸克雷伯菌 3 株 (2.73%)。单因素分析中泌尿系统感染 CRE 患者的部分侵入性操作包括气管插管、动静脉导管、胃管、手术引流、机械通气、气管切开、有创镜检等与对照组比较有统计学差异 ( $P<0.05$ ), 此外, 患者患有的部分基础疾病包括肺部疾病、MODS、颅脑疾病、瘫痪、肾脏疾病等以及感染前抗菌药物、激素和免疫抑制剂的使用与对照组比较有统计学差异 ( $P<0.05$ )。将以上有统计学差异的因素进行多因素分析后显示泌尿系统感染 CRE 的独立危险因素包括气管插管、机械通气、感染前碳青霉烯类抗菌药物使用等。将两组中自动出院的患者排除后做转归分析,  $P<0.05$ , 差异有统计学意义, 观察组死亡率大于对照组。

**结论** 泌尿系统感染 CRE 患者的独立危险因素包括气管插管、机械通气、感染前碳青霉烯类抗菌药物使用。并且感染 CRE 后患者死亡率明显升高, 所以针对有这些医疗操作、有碳青霉烯类抗菌药物使用史的泌尿系统感染患者应加强 CRE 的筛查力度。

## PU-6498

### 肺癌患者的凝血功能六项和 TEG 之间的相关性研究

王建

成都医学院第一附属医院 (原: 中国人民解放军第四十七医院), 610000

**目的** 分析肺癌患者的凝血功能六项和 TEG (血栓弹力图) 各检测指标之间的相关性

**方法** 选择成都医学院第一附属医院 2018 年 4 月至 2019 年 4 月一年时间内同时检测了凝血功能六项和 TEG 的 61 例肺癌患者为研究对象, 通过 SPSS21.0 软件进行凝血功能六项指标与 TEG 参数相关分析。

**结果** 肺癌患者体内的 R 值与 APTT 呈正相关, 与 DD 呈负相关 ( $P<0.05$ ), 其相关系数 (r) 分别为 0.39、-0.477; K 值与 FIB、PLT 呈负相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数分别为 -0.387、-0.287; Angle 与 FIB、PLT 呈正相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数分别为 0.326、0.320; MA 与 FIB、PLT 呈正相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 0.583、0.562; CI 与 FIB、PLT 呈正相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 0.332、0.417; G 与 PT、FIB 呈正相关 ( $P<0.05$ ), 其相关系数 (r) 分别为 0.317、0.575; EPL 与 DD 呈负相关 ( $P<0.05$ ), 相关系数为 -0.257。

**结论** 肺癌患者的凝血功能六项与血栓弹力图 (TEG) 各检测指标间存在有明显的相关性, 但是从整体来看两个试验的吻合度一般, 指标间的相关程度一般, 不能互相替代, 提示检测凝血功能六项和血栓弹力图可以及时为临床医生评估肺癌患者体内的凝血状况提供实验室依据。

## PU-6499

### 基于拉曼光谱 PCT 快速检测方法的构建

黄德智, 应昊俊, 蒲晓允

陆军军医大学 (第三军医大学) 第二附属医院

**目的** 本课题组拟建立一种简便、经济、快速、定量的拉曼光谱检测方法检测血清中的 PCT。

**方法** 利用双抗体夹心法原理, 以纳米金颗粒作为标记示踪物, 在其表面标记 PCT 检测抗体和 4-巯基苯甲酸 (4-Mercaptobenzoic acid, 4-MBA), 运用免疫层析技术建立 PCT 免疫检测方法, 并对该方法进行了线性、灵敏度、精密度、特异性、相关性等性能指标的测定。

**结果** 血清用量 80 $\mu$ L, 15min 左右反应完成, 通过拉曼光谱仪检测 T 线的特异光谱的值, 通过该值在标准曲线上得到相应的浓度值。

**结论** 本研究建立了 PCT 拉曼光谱快速检测方法, 该方法简便、经济、快速、定量, 可用于临床血清 PCT 浓度的检测。

## PU-6500

### 类风湿关节炎患者相关抗体实验结果分析

苏杨

昆明医科大学

**目的** 分析类风湿关节炎患者相关抗体的实验室结果, 以获取类风湿关节炎患者相关抗体的临床实验室特征, 为临床提供类风湿关节炎更快捷、有效、可靠以及经济的实验室诊断方案。

**方法** 收集类风湿关节炎 (rheumatoid arthritis, RA) 患者以及同期健康体检者的血清样本, 分为 RA 组和健康对照组, 分别检测两组人群的抗环瓜氨酸肽 (Cyclic Citrullinated Peptide, CCP) 抗体、抗角蛋白抗体 (Anti-Keratin Antibody, AKA)、抗核周因子 (Anti-Perinuclear Factor, APF) 抗体、类风湿因子 IgM 亚型 (IgM Rheumatoid Factor)。通过统计学方法分析两组之间上述四种抗体的检测结果, 得出结论。

**结果** RA 组较健康对照组的抗 CCP 抗体、抗 AKA 抗体、抗 APF 抗体、类风湿因子 (IgM 亚型) 的阳性率高, 健康对照组四种抗体检测结果均为阴性,  $P<0.05$  说明两组之间上述四种抗体的阳性率差异有统计学意义。

**结论** 检测抗 CCP 抗体、抗 AKA 抗体、抗 APF 抗体、类风湿因子 (IgM 亚型) 弥补了类风湿因子对 RA 诊断的不足。对于类风湿因子阴性的 RA 患者, 同时联合检测抗 CCP 抗体、抗 AKA 抗体、抗 APF 抗体, 抗体检测结果呈阳性可联合临床症状及影像学改变辅助诊断 RA。



## PU-6501

## 糖尿病肾病患者血清 Hcy 和 Cys C 水平的相关性分析 及其诊断价值分析

黄飞,许颖

成都医学院第一附属医院(原:中国人民解放军第四十七医院),610000

**目的** 糖尿病肾病(Diabetic nephropathy, DN)是糖尿病最为常见和严重的微血管并发症之一,最终导致终末期肾脏病(End-stage renal disease, ESRD)。近年以来,伴随着糖尿病的高发,糖尿病肾病的发病率也在进一步的增加。糖尿病肾病已经成为了 1 型糖尿病死亡最为主要的因素,而在 2 型糖尿病中死亡率也仅次于其他的大血管并发症。目前糖尿病肾病的诊断和监测主要依靠尿微量白蛋白(Urinary microalbumin, U-mAlb),但越来越多的证据显示单纯依靠尿微量白蛋白存在许多不足,例如有些患者肾小球滤过率(Glomerular filtration rate, GFR)不断下降但是其尿微量白蛋白却依然正常,而且有些早期糖尿病肾病患者尿微量白蛋白也未见异常。这对于临床的诊断和治疗造成了不小的困难。因此,我们需要寻找或发现能够替代或联合尿微量白蛋白的标志物,以此来早期诊断和监测糖尿病肾病。本研究通过对过往数据的回顾性分析,旨在找到更优的糖尿病肾病早期诊断指标,以提早进行人为干预,防止糖尿病患者出现进一步的肾脏病变

**方法** 回顾性分析 2018 年 4 月 6 日至 2019 年 4 月 5 日期间,于成都医学院第一附属医院就诊且同时检测 Hcy 和 Cys C 的 47109 例患者的临床资料。同时收集其肝功、肾功等项目检查结果。并排除低蛋白血症、原发性肾小球肾炎、心功能不全等病人。根据 Hcy 和 Cys C 将患者分为单纯 Hcy 升高组、单纯 Cys C 升高组、Hcy 和 Cys C 均升高组和健康对照组。对比分析糖尿病患者 Cys C 与 Hcy 之间的关系

**结果** Hcy 和 Cys C 均升高组的值均高于单纯 Hcy 升高组和单纯 Cys C 升高组,且差异具有统计学意义,同时,相关性分析显示,两者相关性较好。

**结论** Hcy 和 Cys C 的相关性良好,并且联合检测 Hcy 和 Cys C 对于提高糖尿病肾病诊断的准确性具有重要作用

## PU-6502

## feng540 例阴道分泌物常规镜检联合阴道 五联检检测结果分析

冯玉婷

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过 540 例阴道分泌物常规镜检联合阴道五联检检测结果的分析,来讨论两种方法的技术优势及不足之处,提高临床医生及检验工作者对两种方法的进一步认识及重视。

**方法** 通过收集昆明医科大学第二附属医院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月 540 例妇科门诊患者的阴道分泌物标本采用回顾性分析的方法将常规镜检与阴道五联检技术检测的结果进行分析。(为排除人为判断差异,选取由同一名经验丰富的检验科医生检测的标本。)

**结果** 阴道五联检技术对细菌性阴道炎的阳性检出率为 70.0%,常规镜检对细菌性阴道炎的阳性检出率为 58.7%,经过卡方检验,  $P < 0.05$ , 差异有统计学意义。②阴道五联检技术对白细胞的阳性检出率为 67.0%,常规镜检对白细胞的检出率阳性率为 55.2%,经卡方检验,  $P < 0.05$ , 差异有统计学意义。

**结论** ①阴道五联检技术对细菌性阴道炎和白细胞较常规镜检具有更高的阳性检出率。②阴道五联检能够快速判断患者的阴道微生态是否失衡,且操作简单,不需要特殊仪器,是一项值得推广的

妇科诊断技术。③常规镜检对细菌性阴道炎及白细胞的阳性检出率低于五联检技术，但其在真菌性及滴虫性阴道炎的检测方面有更高的优势。

## PU-6503

### 携带 blaKPC 肠杆菌科细菌对头孢他啶/阿维巴坦耐药相关性研究

周琴,许颖

成都医学院第一附属医院（原：中国人民解放军第四十七医院）,610000

**目的** 探究携带 blaKPC 肠杆菌科细菌对头孢他啶/阿维巴坦耐药相关性。

**方法** 复苏本院保存的部分 2015 年至今的 20 株通过改良 Hodge 实验从临床分离的耐碳青霉烯类抗生素菌株，即 CRE 菌株。选取头孢他啶/阿维巴坦复合物对筛选出的 CRE 菌做 K-B 法药敏实验。进一步采用聚合酶链式反应（PCR）检测 20 株 CRE 的碳青霉烯酶基因型的表达情况

**结果** 改良 Hodge 实验结果见图 1，K-B 法药敏实验结果见图 2。在 20 株菌株中，有 9 株对头孢他啶/阿维巴坦耐药，耐药率为 45%，经 PCR 检测，在 20 株中有 11 株产 KPC 酶，9 株对头孢他啶/阿维巴坦复合物耐药的 CRE 菌仅只有 2 株产 KPC 酶。结果用 excel 表格统计整理见表 1。

**结论** 在本次研究中，在 9 株对头孢他啶/阿维巴坦复合物耐药的 CRE 阳性菌中有 2 株产 KPC 酶（阳性率为 22%），携带 blaKPC 肠杆菌科细菌对头孢他啶/阿维巴坦的耐药的相关性具有统计学意义  $P < 0.05 (x^2 > x^2_{3.84, 1} = 4.8, \text{即 } P < 0.05)$ 。建议进行更为深入的基因位点研究，明确其作用机制，以为临床的治疗提供更加准确的指导意见。

## PU-6504

### GeneXpert MTB/RIF 技术在结核病诊断中的应用价值

钟敏,张梦婷,喻华

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨 GeneXpert MTB/RIF 技术在肺结核诊断及利福平耐药检测中意义

**方法** 回顾性分析四川省人民医院 2017 年 12 月至 2018 年 3 月同时做过抗酸染色涂片镜检、分枝杆菌培养鉴定、GeneXpert MTB/RIF 检测的 838 例标本，统计三种检测方法的检测结果、标本类型及科室分布，以结核的确诊为对照标准，对其进行比较和分析。

**结果** 抗酸染色涂片、分枝杆菌培养鉴定、GeneXpert MTB/RIF 检测阳性率分别为 11.4%、65.8%、89.9%，三种方法联合检测，阳性率为 91.1%，不同标本阳性检出率分别为痰液 6.6%、支气管灌洗液 12.8%、胸腹水 6.3%、脑脊液 5.4%。

**结论** GeneXpert MTB/RIF 检测技术，在三种方法中检出率最高，用时最短，可用于结核分枝杆菌的快速诊断，有较高的临床应用价值，值得推广。

## PU-6505

## 血清 RF、抗 CCP 抗体、LDL、CRP 和 ESR 在类风湿关节炎 (RA) 中的诊断价值研究

刘倩,许颖

成都医学院第一附属医院 (原: 中国人民解放军第四十七医院), 610000

**目的** 类风湿关节炎 (RA) 是一种慢性疾病, 其病程长, 早期症状不典型, 患者的就诊率较低, 准确及时地对类风湿关节炎进行诊断将为患者后续的治疗带来极大好处。本研究旨在分析血清 RF、抗 CCP 抗体、LDL、CRP、ESR 这几种血清学指标单独检测及联合检测在 RA 早期诊断的价值。

**方法** 收集类风湿关节炎患者 40 例, 对照组 40 例。分别对患者及对照组的类风湿因子 (RF)、抗环瓜氨酸多肽 (抗 CCP 抗体)、低密度脂蛋白 (LDL)、C 反应蛋白 (CRP) 以及红细胞沉降率 (ESR) 的血清学水平进行测定, 分析两组差异, 对 RA 与这五项血清学指标的关系进行相关分析, 并对这五项血清学指标单独检测及联合检测对 RA 的诊断价值进行分析。

**结果** 在类风湿关节炎患者中, 血清 RF、抗 CCP 抗体、LDL、CRP、ESR 的水平均高于对照组, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。除 LDL 外, 其余四项指标的血清学水平均为异常升高, LDL 虽有升高, 但仍在正常范围内, 见表 1。RA 与血清 RF、抗 CCP 抗体、CRP 以及 ESR 均有明显正相关关系, 与 LDL 关系不大, 相关性分析结果的相关系数较小, 见表 2。诊断效能分析显示: 联合检测这五项指标可提高 RA 早期诊断的灵敏度和准确度, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 特异度不具有统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 见表 3。

**结论** 联合检测血清 RF、抗 CCP 抗体、LDL、CRP、ESR 可以提高 RA 早期诊断的灵敏度和准确度, 减少误诊和漏诊, 并为临床诊治 RA 提供理论依据。

## PU-6506

## 老年人人体内维生素 D 数据分析

唐米赢

昆明医科大学

**目的** 希望通过检测 513 例老年人人体内维生素 D 的含量, 分析不同性别组的组间水平差异以及不同年龄段组的组间水平差异和同一年龄段内不同性别组的组间水平差异, 从而为指导老年维生素 D 管理提供参考依据。

**方法** 采用 SPSS Statistics 17.0 软件分析。收集来自昆明医科大学第二附属医院 60 岁以上老人的血清标本 (排除炎症、肿瘤、甲状腺疾病、心血管疾病等)。样本数据属非正态分布, 可采用完全随机设计两样本资料的秩和检验来分析不同性别组组间水平差异以及不同年龄组 (60-69 岁, 70-79 岁, 80 岁及 80 岁以上) 组间水平差异和同一年龄段内不同性别组的组间水平差异。

**结果** 265 例男性组的维生素 D 水平高于 248 例女性组, 两组间存在统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 差异有统计学意义。60-69 岁组组内男性组的维生素 D 水平高于女性组, 且差异存在统计学意义; 70-79 岁组组内男性组的维生素 D 水平高于女性组, 且差异存在统计学意义; 大于等于 80 岁组男性组的维生素 D 水平高于女性组, 两组间无统计学差异; 不同年龄组 (203 例 60-69 岁组, 197 例 70-79 岁组, 113 例 80 岁以及 80 岁以上组), 60-69 岁组的维生素 D 水平高于 70-79 岁组, 两组间存在统计学差异 ( $P < 0.05$ ) 差异有统计学意义; 60-69 岁组的维生素 D 水平高于 80 岁以及 80 岁以上组, 两组间存在统计学差异 ( $P < 0.05$ ), 差异有统计学意义; 70-79 岁组维生素 D 水平高于 80 岁以及 80 岁以上组, 两组间无统计学差异。

**结论** 男性组维生素 D 的水平高于女性组。60-69 岁组, 70-79 岁组内男性组维生素 D 水平高于女性组; 大于等于 80 岁组组内维生素 D 水平无差别; 不同年龄组间, 60-69 岁组维生素 D 的水平高

于 70-79 岁组和 80 岁以及 80 岁以上组；70-79 岁组维生素 D 的水平与 80 岁以及 80 岁以上组维生素 D 水平无差别。

## PU-6507

### 血清腺苷脱氨酶检测在多发性骨髓瘤中的临床意义

钱晗,许颖

成都医学院第一附属医院（原：中国人民解放军第四十七医院）,610000

**目的** 讨论血清腺苷脱氨酶(ADA)在多发性骨髓瘤(MM)中的变化及临床意义。

**方法** 收集成都医学院第一附属医院 2018 年 4 月至 2019 年 4 月 35 例多发性骨髓瘤患者(MM 组)进行自身治疗前后比较和 30 例健康体检者(对照组),采用速率法检测血清腺苷脱氨酶(ADA),谷草转氨酶(AST)、谷丙转氨酶(ALT)水平。检测正常健康对照组与 MM 组血清 ADA 水平,比较 MM 治疗前后 ADA 水平变化,

**结果** MM 组患者 ADA 水平[25.56 (4.6, 46.52) U/L]显著高于健康对照组[9.43 (5.62, 13.24) U/L],差异有统计学意义( $P<0.001$ ),见表 1; MM 组治疗后 ADA 水平[10.56 (4.39, 16.73) U/L]显著低于 AML 治疗前[25.56 (4.6, 46.52) U/L],差异有统计学意义( $P<0.001$ ),见表 2。比较 MM 患者与健康对照组 AST、ALT 水平差异无统计学意义( $P>0.05$ ),见表 3。

**结论** ADA 检测可以作为 MM 患者的一项常规辅助检查,为临床 MM 患者提供疗效监测作用。

## PU-6508

### 乙型肝炎肝硬化患者 HBeAg 阴阳组病毒载量及肝功能指标的相关研究

高家卉

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 目前我国乙肝病毒感染所致肝硬化患者居多。本研究通过对比分析乙型肝炎 HBeAg 阳性和阴性肝硬化患者病毒 DNA 载量与肝功能指标的变化,以及抗病毒药物治疗前后肝功能指标的差异,为临床诊断、指导用药及病情监测提供帮助。

**方法** 采用回顾性分析方法,收集 2018 年 9 月-2019 年 3 月乙型肝炎肝硬化患者 97 例,分析 HBeAg 阳性(30 例)和 HBeAg 阴性(67 例)乙型肝炎肝硬化患者的乙肝五项、HBV-DNA、肝功能指标(ALT、AST、球蛋白、白球比)的相关性,不同 HBV DNA 载量的构成比,及用药前后肝功能指标的变化。

**结果** HBeAg 阳性组与 HBeAg 阴性组 HBV DNA、球蛋白、白球比、ALT 的比较,差异无统计学意义( $P>0.05$ )。HBeAg 阳性组与 HBeAg 阴性组两组间 HBV DNA 水平的构成比差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。抗乙肝病毒药物用药前后球蛋白、白球比、ALT、AST 比较,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 乙型肝炎肝硬化患者体内的 HBeAg 的升高或降低与病毒的复制具有一定的相关性; HBeAg 升高,HBV DNA 病毒复制水平也随之升高,两者呈正相关性。然而 HBeAg 降低,肝硬化患者肝功能的损害可能加重,因此仍需进一步抗病毒治疗。临床使用恩替卡韦与替诺福韦抗乙型肝炎肝硬化病毒药物,对球蛋白具有显著影响,能够有效增强机体抗病毒作用。

## PU-6509

## 四项生化指标检测对病毒性肝硬化的诊断价值

耿谔  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 探讨四项生化指标检测对病毒性肝硬化的诊断价值。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院 2018-11 到 2019-01 以确诊为病毒性肝硬化的患者 60 例为观察组一，同选取在相同时间内到昆明医科大学第二附属医院进行健康体检者 60 例作为对照组，回顾性的分析病毒性肝硬化的患者的四项生化指标数值的变化情况，并进行分析比较。观察两组四项生化指标{总胆汁酸（TBA）、胆碱酯酶（CHE）、碱性磷酸酶 ALP、 $\gamma$ -谷氨酰基转移酶（GGT）}与对照组比较，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结果** 与对照组比较，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。病毒性肝硬化组四项生化 ALP、CHE、GGT、TBA 的分别为：（ $194.50\pm30.23$ ）U/L、（ $2316.35\pm400.01$ ）U/L、（ $173.64\pm30.02$ ）、（ $63.68\pm47.49$ ） $\mu\text{mol/L}$ ；对照组分别为（ $68.59\pm22.36$ ）U/L、（ $7903.27\pm1596.33$ ）U/L、（ $20.81\pm7.05$ ）U/L、（ $11.12\pm2.51$ ） $\mu\text{mol/L}$ ；病毒性肝硬化组 ALP、CHE、GGT、TBA 的阳性率分别为：82.53%（52/63）、95.23%（60/63）、93.65%（59/63）、96.82%（61/63）；健康人群组的阳性率分别为：6.34%（4/63）、17.46%（11/63）、29.07%（18/63）、11.03%（7/63）。

**结论** 具有一定提示作用，在确定肝脏代谢异常、肝功能以及肝细胞损伤等与对照组比较，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。四项生化指标检测在病毒性肝硬化疾病诊断中方面作用较为显著，有一定的临床推广使用价值。

## PU-6510

## 500 株尿路感染病原菌分布及耐药情况分析

郑远明,周杰  
大连市友谊医院,116000

**目的** 了解大连市友谊医院患者 2017 年尿路感染病原菌分布以及对抗菌药物的耐药性特点，以便为临床可靠诊断和合理使用抗生素提供依据。

**方法** 按照《全国临床检验操作规程》要求操作，对我院 2017 年 1 月至 12 月尿液标本分离的 500 株尿路感染病原菌进行细菌鉴定以及药敏实验，并对其耐药情况进行监测。用 CLSI 推荐的方法检测超广谱  $\beta$ -内酰胺酶(ESBLs)。

**结果** 在分离出的 500 株病原菌中革兰阴性菌占 84.2%，革兰阳性菌占 15.8%。排名前两位的革兰氏阴性杆菌是大肠埃希菌和肺炎克雷伯氏菌，分别占 40.4%和 13.4%。排名前两位的革兰氏阳性球菌是屎肠球菌和粪肠球菌，分别占 9.60%和 6.20%。尿路感染的科室以泌尿外科最多，其次为老年病科、肾内科、重症医学科。大肠埃希菌和肺炎克雷伯氏菌的 ESBLs 的发生率分别为 72.3%和 38.8%。革兰阴性杆菌对亚胺培南、阿米卡星、替加环素、呋喃妥因和哌拉西林/他唑巴坦的耐药率较低。仅检出屎肠球菌对万古霉素的耐药率约 4.17%。

**结论** 我院的尿路感染病原菌以革兰阴性肠杆菌为主。革兰阴性肠杆菌和革兰阳性肠球菌对抗菌药物耐药率较高，应根据药敏结果选择敏感性高的抗菌药物。

## PU-6511

## 同型半胱氨酸与糖尿病肾病的关系研究

何振云  
昆明医科大学

**目的** 探讨同型半胱氨酸在糖尿病肾病疾病发生发展中的关系，同型半胱氨酸水平与糖尿病肾病病患者内生肌酐清除率是否存在相关性。

**方法** 收集 2017 年 11 月至 2019 年 4 月昆明医科大学第二附属医院的住院 T2DM 患者共 170 例，其中有 65 例 DN 患者。收集其性别、年龄、体重等信息和血清同型半胱氨酸、血清肌酐、微量尿蛋白等试验结果，并分为 5 组。使用 SPSS 软件对已收集数据进行相关统计学分析。

**结果** 采用了 Kruskal-Wallis H 秩和检验，检验结果显示各个分组血清 Hcy 水平存在显著性差异；采用了 spearson 相关性检验，检验结果显示血清 Hcy 水平与 Ccr 两者存在相关性，且呈负相关。

**结论** 患者体内 Hcy 水平会随着 DN 的发展而上升，于Ⅱ期达到最高水平，Ⅲ、Ⅳ期 Hcy 水平有所降低，但仍高于单纯糖尿病 Hcy 水平。糖尿病肾病患者体内血清 Hcy 水平与 Ccr 之间存在负相关。高水平的 Hcy 可作为 DN 病程发展的一个独立危险因素，可能对临床及早发现与监测 DN 的发生发展有一定帮助。

## PU-6512

## 2016 年院内感染主要革兰氏阴性杆菌分布及耐药分析

郑远明,周杰  
大连市友谊医院,116000

**目的** 通过调查和监测一年内大连市友谊医院细菌感染的临床主要阴性菌分布情况及耐药变化，为临床更加合理的使用抗生素提供依据。

**方法** 对从大连市友谊医院 2016 年 1 月至 2017 年 1 月住院感染患者中分离的主要阴性菌采用 K-B 纸片扩散法检测其对抗菌药物的敏感性，利用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 筛选出临床主要四种致病菌，分别为大肠埃希菌（ECO），肺炎克雷伯菌（KPN），铜绿假单胞菌（PAE），鲍曼不动杆菌（ABA）。临床检出细菌的标本主要来源为痰液和尿液，约占 79.8%。在一年内的 1710 例检出标本中，感染菌分布最广的科室为老年病区，占 25.3%；其次是重症监护室，占 20%；普外科占 10.3%；泌尿外科占 10.1%。ABA 对每种药物的耐药性均较高，其中对哌拉西林的耐药率高达 78.9%，最低的为米诺环素，为 16.5%；其次为 KPN，PAE 对于每种抗生素的耐药性均保持稳定水平，并没有 KPN 显著；ECO 对于每种抗生素的耐药性各不相同。对 ECO 和 KPN，ABA 和 PAE 的抗生素耐药率进行卡方检验，均存在显著性差异（ $P<0.05$ ）。

**结论** 临床常见的四种感染菌株是院内感染的重要因素，应加强对常见易感阴性菌的监测和管理，合理使用抗菌药物，减少耐药的发生。

## PU-6513

## 肠道菌群与肝硬化的关系

姜兆雨  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过实验研究以及统计学的方法，研究肝硬化患者体内肠道菌群中球菌与杆菌的数量比例变化，分析患者肠道菌群失衡与肝硬化的关系。

**方法** 通过对 45 例肝硬化患者和 45 例健康人群粪便标本进行细菌推片染色观察,以肠道菌群中的球菌与杆菌的比例变化,表示患者是否存在肠道菌群失衡。

**结果** (1) 健康患者的肠道菌群的球菌与杆菌之间的比例一般为 1:(3-10)。(2) 肝硬化患者的肠道菌群的球菌与杆菌的比例明显超出 1:(3-10)的范围。(3) 肝硬化患者的肠道菌群情况与健康人群肠道菌群情况之间存在差异明显( $P < 0.05$ ),观察组的患者的肠道菌群存在明显的失衡现象。

**结论** 肝硬化患者存在菌群失衡的现象,证明肠道菌群失衡与肝硬化之间存在相关性,患者体内肠道菌群的球菌与杆菌比例超出正常范围,球菌数量增加。患者体内菌群失衡可能是影响肝硬化进一步发生发展的一个重要因素。

## PU-6514

### hs-CRP, Hcy 和 CysC 联合检测在 2 型糖尿病肾病早期的诊断意义

郑远明,周杰  
大连市友谊医院,116000

**目的** 探讨联合检测血清中超敏 C 反应蛋白、同型半胱氨酸与胱抑素 C 对于 2 型糖尿病肾病患者早期的诊断意义。

**方法** 病例对照研究。选取 2014 年 7 月至 2016 年 11 月在大连市友谊医院就诊的 2 型糖尿病患者 267 例作为研究对象,男 140 名,女 127 名,平均年龄( $56.8 \pm 9.6$ )岁。100 名同期健康体检者为正常对照组,其中男女各 50 例,平均( $56.3 \pm 11.4$ )岁。用全自动生化分析仪检测 24h 尿蛋白、超敏 C 反应蛋白、同型半胱氨酸和胱抑素 C,对检测结果应用 SPSS19.0 统计软件进行相关统计分析。

**结果** 糖尿病肾病患者血清中超敏 C 反应蛋白、同型半胱氨酸与胱抑素 C 含量明显高于对照组( $P < 0.01$ ),其 ROC 曲线下的面积分别为 0.82、0.607 和 0.762,其 cut-off 值分别为 1.985mg/L,9.97umol/L 和 1.135mg/L 时,诊断比值比分别为 16.43、1.95 和 13.05。三项指标联合分析,其预测概率的 ROC 曲线下的面积与诊断比值比都较高,分别为 0.878 和 16.36。

**结论** 超敏 C 反应蛋白、同型半胱氨酸与胱抑素 C 在 2 型糖尿病肾病早期明显升高,其联合检测在 2 型糖尿病肾病早期诊断中具有重要意义。

## PU-6515

### ICU 科室鲍曼不动杆菌的来源分布及耐药性分析

郑远明  
大连市友谊医院,116000

**目的** 了解鲍曼不动杆菌的临床检出情况及常用抗菌药物的抵抗情况,为临床合理用药提供依据。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 12 月大连市友谊医院送检细菌培养并分离出鲍曼不动杆菌的的各类样本,统计鲍曼不动杆菌标本的临床分布,并分析 ICU 科室鲍曼不动杆菌的来源及耐药性。

**结果** 鲍曼不动杆菌最易侵袭感染 ICU 科室的病人,标本来源以痰液最多。鲍曼不动杆菌对米诺环素耐药率最低(为 23.5%),对替卡西林/克拉维酸的耐药率最高(为 94.0%),而对其他抗菌性药物耐药率大多在 85%以上。

**结论** 鲍曼不动杆菌容易侵袭感染 ICU 科室的患者,并定植于呼吸道。它对替卡西林/克拉维酸耐药严重,对米诺环素敏感,但根据大连市友谊医院抗菌素的临床应用情况,头孢哌酮/舒巴坦是治疗鲍曼不动杆菌的首选药物。

PU-6516

## 650002016-2018 年昆明某三甲医院呼吸道病原体九联检结果分析

康可馨

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过分析某三甲医院 2016 年至 2018 年共 4534 例呼吸道感染患者血清，九种病原体 IgM 抗体检测情况，了解该地区呼吸道感染病原体流行病学情况。

**方法** 采用间接免疫荧光法分别检测 4534 例呼吸道感染患者血清中嗜肺军团菌(LP)、肺炎支原体(MP)、Q 热立克次体(COX)、肺炎衣原体(CP)、呼吸道合胞病毒(RSV)、腺病毒(ADV)、甲型流感病毒(IFA)、乙型流感病毒(IFB)、副流感病毒(PIVS)9 项病原体 IgM 抗体，分析各种病原体的感染率及不同年龄的感染情况。

**结果** 4534 例患者血清中单项病原体检出率最高的为 MP，检出率为 53.0%，其次是 IFB 为 30.3%，PIVS 为 24.3%，ADV 为 2.8%，IFA 为 0.4%，RSV 为 4.3%，COX 为 0.17%，CP 为 0.08%，LP 为 0.06%，两项病原体混合感染检出率为 24.8%，三项病原体联合检出率为 0.15%。其中，除肺炎支原体抗体在三年和任何季节均处于较高检出率外，其他八项病原体三年分布高峰不同。

**结论** 呼吸道病原体抗体九项联检用于呼吸道感染早期诊断具有非常高的临床意义，此方法也可用于呼吸道病原学流行病学调查。应针对不同的病原体和不同的人群及早预防，做到早发现、早诊断、早治疗。

PU-6517

## PCT、hs-CRP、D-D 联合检测在老年肺部感染者诊治中的应用价值

叶升红

昆明医科大学

**目的** 探讨降钙素原(PCT)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)、D-二聚体(D-D)联合检测的临床意义，判断其在老年肺部感染患者诊断中的价值，指导临床对老年人群肺部感染的诊断、治疗和预后判断。

**方法** 选择昆明医科大学第二附属医院 2018 年 12 月到 2019 年 4 月收治的老年肺部感染患者为研究对象，进行回顾性分析，选择 110 例老年肺部感染者作为观察组；选择同时期本院 110 例老年非肺部感染者做对照组，记录两组研究对象在住院期间 PCT、hs-CRP、D-D 的检测结果，在分析过程中采用了秩和检验、卡方检验等统计学方法。

**结果** 观察组的 PCT、hs-CRP、D-D 检测值均高于对照组，差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )。PCT、hs-CRP、D-D 三个指标联合检测的临床价值和意义是最高的，其灵敏度为 96.36%，特异度为 77.27%，约登指数为 0.736，阳性预测值为 80.92%，阴性预测值为 95.51%。

**结论** PCT、hs-CRP、D-D 的联合检测与老年肺部感染患者的病情有着密切联系，三个指标在老年肺部感染中阳性率较高，其联合检测在肺部感染的诊治等过程中有着较高的应用价值，对老年肺部感染患者有更好的指导意义。



## PU-6518

## 鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌临床分布及耐药性变化

郑远明

大连市友谊医院,116000

**目的** 通过调查近一年大连市友谊医院不动杆菌和铜绿假单胞菌感染的分布情况及其耐药性变迁,为临床更加合理的运用抗生素和抗菌药物提供研究依据。

**方法** 对大连市友谊医院 2018 年 1 月至 2019 年 1 月住院患者中分离的不动杆菌和铜绿假单胞菌采用 K-B 纸片扩散法和 MIC 法检测其对抗菌药物的敏感性,利用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌的主要标本均来源于痰标本,各占 85.61%和 67.74%,且均主要分布在重症病区(各占 62.12%和 25.81%)和老年病区(各占 12.12%和 30.88%)。药敏结果显示鲍曼不动杆菌对阿莫西林-克拉维酸、头孢他啶、头孢曲松、头孢吡肟、环丙沙星、亚胺培南、哌拉西林-他唑巴坦、庆大霉素、美洛培南、左旋氧氟沙星、复方新诺明的耐药率很高,超过 60%,对头孢哌酮-舒巴坦、阿米卡星、米诺环素的耐药率较低,低于 50%;铜绿假单胞菌对亚胺培南、美洛培南的耐药率较高,高于 30%,对哌拉西林-他唑巴坦、妥布霉素、头孢吡肟、阿米卡星的耐药率较低,低于 20%。

**结论** 鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌是细菌感染中重要的致病菌,应加强对这两种菌感染的管理,合理使用抗菌药物,减少耐药的发生。

## PU-6519

## 金黄色葡萄球菌临床分布及耐药分析

郑远明

大连市友谊医院,116000

**目的** 通过检测医院住院患者金黄色葡萄球菌感染分布特征和耐药性,为临床选择抗菌药物防控其感染提供依据。

**方法** 回顾 2016 年大连市友谊医院金黄色葡萄球菌病原菌的临床分布和耐药性,应用 WHONET5.6 专业分析软件对结果进行统计分析。

**结果** 从该医院住院患者送检病原学标本中共检出金黄色葡萄球菌 289 株,其中有 61.2%分离自痰液,15.9%分离自脓液,7.6%分离自创伤口。临床分离的金黄色葡萄球菌来自重症医学科的最多,占 38.4%。该院分离的金黄色葡萄球菌菌株几乎全部对青霉素耐药,对万古霉素、奎奴普丁/达福普汀、替加环素均无耐药,利奈唑胺的敏感性高,对复方新诺明敏感性也较高。重症监护病房分离的金黄色葡萄球菌对苯唑西林、庆大霉素、利福平、环丙沙星、左旋氧氟沙星的耐药性显著高于全院整体耐药性( $P<0.05$ )

**结论** 金黄色葡萄球菌在痰液中的检出率最高,应加强对呼吸道金黄色葡萄球菌的感染控制和监测。

PU-6520

## 基于行业标准的血细胞分析智能审核系统的构建及验证初探

阮森林,杨小利,杨金军  
杭州市第一人民医院,310000

**目的** 研究血细胞分析智能审核完全遵循行业标准文件《WST616-2018 临床实验室定量检验结果的自动审核》要求,兼顾血细胞分析的特殊性,进行系统构建及验证的可行流程。

**方法** 参照《WST616-2018 临床实验室定量检验结果的自动审核》文件要求,对智能审核程序的流程设计、验证、评审过程进行文件化、具体化;充分利用血液分析仪自带软件与 LIS 功能,对检验前、检验中及检验后各阶段数据进行数值比较、差值检查、逻辑关系与关联性分析,识别少项、多项、错项等情况,制定了 34 条智能审核规则。验证过程以人工镜检与人工判读直方图散点图的方式相结合,完成文件要求的验证标本数量。

**结果** 根据对假阳性结果分析,对规则进行了三次调整,使假阳性率降低 9.6%,假阴性率 1%以下。该系统试运行了 3 个月,自动审核通过率为 65.9%,平均 TAT (turnaround time) 缩短了 7 分钟。导致自动审核不通过的主要因素为未成熟细胞报警(8.3%)、MCV 异常(4.7%)及红系参数历史差值比较(8.7%)等,提示后续可对此类参数进行优化。

**结论** 基于《WST616-2018 临床实验室定量检验结果的自动审核》这一行业标准文件构建和验证血细胞分析智能审核系统,全面涉及检验前中后各阶段审核要点、验证过程严谨;可明显提高实验室工作效率。

PU-6521

## 某三甲医院肺炎克雷伯菌临床分布及耐药性变化

郑远明  
大连市友谊医院,116000

**目的** 通过调查近 3 年大连市友谊医院肺炎克雷伯菌感染的分布情况及其耐药性变迁,为临床更加合理的使用抗生素提供依据。

**方法** 对大连市友谊医院 2015 年 1 月至 2018 年 1 月住院患者中分离的 1077 株肺炎克雷伯菌采用 K-B 纸片扩散法和 MIC 法检测其对抗菌药物的敏感性,利用 WHONET 5.6 软件进行统计分析

**结果** 所有肺炎克雷伯菌的主要标本来源为痰,占 62.11%,主要分布于重症病区(29.81%)和老年病区(15.50%)。药敏结果显示哌拉西林、头孢唑林、头孢呋辛、头孢曲松、头孢噻肟 5 者的耐药率很高,超过 50%,亚胺培南、美罗培南、阿米卡星 3 种药物的耐药率较低,低于 20%。三年来阿莫西林/克拉维酸、亚胺培南抗菌药物的耐药率均有下降,头孢唑林、替卡西林/克拉维酸耐药率均有上升。

**结论** 肺炎克雷伯菌是细菌感染中重要的致病菌,应加强对肺炎克雷伯菌感染的管理,合理使用抗菌药物,减少耐药的发生。

## PU-6522

## 尿干化学白细胞检测与尿细菌培养诊断 尿路感染的对比分析

郑远明

大连市友谊医院,116000

**目的** 通过比较尿干化学白细胞检测与尿细菌培养的方法, 分析对诊断尿路感染的效果, 探讨其临床诊断价值。

**方法** 选取该院收治的疑似尿路感染受检者 1007 例, 分别采用尿干化学白细胞检测与尿细菌培养两种方法, 并观察对比两中检测方法的准确率、灵敏度及特异性。

**结果** 以尿细菌培养的结果作为金标, 尿细菌培养检出尿路感染为 219 例, 占 21.74%, 准确率为 100%。尿干化学白细胞检测的检出尿路感染为 404 例, 占 40.12%, 其假阳性有 233, 占 57.67%, 灵敏度为 42.33%, 假阴性有 48 例, 占 11.88%, 特异性为 88.12%, 准确率为 78.08%。两种检测结果的准确率、特异性和灵敏度的比较, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 尿干化学白细胞检测能作为筛检尿路感染的检测方法, 但不能代替尿培养作为确诊依据。两种检测手段各有利弊, 临床可根据需求合理使用。

## PU-6523

## 基于乳腺癌特异性核酸适配体的细胞表面分子标志物鉴定

于晓程,何磊,李智洋

南京鼓楼医院

**目的** 肿瘤分子标志物在肿瘤的检测和治疗中具有十分重要的作用。近年来, 随着精准医疗技术的快速发展, 肿瘤的特异性诊断和治疗对肿瘤分子标志物提出了更高的要求。因此, 发现和鉴定新型特异性强的肿瘤分子标志物在肿瘤个体化医疗的发展中起到极其关键的作用。核酸适配体是通过 SELEX 技术筛选得到的一种新型寡核苷酸分子探针, 具有类似抗体的诸多性质。相比于抗体, 核酸适配体具有特异性强、亲和力大、靶标范围广、易修饰、易合成和无免疫原性等优点。以活肿瘤细胞为筛选目标的 Cell-SELEX 技术可以在具体靶标未知的情况下, 筛选得到与肿瘤细胞特异性结合的核酸适配体。这种核酸适配体可以高效识别靶细胞上具有天然构象的特异性分子标志物, 作为分子标志物鉴定的有效工具。发现和鉴定新型的肿瘤细胞特异性的分子标志物, 为实现肿瘤的特异性诊断和靶向治疗打下一定的基础。

**方法** 本文在实验室利用 Cell-SELEX 技术筛选得到的人乳腺癌细胞 SK-BR-3 特异性的核酸适配体的基础上, 系统性地考察了核酸适配体 sk6Ea 的特异性、亲和力大小、二级结构和靶标类型。

**结果** 通过实验发现其特异性强、亲和力大, 核酸适配体基本不能和胰酶和蛋白酶 K 消化后的靶细胞结合, 说明核酸适配体 sk6Ea 在靶细胞上的靶标是一种膜蛋白。然后利用链霉亲和素磁珠捕获与靶细胞结合的生物素化的核酸适配体 sk6Ea, 经过多步纯化后, 测定纯化蛋白产物的浓度, 进一步利用 SDS-PAGE 电泳分析测定出该蛋白的分子量。

**结论** 鉴定出可作为乳腺癌新型分子标志物的靶分子, 为乳腺癌的早期检测和治疗提供新的思路与方法。

## PU-6524

## 重症监护病房金黄色葡萄球菌耐药性分析

郑远明

大连市友谊医院,116000

**目的** 了解大连市友谊医院重症监护病房患者金黄色葡萄球菌对临床常用抗菌药物的耐药现状,为临床合理用药提供依据。

**方法** 收集 2016 年 1 月至 2016 年 12 月大连市友谊医院各个科室送检的痰液、尿液、血液、胆汁等临床标本,对标本进行细菌培养和分离。采用 VITEK2-Compact 全自动微生物分析仪进行细菌鉴定和药敏分析。采用 WHONET5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 全院共分离出 265 株金黄色葡萄球菌,其中 ICU 分离出 87 株金黄色葡萄球菌,占 32.83%,其它科室均在 15%以下。ICU 分离出的菌株 95.4%来源于痰液。87 株菌株中多重耐药金黄色葡萄球菌为 49 株,占 56.3%,耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)为 69 株,占 79.3%,甲氧西林敏感金黄色葡萄球菌(MSSA)18 株,占 20.7%。87 株金黄色葡萄球菌对青霉素 G 的耐药率可高达 98.9%,对环丙沙星和左旋氧氟沙星的耐药率均在 80%以上,对利奈唑胺和复方新诺明的耐药率分别为 1.1%和 5.7%,对万古霉素的敏感率为 100%。

**结论** 金黄色葡萄球菌容易侵袭 ICU 内的患者,易对呼吸道造成感染,可以首选利奈唑胺、复方新诺明来治疗感染。若治疗效果不明显,再选择使用万古霉素。

## PU-6525

## UF-1000i 尿沉渣自动分析仪与显微镜检查红、白细胞的结果比较及复检规则的探讨

尹丽

昆明医科大学

**目的** 比较 UF-1000i 尿沉渣自动分析仪和显微镜检查对尿沉渣中红细胞、白细胞检测结果之间的差异,制定出合理的复检规则,在保证检验质量的同时提供效率。

**方法** 选取 1416 例门诊病人送检的新鲜晨尿(9 点以前)中段尿标本,分别用 UF-1000i 尿沉渣自动分析仪和显微镜进行检测,将 2 种方法所得的数据进行比较并进行统计学分析。

**结果** UF-1000i 尿沉渣自动分析仪与显微镜检查结果比较,红、白细胞的结果差异有统计学意义( $P<0.005$ )。以尿沉渣显微镜检查为金标准,UF-1000i 尿沉渣自动分析仪红细胞的假阴性结果在 6.2-25.0(女),3.5-15.0(男)范围内;白细胞的假阴性结果在 6.5-25.0(女),2.0-12.0(男)范围内,红、白细胞的假阴性率分别为 5.26%,18.62%。

**结论** 当 UF-1000i 尿沉渣自动分析仪对红、白细胞的检测结果为阴性,且红细胞的检测值在 6.2-25.0(女);3.5-15.0(男)之间,白细胞的检测值在 6.5-25.0(女);2.0-12.0(男)之间时,仪器的检测结果存在一定的假阴性率,需对检测结果在该范围内的尿液标本进行显微镜复检,以提高检出率。而仪器红细胞检测结果在 0.0-6.1(女);0.0-3.4(男)之间,白细胞检测结果在 0.0-6.4(女);0.0-1.9(男)之间,仪器检测结果假阴性率最低,可结合具体情况(如:尿液标本性状、尿干化学的检测结果显示等)考虑是否复检。

## PU-6526

## 主要革兰阳性菌的耐药性分析

郑远明

大连市友谊医院,116000

**目的** 了解大连市友谊医院 2018 年常见革兰阳性菌的耐药情况及耐药迁徙率分析。

**方法** 收集友谊医院细菌室 2018 年 324 株革兰氏阳性细菌进行菌种鉴定的体外药物敏感性试验。

**结果** 324 株革兰氏阳性细菌中,金黄色葡萄球菌 134 株(30%), 屎肠球菌 84 株(19%), 表皮葡萄球菌 61 株(14%), 粪肠球菌 45 株(10%), 这四种主要细菌占所检出的革兰阳性菌的 73%。在细菌的科室分布中, 医学重症科内科(15%)和泌尿科(13.5%)是检出革兰氏阳性细菌最多的科室, 而标本来源可知尿液(31.2%)和痰液(18.5%)检出率最高的标本。检出的最主要的四种细菌中, 金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌、粪肠球菌和屎肠球菌对抗生素的耐药种类及相应的耐药率表现出不同的特点。检测的四种主要细菌中, 有三种对青霉素有高度耐药性, 分别是屎肠球菌(95.2%)、金黄色葡萄球菌(92.5%)和表皮葡萄球菌(90.2%), 并且细菌对红霉素耐药性也较高, 但耐药率不如青霉素, 分别是金黄色葡萄球菌(64.9%)、表皮葡萄球菌(73.8%)粪肠球菌(71.1%)和屎肠球菌(85.7%)。粪肠球菌、金黄色葡萄球菌和表皮葡萄球菌对万古霉素, 替考拉宁百分之百敏感。值得注意的是, 屎肠球菌对万古霉素(94%)和替考拉宁(94%)敏感率较以前有所下降, 疑似出现耐药菌株, 需引起关注。金黄色葡萄球菌和表皮葡萄球菌对达福普汀百分之百敏感, 屎肠球菌和粪肠球菌对替加环素百分之百敏感。

**结论** 四种细菌对青霉素类和大环内酯类抗生素的耐药性强, 对多肽类抗生素敏感。应进行长期动态耐药性检测, 为临床用药的合理化和个体化提供参考依据, 避免药物滥用的等现象的出现。

## PU-6527

## 高白细胞对血糖检测影响因素探讨

袁一桐

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 观察白细胞对血糖测定结果的影响, 探索高白细胞患者血糖检测标本的处理方法。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院 2019 年 1 月至 2019 年 3 月住院患者因各种炎症所致反应性白细胞增高 19 例, 其中白细胞数量为  $(9.6-19) \times 10^9/L$  11 例, 白细胞数量为  $(20-40) \times 10^9/L$  8 例, 体检健康者 8 例作为对照组。分别检测并比较血标本放置不同时间的血糖水平, 采用 spearman 相关性检验分析白细胞水平与血糖下降速率的相关性。

**结果** 不同白细胞数目的血标本在采集 2h 血糖值下降, 血糖测定结果与 1h 比较差异均有统计学意义, 随放置时间延长, 血糖呈下降趋势; 血标本随白细胞数增高, 在相同放置时间下, 血糖下降速率增快; 血糖降低程度与白细胞数目呈正相关( $rs=0.741, P=0.001$ )。

**结论** 血标本中白细胞含量增高会导致血糖检测结果偏低, 对于高白细胞患者血糖检测标本, 需采集后及时测定, 若不能及时检测, 需立即离心分离血清或使用血糖检测专用抗凝管。

## PU-6528

## 尿微量白蛋白、血清胱抑素 C 及脂蛋白 a 联合诊断 2 型糖尿病患者早期肾功能损伤的价值

明菲

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 探究尿微量白蛋白 (U-mALB)，血清半胱氨酸蛋白酶抑制剂 C (Cys-C) 和脂蛋白 a (LP(a)) 联合检验在 2 型糖尿病患者的初期肾功能损伤诊断中的价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 1 月，共 130 名怀疑可能为 2 型糖尿病归并初期肾功能损害，在昆明医科大学第二附属医院内分泌科就诊的病人。根据中华医学会糖尿病学分会 2014 年推荐的糖尿病肾病诊断标准，将入选病人划分为 2 型糖尿病归并初期肾损害 76 名病人 (研究组) 以及 54 名 2 型糖尿病病人 (对照组)。对两组患者的 U-mALB、Cys-C 和 LP(a) 进行测试，对比剖析两个组病人 3 个检验项目的变动状况。

**结果** 研究组 U-mALB、Cys-C 和 LP(a) 程度均明显高于对照组，差别具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )；U-mALB、Cys-C 和 LP(a) 及结合检测敏感度分别为 86.84%、68.42%、21.05%、97.37%，特异度分别为 87.04%、96.29%、92.59%、94.44%，准确度分别为 86.92%、80%、50.77%、95.38%。诊断 2 型糖尿病患者初期肾损害的 ROC 曲线下面积，U-mALB 比 Cys-C 和 LP(a) 大，在三个指标中，脂蛋白 a 的 ROC 曲线下面积最小，ROC 曲线下三项联合检测曲线的面积比每一个独立的测试大。

**结论** 三项指标结合检测，能为初期诊断和医治 2 型糖尿病患者肾损害提供临床引导，同时可以知晓 2 型糖尿病患者的肾功能损害程度。

## PU-6529

## 2016 年大连市副溶血性弧菌分离株 PFGE 分型

顾觉彬

The First Hospital of Dalian Medical University

**目的** 通过对多种途径分离出的副溶血性弧菌进行 PFGE，了解其病原学特征进而判断其同源性，为建立地区基因库、食源性暴发事件溯源提供数据支持。

**方法** 75 株副溶血性弧菌株，采用脉冲场凝胶电泳法 (PFGE) 进行分子分型，用 BioNumerics 6.6 软件进行分析。

**结果** 75 株菌种基因组 DNA 片段均分离良好，被限制性内切酶 SfiI 切出 51 个 PFGE types (PT)，带型相似度 58.3%~100%。按带型相似系数为 80% 标准划分为 7 个群 (A-G 群)，各群间的相似系数为 80.5%~86.4%，其中 F 群为优势群，包括 30 株菌 (84.7%)。

**结论** (1) 大连地区副溶血性弧菌具有多态性；(2) 食品分离株之间亲缘关系相对较近，患者粪便分离株亲缘关系较近，但两者之间亲缘关系较远；(3) 在一起食物中毒案例中，现场采样样品分离株与患者粪便分离株菌种亲缘关系很远，可认为患者为他处感染致病。

## PU-6530

## 标本放置时间对 D-二聚体、FDP 及 AT-III 的影响

马维鲜

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 研究血液标本在室温下放置不同时间对凝血指标 D-二聚体、FDP 及 AT-III 各自的影响。

**方法** 从当日即刻送检检查凝血指标的标本中选取 10 例作为研究对象,以即刻送检检验结果作为第一次结果,之后再分别测定标本在室温下放置 4h,6h 后的结果,分别与第一次即刻送检结果进行比较。研究讨论温度对各自结果的影响。

**结果** 标本在室温下放置时间 4h 内 D-二聚体、FDP 及 AT-III 三者的差异均无统计学意义 ( $p>0.05$ );标本在室温下放置时间 6h 后 FDP 及 AT-III 的结果均发生显著改变 ( $p<0.05$ ) 差异具有统计学意义。而 D-二聚体在室温下放置 6h 后期结果也没有发生显著改变 ( $p>0.05$ ),差异没有统计学意义。

**结论** 凝血指标的测定结果会随标本在室温下放置时间改变,从而导致检测结果不准确,所以对标本及时送检很重要。

## PU-6531

## 病毒性脑膜炎脑脊液细胞学检查结果分析

王光彦

云南省楚雄州人民医院

**目的** 病脑最可靠的诊断方法是从脑组织和脑脊液中分离出病毒。但大多数医院都因病毒分离实验要求太高而无法开展,因此脑脊液细胞学检查(CSFC)及脑脊液实验室检查就显得尤为重要,尤其那些脑脊液常规正常或细胞数增高不明显的病例,更显得有明显的诊断价值

**方法** 常规腰穿后,采用 CSF1.0ml 玻片离心法制作 CSFC 标本片,经瑞姬氏染色及镜检,按侯氏分类进行细胞分类与诊断。

**结果** 病毒性脑膜炎不同发病期呈现组合的 CSFC 见表 1。

表 1 56 例病毒性脑膜炎 CSFC 检查结果

CSFC 诊断例数 CSFC 分类(%)

中性粒细胞小淋巴细胞转化淋巴细胞淋巴样细胞单核细胞浆细胞

淋巴细胞增多反应 510-15 62-895-189-472-272

中性粒细胞增多反应 275-8214-190-22-41-80

混合细胞增多反应 331-3715-323-810-1525-390-2

**结论** 病毒性脑膜炎的诊断主要根据病人症状、体征、及 CSF 常规与生化、脑电图检查等综合判断,但由于本病 CSF 常规检查异常不明显或改变轻微,致使早期诊断较为困难,近年来随着 CSFC 检查的不断开展,其对中枢神经系统感染性疾病的诊断价值越来越受到临床医生的重视。

PU-6532

## 六个生化检测系统测定钾钠氯结果一致性比对研究

赵 师  
昆明医科大学

**目的** 评价本实验室六个生化检测系统(3 台贝克曼 DXC800,1 台贝克曼 AU5800,2 台雅培 C16000)检测钾、钠、氯结果一致性

**方法** 参照中国卫生行业标准 WS/T407-2012《医疗机构内定量检验结果的可比性验证指南》中的方案进行评价。先统计本实验室六个生化检测系统钾、钠、氯三个项目近半年室内质控的均值和变异系数,计算合并变异系数,确定比对样本的浓度。利用合并变异系数确定比对项目重复检测次数,以中国卫生行业标准 WS/T 403-2012《临床生物化学检验常规项目分析质量指标》允许总误差的 1/2 为可接受标准,将比对偏差与可接受标准比较得出比对结果。

**结果** 以雅培 C1601150 为参比系统,其余五个检测系统测定结果的比对偏差均小于分析质量要求。

**结论** 本实验室的六个生化检测系统测定钾钠氯结果可比性验证通过。

PU-6533

## Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪 ACTIN FSL APTT 试剂建立 APTT 参考范围

杨丹  
昆明医科大学

**目的** 建立临床实验室血浆活化部分凝血活酶时间 (APTT) 的参考范围。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院,体检中心 2018 年 10 月至 2018 年 12 月的 244 份健康汉族成人作为研究对象,用 Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪,ACTIN FSL APTT 试剂,检测 244 例体检健康汉族成年人 APTT,建立参考区间。

**结果** 男女比例 1:1,男性组年龄中位数 44,女性组年龄中位数 41。男性组均值 25.99,标准差 1.58,参考范围 24.0s-30.4s;女性组均值 25.90,标准差 1.72,参考范围 22.4s-30.4s,不同性别健康汉族成年人 APTT 均值没有统计学上的差异。APTT 的参考范围为 23.2s-30.4s。

**结论** 按性别分为男(122 例)和女(122 例)两组,Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪 ACTIN FSL APTT 试剂 APTT 的参考范围不需要建立单独的参考区间,只需提供一个参考区间统一使用。不同实验室参考范围可因健康人群、技术、方法、仪器及实际操作不同而不同。每个实验室必须建立基于自身技术和仪器参考范围。

PU-6534

## Laboratory Monitoring of Antithrombotic Therapeutic Effect in Patients with Left Ventricular Assist Devices

Rui Qiao  
Peking university Third Hospital

**Objective** Patients implanted with left ventricular assist devices (LVADs) are at high risk of thromboembolism and hemorrhage. Appropriate monitoring of antithrombotic therapy is vital for



their survival. In this study, we aimed to evaluate whether currently available monitoring tests could improve the prognosis of these patients.

**Methods** A total of 112 patients implanted LVADs were followed up for an average of 15 months. Their bleeding and thrombotic episodes and results of conventional coagulation tests, platelet aggregation tests and thromboelastography (TEG) were reviewed and analyzed.

**Results** During follow-up, 17.9% (n=20) of patients expired and hemorrhage occurred in 41% (n=46) of patients, an incidence higher than that of thrombosis (21%, n=24). The international normalized ratio of prothrombin time (PT-INR) was significantly different among subgroups of patients with thrombosis, bleeding or episode-free ( $P=0.001$ ); however, TEG and platelet aggregation results were not ( $P<0.05$ ). Receiver operating characteristic curves showed that PT-INR  $\leq 1.8$  discriminated patients suffering thrombosis with a sensitivity of 95.7% and specificity 51.2% and PT-INR  $> 2.1$  distinguished patients suffering hemorrhage episodes with a sensitivity of 40.9% and specificity 83.1%. Survival analysis showed that the occurrence of thrombosis, hemorrhage, incomplete response to aspirin or hypercoagulation defined by TEG had no influence on the probability of survival. However, PT-INR in the range of 1.8-2.1, significantly increased the probability of survival (HR=4.26,  $P=0.0293$ ).

**Conclusions** The occurrence of bleeding and thrombotic events does not significantly impact survival of patients with LVAD and PT-INR is the most useful indicator for monitoring their antithrombotic therapy, compared with platelet aggregation and TEG.

## PU-6535

### 两种糖化血红蛋白检测系统的方法学评价研究

宋佳,姚瀚鑫,孙淑艳  
吉林大学第一医院,130000

**目的** 分别采用 TOSOH G8 离子交换高效液相色谱法检测系统和 Premier 亲和层析高效液相色谱法检测系统对 708 个糖化血红蛋白标本进行检测,在精密度,准确度,线性范围方面进行比较,然后再选取常规标本和异常标本留样再测,异常标本包括肾病和贫血患者,比较相对于靶机相对偏倚小于 5% 的标本数量,靶机为美国 Bio-Rad Variant II。

**方法** 精密度:每日连续测定 5 次低值,高值室内质控,连续测定 3 天。批内 CV( $\%$ ) $\leq 1/4$  TEa 临床允许误差;总 CV( $\%$ ) $\leq 1/3$  TEa 临床允许误差。准确度:选取美国 CAP 糖化血红蛋白 2 支留样标本(1 号和 4 号),2018 年卫生部室间质评糖化血红蛋白第一次 2 支留样标本(编号为 2 号和 3 号),2 支 Bio-Rad 定值校准品(编号为 5-6),作准确度标本。线性范围验证:取评价项目的高、低值病人标本各一份,(高值标本为接近线性范围上限或高于线性上限 10%-15% 的标本,低值标本为接近线性范围下限的标本)。低值标本为 1 号,高值标本为 6 号,低高值标本 4:1 混和为 2 号,3:2 混和为 3 号,2:3 混和为 4 号,1:4 混和为 5 号。每个编号标本重复测定 2 次,记录结果。标本留样再测:比对 5 天,共检测留样再测标本 708 份,其中大于 6 的标本 328 份,留样再测标准相对于靶机相对偏倚小于 5%, $1/2$ TEa。

**结果** 精密度结论:两种检测系统均符合设定的精密度批内 CV 及总 CV 要求。正确度结论:两种检测系统结果均在允许范围内。线性范围结论:两种检测系统 R 值均大于 0.975,符合要求。常规标本留样再测结果为:亲和层析高效液相色谱法检测系统大于 5% 的标本为 258 个,即 36.4% 的标本与靶机相对偏倚超过 5%。离子交换高效液相色谱法系统大于 5% 的标本为 84 个,即 11.8% 的标本与靶机相对偏倚超过 5%。异常标本(肾病和贫血患者)留样再测结果:亲和层析法检测系统与靶机相对偏倚超过 5% 的标本数量最少。

**结论** 两种检测系统在精密度,准确度,线性范围方面均符合要求,对于常规标本,离子高效液相色谱法检测系统与 Bio-Rad 靶机比对相对偏倚超过 5% 的标本数量最少,优于亲和层析法检测系统。对于肾病和贫血患者的标本,亲和层析法检测系统要优于离子交换层析法检测系统。

## PU-6536

## 白带常规湿片镜检和五联检的诊断价值分析

李红燕<sup>1</sup>, 彭玉芳<sup>1,2</sup>

1. 昆明市延安医院, 650000

2. 昆明医科大学

**目的** 分析白带常规湿片镜检法和五联检法对各类阴道感染的诊断价值, 及两种方法学的联合应用价值。

**方法** 对 2018 年 10 月~2018 年 12 月期在昆明市延安医院妇产科门诊就诊及健康体检的 400 例妇女的白带进行湿片显微镜镜检和阴道炎五联检。比较白带常规湿片镜检、阴道炎五联检及两种方法联用的各类阴道炎检出率的差异。

**结果** (1) 阴道分泌物 400 例标本进行阴道炎五联检, 五项酶  $H_2O_2$ 、SNA、LE、GUS 和 GA 阳性率分别为 81.3%、12.8%、68.8%、4.8%、35.5%, 阴性率分别为 18.8%、88.0%、31.3%、95.3%、64.5%。(2) 湿片镜检 BV、TV、VVC 的检出率分别为 11.25%、1.25%、10.25%, 五联检 AV、BV 的检出率分别为 40.5%、11.50%。(3) 湿片镜检、五联检、两种方法联用的混合感染的检出率为 3.25%、8.00%、13.75%。两种方法联用对混合感染的检出率高于湿片镜检, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=76.935$ ,  $P<0.001$ ); 两种方法联用对混合感染的检出率高于五联检法, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=195.111$ ,  $P<0.001$ )。(4) 湿片镜检、五联检、两种方法联用对阴道炎的检出率分别为 19.25%、36.75%、40.50%。两种方法联用阴道炎的检出率高于湿片镜检, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=134.02$ ,  $P<0.001$ ); 两种方法联用的阴道炎检出率高于五联检法, 差异有统计学意义 ( $\chi^2=341.443$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** (1) 需氧菌性阴道炎/细菌性阴道病五项联合定性检测试剂盒的各个酶检测项目在日常检验工作中具有重要作用。(2) 五联检在 BV 和 AV 的检出率高于湿片镜检, 而在 TV、VVC 上的应用局限。(3) 湿片镜检通过确定病原体诊断阴道感染的类型, 不容易误诊, 但是对操作者的技术经验要求较高, 容易漏诊。且常规湿片镜检仅能够通过观察杂菌、清洁度等反应细菌情况, BV 和 AV 的检出率极低, 主要用于检测 TV、VVC、线索细胞。(4) 两种方法联用可全面诊断出需氧菌阴道炎、细菌性阴道病、滴虫性阴道炎、真菌性阴道炎和混合感染, 才能满足临床上对阴道炎诊断的需要。

## PU-6537

## 血小板/淋巴细胞比值在肾综合征出血热患者预测价值分析

孟欣

西安交通大学第一附属医院, 710000

**目的** 探讨血小板/淋巴细胞比值 (PLR) 在肾综合征出血热 (HFRS) 患者预测价值的临床应用

**方法** 选取 2015 年 1 月至 2018 年 4 月我院收治的 120 例肾综合征出血热患者, 同时选取 120 例上呼吸道感染患者为疾病对照组, 150 例健康体检者作为对照组。比较 PLR、血小板 (PLT)、淋巴细胞 (LC) 等指标在各组中的表达差异。收集肾综合征出血热患者的临床和实验室资料, 统计分析各指标的差异, 并采用 ROC 曲线分析 PLT、PLR 对肾综合征出血热的诊断和预测价值

**结果** 肾综合征出血热患者 LC、PDW、BUN、CREA 水平显著高于疾病对照组和健康对照人群, PLT、PLR 显著低于疾病对照组和健康对照人群, 差异具有统计学意义 ( $p<0.017$ )。疾病对照组与健康对照组两组比较, LC、PDW 明显降低, PLR 明显升高, 差异具有统计学意义 ( $p<0.017$ )。PLT、BUN、CREA 在疾病对照组与健康对照组差异无统计学意义。PLR、PLT 预测 HFRS 的 AUC 曲线下面积分别为 0.923、0.967, PLT 预测 HFRS 临界值为 104 (敏感度 0.908, 特异度 0.993), PLR 预测 HFRS 临界值为 45.28 (敏感度 0.775, 特异度 0.993)。PLR 和 PLT

预测 HFRS IgM 阳性患者 AUC 曲线下面积分别为 0.928 和 0.970。PLT 及 PDW 诊断 HFRS 重型患者的 AUC 曲线下面积分别为 0.642 (95%CI 0.530-0.754,  $p=0.023$ ), 0.662 (95%CI 0.545-0.780,  $p=0.010$ )。联合 PLT 及 PDW 诊断 HFRS 重型患者的 AUC 曲线下面积为 0.707

**结论** PLR、PDW 和 PLT 可作为一种独立预测 HFRS 患者的生物标志物, 对预测 HFRS 患者及其严重程度具有重要的临床价值, 能够为 HFRS 患者的预后管理提供理论依据

PU-6538

## 研头孢西丁和低浓度亚胺培南对阴沟肠杆菌耐药性调控的作用机制研究

杨向贵,许颖  
成都医学院第一附属医院

**目的** 研究头孢西丁和低浓度亚胺培南对阴沟肠杆菌 AmpC 的诱导机制

**方法** 从临床标本中分离培养出阴沟肠杆菌, 在加入头孢西丁和低浓度亚胺培南的培养基中, 37 度, 5%二氧化碳培养 24—48 小时后, 采用实时荧光定量 PCR 技术分析 AmpC 基因 mRNA 表达的变化, 应用微量肉汤稀释法和纸片扩散法检测其抗性

**结果** 药敏试验中, 与对照组 (无诱导剂) 相比, 头孢西丁和低浓度亚胺培南可诱导阴沟肠杆菌耐药性增强, 且与头孢西丁和亚胺培南的浓度呈正相关。实时荧光定量检测发现头孢西丁和亚胺培南上调 AmpC 酶的表达。在 AmpC 敲除的阴沟肠杆菌中, 头孢西丁和亚胺培南对抗性和 AmpC 的调控作用极度减弱。

**结论** 头孢西丁和低浓度亚胺培南可以诱导阴沟肠杆菌耐药, 其主要是通过 AmpC 酶的高表达来诱导的。

PU-6539

## 以肾脏损伤为首表现的多发性骨髓瘤患者检验指标特点及鉴别诊断价值研究

袁雪,许颖  
成都医学院第一附属医院 (原: 中国人民解放军第四十七医院), 610000

**目的** 多发性骨髓瘤误诊率高, 易被误诊为肾病科常见病, 研究以肾脏损伤为首表现于肾脏科就诊的多发性骨髓瘤患者实验室指标的特点, 并探讨这些实验室指标用于鉴别肾损伤疾病与多发性骨髓瘤的可能性, 为肾病科医生早期识别多发性骨髓瘤患者提供更多参考依据, 减少因延误诊治带来的不良结局。

**方法** 回顾性地收集 2017 年 2 月至 2019 年 2 月于成都医学院第一附属医院肾病科就诊且完成骨髓细胞形态学检查的患者。将其中诊断为 MM 的患者 45 例作为试验组, 以 1:1 配对收集肾病科因其他疾病 (包括慢性肾炎, 肾病综合征, 肾功能不全, 间质性肾炎, 及肾衰竭) 导致肾脏损伤的患者 45 例作为对照组, 并收集基本人口学资料, 血常规, 生化, 血特殊蛋白检查指标。

**结果** 与普通患者相比, 多发性骨髓瘤患者在血常规指标中, MCV, RDW-SD, RDW-CV 更高。RBC, HGB, NE, BA, HCT 更低, 差异均有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 可见表 1-1; 在生化常规指标中, GLB, TBA, Ca 更高。TP, A: G, PA, CHE, Na, Cl, CO<sub>2</sub> 更低, 差异均有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 可见表 1-2; 在血特殊蛋白中, IGM, C3, TRF 更低, 差异均有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 可见表 1-3

**结论** 对收集到的数据进行统计学分析,发现实验组和对照组的一些指标有差异( $P<0.05$ )。就实际情况看,临床医生查看检验单时,更加关注偏离参考范围的指标。结合这两个角度,排除一部分在参考范围内变化的具有统计学差异的指标,可见表 2-1。可以推断出,凡是在肾病科就诊的年龄大于 40 岁的患者,只要发现 RBC↓,HGB↓,MCV↑,RDW-CV↑,RDW-SD↑,GLB↑,CHE↓,lgM↓,C3↓,就高度怀疑患有以肾脏损伤为首表现的 MM,临床医生需要仔细询问患者是否具有其他临床症状,排除肾脏常见疾病后,建议患者进行骨髓活检查异常浆细胞比例和血清蛋白电泳查 M 蛋白进行 MM 确诊

## PU-6540

### 冠心病患者经皮冠状动脉介入治疗术后抗血小板药物治疗 监测及平均血小板体积变化

苗林子,陆遥,屈晨雪,龚岩,由然,关杰,龚艳君  
北京大学第一医院,100000

**目的** 比较血栓弹力图(thrombelastography, TEG)和光学比浊法(light transmission aggregometry, LTA)在监测冠心病患者经皮冠状动脉介入治疗术(percutaneous coronary intervention, PCI)后抗血小板药物中的相关性;观察 PCI 术后双联抗血小板治疗患者平均血小板体积(mean platelet volume, MPV)变化。

**方法** 回顾 2013 年 3 月至 2014 年 5 月在北京大学第一医院行 PCI 术并接受规范双联抗血小板治疗的患者 177 例,均用血栓弹力图的方法测定了二磷酸腺苷(adenosine diphosphate, ADP)诱导及花生四烯酸(arachidonic acid, AA)诱导的血小板抑制率,同时回顾了患者服用抗血小板药物前后 MPV。其中 99 例患者同时检测了 LTA 血小板聚集率。

**结果** ADP 或 ARA 诱导的 LTA 法血小板聚集率与 TEG 法血小板抑制率无相关性( $r=0.006, P=0.956$ )/( $r=0.091, P=0.37$ ); LTA 和 TEG 法检出氯吡格雷低反应性分别为 30.3%和 45.5%,检出阿司匹林低反应性分别为 19.2%和 31.3%, LTA 法低反应性检出率明显低于 TEG 法( $P<0.028$ ); 177 例患者中,氯吡格雷低反应组和敏感组、阿司匹林低反应性组和敏感组服药后 MPV 均较服药前明显降低,差异有统计学意义( $P$  均 $\leq 0.001$ );服药前及服药后氯吡格雷低反应性组 MPV 均明显低于敏感组( $P=0.043$ ;  $P=0.042$ );氯吡格雷及阿司匹林低反应组服药后 PLT 数量均值明显高于服药前( $P=0.02$ ,  $P=0.047$ )。

**结论** TEG 法及 LTA 法两种方法相关性较差,两种方法检测的抗血小板药物低反应发生率均较高,需要引起临床医生的关注;服用双联抗血小板药物后 MPV 明显降低;服药后 PLT 数量明显上升的患者更易发生药物低反应性;MPV 偏低的患者氯吡格雷低反应性发生可能性更大。

## PU-6541

### 外周血低载量 EBV DNA 检测的标本类型研究

邹志强<sup>1</sup>,林青<sup>1</sup>,陈锡莲<sup>1</sup>,杨勇卫<sup>1</sup>,曲人亮<sup>1</sup>,张帅<sup>1</sup>,石建凤<sup>1</sup>,刘静静<sup>1</sup>,张雪利<sup>1</sup>,王海滨<sup>2</sup>

1.烟台市奇山医院(烟台传染病医院)

2.北京纳捷诊断试剂有限公司

**目的** 自 2011 年 WHO 建立第一代 EBV DNA 国际标准品开始,各个实验室间的报告一致性得到了改善,但是实验室内可能独立或共同影响测量结果的若干因素仍然存在,而样本类型的选择直接决定了所获得模板质量的优劣,本项目旨在建立室间可比的外周血低载量 EBV DNA 检测的样本选取标准,为临床 EBV 感染的正确诊疗提供实验室依据。

**方法** 分别收集 EBV DNA 低载量感染者血清、血浆、血细胞（全血样本去除血浆后用生理盐水洗三遍得到）以及全血标本，运用实时荧光定量 PCR 方法（试剂盒由北京纳捷诊断试剂有限公司提供）分析 EBV DNA 载量。

**结果** 所有血清和血浆样本的 EBV DNA 均为阴性，血细胞和全血样本 EBV DNA 均为阳性，血细胞样本 EBV DNA 载量略低于全血样本，但差异不具有统计学意义（ $P>0.05$ ）。

**结论** 临床选择全血和血细胞样本来检测 EBV DNA 载量能提高阳性检出率；为减少误差，检测低载量 EBV DNA 应选择全血样本。

## PU-6542

### 荧光 PCR 法、免疫荧光法与胶体金法检测 甲型流感病毒的性能评价

白婷婷,许颖  
成都医学院第一附属医院

**目的** 评估三种临床常用方法在检测甲型流感病毒灵敏度、特异性等方面的差异，为不同应用领域、不同防控形式下选择筛查方法提供理论依据

**方法** 收集 2019 年 1 月 11 日至 2019 年 3 月 5 日来我院就诊的疑似甲流患者标本，采用荧光 PCR 法、免疫荧光法与胶体金法三种不同方法检测甲型流感病毒感染情况。使用 SPSS 21.0 进行统计学分析，组间比较采用卡方检验得出不同方法的灵敏度、特异度，结果一致性使用 Kappa 检验，从而获取三种方法的临床效能。

**结果** 三种方法阳性率（见表 1）为：荧光 PCR 法 32.38%，免疫荧光法 2.3%，胶体金法 13.19%。三种方法两两比较结果（见表 2-4），与荧光 PCR 法相比，胶体金法检测灵敏度和特异度分别是 21.1%，39.6%。与免疫荧光法相比，胶体金法检测灵敏度和特异度分别是 85.7%，53.2%。与荧光 PCR 法相比，免疫荧光法检测灵敏度和特异度分别是 48.7%，49.6%。同时使用三种方法检测结果比较（见表 5），荧光 PCR 法检测阳性率最高，为 31.58%。其次是胶体金法、免疫荧光法。另外，若任两种方法组合检测结果（见表 6），其中荧光 PCR 法+胶体金法阳性率最高，为 10.53%，其余两种组合阳性率均为 0%。

**结论** 荧光 PCR 法灵敏度高、特异性强，适于确诊。胶体金法操作简单，但灵敏度与特异度相对较低，可用于初筛。免疫荧光法操作步骤较多、时间较长，并且检查结果判断具有主观性，可做辅助诊断

## PU-6543

### 血清 C1q 及 CTRP1 水平检测在冠心病患者中的临床意义

王利新  
宁夏医科大学总医院

**目的** 探讨冠心病（CHD）患者血清补体 C1q 与 CTRP1 水平及两者相关性，评估两者的临床应用价值。

**方法** 本研究纳入 2018 年 1 月至 2018 年 11 月于宁夏医科大学总医院心脏内科住院治疗的 12 例稳定型心绞痛（SAP）患者、69 例不稳定型心绞痛（UA）患者、34 例急性心肌梗死（AMI）患者和同期 43 例健康体检者。分别采用免疫透射比浊法和 ELISA 法测定血清 C1q、CTRP1 水平，同时检测甘油三酯（TG）、总胆固醇（CHOL）等其他生化指标。采用 Spearman 相关性分析及 ROC 曲线探讨 C1q 与 CTRP1 相关性及两者对 CHD 的诊断价值。

**结果** 冠心病组 C1q 水平高于健康对照组, CTRP1 水平低于健康对照组, 且 AMI 组 C1q 水平显著高于 SAP 组[(192.80±34.08) mg/L 比 (169.17±27.13) mg/L] (P<0.05); Gensini 评分三分位分组中, 评分较高的两组 C1q 水平高于评分最低组 (P<0.05); Spearman 相关性分析显示 C1q 与 CTRP1 无显著相关性; ROC 曲线显示诊断 CHD 时,C1q 水平>150.82mg/L 的敏感度为 87%, 特异度为 88.4%, 曲线下面积为 0.942。CTRP1 水平<281.80 ng/ml 对应敏感度、特异度分别为 76.5%和 60.5%,曲线下面积 0.688。联合预测因子求得曲线下面积为 0.944, 敏感度、特异度分别为 89.6%和 86%。诊断 AMI 时, C1q 水平>178.3mg/L, 对应敏感度、特异度为 70.6%和 66.1%, 曲线下面积为 0.726,而 CTRP1 无诊断价值。

**结论** CHD 患者血清 C1q 水平升高, 且 AMI 患者高于 SAP 患者; C1q 还可能成为反应冠脉病变严重程度的潜在标志物; CHD 患者血清 C1q 与 CTRP1 无明显相关性。血清 C1q 有望成为诊断 CHD、预测 AMI 新的生物标志物。

## PU-6544

### HPV 病毒型别与宫颈病变的相关性研究

郝崇华

山西省人民医院,030000

**目的** 通过人乳头瘤病毒核酸 (HPV-DNA) 检测, 液基薄层细胞学 (TCT) 检测, 探讨 HPV 病毒的型别及载量与宫颈病变的相关性。

**方法** 选取 2017 年 7 月 1 日至 2019 年 3 月 30 日之间, 在山西省人民医院的妇产科门诊及住院病人, 采用实时荧光定量 PCR 技术, 检测 21 种 HPV 病毒 DNA, 高危型 16、18、26、31、33、35、39、45、51、52、53、56、58、59、66、68、73、82 型共 18 种型别, 低危型 6、11、18 型 3 种型别。16、18 型阳性患者同时进行 TCT 检测。

**结果** 来自山西省人民医院门诊的 27602 例检测样本中 HPV 的阳性检出率为 18.28%。其中高危型 HPV 检出率为 17.87%。低危型检出率为 0.41%。其中检出率较高的高危型别是 16、52、58、53、59。2.不同年龄组的 HPV 检出率不同分别为 0.11%、2.14%、4.61%、6.34%、3.83%、1.25%。其中 41-50 岁检出率最高。3.TCT 检测 HPV16、18 型阳性患者, 其中在 HPV16 型患者 TCT 检测中, ASC-H 的检出率 8.87%, ASC-US 的检出率 25.01%, HSIL 的检出率 28.63%, LSIL 的检出率 17.74, 未见上皮内病变的 19.75%。在 HPV18 型患者 TCT 检查中, ASC-H 的检出率 4.85%, ASC-US 的检出率 40.32%, HSIL 的检出率 17.74%, LSIL 的检出率 9.68%, 未见上皮内病变的有 27.41%。

**结论** HPV-DNA 检测是宫颈病变的一项重要筛查方法, 联合 TCT 检查, 可以有效的提高宫颈病变的诊断准确率。

## PU-6545

### MTHFR 基因多态性在台州地区原发性男性不育症中的研究

徐佳佳

台州市中心医院,318000

**目的** 探讨亚甲基四氢叶酸还原酶 (MTHFR) 基因 C677T 和 A1298C 位点多态性与原发性男性不育症的关系。

**方法** 采用荧光定量 PCR 技术检测 104 例男性不育症患者和 108 例健康已育男性的 MTHFR C677T 和 A1298C 位点的多态性。

**结果** 原发性男性不育组和健康对照组 MTHFR C677T 位点 TT 基因型频率分别为 23.08%、12.96%; T 等位基因频率分别为 43.75%、33.33%, 两组间基因型频率和基因频率均存在显著性

差异 ( $\chi^2=6.975$ ,  $\chi^2=4.859$ ,  $P<0.05$ )。原发性男性不育组和对照组的 MTHFR A1298C 位点 CC 基因型频率和 C 等位基因频率均无显著性差异 ( $\chi^2=0.108$ 、 $\chi^2=0.170$ ,  $P>0.05$ )。

**结论** MTHFR 基因 677 位点 C-T 变异与原发性男性不育具有相关性, 可能导致男性精子缺陷; 1298 位点多态性与原发性男性不育无明显相关性。

#### PU-6546

### 改良比色法在全自动生化分析仪加样重复性与准确度校准中的应用

王志伟, 王利新  
宁夏医科大学总医院

**目的** 改良传统比色法, 实现全自动生化分析仪样本和试剂加注重复性和准确度法的测量。

**方法** 在生化分析仪开放通道设置不同方法对标准物质 BW 2025-1 按照特定比例进行稀释并测定吸光度, 计算所测吸光度的变异系数和误差, 校准样本和试剂加注的重复性和准确度。

**结果** 测试项目吸光度变异系数 CV 均小于 2%, 表明加样重复性符合要求; 测试项目误差均处于  $\pm 5\%$  范围之内, 表明加样准确度符合要求。

**结论** 通过对传统比色法进行改良, 可实现全自动生化分析仪试剂与样本加注重复性和准确度的校准, 该方法简单、便于操作, 受影响因素少, 可行性强。

#### PU-6547

### Hsa-miRNA-203a-3p 靶向 APC 基因调控肝癌 HepG2 细胞

王利新  
宁夏医科大学总医院

**目的** 探讨 has-miR-203a-3p 过表达对肝癌 HepG2 细胞的影响及其可能的机制。

**方法** Real time PCR 检测细胞系及临床肝癌样本中 miR-203a-3p 的表达, 荧光素酶报告系统验证 miR-203a-3p 对 APC 的靶向调控关系, 包装 miR-203a-3p 慢病毒过表达载体, 感染 HepG2 细胞, Real time PCR 检测 miR-203a-3p 和 APC 基因表达量变化, Western blot 检测 APC 和  $\beta$ -catenin 蛋白表达差异, MTT 实验检测细胞增长, 平板克隆实验检测细胞克隆形成, 细胞划痕实验检测侵袭, 流式细胞术检测细胞凋亡。

**结果** MiR-203a-3p 在肝癌细胞 HepG2 及肝癌样本中呈低表达, 构建 Hsa-miRNA-203a-3p 过表达慢病毒载体, 荧光素酶报告系统显示, APC 3'UTR+miR-203a-3p 组与 APC 3'UTR+NC 相比 Rluc/Fluc 的降低极显著, 慢病毒感染 HepG2 细胞后, miR-203a-3p 表达显著升高, APC 表达显著降低,  $\beta$ -catenin 蛋白显著降低, 磷酸化  $\beta$ -catenin 蛋白表达显著上升; 细胞表型检测结果显示细胞增殖能力减弱, 迁移能力减弱, 凋亡作用增强, 克隆形成能力减弱。

**结论** miR-203a-3p 通过对 APC 基因靶向调控, 抑制 HepG2 细胞的癌症恶性表型, 可能通过 WNT 通路发挥抑癌基因的作用。

PU-6548

## 血清 HE4、NSE、CEA 联合检测在肺癌诊断的临床价值研究

吴玉,彭湘明

广州市红十字会医院,510000

**目的** 研究人附睾蛋白 4 (HE4)、神经特异性烯醇化酶 (NSE) 及癌胚抗原 (CEA) 在肺癌诊断中的临床意义。

**方法** 采用电化学发光法对 22 例肺鳞癌患者、28 例肺腺癌患者、12 例肺小细胞肺癌患者、34 例肺良性疾病患者及 59 例健康体检者进行血清 HE4、NSE、CEA 水平检测, 各组之间进行比较分析。

**结果** 血清 HE4、NSE、CEA 水平在肺癌患者中显著升高。HE4 在各病理分型中差异无统计学意义, NSE 在小细胞肺癌中显著升高, CEA 在肺腺癌中显著升高。单项检测的敏感性及特异度 HE4 为 61.29%、81.72; NSE 为 67.74%、89.25; CEA 为 58.84%、90.32%。HE4、NSE、CEA 联合检测的敏感性和特异度显示优于各项单独检测。

**结论** 血清 HE4、NSE、CEA 是肺癌检测中较理想的肿瘤标志物, 且 3 项联合检测有助于临床诊断。

PU-6549

## 孕妇不同孕期凝血指标参考区间的建立及在产后出血中的应用

赵婧晨,屈晨雪,杨文双,蒋世菊,邢莹

北京大学第一医院,100000

**目的** 初步建立正常孕妇不同孕期凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血活酶时间 (APTT)、凝血酶时间 (TT)、纤维蛋白原 (FIB)、D-二聚体 (D-Dimer, D-D) 和纤维蛋白 (原) 降解产物 (FDP) 的参考区间, 分析孕妇产前 D-二聚体水平在产后出血中的作用。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在北京大学第一医院进正常孕妇 5 626 例, 按照孕期分为早孕组、中孕组和晚孕组, 选取同期正常非妊娠期妇女 232 例作为对照组, 对各组 PT、APTT、TT、FIB、D-D 和 FDP 的检测结果进行数据分析, 根据孕期建立各个指标的参考区间。将常用参考区间和本研究中建立的参考区间进行一致性比较, 计算 Kappa 值。选取 2019 年 1 月至 3 月出现产后出血合并凝血功能障碍的产妇 36 例作为产后出血组, 验证本研究参考区间的有效性。根据产后出血组 D-二聚体水平绘制 ROC 曲线并确定其最佳 cutoff 值。

**结果** 和对照组相比, 妊娠各组 APTT、TT 均明显缩短, 中孕组和晚孕组的 PT 明显缩短, FIB、D-D、FDP 水平明显升高, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。PT、APTT、TT、FIB、D-D 和 FDP 在各孕龄组之间进行两两比较, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。常用参考区间和本研究中建立的参考区间的一致性较差。D-二聚体水平为 1.13mg/L 时, 对产后出血的诊断效能最大, 此时敏感度为 83.3%, 特异度为 82.6%。

**结论** 初步建立不同孕期的凝血指标的参考区间, D-二聚体用于预测产后出血的最佳临界值为 1.13mg/L, 为临床决策提供参考。



PU-6550

## 外周血细胞检验诊断报告的临床应用价值

邢莹,王建中,普程伟,屈晨雪  
北京大学第一医院,100000

**目的** 探讨外周血细胞检验诊断报告在临床中的应用价值。

**方法** 选择 2016 年 4 月至 2017 年 3 月之间北京大学第一医院、燕达陆道培医院和北京和睦家医院的外周血细胞检验诊断报告共 557 份,针对初次就诊和复查病例分别根据其不同形态学特征进行分类汇总。

**结果** 初次就诊发现血细胞计数或白细胞分类异常的标本有 201 例,根据不同情况总结为贫血、贫血伴白细胞和/或血小板减少、白细胞数量或分类计数异常和血小板数量异常共四大类,每种情况再根据不同形态学特征进行细分,比较特异或典型的形态改变提出初步诊断或进一步检查的意见,不典型或形态未见明显异常的客观描述形态特征。在 22 例复查病例中,包括急性和慢性白血病、骨髓增生异常综合症、浆细胞骨髓瘤、传染性单核细胞增多症等多种良性和恶性疾病,根据血细胞计数和形态学特点可观察疗效、判断疾病进展,并提出下一步检查意见。

**结论** 外周血细胞检验诊断报告可为临床提供更加准确和完善的信息,为疾病初步诊断、鉴别诊断、治疗监测、评估进展等提供重要参考依据。

PU-6551

## 广州市第一人民医院新生儿病区金黄色葡萄球菌 毒力基因分布分析

唐露丹,杨潇  
广州市第一人民医院,510000

**目的** 目前针对金黄色葡萄球菌的研究多集中于耐药性方面,对毒力基因的研究及其临床病理联系较少。因此,本研究旨在了解本医院新生儿病区的金黄色葡萄球菌的毒力基因的分布情况,揭示其分子流行特征,为建立有效防控措施奠定基础。

**方法** 以 2018 年 6 月-2019 年 4 月从新生儿病区分离出 22 株金黄色葡萄球菌为研究对象,采用 PCR 方法检测金黄色葡萄球菌黏附素基因 (clfa, cna, fnbpA)、溶血素基因 (hlaA, hlaB)、spa 基因、mecA 基因、表皮剥脱素基因 (eta)、中毒性休克综合征毒素基因 (tsst-1) 等 9 个基因。

**结果** 在 22 株中,有 6 株未检测到所选择的 9 个基因。clfa, hlaA 和 spa 基因检出率较高[分别为 68.18%, 63.64%和 59.09% ( $\chi^2=240.21$ ,  $p<0.001$ )]。毒力模式方面,以 clfa+hlaA+spa+cna 毒力基因模式检出率最高,占 30.77% ( $\chi^2=49.607$ ,  $p<0.001$ )。同一患儿不同感染部位分离出的金黄色葡萄球菌,其毒力基因模式却并不完全一致。

**结论** 广州市第一人民医院新生儿病区金黄色葡萄球菌大都携带多个毒力基因。与其他研究相对毒力基因检出率较低。本研究发现的不同分离部位毒力模式差异、耐药表型和基因型的差异等现象,有待进一步深入研究。并将毒力基因表达模式与临床病理联系起来,为提高本院新生儿感染性疾病的诊治奠定基础。

## PU-6552

## 轻型地贫孕妇不同孕期 SF、Hb、Ret-He 及 Ret% 水平变化的临床观察

彭碧

绵阳市第三人民医院/四川省精神卫生中心,621000

**目的** 探讨血清铁蛋白(SF)、血红蛋白(Hb)、网织红细胞血红蛋白含量(Ret-He)以及网织红细胞百分率(Ret%)水平在轻型地贫孕妇不同孕期补铁治疗前的变化特点及临床意义。

**方法** 选取不同孕期的轻型地贫孕妇 245 例( $\alpha$ -地贫 149 例,  $\beta$ -地贫 96 例)、铁缺乏(ID)孕妇 155 例、缺铁性贫血(IDA)孕妇 117 例及同期健康孕妇 316 例, 分析五组孕妇的 SF、Hb、Ret-He 及 Ret%水平随孕周的变化趋势, 并比较  $\alpha$ -地贫、 $\beta$ -地贫和非地贫患者不同孕期的 ID 和 IDA 发生率。

**结果** 与健康孕妇一样, 随孕周增加,  $\alpha$ -地贫和  $\beta$ -地贫孕妇 SF 水平呈下降趋势( $P<0.05$ ), Hb 水平为先降后升( $P<0.05$ ), RET%水平则逐渐增高( $P<0.05$ ); 而 Ret-He 水平仅在  $\alpha$ -地贫和  $\beta$ -地贫孕妇中随孕周呈下降趋势( $P<0.05$ )。  $\alpha$ -地贫孕妇 IDA 主要发生于中孕期(56.4%)和晚孕期(60.3%),  $\beta$ -地贫孕妇 IDA 主要发生于晚孕期(61.9%), 均高于同期非地贫组 ( $\chi^2=10.277\sim18.955$ , 均  $P<0.01$ ); 但 ID 更易发生在非地贫孕妇中孕期(29.0%)和晚孕期(39.9%)。

**结论**  $\alpha$ -地贫相较  $\beta$ -地贫更早出现缺铁, 但  $\beta$ -地贫比  $\alpha$ -地贫贫血程度更重。SF、Hb、Ret-He 以及 Ret%水平检测用于轻型地贫患者妊娠期铁缺乏筛查及病情评估可提高准确性, 其中 Ret-He 可作为地贫孕妇铁储备水平监测指标。

## PU-6553

## 两种不同方法在甲型流感检测中的应用评价

吴玉,彭湘明

广州市红十字会医院,510000

**目的** 评价甲型流感病毒两种检测方法的临床诊断价值。

**方法** 分别采用 PCR-荧光探针法和胶体金法检测鼻拭子标本 136 例, 运用 SPSS13.0 分析比较两种方法检测效能。

**结果** 在 136 例标本中, PCR-荧光探针法结果显示 49 例为阳性标本, 87 例为阴性标本, 胶体金法显示 33 例为阳性标本, 103 例为阴性标本。胶体金法检测与 PCR-荧光探针法检测结果一致性较差, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 不同检测方法之间存在一定差异, PCR-荧光探针法检测可显著提高甲流的检出率, 可作为快速诊断甲型流感病毒的检测方法。

## PU-6554

## 多囊卵巢综合征患者血清抗缪勒氏管激素水平及诊断价值

项国谦

浙江大学医学院附属杭州市第一人民医院

**目的** 探讨多囊卵巢综合征患者 (polycystic ovary syndrome, PCOS) 血清抗缪勒氏管激素 (Anti-Mullerian hormone, AMH) 水平变化及临床诊断价值。

**方法** 检测实验组 150 例 PCOS 患者、对照组年龄匹配的 150 例健康女性血清 AMH、睾酮 (T)、卵泡刺激素 (FSH)、黄体生成素 (LH)、催乳素 (PRL)、雌二醇 (E2)、孕酮 (P)、性激素结合球蛋白 (SHBG)、脱氢表雄酮 (DHEAS)、甘油三酯 (TG)、血清总胆固醇 (TC)、高密度脂蛋白 (HDL-C)、低密度脂蛋白 (LDL-C)、血糖 (Glu) 和空腹胰岛素 (INS) 结果, 分析实验组和对照组各临床指标的差异性和相关性; 高睾酮 (T) 组 ( $T > 100\text{ng/dL}$ ) 和正常睾酮组各指标的差异性; 同时通过构建受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线以及分析曲线下的面积 (area under ROC curve, AUC) 来分别评价 AMH 单独及联合血清其它指标对 PCOS 的诊断效能。

**结果** PCOS 患者 AMH 水平与对照组比较, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 且 PCOS 组血 AMH 与 T、LH 呈正相关 ( $P < 0.05$ ); AMH 诊断 PCOS 的 ROC-AUC 为 0.858, 灵敏度为 0.861, 特异性为 0.776, cutoff 值为  $3.94\text{ng/mL}$ ; AMH 联合检测 T、LH 的 ROC-AUC 为 0.873, 灵敏度为 0.903, 特异性为 0.761。

**结论** PCOS 患者 AMH 水平显著升高, 且联合 T、LH 检测能够较好地辅助 PCOS 的诊断。

## PU-6555

### 儿科临床分离细菌耐药性分析

秦冉冉, 黄磊, 严岩, 冯汝立, 周佳, 郑波, 孙立颖  
北京大学第一医院, 100000

**目的** 了解北京大学第一医院 2007 年至 2016 年儿科住院患者临床分离细菌的分布及抗菌药物耐药情况。

**方法** 收集 2007 年 1 月至 2016 年 12 月儿科病房临床分离的非重复细菌, 用纸片扩散法或自动化仪器法进行抗菌药物敏感性试验, 按照美国临床和实验室标准协会 (CLSI) 2015 标准判定药物敏感结果, 用 WHONET 5.6 软件进行统计分析。

**结果** 10 年期间共分离 2593 株非重复细菌, 其中革兰阳性菌占 54.5%, 革兰阴性菌占 45.5%。分离最多的细菌前五位分别为: 大肠埃希菌 (16.0%)、表皮葡萄球菌 (14.1%)、屎肠球菌 (10.8%)、肺炎克雷伯菌 (10.6%)、金黄色葡萄球菌 (8.4%)。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌 (MRCNS) 的检出率分别为 24.1% 和 72.3%, 葡萄球菌中未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药的菌株。屎肠球菌对万古霉素总耐药率为 1.1%, 对利奈唑胺总耐药率为 0.4%, 粪肠球菌未检出对万古霉素和利奈唑胺耐药菌株。大肠埃希菌对亚胺培南总耐药率为 1.5%, 对美罗培南总耐药率为 1.9%。肺炎克雷伯菌对亚胺培南总耐药率为 8.9%, 对美罗培南总耐药率为 9.2%。非发酵糖革兰阴性杆菌中, 鲍曼不动杆菌对亚胺培南和美罗培南的总耐药率分别为 39.5% 和 40.3%, 铜绿假单胞菌对亚胺培南和美罗培南的总耐药率分别为 11.1% 和 7.2%。

**结论** 儿科病房临床标本中分离的 MRSA、耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 和耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌 (CRAB) 检出率不断增加, 应采取行之有效的感染控制措施。

## PU-6556

### HBV-DNA 的载量与凝血功能、ALT 的相关性分析

王云娟  
昆明医科大学第一附属医院

**目的** 研究各临床分型乙型肝炎患者凝血功能、ALT、临床分析与血清乙肝病毒脱氧核糖核酸 (HBV-DNA) 载量之间的相关性, 为临床对乙型肝炎临床分型及疗效观察提高理论依据。

**方法** 收集乙型肝炎患者 176 例为研究组,健康人群 50 例作为健康对照组,分别检测凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血酶原时间(APTT)、纤维蛋白原(FIB)等凝血功能指标、ALT 以及血清 HBV-DNA 含量,按血清的 HBV-DNA 定量分组,并且比较各组的 PT、APTT、FIB、ALT 的关系。

**结果** 除 HBV-DNA $<10^3$ copy/ml 含量组的 PT 值与正常对照无差异外,其它各组 PT 值与正常对照组比较均有差异,特别是当  $10^5<HBV-DNA<10^7$ copy/ml 时,与正常对照组比较差异具有显著性( $P<0.01$ );HBV-DNA $<10^3$  copy/ml 组、 $10^3<HBV-DNA<10^4$  组差异无统计学意义( $P>0.05$ ),其余各组 APTT 值与健康对照组相比均有统计学意义( $P<0.05$ )。特别是当  $10^4<HBV-DNA<10^5$ copy/ml 时,与正常对照组比较差异具有显著性( $P<0.01$ );除  $10^4<HBV-DNA<10^5$  组差异有统计学意义( $P<0.05$ ),其余各组 APTT 值与健康对照组相比均无统计学意义( $P>0.05$ );HBV-DNA $<10^3$  copy/ml 组、 $10^3<HBV-DNA<10^4$  组、 $10^4<HBV-DNA<10^5$  组差异无统计学意义( $P>0.05$ ),其余各组 ALT 值与健康对照组相比均有统计学意义( $P<0.05$ )。特别是当 HBV-DNA $>10^7$ copy/ml 时,与正常对照组比较差异具有显著性( $P<0.01$ )。

**结论** 已型肝炎病人的凝血功能随着病人体内 HBV-DNA 含量的增加有降低的趋势,血清中 ALT 浓度随着患者体内 HBV-DNA 含量的增加而增加,特别是对于 HBV-DNA $>10^5$ copy/ml 的患者,应该随时监测患者的凝血功能、血清中 ALT 的浓度,以监测患者肝损伤程度,防止出现严重的出血和把握抗病毒治疗的时机。

## PU-6557

### 精细化试剂管理软件的开发及应用

聂滨,解学龙,段业芬,胡孝彬  
宜宾市第二人民医院,644000

**目的** 开发并推广应用具有库房管理、使用管理和资质管理模块的精细化试剂管理软件。

**方法** 该软件与实验室信息系统(LIS)无缝连接,基于预制条形码实现试剂的申购、入库、出库、划拨、使用和报损等各个环节试剂信息的记录存储、监控和统计分析。

**结果** 结果 该软件库房管理模块进销存功能取代大量繁琐的手工填单、记录、查找、统计等工作;资质管理模块中的合同管理和三证管理功能保证采购的合法性,性能验证报告管理功能保证采购试剂质量;使用管理模块使患者检测项目试剂溯源性易获得,能获得单项目试剂成本、仪器试剂成本和项目包试剂成本,能进行试剂使用监控,不用再手工使用登记,减轻了劳动强度,提高了工作效率。

**结论** 结论 该精细化试剂管理软件实现了相关法律法规对检验试剂质量管理、成本管理以及合规管理要求,可予以推广使用。

## PU-6558

### Serum Squamous Cell Carcinoma Antigen in Psoriasis: A Potential Quantitative Biomarker for Disease Severity.

Xiaomin Shi  
Peking University First Hospital

**Objective** We aimed to explore serum biomarkers quantitatively in association with disease severity and treatment response in psoriasis patients, with serum squamous cell carcinoma antigen (SCCA) evaluated in this pilot study.

**Methods** 15 psoriasis patients were treated with adalimumab. At different visits before and after treatment, quantitative body surface area (qBSA) was obtained from standardized digital body images of the patients, and the psoriasis area severity index (PASI) was also monitored. SCCA

were detected by using microparticle enzyme immunoassay. The serum biomarkers were also tested in healthy volunteers as normal controls. Receiver-operating characteristic (ROC) curve analysis was used to explore the optimal cutoff point of SCCA to differentiate mild and moderate-to-severe psoriasis.

**Results** The serum SCCA level in the psoriasis group was significantly higher ( $p < 0.05$ ) than in the normal control group. After treatment, the serum SCCA levels were significantly decreased ( $p < 0.05$ ). The SCCA level was well correlated with PASI and qBSA. In ROC analysis, when taking PASI = 10 or qBSA = 10% as the threshold, an optimal cutoff point of SCCA was found at 2.0 ng/mL with the highest Youden index.

**Conclusions** Serum SCCA might be a useful quantitative biomarker for psoriasis disease severity.

## PU-6559

### 尿液 afamin 和尿液 afamin 肌酐比值可作为 肾损伤的新型生物标志物

逢璐,李海霞

北京大学第一医院,100000

**目的** Afamin 是白蛋白家族的成员之一, 本研究的目的是建立尿液 afamin (urine afamin, uAFM) 和尿液 afamin 肌酐比值 (afamin-creatinine ratio, AfCR) 的生物参考区间, 同时评估二者在评价肾脏损伤时的临床价值。

**方法** 共纳入 247 例健康体检成人作为对照组和 129 例肾脏病理检查确诊的原发性肾小球肾炎患者作为疾病组, 疾病组包括 59 例原发性膜性肾病、46 例 IgA 肾病、24 例肾小球微小病变。对 uAFM 的 ELISA 检测方法进行方法学评价, 包括精密度验证、线性验证、空白限和检测限评价, 建立 uAFM 和 AfCR 的生物参考区间, 评估二者在评价肾脏损伤时的临床价值。

**结果** 精密度、线性、空白限和检测限均已达到试剂盒要求。生物参考区间研究显示: uAFM 和 AfCR 性别之间存在明显差异, 年龄之间无明显差异, 基于性别的生物参考区间分别是 uAFM: 男性为  $< 86.3$  ng/mL, 女性为  $< 48.3$  ng/mL; AfCR: 男性为  $< 74.4$   $\mu$ g/g, 女性为  $< 67.6$   $\mu$ g/g。uAFM 和 AfCR 在原发性膜性肾病、IgA 肾病和肾小球微小病变组明显高于对照组, uAFM 与尿液白蛋白具有明显相关性, AfCR 与尿液白蛋白肌酐比值 (albumin-creatinine ratio, ACR) 具有明显相关性, uAFM 和 AfCR 在不同 eGFR 分组之间无明显差异, 且二者与 eGFR 均无相关性。

**结论** uAFM 和 AfCR 可能是反映肾小球屏障功能损伤的新型生物标志物。

## PU-6560

### 急诊科临床分离细菌耐药性分析

秦冉冉,李秀清,高磊,孙立颖,熊辉,汪波

北京大学第一医院,100000

**目的** 了解北京大学第一医院急诊科 2012 年至 2015 年临床分离细菌的分布及抗菌药物耐药情况。

**方法** 收集急诊科 2012 年至 2015 年临床分离的非重复细菌,用纸片扩散法或自动化仪器法进行抗菌药物敏感性试验,按照美国临床和实验室标准协会 (CLSI)2015 标准判定药物敏感结果,用 WHONET5.6 软件进行统计分析。

**结果** 临床共分离 1283 株细菌,其中革兰氏阳性菌占 30.6%,革兰氏阴性菌占 69.4%。分离最多的前 5 位细菌分别是大肠埃希菌(18.4%),鲍曼不动杆菌(15.2%),金黄色葡萄球菌(13.3%),铜绿假单胞菌(12.7%)和肺炎克雷伯菌(8.8%)。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的平均检出率为 75.6%,耐甲

氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的平均检出率为 83.1%,葡萄球菌中未发现对利奈唑胺、万古霉素耐药菌株。粪肠球菌对所测试的大多数抗菌药物的耐药率均明显低于屎肠球菌。超广谱  $\beta$  内酰胺酶(ESBLs)阳性大肠埃希菌的检出率为 64.8%,克雷伯菌属细菌为 40.5%。铜绿假单胞菌对亚胺培南、美罗培南耐药率分别为 30.1%,28.4%,鲍曼不动杆菌对亚胺培南、美罗培南耐药率分别为 83.5 和 83.0%。

**结论** 临床分离细菌对抗菌药物耐药性较高,MRSA、耐万古霉素肠球菌、泛耐药肠杆菌科细菌、泛耐药鲍曼不动杆菌、泛耐药铜绿假单胞菌的检出率较高,给临床治疗带来一定挑战。

## PU-6561

### HBV 感染者 HBsAg、HBsAb 双阳性与 TCR $\beta$ 链 CDR3 克隆型的相关性

常乐  
北京大学第一医院

**目的** 分析 HBsAg 和 HBsAb 双阳性乙型肝炎患者与其他乙型肝炎患者间 T 细胞受体组库(TCR) $\beta$  链互补决定区 3 (CDR3) 克隆型差异性。

**方法** 以 11 例 HBsAg 和 HBsAb 双阳性乙肝患者为病例组, 10 例自然痊愈(HBsAb+)者为对照组 1, 10 例 HBsAg 阳性但 HBsAb 阴性乙肝患者为对照组 2。采用 IlluminaHiseqX10 测序仪对全血 DNA 的 CDR3 序列进行高通量测序, 建立 CDR3 免疫组库, 并进行 CDR3 克隆型及多样性分析。

**结果** 在病例组, 任意两样本 CDR3 克隆性重叠率为 6.28% (0.25%, 13.10%); 对照组 1 为 10.49% (6.20%, 17.30%); 对照组 2 为 2.60% (0.13%, 13.69%), 病例组与对照组 1 相比有统计学意义( $P=0.008$ ), 对照组 1 与对照组 2 组相比有统计学意义( $P=0.001$ ), 病例组与对照组 2 相比无统计学意义。经过病例组与两个对照组分别比较得到: 克隆型 TRBV7-2/TRBD1/TRBJ2-1 频率病例组高于对照组 1( $P=0.029$ ), 克隆型 TRBV7-3/TRBD1/TRBJ2-7 频率病例组低于对照组 1( $P=0.031$ )。病例组与对照组 1 相比, V 基因型 TRBV5-8 频率差异有统计学意义( $P=0.047$ ); 病例组与对照组 2 之间, 有 14 种克隆型频率差异有统计学意义, V 基因型 TRBV28 频率差异有统计学意义( $P=0.028$ )。三组样本的 TCR  $\beta$  链 CDR3 多样性, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 克隆型 TRBV7-2/TRBD1/TRBJ2-1 和 TRBV7-3/TRBD1/TRBJ2-7, V 基因 TRBV5-8 可能与 HBsAg 和 HBsAb 双阳性相关, 而 TCR  $\beta$  链 CDR3 多样性与 HBsAg 和 HBsAb 双阳性无明显关系。

## PU-6562

### 肾损害合并单克隆免疫球蛋白血症患者的临床及实验室指标分析

肖明锋  
广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 本研究旨在探讨肾损害伴单克隆免疫球蛋白血症患者(MGRS)相关实验室指标在肾损害合并单克隆免疫球蛋白血症患者中的应用价值。

**方法** 对符合入选标准的患者按照相关的诊断标准临进行分组, 分为多发性骨髓瘤(MM)、MGRS 组、浆细胞瘤组、巨球蛋白血症组(WM)和淋巴瘤组, 收集病人的性别、年龄等临床资料, 检测血清免疫固定电泳、M 蛋白比例、24 小时尿蛋白、血钙、血红蛋白(HGB)、肾小球估计滤过率、胱抑素 C、血肌酐、血尿素、补体 3、补体 4、ANA、dsDNA、CIC、血  $\beta_2$  微球蛋白、IgG、IgA、IgM、IgE 等资料, 运用统计学方法对相关实验室指标进行统计学分析。

**结果** 淋巴瘤组与 MM 组、肾病合并 M 蛋白阳性组血肌酐的差异有统计学意义。WM 与 MM 组、MGRS 组肌酐的差异有统计学意义。WM 与 MGRS 组、浆细胞瘤组 HGB 的差异有统计学意义。淋巴瘤组与 MGRS 组尿素的差异有统计学意义。WM 与 MGRS 组胱抑素 C 的差异有统计学意义。MGRS 组与 MM、淋巴瘤组、WM 组 IgA 的差异有统计学意义。MM 与 MGRS 组、WM 组、淋巴瘤组 IgM 的差异有统计学意义。浆细胞瘤组与淋巴瘤组 IgM 的差异有统计学意义。MM 与 MGRS 组 IgE 的差异有统计学意义。MGRS 组与 MM 组、WM 组 M 蛋白比值的差异有统计学意义。

**结论** MGRS 相关疾病的诊断需要结合相关临床数据及肾组织病理变化明确诊断和意义, 相关实验室指标可对此类此病进行鉴别诊断和辅助诊断。

#### PU-6563

### HIV/HCV 共感染与 HCV 单纯感染使用 APRI 评估 肝纤维化的临床探讨

翟秀伟, 陈艳芝, 李巧清, 张思荣, 杨坤, 何丽萍  
保山市人民医院, 678000

**目的** 探讨 HIV/HCV 共感染与 HCV 单纯感染对肝纤维进程中的影响进行临床探讨。

**方法** 选取 299 例研究背景相对一致的患者作为研究对象, 且 HCV-RNA 检测均结果  $>500\text{IU/mL}$  其中男性 158 例 (52.9%), 女性 141 例 (47.1%), 年龄 22~65, 平均年龄为  $(39\pm 11.2)$  岁, 共分为 HIV( $\text{CD4}^+ > 400$  个/ $\mu\text{l}$ ) 与 HCV 共感染、HIV( $\text{CD4}^+ < 400$  个/ $\mu\text{l}$ ) 与 HCV 共感染、HCV 单纯感染三组, 通过检测三组研究对象的天门冬氨酸氨基转移酶 (AST) 和血小板 (PLT) 结果计算出 APRI, APRI 值指数是天门冬氨酸氨基转移酶 (AST) 与血小板 (PLT) 比值, APRI 评分是一种被较多研究者接受的无创诊断模型评价肝病患者肝纤维化程度的方法, 本研究使用 APRI 评分作为肝纤维程度指标, 并对 HIV/HCV 共感染与 HCV 单纯感染不同患者的肝纤维程度进行比较研究。

**结果** ①三组患者的 AST 进行比较 ( $q\ 0.08$ ,  $p\ 0.93$ )  $P>0.05$ , 三组差异没有统计学意义 ②三组患者的 PLT 进行比较 ( $q\ 0.03$ ,  $p\ 0.97$ )  $P>0.05$ , 三组差异没有统计学意义 ③使用 AST 和 PLT 结果计算出 APRI, 对三组研究对象的肝纤维程度 APRI 评分比较为 ( $q\ 0.64$ ,  $p\ 0.53$ )  $P>0.05$ 。

**结论** HIV/HCV 合并感染患者与 HCV 单纯感染者在肝脏纤维化进程的影响没有显著性差异。

#### PU-6564

### Analysis of Drug-resistant Associated Mutations and Genetic Barriers in HCV NS5B Sequences in China

bin nie<sup>1</sup>, Yongcan Guo<sup>2</sup>

1. The second people's hospital of yibin city

2. Affiliated TCM Hospital of Southwest Medical University,

**Objective** NS5B is the most important target region for drugs being developed as directly acting antivirals (DAAs). However, the appearance of drug resistance mutations and genetic barriers has dramatically decreased the effects of therapies. In this study, HCV NS5B sequences from different Chinese provinces were analyzed to identify natural drug resistance sites and genetic barriers.

**Methods** The NS5B sequences included 3,322 obtained from GenBank with origins in different Chinese provinces and 153 obtained from clinics in three cities (Yibin, Zigong and Luzhou) in Sichuan province of China. Sequences were enrolled for screening of drug resistance-related

amino acids. The Vijver method was introduced to evaluate the occurrence of genetic barriers in the enrolled sequences.

**Results** The results indicated that of 17 drug resistance sites summarized from the literature, 9 were found in Chinese NS5B sequences, and the dominant site was C316Y. In our evaluation of genetic barriers, we found that the probability of a transition to a drug resistance-related amino acid is as high as 100% and 99.7% at positions 96 and 282 in response to drug-selective pressure in the form of antiviral drugs.

**Conclusions** Our study is the first to analyze natural drug resistance sites and evaluate genetic barriers in Chinese NS5B sequences. The results are important to drug development and the introduction of foreign-origin anti-viral drugs made to target HCV NS5B regions in China.

## PU-6565

### 分析前标本不合格的原因分析及质量控制策略

何亚琼,束国防

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 分析所有检验样本不合格的原因,为提高分析前质量控制,提供有效的针对建议

**方法** 统计我院 2018 年 6 月至 2019 年 5 月所有不合格样本数量及分布情况,用 EXCEL 软件进行原因分析。为针对样本主要不合格原因,制定质量控制措施。

**结果** 我院一年中总不合格样本有 14308 份,不合格原因主要分为标本原因(10440 份)、送检原因(15 份)及医嘱原因(3853 份)三大类。其中标本原因中以血液标本(4626 份)不合格为主,主要原因有:溶血(2436 份)、标本凝固(1340 份)、标本不足(655 份)及采样错误(210 份)等;其次尿样不合格(3894 份)原因主要是标本采集不足(3210 份)及留取错误(456 份);微生物不合格样本(606 份)主要原因为标本被污染(288 份)及采集错误(200 份);未注明采集时间是送检不合格的主要原因;医嘱取消是医嘱不合格的主要原因

**结论** 我院不合格样本较多,临床医护与检验人员应加强合作,降低不合格样本的发生率,提高分析前质量。

## PU-6566

### 干化学定性方法检测随机尿蛋白肌酐比值的临床应用

关杰,屈晨雪

北京大学第一医院,100000

**目的** 评价干化学定性方法在检测慢性肾脏病(CKD)患者随机尿蛋白/肌酐比值(PCR)中的应用。

**方法** 入选 2015-2016 年北京大学第一医院诊断为慢性肾脏病的患者 211 名,对所有患者同时检测随机尿干化学定性尿蛋白肌酐比值(PCR, mg/g)、定量白蛋白肌酐比值(ACR mg/g)及 24 小时尿蛋白含量(UTP, g/24h)。同时,随机入选 120 例,同时测定其随机尿干化学定性尿蛋白肌酐比值,定量白蛋白肌酐比值。尿干化学定性方法采用 Arkray 尿液分析仪 10PA 试纸条,其肌酐检测原理为染料络合显色法,尿肌酐定量检测采用碱性苦味酸动力学法,尿蛋白定量检测方法为邻苯三酚钼络合显色法。以 Spearman 检验分析定性及定量尿肌酐水平相关性,及定性 PCR 与 ACR 及 UTP 的相关性。依据 K/DOQI 指南,以  $ACR \geq 30mg/g$  为微量白蛋白尿的判断标准、以  $ACR \geq 300mg/g$  为大量白蛋白尿判断标准,作 ROC 曲线评估定性结果 PCR 在判断蛋白尿的 cut-off 值及其敏感度和特异性。

**结果** 尿干化学定性方法检测尿蛋白存在一定的假阳性 1.82% (3/165) 和假阴性 1.82% (3/165)。尿肌酐检测定性与定量结果相关性为 0.750 ( $P \leq 0.001$ )。定性 PCR 与定量 ACR、



UTP 存在较好的相关性, 相关系数分别为 0.765 ( $P \leq 0.001$ ), 0.702 ( $P \leq 0.001$ )。定性 PCR 在判断微量蛋白尿时, cut-off 值为 50mg/g (敏感度 0.937, 特异性 0.667, AUC 0.945), 在判断大量蛋白尿时, cut-off 值为 375mg/g (敏感度 0.963, 特异性 0.731, AUC)。

**结论** 尿液干化学定性方法检测简单、快速, 尿肌酐的定性结果使随机尿 PCR 与尿液常规检查可同时完成, 其结果与定量的 ACR 和 UTP 有较好相关性, 以 50mg/g 及 375mg/g 判断微量、大量蛋白尿有较高敏感度, 有助于快速筛查及判断 CKD 患者, 特别是门诊、社区患者的尿蛋白控制水平。

## PU-6567

### Case report: False positive cardiac troponin I and CK-MB in two healthy males after bone marrow mobilization.

Jie Guan, Haixia Li  
Peking University First Hospital

**Objective** Cardiac biomarkers such as cardiac troponin (cTn) and creatine kinase MB (CK-MB) are key parameters for the diagnosis of myocardial ischemia. Particle matter is one of the most common interference in immunoassays and cause false results. Two cases of false positive cTnI and CK-MB results due to this are reported.

**Methods** It concerns two generally healthy male bone marrow donors with elevated cTnI and CK-MB after bone marrow mobilization with recombinant human granulocyte colony stimulating factor (rhG-CSF, 5  $\mu$ g/[kg·day]) for 4-5 days. Obvious changes in re-analysis results were also found, but went back to normal levels after centrifugation (4000rpm, 2980 $\times$ g, 5min). Clinicians were contacted for confirmation of no ACS symptoms and electrocardiogram problems with the donor. The subsequent serum specimens have also seen normal CK-MB and cTnI levels.

**Results** Considering both of the donors were healthy males and the only variation was the presence of vast granulocytes and stem cells after bone marrow mobilization. So blood cells in the lithium heparin plasma which cannot be separated completely under conventional centrifugation is the most likely cause of false positive cTnI and CK-MB in healthy bone marrow donors.

**Conclusions** In conclusion, laboratory evaluation of cardiac biomarkers in bone marrow donors requires great caution. Due to possible interference of vast granulocytes and stem cells after bone marrow mobilization, laboratories should recentrifugate or prolong centrifugation time to eliminate such interference.

## PU-6568

### 幽门杆菌感染与肝硬化患者上消化道出血的相关性分析

朱朝轩  
甘肃省康复中心医院, 730000

**目的** 幽门螺杆菌在消化性溃疡发病中起重要作用, HP 可引起多种胃疾病, 包括消化性溃疡、胃粘膜相关淋巴组织淋巴瘤、慢性胃炎等。探讨了肝硬化患者上消化道出血和幽门螺杆菌感染之间的关系。

**方法** 选择 2016 年 1 月至 2018 年 6 月本院住院的肝硬化患者 70 例, 用 C14 尿素呼气试验检测幽门螺杆菌(HP), 同时胃镜检查消化性溃疡和食管静脉曲张的发生率及出血原因。

**结果** HP 感染阳性率为 51.8%, 合并上消化道出血 58.3%, 其中静脉曲张 12.8%, 溃疡病出血 38.5%, 其他原因出血 6.8%; HP 阴性 46.9%, 合并上消化道出血 21.8%; 其中静脉曲张破裂 9.65%, 溃疡病出

血 7.32%,其他原因出血 4.9%。HP 感染阳性和上消化道出血的发生率明显高于 HP 阴性者,差异有统计学意义, $(P<0.05)$ 。

### 结论

肝硬化患者合并上消化道出血率 HP 感染的阳性组明显高于 Hp 阴性组,主要为非静脉曲张破裂出血的发生率明显增高,这可能与 HP 感染诱发消化性溃疡的发生和消化性溃疡出血的发生率较高相关。因而建议肝硬化患者应常规检测 HP,尽力做到幽门螺杆菌感染的及早诊断,及早预防,进一步减少 Hp 的传播和导致相关疾病发生。

## PU-6569

### P16 determines the growth and mobility potential of breast cancer by regulating IL-6/JAK2/STAT3 signaling

Bo Jin

Peking University First Hospital

**Objective** P16 is the product of cyclin dependent kinase 2 (CDKN2A) gene, which is dys-expressed in multiple cancer types and plays multi-pronged roles in the progression of cancers. Breast cancer (BC) is the most commonly diagnosed cancer type among females. In the current study, the function of P16 in the growth and metastasis potential of BC cells was investigated.

**Methods** Expression status of P16 in different cancer types was investigated using Oncomine database and the validated in corresponding cancer cell lines. The expression of P16 was knocked down in BC cell line BT-549 and the effect on the cell proliferation, sensitivity to paclitaxel (TAX), apoptosis, migration and invasion ability was assessed with Edu assay, CCK-8 assay, flow cytometry, scratch assay, and transwell assay respectively. Thereafter, the influence of P16 knockdown and overexpression on the activity of IL-6/JAK/STAT3 signaling was also detected with western blotting assay. The effect of P16 knockdown on tumor growth based on in vitro assay was further verified with a BC xenograft mice model.

**Results** Dys-regulated expression of P16 was recorded in BC, cervical cancer, colorectal cancer, leukemia, and etc. based on Oncomine database. However, abnormally up-regulated expression of P16 was only detected in BC cell line BT-549 and colorectal cancer cell SW-620 and LOVO. Knockdown of P16 in BT-549 cells inhibited cell proliferation, invasion, and migration ability while induced cell sensitivity to TAX and cell apoptosis. Concomitant with phenotypic changes, knockdown of P16 inhibited expression of IL6ST and phosphorylation of JAK2 and STAT3, which further suppressed the downstream effector Survivin. The regulating role of P16 on IL-6/JAK2/STAT3 signaling was confirmed by induced the expression of P16 in P16-knockdown BT-549 cells, which activated IL-6/JAK2/STAT3 pathway. The growth inhibiting effect of P16 knockdown on BC cells was validated in a xenograft mice model: knockdown of P16 decreased the tumor growth rate.

**Conclusions** The current study demonstrated the crucial role of P16 in the survival and progression of BCs: knockdown of the factor decreased cell viability, invasion, migration, and induced TAX sensitivity and cell apoptosis by inhibiting IL-6/JAK2/STAT3 signaling.

## PU-6570

### 妊娠期妇女糖耐量异常对妊娠预后的探讨

朱朝轩

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 妊娠期糖耐量受损 (IGT) 是介于正常血糖和妊娠期糖尿病血糖之间的糖代谢异常状况。妊娠期糖尿病患者发生巨大儿、低体重儿、早产、难产、先天畸形的风险明显增加。因而孕期早期发现、

诊断和治疗妊娠期糖耐量异常，对预后有重要意义通过对妊娠期妇女糖耐量受损的情况进行了筛查，本文探讨了妊娠期糖耐量异常对妊娠预后的影响。

**方法** 将选择的 85 例孕妇均于怀孕 22—30 周后，随机进行 50g 葡萄糖筛查试验，要及早进行筛查有高危因素的患者，对羊水过多、胎儿生长过快过大、肥胖者在 31 -33 周重复筛查一次。将 50g 葡萄糖与 200ml 水混匀于 2 分钟内喝完，从喝第一口时记时，1 小时抽血查血糖，血糖值  $\geq 7.8\text{mmol/L}$  为异常。对糖筛异常者，则行 75g 葡萄糖耐量试验（OGTT）。空腹 8 小时后抽血查空腹血糖，把 75g 葡萄糖与 200ml 水混匀于 2 分钟内喝完，分别于 1 小时、2 小时、3 小时准确抽血查血糖。

**结果** IGT 组和 GDM 组孕妇的年龄、分娩前及孕前体重与正常组比较，有显著性差异（ $p<0.05$ ）。IGT 组与 GDM 组比较，两者间平均年龄、分娩前体重及孕前体重无显著性差异。本研究妊娠期高血压疾病发生率（12.8%）较正常组（6.6 %）明显增高，糖耐量受损的新生儿，重度窒息率（3.2%）较正常组（0.81%）也明显升高。

**结论** 糖耐量受损孕妇妊娠期并发症、剖宫产率等均高于正常孕妇。筛查试验应作为妊娠期产前检查的常规项目，对早期诊断妊娠期糖尿病有实际意义。

#### PU-6571

### 转录因子 C/EBP $\beta$ 参与调控膀胱癌特异新基因 UCA1 在膀胱癌的高表达

金博

北京大学第一医院,100000

**目的** 寻找 UCA1 基因在膀胱癌中高表达的关键元件和转录因子。

**方法** 构建 UCA1 基因启动子荧光素酶报告基因载体，用 5'-缺失体删除法和双荧光素酶报告基因系统定位该基因启动子存在的活性区域，生物信息学方法预测和筛选与泌尿生殖系统相关的转录因子，对其结合位点进行定点突变分析和对转录因子进行 RNA 干扰试验。ChIP 试验和 EMSA 实验验证转录因子与关键元件相结合。

**结果** UCA1 基因启动子上游-1513bp~-1333bp 区段内存在重要转录增强子元件，对生物信息学预测和筛选出的 10 种泌尿和生殖相关度高的转录因子进行定点突变和 RNA 干扰后发现，下调转录因子 C/EBP $\beta$  后，UCA1 表达活性明显降低。ChIP 实验和 EMSA 实验结果表明转录因子 C/EBP $\beta$  能与内源性 UCA1 启动子的结合。

**结论** 转录因子 C/EBP $\beta$  能够与顺式作用元件结合，参与 UCA1 基因在膀胱癌细胞中的高度表达。

#### PU-6572

### PTTG1, A novel androgen responsive gene is required for androgen-induced prostate cancer cell growth and invasion

Bo Jin

Peking University First Hospital

**Objective** Androgens play an important role in initiation and progression of prostate cancer. It has been shown that androgens exert their effects mainly through the androgen-activated AR which binds to androgen response elements (AREs) in the regulatory regions of target genes to regulate the transcription of androgen-responsive genes, thus, identification of AR downstream target gene is critical to understand androgen function in prostate cancer.

**Methods** Regulation of PTTG1 by androgen in prostate cancer LNCaP cells is dependent on androgen receptor. Identification of an androgen response element in the PTTG1 gene promoter. ChIP analysis of AR binding to PTTG1 promoter. LNCaP cells were treated for 16 hours with either vehicle control or 1 nM DHT or in combination with androgen receptor antagonist Casodex and ChIP assays were performed with anti-AR antibody. Effects of PTTG1 knockdown on LNCaP cell growth, cell cycle and invasion ability.

**Results** In this study, our results showed that androgen treatment of LNCaP cells induced PTTG1 expression, which was blocked by the androgen receptor antagonist, Casodex. Bioinformatics analysis and experiments using PTTG1 promoter deletion mutants showed that the PTTG1 promoter contains a putative androgen response element (ARE), which localizes in the -851 to -836 region of the promoter. Androgen -activated androgen receptor (AR) binding to this ARE was confirmed by Chromatin immunoprecipitation (ChIP) assay. Furthermore, Knockdown of PTTG1 expression using short hairpin RNA significantly reduced androgen-induced LNCaP cell growth and invasion.

**Conclusions** These results suggest that PTTG1 is a novel downstream target gene of androgen receptor.

PU-6573

## WBC、Hs-CRP 联合检测在急性阑尾炎中的诊疗价值

王艳秋

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 目前许多炎症指标用于急性手术诊断,其中白细胞计数和超敏 C 反应蛋白(Hs-CRP)在实验室最常用,本文回顾性分析了近年来收治的急性阑尾炎患者白细胞(WBC)、超敏 C 反应蛋白(Hs-CRP)变化与急性阑尾炎的关系。

**方法** 选取本院诊断的急性阑尾炎患者 40 例,根据病理结果将其分为 4 组:急性化脓性阑尾炎、急性单纯性阑尾炎、阑尾周围脓肿坏疽性及穿孔性阑尾炎,检测四组急性阑尾炎患者 Hs-CRP、WBC 水平。

**结果** 急性阑尾炎患者 Hs-CRP、WBC 水平均比正常对照组高,差异有显著性意义( $P<0.05$ );通过急性阑尾炎不同病理类型间 Hs-CRP、WBC 比较,提示急性坏疽性及穿孔性阑尾炎和其他临床病理类型相比较 Hs-CRP 水平有显著性升高( $P<0.05$ );其余各组间无显著性差异( $P>0.05$ )。

**结论** 通过急性阑尾炎不同病理类型间 Hs-CRP 比较,提示急性坏疽性及穿孔性阑尾炎和其他临床病理类型相比较 Hs-CRP 水平有显著性升高( $P<0.05$ );其余各组间无显著性差异,说明急性坏疽性及穿孔性阑尾炎凝血系统改变比急性单纯性阑尾炎、急性化脓性阑尾炎、阑尾周围脓肿明显。反过来也提示,如果 Hs-CRP 呈现高水平升高,要充分考虑有无坏疽可能。

PU-6574

## 出凝血功能指标与甲状腺功能代谢障碍患者关系的临床价值

王艳秋

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 甲状腺功能异常临床可表现为甲状腺功能亢进（甲亢）和甲状腺功能减退（甲减）等不同形式，常伴有凝血功能指标的异常，易发生出血或血栓倾向，本文对甲状腺功能异常的患者出凝血功能指标进行了观察和分析。

**方法** 选择了 2016 年 5 月-2018 年 12 月期间在甘肃省康复中心医院住院部和门诊就诊的甲状腺功能代谢异常的患者 60 例，根据血清中 TSH 浓度、FT3 浓度、FT4 浓度分为甲状腺功能亢进组（甲亢组）、甲状腺功能减退组（甲减组），并选择同期 40 例来我院健康体检者作为对照组。测定三组人群血清中 TSH、FT3、FT4 水平及血小板数、凝血酶原时间(PT)、活化部分凝血活酶时间（APTT）、纤维蛋白原（FIB）浓度。

**结果** 3 组人群 PLT 计数值经统计学处理无差异（ $P>0.05$ ）；甲减组的 PT、APTT、FIB 三项指标与其他两组比较分析，有统计学差异（ $P<0.05$ ）；甲亢组 PT、APTT、FIB 浓度均低于健康对照组，两者差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 甲亢患者凝血功能处于高凝状态，有继发血栓形成倾向。甲减患者凝血功能减退，有出血危险。甲减加速动脉粥样硬化的发生发展，甲减除了可引起血脂异常外，还对凝血和纤溶系统的生化指标产生影响进而增加动脉粥样硬化、血栓形成的风险。甲状腺激素水平的高低是患者高凝和低凝状态的主要机制，高凝、低凝状态可能是甲状腺疾病潜在病理生理的独立因素。

PU-6575

## A comparison study between wide range and high sensitivity C-reactive protein assays (Roche Cobas c702) for low C-reactive protein concentration in patients with cardiovascular risk

Runqing Li

Beijing Tsinghua Changgung Hospital, School of Clinical Medicine, Tsinghua University, People's Republic of China

**Objective** Low concentration C-reactive protein (CRP) has favorable prognostic significance in patients with cardiovascular risks.

**Methods** We compared the wr-CRP method with the hs-CRP method both on Roche Cobas c702 analyzer for determination of low CRP concentration ( $< 20$  mg/L) including 200 patients treated in Cardiology Department in Beijing Tsinghua Changgung Hospital (Beijing, China) from December 2018 to March 2019.

**Results** The two methods were highly correlated (Spearman's  $\rho=0.995$ ). Deming regression was used to fit the regression analysis model, giving a slope of 1.058 with an intercept of 0.008. The median method difference (wr-CRP-hs-CRP) was 0.120 mg/L (95% CI, 0.086–0.200 mg/L), and the median percent differences was 7.34% (95% CI, 4.27–8.47%). The percent bias between both methods at the given cutoff CRP values of 1, 3, and 10 mg/L evaluated by Deming regression was 6.60%, 6.07%, and 5.88%, respectively, all of which were less than the acceptable standard (12.50%). The percentage of sample results concordant by both methods for the risk stratification was 96.0% ( $\kappa=0.937$ ,  $p<0.001$ ).

**Conclusions** Roche wr-CRP and hs-CRP assays are highly concordant in determining low concentration CRP. Wr-CRP may be used as an alternative to hs-CRP assay on Roche Cobas c702 analyzer to assess the cardiovascular risk, considering its convenience and lower costs.

#### PU-6576

### SOX2 通过 mTOR 通路下调 cyclinD1 的表达并抑制结直肠腺癌细胞增殖

刘慧<sup>1</sup>, 邹明瑾<sup>1</sup>, 杨咏梅<sup>1</sup>, 张欣<sup>1</sup>, 张义<sup>1</sup>, 王传新<sup>2</sup>

1. 山东大学齐鲁医院, 250000

2. 山东大学第二医院, 250000

**目的** SOX2 (Sex determining region Y-box 2) 分子是一类在细胞的增殖、分化中发挥重要作用的转录因子。近年来研究报道 SOX2 分子在不同肿瘤中对增殖所起的作用不同, 但关于其对结直肠腺癌细胞增殖的影响以及机制尚未有报道。mTOR 是在结直肠腺癌组织中过度活化并与细胞增殖密切相关的一条通路。本实验主要研究 SOX2 分子对结直肠腺癌细胞增殖的影响, 并通过体内、体外实验探讨 SOX2 分子与 mTOR 通路、cyclinD1 之间的关系, 阐明了 SOX2 分子作为治疗结直肠腺癌潜在靶点的临床意义。

**方法** 应用脂质体 2000 ( lipofectamineTM2000) 将 SOX2 基因瞬时转染进入结直肠腺癌细胞系 HT-29 细胞, 分别用细胞增殖实验和流式细胞仪分析 SOX2 分子对 HT-29 细胞增殖和细胞周期的影响; 用蛋白免疫印迹实验 (Western Blotting) 检测 SOX2 分子对 mTOR 通路的影响; 进一步用免疫组化、实时荧光定量 PCR、Western Blotting 分析人结直肠腺癌组织中 SOX2 与 mTOR 通路、cyclinD1 的关系。

**结果** 细胞增殖实验表明 SOX2 可以显著抑制 HT-29 细胞的增殖; 通过对细胞周期分析发现 SOX2 可以通过下调 HT-29 细胞中 cyclinD1 表达将细胞周期阻滞在 G0/G1 期; Western Blotting 表明 SOX2 抑制 HT-29 细胞的 mTOR 通路活性; 免疫组化、实时荧光定量 PCR、Western Blotting 结果显示人结直肠癌组织中 SOX-2 的表达与 mTOR 通路、cyclinD1 的表达呈负相关。

**结论** 通过体内、体外实验表明 SOX2 分子可以抑制结直肠腺癌细胞的增殖, 其机制很可能是通过 mTOR 通路下调 cyclinD1 的表达引起的, 提示 SOX2 分子具有抗增殖作用, 并可作为一种新的潜在的靶点用于治疗结直肠腺癌。

#### PU-6577

### CA125、TSGF、CEA 联合检测在妇科恶性肿瘤中的诊断价值探讨

柳灵

甘肃省康复中心医院, 730000

**目的** 卵巢癌、宫颈癌、乳腺癌是一种严重威胁妇女生命健康的恶性肿瘤, 近年来该病发病率逐年上升。早发现、早诊断、早治疗是提高患者生活质量和生存率的关键。本文探讨 TSGF、CA125、CEA 联合检测对妇科恶性肿瘤诊断中的应用价值。

**方法** 我们于 2016 年 5 月至 2018 年 12 月, 对 40 例妇科肿瘤患者血清进行了 TSGF、CA125、CEA 联合检测。用东芝 120R 全自动生化分析仪检测 TSGF, 用深圳迈瑞化学发光仪检测 CEA、CA125, 检测结果阳性标准 TSGF $\geq 68$  u/ml、CEA $\geq 5$  ng/ml、Ca125 $\geq 37$  u/ml。

**结果** TSGF 检测灵敏度明显高于 CA125、CEA、(P<0.05), 联合检测阳性率明显提高; 三组人群 TSGF 含量的检测结果: 40 例恶性肿瘤组 TSGF 浓度为  $84.4 \pm 6.2$ 、阳性率为 85.0% (34/40), 25

例良性肿瘤组 TSGF 浓度为  $51.8 \pm 4.4$ , 阳性率 4.0% (1/25), 30 例对照组 TSGF 浓度为  $47.5 \pm 4.5$ , 阳性率为 0%。经统计学处理, 妇科恶性肿瘤组与良性肿瘤组及对照组之间 TSGF 水平存在显著性差异( $P < 0.01$ ), 良性肿瘤组及对照组之间 TSGF 水平无显著性差异( $P > 0.05$ )。

**结论** TSGF、CA125、CEA 联合检测可明显提高妇科恶性肿瘤诊断的敏感性, 是一种较科学、合理的肿瘤标志群, 对妇科恶性肿瘤早发现、早诊断有重要的临床意义。

#### PU-6578

### Evaluation of a novel micro/nanofluidic chip platform for the detection of influenza A and B virus in patients with influenza-like illness

Runqing Li

Beijing Tsinghua Changgung Hospital, School of Clinical Medicine, Tsinghua University,  
People's Republic of China

**Objective** We introduced a novel micro/nanofluidic chip platform (MNCP), which is based on an isothermal nucleic acid amplification method. This study aimed to evaluate the MNCP method for influenza A and B viruses detecting and subtyping using throat swab samples from patients with influenza-like illness (ILI).

**Methods** A total of 266 throat swab samples from 266 non-repeated patients with ILI were tested for influenza A and B viruses using three methods, MNCP, a rapid influenza diagnostic test (RIDT), and real-time reverse transcription polymerase chain reaction (rRT-PCR). The results of MNCP were compared to those obtained by rRT-PCR and RIDT and the performance of MNCP was further evaluated.

**Results** Compared with rRT-PCR results, the rates of sensitivity, specificity, overall concordance, and the kappa value of MNCP were 98.89%, 96.97%, 97.65%, and 0.95 for influenza A virus; 94.95%, 99.38%, 97.68%, and 0.95 for influenza B virus, respectively. Subtypes of influenza A viruses, e.g., A(H1N1)pdm09, A(H3N2), and A(not subtyped), and influenza B viruses could be distinguished in one MNCP assay within one hour.

**Conclusions** Compared with rRT-PCR and MNCP, RIDT showed poor clinical sensitivity for influenza virus detection. This study showed MNCP is rapid, sensitive and versatile detecting system with potential for clinical application in pathogen diagnosis for patients with ILI.

#### PU-6579

### MiR-30d induces apoptosis and is regulated by the Akt/FOXO pathway in renal cell carcinoma

Bo Jin

Peking University First Hospital

**Objective** MicroRNAs (miRNAs) play critical roles in tumorigenesis by modulating the expression of target gene mRNAs. However, their role in cell signaling is not well defined. In this study, we identified miR-30d as a downstream effector of the phosphoinositide 3-kinase (PI3K)/Akt signaling pathway in renal cell carcinoma (RCC) cells.

**Methods** RACE identification of pri-miR-30d 5' and 3'ends. A 1287-bp cDNA fragment between EST AA137040 and EST BI056239 was obtained using PCR (lower panel, left). The primers used in 5'-RACE and 3'-RACE were designed based on this fragment sequence. Deletion analysis of a luciferase-based reporter of the miR-30d promoter in pECE control and FOXO3A-TM cells. ChIP analysis of FOXO3A binding to the miR-30d promoter in the presence of the Akt inhibitor

Ly294002.Real-time PCR analysis of miR-30d expression in ACHN cells overexpressing pre-miR-30d.Colony formation of pre-miR-30d-transfected ACHN cells.The miR-30d targeting sites in the MTDH 3'UTR are analyzed in different species.

**Results** We show that Akt inhibition transcriptionally up-regulates miR-30d expression through activation of the transcription factor forkhead box O (FOXO) 3A. Functional analysis revealed that miR-30d overexpression suppresses cell proliferation and induces apoptosis in RCC cells, suggesting that miR-30d acts as a tumor suppressor. In searching for downstream targets of miR-30d, we found that miR-30d post-transcriptionally suppresses expression of the oncoprotein metadherin (MTDH) by destabilizing its mRNA. Furthermore, we found that FOXO down-regulates MTDH expression through up-regulating expression of miR-30d.

**Conclusions** Thus, our findings reveal a new Akt/FOXO/miR-30d/MTDH signaling transduction pathway and identify miR-30d as a tumor suppressor, providing a new potential target for the treatment of RCC.

## PU-6580

### 血浆中的环状 RNA 在肝细胞肝癌中的诊断前景

李伟

南通大学附属医院,226000

**目的** 探究环状 RNA (circRNA) 在肝细胞肝癌 (HCC) 患者中的变化, 以期寻找 HCC 中新的诊断指标

**方法** 采用 QRT-PCR 检测 HCC 患者肿瘤组织, 细胞与血浆 hsa-circ-0028185 表达水平

**结果** hsa-circ-0028185 在 hcc 患者肿瘤组织, 细胞和血浆中高表达。

**结论** hsa-circ-0028185 在 hcc 患者中高表达, 具有促进 HCC 发生发展作用, 具有成为 HCC 诊断及治疗新靶点的潜能。

## PU-6581

### 黄连素对多囊卵巢综合症大鼠血管活性肠肽的影响

李庆端

福建省漳州市中医院

**目的** 探究运用黄连素治疗多囊卵巢综合症 (PCOS) 大鼠时对血浆中血管活性肠肽的影响

**方法** 将 48 只 6 周龄 SPF 级雌性 SD 大鼠随机分成空白对照组 12 只和来曲唑造模多囊卵巢综合症大鼠组 36 只, 空白对照组大鼠用 1%羧基纤维素灌胃; 建模组用来曲唑 ( $1\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ ) +1%羧基纤维素灌胃, 连续灌胃 21 天, 建模结束后。将建模成功大鼠随机分成模型对照组、黄连素组、二甲双胍组, 每组各 12 只。治疗期间, 模型对照组和空白对照组大鼠用 1%羧基纤维素灌胃; 黄连素组用 1%羧基纤维素+黄连素 ( $1\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ ) 灌胃; 二甲双胍组用 1%羧基纤维素+二甲双胍 ( $81\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ ) 灌胃; 于第 21 天采血检测各组大鼠血浆中的血管活性肠肽、睾酮、胰岛素浓度。

**结果** 模型对照组血浆中的血管活性肠肽浓度明显减低, 睾酮、胰岛素浓度明显升高, 与空白对照组比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 提示建模符合实验要求。经治疗后, 模型对照组和各治疗组的睾酮、胰岛素、血管活性肠肽浓度出现不同程度的变化, 二甲双胍组经治疗后, 睾酮、胰岛素浓度降低与模型对照组比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 血管活性肠肽浓度上升幅度不大, 与模型对照组比较无统计学意义 ( $P > 0.05$ ); 黄连素组经治疗后, 胰岛素浓度降低, 与模型对照组比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 有统计学意义, 睾酮浓度明显降低, 其幅度大于二甲双胍组, 与模型对照组比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ ) 与二甲双胍组比较有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 血管活性肠肽浓度



明显升高，与模型对照组比较有统计学意义（ $P < 0.05$ ）与二甲双胍组比较有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 黄连素可以通过改善多囊卵巢综合症（PCOS）大鼠血液中血管活性肠肽的浓度调节体内雄激素水平达到治疗作用。

## PU-6582

### 康复专科医院多重耐药菌监测状况统计分析

柳灵

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 为了解康复专科医院多重耐药菌感染发病率和相关危险因素，监控各项隔离预防措施的执行情况，有效预防和控制多重耐药菌在院内的传播，保障患者安全。

**方法** 对全院住院患者多重耐药菌感染状况实施目标性监测，对甘肃省康复中心医院 2018 年 1~12 月临床送检标本中分离鉴定，并将鉴定出的 7 种常见 MDRO 目标性监测资料进行统计分析。

**结果** 临床共分离出 1254 株病原菌，其中目标性监测的 MDRO 120 株，包括耐碳青霉烯类鲍曼不动杆菌(CR-AB)、产超广谱内酰胺酶(ESBLs)的大肠埃希菌、多药耐药铜绿假单胞菌(MDR-PA)、耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)、耐甲氧西林表皮葡萄球菌(MRSS)、肺炎克雷伯菌、表皮葡萄球菌、耐万古霉素肠球菌(VRE)，它们占所检出的相应种属病原菌的百分比分别是 29.63%(40 / 135)、5.28%(15 / 284)、8.28%(14 / 169)、26.53%(13 / 49)、9.21%(7 / 76)、18.42%(7 / 38)、20.0%(3 / 15)；MDRO 主要来自痰液及中段尿标本、分泌物、血，分别为 65%、28%、5%、1%；由 MDRO 引起的社区获得性感染占 96%(96 / 100)，医院获得性感染占 4%(4 / 100)。

**结论** 由此可见，对住院患者进行 MDROs 主动筛查，非常重要，及时发现多重耐药菌感染或定植，便于有效预防和控制多重耐药菌在医院内的传播，保障患者安全。加强 MDRO 尤其是社区 MDRO 监管，合理使用抗菌药物，防治其引起的呼吸道及泌尿道感染是院内感染的防控重点。

## PU-6583

### Comparative analysis of calculating sigma metrics by a trueness verification proficiency testing based approach and an internal quality control data inter-laboratory comparison based approach

Runqing Li

Beijing Tsinghua Changgung Hospital, School of Clinical Medicine, Tsinghua University, People's Republic of China

**Objective** Two methods were compared for evaluating the sigma metrics of clinical biochemistry tests using two different allowable total error (TEa) specification.

**Methods** Imprecision (CV%) and bias (bias%) of nineteen clinical biochemistry analytes were calculate by a trueness verification proficiency testing (TPT) based approach and an internal quality control data inter-laboratory comparison (IQC) based approach, respectively. Two sources of total allowable error (TEa), Clinical Laboratory Improvement Amendments of 1988 (CLIA '88) and the People's Republic of China Health Industry Standard (WS/T 403-2012), were used in the assessment. Sigma metrics were calculated as:  $\sigma = (TEa - |bias|) / \text{precision}$  to provide a single value for assessing the quality of each test based on a single concentration level.

**Results** For both approaches,  $\sigma_{CLIA}$  was  $> \sigma_{WS/T}$  in 18 out of 19 assays. For the TPT-based approach, sixteen assays showed  $\sigma_{CLIA} > 3$ , and twelve assays showed  $\sigma_{WS/T} > 3$ ; For the IQC-based approach, nineteen and sixteen assays showed  $\sigma_{CLIA} > 3$  and  $\sigma_{WS/T} > 3$ , respectively.

**Conclusions** Both methods can be used as references for calculating sigma metrics and designing QC schedules in clinical laboratories. Sigma metrics should be evaluated comprehensively by different approaches.

#### PU-6584

### Circulating Tumor Cell Clusters from Gastric Cancer Patients Co-Cultured in Label-free Microfluid System Promotes Cancer Metastasis

Yunlan Zhou, Yanhui Ma, Yi Liu, Hui Chen, Guohua Xie, Yingxia Zheng, Junyao Yang, Lisong Shen  
Xinhua Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

**Objective** Many studies have been dedicated to developing circulating tumor cells (CTC) as non-invasive cancer liquid biopsy, but the capture and detection of CTCs of gastric cancer (GC) patients is still in its infancy.

**Methods** We employed a microfluidic-based approach and co-cultured CTC clusters and immune cells from the same patient blood sample using minimal preprocessing and no need for prior enrichment of CTCs. Then we profiled genome wide expression of CTC clusters co-cultured with immune cells using single-cell RNA sequencing.

**Results** Compared to single CTCs, CTC clusters from GC patients had differential expression of Sox2, Survivin9 and Notum, which were the stemness and proliferation-associated characteristics of CTC clusters. Genome wide expression of CTC clusters also showed intra-patient heterogeneity of cancer cells upon selection pressures of therapeutic drugs.

**Conclusions** Our data demonstrate the ability of CTCs and immune cells to form clusters has been linked to increased metastatic potential. Our work will gain insights into the biology of CTC clusters of GC, and provide potential markers for CTC clusters of GC patients. These results will lead to high resolution analyses of GC and improve personalized therapy for patients.

#### PU-6585

### 同位素稀释液相色谱串联质谱法测定血清游离雌三醇

沈蕾  
南通大学附属医院, 226000

**目的** 建立血清游离雌三醇 (uE3) 检测的同位素稀释-液相色谱串联质谱 (ID-LC-MS/MS) 方法, 并对之进行性能验证。

**方法** 200 mL 血清中加入稳定同位素内标 ( $^{13}\text{C}_3\text{-uE3}$ ), 经甲基叔丁基醚 (MTBE) 液-液萃取后进样分析。采用 Waters XTerra C18 (2.1×150 mm, 3.5 $\mu\text{m}$ ) 色谱柱对 uE3 进行分离, 柱温 40°C。以 0.2 mmol/L  $\text{NH}_4\text{F}$  水溶液作为流动相 A, 甲醇作为流动相 B, 梯度洗脱。流速 0.300 mL/min, 进样 5 $\mu\text{L}$ 。采用标准曲线法进行定量, uE3 离子对为 287.2@145.1 (定性)、287.2@171.1 (定量), 内标离子对为 290.0@148.1 (定性)、290.0@174.1 (定量), 扫描方式为负离子模式的多反应监测 (MRM)。

**结果** 实验室建立了血清 uE3 检测的 ID-LC-MS/MS 方法, uE3 测定的最低定量限为 0.07ng/mL; 线性范围可至 40 ng/mL; 在 1.26 ng/mL、5.11ng/mL、14.67ng/mL 浓度时的不精密度分别为

3.07%、1.15%、1.29%；加样回收试验的回收率范围为 99.1%~104.0%；高低浓度样品交叉检测未发现携带污染。

**结论** 实验室建立了准确、精密且简便的 ID-LC-MS/MS 法测定血清 uE3 的方法，线性范围宽，可省去常规实验室的稀释步骤，减少稀释引起的测量不确定度，可用于临床常规检测。

## PU-6586

### Multilocus sequence typing of *Candida albicans* isolates from the oral cavities of patients undergoing haemodialysis

Bo Jin

Peking University First Hospital

**Objective** This study evaluates the prevalence, diversity, and genetic profiles of *Candida albicans* isolates recovered from the oral cavities of haemodialysis patients.

**Methods** Oral swab samples were obtained from haemodialysis patients ( $n = 126$ ) and healthy control subjects ( $n = 233$ ) and *Candida* species were characterised.

**Results** There was no significant difference between the haemodialysis and control groups in the prevalence of yeast carriers (23.6% vs. 31.0%, respectively) or *C. albicans* carriers (19.8% vs. 21.0%, respectively). *C. albicans* was the most populous species in both cohorts, followed by *C. parapsilosis*. *C. parapsilosis* and *C. glabrata* were more prevalent in the haemodialysis group than in the control group (*C. parapsilosis* 5.6% vs. 0.9% and *C. glabrata* 3.2% vs. 0.4%, respectively;  $P < 0.05$ ). *C. albicans* isolates were analysed by multilocus sequence typing and the results were used to construct a phylogenetic tree. Most haemodialysis isolates were placed into Clade 4 (20.0%) and Clade 19 (16.0%) and most control isolates into Clade 8 (17%) and Clade 4 (14.9%).

**Conclusions** Differences in the strain abundance in each clade were not statistically significant between the two groups. Moreover, there was no significant association between the health status or diagnosis and either the sequence types or clades.

## PU-6587

### 尿微量白蛋白、胱抑素 C 检测对糖尿病肾病早期诊断相关研究

王一萍

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 2型糖尿病是临床内分泌代谢紊乱常见疾病，以血糖浓度增高为特点。T2DM 最常见的严重慢性并发症是微血管病变，主要以微血管功能和结构的改变为主，导致糖尿病肾病(DN)的发生，本文探讨了胱抑素 C (Cys C)、尿微量白蛋白 (U-mAlb) 二项指标联合检测与 2 型糖尿病早期肾病中的临床意义。

**方法** 用东芝 120R 生化分析仪分别检测 60 例 2 型糖尿病 (T2DM) 患者和 50 例健康体检者的 Cys C、U-mAlb 的含量。

**结果** T2DM 患者 Cys C 和 U-mAlb 的含量明显高于健康对照组 ( $P < 0.05$ )，U-mAlb 阳性组与阴性组比较 Cys C 有显著性差异 ( $P < 0.05$ )，二项指标联合检测阳性率高达 91.2%，明显高于单项检测。

**结论** Cys C、U-mAlb 的浓度与 T2DM 患者的肾功能早期损伤程度有密切的关系，联合检测能大大提高检测阳性率，对于糖尿病肾病的早诊断、早治疗及早预后有重要临床意义。

## PU-6588

**自身免疫性肝炎导致凝聚胺交叉配血主管不符 1 例**

李庆端  
漳州市中医院,363000

**目的** 探讨自身免疫性肝炎导致凝聚胺交叉配血主管不符原因。

**方法** 采用 20%二磷酸氯喹在 45℃条件下对患者红细胞进行热放散制备裸细胞,利用裸细胞对患者的血清在 37℃条件下进行吸收试验后进行凝聚胺法做抗体筛查和交叉配血。

**结果** 吸收后的血清抗体筛查阴性,主侧交叉为阴性。

**结论** 采用自身裸细胞做吸收实验可以排除自身抗体对凝聚胺法做抗体筛查和交叉配血干扰。

## PU-6589

**发热伴血小板减少综合征患者恢复期血清中和抗体效价检测及维持时间预测**

黄玉婷  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 发热伴血小板减少综合征(SFTS)是一种以发热和血小板减少为主要临床特征的新发自然疫源性疾病,由发热伴血小板减少综合征病毒(SFTSV)导致。该病地域分布广泛,人群普遍易感,在我国发病率逐年上升,病死率为 7.9%~30%,目前尚无有效的治疗手段和疫苗。为了研究 SFTS 发病的免疫学机制,并指导疫苗的开发和疾病的治疗,我们检测了恢复期患者体内的中和抗体效价情况。

**方法** 我们共收集了山东省淄博市沂源县 2011 年和 2012 年 25 位 SFTS 患者,分别于 2011 年 11 月、2012 年 11 月、2013 年 7 月及 2015 年 6 月四次采集血清。我们筛选出了能产生清晰空斑的病毒株,用改进的空斑形成单位法测定了 SFTSV 的滴度,并建立了检测血清中和抗体效价的空斑减少中和试验法,检测了患者不同时间的恢复期血清中和抗体的效价,并用广义估计方程法预测中和抗体在体内的维持时间。

**结果** 我们共采集并检测了 72 份恢复期血清,在整个研究期内所有血清中均存在中和抗体,效价 PRNT<sub>50</sub> 总体波动范围为 1:5~1:640。整体来说,中和抗体平均几何滴度随时间推移逐渐下降。少数抗体效价不降的病例可能是由于存在重复感染,或其他相似病原体的交叉感染。经统计分析,预测其维持时间约为 6~9 年,女性比男性中和抗体维持时间长,且初始抗体效价越高,抗体维持时间越长。

**结论** SFTSV 感染可以刺激机体产生较强的特异性免疫应答,产生中和抗体,中和抗体能在体内维持较长时间保护机体。

## PU-6590

**黄热病毒 NS1 蛋白特异性单抗的制备及鉴定**

刘朵朵  
南方医科大学南方医院,510000

**目的** 黄热病毒(Yellow fever virus, YFV)属于黄病毒科黄病毒属,可编码 3 种结构蛋白和 7 种非结构蛋白,其中非结构蛋白 1(Nonstructural protein 1, NS1)蛋白结构相对保守,病毒感染早期即

可高度表达,主要存在于感染细胞的细胞膜上,也可以分泌至感染动物的外周血,是黄病毒属病毒感染早期的重要诊断靶标。本研究目的主要是制备特异性良好的黄热病毒 NS1 单克隆抗体,并对该单抗的免疫学特性进行鉴定。

**方法** 本研究利用原核表达的重组 YFV NS1 蛋白多次免疫小鼠获取其脾细胞,与骨髓瘤细胞进行融合制备杂交瘤细胞,通过间接酶联免疫吸附试验(ELISA)反复筛选,获得能稳定分泌 YFV NS1 单抗的杂交瘤细胞,利用间接免疫荧光(IFA)和免疫印迹(WB)对该单抗的特异性进行鉴定,并利用竞争抑制试验对该单克隆抗体识别的抗原表位进行分析。

**结果** 本研究最终共筛选得到 8 株能稳定分泌 YFV NS1 特异性单抗的细胞株,其中 7 株为 IgG1 亚类,1 株为 IgG3 亚类。IFA 和 WB 对该抗体的特异性进行鉴定结果表明,所有单抗只特异性结合 YFV NS1 蛋白,与黄病毒属 DENV1-4、WNV、JEV、ZIKA 病毒 NS1 蛋白不发生交叉反应,具有良好的特异性。竞争抑制实验对 8 株单克隆抗体的抗原结合表位进行鉴定结果表明,8 株单抗至少识别 3 个不同的抗原表位或表位相距较远。

**结论** 本研究成功制备了多株 YFV NS1 特异性单抗,为建立 YFV NS1 的免疫学检测方法奠定了物质基础,为黄热病毒感染的早期诊断提供了新的检测方法。

PU-6591

## 2 型糖尿病肾病患者血清中总维生素 D 含量 与炎症指标的相关性研究

王阿慧,刘庆锋

广州市第一人民医院,510000

**目的** 测定正常人群、糖尿病及糖尿病肾病患者血清中总维生素 D、TGF- $\beta$ 1 及相关炎症因子 hsCRP、SAA 的含量,分析总维生素 D 含量与 TGF- $\beta$ 1 与糖尿病及糖肾炎症指标的相关性,以探讨其在糖肾炎症反应的相关机制,为防治及早期诊断糖肾提供新思路。

**方法** 收集正常人群、单纯 2 型糖尿病和 2 型糖尿病肾病患者无抗凝静脉血,分离血清,采用电化学发光免疫分析法检测所有研究对象血清中总维生素 D 水平,采用免疫比浊法检测血清 hsCRP 及用胶体金法检测 SAA 含量,采用酶联免疫吸附试验(ELISA)法检测血清中 TGF- $\beta$ 1 浓度;收集所有研究对象的晨尿,检测尿微量白蛋白及尿肌酐的含量,选用 SPSS24.0 软件进行数据的统计分析。

**结果** 糖尿病肾病患者 HbA1C、空腹血糖、餐后 2 h 血糖水平均高于正常对照人群,2 型糖尿病合并肾病患者与正常人群、单纯 2 型糖尿病相比,血清中总维生素 D 水平降低,血清中 hsCRP 及 SAA 含量及 TGF- $\beta$  浓度均呈增高趋势,且差异有统计学意义( $p < 0.05$ )。

**结论** 糖尿病肾病患者血清 25(OH)D3 水平显著降低,且与血清炎症指标 hsCRP、SAA 含量相关,与 TGF- $\beta$  浓度相关,且随着 DKD 病变程度的加重,维生素 D 缺乏程度逐渐加重,提示总维生素 D 可能与炎症细胞因子水平的病理生理变化有关,并可能在糖尿病肾病发病过程中起一定作用,检测血清总维生素 D 水平或许可为 T2DM 肾病的诊断及治疗提供一些新的思路。

PU-6592

## 山东地区小盾纤恙螨中病原体检测

黄玉婷

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 小盾纤恙螨能携带恙虫病东方体，是公认的传播恙虫病的主要媒介，目前还没有与立克次体疾病、汉坦病毒和发热伴血小板减少综合征病毒的相关报道。了解山东地区常见螨种携带的病原体种类，对当地的预防保健工作具有重要意义。

**方法** 从鼠耳中收集寄生螨，用 PCR 法鉴定螨的属种。提取螨和鼠脾的 DNA 和 RNA，根据当地的流行性病原体情况，设计相应的引物，用巢式 PCR 法检测立克次体、恙虫病东方体、汉坦病毒、发热伴血小板减少综合征病毒核酸。确定阳性片段的病原体属种并用系统发育分析推断其进化关系。

**结果** 我们于 2015 年 10 月共在山东省青岛市捕获啮齿动物 38 只，收集了 319 只小盾纤恙螨，检测到一种新型的立克次体 16S rRNA、gltA、ompB 和 17 kD 相关序列。从系统发育分析结果来看，四个不同的基因分别与不同种类的立克次体位于同一进化分支，说明该立克次体是一种新型的立克次体，命名为纤恙螨型立克次体（*Candidatus Rickettsia leptotrombidium*）。检测到的四个片段序列拼接之后与 *R. australis* 和 *R. akari* 进化关系最为接近。然而，鼠脾中未检测到该新型立克次体核酸。螨和鼠脾中均未扩增出恙虫病东方体、SFTSV 和汉坦病毒相关序列。

**结论** 成功在山东省青岛市野鼠寄生螨中检测出一种新型的立克次体，这一发现扩展了对我国立克次体的种类、地理和宿主分布的认知。在一定程度上证实了恙螨并非汉坦病毒和 SFTSV 的传播媒介。以上结论仍需大样本进一步证实，并在当地人群中检测该立克次体的感染和携带情况。

PU-6593

## 血清糖类抗原 CA199 检测对肝胆疾病的临床意义

黄巧霞

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** CA199 为一种肿瘤相关性抗原，一般可存在于正常组织细胞之中，并非肿瘤细胞所特有的一种抗原，在患有某些肿瘤的患者人群中，体液中的 CA199 水平则处于较高的水平。血清 CA199 对胰腺癌、胆管癌等恶性疾病具有十分重要的临床诊断价值，本文探讨了检测血清 CA199 对诊断肝胆系统疾病的临床价值。

**方法** 选择 2016 年 1 月~2018 年 10 月本院住院和门诊临床诊断为肝胆疾病的 30 例患者，男 17 例，女 13 例，平均年龄（57.5±5.2）岁。包括慢性肝炎 6 例，肝硬化 6 例，肝癌 6 例，胆管炎 6 例，胆管癌 6 例，40 例健康对照组进行血清 CA199 含量的检测。

**结果** 对照组 CA199 检测平均水平为（14.6±7.2）U/ml，慢性肝炎（17.8±10.1）U/ml、胆管炎（39.4±18.3）U/ml、肝硬化（37.7±22.4）U/ml、其中，慢性肝炎患者血清中 CA199 检测水平与健康对照组之间差异无统计学意义（ $P>0.05$ ），其余各组患者血清 CA199 检测水平与正常对照组差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）

**结论** 血清 CA199 测定进行梗阻性黄疸良、恶性鉴别时干扰灵敏度与特异度的重要因素之一。梗阻性黄疸患者血清 CA199 的检测及动态观察，对病因良恶性的鉴别诊断及治疗的指导具有较高价值，但仅此一项指标不足以提示病变范围、肿瘤性质。

PU-6594

## CA125、TSGF、CEA 联合检测对妇科卵巢癌诊断的临床意义

苏红艳

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 卵巢癌、宫颈癌、乳腺癌是一种严重威胁妇女生命健康的恶性肿瘤,近年来该病发病率逐年上升。早发现、早诊断、早治疗是提高患者生活质量和生存率的关键,本文探 TSGF、CA125、CEA 联合检测对妇科恶性肿瘤诊断中的应用价值。

**方法** 所有受检人员清晨空腹抽取静脉血 5ml 分离新鲜血清。用迈瑞全自动化学发光仪检测 TSGF、CEA、CA125,检测结果阳性标准 CEA $\geq 5$  ng/ml、Ca125 $\geq 37$  u/ml。

**结果** 三组人群 TSGF 含量的检测结果:40 例恶性肿瘤组 TSGF 浓度为  $83.8 \pm 6.2$ 、阳性率为 82.5%,45 例良性肿瘤组 TSGF 浓度为  $50.5 \pm 4.2$ ,阳性率 2.5%,50 例对照组 TSGF 浓度为  $47.3 \pm 4.3$ ,阳性率为 0%。经统计学处理,妇科恶性肿瘤组与良性肿瘤组及对照组之间 TSGF 水平存在显著性差异( $P < 0.01$ ),良性肿瘤组及对照组之间 TSGF 水平无显著性差异( $P > 0.05$ )。

**结论** 血清肿瘤标志物 TSGF 等联合检测可提高妇科恶性肿瘤的诊断阳性率和准确率。

PU-6595

## 2016—2018年湖南地区儿童感染性腹泻病原学监测结果分析

阮洋,莫丽亚,邹爱军

湖南省儿童医院

**目的** 分析 2016-2018 年湖南地区儿童感染性腹泻的病原学监测结果,为病例诊断、救治及感染性腹泻的流行病学研究和有效预防控制提供科学依据。

**方法** 收集 2016-2018 年湖南地区儿童感染性腹泻患者的粪便标本,进行病原菌分离及鉴定,同时采用免疫荧光法对易导致儿童腹泻的四种肠道病毒(轮状病毒、腺病毒、星状病毒、诺如病毒)进行检测分析。

**结果** 在 1580 例腹泻患儿粪便标本中,病原菌的总检出率为 17.78%,其中沙门氏菌占 0.64%、弗劳地枸橼酸杆菌占 8.86%,白色念珠菌占 5.66%;病毒总检出率 13.99%,以轮状病毒感染(73.30%)为主。在轮状病毒感染的患儿中,1 岁以下患儿占 87.04%,5 岁以下占轮状病毒感染的 98.14%。细菌感染的高峰在夏、秋季,而轮状病毒感染的高峰在秋冬和春季。

**结论** 导致儿童感染性腹泻的病原体较多,且具有季节和年龄分布的不同,应加强感染性腹泻病原的监测与分析。

PU-6596

## 50 株鲍曼不动杆菌临床耐药状况的探析

张新惠

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 鲍曼不动杆菌是临床上重要的非发酵菌,是院内获得性感染的重要病原菌,广泛分布于自然界、人体表面及体内,是惟一能在人体皮肤表面生存的阴性杆菌,常从感染患者的呼吸道、血、尿

等标本中分离出来,为条件致病菌。本文探讨鲍曼不动杆菌标本来源和分布及对各类抗菌药物的耐药情况,更好地为临床提供合理用药依据。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 6 月的临床标本,按统一方案、采用统一的材料、方法和判断标准(CLSI2010 年版)进行鲍曼不动杆菌耐药性监测。

**结果** 50 株鲍曼不动杆菌 94.8%分离自痰标本,85.4%阳性菌株分离自神经内科及重症病房。50 株鲍曼不动杆菌对常用细菌耐药情况的分析:亚胺培南占 27.5%;阿米卡星占 52.5%;环丙沙星占 66.3%;氨曲南占 68.7%;庆大霉素占 77.5%;头孢他啶占 70%;头孢噻肟占 73.7%;左氧氟沙星占 81.2%;复方新诺明占 87.5%;头孢哌酮+舒巴坦占 23.7%;

**结论** 鲍曼不动杆菌主要侵犯重症患者、慢性呼吸系统疾病患者及术后感染者。鲍曼不动杆菌对多种抗菌药物耐药率高,临床应加强对鲍曼不动杆菌耐药性监测,合理选用抗菌药物。

## PU-6597

### MiR-200a and miR-141 have a synergetic effect on suppressing epithelial-mesenchymal transition of hepatocellular carcinoma by targeting signal transducer and activator of transcription 4

Shuying Chen<sup>1</sup>, Jingjun Zhang<sup>1</sup>, Qiudan Chen<sup>2</sup>, Yong Lin<sup>1</sup>

1. Huashan Hospital, Fudan University

2. Jingan District Central Hospital, Fudan University

**Objective** MicroRNAs are non-coding small RNAs that target specific messenger RNAs to inhibit protein translation. MiR-200a and miR-141 function as tumor suppressors in hepatocellular carcinoma (HCC). The two miRNAs belong to the same family often reduced in various cancers, but are located in the different chromosomes of human genome. The functional roles of miRNA-miRNA on HCC remains poorly understood. In this study, we aim to investigate the combinative action mechanism of miR-200a and miR-141 in modulating epithelial-mesenchymal transition (EMT) in HCC by targeting signal transducer and activator of transcription 4(STAT4).

**Methods** Quantitative real-time PCR(qRT-PCR) was applied to detect the expression level of miR-200a and miR-141 in serums and cell lines of HCC. Statistical methods were used to analyze the relationship between the expressions of miR-200a and miR-141 in serums and the clinicopathological features. Overexpression of miR-200a and miR-141 were induced in hepatocellular carcinoma cell lines HepG2. CCK8 and transwell were used to reveal the combinative role of miR-200a and miR-141 in HCC cell proliferation, migration and invasion. Bioinformatical predication and luciferase reporter assay were used to identify the novel target gene (STAT4) of miR-200a and miR-141. QRT-PCR and western blot were used to detect the expression of STAT4 and EMT markers. Xenograft nude mouse models were used to observe tumor growth. Western blot was conducted to study the expression of STAT4 and EMT markers in nude mouse samples.

**Results** The expressions of miR-200a and miR-141 in serums and cells of hepatocellular carcinoma are down-regulated significantly. The expressions of miR-200a and miR-141 are closely related to the clinicopathological features of hepatocellular carcinoma, especially metastasis and invasion. It is first reported that STAT4 is the new common target gene of miR-200a and miR-141. MiR-200a and miR-141 were confirmed to inhibit the expression of E-cadherin and Vimentin in EMT synergistically to regulate the proliferation, migration and invasion of hepatocarcinoma cells by targeting STAT4. Simultaneous overexpression of miR-200a and miR-141 produced stronger effects than each miRNA alone. In addition, overexpression of STAT4 significantly reverses the tumor suppressive roles of miR-200a and miR-141 in hepatocellular carcinoma cells.



**Conclusions** These findings enrich the tumor suppressor mechanisms of miR-200 family, and may also provide new experimental basis and theoretical basis with miRNAs as the core jointly for the early diagnosis, prognosis and thorough treatment of hepatocellular carcinoma.

## PU-6598

### 肺心病患者糖化血红蛋白和空腹血糖检测的临床价值

姚瑶

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 肺源性心脏病是一种常见的肺心疾患, 由于长期缺氧, 二氧化碳潴留, 常造成肝、肾、脑、内分泌等多器官多系统功能损害, 肺心病患者合并高血糖现象常见。本文检测肺源性心脏病患者血糖及糖化血红蛋白的水平, 对肺心病患者糖代谢异常的原因进行分析。

**方法** 选择肺心病急性加重期患者 20 例。男 14 例, 女 6 例。平均年龄 65.8 岁, 对照组为健康人 25 例, 男 16 例, 女 9 例, 平均年龄 63.5 岁。对两组人群进行空腹血糖 (BG)、糖化血红蛋白 (GHb) 检测, 并与健康对照组比较。

**结果** 肺心病组空腹血糖( $5.78 \pm 0.42$ )mmol/L, 显著高于对照组( $4.48 \pm 0.37$  ( $P < 0.05$ )), 餐后二小时血糖( $7.82 \pm 0.41$ )mmol/L, 显著高于对照组( $5.61 \pm 0.30$ )mmol/L ( $P < 0.01$ ); 肺心病组 GHb ( $6.81 \pm 0.72$ )% 显著高于对照组 ( $5.19 \pm 0.40$ )%; 肺心病患者空腹和餐后 2 小时血糖及 GHb 检测值与对照组比较有统计学差异;

**结论** 肺心病急性期空腹血糖、糖化血红蛋白水平与肺功能有显著相关性, 联合监测 BG、GHb 有助于肺心病发生、发展和预后做出准确的判断, 具有重要的临床价值。

## PU-6599

### 血脂、血糖及尿酸水平检测在阿尔茨海默病患者中的临床应用

苏革叶

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 心血管疾病的危险因素同时也是阿尔茨海默病, 内皮功能障碍和内皮损伤等可能是阿尔茨海默病发病的血管性危险因素, 本病早期与动脉粥样硬化具有相同的机制, 本文观察阿尔茨海默病患者中血脂、血糖及尿酸水平的比较。

**方法** 选择我院收治的 25 例阿尔茨海默病患者 (观察组), 30 例健康对照组, 采用全自动生化分析仪对两组人群行血脂、血糖和尿酸水平检测。

**结果** 观察组患者、HDL-C、UA 水平均低于对照组, TG、LDL-C、FPG 水平均高于对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ). TC 略高于但差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 本研究以血脂、血糖以及尿酸水平为切入点, 观察两组人群的各项指标水平变化, 提示阿尔茨海默病患者中均存在血脂、血糖和尿酸的代谢异常, 调节血脂、血糖可能是有效防治疾病的措施之一。

## PU-6600

## 6 $\sigma$ 在肿瘤标志物质量控制方面的应用

杨伏猛,刘倩  
连云港市第二人民医院

**目的** 探讨不同来源的质量目标导出的西格玛( $\sigma$ )水平在肿瘤标志物分析质量上的应用价值。

**方法** 运用四个不同的允许总误差(TEa)作为质量目标、2018 年室间质量评价数据作为偏倚以及 2018 年室内质控数据累积的变异系数(CV)作为不精密度分别计算 2 个批次的  $\sigma$  值,分析不同标准的  $\sigma$  水平在肿瘤标志物分析质量上的差异;根据质量目标指数(QGI)采取改进措施;并依据  $\sigma$  水平制定个性化的质控方案。

**结果** 依据生物学变异标准得到的  $\sigma$  值相对较高,其  $\sigma \geq 6$  的肿瘤标志物比例为 16.7%,而依据其余三个标准,则未见  $\sigma \geq 6$  的肿瘤标志物;t-PSA、CEA、AFP、CA199、CA125 及 CA153 均需要在精密度上进行改进;依据我国现行的质量目标得到的  $\sigma$  水平,CA125 建议选择  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  多规则进行质量控制,CEA、AFP 和 CA153 采用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  多规则进行质量控制,t-PSA 和 CA199 则建议选择  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}/8_x$  多规则进行质量控制。

**结论** 6 $\sigma$  能够对肿瘤标志物的分析性能进行合理的评价,在肿瘤标志物的质量管理方面具有重要的指导意义。

## PU-6601

## 脑梗死患者血浆超敏 C 反应蛋白、同型半胱氨酸水平与颈动脉粥样硬化斑块的相关性分析

金萍  
甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 脑梗死是脑部动脉血管发生粥样硬化和形成血栓后,导致脑部血管狭窄或闭塞,引起局部脑组织缺血性坏死。其发生发展是多因素共同作用的结果,高脂饮食,糖尿病,吸烟等患者中发病率较高,然而很多患者并不存在上述危险因素,本文探讨了老年脑梗塞患者颈动脉粥样硬化斑块性质与脑梗死患者血浆同型半胱氨酸(Hcy)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)的浓度变化的相关性。

**方法** 选择 2017 年 1 月至 2018 年 12 月在甘肃省康复中心医院住院的 40 例老年脑梗死患者,按超声特征将粥样硬化斑块分为有斑块组和无斑块组,并对两组患者的血浆 Hcy、hs-CRP 的含量进行了测定。

**结果** 老年动脉粥样硬化性脑梗死有颈动脉斑块组 hs-CRP、Hcy 水平明显高于正常对照组和无斑块组,两组比较分析有统计学差异( $P < 0.05$ ),不稳定斑块组 hs-CRP、Hcy 水平明显高于稳定斑块组,两组比较分析有统计学差异( $P < 0.05$ )。斑块组患者 hs-CRP 含量亦与 crouse 积分之间也存在正相关关系( $p = 0.182$ ,  $P = 0.014$ );血浆 hs-CRP 与 Hcy 浓度之间也有相关性 ( $P = 0.258$ ,  $P < 0.01$ );

**结论** 老年性脑梗死患者血浆 Hcy、hs-CRP 水平与颈动脉粥样硬化斑块性质有密切的关系,对该疾病的发生、发展、诊疗和预后具有重要的临床价值。

## PU-6602

**浅谈抗菌药物临床应用与细菌耐药监测预警管理价值**

陈小红

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 探讨了临床微生物检测与细菌耐药监测工作预警管理方法。

**方法** 进一步加强和规范抗菌药物临床应用管理,结合我院实际情况,汇总工作经验。

**结果** 根据全国和本地区细菌耐药监测结果,结合本院实际情况,采取不同的预警及处理措施,以指导临床抗菌药物合理应用。

**结论** 加强临床微生物检测与细菌耐药监测工作预警管理机制,有利于细菌耐药监测工作的有效开展。

## PU-6603

**糖尿病伴牙周炎患者血清超敏 C 反应蛋白,空腹血糖水平与牙周指标的关系**

李杨春

甘肃省康复中心医院,730000

**目的** 糖尿病和牙周炎之间的相互关系及其作用机理的相关研究已成为近年的一大热点,糖尿病与牙周病具有高度相关性,糖尿病所致的牙周破坏严重程度明显高于非糖尿病患者。本文分析了伴牙周炎的糖尿病患者牙周指标与超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)及空腹血糖(FPG)检测水平的相关关系。

**方法** 选择 35 例糖尿病伴重度牙周炎的患者,观察在牙周基础治疗前后患者血清空腹血糖、hs-CRP、水平测定与牙龈指数(GI)、牙周探诊深度(Probing depth, PD)、探诊出血指数(BOP)、菌斑指数(PLI)、及牙周附着丧失(Attachment Loss, AL)指标之间的相关性。

**结果** 超敏 C 反应蛋白与牙周指标尤其是附着丧失(AL)高度相关。PD 与 FPG 的相关系数为 0.565; PD 与 hsCRP 的相关系数为 0.696;

**结论** 超敏 C 反应蛋白及空腹血糖联合检测水平是评估糖尿病患者牙周破坏与治疗效果的重要指标,通过牙周基础治疗可能降低糖尿病伴发牙周炎患者糖化血红蛋白的水平,改善牙周状况。

## PU-6604

**血小板淋巴细胞比值与妊娠期高血压患者相关性分析**

黄焱,陈絮

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 妊娠期高血压是妊娠期重要疾病,本文旨在分析血小板淋巴细胞比值(PLR)水平与妊娠期高血压患者及胎儿临床及实验室资料的关系。

**方法** 回顾分析 2017 年 1 月-2017 年 10 月在我院确诊妊娠期高血压疾病的患者及正常妊娠产妇临床及实验室资料,其中妊娠期高血压 179 例,包括妊娠期高血压 101 例,子痫前期 78 例和正常妊娠产妇 87 例;临床资料收集采用临床信息系统及实验室信息系统;血清及血液学指标采用雅培 C16000 自动生化仪及希森美康 XN-1000 血液分析仪;采用 SPSS17.0 分析数据,ROC 曲线确定 PLR 的 cut-off 值,正态分布两组间数据比较采用成组 t 检验,非正态分布数据比较采用 Mann-

Whitney U 和 Kruskal-Wallis 检验, 构成比之间的比较采用 Pearson 卡方检验或 Fisher 确切概率法。

**结果** 正常妊娠组、妊娠期高血压组合子痫前期组产妇年龄、孕周、收缩压(SP)、舒张压(DP)、胎儿身高、体重和胎盘重量存在统计学差异(all  $P<0.05$ )。按  $PLR<85.61$  和  $PLR\geq 85.61$  将患者分为低 PLR 和高 PLR 组, 高 PLR 组 SP ( $91.6\pm 12.0$  vs  $96.0\pm 15.7$ )、红细胞压积(HCT) ( $0.36\pm 0.05$  vs  $0.38\pm 0.09$ )、血浆凝血酶时间(TT) ( $15.97\pm 1.33$  vs  $16.47\pm 1.51$ )、血清丙氨酸转移酶(ALT) ( $30.5\pm 54.2$  vs  $58.1\pm 87.1$ )、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶(GGT) ( $32.7\pm 50.5$  vs  $57.9\pm 62.3$ )、总胆汁酸(TBA) ( $6.00\pm 6.83$  vs  $9.10\pm 7.85$ )水平显著降低(all  $P<0.05$ ); 高 PLR 组凝血酶原时间(PT) ( $10.78\pm 1.84$  vs  $10.26\pm 0.51$ )、国际标准化比值(INR) ( $1.00\pm 0.17$  vs  $0.95\pm 0.05$ )和血清白蛋白(Alb) ( $32.93\pm 4.51$  vs  $31.32\pm 3.92$ )水平显著增高(all  $P<0.05$ ); 高 PLR 组合并肾病综合征(NS)和胎儿宫内窘迫(IUGR)的比例显著降低( $P=0.002$  和  $P=0.028$ )。

**结论** PLR 水平对妊娠期高血压患者及胎儿预后具有一定临床意义, 可作为监测患者合并肾病综合征及胎儿 IUGR 的判定指标, 其结果有待大样本进一步研究证实。

## PU-6605

### 新型衰老标志物的发现及其与衰老相关疾病的联系

韦钊

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 目前的细胞衰老标志物均存在其局限性, 即这些衰老标志物虽然可以一定程度上指示衰老发生, 但并不具有指示所有细胞衰老模式的普遍性和只存在于衰老细胞中的特异性。此外, 可作为常规检测的衰老标志物更是匮乏。探索血液体液中的衰老标志物并研究其与衰老相关疾病的联系可为衰老相关疾病的检测和治疗提供新的思路 and 依据。

**方法** 有文献报导小鼠体内存在某一因子可激活 Wnt 信号通路并促进衰老相关表型。而人类中是否存在血液或体液中便于检测的类似指标有待我们进一步研究。我们将利用健康年轻个体及年老个体的血液或体液进行相关检测。

**结果** 我们发现多种细胞类型的复制衰老模式中存在共同上调的基因, 通过对人体组织基因表达数据库的分析证实该基因在人体皮肤和皮下脂肪组织中的表达随年龄增长也显著升高。我们将进一步检测其在血液中是否表达并且与个体老化或某种衰老相关疾病是否存在相关性。与此同时, 我们将对人类血液进行 RNA-Seq 检测, 探索更多可能的检测指标。

**结论** 可能存在某些基因与个体老化或某种衰老相关疾病存在密切相关性。通过分析验证发现血液中的衰老标志物并研究其与衰老相关疾病的联系, 将为老年性疾病提供尽早发现并提前缓解的可能性, 将为人类生存质量的提高提供更好的理论基础及实际应用价值。

## PU-6606

### Critical Role of KIF1B-depended Trafficking of MT1-MMP mediated by Leptin in Gastric Cancer Invasion

Zhaogang Dong, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Membrane type 1-matrix metalloproteinase (MT1-MMP), a surface-anchored “master switch” proteinase, is overexpressed and plays crucial roles in tumor invasion. However, the regulatory mechanism of expression and trafficking of MT1-MMP remains poorly understood. Here, we characterized the effect of leptin on MT1-MMP expression in GC and focused on elucidating the underlying mechanisms.

**Methods** 86 GC tissues were collected from Qilu hospital, Shandong University. Immunohistochemistry was employed to detect the expression of MT1-MMP, leptin, KIF1B. The value of earlier diagnosis was evaluated by ROC curve. GC cells were treated with varying concentrations of leptin (50–500 ng/mL) for 24 hours. The invasion was measured by transwell assay. In a separate experiment, MT1-MMP and KIF1B were detected by cell surface biotinylation assay, RT-PCR and western blotting. By using small interference RNA (si-RNA), the role of MT1-MMP and KIF1B in invasion mediated by leptin was evaluated. Scanning confocal laser microscope and co-immunoprecipitation analysis were employed to evaluate the interaction between MT1-MMP and KIF1B. Finally, the phosphorylation and total levels of STAT3, ERK1/2 and AKT were determined by western.

**Results** Immunohistochemistry analysis revealed that GC tissues overexpressed leptin, MT1-MMP and KIF1B, and they were positively correlated with one another, as well as clinical stage or lymph node metastasis, suggesting a regulation network in vivo. The area under ROC for MT1-MMP, KIF1B, leptin and their combination was 0.790, 0.676, 0.749, 0.824 respectively. In cultured GC cells, leptin promoted GC cells invasion in vitro by upregulating MT1-MMP expression. Furthermore, cell surface biotinylation assay demonstrated that surface localization of MT1-MMP was also enhanced by treatment with leptin, and knockdown of KIF1B by siRNA could block this process. Notably, scanning confocal laser microscope and co-immunoprecipitation analysis indicated that leptin enhanced the interaction between MT1-MMP and KIF1B, which consequently contributed to the AGS cells (GC cell line) invasion. Moreover, leptin increased MT1-MMP or KIF1B expression via AKT signaling pathway, and ERK1/2 partially participated in this process. However, only AKT pathway was implicated in the leptin-mediated translocation of MT1-MMP.

**Conclusions** Taken together, our findings suggest that leptin is an effective intracellular stimulus of MT1-MMP and that enhanced cell surface localization of MT1-MMP mediated by leptin is dependent on KIF1B, which consequently plays a critical role in GC invasion.

## PU-6607

### Leptin-mediated regulation of ICAM-1 is Rho/ROCK-dependent and enhances gastric cancer cell migration

Zhaogang Dong, Yi Zhang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Gastric cancer (GC) ranks as the second leading cause of cancer-related death in the world. Adipocytes provide fatty acids for rapid tumor growth, and the dysfunction of lipid metabolism can lead to the pathogenesis of human GC. Leptin is an adipokine of the obesity (ob) gene, and our previous study indicates that leptin enhances GC cell invasion (Carcinogenesis, 2013, IF: 5.6). However, the exact effect of leptin on GC metastasis and its underlying mechanism remain unclear. Intercellular adhesion molecule-1 (ICAM-1), a major molecular in stabilizing cell-cell and cell-extracellular matrix interactions, is overexpressed and plays crucial roles in tumor metastasis. This study aimed to characterize the influence of leptin on ICAM-1 expression in GC and elucidate its underlying molecular mechanism.

**Methods** Archived paraffin-embedded GC tissues and matched adjacent normal gastric tissues were collected from 84 patients who underwent surgery for primary gastric carcinoma. The expression of leptin and ICAM-1 were detected by immunohistochemistry, and the correlation of two proteins was further analyzed. The effect of leptin on GC cell (AGS and MKN-45 cells) migration was measured by transwell. The level of ICAM-1 at both mRNA and protein were detected by RT-PCR and western blot after treatment with leptin. Moreover, the cell surface ICAM-1 and sICAM-1 were detected by flow cytometry and ELISA. ICAM-1-siRNA was designed and transiently transfected in GC cells. RhoA GTPase activity was detected using the G-LISA RhoA activation assay kit. Correlations of leptin and ICAM-1 expression with clinicopathologic factors were analyzed by Kruskal-Wallis test or Mann-Whitney U test, as appropriate. Chi-

squared test was applied to analyze the correlation of leptin and ICAM-1 respectively. Other data from experiments were analyzed by paired Student's t-test or one-way ANOVA wherever appropriate.  $P < 0.05$  was statistical significance.

**Results** Immunohistochemical analysis revealed that leptin (48/84, 57.1%) and ICAM-1 (54/84, 64.2%) were overexpressed in GC tissues, and they were positively correlated with each other ( $P < 0.001$ ), as well as with the clinical stage and lymphatic metastasis. In transwell assay, leptin promoted GC cell (AGS and MKN-45) migration in a time- and dose-dependent manner. Furthermore, leptin induced GC cell migration by upregulating ICAM-1 expression (mRNA:  $4.06 \pm 0.54$ -fold for AGS,  $P < 0.001$ ;  $2.56 \pm 0.33$ -fold for MKN-45,  $P = 0.005$ . Protein:  $3.07 \pm 0.25$ -fold for AGS,  $P < 0.001$ ;  $2.9 \pm 0.26$ -fold for MKN-45,  $P = 0.003$ ), and knockdown of ICAM-1 by small interference RNA (siRNA) blocked this process (AGS:  $53.9\% \pm 3.6\%$ ,  $P = 0.020$ ; MKN-45:  $42.79\% \pm 3.78\%$ ,  $P = 0.005$ ). Notably, the surface expression of ICAM-1 (AGS,  $P < 0.001$ ; MKN-45,  $P < 0.01$ ), as well as the soluble ICAM-1 (sICAM-1) (AGS,  $P < 0.05$ ; MKN-45,  $P < 0.01$ ), was also enhanced by leptin. Moreover, leptin increased ICAM-1 expression through Rho/ROCK pathway, which was attenuated by pharmacological inhibition of Rho (C3 transferase) at  $0.25 \mu\text{g/mL}$  (AGS,  $P < 0.01$ ; MKN-45,  $P < 0.01$ ) or inhibition of its downstream effector kinase Rho-associated protein kinase (ROCK) (Y-27632) at  $3.3 \mu\text{M}$  (AGS,  $P < 0.01$ ; MKN-45,  $P < 0.01$ ), suggesting an essential role of Rho/ROCK pathway in this process.

**Conclusions** Our findings indicate that leptin enhances GC cell migration by increasing ICAM-1 expression through Rho/ROCK pathway, which might provide new insight into the significance of leptin in GC.

## PU-6608

# 胃泌素释放肽前体、癌胚抗原和神经元特异性烯醇化酶 在食管肿物中的诊断价值

屈雪,秦晓松

中国医科大学附属盛京医院滑翔分院,110000

**目的** 探讨血清胃泌素释放肽前体 (ProGRP)、癌胚抗原 (CEA)、神经元特异性烯醇化酶 (NSE) 在食管肿物中的诊断价值。

**方法** 分析我院胸外科 2017 年 7 月至 2019 年 5 月收治的食管肿物患者 174 例,检测其 ProGRP、CEA、NSE 水平,并且选取小细胞肺癌患者 60 例、体检健康人群 80 例为对照组进行比较分析。

**结果** 1. ProGRP、CEA、NSE 在食管癌组的表达均低于小细胞肺癌组高于食管良性肿物组和对照组,  $P < 0.05$ 。2. 3 项指标联合检测诊断食管癌的灵敏度高于 3 项指标单独检测,  $P < 0.05$ ; ProGRP、NSE 诊断食管癌的灵敏度高于 CEA,  $P < 0.05$ ; ProGRP、CEA 诊断食管癌的特异性明显高于 NSE,  $P < 0.05$ ; ProGRP 诊断食管癌的阳性预期值高于 CEA、NSE 和 3 项联合检测,  $P < 0.05$ 。3. 绘制诊断食管癌 ROC 工作曲线, ProGRP、CEA、NSE 曲线下面积分别为 0.799、0.659、0.521; ProGRP 对食管癌的诊断准确性最高, 95% 置信区间为 0.734 ~ 0.865。4. ProGRP、CEA、NSE 在食管癌组 III ~ IV 期中的表达明显高于 I ~ II 期组,  $P < 0.05$ ; ProGRP、CEA、NSE 在淋巴转移组的水平明显高于未见淋巴转移组,  $P < 0.05$ 。

**结论** ProGRP、CEA、NSE 对食管癌均具有诊断价值, ProGRP 对食管癌的诊断准确性优于 CEA、NSE, 并且 3 项指标的升高程度均与食管癌病程的严重程度成正相关, 3 项指标联合检测可提高诊断食管癌的灵敏度。

## PU-6609

## 肾透明细胞癌患者尿液 microRNA 检测诊断模型的建立与应用

赵地

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 目前尚无公认的可用于早期筛选及协助临床诊断的肾癌肿瘤标志物,因此,寻找敏感性、特异性高的 microRNA 生物标志物用于肾透明细胞癌的早期诊断及与良性肿瘤进行有效鉴别,进而协助临床专家采取合理有效的治疗方案具有重要意义。

**方法** 利用 RT-qPCR 技术对筛选出的差异表达的 miRNAs 进行验证,进一步筛选有统计学意义的差异表达 miRNAs。将筛选的明显差异表达的 miRNAs 引入 logistic 多元回归分析方程,得到判别公式,构建差异表达模型,并利用 ROC 曲线的曲线下面积评价其诊断肾透明细胞癌及与肾良性肿瘤鉴别诊断的应用价值。

**结果** 利用 Illumina Hiseq 高通量测序技术,对肾透明细胞癌,肾良性肿瘤和健康对照组的尿液上清 miRNAs 进行系统分析,筛选出备选内参,进一步利用 geNorm and NormFinder 软件进行分析,筛选出 miR-139-5p 和 miR-122-5p 组合为最稳定最合适内参。根据测序结果,在 100 例 ccRCC 患者,16 例肾良性肿瘤患者及 84 例正常对照者的尿液上清中进行验证,进一步筛选出四个 microRNA(miR-92b-3p, miR-146b-5p, miR-150-5p, miR-514a-3p)在 ccRCC 患者尿液上清中的表达明显高于正常对照者及肾良性肿瘤者。将 miR-92b-3p, miR-146b-5p, miR-150-5p 和 miR-514a-3p 进行 logistics 回归分析得到 logistics (P) 判别公式,  $\text{logit}(p=\text{ccRCC}) = 0.4446 - 0.0209 \times (\text{miR-150-5p}) + 0.0131 \times (\text{miR-146b-5p}) + 0.0060 \times (\text{miR-514a-3p}) + 0.0577 \times (\text{miR-92b-3p})$ 。根据公式建立 ROC 曲线,获得  $\text{AUC} = 0.861$ , 95% 置信区间  $[\text{CI}] = 0.794 - 0.913$ , 敏感性=81.94% 和特异性=77.78%。

**结论** 进行 logisti 建立了 4-microRNA panel 的检测模型。

## PU-6610

## Tim-3 and defective apoptotic cell clearance in SLE

赵地

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** Whether Tim-3 mediated engulfment of apoptotic cells is involved in SLE pathogenesis remains to be elucidated.

**方法** In this study, we firstly verified the role of human Tim-3 as the receptor of phosphatidylserine (PtdSer) in HEK293 cells which initiated the engulfment of apoptotic cells. Both IgV and mucin domain of Tim-3 were crucial in the phagocytosis of apoptotic cells, and there existed the key cytoplasmic domain for signal transduction.

**结果** Tim-3 expression was significantly increased on CD14<sup>+</sup> cells in SLE patients, peripheral apoptotic cells remained much higher than those in healthy individuals. Tim-3 expression on CD14<sup>+</sup> cells showed positive correlation with percentage of apoptotic cells and level of dsDNA. Accordingly, soluble Tim-3 (sTim-3) was significantly increased in plasma of SLE patients, which might contribute to higher expression of AMAD-10. Pretreatment of apoptotic cells with serum from SLE patients greatly inhibited hTim-3 initiated phagocytosis of apoptotic cells by HEK293 cells.

**结论** Collectively, Both full length Tim-3 and sTim-3 might play roles in impaired clearance of apoptotic cells in SLE.

## PU-6611

## 非酒精性脂肪性肝病患者 CD44 定量检测及其临床价值

孙建英,姚敏,巫梦娜,王理,郑文杰,姚登福  
南通大学附属医院,226000

**目的** 定量检测非酒精性脂肪性肝病 (nonalcoholic fatty liver disease, NAFLD) 患者 CD44 表达及其比较分析。

**方法** 于 2018 年 5 月至 10 月间收集南通大学附属医院住院慢性肝病患者伴/不伴 NAFLD, 包括慢乙肝 (CHB)、慢乙肝后肝硬化 (LC) 及肝细胞性肝癌 (HCC), 以健康献血员作为正常对照 (NC); 以流式细胞术分析 CD44 阳性细胞比率; 以酶联免疫吸附法定量 CD44 水平, 常规分析血 AST、ALT 活性、总胆固醇和甘油三酯等生化指标; 并自身配对法收集肝癌伴/不伴 NAFLD 患者术后癌及癌旁组织, 以免疫印迹和组织化学法分析并以 CD44 积分光密度 (IOD) 进行比较。

**结果** NAFLD 患者伴肝细胞损伤、血脂异常; NAFLD 患者、慢性肝病患者血清 CD44 水平均显著高于与 NC 组 ( $P < 0.001$ ); NAFLD 患者 CD44 阳性淋巴细胞比率为  $78.19 \pm 16.33\%$ , CHB 组为  $68.47 \pm 20.91\%$ , 均高于对照组 ( $46.51 \pm 20.52\%$ ); 慢乙肝伴脂肪变组 CD44 浓度 ( $181.42 \pm 49.36 \text{ ng/ml}$ ) 显著高于 CHB 组 CD44 浓度 ( $142.52 \pm 53.87 \text{ ng/ml}$ ) 和 NC 组 ( $99.47 \pm 15.23 \text{ ng/ml}$ ); 肝癌组 CD44/GAPDH 比值 ( $1.306 \pm 0.614$ ) 显著高于 ( $t = 3.451, P = 0.004$ ) 癌旁组 ( $0.477 \pm 0.291$ )。NAFLD 相关肝癌组 CD44 的 IOD 值为  $25.721 \pm 5.881$ , 癌旁组 IOD 值为  $14.155 \pm 4.001$ , 组间差异显著 ( $t = 14.544, P < 0.001$ ); HCC 患者血 CD44 高表达的病理特征表现与 HBV 感染、肿瘤大小、单/多中心、淋巴结转移、分化程度、TNM 分级、Child 分级、门静脉癌栓和肝外转移等显著相关; HCC 伴 NAFLD 患者血 CD44 ( $234.62 \pm 69.40 \text{ ng/ml}$ ) 显著高于 ( $t = -3.191, P = 0.002$ ) 不伴 NAFLD 患者 ( $186.49 \pm 58.89 \text{ ng/ml}$ ), 但 HCC 患者伴 NAFLD 的血 CD44 高/低组间的临床病理特征均未见明显差异。

**结论** 提示 CD44 异常活化, 其机制可能在 NAFLD 进展中发挥重要作用。

## PU-6612

## 基于拉曼光谱和多元统计分析研究血清标本及在冠心病中的应用研究

印晓静<sup>1</sup>, 韩崇旭<sup>1</sup>, 胡嘉波<sup>3</sup>, 府伟灵<sup>2</sup>, 张阳<sup>2</sup>  
1. 江苏省苏北人民医院  
2. 陆军军医大学第一附属医院  
3. 江苏大学

**目的** 冠心病 (CHD) 一直是最主要的心血管疾病之一, 原因在于心肌供血血管冠状动脉的损坏狭窄及堵塞引起的心肌缺血缺氧或心肌坏死, 目前我国冠心病的患病率和死亡率仍处于上升阶段, 已经成为重大的公共问题。当前常见的临床诊断方法有血清心脏标志物、心电图、超声心动图、心脏压力测试、冠状动脉 CT 血管成像和冠状动脉造影等, 但都有各自的局限性。本实验使用显微拉曼共焦系统对冠心病患者血清标本进行检测, 探讨分析其在冠心病诊断中的应用价值。

**方法** 1. 临床病例资料分析: 本实验选取 119 份血清样本, 其中包括 57 例经冠状动脉造影明确诊断的冠心病组血清, 和 62 例体检健康组血清。两组数据的计量资料均用  $\bar{x} \pm s$  表示, 采用 t 检验, 两组数据的计数资料均采用卡方检验。

2. 运用显微共聚焦拉曼系统采集各标本的血清拉曼特征光谱, 每个样品检测 4 个不同位置, 使用 LabSpec 6 进行基线校准、面积标准化和归零等预处理, 以获得较为理想稳定的拉曼信号。然后将每个样本不同位置的 4 个光谱值取平均值, 同类型光谱结果也取平均值。



3. 联合多元统计中的主成分分析 (PCA) 和正交偏最小二乘判别分析法 (OPLS-DA) 等, 使用 SIMCA-P14.1 分析软件进行统计学处理和分析。

**结果** 1. 冠心病组和健康组的平均拉曼峰谱形态相似;

2. 在位移 1081.20/cm、1102.14/cm、1126/cm、1336.99/cm、1603.83/cm 和 1657.69/cm 处, 冠心病组的光谱振动强度高于健康组; 在位移 1154.51/cm、1192/cm 和 1516.81/cm 处, 健康组的光谱振动强度显著高于冠心病组, 这些谱峰的变化对应不同的生物分子和代谢物质, 可能有利于血清拉曼光谱对冠心病的筛查;

3. 采用 OPLS-DA 模型分析, 其中模型对 X 矩阵的累计解释率  $R^2X$  (cum) 为 0.795, 模型对 Y 矩阵的累计解释率  $R^2Y$  (cum) 为 0.82, 模型的可预测性  $Q^2$  (cum) 为 0.553, 针对 30 例验证集样本总的诊断正确率为 73.33%。

**结论** 显微共聚焦拉曼系统联合 OPLS-DA 分析, 可对已知样本进行快速便捷的区分, 并针对验证集获得较高的正确率, 作为探索性实验方法, 为冠心病的检测提供了一种新的可能, 有望发展成为一种全新的冠心病临床辅助诊断方法。

## PU-6613

# 肝癌发生过程中 Wnt3a 动态表达及靶向干预的抑制作用

王理<sup>2</sup>, 孙建英<sup>2</sup>, 姚敏<sup>2</sup>, 潘刘翊<sup>2</sup>, 巫梦娜<sup>1</sup>, 姚登福<sup>2</sup>

1. 南通大学

2. 南通大学附属医院, 226000

**目的** 探讨肝细胞恶性转化过程中 Wnt3a 动态表达及其基因转录干预的抑制作用。

**方法** 以含 2-乙酰氨基苄(2-FAA, 0.05%) 颗粒饲料喂饲 SD 鼠诱发肝癌, 以病理组织学检查 (H&E 染色) 确定肝组织改变; 分别以免疫组织化学和全基因组芯片在蛋白和基因转录水平上 Wnt3a 动态表达。构建 Crispr/cas9-sgRNA 慢病毒载体、感染人 HepG2 细胞并筛选有效序列, 以错配酶法验证 Wnt3a 基因干预效率, 以 Western blotting 验证 Wnt3a 及  $\beta$ -catenin 表达, 以 Cell Counting Kit-8 法检测 HepG2 细胞增殖活力, 并以移植瘤模型证实 Wnt3a 基因转录干预对肝癌生长的抑制作用。

**结果** 鼠肝癌动态模型显示在对照、肝细胞变性, 癌前病变和恶变几个阶段。全基因表达谱上调信号比 (Signal Logarithm Ratio, SLR) 大于 8 基因数, 癌前组 268 个, 癌变组 312 个, 涉及细胞增殖、信号转导、肿瘤转移、细胞凋亡等多基因表达, 包括 Wnt3a。肝细胞变性时 Wnt3a 表达, 癌前及癌变时已过度表达; 肝组织 Wnt3a-mRNA 组间差异十分显著 ( $F=8.018$ ,  $P=0.0020$ ); 与对照组比较, 变性组 ( $t=2.117$ ,  $P=0.06$ )、癌前组 ( $t=3.893$ ,  $P=0.003$ ) 和癌变组 ( $t=3.633$ ,  $P=0.0046$ )。人肝癌 HepG2 细胞 Wnt3a 基因转录干预后, Wnt3a 显著降低, 下游  $\beta$ -catenin 明显下调, 癌细胞增殖抑制并呈时间依赖性; 经肝癌移植瘤模型证实: Wnt3a 基因敲除后移植瘤生长缓慢、瘤体和瘤重显著减少。

**结论** 肝癌形成早期 Wnt3a 异常表达, 有望成为早期诊断或基因治疗的分子靶目标。

## PU-6614

**肝癌 Wnt3a 表达异常及其靶向干预的临床价值**

巫梦娜,王理, 姚敏,孙建英,沈水杰,陈颖,姚登福  
南通大学附属医院,226000

**目的** 前期研究发现,位于磷脂酰肌醇蛋白聚糖-3(GPC-3)下游 Wnt3a 异常表达为 HCC 诊断及预后极有价值的特异标志,但可否作为肝癌治疗的靶目标尚不清楚。本文分析癌、癌周组织 Wnt3a 表达特征,并以 Crispr/cas9-sgRNA 慢病毒载体系统成功敲除肝癌 HepG2 细胞株 Wnt3a 基因,在体内、体外观察对癌细胞增殖和移植瘤生长的影响。

**方法** 以自身配对法收集 2012 年至 2013 年间原发性肝癌患者术后癌和癌旁组织,以组织芯片和免疫组织化学法及特异性抗体检测肝癌组织及癌周组织 Wnt3a 表达,结合随访数据评估其预后价值;Crispr/cas9-sgRNA 双载体慢病毒构建、感染及筛选;错配酶法在基因水平验证基因敲除效率;Western blotting 在蛋白水平验证基因敲除效率及 Wnt 通路下游  $\beta$ -catenin 表达;Cell Counting Kit-8 法检测敲除 Wnt3a 的 HepG2 细胞增殖活力;并以移植瘤模型证实 Wnt3a 与肝癌关系。

**结果** 肝癌组织 Wnt3a 主要定位于细胞膜和细胞浆中,阳性率 95.4%显著高于自身对照的癌周组 49.4% ( $\chi^2=47.754$ ,  $P<0.001$ );肝癌组 Wnt3a 高表达占 70.1%(61/87)而癌旁组仅 14.9%(13/87)。Wnt3a 高表达与低分化程度、肝硬化、HBV 感染、门静脉浸润、TNM 分期及五年生存率显著相关;以 Crispr/cas9-sgRNA 法成功敲除人 HepG2 细胞 Wnt3a 基因后,Wnt3a 蛋白显著降低,明显下调下游关键蛋白  $\beta$ -catenin,明显抑制癌细胞增殖并呈时间依赖性;与对照组比较,敲除 Wnt3a 后肝癌移植瘤生长缓慢( $t=6.418$ ,  $P<0.001$ )、体积显著缩小( $t=5.168$ ,  $P<0.001$ )和瘤重显著减少( $t=5.628$ ,  $P<0.001$ )。

**结论** 癌胚型 Wnt3a 有望成为肝癌基因治疗的分子靶目标。

## PU-6615

**加强检验科医学实验室标本生物安全控制管理**

王占科,祝仲珍  
联勤保障部队第九〇八医院(原南昌解放军第九四医院)

**目的** 医院检验科作为临床实验室,拥有标本、设备耗材以及工作人员,其中标本是检验科主要传染源或潜在传染源,标本在分析前,分析中和分析后应进行全程标本生物安全控制和管理。检验科感染控制实质是标本生物安全控制和管理以及实验室从业人员职业暴露,加强标本容器的物理隔离和封闭式运输,严防标本内病原微生物外泄,检验科工作人员在标本开放式操作时着生物防护服,并在生物安全柜内进行,及时对传染性或潜在传染性标本进行消毒无害化处理等,是预防检验科人员感染和职业暴露的有效手段。

## PU-6616

**Graalphenylene oxide as “nano-Trojan horse” cargo in oncolytic measles virus for retargeted cancer therapy**

Mao Xia  
Drum Tower Hospital, Medical School of Nanjing University

**Objective** Replication-competent oncolytic viruses selectively infect and kill malignant cells, and this process, oncolytic virotherapy, has been proven to be a potent anticancer weapon for clinical

therapy. However, preexisting antibodies in patients may neutralize viruses and limit the oncolytic efficacy of this treatment. Cell carriers have been employed to protect oncolytic viruses from immune clearance and to deliver viruses to targeted tumor loci. Nevertheless, this technique is limited by the fact that carriers would have to be specifically designed, and a general agent that is effective for the majority of the population is still unavailable. Graphene oxide sheets (GOS) have been found to be potential biological carriers due to their excellent biological compatibility and targeting movement after decoration.

**Methods** In this study, we developed a novel strategy to achieve both virus protection and targeted release in the tumor by encapsulating oncolytic measles virus and conjugating pegylated folate. We loaded oncolytic measles virus (Edmonston vaccine strain, MV-Edm) into polyethyleneimine (PEI) and pegylated-folate-double-conjugated GOS (PEI-GOS-PEG-FA) to protect the viral particles from neutralization by antiviral antibodies in human blood and to efficiently deliver the particles to the tumor mass. We compared PEI-GOS-PEG-FA-decorated MV-Edm (GOS/MV-Edm) to nano-Trojan horses.

**Results** We systemically evaluated the practicality, effectiveness and mechanisms of the nano-Trojan horse both in vitro and in vivo. Moreover, we optimized the loading strategy for GOS/MV-Edm, elucidated their infection pathway, revealed their virus-protecting and tumor-targeting efficacy, and determined their efficacy and biodistribution in vivo.

**Conclusions** This study provided a theoretical basis and a novel strategy for oncolytic viral therapy against malignancies.

## PU-6617

# 癌胚型 GPC-3 基因转录干预对肝癌生长的抑制作用

姚敏<sup>2</sup>, 沈水杰<sup>2</sup>, 陈洁<sup>2</sup>, 陈颖<sup>2</sup>, 王理<sup>1</sup>, 姚登福<sup>2</sup>

1. 南通大学

2. 南通大学附属医院, 226000

**目的** 肝细胞性肝癌(hepatocellular carcinoma, HCC)的早期诊断与有效治疗仍是医学界的难题。临床常规 AFP 检查早期阳性率较低, 患者无明显症状诊断困难。肝癌治疗方法虽进展较快, 但手术切除或肝脏移植术仍为临床上最为有效的治疗手段; 积累的临床资料显示肝癌患者术后极易复发, 预后差。尽管索拉菲尼等靶向药物为非手术晚期患者新疗法, 其作用有限, 因此寻找更有效治疗方法仍为肝癌诊治亟待解决的难题。肝细胞癌变过程中涉及促癌基因激活、抑癌基因的失活与多种相关信号分子异常。新近发现磷脂酰肌醇蛋白多糖家族第 3 号成员(glypican-3, GPC-3)在肝癌组织中过表达, 其水平有助于肝癌特异诊断及患者预后分析。GPC-3 分子通过糖基磷脂酰肌醇锚定于细胞膜表面, 位于 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路上游, 在 HCC 进展过程中与肝细胞恶性转化密切相关。但其调控机制仍有待阐明。

**方法** 本文以特异性 miRNA 下调肝癌细胞 GPC-3 基因转录, 分析对 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路相关信号分子的改变, 经体内外研究证明对肝癌细胞增殖及移植瘤生长具有抑制作用。

**结果** 特异性 miRNA 成功转染 HepG2 和 Hep3B 细胞后, 体外研究显示肝癌细胞增殖受抑、克隆形成明显降低和发生 G<sub>1</sub> 期阻滞, 差异均显著( $P < 0.01$ ),  $\beta$ -catenin 及 p-GSK3 $\beta$  显著降低( $P < 0.01$ ); 体内研究显示: 移植瘤成瘤时间延长( $t = 12.89$ ,  $P < 0.01$ )、瘤体小 ( $t = 15.29$ ,  $P < 0.01$ ); 瘤内 GPC-3 表达明显下降( $t = 6.67$ ,  $P < 0.01$ )、相关信号分子  $\beta$ -catenin ( $t = 9.61$ ,  $P < 0.01$ )、p-GSK3 $\beta$  ( $t = 4.81$ ,  $P < 0.01$ )及 CyclinD1 ( $t = 5.90$ ,  $P < 0.01$ )表达均显著下调。

**结论** 干预 GPC-3 活化经 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路抑制肝癌细胞增殖和生长, 提示 GPC-3 为 HCC 治疗的潜在靶目标。

PU-6618

## Therapeutic effect of Sirtuin 3 on ameliorating nonalcoholic fatty liver disease: The role of the ERK-CREB pathway and Bnip3-mediated mitophagy

Ruibing Li<sup>1</sup>, Ting Xin<sup>2</sup>, Dandan Li<sup>1</sup>, Hang Zhu<sup>1</sup>, Hao Zhou<sup>1,3</sup>, Chengbin Wang<sup>1</sup>

1.Chinese PLA General Hospital

2.Tianjin First Central Hospital

3.Wyoming Univeristy

**Objective** Nonalcoholic fatty liver disease (NAFLD) is now the most prevalent form of chronic liver disease. Increased mitochondrial damage is related to the progression of a diet-induced nonalcoholic fatty liver disease. Our study is to explore the role of Sirtuin 3 in nonalcoholic fatty liver disease with a focus on mitophagy and the ERK-CREB pathway.

**Methods** In vivo, WT mice and Sirtuin 3 transgenic mice were selected for the high fat group and low fat group to establish the NAFLD animal model (WT & Sirt3-TG) and control (WT & Sirt3-TG). ELISA, Immunohistochemistry, Western Blot were used to evaluate the body weight, liver pathology, glucose and lipid metabolism, liver inflammation and fibrosis between HFD (WT & Sirt3-TG) and LFD (WT & Sirt3-TG). Besides, primary hepatocytes were isolated from WT mice and Sirt3 transgenic mice and underwent Palmitic acid injury. In cells experiments, MTT assay, TUNEL assay, ELSIA, mitochondrial extraction, western blot and immunofluorescence colocalization were used to evaluate cell viability, cell apoptosis, mitochondrial energy metabolism, mitochondrial ROS overproduction, mitochondrial Cyt-c leakage, and mitochondrial apoptotic pathway activation between WT and Sirt3 overexpressing cells when treated with PA. Bnip3 siRNA was used in PA treated Sirt3 expressing cells to analyze the relationship between Bnip3 and Sirtuin 3. PD98059 was added to PA treated Sirt3 expressing cells to observe the role of ERK-CREB in the mechanism in which Sirtuin 3 regulates Bnip3 mediated mitochondrial autophagy.

**Results** Our data indicated that Sirt3 was downregulated in liver tissue in response to chronic HFD treatment. Interestingly, re-introduction of Sirt3 protected hepatic function, attenuated liver fibrosis, alleviated the inflammatory response, and prevented hepatocyte apoptosis. Molecular investigations demonstrated that lipotoxicity was associated with an increase in mitochondrial apoptosis as evidenced by reduced mitochondrial potential, augmented ROS production, increased cyt-c leakage into the nucleus, and activated caspase-9 apoptotic signalling. Additionally, Sirt3 overexpression protected hepatocytes against mitochondrial apoptosis via promoting Bnip3-required mitophagy. Functional studies showed that Sirt3 reversed Bnip3 expression and mitophagy activity via the ERK-CREB signalling pathway. Blockade of the ERK-CREB axis repressed the promotive effects of Sirt3 on Bnip3 activation and mitophagy augmentation, finally negating the anti-apoptotic influences of Sirt3 on hepatocytes in the setting of high-fat-stress. Collectively, our data show that high-fat-mediated liver damage is associated with Sirt3 downregulation, which is followed by ERK-CREB pathway inactivation and Bnip3-mediated inhibition of mitophagy, causing hepatocytes to undergo mitochondria-dependent cell death.

**Conclusions** 1. Gain-of-function assays of Sirt3 in vitro and in vivo confirmed that Sirt3 played a protective role against fatty liver disease. Sirt3 overexpression maintained mitochondrial function, reduced mitochondria oxidative stress, sustained mitochondrial energy metabolism, stabilized mitochondrial potential, repressed mitochondrial pro-apoptotic factor liberation, and blocked mitochondrial apoptosis activation

2. Sirt3 activates the ERK-CREB signaling pathway, and the latter upregulates Bnip3-mediated mitophagy, thereby attenuating mitochondrial damage and inhibiting mitochondria -dependent hepatocyte apoptosis.

3. High-fat-mediated liver damage is associated with Sirt3 downregulation, which is followed by ERK-CREB pathway inactivation and Bnip3-mediated inhibition of mitophagy, causing hepatocytes to undergo mitochondria-dependent cell death.

PU-6619

## **Sigma metrics for assessing the analytical quality of clinical chemistry assays: A comparison of two approaches**

Xiuzhi Guo, Xinqi Cheng  
Peking Union Medical College Hospital

**Objective** Introduction: Two approaches were compared for the calculation of coefficient of variation (CV) and bias, and their effect on sigma calculation, when different allowable total error (TEa) values were used to determine the optimal method for Six Sigma quality management in the clinical laboratory.

**Methods** Materials and Methods: Sigma metrics for routine clinical chemistry tests using three systems (Beckman AU5800, Roche C8000, Siemens Dimension) were determined in June 2017 in the laboratory of Peking Union Medical College Hospital. Imprecision (CV%) and bias (bias%) were calculated for ten routine clinical chemistry tests using a proficiency testing (PT)- or an internal quality control (IQC)-based approach. TEa from the Clinical Laboratory Improvement Amendments of 1988 and the Chinese Ministry of Health Clinical Laboratory Center Industry Standard (WS/T403-2012) were used with the formula:  $\text{Sigma} = (\text{TEa} - \text{bias})/\text{CV}$  to calculate the Sigma metrics ( $\sigma_{\text{CLIA}}$ ,  $\sigma_{\text{WS/T}}$ ) for each assay for comparative analysis.

**Results** Results: For the PT-based approach, eight assays on the Beckman AU5800 system, seven assays on the Roche C8000 system and six assays on the Siemens Dimension system showed  $\sigma_{\text{CLIA}} > 3$ . For the IQC-based approach, ten, nine and seven assays, respectively, showed  $\sigma_{\text{CLIA}} > 3$ . Some differences in  $\sigma$  were therefore observed between the two calculation methods and the different TEa values.

**Conclusions** Conclusions: Both methods of calculating  $\sigma$  can be used for Six Sigma quality management. In practice, laboratories should evaluate Sigma multiple times when optimizing a quality control schedule.

PU-6620

## **Antinuclear Antibodies Assay: A Comparative Study between Automated Pattern Recognition and Conventional Visual Interpretation**

Zhiyan Li, Zhenru FENG  
Peking University First Hospital

**Objective** The indirect immunofluorescence assay (IIFA) for the detection of antinuclear antibodies (ANA) was firstly described in 1958 and is still considered the reference method for ANA screening. Currently, an automated processing and recognition system for standardized and efficient ANA interpretation by HEp-2 cell-based IIF (EUROPattern Suite, Euroimmun) is available in China. The purpose of this study is to evaluate the accuracy of ANA interpretation by automated recognition.

**Methods** In this study, the performance of this novel system for positive/negative classification, pattern recognition (including homogenous, speckled, nucleolar, nuclear dots, cytoplasmic and centromeres patterns) and titers evaluation was evaluated by comparing to visual interpretation.

**Results** Referring to the total of 3681 collected samples, there was an agreement of 98.7% ( $\kappa=0.973$ ) between the visual and automated examination regarding positive/negative discrimination. In sera with single pattern, correct pattern recognition was observed in 94.6% of the samples. The efficiency of automated recognition for single pattern varied for the different patterns. The automatically determined patterns were correct and complete in 1071 out of 1620 cases and correct and meaningful but not complete ("main pattern") in another 405 cases, enabling main pattern recognition in 91.1% of all cases. Referring to the titers evaluation, the results within the next titer were considered to be consistent. In 1603 positive sera both by visual and automated evaluation, titers of 1514 sample were consistent, accounting for 94.4%.

**Conclusions** Due to the performance characteristics, EUROPattern system is suitable for clinical use as its high degree of automation and result reliability, and may help clinical laboratories to standardize of IIF evaluation.

## PU-6621

### 240 例艾滋病合并马尔尼菲篮状菌患者流行病学 及临床实验室指标分析

高丽  
云南省传染病医院

**目的** 分析艾滋病合并马尔尼菲篮状菌患者的流行病学及临床特征

**方法** 收集 2013 年 1 月至 2017 年 12 月云南省传染病医院收治的 240 例艾滋病合并马尔尼菲篮状菌感染患者的临床病历资料，回顾性分析患者的临床表现、双相培养特征及实验室指标等临床资料

**结果** 240 例患者中男性 171 例，女性 69 例，年龄 3-70 岁。民族主要以汉族为主，占 56.25%(135/240)，但是壮族、彝族、傣族、哈尼族分别占 8.33% (20/240)、7.92% (19/240)、6.25% (15/240)、4.58% (11/240)。地区分布主要以云南红河和文山为主，分别占 15.00% (38/240) 和 18.75% (45/240)。这些患者主要的临床症状有：淋巴结肿大、化脓、皮疹、发热、贫血等。双相培养过程中，25℃沙堡弱琼脂平板 (SGC) 培养，菌落生长迅速，表面呈灰白色绒毛状，可产生酒红色色素扩散至整个培养基；37℃ SGC 培养，酵母相，菌落平坦、湿润、奶酪色，不产生色素。在实验室指标方面，CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞数和血红蛋白明显降低，血细胞沉降系数 (ESR) 明显增高，C 反应蛋白 (CRP) 和降钙素原 (PCT) 明显升高。2013-2017 年马尔尼菲篮状菌在临床上呈现一个逐年递增的趋势

**结论** 艾滋病合并马尔尼菲篮状菌病好发于 CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞数低于 50 个/μL 的患者，临床表现复杂多样。诊断主要还是依靠病原菌的培养，各种实验室指标比如 AST、CRP、PCT 及真菌-D-葡聚糖可结合临床症状进一步确诊。

## PU-6622

## 早期梅毒患者外周血单个核细胞 mRNA 表达谱

陈文韬,郑和平,廖仪文  
南方医科大学皮肤病医院

**目的** 梅毒是目前全球范围最为流行的性传播疾病之一,已成为全球公共卫生问题。梅毒临床表现多样,临床治疗面临诸多困惑,感染免疫存在大量空白。本研究将聚焦于早期梅毒患者外周血单个核细胞的 mRNA 表达谱,为感染免疫的研究提供更多理论线索。

**方法** 严格按照临床诊断标准入选 5 名未经治疗的梅毒患者,5 名健康人作为对照组(入选人群满足年龄、性别无差异)。分离实验组和对照组外周血单个核细胞提取总 RNA 进行芯片检测;通过 R 包 limma 进行差异表达分析并进行主成分分析(PCA);通过 R 包 clusterProfiler 完成 Go 功能和 KEGG 通路分析。

**结果** RNA 芯片结果符合质控要求;PCA 结果显示感染组和对照组可显著分离;感染组与对照组比较,mRNA 中有 198 个基因下调,563 个基因表达上调( $\text{Foldchange} > 2, p < 0.05$ )。Go 功能分析发现与血管调节相关的基因显著富集,Pathway 分析发现多个代谢通路异常。

**结论** 梅毒螺旋体感染常造成血管病变,目前仍不清楚其具体机制。我们通过 mRNA 芯片检测,发现外周血单个核细胞多个基因参与血管调控,可能为进一步研究梅毒螺旋体的致病机制提供理论线索。

## PU-6623

## 获得性免疫缺陷综合征患者酵母样真菌临床分离株的分布和药物敏感性

高丽  
云南省传染病医院

**目的** 了解云南省传染病专科医院获得性免疫缺陷综合征(AIDS)病人酵母样真菌感染的种类、分布和耐药情况,为临床经验治疗提供用药依据

**方法** 采用回顾性调查分析的方法,统计该院 2009 年 1 月~2017 年 12 月期间送检标本中分离的 1373 株酵母样真菌,并对常用抗真菌药敏试验结果分析

**结果** 无菌体液中检出菌株 348 株,新型隐球菌最多,327 株(94.0%);其他样本中检出菌株 1025 株,白念珠菌最多,769 株(75%)。分离菌在不同年龄分段的分布差异具有统计学意义( $X^2 = 263.1, P < 0.0001 \sim < 0.05$ ),其中 31~40 年龄段和 41~50 年龄数量最多。1020 株常见念珠菌对唑类药物的耐药率较高,对两性霉素 B 和氟胞嘧啶的耐药率均较低;无菌体液中检出的新型隐球菌对氟康唑的耐药率为 4.3%,对两性霉素 B 的耐药率为 0.3%

**结论** AIDS 病人酵母样真菌机会性感染以白念珠菌为多见,酵母样真菌对氟胞嘧啶和两性霉素 B 的耐药率低,可作为首选的治疗药物

## PU-6624

## PGM5 is a novel tumor suppressor and predicts poor overall survival in colorectal cancer patients

Yifan Sun

Affiliated Liutie Central Hospital of Guangxi Medical University

**Objective** Phosphoglucosyltransferase (PGM), a key enzyme in the metabolism of glucose-1-phosphate and glucose-6-phosphate, has been found to be associated with proliferation, invasion, and metastasis of cancer. However, the expression and function of PGM5 in colorectal cancer (CRC) remains unknown.

**Methods** We tested PGM5 mRNA and protein expression in 79 CRC tissue and matched adjacent tissue samples by qRT-PCR and immunohistochemistry, respectively. Kaplan-Meier method and log-rank test was used to assess the difference in survival between patients with low or high levels of PGM5 expression. Univariate and multivariate analysis was conducted with a Cox proportional hazards model to determine whether PGM5 is an independent prognostic factor. The cell proliferation, the migration and invasion abilities of CRC cells were detected using CCK-8, Transwell migration and invasion assay, respectively.

**Results** The PGM5 protein expression in CRC tissues was significantly lower than that in the adjacent tissues ( $t=5.035$ ,  $P<0.001$ ), and the Kaplan-Meier analysis indicated that a low PGM5 expression was significantly associated with poor overall survival ( $P=0.0069$ ). Univariate and multivariate analyses demonstrated that PGM5 was an independent risk factor for overall survival (hazard ratio=0.3951,  $P=0.014$ ). The overexpression of PGM5 in the CRC cells significantly inhibited the proliferation, invasion and migration. On the contrary, knockdown of PGM5 promotes the invasion and migration of CRC cells.

**Conclusions** PGM5 regulates proliferation, invasion, and migration in the CRC and decreased PGM5 is associated with poor prognosis. Therefore, PGM5 is a novel tumor suppressor in CRC and decreased PGM5 may predict poor overall survival in patients with CRC.

## PU-6625

## 异常 HBV-DNA 扩增曲线的可靠性分析

王三军

陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院

**目的** 为了明确该患者异常扩增曲线结果是否可靠,给临床诊疗提供依据,对其异常扩增曲线的可靠性进行分析。

**方法** 以该患者异常乙肝 DNA 扩增曲线所示结果与临床及肝炎十项结果不符为切入点,对该患者标本进行性状观察,复检以及稀释 100 倍复检,并对三次检测结果进行分析

**结果** 第一次扩增曲线低于阈值线,第二次曲线没有合格对数增长期,第三次稀释 100 倍后为正常的未扩增曲线。第一次扩增曲线本底调整之后可以得到类似于第二次扩增的曲线,第二次扩增曲线起峰时间早,结束时间快,其扩增曲线与正常扩增曲线有明显差异,无明显的对数扩增期,扩增结束时荧光强度低,为非特异性扩增曲线或者样本中含有荧光物质干扰。

**结论** 乙型肝炎病毒是引起乙型肝炎的病原体,HBV-DNA 检测是判断病毒复制水平的常用手段,是乙肝病毒感染最直接、特异性强和灵敏性高的指标。HBV-DNA 检测干扰因素较多,如高浓度的脂肪、血红蛋白、胆红素及含荧光物质的药物等,使检测结果呈现假阳性或假阴性。通过样本性状观察可比较容易判断出胆红素等干扰因素,但荧光物质种类繁多,所导致的假阳性容易导致误诊。各种干扰因素导致扩增曲线抑制或非特异扩增曲线,可以通过调取原始扩增曲线分析判断,一般情况下也较容易鉴别。针对干扰物质所造成的影响,最方便的解决办法是将样本稀释 10-100 倍,再



次进行扩增检测，通常即可去除干扰物质的影响。本病例所遇到的背景荧光干扰问题，通过将样本稀释 100 倍再次检测，干扰物质影响随即消除，该患者无 HBV-DNA 复制，避免了误诊。

## PU-6626

### Serum amyloid A is a novel inflammatory biomarker in polycystic ovary syndrome

Yifan Sun

Affiliated Liutie Central Hospital of Guangxi Medical University

**Objective** Serum amyloid A (SAA) is considered a biomarker of inflammation; however, the SAA levels in polycystic ovary syndrome (PCOS) are still uncertain.

**Methods** In this study, the SAA, glucose, insulin, C-reactive protein (CRP), follicle-stimulating hormone (FSH), luteinizing hormone (LH), and total testosterone concentrations were measured in 82 women with PCOS and 60 healthy controls.

**Results** The median concentration of SAA was 5.000mg/L (IQR: 2.825-5.400) in women with PCOS, which was significantly higher than that of controls (3.700mg/L, IQR: 2.825-5.400,  $P = 0.025$ ). SAA was only positively associated with the CRP ( $r = 0.303$ ,  $P=0.006$ ). No significant association was observed between SAA and body mass index (BMI), total testosterone, or insulin resistance (IR).

**Conclusions** SAA levels were increased in women with PCOS, and SAA may be a potential inflammatory biomarker for PCOS.

## PU-6627

### 唾液腺动态显像在诊断干燥综合征中的临床价值，与抗 SSA/SSB 抗体检测及联合应用比较

洪智慧

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 评价  $^{99m}\text{TcO}_4^-$  SPECT 唾液腺动态显像在诊断干燥综合征 (Sjögren's syndrome, SS) 中的临床价值，并与抗 SSA/SSB 抗体检测及二者联合应用进行比较。

**方法** 选取 2014 年至 2018 年在苏州大学附属第二医院就诊的临床可疑 SS 的患者共 49 例，每例患者均在入院后一周内行  $^{99m}\text{TcO}_4^-$  SPECT 唾液腺动态显像和抗 SSA/SSB 抗体检测。唾液腺动态图像采集后，由同一位核医学技师进行图像处理，再由两名有经验的核医学医师对处理后的图像进行定性和定量分析，计算 UR、S/T、Tmin 及 SR 定量指标。研究唾液腺显像定量分析在诊断 SS 中的作用。比较唾液腺显像、抗 SSA/SSB 抗体检测及二者联合应用诊断 SS 的灵敏度、特异性、准确性、阳性预测值及阴性预测值，并绘制 ROC 曲线，评估并比较三种方法在诊断 SS 中的临床价值。

**结果** 唾液腺显像定量分析中，SS 组腮腺及颌下腺的 UR、S/T 及 SR 值均低于非 SS 组，SS 组腮腺及颌下腺的 Tmin 值高于非 SS 组。其中两组腮腺的 UR、SR 及 Tmin 值及颌下腺的 UR、S/T 及 Tmin 值的差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )，而两组腮腺的 SR 值及颌下腺的 S/T 值的差异没有统计学意义 ( $P>0.05$ )。唾液腺动态显像诊断 SS 的灵敏度、特异性、准确性、阳性预测值及阴性预测值分别为 100%、47.4%、79.6%、75.0%、100%；抗 SSA/SSB 抗体检测诊断 SS 的灵敏度、特异性、准确性、阳性预测值及阴性预测值分别为 80.0%、57.9%、69.4%、80.0%、64.7%；两种方法联合应用诊断 SS 的灵敏度、特异性、准确性、阳性预测值及阴性预测值分别为 100%、26.3%、71.4%、68.2%、100%。其中抗 SSA/SSB 抗体检测的灵敏度小于唾液腺动态显像和联合

应用,且有统计学意义( $P<0.05$ ),唾液腺显像的准确性也高于抗体检测及联合应用,没有统计学意义( $P>0.05$ );ROC分析中,SPECT 唾液腺动态显像、抗 SSA/SSB 抗体检测及联合应用的 ROC 曲线下面积分别为  $0.737\pm 0.080$  ( $P<0.05$ )、 $0.689\pm 0.081$  ( $P<0.05$ )、 $0.632\pm 0.086$  ( $P>0.05$ )。

**结论** 唾液腺动态显像在诊断 SS 中有较高的灵敏度、准确性及阴性预测值,诊断价值较高,是一种行之有效的检查方法。

#### PU-6628

### The relation of islet $\beta$ -cell dysfunction with other major organ dysfunction in traumatic MODS patients

Zhanke Wang

The 908 Hospital of Joint Logistics Support Force

**Objective** There is a lack of clinical evidence on the relationship between islet  $\beta$ -cell dysfunction with the prognosis and the major organ dysfunction in the patients with severe traumatic MODS.

**Methods** 170 cases of surviving and dead traumatic MODS patients and 90 normal healthy individuals were selected as research subjects. The declined indexes of the HOMA- $\beta$  and  $\Delta$ INS 30 / $\Delta$ GLU 30 were evaluated as indicators of  $\beta$ -cell dysfunction, the elevated levels of blood ALT, CRE, and CK-MB were evaluated as liver, kidney and myocardium dysfunction indicators, and the elevated levels of blood sTREM-1, TNF- $\alpha$ , IL-6 and HMGB1 were analyzed as indicators of inflammation in all the subjects.

**Results** The indexes of HOMA- $\beta$  and  $\Delta$ INS 30 / $\Delta$ GLU 30 in all the MODS patients were significantly lower than those of the normal control subjects, and the indexes of HOMA- $\beta$  and  $\Delta$ INS 30 / $\Delta$ GLU 30 in the dead MODS patients were significantly lower than those of the surviving MODS patients, respectively ( $P<0.01$ ). There was a significant negative correlation between either the HOMA- $\beta$  or  $\Delta$ INS 30 / $\Delta$ GLU 30 with the ALT, CRE, and CK-MB, as well as the sTREM-1, TNF- $\alpha$ , IL-6, and HMGB1 levels in all the MODS patients, respectively ( $P<0.01$ ).

**Conclusions** Islet  $\beta$ -cell dysfunction occurs in patients with severe traumatic MODS and it predicts a poor outcome. Islet  $\beta$ -cell dysfunction is positively related to liver, kidney, and myocardium dysfunction, and excessive inflammation may be an important cause of islet  $\beta$ -cell dysfunction.

the sTREM-1, TNF- $\alpha$ , IL-6, and HMGB1 levels in all the MODS patients, respectively ( $P<0.01$ ).

#### PU-6629

### Synchronous nonfunctioning parathyroid carcinoma and functioning lung metastasis on $^{99m}\text{Tc}$ -MIBI SPECT/CT imaging

Zhihui Hong

The Second Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** Parathyroid carcinoma (PC) is extremely rare and typically presenting with marked elevations of serum calcium concentrations and associated with significantly increased parathyroid hormone (PTH) levels. It grows very slowly, but in about 25% of patients have lungs metastases. Technetium-99m methoxy isobutylisonitrile ( $^{99m}\text{Tc}$ -MIBI; sestamibi) SPECT/CT scintigraphy has been used for preoperative localization of parathyroid adenomas or for incidental finding metastases of parathyroid carcinoma and ectopia.

**Methods** Description of a rare case and review of the literature.

**Results** We present here an unusual case of a 25-year-old female patient with co-occurrence of parathyroid carcinoma and lung metastasis that parathyroid lesion had no radioactivity concentration but lung metastasis had a hyperfunctioning focus, which were localized with  $^{99m}\text{Tc}$ -MIBI SPECT/CT and confirmed surgically and pathologically.

**Conclusions** The case is being reported for its uniqueness along with a discussion of appropriate course of diagnosis, which may have averted the aggressive clinical course of the disease. It shows that  $^{99m}\text{Tc}$ -MIBI SPECT/CT scan can play an important role in the diagnosis of parathyroid and metastasis lesions.

## PU-6630

### 糖化血红蛋白浓度五年个体内变异特征

张世昌,蒋叶,娄鉴芳

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨糖化血红蛋白(HbA1c)浓度的长期个体内生物学变异特征,为 HbA1c 的临床应用提供实验依据。

**方法** 收集 2011 年至 2015 年连续 5 年在本院进行健康体检的 1075 名志愿者的静脉血,进行 HbA1c 浓度测定。根据第 1 年 HbA1c 浓度分为正常组(< 5.7%) 641 例、糖尿病前期组(5.7%-6.5%) 310 例、糖尿病组(> 6.5%) 124 例。分析不同人群 HbA1c 浓度的个体内变异。

**结果** HbA1c 正常组、糖尿病前期组、糖尿病组的 HbA1c 浓度均值在男性与女性之间无显著差异( $P > 0.05$ );三组 2015 年 HbA1c 浓度均显著高于 2011 年( $P < 0.05$ );HbA1c 浓度个体内变异在糖尿病前期组中男性与女性之间均有显著差异( $P < 0.05$ );HbA1c 正常组、糖尿病前期组、糖尿病组的 HbA1c 浓度个体内变异分别为 3.44%、4.08%、7.40%,有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** HbA1c 浓度随着年龄增加而逐渐上升,个体内变异能更准确反映血糖控制效果,有助于糖尿病的诊断与治疗。

## PU-6631

### RDW 及生化指标检测在原发性胆汁性胆管炎中的临床意义

吴婷婷,徐云芳,刘兴祥

淮安市第四人民医院(原:淮安市传染病防治院),223001

**目的** 探讨红细胞分布宽度(RDW)和生化指标检测在原发性胆汁性胆管炎(PBC)中的临床意义

**方法** 回顾性分析在 2015 年 12 月~2018 年 12 月来我院住院治疗确诊的 56 例 PBC 患者作为观察组,同期收集来院接受治疗的 54 例乙型肝炎肝硬化患者及我院健康体检者 116 例作为对照组,分析比较各组血常规项目中的 RDW 和生化指标(总胆红 TBil、间接胆红素 DBil、丙氨酸氨基转移酶 ALT、天冬氨酸氨基转移酶 AST、碱性磷酸酶 ALP、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶 GGT、总胆汁酸 TBA、腺苷氧化酶 ADA)的水平差异,并对 PBC 患者的 RDW 绘制 ROC 曲线。

**结果** PBC 组 RDW、TBil、DBil、ALT、AST、ALP、GGT、TBA、ADA 均显著高于乙型肝炎肝硬化组和正常对照组,差异均有统计学意义( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ )。RDW 对 PBC 患者诊断价值的 ROC 曲线下面积为 0.835。筛选其最佳截断点:当  $\text{RDW}=12.65(\%)$  时,敏感度为 71.4%,特异度为 87.1%。

**结论** 在 PBC 患者中 RDW 水平升高,对 PBC 的诊断具有一定的价值。

## PU-6632

## Novel neural network application for bacterial colony classification

Lei Huang  
Peking University First Hospital

**Objective** Bacterial colony morphology is the first step of classifying the bacterial species before sending them to subsequent identification process with devices, such as VITEK 2 automated system and mass spectrometry microbial identification system. It is essential as a pre-screening process because it can greatly reduce the scope of possible bacterial species and will make the subsequent identification more specific and increase work efficiency in clinical bacteriology. But this work needs adequate clinical laboratory expertise of bacterial colony morphology, which is especially difficult for beginners to handle properly. Thus this study tried to use automatic programs for bacterial colony classification.

**Methods** This study presented automatic programs for bacterial colony classification task, by applying the deep convolutional neural networks (CNN), which has a widespread use of digital imaging data analysis in hospitals. The most common 18 bacterial colony classes from Peking University First Hospital were used to train this framework, and other images out of these training dataset were utilized to test the performance of this classifier.

**Results** The feasibility of this framework was verified by the comparison between predicted result and standard bacterial category. The classification accuracy of all 18 bacteria can reach 73%, and the accuracy and specificity of each kind of bacteria can reach as high as 90%.

**Conclusions** The supervised neural networks we use can have more promising classification characteristics for bacterial colony pre-screening process, and the unsupervised network should have more advantages in revealing novel characteristics from pictures, which can provide some practical indications to our clinical staffs.

## PU-6633

## 血清脑利钠肽水平对子痫前期患者预后判断的价值

张世昌,张洁心  
江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨血清脑利钠肽(BNP)水平对子痫前期预后的影响。

**方法** 采用荧光免疫法检测 153 例妊娠 20~24 周子痫前期孕妇的血清 BNP 水平,并随访至分娩,其中 91 例轻度子痫前期,62 例重度子痫前期。

**结果** 轻度子痫前期组患者血清 BNP 水平为 $(74\pm 29)$ pg/ml,重度子痫前期组患者血清 BNP 为 $(532\pm 274)$ pg/ml,两组 BNP 水平比较差异有统计学意义( $P<0.05$ );轻度子痫前期组患者足月分娩(65 例),重度子痫前期患者足月分娩(8 例);足月分娩的子痫前期患者血清 BNP 为 $(181\pm 157)$ pg/ml,早产的子痫前期患者血清 BNP 为 $(557\pm 326)$ pg/ml,两组 BNP 水平比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 BNP 水平与子痫前期患者预后密切相关,可用于子痫前期预后的判断。

## PU-6634

## 脂蛋白磷脂酶 A2 与 2 型糖尿病性视网膜病变的相关性

张玉芝

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探索血清脂蛋白磷脂酶 A2 水平在 2 型糖尿病及糖尿病性视网膜病变中的意义。

**方法** 该项研究共纳入了 100 例 T2DM 患者和 50 名健康受试者（对照组）。在 T2DM 患者中，32 例不合并视网膜病变（T2DM 组）；33 例合并非增生性糖尿病性视网膜病变（NPDR 组）；35 例合并增生性糖尿病性视网膜病变组（PDR 组）。

收集患者血清样本并检测脂蛋白磷脂酶 A2 水平。借助于简单的线性回归分析和多因素逐步回归分析来确定各变量和脂蛋白磷脂酶 A2 水平之间的关系。趋势卡方检验用来确定脂蛋白磷脂酶 A2 水平和糖尿病性视网膜病变之间的关联。

**结果** 各组之间脂蛋白磷脂酶 A2 水平分别为存在显著差异，P 值 <0.05。简单线性回归分析显示脂蛋白磷脂酶 A2 水平与 BMI、HbA1c、TG、CH、LDL、尿微量白蛋白、LP(a)呈正相关，而与年龄、HDL 无相关性。逐步多元线性回归分析，脂蛋白磷脂酶 A2 与 HbA1c、尿微量白蛋白及 LP(a)呈明显相关性。

**结论** 脂蛋白磷脂酶 A2 水平在 T2DM 组和并发 DR 组中随着视网膜病变的加重而升高，提示了血清脂蛋白磷脂酶 A2 可能参与了 DR 疾病的发生、发展。

## PU-6635

## 新型肿瘤标志物在膀胱癌中的研究进展

张振,潘晴

淮安市淮阴医院,223001

**目的** 膀胱癌是目前最常见的泌尿系统恶性肿瘤之一。在我国，膀胱癌的发病率在男性泌尿生殖系恶性肿瘤中居首位，而且其治疗费用也居实体肿瘤首位。膀胱癌可分为非肌层浸润性膀胱癌和肌层浸润性膀胱癌。非肌层浸润性膀胱癌比较常见，约占整个膀胱肿瘤的 50%~70%。其中肌层浸润性膀胱癌较少见，且预后较差。目前，临床上膀胱癌的检查最常用的方法为尿脱落细胞学和膀胱镜检查。膀胱镜检查是诊断膀胱癌的金标准，但是存在着有创伤大、患者依从性低的特点，且难以发现微小肿瘤灶；尿脱落细胞学检查的具有特异性高、假阳性率低，且属无创性检查等特点，但其敏感性差，且受主观因素影响较大，假阴性结果较多。因此，寻找特异性和敏感性兼备的肿瘤标志物用于膀胱癌的早期诊断、监测及预后评估，具有重要的临床意义。随着近些年科学的不断发展，多种有价值的肿瘤标志物被相继发现并运用于临床科研。本文将对新型肿瘤标志物在乳腺癌中的研究进展进行综述。

**方法** 随着近些年科学的不断发展，多种有价值的肿瘤标志物被相继发现并运用于临床科研。本文将对新型肿瘤标志物在乳腺癌中的研究进展进行综述。

**结果** 膀胱癌是一种严重威胁人类生命健康的疾病。膀胱癌患者的尽早诊断对膀胱癌患者的生存和预后具有重大意义。关于膀胱癌分子生物标志物的研究已经取得了重大进展，但其在临床应用中还进一步需要验证。而且，单一的膀胱肿瘤标志物在诊断膀胱癌和预测膀胱癌患者预后方面特异性并不高，多种分子标志物联合应用可提高诊断膀胱癌和预测膀胱癌预后的准确性。因此需要加快研究并建立膀胱癌的分子生物标志物体系，使临床医生能够依靠这些可预测性的分子标志物为膀胱癌患者制定更为合理有效的治疗方案。

**结论** 相信随着研究的不断深入和检测技术的成熟，siRNA、miRNA 等肿瘤标志物的检测将会成为临床实验室在膀胱癌诊断和预后判断的检测项目之一。

## PU-6636

## Research of the circulating microRNAs regulatory mechanisms of the viral relapse in chronic hepatitis B

Yuanyuan Zhang, Lijuan Wang, Yunfang Xu, Yun Zhao, Xingxiang Liu  
Huai'an NO 4 People's Hospital

**Objective** To investigate the expression and regulatory mechanism of circulating microRNAs in patients with chronic hepatitis B viral relapse.

**Methods** 45 patients with viral relapse were selected from 724 with chronic hepatitis B, and the expression level of circulating microRNAs were detected by Illumina next-generation sequencing (NGS). The correlation between microRNAs and liver function related Indexes (APRI, FIB-4, etc.) was evaluated by Spearman's rank correlation coefficient; the receiver operating characteristic (ROC) curves were used to evaluate the correlation between microRNAs and the chronic hepatitis B virology recurrence; the hypothesis of molecular mechanism of circulating microRNAs in the chronic hepatitis B viral relapse was put forward by means of bioinformatics.

**Results** A total of 42 circulating microRNAs, with significant differences ( $P < 0.05$ ), were obtained. Bioinformatics analysis showed that they were mainly involved in metabolic related pathways, PI3K-Akt and MAPK immune signaling pathway, with bioregulatory function and metabolic function, the majority of circulating microRNAs were down-regulated. The area under the curve (AUC) of circulating miR-29b-3P ( $P=0.02$ ), -200b-5P ( $P=0.03$ ), -328-3P ( $P=0.04$ ), -493-5P ( $P=0.02$ ), -193a-5P ( $P=0.01$ ) and -6741-5P ( $P=0.01$ ), involved in PI3K-Akt and MAPK immune signaling pathway, were higher and the values were 0.98, 0.96, 0.92, 0.84, 0.84 and 0.92, respectively, which were mightily correlated with the viral relapse of chronic hepatitis B and the indexes of liver function. The results of correlation analysis indicated that the levels of miR-200b-5P, -493-5P and -6741-5p were positively correlated with APRI ( $R = 0.98, 0.97, 0.85, P < 0.005$ ). The levels of miR-493-5P and -193a-5P were positively correlated with FIB-4 score ( $R = 0.98, 0.79, P < 0.005$ ). The correlation between miR-493-5P and almost all liver function indexes was the strongest. The analysis of cell signal pathway demonstrated that these six microRNAs mainly affected the expression of key genes such as GNG11, COL1A1, FGF4 and MAPK3 in PI3K-Akt and MAPK immune pathway.

**Conclusions** Circulating microRNAs may promote the replication of HBV DNA in patients with chronic hepatitis B by promoting cell proliferation and inhibiting apoptosis, thus inducing viral relapse of chronic hepatitis B.

## PU-6637

## 乙肝病毒宫内感染中 S 区的正选择压力分析

王莉娟, 赵云, 徐云芳, 张媛媛, 刘兴祥  
淮安市第四人民医院(原:淮安市传染病防治院), 223001

**目的** 对宫内感染过程中乙型肝炎病毒 (hepatitis B virus, HBV) S 区的正选择位点进行鉴定, 从病毒进化的角度为阐明宫内感染的发生机制提供理论基础。

**方法** 将前期的 6 名宫内感染组母亲与 6 名非宫内感染组母亲定义为感染组与对照组, 通过巢式 PCR 扩增 HBV S 区的前 S、S 基因, 经克隆、测序后进行序列的饱和性及重组检测, 最后分别由 PAML 软件的 Codeml 模块及 Datamonkey 在线工具进行正选择位点的鉴定与验证。

**结果** 在前 S 蛋白上, 感染组与对照组的平均  $\omega$  均  $< 1$ , 且未发现正选择位点。在主蛋白上, 感染组的平均  $\omega < 1$ , 而对照组的平均  $\omega > 1$ ; 感染组中仅发现第 5 位密码子一个正选择位点, 而对照组中发现第 3、101、126 及 134 位四个正选择位点。另外, 正选择位点 3、5 及 134 位可引起逆转录酶区 357、359 及 488 位氨基酸的改变。

**结论** HBV 主蛋白在宫内感染过程中更易受到选择压力的作用。

#### PU-6638

### Clinical features, identification, antimicrobial resistance patterns of *Nocardia* species in China: 2009-2017

Lei Huang<sup>1</sup>, Binghuai Lu<sup>2</sup>

1. Peking University First Hospital

2. China-Japan Friendship Hospital

**Objective** *Nocardia* spp. is a pathogen responsible for a variety of clinical infections, ranging from skin and soft tissue infections, to the respiratory tract and central nervous system infections. Its epidemiological characteristics, including species distribution, clinical features, and antimicrobial susceptibility profiles, should be under surveillance for the prevention and treatment of nocardiosis.

**Methods** In the present study, over a 9-year period (from 2009 to 2017), 53 non-repetitive *Nocardia* isolates were collected from 8 tertiary general hospitals of 7 cities in China. These isolates were identified to species level by multilocus sequence analysis (MLSA). The clinical data were also reviewed. The susceptibilities to 10 commonly-used antibiotics for *Nocardia* were determined by E-test stripes, and the resistance rates, MIC<sub>50</sub> and MIC<sub>90</sub> to each antibiotic by different species were analyzed.

**Results** Of 53 *Nocardia* isolates, *N. farcinica* was the most common species (24.5%, 13/53), followed by *N. cyriacigeorgica* (20.8%, 11/53), *N. terpenica* (15.1%, 8/53), *N. abscessus* (9.43%, 5/53), *N. otitidiscaviarum* (7.55%, 4/53), respectively. Furthermore, 31 *Nocardia* (58.5%) isolates were recovered from lower respiratory tract (sputum and BALF), 15 (28.3%) from superficial infection, 3 (5.7%) from pleural effusion, 2 (3.8%) from CSF, and 1 from bone marrow and 1 from synovial fluid, respectively. The antibiotic resistance profiles varied between different *Nocardia* species. All *Nocardia* isolates were susceptible to linezolid, followed by imipenem and amikacin (both 92.5% susceptibility rate). *N. terpenica*, rarely documented elsewhere, showed a different antimicrobial susceptibility profile.

**Conclusions** In summary, the clinical and antibiotic resistance features of *Nocardia* species reported would be helpful for understanding the diversity of *Nocardia* species circulating in China and for decision making in the context of empiric therapy.

#### PU-6639

### Liquid Biopsy for Non-invasive Assessment of Liver Injury in Hepatitis B Patients

Shiyang Pan, Xia Wenying, Zhang Shichang

Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University  
(Jiangsu Province Hospital)

**Objective** Hepatitis B is a major public health problem in China. Accurate liver injury assessment is essential for clinical evidence-based treatment. Liver biopsy is considered the gold standard method to stage liver disease, but it is not widely used in resource-limited settings. Therefore, non-invasive liquid biopsy tests are needed. Here, we quantified cell free DNA combined with other serum biomarker as a liquid biopsy-based method to assess liver injury in hepatitis B patients.

**Methods** A cohort of 663 subjects including 313 hepatitis B patients and 350 healthy controls were enrolled. The ultrasound-guided liver biopsies followed by histopathological assessments

were performed for the 263 chronic hepatitis B patients to determine the degree of liver injury. Cell-free DNA was quantified using a novel duplex real-time polymerase chain reaction assay.

**Results** Compared with healthy controls, patients with hepatitis B virus (HBV) infection had significantly higher plasma DNA, serum ALT, AST, bilirubin and HBV DNA levels ( $P<0.01$ ). Serum ALT, AST, bilirubin and plasma DNA levels of patients with marked-severe inflammation were significantly higher than those with mild-moderate inflammation ( $P<0.01$ ). There was a statistically significant correlation between hepatocyte inflammation severity and serum bilirubin ( $R^2=0.673$ ,  $P<0.01$ ) or plasma DNA ( $R^2=0.597$ ,  $P<0.01$ ) levels. AUCs of serum ALT, bilirubin, plasma DNA, and their combination to distinguish between patients with mild-moderate and marked-severe inflammation was 0.8059, 0.7910, 0.7921 and 0.9564, respectively.

**Conclusions** The combination of plasma DNA, serum ALT and bilirubin could be a candidate liquid biopsy for non-invasive assessment of liver injury in hepatitis B patients.

## PU-6640

### 血清淀粉酶与血清脂肪酶的相关性研究

解春宝

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 探讨血清淀粉酶（AMY）与血清脂肪酶（LIPA）的相关性，为临床对检测结果的解读提供科学思路。

**方法** 对我院急腹症患者抽取静脉血液，分离血清后同时进行 AMY 与 LIPA 测定。分析比较单独结果阳性，两者同时为阳性的结果，同时分析两个项目的相关性。

**结果** 本研究中 114 例急腹症患者 AMY 的阳性率为 64.9%、LIPA 的阳性率为 71.9%。在研究对象中 AMY 与 LIPA 同时为阳性的比例为 27.2%，提示 AMY 与 LIPA 同时升高的比例较低、两者的相关性不高。

**结论** AMY 与 LIPA 有各自的特性，其相关性较低。在分析临床结果时应综合多方面对患者做出诊疗。

## PU-6641

### 血清降钙素原检测（PCT）在小儿细菌性脑膜炎中的意义

郑雯菁

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 评价检测血清降钙素原（PCT）在细菌性脑膜炎中的价值。

**方法** 1.PCT 化学发光试剂由深圳市新产业生物医学工程股份有限公司提供，按照说明书操作。2.仪器为深圳市新产业生物医学工程股份有限公司生产的全自动化学发光测试仪 MAGLUMI4000；样本统计自 2018 年 9 月至 2019 年 4 月在潍坊医学院附属医院就诊的 200 例脑膜炎患儿，其中分为细菌性脑膜炎组 70 例，病毒性脑膜炎组 70 例，结核性脑膜炎组 60 例；年龄为（1-11）岁。

**结果** 细菌性脑膜炎组：0-0.5ng/ml 4 例，0.5-1.99ng/ml 28 例，2-2.99ng/ml 31 例，>10ng/ml 7 例，阳性率 94.3%；病毒性脑膜炎组：0-0.5ng/ml 64 例，0.5-1.99ng/ml 6 例，阳性率 8.6%；结核性脑膜炎组 0-0.5ng/ml 58 例，0.5-1.99ng/ml 2 例，阳性率 2.8%；且三组间差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 细菌性脑膜炎中血清 PCT 阳性率明显高于其他类型脑膜炎，同时与患儿年龄、性别无关，因此血清 PCT 测定在小儿脑膜炎鉴别诊断中有一定的应用价值，动态监测其水平的变化有助于临床疗效评价，并对抗生素使用和预后做出指导，从而最大可能的降低细菌的耐药性。



## PU-6642

## 咸阳地区 2018 年育龄妇女亚甲基四氢叶酸还原酶基因(MTHFR)及甲硫氨酸合成酶还原酶基因(MTRR)多态性分布特征研究

冯飞雪

陕西中医药大学附属医院

**目的** 分析咸阳地区育龄妇女亚甲基四氢叶酸还原酶基因(MTHFR)C677T、A1298C 及甲硫氨酸合成酶还原酶基因(MTRR)A66G 单核苷酸多态性的分布特征,并与全国其他已报道的省份进行比较;分析 MTHFR 及 MTRR 基因多态性在不同年龄的差异;为临床医师指导育龄妇女个体化叶酸补服方案提供科学依据。

**方法** 以咸阳地区 1055 例育龄妇女为研究对象,利用荧光定量 PCR 仪对 MTHFR C677T、A1298C 位点, MTRR A66G 位点的基因多态性进行分型检测,将检测结果与已经报道的省份进行比较;运用统计学的方法对 MTHFR 和 MTRR 基因多态性在不同年龄的差异进行分析。

**结果** 咸阳地区育龄妇女 MTHFR C677T 位点的基因型频率分布与乌鲁木齐、银川、淄博、新乡、济源、镇江、苏州、德阳、崇州、长兴、松滋、眉山、九江、彭水、荆州、湘潭、昆明、惠州、南宁、琼海差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); MTHFR A1298C 位点的基因型和等位基因频率分布与淄博、新乡、德阳、松滋、九江、彭水、荆州、湘潭、惠州、南宁、琼海差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); MTRR A66G 位点的基因型和等位基因频率分布与尚志、淄博、琼海差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 咸阳地区育龄妇女 MTHFR 和 MTRR 基因多态性频度分布表现出明显的地区特异性。

## PU-6643

## 可溶性转铁蛋白受体在成人缺铁性贫血实验诊断中的价值

周春雷

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨血清可溶性转铁蛋白受体(soluble transferrin receptor, sTfR)对缺铁性贫血(iron deficiency anemia, IDA)的诊断价值,观察 sTfR 与传统 IDA 评价指标血清铁(serum iron, SI)和总铁结合力(total iron binding capacity, TIBC)之间的相关性,分析 sTfR 以及 sTfR/SI 的诊断效能。

**方法** 病例对照研究。选取 2017 年 10 月至 2018 年 4 月天津市第一中心医院缺铁性贫血患者 79 例,其他类型贫血患者共 50 例,包括肾性贫血患者 35 例,巨幼细胞性贫血患者 7 例,再生障碍性贫血患者 8 例,并选取同期健康体检者 60 例作为对照组。留取血清标本,采用免疫比浊法测定 sTfR,比色法测定 SI 和 TIBC。采用 ROC 曲线评价 sTfR 及 sTfR/SI 的诊断效能,采用回归分析评价 sTfR 与 SI、TIBC 的相关性。

**结果** (1)在成年健康人群中,男性和女性的 sTfR 水平差异无统计学意义 ( $P=0.389$ )。(2)IDA 组 sTfR 水平明显高于其他贫血组和对照组 ( $P<0.01$ ); sTfR 的 ROC 曲线下面积 AUC 为 0.985 ( $P<0.01$ ),最佳临界值为 77.42nmol/L,敏感度和特异度分别为 93.67%、96.08%。

(3) sTfR 与 SI 呈曲线负相关 ( $r=-0.796$ ,  $P<0.01$ ),与 TIBC 有较高相关性 ( $r=0.668$ ,  $P<0.01$ ),呈线性正相关。(4) IDA 组 sTfR/SI 水平明显高于其他贫血组和对照组 ( $P<0.01$ ); sTfR/SI 的 AUC 为 0.998 ( $P<0.01$ ),最佳临界值为 11.84,此时敏感度为 93.70%,特异度为 100%。

**结论** sTfR 在 IDA 的诊断及鉴别诊断中具有重要的临床价值；sTfR/SI 可以作为 IDA 的诊断指标，且诊断效能优于单独 sTfR。

## PU-6644

### Singma 质量管理技术在常规化学检测项目性能评估中的应用研究

胡江红,袁平宗  
内江市第二人民医院,641000

**目的** 利用 Singma 性能验证图及质量目标指数 (quality goal index,QGI) 评价临床常规生化检测项目分析性能, 指导实验室质量持续改进。

**方法** 不精密度 (coefficient of variation , CV%) 采用 2017 年生化室常规化学检测项目室内质控累积变异系数, 偏倚 (bias%) 采用 2017 年第一次参加卫生部室间质评计划中常规生化项目的百分差值, 允许总误差 (TEa%) 采用国家标准 GB/T20470—2006 及卫生行业标准 WS/T 403—2012 质量规范, 利用卫生部室间质评信息系统中西格玛性能验证功能绘制化西格玛性能评价图, 并计算 QGI。

**结果** 当使用国家标准时,  $\sigma < 3$  的只有氯 1 个项目,  $\sigma < 3$ ,  $3 \leq \sigma < 4$  有天门冬氨酸氨基转移酶和碱性磷酸酶 2 个项目,  $4 \leq \sigma < 5$  有尿素和肌酐 2 个项目,  $5 \leq \sigma < 6$  有乳酸脱氢酶 1 个项目,  $\sigma \geq 6$  有钾、钠、钙、镁、血糖、尿酸、总蛋白、白蛋白、总胆固醇、甘油三酯、丙氨酸氨基转移酶、肌酸激酶等 12 个项目; 当使用卫生行业标准时,  $\sigma < 3$  有氯、碱性磷酸酶和天门冬氨酸氨基转移酶 3 个项目,  $3 \leq \sigma < 4$  有钠、白蛋白、尿素、肌酐、乳酸脱氢酶 5 个项目,  $4 \leq \sigma < 5$  有钙、血糖、肌酸激酶 3 个项目,  $5 \leq \sigma < 6$  有钾、镁、丙氨酸氨基转移酶 3 个项目,  $\sigma \geq 6$  有总蛋白、尿酸、总胆固醇、甘油三酯 4 个项目。

**结论** 国家标准比行业标准宽松, 西格玛性能验证能采用行业标准更能有效的评价检测项目的分析性能以及导致分析性能不佳的原因, 提出检测项目个性化的质控措施, 提高实验室质控水平。

## PU-6645

### 普门全自动电化学发光测定仪检测降钙素原的性能评价

闫文娟  
中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 评价深圳普门 (Lifotronic) 科技有限公司 eCL8000 全自动电化学发光测定仪检测降钙素原 (PCT) 的分析性能。

**方法** 参考美国临床和实验室标准化协会 (CLSI) 系列文件并结合实际工作设计试验方案, 收集常规标本用于普门 (Lifotronic) eCL8000 全自动电化学发光测定仪 PCT 试剂盒的线性、灵敏度、精密度、携带污染率、参考区间及与 mini VIDAS PCT 试剂盒的相关性等进行评价。

**结果** PCT 的多点线性回归方程为:  $Y=0.965x+0.0181$ ,  $R^2=0.9961$  线性良好; 功能灵敏度  $<0.06\text{ng/ml}$ , 分析灵敏度  $<0.01\text{ng/ml}$ ; 精密度为低值  $CV_{\text{批内}}=3.77\%$ ,  $CV_{\text{批间}}=3.49\%$ ; 高值  $CV_{\text{批内}}=2.50\%$ ,  $CV_{\text{批间}}=2.21\%$ ; 携带污染率  $\leq 3\%$ ; 参考区间符合厂家说明书要求; 与 mini VIDAS PCT 检测试剂盒比较, 回归方程为  $Y=1.1059x-0.5499$ ,  $R^2=0.9992$  有良好的相关性。

**结论** 普门 (Lifotronic) eCL8000 全自动电化学发光测定仪检测系统测定 PCT 的性能评价结果良好, 可用于临床样本常规检测。

## PU-6646

## MicroRNA-144 modulates oxidative stress tolerance in SH-SY5Y cells by regulating nuclear factor erythroid 2-related factor 2-glutathione axis

Chunlei Zhou  
Tianjin First Central Hospital

**Objective** MicroRNAs (miRNAs) are small regulatory RNAs with potent roles in metabolism, neurodevelopment, neuroplasticity, apoptosis, and other fundamental neurobiological processes. Genome-wide analysis of miRNA expression has revealed increased levels of miR-144 in the brains of Alzheimer's disease (AD) patients. Nuclear factor erythroid 2-related factor 2 (NRF2), a potential target of miR-144, is a central regulator of antioxidant response, and plays an important role in glutathione (GSH) biosynthesis and recycling. In this study, we are going to analyze the regulatory effect of miR-144 on NRF2 expression and oxidative stress mechanism in SH-SY5Y cells.

**Methods** miR-144 mimic was used to over express miR-144. A $\beta$  (1-42) was used to induce oxidative stress in SH-SY5Y cells. The cells were divided into four groups: blank control, A $\beta$  control (cells were stimulated with A $\beta$  (1-42)), A $\beta$ -mimic group (cells were treated with miR-144 mimic before stimulating with A $\beta$  (1-42)) and A $\beta$ -mimic NC group (cells were treated with miR-144 mimic negative control before stimulating with A $\beta$  (1-42)). Cell viability and intracellular reactive oxygen species (ROS) were assessed to identify the effects of miR-144 on oxidative stress status. GSH and glutathione peroxidase (GPX) activities were detected to reveal the effect of miR-144 on GSH accumulation. To understand the effects of miR-144 on GSH biosynthesis and recycling, intracellular GPX1, glutamate-cysteine ligase catalytic subunit (GCLC), glutamate-cysteine ligase modifier subunit (GCLM), glutathione reductase (GR), and NRF2 expression were detected by western blot and Real-time PCR.

**Results** In oxidative stress conditions, MiR-144 mimic transfected cells exhibited a significantly lower viability than A $\beta$  control group ( $52.6 \pm 5.5\%$  vs  $68.8 \pm 3.1\%$ ,  $P=0.000$ ). The intracellular ROS level in A $\beta$ -mimic group was significantly higher than that in the A $\beta$  control group and A $\beta$ -mimic NC group ( $P<0.05$ ). GSH activity exhibited a slow decrease in A $\beta$  control group and A $\beta$ -mimic NC group, and it was much higher than A $\beta$ -mimic group ( $P<0.01$ ). In A $\beta$ -mimic group, the activity of GPX was reduced more than 40% compared with A $\beta$  control group and A $\beta$ -mimic NC group ( $P<0.01$ ). miR-144 reduced the expression of GCLC, GCLM, GR and NRF2.

**Conclusions** miR-144 increased the intracellular accumulation of ROS, reduced cell viability, reduced the activities of GSH and antioxidant enzymes, GPX1, and decreased the expression of GCLC, GCLM, GR and NRF2. To sum up, miR-144 modulates oxidative stress tolerance by regulating NRF2 expression and GSH generation, which may contribute to the pathogenesis of AD. In conclusion, miR-144 modulates oxidative stress tolerance by regulating NRF2 expression and GSH generation, which may contribute to the pathogenesis of AD.

## PU-6647

## 正常妊娠期孕妇血浆 Hcy 水平动态变化影响因素探讨

雷燕, 王文平, 黄光成, 王黎, 胡帅  
川北医学院附属医院, 637000

**目的** 探讨正常妊娠孕妇血 Hcy 水平的动态变化及其可能影响因素。

**方法** 收集 2018 年 1 月-12 月正常孕检的孕妇 216 例和同期体检非妊娠育龄健康妇女 300 例作为研究对象。检测非妊娠妇女血 Hcy 水平。动态检测 216 例孕妇不同孕期（早孕、中孕、晚孕）Hcy

水平,同时测定 216 例孕妇不同孕期血 TG、TC、Glu、Hct、Alb 的水平。检测 216 例孕妇的 MTHFR C677T 基因型分析。

**结果** 血清 Hcy 在正常妊娠孕早期( $5.96\pm 1.7$ )  $\mu\text{mol/L}$  和孕中期水平( $5.76\pm 1.52$ )  $\mu\text{mol/L}$  较低,孕晚期水平( $7.42\pm 1.9$ )  $\mu\text{mol/L}$  较高( $P < 0.05$ )。正常妊娠妇女各孕期血 Hcy 水平高于非妊娠健康妇女血 Hcy 水平( $P < 0.05$ )。正常妊娠孕妇不同孕期(早孕、中孕、晚孕)血 Hcy 动态变化水平与血脂水平(TG 和 TC)、糖代谢水平(Glu)、血容量(Hct)、营养状况(Alb)等因素的实验室指标水平变化不相关( $P > 0.05$ )。

**结论** 正常妊娠孕妇血 Hcy 水平在孕晚期高于孕早期和孕中期。正常妊娠孕妇血 Hcy 水平不受血脂水平、糖代谢水平、血容量、营养状况和 MTHFR C677T 基因型等因素的影响。

## PU-6648

### 网织红细胞参数在临床贫血诊断中的应用价值

谢丽莉

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨网织红细胞及其相关参数在贫血诊断中的临床价值。

**方法** 随机选取天津市第一中心医院 2017 年 1 月-2019 年 2 月共 114 例贫血患者,作为本次实验研究对象并采用 Sysmex-XN9000 全自动模块式血液体液分析流水线进行血常规测试项目和网织红细胞计数测试项目,网织红细胞百分比(RET%),高荧光强度网织红细胞(HFR),中荧光强度网织红细胞(MFR),低荧光强度网织红细胞(LFR)未成熟网织红细胞比率(IFR),记录和分析实验室提供的细胞体积(MCV),平均血红蛋白含量(MCH),平均血红蛋白浓度(MCHC)和实验室所给予的标准数据作为对照数据。

**结果** 网织红细胞(RET%),高荧光强度网织红细胞(HFR),中等荧光强度网织红细胞(MFR),低荧光强度网织红细胞(LFR),网织红细胞参数,未成熟网织红细胞比率(IFR)、低荧光强度网织红细胞(LFR)明显高于对照组,差异有统计学意义( $P < 0.05$ );溶血性贫血患者网织红细胞百分比(RET%),差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 对于贫血患者的诊断在进行网织红细胞参数检测之后,对于判断红细胞发育情况,网织红细胞百分比(RET%)、高荧光强度网织红细胞(HFR)、中荧光强度网织红细胞(MFR)、低荧光强度网织红细胞(LFR)、未成熟网织红细胞比率(IRF)都是良好的敏感指标,它对贫血的鉴别诊断具有很大应用价值。

## PU-6649

### 降钙素原、超敏 C 反应蛋白及总胆汁酸联合检测 在慢性肝病诊治中的临床应用

胡江红,汪永强

内江市第二人民医院,641000

**目的** 探讨降钙素原(PCT)、超敏 C 反应蛋白(CRP)及总胆汁酸(TBA)在慢性肝病诊治中的意义。

**方法** 对 100 例慢性病毒性肝炎,92 例肝肿瘤患者及 80 例健康人行血清 PCT、hsCRP、TBA 检测。

**结果** 慢性病毒性肝炎组 PCT、hsCRP、TBA 水平分别为( $0.86\pm 1.45$ ) $\text{ng/mL}$ 、( $8.25\pm 8.32$ ) $\text{mg/L}$ 、( $51.56\pm 64.34$ ) $\mu\text{mol/L}$ ,肝肿瘤组 PCT、hsCRP、TBA 水平分别为( $1.01\pm 2.17$ ) $\text{ng/mL}$ 、( $25.56\pm 26.58$ ) $\text{mg/L}$ 、( $22.21\pm 33.23$ ) $\mu\text{mol/L}$ ,明显高于对照组( $0.25\pm 0.24$ ) $\text{ng/mL}$ 、( $3.17\pm 2.42$ ) $\text{mg/L}$ 、( $3.17\pm 2.42$ ) $\mu\text{mol/L}$ ,两组比较差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )。经 ROC 曲线分

析:PCT 敏感性为 67.5%, 特异性为 85.0%,hsCRP 敏感性为 56.9%, 特异性为 70.6%; TBA 敏感性为 92.3%, 特异性为 95.5%。

**结论** PCT、hsCRP 及 TBA 联合检测对慢性病毒性肝炎肝肿瘤的诊断及治疗具有一定的临床意义。

## PU-6650

### 多项生化指标联合检测在肝肿瘤患者诊治中的临床应用

胡江红

内江市第二人民医院,641000

**目的** 探讨肝肿瘤患者血清 5'-核苷酸(5'-NT)、总胆汁酸(TBA)、单胺氧化酶(MAO)、丙氨酸氨基转移酶(ALT)、门冬氨酸氨基转移酶(AST)、谷氨酰转移酶(GGT)联合检测在其疾病诊断的临床价值。

**方法** 对我院 162 例肝肿瘤患者, 220 例非肝肿瘤肝脏疾病患者及 80 例健康人行血清 5'-NT、TBA、MAO、ALT、AST、GGT 等 6 项血清生化酶学检测。

**结果** 各组肝病患者 5'-NT、TBA、MAO、ALT、AST、GGT 值均明显高于正常对照组( $P<0.05$ )。肝肿瘤组患者血清 5'-NT、TBA 水平与其它各组比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ ), 重型肝炎患者 TBA 水平升高最为严重, 其次是慢性肝炎、肝硬化、肝肿瘤患者, 急性肝炎和丙型肝炎患者增高不多; 肝肿瘤及肝硬化患者血清 MAO 检测与其它各组比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。慢性肝炎组和肝硬化组血清 GGT 较高, 与其它各组比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 血清 5'-NT、TBA 及 MAO 较为敏感的反映肝肿瘤患者肝脏分泌、合成及代谢功能。血清 5'-NT、TBA、MAO、ALT、AST、GGT 可较为灵敏的反映肝细胞损伤及肝功能障碍程度, 对于肝脏疾病的诊断及鉴别诊断、疗效监测、预后判断具有较高的临床应用价值。

## PU-6651

### 基于 Cox 拟合 Logistic 回归分析重症手足口患儿合并细菌性

汪永强,李传达

内江市第二人民医院,641000

**目的** 探讨重症手足口病患儿合并细菌性脑炎的危险因素, 为预防手足口病并发细菌性脑炎提供依据。

**方法** 回顾性分析 2010 年 2 月至 2018 年 1 月在本院住院诊断为重症手足口病的患儿, 经脑脊液常规检查与培养诊断为细菌性脑炎的患儿 56 例作为研究组, 随机选取同一时间段住院、年龄与性别相匹配的无合并细菌性脑炎的重症手足口患儿 114 例为对照组, 利用 Cox 回归拟合条件 Logistic 回归方法, 分析两组之间有差异的指标。

**结果** 重症手足口合并细菌性脑炎患儿占重症手足口的 12%, 组间性别、年龄、WBC 计数、发热、空腹血糖水平、肌酸激酶同工酶 CK-MB 水平、发病至就诊时间等无统计学意义,  $P>0.05$ ; 精神差、呕吐、神经反射异常、PCT 水平增高、肠道病毒 EV71 比例、呼吸系统细菌培养阳性经单因素分析比较, 组间存在显著性差异,  $P<0.05$ , 通过 Cox 拟合的条件 Logistic 分析后, 重症手足口合并细菌性脑炎的独立危险因素为 PCT 水平增高 ( $OR=4.265, 95\%CI 1.514-7.362$ )、呼吸系统细菌培养阳性 ( $OR=2.535, 95\%CI 1.029-4.568$ )、神经反射异常 ( $OR=2.592, 95\%CI 1.358-4.453$ )。

**结论** 重症手足口合并细菌性脑炎具有独立危险因素, 临床上发现 PCT 增高、呼吸系统感染及神经反射异常时, 需预防并发细菌性脑炎的发生。

## PU-6652

## 连云港市地区健康人群血栓弹力图参考范围的建立

张林海, 柴星星, 张英, 李茜, 梁伟  
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院, 222000

**目的** 探索建立适合连云港市地区人群血栓弹力图 (TEG) 各参数的参考值范围。

**方法** 采集 114 例连云港市地区 2018 年 4~8 月健康成年志愿者静脉血 4ml, 分别测定 TEG 和凝血 4 项, 排除凝血 4 项测定的血凝功能异常者, 应用北京乐普生产的血栓弹力图仪 (CFMS LEPU-8800) 分别测定以下参数: 凝血反应时间 (R)、凝血形成时间 (K)、凝固角 ( $\alpha$ -Angle)、最大振幅 (MA) 和凝血综合指数 (CI), 然后利用 SPSS17.0 统计学分析软件处理相关数据。

**结果** 114 名志愿者 TEG 各参考指数正常参考值分别为 R: 4.86~10.45 min, K: 1.17~4.53 min,  $\alpha$ -Angle: 40.65~73.45°, MA: 48.05~72.82 mm, CI: -5.96~3.17。检测指标中 43.0%(49/114) 志愿者至少有一项超出厂家提供的参考范围。约有 20.2% 志愿者被诊断为凝血异常, 其检测特异性 71.4%。

**结论** 连云港市地区健康人群的血栓弹力图检测结果与厂家提供的正常参考值范围存在差异, 本研究建立符合本地区人群特点的参考值范围, 可以为广大实验室提供参考借鉴, 为临床科室涉及出血功能领域的基础理论研究或疾病的诊治与监测提供帮助。

## PU-6653

## PCR-ESI/MS for Molecular Diagnosis of Bloodstream Infections Directly from Blood Samples: a Systematic Review and Meta-Analysis

Lei Huang  
Peking University First Hospital

**Objective** PCR-ESI/MS is a commercial molecular method that can identify bloodstream infection (BSI) pathogens directly from blood. Previous studies showed its sensitivity varied greatly. Its diagnostic accuracy has not been systematically evaluated yet, thus we aimed to assess its accuracy by systematic review and meta-analysis.

**Methods** Studies were searched on PubMed and Embase up to December 2018, for studies using PCR/ESI-MS to diagnose BSI directly from blood and providing sufficient data to construct two-by-two tables. Subgroup analysis and meta-regression were used to assess heterogeneity.

**Results** A total of nine studies including 3,392 patients met the inclusion criteria. Their pooled sensitivity and specificity was 0.66 (95% CI: 0.57 - 0.74) and 0.84 (95% CI: 0.78 - 0.89), respectively. The positive and negative likelihood ratios were 4.2 (95% CI: 3.0 - 5.9) and 0.40 (95% CI: 0.31 - 0.50), respectively. The diagnostic odds ratio (DOR) was 10.61 (95% CI: 6.67 - 16.88). The area under the SROC was 0.82 (95% CI: 0.78 - 0.85). High heterogeneity was found. Subgroup analysis and meta-regression showed that regions, BSI prevalence, blood volume, and settings may cause heterogeneity.

**Conclusions** PCR-ESI/MS using blood specimens directly has the potential for early diagnosis of BSI, compared with blood culture. Its rule-in value is higher than rule-out value. Due to the heterogeneity of currently available studies, further high-quality studies are still needed.

## PU-6654

## 乙型肝炎病毒检测结果模式产生机制及临床报告解读

苏鹏,付杰,张立群

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 探讨乙型肝炎病毒检测的结果模式产生机制,为临床解读乙肝报告提供科学依据。

**方法** 回顾性查询分析本院检测的乙型肝炎病毒报告,按 HBsAg、HBsAb、HBeAg、HBeAb、HBcAb 五项为别标注为①②③④⑤,根据检测结果各项的阴阳性组合分为 14 组,分析出现概率,结合患者病例并查阅文献,探讨该模式的产生机制及临床意义解读。

**结果** 模式 1-9 组为常见模式:1 组全阴性为正常未感染乙肝,2 组②阳性为接种乙肝疫苗后产生了抗体,3 组②⑤阳性和 4 组②④⑤阳性为感染乙肝病毒并产生抗体,5 组④⑤和 6 组⑤阳性为感染乙肝病毒还未产生抗体,7 组①⑤阳性、8 组①③⑤和 9 组①④⑤为乙肝病毒感染;模式 10-14 组为非常见模式:10 组②③⑤阳性,多为其母为乙肝患者的新生儿接种乙肝疫苗后,11 组①②⑤、12 组①②③⑤、13 组①②④⑤和 14 组①②③④⑤阳性,多为患者同时感染乙肝病毒不同亚型。

**结论** 乙肝病毒检测结果模式多样性,特别是非常见模式的出现,了解产生机制和临床意义尤为重要,为临床解读乙肝报告提供可靠依据。

## PU-6655

## CRP 基因多态性与非小细胞肺癌易感性的相关性研究

李豪<sup>1,2</sup>,秦雪<sup>3</sup>

1.广西壮族自治区人民医院,530021

2.广西医科大学

3.广西医科大学第一附属医院,530021

**目的** 慢性炎症与肺癌的发病密切相关,但炎症标志物 CRP 的基因多态性与肺癌易感性的关系还不明确。因此我们对 CRP 基因 rs2794521、rs2808630 和 rs1205 三个位点的单核苷酸多态性与非小细胞性肺癌易感性的关系进行研究,以寻找有价值的遗传标记,为疾病预防、健康管理、个体化诊疗提供新线索。

**方法** 选取非小细胞性肺癌患者 152 例,健康志愿者 131 例,进行病例对照研究。收集研究对象的性别、年龄、诊疗情况及吸烟情况等资料,并采集血液样本。采用 SNaPshot (单碱基延伸反应) 技术检测样本 CRP 基因 rs2794521、rs2808630 和 rs1205 三个位点的基因型。应用  $\chi^2$  检验和 logistic 回归分析评价三个 SNP 位点各基因型和等位基因与非小细胞肺癌患病风险的关系。

**结果** 我们发现,在年龄 $\geq 50$ 岁的年长人群中,rs1205 位点携带 CT 基因型个体比携带 TT 基因型个体患肺癌的风险高 2.03 倍(OR=2.030, 95%CI=1.055-3.906, P=0.034)。在不吸烟人群中,rs1205 位点携带 CT 基因型个体较携带 TT 基因型个体患肺癌的风险高 2.1 倍(OR=2.108, 95%CI=1.068-4.158, P=0.032)。在吸烟人群中,rs2794521 位点携带 CT 基因型个体较携带 TT 基因型个体患肺癌的风险低(OR=0.383, 95%CI=0.153-0.962, P=0.041);rs2808630 位点携带 CT 基因型个体较携带 TT 基因型个体患肺癌的风险低(OR=0.348, 95%CI=0.137-0.881, P=0.026),携带 C 等位基因个体携带较 T 等位基因个体患肺癌的风险低(OR=0.405, 95%CI=0.185-0.888, P=0.024)。

**结论** CRP 基因 rs1205 位点 CT 基因型可能是年龄 $\geq 50$ 岁人群肺癌患病的危险因素,同时在不吸烟人群中也可能是肺癌患病的危险因素;

rs2794521 位点 CT 基因型可能是吸烟人群中肺癌患病的保护性因素;rs2808630 位点 CT 基因型和 C 等位基因可能是吸烟人群中肺癌患病的保护性因素。

PU-6656

## 某院透析血流感染危险因素与病原菌耐药分析

王小龙,袁平宗  
内江市第二人民医院,641000

**目的** 回顾性分析某院血液净化中心透析病人血流感染危险因素及病原菌药物敏感情况,为临床诊治提供参考。

**方法** 收集 2013 年 1 月到 2016 年 12 月透析中心发热病人相关信息并采集血液进行培养,使用梅里埃 VITEK 2 compact 系统对病原菌进行鉴定,使用 MIC 法对细菌进行药物敏感性测试,依据 CLSI M100S 文件对结果进行判读,异常药敏结果使用 K-B 法复核,采用 SPSS17.0 软件进行统计学分析。

**结果** 共收集病例信息 816 份,患者高龄、股穿刺及临时置管为血流感染危险因素,与性别及导管留置时间无关联。共分离出病原菌 86 株,检出率 10.5% (86/816)。革兰阳性球菌占 54.7% (47/86),主要为金黄色葡萄球菌。革兰阳性菌对万古霉素、利奈唑胺均敏感,对青霉素敏感性最差;革兰阴性杆菌占 37.2%(32/86),主要为大肠埃希菌。革兰阴性菌对阿米卡星、美罗培南均敏感,对氨苄西林敏感性最差;真菌检出 7 株,构成比 8.1% (7/86),真菌对所测药物均敏感;检出 17 株多重耐药菌 (MDR)。分析

**结论** 应根据病人个体情况制定透析方案,防止感染。病原菌以革兰阳性菌为主,多重耐药菌检出率不高,经验性抗感染用药可取得较好疗效,但应根据药敏结果调整治疗方案。

PU-6657

## 卵巢上皮性癌中 CD24 和 Siglec10 的表达的临床意义

张林海,吴运萍,杨伏猛,吴新明,梁伟  
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 检测卵巢上皮性癌患者中 CD24 和 Siglec10 的表达情况,阐明二者与患者病理分期及预后的相关性。

**方法** 收集 30 例良性卵巢上皮性肿瘤标本和 31 例卵巢上皮性癌标本的病理蜡块,使用免疫组织化学的方法检测其 CD24 和 Siglec10 的表达情况,分析这两种分子与卵巢上皮性癌患者的临床病理分期之间的关系、患者预后的关系,同时对 CD24 和 Siglec10 之间的相关性进行分析。

**结果** CD24 和 Siglec10 在卵巢上皮性癌组织中的表达明显高于良性肿瘤组织中的表达 ( $P < 0.001$ ); 卵巢上皮性癌组织中的 CD24 和 Siglec10 的表达水平与病理分期恶性程度呈正相关 ( $r = 0.800$ ,  $P < 0.001$ )。经 Logistic 回归分析影响卵巢上皮性癌患者预后的危险因素与患者的年龄和 CD24 蛋白相关;经 Kaplan-Meier 法生存分析,CD24 和 Siglec10 同时表达阳性的患者比其他患者的生存时间都短,差异具有显著性 ( $P < 0.05$ )。

**结论** CD24 和 Siglec10 与卵巢上皮性癌患者预后相关,CD24 和 Siglec10 同时高表达可以作为卵巢上皮性癌患者预后不良的标志。



## PU-6658

## 下呼吸道感染嗜血杆菌耐药分析

王小龙,汪永强,袁平宗,张淑霞,黄作富,杨玉霖  
内江市第二人民医院,641000

**目的** 了解某院 2013-2016 年下呼吸道感染嗜血杆菌分离率与耐药率变迁,为下呼吸道感染(LRI)的治疗提供参考。

**方法** 下呼吸道标本分离培养使用嗜血型巧克力培养基(CAH),可疑菌落鉴定使用 VITEK 2 compact 系统,药敏试验使用 ATB HAEMO 板条并根据 CLSI M100S26 文件判读结果, $\beta$ -内酰胺酶检测使用显色头孢硝噻吩纸片,统计学分析使用 SPSS17.0 软件。

**结果** 共分离出流感嗜血杆菌 736 株,检出率为 2.7%(736/27578),其中 3 岁以下儿童占 69.6%(512/736)。 $\beta$ -内酰胺酶检出率为 45.7%(336/736);氨苄西林、复方新诺明、头孢克诺及头孢呋辛敏感率低于 50%,对阿莫西林/克拉维酸、头孢噻肟、利福平、氧氟沙星、氯霉素和四环素的敏感率均高于 80%。

**结论** 流感嗜血杆菌分离率逐年增高,3 岁以下儿童是流感嗜血杆菌主要易感人群。常用的经验性抗菌药物出现不同程度的敏感性降低,产酶株分离率变化不大,儿童社区获得性肺炎经验性治疗可以选择阿莫西林/克拉维酸,但应根据药敏报告及时调整用药。

## PU-6659

## 高原地区普通人群红细胞参数水平调查

罗旋,冯磊,年士艳,徐文波,白雪晶,吴孟娜,严泽锋  
玉溪市人民医院,653100

**目的** 通过对玉溪地区普通人群红细胞(RBC)各项参数水平分布趋势进行调查,比较与现行参考区间的差异,为玉溪地区的临床诊疗提供切实可行的实验室参考依据。

**方法** 采集玉溪地区普通人群 39 025 例,男性 23 335 例、女性 15 690 例。Sysmex XN-9000 血细胞分析仪检测红细胞各项参数,t 检验进行各项参数性别差异比较,探讨 RBC 各项参数水平随年龄变化的分布趋势并比较与现行参考区间的差异。

**结果** RBC 各项参数随年龄增长趋势有所不同且不同性别间比较差异有统计学意义( $P<0.01$ )。男性 RBC、血红蛋白(Hb)、血细胞压积(Hct)每 5 年平均减少  $0.059 \times 10^{12}/L$ 、1.348 g/L、0.003 %。女性(46~50)岁前每 5 年平均减少  $0.024 \times 10^{12}/L$ 、0.864 g/L、0.001 %, (46~50)岁后每 5 年平均增加  $0.017 \times 10^{12}/L$ 、1.257 g/L、0.003 %, (61~65)岁后每 5 年平均减少  $0.067 \times 10^{12}/L$ 、1.463 g/L、0.003 %。本次建立的参考区间与 WS/T405-2012《血细胞分析参考区间》相比,除男性平均血红蛋白量(MCH)一致,其余参数均有部分值未在参考区间内。

**结论** RBC 各项参数随年龄变化分布趋势有所不同且存在性别差异,建议制定玉溪地区人群 RBC 各项参数参考区间。

## PU-6660

## 视黄醇结合蛋白对糖尿病早期肾病的临床意义

黄刚  
陕西中医药大学附属医院

**目的** 探究视黄醇结合蛋白对糖尿病早期肾病的临床意义。

**方法** 收集体检正常人标本(观察组 A)、陕西中医药大学附属医院第一临床医学院 2017-2019 年内分泌科单纯糖尿病患者标本(观察组 B)、根据尿微量白蛋白排泄率分成糖尿病早期肾病患者标本(UAER30-300mg/24h, 观察组 C)、糖尿病晚期肾病患者标本(UAER>300mg/24h, 观察组 D), 以上标本各 50 例, 同时检测四组的血清尿素氮(BUN)、血清肌酐(CR)、视黄醇结合蛋白(RBP), 研究其检测值依此对其指标进行相关性分析。

**结果** 在 BUN、CR 指标方面, 观察组 D 水平明显高于与观察组 A、观察组 B、观察组 C, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ), 观察组 A、观察组 B、观察组 C 各组间比较无统计学差异; 在 RBP 指标方面, 观察组 C 水平明显高于观察组 A、观察组 B, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ), 观察组 A 与观察组 B 比较无统计学意义。

**结论** 在糖尿病早期肾病诊断中视黄醇结合蛋白的升高较明显, 在糖尿病晚期肾病, 尿素氮、肌酐的升高较明显, 在因此我们可以向临床上推荐联用视黄醇结合蛋白指标综合判断糖尿病早期肾病。

## PU-6661

### 一种嗜血杆菌快速鉴定方法的临床应用评价

王小龙, 袁平宗

内江市第二人民医院, 641000

**目的** 比较卟啉合成试验(ALA)与传统生化试验在嗜血杆菌鉴定中的一致率, 联合快速  $\beta$ -内酰胺酶检测评估其临床应用价值。

**方法** 收集下呼吸道感染病例信息及其痰液标本并使用巧克力平板分离嗜血杆菌, 同时使用 VITEK2 compact 系统及 ALA 试纸条鉴定细菌并评估结果一致性。使用显色头孢硝噻吩法检测流感嗜血杆菌  $\beta$ -内酰胺酶, 使用 ATB HAEMO 板条检测其抗菌药物敏感性。

**结果** 共收集到 3503 例病例及标本, 分离嗜血杆菌 329 株, 分离率 9.4% (329/3503), 主要来自 10 岁以下儿童(80.2%, 264/329)。两种方法鉴定结果显示, 314 株流感嗜血杆菌及 11 株非流感嗜血杆菌鉴定结果一致, 一致率为 98.8% (325/329)。流感嗜血杆菌  $\beta$ -内酰胺酶产酶率为 54.5%(171/314), 非产酶株中有 22.4%(32/143)为 BLNAR 株( $\beta$ -内酰胺酶阴性氨苄西林耐药), 产酶株与非产酶株仅氨苄西林与头孢噻肟药敏结果差异显著, 但普通非产酶株与 BLNAR 药敏结果差异较大。

**结论** 嗜血杆菌主要分离自儿童, ALA 试验与传统生化鉴定一致性较好, 结合  $\beta$ -内酰胺酶检测可快速为临床提供有价值的预测性药敏报告。

## PU-6662

### 400 例体检人群维生素 D 水平及影响因素探讨

李亚宁

陕西中医药大学附属医院

**目的** 分析不同年龄段人群血清 25-羟基维生素 D[25 (-OH) D]的水平及其影响因素。

**方法** 在陕西中医药大学附属医院收集 2016 年 1 月~2018 年 12 月各年龄段体检人群的维生素 D 定量检测结果 400 例并对 25-羟基维生素 D[25 (-OH) D]检测结果进行回顾性分析。

**结果** 收集了 400 名不同年龄人群的检测数据, 血清 25 (-OH) D 平均值为 (23.18±9.83) ng/mL。统计结果显示, 血清 25 (-OH) D 缺乏 92 人 (23.0%), 不足 158 人 (39.5%), 充足 150 人 (37.5%), 中毒和过量的有 0 人 (0.0%)。男性平均值为 (25.71±11.35) ng/mL, 而女性平均为 (22.07±8.88) ng/mL, 均值显示男性血清 25 (-OH) D 浓度高于女性, 但经统计学检验知差异无显著性 ( $P<0.05$ )。相同性别不同年龄段人群中, 血清 25 (-OH) D 水平儿童组显著高于其

他三组, 差异有显著性 ( $P < 0.05$ ), 其他各组相同性别之间差异无显著性 ( $P > 0.05$ )。综合来看, 儿童组的维生素 D 水平仍可接受, 而老年组的维生素 D 水平不容乐观。

**结论** 本次调查的 400 例不同年龄段人群 25 (-OH) D 水平存在严重的不足和缺乏, 其中儿童组维生素 D 缺乏程度较轻, 其他各组均有不同严重程度的缺乏, 以老年人群缺乏显著, 应注意加强对血清 25 (-OH) D 水平的监测, 并及时补充, 防止各种缺乏维生素 D 的疾病的发生以及发展。

## PU-6663

### 不同离心速度处理乳糜血标本对检测 D-二聚体的分析

周振忠, 何云菊

内江市第二人民医院, 641000

**目的** 探讨不同离心转速处理乳糜血标本对 D-二聚体检测结果影响, 从而更好地优化乳糜血标本 D-二聚体检测方法。

**方法** 收集临床住院患者 58 份乳糜血标本, 将标本分别以 3000r/min、5000r/min、10000r/min、15000r/min, 离心 10min, 取肉眼可见脂质层以下的血浆进行 D-二聚体的检测。

**结果** 乳糜血标本经 3000r/min、5000r/min、10000r/min、15000r/min 离心处理后 D-二聚体检测结果分别为  $(0.68 \pm 0.73)$  mg/L、 $(0.72 \pm 0.77)$  mg/L、 $(0.73 \pm 0.78)$  mg/L、 $(0.76 \pm 0.82)$  mg/L, 除 5000r/min 与 10000r/min 离心 10min 结果差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ ) 外, 其余组别结果差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。对照组结果差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 高速离心后处理的乳糜血标本所检测 D-二聚体的值高于正常离心处理所得值。

## PU-6664

### SAA 和 hs-CRP 联合检测在鉴别诊断小儿感染性疾病中的应用

李瑛

陕西中医药大学附属医院

**目的** 分析研究高敏 C-反应蛋白 (hs-CRP) 和血清淀粉样蛋白 A (SAA) 在患儿感染早期疾病鉴别诊断中的价值。

**方法** 回顾性选取陕中一附院 2018 年 7 月-2019 年 3 月间收治的 80 例儿科感染性患病儿童作为本次研究的观察组, 按照其细菌培养或者病毒均检测的结果将其分为细菌性感染组 (40 例) 和病毒性感染组 (40 例), 分别对其 SAA、hs-CRP 这两项指标进行相应检测, 并同期选取 40 例在陕中附院体检中心体检的健康儿童作为本次研究的对照组, 相应进行两项指标的检测, 比较三个分组两项检验结果之间的差异。同时计算 hs-CRP、SAA、单独或联合诊断患儿病毒性感染疾病和细菌性感染性疾病的灵敏度、特异性以及准确度以此来分析鉴别诊断的应用价值。

**结果** 细菌感染组 hs-CRP、SAA 分别为  $(19.78 \pm 13.81)$  mg/L、 $(244.59 \pm 21.28)$ ; 病毒感染组的 hs-CRP、SAA 分别为  $(5.87 \pm 2.76)$ 、 $(187.52 \pm 62.3)$ , 均高于对照组。对细菌感染和病毒感染的患儿以及对照组儿童的 SAA 和 hs-CRP 的检测结果进行比较, 均有细菌性感染组患儿显著高于病毒性感染组患儿以及健康儿童的情况, 在 SAA 方面, 其中病毒性感染患儿的 SAA 显著高于对照组的健康儿童, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。通过敏感度、特异性以及准确度三个指标来分析 hs-CRP、SAA 单独或者是二者联合诊断患儿细菌性感染性疾病和病毒性感染疾病, 结果表明二者联合诊断显著优于 SAA 或 hs-CRP 单独诊断的效果, 有统计学差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** sAA 与 hs-CRP 的联合应用对感染性疾病患儿进行临床诊断时, 不仅可以了解患儿的病情, 同时还能对病毒性感染和细菌性感染做到有效的鉴别。

## PU-6665

## 益气活血补肾颗粒对原发性高血压早期肾损伤患者外周血 CysC、IMD、FGF23、APN、ET-1 及 CGRP 的影响

年士艳,冯磊,赵阳  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 观察益气活血补肾颗粒对原发性高血压伴早期肾损伤患者外周血胱抑素 (CysC)、叶素 (IMD)、成纤维细胞生长因子 23 (FGF23)、脂联素 (APN)、内皮素-1 (ET-1) 及、降钙素基因相关肽 (CGRP) 水平的影响。

**方法** 将 104 例原发性高血压伴早期肾损伤患者随机分为观察组与对照组, 每组 52 例。对照组给予常规西医综合治疗, 观察组在对照组基础上给予益气活血补肾颗粒治疗, 疗程 12 周。比较两组临床疗效, 治疗前后检测血压、肾功能指标及外周血 CysC、IMD、FGF23、APN、ET-1、CGRP 水平。

**结果** 观察组临床总有效率为 94.23%, 显著高于对照组的 80.77% ( $P<0.05$ )。治疗后, 观察组的中医症候积分、24h 平均 SBP、24h 平均 DBP、SBP 变异性 (SBPV)、DBP 变异性 (DBPV) 均显著低于对照组 ( $P<0.05$ ); 观察组的尿微量白蛋白 (mAlb)、尿  $\beta_2$ -微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG)、血清 CysC、IMD、FGF23 及血浆 APN、ET-1 水平均显著低于对照组 ( $P<0.05$ ), 而血浆 CGRP 水平显著高于对照组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 益气活血补肾颗粒治疗原发性高血压早期肾损伤疗效较好, 能够改善患者的血压及肾功能, 其机制可能与调节外周血 CysC、IMD、FGF23、APN、ET-1 及 CGRP 水平有关。

## PU-6666

## 异常凝血酶原和甲胎蛋白检测对原发性肝癌的临床应用价值

马艳侠  
陕西中医药大学附属医院

**目的** 探讨血清异常凝血酶原(PIVKA-II)和甲胎蛋白(AFP)对原发性肝癌的临床应用价值。

**方法** 选取 2019 年 1 月至 2019 年 4 月期间陕西中医药大学附属医院肝病一科收住的 50 例患者及 25 例健康体检者, 三组分别为①组原发性肝癌组 (共 25 例)、②组非原发性肝癌患者 (肝硬化 18 例、慢性乙型肝炎 7 例) (共 25 例)、③组为健康体检组 (共 25 例)。采用雅培化学发光分析仪器检测各组患者血清标本异常凝血酶原(PIVKA-II)、甲胎蛋白(AFP)浓度。分析所选三组标本异常凝血酶原浓度和甲胎蛋白浓度水平, 评估检测结果对于早期筛查 HCC 的作用。

**结果** ①组 PIVKA-II 与 AFP 检测结果均比②组和③组高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。②组和③组的检测结果无明显差别。

**结论** 异常凝血酶原结合甲胎蛋白对于原发性肝癌早期筛查有一定应用价值。

## PU-6667

**HbA1c 和 CRP 在糖尿病合并冠心病患者中的诊断意义**

张丹,袁平宗,李传达,汪永强,周振忠,刘世军  
内江市第二人民医院,641000

**目的** 通过检测糖尿病合并冠心病患者中 HbA1c 和 CRP 水平,为诊断疾病提供理论依据。

**方法** 选择我科 2015 年 7 月-2017 年 7 月收治的 78 例动脉粥样硬化患者,其中 34 例为 2 型糖尿病合并冠心病患者,将其作为观察组;并同时选择同时间段治疗的 36 例单纯 2 型糖尿病患者,将其作为对照组。检测患者的 CRP、HbA1c 水平,同时,根据观察组患者的 HbA1c 水平分为>6.5%、≤6.5%,检测患者的生化指标 TC、TG、CK-MB,并观察患者的冠状动脉造影情况。

**结果** 与对照组比较,观察组患者的 CRP、HbA1c 水平均增加明显,差异具统计学意义( $P < 0.05$ )。根据观察组患者的 HbA1c 水平进行分组,其中>6.5%者 20 例归为 1 组,≤6.5%者 16 例归为 2 组。与 2 组比较,1 组的 CRP、TC、TG、CK-MB 以及冠状动脉造影显示三支病变比例均增加明显,差异具统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 随着患者 HbA1c 水平的升高,其生化指标水平改变显著,且冠状动脉病变更为严重。

## PU-6668

**云南省元江县不同少数民族生化指标的差异性研究**

年士艳,冯磊  
云南省玉溪市人民医院

**目的** 了解不同少数民族间生化指标的差异。

**方法** 随机采集玉溪市元江县少数民族共 507 例,其中,傣族 217 例、哈尼族 123 例、彝族 167 例,对调查对象的性别、年龄、身高、体重、吸烟、饮酒、饮食习惯进行问卷调查,同时检测空腹血清胆固醇、高密度脂蛋白、低密度脂蛋白、尿酸、同型半胱氨酸,通过统计学分析,比较各组数据间差异。

**结果** 三个民族生理生化指标之间、男性和女性生理生化指标之间均存在显著性差异;三个民族男性之间血清同型半胱氨酸差异存在统计学意义、女性之间各生理生化指标差异均存在统计学意义。

**结论** 各生化指标之间存在民族差异性,应分别建立符合民族特征的参考区间。

## PU-6669

**多系统检测血脂项目的结果一致性比对研究**

周涛,马润,马婷,何媛,苏婷,李海涛,李美玲,陶淑  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 对本实验室 3 个检测系统的 7 个血脂项目进行结果比对,以评价 3 个系统检测结果的一致性。

**方法** 按照国家卫生行业标准 WS/T 407-2012《医疗机构内定量检验结果的可比性验证指南》,对本实验室 3 个系统(雅培 C1601150 为参比系统,实验系统分别为雅培 C1601149 和贝克曼 AU5821)的 7 个血脂项目进行一致性比对研究。针对一致性比对未通过的项目,则参考美国临床和实验室标准化研究所 EP9-A2 方案进行方法学比对,评价项目在医学决定水平处偏移的可接受性,不可接受的项目按直线回归方程进行调整,再采用 WS/T 407-2012 方案进行一致性验证。

**结果** 除 APOB 的高水平的比对偏差超出判定标准（15%），验证未通过，其余 6 个项目的比对偏差均小于判定标准，验证通过。AU5821 的 APOB 运用 CLSI EP9-A2 比对方案得到的直线回归方程  $Y=0.7508X+0.1591$  进行调整后，可比性验证通过。

**结论** 经过本次研究后，所有项目可比性验证通过。两个行业标准是实验室多系统间检验结果一致性评价和改进的重要参考标准。

## PU-6670

### 粪便革兰氏染色在 ICU 重症感染患者预后中的价值探讨

张海谱,赵会海,贾克然,王缚鲲  
中国人民解放军第 980 医院

**目的** 探讨 ICU 菌血症患者粪便革兰氏染色不同分组与患者预后的关系，对粪便革兰氏染色在 ICU 重症感染患者预后中的价值进行研究。

**方法** 患者依据粪便革兰氏染色结果分为四组，分别为正常组（83 例，粪便革兰氏染色结果正常）；菌群失调组（52 例，粪便革兰氏染色结果表现为菌群失调，球菌杆菌比例异常）；单一组（60 例，粪便革兰氏染色结果表现为菌群失调，以一种细菌为主，其它细菌少见）；无菌组（37 例，粪便革兰氏染色结果未见细菌）。依据不同分组对患者的病死率和平均住院日进行比较分析。

**结果** 不同分组之间平均住院日的比较表明，正常组明显少于菌群失调组、单一组和无菌组（ $P < 0.05$ ）；而无菌组明显大于正常组、菌群失调组、单一组（ $P < 0.05$ ）；菌群失调组和单一组之间差异不显著（ $P > 0.05$ ）。不同分组之间死亡率的比较表明，正常组明显低于菌群失调组、单一组和无菌组（ $P < 0.05$ ）；而无菌组明显高于正常组、菌群失调组、单一组（ $P < 0.05$ ）；菌群失调组和单一组之间差异不显著（ $P > 0.05$ ）。

**结论** 粪便革兰氏染色可以作为 ICU 菌血症患者预后的一个重要评价指标。

## PU-6671

### C-erbB2、bcl-2 和 CCND1mRNA 联合检测在乳腺癌诊断中的应用基金项目【1.四川省卫生和计划生育委员会基金（编号:120112）；2.四川省科技厅基金（编号:5-345）】

邓君  
四川省人民医院,610000

**目的** 采用荧光定量聚合酶链反应(FQ-PCR)法检测 C-erbB2、B 细胞淋巴瘤/白血病-2 基因（bcl-2）和细胞周期蛋白 D1（ccnd1）mRNA 水平，探讨其联合检测在乳腺癌诊断和治疗监测中的应用。

**方法** 建立 FQ-PCR 法，并以  $\beta_2$ -微球蛋白为内对照测定 20 名健康女性体检者（正常对照组）、35 例良性乳腺疾病患者（良性乳腺疾病组）和 89 例乳腺癌患者（乳腺癌组）外周血中三种基因的 mRNA 水平。

**结果** C-erbB2、bcl-2 和 ccnd1 的 mRNA 水平在正常对照组和良性乳腺疾病组间差异无显著性意义（ $P > 0.05$ ），乳腺癌组均高于前两组（ $P < 0.05$ ）， $\beta_2$ -微球蛋白在三组间差异无显著性意义（ $P > 0.05$ ）。三种 mRNA 联合检测的灵敏度高于单个 mRNA 的检测。

**结论** FQ-PCR 技术是灵敏度和特异性较高的快速定量检测 C-erbB2、bcl-2 和 ccnd1 的 mRNA 方法，三者联合检测可有效提高对乳腺癌诊断的灵敏度。

## PU-6672

## miR-548c-3p 通过调控 TRIM59 表达对肝癌细胞增殖、侵袭和迁移的影响

年士艳,冯磊

云南省玉溪市人民医院

**目的** 研究 miR-548c-3p 对肝癌细胞增殖、迁移和侵袭的影响和潜在的分子机制。

**方法** qRT-PCR 检测 TRIM59 mRNA 和 miR-548c-3p 的表达, Western blot 检测 TRIM59、增殖相关蛋白 CyclinD1 和 p21, 及迁移侵袭相关蛋白 MMP2 和 MMP9 的表达水平, MTT 法测定 HepG2 细胞增殖活性, Transwell 实验检测细胞迁移和侵袭能力, 双荧光素酶报告系统验证 miR-548c-3p 与 TRIM59 的调控关系。

**结果** 与正常肝细胞 L02 相比, 在肝癌细胞 HepG2、SMC-7721 和 BEL-7402 组中 TRIM59 的 mRNA 和蛋白表达量均显著升高 ( $P<0.05$ ), miR-548c-3p 的表达量则均显著降低 ( $P<0.05$ ); 过表达 miR-548c-3p 和抑制 TRIM59 表达均可抑制 HepG2 细胞增殖、迁移和侵袭; 双荧光素酶报告系统结果表明, miR-548c-3p 靶向负调控 TRIM59 的表达; 过表达 TRIM59 逆转了过表达 miR-548c-3p 对 HepG2 细胞增殖、迁移和侵袭的抑制作用。

**结论** miR-548c-3p 通过靶向 TRIM59 基因抑制 HepG2 细胞的增殖、迁移和侵袭, miR-548c-3p 是肝癌的潜在治疗靶点。

## PU-6673

## 髓源性抑制细胞在小鼠实验性干燥综合征中的作用

芮棵<sup>1</sup>,洪悦<sup>2</sup>,田洁<sup>2</sup>

1.江苏大学附属医院,212000

2.江苏大学

**目的** 本研究主要观察了在小鼠实验性干燥综合征 (ESS) 发病过程中髓源性抑制细胞 (MDSCs) 的比例和功能的动态变化, 探究了不同时期 MDSCs 对 ESS 小鼠的治疗作用; 通过体内和体外实验探究糖皮质激素诱导的肿瘤坏死因子受体 (GITR) 及其配体 GITRL 对 MDSCs 功能的调控。

**方法** 1) 通过流式细胞术动态观察不同时期 ESS 小鼠体内 MDSCs 和 GITRL 变化。2) 体外体内不同验证了 GITRL 对 MDSCs 功能的调控。

**结果** 研究发现, 在 ESS 小鼠疾病发展的进程中, 小鼠体内各个部位 MDSCs 的比例明显升高。进一步结果显示, 早期 ESS 小鼠脾脏中的 MDSCs 及其亚群具有较强的抑制能力, 而随着疾病的发展, 晚期脾脏中 MDSCs 及其亚群的抑制能力明显减弱。

发现早期的 MDSCs 能够有效延缓 ESS 的发生发展, 而晚期的 MDSCs 却没有明显的治疗效果。

发现随着疾病的进程, ESS 小鼠体内 GITRL 的表达显著升高。体外 GITRL 蛋白刺激早期 MDSCs, 能够下调 MDSCs 的免疫抑制能力并且刺激后的 MDSCs 丧失了对于 ESS 小鼠的治疗作用。

发现外源性的 GITRL 能够显著下调 ESS 小鼠体内 MDSCs 的免疫抑制功能。进一步地, 发现干扰 GITR 后的 MDSCs 能够有效地治疗小鼠。

**结论** ESS 发病过程中体内逐渐升高的 GITRL 可结合 MDSCs 表面的 GITR 受体, 下调 ESS 小鼠体内 MDSCs 的免疫抑制功能, 从而持续加重疾病的发生发展。该研究利用 ESS 模型, 探讨 MDSCs 在干燥综合征发生发展中的变化以及作用, 从 GITRL/GITR 这一新的角度揭示 MDSCs 在干燥综合征发展中所受到的微环境的调控, 拓展我们对 MDSCs 在自身免疫性疾病中作用的认识, 为临床自身免疫性疾病的治疗提供新的思路。

## PU-6674

## 肺癌病患 T 细胞亚群测定与血浆 CRP 的相关性分析

庞晖

陕西中医药大学附属医院

**目的** 研究细胞免疫功能与 CRP 水平及恶性肿瘤与 CRP 水平的相关性, 以对临床肿瘤治疗及预后判断产生积极的指导意义。

**方法** 在陕西中医药大学第一临床医学院 2017 年 1 月至 2019 年 1 月的肺癌病患中挑选 160 例, 并测定其外周血 T 细胞亚群, 根据检测结果分为肺癌病患细胞免疫功能正常组 (即 A 组  $n=80$ ) 和肺癌病患细胞免疫功能低下组 (即 B 组  $n=80$ ), 同时选取同期于该医院进行健康体检的 80 名健康人群 (即 C 组) 作为对照组进行对照研究。再依次测定 A、B、C 三组人群 CRP, 各组间进行比较。

**结果** 肺癌病患细胞免疫功能低下组 CRP 与肺癌病患细胞免疫功能正常组 CRP 无统计学差异 ( $P>0.05$ )。肺癌病患的两个组 CRP 水平明显高于对照组, 且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肺部恶性肿瘤病患免疫力下降与血浆 CRP 的波动从本次数据来看无明显或直接的关系。但是 C 反应蛋白对恶性肿瘤本身就会刺激 C 反应蛋白的产生, 其次恶性肿瘤存在免疫抑制, 再加上放化疗对免疫力的损伤, 长期监测 CRP, 对恶性肿瘤的诊治具有一定积极意义。

## PU-6675

## B(A)04 的分子机制研究

吴新明<sup>1</sup>, 蒋玲<sup>2</sup>

1. 连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院, 222000

2. 连云港市东方医院, 222000

3. 江苏大学

**目的** 研究 1 例 ABO 亚型 B(A)04/O01 的分子机制。

**方法** 利用单克隆抗体检测红细胞表面 ABO 抗原, 标准 ABO 红细胞检测血清中的 ABO 抗体; 用序列特异性引物聚合酶链反应技术 (Sequence Specific Primer Polymerase Chain Reaction, PCR-SSP) 检测 ABO 基因型; 同时对 Exon6、Exon7 进行 PCR 扩增, 将 PCR 产物进行电泳确认后测序, 测序结果用 FinchTV 软件进行分析。

**结果** ABO 血型血清学结果疑为 B(A) 或者 A 亚 B; PCR-SSP 提示该样本的基因型为 B/O; Exon6、Exon7 测序结果发现杂合位点如下: c.297A>G; c.526C>G; c.640A>G; c.657C>T; c.703G>A; c.796C>A; c.803G>C; c.930G>A。可以推定该样本的基因型为 B(A)04/O01。

**结论** 该标本碱基序列与 B101 区别仅限于 cDNA 第 640 位点 A>G, 致使转录产物  $\alpha$ -1, 3-半乳糖基转移酶发生改 (p.Met214Val), 具有表达部分 A 抗原的能力。

## PU-6676

 $\gamma$  干扰素释放试验的临床应用

徐婷, 赵鸿, 戎国栋, 吴蕾, 黄珮珩, 王芳, 张燕

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 探讨结核感染 T 淋巴细胞  $\gamma$  干扰素释放试验 (IGRAs) 在检测结核病中的临床应用。

**方法** 利用结核感染 T 淋巴细胞  $\gamma$  干扰素释放试验检测 2017 年江苏省人民医院 10335 例门诊及住院结核筛查患者。按科室分布分析, 同时对检测阳性病例按性别、年龄进行分析比较。并对不同方法检测结核杆菌感染情况进行比较。



**结果** 10335 例筛查患者中, 阳性例数为 2748 例, 阳性率为 26.59%; 肺内及肺外结核检测筛查中, 心血管内科、胸外科、呼吸科的阳性率分别为 38.80%、35.08%、33.75%; 阳性筛查者中, 男性占 31.72%, 女性占 22.09%, 男性的阳性例数明显高于女性; 而按年龄分组 0-15、16-25、26-45、46-65 和 66-, 其阳性率分别为 7.96%、15.61%、17.73%、31.78%和 34.68%, 可见阳性率随着年龄增长而升高; 与其它实验室检测方法对比, IGRAs 方法具有明显优势。

**结论** 结核好发于全身各个器官, 结核菌感染存在性别、年龄差异。IGRAs 是灵敏和特异的快速检测结核分枝杆菌感染的方法, 虽不能作为确诊指标, 但为进一步确诊疾病, 在结核疑似患者筛查中具有重要的临床应用价值。

## PU-6677

### 陕中附院 CAL-8000 血液分析流水线复检规则的验证

王丽

陕西中医药大学附属医院

**目的** 为了适应咸阳地区病源、病种和患者病情特点, 对我院住院病人血常规检测所使用的 CAL-8000 血液分析流水线 27 条复检规则进行验证, 从而提高标本检验的质量和工作人员的效率。

**方法** 选取住院包含了肝病科、肾病科、心血管科、肿瘤科、消化科、呼吸科, 骨创伤科, 老年病科, 肝胆外科、脑病科、脑外科、产科、妇科、儿科、泌尿科等 28 个临床科室 300 份 EDTA-K2 (乙二胺四乙酸二钾) 抗凝的静脉全血标本。然后, 对这 300 份标本用 BC-6900 血液分析仪检测及 SC-120 推片染色机进行推片染色, 每份标本制作出两张血图片, 并由三名具有形态学丰富经验的检验人员进行人工镜检。最后, 运用医院 LIS 系统和 Microsoft Excel 2010 软件对所有数据分别进行比对和整理并计算得到相关的验证结果。

**结果** 真阳性率 17.7%(53/300)、假阳性率 11.7% (35/300)、真阴性率 68.0% (204/300)、假阴性率 2.7% (8/300) 和复检率 29.4%, 且无血液病标本漏检; 其中假阴性率为 2.7%低于国际血液学复检专家组提出的 5%最大可允许接受的范围<sup>[1]</sup>。

**结论** 陕中附院 CAL-8000 血液分析流水线 27 条复检规则经过验证, 证明其不仅适合咸阳地区病源、病种和患者病情特点, 也适用于我院住院病人血常规复检的要求, 既保证了检验结果报告的质量, 又提高了工作人员的工作效率, 为临床诊断和治疗提供了准确可靠的依据。

## PU-6678

### HbF 对妊娠期 HbA1c 测定的影响

吉永

昆明市延安医院, 650000

**目的** 研究妊娠期用酶法测定 HbA1c 时 HbF 对其的干扰。

**方法** 分别用高效液相色谱法和酶法对 20 例含不同浓度 HbF 值的妊娠期妇女全血样本进行糖化血红蛋白值测定并对其进行相关性分析。

**结果** 当 HbF ≤ 3.4% 时两种方法高度相关, 但当 HbF > 3.4% 时酶法测得的结果明显低于 HPLC 的结果。

**结论** 妊娠期妇女体内的 HbF 对酶法测定糖化血红蛋白具有明显的干扰。

## PU-6679

## 生化分析仪上肌酸激酶同工酶质量法的应用研究

刘强,阴晴  
江苏大学附属医院,212000

**目的** 探讨肌酸激酶同工酶活性法检测中大于总肌酸激酶的原因;研究肌酸激酶同工酶质量法在心肌梗死患者诊断上的效能。

**方法** 从 2018 年 11 月 28 日到 2019 年 5 月 26 日期间在江苏大学附属医院就诊的患者血清样本中,收集留取了 41 份临床诊断为急性心肌梗死(AMI)患者的血清标本,41 份使用生化分析仪活性法做出结果显示 CK-MB>CK 的患者血清样本,以及 41 份体检各项指标结果均显示正常的血清标本。用生化分析仪 AU5800 活性法和质量方法分别检测血清标本中的肌酸激酶同工酶。使用 spss22.0 软件,把 AMI 患者血清中的 CK-MB 以及正常人体内血清中的 CK-MB 结果绘制 ROC 曲线。

**结果** 41 例 CK-MB 倒置标本中男性 21 例、女性 20 例,其中年龄大于 50 岁 32 例,临床诊断中占比最多的是肿瘤的病人 23 例。其中 41 例倒置的结果中 30 例用质量方法证明结果处在参考区间内,表明活性法是假性增高。通过 ROC 曲线分析 CK-MB 质量方法曲线下面积(AUC, 0.771)高于活性法曲线下面积(AUC, 0.667)。

**结论** 活性法检测 CK-MB 大于总 CK 的现象多发生在恶性肿瘤患者标本、脑神经损伤患者标本其原因是患者体内所形成的 CK-BB 异常升高,另外患者标本中巨 CK 的存在也可导致 CK-MB 测定结果假性增高;当出现时应测定质量法 CK-MB 以明确病因及诊断。研究发现在急性心肌梗死患者标本的测量中,CK-MB 的质量法检测效能明显高于其活性法的检测效能。由此可见 CK-MB 质量法特异性强,干扰因素少,假阳性少,适合在生化分析仪上推广使用。

## PU-6680

## Identification of novel variants in MYO15A, OTOF, and RDX with hearing loss by next-generation sequencing

Xuejing Bai,Shiyan Nian,Lei Feng,Qingrong Ruan,Xuan Luo,Mengna Wu,Zefeng Yan  
Department of Laboratory, Yuxi people's hospital of yunnan province

**Objective** Non-syndromic hearing loss (NSHL) is the most common sensorineural disorder and one of the most common human defects. Autosomal recessive (AR) inheritance accounts for a huge percentage of familial cases. Next-generation sequencing (NGS) is a powerful molecular diagnostic strategy for NSHL. The combination of a microarray gene chip and NGS can better delineate the etiology and genetic cause of deafness in many cases.

**Methods** One hundred and thirty-one unrelated students with NSHL who attend a special education school in Yunnan Province were recruited. Firstly, four common deafness-related genes (GJB2, GJB3, SLC26A4, and mtDNA 12S rRNA) were evaluated for mutations using a microarray kit. Furthermore, two hundred and twenty-seven known human deafness genes were sequenced to identify the responsible genetic variant of the proband in three Chinese families with ARNSHL. The mutational status of family members of the probands was validated by Sanger sequencing.

**Results** Five novel variants were found in three families using NGS. In family 1, we identified compound heterozygosity at the MYO15A (OMIM,#600316), including an duplication variant c.3866dupC, p.His1290Alafs\*25 and a 3-bp deletion (c.10251\_10253del, p.Phe3420del), resulting in protein length changes and premature protein truncation, respectively. In family 2, two affected siblings from a consanguineous Chinese Dai family harbored an c.1274G>C, p.Arg425Pro missense variant in the OTOF (OMIM,#601071). In family 3, we identified compound

heterozygosity for c.129\_130del, p.His43Glnfs\*28 and c.76\_79del, p.Lys26\* in the RDX gene (OMIM,#611022).

**Conclusions** Five novel variants were found in three families with NSHL. Our findings extend the mutational spectrum in deafness-related genes and will help physicians in better understanding the etiology of hearing loss.

## PU-6681

### CK-MB 质量法检测的临床应用进展

刘强,范柏月,阴晴  
江苏大学附属医院,212000

**目的** 通过对文献的查阅,探讨肌酸激酶同工酶的检测方法,并汇总 CK-MB 质量法的临床应用进展。

**方法** 查阅近几年的国内外参考文献,汇总检测方法、检测原理和方法的优缺点。

**结果** 肌酸激酶同工酶(CK-MB)作为心肌损伤的重要酶学检测指标,颇受临床重视,常用的检测方法有免疫抑制法、酶质量法和电泳法,以免疫抑制法测 CK-MB 活性最为常用,然而其仍有一定的局限性。CK-MB 活性检测的优点检测成本低,速度快,检测简便且不需要特殊的仪器设备;CK-MB 活性检测的不足:早期诊断灵敏度不高、酶易老化、巨 CK1 的干扰、对微小心肌损伤(MMD)难以做出有效反应、溶血干扰;CK-MB 质量检测的优点:CK-MB 质量(CK-MB mass)是以 ug/L 为检测单位,反应体系采用的是单克隆抗体,具有抗原抗体反应的特异性及高度专一性,与其同工酶 CK-BB 及 CK-MM 无交叉反应,且 CK-MB 质量检测不受血清中巨 CK1 及其他酶类、蛋白物质的等多因素的影响。其检测的特异性与灵敏度均高于 CK-MB 活性法;CK-MB 质量检测的不足:检测成本高且需要特殊仪器设备。

**结论** CK-MB 质量检测对于 CK-MB 活性检测有很大优势,对于缺血性心肌损伤的实验室诊断,由于传统的酶学指标存在着诸多不足,使临床诊断的灵敏度、特异性不够理想,且所受的影响因素也较多,CK-MB 质量测定恰好弥补了这些缺陷。其检测的特异性与灵敏度均高于 CK-MB 活性,CK-MB 的定量检测在国内生化分析仪上还做不多,影响了 CK-MB 质量法的临床应用和研究,在未来技术进展,克服缺陷后,在临床会产生极高的应用价值。

## PU-6682

### 陕中附院 5 年来鲍曼不动杆菌耐药性监测分析

杨文涛  
陕西中医药大学附属医院

**目的** 为了解 2014 年—2018 年陕中附院鲍曼不动杆菌的在临床的分布与对各抗菌药物的耐药性变化。

**方法** 对陕中附院 2014 年 1 月—2018 年 12 月从各患者身体中分离的鲍曼不动杆菌进行回顾性处理分析。

**结果** 共分离鲍曼不动杆菌 1249 株,其中占比最多的前三位为重症监护室、神经内科和呼吸内科。标本来源主要为痰(521 株),头孢曲松、环丙沙星、左氧氟沙星和阿米卡星的耐药率均高于其他药物。其他常用抗生素的耐药率均在 40%以上。

**结论** 鲍曼不动杆菌对 13 种药物的耐药率从 2014 年到 2017 年有所上升,从 2017 年到 2018 年显著下降,鲍曼不动杆菌对所有药(除复方新诺明)的耐药率呈驼峰状分布趋势。说明现在已经得到相应的控制。

## PU-6683

## 干化学法与尿沉渣联合用于尿常规检验的作用探讨

谢莉,耿昕  
射洪县人民医院,629000

**目的** 探讨尿常规检验中干化学法以及尿沉渣的联合应用价值。

**方法** 对我院于 2017 年 10 月~2018 年 12 月期间收治的行尿常规检查患者 90 例进行分析,根据检查方法的不同将其分为 A 组、B 组以及 C 组,分别应用干化学法、尿沉渣法和联合测定法,对比两组白细胞、红细胞数值和临床误诊、漏诊率。

**结果** 联合法测定率高于干化学法和尿沉渣法,组间对比有统计学意义( $p<0.05$ );红细胞阳性检测率中,尿沉渣法检测效果略低于干化学法,组间对比差异性显著( $p<0.05$ ),白细胞测定中,尿沉渣法的效果优于干化学法,组间比较统计学意义存在( $p<0.05$ )。三组患者检测错误率分析,C 组患者检测错误率较比 A 组和 B 组更低,同时和 A 组和 B 组对比统计学意义存在( $p<0.05$ ),A 组和 B 组检测错误率比值较为相似,组间对比无统计学意义( $p>0.05$ )。

**结论** 两种检查方法的应用更加有效。

## PU-6684

## 肾小球滤过率估算公式的研究进展

刘强,杨海娟,阴晴  
江苏大学附属医院,212000

**目的** 研究肾小球滤过率(glomerular filtration rate,GFR)计算公式的优缺点及在临床疾病中的应用。掌握准确的肾小球滤过率对于正确评估慢性肾脏疾病的分期、了解残余肾功能、预测肾功能进展速度及判断肾脏替代治疗时机等方面有重要意义。

**方法** 本文通过学习大量文献资料,总结各种常用肾小球滤过率估算公式及其在各种疾病中的应用,展望肾小球滤过率估算公式的应用前景。

**结果** 肾小球滤过率估算公式(1)MDRD 简化方程:  $eGFR[ml/(min \cdot 1.73 m^2)] = 186 \times \text{血肌酐}(\mu\text{mol/L})^{-1.154} \times \text{年龄}(\text{岁})^{0.203} \times 0.742(\text{女性}) \times 1.233(\text{中国})$ ; (2) Cockcroft-Gault 公式:  $Ccr[ml/(min \cdot 1.73 m^2)] = (140 - \text{年龄}) \times \text{体重}(\text{kg}) \times 72^{-1} \times \text{血肌酐}(\mu\text{mol/L})^{-1} \times 0.85(\text{女性})$ ; (3) Connhan-Banatp 公式:  $eGFR[ml/(min \cdot 1.73 m^2)] = 0.43 \times \text{身高}(\text{cm}) \times \text{血肌酐}(\mu\text{mol/L})^{-1}$ ; (4) Schwonty 公式:  $Ccr[ml/(min \cdot 1.73 m^2)] = 0.55 \times \text{身高}(\text{cm}) \times \text{血肌酐}(\mu\text{mol/L})^{-1}$ 。

**结论** 精确的 GFR 估算对于 CKD 的诊断、分期、判断预后均意义重大。经过数十年的演变,GFR 估算公式的发展已经越来越成熟,但是不论运用哪一种公式,所得出的结果与实际 GFR 值之间都存在一定差异。相较而言,MDRD 公式对 CKD3-5 期的患者可进行较为准确的 GFR 评估,部分患者尚需结合以 CysC 为基础的估算公式对 GFR 进行综合判断。肾小球滤过率估算公式在各种肾脏疾病中有着重要的影响作用,如老年慢性肾脏病、糖尿病肾病合并高血压、肾恶性肿瘤等。为了进一步找到治疗这些疾病的更好方法,仍然需要大量综合性研究,因此进一步研究 GFR 估算公式是必要的。

PU-6685

## HBV-DNA 定量、AFP 和肝功检测与乙肝肝硬化中医证型的相关性研究

肇玉博

陕西中医药大学附属医院

**目的** 探讨乙肝肝硬化患者 HBV-DNA 定量、AFP、前白蛋白、ALT、AST 与中医辨证分型之间的关系，找出能客观反映肝硬化中医证型的指标。

**方法** 选取 125 例肝硬化患者以明确诊断的证型分为 4 个证型组,对这些患者 HBV-DNA 定量、AFP 和肝功部分指标的检测结果进行统计分析和规律总结。

**结果** 四种检测指标的变化，与乙肝肝硬化中医证型的 4 种辨证分型有着密切关系。其中以肝郁脾虚型 HBV-DNA 复制最活跃、AFP 和肝功检测指标变化最为明显，气阴不足瘀毒型次之；肝脾血瘀和气滞血瘀型 HBV-DNA 复制最低、AFP 和肝功检测指标基本没有变化。

**结论** 肝郁脾虚组 HBV-DNA 和 PA 均数最大， $P<0.05$ ，HBV-DNA 复制也最为活跃，因此，HBV-DNA 和 PA 可以作为乙肝肝硬化中医辨证分型的客观检测指标。

PU-6686

## 2014-2018 年我院常见肠杆菌科细菌临床分布及耐药性变迁

周雪宁

陕中附院

**目的** 了解陕西中医药大学附属医院常见肠杆菌科细菌耐药性及其变迁，为临床抗菌药物的合理使用和抗感染的治疗提供参考。

**方法** 回顾性分析 2014-2018 年我院住院和门诊分离的肠杆菌科细菌的非重复菌株，用 WHONET 5.6 软件进行统计。

**结果** 2014.1-2018.12 共计分离出肠杆菌科细菌 6163 株，其中分离大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌 4854 株，检出率为 78.8%。分离两菌的标本来源前 3 位分别为分泌物，尿液，痰。肠杆菌科细菌对多数抗菌药物耐药率呈下降趋势，对  $\beta$ -内酰胺类药物（氨苄西林）等呈高耐药性，耐药率高于 55%，但是对加酶抑制剂复合制剂哌拉西林/他唑巴坦的耐药率很低，对碳青霉烯类药物亚胺培南，美罗培南及氨基糖苷类阿米卡星有较高的敏感性。

**结论** 细菌耐药性问题严重影响着临床对细菌感染的治疗，进行耐药性检测可以指导临床合理使用抗菌药物。

PU-6687

## 一例肝癌患者 MDT

刘强,阴晴

江苏大学附属医院,212000

**目的** 汇报病史，提出患者肝内多发病灶，门静脉充盈缺损，考虑癌栓？血栓？目前诊断？治疗方案的选择？

**方法** 《主诉》体检发现肝内占位一周。《现病史》患者严某某，男，53岁。因“体检发现肝内占位1周”入院。现病史：患者1周前车祸后当地医院体检，2018-07-18查腹部彩超：肝硬化，肝内实性占位性病变，进一步检查：胆囊壁增厚、双肾囊肿。患者无嗜睡乏力，无畏寒发热，无恶心呕吐，无呕血黑便，无尿黄及白陶土样大便，无厌油腻食物，为进一步检查来我院就诊，门诊拟“肝占位性病变”收住入院，患者病程以来，食纳睡眠可，二便如常，体重未见明显减轻。

《体征》血压 149/88mmHg 全身皮肤巩膜无黄染，全身浅表淋巴结未触及肿大，心肺（-），腹平，无腹壁静脉曲张，未见肠型、蠕动波。全腹无明显压痛、反跳痛，肝脾肋下未及，肝区叩痛阴性，Murphy's 征阴性，移动性浊音阴性，肠鸣音约5次/分，双下肢无浮肿。

**结果** 《初步诊断》1.肝占位性病变：肝癌可能；2.门静脉癌栓可能；3.丙型肝炎后肝硬化。

《肝癌MDT病例讨论记录》 2018年7月25日

介入科：汇报病史，提出患者肝内多发病灶，门静脉充盈缺损，考虑癌栓？血栓？目前诊断？治疗方案的选择？

影像科发言：结合患者CT图像显示肝内多发肿瘤，肝硬化结节，不排除更大范围肿瘤，可进一步MR检查。

普外科发言：肝癌多发，不宜手术切除，可考虑TACE联合索拉菲尼等治疗。

化疗科发言：结合患者丙肝肝硬化病史，CT典型表现，现患者肝癌临床诊断明确，可进一步肝穿刺活检，进一步行病理组织学助诊。同时加强抗丙肝病毒治疗。

ICU发言：患者影像学表现为多中心病灶，右肝为主，暂不宜手术，建议靶向治疗，可进一步MR检查，抗病毒治疗。患者肝功差，手术风险大，与患者及家属积极交代病情。

检验科发言：患者丙型肝炎病毒抗体阳性，需进一步检测丙肝病毒RNA，以明确病毒复制性与传染性。肝功能显示异常，需定期复查肝功能。

**结论** 介入科总结：同意以上各位医师的诊疗意见，目前临床诊断为：原发性肝癌伴门静脉癌栓形成，下一步可进一步行MR检查了解肝内病灶情况。同时如患者同意可进一步病理诊断。择期行肝动脉灌注化疗栓塞术，可协调靶向药物治疗。《治疗过程》2018年7月26日，行肝动脉造影灌注化疗栓塞术。术后保肝补液治疗。患者术后发热予布洛芬口服后缓解。病情好转于2018年7月30日出院，一月后门诊复查。

## PU-6688

### Elevated red blood cell distribution width (RDW) could be a potential prognostic index in patients with primary gastric cancer

Qingqin Tang, Yi Li, Shichao Tang, Yinhua Fan, Liping Xu, Shuaishuai Zhang, Jieyu Jin, Yalu Ren, Li Ju  
the First Affiliated Hospital of Soochow University

**Objective** Red blood cell distribution width (RDW) was a routine complete blood cell count parameter which has been reported to be a reliable prognostic indicator in several cancers. We aimed to investigate the relationship of RDW values with clinic characteristics and prognosis in patients with gastric cancer (GC).

**Methods** Clinical and laboratory data of 148 patients with newly diagnosed GC were retrospectively reviewed. The analysis for association between RDW and tumor stage, tumor markers of GC patients was performed.

**Results** RDW was significantly increased in patients with GC than that in controls after the effect of hemoglobin was controlled (13.6(12.6-16.0) vs. 12.4(12.0-12.8),  $P < 0.05$ ). Furthermore, patients with advanced tumor stage (III and IV) had higher RDW values than those with early stage (I and II). Tumor marker CA72-4 in high RDW group ( $RDW \geq 15\%$ ) was significantly increased than it was in normal RDW group ( $RDW < 15\%$ ).

**Conclusions** In patients with GC, elevated RDW might be associated with advanced progress and poor prognosis.

## PU-6689

### 基于紫外分光光度计法粗略定量外泌体的研究

沈孟娇

南京大学医学院附属鼓楼医院,210000

**目的** 随着人们对外泌体的研究不断深入,其作为生物标志物的潜力也不断为人所熟知。大量基础性的研究是其走上临床应用的必由之路,而进行外泌体相关研究的第一步通常要进行外泌体的提取纯化,后续实验的阳性结果的概率也多半与提取到的目的外泌体的浓度呈正相关。外泌体的定量在外泌体的研究当中可谓意义重大。目前的外泌体定量检测方法以 NTA 技术应用较为广泛,但其昂贵的价格并非是所有实验室均能负担得起。这就为普通实验室开展外泌体相关研究造成了一定的阻碍。为了能初步进行外泌体的定量,本实验室尝试探索紫外分光光度计法用于外泌体定量的可行性。

**方法** 1.用过滤法提取 DA-MB-231 乳腺癌细胞上清中的外泌体。2.利用

扫描电镜技术,纳米粒子跟踪分析(Nanoparticle tracking analysis, NTA), Western blot 对外泌体从形态,浓度,膜蛋白水平进行定量,定性分析,确定外泌体的浓度,纯度。3.将已定量的外泌体溶液进行倍比稀释,并测定其在 230nm,260nm 及 280nm 下的吸光度值。结合 NTA 的实际测定值汇总分析得到各波长下的外泌体浓度-吸光度标准曲线。4.对比目前实验室常用的其它 2 种外泌体定量方法(BCA 法和 EXO-CITE 试剂盒法)与本法的优缺点。

**结果** 1.外泌体浓度为  $2.97 \times 10^{12}/\text{mL}$ 。Western blot 证明标本 CD9,CD63 阳性。2.根据 A260 所建立的标准曲线为  $\text{Abs}_{260} = (7\text{E}-13) C_{\text{exo}} - 0.0472$ ,  $R^2 = 0.9941$ ; 根据 A260 所建立的标准曲线为  $\text{Abs}_{280} = (6\text{E}-13) C_{\text{exo}} - 0.0334$ ,  $R^2 = 0.9956$ ;线性范围是  $2.97\text{E}+12/\text{mL}$  到  $2.75\text{E}+10/\text{mL}$ 。

**结论** 在本文中我们成功建立了利用紫外分光光度计法初步定量外泌体的方法,确定了该方法的线性范围。

## PU-6690

### 糖尿病合并冠心病血流变学指标检测的应用价值

何为,袁平宗

内江市第二人民医院,641000

**目的** 探讨分析糖尿病合并冠心病的临床诊断中应用血流变学指标的价值。

**方法** 将 2018 年我院收治的糖尿病合并冠心病患者 66 例作为观察组,在此基础上选择同同期在我院体检的健康者 60 名作为对照组,两组受检人员均实施血液流变学检测,观察并比较两组受检人员血流变学指标,以分析血流变学指标在诊断糖尿病合并冠心病患者中的应用价值。

**结果** 经检测,观察组红细胞变形指数明显下降,其他指标均明显上升,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 通过研究结果分析可知,糖尿病合并冠心病患者血液粘度上升,检测患者血液流变学指标,对于糖尿病合并冠心病的预防和临床诊治具有十分重要的作用。

## PU-6691

## 2 型糖尿病单用二甲双胍疗效不佳者联用天麦消渴片对血糖水平的影响

杨丽妙,杨洪乐

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 评估单独应用二甲双胍疗效不佳的 2 型糖尿病患者,联合应用天麦消渴片后是否改善血糖水平。

**方法** 总计 100 名糖尿病患者参与研究。所有糖尿病患者在接受二甲双胍常规治疗基础上,被随机分配服用天麦消渴片或安慰剂。研究终点为治疗第 12 周患者糖化血红蛋白(HbA1c)、空腹血糖(FPG)、餐后 2h 血糖(2h PG)的变化值。

**结果** 在 12 周随访时,天麦消渴片组 HbA1c 降低  $0.91 \pm 0.97\%$ ,达标率为 46.0%,安慰剂组降低  $0.49 \pm 0.94\%$ ,达标率为 26.0%;天麦消渴片组 FPG 降低  $1.33 \pm 1.66 \text{ mmol/L}$ ,安慰剂组降低  $0.65 \pm 1.67 \text{ mmol/L}$ ;天麦消渴片组 2hPG 降低  $2.98 \pm 3.89 \text{ mmol/L}$ ,安慰剂组降低  $1.41 \pm 3.94 \text{ mmol/L}$ ;两组比较差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。两组均未发生与研究药物相关的严重不良事件。

**结论** 在二甲双胍稳定剂量的治疗基础上,联合使用天麦消渴片可使 2 型糖尿病患者的血糖水平得到更好地控制,应用于 2 型糖尿病患者安全有效。

## PU-6692

## 循环肿瘤细胞检测在肺癌中的应用

毛莉

中国人民解放军第三军医大学第三附属医院

**目的** 肺癌是目前全世界范围内发病率和死亡率最高的恶性肿瘤,早期诊治是改善其预后的关键,随着循环肿瘤细胞(CTCs)检测技术的改进与发展,检测的敏感性与特异性的逐步提高,肺癌患者将在早期得到确诊,对肺癌的诊断、治疗及预后评估都具有重要意义。本文重点介绍了近年来 CTCs 检测诊断技术的进展及其在肺癌诊断中的应用,并对其检测技术面临的挑战进行了探讨。肺癌在全世界的发病率和死亡率居高不下,近年来更是一跃成为中国最常见的死亡原因<sup>[1]</sup>。由于缺乏理想的早期诊断方法,且肺癌患者在发病早期的临床症状不明显,导致肺癌确诊时已发病至中晚期,使患者错过了最佳的治疗时期。因此,肺癌的早期诊断是降低肺癌患者死亡率的关键。近年来,随着 CTCs 检测技术的发展,特别是 CellSearch 系统在临床实践中的广泛应用,可以预见,CTCs 检测将成为对肿瘤早期诊断、治疗及预后评估的新型工具。本文概述了近年来 CTCs 检测诊断技术的进展及其在肺癌诊断中的应用,并对其检测技术面临的挑战进行了探讨。

**方法** 1. CTCs 的富集

2. CTCs 的检测

**结果** CTCs 检测是一种真正的无创、可以动态监测病情变化、对于肿瘤的早期诊断、复发与转移、靶向药物筛选等具有重要临床意义的检测方法,在恶性肿瘤精准医疗领域具有良好的临床应用前景和巨大的社会效益。但目前尚缺乏规范的检测流程与相应的质量标准,还需进一步的临床试验去完善检测的重复性。各种富集和检测新方法的联合使用也将极大地提高检测的敏感性和特异性,可以预见,随着技术的不断改进与发展,CTCs 检测必将在临床肿瘤诊治中得到推广应用。

**结论** 本文重点介绍了近年来 CTCs 检测诊断技术的进展及其在肺癌诊断中的应用,并对其检测技术面临的挑战进行了探讨。概述了近年来 CTCs 检测诊断技术的进展及其在肺癌诊断中的应用,并对其检测技术面临的挑战进行了探讨。



PU-6693

## 应用六西格玛性能验证图对 18 个常规化学项目的性能评价

袁平宗

四川省内江市第二人民医院

**目的** 利用六西格玛(sigma,  $\sigma$ )性能验证图及质量目标指数 (quality goal index, QGI) 评价临床常规生化检测项目分析性能, 指导实验室质量持续改进。

**方法** 不精密度 (coefficient of variation, CV%) 采用 2017 年生化室常规化学检测项目室内质控累积变异系数, 偏倚 (bias%) 采用 2017 年第一次参加卫生部室间质评计划中常规生化项目的百分差值, 允许总误差 (TEa%) 采用国家标准 GB/T20470—2006 及卫生行业标准 WS/T 403—2012 质量规范, 利用卫生部室间质评信息系统中西格玛性能验证功能绘制化西格玛性能评价图, 并计算 QGI。

**结果** 当使用国家标准时,  $\sigma < 3$  的只有氯 1 个项目,  $\sigma < 3$ ,  $3 \leq \sigma < 4$  有天门冬氨酸氨基转移酶和碱性磷酸酶 2 个项目,  $4 \leq \sigma < 5$  有尿素和肌酐 2 个项目,  $5 \leq \sigma < 6$  有乳酸脱氢酶 1 个项目,  $\sigma \geq 6$  有钾、钠、钙、镁、血糖、尿酸、总蛋白、白蛋白、总胆固醇、甘油三酯、丙氨酸氨基转移酶、肌酸激酶等 12 个项目; 当使用卫生行业标准时,  $\sigma < 3$  有氯、碱性磷酸酶和天门冬氨酸氨基转移酶 3 个项目,  $3 \leq \sigma < 4$  有钠、白蛋白、尿素、肌酐、乳酸脱氢酶 5 个项目,  $4 \leq \sigma < 5$  有钙、血糖、肌酸激酶 3 个项目,  $5 \leq \sigma < 6$  有钾、镁、丙氨酸氨基转移酶 3 个项目,  $\sigma \geq 6$  有总蛋白、尿酸、总胆固醇、甘油三酯 4 个项目。

**结论** 国家标准比行业标准宽松, 西格玛性能验证能采用行业标准更能有效的评价检测项目的分析性能以及导致分析性能不佳的原因, 提出检测项目个性化的质控措施, 提高实验室质控水平。

PU-6694

## DC-SW480 融合瘤苗活化的 CIK 细胞对结肠癌 SW480 体外杀伤作用的研究

王战争, 冯飞雪

陕西中医药大学附属医院

**目的** 从外周血中分离培养 DC 和 CIK, 制备 DC 与结肠癌 SW480 融合细胞, 观察融合细胞刺激的 CIK 体外杀伤结肠癌 SW480 细胞的效果。

**方法** 1. 从健康成年人外周血中分离出单个核细胞(PBMC), 然后用细胞因子诱导培养树突状细胞 (DC) 和细胞因子诱导的杀伤细胞 (CIK), 并用流式细胞仪进行表面标志分子鉴定。

2. 用聚乙二醇 (PEG) 诱导 DC 与结肠癌 SW480 融合, 经 HAT/HA 选择培养基筛选培养出 DC-SW480 融合细胞。

3. 融合细胞刺激的 CIK 体外杀伤结肠癌 SW480 的实验分组:

- 1) DC-SW480 融合瘤苗与 CIK 细胞共培养组
- 2) DC 和 SW480 的混合细胞 (DC: SW480=1:5) 与 CIK 细胞共培养组
- 3) DC 与 CIK 细胞共培养组,
- 4) 单纯 CIK 细胞对照组,

共培养 72 小时后, 用 ELISA 法测定各组细胞培养上清液中 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  和 IL-2 的水平: 用 (Cell Counting Kit-8) CCK-8 检测各组效应细胞对结肠癌细胞的杀伤效果。

**结果** 1.DC 细胞培养第 7 天树突状突起明显, 流式细胞仪检测成熟 DC 表面分子, CD80 为 75.23%、CD83 为 61.25%、HLA-DR 为 89.69%, 表明 DC 已成熟。

2.CIK 细胞培养第 7 天, CD3<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>细胞为比例是 25.21%,第 14 天, CD3<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>细胞比例为 57.33%, 表明 CIK 细胞已成熟。

3. DC-SW480 融合细胞胞质融合但是各自的细胞核没有融合, 经过 HAT/HA 选择培养基培养后可以得到 DC-SW480 融合细胞。

4. 各组效应细胞刺激 CIK 细胞分泌细胞因子 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  和 IL-2 的量 DC-SW480 融合细胞组与其他三组比较相比较  $P<0.05$ , 差异有统计学意义。

5.DC-SW480 融合细胞组对结肠癌 SW480 细胞的杀伤率与其他三组比较相比较  $P<0.05$ , , 差异有统计学意义。

**结论** 1.DC-SW480 融合瘤苗可以增强 CIK 细胞分泌细胞因子 IFN- $\gamma$ 、TNF- $\alpha$  和 IL-2 的水平。

2.DC-SW480 融合瘤苗可以明显增强 CIK 杀伤结肠癌 SW480 细胞的能力。

## PU-6695

# 自身抗体、h17、Treg 细胞联合检测在自身免疫性 肝炎中的诊断价值

汪永强

内江市第二人民医院,641000

**目的** 探讨肝病相关自身抗体与 Th17、Treg 细胞在 AIH 中的临床意义。

**方法** 选择 52 例 AIH 为实验组, 60 例乙型肝炎 (CHB) 及 60 例健康体检者作为对照组, 间接免疫荧光测定 ANA、ASMA, 免疫印迹法检测 ANAs 以及肝病相关自身抗体: LKM、M2、SLA/LP、LC-1、sp100、gp210 抗体, 流式细胞术检测外周血单个核细胞中 Th17 和 Treg 细胞在淋巴细胞亚群中相对 CD4<sup>+</sup>T 细胞相对比值。

**结果** AIH 组、CHB 组、对照组 ANA 检出率分别为 75.0%、13.3%与 3.3%, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); AIH 组 ANA 滴度以 1:320 为主, CHB 组与对照组以低滴度为主, 肝病相关抗体检出率分别为 71.2%、11.7%与 0%, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 以正常对照为参照组, ASMA、LKM-1、AMA-M2、LC、SLA/LP 并联方式, 诊断 AIH 的敏感度为 71.2% (37/52), 特异度为 100%(60/60); 若以 CHB 为参照组, 并联诊断 AIH 的敏感度为 71.2% (37/52), 特异度为: 88.3% (53/60), 自身抗体对 IAIHG 简化 AIH 诊断贡献率为 100%; AIH 组 Th17/CD4<sup>+</sup>T 较对照组高 [ $0.92\pm0.38$ ,  $0.68\pm0.29$ ,  $P<0.05$ ], Treg/CD4<sup>+</sup>T 较对照组低 [ $2.23\pm0.59$ ,  $4.86\pm1.26$ ,  $P<0.05$ ]。

**结论** 肝病相关自身抗体对 AIH 的诊断价值较高, AIH 患者存在 Th17、Treg 细胞平衡失调。

## PU-6696

# PCT 与儿童社区获得性肺炎的研究进展

赵晓玲

重庆宏仁一医院

**目的** 社区获得性肺炎 (CAP) 是由细菌、病毒或其他感染性病原体的单一或混合感染引起的疾病。CAP 临床表现的严重程度差异大。因此, 如何区分病毒与细菌性 CAP, 以及如何准确评估和预测疾病的严重程度对于有效管理 CAP 患者至关重要。为了解决上述问题, 临床上已使用几种能评估和预测 CAP 病因和严重程度的生物标志物。在仅有的少数应用于儿科的临床实践的生物标志

物中,降钙素原(PCT)对于区分儿童CAP感染类型及严重程度效果最好,下面就PCT与儿童CAP的疾病研究进展做一综述。

**方法** 社区获得性肺炎(CAP)是由细菌、病毒或其他感染性病原体的单一或混合感染引起的疾病。CAP临床表现的严重程度差异大。因此,如何区分病毒与细菌性CAP,以及如何准确评估和预测疾病的严重程度对于有效管理CAP患者至关重要。为了解决上述问题,临床上已使用几种能评估和预测CAP病因和严重程度的生物标志物。在仅有的少数应用于儿科的临床实践的生物标志物中,降钙素原(PCT)对于区分儿童CAP感染类型及严重程度效果最好,下面就PCT与儿童CAP的疾病研究进展做一综述。

**结果** 社区获得性肺炎(CAP)是由细菌、病毒或其他感染性病原体的单一或混合感染引起的疾病。CAP临床表现的严重程度差异大。因此,如何区分病毒与细菌性CAP,以及如何准确评估和预测疾病的严重程度对于有效管理CAP患者至关重要。为了解决上述问题,临床上已使用几种能评估和预测CAP病因和严重程度的生物标志物。在仅有的少数应用于儿科的临床实践的生物标志物中,降钙素原(PCT)对于区分儿童CAP感染类型及严重程度效果最好,下面就PCT与儿童CAP的疾病研究进展做一综述。

**结论** 社区获得性肺炎(CAP)是由细菌、病毒或其他感染性病原体的单一或混合感染引起的疾病。CAP临床表现的严重程度差异大。因此,如何区分病毒与细菌性CAP,以及如何准确评估和预测疾病的严重程度对于有效管理CAP患者至关重要。为了解决上述问题,临床上已使用几种能评估和预测CAP病因和严重程度的生物标志物。在仅有的少数应用于儿科的临床实践的生物标志物中,降钙素原(PCT)对于区分儿童CAP感染类型及严重程度效果最好,下面就PCT与儿童CAP的疾病研究进展做一综述。

## PU-6697

### 探讨 PLT-O 法对 EDTA 依赖性假性血小板的校正探讨

周振忠,袁平宗

内江市第二人民医院,641000

**目的** 探讨荧光染色激光散射法(光学法,PLT-O)检测 EDTA 依赖性假性血小板减少症(EDTA-dependent Pseudothrombocytopenia, EDTA-PTCP)血小板的准确性。

**方法** 对 2016 年 2 月至 2018 年 2 月我院诊治的 38 例 EDTA-PTCP 患者的临床资料进行回顾分析,应用 EDTA-K<sub>2</sub> 抗凝标本,采用电阻抗法(PLT-I)、光学法(PLT-O)计数血小板,并同时行末梢血草酸铵手工计数法(PLT-M)且以 PLT-M 为标准,涂片观察 PLT 形态为辅助手段,分析 PLT-O 和 PLT-M 两种方法的一致性。

**结果** 在 EDTA-PTCP 血小板的检测中 PLT-O 法与 PLT-M 法检测结果具有更高的相关性和一致性。

**结论** PLT-O 法对 EDTA-PTCP 中 PLT 检测准确性较高,可作为快速的初筛方法,从而提升临床 PLT 检测计数的快速及准确性,确保临床诊疗的安全性和有效性。

## PU-6698

### Clinical Laboratory Investigation of a Patient with Extreme High D-dimer

Hanxiao Sun,Huiming Sheng,Hong Ge

Department of Laboratory Medicine, Tongren Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** The case report describes an unusual example of an aged people with extreme high D-dimer value. An 82-year-old woman, admitted to the ward with a diagnosis of chronic heart

failure, was noted to have a markedly elevated D-dimer value beyond the qualified scope ( $>100$  mg/L) using Innovance D-dimer for Sysmex CS-5100 System™ without clinical symptoms, radiographic evidence of thromboembolic disease or parallel FDP values. Based on this, we investigated the factors influencing patients' extremely high d-dimer.

**Methods** To verify analytical interference was involved, a series of approaches including diluting sample, reanalyzing with alternative methodology and treating sample with specific heterophilic antibodies blocking reagent were performed.

**Results** A marked discrepancy of D-dimer values was shown in the samples after treated in the upper last two approaches (4.49, 9.42, 9.06, and 12.58 mg/L respectively), which highly confirmed for the presence of heterophilic antibodies in the sample. Meanwhile, DNA-load ( $3.4 \times 10^4$  copies/mL) and positive serum antibodies testing against Epstein-Barr virus (EBV) helped to diagnose this patient with infection of EBV, which might be contribute to case of such interference on D-dimer testing using Innovance D-dimer.

**Conclusions** In conclusion, heterophilic antibodies should be considered while elevated D-dimer value do not in conformity with clinical evidence, and virus infection should be taken into account when heterophilic antibody interference exists.

## PU-6699

### 2009-2018 年某三甲医院检验科进修人员结构分析

解春宝

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 分析某三甲医院检验科进修人员的结构变化, 了解检验学科的发展变化趋势, 为各医院进修教学管理提供参考依据。

**方法** 收集 2009 年 1 月至 2018 年 12 月在该院进修人员基本信息, 从进修人员的性别、年龄、学历、职称、进修时间段、进修亚专业人数、进修亚专业月数方面统计分析。

**结果** 该院十年内进修人员性别以女性居多, 进修人员的学历层次和职称水平逐渐提高, 进修时间段以半年居多, 进修亚专业以微生物、骨髓居多。

**结论** 检验专业进修人员结构和进修人员的需求随着社会大环境的变化而改变。各医院应合理的计划招生规模、科学的制定培训计划和方案以满足新时代进修教育的需求。

## PU-6700

### SAA、hs-CRP、IL-6 联合检测在儿童感染性疾病中的诊断价值

吕艳关

淮安市妇幼保健院, 223001

**目的** 探究血清淀粉样蛋白 A、超敏 C 反应蛋白及白介素 6 联合检测对于儿童感染性疾病的诊断价值

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2019 年 1 月于淮安市妇幼保健院就诊的 954 例感染性患儿为研究对象, 其中细菌感染患儿 426 例、病毒感染患儿 359 例和肺炎支原体感染患儿 169 例, 同时随机选取 150 例健康儿童作为对照, 收集患儿临床一般资料、诊疗信息、以及全血 SAA、HS-CRP 和血清 IL-6 水平, 比较三种炎症指标在不同组的水平差异, 并对各项指标做 ROC 曲线, 比较其诊断三种感染性疾病的特异性和敏感性。

**结果** 1. 细菌感染组、支原体感染组: SAA、HS-CRP 与 IL-6 均升高且有统计学差异 ( $p < 0.05$ ), 病毒感染组: 与对照组相比, SAA 升高且有统计学差异, 而 SAA 与 IL-6 无显著差异。2 三指标的

联合检测对于细菌感染和病毒感染、支原体感染的 AUC 分别为 0.944、0.934、和 0.940，灵敏度分别为 92.2%，91.3%，89.2%，鉴别诊断效率优于单项检测。

结论 SAA、Hs-CRP 及 IL-6 联合检测可提高儿童感染的诊断效率

## PU-6701

### 2 型糖尿病单用二甲双胍疗效不佳者联用天麦消渴片 对胰岛素抵抗的影响

杨丽妙,杨洪乐

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 评估单独应用二甲双胍疗效不佳的 2 型糖尿病患者，联合应用天麦消渴片后是否改善血糖及胰岛素抵抗水平。

**方法** 总计 100 名糖尿病患者参与研究。所有糖尿病患者在接受二甲双胍常规治疗基础上，被随机分配服用天麦消渴片或安慰剂。研究终点为治疗第 12 周患者糖化血红蛋白(HbA1c)、空腹血糖(FPG)、胰岛素抵抗指数(HOME-IR)、胰岛素敏感指数(IAI)的变化值。

**结果** 在 12 周随访时，天麦消渴片组 HbA1c 降低  $0.91 \pm 0.97\%$ ，FPG 降低  $1.33 \pm 1.66 \text{ mmol/L}$ ，HOME-IR 降低  $0.39 \pm 0.63$ ，IAI 升高  $0.35 \pm 0.62$ ；安慰剂组 HbA1c 降低  $0.49 \pm 0.94\%$ ，FPG 降低  $0.65 \pm 1.67 \text{ mmol/L}$ ，HOME-IR 降低  $0.14 \pm 0.60$ ，IAI 升高  $0.10 \pm 0.60$ ；两组比较差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。两组均未发生与研究药物相关的严重不良事件。

**结论** 二甲双胍联合天麦消渴片可明显降低 2 型糖尿病患者的血糖和胰岛素抵抗，应用于 2 型糖尿病患者安全有效。

## PU-6702

### Novel miRNA markers for the diagnosis and prognosis of endometrial cancer

Qian Wang

Wenzhou People's Hospital

**Objective** As endometrial cancer (EC) is a major threat to female health worldwide, the ability to provide an accurate diagnosis and prognosis of EC holds great promise for improving its treatment guidance. Since the discovery of miRNAs, it has been realized that miRNAs are associated with every cell function, including malignant transformation and metastasis. This study aimed to explore diagnostic and prognostic miRNA markers of EC.

**Methods** In this study, differential analysis and machine learning were performed, followed by correlation analysis of miRNA-mRNA based on the miRNA and mRNA expression data.

**Results** Nine miRNAs were identified as diagnostic markers, and a diagnostic classifier was established to predict cancerous versus normal tissue with overall correct rates  $>95\%$ . Five specific prognostic miRNA markers were selected to construct a prognostic model, which was confirmed to have a higher discriminative ability to distinguish EC patients with an elevated risk of mortality than the FIGO staging system.

**Conclusions** This study demonstrates that the expression patterns of miRNAs may hold promise for becoming diagnostic and prognostic biomarkers, and novel therapeutic target for EC.

## PU-6703

## CAV1、eNOS、PI3K/Akt 信号通路在同型半胱氨酸促进大鼠血管平滑肌迁移、增殖中的作用

纪 昕

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨内皮型一氧化氮合成酶(eNOS)、小凹蛋白-1(CAV1)、磷脂酰肌醇-3 激酶/蛋白激酶 B(PI3K/Akt)在同型半胱氨酸(Hcy)促进大鼠血管平滑肌(VSMCs)迁移、增殖中的作用。

**方法** 采用组织贴块法分离 SD 大鼠胸主动脉中膜并传代培养 VSMCs,取 4~7 代细胞用于实验。细胞分为 4 组,分别为空白对照组、100  $\mu\text{mol/L}$  Hcy 组、200  $\mu\text{mol/L}$  Hcy 组、500  $\mu\text{mol/L}$  Hcy 组,使用相应浓度 Hcy(0、100、200、500  $\mu\text{mol/L}$ )进行干预培养,采用 Transwell 法检测 VSMCs 迁移能力、MTT 法检测 VSMCs 增殖情况,硝酸还原酶法测定 VSMCs 培养上清液 NO 水平,Western Blot 法检测 VSMCs eNOS、CAV1、PI3K、p-Akt 蛋白,同时检测细胞培养液一氧化氮(NO)浓度,以及细胞 eNOS、CAV1、PI3K、p-Akt 蛋白含量。

**结果** VSMCs 培养 24h 和 48h 后, VSMCs 穿透细胞数与 Hcy 浓度呈正相关( $r=0.582, P=0.020$ )。培养 48 h 后,各组 MTT 检测结果提示,随 Hcy 浓度升高,OD 值逐渐升高,两者呈显著正相关( $r=0.620, P=0.015$ )。100、200、500  $\mu\text{mol/L}$  Hcy 组的 NO 浓度较空白对照组显著下降。随着 Hcy 浓度增高,eNOS 蛋白表达呈下降趋势( $r=-0.544, P=0.033$ )。100、200、500  $\mu\text{mol/L}$  Hcy 组 VSMCs CAV1、PI3K、p-Akt 蛋白表达水平均高于空白对照组( $P<0.05$ )。

**结论** Hcy 可能通过促进 CAV1 蛋白表达,抑制 eNOS 活性和 NO 释放,活化 PI3k/Akt 通路,从而诱导 VSMC 迁移和增殖,导致动脉粥样硬化。

## PU-6704

## LAIR-1 对人肝癌细胞系 HepG2 细胞增殖、凋亡和迁移的影响

周嘉迪,薛江楠,肇玉博,庞晖,王丽

陕西中医药大学附属医院

**目的** 研究人白细胞相关免疫球蛋白样受体 1(LAIR-1)对人肝癌细胞系 HepG2 细胞增殖、凋亡和迁移的影响,探讨 LAIR-1 的表达在肝癌中的作用。

**方法** 以 LAIR-1 慢病毒表达载体(LV-LAIR-1)转染 HepG2 细胞,建立稳定高表达 LAIR-1 的细胞株 LAIR-1<sup>+</sup> HepG2。采用流式细胞术(FCM)、Western Blot、RT-PCR 和激光扫描共聚焦显微技术(LSCM)等方法鉴定 LAIR-1 分子在 HepG2 细胞的表达水平;采用 CCK-8 试剂盒、FITC Annexin V 凋亡试剂盒和 Transwell 迁移实验分别检测 LAIR-1 对 HepG2 细胞增殖、凋亡和迁移的影响。同时采用 RTCA 的实验方法检测 LAIR-1 分子对 HepG2 细胞增殖和迁移的影响。

**结果** 检测结果显示,经 LV-LAIR-1 转染的 HepG2 细胞高水平表达 LAIR-1 分子;功能实验结果显示,与实验对照组细胞相比,LAIR-1 的表达能够明显抑制细胞的增殖和迁移( $P<0.05$ ),但对细胞凋亡无明显作用( $P>0.05$ )。

**结论** 上述研究结果提示,LAIR-1 的表达可能是影响肝癌细胞生物学特性的一个重要因素。

PU-6705

## BCL-2 抑制剂 BH3 模拟物在血液系统恶性肿瘤治疗中的研究进展

杨佳慧,史敏,李永军

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 本文就 Bcl-2 蛋白在细胞凋亡调节中的作用及其抑制剂 BH3 模拟物在血液恶性肿瘤治疗中的最新研究进展进行综述。

**方法** 检索文献,进行综述。

**结果** BH3 模拟物是一类靶向作用 Bcl-2 家族抗凋亡蛋白的新型抗肿瘤药物,该类药物可以模拟 BH3-only 蛋白的 BH3 结构域与 Bcl-2 家族抗凋亡蛋白成员相互作用,置换并释放促凋亡蛋白,诱导细胞凋亡,从而实现 BH3 模拟物的抗肿瘤作用。

**结论** BH3 模拟物如 ABT-263 和 ABT-199 等在多种血液肿瘤临床试验中已显示出良好的应用前景。

PU-6706

## 2013-2018 年某医院 HIV/AIDS 患者感染金黄色葡萄球菌的耐药性分析

张米

云南省传染病医院

**目的** 分析某院 2013-2018 年艾滋病患者机会性感染金黄色葡萄球菌及耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的耐药情况,为临床抗生素的合理使用提供数据支持

**方法** 收集 2013 年-2018 年某院收治的 HIV/AIDS 患者样本培养出金黄色葡萄球菌,对其耐药性及 MRSA 的试验结果进行回顾性分析

**结果** 在 136 名 HIV/AIDS 患者中共收集金黄色葡萄球菌 145 株;各类标本中,痰类标本检出率最高,占 44.8%,其次是血液标本(23.21%),对青霉素 G 和红霉素有较高的耐药性;其中检出 MRSA29 株,各类标本中痰标本检出率最高,占 34.5%,其次是分泌物标本(27.6%),其对青霉素 G、苯唑西林、克林霉素和红霉素均有高度耐药性,呈多重耐药性。本研究的 145 株金黄色葡萄球菌对利奈唑胺、万古霉素以及替加环素在我院目前均未发现耐药

**结论** 临床应根据药敏结果合理选择使用抗生素,有效控制金黄色葡萄球菌,特别是 MRSA 的感染和暴发流行

PU-6707

## 复方苦参注射液联合奥沙利铂对结肠癌干细胞抗肿瘤作用研究

杨洋<sup>1</sup>,惠阳<sup>1</sup>,冯飞雪<sup>2</sup>,马艳侠<sup>2</sup>

1.陕西中医药大学

2.陕西中医药大学附属医院

**目的** 通过观察复方苦参注射液(CKI)、奥沙利铂(OXA)以及两药联合对结肠癌干细胞 sphere 球增殖与凋亡的影响,探讨中药与化疗药物联合应用的协同增效作用。

**方法** 选用人结肠癌细胞 SW480 培养 sphere 球, 分别采用 CCK8、流式细胞仪检测 CKI、OXA 以及两药联合对 sphere 球体外增殖、凋亡和细胞周期的影响。

**结果** CKI 和 OXA 对 sphere 球生长有明显抑制作用, 并与含药浓度呈一定相关性; 两药联合表现为相加或协同作用, 与单药相比有显著差异 ( $P<0.05$ )。Annexin V-FITC/PI 检测结果表明, CKI (2.08mg/mL)、OXA (1 $\mu$ g/mL) 以及两药联合作用于 sphere 球均可诱导其凋亡, 凋亡率分别 18.22%, 17.86% 和 35.96%, 联合组明显优于单药组 ( $p<0.05$ )。流式细胞术分析显示, CKI、OXA 均可使细胞被阻滞于 G0/G1 期, 两药联合较单药更为显著 ( $P<0.05$ )。

**结论** CKI、OXA 均能抑制结肠癌干细胞的增殖和诱导 sphere 球凋亡, 将细胞阻滞于 G0/G1 期, 两药联合后作用加强, 提示 CKI 和 OXA 联合应用治疗结肠癌可能会起到协同增效的作用。

## PU-6708

# CMV-DNA 联合 T 淋巴细胞亚群检测在肝移植术后感染中的意义

董倩倩, 王鑫, 秦永亮  
河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 通过联合检测 CMV-DNA 及 T 淋巴细胞亚群 (CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>), 研究二者联合在肝移植术后感染评价中的意义

**方法** 选择体检人群中无器官移植史, 近一年内身体健康的人, 对其血液进行 CMV-DNA 检测, 选择结果为阴性标本 120 份, 设为对照组。收集 2014 年 9 月到 2018 年 5 月 30 例肝移植受者 EDTA 抗凝血 120 份, 设为实验组。术后 7 天, 30 天采集血样送检。应用实时荧光定量 PCR 检测 CMV-DNA, 应用流式细胞仪检测 T 淋巴细胞亚群。

**结果** 实验组 120 份外周血样本中, 30 份样本 CMV-DNA 阳性。流式结果显示, 与对照组相比, 实验组 CD4<sup>+</sup> (25.3 $\pm$ 6.52)、CD8<sup>+</sup> (20.2 $\pm$ 7.61) 水平明显降低 ( $P<0.05$ )。与对照组相比, 实验组 CMV-DNA 阴性者 CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup> 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 但 CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> (0.86 $\pm$ 0.34) 比值下降 ( $P<0.05$ )。实验组内, 与 CMV-DNA 阴性相比, CMV-DNA 阳性者 CD4<sup>+</sup> (20.6 $\pm$ 4.36)、CD8<sup>+</sup> (19.3 $\pm$ 4.25) 水平降低 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肝移植术后存在免疫细胞功能抑制, CMV-DNA 联合 T 淋巴细胞亚群检测在评价肝移植术后患者状态更有意义。

## PU-6709

# 抗苗勒管激素在女性不孕症初步诊断中的临床价值

安覃景<sup>2,1</sup>, 李思思<sup>3,1</sup>, 韩崇旭<sup>1,2,3</sup>  
1. 苏北人民医院  
2. 大连医科大学  
3. 扬州大学

**目的** 抗苗勒管激素 (Anti-Mullerian hormone, AMH) 是转化生长因子  $\beta$  家族中的重要成员, 可通过抑制促卵泡激素和黄体生成素受体的表达影响卵巢的功能状态, 探讨 AMH 的年龄变化趋势在评估育龄期妇女的卵巢储备能力以及在不孕症诊断中的临床应用价值具有重要作用。

**方法** 样本筛选自江苏省苏北人民医院检验科数据库中 20~45 周岁月经周期正常的育龄期妇女 991 例, 平均年龄 29 岁, 按照年龄不同分为 5 组: A 组 (20~24 岁)、B 组 (25~29 岁)、C 组 (30~34 岁)、D 组 (35~39 岁)、E 组 (40~44 岁)。利用化学发光分析法检测血清中 AMH、雌二醇 (E<sub>2</sub>)、黄体生成素 (LH) 以及卵泡雌激素 (FSH) 含量。



**结果** AMH (A:4.06、B:4.16、C:3.18、D:1.84、E:0.99; ng/ml), E<sub>2</sub> (A:150.32、B:151.16、C:151.79、D:169.34、E:160.26; pg/ml), LH (A:4.81、B:6.13、C:5.44、D:5.02、E:5.68; mIU/ml), FSH (A:6.01、B:5.81、C:6.42、D:7.53、E:9.27; mIU/ml)。

经 Kruskal-Wallis H 检验分析后,多组间比较分析发现,除 A 组与 B 组外,其余组间比较 AMH 血清水平有显著性差异 ( $P=0.015$ );且随着年龄的增长,血清 AMH 水平呈逐渐下降趋势 ( $r=-0.60$ )。通过多组间比较分析发现,血清中 E<sub>2</sub>、LH 以及 FSH 水平在各年龄组间无明显差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 性激素的检测在月经周期的不同时段具有明显的表达差异性,同时外部环境、药物等多种因素会影响其表达。AMH 的血清水平不受月经周期、口服避孕药等因素的影响。所以通过检测血清 AMH 水平反映卵巢储备能力,可为临床诊断提供更加可靠的实验数据。

## PU-6710

### Docker 容器技术在 ISO17043 能力验证提供者 认可准则中的初步应用

刘晓雷,王丽芳,宋 军  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 研究基于 Docker 的容器技术在临床实验室 ISO17043: 2010 体系中的应用。

**方法** 在 Windows 环境中搭建 Docker 容器,并将数据服务系统模块封装入容器的虚拟环境中,按权限提供 ISO17043 相关访问、数据计算等服务。

**结果** 采用 Docker 容器技术搭建面向 ISO17043: 2010 的信息管理应用能够明显降低综合运维成本、保障系统运行的安全性及稳定性。

**结论** 应用 Docker 技术可以方便地在物理服务器中执行各种容器操作,实现快速建立和启动多个信息服务组件,整体提升与 ISO17043: 2010 体系相关的实验室信息与数据服务的建设与管理水平,并对 Docker 在临床实验室信息化中的应用作了展望。

## PU-6711

### Cytokine-induced killer cells activated by dendritic-colon cancer stem cell fusion cells combined with Compound Kushen Injection kill colon cancer stem cells in vitro

Yang Yang<sup>1</sup>, Wang Zhanzheng<sup>2</sup>, Ma Yanxia<sup>2</sup>, Feng Feixue<sup>2</sup>  
1. Shaanxi University of Chinese Medicine  
2. Affiliated Hospital of Shaanxi University of Chinese Medicine

**Objective** In this study, we investigated whether CIK cells activated by DC-cCSC FCs were capable of targeted killing of cCSCs. In addition, the joint action of CKI combined with these cells was studied to determine whether it could enhance the effect on CSC death by means of TCM combined with cellular immunotherapy.

**Methods** We collected peripheral blood samples from healthy participants to acquire mononuclear cells and isolated DC and CIK cells in vitro. CD44<sup>+</sup> cCSCs were cultured from the colon cancer cell line SW480 to use as target cells and prepare the DC-cCSC FCs. The experiment of employing FC to stimulating CIK proliferation in vitro.

**Results** FCs secreted more IL-12 and enhanced CIK cell proliferation, whereas FC-CIK cells (CIK cells activated by FCs) secreted more IFN- $\gamma$  and TNF- $\alpha$  and killed significantly more cCSCs. FC-CIK cells combined with CKI had a more toxic effect on cCSCs in a dose-dependent manner.

The experiment of FC-Clk to work with sphere in vitro and FC-Clk combined with CKI to do with sphere in vitro.

**Conclusions** Taken together, our data illustrate that the Clk cells activated by DC-cCSC FCs combined with CKI have an enhanced anti-cCSC effect. This therapy may be beneficial for patients by preventing tumor growth.

## PU-6712

### 标本离心时间对胸苷激酶 1 检测结果的探讨

王丽芳,刘晓雷,宋 军  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 针对胸苷激酶 1 实验室检测讨论标本离心时间的影响,为日后的临床检测提供参考与指导。

**方法** 选择 2018 年 12 月~2019 年 2 月来我院进行健康体检的人员 232 例为研究对象,针对所有人员进行外周血标本采集处理,应用 3000 r/min 的频率进行离心处理,将标本有效划分成 3 份,离心时间分别为 5 min、10 min、15 min,观察标本的胸苷激酶 1 检测结果。

**结果** 经过临床统计,胸苷激酶 1 检测的标本离心时间,5 min、10 min、15 min 三组的对比,差异无统计学意义( $P>0.05$ )。证明标本离心时间的差异,对胸苷激酶 1 检测结果的影响不大。

**结论** 胸苷激酶 1 检测中标本离心时间的不同,在整体上不会对最终的胸苷激酶 1 检测造成不良影响。

## PU-6713

### 2017 年深圳市罗湖区沙眼衣原体与淋球菌感染情况分析

汤花梅,熊丹,许晓清,张水兰,阚丽娟,李育敏,张秀明  
罗湖区人民医院

**目的** 沙眼衣原体(*Chlamydia trachomatis*, CT)与淋球菌(*Neisseria gonorrhoeae*, NG)是性传播疾病的两种主要病原体,主要寄生于人类泌尿生殖系统,且近年来感染率呈增长趋势。CT、NG 感染与泌尿生殖道炎症、异位妊娠、不孕不育等疾病的发生密切相关。为了解 2017 年深圳市罗湖区两种病原菌的感染情况,为两种病原菌的防治提供依据,回顾性调查 2017 年罗湖区 CT、NG 感染情况。

**方法** 收集 2017 年罗湖区泌尿生殖道 CT 和 NG 送检标本的实验室检测数据,采用 Excel 与 SPSS22.0 软件,通过卡方检验或 Fisher 精确检验对各不同分组中 CT 与 NG 感染的阳性检出率进行统计与分析, $P<0.05$  认为不同比较组之间的差异存在统计学意义。

**结果** CT 与 NG 两种病原体的阳性检出率分别为 9.53%与 2.08%,男性与女性 CT 阳性检出率无显著差异( $P>0.05$ ),NG 的阳性检出率男性显著高于女性( $P<0.05$ )。对不同年龄患者检测情况进行分析, $\leq 30$  岁年龄层患者两种病原微生物阳性检出率较高。全年不同月份 CT 感染率均大于 NG 感染率,但同种病原菌感染不同月份之间差异不明显( $P>0.05$ )。

**结论** 1) 2017 年罗湖区 CT、NG 感染率大于全国(1999-2000)随机调查概率(9.53%及 2.08%),分析原因可能与病原菌耐药性有关。2) 感染趋势的年轻化,分析主要原因为性活跃人群,性安全知识相对缺乏,应加强性活跃人群相关安全教育。3) 两种病原菌感染率在不同月份之间无显著差异,分析可能主要与深圳地区气候有关。深圳市位于广东省中南沿海地区,全年气候温热,温差小。应注意不同月份均应注意两种病原菌的防治。综上,本研究回顾性调查研究 2017 年罗湖区的 CT、NG 感染情况,为深圳市罗湖区的 CT、NG 防治及临床诊断工作提供重要指导。

## PU-6714

**TIPE2 对肝细胞肝癌生长转移的影响和机制研究**

曹雪蕾

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 肝细胞肝癌是最常见的人类恶性肿瘤之一，其显著特点是容易发生侵袭和转移。因此，寻找能抑制肝癌生长和转移的分子，对肝癌的治疗具有十分重要的价值。TIPE2 是最近新发现的免疫负调控分子，前期研究发现 TIPE2 在人肝细胞肝癌组织中表达下调或缺失，为了明确 TIPE2 在肝细胞肝癌中的作用并阐明其作用机制，我们进行了如下研究。

**方法** 1. 免疫组化方法检测肝癌组织中 TIPE2 表达，并且分析其与临床病理特征之间的相关性。

2. 将 TIPE2 过表达载体转染入肝癌细胞系，检测细胞增殖、克隆形成以及细胞迁移和侵袭。

3. 建立裸鼠皮下和原位肝癌移植瘤模型，给与 TIPE2 质粒治疗，绘制肿瘤生长曲线，测量肿瘤体积和重量，观察肺转移情况。

4. 免疫共沉淀方法检测 TIPE2 能否与 Rac1 结合，并构建了 TIPE2 突变载体。进行免疫共沉淀并检测 Rac1 的活性。

5. 转染突变载体检测细胞迁移和侵袭，观察细胞骨架以及基质蛋白水解酶的表达。

**结果** TIPE2 表达与 TNM 分期有显著相关性，TIPE2 表达降低或缺失与肝癌的侵袭转移有关。

2. 转染 TIPE2 后细胞生长明显减缓，克隆形成数明显减少，细胞迁移和侵袭的数量均明显降低。

3. TIPE2 组皮下瘤以及原位肿瘤相比于对照组明显减小，并且发生肺转移的比例降低。

4. 内源性 TIPE2 能够与 Rac1 结合，并且野生型 TIPE2 与 Rac1 的结合会降低

Rac1 的活性，而突变的 TIPE2 与 Rac1 的结合能力降低，并且能逆转其抑制效应。

6. 野生型 TIPE2 能够减少微丝的聚合，并且降低了 MMP9 和 uPA 水平，而突变载体的抑制作用消失。

**结论** 通过以上实验我们可以得出以下结论，TIPE2 通过 Rac1 通路抑制细胞骨架的聚合以及 MMP9 和 uPA 表达，进而抑制肝癌细胞的转移。

## PU-6715

**大数据挖掘在细菌基因匹配中的应用及意义**刘晓雷<sup>1,2</sup>,李志荣<sup>1,2</sup>,强翠欣<sup>1,2</sup>,杨靖<sup>1,2</sup>,牛亚楠<sup>1,2</sup>

1.河北医科大学第二医院,050000

2.河北省临床检验中心

**目的** 运用大数据挖掘技术进行某一细菌基因特定碱基编码序列进行匹配计算，实现研究效率的提升。

**方法** 系统采用浏览器/服务器（B/S）架构，在 Linux 服务器平台开发 Python 系统，具有基因数据上传、在线转换序列、分布式多线程查找、匹配信息汇总、目标地址标记与提示等功能。

**结果** 通过对上 Gb 数据的挖掘，对特定序列进行分析，初步实现了细菌基因匹配中的描述性分析、聚类分析及关联规则分析。

**结论** 本研究为大数据技术在细菌基因匹配分析中的应用提供了思路，也为搭建相关数据平台提供了的参考依据。

## PU-6716

**TIPE2 通过调节 mTOR 信号通路促进自噬性细胞死亡**

曹雪蕾

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 自噬是细胞内普遍存在的生理和病理现象,在肿瘤中发挥双重作用,一方面为肿瘤细胞提供营养促进肿瘤细胞的生长,另一方面介导细胞死亡抑制肿瘤发展。自噬过程受到多个信号通路的调控,mTOR 通路对于自噬的启动至关重要。在营养或因子缺乏的情况下,mTOR 活性受到抑制促进自噬的发生。最近研究表明 Rac1 能够与 mTORC1 结合并调节其活性。TIPE2 对肿瘤细胞自噬的影响和机制以及与细胞死亡的关系都是非常值得探索的方面。

**方法** 1. 在 TIPE2 过表达体系中,用 western blot 的方法检测凋亡相关分子 caspase3 和 PARP 的变化。

2. 在 TIPE2 过表达体系中,用 western blot 的方法检测自噬相关分子 LC3B 和 P62 的表达,用免疫荧光的方法检测自噬小体的形成。

3. TIPE2 过表达体系中加入凋亡阻断剂 Z-VAD,自噬抑制剂 wortmanin,Rac1 抑制剂 NSC23766 或 ATG5 小干扰,用 CCK8 的方法检测细胞存活。

4. 过表达 TIPE2 后 western blot 检测 mTORC1 下游的两个重要分子 p70S6K 和 4E-BP-1 的磷酸化水平。

**结果** 1. 转染 TIPE2 后凋亡分子 caspase3 和 PARP 的总量以及剪切体都没有明显的变化。CCK8 结果显示 TIPE2 能够抑制细胞的活性,加入 caspase 抑制剂 Z-VAD 后 TIPE2 的抑制作用依然存在。

3. 在 TIPE2 过表达体系中加入自噬抑制剂 wortmanin 或 ATG5 的小干扰,用 CCK8 的方法检测细胞活性。结果显示,过表达 TIPE2 后细胞活性降低,而加入 wortmanin 或 ATG5 小干扰后 Mock 和 TIPE2 组之间的差异消失。

4. 过表达 TIPE2 后 mTORC1 下游的两个重要分子 p70S6K 和 4E-BP-1 磷酸化水平降低,说明 mTORC1 的活性减低。以上结果表明,TIPE2 可能是通过抑制 mTOR 的活性促进自噬的发生。

5. 过表达 TIPE2 后细胞活性降低,加入 Rac1 抑制剂 NSC23766 后 Mock 组和 TIPE2 组之间的差异消失。

**结论** TIPE2 通过 Rac1-mTOR 通路诱导自噬性细胞死亡。

## PU-6717

**多种教学方法在医学检验专业实习中的应用**

王丽芳,宋军,刘晓雷

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 为了提高医学检验专业学生实习的教学质量,增强实习学生的积极性、主动性及创造性,以帮助实习生们提高学习兴趣、培养专业素养及临床思维能力,全方位构建心理方面及专业层面的自信心,并对一些教学问题提出建议。

**方法** 本文将多年来的实际工作经验进行了总结,汇总了传统授课、现代信息技术教学、以问题为基础式学习、实例讨论等多种教学方法在实习中的具体应用与注意事项

**结果** 汇总了传统授课、现代信息技术教学、以问题为基础式学习、实例讨论等多种教学方法在实习中的具体应用与注意事项。

**结论** 临床实验室实习是医学检验专业学习期间的重要阶段,是将基础知识框架同现实应用体系进行融会贯通的过程。

PU-6718

## 沙眼衣原体和淋球菌核酸检测方法验证 及人群感染情况调查

阚丽娟,熊丹,许晓清,张水兰,李育敏,汤花梅

深圳市罗湖区人民医院

**目的** 荧光定量 PCR 相对于微生物培养法、涂片法、免疫学方法具有灵敏度高、检测快速等优点,适用于疾病的早期诊断。本研究对实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 方法检测沙眼衣原体 (*Chlamydia trachomatis*, CT) 和淋球菌 (*Neisseria gonorrhoeae*, NG) 核酸进行方法学验证,同时对 2018 年妇产科、泌尿科 CT 和 NG 感染情况进行调查,为病原菌早期筛查方法的选择及 CT、NG 感染的防治提供依据。

**方法** 参考《医学实验室质量和能力认可准则在分子诊断领域的应用说明》等相关文件对性能验证的要求,验证检测方法的重复性、准确度、测定下限和抗干扰能力。统计 2018 年 1 至 6 月份妇产科、泌尿科 CT 和 NG 送检标本检测结果,并与已有研究统计的 CT、NG 在该特定人群中的感染情况进行对比。

**结果** 两种检测方法阴阳标本重复性 100%符合,室间质评结果一致符合,临界阳性标本重复性检测的阳性检出率为 100%,与多种生殖道常见微生物无交叉反应,红细胞浓度达 4%对检测结果无内源性干扰。检测样本男性患者 NG 感染率显著大于女性,CT、NG 感染率≤30 岁人群显著小于>30 的两个年龄组。

**结论** RT-qPCR 方法是一种快速、便捷、准确、稳定检测 CT 与 NG 的方法,适用于大规模的检测,流行病学调查发现不同年龄段男性患者 NG 感染率显著大于女性,同时 30~50 年龄层 CT 阳性率男性显著大于女性,这可能与男性患者感染症状比较明显、主动就医有关。CT、NG 感染率≤30 岁人群显著小于另两组,分析原因可能与≤30 人群正处于性活跃期,性行为相对频繁,性伴侣相对不固定和未采取安全措施有关。本研究为 RT-qPCR 方法应用于 CT、NG 感染筛查及防治提供参考依据。

PU-6719

## Chediak-Higashi 综合征包涵体形态学研究及 单核细胞新型包涵体报道

郝冀洪,侯雪宁,李彦会,孙熠锋

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 报道一例 Chediak-Higashi 综合征加速期患者,并对该患者外周血及骨髓涂片进行形态学研究。

**方法** 对外周血及骨髓涂片行 Wright-Giemsa 染色,观察包涵体形态特点;对骨髓涂片行 POX、NSE、PAS、Fe、NAP、ACP、SBB、甲苯胺蓝及核糖核酸酶染色,观察包涵体的细胞化学染色特点;在涂片后放置 2 周及 4 周分别对外周血涂片行 Wright-Giemsa 染色,观察不同染色时间对包涵体着色及数量的影响;对比化疗前后外周血及骨髓涂片包涵体变化特点。

**结果** 原始粒细胞向早幼粒细胞分化阶段易出现异常大包涵体,各阶段粒细胞不同细胞化学染色的包涵体阳性结果有差异。单核细胞可见针样、靶形、纺锤样、灰白色斑点状等形态各异的包涵体,其中针样包涵体为首次报道。涂片放置 2 周或者 4 周染色与立即染色相比可造成包涵体形态及颜色变化。化疗后各系细胞体积变大,胞质内颗粒减少,包涵体数量减少,颜色变浅,形态不规则。

**结论** 外周血及骨髓细胞特殊包涵体的发现是 Chediak-Higashi 综合征诊断的重要依据, 加强 CHS 特殊包涵体与假 Chediak-Higashi 颗粒等其他包涵体的鉴别有助于减少误诊和漏诊。

## PU-6720

### CCN1 促进 IL-36 表达介导银屑病局部炎症发生的机制研究

张洁, 盛慧明

上海交通大学医学院附属同仁医院

**目的** 银屑病是一种常见的慢性自身炎症性疾病, 主要表现为皮肤表皮过度增生及炎症浸润。目前其发病机制尚不完全清楚。我们前期研究发现细胞基质外蛋白 CCN1 (一种新型致炎因子) 在银屑病患者及银屑病样小鼠模型皮损表皮层呈现高表达, 而抗 CCN1 单克隆抗体阻断后小鼠皮肤炎症明显减轻。银屑病是一种常见的慢性自身炎症性疾病, 主要表现为皮肤表皮过度增生及炎症浸润。目前其发病机制尚不完全清楚。我们前期研究发现细胞基质外蛋白 CCN1 (一种新型致炎因子) 在银屑病患者及银屑病样小鼠模型皮损表皮层呈现高表达, 而抗 CCN1 单克隆抗体阻断后小鼠皮肤炎症明显减轻。

**方法** 在体内, 通过分别建立两种银屑病样小鼠模型 (IMQ/IL-23 诱导的银屑病样小鼠) 及 CCN1<sup>-/-</sup>小鼠, 明确 CCN1 调控银屑病局部炎症的重要性; 在体外, 通过建立人原代角质形成细胞培养体系, 进一步从下游信号通路中证实 CCN1 调控 IL-36 参与银屑病局部炎症发生的分子机制。

**结果** 我们发现, 在两种银屑病小鼠发病周期模型中, CCN1 确实可以从上游促进下游 IL-36 表达。抗 CCN1 单克隆抗体治疗 IMQ 诱导的银屑病样小鼠模型, 小鼠银屑病样症状得到明显改善, 炎症因子显著降低。此外, 体外实验结果表明, CCN1 能够通过结合角质形成细胞表面整合素受体  $\alpha 6 \beta 1$ , 分别通过 PI3K-AKT-NF- $\kappa$ B 和 ERK-AP1 两条信号通路促进转录因子结合 IL-36 启动子从而开启 IL-36 表达升高, 并介导局部炎症浸润。

**结论** 促炎因子 CCN1 在银屑病发病机制中扮演重要角色。我们的研究证明细胞外基质蛋白在银屑病局部炎症扩大中发挥重要作用。同时, CCN1 很有可能作为银屑病发病的上游因素发挥致病作用, 或将成为银屑病治疗的有效潜在靶点。

## PU-6721

### 如何对待非血液系统疾病患者血液学异常的出现

胡蕊

河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 找出一种快速有效的检测方法, 既能帮助临床医生了解患者血液学异常发生的原因, 又能及时鉴别血液系统疾病与非血液系统疾病。

**方法** 选取出现血液学异常的 310 例分别来自于内分泌、肾内科等 8 个非传统血液科患者, 分别对其临床表现、血常规、生化指标进行检测, 同时做骨髓穿刺行骨髓细胞形态学检查。

**结果** 1. 血常规检测帮助我们发现不同疾病患者出现的血液学异常。最常见的血液学异常为贫血, 我们总结归纳的 310 例患者中, 贫血的患者占到总数的 61.0%, 其次为白细胞及血小板的变化; 2. 各种生化检查可以为临床评估患者的基本状况及疾病的发生发展情况提供依据。而两者均无法直接的解释血液学异常出现的原因。最终我们发现骨髓细胞形态学检查不仅可以直观的观察细胞形态, 解释各种血液学异常出现的原因, 同时还可以第一时间发现恶性血液病的存在。

**结论** 无论血液病还是非血液病, 对于存在有血液学异常的患者, 行骨髓形态学检查是必要的。它不仅解释各种血液学异常发生的原因, 同时还能第一时间发现恶性血液病存在, 为临床医师正确的诊断与治疗提供有力的证据。

## PU-6722

## 硫脑苷脂和心血管疾病的相关性调查

胡蕊

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨硫脑苷脂和心血管疾病之间的关系,并详细阐述了硫脑苷脂在心血管疾病中的病理机制,进一步了解硫脑苷脂与疾病和治疗疾病的相关性。

**方法** 文献检索,进行综述。

**结果** 在心血管疾病中,硫脑苷脂是终末期肾功能衰竭患者心血管疾病的新型标志物,硫脑苷脂的浓度变化与心血管疾病密切相关。

**结论** 本文认为控制硫脑苷脂水平可能是一种用于预防或改善心血管疾病新方法。

## PU-6723

## 内脏脂肪面积与尿酸结石形成的相关性研究

牛健

苏州大学附属第一医院,215000

**目的** 探讨腹部 CT 测定的内脏脂肪面积 (VFA) 与尿酸结晶形成之间的相关性。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 2018 年 1 月我院收治的 247 例泌尿系统结石患者的临床资料。男 161 例,女 86 例;年龄 ( $51.0 \pm 13.3$ ) 岁 (20-88 岁)。将患者分为尿酸结石组和非尿酸结石组,采用 Image J 软件测定腹部脂肪总面积 (TFA)、内脏脂肪总面积 (VFA)、皮下脂肪面积 (SFA) 等测量指标。观察两组患者临床指标间的差异,并进行单因素及多因素 logistic 回归分析。应用受试者工作特征 (ROC) 曲线确定 VFA 的最佳临界值,并通过曲线下面积 (AUC) 比较不同测量指标对尿酸结石形成的预测价值。

**结果** 247 例中尿酸结石 35 例 (14.2%),非尿酸结石 212 例 (85.8%)。根据 ROC 曲线确定 VFA 的最佳临界值为  $130\text{cm}^2$ ,高 VFA 者 ( $\geq 130\text{cm}^2$ ) 的尿酸结石比例 [25.5% (28/110)] 明显高于低 VFA 者 ( $< 130\text{cm}^2$ ) [5.1% (7/137)],差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。尿酸结石组和非尿酸结石组患者的糖尿病比例 [22.9% (8/35) 与 8.5% (18/212)]、TFA [ $313.4 (264.1, 435.2)\text{cm}^2$  与  $285.3 (212.2, 352.5)\text{cm}^2$ ]、VFA [ $157.6 (130.7, 205.0)\text{cm}^2$  与  $117.9 (82.4, 159.5)\text{cm}^2$ ]、血尿酸 [ $417.0 (362.0, 477.0)\text{umol/L}$  与  $332.0 (283.0, 388.8)\text{umol/L}$ ]、尿 PH 值 [ $5.5 (5.0, 5.5)\text{cm}^2$  与  $6.0 (5.5, 6.5)$ ] 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。进一步多因素 logistic 回归分析,结果显示糖尿病 (OR=3.408, 95%CI 1.123-10.340,  $P=0.030$ )、VFA (OR=6.740, 95%CI 1.951-23.279,  $P=0.003$ )、血尿酸 (OR=3.182, 95%CI 1.120-9.04,  $P=0.030$ )、尿 PH 值 (OR=4.052, 95%CI 1.095-14.99,  $P=0.036$ ) 为尿酸结石形成的独立影响因素。ROC 曲线显示 TFA、VFA、SFA 的 AUC 分别为 0.659、0.723、0.544。

**结论** 糖尿病、VFA、血尿酸、尿 PH 值是尿酸结石形成的独立影响因素。相较于 TFA、SFA, VFA 能更好的评估腹型肥胖,预测尿酸结石的形成。

## PU-6724

## The serum level of pepsinogen II in populations with gastritis

Dongmei Gao, Xiaoqin Yu, Yong Fang, Yu Cai, Wenjie Gao

Department of Clinical Laboratory, Third Affiliated Hospital of Anhui Medical University

**Objective** To discuss the relationship between serum pepsinogen and gastritis.

**Methods** Serum levels of PG II in patients with different gastritis were detected using ELISA, followed by statistical analysis.

**Results** When compared with the healthy control, patients with H. pylor-caused gastritis, gastric ulcer, and atrophic gastritis all showed significantly increased serum PG II ( $P < 0.01$ ). By using the ROC curve, the positive cut-off value for PG II in determining gastritis was obtained. When the value of PG II was 10.55, the specificity and sensitivity was 83.6% and 74.4% in determining H. pylor-caused gastritis; 81.6% and 80.0% in determining gastric ulcer; and 81.6% and 53.1% in determining atrophic gastritis.

**Conclusions** The variation of serum PG II is significantly associated with gastritis, and PG II at 10.55 $\mu\text{g/L}$  was recommended as the positive cut-off value in detecting gastritis.

## PU-6725

## miR-155 通过靶向 p65 和 BCL10 调控树突状细胞 抗白念珠菌的固有免疫应答

魏婷婷, 周琳, 仲人前

海军军医大学附属长征医院

**目的** 白念珠菌是引起体表和全身感染中最常见的真菌病原体，其中固有免疫是机体抵抗白念珠菌感染的第一道防线。miR-155 是一种多功能的 microRNA，是调控细菌和病毒诱导的先天性免疫应答的关键因子。因此，本研究的主要目的是探究树突状细胞中异常表达的 miR-155 在抵抗白念珠菌感染的先天免疫应答中的生物学功能及其作用机制。

**方法** 在前期芯片的基础上，我们继续通过 qRT-PCR、western blotting、流式细胞学检测、双荧光素酶报告基因及基因沉默等技术探讨了 miR-155 在白念珠菌感染中的生物学功能及其分子调节机制。

**结果** 本研究发现热灭活的白念珠菌可通过激活 DCs 表面 Dectin-1 受体，进而激活胞内 Dectin-1-MAPK 信号通路信号诱导 miR-155 表达持续上调，促进炎症因子如 IL-6、TNF- $\alpha$ 、IFN- $\gamma$  的分泌；而过度表达的 miR-155 可靶向作用于 BCL10 和转录因子 p65，抑制炎症因子的过度分泌。

**结论** miR-155 对 DCs 介导的固有免疫炎症反应发挥重要的负反馈调节作用，从而控制炎症反应强度，维持免疫稳态。



PU-6726

## Measurement uncertainty for the quantification of serum CysC by ID-LC-MS/MS method

Huoyan Ji

Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Taking Cystatin-C (CysC) measurement uncertainty (MU) evaluation as an example to help researches to better understand the accuracy and to fully reflect and appreciate the limitations of results obtained by ID-LC-MS/MS method.

**Methods** According to GUM principle, we quantified every uncertainty component, and calculated of the combined standard uncertainty ( $u_c$ ) and expanded uncertainty ( $U$ ). The GUM Guide summarizes the evaluation process in the following four steps: 1) Specification of the measurand: The measurand is specified as the mass concentration (mg/L) of CysC in human serum. Then set a functional relationship (model equation) between the measurand and everything important that affects it, which was required by the uncertainty concept; 2) Identification of the uncertainty sources: In this step, we took pre-analytical and analytical uncertainty sources into account. Uncertainty sources of high-abundance protein depletion, trypsin digestion and solid-phase extraction refer to the pre-analytical phase, and calibration curve establishment and measurement imprecision refer to analytical phase; 3) Quantification and standardization of the uncertainty components: All uncertainty contributions must be expressed as relative standard uncertainties. The detailed evaluation of the uncertainty components is either based on statistical methods (type A) or other methods (type B) and requires that the analyst makes assumptions regarding the underlying distribution (rectangular, triangular, normal, etc.). ① Uncertainty of recovery rate of CysC protein ( $u_{RE\text{protein}}\%$ ): High abundance proteins Albumin and IgG were depleted from the serum samples (100 $\mu$ L) by using the ProteoPrep®Blue Albumin and IgG Depletion Kit according to the manufacturer's protocol, then detected the concentration of CysC by ADVIA 2400. So the uncertainties of sampling and measurement impression should be combined as the uncertainty of recovery rate of CysC protein according to uncertainty propagation law. And the bias caused by high-abundance protein depletion should be corrected. ② Uncertainty of calibration curve ( $u_{\text{calibration-curve}}\%$ ): Calibration standards were generated where the pure CysC surrogate peptide solution was diluted to final concentrations of 0.0, 0.01, 0.025, 0.05, 0.1875, 0.3, 0.75, 1.0 and 1.5 mg/L in the presence of a fixed amount of internal standard (100 $\mu$ L, 1mg/L), then a calibration curve ( $y=ax+b$ ) was generated. The uncertainties of slope, intercept and the purity of peptide should be combined as the uncertainty of calibration curve according to uncertainty propagation law. ③ Uncertainty of trypsin digestion of CysC protein ( $u_{RE\text{hydrolysis}}\%$ ): We used Recombinant Human CysC pure protein to study the trypsin digestion efficiency. We conducted trypsin digestion for three times, then we detected the peak areas of CysC surrogate peptide and internal peptide, and calculated the actual concentration of CysC according to the calibration curve. The uncertainties of digestion impression and the purity of CysC protein should be combined as the uncertainty of trypsin digestion according to uncertainty propagation law. The bias caused by trypsin digestion should be corrected. ④ Uncertainty of CysC surrogate peptide extracted by SPE ( $u_{RESPE}\%$ ): The uncertainties of SPE impression and the purity of peptide should be combined as the uncertainty of CysC surrogate peptide extracted by SPE. And the bias caused by SPE should be corrected. ⑤ Measurement impression ( $u_{\text{imp}}\%$ ): The imprecision of the assay were assessed by observing the response of human serum samples with the concentrations of CysC at 3.5mg/L. We detected 3 times per day and lasted for 3 days, and calculated the intra- and inter-day imprecision, then combined them. 4) Calculation of the combined standard uncertainty ( $u_c$ ) and expanded uncertainty ( $U$ ,  $k=2$ ).

**Results** The relative uncertainty of  $U_{\text{Eprotein}}\%$ ,  $U_{\text{calibration-curve}}\%$ ,  $U_{\text{Ehydrolysis}}\%$ ,  $U_{\text{RESPE}}\%$ ,  $U_{\text{imp}}\%$  are 0.64%, 4.16%, 2.04%, 0.30% and 0.73% for  $y^9$ , and 0.64%, 1.23%, 2.24%, 0.27% and 0.77% for  $y^6$ . The  $u_c$  are 4.77% and 2.79% for  $y^9$  and  $y^6$ , respectively. And the  $U$  are 9.54% and 5.58% ( $k=2$ ) for  $y^9$  and  $y^6$ , respectively.

**Conclusions** The two major contributions to total uncertainty arise from trypsin digestion and calibration curve, which account for 78.9% and 67.9% for  $y^9$  and  $y^6$ , respectively. So we should strictly control the two processes when quantification of serum CysC by ID-LC-MS/MS.

## PU-6727

# Optimized SPE Protocol for Clean-up and enrichment of Tryptic Peptides in Cystatin-C Quantification by LC-MS/MS Method

Huoyan Ji

Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** In order to select the most appropriate type of SPE cartridge and optimized SPE protocol for clean-up and enrichment of tryptic peptide (surrogate peptide) in Cystatin-C (CysC) quantification by LC-MS/MS method.

**Methods** Firstly, we compared of recovery rates of CysC surrogate peptide in neat solution by reversed-phase SPE (Sep-Pak C18 cartridge) and mixed-mode SPE (Oasis<sup>®</sup> MCX and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges), respectively. We set up extracted samples and post-extracted spiked samples, respectively, then Sep-Pak C18, Oasis<sup>®</sup> MCX and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges were used to extract these samples according to manufacturer instructions. But the final elution were different, which with 1mL of 100% MeOH, 75% MeOH, 50% MeOH or 25% MeOH was carried out for Sep-pak C18, and with 1mL of various ratios of  $\text{NH}_4\text{OH}:\text{MeOH}$  (1:100, 2.5:100, 5:100 and 10:100) was carried out for Oasis<sup>®</sup> MCX, and with 1mL of various ratios of  $\text{FA}:\text{MeOH}$  (0.1:100, 0.5:100, 1.0:100 and 2.0:100) was carried out for Oasis<sup>®</sup> MAX. Then a full scan LC-MS/MS analysis was performed with the surrogate peptide and the recovery rate were calculated. Secondly, we compared of recovery rates of CysC surrogate peptide in serum by Sep-Pak C18 and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges, we also set up extracted samples and post-extracted spiked samples, respectively. Then Sep-Pak C18 and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges were used to extract these samples under the best conditions. Then a full scan LC-MS/MS analysis was performed with the surrogate peptide and the recovery rate were calculated. The results were inconsistent when used Sep-pak C18 and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges in neat solution and serum matrix, respectively, which might be resulted by matrix effect. So next, trypsin digestion of human serum CysC was conducted, Glycerophosphocholines (GPChos) was detected in serum extracts after SPE by Sep-pak C18 and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges in the positive (ESI) multiple reaction-monitoring (MRM) mode, which has been identified as a major source of matrix effects in serum. Then we used post-extraction spike method to quantitatively assesses matrix effects that occurred during LC-MS/MS analysis. We set up extracted samples and post-extracted spiked sample, respectively. Then Sep-Pak C18 and Oasis<sup>®</sup> MAX were used to extract. Then a full scan LC-MS/MS analysis was performed with the surrogate peptide and the matrix effects were calculated.

**Results** In neat solution, for Sep-pak C18 cartridges, the highest recovery rates were 89.61% and 87.72% for  $y^9$  and  $y^6$  when the final elution was 75% MeOH in  $\text{H}_2\text{O}$ , respectively. And for Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges, they were 79.21% and 76.08% for  $y^9$  and  $y^6$  when the final elution was 1.0% FA and 75% MeOH in  $\text{H}_2\text{O}$ , respectively. However, the recovery rates were very low when used Oasis<sup>®</sup> MCX cartridges. In serum matrix, the highest recovery rates were 35.19% and 37.18% for  $y^9$  and  $y^6$  when used Sep-pak C18 cartridges, respectively, and were 68.62% and 70.29% for  $y^9$  and  $y^6$  when used Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges, respectively. Both Sep-pak C18 and Oasis<sup>®</sup> MAX cartridges were resulted in ion enhancement for CysC surrogate peptides quantification by LC-MS/MS, which were 39.70% and 42.05% for  $y^9$  and  $y^6$  when used Sep-pak

C18 cartridges, respectively, and were 17.85% and 17.44% for  $y^9$  and  $y^6$  when used Oasis® MAX cartridges, respectively.

**Conclusions** Oasis® MAX cartridge has higher recovery rate for CysC surrogate peptide in serum matrix and can reduce much more matrix effects, so it's the optimal SPE type for purification and enrichment of serum CysC tryptic peptides.

## PU-6728

### 四川省细菌耐药监测网 2018 年胆道分离细菌分布及耐药分析

黄湘宁

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 了解四川地区胆道分离细菌分布及其对抗生素敏感性的变化,为临床合理用药提供参考和依据。

**方法** 将 2017 年 10 月至 2018 年 9 月四川地区 83 家医院分离自胆道细菌进行鉴定及抗菌药物敏感试验,依据 2017 年 CLSI 标准判断结果,使用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 83 家医院两年间自胆道共分离出 2605 株细菌(去除重复株后),其中革兰氏阴性菌 1837 株(1837/2605, 70.5%),革兰氏阳性菌 768 株(768/2605, 29.5%),排列前 5 位的细菌依次为:大肠埃希菌 845 株(854/2605, 32.8%)、肺炎克雷伯菌 300 株(300/2605, 16.3%),屎肠球菌 248 株(248/2605, 6.6%),粪肠球菌 172 株(172/2605, 6.6%),铜绿假单胞菌 115 株(115/2605, 4.4%)。其中肠杆菌科细菌对阿米卡星、哌拉西林/他唑巴坦、碳青霉烯类药物仍保持相当高的抗菌活性;铜绿假单胞菌对阿米卡星、妥布霉素、头孢吡肟及头孢他啶的敏感性>70%;肠球菌对利奈唑胺及万古霉素的耐药率性低于 1.5%。

**结论** 胆道感染的细菌谱以肠道细菌最为常见,病原菌种类多样,耐药性不断变迁,及时了解病原菌分布及抗生素耐药性可为临床经验性治疗提供依据。

## PU-6729

### 四川地区 83 家医院老年患者病原菌分布与耐药性分析

黄湘宁

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 统计分析 2018 年四川省细菌耐药监测网成员单位 65 岁以上老年患者病原菌分布和细菌耐药特点。

**方法** 全省 80 家三级医院和 3 家二级医院,按照监测方案要求,进行目标细菌收集、鉴定和药敏试验,负责单位依据 CLSI2018 年标准,用 WHONET 5.6 软件对收集到的监测资料进行分析和总结。

**结果** 65 岁以上老年患者共分离出 76119 株细菌(剔除重复菌株后),排在前 5 位依次是大肠埃希菌 16415 株(21.6%)、肺炎克雷伯菌 12389 株(16.3%)、铜绿假单胞菌 8580 株(11.3%)、鲍曼不动杆菌 6549 株(8.6%)、金黄色葡萄球菌 4504 株(5.9%)。大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌和奇异变形杆菌对头孢三代(头孢噻肟或曲松)的耐药率分别为:55.3%和 26.7%;碳青霉烯耐药的大肠埃希菌为 2.0%,肺炎克雷伯菌为 7.1%。此外肠杆菌科细菌对哌拉西林/他唑巴坦和头孢哌酮/舒巴坦也有较好的活性,耐药率均在 15%以下。非发酵革兰阴性菌中铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌对碳青霉烯类药物的耐药率分别为 13.0%和 54.7%,而多粘菌素 B 和头孢哌酮/舒巴坦有较好的抗菌作用。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌

(MRCNS) 的检出率分别为 30.5%和 82.1%，未发现万古霉素和利奈唑胺耐药的葡萄球菌。肠球菌对万古霉素、利奈唑胺和替考拉宁的耐药率均在 2.3%以下。耐青霉素肺炎链球菌为 2.1%。

**结论** 65 岁老年患者感染以革兰阴性菌为主，且多重耐药现象严重，急需加强细菌耐药监测，控制耐药菌的发展与传播。

PU-6730

## 四川省细菌耐药监测网 2018 年血流感染病原菌分布及耐药分析

张凯

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 分析 2018 年四川省血流感染患者的病原菌分布特点及耐药特性,为临床合理使用抗菌药物提供依据。

**方法** 收集四川省 83 家医院临床血培养阳性患者 17170 例，菌株鉴定到种，药敏试验采用 MIC 法和纸片扩散法 (K B 法)，结果按 CLSI 2018 年版标准判读，用 WHONET 5.6 软件进行耐药性分析。

**结果** 17170 株菌中,革兰阴性菌占 58.5% (10053 /17170)，革兰阳性球菌占 41.5% (7117/17170)。大肠埃希菌分离率最高为 34.6% (5953/17170)；其次为肺炎克雷伯菌为 10.4% (1791/17170)；葡萄球菌中以凝固酶阴性葡萄球菌检出率最高为 23.2% (3997/17170)；金黄色葡萄球菌为 6.9% (1201/17170)。大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌对亚胺培南 98.7% 92.8%敏感。鲍曼不动杆菌对亚安培南耐药率 56.5%。MRSA 检出率为 24.8%，MRCNS 检出率为 79.3%。未发现对万古霉素和利奈唑胺耐药葡萄球菌。凝固酶阴性葡萄球菌和金黄色葡萄球菌对替考拉宁耐药率分别为 0%和 0%。屎肠球菌和粪肠球菌对利奈唑胺耐药率分别为 0.2%、1.2%，对万古霉素耐药率分别为 2.7%、0%，对替考拉宁均未发现耐药株。就绝大多数抗生素而言，屎肠球菌对抗菌药物的耐药率显著高于粪肠球菌。

**结论** 血液感染菌株以革兰阴性菌为主，大肠埃希菌是主要感染细菌，凝固酶阴性葡萄球菌的感染同样不容忽视。

PU-6731

## 中国部分地区 414434 例地贫基因突变类型分布调查

张玲<sup>1,2</sup>,潘建华<sup>1,2</sup>

1.广州金域医学检验中心,510000

2.广州医科大学金域检验学院

**目的** 了解中国部分地区（四川，贵州，海南，重庆，云南，广东，广西，福建，江西，湖南，）地贫基因突变类型分布情况。

**方法** 回顾性分析 2006 年 7 月至 2016 年 12 月广州金域医学检验中心已检测并确诊的地贫基因突变样本 414434 例，标本来源于全国十个省份或直辖市，作为本次研究对象。并从不同省份、不同年龄段和不同性别三个维度分别统计各组间的地贫常见基因突变类型，用卡方检验对比各组之间相关指标的差异性。

**结果**  $\alpha$  地中海贫血受检标本中阳性人数为 244675 例， $\beta$  地中海贫血受检标本中阳性人数为 169759 例。 $\alpha$  地中海贫血突变基因型前三位分别是--SEA/ $\alpha\alpha$  (68.53%)，- $\alpha$ 3.7/ $\alpha\alpha$  (15.63%)和 - $\alpha$ 4.2/ $\alpha\alpha$  (6.48%)。 $\beta$  地中海贫血突变基因型前三位分别是 CD41-42 杂合子 (45.50%)，IVS-II-654 杂合子 (21.96%)和 CD17 杂合子 (18.16%)，并检出一例少见突变类型-90 (C>T) 杂合

子。各省份的常见地贫基因突变类型有所不同。其中  $\alpha$  地贫除海南省突变频率最高的前两位基因型分别是  $-\alpha 3.7/\alpha\alpha$  和  $-\alpha 4.2/\alpha\alpha$  外, 其余各省市突变频率最高的前两位基因型均为  $--SEA/\alpha\alpha$  和  $-\alpha 3.7/\alpha\alpha$ ;  $\beta$  地贫基因突变频率类型分别是  $-28$  杂合子和  $\beta E$  杂合子分别在海南省和云南省中较常见, 在其他省却不常见; 其它各省  $\beta$  地中海贫血突变频率最高的前三位基因型都是  $CD41-42$ ,  $IVS-II-654$ ,  $CD17$  这三种杂合子。其中, 广东省, 广西省和湖南省突变频率最高的基因型都是  $CD41-42$  杂合子, 贵州, 四川和重庆突变频率最高的基因型则是  $CD17$  杂合子; 年龄段分组研究发现各年龄段和性别之间地贫基因突变频率也存在差异,  $P < 0.05$ , 具有统计学意义;

**结论** 中国部分地区地贫基因突变类型丰富,  $\alpha$  地贫主要缺失类型为  $--SEA/\alpha\alpha$ ,  $-\alpha 3.7/\alpha\alpha$  和  $-\alpha 4.2/\alpha\alpha$ ,  $\beta$  地贫主要突变类型为  $CD41-42/N$ ,  $IVS-II-654/N$  和  $CD17/N$ ; 不同地区的基因突变趋势相近, 但突变频率存在差异。

## PU-6732

### 妊娠期妇女凝血功能检测的临床意义

张晓梦

潍坊医学院附属医院, 261000

**目的** 探讨妊娠期妇女凝血功能各项指标变化的特点和临床检测的意义。

**方法** 选取 2018 年 6 月~2018 年 12 月来我院进行孕检的妇女 150 例作为实验组, 年龄 20~38 岁, 平均年龄 24 岁。另选取在此时间段来我院就诊的未怀孕妇女 150 例作为对照组, 年龄 21~35 岁, 平均年龄 25 岁。两组患者均无凝血机制异常及血液系统疾病。采用 ACL TOP700 全自动血凝仪, 严格按照标准操作规程对两组患者进行活化部分凝血活酶时间(APTT), 凝血酶原时间 (PT), 凝血酶时间 (TT), 纤维蛋白原 (FIB), D-D 的水平检测, 然后观察对比两组人员各项指标的检测结果。

**结果** 实验组 APTT ( $27.83 \pm 3.53$ ) PT ( $10.26 \pm 3.24$ ) TT ( $14.07 \pm 1.10$ ) FIB ( $4.26 \pm 1.98$ ) D-D ( $2.51 \pm 0.67$ ) 对照组 APTT ( $28.54 \pm 3.67$ ) PT ( $13.48 \pm 2.75$ ) TT ( $15.8 \pm 1.63$ ) FIB ( $3.25 \pm 0.73$ ) D-D ( $0.56 \pm 0.43$ ) 比较两组的数据可得, 实验组的 APTT、PT、TT 较对照组缩短, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ) 实验组的 FIB、D-D 较对照组明显延长, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 妊娠期妇女的血液处于高凝状态, 孕期进行凝血功能的检测有助于了解孕妇的凝血功能, 有效诊断孕妇是否存在出血、弥散性血管内凝血的状况, 对维护孕妇妊娠期健康具有重要的意义。

## PU-6733

### PI3K/AKT 信号通路及 miRNA 在急性 T 淋巴细胞白血病中作用的研究进展

李晓菲, 史敏, 李永军

河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 本文对参与 T-ALL 发生发展的 PI3K/AKT 信号通路机制、miRNA 在 PI3K/AKT 信号通路中的作用以及基于该信号通路靶向治疗的研究进展进行综述。

**方法** 文献检索, 进行综述

**结果** 急性 T 淋巴细胞白血病(T-cell acute lymphoblastic leukemia, T-ALL)是 1 种预后不良的恶性侵袭性血液系统肿瘤, 研究证实, 磷脂酰肌醇 3-激酶(PI3K)/蛋白激酶 B(AKT)信号通路的异常激活是 T-ALL 常见的诱发机制之一, 并且多种异常表达的微小 RNA (miRNA) 可通过调节 PI3K/AKT 信号通路参与 T-ALL 的发生发展。

**结论** 多种异常表达的微小 RNA (miRNA) 可通过调节 PI3K/AKT 信号通路参与 T-ALL 的发生发展, 为 T-ALL 的治疗干预提供了新的可能靶点。

PU-6734

## 基于 Python 的菌落计数分析系统研究

刘晓雷,王丽芳,宋军  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 针对现有菌落计数方法主要缺陷, 文章设计了一种基于大数据处理技术的菌落计数分析系统。

**方法** 应用 Python 的相关图像处理算法对菌落图像进行分析, 采用基于二进制的图像转换与清洗, 将存储图像分配到 hadoop 系统分布式文件中, 应用图像分割算法进行并行处理。组织对 56 支标本进行自动识别与人工计数比对。

**结果** 与常规人工菌落计数方式相比, 该系统由于运行于虚拟服务器集群中, 能够实时分析菌落图像并得到评估结果, 具有速度快、效率高、大通量等优点。

**结论** 基于 Python 的菌落图像分析系统与人工判读结果的相对误差不超过 5%, 满足相关工作质量要求。

PU-6735

## 抗缪勒氏管激素和相关临床因素间关系的初步探索

石怡珍<sup>1</sup>,雷晨慧<sup>2</sup>,倪凯茹<sup>1</sup>  
1.苏州大学附属第二医院,215000  
2.皖南医学院附属第一医院弋矶山医院

**目的** 初步探索健康女性以及患常见妇科疾病的女性血清 AMH 值及相关临床因素之间的关系, 建立并验证基于本实验室检测方法的健康女性年龄和血清 AMH 相关方程。

**方法** 1、临床资料相对齐全的 646 例女性作为研究对象, 将其分为 1 组健康组和 3 组病例组。分析健康组女性性激素测量数据及其身体指数、月经初潮年龄、孕产史与 AMH 值之间的关系, 探索病例组 AMH 值与相应年龄的健康组女性 AMH 值之间的差异。2、对健康组 AMH 数据进行对数数据处理并采用回归分析筛选并建立相对理想的 AMH 值预测方程模型。3、内部验证组和外部验证组验证方程根据年龄预测血清 AMH 值的准确性。

**结果** 1、本研究 646 例女性中, 纳入健康组的女性为 484 例, 年龄 20-52 岁, 平均  $31.58 \pm 6.29$  岁。健康组中 262 例女性测量了性激素, 464 例女性提供了既往孕产史。3 组病例组中, PCOS 组有 14 例, 习惯性流产 30 例, 月经周期不规律组 118 例。2、健康组中各年龄段亚组间临床基本因素比较显示初潮年龄差异不具有统计学意义 ( $P > 0.05$ ), 而 BMI、流产史及生产史组间差异具有统计学意义 (均  $P < 0.01$ )。3、健康组中各年龄亚组血清 AMH 平均值为 4.32、4.59、4.07、2.78、0.72ng/mL。血清 AMH 值随着年龄增长呈显著下降趋势 ( $P < 0.01$ )。各亚组间血清 AMH 值差异显著性 ( $P < 0.01$ )。4、健康女性 AMH 值预测方程为  $\text{Log AMH} = -1.208 + 0.1 \times \text{Age} - 0.000042 \times \text{Age}^3$  ( $R^2 = 0.735$ ,  $P < 0.01$ )。内部和外部验证数据代入方程中得出相应血清 AMH 值与原值差异无具有统计学意义。5、262 例健康女性血清 AMH 值与 E2 和 T 呈正相关, 与 FSH、BMI 和 LH 呈负相关。血清 AMH 值与初潮年龄、流产次数及生产次数之间均无相关性。6、与健康组相比, PCOS 病例组女性血清 AMH 值显著增高 ( $P < 0.01$ )。习惯性流产组的血清 AMH 值与健康组相比差异未见明显统计学意义 ( $P > 0.05$ )。7、月经周期不规律的血清 AMH 值均低于相应年龄段的健康组 AMH 值。

**结论** 血清 AMH 值伴随着年龄增长而不断下降, 数据分析得到了 AMH 和年龄之间的适用函数有助于临床医生评估女性一生中各个年龄阶段的卵巢储备; 初步探索发现了血清 AMH 值和常见妇科疾病之间的关系。

## PU-6736

### 检验科实行 ISO15189 质量管理体系后的探讨

裘维维

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 通过对实施 ISO15189 质量管理体系前与实施后检验报告的准确性进行评价, 从而得到 ISO15189 质量管理体系在本科室运行的实际效果。

**方法** 通过对不同时期的同一项目的结果进行比对, 比对标准为是否符合临床症状, 是否要求复查, 复查后结果与初诊是否一致来进行准确性的判定。

**结果** 通过对不同时间段的 100 份样本进行比对发现, 样本的临床符合率无差异 ( $P < 0.05$ ), 要求复查的标本的复查和初诊一致性无差异 ( $P < 0.05$ ), 但是两组数据均中, 实施 ISO15189 之后这一时间段的数据准确性有升高的趋势。

**结论** 数据比对虽然没有统计学的差异, 但是均有提高的趋势。考虑到检验结果的准确性与人员素质以及标本运输过程也有一定的关系, 以及所选取的样本数量较少, 没有随机性, 所以 ISO15189 质量体系对标本的准确性有提高, 但是提高的程度有待统计。考虑到 ISO15189 质量管理体系对检验科标准化、制度化与精细化的提高 (主要体现在各项程序文件), 结合以上的统计结果, 可以得出结论, ISO15189 质量管理体系对检验科的提高不仅仅体现在标本的结果的准确性上, 而是体现在宏观的管理层面上, 主要提高的是规范的规范化、标准化、精细化与可溯源化, 对准确性的提高只是其很少的一方面。

## PU-6737

### 降钙素原、C 反应蛋白及白细胞计数联合检测 在透析科感染性疾病诊断中的应用

王丽芳, 刘晓雷, 宋 军

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨降钙素原 (PCT)、C 反应蛋白 (CRP) 及白细胞计数 (WBC) 的测定在透析科感染性疾病中的应用价值。

**方法** 回顾性分析 2018 年 10 月至 2019 年 2 月透析科住院的感染性疾病 138 例患者的临床资料, 按病原体分为细菌感染组 73 例及病毒感染组 65 例, 于治疗前采用南京诺尔曼 NRM-411 全自动化学发光荧光增强免疫分析仪进行 PCT 检测, 采用 Beckman Coulter Image-800 进行 CRP 检测, Beckman Coulter DXH800 全自动血球分析仪进行静脉血白细胞计数。另选取同期健康体检标本 160 例为对照组进行相应检测。

**结果** 细菌感染组 PCT、CRP 及 WBC 水平比健康对照组明显升高 ( $P < 0.05$ ); 病毒感染组 CRP 水平高于健康对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而 PCT 及 WBC 与健康对照组差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** PCT、CRP 及 WBC 联合检测对鉴别透析科常见感染性疾病有一定的参考价值, 可为临床及时、正确、合理应用抗生素提供必要诊断依据。

PU-6738

## HCV-RNA 异常结果分析

田慧

陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院

**目的** 患者 HCV-RNA 载量在一个月时间从高浓度降至低于检出下限。为了明确该患者结果是否可靠，给临床诊疗提供依据，对影响该结果的因素进行分析。

**方法** 以该患者丙肝 RNA 扩增曲线所示结果与上次结果有异议为切入点，对该患者标本复检以及联系患者本人确认，并对两次检测结果、两次生化结果进行分析。

**结果** 该标本为患者本人且复查结果低于检出下限，肝功能指标随病毒降低变好。

**结论** HCV 分为 1-6 个不同的基因型及各种亚型，其分布具有明显的地域和人群差异性。在我国，HCV 1b 和 2a 基因型最为多见，其中以 1b 型为主（56.8 %），其次为 2a 型（24.1 %）。研究显示，基因 1b 型 HCV 感染所致病情较其他型更为严重，1b 型有较高的病毒复制能力和血清反应性，表达或编码的蛋白有较强的细胞毒作用，可引起较重的肝细胞坏死性炎症及肝纤维化。丙型肝炎传统治疗是基于聚乙二醇化干扰素联合利巴韦林的治疗方案，按照 I 型和非 I 型使用不同的治疗浓度和疗程。2015 年开始，针对 HCV 生活周期中病毒蛋白的靶向特异性治疗小分子化合物，即抗 HCV 的直接抗病毒药物（DAAs）进入临床，这些药物包括非结构蛋白 NA3/4A 蛋白酶抑制剂、NS5A 抑制剂和 NS5B 聚合酶抑制剂等。DAAs 类药物降病毒量比传统药物更快，治疗丙肝效果显著。

PU-6739

## Activation of Adventitial Fibroblasts in the Early Stage of the Aortic Transplant Vasculopathy in Rat

Jian Ji

Department of Clinical Laboratory, Qilu Hospital, Shandong University, Jinan,  
Shandong Province, 250012, China

**Objective** Transplant vasculopathy (TV) is the most significant obstacle to long-term success of organ transplantation. Increasing attention has been paid to the role of adventitia in vascular diseases. We evaluated the role of adventitial fibroblasts in the development of TV.

**Methods** Thoracic aortas from Sprague-Dawley (SD) rats transplanted into the abdominal aortas of Wistar rats worked as allografts, and isografts (SD to SD) were control. Grafts were removed on days 3, 7, and 14 for histologic, morphometric, and immunohistochemical detection of vimentin,  $\alpha$ -smooth muscle actin, Ki-67, CD3, transforming growth factor- $\beta$ 1 (TGF- $\beta$ 1), monocyte chemoattractant protein-1 (MCP-1), matrix metalloproteinase-7 (MMP-7), and quantitative real-time reverse transcriptase polymerase chain reaction for TGF- $\beta$ 1, MCP-1, MMP-7, tumor necrosis factor- $\beta$ , and interleukin-1 $\beta$ .

**Results** In the allografts, neointima thickness and neointima/media thickness ratios were slightly increased at 7 days and significantly increased at 14 days. Immunostaining of vimentin and  $\alpha$ -smooth muscle actin showed adventitial fibroblasts activation and differentiation into myofibroblasts. Ki-67-positive nuclei were observed in the adventitia 3 days after allografting and subsequently in the neointima. No more than 4% CD3-positive cells were found in adventitia in all the groups. Compared with isografts, TGF- $\beta$ 1, MMP-7, and MCP-1 were expressed in the adventitia before neointima formation and were significantly increased in allografts at all time points. Tumor necrosis factor- $\beta$  and interleukin-1 $\beta$  were also significantly increased in adventitia in allografts.



**Conclusions** These results demonstrated that adventitial fibroblasts are activated and can produce cytokines and chemokines before the neointimal hyperplasia. They may exert a potential effect on the development of neointimal hyperplasia in TV.

#### PU-6740

### H 型高血压并发缺血性脑卒中患者 MTHFR C677T 基因多态性及血清 HCY 水平的相关性研究

李雅静,张瑞,董倩倩,秦永亮,王鑫  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨亚甲基四氢叶酸还原酶 (MTHFR) 基因 C677T 多态性及血清同型半胱氨酸 (Hcy) 水平与 H 型高血压并发缺血性脑卒中的相关性。

**方法** 首先采用病例-对照研究, 随机选取 491 例研究对象, 分为对照组 (n=111)、缺血性脑卒中组 (n=185)、H 型高血压并发缺血性脑卒中组 (n=195)。其次采用聚合酶链反应-芯片杂交法测定 MTHFR 基因型, 采用循环酶法检测血清 Hcy 水平, 最后通过统计学方法分析基因型在不同组间的分布情况, 以及不同基因型患者的 Hcy 水平。

**结果** 各实验组和对照组相比, MTHFR 基因型分布差异均具有统计学意义 ( $\chi^2=7.45-10.748$ , P 值均  $<0.05$ )。等位基因 T 频率和对照组比较, 差异均具有统计学意义 ( $\chi^2=4.343-9.886$ , P 值均  $<0.05$ )。而 H 型高血压并发缺血性脑卒中组和缺血性脑卒中组比较, MTHFR 基因型分布差异无统计学意义 (P=0.263)。各实验组 TT 型 Hcy 水平明显高于 CT 型和 CC 型, 差异具有统计学意义 (P 值均  $<0.05$ )。缺血性脑卒中组及 H 型高血压并发缺血性脑卒中组的 Hcy 水平 ( $16.87\pm9.04$ ,  $21.63\pm14.09$ )  $\mu\text{mol/L}$  均高于对照组 Hcy 水平 ( $10.76\pm2.44$ )  $\mu\text{mol/L}$ , 差异具有统计学意义 (P 值均  $<0.001$ )。H 型高血压并发缺血性脑卒中组的 Hcy 水平 ( $21.63\pm14.09$ )  $\mu\text{mol/L}$  高于缺血性脑卒中组 Hcy 水平 ( $16.87\pm9.04$ )  $\mu\text{mol/L}$ , 差异具有统计学意义 (P $<0.001$ )。

**结论** MTHFR 基因多态性和血清高 Hcy 水平均可能为缺血性脑卒中的危险因素。对于 H 型高血压患者, 更应注意在降压同时补充叶酸, 以降低 H 型高血压患者缺血性脑卒中的发生率。

#### PU-6741

### 两种全自动血液分析仪与显微镜法检测外周血有核红细胞准确性评价分析

杨洪乐,杨丽妙,李彦会,汪冉,宋建强,杜欢欢,王鲁  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 为了评价 Beckman Coulter UniCel DxH 800 与 Sysmex XN-2000 两种全自动血液分析仪与显微镜法检测有核红细胞 (nucleated red blood cell, NRBC) 的准确性

**方法** 分别采用两种全自动血液分析仪对河北医科大学第二医院门诊 130 例外周血贫血标本进行血液常规分析, 男性 79 例, 女性 51 例, 年龄 3-80 岁, 平均年龄 45 岁。记录和比较两种不同仪器对外周血 NRBC 的计数结果, 同时观察“金标准”显微镜计数法的结果, 并与之进行比较

**结果** DxH 800 与镜检法检测 NRBC 的相关性  $r=0.979$ , 且两者计数结果无显著性差异 (P $>0.05$ ), DxH 800 检测 NRBC 敏感性为 98.94%, 特异性为 94.44%; XN-2000 与镜检法检测 NRBC 的相关性  $r=0.942$ , 且两者计数结果无显著性差异 (P $>0.05$ ), XN-2000 检测 NRBC 敏感性为 96.84%, 特异性为 91.43%

**结论** Beckman Coulter UniCel DxH 800 与 Sysmex XN-2000 两种全自动血液分析仪均可灵敏、准确地检测外周血 NRBC，有效降低血常规的复检率，降低人工显微镜复检强度，缩短了标本接收到审核的时间，为患者的诊断和治疗节约了时间。

## PU-6742

### 两种血细胞分析仪与手工计数体液细胞法准确性的应用评价

杨洪乐

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 评价 Sysmex XN-2000 与 Beckman Coulter UniCel DxH800 全自动血液分析仪检测体液细胞计数的准确性。

**方法** 采集 160 例本院血液科、肿瘤科、神经内科、神经外科等科室的住院及门诊患者新鲜体液标本（脑脊液、胸腹水），分别用 Sysmex XN-2000 和 BeckmanCoulter UniCel DxH800 对体液标本进行细胞计数，同时以显微镜计数法为“金标准”，分析两种不同仪器对体液细胞的计数结果的相关性和准确性。

**结果** Sysmex XN-2000 和 Beckman Coulter UniCel DxH800 计数体液白细胞，批内 CVs%低于 10%，两种分析仪都显示出良好的线性度和最小的携带污染率，比较 Sysmex XN-2000 和 BeckmanCoulter UniCelDxH800 与手工计数显示出了良好的相关性（两者均为  $r>0.98$ ）。

**结论** Sysmex XN-2000 和 Beckman Coulter UniCel DxH800 全自动血细胞分析仪体液模式准确度高，大大缩短了标本检测的时间，能够满足临床实验室的工作需求，适用于临床体液标本的检测。

## PU-6743

### DEC2 在肺癌中的作用

黎娉

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 转录因子 DEC2 以组织细胞特异性的方式参与调控肿瘤细胞恶性进程，探索转录因子 DEC2 在肺癌中的具体表达调控模式，为肺癌生物治疗提供新的干预靶点和预测指标。

**方法** 我们通过免疫组织化学染色法检测肺癌组织和癌旁正常肺组织样品中 DEC2 及 VEGFA 的表达，并分析肺癌组织中 DEC2 表达水平与临床病理参数及病人生存预后的相关性，探讨其潜在的临床价值；然后通过质粒转染和慢病毒感染技术，获得过表达或干扰 DEC2 的肺癌细胞株，分析 VEGFA 表达差异，检测 DEC2 对肺癌细胞侵袭转移的影响为探索 DEC2 可否作为肺癌治疗的新靶点提供初步理论基础。

**结果** 1. DEC2 在肺癌组织中高表达

2. qPCR 和 Western blot 法检测结果显示，DEC2 在永生化肺上皮细胞株 BGAS 中的表达水平低于其他肺癌细胞株。过表达 DEC2 后，侵袭迁移能力明显增加，VEGFA 表达上调；干扰 DEC2 表达后，结果相反。

3. Western blot 和细胞免疫荧光染色法检测结果显示：过表达 DEC2 后，细胞间质标志物 N-cadherin 和 Vimentin 的表达水平明显升高，而上皮标志物 E-cadherin 的表达水平明显降低；干扰 DEC2 表达后，结果相反。

**结论** 1. 首次发现 DEC2 在肺癌组织中高表达且与肺癌患者不良预后相关。

2. DEC2 通过上调 VEGFA 表达，同时促进上皮向间质转化，最终加速肺癌转移。

## PU-6744

## 镇江地区人乳头瘤病毒 16 型感染情况及 E7 基因变异分析

吴瑶,阴晴  
江苏大学附属医院,212000

**目的** 探究镇江地区 HPV-16 的感染情况及 HPV-16 E7 基因变异情况

**方法** 收集 2017 年 6 月至 2018 年 12 月至我院就诊的女性宫颈脱落细胞学样本, 利用 HPV 分型检测试剂盒分选出 HPV-16 型感染阳性标本, 接着利用 E7 基因特异性引物扩增 E7 基因全长。对扩增出的 DNA 产物进行测序, 通过 BLAST 比对分析基因突变位点, 并借助 MEGA 5.0 软件进行进化树分析。

**结果** 从 600 例样本检出 HPV-16 阳性样本 89 例, 各年龄段中 HPV-16 感染阳性构成比无明显差异, 吸烟、人工流产史及不洁性交史患者中 HPV-16 感染阳性率明显升高。经基因测序分析后发现, E7 基因碱基突变以 A647G (52.81%) 和 G658A (16.85%) 为主, 发生的同义突变为 T760C (34.83%)。以邻接法(Neighbor Joining, NJ)进行进化树分析可得, 镇江地区流行株主要为亚洲变异型, 没有发现非洲 1 型, 非洲 2 型, 亚洲美洲及北美洲变异型。

**结论** 镇江地区女性感染 HPV-16 型病毒普遍存在, 且 HPV-16 E7 基因突变率较高, 这些突变可能使 HPV 的致癌作用增加, 同时分析 HPV 病毒突变热点区域和保守区域也可为适合本地区的宫颈癌疫苗研制提供新的线索。

## PU-6745

## 多重耐药鲍曼不动杆菌耐药性及耐药基因检测

王佳,高辉,方尘  
昆明市延安医院,650000

**目的** 探讨昆明医科大学附属延安医院多重耐药鲍曼不动杆菌耐药性及耐药基因分布情况, 为临床合理使用抗菌药物提供参考。

**方法** 收集昆明医科大学附属延安医院 94 株多重耐药鲍曼不动杆菌并检测其耐药性, 提取细菌 DNA, 用 PCR 法扩增检测耐药基因。

**结果** 94 株多重耐药鲍曼不动杆菌对临床常用抗菌药物广泛耐药, 对头孢类、青霉素类和碳氢霉烯类抗菌药物的耐药率达 100%; 对庆大霉素、妥布霉素、阿米卡星、复方新诺明耐药率均超过 90%; 对头孢哌酮/舒巴坦、左氧氟沙星、米诺环素的耐药率较高, 分别为 88.3%、87.2% 和 60.7%; 对替加环素保持高度敏感性, 未检测出耐药菌株; 用 PCR 方法分别检测鲍曼不动杆菌的 OXA-23、TEM 耐药基因, 结果显示 OXA-23 基因阳性率为 91.5%, TEM 基因阳性率为 86.2%。产 OXA-23 型、TEM 型耐药基因可能是昆明医科大学附属延安医院多重耐药鲍曼不动杆菌对  $\beta$ -内酰胺类抗菌药物产生耐药的主要原因

**结论** 通过本研究发现, 多重耐药鲍曼不动杆菌对多种抗生素广泛耐药, 且多数菌株携带 OXA-23、TEM 基因, 其携带耐药基因与耐药表现基本一致, 临床上应加强对多重耐药鲍曼不动杆菌的监测, 控制并减少耐药菌株的产生。

## PU-6746

## 耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌感染危险因素的 meta 分析

李继红

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 利用 meta 分析原理,通过大样本的数据分析,了解 CRKP 感染的危险因素。

**方法** 检索 pubmed、OVID、EMBASE、中国生物医学文献数据库(CBM)、万方数据库、中国知网(CNKI)等数据库,并辅以文献追溯和手工检索,检索日期从建库至 2018 年 10 月 31 日公开发表的文献,获得目标文献,对文献进行筛选,并建立文献评价表。采用 Review manager 5.3 软件对纳入的文献数据进行分析,通过 Meta 分析比值比(OR)值及 95%CI 评估 CRKP 感染的危险因素。

**结果** 共计 30 篇文献纳入研究,其中英文文献 24 篇,中文文献 6 篇。研究总样本量为 5075 例。数据显示:年龄、性别与 CRKP 感染无关;免疫抑制 1.47 (1.14, 1.90)、入住 ICU 3.25 (2.36,4.47) 是 CRKP 感染的危险因素;任意抗生素暴露 2.53 (1.53,4.11)、碳青霉烯类抗生素暴露 3.99 (2.86,5.56)、喹诺酮类抗生素暴露 1.75 (1.38,2.22)、糖肽类抗生素暴露 3.08 (1.93,4.91)、 $\beta$ -内酰胺类抗生素/ $\beta$ -内酰胺酶抑制剂合剂暴露 2.28 (1.37,3.80)、均为 CRKP 感染的危险因素,其中碳青霉烯类抗生素暴露的 OR 值最高,其次为糖肽类抗生素暴露;侵入性操作方面,外科手术 1.59 (1.08,2.34)、机械通气 2.91 (1.96,4.31)、中心静脉置管 2.93 (2.00,4.28)、留置尿管 2.62 (1.65,4.17)、鼻胃管置入 2.38 (1.22,4.62) 是 CRKP 感染的危险因素,其中中心静脉置管的 OR 值最高。

**结论** 免疫抑制、入住 ICU、任意抗生素暴露、碳青霉烯类抗生素暴露、喹诺酮类抗生素暴露、糖肽类抗生素暴露、 $\beta$ -内酰胺类抗生素/ $\beta$ -内酰胺酶抑制剂合剂暴露、手术、机械通气、留置尿管、中心静脉置管、鼻胃管置入是感染 CRKP 的危险因素。

## PU-6747

## 独立医学实验室检验与临床沟通的现状问题、重要性及措施探讨

魏小文

江西迪安华星医学检验实验室有限公司

**目的** 独立医学实验室凭借着规模化、市场化运作,其主动上门的无缝链接服务及完善的咨询答疑服务,集中收集并检测合作医院采集的标本,检验后将检验结果送至医院,应用于临床,深受客户的青睐,但存在空间距离等不便利因素,所以与临床的有效沟通显得极为重要。

**方法** 一、检验与临床沟通的现状问题

二、检验与临床沟通的重要性

三、检验与临床沟通的具体措施

**结果** 1、严格监控标本不合格率

2、加强检验人员的“临床意识”培养

3、建立《客户沟通管理程序》

**结论** 21 世纪的医学是以科学依据为基础的循证医学。加强检验医学与临床医学的联系是循证医学的基本要求,通过交流与沟通,可以把实验室单方面的质量控制扩展为全面质量保证;同时实验室也能从临床上获得的信息进一步评价检验项目及其方法学的临床应用价值。因此,加强双方的沟通可以更好服务于临床,更好地为病人服务,提升整体医学诊疗水平。

PU-6748

## 浅谈机器学习对医学实验室数据分析能力的促进

刘晓雷,王丽芳,宋 军  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 通过分析当下处理大数据的常用机器学习算法, 提出面向医学实验室的机器学习算法建议, 为促进医学检验行业向人工智能方向发展提供一定的理论基础。

**方法** 分析当下处理大数据的常用机器学习算法

**结果** 机器学习是通过各种大数据挖掘方法让计算机具有类似人类的认知甚至自主学习能力的技术, 使计算机能够帮助我们从种类繁多的海量数据中自主寻找出有用知识及预测。

**结论** 为促进医学检验行业向人工智能方向发展提供一定的理论基础。

PU-6749

## Early adventitial activation characterized by NADPH oxidase expression and neovascularization in an aortic transplantation model

Jian Ji  
Department of Clinical Laboratory, Qilu Hospital, Shandong University, Jinan, Shandong Province, 250012, China

**Objective** Increasing evidence has suggested that arterial adventitia may contribute to pathological vessel remodeling by producing reactive oxygen species and promoting neovascularization. However, these processes have not been studied yet in transplantation-induced vascular pathologies. We characterized the dynamic changes in NADPH oxidase expression and adventitial angiogenic response in a model of allograft aortic transplantation.

**Methods** The thoracic aorta from Fischer 344 rats were transplanted into the abdominal aorta of Lewis rats. Graft specimens were collected on days 0.5, 3, 7, and 14 for morphometry, immunohistochemistry, immunofluorescence staining, and quantitative PCR tests.

**Results** Following transplantation, adventitial thickening was found as early as day 3, while neointima was observed from day 7. As compared to normal adventitial tissue, the expression levels of NADPH oxidase subunits gp91phox and p47phox in graft adventitia were elevated from day 3 and further increased up to day 14. Immunohistochemistry staining showed that infiltrating macrophages appeared to be a major source of NADPH oxidase expression. Increases in NADPH oxidase expression were also detected in fibroblasts isolated from the graft adventitia. Gene silencing of p47phox significantly suppressed proliferation and migration of the graft fibroblast cells. We also showed that adventitial thickening was accompanied by increased adventitial neovascularization; at day 14, there was a positive correlation between the density of adventitial microvessels and the neointimal thickness.

**Conclusions** Transplantation injury induces NADPH oxidase expression and neovascularization in the adventitia, raising the possibility that the activated adventitia may represent a target site for prevention of transplantation-induced transplant vasculopathy.

## PU-6750

## 高效液相色谱串联质谱检测血浆中儿茶酚胺浓度方法的建立及其在嗜铬细胞瘤诊断中的应用

楼正青,水冰洁,彭敏峰

浙江中医药大学附属广兴医院(原:杭州市中医院浙江中医学院附属第二医院),310000

**目的** 儿茶酚胺类化合物(Catecholamines, CAs)是由肾上腺髓质分泌的一类重要神经递质,主要包括去甲肾上腺素(Norepinephrine, NE)、肾上腺素(Epinephrine, E)、多巴胺(Dopamine, DA)。嗜铬细胞瘤患者中嗜铬细胞持续或间断地大量释放儿茶酚胺类物质,引起持续性或阵发性的高血压和多个器官的功能及代谢紊乱,目前,检测血浆中的儿茶酚胺类是诊断嗜铬细胞瘤的金标准,因此,本文旨在通过高效液相色谱串联质谱建立检测肾上腺肿瘤患者血浆儿茶酚胺浓度的高效方法,以期对嗜铬细胞瘤的及时诊断和治疗提供帮助。

**方法** 方法学建立及评价。血浆样品经 Oasis WCX 96 孔  $\mu$ Elution 板固相萃取后,在 Waters BEH HILIC(1.7 $\mu$ m, 2.1 mm $\times$ 100 mm)色谱柱上采用梯度洗脱进行色谱分离。在 Waters TQS 串联质谱仪上采用 LC-MS/MS 正离子电喷雾离子化(ESI+)的多反应监测模式(MRM)氘代同位素内标法检测血浆 DA、NE 和 E 的含量并进行相关方法优化和方法学验证。并应用该方法测定嗜铬细胞瘤患者与正常人血浆中儿茶酚胺类物质的含量。

**结果** 采用最优的色谱和质谱条件,基质效应降到最低,不影响检测;NE 和 E 线性范围为 0.05~10ng/mL, DA 的线性范围为 0.025~5ng/mL,各物质在标准曲线范围内线性关系良好( $r>0.999$ ),加标回收率均 $\geq 83\%$ ,日内精密度(RSD)均 $\leq 4.1\%$ ,日间精密度(RSD)均 $\leq 5.16\%$ ,在测定过程中稳定性符合要求。应用该方法测定嗜铬细胞瘤患者与正常人血浆中儿茶酚胺类物质的含量。测定结果显示,嗜铬细胞瘤组同健康人组的儿茶酚胺水平有显著统计学差异。其中 NE、DA 浓度可达正常高值的 2 倍以上,能够有效鉴别嗜铬细胞瘤患者。

**结论** 用高效液相色谱串联质谱法在本实验条件下可同时快速检测血浆中 DA, NE, E, 特异性高,未见明显干扰因素,稳定好。检测人体内儿茶酚的水平可为嗜铬细胞瘤的鉴别诊断及治疗方案的提供重要的依据。

## PU-6751

## 浅谈检验分析前的质量控制

刘晓

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 检验分析前质量管理的重要性毋庸置疑,但却是整个检验质量控制中一个非常容易被忽视的环节。这就亟需采取相应对策和措施

**方法** 在临床需要检测这个项目时能及时看到;其次通过检验和临床护理的及时沟通和交流,及时补充检验前标本采集工作的细节;最后检验人员临床知识的应进一步全面化、善于发现临床中遇到的影响检验质量的问题定期总结等

**结果** 持续稳步地提高分析前质量管理水平

**结论** 检验分析前质量管理的重要性毋庸置疑。

PU-6752

## 15 种高危型人乳头瘤病毒核酸检测方法及人群感染情况调查

张水兰,莫红梅,许晓清,熊丹,张秀明

罗湖医院集团

**目的** 对实时荧光定量 PCR (RT-PCR) 方法检测高危型人乳头瘤病毒 (human papillomavirus) 核酸进行方法学评价,同时对本院妇产科 15 种高危型 HPV 感染情况进行调查。

**方法** 参考相关文件对性能评价的要求,验证检测方法的重复性、准确度、测定下限和抗干扰能力。以及对 2018 年 6 月至 2019 年 4 月份深圳市罗湖区医学检验中心妇产科 HPV 送检标本检测结果进行分析。

**结果** HPV 高危分型试剂盒批内及批间阴阳性符合率均 $\geq 95\%$ , 室间质评结果符合率为 100%, 临界阳性标本重复性检测的阳性检出率为 100%。HPV 不同型别之间及与多种生殖道常见微生物之间无交叉反应,红细胞浓度达 4%对检测结果无内源性干扰。HPV 总体感染率为 19.77%。高危型 HPV 感染年龄呈“U”形分布, $\leq 25$  岁年龄段感染率最高 (28.70%), 其次为 $\geq 56$  岁年龄段 (27.63%)。总体感染率排名前 5 位的 HPV 基因型别依次为 56、58、16、51、68 型。各年龄组以单一感染最多见。

**结论** RT-qPCR 方法是一种快速、便捷、准确、稳定检测 HPV 的方法,适用于大规模的检测。深圳市罗湖区 HPV 感染亚型分布存在地区特异性,5 个年龄组不同 HPV 感染状况亦有差异。流行病学调查结果作为 HPV 感染的临床诊断和防治提供参考依据。

PU-6753

## 血清胱抑素 C、尿肾损伤分子-1 及尿微量白蛋白/肌酐比值在子痫前期肾损伤中的诊断价值

高翠红

唐山市第六医院 (原:唐山市妇幼保健院),063000

**目的** 探讨血清胱抑素 C (CysC)、尿肾损伤分子-1 (KIM-1) 及尿微量白蛋白/肌酐比值 (mALB/Cr) 在子痫前期 (PE) 肾损伤患者中的表达,并评价三者的诊断价值。

**方法** 选取 75 例子痫前期孕妇作为观察组,其中包括 45 例轻度子痫患者和 30 例重度子痫患者,同时选取同期在本院查体的 30 例健康孕妇作为对照组。采用 ELISA 法检测尿 KIM-1 水平,采用乳胶增强免疫比浊法检测 CysC 水平,mALB 采用免疫比浊法测定,肌酐 (Cr) 测定采用酶法,分析三者的相关性和在 PE 孕妇肾损伤中的诊断价值。

**结果** PE 肾损伤孕妇血清中 CysC、KIM-1 和 mALB/Cr 含量显著高于对照组,重度 PE 肾损伤血清 CysC、KIM-1 和 mALB/Cr 含量显著高于轻度组 ( $P < 0.05$ ); CysC 和 KIM-1 成正相关 ( $r = 0.538$ ,  $P < 0.05$ ); CysC 和 mALB/Cr 成正相关 ( $r = 0.695$ ,  $P < 0.05$ ); KIM-1 和 mALB/Cr 成正相关 ( $r = 0.358$ ,  $P < 0.05$ )。1ogistic 回归分析证实 CysC、KIM-1 和 mALB/Cr 与 PE 肾损伤具有密切关联 ( $P < 0.05$ )。三者联合检测灵敏度为 93.5%,特异性为 97.4%,诊断价值最高。

**结论** 血清 CysC、KIM-1 和 mALB/Cr 参与了 PE 肾损伤的发生、发展,可作为发现早期肾损伤的可靠指标,值得临床推广。

PU-6754

## 浅谈止自身抗体荧光检测实习中的带教体会

宋 军,王丽芳,刘晓雷  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 为了提高自身抗体荧光检测相关专业课程的教学质量,增强实习学生的积极性、主动性和创造性。

**方法** 总结实际工作经验,从岗前试讲、质量控制、人工检测、荧光显微镜应用、自动化检测设备维护及信息挖掘等方面分类讨论实习教学中的重点、难点与注意事项,

**结果** 帮助实习时期学生们提高学习兴趣、培养专业素养及临床思维能力。

**结论** 医疗实验室实习是医学检验学习的重要组成部分,更是该专业医学生将所学医学检验理论与临床实践相结合的重要阶段。

PU-6755

## DEC2 抑制胃癌恶性进程的分子机制研究

黎 娉  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** DEC2 在胃癌恶性进程中发挥重要作用,但其内在分子机制研究不清,进一步揭示 DEC2 发挥肿瘤调控作用的分子机制,为探索 DEC2 可否作为胃癌治疗的新靶点提供初步理论基础。

**方法** 通过芯片筛选和 q-PCR 试验验证过表达 DEC2 后的差异基因,同时对上下游信号通路进行验证。

**结果** 1. Western blot 和细胞免疫荧光染色法检测结果显示:过表达 DEC2 后,细胞间质标志物 N-cadherin 和 Vimentin 的表达水平明显减低,而上皮标志物 E-cadherin 的表达水平明显升高;干扰 DEC2 表达后,结果相反。

2. DEC2 通过阻断 ERK/NF- $\kappa$ B 通路抑制胃癌细胞发生 EMT 相关的侵袭转移。

**结论** DEC2 通过阻断胃癌细胞中 ERK/NF- $\kappa$ B 信号通路,上调 E-cadherin 表达,进而调控胃癌细胞上皮间质转化(EMT),最终抑制胃癌转移。

PU-6756

## 外泌体在肿瘤中的作用及前景

王萌萌,熊丹,宗曾艳,张秀明  
罗湖医院集团检验中心

**目的** 外泌体是胞浆内的多囊泡体与细胞膜融合后,释放到胞外基质的直径约 40~100nm 的膜性囊泡,正常细胞及肿瘤细胞均可产生外泌体与周围环境及远处细胞进行信息交流。外泌体释放后可通过胞膜融合、内吞及与靶细胞表面受体结合等方式被肿瘤微环境中的细胞、肿瘤细胞及血管内皮细胞等摄取,产生一系列信号改变,对肿瘤的生长、增殖、侵袭、转移、血管新生和免疫逃逸等产生影响。本文主要对外泌体的产生释放机制、成分及在肿瘤发生发展过程中的作用进行综述,并对外泌体在分子标志物方面的应用进行了阐述。

**方法** 外泌体是胞浆内的多囊泡体与细胞膜融合后,释放到胞外基质的直径约 40~100nm 的膜性囊泡,正常细胞及肿瘤细胞均可产生外泌体与周围环境及远处细胞进行信息交流。外泌体释放后可通过胞膜融合、内吞及与靶细胞表面受体结合等方式被肿瘤微环境中的细胞、肿瘤细胞及血管内皮细



胞等摄取,产生一系列信号改变,对肿瘤的生长、增殖、侵袭、转移、血管新生和免疫逃逸等产生影响。本文主要对外泌体的产生释放机制、成分及在肿瘤发生发展过程中的作用进行综述,并对外泌体在分子标志物方面的应用进行了阐述。

**结果** 外泌体是胞浆内的多囊泡体与细胞膜融合后,释放到胞外基质的直径约 40~100nm 的膜性囊泡,正常细胞及肿瘤细胞均可产生外泌体与周围环境及远处细胞进行信息交流。外泌体释放后可通过胞膜融合、内吞及与靶细胞表面受体结合等方式被肿瘤微环境中的细胞、肿瘤细胞及血管内皮细胞等摄取,产生一系列信号改变,对肿瘤的生长、增殖、侵袭、转移、血管新生和免疫逃逸等产生影响。本文主要对外泌体的产生释放机制、成分及在肿瘤发生发展过程中的作用进行综述,并对外泌体在分子标志物方面的应用进行了阐述。

**结论** 外泌体是胞浆内的多囊泡体与细胞膜融合后,释放到胞外基质的直径约 40~100nm 的膜性囊泡,正常细胞及肿瘤细胞均可产生外泌体与周围环境及远处细胞进行信息交流。外泌体释放后可通过胞膜融合、内吞及与靶细胞表面受体结合等方式被肿瘤微环境中的细胞、肿瘤细胞及血管内皮细胞等摄取,产生一系列信号改变,对肿瘤的生长、增殖、侵袭、转移、血管新生和免疫逃逸等产生影响。本文主要对外泌体的产生释放机制、成分及在肿瘤发生发展过程中的作用进行综述,并对外泌体在分子标志物方面的应用进行了阐述。

## PU-6757

### 生痰二氧化碳嗜纤维菌致肺栓塞患者败血症 1 例并文献复习

时东彦

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 本研究从肺栓塞患者的血液中分离得到一株生痰二氧化碳嗜纤维菌,从培养特性、菌落形态、基因测序等方面进行了鉴定,并对临床常用抗菌药物进行药敏试验,并综述了近几年有关生痰二氧化碳嗜纤维菌引起感染的几例病例报道。

**方法** 病例报道,文献复习

**结果** 测序鉴定结果为生痰二氧化碳嗜纤维菌。

**结论** 生痰二氧化碳嗜纤维菌为口腔内正常菌群,一般不致病,但是分离自无菌体液可能有临床意义。

## PU-6758

### 髓系抑制性细胞在慢性乙型肝炎发病中作用的研究

闫会敏

石家庄市第五医院,050000

**目的** 髓系抑制性细胞(MDSCs)是近年来新发现的免疫抑制细胞亚群,可通过多种机制抑制 T 细胞反应。这些细胞在肿瘤免疫逃逸中发挥着重要作用,但是否参与慢性乙型肝炎病毒感染尚不清楚。本研究将探讨慢性 HBV 感染对 MDSCs 的影响。

**方法** 收集 2015 年 8 月至 2016 年 10 月期间住院,尚未经治疗的慢性乙型肝炎(CHB)患者共 22 例,并从到本院体检的人群中招募 26 名健康者作为对照。分离外周血单个核细胞(PBMCs),流式细胞术检测 CHB 患者和健康对照者外周血中 MDSCs、调节性 T 细胞(Treg)、Th1 和 Tc1 细胞的百分比,采用酶联免疫吸附法测定 IL-10、TGF- $\beta$  和 IFN- $\gamma$  水平,采用 Pearson 相关检验分析 MDSCs 频数与临床参数的相关性。

**结果** 慢性 HBV 感染患 HBsAg 和 HBV DNA 均为阳性，与健康对照者比较，两组年龄和性别差异无统计学意义。与健康对照者比较，CHB 患者中外周 MDSCs 的频率明显增加，且与 ALT 水平、HBV DNA 载量呈正相关，与 Th1 细胞呈负相关。CHB 患者血浆 IL-10 浓度明显升高，TGF- $\beta$  和 IFN- $\gamma$  水平明显降低，Pearson 相关分析结果显示 IL-10 的产生与 AST、TBIL、DBIL、HBV DNA 载量呈正相关

**结论** 本研究发现慢性 HBV 感染患者外周 MDSCs 的频率明显增加，可能是导致 CHB 患者病毒清除能力降低和疾病进展的重要原因；MDSCs 的增多可能通过抑制 Th1 细胞的功能发挥免疫抑制作用，抑制或消除 MDSCs 可以促进 HBV 感染的有效免疫治疗。

## PU-6759

### 2 型糖尿病对肝硬化发生发展的影响及危险因素分析

闫会敏

石家庄市第五医院,050000

**目的** 通过分析 2 型糖尿病（T2DM）合并肝硬化患者和单纯肝硬化患者的临床特点、实验室检查指标，探讨 T2DM 作为可能的危险因素对肝硬化发生发展的影响，评估中末期肝病模型（MELD）预测患者是否发生并发症的准确性。

**方法** 采用回顾性分析方法，对 2017 年 1 月-2019 年 4 月在我院就诊的确定为 T2DM 合并肝硬化的患者 44 例和单纯肝硬化患者 112 例的临床数据进行统计学分析，比较两组患者临床特征的差异，多因素 Logistic 回归分析研究影响 T2DM 合并肝硬化发生发展的因素。

**结果** T2DM 合并肝硬化患者平均年龄为（61 $\pm$ 10），男女比例 1.4:1，单纯肝硬化患者平均年龄为（53 $\pm$ 11）岁，男女比例为 2.1:1，T2DM 合并肝硬化患者的平均年龄高于单纯肝硬化患者，女性多。两组实验室检测指标比较，T2DM 合并肝硬化组 HGB 水平明显低于单纯肝硬化组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ），而单纯肝硬化组的 MELD 评分高于 T2DM 合并肝硬化组，其它指标在两组间无统计学差异（ $P > 0.05$ ）。Logistic 回归分析，结果显示年龄、GGT、WBC 对 T2DM 合并肝硬化有显著性的影响。

**结论** T2DM 合并肝硬化没有加重肝硬化的病情，而年龄、GGT 和 WBC 水平可能对 T2DM 合并肝硬化进展有一定影响。

## PU-6760

### 室间质控对检验人员能力提高的讨论

裘维维

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 通过制作 blend-altmen 图来评估实验室人员手工操作的准确性，并对结果进行分析，进行多次对比后，来判断定期进行的室间质控对人员的能力是否有提高。

**方法** 对人员的操作结果进行数据分析并绘制 blend-altmen 图，通过一致性分析，并比多次的数据

**结果** 定期进行室间质控有助于人员检验能力的提高

**结论** 通过绘制的表格可以体现出，随着室间质控开展的次数的增加，均差在缩小，散点分布更趋向于标准线，人员的误差均在可控制的范围内，通过多次测评发现，人员的误差显著降低，准确性显著提高，表明经常开展室间质控有利于检验人员能力的提高。

## PU-6761

## Epidemiological analysis of EB virus DNA among children in Luohu district of Shenzhen

Dan Xiong,Hongmei MO,Xiuming Zhang

Medical Laboratory of The Third affiliated hospital of ShenZhen university, Shenzhen, 518001, China;

**Objective** Epidemiological analysis of EB virus nucleic acid was conducted on hospitalized children in Shenzhen luohu hospital group in the whole year of 2018 to understand the situation of EB virus infection among children in Luohu district of Shenzhen.

**Methods** By reviewing the 1616 cases of hospitalized children in Shenzhen luohu hospital group in the 2018, the gender, age, infection season and disease type of the children were statistically analyzed;

**Results** [Results] PCR quantitative results of 1616 children suspected of EBV infection showed that the overall infection rate was 23.37%, among which 23.4% were males and 28.7% were females. The positive rate was highest (45.1%) in the school-age group (6-12 years old), and the difference was statistically significant among all age groups. The infection rate in autumn was the highest (32.0%), and the difference in four seasons was statistically significant ( $\chi^2=20.693, P<0.001$ );

**Conclusions** The incidence of EBV in children in luohu district of shenzhen was lower than the data reported, and the highest in autumn. There was no gender difference in infection. The related diseases were mainly bronchopneumonia, without related severe disease infection.

## PU-6762

## 首发心梗病人超氧化物歧化酶和心肌酶的相关性分析

张晓斌,李典,李云婷,刘学广,郭欣

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 心肌梗死容易引发心源性猝死,造成病人死亡或患者心肌的永久性损伤,给患者及家庭带来负担,本研究通过检测首次心肌梗死的病人超氧化物歧化酶与和 HCY、MYO、CKMB、LDL、HDL 的相关性,为判断心肌梗死患者的预后提供依据。

**方法** 选择本院心内科里首次患心肌梗死的病人 46 例,体检健康的标本 20 例,分成患者组和健康对照组,对所有参加者都进行空腹采血,检测血清中 SOD、HCY、MYO、CKMB、LDL、HDL、hsCRP,通过 SPSS 软件来进行相关性分析。

**结果** SOD 和 HDL、LDL、hsCRP 有相关性,SOD 和 HDL、LDL 呈正相关,和 hsCRP 呈负相关。

**结论** 首发心肌梗塞的病人 SOD 和 hsCRP 呈负相关,临床检测 SOD 可对病人预后判断提供参考。

## PU-6763

## 诺卡菌感染实验室分析

全念

陆军军医大学(第三军医大学)第二附属医院

**目的** 诺卡菌与真菌感染临床表现较为接近,容易误诊,结合我院四名诺卡菌感染者病例,对诺卡菌进行分析,为以后实验室工作和临床诊断提供好的参考。

**方法** 以我院一名诺卡菌被误诊为真菌感染的患者为切入点,浏览分析病例资料和实验室数据,查阅相关文献了解此病实验室特点,并结合我院感染者的病原学、血液、影像学等进行分析。

**结果** 临床症状都为免疫力低下人群,表现出发热、咳嗽、呼吸困难、胸痛等症状。血液实验室检查为外周白细胞及血沉升高,且多半有低蛋白血症。影像学检查一般无特异性改变,早期多为单侧或双侧斑片影、结节影或团块影,当病变进展时表现为肺实变、空洞。病原学检查标本可以是痰、血液、脓液、胸腔穿刺液等。细菌培养大部分的诺卡菌培养分离困难且分离率偏低,在培养基上生长缓慢,一般在 37℃需氧培养下多数于 2~7 d 内生长为肉眼可见的菌落。因有时需 4~6 周,一般要求培养 4 周。细菌涂片见到革兰染色阳性及改良抗酸染色阳性分枝状菌,来诊断诺卡菌。

**结论** 诺卡菌病一般由创伤侵入或通过吸入方式导致感染,引起急性或者慢性化脓性或肉芽肿性疾病,后者多见于免疫功能低下的患者。病变主要发生在肺部并在肺部形成感染灶,也可累及脑、肾脏、皮肤等器官。肺部感染通常还会由肺部原发灶经血行播散,死亡率高,因影像无特异性诊断所以病原学诊断为诺卡菌诊断的金标准。诺卡菌培养时间长容易造成诊断时间延误、治疗延误,因此细菌涂片见到革兰染色阳性及改良抗酸染色阳性分枝状菌,更能快的初步诊断诺卡菌。

PU-6764

## Anti-Coxsackievirus B3 activity of Baicalin reduces cellular autophagy by Regulating Lipid biosynthesis In Vitro

Xiang Li

Huai'an Hospital Affiliated of Xuzhou Medical University

**Objective** Coxsackie virus B3 (CVB3) is a major causative pathogen of viral myocarditis and can induce cellular autophagy to facilitate its replication and proliferation. Baicalin (BA) is a flavonoid extracted from *Scutellariae Radix* and showed a variety of biological activities as reducing lipids, diminishing inflammation, and inhibiting bacterial infection. However, there is no report about antiviral properties of BA against CVB3.

**Methods** Cell viability was measured by a CellTiter 96 Aqueous One Solution Cell Proliferation Assay. The virus titer was detected by virus plaque assay. The concentration of cellular cholesterol (CHO) and free fatty acids (FAA) were measured using commercial kits, respectively. The expression levels of fatty acid synthase (Fasn) mRNA and acetyl-coA carboxylase (ACC) mRNA were detected by real-time PCR. The expression levels of LC3-I, LC3-II and CVB3/VP1 were detected by Western Blot.

**Results** BA can dose-dependently improve the survival of virus-infected cells, and can effectively reduce the viral titer and inhibit the expression of CVB3/VP1 protein at non-cytotoxic concentration in CVB3-infected Hela cells, indicating that BA could significantly inhibit viral replication. Next, CVB3 infection increased autophagy and cellular lipid levels in CVB3-infected cells, and found that BA decreased CVB3-induced autophagy through inhibiting the lipid synthesis. Lastly, the inhibitory effects of BA on autophagy and CVB3 replication could be blocked partially by pre-treatment of cells with exogenous palmitate which can promote lipid biosynthesis.

**Conclusions** Our findings indicate that BA has a potential anti-CVB3 activity and could inhibit viral replication and decrease autophagy by regulating cellular lipid metabolism.

## PU-6765

**数据挖掘技术及其在医疗实验室成本管理研究中的应用**

刘晓雷,王丽芳,宋军  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 本文对数据挖掘技术的发展历史,常见的数据挖掘技术如人工神经网络、决策树和支持向量机,以及它们在医疗实验室费用研究中的应用进展进行了较为详细地介绍,为临床相关分析工作提供借鉴。

**方法** 对数据挖掘技术的发展历史,常见的数据挖掘技术如人工神经网络、决策树和支持向量机,以及它们在医疗实验室费用研究中的应用进展进行了较为详细地介绍,

**结果** 医疗实验室费用增长过快是居民看病贵急待解决的重要问题之一。医疗实验室费用种类繁多,如何从繁杂的数据信息中找出主要影响因素,对降低检测费,减少过度医疗,控制总体医疗费用过度增长具有实际意义。

**结论** 传统人工汇总、统计分析已无法满足些目的,而数据挖掘技术可以克服这些不足,可成为主流研究方法之一。

## PU-6766

**环状 RNA 在恶性肿瘤发生发展和诊疗中的研究进展**

宗曾艳,熊丹,张秀明  
罗湖医院集团

环状 RNA (circular RNA, circRNA) 是一类共价闭合环状的内源性非编 RNA,在各种真核细胞基因组广泛存在。因其具有丰度高、结构稳定、高度保守及组织特异表达等性质,成为最近几年研究的热点。研究发现, circRNA 竞争性吸附 miRNA,作为 miRNA 海绵,参与多种基因的表达调控,在肿瘤发生发展、侵袭转移等过程中发挥重要作用。本文就 circRNA 的起源、特征、功能及其在肿瘤发生发展、侵袭转移、诊断预后方面的研究作一综述。

## PU-6767

**多粘菌素联合美罗培南、替加环素、磷霉素、夫西地酸、利福平或舒巴坦治疗泛耐药鲍曼不动杆菌感染的小鼠模型的体内药效分析**

关杰  
北京大学第一医院,100000

**目的** 泛耐药鲍曼不动杆菌 (XDR-AB) 引起的严重感染,其有效的抗生素种类选择性较少。多黏菌素目前又成为治疗包括 MDR-AB 在内的耐药革兰氏阴性菌感染一线药物,但体外研究表明细菌暴露于多黏菌素后极易出现耐药,本研究希望通过多黏菌素为基础联合用药治疗 MDR-AB 感染体内试验探究适宜的联合用药组合。

**方法** 本研究使用小鼠大腿感染模型,研究多粘菌素联合美罗培南、替加环素、磷霉素、夫西地酸、利福平或舒巴坦对 12 种 XDR-AB 菌株的体内药效。

**结果** 与未接受治疗的对照小鼠相比治疗,多粘菌素、替加环素、利福平和舒巴坦单药治疗可显著降低细菌小鼠大腿感染的数量。其中,多粘菌素是最有效的,在治疗后 48 小时,仍对 91.7% 的菌

株具有杀菌活性。美罗培南具有相对较低的最低抑菌浓度 (MIC) ( $MIC \geq 32 \text{ mg/L}$ )，其联合多粘菌素治疗，在 24 小时和 48 小时均可引起协同抑制效应。联合利福平或夫西地酸均可显著改善多粘菌素的药效，在治疗后 24 小时后分别对菌株具有 100% 和 58.3% 的协同率，而加入替加环素、磷霉素或舒巴坦没有显示出明显的协同作用。多粘菌素-利福平和多粘菌素-夫西地酸两种联合治疗方式治疗大多数菌株时无明显差异。

**结论** 总之，本研究表明，在体内试验中，多粘菌素与利福平或夫西地酸联合治疗 XDR-AB 感染比联合其他抗生素更有效。如果美罗培南的  $MIC \leq 32 \text{ mg/L}$ ，多粘菌素-美罗培南组合可能也是一种较合适的选择。以上发现仍需更多的临床研究来进一步确认。

## PU-6768

### The Performance of the Chemiluminescent Immunoassay for Measuring Serum MPO and PR3 antibodies

Xiuzhu Hou, Jing Liu, Tiancheng Wang, Jiansuo Zhou, Liyan Cui  
Peking University Third Hospital

**Objective** Anti-neutrophil cytoplasmic antibody (ANCA)-associated vasculitis (AAV) is a common multisystem autoimmune disease, characteristic by an inflammatory process of the small vessels. ANCA are serological hallmarks for AAV. Myeloperoxidase (MPO) and proteinase 3 (PR3), the main antigens for ANCA, have been associated with AAV. At present, detection the antibodies of MPO and PR3 are mainly based on ELISA in China. Since this method has many defects, such as time consuming, laborious, little scale testing are well known. Moreover, the availability of an automated chemiluminescent immunoassay (CLIA) for detecting antibodies against MPO and PR3 offers the advantages of automation and higher testing throughput, we evaluated the utility of CLIA for routine detecting of MPO and PR3 antibodies.

**Methods** We evaluated the performance of CLIA for the determination of serum MPO and PR3 immunoglobulin G (IgG) antibodies. Different concentration serum was used to evaluate the precision, measured four times daily for five consecutive days according to the CLSI EP15-A2. High level serum was diluted to evaluate the linearity according to the CLSI EP6-A2. Diluent assay was used to evaluate the Limit of Quantitation (LOQ), serum was diluted in different ratio to near the expected lower reportable limit. EP Evaluator 10 was used to evaluate the precision and linearity. The allowable error was  $\leq 25\%$ .

**Results** The coefficients of variation (CV) range of imprecision was 1.48-3.63 %, which were less than the allowable error; the linear ranges of MPO-IgG and PR3-IgG were 3.2-603.3 CU and 2.3-1657.4 CU, respectively; the LOQ of MPO-IgG and PR3-IgG was 5.8 CU and 9.4 CU at least, respectively.

**Conclusions** The CLIA exhibits a good performance for MPO and PR3 IgG measurement and can be used as a candidate method for routine screening.

## PU-6769

### 真核起始因子 3 在 HIV 感染者中的表达水平与疾病进展的关系

潘莹, 张子宁, 尚红  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 大多数翻译控制发生在蛋白质合成的起始阶段，真核起始因子 3 (eukaryote initiation factors, eIF3) 是最大最复杂的一个真核翻译起始因子，目前已知 eIF3 由 13 个亚基组成。HIV 病

毒在感染 CD4<sup>+</sup>T 细胞后需要借助宿主细胞合成衣壳蛋白用于包装新病毒,那么 HIV 感染者的 eIF3 的表达水平与疾病进展是否相关还需进一步明确。

**方法** 选取前瞻性队列中感染时间为 100 天左右的感染者外周血 10ML,根据检测日期 CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞的数量将感染者分为两组,分别为 TP<sub>s</sub> 组(CD4<sup>+</sup>T 细胞>500cells/uL)和 RP<sub>s</sub> 组(CD4<sup>+</sup>T 细胞<350cells/uL)。密度梯度离心法分离 PBMC,提取 RNA,反转录成 cDNA,实时 PCR 检测 13 种亚型的表达水平,分析其与 HIV 疾病进展的关系。

**结果** 实验结果表明 eIF3d mRNA 在 RP 组组表达水平最低,各组间比较均有显著差异( $P<0.05$ ); eIF3b, eIF3c, eIF3l mRNA 在 HIV 感染者中表达均高于健康对照者( $P<0.05$ ),但感染者各组间无统计学差异; eIF3i mRNA 在 HIV 感染 RP 组中表达最高,与其它两种相比均有显著性差异( $P<0.05$ );但健康对照组和 TP 组则无差异; eIF3e mRNA 在 HIV 感染 TP 组中最高,RP 组中最低,两组分别与健康对照组相比有显著性差异( $P<0.05$ ),但两组之间无差异; eIF3k mRNA 在 HIV 感染者中显著低于健康对照( $P<0.05$ ),但在感染者之间无显著差异。

**结论** 13 种亚型中 eIF3d 的表达与 HIV 疾病进展呈显著负相关。

PU-6770

## 物联网技术在医疗实验室中的应用及思考

宋 军,刘晓雷,王丽芳

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 如今物联网技术在医疗行业中的应用进行简要的总结及进一步的思考。

**方法** 对期刊中物联网技术在各技术领域中的具体应用进行分类汇总。

**结果** 随着经济、社会及科技的发展,物联网在远程医疗、智慧医疗、医疗监护系统、医疗设备及器械管理等中具有较为广泛的应用,显著降低了区间优势差异,提高了信息技术在医学各领域的发展速度,为临床实验室进一步建立运转数据链、全程信息监控等方面提供了技术基础。

**结论** 物联网的发展必将推动物与物之间的关联。只有更深入地将物联网技术与医疗各具体行业结合,才能为社会提供更安全、更有效的医疗卫生服务。本文还对医疗实验室中可实现的部分物联网功能进行了展望。

PU-6771

## 系统性红斑狼疮患者杀伤细胞免疫球蛋白样受体 3DL1 自身抗体摘要

宋淑然

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 证实系统性红斑狼疮(SLE)患者血清中存在 KIR3DL1 自身抗体,且具有疾病特异性。

**方法** 应用麦胚无细胞蛋白表达系统重组并表达 KIR3DL1-增强型绿色荧光蛋白(EGFP)和 EGFP,并应用酶联免疫吸附实验(ELISA)对 28 例 SLE 患者、11 例 RA 患者以及 17 例健康受试者血清样本进行抗 KIR3DL1 自身抗体检测。

**结果** 28 例 SLE 患者中,22 例(78.6%)血清抗 KIR3DL1 抗体阳性,其中 11 例未开始治疗的患者中 10 例(90.9%)阳性,17 例接受治疗的患者中 12 例(70.6%)阳性,SLE 和 RA 患者血清抗 KIR3DL1 抗体的 ELISA 评分分别为 0.30 和 0.068,健康受试者的 ELISA 评分为 0.024。

**结论** 抗 KIR3DL1 抗体具有针对 SLE 的疾病特异性,并且是反映疾病状况的一项指标,检测抗 KIR3DL1 自身抗体并结合其他标志物,可以作为 SLE 的诊断标志物。

## PU-6772

## Evaluation of Detection Method of UreaplasmaUrealyticum DNA and Analysis of Infection Rate.

许晓清,莫红梅,熊丹,张秀明  
罗湖医院集团

**目的 Objective** To verify the performance of UU real time quantitative PCR methods (qRT-PCR) and analyze the infection status of UU in Shenzhen Luohu District People's Hospital from Jan to Dec 2018.

**方法 Methods** According to the performance evaluation related requirement documents and manufacturer's statement, verify the repeatability, accuracy, lower limit of detection and anti-interference of the methods and The UU specimens form our outpatients and inpatients in 2018 were tested and statistically analyzed.

**结果** The overall UU positive rate was 59.8%, the detection rate of UU in female was significantly higher than that in male ( $\chi^2=525.613$ ,  $P<0.01$ ), the detection rate of UU in female patients  $\leq 30$  years old was great higher than  $>30$  years old ( $P<0.01$ ).

**结论 Conclusion** The detection method of qRT-PCR has high detection sensitivity, good repeatability, strong anti-interference, and the lower limit of detection meets the requirements, it can be used for clinical testing and this study provides a reference basis for the diagnosis and treatment of UU infection.

## PU-6773

## 细菌耐药监测网建设与数据安全

刘晓雷<sup>1,2</sup>,强翠欣<sup>1,2</sup>,李志荣<sup>1,2</sup>,杨靖<sup>1,2</sup>,牛亚楠<sup>1,2</sup>  
1.河北医科大学第二医院,050000  
2.河北省临床检验中心

**目的** 探讨细菌耐药监测网运维过程中数据安全性的与主要技术途径。

**方法** 应用高级程序语言为监测平台增设校验、自动维护及权限远程警报等安全措施。

**结果** 在数据层面初步实现了细菌耐药监测信息上传、存储、查询及备份管理等功能的相关安全保证。

**结论** 完整、安全、有效的医学信息是进行监督管理的基础,特别在细菌耐药资料收集方面,能够为合理应用抗生素提供区域性、客观性及时效性的重要依据,达到延缓细菌耐药性的产生。本文通过相关信息技术的应用为监测网的安全运行与数据保障提供一些思路。

## PU-6774

## A consanguineous derived homozygous mutation of WNT1 results in osteogenesis imperfect and congenital exotropia

Jiaxi Chen,Xi Tu,Yang Lu,Bo Shen  
Taizhou Enze Medical Center (Group) Enze Hospital

**Objective** Characterized by low bone mass and bone fragility, Osteogenesis imperfecta (OI) is a heterogeneous group of genetic disorders. Recently, mutations of WNT1 have been identified as a new candidate gene for OI, here we identified an OI patient with new pathogenic homozygous WNT1 missense mutation.



**Methods** We designed a panel with known 261 genes associated with hereditary bone disease by targeted next generation sequencing and confirmed the mutations with Sanger sequencing. Clinical manifestations and bone mineral density (BMD) were described.

**Results** The girl with severe OI had low bone density, multiple long bone fractures, short stature, but absence of dentinogenesis imperfect and brain malformation. However, she was congenital ptosis and exotropia of the left eye, but absence of blue sclera. The proband was from a consanguineous family and had a homozygous missense mutation in WNT1 (c.677C>T, (p.S226L)). The mutation was found to be pathogenic on bioinformatic analysis. In addition, three other compound heterozygous mutations (c.1729C>T in FKBP10, c.1958A>C in FGFR3, c.760G>C in TRPV4) were also detected in her family.

**Conclusions** We report the first case of consanguineous derived homozygous mutation in a lady affected with severe osteogenesis imperfecta, congenital ptosis and exotropia of her left eye, but absence of blue sclera. The c.677C>T, (p.S226L) mutation in WNT1 has been confirmed to be a novel mutation.

## PU-6775

### RDW 联合 NLR 在强直性脊柱炎诊断和活动度及严重程度评估上的价值

王静,金霞霞,卢国光,沈波  
台州恩泽医疗中心(集团)浙江省台州医院

**目的** 研究红细胞分布宽度(RDW)与中性粒细胞淋巴细胞比值(NLR)对于强直性脊柱炎(ankylosing spondylitis, AS)的联合诊断价值并探讨其与疾病活动度及严重程度是否存在相关性。

**方法** 回顾性收集 2012 年 1 月至 2016 年 9 月于台州医院就诊的 AS 患者 78 例以及年龄性别匹配的健康对照组 78 例,记录入选者的血常规、红细胞沉降率(ESR)、C 反应蛋白(CRP)及免疫球蛋白 IgA、IgG、IgM 等实验室指标结果,并根据磁共振(MRI)结果将 AS 患者分为 I、II、III、IV 四期。通过比较 RDW 及 NLR 与 CRP 及 ESR 的相关性探讨其与 AS 活动度的关系,再通过 ROC 曲线得出 RDW、NLR 及 RDW 联合 NLR 诊断 AS 的曲线下面积(AUC)及 cut-off 值,根据 RDW 及 NLR 的 cut-off 值分别将 AS 患者分为 2 组并比较组间 AS 相关的实验室指标的差异;进一步对不同 MRI 分期患者的 RDW 及 NLR 进行比较来探讨其与疾病严重程度是否存在相关性。

**结果** ①AS 组与健康对照组间的 NLR、ESR、CRP 及 RDW 等炎症指标、IgG、IgA 及 IgM 有统计学差异( $P<0.05$ )。②RDW 及 NLR 均与 CRP 及 ESR 相关( $r=0.231$ ,  $P=0.042$ ,  $r=0.352$ ,  $P=0.002$ ;  $r=0.306$ ,  $P=0.006$ ,  $r=0.343$ ,  $P=0.002$ )。③RDW、NLR 及 RDW 联合 NLR 诊断 AS 的 AUC 分别为 0.784、0.725 及 0.812 ( $P=0.000$ ;  $P=0.000$ ;  $P=0.000$ ), RDW 的 cut-off 值为 13.2, 灵敏度为 0.590, 特异性为 0.962; NLR 的 cut-off 值为 2.14, 灵敏度为 0.603, 特异性为 0.795。NLR 与 RDW 联合诊断的灵敏度为 0.615, 特异性为 0.949。④RDW $\leq$ 13.2 及 RDW $>$ 13.2 两组 AS 患者 ESR 具有统计学差异( $P=0.014$ ); NLR $\leq$ 2.14 及 NLR $>$ 2.14 两组 AS 患者 CRP 具有统计学差异( $P=0.018$ )。⑤各分期 AS 患者的 RDW 及 NLR 均无统计学差异( $P=0.663$ ;  $P=0.944$ )。

**结论** RDW 联合 NLR 可作为 AS 患者新的辅助诊断指标,可反映疾病活动度但不能反映疾病严重程度。

PU-6776

## 血清脂蛋白 a 浓度与 2 型糖尿病患者足部溃疡感染情况的临床研究

王璇<sup>1</sup>,李姣<sup>1</sup>,孟钰榕<sup>2</sup>,高明<sup>3</sup>

1.河北医科大学第二医院,050000

2.河北医科大学

3.河北医科大学第二医院内分泌科

**目的** 分析血清脂蛋白 a (Lp (a)) 浓度在 2 型糖尿病 (T2DM) 足部溃疡感染患者中的变化,探讨其与 T2DM 及糖尿病足部溃疡感染之间的关系。

**方法** 按照足部溃疡面分泌物的细菌培养结果将患者分为培养阳性组与培养阴性组,分别测定各组的血脂及血糖等生化指标,比较其与糖尿病足溃疡感染的关系。

**结果** 与培养阴性的 T2DM 足部溃疡患者相比,培养阳性组患者的血清 Lp (a) 水平升高,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。Logistic 回归分析显示,高水平的 Lp (a) 是 2 型糖尿病患者发生足部溃疡感染的危险因素。

**结论** 血清 Lp (a) 与糖尿病足部溃疡感染的发生具有相关性,检测血清 Lp (a) 水平对糖尿病足部溃疡感染的早期发现及风险预测具有重要意义。

PU-6777

## 男性不育遗传缺陷筛查:多重 qPCR 和 HRM 方法建立与应用的研究

夏欣一,殷玉玲,蒋卫军

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 男性不育症是引起育龄夫妇不育的主要原因之一,约占 50%。其中约 30%为遗传因素。遗传学因素中,发病率最高的是 Y 染色体微缺失 (AZF) 和克氏综合征 (47, XXY)。传统检测方法中 AZF 采用多重 PCR (凝胶电泳) 特异性扩增 Y 染色体 AZF 区域 STS 位点; 47, XXY 采用外周血淋巴细胞染色体核型分析 (G 显带)。但这两种检测方法存在周期长、操作繁琐、灵敏度低、易污染等一系列问题。对检测结果造成一定的影响。本文通过实时荧光 PCR (qPCR) 和高分辨熔解曲线 (HRM) 的原理,设计一种快速联合筛查 AZF 和 47, XXY 的方法。

**方法** 设计一种四重实时 PCR 检测方法,四重测定由四种水解探针和引物组成,用于定性检测 AZF 和 47, XXY。设计 HEX-, Texas Red-和 CY5-标记的探针及其相应的引物以分别检测位于 Y 染色体的 AZFa, AZFb 和 AZFc 区域上的靶序列标记位点 (STS)。特定 AZF 区域的缺失将导致相应荧光通道中不存在扩增曲线。因此,实时扩增能从 HEX, Texas Red 和 CY5 通道获得有关 AZF 微缺失的信息。47, XXY 检测通过挑选 X 和 Y 染色体序列相似但不相同的内源性或外源性相似序列,设计 FAM-探针及其相应的引物进行扩增,为在扩增过程中保护 FAM 标记的探针免于水解,将该探针的解链温度设计为低于 PCR 的退火温度。因此,在扩增过程中无法在 FAM 通道中观察到扩增曲线。扩增后,对 PCR 产物进行 HRM 分析,X 染色体上的靶序列与探针完全匹配,而 Y 染色体上的靶序列仅部分匹配,在得到的熔解曲线中产生两个不同的峰。理论上,两个峰面积的比率表示 X 和 Y 染色体的相对量。从而达到检测的目的。通过分析和诊断的敏感性和特异性,评估该方法的有效性。

**结果** 对 20 例 47, XXY 男性患者进行四重法检测,使用 20 个正常男性样本作为参考,并引入了归一化相对峰值 (NRP) 进行检测。46, XY 样本和 47, XXY 样本的 NRP 值分别为 1 和 0.5。其在

模板 DNA 范围（2-100ng）中具有非常高的分析特异性（100%）。该测定的检测限为 2.5ng 基因组 DNA，检测 47，XXY 的最佳模板 DNA 量为 50ng。用于检测 47，XXY 和 AZF（n=40）的四重测定法也显示出非常高的诊断敏感性和特异性（100%）。

**结论** 本文中所描述方法减少了劳动力强度和周转时间，降低成本，减少电泳等操作污染，并提高了检测通量。最重要的是该方法可以同时快速检测 AZF 和 47，XXY。为在多中心验证与大样本量的生育诊所中的无精症和严重少精症患者的第一阶段筛查提供了工具。

## PU-6778

### 多指标荧光定量 PCR 联合检测在移植后排斥反应中的应用研究

余鹏春,杨聚豪,田慧,王三军  
陆军军医大学（第三军医大学）第二附属医院

**目的** 联合 JCV、BKV、CMV 和 EBV 进行荧光定量 PCR 检测，以期对移植后排斥反应的早期预测、诊断及预后提供快速、有效的检测指标。

**方法** 同时收集肾移植术后及骨髓移植术后患者的晨尿和 EDTA 抗凝全血标本，按试剂说明书进行提取，在罗氏 COBAS Z 480 和杭州博日 PCR 仪上分别进行 JCV、BKV、CMV 和 EBV 荧光定量 PCR 检测，研究这 4 个指标联合检测对移植术后排斥反应发生的灵敏度和特异性。

**结果** 肾移植术后患者，尿液标本中 BKV 感染比例和病毒含量较高，且与预后呈负相关；BKV 合并 JCV 感染，CMV 和 EB 感染比例上升，预后更差。骨髓移植术后患者，血液中单独 JCV 及 BKV 感染比例相近，两者合并感染后提示发生移植后排斥反应可能性更大。

**结论** 联合 JCV、BKV、CMV 和 EBV 对移植后患者晨尿及全血标本进行荧光定量 PCR 检测，比单独指标检测更灵敏预测移植后排斥反应的发生，对移植后反应的检测及预后提供更全面可靠的诊断依据。

## PU-6779

### 两种典型畸形精子症的基因诊断研究

夏欣一,鄧慧杰  
中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 畸形精子症（Teratozoospermia）是指精子正常形态所占百分比低于 4%（2010 年，WHO 规定值为 4%）的男性不育症。现已报道的畸形精子症包括精子鞭毛多发形态学异常（Multiple morphological abnormalities of the sperm flagella, MMAF）、大头多尾精子症（Large headed multiflagellar spermatozoa）、圆头精子症（Globozoospermia）以及无头精子症（Acephalic spermatozoa syndrome, ASS）。本研究对在男科门诊就诊的 1532 例患者的精子形态进行研究分析，从而为男性不育临床诊断提供重要的参考依据。并且通过对 25 例 MMAF 患者以及 20 例圆头精子症患者的致病基因进行检测，进一步揭示了畸形精子症的发病机制为此类患者临床诊断及治疗奠定基础。

**方法** 对于男科门诊就诊的 1532 例患者进行至少三次的精液常规检查以及精子形态分析。针对 25 例 MMAF 患者，通过以下几种检测技术对 MMAF 患者进行基因诊断研究：（1）利用多重 PCR 靶向测序技术对 MMAF 四种致病基因（DNAH1/CFAP43/CFAP44/CFAP69）全外显子区进行变异检测（2）利用全外显子组测序技术（Whole-Exome sequencing, WES）对通过 MMAF 患者全外显子区域进行变异检测（3）Sanger 测序验证变异位点。针对 20 例圆头精子症患者，本研究通过以下几种检测技术对圆头精子症患者进行基因诊断研究：（1）利用 PCR 扩增技术对 DPY19L2

全外显子区变异位点进行检测 (2) 利用 WES 对圆头精子症患者的全外显子区域进行变异检测 (3) Sanger 测序验证变异位点。

**结果** 首先, 对于男科门诊就诊的 1532 例患者进行精子形态学研究, 最终 600 例患者被诊断为男性不育, 600 例不育患者中的 60 例被确诊为畸形精子症。不幸的是 60 例中的 15 例断头精子症患者未能取得外周血, 所以本研究最终只对 45 例取得外周血的畸形精子症患者 (25 例 MMAF 患者和 20 例圆头精子症患者) 进行基因诊断研究。其次, 在 25 例 MMAF 的 4 例中检测出 DNAH1 基因 1 个新的纯合移码突变 (c.11023delT) 以及 3 个新的复合杂合突变。最后, 在 20 例圆头精子症患者的 5 例中检测出 DPY19L2 基因变异即 4 个外显子纯合缺失以及 1 个新的纯合错义突变 (c.1889G>A)。

**结论** 本研究发现, 精子形态学是诊断男性不育的一个必不可少的重要指标, 为临床诊断提供了重要的参考依据。另一方面, 明确了 4 例 MMAF 患者以及 5 例圆头精子症患者的遗传学病因。DNAH1 和 DPY19L2 基因变异, 不仅丰富了其基因的突变谱, 有利于基因型-表型的对应, 而且为患者后续的临床评估、辅助生殖以及遗传咨询等提供了重要依据。

## PU-6780

### 轻链检测在慢性肾脏病中的应用

史德宝, 潘亚萍, 李聪, 卢敏, 吕礼应  
安徽医科大学第一附属医院, 230000

**目的** 评估血清轻链 (serum total light chain, sTLC)、尿轻链 (urine total light chain, uTLC) 及游离轻链 (serum free light chain, sFLC) 在慢性肾脏病 (CKD) 不同分期下, 患者轻链水平差异; 评估不同 CKD 分期下, 三种轻链检测异常率差异; 评估各轻链水平与肾脏功能指标的相关性。

**方法** 回顾性分析 2018 年 1-12 月就诊于本院 254 例 CKD 患者, 排除多发性骨髓瘤等浆细胞疾病、急性肾损伤、肿瘤性疾病等。根据估算的肾小球滤过率 (eGFR, CKD-EPI 四种族公式) 将 CKD 患者分为四组, 其中 CKD2 期 31 例; CKD3 期 96 例; CKD4 期 50 例; CKD5 期 77 例。检测 CKD 患者 sTLC、uTLC、sFLC 及相应生化指标, 比较各组指标间差异及相关性。

**结果** 1、轻链在各组间差异性分析中, CKD2-5 期患者, sTLC  $\kappa$ 、sTLC  $\lambda$ 、sTLC  $\kappa/\lambda$  各组间均无差异 ( $P$  均  $>0.05$ ); uTLC  $\kappa$ 、uTLC  $\lambda$ 、sFLC  $\kappa$ 、sFLC  $\lambda$  各组间均有差异, 且结果随着分期的增加而增高 ( $p$  均  $<0.001$ ), 该轻链亚型间比值 uTLC  $\kappa/\lambda$  与 sFLC  $\kappa/\lambda$  在各组间均无差异 ( $P$  均  $>0.05$ )。

2、各组间轻链结果异常率比较得出, sTLC  $\kappa$ 、sTLC  $\lambda$  结果在各组间无差异且各组异常率低 ( $<10\%$ ); 随着分期的增高, uTLC  $\kappa$ 、uTLC  $\lambda$ 、sFLC  $\kappa$ 、sFLC  $\lambda$  结果均呈增长趋势, 且各组异常率均  $>60\%$ ; 但各轻链比值在 CKD 患者异常率均低于  $5\%$ 。

3、轻链结果与肾脏功能指标 (CRE、UREA、eGFR) 相关性分析, sFLC  $\kappa$ 、sFLC  $\lambda$  与肾功能指标的相关性显著优于 uTLC  $\kappa$ 、uTLC  $\lambda$ 。

4、ROC 曲线分析, sTLC 诊断 CKD 患者敏感性要高于 uTLC。

**结论** CKD 患者中, 尿轻链、游离轻链随着疾病分期增高而增加, 且游离轻链与 CKD 患者肾功能变化相关性要优于尿轻链。

## PU-6781

## The relationship between the lymphocyte-monocyte ratio and disease activity and severity in ankylosing spondylitis

Jing Wang,Xiaxia Jin,Yuan Yuan,Guoguang Lu

Taizhou Hospital of Zhejiang Province, Taizhou Enze Medical Center(Group)

### Objective

Ankylosing spondylitis (AS) first invades the sacroiliac joint, and then gradually develops along the spine, involving the lumbar spine, thoracic spine and even cervical spine.

The affected spine not only suffers from back pain, but also progressive joint and spinal mobility limitation, untimely treatment of AS can lead to disability.

The lymphocyte-

monocyte ratio (LMR) is a systemic inflammatory and immunological indicator for prediction of disease diagnosis, development and prognosis.

Recently, many studies proved LMR was associated with kinds of diseases, including carcinomas and autoimmune diseases.

However, the role of LMR in AS patients remains unclear.

### Methods

78 AS patients and 78 sex-age-

matched healthy controls (HC) were enrolled in this study.

Magnetic resonance imaging(MRI) determined the severity of AS patients in the affected Sacroiliac joint. The radiographic staging of AS was performed by the New York criteria.

LMR level and other laboratory results was compared between AS patients and healthy controls.

### Results

A higher level of NLR,PLR,AST,TBIL,DBIL and lower level of RBC,Hb,Hct,LMR and A/G in the AS group were noted as compared to the healthy controls.

A positive correlation was observed between LMR and RBC,Hb,Hct and A/G,while LMR was negative correlated with NLR,PLR,AST,TBIL and DBIL( $P < 0.05$ ).

The ROC curve showed that the area under the curve of LMR was 0.803(95%CI =0.734-0.872),and it showed 62.8% sensitivity and 87.2% specificity.

Biomarkers between low LMR group( $LMR \leq 4.26$ ) and high LMR group( $LMR > 4.26$ ) were compared. Levels of WBC,NLR,PLR,ALT and AST were higher in low LMR group and RBC,Hb and Hct were lower( $P < 0.05$ ).

Lower LMR was observed in patients of higher MRI stages( $P < 0.05$ ).

### Conclusions

This study suggests that LMR is an important inflammatory marker that can be used to identify disease activity and severity in AS patients.

## PU-6782

## 基于游离核酸 SALP-seq 解析肿瘤组织染色质开放状态的表观遗传标志物研究

夏欣一,武剑,王凡,李卫巍,王进科

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 染色质开放状态作为一种重要的表观遗传学特征,反映了染色质转录活跃程度,特定条件下的染色质开放性变化可以提供大量的基因表达调控信息,为各种蛋白结合新位点的发现指明方向。随着测序技术的发展,利用核酸酶(如 DNase I、Tn5 转座酶等)处理配合二代测序成为检测染色质开放性的主流方法。然而,现有基于二代测序的染色质开放性检测方法由于其建库方法的内在缺陷而受到限制,在测序过程中只能对部分标记 DNA 片段进行序列分析。为了解决这一问题,本研

究建立了一种新的基于 ssDNA 的 NGS 文库构建方法, 命名为 Single strand Adaptor Library Preparation (SALP), 并将之应用于 cfDNA、组织和细胞系的染色质开放状态研究。

**方法** SALP 可以从任何 DNA 片段开始, 例如经 Tn5 处理 DNA 片段或血液中的 cfDNA, 随后将双链 DNA (dsDNA) 片段变性, 使其成为单链 DNA (ssDNA), 再在单链 DNA 的 3' 端连接一种单链接头, 对连接单链接头的单链 DNA 用 DNA 聚合酶延伸, 使其成为双链 DNA, 向双链 DNA 的无单链接头的一端连接 T 接头, 通过 PCR 扩增两端连接接头的双链 DNA, 使其成为可用于二代测序的 DNA 文库。应用该方法, 本研究成功地探究了两种食管癌细胞系染色质开放状态, 并对来自 16 例食管癌患者和 4 例健康人的 20 份 cfDNA 样本进行了测序, 通过生物信息学分析, 本研究发现了患者与健康人的表观遗传差异。

**结果** 本研究通过对 cfDNA 和食管癌细胞系进行 SALP-seq, 发现各组样本在 reads 分布、片段长度、GC 含量方面均有显著差异, 随后分析计算各基因的 TSS 上下游 $\pm 5\text{kb}$  区域内的 reads 密度, 发现在 23 个基因的启动子区域在正常对照与肿瘤患者中具有显著差异, 其中有 9 个基因已报到与食管癌相关, 与已公开报道的 19 例鳞癌组织 ATAC-seq 结果比较发现两者可反映相似的染色质开放状态, 且能够主成分分析区分肿瘤与正常标本, 此外与食管癌细胞系 H3K27ac ChIP-seq 数据进行比较, 发现由肿瘤组 cfDNA 和 ChIP-seq 鉴定出的 peak 重叠比例很低, 表明 cfDNA NGS 和 ChIP-seq 对染色质状态鉴定结果高度一致。

**结论** 本研究建立了一种基于单链接头的二代测序文库的构建方法—SALP。本研究建立的 SALP 方法, 不仅可用于 NGS 文库构建, 测定 DNA 序列, 还可以用于鉴定染色质开放区、基因表达检测、微量核酸扩增等, 因此是一种在核酸检测分析领域具有多种功能和广泛应用价值的新技术。

PU-6783

## 中国 HIV-1 感染者 HLA-B\*13 限制性 T 细胞应答表位变异与疾病进展关系的研究

张慧, 何川, 赵彬, 丁海波, 韩晓旭, 尚红  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** HLA 限制的病毒特异性 T 细胞应答在控制 HIV 感染病毒复制中起关键作用, 是疫苗及免疫治疗靶位选择的重要目标。我们前期发现 CRF01\_AE 亚型感染者的 HLA-B\*13 限制性 T 细胞应答表位突变相对低, 本研究进一步分析在感染一年内 HLA-B\*13 限制性 T 细胞应答的动态变化及与感染者疾病进展的关系, 为疫苗抗原选择提供参考依据。

**方法** 选择 12 例携带 HLA-B\*13 等位基因的 CRF01\_AE 亚型 HIV 早期感染者, Elispot 法分别测定感染 3 个月及 1 年时 PBMC 对 6 个国际报道具有保护性的 Gag、Pol 蛋白上的 HLA-B\*13 限制 T 细胞应答反应。配对 T 检验分析应答强度及频率变化情况, Spearman 秩相关分析应答与疾病进展的关系, Mann-Whitney U 检验比较 T 细胞应答组与非应答组 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数、病毒载量(VL)、病毒调定点(setpoint VL)的差异。

**结果** 结果显示针对 Pol-GI9、Gag-GI11 及 Gag-VV9 表位的 T 细胞应答在感染 3 个月即已出现, 且在感染 1 年时平均应答强度无显著性下降, 为 CRF01\_AE 亚型 HIV 感染者的免疫显性表位。其中 Gag-GI11 特异性 T 细胞相对应答强度与 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数呈正相关趋势( $r=0.537$ ,  $p=0.072$ )。Pol-GI9 特异性 T 细胞应答与 VL 呈正相关趋势、与 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数呈负相关趋势( $r=0.786$ ,  $p=0.064$ ;  $r=-0.551$ ,  $p=0.063$ ), Gag-VV9 应答组 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数显著低于无应答组 ( $246.50\pm 83.5$  vs.  $555.75\pm 48.54$ ,  $p<0.05$ );

**结论** 本研究发现 CRF01\_AE 亚型 HIV 感染者中, HLA-B\*13 限制的免疫显性表位为 Pol-GI9、Gag-GI11 及 Gag-VV9。其中 Gag-GI11 特异性 T 细胞应答可能与疾病控制相关, 是潜在疫苗及免疫治疗的 HLA-B\*13 限制性 T 细胞表位靶点。

## PU-6784

## The effect of membrane protein NMHC IIA on invasion and metastasis of nasopharynx cancer cells

Wei Wu,FANHONG KONG,LIJUAN KAN,HUAMEI TANG,DAN XIONG  
LUOHU HOSTIPAL GROUP

**Objective** Non-muscle myosin heavy chain IIA (NMHC IIA) plays an important role in tumor progression and metastasis. We former reported that NMHC-IIA was an important factor for EBV infecting nasopharyngeal epithelial cells. However, the role of NMHC IIA is unknown in the invasion and metastasis of nasopharynx cancer (NPC).

**Methods** Real-time PCR and western blotting were used to examine NMHC IIA expression levels in human immortalized nasopharyngeal epithelial cell line NP69 cells and NPC cancer cell lines. The invasion and migration ability of cells was tested by transwell invasion assay and wound healing assay, respectively.

**Results** Compared with human immortalized nasopharyngeal epithelial cell line, up-regulated expression of NMHC IIA was observed in NPC cancer cell lines. Our data showed that knockdown of NMHC IIA inhibited invasion and migration in NPC cancer cell line.

**Conclusions** The study indicated that NMHC IIA expression increased the invasion and metastasis ability of NPC cancer cell line in vitro. These findings will be helpful for providing an effectively therapeutic strategy for NPC cancer.

## PU-6785

## Lp-PLA2、sdLDL 与 Hcy 联合检测对冠心病及其严重程度的风险评估价值

岳晓乐  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 联合检测对冠心病及其严重程度的风险评估价值。

**方法** 选取本院 2018 年 1 月至 2018 年 7 月心内科收治的冠心病患者 137 例作为观察组, 根据冠心病类型不同分为稳定型心绞痛(stable angina pectoris, SAP)组、不稳定型心绞痛(unstable angina pectoris, UAP)组和急性心肌梗死(acute myocardial infarction, AMI)组。另选择同时期来我院进行健康体检正常者 137 例为对照组。检测其血清脂蛋白相关磷脂酶 A2(lipoprotein-associated phospholipase A2, Lp-PLA2)、小而密低密度脂蛋白(small dense low density lipoprotein, sdLDL)、同型半胱氨酸(homocysteine, Hcy)水平, 并分析其对冠心病及严重程度的联合评估价值。

**结果** 观察组患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平均显著高于对照组, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); SAP 组患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平显著低于 UAP 和 MAI 组, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); UAP 组患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平显著低于 MAI 组, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); 心功能Ⅱ级患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平显著低于Ⅲ级和Ⅳ级, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); 心功能Ⅲ级患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平显著低于Ⅳ级, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); 冠脉病变轻度患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平显著低于中度和重度, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); 冠脉病变轻度患者的血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平显著低于重度, 比较差异均具有统计学意义( $P<0.05$ ); Pearson 相关性分析显示血清 Lp-PLA2、sdLDL 及 Hcy 水平与 Gensini 评分呈正相关( $r=0.651$ 、 $0.713$ 、 $0.674$ ,  $P<0.05$ )。

**结论** 血清 Lp-PLA<sub>2</sub>、sdLDL 及 Hcy 水平联合评估在冠心病及其严重程度中具有重要的临床价值。

## PU-6786

# 河北省结核分枝杆菌临床分离株 二线抗结核药物耐药特征及相关基因分析

李芊璘,戴二黑  
石家庄市第五医院,050000

**目的** 调查河北省结核分枝杆菌二线抗结核药物耐药表型及耐药相关基因突变分布特征,分析耐二线抗结核药物菌株基因分型特点,探讨耐二线抗结核药物菌株表型、耐药相关基因突变及基因分型三者之间的关系,为结核病的防治提供科学依据。

**方法** 对河北省收集的 316 株耐药结核分枝杆菌和 100 株泛敏感结核分枝杆菌进行传代复苏成功的菌株,通过比例法罗氏固体药敏试验对氟喹诺酮类药物(氧氟沙星、左氧氟沙星)和二线注射类药物(卷曲霉素、卡那霉素、阿米卡星)等进行药物敏感性试验检测。运用一代 DNA 测序技术对二线抗结核药物耐药相关基因 *gyrA*、*gyrB*、*rrs*、*eis* 启动子区、*tlyA* 进行序列分析。采用间隔区寡核苷酸分型技术和分枝杆菌散在重复单位一数目可变串联重复序列技术对二线耐药菌株进行基因分型。

**结果** 1 本研究最终共有 336 株被纳入研究中,包括 257 株耐药菌株和 79 株泛敏感菌株。2 257 株耐药菌株中,对五种二线抗结核药物均敏感和耐药的菌株比例分别为 51.75%和 1.56%。对氧氟沙星、左氧氟沙星、卡那霉素、阿米卡星和卷曲霉素的任意耐药率分别为 32.68%、21.79%、20.23%、7.00%和 6.23%。3 河北省初、复治结核病患者中氟喹诺酮类药物的耐药率分别为 22.76%和 45.54%。4 97 株耐氟喹诺酮类药物菌株中,84.54%的菌株发生 *gyrA* 基因突变,7.22%的菌株存在 *gyrB* 基因突变。5 63 株耐二线注射类药物菌株中,*rrs*、*eis* 启动子区及 *tlyA* 的突变频率分别为 38.10%、7.94%和 4.86%。

**结论** 1 河北省五种二线抗结核药物耐药率由高到低分别为氧氟沙星>左氧氟沙星>卡那霉素>阿米卡星>卷曲霉素,其中两种氟喹诺酮类药物之间以及三种二线注射药物之间均表现出交叉耐药,但程度并不相同。2 河北省复治结核病患者中氟喹诺酮类药物的耐药率较高,应加强复治患者中氟喹诺酮类药物的耐药监测,以避免复治患者进一步发展成为广泛耐药结核病。3 *gyrA* 基因在第 89~94 位点发生突变是本地区氟喹诺酮类药物产生耐药的主要机制;*gyrA* 和 *gyrB* 双重突变能作为氟喹诺酮类药物耐药表型检测的特异性突变。4 *rrs* A1401G 突变对于二线注射药物耐药表型的快速分子诊断具有一定的参考价值。

## PU-6787

# 大数据在智慧医疗中的应用价值与未来

和海妍  
陆军军医大学(第三军医大学)第一附属医院

**目的** 随着经济的快速发展和人民生活方式的改变,我国人口老龄化加速、慢性疾病患病率增加、亚健康人群比例增高等问题凸显,但我国医疗资源有限、资深医生短缺、优质医疗服务缺乏,仅依靠传统的医疗体系来解决这些问题还远远不够,而以云计算与大数据为支撑的智慧医疗的出现为解决这些问题提供了可能。

**方法** 智慧医疗以医疗大数据为基础,以物联网技术和云计算为手段,是一种以患者数据为中心的医疗服务模式。智慧医疗利用大数据存储与处理平台,广泛采集和深度利用数据,应用数据挖掘关



键生理特征,对医疗历史数据进行建模与分析,达到发现早期疾病和预测健康风险目的;通过实时跟踪历史数据的分析结果,为医务人员的诊疗提供参考。

**结果** 因此,实现智慧医疗的关键是医疗大数据,基于大数据的智慧医疗正在不断的改变传统的医疗模式。

**结论** 基于大数据的智慧医疗已在医学检验、医学图像分析、临床诊断等领域发挥了巨大的优势。大数据时代的到来为医学检验、临床诊断等提供了新的方法,推动了医疗行业的发展。但目前医疗行业对大数据的应用范围还是比较局限,智慧医疗在我国发展还处于初期阶段,还面临着很多挑战。为了实现大数据的价值,医疗行业需要提高数据的标准化和互用性,促进信息的共享,建立有效的数据管理方式,改进分析技术和方法,培养数据分析专业人才等。总之,要解决这些问题仍有很长的路要走。

PU-6788

## Systematic review and two rare case reports of IgG4-related disease: highlighting the importance of clearly diagnosis

Weijun Jiang,Lin Chan,Linghui Li,Guorui Liu,Xinyi Xia

Department of Reproduction and Genetics, Institute of Laboratory Medicine, Jinling Hospital, Nanjing University School of Medicine, Nanjing 210002, P.R. China

**Objective** IgG4-RD is known to predominantly involve multiple organs, including the pancreas, hepatobiliary tract, salivary glands, and lacrimal glands, and lung or pleural involvement can occur in up to 35% of patients, presenting with various clinical symptoms. To investigate the critical role of clearly diagnosing IgG4-RD in the daily clinical diagnosis and treatment work, we proffered a systematic review and two rare clinicopathological entities of IgG4-related sclerosis disease and IgG4-related sclerosing pancreatitis.

**Methods** We use a variety of biological methods, including laboratory examination, serum protein electrophoresis, bone marrow immunotyping, chest radiograph, Enhanced computed tomography (CT) scan, brain positron emission tomography-computed tomography (PET/CT), immunohistochemical, and so on.

**Results** A 23-year-old Chinese man was admitted to our hospital because of dry eyes and enlargement of lymph nodes. The elevated serum IgG4 and histopathological analysis of bilateral axillary puncture biopsy and immunohistochemical results all supported the diagnosis of IgG4-related sclerosis disease in this patient. A 52-year-old Chinese male developed slightly distension pain of abdomen. Serum levels of tumor markers and abdominal CT supported the diagnosis of pancreatic tumor. Surgical resection of pancreatic tissue and pathological analysis and elevated serum IgG4 were consistent with IgG4-related sclerosing pancreatitis.

**Conclusions** The role of serum of IgG4 is easily neglected in clinical detection indicator, which causing irreparable losses to patients. We summarized relevant clinical symptoms and detection indicators, hoping some relevant clinicians will pay more attention to IgG4-RD. In future clinical work, relevant tests should be carried out to make clear diagnosis in case of such diseases, so as to provide certain help for the treatment of such patients.

## PU-6789

## Establishment of a predictive model for outcomes in patients with severe acute pancreatitis by nucleated red blood cells combined with Charlson complication index and APACHE II score

Jing Wang,Xi Xia Jin,Yuan Yuan,Guoguang Lu,Bo Shen  
Taizhou Hospital of Zhejiang Province, Taizhou Enze Medical Center(Group)

**Objective** Nucleated red blood cells (NRBCs) are immature red blood cells, which can appear in the peripheral blood of newborns but not in normal adults. However, in the presence of hemorrhage, severe hypoxia or severe infection, NRBCs may exist in adult peripheral blood and are associated with prognosis. The aims of this study were to establish a predictive model for the outcome of severe acute pancreatitis (SAP) based on NRBCs.

**Methods** 92 SAP patients from January 2016 to February 2018 in our hospital were retrospectively collected for study. We used Chisquare automatic interaction detector (CHAID) to explore a prediction model about the association of admission qualitative test of peripheral blood NRBCs and 90-day mortality in SAP patients.

**Results** During the 90-day follow-up, 11 (12.0%) participants died. NRBCs positive rate of non-survivor patients was much higher compared to survivor patients (90.9% vs. 23.5%). Charlson complication index (CCI), APACHE II score, Ranson score and serum CRP were higher in nonsurvivor patients (5.0, 29.0, 6.0, 140.0 g/L) than survivor patients (3.0, 13.0, 4.0, 54.7 g/L).

A CHAID model including NRBCs qualitative results, CCI, APACHE II score, Ranson score and serum CRP showed that NRBCs qualitative results differentiated well between nonsurvivors and survivors in the cohort. All SAP patients survived when NRBCs were negative and CCI was lower than 7. All patients died when NRBCs were positive and APACHE II score was higher than 30.

Among patients that NRBCs were positive and APACHE II score was less than 30, if Ranson score was less than 5, the mortality rate was only 5.6%, while the mortality rate was 66.7% if Ranson score was higher than 5. Results from a validated population of 32 patients showed that accuracy of the prediction model was 100%.

### Conclusions

Nonsurvivor SAP patients showed higher peripheral blood NRBCs positive rates than survivor patients, and NRBCs qualitative results combined with CCI, APACHE II score and Ranson score can predict 90-day mortality of SAP patients.

## PU-6790

## 孕妇妊娠早期 B 族链球菌筛查及干预疗效评价

宋军, 刘晓雷, 王丽芳  
河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 了解妊娠早期 B 族溶血性链球菌 (GBS) 感染率及抗菌素干预后围产结局。

**方法** 选择 2018 年 9 月至 2019 年 2 月来我院进行围产检测的 143 名早孕孕妇进行 GBS 带菌状况筛查, 以 GBS 阳性 35 例为研究组, 分为药治疗 A 组 24 例及未接受阴道用药治疗 B 组 11 例, 另选取同期 GBS 阴性 108 例为对照组不进行药物干预。观察比较三组孕妇的围产结局。

**结果** 经药物干预治疗后的 A 组与对照组在产褥感染以及新生儿肺炎等发生率比较无统计学差异 ( $P > 0.05$ ), 治疗组 A 组与 B 组妊娠结局存在明显差异 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 对妊娠早期 GBS 阳性孕妇给予相应抗菌素干预治疗可有效降低流产、早产及新生儿感染发生率, 改善围产结局。

## PU-6791

## 孕期病毒筛查对出生缺陷干预效果的影响分析

付洁, 周艳, 杨丽妙, 刘品力  
河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 干预出生缺陷是我国优生优育服务的重要组成部分, 通过科学有效的孕期病毒筛查, 可降低新生儿出生缺陷的几率。目前临床上常用 TORCH(主要是巨细胞病毒、单纯疱疹病毒、风疹病毒、弓形虫)筛查作为孕期常规检测, 但应注意其局限性, 还需要多种辅助诊断(亲和力、羊水 DNA 等)共同配合。通过可靠的方法可以对高危个体进行确定诊断, 然后对患者或疾病携带者进行干预, 从而达到疾病的预防和治疗目的。

**方法** 通过科学有效的孕期病毒筛查, 可降低新生儿出生缺陷的几率。

**结果** 目前临床上常用 TORCH(主要是巨细胞病毒、单纯疱疹病毒、风疹病毒、弓形虫)筛查作为孕期常规检测, 但应注意其局限性, 还需要多种辅助诊断(亲和力、羊水 DNA 等)共同配合。

**结论** 通过可靠的方法可以对高危个体进行确定诊断, 然后对患者或疾病携带者进行干预, 从而达到疾病的预防和治疗目的。

## PU-6792

## Systematic review and meta-analysis of NAT 2 gene polymorphisms and breast cancer risk

Weijun Jiang, Guorui Liu, Weiwei Li, Qieyue Wu, Jing Zhang, Xinyi Xia  
Department of Reproduction and Genetics, Institute of Laboratory Medicine, Jinling Hospital, Nanjing  
University School of Medicine, Nanjing 210002, P.R. China

**Objective** To investigate NAT2 gene polymorphisms and their association with breast cancer risk. We tried to describe the potential utility of the investigation of NAT2 gene in relation to the negative effects of smoking in the early diagnosis of breast cancer. We are also to clarify the clinical prognostic significance of NAT2 gene polymorphisms in association with smoking and their combined effect on development of breast cancer.

**Methods** We collected studies published systematically from 2005 to 2016 on NAT2 by searching the most common databases (PubMed, Web of Science, Embase, CNKI and WanFang) using some search phrases. The strength of association between the three common SNPs and breast cancer risk were evaluated by odds ratio (OR) with 95% confidence intervals (CI). We also carried out sensitivity analysis in which a single study within the overall meta-analysis was deleted one at a time. We applied Funnel plots and Egger's linear regression test to assess publication bias.

**Results** In the current study that involved 6,521 cases and 6,521 controls, the association between the NAT2 three common polymorphisms and breast cancer risk was explored. The principal message of our meta-analysis is that there is overall lack of association between NAT2 three common SNPs and risk of breast cancer. However, when estimating subgroup analysis, combining with potential influence factors, such as ethnicity, control source, method, smoking exposure, and so on, NAT2 rs1799930 in some models may significantly increase breast cancer risk, and NAT2 rs1801280 and rs1041983 in some genetic models may significantly decrease breast cancer risk.

**Conclusions** These findings suggest that the NAT2 gene as a whole have a key role in breast carcinogenesis through their function on detoxification of environmental pollutants or hormone metabolism. They suggest new leads for future studies to clarify the mechanisms of action of these genes in breast cancer development. Future studies should be more focused on the analysis of interaction between the risk of malignant breast disease in association with

polymorphisms of NAT2 gene and the other known genes, which could contribute to better explanation of metabolism of different carcinogenic substances on the level of the mentioned genes.

## PU-6793

### 碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌对磷霉素的耐药机制研究

刘彩霞,刘蓬

温州医科大学附属第二医院,325000

**目的** 检测碳青霉烯类耐药肠杆菌科细菌 (CRE) 对磷霉素的耐药情况, 并研究其对磷霉素耐药的主要机制, 为医院感染的防控和 CRE 的流行病学调查提供资料。

**方法** 收集我院临床分离的 CRE 菌株, 用琼脂稀释法检测磷霉素的体外药敏; 用 PCR 方法扩增 *fos* 基因; 对 *fos* 基因阴性菌株进行碳源生长试验、用 PCR 扩增和测序技术对靶酶基因、转运体相关基因进行检测和比对分析。

**结果** 我院 CRE 菌株对磷霉素的耐药率为 37.9% (86/227); 其中 75 株检出 *fos* 基因 (均为 *fosA3*); 11 株 (2 株阴沟肠杆菌, 9 株肺炎克雷伯菌) *fos* 基因阴性菌株的磷酸己糖转运系统 (UhpT) 功能正常。2 株肺炎克雷伯菌的甘油-3-磷酸转运系统 (GlpT) 功能正常, 其余 9 株 GlpT 系统可能存在功能障碍; 在 *MurA* 靶酶基因的检测中发现 9 株肺炎克雷伯菌中有 6 株 *MurA* 序列无突变, 1 株 *MurA* 序列存在单核苷酸插入, 导致移码突变, 提前终止翻译, 还有 2 株 *MurA* 序列存在氨基酸替换现象, 2 株阴沟肠杆菌均未扩增出该基因; 在 *glpT* 基因序列分析中发现 3 株肺炎克雷伯菌该序列无改变, 1 株肺炎克雷伯菌的 *glpT* 基因中间存在插入一段 IS5 的序列, 其他菌株的序列扩增失败。*pstI* 序列扩增分析发现存在较多的位点缺失突变或存在单核苷酸插入, 致翻译提前终止。这 11 株 *fos* 基因阴性菌株的 *uhpT*, *uhpA* 和 *cyaA* 基因检测均未发现突变。

**结论** CRE 菌株对磷霉素的耐药率相对较低, 可作为经验性用药的备选药物; 携带 *fosA3* 基因是我院 CRE 菌株对磷霉素耐药的主要原因, 且 *fosA3* 基因可通过可移动元件水平传播; *fos* 基因阴性 CRE 菌株多存在靶酶改变和转运体功能障碍, 但对于个别氨基酸突变是否导致靶酶改变、GlpT 转运系统相关蛋白改变与磷霉素耐药之间关系需进一步分析。

## PU-6794

### 白血病系 K562 侧群细胞的研究进展

张瑞

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 肿瘤的治疗已成为当代医学研究的热点, 治疗肿瘤的关键在于能否寻找合适的靶点, 来有效抑制肿瘤的发生及发展, 发现肿瘤干细胞并对其进行深入的研究可以促进肿瘤的治愈以及有效预防肿瘤的发生。

**方法** 侧群细胞的深入研究为肿瘤干细胞的研究提供了一个新的方向

**结果** 侧群细胞是利用 Hoechst 染料和流式细胞术进行造血干、祖细胞分离时发现的一群特殊细胞, 具有类似干细胞的自我更新和多向分化潜能。大量研究结果显示, 侧群细胞不仅存在于骨髓造血系统, 还广泛存在于其他组织中, 如神经、肝、脾等。侧群细胞的深入研究为肿瘤干细胞的研究提供了一个新的方向。侧群细胞除具有高致瘤性外, 在传统化疗过程还易导致肿瘤细胞耐药。Setoguchi 等开始了在细胞系中侧群分选的研究, 分离出的胶质瘤侧群细胞不但具有自我更新、无限增殖及异向分化等干细胞的一般特性, 还具有比非侧群细胞更强的侵袭及活体成瘤能力, 提示其

中可能含有大量肿瘤干细胞。Bhatia 等研究提示,白血病的发生和白血病细胞的耐药均可能和白血病干细胞有直接的关系。

**结论** 白血病细胞株侧群细胞具有致瘤性和耐药性。针对慢性粒细胞白血病细胞株 K562 侧群细胞的致瘤性和耐药性的研究,对于指导临床用药具有重要的意义。

## PU-6795

### 血小板活化功能与形态学参数在心血管疾病中诊断意义

安月

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 探讨血小板相关指标在心血管疾病诊断及预后中的价值。

**方法** 选取大连医科大学附属第二医院心内科心血管疾病(血栓倾向)患者 30 例作为实验组,经全自动血细胞分析仪、多参数血小板功能分析仪和流式细胞仪分别检测血小板计数(PLT)、平均血小板体积(MPV)、血小板压积(PCT)和血小板分布宽度(PDW)、CD62p、PAC-1、血小板聚集率(MAR)。选取 32 例心血管疾病患者,检测其用药前后 PLT、MPV、PCT、PDW、MAR 值。

**结果** 心血管疾病患者(实验组)MPV、CD62P、PAC-1 指标与健康人(对照组)相比差异具有统计学意义( $P<0.05$ );心血管疾病患者治疗后其 MAR(AA 诱导)、PDW 值明显低于用药前( $P<0.05$ )。

**结论** 血小板形态学参数和活化功能指标对临床心血管疾病(血栓倾向)患者的病情诊断及预后具有一定的指导价值。

## PU-6796

### Syncytin (合胞素)与白血病自噬相关性的研究

司徒健文,孙鹭

云南省第一人民医院,650000

**目的** 寻找与 Syncytin 与白血病细胞自噬相关性研究,并对其机制进行初步探索。

**方法** 通过 Western blot 在蛋白水平上检测白血病细胞自噬体膜上的标记蛋白 LC3-I 和 LC3-II,以及泛素结合蛋白 p62 的变化,评估自噬活性。

**结果**

在白血病细胞自噬发生时,AMPK 能激活与磷酸化 ULK-1,导致下游信号分子 Beclin1 的表达升高,以产生完整的自噬流,同时,Syncytin 与 AMPK 在此阶段表达均上调,表明在自噬产生时候,Syncytin 与 AMPK 之间具有协同作用。

**结论** 合胞素参与调控白血病细胞的自噬。

## PU-6797

### 肝癌腹水间皮细胞膜表面共刺激分子相关免疫学研究

张昀,曹颖平,王梅华

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 通过检测肝癌腹水间皮细胞膜表面共刺激分子表达水平,以探讨间皮细胞在肝癌细胞在腹水中的免疫逃逸作用。

**方法** 收集标本临床确诊的肝癌患者和排除肿瘤因素的漏出性腹水,应用流式细胞技术,检测两组患者腹水间皮细胞膜表面共刺激分子 CD80、CD86;实时荧光定量 PCR 检测腹水淋巴细胞 T-bet/GATA-3 mRNA 表达水平,ELISA 检测腹水中 IL-2、IL-10 细胞因子含量。

**结果** 肝癌腹水中间皮细胞膜表面共刺激分子 CD80、CD86 表达水平明显低于漏出性腹水组 ( $P < 0.05$ );淋巴细胞 T-bet mRNA 表达水平、IL-2 细胞因子含量低于漏出性腹水组 ( $P < 0.05$ );而淋巴细胞 GATA-3 mRNA 表达水平、IL-10 细胞因子含量高于漏出性腹水组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 肝癌患者腹水淋巴细胞存在明显的 Th1/Th2 漂移,与 T-bet mRNA 低水平表达、GATA-3 mRNA 高水平表达相关;间皮细胞膜表面共刺激分子 CD80、CD86 低水平表达可能与 Th1/Th2 类细胞因子漂移相关。

## PU-6798

### 危急值回报制度在临床信息系统中的应用

张春焕,王谦

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 危急值及时的反馈,供临床医生对生命处于危险边缘状态的患者采取及时、有效的治疗,避免病人意外发生,出现严重后果

**方法** 1.建立有危急值得试验项目表;制定危急界限值

2.对出现危急值的标本进行核对和复查

**结果** 通过一系列工作使一些患者得到及时有效的救治,增加了检验科与临床医生的沟通,同时也提高了患者的满意度

**结论** 利用信息系统,检验科对产生危急值的标本通过统计报表进行查询统计,可以查询危急值的确认时间,确认人员,接收时间,接收人员,通过统计某段时间内产生了危急值标本的确认时间以及接收时间可分析医院在处理危急值标本的情况得出一定的结论,并针对反馈时间较长的科室进行一定的提醒。

## PU-6799

### Syncytin induces apoptosis in mouse lymphoma cell line EL4 by promoting mitochondrial depolarization

张瑜

云南省第一人民医院,650000

**目的** To explore whether syncytin, which is the capsule protein of the human endogenous virus W family, is involved in the apoptosis of leukemia cells and its potential mechanisms.

**方法** We transfected the mouse lymphoma cells EL4 transiently and stably with syncytin, the changes of cell morphology were observed with microscope. Cell apoptosis, cell cycle and mitochondrial membrane potential were detected by flow cytometry. PKC and Caspase activity were detected by kit.

**结果** The cell morphology and PKC activity did not change significantly with the overexpression of syncytin, while the apoptosis of cells increased significantly, the mitochondrial membrane potential depolarization increased and the activity of Caspase-3 was enhanced.

**结论**

Syncytin may induce cell apoptosis via mitochondrial signal pathway in EL4 cells of mouse lymphoma cells and play an important role in the development and progression of leukemia.

## PU-6800

## 29 例 HTLV- I 感染病例的临床和实验室特征

谢智强,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 探讨 29 例 HTLV- I 感染病例的临床、细胞学、免疫学、血清学和分子生物学特征, 及与其所患疾病的联系。

**方法** 采用酶联免疫吸附法对患者血清/血浆进行 HTLV- I /II 抗体初筛, 阳性病例再用蛋白免疫印迹法进行确诊及分型。

**结果** 29 例 HTLV- I 感染病例中, 26 例来自福建沿海地区, 符合 HTLV- I 流行病学分布; 其中 8 例为成人 T 淋巴细胞白血病, 8 例为淋巴瘤。

**结论** HTLV- I 感染是成人 T 淋巴细胞白血病的主要病因, 同时提示 HTLV- I 感染与淋巴瘤的发病可能存在一定的联系。

## PU-6801

## 液相色谱-串联质谱法检测 2 型糖尿病同型半胱氨酸代谢通路的研究

李振国

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 通过液相色谱-串联质谱法 (LC/MS) 对临床 2 型糖尿病患者血清同型半胱氨酸代谢通路的检测, 探讨该方法对于 2 型糖尿病临床监测及诊断中的意义。

**方法** 通过 LC/MS 法, 对临床 100 位 2 型糖尿病患者和 35 位正常人血清同型半胱氨酸代谢通路进行检测, 分析临床检测结果与疾病发展的关系, 并讨论 LC/MS 法同时检测同型半胱氨酸, 半胱氨酸和甲硫氨酸对于疾病辅助诊断的意义。

**结果** 实验组同型半胱氨酸浓度和半胱氨酸浓度高于对照组,  $P < 0.05$ , 有统计学意义。50% 的患者血清同型半胱氨酸浓度高于参考范围, 89% 的患者血清半胱氨酸浓度高于参考范围。在实验组 23 例诊断为糖尿病并发大血管病变的检测中, 13 例血清同型半胱氨酸浓度高于参考范围, 约占 56.5%, 22 名血清半胱氨酸浓度高于参考范围, 约占 95.7%。

**结论** 代谢通路检测的价值高于单独对同型半胱氨酸的检测, 更有利于代谢情况的整体和个体化评估。液相色谱-串联质谱检测技术的发展, 使得快速准确地检测血清中同型半胱氨酸, 半胱氨酸, 甲硫氨酸三种含硫氨基酸浓度成为可能, 有望于今后临床常规的同型半胱氨酸代谢通路测定中得以推广和长期的应用。

## PU-6802

## Syncytin 调控自噬对白血病细胞凋亡影响的机制研究

孙鹭

云南省第一人民医院,650000

**目的** 白血病是严重危害人类生命和健康的恶性肿瘤之一, 研究表明人类内源性病毒基因 W 家族的囊膜蛋白 syncytin 异常表达与肿瘤发生息息相关, 但其功能和机制尚不清楚。

**方法** 我们前期构建了 syncytin 过表达的小鼠淋巴瘤 EL4 稳转细胞系,发现 syncytin 可诱导细胞凋亡,且可增强雷帕霉素诱导的细胞自噬。本项目拟在此基础上,通过调控细胞内 syncytin 的表达,在多株白血病细胞中明确 syncytin 与自噬之间的关系;利用自噬相关信号通路抑制剂和激活剂,探索 syncytin 发挥功能的分子机制;最后挖掘 syncytin 调控白血病细胞自噬对细胞凋亡的影响。

**结果** 我们前期构建了 syncytin 过表达的小鼠淋巴瘤 EL4 稳转细胞系,发现 syncytin 可诱导细胞凋亡,且可增强雷帕霉素诱导的细胞自噬。本项目拟在此基础上,通过调控细胞内 syncytin 的表达,在多株白血病细胞中明确 syncytin 与自噬之间的关系;利用自噬相关信号通路抑制剂和激活剂,探索 syncytin 发挥功能的分子机制;最后挖掘 syncytin 调控白血病细胞自噬对细胞凋亡的影响。

**结论** syncytin 可调控细胞自噬。

## PU-6803

### 网织血红蛋白含量在贫血中的诊断价值

刘永娥

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 通过检测血常规中网织红细胞血红蛋白含量(RHE),以此来判断网织血红蛋白含量在鉴别各种类型贫血(以红细胞形态学分类)中的诊断价值。

**方法** 本实验选取贫血患者样本血共计 90 例,正常对照组标本血男性 20 例、女性 20 例。按照红细胞参数不同(MCV、MCH、MCHC)分为三组,以 MCV、MCH、MCHC 均在正常范围内的为正常标准对照组共计 40 例;实验组分为正常细胞性贫血 30 例,大细胞性贫血患者标本 30 例(MCV>100fl),小细胞低色素性贫血 30 例(MCV<82fl、MCH<27pg、MCHC<316g/L),通过迈瑞 BC-6900 全血细胞自动分析仪测定 RHE。

**结果** 网织血红蛋白在正常细胞性贫血中为 29.197pg;小细胞低色素性贫血中为 19.56pg;大细胞性贫血中为 35.14pg。小细胞低色素性贫血、大细胞性贫血及正常细胞性贫血与对照组比较均  $P<0.05$ ,具有统计学差异;小细胞低色素性贫血与正常细胞性贫血比较得  $P<0.05$ ,具有统计学差异;大细胞性贫血与正常细胞性贫血时  $P<0.05$ ,具有统计学差异。

**结论** 通过实验数据的分析得出 RHE 值在判断是否贫血具有诊断意义,贫血患者中对与鉴别小细胞低色素性贫血方面和大细胞性贫血中具有鉴别诊断价值。

## PU-6804

### 缺血性脑卒中溶栓治疗过程中凝血指标动态监测

马婧婷

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 探讨 PIC 与常规凝血指标在缺血性脑卒中溶栓治疗过程中的变化情况,为缺血性脑卒中患者的治疗方法提供指导,并为可能出现的出血风险和再梗监测提供依据。

**方法** 测定 37 例溶栓患者和 35 例非溶栓患者治疗前后血浆中的 D-二聚体(D-dimer)、纤维蛋白原-纤维蛋白降解产物(FDP)、纤溶酶-a2 抗纤溶酶复合物(PIC),并将两个组各个时间节点的 PIC、D-dimer 和 FDP 与空白对照组进行比较,再进行组间比较,分析统计学意义。

**结果** 溶栓组 D-dimer 和 FDP 多个时间点灵敏度和特异性不如 PIC,且 PIC 在溶栓后 3h、6h 和 12h 反映纤溶变化情况的灵敏度和特异性为 100%,PIC 活性在溶栓组和非溶栓组各个时间节点中,与空白对照组比较,差异具有显著统计学意义( $P<0.01$ )。溶栓组 PIC 活性与非溶栓组比较,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** PIC 是监测纤溶系统变化情况的一个早期指标,并且诊断效果较好。



PU-6805

## ARCHITECT 人类 T 淋巴细胞病毒 I/II 型抗体检测试剂的性能验证

谢智强,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 对雅培贸易(上海)有限公司人类 T 淋巴细胞病毒 I/II 型抗体检测试剂盒(化学发光微粒子免疫检测法)进行性能验证,并对 500 例临床样本检测结果进行评估。

**方法** 通过雅培人类 T 淋巴细胞病毒 I/II 型抗体检测试剂(考评试剂)的最低检出限、精密度等指标,和已在国内上市的万泰公司人类 T 淋巴细胞白血病病毒抗体检测试剂(双抗原夹心酶联免疫法)(对照试剂)进行比对,并分析福建医科大学附属协和医院 500 例临床样本检测结果。

**结果** 对照试剂和考评试剂阳性符合率 78.9%、阴性符合率 100%、总符合率 99.2%及  $Kappa=0.878(0.759, 0.997), P=0.000$ 。

**结论** 检测结果表明,雅培人类 T 淋巴细胞病毒 I/II 型抗体检测试剂的性能结果符合要求,可用于临床检测,该试剂方法学比对照试剂 ELISA 要灵敏,更有助于该试剂在临床应用。

PU-6806

## Association of Pantone-Valentine Leukocidin gene with incomplete hemolytic phenotype in clinical *Staphylococcus aureus*

Menglu Gao

The First Affiliated Hospital of Anhui Medical University

**Objective** This experiment aimed to evaluate the correlation between hemolytic phenotype of *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) and Pantone-Valentine Leukocidin gene (*pvl* gene) in characteristics of antibiotic resistance.

**Methods** Two hundred and eleven strains of hospital-acquired *S. aureus* and the bacterial susceptibility to 20 antibiotics were determined by MicroScan WalkAway96. All strains were cultured in Columbia sheep blood agar plates for 24 hours and then underwent 10 passages for investigation of their hemolytic phenotypes. *S. aureus* produced incomplete  $\beta$ -hemolytic phenotype, termed as SIHP (*S. aureus* strains with incomplete hemolytic phenotype). The *pvl* gene was identified by PCR amplification followed by DNA sequencing. Statistical analyses of the data were performed using SPSS version 16.0 software.

**Results** Fifty-two (24.64%) strains were confirmed to keep the incomplete hemolytic phenotype of *S. aureus* (SIHP). Meanwhile, 15 (7.11%) of 211 strains were found to carry *pvl* gene, and 8 of the 15 strains were SIHP. Compared with SCHP (*S. aureus* strains with complete hemolytic phenotype), SIHP showed higher susceptibility to 7 of the 20 antibiotics (oxacillin, ciprofloxacin, gentamicin, ceftioxaone, ceftioxin, levofloxacin and moxifloxacin) ( $P < 0.05$ ). The *pvl*-positive bacteria had a higher rate of resistance to 4 antibiotics (rifampin, ciprofloxacin, levofloxacin and moxifloxacin) in comparison with the *pvl*-negative strains ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** SIHP had a high frequency of *pvl* gene. The *pvl*-positive isolates showed less resistance to rifampin, ciprofloxacin, levofloxacin and moxifloxacin. Additionally, the majority of SIHP isolates (61.54%) were Methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA). SIHP strains had significantly higher antibiotic resistance to ceftioxin when compared with SCHP, while SCHP strains had a high rate of antibiotic resistance to ciprofloxacin, gentamicin, ceftioxaone, levofloxacin and moxifloxacin. The results may help for providing medical advice for selection of antibiotics for patients with SIHP-associated infections.

## PU-6807

## MicroRNA-141 ameliorates alcoholic hepatitis-induced intestinal injury and intestinal endotoxemia partially via a TLR4-dependent mechanism

Yue Jin

Huai'an Hospital Affiliated of Xuzhou Medical University

**Objective** Alcoholic hepatitis (AH) is a mortal inflammatory syndrome with no effective treatments. Intestinal injury and intestinal endotoxemia (IETM) contribute greatly in the development of AH. MicroRNAs (miRNAs/miRs) have been reported to affect intestinal injury. The present study aims to investigate the role of miR-141 in intestinal injury and IETM of AH.

**Methods** An AH model was successfully established in mice and they were the injected with a series of miR-141 mimic, miR-141 inhibitor or toll like receptor 4 monoclonal antibody (TLR4mAb; an inhibitor of the toll-like receptor TLR pathway). After that, the intestinal tissues and intestinal epithelial cells were isolated from differently treated AH mice. The expression of miR-141 and TLR pathway-associated genes and the levels of inflammatory factors were determined. Furthermore, a target prediction program and a luciferase reporter assay were employed to examine whether miR-141 targets TLR4. Finally, MTT and transwell assays were carried out to detect cell viability and cell permeability.

**Results** Intestinal tissues from AH mice treated with miR-141 mimic or TLR4mAb exhibited lower levels of inflammatory factors and reduced expression of the TLR pathway-associated genes, suggesting a decreased inflammatory response as well as inactivation of the TLR pathway by miR-141. The luciferase reporter assay suggested that miR-141 negatively regulated TLR4. Intestinal epithelial cells treated with miR-141 mimic or TLR4mAb demonstrated enhanced viability and reduced permeability. Opposite results were observed in AH mice treated with a miR-141 inhibitor.

**Conclusions** Collectively, the results of the present study demonstrated that miR-141 could ameliorate intestinal injury and repress the progression of IETM through targeting TLR4 and inhibiting the TLR pathway.

## PU-6808

## 全自动生化分析仪检测基质金属蛋白酶-3 的性能评价

王胤

四川省医学科学院·四川省人民医院

**目的** 对某全自动生化分析仪及其配套试剂检测基质金属蛋白酶-3(MMP-3)的基本性能进行验证及评价。

**方法** 参考美国临床实验室标准化协会(CLSI)相关文件,对该仪器检测 MMP-3 的精密度、正确度、分析测量范围、临床可报告范围、样本针携带污染、参考区间进行验证,并将测定结果与厂家声明的性能指标进行比较。

**结果** 该仪器检测 MMP-3 的批内精密度分别为 1.58% (低值)、1.72% (高值), 批间精密度分别为 2.91% (低值)、3.61% (高值), 均小于厂家指标; 正确度在允许偏倚范围内; 线性范围的斜率(a)为 0.9702, 在 0.97~1.03 范围内; 相关系数 r 为 0.9951, 符合  $r \geq 0.95$ ; 临床可报告范围为 0~12800 ng/mL; 样本针携带污染率为 0.08%; 生物参考区间符合率 100%。

**结论** 该全自动生化分析仪使用配套试剂检测 MMP-3 的主要分析性能与厂家的声明相符,结果准确可靠,能较好地用于临床检验分析。

PU-6809

## 温州地区 506 例 SMA 基因携带者筛查研究

徐雪琴

温州市中心医院中心实验室

**目的** 评估温州地区人群的 SMA 携带者频率以及建立脊肌萎缩症（spinal muscular atrophy, SMA）携带者筛查的技术体系为温州地区 SMA 的筛查后遗传学咨询以及产前诊断的临床操作流程提供理论依据。

**方法** 采用荧光定量 PCR 法, 对 2018 年 4 月至 2019 年 3 月来温州市产前诊断中心 506 名进行 SMA 筛查的 SMN1 基因第 7 和第 8 外显子缺失检测, 针对上述的筛查数据进行分析。

**结果** 506 例中被筛查者中共检出 16 例异常者, 筛查检出率为 3.16% (1/32), 其中有 2 例为第 7、第 8 外显子纯合子缺失。

**结论** 全面的 SMA 基因携带者筛查, 加上合适的遗传咨询及风险评估, 可有效预防 SMA 患儿出生, 减少出生缺陷。

PU-6810

## 血清 AFP、CEA、CA125、CA19-9 联合检测对消化系统恶性肿瘤的诊断价值

邓海云, 古艳桦

香洲区第二人民医院

**目的** 探讨血清中甲胎蛋白 (AFP)、癌胚抗原 (CEA)、糖类抗原 125 (CA125)、糖类抗原 19-9 (CA19-9) 联合检测对消化系统恶性肿瘤的诊断价值。

**方法** 电化学发光法分别检测 200 例消化系统恶性肿瘤患者和 90 例健康对照者血清中 AFP、CEA、CA125、CA19-9 的含量, 分析 4 项肿瘤标志物及其各项肿瘤标志物联合检测对消化系统恶性肿瘤患者的诊断效能。

**结果** 4 项肿瘤标志物联合检测其敏感性在胃癌、结直肠癌、胰腺癌分别为 42%、62%、82%, 明显高于单一肿瘤标志物检测 ( $P < 0.01$ ), 肝癌四项联检的敏感性为 82% 与 AFP 单项检测比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** 除肝癌外, AFP、CEA、CA125、CA19-9 联合检测可提高诊断的敏感性, 对消化系统恶性肿瘤的早期诊断具有实用价值。

PU-6811

## 产碳青霉烯酶肠杆菌科细菌的分布特征及耐药性变迁

师志云, 贾伟

宁夏医科大学总医院

**目的** 探讨宁夏地区某医院产碳青霉烯酶肠杆菌科细菌的分布特征及耐药性变迁, 为临床分析提供依据。

**方法** 使用 VITEK-2 compat 全自动微生物鉴定系统 (法国生物梅里埃公司) 和其配套革兰阴性菌鉴定卡监测其耐药性并用 WHONET5.6 软件分析统计该菌的分布特征及耐药性变迁。

**结果** 本院 2011 年 1 月-2016 年 12 月分离 CRE 菌株共 88 株, 标本类型以胆汁 22.7% (20/88) 和痰标本 27.3% (24/88) 为主。临床科室主要集中在肝胆外科, 占 27.3% (24/88)。在年龄分布

中,  $\geq 60$  岁组最高占 43.2% (38/88), 其次是  $45 \leq < 60$  岁组, 占 26.1% (23/88)。菌株类型以阴沟肠杆菌 (37/88) 为主, 其次是肺炎克雷伯杆菌 (26/88)。对青霉素类及头孢类抗菌药物的耐药率均达到 86% 以上, 对多粘菌素 B 的耐药率最低, 仅为 4.6% (4/88)。

**结论** 肠杆菌科细菌耐药性是医生经验性抗菌治疗的重要参考依据, 有利于医生更快更有力控制感染, 有助于患者及时控制病情。

## PU-6812

### 分析高毒力型肺炎克雷伯菌合并脓毒血症临床特征和危险因素

聂大平

大连医科大学附属第二医院, 116000

**目的** 分析高毒力型肺炎克雷伯菌肝脓肿的基础疾病、临床表现、实验室检查等, 为疾病的诊断、治疗和预防提供依据。

**方法** 收集大连医科大学附属第二医院 2013.1-2018.4 的所有诊断为高毒力型肺炎克雷伯菌肝脓肿的患者 (共 191 例), 按有无合并脓毒血症分为脓毒血症组 (45 例) 和非脓毒血症组 (146 例), 分析比较两组之间的临床特征, 实验室检查等各项指标。Logistics 回归分析高毒力型肺炎克雷伯菌肝脓肿患者的临床特征和危险因素。

**结果** 与非脓毒血症生组相比, 脓毒血症组合并糖尿病, 并发肺炎、出现白细胞减低, 血糖减低, 血小板减低的比例均显著升高 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ )。单因素 Logistics 回归分析显示合并 2 型糖尿病, 并发肺炎, 血小板减低是高毒力型肺炎克雷伯菌合并脓毒血症的危险因素, 多因素 Logistics 回归分析无显著差异。

**结论** 脓毒血症是细菌性肝脓肿的常见并发症, 临床上应根据其相关的危险因素采取有效的诊疗方法和预防措施。

## PU-6813

### 全自动血细胞形态学分类识别系统—BCM-2 在外周血细胞分类中的应用评价研究

武秋燕

山东大学齐鲁医院, 250000

**目的** 评价全自动血细胞形态学分类识别系统—BCM-2 分类与识别外周血细胞的能力。

**方法** 选取 425 例外周血样本, 经自动涂片染色后, 采用 BCM-2 系统进行血细胞的预分类, 记录结果后由专业人员进行再分类。观察 BCM-2 系统自动分析的各类细胞与人工校准后的准确度。计算 BCM-2 系统自动分析的各类细胞经人工校准前后与显微镜镜检结果的相关性。比较 BCM-2 系统的分析时间与显微镜检查的时间。

**结果** BCM-2 系统自动分析细胞总的准确率达到 94.9%。BCM-2 系统自动分类后, 与人工镜检在白细胞分类上的相关系数最好的是分叶核中性粒细胞和淋巴细胞, 为 0.91、0.938, 最低为嗜碱性粒细胞为 0.355。人工审核校准后各类细胞与人工镜检结果的相关系数均略有上升。BCM-2 仪器可以较好的观察红细胞和血小板形态, 与显微镜相比, 形态学判断结果一致。选择读取 WBC 数为 200 个, 仪器分析所用时间  $237.9 \pm 17.17s$ 。人工镜检由三个具有中级职称不同工作时间的检验人员进行, 三位操作者平均检查时间为  $274.8 \pm 60.84s$ 。对于工作年限较低的检验者来说, BCM-2 能够节省检验工作者的时间。

**结论** BCM-2 系统自动分析结果与人工显微镜检结果具有良好的相关性, 具有较好的临床应用价值。

PU-6814

## A survey of clinical and laboratory characteristics of dengue fever epidemic from 2014 to 2018 in Guangzhou, China

Dongmiao Chen, Yajie Zhang, Fengying Gong, Li Li, Congrong Wang  
Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** In 2014, a serious dengue outbreak occurred in Guangzhou, South China. In this study, the clinical and laboratory characteristics of dengue fever (DF) group and other febrile illnesses (OFI) group in Guangzhou were described. Clinical and laboratory data collected by studying 1792 patients from Nanfang Hospital, Southern Medical University during 2014 and 2018.

**Methods** Clinical information included age, gender, Fever days before treatment, other epidemiological characteristics and samples were collected from patients at Nanfang Hospital, Southern Medical University from 2014 to 2018 in Guangzhou, China. Full blood counts were completed by automatic blood cell analyzer (SYSMEX XE-5000) for all patients. Laboratory diagnostic tests including DENV RNA, DENV IgM/IgG, NS1 antigen detection were analyzed by Detection Kit for Dengue virus RNA (RT-PCR-Fluorescence Probing, Hua yin Medical Technology Co Ltd, Guangzhou, China), Diagnostic Kit for Dengue IgG/IgM Antibody (Colloidal Gold, Wondfo Biotech, Guangzhou, China) and Diagnostic Kit for Dengue Virus NS1 (ELISA, WANTAI BioPharm, Beijing, China). Laboratory Biochemical tests were analyzed by Cobas 8000 (Roche Diagnostics GmbH).

**Results** In DF group and OFI group, gender ratios were 1.08:1 (male/female,  $P > 0.05$ ) and 1.45:1 (male/female,  $P < 0.05$ ). Adult aged 25-34-year-old (29.4%) with a main peak appeared in the DF group, and the same main peak appeared in OFI group: 25-34-year-old (25.13%). Patients were mainly from Medical emergency (41.2% DF group, 29.4% OFI group). The distribution of fever days before treatment were mainly focused within 5 days, with a main peak in the 2 fever days before treatment (24.6%) in DF group and a main peak in 1 fever day before treatment (46.9%) in OFI group. The major symptoms of DF group were presented with fever (100%), myalgia (37%), Pharyngeal hyperemia (33.33%), headache (27.29%), antiadoncus (20.88%), and rash (14.10%). In the OFI group, Pharyngeal hyperemia was the most common clinical symptom, accounting for 27.24%, and the next symptom was antiadoncus (21.26%). The sensitivity and specificity of DV RNA was 61.54%, 100% respectively, compared to the DF Nonstructural protein 1 (NS1). Dengue virus (DENV) Immunoglobulin M (IgM) IgM in both groups were statistically significant, with DENV IgM in DF group were stronger ( $Z = -7.863$ ,  $P < 0.001$ ), and DENV Immunoglobulin G (IgG) were no statistically significant ( $Z = -1.212$ ,  $P = 0.226$ ). In DF group, 37.14% of serum samples had elevated Alanine transaminase (ALT) levels, 76.85% of them had elevated aspartate aminotransferase (AST) levels, 32.08% of them had elevated creatine kinase (CK) levels and 2.67% of them had elevated C-reaction protein (CRP) levels, compared with 13.51% of them had elevated ALT levels, 30.65% of them had elevated AST levels, 6.06% of them had elevated CK levels and 69.35% of them had elevated CRP levels of the OFI patients. The prominent manifestations were thrombocytopenia (occurring in 28.07% of DF group, compared to 5.18% of OFI group) and leucopenia (occurring in 43.27% of DF group and 3.63% of OFI group). DF incidence of all fever cases was 49.0% within three months in 2014, compared with 1.4% in 2015, 0% in 2016, 0.9% in 2017 and 6.4% in 2018 ( $P < 0.001$ ). Dengue fever and OFI can occur in any age and sex. Dengue fever occurred in the young and the old, OFI occurred in children and youth. The clinical symptoms of myalgia,

headache, rash, weak, Chills, follicular hyperplasia in both groups were statistically significant ( $P<0.001$ ). IgM can be easily recognized for early diagnoses, DENV RNA had lower sensitivity and higher specificity, and DF NS1 enzyme linked immunosorbent assay (ELISA) has a higher sensitive and specificity.

**Conclusions** Dengue fever is a serious public health problem and emerging continuous threat in Guangzhou. In high-prevalence areas, effective epidemic monitoring and prevention measures needs to be undertaken. After the unprecedented outbreak in 2014, on account of the government and citizen paying more attention to dengue fever epidemic, the cases of DF was decreased significantly from 2015 to 2018.

## PU-6815

### 宁夏某医院 225 例非小细胞肺癌患者 EGFR 基因突变检测结果分析

师志云, 王利新, 贾伟  
宁夏医科大学总医院

**目的** 探讨宁夏某医院非小细胞肺癌患者 EGFR 基因突变检测结果。

**方法** 收集 2014-2017 年来我院住院的非小细胞肺癌患者 225 例进行回顾分析, 用 ARMS-PCR (扩增阻滞突变系统-聚合酶链式反应) 法检测 EGFR 基因突变情况。

**结果** EGFR 基因总突变率 50.22% (113/225), 最常见突变位点为 19 外显子 19-del 及 21 外显子 L858R, 突变率分别为 21.33% 及 17.78%, 20 外显子 T790M 耐药突变率及 20-ins 插入突变 (非敏感突变) 突变率的分别为 3.56% 及 1.33%; EGFR 各外显子双突变共 10 例; EGFR 基因突变率与性别、年龄、民族、季节、标本类型之间差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ), 与年份、病理类型之间差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** ARMS-PCR 法可有效应用于临床病理石蜡标本基因突变检测, EGFR 基因在 19 和 21 外显子存在较高的突变率, 其突变亚型能指导小分子表皮生长因子酪氨酸酶抑制剂 (EGFR-TKI) 的肿瘤靶向治疗。

## PU-6816

### 七种肺癌自身抗体联合检测对早期肺癌的诊断意义

王玉梅  
大连医科大学附属第二医院, 116000

**目的** 肺癌自身抗体可以在肿瘤出现前的几年出现, 所以肺癌自身抗体的出现可以用于肺癌早期临床诊断, 本文旨在探讨七种肺癌自身抗体联合检测对早期肺癌诊断意义。

**方法** ELISA 法检测了 46 名肺癌患者 (肺癌组) 和 22 名肺部良性疾病 (对照 1 组) 及 22 名健康体检者 (对照 2 组) 血清中七种肺癌自身抗体水平。

**结果** 肺癌组血清中七种肺癌自身抗体的检测水平明显高于对照 1 组和对照 2 组的血清自身抗体水平,  $P<0.05$ , 差异具有统计学意义。肺癌组的阳性率高于对照组的阳性率,  $X^2=8.715$ ,  $P=0.003<0.05$ , 差异具有统计学意义。

**结论** 肺癌患者血清中七种肺癌自身抗体水平升高且阳性率高, 这七种肺癌自身抗体联合检测可成为预测肺癌发生发展、早期诊断的检测指标。

## PU-6817

**1710 例呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测结果分析**

王玉梅

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 通过对病人八项呼吸道感染病原体抗体 IgM 的检测结果进行分析,探讨患者各呼吸道疾病总感染率以及性别、年龄段和月份等特点,为临床诊断提供借鉴。

**方法** 采用间接免疫荧光(ILF)法对本院 1710 例呼吸道感染症状的病人,进行血清中呼吸道合胞病毒(RSV)、腺病毒(ADV)、流感病毒 A 型(FluA)、流感病毒 B 型(FluB)、副流感病毒(PIV)、肺炎支原体(MP)、肺炎衣原体(Cpn)及嗜肺军团菌(LP)八项病原体的联合检测。用 SPSS22.0 进行卡方检验。

**结果** 1710 例患者共检测出 IgM 抗体阳性 1032 例(60.35%),其中阳性率由高到低依次是 FluB、FluA、MP、LP、Cpn、RSV、PIV、ADV; 926 名男性患者中,阳性患者 538 例,阳性率 58.10%,784 名女性患者中,阳性患者 494 例,阳性率 63.01%;各年龄段八种病原体的感染率分别为 0-14 岁 43.55%,15-45 岁 76.27%,46-65 岁 64.00%,66-100 岁 55.10%,明显可见 15-45 岁为上述八种病原体的高发人群。八种主要病原体的月检测阳性率分别为 1 月份 42.72%,2 月份 45.20%,3 月份 41.98%,4 月 59.33%,5 月 70.24%,6 月 77.07%,7 月 66.42%,8 月 61.31%,9 月 63.01%,10 月 68.15%,11 月,50.99%,12 月份 64.42%,明显可见各呼吸道病原体夏季感染率较高。

**结论** 八种呼吸道病原体阳性率确实与性别、年龄段和月份有关,可根据流行特点进行临床上的诊断、治疗。

## PU-6818

**末梢全血 CRP 与血常规检测在儿童细菌性上呼吸道感染性疾病诊断中的意义**

张瑜

大连医科大学附属第二医院,116000

**目的** 探讨末梢全血 C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)与血常规检测在儿童细菌性上呼吸道感染性疾病诊断中的意义。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2018 年 3 月期间大连医科大学附属第二医院儿科门诊确诊为细菌性上呼吸道感染的患儿 60 例为实验组,另选 67 例同期的健康儿童作为对照组,对于末梢全血 CRP 以及全血血常规均使用迈瑞全自动五分类血液细胞分析仪 BC-5390CRP 进行检测。对检测结果的数据并进行统计分析。

**结果** 研究结果所得实验组即确诊为细菌性上呼吸道感染的患儿 CRP,末梢全血血常规的一部分检测指标数值高于对照组即健康儿童的相应指标( $P<0.05$ ),即表示差异有统计学意义;与此同时,将 CRP 水平在确诊为细菌性上呼吸道感染的患儿和健康患儿中各年龄段之间以及性别之间进行比较,发现 CRP 在两组年龄段之间无差异( $P>0.05$ ),并且和年龄无关,即说明 CRP 含量不受年龄及性别影响。

**结论** 末梢全血 CRP 与血常规检测在儿童细菌性上呼吸道感染性疾病诊断中有一定的敏感性,可用作临床诊断依据。

## PU-6819

## 冷冻消融软组织肉瘤治疗前后免疫炎症相关因素分析

李静,刁立岩,祝宝让,周洁敏,杨武威\*,陈建魁\*

中国人民解放军总医院第五医学中心(原解放军 307 医院)

**目的** 研究 CT 引导下冷冻消融软组织肉瘤患者的生存情况,并分析其生存情况的影响因素及术前、术后 NLR 及改良格拉斯哥预后评分等免疫炎症因素对患者预后的作用意义。

**方法** 分析解放军总医院第五医学中心(原解放军 307 医院)肿瘤微创治疗科治疗的 82 例软组织肉瘤患者,行 CT 引导下冷冻消融治疗的相关临床病例资料,统计术前、术后 NLR 及改良格拉斯哥预后评分(modified Glasgow prognostic score, mGPS)等免疫炎症因素,并随访患者无进展生存时间、总生存时间等指标,对冷冻消融患者的无进展时间、总生存时间进行单因素及多因素分析。

**结果** 在 82 例患者的 102 个病灶中,进行 170 次冷冻消融治疗,中位术前 NLR 值为 3.01 (0.65~19.91),中位术后 NLR 值为 5.53 (1.31~31.65),中位术前、术后 mGPS 均为 1 (0~2)。生存指标:中位无进展生存时间为 15.3 (1.0~90.4) 月,中位总生存时间为 20.7 (1.10~90.4) 月;1、2、3、4、5 年无进展生存率分别为 57.4%、39.2%、24.9%、20.5%、15.4%,1、2、3、4、5 年总生存率分别为 63.4%、45.0%、30.8%、23.2%、15.1%。单因素分析显示:肿瘤分期、病理分化程度、是否完全消融、术前 NLR、术后 NLR、术后 mGPS 是影响无进展生存时间的相关因素( $P<0.05$ ),肿瘤最大径、肿瘤分期、病理分化程度、是否完全消融、术前 NLR、术后 NLR、术后 mGPS 是影响总生存时间的相关因素( $P<0.05$ );多因素分析显示:肿瘤分期、是否完全消融是影响无进展生存时间和总生存时间的独立预测因素( $P<0.05$ )。

**结论** 1、冷冻消融软组织肉瘤消融远期疗效确切。肿瘤分期、是否完全消融是 OS 和 PFS 的影响因素。

2、外周血中 NLR、mGPS 等免疫炎症指标虽在多因素分析中未见明确统计学差异,但在单因素分析中,其指标越高,患者预后越差。

## PU-6820

## 肺癌与肿瘤自身抗体相关研究进展

柳漂漂,林子扬,彭珠丽,郑群涯,白俊杰,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 肺癌是世界范围内发病率最高的恶性肿瘤,其死亡率高居恶性肿瘤之首,严重威胁人类健康。有调查表明中晚期患者 5 年生存率仅 10%左右,但有临床证据显示 I 期肺癌患者 10 年生存率可高达 90%以上。由此可见,肺癌的早诊断、早治疗对于改善患者生存率至关重要。肺癌的早期诊断是一个世界性的难题,目前的影像学检查和血清肿瘤标志物检测在临床应用中各有弊端。近年来,大量的研究表明肿瘤自身抗体可作为肺癌早期诊断的新型标志物,具有出现时间早,特异性高,检测方便等优点。

**方法** 本文就肿瘤自身抗体的产生机制、检测方法及在肺癌诊断中的研究现状做简要介绍和分析,并对未来发展提出展望。

**结果** 肺癌早期筛查的主要方法有影像学检查方法和血液分子标志物的检测。血液分子标志物主要包括小分子 RNA (microRNAs)、循环肿瘤细胞(circulating tumor cell, CTC)及肺癌自身抗体。其中肺癌自身抗体是免疫系统针对癌症产生的特异性反应,具有高敏感性和高特异性等特点,在肺癌发生早期的检出比影像学检测发现要早 5 年左右。

**结论** 建立能够用于大范围人群早期发现肺癌的指标和方法,是提高其早期发现率,从而降低死亡率的关键问题。



## PU-6821

**淋巴瘤患者血清中 ApoB 表达水平及其临床意义**

邓辉,吴文诗  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 研究载脂蛋白 B (apolipoprotein B, ApoB) 在淋巴瘤患者血清中的表达, 比较 B 细胞性、NK/T 细胞性、前体细胞性、霍奇金淋巴瘤四种淋巴瘤化疗前后的 ApoB 水平, 旨在探讨 ApoB 在淋巴瘤中的临床意义以及其在淋巴瘤患者化疗疗效中的监测作用。

**方法** 回顾性收集了 2017 年 8 月 18 日到 2019 年 4 月 20 日在中南大学湘雅医院就诊的淋巴瘤患者 183 例, 其中 B 细胞性淋巴瘤 45 例, NK/T 细胞性淋巴瘤 54 例, 前体细胞性淋巴瘤 22, 霍奇金淋巴瘤 62 例。选择体检健康者 155 名作为对照组, 采用免疫比浊法检测血清中 ApoB 水平, 同时检测比较 B 细胞性、NK/T 细胞性、前体细胞性、霍奇金淋巴瘤四种淋巴瘤化疗前后的 ApoB 水平

**结果** 淋巴瘤患者 ApoB 水平明显高于对照组 ( $P=0.008$ ), B 细胞性淋巴瘤、NK/T 细胞性淋巴瘤、霍奇金淋巴瘤化疗前后 ApoB 水平明显降低, 有统计差异 ( $P<0.05$ ), 而前体细胞性淋巴瘤化疗前后 ApoB 水平降低不明显 ( $P>0.05$ ), 无统计学差异。

**结论** 淋巴瘤患者血清中 ApoB 水平明显升高, B 细胞性淋巴瘤、NK/T 细胞性淋巴瘤、霍奇金淋巴瘤化疗后 ApoB 水平下降明显, 检测 ApoB 水平对淋巴瘤的诊断及治疗效果监测有一定的临床意义。

## PU-6822

**穿刺细胞学及实验室检查对甲状腺疾病的诊断价值**

赵成艳  
大连医科大学附属二院

**目的** 探讨甲状腺细针穿刺细胞学 (FNAC) 检查以及相关实验室检查对常见甲状腺疾病的诊断价值。

**方法** 回顾性分析本院 2016 年 1 月至 2017 年 12 月甲状腺穿刺细胞学检查 912 例, 选取其中同时进行传统 FNAC 直接涂片及液基薄层细胞学制片检测的 896 例标本进行比较与一致性分析, 同时结合其它实验室检查, 为甲状腺疾病诊断及治疗提供参考依据。

**结果** (1) 912 例传统 FNAC 直接涂片诊断结果如下: 结节性甲状腺肿 528 例 (57.89%); 结节性甲状腺肿伴囊性变 110 例 (12.06%); 桥本病 128 例 (14.04%); 乳头状癌 108 例 (11.84%); 其它类型 38 例 (4.17%)。 (2) 将传统 FNAC 直接涂片与液基薄层细胞学制片诊断结果进行比较,  $X^2=281.710$ ,  $P>0.05$ , 故尚不能认为两种方法的诊断结果有区别。 (3) 对传统 FNAC 直接涂片中诊断为桥本病的患者血清进行相关生化实验室检查及 ROC 统计分析, 结果如下: FT3 的  $A_z=0.654$ ; FT4 的  $A_z=0.668$ ; TSH 的  $A_z=0.654$ ; Tg-Ab 的  $A_z=0.934$ ; TPO-Ab 的  $A_z=0.893$ 。

**结论** FNAC 为甲状腺良性和恶性疾病提供重要的诊断依据, 传统 FNAC 直接涂片与液基细胞学制片结果比较无显著性差异。Tg-Ab、TPO-Ab 同时阳性对桥本病诊断有较大的临床价值。

## PU-6823

## AAG 和 HAP 在肺结核患者中联合测定的价值

苏晓茹,潘峰,郑高明

杭州市第二人民医院,310000

**目的** 探讨  $\alpha$ 1-酸性糖蛋白( $\alpha$ 1-acid glycoprotein, AAG)和触珠蛋白(haptoglobin, HAP)在肺结核患者血清中联合测定的价值,比较两者在肺结核组与健康对照组中的含量差异并分析两者之间的关系。

**方法** 选取研究对象:肺结核组:患者 293 例,年龄 20-60 岁,其中男性 192 例,女性 101 例;健康对照组:经体检和肝功能检查结果均正常的健康成年人 498 例,年龄 20-60 岁,其中男性 354 例,女性 144 例。肺结核组和健康对照组均于清晨空腹采集静脉血,分离血清并立即检测。AAG 和 HAP 测定均采用免疫比浊法,检测的试剂盒来自上海费玛生物科技有限公司( $\alpha$ -1 酸性糖蛋白诊断试剂盒和触珠蛋白检测试剂盒),数据由奥林帕斯 AU5800 全自动生化分析仪检测获得。应用 SPSS 22.0 统计软件完成数据处理,计量资料均用( $\bar{x} \pm s$ )表示,两组数据的比较采用非参数检验的 Wilcoxon 秩和检验(Mann-Whitney 检验),相关分析采用 Pearson 相关分析。 $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 健康对照组血清 AAG 和 HAP 含量分别为  $68.54 \pm 15.699$  mg/dl 和  $88.94 \pm 45.875$  mg/dl,而肺结核组血清 AAG 和 HAP 含量分别为:  $62.76 \pm 24.647$  mg/dl 和  $61.37 \pm 51.785$  mg/dl,肺结核组 AAG 和 HAP 水平显著低于健康对照组( $P < 0.05$ ),此外, Pearson 相关性分析表明,肺结核组 AAG 和 HAP 的含量之间存在显著性的正相关关系,相关系数  $r = 0.694$ ,  $P < 0.001$ 。

**结论** 血清中的蛋白质参与机体的免疫、代谢、物质交换、生长信号调节等多种生理功能,其含量变化受机体病理状态的影响,而反过来,其对疾病的致病机制、药物靶点研究等都具有重要的意义,因此,研究肺结核患者血清中差异表达的蛋白质对于肺结核病的诊断、治疗具有重要作用。我们的研究发现:肺结核患者血清中 AAG 和 HAP 含量比健康对照组显著降低,且 AAG 和 HAP 含量之间存在显著正相关关系,相关系数  $r = 0.694$ ,  $P < 0.001$ ,符合线性方程:  $AAG = 0.330HAP + 42.486$ 。这一研究结果对于完善肺结核辅助诊断相关蛋白质的检测网络可能具有一定的意义,而相关机制有待进一步深入研究。

## PU-6824

## 感染性发热实验室检查的诊断价值

赵成艳

大连医科大学附属二院

**目的** 分析白细胞计数(WBC)、C 反应蛋白(CRP)、降钙素原(PCT)、中性粒细胞表面 CD64 指数在鉴别诊断感染性发热疾病中的应用价值。

**方法** 选取 2016 年 2 月至 2017 年 2 月入住大医附属二院的发热患者,根据最终诊断结果将所有患者分为细菌感染组、病毒感染组和非细菌感染组,检测患者的 WBC、CRP、PCT、CD64 水平。应用 SPSS 统计软件处理数据,组间比较采用单因素分析的方法,再绘制 ROC 曲线进行分析其在感染性发热患者病因鉴别诊断中的应用价值。

**结果** 细菌感染组中 WBC、PCT、CD64 水平均明显升高,高于与病毒感染组、非感染组,差异有显著性( $P < 0.05$ ),病毒组与非感染组间无差异显著。单一检测时 PCT 灵敏度、特异度最高为 80.6%、74.7%,当 PCT 和 CRP 联合检测时出现灵敏度、特异度有所升高为 89.6%、87.3%,当 PCT、CRP、CD64 三项联合检测时升高最明显为 91.4%、90.5%,准确度最高。

**结论** 联合检测 PCT、CRP 或 PCT、CRP、CD64 三项鉴别发热病因最可靠。

## PU-6825

**血清降钙素原预测凝固酶阴性葡萄球菌血流感染的价值**

肖代雯,杨永长,喻华

四川省医学科学院·四川省人民医院,610000

**目的** 探讨降钙素原 (PCT) 定量检测在诊断凝固酶阴性葡萄球菌 (CoNS) 血流感染中的临床应用价值。

**方法** 采用回顾性研究方法, 收集 2013 年 4 月-2015 年 1 月四川省人民医院血培养报阳的凝固酶阴性葡萄球菌患者资料, 血清 PCT 浓度、血培养细菌培养药敏结果。分为致病组和污染组, 分别比较两组 PCT 浓度及药敏结果, 并根据受试者特征曲线 (ROC) 判断降钙素原的鉴别诊断性能。

**结果** 本实验共纳入 93 例患者资料, 分为致病组 (n=21) 和污染组 (n=72), 致病组 PCT 明显高于污染组 ( $Z=-3.573$ ,  $P=0.0000<0.05$ ), PCT 鉴别凝固酶阴性葡萄球菌血流感染与污染的灵敏度、特异性分别为 81.00%、66.70%, 阳性预测值和阴性预测值分别为 41.50% 和 92.33%; 最佳截断值为 0.76ng/ml, ROC 曲线下面积为 0.757 (95% CI: 0.657 - 0.840); 两组药敏结果比较无明显统计学差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** PCT 对于鉴别血流感染与污染具较好的诊断价值, 特别适用于排除凝固酶阴性葡萄球菌所致的血流污染, 有助于指导临床血流感染的诊断和治疗。

## PU-6826

**一种用于检测产碳青霉烯酶细菌耐药基因的多重 PCR 方法**

余柏增

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 建立一种快速检测三种重要碳青霉烯酶基因的多重 PCR 方法。

**方法** 合成三种碳青霉烯酶 (KPC、NDM、IMP) 基因引物, 优化引物浓度, 建立三种碳青霉烯酶基因的多重 PCR 方法, 并对该方法的特异性和灵敏度进行分析。收集 42 株碳青霉烯耐药菌株, 进行碳青霉烯酶基因检测。

**结果** 多重 PCR 有效地用于三种碳青霉烯酶基因的检测, 并具有很高的特异性。灵敏度分析结果显示, 多重 PCR 对 KPC、NDM 和 IMP 灵敏度分别为 14、127 和 202 cfu/反应。

**结论** 构建的多重 PCR 扩增体系能够有效地用于产碳青霉烯酶耐药菌的检测, 可用于临床产碳青霉酶耐药菌的监测以及指导临床抗感染治疗。

## PU-6827

**化学发光法与其他方法学在检测肺炎支原体抗体中的探讨**

陈东妙,王从容

南方医科大学南方医院,510000

**目的** 探究化学发光法 (CLIA) 与 ELISA、被动凝集法 (PA) 在检测肺炎支原体 (Mycoplasma Pneumonia, MP) 抗体的结果分析, 为临床选择检测方法提供详细的参考信息。

**方法** 选取 2016 年 8 月-12 月在广东省南方医科大学南方医院就诊的疑似肺炎支原体感染的 280 例患者为观察对象,采集血清,分别使用 CLIA、ELISA、PA 法进行 MP 抗体的检测,采用 EXCEL 与 SPSS 22.0 进行数据分析。

**结果** (1) 280 例样本的 MP 抗体结果: PA 法检测混合抗体,阳性 223 例(79.6%),阴性 57 例(20.4%); CLIA 检测 MP-IgM 阳性 182 例(65.0%)和 MP-IgG 阳性 88 例(31.4%); ELISA 检测 MP-IgM 阳性 183 例(65.4%)和 MP-IgG 阳性 96 例(34.3%)。(2) CLIA 与 ELISA 检测 MP-IgM 和 MP-IgG 的一致百分比分别为 95.4%和 95.7%,Kappa 值分别为 0.898 和 0.903。

(3) 223 例 PA 法阳性样本中:有 74 例(33.2%) CLIA 与 ELISA 检测的 MP-IgM、IgG 均为阳性,84 例(37.7%) MP-IgM 均为阳性而 IgG 为阴性,8 例(3.6%) MP-IgG 均为阳性而 IgM 为阴性,38 例(17%) MP-IgM、IgG 均为阴性,19 例(8.5%)为其他结果组合。57 例 PA 法阴性样本中:有 42 例(73.7%) MP-IgM、IgG 均为阴性,11 例(19.3%) MP-IgM 均为阳性而 IgG 为阴性,4 例(7%)为其他结果组合。

**结论** 本次探究结果发现,CLIA 与 ELISA 对 MP 抗体的检测结果一致性较好,与 PA 法的结果差异相对较大,其原因可能是 PA 法检测的是混合抗体而 CLIA 与 ELISA 检测分型抗体。对比分析三种不同原理的检测方法,CLIA 具有较高的特异性和灵敏度,自动化程度高且结果稳定,在临床应用的综合对比下优于 ELISA 与 PA 法。

## PU-6828

### 非编码 RNA 作为 NSCLC 辅助诊断和预后标志物的研究进展

苗留飞,杨阳,李晓军

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 随着分子检测技术和靶向药物的发展,非小细胞肺癌(non-small cell lung cancer, NSCLC)已经进入精准诊疗阶段。

**方法** 近年来发现,外周血中非编码 RNA(non-coding RNA, ncRNA)包括微小 RNA(microRNA, miRNA)、长链非编码 RNA(long non-coding RNA, lncRNA)和环状 RNA(circularRNA, circRNA)在肿瘤发生发展过程中存在明显的表达改变。

**结果** 这些 ncRNA 作为一类新兴的生物学标志物,可以用于 NSCLC 的辅助诊断、疗效评估、预后分层。

**结论** 该文总结了目前在 NSCLC 中具有辅助诊断和预后分层价值的 ncRNA。

## PU-6829

### 支气管肺炎患儿淋巴细胞亚群、免疫球蛋白及补体的相关性分析

王希部

深圳市罗湖区人民医院

**目的** 检测我院 2018 年收治的 78 例支气管肺炎患儿淋巴细胞亚群、免疫球蛋白及补体 C3、C4 的水平,观察患儿发生支气管肺炎时免疫功能的变化,研究具体指标的相关性,探讨其变化的临床意义。

**方法** 采用流式细胞术对 78 例支气管肺炎患儿(所有患儿均符合《实用儿科学》支气管肺炎诊断标准,均排除先天性免疫系统缺陷疾病及有免疫调节药物应用史)和 30 例健康体检儿童的外周血 CD3<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>CD19<sup>+</sup>、CD3<sup>+</sup>CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup> 淋巴细胞进行检测。再用

免疫散射比浊法对上述 78 例支气管肺炎患儿和 30 例健康儿童的血清免疫球蛋白 G (IgG)、免疫球蛋白 A(IgA)、免疫球蛋白 M (IgM)、补体 C3 和 C4 进行检测。两组人员均无心、脑、肝肾等重要器官疾病。两组性别、年龄一般资料比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )

**结果** 观察组患儿 CD3+、CD3+CD4+、CD3-CD16+CD56+淋巴细胞及 CD3+CD4+/CD3+CD8+比值均明显低于健康对照组 (健康儿童) ( $P<0.05$ ); CD3+CD8+、CD3-CD19+淋巴细胞则高于健康对照组 (健康儿童) ( $P<0.05$ ); 观察组患儿 IgG、IgA、IgM 及补体 C3 水平均明显低于健康对照组 (健康儿童) ( $P<0.05$ ), 而两组补体 C4 水平比较, 差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 支气管肺炎患儿机体存在明显的细胞免疫和体液免疫功能紊乱, 及时检测淋巴细胞亚群、免疫球蛋白及补体有助于临床对小儿支气管肺炎的诊断及评估, 对指导临床治疗小儿支气管肺炎具有重要临床意义。

## PU-6830

### 快生长分枝杆菌软组织感染的鉴定及药敏和临床特点

周佳

北京大学第一医院, 100000

**目的** 快生长分枝杆菌 (rapidly growing Mycobacterium, RGM) 能导致人类很多疾病, 包括软组织感染和肺部感染。RGM 主要分为偶发分枝杆菌复合群、龟-脓肿分枝杆菌复合群和耻垢分枝杆菌复合群。本研究选取了北京大学第一医院 2010 年至今分离到的 3 株 RGM, 其中 2 株是泌尿外科手术切口感染病原菌, 另外 1 株是外伤感染病原菌。我们分析了病例诊断治疗过程, 并对分离菌株的体外药敏结果进行了分析。

**方法** 本研究选取了北京大学第一医院 2010 年至今分离到的 3 株 RGM, 其中 2 株是泌尿外科手术切口感染病原菌, 另外 1 株是外伤感染病原菌。对这 3 株菌进行了 MALDI-TOF MS 检测和 16S rDNA 和 rpoB 基因测序菌种鉴定。对 CLSI-M24-A2 上有折点的药物, 做了 E-test 药敏分析, 增加了本院临床倾向使用的药物的 MIC 值报告。对 RGM 相关文献进行了讨论, 对这一病原体的分离特性、体外药敏特点和治疗方案进行了介绍和总结。

**结果** 本文选取 2010 年至今在北大医院诊断的 3 例软组织 RGM 感染病例, 1 例是外伤后慢性创口和淋巴结感染鼻疽分枝杆菌, 2 例是泌尿外科术后切口感染偶发分枝杆菌和脓肿分枝杆菌。病例 1 生长疑似 RGM 菌落, 分纯后取 48 小时生长菌落进行鉴定, 质谱鉴定结果为鼻疽分枝杆菌, 基因测序结果显示为鼻疽分枝杆菌, 此二者结果一致; 病例 2 生长疑似 RGM 菌落, 分纯后取 48 小时生长菌落进行鉴定, 质谱鉴定结果为分枝杆菌属, 基因测序结果为偶发分枝杆菌, 取信测序结果, 鉴定为偶发分枝杆菌; 病例 3 生长疑似 RGM 菌落, 分纯后取 48 小时生长菌落进行鉴定, 质谱鉴定结果为脓肿分枝杆菌, 基因测序结果为脓肿分枝杆菌, 结果一致, 鉴定为脓肿分枝杆菌。体外药敏试验, 对 CLSI-M24-A2 上有折点的药物进行 E-test 药敏试验, 此外还增加了本院临床常用的抗菌药物的 MIC 值报告。3 株全部敏感的药物为阿米卡星、妥布霉素、亚胺培南和利奈唑胺, 全部耐药的药物为复方新诺明。

**结论** 本研究历时 7 年, 选取在北大医院诊断的 3 例软组织 RGM 感染病例。1 例是外伤后慢性创口和淋巴结感染鼻疽分枝杆菌, 2 例是泌尿外科术后切口感染偶发分枝杆菌和脓肿分枝杆菌。本研究对 3 例 RGM 病进行了病例分析, 并对培养物进行了鉴定和体外药敏试验。得到的体外药敏结果和文献所述基本相符, 对 RGM 相关文献进行了讨论, 对这一罕见病原体的分离特性、体外药敏特点和治疗方案进行了介绍和总结。

PU-6831

## 不同表型巨噬细胞免疫功能研究现状

张一彤

连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院,222000

**目的** 巨噬细胞在维持机体稳态以及机体疾病的发生发展过程中起重要作用,巨噬细胞展现出很大的表型和功能异质性,因此了解它们在疾病中具体发挥作用的巨噬细胞亚群及他们在受到环境刺激时表型的变化及发挥的功能对于疾病的治疗有关键性的意义。近年来随着技术的不断发展,人们发现简单的 M1, M2 巨噬细胞分群不能完全解释疾病发展中的一些现象,这时需要对细胞进一步细分,区别出不同细胞亚群发挥的不同功效。最近提出的可以区分巨噬细胞的指导方针中提到在分群时应考虑到以下几个方面的内容:巨噬细胞的起源,比如说肝脏中库普细胞和单核来源的巨噬细胞,刺激方式比如说刺激的物质,在体内还是体外刺激;动物的基因背景和微生物菌群,特殊的疾病模型,分离细胞用的技术,分析所用方法等。这些都可以作为巨噬细胞分群的依据,本文探讨了几种不同的巨噬细胞分群方法及研究现状,有助于更好的理解巨噬细胞的功能与作用。

**方法** (1)经典分型方法 M1 型巨噬细胞和 M2 型巨噬细胞的分群依据及功能;(2)小鼠腹腔中巨噬细胞不同表达 CD11b 和 F4/80 的两群巨噬细胞(LPM、SPM)来源和功能的差异;(3)大鼠肝脏中巨噬细胞表达 CD163 强阳性与弱阳性的的两团巨噬细胞在正常情况与猪血清诱导肝损伤的情况下的数量、分布及炎症细胞因子分泌的变化情况;(4)高表达 ly6c 与低表达 ly6c 的巨噬细胞的表型差异及其在不同疾病模型中相互转化及变化。

**结果** 巨噬细胞不同的分群方法看似不同,但在某些方面也有一定的联系。尝试用不同的分群方法进行研究可以有更多新的发现。

**结论** 本文有助于更好的理解巨噬细胞的功能与作用,为临床疾病的诊断与检测提供新的依据。

PU-6832

## 淋巴细胞免疫功能检测在 ITP 诊断及治疗的临床价值探讨

刘基铎<sup>1</sup>,詹博慧<sup>2</sup>,肖明锋<sup>1</sup>,周迎春<sup>1</sup>,许新强<sup>1</sup>

1.广州中医药大学第一附属医院,510000

2.广州中医药大学,510000

**目的** 检测特发性血小板减少性紫癜(ITP)患者与健康人之间以及在经诊疗前后体内总 T、CD4+T、CD8+T、Treg、CTL、Th1、Th2、Th17、B、NK 细胞的改变,了解该出血性疾病发生原因及进展。

**方法** 采用 Flow cytometer 分别检测实验组诊疗前后以及健康人体内总 T、CD4+T、CD8+T、Treg、CTL、Th1、Th2、Th17、B、NK,分析患者体内免疫系统的改变以及治疗对其的影响。

**结果** ITP 组治疗前 B 细胞群测定值高于健康人( $P<0.05$ );ITP 组治疗前 NK 检测值低于健康人( $P<0.05$ );而总 T、CD4+T、CD8+T、Treg、CTL、Th1、Th2、Th17 细胞检测结果与健康人之间未见明显区别。ITP 组诊疗后 CD8+T 较初诊时下降;诊疗后 TH1 细胞和 B 细胞较初诊升高;而患者诊疗后体内总 T、CD4+T、Treg、CTL、Th2、Th17、NK 与治疗前比较未见明显改变。

**结论** NK、CD8+T、TH1 细胞可能都参与 ITP 发生,可通过检测其相关参数,作为指导临床治疗和评估预后的参考指标。

## PU-6833

## miR-31 mediation of Quaking-5 promotes non-small cell lung cancer progression through regulating p21 expression

Wangyu Zhu, Ke Xin Fang  
Zhoushan Hospital, Zhejiang Province

**Objective** RNA-binding protein quaking-5 (QKI-5) was recently reported as a tumor suppressor, however, underlying mechanisms of QKI-5 in non-small cell lung cancer (NSCLC) are still unclear.

**Methods** NSCLC tissues and corresponding adjacent non-cancer tissues were obtained from Zhoushan Hospital, Zhejiang Province. Quantitative reverse transcription PCR, Western-blot analysis, lentiviral vector package and infection, cell proliferation assay, cell cycle analysis, luciferase assays, Co-Immunoprecipitation, immunohistochemistry and animal experiment were undertaken to study the mechanism of QKI-5 in NSCLC

**Results** In this study, we found that the expression of QKI-5 was decreased in NSCLC tissues compared to the paired adjacent normal lung tissues. Overexpression of QKI-5 inhibited proliferative ability of NSCLC cell line, H1299 cells and induced cell cycle arrest in G0/G1 phase through promoting p21<sup>Waf1/Cip1</sup> (p21) and p27<sup>KIP1</sup> (p27) protein expression. In contrast, knockdown of QKI-5 had opposite effects in lung cancer cells. Further analyses showed that QKI directly binding to the p21. In agreement with the in vitro study, a mouse xenograft model validated that overexpression of QKI-5 significantly impeded the tumor growth in vivo. In addition, we demonstrated that QKI-5 is a direct target of miR-31. The expression of QKI-5 is significantly negatively correlated with miR-31 in NSCLC patient samples.

**Conclusions** Our findings revealed that the potential new mechanism of miR-31/QKI-5/p21 axis in the progression of NSCLC, and targeting miR-31/QKI-5/p21 axis might serve as the potential therapeutic method for NSCLC.

## PU-6834

## 血液恶性肿瘤化疗对骨髓铁分布的影响

刘基铎<sup>1</sup>, 黎晓华<sup>2</sup>, 肖明锋<sup>1</sup>, 周迎春<sup>1</sup>, 许新强<sup>1</sup>

1. 广州中医药大学第一附属医院, 510000

2. 广州医科大学

**目的** 探析血液恶性肿瘤化疗前后骨髓铁与血常规三项指标的变化情况, 同时探究化疗用药对骨髓铁分布的影响以及与化疗后患者发生环形铁粒幼红细胞阳性的相关性。

**方法** 选择 2017 年 6 月至 2019 年 1 月广州中医药大学第一附属医院的血液恶性肿瘤患者 69 例, 其中急性髓系白血病(AML)46 例, 急性淋巴细胞白血病(ALL)9 例, 多发性骨髓瘤(MM)11 例及恶性淋巴瘤 3 例, 使用普鲁士蓝染色法对该骨髓片样本进行铁染色, 镜检, 同时于骨穿当日晨空腹抽取肘静脉血进行血常规检测, 收集患者化疗用药并进行统计学分析。

**结果** AML 患者的细胞内铁比率在化疗前后的变化有统计学意义, 其余类型血液肿瘤的细胞内铁比率变化均无统计学意义; MM 患者化疗前后的细胞外铁差异有统计学意义, 其余类型血液肿瘤的细胞外铁变化均无统计学差异。化疗后环形铁粒幼红细胞阳性的发生率为 34.8%, 其中 AML 患者都接受了以阿糖胞苷为基础的联合用药方案进行化疗; 而长春新碱、地塞米松及环磷酰胺三种为化疗时 ALL 患者共同使用的化疗药物, 此外有部分患者共同用药为盐酸柔红霉素、地塞米松、依达拉星、盐酸吡柔比星、达沙替尼、强的松及伊马替尼。

**结论** 急性白血病患者使用化疗药物有可能诱发环形铁粒幼细胞性贫血，推断以阿糖胞苷诱发环形铁粒幼红细胞增多最为常见，化疗引起骨髓抑制期间也会影响骨髓中铁的分布与利用，部分发展至铁粒幼细胞性贫血，本实验研究对象有限，其作用机理仍有待进一步研究探讨。本课题旨在为化疗药物的使用提供安全性参考依据。

## PU-6835

### 降钙素原、D-二聚体与冠心病相关性探讨

杨慧

中国医科大学第五临床学院本钢总医院

**目的** 探讨冠心病(coronary heart disease, CHD)患者与血清降钙素原(procalcitonin, PCT)和血浆D-二聚体(d-dimer, D-D)水平变化的相关性。

**方法** 回顾性分析本院 152 例冠心病患者，根据冠脉造影结果将患者分为正常对照组、单支病变组和多支病变组。各组患者检测入院 PCT、CRP 及 D-D 水平，同时进行各组间比较。

**结果** 对照组、单支组、多支组 PCT 及 D-D 水平依次升高，两两比较差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** PCT 与 D-D 水平可作为冠心病患者冠脉病变程度的判断依据，其变化趋势标志着冠心病患者冠脉病变程度的发展。

## PU-6836

### 2018-2019 年度石家庄市裕华区季节性流行性感冒的实验室诊断特征

杨利

河北医科大学第一医院,050000

**目的** 分析 2018-2019 年度石家庄市裕华区季节性流行性感冒患者(简称流感)的 C-反应蛋白(CRP)、白细胞计数(WBC)、中性粒细胞计数(NE)、淋巴细胞计数(LY)、血小板(PLT)、血小板平均容积(MPV)等实验室指标，从而为临床诊断提供依据。

**方法** 对流感阳性患者的实验室指标进行检查、统计，同时与流感阴性患者的指标进行比较。

**结果** 流感阳性患者组与流感阴性患者组统计学比较发现，WBC、NE、LY 三项指标有统计学差异，且流感阳性患者的各项指标均值均小于流感阴性患者的指标均值。而 CRP、PLT、MPV 等指标无统计学差异。

**结论** WBC、NE、LY 在流感阳性和流感阴性的患者差别有统计学意义，可作为临床诊断的依据。

## PU-6837

### 慢性肾脏病患者 NT-ProBNP 动态变化与预后的关系

宋昊岚,杨岚

四川大学华西医院,610000

**目的** 观察慢性肾病患者 N 末端脑利钠肽前体(NT-ProBNP)连续三个月变化情况，并与 NT-ProBNP 参考变化值比较，探讨其动态变化情况与肾脏病患者的不良结果的关系。



**方法** 收集本源 2016 年 6 月-2017 年 5 月慢性肾脏病住院患者 383 例, 将间隔三个月两次 NT-ProBNP 测量结果分为大于参考变化值、小于参考变化值两组, 分别统计其死亡率, 利用 Cox 回归模型校正、Kaplan-Meier 生存曲线比较两组死亡率是否具有统计学差异。

**结果** NT-ProBNP 参考变化值 RCV (95%) =29.11%, RCV (99%) =38.32%, 在 NT-ProBNP 连续变化大于参考值变化的患者中, 患者死亡率为 12.6%; 在 NT-ProBNP 连续变化小于参考值变化的患者中, 患者死亡率为 6.2%的 (调整的风险比为 1.545, P=0.018), 两组死亡率有统计学差异。

**结论** 监测慢性肾脏病患者 NT-ProBNP 动态变化, 并与其参考变化值 (RCV) 比较, 对慢性肾脏疾病不良后果具有一定的预测作用。

#### PU-6838

### Mitochondrial DNA mutation in muscle cells of patients with mitochondrial myopathy

Bingfeng Zhang, Yunfei Li, Xiaoting Chen, Ye Jiang  
jiangsu province hospital

**Objective** Mitochondrial disease refers to a group of multi-system diseases, also known as mitochondrial cell disease, caused by the defect of mitochondrial metabolic enzymes caused by genetic defects, resulting in the disorder of ATP synthesis and insufficient energy sources to analyze the mutations of mitochondrial DNA in skeletal muscle of patients with mitochondrial myopathy, and to provide evidence for the diagnosis of diseases,

**Methods** 22 tRNA genes in mitochondria were amplified by polymerase chain reaction (PCR), and mutations were screened by denaturing high-performance liquid chromatography (DHPLC).

**Results** 1 patient had A homozygous mutation in trna-val gene A1625G, 2 patient had A heterozygous mutation in trna-val gene A1625G/A, and 3 patient had A heterozygous mutation in trna-arg gene A10411C/A

**Conclusions** tRNA gene mutation in mitochondrial DNA is one of the important causes of mitochondrial myopathy

#### PU-6839

### SLE 患者淋巴细胞亚群和 TCR 变化的研究

刘基铎<sup>1</sup>, 刘灿华<sup>2</sup>, 肖明锋<sup>1</sup>, 周迎春<sup>1</sup>, 许新强<sup>1</sup>

1. 广州中医药大学第一附属医院, 510000

2. 广州中医药大学, 510000

**目的** 通过检测系统性红斑狼疮患者外周血中 T 淋巴细胞亚群、B 细胞和 NK 细胞和 TCR 表达的变化来研究患者的细胞免疫功能变化, 进一步探讨其发病机制, 为系统性红斑狼疮的临床辅助诊断以及指导免疫调节治疗和估计疾病预后提供可靠的依据。

**方法** 应用流式细胞术检测活动期 SLE、非活动期 SLE 患者以及健康体检者的外周血中淋巴细胞亚群和 TCR 等指标, 对上述指标进行统计学分析来探讨其细胞免疫功能变化。

**结果** 活动期 SLE 组 CD4<sup>+</sup>T 细胞以及双阴性 T 细胞百分数和 CD4<sup>+</sup>T/CD8<sup>+</sup>T 低于正常对照组以及非活动 SLE 组, 活动期 SLE 组 CD8<sup>+</sup>T 细胞百分数高于正常对照组, 活动期 SLE 组 B 淋巴细胞百分数高于非活动期 SLE 组, 活动期 SLE 组 CD4<sup>+</sup>Treg、CD8<sup>+</sup>Treg 和 NK 细胞百分数低于正常对照组, 差异均有统计学意义 (P<0.05)。此外, SLEDAI 积分与 SLE 患者的 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T/CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、双阴性 T 细胞和  $\gamma\delta$ T 呈负相关, 与 B 细胞呈正相关。

**结论** 系统性红斑狼疮活动期患者外周血存在 T 细胞亚群的异常、B 细胞的大量增多、NK 细胞的减少等等,这些都可能与 SLE 的发生与发展过程有关。

PU-6840

## 用于感染性疾病标记物现场快速定量检测的微流控液滴芯片化学发光免疫分析方法

舒博文,肖锋,刘大渔

广州市第一人民医院,510000

**目的** 发展一种基于液滴技术的微流控芯片化学免疫分析方法,用于感染性疾病标记物现场快速定量检测

**方法** 该方法所使用的微流控芯片包含一组平行串联微池结构,微池之间以狭缝联通,微池及狭缝表面进行了疏水涂层处理。磁微粒免疫化学发光分析涉及试剂以油包水液滴形式预存储于指定微池中。借助表面张力效应,狭缝可以隔绝水相溶液,通过程序化的磁力操控,在液滴间转移磁珠,从而将化学发光免疫分析涉及的一系列操作,包括抗原-抗体结合、磁珠洗涤、酶促发光及信号检测,在芯片分析系统内自动完成。研究利用发展的微流控化学发光免疫分析方法,进行了 CRP 与 PCT 两种感染性疾病标记物的同步检测,并与西门子仪器检测结果对比作一致性分析。

**结果** 研究发展的微流控化学发光免疫分析方法可用于 CRP 与 PCT 定量检测。在优化的实验条件下,整个过程可在 15 min 内完成。CRP 与 PCT 检测限分别为  $0.31 \text{ ng}\cdot\text{mL}^{-1}$  和  $0.09 \text{ ng}\cdot\text{mL}^{-1}$ ,标准曲线线性范围分别为  $0.8\text{-}200 \text{ ng}\cdot\text{mL}^{-1}$  和  $0.5\text{-}60 \text{ ng}\cdot\text{mL}^{-1}$ ,C 反应蛋白临床样本检测结果发现微流控芯片方法与西门子特定蛋白仪器方法检测结果有高度一致性。

**结论** 研究发展了一种用于多种感染性疾病标记物同步检测的微流控芯片化学发光免疫分析方法。该方法能够同步完成 CRP 与 PCT 的定量检测,效果接近于传统的免疫分析方法。这种方法具有操作简便、分析快速的优势,尤其适用于现场快速检测应用。

PU-6841

## Immunological and Virological Responses in Older HIV-Infected Adults Receiving Antiretroviral Therapy: An Evidence-Based Meta-Analysis

Qi Zhang

The First Affiliated Hospital of China Medical University

**Objective** Millions of people living with the human immunodeficiency virus (HIV) have received antiretroviral therapy (ART). Older adults make up a significant portion of these individuals, however, the immunological and virological responses to ART for older patients still need to be clarified.

**Methods** In this article, we systematically reviewed research articles published between 2001 and 2018, that reported immunological and virological responses and AIDS-related mortality among HIV-infected adults (including individuals aged 50 years and older) receiving ART, using meta-analysis. ART efficiency was measured using three outcomes: (i) immunological response, (ii) virological response and (iii) mortality.

**Results** We identified 4937 citations, and 42 studies were eventually selected to investigate ART efficiency in older HIV-infected patients, comprising more than 630,000 patients initiating ART. We report that older patients showed poor immunological responses, with CD4 counts and the restoration of CD4 counts after ART initiation, being significantly lower than seen in younger

patients. However, older patients exhibited better viral suppression rates (Risk ratio, RR: 1.04; 95% confidence intervals (CI): 1.01–1.08) after 36 months following ART initiation. In addition, older adults had a higher risk of AIDS-related death (adjusted hazard ratio, aHR: 1.18; 95% CI: 1.07–1.31).

**Conclusions** Older age after ART initiation was associated with a poorer immunological response and a higher risk of mortality, suggesting that older HIV patients should be eligible to receive an earlier diagnosis and higher levels of medical care and attention than they currently do, in order to improve their prognosis.

## PU-6842

### 孕妇外周血胎儿游离 DNA 产前检测临床探讨

慕晓琼

楚雄州人民医院,675000

**目的** 探讨孕妇外周血胎儿游离 DNA 产前检测（无创 DNA）的临床应用。

**方法** 选取 2015 年 6 月至 2018 年 4 月在我院接受无创 DNA 检测的孕妇 2603 例，均为单胎。根据孕妇预产年龄、血清学筛查结果及超声诊断结果将孕妇分为 5 组。所有孕妇均进行无创 DNA 检测，结果异常者建议进行羊水或脐血穿刺及胎儿染色体核型分析产前诊断，结果为阴性者行电话随访胎儿出生后情况。

**结果** 2603 名孕妇均完成无创 DNA 检测，共检测出染色体异常胎儿 26 例，包括 21-三体 4 例，18-三体 2 例，13-三体 0 例，性染色体异常 11 例，其他染色体异常 9 例。26 例无创结果异常孕妇中，共有 15 例孕妇进行了侵入性产前诊断。2 例确诊为 47, XN, +21; 1 例为 47, XN, +18; 1 例为 47, XXY; 1 例为 47, XXX; 1 例为 45, X; 1 例为 45, X/46, Xi (Y); 2 例为其他染色体异常，其余 6 例为 46, XN。无创结果阴性者电话随访未发现染色体异常患儿。

**结论** 母血胎儿游离 DNA 检测对胎儿染色体非整倍体的检出有较高的灵敏度和特异性，作为胎儿染色体非整倍体疾病的产前无创辅助检查具有很好的推广价值。但仍存在一定的假阳性，且对性染色体异常及染色体微缺失/微重复检出的准确性较低，需结合其他产前诊断方法做出正确诊断。

## PU-6843

### 探讨不同感染性疾病中淋巴细胞亚群的表达水平及意义

刘基铎<sup>1</sup>, 郭心怡<sup>2</sup>, 肖明锋<sup>1</sup>, 周迎春<sup>1</sup>, 许新强<sup>1</sup>

1. 广州中医药大学第一附属医院, 510000

2. 广州中医药大学, 510000

**目的** 探讨不同感染性疾病患者外周血中 T、CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、B、NK、CD4<sup>+</sup>Treg、CD8<sup>+</sup>Treg、CTL 及 CD28<sup>+</sup>CTL 等淋巴细胞亚群的表达水平，以期为不同感染性疾病的辅助诊断、免疫监测以及临床治疗提供依据。

**方法** 选取本院 2017 年 10 月—2018 年 2 月诊治的不同类型感染性疾病 85 例，其中细菌感染组（菌血症）25 例，病毒感染组 60 例（HBV 感染组 30 例，EBV 感染组 30 例），另取对照组（健康体检成人）30 例；利用流式细胞术检测各组淋巴细胞亚群表达水平，比较其差异并分析临床意义。

**结果** 与对照组相比，HBV 组、EBV 组、菌血症组患者的外周血 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、B、NK、CD4<sup>+</sup>Treg、CTL 及 CD28<sup>+</sup>CTL 等淋巴细胞亚群的表达水平差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ），HBV 组中 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞和 CTL 细胞升高，NK 细胞和 CD28<sup>+</sup>CTL 细胞降低；EBV 组中 CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞、CD4<sup>+</sup>Treg 细胞和 CTL 细胞升高，CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞和 NK 细胞降低；菌血症组中 B 细胞和 CTL 细胞升高，CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞、NK 细胞和 CD28<sup>+</sup>CTL 细胞降低。与对照组相比 HBV 组、EBV 组、菌血症组患者的外周血 T、CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、CD8<sup>+</sup>Treg 等淋巴细胞

亚群的表达水平差异没有统计学意义 ( $P>0.05$ )。与菌血症和 HBV 组相比, EBV 组的 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T 细胞表达降低, CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞和 CTL 细胞表达升高, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 与 HBV 组相比, 菌血症组 CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T 细胞表达降低, 与 EBV 组相比, 菌血症组 B 细胞表达升高, HBV 组 CD28<sup>+</sup>CTL 细胞降低, 差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。另外, 比较发现 HBV 组、EBV 组、菌血症组三组患者的外周血中均表现为 CTL 细胞表达升高, NK 细胞表达降低。

**结论** 不同感染性疾病患者外周血中 CD3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup>T、CD3<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、CD4<sup>+</sup>CD8<sup>+</sup>T、B、NK、CD4<sup>+</sup>Treg、CTL 及 CD28<sup>+</sup>CTL 等淋巴细胞亚群的表达水平存在差异, 均表现为 CTL 细胞表达升高, NK 细胞表达降低。

## PU-6844

### 诺卡菌感染的菌种和药敏回顾性分析

周佳

北京大学第一医院, 100000

**目的** 诺卡菌是一类具备弱抗酸阳性特征的分枝状革兰阳性菌, 可以导致免疫抑制患者的各种机会感染。其多数情况下是在土壤、腐败的植物和新鲜水源中发现。在如今各种慢性病和免疫抑制情况日渐增多, 诺卡菌感染率逐渐上升的背景下, 本研究的目的是用新的技术方法回顾性研究我院过去十年分离的诺卡菌的感染途径、菌种分布和药敏情况, 对这一罕见疾病的特点做归纳和总结。

**方法** 本研究纳入我院从 2007 年 1 月至 2017 年 7 月自住院患者标本分离得到的共计 10 株诺卡菌, 并记录了患者的年龄性别和标本来源。取纯菌悬液使用高分辨飞行时间质谱 MALDI-TOF (IVD DALDI Biotyper 2.3, Bruker, 德国) 进行菌种鉴定, 并进行弱抗酸染色, 弱抗酸染液购自贝索(中国), 送菌悬液进行 16srRNA 和 rpoB 测序, 以便最终确定细菌的种属。

**结果** 本研究共纳入 10 株诺卡菌, 分别是 4 株盖尔森基兴诺卡, 3 株脓肿诺卡, 2 株巴西诺卡和 1 株皮疽诺卡。其中, 4 株分离自痰液, 2 株分离自肺泡灌洗液, 肺脓肿脓液、皮肤疖肿、关节腔液和腹腔引流液各有 1 株。呼吸道来源的标本占 70%。分离的盖尔森基兴诺卡除了克林霉素和环丙沙星之外的药物都是敏感的; 而 3 株脓肿诺卡对亚胺培南中介, 2 株对克林霉素耐药, 1 株敏感, 全部对环丙沙星耐药; 巴西诺卡菌对亚胺培南不敏感, 对克林霉素和环丙沙星耐药; 皮疽诺卡对亚胺培南中介, 对头孢曲松、克林霉素、氨苄西林和环丙沙星耐药。从菌种来看, 耐药率最高的是皮疽诺卡, 只有复方新诺明、利奈唑胺和阿米卡星是敏感, 其余药物皆中介和耐药。10 株诺卡菌的综合药物敏感度, 最高的是利奈唑胺、复方新诺明和阿米卡星, 均在 100%; 头孢曲松可以达到 90% 的敏感度。最低的是环丙沙星 (0%) 和克林霉素 (10%)。

**结论** 本研究历时十年, 共纳入 10 株诺卡, 分离的诺卡菌以盖尔森基兴诺卡和脓肿诺卡为主, 肺部感染是主要感染方式, 其次是皮肤软组织感染。最敏感的药物为复方新诺明、阿米卡星和利奈唑胺。这些特性基本和文献报导内容相符。这种细菌随着免疫抑制状态和高龄患者的增多有上升的趋势, 需要医务工作者提高对这种病症的诊断鉴别能力。

## PU-6845

## 胎儿常见染色体非整倍体异常无创产前诊断中大规模平行基因组测序技术的应用及其临床价值探讨

薛海鲸

宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨胎儿常见染色体非整倍体异常无创产前诊断中大规模平行基因组测序技术的应用及其临床价值

**方法** 选取 2017 年 1 月~2018 年 1 月在我院妇产科就诊,筛查出唐氏血清学高风险、高龄产妇以及经超声诊断显示异常的 1200 名孕妇为研究对象,对其行无创产前诊断。抽取孕妇外周静脉血后提取出血浆 DNA,利用测序平台对孕妇外周血当中的游离胎儿 DNA 实施测序分析。检测结果呈阳性者进一步介入穿刺并对胎儿染色体进行分析,对阴性者进行随访。

**结果** 1200 名孕妇中检测结果呈阳性者 30 例,对其进行介入性穿刺分析染色体。结果显示有 29 例 21-三体检测阳性者,诊断符合率达到 100%。在 11 例 18 三体检测为阳性的孕妇中,对 10 例进行羊膜腔穿刺,其中有 9 例为 18-三体,1 例为正常,检测结果为胎盘 18-三体嵌合。

**结论** 大规模平行基因组测序技术应用于胎儿常见染色体非整倍体异常无创产前诊断中,敏感性与特异性强,能极大程度上减少介入性产前诊断数量。

## PU-6846

## 两种类型标本糖化白蛋白检测结果的评估

杨浩

黄石市中心医院,435000

**目的** 评估静脉血浆和血清标本糖化白蛋白检测结果之间的差异。

**方法** 选取 2019 年 1 月来我院的患者 75 例,没有采用特定的排除标准,收集其 K<sub>2</sub>EDTA 抗凝静脉血液和无添加剂静脉血液标本各一管,分离出血浆和血清,检测白蛋白和糖化白蛋白等指标,应用统计学方法分析糖化白蛋白(%)使用 K<sub>2</sub>EDTA 抗凝血浆标本和血清标本检测时的偏倚。

**结果** 血清白蛋白在 26.3 g/L~47.5 g/L 之间,血清糖化白蛋白(%)值在 10.5%~20.0%之间,静脉血浆与血清之间白蛋白的检测值差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),糖化白蛋白的差异无统计学意义 ( $P>0.05$ )。呈偏态分布的血浆与血清糖化白蛋白(%)百分比差值的中位数为-1.01%, Passing-Bablok 回归模型拟合得到的回归方程分别为  $Y=-1.882+1.126X$ ,将 GA(%)诊断切点 14.3%和 16.3%代入回归方程,偏倚分别为-0.15%和 1.41%,均小于生物学变异研究的预期偏倚范围 ( $\pm 2.9\%$ )。

**结论** 糖化白蛋白的浓度范围在 10.5%~20.0%时, K<sub>2</sub>EDTA 抗凝静脉血浆与无添加剂静脉血清标本用于糖化白蛋白(%)检测时的差异小,其偏倚在临床可接受,它们都可在临床使用。

PU-6847

## 重症肌无力与淋巴细胞免疫功能关系探讨

刘基铎<sup>1</sup>,钟嘉颖<sup>2</sup>,肖明锋<sup>1</sup>,周迎春<sup>1</sup>,许新强<sup>1</sup>

1.广州中医药大学第一附属医院,510000

2.广州医科大学

**目的** 重症肌无力(myasthenia gravis, MG) 是乙酰胆碱受体抗体介导的自身免疫性疾病。文中探讨淋巴细胞不同细胞亚群在重症肌无力患者与正常对照组间的表达情况,并探究胸腺切除后对重症肌无力患者细胞免疫功能影响。

**方法** 采用多参数流式细胞术检测重症肌无力患者外周血淋巴细胞亚群分布情况,并分析胸腺切除对重症肌无力患者细胞免疫功能的影响。

**结果** Th 细胞比例在胸腺未切除组要比正常对照组高,存在统计学差异( $P<0.05$ );Th/Ts 比例在胸腺未切除与胸腺切除组及正常对照组存在统计学差异( $P<0.05$ );DNT 细胞在重症肌无力患者中比正常对照组高,存在统计学差异( $P<0.05$ );NK 细胞在重症肌无力胸腺未切除组、切除组中比例较正常对照组比例低,存在统计学差异( $P<0.05$ )。CD3+CD8+CD25+CD127lowTreg 细胞在未切除胸腺的重症肌无力患者中的表达较切除组及正常对照组高,存在统计学差异( $P<0.05$ );TCR $\gamma\delta$  与 TCR  $\alpha\beta$  在重症肌无力中的表达情况与正常对照组表达存在统计学差异( $P<0.05$ );而 CTL 在重症肌无力中的表达情况与正常对照组表达存在统计学差异无统计学差异( $P>0.05$ )。

**结论** 重症肌无力患者 Th 细胞、Th/TS 比例、双阴性 T 细胞比例增高,NK 细胞比例降低,CD8+调节性 T 淋巴细胞比例增高,可能与重症肌无力发病存在关系,经胸腺切除后 Th 细胞、Th/TS 比例、CD8+调节性 T 淋巴细胞比例出现降低,细胞免疫功能得到一定缓解,可通过以上指标评估重症肌无力患者在疾病不同阶段细胞免疫功能状态。

PU-6848

## 改良微量稀释法初步应用:2018 年广东省耐药监测结果及 2013-18 年广州市耐药趋势分析

吴兴中<sup>1</sup>,赵云虎<sup>1,13</sup>,覃晓琳<sup>1</sup>,黄进梅<sup>1</sup>,李明<sup>2</sup>,王峰<sup>3</sup>,曹文苓<sup>4</sup>,吴志周<sup>5</sup>,蔡常辉<sup>6</sup>,郭炽星<sup>7</sup>,刘小凤<sup>8</sup>,伍尚华<sup>9</sup>,裴俊明<sup>10</sup>,彭莹<sup>11</sup>,陈和勇<sup>12</sup>

1.南方医科大学皮肤病医院

2.东莞市第五人民医院

3.深圳市慢性病防治中心

4.广州市皮肤病防治所

5.江门市皮肤病医院

6.中山市第二人民医院

7.广州市番禺区慢性病防治中心

8.珠海市慢性病防治中心

9.韶关市慢性病防治中心

10.汕头市皮肤病医院

11.湛江市慢性病防治中心

12.茂名市慢性病防治中心

13.广东省人民医院,510000

**目的** 应用新建立的改良微量稀释法及标准的琼脂稀释法,监测广东省 11 个地区淋球菌对阿奇霉素耐药(RTA)的现状各个地区 RTA 的分布特征,并分析广州市近 6 年 RTA 菌株的流行趋势,同时评价改良微量稀释法的应用前景。

**方法** 收集 2018 年广东省 11 个地区以及 2013-2018 年广州市淋球菌临床分离株, 采用琼脂稀释法或改良的微量稀释法检测阿奇霉素对分离株的最低抑菌浓度(MIC), 根据 WHO 推荐标准判断敏感性和耐药性, SPSS 20.0 (IBM)软件进行统计分析。

**结果** 2018 年全省 1178 株淋球菌对阿奇霉素的 MIC<sub>50</sub> 为 0.5mg/L, MIC<sub>90</sub> 为 1mg/L, MIC<sub>90</sub> 已达到耐药的临界值(MIC<sub>≥1</sub>mg/L), 其中有 7 个地区达到或超过该临界值。RTA 淋球菌发生率为 20.03% (236/1178), 其中深圳的 RTA 淋球菌为 14.29% (31/217), 显著低于广东省平均水平 ( $\chi^2=3.912$ ,  $P=0.048$ ); 中山的 RTA 淋球菌为 40.21% (39/71), 显著高于广东省平均水平 ( $\chi^2=21.558$ ,  $P<0.001$ )。2013-18 年间广州市共检测 624 株淋球菌对阿奇霉素的 MIC, 结果总体 MIC<sub>50</sub> 为 0.5mg/L, MIC<sub>90</sub> 为 1mg/L, MIC<sub>90</sub> 同样达到 RTA 淋球菌的临界值 (MIC<sub>≥1</sub> mg/L)。2013 年、2014 年、2017 年均达到 RTA 淋球菌的临界值, 2016 年和 2018 年 MIC<sub>90</sub> 为 2mg/L, 已超过临界值。2013-2018 年广州市 RTA 淋球菌从 11.90% (10/84)升高至 23.49% (39/166), 呈显著的升高趋势 ( $\chi^2=6.276$ ,  $P=0.012$ )。

**结论** 广东地区流行淋球菌对阿奇霉素耐药率较高, 不可作为治疗淋病的一线药物, 应结合药物敏感性实验选择使用。改良微量稀释法可代替琼脂稀释法, 提供及时报告供临床选择用药。

PU-6849

## 基于聚集诱导发光荧光标记的微流控液滴 数字化细菌计数方法

舒博文,徐邦牢,刘大渔  
广州市第一人民医院,510000

**目的** 本文提出一种基于聚集诱导发光 (AIE) 荧光标记的微流控液滴数字化细菌定量分析方法, 可望在数分钟内完成精确的细菌数目定量。

**方法** 该方法以微流控液滴分析芯片构建数字化分析平台, 首先将待测细菌样品与 AIE 荧光染料配对混合后形成大量皮升级微液滴, 使得每个液滴中包含不超过一个细菌, 然后利用 AIE 分子上修饰的 ZnDPA 基团结合细菌细胞膜限制分子振转从而“点亮”细菌的特性指示液滴中细菌的有无, 随即荧光成像并计数包含细菌的液滴数目或所占比例, 最终由泊松分布公式推算细菌数目或密度。

**结果** 相比于传统经典细菌菌落计数, 基于聚集诱导发光荧光标记的微流控液滴数字化定量方法无需繁琐耗时的细菌分离培养, 即用即测。

**结论** 本文提出的基于聚集诱导发光荧光标记的微流控液滴数字化定量方法可以精确且绝对定量细菌数量, 且可以大幅缩短细菌计数分析时间。

PU-6850

## 宝鸡地区 169 例不孕不育患者遗传学分析

薛海鲸  
宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨不孕不育患者染色体异常检出率、异常类型。

**方法** 对 169 例不孕不育患者的外周血淋巴细胞进行培养、制片及 G 显带染色体核型分析

**结果** 169 例不孕不育患者染色体异常 28 例, 检出率 16.6%。常染色体异常 24 例, 包括结构异常 1 例, 多态性 23 例, 以 D 组和 G 组多态性最常见, 占总异常率的 85.7%。常染色体异常临床表现男性以少弱精症为主, 女性以原发不孕多见。性染色体异常 4 例, 占总异常率的 14.3 %, 包括性染色体数目异常 2 例, 多态性 2 例, 主要表现为无精症, 不育等。

**结论** 染色体异常是导致男女不孕不育的重要因素之一, 因此对不孕不育患者应常规进行染色体检查, 以便排除遗传因素的影响。

## PU-6851

### WHONET5.6 软件的细菌耐药性分析的临床应用

孙毅麟

中国医科大学第五临床学院本钢总医院

**目的** 首次使用 WHONET 软件时, 需要设置 WHONET5.6 程序和 BacLink 程序的项目参数, 然后通过 BacLink 对导出原始数据转换格式后, 使用 WHONET 进行数据的分析。

**方法** 设置 WHONET5.6 的参数, 主要参数有抗生素, 包括指南、试验方法、折点等; 设置 BacLink 的实验室格式, 内容包括国家、实验室名称、实验室代码、文件结构、代码和日期、新格式等, 然后使用 BacLink 将 LIS 导出的原始数据转换成后缀名为 dbf 的 dBase 格式。

**结果** 首次使用 WHONET5.6 分析数据和使用 BacLink 转换原始数据时, 需要设置相关的项目参数, 并在实验室信息系统软件师配合下, 完成对原始数据 EXCEL 表格导出的工作。

**结论** WHONET 是临床细菌耐药性的统计分析工具, 可统计分析分离菌株构成情况和药物敏感性结果等, 对细菌耐药监测、指导临床合理使用抗生素等工作具有重要意义。

## PU-6852

### 血清肿瘤标志物 NSE CYFRA21 -1 及 SCC 联合检测 在肺鳞癌诊断中的意义

王毅, 宝鸡市

宝鸡市中心医院, 721000

**目的** 探讨三种肿瘤标志物神经元特异性烯醇化酶 (NSE)、细胞角蛋白 19 片段 (CYFRA21-1)、鳞状细胞癌抗原 (SCC) 在患者血清中的水平及其联合检测在肺鳞癌诊断中的临床意义。

**方法** 采用电化学发光法检测 57 例经病理确诊为肺鳞癌的患者、60 例肺部良性疾病患者、50 例健康体检者血清中 NSE、CYFRA21-1、SCC 的水平及阳性率, 对比分析三种肿瘤标志物联合及单独应用的灵敏度、特异度等。

**结果** 肺鳞癌组 NSE、CYFRA21-1、SCC 的水平均明显高于良性疾病组及健康对照组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 良性疾病组与健康对照组比较差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。其中, 单项检测时, CYFRA21-1 的 youden 指数最高 (38.50%), 三项联合检测的灵敏度最高 (83.46%)。

**结论** 三项联合检测可提高肺鳞癌的阳性率及灵敏度, 优于其他单项检测, 有助于临床对肺鳞癌的诊断。

## PU-6853

### 学生 MSM 人群感染 HIV 的影响因素研究

彭二磊, 呼志丽, 徐俊杰

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 通过横断面研究了解学生 MSM 人群性行为特征, 心理健康状况, HIV 既往检测史、阻碍因素, HIV 健康知识来源, 社交软件使用水平, HIV、梅毒感染水平及其危险因素。



**方法** 2017 年 6 月至 2018 年 12 月, 通过滚雪球、RDS、微信公众号宣传等多种途径联合招募在校学生 MSM 人群。学生 MSM 人群根据个人意愿选择 HIV 检测方式, 调查对象可自行选择前往医大一院 VCT 门诊进行 HIV/梅毒检测, 或者通过网络申请 HIV/梅毒试纸, 自行检测 HIV/梅毒。通过在线问卷收集系统“金数据”进行问卷编辑, 收集。使用金数据将编辑好的调查问卷生成二维码, 调查对象通过微信扫描二维码自行回答调查问卷。采用频率、百分比描述学生 MSM 人群行为特征, HIV/梅毒阳性与阴性学生 MSM 人群社会人口学和性行为特征分布差异进行卡方对比分析, Logistic 回归模型分析行为特征与 HIV 感染之间的统计学关系。

**结果** 基线调查共招募了 672 名学生 MSM 参与本研究, 平均年龄 ( $21.1 \pm 2.4$ ) 岁, 84.8% (570/672) 教育程度本科及以上, 首次同性性行为平均年龄 ( $18.7 \pm 2.3$ ) 岁, 首个同性性伴 38.4% (258/672) 是非学生。在校正了文化程度、年龄、户籍地后, 学生 MSM 人群感染 HIV 的危险因素有近半年内无保护肛交 (AOR=5.0, 95%CI=1.8-13.8), 群交性行为 (AOR=4.7, 95%CI=1.6-13.5), 使用新型毒品 (AOR=2.5, 95%CI=1.1-5.7), 存在 HIV 阳性性伴 (AOR=7.4, 95%CI=1.1-48.7), 确诊患有性病 (AOR=2.9, 95%CI=1.0-8.2)。

**结论** 学生 MSM 人群首次性行为年龄小, 多性伴、肛门出血、使用新型毒品等高危行为突出; 参与过 HIV 检测比例低, 存在不同程度的社会心理问题。今后, 应全面开展针对学生 MSM 危险行为的同性健康教育, 加强学生 MSM 艾滋病防控措施力度, 从而达到遏制 HIV 在学生 MSM 中的传播。

## PU-6854

### 自动化尿液分析系统复检规则的验证

王成, 罗燕萍, 王甩艳, 莫红梅  
深圳市第五人民医院深圳市罗湖人民医院, 518000

**目的** 验证 UF-1000i 尿有形成分分析仪与 AX-4030 尿干化学分析仪组成的流水线自动化检测结果的尿液镜检复检规则。

**方法** 收集 2018 年 8 月份我院 305 份尿液标本进行有形成分分析 (包括 RBC、WBC、CAST) 和干化学检测 (包括 BLD、LEU、PRO)。根据参考文献及临床医师建议初步确定 66 条复检规则。每份标本经尿液分析流水线检测完毕后采用双盲法进行尿沉渣显微镜镜检, 以镜检结果为判断标准, 计算该复检规则的真阳性率、假阳性率、真阴性率、漏诊率和复检率对规则进行有效性验证。

**结果** 该复检规则的符合率为 89.51% (273/305), 真阳性率为 38.69% (118/305)、假阳性率为 8.2% (25/305)、真阴性率为 50.82% (155/305)、假阴性率 (漏诊率) 为 2.3% (7/305)、复检率为 32.79% (100/305)。

**结论** 该复检规则通过验证, 能够有效降低复检率, 降低漏诊率, 可作为本实验室自动化尿液分析的复检规则。

## PU-6855

### EphA2 siRNA 对卵巢癌细胞株 HeyA8-MDR 生物学特性的影响

于涵  
大连医科大学附属第一医院, 116000

**目的** 探究 EphA2 (人肝细胞促红素) siRNA 转染卵巢癌细胞后对卵巢癌细胞株 HeyA8-MDR 生物学特性的影响。

**方法** western blot 分别检测 HeyA8-MDR 与 HeyA8、A2780、A2780/CIS、SKOV3 卵巢癌细胞株中 EphA2 的表达水平, 用 siEphA2 转染卵巢癌细胞 HeyA8-MDR, western blot 检测转染后该细

胞 EphA2 的表达水平, 绘制细胞生长曲线, 用 transwell 侵袭试验的方法检测转染后的卵巢癌细胞侵袭力、迁移能力的改变。

**结果** EphA2 siRNA 转染卵巢癌细胞 HeyA8-MDR 后, EphA2 表达水平明显下降 ( $P<0.05$ ), 增殖能力、迁移能力、侵袭力均受到抑制 ( $P<0.05$ )。

**结论** EphA2 siRNA 能够有效抑制卵巢癌细胞株 HeyA8-MDR 的增殖能力、迁移能力、侵袭力, 从而为耐药卵巢癌的治疗提供新的靶点, 利用 RNA 干扰技术靶向 EphA2 基因治疗可能为卵巢癌的治疗提供新的方法。

## PU-6856

### 三例重症嗜肺军团菌社区获得性肺炎患者 病原学诊断报道

吴丽媛, 赵建玉, 周倩倩, 鲁辛辛  
首都医科大学附属北京同仁医院, 100000

**目的** 介绍嗜肺军团菌引起社区获得性肺炎的快速、特异实验室诊断方法。

**方法** 回顾性分析 2018 年 5 月至 2018 年 9 月 CAP 确诊为重症嗜肺军团菌社区获得性肺炎 3 位患者临床资料。分别检测患者急性期及恢复期嗜肺军团菌血清抗体。应用聚合酶链反应(PCR)分别扩增嗜肺军团菌基因。应用体外快速免疫层析法检测尿中嗜肺军团菌抗原。取患者急性期痰标本进行细菌培养, 应用常规方法分离鉴定细菌。

**结果** 三例患者皆有高热 ( $39.4-40.3^{\circ}\text{C}$ )、CPR 升高、LDH 升高、血小板下降、低钠血症、腹泻和咳嗽, 提示有军团菌感染。嗜肺军团菌尿抗原和 (或) PCR 检测确认了临床拟诊, 证实患者为嗜肺军团菌感染。启动喹诺酮类药物治疗后, 3 位患者病情均好转。

**结论** 根据“高热、CPR 升高、LDH 升高、血小板下降、低钠血症和咳嗽”组成的 6 项指标对患者进行拟诊, 快速病原学实验进行确认, 尽快启动靶向抗生素治疗, 是成功诊治嗜肺军团菌引起的重症肺炎的关键。

## PU-6857

### 通过改进提高分析前质量管理

李欣, 哈小琴  
解放军联勤保障部队第 940 医院, 730000

**目的** 通过提出改进分析前质量管理的方法来提高实验室检测的正确率, 减少检验结果的误差。

**方法** 临床实验室要做好分析前的质量管理, 除了要全面控制各种影响因素外, 还应该通过提出改进措施来尽可能减少不合格标本的产生。分析前的质量管理不仅仅只是检验人员的任务, 它还需要医生、护士、病人以及医疗公司的共同努力与改进。医疗公司不仅需要设计出满足终端用户期望的产品, 更应该本着提高产品安全性, 病人满意度的理念设计出更优质的产品; 医生应加强与检验科人员的沟通交流, 以此来避免潜在因素的干扰; 护士在采集标本时应严格遵循标本采集手册, 避免产生不必要的错误; 患者在自行留取标本时要遵循医生护士的要求, 据实回答医生提出的相关问题, 此外, 检验人员要做好样本的验收工作, 对于不合格的样本要拒收, 并正确对待检测的样本进行预处理。

**结果** 实验室检测在人类疾病的诊断、预测和治疗监测中发挥着重要作用。实验室检测尽管在测试的分析阶段中有着很高安全性, 但在整个测试过程中仍然存在许多问题, 特别是在从标本的获取到标本的运输储存的分析前

**结论** 只有所有人员共同努力,才能全面提高分析前的管理的控制效果,减少检验误差以及不准确检验结果的产生,避免给病人带来精神上和经济的损失。

PU-6858

## 血细胞分析中危急值的应用评价

侯霞,刘建梅,邓德耀  
云南省第二人民医院,650000

**目的** 通过分析血细胞分析中出现的危急值,对危急值发生率和危急值报告时间进行总结,探讨危急值及时报告的重要性以及建立科室个性化危急值界限的必要性。

**方法** 回顾性分析 2017 年 1 月至 12 月全年血细胞分析中出现的危急值,对血细胞分析中的中性粒细胞绝对值、血红蛋白及血小板计数三项危急值发生率、分布情况、通报时间进行统计分析。查阅相关病历,了解危急值在临床应用情况。

**结果** 2017 年共检测血细胞分析 249844 次,报告危急值 5224 次,危急值发生率为 2.09%。其中,门诊平诊和急诊、住院平诊和急诊报告次数依次为 594 (11.37%)、70 (1.34%)、3087 (59.09%)、1473 (28.20%)。血小板危急值全年报告 3687 次 (70.58%),中性粒细胞绝对值 1122 次 (21.48%),血红蛋白 415 次 (7.94%)。危急值平均报告时间为 34 分钟,最短为 2 分钟,急诊危急值标本均在 15 分钟之内完成报告。涉及临床科室最多是血液科。

**结论** 应定期回顾血细胞分析中出现的危急值,加强实验室检测人员的责任心,及时报告危急值,缩短危急值通报时间。多和临床科室沟通交流,结合医院及科室疾病的特点,设置个性化危急值界限。可采用首次危急值报告,避免重复报告带来的弊端,便于临床科室更好地应用危急值。

PU-6859

## 学生 MSM 人群 HIV 新发感染率及影响因素的前瞻性队列研究

彭二磊,呼志丽,徐俊杰  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 学生男男同性性行为 (men who have sex with men, MSM) 人群的 HIV (human immunodeficiency virus) 感染率逐年上升,前瞻性队列研究获得学生 MSM 人群 HIV 新发感染率,掌握影响学生 MSM 人群 HIV 新发感染的危险因素。

**方法** 自 2017 年 6 月至 2018 年 12 月,通过滚雪球和微信公众号招募年满 16 周岁、自报近半年内与男性发生过肛交/口交性行为、无 HIV 检测阳性结果、知情同意的在校学生 MSM 人群,基线 HIV 阴性的学生 MSM 人群纳入开放式前瞻性队列随访。对纳入队列的学生 MSM 人群进行每三个月一次的随访调查,采用频率、百分比描述学生 MSM 人群行为特征,HIV/梅毒阳性与阴性学生 MSM 人群社会人口学和性行为特征分布差异进行卡方对比分析,Logistic 回归模型分析行为特征与 HIV 感染之间的统计学关联;采用 COX 回归分析各变量与 HIV 阳转的关联性。

**结果** 基线调查共招募了 672 名学生 MSM 参与本研究,平均年龄 ( $21.1\pm 2.4$ ) 岁,84.8% (570/672) 教育程度本科及以上,首次同性性行为平均年龄 ( $18.7\pm 2.3$ ) 岁,首个同性性伴 38.4% (258/672) 是非学生。在排除了基线 HIV 阳性的学生 MSM 后,共有 250 人 (38.6%) 参与了队列随访,共随访 172.3 人年,平均随访 0.7 年。随访过程中有 10 名学生 MSM 发生了 HIV 抗体阳转,HIV 新发感染率为 5.8/100PY。多因素 COX 回归模型分析发现 HIV 新发感染的危险因素有首性伴职业为非学生 (vs. 学生) ( $AHR=7.1$ ,  $95\%CI=1.4-34.8$ ); 无保护肛交

(AHR=10.7, 95%CI=1.3-86.7), 酒后性行为(AHR=14.7, 95%CI=3.4-63.6), 性病相关症状(AHR=4.8, 95%CI=1.4-16.6), 抑郁(AHR=5.2, 95%CI=1.2-21.3)。

**结论** 学生 MSM 人群 HIV 新发感染疫情严峻, 首个同性性伴是非学生, 具有无套性行为, 酒后性行为, 性病相关症状, 抑郁是 HIV 阳转的危险因素。今后, 应全面开展针对学生 MSM 危险行为的同性健康教育, 加强学生 MSM 艾滋病防控措施力度, 从而达到遏制 HIV 在学生 MSM 中的传播。

PU-6860

## BLys 与 APRIL 的检测在自身免疫性疾病中的应用及意义

侯佳宜

山西省中医药研究院山西省中医院,030000

**目的** B 淋巴细胞刺激因子(B lymphocyte stimulator, BLys)是 B 淋巴细胞生长、发育和分化中重要的免疫调控因子, 还可以影响 T 细胞的功能, 可以显著促进抗 CD3 抗体或抗 TCR 抗体诱导的 T 细胞增殖; 增殖诱导配体(a proliferation-inducing ligand, APRIL)竞争性结合 B 淋巴细胞刺激因子的受体, 与 BLys 在类似于典型前蛋白转化酶家族成员的蛋白酶作用下形成有活性的可溶性三聚体, 对 T、B 细胞的调节与 BLys 有重叠作用。

**方法** BLys 与自身免疫性疾病的发病关系密切: BLys 转基因小鼠发生狼疮样表型, 而在人体研究发现, SLE 患者的 BLys 血清水平增高, 且其增高的程度与抗 dsDNA 和 ANA 效价有着一定的关联性; 类风湿性关节炎(RA)患者血清和滑液 BLys 水平的测定均较对照组高, 且关节滑液中的 BLys 水平明显高于血清水平; SS 病人血清中 BLys 水平较对照组明显升高, 且与抗 SSA 抗体、抗 SSB 抗体和 RF 等自身抗体滴度有着较强的相关性, 且 SS 患者炎性唾液腺中 BLys 的表达更是异常增高; 自身免疫病患者淋巴细胞表达的 BLys mRNA 水平是升高的, 其升高伴随着自身抗体的产生和免疫球蛋白的升高, 且比血中 BLys 蛋白水平更能准确反映狼疮活动。

**结果** 提示: 血清 BLys 的检测结合 BLys mRNA 基因表达的定量检测可能有助于自身免疫性疾病的早期诊断。多种风湿病患者同源与异源 BLys 三聚体分子表达失调, 表明活化的 BLys/APRIL 异源三聚体在风湿病和其他自身免疫病起了一定作用: SLE 患者循环 APRIL 水平与临床活动存在内在联系; RA 和 SLE 患者 APRIL mRNA 含量显著升高;

**结论** 治疗后未缓解组的患者与疾病初发组和治疗后缓解组相比, APRIL mRNA 显著升高, 说明 APRIL mRNA 含量高低与疾病的预后相关性。提示检测 APRIL mRNA 含量可能是继 BLys mRNA 的又一有用的自身免疫病辅助诊断指标。

PU-6861

## Expression and transcriptional profiling of the LKB1 tumor suppressor in cervical cancer cells

Xiaoli Zhang

Shandong University Qilu hospital

**Objective** To characterize the biological activities of LKB1, examine LKB1 protein expression and identify LKB1-regulated genes that may serve as therapeutic targets in cervical cancer.

**Methods** Proliferation of cervical cancer HeLa cells expressing LKB1 was examined. LKB1 expression in normal cervical tissues and cervical cancers was assessed by immunohistochemistry. Gene expression profiles of cervical cancer HeLa cells stably expressing LKB1 were analyzed by microarray. Differentially expressed genes were analyzed using Gene Ontology (GO) terms and the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) PATHWAY

database. Quantitative RT-PCR was used to validate the microarray data. The expression of lipid phosphatase inositol polyphosphate 4-phosphatase type II (INPP4B) was confirmed by western blotting.

**Results** Expression of LKB1 inhibited HeLa cell proliferation, activated AMPK and was lost in more than 50% of cervical carcinomas. More than 200 genes were differentially expressed between HeLa cells with and without LKB1. Bioinformatics analysis with GO annotation indicated that LKB1 plays a role in receiving diverse stimuli and converting them into molecular signals. KEGG PATHWAY analysis showed that 8 pathways were significantly regulated. These include arginine and proline metabolism and inositol phosphate metabolism. The differential expression of 7 randomly selected genes was confirmed by quantitative RT-PCR. Furthermore, the steady-state level of INPP4B protein was up-regulated in LKB1-overexpressing cells.

**Conclusions** This study establishes LKB1 as an important tumor suppressor in cervical cancer and sheds light on a novel signaling pathway regulated by LKB1.

## PU-6862

### 血清淀粉样蛋白 A 及血浆致动脉硬化指数等指标 和妊娠期糖尿病的相关性

许梦洁,潘利琴,许锴,戴显宁  
温州市人民医院

**目的** 评估血清淀粉样蛋白 A(SAA)及其它生化指标对妊娠期糖尿病(GDM)的血糖水平的相关性和有效预测作用。

**方法** 收集 80 例 2018 年 5 月至 2019 年 4 月期间温州市人民医院定期产前检查并进行 75 克口服葡萄糖耐量试验(OGTT)的空腹、1h、2h 血清样本进行葡萄糖和 SAA 分析,空腹血清标本加做甘油三酯(TG)、总胆固醇(TC)、高密度脂蛋白(HDL)、低密度脂蛋白(LDL)、脂蛋白 a(Lpa)、同型半胱氨酸(Hcy)、超敏 C 反应蛋白(hs-CRP),计算血浆致动脉硬化指数(AIP)。根据糖耐量结果将其分为 GDM 组 49 例和对照组 31 例,利用统计学软件比较两组间差异,并进行相关性分析;

**结果** GDM 孕妇 OGTT 空腹、2h 的 SAA 水平明显高于对照组( $p=0.0005$ ,  $0.0013$ ), GDM 组的 TC、hs-CRP、AIP 水平高于对照组( $p=0.0079$ ,  $p<0.0001$ ,  $p=0.0447$ ), GDM 组空腹 SAA 水平与空腹葡萄糖,hs-CRP 呈正相关( $p=0.0226$ ,  $p=0.0016$ ),散点图显示血清 SAA 在 OGTT 空腹、1h、2h 无明显变化。ROC 曲线显示空腹葡萄糖检测 GDM 的 AUC 为 0.909,空腹 SAA 检测 GDM 的 AUC 为 0.726

**结论** SAA、hs-CRP、TC、AIP 通过多种机制参与 GDM 发生发展。SAA 与空腹葡萄糖、hs-CRP 正相关,空腹 SAA 检测对 GDM 的筛查有一定诊断价值,血清 SAA 水平在 OGTT 不同时间点无明显差异。

## PU-6863

### NK 细胞自身凋亡的研究进展

侯佳宜  
山西省中医院

**目的** 自然杀伤细胞(NK)是固有免疫系统中一类十分重要的淋巴细胞,约占淋巴细胞总数的 15%,NK 细胞不仅在机体抗病毒和抗肿瘤免疫中发挥着重要作用,而且可以分泌一些细胞因子,在造血、炎症和免疫应答过程中扮演重要角色。因此,NK 细胞的数量及活性,直接关系到天然免

疫系统的功能状态。在许多生理与病理情况下，如机体抗感染、肿瘤、妊娠、应激时，NK 细胞发生凋亡、数量减少、活性降低。其过程主要是通过 NK 细胞表面的受体来执行。

**方法** NK 细胞表面表达的自然杀伤受体（NCR）包括 NKp30,NKp44,NKp46.自体靶细胞包括（抗原递呈细胞、感染或肿瘤细胞）通过其表面配体与 NCR 结合后，被 NK 细胞杀伤<sup>[1, 2]</sup>。NK 细胞杀伤靶细胞后发生凋亡是由 NCR 的衔接启动的<sup>[3]</sup>。NKp30,NKp44,NKp46 的交联诱导 FasL 转录、合成和分泌的上调，与 NK 表面 Fas 反应使 NK 凋亡。NK 表面有不同的 HLA-I 受体表达，以 CD8 $\alpha$  和抑制性超家族受体（IRS）为代表。30%的 NK 细胞表达 CD8 $\alpha$  分子。NK 细胞上的 CD8 是由两条  $\alpha$  链组成的二聚体。IRS 包括杀伤细胞免疫球蛋白样受体（KIR）和 C 性凝集素抑制受体（CLIR）。KIR 胞膜外区有两或三个 Ig 样结构域，分属于 KIR2D 和 KIR3D 亚家族。

**结果** NK 细胞非特异杀伤靶细胞是机体天然免疫系统发挥作用的重要部分。NK 细胞凋亡直接导致天然免疫功能下降。这对于机体有正反两方面的意义。靶细胞与 NCR 结合、sHLA-I 与 AR 结合、CD16 与免疫复合物结合均能活化 NK 细胞的细胞毒活性和细胞因子分泌，并引发 NK 细胞凋亡，即 NK 细胞激活的同时也在自杀。正常情况下这是一种内在调控机制：通过切断 NK 细胞的溶胞活性来阻断 NK 介导的对健康细胞的危害。而当靶细胞是肿瘤时，NK 细胞的凋亡成了肿瘤逃逸的机制。

**结论** 目前对导致 NK 细胞凋亡的具体机制还缺乏深远的了解。随着研究的深入，我们可以通过调节 NK 细胞凋亡来调节机体的免疫反应，比如抑制 NK 细胞凋亡，提高 NK 细胞活性来治疗肿瘤和感染；激活 NK 细胞凋亡来抑制移植过程中的排斥反应和治疗其他的自身免疫性疾病。而应激时，如何减少 NK 细胞凋亡，使受损的免疫功能恢复，是今后医学值得探讨的问题。

PU-6864

## 成人特发性肺含铁血黄素沉着症

刘梅

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 探讨成人特发性肺含铁血黄素沉着症（IPH）的临床特点及治疗、随访情况。

**方法** 对 1 例主因发热、咳嗽、胸闷、气短 1 月确诊为成人特发性肺含铁血黄素沉着症患者进行回顾性分析及文献复习。

**结果** 本文患者双肺弥漫性磨玻璃密度影，右肺上叶后段钙化小结节，纵膈多发小淋巴结，两侧胸膜局部肥厚；支气管肺泡灌洗液细胞分类计数：细胞总数  $12.4 \times 10^4/\text{ml}$ ，巨噬细胞 97.5%，淋巴细胞 2%，镜下可见含铁血黄素沉积；病理细胞学报告：刷片可见支气管粘膜上皮细胞及吞噬细胞，吞噬细胞内为含铁黄红素，（肺泡灌洗液）涂片可见多量吞噬细胞，吞噬细胞内为含铁黄红素，部分细胞退变；瑞士-吉姆萨染色：肺泡灌洗液镜下可见大量细胞，少见散在巨噬细胞；铁染色：肺泡灌洗液大量细胞阳性；糖原染色：肺泡灌洗液大量细胞阳性；DNA 定量细胞学检查：未见 DNA 倍体异常细胞；淋巴细胞亚群分析：CD3+ 91.22%，CD3+CD8+ 64.34%，CD4/CD8 1.41%，CD3-CD19+ 3.56%，CD3-CD16+CD56+ 6.03%。

**结论** IPH 临床表现多样，误诊率高，及时完善胸部 CT 检查，积极行胃液、痰液或肺泡灌洗液含铁血黄素细胞检查可以减少 IPH 的误诊，同时总结复习了国内外的相关文献，以期帮助临床医师提高对成人特发性肺含铁血黄素沉着症的理解与认识。

## PU-6865

## 血清一氧化氮(NO)间接比色法的性能验证

宫心鹏,李芳

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 本实验室对血清一氧化氮现有检测方法(间接比色法)进行方法学评估和临床测试分析,以验证该试剂方法学性能良好,并能满足检测及临床要求。

**方法** 根据卫生行业标准《临床实验室对商品定量试剂盒分析性能的验证》以及 NCCLS 指南文件的要求,对血清一氧化氮的检测试剂盒进行精密度,正确度,线性范围、临床可报告范围和检测灵敏度等指标进行验证实验。

**结果** 采用现有一氧化氮检测试剂盒检测,两份测试血清样本批内不精密度 CV 值分别为 2.0%和 0.7%,测试样本的批间不精密度 CV 值为 1.4%;选取的定值样品测定结果与标示值的相对偏差小于 10%,该 NO 试剂精密度和正确度均符合要求;线性评价显示相关系数  $r>0.990$ ,线性理想经检测,该产品的最大稀释倍数为 27 倍,可报告范围为  $5 \sim 10800 \mu\text{mol/L}$ ;最低检测限为  $\text{LLD}=0.3 \pm 0.2$ 。

**结论** 本研究验证的血清一氧化氮检测试剂盒的精密度、准确度和线性等性能指标优良,均达到了临床应用的要求。

## PU-6866

## 抗中性粒细胞胞浆抗体实验室检测及临床应用的进展

侯佳宜

山西省中医院

**目的** 抗中性粒细胞胞浆抗体(anti-neutrophil cytoplasmic anti-body, ANCA)是一种以中性粒细胞和单核细胞胞浆成分为靶抗原的自身抗体。目前已发现,ANCA 自身抗体谱存在十余种特异性抗体,根据其靶抗原的不同主要可分为抗髓过氧化物酶 ANCA(myeloperoxidase, MPO)、抗蛋白酶-3ANCA(protease 3, PR3-ANCA)以及较为少见的不典型 ANCA

**方法** 实验室用来测定 ANCA 的方法很多,经过技术与流程的改进,大致包括如下几种:间接免疫荧光法(indirect immunofluorescence method, IIF)、放射免疫法(radioimmunoassay, RIA)、酶联免疫吸附试验(enzyme linked immunosorbent assay, ELISA)、免疫印迹法(immune-blot, IB)、斑点杂交法(dot blotting)、免疫沉淀法(radio immune-precipitation, RIP)和流式细胞术(flow cytometer, FCM)等。但大多数实验室检测 ANCA 的方法主要还是三种:间接免疫荧光法、酶联免疫吸附试验和线性免疫分析法。

**结果** 与抗中性粒细胞胞浆抗体(ANCA)相关称之为 ANCA 相关小血管炎 (ANCA-associated vasculitis, AAV)。ANCA 很可能与 SLE 活动期血管病变有关。SLE 患者最常见并发症为新月体肾炎,在其活动指数和慢性指数均较高时,ANCA 阳性率高,表明 ANCA 与 SLE 患者的肾脏受损密切相关,ANCA 阳性可提示狼疮血管炎且病情处于活动期。迟发性 50 岁以上发病的狼疮肾炎患者 ANCA 检出率显著高于早发患者,且迟发患者病情更严重,提示 ANCA 阳性可能与狼疮肾炎患者的病情严重程度相关。抗酿酒酵母菌抗体与 ANCA 联合检测有助于对 UC 和 CD 的鉴别诊断。

**结论** 随着免疫学检测方法、技术的不断提高,自身免疫性疾病患者的诊断不断增多,自身抗体的检测也越来越受到重视,已成为自身免疫性肝病早期诊断的重要实验室检测手段。ANCA 在系统性血管炎的高度敏感和特异性,深化了人们对原发性血管炎的认识,产生了 ANCA 相关系统性血管炎的概念。

## PU-6867

## 原位培养羊水细胞的染色体核型分析

林小玲,郑昭科,徐雪琴,钱昌瑞  
温州市中心医院

**目的** 探讨不同产前诊断指征孕妇胎儿异常染色体核型发生率和原位培养羊水细胞染色体嵌合体发生率及相关临床意义。

**方法** 在超声引导下对 14455 例具有产前诊断指征的孕妇实施羊膜穿刺抽取羊水进行染色体核型分析,对异常染色体核型进行统计,并对涉及 13、18、21 或性染色体的嵌合体病例采用荧光原位杂交技术(FISH)进行检测。

**结果** 14455 例羊水细胞染色体核型中发现异常核型 439 例,异常核型率为 3.0%。包括 21-三体 194 例,18-三体 81 例,13-三体 5 例,倒位 25 例,易位 51 例,缺失 16 例,重复 13 例,性染色体异常 54 例。嵌合体一共 38 例,嵌合率为 0.26%,其中涉及 13、18、21 或性染色体的共 23 例,其核型与 FISH 结果显示嵌合一致有 22 例,不一致 1 例。

**结论** 对具有产前指征的孕妇进行羊水细胞染色体核型分析,可以减少染色体病患儿的出生。原位培养羊水细胞可提高染色体嵌合体的诊断 FISH 是核型分析的有效补充。

## PU-6868

## 分析前阶段血标本不合格原因及改进措施

李欣,哈小琴  
解放军联勤保障部队第 940 医院,730000

**目的** 通过统计血液标本不合格率,总结分析血标本不合格率的变化趋势,及时进行干预,减少对病人的诊疗带来的损失以及分析血液标本不合格的原因分布和科室分布情况,降低血液标本不合格率,能够更准确、快速地为临床诊疗提供检验服务。

**方法** 对 2017 年 1 月到 2018 年 12 月收集到的共 2594 份不合格血标本进行分类统计,分别统计不合格原因及分布科室,结合实际情况讨论并制定改进计划,提高结果准确度。

**结果** 共采集了 2594 份不合格血液样本,2017 年为 1017 份,不合格率为 0.21%,2018 年为 1577 份,不合格率为 0.30%,其中不合格原因主要为脂血(50%),凝血(24%),其次为溶血(13%),样本量过少(13%),此外,急诊科,心血管内科,ICU 以及血液科的送检血标本不合格率位居前四。

**结论** 检验科应把控全局,做好不合格血标本的统计,并及时反馈给临床科室,加强与临床人员的沟通,降低血液标本不合格率,全面提高分析前血标本管理的控制效果,减少检验误差以及不准确检验结果的产生,避免给病人带来精神上和经济上的损失。



## PU-6869

## 癌细胞分泌的外泌体 miRNA 在癌症的发生、发展过程中发挥重要作用，但没有荟萃分析侧重于外泌体 miRNA 的诊断效率，这项荟萃分析评估了循环外泌体 miRNA 的在癌症中诊断价值

哈小琴,杨波

解放军联勤保障部队第 940 医院,730000

**目的** 在 Embase, PubMed, Cochrane library, Web of Science 中检索外泌体 miRNA 诊断值的文献, 检索时间截止 2018 年 8 月 1 日。每项研究的质量根据诊断准确性研究的质量评估表进行评估, 并且用 STATA 14.0 分析。从每项研究中提取 TP, FP, TN 和 FN 以获得总的敏感性, 特异性, 阳性似然比 (PLR), 阴性似然比 (NLR), 诊断比值比 (DOR)

**方法** 在 Embase, PubMed, Cochrane library, Web of Science 中检索外泌体 miRNA 诊断值的文献, 检索时间截止 2018 年 8 月 1 日。每项研究的质量根据诊断准确性研究的质量评估表进行评估, 并且用 STATA 14.0 分析。从每项研究中提取 TP, FP, TN 和 FN 以获得总的敏感性, 特异性, 阳性似然比 (PLR), 阴性似然比 (NLR), 诊断比值比 (DOR)

**结果** 荟萃分析包括 16 项研究, 共 1591 名患者, 结果研究表明, 汇总敏感性和特异性的结果分别为 0.86 (95%CI = 0.80-0.90) 和 0.89 (95%CI = 0.83-0.93)。合并的 PLR 为 7.8 (95%CI = 4.9-12.4), 合并的 NLR 为 0.16 (95%CI = 0.11-0.24), 合并的 DOR 为 48 (95%CI = 23-101), AUC 值为 0.94 (0.91-0.96)。

**结论** 我们的荟萃分析表明, 体液外泌体 miRNA 在区分患者和健康个体方面具有较高的准确性, 外泌体 miRNA 在血浆中, 前列腺癌患者和非亚洲人群中具有更好的诊断价值。

## PU-6870

## 外泌体微小 RNA 在肝细胞癌中的表达及临床应用

哈小琴,杨波

兰州军区兰州总医院

**目的** 肝细胞癌 (Hepatocellular carcinoma, HCC) 是原发性肝癌最常见的类型, 其病死率位列全球恶性肿瘤的第四位。在中国, HCC 是癌症相关死亡的四大主要原因之一, 大多数患者被诊断为 HCC 时已经失去手术治疗的最佳时机, 因此 HCC 的早期诊断至关重要。目前, 血清甲胎蛋白检测是临床实验室针对 HCC 最常用的非侵入性诊断方法, 但其特异性较低, 在肝脏出现其他病变如肝炎、肝硬化、肝衰竭时也会升高。

**方法** 特定的 miRNA 在肝癌的表达有明显差异并且和肝癌的发生、发展有关。与正常肝组织相比 miR-21、miR-221 和 miR-222 的表达在癌组织中增加, 相反, miR-122-a、miR-145、miR-199-a 和 miR-223 的表达减少。另外, miR-338 的表达与 HCC 的一些特征密切相关, 包括肿瘤大小、分化、血管侵犯和肝内转移。随着对外泌体研究的不断深入, 发现外泌体 miRNA 也具有相似的特性, 其在体内和体外都有差异性的表达, 并且具有很好的稳定性, 因此具有成为生物标志物的潜力。

**结果** 肝癌细胞与正常肝脏细胞都可以分泌外泌体 miRNA, 但由于癌变的发生, 这两种细胞所分泌的外泌体 miRNA 并不相同, 而肝癌细胞分泌的外泌体 miRNA 进入受体细胞中, 通过调节特定靶基因达到促进癌细胞增殖、侵袭的作用, 也可以调节 HCC 相关的非肿瘤细胞, 为癌细胞的转移、生长提供较好的环境。

**结论** 外泌体 miRNA 相对于体液循环 miRNA 具有含量高、特异性强、稳定性高等优势必然使其在未来成为诊断准确性较高的肿瘤标志物, 并且在 HCC 中应用会更加广泛, 它不仅可以较好的区分

肝细胞癌与健康患者，还可以进一步与肝炎或肝硬化进行鉴别，并且在复发 HCC 的诊断中也有一定的价值，可以对 HCC 的分期、预后、以及治疗上都发挥辅助作用。

PU-6871

## 一例耐唑类和两性霉素 B 的临床热带念珠菌的耐药机制探讨

张晓丽

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 临床发现一株分离自患者痰液标本的耐药热带念珠菌，抗真菌药物敏感试验显示其对氟康唑、伏立康唑、伊曲康唑和两性霉素 B 均耐药。近年来，热带念珠菌的唑类耐药现象已有文献报道，但是热带念珠菌对两性霉素 B 的耐药较少见。本研究探讨其对两者均产生耐药的机制。

**方法** 选取临床 2 例抗真菌药物敏感型、1 例耐氟康唑、伏立康唑、伊曲康唑的热带念珠菌，及对唑类和两性霉素 B 菌耐药的热带念珠菌，首先进行抗真菌药物敏感性测试，同时对参与麦角固醇代谢通路的相关基因进行测序，RT-PCR 检测相关药物转运泵基因的转录水平变化，并进行临床信息的收集。

**结果** 基因测序揭示热带念珠菌的热点基因突变。

**结论** 热带念珠菌在非白色念珠菌引起的感染中占据重要位置，其产生的耐药机制正在被探究，揭示本地域热带念珠菌的耐药机制有助于真菌耐药监测和临床治疗。

PU-6872

## microRNAs 在糖尿病诊断中的 Meta 分析

哈小琴,蔡小玲

兰州军区兰州总医院

**目的** 通过 Meta 分析评价 microRNAs 对于糖尿病的诊断价值。

**方法** 检索 pubmed、web of science 以及中国生物医学文献数据库、中国期刊全文数据库、重庆维普和万方数字化期刊全文数据库中以 microRNAs 为糖尿病诊断标志物的诊断性文献，按制定的纳入、排除标准进行文献筛选，用 QUADAS 对文章进行质量评价、以及数据的提取，采用 Stata 12.0 软件对入选研究进行 Meta 分析。

**结果** 共有 2640 篇文章纳入，筛选后有 14 篇文章符合荟萃分析的条件。通过 microRNA 诊断糖尿病的敏感性和特异性分别为 0.765 (95%CI 0.693-0.824) 和 0.840 (95%CI 0.787-0.882)。阳性 (PLR) 和阴性 (NLR) 似然比分别为 4.789 (95%CI 3.591-6.385) 和 0.280 (95%CI 0.214-0.367)。诊断比值比 (DOR) 为 17.106 (95%CI 11.000-26.601)，AUROC 为 0.88 (95%CI 0.85-0.90)。

**结论** 表明 MicroRNA 失调在糖尿病中具有良好的诊断准确性。因此，微小 RNA 的异常上调或下调可以独立地预测糖尿病，可能成为糖尿病预防和进展的新靶标。

**关键词：**microRNAs；糖尿病；Meta 分析

## PU-6873

## The association between galectin-3 and acute coronary syndrome of diagnosis and severity of coronary artery disease

Xihong Li,Xinyou Xie

Run run shaw hospital affiliated to medical college of zhejiang university

**Objective** Several evidence has shown that the galectin-3 linked with myocardial injury and fibrosis, and also played a role in evolution and rupture of atherosclerotic plaque. In this study, we aimed to figure out the association between galectin-3 and acute coronary syndrome of diagnosis and severity of coronary artery disease.

**Methods** 166 patients with chest pain and highly suspected of cardiovascular disease were enrolled in the study, 104 of that were eventually confirmed as acute coronary syndrome (ACS), 62 patients of that were brought into the control group after matching genders and ages. Plasma galectin-3 were detected by chemiluminescence method. Every patient had collected two blood samples: the first tube of blood on admission(T1) and then the last one upon discharge (T2).

**Results** The levels of galectin-3 significantly decreased from  $18.98 \pm 9.59 \text{ ng/mL}$  to  $18.25 \pm 7.72 \text{ ng/mL}$  after drug treatment and Percutaneous Transluminal Coronary Intervention (PCI) ( $P=0.032$ ). Galectin-3 levels were correlated to BMI and eGFR on admission negatively ( $r=-0.171$ ;  $p=0.044$  and  $r=0.415$ ;  $p<0.0001$ , respectively). Galectin-3 showed a significant positive correlation with Gensini score in the patients ( $r = 0.223$ ,  $p = 0.004$ ). Plasma galectin-3 levels in the 104 patients with ACS were significantly higher than in compare group and healthy people ( $p<0.0001$ ,  $p<0.0001$ , respectively). ROC curve analysis showed that galectin-3 had considerable diagnostic value for ACS, with AUC of 0.676, 64.42% sensitivity and 66.13% specificity, the cut-off value of galectin-3 was  $18.63 \text{ ng/mL}$  ( $p<0.0001$ ).

**Conclusions** Galectin-3 may have a potential role in assisting the diagnosis of ACS patients and estimating the degree of coronary artery lesions, but the precise mechanism needs to be further explored.

## PU-6874

## 创新性医疗保障警报系统在危急值监测中的研究和应用

哈小琴,蔡小玲

兰州军区兰州总医院

**目的** 本研究的目的是描述实验室信息管理平台即医疗安全警报系统在危急值中的应用。它可以强制性的并且能自动监控危急值,以提高危急值报告的及时性和准确性。

**方法** 本研究于联勤保障部队第九四〇医院执行,获得自 2016 年 1 月至 2018 年 3 月医院检验科所有危急值数目。统计危机值在 20min,60min,120min,大于 120min 时间点护士和医生的报告率,及时率,正确率。

**结果** 在此期间获得了 21,291 个临界值。护士在 20 分钟内通知率为 93.11%,60 分钟内为 3.26%,120 分钟内为 2.15%,大于 120 分钟内为 1.47%;医生在 20 分钟内通知率为 92.85%,60 分钟内为 3.59%的病例,120 分钟内为 1.58%的病例,大于 120 分钟内为 1.96%的病例。危急值通知率为 97.13%,危急值准确率为 98.7%。

**结论** 由于使用了医疗安全警报系统,危急值报告的及时性和准确性在实验室中逐渐得到改善。但是,仔细监控完整的报告流程和改进信息系统将确保进一步提高危急值报告的及时性。此外,临床护士,医生和实验室工作人员也是改善危急值报告的关键。

PU-6875

## 高表达 DOK1 后对胰岛素抵抗细胞信号通路影响的表达分析

哈小琴, 蔡小玲  
兰州军区兰州总医院

**目的** 研究腺病毒高表达 DOK1 基因在改善胰岛素抵抗细胞中的作用和机制。

**方法** 用棕榈酸处理建立 BRL-3A 细胞、3T3-L1 细胞、C2C12 细胞胰岛素抵抗模型, 通过 CCK-8 法检测细胞增殖能力, Western blotting 方法检测 DOK1、IRS1、IRS2、PI3K、p-PI3K、AKT、p-AKT、SREBP1c 蛋白的表达情况。携带 DOK1 的腺病毒转入 BRL-3A 细胞、3T3-L1 细胞、C2C12 细胞。流式细胞仪法检测腺病毒的最佳转染情况、Western blotting 法检测胰岛素信号通路 IRS1、IRS2、PI3K、p-PI3K、AKT、p-AKT、SREBP1c 等蛋白的表达情况。

**结果** 用棕榈酸处理建立 BRL-3A 细胞、3T3-L1 细胞、C2C12 细胞胰岛素抵抗模型, 通过 CCK-8 法检测细胞增殖能力, Western blotting 方法检测 DOK1、IRS1、IRS2、PI3K、p-PI3K、AKT、p-AKT、SREBP1c 蛋白的表达情况。携带 DOK1 的腺病毒转入 BRL-3A 细胞、3T3-L1 细胞、C2C12 细胞。流式细胞仪法检测腺病毒的最佳转染情况、Western blotting 法检测胰岛素信号通路 IRS1、IRS2、PI3K、p-PI3K、AKT、p-AKT、SREBP1c 等蛋白的表达情况。

**结论** DOK1 基因可能通过 DOK1/AKT/SREBP1c 信号通路影响糖尿病的发病机制。主要通过 p-AKT 和 SREBP1c 蛋白的表达缓解细胞的胰岛素抵抗状态。

PU-6876

## Deficiency of programmed cell death 4 results in increased IL-10 expression by macrophages and thereby attenuates atherosclerosis in hyperlipidemic mice

璩旻 Wang  
Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Programmed cell death 4 (Pdc4) is a newly defined inhibitor of transcription and translation and a tumor suppressor. Recent studies have suggested that Pdc4 may also be involved in some inflammatory diseases. However, its role in atherosclerosis, a chronic inflammation of the arterial wall, remains to be investigated.

**Methods** Here, we found that Pdc4 deficiency in mice increased the expression of IL-10 in macrophages and decreased the expression of IL-17 in T cells in the presence of an atherosclerosis-associated stimulator in vitro and in high fat-induced atherosclerotic plaques. Importantly, knocking out Pdc4 led to a decrease in atherosclerotic lesions in Apoe(-/-) mice fed a high fat diet. This effect could be partly reversed by blocking IL-10 with a neutralizing antibody but not by the application of exogenous IL-17.

**Results** Further mechanistic studies revealed that Pdc4 negatively regulated the expression of IL-10 in an ERK1/2- and p38-dependent manner. These results demonstrate that Pdc4 deficiency attenuates atherosclerosis in hyperlipidemic mice in part through the upregulation of the anti-inflammatory cytokine IL-10.

**Conclusions** This indicates that endogenous Pdc4 promotes atherosclerosis and therefore represents a potential therapeutic target for patients with atherosclerosis.

PU-6877

## 不同民族人群外周血内皮祖细胞数量及 VEGF、HIF-1 $\alpha$ 浓度的研究

哈小琴,杨波,蔡小玲,李欣,李洁,蒋如如

兰州军区兰州总医院

**目的** 分析比较西部地区不同民族健康人群外周血循环内皮祖细胞 (EPCs) 数量及血管内皮生长因子 (VEGF)、低氧诱导因子-1 $\alpha$ (HIF-1 $\alpha$ )浓度的变化, 阐述民族、年龄及性别因素条件下健康人群外周血循环 EPCs 数量及 VEGF、HIF-1 $\alpha$  因子浓度的变化, 为研究外周血 EPCs 数量及 VEGF、HIF-1 $\alpha$  因子浓度变化有关疾病的防治提供良好的研究基础。

**方法** 对甘肃省甘南州合作市藏族、张掖市肃南藏族、张掖市肃南裕固族、酒泉市阿克塞哈萨克族、兰州市汉族、陕西省咸阳市汉族健康居民各收集 60 例样本, 按年龄阶段分为 21 岁<组、21~组、46~年龄组, 每个年龄段各 20 例, 按男女性别比例各取 10 例。每个样本空腹采集外周血, 采用 CD34、CD133 抗体进行表面标记并用流式细胞仪检测外周血 EPCs 数量, 剩余血液分离血浆, 采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 检测外周血 VEGF、HIF-1 $\alpha$  浓度。

**结果** 各民族健康居民外周血 EPCs 数量及外周血 VEGF、HIF-1 $\alpha$  浓度结果显示, 同一地区, 同一年龄阶段, 同一性别因素条件下, 张掖市肃南藏族高于肃南裕固族、阿克塞哈萨克族、兰州市汉族; 张掖市肃南裕固族高于兰州市汉族; 酒泉市阿克塞哈萨克族高于张掖市肃南裕固族和兰州汉族健康居民外周血循环 EPCs 数及 VEGF、HIF-1 $\alpha$  浓度, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 民族因素的影响: 民族因素对同一海拔高度, 同一地区, 同一年龄阶段, 同一性别因素的健康居民外周血循环 EPCs 数量及 VEGF、HIF-1 $\alpha$  浓度产生了影响。

PU-6878

## 微粒子酶联免疫分析法与电化学发光法测定甲型肝炎病毒抗体一致性评价

部小霞

中日友好医院

**目的** 甲型肝炎是一种自限性疾病, 经常为亚临床状态, 尤其是儿童, 80%—95%为隐匿性感染, 无明显临床症状。由于甲型肝炎病毒 (HAV) 感染在临床症状上不能与乙型肝炎或丙型肝炎病毒感染区别, 因此, 血清学试验是进行正确诊断的重要手段。人血清或血浆中抗-HAV 的存在表示个体在过去或当前感染甲型肝炎病毒 (HAV) 或接种 HAV 疫苗。在疾病的急性期阶段可检测到抗-HAV (IgM 抗-HAV), 抗体可能在康复后持续数年 (IgG 抗-HAV)。总抗-HAV 检测主要用于对既往 HAV 接触的检测。总抗-HAV 滴度在连续患者样本上的增加可能表明患者当前正在感染甲型肝炎病毒。抗-HAV 检测结果已用于免疫状态评估或流行病学研究。本文运用微粒子酶联免疫分析法和电化学发光法两种方法同时检测 476 份血清标本, 来评价微粒子酶联免疫分析法的准确性和特异性。对微粒子酶联免疫分析法 (MEIA) 测定甲型肝炎病毒抗体方法进行验证, 采用微粒子酶联免疫分析法 (MEIA) 与电化学发光法 (ECLIA) 进行比较, 对其测量准确性及特异性、重复性进行评估分析。

**方法** 用本法与电化学发光法检测 476 份血清标本甲型肝炎病毒抗体。

**结果** 微粒子酶联免疫分析法与电化学发光法比较阳性符合率为 98.7%, 阴性符合率为 97%, 总符合率为 98.3%。RF 因子阳性、重度溶血、脂血、黄疸血清对检测无明显影响。

**结论** 微粒子酶联免疫分析法与电化学发光法具有临床等效性, 加上其自动化操作, 可以满足临床检测的需要。

PU-6879

## PDCD4 deficiency improves high fat-diet-induced inflammatory phenotype of PVAT and attenuated atherosclerosis in Apoe<sup>-/-</sup> mice

璚旻 Wang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Perivascular adipose tissue (PVAT) was demonstrated to play a vital role in cardiovascular diseases, and the link of the inflammatory phenotype of PVAT on adjacent vessel has now been established. However, the exact mechanisms have not yet been clarified.

**Methods** Tumor suppressor programmed cell death 4 (PDCD4) is proved to affect several inflammatory diseases, and its regulatory role in atherosclerosis, a chronic inflammatory status of vessel, has been discovered recently. Here in this research, we found that Pdc4 deficiency significantly up-regulated the expression of anti-inflammatory cytokines and adipokines in PVAT, and decreased the levels of proinflammatory cytokines and chemokines.

**Results** Moreover, PDCD4 had unique regulatory effect in different adipose depots. And PVAT was proved to have higher sensitivity to the regulation of adipokine, cytokine and chemokine expression by PDCD4. Furthermore, after transplantation of PVAT, mice transplanted with Pdc4 deficient adipose tissue exhibited improved vascular inflammation.

**Conclusions** Thus, our observation revealed that, Pdc4 deficiency induced an anti-inflammatory phenotype in PVAT and Pdc4 deficient PVAT may be beneficial for the inflammation of adjacent vessel. These results indicate that the regulation of PDCD4 may become a potential target for treating vascular diseases.

PU-6880

## A novel heterozygous mutation of CRYGC in a proband with congenital nuclear cataracts

Kai Zhou<sup>1</sup>, Xi Tu<sup>1</sup>, Yang Lu<sup>1</sup>, Jiayi Chen<sup>2</sup>, Enhui Li<sup>1</sup>, Rurue Lu<sup>1</sup>, Bo Shen<sup>3</sup>

1. Enze Hospital Taizhou City, Zhejiang Province

2. Institute of cell biology, Zhejiang University, Hangzhou

3. Taizhou Hospital affiliated to Wenzhou Medical University

**Objective** To report the identification of a novel heterozygous mutation of CRYGC in a Chinese proband with congenital nuclear cataracts

**Methods** The proband and several family members underwent a complete ophthalmic examination. The genomic DNA was extracted from peripheral blood leukocytes. 134 nuclear cataracts related genes, GJA8, MIP, LIM2, CRYGC, were screened for causative mutations by directly NGS

**Results** Three mutations were observed in the proband. Two affected individuals (proband and daughter) showed a sequence variation in the candidate gene CRYGC encoding  $\gamma$ -Crystallin a c.470G>A transversion in exon 3 of CRYGC, predicted to introduce a translation stop codon tryptophan 157 (W157X). This substitution, considered as primary mutation, was not absent from unaffected family members (parents and wife).

**Conclusions** The W157X mutant of CRYGC is associated with autosomal dominant congenital cataracts.

## PU-6881

**P2PSA 及其衍生指标在预测前列腺癌病理分级中的价值**

孙奎霞,闫存玲,李志艳,刘平,张伟,何群,宋毅,孙立颖  
北京大学第一医院,100000

**目的** 探讨血清前列腺特异性抗原同源异构体 2 (isoform [2] proprostate-specific antigen, p2PSA) 及经计算得到的百分 p2PSA (%p2PSA) 前列腺健康指数 (prostate Health Index, PHI) 等指标预测术后病理分级的预测价值。

**方法** 本研究回顾性入组了 322 例来自北京大学第一医院在 2015 年 8 月至 2018 年 5 月期间就诊的前列腺癌患者, 其中 143 例为进行经前列腺癌而经直肠超声引导的前列腺穿刺活检证实的前列腺癌患者, 另外 179 例为进行前列腺癌根治术的患者, 收集这些患者的临床数据, 并采用 Dxl800 analyzers (Beckman Coulter) 检测这些患者的术前预留血清中 tPSA、fPSA、f/ tPSA、p2PSA 水平, 并计算得到%p2PSA 和 PHI, 以术后病理结果确定 Gleason 评分, 采用受试者工作曲线 (receiver operating characteristic curve, ROC) 比较 tPSA、fPSA、f/ tPSA、p2PSA、%p2PSA、PHI 预测术后高级别前列腺癌 (Gleason 评分 $\geq 7$ ) 的价值。

**结果** 在这些患者中, Gleason 评分 $\geq 7$  患者的 p2PSA, %p2PSA 和 PHI 的平均水平均高于 Gleason 评分 $< 7$  患者 (P 值均小于 0.05)。总体来看, %p2PSA 和 PHI 预测高级别前列腺癌的曲线下面积 (area under curve, AUC) 面积 (0.770, 0.760) 高于其它临床常用指标。在进行前列腺穿刺术证实为 PCa 的患者中, PHI、%p2PSA 和 p2PSA 预测高级别前列腺癌的价值高于其它临床常用指标, AUC 大小顺序依次为 PHI 0.798, % p2PSA 0.744, p2PSA 0.710, f/ tPSA 0.697, tPSA 0.625、fPSA 0.507。在进行前列腺癌根治术后的患者中, PHI 和%p2PSA 预测高级别前列腺癌的价值明显高于传统指标, AUC 大小为 PHI 0.801 和% p2PSA 0.808。

**结论** 与经典指标 tPSA, fPSA, f/tPSA 相比, p2PSA 尤其其衍生指标%p2PSA 和 PHI 对于高级别前列腺癌具有更高的预测价值, 这可以帮助临床评估患者病情, 制定更合适的诊疗策略。

## PU-6882

**基于前列腺健康指数 (PHI) 建立的预测前列腺癌列线图模型的验证研究**

孙奎霞,闫存玲,李志艳,刘平,张伟,孙立颖,何群,宋毅,王静华  
北京大学第一医院,100000

**目的** 对基于前列腺健康指数 (PHI) 建立的预测前列腺癌 (PCa) 的列线图模型进行验证, 评价该模型预测前列腺癌的价值。

**方法** 收集 2015 年 8 月至 2017 年 5 月在北京大学第一医院就诊, 疑似前列腺癌而经直肠超声引导前列腺穿刺活检的人群 (年龄 34~90 岁) 的术前血清和基本资料, 筛选前列腺特异性抗原 (tPSA) 大于 4ng/ml 的人群共 391 例, 其中 235 例的 tPSA 在传统灰区 4~10 ng/ml, 156 例 tPSA>10 ng/ml。对所有血清统一进行前列腺特异性抗原同源异构体 2 (p2PSA)检测, 并经计算得到 PHI。以前列腺活检病理结果为诊断前列腺癌的金标准。对该人群使用来自上海地区建立的基于 PHI、患者年龄和前列腺体积的列线图模型进行验证。利用受试者工作特征曲线 (ROC) 评估该模型对前列腺癌的诊断价值。

**结果** 本研究纳入的 391 例研究对象中, 175 例 (44.8%) 最终诊断为前列腺癌。ROC 曲线分析显示该模型在此人群中预测前列腺癌的效能高于临床常用的传统指标 tPSA (AUC:0.786 vs 0.578,  $P<0.0001$ ) 和 f/t (AUC:0.786 vs 0.672,  $P=0.0002$ ), 对于 tPSA 灰区 (4~10 ng/ml) 的人群, 该模型的预测价值也高于 tPSA (AUC: 0.720 vs 0.513,  $P=0.0003$ ) 和 f/t (AUC:0.720 vs 0.626,  $P=0.0425$ )

**结论** 基于 PHI 建立的前列腺癌预测模型经验证具有较好的前列腺癌辅助诊断的价值。

PU-6883

## 梅毒检测结果分析和方法学比较

江河

云南省第二人民医院,650000

**目的** 了解云南省昆明地区梅毒感染情况,对梅毒检测方法学进行评价,为制定相应的干预和实验室检测策略提供依据。

**方法** 采用快速血浆反应素试验(RPR)和梅毒螺旋体抗体检测 ELISA 试验( TP-ELISA)方法进行检测。阳性结果均用梅毒螺旋体明胶凝集试验(TPPA)进行确认。

**结果** 2012 年共 893 份血清样本(上半年 485 份,下半年 408 份),在 TPPA 法确认的 79 例阳性标本中, RPR 法检出阳性 25 份,敏感性为 31.65% ; ELISA 法检出阳性 76 份,敏感性为 96.20% 。 RPR 法共检出阳性 29 例。有 4 例确诊为阴性,特异性为 97.20% ; ELISA 法共检出阳性 79 例,有 3 例确诊为阴性,特异性为 99.66% 。 RPR 和 TPPA 阳性结果有显著性差异( $P=0.05$ ), ELISA 与 TPPA 阳性结果无显著性差异( $P>0.05$ )。

**结论** ELISA 检测法比 RPR 检测法的敏感性高,特异性好,可作为梅毒感染的一种理想检测方法,对控制梅毒的性传播有重要意义。但对 ELISA 阳性标本应做 TPPA 确认。

PU-6884

## CRK 调节蛋白家族对于维持足细胞结构完整性及运动能力的作用研究

杜佳琳

北京大学第一医院,100000

**目的** 足细胞是肾小球滤过屏障重要组成部分,其骨架结构紊乱致使的足突融合是导致蛋白尿、肾小球硬化及肾功能进行性恶化的病理生理基础。但是目前维持足细胞骨架结构的关键蛋白分子以及可能的分子调控机制尚未完全阐明。本课题组前期发现 CRK 调节蛋白家族分子 CRKL 在原发性膜性肾病患者尿液中异常表达。CRKL 与 CRK1/2 同属 CRK 家族,作为信号接头蛋白参与调节细胞的粘附、迁移及凋亡,然而其在维持足细胞形态结构及黏附能力中的作用尚未阐明。因此本研究旨在探究 CRK 调节蛋白家族对于足细胞骨架结构、黏附迁移能力的调控,阐明肾病患者尿液中 CRKL 含量增加的机制,为足细胞病的临床治疗提供干预的治疗靶点及标志物。

**方法** 特异性敲除人足细胞内的 CRK1/2 与 CRKL 基因,观察黏着斑蛋白 paxillin、vincullin、FAK、F-actin 的表达及分布变化以及足细胞迁移侵袭能力的变化;利用免疫印迹技术检测原发性膜性肾病患者尿液中 CRKL 的含量。

**结果** CRK1/2 与 CRKL 敲除后,黏着斑蛋白可见明显破坏,F-actin 结构紊乱松散,基因共敲除组足细胞骨架破坏情况较单一基因敲除组更为严重并且敲除后足细胞迁移能力明显降低;免疫印迹结果显示差异蛋白 CRKL 在膜性肾病患者尿液中含量显著高于健康对照组。

**结论** CRK 调节蛋白家族在维持足细胞形态结构及运动能力上发挥重要作用,CRK1/2 或 CRKL 缺失均会造成细胞骨架结构破坏,细胞黏附及迁移能力下降并且 CRK1/2 与 CRKL 双缺失较单一缺失破坏更为严重。膜性肾病患者尿液中 CRKL 的含量增加可能是由于足细胞黏附能力降低剥脱至尿液中导致。



## PU-6885

**ECL、TPPA、胶体金法检测梅毒的方法学比较**

师传帅

吉林大学第一医院,130000

**目的** 比较电化学发光法（ECL）、梅毒螺旋体颗粒凝集试验（TPPA）和胶体金法检测梅毒的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值，为临床上梅毒的筛查提供有效的方法。

**方法** 收集 2018 年 5 月~2018 年 7 月经吉林大学第一医院确诊为梅毒的门诊及住院患者 137 例为实验组，以同期我院健康体检者 138 例为对照组。采用 ECL、TPPA 及胶体金法检测两组患者的血清样本，计算并比较三种方法的灵敏度、特异度、阳性预测值和阴性预测值。全部数据采用 SPSS 23.0 进行统计学处理。

**结果** ECL 和 TPPA 的阳性检出率分别为 98.5%和 100%，均高于胶体金法的 87.6%（ $P$  值均 $<0.05$ ）。ECL 和 TPPA 的敏感度、阴性预测值均高于胶体金法，差异有统计学意义。TPPA 的敏感度、特异度、阳性预测值和阴性预测值高于 ECL，差异不具有统计学意义。

**结论** ECL 和 TPPA 均具有较高的敏感度、特异度、阳性预测值和阴性预测值。由于 ECL 易操作、重复性好，因此在临床上可替代胶体金法用于对梅毒的筛查。

## PU-6886

**血清前列腺特异性抗原同源异构体 2（p2PSA）及其衍生指标在前列腺癌中的诊断价值**

孙奎霞,闫存玲,李志艳,刘平,张伟,何群,宋毅,孙立颖

北京大学第一医院,100000

**目的** 目的：前列腺癌是威胁中老年男性健康的常见恶性肿瘤，尽早诊断是治疗前列腺癌的关键。本研究旨在探讨血清前列腺特异性抗原同源异构体 2（isoform [2] proprostate-specific antigen, p2PSA）及经计算得到的百分 p2PSA（%p2PSA）、前列腺健康指数（prostate Health Index, PHI）等指标在中国人群中诊断前列腺癌中的价值。

**方法** 共 447 例进行了前列腺活检的患者纳入本研究中，以病理结果为判断前列腺癌的金标准，采用受试者工作曲线（receiver operating characteristic curve, ROC）比较 tPSA、fPSA、f/tPSA、p2PSA、%p2PSA、PHI 在前列腺癌及高级别前列腺癌中的诊断效能。

**结果** 在 tPSA 水平 4.0~10.0ng/ml 组，PHI、%p2PSA、p2PSA 和在诊断前列腺癌中具有较高的准确性，曲线下面积（area under curve, AUC）分别为 0.748、0.740 和 0.651，诊断效能大于目前常用的指标 tPSA、fPSA、f/tPSA（AUC 分别为 0.527、0.532 和 0.564），差异均具有统计学意义。在 tPSA 水平 10.1~20.0ng/ml 组，%p2PSA、PHI、p2PSA（AUC 分别为 0.829、0.820 和 0.663）与 tPSA、fPSA 和 f/tPSA 相比（AUC 为 0.550、0.634 和 0.652），对前列腺癌诊断也具有更高的准确性。

**结论** 与经典指标 tPSA、fPSA、f/tPSA 相比，p2PSA 及相关指标 %p2PSA 和 PHI 在 tPSA 4.0~20.0ng/ml 的患者具有较高的肿瘤特异性，尤其是 PHI 和 %p2PSA，能提高前列腺癌诊断的准确性，将可能成为更好的前列腺癌辅助诊断治疗的新指标。

## PU-6887

## Diagnostic and prognostic potential of serum miR-132/212 cluster in patients with hepatocellular carcinoma

王峰,李伟  
南通大学附属医院,226000

**目的** To investigate the diagnostic and prognostic potential of serum miR-132/212 cluster in patients with hepatocellular carcinoma.

**方法** In this study, serum concentrations of miR-132 and miR-212 were measured in 80 HCC patients, 51 controls with chronic liver diseases and 42 healthy volunteers by using qPCR.

**结果** In HCC patients, serum concentrations of miR-132 and miR-212 were significantly reduced and strongly correlated. ROC analyses showed that serum miR-132 and miR-212 might have a potential role in the diagnosis of HCC. Moreover, the combination of serum miR-132, miR-212 and AFP improved the diagnostic efficiency for HCC, especially in sensitivity and negative predictive value. Serum miR-132 was associated with tumor differentiation degree and TNM stage; serum miR-212 correlated with tumor size and TNM stage. Kaplan-Meier analyses indicated poorer overall survival in HCC patients with lower serum concentrations of miR-132 and miR-212.

**结论** Our results suggest that both components of the miR-132/212 cluster have potential roles as non-invasive serum biomarkers for diagnosis and prognosis of HCC.

## PU-6888

## 两种方法检测 EB 病毒抗衣壳抗原免疫球蛋白 A 抗体 (VCA-IgA) 的临床评价

高晨慧,倪凯茹  
苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 鼻咽癌(Nasopharyngeal carcinoma, NPC)是指发生于鼻咽腔顶部和侧壁的恶性肿瘤,是我国高发性恶性肿瘤之一,大多数为低分化癌,恶性程度较高,易发生远处转移,发病率居耳鼻咽喉恶性肿瘤之首。EB 病毒抗衣壳抗原免疫球蛋白 A 抗体(VCA-IgA)是人体感染 EB 病毒后在血清中出现的一种抗体,对鼻咽癌有较高的特异性,在鼻咽癌患者血清中其阳性率较高。本研究旨在对化学发光酶免疫分析法及酶联免疫吸附法检测 EB 病毒 VCA-IgA 进行的临床评价。

**方法** 用化学发光免疫分析法(Chemiluminescence enzyme immunoassay, CLIA)和酶联免疫吸附法(Enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)分别对苏州大学附属第二医院 2017 年 05 月至 2018 年 01 月间 185 例疑似 EB 病毒感染的病人血清标本,进行 EB 病毒 VCA-IgA 抗体检测,并对以上两种检测方法的检出结果进行对比分析。

**结果** 185 例患者血清标本中,化学发光酶免疫分析法 CLIA 检出阳性 75 例,阴性 110 例,阳性率为 40.54%(75/185);而酶联免疫吸附法 ELISA 检出阳性 99 例,阴性 86 例,阳性率为 53.51%(99/185)。对两种方法检测所得的数据进行统计学分析,采用  $\chi^2$  检验,  $\chi^2=6.249$ ,  $P=0.0124$ ,两种方法有统计学差异。ELISA 与 CLIA 检测结果阳性符合率为 85.33%,阴性符合率为 68.18%,总符合率为 75.14%,Kappa 值为 0.51,一致性检验提示 ELISA 与 CLIA 两种检测 EB 病毒 VCA-IgA 的检测结果显示具有中等一致性。

**结论** 鼻咽癌作为一种高发性恶性肿瘤之一,发病率居耳鼻咽喉恶性肿瘤之首,早期临床表现不明显,在临床诊断中极易被忽视,因此对该病的早期诊断至关重要。本研究表明:CLIA 法 EB VCA-IgA 阳性检出率低于 ELISA 法检出率,但 CLIA 法兼有发光分析的高灵敏度、交叉反应少、抗原抗体反应的高特异性等优势。本研究中 CLIA 法使用的是全自动化学发光仪,操作简单,自动化程度

高,减少了人为操作,大大增加了实验的安全性及重复性;同时避免了手工操作的误差,减少了职业暴露,更能系统化、智能化地服务于疑似 EB 病毒感染患者的早期诊断;且试剂稳定、无放射性污染、方法稳定快速等优点,CLIA 法更适用于大批量健康体检筛查工作。

## PU-6889

### 分析微生物检验标本不合格原因及质量控制对策

才华  
长春市中心医院,130000

**目的** 研究分析微生物检验标本不合格的原因以及质量控制方法

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月我院检验科接收的 143 份不合格微生物检验标本,收集相关资料,回顾性分析各类不合格标本的分布情况、不合格原因,并据此分析微生物检验标本的质量控制方法

**结果** 不合格微生物标本主要为痰液、尿液和血液标本,不合格原因主要为标本污染、采集方法不规范、未按规定时间送检等。

**结论** 微生物检验标本的采集、保存、送检,都必须建立规范管理制度,并严格按照管理制度进行。

## PU-6890

### 海拔对冠心病患者及健康者外周血细胞因子表达影响的实验研究

哈小琴,李欣,李洁,蔡小玲,杨波  
兰州军区兰州总医院

**目的** 探讨中低海拔因素差异下,分析兰州市及咸阳市健康组、冠心病组外周血 VEGF、IL-8、HCY、HIF-1 $\alpha$ 、SDF-1 $\alpha$ 、CXCR2、CXCR4、CXCR7 之间的关系和差异。

**方法** 通过 ELISA 法测定其外周血血清中白介素因子 8 (IL-8)、血管内皮生长因子 (VEGF)、同型半胱氨酸 (HCY)、低氧诱导因子 1 $\alpha$  (HIF-1 $\alpha$ )、基质细胞衍生因子 1 $\alpha$  (SDF-1 $\alpha$ ) 的表达情况。

**结果** ①IL-8: 组内比较两地冠心病组较健康组表达水平高 (519.1 $\pm$ 272; 241.23 $\pm$ 209) (428 $\pm$ 295.72; 97.92 $\pm$ 41.8); 冠心病组较健康组表达水平高 (628 $\pm$ 273.59; 218 $\pm$ 180.6)。②VEGF: 组内比较咸阳市男女性冠心病组都较健康组表达水平低 (534.2 $\pm$ 180.7; 874.3 $\pm$ 201.6) (156.78 $\pm$ 1.38; 287 $\pm$ 134.64)。组间比较男性健康组中海拔地区较低海拔表达水平高 (1348.7 $\pm$ 389; 874.3 $\pm$ 201.6)。③HCY: 组内比较低海拔地区男性冠心病组较健康组表达水平高 (17.23 $\pm$ 5.19; 2.99 $\pm$ 0.86); 中海拔地区女性冠心病组较健康组表达水平高 (34.7 $\pm$ 17.86; 12.79 $\pm$ 4.23) 组间比较男性健康组中海拔较低海拔表达水平高 (19.7 $\pm$ 12.6; 12.99 $\pm$ 0.86); 女性冠心病组中海拔较低海拔表达水平高 (34.7 $\pm$ 17.86; 12.14 $\pm$ 12.06) 差异均具有统计学意义 (P<0.05)。④SDF-1 $\alpha$ : 组内比较中海拔地区男性冠心病组较健康组表达水平低 (3.9 $\pm$ 1.7; 10.03 $\pm$ 5.18) 差异具有统计学意义 (P<0.05)。⑤HIF-1 $\alpha$ : 组内比较中海拔地区女性冠心病组较健康组表达水平高 (4.75 $\pm$ 2.92; 0.90 $\pm$ 0.72); 组间比较男性健康组中海拔地区较低海拔表达水平高 (6.57 $\pm$ 2.81; 1.6 $\pm$ 0.79); 差异均具有统计学意义 (P<0.05)。

**结论** 两地间冠心病组 IL-8、HIF-1 $\alpha$ 、CXCR2 表达差异有意义, VEGF、HIF-1 $\alpha$ 、SDF-1 $\alpha$  属于抑炎因子, 结果是健康组都高表达于冠心病组。IL-8、HCY 属于促炎因子, 结果是冠心病组高表达于

健康组，这与它们属于炎症因子促进动脉粥样硬化发展有密切关系。但中低海拔差异下这些因子的表达无明显差异。

PU-6891

## Mutation analysis of common deafness-causing genes among 506 patients with nonsyndromic hearing loss from Wenzhou city, China

Yanbao Xiang, Shaohua Tang, Huanzheng Li, Chenyang Xu, Yunzhi Xu, Lirong Ding, Xueqin Xu  
Wenzhou Central Hospital

**Objective** The frequency and spectrum of mutations in deafness-causing genes differs significantly according to the ethnic population and region under investigation. The molecular etiology of nonsyndromic hearing loss (NSHL) in Wenzhou, China, has not yet been systematically elucidated. To provide accurate genetic testing and counseling in this area, we investigated the molecular etiology of NSHL in a deaf population from Wenzhou.

**Methods** A total 506 unrelated patients with NSHL were enrolled in this study. Nine hotspot mutations in four major deafness genes were investigated by sequencing (Group I: 187 patients enrolled between 2011 and 2015) or allele-specific PCR-based universal array (Group II: 319 patients enrolled between 2016 and 2017). The investigated genes included GJB2 (c.35delG, c.176\_191del16, c.235delC, c.299-300delAT), SLC26A4 (c.2168A>G, IVS7-2A>G), mtDNA 12SrRNA (m.1555A>G, m.1494C>T), and GJB3 (c.538C>T). Furthermore, whole coding region sequencing or improved multiplex ligation detection reaction (IMLDR) were performed for patients who carried mono-allelic variants of GJB2 and SLC26A4, in order to detect other mutations among these patients.

**Results** GJB2 mutations were detected in 22.92% (116/506) of the entire cohort and SLC26A4 mutations were found in 6.52% (33/506) of the cohort. GJB3 mutations were detected in 0.79% (4/506) of the cohort. The mutation rate of mitochondrial DNA 12SrRNA in our patients was 17.40% (88/506), including 17.00% (86/506) with the m.A1555G mutation and 0.40% (2/506) with the m.C1494T mutation. The allelic frequency of the c.235delc mutation was 14.62% (148/1012), which is significantly higher than that of c.109G>A (33/1012, 3.26%), c.299\_300delAT (13/1012, 1.28%), and c.176\_191del16 (6/1012, 0.59%). The most common pathogenic mutation of SLC26A4 was the IVS7-2A>G mutation (37/1012, 3.66%), followed by c.2168A>G (6/1012, 0.59%), and c.1229C>T (4/1012, 0.40%). Moreover, five rare pathogenic variants of GJB2 and eight rare pathogenic variants of SLC26A4 were identified.

**Conclusions** GJB2 is the primary deafness-causing gene in deaf patients from Wenzhou, China; this is consistent with what is observed in most Chinese populations. However, the surprisingly high rate of the m.1555A>G mutation (17.00%) in patients from Wenzhou was significantly higher than in other populations in China. These findings highlight the specificity of the common deafness-causing gene-mutation spectrum in the Wenzhou area. This information may be of benefit for genetic counseling and risk assessment for deaf patients from this area.

## PU-6892

## Does pelvic inflammatory disease damage ovarian reserve function? AMH shows certain predictive value

Sisi Li, Chongxu Han  
Northern Jiangsu People's Hospital

**Objective** To explore the potential damaging effect of pelvic inflammatory disease on ovarian reserve.

**Methods** We selected 317 patients with pelvic inflammatory disease which were divided into mild to moderate PID group (n = 245) and severe PID group (n = 72). Also, 156 women were selected as healthy controls. The ovarian reserve parameters were compared among the three groups. The receiver operating characteristic (ROC) curve was used to calculate the area under the curve (AUC) of AMH, FSH, LH, E2 and combined prediction for distinguishing PID severity. The sensitivity and specificity of ROC curve in each indicator were analyzed.

**Results** Significantly lower level of AMH was observed in women with severe PID to control group [2.46 ng/ml vs. 3.14 ng/ml,  $P = 0.007$ ] and mild to moderate PID group [2.46 ng/ml vs. 2.98 ng/ml,  $P = 0.005$ ]. However, there was no difference in AMH level between mild to moderate PID patients and controls. When AMH, FSH, LH and E2 were detected separately, the area under the ROC curve corresponding to AMH was 0.61 with sensitivity of 38%, specificity of 80%, and the best

truncation point of 1.89 ng /ml. When they were detected jointly, the area under the corresponding ROC curve was not increased.

**Conclusions** The decrease of AMH level in patients with severe PID suggests that the ovarian reserve is damaged. For different PID patients, we should combine the pathological degree, actual age and serum AMH level to make a rational plan of promoting ovulation.

## PU-6893

## 血浆硫氧还蛋白还原酶 TR 在甲状腺癌中的诊断价值初探

朱自力, 顾益凤  
南通市肿瘤医院

**目的** 探究血浆中硫氧还蛋白还原酶 (Thioredoxin reductase, TR) 在甲状腺癌、甲状腺结节中的诊断价值。

**方法** 选取从 2018 年至 2019 年期间进入我院甲乳科的 45 例甲状腺癌患者作为研究组, 并同期检测 51 例甲状腺结节患者和 45 例健康体检者, 健康人群为对照组, 通过对硫氧还蛋白还原酶活性进行测定, 并对统计分析结果; 同时绘制受试者工作曲线, 探究血浆 TR 在甲状腺癌、甲状腺结节中的诊断价值 (特异度和灵敏度)。

**结果** 经过三组受试者的 TR 活性值对比分析, 甲状腺癌患者 (TR 活性值 8.90U/ml) 显著高于健康对照组 (TR 活性值 3.28U/ml) 及甲状腺结节组 (TR 活性值 6.16U/ml) ( $P < 0.001$ )。ROC 曲线分析结果发现, 甲状腺癌患者与健康及结节人群的 TR 活性值临界值为 7.93U/ml, 提示 TR 活性可以将甲状腺癌和其他人群区分开, 灵敏度达到 80%, 临床诊断前景突出; 同时甲状腺结节患者与健康人的 TR 活性值临界值为 5.78U/ml, 特异度为 97.8%, 误诊率较低, 可以将甲状腺结节区分出来。

**结论** TR 活性检测能够诊断区分出健康人群、甲状腺结节患者和甲状腺癌患者, 诊断效果显著。

PU-6894

## C-反应蛋白的研究现状及临床应用

游莉<sup>1</sup>, 吴倩<sup>2</sup>

1.四川省人民医院, 610000

2.成都医学院检验医学院

**目的** 在机体受遭到感染或组织损伤时, 人体血浆中就会出现一些急剧上升的蛋白质, 其中就包括C-反应蛋白(C- reactive protein, CRP), 本文以 CRP 做一综述。

**方法** 阅读近期中英文文献, 总结 CRP 与各种疾病的相关性。

**结果** C-反应蛋白(CRP)是人体中大量蛋白中的一种, 它在人体中具有激活补体、加强吞噬细胞的吞噬、清除感染的病原微生物、损伤、坏死以及凋亡的组织细胞作用。属于急性时相反应蛋白。若患者发生各类急性或慢性感染时, 以及体内出现组织损伤, 患者体内 C-反应蛋白含量将会发生明显升高现象。在肝脏内合成的 C-反应蛋白是一种全身性炎症反应急性期的非特异性标志物和心血管事件危险最强有力的预测因子之一。

**结论** CRP 与临床诸多疾病相关, 特别是感染、自身免疫、心血管疾病等密切相关。

PU-6895

## Association between four SNPs in SLC22A12 gene and serum uric acid levels in Chinese female medical staff

ya-ping Jiang<sup>1</sup>, Guo-bin Xu<sup>2</sup>

1.Peking University First Hospital

2.Beijing Cancer hospital

**Objective** Several studies have reported that single nucleotide polymorphisms (SNPs) of SLC22A12 gene encoding human urate transporter 1 (hURAT1) were strongly associated with increased serum uric acid (SUA) levels. However, the data were still limited and controversial. Thus the association between four SNPs (rs3825016, rs11231825, rs7932775 and rs893006) in SLC22A12 and SUA levels from a Chinese female population was investigated in this study.

**Methods** A total of 287 subjects with asymptomatic hyperuricemia and 290 age-matched healthy controls were enrolled in this study. Their demographic and clinical data were obtained. DNA was extracted from peripheral blood. The genotypes of SNPs were determined with TaqMan allele discrimination assays. Multivariable regression models were used to find the effect factors for SUA levels and risk factors for hyperuricemia.

**Results** The rs3825016, rs11231825 and rs7932775 in exonic regions of SLC22A12 were seen in similar frequencies of genotypes and alleles between hyperuricemia cases and controls. There was no statistical difference of SUA levels among genotypes for these three exonic polymorphisms ( $P > 0.05$ ). GG+GT genotypes of rs893006 polymorphism (intron 4) were observed more frequently among hyperuricemia cases than controls ( $P < 0.05$ ), and SUA Levels in GG genotype subjects ( $345 \pm 80 \mu\text{mol/L}$ ) were the highest, followed by those with GT ( $326 \pm 80 \mu\text{mol/L}$ ) and TT ( $271 \pm 82 \mu\text{mol/L}$ ) genotypes ( $P < 0.05$ ). Rs893006 G allele was associated with SUA levels. After multivariable adjustment for age, body mass index (BMI), blood pressure, fasting blood glucose and triglyceride, it was not an independent risk factor for hyperuricemia.

**Conclusions** SNPs in exonic regions of SLC22A12 were not associated with SUA levels, and rs893006 G allele was confirmed to be a genetic risk for increased SUA levels in Chinese female population. But BMI and triglyceride control are more important for hyperuricemia prevention.

PU-6896

## GJB2 基因显性突变致聋家系的基因检测与临床表型分析

项延包,罗艳,唐少华

温州市中心医院

**目的** 对两个常染色体显性遗传耳聋家系进行临床表型分析及基因突变检测,并对有生育需求的耳聋家系进行产前诊断

**方法** 收集两个耳聋家系成员外周血样本及临床资料,运用 PCR 产物直接测序技术对家系所有成员进行 GJB2、GJB3、SLC26A4、线粒体 12S rRNA4 个耳聋相关基因检测,明确耳聋致病突变;结合 STR 位点分析方法排除产前诊断中胎儿 DNA 受母体基因组的污染

**结果** 家系 1 先证者为 GJB2 c.34G>T 杂合突变,临床表型为先天性进展性的极重度性感音神经性耳聋;妻子为线粒体 m.1555A>G 突变,其子为 GJB2 c.34G>T 杂合突变复合线粒体 m.1555A>G 突变。家系 2 先证者为 GJB2 c.187G>T 杂合突变,临床表型同为先天性进展性的极重度性感音神经性耳聋;丈夫为 c.109G>A/c.235delC 复合杂合突变,产前诊断结果显示胎儿为 c.235delC 杂合突变携带者

**结论** c.187G>T 和 c.34G>T 同为 GJB2 基因上的显性突变,两种突变均可导致进展性的中度至极重度性感音神经耳聋;本研究的 GJB2 c.34G>T 复合线粒体 m.1555A>G 突变为临床的双基因致聋模式提供了遗传学理论基础。

PU-6897

## Advancing Precision Medicine through Deep Neural Networks: Unsupervised Clustering of Tumors

Shengmin Yang,Falin Yang

Qilu Hospital

**Objective** Unsupervised deep learning has broad applications in pattern recognition, data stratification, dimension reduction and noise removal. Particularly, unsupervised clustering of cancer patients using expression level of oncogenic pathway genes as features identifies promising patterns of diagnostic, therapeutic and prognostic values. Conventionally, these problems have been explored by traditional machine learning methods, whose performances are impaired by data dimension and complexity.

**Methods** In the paper, deep autoencoders are employed for unsupervised clustering of 11503 tumor samples from The Cancer Genome Atlas (TCGA) in 3-dimensional (3D) latent space.

**Results** The pathway driver gene model slightly outperformed the whole pathway gene model, with smaller model losses for training & testing set and higher mean Silhouette score. As visualized in 3D latent space, 33 clusters were clearly separated from each other. Information from the input layer is well recovered in the output layer, with mean sample point Pearson coefficient of 0.922. The proposed dense autoencoder structure is potentially applicable to big data clustering tasks in different fields.

**Conclusions** To conclude, the proposed pathway driver gene level dense AE model has learned meaningful features of tumors. It successfully separated samples from different cancer types in the 3D latent space. Moreover, the 50D hidden layer contains representations of the input compressed at a suitable level for subtype identification. The analytic pipeline in this project may also be used to study how genes grouped by their roles in metabolism, micro-cellular environment and immunology influence cancer subtyping.

PU-6898

## 中低海拔对健康者及冠心病患者外周血内皮祖细胞数量的影响

哈小琴,李欣,李洁,蒋如如,蔡小玲,杨波

兰州军区兰州总医院

**目的** 探讨中低海拔因素差异下,兰州地区(海拔:1520m)与咸阳地区(海拔:386m)健康者及冠心病患者外周血内皮祖细胞(EPCs)数量的变化情况。对比分析兰州市健康组与冠心病组、咸阳市健康组与冠心病组、兰州市健康组与咸阳市健康组、咸阳市健康组与冠心病组 EPCs 数量。为冠心病的诊断与治疗提供一些相关对策与指导。

**方法** 根据入组标准与排除标准选取两地样本并记录样本一般情况。流式细胞法测定两地区冠心病患者及健康组外周血 EPCs 表面特异性抗原标记 CD45、CD34、KDR 的阳性表达率;并检测样本甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白和低密度脂蛋白等生化指标,免疫散色比浊法测得两组样本外周血 hs-CRP(超敏 C 反应蛋白)的浓度;Western-blot 检测单核细胞 HIF-1 $\alpha$  的蛋白表达水平。统计学方法分析比较两地 EPCs 数量与相关因子关系情况。

**结果** 两地健康组 EPCs 数量均较冠心病组多,而兰州市冠心病组较咸阳市冠心病组 EPCs 数量少( $0.026\pm 0.012\%$ ;  $0.042\pm 0.017\%$ ),但无统计学差异( $P>0.05$ ),咸阳市健康组较兰州市健康组 EPCs 数量( $0.062\pm 0.028\%$ ;  $0.042\pm 0.014\%$ )多,差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。咸阳市冠心病与健康组对比 TC(甘油三酯)、LDL(低密度脂蛋白)、hs-CRP 间差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。都是冠心病组高于健康组。而腹围、BMI、TG 之间差异无统计学意义( $P>0.05$ )。两地 hs-CRP 对比分析得出冠心病组均高于对照组且兰州市冠心病组 hs-CRP 浓度与 EPCs 数量呈负相关( $r=-0.631$ );而海拔对 CRP 结果影响差异无统计学意义( $P>0.05$ )。Western-blot 结果:兰州市健康组 HIF-1 $\alpha$  表达较咸阳市上调,冠心病组 HIF-1 $\alpha$  表达较咸阳市也上调;差异具有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 两地冠心病组较健康组 EPCs 数量有所降低。低海拔健康组较中海拔健康组数量增加。中海拔冠心病 EPCs 数量与 CRP 关系呈负相关。中海拔 HIF-1 $\alpha$  因子表达更强。

PU-6899

## Optimization of the procedure for detection of group B Streptococcus from rectal/vaginal specimens

ya-ping Jiang

Peking University First Hospital

**Objective** Neonatal Group B streptococcus (GBS) sepsis remains a significant cause of morbidity and mortality. Efficient screening and identification of women colonized with GBS is important for the prevention of invasive neonatal infections. Thus, this study was conducted to optimize the procedure and improve the sensitivity for detection of GBS.

**Methods** A total of 300 vaginal/rectal swabs, collected from pregnant women, were inoculated directly and with one more step of selective enrichment Todd-Hewitt (TODD H-T) broth onto Columbia Colistine Nalidixic Acid Agar (CNA) and chromID Strepto B agar (STRB), respectively, and the growth of GBS in the 2 kinds of medium was observed. MALDI-TOF MS was used to confirm the colonies resembling GBS.

**Results** Finally, the GBS colonization rate in this study was 11%. STRB showed excellent performance for GBS detection and outperformed CNA due to its higher sensitivity. Incubation for 48h had higher positive rates of GBS comparing with 24h in STRB, TODD H-T + CNA and TODD



H-T + STRB, but the difference was not statistically significant. Agar plates with enrichment broth improved the GBS detection rate significantly.

**Conclusions** In conclusions, selective enrichment broth with subsequent culture onto chromogenic medium, combined with the identification technology of mass spectrometry, was the best and optimal method for detection of GBS.

## PU-6900

### 胃癌患者外周血内皮祖细胞的检测及其临床意义

哈小琴,李欣,李洁,蒋如如,蔡小玲,杨波  
兰州军区兰州总医院

**目的** 探讨外周血内皮祖细胞 (Endothelial Progenitor Cells, EPCs) 水平与胃癌临床指标的相关性。

**方法** 病例对照研究。采用流式细胞仪计数 55 例胃癌患者 (胃癌组)、44 例慢性胃炎患者 (胃炎组) 及 46 例健康体检者 (对照组) 外周血内皮祖细胞数量, 分析外周血内皮祖细胞数量与胃癌患者年龄、性别、TNM 分期、肿瘤分化程度及手术治疗等一般资料的相关性。

**结果** 胃癌患者外周血 EPCs 数量显著高于胃炎组和健康对照组 ( $p < 0.01$ ) ; 其中, 年龄  $\leq 57$  岁胃癌患者外周血 EPCs 数量高于  $> 57$  岁胃癌患者在不同年龄 ( $p < 0.05$ ) ; TNM 分期后期胃癌患者外周血 EPCs 数量高于前期患者 ( $p < 0.01$ ) ; 低分化程度胃癌患者外周血 EPCs 数量高于高分化程度胃癌患者 ( $p < 0.05$ ) ; 术后 24h 胃癌患者外周血 EPCs 数量高于术前, 术后 1 周外周血 EPCs 数量低于术前外周血 EPCs 数量 ( $p < 0.05$ ) ; 男性与女性胃癌患者外周血 EPCs 数量无显著差异 ( $p > 0.05$ ) 。

**结论** 胃癌患者外周血 EPCs 数量增加且数量的变化与胃癌临床指标相关, 有望成为胃癌临床诊断、分期及预后判断的潜在标志物。

## PU-6901

### 胃癌患者组织中内皮祖细胞数量的分布规律

哈小琴,李欣,李洁,蒋如如,蔡小玲,杨波  
兰州军区兰州总医院

**目的** 观察胃癌患者癌组织及癌旁组织中内皮祖细胞 (EPCs) 的分布情况, 以及与临床 TNM 分期、Borrmann 分型、病理分化程度的关系。

**方法** 用流式细胞术方法测定 26 例胃癌患者术中新鲜癌组织及癌旁组织 EPCs 数量; 提取组织中的总 RNA, 用荧光定量 PCR 方法测定癌组织及癌旁组织中 CD34、CD133、VEGFR-2 基因的表达。

**结果** (1) 癌组织及癌旁组织中 EPCs 的分布没有差别 ( $p > 0.05$ ) , 荧光定量 PCR 结果也表明 CD34、CD133、VEGFR-2 在癌组织及癌旁组织中表达没有显著差异 ( $p > 0.05$ ) 。

(2) 对不同 TNM 分期胃癌患者癌组织及癌旁组织 EPCs 数量比较, 均有显著的统计学差异 ( $p < 0.05$ ) 。

(3) 对不同 Borrmann 分型胃癌患者癌组织及癌旁组织中 EPCs 数量比较, 均有显著的统计学差异 ( $p < 0.05$ ) 。

(4) 对不同分化程度胃癌患者癌组织及癌旁组织中 EPCs 数量比较, 均有显著的统计学差异 ( $p < 0.05$ ) , 随着分化程度的降低, EPCs 数量呈升高趋势。

**结论** 癌旁组织及癌组织中的 EPCs 数量与胃癌的 TNM 分期、Borrmann 分型、病理分化程度密切相关,提示组织 EPCs 数量的变化与胃癌的恶性程度密切相关。

## PU-6902

### 温州地区 2016-2018 年耐碳青霉烯类 肠杆菌科细菌 分布情况及耐药性分析

陈亥  
温州市人民医院

**目的** 分析温州地区 2016-2018 年耐碳青霉烯类肠杆菌科细菌 (CRE) 的分布情况和耐药性。

**方法** 收集 2016 年 1 月—2018 年 6 月温州各大医院所有非重复 CRE 菌株 94 株,用 Vitek2 Compact 对收集的菌株进行菌种鉴定和药敏检测,并用 Vitek MS 细菌质谱鉴定仪对菌种鉴定结果进行验证,用 K-B 药敏纸片法对药敏结果进行验证。

**结果** 94 株 CRE 菌株中,大肠埃希菌检出率 48.9%,其次为肺炎克雷伯菌,检出率 28.7%; CRE 菌株中主要来源的标本为痰液标本,所占的比例为 41.5%,其次为尿液标本,占 24.5%;药敏结果显示,CRE 细菌对一、二、三代头孢、头孢替坦、氨曲南、庆大霉素、妥布霉素、氨苄西林的耐药率均超过了 70%,而对阿米卡星、环丙沙星、复方新诺明、呋喃妥因的耐药率比较低。各组数据进行比较,差异具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 温州地区 CRE 菌株的耐药特性产生的原因可能与地区各大医院用药规则以及院内感染有关,此次研究可以为温州地区 CRE 感染用药提供针对性的指导意见,帮助临床制定合理的联合用药方案。

## PU-6903

### 补体 C1q、尿 mAlb/Cr、胱抑素 C 联合检测在狼疮肾炎 诊断中的价值

史清梅,孟繁君,张成磊,邸师红,王利新  
宁夏医科大学总医院

**目的** 探讨血清 C1q、尿 mAlb/Cr、胱抑素 C 联合检测在狼疮肾炎诊断中的价值。

**方法** 133 例研究对象,根据临床资料,分为 LN 组 (53 例)、其他肾脏疾病组 (40 例) 及正常对照组 (40 例) 三组。采用免疫透射比浊法测定各组血清 C1q 水平,并与其他肾功能:尿素 (UREA)、肌酐 (CREA)、胱抑素 C (Cys-C)、尿微量白蛋白/肌酐 (mAlb/Cr) 指标进行比较分析。

**结果** 其他肾脏疾病组、对照组的血清 C1q 水平均低于 LN 组。同时血清 C1q 阳性率 LN 组明显高于其他肾病组和对照组 ( $P<0.05$ ),三者联合检测检测阳性率明显提高。

**结论** 血清 C1q 有助于 LN 的诊断及与其他肾病组的鉴别诊断,同时检测 U-mAlb /Cr 与 Cys-C 能反映 LN 患者早期肾脏损伤程度,联合检测阳性率显著提高,对 LN 的病情评估及疗效判断具有重要参考价值。

## PU-6904

## Denoising Electrocardiograms (ECGs) via Convolutional Denoising Autoencoder (DAE)

Shengmin Yang, Falin Yang  
Qilu Hospital

**Objective** In the big data era, the abundant ECG data online enables deep learning algorithms to be trained for ECG noise reduction and disease diagnosis. Moreover, the real-life ECG data contains noise from multiple sources, has complicated time-frequency characteristics and does not closely follow any known distributions proposed by the traditional denoising methods. It is promising that deep neural networks may overcome the abovementioned limitations of traditional denoising techniques. Hopefully, the application of deep learning-based ECG signal preprocessing and diagnostic systems will assist doctors to make an accurate diagnosis.

**Methods** Hierarchical organization of CNN emulates the deep layer-based learning process of human neocortex. Convolutional layers effectively capture locally correlated features and preserve local spatiality through weight sharing. In the encoding phase, a max pooling layer follows the convolutional layer(s). It takes the maximum value over non-overlapping sub-regions, thereby enforcing sparse codes without setting regularization parameters by trial and error, except for the max pooling kernel size. This operation is a down-sampling process, which reduces the number of parameters and helps avoid overfitting. The decoding phase mirrors the encoding phase, except that the pooling layer is replaced by the up-sampling layer.

**Results** The proposed convolutional DAE is compared with two conventional ECG noise reduction methods, namely non-local means (NLM) filter and EMD. For the proposed method, the denoised signals are basically the same as the original signals. In other words, the proposed convolutional DAE can effectively remove noise while retaining useful signals. By contrast, the reconstructed signals of NLM filter and EMD contain noticeable residual Gaussian noise.

**Conclusions** The convolutional DAE model effectively denoises ECG signals and outperforms traditional ECG denoising techniques such as NLM filter and EMD. It has the potential to serve as a routine ECG preprocessing technique to provide physicians and diagnostic software with clean ECG records, thereby significantly improving diagnostic accuracy.

## PU-6905

## 酒精性肝病中的抗氧化剂

陈海震  
吉林大学第一医院, 130000

**目的** 酒精性肝病 (ALD) 是由长期大量饮酒所导致的一系列慢性非传染性肝脏疾病, 包括酒精性脂肪性肝炎、酒精性肝纤维化, 酒精性肝硬化。这些病理过程之间具有重叠性, 而不是相互独立的。本文主要对酒精肝病中的抗氧化剂进行研究。

**方法** 乙醇代谢过程会产生活性氧 (ROS), 可以导致蛋白质和 DNA 损伤, 加速纤维化和脂质代谢紊乱。当肝脏细胞无法彻底清除 ROS, ROS 积累引起氧化应激导致 Kupffer 细胞的炎症反应和脂质过氧化加速酒精性肝炎和纤维化。通过 PubMed 等数据库, 对在 ALD 中参与清除 ROS 的抗氧化剂进行检索, 确定主要参与反应的抗氧化剂。

**结果** 人体可以表达多种酶或抗氧化物质清除 ROS 及其副产物, 抵抗氧化应激。包括谷胱甘肽转移酶、超氧化物歧化酶、过氧化氢酶以及 Nrf2 下游所编码的几种酶活蛋白。

**结论** 参与 ALD 中 ROS 清除的几种酶活蛋白如果发生酶的活性改变或者含量减少, 必然会加速酒精性肝病的发展。

## PU-6906

**NLR 在乙肝肝硬化伴 SBP 早期诊断中的价值研究**

吴思宇

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 自发性细菌性腹膜炎 (spontaneous bacteria peritonitis, SBP) 是乙肝肝硬化患者发展到晚期的常见并发症, 早期诊断和治疗提高乙肝肝硬化合并 SBP 患者临床治愈的关键。本研究旨在探讨乙型肝炎肝硬化合并 SBP 患者中性粒细胞与淋巴细胞的绝对值比值 (NLR) 对于乙肝肝硬化伴 SBP 患者的诊断价值。

**方法** 收集 2017 年 3 月-2017 年 12 月在中南大学湘雅医院感染科诊断的 94 例乙肝肝硬化患者使用抗生素治疗前的血常规检查结果和病史资料, 其中并发 SBP 的患者 54 例, 不伴 SBP 的患者 40 例, 50 例健康志愿者的外周血标本作为对照组。

**结果** 外周血中性粒细胞、淋巴细胞、血小板和 RDW 等指标在正常对照组与乙肝肝硬化 SBP 组均有统计学意义 ( $P$  均 $<0.01$ ); 但在乙肝肝硬化无 SBP 组和 SBP 组比较, 只有 WBC 和中性粒细胞有统计学意义 ( $P<0.01$ ), 而淋巴细胞、血小板和 RDW 等指标在无 SBP 组和 SBP 组并无显著差异 ( $P$  均 $>0.05$ )。PLR 在三组研究对象间差异均无统计学意义 ( $P$  均 $>0.05$ )。NLR 水平在三组患者间呈现逐渐上升的趋势, 其中乙肝肝硬化伴 SBP 组显著高于其余 2 组 ( $F=11.667-46.87$ ,  $P$  均 $<0.01$ )。NLR 的 ROC 曲线面积为 0.883 (95%置信区间为 0.813-0.953,  $P<0.01$ ), 明显高于中性粒细胞。NLR 的诊断界值为 1.975 时, 其诊断 SBP 的 Youden 指数最大, 此时的灵敏度和特异性分别为 85.2%和 80%。

**结论** 乙肝肝硬化合并 SBP 患者其外周血 NLR 明显高于乙肝肝硬化不伴 SBP 患者和健康正常人。NLR 作为乙肝肝硬化合并 SBP 早期诊断的一个指标具有一定的诊断价值。

## PU-6907

**GP73 在肝纤维化检测中的研究进展**

张艳芳

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 肝纤维化是由于慢性肝病致炎因子导致肝细胞发生炎症及坏死等改变, 纤维结缔组织在肝内过度沉积而引发肝纤维或者轻度肝硬化时是可逆转的。目前肝纤维化诊断的仍然是肝活组织检查作为检测的金标准, 但因有创且临床实践中开展受限。本文主要研究 GP73 在肝纤维化检测中作用。

**方法** 采用双抗体夹心法检测血清中 GP73 的浓度, 统计分析 GP73 浓度与肝脏纤维化关系, 并预估发生肝硬化, 肝癌的风险。

**结果** GP73 与肝脏纤维化呈负相关, 具有保护肝脏的作用, 另外患脂肪肝患者中 1.5%-8%发生肝硬化。

**结论** 诸多血清新型分子标志物不断被发现, 其中 GP73 作为一种肝病标志物一直被受关注, 在肝纤维化中也取得了较大突破, 同时 GP73 以综合多项临床生化指标以及瞬时弹性成像技术为基础的肝纤维化非创伤性诊断预测模型对肝纤维化的诊疗也带来了新的希望。

## PU-6908

## 异位妊娠急诊手术患者检验周转时间调查分析

莫红梅,罗燕萍,卢文深,王静

深圳市第五人民医院深圳市罗湖人民医院,518000

**目的** 异位妊娠急诊手术患者的术前检验 TAT 与患者的医疗安全密切相关, 专项急诊 TAT 的调查分析将为今后在全程 TAT 的管理中采取有效措施提供更有效数据。

**方法** 收集 2018 年 1 月至 2018 年 12 月全院异位妊娠手术患者其中血常规(五分类) 222 例, 凝血四项 224 例, 术前传染病 8 项 298 例;  $\beta$ -HCG 154 例, 采集观察项目的全程 TAT。计算 T1(申请到采样)、T2(采样到核收)、T3(核收到发送)三个阶段的中位数与第 90 百分位数; 分析 T1、T2 两个阶段以 30 分钟为目标值时, 血常规、凝血四项、 $\beta$ -HCG、术前传染病 8 项的达标率; 分析血常规 T3 以 30 分钟、凝血四项、 $\beta$ -HCG 及术前传染病 8 项以 2 小时为目标值时的达标率。

**结果** 调查表明, 2018 年 1-12 月中 4-6 月急诊项目工作量最大, 急诊异位妊娠的手术患者也是 4-7 月为高峰。T1 以 30 分钟为目标值, 血常规最低达标率为 50%、最高达标率为 100%、平均达标率为 73.4%; 凝血四项最低达标率 61.5%、最高达标率为 95%、平均达标率为 75.1%; 术前传染病检测 8 项最低的达标率为 53.3%、最高的达标率为 96.2%、平均达标率为 72.6%;  $\beta$ -HCG 最低的达标率为 44.4%、最高达标率为 100%、平均达标率为 75.7%。各项目 T1 达标率均在 70%以上, 且 1-12 月呈现上升趋势。较 2017 年平均 50%达标率提高 20%。; T2 检验前采样到核收的 TAT 达标率最低; T3 检验中 TAT 达标率最高。

**结论** 实验室内 TAT 运用了实验室信息系统(LIS)监控 T3, 即时监控使得 T3 易于控制; 检验前 T1 涉及临床与护理, 在医务部门与护理部门的监管下, 使得急诊项目得到规范使用; T2 与运送部门的监控不到位有关, 提高检验前 TAT 达标率需要多部门配合, 因此各阶段有效监控是不断提高 TAT 达标率的有效手段。

## PU-6909

## rFliC-Induced Expression of Foxp3 in Alloantigen Stimulated Tregs was Mediated by p38 MAPK and Negatively Regulated by PI3K Activation.

Jing Hao, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Our early study shows that rFliC prolongs allograft survival via mechanisms associated with enhanced Foxp3 expression in recipient Tregs in a TLR5-dependent manner. For lucubrating effect of rFliC on Tregs, it is required to explore the downstream pathway of rFliC-TLR5 activation.

**Methods** In present research, we prepared alloantigen-stimulated BALB/c mice Treg cells to mimic allotransplanted recipient Tregs, as to study pathway of rFliC-induced enhancement of Foxp3 expression in vitro.

**Results** We found that rFliC activated JNK and p38 MAPK signaling in Tregs but only p38 MAPK was related with rFliC-induced increased expression of Foxp3. Meanwhile, it was revealed that rFliC could activate PI3K-Akt signaling in alloantigen-stimulated Tregs. The activation of PI3K pathway negatively regulated rFliC-elicited Foxp3 expression improvement. Furthermore, data show that the negative regulatory of PI3K pathway on rFliC-aroused enhancement of Foxp3 expression was associated with negative modulation of PI3K signaling on p38 MAPK activation.

**Conclusions** Collectively, our data suggest that rFliC-induced improved expression of Foxp3 in alloantigen stimulated Tregs was mediated by p38 MAPK and negatively regulated by PI3K signaling activation.

#### PU-6910

### 胶体金法和电化学发光法检测超敏肌钙蛋白 T 结果的比对分析

邓明涵

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 对比评价 Roche h 232 胶体金法, 即时检验超敏肌钙蛋白 T (hs-TnT) 和 Roche E 601 电化学发光法检测超敏肌钙蛋白 T (hs-TnT) 的临床检测效能和可靠性。

**方法** 收集 89 例急诊胸痛中心高度怀疑急性心肌梗死 (AMI) 患者, 分别采用 Roche h 232 胶体金法, 即 POCT 法和 Roche E 601 电化学发光法对 hs-TnT 进行检测, 对两种方法检测的结果进行比较和相关分析。

**结果** 2 种检测系统所得的 hs-TnT 剔除离群值后结果相关性良好 ( $r=0.9728$ ), 回归方程  $y=8.394 \times X-0.5932$ , 预期偏差在允许偏差内, 可接受。

**结论** 两种不同的检测系统测定的 hs-TnT 结果存在一致性和可比性, 可以为临床应用和实验室数据互认提供理论支持。

#### PU-6911

### Analytical Evaluation of an Latex-enhanced Immunoturbidimetric Assay for Measurement of Neutrophil Gelatinase-associated Lipocalin

Nan Duan, Li Haixia

Peking University First Hospital

**Objective** Serum creatinine is not an sensitive or early biomarker of renal function after kidney transplantation. Neutrophil gelatinase-associated lipocalin (NGAL) can early detect acute kidney injury, and it is suggested to be an ideal biomarker to assessing renal function for patients. The aim of this study was to evaluate the analytical characterization an latex-enhanced immunoturbidimetric assay for measurement of NGAL.

**Methods** 124 healthy volunteers (65 males and 59 females) for routine physical examinations who met the inclusion criteria of reference interval study were recruited in this study, and they were divided into 5 age groups: 20y-29y, 30y-39y, 40y-49y, 50y-59y and  $\geq 60y$ . Serum NGAL levels of these healthy volunteers were determined on AU5800 system (Beckman Coulter). We evaluated precision, linearity of the assay and determined reference intervals.

**Results** The percentage coefficients of variation (CV) of repeatability and within-laboratory precision were 7.52% and 8.35% at a mean concentration of 77.20 ng/mL, and 2.40% and 3.59% at a mean concentration of 1165.00 ng/mL. Linear range of the method is 52-5284 ng/mL. There was no significant different between males and females or among 5 age groups in NGAL values. The reference intervals were 52.05 ng/mL - 160.90 ng/mL.

**Conclusions** This study provided supports that the assay is a reliable and robust test for measuring serum NGAL.

PU-6912

## SS2 感染中 RPSA 在小鼠组织、免疫细胞中的分布及其作用研究

郭文斐

吉林大学第一医院,130000

**目的** 猪链球菌 2 型 (Streptococcus suis type 2, SS2) 是人类动物源性脑膜炎的常见病原。核糖体蛋白 SA (ribosomal protein SA, RPSA) 是一种多形性、多位点、多功能的高度保守的核糖体蛋白质, 在多种细胞中广泛表达。本课题组前期的研究工作发现 RPSA 介导 SS2 穿越血脑屏障。但是 RPSA 与感染相关的研究目前较少, 并且关于该蛋白的组织学分布尚未有报道。RPSA 分布是功能研究的基础, 对感染机制与免疫互作机制非常重要。因此, 本研究的主要目的是探究 RPSA 在 SS2 感染时的组织分布及其与炎症应答的关系。

**方法** 本研究用 SS2 菌株 JZLQ022 感染 ICR 小鼠, 利用免疫组化方法和流式细胞术分析 RPSA 在小鼠各个脏器的表达变化以及在外周血免疫细胞中的表达变化, 同时对组织切片进行 HE 染色, 对比小鼠感染 SS2 后的病理变化。最后, 在细胞水平上, 以小鼠小胶质细胞系 BV2 为研究对象, 采用 qRT-PCR 技术探究 RPSA 与 TLR 的关系。

**结果** ①心、肝、脑、小肠是小鼠感染 SS2 的主要易感器官, 感染后均出现不同程度的病变, 其中心脏和小肠 RPSA 的表达在感染 1d 后下降明显 ( $p$  均 $<0.01$ ), 而肝脏和脑组织在感染 1d 后 RPSA 表达升高明显, 尤以脑组织为甚 ( $p<0.001$ )。②小鼠外周血中, T 细胞、B 细胞以及 NK 细胞表面均有 RPSA, 其中 CD4<sup>+</sup>T 细胞在感染 3d 后蛋白表达增多 ( $p<0.01$ ), 而 CD8<sup>+</sup>T 细胞、B 细胞以及 NK 细胞在感染 3d 均呈现下降趋势 ( $p$  均 $<0.01$ )。③BV2 细胞 SS2 感染后 TLR2、TLR5、TLR6、TLR9 转录水平均显著升高 ( $p$  均 $<0.05$ ); 以抗体封闭细胞表面 RPSA 再感染 SS2 后, TLR2 转录水平下降 ( $p<0.05$ ), 同时在 BV2 激活后转录增多的细胞因子 IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$  也表现为转录减少 ( $p$  均 $<0.01$ )。

**结论** SS2 感染后, 脑组织受累最严重且 RPSA 表达升高最为明显, 并且 RPSA 对 TLR2 的表达有促进作用, 靶向封闭细胞表面 RPSA 可能是细菌性脑膜炎的防治方法之一, 这一发现为 SS2 感染以及 SS2 脑膜炎的预防和治疗提供了新的思路。

PU-6913

## TLR5 Specific Ligand, Flagellin, Prolonged Allograft Survival via Activating Regulatory T Cells in MAPK-dependent Pathway

Jing Hao, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Allograft rejection is still an obstacle for organ transplantation in clinic. It has been well documented that Regulatory T cells (Tregs) play an important role in immuno-tolerance keeping, and activating of Tregs would be a practicable way to overcome the allojection. In current research, we first studied the effect of recombinant flagellin (fliC) on allograft survival with established murine skin allotransplantation models (H-2<sup>b</sup> C57BL/6 as donor and H-2<sup>d</sup> BALB/c as recipient) and explored its mechanisms.

**Methods** In current research, we first studied the effect of recombinant flagellin (fliC) on allograft survival with established murine skin allotransplantation models (H-2<sup>b</sup> C57BL/6 as donor and H-2<sup>d</sup> BALB/c as recipient) and explored its mechanisms.

**Results** The results showed that the fliC (3mg/kg)-administration in vivo obviously prolonged graft survival (MST 18.4±1.1 day) than control (10±0.7 day),  $p<0.01$ ; and apparently increased the frequency of CD25<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup> cells in CD4<sup>+</sup> splenocytes (from 9.3±1.6% to 15.25±1.6%),  $p<0.01$ ; the suppressive effect of Tregs on T effector cells (Teffs) was increased by 93.9% ( $p<0.01$ ) with fliC (3mg/kg)-stimulation compared with control. Meanwhile, expression of TLR5, Foxp3, TGF- $\beta$ 1 and IL-10 on splenocytes was significantly enhanced by fliC stimulus; suppressive capacity of fliC-treated Tregs in vitro was notably enhanced and these fliC-aroused-effects could be partially neutralized by anti-TLR5 blocking antibody. Furthermore, we found that flagellin-TLR5 signaling pathway was JNK- and MAPK- dependent; expression of transcription factor Foxp3 was partially prevented by pharmacological inhibiting MAPK signaling.

**Conclusions** Together, these data demonstrate that flagellin administration could significantly prolong allograft survival through activating and expanding Treg subset via TLR5 pathway specifically, by a mechanism partially dependent on the activation of p38 MAPK; thereby flagellin may become a promising new candidate to control allograft rejection.

## PU-6914

### 2014-2018 年医院铜绿假单胞菌检出率及耐药性分析

高杰英,程琰,王缚鲲  
联勤保障部 980 医院

**目的** 分析医院患者感染铜绿假单胞菌的临床分布及耐药性,为临床合理用药以及防止院内感染流行提供参考依据。

**方法** 收集 2014 年 1 月-2018 年 12 月医院临床细菌培养分离铜绿假单胞菌共 3355 株,采用 MA120 细菌鉴定系统确定菌种,采用纸片扩散法(K-B 法)或自动化仪器法进行药敏实验,并按照美国临床实验室标准化协会(CLSI2017 年版)标准判读药敏结果,采用 WHONET5.3 统计软件进行分析。

**结果** 2014-2018 年医院患者共分离病原菌 16980 株,其中铜绿假单胞菌 3355 株,检出率 19.76%,5 年检出率分别为 18.80%、20.45%、19.94%、21.42%、20.28%;其中住院患者检出 3173 株占 94.58%,门诊患者检出 182 株占 5.42%。2014 年铜绿假单胞菌对庆大霉素、哌拉西林、头孢哌酮、左氧氟沙星耐药率最高,分别为 53.30%、45.01%、48.05%、35.87%;2015 年铜绿假单胞菌对庆大霉素、哌拉西林、头孢哌酮、左氧氟沙星耐药率最高,分别为 59.16%、44.48%、48.69%、47.09%;2016 年铜绿假单胞菌对庆大霉素、哌拉西林、头孢哌酮、左氧氟沙星、环丙沙星的耐药率最高,分别为 59.40%、49.18%、53.68%、52.86%、50.41%;2017 年铜绿假单胞菌对庆大霉素、哌拉西林、头孢哌酮、左氧氟沙星、环丙沙星的耐药率最高,分别为 57.60%、47.36%、50.66%、53.76%、52.61%;2018 年铜绿假单胞菌对庆大霉素、哌拉西林、头孢哌酮、左氧氟沙星、环丙沙星的耐药率最高,分别为 57.60%、48.99%、56.08%、54.16%、53.25%。其中碳青霉烯类亚胺培南的耐药率 2014 年为 15.6%,2018 年增至 30.7%,多重耐药菌株从 2014 年的 13.09% 增加至 2018 年的 20.4%。

**结论** 临床治疗时应充分考虑铜绿假单胞菌耐药性分布的变化和特点,合理规范应用抗菌药物,以减少医院感染和多重耐药株的产生。



## PU-6915

## 中性粒细胞在细菌性脑膜炎中的作用及机制研究进展

孙强

吉林大学第一医院,130000

**目的** 细菌性脑膜炎是好发于人或动物的中枢神经系统的急性感染性疾病，常由化脓性细菌感染所致。中性粒细胞是人体免疫系统重要的细胞，处于机体抵抗病原微生物、特别是化脓性细菌入侵的前线，在固有免疫中起着重要的作用。中性粒细胞作为清除病原菌的第一道防线，因此在细菌性脑膜炎的发生、发展过程中发挥重要作用。

**方法** 建立细菌性脑膜炎模型，包括脑膜炎奈瑟菌性脑膜炎、大肠杆菌 K1 性脑膜炎、B 型链球菌性脑膜炎、2 型猪链球菌性脑膜炎。研究多形核白细胞与细菌相互作用机制，CXCR4 上调、TLR 和 MyD88 等途径改变 PMN 数量。建立中性粒细胞跨血脑屏障模型，通过内皮细胞 G 蛋白耦联受体的  $\beta 2$  整合素与内皮细胞的细胞间粘附分子(ICAM)结合，研究中性粒细胞穿越血脑屏障机制。

**结果** 当机体受到病原菌侵入时，中性粒细胞在趋化因子的作用下可迅速募集到感染部位附近，透过血管壁进入感染灶，通过吞噬和释放杀菌颗粒等作用杀灭病原菌；

中性粒细胞有不同于坏死和凋亡的另一杀菌机制——中性粒细胞胞外诱捕网（NETs）。但是脑组织缺血性损伤时，PMN 渗入可破坏血脑屏障的完整性并加剧病变。

**结论** 中性粒细胞浸润是细菌性脑膜炎发生的标志性事件，而跨越血脑屏障进入中枢神经系统的 PMN 浸润是一把“双刃剑”，它不仅可以对抗细菌性脑膜炎性的病原菌，同时也会对神经系统造成严重的损伤。

## PU-6916

## 2 种肌钙蛋白 I 检测系统结果的一致性评价

由婷婷

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 比较 2 种肌钙蛋白 I（cardiac troponin I, cTnI）化学发光检测系统结果的一致性。

**方法** 收集 2018 年 5 月北京协和医院临床检测剩余血浆样本共 130 例，分别采用 Siemens cTnI（化学发光法）和超敏 cTnI 测定试剂盒检测上述样本的 cTnI 水平。采用 Passing-Bablok 和 Bland-Altman 分析 2 种方法的一致性和偏差。

**结果** 待评价试剂和对比试剂的测定值的 Pearson 相关系数（r）为 0.991， $y = 0.91x + 0.06$ ，其回归系数为 0.908，回归系数的 95%可信区间为 0.884~0.931，常数的 95%可信区间为 -0.076 ~ 0.205。

**结论** 两种 cTnI 检测试剂盒的一致性较好，在临床应用中两者之间具有等效性。

## PU-6917

## 瘦素对人妊娠早期绒毛外滋养细胞侵袭活性的影响及调节机制

王华阳,张义  
山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 在妊娠早期阶段,绒毛外滋养细胞向子宫肌层的正常侵袭是妊娠成功的关键因素之一,侵袭异常可能导致流产、绒癌等疾病。瘦素是一种重要的妊娠相关激素,妊娠过程中母体呈高瘦素血症状态,调节胚胎植入的多项生理过程。既往研究提示瘦素调节滋养细胞的增殖、存活等多种生物学行为,但其对绒毛外滋养细胞侵袭活性的影响及其作用机制目前尚未阐明。本研究观察了瘦素对人妊娠早期绒毛外滋养细胞侵袭活性的影响,并对相关调控机制进行了初步探究。

**方法** 利用细胞侵袭实验检测瘦素对绒毛外滋养细胞系 HTR-8/SVneo 细胞侵袭活性的影响。qRT-PCR、Western blot 等方法检测瘦素对 HTR-8/SVneo 细胞中 MMP-14 表达的影响,并通过 MMP-14 siRNA 转染等验证 MMP-14 在 HTR-8/SVneo 侵袭中的作用。我们进一步检测了瘦素对 HTR-8/SVneo 细胞中 Notch1 信号通路活性的调控,并探究 Notch1 通路对 MMP-14 表达及 PI3K/Akt 信号通路活性的影响。

**结果** 瘦素通过上调 HTR-8/SVneo 细胞 MMP-14 的表达促进绒毛外滋养细胞的侵袭。此外,瘦素促进 HTR-8/SVneo 细胞中 Notch1 信号通路活性,该通路进一步促进 PI3K/Akt 信号通路活性,从而参与 MMP-14 表达及细胞侵袭活性的调控。

**结论** 瘦素通过 Notch1/PI3K/Akt 通路促进人绒毛外滋养细胞系 HTR-8/SVneo 中 MMP-14 的表达,从而促进该细胞的侵袭活性。本研究探索了人妊娠早期高瘦素微环境对绒毛外滋养细胞侵袭活性的影响及其作用机制,并可能为深入理解流产、先兆子痫等妊娠并发症的病理生理机制提供有力的理论依据。

## PU-6918

## 某三甲医院 2018 年老年科呼吸道感染病原菌分布及耐药性分析

姚瑶  
昆明市延安医院,650000

**目的** 通过分析 2018 年老年科呼吸道感染的病原菌分布及耐药性,为临床治疗老年患者细菌呼吸道感染提供参考依据。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 12 月老年科呼吸道感染患者检出的病原菌共 324 株,进行前十位病原菌的分布及耐药性统计分析。

**结果** 铜绿假单胞菌,肺炎克雷伯菌,大肠埃希菌,以及金黄色葡萄球菌是老年人细菌性呼吸道感染检出的最常见病原菌,与其它文献报道一致,但与其它大多文献不同的是我院卡它莫拉菌的检出率在第三位,是我院老年细菌性呼吸道感染患者的主要病原菌;铜绿假单胞菌对头孢他啶,头孢吡肟,亚胺培南,环丙沙星的耐药率分别为 61%, 51.9%, 52.4%, 18.1%;肺炎克雷伯氏菌对头孢唑啉,头孢曲松,头孢吡肟,亚胺培南,环丙沙星的耐药率分别为 45.5%, 13.7%, 2%, 2%, 7.8%;大肠埃希菌对头孢唑啉,头孢曲松,头孢吡肟,亚胺培南,环丙沙星的耐药率分别为 88.9%, 67.9%, 28.6%, 3.6%, 67.9%;鲍曼不动杆菌对哌拉西林/他唑巴坦的耐药率为 53.3%,对头孢曲松,头孢吡肟,亚胺培南及环丙沙星的耐药率为 50%;检出率明显增多的卡他莫拉菌对临床常用的抗菌药物都保持较高的敏感性,阿奇霉素出现 3.3%的非敏感率;金黄色葡萄球菌对青

霉素, 苯唑西林, 红霉素的耐药率分别为 100%, 42.1%, 73.7%, 其对喹诺酮类抗生素及氨基糖苷类抗生素有较高的敏感性, 未出现万古霉素耐药。

**结论** 老年患者细菌性呼吸道感染主要以革兰阴性菌为主, 本地区需注意卡它莫拉菌检出率有增多趋势, 常见病原菌对多数抗生素的耐药率呈上升趋势, 临床需根据病人情况及药敏结果合理选择抗生素治疗。

## PU-6919

### 五种生物化学指标对缺血和出血性脑卒中的鉴别意义

谭延国, 李卓敏

首都医科大学附属复兴医院, 100000

**目的** 探讨脑特异性生物化学指标 S-100 $\beta$ 、缺血修饰白蛋白 (IMA)、胶质纤维酸性蛋白 (GFAP)、人血清肌肽酶 (HSC) 和心型脂肪酸结合蛋白 (HFAP), 在缺血性和出血性脑卒中时的变化情况, 以及上述指标单独和联合使用时, 对两种卒中的鉴别诊断价值。

**方法** 以多中心形式收集 566 例脑卒中患者血液样本, 分别使用电化学发光法、ELISA 双抗体夹心法、双抗体一步夹心法、乳胶增强免疫比浊法和白蛋白-钴结合试验测定血清中几种指标的水平。

**结果** (1) 基于健康人组建立五种指标健康人群参考区间; (2) 五种指标的血清水平, 除 HSC ( $p=0.147$ ) 外, 其余 4 项指标的血清水平, 总体上在各种疾病组间差异均非常显著 ( $p=0.000$ ); 两两比较显示, 除 GFAP 在 ACI 组和 ACH 组无明显差异性 ( $p=0.350$ ), 其他三种指标均 ACH 组大于 ACI 组; (3) 各指标在各种疾病中阳性检出率, 除 HSC 无阳性检出和 GFAP 在两组间无差异外, 其余三项指标于 ACH 组的阳性检出率均大于 ACI 组; (4) 各指标 (除 GFAP 外), 无论是单独、还是联合检测, 对 ACH 患者的敏感性都明显高于其他组患者; (5) ROC 曲线显示: ①对于小卒中, 仅 IMA 有较低的诊断价值 ( $AUC=0.375$ ,  $p=0.008$ ), ②对于大卒中, GFAP 和 HFABP 有较低的诊断价值 ( $AUC=0.417$ 、 $0.590$ ,  $p=0.001$ ), ③对于急性脑出血 S100 $\beta$ 、HFABP 和 IMA 有中等诊断价值 ( $AUC=0.765$ 、 $0.732$  和  $0.782$ ,  $p$  均为  $0.000$ )

**结论** S100 $\beta$ 、HFABP 和 IMA 单独和联合检测, 对于鉴别早期急性缺血和急性出血性脑卒中, 具有重要应用价值。

## PU-6920

### Colon cancer cell-derived colony stimulating factor 1 involves in the interaction between cancer cells and tumor-infiltrated macrophages

Huayang Wang, Yi Zhang

Qilu Hospital of Shandong University

**Objective** Colorectal cancer ranks top three of the most commonly diagnosed cancer and cancer-related death worldwide, and the recurrence and mortality of colon cancer remain largely uncontrolled. Immune cells, especially macrophages, are highly represented in the colorectal cancer microenvironment and profoundly associated with the outcome of patients. Colony stimulating factor 1 (CSF1) is a primary chemoattractant and functional regulator for macrophages, and therefore would be a feasible intervention for the macrophage-targeting therapeutics. However, the expression of CSF1 in colon cancer microenvironment and its roles in cancer development is largely unknown.

**Methods** The expression patterns of CSF1 and macrophages in cancer tissue, their correlation with clinicopathological characteristics and prognosis were explored in colon cancer patients. The effects of macrophages on CSF1 expression of colon cancer cells were analyzed by an indirect co-culture system, and the relevant mechanisms were also explored. Finally, a CSF1 over-expression tumor xenografts model was established, and the roles of cancer cell-derived CSF1 in the development of colon cancer and host immune modulation were further testified.

**Results** CSF1 was over-expressed exclusively in colon cancer cells and was correlated with number of tumor-infiltrated macrophages. The high CSF1 expression and macrophages infiltration were related to the TNM stage of colon cancer, and positively associated with survival of colon cancer patients. Co-culture with macrophage promoted CSF1 production in colon cancer cells in the in vitro studies. Further investigation suggested that CSF1 production in colon cancer cells was dependent on PKC pathway, which was activated by IL-8, mainly produced by macrophages. Moreover, colon cancer cell-derived CSF1 drove the recruitment of macrophages and re-directed their secretion profile, including the augment of IL-8 production and decrease of pro-inflammatory cytokines. The mice tumor xenografts study also found that over-expression of CSF1 in colon cancer cells promoted intratumoral infiltration of macrophages, and partially suppressed tumor growth.

**Conclusions** Our results reported a positive feedback loop between colon cancer cells and tumor infiltrated macrophages, which led to the formation of a high CSF1 microenvironment. CSF1 over-expression was an important factor in the colon cancer microenvironment which modulated patient prognosis and local immune contexture, especially tumor-infiltrated macrophages. Interventions targeting CSF1 might be a promising strategy for modulating the development of colon cancer.

## PU-6921

### 二种新的 GPIIb 基因 2915dupC 插入移码突变和 C322T 无义突变导致血小板无力症的家系研究

张福勇

广西医科大学第一附属医院,530021

**目的** 对 1 个遗传性血小板无力症 (GT) 家系进行临床和基因型诊断, 探讨其分子发病机制。

**方法** 通过凝血指标检测、血小板计数、血块回缩试验、血栓弹力图检测和血涂片中血小板形态及分布的观察, 进行临床表型诊断; 用 PCR 法对先证者  $\alpha IIb\beta 3$  基因所有外显子及其侧翼序列进行扩增, PCR 产物纯化后直接测序, 检测其基因突变, 家系成员仅在相应突变区域进行 PCR 扩增和测序。

**结果** 先证者凝血指标检测和血小板计数正常, 血块回缩不良, 血栓弹力图 MA 值明显降低、K 值明显升高、Angle 值稍偏低; 血涂片中血小板散在, 无聚集现象。经测序, 发现先证者 GPIIb 基因存在复合杂合突变: 28 号外显子存在 2915dupC 插入移码突变, 导致 GPIIb 蛋白 P972fs 突变; 3 号外显子存在 322C>T 无义突变, 导致 GPIIb 蛋白 R108X 突变。其父亲携带 2915dupC 插入移码突变, 母亲携带 322C>T 无义突变。

**结论** 2915dupC 和 322C>T 复合杂合突变是导致该家系先证者发生 GT 的原因, 2915dupC 和 322C>T 为国际首次报道的突变。

PU-6922

## 一例巨球蛋白血症患者伴可疑假性高 CA125 的实验室处理

由婷婷

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 报道 1 例巨球蛋白血症患者伴可疑假性高水平 CA125 的实验室干扰处理。

**方法** 1 例巨球蛋白血症患者采用罗氏 E601 检测 CA125 2017.0 U/mL, 可疑结果假阳性, 采用稀释、更换检测平台、聚乙二醇 PEG6000 沉淀、嗜异性抗体封闭试剂、Protein A/G agrose 过滤方法对标本处理后排除可疑干扰。

**结果** 经过系列稀释、更换雅培检测平台、聚乙二醇 PEG6000、嗜异性抗体封闭试剂、Protein A/G agrose 试剂处理后, CA125 检测结果仍高。随着原发病治疗好转, CA125 水平逐渐降低。

**结论** 对于临床罕见病例的特殊检测结果, 实验室应结合临床, 在排除干扰的可能性后, 辅助临床确诊疾病的罕见表型。

PU-6923

## 基于血清游离 microRNAs 的肌层浸润性膀胱癌预测 panel 的建立

蒋秀梅,张义

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 检测肌层浸润性膀胱癌血清游离 miRNAs 表达谱, 建立肌层浸润性膀胱血清游离 miRNA 预测 panel。

**方法** 选取 6 例肌层浸润性膀胱癌患者、6 例非肌层浸润性膀胱癌患者和 6 例对照者血清, 通过 miSeq 测序技术分别进行血清游离 miRNAs 表达谱检测, 采用 RT-qPCR 在 111 例肌层浸润性膀胱癌患者、111 例非肌层浸润性膀胱癌患者和 187 例对照者血清中验证候选 miRNAs, 确立肌层浸润性膀胱癌差异表达的 miRNAs, 采用多元 logistic 回归分析建立预测肌层浸润性膀胱癌的血清 4-miRNA panel。在 90 例肌层浸润性膀胱癌患者和 168 例非肌层浸润性膀胱癌患者血清中对 4-miRNA panel 的肌层浸润预测效能进行验证。

**结果** miSeq 高通量测序分析筛选出可作为肌层浸润性膀胱癌差异表达的 23 个候选 miRNAs 同时纳入课题组前期研究中发现的可用于膀胱癌诊断的 6 个 miRNAs (miR-152, miR-148b-3p, miR-3187-3p, miR-15b-5p, miR-27a-3p 和 miR-30a-5p)。共筛选出 29 个候选 miRNAs。RT-qPCR 验证显示, miR-422a-3p, miR-486-3p, miR-103a-3p 和 miR-27a-3p 在三组间呈现差异表达 ( $p$  均 $<0.05$ )。

构建血清 4-miRNA panel:  $\text{logit} (p=\text{肌层浸润性膀胱癌}) = -1.5992 + (0.4938 \times \text{miR-422a-3p}) + (0.4197 \times \text{miR-486-3p}) + (0.4168 \times \text{miR-103a-3p}) + (0.2335 \times \text{miR-27a-3p})$ 。血清 4-miRNA panel 预测肌层浸润性膀胱癌的 AUC 为 0.894。在另一人群中分析 4-miRNA panel 对肌层浸润性膀胱的预测价值。结果显示, 4-miRNA panel 正确预测 121 例非肌层浸润性膀胱癌患者, 特异度达 70.06% (95%CI, 79.1~90.1); 正确预测 79 例肌层浸润性膀胱癌患者, 灵敏度达 90.00% (95%CI, 81.9~95.3)。4-miRNA panel 预测肌层浸润性膀胱癌的 AUC 为 0.880。

**结论** 研究构建的血清 4-miRNA panel (miR-422a-3p, miR-486-3p, miR-103a-3p 和 miR-27a-3p) 对膀胱癌分期预测具有较高的临床价值。

## PU-6924

## A case-control study identifies six single nucleotide polymorphisms as risk loci for alcoholic liver disease in Chinese Han male population

Funing Yang  
The First Hospital of Jilin University

**Objective** Alcoholic liver disease (ALD) is a multiple factor complex and severe chronic liver disease due to heavy alcohol consumption, which is influenced by host gene and environment. Serum liver enzymes levels are widely regarded as indicators of liver disease including ALD. Recent genome-wide association studies (GWAS) have revealed thirteen single nucleotide polymorphisms (SNPs) in NBP3 (rs1976403), ABO (rs8176720, rs657152, rs495828 and rs579459), MRC1 (rs2477664), ALDH2 (rs671), BRAP (rs3782886), HECTD4 (rs2074356 and rs11066280), HNF1A (rs7310409), MYL2 (rs12229654) and GGT1 (rs2073398) were associated with liver enzymes levels. The aim of this study was to investigate if these polymorphisms may also be related to ALD in Han Chinese.

**Methods** We carried out a multi-center case-control study of 507 ALD patients and 645 healthy controls. Sequenom MassArray system was used to genotype the thirteen SNPs.

**Results** Our study showed that the major allele frequencies of the six SNPs (rs8176720,  $P=4.86 \times 10^{-5}$ ; rs671,  $P=1.20 \times 10^{-30}$ ; rs3782886,  $P=1.73 \times 10^{-34}$ ; rs2074356,  $P=1.44 \times 10^{-23}$ ; rs11066280,  $P=2.71 \times 10^{-28}$ ; rs12229654,  $P=5.36 \times 10^{-17}$ ) were much higher in patients with ALD compared to healthy controls. Rs657152 was associated with elevated total bilirubin level ( $P=0.02$ ), while rs579459 was associated with elevated alkaline phosphatase level ( $P=0.01$ ). Furthermore, GTG (rs2074356, rs3782886 and rs671) was the risk haplotype ( $P=1.16 \times 10^{-31}$ ).

**Conclusions** The present study identified a strong association of rs8176720, rs671, rs3782886, rs12229654, rs2074356 and rs11066280 with the susceptibility of ALD, which was the largest sample size in Han Chinese by far and provide further clues for the pathogenesis of ALD. These loci may be applied in translational medicine and clinical practice in the future.

## PU-6925

## Positive correlation between two SNPs rs3761472 and rs2281135 and alcoholic liver disease susceptibility in male Chinese Han population

Funing Yang  
The First Hospital of Jilin University

**Objective** Alcoholic liver disease (ALD) is the most common cause of chronic liver disease and is associated with interactions between environmental and genetic factors. Previous studies have identified that several nonalcoholic fatty liver disease (NAFLD) associated single-nucleotide polymorphism (SNP) subsequently show susceptibility to ALD, suggesting ALD and NAFLD may share overlapping pathogenic mechanism. Recently, a number of genome-wide association studies (GWAS) have revealed eleven SNPs (rs2228603, rs780094, rs2645424, rs1227756, rs6591182, rs6487679, rs2710833, rs1421201, rs2862954, rs3761472 and rs2281135) strongly correlated with the onset of NAFLD. The present study was aim to evaluate the correlation between the eleven NAFLD-associated SNPs and predisposition to ALD in a Chinese Han population.

**Methods** The eleven SNPs were genotyped in a cohort of 507 patients with ALD and 645 healthy controls by using MassARRAY iPLEX system.

**Results** Our data demonstrated that rs2281135 in the PNPLA3 gene and rs3761472 in the SAMM50 gene were deeply associated with ALD patients ( $P_c=2.29\times10^{-11}$  and  $P_c=7.35\times10^{-19}$ , respectively). In addition, rs2281135 was found to be associated with elevated levels of ALT ( $P=6.90\times10^{-4}$ ), AST ( $P=6.90\times10^{-3}$ ), GGT ( $P=3.86\times10^{-3}$ ), ALP ( $P=3.10\times10^{-4}$ ), PT ( $P=3.48\times10^{-3}$ ) and TBil ( $P=0.01$ ). SNP rs3761472 was correlated with elevated levels of ALT ( $P=0.01$ ), GGT ( $P=1.66\times10^{-4}$ ) and ALP ( $P=2.77\times10^{-3}$ ).

**Conclusions** The current study was the largest sample size case-control study first to reveal that PNPLA3 polymorphism rs2281135 and SAMM50 polymorphism rs3761472 were significantly correlated with ALD in the Chinese Han population.

## PU-6926

### 人乳头状瘤病毒在鼻咽肿瘤组织中的表达

庄学伟<sup>1</sup>,张义<sup>1</sup>,王传新<sup>1,2</sup>

1.山东大学齐鲁医院,250000

2.山东大学第二医院,250000

**目的** 评价鼻咽几种常见病（鳞状上皮及腺上皮发生的癌、乳头状瘤、息肉，炎性病变）中与人乳头状瘤病毒（human papilloma virus,HPV）感染关系。

**方法** 用免疫组化 S-P 染色法测定组织中 HPV6, 11, 16, 18, 31, 33, 42, 51, 52, 56, 58 的表达。

**结果** HPV 表达率鳞癌 41.38%，腺癌 20.00%，鳞状上皮乳头状瘤 47.62%，腺上皮乳头状瘤 20.00%，鳞状上皮息肉 7.14%，腺上皮息肉 3.57%，过敏性鼻炎和鼻窦炎中无表达。相关分析显示：鳞癌和腺癌、鳞状上皮乳头状瘤和腺上皮乳头状瘤、鳞状上皮息肉和腺上皮息肉之间 HPV 感染率无显著差别（ $P>0.05$ ）。鳞状上皮癌+鳞状上皮乳头状瘤之和与腺上皮癌+腺上皮乳头状瘤之和比较，鳞癌+腺癌+鳞状上皮乳头状瘤+腺上皮乳头状瘤之和与鳞状上皮息肉+腺上皮息肉之和比较，2 组 HPV 感染率都有显著差别（ $P<0.05$ ）。

**结论** 和与鳞状上皮息肉+腺上皮息肉之和比较，2 组 HPV 感染率都有显著差别（ $P<0.05$ ）。**结论：**鼻咽的肿瘤性病变的发生发展与 HPV 感染有密切的关系，HPV 感染鳞状上皮的几率可能高于腺上皮。

## PU-6927

### 深圳市罗湖区 0~2 岁婴幼儿血细胞分析参考区间的调查

卢文深<sup>1</sup>,刘小柳<sup>1</sup>,黄海丽<sup>2</sup>,邓玉容<sup>1</sup>,郭冬月<sup>2</sup>,肖昭君<sup>2</sup>,莫红梅<sup>1</sup>

1.深圳市第五人民医院深圳市罗湖人民医院,518000

2.深圳市罗湖区妇幼保健院,518000

**目的** 调查深圳市罗湖区 0~2 岁婴幼儿血细胞分析参考区间

**方法** 收集深圳市罗湖区 2016 年 1 月~2018 年 8 月进行体检的 0~2 岁健康婴幼儿共 29621 人的末梢血，按年龄（新生儿组和幼儿组）和性别分组，并分别检测 24 项血常规指标

**结果** 新生儿组和幼儿组存在显著性差异（ $P<0.01$ ），应该按年龄分别计算血细胞参考区间；不同性别比较中，男女之间的 RBC、HCT、MCV、MCH、MCHC、PLT、MO%、N EUT %、BASO%、EO%、MO#、EO#、BASO#、RDW-CV、RDW-SD、PDW、MPV、P-LCR、PCT 等 19 项参数存在显著性差异（ $P<0.01$ ），而 WBC、Hb、LYMPH#、LYMPH%、NEUT#等 5 项参数均无显著性差异（ $p>0.05$ ）

**结论** 深圳市罗湖区 0~2 岁健康儿童保健科人群血细胞分析参考区间与国家标准及其他地区的存在一定差异,其可以用于评估深圳市罗湖区婴幼儿的血细胞分析参考区间

## PU-6928

### 小鼠 H-2Kd 基因小干扰 RNA 表达质粒的构建及验证

庄学伟

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 构建针对 BALB/C 小鼠 H-2K<sup>d</sup> 基因 siRNA 表达质粒,观察其在鼠 LAK 细胞的表达,为进一步研究 H-2K<sup>d</sup> 基因功能奠定基础。

**方法** 设计 siRNA 干涉靶序列,体外合成两段互补的寡核苷酸,通过与线性化的 pSilencer 3.0-H1 连接,转化大肠杆菌 DH5a 扩增纯化得到所需质粒,通过琼脂糖凝胶电泳及基因测序鉴定其分子量及插入片段的序列。使用 siRNA 表达质粒封闭鼠 LAK 细胞 MHC-I (H-2K<sup>d</sup>) 的表达,同时设空转染组和无关序列组,流式细胞检测不同组别靶蛋白的表达。

**结果** 纯化的质粒的分子量为 2.8Kb,插入的寡核苷酸序列与设计的序列完全相符,流式细胞检测证实 siRNA 能够抑制靶蛋白的表达。

**结论** 成功构建了针对 H-2K<sup>d</sup> 基因的 siRNA 表达质粒并抑制了其在 LAK 细胞的表达。

## PU-6929

### MiR-27a-3p 在膀胱癌组织中的表达及功能研究

蒋秀梅,张义

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 通过 miR-27a-3p 在膀胱癌细胞系中的表达水平进行细胞功能试验,探究其在膀胱癌发生及发展过程中的生物学功能。

**方法** 1. 选取在肌层浸润性膀胱癌血清中差异表达的 miRNAs, RT-qPCR 检测其在 40 例肌层浸润性膀胱癌及 40 例非肌层浸润性膀胱癌组织中的表达。

2. 检测差异表达 miRNA (miR-27a-3p) 在 40 对肌层浸润性膀胱癌及癌旁对照组织中的表达。

3. 采用 RT-qPCR 检测 miR-27a-3p 在膀胱癌细胞 (T24) 及永生化正常上皮细胞 (SV-HUC-1) 中的表达。

4. 通过 CCK8 细胞增殖实验、划痕实验及 Transwell 迁移和侵袭实验等分析 miR-27a-3p 对 T24 细胞的增殖、迁移及侵袭活性变化影响。

**结果** 1. miR-27a-3p 在肌层浸润性膀胱癌组织中的表达显著低于非肌层浸润性膀胱癌,且在 70% 的肌层浸润性膀胱癌患者组织中较癌旁对照组织显著降低。

2. RT-qPCR 检测显示,miR-27a-3p 在 T24 细胞中的表达量显著低于 SV-HUC-1 细胞。

3. 划痕实验中,miR-27a-3p mimic 转染组膀胱癌细胞伤口愈合率明显低于 miR-NC 组和 mock 组。

miR-27a-3p inhibitor 转染组膀胱癌细胞伤口愈合率明显高于 miR-NC 组和 mock 组。

4. Transwell 迁移实验中,T24 膀胱癌细胞 miR-27a-3p mimic 组在转染 24h 后穿膜细胞数显著低于 miR-NC 组和 mock 组。T24 膀胱癌细胞 miR-27a-3p inhibitor 组在转染 24h 后穿膜细胞数显著高于 miR-NC 组和 mock 组。

5. Transwell 侵袭实验中,T24 膀胱癌细胞 miR-27a-3p mimic 组在转染 24h 后穿膜细胞数显著低于 miR-NC 组和 mock 组。T24 膀胱癌细胞 miR-27a-3p inhibitor 组在转染 24h 后穿膜细胞数显著高于 miR-NC 组和 mock 组。

**结论** 低表达的 miR-27a-3p 可显著增强膀胱癌细胞的增殖、迁移和侵袭能力,提示 miR-27a-3p 在膀胱癌的发生及进展过程中具有重要的生物学功能。



PU-6930

## 检验危急值制度的评估

王甩艳,莫红梅,张秀明  
深圳市罗湖医院集团

**目的** 检验科质量控制中应用信息化规范危急值报告制度,并评估其效果。

**方法** 根据相关制度的要求,结合自身实际情况确定危急值项目及范围,2017年我院对危急值通报系统进行改进,尝试建立危急值监测平台,在终端计算机报警提示医务人员基础上,同时,检验人员手机上装载医疗管理 APP,危急值监控模块如图 1 所示,临床未及时处理危急值,可直接在危急值监控模块直接发信息或打电话通知主管医生,使危机值的报告更加准确及时。并对改进前和改进后的危急值通报率和危急值通报及时率进行比较。

**结果** 我院检验科实施危急值报告制度后,危急值通报率达到 100%,危急值通报及时率与之前相比有大幅度提高。与传统的医技科室发送报告医生查阅后采取治疗措施相比,缩短了医生发现危险情况的时间,也可避免治疗过程中遗漏。

**结论** 建立危急值报告制度,优化检验科质量管理,危急值的报告制度进行信息化管理,同时规范实验室质量控制,提高了实验室工作效率,达到精确检验,精湛技术,精致服务的质量目标,可以保证患者得到及时准确的诊断与治疗,提高医院医疗水平。并对提高医院医疗质量等全面发展起到很好的促进作用。

PU-6931

## 血浆硫氧还蛋白还原酶水平检测对宫颈癌

顾益凤  
南通市肿瘤医院/南通市第五人民医院,226000

**目的** 检测和分析血浆硫氧还蛋白还原酶(thioredoxin reductase, TrxR)在宫颈癌和宫颈上皮内瘤变(cervical intraepithelial neoplasia, CIN)患者中的水平变化,探讨其在宫颈癌早期辅助诊断中的价值。

**方法** 对在我院确诊的 78 例宫颈癌和 18 例 CIN 患者及同期 20 例健康对照者的血浆,记录患者临床资料。运用酶联免疫吸附法(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)检测血浆 TrxR 浓度;同时对以上实验者的血浆用电化学发光法(electrochemical luminescence immunoassay, ECL)检测鳞状细胞癌抗原(squamous cell carcinoma antigen, SCCA)。统计分析二者对宫颈癌早期诊断的价值以及血浆 TrxR 与宫颈癌临床病理参数间的关系。

**结果** CIN 组 TrxR 水平较健康对照组显著升高,宫颈癌组 TrxR 水平较健康对照组也显著升高,差异均有统计学意义( $P<0.001$ )。CIN 组较健康对照组 SCCA 水平升高,差异有统计学意义( $P<0.01$ ),宫颈癌组 SCCA 水平较健康对照组显著升高,差异有统计学意义( $P<0.001$ )。受试者工作曲线(receiver operating characteristic curve, ROC)显示血浆 TrxR 诊断宫颈癌的曲线下面积(area under curve, AUC)是 0.840,敏感度和特异度分别为 92.3%, 68.4%,约登指数为 60.7%。而血浆 SCCA 诊断宫颈癌的 AUC 是 0.822,敏感度和特异度分别为 65.4%, 86.8%,约登指数为 52.2%。病理分期 I/II 期与 III/IV 期相比,TrxR 水平无统计学意义( $P=0.5004$ ),SCCA 水平两组间有统计学意义( $P=0.0048$ )。宫颈癌患者 TrxR 水平与年龄,病理类型和 FIGO 分型无关( $P$ 均 $>0.05$ ),而与细胞分化程度相关( $P=0.034$ )。

**结论** TrxR 水平的检测有助于宫颈癌及宫颈上皮内瘤变的早期诊断,对于宫颈癌的早期预警和及早干预有着积极的意义。

## PU-6932

**自噬在急性 T 淋巴细胞白血病中作用机制的研究进展**

杨二换,史敏,李晓菲,李永军  
河北医科大学第二医院,050000

**目的** 明确不同环境下自噬相关信号通路对 T-ALL 的影响,将对 T-ALL 的治疗、尤其是难治性复发患者的治疗具有重要意义

**方法** 本文就近年自噬在 T-ALL 的发生发展、耐药中的作用机制进行总结,以期对 T-ALL 的治疗提供理论依据。

**结果** 自噬是一种溶酶体依赖性的降解途径,与急性 T 淋巴细胞白血病 (T-ALL) 的发生、发展、耐药和复发等过程密切相关。

**结论** 自噬是一种溶酶体依赖性的降解途径,与急性 T 淋巴细胞白血病 (T-ALL) 的发生、发展、耐药和复发等过程密切相关。

## PU-6933

**Effect of quantitative assessment-based nursing intervention on the bowel function and life quality of patients with neurogenic bowel dysfunction after spinal cord injury**

Xuewei Zhuang  
Shandong University Qilu Hospital

**Objective** To determine the effect of quantitative assessment-based nursing intervention on the bowel function and life quality in patients with neuro/ genic bowel dysfunction after spinal cord injury.

**Methods** The patients in the control group were given regular nursing and the patients in the observation group were given quantitative assessment-based nursing intervention. Recovery of bowel function, quality of life and satisfaction were compared between the two groups.

**Results** Scores for bowel function in the observation group was significantly lower than those in the control group. The scores for the quality of life in the observation group was significantly higher than those in the control group. Finally, the satisfaction rate in the observation group was significantly higher than that in the control group.

**Conclusions** We concluded that quantitative assessment-based nursing intervention contributes to recovery of bowel function and improvement of life quality and satisfaction.

## PU-6934

## The different function and mechanism of lipid rafts involved in the cytotoxicity of transmembrane and secretory tumor necrosis factor- $\alpha$

Jin Huang<sup>1</sup>, Lu Han<sup>2</sup>, Ke qing Chan<sup>2</sup>, Jing Wang<sup>2</sup>, Zhuo ya Li<sup>2</sup>

1.Department of Clinical Laboratory, Wuhan Fourth Hospital, Puai Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, China

2.Department of Immunology, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, Hubei, China

**Objective** lipid rafts participate in the cytotoxicity of tmTNF- $\alpha$  through ICAM-1 clustering and enhancement of the cell-cell contact. lipid rafts also serve as platforms to activate NF- $\kappa$ B for sTNF- $\alpha$ -mediated signaling. These indicated that lipid rafts may play different role in the cytotoxicity of tmTNF- $\alpha$  and sTNF- $\alpha$ .

**Methods** We examined the effect of lipid rafts disruption on tmTNF- $\alpha$  and sTNF- $\alpha$  bioactivity in two different tumor cell lines and two different lipid raft depletion agents. To further explore the mechanism of different effects of lipid rafts upon the cytotoxicity of two types of TNF- $\alpha$ , we detect two different complexes involved in the cell survival and death, complex I on membrane-RIP and TRAF2 which are responsible for NF- $\kappa$ B activation and cell survival, and DISC complex II in cytoplasm-TRADD, FADD and caspase-8 responsible for cell death. Using internalization-deficient mutant TNFR1-Y236A and lipid raft localized TNFR1-Cav mutant, to observe whether TNFR1 internalization occurs inside/outside lipid raft under sTNF- $\alpha$  activation.

**Results** The results showed that lipid rafts promote the cytotoxicity of tmTNF- $\alpha$ , but block the cytotoxicity of sTNF- $\alpha$ . TmTNF- $\alpha$  recruit the cytoplasmic DISC death complex II and activate caspase-3 through lipid raft. TRAF2 outside the lipid raft restrict tmTNF- $\alpha$  to induce the death signal. Different from tmTNF- $\alpha$ , sTNF- $\alpha$  recruit anti-apoptotic complex I TRADD-RIP-TRAF2 on cell membrane and down regulate the recruitment of DISC death complex II in the cytoplasm through lipid raft. TNFR1 internalization is required in DISC complex assembly. TNFR1 inside lipid raft cannot be internalized, but TNFR1 outside lipid raft can be internalized under sTNF- $\alpha$  stimulation. Furthermore, since TNFR1 inside lipid raft cannot be internalized, this attribute to survival signal mediated by sTNF- $\alpha$ .

**Conclusions** In summary, our study suggest that lipid raft play different role in the cytotoxicity of tmTNF- $\alpha$  and sTNF- $\alpha$ . tmTNF- $\alpha$  use lipid raft as platform to promote DISC and caspase-3 activation, in order to mediate apoptotic signal and cytotoxicity, but TRAF2 outside lipid raft inhibit partially the cytotoxicity of tmTNF- $\alpha$ . sTNF- $\alpha$  recruit anti-apoptotic complex I to activate NF- $\kappa$ B pathway to mediate survival signal, on the other hand, sTNF- $\alpha$  resist the activation of DISC complex II to block the cytotoxicity of sTNF- $\alpha$  through lipid raft. In addition, TNFR1 inside lipid rafts cannot be internalized, this attribute to survival signal mediated by sTNF- $\alpha$ . Our results explore the different function and mechanism of lipid raft in tmTNF- $\alpha$  and sTNF- $\alpha$  cytotoxicity, this might provide a novel clue for tumor therapy.

## PU-6935

## 苏州地区男性精液质量调查及其影响因素初步分析

虞培娟, 臧媛

苏州大学附属第二医院, 215000

**目的** 调查苏州地区男性精液质量情况, 并对其生活习惯和职业等影响因素进行流行病学调查, 进行初步分析, 为男性不育研究提供思路。

**方法** 以苏州大学附属第二医院男科 498 例门诊患者为研究对象,以精子前向运动率和活率为主要评价指标分析其精液质量,并通过问卷调查的形式,收集患者生活习惯、职业、以及一般人口学资料,运用 SPSS16.0 软件对这些数据进行 Logistic 单因素回归分析,筛选出有显著性差异的因素后进行 Logistic 多因素回归分析,得出影响精液质量的独立危险因素。

**结果** 男性精子活率中位数分别为计算机行业 59%、服务业 70%、工程师 62%、工人 66%、司机 58%、销售 63%、普通职员 73%;男性精子前向运动率中位数分别为计算机行业 29%、服务业 51%、工程师 37%、工人 48%、司机 32%、销售 47%、普通职员 62%。回归分析发现长期接触辐射,吸烟量 $\geq 10$ 支/天,长期熬夜,长期接触高温环境以及经常接触挥发性化学物质和非接触者相比较有显著差异性( $P < 0.05$ )。经常接触辐射、经常熬夜、吸烟量 $\geq 10$ 支/天是精子活率降低的独立危险性因素,经常接触高温环境、经常接触辐射、吸烟量 $\geq 10$ 支/天是精子前向运动率降低的独立危险性因素。

**结论** 苏州地区不同行业男性精液质量有差异,长期接触高温环境、接触辐射,吸烟量 $\geq 10$ 支/天、经常接触挥发性化学物质,经常熬夜会影响精液质量。

PU-6936

## 复发性流产与血液高凝状态的相关性研究

虞培娟,张萌

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 通过检测复发性流产患者和正常妊娠妇女血液高凝状态相关指标,探讨复发性流产与血液高凝状态之间是否存在相关关系。

**方法** 选取 50 例 2016 年 6 月至 2017 年 5 月于苏大附二院生殖内分泌科就诊的不明原因复发性流产患者,平均( $30 \pm 5$ )岁,排除染色体异常、解剖学因素以及内分泌紊乱和自身免疫疾病者为研究对象。对照组选取 50 例 2017 年 1 月到 2017 年 5 月到医院建卡的无自然流产史的妊娠早期妇女(孕周 $\leq 12$ 周),平均年龄( $31 \pm 6$ 岁)。检测两组研究对象外周血中 D 二聚体水平,血小板最大聚集率以及血小板计数和相关参数(血小板平均体积、血小板分布宽度、大血小板比例)等指标,并对结果进行统计学分析。

**结果** 复发性流产组的 D-二聚体水平为  $0.87 \pm 0.29 \mu\text{g/ml}$  明显高于对照组  $-0.34 \pm 0.12 \mu\text{g/ml}$ ,复发性流产组血小板最大聚集率为  $73.09 \pm 9.50\%$  明显高于对照组  $-65.87 \pm 9.743\%$ ,复发性流产组血小板计数为  $165 \pm 55$ ,低于对照组  $194 \pm 46$ ,血小板平均体积为  $12.2 \pm 1.32$  高于对照组  $9.1 \pm 1.07$ ,血小板分布宽度  $17.9 \pm 1.08$  高于对照组  $14.9 \pm 1.11$ ,大血小板比例  $0.26 \pm 0.08$  高于对照组  $0.17 \pm 0.04$ ,差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** 妊娠早期外周血异常高凝状态可能与复发性流产存在一定的相关性。

PU-6937

## Ⅱ型糖尿病人检测尿电导率的临床意义

方芳,邓德耀,申旭梅

云南省第二人民医院,650000

**目的** 探讨本医院内糖尿病病人检测尿电导率的临床意义。

**方法** 设置 62 例Ⅱ型糖尿病患者为病例组,以 43 例糖尿病肾病病人为病种对照组,120 例体检健康者为正常对照组。留取住院患者的晨尿,所有标本 2h 内检测完毕。用 UF-1000i 尿沉渣分析仪检测其尿电导率,采用单因素方差分析加 LSD-T 检验和 SNK 检验对三组尿电导率进行比较。

**结果** 与正常组尿电导率 ( $22.04 \pm 6.22$ ) ms/cm 比较, II 型糖尿病无并发症组 ( $18.97 \pm 6.83$ ) ms/cm、糖尿病肾病组间 ( $12.43 \pm 3.28$ ) ms/cm 显著降低, 三者间有显著差异 ( $P=0.00 < 0.05$ )。

**结论** II 型糖尿病无并发症病人、糖尿病肾病均能引起电导率降低, 检测尿液电导率对于临床发现及监测 II 型糖尿病对肾脏功能的损害程度有一定的借鉴意义。

## PU-6938

### 健康体检人群血尿酸增高检出率及相关危险因素

常欢  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨健康体检人群血尿酸增高检出率及相关危险因素。

**方法** 在医院 2017 年 1 月至 11 月期间前来体检的健康体检人群中选取 233 例作研究对象, 并予以心电图、血脂、血糖、B 超等检查, 统计健康体检人群血尿酸增高检出率; 对血尿酸增高者、血尿酸正常者的临床资料进行统计学分析, 评估健康体检人群血尿酸增高的相关危险因素。

**结果** ①本组健康体检人群血尿酸增高检出率是 11.16% (26/233); ②血尿酸增高组患者中男性患者比率、年龄与血尿酸正常组相比无统计学差异 ( $P > 0.05$ ), 而血压、空腹血糖、血脂、血清肌酐、血尿素氮水平均高于血尿酸正常组 (均  $P < 0.05$ ); ③ Logistic 回归分析, 结果提示甘油三酯、空腹血糖、总胆固醇、血压升高以及肾功能异常是血尿酸增高的危险因素。

**结论** 健康体检人群血尿酸增高检出率较高, 而血压、空腹血糖、甘油三酯与总胆固醇水平偏高为血尿酸增高的危险因素, 应加强健康饮食宣传, 合理控制血尿酸水平, 改善人们健康状态。

## PU-6939

### 实验室信息系统在医学检验科应用的探讨

任建平  
山西省中医药研究院 山西省中医院

**目的** 随着第五次信息革命的到来, 计算机技术与现代通信技术的普及应用, 让信息化以及信息资源共享有了可靠的技术保证, 也推进了信息化进程的革命和创新, 对信息实行了标准化、准确化、一体化管理, 让人们对于信息传输有了更方便、更快捷、更精准的操作。近年来, 科学技术的飞速发展, 不同品牌、不同功能、不同用途的先进检验设备已被广泛应用于医学实验室, 为临床诊疗提供了更多的科学诊断和鉴别诊断依据, 极大的提高了临床检验工作的效率和质量。在 CNAS-CL02-A010《医学实验室质量和能力认可准则在实验室信息系统的应用说明》中明确提出: 实验室信息系统应能满足临床医生检验医嘱和报告单查询, 以及实验室检验前和检验中与检验后的信息化、质量监测指标分析等需求。如何满足临床实验室的信息管理要求, 这是临床实验室向前发展中迫切需要解决的问题之一。在实际工作中从检验单申请到检验报告发出的过程需要经过 N 个环节, 参与的工作人员越多、交接的部门越多, 出错的几率就越大。因此, 在临床实验室尽快建立 LIS 系统, 实现所有标本条形码信息化, 实现信息资源共享化管理, 减少或杜绝差错事故的发生, 对提高实验室的管理水平、检验质量和能力具有重要的意义。我们有理由相信在 LIS 系统未来的实施过程中, 将会不断完善其功能, 为临床提供更准确的诊断及鉴别诊断的依据, 为患者提供更优质及人性化的服务。

**方法** 不断应用--完善--应用

**结果** 在 LIS 系统未来的实施过程中, 其功能将会得到不断的完善

**结论** 为临床提供更准确的诊断及鉴别诊断的依据, 为患者提供更优质及人性化的服务。

## PU-6940

**miR-342-3p 促进细胞成骨分化并作为标志物的研究**韩亚伟<sup>1</sup>, 洪伟<sup>2</sup>

1. 天津医科大学肿瘤医院, 300000

2. 天津医科大学, 300000

**目的** 已有研究报道微小 RNA(miRNA)可参与多种生理病理过程。而成骨细胞分化异常相关疾病, 包含黄韧带骨化症(OLF)、骨质疏松症(OP)等, 缺少疾病早期诊断标志物。本研究旨在探究 miR-342-3p 在细胞成骨分化中的功能及机制, 为 OLF 和 OP 提供潜在的诊断标志物和治疗靶标。

**方法** 分别在 OLF 病人的组织及血浆中、OP 病人血浆中、骨质疏松模型小鼠股骨组织及细胞成骨分化过程中用实时荧光定量 PCR (qPCR)检测 miR-342-3p 的水平。在人骨髓间充质干细胞(hMSCs)向成骨细胞诱导分化过程中, 分别沉默或过表达 miR-342-3p 后, 用 qPCR 或 Western Blot 检测成骨分化相关基因 ALP、OCN、Col1 $\alpha$ 1 和 Runx2 的表达, 用 ALP 染色和活性检测试剂盒检测 ALP 的表达, 用茜素红染色检测钙的沉积。用软件预测及萤光素酶报告基因实验确证 miR-342-3p 的靶基因。在细胞成骨分化过程中, 分别用慢病毒敲低及过表达靶基因后, qPCR、Western Blot、ALP 染色及茜素红染色检测 miR-342-3p 的靶基因对细胞成骨分化的作用。

**结果** miR-342-3p 在 OLF 病人的组织、血浆中和细胞成骨分化过程中表达量升高, 在 OP 病人血浆中和骨质疏松模型小鼠股骨组织中表达量减少。在 hMSCs 向成骨细胞诱导分化过程中, 沉默 miR-342-3p 后, ALP、OCN、Col1 $\alpha$ 1 和 Runx2 的表达明显减少, 钙沉积也减少; 过表达 miR-342-3p 后, 成骨分化相关基因的表达及钙沉积明显增多。软件预测及萤光素酶报告基因实验表明 miR-342-3p 可以直接结合 ATF3 的 3'UTR。在 hMSCs 向成骨细胞诱导分化过程中, 沉默 ATF3 后, 成骨分化相关基因的表达及钙沉积明显增多; 而过表达 ATF3 后, 成骨分化相关基因的表达及钙沉积明显减少。进一步实验表明, 沉默 ATF3 后再沉默 miR-342-3p, 成骨分化相关基因的表达不再减少, 说明 ATF3 介导了 miR-342-3p 的促成骨分化作用; 染色质免疫共沉淀(ChIP)实验表明 ATF3 可直接结合成骨分化相关基因的启动子区域, 从而抑制其表达。

**结论** miR-342-3p 在骨形成过程中过表达, 在 OP 中低表达; miR-342-3p 通过直接结合 ATF3 的 3'UTR, 释放其对靶基因的抑制作用, 从而促进细胞成骨分化, 为 OLF 和 OP 的诊断和治疗提供了潜在的靶标。

## PU-6941

**Absence of ocular movements and elevated bronchial branch: new symptoms of Cat eye syndrom**Liping Shen<sup>1</sup>, Yang Lu<sup>1</sup>, Jiayi Chen<sup>2</sup>, Xi Tu<sup>1</sup>, Xianping Lin<sup>3</sup>, Ruyue Lu<sup>1</sup>, Bo Shen<sup>4</sup>

1. Enze Hospital of Zhejiang Province

2. Institute of cell biology, Zhejiang University

3. Taizhou Hospital of Zhejiang Province

4. Department of Clinical Laboratory, Taizhou Hospital of Zhejiang Province, Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

**Objective** To describe a family who harbored a 1.35 kb chromosomal triplication in the distal part of the CES region in chromosome 22, manifested new clinical symptoms including deficiency ocular movements and elevated bronchial branch.

**Methods** Chromosome analysis by means of GTG banding was performed on stimulated peripheral blood cultures from the index patient and her parents with standard methods. Extraction of DNA from peripheral blood cells of the investigated family members was conducted according to standard techniques. Their genome DNA was analyzed with low-coverage massively parallel copy number variation sequencing (CNV-seq).

**Results** The karyotype revealed an extra small marker chromosome in the infant, suggestive of the diagnosis of CES. The karyotype results showed the father possesses an aberrant karyotype, i.e., 47, XY, +mar. CNV-seq have identified a partial gain of this 22q11 region with a size of approximately 1.35Mb ( chr22:17,249,959– 18,599,906 ) in the index patient and her father, which was confined to the distal part of the CES critical region . There are 11 probes specific for the location (i.e., ADA2, BID, MICAL3, CECR2, SLC25A18, IL17RA, TUBA8, XKR3, MIR648, ATP6V1E1 and PEX26) showed a gain of signal ratio, suggesting a copy number of four. The family members manifested anal atresia, preauricular tags or pits, which matched the classic phenotypes of CES, and also presented the symptoms of deficiency ocular movements and elevated bronchial branch.

**Conclusions** The evidence accumulated is strongly presumptive of a direct relation between the abnormal chromosome and the clinical symptoms (deficiency ocular movements and elevated bronchial branch) , and than may serve as a hint in the diagnosis of CES patients in future.

#### PU-6942

### 老年原发性高血压患者血清同型半胱氨酸、胱抑素 C 水平与血压类型的关系研究

葛君琍,王丽娜  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨血清同型半胱氨酸 (Hcy)、胱抑素 C (Cys-C) 与老年原发性高血压患者血压类型的关系。

**方法** 选取老年病科门诊及住院的原发性高血压老年患者 (年龄 $\geq 60$  岁) 381 例, 依据动态血压监测结果, 分成勺型组 (113 例)、非勺型组 (172 例)、反勺型组 (96 例), 全部检查生化全项, 计算体质指数, 对动态血压监测及生化检查结果进行统计分析。

**结果** 血清 Hcy 水平反勺型组 ( $31.14 \pm 14.73 \mu\text{mol/L}$ )、勺型组 ( $21.91 \pm 9.52 \mu\text{mol/L}$ )、非勺型组 ( $24.17 \pm 10.46 \mu\text{mol/L}$ ), 三组间存在统计学差异 ( $P=0.000$ ); Cys-C 水平反勺型组 ( $1.19 \pm 0.31 \text{ mg/L}$ )、勺型组 ( $0.90 \pm 0.25 \text{ mg/L}$ )、非勺型组 ( $1.12 \pm 0.27 \text{ mg/L}$ ), 三组间差别有统计学意义 ( $P=0.028$ )。经多元 Logistic 回归分析得出, 反勺型与勺型组相比, Hcy、Cys-C、FPG、TG 水平平均高于勺型组。进一步经相关分析得出 Hcy 与夜间收缩压下降率及夜间舒张压下降率成负相关 ( $r=-0.277$ 、 $-0.215$ ,  $P=0.001$ 、 $0.009$ ); Cys-C 与夜间收缩压下降率及夜间舒张压下降率亦成负相关 ( $r=-0.249$ 、 $-0.189$ ,  $P=0.002$ 、 $0.012$ )。

**结论** 老年反勺型与勺型高血压相比, 老年反勺型高血压患者的血清 Hcy、Cys-C 水平更高, Hcy、Cys-C 升高是导致老年原发性高血压患者发生心、脑、肾等靶器官并发症的重要影响因素。检测 Hcy、Cys-C 水平对老年反勺型高血压并发症风险有预测价值。

#### PU-6943

### 实验室流式细胞术检测 HLA-B27 阴阳性判读标准的建立及灰区标本的基因型分析

吴蓓颖,顾燕英,杨帆,蔡刚  
上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 本研究旨在建立符合本实验室的流式细胞术检测 HLA-B27 阴阳性判读标准, 并探讨灰区标本的特性及应对措施。

**方法** 采用美国 BD 公司的 FACS CANTO II 流式细胞仪及配套试剂检测本院门诊骨科、伤科、康复科及消化科 132 例患者 EDTA 抗凝外周血 HLA-B27 的抗原表达；并以 One lambda 公司的流式荧光微球反向序列特异性寡核苷酸（Flow-rSSO）法检测患者的 HLA-B 位点的分型。用采用 EXCEL 2016 及 SAS 9.0 统计软件进行分析。

**结果** 流式细胞术和 Flow-rSSO 检测出的阳性率分别为 18.18%和 73.48%。根据 HLA-B27 试剂盒推荐规则，灰区标本 45 例，经 Flow-rSSO 法验证后，B27 全部为阳性。经过对不同 d（即荧光强度的均值与校准磁珠中位值的差）值范围样本的基因型分析，我们设定本实验室判读规则，即  $d > 2$  均判读为阳性， $d \leq -7$  为阴性， $-7 < d \leq 2$  为弱阳性（灰区），假阴性率为 0%，假阳性率为 0%，灰区标本 B\*27 检出率为 80.6%。B27 抗原荧光强度与 HLA-B\*27 的分型类别无关，而与带有 B\*27 的个数有关，灰区标本通常带有 HLA-B\*7/37 基因型。

**结论** 进口试剂盒设置的临界标准偏高，导致将近半数的阴性标本 B27 结果判读有误，且灰区的设立对阴阳性的判定帮助不大。而拟定实验室自己的阴阳性判读规则，在保证真阳性率的同时，降低假阴性率，并且将灰区范围尽量缩小。灰区标本通常具有特殊的 HLA-B 型别，可通过 Flow-rSSO 来进一步检测，以提高 HLA-B27 的检出准确度。

## PU-6944

### AFP 与 5'-NT 联合检测对肝细胞癌的早期筛查

李慧  
宝鸡高新人民医院

**目的** 讨论血清甲胎蛋白（AFP），5'-核苷酸酶（5'-NT）二者联合检测对肝细胞癌（HCC）的早期筛查，为 HCC 筛查。

**方法** 收集 2015 年 7 月—2016 年 12 月住院患者标本 353 例，其中 HCC 患者 78 例（HCC 组），慢性肝炎患者 148 例（慢性肝炎组）、肝硬化患者 127 例（肝硬化组），同期健康体检者（对照组）100 例。分别采用电化学发光法和过氧化物酶法对上述 4 组患者血清 AFP 和 5'-NT 的含量进行定量测定，并使用 SPSS13.0 统计学软件对数据进行处理。

**结果** HCC 组血清 AFP 和 5'-NT 的浓度高于肝硬化组、慢性肝炎组和对照组（ $P < 0.05$ ）；肝硬化组血清 AFP 和 5'-NT 的浓度显于慢性肝炎组和对照组（ $P < 0.05$ ）；慢性肝炎组血清 AFP 和 5'-NT 的浓度显于对照组（ $P < 0.05$ ）。

**结论** 血清 AFP 和 5'-NT 二者联合检测对 HCC 的筛查、鉴别诊断和预后评估具有相较于单项检测具有更加理想的价值。

## PU-6945

### 降钙素原(PCT)在血培养阳性患者中的应用研究

王堃<sup>1</sup>,王惠瑜<sup>2</sup>,易斌<sup>1</sup>  
1.中南大学湘雅医院,410000  
2.中南大学湘雅医学院检验系

**目的** 分析降钙素原（PCT）、C-反应蛋白（CRP）、中性粒细胞百分比（NEU%）、中性粒淋巴细胞百分比(NLR)、红细胞平均分布宽度（RDW）、报阳时间(TTP)在血培养阳性患者中鉴别革兰阳性菌（G<sup>+</sup>）、革兰阴性菌（G<sup>-</sup>）及真菌感染的的应用价值。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年 2 月-2018 年 11 月期间 670 例血培养阳性患者和 30 例血培养阴性患者的检测结果，比较各指标在不同组别（G<sup>+</sup>菌、G<sup>-</sup>菌及真菌感染）、（感染组与非感染组）间的差异。



**结果** 感染组的 PCT、CRP、NEU%、NLR、RDW 明显高于非感染组，有统计学差异 ( $P<0.05$ )；PCT、NEU%、TTP 在 G+菌、G-菌及真菌感染组间有统计学差异 ( $P<0.05$ )，G-菌感染组的 PCT 中位数最高，报阳时间中位数最低；PCT、CRP、NLR、RDW、TTP 在病情转归好的组中低于病情转归差的组，且具有统计学差异 ( $P<0.05$ )；PCT、CRP、NEU%、NLR、RDW 在 G+菌、G-菌感染组间的临界值分别为 2.815ng/mL、116.08mg/L、84.95%、8.88、16.45%，曲线下面积分别为 0.688、0.536、0.547、0.537、0.549。PCT、CRP、NEU%、NLR、RDW 作为自变量进行二分类 Logistic 分析，只有 PCT 对鉴别 G+菌、G-菌感染有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** PCT 在鉴别 G+菌、G-菌及真菌感染上有较大的鉴别意义，TTP、NLR、RDW 对病情的预后起重要的提示作用，PCT 和 CRP、NEU%的联合分析将有利于预测病情的进展。

## PU-6946

### 宝鸡地区孕妇 TORCH 检测分析

李伟  
宝鸡高新人民医院

**目的** 为了解宝鸡地区妊娠期妇女 TORCH 的感染情况，有效预防宝鸡地区 TORCH 感染、降低先天性畸形儿出生率。

**方法** 采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 对宝鸡高新人民医院进行门诊体检的待孕或孕早期的 3348 例妇女进行了 TORCH-IgM 检测。

**结果** TORCH-IgM 总阳性率为 3.94%，其中弓形虫 (TOX) 阳性率为 0.57%，风疹病毒 (RV) 阳性率为 0.93%，巨细胞病毒 (CMV) 阳性率 1.94%，单纯疱疹病毒 II (HSV II) 阳性率 0.51%。不同季节的巨细胞病毒感染中：春季感染率为 2.12%，夏季感染率为 1.76%，秋季感染率为 1.90%，冬季感染率为 1.96%。

**结论** 宝鸡地区孕妇 TORCH 感染中主要以巨细胞病毒感染为主。在对不同季节的巨细胞病毒的感染阳性率统计中发现，巨细胞病毒感染阳性率跟季节性因素无关。孕妇应积极注意住处的卫生条件，尽量避免到人流密集处，此外应重视妇女孕前 TORCH 筛查，提高优生优育的质量。

## PU-6947

### 拉曼光谱分析技术检测结直肠癌患者血清用于预测组织病理分级

张欣慰,左铎,任丽  
天津医科大肿瘤医院

**目的** 肿瘤分期和组织病理分级对结直肠癌的诊断和预后至关重要。本研究利用表面增强拉曼光谱 (SERS) 检测 170 例结直肠癌患者血清中各类化学成分含量的差异是否与临床资料 (性别、年龄、TNM 分期、组织病理分级) 存在相关性。

**方法** 根据 TNM 分期和世界卫生组织学分级系统，收集 170 例不同 TNM 分期和组织病理分级的结直肠癌患者血清标本。根据肿瘤大小、淋巴结转移和组织学分级，利用表面增强拉曼光谱 (SERS) 检测结直肠癌患者血清中化学成分含量的差异，通过主成分分析和线性判别分析对所有结直肠癌患者血清样本的表面增强拉曼谱进行诊断和分类。

**结果** 170 例结直肠癌患者血清样品的表面增强拉曼光谱表现出明显的变化和差异，属于血清中生物分子 (核酸、蛋白质、脂质等) 的变化。根据其差异而建立的数学模型可以预测组织病理分级，准确性达 97%。

**结论** 研究表明, 利用表面增强拉曼光谱技术检测结直肠癌患者血清中化学成分含量的差异可以较准确地预测组织病理分级, 具有经济、快速、高通量等优势, 可作为非创伤性血清检测预测组织病理分级的潜在工具, 为术前评估和后续临床治疗提供帮助。

## PU-6948

### 三种结核分枝杆菌检测方法的临床应用评价

刘敏  
宝鸡高新人民医院

**目的** 利用涂片法、PCR-荧光法、T-SPOT.TB 等方法进行结核分枝杆菌的检测诊断比较, 以评价不同检测方法在结核病诊断中的临床应用价值。

**方法** 选取 62 例肺结核患者及 93 例非肺结核患者作为研究对象, 对其痰液标本分别进行涂片、PCR-荧光法, 对其血液标本进行 T-SPOT.TB 法, 观察比较三种检验方法的检验效果。

**结果** 涂片法灵敏度 20.10%, 特异度 100.00%; PCR-荧光法灵敏度 40.32%, 特异度 96.77%; T-SPOT.TB 法灵敏度 87.10%, 特异度 87.10%。

**结论** 涂片法操作简便、快速和价格便宜, 但灵敏度低, 在长时间内依然是基层医院诊断结核病的主要检测手段, 无法辨别死菌与活菌, 亦所有抗酸杆菌均可着色。PCR-荧光法具有耗时短, 有较高灵敏度及特异度, 但易受外界环境影响, 具有一定假阳性。T-SPOT.TB 法较涂片及 PCR-荧光法有较高灵敏度及特异度。

## PU-6949

### 酶活性浓度与不精密度关系的数学模型的建立与应用

袁若愚  
南通大学附属医院,226000

**目的** 建立酶测量的活性浓度与不精密度关系的数学模型, 为常规实验室评价不同浓度下测量程序的精密度提供参考。

**方法** 利用  $\gamma$ -谷氨酰基转移酶 (GGT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST)、碱性磷酸酶 (ALP) 三个项目混合血清的测量数据建立酶活性浓度与不精密度关系的数学模型, 并用本实验室临床化学测量程序的相关质控数据进行检验, 用模型估算的计算值与实验值进行比较。

**结果** 根据实验数据分析, 基于乘幂数学模型 (Horwitz 函数式) 建立本实验室 GGT、AST、ALP 三个程序的测量结果不精密度与其浓度的关系模型: 不精密度  $CV=15.18c^{-0.40}$  ( $c$  为浓度), 并用本实验室及其他实验室的质控数据检验该模型, 基于  $0.5 < H < 2$  的判断标准证实该数学模型适合本实验室, 但不一定适合其他实验室。

**结论** 基于乘幂的数学模型, 可以有效方便推算临床化学测量程序在某一浓度时的不精密度, 为更科学地评价本实验室的测量不确定度和总误差奠定了较好基础。

## PU-6950

### 心肌酶谱和心损标志物在急性心肌梗死中的应用分析

刘玮  
宝鸡高新人民医院

**目的** 研究心肌酶谱和心损标志物在急性心肌梗死 (AMI) 中的诊断价值。

**方法** 对急性心肌梗死(AMI)患者 88 例和健康体检者 70 例进行血清学测定,采用酶法测定心肌酶谱包括谷草转氨酶(AST)、乳酸脱氢酶(LDH)、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶(HBDH)、肌酸激酶(CK)、肌酸激酶同工酶(CK-MB);用化学发光法测定心损标志物包括肌红蛋白(MYO)和肌钙蛋白 I(cTnI),并进行分析比较。

**结果** 实验组血清 AST、LDH、HBDH、CK、CK-MB、MYO、cTnI 含量高于对照组,差异均有统计学意义( $P<0.05$ );实验组血清心肌酶谱的阳性率分别与 MYO 和 cTnI 相比,差异有统计学意义( $P<0.05$ );心损标志物单项检测的灵敏度、特异度和 youden 指数均高于心肌酶谱及两组联合检测,分别为 94.3%、95.7%、90.0%。

**结论** 在 AMI 的诊断中心肌酶谱测定虽具有良好的诊断价值,但没有心损标志物敏感、特异。

## PU-6951

### 精液分析的质量控制探讨

马斌

宝鸡市高新人民医院

**目的** 精液常规分析为临床诊断正常精液、少精症、弱精症、无精症等提供参考依据,是目前男性泌尿生殖系统疾病诊断、病情监测及预后判断的基础实验室指标然而,由于精液标本的特殊性以及精液分析方法学的局限性,目前多数实验室没有完整的精液分析室内质量控制程序。

**方法** 本文依据《第五版世界卫生组织人类精液检查与处理实验室手册》,从检验前(禁欲时间、标本采集运送)、检验中(液化、液化状态、精液体积、室内质量控制)、检验后过程(标本的安全处理、无精子结果的审核签发、不动精子检出的审核签发),探讨精液分析的实验室内质量控制。

**结果** 精液标本的自身特殊性决定了其在检验过程中应严格监测分析前、分析中、分析后等过程的各个环节,以保证检验报告的可靠性。精液分析的任何一个环节都会对结果产生很大的影响,每一步操作的规范化和标准化,是检验结果准确性和可重复性的保障。有些临床医生未在开出验单时向患者提供禁欲时间、采集规范、送检时间等指引,这就容易造成结果在分析前已经不准确了。在分析过程中,检验人员对精子与非精子成分的识别差异,以及对仪器使用的不同熟练程度操作,从而出现一定范围的偏差。

**结论** 建议所有开展精液分析的实验室普遍采用 WHO 推荐的标准实验室手册进行操作和开展室内质量控制。有条件的还应参与室间质评,其对于评估质量程序标准化的效果非常重要。只有做到规范化的操作和标准化的质量控制,才能保证报告的准确、可重复、可信。

## PU-6952

### 基质金属蛋白酶-9 基因多态性与肝纤维化程度的相关性研究

张绮璇,吉阳涛

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨基质金属蛋白酶-9(Matrix metalloproteinase-9, MMP-9)启动子区 1562C/T 基因多态性与肝纤维化程度之间的关系,为临床科学干预肝纤维化逆转或减缓其进程提供新思路。

**方法** 通过实时的聚合酶链式反应(Real-time Polymerase Chain Reaction, RT-PCR)循环和高分辨率熔解曲线(High Resolution Melting, HRM)分析方法检测不同肝纤维化进程患者和健康人 MMP-9 启动子区 1562C/T 基因多态性的分布频率,比较分析肝纤维化严重程度与 MMP-9 基因启动子 1562 区域基因多态性的关系

**结果** 与健康个体相比,肝病患者的 CC 基因型频率显著增加( $P < 0.05$ )。此外,与健康个体相比,肝病患者的 C 等位基因型频率显著增加( $P < 0.05$ )。然而,不同肝纤维化程度的肝病患者之间的基因型分布没有显著差异( $P > 0.05$ )。

**结论** MMP-9 启动子区 1562C/T 位点基因多态性可能与肝病患者肝纤维化严重程度存在相关性,并且 CC 基因型携带者的肝纤维化严重程度可能要高于 TT 人群和 CT 人群。

## PU-6953

### 血栓性疾病与血小板参数的相关性探讨

唐良洪  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨血小板参数与急性血栓性疾病的相关性,为血栓性疾病早期进行干预治疗提供依据。

**方法** 选取我院 2017 年 5 月至 2018 年 2 月血栓性疾病住院患者共 309 例,其中脑梗组 122 例,心肌梗组 187 例作为实验组,162 例健康体检者作为对照组,采用同一血细胞分析仪分别对两组患者进行血小板计数(PLT)、血小板体积(MPV)、血小板分布宽度(PDW)和大型血小板比率 L-LCR 4 项指标进行回顾性分析,并与对照组的血小板参数进行统计分析。

**结果** 急性心肌梗死和脑梗组与对照组相比 PLT、PCT 差别没有统计学意义( $P > 0.05$ ),而 MPV、PDW 明显大于正常对照组( $P < 0.05$ )。L-LCR 也大于正常对照组( $P < 0.05$ )有统计学意义。

**结论** 血小板平均体积、血小板分布宽度和大型血小板比率在血栓前状态中有一定的临床意义,对判断冠心病的发生及预后有一定的临床价值,PLT 的变化则可提示急性血栓性的病程。二者存在一定的相关性。

## PU-6954

### B 型尿钠肽在心力衰竭诊断中的应用

杨亚琼  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨 B 型尿钠肽在心力衰竭诊断中的应用价值。

**方法** 收集 2017 年 10 月份到 2018 年 2 月份宝鸡高新人民医院心血管病区收治的心力衰竭的住院患者 86 例作为病例组,该医院体检中心健康体检者 86 例作为正常对照组,采用雅培 i4000SR 测定 B 型尿钠肽,比较分析病例组与对照组之间的差异。将实验组中 86 例心衰患者按心功能分级进行分组,其中将心功能 I 级与心功能 II 级作为心功能轻度受损组有 45 例,心功能 III 级与心功能 IV 级作为心功能严重受损组有 41 例,两组之间进行比较分析。

**结果** 1)与对照组相比较,心衰组 B 型尿钠肽的血浆表达水平为( $871.5 \pm 300.2$ ) pg/ml,对照组的 B 型尿钠肽的血浆表达水平为( $84.5 \pm 28.6$ ) pg/ml,差异具有统计学意义( $P < 0.05$ ); 2)按照心功能分级,心功能轻度受损组 B 型尿钠肽的血浆表达水平为( $794.62 \pm 246.5$ ) pg/ml,心功能严重受损组 B 型尿钠肽的血浆表达水平为( $1294.62 \pm 382.5$ ) pg/ml,差异具有统计学意义( $P < 0.05$ )。

**结论** B 型尿钠肽可在一定程度上反映心力衰竭的严重程度,可为心力衰竭的临床诊断与治疗提供重要的参考依据。

PU-6955

## 三种方法检测乙肝表面抗原的结果分析

杨涛  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨三种方法对乙肝表面抗原的定性和定量检测的结果并进行对比分析。

**方法** 采用临床上常用的胶体金方法、酶联免疫吸附实验法(ELISA法)、化学发光微粒子免疫分析法对我院 200 例标本进行乙肝表面抗原检测,分别计算 ELISA 法、化学发光法、胶体金法检测结果的阳性率、灵敏度和特异度。

**结果** 化学发光方法检测乙肝表面抗原的阳性率、灵敏度和特异度高于 ELISA 法和胶体金法。

**结论** 化学发光法检测乙肝病毒标志物特异性强、灵敏度高,具有很高的临床应用价值。

PU-6956

## 降钙素原(PCT)在糖尿病足感染中诊断与治疗作用的研究进展

王堃<sup>1</sup>,王惠瑜<sup>2</sup>  
1.中南大学湘雅医院,410000  
2.中南大学湘雅医学院检验系

**目的** 糖尿病足(diabetic foot,DF)是指糖尿病患者由于合并神经病变及各种不同程度末梢血管病变而导致下肢感染、溃疡形成和(或)深部组织的破坏。糖尿病足溃疡(diabetic foot ulcer,DFU)造成极高的发病率和死亡率。糖尿病足感染常见的病原菌为金葡菌、链球菌、大肠埃希菌、克雷伯杆菌、铜绿杆菌、厌氧菌、真菌等,最后往往导致截肢。

**方法** 降钙素原(Procalcitonin, PCT)作为一种新的炎症指标,近年来备受关注,不同于以往的一些炎症指标,如 C 反应蛋白、血沉、白细胞计数等, PCT 具有较高的敏感性与特异性,且不受机体免疫力受损或病毒侵袭的影响,能在早期鉴别细菌与非细菌感染,是感染性疾病良好的筛查指标,也是不同病原菌感染的鉴别指标。

**结果** PCT 的早期浓度在指导抗生素治疗上有重大意义,通过动态检测 PCT 的变化可以使抗生素治疗时间缩短,在早期停止抗生素治疗,从而避免细菌耐药性的出现、降低死亡率和反复感染治疗失败等风险。但是利用 PCT 进行抗生素指导治疗仍缺乏较大样本数据的支持,故仍需进一步的研究,且单独使用降钙素原进行疾病的诊治能有较大的局限性,与其他生物标志物的联合使用将是未来发展的方向。

**结论** 本文就 PCT 在糖尿病足感染中诊断与治疗作用的研究进展做一综述。

PU-6957

## MSM 人群 HIV 感染者早期抗病毒治疗效果的前瞻性队列研究

胡清海,徐俊杰,尚红  
中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 我国男男性行为人群(men who have sex with men, MSM)在历年报告 HIV/AIDS 病例中所占比例逐年增加,系统评估反转录病毒治疗(Antiretroviral Therapy, ART)对 MSM 人群 HIV 早期感染者的行为学、病毒学等方面的影响十分必要。

**方法** 研究对象为 2008-2016 年通过 HIV 阴性 MSM 队列发现的早期感染者(early HIV infection,EHI)。根据 ART 开始时间将其分为早期 ART 组、标准 ART 组和未治疗组。对其进行随访调查和行为干预,获得性行为和安全套使用,以及病毒学特征和现症梅毒感染情况。评估基于早期 ART 的综合干预对 EHI 的无保护肛交性行为、队列保持、病毒控制及梅毒感染的影响。

**结果** 共招募并随访了 210 名 EHI,早期 ART 组、标准 ART 组和未治疗组分别占 41.90%、25.24%和 32.86%。早期 ART 组在感染 12 个月、24 个月时的 UAI 比例显著低于标准 ART 组和未治疗组( $P<0.05$ )。早期 ART 组和标准 ART 组病人随访率分别为 90.54%和 91.26%,显著高于未治疗组 69.09%( $P<0.001$ )。早期 ART 组治疗后 VL 显著降低到 6 个月 2.60 log 和 9 个月 1.16 log, 9-60 个月稳定在 1 个 log 左右。未治疗组 VL 稳定在 4 个 log 水平。标准 ART 组在治疗后 VL 亦快速下降。全部病人基线现症梅毒阳性率为 16.90%,随随访时间逐渐上升并稳定在 30%上下。年龄 $\geq 35$  岁(VS.年龄 $\leq 24$  岁,  $aOR=2.96$ , 95%CI: 1.16~7.51)、学生(VS.有固定工作,  $aOR=0.15$ , 95%CI: 0.04~0.61)、互联网寻找性伴(VS.公园/浴池寻找性伴,  $aOR=0.08$ , 95%CI: 0.02~0.28)及早期 ART(VS.未治疗,  $aOR=0.26$ , 95%CI: 0.13-0.53)与现症梅毒感染显著相关( $P<0.05$ )。早期 ART 组在随访 24-60 个月内无现症梅毒新感染,标准 ART 组(vs.未治疗,  $aOR=0.33$ , 95%CI: 0.13~0.83)与现症梅毒阳转显著相关( $P<0.05$ )。

**结论** 早期 ART 有很好的治疗效果。相对于标准 ART 和未治疗组,早期 ART 有更低的 VL 水平、现症梅毒感染率和队列保持率。

## PU-6958

### 乙型肝炎患者 HBV-DNA 与血清标志物联合检测

倪琼  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨乙型肝炎患者 HBV-DNA 定量与血清标志物联合检测。

**方法** HBV-DNA 定量采用荧光定量 PCR (FQPCR)检测,血清标志物采用 ELISA 方法检测。

**结果** HBsAg、HBeAg、抗-HBc 标志物阳性的 HBV-DNA 检验率最高,HBsAg、抗-HBc 次之,抗-HBc 最低。

**结论** 乙型肝炎患者 HBV-DNA 与血清标志物联合检测是评价抗病毒或免疫增强药物疗效的最客观的指标。

## PU-6959

### 常用肿瘤标志物在肺癌患者预后中的价值

顾建美,林兰,陈健,吴晓燕,张金业  
南通市肿瘤医院/南通市第五人民医院,226000

**目的** 探讨可手术肺癌患者的癌胚抗原(CEA)、糖类抗原 125(CA125)、细胞角蛋白片段 19(CYFRA21-1)、鳞状上皮细胞癌抗原(SCC-Ag)四种肿瘤标志物的检测结果在肺癌预后判断中的价值。

**方法** 选取本院 2015 年 1 月到 2016 年 8 月收治的 60 例可手术肺癌患者,其中有 34 例肺癌患者在术前抽血检验了 CEA、CA125、CYFRA21-1 和 SCC-Ag 四种肺相关肿瘤标志物,对所有研究对象的生存时间进行电话随访结合患者血清 CEA、CA125、CYFRA21-1、SCC-Ag 的检测结果,评估这四种肿瘤标志物对肺癌严重程度的预测和预后判断的价值。

**结果** 全部 34 例肺癌患者中, 比较 CEA 阳性组和 CEA 阴性组患者的生存差异发现无统计学意义 ( $P>0.05$ ); CA125、CYFRA21-1、SCC-Ag 阳性组和阴性组患者的生存差异均有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 同时肿瘤标志物阳性也与淋巴结转移具有一定的相关性。

**结论** 联合检测 CEA、CA125、CYFRA21-1、SCC-Ag 在可手术肺癌患者的预后及淋巴结是否有转移有重要预测价值。

## PU-6960

### 胱抑素 C、肌酐及尿素氮在肾病诊断中的临床意义

赵多祥

宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨胱抑素 C (CysC) 与肌酐 (Cr) 及尿素氮 (BUN) 在肾病诊断中的临床意义。

**方法** 检测 100 例肾功能损害患者及 100 例正常对照血清中 CysC、Cr、BUN 水平, 并进行统计学分析。

**结果** 肾功能损害组的 CysC、Cr、BUN 均高于对照组 ( $P<0.01$ ), 通过阳性率比较, Cys C 的阳性率明显高于其 Cr、BUN 的阳性率 ( $P<0.01$ )。

**结论** 肾功能损害时, CysC、Cr、BUN 水平均有不同程度升高, 但 Cys C 的敏感性高于 Cr 和 BUN, 可作为肾小球滤过功能损害的早期诊断指标。

## PU-6961

### 探究不同血液检验指标在冠心病诊断中的临床应用

洪求义

厦门医学院附属第二医院

**目的** 探讨不同血液检验指标在冠心病临床诊断中的应用效果。

**方法** 选取 2018 年 2 月—2019 年 3 月期间来我院就诊的冠心病患者 69 例作为冠心病组, 同时选取同期在我院进行健康体检的健康自愿者 70 例作为健康组。分别采集冠心病组和健康组研究对象的清晨空腹 EDTA 抗凝血和凝固血, 血量为 2ml, 在采集完成后 2h 之内, 使用全自动血细胞分析仪对其红细胞参数与血小板参数进行检测, 使用全自动免疫分仪对其心肌标志物浓度进行检测。

**结果** 冠心病组研究对象的 RDW 显著高于健康组, 比较差异均具有统计学意义,  $P<0.05$ 。但两组研究对象的 PDW、PLT、PCT、MPV 均相当, 比较差异不具有统计学意义,  $P>0.05$ 。冠心病组研究对象的 cTnI、hs-CTnT、CK-MB、cTn-T 检测值, 均显著高于健康组, 比较差异均具有统计学意义,  $P<0.05$ 。

**结论** 冠心病患者的 RDW、cTnI、hs-CTnT、CK-MB、cTn-T 等血液检验指标值, 均要显著高于健康人者, 且差异明显, 因此临床可将以上血液检验指标值作为冠心病患者临床诊断的一项重要依据。

## PU-6962

## 尿液干化学分析、尿沉渣分析和镜检联合检测的重要性

闫静  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨镜检和尿液干化学分 62，假阴性率为 20%。白细胞镜检阳性数为 45，假阴性率约为 15%。红细胞 UF-1000 阳性数为 35，假阴性率为 12%。红细胞镜检阳性数为 24，假阴性率约 8%。

**方法** 对我院门诊及住院病人新鲜晨尿 300 例尿液分析测定红细胞、白细胞均阴性标本进行尿沉渣分析和显微镜镜检。

**结果** 300 例干化学检测阴性标本中，白细胞 UF-1000 阳性数为自动分析仪检测出现全阴结果时，为了不出现漏诊和误诊，实验室应全部进行尿液沉渣分析或显微镜检查。

**结论** 尿液干化学分析仪必须和尿沉渣分析、镜检联合检测，才能最大限度的控制漏检、误诊。

## PU-6963

## 尿液干化学分析仪与显微镜镜检测定尿中红细胞结果的比较

王妙佳  
宝鸡高新人民医院

**目的** 比较尿液干化学分析仪与显微镜镜检测定尿中红细胞的结果，探讨尿液干化学分析后进行尿沉渣镜检的必要性。

**方法** 对 100 例来我院进行健康体检客户的随机尿液标本分别进行尿液干化学分析仪和显微镜检查。分析和比较两种检测方法的检测结果，以显微镜镜检结果作为检测尿中红细胞的“金标准”。

**结果** 尿液干化学分析仪红细胞检测结果的灵敏度为 97.91%，特异性为 90.80%，阳性符合率 90.70%，假阴性率为 2.07%，阴性符合率为 97.93%，假阳性率为 9.30% ( $\chi^2=36.8$ ,  $\chi^2 > \chi^2_{0.05, 4}$ , 则  $P < 0.05$ , 在  $\alpha=0.05$  检验水准下，拒绝  $H_0$ ，认为尿液干化学分析仪与显微镜镜检测定尿中红细胞结果的差异有统计学意义)。

**结论** 尿液干化学分析仪检测尿中红细胞快速简便，敏感度、特异度、阴性符合率均较高，但假阳性率也较高，只能作为过筛试验，不能完全取代显微镜检查，必须两者有机结合起来，这样既能提高工作效率，又能保证检验质量，避免误诊和漏诊，从而给临床提供准确的检验结果。

## PU-6964

## PCT 和 hs-CRP 检测在新生儿败血症诊断中临床应用价值

王晔  
宝鸡高新人民医院

**目的** 探讨血清降钙素原 (PCT) 和超敏 C-反应蛋白 (hs-CRP) 检测在新生儿败血症诊断中临床应用价值。



**方法** 选择符合新生儿败血症诊断标准的患儿 60 例（实验组），同期非败血症患儿 30 例（对照组），分别采用电化学发光法和散射比浊法测定两组患儿血清 PCT、hs-CRP 含量，在未用抗生素前送检血培养。

**结果** 败血症组治疗前 PCT、hs-CRP 水平均明显高于对照组，差异比较有统计学意义（ $P<0.05$ ），PCT、hs-CRP 诊断指数为 91.7%、78.3%。

**结论** 检测 PCT 可为早期诊断新生儿败血症提供快速、准确的指标，为临床提供诊断依据。

## PU-6965

### 适形放疗食管癌患者细胞免疫功能检测的临床价值

林兰

南通市肿瘤医院/南通市第五人民医院,226000

**目的** 研究适形放疗对食管癌患者细胞免疫功能的影响。

**方法** 采用 FACSCalibur 流式细胞仪检测本院 100 例食管癌患者普通放疗前后（对照组）和 100 例食管癌患者适形放疗前后（实验组）外周血自然杀伤（NK）细胞活性、T 淋巴细胞亚群（CD3+、CD4+、CD8+）、CD4+/CD8+、B 淋巴细胞（CD19+）和 NK 淋巴细胞（CD16+、CD56+）的情况。

**结果** 1、治疗前，两组患者均处于免疫抑制状态；2、常规放疗后 CD8<sup>+</sup>细胞和 NK 淋巴细胞百分数较放疗前轻微增加，其他检测指标较放疗前均略下降，差异无显著（ $p>0.05$ ）3、适形放疗后 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、NK 淋巴细胞百分数、CD4+/CD8+值明显提高，并明显高于治疗前和对照组的水平（ $P<0.05$ ）。

**结论** 肿瘤患者放疗前就存在免疫功能低下，放疗实施会进一步加重免疫抑制，但适形放疗较普通放疗对免疫功能抑制相对要轻，因而适宜临床推广应用。

## PU-6966

### 黄疸血标本对部分生化检测项目影响的研究进展

陈洋利,刘志贤

湖南省湘潭市一医院

**目的** 高胆红素会对部分生化项目的检测结果造成不同程度的干扰，从而影响临床的诊断、治疗及病情观察，目前消除其干扰的方法很多，但均存在一定的局限性。本文综述了胆红素理化性质、高胆红素血的成因及干扰机制、常见消除高胆红素干扰的方法及血清稀释法消除高胆红素对部分生化项目检测结果干扰的方法。

**方法** 高胆红素会对部分生化项目的检测结果造成不同程度的干扰，从而影响临床的诊断、治疗及病情观察，目前消除其干扰的方法很多，但均存在一定的局限性。本文综述了胆红素理化性质、高胆红素血的成因及干扰机制、常见消除高胆红素干扰的方法及血清稀释法消除高胆红素对部分生化项目检测结果干扰的方法。

**结果** 提出一种具有现实应用价值的方法，旨在提高检验准确度，满足临床精准诊疗的需求。

**结论** 新方法有望成为消除黄疸血标本对生化检测项目影响的优选方法，有巨大的开发潜能和推广价值。

PU-6967

## 深圳市罗湖区 $\alpha$ -地中海贫血基因分析

李瑞

深圳市罗湖医院集团医学中心

**目的** 统计分析深圳市罗湖医院集团 2017 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 15 日进行地贫基因检测的病例，分析  $\alpha$ -地中海贫血基因型分布特点，及其血红蛋白电泳、红细胞平均体积的临床特征。

**方法** 2017 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 15 日在罗湖医院集团进行地贫基因检测的患者 16736 例，分别采集研究对象肝素抗凝血、EDTA 抗凝血 2ml，采用 SebiaCapillarys 2 Flex Piercing 毛细管电泳仪检测血红蛋白 A、F、A2 和异常带，采用深圳亚能技术公司的地贫基因诊断试剂盒检测缺失型和非缺失型  $\alpha$  地贫基因和  $\beta$  地贫基因。

**结果** 2017 年 1 月 1 日至 2019 年 3 月 15 日共进行地中海贫血基因检测（ $\alpha$  地贫基因缺失型、非缺失型， $\beta$  地贫基因）16736 例，其中  $\alpha$  地贫阳性率 17.57%，检出  $\alpha$  地贫纯合子 12 例， $\alpha$  地贫分型中—SEA/ $\alpha\alpha$  检出率最高，为 61.63%。 $\alpha$  地贫基因突变型  $\alpha^{QS}\alpha/\alpha\alpha$  血红蛋白 A2 平均值  $2.65\pm0.17$ ，MCV  $72.9\pm5.46$ ； $\alpha^{WS}\alpha/\alpha\alpha$  血红蛋白 A2 平均值  $2.74\pm0.26$ ，MCV  $83.51\pm4.91$ 。

**结论**  $\alpha$  地贫基因突变型  $\alpha^{QS}\alpha/\alpha\alpha$ ， $\alpha^{WS}\alpha/\alpha\alpha$  血红蛋白电泳和血常规筛查难以发现异常，需依靠地贫基因检测确诊。

PU-6968

## 血液分离碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌耐药机制及同源性研究

李军

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探究血流感染碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌(Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae*, CRKP)的耐药情况、耐药机制及同源性，以指导临床合理使用抗菌药物。

**方法** 收集某院 2015 年~2017 临床分离自血液标本的非重复性 CRKP，拉丝试验筛查高毒力肺炎克雷伯菌。改良碳青霉烯灭活法(mCIM)检测碳青霉烯酶表型，PCR 法检测血清型基因(K1、K2、K20、K54 等)及碳青霉烯酶基因( $bla_{KPC}$ 、 $bla_{IMP}$ 、 $bla_{VIM}$ 、 $bla_{NDM}$ 、 $bla_{OXA-48}$  等)，rep-PCR 分析同源性。

**结果** 共收集到 46 株 CRKP，主要来源于 ICU (43.5%)。CRKP 除对复方新诺明和替加环素有较高的敏感性外，对其余抗菌药物的耐药率均大于 60.0%。mCIM 试验阳性率为 93.5%。 $bla_{KPC}$ 、 $bla_{IMP}$ 、 $bla_{NDM}$ 、 $bla_{VIM}$  基因阳性，检出率依次为 65.2%、13.0%、10.9%、4.4%。1 株同时携带  $bla_{KPC}$ 、 $bla_{IMP}$ ，1 株同时携带  $bla_{KPC}$ 、 $bla_{VIM}$ ，1 株同时携带  $bla_{IMP}$ 、 $bla_{NDM}$ ，1 株同时携带  $bla_{IMP}$ 、 $bla_{VIM}$ 。4 种血清型基因被检出，K1、K2、K20、K54 的检出率分别为 4.4%、4.4%、4.4%、2.2%。rep-PCR 结果显示 46 株 CRKP 分为 A~F 6 个型，以 A 型为主(80.5%)，主要分布于 ICU。值得注意的是，其中 1 株 CRKP 被鉴定为碳青霉烯类耐药高毒力肺炎克雷伯菌(carbapenem-resistant hypervirulent *K. pneumoniae*, CR-hvKP)，血清型基因为 K2。

**结论** 本院血液分离 CRKP 的耐药性已十分严重，与其携带  $bla_{KPC}$ 、 $bla_{IMP}$ 、 $bla_{NDM}$  密切相关，且可能存在克隆性传播。同时，临床已分离出 CR-hvKP。因此，应该引起高度重视。

PU-6969

## 微生物、PCR 实验室生物安全管理

王晓玲<sup>1</sup>,任建平<sup>2</sup>

1.山西省中医院

2.山西省中医院

**目的** 为保证检验科实验室生物安全,避免病原微生物对工作人员和相关人员的危害、对环境的污染和对公众的伤害,为保证实验研究的科学性 & 免受实验因子的污染,需要进一步加强微生物、PCR 实验室的生物安全管理,从多方面入手,彻底杜绝实验室污染事件。作为检验科,在实际工作中,我们不仅要认真学习借鉴这些条例、办法,更要从理念上真正重视生物安全问题,认识到目前我们的不足,找到可行的解决办法,采取有力的措施,在处理日常标本的过程中,严格遵守病原微生物操作规范,杜绝任何威胁生命安全的事件发生。

**方法** 1、结合自身情况,制定检验科微生物、PCR 室生物安全制度。2、对于进修、实习人员进行生物安全知识岗前培训,对于日常工作人员定期作生物安全相关指导及健康检测。3、加强硬件设施建设以及试剂耗材的管理。4、制定意外事故应对方案和应急程序。5、做好各项记录,并备案。6、建立长期、有效的监督体系。

**结果** 通过积极采取以上措施,监督实施,可以很大程度上减少实验室生物安全风险,避免因实验室生物安全问题引发的各种伤害。

**结论** 实验室生物安全管理需要实验室负责人高度重视,结合自身实验室实际情况,提出切实有效的解决方案,从制度、培训、管理、流程等方面入手,并监督实施。

PU-6970

## 巨淀粉酶血症一例

许冬,关杰,逢璐,金博,焦莉莉,李海霞

北京大学第一医院,100000

**目的** 患者持续背部紧缩感、腹痛,与进食无关,血淀粉酶明显升高,血脂肪酶正常,尿淀粉酶正常,影像学检查未见胰腺形态异常,高度怀疑为巨淀粉酶血症。为验证该患者是否为巨淀粉酶血症,本文从实验室检查方面提供了证据。

**方法** 通过测定血淀粉酶、血肌酐及尿淀粉酶、尿肌酐,计算淀粉酶清除率(Cam)/肌酐清除率(Ccr)比值,并结合聚乙二醇(PEG)沉淀活性测定证实巨淀粉酶的存在。

**结果** 该患者淀粉酶清除率(Cam)/肌酐清除率(Ccr)比值为 0.23%<1%,符合巨淀粉酶血症诊断。与健康对照(12.44%)、急性胰腺炎(23.69%)、非急性胰腺炎患者(11.08%)相比,该患者经聚乙二醇沉淀后淀粉酶活性下降了 68.04%,虽未达到文献中报道的大于 73%,但与对照组相比,淀粉酶活性也有明显的下降。

**结论** 综合该病人的临床表现、影像学检查结果,结合淀粉酶清除率(Cam)/肌酐清除率(Ccr)比值及聚乙二醇沉淀后活性下降比例,认为该病人血淀粉酶的异常增高是由巨淀粉酶血症引起。

PU-6971

## 某地区 2 型糖尿病患者血清 25-羟维生素 D 浓度的调查研究

陈洋利,刘志贤  
湖南省湘潭市一医院

**目的** 调查湖南省湘潭地区 2 型糖尿病 (type 2 diabetes mellitus, T2DM) 患者血清 25-羟维生素 D (25(OH)D) 浓度, 评估 T2DM 患者的 25(OH)D 水平与年龄、性别、病程及糖化血红蛋白的相关性, 并探究周围神经病变 (diabetic peripheral neuropathy, DPN) 的危险因素。

**方法** 选取本院收治的 210 例 T2DM 患者为研究对象, 分析并评估本地区秋冬季不同年龄、性别、病程、HbA1c 水平的 T2DM 患者血清 25(OH)D 浓度及其相关性。采用 Logistic 多元回归分析 T2DM 患者周围神经病变的危险因素。

**结果** (1) 210 例 T2DM 患者血清 25(OH)D 浓度为 $(17.98 \pm 6.40)$  ng/ml, 缺乏率为 66.2%; 男性的 25(OH)D 水平较女性的高, 差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); (2) Pearson 相关性分析发现, 2 型糖尿病患者的年龄、病程、HbA1c 与 25(OH)D 水平有直线相关关系 ( $P$  均  $< 0.005$ );

(3) Logistic 多元回归分析结果发现, 年龄、病程、25(OH)D 浓度是 T2DM 患者发生周围神经病变的主要危险因素 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 2 型糖尿病患者中普遍存在维生素 D 缺乏, 尤其是女性病程长者, 需加强秋冬季维生素 D 的检测和补充; 2 型糖尿病患者的年龄、病程、HbA1c 与 25(OH)D 水平呈负相关; 年龄、病程、25(OH)D 浓度是 DPN 的危险因素。

PU-6972

## Emergence of blaNDM-5 co-harbours blaOXA-320, blaCTX-M-15, blaCMY-2, blaCMY-62 and aac(6')-Ib-cr genes Escherichia coli sequence type 692 clone in infants in China

Jun Li  
Department of Clinical Laboratory, Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The NDM-producing Enterobacteriaceae has become a challenging threat to public health. However, NDM-5-producing *Escherichia coli* in infants are extremely rare. In this study, we first report NDM-5-producing *E. coli* ST692 clone dissemination in infants, in China.

**Methods** MICs were determined by broth microdilution method. The carbapenemase type was identified by both phenotypic and genotypic methods. Next-generation sequencing (NGS) was used to obtain the other resistance determinants genes. Isolate genotypes were investigated by multilocus sequence typing (MLST) and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE).

**Results** These eight *E. coli* isolates were resistant to the most of antibacterial drugs detected, except for amikacin and tigecycline. Isolates (EC3, EC30, EC10 and EC20) were co-carried with bla<sub>TEM-1</sub>, bla<sub>CTX-M-15</sub>, aac(6')-Ib-cr, bla<sub>CMY-2</sub>, bla<sub>CMY-62</sub>, bla<sub>OXA-320</sub>. Furthermore, EC18 isolate had APH(3'')-Ib and APH(6)-Id. EC7 and EC8 were co-carried with bla<sub>TEM-1</sub>, bla<sub>SHV-1</sub>, bla<sub>CTX-M-15</sub>, bla<sub>OXA-320</sub>, aac(6')-Ib-cr, AAC(3)-IIa, APH(3'')-Ib and APH(6)-Id. EC27 had bla<sub>NDM-5</sub>, bla<sub>CTX-M-113</sub>, bla<sub>CMY-42</sub>, AAC(3)-IIa, APH(3'')-Ia and APH(3'')-Ib. Eight *E. coli* isolates were yielded 3 PFGE patterns (type A-C), of which 5 strains had the identical PFGE pattern (type A) and belonged to ST629. Two isolates (EC7 and EC8) had the same PFGE pattern and belonged to ST . Type C was only one isolate (EC27) and belonged to ST833.

**Conclusions** The present data in this study showed NDM-5-producing *E. coli* strains were clone dissemination of blaNDM-5 in infants. Close surveillance is urgently needed to monitor the further dissemination of NDM-5-producing isolates.

PU-6973

## PKR 调节炎症的研究进展

骆杰,刘彦虹

哈尔滨医科大学附属第二医院,150000

**目的** 双链 RNA 依赖性蛋白激酶 (double-stranded RNA-dependent protein kinase, PKR) 是一种机体内普遍表达的丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶。

**方法** PKR 通过调节细胞焦亡 (pyroptosis)、细胞凋亡 (apoptosis) 和细胞自噬 (autophagy) 等途径调控炎症反应和免疫功能, 其调节的细胞凋亡和细胞自噬之间的平衡更影响着天然和适应性免疫细胞的炎症应答, 当平衡被打破时, PKR 可通过细胞焦亡促进炎症反应。炎症过程是由多种蛋白质组成的胞内复合物即炎性体 (inflammasome) 介导。炎性体能够调节胱冬肽酶-1 (caspase-1) 的活化进而在天然免疫防御过程中促使细胞因子前白细胞介素-1 $\beta$  (pro-Interleukin-1 $\beta$ , pro-IL-1 $\beta$ ) 和 pro-IL-18 的切割成熟, 并诱导细胞在炎性和应激的病理条件下发生细胞焦亡。

**结果** 在细胞因子、病原微生物和 DNA 损伤作用下, 活化的 PKR 可通过丝裂原活化蛋白激酶 (mitogen-activated protein kinases, MAPKs) 干扰素调节因子 3 (interferon regulatory factor 3, IRF-3) 和核因子  $\kappa$ B (nuclear factor  $\kappa$ B, NF- $\kappa$ B) 相关途径活化炎性体进而调节炎症反应。

**结论** 炎性体的组装依赖于 NOD 样受体家族 (NOD-like receptor, NLR) 成员以及 pyrin-HIN 结构域 (pyrin domain-HIN domain-Containing, PYHIN) 家族成员, 包括: NLRP1、NLRP3、NLRC4、NLRP6、NLRP12、AIM2 和 IFI16。研究显示活化的 PKR 可以与 NLRP1、NLRP3、NLRC4 和 AIM2 结合从而激活 caspase-1 促进炎症因子 IL-1 $\beta$  和 IL-18 的释放。另有研究表明活化的 PKR 抑制炎性体从而抑制炎症反应, 这可能与 PKR 结构及其介导的细胞凋亡有关。本文将回顾近期 PKR 与炎症的相关研究报道, 分析探讨 PKR 对炎症的调节作用。进一步解释 PKR 的调节机制, 可为 PKR 依赖的炎症信号通路提供新的思路。

PU-6974

## 川东北地区某三甲医院 POCT 血糖仪应用现状的分析

王黎,郭斌,刘素兰,黄光成

川北医学院附属医院,637000

**目的** 通过 POCT 血糖仪与生化分析仪结果的比对, 观察分析院内 POCT 血糖仪应用现状, 发现 POCT 血糖仪临床应用和质量管理中的存在的问题, 为院内 POCT 质量管理提供策略。

**方法** 对本院现用两个品牌(A 和 B)共 120 台血糖分析仪与全自动生化分析仪 AU5800 进行检测结果比对分析。分别用贝克曼 AU5800 全自动生化仪和 POCT 血糖仪测定血糖浓度分布范围为 1.1~27.7mmol/L 的 10 份新鲜肝素抗凝静脉血, 分析 POCT 血糖仪检测结果的精密度及其与全自动生化分析仪检测结果符合性。

**结果** 两种品牌血糖分析仪检测血糖浓度 $<5.5$ mM 标本时均  $SD<4.2$ mM, 而检测血糖浓度 $\geq 5.5$ mM 标本时均  $CV<7.5\%$ , 提示两种品牌血糖仪均具有良好的测定精密度; 血糖仪与全自动生化分析仪比对结果相关系数  $r>0.98$ , 提示检测结果相关性好; 品牌 A 和 B 血糖仪检测血糖浓度 $<5.5$ mM 标本时, 在 $\pm 0.83$ mM 范围内的结果分别占 69%和 90%, 在检测血糖浓度 $\geq 5.5$ mM 标本时, 差异在 $\pm 15\%$ 范围内结果分别占 77%和 90%; 品牌 A 和品牌 B 的比对通过率分别为 75%、93%。

**结论** 两种品牌 POCT 血糖仪中 B 品牌具有更好的检测精密度和准确度,但仍未达到卫生部关于医疗机构 POCT 血糖仪的质量要求标准,表明本院在 POCT 血糖仪使用中的临床应用和质量管理方面仍有较多地方需要完善,结合比对过程中发现的问题提出解决方案,为完善 POCT 血糖仪的检测质量管理提供策略。

PU-6975

## Isolation and Characterization of a Sequence Type 25 Carbapenem-resistant Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* from the Mid-south Region of China

jun li

Department of Clinical Laboratory, Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** The molecular characterization of carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (CR-hvKP) isolates is not well studied. Our goal was to investigate the molecular epidemiology of CR-hvKP strains that were isolated from a Chinese hospital.

**Methods** All clinical carbapenem-resistant *K. pneumoniae* (CR-KP) isolates were collected and identified from patient samples from China. The samples were subjected to screening for CR-hvKP by string test and the detection of the aerobactin gene. CR-hvKP isolates were further confirmed through neutrophil phagocytosis and a mice lethality assay. The CR-hvKP isolates were investigated for their capsular genotyping, virulence gene profiles, and the expression of carbapenemase genes by PCR and DNA sequencing. Multilocus sequence type (MLST) and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) were performed to exclude the homology of these isolates.

**Results** 20 strains were identified as CR-hvKP. These strains were resistant to imipenem and several other antibiotics, however, most were susceptible to amikacin. Notably, two isolates were not susceptible to tigecycline. Capsular polysaccharide synthesis genotyping revealed that 17 of the 20 CR-hvKP strains belonged to the K2 serotype, while the others belonged to a non-typable serotype. The strains were found to be positive for 10 types of virulence genes and a variety of these genes coexisted in the same strain. Two carbapenemase genes were identified: bla<sub>KPC-2</sub> (13/20) and bla<sub>NDM-1</sub> (1/20). PFGE typing revealed eight clusters comprising isolates that belonged to MLST types ST25, ST11 and ST375, respectively. PFGE cluster A was identified as the main cluster, which included 11 isolates that belong to ST25 and mainly from ICU department.

**Conclusions** Our findings suggest that hospital-acquired infections may contribute in part to the CR-hvKP strains identified in this study. It also suggests that ST25 CR-hvKP strain has a clonal distribution in our hospital. Therefore, effective surveillance and strict infection control strategies should be implemented to prevent outbreak by CR-hvKP strains in hospitals setting.

PU-6976

## 自噬在肿瘤中的双重作用

吴琼

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 自噬是细胞质中物质,受损细胞器和易聚集蛋白等在溶酶体中降解的一种机制,近来的研究表明自噬是一种抑瘤机制,它和 p62 的清除有关,能阻止氧化应激反应和基因的不稳定性,同时,自噬是也是一种促瘤机制,癌细胞可以在营养缺乏或低氧的情况下,通过自噬获得一定的能量和物质得以继续生存。研究还表明抑制自噬可以加强放化疗对肿瘤细胞的杀伤力。因而,自噬在肿瘤中

的作用十分重要，本文主要综述近年来关于自噬在肿瘤中研究进展，旨在为自噬的研究提供一定的参考。

**方法** 收集 43 篇文献进行研究，分析其自噬在肿瘤的双重作用

**结果** 自噬既能抑制肿瘤的生长与转移，也能促进肿瘤的生长与转移。

**结论** 综上所述，自噬在肿瘤中的作用是复杂的，它既能抑制肿瘤生长，又能促进肿瘤生长，还能促进治疗抵抗。目前，虽然自噬在肿瘤中的具体作用机制尚不明确。但其在肿瘤中的研究将越来越引起重视，其研究成果也将在肿瘤的临床诊断和治疗中广泛应用。

## PU-6977

### AR-V7 的检测手段在去势抵抗性前列腺癌中的研究进展.

尹冶,王玉明  
昆明医科大学

PSA 是公认诊断前列腺癌的血清标记物，但它无法解释内分泌治疗的去势抵抗，评估病情进展和预后的特异性及灵敏度也不足。雄激素受体剪切变异体 7 (androgen receptor splice variants 7, AR-V7) 在去势抵抗机制中扮演着至关重要的角色，研究已证明其作为新型生物标记物在前列腺癌的诊疗和预后中有巨大价值，但 AR-V7 的检测方法仍未统一定论，这将影响其在正式临床应用中的有效性。本文就 AR-V7 在去势抵抗性前列腺癌中的检测方法进行综述。

## PU-6978

### 97 株艰难梭菌毒素基因检测及 MLST 分型分析

孙立颖,秦冉冉,黄磊,沈文生,孟令震,周佳  
北京大学第一医院,100000

**目的** 在通过多位点序列分析方法了解我院感染与定植的艰难梭菌产毒素的类型及分子流行病学特征。

**方法** 收集 2010 年 8 月-2017 年 6 月腹泻患者送检 VIDAS 艰难梭菌毒素 A/B 检测阳性标本，采用艰难梭菌培养联合毒素基因 A、B 及二元毒素基因 *cdtA/cdtB* 的 PCR 检测，并对菌株进行多位点序列 (MLST) 分型，结合病历回顾研究我院艰难梭菌定植及感染的流行病学特征。

**结果** 97 株艰难梭菌进行 MLST 分型，共产生 25 个 ST 型别，其中 ST37 是优势型别 (15.46%)，其次为 ST54 (10.31%)、ST2 (9.28%)、ST3 (9.28%)、ST81 (9.28%)，还分离出 4 个新 ST 型别。成人组优势 ST 型别为 ST37, ST54, ST2，儿童组优势 ST 型别则为 ST3, ST42。MLST 聚类分析示 ST37、ST375、ST81 在进化树中形成同一独立的分支，且同一型别菌株存在一定程度的进化；儿童菌株与成人菌株均数据离散，未形成宿主来源独立的分支，提示基因型别与宿主人来源不存在明显相关性。多数 CDI 临床高危科室并未出现单一 ST 型别的流行，且同一 ST 型别也出现在不同病房，呈现出 ST 分布的多态性，提示 ST 型别分布可能与科室无明显相关性。某些 ST 型别与毒素基因之间存在一定相关性，比如 ST37 全部为毒素 A 阳性、毒素 B 阴性且二元毒素阴性 (A-B+CDT-毒素型)，但有 9 种 ST 型别与毒素型之间未发现单一的对对应关系。

**结论** 我院艰难梭菌菌株基因组存在一定程度的多态性，国内外流行的 ST54 型在我院检出率明显偏低，而 ST37 则成为优势型别，具有一定独特性，进一步充实了我国艰难梭菌的流行病学资料。

PU-6979

## Advances in Transforming growth factor $\beta$ signal transduction

Xiaoling Wang, Jianping Ren  
Shanxi traditional Chinese medicine hospital

**Objective** A review about Transforming growth factor- $\beta$  (TGF- $\beta$ ), to illustrate members of the TGF- $\beta$  family expressed in different time and tissue-specific patterns are closely related to autoimmunity, inflammation; fibrosis and tumors. To reveal the mechanism of TGF in the development of clinical diseases and to explore its new clinical application.

**Methods** Introduction TGF- $\beta$  signaling pathway and its biological effects.

**Results** The TGF- $\beta$  signaling pathway plays an important role in maintaining the immune system's homeostasis, apoptosis, extracellular matrix transformation, angiogenesis, etc. (Dennler, Goumans et al. 2002). Nowadays the research of TGF- $\beta$  still focuses on the tumor and fibrosis of various organs, but the mechanism of TGF- $\beta$ /Smad dependent signaling pathway in the development of tissue development, anti-inflammatory, repair, fibrosis, tumor, etc. is still unclear. There are a variety of related targeted drugs, and the mechanism of action involves various aspects of TGF- $\beta$  signaling, including Smad signaling pathway, non-dependent Smad signaling pathway, BMPs (BMP6/7, BMP9) pathway, T $\beta$ RI and T $\beta$ RII inhibitors, miRNAs. Etc.. Only by inhibiting the TGF- $\beta$  pathway to treat the corresponding diseases will obviously affect other physiological functions of TGF- $\beta$  because of its contradictory biological effects, such as anti-inflammatory and promotion of fibrosis, promotion of wound repair and fibrosis, early tumor suppression and late promotion of metastasis.

**Conclusions** In summary, due to the complex TGF- $\beta$  signaling pathway, it has multiple functions such as anti-inflammatory, tissue repair, pro-fibrosis, proliferation and apoptosis in different organs and different stages of developments or diseases. In the future treatment, it is necessary to dialectically understand the role of TGF- $\beta$  signaling pathway in these diseases. The accurate diagnosis and treatment of these diseases remains the focus and difficulty of TGF- $\beta$  signaling pathway research in the future.

PU-6980

## mCIM 试验检测临床产碳青霉烯酶革兰阴性杆菌的应用价值研究

李军  
中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 评估改良碳青霉烯灭活试验 (mCIM) 在检测临床产碳青霉烯酶革兰阴性杆菌中的应用价值。

**方法** 采用 mCIM、改良 Hodge (MHT) 及 Carba NP 分别检测 106 株碳青霉烯酶基因阳性的革兰阴性杆菌 (36 株肠杆菌科细菌、26 株铜绿假单胞菌及 44 株鲍曼不动杆菌), 并比较差异。同时, 收集湘雅医院 2016 年 1 月~12 月临床分离的非重复性耐碳青霉烯类革兰阴性杆菌, 同期随机选取 100 株分离的碳青霉烯类敏感菌株作为对照组, mCIM 检测碳青霉烯酶, PCR 检测碳青霉烯酶基因, 分析其敏感性、特异性。

**结果** 1. 106 株碳青霉烯酶基因阳性菌株, mCIM: 肠杆菌科细菌的敏感性、特异性为 88.9% (32/36), 铜绿假单胞菌均为阴性。MHT: 肠杆菌科细菌的敏感性、特异性为 77.8% (28/36), 铜绿假单胞菌的敏感性、特异性为 69.2% (18/26)。Carba NP: 肠杆菌科细菌的敏感性、特异性为 97.2% (35/36), 铜绿假单胞菌的敏感性、特异性为 57.7% (15/26)。鲍曼不动杆菌三种方法均为阴性。肠杆菌科细菌中, MHT 与 Carba NP 存在统计学差异 ( $P=0.016$ ),



MHT 与 mCIM 不存在统计学差异 ( $P=0.219$ ), Carba NP 与 mCIM 无统计学差异 ( $P=0.375$ ); 铜绿假单胞菌中, 仅有 MHT 与 Carba NP 阳性, 且二者无统计学差异 ( $P=0.250$ )。2. 144 株临床分离肺炎克雷伯菌 (碳青霉烯类耐药及敏感菌株分别为 44 株、100 株), 采用美罗培南和亚胺培南分别做 mCIM, 其敏感性和特异性均为 100%, 且与 PCR 的结果一致。

**结论** mCIM 在肠杆菌科细菌中敏感性高、特异性强, 操作简单, 结果易于判断, 具有良好的临床应用价值。

## PU-6981

### HIV 感染者早期抗病毒治疗预防 HIV 传播效果分析

胡清海, 徐俊杰, 尚红  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** HIV 早期感染 (Early HIV Infection, EHI) 为 HIV 感染 6 个月内, 该阶段病人的血液和精液中有较高的病毒载量 (Viral Load, VL) 水平, 很容易将 HIV 传播给阴性性伴。系统评估反转录病毒治疗 (Antiretroviral Therapy, ART) 对 MSM 人群 EHI 的行为学、病毒学等方面的影响及降低 HIV 传播风险则显得非常必要。

**方法** 通过问卷调查获得 EHI 感染后 60 个月内的性行为次数及安全套使用情况, 利用不同性行为方式下单次无保护性行为的 HIV 传播风险系数, 构建参数估计方程。同时将随访期间 EHI 的病毒学特征、现症梅毒感染情况及 ART 治疗等信息作为协同变量, 对 HIV 传播风险系数进行校正。利用参数估计方程综合分析基于早期 ART 的综合干预对 EHI 的 HIV 传播预防作用的影响。

**结果** 通过构建参数估计方程, 获得早期 ART 组、标准 ART 组和未治疗组感染 48 个月内潜在 HIV 传播事件均数分别为 7.54、1.33 和 3.25。相对于未治疗组, 48 个月内早期 ART 组和标准 ART 组降低潜在传播事件的比例分别为 82% 和 57%, 早期 ART 组相对于标准 ART 组降低潜在传播事件的比例为 59%。相对于未治疗组, 48 个月内感染 0-12 月开始 ART 组、12-36 月开始 ART 组和 36-48 月开始 ART 组降低潜在传播事件的比例分别为 83%、64% 和 48%。相对于 36-48 月开始 ART 组, 0-12 月开始 ART 组和 12-36 月开始 ART 组降低潜在传播事件的比例分别为 66% 和 30%。

**结论** 基于早期 ART 的综合行为干预可显著降低 EHI 的潜在 HIV 传播事件比例, 越早治疗在预防 HIV 传播方面的收益越高。

## PU-6982

### 溶血标本对重氮法和钼酸盐法测定总胆红素和直接胆红素的影响

刘梅华  
川北医学院附属医院, 637000

**目的** 探讨溶血标本对采用不同方法测定总胆红素和直接胆红素的影响。

**方法** 通过对西门子原装试剂钼酸盐法, 贝克曼原装试剂重氮法分组实验, 观察比对正常血清、成人溶血血清、新生儿溶血血清测定胆红素, 分析对其测量结果的影响程度。

**结果** 西门子采用钼酸盐法测定总胆红素, 成人和新生儿溶血标本结果偏高 20-30%, 溶血程度对其影响差异不显著, 而正常血清标本结果偏低 10%, 溶血和非溶血对测定结果影响方向相反, 且差异具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。西门子采用钼酸盐法测定直接胆红素, 溶血和非溶血血清, 结果整体系统性偏高 30%。

**结论** 总胆红素的测定，正常血清西门子钒酸盐法结果偏低；但溶血血清的结果反而偏高，影响方向相反且差异显著。直接胆红素的测定，西门子钒酸盐法，正常血清、成人溶血血清、新生儿溶血血清，结果整体系统性偏高，且差异显著。

**PU-6983**

## 关于孕期筛查 TORCH 的临床意义

侯丽萍

黑龙江省农垦总局总医院

**目的** 探讨我院对妊娠妇女进行弓形虫、风疹病毒、巨细胞病毒、单纯疱疹病毒的血清学的临床意义。

**方法** 选择自 2015 年 2 月至 2017 年 2 月期间，我院接待的 966 例孕期妇女为研究对象。酶联免疫法检测 TORCH 特异性抗体 Ig M。

**结果** 孕期妇女检测 TORCH 特异性抗体 TOX RUV CMV HSV-1 HSV-2 的阳性率分别为 1.01%、7.98%、16.3%、4.6%、7.5%。

**结论** 本地区妊娠妇女 CMV 感染比较高，应及早对育龄妇女进行 TORCH 的筛查，做好优生优育工作，提高人口出生素质。

**PU-6984**

## 高毒力肺炎克雷伯菌临床特征及血清型、毒力基因分析

李军

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 了解高毒力肺炎克雷伯菌 (Highly virulent *Klebsiella pneumoniae*, hvKP) 的临床特征、血清型及毒力基因，以指导临床合理使用抗菌药物。

**方法** 收集某院 2015 年 6 月~2016 年 9 月医院或社区连续分离的非重复性肺炎克雷伯菌，拉丝试验及气杆菌素基因检测以筛查 hvKP 菌株。PCR 法检测 hvKP 菌株血清型基因 (包括 K1、K2、K5、K20、K57 等)，同时检测 hvKP 菌株及经典肺炎克雷伯菌 (Classic *Klebsiella pneumoniae*, cKP) 的毒力相关基因 (kfuABC、allS、rmpA 等)，并比较其检出差异。

**结果** 共收集到 825 株肺炎克雷伯菌，经拉丝试验及气杆菌素基因检测均为阳性的有 127 株，检出率为 15.4%。hvKP 菌株主要源于 ICU 患者，占 30.7%，标本来源主要是痰液标本 (67.7%)。hvKP 菌株中 K1、K2、K57 三种类型的血清型被检出，检出率依次为 22.9%、27.6%、16.5%。hvKP 菌株中毒力基因 kfuABC、allS、rmpA 的检出率分别为 81.9%、37.8%、95.3%，显著高于 cKP 菌株，P 值均 < 0.05。

**结论** 临床分离 hvKP 菌株以 ICU 为主，以 K1、K2 型血清型最为常见。hvKP 菌株较 cKP 菌株具有更强的毒力。

**PU-6985**

## 艰难梭菌致病机制研究进展

杨芳,刘文恩

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 为艰难梭菌感染防御及临床诊疗提供新思路。

**方法** 就艰难梭菌感染和致病机制相关研究予以简要综述。

**结果** 艰难梭菌是抗生素相关性腹泻和肠道感染的主要致病菌之一。其致病主要与细菌的数量、毒力因子、黏附定植能力、肠道微生物定植抗力以及宿主免疫力等方面密切相关。

**结论** 应注重艰难梭菌的预防控制，做好消毒工作，严格控制抗菌药物的使用，从源头上遏制感染的发生。

PU-6986

## 碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌磷霉素耐药机制及分子流行病学研究

王海晨, 闵昌航, 李军, 胡咏梅, 邹明祥  
中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 了解本院分离的碳青霉烯耐药肠杆菌科细菌 (Carbapenem resistant Enterobacteriaceae, CRE) 对磷霉素的耐药情况, 探讨磷霉素耐药的 CRE 的耐药机制、分子流行病学特征以及相关遗传背景。

**方法** 连续收集湘雅医院自 2016 年 12 月至 2018 年 12 月分离的 CRE 临床菌株 368 株, 琼脂稀释法检测磷霉素耐药性, 筛选磷霉素耐药菌株; 聚合酶链反应 (PCR) 方法检测磷霉素常见的质粒耐药基因, PCR 及序列拼接方法分析 *fosA3* 基因周围遗传元件; 多位点序列分型技术对磷霉素耐药的肺炎克雷伯菌进行分子生物学分型。

**结果** 368 株 CRE 中, 59 株对磷霉素耐药 ( $MIC \geq 256 \mu g/mL$ ), 耐药率为 16.0%; 其中, 肺炎克雷伯菌 55 株, 大肠埃希菌、阿氏肠杆菌、阴沟肠杆菌及产酸克雷伯菌各 1 株。质粒携带的磷霉素耐药基因 *fosA*、*fosA3*、*fosA5* 和 *fosC2* 的携带率分别为 1.7%、79.7%、11.9% 以及 0.0%。磷霉素耐药的肺炎克雷伯菌的主要 ST 型别为 ST11, 占比 92.7%, 并新发现肺炎克雷伯菌 ST 型别, 为 ST3984。PCR 及序列拼接发现 *fosA3* 上下游主要存在插入序列 IS26。

**结论** 本院分离的 CRE 的磷霉素耐药率较低, 其主要耐药机制为质粒介导的磷霉素耐药基因; *fosA3* 上下游存在的插入序列 IS26, 可能在其磷霉素耐药性传播中发挥重要作用。

PU-6987

## 某三甲精神病专科医院 11280 例泌乳素检测结果回顾分析

张少川  
云南省精神病医院

**目的** 了解精神疾病住院患者泌乳素水平及分布, 为临床合理使用精神类药物, 及时干预高泌乳素血症提供参考依据。

**方法** 依据患者性别、年龄以及泌乳素浓度水平进行分组, 回顾分析三级甲等精神病专科医院 2015 年 6 月至 2018 年 5 月精神疾病住院患者 11280 例泌乳素检测数据。

**结果** 高泌乳素血症的发生率和浓度水平的升高程度存在性别和年龄的差异, 女性高泌乳素血症的发生率高于男性, 青少年高泌乳素血症的发生率高于中年和老年, 男性青少年最为突出。

**结论** 泌乳素升高在精神疾病住院患者中广泛存在, 高泌乳素血症仍是精神科药物常见的不良反应, 医师应根据患者性别、年龄的不同定期监测泌乳素浓度水平 (特别是男性青少年), 及时发现轻度、中度和严重高泌乳素血症患者, 结合临床症状给予干预措施, 对于合理用药、改善患者病情及提高其生活质量有着重要意义。

PU-6988

## 高荧光淋巴细胞在传染性单核细胞增多症 诊断中的应用

徐卫益<sup>1</sup>,张钊钊<sup>1,2</sup>

1.浙江大学医学院附属第一医院,310000

2.台州学院

**目的** 了解血细胞分析仪外周血高荧光淋巴细胞计数 (High Fluorescence Lymphocytes Count, HFLC) 在传染性单核细胞增多症 (infectious mononucleosis, IM) 患者中的变化情况。

**方法** 留取来院就诊的 178 例疑似感染患者 EDTA-2K 抗凝血和血清标本。抗凝标本用 Sysmex XN-1000 血细胞分析仪 DIFF 通道检测 HFLC 绝对计数 (HFLC#) 和 HFLC 百分比 (HFLC%), 用 SP-10 推片机制片后镜检白细胞分类, 观察异型淋巴细胞 (异淋) 和凋亡淋巴细胞数量; 血清标本用 Elisa 方法检测 EB 病毒抗体 (IgM、IgG) 和巨细胞病毒抗体 (IgM、IgG)。按照 IM 诊断标准, 将其分成 IM 组和非 IM 组, 用 ROC 曲线评价各指标在 IM 诊断中的效能。

**结果** IM 组: HFLC# 0.17 (0.03-0.36)、HFLC% 2.60 (0.65-4.05)、异淋 4.00 (0.50-14.50)、凋亡淋巴细胞 0.00 (0.00-2.50)、异淋+凋亡淋巴 12.00 (2.00-21.50); 非 IM 组: HFLC# 0.01 (0.01-0.02)、HFLC% 0.20 (0.10-0.40)、异淋 0.00 (0.00-0.00)、凋亡淋巴细胞 0.00 (0.00-0.00)、异淋+凋亡淋巴细胞 0.00 (0.00-1.00)。两组间各项目除凋亡淋巴细胞外均有显著差异。ROC 曲线分析, HFLC#、HFLC%、异淋、凋亡淋巴细胞、异淋+凋亡淋巴细胞曲线下面积 (AUC) 分别为 0.862、0.866、0.839、0.600 和 0.897; 敏感度和特异性分别为 81.1%和 79.4%、73%和 90.8%、67.6%和 95%、32.4%和 91.5%、81.1%和 87.9%。

**结论** 血细胞分析仪 HFLC%在辅助诊断 IM 疾病中有较好的敏感度和很好的特异性, 可用于 IM 的常规筛查。

PU-6989

## 金黄色葡萄球菌 agr 系统研究现状

王晓玲,熊怡,任建平

山西省中医院

**目的** 阐述金黄色葡萄球菌细菌毒力调节基因 agr 系统,即附属基因调节因子的研究现状以及今后可能的研究方向;

**方法** 查阅国内外文献,从金黄色葡萄球菌耐药性及其耐药机制、agr 系统组成及其功能、国内外研究现状、agr 系统研究的应用前景等方面简述了 agr 系统,即附属基因调节因子的编码序列、组成单位、功能。4 个开放的阅读框 AgrA、AgrB、AgrC、AgrD,分别编码 AgrA、AgrB、AgrC、AgrD。

**结果** agr 系统是重要的二元转导系统之一,参与多种基因的表达,agr 系统对多种基因的表达具有影响,而细菌耐药基因高表达或表达异常是导致细菌耐药的主要原因,推测 agr 系统以多种途径对金黄色葡萄球菌相关耐药基因进行调控,从而影响其耐药性。

**结论** 人体的很多疾病都是由金葡菌的毒素引起的,随着金葡菌胞内信号转导机制和各种疾病发病机制的逐步阐明,认为 agr 系统中的信号转导分子可以作为治疗这些疾病的药物筛选靶位,为针对 agr 系统的体外抑制剂治疗金葡菌感染的研究提供证据,为它在临床治疗中的应用拓宽领域。

## PU-6990

## 血液系统疾病进行血细胞形态学检查的诊断作用分析

凌艳英

广州市第一人民医院,510000

**目的** 研究血液系统疾病进行血细胞形态学检查的诊断作用

**方法** 选取在我院接受治疗的血液系统疾病患者 264 例, 选取时间为 2018 年 1 月-2019 年 2 月, 所有患者均接受血细胞分析仪进行检查, 对出现异常的血象标本, 对其实施血细胞形态学检查, 分析血细胞形态学检查的符合率以及真阳性率。

**结果** 经过对 264 例血液系统疾病患者的血液标本进行检查, 血细胞分析仪在白细胞异常、红细胞异常、核左移方面的异常现象, 与血细胞形态学检查的结果对比, 无显著差异,  $P>0.05$ ; 血细胞分析仪报警项目在幼稚细胞、异型淋巴细胞、异常血小板方面, 与血细胞形态学检查的结果对比, 差异显著,  $P<0.05$ ; 血液系统疾病患者的血样标本经血细胞分析仪检查发现异常后, 再对患者实施血细胞形态学检查, 得出结果为血细胞分析仪检查在诊断感染发热、贫血和白细胞等结果, 与血细胞形态学检查结果对比, 无显著差异,  $P>0.05$ ; 血细胞分析仪检查在诊断血小板疾病时, 与血细胞形态学检查结果对比, 差异显著,  $P<0.05$ 。

**结论** 对血液系统疾病患者实施血细胞形态学检查, 能够对患者的病情进行准确的诊断, 值得推广应用。

## PU-6991

## 人工关节置换术后感染病原菌分布及耐药性分析

徐倩

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 回顾性分析本院 2016—2018 年人工关节置换术后患者假体周围感染的常见病原菌分布, 为临床治疗合理选用抗菌药物提供依据。

**方法** 对本院 2016—2018 年进行人工关节置换术患者的 817 份伤口分泌物和 282 份关节腔液标本进行病原菌分布与耐药性统计分析。

**结果** 伤口分泌物标本中共分离出病原菌 214 株, 检出率为 26.19%, 关节腔液标本中共分离出病原菌 65 株, 检出率为 23.05%。

**结论** 伤口分泌物和关节腔液分离的细菌呈现多样化, 以金黄色葡萄球菌为主, 掌握其分布情况、耐药现状及趋势, 有助于合理选择抗生素。

## PU-6992

## 运用功效函数图法设计部分生化项目的室内质控方案

陈睿

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 结合昆明医科大学第一附属医院临床化学检验室的情况, 利用功效函数图, 选择合适的质控规则和质控测定个数, 要求质控方案经济高效

**方法** 确定本实验室生化检测项目的临床允许总误差 (TEa), 项目测定方法的不精密度 (CV) 和不准确度 (Bias), 计算临界系统误差 ( $\Delta\text{SEc}$ ) 并利用功效函数图, 选择合适的质控规则和质控测定个数

**结果** 不同生化检测项目的质控规则和质控测定个数不相同

**结论** 根据实验室生化检测项目的临界系统误差,利用功效函数图选择最佳质控方案,即满足临床质量要求,达到期望的误差检出率且控制假失控概率,提高质控效率

## PU-6993

### Elisa 法所测 HCV 抗体 S/CO 值的临床应用分析

李海涛

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过分析 HCV-Ab 和 HCV-RNA 的阳性符合率和相关性,探讨 HCV-Ab 和在丙型肝炎诊疗中的临床价值。

**方法** 回顾 155 例于 2016 年 1 月 1 日至 2016 年 12 月 31 日期间在云南昆明医科大学第二附属医院同时检测过 HCV-Ab 和 HCV-RNA 的门诊和住院患者病例资料。收集 ELISA 检测的 S/CO (HCV-Ab)和 PCR 检测的 HCV-RNA 结果。以分层的方式计算联合检测均呈阳性的病例百分比。同时分析 HCV-Ab 和 HCV-RNA 是否存在直线相关关系。

**结果** 所收集 155 例病例均为 HCV-Ab 阳性 ( $S/CO > 1$ ) 病例,其中 HCV-RNA  $< 500$  32 例为阴性, HCV-RNA  $\geq 500$  123 例为阳性。按 S/CO 值分为 ABCDE 五组,  $4 \leq S/CO < 8$  者 1 例,占 1%;  $8 \leq S/CO < 12$  者 3 例,占 2%;  $12 \leq S/CO < 16$  者 24 例,占 20%;  $16 \leq S/CO < 20$  者 68 例,占 55%;  $20 \leq S/CO < 24$  者 27 例,占 22%。A 组, B 组分别与其他组间比较差异具有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。其中 123 例联合检测均阳性的病例, S/CO 值与 RNA 并未发现直线相关关系 ( $P=0.1011$ )。

**结论**  $12 \leq S/CO < 24$  时,与 HCV-RNA 的阳性符合率显著增高,ELISA 测定 HCV-Ab 为诊疗丙肝提供了确切的依据。 $4 \leq S/CO < 12$ ,和 HCV-RNA 的阳性符合率相对较低,ELISA 测定 HCV-Ab 只能为临床诊疗丙肝提供初筛依据,并不能作为确切指标。并未发现 S/CO 值与 RNA 间直线相关关系,因此不可用 ELISA 结果预测病毒 RNA 的复制情况。

## PU-6994

### 跨膜蛋白 106A 诱导胃癌细胞 HGC27 巨泡样死亡的研究

许冬<sup>1</sup>,许晨彤<sup>2,3</sup>,林欣<sup>2,3</sup>,夏艳<sup>2,3</sup>,潘欢<sup>2,3</sup>,陈英玉<sup>2,3</sup>

1.北京大学第一医院,100000

2.北京大学基础医学院免疫学系

3.北京大学人类疾病基因研究中心

**目的** 研究跨膜蛋白 106A (Transmembrane protein 106A, TMEM106A)诱导胃癌细胞 HGC27 胞内产生大量空泡及其诱导的细胞死亡方式。

**方法** 利用光镜及透射电镜观察 TMEM106A 诱导的空泡形态,用流式细胞术检测其诱导的细胞死亡,并通过克隆形成实验研究其对细胞增殖能力的影响。

**结果** 在胃癌细胞系 HGC27 中超表达 TMEM106A 可观察到细胞内大量的空泡形成,这种空泡在透射电镜下表现为单层膜结构,其内部基本不含亚细胞器结构及高电子密度物,随着空泡的逐渐变大融合,细胞逐渐走向死亡。流式细胞术检测到与对照组相比, TMEM106A 超表达组 HGC27 细胞的死亡比例明显增高。同时,在 HGC27 细胞中超表达 TMEM106A 可明显抑制细胞的增殖。

**结论** TMEM106A 诱导的胃癌细胞的死亡符合巨泡样死亡的特征,巨泡样死亡是一种新的细胞死亡方式,其与细胞凋亡、自噬等有显著的不同。在胃癌细胞中, TMEM106A 通过诱导 HGC27 细胞

空泡化,抑制了细胞增殖,并诱导 HGC27 细胞发生巨泡样死亡。这一结果拓宽了我们对 TMEM106A 功能的认识,并为 TMEM106A 在胃癌组织中的表达明显低于正常胃组织的机制研究提供了新的线索。

## PU-6995

### 临床常用指标在冠心病中的实际应用分析

王堃<sup>1</sup>,陈雪梅<sup>2</sup>,易斌<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院,410000

2.中南大学湘雅医学院

**目的** 分析临床常见检测指标在冠心病(coronary heart disease, CHD)诊断和心肌梗死 killip 分级中的实际应用价值。

**方法** 选择 2015 年 4 月 1 号至 2016 年 4 月 30 号湘雅医院住院患者 209 例,分为动脉粥样硬化组、稳定性心绞痛组、不稳定性心绞痛组、心肌梗死组。比较各种临床常用检测指标在各组间的差异,采用相关分析、logistic 回归、ROC 曲线分析、判别分析等探索临床常见的检测指标在 CHD 中的应用。

**结果** LDH、CK、CK-MB、Mb、AST、ApoA1/ApoB、hsCRP 和 N/L 在各组间差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); LDH、Cys C、LDL、ApoA1、ApoB、FFA、hsCRP、PT、PTA、INR、D-D 在心肌梗死组 Killip 分期有统计学差异( $P<0.05$ )。相关分析显示 LDH、CK、CK-MB、Mb、CysC、AST、ApoA1/ApoB、hsCRP、N/L、APTT 和 ATⅢ等指标与疾病分组具有相关性( $P<0.05$ ); LDH、FFA、hsCRP、N/L、PT、PTA、INR 和 D-D 等指标与心肌梗死组分期具有相关性( $P<0.05$ )。logistic 回归分析显示 FFA、hsCRP、D-D ( $OR=4.818$ 、 $2.655$ 、 $7.267$ ,  $P<0.05$ )对分期更有临床意义; ROC 曲线分析显示 LDH、AST、N/L 和 Mb 联合对分期具有较大诊断价值( $AUC=0.899$ ); D-D、hsCRP、PT 和 PTA 联合诊断对分期价值较高( $AUC=0.866$ )。运用逐步判别以 LDH、Mb、N/L 为筛选后指标,对心肌梗死组和非心肌梗死组分类正确率为 81.9%; LDH、LDL、D-D 为筛选后指标,对心梗 killip 分期分类正确率为 55.8%。

**结论** 联合 ROC 曲线分析和判别分析,显示 LDH、Mb 和 N/L 联合诊断对不同类型的冠心病具有较大的诊断价值。联合 ROC 曲线分析和 logistic 分析 FFA、hsCRP、LDL、PT、PTA、D-D 对分期更有临床意义,以此建立的判别函数判断,对临床仅有一定的参考意义,需进一步研究。

## PU-6996

### D-二聚体和血小板在肝硬化中的临床价值

李音音

柳州市工人医院/广西医科大学第四附属医院,545005

**目的** 探讨 D-二聚体(D-Dimer, D-II)和血小板(platelet, PLT)在肝硬化诊断的临床价值。

**方法** 收集本院 2018 年 1 月至 2018 年 12 月肝硬化患者 60 例作为实验组,将实验组分为代偿期组和失代偿期组,乙肝阳性组和乙肝阴性组。同时选取本院 60 例体检健康者为对照组,检测并分析 D-II 和 PLT。

**结果** 肝硬化组与对照组 D-II 和 PLT 差异有统计学意义( $P<0.05$ ),肝硬化组 D-II( $3.12\pm 3.67$ )较对照组( $0.25\pm 0.13$ )升高,肝硬化组 PLT( $132\pm 100$ )较对照组( $242\pm 47$ )减低。肝硬化失代偿期患者和代偿期患者 D-II 差异有统计学意义( $P<0.05$ ),失代偿期患者 D-II( $3.5\pm 4.1$ )高于代偿期患者( $1.8\pm 2.0$ ),PLT 差异无统计学意义。肝硬化患者乙型肝炎表面抗原阳性组和乙型肝炎表面抗原阴性组 D-II 和 PLT 比较,差异均无统计学意义。

结论 D-II 和 PLT 可辅助于肝硬化诊断。

PU-6997

## sdLDL 及 LpPLA2 在冠心病中的应用研究

王堃<sup>1</sup>, 陈思恬<sup>2</sup>, 易斌<sup>1</sup>

1. 中南大学湘雅医院, 410000

2. 湖南省师范大学医学院检验系

**目的** 测定冠状动脉粥样硬化和冠心病患者的血清小而密低密度脂蛋白(small dense Low Density Lipoprotein, sdLDL)、脂蛋白相关性磷脂酶 A2 ( lipoprotein-associated phospholipase A2, LpPLA2) 及相关生化指标, 探讨 sdLDL 及 LpPLA2 在冠心病中的应用价值。

**方法** 采用贝克曼 AU680 全自动生化分析仪测定冠状动脉粥样硬化者 29 例、稳定型心绞痛患者 30 例、不稳定型心绞痛患者 31 例及心肌梗死患者 32 例的 sdLDL、LpPLA2、乳酸脱氢酶 (lactate dehydrogenase, LDH)、肌酸激酶 (Creatine Kinase, CK)、肌酸激酶同工酶 (creatine kinase isoenzym, CK-Mb)、甘油三酯 (Triglyceride, TG)、胆固醇 (Cholesterol, TC)、高密度脂蛋白 (high density lipoprotein, HDL)、低密度脂蛋白 (low density lipoprotein, LDL)、载脂蛋白 A1 (Apolipoprotein A1, ApoA1)、载脂蛋白 B (Apolipoprotein B, ApoB)、脂蛋白 a (lipoprotein(a), Lp(a))、游离脂肪酸 (free fatty acid, FFA), 用受试者工作曲线评价 sdLDL 及 LpPLA2 的诊断价值, 采用 spss19.0 统计软件包进行统计分析。

**结果** 冠状动脉粥样硬化及冠心病患者血清 sdLDL 水平分别  $0.71 \pm 0.05$  mg/L 和  $0.74 \pm 0.04$  mg/L; LpPLA2 水平分别为  $366.86 \pm 24.63$  mmol/L 和  $433.13 \pm 16.04$  mmol/L; 冠心病患者的血清 sdLDL 及 LpPLA2 水平较冠状动脉粥样硬化对照组升高, LpPLA2 水平差异具有统计学意义; sdLDL 与 TG、TC、LDL、ApoA1、ApoB、Lp(a)、LpPLA2 成正相关; LpPLA2 与 TG、TC、LDL、ApoB、Lp(a) 成正相关; ROC 曲线分析证实 LpPLA2 在冠心病的诊断中具有较好的敏感性 & 特异性。

**结论** 冠心病患者血清 sdLDL 及 LpPLA2 水平显著升高, sdLDL 及 LpPLA2 可作为冠心病危险性的指标。

PU-6998

## 血清 Catenin $\beta$ 1 蛋白在股骨头早期诊断及病情监测中的意义

黄俊远

广州中医药大学第一附属医院, 510000

**目的** 通过对股骨头坏死患者血清中的分泌性蛋白 Catenin  $\beta$ 1 水平的研究, 探讨 Catenin  $\beta$ 1 作为早期诊断股骨头坏死以及病情监测指标的可行性。

**方法** 收集 165 例股骨头坏死患者以及 50 例健康对照组的血清, 利用商业化的酶联免疫吸附 (ELISA) 测定试剂测定股骨头坏死患者和健康对照组血清中的 Catenin  $\beta$ 1 水平, 并研究疾病不同分期和不同病因 Catenin  $\beta$ 1 水平的差异表达。

**结果** 在 165 例股骨头坏死患者血清中的 Catenin  $\beta$ 1 水平明显高于健康对照者 ( $P < 0.0001$ ), 股骨头坏死患者 IV 期的患者的 Catenin  $\beta$ 1 水平明显高于 II 期 ( $P < 0.05$ ) 和 III 期患者 ( $P < 0.001$ ), 并且股骨头坏死患者各期的患者 Catenin  $\beta$ 1 水平均高于健康对照; 药物性股骨头坏死患者 Catenin  $\beta$ 1 水平高于创伤性 ( $P < 0.01$ )、酒精性 ( $P < 0.05$ ) 和特发性股骨头坏死患者 ( $P < 0.05$ )。ROC 曲线分析提示血清 Catenin  $\beta$ 1 蛋白在诊断股骨头坏死塌陷时具有一定的敏感性和显著的特异性, 分别为 55.40% 和 100.00%。血清 Catenin  $\beta$ 1 蛋白浓度与 ARCO 分期呈正相关 ( $P < 0.05$ )。



**结论** 血清中 Catenin  $\beta 1$  可能是股骨头坏死患者的预警指标, 其水平的高低可能与疾病进展有关。

**PU-6999**

## 1,5-脱水-D-山梨醇在冠心病中的应用研究

王堃<sup>1</sup>, 林进飞<sup>2</sup>, 易斌<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院, 410000

2.中南大学湘雅医学院检验系

**目的** 探讨 1,5-脱水-D-山梨醇(1,5-AG)在冠心病(CHD)中的应用价值。

**方法** 选取行冠脉造影的冠心病患者 133 例、冠状动脉粥样硬化患者 28 例作为病例组、健康体检者 21 例作为对照组。采用贝克曼库尔特 AU680 全自动生化分析仪测定 1,5-AG、乳酸脱氢酶、直接胆红素、甘油三酯、总胆固醇、高密度脂蛋白胆固醇、低密度脂蛋白胆固醇、载脂蛋白 A1、载脂蛋白 B、脂蛋白(a)、游离脂肪酸、超敏 C 反应蛋白水平和计算冠脉造影 Gensini 评分, 采用 SPSS19.0 统计软件包进行统计分析。

**结果** 病例组与对照组间 1,5-AG、HDL-C、TC、TG、TC 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。单因素方差分析显示 1,5-AG、LDH、CK、CK-MB、Mb、hs-CRP、ApoA1、FFa、Gensini 评分水平在心肌梗死组与冠脉粥样硬化组、稳定性心绞痛组、不稳定性心绞痛组间都有显著差异 ( $P < 0.05$ ); 而 ApoB、LP(a)在各组间差异不显著。Spearman 相关性分析显示 1,5-AG 水平和 Glu、LDH、hs-CRP、FFa、ApoA1 显著相关 ( $P < 0.05$ ), 而与年龄、TG、TC、HDL-C、Gensini 评分等的相关性不显著。多元线性回归得到函数  $Y = 193.044 + 66.663X_1 - 13.968X_2 - 2.033X_3 - 26.777X_4$  ( $Y$ : 1,5-AG,  $X_1$ : ApoA1,  $X_2$ : 血糖,  $X_3$ : hs-CRP,  $X_4$ : FFa)。单变量和多变量 logistic 回归分析显示 1,5-AG、Hs-CRP、Gensini 评分等为心肌梗死的危险因素; ApoA1 为心肌梗死的保护因素。Fisher 判别分析显示, 对心肌梗死组和无心肌梗死组的分类正确率分别为 88.1%、65.9%; 对冠脉粥样硬化组、心绞痛组、心肌梗死组判断正确率分别为 92.3%、54.7%、63.6%。ROC 曲线分析显示 1,5-AG 心肌梗死的诊断具有较高的敏感性; Gensini 评分诊断价值最高 ( $AUC = 0.838$ )。

**结论** 1,5-AG 对冠心病的预测和诊断具有一定价值。

**PU-7000**

## 1,5-脱水-D-山梨醇临床应用的研究进展

王堃<sup>1</sup>, 林进飞<sup>2</sup>, 易斌<sup>1</sup>

1.中南大学湘雅医院, 410000

2.中南大学湘雅医学院检验系

**目的** 1,5-脱水-D-山梨醇(1,5-AG)是体内结构类似于葡萄糖的一种多元醇, 血中浓度变化快且不受大多生理因素的影响。

**方法** 利用此特性, 1,5-AG 可用于反映短期血糖状态及血糖波动的监测, 同时还可用于心血管疾病的预测。

**结果** 本篇综述整理了 1,5-AG 的生物学特点、在临床应用中的国内外研究进展。

**结论** 综述

## PU-7001

## Preliminary investigation on transthyretin level within platelets from patients with chronic kidney disease

Long Xie

The Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College

**Objective** Platelets from patients with chronic kidney disease (CKD) have the tendency to be activated. In this article, transthyretin level within platelets from patients with CKD was investigated.

**Methods** 40 patients with CKD from the Division of Nephrology and 40 cases of healthy volunteers (healthy controls) with sex and age matched from the Health Examination Center of the Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College were enrolled. 5 ml blood sample was collected from each CKD patient and healthy volunteer, and from which platelet rich plasma (PRP) was obtained by using 200g'10min centrifugation, and afterwards, platelets were isolated from PRP by means of 1000g'10min centrifugation. TTR within platelets was determined with flow cytometry and enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) respectively.

**Results** Both flow cytometry and ELISA showed that TTR level within platelets from patients with CKD was decreased much more than that from healthy controls ( $P<0.01$ ).

**Conclusions** There is a decreased TTR level within platelets from patients with CKD, it is implied that TTR probably has relationship to the occurrence and progress of CKD.

## PU-7002

## N 末端前脑钠肽在肾功能不全患者中的应用价值

凌芸,王敏,丁红梅,臧晓陵

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 评估 N 末端前脑钠肽 (NT-ProBNP) 与肾功能的关系, 探讨其在肾功能不全患者中的临床应用价值。

**方法** 选取我院收治的肾科住院病人 208 例为研究对象; 分别检测 NT-ProBNP 和肌酐 (Cr) 水平, 估算肾小球滤过率 (eGFR), 依据 eGFR 数值将患者分为五期。分析 NT-ProBNP 与 Cr, eGFR 的相关关系, 并对不同时期的 NT-ProBNP 水平进行比较。

**结果** 肾功能不全患者的 NT-ProBNP 水平随着肾功能水平的下降而逐渐升高, 且各级之间比较差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 本研究探讨了 NT-ProBNP 与肾功能的关系, 发现其水平随着肾功能不全患者疾病的进展而明显增加, 预示着它有可能作为监测肾功能的有效指标。

## PU-7003

## 艰难梭菌 GDH 抗原/毒素联合检测方法的性能评价

孙立颖,秦冉冉,黄磊,沈文生,周佳

北京大学第一医院,100000

**目的** 对艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原联合毒素检测方法进行性能评估, 以期优化实验室诊断流程。

**方法** 收集 2017 年 5 月-6 月疑似艰难梭菌感染腹泻患者的粪便标本 206 份, 对其同时进行 VIDAS 艰难梭菌毒素 A/B 检测、艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原及毒素检测和培养联合毒素基因检测方法, 以培养联合毒素基因检测的结果作为参比标准, 评价不同检测方法的敏感度、特异度、阳性预测值和

阴性预测值，从而对艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原及毒素检测方法进行性能评估。统计学分析运用 SPSS 22.0 软件对分类资料进行卡方检验或精确概率法计算， $P < 0.05$  表示有统计学意义。

**结果** 本次研究中非重复 206 个送检标本中，产毒艰难梭菌的阳性率为 17.48% (36/206)。与参比方法相比，艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原及毒素检测方法的敏感度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别为 83.3%、99.4%、96.8% 和 96.6%，而艰难梭菌毒素 A/B 检测方法的敏感度、特异度、阳性预测值和阴性预测值分别为 52.8%、95.9%、73.1% 和 90.6%，艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原及毒素检测方法的敏感度、阳性预测值高于 VIDAS 艰难梭菌毒素 A/B 检测方法，差异有统计学意义。

**结论** 艰难梭菌谷氨酸脱氢酶抗原及毒素检测方法的敏感度、特异度、阳性预测值较高，且检测周期短，无需特殊仪器平台，是更为适合艰难梭菌感染的快速诊断试验，应优化实验室现有 CDI 诊断流程，加强对高危临床科室的监测。

## PU-7004

### EB 病毒抗体检测的临床应用价值讨论

孙璐璐

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨 EB 病毒 (Epstein-Barr virus, EBV) 检测的临床应用价值。

**方法** 我们于 2009 年 8 月至 2018 年 12 月对本院门诊及住院病人 55298 例确诊及疑似 EBV 感染者进行血清学检测，对 5531 例患者进行了脑脊液标本的 EBV 检测。对两种标本的检测均是采用酶联免疫吸附试验 (ELISA) 方法。

**结果** 血清标本检测出 EBV 抗衣壳抗原抗体 IgM (EBV-VCA-IgM) 阳性共 11352 例；脑脊液标本的检测出 EBV-VCA-IgM 阳性共 140 例。

**结论** EB 病毒感染的临床表现形式多变，可导致多系统的脏器感染，扩展多样化的标本类型并结合 EBV 的血清学检测有利于感染的早期诊断。

## PU-7005

### 胶质瘤微环境中 CCL2 通过诱导上皮间质样变 降低肿瘤替莫唑胺的敏感性

张琳

山东大学齐鲁医院, 250000

**目的** 探讨胶质瘤微环境中 CCL2 对肿瘤药物耐药的影响以及相关的作用机制。

**方法** 利用网络基因芯片数据库，分析 CCL2 在胶质瘤中的表达情况。采用 Western Blot、侵袭、迁移以及免疫荧光，检测胶质瘤的上皮间质样变。利用流式细胞仪检测肿瘤细胞的药物敏感性。利用荷瘤小鼠体内检测 CCL2 对肿瘤细胞药物敏感性的影响。

**结果** 在本课题中，我们通过分析胶质瘤网络基因芯片数据库，发现 CCL2 在肿瘤微环境中高表达且与肿瘤病理级别呈正相关，与患者的预后成负相关。体外研究发现，重组人源 CCL2 (rhCCL2) 可诱导胶质瘤细胞上皮-间质转化 (EMT) 及相关蛋白表达。我们进一步在胶质瘤组织中证实了 CCL2 与 Twist1 的表达具有相关性。同时，rhCCL2 可以明显降低胶质瘤细胞对替莫唑胺 (TMZ) 的敏感性，而敲除 Twist1 可以消除 rhCCL2 介导的药物敏感性降低。此外，体内实验表明，抗 CCL2 抗体与 TMZ 联合治疗可以延长 U87 荷瘤裸鼠的生存时间。

**结论** 总之，我们的研究结果表明，CCL2 在胶质瘤微环境中可以通过 Twist1 降低肿瘤细胞对 TMZ 的敏感性，靶向肿瘤微环境中的 CCL2 可能是一个改善胶质母细胞瘤患者预后的新策略。

## PU-7006

**EB 病毒抗体血清学检测的临床应用价值讨论**

孙璐璐

吉林大学白求恩第一医院

**目的** 探讨 EB 病毒（Epstein-Barr virus, EBV）抗体血清学检测的临床应用价值。

**方法** 我们于 2009 年 8 月至 2018 年 12 月对本院门诊及住院病人 55298 例确诊及疑似 EBV 感染者进行血清学检测，对 3531 例患者进行了脑脊液标本的 EBV 检测。对两种标本的检测均是采用酶联免疫吸附试验（ELISA）方法。

**结果** 血清标本检测出 EBV 抗衣壳抗原抗体 IgM（EBV-VCA-IgM）阳性共 11352 例；脑脊液标本的检测出 EBV-VCA-IgM 阳性共 140 例。

**结论** EB 病毒感染的临床表现形式多变，可导致多系统的脏器感染，扩展多样化的标本类型并结合 EBV 的血清学检测有利于感染的早期诊断。

## PU-7007

**赖氨酸羟化酶 PLOD2 在乏氧诱导胶质瘤迁移与侵袭过程中的作用及机制研究**

张琳,徐洋洋

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 研究探讨赖氨酸羟化酶 2 在胶质母细胞瘤侵袭中的作用及相关分子机制，旨在为后续肿瘤治疗提供新的分子靶点。

**方法** 临床数据分析

借助公共数据库 Oncomine Database 荟萃分析不同胶质母细胞瘤患者 PLOD2 mRNA 表达水平

借助公共数据库 REMBRANDT Database 分析 PLOD2 mRNA 在不同级别胶质瘤中的表达情况

借助 TCGA 数据库 Kaplan-Meier 法绘制不同 PLOD2 mRNA 表达水平患者的生存曲线

细胞实验

免疫组化方法检测不同级别胶质瘤患者 PLOD2 表达情况

Western blot 检测乏氧处理后胶质瘤细胞系 U87 和 U251 相应蛋白变化情况

ELISA 检测乏氧处理后胶质瘤细胞系 U87 和 U251 上清中 I 型胶原纤维含量变化情况

CCK8 细胞增殖实验/平板克隆实验检测敲除 PLOD2 后胶质瘤细胞系 U87 和 U251 增殖变化

Transwell 迁移模型检测敲除 PLOD2 后乏氧诱导胶质瘤细胞系 U87 和 U251 迁移能力变化

3D 侵袭模型检测敲除 PLOD2 后乏氧诱导胶质瘤细胞系 U87 和 U251 侵袭能力变化

激光共聚焦显微镜观察敲除 PLOD2 后乏氧诱导胶质瘤细胞系 U87 和 U251 形态变化情况

动物体内实验

选用胶质瘤细胞系 U251 建立人胶质瘤皮下及颅内原位种植裸鼠模型。

测量肿瘤平均体积、胶原纤维含量及瘤体硬度

病理学检测敲除 PLOD2 后胶质瘤细胞系 U251 颅内侵袭能力变化

天狼星红染色检测敲除 PLOD2 后瘤体内 I 型胶原纤维排布变化

**结果** PLOD2 在胶质瘤中高表达并呈现病理级别依赖性特征

PLOD2 表达水平与胶质母细胞瘤患者的预后呈负相关

乏氧通过乏氧诱导因子-1 $\alpha$ （HiF-1 $\alpha$ ）诱导 PLOD2 的表达

体外敲除 PLOD2 并不影响胶质瘤细胞的增殖及胶原纤维合成

敲除 PLOD2 抑制胶质瘤细胞的迁移与侵袭

PLOD2 通过 FAK 信号通路促进胶质瘤细胞的迁移与侵袭

动物实验: PLOD2 可以促进胶质瘤细胞侵袭

结论 PLOD2 在胶质瘤中高表达并与肿瘤级别呈正相关

乏氧通过 HIF-1 $\alpha$  诱导胶质瘤 PLOD2 表达

PLOD2 通过 FAK 信号通路促进胶质瘤细胞的迁移与侵袭

体内实验证实敲除 PLOD2 可以显著性抑制胶质瘤细胞的侵袭

## PU-7008

# 电化学发光法技术测定鳞状上皮细胞癌抗原的性能验证

杜秀环,陶耕

福建医科大学附属第二医院,362000

**目的** 对电化学发光技术检测鳞状上皮细胞癌抗原 (SCCA) 进行性能验证。

**方法** 依据美国临床和实验室标准化协会 (NCCLS) 系列文件, 对电化学发光法检测 SCCA 的精密度、正确度、线性范围、参考区间及可报告范围进行验证和评价。

**结果** 电化学发光法检测 SCCA 高低值的质控血清批内变异系数 (CV) 分别为 1.2%和 2.19%, 批间变异系数分别为 2.72%和 5.43%, 均小于厂家声明的不精密度; 正确度验证试验中高低值质控血清的相对偏差分别为 0.98%和 3.68%, 均 $<1/2$  允许总误差 (total allowable error, TEa); 线性回归方程和判定系数为  $Y=1.0203X-0.2779, R^2=0.9985$ , 线性范围为 0.142-58.12ng/ml; 20 例健康体检者的检测结果均在厂家提供的参考区间内; 可报告范围上限为 944.0ng/ml。

**结论** 电化学发光技术检测鳞状上皮细胞癌抗原的验证指标均达到规定要求, 可用于临床检测。

## PU-7009

# 血小板各项参数在高脂血症中的应用及临床意义

袁改玲

新疆生产建设兵团第五师医院

**目的** 旨在通过随机对照实验研究平均血小板各项参数在不同高脂血症患者中的水平变化, 探讨高脂血症患者血小板各参数的变化及其临床意义。

**方法** 选择 2018 年 1 月至 2019 年 1 月, 在我院就诊的高脂血症患者 102 例, 正常健康对照 58 例, 分别测定其血脂水平及血小板各项参数。整理数据,应用统计学方法处理数据,得出结果并分析。

**结果** 102 例高脂血症患者血小板(PLT)、平均血小板数(MPLT)及平均血小板体积(MPV)等参数的测定结果中,其中高胆固醇并高甘油三脂患者,PLT、MPLT 及巨大血小板比例(Macro-PLT)高于正常,MPV 正常;而单纯高胆固醇或高甘油三脂患者,上述指标与正常人无显著性差异。提示高胆固醇并高甘油三脂患者,存在血小板生成动力学异常,其血小板的破坏增加,生成率加速、但处于一种高水平的动态平衡之中。这可能是高脂血症出现高凝状态的原因之一。同时表明此类患者使用抗血小板疗法具有一定的合理性和必要性。

**结论** 一般来说,临床检测平均血小板的意义:平均血小板体积是判断血小板是否减少的重要检测指标,并在血小板减少原因的区分中具有重要作用,如造血功能抑制越严重,平均血小板体积越小;骨髓增生低下使血小板减少时平均血小板体积减少或不变;血小板破坏使血小板减少时平均血小板体积逐渐增高。但本文从高脂血症出发,对血小板参数在非血液疾病中的应用进行了探讨和研究。

## PU-7010

## ALT、AST 等临床检验指标与慢性乙型肝炎中医证型的相关性分析

张维强

天津市第一中心医院,300000

**目的** 探讨临床检验指标与慢性乙型肝炎中医证型的相关性，为中医临床辨证施治提供可借鉴和参考价值。

**方法** 以中医证型诊断标准为依据，纳入 2016 年 4 月~2018 年 4 月我院收治的慢性乙型肝炎肝胆湿热证型 32 例和肝郁脾虚证型 30 例作为观察的主要对象，探究慢性乙型肝炎两种中医证型。

同时检测静脉血指标 ALT、AST、TBIL、DBIL、GGT，并观察其阳性检出率在两组出现和发生的情况及相关性。

**结果** ①肝胆湿热证型中的 ALT、AST、TBIL、DBIL、GGT 指标比较肝郁脾虚证型，明显偏高，上述指标的组间比对，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )；

②肝胆湿热证型的阳性率为 78.13%，肝郁脾虚证型的阳性率为 46.67%，阳性率指标的组间比对，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 中医辨证分型和慢性乙型肝炎的部分检测指标存在着密切的相关性。明确中医分型，并以中医分型的结果为依据开展针对性的治疗干预，给慢性乙型病毒性肝炎临床治疗提供了全新的媒介和途径，也使得治疗的效果更加令人满意。ALT、AST、TBIL、DBIL、GGT 作为常规检查的生化指标同中医证型存在显著的相关性，因此通过检验指标对于慢性乙型肝炎的中医辨证临床诊断和治疗可起到参照作用。

## PU-7011

## 乙肝病毒 P 区耐药突变与患者 T 淋巴细胞表达的相关性研究

杨莉

河北省石家庄市第五医院

**目的** 探讨慢性乙型肝炎患者出现 P 区耐药突变前后不同治疗方案、不同病情及不同突变位点个数 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞的表达量，为减缓或阻止耐药性出现寻找新的治疗靶点。

**方法** 选择 2015 年 10 月-2019 年 3 月就诊于石家庄市第五医院的 67 例慢性乙肝患者；在发生耐药突变前后采用流式细胞术检测患者外周血中 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>的表达量，并采用荧光定量 PCR 技术及基因测序法检测所感染的病毒分型、病毒载量及病毒基因 P 区耐药基因位点的变化。

**结果** 单位点与多位点突变 CD3<sup>+</sup>/CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup>T 淋巴细胞表达量均明显低于正常水平 ( $P<0.05$ )，且多位点组有降低趋势，HBV DNA 载量有升高趋势；乙肝患者耐药突变后 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup> 表达量与突变前相比均明显降低 ( $P<0.05$ )，CD8<sup>+</sup>表达量无显著性差异；不同治疗方案的乙肝患者耐药突变后 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup> 表达量与突变前相比降低 ( $P<0.05$ )，CD8<sup>+</sup>表达量无显著性差异 ( $P>0.05$ )；不同病情 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup> 表达量随病情加重不断降低 ( $P<0.05$ )，CD8<sup>+</sup>表达量无显著性差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 突变位点增多，病毒复制变活跃，患者机体免疫功能受损加重；不同治疗方案下，CHB 患者发生耐药突变后 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞功能均受损严重，且随病情加重，CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>T 淋巴细胞的免疫功能受损加重，临床抗病毒治疗时应重点监测。

## PU-7012

## 杭州地区产褥期妇女血清微量元素水平变化及其意义

叶慧,王梅,张灵莉  
浙江省杭州市妇产科医院

**目的** 分析杭州市地区产妇产后 42 天血清微量元素含量和常规随访结果,探讨妇女产后微量元素与产后阴道微生态修复及营养情况。

**方法** 选取 2017 年 7 月至 2018 年 12 月在杭州市妇产科医院办理保健手册的孕妇共 4057 名,采用配对设计,用原子吸收光谱法测定全血中钙、铁、铜、铅、锌、镁六种微量元素的含量。并选择同期健康未怀孕妇女 142 名(正常对照组),进行以上六种微量元素检测。同时对产后随诊妇女进行阴道微生态检测,探讨产褥早期妇女微量元素水平变化,及其与阴道微生态修复之间的关系。

**结果** 杭州地区妇女产褥期血清钙、铁、铜、铅、锌、镁含量分别为(1.52±0.10) mmol/L、(8.31±0.65) mmol/L、(16.76±4.33) μmol/L、(36.05±13.27) μg/L、(97.47±8.42) μmol/L、(1.49±0.14) mmol/L,六种元素产褥期与孕中期比较差异均有统计学意义( $p<0.001$ )。与正常非孕妇女比较,除血清锌含量高于对照外( $p<0.001$ ),其他五种元素均无显著性差异。结合产后 42 天阴道微生态检测结果分析,微量元素缺乏的产褥期妇女阴道微生态修复率低于微量元素正常水平正常妇女。

**结论** 妇女孕期应加强营养管理,维持微量元素水平,孕期和产褥期仍需注意补充钙元素。微量元素水平的维持有利于产后阴道微生态的修复,提高围产期保健质量。

## PU-7013

## 帕利哌酮缓释片血药浓度与女性精神分裂症患者血清 PRL 水平的关联性分析

张维强  
天津市第一中心医院,300000

**目的** 研究帕利哌酮缓释片血药浓度与女性精神分裂症患者血清泌乳素(PRL)水平的关联性。

**方法** 选取 2017 年 5 月~2018 年 5 月女性精神分裂症患者 46 例,所有患者均口服帕利哌酮缓释片治疗,分别于用药前、用药后 1 周、2 周、4 周、6 周、8 周检测患者帕利哌酮缓释片血药浓度及血清 PRL 水平,分析二者相关性。

**结果** 用药后 1 周,女性精神分裂症患者帕利哌酮缓释片血药浓度与血清 PRL 水平均有所升高,用药后 2 周最高,用药后 4 周、6 周、8 周二者水平均略有降低;Spearman 相关性分析可知,帕利哌酮缓释片血药浓度与患者血清 PRL 水平存在正相关性( $P<0.05$ )。

**结论** 女性精神分裂症患者采用帕利哌酮缓释片治疗期间,其血清 PRL 水平随帕利哌酮缓释片血药浓度变化而变化,二者存在正相关关系,对患者血清 PRL 水平进行监测可反映出帕利哌酮缓释片血药浓度,可为临床调整用药剂量提供参考数据,提高用药安全性。

## PU-7014

## 智能化标本管理系统在门诊患者采血中的应用与效果评价

杜霞荣,李岚,胡坤,徐毓欣

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨智能采血流水线系统在门诊患者静脉血标本信息化管理中的应用价值。

**方法** 以智能采血流水线系统进行标本管理的质量指标为观察组,传统手工贴管系统进行标本管理的质量指标为对照组,从门诊患者采集静脉血标本所需的平均等待时长、各项检验项目贴管的正确率、静脉血标本采集后分拣的正确率 3 个方面进行比较并进行统计学分析。

**结果** 使用流水线智能采血系统后,门诊患者进行静脉血标本采集时只需要取号登记、等待叫号、采血、取回执个环节。取号登记后系统可立即获取每位患者的检验项目信息,根据患者的检测项目所需试管不同,系统自动逐一进行备管和智能贴管,并在平板上显示具体采血信息,窗口护士只需进行采血前核对和评估,无需人工粘贴采血试管,提高了护士静脉采血的工作效率,缩短了患者的平均等候时长,提高了患者的就医感受;减少了贴错采血试管的发生率;采血后静脉标本通过流水线进入分拣机,分拣机系统对所有的血标本进行智能分拣,降低了人工分拣导致的分拣运送错误率,提高了标本运输的效率,患者取得检验报告时间明显缩短。经比较,两组的差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 运用智能化标本管理系统,优化了原有的静脉血标本采集、运输、分拣等各环节的流程,实现了门诊患者静脉血标本采集的高效管理,从传统的手工作业转变为信息化智能操作,不仅提高了工作效率,还杜绝了各种人工差错的发生,实现了门诊患者静脉血标本的闭环、零缺陷管理,医疗质量更安全,患者的就医安排更高效,就医体验更舒适,获得感更强,满意度提高,值得临床推广。

## PU-7015

## 调查送检不合格血液样本的原因,减少分析前误差

李增安

云南省第二人民医院,650000

**目的** 通过对送检我科血液样本的统计,识别送检血液样本不合格的原因,调查实验室分析前误差的来源及类型,以更好地开展检验工作。

**方法** 以临床实验室最主要的对象样本之一血液检验样本为调查对象,统计 2017 至 2018 年全院及各科室样本拒收率,并对不合格原因进行分析。

**结果** 1、本次研究表明,接收到的住院病人 170805 例静脉血液样本中,拒收的样本共 517 例,占 0.30%,与国外相关临床实验室资料研究的样本不合格率 0.83%相比较有显著性差异( $X^2$ ,  $P<0.05$ )。

2、统计结果也表明,送检静脉血液样本不合格率从第一年的 0.45%下降到第二年的 0.18%,差异有显著性( $X^2$ ,  $P<0.05$ )

3、517 例不合格的住院患者血液标本不合格原因分类见下表:

原因合计 (%) 第一年(%) 第二年(%)

样本凝固 38.68 36.18 43.98

样本采集量错误 32.69 39.89 17.47

容器使用错误 7.74 6.55 10.24

样本严重溶血 7.74 4.84 13.86

无标本 6.38 5.41 8.34



其他 6.77 7.13 6.11

**结论** 全面质量控制是对影响检验结果的各种因素和环节进行质量控制的过程,包括检验前、检验中、检验后三个环节。检验前质量控制是指对检验样本进行分析测试前的质量控制过程,目的是为了得到合格的检验样本,事实上,没有合格的检验样本,尽管使用再先进的检验设备,再精密的检验方法,质量再好的检验试剂,技术水平再好的检验人员,也无法获得准确、可靠的检验结果。我们都知道,在临床和实验室的误差可能无法彻底消除。然而,标准化、信息化及自动化的应用可以有效地减少这些误差,或至少限制其可能对病人的健康造成不利后果。一个合格的检验样本能为临床医生提供诊断病因、诊断疾病、鉴别诊断、疗效观察、病情演变和预后判断的依据。故必须采取各种措施以保证检验样本的合格性。检验医师应积极与临床医师沟通、合作,共同探讨疾病的病因学特点,发病规律、病情变化与实验指标的关系,主动的、动态的、系统的、多方位多指标地将实验室检查与临床表现和治疗方案等进行同步分析,从中找出有规律的和有内在联系的方案和指标来参与临床诊断和治疗;不断寻求最直接、最有效、最合理、最经济的实验指标和方案。本研究通过对不合格样本产生的原因分析,为提高医疗质量,避免医疗纠纷的发生等就有重要的意义。

PU-7016

## 双重杂合子地中海贫血 1 例报道

苏婷

昆明医科大学第二附属医院

**目的** 通过该病例提示当临床实验室使用罗氏 C501 进行 HbA1c 的检测结果异常偏低时,应警惕是否存在血红蛋白变异体的干扰,进一步完善血红蛋白电泳和基因诊断等相关检查,避免使用 HbA1c 进行血糖监测时造成漏诊或误诊。

**方法** 采用 Sysmex-4000i 全自动血细胞分析仪进行红细胞参数分析,罗氏 C501 全自动生化分析仪免疫比浊法进行 HbA1c 测定,雅培 C16000 全自动生化分析仪进行空腹血糖(Glu)测定,Sebia Hydrasys 全自动琼脂糖凝胶电泳仪进行血红蛋白组分定量分析,Hybribio HB-2012A 医用核酸分子杂交仪通过 PCR-导流杂交法进行常规  $\alpha$ -和  $\beta$ -地中海贫血基因检测,包括常见的 3 种缺失型  $\alpha$ -地贫(-SEA、- $\alpha$ 3.7 和 - $\alpha$ 4.2)、3 种突变型  $\alpha$ -地贫(CS、QS、WS)及 17 个位点的 19 种突变型  $\beta$ -地贫。

**结果** 先证者及其胞妹表现为小细胞低色素症,先证者及其父亲和胞妹均出现 HbA1c 异常减低。先证者及其胞妹血红蛋白电泳表现为血红蛋白 A (hemoglobin A, HbA) 明显降低,血红蛋白 F (hemoglobin F, HbF) 和血红蛋白 A<sub>2</sub>(hemoglobin A<sub>2</sub>, HbA<sub>2</sub>) 明显增高,基因检测为  $\beta$ E/CD17 突变;先证者父亲血红蛋白电泳表现为 HbA 降低, HbA<sub>2</sub> 增高, HbF 轻度增高,基因检测为  $\beta$ E 突变;先证者母亲血红蛋白电泳表现为 HbA 降低, HbA<sub>2</sub> 增高,基因检测为  $\beta$ CD17 突变。

**结论** 本研究发现的一个家系 2 例  $\beta$ +/ $\beta$ 0-地中海贫血和 1 例  $\beta$ +/ $\beta$ N-地中海贫血,由于存在血红蛋白变异体 HbE,而当使用罗氏 C501 全自动生化分析仪采用免疫比浊法进行 HbA1c 检测时结果呈假性减低。因此,当实验室发现受检者血常规异常,且使用该系统进行 HbA1c 的检测结果异常偏低时,应警惕是否存在血红蛋白变异体 HbE 的干扰,需要进行血红蛋白电泳及基因检测以明确上述可能,必要时还需进一步采用测序等技术。提示临床当存在血红蛋白变异体时应合理选择检测系统,避免使用 HbA1c 进行血糖监测时造成漏诊或误诊。

## PU-7017

## 2017-2018 年深圳市罗湖区婚检 TORCH 结果分析

莫云钧,张丽军,覃俊龙,莫红梅,张秀明  
深圳市罗湖区人民医院

**目的** 分析深圳市罗湖区免费孕前优生优育健康检查 TORCH 结果,了解孕前 TORCH 感染现状,为做好优生优育工作、提高生育质量提供参考。

**方法** 以 2017 年 7 月-至 2018 年 6 月在深圳市罗湖区人民医院进行 TORCH 筛查的 4916 例育龄妇女为研究对象,采用酶联免疫吸附法(ELISA)检测其血清 TORCH 特异性抗体 IgG 及 IgM 并统计分析。

**结果** 所调查育龄妇女人群中 CMV 病原体抗体 IgG 的阳性检出率最高,为 96.14%,其次为 RV 抗体 IgG,阳性率为 81.73%,而 TOX 抗体 IgG 阳性率为 0.77%,TOX、CMV 的 IgM 抗体阳性率分别为 0.65%、0.04%;分析气候对 TORCH 感染的影响,夏季、秋季两季节,TOX 抗体 IgM 阳性检出率较高,CMV 抗体 IgM 仅在夏季检出阳性,RV 抗体 IgG 随着气温的降低,阳性检出率升高;将调查的育龄女性人群分为低龄组(18~35 岁)和高龄组(36~45 岁),低龄组 TOX 抗体 IgM、RV 抗体 IgG、CMV 抗体 IgM 的阳性检出率均高于高龄组,TOX 抗体 IgM、CMV 抗体 IgM 差异无统计学意义( $\chi^2=0.096$ 、 $0.167$ ;  $P=0.547$ 、 $0.852$ ),而 RV 抗体 IgG 差异具有统计学意义( $\chi^2=6.745$ ,  $P=0.007$ ),高龄组的 TOX 抗体 IgG、CMV 抗体 IgG 阳性检出率均高于低龄组,TOX 抗体 IgG 差异无统计学意义( $\chi^2=3.514$ ,  $P=0.068$ ),CMV 抗体 IgG 差异具有统计学意义( $\chi^2=7.162$ ,  $P=0.002$ )。

**结论**

本地区有一定比例的育龄女性感染 TORCH,而 CMV 抗体 IgG 和 RV 抗体 IgG 阳性率最高,气温暖和季节容易感染 TOX、CMV 病毒,应加强育龄女性孕前筛查 TORCH 力度,降低先天性 TORCH 感染风险,提高人口素质。

## PU-7018

## 全自动尿液分析仪 UF-1000i 管型检测假阳性分析

张建雄  
延安市人民医院,716000

**目的** 以显微镜检测为金标准,评价 UF-1000i 尿液分析仪对尿管型的检测,通过尿液分析仪 UF-1000i 检测管型假阳性结果的分析,获得实验室工作中对假阳性结果排除的经验和方法,为临床医生提供准确的化验报告,以便对患者的病情做出准确的判断。

**方法** 随机收集本院住院患者尿液 600 份,同时进行全自动尿液分析仪 UF-1000i 和显微镜检测。全自动尿液分析仪 UF-1000i 检测异常者为阳性,其中全自动尿液分析仪 UF-1000i 检测异常,干化学和镜检检测结果正常为假阳性。对这两种方法检测尿液中管型的检测结果进行分析。

**结果** 600 份标本全自动尿液分析仪 UF-1000i 检测出管型阳性的为 243 份,用显微镜检测阳性标本为 129 份。以显微镜检测为金标准,全自动尿液分析仪 UF-1000i 检测管型的结果存在着假阳性,假阳性率为 46.91%。

**结论** 使用全自动尿液分析仪 UF-1000i 提高了实验室检测尿液的效率,但存在着一定的假阳性率,应该对阳性结果密切注意,避免假阳性结果。

## PU-7019

## 宫颈病变与高危型 HPV 检测相关性研究

刘倩  
中日医院,100000

**目的** 分析 2017-2018 年中日友好医院女性宫颈液基薄层细胞学 (TCT) 与高危型人乳头瘤病毒 (HR-HPV) 感染情况的关系。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 4 月就诊于中日友好医院妇科门诊 9745 例女性宫颈脱落细胞样本, 同时进行 TCT 检查和 HPV16、18、31、33、35、39、45、51、52、56、58、59、66、68、82 共 15 种 HPV 亚型检测。

**结果** 9745 例标本根据 TBS 分组, HSIL 组共 116 例 (1.19%), LSIL 组共 214 例 (2.20%), ASC 组共 362 例 (3.71%), 未见病变共 9053 例 (92.9%); TCT 阳性标本中, HPV 单一感染率为 53.0%, 多重感染率为 24.4%, 结果具有统计学意义 ( $P<0.01$ ); HPV 感染型别检出率前 3 位为 16 型、56 型和 58 型, 显著高于 TCT 阴性样本 ( $P<0.01$ )。HSIL 组 HPV 单一感染率为 73.3%, 多重感染率为 18.1%; LSIL 组 HPV 单一感染率为 51.9%, 多重感染率为 25.7%; ASC 组单一感染率为 47.2%, 多重感染率为 25.7%。根据年龄分组后, 17~<30 岁人群感染率为 29.83%, 30~<40 岁为 22.66%, 40~<50 岁为 21.96%, 50~<60 岁为 24.97%, 60~90 岁为 21.27%。

**结论** TCT 阳性患者 HPV 检出率显著高于 TCT 阴性患者, TCT 联合 HPV 检测在宫颈疾病中具有极其重要的临床意义, 对于宫颈上皮细胞早期病变的检出很重要, 弥补了单一检测手段的不足, 极大地减少宫颈疾病的漏诊, 提高检出率。

## PU-7020

## 促炎症消退：癌症治疗新曙光

张丽霞  
山西医科大学第二医院,030000

**目的** 当前世界范围内, 癌症依然是导致人群死亡的主要原因之一。目前医疗界仍缺乏行之有效的治癌策略。近些年来, 科学家研究发现炎症可能是导致癌症发生发展的重要机制之一。

**方法** 当机体受到外界刺激时会发生急性炎症反应, 急性炎症反应如果未能及时消退, 则会发展为慢性炎症, 而长期的慢性炎症会引起机体内环境稳态失衡, 进而发生一系列生化及病理生理反应, 从而增加癌症的发病率并促进肿瘤的侵袭及转移。如何限制机体内炎症的发生发展, 及时促进机体内急性炎症的消退、抑制慢性炎症的发生, 则有可能成为预防及治疗癌症的有效措施之一。

**结果** 新近提出的促炎症消退 (Inflammation Resolution) 新策略, 是建立在机体内主动炎症消退过程上的以多种抗炎促消退介质参与为基础所提出的促进炎症及时消退、减轻炎症损伤的治疗新选择。

**结论** 本文旨在探讨炎症消退障碍这一癌症发展的可能机制, 并提出抗炎促消退的癌症治疗新策略。

## PU-7021

## 质谱技术（MALDI-TOF MS）在临床微生物检验中的应用

王鑫磊

吉林大学白求恩第二医院

**目的** 本文主要介绍基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术(matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry, MALDI-TOF MS)优势、原理及其在临床微生物实验室应用的现状及前景。

**方法** MALDI-TOF MS 主要通过微生物蛋白质表达图谱的特征峰来鉴定属、种、株。主要基于以下几个方面：不同种类的微生物指纹图谱有差异；指纹图谱中存在种属、亚种间较特异的模式峰；相同的操作条件下，其鉴定结果具有可重复性。

**结果** MALDI-TOF MS 对以葡萄球菌属和链球菌属为代表的革兰氏阳性球菌鉴定到种的准确率要大于 99%；对以大肠埃希菌为代表的肠杆菌科细菌鉴定到种的准确率为 96.6%；对拟杆菌属为代表的厌氧菌鉴定的准确率为 97.5%。在致病性酵母菌和丝状真菌检测中也有报道。

MALDI-TOF MS 方法不需要对待测物质进行扩增培养等过程，可以直接从临床样本（比如尿液标本、脑脊液标本、血培养阳性标本等）中检测细菌的种类。MALDI-TOF MS 为多重耐药菌检测提供了一个很好的平台，几乎能够分析所有的耐药机理。

**结论** 尽管基质辅助激光解析电离飞行时间质谱技术在微生物检验中发挥着独特的作用，但是在应用方面仍然存在局限性。首先是价格比较昂贵，其次是鉴定比对的数据库中标准菌株的图谱有限，质谱特征峰数据不够充分，导致一些罕见菌种或者新型细菌无法匹配鉴定，同一菌属中十分相近的菌种容易鉴定错误。但是随着国内外不断研究优化程序、补充数据库后，相信所有的分离株会逐步的被明确的鉴定出来，从而实现更广泛的应用于临床，把传统的微生物检验带到一个新的层次。

## PU-7022

## LncRNA PSMD5-AS1 promotes proliferation and invasion in breast cancer

Yaqiong Zhang,Zhaoyun Li

Taizhou central hospital (affiliated hospital of taizhou university)

**Objective** Breast cancer is prone to recurrence and metastasis, and the mechanism of its development is complex. The molecular mechanism of its research is important for the prevention and treatment of breast cancer. Long-chain non-coding RNA is an RNA greater than 200 nt in length. Although many lncRNAs have been found to play a role in breast cancer, more research is needed on lncRNAs associated with certain types of breast cancer.

**Methods** lncRNA-PSMD5-AS1, which is differentially expressed from normal cells, was screened from breast cancer cells by lncRNA sequencing. The role of PSMD5-AS1 in cell proliferation, cell cycle, apoptosis, migration and invasion was studied by cell biology techniques. Molecular biology techniques were used to study the mechanism by which PSMD5-AS1 promotes the development of breast cancer.

**Results** The lncRNA microarray screening of breast cancer tissues revealed that lncRNA PSMD5-AS1 was significantly up-regulated in breast cancer. PSMD5-AS1 promotes cell proliferation by inhibiting apoptosis, but does not affect the cell cycle. PSMD5-AS1 also promotes migration and invasion of breast cancer cells. PSMD5-AS1 binds to miR-125-3 as a competitive endogenous RNA and exerts a sponge-like adsorption to regulate BAZ-2A expression.

**Conclusions** Our study found that long-chain non-coding RNA PSMD5-AS1 is elevated in breast cancer and promotes breast cancer proliferation and metastasis, providing new insights into the development of effective breast cancer biomarkers and intervention strategies. Perspective.

## PU-7023

### 耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌耐药性分析

俞娟,吴红肖  
南通大学附属医院,226000

**目的** 分析本院耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌（CR-PA）的检出情况、临床分布及耐药性，为临床控制耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌感染、合理使用抗菌药及延缓细菌耐药产生提供可靠的参考依据。

**方法** 收集本院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月 3 年间住院患者送检标本分离的铜绿假单胞菌样本信息。采集本院门诊及住院患者送检标本分离培养出的铜绿假单胞菌共 176 株，其中耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌 81 株，以选择病人第一例菌株为标准，去除痰液不合格的标本，纳入的耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌共 55 株。采用法国梅里埃公司的 VITEK 2 COMPACT 细菌鉴定和药敏系统进行菌种鉴定和药敏试验。采用 Whonet 软件对其结果进行统计，分析其检出情况、临床分布及耐药性。

**结果** 2016 年-2018 年本院共分离到 446 株耐碳青霉烯类铜绿假单胞菌，EICU 25%，呼吸内科 18%，ICU 11%，烧伤科 10%，神经内科 7%，康复医学科 6%，急诊内科和急诊外科的 CRPA 各占 3%，其他科室 25%。446 例 CR-PA 在各类临床标本中分别是痰 77.8%，血液 9.7%，分泌物 4.9%，肺泡灌洗液 1.6%，导管头 1.4%，腹腔引流液 1.1%，脓液 0.9%，尿液 1.1%，创面组织 0.4%，角膜刮片、创面分泌物、外渗液、纤支镜灌洗液及胆汁各占 0.2%。来自呼吸道的标本 347 例，血液 38 例，分泌物 22 例，无菌体液 5 例，尿液 5 例，消化道 1 例。药敏试验结果显示，亚胺培南与美罗培南的耐药率分别为 47%和 40.5%，哌拉西林、头孢哌酮/舒巴坦、替卡西林/克拉维酸、哌拉西林/他唑巴坦、头孢他啶、头孢吡肟、氨曲南、阿米卡星、庆大霉素、妥布霉素、环丙沙星、左旋氧氟沙星和诺氟沙星的耐药率分别为 25.9%、22.6%、50%、19.7%、25%、19.6%、32.9%、4.8%、8.7%、7.5%、31.3%、28.9%、16.3%。PA 对亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 47%和 40.5%，稍高于中国 CHINET 细菌耐药性检测网所发布的耐药率。

**结论** CR-PA 感染部位主要是呼吸道，感染较多的科室主要是重症监护室、呼吸内科和烧伤整形科等科室。替卡西林/克拉维酸的耐药率为 50%，亚胺培南的耐药率为 47%，美罗培南的耐药率为 40.5%，耐药率均超过 40%，应谨慎经验用药。针对本院的 CR-PA 感染情况需制定科学有效的治疗方案，进一步加强耐药性监测，做好预防耐药菌株传播的工作，减少院内感染。

## PU-7024

### 亚胺培南联合妥布霉素促进对临床多重耐药铜绿假单胞菌抗菌活性

俞娟,褚少朋  
南通大学附属医院,226000

**目的** 分析亚胺培南与妥布霉素联合用药对铜绿假单胞菌的抗菌效果，评价两者联合用药对临床多重耐药铜绿假单胞菌感染潜在治疗作用。

**方法** 用肉汤稀释法检测铜绿假单胞菌标准菌株 ATCC27853 和 20 株临床多重耐药铜绿假单胞菌菌株对亚胺培南和妥布霉素的最低抑菌浓度（minimum inhibitory concentration, MIC）。用棋盘稀释法测定不同浓度亚胺培南和妥布霉素联合对标准菌株 ATCC27853 和 20 株临床多重耐药铜绿假单

胞菌菌株 MIC 值变化, 并计算部分抑菌浓度指数 (fractional inhibitory concentration index, FICI) 来判定联合效果。测定亚胺培南和妥布霉素单用及联合使用时的时间杀菌曲线。

**结果** 20 株临床多重耐药铜绿假单胞菌对亚胺培南的 MIC 范围在 8-256 $\mu$ g/mL, 妥布霉素的 MIC 范围在 2-512 $\mu$ g/mL。其 FICI 指数范围为 0.08-1.50。亚胺培南与妥布霉素联合用药可显著降低铜绿假单胞菌的 MIC。亚胺培南与妥布霉素联合用药表现为协同作用 ( $FICI \leq 0.5$ ) 为 15%, 部分协同作用 ( $0.5 \leq FICI \leq 1$ ) 为 35%, 相加作用 ( $FICI = 1$ ) 为 10%, 无关作用 ( $1 < FICI \leq 2$ ) 为 40%, 无拮抗作用。亚胺培南与妥布霉素联合用药后的细菌数量与单药相比降低显著。

**结论** 亚胺培南与妥布霉素联合对部分临床多重耐药铜绿假单胞菌有协同作用, 杀菌曲线显示联合用药效果显著, 其具体机制仍有待研究。

## PU-7025

### 梅毒螺旋体实验室检测及临床意义

刘红叶

长春市中心医院, 130000

**目的** 梅毒 (syphilis) 是一种性传播疾病, 对人体危害极大, 研究梅毒螺旋体的感染现状, 探讨开展梅毒螺旋体筛查的意义。

**方法** 快速血浆反应素试验 (RPR), 梅毒螺旋体明胶凝集试验 (TPPA) 梅毒酶联免疫吸附法 (ELISA)

**结果** ELISA 和 TPPA 的灵敏度和特异度较高, 且操作简单、方便, 适用于自动化、标准化等操作, 且可以批量操作。

**结论** ELISA 和 TPPA 在临床中值得推广使用, 住院患者常规筛查梅毒螺旋体抗体可有效检测出隐形梅毒患者, 不仅可以早诊断, 早治疗, 减少医疗纠纷的发生, 也可以预防院内交叉感染。

## PU-7026

### 检验专业质量指标对改善检验科管理水平的评价

田佳乐, 李冬

上海市同济医院(同济大学附属同济医院)

**目的** 有针对性地根据每月检验专业质量指标的完成情况, 在检验科每月举行的质量管理会议上进行讨论并制定改进方案, 指派专人负责实施, 由质量主管督查实施效果, 以逐步改善检验科的管理水平、提升检验科与临床科室的沟通效果。

**方法** 每月由检验科信息管理员使用检验信息系统统计并汇总: ①15 项检验专业质量指标完成情况、②各专业组质量督查完成情况、③各临床科室对检验科检测及服务质量评价情况、④科室成本核算情况, 制作成 PPT 在质量管理会议进行汇报。会议上根据不同情况, 由质量主管制定相应的解决方案, 规定实施负责人。实施完成后, 由质量主管负责督查实施效果。

**结果** 自 2014 年 1 月起, 每月进行检验专业质量指标监控以来, 住院标本退还个数从 157 个/月下降到了 106 个/月, 住院标本退还率从 2.62% 下降到了 1.72%; 抗凝标本凝集率、送检时间错误率、标本类型错误率明显下降; 各专业组质量督查发现的问题均在限期内整改完成并通过质量主管督查; 各临床科室对检验科检测及服务质量评价逐步改善; 各检测仪器收支比控制情况良好, 在新增较多高收支比新检测项目的情况下, 检验科每月的总收支比与 2014 年一致, 保持在 37% 左右。

**结论** 定期监控检验专业质量指标完成情况, 实时反馈、处置不符合质量目标的指标, 用数据与临床各科室进行沟通, 可以改善检验科的管理水平并提升与临床科室的沟通效果。

## PU-7027

## 去甲基化药物治疗骨髓增生异常综合征的研究

张婧玲,曹颖平

福建医科大学附属协和医院,350000

**目的** 近年来随着表观遗传学的深入研究,发现 DNA 甲基化在恶性血液肿瘤的发生、发展中起着重要的作用,并为治疗提供了新的靶点。表观遗传学异常尤其是 DNA 甲基化改变是骨髓增生异常综合征发病机制的研究重点,去甲基化药物作为一线治疗方案之一,已在临床取得了一定疗效。通过探寻去甲基化药物在骨髓增生异常综合征当中的作用从而进一步对临床治疗提供更多的依据。

**方法** 通过对 MDS 患者中克隆细胞内 DNA 甲基化和去甲基化的研究,从而对去甲基化药物的机制有更深入的了解,为临床治疗提供更多的治疗策略。

**结果** 表观遗传学改变尤其是 DNA 甲基化是 MDS 重要发病机制之一。DNA 甲基化是基因调控的一种独特形式,因为与基于蛋白质-DNA 相互作用的其他基因控制机制不同,它涉及基因组的共价变化,从而提供长期的稳定性。在 DNA 合成过程中,这一过程可以逆转,这使得它成为潜在的治疗靶点。

**结论** 目前为止,去甲基化药物用于 MDS 患者一线治疗取得了良好的疗效并相对安全可耐受,减少了患者的对血制品的需求,提高 MDS 患者存活率和生活质量。

## PU-7028

## Diagnostic value of multi-indicator joint model for early childhood EB virus infection

Xueqing Chen

The First Affiliated Hospital of Guangzhou University of Traditional Chinese Medicine

**Objective** At present, there are difficulties in the early diagnosis of EB virus infection in children. Serology is one of the main methods for clinical diagnosis of EBV infection. There are many detection methods, but they all have different degree of defects This study exploited a new approach in improving the detection rate of EB virus infection in children by establishing mathematical models of relevant laboratory indicators.

**Methods** We processed retrospective analysis of laboratory indicators of EB virus infection in children who were admitted to the first affiliated hospital of Guangzhou University of Traditional Chinese Medicine in 2017. This study adopted EXCEL software for statistical data and SPSS 21.0 software for statistical analysis.  $P < 0.05$  indicated statistically significant differences. The sensitivity, specificity and ROC curves were used to evaluate the diagnostic efficacy of different combinations of indicators and to determine the best combination of EBV diagnostic indicators. We compared the indicators between EBV infected and uninfected children and established a regression analysis model to find the most efficient indicators combination in diagnosis via ROC curves.

**Results** The proportions of EBV early antigen IgM (EA-IgM), capsid antigen IgG (VCA-IgG), capsid antigen IgM (VCA-IgM) and atypical lymph were significantly higher in the positive group than in the EBV-negative group( $P < 0.05$ ). The area under the ROC curve (AUC) of the model combining EB-EA-IgM, EB-NA-IgG, EB-VCA-IgM, atypical lymphocyte ratio, and lymphocyte ratio was 0.836, surpassing the rest combination models.

**Conclusions**

This study creatively and statistical analysis was applied to establish EBV infection evaluation method, and finally determine the EB-EA-IgM, EB-NA-IgG, EB-VCA-IgM, atypical lymphocyte ratio, and lymphocyte ratio as the best detection combination, the above values in mathematical model of each index, can be directly to obtain the probability of EBV infection in children,

clinicians can be coupled with the patient's clinical comprehensive diagnosis. This study opened up a new idea to improve the detection rate of early EBV infection in children. The multi-index combined model established provides a more accurate reference basis for early detection, early diagnosis and early treatment of children infected with EBV, which is worthy of further promotion in clinical practice.

## PU-7029

### 探讨生化免疫流水线在急诊检验中的应用价值

寄晓义,李冬

上海市同济大学附属同济医院

**目的** 通过分析比较生化免疫流水线安装前后, 急诊检验标本检测流程及样本周转时间等变化, 探讨生化免疫流水线在急诊检验中的应用价值及发展优势。

**方法** 分析比较流水线安装前后, 急诊检验标本流转方式及检测流程的变化; 统计分析流水线安装前后急诊检验报告的 TAT 变化及分布情况; ③统计比较安装前后仪器间标本检测量分配情况; 分别对安装前后急诊检验标本检测过程进行生物安全风险评估, 分析流水线安装对急诊检验生物安全控制的影响。

**结果** 流水线的应用有效控制了标本检测流程, 减少人工参与, 极大的减轻了岗位人员的工作压力; 安装后各报告的 TAT 较安装前均有大幅度的缩短; 处于 0~30 分钟及 31~45 分钟的报告占比比较安装前有明显的提升; 安装后, 各仪器间标本检测量的平衡趋于合理, 各仪器故障发生次数显著减少; 流水线的安装降低了急诊检验标本检测过程中发生生物安全事件的风险。

**结论** 生化免疫流水线对于急诊检验的流程改进, 减轻岗位工作人员压力, 提高工作效率、缩短优化 TAT 及控制生物安全状况有较大的应用价值。

## PU-7030

### 不同条件处理 RAW264.7 细胞后对 5 种与细胞自噬相关的 miRNAs 表达的影响

徐向荣

延安市人民医院, 716000

**目的** 探究不同条件处理对 RAW264.7 细胞中 miR-181c, miR-101b 和 miR-1192 等 5 种自噬相关 miRNAs 的表达水平, 为研究 miRNAs 在细胞自噬中的功能提供理论基础。

**方法** 生物信息学预测分析与细胞自噬相关的 miRNAs 并构建 miRNAs 调控细胞自噬的网络图; 分别用雷帕霉素 (Rapamycin, Rapa) 和 3-甲基腺嘌呤 (3-MA) 对 RAW264.7 细胞做不同条件处理, 通过实时荧光定量 PCR (Quantitative Real-time PCR, qRT-PCR) 检测不同条件处理后 RAW264.7 细胞中 miR-181b、miR-181c、miR-101b、miR-1192、miR-590-3p、和 miR-335-5p 的相对表达量。

**结果** 生物信息学预测结果显示 8 种 miRNAs 可能分别靶向作用于细胞自噬通路中多个关键蛋白, 对细胞自噬起到促进或抑制功能; 与正常对照组相比, miR-181c、miR-101b、miR-1192、miR-335-5p、在 Rapa 处理 RAW264.7 细胞组中表达显著下调 ( $P < 0.05$ ), 而在 3-MA 处理组则都显著上调 ( $P < 0.05$ ); miR-181b 在 Rapa 组表达显著上调, 在 3-MA 组表达下调 ( $P < 0.05$ ); miR-590-3p 在 Rapa 组和 3-MA 组都无显著性变化 ( $P > 0.05$ )。



**结论** miR-181c、miR-101b 等 7 种 miRNAs 可能在 RAW264.7 巨噬细胞自噬过程中发挥重要调控作用。

## PU-7031

### 侵蚀艾肯菌临床致病性报道 2 例

刘莹,张桂华

中国医科大学附属第一医院鞍山医院

**目的** 临床分离的两例侵蚀艾肯菌鉴定和药物敏感性试验。

**方法** 从患者的口腔伤口拭子和痰标本中分离纯化侵蚀艾肯菌，而后用仪奈瑟菌鉴定板对其鉴定和药物敏感性试验。

**结果** 根据巧克力琼脂平板和血琼脂平板的菌落形态，结合菌株鉴定结果为两例侵蚀艾肯菌，其药物敏感性试验的结果显示，它们对氨苄西林/舒巴坦、复方新诺明、美洛培南、头孢曲松、阿莫西林/棒酸、氯霉素以及氨苄西林药物敏感。

**结论** 该菌是人或动物口腔定植菌，因此在分离组的评估比较困难。对于分离自无菌部位的纯培养和满足优势菌株以及未分离到其他潜在的致病菌必须鉴定到种，应视为引起感染的病原菌，需要将抗生素药物敏感性实验结果报告给临床医生。对于没有满足以上条件需要重新培养加强为生物实验室的准确性。

## PU-7032

### LP-PLA2、MMP-9 检测在急性冠脉综合征中的应用价值

蔚楠

绵阳市第三人民医院

**目的** 探讨 LP-PLA2、MMP-9 检测结果在急性冠脉综合征中的临床应用价值

**方法** 经皮冠状动脉造影检查确诊冠心病患者 98 例，其中稳定型心绞痛（SAP）组 31 例，不稳定型心绞痛（UAP）组 42 例，急性心肌梗死（AMI）组 25 例，另选取同期在我院健康体检者 90 例做对照组。应用上转发光法和 ELISA 法分别检测血浆中的 LP-PLA2 和 MMP-9 的水平并做统计学分析。

**结果** CMI 组血浆 LP-PLA2、MMP-9 水平明显高于不稳定型心绞痛组和稳定型心绞痛组（ $P<0.05$ ），而不稳定心绞痛组血浆 LP-PLA2、MMP-9 水平亦明显高于稳定型心绞痛组（ $P<0.05$ ）；同时，随着病变血管支数增加，其血浆 LP-PLA2、MMP-9 的水平亦呈明显的上升趋势，各病变血管支数组血浆 LP-PLA2、MMP-9 水平的差异均有表达意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 随着冠状动脉病变程度的加深，血浆 LP-PLA2、MMP-9 亦程明显上升趋势，且粥样斑块的稳定型也发生明显改变，故血浆 LP-PLA2、MMP-9 联合检测对 ACS 人群的筛检及疗效评价具有临床应用价值。

## PU-7033

**基于 CRISPR/Cas 系统诊断平台的研究进展**

谷小好

南通大学附属医院,226000

**目的** 基于 Cas13a、Cas12a 和新发现的 Cas14 蛋白开发出 SHERLOCK、DETECTR 等新型核酸检测工具,其灵敏度高、特异性强且快速经济,可应用于传染性疾病的快速诊断、癌症中基因突变的检测和基因分型,在临床分子诊断领域具有巨大潜力。

**方法** 以 Cas13a 为例,利用 Cas13a 的“附带切割”活性,张锋等通过 Cas13a、crRNA、靶标 RNA 和荧光报告分子组成的系统进行检测,灵敏度仅达 50fM ( $1\text{fM}=10^{-15}\text{mol/L}$ )。重组酶聚合酶扩增 (Recombinase Polymerase

Amplification, RPA) 技术能在恒温条件下扩增痕量级 (含量  $<0.1\text{mg}$ ) 核酸模板,张锋、James Collins 等合作发现与 RPA 技术结合后,系统的灵敏度最高,能准确检测 1 微升样品中的单个核酸分子。张锋等首先将目标模板经过 RPA 或 RT-RPA 等温扩增,再与 T7 转录相结合,使 DNA 模板转录成可被 Cas13a 直接结合的靶标 RNA。在 crRNA 的引导下,Cas13a 识别并结合靶标 RNA,同时它的附带切割活性被激活,张锋等在反应体系中加入带有荧光基团的报告 RNA 分子,被切割后的报告基团释放荧光信号,指示目标核酸的存在。

**结果** 基于 CRISPR/Cas 系统开发的核酸检测技术克服了传统 PCR 技术步骤繁琐、成本高、效率低等缺点,以灵敏度高、特异性强、经济、高效等特点,应用于传染性疾病诊断、癌症的早期诊断和基因分型等领域,具有重要的临床价值。

**结论** 基于 CRISPR 系统发展的诊断平台可以低成本、快速地检测出单个 DNA 或 RNA 分子,灵敏度达到 aM 级别 ( $1\text{aM}=10^{-18}\text{mol/L}$ ),特异性强至识别单个碱基的错配。新型核酸检测技术的开发,推动了 CRISPR 诊断平台的研究进程。对科学研究和医学发展具有变革性意义,但在真正用于临床医疗之前,仍需大规模的样品测试以分析其诊断性能。

## PU-7034

**Adoptively transferred donor IL-17-producing CD4 + T cells augment, but IL-17 alleviates, acute graft-versus-host disease**

蔡奕峰

南通大学附属医院,226000

**目的** The role of IL-17 and IL-17-producing CD4 + T cells in acute graft-versus-host disease (GVHD) has been controversial in recent mouse and human studies.

**方法** We carried out studies in a murine acute GVHD model of fully major histocompatibility complex-mismatched myeloablative bone marrow transplantation.

**结果** We showed that donor wild-type CD4 + T cells exacerbated acute GVHD compared with IL-17  $-/-$  CD4 + T cells, while IL-17 reduced the severity of acute GVHD. The augmentation of acute GVHD by transferred donor IL-17-producing CD4 + T cells was associated with increased Th1 responses, while IL-17 decreased the percentages of Th1 cells in the GVHD target organs. Furthermore, IL-17 reduced the infiltration of macrophages into the GVHD tissues. In vitro study showed that IL-17 could downregulate Th1 responses, possibly through inhibiting IL-12 production by donor macrophages. Depletion of macrophages in vivo diminished the protective effect of IL-17.

**结论** Our results demonstrated the differential roles of adoptively transferred donor IL-17-producing CD4 + T cells and IL-17 in the same acute GVHD model.

## PU-7035

### 流感嗜血杆菌菌血症 1 例

刘莹,张桂华

中国医科大学附属第一医院鞍山医院

**目的** 临床患者支气管感染并发嗜血杆菌菌血症,对嗜血杆菌鉴定及药物敏感性试验。

**方法** 对高烧患者进行微生物血培养鉴定,而后转种巧克力琼脂平板,并用奈瑟菌鉴定板对其鉴定和药物敏感性试验。

**结果** 根据菌株鉴定结果为流感嗜血杆菌,其药物敏感性试验的结果显示,该菌对氯霉素、阿奇霉素、四环素、利福平、头孢吡肟、头孢曲松、头孢克肟、头孢呋辛、环丙沙星以及美洛培南 敏感,对复方新诺明、头孢克洛耐药。

**结论** 流感嗜血杆菌是嗜血杆菌属中最常见的对人有致病性的细菌,可引起局部和全身多部位的感染,也有关于嗜血杆菌菌血症的临床报道。本文意在通过对流感嗜血杆菌的血液感染病例,以此提高对流感嗜血杆菌致病性和临床药物治疗的学习。

## PU-7036

### 白血病中 RNA 结合蛋白 RNPC1 的表达及意义

陈秀芳

南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨白血病患者中 RNPC1 的表达水平,及其在白血病发生、发展中的意义。

**方法** 采用 RT-PCR 法、Western blot 法分别从 mRNA 和蛋白质水平检测 54 例白血病患者和 10 例健康者骨髓单个核细胞中 RNPC1 的表达情况。采用  $X^2$  检验、t 检验进行统计分析,比较各组 RNPC1 表达阳性率的差异。

**结果** 1、90.7%的白血病患者表达不同程度的 RNPC1。2、RNPC1 在白血病患者中的表达明显高于对照组,差异有统计学意义 ( $P < 0.005$ )。3、多种分型的白血病中均有 RNPC1 表达,且各分型之间的差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。

**结论** RNPC1 过度表达在白血病的发病机制中起重要的作用。

## PU-7037

### 初诊重型再生障碍性贫血患者外周血中 CD4+CD25+调节性 T 细胞凋亡的变化

林赠华

南通大学附属医院,226000

**目的** 通过研究 CD4+CD25+调节性 T (Treg) 细胞在重型再生障碍性贫血 (severe aplastic anemia, SAA) 患者中凋亡的变化,探讨 Treg 细胞过度凋亡在 SAA 的发病过程中的作用。

**方法** 免疫磁珠分选 SAA 患者和正常对照者外周血中 Treg 细胞,应用流式细胞术检测 Treg 细胞凋亡和 Foxp3 表达的情况。

**结果** SAA 患者外周血中 Treg 细胞凋亡率较正常对照组升高, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ ), 外周血 CD4+CD25+Foxp3+占 CD4+CD25+细胞中比例及 CD4+CD25+Foxp3+占 CD4+细胞比例均低于正常对照组, 差异有统计学意义 ( $p<0.01$ )。

**结论** SAA 患者外周血中 Treg 细胞可能通过降低 Foxp3 表达从而促进细胞凋亡, 且 CD4+CD25+调节性 T 细胞凋亡的增加可能参与 SAA 免疫发病机制。

PU-7038

## SAA 在消化道疾病的应用研究

阿迪莱 买买提明

上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

**目的** 研究血清淀粉样蛋白 A (serum amyloid A, SAA)。

**方法** 选取 2018 年 12 月到 2019 年 3 月所在医院感染科收治的 138 例不同程度的肝脏疾病患者为研究对象, 其中男性 100 人, 女性 38 人。收集 40 例健康对照组标本, 其中男性 17 人, 女性 23 人。查阅病例, 根据医生出院小结中的诊断对本组进行分类。使用奥普 ottoman 全自动特定蛋白即时检测分析仪及其 SAA 配套试剂盒。

**结果** 在肝脏炎症中, SAA 浓度水平在急慢性乙型病毒性肝炎之间存在明显差异具有统计学意义, SAA 在乙型病毒性肝炎不同分期之间差异有统计学意义, SAA 在病毒性肝炎与非病毒性肝炎间存在明显差异具有统计学意义, SAA 在病毒性肝炎和非病毒性肝炎分别于健康对照组间存在明显差异具有统计学意义。

**结论** SAA 值检测在急慢性乙型肝炎、不同程度的乙型肝炎、病毒性与非病毒性肝炎及健康体检肝炎疾病筛查中都有一定检测意义。

PU-7039

## Evaluating hypercoagulability in new onset systemic lupus erythematosus patients using thrombelastography

Ce Shi, Huiyun Gong, Zhuochao Zhou, Chengde Yang, Junna Ye, Xuefeng Wang  
Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

**Objective** In the present study, we aimed to evaluate coagulation disorders in patients with systemic lupus erythematosus (SLE) by using thrombelastography (TEG), and sought to explore the correlation between clinical and laboratory data.

**Methods** A total of 41 patients with new onset SLE who had not undergone treatment, and 56 healthy controls were included. TEG and other laboratory tests were performed and clinical data were collected.

**Results** A significant difference in the TEG reaction time and TEG achievement of clot firmness was observed between the groups. Moreover, these parameters were correlated with the lupus anticoagulant levels, platelet count, 24-hour urinary total protein quantity, and systemic lupus erythematosus disease activity index

**Conclusions** Our study demonstrated the value of TEG in evaluating hypercoagulability in SLE patients.

## PU-7040

## 免疫介导的再生障碍性贫血小鼠模型的建立及其病理性 T 细胞的特征分析

林赠华

南通大学附属医院,226000

**目的** 建立新型免疫介导的再生障碍性贫血（再障，AA）并分析该模型中病理性 T 细胞在不同器官的动态归巢过程及活化特征。

**方法** C.B10 雌性小鼠在 5Gy 的全身辐照(TBI)4 小时后通过尾静脉注射  $5 \times 10^6$ /只剂量的 DsRed 小鼠的淋巴结单个核细胞造模。在注射淋巴细胞后不同时间采集外周血和骨髓对模型进行验证，并通过流式细胞术分析供者来源的病理性 T 细胞在不同淋巴器官中分布过程，同时分选模型体内不同部位的供者来源的 CD3+CD4+和 CD3+CD8+T 淋巴细胞，通过 PCR Array 方法分析其活化相关基因的表达。

**结果** 与 TBI 组小鼠相比，AA 组小鼠在 12 天时股骨骨髓有核细胞计数和外周血全血细胞显著减少(P 均 $<0.05$ )。在 AA 组小鼠体内，骨髓、脾脏和 LNs 内 DsRed 小鼠来源的 T 淋巴细胞比例随时间增加；在第 3 天和第 6 天，骨髓中的 DsRed+T 淋巴细胞比例显著低于脾脏或 LNs 中的比例(P 均 $<0.05$ )，但在第 12 天，其比例却显著高于其他淋巴器官中的比例(P 均 $<0.05$ )。在模型的骨髓中，供者来源的 T 细胞中 CD38、IFN- $\gamma$ 、Lag3、Csf1、Spp1 及 Tnfsf13b 基因的 mRNA 表达增高，但 CD4+T 淋巴细胞中 Foxp3 和 Ctla4 基因的 mRNA 表达降低。

**结论** DsRed 小鼠淋巴细胞输注在 C.B10 小鼠体内可以导致骨髓衰竭并且可以在该 AA 模型小鼠体内追踪供者来源的病理性 T 淋巴细胞。在 DsRed 小鼠淋巴结细胞介导的 C.B10 AA 小鼠模型体内，供者的 CD8+和 CD4+T 淋巴细胞先归巢到脾脏和 LNs，然后转运至骨髓，最终在骨髓中变为效应记忆性 T 细胞。在该 AA 小鼠模型中，归巢到骨髓的供者来源的病理性 T 淋巴细胞较迁移到脾脏及淋巴结的病理性 T 细胞具有更强的免疫活性。

## PU-7041

## 沈阳市男男同性性接触人群中 CRF01\_AE/CRF07\_BC 新型重组株的鉴定

郜阳,李丹,柳明辰,安明晖,丁海波,尚红,韩晓旭

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 目前，我国男男同性性接触人群的 HIV 疫情快速增长，CRF01\_AE Cluster1 和 Cluster2、CRF07\_BC Cluster3、B/B' 亚型是男同人群的主要流行株，多种亚型毒株共流行的局面为不同亚型或流行重组型之间发生重组提供了条件。本研究主要讲述在沈阳市男男同性性接触人群中发现的新型 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组株的全基因组进化特征。

**方法** 中国医科大学附属第一医院收集的 6 例未治疗的 CRF01\_AE/CRF07\_BC 感染者。从 HIV-1 病毒 RNA 中逆转录后扩增出 HIV-1 近全基因组序列，测序后用 Sequencher 4.10 和 BioEdit 5.0 进行拼接。用 MEGA7 软件以 Kimura 双参数方法构建全长 Neighbor-Joining 系统进化树。使用在线软件 RIP 和 Simplot 3.5.1 进行重组断点分析，根据重组断点划分结果，构建 Subregion 进化树。

**结果** 6 例 HIV-1 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组株单独成簇，不同于已知的 HIV 亚型、流行重组株和独特重组株。6 个重组株均以 CRF01\_AE 为骨架，其中 4 例重组株插入 4 个 CRF07\_BC 片段，其余 2 例分别插入 3 个和 2 个 CRF07\_BC 片段。6 例重组株均在 pol 区有两个相同断点，即断点 1 和断点 2；5 例在 env 区有两个相同的断点，即断点 5 和断点 6；4 例在 nef 区有相同的断点，即断点 7 和断点 8。仅一例重组株具有较长的 CRF07\_BC 片段，跨越 vif 基因到 env 基因的末端；6 例

重组株间主要的差异是断点 3 和断点 4 之间的第 IV 段长度。Subregion tree 显示 6 例重组株 CRF01\_AE 骨架与插入片段 CRF07\_BC 同源, 分别来自中国男男同性性接触人群中的 CRF01\_AE Cluster1 和 CRF07\_BC Cluster3。

**结论** 在辽宁省沈阳市男男同性性接触人群中发现了一组新的重组病毒株 CRF01\_AE/CRF07\_BC, 主要由在男同人群中广泛传播的 CRF01\_AE Cluster1 和 CRF07\_BC Cluster3 构成。6 例重组株具有同源亲本和部分相同重组断点, 表明可能存在共同的祖先。

## PU-7042

### 通过免疫细胞的空间分布和表型谱分析预测 胃癌患者预后

岑懿君, 许大康

上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

**目的** 提高免疫检查点抑制剂疗效的关键在于选择合适的患者。然而, 由于缺乏对细胞间相互作用的综合分析, 目前旨在通过肿瘤局部细胞密度预测生存的免疫标志物仍具有局限性。我们的研究目的是分析肿瘤免疫微环境与胃癌患者的预后的关系。肿瘤局部炎症可导致肿瘤相关巨噬细胞 (Tumor associated macrophages, TAMs) 的极化。因此, 我们需要研究 TAMs 和 T 细胞的分布以确定其作用。

**方法** 在此, 我们利用多免疫荧光染色 (multiplex immunohistochemistry, mIHC) 同时分析肿瘤微环境中的 7 种免疫标志物, 包括 pankeratin (肿瘤细胞)、PD-L1 (免疫检查点)、CD8 (细胞毒性 T 细胞)、Foxp3 (调节性 T 细胞, Treg)、CD68 (TAMs) 和 CD163 (TAMs), 通过不同免疫亚型的空间分布分析肿瘤浸润程度。

**结果** 我们发现除 CD163<sup>+</sup>TAMs 外, 肿瘤浸润 CD8<sup>+</sup>T 细胞、CD68<sup>+</sup>TAMs、PD-L1 的细胞密度和患者生存预后没有相关性。Foxp3<sup>+</sup>Treg 和 TAMs 与 CD8<sup>+</sup>T 细胞间的距离没有预后价值, 而 CD8<sup>+</sup>T 细胞与肿瘤细胞间的距离与患者总生存期相关。CD163<sup>+</sup>TAMs 和 CD8<sup>+</sup>T 细胞共同高表达提示患者总体生存期更长。肿瘤组织中 CD163<sup>+</sup>TAMs 与 CD8<sup>+</sup>T 细胞的密度呈正相关, 这与来自 TCGA (The Cancer Genome Atlas) 数据库的基因表达的转录组学分析一致。此外, TCGA 的基因表达数据表明 CSF1 / CSF1R 与 CD8, CD68 和 CD163 显著相关, 提示 CSF1 是调节 CD8<sup>+</sup>T 细胞和 TAMs 的关键因子。

**结论** 总的来说, 我们的研究表明肿瘤微环境中细胞间空间分布的预后价值优于传统的细胞密度。CD163<sup>+</sup>TAMs 和 CD8<sup>+</sup>T 细胞的潜在协同作用也可以帮助我们更好地针对不同胃癌患者选择适当的免疫治疗。

## PU-7043

### Beta-1,4-galactosyltransferase II predicts poor prognosis of patients with non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma

Zhang haijian

Affiliated hospital of Nantong University

**Objective** Beta-1,4-galactosyltransferase II is found to be associated with the alterations of tumor-related glycosylation. However, the clinical significance of beta-1,4-galactosyltransferase II in non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma has not been reported up to now.

**Methods** The study aims to predicts the prognosis value of Beta-1,4-galactosyltransferase II in patients with non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma.

**Results** Our researches suggested that the expression level of beta-1,4-galactosyltransferase II was first found to be positively associated with tumor size, Fuhrman grade, lymphovascular invasion, rhabdoid differentiation, tumor necrosis and poor overall survival and recurrence-free survival of patients with non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma, both in training set and validation set. Moreover, beta-1,4-galactosyltransferase II expression was identified as an independent adverse prognosticator for overall survival and recurrence-free survival of patients with non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma. Ultimately, prognostic accuracy of the nomogram integrating beta-1,4-galactosyltransferase II with other independent prognostic parameters was dramatically improved for overall survival and recurrence-free survival of patients with non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma.

**Conclusions** beta-1,4-galactosyltransferase II is a potential independent adverse prognostic factor for postoperative recurrence and survival, which could be developed as a useful biomarker for non-metastatic clear-cell renal cell carcinoma by a series of further independent and retrospective studies, so as to help the postsurgical management of clear-cell renal cell carcinoma patients.

#### PU-7044

### 建立以 TEST1 自动血沉仪方法为基础的沈阳地区健康人群 红细胞沉降率参考区间

刁莹莹

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 本实验探究 TEST1 自动血沉仪的性能评价及应用评估,建立本地区的 TEST1 血沉参考区间。

**方法** 筛选健康体检人,并排除影响因素。采用 TEST1 自动血沉仪法检测全血标本的红细胞沉降率。将结果按照年龄性别分组,建立频次分布图以及参考区间。采用 SPSS22 软件进行统计学分析,确定年龄性别组别之间的差异是否有统计学意义。

**结果** TEST1 自动血沉仪红细胞沉降率参考区间为男性: 2~22.25mmol/l ;女性: 2~33.95mmol/l。

**结论** 本研究数据分析得出 TEST1 自动血沉仪血沉参考区间不同性别之间有显著差异,男性血沉值低于女性。不同人群应使用不同血沉参考区间

#### PU-7045

### 乳腺癌转移淋巴结肿瘤标志物检测的意义

范悦雨,彭亦冰

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 乳腺癌作为女性发病率最高的恶性肿瘤,它的早期筛查、治疗和预后检测都直接影响患者的生存率和生活质量。超声引导下的细针穿刺作为术前判断淋巴结是否转移的最主要的检查手段之一,直接影响患者是否要进行前哨淋巴结活检,并且有可能决定是否需要进行腋窝淋巴结清扫术。

**方法** 本次研究收集了 64 位患者的 133 例可疑淋巴结标本,以最终的病理结果为标准,研究淋巴结转移与淋巴结纵横比的相关性,以及超声引导下的细针穿刺细胞学检查的检测性能,并利用细针穿刺时的穿刺物制成穿刺洗脱液,检测洗脱液及患者血清中肿瘤标志物 CEA、CA153、CYFRA21-1 的浓度,探究穿刺洗脱液肿瘤标志物检测的意义。

**结果** 在穿刺洗脱液肿瘤标志物检测中,用两种计算方法得出: CEA 检出率最低: 60.95% (64/105) 和 55.64% (74/133)、其次是 CA153: 69.52% (73/105) 和 54.14% (72/133)、

检出率最高的是 CYFRA21-1: 99.05% (104/105) 和 99.25% (132/133), 说明穿刺洗脱液中 CYFRA21-1 的检测对细胞学结果有一定参考作用。

**结论** 穿刺洗脱液中肿瘤标志物的检测不仅减少了不必要的侵入性检查, 还能够一定程度上使得细胞学检查结果更准确, 起到辅助诊断的作用。

## PU-7046

### 西罗莫司对免疫介导的再生障碍性贫血小鼠骨髓调节性 T 细胞的影响

林赠华

南通大学附属医院, 226000

**目的** 比较西罗莫司(雷帕霉素, Rapa)和环孢素 A(CsA)对免疫介导的再生障碍性贫血(再障, AA)小鼠模型的治疗作用, 研究西罗莫司 AA 模型小鼠骨髓淋巴细胞亚群及 CD4+CD25+Foxp3+调节性 T 细胞(Treg)的影响。

**方法** 采集 C57BL6-DsRed 雌性小鼠(DsRed 小鼠, B6 源)的淋巴结, 制成单个核细胞悬液, C.B10 雌性小鼠在 5Gy 的全身辐照 4 小时后通过尾静脉注射  $5 \times 10^6$ /只剂量的 DsRed 小鼠的淋巴结细胞悬液造模。随机分为 TBI 组(仅辐照处理)、AA 组、Rapa 组和 CsA 组(n 均=4)。自注射淋巴细胞后第一天起, Rapa 组给予腹腔注射每只 2mg/kg 剂量的 Rapa 治疗 11 天, CsA 组给予腹腔注射每只 50mg/kg 剂量的 CsA 治疗 5 天。第 12 天采集眼眶静脉血和骨髓细胞进行外周血细胞分析、骨髓单个核细胞计数和淋巴细胞亚群分析。

**结果** Rapa 组小鼠外周血 WBC、RBC 及 PLT 计数均显著高于 AA 组(P 均<0.05), 其骨髓单个核细胞计数均显著高于 AA 对照组和 CsA 组(P 均<0.01), 和 TBI 组比较无统计学差异; AA 小鼠骨髓细胞中 CD8+T 细胞/CD3+T 细胞值均高于其他三组(P 均<0.01), 而 Rapa 组小鼠骨髓中 CD4+T 细胞/CD3+T 细胞值高于 TBI 组和 AA 组(P 均<0.001); Rapa 组小鼠骨髓中 Treg 占 CD3+T 细胞的比例显著高于其他三组(P 均<0.01), 且 Treg 占 CD4+T 细胞的比例显著高于 CsA 组(P<0.05)。

**结论** 和 5 天 50mg/kg 剂量的环孢素 A 治疗比较, 11 天 2mg/kg 剂量的西罗莫司治疗对该免疫介导的再障模型小鼠的治疗效果更好, 这可能和西罗莫司可以更有效抑制 CD8+T 细胞及提升 CD4+CD25+Foxp3+调节性 T 细胞比例有关。

## PU-7047

### 西罗莫司对重型再生障碍性贫血模型小鼠脾脏 CD4+CD25+T 细胞凋亡的影响

林赠华

南通大学附属医院, 226000

**目的** 探讨西罗莫司(雷帕霉素, RAPA)对重型再生障碍性贫血(severe aplastic anemia, SAA)模型小鼠脾脏中 CD4+CD25+调节性 T(Regulatory T cell, Treg)细胞凋亡情况的影响及可能的机制。

**方法** 以正常小鼠作为对照(对照组), 应用  $\gamma$  干扰素腹腔注射联合白消安灌胃的方法建立 BALB/c SAA 小鼠模型(SAA 组), 并使用 RAPA 腹腔注射治疗 SAA 小鼠(RAPA 组)。通过骨髓活病理学检查观察各组小鼠的骨髓造血变化; 免疫磁珠分选出各组小鼠脾脏 Treg 细胞, 用流式细胞术检测其凋亡率; 通过蛋白免疫印迹法检测各组小鼠脾脏 Treg 细胞的 Akt、p-Akt、Stat3、p-Stat3 的表达水平; 收集各组小鼠外周血和脾脏中单个核细胞, 用流式细胞术检测其中 CD4+CD25+Foxp3+ Treg 的比例变化。



**结果** (1)与 SAA 组相比, RAPA 组小鼠骨髓造血未有明显恢复; (2)对照组、RAPA 组脾脏中 Treg 细胞的凋亡率分别为 $(20.69\pm 1.22)\%$ 和 $(22.35\pm 4.14)\%$ , 低于 SAA 组的 $(29.85\pm 2.72)\%$  ( $p$  均 $<0.05$ ); (3)对照组、RAPA 组脾脏 Treg 细胞中 Akt、Stat3 的表达水平高于 SAA 组( $p$  均 $<0.05$ ), 而 p-Akt 和 p-Stat3 表达水平低于 SAA 组( $p$  均 $<0.05$ ); (4)对照组、RAPA 组的脾脏及外周血中 CD4+CD25+ Foxp3+Treg 细胞中所占比例均高于 SAA 组的( $p$  均 $<0.05$ )。

**结论** 干扰素联合白消安诱导的 SAA 模型小鼠脾脏 Treg 细胞存在过度凋亡现象, 而 RAPA 可能通过抑制 Treg 细胞内 Akt 及 Stat3 的磷酸化上调 Foxp3 的表达, 从而抑制该细胞的凋亡。

## PU-7048

### 肥大细胞对体外连续刺激应答能力的探讨

戈伊芹<sup>1</sup>, 李莉<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.上海市第一人民医院检验科

**目的** 本课题通过观察、检测肥大细胞脱颗粒的形态学、活性介质释放和细胞内颗粒状态, 比较分析骨髓来源的肥大细胞对同一种刺激剂和不同刺激剂先后刺激的应答能力, 以期深入了解肥大细胞活化的影响因素和应答周期, 为抑制肥大细胞活性的相关治疗研究提供依据。

**方法** 在体外用 SCF, IL-3 诱导培养小鼠骨髓细胞; 通过流式细胞术检测 CD117 和 FcεRI 的表达以及细胞内颗粒含量; 利用 CCK8 试剂盒检测细胞增殖和活性; 通过酶法检测 β-氨基己糖苷酶释放率; 通过甲苯胺蓝染色鉴定细胞形态和颗粒含量。

**结果** 肥大细胞 CD117 和 FcεRI 双阳性表达 98%, 表明细胞成熟。肥大细胞经 IgE 途径或 Compound 48/80 刺激剂刺激一次后细胞胞质内还剩余 80% 的 β-氨基己糖苷酶。经 IgE 途径连续刺激肥大细胞, 只有第一次激发才能诱导细胞释放 β-氨基己糖苷酶 ( $P<0.05$ ), 后续再连续刺激均不能诱导肥大细胞活化 ( $P>0.05$ ); 而 Compound 48/80 可以连续活肥大细胞释放 β-氨基己糖苷酶 ( $P<0.05$ ), 直到胞内的酶耗竭后不再释放。两种刺激剂先后刺激肥大细胞能接连释放 β-氨基己糖苷酶 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肥大细胞不能对经典 IgE 途径刺激剂产生持续应答反应, 但可以对 Compound 48/80 刺激剂产生持续应答反应。另外, 肥大细胞能对不同途径刺激剂先后的刺激产生应答反应, 两条途径互不影响。因此, 对 MC 应答能力的研究, 可为治疗 MC 相关的过敏性疾病提供理论依据。

## PU-7049

### 分支 DNA 技术检测血液肿瘤患者血清中游离 DNA

尹红

南通大学附属医院, 226000

**目的** 探讨血清游离 DNA(cf-DNA)测定在血液肿瘤疾病诊断、鉴别诊断及疗效判断中的价值。

**方法** 设计 Alu 序列探针, 用分支 DNA(bDNA)技术对 172 例血液肿瘤初诊患者, 58 例缓解期患者及 60 例健康对照组进行 cf-DNA 定量检测, 并观察各组血清 cf-DNA 的浓度变化。

**结果** 1.所有血液肿瘤患者 cf-DNA 含量在初诊组、缓解组及正常对照组分别为 988(70~21641) ng/ml、216(78~10089) ng/ml 及 200(13~1915) ng/ml, 初诊组明显高于缓解组和对照组, 缓解组 cf-DNA 水平亦高于正常对照组, 各组差异有统计学意义( $P<0.05$ )。2.所有血液肿瘤患者中, 慢性粒细胞白血病组(CML)及急性淋巴白血组(ALL)血清 cf-DNA 水平明显高于其他组, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。3.在淋巴系统增殖性疾病(ALL、CLL、MM 及 NHL)中, 根据 ROC 曲线, 当取 cf-DNA 浓度 3131 ng/ml 为诊断界值时, 其对 ALL 诊断敏感性为 75.0%, 特异性为 95.0%。4.在

骨髓增殖性疾病(CML 及 MPD)中, 根据 ROC 曲线, 当取 cf-DNA 浓度 2 348 ng/ml 为诊断界值时, 其对 CML 诊断敏感性为 71.4%, 特异性为 87.5%。

**结论** 1.血液肿瘤初诊患者血清 cf-DNA 水平高于缓解期病人和正常对照组。2.ALL 及 CML 患者血清 cf-DNA 水平明显高于其他血液肿瘤疾病。3.血清 cf-DNA 浓度测定对血液肿瘤疾病有辅助诊断、鉴别诊断及疗效判断价值。

## PU-7050

### SLE 患者外周淋巴细胞趋化因子受体的表达及意义

何思炜,蔡刚

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 研究系统性红斑狼疮 (SLE) 患者外周血淋巴细胞上趋化因子受体 CCR4,CCR6,CCR8,CXCR3 的表达情况

**方法** 29 例 SLE 患者 (其中活动期患者 19 例, 缓解期患者 10 例), 以及性别、年龄相匹配的 21 例健康志愿者和 9 例类风湿性关节炎患者共同纳入本研究。采用多色流式细胞术分析外周血淋巴细胞趋化因子受体 CCR4,CCR6,CCR8,CXCR3 的表达水平, 采用 Transwell 实验检测各淋巴细胞亚群针对趋化因子受体 CCR4 配体 CCL22 的趋化能力。组间计量资料比较分别采用单因素方差分析和独立 T 检验。

**结果** 各趋化因子受体在不同淋巴细胞亚群中的分布: CCR4 优势表达于 CD4<sup>+</sup>Foxp3<sup>+</sup> Treg 细胞, 在 Foxp3<sup>+</sup>CD4<sup>+</sup> T 细胞上也有所表达, 但几乎不在 B 细胞上表达; CCR6 在 Teff 细胞、Treg 细胞和 B 细胞上都有所表达, 但在 B 细胞上表达水平尤其高; CCR8 专一表达于 Treg 细胞; 与 CCR8 不同, CXCR3 泛表达于多种淋巴细胞亚群, 但以 Treg 细胞上表达水平较高。各趋化因子受体在 SLE 患者外周淋巴细胞亚群上的表达。SLE 患者 Treg 细胞 CCR4 的表达水平较健康对照明显下降 ( $P<0.05$ ), 但活动期与缓解期患者之间无明显差异; 对于 B 细胞和 Teff 细胞而言, 尽管稳定性患者与健康对照无明显差别, 但活动期 SLE 患者 B 细胞和 Teff 细胞上 CCR4 的表达水平明显高于健康对照组 ( $P<0.05$ )。SLE 患者 Treg 细胞上 CCR6 的表达水平较健康对照明显下降 ( $P<0.05$ ), 但活动期与缓解期患者之间无明显差异; 活动期 SLE 患者 Treg 细胞上 CXCR3 的表达水平较健康对照明显上升 ( $P<0.05$ ); 对于 B 细胞和 Teff 细胞而言, SLE 患者与健康对照 CCR6 和 CXCR3 的表达水平无明显差异, CCR8 的表达水平皆无明显差异。SLE 患者外周淋巴细胞亚群针对 CCL22 的趋化能力。4 例活动期 SLE 患者 CD4<sup>+</sup> T 淋巴细胞上针对 CCL22 的趋化能力均较健康对照明显升高, 但 Treg 细胞的趋化能力却呈下降趋势。

**结论** SLE 患者外周血淋巴细胞趋化因子受体 CCR4,CCR6,CXCR3 的表达水平发生紊乱, 且其针对 CCR4 配体的趋化能力发生改变, 提示 SLE 患者体内存在免疫功能紊乱, 淋巴细胞趋化能力的改变可能参与了其疾病病理过程。

## PU-7051

### 2018 年北京某医院血培养病原菌分布及耐药性分析

侯兵兵

中国人民解放军总医院第六医学中心

**目的** 探求北京某医院 2018 年血培养病原菌分布特点及耐药性情况, 指导临床合理用药, 提高诊疗效果。

**方法** 选择 2018 年 1 月 1 日至 2018 年 12 月 31 日住院患者[J1] 的血培养标本, 采用血培养瓶采样; 其次用全自动微生物分析仪进行培养、鉴定和药敏试验, 依照 CLSI 标准进行判读; 最后应用 WHONET5.6 软件进行科学的分析处理。

**结果** 2018年北京某医院住院患者送检的血培养标本[J1]中分离出696株病原菌,其中革兰阴性菌352株(50.6%);革兰阳性菌296株(42.5%);真菌48株(6.9%)。革兰阴性菌中大肠埃希菌为最高分离菌(178株,25.6%),并对氨苄西林、哌拉西林、头孢唑林、复方新诺明[J2]等耐药性都在70%以上。革兰阳性菌中表皮葡萄球菌检出率最高(90株,12.9%),且对苯唑西林耐药率为92.1%

**结论** 血培养病原菌种类较多,对临床常用药物普遍耐药,加强本试验的临床研究依然很重要。

PU-7052

## VCD方案与VD方案治疗初治多发性骨髓瘤的疗效分析

张亚平

南通大学附属医院,226000

**目的** 比较VCD方案与VD方案治疗初治多发性骨髓瘤(MM)的临床疗效及不良反应。

**方法** 回顾性分析51例初治MM患者,根据其治疗方案分为:VCD组(n=23例):采用硼替佐米、环磷酰胺、地塞米松三药联合化疗;VD组(n=28例):采用硼替佐米、地塞米松二药联合化疗,21天一疗程,至少完成4疗程,并分别于2个疗程和4个疗程后判断疗效,并比较不良反应发生情况。

**结果** 2疗程后两组总有效率(ORR)分别为87%和78.6%( $P>0.05$ ),其中VCD组完全缓解(CR)34.8%(8/23)、非常好的部分缓解(VGPR)26.1%(6/23)、部分缓解(PR)26.1%(6/23);VD组CR10.7%(3/28)、VGPR25%(7/28)、PR42.9%(12/28)。两组CR率差异有统计学意义( $P<0.05$ ),而VGPR无统计学差异( $P>0.05$ )。4疗程后ORR分别为91.3%和89.3%( $P>0.05$ ),其中VCD组CR39.1%(9/23)、VGPR34.8%(8/23)、PR17.4%(4/23);VD组CR10.7%(3/28)、VGPR35.7%(10/28)、PR42.9%(12/28)。两组CR率差异有统计学意义( $P<0.05$ ),VGPR无统计学差异( $P>0.05$ )。最常见的不良反应为周围神经病变、血小板减少、中性粒细胞减少,且多为1~2级,不良反应发生情况两组差异无统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** VCD方案治疗多发性骨髓瘤具有更高的完全缓解率,且安全性好。

PU-7053

## Clinical And Molecular Insights into Glanzmann's Thrombasthenia in China

lu zhou

Affiliated hospital of Nantong University

**Objective** Glanzmann's thrombasthenia (GT) is a rare bleeding disorder characterized by spontaneous mucocutaneous bleeding. The disorder is caused by quantitative or qualitative defects in integrin  $\alpha IIb\beta 3$  (encoded by ITGA2B and ITGB3) on the platelet and is more common in consanguineous populations. However, the prevalence rate and clinical characteristics of GT in nonconsanguineous populations have been unclear.

**Methods** We analyzed 97 patients from 93 families with GT in the Han population in China.

**Results** This analysis showed lower consanguinity (18.3%) in Han patients than other ethnic populations in GT-prone countries. Compared with other ethnic populations, there was no significant difference in the distribution of GT types. Han females suffered more severe bleeding and had a poorer prognosis. We identified a total of 43 different ITGA2B and ITGB3 variants,

including 25 previously unidentified, in 45 patients. These variants included 14 missense, four nonsense, four frameshift, and three splicing site variants. Patients with the same genotype generally manifested the same GT type but presented with different bleeding severities.

**Conclusions** This suggests that GT clinical phenotype does not solely depend on genotype. Our study provides an initial, yet important, clinical and molecular characterization of GT heterogeneity in China.

## PU-7054

### 2016-2018年北京某医院无菌体液细菌分布及耐药性分析

侯兵兵

中国人民解放军总医院第六医学中心

**目的** 探讨 2016-2018 年北京某医院无菌体液病原菌的分布及耐药情况，为临床合理选用抗生素提供参考。

**方法** 收集 2016 年至 2018 年北京某医院住院患者无菌体液病原菌检测和药敏结果，应用 WHONET5.6 软件对数据进行统计分析。

**结果** 2016-2018 年北京某医院无菌体液中分离出病原菌 1459 株，所分离出的病原菌中革兰阴性菌占 36.8%，革兰阳性菌占 42.3%，真菌占 2.3%，其他菌占 18.6%。排名前五位的细菌分别为大肠埃希菌、表皮葡萄球菌、人葡萄球菌、肺炎克雷伯杆菌及溶血性葡萄球菌。其中送检标本类型包括静脉血（87.0%），脑脊液（5.0%），胆汁（4.0%），胸水（2.0%）和腹水（2.0%）；病原菌主要分布的科室为 ICU（11.6%）、儿科（11.5%）以及高压氧科（8.9%）；革兰阴性菌对氨苄西林、头孢呋辛、头孢曲松以及头孢唑林普遍耐药率较高，其中铜绿假单胞菌对以上四种抗菌药物几乎全部耐药。革兰阳性菌对青霉素耐药率普遍较高，对替加环素均敏感。

**结论** 从无菌体液标本检出的病原菌对多数抗菌药物耐药性有升高的趋势，病原菌分离及耐药性检测结果将有助于指导临床合理使用抗菌药物对无菌体腔的感染进行治疗。

## PU-7055

### circHMGCS1 对肝母细胞瘤细胞生物学功能的影响及机制研究

毛思薇<sup>1</sup>, 潘秋辉<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.上海儿童医学中心

**目的** 肝母细胞瘤（hepatoblastoma, HB）是最常见的儿童肝脏恶性肿瘤，多见于 3 岁以下儿童。由于 HB 患者的临床症状无特异性、进展较快，部分患者出现化疗抵抗，且缺乏有效的生物标志物，高危 HB 患者的死亡率仍不容乐观。目前，HB 的确切病因尚不清楚，对阐明 HB 的发病机制和分子机制，以便开发更可靠的诊断生物标志物和有效的治疗方法，并改善 HB 患者的预后提出了迫切需要。环状 RNA（circular RNA, circRNA）是一类新的内源性非编码 RNA，可调节哺乳动物的基因表达。研究报道 circRNA 在多种肿瘤中表达失调，其在癌症发生发展中的作用引起了众多关注，而 circRNA 在 HB 中的表达谱和生物学功能尚不明确。本实验的目的是为了探究在 HB 组织中表达显著上调的 circHMGCS1 对 HB 细胞生物学功能的影响及其机制，并评价其作为 HB 诊断生物标志物的价值。

**方法** 收集 HB 肿瘤组织及其配对的正常组织, 采用荧光实时定量 PCR 检测 circHMGCS1 的表达水平; 通过 CCK-8 实验、克隆形成实验和流式细胞术研究 circHMGCS1 对 HB 细胞生物学功能的影响; 利用双荧光素酶报告实验探索 circHMGCS1 在 HB 中的潜在分子机制。

**结果** circHMGCS1 在 HB 组织中显著高表达, 敲低 circHMGCS1 显著抑制 HB 细胞增殖并诱导细胞凋亡。circHMGCS1 表达水平与 miR-503-5p 负相关, circHMGCS1 通过作为 miR-503-5p 的分子海绵在 HB 细胞中发挥生物学功能。

**结论** circHMGCS1/miR-503-5p 轴调控 HB 细胞的增殖和凋亡, 提示 circHMGCS1 是 HB 患者有希望的治疗靶点和诊断标志物。

## PU-7056

### 急性髓系白血病伴意义未明单克隆免疫球蛋白血症 1 例并文献复习

蔡颖, 曹永彤  
中日医院, 100000

**目的** 急性髓系白血病伴意义未明单克隆免疫球蛋白血症 1 例并文献复习

**方法** 行骨髓穿刺骨髓象、流式细胞学检查、免疫分型诊断、免疫蛋白电泳及骨髓病理学检查。

**结果** 最终临床综合诊断考虑: 患者目前无典型多发骨髓瘤相关症状, 如血钙增高、肾功能损害、贫血、骨病等, 目前血清单克隆 M 蛋白小于 30g/L, 尿中无本周蛋白; 骨髓单克隆浆细胞比例为 5% 左右; 患者无典型相关器官及组织损害。

**结论** 临床最终诊断为: 1. 急性髓细胞白血病 (M2) 2. 意义未明单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS)。

## PU-7057

### 胆道感染患者病原学特点及相关因素分析

丁毅伟  
解放军总医院第六医学中心 (原海军总医院)

**目的** 对 2015-2017 年我院胆道感染患者胆汁培养的病原菌分布及对抗生素的耐药性进行回顾性分析, 为临床治疗使用抗生素提供合理依据。

**方法** 对 2015-2017 年 213 株胆道感染患者胆汁培养的病原菌进行相关分析及药敏试验结果进行归纳总结。

**结果** 473 例胆汁培养出 213 株病原菌, 培养阳性率为 45%, 相关病人的疾病以胆道恶性肿瘤为主, 病原菌其中革兰阴性杆菌共 122 株 (57.28%), 革兰阳性球菌 86 株 (40.38%), 真菌 5 株 (2.35%)。革兰阴性杆菌排前五位的依次为肺炎克雷伯菌 30 株 (14.08%), 大肠埃希菌 29 株 (13.62%), 铜绿假单胞菌 13 株 (6.10%), 阴沟肠杆菌 11 株 (5.16%), 鲍曼不动杆菌 10 株 (4.69%)。革兰阳性球菌排前五位的为屎肠球菌 25 株 (11.74%), 粪肠球菌 15 株 (7.04%), 溶血葡萄球菌 19 株 (8.92%), 金黄色葡萄球菌 10 株 (4.69%), 头葡萄球菌 9 株 (4.23%); 真菌 5 株, 主要以白色念珠菌、热带念珠菌、光滑念珠菌为主。药敏显示阴性杆菌中, 大肠埃希菌对阿米卡星、哌拉西林/他唑巴坦的耐药率较低; 肺炎克雷伯菌只有复方新诺明的耐药率小于 30%; 铜绿假单胞菌耐药率大于 40% 的抗生素达 14 种; 阴沟肠杆菌近 3 年未出现美罗培南、亚胺培南的耐药菌株; 鲍曼不动杆菌对氨苄西林/舒巴坦耐药率极低。屎肠球菌耐药率较粪肠球菌严重, 屎肠球菌耐药率大于 70% 的抗生素达 10 种, 而粪肠球菌仅有 2 种; 凝固酶阴性葡萄球菌中表皮葡萄球菌和溶血葡萄球菌, 对抗生素的耐药性相当, 二者均对青霉素和复方新诺明耐药率较高, 均为 70% 以上; 金

黄色葡萄球菌苯唑西林耐药严重,大部分为 MRSA 菌株,应引起临床关注。一些独立相关因素如患者年龄 $\geq 60$ 岁、合并相关基础疾病情况、相关侵入性操作、住院时间对胆道疾病引起感染具有统计学意义,多因素分析使临床医生可以降低感染的发生率。

**结论** 近些年胆道感染逐年增加,胆汁分离培养的耐药菌也逐年增高,因此适时分析胆汁分离的致病菌的分布及耐药情况,指导临床合理用药;其次分析易导致胆道感染的相关因素,将有助于提高胆道感染性疾病的治愈率。

## PU-7058

### 血液透析病人乙型肝炎标志物检测影响因素分析

羊建

雅安市人民医院,625000

**目的** 分析血液透析病人乙型肝炎病毒(HBV)标志物检测的影响因素,确保血液透析病人乙型肝炎病毒标志物检测的可靠性。

**方法** 以2016年5月至2016年11月间雅安市人民医院肾内科的37例用光激化学发光法进行乙型肝炎病毒标志物测定出现“乙肝两对半”少见模式的血液透析病人为研究对象,运用酶联免疫吸附试验(ELISA)复检确认,同时追踪检验前病人采血过程和标本制备过程。

**结果** 37例光激化学发光法检测出的“乙肝两对半”少见模式,运用酶联免疫吸附试验(ELISA)复检确认后均变成了“乙肝两对半”常见模式,采血前已使用肝素抗凝剂对检测结果影响明显,尤其是对乙型肝炎病毒表面抗原(HBsAg)和乙型肝炎病毒E抗原(HBeAg);延长离心时间能减少少见模式的出现。

**结论** 肝素抗凝剂对光激化学发光法检测血液透析病人乙型肝炎病毒标志物干扰明显,规范的血清样本制备能有效的减少对光激化学发光法的干扰。去除以上因素可使血液透析病人乙型肝炎病毒标志检测结果更准确可靠。

## PU-7059

### 冷藏和冷冻 D-二聚体质控品的结果比较分析

侯兵兵

中国人民解放军总医院第六医学中心

**目的** 对冷藏和冷冻 D-二聚体(D-Dimer, D-D)质控品的结果进行探讨。

**方法** 每天取冷冻管一支置室温完全溶解,冷藏管一支恢复至室温,两管同时测定,连续测定 60 天,一共 60 次。

**结果** 冷藏 D-二聚体质控品与分装冷冻 D-二聚体质控品比较,分装冷冻 D-二聚体质控品的 SD、CV%均大于冷藏 D-二聚体质控品。

**结论** 冷藏 D-二聚体质控品的方法所得数据的 SD、CV%相对比分装冷冻 D-二聚体质控品的小,稳定性好,可作为一种较好的保存 D-二聚体质控品的方法,值得在室内质控时应用。

PU-7060

## HBV RNA 检测试剂盒性能验证及临床应用

王梦娴<sup>1</sup>, 潘柏申<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.中山医院检验科

**目的** 对 HBV RNA 检测试剂盒进行性能验证评估; 比较不同乙肝两对半模式患者血清中 HBV RNA 的水平以及其与 HBV DNA 之间的关系; 结合临床信息, 研究血清中 HBV RNA 水平与抗病毒药物使用的联系。

**方法** 对 HBV RNA 检测试剂盒进行性能验证评估, 包括精密度、灵敏度以及线性范围的检测; 收集 81 例 HBsAg 阳性的患者血清, 并进行分组。通过对比分析 HBV RNA 与治疗用药情况以及其他血清学标志物的关系来探讨其临床应用价值及潜在临床意义。

**结果** HBV RNA 试剂盒性能验证结果满足临床需求; HBV RNA 可以提示 HBeAg 的血清学转化; HBV RNA 与 HBV DNA 及 HBeAg 均有相关性, 与 HBeAg 相关性更强。

**结论** 血清 HBV RNA 与用药情况有关, 可作为一种潜在标志物监测抗病毒疗效。

PU-7061

## 对 MALDI-TOF-MS 质谱分析仪中酵母样真菌 cutoff 值的评价

李艳君

中国人民解放军总医院第六医学中心

**目的** 通过对基质辅助激光解析/电离飞行时间质谱仪 (matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time of Flight Mass spectrometry, MALDI-TOF-MS) 中酵母样真菌临界值 (cutoff) 进行评价, 确定符合本实验室酵母样真菌的鉴定标准。

**方法** 选取海军总医院近期来自临床血液、尿液、分泌物等标本的酵母样真菌 500 株, 先使用 MALDI-TOF-MS 质谱仪测定 500 株酵母样真菌的数值, 再将标本送往第三方检验, 利用 18srDNA 序列分析技术测定得出数值, 最后将两种方法测得的数值进行比对, 绘制 ROC 曲线, 得出符合本实验室酵母样真菌的 cutoff 值。

**结果** cutoff 值为 1.559 时 ROC 曲线下面面积最大为 0.722, 敏感性为 91.8%, 特异性为 59.2%, 约登指数为 0.510。

**结论** 对 MALDI-TOF-MS 质谱分析仪中酵母样真菌 cutoff 值做出评价, 同时得出符合本实验室自身酵母样真菌 cutoff 值。

PU-7062

## MiR-19b and miR-20a suppress apoptosis, promote proliferation and induce tumorigenicity of multiple myeloma cells by targeting PTEN

Jie Yuan

Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Multiple myeloma (MM) is a common hematological malignancy, and deregulation of miRNAs has been implicated in the pathogenesis of MM. We investigated whether miR-19b and

miR-20a, as members of the crucial oncogene miR-17-92 cluster, could regulate proliferation, migration or apoptosis of MM cells and relative mechanism.

**Methods** MiR-19b/20a mimics, inhibitor or lentiviral vector were transfected into MM cell lines in vitro and in vivo to analyze functional effect. Luciferase reporter assay was used to confirm the regulation between miR-19b/20a and PTEN.

**Results** MiR-19b and miR-20a were differentially expressed between patients with MM and normal control patients in serum samples. The functional effect of miR-19b/20a was analyzed and the results indicated that miR-19b/20a promoted cell proliferation and migration, inhibited cell apoptosis and altered the cell cycle in the MM line. PTEN protein expression was reduced following transfection of miR-19b/20a, suggesting that PTEN is a direct target of miR-19b/20a. In addition, overexpression of miR-19b/20a reversed the anti-proliferation and pro-apoptosis effects of PTEN in MM cells. Finally, an in vivo experiment demonstrated that the lentiviral-miR-20a inhibitor inhibited tumor growth in a murine xenograft model of MM.

**Conclusions** Our study demonstrated that miR-19b/20a were oncogenes that may serve critical functions in the pathogenesis of MM by inducing cell proliferation and migration, inhibiting cell apoptosis and altering cell cycle. Effective inhibition of miR-19b/20a to promote expression of PTEN protein may have potential as a targeted and effective therapeutic approach for the control of MM cell growth and survival.

## PU-7063

# 卷积神经网络在呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测中的应用

肖开提,彭奕冰

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 本文研究了基于卷积神经网络(convolutional neural network,CNN)技术的荧光显微镜图像自动判读方法,用于呼吸道感染病原体 IgM 抗体的检测。CNN 是人工智能(artificial intelligence, AI)的代表技术之一,广泛用于图像分类、语音识别等方面。在医学领域广泛应用于医学图像分类及分割、医学辅助诊断等方面,成为尖端的医学影像/图像分类技术,在一些疾病的诊断准确度上已达到了医学专家水平。本研究将使用间接免疫荧光检测技术所得到的显微镜荧光图像,经过应用 CNN 技术深度学习所得的分割、判读算法,将荧光图像中的细胞进行分割、识别,根据其荧光强度进行分类识别,带有荧光的细胞判读为阳性细胞,无荧光的细胞则为阴性细胞,并对图像中的杂质、干扰进行识别排除。

**方法** 本研究首先通过建立荧光显微镜图像库,用于基于 CNN 技术的 AI 系统进行有监督的学习,即通过采集大量的荧光显微镜图像的原始数据,这些图像经过双人在镜下和显示屏复核,再由 AI 系统进行图像分类计数,进行阳性特征区域的判断和统计。AI 系统分类错误的的数据均经人工二次审核确认予以纠正同步到服务器,触发卷积神经网络再次训练,并将修正后的网络数据下载到设备终端,即有监督的机器学习。随人工纠错的次数越多,荧光显微镜图像的积累形成数据库,最终形成的 AI 系统算法分类准确性将逐步提高。

**结果** 本研究为了验证所提出的呼吸道感染病原体 IgM 抗体检测 AI 系统算法的有效性,利用人工智能测试了 797 例样本,并分别计算了肺炎支原体(MP)、腺病毒(ADV)、呼吸道合胞病毒(RSV)、甲型流感病毒(IFA)、乙型流感病毒(IFB)和副流感病毒(PIVs)1、2、3 型等病原体人工与智能检测一致性,达到 95.1-97.4%,其中甲型流感病毒抗体的一致性最高,达到了 97.4%。

**结论** 本研究所建立的基于卷积神经网络的 AI 系统,在判读呼吸道感染病原体 IgM 抗体的荧光显微镜图像具有精准、高效、快速的优点,与人工检测方法相比,具备很强的竞争力。



## PU-7064

## 血清自身抗体检测在多种肿瘤诊疗中的应用初探

肖伉家<sup>1</sup>, 卢仁泉<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.复旦大学附属肿瘤医院, 200000

**目的** 探讨血清自身抗体在食管癌及乳腺癌诊疗中的应用价值。

**方法** 70例食管癌患者、70例乳腺癌患者以及100例正常人对照被纳入本课题研究。运用酶联免疫吸附法(ELISA)分别对食管癌、乳腺癌及各组正常人对照的血清自身抗体进行定量检测,并对结果进行统计,分析其与临床病理参数的关系,再经二元 logistic 回归后筛选得到自身抗体组合的敏感度和特异性。

**结果** 食管癌患者组、乳腺癌患者组的自身抗体检测结果与正常人对照组的检测结果均存在显著性差异。对70例食管癌和50例正常人对照进行自身抗体 Anti-P53、Anti-P62、Anti-c-Myc、Anti-HCCR、Anti-CyclinE、Anti-KOC、Anti-P16、Anti-P90、Anti-IMP1 的检测,结果筛选 Anti-P53、Anti-HCCR、Anti-KOC、Anti-P90 和 Anti-P16 进行组合;对70例乳腺癌和50例正常人对照进行自身抗体 A(P19012902)、抗体 D(P180603)、抗体 E(P16081502)、抗体 G(P180915)、抗体 H(P16080303)、抗体 I(P16111401)、抗体 K(P17121201)的检测,结果筛选自身抗体 A(P19012902)、抗体 D(P180603)、抗体 E(P16081502)、抗体 G(P180915)、抗体 I(P16111401)进行组合。食管癌患者组根据 ROC 曲线计算各血清自身抗体浓度的 CUTOFF 值,再经二元 logistic 回归后计算自身抗体组合的 OcScore 值得到总敏感度是 75.71%,总特异性 88.00%;乳腺癌患者组根据 ROC 曲线计算各血清自身抗体浓度的 CUTOFF 值,再经二元 logistic 回归后计算自身抗体组合的 OcScore 值得到总敏感度是 81.43%,总特异性 84.29%。

**结论** 血清自身抗体的测定在食管癌及乳腺癌的诊疗中具有一定的应用价值,可作为早期诊断的辅助指标。自身抗体组的联合可有效提高早期诊断的特异性和灵敏度。

## PU-7065

## HIV-1 超感染者体内 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组病毒形成过程的研究

郜阳, 安明晖, 田文, 李丹, 王真, 丁海波, 尚红, 韩晓旭

中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** HIV-1 重组不但可增加病毒多样性,还可能改变病毒的适应性、耐药性及感染者的疾病进展。

我们前期鉴定了一组 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组病毒,其重组断点并不完全一致,这组重组株的起源及进化关系尚不清楚。本研究拟通过一例 CRF01\_AE/CRF07\_BC 超感染者自急性感染后不同时期血浆病毒的基因序列分析,揭示上述一组 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组病毒产生的可能机制。

**方法** 感染者 320819 来自沈阳市男男同性性接触 HIV 急性感染者队列。选取感染后 19 天, 96 天, 221 天, 402 天, 655 天时冻存血浆标本,深度测序检测 HIV-1 env C2-V4 区病毒准种构成情况, SGA 方法扩增 HIV 基因组 5'半分子和 3'半分子,利用 Mega7 软件中的 Neighbor-Joining 方法进行系统进化分析,进化树的可靠性用 Bootstrap 重复检测 1000 次。利用 HIV Database 在线软件 RIP 和 jpHMM 初步分析基因序列重组情况,使用 Simplot(v3.5.1)对重组毒株断点情况进行准确定位。

**结果** 深度测序结果发现,320819 在感染 19 天和 96 天时均检测到一个毒株 CRF01\_AE,在感染 221 天, 402 天和 655 天时均检测到第二个毒株 CRF07\_BC,证实在感染 221 天时发生超感染。感染 655 天和 756 天的序列存在多种重组模式,均以 CRF01\_AE Cluster1 为骨架,插入 3 个 CRF07\_BC Cluster3 片段:因插入片段位置和长度不同, pol RT 区仅插入一个片段,有 3 种不同

的断点；其余插入片段断点分布在 *vif* 与 *vpr* 重叠处，*tat* 与 *rev* 重叠处，*vpu* 与 *env* 重叠处，*env* 区，*nef* 区。构建系统进化树发现 320819 在感染 655 天和 756 天时的全长序列与前期鉴定的一组 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组株在同一簇上，bootstrap 值为 100，部分断点与前期鉴定的一组 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组株相同，且骨架与插入片段同源。

**结论** 前期鉴定的一组 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组病毒可能为来自同一感染者的不同准种病毒的姐妹株；在一组 CRF01\_AE/CRF07\_BC 重组病毒中一致的重组断点可能为该个体内不同准种中稳定存在的断点，而不完全一致的断点可能为正处于选择中的不稳定断点；重组断点与宿主免疫选择的关系需要进一步深入研究。

## PU-7066

### 巨噬细胞活化标志物 sCD163 在乙型肝炎相关慢加急性肝衰竭中的预后价值研究

辛敏,谢青

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 探究血清 sCD163 水平在乙型肝炎相关慢加急性肝衰竭（HBV-ACLF）中的预后价值。

**方法** 从瑞金医院感染科肝硬化失代偿前瞻性队列中筛选出符合研究标准的乙肝肝硬化失代偿期患者。检测所有入选患者血清 sCD163 和相关调控因子（IL-6、IL-10 和 TNF- $\alpha$ ）浓度并首先分析其与疾病严重程度的关系。进一步采用受试者工作曲线评估 HBV-ACLF 患者 90 天死亡预测价值。通过二分类 logistic 回归进行建模并绘制 Kaplan-Meier 生存曲线。不同组别之间生存差异采取 Log-rank 法进行检验。

**结果** 共有 212 例患者进入本研究，包括 129 例非 ACLF 患者（即单纯的 HBV 相关肝硬化失代偿）和 83 例 ACLF 患者，其中 38 例 ACLF 患者在入院后 90 随访内死亡。HBC-ACLF 患者中血清 sCD163 水平显著高于非 ACLF 患者（ $p < 0.0001$ ），且 sCD163 与疾病严重程度参数 CLIF-C OF 评分有显著的正相关性（ $\rho = 0.58$ ， $p < 0.0001$ ）。sCD163 和 IL-6 在 HBV-ACLF 患者存活组和死亡组之间具有显著性差异（ $p < 0.01$ ）。进入 Logistic 回归模型的变量有 sCD163 和 CLIF-C OF 评分，在此基础上构建的 sCD163\_CLIF-C OF 评估系统预测效能（ $AUC = 0.77$ ）优于单独的 CLIF-C OF 评分系统（ $AUC = 0.73$ ）。“高水平（sCD163+CLIF-C OF  $> 0.6107$ ）”和“低水平（sCD163+CLIF-C OF  $\leq 0.6107$ ）”组的生存曲线有明显的不同（ $p < 0.0001$ ）。

**结论** 血清巨噬细胞活化标志物 sCD163 可帮助预测 HBV-ACLF 患者 90 天死亡，有潜在的临床应用价值。

## PU-7067

### 胃癌患者血清淀粉样蛋白 A 水平及其临床意义

赵珺涛,项明洁

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 研究血清淀粉样蛋白 A（SAA）检测在胃癌中的表达及临床意义。

**方法** 收集 2018 年 11 月至 2019 年 4 月医院收治的治疗前胃癌患者 156 例、治疗后胃癌 123 例，再取慢性浅表性胃炎 30 例、萎缩性胃炎 30 例及健康人群 105 例作为对照，采用乳胶增强免疫比浊法检测 SAA，并结合多种临床病理参数及胃癌常规指标癌胚抗原（CEA）、糖类抗原 199（CA199）、糖类抗原 724（CA724）的变化进行综合分析，比较各组间各指标的表达差异。

**结果** 利用 ROC 曲线计算出 SAA 的最佳临界值为 3.67 mg/l, 以此作为阳性诊断临界点, SAA 对胃癌的诊断有 39.1%的敏感性及 93.3%的特异性, 联合 CEA、CA199、CA724 检测敏感性则升至 56.4%; 对于早期胃癌则有 35.1%的单独检测敏感性, 联合检测将升至 48.6%; 在区别胃癌与慢性浅表性胃炎或慢性萎缩性胃炎时有显著差异 ( $P<0.05$ ); 在不同肿瘤位置、TNM 分期、分化程度、远处转移情况、肿瘤大小、区域淋巴结转移程度组中具有显著差异 ( $P<0.05$ ), 而在不同性别、年龄、是否为印戒细胞癌、肿瘤浸润程度组中无显著差异 ( $P>0.05$ ); SAA 在病情稳定组与病情进展组、病情好转组间均有显著差异 ( $P<0.05$ )。

**结论** SAA 检测在治疗前胃癌及早期胃癌诊断敏感性上优于 CEA、CA199、CA724, 且 SAA 与胃癌病理以及治疗后病情关系密切, 联合检测有助于胃癌的筛查诊断、分期评估及治疗后病情监测。

## PU-7068

### 黄连解毒汤联合抗生素对 MRSA 的体外抑菌效果

边巴央宗<sup>1</sup>, 王蕾<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.上海市第八人民医院检验科

**目的** 拟在分析国内外研究的基础上, 检测中药复方黄连解毒汤及其有效单体成分小檗碱对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 (MRSA) 的体外抑菌作用; 分析中药复方黄连解毒汤及其有效单体成分小檗碱分别联合临床常用 4 种抗生素是否提高抑制 MRSA 的体外抑菌效果。

**方法** 采用微量肉汤稀释法检测黄连解毒汤、小檗碱、庆大霉素、左氧氟沙星、克林霉素、苯唑西林对 MRSA 的最低抑菌浓度 (MIC), 同时使用棋盘法检测黄连解毒汤、小檗碱分别联合 4 种抗生素对 MRSA 的 MIC。

**结果** (1) 单独使用黄连解毒汤时对 MRSA 的 MIC 范围在 9.49~18.75mg/ml。单独使用小檗碱时对 MRSA 的 MIC 范围在 4~512ug/ml。(2) 黄连解毒汤联合抗生素实验中, 11 株 MRSA 联合庆大霉素有 2 株协同, 1 株相加、4 株拮抗、4 株无关; 12 株 MRSA 联合左氧氟沙星有 9 株协同、2 株无关、1 株相加; 11 株 MRSA 联合克林霉素有 9 株协同作用, 1 株拮抗, 1 株无关; 16 株 MRSA 标本联合苯唑西林有 10 株协同, 3 株相加、3 株拮抗。(3) 小檗碱联合抗生素实验中, 13 株 MRSA 联合庆大霉素中 8 株相加、4 株协同、1 个拮抗; 12 株 MRSA 联合左氧氟沙星中 2 个相加、7 个协同、1 个拮抗、2 个无关; 13 株 MRSA 联合克林霉素中有 1 株相加、11 株协同、1 株拮抗; 14 株 MRSA 联合苯唑西林全部为协同作用。

**结论** (1) 黄连解毒汤及小檗碱对 MRSA 有明显的抑菌效果。(2) 黄连解毒汤联合抗生素的具有较好的协同抑菌效果, 其联合抑菌效果依次为: 苯唑西林 > 左氧氟沙星 > 克林霉素 > 庆大霉素。

(3) 中药单体小檗碱联合抗生素对 MRSA 的抑菌效果依次为: 苯唑西林 > 克林霉素 > 左氧氟沙星 > 庆大霉素。(4) 黄连解毒汤中的不仅单体成分小檗碱对 MRSA 具有较好抑菌效果, 而且其他单体成分如药根碱、巴马汀、黄芩苷等可能同样具有抑菌作用。

## PU-7069

### 系统性红斑狼疮研究进展与展望

林佳忆<sup>2,1</sup>, 曹颖平<sup>2</sup>

1.福建省泉州市第一医院

2.福建医科大学附属协和医院, 350000

**目的** 系统性红斑狼疮是一种多种因素引起的、全身性、多系统损害的自身免疫性疾病, 本病以年轻女性为主。患者常有多种临床症状, 患者生存及预后质量差, 病死率高。

**方法** SLE 患者体内存在自身免疫性 T 细胞克隆, 使大量自身免疫性淋巴细胞进入外周淋巴组织, 产生抗自身组织抗体, 攻击自身组织, 使凋亡细胞增加。当体内单核巨噬细胞识别和清除凋亡细胞功能下降时, 不能及时清除体内大量存在的自身反应性细胞, 导致体内炎症因子释放、组织损伤、代谢紊乱等, 加剧 SLE 疾病进程, 造成多器官损害甚至衰竭等严重临床表现。

**结果** NR4A1 具有抗凋亡的生物学功能, 促进细胞生长和细胞生存。当使用 siRNA 沉默 NR4A1 或基因敲除 NR4A1 时, 可诱导细胞凋亡, 降低 SURVIVIN 或 Bcl-2 等抗凋亡或促生长相关调节基因的表达。

**结论** SLE 病理发病机制十分复杂, 迄今为止, 许多研究发现 SLE 的发病机制与凋亡清除缺陷密切相关。探索细胞凋亡与 SLE 发病成为当今自身免疫性疾病研究的热点之一。而通过减少降低单核细胞凋亡、增强单核细胞抗凋亡能力, 从而增强单核巨噬细胞清除体内凋亡细胞能力也是未来治疗 SLE 的一个可能的新的方向。

## PU-7070

### 微生物室开展夜班制度前后 TAT 变化的比较

年华, 刘丁宁, 褚云卓  
中国医科大学附属第一医院, 110000

**目的** 通过实施微生物室夜班值班制度缩短血培养、痰培养、一般菌培养标本周转时间。

**方法** 2017 年 12 月 1 日在微生物室实施的夜班值班制度, 分析采取措施前后, 血培养, 痰培养, 一般菌培养三个检测项目的标本周转时间的中位数及离群值率变化, 并讨论 TAT 离群值发生原因, 评估夜班值班制度的意义。

**结果** 血培养、痰培养、一般菌培养的 TAT 在实行夜班值班制度后均有显著性缩短 ( $P < 0.001$ ); 血培养、痰培养的 TAT 离群值率差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 而一般菌培养的 TAT 离群值率变化幅度小, 差异不具有统计学意义 ( $P > 0.05$ )

**结论** 通过实行微生物室夜班值班制度后, 血培养、痰培养、一般菌培养三个检验项目的 TAT 中位数和 TAT 离群值情况都得到一定程度改善, 延长工作时间对缩短 TAT 是有效的, 提高整体检验结果的及时性。

## PU-7071

### 大肠埃希菌 oqxAB 基因的检测及分子流行病学分析

符文懿, 孙景勇  
上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

**目的** 了解临床喹诺酮耐药的大肠埃希菌中质粒介导喹诺酮耐药的外排泵基因 oqxAB 的分子流行特征及其传播机制。

**方法** 采用纸片扩散法和 E-test 药敏试验对临床分离的大肠埃希菌进行耐药性分析; 通过聚合酶链反应 (PCR) 筛选质粒介导喹诺酮耐药的外排泵基因 (oxxAB) 阳性菌株; 通过脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 分析各菌株之间的亲缘关系; 通过接合实验了解大肠埃希菌中 oqxAB 基因的转移性; 通过反向 PCR 对耐药基因周围的可转移元件及环境进行分析。

**结果** 本课题收集了临床一个月的大肠埃希菌 125 株。聚合酶链反应 (PCR) 结果显示有 6 株菌株携带 oqxAB 基因; 通过脉冲场凝胶电泳 (PFGE) 发现 6 株 oqxAB 阳性菌株分为 6 个不同的谱型; 接合实验及 PCR 验证显示成功获得 oqxAB 接合子 5 株; 反向 PCR 结果显示 oqxAB 基因位于可移动元件 IS26 上。

**结论** 在大肠埃希菌中发现质粒介导喹诺酮的耐药基因 oqxAB 在上海交通大学医学院附属瑞金医院检出率较低, 并以非克隆传播为主。该基因能够接合性转移, 其携带的可移动元件 IS26 对细菌耐

药性的转移和传播至关重要。应对携带 *oqxAB* 的临床分离株进行监测，以最大限度减少临床上大肠埃希菌对喹诺酮耐药的进一步传播。

## PU-7072

### 新型 TDR STR-96，TDR STR-AST 药敏卡板对临床肺炎链球菌药敏检测的评估

古力扎 亚尔买买提,韩立中  
上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 评估新型 TDR STR-96，TDR STR-AST 药敏卡板与手工微量肉汤稀释法对临床肺炎链球菌的药敏结果的一致性。

**方法** 以手工微量肉汤稀释法为对照方法，分别采用新型 TDR STR-96，TDR STR-AST 药敏卡板对 96 株临床分离的肺炎链球菌进行药敏试验，计算 Kappa 值和 P 值进行 RxC 列联表资料趋势检验，同时，根据 ISO 20776-2: 2007 的标准，对 TDR STR-96，TDR STR-AST 药敏卡板的检测性能进行评估。对 TDR STR-96，TDR STR-AST 药敏卡板药敏结果与手工微量肉汤稀释法药敏结果出现异常不一致的结果，通过重复测试来确定最终纳入计算的结果。

**结果** 新型 TDR STR-96 药敏检测卡板对 1152 对菌株-抗菌药物组合的检测中，总的 CA，EA，MD，VMD 分别为 97.3%，99.9%，0% 以及 0.3%；除了对 CRO 的 CA(86.5%)，对其余抗菌药物的 CA 均大于 90%；所有抗菌药物的 EA 均大于 90%；没有产生重大不一致结果；对 MXF 的检测产生了严重不一致结果（1/1 耐药菌株）；除了 CRO 和 MXF，其余抗菌药物的 Kappa 值均大于 0.8，其中只有 CRO 和 PEN 的检验 P 值小于 0.05。新型的 TDR STR-AST 药敏检测卡板对 1440 对菌株-抗菌药物组合的检测中，总的 CA，EA，MD，VMD 分别为 96.1%，99.6%，0.2% 以及 0%；除了对 FEP 的 CA(82.3%)，对其余抗生素的 CA 均大于 90%；对所有抗菌药物的 EA 均大于 95%；没有产生严重不一致结果；对 AMC 和 SXT 的检测产生了重大不一致结果，并且其中 SXT 的 MD（3.2%）超过了 3%；除了 FEP 和 CRO，其余抗菌药物的 Kappa 值均大于 0.8，其中 FEP 和 PEN 的检验 P 值小于 0.05。

**结论** 新型 TDR STR-96，TDR STR-AST 药敏卡板药敏检测结果与手工微量肉汤稀释法药敏检测结果间的一致性较高，结果准确、可靠、可重复。对于个别抗菌药物而言，TDR STR-AST 对肺炎链球菌对 FEP 和 SXT 的敏感性检测，TDR STR-96 对肺炎链球菌对 CRO，MXF 的敏感性检测不能提供良好的结果。

## PU-7073

### 幽门螺杆菌感染与结直肠癌相关性研究

索朗<sup>1</sup>,李冬<sup>2</sup>  
1.上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000  
2.同济医院检验科

**目的** 通过研究幽门螺杆菌与结直肠癌的相关性确认幽门螺旋杆菌是结直肠癌发生的复杂多因素过程中的传染性因素之一。明确幽门螺杆菌具有促进结直肠癌发展的重要作用，从而为结直肠癌的预防和治疗提供潜在依据。

**方法** 1.收集 2017.8-2018.11 年在上海市同济医院进行结直肠癌手术患者的结直肠组织标本 77 例，并收集每例患者年龄、性别、身高、体重、是否合并糖尿病、高血压疾病等相关的临床资料及手术之前的临床检测指标。2.从-80℃冻存的结直肠癌手术患者的结直肠组织标本中剪取一块小米粒大小的组织标本，加入 0.3mL 生理盐水置于冰上用组织研磨器打碎处理为细胞悬液。3.参照

TIANGEN 血液/细胞/组织基因组 DNA 提取试剂盒（离心柱型）说明书操作。4.将提取的结直肠癌临床标本组织 DNA 作为模板通过巢式 PCR 来判断结直肠癌病人的幽门螺杆菌感染状况将结直肠癌患者分成 2 组，结合临床资料分析幽门螺杆菌与结直肠癌的相关性。5.根据幽门螺杆菌的感染情况将结直肠肿瘤组织分为 2 组，通过免疫组化和免疫印迹实验检测癌旁和肿瘤组织的细胞增殖、炎症因子和炎症细胞表达情况。

**结果** 1.在 CRC 患者中女性的 H.pylori 感染率高于男性（57.7%和 29.4%）。2.在 CRC 患者中 H.pylori 感染率与性别呈正相关（ $P<0.05$ ,  $r=0.274$ , 95%CI:0.054-0.469）。3.在 CRC 患者中 H.pylori 感染率与淋巴结转移呈负相关（ $P<0.05$ ,  $r=-0.277$ , 95%CI:-0.472~-0.056）。4.在癌旁的组织中 H. pylori(+) hCap18/LL-37、CD66b、Ki-67 和 PCNA 阳性细胞表达均明显强于 H. pylori(-) 组；同样在肿瘤组织中，H. pylori(+)组 hCap18/LL-37、CD66b、Ki-67 和 PCNA 阳性细胞表达明显强于 H. pylori(-) 组，且均强于癌旁的组织。结果显示，H. pylori 感染增加了肿瘤细胞的增殖能力、炎症细胞浸润能力以及炎症反应。

**结论** H. pylori 对 CRC 的发生发展具有促进作用。

## PU-7074

### 人类白细胞抗原与特发性血小板减少性紫癜的相关性研究

陈中  
中日医院,100000

**目的** 特发性血小板减少性紫癜(ITP)是一种自身免疫性疾病，现着重研究 ITP 与 HLA 的相关关系。

**方法** 人类白细胞抗原（HLA）是具有高度多态性的同种异体抗原，参与人体的免疫反应。与许多疾病有程度不同的相关关系，如与强直性脊柱炎，类风湿性关节炎，多发性硬化症，系统性红斑狼疮，糖尿病，银屑病等呈强相关。

**结果** 特发性血小板减少性紫癜（ITP）是常见的以出血和血小板减少为主要特征的一组免疫综合征。由于患者血循环中存在抗血小板抗体引起血小板在网状内皮系统被大量破坏，故又称为免疫性血小板减少性紫癜。而 HLA 在免疫应答中起着重要的作用，因此，对 HLA 等位基因与 ITP 的发病的相关性进行了初步研究。有学者认为 ITP 的发病可能与 HLA-抗原结合的抗原肽有关。

**结论** HLA 与 ITP 密切相关，HLA 抗原多态性检测在医学实践和科研中具有十分重要的意义。

## PU-7075

### 不同级别宫颈病变与阴道微生物组结构的相关性分析

王艾卉<sup>1</sup>,应春妹<sup>2</sup>  
1.上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000  
2.复旦大学附属妇产科医院,200000

**目的** 研究宫颈上皮内瘤变（CIN）级别与阴道微生物组结构之间的关系。随着高通量测序技术的日益发展，微生物组学的研究逐渐深入，研究者发现人类微生物组与代谢、生殖以及神经系统的疾病密切相关。16s rRNA 基因测序分析是一种在高通量测序技术的支持下，通过序列处理、样品多样性分析和统计学分析等，对微生物组结构进行系统性阐述的方法，具有经济高效、分析全面的特点。宫颈癌是女性第四大最常见的恶性肿瘤，已有研究关注到阴道微生物组与宫颈癌及癌前病变之间的相关性。

**方法** 选取 2018 年 11 月至 2019 年 1 月就诊于复旦大学附属妇产科医院的患者共 32 名, 采集阴道分泌物标本, 进行细菌 16s rRNA 基因测序, 讨论 CIN 级别与阴道微生物组结构之间的相关性。

**结果** 在基于 97% 基因序列相似度进行的聚类分析下, 共测得操作分类单元 (OTU) 1754 个, 其中未见上皮内细胞病变 (NILM) 组 1517 个, 以厚壁菌门为主, 存在较多的拟杆菌门和放线菌门; 低级别上皮内瘤变 (LSIL) 组 557 个, 以厚壁菌门为主, 放线菌门、拟杆菌门相对较少; 高级别上皮内瘤变 (HSIL) 组 236 个, 厚壁菌门和放线菌门占显著优势。NILM 组与 LSIL 组、HSIL 组之间阴道微生物组丰富度存在显著性差异 ( $P=0.030$ ), 其中 NILM 组 Chao 指数较低。三组标本之间的多样性指标即 Shannon 指数无显著性差异 ( $P=0.181$ )。

**结论** 阴道微生物组丰富度与宫颈上皮病变程度有关, 微生物组物种组成和多样性与 CIN 等级无显著相关性。

## PU-7076

### 肠道菌群在非酒精性脂肪性肝病不同阶段的变化分析

徐晔, 张欣欣

上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

**目的** 非酒精性脂肪性肝病 (NAFLD) 是目前全世界最普遍的肝脏疾病, 其中 25% 的单纯性脂肪肝可以进展为非酒精性脂肪性肝炎, 并且可能发展为肝硬化甚至肝细胞癌, 危及生命。研究发现 NAFLD 患者通常伴随肠道微生物过度生长或某些菌群种类和数量变化, 提示肠道菌群失调与 NAFLD 的发生发展有关。

**方法** 本课题收集 4 例经肝组织病理活检证实的非酒精性脂肪性肝病患者, 排除合并糖尿病; 根据肝脏穿刺结果分为轻度纤维化组 (F12) 与进展期纤维化组 (F34) 两组, 利用 16S\_rRNA 测序技术分别检测 4 名患者及 2 名健康对照粪便中的细菌基因序列, 通过生物信息学方法分析三组样本中肠道菌群群落多样性及相对丰度, 并对测序结果进行 KEGG 功能预测。

**结果** NAFLD 患者肠道菌群  $\alpha$  多样性较健康者明显下降, 且随着纤维化程度加重,  $\alpha$  多样性也呈现下降趋势。在门水平上, 进展期纤维化组 (F34)、轻度纤维化组 (F12) 及健康对照 (HC) 相比, 厚壁菌门、拟杆菌门明显下降, 同时变形菌门及梭杆菌门相对丰度呈现上升趋势。在属水平上, NAFLD 患者与健康对照相比罗氏菌属显著降低, 直肠真杆菌及布劳特氏菌属呈现下降趋势, 巨单胞菌属、大肠杆菌-志贺菌属、梭杆菌属、Lachnoclostridium 和活泼瘤胃球菌属丰度呈现上升趋势。NAFLD 患者肠道菌群基因 KEGG 通路主要集中于膜转运、碳水化合物代谢、氨基酸代谢、复制及修复和能量代谢, 且 NAFLD 患者各代谢通路的丰度相较于健康对照均呈下降趋势。

**结论** 肠道菌群改变可能与 NAFLD 纤维化进展有关, 同时肠道菌群构成可有效区分纤维化不同分期的 NAFLD 患者, 可能作为潜在 NAFLD 纤维化分期的生物学标志物之一。

## PU-7077

### 对三例抗凝血酶基因突变患者的表型检测

顾智超, 丁秋兰

上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

**目的** 对现有抗凝血酶活性检测试剂盒进行改良, 从而提高临床诊断的准确率。

**方法** 抗凝血酶 (Antithrombin, AT) 是人体重要的生理抗凝物质之一, 编码 AT 的基因位于人类染色体 1q23-25.1 (基因符号 SERPINC1), 由七个外显子和六个内含子组成。不同的基因突变会引起不同表型的遗传性抗凝血酶缺陷, 遗传性 AT 缺陷分为 I 型和 II 型, I 型是抗凝血酶量的缺乏, II 型是抗凝血酶功能的缺陷, 根据不同的功能位点的缺失, II 型又被分为了三个亚型。反应位点缺失 (Reactive-site defect, RS) 型, 肝素结合位点异常 (heparin-binding site defect, HBS) 型, 多

重变异 (pleiotropic effects, PE) 型。目前对于遗传性抗凝血酶缺陷的诊断通常先采用 AT 活性检测进行筛选, 再结合 AT 抗原试验区分 I 型和 II 型, 最后通过基因检测到具体突变位点, 对照人类基因突变数据库查找是何种表型的突变。本文的研究对象为三例 AT 活性正常, 但临床上有血栓事件发生且含有 SERPINC1 突变的患者, 这些突变均为新突变。由于目前的试剂盒存在缺陷, 时常会高估 HBS 患者的 AT 活性水平, 造成漏诊。故本文对于现有的 AT 活性检测做出相应的改良, 提高对肝素结合缺陷患者的敏感性, 采用了渐进式 AT 活性试验与肝素抗凝血酶结合 (Heparin Antithrombin binding, HAB) 比率的方法对这三例患者进行检测。判断他们的突变会导致何种表型的遗传性抗凝血酶缺陷, 或者是不致病性的突变。

**结果** 最终结果显示, 突变为 T122S 的患者为 HBS 型遗传性 AT 缺陷, 突变为 M313T 的患者为 PE 型遗传性 AT 缺陷, 突变为 K289E 的患者为不致病性突变。

**结论** 通过本研究采用的方法可提高抗凝血酶缺陷患者的临床表型诊断正确率。

## PU-7078

### 脂联素通过抑制 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路改善血管钙化

周允, 曹永彤  
中日医院, 100000

**目的** 探讨了血管钙化保护性因子脂联素的抗钙化效果, 并阐明了其通过调控转录因子 Runx2 抑制 VSMCs 向成骨细胞转化改善血管钙化的作用机制。

**方法** 选取拟行甲状旁腺切除术 (parathyroidectomy, PTX) 治疗的终末期肾病患者 150 例, 收集患者临床资料, ELISA 测定血清总脂联素 (total adiponectin, APN) 和高分子量脂联素 (high molecular weight adiponectin, HMW APN) 水平, 应用 Western blot 分析信号通路的激活状态。

**结果** 在肾衰大鼠的腹主动脉和原代培养的 VSMCs 中, 我们发现球形脂联素能明显减少 VSMCs 钙结节的形成从而改善血管钙化; 通过检测 PI3K/AKT 通路和 Wnt 通路以及 Runx2 核转位的变化, 发现脂联素激活 WIF-1 从而抑制  $\beta$ -catenin 蛋白的磷酸化水平, 也能抑制 AKT 蛋白的磷酸化水平, 并能抑制 Runx2 蛋白表达和核转位; 应用 Wnt 通路激动剂后, 脂联素诱导的钙结节减少、WIF-1 上调、 $\beta$ -catenin 蛋白的磷酸化水平升高和 Runx2 表达降低及核转位抑制均被逆转, 这就提示脂联素改善血管钙化是通过抑制 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路进而抑制 Runx2 的表达和转位来实现的; 此部分研究明确了脂联素的抗钙化作用, 为临床防治血管钙化提供干预依据。

**结论** 脂联素改善血管钙化是通过抑制 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路进而抑制 Runx2 的表达和转位来实现的。

## PU-7079

### 临床化学类项目自动审核设计探讨

程涌江<sup>1</sup>, 刘东亮<sup>1</sup>, 程涌江<sup>1</sup>, 刘东亮  
1. 广州中医药大学第一附属医院, 510000  
2. 广州中医药大学第一附属医院, 510000

**目的** 设置合理的临床生物化学检验结果自动审核规则, 验证自动审核的可行性

**方法** 参考相关文献进行规则设计, 并请具 5 年以上工作经验、中级职称以上的在岗检验技师进行规则调整。验证规则的准确性和可行性后, 应用自动审核规则, 统计通过率和 TAT 时间, 运用统计学分析自动审核和人工审核的差异。

**结果** 共制定 143 条规则, 分为常见审核范围类、逻辑判断类、历史比对类 (Delta Check)、危急值警告类、仪器报警类, 共 5 大类; 对共计 22697 个生化样本的检验结果进行自动审核, 总体平



均通过率为 41%；其中，体检来源的标本通过率最高，为 74%，住院病人来源的标本通过率最低，为 19%。TAT 时间中位数从 124 分钟明显缩短至 96 分钟

**结论** 制定合理准确的临床生化自动审核规则，实施自动审核后，可以缩短 TAT 时间，提高工作效率。

## PU-7080

### 粪便钙卫蛋白检测的影响因素与临床价值

吕婕<sup>1</sup>, 潘秀军<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.上海新华医院检验科

**目的** 研究粪便钙卫蛋白(fecal calprotectin, FC)检测结果随样本的保存时间与保存温度而变化的趋势，并评估其对炎症性肠病(inflammatory bowel disease, IBD)临床诊断的价值。

**方法** 1、随机选取 9 例进行临床 FC 检测患者的粪便样本，分别在室温下及 4℃ 下放置，对即时粪便样本、放置 1 天后粪便样本、放置 3 天后粪便样本、放置 7 天后粪便样本及放置 14 天后粪便样本进行 FC 检测，对各组间结果进行比较分析，同时计算降解率；2、纳入 2019 年 1 月至 2019 年 4 月之间，以腹痛、腹泻为主诉的在我院消化科就诊的患者 127 例，包括 IBD、肠易激综合征、其他还包括过敏性紫癜、肠系膜淋巴结综合征等，分析所有患者的 FC 检测结果，采用受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线来评估 FC 对于 IBD 的诊断效能。

**结果** 1、粪便样本在室温下放置 7 天后，FC 检测结果与即刻样本相比未出现显著降低，放置 14 天后的 FC 检测水平与放置 7 天后相比有明显下降( $z=-2.666$ ,  $p<0.05$ )。用 t 检验对降解率进行分析可知，室温下放置 14 天后的粪便样本降解率有统计学意义( $p<0.05$ )，而在 4℃ 下放置 14 天内 FC 差异无统计学意义；2、评估 FC 对 IBD 诊断的分析性能，在 cut-off 值为 429.456 $\mu$ g/g 下，FC 对 IBD 诊断的敏感性 & 特异性分别为 50% 和 81.01%，受试者曲线下面积(area under curve, AUC)为 0.654，而使用厂商提供的 50 $\mu$ g/g 的 cut-off 值时，FC 对 IBD 诊断的敏感性 & 特异性仅有 87.5% 及 11.39%。

**结论** 1、用于检测 FC 的粪便样本可在室温下保存至多 7 天，在 4℃ 下可保存到 14 天；2、依照目前试剂盒所提供的 cut-off 值进行 IBD 诊断时，FC 的诊断性能不甚理想，需要进一步分析其可能存在的问题及影响因素，必要时应对诊断的 cut-off 值重新界定，以期临床应用提供参考。

## PU-7081

### 大庆地区 1171 例遗传咨询者外周血染色体核型分析

赛凤英, 高淑芹

大庆市人民医院检验科

**目的** 分析大庆地区遗传咨询者的染色体核型状况，探讨染色体核型的异常与不良孕产史、生长发育迟缓的相关性。

**方法** 选取 2014 年 7 月至 2017 年 12 月来我院进行遗传咨询的患者为研究对象，抽取患者外周血淋巴细胞进行培养，常规方法制片和 G 显带分析核型。

**结果** 1171 例遗传咨询患者中 异常核型 68 例，检出率为 5.8%。

**结论** 染色体异常是导致发育异常、智力低下、反复流产、不孕不育症等的重要原因之一，对有异常生育状况以及临床症状的患者进行染色体检查十分必要，染色体核型分析技术是辅助临床进行产前诊断、指导患者优生优育的重要参考依据。

## PU-7082

## 不区分抗原抗体 HIV 初筛检测的流程优化和临床应用评估

彭秀娟,马永能,杨自力,任胜兰,任浩月

四川省绵阳市第三人民医院

**目的** 回顾性分析 2016 年 1 月-2018 年 12 月采用不同 HIV 初筛检测方法和不同检测流程的检测效率,评估采用本初筛实验室优化后的《全国艾滋病检测技术规范》(2015 年修订版)检测流程和所采用的检测策略在 HIV 初筛中的重要价值。

**方法** 初筛实验选择四代试剂采用化学发光法;复检时选择三代试剂采用酶联免疫吸附法、胶体硒法和胶体金法;确证(补充)有本市疾病预防控制中心采用免疫印迹法。检测流程采用《全国艾滋病检测技术规范》2015 年修订版中“不区分抗原抗体检测流程”和本实验室优化后的此流程。

**结果** 1) 2016 送 CDC 补充实验的 95 人,其中确证阳性数 56 人,占 58.94%;CDC 确证阴性数 25 人,占 26.32%;CDC 确证“不确定”14 人,占 14.74%。与 2015 年相比,确证的“阳性”率从 86.36%降到 58.94%,明显降低;相反初筛的假阳性为 26.32%,明显升高。2) 自 2017 年 1 起本室实行的新的优化后的 HIV 检测流程后,2017 年 56 例送 CDC 确诊,其中确证阳性数 51 例,占 91.07%。2018 年 56 例送 CDC 确诊,其中确证阳性数 54 例,占 96.43%。优化检测流程后 2017 年和 2018 年两年减少因实验本身的“假阳性”而的抗体报告数分别为 44%和 46.4%。

**结论** 1)本实验室在《全国艾滋病检测技术规范》2015 年修订版中“不区分抗原抗体检测流程”的基础上,优化后的检测流程能提高检测准确度、避免不必要的送检补充实验、缩短病人无意义等待。2) 作为优化流程中的重要检测策略《HIV 检测送补充实验样本及信息采集单》、《门诊 HIV 筛查知情同意书》、《HIV 检测送确诊(补充)实验拒检或无送检条件回执单》是检测流程的重要补充,能提高检测效率,避免医疗纠纷。

## PU-7083

## 中国老年人群心理知觉压力与记忆状态的关系

李江

中日友好医院

**目的** 探讨感知压力与记忆状态之间的关系是一种心理表现,还是存在记忆能力的实际损伤。

**方法** 通过调查问卷进行压力评分,并记录被调查者自我评价的记忆状态和测试记忆能力,发现被调查者的感知压力状态与自我评价的记忆状态以及记忆实验中精神控制能力相关。

**结果** 感知压力较高的被调查者,自我评价的记忆状态较差,并且自我评价的记忆状态较之前在变差。记忆实验的结果也证实,感知压力较高的被调查者精神控制能力(包括逻辑能力和计算能力)较差。但是即刻记忆和延迟记忆能力与感知压力相关性无统计学意义。

**结论** 这些结果表明,首先感知压力与记忆之间的关系不仅是一种心理负担表现,而且与记忆能力相关;其次感知压力对复杂记忆能力的影响显著。

## PU-7084

## BRAFⅢ型突变协同 NRAS 突变驱动造血细胞恶性转化的功能研究

王福慧,黄秋花

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 本课题拟在体外研究 NRAS 和 BRAFⅢ 型突变是否能够协同驱动正常造血细胞发生恶性转化,并对其潜在的分子机制进行探讨。

**方法** 首先通过分子生物学手段构建 BRAF 和 NRAS 单一突变及共突变质粒,然后通过细胞生物学手段建成 BRAF 和 NRAS 单一突变及共突变的细胞株,以此为模型探究 BRAF 和 NRAS 单一突变及共突变对造血细胞增殖、周期、凋亡及恶性转化等生物学功能的影响,并探究 MAPK 下游通路激活方式的异同。

**结果** 本课题成功构建了  $Braf^{K520E}$  和  $Nras^{G12S}$  单一突变及共突变质粒,并建成了稳定表达的 32D 突变细胞株;进一步研究证明,  $Braf^{K520E}$  和  $Nras^{G12S}$  单一突变能异常活化下游 MAPK 通路,且两者共突变对活化 MAPK 通路具协同作用;  $Braf^{K520E}$  和  $Nras^{G12S}$  共突变后,部分细胞发生分化,但另有部分细胞 C-KIT 表达升高,且这些细胞具有不依赖于外源性 IL-3 的持续增殖能力。

**结论** BRAFⅢ型突变与 NRAS 突变共存可诱导 32D 细胞发生恶性转化。

## PU-7085

## 本研究旨在探讨 MTHFR 基因 C677T 突变与 2 型糖尿病 (T2DM) 合并大血管病变的关系。

王金辉

哈尔滨市第一医院,150000

**目的** 本研究纳入 2015 年 10 月-2017 年 1 月期间哈尔滨市第一医院 380 例 T2DM 患者(其中 218 例单纯 T2DM 患者和 162 例 T2DM 大血管并发症患者)和 306 例健康对照者。分离血液基因组 DNA,采用基于聚合酶链反应的限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)方法对 MTHFR 基因 C677T 突变进行基因分型。

**方法** 本研究纳入 2015 年 10 月-2017 年 1 月期间哈尔滨市第一医院 380 例 T2DM 患者(其中 218 例单纯 T2DM 患者和 162 例 T2DM 大血管并发症患者)和 306 例健康对照者。分离血液基因组 DNA,采用基于聚合酶链反应的限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)方法对 MTHFR 基因 C677T 突变进行基因分型。

**结果** MTHFR 基因 C677T 突变的基因型和等位基因型频率在三组之间有显著性差异( $p < 0.01$ ),与单纯 T2DM 患者相比,大血管并发症患者 MTHFR 基因 C677T 突变的基因型和等位基因型频率有显著性差异( $P = 0.008$ ,  $P = 0.002$ )。基因型 TT 患者同型半胱氨酸浓度明显高于基因型 CT 和 CC( $P < 0.05$ ,  $P < 0.01$ )。

**结论** T2DM 合并大血管病变可能与 MTHFR 基因 C677T 突变有一定相关性。

## PU-7086

## 五例遗传性凝血因子 V 缺陷症的基因分析

吴凯,戴菁

上海交通大学医学院附属瑞金医院,200000

**目的** 对临床发现的凝血因子 V 缺陷症患者的基因进行诊断,遗传性凝血因子 V 缺陷症是一种常染色体隐性遗传性出血性疾病,发病率约为 1/1000000。多数患者并无出血症状,少数患者存在轻度的出血症状,如牙龈出血、月经量多和皮肤瘀斑等。同时血浆中的 FV 活性水平和患者的出血程度没有明显的相关性。对该疾病的基因突变进行研究,不仅有助于深入认识凝血因子 V 的结构和功能,也有助于深入认识机体的止凝血机制。

**方法** 本研究中分别对五例遗传性凝血因子 V 缺陷症的患者进行基因分析,确定导致该疾病的基因突变。研究采用沉淀法抽提患者的外周血,并用 PCR 的方法对 FV 基因的 25 个外显子进行扩增。扩增产物进行 DNA 测序后,其结果再与 NCBI GenBank 所公布的 NG\_011806.1 序列进行比对。结合相关文献和数据库,排除找到的基因突变中的多态性影响,排除 PCR 反应体系造成的序列影响。最后通过正反测序核对,确定基因突变。

**结果** p.D96H、p.K678E 和 p.C684Y 这三种基因突变改变了 FV 的空间构象,使其丧失了原有的功能,这是患者 FV:C 下降以及临床出血表现的主要原因。而 p.C603S 与 FV:C 水平可能存在关系,具体机制有待进一步研究。

**结论** 通过基因检测可以明确患者的基因缺陷,并对临床现象的解释提供参考。

## PU-7087

## 两种检测系统检测补体 C3 补体 C4 结果的一致性评价

韩红霞,郭海龙,王晓玲,任建平

山西省中医药研究院山西省中医院,030000

**目的** 比较 AU5800 免疫透射比浊检测系统(B)与 IMMAGE800 免疫散射比浊检测系统(A)检测补体 C3、C4 结果的一致性。

**方法** 参照美国临床实验室标准委员会(CLSI) EP9-A2 和 EP15-A2 文件,选择 2015 年 3 月至 6 月山西省中医院门诊与住院患者检测后剩余的新鲜血清标本 40 份,分别用两种检测系统对补体 C3、C4 进行检测,将两种检测系统的检测结果进行相关分析,并对两种检测系统在医学决定水平处的预期偏倚与允许偏倚比较。

**结果** 两种检测系统检测补体 C3、C4 的精密度均在允许范围内,总不精密度均小于 CLIA'88 能力验证计划中分析质量要求规定的总允许误差的 1/3。两种检测系统的检测结果不可比,补体 C3 的  $r^2$  值为 0.946,补体 C4 的  $r^2$  值为 0.962,

**结论** 两种检测系统检测补体 C3、C4 的检测结果存在负偏倚,B 检测系统检测结果偏低,因此不同检测系统检测系统检测补体 C3、C4 应设定不同的参考区间。

PU-7088

## 尿 ACR 检测对于早期糖尿病肾病的意义

李斌

齐齐哈尔医学院附属第二医院检验科

**目的** 糖尿病肾病是糖尿病常见的微血管并发症，是糖尿病主要的死亡原因之一。早期存在可逆性，如果能及早发现并惊醒干预治疗，肾脏损伤可能恢复。因此，早期发现糖尿病肾病对于糖尿病的治疗、改善预后有重要意义。尿微量白蛋白是肾脏早期损伤的重要指标，人体内大部分肌酐都是有肾脏排泄出去，为此我们引入尿 ACR 这个尿微量白蛋白比尿肌酐的概念，来校正尿和稀释尿对随机尿中白蛋白浓度的影响。同时与单独做尿微量白蛋白的对照组进行比较，以探讨糖尿病患者尿 ACR 检测在糖尿病早期肾损伤的诊断及监测价值。

**方法** 采用干式免疫散射方法测定的 200 例早期糖尿病患者的晨尿 ACR 与采用化学发光法测定同样这 200 例患者的尿微量白蛋白浓度进行比较

**结果** 糖尿病患者做尿微量白蛋白人数共 200 人，检测结果大于  $10\mu\text{g/ml}$  的有 120 人，小于  $10\mu\text{g/ml}$  的有 80 人，糖尿病患者检测尿 ACR 人数 200 人，检测结果大于  $30\text{mg/g}$  的有 149 人，小于  $30\text{mg/g}$  的有 51 人

**结论** 尿 ACR 检测对早期糖尿病肾病患者肾损伤的诊断具有重要价值，在肾损伤可逆期进行干预治疗具有重要意义。

PU-7089

## 组蛋白 H3 乙酰化在急性冠脉综合征患者 CD4+CD28-T 细胞 CD28 表达缺失中的作用

桂琳,黄立娟

哈尔滨医科大学附属第二医院检验科

**目的** 通过对急性冠脉综合征 (acute coronary syndrome, ACS) 患者外周血 CD4+T 细胞 CD28 mRNA 水平和 CD28 基因启动子区域组蛋白 H3 的乙酰化状态的研究,旨在探讨组蛋白 H4 的乙酰化在 ACS 患者 CD4+CD28-T 细胞 CD28 表达缺失中的作用。

**方法** 免疫磁珠法分离外周血 CD4+T 细胞,经逆转录后,实时定量 PCR(Real time-PCR)技术检测 CD4+T 细胞 CD28mRNA 表达水平,染色质免疫共沉淀和实时荧光定量 PCR 技术 (ChIP-qPCR) 检测 CD28 启动子区域组蛋白 H4 的乙酰化状态。

**结果** 与正常对照组相比,ACS 患者 CD4+T 细胞 CD28mRNA 表达水平显著减低,差异具有统计学意义[正常对照组比 ACS 组:  $(1.063\pm 0.131)$  比  $(0.739\pm 0.065)$ ,  $t=2.65$ ,  $P<0.05$ ]。CD28 基因启动子区域组蛋白 H3 的乙酰化水平降低,差异具有统计学意义[正常对照组比 ACS 组:  $(2.853\pm 0.532)$  比  $(1.488\pm 0.297)$ ,  $P<0.05$ ]。CD28 基因启动子区域组蛋白 H3 乙酰化水平与 CD28mRNA 表达水平呈显著正相关 ( $P=0.01$ ,  $r=0.531$ )。

**结论** ACS 患者 CD4+T 细胞 CD28 基因启动子区域组蛋白 H3 低乙酰化调控了 CD28 基因转录抑制。

## PU-7090

## 热休克蛋白 90 (HSP90) 在结直肠癌患者外周血中的表达及临床意义

赵欣雨<sup>1</sup>, 张华<sup>2</sup>

1.上海交通大学医学院附属瑞金医院, 200000

2.瑞金医院卢湾分院

**目的** 探讨血清肿瘤标志物——热休克蛋白 90 (HSP90)、癌胚抗原 (CEA) 和糖类抗原 19-9 (CA19-9) 联合检测诊断结直肠癌的临床意义。

**方法** 选取 2018 年 1 月至 2018 年 12 月上海交通大学医学院附属瑞金医院卢湾分院检验科血清标本共计 51 例, 以及 2018 年 12 月至 2019 年 2 月上海交通大学医学院附属瑞金医院检验科血清标本共计 29 例, 其中结直肠癌标本 40 例, 结直肠息肉标本 20 例, 正常对照组 20 例。采用酶联免疫吸附法检测 3 组研究对象血清 HSP90 水平, 采用化学发光法检测 3 组研究对象血清 CEA 和 CA19-9 的水平

**结果** 与对照组和结直肠息肉组比较, 结直肠癌组患者血清 HSP90 水平均显著升高, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。3 项肿瘤标志物联合检测诊断结直肠癌的灵敏度和诊断符合率均显著高于单项检测, 分别达 92.5% 和 84.0%。随着分化程度的降低, HSP90 高水平表达。低分化患者 HSP90 水平均显著升高, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。有淋巴转移患者 HSP90 水平高于无淋巴转移者, 且差异有统计学意义。

**结论** HSP90 检测在结直肠癌诊断中具有临床应用价值, HSP90、CEA 和 CA19-9 的 3 项联合检测可明显提高诊断结直肠癌的灵敏度和诊断符合率, 有助于结直肠癌的早期诊断、疗效评价及预后监测。

## PU-7091

## Regional differences and prevalence of diabetes mellitus in China: a large cross-sectional population-based study

Jiang Li

Chian-Japan Friendship Hospital

**Objective** The prevalence of diabetes mellitus (DM) is rapidly increasing in China in the past few decades and is associated with many risk factors. But the prevalence of DM in different geographical regions in the general Chinese population is unclear. This study is the first time to use the database which comes from a single large cross-sectional population-based survey to report regional differences of DM in China.

**Methods** Using information on glycometabolism parameters, health and lifestyle data, we conducted this analysis from 8399 participants of the 2009 wave of China Health and Nutrition Survey (2009 CHNS). Multivariable logistic regression analysis was used to determine the risk independence of geographical imbalance.

**Results** The data of this study showed that the overall prevalence of DM was 7.73%. In multivariable logistic regression analysis, gender, age, BMI, diagnosis of hypertension, urban/rural population and location of the provinces were significantly associated with incident DM. The adjusted prevalence of DM was mapped and shown a large geographical imbalance.

**Conclusions** The study maps the distribution pattern of DM in the nine provinces of China in the general population and shows a large geographical imbalance. The multivariate logistic regression analysis indicated that geographical imbalance is independently associated with incident DM in China.

## PU-7092

## The characteristic association between renal function and anemia among adults in China: a large cross-sectional population-based study

Jiang Li

Chian-Japan Friendship Hospital

**Objective** This study hopes to assess the association between kidney function and anemia in adult Chinese population.

**Methods Design:** We conducted an analysis using information on iron status parameters, serum creatinine, health and lifestyle data of the 2009 wave of China Health and Nutrition Survey (2009 CHNS).

**Setting:** Anemia has a close interaction with chronic kidney disease (CKD). It is an inevitable and frequent complication of CKD and contributes to poor outcomes of CKD. But the association of anemia and renal dysfunction in different geographical regions in the general Chinese population is unknown.

**Participants:** 8449 participants come from 2009 CHNS, which consist of 216 communities from 9 provinces.

**Results** The data in this study showed that the standardized prevalence of kidney dysfunction was 1.4% and the standardized prevalence of anemia was 15.6%. Participants with kidney dysfunction had higher prevalence of anemia than the group with normal renal function (46.7% vs. 15.1%). In multivariable logistic regression analysis, gender, age, BMI and provinces location (from north to south) were significantly associated with incident anemia and reduced eGFR. The adjusted prevalence of anemia and kidney dysfunction was mapped and shown a large geographical imbalance.

**Conclusions** The study provided a description of the association between renal function and anemia in different geographic features in the general Chinese population. The results showed that participants with reduced renal function had a high prevalence of anemia and the prevalence of kidney dysfunction and anemia all increased from north to south in China.

## PU-7093

## 脑利钠肽、降钙素原和超敏 C-反应蛋白在心力衰竭中的应用价值

周田

泰达国际心血管病医院,300450

**目的** 探讨脑利钠肽 (brain natriuretic peptide, BNP)、降钙素原 (procalcitonin, PCT) 和超敏 C 反应蛋白 (high sensitive C—reactive protein, hs-CRP) 在心力衰竭诊断中的应用价值。

**方法** 选择泰达国际心血管病医院自 2016 年 8 月到 2017 年 8 月收治的符合 2014 年中华医学会颁布的心力衰竭诊断标准<sup>[1]</sup>的心力衰竭患者 207 位为研究对象, 分为急性心力衰竭组和慢性心力衰竭组并用 KILLIP<sup>[2]</sup>分级和 NYHA<sup>[3]</sup>分级方法对患者进行分级, 其中 KILLIP I 级 43 人, KILLIP II 级 23 人, KILLIP III 级 10 人, KILLIP IV 级 9 人, NYHA I 级 11 人, NYHA II 级 25 人, NYHA III 级 48 人, NYHA IV 级 38 人。另选取 100 位健康人作为对照组分别测定 BNP、PCT 和 hs-CRP 水平。

**结果** 急性心衰组血清 PCT、hs—CRP 和 BNP 检测结果均显著高于正常对照组, 且差异均具有统计学意义 ( $P$  均  $< 0.05$ )。KILLIP I 级、KILLIP II 级、KILLIP III 级、KILLIP IV 患者间血清 PCT、hs—CRP 和 BNP 检测结果差异均有统计学意义 ( $P$  均  $< 0.05$ )。且随着心衰严重程度的增加, 血清中 BNP 呈上升趋势 hs—CRP 和 CRP 水平均高于正常组, 组间两两比较, 差异均有统计学意义 ( $P$

均 $<0.05$ );慢性心衰组血清 PCT、hs—CRP 和 BNP 检测结果也均显著高于正常对照组,且差异均具有统计学意义( $P$  均 $<0.05$ )。NYHA I 级、NYHA II 级、NYHA III 级、NYHA IV 患者间血清 PCT、hs—CRP 和 BNP 检测结果差异均有统计学意义( $P$  均 $<0.05$ )。且随着心衰严重程度的增加,血清中 BNP 呈上升趋势 hs—CRP 和 CRP 水平均高于正常组,组间两两比较,差异均有统计学意义( $P$  均 $<0.05$ )。急性心衰组血清 PCT、hs—CRP 和 BNP 检测结果均显著高于正常对照组,且差异均具有统计学意义( $P$  均 $<0.05$ )。

**结论** 血清 PCT, hs—CRP 和 BNP 的水平可用于心衰的诊断和分级。三者联合检测可提高诊断心衰的准确度。

#### PU-7094

### 异常凝血酶原(PIVKA-II)检测在北京地区参考值范围以及 在不同疾病患者诊断中作用的探讨

韩瑞林

北京大学第一医院,100000

**目的** 验证异常凝血酶原(PIVKA-II)检测在北京地区的参考值范围并初步探讨 PIVKA-II 在不同疾病患者诊断中的做用。

**方法** 通过 AbbottARCHITECTi2000SR 全自动免疫分析仪,对 120 例正常人群以及 347 例患者标本进行分析,检测血清 PIVKA-II 水平,以确定 PIVKA-II 在北京地区的参考值范围,并应用相应统计软件统计 PIVKA-II 在不同疾病患者血清中的表达差异性,对比差异性确定 PIVKA-II 在不同疾病尤其是原发性肝癌中的诊断价值。

**结果** 由 120 例正常人群检测结果确立 PIVKA-II 在北京地区参考区间为(13.68mAU/ml, 38.75mAU/ml),且 PIVKA-II 的水平与年龄无明显相关性。病毒性肝炎患者 PIVKA-II 水平中位数为 21.45(5.78, 229.63) mAU/ml,肝硬化患者 PIVKA-II 水平中位数为 24.80(7.37, 263.25) mAU/ml,自身免疫性肝炎患者 PIVKA-II 水平中位数为 19.57(7.84, 302.21) mAU/ml。原发性肝癌患者 PIVKA-II 水平中位数为 1869.53(51.96, >30000.01) mAU/ml,与其它三组中位数有统计学差( $P>0.05$ )。

**结论** 本研究验证了北京地区 PIVKA-II 参考区间基本在(13.68mAU/ml, 38.75mAU/ml)左右,与文献报道的日本、美国等地区的 PIVKA-II 参考区间有显著差异,说明不同人种之间 PIVKA-II 水平不同,为本地运用提供了依据。同时在原发性肝癌患者中血清 PIVKA-II 水平明显高于其它肝病患者,说明 PIVKA-II 可以作为一种血清特异性标志物为原发性肝癌患者的早期诊断提供更多的依据。

#### PU-7095

### EPHX2 rs751141 基因多态性与糖尿病血管并发症缺血性 脑卒中相关性研究

马亮,姜永玮,刘倩,杨辉,曹永彤

中日医院,100000

**目的** 探讨 EPHX2 rs751141 基因多态性中 A 等位基因是否是 DM 血管并发症缺血性脑卒中的保护因素。

**方法** 626 例 2 型 DM 患者均为中日友好医院 2015 年 2 月至 2016 年 6 月住院患者。其中 DM 伴缺血性脑卒中患者 236 例(男性 127 例、女性 109 例),对照组 DM 不伴缺血性脑卒中患者 390 例,



提取患者外周血 DNA 并用荧光探针法进行 SNP 检测。采用卡方检验方法分析基因型频率、等位基因频率以及 Hardy-Weinberg 平衡。统计学效力分析采用 Quanto software version 1.2.4 软件, 所有数据采用 SPSS17.0 统计软件进行处理, 当  $p < 0.05$ , 认为有统计学差异。

**结果** EPHX2 rs751141 基因多态性等位基因频率在糖尿病伴缺血性脑卒中组和 DM 不伴缺血性脑卒中组均符合 Hardy-Weinberg 平衡。236 例 DM 伴缺血性脑卒中组患者中 GG、GA 和 AA 型患者分别为 145 例、79 例和 12 例; 390 例 DM 不伴缺血性脑卒中组患者中 GG、GA 和 AA 基因型频率分别为 201 例、162 例和 27 例, 二者之间差异不显著 ( $p = 0.053$ ), DM 伴缺血性脑卒中组 A 等位基因频率为 21.8% 明显低于 DM 不伴缺血性脑卒中组患者 A 等位基因频率 27.7% ( $p = 0.023$ )。在未校正相关风险因素时, 在加性和显性遗传模型下, 不同基因型患缺血性脑卒中风险明显不同 ( $p = 0.02$  和  $p = 0.016$ )。在校正性别、年龄、BMI 指数、高血压病史、TC 水平、HDL-C 水平以及 TG 水平等相关风险因素后, 在加性和显性遗传模型下, A 等位基因携带者具有较低的缺血性脑卒中患病风险 (OR=0.72, 95% CI=0.55-0.97,  $p < 0.05$ ; OR=0.67, 95% CI=0.48-0.95,  $p < 0.05$ )。

**结论** EPHX2 rs751141 多态性中 A 等位基因对 DM 血管并发症缺血性脑卒中的发生具有保护作用, 提示该位点可能参与了 DM 血管并发症的发生发展。

## PU-7096

### 太原地区成人冬季 25-羟维生素 D 参考区间初步调查

韩红霞, 郭海龙, 陈庆瑜, 肖大健, 刘勇, 任建平  
山西省中医药研究院山西省中医院, 030000

**目的** 调查居住在太原地区人群的 25-羟维生素 D (25-OHVitD) 状态, 探索和建立 25-OHVitD 正常与适宜状态测定参考值, 为临床诊疗提供可靠依据。

**方法** 筛选 2018 年 11 月-12 月在山西金域健康体检中心体检标本 203 例, 男女性别比例 1: 1, 收集体检对象的基本资料, 采用化学发光法测定其血清 25-OHVitD 水平。

**结果** 调查所用的 25-OHVitD 检测系统精密度良好, 血清 25-OHVitD 水平呈非正态分布, 采用非参数法设立参考区间为 8.566ng/ml-19.35 ng/ml。

**结论** 建立了针对国产 25-OHVitD 检测系统的参考区间。还需进一步调查不同性别、不同年龄、不同季节、不同工作地点人群的参考区间之间的差别有无意义。

## PU-7097

### 两种不同的检验方法应用于尿路感染患者诊断的效果分析

李定珍  
汉源县人民医院, 625000

**目的** 研究两种不同的检验方法在尿路感染中的应用价值。

**方法** 选择 2016 年 7 月-2018 年 2 月本院接诊的疑似尿路感染者 106 例, 采用数字抽签法将之分成 2 组: 研究组 ( $n=53$ ) 实行尿八联与定量尿培养联合检验, 对照组 ( $n=53$ ) 实行尿八联检验。分析 2 组的检验结果, 比较阳性率等指标。

**结果** 研究组的阳性率为 43.4%, 和对照组的 35.85% 比较无显著差异,  $P > 0.05$ 。研究组的特异度和灵敏度依次是 100.0%、85.19%, 明显比对照组的 80.77%、73.08% 高, 组间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 积极采取尿八联和定量尿培养联合检验法对尿路感染病患进行诊断, 安全有效, 且特异度与灵敏度都比较高, 建议推广。

## PU-7098

### 活化的淋巴细胞亚群检测对于活动性肺结核病 诊断价值预测分析

周长军,张腊红,潘峰  
杭州师范大学附属医院

**目的** 探索活化的淋巴细胞亚群检测对于活动性肺结核病的诊断预测价值, 为临床快速诊断肺结核病提供新的依据。

**方法** 采用流式细胞术检测 41 例诊断明确的活动期肺结核患者和 30 例健康体检者外周血中活化的淋巴细胞亚群比例, 分别统计分析单个活化的淋巴细胞亚群指标检测和各指标联合检测对于活动期肺结核病患者的诊断预测价值。提供新的依据。

**结果** 相比于对照组, 结核组的 Tregs 细胞、CD3<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞、CD4<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞、CD8<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞、CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>CD69<sup>+</sup>细胞比例升高, CD8<sup>+</sup>CD28<sup>+</sup>细胞水平降低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。统计分析显示, 在活动期肺结核病患者的鉴别中, 这 6 种活化的淋巴细胞亚群 ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.648、0.822、0.855、0.658、0.653、0.763。其中 AUC 值大于 0.8 的两个指标联合分析 ROC 曲线下面积与其单独分析的 ROC 曲线下面积差异无统计学意义。再进一步统计分析联合检测三个活化的淋巴细胞亚群指标对于活动期肺结核病的诊断预测价值, 结果显示: (CD4<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞 & CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>CD69<sup>+</sup>细胞 & CD8<sup>+</sup>CD28<sup>+</sup>细胞)、(CD8<sup>+</sup>CD28<sup>+</sup>细胞 & CD3<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞 & CD8<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞)、(CD8<sup>+</sup>CD28<sup>+</sup>细胞 & CD3<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞 & CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>CD69<sup>+</sup>细胞) 三组联合的 AUC 值大于 0.9, 分别为 0.91、0.911、0.909, 显著提高了对于活动性肺结核病诊断的敏感性和特异性。6 个活化的淋巴细胞亚群指标联合检测的 AUC 值为 0.942, 优于单一的活化的淋巴细胞亚群指标检测对于活动性结核病的诊断预测价值, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** CD3<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞和 CD4<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞检测对于活动性肺结核病有良好的诊断预测价值; Tregs 细胞、CD3<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞、CD4<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞、CD8<sup>+</sup>HLA-DR<sup>+</sup>细胞、CD16<sup>+</sup>CD56<sup>+</sup>CD69<sup>+</sup>细胞、CD8<sup>+</sup>CD28<sup>+</sup>细胞联合检测可作为诊断活动性肺结核病的理想标志物。

## PU-7099

### 初步评估毛细管电泳法检测血清蛋白电泳的性能 以及对血清中 M 蛋白筛查情况

安崇文,李海霞,焦莉莉  
北京大学第一医院,100000

**目的** 评估毛细管电泳法 (capillary electrophoresis, CE) 检测血清蛋白电泳 (serum protein electrophoresis, SPE) 的分析性能以及筛查 M 蛋白的情况。

**方法** 应用 CLSI EP5-A2、EP15-A2、C28-A3c、EP9-A2 方法评价 CE 法检测 SPE 的精密度、正确度、生物参考区间、其与法国 SEBIA 电泳仪琼脂糖凝胶电泳法 (agarose gel electrophoresis, AGE) 的相关性和偏差以及样本在不同温度、时间条件下的稳定性。

**结果** CE 法检测 SPE 的批内、批间精密度均符合要求。正确度验证显示测定国内、国外、厂家提供的评价物质, 结果符合验证要求。与法国 SEBIA 电泳仪 AGE 法比较, Alb、 $\alpha_1$  球蛋白、 $\alpha_2$  球蛋白、 $\beta$  球蛋白、 $\gamma$  球蛋白平均相对偏差为 -7.79%、124.61%、-18.24%、11.33%、14.87%,  $\alpha_1$  球

蛋白、 $\alpha 2$  球蛋白在参考区间处的预期偏差存在明显差异, 结果一致性较差, 不具有可比性。生物参考区间验证  $\alpha 2$  球蛋白、 $\beta 1$  球蛋白、 $\gamma$  球蛋白未能通过评估, 证明厂家提供的美国人参考区间不适合我国人群, 本实验室不可接受直接转移该参考区间。稳定性试验显示  $\beta 2$  球蛋白区在室温和  $4^{\circ}\text{C}$  冰箱避光下保存平均偏差呈负增长趋势, 分别为  $-3.69 \sim -69.16\%$  和  $-0.49 \sim -41.62\%$ ; CE 法检测 M 蛋白的灵敏度为 0.753、特异度为 0.988、ROC 曲线 AUC 为 0.870, 具有统计学意义 ( $P < 0.01$ )。

**结论** CE 法检测 SPE 的性能指标基本满足实验室要求, 与 AGE 法比较存在一定差异, 实验室必须建立本法的生物参考区间; 样本建议室温避光保存 8h,  $4^{\circ}\text{C}$  避光保存 4d, 如需较长保存时间, 建议冷冻保存; 应用 CE 法检测 SPE 是筛查和定量 M 蛋白的一种好方法, 而对于小单克隆蛋白, 建议同时进行免疫固定电泳检测可弥补漏检的不足。

## PU-7100

### 基于生物学变异的性能要求进行特殊 蛋白能力验证评价

朱岭峰, 朱宇清, 郭晓俊  
上海市临床检验中心

**目的** 通过生物学变异的要求评价各实验室特殊蛋白室间比对, 保障其能力验证活动的科学性、合理性。

**方法** 根据基于生物学变异 3 种评价标准 (99% 概率) ——适当标准; 最低标准; 最佳标准来确定的能力验证偏差和来替代原本的  $\pm 3\text{SD}$  (25%), 评价 C3、C4、IgA、IgG、IgM、IgE、CRR、RF 以及 ASO 等项目室间比对的结果并判断其结果的合理性。其计算公式分别为:  
$$\text{TEa} < 2.33(0.50\text{CV}_i) + 0.250(\text{C} + \text{C})^{1/2}; \quad \text{TEa} < 2.33(0.50\text{CV}_i) + 0.375(\text{C} + \text{C})^{1/2};$$
$$\text{TEa} < 2.33(0.50\text{CV}_i) + 0.125(\text{C} + \text{C})^{1/2}.$$

**结果** 使用适当的性能这一公式是最初的、最广泛地接受, 并且是经常使用的基于生物学变异的质量规范; 使用最适宜的性能这一公式产生的更为严格的质量规范应用于那些当前技术和方法学容易达到适当的性能标准的分析项目; 使用最低的性能这一公式产生的不太严格的质量规范应用于那些当前技术和方法学不易达到适当的性能标准的分析项目; 同时避免了同一分析项目因为质量目标不规定而出现不同的能力分析结果, 防止出现 TEa 大的项目分析能力较好, TEa 小的项目分析能力较差的假象。

**结论** 基于生物学变异确定的能力验证偏差相对于美国 CLIA' 88 确定的, 更适合特殊蛋白能力验证活动也同时也方便各实验确定特殊蛋白的质量目标。

## PU-7101

### The Influence of Low Dose Perfluorooctanoate Acid Exposure to the Cell Proliferation, Migration and Invasion of the Human Muscle Rhabdomyosarcoma Cell Line

Jianan Wang  
Department of Clinical Laboratory Medicine, The General Hospital of People's Liberation Army

**Objective** PFOA is a persistent environmental organic pollutant, which has been widely used in various industries, leading to potential exposure through food and drinking water and causing multiple toxicities in humans and other animals. This study aimed to explore the effect of PFOA

on the proliferation, migration and invasion of the human muscle rhabdomyosarcoma RD cell line and its related mechanisms.

**Methods** RD cells were cultured and exposed to PFOA of different concentrations with 6-72 hours. BEZ235, a kind of inhibitor of PI3K, was used to detect whether the PI3K/AKT pathway in RD cells was influenced under the 50 $\mu$ mol/L PFOA. Besides the control group, RD cells were treated with PFOA(50 $\mu$ mol/L) only, PFOA(50 $\mu$ mol/L) and BEZ235(50nmol/L), BEZ235(50nmol/L). The cell viability was assessed by cell counting kit-8(CCK-8) assay. Wound healing and transwell filter assay were used to evaluate the migration and invasion ability of the RD cells respectively. The cell cycles and cell apoptosis were detected by Flow cytometry. qRT-PCR and Western blot were used to quantify the mRNA and protein expression difference of related genes.

**Results** CCK-8 assay showed that, after treated the RD cell with different dose of PFOA for 72h, low dose PFOA (1、10、50、100 $\mu$ mol/L) promotes the proliferation of RD cells while high dose PFOA (250、500 $\mu$ mol/L) inhibits the proliferation ( $P < 0.001$ ). Cell cycle results showed that compared with the control group, there was no significant difference in G0/G1 phase, while cells in S phase decreased and G2/M phase cells increased after treated with PFOA (50 $\mu$ mol/L) for 72h( $P < 0.01$ ). The mRNA and protein relative expression of CDK2 and cyclin E2 of the PFOA (50 $\mu$ mol/L) group were significantly higher than the control group ( $P < 0.001$ ). There is no significant difference in the mRNA and protein expression of p21 and p53 between the PFOA and control group ( $P > 0.05$ ). The wound healing rate of the PFOA (50 $\mu$ mol/L) group was faster than that of the control group( $P < 0.001$ ). After PFOA (50 $\mu$ mol/L) treated, the number of the cell through the membranes was much more than the control group ( $P < 0.001$ ). The mRNA and protein relative expression of vimentin and MMP2 of the PFOA (50 $\mu$ mol/L) group were significantly higher than the control group ( $P < 0.001$ ). After treated with 50 $\mu$ mol/L PFOA, the mRNA and protein relative expression of PI3K and AKT were higher than that of the control group. While in BEZ235 group, the expressions of these two were inhibited. The cell viability, and migration and invasion ability of the PFOA+BEZ235 group was significantly lower than the PFOA group and higher than the BEZ235 group. The apoptotic cells proportion of the PFOA+BEZ235 group was also between that of the PFOA group and the BEZ235 group. BEZ235 antagonized the PFOA induction effects on RD cells. The results of qPCR and Western blot showed that compared with the control group, the relative expression of Bcl-2 was up-regulated while the Bax and Beclin-1 were downregulated in the PFOA group. And the result of the PFOA+BEZ235 group showed that BEZ235 reversed the effects of PFOA on the Bcl-2, Bax and Beclin-1.

**Conclusions** Low dose PFOA(50 $\mu$ mol/L) exposure promotes cell proliferation, migration and invasion in the human muscle rhabdomyosarcoma cell line through PI3K/AKT signaling pathway.

## PU-7102

### Performance evaluation of a homogeneous cholyglycine immunoassay in a clinical Chemistry Laboratory

Xiaoxia Bu  
China-Japan Friendship Hospital

**Objective** Serum Cholyglycine (CG) is a combination of secondary bile acids conjugated with glycine. Recently CG has become a sensitive biomarker for diagnosis of liver disease. The main purpose of this study was to evaluate the performance of an enzyme multiplied immunoassay technique (EMIT) CG kit.

**Methods** The EMIT CG kit was developed by Beijing Strong Biotechnologies, Inc. A Hitachi 7180 clinical chemistry analyzer (Made in Japan) was used for all the following studies, with a calibration cycle of 7 days. Tri-level controls and 2 clinical sample pools with different CG concentrations were tested in replicates of 21 to calculate the repeatability. The precision studies were evaluated according to Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) EP05-A2. Tri-level controls were tested in replicate in two runs for a minimum of 20 days. Linearity and spike

recovery studies were evaluated according to EP6-A2 and EP15-A2, separately. CG from Sigma (HPLC grade, purity $\geq$ 97%) was dissolved with alcohol to prepare a 10mg/ml stock solution, then the stock solution was diluted into the clinical serum pools with final concentrations shown in Fig 1C. Interference studies were measured as the ratio of the response value and the expected concentration of different CG analogs.

**Results** The repeatability, precision, spike recovery, and interference data are demonstrated in Table 1A, 1B, 1C and 1D. The linear range of CG kit is 0.6 to 40  $\mu$ g/ml, and the linear equation is  $y = 3.9813x - 2.7977$  with  $R^2 = 0.9982$ .

**Conclusions** The CG kit has a good performance in repeatability, precision, spike recovery, interference and linearity which can provide a better option for clinical cholyglycine detection.

## PU-7103

### 2 型糖尿病及其并发症发病机理中的关键角色： 组织居留的巨噬细胞

王继贵

中南大学湘雅二医院,410000

有不断增长的证据表明，慢性炎症是 2 型糖尿病（Type 2 diabetes,T2D）发生的一种重要的致病中介物。现在通常可接受的是组织居留的巨噬细胞在调节组织炎症中起着重要的作用。本综述着重讨论巨噬细胞的功能及这些细胞在 T2D 发病机理中的重要性。

## PU-7104

### 心力衰竭时心脏生物标志物研究的进展

王继贵

中南大学湘雅二医院,410000

心力衰竭是一种综合征，特征是心脏不能满足身体循环的需要导致多种临床症状，包括呼吸困难和疲劳等。心力衰竭的实验室诊断仍然是，因为没有任何信号和症状是特异的和特别敏感的。大量的研究对心衰的生物标志物进行了探讨，本文将集中于能前期研究中为临床医师所利用的标志物，或至少在多个研究中作过严密评价的标志物

## PU-7105

### 心脏恶病质生物标志物研究的进展

王继贵

中南大学湘雅二医院,410000

心脏恶病质（Cardiac cachexia, CC）是慢性心力衰竭（Chronic heart failure, CHF）一种严重并发症，其特征为显著的体重丧失和身体消瘦。几种激素、炎症和氧化应激分子，已推荐作为心脏恶病质时预后的血清标志物。本综述讨论用于 CC 诊断和治疗推荐的候选生物标志物的评价分析。

## PU-7106

## 产碳青霉烯酶的肺炎克雷伯菌研究进展

赵娟,刘文恩  
中南大学湘雅医院,410000

对多重耐药菌造成的严重感染而言,碳青霉烯类抗生素是抗感染治疗的最佳选择和最后一道防线。近年来,碳青霉烯类耐药肠杆菌在全球范围内迅速蔓延,给抗感染治疗带来严重挑战,肺炎克雷伯菌是主要的耐药肠杆菌之一,碳青霉烯酶的产生是造成细菌碳青霉烯类耐药的主要机制,肺炎克雷伯菌可表达多种碳青霉烯酶水解相应抗生素而产生耐药。本文就产碳青霉烯酶肺炎克雷伯菌的流行病学、耐药传播机制和检测方法等方面进行综述。

## PU-7107

## 在 Alzheimer's 病时生物标志物研究的进展

王继贵  
中南大学湘雅二医院,410000

在脑脊液(CSF)中,42个氨基酸形成的淀粉样蛋白 $\beta$ (A $\beta$ <sub>1-42</sub>),已广泛接受用作 Alzheimer's 病(AD)的一种重要生物标志物,对 CSF A $\beta$ <sub>1-42</sub> 几种免疫试验已有商品可供使用。但是在各实验室之间和批批间结果变异较大,缺乏标准化是主要的原因。本文将讨论新兴的血浆和 CSF 生物标志物,探讨新的基于蛋白质组学策略鉴别额外的 CSF 标志物。

## PU-7108

## 子宫颈癌诊断和治疗生物标志物研究的进展

王继贵  
中南大学湘雅二医院,410000

子宫颈癌是一种重要的妇产科癌,它涉及不可控制的女性子宫颈细胞的分裂和组织浸润。本文介绍当前可利用的用于子宫颈癌诊断和预后的生物标志物,除当前可利用的生物标志物外,本综述也介绍了基于细胞学和分子技术发展生物标志物的策略,以确立更有用的生物标志物,以准确检测和治疗子宫颈癌。

## PU-7109

## 5390CRP 血液分析仪检测 CRP 的性能评估

束国防  
东南大学附属中大医院,210000

**目的** 评估 5390CRP 血液分析仪检测 CRP 的性能。

**方法** 对 5390CRP 血液分析仪检测 CRP 的日内精密度、日间精密度、携带污染率、线性范围、稳定性及与特定蛋白仪 BN-II 的相关性、100 例健康人的正常参考范围进行检测。

**结果** 5390CRP 血液分析仪检测 CRP 的日内精密度( $X \pm SD$ , CV%)低、中、高、分别为( $3.52 \pm 0.064$ , 1.81)、( $42.41 \pm 0.48$ , 1.13)、( $136.845 \pm 0.538$ , 0.393),日间精密度( $X \pm SD$ , CV%)

低、高值分别为(10.63±0.2, 1.88)、(57.5±0.82, 1.43), 携带污染率为 0.037%, 线性范围为 (9.68-136.0)mg/L, 样本在 4℃冰箱的稳定性为 7 天,与特定蛋白仪 BN-II (Y) 的相关性为 R=0.9947, 线性方程为 Y=1.0422X-1.0276, 100 例健康人的正常参考范围为(0-4.0) mg/L

结论 5390CRP 血液分析仪检测 C 反应蛋白能较好的应用于临床。

## PU-7110

### 卒中新的生物标志物研究进展

王继贵

中南大学湘雅二医院,410000

它阐述了用于卒中危险预测和诊断的新生物标志物, 包括: 脂蛋白有关的磷脂酶 A2、不对称的二甲基精氨酸、基质金属蛋白酶-9、S-100β、N-甲基-D-天门冬氨酸、神经胶质纤维酸性蛋白、二磷酸核苷酸激酶 A, 也阐述了多标志物组合板的作用。显然, 需要进一步的发展和转移在这个领域的研究。

## PU-7111

### 初步建立健康成年人毛细管电泳法检测血清蛋白电泳的参考区间

安崇文,李海霞,焦莉莉

北京大学第一医院,100000

**目的** 初步建立毛细管电泳法 (capillary electrophoresis, CE) 检测血清蛋白电泳 (serum protein electrophoresis, SPE) 的生物参考区间。

**方法** 选择 649 例体检健康成年人作为研究对象, 其中男 318 例, 女 331 例, 分别按年龄段分为 18~29 岁、30~39 岁、40~49 岁、50~59 岁及 60 岁以上 5 组, 应用中华人民共和国卫生行业标准 WS/T 402-2012 文件方法评价 CE 法检测 SPE 的生物参考区间。

**结果** 男、女组 Alb、α1、α2、β1、β2、γ、β 组分均服从正态分布或近似正态分布(P>0.05)。按性别分组统计男、女组 Alb(t=10.23)、α2(t=-8.05)、β1(t=-3.65)、γ(t=-6.45)结果差异具有统计学意义(P<0.05), 依据文件要求进行 Z 检验, 结果显示 Alb、α2、β1、γ 组分的计算 Z 值高于界值表 Z\*值, 说明差异具有统计学意义, 可以考虑按性别分组建立不同的参考区间。按男女各年龄段分组统计, 男性各年龄段中 60 岁以上年龄组 Alb 项与其它各组之间差异有统计学意义(P<0.05), 女性各年龄段中 60 岁以上年龄组 β2、β 球蛋白项与其它各组之间差异具有统计学意义(P<0.05)。依据文件要求对 60 岁以上和 60 岁以下有差别组进行 Z 检验, Alb、β2、β 组分计算 Z 值均低于界值表 Z\*值, 说明两组间差异无统计学意义, 可考虑将 60 岁以下和 60 岁以上合并为一组统计 SPE 的参考区间。按非参数百分位数法统计, 男性 99%参考区间分别为 55.89~71.75%、2.64~5.49%、3.32~10.39%、4.27~9.02%、2.48~6.60%、9.04~22.59%、7.56~15.11%, 女性 99%参考区间分别为 53.67~69.68%、2.68~5.91%、3.51~10.02%、4.66~8.82%、2.64~5.91%、10.85~24.17%、7.72~14.18%, 男女合计 99%参考区间分别为 54.07~71.16%、2.65~5.60%、3.39~10.16%、4.49~8.84%、2.69~6.25%、9.60~22.88%、7.74~14.61%。

**结论** 初步建立了本实验室采用 Helena V8 全自动毛细管电泳仪采用 CE 法检测 SPE 的生物参考区间, 实验室应根据临床应用价值的可行性考虑是否选择按性别或年龄段分组。

## PU-7112

## 血小板计数影响因素分析

缪卫华

南京医科大学第二附属医院,210000

**目的** 血小板体积本身的变化较大,易于变形,血小板易受多种因素的影响,本文旨在探讨血小板计数的影响因素。

**方法** 本文根据血细胞分析仪 Sysmex 1000i 的不同的血小板直方图图形,结合血小板其他参数 MPV、大血小板比率以及红细胞参数 MCV 等进行分析,以及不同抗凝剂对血小板计数的影响,从而分析血小板计数的影响。

**结果** 131 例血小板首次计数减少复检结果分析,真性减少有 78 例,其中 53 例为假性减少,有 6 例试管内有小凝块,主要是采血不当引起。采血时间放置时间过短,少于 15min 检测 13 例,20 例为大血小板影响结果计数。血小板聚集 14 例。大血小板组(20 例)和血小板聚集组(14 例)检测结果与显微镜手工计数比较见表 1。大血小板组和血小板聚集组检测结果与显微镜计数法差异有显著性( $P<0.05$ ),仪器检测结果偏低。对于大血小板组的血涂片上可见大血小板,血小板大小不一;对于有血小板聚集组的血涂片上可见明显的血小板聚集,血小板成簇和散在并存。在血小板直方图中,正常人血小板直方图不是完全对称,呈左偏态分布。当直方图右侧离横坐标较高,主峰右移,并且呈锯齿拖尾状时,一般仪器会提示有大血小板存在。血小板直方图出现双峰,右边明显上翘,结合红细胞参数,提示有小红细胞的存在,此时,血小板计数会假性升高。通过对 1 例 EDTA-K<sub>2</sub> 血小板聚集患者进行不同抗凝剂抗凝,然后进行血涂片分析,EDTA-K<sub>2</sub>、肝素钠抗凝血小板聚集明显,而更换枸橼酸钠抗凝时,血小板则是散在分布。

**结论** 由于血小板影响因素较多,不能一味的依赖仪器结果,应当建立 PLT 的复检规则。由于血小板计数受采血因素影响较大,应当加强护士采血操作培训,避免出现血液凝固。复检时,首先检查标本的性状,然后看直方图以及异常提示,如提示小红细胞、细胞碎片、PLT 聚集时,一定要进行血涂片镜检和手工计数血小板,这样才能给病人一个准确的结果。

## PU-7113

## 长沙地区 2010-2016 年淋球菌感染情况以及耐药趋势分析

付瑶阳

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 调查分析长沙地区 2010-2016 年间淋球菌感染情况以及耐药趋势,为临床用药提供依据。

**方法** 回顾性分析长沙地区 2010—2016 年间淋球菌的感染情况以及耐药趋势。检测方法是采用淋球菌选择性培养基进行分离培养,纸片琼脂扩散法进行药敏鉴定。经统计学分析,得出相应的感染情况及耐药趋势。

**结果** 1、淋球菌的检测阳性率从 2010-2011 年的 0.63% 上升到 2015-2016 年的 0.98% ( $\chi^2=6.963$ ,  $P=0.008$ )。2、对于 4 种常规的抗淋球菌的抗菌药物(青霉素、环丙沙星、壮观霉素和头孢曲松)的耐药情况:头孢曲松作为淋球菌感染的临床一线用药,2010-2016 年间头孢曲松耐药株检出 17 株,耐药率为从 2010-2012 年的 4.84% 上升到 2013-2016 年的 7.19%。而青霉素和环丙沙星的耐药率均保持在 65% 以上,暂未检出壮观霉素耐药株。

**结论** 淋球菌感染已经成为不容忽视的问题。而头孢曲松作为淋病治疗的一线用药,临床耐药株的出现将对淋球菌的治疗带来巨大的挑战,我们将进一步探索头孢曲松耐药的机制。



PU-7114

## 2 例感染性病例诊治过程分享

戴小波

广东省第二人民医院珠海医院/珠海高新技术产业开发区人民医院

**目的** 对比分析 2 例创伤弧菌感染诊断过程，总结经验，提高救治成功率。

**方法** 1 例创伤弧菌感染患者，48 小时后入院，入院后 5 小时内急剧恶化，抢救无效死亡；另一例创伤弧菌感染患者，发烧后即入院，入院 12 小时后病情加速变化。临床科室立即邀请微生物室进行会诊，临床微生物室根据患者情况，提出了疑似创伤弧菌感染的拟诊，并指导临床医师进行相应处理，最终康复出院。在临床微生物培养方面，第一个病例所有培养结果均为阴性，第二个病例血培养、分泌物培养均有细菌生长，用生化鉴定为副溶血弧菌，用质谱鉴定为创伤弧菌。

**结果** 1 例成功救治，1 例因抢救无效死亡。

**结论** 创伤弧菌感染后早期入院、微生物室早期介入、早期拟诊、早期确诊，能够大大提高救治成功率。在细菌鉴定方面，工作人员如何结合临床情况，怀疑各种鉴定结果，采用合适的鉴定方法，是临床微生物工作人员面临的新问题。通过总结救治经验并与其他文献相比较，分析当前最合理的创伤弧菌脓毒症早期临床诊断方法。

PU-7115

## 87348 例患者 V HIV 感染情况的调查分析

任亚萍

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 了解医院门诊和住院病人人类免疫缺陷病毒（HIV）的感染状况，为有效控制 HIV 感染提供参考和依据。

**方法** 方法 对 2016 年 1 月至 2017 年 4 月在中南大学湘雅二医院就诊的 87348 例患者，用酶联免疫吸附试验（ELISA）和胶体金法检测 HIV 抗原及抗体，可疑标本送湖南省疾病预防控制中心做确证试验。对确证阳性的病人进行人口学特征、科室分布等综合分析。

**结果** 共检测 87348 例，HIV 初筛阳性率 0.4%（316 例），HIV 确证阳性率 0.14%（126 例），HIV 初筛阳性确证实验送检率 44.6%（141/316）。126 例阳性患者分布于 27 个科室，其中皮肤科、呼吸内科和神经内科的患者数量位居前三。男性明显多于女性（男 93 例，女 33 例，男女比例 2.8: 1），以 41-60 岁、学历水平低的已婚人群为主。

**结论** HIV 感染者分布广泛,建议医院加强对高危病人 HIV 检测，实现早发现、早介入、早上报，对 HIV 感染进行有效控制

PU-7116

## 全自动生化分析仪测定酶类结果失真原因分析及解决

刘翔,曹云

延安市人民医院,716000

**目的** 探讨全自动生化分析仪测定酶类结果失真的原因以及解决的方法。

**方法** 编辑具体酶参数时根据需要适当设定样本稀释倍数，通过稀释样本来提高 K 值以达到较宽的线性范围，从而使多数酶测试不超线性。

**结果** 过高的 K 值导致重复性差，CV 值高，解决这一问题采用的方法是增加测定时间。从而既得到了较宽的线性范围，又使得 CV 值符合试剂要求。

**结论** 通过提高 K 值达到理想的酶测试线性范围,通过增加测量时间来保证合理的 CV 值。从而,在保证良好的重复性的基础上解决了酶类测试结果失真的问题。

## PU-7117

### 隐球菌抗原-胶体金免疫层析法交叉反应评价

李影

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 分析多种临床常见病原微生物及自身免疫抗体对隐球菌抗原-胶体金免疫层析法 (CrAg-LFA) 的交叉反应情况,评价该方法对隐球菌病的特异性。

**方法** 收集 150 份感染真菌、细菌或病毒,以及自身免疫性疾病患者的血清,采用 CrAg-LFA 对其进行定性测定。

**结果** CrAg-LFA 对临床常见的病原微生物:念珠菌、曲霉菌、细菌及病毒测定结果为阴性;对耶氏肺孢子菌患者 (3 例中有 1 例)、活跃性类风湿疾病 (15 例中 1 例)、系统性红斑狼疮疾病 (15 例中 1 例) 结果为弱阳性,呈现一定的交叉反应。

**结论** CrAg-LFA 对临床常见真菌、细菌、病毒等无交叉免疫反应,对耶氏肺孢子菌以及自身免疫性疾病如活跃性类风湿疾病和系统性红斑狼疮的风湿免疫因子有一定的交叉反应,综合分析 CrAg-LFA 对隐球菌检测特异性较高。

## PU-7118

### 末梢血纠正假性血小板减低

王小妹

湖南中医药大学第一附属医院,410000

**目的** 探讨一种简单、有效的方法纠正血小板聚集导致血小板计数减低的方法,以避免医疗资源的浪费。

**方法** 本实验样本为本院 2018 年 7-12 月的本院患者血常规分析中血小板计数 $<90\times 10^9/L$  的标本,采用末梢血计数与血片瑞氏染色估算的方法进行比对。

**结果** 518 例血小板计数 $<90\times 10^9/L$  的病人,其中 445 例病人结果确认 $<90\times 10^9/L$ ,如仪器检测。有 73 病人血涂片瑞氏染色后显示血小板聚集,其中 52 人参与末梢血纠正方案后血小板得以纠正。

**结论** 末梢血采血后即刻上机能有效纠正血小板聚集导致的血小板计数减低。

## PU-7119

### 健康老年人群部分临床检验项目参考区间的建立

项忠元

中南大学湘雅二医院,410000

参考区间 (RIs) 曾称为参考范围、参考值、正常值和期望值,是解释检验结果、分析检验信息的一个基本尺度和依据,使临床对患者的诊断、治疗或健康体检者有明确的指引。ISO15189 等国际认证和国内医院等级评审都要求“实验室必须建立本室的 RIs,并定期评审”。研究表明不少临床检验项目的 RIs 可能会受到人群所在地域、经济水平、生活习惯、饮食结构等诸多

因素以及不同实验室的检测水平的影响。因此,各临床实验室应根据本室使用的检测系统,通过调查本地区一定数量的不同年龄、性别的正常人群,建立本实验室的 RIs。

在参照国内外相关标准和规范文件的基础上,本文初步建立了健康老年人群的下列检验项目的参考区间(值):1. SCr (酶法),2. SCr (苦味酸速率法),3. 血清 TBIL、DBIL、UR and UA,4.血清 ProGRP (电化学发光法),5.血清 ALT (IFCC 法, P5P 无添加),6.血清 PG I、PG II (免疫比浊法)7.血清 AFP、CEA、tPSA (电化学发光法)。其中有些项目健康老年人群的参考区间(值)为国内首次报道,有些为湖南省首次报道,可供临床医师和实验室参考。

## PU-7120

### 国内健康儿童常用临床检验项目参考区间的研究

项忠元

中南大学湘雅二医院,410000

临床检验项目对于疾病的预防、诊断、治疗和监测有重要价值,也可用于对人体的健康进行评估。“参考区间”是美国临床和实验标准协会(CLSI)C-28 文件中建议使用的,它是检验项目在临床应用的基础。一直以来我国临床实验室的绝大多数检测项目的参考区间是参照其他国家的参考区间建立的,或由体外诊断试剂厂家提供的。近几年来,我国陆续公布了一些常用临床检验项目的参考区间。但遗憾的是缺乏儿童专用的参考区间,采用的儿童参考区间大多引用国内成人标准或国外文献报道。由于儿童特殊的生理特性,可表现出某些检测结果的差异<sup>[2]</sup>。随着临床医务人员对此越来越关注,虽然缺乏大样本多中心的数据研究,国内近年来已有一些针对本地小范围的研究报道。本文对国内关于儿童常用的临床检验项目,包括血常规、尿液有形成分、凝血功能、肝功能、心肌酶、微量元素、甲状腺功能和 25-羟基维生素 D 等的参考区间的研究工作概况进行了综述。

## PU-7121

### 国内老年人临床检验项目参考区间的研究

项忠元

中南大学湘雅二医院,410000

参考区间(RIs)是判读检验结果的重要标尺,正确衡量和评估检验结果的变化程度和趋势,能够反映个体的生理和病理状态。随着我国老龄人口逐渐增多,而这一群体许多检验项目的 RIs 都有别于迄今沿用的数值,临床常用的参考值不能充分反映老年人基本情况,许多检验结果的变化不是因为疾病引起的,而是年龄增长所致的生理变化,因此建立老年人群的检验项目参考值可以为临床合理解释利用检验信息提供依据,使得建立老年人常用指标的 RIs 成为老年医学及检验医学的重要课题。本文就国内此方面的研究进展做一综述。

## PU-7122

### Effects of Calcium on the Interactions of *Acinetobacter baumannii* with Human Respiratory Epithelial Cells

Yi Chen<sup>1</sup>, Jiahui Jiang<sup>2</sup>, Daojun Yu<sup>2</sup>

1.Zhejiang Hospital

2.Hangzhou First People's Hospital

**Objective** The study on the influencing factors of bacterial adhesion/ invasion to host cells is important to understand the pathogenicity of microorganisms. Metal cations have been shown to

play an important role in regulating the biofilm formation and virulence of *Acinetobacter baumannii* (Ab), the effects of calcium on host-bacteria interactions have yet to be clarified. Here, the dynamic process of the interactions between Ab and human respiratory epithelial cells (HPAEPiC) and the effects of calcium on host-bacteria interactions were explored.

**Methods** We developed microscopic imaging, quantitative PCR (qPCR) and time-dependent cell response profiles (TCRPs) methods for continuously monitoring of the interactions between Ab and HPAEPiC, and determined the appropriate multiplicity of infection (MOI) and co-culture time point. Also, we used these methods to evaluate the effects of calcium on host-bacteria interactions. Apart from this, we constructed *Acinetobacter baumannii* strain labeled with green fluorescent protein, and monitored the surface morphology of human respiratory epithelial cells at nanometer level by combined technique with scanning ion conductance microscopy and laser scanning confocal microscopy (SICM-LSCM).

**Results** The co-culture time point of 4h was suitable for subsequent studies, and optimum MOI of Ab to HPAEPiC was 50. As the MOI decreased, the time to reach the *Acinetobacter baumannii* infection caused cell index (CI) peak was gradually delayed, and the CI peak was also higher. A unique "double peak" phenomenon was emerged in the process of infection (the smaller of the MOI, the more obvious of the phenomenon). There was a positive interaction between the time and treatment factors (calcium) ( $P=0.00$ ), the higher of the calcium concentration and the longer of the co-culture time, the more the quantity of adhesion / invasion of Ab to epithelial cells. And the "double peak" phenomenon was changed to a sharp "single peak" phenomenon in the process of Ab infection with the effects of calcium. Moreover, calcium might promote the proliferation of Ab and the adherent growth of epithelial cells, cause the differential expression of Ab-related genes (*ompA*, *bfmRS*, *abaI*), and increase the adhesion and invasion of Ab to epithelial cells.

**Conclusions** Calcium might promote the proliferation of Ab and the adherent growth of epithelial cells, affect the differential expression of Ab-related genes, and increase the adhesion/invasion of Ab to epithelial cells. Decreasing or inhibiting the calcium concentration might play a role in controlling the colonization or infection with Ab, which could provide new ideas for the prevention and treatment of multi-drug resistant Ab.

## PU-7123

### 加强临床检验诊断学专业学位硕士研究生的培养工作

项忠元

中南大学湘雅二医院, 410000

作者在详细介绍了中南大学和其他大学的《临床检验诊断学临床医学硕士专业学位培养方案》的基础上, 提出要培养研究生与时俱进, 积极参与包括获取相应的专业技术资格、申请各级科研课题、在高水平期刊发表学术论文、申请专利、申报奖学金、申报优秀硕士学位论文等方面的能力和水平, 培养出更多的优秀研究生。作者总结了自身十多年从事研究生教育培养工作的经验体会, 认为做好研究生培养工作, 可以达到: 教学相长、出人才、出成果, 促进学科发展、增强学科竞争力。

PU-7124

## 争做优秀的临床检验师

项忠元

中南大学湘雅二医院,410000

### 一.突飞猛进的检验医学

- 1.检验医学对医学各学科的覆盖面越来越广
- 2.检验医学已是多学科交叉的综合学科
- 3.科技含量和自动化水平空前提高
- 4.对检验科全面科学化管理提出更高要求

### 二.不同层次医院对临床检验人员的基本要求

- 1.知识要求
- 2.能力要求
- 3.职业素质要求

### 三.做一名优秀 临床检验师

- 1.有扎实的专业知识及专业技能
- 2.有一定的临床知识
- 3.具备一定的逻辑思维能力
- 4.掌握计算机、互联网、大数据、人工智能、智慧医疗等知识的应用和更新，做到与时俱进！
- 5.熟练掌握英语、汉语、地方语
- 6.具备高尚的医德
- 7.善于教学
- 8.积极开展科研工作

### 四.个人体会：一名优秀 临床检验师 要做到做得好、写得好、讲得好、交际好！

PU-7125

## 一株血液分离的维氏气单胞菌的鉴定及系统发育分析

张衍

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 对一株病人血液里分离出的未知致病菌株 X1 进行鉴定及系统发育分析

**方法** 通过形态学、生理生化特性观察及聚合链反应技术（Polymerase Chain Reaction, PCR）检测并测序其 16S rRNA 的方法，对一株由病人血液里分离得到的未知致病菌 X1 进行最终鉴定；最后用 DNASP5.1 对其与相近种属进行种群间比对，并基于遗传距离构建系统发育树分析其遗传学进化情况。

**结果** 此未知病菌株 X1 为革兰阴性杆菌，生化反应：氧化酶+，葡萄糖+，VP+，枸橼酸盐-。经 PCR 扩增所得 X1 的 16S rRNA 基因序列，全长达 1466bp，G+C%为 55.4%，同源性分析表明致病株 X1 与气单胞菌属自然类聚（相似度 97%-99%，Score 2170-2149 bits），通过 Mega5.0 计算发现 X1 与维氏气单胞菌 X71120.1 的遗传距离最小（0.014）。系统发育树分析可见维氏气单胞菌属和温和气单胞菌属相近，而收集的临床资料也显示维氏气单胞菌属和温和气单胞菌属临床特征相似；耐药性相似，两者对氨基糖苷类药物、碳青霉烯类药物、磺胺类药物、喹诺酮类药物、三代头孢的耐药性较低（3%-50%），但对氨基青霉素耐药性较高 100%。

**结论** 致病株 X1 通过形态学观察、生理生化测定、16S rRNA 的同源性分析和系统发育分析鉴定为维氏气单胞菌，遗传学和临床资料显示维氏气单胞菌属与温和气单胞菌属相似,可采用同种治疗方案。

## PU-7126

**抗菌肽 lycosin- I 抗黏液型铜绿假单胞菌活性研究**

王玲

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 通过体外实验探讨 lycosin-I 对黏液型铜绿假单胞菌浮游菌及生物膜的体外抗菌活性。

**方法** 收集从临床呼吸道标本中的分离的黏液型以及普通型铜绿假单胞菌,应用微量肉汤稀释法检测 lycosin-I 的最低抑菌浓度、另检测其杀菌动力学曲线及盐耐受特性;利用导片法筛选并构建粘液型铜绿假单胞菌的体外生物膜模型,同时采用微孔法在 96 孔板中构建上述菌株的体外生物膜模型,运用结晶紫染色法检测 lycosin-I 对细菌生物膜形成的抑制和破坏作用。

**结果** L-lycosin-I 对粘液型和普通型铜绿假单胞菌的 MIC<sub>50</sub> 分别为 8 $\mu$ g/ml 和 16 $\mu$ g/ml; D-lycosin-I 对粘液型和普通型铜绿假单胞菌的 MIC<sub>50</sub> 分别为 16 $\mu$ g/ml 和 64 $\mu$ g/ml。二者在体外对黏液型以及普通型铜绿假单胞菌均表现良好的抑菌活性,两种 lycosin-I 体外抑菌活性差异不明显;L-或 D-lycosin-I 在 40min 时即能杀灭 50%左右的黏液型以及普通型铜绿假单胞菌;钙离子或镁离子的加入使 L-和 D-lycosin-I 对粘液型和普通型铜绿假单胞菌的最低抑菌浓度(MIC)升高 4-8 倍,削弱了抗菌肽原有的体外抑菌活性。两种阳离子中,钙离子较镁离子具有更强的削弱效果。但是当抗菌肽处于高浓度(64-128 $\mu$ g/ml)状态时仍然可以保持一定的抑菌活性。生物膜实验部分,L-或 D-lycosin-I 能够抑制 30%-60%黏液型或者 20%-50%普通型铜绿假单胞菌的生物膜的形成;L-或 D-lycosin-I 大致能够消除 10%-40%的黏液型或者 10%-20%的普通型铜绿假单胞菌的成熟生物膜。两种 lycosin-I 抑制实验细菌生物膜生成的活性和消除已形成的细菌生物膜的能力差异不明显。

**结论** L-及 D-lycosin-I 在体外条件下可以有效对抗黏液型以及普通型铜绿假单胞菌浮游菌的生长,具有起效快、效果彻底和一定的盐耐受的特点,同时在体外均可以表现出一定的抗生物膜活性,极有可能成为一种新的药物被开发利用。

## PU-7127

**基于生物信息学的舌鳞状上皮细胞癌差异基因  
筛选与功能分析**

王泽友

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 舌鳞状上皮细胞癌,即舌鳞癌,是头颈部最常见的恶性肿瘤之一,也是最常见的口腔癌,约占口腔癌的 40%。近年舌鳞癌的发病率越来越高,特别是湖南地区。因其咀嚼槟榔的特殊生活习惯而成为舌鳞癌的高发地区。然而,舌鳞癌的详细发病机制有待进一步探索。本研究利用来自美国国立生物信息技术中心(NCBI)基因表达数据库(GEO)的基因芯片数据,分析基因在正常和舌鳞状上皮细胞癌组织中的表达差异情况,为明确舌鳞癌的分子机制提供基础,同时为舌鳞癌的临床治疗提供新思路。

**方法** 选取来自基因表达数据库 NCBI-GEO 数据库中芯片数据 GSE9844、GSE30784、GSE13601,选取芯片中正常和舌鳞状上皮细胞癌组织,分别对芯片数据中的表达基因进行 GEO2R 分析,筛选差异表达基因(FDR<0.01 及差异值>2 或<-2)。然后对差异表达基因进行生物信息学分析,利用 DAVID 数据库进行功能聚类与特定基因的通路分析,同时利用 STRING 在线分析工具获得差异表达基因的蛋白-蛋白相互作用网络。

**结果** 通过比较分析每个芯片数据中正常和舌鳞状上皮细胞癌组织中差异表达基因,然后对三个芯片的差异基因取交集,筛选出 255 个在三个芯片数据中都差异表达且趋势一致的基因。其中,表达上调的基因 141 个,表达下调的基因 114 个。通过 DAVID 数据库对这些差异基因进行 GO 分析发现,差异基因主要参与细胞外基质构建、细胞黏附、病毒应答、凋亡、细胞周期停滞、细胞侵袭转

移等过程。大部分基因表达蛋白位于细胞外区域、细胞外间隙、分泌小泡、细胞外泌体、膜或整合于膜上。KEGG Pathways 分析结果显示差异表达基因主要参与焦点黏连、ECM 受体交互作用、癌症转录失调、酪氨酸代谢、PI3K-Akt 信号转导等。利用 STRING 在线分析工具获得差异表达基因的蛋白-蛋白相互作用网络。对网络进行分析,发现一系列具有相互作用关系并与癌症侵袭转移密切相关的蛋白。

**结论** 基因在正常和舌鳞状上皮细胞癌组织中的差异表达行为与基因的功能相关。运用生物信息学工具可快速、平行地分析大量的基因芯片数据,实现对差异基因初步的功能归类,方便寻找可能成为潜在治疗靶标或者分子标志物的差异表达基因,为口腔舌鳞状上皮细胞癌的发病机制研究以及临床治疗提供新的思路。

## PU-7128

### 长沙地区解脲支原体和人型支原体感染率及耐药率分析

刘青林

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 研究长沙地区解脲支原体 (Uu) 和人型支原体 (Mh) 感染率和耐药率,为临床用药提供依据。

**方法** 使用支原体培养鉴定计数药敏试剂盒检测 2010-2016 年本院 46194 例疑似尿道支原体感染患者的解脲支原体 (UU) 和人型支原体 (MH) 的感染率和耐药率。

**结果** 46194 例患者中检测出 14712 例解脲支原体 (14712/46194,31.85%), 男女性别感染率分别为 19.28%、50.92%; 46194 例患者中检测出 3964 例人型支原体 (3964/46194,8.0%), 男女性别感染率分别为 6.31%、11.7%。环酯红霉素、交沙霉素、强力霉素、克拉霉素、美满霉素的敏感率分别为 98.79%、96.72%、92.43%、87.77%、96.06%; 环丙沙星、可乐必妥、甲砒霉素、红霉素、加替沙星耐药率分别为 82.20%、65.61%、31.06%、28.84%、26.12%。阿奇霉素耐药率从 2010 年的 3.79% 上升到 2016 年的 19.7%。

**结论** 解脲支原体是常见的泌尿生殖道感染病原菌,感染率女性高于男性,环酯红霉素、交沙霉素、强力霉素、克拉霉素、美满霉素敏感率较高,适合于长沙地区临床用药。阿奇霉素耐药率呈逐年上升趋势,需加大监测力度。

## PU-7129

### Sex- and age- specific cutoff values of high-sensitivity cardiac troponin T for the diagnosis of acute myocardial infarction

Hualan Huang

The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** Several recent studies have shown that the 99th percentile values of high-sensitivity cardiac troponin T (hs-cTnT) increase with age and are higher in men. We evaluated whether sex and age affect diagnostic performance of hs-cTnT, and sought to determine new sex- and age-specific cutoff values for this assay in the diagnosis of acute myocardial infarction (AMI).

**Methods** We enrolled 3761 consecutive patients presenting with chest pain in an emergency department. Receiver operating characteristic (ROC) curves were used to examine the diagnostic accuracy of hs-cTnT levels measured at enrollment. Data were stratified by sex and age.

**Results** In a healthy population, males had higher ( $P<0.001$ ) hs-cTnT levels (4.3 (3.2-5.9) ng/L) than females (3.0 (3.0-3.1) ng/L), and there was significant correlation between age and hs-cTnT both in males and females ( $r=0.29$  (0.25, 0.33) and 0.43 (0.39, 0.46),  $P<0.001$ ). Based on the ROC, for males, the optimal threshold value of hs-cTnT was 14.0 ng/L for patients aged  $<50$  years (sensitivity: 0.95; specificity: 0.79); 18.2 ng/L for 50-64 years (sensitivity: 0.94; specificity: 0.80); and 54.4 ng/L for age  $\geq 65$  years (sensitivity: 0.90; specificity: 0.89). For females, the optimal threshold value was 8.7 ng/L for patients aged  $<50$  years (sensitivity: 0.97; specificity: 0.78); 14.0 ng/L for 50-64 years (sensitivity: 0.89; specificity: 0.78); and 25.7 ng/L for age  $\geq 65$  years (sensitivity: 0.93; specificity: 0.80).

**Conclusions** Using age- and sex-specific cutoff values for hs-cTnT at presentation results in high sensitivity and preserved specificity for the diagnosis of AMI in patients with acute chest pain.

## PU-7130

### 潍坊地区女性人乳头瘤病毒感染情况及亚型分布

杨桂茂

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 探讨潍坊地区女性人乳头瘤病毒(HPV)各年龄段检出情况及亚型分布,为以后该地区 HPV 的预防和治疗提供参考依据。

**方法** 收集 2018 年 7 月至 2019 年 6 月来我院妇科门诊就诊和常规体检自愿行 HPV 分型检测的女性 8956 例,利用荧光定量 pcr 方法进行检测。

**结果** 阳性例数为 1397 例,检出率为 15.60%;高危型总检查出 1283 例,检出率 14.33%;低危型总共检查出 347 例,检出率 3.87%;感染率较高的高危因亚型分别是 HPV-16、52、58、68,感染较高的低危亚型分别为 HPV-6、11、42。单一型别 HPV 感染占总感染人数的 78.69%,多重 HR-HPV 感染占总感染人数的 15.01%,不同年龄段多重 HRHPV 感染比较差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** 女性 HPV 感染类型以高危型和单一型感染为主,常见的高危型 HPV 基因亚型为 HPV-16、52、58、68,不同年龄段的感染率及单一感染和多重感染特征存在差异。

## PU-7131

### 浅谈医学检验与临床结合的必要性

高明惠

延安市人民医院,716000

**目的** 医学检验是将病人的血液、体液、分泌物、排泄物和脱落物等标本,通过目视观察、理学、化学、仪器或分子生物学方法,得出准确的数据信息。临床医学与实验医学关系紧密,临床医学的发展与实验医学的飞速前进密不可分,加强医学检验实验人员学习临床知识,接触病人开展经常性与临床工作者对话极为必要,这对只接触实验室标本的检验人员尤为重要,因为影响检验结果除合格的标本、准确的操作外,还有临床的用药等治疗措施。

**方法** 医学检验是将病人的血液、体液、分泌物、排泄物和脱落物等标本,通过目视观察、理学、化学、仪器或分子生物学方法,得出准确的数据信息。临床医学与实验医学关系紧密,临床医学的发展与实验医学的飞速前进密不可分,加强医学检验实验人员学习临床知识,接触病人开展经常性与临床工作者对话极为必要,这对只接触实验室标本的检验人员尤为重要,因为影响检验结果除合格的标本、准确的操作外,还有临床的用药等治疗措施。

**结果** 医学检验是将病人的血液、体液、分泌物、排泄物和脱落物等标本,通过目视观察、理学、化学、仪器或分子生物学方法,得出准确的数据信息。临床医学与实验医学关系紧密,临床医学的发展与实验医学的飞速前进密不可分,加强医学检验实验人员学习临床知识,接触病人开展经常性与临床工作者对话极为必要,这对只接触实验室标本的检验人员尤为重要,因为影响检验结果除合格的标本、准确的操作外,还有临床的用药等治疗措施。



床工作者对话极为必要, 这对只接触实验室标本的检验人员尤为重要,因为影响检验结果除合格的标本、准确的操作外,还有临床的用药等治疗措施。

**结论** 医学检验是将病人的血液、体液、分泌物、排泄物和脱落物等标本,通过目视观察、理学、化学、仪器或分子生物学方法,得出准确的数据信息,从而为临床提供有价值的实验资料。临床医师根据检验结果或数据,结合他所采集的详细完整病史;系统周密的体格检查,再加上在不同病因选择下其他辅助检查如 X 线、心电图、超声波、同位素、内窥镜等一系列检查结果,进行科学思维及逻辑性分析,对疾病做出诊断。临床医学与实验医学关系紧密,临床医学的发展与实验医学的飞速前进密不可分,加强医学检验实验人员学习临床知识,接触病人开展经常性与临床工作者对话极为必要,这对只接触实验室标本的检验人员尤为重要,因为影响检验结果除合格的标本、准确的操作外,还有临床的用药等治疗措施。

## PU-7132

### 流感病毒爆发期间 519 例甲流患者流行病学研究

王少华,李耀妮  
宝鸡市中心医院,721000

**目的** 探讨 2018 年 11 月-2019 年 2 月流感爆发期间宝鸡地区甲流流行特点。

**方法** 回顾性收集宝鸡地区某三甲医院 2018 年 11 月 1 日-2019 年 2 月 28 日期间因流感样症状就诊的门诊以及住院病人的甲流相关检测结果,采用甲流抗原试剂盒(胶体金法)进行快速检测,实时荧光核酸定量检测核酸,应用 SPSS 统计软件包进行数据统计。

**结果** 通过分析所收集的 519 例甲流阳性病例资料发现,甲流的流行在 2019 年 1 月 12 日开始呈爆发增长,于 1 月 24 日达高峰后下降,并于 2 月 19 日-22 日有一小高峰,之后下降趋于平稳,其时间分布呈 M 型双峰流行。不同性别患者检出率基本一致,男性共检出 264 例,检出率为 20.47%,女性共检出 255 例,检出率为 21.87%, $P>0.05$ ,差异无统计学意义。不同年龄段患者中,0-6 岁学龄前患儿检出率最高 33.48%,7-18 岁、19-45 岁、46-60 岁、>60 岁检出率分别为 20.21%、14.61%、22.94%、18.71%,五组年龄段人群的检出率具有差异,该差异有统计学意义( $P<0.005$ )。

**结论** 本地区此次甲流的防治应采取针对性措施,以 0-6 岁婴幼儿为主,强化人群免疫,预防为主,防治结合。

## PU-7133

### HIV 感染伴外周血中性粒细胞吞噬马尔尼菲青霉菌一例

杨佳锦  
中南大学湘雅二医院,410000

马尔尼菲青霉菌(*penicillium marneffei*, PM)是青霉菌中惟一的呈温度双相型的罕见致病菌。该菌感染患者多为免疫缺陷或免疫功能抑制者,尤其是 HIV 患者及胸腺功能不全者,由于 T 淋巴细胞功能障碍不能清除单核巨噬细胞吞噬的 PM 而致马尔尼菲青霉菌病。该病可为局限型,但多呈播散型,常累及多组织器官,临床表现以发热、体重减轻、贫血和皮肤损害最为常见<sup>[1]</sup>。PM 感染者的骨髓、淋巴结及分泌物标本中易见巨噬细胞吞噬 PM,而在外周血涂片中发现中性粒细胞吞噬 PM 较为少见。现将我院发现的一例这样病例报道如下。

PU-7134

## HIV/AIDS 儿童死亡相关因素研究进展

杨壁琤  
云南省传染病医院

**目的** 了解目前全球及我国儿童艾滋病流行与死亡状况

**方法** 通过检索国内外关于儿童艾滋病患者死亡影响因素研究文献报道

**结果** 发现影响儿童艾滋病患者死亡的因素有：预防艾滋病母婴传播的推广、儿童 HIV 病毒早期诊断、HIV 抗病毒治疗、严重急性营养不良、ART 治疗时机的选择、实验室监测、高失访率、提供 HIV 感染儿童高级重症监护（PICU）等因素

**结论** 发现影响儿童艾滋病患者死亡的因素有：预防艾滋病母婴传播的推广、儿童 HIV 病毒早期诊断、HIV 抗病毒治疗、严重急性营养不良、ART 治疗时机的选择、实验室监测、高失访率、提供 HIV 感染儿童高级重症监护（PICU）等因素

PU-7135

## Outcomes of methadone maintenance therapy combination with ripvirin/efavirenz in treat-naive HIV-infected patients: a pilot study

cuixian yang  
Yunnan Provincial Hospital of Infectious Diseases

**Objective** To compare the proportion of methadone dose adjustment (dose adjustment  $\geq 5$  ml/day), withdrawal symptoms in HIV-1 treat-naive patients who received methadone maintenance treatment (MMT) and antiretroviral therapy (ART) for more than 12 weeks

**Methods** This was a prospective, open-label, controlled, drug-drug interaction trial with HIV-1 treat-naive individuals conducted in a single center for 24 weeks. All participants on stable methadone maintenance treatment were randomly divided into two groups: one taking RPV/TDF/3TC and another taking EFV/TDF/3TC. Adjustment doses of methadone were monitored in 12 weeks. The CD4<sup>+</sup> counts and HIV-1 RNA were tested, and acute opioid withdrawal scale, drug craving questionnaire scale and MOS-HIV scale were used to assessed outcomes of this study.

**Results** A total of 40 HIV-infected injection drug users were enrolled into our study, including 22 cases who used RPV/TDF/3TC and 18 cases used EFV/TDF/3TC. At the end of 24 weeks follow-up, 31 cases (77.5%) had completed the monitoring and clinical evaluation. In RPV-based group, 32% (7/22) patients adjusted the methadone dose, and 56% (11/18) subjects in EFV-based group. In RPV-based group, the fractional adjustment of methadone dose was lower than in the EFV-based group, and difference was statistically significant ( $p < 0.05$ ). The scores of drug craving questionnaire scale decreased in both the RPV and EFV-based groups. These scores did not change after 3 weeks of ART. At 1 week after ART and MMT, the score of the acute opioid withdrawal scale increased in both the RPV and EFV-based groups, but there was no statistical difference between the two groups. There were no difference in patients' life quality between RPV and EFV-based groups according MOS-HIV scale. No serious clinical adverse events were reported.

**Conclusions** Concomitant administration of rilpivirine was unlikely to have significant effects on the dose adjustment of methadone in general. The using of RPV-based regimen could decrease risk of withdrawal symptoms caused by methadone dose adjust and the effect of antiretroviral therapy could be influenced less than in EFV-based regimen. These results indicate that RPV-base regimen may be used as the first line in IDUs with HIV-infection.

## PU-7136

## 运用 ROC 曲线评价超敏 C 反应蛋白、血浆淀粉样蛋白 A 及白细胞计数在急性阑尾炎中的诊断价值

刘华

昆明医科大学第一附属医院

**目的** 运用 ROC 曲线对超敏 C 反应蛋白、血浆淀粉样蛋白 A 及白细胞计数在急性阑尾炎中的诊断价值进行评估, 以其发现新的有意义的急性阑尾炎的生物学指标。

**方法** 对 43 例急性阑尾炎患者和 40 例健康对照进行了超敏 C 反应蛋白、血浆淀粉样蛋白 A 及白细胞计数的检测, 进行统计分析, 绘制 ROC 曲线图。

**结果** 1.超敏 C 反应蛋白、血浆淀粉样蛋白 A 及白细胞计数与健康对照组的运用 t 检验比较, 均发生升高,  $p < 0.05$ ; 2. SAA 的 cut-off 值为 2.8 mg/mL 时, 其灵敏度为 75%, 特异度为 70%, 曲线下面积为 0.75, CPR 的 cut-off 值为 5.3 mg/L 时, 其灵敏度为 88%, 特异度为 54%, 曲线下面积为 0.72, WBC 的 cut-off 值为  $12.0 \times 10^9 / L$  时, 其灵敏度为 79%, 特异度为 75%, 曲线下面积为 0.79

**结论** 1.在急性阑尾炎早期超敏 C 反应蛋白、血浆淀粉样蛋白 A 及白细胞计数均可以发生升高, 可以灵敏的提示疾病的发生。

2.WBC 计数在三个检测比较中具有最高的灵敏度, 因而可以作为急性阑尾炎的排除性指标。

## PU-7137

## 两种瓜氨酸修饰短肽用于 RA 诊断的效果评价

周莹

中国人民解放军东部战区总医院,210000

**目的** 探究抗 COL6A3\_C 短肽抗体与抗 KRT10\_C 短肽抗体用于 RA 临床诊断的应用价值。

**方法** 合成四种短肽为包被抗原 (包被浓度为 5ug/ml), 分别以抗人 IgA、IgG、IgM 为二抗, 检测四种短肽与血清 ACPA 的结合活性, 绘制 ROC 曲线并评价两种瓜氨酸修饰短肽的诊断效果。

**结果** IgM 类抗 COL6A3\_C 短肽抗体的 ELISA 检测值用于 RA 诊断的灵敏度为 65.52%, 特异度为 78.95%, 阳性预测值 82.61%, 阴性预测值 60%。但该类短肽抗体用于诊断抗 CCP 抗体阴性 RA 患者显示有较高准确度, ROC 曲线下面积达 0.956。IgG 类抗 KRT10\_C 短肽抗体的 ELISA 检测值用于 RA 诊断的灵敏度为 58.62%, 特异度为 52.17%, 阳性预测值 60.71%, 阴性预测值 52.17%, ROC 曲线下面积为 0.686, 诊断效果一般, 但用于诊断抗 CCP 抗体阳性 RA 患者的 ROC 曲线下面积可达 0.895。

**结论** IgM 类抗 COL6A3\_C 短肽抗体水平在抗 CCP 阴性 RA 患者中显著增高, 将有可能作为抗 CCP 抗体的有效补充, 提高对 RA 的早期诊断水平, 对 RA 疾病的早期治疗, 降低疾病后期致残致畸率具有重要意义。

PU-7138

## 肠杆菌科细菌对多粘菌素耐药机制的研究进展与展望

谢益欣

中南大学湘雅二医院,410000

多粘菌素作为多重耐药革兰氏阴性菌的最后一道防线被重新应用于临床,但随着使用的增加,多粘菌素的耐药率有增加趋势,使得难治性感染的抗菌治疗陷入困境。近年来关于多粘菌素耐药的研究越来越多,深入了解其耐药机制显得尤为重要。本文从多个方面对多粘菌素的获得性耐药机制进行了综述,以期临床合理使用多粘菌素及控制耐药菌的产生提供理论依据。

PU-7139

## 巨 CK 血症导致 CK-MB 假性升高一例

朱晓琳

中南大学湘雅二医院,410000

肌酸激酶同工酶(CK-MB)是心肌梗死诊断的早期标志物之一,其特异性和敏感性不如肌钙蛋白,但仍是发现较大范围心肌坏死的一种非常有用的指标,临床上两者常一致性地增高[1]。当两者变化不一致时,如何解释这种变化、是否仍诊断心肌梗死,就有很多值得思考和讨论的地方,容易给临床造成一定困扰。本实验室近日接到心内科医生的咨询,一位疑似心梗患者 CK 和 CK-MB 显著增高而肌钙蛋白不高应如何解释?我们结合病史及其他辅助检查,最终证实该患者为巨 CK 血症导致的 CK-MB 假性升高,为临床诊断提供了很好的帮助。

PU-7140

## 梅毒实验室检测方法的研究进展及应用

伍仙

中南大学湘雅二医院,410000

梅毒是由梅毒螺旋体导致的在世界范围内广为流行的一种慢性性传播疾病。虽然可以使用青霉素进行有效治疗,但是我国梅毒患者数量都在不断增加,选择灵敏性和特异性高的梅毒检测方法对预防梅毒的传播具有重要的现实意义。当前已经开发出了包括直接观察法,血清法和 PCR 法等多种梅毒的检测方法,本文就上述方法在临床上的应用及优缺点进行综述。

PU-7141

## 自身免疫性脑炎的实验室检查

杨佳锦

中南大学湘雅二医院,410000

自身免疫性脑炎(AE)是一类新发现的中枢神经系统自身免疫性疾病,其病因复杂,症状特异性不高,在诊断上存在较多困难。AE 的临床诊断应结合其临床特点、相关自身抗体的检测及实验室的相关检查、脑电图和头部影像学等检查综合判断。AE 相关自身抗体的检测更有助于诊断,

部分自身抗体对体内潜在肿瘤的发生也有很强的提示作用,并且可帮助判断治疗和预后。本文将从 AE 的相关自身抗体、分类及其实验室检查等方面进行论述。

## PU-7142

### 年龄、性别及生活方式等对湖南成人血清 IgG 亚型浓度的影响

任亚萍

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨年龄、性别及生活方式等因素对湖南成年人血清 IgG 亚型的浓度的影响。

**方法** 随机选择 170 例体检者,运用免疫散射比浊法测定血清 IgG1、IgG2、IgG3 和 IgG4 浓度。

**结果** 血清 IgG1、IgG2、IgG3 和 IgG4 浓度中位数分别为 7.32g/L、3.99 g/L、0.49 g/L、0.53 g/L;血清 IgG1/IgG、IgG2/IgG、IgG3/IgG 和 IgG4/IgG 中位数分别为 61.05%、33.38%、3.97%、4.44%。性别对于血清 IgG3 浓度及 IgG3/IgG 比值的差异有统计学意义 ( $P<0.01$ );性别在 IgG1、IgG2、IgG4 及 IgG1/IgG、IgG2/IgG、IgG4/IgG 的差异无统计学意义。41-50 岁组血清 IgG3 浓度显著高于 18-30 岁组 ( $P<0.05$ ),而年龄对于血清 IgG1、IgG2 和 IgG4 的浓度影响无统计学意义。随着吸烟的严重程度增加血清 IgG1 的浓度在不断降低且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),重度吸烟的个体其血清 IgG4 的浓度比不吸烟的个体升高 ( $P<0.05$ )。饮酒及代谢综合征对血清 IgG 亚型浓度的影响无统计学意义。

**结论** 性别和年龄对于血清 IgG3 浓度的影响是有显著意义的,血清 IgG1 的浓度与吸烟的严重程度呈负相关。需要进一步的研究来确认饮酒,肥胖和代谢综合征等常见因素对血清 IgG 亚型浓度的潜在影响。

## PU-7143

### 住院患者多重耐药感染物点分析与对策

覃桂芝

深圳市第五人民医院深圳市罗湖人民医院,518000

**目的** 研究住院患者多重耐药菌 (MDRB)感染的临床表现特点,采取相应的护理干预、措施,降低其感染率。

**方法** 选择我院在 2017 年 1 月至 2018 年 7 月收治的细菌型感染患者 100 例,探索致病细菌是否为多重耐药菌,分析耐药细菌的性状特点,同时针对护理干预措施进行分析。

**结果** 100 例患者标本当中,分离出致病菌 136 株,其中多重耐药菌析有 94 株,占有致病菌的 67.14%,多重耐药菌大部分存在于人体血液、呼吸道以及分泌物中,在使用抗菌类药物以后,进行药敏实验,结果表明,鲍曼不动杆菌的耐药性很强,对亚胺培南的耐药程度达到了 88.6%以上,对头孢的耐药性为 21.8%。在革兰阴性菌鉴定中,阴性耐药菌对头孢类药物耐药性较强,而且对多黏菌群比较敏感;在革兰阳性菌鉴定中,金黄色葡萄球菌对青霉素、红霉素类药物较主耐药。

**结论** 落实多重耐药菌的管理制度,完善管理体系,及时汇报,合理应用抗生素,加强用药护理,严格执行护理操作,加强防范措施,做好病区管理、消毒隔离等对有效控制多重耐药菌感染具有重要的临床意义。

PU-7144

## 个旧市健康体检人群血脂分析

李海龙,代玲

昆明医科大学第五附属医院/个旧市人民医院

**目的** 随着人们生活水平提高,人们生活方式和饮食结构的改变,心脑血管疾病的发病率呈持续上升趋势,高脂血症是心脑血管疾病最主要的危险因素之一。通过医院健康体检人群血脂含量与年龄和性别的关系,分析血脂在个旧市人群的分布状况。

**方法** 一般资料: 2018年5月~7月在我院做健康体检者600例其中男性389例,女性211例。

方法: 早晨空腹抽取静脉血,分离血清。试剂由积水医疗有限公司提供。甘油三酯、胆固醇采用酶法,高密度脂蛋白和低密度脂蛋白为直接法检测,检测仪器为贝克曼 AU5821全自动生化分析仪。甘油三酯  $>1.7 \text{ mmol/L}$  和 (或) 胆固醇  $>5.95 \text{ mmol/L}$  为高脂血症。

**结果** 600例健康体检者中,高脂血症患病率为17.17% (103/600) 不同年龄、性别高脂血症患病率见表1、表2。

由表1可见,在年龄分布上,31~45岁和46~60岁两个年龄组高脂血症患病率分别为19.62%和20.29%,两组之间差异无显著性 ( $P>0.05$ ),而且两组均高于20~30岁年龄组的患病率7.03%,差异存在显著性 ( $P<0.01$ )。

由表2可见,性别分组高脂血症患病率分别为17.41%和16.67%,两组之间差异无显著性 ( $P>0.05$ )。

**结论** 本结果显示,600例健康受检者中,血脂升高例数为103例,患病率为17.13%,31~45岁组和36~60岁组高脂血症患病率明显高于20~30岁组。以往大多数研究表明,高脂血症在老年人群中较为常见,但此次结果显示高脂血症已经趋向年轻化,这可能与大多数年轻人缺乏运动和不合理的饮食习惯等因素有关。从性别来看,男性高脂血症患病率明显高于女性,可能与男性工作压力大,喝酒、吸烟等习惯有关。

目前我国心脑血管疾病的发病率和死亡率呈上升趋势,而控制血脂水平是降低心脑血管疾病发病率的有效预防措施。因此加强对不健康生活方式的干预,定期做健康身体检查,合理膳食,规律生活,减轻压力,积极锻炼,积极监测和防治高脂血症,是降低心脑血管疾病的关键。

PU-7145

## Sirtuins 在神经系统退行性疾病中的作用

向敏

江苏大学附属医院,212000

**目的** Sirtuins (SIRT) 是一类 NAD (+) 依赖的去乙酰化酶家族蛋白,与转录、DNA 修复、氧化应激、细胞代谢密切相关并影响寿命的长短。

**方法** (1) SIRTs 与帕金森病 (PD) PD 为一类黑质和纹状体脑区多巴胺能神经元丢失导致的中枢神经疾病。PD 的发生与氧化应激、胶质细胞激活、线粒体损伤密切相关。SIRT1 和 SIRT3 可以调控胶质细胞的激活影响 PD。SIRT1 调控氧化应激的水平影响神经元细胞的存亡。SIRT 调控 PD 中线粒体功能进而调控 PD。

(2) SIRTs 与阿尔兹海默病 (AD) AD 为一类以脑内淀粉样蛋白堆积和 Tau 蛋白过度磷酸化为主要病理改变的神经系统疾病 (痴呆)。研究表明,血清中 SIRT1 可能作为早期诊断 AD 的分子标志物。SIRT3 下调与 AD 中线粒体功能紊乱相关。

(3) SIRTs 与亨廷顿病 (HD) HD 为一类亨廷顿蛋白聚集且病因不明神经系统疾病。大量的动物实验和细胞实验表明抑制或者激活某一类 SIRT 可以抵御大量的亨廷顿蛋白堆积导致的细胞毒性作用,起到保护神经细胞的作用。

(4) **SIRT**s 与肌萎缩性侧索硬化(ALS) ALS 为病因不明的运动神经元损伤而导致全身肌肉萎缩性疾病。**SIRT1** 调控 ALS 模型动物中的运动功能。**SIRT6** 通过调控星形胶质细胞的功能减少其导致的神经毒性。

**结果** Sirtuins 家族含有 7 个成员 (**SIRT1-7**)，具有不同的激酶活性、亚细胞定位以及功能。**SIRT**s 家族被广泛运用在神经系统生理和病理相关的机制研究中。神经系统退行性疾病为一类慢性中枢神经系统退行性变性导致的脑功能以及器质性损伤，包括：帕金森病、阿尔兹海默病、亨廷顿病等。**SIRT**s 家族在神经系统退行性疾病中发挥着重要作用。

**结论** 综上所述，**SIRT** 家族蛋白在神经系统疾病的发生、发展以及诊疗中发挥至关重要的作用，但是相关作用机制研究的并不完善，需要进一步深入了解。

## PU-7146

### 细胞形态学异常对骨髓增生异常综合征诊断价值

王文渊

山西省中医药研究院山西省中医院,030000

**目的** 探讨在骨髓增生异常综合征诊断中，细胞形态学异常的临床诊断价值。**方法**：选取我院接诊骨髓增生异常综合征患者 36 例作为观察组，另选取非造血干细胞克隆性疾病的患者 36 例作为对照组，对两组进行外周血细胞和骨髓采集，并制作成涂片，观察血细胞形态学变化。**结果**：观察组幼粒细胞、原粒细胞、幼红细胞发生率显著高于对照组 ( $P<0.05$ )；观察组原粒细胞、核出芽、Auer 小体、假性 PELGER-HUET 异常、胞质颗粒异常、核空泡、核浆发育不平衡、多分叶发生率显著高于对照组 ( $P<0.05$ )；观察组花瓣核、核间桥、Hb 充盈欠佳、大小不均、核出芽、多核、幼红细胞、巨幼变、大红细胞、核碎裂发生率显著高于对照组 ( $P<0.05$ )；观察组淋巴样小巨核、多圆核、单圆核、畸形血小板发生率显著高于对照组 ( $P<0.05$ )。

**方法** 人工显微镜法

**结果** 在骨髓增生异常综合征诊断中，细胞形态学异常具有较高的诊断价值。

**结论** 在骨髓增生异常综合征诊断中，细胞形态学异常具有较高的诊断价值。

## PU-7147

### 脐带间质干细胞的治疗多发性骨髓瘤的可行性研究

蔡花

南通大学附属医院,226000

**目的** 本项目主要研究脐带间质干细胞治疗多发性骨髓瘤的可行性，有无危险性。

**方法** 1 通过体外实验将骨髓瘤细胞和脐带间质干细胞直接和间接共培养来探讨脐带间质干细胞对该细胞的作用，主要方法：绘制骨髓瘤细胞生长曲线，检测瘤细胞凋亡和死亡情况。2 建立小鼠骨髓瘤模型进行体内实验，通过观察瘤体的大小，生长速度，小鼠的生存时间，瘤体组化分析来研究脐带间质干细胞对多发性骨髓瘤的作用。3 如体内实验和体内实验皆可证实脐带间质干细胞对骨髓瘤细胞有抑制或杀伤作用

**结果** 脐带间质干细胞能够抑制骨髓瘤细胞生长

**结论** 脐带间质干细胞对多发性骨髓瘤有治疗作用

PU-7148

## 红细胞压积对两台全自动血沉仪比较的影响

孙烨

山西省中医药研究院山西省中医院,030000

**目的** 探讨两台全自动血沉仪比较中, 因为红细胞压积偏低对结果的影响。

**方法** 随机抽取 42 例标本, 分别在两台全自动血沉仪上进行检测, 将 42 个血沉结果和红细胞压积  $\geq 0.32$  的 32 个血沉结果分成两组, 进行相关性和差异性的分析比较。

**结果** 两台血沉仪比较时, 红细胞压积  $\geq 0.32$  的血沉相关性 ( $r=0.903$ ) 比 42 个血沉结果的相关性 ( $r=0.828$ ) 更好, 回归方程  $Y=aX+b$ , 前者的系数  $a$  更接近 1,  $b$  更接近 0。差异性分析时, 红细胞压积  $\geq 0.32$  的血沉结果  $P>0.05$ , 无统计学意义; 全部血沉结果  $P<0.05$ , 差异显著。

**结论** 红细胞压积  $<0.32$  的标本不适合在 ROLLER20 血沉仪上检测, 其相关性和差异性都较差。

PU-7149

## 104 例成人巨细胞病毒性肝炎临床特点与实验室结果分析

赵东岩, 邓德耀

云南省第二人民医院, 650000

**目的** 收集 2015-2016 年我院收治的 104 例成人巨细胞病毒(CMV)性肝炎患者的临床资料及实验室相关检查结果, 为 CMV 性肝炎患者的诊疗提供依据。

**方法** 自 2015—2016 年我院收治的 786 例非嗜肝细胞病毒型肝炎患者中, 临床筛检、诊断为成人 CMV 性肝炎的有 104 例, 收集其临床表现、实验室生化学指标和核酸检测结果进行回顾性分析。另收集同期正常体检患者 50 例的体检结果和肝功结果作为对照, 并预留血液标本进行 CMV 的核酸检测。

**结果** 786 例非嗜肝细胞病毒型肝炎患者中, 临床诊断 CMV 性肝炎 104 例, 占 13.61%。104 例成人 CMV 性肝炎患者平均年龄( $35.2 \pm 10.5$ )岁, 发病时间无明显季节性, 除有 10 例(9.61%)患者有诱因, 其余均健康(90.39%)。发病以急性起病为主: 以急性肝炎为主(83 例, 占 79.81%), 其中 45 例表现为急性无黄疸型肝炎(43.27%), 36 例为急性黄疸型肝炎(34.61%), 2 例(4.81%)病情危重, 表现为亚急性或急性肝衰竭; 另外 21 例为慢性肝炎(20.19%), 2 例已发展为肝硬化(1.92%)。临床症状以发热、乏力、纳差为主, 体征主要表现为巩膜黄染、脾大、肝大、淋巴结肿大。肝功能指标以 ALT、AST、GGT 异常为主, TBIL、DBIL、TBA 也有明显升高; 与同期正常体检患者结果比较, 均有非常显著差异 ( $P<0.01$ )。实时荧光定量聚合酶链反应(FQ-PCR)检测 CMV-DNA, 患者组均检出 CMV-DNA, 符合率 100%; 对预留的正常体检组的血样进行 CMV-DNA 检测, 仅检出 1 例阳性(2%)。

**结论** 成人巨细胞病毒性肝炎在非嗜肝细胞病毒型肝炎患者中并不少见, 发病多为急性, 多数患者无明确诱因, 预后一般较好, 但仍有少数患者慢性化, 更有个别案例可发展至肝衰竭。其临床表现多样, 结合临床实验室检查结果可提高临床诊治水平。



PU-7150

## **Immunogenic *Treponema pallidum* Nucleoside diphosphate kinase (Tp1010) as potential diagnostic marker for serodiagnosis of syphilis**

Chuanhao Jiang

The Second Xiangya Hospital , Central South University

Syphilis is a chronic infection caused by *Treponema pallidum* subsp. *pallidum*, and the diagnosis of syphilis with sensitive and specific methods is challenging and important for the prevention and treatment of syphilis. In present study, we reported the cloning, expression and purification of putative recombinant nucleoside diphosphate kinase (rNdk) of *T. pallidum* and evaluated its immunogenicity. Specific immune responses were detectable in sera from rabbits infected with *T. Pallidum* Nichols strain, Chicago strain and clinical isolates. In rabbits immunized with rNdk, a significantly high IgG titer was detectable. We also investigated the diagnostic potential of rNdk-based ELISA for serodiagnosis of syphilis. The sensitivities were determined by screening sera from individuals with primary (n = 82), secondary (n = 115), latent (n = 105) and congenital (n = 65) syphilis. The specificities were determined by screening sera from uninfected controls (n = 30), and potentially cross-reactive infections including Lyme disease (n = 30), Leptospirosis (n = 5) and Hepatitis B (n = 30). Our data showed that the sensitivity, specificity, positive predictive value (PPV), and negative predictive value (NPV) of rNdk-based ELISA were 97.5%, 98.9%, 99.7%, 91.3%, respectively. Moreover, the rNdk-based ELISA exhibited a high degree of consistency between rNdk-based ELISA and TPPA. These data indicate that the rNdk is a highly immunogenic protein in human and rabbit infections and a promising diagnostic marker for screening and serodiagnosis of syphilis.

Syphilis is a chronic infection caused by *Treponema pallidum* subsp. *pallidum*, and the diagnosis of syphilis with sensitive and specific methods is challenging and important for the prevention and treatment of syphilis. In present study, we reported the cloning, expression and purification of putative recombinant nucleoside diphosphate kinase (rNdk) of *T. pallidum* and evaluated its immunogenicity. Specific immune responses were detectable in sera from rabbits infected with *T. Pallidum* Nichols strain, Chicago strain and clinical isolates. In rabbits immunized with rNdk, a significantly high IgG titer was detectable. We also investigated the diagnostic potential of rNdk-based ELISA for serodiagnosis of syphilis. The sensitivities were determined by screening sera from individuals with primary (n = 82), secondary (n = 115), latent (n = 105) and congenital (n = 65) syphilis. The specificities were determined by screening sera from uninfected controls (n = 30), and potentially cross-reactive infections including Lyme disease (n = 30), Leptospirosis (n = 5) and Hepatitis B (n = 30). Our data showed that the sensitivity, specificity, positive predictive value (PPV), and negative predictive value (NPV) of rNdk-based ELISA were 97.5%, 98.9%, 99.7%, 91.3%, respectively. Moreover, the rNdk-based ELISA exhibited a high degree of consistency between rNdk-based ELISA and TPPA. These data indicate that the rNdk is a highly immunogenic protein in human and rabbit infections and a promising diagnostic marker for screening and serodiagnosis of syphilis.

PU-7151

## **Staphylococcal enterotoxin C3 promotes T cell activation, proliferation and Hela cell apoptosis in vitro**

Shan Tan

Central South University Xiangya Second Hospital

Staphylococcal enterotoxins are classic models of superantigens that potently stimulate polyclonal T-cell proliferation and activation. SEA and SEB have been well studied in expression

and biological activity. Little review has yet been published on SEC3. This prompted us to investigate anti-tumor biological activity and fever toxicity of SEC3. The SEC3 protein was successfully expressed with the molecular weight of 31.5kD in inclusion body. Proliferation experiment in vitro indicated that 0.1-5 $\mu$ g/mL concentration of SEC3 apparently promotes the proliferation of PBMCs, whereas 100 $\mu$ g/mL inhibit the proliferation. In addition, the results indicated that SEC induced interferon- $\gamma$  (IFN- $\gamma$ ) production in a dose-dependent manner. Meanwhile, in Hela cells inhibitory experiment, 0.1-5 $\mu$ g/mL concentration of SEC3 can activate PBMCs to kill Hela cells. After 1 $\mu$ g/mL SEC3 protein stimulation, the percentage of Helper T cells(Th) and Natural killer cells(NK) increased. The percentage of Cytotoxic T cells(Tc) and B lymphocytes decreased. Further toxicity assay in vivo showed that intravenous injection of SEC3, the mice body temperature increased significantly. These findings suggested that SEC3 has superantigen activity to promote lymphocyte proliferation and Hela cell apoptosis, while still has pyrexia toxicity. Further studies are required to assess the biological activity of SEC3 against the tumor in animal models.

## PU-7152

### **Falsely decrease in carbon dioxide combining power (CO<sub>2</sub>CP) due to immunoglobulin A**

Can Lu

The Second Xiangya Hospital , Central South University

Interference caused by paraprotein or gammopathy has been described in many laboratory assays. The monoclonal antibodies impose significant effect on laboratory assays, causing falsely increased or decreased values, to detriment clinical diagnosis. We report a case of an 40-year old female who had intensely decreased carbon dioxide combining power (CO<sub>2</sub>CP) in serum tested by Roche enzymatic method, which was not consistent with her symptoms.CO<sub>2</sub>CP measurements were repeated using alternative methods (Randox enzymatic method and electrode method), none of which gave CO<sub>2</sub>CP results below the normal range.The patient had subtle elevated serum IgA and positive urine IgA-kparaprotein which further confirmed by protein immunofixation electrophoresis. Ultrafiltration to remove immunoglobulin in serum can eliminate the interference in CO<sub>2</sub>CPmeasurement by Roche enzymatic method. Further precipitation of IgG in serum cannot reduce interference from CO<sub>2</sub>CP measurement in Roche enzymatic method. In conclusion, an IgA-kparaprotein was shown to cause falsely decreasedCO<sub>2</sub>CP values in Roche enzymatic method specifically.

## PU-7153

### **社区获得性肺炎患者血浆载脂蛋白 M 的水平及其与疾病严重程度的相关性分析**

项忠元

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 社区获得性肺炎（CAP）患者血浆载脂蛋白 M 的水平及其与疾病严重程度的相关性。

**方法** 我们选取了 2016 年 6 月至 12 月来我院诊治的 132 例 CAP 患者和 40 例正常健康对照组，并根据 2016 年中华医学会呼吸病学分会制定的《成人社区获得性肺炎诊断和治疗指南》将 CAP 患者分为 CAPI 组、CAPII/III 组、重症肺炎组。采用酶联免疫吸附法（ELISA）测量疾病组和对照组血浆 apoM 的含量，并对其血浆总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、

载脂蛋白 A(apoAⅠ)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、载脂蛋白 B(apoB)及超敏 C 反应蛋白(hs-CRP)进行检测。

**结果** 与对照组相比, CAP 患者血浆 apoM、LDL-C、hs-CRP 随着疾病严重程度而增高, HDL-C、apoAⅠ水平降低, 差异具有统计学意义( $p<0.05$ ), CAP 患者血浆 apoM 表达水平与 hs-CRP 表达呈显著的正相关性( $r=0.267$ 、 $p<0.005$ )。

**结论** 社区获得性肺炎患者的血浆 apoM 含量相比于正常对照组显著升高, 且与 CAP 疾病活动度有关, 可作为监测 CAP 患者病情发生、发展及治疗效果的生物学标志之一。

## PU-7154

### 分枝杆菌实验室诊断研究进展

向哲邑

中南大学湘雅二医院,410000

分枝菌属分为结核分枝杆菌复合群(MTBC)、麻风分枝杆菌以及非结核分枝杆菌(nontuberculous mycobacteria, NTM)。麻风分枝杆菌发病率低且体外不能培养, 故为本文忽略。结核分枝杆菌和非结核分枝杆菌引起的感染传染力强、发病率高<sup>[1-2]</sup>, 可引起肺部和全身其它部位病变。而且它们的症状类似, 因此临床鉴别诊断困难。传统方法包括以细菌培养为基础的表型和生化鉴定分枝杆菌的方法, 耗时耗力。有时甚至结果不够准确而导致错误诊断。因此, 分枝杆菌实验室诊断对于疾病的诊断、治疗及预后意义重大。本文主要从近年来 MTC 和 NTM 在临床实验室的一些鉴定方法作一简要综述。

## PU-7155

### 膀胱癌患者术前外周血循环肿瘤细胞与肿瘤浸润及转移的关系

王泽友

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 膀胱癌是发生在膀胱黏膜上的恶性肿瘤, 是泌尿系统最常见的恶性肿瘤之一, 也是全身十大常见肿瘤之一。大多数患者初诊时被诊断为非肌层浸润性膀胱癌, 却有高达 50% 的患者在肿瘤局部治疗之后出现肿瘤复发与进展, 提示相当一部分早期膀胱癌患者体内已经发生了肿瘤的微转移。本研究利用差相富集-免疫荧光原位杂交技术(iFISH)检测膀胱癌患者外周血循环肿瘤细胞, 并探究该检测结果与肿瘤临床特征的关系。

**方法** 方法收集 2016 年 11-2017 年 9 月收治入院的 65 例膀胱癌患者为研究对象, 其中男 50 例, 女 15 例, 年龄 58.9 岁。取外周静脉血各 5mL, 阴性富集-iFISH 检测患者术前 5mL 外周血中所有 CTCs 的数量, 比较 CTCs 的数量与膀胱癌临床特征(是否侵及肌层、原发肿瘤分期、淋巴结转移、肿瘤级别)的关系。

**结果** 实验中 65 例膀胱癌患者的 CTCs 阳性检出率为 66.2% (43/65)。实验组, T 分期(Ta、T1、T2、T3、T4)各组的 CTCs 阳性检出率分别为 66.1%、50.0%、76.9%、75%、100%, 各组间差异无统计学意义( $P=0.391$ )。单纯尿路上皮癌的高级别组织分级和低级别两组的 CTCs 阳性检出率分别为 63.0%、63.6%, 各组间差异无统计学意义( $P=0.684$ )。6 例淋巴结转移阳性患者均在外周血中检测到 CTCs, 平均 CTC 个数为 12.7, 淋巴结转移阴性患者外周血中检测到平均 CTC 个数为 2.0, 差异无统计学意义( $P=0.142$ )。非肌层浸润和肌层浸润患者的 CTCs 阳性检出率分别为 55.0%、78.9%, 差异无统计学意义( $P=0.07$ )。

**结论** 阴性富集-iFISH 检测膀胱癌外周血 CTCs 可行性较好。关于 CTCs 含量与膀胱癌患者临床特征的关系尚不肯定,需更大样本量予以说明。本研究提示,CTC 检测可作为判断膀胱癌进展情况的潜在预测指标。

## PU-7156

### 血常规检验报告临床应用情况调研和改进策略

金琪<sup>1</sup>,赵强元<sup>1</sup>,程永婷<sup>2</sup>

1.解放军总医院第六医学中心

2.北方大学临床检验学院

**目的** 通过调研检验人员和临床医师对血常规检验报告各项目临床意义的掌握程度和综合应用能力,以及在与临床沟通和辅助诊断中的应用情况,发现问题和不足,提出改进策略,探讨建立血常规实验诊断报告的必要性和可行性。

**方法** 通过问卷调查、进行阳性血常规检验报告临床意义的深入分析、与对应病例诊断的符合性分析、沟通临床医生、咨询专家等方法,对检验科人员和临床医师对血常规检验各分项临床意义的掌握情况和临床辅助诊断的应用效果进行调查,发现问题和不足,提出改进策略。

**结果** 临检组和门诊组客观与主观评价成绩均高于其他组别,临检组工作时间与主观评价成绩得分相关性具有统计学意义( $P<0.05$ )、临检组不同工作状态(连续、间断)与主观成绩和客观成绩( $P<0.05$ )差异均有统计学意义,临检组工作时间与客观成绩得分、检验科其它组室间主观和客观评价成绩( $P>0.05$ )差异不具有统计学意义;临床不同科室以及不同职称与主观成绩和客观成绩( $P>0.05$ )差异不具有统计学意义;相对于红细胞、白细胞、血小板、血红蛋白、白细胞分类等项目,检验科和临床人员对 MCV MCH MCHC RDW、MPV、PDW、P-LCR、散点图、网织红细胞、HFR、MFR、LFR、RMI 等掌握程度较低。

**结论** 血常规报告在临床应用方面仍存在不足的问题,主要问题在于知识点掌握不全面,需要加强培训和自我学习加以改进,实验诊断报告可以提供给临床更加直接的辅助诊断信息,需要在院校教育和工作中加强临床思维养成和相关培训,提高检验专业和临床知识掌握加以实现。

## PU-7157

### PBL 理念在青年教师培养中的应用

张丽霞

江苏省人民医院

**目的** 运用 PBL 方法培养医学检验青年教师,提高其能力的同时,掌握 PBL 的理念。

**方法** 撰写适用于血液体验教研室教师培训的 PBL 案例,通过“学”,“教”和“写”,将 PBL 应用于《临床基础检验》和《临床血液学检验》青年教师的培训。

**结果** 通过 PBL 的培训,青年教师专业能力以及教学能力得到了提升,并掌握了 PBL 理念。

**结论** 基于 PBL 理念的青年教师培养方法理论基础扎实,可实施性强,具有一定的探索和研究价值。

## PU-7158

### $\beta$ -catenin Mutation Correction by CRISPR/Cas9 and ssODN restoring the expression of protein phosphorylation in

## colon cancer cells decreases cell proliferation in vitro and hampers tumor growth in mouse

zheng hu<sup>1,2</sup>, Xiangning Li<sup>1,2</sup>, Luo Dixian<sup>1,2,3</sup>

1.the First People's Hospital of Chenzhou

2.Translational Medicine Institute, National and Local Joint Engineering Laboratory for High-through Molecular Diagnosis Technology, The First People's Hospital of Chenzhou, Chenzhou

3.Center for Clinical Pathology, Affiliated to The First People's Hospital of Chenzhou

**Objective** Cas9 creates a DNA double-strand break (DSB) at designated site of target gene by sgRNA directing, which triggers either inaccurate non-homologous end joining, or site-specific homologous recombination. Although the efficiency of homology-directed repair (HDR) is very low, precise genome editing is essential for both basic and translational research. HDR is template-dependent repair of DSB. Both DNA fragments or plasmids and single-stranded oligonucleotides (ssODN) with identical or nearly identical sequences can be used as templates to repair site-specific DSBs in mammalian cells. Targeted gene mutation correction in situ has significant application in targeted gene editing and genetic disease therapy. Herein, we show an example that to correct gene mutation in situ at genome successfully by using CRISPR/Cas9 and ssODN.

**Methods** HCT-116 cells that contain a heterozygous Ser45 deletion ( $\Delta$ TCT) in  $\beta$ -catenin gene were used for this study. A specific sequence in the deletion mutation allele ( $\Delta$ TCT Ser45) of  $\beta$ -catenin gene was selected as a CRISPR/Cas9 target, and a Cas9/ $\beta$ -catenin-sgRNA and eGFP co-expression vector was constructed and transfected into HCT-116 cells. Single cell-derived clones were cultured in plates after sorting of CRISPR/Cas9-sgRNA -GFP plasmids targeting  $\Delta$ TCT deletion mutation of  $\beta$ -catenin and ssODNs transfected HCT-116 cells by FACS. The cell clones of gene mutation correction screened out through PCR products sequencing were used for testing targeted gene function by western blot and for cell proliferation analysis in vitro by CCK8, cell plated clones and EDU dyeing. Moreover, the growth of cell clones derived tumors was analyzed at nude mice xenografts.

**Results** The results show we have corrected successfully  $\beta$ -catenin gene mutations,  $\Delta$ TCT deletion, which leading to Ser45 missing at one of allelic genes in colon cancer HCT-116 cells, restoring the expression of protein phosphorylation at targeted  $\beta$ -catenin Ser45 loci and decreasing cell proliferation in vitro and hampering tumor growth in mouse xenograft.

**Conclusions** The data of this study suggests that a combination of CRISPR/Cas9-sgRNA-GFP induced DSB at gene designated site and ssODN taken as templates could be a useful method to correct targeted gene mutation of genome in situ at cancer cells, which should have significant application in targeted gene editing and genetic disease therapy.

PU-7159

## 儿童 EB 病毒相关性噬血细胞综合征临床特点和危险因素分析

胡静雯,秦晓松

中国医科大学附属盛京医院,110000

**目的** 探讨儿童 EB 病毒相关性噬血细胞综合征的临床特点和危险因素分析

**方法** 回顾性分析 2012 年 1 月到 2018 年 1 月于我院治疗的 70 例 EB 病毒相关性噬血细胞综合征患儿的临床相关资料

**结果** 研究纳入 70 例患儿,分为存活组和死亡组,两组患儿实验室指标:血红蛋白、白细胞、纤维蛋白原、凝血酶原时间、结合胆红素在两组中有差异 ( $P < 0.1$ ),存活组患儿并发多脏器器官衰竭

的发生率为 25.5%，低于死亡组患儿的 60.9% ( $\chi^2=8.26$ ,  $P=0.004$ )，存活组患儿并发多浆膜腔积液的发生率为 31.9%，低于死亡组患儿的 56.5% ( $\chi^2=3.896$ ,  $P=0.048$ )。进行多因素 Logistic 回归分析，纤维蛋白原 (OR=0.064, 95%CI: 0.009-0.44,  $P=0.005$ ) 和合并多脏器衰竭 (OR=3.345, 95%CI: 0.89-12.569,  $P=0.074$ ) 是影响 EB 病毒相关性噬血细胞综合征患儿死亡的独立因素。

**结论** EB 病毒相关性噬血细胞综合征患儿，纤维蛋白原降低和合并多脏器衰竭是病情危重的独立危险因素，因此临床医师应及时识别危险因素，尽早给予对症处置。

## PU-7160

### 两种方法评估胃蛋白酶原在萎缩性胃炎和胃癌中的诊断价值

张守彩

山东大学齐鲁医院检验科

**目的** 评估以化学发光微粒子免疫分析法 (CLIA) 和酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测胃蛋白酶原用于萎缩性胃炎和胃癌辅助诊断的价值，并探讨两种方法检测的一致性。

**方法** 采用 CLIA 和 ELISA 分别检测胃蛋白酶原(PG)在健康对照组(95 例)、非萎缩性胃炎组 (173 例)、萎缩性胃炎组 (407 例) 和胃癌组 (135 例) 患者的表达，检测 PG I、PG II 水平，计算 PG I /PG II 的比值 (PGR)，分别建立两种方法诊断的 cut-off 值，评估其诊断价值，并分析两种方法检测的一致性。

**结果** 胃癌组 PG II 高于萎缩性胃炎组、非萎缩性胃炎组和健康对照组 (CLIA: $P=0.0266, 0.0018, <0.0001$ ; ELISA:  $P=0.0082, <0.0001, <0.0001$ )，PGR 低于萎缩性胃炎组、非萎缩性胃炎组和健康对照组 (CLIA: $P<0.0001, <0.0001, <0.0001$ ; ELISA: $P<0.0001, <0.0001, 0.0009$ )。CLIA 法以  $PG II > 13.2$  且  $PGR \leq 6.67$  作为诊断胃癌的 cut-off 值，其敏感性和特异性为 80.88%、71.64%；ELISA 法以  $PG II > 18.1$  且  $PGR \leq 6.18$  作为诊断胃癌的 cut-off 值，其敏感性和特异性为 80.14%、62.72%。两种方法诊断胃癌和萎缩性胃炎的一致性 Kappa 指数分别为 0.706、0.569。

**结论** PG II 和 PGR 可以作为胃癌诊断标志物，PG II + PGR 联合诊断萎缩性胃炎和胃癌敏感性和特异性较高，且 CLIA 和 ELISA 两种方法检测结果一致性良好。

## PU-7161

### ISO 15189 医学实验室质量和能力认可体会

赵强元, 荣扬, 李艳君, 齐永志, 马学斌, 李晓燕, 高兴, 李娜, 黄新强, 钱扬会, 支文字, 邓红, 陈昌国, 马聪  
中国人民解放军海军总医院

**目的** 总结参加医学实验室质量和能力认可的经验体会，完善和固化有效的管理运行机制，更加规范质量管理体系的运行，使得迎检准备工作模式常态化、高效落实。

**方法** 1、科室的自主目标追求是内在动因。2、医院领导机关和科室的支持是必须的外部支撑。3、严格遵照准则规范要求和专家指导意见是完善认可准备的最佳路径。4、全面细致的贯标培训是认可准备工作的重要基础。5、系统全面的实施计划是认可准备工作事半功倍之要。6、全员发动、全员参与是有效推进认可准备工作的重要手段。7、发挥核心骨干作用是高质推进认可准备工作的

关键措施。8、严格落实工作路线图是扎实推进认可准备工作的重要抓手。9、科室领导宏观、微观两手抓是质量保证的重要环节。10、团队精神、集体荣誉是引领前行的旗帜。

**结果** 经过近一年的时间准备，顺利通过医学实验室质量和能力认可初评审，经过一年的模式固化和改进运行，质量管理体系的运行更加规范，以更高的质量和效率水平通过监督评审。

**结论** 通过全员发动、全员参与、全程动员、全面计划、督导落实，质量活动制度化、扁平化管理，可以有效地推进认可准备工作，促进质量体系的有效运行。

## PU-7162

### 血培养报阳后快速药敏（EUCAST RSAT 规程） 在临床应用中的探讨

陆燕飞,文怡

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 分析血培养标本报阳后直接快速药敏方法的可靠性，为临床血流感染及时用药提供快速、可靠的依据。

**方法** 收集南京医科大学第一附属医院血培养报阳标本 40 例，按照 EUCAST 公布的血培养报阳后进行快速药敏 RAST 的测试方法，选取 EUCAST 所示菌株，在血培养报阳后，从血培养瓶中直接取 100-150 $\mu$ l 的液体接种并涂布 MH（或针对链球菌的 MH-F）平板完成药敏接种，并贴上抗菌药物纸片，35 $^{\circ}$ C 培养，在孵育 4，6，8 小时后分别读取药敏结果，折点采用 EUCAST 折点。与血培养报阳后标准操作所得药敏结果进行对比，比较两者一致性。

**结果** 肠杆菌科中药敏结果完全一致包括阿莫西林、亚胺培南、庆大霉素，98% 一致的有头孢噻肟、复方磺胺、阿米卡星；金黄色葡萄球菌药敏结果完全一致包括青霉素、妥布霉素、庆大霉素、氯霉素、四环素、复方磺胺、利奈唑胺、左氧氟沙星、利福平。

**结论** 使用 EUCAST 快速药敏标准测试方法所得的药敏结果与传统血培养药敏结果有较好的一致性，标准药敏试验滞后，RAST 在速度上有优势，该方法成本低、容易操作、重复性好，可为临床血流感染及时用药提供有力证据。

## PU-7163

### 一例复合杂合突变导致血小板无力症的 发病机制研究

高丙晶,龚岩,屈晨雪,由然,苗林子,陆遥,李涛

北京大学第一医院,100000

**目的** 探讨一例血小板无力症患者的发病原因，阐明其致病机制。

**方法** 收集一例血小板无力症患者外周血，通过下一代基因测序技术明确致病基因位点；采用 PCR 定点突变方法制备突变质粒，转染中国仓鼠卵巢上皮细胞(CHO-K1)，构建体外真核表达系统。应用免疫印迹法检测突变型 CHO-K1 细胞中血小板  $\alpha$ IIb 和  $\beta$ 3 蛋白的合成；流式细胞术检测突变型 CHO-K1 细胞膜和胞质  $\alpha$ IIb 和  $\beta$ 3 表达水平；免疫荧光显微镜观察突变型 CHO-K1 中  $\alpha$ IIb 和  $\beta$ 3 的表达及分布。

**结果** 该患者为 II 型血小板无力症。基因测序发现 ITGB3 基因存在 2 个突变，且尚未被报道。ITGB3 c.1495 T>C 错义突变导致了  $\beta$ 3 蛋白亚基第 499 号半胱氨酸被精氨酸代替（p.C499R）；ITGB3 c.1728 delC 移码突变导致了  $\beta$ 3 蛋白亚基第 577 号丝氨酸开始的氨基酸合成发生改变，并在改变之后的第 92 个氨基酸终止。突变型 CHO-K1 细胞裂解液中均检测到  $\alpha$ IIb 和  $\beta$ 3 的合成表

达。突变型 CHO-K1 细胞表面及胞内  $\beta 3$  表达量缺如; 荧光显微镜突变型 CHO-K1 细胞未见  $\beta 3$  蛋白亚基的分布。

**结论** 论 ITGB3 c.1495 T>C 和 c.1728delC 突变是该患者的发病原因, 这两个突变并未影响血小板膜  $\beta 3$  蛋白亚基一级结构合成, 但影响其高级结构的表达和形成。

## PU-7164

### Effect of Sulodexide on Proteinuria of Diabetic Kidney Disease-Systematic Review

Nan Li

china & Japan friendship hospital

**Objective** This study aimed to evaluate the total therapeutic efficacy of sulodexide for the treatment of diabetic kidney disease (DKD) as well as its effects on proteinuria.

**Methods** English and Chinese databases were retrieved by computer for the related randomized controlled trials up to April 2018. Eligible studies were selected according to the inclusion and exclusion criteria and their qualities were evaluated by the Jadad scale. Pooled odds ratio (OR) was calculated to evaluate the therapeutic efficacy rate of sulodexide for DKD treatment by using RevMan 5.3 software. Mean differences of urine albuminuria excretion rate (AER) and 24-hour urine protein (24h-UP) were also synthesized analyzed to assess the alleviated effects of sulodexide on proteinuria.

**Results** A total of 3673 subjects of 20 RCT studies were enrolled in this systematic review. The pooled odds ratio (OR) of sulodexide therapeutic success versus no sulodexide or placebo was 1.17 (95%CI 0.9~1.5,  $P=0.24$ ). For effect on UAER reduction, sulodexide showed a similar effect as ACEI/ARB ( $MD_{(UAER)}=-0.98$ ,  $P=0.22$  and  $MD_{(logUAER)}=-0.91$ ,  $P=0.24$ ). In addition, the ACEI/ARB combined with sulodexide was more effective on reducing UAER ( $MD=-43.96$ ,  $P<0.00001$ ) and 24h-UP ( $MD=-0.57$ ,  $P=0.02$ ) than ACEI/ARB use alone.

**Conclusions** The therapeutic efficacy of Sulodexide for DKD treatment was not superior to no sulodexide use. However, the drug showed a similar alleviated effect on proteinuria as ACEI/ARB. ACEI/ARB combined use with sulodexide was more effective than ACEI/ARB therapy alone. In clinical, it tends to recommend to use sulodexide combined with ACEI/ARB or as a substitute for ACEI/ARB, in order to improve the urine protein level of the DKD patients.

## PU-7165

### MALDI-TOF MS 分值低于 2.0 的葡萄球菌鉴定结果评价及改进方法

李亚楠,王玫,黄艳飞,隋文君,孙宇峰,曹晶晶,张桂,顾海彤,鲁辛辛  
首都医科大学附属北京同仁医院,100000

**目的** 提高基质辅助激光解吸/电离飞行时间质谱 (Matrix Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-flight Mass Spectrometry, MALDI-TOF MS) 鉴定葡萄球菌的能力。

**方法** 收集 2017 年 9 月~2018 年 6 月分离自临床标本 (血液、尿液、脑脊液、胸水、腹水等) 的葡萄球菌中临床鉴定分值低于 2.0 的菌株 110 株, 选用 Bruker microflex 仪器和 biotyper 软件重新进行直接点靶法和提取法鉴定, 以 16S rRNA 基因、tuf (延长因子) 基因测序为“金标准”。对仍低于 2.0 的菌株, 生成 MSP (main spectral, 主要谱峰图), 并与数据库同种菌株的 MSP 进行 dendrogram (树状图) 分析, 计算相对进化距离。



**结果** 经重新直接点靶法鉴定, 78.18% (86/110) 的菌株鉴定分值达到 2.0; 经提取法鉴定, 94.55% (104/110) 的菌株鉴定分值达 2.0, 优于直接点靶法 ( $\chi^2=12.505$ ,  $P<0.001$ ), 但仍有 5.45% (6/110) 鉴定分值小于 2.0, 测序结果 (质谱鉴定结果) 分别为: 巴氏葡萄球菌 (巴氏葡萄球菌 1.803), 缓慢葡萄球菌 (缓慢葡萄球菌 1.885), 孔氏葡萄球菌 (孔氏葡萄球菌 1.876), 模仿葡萄球菌 (模仿葡萄球菌 1.979), 佩滕科夫葡萄球菌 (佩滕科夫葡萄球菌 1.845), 鸡葡萄球菌 (无鉴定结果)。

**结论** 对于葡萄球菌, 鉴定分值为 1.7~2.0, 且显示为同种, 可报告至种水平。直接点靶法标准化可提高葡萄球菌鉴定可信度。若提取法未能鉴定到种, 需自建库, 或通过增加菌株优化数据库。

## PU-7166

### 2018 年安徽地区部分二级专科医院及民营医疗机构 细菌耐药监测结果分析

高娟, 杭修兵, 魏琦

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 了解安徽地区部分二级专科医院及民营医疗机构 2018 年临床分离的细菌对抗菌药物的敏感性和耐药性。

**方法** 采用自动化仪器法按统一方案进行细菌药物敏感性试验。按美国临床和实验室标准化协会 2018 版标准判断结果。

**结果** 2018 年 80 家医疗机构外送合肥金域医学检验实验室细菌培养标本 11579 例, 阳性率为 18.61%。2155 株临床分离的病原菌中, 革兰阴性菌 1323 株, 革兰阳性菌 578 株。革兰阴性菌排名前 5 位的是大肠埃希菌 (16.66%)、铜绿假单胞菌 (11.42%)、肺炎克雷伯菌 (8.26%)、奇异变形杆菌 (3.81%)、鲍曼不动杆菌 (3.11%)。革兰阳性菌排名前 5 位的是金黄色葡萄球菌 (6.64%)、无乳链球菌 (5.29%)、肺炎链球菌 (1.86%)、表皮葡萄球菌 (1.62%)、人葡萄球菌人亚种 (1.58%)。耐碳青霉烯类大肠埃希菌、耐碳青霉烯类肺炎克雷伯菌属检出率分别为 0.6%、27.9%。大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌中产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶的检出率分别为 55.99%、56.67%。甲氧西林耐药金黄色葡萄球菌株、凝固酶阴性葡萄球菌甲氧西林耐药菌株检出率分别为 47.9%、75%。葡萄球菌属中未发现万古霉素、替考拉宁和利奈唑胺耐药株。铜绿假单胞菌、不动杆菌属对亚胺培南和美罗培南耐药率分别为 13.2%、7.4%和 47.9%、45.7%。

**结论** 细菌耐药性应引起重视, 相关部门应加强对各级医疗机构感染病原菌的耐药性监测, 需及时采取有效的控制措施, 指导临床合理使用抗菌药物。

## PU-7167

### Drug resistance characteristics of Mycobacterium tuberculosis isolates from patients with tuberculosis to twelve antituberculous drugs in China

Xiaocui Wu<sup>1</sup>, Jinghui Yang<sup>1</sup>, Guangkun Tan<sup>2</sup>, Yin Liu<sup>1</sup>, Yinjuan Guo<sup>1</sup>, Baoshan Wan<sup>1</sup>, Fangyou Yu<sup>1</sup>

1. Shanghai Pulmonary Hospital, Tongji University School of Medicine

2. Shanghai East Hospital, Tongji University School of Medicine

**Objective** To investigate the drug resistance characteristics of Mycobacterium tuberculosis (MTB) isolates from patients with tuberculosis to twelve antituberculous drugs in China.

**Methods** All clinical isolates of MTB were isolated from patients with tuberculosis in Shanghai Pulmonary Hospital (SPH) during the period from January 1st to December 31th, 2018. Drug susceptibility testing (DST) was performed in micro plates with 4 first-line antituberculous drugs and 8 second-line drugs in accordance with relevant guideline. Demographic information, including sex, age and treatment history was recorded.

**Results** A total of 1950 MTB isolates, which were isolated from 1950 patients with tuberculosis (one isolate per patient) from 29 provinces, autonomous regions and municipalities in China included in this retrospective study. 1644 patients were initial treated and 304 patients were re-treated in the hospital. 208 (10.67%, 208/1950) cases were diagnosed as multidrug-resistant tuberculosis (MDR-TB), from which 74 (4.50%, 74/1644) cases were initial treated, and the remaining (43.79%, 134/304) were re-treated TB cases. Besides, the percentage of extensively drug-resistant tuberculosis (XDR-TB) varied in such 3 different groups: 1.64% (32/1950) in total TB cases, 0.30% (5/1644) in initial treated TB cases and 8.82% (27/306) in re-treated TB cases. The total resistance rates were as follows: isoniazid (361, 18.51%), streptomycin (302, 15.49%), rifampin (241, 12.36%), ofloxacin (239, 2.26%), moxifloxacin (232, 11.90%), rifabutin (195, 10.00%), ethambutol (100, 5.13%), cycloserine (55, 2.82%), kanamycin (48, 2.46%), ethionamide (40, 2.05%), amikacin (39, 2.00%) and aminosalicylic acid (21, 1.08%). Rates of resistance to any drug in re-treated TB cases were significantly higher than those in initial treated TB cases. The drug resistance rates of the twelve drugs were higher in males than in females. Patients older than 60 years had significantly lower percentages of MDR/XDR-TB (7.11% and 0.65%) than in younger age groups. The percentages of MDR/XDR-TB in Shanghai (4.79% and 0.25%) were significantly lower than other regions. The proportions of MDR-TB and XDR-TB were significantly higher in central regions (15.45% and 3.25%) than those in eastern regions and in western regions.

**Conclusions** In this study, we found higher proportion of MDR-TB and XDR-TB among re-treated cases than initial treated TB cases in China and the drug resistance rate of tuberculosis varied with age, sex and region, indicating that standardized anti-tuberculosis treatment can reduce the incidence of drug-resistant tuberculosis.

## PU-7168

# 生殖道解脲脲原体、沙眼衣原体及淋球菌感染 的研究分析

余娟平,王倩倩,李龙,魏琦,常中宝,袁征,李晓华  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 了解安徽地区人群生殖道感染解脲脲原体 (UU)、沙眼衣原体 (CT) 及淋球菌 (NG) 情况。

**方法** 采用实时荧光聚合酶链反应方法 (FQ-PCR) 对在本检验所进行 UU、CT、NG 检测的男性样本 227 例、312 例、165 例及女性样本 1098 例、4326 例、2882 例进行检测, 并对不同性别、不同年龄段感染率进行统计学分析。

**结果** 男性 UU、CT、NG 阳性率分别为 39.65% (90/227)、4.49% (14/312)、26.67% (44/165), 女性分别为 66.58% (731/1098)、3.49% (151/4326)、0.66% (19/2882)。UU 阳性率女性高于男性, 差异具有统计学意义 ( $P=0.000$ ); NG 阳性率男性高于女性, 差异具有统计学意义 ( $P=0.000$ )。女性人群 UU 感染各年龄段差异无统计学意义 ( $P=0.218$ ), CT、NG 阳性率差异具有统计学意义 ( $P=0.000$ ;  $P=0.000$ ); 男性人群 UU、CT、NG 感染各年龄段差异无统计学意义 ( $P=0.389$ ;  $P=0.808$ ;  $P=0.658$ )。

**结论** 安徽地区人群 UU、CT、NG 感染率各不相同, 其中 UU 感染率最高。男性以 UU、NG 为主, 女性以 UU 为主。

PU-7169

## CA125 和人 SCCAg 对宫颈癌的辅助诊断价值及其意义

史跃燕

南通市肿瘤医院/南通市第五人民医院,226000

**目的** 探讨单独和联合检测血清糖链抗原 125 (CA125) 和人鳞状细胞癌相关抗原 (SCCAg) 含量对宫颈癌患者的辅助诊断价值。

**方法** 收集 55 例宫颈癌患者、39 例子宫肌瘤患者及 47 例健康对照血清样本, 用化学发光的方法分别检测血清糖链抗原 125(CA125)和人鳞状细胞癌相关抗原(SCCAg)含量,用 ROC 曲线评价 2 项指标单独及联合检测对宫颈癌的辅助诊断价值。

**结果** ROC 曲线分析表明宫颈癌组区分于子宫肌瘤时, CA125 灵敏度和特异度分别为 90.9%, 12.8%; SCCAg 灵敏度和特异度分别为 63.9%, 89.7%, 两者联合诊断的灵敏度和特异度分别是 96.7%, 11.5%。宫颈癌区分于健康对照时, CA125 灵敏度和特异度分别为 47.3%, 91.5%; SCCAg 灵敏度和特异度分别为 63.7%, 97.9%, 两者联合诊断的灵敏度和特异度分别是 80.9%, 89.6%。

**结论** CA125 和 SCCAg 单独检测对宫颈癌的辅助诊断具有较好的特异性, 但灵敏度均不理想, 可将两者联合诊断以提高诊断灵敏度, 提高筛查率。

PU-7170

## Diagnostic value of revised pediatric upper limits of normal for serum ALT levels for non-alcoholic fatty liver disease

Yutian Lu<sup>1,2</sup>, Xiaoqun Zheng<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory, the Second Affiliated Hospital and Yuying Children's Hospital of Wenzhou Medical University

2. School of Laboratory Medicine and Life Sciences, Wenzhou Medical University

**Objective** Non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD) is a leading cause of liver injury in children. The serum alanine aminotransferase (ALT) level is a critical parameter for evaluating liver injury in NAFLD. However, the currently accepted upper limits of normal (ULN) for serum ALT (ULN-ALT) are increasingly challenged and may be too high.

**Methods** The study enrolled 1563 children, including 417 healthy children, 153 overweight children and 993 obese children. Serum ALT levels were measured using the continuous monitoring assay. Fatty liver was identified by ultrasound examination.

**Results** The serum ULN-ALT values were 25 U/L for boys and 21 U/L for girls. Significant positive correlations between serum ALT levels and body mass index (BMI) were detected in obese boys ( $r = 0.336$ ,  $P < 0.001$ ), obese girls ( $r = 0.366$ ,  $P < 0.001$ ), and overweight boys ( $r = 0.301$ ,  $P < 0.001$ ). The prevalences of NAFLD were 87.7%, 53.6%, and 22.6% in obese boys with serum ALT levels of  $>50$  U/L, 25–50 U/L, and  $\leq 25$  U/L and were 65%, 53.8%, and 12.9% in obese girls with serum ALT levels of  $>40$  U/L, 21–40 U/L, and  $\leq 21$  U/L, respectively.

**Conclusions** Serum ALT levels are significantly correlated with abnormal BMI values in children, suggesting that a rigorous BMI threshold is needed to establish the cut-offs for serum ULN-ALT in children. In addition, the revised ULNs for ALT can uncover mild liver injury in children with NAFLD.

## PU-7171

## 北京市通州区不同人群无偿献血血液检测结果分析

杨思佳,张雅芳,支文字  
解放军总医院第六医学中心

**目的** 观察对北京市通州区不同无偿献血人群的血液样本进行检测,了解不同献血人群血液检测情况,为安全供血提供技术保证。

**方法** 选择 2011 年 4 月到 2011 年 9 月,在通州区中心血站不同人群采集血液的检测资料进行分析,采用 ELISA 检测献血人群的艾滋病病毒抗体(抗-HIV)、乙型肝炎表面抗原(HBsAg)、梅毒螺旋体抗体(抗-TP)、丙型肝炎病毒抗体(抗-HCV)进行检测,四种指标检测阴性的血液样品才能允许临床应用。

**结果** 男、女献血者,血液检测不合格率男性高于女性,差异显著,有统计意义( $P<0.05$ )。根据年龄比较,以 18~30 岁献血者血液不合格率最低,与其他年龄组比较,差异显著,有统计意义( $P<0.05$ ),不同职业以学生、医务人员、军人献血者血液不合格率较低,与其他职业比较,差异显著,有统计意义( $P<0.05$ ),初次献血者不合格率高于多次献血者,差异显著,有统计意义( $P<0.05$ )。

**结论** 选择献血者过程应该严格质量控制,军人、学生、医务人员和多次献血者是低危安全人群,可以作为无偿献血的主要招募对象。

## PU-7172

## 两种检测方法对 CRP 测定结果的比对分析

陈曲,宝鸡市中心医院,检验科  
宝鸡市中心医院,721000

**目的** 对两种不同检测方法测定 CRP 结果进行比对和偏倚评估,探讨两种不同检测方法测定 CRP 的可比性。

**方法** 选取 40 份住院及门诊患者的血清为待测标本,分别采用罗氏 Co 8000 全自动生化分析仪和国赛特定蛋白分析仪同时进行 CRP 测定并记录结果,对结果进行比对分析和偏倚评估。

**结果** 两种不同检测方法测定 CRP 结果相似,吻和度高,具有良好的相关性( $r=0.999$ )。两种检测方法测定结果均在临床可接受范围。

**结论** 两种检测方法测定 CRP 结果具有良好的相关性和可比性。

## PU-7173

## 基于 PCR 荧光探针法对 HCV 基因分型的研究分析

余娟平,王倩倩,李龙,魏琦,常中宝,袁征,李晓华  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 对丙型肝炎患者 HCV 病毒基因型进行分析,了解 HCV 主要基因型分布情况。

**方法** 采用逆转录聚合酶链反应荧光探针法对本检验所的 397 例血清样本进行 HCV 1b、2a、3a、3b、6a 5 个亚型进行检测,并对结果进行分析。

**结果** 397 例样本中,男性 192 例,女性 205 例,男女比例 1:1.07。检测出 HCV1b、2a、3a、3b、6a 5 个亚型分别为 308 例(77.58%)、70 例(17.63%)、6 例(1.51%)、5 例(1.26%)、8 例(2.02%)。男性和女性均以 HCV1b(76.56%、78.54%)和 2a(16.67%、

18.54) 亚型为主。在检出的 6 例 HCV3a 亚型中, 5 例为男性样本, 5 例 HCV3b 亚型中均为男性样本。

**结论** 本检测所检测的 HCV 基因型的分布特点以 HCV1b、2a 为主。检出的 HCV3a、3b 亚型以男性为主。

## PU-7174

### 不同采血方式对血常规结果的影响

马学斌

解放军总医院第六医学中心

**目的** 比较静脉血血常规与末梢血血常规检验结果的差异,以及不同类型抗凝剂对末梢血血常规检测结果的影响。

**方法** 选取本院健康体检者 30 名, 分别采集其静脉血和末梢血进行血常规检测, 其中静脉血血常规设为观察组, 末梢血又分为液体抗凝剂组(对照 1 组)和干粉抗凝剂组(对照 2 组), 然后对检验结果进行比较和分析。

**结果** 对照 1 组和观察组中各项指标结果差异显著 ( $P < 0.05$ ); 对照 2 组和观察组中 MCV, MCHC 结果无差异 ( $P > 0.05$ ), 但 RBC, WBC, HB, HCT, PLT, MCH 差异显著 ( $P < 0.05$ ); 对照 1 组和对照 2 组中 MCH 结果无差异, 但 RBC, WBC, HB, HCT, PLT, MCV, MCHC 结果差异显著 ( $P < 0.05$ ); 其中对照 2 组的结果更接近于观察组的结果。

**结论** 在临床条件不允许采集静脉血时, 采用标准化的干粉抗凝剂管进行的血常规检测较自配液体抗凝剂管检测结果与静脉血结果符合率更好, 建议用商品化的干粉抗凝剂管取代自配液体抗凝剂管。

## PU-7175

### 西安市灞桥区 2552 例未成年人体内七种元素检测结果分析

李建华<sup>1</sup>, 陶绍辉<sup>1</sup>, 李宁侠<sup>1</sup>, 胡海燕<sup>1</sup>, 袁志敏<sup>2</sup>

1. 西安医学院第二附属医院

2. 陕西省肿瘤医院, 710000

**目的** 了解未成年人体内微量元素(镉、铜、铁、铅、锌)和宏量元素(钙、镁)的水平, 探讨其在不同性别、不同年龄段未成年人群中的分布特点, 对综合防治未成年人体内七种元素缺乏或过多提供科学依据。

**方法** 回顾性分析 2552 例未成年人血液中镉、铜、铁、铅、锌、钙和镁七种元素的检测结果, 按照未成年人生长发育特点分为 8 个年龄组: 0-6 月组(350 例), 6-12 月组(930 例), 1-1.5 岁组(345 例), 1.5-2 岁组(277 例), 2-3 岁组(227 例), 3-6 岁组(226 例), 6-10 岁组(128 例), 10-17 岁组(69 例)。各元素检测采用原子吸收分光光度法, 应用 SPSS18.0 软件对数据进行统计分析。

**结果** (1)各年龄组未成年人体内铜和镁含量异常率很低; 铅和镉的过量病例主要集中于 6 岁以上未成年人。而七种元素中含量异常以钙、铁、锌为主, 呈缺乏和过量并存现象, 但以缺乏为主, 且随年龄增大, 缺乏率和过量率均呈下降态势, 但在 0-6 月组婴幼儿, 三者缺乏明显。(2)各年龄组未成年人体内血镁含量没有显著差异 ( $P > 0.05$ ), 而铁、锌、钙、铅、镉、铜水平差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。其中铅、镉、铁、锌随着年龄增大而升高, 而钙、铜随着年龄增大而降低。(3)镉、镁、锌元素在未成年人群体内含量无性别差异 ( $P > 0.05$ ); 在男性体内铜、铁、铅元素含量较女性高 ( $P < 0.05$ ), 而钙元素含量较女性低 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 镉、铜、铁、铅、锌、钙和镁七种元素失衡在未成年人群中普遍存在,该年龄段人群尤其婴幼儿应定期到医疗机构进行元素检测,必要时采取强化干预措施。

## PU-7176

### 临床检测中 APTT 缩短和/或 DD 升高的结果分析

马学斌

解放军总医院第六医学中心

**目的** 对临床检测中 APTT 实践缩短和或 DD 升高样本进行分析,探讨非疾病因素在检测结果准确性中的影响。

**方法** 收集本院检验科 2015 年 8 月至 2016 年 9 月间,凝血检测中因 APTT 缩短而重新抽血复检的样本和结果,根据 APTT 时间恢复的程度分为两组,对其 PT, INR, FIB, APTT 的检测结果进行分析,探讨影响凝血检测结果的疾病因素及非疾病因素,为提高检测的准确性提供指导。

**结果** APTT 结果恢复组和未恢复组结果比较,两组样本 PT、INR、FIB 前后两侧检测结果均无显著性差异( $P>0.05$ ), APTT 检测结果恢复组第二次检测结果显著高于第一次检测结果,两次结果差异显著( $p<0.05$ ),未恢复组两次检测结果之间没有显著性差异( $p>0.05$ )。DD 检测结果恢复组两次差异具有显著性( $p<0.05$ ),未恢复组差异不具显著性( $p>0.05$ )。

**结论** 采血的不当会引起 APTT 的显著缩短和 DD 的显著升高,是由于采血过程不顺畅激活了内源性凝血程序的启动,引起实际检测到的 APTT 时间缩短,由于凝血过程的启动导致 DD 二聚体形成增加,导致假性的 DD 升高。因此对于凝血检测项目的血液采集必须严格按照标准操作规程。采血要求一针见血,全血与抗凝剂比例严格的 9:1,采血后轻轻颠倒混匀,不可剧烈震荡,如果可能在静脉采血时将凝血管放在第二管采集。离心条件严格按照标准要求获得乏血小板血浆后进行上机检测。

## PU-7177

### 基于突变扩增系统检测的 129 例 EGFR 基因突变结果分析

余娟平,蔡维文,王一晨,李志强,魏琦,常中宝,袁征,李晓华

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 分析 EGFR 基因突变类型,为 EGFR 基因检测及靶向治疗提供指导依据。

**方法** 采用突变扩增系统(ARMS-PCR)法对 129 份肺癌组织样本进行 EGFR 基因检测,检测涵盖 Exon18 (G719X)、Exon20 (S768I)、Exon20 (T790M)、Exon21 (L858R)、Exon21 (L861Q)、Exon19 (DEL 19)、Exon20 (INS 20)7 个位点。

**结果** 129 例样本中,检测出 EGFR 基因突变 74 例,阳性率为 57.36%。其中男性阳性率为 41.10% (30/73),女性阳性率为 72.13% (44/61)。74 例 EGFR 突变阳性病例中,Exon21 (L858R)占 52.70% (39/74),Exon19 (DEL19)占 33.78% (25/74)。5 例检测结果为双突变阳性,其中 3 例为 Exon21 (L858R)与 Exon20 (T790M)双阳性。

**结论** EGFR 基因突变以 Exon21 (L858R)和 Exon19 (DEL19)为主,女性 EGFR 突变率高于男性。

## PU-7178

## 凝血检测离心条件的验证及优化

马学斌

解放军总医院第六医学中心

**目的** 验证本中心凝血标本测定前所用离心条件是否符合国家标准化要求。探讨若遇紧急标本时提高离心力缩短离心时间得到的凝血结果是否具有准确性。

**方法** 收集既往无出血及血栓性疾病，无心、肝、肾、肺、肿瘤和血液病史的基本健康的既做血常规又做凝血的标本共 60 例，根据血常规中血小板数量将其分为高中低三组，分别在标准 2768r/min(RCF 1500g)离心 15min、3000r/min(RCF 1760g)离心 10min 和 3574r/min(RCF 2500g)离心 5min 三种不同条件下对标本离心。用 ACL TOP 700 全自动凝血分析仪检测在以上三种不同离心条件下凝血三项的结果，同时用 XE-2100 全自动血液分析仪检测在三种不同的离心条件下得到的乏血小板血浆中血小板的数量。

**结果** 高中低三组凝血标本离心后获得的乏血小板血浆中含血小板的数量符合国际标准化要求；三种不同离心条件下离心得到的凝血标本分别测定的凝血三项的结果之间没有显著性差异 ( $P>0.05$ )。

**结论** 中心目前所用的离心条件满足国家的标准要求和医院的临床需求。若遇到紧急标本则可以使用 3574r/min(RCF 2500g)离心 5min 以达到快速向临床提供准确检验结果的目的，具有较高的临床应用价值。

## PU-7179

健康体检人群血清胃蛋白酶原 I、胃蛋白酶原 II、  
胃泌素-17 检测结果分析

余娟平,张敏,常中宝,袁征,魏琦,李晓华

合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 了解安徽地区不同性别、不同年龄段健康人群血清胃功能各项指标的差异，对胃部健康的干预措施提供依据。

**方法** 选取在本检验所进行血清胃功能检查的 4421 例健康体检人群作为研究对象，应用酶联免疫法 (ELISA) 检测并分析其血清中胃蛋白酶原 I (PG I)、胃蛋白酶原 II (PG II)、胃泌素-17 (G-17) 在不同性别、不同年龄段 ( $\leq 20$  岁、21-30 岁、31-40 岁、41-50 岁、51-60 岁、61-70 岁、 $>70$  岁) 中的差异，胃蛋白酶原 I (PG I) 正常范围为 70.00-165.00 ug/L、胃蛋白酶原 II (PG II) 正常范围为 3.00-15.00 ug/L、胃泌素-17 (G-17) 正常范围为 1.00-15.00 pmol/L。

**结果** 4421 例健康体检人群中，男性 3245 例，女性 1176 例。男性 PG I、PG II、G-17 血清水平均值分别为 114.67 ug/L、10.71ug/L、3.72pmol/L；女性血清水平均值分别为 103.04 ug/L、10.89ug/L、5.78pmol/L；男性 PG I 平均水平高于女性，G-17 低于女性。不同年龄段 PG I ( $P<0.05$ )、PG II ( $P<0.05$ )、G-17 ( $P<0.05$ ) 平均水平差异具有统计学意义，男女人群中，PG I、PG II、G-17 平均水平均随年龄的增长而增高。

**结论** 男性人群胃部疾病风险高于女性，胃部疾病风险随年龄的增长而增加。安徽地区是胃癌高发区域，应重视胃部健康检查。

## PU-7180

## 白细胞介素-6、降钙素原和 D-二聚体联合检测 在慢性阻塞性肺疾病急性加重期细菌感染患者中的表达及与预后的相关性研究

李建华<sup>1</sup>, 李宁侠<sup>1</sup>, 姜海迪<sup>2</sup>, 杨军平<sup>3</sup>, 马海东<sup>3</sup>, 陶绍辉<sup>1</sup>

1. 西安医学院第二附属医院

2. 兰州市第一人民医院

3. 定西市人民医院

**目的** 探讨白细胞介素-6(IL-6)、降钙素原(PCT)和 D-二聚体(D-dimer)联合检测在慢性阻塞性肺疾病(COPD)急性加重期细菌感染患者中的表达及与预后的相关性。

**方法** 选取 2017 年 5 月-2018 年 5 月我院收治 COPD 急性加重期细菌感染患者 54 例作为研究 A 组, 普通 COPD 患者 54 例为研究 B 组, 并选取同期来我院健康体检的健康人 54 人作为对照组。

**结果** 研究 B 组 PCT、IL-6 以及 D-dimer 高于对照组以及研究 A 组 ( $P < 0.05$ ), 研究 A 组 PCT、IL-6 以及 D-dimer 高于对照组 ( $P < 0.05$ ); 治疗前 PCT、IL-6 以及 D-dimer 高于治疗后 ( $P < 0.05$ ); 治疗后肺功能 FVC、FEV1、MMEF 以及 PEF 均高于治疗前 ( $P < 0.05$ ); 治疗后 PaO<sub>2</sub>、SaO<sub>2</sub> 明显高于治疗前 ( $P < 0.05$ ), 治疗后 PaCO<sub>2</sub> 指数明显低于治疗前 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 在 COPD 急性加重期细菌感染患者中 PCT、IL-6 以及 D-dimer 水平会明显升高, 通过治疗可降低其水平表达, 提升患者肺功能以及血气分析指数, 改善预后。

## PU-7181

## FACSCalibur 检测外周血淋巴细胞亚群的性能验证

吴伟民

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 对人外周血淋巴细胞亚群(T 细胞、Th 细胞、Ts 细胞、NK 细胞、B 细胞)检测项目做方法学性能评价。

**方法** 参考美国临床实验室标准化协会 (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI) 和美国临床实验室标准化委员会 (National Committee for Clinical Laboratory Standards, NCCLS) 发布的文件所提供的方法, 在 BD FACSCalibur 流式细胞仪上对外周血淋巴细胞亚群检测的精密度、线性范围、参考区间进行验证。评价进行鞘液冲洗前后携带污染率的大小, 并评价荧光标记的单克隆抗体染色后三天内检测结果的稳定性。按照方法学比对的要求, 将 BD FACSCalibur 与 BD FACSCanto II 检测外周血淋巴细胞亚群项目的结果进行比对。

**结果** BD 提供的 FACSCalibur 流式细胞仪淋巴细胞亚群分析的精密度、线性范围参数得到了本临床实验室的验证; FACSCalibur 流式细胞仪检测结果与 FACSCanto II 流式细胞仪相关性良好 ( $R^2 > 0.975$ ); BD 引用的成年人外周血淋巴细胞亚群参考区间也适用于本实验室; 进行鞘液冲洗后仪器的携带污染率符合相关要求; 标本细胞染色处理后三天内结果没有显著差异 ( $P > 0.05$ )。

**结论** BD FACSCalibur 流式细胞仪检测系统能够达到检测要求, 检测外周血淋巴细胞亚群百分比和绝对计数结果均准确可靠, 可以达到临床需求。本研究采用的方案对于流式细胞仪上其他项目的性能验证有一定的指导意义。



PU-7182

## 新时代医学检验工作者面临的新挑战

李建华

西安医学院第二附属医院

近十年,医疗卫生行业发展强劲,在信息产业的推动下,医学检验行业终将迈向智慧化检验的快车道。然而发展过程中也呈现或积聚了诸多安全挑战,本文从五个角度对新时代医学检验工作者面临的新挑战进行了剖析。

PU-7183

## 年龄、性别及生活方式等对湖南成人血清 IgG 亚型浓度的影响

任亚萍

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨年龄、性别及生活方式等因素对湖南成年人血清 IgG 亚型的浓度的影响。

**方法** 随机选择 170 例体检者,运用免疫散射比浊法测定血清 IgG1、IgG2、IgG3 和 IgG4 浓度。

**结果** 血清 IgG1、IgG2、IgG3 和 IgG4 浓度中位数分别为 7.32g/L、3.99 g/L、0.49 g/L、0.53 g/L;血清 IgG1/IgG、IgG2/IgG、IgG3/IgG 和 IgG4/IgG 中位数分别为 61.05%、33.38%、3.97%、4.44%。性别对于血清 IgG3 浓度及 IgG3/IgG 比值的差异有统计学意义 ( $P<0.01$ );性别在 IgG1、IgG2、IgG4 及 IgG1/IgG、IgG2/IgG、IgG4/IgG 的差异无统计学意义。41-50 岁组血清 IgG3 浓度显著高于 18-30 岁组 ( $P<0.05$ ),而年龄对于血清 IgG1、IgG2 和 IgG4 的浓度影响无统计学意义。随着吸烟的严重程度增加血清 IgG1 的浓度在不断降低且差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ),重度吸烟的个体其血清 IgG4 的浓度比不吸烟的个体升高 ( $P<0.05$ )。饮酒及代谢综合征对血清 IgG 亚型浓度的影响无统计学意义。

**结论** 性别和年龄对于血清 IgG3 浓度的影响是有显著意义的,血清 IgG1 的浓度与吸烟的严重程度呈负相关。需要进一步的研究来确认饮酒,肥胖和代谢综合征等常见因素对血清 IgG 亚型浓度的潜在影响。

PU-7184

## 空肠/结肠弯曲菌流行病学及耐药情况分析

杨静

首都医科大学附属北京同仁医院,100000

**目的** 了解北京地区肠道门诊腹泻就诊患者中空肠/结肠的病原学及其耐药特征

**方法** 采集首都医科大学附属北京同仁医院、普仁医院及密云医院 2018 年 4 月至 2019 年 3 月肠道门诊腹泻患者粪便标本 2062 例,应用荧光定量 PCR 法测定空弯/结肠检出率,后将分子检测阳性的标本进行双孔滤膜法,于微需氧环境下培养,MODI TOF-MS 鉴定空肠/结肠弯曲菌,比较两者检出差异;分别采用 KB 法和 MIC 法进行药物敏感试验;结合病例信息进行流行病学数据分析,应用 SPSS 22.0 统计分析。

**结果** 空肠/结肠分子检测阳性率为 8.15% (168/2062),空肠弯曲菌阳性率 6.98% (144/2062),结肠弯曲菌阳性率 1.16% (24/2062),双孔滤膜法培养阳性率为 5.04% (104/2062),空肠弯曲菌培养阳性率 4.17% (86/2062),结肠弯曲菌培养阳性率 0.87 (18/2062);在季节分布上,空

肠/结肠弯曲菌全年检出率无明显差异。空肠/结肠弯曲菌发病年龄与检出率：18~44 岁阳性检出率最高，达 10.4%（114/1099），其次为 45~74 岁，为 6.0%（37/618），≥75 岁年龄段的检出率最低，为 3.8%（5/132）。对 104 株空肠/结肠弯曲菌应用 KB 法及 MIC 法进行药敏试验，两种药敏试验方法结果基本一致，差异无统计学意义。其中喹诺酮类抗生素（环丙沙星、左氧氟沙星）和头孢菌素类抗生素（头孢曲松、头孢噻肟）耐药率最高，达 95%以上，对大环内酯类抗生素（红霉素、阿奇霉素）、克林霉素、庆大霉素耐药率均低于 15.0%，未出现亚胺培南耐药株。

**结论** 空肠/结肠弯曲菌是北京重要的腹泻病原菌，检出率高于其他许多熟知的腹泻病原菌，应重视其检出；空肠/结肠弯曲菌对肠道常用抗生素耐药率高，应加强对抗生素的合理使用，监管规范用药。

## PU-7185

### LINC0095 and HOXC13 Function as Key Candidate Biomarkers in Nasopharyngeal Carcinoma by Integrated Bioinformatic Analysis

孔凡虹

深圳市第五人民医院深圳市罗湖人民医院,518000

**目的** Nasopharyngeal carcinoma (NPC) is a malignancy with remarkable difference in region distributions, which is of high incidence in the Southeast Asia, the Arctic region, and the North Africa, especially in the Guangdong Province in Southern China. The present study mainly aimed to investigate early candidate biomarkers of NPC.

**方法** The RNA sequencing data of 141 NPC samples and 44 normal controls was downloaded from The Cancer Genome Atlas. Differential expression genes (DEGs) of both lncRNA, mRNA and miRNA were conducted. A lncRNA-miRNA-mRNA ceRNA network was conducted using miRanda and Targetscan tools. Upregulated genes with fold change>2.0 in the ceRNA network were chosen for cell line validation.

**结果** With a criterion of fold change>2.0 and  $p<0.05$ , 79 NPC-associated abnormally expressed lncRNAs, 86 abnormally expressed miRNAs and 324 abnormally expressed mRNAs were identified. PCR of NPC cell line shows that among all of the upregulated genes in the ceRNA network, LINC0095 and HOXC13 have higher expression than normal nasopharynx cell line.

**结论** LINC0095 and HOXC13 may function as key candidate biomarkers in NPC.

## PU-7186

### 非霍奇金淋巴瘤患者骨髓浸润的诊断及价值分析

张艳如

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 了解骨髓检查在非霍奇金淋巴瘤（NHL）骨髓浸润诊断中的价值；分析骨髓浸润与 NHL 其他临床特征的相关性，与 NHL 中期疗效的关系；探讨 NHL 的预后影响因素，判断骨髓浸润是否影响预后。

**方法** 对 74 例初次诊断为非霍奇金淋巴瘤患者的骨髓细胞学，骨髓病理学，PET/CT 检查及三者联合检查的诊断效能进行分析；相关分析判断骨髓浸润与 NHL 其他临床特征的关系， $\chi^2$  检验分析骨髓浸润与 NHL 中期疗效的关系；利用生存分析探讨 NHL 的预后影响因素，判断骨髓浸润是否影响预后。

**结果** 74 例 NHL 患者中有 22 例出现骨髓浸润, 其中骨髓细胞学检出 19 例, 骨髓病理学检出 13 例 (4 例未做此项检查), PET/CT 检出 6 例 (4 例未做此项检查), 三者联合检出 22 例, 联合检测的 Younden 指数最大; 骨髓浸润与 B 症状, IPI 评分弱相关( $P=0.012, 0.007, r=0.290, 0.311$ ), 与临床分期中度相关 ( $P=0.000, r=0.731$ ); 与中期疗效弱相关 ( $P=0.007<0.05, r=0.306$ ); COX 多因素回归分析显示 NHL 类型, 分期, LDH 水平, IPI 评分及中期疗效不是 PFS 及 OS 的独立危险因素, 骨髓浸润不是预后的独立影响因素 ( $P=0.771>0.05$ )。

**结论** 骨髓细胞学, 骨髓病理学, PET/CT 三者联合诊断 NHL 骨髓浸润价值最大; 骨髓浸润与中期疗效相关, 应重视 NHL 患者化疗前骨髓浸润的诊断, 有助于预测中期疗效; 骨髓浸润不是 NHL 预后影响因素, 骨髓浸润 (Ann Arbor 分期 IV 期) 患者, 也应积极治疗, 延长生存时间。

PU-7187

## 血液分析仪高荧光细胞检测对胸腔积液良恶性判别作用的探讨

浣西莎

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 探讨 Sysmex XN-20 血液分析仪体液模式高荧光细胞检测对胸腔积液良恶性判别的作用。

**方法** 收集 2016 年 11 月到 2017 年 4 月中南大学湘雅二医院住院及门诊疑似肿瘤患者的胸水标本 68 例, 采用 XN-20 体液模式进行检测, 测定并记录其高荧光细胞绝对值 (HF-BF#)、高荧光细胞比率 (HF-BF%)、NEUT%、LYMPH%、MONO% 分类、同时收集 LDH、ADA 生化指标检测结果, 通过运用受试者工作特征 (receiver operating characteristic, ROC) 曲线及 Logistic 回归模型, 分析评价 HF-BF# 及 HF-BF% 等研究参数对胸腔积液良恶性判别的灵敏度、特异性, 探讨多指标检测在良、恶性积液判别中的诊断效能。

**结果** 良、恶性胸腔积液组间 NEUT%、LYMPH%、MONO% 差别均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。恶性积液组 HF-BF#、HF-BF%、LDH、ADA 生化指标明显高于良性肿瘤患者组 ( $P < 0.05$ )。ROC 曲线分析显示高荧光细胞数量及 LDH 对区分胸腔积液良恶性的具有一定的诊断价值。利用高荧光细胞数量绝对值及 LDH 水平建立 Logistic 回归模型, 模型为:  $y = 0.001(LDH) + 0.089(HF-BF\#) - 2.47$ 。对回归模型做 ROC 曲线分析, ROC 曲线分析曲线下面积 (AUC) 为 0.818 (0.636, 1.000),  $P < 0.05$ , 预测概率临界值为 0.543 时, 灵敏度 63.6%, 特异性为 1, 该模型与单独测定 HF-BF# 或 LDH 指标水平相比, 具有更高的敏感度和特异性, 在胸腔积液的良恶性诊断中具有更好的诊断作用。

**结论** 胸腔积液高荧光细胞检验对判断积液良、恶性有一定的实用价值。

PU-7188

## 血清异常凝血酶原在原发性肝癌中的临床诊断价值

吴佳丽

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 探讨血清异常凝血酶原 (PIVKA-II) 在原发性肝癌 (HCC) 中诊断的临床价值。

**方法** 利用化学发光法检测 HCC 患者 143 例、肝硬化患者 43 例、慢性乙型肝炎患者 37 例、体检健康者 51 例的血清 PIVKA-II 水平; 分析血清 PIVKA-II 与 AFP 水平、肿瘤直径的大小、肿瘤细胞的分化程度及 BCLC 肝细胞癌分期的相关性。

**结果** HCC 组血清 PIVKA-II 水平均显著高于肝硬化组、慢性乙型肝炎组和健康对照组 ( $P < 0.05$ ); HCC 组血清 AFP 水平均显著高于肝硬化组和健康对照组 ( $P < 0.05$ ), 但与慢性乙型肝炎组差异无统

计学意义；PIVKA-II 的敏感性，特异性，阳性预测值，阴性预测值及 ROC 曲线下面积均高于 AFP，且两指标的联合诊断提高了对 HCC 诊断效能；血清 PIVKA-II 和 AFP 水平随肿瘤大小、肿瘤细胞的分化程度和 BCLC 肝细胞癌分期的增高而升高( $P<0.05$ )。血清 PIVKA-II 和 AFP 水平在全部标本和原发性肝细胞癌标本中两者无相关性，与 AFP 有良好的诊断互补作用。

**结论** 血清 PIVKA-II 在 HCC 诊断方面具有较高的临床价值，与 AFP 联合检测可提高对 HCC 诊断效能。

## PU-7189

### 原发性干燥综合征患者杀菌通透性增强蛋白抗体的表达及其与肺损害的关系

武艳瑶,罗静

山西医科大学第二医院,030000

**目的** 抗杀菌通透性增强蛋白抗体(BPI-ANCA)是一种常见的自身抗体，常见于自身免疫性疾病（系统性红斑狼疮、类风湿关节炎等）和肺囊性纤维化、肺间质性疾病等肺部疾病中。很少有研究报道 BPI-ANCA 与原发性干燥综合征(pSS)患者肺受累的关系。在这项研究中，我们调查了 BPI-ANCA 在原发性干燥综合征患者中与肺受累的关系。

**方法** 收集了从 2014 年 12 月至 2018 年 12 月在山西医科大学第二附属医院风湿科确诊的 pSS 共 70 例住院患者(女 65 例，男 5 例，女:男比例 13:1)，所有患者均符合 2002 年欧美修订分类标准的要求。根据患者有无肺受累分为两组，一组有 25 例肺受累，另一组有 45 例无肺受累。比较肺受累组与无肺受累组的临床表现及血清学资料,并且采用斯皮尔曼等级相关系数分析确定两组患者血清中 BPI-ANCA 可能与这些患者的一些临床表现、血清学指标的相关性。

**结果** 1，血清中 BPI-ANCA 阳性更可能发生在肺受累组中( $P<0.001$ )，且本组患者年龄普遍偏大，更容易感到疲劳( $P=0.04$ )。

2，与无肺受累的 pSS 患者相比，原发性干燥综合征疾病活动指数(ESSDAI) ( $P<0.001$ )和 C 反应蛋白(CRP)水平( $P=0.038$ )偏高，而肺受累时白蛋白(Alb)浓度较低( $P=0.001$ )。

3，肺受累组血沉(ESR) ( $P=0.217$ )、IgG( $P=0.603$ )水平也较高，但差异无统计学意义。

4，BPI-ANCA 与 ESSDAI、年龄、CRP 呈正相关，与 Alb 呈负相关。

**结论** 通过研究分析，我们的结果表明血清 BPI-ANCA 阳性可能与 pSS 患者的肺受累有关。

BPI-ANCA 可能参与了 pSS 患者的慢性炎症状态，特别是肺部受累的过程。对 pSS 患者进行肺部受累的评估筛查，不仅有助于控制 pSS 疾病本身的活动，而且还能改善患者的预后。

## PU-7190

### Rta-IgG 联合其他 EB 病毒抗体检测对湖南地区鼻咽癌的诊断价值研究

唐浩能

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨湖南地区 EB 病毒 Rta-IgG 抗体、VCA-IgA 抗体、EA-IgA 抗体检测对鼻咽癌筛查和诊断的临床价值。

**方法** 收集因鼻咽部相关症状就诊且高度怀疑鼻咽癌的初诊患者血清 170 例作为疑似病例组（经病理确诊鼻咽癌的患者 53 例）；收集健康人群共 213 名作为健康对照组；收集已确诊鼻咽癌且经过

治疗的患者血清 104 例作为治疗组。3 组均用酶联免疫吸附试验法 (ELISA) 定量检测血清中 Rta-IgG、VCA-IgA 和 EA-IgA 的抗体水平, 并分析评价各指标在鼻咽癌诊断中的价值。

**结果** EB 病毒 Rta-IgG、VCA-IgA 和 EA-IgA 抗体敏感度分别为 81.13%、92.45%、75.47%, 特异度分别为 94.55%、96.67%、96.36%, VCA-IgA 的灵敏度、特异度、阴性预测值 (98.76%)、阳性预测值 (81.67%) 及约登指数 (0.891) 均为最高; 联合检测 Rta-IgG、VCA-IgA 和 EA-IgA 将鼻咽癌诊断的敏感度和特异度提高至 98.11% 和 99.70%, 阳性预测值提高至 97.14%。治疗组 Rta-IgG 和 VCA-IgA 的抗体吸光度水平较于初诊鼻咽癌组有显著降低, 而三种抗体阳性率在治疗组和非治疗组的变化无显著性差异。三种抗体阳性率均与 TNM 分期及临床分期无关。

**结论** VCA-IgA 抗体对于湖南地区鼻咽癌诊断效能最高, Rta-IgG、VCA-IgA 和 EA-IgA 三者联合检测能有效提高灵敏度、特异度及阳性预测值, 对鼻咽癌的筛查和诊断有极大帮助。三种抗体的定性检测尚不能评价治疗效果。

## PU-7191

### 不同妊娠时期铁代谢水平的变化

项忠元

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 检测、探讨健康孕妇不同妊娠时期血清铁代谢指标——铁蛋白 (serum ferritin, SF)、血清铁 (serum iron, SI)、总铁结合力 (total iron binding capacity, TIBC)、不饱和铁结合力 (unsaturated iron binding capacity, UIBC) 以及转铁蛋白饱和度 (transferrin saturation, TS) 水平的变化。

**方法** 选取 90 例健康妊娠期女性, 按其妊娠时期的不同分为: 早孕组 30 人 (29.5±7.6 岁)、中孕组 30 人 (28.7±9.2 岁)、晚孕组 30 人 (30.5±9.5 岁)。采用电化学免疫发光法测定各组血清铁蛋白水平, 红菲绕啉二磺酸二钠盐显色法检测血清铁和不饱和铁结合力, 并计算出总铁结合力和转铁蛋白饱和度。对结果进行统计分析。

**结果** 血清铁蛋白 (ng/mL) 水平在各妊娠期的结果为: 77.38±46.1、68.14±40.0、29.3±21.8; 血清铁 (μmol/L) 为: 21.1±6.3、20.96±4.44、15.39±7.2; 不饱和铁结合力 (μmol/L): 30.6±10.4、34.9±7.85、57.43±20.9; 总铁结合力 (μmol/L): 51.73±8.7、55.86±6.7、74.75±17.8; 转铁蛋白饱和度 (%) 为: 41.7±12.9、38.0±9.16、24.2±15.4。健康妊娠期内女性血清铁蛋白、血清铁、不饱和铁结合力、总铁结合力以及转铁蛋白饱和度晚期均与早中期有显著差异, 早中期两组间无显著差异。

**结论** 妊娠期女性血清铁蛋白以及血清铁水平随妊娠周期逐渐降低, 总铁结合力、不饱和铁结合力以及转铁蛋白饱和度呈逐渐增高趋势。

## PU-7192

### IFI44L 基因在系统性红斑狼疮发病中的作用和分子机制的研究

项忠元

中南大学湘雅二医院, 410000

**目的** 探讨 IFI44L 基因在 SLE 中的表达水平和 IFI44L 表达改变后对 SLE 发病的作用和分子机制。

**方法** RT-PCR 和 Western Blot 检测 SLE 患者和正常人、IFN-α 和 SLE 血清刺激后外周血单个核细胞 (PBMC) 中 IFI44L 的表达。重亚硫酸盐转化和焦磷酸测序的方法检测 IFI44L 基因启动子区两个位点 (site 1: 79,085,222 in Chr. 1 and site 2: 79,085,250 in Chr. 1) 甲基化水平。分别利用过表达质粒

和 siRNA 改变 IFI44L 的表达, 检测 IFI44L 表达改变后 TBK1/IRF3 信号通路和下游炎性细胞因子的水平。

**结果** 与对照组相比 SLE 患者 PBMC 中 IFI44L mRNA 和蛋白表达升高( $p<0.05$ )。与 IFN- $\alpha$  刺激相比或 SLE 血清刺激 6 例正常人 PBMC 后, IFI44L mRNA 和蛋白表达水平升高( $p<0.05$ )。SLE PBMC 中 IFI44L 基因启动子区两个位点甲基化水平降低( $p<0.01$ )。正常 PBMC 转染 IFI44L 质粒的后 TBK1, IRF3 mRNA 表达升高, 细胞培养液上清中 TNF- $\alpha$ , CCL5, IFN- $\beta$  表达升高( $p<0.05$ ); 6 例转染 IFI44L siRNA 的正常 PBMC 中 TBK1, IRF3, STING mRNA 表达降低, 细胞培养液上清中 TNF- $\alpha$ , CCL5, IFN- $\beta$  表达降低( $p<0.05$ )。

**结论** SLE 患者 PBMC 中 IFI44L 基因启动子区低甲基化引起 IFI44L 表达升高; IFI44L 表达升高后通过促进 TBK1/IRF3 信号通路和下游炎性细胞因子的表达共同参与 SLE 的发生和发展。

## PU-7193

# The combination of Neutrophil Lymphocyte Ratio and High Sensitivity C Reactive Protein Levels Improved Predicting Angiographically-Detected Coronary Artery Disease

Yuanqing Yang

Department of Laboratory Medicine, The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** Coronary artery disease (CAD) is a chronic and progressive disease. The previous studies indicated that high-sensitive C-reactive protein and neutrophil lymphocyte ratio are closely related to CAD. This study combined neutrophil lymphocyte ratio and high sensitivity C reactive protein levels, improving the performance of diagnosing angiographically-detected coronary artery disease.

**Methods** 421 patients, who had undergone coronary angiography, were enrolled and classified into CAD group and control group. CAD group was divided into stable coronary artery disease (including 107 patients) and acute coronary syndrome (including 206 patients). The control group consisted of 108 patients who had normal coronary artery. The levels of hsCRP and NLR were measured in all groups and the correlation between the aforementioned two parameters and CAD was analyzed.

**Results** The levels of NLR and hsCRP were significantly higher in CAD group than normal-stenosis group. Significantly higher hsCRP and NLR in ACS group than SCAD group were also observed. The combination of the two parameters revealed a sensitivity of 81% and specificity of 55% (AUC = 0.656, 95% confidence interval [CI] 0.598 to 0.714;  $p < 0.001$ ) for the detection and prediction of CAD.

**Conclusions** Both NLR and hsCRP can be independently used as a novel inflammation-based marker in predicting CAD. Our study indicated that the combination of NLR and hsCRP can be used to improve the performance of and it could be able to play a better role in the diagnosis of coronary heart disease combining the two parameters.

## PU-7194

# 医院检验科不合格标本的原因分析及对策

王秋艳

延安市人民医院, 716000

**目的** 为了解我科检验不合格标本的原因, 提高分析前质量控制水平, 对 2004-2007 年标本按不同目的、类别进行统计分析。结果, 统计发现血液标本和胸腹水标本的不合格比率较大, 其中血液标

本溶血和标本凝固占不合格标本比率达 71.18%，并逐年下降。溶血和标本凝固是标本不合格的主要原因，加强对血液标本的采集和处理可提高分析前质量控制水平。

**方法** 统计学

**结果** 尿液和粪便不合格率差异无统计学意义( $P>0.05$ )；而血液和胸腹水与尿液和粪便的不合格率比较，差异有统计学意义( $P<0.05$ )，提示不合格标本主要出现在血液和胸腹水标本中，因此应加强对这两类标本采集和处理方面的学习和培训。

**结论** 检验科应通过各种方式加强医患沟通，特别是与临床科室的医护沟通，确保采集标本的准确性，使不合格标本的百分率降到最低点，提高分析前质量控制水平，为临床提供准确、及时、可靠的诊断依据。

## PU-7195

### D-二聚体联合肺癌肿瘤标志物的检测在肺结节诊断中的价值

于文俊,吴传勇,赵越薇,曹志伟,姜加陶  
上海市胸科医院检验科

**目的** 随着低剂量螺旋计算机断层扫描 (computed tomography, CT) 的普及，越来越多的肺结节被早期发现并进行治疗，由于 LDCT 的高灵敏度导致过高的假阳性率。肺癌肿瘤标志物 (CEA、CYF211、NSE、CA125、SCC) 虽然应用于早期肺癌的辅助诊断，但由于其对肺结节诊断的特异性和敏感度只有 70% 左右，诊断肺结节有一定局限性。肿瘤细胞会释放各种促凝物质导致机体处于高凝状态从而导致 D-二聚体释放增多。本研究旨在分析 D-二聚体和肺癌肿瘤标志物联合检测可提高诊断肺结节的灵敏度和特异性，从而探讨 D-二聚体联合肺癌肿瘤标志物检测用于肺结节诊断的临床价值。

**方法** 回顾性分析 300 例肺结节患者资料，使用 Kruskal-Wallis 检验、绘制受试者操作特征曲线 (receiver operator characteristic curve, ROC) 等统计学方法分析患者 D-二聚体、肺癌肿瘤标志物 (CEA、CYF211、NSE、CA125、SCC) 的诊断灵敏度和诊断特异性。

**结果** 经病理诊断发现 300 例肺结节手术患者中 275 例肺癌患者，25 例肺部良性疾病患者，肺癌患者的 D-二聚体表达浓度显著高于肺部良性疾病患者的浓度 ( $P<0.05$ )，诊断灵敏度为 72%，诊断特异性为 75%；肺癌患者的肺癌肿瘤标志物 (CEA、CYF211、NSE、CA125、SCC) 的浓度显著高于肺部良性疾病患者的浓度 ( $P<0.05$ )，诊断灵敏度为 69%，诊断特异性为 72%；联合 D-二聚体和肺癌肿瘤标志物的诊断灵敏度为 85%，诊断特异性为 89%。

**结论** D-二聚体联合肺癌肿瘤标志物的检测可提高诊断肺结节的诊断灵敏度和特异性，对诊断肺结节有重要的临床意义。

## PU-7196

### The effect of estrogen on OGT and other related biochemical indexes in normal mice

Jingjing Tian  
The Second Xiangya Hospital, Central South University

**Objective** To detect serum osteoprotegerin (OPG) level on estrogen-injected mice and other related biochemical indexes to judge the effect of estrogen on bone metabolism.

**Methods** 42 normal female ICR mice of 4-6 weeks were divided into seven groups from A to G, six in each group. Group G was the control group, and the rest six groups of mice were injected with estrogen on the first day. Eye blood from mice in group A were collected on the day of

injection, and separated serum were stored at  $-20^{\circ}\text{C}$  for preservation. Mice from group B, group C, group D, group E and group F were executed in the same way on the third, fourth, seventh, fourteenth and twenty-first days for serum, respectively. ELISA test was performed to determine the OPG value of all groups. Afterwards, related biochemical indexes were measured using Abott 8000 Analyser, including serum ammonia acyl transpeptidase (GGT), alkaline phosphatase (ALP), transaminase (ALT), aspartate aminotransferase (AST), blood urea nitrogen (BUN), creatinine (CREA), uric acid (UA), calcium (CA), phosphorus (P) and magnesium (MG) level. Correlation analysis was also performed on significantly changed indexes.

**Results** The level of serum ammonia acyl transpeptidase (GGT) and alkaline phosphatase (ALP) was significantly higher than the control group, with a significant difference ( $P < 0.05$ ). Between which, GGT was significantly different between each experimental group and the control group ( $p=0.000$ ), while ALP level was significantly different between control group and group A, B and C ( $P=0.036, 0.008, 0.022$ , respectively,  $p < 0.05$ ). However, other indexes including alanine aminotransferase (ALT), aspartate aminotransferase (AST), blood urea nitrogen (BUN), creatinine (CREA), uric acid (UA), calcium (CA), phosphorus (P) and magnesium (MG) showed no significant difference ( $P > 0.05$ ). The ELISA test showed that OPG level from group A, B and C were significantly elevated ( $P=0.000, 0.000, 0.017$ ,  $p < 0.05$ ) with the other groups showing no obvious difference. Correlation analysis revealed a good correlation between OPG and ALP.

**Conclusions** The serum OPG, GGT and ALP level were elevated in a short period of time after estrogen injection, indicating a change in bone metabolism in normal mice.

## PU-7197

### 妊娠期间动态监测 $\beta_2$ -微球蛋白的临床意义初探

蒋理

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院），210000

**目的** 阐述妊娠期间监测  $\beta_2$ -微球蛋白（ $\beta_2$ -microglobulin,  $\beta_2$ -MG）的临床意义。

**方法** 阐述妊娠高血压疾病发病危险因素，高血压对肾脏功能的影响， $\beta_2$ -微球蛋白在妊娠高血压疾病诊断和治疗中的价值。

**结果** 血、尿  $\beta_2$ -MG 测定能有效了解肾小球和肾小管功能的实际情况。

**结论** 妊娠高血压患者早期检测  $\beta_2$ -微球蛋白，对于妊娠高血压患者可做到早期预防控制肾脏损伤或者恶化。

## PU-7198

### 淋巴细胞联合铁蛋白对成人斯蒂尔病和脓毒症 的鉴别价值

周军

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院），210000

**目的** 探讨淋巴细胞联合铁蛋白对成人斯蒂尔病和脓毒症的鉴别价值。

**方法** 纳入 55 例成人斯蒂尔病患者及 46 例脓毒症患者为研究对象。应用 SYSMEX 全自动血细胞分析仪 XE-2100 检测淋巴细胞，罗氏 cobas 6000 生化免疫分析仪检测铁蛋白，分析淋巴细胞和铁蛋白在两组人群中的差异，进一步分析其在成人斯蒂尔病和脓毒症中的鉴别价值。



**结果** 成人斯蒂尔病组淋巴细胞和铁蛋白显著高于脓毒症组 ( $1.42 \times 10^9/L$  vs  $1.21 \times 10^9/L$ ,  $p=0.005$ ;  $2230.87\mu g/L$  vs  $483.01\mu g/L$ ,  $P=0.016$ ) ; 受试者运算特征 (ROC) 曲线下方的面积 (AUC) 分别为 0.662 ( $p<0.004$ )、0.838 ( $P<0.001$ ) ; 两者联合后的 AUC 为 0.872 ( $P<0.01$ ) ,  
**结论** 淋巴细胞联合铁蛋白对鉴别成人斯蒂尔病和脓毒症具有重要意义。

## PU-7199

### 肾移植术后动态检测 $\beta 2$ -微球蛋白的临床意义

杨瑞霞

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 探讨肾移植术后动态检测  $\beta 2$ -微球蛋白的临床意义。

**方法** 阐述肾移植术对  $\beta 2$ -微球蛋白变化的影响, 动态监测  $\beta 2$ -微球蛋白的临床意义。

**结果** 肾移植后肾功能正常者的血、尿  $\beta 2$ -微球蛋白值很快下降至正常水平, 说明肾小球滤过率明显提高, 肾小管重吸收功能明显改善; 术后发生急性排斥反应的患者的血、尿  $\beta 2$ -微球蛋白值较术后肾功能正常者明显升高, 若  $\beta 2$ -微球蛋白继续增高, 表明排斥反应未得到有效控制; 而由 CsA 导致的急性肾中毒患者血清  $\beta 2$ -微球蛋白浓度无明显升高, 但尿液  $\beta 2$ -微球蛋白明显升高。

**结论**  $\beta 2$ -微球蛋白的动态检测有助于肾移植术后急性排斥反应的早诊断, 早治疗, 同时也对临床用药有一定的指导作用, 使免疫抑制剂的使用更有效、更合理。

## PU-7200

### 甲状腺抗体在常见甲状腺疾病中的诊断价值

任巧微

延安市人民医院, 716000

**目的** 研究甲状腺球蛋白抗体 (TGAb) 和甲状腺过氧化物酶抗体 (TPOAb) 在诊断甲状腺疾病中的应用价值

**方法** 对 2016 年 1 月至 2018 年 1 月就诊延安大学附属医院内分泌科并确诊为甲状腺疾病的女性患者 TGAb 和 TPOAb 测定值进行统计, 并选取同期内的健康体检者为对照组, 应用统计学方法对结果进行分析。

**结果** 除单纯甲状腺肿外的其他患病组与正常对照组相比血清 TGAb 和 TPOAb 测定水平及阳性率有差异 ( $P=0.00$ ) , 而单纯甲状腺肿与正常对照组间无差异 ( $P>0.05$ ) ; 桥本甲状腺炎的 TGAb 明显高于其他组, 差异有统计学意义 ( $P=0.00$ ) ; 桥本甲状腺炎的 TPOAb 阳性率与 Graves 病无差异 ( $P=0.54$ ) 而与其他患病组差异有统计学意义 ( $P=0.00$ ) 。

**结论** 应用 TGAb 和 TPOAb 可在一定程度上对甲状腺疾病进行诊断, 其中对桥本甲状腺炎等自身免疫性甲状腺疾病的诊断作用较为明显而对单纯甲状腺肿的诊断作用不大。

## PU-7201

## Prognostic Value of Red Blood Cell Distribution Width in Patients with Lymphoma

jun zhou

the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

**Objective** Lymphoma is a group of blood cell tumors which developed from lymphocytes. The main forms of lymphoma are HL and NHL. RDW and  $\text{Ca}^{2+}$  may contribute to lymphoma and they are related to risk NHL and HL. assessment of the serum level of RDW and  $\text{Ca}^{2+}$  as complementary indicators to confirm diagnosis of lymphoma patients that may be subjected to more invasive biopsy methods.

**Methods** The serum levels of RDW and  $\text{Ca}^{2+}$  were assessed in 100 lymphoma patients and 50 NHL and 50 HL patients before and after chemotherapy treatment as well 20 healthy persons as a control group.

**Results** Lymphoma patients showed significant raised RDW and lowed  $\text{Ca}^{2+}$  levels before treatment and RDW significant reduced and  $\text{Ca}^{2+}$  significant raised related to pre-treatment and controls of post-treatment. In order to distinguish HL from NHL, RDW reported the highest diagnostic accuracy. NHL patients reported complete remission and those whom reported stable and progressive disease represent 25% and 38% respectively compared with 16% and 27% of HL patients while partial remission of HL patients were 56% compared with 36% of NHL patients.

**Conclusions** RDW was significantly increased pre-treatment but significantly decreased post-treatment. However,  $\text{Ca}^{2+}$  was not considerably enough to get better prognosis of the disease.

## PU-7202

## 桥本甲状腺炎患者血清 AMH 水平分析和卵巢储备功能评价

张梦莹, 张晓洁

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）, 210000

**目的** 通过分析和比较桥本甲状腺炎患者和同龄健康女性血清 AMH 水平, 了解桥本甲状腺炎患者的卵巢储备功能。

**方法** 2018 年 8 月至 2019 年 2 月在南京医科大学第一附属医院就诊的桥本甲状腺炎患者 126 例, 和同龄健康体检女性 107 例, 进行血清 AMH 测定。从而比较分析两组卵巢储备功能。

**结果** 桥本甲状腺炎患者血清 AMH 水平明显低于健康对照组, 且患者组血清 AMH 水平和甲状腺球蛋白(Tg)水平正相关、和血清 TSH 水平负相关, 差异具有统计学意义。但和 TPO-Ab 以及 Tg-Ab 水平无明显相关性。

**结论** 桥本甲状腺炎可致育龄女性卵巢储备功能减低, 对桥本患者的临床检测和治疗应积极考虑患者卵巢功能。

## PU-7203

## Elecsys®免疫分析系统中使用的促肾上腺皮质激素（ACTH） 两种商业质控对照血清的比较

徐华国

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）,210000

**目的** 调查室内质控的储存时间和温度是否会影响 IQC 测量中 ACTH 的结果。

**方法** 通过 ACTH 的精确度，三个冷冻/解冻循环以及储存时间和温度来测试来自两个制造商的五个级别的 IQC，以评估 IQC 的稳定性。所有商业对照材料每天连续五天同时测试三次。

**结果** 三级 Bio-Rad IQC 血清的中间精密度分别为 13.93%，16.45%和 15.98%，但重复性<2%。在 3 次冷冻/解冻循环后，ACTH 的浓度降低了 30-50%。在室温下，0.5 小时后 ACTH 浓度分别从 3 个水平下降 16.60%，17.98%和 17.20%，4 小时后分别下降 70.54%，74.36%和 72.03%。然而，在 4℃下储存 2 小时后，测得的 ACTH IQC 的下降分别为 8.04%，11.84%和 10.11%。罗氏 IQC 的中间精密度分别为 1.17%和 1.08%。在 3 次冷冻/解冻循环后，ACTH 的浓度降低<5%。4 小时后，ACTH 的变化在室温和 4℃下仍稳定在 5%以内。

**结论** 在我们的研究中，罗氏 IQC 是 Elecsys®免疫测定系统中 ACTH 质控的更好选择。如果在 Elecsys®免疫测定系统中使用 Bio-Rad 质控进行 ACTH 检测，则应将其储存在 4℃，测试应在 1 小时内完成。

## PU-7204

## 骨科患者手术后血小板异常增高的相关因素分析 及临床意义

袁熙

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探讨影响骨科患者手术后血小板异常增高的临床因素，为术后抗凝及抗血小板治疗提供客观参考依据。

**方法** 回顾性分析 2017 年 10 月至 2018 年 9 月在中南大学湘雅医院骨科（5、6 病室）就诊患者的临床信息及实验室检查结果，具体包括性别、年龄、手术方式、血小板数量、部分凝血活酶时间（APTT）等。从中筛选出 126 例术后血小板高于参考值范围的患者，然后运用统计学分析来综合评估纳入研究的病例资料，分别对性别、各年龄组与手术方式进行分组并采用 SNK-q 检验和 logistic 回归分析。

**结果** 126 例患者中，血小板升高时间从 1-20 天不等，血小板升高数量范围从  $32-512 \times 10^9/L$  不等。不同性别、各年龄组、手术方式的血小板计数升高值并无显著性差异，差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ），logistic 回归分析显示弱相关性。

**结论** 骨科患者术后血小板升高与性别、年龄和手术方式呈较弱的相关性，监测血小板的相关指标对临床实践具有重要的指导意义。

## PU-7205

## 老年乳腺癌患者肿瘤标志物与血小板参数相关性分析

成祥君,张美娟

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 探讨老年乳腺癌患者血清肿瘤标志物与血小板参数间的相关性及化疗对各指标的影响。

**方法** 选择 2017 年 3 月—2017 年 12 月我院收治行化疗的老年乳腺癌患者 78 例作为研究对象设为观察组, 选取同期健康体检者 60 例作为对照组。分析观察组化疗前与对照组血清中癌胚抗原(CEA)、糖链抗原 125(CA125)和糖链抗原 153(CA153)的水平与血小板参数(血小板计数 PLT、血小板压积 PCT、平均体积 MPV、血小板宽度 PDW)间的相关性, 评估各指标在乳腺癌中的诊断价值。比较观察组化疗前后结果各指标的变化。

**结果** Pearson 相关系数分析显示, 老年乳腺癌患者化疗前血清 CEA、CA153 分别与 PLT、PCT 呈正相关, ROC 曲线显示 CEA、CA153 联合 PLT 及 PCT 具有更高的诊断价值。观察组患者化疗前血清 CEA、CA125、CA153、血小板各参数化疗前明显高于化疗后( $P < 0.05$ ), 化疗前后均明显高于对照组患者( $P < 0.05$ )。

**结论** 老年乳腺癌患者血清肿瘤标志物与血小板计数及压积间呈现较高的相关性, 联合肿瘤标志物与血小板参数的变化, 对老年乳腺癌的临床诊断及治疗具有一定的参考价值。

## PU-7206

## 辩证思维在检验医学技术专业实习带教中的应用

谢而付

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 检验医学技术专业本科生在培养过程中会有一年的医院医学检验科毕业实习, 实习阶段对于学生从学校走向工作岗位发挥重要作用。随着新的检验医学项目和检验技术的不断出现, 检验医学在临床诊疗中的作用更加明显。如何将理论知识和临床实践有效的结合在一起, 对实习带教老师提出更高要求。

**方法** 辩证法运用于医学领域已成为常识。将辩证思维运用到检验医学技术专业实习带教中, 就要做到“六个相统一”, 即定性和定量相统一、单一和组合相统一、筛查试验与确证试验相统一、正常与异常相统一结果、异常与疾病相统一及静态与动态相统一。

**结果** 在检验实习生的带教中运用哲学辩证思维, 有助于学生更好的学习基本理论和基础知识。

**结论** 通过以上概念的解析, 初步阐明在实习带教中, 培养实习学生临床辩证思维的重要性。

## PU-7207

## FISH 技术检测 CLL/SLL 的基因异常

曹鹏飞

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 慢性淋巴细胞白血病(Chronic Lymphocytic Leukemia, CLL)与小淋巴细胞淋巴瘤(Small Lymphocytic Lymphoma, SLL)是相同疾病两种不同的临床表现。目前为止, CLL 与 SLL 临床鉴别手段主要是流式细胞技术, 对于 FISH 技术运用于两者鉴别诊断研究甚少。为了分析慢性淋巴细胞白血病患者基因异常情况以及比较慢性淋巴细胞白血病与小淋巴细胞淋巴瘤在基因异常情况上是否存在区别

**方法** 本研究采用荧光原位杂交技术方法, 利用 ATM、RB1、D13S25、P53、CSP12 这 5 种探针进行检测。

**结果** 结果显示 156 例 CLL 患者中 104 例检出基因组异常, 总阳性率高达 68.4%; 30 例 SLL 患者中基因组异常百分比达 53.3%; 13q 缺失是最常见的染色体异常类型。

**结论** CLL 患者与临床检测指标相关性研究表明 P53 基因异常与年龄具有相关性; CSP12 基因异常与骨髓中淋巴比例、Binet 分期、LDH 浓度具有显著相关性。SLL 患者的 CSP12 基因异常与外周血淋巴细胞计数具有显著相关性。CLL 与 SLL 在 D13S25 基因缺失差异具有统计学意义。

## PU-7208

### HBeAg 阴性乙肝患者中检测前 S1 的临床意义

肖盼盼

延安市人民医院,716000

**目的** 探讨 HBeAg 阴性乙肝患者血清中前 S1 抗原检测的意义及临床应用价值。

**方法** 检测 2015 年 1 月 1 日至 2015 年 12 月 31 日感染科 234 例 HBeAg 阴性乙肝患者血清中的前 S1 抗原标本, 同时检测乙肝病毒载量(HBV-DNA)以及乙肝五项(乙肝表面抗原 HBsAg 乙肝表面抗体 HBsAb e 抗原 HBeAg e 抗体 HBeAb 核心抗体 抗 HBc)。应用酶联免疫法(ELISA)检测乙肝前 S1 抗原及乙肝五项, 同时采用实时荧光定量聚合酶链反应(PCR)方法检测乙肝病毒量(HBV-DNA)。

**结果** 234 例 HBeAg 阴性标本中前 S1 抗原阳性 142 例(60.7%), HBV-DNA 阳性 125 例(53.4%), 二者高度一致(Kappa=0.78 p<0.05)

**结论** 对 HBeAg 阴性的慢性乙肝患者在做乙肝标志物检测的同时检测前 S1 抗原能反映其乙肝病毒复制情况及评估其传染性, 有助于指导临床对乙肝患者体内的病毒量进行控制。

## PU-7209

### 高淀粉酶血症血清淀粉酶检测在不同分析系统 结果差异 1 例分析

王麟

中国人民解放军第三二一医院,137000

**目的** 高淀粉酶血症患者的血清淀粉酶检测在湿式生化分析仪和干式生化仪的检测结果显示具有明显差异

**方法** 用两种方法同时检测同一标本的血清淀粉酶, 比较结果分析

**结果** 血清淀粉酶具有明显差异。尿淀粉酶无差异。

**结论** 诊断高淀粉酶血症患者时, 要选择好检测工具

PU-7210

## 一个视网膜色素变性家系致病基因突变研究

胡正茂

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 视网膜色素变性(RP)是一种常见的眼科遗传病,其主要临床表现为夜盲以及进行性视野缺失。RP在临床上主要分为综合性RP和非综合性RP。综合性RP伴有神经感觉障碍、发育异常等临床表现;非综合性RP一般不伴随其他临床症状。本研究主要对一个非综合性RP家系进行遗传分析,筛查该家系是否由已知RP致病基因变异所致。

**方法** 通过选取家系部分样本进行全外显子组测序及生物信息分析,发现已知RP致病基因中,患者USH2A基因存在c.6326\_6332del的杂合变异;利用Sanger测序分析家系所有成员在USH2A基因变异情况。

**结果** 结果显示,该变异在患者及表型正常人员中均存在,提示基因型与表型在家系中不共分离。

**结论** 本研究排除了RP已知基因点突变及小的缺失与插入与该家系的关系,其确切的遗传机制有待进一步研究。

PU-7211

## PCM的前世今生

张洁心

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院),210000

**目的** 浆细胞性乳腺炎(plasma cell mastitis, PCM)临床表现复杂,有多种描述性名称,如乳管周围型乳腺炎、乳管导管扩张症等。该疾病是一种以乳房红肿热痛,乳头溢液凹陷为主要症状;以导管扩张,可见大量浆细胞浸润为病理特征的非哺乳期良性乳腺疾病。早在1933年有报道称PCM是类似乳腺癌的疾病。

**方法** 用PubMed引擎搜索关键词“plasma cell mastitis”至今仅有66篇文献。

**结果** PCM病因仍然不明确。该病危险因素包括吸烟、乳头收缩或退化等。临床上一般采用组织活检术明确诊断,对患者的心理和身体均造成损害。

**结论** 本文就PCM的病因及最新研究出的有利于辅助诊断PCM的不同生物学指标做一概述。

PU-7212

## 不同临床标本实时荧光定量PCR诊断结核分枝杆菌的检出率差异探究

张燊璐

延安市人民医院,716000

**目的** 探讨不同临床标本实时荧光定量PCR诊断结核分枝杆菌的检出率差异。

**方法** 2014年8月~2017年7月,随机选择我院收治的疑似结核病患者219例作为研究对象,收集其呼吸道、体液标本,进行荧光定量PCR检测,观察对比不同类型临床标本检出率情况。

**结果** 经由实验室诊断确诊为肺结核患者67例,其中支气管灌洗液检出率为54.76%(23/42),支气管刷物检出率为38.46%(15/39),尿液检出率为27.91%(12/43),痰液检出率为21.05%(8/38),胸腔积液检出率为17.14%(6/35),腹腔积液检出率为13.64%(3/22),各标本之间检出率对比差异存在统计学意义, $P<0.05$ 。

**结论** 在结核分枝杆菌诊断过程中, 实时荧光定量 PCR 诊断具有较高的应用价值, 且不同临床标本检出率存在明显差异, 临床诊断操作应有所侧重。

## PU-7213

### 溶血影响 C 肽免疫测定

徐华国

江苏省人民医院(南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** C-肽广泛用作胰岛素分泌的标志物, 并且它参与炎症反应并且有助于 2 型糖尿病 (T2DM) 患者的冠状动脉疾病 (CAD) 的发展。以前的研究报道 C-肽测量不受溶血影响。然而, 我们发现溶血在常规实验室实践中对 C 肽测定产生负面影响。我们进一步建立并验证了个体化的溶血校正方程, 以校正和报告溶血样品的准确血清 C 肽结果。

**方法** 我们通过向血清中加入裂解的自身红细胞来研究溶血对 C 肽测定的影响。推导出个性化校正方程。此外, 我们通过人工溶血样品评估了该个体化校正方程的性能。

**结果** 随着溶血程度和暴露时间的增加, C 肽浓度降低。个体化的溶血校正方程得出:  $C-P_{corr} = C-P_{meas} / (0.969 - 1.5Hb_{serum} / plasma - 5.394 \times 10^{-5} Time)$ , 其可以校正由溶血引起的 c-肽测量中的偏差。

**结论** 溶血对 C 肽测量产生负面影响。我们可以通过 C 肽测定的个体化溶血校正方程校正和报告准确的血清 C 肽结果, 用于各种程度的样品溶血。这种校正将提高诊断准确性并减少不适当的治疗决策。

## PU-7214

### 检验科医源性感染的危险因素分析

郝琴

延安市宝塔区人民医院, 716000

**目的** 调查检验科医源性感染的危险因素, 探讨相关预防和控制措施。

**方法** 回顾性分析 64 例检验科医源性感染, 对其人员分布、感染途径和感染疾病进行分析。

**结果** 共分析感染患者 2103 例, 其中检验科医源性感染 64 例, 占 3.04%。检验科医源性感染人员构成包括患者 (59.38%)、检验科医护人员 (20.31%)、其他科室医护人员 (10.94%) 和清洁工 (9.38%); 感染途径包括血液感染 (32.81%)、粪便及体液感染 (43.75%)、化学试剂感染 (9.38%) 和其他感染 (14.06%); 感染疾病包括结核病 (12.50%)、梅毒 (12.50%)、甲型肝炎 (26.56%)、乙型肝炎 (4.69%)、丙型肝炎 (25.00%) 和戊型肝炎 (18.75%)。

**结论** 检验科医源性感染的危险因素包括检验科布局不合理、工作人员无菌观念差、废弃物处理不当和不注重感染预防培训等。应加强管理, 改善检验科工作环境, 提高检验科医护人员的安全意识, 规范医疗废弃物的处理。

## PU-7215

## 拟受血患者 HBV、HCV、HIV 和 TP 感染与 ABO/RhD 血型关系的研究

曹微微

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 输血是临床重要的医疗手段,但存在输血传播疾病的风险。本研究对 2011-2017 年中南大学湘雅医院共 182243 例拟受血住院患者的乙肝、丙肝、艾滋和梅毒血清标志物,以及 ABO、RhD 血型鉴定结果进行分析,了解四种输血传播疾病的流行趋势,探讨血型与疾病的可能关系。

**方法** 采用化学发光微粒子免疫分析法(CMIA)对血清样本进行 HBsAg、抗-HCV、抗-HIV 和抗-TP 抗体的初筛,抗-HIV 初筛阳性的标本进一步通过免疫印迹法(Western Blot)进行确诊;采用微柱凝胶法进行 ABO/RhD 血型鉴定。使用 Excel®和 SPSS 21.0 软件,采用卡方检验进行数据的统计与分析,研究感染者与非感染者的血型分布是否存在差异。

**结果** 本研究发现 B 型 Rh(D)-个体更易感染 HBV 和 HCV, O 型或为梅毒感染的保护因素。

**结论** 血型与疾病之间的可能具有联系,有助于疾病预防和保障输血安全,为阐明发病机制和新疗法的开发提供新的思路。

## PU-7216

## 探讨成分输血对急性 A 型主动脉夹层患者死亡的影响

姚润

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 本研究旨在评价输血对 AAAD 患者死亡率的影响,主要探讨红细胞输注与患者死亡风险的关系。

**方法** 本研究收集了 2013 年 1 月至 2018 年 12 月在我院接受紧急手术且有术中输血的 238 名 AAAD 患者相关信息,并进行了回顾性分析,首先对 AAAD 患者存活组和死亡组的数据进行分析比较两组间临床特征的差异;然后进行单因素分析来确定引起 AAAD 患者死亡的因素;继而用分层分析和交互作用来检验红细胞输注是否对 AAAD 患者死亡有独立影响,确定交互因素,排除相应混杂因素;再用多因素分析进一步探讨红细胞输注与 AAAD 患者死亡风险的关系;最后我们用拟合曲线得知红细胞输注的量与 AAAD 患者死亡风险的关系,以及红细胞/血浆输注比例与 AAAD 患者死亡风险的关系。

**结果** 红细胞( $16.6\pm9.0$ )和血浆( $19.6\pm12.3$ )输血死亡组显著高于生存组(红细胞: $9.8\pm7.2$ ;血浆: $12.9\pm8.9$ );红细胞输注与 AAAD 患者死亡相关( $P<0.001$ )。血小板和血浆是输注红细胞 AAAD 患者与死亡关系的交互因素。红细胞输注与 AAAD 患者死亡呈非线性关系,达到转折点(12 个单位)(HR 1.4, $P<0.001$ )前,死亡风险随着红细胞输注量的增加而增加。当红细胞输注量 $>12$  个单位时,AAAD 患者输血红细胞水平与死亡风险无关(HR 1.0,  $P=0.09$ )。最佳红细胞/血浆输血率为 0.68-1.16 (HR 为 0.2, $P=0.349$ ),在此范围内死亡风险降低,当比值小于 0.68 (HR 为 19.1, $P=0.349$ )或大于 1.16 (HR 为 2.4, $P=0.009$ )时,死亡风险增加。

**结论** 红细胞输注是 AAAD 患者死亡的独立危险因素,血浆或血小板输注是此关系的有效调节因子,且输血时最佳红细胞/血浆输注比例为 0.68-1.16。



## PU-7217

## 雌激素在正常小鼠体内对骨保护素及 ALP、 $\gamma$ -GT 等相关生化指标的影响

王敏

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 通过检测注射过雌激素的正常 ICR 雌鼠血清中骨保护素 (OPG) 的含量和相关生化指标变化及相关性来研究雌激素对骨代谢的影响作用。

**方法** 取 42 只 4-6 周龄的 ICR 小鼠, 分成 A、B、C、D、E、F、G 七组, 每组六只。G 组为正常对照组, 其余的六组小鼠在同一天注射等量雌激素。A、B、C、D、E、F 组小鼠分别在注射雌激素的第一、三、四、七、一四和二十一天行颈椎脱臼法处死, 眼球取血法收集血清。利用 ELISA 法测定血清中 OPG 值的含量, 并使用雅培 C8000 全自动生化仪分别测定血清中谷氨酰基转肽酶 (GGT)、碱性磷酸酶 (ALP) 丙转氨酶 (ALT)、谷草转氨酶 (AST)、尿素氮 (BUN)、肌酐 (CREA)、尿酸 (UA)、钙 (CA)、磷 (P) 和镁 (MG) 的表达水平。并对上述结果中产生显著差异的指标行相关性分析。

**结果** 与对照组相比, 注射过雌激素的小鼠血清中 GGT 水平明显升高, 各组  $p$  值均为 0.000 ( $P<0.05$ ) ; 且 A、B、C 组的 ALP 水平较对照组有统计学差异 ( $P=0.036, 0.008, 0.022, p<0.05$ )。而谷丙转氨酶 (ALT)、谷草转氨酶 (AST)、肌酐 (CREA)、尿酸 (UA)、钙 (CA)、磷 (P) 和镁 (MG) 的水平无显著变化, 不具有统计学差异 ( $P>0.05$ )。ELISA 结果显示 A 组、B 组和 C 组小鼠的 OPG 水平显著升高 ( $P=0.000, 0.000, 0.017, p<0.05$ ) , D 组、E 组、F 组 OPG 水平无显著性变化 ( $P>0.05$ )。后期相关性分析结果表明 OPG 水平与 ALP 具有良好的相关性。

**结论** 实验组的正常小鼠在注射雌激素后短期内血清中骨保护素 (OPG)、谷氨酰基转肽酶 (GGT)、碱性磷酸酶 (ALP) 水平明显升高, 提示小鼠可能发生了骨性变化。

## PU-7218

## IgA 血管炎并发肺出血、消化道出血一例

任煜培

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 报道一例 IgA 血管炎并发肺出血的青年女性病例, 结合文献资料对该病例分析、总结, 旨在提高对该病少见并发症的认识, 提高临床医生诊断水平, 有利于尽早诊断治疗, 改善预后。

**方法** 报道一例 IgA 血管炎并发肺出血患者的临床病史、实验室检查、病理检查及影像学检查结果, 结合文献进行分析和总结。

**结果** 患者是一名 31 岁青年女性, 有基础肾脏病, 最初因上呼吸道感染出现非血小板减少性紫癜、关节痛、颜面部及双下肢水肿, 进行抗过敏治疗效果不佳, 进而出现腹痛、消化道出血、肺出血, 予以甲泼尼龙冲击、血浆置换、环磷酰胺等治疗后, 患者放弃治疗出院, 第二天上午去世。

**结论** 临床医生应该注意到 IgA 血管炎有并发肺泡出血的可能, 尤其对于合并有基础肾脏疾病的患者, 应进行更加积极的治疗。

## PU-7219

**N 末端 B 型脑钠肽前体与冠心病的相关性研究**

陈贞

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 研究血浆 N 末端 B 型脑钠肽前体(NT-proBNP)与冠心病的相关性。

**方法** 纳入 172 例冠心病患者,其中急性冠脉综合征患者(ACS 组)106 例,稳定型心绞痛患者(SAP 组)66 例,入选同期 69 例正常受试者作为对照组(NC 组)。调查入选对象存在的心血管疾病危险因素,包括:性别、年龄、高血压病史、糖尿病病史、吸烟史、饮酒史及是否肥胖;检测受试者血浆 NT-proBNP、甘油三酯(TG)、血清总胆固醇(TC)、心脏型脂肪酸结合蛋白(hFABP)及血浆纤维蛋白原(FIB)、D-二聚体(D-DT),对冠心病的多重危险因素采用非条件 logistic 回归模型进行分析。

**结果** ①SAP 组与 ACS 组血清 TG、hFABP 和血浆 NT-proBNP 水平差异均无统计学意义( $P>0.05$ ),但 SAP 组、ACS 组与 NC 组三个指标水平均有统计学差异( $P<0.05$ ),且冠心病患者的水平远高于对照组。各组不同性别之间 NT-proBNP 水平均有统计学差异( $P<0.05$ ),且随着年龄的增加而逐渐升高( $P<0.05$ )。冠心病患者 NT-proBNP 水平在是否合并吸烟史、饮酒史、高血压病史之间差异有统计学意义( $P<0.05$ ),而在是否合并糖尿病及肥胖之间差异无统计学意义( $P>0.05$ )。②多元 Logistic 回归分析显示,NT-proBNP 为冠心病的独立危险因素,SAP 组相关系数为 15.848,相对危险度(OR 值)为 1.023( $P<0.001$ );ACS 组相关系数为 15.799,相对危险度(OR 值)为 1.023( $P<0.001$ )。③血浆 NT-proBNP 水平与年龄、D-DT、hFABP 呈正相关,与 TG 呈负相关( $P<0.05$ )。

**结论** NT-proBNP 水平升高是冠心病的独立危险因素,与 TG、hFABP 相互作用,共同促进冠心病的进程,为临床冠心病的预防、检测和治疗提供重要的理论依据。

## PU-7220

**Correction of serum NSE reference intervals include the unidentified hemolysis sample: one year data analysis from health-care individuals**

Erfu Xie

Jiangsu province hospital

**Objective** To make suitable clinical decisions, it is necessary to have appropriate RIs and proper application, especially tumor markers. Neuron-specific enolase (NSE) can be used to aid the diagnosis of neuroblastoma, small cell lung cancer and endocrine tumors including pituitary adenoma. However, with NSE  $\alpha$ -isozymes contained in red blood cells, even unrecognized slight hemolysis will lead to increase of NSE levels. It is necessary to have appropriate reference intervals. The aim of this study is to correction of the NSE reference intervals from health-care individuals even contain serum sample may have hemolysis that is not seen by the naked eye.

**Methods** A total of 15047 healthy individuals undergoing regular healthcare were recruited to redefine the NSE reference interval according to the CA28-A3 document, the reference interval of NSE from our research is 0-18.9 ng/mL which is wider than 0-16.3 ng/mL provided by the manufacturer.

**Results** Seventy-four volunteers with a NSE level between 16.3 and 18.9 ng/mL were chosen for NSE retest. The ratio of higher NSE level drop to normal is 85.1% (63/74) in the retest results. Subsequently, the fHb concentration of 22 healthy individuals randomly chosen from the 74 individuals were measured, there are significant differences between before and after test results

(59.63 vs 30.63mg/l). As a preanalytical factor that may be neglected, micro hemolysis may have affected the establishment of reference interval.

**Conclusions** We redefine the NSE reference interval which the recruitment samples may involve the unrecognized slight hemolysis according to the C28-A3 document. The correction may be expected to decrease the abnormal NSE test which could minimize the health care costs.

## PU-7221

### 冠心病患者血浆肌钙蛋白 I、氨基末端 B 型脑钠肽前体和心脏型脂肪酸结合蛋白的检测及意义

陈贞

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 本文探讨不同临床类型及心功能分级的冠心病患者血浆肌钙蛋白 I (cTnI), 氨基末端 B 型脑钠肽前体 (NT-pro BNP) 和人心脏型脂肪酸结合蛋白 (H-FABP) 水平的变化及临床意义。

**方法** 选择 2015 年 4 月到 2016 年 5 月在中南大学湘雅医院确诊的冠心病患者 100 例, 按临床类型分为心肌梗死组(MI)28 例, 不稳定型心绞痛 (UAP) 组 48 例, 稳定型心绞痛 (SAP) 组 24 例。

心功能按纽约心脏病协会(NYHA)对其心脏功能进行分级: 心功能 II 级 33 例, 心功能 III 级 51 例, 心功能 IV 级 16 例, 同时选择同期在湘雅医院进行健康体检者 30 例作为健康对照组, 检测各组血浆 cTnI、N-pro BNP、H-FABP 水平。

**结果** ①冠心病组患者 cTnI、N-pro BNP、H-FABP 平均浓度明显高于对照组。②MI 组 cTnI、N-pro BNP 和 H-FABP 水平明显高于 UAP 组, 差异具有统计学意义( $P<0.05$ ); UAP 组与 SAP 组血浆 cTnI 和 H-FABP 水平比较差异无统计学意义( $P>0.05$ )。而 UAP 组血浆 N-pro BNP 水平明显高于 SAP 组, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。可见 N-pro BNP 水平 MI 组高于 UAP 组, UAP 组高于 SAP 组, 随着病情程度的增加而逐渐升高, 可以很好地预测冠心病的病变程度。③心功能 II 级和 III 级患者相比较, cTnI、N-pro BNP 和 H-FABP 水平差异无统计学意义 ( $P>0.05$ ); 心功能 IV 级患者 cTnI、N-pro BNP 和 H-FABP 水平显著高于 II 级和 III 级患者, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); ④血浆 cTnI、NT-pro BNP、H-FABP 水平与心功能分级具有良好的相关性, 且三者相互之间呈正相关。

**结论** 冠心病患者 cTnI、N-pro BNP 和 H-FABP 水平与冠心病临床分型及 NYHA 心功能分级有一个较好关联, 可用来预测心肌受损程度, 指导临床诊断与治疗。

## PU-7222

### 多发性骨髓瘤患者 IgG 亚型的分布及临床意义

罗昔波

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨多发性骨髓瘤 IgG 型患者血清 IgG 亚型的分布规律及其临床意义。

**方法** 采用免疫速率散射比浊法对 38 例多发性骨髓瘤患者、116 例正常对照组的血清 IgG1-4 亚型进行了定量测定。

**结果** MM 组与对照组相比其 IgG1 显著升高 ( $P<0.05$ ), 而其 IgG2、IgG3、IgG4 却显著降低 ( $P<0.05$ )。MM 组中约有 50% IgG1 显著升高, 而 IgG2、IgG3、IgG4 分别有 47.4%、23.7%、21.1%显著降低 ( $P<0.05$ )。初诊组、复发组、稳定组各亚型浓度、均无显著差异。不同分期的患者血清 IgG 均以 IgG1 亚型为主。各临床分期 IgA、IgM、IgG 均无显著差异。IgG1 升高的患者血

红蛋白浓度显著低于 IgG1 降低患者 ( $P<0.01$ ), IgG2 升高的患者血清  $\beta 2$ -微球蛋白显著低于 IgG2 降低患者 ( $P<0.05$ )。IgG1 与血红蛋白呈负相关 ( $r=-0.471$ ,  $P=0.003$ )

**结论** 多发性骨髓瘤 IgG 型患者血清 IgG 以 IgG1 型为主, 其分布模式未显示与临床分期相关。疾病进展、治疗过程不存在体液免疫水平的改变。IgG2 升高的患者有较好的预后。IgG1 与血红蛋白显著相关。

## PU-7223

### 肌酸激酶及其同工酶与小儿腹泻关系研究

陈贞

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 了解肌酸激酶 (CK)、肌酸激酶 MB 型同工酶 (CK-MB) 与乳酸脱氢酶 (LDH) 与小儿腹泻的关系。

**方法** 本课题通过收集中南大学湘雅医院 2018 年 1 月 1 日至 2019 年 4 月 31 日住院、门诊的腹泻患儿 59 例 (实验组), 观察收集其 CK、CK-MB 与 LDH 数据, 并进行回顾性分析, 并收集同期体检正常儿童 30 例的 CK、CK-MB 与 LDH 数据作为对照组。

**结果** 实验组与对照组比较 CK-MB、LDH 之间的差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ), CK 的差异不具有统计学意义 ( $P>0.05$ )。

**结论** 腹泻小儿患者存在较为普遍的心肌损伤情况。

## PU-7224

### microRNA-96 通过靶向 FOXO1 促进肺癌细胞增殖和迁移

何剑营, 黄燕燕, 陈志军, 方可欣, 竺王玉

浙江省舟山医院

**目的** 探讨微小 RNA(miRNA, miR)-96 通过靶向叉头框转录因子 O1 (forkhead box O1, FOXO1) 促进肺癌细胞增殖和迁移的作用。

**方法** 应用实时荧光定量 PCR 法 (qRT-PCR) 检测 miR-96 在肺癌细胞系中的表达情况; 干扰慢病毒感染抑制 miR-96 表达后, 分别利用 CCK8 试验和划痕试验检测其对肺癌细胞增殖和迁移的影响; Western bolt 和双荧光素酶活性试验验证 miR-96 靶基因 FOXO1。

**结果** 与正常肺上皮细胞比较, miR-96 在多种肺癌细胞系中表达增高, 抑制 miR-96 表达后, 肺癌细胞增殖减弱, 迁移受到一定抑制; 筛选 miR-96 靶基因 FOXO1, 将 miR-96 过表达后, 肺癌细胞 FOXO1 表达明显降低; 反之, 抑制 miR-96 表达后, FOXO1 表达明显增高, 而且双荧光素酶活性试验显示 miR-96 种子序列可与 FOXO1 的 3'-UTR 互补结合发挥生物学作用。

**结论** miR-96 通过靶向调控 FOXO1 促进肺癌细胞增殖和迁移, 相关机制值得进一步研究。

## PU-7225

## The value of CRP, PCT, IL-6, NGAL and CEP-1 in diagnosis, classification and prognosis for patients with sepsis

Xiuzhu Hou, Chong Liu, Hongwei Lian, Lijuan Ma, Zhen Xu, Lijuan Ma, Jianbin Sun, Xubin Zang, Keke Jia, Liyan Cui  
Peking University Third Hospital

**Objective** We examined the blood concentrations of CRP, PCT, IL-6, NGAL and CEP-1 in sepsis patients to evaluate the diagnostic, classified and prognostic utility of these factors.

**Methods** 69 patients admitted at the ED with sepsis were studied, demographic and clinical patient information were recorded on admission. Blood levels of CRP, PCT, IL-6, NGAL and CEP-1 were measured. Relationships between SOFA score, APACHE II score and blood biomarkers were investigated. Diagnostic and predictive values for clinical outcomes for markers were assessed by ROC curves.

**Results** 69 participants (20 infection, 30 sepsis, 19 septic shock) were compared with 40 healthy controls. The AUC of CRP (0.98), PCT (0.98), IL-6 (0.90) and NGAL (0.97) illustrated beneficial diagnosis value. Concentrations of PCT ( $r=0.50$ ,  $p=0.00$ ), NGAL ( $r=0.31$ ,  $p=0.01$ ) were positively correlated with SOFA score while CEP-1 ( $r=-0.30$ ,  $p=0.01$ ) negatively correlated with SOFA score. Only serum levels of PCT correlated with APACHE II score.

**Conclusions** Blood CRP, PCT, IL-6, NGAL are valuable biologic markers in diagnosing sepsis. CRP, PCT, IL-6 may potentially be used to help classify subgroup of sepsis. Contrary to CEP-1, PCT and NGAL correlate with the degree severity of sepsis. But they may be useless for prediction of prognosis.

## PU-7226

## 血栓弹力图在鉴别流产孕妇及指导治疗中的作用

陈贞

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 分析血栓弹力图(thrombelastogram, TEG)在鉴别复发性流产及先兆流产的异常孕妇与健康孕妇中的作用以及其在后续治疗中的指导作用。

**方法** 将 100 名有复发性流产或先兆流产病史的异常孕妇与 80 名健康孕妇分别纳入实验组和对照组, 年龄在 18-45 岁之间, 两组孕妇在年龄、孕周、身高、体重方面无统计学差异具有可比性, 检测其 TEG 值; 分析比较两组孕妇 TEG 的各参数存在的差异, 并进一步比较异常孕妇治疗前后 TEG 参数的变化, 在治疗期间, 主要使用的药物是抗凝药物, 包括肝素钠以及低分子肝素钠, 观察流产孕妇的抗凝治疗效果。

**结果** 流产孕妇与健康孕妇的 TEG 各参数存在明显的不同, 一共六项参数发生明显变化, R、K 值时间缩短 ( $P<0.05$ ),  $\alpha$  角、MA 值、CI 值、G 值的显著增加 ( $P<0.05$ )。实验组使用药物治疗前后对比, R、K 值明显增高 ( $P<0.05$ ), 血凝块强度 CI 值、MA 值、G 值明显降低 ( $P<0.05$ )

**结论** TEG 能早期鉴定复发性流产及先兆流产孕妇的异常高凝状态, 并且能指导临床抗凝药物的合理利用, 有效预防不良妊娠和其它并发症的发生。

## PU-7227

## 湖南地区健康成人脂蛋白相关磷脂酶 A2 参考区间 建立初步探讨

陈若虹

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 调查湖南地区健康成人血清脂蛋白相关磷脂酶 A2 (Lp-PLA2) 水平, 建立湖南地区 Lp-PLA2 生物参考区间。

**方法** 选择 381 例健康成人作为研究对象, 其中男性 132 名, 女性 249 名, 分别按年龄段 20~29 岁、30~39 岁、40~49 岁、50~59 岁、60~69 岁、70 岁以上分为 6 组。用日立 7600 型全自动生化分析仪检测血清 Lp-PLA2 活性, 依据美国临床实验室标准化协会(CLSI)C28-A3 的要求, 以非参数法建立 Lp-PLA2 的 95%参考区间。

**结果** 男、女性血清 Lp-PLA2 活性均呈正态分布, 男性 Lp-PLA2 为  $480\pm136$  U/L, 女性为  $402\pm116$  U/L, 两者差异有统计学意义 ( $t=5.575$ ,  $P<0.001$ )。经 Z 检验, 男女两组  $Z>Z$ , 需分性别建立参考区间。男性各年龄段间差异无统计学意义 ( $F=1.653$ ,  $P=0.151$ ); 女性各年龄段间差异有统计学意义 ( $F=8.067$ ,  $P<0.001$ ), 分析显示女性小于 40 岁各年龄组间 ( $F=0.114$ ,  $P=0.736$ ) 和女性大于 40 岁各年龄组间 ( $F=2.017$ ,  $P=0.115$ ) 的差别无统计学意义, 40 岁以上女性 Lp-PLA2 活性高于 40 岁以下女性 ( $t=5.732$ ,  $P<0.01$ )。因此将所有男性合并为一组, 女性 20~39 岁合并为一组, 40~87 岁合并为一组, 最终得到湖南地区健康人群 Lp-PLA2 生物参考区间为: 男性 232~763U/L, 女性: 168~566 U/L (20~39 岁), 203~702U/L (40~86 岁)。

**结论** 初步建立了湖南地区健康人群 Lp-PLA2 生物参考区间, 为 Lp-PLA2 在心脑血管疾病风险评估中的应用提供了参考依据。

## PU-7228

## lncRNA MALAT1 在急性髓系白血病中的表达 及临床意义

耿帆,肖圣达,徐远东,陈凤花

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 本研究旨在探讨急性髓系白血病中 lncRNA MALAT1 的表达水平, 进而研究其在急性髓系白血病各亚型中的表达差异以及其与临床特征之间的相关性, 为急性白血病的诊断提供一种新的标志物。

**方法** 收集了 66 例初诊急性髓系白血病患者作为病例组, 以 46 例健康体检者作为健康对照组。运用实时荧光定量 PCR 方法检测急性髓系白血病患者和健康对照组外周血单个核细胞 (PBMC) 中 lncRNA MALAT1 的表达情况。分析急性髓系白血病各亚型中 lncRNA MALAT1 的表达差异。并将急性髓系白血病患者 PBMC 中 lncRNA MALAT1 的表达水平与患者性别、年龄、外周血幼稚细胞数、初治时白细胞数以及染色体是否异常进行相关性分析。

**结果** lncRNA MALAT1 在急性髓系白血病患者 PBMC 中表达上调, 但与正常对照相比没有显著性差异 ( $P=0.089$ ); 与正常对照相比, lncRNA MALAT1 在 M2 型急性髓系白血病患者 PBMC 中表达水平显著上调 ( $P=0.001$ ); 与 Non-M2 型急性髓系白血病 (包括 M1、M3、M4 和 M5) 相比, M2 型急性髓系白血病患者 PBMC 中 lncRNA MALAT1 表达显著升高 ( $P=0.017$ ); 急性髓系白血病患者 PBMC 中 lncRNA MALAT1 表达水平与性别、年龄、外周血幼稚细胞数、初治时白细胞数、染色体是否异常无显著相关性 ( $P>0.05$ )。

**结论** lncRNA MALAT1 在 M2 型急性髓系白血病患者中高表达, 可能参与了 M2 型急性髓系白血病的发生发展。

## PU-7229

### VITEK MS 质谱仪和 VITEK 2 compact 细菌鉴定仪在临床菌株鉴定中的性能比较研究

王选  
浙江医院,310000

**目的** 使用 VITEK MS 质谱鉴定系统对临床分离的常见细菌和真菌进行鉴定, 并与 VITEK 2 compact 细菌鉴定仪进行比较, 评价其性能。

**方法** 收集 2018 年 1 月-2018 年 12 月浙江医院临床分离细菌 (1242 株)、酵母菌 (102 株) 和曲霉 (15 株) 共计 1359 株, 经 VITEK 2 compact 细菌鉴定仪及 16s rDNA、sodA、gyrB、rpoB、26S rDNA、ITS 基因片段测序确认, 使用 VITEK MS 基质辅助激光解析/电离飞行时间质谱进行鉴定, 鉴定结果进行比较分析。

**结果** VITEK MS 对本次实验入选菌株的鉴定总准确率达 99.2%, 各菌属的鉴定准确率分别为 98.4% (链球菌)、100% (肠球菌)、99.3% (葡萄球菌)、99.5% (肠杆菌科细菌)、98.5% (非发酵革兰阴性菌)、100% (临床常见其它菌株)、99.0% (酵母菌) 和 93.3% (曲霉菌) 株, 但其对沙门菌、阴沟肠杆菌复合群和鲍曼不动复合群的鉴定仅能到菌属或复合群水平。

**结论** VITEK MS 系统较 VITEK 2 compact 细菌鉴定仪, 具有更加省时、高效、准确等优点, 尤其在葡萄球菌、酵母菌、曲霉菌的鉴定方面凸显优势, 值得在临床微生物鉴定中推广使用。

## PU-7230

### 甲状腺癌危险因素的 meta 分析

钟白云  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 为了评估甲状腺结节患者的实验室检查及超声检查中异常项目与癌症的相关性, 为良恶性甲状腺结节鉴别诊断提供更多的辅助指标。

**方法** 以甲状腺结节、实验室检查、超声等关键词检索中国知网、万方、维普等中文数据库; 以 thyroid cancer、blood、Laboratory inspection 等关键词检索 PubMed、CNKI、Web of Science 等外文数据库, 检索时间截止至 2017 年 12 月。由两名研究者独立评估论文质量, 筛选文献并提取数据。采用 RevMan5.3 和 Stata12.0 软件进行数据分析。

**结果** 最终共纳入 41 项研究, 样本研究总量为 29678 例, Meta 分析的结果显示, 存在以下可疑特征优势比值 (OR) 较大, 可能与甲状腺癌相关, 分别是结节横径比  $\geq 1$  [OR=10.15, 95%CI= (6.72, 15.33),  $P < 0.001$ ], TSH 水平升高 [OR=7.14, 95%CI= (3.71, 13.71),  $P = 0.001$ ], 没有晕圈 [OR=6.76, 95%CI= (4.72, 9.69),  $P < 0.001$ ], 存在钙化灶 [OR=6.12, 95%CI= (3.12, 12.02),  $P < 0.001$ ], TgAb 检查阳性 [OR=5.07, 95%CI= (3.47, 7.43),  $P < 0.001$ ], 边缘不规则 [OR=4.69, 95%CI= (2.63, 8.36),  $P < 0.001$ ],  $\gamma$ -GT 水平异常升高 [OR=3.76, 95%CI= (2.04, 6.95),  $P < 0.001$ ], 空腹血糖升高 [OR=2.29, 95%CI= (1.45, 3.64),  $P < 0.001$ ], 总胆红素 (TBIL) 和直接胆红素 (DBIL) 水平上升 [OR=1.63, 95%CI= (1.04, 2.55),  $P = 0.03$ ], 中性粒细胞升高 [OR=1.43, 95%CI= (1.09, 1.88),  $P = 0.01$ ], 头/颈部照射史

[OR=1.29, 95%CI= (1.02, 1.64), P=0.03]。另外, 数据分析显示, FT3 水平上升可能是良性甲状腺结节的保护性指标 (OR<1), 但由于  $I^2$  显示此特征异质性过高, 不纳入分析。其他甲状腺功能检查指标无统计学意义。

**结论** 甲状腺结节病例中出现以下暴露因素时, 甲状腺癌风险较高: 超声检查中结节高度大于宽度, 没有晕圈, 钙化, 边缘不规则; 实验室检查中 TSH 水平升高、肝功能 ( $\gamma$ -GT、DBIL、TBIL) 升高、空腹血糖升高、中性粒细胞升高。

## PU-7231

### 两款荧光定量 PCR 仪检测 HLA-B27 基因结果比对分析

耿帆,周志明,肖圣达,徐远东,陈凤花  
华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 探讨试剂与仪器匹配因素对 PCR 荧光法检测 HLA-B27 等位基因的影响。

**方法** 首先采用自建荧光定量 PCR 法对 85 例样本中 HLA-B27 等位基因进行检测, 随后采用商品化试剂盒 PCR 荧光法同时在两款荧光定量 PCR 仪 Stratagene Mx3000P<sup>®</sup> 和 Roche cobas<sup>®</sup> Z480 上对 HLA-B27 进行再次检测。

**结果** 商品化试剂盒方法在 cobas<sup>®</sup> Z480 上检出 HLA-B27 等位基因的结果为 65 例阳性、20 例阴性, 与自建方法所检出的结果完全一致; 而其在 Mx3000P<sup>®</sup> 上检出的结果为 30 例阳性、55 例阴性, 与自建方法的检测结果之间存在显著性差异 ( $\chi^2=33.03, P<0.005$ )。该商品化试剂盒方法在 Mx3000P<sup>®</sup> 上的漏检率为 53.85%。

**结论** 该商品化试剂与 Mx3000P<sup>®</sup> 荧光 PCR 仪的匹配性不佳, 严重影响了检测结果的准确性。在临床实际工作中, 评价 PCR 试剂的检测性能需要结合仪器, 综合考虑以保证检测结果的准确性。

## PU-7232

### 川东北地区成年体检者血浆同型半胱氨酸分布 及与生化指标的关系

杨尚瑜  
川北医学院附属医院,637000

**目的** 了解川东北地区成年体检者血浆同型半胱氨酸 (HCY) 在不同年龄和性别中检出结果情况及其他生化指标的关系。

**方法** 回顾性分析川北医学院附属医院体检中心的 31378 例体检者 HCY 和其他生化结果。

**结果** HCY 在川东北地区人群中呈正偏态分布, 总人群检测中位数为 11.00 $\mu$ mol/L, 男女性组检出中位数分别为 12.2 $\mu$ mol/L 和 9.5 $\mu$ mol/L, 经秩和检验比较差异有统计学意义 ( $Z=-81.59, p=0.00<0.05$ )。以  $>15\mu$ mol/L 为异常, 总人群异常检出率为 14.43%, 男女性别组分别为 21.70% (3960 例) 和 4.33% (568 例), 经卡方检验比较差异有统计学意义 ( $\chi^2=1873.58, P=0.00<0.05$ ); 在各年龄阶段男性异常检出率均高于女性, 且随年龄增加异常检出率有增加趋势。经相关分析知 HCY 性别和肌酐呈中等程度的相关 ( $R=-0.46, R=0.45$ ), 与空腹血糖没有相关性。

**结论** 川东北地区人群的 HCY 值偏高, 异常检出率也高, 男性检测结果高于女性, 多关注男性的 HCY 值, 以期减少脑卒中和其他疾病的发生。



## PU-7233

## 原发性胆汁性胆管炎的药物治疗及作用机制进展

连旭,韩崇旭

苏北人民医院/扬州大学医学院附属医院/扬州市红十字中心医院,225000

**目的** 原发性胆汁性胆管炎(PBC)是一种慢性进行性自身免疫性肝脏疾病,好发于中年女性,发病机制尚不能明确,药物治疗为各期主要治疗手段。治疗药物目的主要包括加速胆汁排泄、免疫调节及抗炎抗纤维化等。本文主要阐述目前PBC药物治疗的相关进展,展示PBC正在进行的临床试验和相关作用机制,为不久的将来选择药物改善这种疾病的治疗打下基础。

**方法** 总结中英文文献。

**结果** 近些年,PBC的发病率和流行率明显升高,研究发现能够治疗PBC的药物众多,但UDCA仍为PBC患者唯一经过批准的一线治疗药物,在病程早期应用能够显著改善部分患者的远期预后。但对UDCA应答欠佳患者,目前仍无确实有效的治疗措施。

**结论** 随着动物模型和人体研究继续阐明PBC的发病机制,其治疗新靶点正在迅速增加。这些靶点的发现为探索对UDCA应答欠佳的PBC患者获得更有效的治疗开辟了新的途径,但仍需对这些药物的安全性及疗效进行进一步临床验证,并探索不同药物联合治疗方案,以期PBC患者寻求新的、安全及有效的治疗方法。

## PU-7234

## Different vitamin D status of common multiorgan autoimmune diseases patients

Erfu Xie

Jiangsu province hospital

**Objective** Vitamin D plays a key role in calcium homeostasis and contributes to the regulation of immune system. Furthermore, vitamin D deficiency has been reported to be associated with autoimmune diseases, especial in multiorgan autoimmune diseases. Various multiorgan autoimmune diseases may be different from the vitamin D status. This study aims to investigate the serum 25(OH) D levels in patients with different common multiorgan autoimmune diseases.

**Methods** A total of 295 patients with multiorgan autoimmune diseases treated in our hospital from January 2012 to September 2018 were recruited, including 137 cases of rheumatoid arthritis (RA), 85 cases of systemic lupus erythematosus (SLE), 32 cases of Sjögren's syndrome (SS) and 41 cases of mixed connective tissue disease(MCTD), 47 apparently healthy individuals were also recruited as control. Serum 25(OH)D levels measured with Roche electrochemiluminescence immuassay in patients with different multiorgan autoimmune diseases and statistically analyzed proportion of patients with normal, insufficient and deficient serum 25(OH)D levels in different multiorgan diseases.

**Results** There was statistically significant difference of serum 25(OH)D levels in patients with different autoimmune diseases( $P=0.006$ ), with the highest average level in patients with RA. Incidences of 25(OH)D deficiency in Group RA, SLE, SS and AS were 29.6%, 52.8%, 62.5% and 57.1%, respectively, with significantly higher incidences in Group SLE, SS or AS than Group RA.

**Conclusions** Serum 25(OH)D deficiency is commonly seen in patients with different multiorgan autoimmune diseases, warranting Vitamin D supplements.

## PU-7235

**EDTA 依赖的血小板聚集处理方法**

刘红

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 针对 EDTA 依赖的血小板聚集引起的血小板计数减少探讨处理方法。

**方法** 选取 2017 年 1 月至 2018 年 12 月我科所遇到的 8 例发生 EDTA 依赖的血小板聚集患者, 分别采集 EDTA-K2 抗凝标本、肝素抗凝标本、枸橼酸钠抗凝标本及未抗凝标本检测, 比较检测结果。

**结果** 肝素抗凝、未抗凝标本与 EDTA-K2 抗凝结果有统计学差异 ( $P>0.05$ ), 枸橼酸钠抗凝 1 例与 EDTA-K2 抗凝无统计学差异, 其余有统计学差异。

**结论** EDTA 依赖的血小板聚集引起的血小板减少患者, 未抗凝标本即刻测定血小板结果更准确, 也可采用肝素抗凝, 枸橼酸钠抗凝也会引起部分血小板减少, 不建议使用。

## PU-7236

**尿胆红素假阴性原因探讨**

任真

江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院), 210000

**目的** 分析尿胆红素假阴性的原因, 寻找其影响因素。

**方法** 通过分析近一年来尿常规检测中尿胆红素阳性标本, 查询其生化血清尿胆红素含量, 用确证试验证实其尿胆红素为假阳性。查询病人用药情况。

**结果** 尿胆红素假阳性多集中在肾移植病人, 且均有免疫抑制剂用药史。不同仪器方法学之间结果有差异。

**结论** 尿胆红素假阳性可能与肾移植病人用药、代谢、仪器方法学有关。

## PU-7237

**评估联合 HFC,CEA,CA125,FIB 四项指标辅助筛查和诊断肺癌价值的相关研究**

王兆,岳霏霏

华中科技大学同济医学院附属协和医院,518000

**目的** 评估联合 HFC, CEA, CA125, FIB 四项指标辅助筛查和诊断肺癌价值。

**方法** 测定 15 份肺癌患者的胸腔积液标本, 分析研究参数中的高高荧光强度细胞的比比率和绝对值, 同时检测其纤维蛋白原水平水平和其中 14 名患者的 CEA,CA125 水水平。

**结果** 肺癌患者的高高荧光强度细胞较肺部良性疾病病人人高高, 但无无显著差异。CEA 特异性较强, 而而 CA125 灵敏敏度更更高高。FIB 在肺癌患者与肺部良性疾病组中水水平均升高高但相比比于正常对照组无无统计学差异。

**结论** 肺癌疾病组和肺部良性疾病组中统计数据无无明显差异。若想诊断肺癌，还需通过病理理学切片找到肿瘤细胞进行行确诊。

PU-7238

## Prevalence of Human Papillomavirus and Genotype Distribution in Sichuan Province of China

Wei Jiang<sup>1,3</sup>, Chao Zhang<sup>3</sup>, Hu Honghua<sup>2</sup>, Chunbao Xie<sup>2</sup>, Qiong Du<sup>2</sup>, Wenfang Huang<sup>2</sup>

1. Sichuan Provincial People's Hospital & Chengdu Tifu New Area People's Hospital

2. Sichuan Academy of Medical Sciences & Sichuan Provincial People's Hospital

3. University Of Electronic Science And Technology Of China

**Objective** Human papilloma virus (HPV) is the cause of nearly all cervical cancers and the primary cause of anal cancers. Prevalence of HPV varies largely among countries and regions, while population-based data are largely insufficient. The aim of this study is to identify individuals infected with HPV for further examination.

**Methods** In the years 2015, 2016, and 2017, a total of 553,654 individuals received a general health check in the Sichuan Provincial People's Hospital. Among them, 9,182 unselected and asymptomatic individuals received the HPV screening test. Samples of exfoliated endocervical cells were collected and DNA isolation was performed with a Cell Lysis Kit. Fragment of HPV DNA was PCR amplified. Twenty-one different HPV genotypes, including HPV 6, 11, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 42, 43, 44, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 68, and CP8304, were detected from PCR products using a GenoArray Diagnostic Hybridization Kit. HPV genotype was read on the colored position on the array.

**Results** A total of 1,207 individuals were positive for at least one HPV genotype, giving a crude prevalence of 13.2% (95% CI: 12.5-13.9%). The prevalence did not differ much among age groups. HPV-positive individuals were 291, 389, and 527 in 2015, 2016, and 2017, respectively. The majority of the HPV-positive participants (960/1207 = 80%) had one type of virus. Approximately 15% had two genotypes of HPV. One individual had HPV of 6 different genotypes, including 16, 18, 52, 53, 56, and CP8304. The most frequent genotype was 52, followed by CP8304, 58, and 53. The oncogenic types 16 and 18 were found in 112 and 52 participants, corresponding to a prevalence of 0.9% (CI: 0.8-1.1%) and 0.4% (CI: 0.3-0.6%), respectively, for the 9,182 individuals included in this study.

**Conclusions** HPV-based screening detects persistent high-grade cervical intraepithelial neoplasia before cytology and consequently enables earlier detection of cervical cancers. Our results proved the considerably higher HPV prevalence in individuals who received a general health check in the Sichuan area. Healthcare conditions in many areas of China are still way behind industrialized countries, cervical cytology is therefore not offered widely to general population especially in rural regions. HPV testing therefore provides an alternative strategy for screening high risk HPV in large population. By identifying HPV 16 and 18 carriers, further examination such as cervical cytology and colposcopy can be arranged to enable early detection of cervical cancers and consequently save life.

## PU-7239

## 某综合性教学医院近 3 年临床分离金黄色葡萄球菌的分布及耐药性分析

简子娟

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 分析金黄色葡萄球菌在不同科室间的分布差异,对比不同标本来源中构成比,以及多种抗生素耐药情况,指导临床合理治疗金黄色葡萄球菌。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月至 2018 年 12 月住院及门诊送检的微生物培养标本中分离的金黄色葡萄球菌,药敏分析采用 VITEK2 compact 系统。

**结果** 3 年共计分离出 1869 株金黄色葡萄球菌,其中 MRSA 587 株;SA 分离总数前 3 科室是皮肤科(13.1%)、神经外科(11.6%)、急诊科(7.2%),MRSA 检出率最高的是中西医结合科(70.7%);主要标本类型是创口分泌物(29.5%)、痰液(27.3%)、血液(9.4%),MRSA 检出率最高的是痰液(42.9%);14 种抗生素中青霉素的耐药率最高(94.17%),其次是红霉素(53.24%)、克林霉素(51.69%),利奈唑胺和万古霉素的敏感率为 100%。

**结论** 该医院金黄色葡萄球菌的分离率高,MRSA 的耐药性较强,且在不同科室、不同标本来源中具有分布差异。医院应加强耐药性持续监控,并要求医生结合检测结果合理使用抗生素。

## PU-7240

## 万古霉素对异质性万古霉素中介金黄色葡萄球菌生物膜构成的影响

桑瑞瑞<sup>1</sup>,郇梦露<sup>1</sup>,夏金星<sup>1</sup>,沈继龙<sup>2</sup>,徐元宏<sup>1,2</sup>

1.The First Affiliated Hospital of Anhui Medical University

2.Provincial Laboratories of Pathogen Biology and Zoonoses, Anhui (Anhui Medical University)

**目的** 本研究旨在探讨万古霉素对异质性万古霉素中介金黄色葡萄球菌(hVISA)生物膜构成的影响,及其与万古霉素治疗 hVISA 失败率高的关系;

**方法** (1)从血流感染阳性的临床标本中收集 *S. aureus* 中,通过菌群谱型分析-曲线下面积法(PAP/AUC)鉴定 hVISA 菌株;(2)将临床菌株 hVISA(05307)和菌株 Mu3(ATCC 700698, hVISA 参考菌株)暴露于不同浓度(1/4×MIC, 1/2×MIC, 1×MIC)的万古霉素,单独的肉汤和不含抗生素的细菌悬浮液分别作为阴性和阳性对照;(3)使用结晶紫(CV)染色测量 hVISA 的生物膜总量;(4)并在激光共聚焦扫描显微镜(CLSM)下显现;(5)提取生物膜中的细胞外基质(ECM);(6)通过十二烷基硫酸钠聚丙烯酰胺凝胶电泳(SDS-PAGE)分析从生物膜中提取的蛋白质组分并用 Bradford 蛋白质检测试剂盒对蛋白质总量进行定量;(7)ECM 中的细胞外多糖粘附素(PIA)采用免疫斑点印迹法并通过灰度值分析进行半定量;(8)细胞外 DNA(eDNA)采用酶敏感实验进行间接的半定量。

**结果** 与阳性对照组比,只有 1 倍最低抑菌浓度(MIC)的万古霉素处理组增加了 hVISA 的生物膜总量。另外,各组提取的 ECM 中 PIA 和蛋白质的表达没有明显区别。加入 DNase I 处理后,1×MIC 万古霉素处理组的生物膜总量被显著抑制到与万古霉素未处理组相似的水平。

**结论** 1×MIC 的万古霉素诱导 hVISA 生物膜增强,且 eDNA 的释放是万古霉素增强 hVISA 生物膜形成的必要因素,这有助于解释万古霉素治疗 hVISA 感染失败率高的原因。

## PU-7241

## 脊柱外科术后患者深静脉血栓形成的早期诊断指标分析

梁湘辉

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 分析湘雅医院脊柱外科术后患者的临床资料, 探究其深静脉血栓形成的早期诊断指标。

**方法** 选取 2017 年 7 月-2019 年 4 月期间在湘雅医院行脊柱外科术后发生深静脉血栓的患者 41 例 (DVT 组), 另选取同一时期脊柱外科术后未发生深静脉血栓患者 52 例 (非 DVT 组), 收集两组患者的一般临床资料、C-反应蛋白(C-reactive protein, CRP)、血小板相关参数 (血小板计数 (blood platelet, PLT)、血小板比容、平均血小板体积 (Mean platelet volume, MPV)、血小板分布宽度 (platelet distribution width, PDW))、部分凝血常规及相关项目 (D-二聚体 (D-dimer, D-D)、纤维蛋白 (原) 降解产物 (Fibrinogen degradation product, FDP)、纤维蛋白原 (Fibrinogen, FIB))、彩色多普勒超声检查和 Caprini 评分结果, 进行统计学分析。

**结果** DVT 组病人的 CRP、FDP、D-二聚体结果及 Caprini 评分明显高于非 DVT 组, 差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ); Caprini 评分与 CRP、FDP、D-二聚体呈正相关 ( $P < 0.01$ ); CRP、FDP、D-二聚体、Caprini 评分单个指标、两指标联合、三指标联合 ROC 曲线分析结果均有较高的诊断价值。

**结论** 脊柱外科术后患者通过检测 CRP、FDP、D-二聚体、Caprini 评分均有助于 DVT 形成的早期诊断。

## PU-7242

## Analysis of Protein Biomarkers in Serum of Patients with Schizophrenia

Wei Jiang<sup>1</sup>, Chao Zhang<sup>2</sup>, Kaizhen Wang<sup>3</sup>, Kezhen Bai<sup>4</sup>

1. Sichuan Provincial People's Hospital &amp; Chengdu Tifu New Area People's Hospital

2. School of Medicine, University Of Electronic Science And Technology Of China

3. Department of Laboratory Medicine, Affiliated Hospital Of Southwest Medical University

4. Center for Mental Health, Affiliated Hospital Of Southwest Medical University

**Objective** Schizophrenia is one of the most severe mental disorders characterized by fundamental disturbances in thought, affect, emotion, and perception. Rapid diagnosis and treatment have been shown to positively impact the progression and outcome of schizophrenia. The aim of this study was to explore a high-throughput analysis of the serum protein profiles from individuals with schizophrenia and healthy controls, and to screen for potential biomarkers as a "signature" coupled with an artificial neural network (ANN) to predict schizophrenia.

**Methods** Sera were separated from the fasting blood specimens from 66 patients with schizophrenia and 62 control individuals. Protein fingerprints were detected using the ProteinChip technology. Data were comparatively analyzed to select protein biomarkers that were used to construct a predictive model based on an ANN. The model was repeatedly trained and blindly tested to validate the predictive efficacy for schizophrenia.

**Results** Overall, a total of 428 signal clusters were detected. Among them, 56 proteins were differentially expressed ( $P < 0.05$ ) between the two groups. Among them, five protein markers (mass-to-charge ratio at 2820, 3219, 3317, 4284, and 4347) were chosen to develop an ANN predictive model. The established model was blindly tested. Among the 32 schizophrenia subjects, thirty were correctly predicted and two were misjudged, and from the 36 control subjects, 33 were correctly predicted and three were misjudged. The model yielded a sensitivity of 91.7% and a specificity of 93.8%.

**Conclusions** No established laboratory tests, electrophysiological paradigms, or neuro-imaging studies are yet available to explicitly diagnose schizophrenia. The diagnostic or discriminating

process based on clinical symptoms always takes several weeks, months, and even years. Thus, there is often a delay in therapeutic opportunity until the correct diagnosis is established. It is urgent to establish a novel method for diagnosing schizophrenia as early as possible to avoid a serious outcome. Our preliminary study showed the potential of proteomic method for predicting schizophrenia. The established model based on the protein markers and ANN technology could be a promising method to predict and differentiate schizophrenia and deserves further study. The screened biomarkers might also be important indicators of schizophrenia risk and may give substantial insight into the pathogenesis of this devastating disorder.

## PU-7243

### 小檗碱对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌全基因组转录水平的影响研究

周芳芳,王蕾

上海市第八人民医院,200000

**目的** 通过 RNA-seq 分析小檗碱对耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 USA300 基因组表达谱的影响, 研究小檗碱的抑菌机制。

**方法** 用正常对照组 (A 组)、高浓度组 (B 组, 1/2MIC 组, 64 ug/ml)、低浓度组 (C 组, 1/8MIC 组, 16 ug/ml) 小檗碱处理耐甲氧西林金黄色葡萄球菌 USA300, 分析 USA300 差异基因表达情况。并将差异基因筛选条件设为:  $q\text{Value} < 0.05$ , 且差异倍数  $|\text{Foldchange}| > 2$ 。

**结果** 通过测序结果发现, 高浓度组与正常对照组相比, 共有 754 个差异基因表达, 其中 561 个基因上调, 193 个基因下调; 低浓度组与正常对照组相比, 只有 19 个基因有差异, 其中 11 个基因发生上调, 8 个基因发生下调; 高浓度组与低浓度组相比, 共有 590 个差异基因表达, 其中 402 个基因上调, 188 个基因下调。

**结论** 小檗碱作用于标准菌株 USA300, 主要通过调控细菌的生物过程及分子功能的差异基因表达情况来发挥小檗碱的抑菌作用。

## PU-7244

### 黄连解毒汤联合抗生素对 MRSA 体外抑菌效果的研究

周芳芳,王蕾

上海市第八人民医院,200000

**目的** 观察中药复方黄连解毒汤及其联合抗生素对临床分离 MRSA 菌的体外抑菌效果, 为中西医结合治疗 MRSA 感染寻找新的途径与方法。

**方法** 采用微量肉汤稀释法检测中药复方黄连解毒汤对 15 株临床分离 MRSA 菌的最低抑菌浓度 (MIC), 观察其体外抑菌效果; 同时采用棋盘法检测中药复方黄连解毒汤联合临床常用 4 种抗生素对 MRSA 的 MIC, 研究中药复方黄连解毒汤联合抗生素后是否提高抗生素对 MRSA 的抑菌效果。

**结果** 15 株临床分离 MRSA 菌中, 有 15 株对苯唑西林耐药, 11 株对庆大霉素耐药, 12 株对左氧氟沙星耐药, 11 株对克林霉素耐药; 单独使用中药复方黄连解毒汤时对 15 株临床分离 MRSA 菌的 MIC 范围为 4.69~37.5mg/mL; 黄连解毒汤联合抗生素实验中, 15 株耐苯唑西林的 MRSA 联合苯唑西林有显著的抑菌效果, 均为协同作用; 11 株对庆大霉素耐药的 MRSA 联合庆大霉素有 3 株协同、6 株相加、2 株无关; 12 株耐左氧氟沙星的 MRSA 联合左氧氟沙星有 1 株协同、11 株相加; 11 株耐克林霉素的 MRSA 联合克林霉素有 9 株协同、1 株无关、1 株拮抗。

**结论** 中药复方黄连解毒汤对 MRSA 有明显的抑菌效果；黄连解毒汤联合临床常用 4 种抗生素具有显著的协同抑菌效果，其联合抑菌效果依次为：苯唑西林 > 左氧氟沙星 > 克林霉素 > 庆大霉素。

## PU-7245

### The mean platelet volume (MPV) is not a useful predictor of the inflammatory status in psoriasis patients

Zhenxing Zhou

Department of Clinical Laboratory, Beijing Traditional Chinese Medicine Hospital Affiliated to Capital Medical University

**Objective** To investigate the variation of the MPV and evaluate its association with the inflammatory status and disease severity in psoriasis.

**Methods** 214 patients with psoriasis and 165 healthy subjects of controls were enrolled. The Psoriasis Area Severity Index (PASI) of psoriasis patients, peripheral leukocyte, neutrophile granulocyte, PLT, MPV, PDW, serum immunological globulin, complement and CRP concentrations were measured.

**Results** In psoriasis patients, the MPV and serum CRP significantly increased than that of controls. The serum CRP was significantly positively with PASI. The result of logistic regression analysis showed the MPV and serum CRP was important influence factors for psoriasis. The MPV of the mild inflammation group of psoriasis was statistically elevated than that of controls. Whereas with serum CRP increased, the MPV reduced gradually. In severity inflammation group of psoriasis, the MPV was only little higher as compared to controls but without obviously difference between them. The correlation analysis also noted that the MPV of psoriasis patients was significantly negatively correlated with serum CRP level.

**Conclusions** The MPV was closely associated with inflammation in psoriasis, however, due to the change of the MPV was intricately in the pathological process of inflammation, it might be not a suitable index for the clinic to assess the inflammatory situation as well as the psoriasis severity of patients. Further clinical investigations are necessary to clarify and verify this result with more population.

## PU-7246

### 临床锌元素检测结果自动审核规则建立

谢盼盼,张俊涛,董蔓莉,赵冬梅  
黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 随着人们越来越关注身体营养健康这一问题，体内微量元素检测逐渐引起广泛的重视。锌与人体生理过程的密切关系、锌元素缺乏及过量对人体健康的严重影响。在微量元素全血锌的检测过程中，如果保证检测质量的同时还能加快报告单发放周期，是很多医学实验室致力追求的目标。本文旨在建立一系列适合本实验室全血锌元素临床检验的结果自动审核规则并进行验证。

**方法** 以金域核心系统、（电感耦合等离子体质谱仪）ICP-MS 7900 设备为基础，通过临床检验指导书和文献查阅、临床反馈及经验，从自动审核检测范围规则确定、历史比对值审核规则、逻辑条件审核规则和质量控制审核规则方面建立相应的自动审核规则。并针对预警规则设定进行验证，分析预警通过率和自动审核人机一致性。

**结果** 建立自动审核规则涉及系统报警代码、复检规则、限值管理、逻辑规则等共 10 条，并通过正确性验证和完整性验证。利用自动审核系统审核 6695 个全血锌元素检测结果，预警通过 6546 个锌元素结果，通过率为 97.77%，自动审核和人工审核的符合率为 100%。同时，每发布 100 张锌元素检测报告单时可节约至少 30 分钟时间。

**结论** 锌元素作为人体必需的微量元素之一,被近代医学界、营养学界喻为人体的“生命之花”、“智慧元素”。本文成功建立实验室全血锌元素检测结果自动预警规则并通过验证,自动审核和人工审核的符合率为 100%,大大缩短了锌元素检测报告单的发布时间,减少临床患者的等待与焦虑,在医学实验室中的临床应用有重要价值。

PU-7247

## 慢性乙型肝炎患者免疫功能与中医辨证分型关系的研究

周芳芳,王蕾

上海市第八人民医院,200000

**目的** 寻找对慢性乙型肝炎患者中医辨证客观化有价值的实验室指标,为慢性乙型肝炎患者的中医辨证及中西医结合治疗提供客观依据。

**方法** 选取 48 例慢性乙型肝炎患者,其中湿热中阻证 14 例、肝肾阴虚证 17 例、肝郁脾虚证 17 例。分别检测慢性乙型肝炎患者的外周血 T 淋巴细胞亚群、Th17、Treg、IL-2、IL-6、IL-17 的含量,分析患者的免疫状态,初步探究慢性乙型肝炎患者免疫功能与中医辨证之间的关系。

**结果** 慢性乙型肝炎患者 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup>、CD8<sup>+</sup>细胞的百分比与正常对照组相比显著降低 ( $P < 0.05$ ),但 Th17 细胞的百分比、IL-17 的含量明显高于正常对照组 ( $P < 0.05$ );慢性乙型肝炎患者的 Th17/Treg 值明显高于正常对照组 ( $P < 0.05$ ),且湿热中阻证组、肝郁脾虚证组、肝肾阴虚证组的 Th17/Treg 值分别为  $1.61 \pm 1.63$ 、 $1.22 \pm 0.49$ 、 $1.25 \pm 0.40$  (正常对照组  $= 0.55 \pm 0.24$ );肝郁脾虚组的 IL-6 含量明显高于正常对照组 ( $P < 0.05$ ),但湿热中阻证组、肝肾阴虚证组均明显低于正常对照组 ( $P < 0.05$ )。 **结论** 慢性乙型肝炎患者中医辨证分型与细胞免疫指标存在一定相关性,实验室指标可以作为慢性乙型肝炎患者免疫功能及辨证分型重要依据。

**结论** 慢性乙型肝炎患者中医辨证分型与细胞免疫指标存在一定相关性,实验室指标可以作为慢性乙型肝炎患者免疫功能及辨证分型重要依据。

PU-7248

## 可溶性共刺激分子 B7-H3 在结直肠癌中的表达及临床意义

徐旻一,王蕾

上海市第八人民医院,200000

**目的** 检测结直肠癌 (CRC) 患者血清可溶性 B7-H3 (sB7-H3) 的水平,探讨其在 CRC 中的临床应用价值。

**方法** 选取 CRC 患者 232 例,结直肠良性疾病患者 87 例,以及健康体检者 59 例 (正常对照组)。分别测定 sB7-H3、癌胚抗原 (CEA)、糖类抗原 19-9 (CA19-9)、糖类抗原 72-4 (CA72-4) 及糖类抗原 50 (CA-50) 水平。采用受试者工作特征 (ROC) 曲线评价 B7-H3 对 CRC 的诊断效能;探讨 CRC 患者血清 B7-H3 水平与肿瘤部位、浸润深度、淋巴结转移状态、远处转移状态及肿瘤分期的相关性。

**结果** (1) CRC 组、结直肠良性疾病组和正常对照组三组间两两比较, sB7-H3 水平差异均有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。 (2) 在 CRC 组中, B7-H3 与 CA-50、CEA、CA72-4 均呈正相关 ( $r$  值分别为 0.220、0.217、0.142,  $P < 0.05$ ),而与 CA19-9 无相关性。 (3) ROC 曲线显示, B7-H3 的曲线下面积最大,为 0.862, cut-off 值为 20.50,此时的敏感度为 0.850,特异度为 0.759。 (4)



免疫组化显示, CRC 组阳性率为 58.6%, 炎症息肉组阳性率为 6.7%, 二组的阳性率比较差异有统计学意义 ( $P<0.01$ )。(5) CRC 患者血清 B7-H3 水平与肿瘤远处转移状态及病理学分期相关 ( $P<0.05$ ), 而与肿瘤患者的性别、年龄、肿瘤部位及淋巴结转移状态无关 ( $P$  均  $>0.05$ )。

**结论** B7-H3 对于 CRC 具有较好的辅助诊断价值, 且与肿瘤远处转移状态及病理学分期相关, 有助于临床早期诊断。

## PU-7249

### 乙型肝炎肝硬化患者血小板参数变化及临床意义

陈彧

陕西省延安市人民医院

**目的** 探讨乙型肝炎后肝硬化患者血小板参数的变化在临床中的意义

**方法** 检测 102 例乙型肝炎

炎后肝硬化患者的血小板参数 (血小板计数、血小板分布宽度、血小板比容、血小板平均体积) 和同期健康体检者作对照比较。

**结果** 乙型肝炎后肝硬化组比正常对照组 PLT、PCT 明显下降, MPV、PDW 明显升高, 差异均具有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 乙型肝炎后肝硬化患者血小板参数变化在

一定程度上能反应肝硬化患者的出血情况, 可作为乙型肝炎后肝硬化治疗和预后评估的重要指标。

## PU-7250

### 欧洲放线菌的生物学特性分析及 16S rRNA 测序分析

孙铭艳

潍坊医学院附属医院, 261000

**目的** 对临床分离的一株放线菌进行生物学特性分析及鉴定

**方法** 常规生化反应对放线菌进行生物学特性分析, E-Test 法进行药敏试验, VITEK2 进行鉴定, MALDI-TOF MS 系统和 16S rRNA 测序进行分析。

**结果** MALDI-TOF MS 系统和 16S rRNA 测序分析被鉴定为欧洲放线菌, 青霉素、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南和头孢曲松敏感 ( $MIC<1\text{ mg/L}$ ), 对红霉素和环丙沙星耐药 ( $MIC>1\text{ mg/L}$ )

**结论** VITEK 2 不能对分离出的细菌准确鉴定, MALDI-TOF MS 系统和 16S rRNA 测序分析可以对放线菌进行准确的鉴定。该菌对青霉素、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南和头孢曲松敏感, 对红霉素和环丙沙星耐药。放线菌的典型感染部位为头颈部、胸部和腹部, 皮肤感染罕见。常见的皮肤感染细菌有金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌、溶血性葡萄球菌。欧洲放线菌是一种短革兰氏阳性菌。其菌落大小约为 0.5 毫米。它光滑, 半透明, 灰白色, 兼性厌氧。过氧化氢酶阴性、硝酸盐还原试验阴性、尿素分解试验阴性、七叶皂苷水解可变、葡萄糖和麦芽糖分解可变、甘露醇和木糖不分解、蔗糖和糖原不分解可变、cAMP 试验阴性、半乳糖苷酶活性阳性、 $\alpha$ -葡萄糖苷酶活性阳性、 $\beta$ -N-乙酰葡萄糖 Osaminidase 活性为阴性。分离细菌的生化反应与放线菌的生化反应一致。大多数菌株是从人体脓肿部位分离出来的。放线菌病通常通过手术、药物、支持疗法来治疗。青霉素是药物治疗的首选。根据病情的严重程度, 可采用适当的剂量和疗程。如果青霉素过敏可以用红霉素、林可霉素和四环素抗生素治疗。青霉素和  $\beta$ -内酰胺酶抑制剂结合使用, 因为放线菌病的感染通常伴随着细菌产生  $\beta$ -内酰胺酶。

PU-7251

## 慢性乙型肝炎患者中医辨证分型与常用实验室指标相关性的研究

王微,王蕾

上海市第八人民医院,200000

**目的** 观察慢性乙型肝炎患者三种比较常见的中医证型（湿热中阻证、肝肾阴虚证、肝郁脾虚证）与实验室指标的相关性，寻找对慢性乙型肝炎患者中医辨证有价值的实验室指标。

**方法** 选取 88 例慢性乙型肝炎患者，其中湿热中阻证 31 例、肝肾阴虚证 29 例、肝郁脾虚证 28 例。分别检测慢性乙型肝炎患者的 ALT、AST、GGT、TbIL、DBiL、TBA、HBV-DNA、HBeAg、肝纤四项（Ⅲ型前胶原、Ⅳ型胶原、层粘连蛋白、透明质酸酶）实验室指标。

**结果** 湿热中阻证组患者 ALT、AST、TbIL、DBiL 升高的阳性率分别为 90.3%、71.0%、51.6%、67.7%，显著高于肝肾阴虚证组及肝郁脾虚证组（ $p<0.05$ ）；而 GGT、TBA 升高的阳性率为 61.3%、58.1%，与肝肾阴虚证组及肝郁脾虚证组无明显差异（ $p>0.05$ ）。HBeAg 的阳性率为湿热中阻证（56.7%）>肝郁脾虚证（46.2%）>肝肾阴虚证（25.9%）（注：HBeAg>1S/CO 为阳性）。肝纤化四项指标及 HBV-DNA 的阳性率为湿热中阻证>肝郁脾虚证>肝肾阴虚证。

**结论** 慢性乙型肝炎湿热中阻证患者的肝组织损伤及胆红素代谢障碍最为严重，且湿热中阻证组患者 HBV-DNA 病毒载量最高。慢性乙型肝炎患者中医辨证分型与实验室指标存在一定相关性。

PU-7252

## 乙型肝炎病毒检测方法对比分析

马鑫,张俊涛

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 通过比较乙型肝炎病毒表面不同检测标志（乙肝表面抗原、乙肝表面抗体、乙肝核心抗体、乙肝 e 抗原及乙肝 e 抗体）的检测方法及 HBV-DNA 定量检测，探究乙型肝炎病毒不同检测方法的优、缺点及不同检测方法对临床乙型肝炎诊断及鉴别诊断的意义。

**方法** 乙型肝炎病毒检测在临床中常采用酶联免疫吸附试验（ELISA）及放射免疫荧光法。其中酶联免疫吸附法常用于乙型肝炎五项的定性及定量检测，放射免疫荧光法则常用于乙型肝炎病毒定量检测。

**结果** 乙型肝炎病毒定量检测相对于定性检测有更多优势。乙肝五项检测能反映体内抗原、抗体的携带模式，检测在一定条件下机体的免疫情况，同时可为乙肝病毒感染提供间接证据，可用来机体有无感染乙肝病毒的排查。乙肝五项检测仅能初步估计乙肝传染性强弱，不能作为判断乙型肝炎病毒是否复制的指标。HBV-DNA 定量检测能通过扩增乙肝病毒核酸使对体内低水平的 HBV 病毒敏感，此方法是判断病毒复制的常用手段。乙型肝炎定量检测能反映乙肝患者体内的乙肝病毒数量及复制情况，能够准确的判断出乙肝病毒在体内的复制和传染强弱情况。乙型肝炎定量检测能够证实乙肝病毒的存在，是诊断乙肝病毒感染的有力依据。

**结论** 乙型肝炎可以预防但感染后很难治愈，目前主要用于控制乙肝疾病的主要方式为大规模的疫苗接种。通过乙肝五项检测与 HBV-DNA 定量检测对 HBV 感染患者的病情动态监测、预测疗效及乙型肝炎的临床诊断及鉴别具有着重要的意义。在临床用两种方法对乙肝患者同时进行检测可提高疾病的诊断率，也有利于疾病的监控，合理选择治疗方案及判断药物疗效。

## PU-7253

## 全血铅元素检验报告自动审核规则的建立及验证

谢滨姣,张俊涛,赵冬梅,董蔓莉,祖爽  
黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 随着现代化工业进程的推进,人工智能已经逐渐的覆盖到每一个行业的工作中。越来越多的医学实验室开展对检验结果的自动确认、检验报告的自动发布等自动化工作的研究。本文针对本实验室开展的全血铅元素检验报告的自动审核规则的建立及验证工作进行阐述。

**方法** 以集团实验室信息管理系统设置的逻辑规则模版为基础,根据临床生物化学检验工具书、儿童高铅血症和铅中毒分级和处理原则、重金属污染诊疗指南(试行)以及国内外相关参考文献提供的全血铅元素的临床意义为指导,构建了全血铅元素自动审核规则正确性验证和完整性验证体系。

**结果** 根据临床生物化学检验工具书、儿童高铅血症和铅中毒分级和处理原则、重金属污染诊疗指南(试行)以及国内外相关参考文献提供的全血铅元素的临床意义制定了自动审核的质控结果审核、复查规则、限值管理、各检测项目间结果相关性的逻辑关系、自动添加建议解释等 5 类规则共 14 条。通过临界条件验证方式进行规则正确性验证;通过人机比对的方式对系统的判读结果进行审核,对规则的完整性进行验证。正确度验证期间,验证了 4687 张自动审核通过率为 97.69%。完整度验证期间,验证了 1000 张报告单,人员与系统比对结果通过率为 100%。

**结论** 本研究通过两个月的比对工作,建立了全血铅元素的检验报告自动审核系统,能够有效的缩短报告单的运转周期,同时通过严格的规则范围将报告单自动审核的错误率降到最低,非常具有推广价值。

## PU-7254

## 欧洲放线菌的生物学特性分析

孙铭艳  
潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 对临床分离的一株放线菌进行生物学特性分析及鉴定

**方法** 常规生化反应对放线菌进行生物学特性分析,E-Test 法进行药敏试验,VITEK2 进行鉴定,MALDI-TOF MS 系统和 16S rRNA 测序进行分析。

**结果** MALDI-TOF MS 系统和 16S rRNA 测序分析被鉴定为欧洲放线菌,青霉素、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南和头孢曲松敏感( $MIC < 1 \text{ mg/L}$ ),对红霉素和环丙沙星耐药( $MIC > 1 \text{ mg/L}$ )。

**结论** VITEK 2 不能对分离出的细菌准确鉴定,MALDI-TOF MS 系统和 16S rRNA 测序分析可以对放线菌进行准确的鉴定。该菌对青霉素、哌拉西林/他唑巴坦、亚胺培南和头孢曲松敏感,对红霉素和环丙沙星耐药。放线菌的典型感染部位为头颈部、胸部和腹部,皮肤感染罕见。常见的皮肤感染细菌有金黄色葡萄球菌、表皮葡萄球菌、溶血性葡萄球菌。欧洲放线菌是一种短革兰氏阳性菌。其菌落大小约为 0.5 毫米。它光滑,半透明,灰白色,兼性厌氧。过氧化氢酶阴性、硝酸盐还原试验阴性、尿素分解试验阴性、七叶皂苷水解可变、葡萄糖和麦芽糖分解可变、甘露醇和木糖不分解、蔗糖和糖原不分解可变、cAMP 试验阴性、半乳糖苷酶活性阳性、 $\alpha$ -葡萄糖苷酶活性阳性、 $\beta$ -N-乙酰葡萄糖 Osaminidase 活性为阴性。分离细菌的生化反应与放线菌的生化反应一致。大多数菌株是从人体脓肿部位分离出来的。放线菌病通常通过手术、药物、支持疗法来治疗。青霉素是药物治疗的首选。根据病情的严重程度,可采用适当的剂量和疗程。如果青霉素过敏可以用红霉素、林可霉素和四环素抗生素治疗。青霉素和  $\beta$ -内酰胺酶抑制剂结合使用,因为放线菌病的感染通常伴随着细菌产生  $\beta$ -内酰胺酶。

## PU-7255

## 女性 HPV 病毒常见检测结果解释

马丽娜,张俊涛

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 通过对人乳头瘤病毒感染常见检测结果的简单介绍,帮助临床医生解读报告单,也能减轻患者不必要的心里负担。

**方法** 人类乳头瘤病毒(Human Papilloma Virus, 简称 HPV)是一种嗜上皮性的 DNA 病毒,有高度的特异性,HPV 病毒的感染可引起人类良性的肿瘤和疣,若该病毒生长在生殖器官附近皮肤和粘膜上会导致尖锐湿疣以及生长在粘膜上的乳头状瘤。有研究表明 HPV16 和 18 型长期感染可能与女性宫颈癌有关。宫颈癌虽然可怕,但其发生需要一个漫长的过程,而且宫颈癌是可以通过早筛查发现和预防的肿瘤,早期治疗患者的 5 年生存率能达到 90%以上,所以宫颈癌的早期筛查具有重大意义。常见的报告单有两种,一种是能定性的表明是哪种型别感染,通过报告单就可以知道感染的是哪种型别;一种的定量检测高危型别感染,通过报告单上的数字可以知道有没有感染 HPV 病毒,病毒含量是多少。对于定性检测,如果发现一种或几种型别阳性,无论是高危还是低危都不要恐慌,HPV 病毒的早期感染只要做到及时治疗是可以痊愈的,一定按照医生的建议正确用药,定期复查。对于定量检测的阳性表示是感染了某一种或者几种高危型的 HPV 病毒,数字的大小反映了病毒含量的多少,这时只需按照医生的医嘱进行治疗即可。保持好心态,增强自身免疫力对于 HPV 病毒的消除有很大的好处。

**结果** 若发现 HPV 病毒检测结果阳性不要害怕,及时治疗定期复查就好,HPV 病毒不可怕,但是对于身体不适已经有明确表征的患者一定要及时的检测和治疗,快速的知道病因及早的治疗,才能早日康复,在痊愈以后也要定期的监测体内病毒含量。

**结论** HPV 检测的结果能帮我们明确病毒感染的型别和(或)含量,正确认识报告单才能最大发挥 HPV 病毒检测的意义。HPV 病毒的早期检测至关重要,为了能够及早正确的治疗,一定要定期体检,对于感染过 HPV 病毒的患者即使痊愈后也要定期复查。

## PU-7256

## HBV 病毒临床常用检测方法的对比分析

马丽娜,张俊涛

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 通过对 HBV 病毒的特点极其检测的详细介绍,让患者和医生能够认识到 HBV 病毒的危害,以及在感染后能够正确的对待并选择正确的适合自己的检测方法,及时的发现和治疗,早日恢复身体健康。

**方法** HBV 病毒包含正嗜肝 DNA 病毒属和禽嗜肝 DNA 病毒属。其中正嗜肝 DNA 病毒属能引起人体感染,以 RNA 为前病毒进行 DNA 复制的病毒,再加上逆转录酶缺乏 3'-5'的核酸外切酶活性对 HBV 进行复制较准,突变率比其他的普通病毒要高 10 倍左右。据世界卫生组织报道,全球每年约有 20 亿人感染乙型肝炎病毒,约有 100 万人死于乙型肝炎病毒感染。该病毒不仅难彻底清除而且难以治愈,所以做好对乙肝的早发现、早治疗以及在治疗过程中病情的检测就显得尤为重要。目前临床常用的检测方法主要是把 HBV 血清标志物作为乙肝的主要检测和诊断依据,包括 HBV 抗原抗体检测和 HBV-DNA 检测,其中 HBV 抗原抗体检测是目前国内医院最常用的 HBV 感染所检测的项目;HBV-DNA 定量检测可帮助临床和患者了解患者体内病毒的复制情况指导治疗,常用方法是荧光定量 PCR。随着对乙肝病毒及其致病机理的的深入研究和对现有的检测方法进一步完善,无论

从检验原理还是从检测技术上都有新的突破。其中离心式微流控技术、高通量测序技术是当今研究的热门检测技术。

**结果** 目前 HBV 的检测技术已经能够较精准、快速的测得感染的具体情况，但是针对 HBV 自身的特点以及 HBV 的高突变性，不仅使 HBV 的检测工作变得更加重要，还加大了检测的难度，这就要求科研工作者在现有的基础上，继续研发出新的，能够集高效率、高灵敏度、高检出率、低成本、操作简便等等于一身的检测方法，让乙型肝炎能早发现，得到更及时、准确的治疗。

**结论** HBV 病毒的结构特殊性、感染后的难治愈性以及对身体危害性决定了乙肝治疗以及治疗过程中，甚至预后都需要定期的监测体内病毒含量，防止它卷土重来。综上对于感染过 HBV 病毒的人群需要终身的定期监测，对于没有感染过 HBV 病毒的人群，也需要定期体检关注有无感染。

## PU-7257

### 女性 HPV 病毒检测的方法和临床意义

马丽娜,张俊涛

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 通过对人乳头瘤病毒结构、感染的特点特别是检测方法的详细介绍，能够让大家更加详细的知道人乳头瘤病毒，能更有效的预防和治疗宫颈癌。

**方法** 人类乳头瘤病毒(Human Papilloma Virus, 简称 HPV)是一种嗜上皮性病毒，有高度的特异性，长期以来，已知 HPV 可引起人类良性的肿瘤和疣，如生长在生殖器官附近皮肤和粘膜上的人类寻常疣、尖锐湿疣以及生长在粘膜上的乳头状瘤。像乙肝病毒一样，HPV 也是一种 DNA 病毒。HPV 抵抗力强，能耐受干燥并长期保存，高温消毒和 2%戊二醛消毒可灭活。主要的黏膜高危型有 HPV-16、18、30、31、33、35、39 与宫颈癌、直肠癌、口腔癌、扁桃体癌有关。尤其是 HPV16 和 18 型长期感染可能与女性宫颈癌有关。子宫颈癌也被称为宫颈癌，在女性恶性肿瘤的排名中排第二。宫颈癌虽然可怕，但其发生需要一个漫长的过程，而且宫颈癌是可以通过早筛查发现和预防的肿瘤，早期治疗患者的 5 年生存率能达到 90%以上，所以宫颈癌的早期筛查具有重大意义。

**结果** 目前 HPV 病毒的检测方法多种多样，临床应用较多的主要有定性和定量两种。定性检测又包括 HPV 单独分型，目前主要有 21 个分型，最多可达到 27 个分型；排除检查法，重点检测 16、18 型，然后排除 16 18 型之后，其他型别再出一份报告结果，主要是因为 16、18 型是常见的宫颈癌的致病类型；分组型的检测方法，A5A6 分成一个组，A7 一个组 A9 一个组，总共三个分组，主要是根据当时致癌性的分布范围做的。定量检测主要采用 HC2 的方法和 HPV 荧光定量检测法。

**结论** 通过对 HPV 病毒及其早期检测的了解，明确了 HPV 病毒检测对于宫颈癌的筛查和早期预防的重要作用，肯定了 HPV 病毒检测的意义。及早的发现病毒感染，做到早检测，早预防，早治疗对于女性健康尤为重要。

## PU-7258

### Triglyceride-to-high density lipoprotein cholesterol ratio predicts clinical outcomes in patients with gastric cancer

Zhenlin Nie,Yanping Mei,Yishan Wang,Shukui Wang  
Nanjing First Hospital, Nanjing Medical University

**Objective** Correlation of triglyceride (TG)-to-high density lipoprotein cholesterol (HDL-C) ratio (TG/HDL-C) and survival of gastric cancer (GC) remains unclear. The purpose of this study was to explore the precise effect of TG/HDL-C on clinical outcomes in GC patients.

**Methods** Patients with GC were enrolled from 2006 to 2014. A total of 957 individuals from a single center were divided into prospective training and retrospective test cohorts. Optimal cutoff value of TG/HDL-C were determined using X-tile software to separate the training cohort into low and high survival groups survival groups according to TG/HDL-C levels. Survival analyses were performed using Kaplan-Meier curves and a Cox proportional hazards regression model.

**Results** Preoperative TG/HDL-C and clinical outcomes were obtained to determine the prognostic significance of serum lipids in the training and test cohorts. We observed that high TG and TG/HDL-C were significantly correlated with poor outcome in GC patients, and high TG/HDL-C harbored the highest areas under curve to independently predict 5-year overall survival in two cohorts. Furthermore, c-index of the prognostic nomogram including TG/HDL-C was significantly higher than that without it.

**Conclusions** In summary, TG/HDL-C was an efficient and independent prognostic factor to predict 5-year case fatality of GC patients and to improve the efficacy of its prognostic nomogram.

## PU-7259

### ICU 患者念珠菌感染的临床特点分析

杨勇文

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 回顾性分析湘雅医院检验科微生物实验室真菌病原学结果,整理重症监护室(Intensive Care Unit,ICU)念珠菌感染患者病例资料,探讨重症监护室 ICU 念珠菌血流感染患者的临床特点。

**方法** 选取中南大学湘雅医院 2018 年 ICU 念珠菌属感染患者,统计分析其念珠菌属感染率、药敏结果。选取 2016 年至 2018 年 ICU 念珠菌血流感染患者,统计外周血血常规、降钙素原(procalcitonin, PCT)、C-反应蛋白(C-reactive protein,CRP)等实验室指标。根据病史资料通过  $\chi^2$  检验及多因素 Logistic 回归分析明确其死亡相关危险因素。

**结果** 共纳入 281 例 ICU 念珠菌感染患者,其中白色念珠菌感染率最高(52.7%)。药敏结果表明念珠菌对两性霉素 B 敏感性为 98.6%,其次为 5-氟胞嘧啶 97.9%、氟康唑 92.9%、伊曲康唑 82.6%、伏立康唑 96.1%。纳入 ICU 血流念珠菌感染患者 51 例,根据生存情况分成死亡组与生存组,通过  $\chi^2$  分析发现与念珠菌血流感染患者死亡相关的危险因素是 APACHE II 评分 $\geq 20$ 、气管插管及气管切开术,进一步进行多因素 Logistic 回归分析表明 APACHE II 评分 $\geq 20$  是念珠菌血流患者死亡的独立危险因素。

**结论** 白色念珠菌是我院 ICU 患者念珠菌感染最常见的菌种,白色念珠菌对两性霉素 B 敏感性最高,对其它常用抗真菌药物亦保持较高的敏感性。而非白色念珠菌对氟康唑、伊曲康唑、伏立康唑有较高的耐药率。APACHE II 评分 $\geq 20$ 、气管插管和气管切开术是念珠菌血流感染患者死亡重要的危险因素,其中,APACHE II 评分 $\geq 20$  是念珠菌血流感染患者死亡的独立危险因素。

## PU-7260

### RDW 在消化道肿瘤诊疗中的应用研究新进展

钟白云

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 红细胞分布宽度(RDW)是反映红细胞的大小变化的一个参数,全自动血细胞分析仪通常利用电阻抗法来测量细胞的体积,当血细胞通过两个电极时,它们之间的阻抗瞬间增大,形成电脉冲,其与细胞的体积呈正比,因而根据脉冲的大小即可测出细胞的体积。

**方法** 近年来,随着全自动血细胞分析仪在我国的普及应用,RDW 已经成为了血常规检测的常见参数之一,主要用于贫血的诊断。

**结果** 在最近的研究中报告,RDW 与心血管疾病、高血压、炎症性肠道疾病和自身免疫性疾病均有关。

**结论** 近年来,越来越多的研究开始报告 RDW 在消化道肿瘤的诊断作用。本文就 RDW 在消化道肿瘤临床诊断中的研究进展作一综述。

## PU-7261

### 阈值法与二阶求导法应用于 HCV-RNA 实时荧光定量 PCR 的比较分析

杨辉,马亮,丛笑,刘倩,于洋,曹永彤  
中日医院,100000

**目的** 应用阈值法(定量参数为 Ct 值, cycle threshold)与二阶求导法(定量参数为 Cp 值, cross point)对 real-time PCR (外标法)扩增曲线进行分析,比较它们对 HCV-RNA 定量精密度的影响;探讨扩增效率受损时,比较它们对定量准确度的影响。

**方法** 中等浓度的核酸样本, LightCycler480 II 核酸扩增仪外标法重复检测 25 次,分别应用 Ct 值和 Cp 值计算浓度,比较二者 CV 值差异;使用 5 个已赋值的 HCV-RNA 标准品与 6 个血清样本,重复检测 8 次,用 Ct 值和 Cp 值计算浓度,比较二者的变异系数 CV(Coefficient of Variance);梯度减少扩增液体积,降低扩增效率,用 Ct 值和 Cp 值计算浓度,比较二者定量差异;在反应体系中梯度递加 PCR 扩增抑制剂(IgG, 16.50g/L),降低扩增效率,用 Ct 值和 Cp 值计算浓度,比较二者定量差异。

**结果** 混合样本重复检测 25 次,用 Ct 值和 Cp 值计算浓度, CV 为 23.12%与 7.75%;检测 5 个标准品( $1 \times 10^3$  IU/ml,  $1 \times 10^4$  IU/ml,  $1 \times 10^5$  IU/ml,  $1 \times 10^6$  IU/ml,  $1 \times 10^7$  IU/ml),用 Ct 值和 Cp 值分析浓度并比较 CV,前者均大于后者(30.58%vs27.69%, 20.08% vs 14.95%, 15.88% vs4.83%, 6.43% vs1.80%, 3.65% vs 3.47%);检测 6 个血清核酸样本( $2 \times 10^3$  IU/ml,  $1 \times 10^4$  IU/ml,  $5 \times 10^4$  IU/ml,  $2.5 \times 10^5$  IU/ml,  $2.5 \times 10^6$  IU/ml,  $2.5 \times 10^7$  IU/ml),用 Ct 值和 Cp 值分析浓度并比较 CV,前者亦大于后者(29.69% vs 25.31%, 11.98% vs 9.41%, 7.96% vs4.36%, 8.51% vs1.42%, 6.28% vs2.07%, 8.88% vs1.19%);扩增液减少时,用 Cp 值计算浓度,下降趋势更平缓;添加 PCR 抑制剂 IgG,用 Ct 值和 Cp 值值计算浓度,均明显下降。

**结论** real-time PCR (外标法)检测 HCV 病毒载量,用二阶求导法计算浓度,精密度优于阈值法,低浓度时优势较弱,中高浓度优势明显;扩增体系成分的终浓度存在差异并影响扩增效率时,用二阶求导法计算浓度,准确度优于阈值法;扩增体系含有抑制剂 IgG 时,应用阈值法与二阶求导法计算浓度,均被明显低估。

## PU-7262

### 运用行业标准对 sdLDL-C 试剂盒进行性能评价

王一杉,聂珍琳,梅燕萍  
南京市第一医院 医学检验科

**目的** 对 Beckman AU5800 生化分析仪上检测小而密低密度脂蛋白胆固醇(sdLDL-C)所用试剂盒进行性能评价。

**方法** 参考卫健委发布的 WS/T 492-2016、WS/T 408-2012 及 WS/T 402-2012 行业标准,选用异常和正常两个水平的质控品验证 sdLDL-C 试剂盒的测量精密度,选取尽量接近临床高值的样本配

制成一定浓度的样本验证 sdLDL-C 试剂盒的线性范围, 选取本院正常体检人群进行参考区间验证。

**结果** 2 个水平质控品的实验室内变异系数(CV)分别为 4.84%和 4.79%, 符合试剂盒宣称的不精密度。线性范围实验未发现离群点, 一次多项式  $y=0.491x-0.383$  为最适多项式。生物参考区间验证无离群点, 实验结果显示所有数据均落在厂家提供的生物参考区间范围内。

**结论** 该 sdLDL-C 试剂盒检测的精密度符合厂商宣称值, sdLDL-C 浓度在 0.103mmol/L-2.038mmol/L 范围内为线性范围, 厂家提供的生物参考区间可被本实验室直接引用。

## PU-7263

### Preliminary investigation on the levels of ApoA1, ApoA2, ApoA4 and ApoB within platelets from patients with hyperlipidemia

Wei Fang, JingYu Huang, TengYi Huang, Long Xie, HuGui Li, Jun Wang, Jun Yin  
the Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College

**Objective** Platelets often show an activated trend in hyperlipidemia patients. This study investigated the levels of ApoA1, ApoA2, ApoA4 and ApoB within platelets from patients with hyperlipidemia.

**Methods** 40 diagnosed patients with hyperlipidemia from the Second Affiliated Hospital of Shantou Medical College were enrolled into this study, consisting of 22 men and 18 women aged from 36 to 69 years old. 40 healthy cases matched with age and sex were selected from the Health Examination Center of the same hospital as healthy controls. 5ml peripheral blood was collected into anticoagulant tube containing EDTA-K2 from each person, which was centrifugated to separate platelet-rich plasma (PRP) by 200×g for 10min, and then to separate platelets by 1000×g for 10min. The levels of ApoA1, ApoA2, ApoA4 and ApoB within platelets were detected by flow cytometry. In addition, platelets protein was extracted for determination of the ApoA1, ApoA2, ApoA4 and ApoB contents by ELISA.

**Results** Both flow cytometry and ELISA showed that the levels of ApoA1, ApoA2, ApoA4 and ApoB within platelets from patients with hyperlipidemia were significantly increased than those from healthy controls ( $p<0.01$ ).

**Conclusions** The levels of ApoA1, ApoA2, ApoA4 and ApoB within platelets from patients with hyperlipidemia were all increased, it is suggested that platelets may be involved in regulating blood lipid metabolism in hyperlipidemia patients.

## PU-7264

### 延安市孕产妇 4 种常见感染性血清标志物 检测结果分析

雷茗智  
延安市人民医院, 716000

**目的** 了解该地区产妇乙型肝炎病毒、丙型肝炎病毒、梅毒、艾滋病毒的感染情况, 探讨孕产妇感染性血清标志物检测的意义。

**方法** 收集 2014~2016 年延安市人民医院和延安大学附属医院 7254 例孕产妇血清, 采用酶联免疫法进行检测, 对高龄组( $\geq 35$  岁)与适龄组( $< 35$  岁)的阳性率变化及连续三年阳性率变化趋势进行分析。

**结果** 2014~2016 年孕产妇血清感染性标志物中乙型肝炎病毒表面抗原(HBSAG)、丙型肝炎病毒抗体(抗-HCV)、梅毒螺旋体抗体(抗-TP)、人类免疫缺陷病毒抗体(抗-HIV)阳性率分别为 4.0%、0.7%、



0.9%、0.06%，HBSAG 阳性率明显高于其他三项，两两比较中 2016 年与 2014 年构比抗 TP 阳性率显著增高；高龄组 Hbsag、抗 HCV、抗 TP、抗-HV 阳性率分别为 88%、1.2%、19%、0.14%与适龄组相比 HBSAG、抗-HCV、抗-TP 阳性率显著增高。

**结论** 2014~2016 年抗-TP 阳性率呈逐年上升趋势，同时 Hbsag、抗-HCV、抗-TP 阳性率也随着年龄的增长而增高，因此应该加强本地区高龄户妇产前血清感染性标志物检测

## PU-7265

### 合肥某地区体检人群糖化血红蛋白结果分析

王波,张明亮,魏琦  
合肥金域医学检验实验室有限公司

**目的** 分析合肥某地区体检人群糖化血红蛋白（HbA1c）检测结果，探讨 HbA1c 在健康体检人群中的检出情况。

**方法** 2019 年 2 月~2019 年 3 月合肥某地区送检 970 例糖化血红蛋白标本，男性 493 例，女性 447 例，采用东曹 HLC-723G8 糖化血红蛋白分析仪检测 HbA1c。按性别、年龄各分为 5 组，男性 A 组（21~30 岁）104 例、B 组（31~40 岁）90 例、C 组（41~50 岁）123 例、D 组（51~60 岁）104 例、E 组（>60 岁）72 例，女性 a 组（23~30 岁）93 例、b 组（31~40 岁）116 例、c 组（41~50 岁）140 例、d 组（51~60 岁）79 例、e 组（>60 岁）49 例，并对检测结果进行统计学分析。

**结果** 970 例标本中，48 例 HbA1c 结果高于 6.5%，占 4.9%，其中男性 A 组 1 例、B 组 4 例、C 组 8 例、D 组 8 例、E 组 11 例，女性 a 组 0 例、b 组 2 例、c 组 4 例、d 组 4 例、e 组 6 例；HbA1c 总体水平男性高于女性（ $P<0.05$ ）；不同性别人群的 HbA1c 水平均呈现出随年龄上升而逐渐升高的趋势。

**结论** 在健康人群中，随着年龄的增加，HbA1c 检测结果有升高的趋势，建议中老年人群定期检测 HbA1c，以便及早发现血糖异常，提高糖尿病的早期诊断率。

## PU-7266

### 延安市部分健康体检人群血脂水平调查分析

曹云  
延安市人民医院,716000

**目的** 了解近三年来延安地区成年人群的血脂水平、血脂异常检出率及其在年龄、性别间的分布特征，为延安地区因血脂异常而导致的慢性疾病的预防提供科学的依据。

**方法** TG、CHO 测定采用酶法，HDL-C、LDL-C 采用直接法进行测定。

**结果** 延安市部分健康体检人群 TG、CHO、HDL-C 平均水平高于全国平均水平；血脂异常总检出率高于全国水平。TG、CHO、LDL-C 血脂水平及异常检出率与性别、年龄有关；血脂异常以男性 TG 异常更为显著且呈现年轻化趋势。不同性别组间对比：TG、CHO、LDL-C 总水平男性组高于女性，HDL-C 男性组低于女性；血脂异常检出率男性组均高于女性组。相同性别不同年龄段组间对比：男性 TG 水平随年龄先增高后降低，30~50 岁年龄段显著增高；CHO、LDL-C 均随年龄先增高后降低，在 40~50 组显著增高；HDL-C 随年龄变化趋势不明显。女性 TG、CHO、LDL-C 水平随年龄逐渐升高，50 岁后显著升高；HDL-C 随年龄变化趋势不明显。四项血脂指标三年变化趋势为：TG、CHO、LDL-C 为缓慢上升趋势，HDL-C 呈逐步下降趋势。

**结论** 延安市部分健康体检人群血脂水平呈逐年上升趋势。血脂水平及血脂异常检出率在年龄、性别组间存在明显差异，男性 TG 异常检出率呈年轻化趋势。提示该地区人群，特别是年龄 30~50

岁之间的男性以及绝经期前后的女性人群更应提高健康意识,合理改变膳食结构和生活方式,定期监测血脂指标,降低因血脂异常导致的慢性病的发生机率。

## PU-7267

### 脑梗死患者血清中血脂及同型半胱氨酸水平 在的相关性研究

陈鹏

郑州市第一人民医院,450000

**目的** 探讨患者脑梗死发生后血清中同型半胱氨酸(Hcy)与血脂水平的相关性,为防制脑梗死提供参考依据。

**方法** 收集我院神经内科 2018-2019 年度内 327 例脑梗死住院患者及体检中心 598 名正常体检者为研究对象,采集研究对象清晨空腹静脉血 3ml,离心收集血清,分别采用酶循环法和酶法进行血清中同型半胱氨酸和血脂水平进行检测,根据血脂检测结果计算动脉硬化指数(ASI),采用 Logistic 回归模型分析脑梗死发生的危险因素。

**结果** 结果正常组男性 312 人,女性 286 人,平均(44.65±10.27)岁;脑梗死组男性 194 例,女性 133 例,平均(63.17±10.76)岁。正常组共检出高 Hcy 血症 32 人,检出率为 5.35%,脑梗死组共检出高 Hcy 血症 41 人,检出率为 12.54%,差异具有统计学意义( $P<0.01$ )。Logistic 回归分析结果显示,高龄( $OR=1.107$ , 45%CI:1.110~1.164)、高 Hcy( $OR=1.032$ ,95%CI:1.050~1.135)、高总胆固醇( $OR=2.855$ ,95%CI:2.063~3.105)、高 ASI( $OR=1.934$ ,95%CI:1.799~2.062)是脑梗死发生的危险因素,女性( $OR=0.699$ ,95%CI:0.616~0.727)是脑梗死发生的保护因素。

**结论** 人体中血清同型半胱氨酸和总胆固醇水平和 ASI 升高可提升脑梗死的发病风险,定期对人体中血清同型半胱氨酸及血脂水平的监测,对于脑梗死的提前发现以预防有重要的参考意义。

## PU-7268

### 结直肠癌与 SOD 相关性的研究

张靖

中国人民解放军总医院第一医学中心,100000

**目的** 探讨超氧化物歧化酶(SOD)在结肠癌中的应用。

**方法** 以临床诊断及病理结果为标准,分组统计 2008 年 9 月至 2018 年 5 月共计溃疡性结肠炎 137 例和结肠癌 799 例检验结果为疾病组,并收集 2017 年 5 月至 2017 年 8 月正常体检人群 70 例为正常对照组。分析各组间 SOD 检验结果有无显著性差异。

**结果** 结肠癌患者 SOD 水平低于正常体检人群,结果有统计学差异( $P<0.01$ ),溃疡性结肠炎患者 SOD 水平低于正常体检人群,结果有统计学差异( $P<0.01$ ),结肠癌患者 SOD 水平低于溃疡性结肠炎患者,结果有统计学差异( $P<0.05$ )。

**结论** 结肠癌患者 SOD 水平低于溃疡性结肠炎患者,溃疡性结肠炎患者 SOD 水平低于正常体检人群。

PU-7269

## 尿培养念珠菌阳性标本 Sysmex UF-1000i 酵母样细胞计数分析

贺政新,张海谱,程琰,冉向阳,陈晶,霍晓赛,王缚鲲  
白求恩国际和平医院

**目的** 念珠菌尿是一种常见的临床症状。虽然尿液中检出念珠菌病原不代表尿路真菌感染,但不可忽视的是,对临床重症患者而言,即便尿路念珠菌定植也是发生念珠菌血症的重要危险因素。因此,简便快速的对念珠菌尿进行筛查具有重要的现实意义。本研究回顾性的对比分析尿培养与 Sysmex UF-1000i 酵母样细胞计数结果,了解酵母样细胞计数对念珠菌尿筛查的作用。

**方法** 回顾性收集整理 2016 年 1 月至 2017 年 8 月白求恩国际和平医院 1813 例住院患者(男性 837 例,女性 976 例)5233 份尿液分析数据,对比并统计分析其尿培养和尿常规酵母样细胞计数结果,并通过使用不同酵母样细胞 cut-off 值,计算酵母样细胞计数筛查念珠菌尿的灵敏度、特异性、阳性预测值和阴性预测值。

**结果** 5233 份尿液中,共培养出细菌 2441 株,念珠菌 347 株,白色念珠菌是尿液中分离出的主要念珠菌属病原体。根据尿液中念珠菌浓度将念珠菌培养阳性标本分为五组,发现从 $>10^6$ CFU 组到 $<10^3$ CFU 组,酵母样细胞检出率逐渐降低。其中,从 $10^4$ CFU 组到 $10^3$ CFU 组,酵母样细胞检出率出现急剧下降(64.3% VS 22.0%)。不同的 cut-off 值中,酵母样细胞计数为 0 时,约登指数最高(0.71),筛查念珠菌尿的灵敏度和特异性分别为 77.04%和 93.68%。经计算,酵母样细胞计数与尿培养诊断念珠菌尿有中等程度的一致性( $\kappa=0.496$ )。在 34 例有连续尿常规分析的念珠菌尿患者中,25 例在尿培养出现阳性前可观察到酵母样细胞计数阳性。

**结论** Sysmex UF-1000i 酵母样细胞计数凭借简便快速的优点,可以作为筛查念珠菌尿的辅助手段,用于尿培养前念珠菌阴性样本的排除。酵母样细胞计数对于念珠菌浓度 $10^4$ CFU 以上的尿液标本诊断效果较好,连续的酵母样细胞阳性与念珠菌尿密切相关。

PU-7270

## Hsa\_Circ\_0001275: A Potential Novel Diagnostic Biomarker for Postmenopausal Osteoporosis.

Kewei Zhao  
Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China.

**Objective** Circular RNAs (circRNAs) serve as potential diagnostic biomarkers. In this study, we aimed to identify a potential biomarker from peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) of patients with postmenopausal osteoporosis (PMOP).

**Methods** CircRNA expression in PBMCs from three pairs of samples from PMOP patients and controls was initially detected by circRNA microarray. The changes in selected circRNAs in PBMCs from 28 PMOP patients and 21 age- and sex-matched controls were confirmed using quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (qRT-PCR). Next, samples from 30 PMOP patients and 20 controls were used for further verification. Pearson correlation test was performed to assess the correlation between circRNAs and clinical variables. The area under the receiver operator characteristic (ROC) curve was calculated to evaluate the diagnostic value.

**Results** Six differentially expressed circRNAs were identified by chip microarray analysis, of which only hsa\_circ\_0001275 showed consistency and statistical significance in qRT-PCR. The correlation analysis between age, body weight, height, WBC, lymphocyte and monocyte count, bone density, T-score,  $\beta$ -CROSSL, OSTEOC, and TP1NP showed that hsa\_circ\_0001275 was negatively correlated with T-score. ROC curves showed that hsa\_circ\_0001275 has significant diagnostic value in PMOP (AUC=0.759,  $P < 0.001$ ).

**Conclusions** This study suggests that hsa\_circ\_0001275 may serve as a potential diagnostic biomarker for PMOP.

PU-7271

## 微信平台结合 seminar 教学模式在检验实习中的构建及应用

李得春

内蒙古科技大学第一附属医院（原：包头医学院第一附属医院），014000

**目的** 毕业实习是各医学专业学位教学环节中的关键环节，是医学生将所学的理论知识运用于临床实践的过程。这个过程的带教效果直接影响学生实习质量，为了提高学生的实习质量，本文针对当前医院检验科毕业实习中存在的各种问题，将微信平台结合 seminar 教学模式引入检验科毕业实习中，构建新型的教学模式并予以实施

**方法** 将微信平台结合 seminar 教学模式引入检验科毕业实习中，构建新型的教学模式并予以实施

**结果** 结果表明此教学模式不但提高了学生的实习效果，而且促进了教师教学质量的提升。

**结论** 实践证明，要想充分利用好这种教与学的新模式，需要一些方法和要求，甚至还有理念的问题。这意味着微信平台结合 seminar 教学模式在今后的检验实习中需要进一步完善和推广，帮助学生顺利地过度到工作打好基础。

PU-7272

## 基层医院检验危急值管理的实践与体会

甄拴平

宝鸡市中医医院

**目的** 通过本院检验危急值管理的持续改进，探讨基层医院检验危急值管理中的措施和效果。

**方法** 分析近年来我院危急值管理诊断的建立、应用，危急值项目与范围的新增、调整，总结应用的体会。

**结果** 我们认为，基层医院检验危急值的管理应至少做到以下几点：要通过实验室信息管理系统与电话报告相结合的方式报告危急值结果；随着医学科技的发展及新的检验项目的应用，应及时对检验危急值项目进行调整补充；同时要做好危急值项目的持续调整及专科危急值的初步设置。

**结论** 基层医院通过加强危急值制度的建立、培训、落实和监管，利用信息化手段进行管理对于推进检验危急值报告制度执行效果的持续改进具有显著价值。

PU-7273

## The relation between platelet microparticles and aspirin resistance in the elder with coronary heart disease

Xia Kang,Yu ru Li,Yu long CONG,Xin li DENG

Laboratory Medicine Department, The Second Medical Center, Chinese PLA General Hospital

**Objective** To observe the change of amount and activity for platelet microparticles is one of cause to aspirin resistance or not.

**Methods** The amount and PAC-1 marker and CD62p marker of platelet microparticles were measured in aspirin resistance((n=10) and no aspirin resistance(n=10). The platelet in venous blood were counted. Prothrombin time and APTT and fibrinogen and D-dimer of plasma were measured.

**Results** To no aspirin resistance, the platelet microparticles in aspirin resistance were more (P <0.01) and expressed more PAC-1 marker and CD62p(P <0.01). There was no obvious

difference in the amount of platelet, Prothrombin time and APTT and fibrinogen and D-dimer of plasma.

**Conclusions** The amount and activity of platelet microparticles are relative to aspirin resistance.

#### PU-7274

### Serum Cystatin C Levels in Twin Pregnancy versus Singleton Pregnancy

Jian ming Peng

1.Nanfeng Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China.

2.Zhongshan Boai Hospital

**Objective** To explore whether there was an increased secretion of cystatin C (Cys C) in twin pregnancy.

**Methods** Patients with a total of 281 singleton pregnancies (including 38 patients with preeclampsia) and 72 twin pregnancies, as well as 42 patients who were not pregnant, were included in this study. We tested levels of serum Cys C, creatinine, and uric acid, along with the estimated glomerular filtration rate (eGFR), in different groups.

**Results** The levels of serum Cys C in all 3 trimesters for women with twin pregnancy were much higher than those in the corresponding trimesters for women with singleton pregnancy. However, we observed little change in eGFR in the corresponding trimesters. Cys C/eGFR in the second and third trimester of twin pregnancy increased, compared with the corresponding trimesters of women with singleton pregnancy. Levels of serum Cys C were higher in the third trimester in women with twin pregnancy than that in patients with preeclampsia. Also, Cys C/eGFR in the third trimester of twin pregnancy was close to the level observed in patients with preeclampsia.

**Conclusions** Increased secretion of Cys C could contribute to the elevated serum Cys C levels that we observed in twin pregnancy.

#### PU-7275

### 胡桃夹综合征患者不同体位尿蛋白定量检测的日内变异分析

张凯,邱玲

中国医学科学院北京协和医院,100000

**目的** 报道 2 例胡桃夹综合征患者随机尿微量白蛋白肌酐比 (ACR) 和尿总蛋白肌酐比 (PCR) 两项与 24h 尿总蛋白定量 (24hUTP) 结果不一致的临床案例并对患者不同体位时随机尿蛋白日内变异进行分析。

**方法** 首先多普勒超声确诊 2 位患者为胡桃夹综合征, 然后留取 2 位患者分别在平卧和正常活动 24h 期间的每次尿中的 1ml 标本分别检测 ACR 和 PCR, 其余并入 24h 总尿检测 24hUTP, 分析不同体位下 ACR 和 PCR 的变异性及与 24hUTP 的一致性。

**结果** 平卧期间, 2 位患者随机尿 ACR, PCR 和 24hUTP 均在参考范围内, 结果均一致; 正常活动期间, 2 位患者随机尿 ACR 和 PCR 都有个别异常升高超出参考范围, 24hUTP 分别是 0.21g/24h 和 0.05g/24h, 结果严重不一致。

**结论** 胡桃夹综合征会引起体位性蛋白尿, 从而导致患者随机尿蛋白日内变异较大, 会出现个别随机尿蛋白与 24h 尿总蛋白结果不一致, 建议患者用晨起第一次尿和 24h 尿来监测尿蛋白的排泄情况。

## PU-7276

## 老年人外周血淋巴细胞亚群百分比随年龄变化趋势

康霞,曹荟哲,陈瑞,邓新立  
中国人民解放军总医院第二医学中心

**目的** 分析老年人外周血淋巴细胞亚群随年龄变化趋势,初步调查老年人不同年龄段淋巴细胞亚群参考值范围。

**方法** 选取本院 962 例健康个体,分为<40 岁,41 岁-45 岁,46 岁-50 岁,51 岁-55 岁,56 岁-60 岁,61 岁-65 岁,66 岁-70 岁,71 岁-75 岁,76 岁-80 岁,81 岁-85 岁,86 岁-90 岁,91 岁-95 岁,共 12 个年龄组。以 CYTOMICS FC500 流式细胞仪测定外周血 CD3+T、CD4+T、CD8+T、CD4+CD25+T、CD8+CD28+T、CD8+CD28-T、CD19+B、CD16+CD56+NK 细胞百分比。

**结果** 老年人外周血 CD3+T、CD4+T、CD19+B 细胞百分比及 CD4/CD8 比值与年龄呈显著负相关,  $p$  值均小于 0.0001; CD16+CD56+NK 细胞比例与年龄呈显著正相关( $P<0.0001$ ); 其它细胞亚群如 CD8+T、CD4+CD25+T、CD8+CD28+T 及 CD8+CD28-T 细胞与年龄相关性不明显( $P>0.05$ )。老年人各年龄段 CD3+T、CD4+T、CD19+B、NK 细胞 95%参考区间存在显著差异( $p<0.0001$ ),变化趋势为随年龄增长而降低。CD8+T 细胞各年龄组参考值区间存在差异( $p<0.05$ ),但随年龄变化趋势不明显。

**结论** 老年人外周血淋巴细胞亚群呈现年龄相关性变化趋势,不同年龄段淋巴细胞亚群参考值范围初步分析存在统计学差异,各年龄段淋巴细胞亚群参考值范围的建立需更多数据,我们正在进行补充研究。临床医生在分析老年人外周血淋巴细胞亚群检测结果时应考虑年龄因素。

## PU-7277

## TB-IGRA 与结核抗体联合检测的结果分析及临床应用

王华,党丽君  
宝鸡市中医医院

**目的** 探讨结核 T 细胞  $\gamma$ -干扰素释放试验(TB-IGRA)联合结核抗体检测在结核病诊断中的应用价值。

**方法** 选择我院于 2015 年 1 月-2019 年 3 月期间 2350 例疑似结核病进行了 TB-IGRA 及结核抗体的联合检测,并选择其中确诊的结核病患者 90 例(结核组),非结核呼吸系统患者 98 例(非结核组)及同期健康体检者 60 例作为对照组。观察不同性别、年龄组间 TB 阳性率及 T 细胞释放 IFN- $\gamma$  含量的差异,探讨 TB-IGRA、结核抗体检测结核病的阳性率及联合检测灵敏度和特异度。

**结果** 男性结核抗体阳性率高于女性,差异有统计学意义( $\chi^2=14.42, P<0.001$ ),不同年龄组间结核抗体阳性率差异无统计学意义( $\chi^2=3.15, P>0.05$ );男性 T 细胞释放 IFN- $\gamma$  含量高于女性,差异有统计学意义( $U_{\text{Mann-Whitney}}=597701.00, P<0.001$ ),不同年龄组间 T 细胞释放 IFN- $\gamma$  含量差异无统计学意义( $\chi^2_{\text{Kruskal-Wallis}}=2.38, P>0.05$ )。TB-IGRA 试验诊断结核病的灵敏度为 82.2%,特异度为 90.8%,高于结核抗体的检测;联合结核抗体检测灵敏度和特异度高于单项 IGRA、结核抗体检测。

**结论** TB-IGRA 联合结核抗体检测在结核病诊断中具有重要价值,诊断阳性率较高,且联合诊断灵敏度和特异度较高。

## PU-7278

## LncRNA-RP11-714G18.1 suppresses vascular cell migration via directly targeting LRP2BP

Yuan Zhang

Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong

**Objective** Atherosclerotic cardiovascular disease is considered as the leading cause of mortality and morbidity worldwide. Accumulating evidence supports an important role for long noncoding RNA (lncRNA) in the pathogenesis of atherosclerosis. Nevertheless, the role of lncRNA in atherosclerosis-associated vascular dysfunction and the underlying mechanism remain elusive.

**Methods** Here, using microarray analysis, we identified a novel lncRNA RP11-714G18.1 with significant reduced expression in human advanced atherosclerotic plaque tissues.

**Results** We demonstrated in both human vascular smooth muscle cells (VSMCs) and endothelial cells (ECs) that RP11-714G18.1 impaired cell migration, reduced the adhesion of ECs to monocytes, suppressed the neoangiogenesis, decreased apoptosis of VSMCs and promoted nitric oxide production. Mechanistically, RP11-714G18.1 could directly bind to its nearby gene LRP2BP and increased the expression of LRP2BP. Moreover, we showed that RP11-714G18.1 impaired cell migration through LRP2BP-mediated downregulation of matrix metalloproteinase (MMP)1 in both ECs and VSMCs. In atherosclerotic patients, the serum levels of LRP2BP were positively correlated with high-density lipoprotein cholesterol, but negatively correlated with cardiac troponin I.

**Conclusions** Our study suggests that RP11-714G18.1 may play an athero-protective role by inhibiting vascular cell migration via RP11-714G18.1/ LRP2BP/MMP1 signaling pathway, and targeting the pathway may provide new therapeutic approaches for atherosclerosis.

## PU-7279

## 2013-2018 年医院新生儿细菌感染的变迁及耐药性分析

任峥,邹翠美

宁夏医学院第二附属医院/银川市第一人民医院,750000

**目的** 了解 2013-2018 年银川市第一人民医院所在地区新生儿感染细菌的变迁特征及耐药性,为新生儿科合理使用抗菌药物和预防控制医院感染提供依据

**方法** 分析该期间检出病原菌的构成比及对抗菌药物的耐药性变迁,采用 BD Phoenix100 仪器结合纸片扩散法进行药敏试验,按 CLSI 标准判断结果。

**结果** 2013-2018 年检出 1156 病原株,其中革兰阴性菌 787 株,占 68.1%;以大肠埃希菌为主、其次是肺炎克雷伯菌、阴沟肠杆菌、鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌,检出率分别为 22.1%、17.0%、7.9%、5.3%、3.5%。革兰阳性菌 369 株,占 31.9%;以金黄色葡萄球菌为主,其次是表皮葡萄球菌、溶血葡萄球菌,检出率分别为 12.8%、6.1%、3.5%。所有肠杆菌科细菌对亚胺培南、美罗培南耐药率 6%、5%,其次是铜绿假单胞菌是 7.3%、2.4%,而鲍曼不动杆菌耐药率均是 3.3%;碳青霉烯类耐药的肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌比例分别接近 14.3%和 1.6%,未检出耐万古霉素、替考拉宁、利奈唑胺的革兰阳性菌。

**结论** 该医院所在地区新生患儿感染细菌以大肠埃希菌居多,呼吸道感染最为常见,三代头孢菌素耐药的大肠埃希菌变化不大,碳青霉烯酶耐药的肺炎克雷伯菌检出率近年有上升趋势。

## PU-7280

## Haemoglobin, Red blood cell count, and Hematocrit changes in healthy people over 60 years of age

Ji hong Yu, Xin li Deng,Xia Kang, Mei liang Gong,Xiao lu Niu ,Li li Cai  
Laboratory Medicine Department, The Second Medical Center , Chinese PLA General Hospital

**Objective** The objective was to determine the tendency of Haemoglobin, Red blood cell count, and Hematocrit with ages in the elderly.

**Methods** Medical examination data of 6190 healthy people age sixty years and above were reviewed retrospectively.RBC, HB and HCT data followed at 1-5-yr intervals was analyzed using statistical software SPSS.

**Results** Differences of RBC, HB and HCT among different age subgroups was significant statistically ( $P < 0.0001$ ), and between sex as well ( $P < 0.01$ ), as the subjects age, RBC, HB, and HCT levels showed declines in male, similar in the age 60-80 female group but with a less obviously descent and >80 female have an ascendant tendency. Mean RBC declined from 4.82 to  $4.28 \times 10^{12}/L$  in men, and from 4.41 to  $4.21 \times 10^{12}/L$  in women; HB declined from 150.65 to 134.32 g/L in men, and from 134.30 to 130.48 g/L in women , HCT declined from 0.44 to 0.42g/L in men, and from 0.40 to 0.39 L/L in women.

**Conclusions** Applicable reference intervals of HB, RBC, and HCT for elder have established to provide more accurate diagnostic parameters for Anaemia.

## PU-7281

## Rapid and reliable diagnostic method to detect Zika virus by real-time fuorescence reverse transcription loop-mediated isothermal amplfcation

Xu-Guang Guo

1.Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong Province, 510515, China

2.Department of Clinical Laboratory Medicine, The Third Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University, Guangzhou 510150, Guangdong Province, China

**Objective** To detect Zika virus more rapidly and accurately, we developed a novel method that utilized a real-time fuorescence reverse transcription loop-mediated isothermal amplification (LAMP) technique.

**Methods** The NS5 gene was amplified by a set of six specifc primers that recognized six distinct sequences. The amplification process, including 60 min of thermo- static reaction with Bst DNA polymerase following real-time fuorescence reverse transcriptase using genomic Zika virus standard strain (MR766), was conducted through fuorescent signaling.

**Results** Among the six pairs of primers that we designate here, NS5 was the most eficient with a high sensitivity of up to 3.3 ng/ $\mu$ l and reproducible specifcity on eight pathogen samples that were used as negative controls. The real-time fuorescence reverse transcription LAMP detection process can be completed within 35 min.

**Conclusions** Our study demonstrated that real-time fuorescence reverse transcription LAMP could be highly beneficial and convenient clinical application to detect Zika virus due to its high specifcity and stability



## PU-7282

## CYP2C19 基因检测与氯吡格雷在急性冠脉综合征患者行 PCI 术后抗血小板聚集治疗中的应用价值

赵连爽

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 探讨细胞色素 P450 2C19 (CYP2C19)基因多态性与接受经皮冠状动脉介入术(percutaneous coronary intervention,PCI)治疗的急性冠脉综合征(acute coronary syndrome,ACS)患者术后个体化应用抗血小板药物的相关性以及随访术后不良心血管事件发生状况。

**方法** 选择 2013 年 4 月至 2014 年 9 月住院治疗并行 PCI 的 ACS 患者 305 例,根据患者携带 CYP2C19\*1、\*2、\*3 等位基因不同分为快代谢(\*1/\*1)、中代谢(\*1/\*2 \*1/\*3)和慢代谢(\*2/\*2, \*2/\*3, \*3/\*3)三组,入院后均接受常规双联抗血小板治疗,比较 PCI 术前和术后个体化抗血小板治疗后检测 ADP 诱导的血小板聚集率(the ADP-induced platelet inhibition rate,PAgT),并比较随访患者 18 个月的不良心血管事件发生率,应用 SPSS18.0 统计软件包进行统计学分析。

**结果** 快代谢组、中代谢组及慢代谢组间的临床基线资料比较,无显著性差异;三组 PCI 术前 ADP 诱导的血小板聚集率之间比较有显著性差异( $p<0.05$ );PCI 术后个体化抗血小板治疗后三组 ADP 诱导的血小板聚集率之间比较无显著性差异;随访三组 6 个月、12 个月和 18 个月组间不良心血管事件发生率之间没有显著性差异。

**结论** 接受 PCI 治疗的 ACS 患者 CYP2C19 基因型检测,有助于对氯吡格雷代谢抵抗患者进行个体化替代治疗,从而有效降低氯吡格雷中代谢、慢代谢患者的不良心血管事件的发生。

## PU-7283

## 应用 PDCA 规范医院 POCT 项目管理

陈卓诚<sup>1</sup>,卢文深<sup>1</sup>,覃俊龙<sup>1</sup>,李雪<sup>2</sup>,杨林<sup>3</sup>,莫红梅<sup>1</sup>,蔡钦泉<sup>1</sup>,胡纪文<sup>1</sup>

1.深圳市罗湖医院集团医学检验实验室

2.深圳市罗湖医院集团罗湖区人民医院急诊科

3.深圳市罗湖医院集团罗湖区人民医院质控科

**目的** 加强床旁检验(POCT)质量控制,保证 POCT 检验结果的可靠性和准确性。

**方法** 采用访谈、头脑风暴、现场观察等方法,从人、机、料、法、环等 5 个方面,对 POCT 质量管理体系进行分析,利用 PDCA 对罗湖区人民医院所属 18 个临床科室共 42 台 POCT 仪器的项目进行标准化管理,对实施 PDCA 前后质量指标进行对比。

**结果** 经过改进,全院 POCT 血糖、心肌标志物室内质控开展率均达到 100%;血气分析室内质控开展率为 100%;急诊科、内分泌科参加 2017 年度卫生部临床检验中心血糖项目室间质评,急诊科参加 2017 年度卫生部临床检验中心血气分析项目室间质评,成绩优秀;全院血糖、血气分析、心肌标志物均参与了室间比对,比对参与率达到 100%;POCT 血糖比对合格率达到 100%,血气分析、心肌标志物比对合格率为 0%,仍需继续整改;各开展 POCT 检验项目科室操作人员考核合格才准予上岗操作;将 POCT 项目纳入检验科 LIS 系统统一管理。对 POCT 仪器建立仪器档案,建立仪器基本情况登记表、授权操作人员一览表、仪器维护保养校准记录;建立 POCT 试剂出入库登记,统一进行管理;建立 POCT 项目危急值管理。

### 结论

建立规范的 POCT 质量管理体系,进行持续改进。通过统一编码进行仪器管理;定期培训并进行考核;定期进行仪器性能评价;规范分析前采样要求;建立 SOP 质量体系文件,规范室内质控,室间质评及室间比对保证检验质量;规范检验报告单及完善危急值管理。通过 3 个 PDCA 循环,使我院 POCT 检测体系质量达到标准化管理要求。

## PU-7284

## 硫化氢代谢异常影响胚胎转运

宁楠楠

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 异位妊娠严重影响育龄期女性健康，其中输卵管妊娠所占比例较高。硫化氢是一种气体信号分子，该信号系统参与体内的多种生理和病理过程。胱硫醚- $\gamma$ -裂解酶和胱硫醚- $\beta$ -合成酶是硫化氢代谢的两种关键酶。

**方法** 采用免疫印迹和免疫荧光方法，借助硫化氢缓释剂 GYY4137 和 NaHS，以及胱硫醚- $\beta$ -合成酶敲基因小鼠进行研究。

**结果** 通过免疫印迹和免疫荧光，发现胱硫醚- $\gamma$ -裂解酶和胱硫醚- $\beta$ -合酶存在于人输卵管上皮细胞，硫化氢信号传导抑制输卵管的自发收缩。GYY4137、NaHS 和胱硫醚- $\beta$ -合成酶敲基因小鼠试验，发现硫化氢信号传导的异常导致小鼠胚胎滞留在输卵管并且发育滞后。

**结论** 研究结果揭示了输卵管胚胎运输的新调节机制，为异位妊娠预防和治疗研究提供帮助。

## PU-7285

## 中国早发性弥漫型胃癌 CDH1 突变情况与临床特征研究

潘志文,王明丽,张毅敏,单绿虎,吴杰,徐笑红

浙江省肿瘤医院,310000

**目的** 研究中国早发性弥漫型胃癌 CDH1 突变状况，分析突变与临床特征之间的关系。

**方法** 按标准收集浙江省肿瘤医院 2013-2019 年住院的早发性胃癌病例共 226 例。设计引物扩增 CDH1 基因 16 个外显子及其部分内含子区域，Sanger 测序法对扩增产物进行测序。Mutation Surveyor 对测序图进行突变分析。

**结果** 226 例早发性弥漫型胃癌病例中，男性 84 人，女性 142 人。共检测到 CDH1 突变 30 例，男性突变携带者 10 人，女性 20 人。男性家族史病例 24 人，其中突变者 4 人；女性 28 人有家族史，突变者 3 人。共检测到 CDH1 突变 15 种，其中无义突变 3 种，分别是 p.R63X，p.C163X 和 p.W409X；其余突变为错义突变。突变携带者最多的是 p.E806K，其次是 p.E551Q 和 p.T340A。

**结论** CDH1 基因是中国早发性弥漫型胃癌的重要致病基因。

## PU-7286

## 甲氯芬那酸影响视网膜色素上皮细胞的间隙连接

宁楠楠

山东大学齐鲁医院,250000

**目的** 非甾体抗炎药通常用于治疗疼痛和炎症。非甾体抗炎药使用中会产生较严重的副作用，比如影响视力，但是其潜在机制尚不明确。本研究旨在探讨甲氯芬那酸对视网膜色素上皮细胞的影响。

**方法** 应用图像分析和全细胞膜片钳技术测量甲氯芬那酸对视网膜色素上皮细胞间隙连接的影响。荧光转移分析显示视网膜色素上皮细胞间的间隙连接通讯。

**结果** 膜片钳实验表明视网膜色素上皮细胞之间存在间隙连接，甲氯芬那酸能够抑制间隙连接并诱导视网膜色素上皮细胞的解偶联。其他非甾体抗炎药，如阿司匹林和氟芬那酸，也具有相同的效果。

**结论** 视网膜色素上皮细胞存在间隙连接, 可被甲氯芬那酸阻断。该发现可部分解释非甾体抗炎药临床使用中的视力问题。

## PU-7287

### 原发性肾病综合征高脂血症与肾功能的相关性及尿液形态学特点

苗杰<sup>1</sup>, 陈雅斌<sup>2</sup>, 王鑫<sup>1</sup>

1. 解放军第 970 医院

2. 福建医科大学泉州第一附院

**目的** 研究原发性肾病综合征 (PNS) 患者高脂血症与肾功能评价指标间的关系, 并分析其尿液形态学特点。

**方法** 比较 PNS 组与其它肾病对照组、健康对照组的血脂水平, 主要评价指标包括甘油三酯(TG)、总胆固醇(TC)、高密度脂蛋白(HDL)、低密度脂蛋白(LDL)、载脂蛋白 A1(Apo A1)、载脂蛋白 B(Apo B)等。Spearman 相关分析和 Logistic 线性回归分析研究 PNS 组内各项血脂指标与肾功能指标, 白蛋白 (ALB)、肾小球滤过率(eGFR)、血肌酐 (Scr)、血清尿素氮 (BUN) 和 24 小时尿蛋白定量 (24h Pro) 等之间的相关性, 并对 PNS 患者尿液进行镜检, 观察尿液形态学特征改变。

**结果** PNS 组各项血脂指标明显高于疾病对照组和健康对照组, 差异具有统计学意义( $p < 0.05$ ); Spearman 相关分析发现 ALB、eGFR、SCr 与血脂指标存在相关性; Logistic 线性回归分析显示低 ALB 水平和 LDL、eGFR 和 HDL 互为水平变化的危险因素, 同时低 ALB 水平还可促进 TC、ApoB 升高, eGFR 还可促进 ApoA1 升高, 低 HDL 水平促进 SCr 升高; 而血脂升高的 PNS 病例镜下可见脂肪变性的肾上皮细胞或脂肪管型。

**结论** PNS 患者血脂指标明显升高, 且存在血脂指标与肾功能指标相互促进关系。PNS 尿液有形成分出现脂肪变性, 可作为肾脏脂质沉积和肾功能损伤的表现。

## PU-7288

### 2015-2016 年四川地区 Whire Union 肠杆菌科细菌耐药性监测

边沁, 何先伟

广元市中心医院

**目的** 了解 2015-2016 年四川地区 Whire Union 耐药监测网肠杆菌科细菌临床分布和耐药性监测情况。

**方法** 选择 2015 年 1 月到 2016 年 12 月四川地区三甲医院门诊及住院患者标本中分离到的肠杆菌科细菌, 采用 VITEK-2 微生物自动鉴定仪以及相应复合药敏板卡进行菌株鉴定及药敏试验。

**结果** 2015 年 1 月到 2016 年 12 月四川地区肠杆菌科主要分离菌属为埃希菌属 (50.97%), 克雷伯菌属 (30.05%) 和肠杆菌属 (9.37%)。主要标本来源为痰标本 (32.90%), 尿液标本 (23.67%) 和血液 (10.42%)。分离的大肠埃希菌 ESBL (+) 和肺炎克雷伯菌 ESBL (+) 检出率为 26.94% 和 12.79%, 且大肠埃希菌 ESBL (+) 和肺炎克雷伯菌 ESBL (+) 对厄他培南、亚胺培南和阿米卡星均有较强的敏感性。

**结论** 2015-2016 年四川地区肠杆菌科细菌耐药情况复杂, 主要表现为大肠埃希和肺炎克雷伯菌属 ESBL 检出率较高、耐药性较强, 厄他培南、亚胺培南和阿米卡星等抗菌药物是配合此类细菌感染的可选药物。

## PU-7289

## 链球菌抗原快速诊断在小儿上呼吸道感染中的应用

张俭,张华

宁夏医学院第二附属医院/银川市第一人民医院,750000

**目的** 对比链球菌抗原快速诊断和传统细菌培养在小儿上呼吸道感染中的诊断的临床意义

**方法** 检测链球菌抗原采取的方法为快速薄层免疫层析法。选取 2017 年 9 月至 2018 年 9 月在我院儿科门诊就诊的 9-14 岁的上呼吸道感染的患儿,对所有的患儿采集咽拭子标本,用 Binax NOW Strep A Test 进行抗原检测,同时对咽拭子标本进行常规分离培养与鉴定。

**结果** 在小儿上呼吸道感染的病人中 A 群链球菌的阳性率为 36%,在所有的细菌性感染中占第一位

**结论** 针对小儿上呼吸道感染中,快速抗原测定时间性上优于传统细菌培养,二者在特异性与敏感性上无明显统计学差异。二者联合检测 A 群链球菌效果好,可以提高检测的阳性率,相对于咽拭子传统培养 A 群链球菌,快速诊断检测抗原法具有高时效性,可以在儿科上呼吸道感染的病人中大力推广。

## PU-7290

门诊肺结核患者鼻腔多药耐药菌定植状况  
及危险因素分析

张盼

联勤保障部队第九八〇(白求恩国际和平)医院

**目的** 了解门诊肺结核患者鼻腔多药耐药菌(multidrug-resistance bacteria,MDRB)定植以及药敏情况,分析 MDRB 定植的危险因素,为控制门诊肺结核患者 MDRB 定植及提高肺部感染治疗效率提供资料。

**方法** 门诊肺结核患者 635 例采集鼻腔拭子标本,进行细菌培养、鉴定和药敏试验。对 3 种以上抗生素耐药的菌均确认为 MDRB。然后对 MDRB 定植患者进行危险因素分析。

**结果** 635 例肺结核患者 MDRB 定植菌共检测到 194 株(30.55%),其中 147 株 MDR 革兰氏阳性球菌仅对万古霉素、利奈唑胺敏感率为 100%,48 株 MDR 革兰氏阴性杆菌除一株不动杆菌外对美罗培南敏感率为 100%,而对其他抗生素高度耐药。危险因素分析显示,住院治疗、住院时间( $\geq 1$ 月)、病程( $\geq 6$ 月)是肺结核患者鼻腔 MDRB 定植的主要危险因素。

**结论** 肺结核患者住院以及病程过长可使 MDRB 定植率显著升高,必须采取加强病室消毒管理,积极治疗缩短住院时间等手段控制肺结核患者 MDRB 定植。

## PU-7291

## Sp17 抗体在肿瘤诊断中的初步探讨

高骞

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 初步探讨精子蛋白 17(Sperm protein 17, Sp17)抗体在肿瘤诊断中的价值

**方法** 收集 2019 年 1 月至 2019 年 4 月期间,于中南大学湘雅医院确诊的未经治疗的肿瘤患者的血清,同时收集同期在该院体检的正常人血清,所有血清保存于 $-20^{\circ}\text{C}$ 至使用,采用 ELISA 检测血清中 Sp17 抗体浓度。GraphPad prism 7.01 作图软件帮助数据分析。

**结果** 本研究成功检测血清中 Sp17 抗体浓度,其中恶性黑色素瘤患者 Sp17 抗体浓度普遍较高。

**结论** 提示 Sp17 抗体在恶性黑色素瘤中可能有更多研究价值。

#### PU-7292

### Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪 ACTIN FSL APTT 试剂建立 APTT 参考范围

王卓  
昆明医科大学第二附属医院

**目的** 建立临床实验室血浆活化部分凝血活酶时间 (APTT) 的参考范围。

**方法** 选取昆明医科大学第二附属医院, 体检中心 2018 年 10 月至 2018 年 12 月的 244 份健康汉族成人作为研究对象, 用 Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪, ACTIN FSL APTT 试剂, 检测 244 例体检健康汉族成年人 APTT, 建立参考区间。

**结果** 男女比例 1:1, 男性组年龄中位数 44, 女性组年龄中位数 41。男性组均值 25.99, 标准差 1.58, 参考范围 24.0s-30.4s; 女性组均值 25.90, 标准差 1.72, 参考范围 22.4s-30.4s, 不同性别健康汉族成年人 APTT 均值没有统计学上的差异。APTT 的参考范围为 23.2s-30.4s。

**结论** 按性别分为男 (122 例) 和女 (122 例) 两组, Sysmex CS5100 全自动血凝分析仪 ACTIN FSL APTT 试剂 APTT 的参考范围不需要建立单独的参考区间, 只需提供一个参考区间统一使用。不同实验室参考范围可因健康人群、技术、方法、仪器及实际操作不同而不同。每个实验室必须建立基于自身技术和仪器参考范围。

#### PU-7293

### 2015 年-2018 年儿科碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌分子流行病学及耐药特征研究

王明英<sup>1</sup>, 孙立颖<sup>1</sup>, 王明英<sup>1</sup>, 孙立颖<sup>1</sup>  
1. 北京大学第一医院, 100000  
2. 北京大学第一医院, 100000

**目的** 分析儿科患者 CRKP 的耐药情况及分子流行病学特征, 并与成人病房流行菌株进行比较, 为控制和治理儿童 CRKP 感染提供建议

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2018 年 4 月我院儿科分离的 28 株 CRKP 及 58 株成人 RICU 和 EICU 的 CRKP, 采用 VITEK 2 Compact 全自动细菌鉴定仪、K-B 法和琼脂扩散梯度法进行鉴定及药敏试验; WHONET 5.6 进行数据分析; mCIM 法检测碳青霉烯酶; MLST 对 CRKP 进行分子遗传学分析; REP-PCR 分析其同源性; PCR 扩增检测 KPC、NDM、IMP、OXA-48、VIM 五种耐药基因

**结果** 本研究共计 86 株 CRKP 均呈多重耐药, 对氨苄西林/舒巴坦、头孢唑啉、头孢呋辛、头孢他啶、头孢曲松、美洛培南的耐药率均为 100%, 其他  $\beta$  内酰胺类耐药率也都较高 (>85%); 儿科、EICU、RICU 三个科室在喹诺酮类、阿米卡星、呋喃妥因、妥布霉素耐药率上存在较大差异; 替加环素对 CRKP 有较强活性, 儿科与成人监护室 CRKP 的耐药率分别为 3.6% 和 0。碳青霉烯酶基因型分析显示, 儿科以 KPC-2 (15/28) 为优势基因, 其次为 NDM-1 (6/28)、IMP-4 (3/28)、NDM-5 (2/28), 有 2 株菌同时携带 KPC-和 NDM-1 两种基因。EICU 和 RICU 的 58 株 CRKP 中 57 株均只具有 KPC-2 酶, 有 1 株 CRKP 未发现研究中的 5 种耐药基因。86 株 CRKP 经 MLST 共分出 7 种 STs, 儿科 STs 分散, 以 ST11 (57.1%, 16/28)、ST20 (17.9%, 5/28)、ST17 (7.1%, 3/28) 为主。EICU 和 RICU 出现单一 STs (ST11) 的流行 (100%), 儿科分别与 RICU ( $P<0.05$ ) 和 EICU ( $P<0.05$ ) 在 ST11 分布上存在统计学差异。REP-PCR 同源性分析共发现

7 种型别, A 型最常见, 儿科 CRKP 分型多样, 有 7 种 REP-PCR 型别; 而 RICU 和 EICU 只发现一种 REP-PCR 型别。

**结论** 我院儿科与成人病房流行 CRKP 菌株耐药率存在差异。研究中的 CRKP 菌株以携带 KPC-2 的 ST11 型为主。儿科 CRKP 菌株之间存在一定的基因多态性, 某些克隆株可能存在小范围流行, 需要加强感染控制措施

## PU-7294

### 唾液酸、羟脯氨酸联合检测在胃肠道疾病中的临床应用研究

高骞

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 探讨血清唾液酸羟脯氨酸联合检测(SA、Hyp)在胃肠道病变水平变化的特点以及化疗疗程对其水平的影响, 为 SA、Hyp 用于胃肠道疾病的临床应用提供参考。

**方法** 选取 2016 年 6 月至 2017 年 3 月就诊于中南大学湘雅医院确诊的胃肠道恶性肿瘤患者 251 例(直肠癌、胃癌、结肠癌), 及良性病变患者 138 例(结石、肠道息肉、不完全肠梗阻)分别进行血清 SA、Hyp 水平分析。同时跟踪恶性肿瘤中 60 例接受化疗患者, 动态监测其化疗前后 SA、Hyp 变化值。

**结果** 恶性肿瘤患者与良性病变患者水平值无显著性差异( $p>0.05$ ); 恶性肿瘤间比较, 除结肠癌患者血清水平显著高于直肠癌患者外( $p<0.01$ ), 其他疾病间均无显著性差异( $p>0.05$ ); 良性病变间比较, 结石患者、肠梗阻患者、肠息肉患者血清 SA、Hyp 水平彼此之间均有显著性差异( $p<0.05$ ); 对恶性肿瘤患者化疗前与三疗程化疗后进行 SA、Hyp 比较, 有明显下降( $p<0.01$ ), 降幅平均值为 17.133U/ml。而化疗的各个疗程间 SA、Hyp 水平差别无统计学意义( $p>0.05$ )。

**结论** 血清 SA、Hyp 可作为胃肠道恶性肿瘤的相关性指标, 能对恶性肿瘤的化疗治疗水平进行动态监测。

## PU-7295

### 血常规复检在急性髓系白血病中的应用

张俭, 邹翠美

宁夏医学院第二附属医院/银川市第一人民医院, 750000

**目的** 通过血常规复检, 筛查急性髓系白血病, 进而进一步探讨血常规复检机制对急性髓系白血病的意义

**方法** 收集启动血常规复检规则的外周血常规病例, 通过复检机制发现的几例急性髓系白血病, 对这类白血病的外周血常规中的 WBC、HGB、PLT、NEUT%、MONO%进行分析, 研究各指标在髓系白血病中的变化规律

**结果** 通过这些病例的研究, 发现除了能启动血常规复检规则的病例之外, 还有几例病人外周血常规仅仅表现为单纯性的 MONO%的比例轻度增高

**结论** 除了典型性的血常规变化之外, 我们还要重视一些单个指标的轻度增高, 也突出了末梢血涂片复检的重要性

## PU-7296

## 关节腔液中分离鉴定出停乳链球菌似马亚种的探讨

卢东荣

广州中医药大学第一附属医院检验科

**目的** 关节腔液分离出停乳链球菌似马亚种的报道比较罕见,所以我们应该对该菌引发的感染高度重视,选用敏感药物抗感染,才能取得良好的效果。

**方法** 关节腔液抽取后无菌操作注入血培养瓶中培养第二天, BacT/ALERT 3D 血培养仪报警,取血培养瓶中的液体转种血平板、麦康凯平板,36.5℃培养 24h 后,血平板上生长出较大、扁平、突起、湿润,有  $\beta$  溶血的菌落。麦康凯平板上无细菌生长,触酶阴性、CAMP 阴性。取菌落进行革兰氏染色为阳性球菌,圆形,链状排列。采用 VITEK compact 细菌鉴定仪进行细菌鉴定。

**结果** 上机鉴定结果为停乳链球菌似马亚种,停乳链球菌停乳亚种,鉴定率各为 50%生物编号:071410365315071。为具体鉴定至种,所分离菌株用 API 20 STREP 板条鉴定,。编码为 4563015,经 API 鉴定软件为停乳链球菌似马亚种,ID 为 99.9%,T:0.6。

**结论** 侵袭性的停乳链球菌似马亚种感染更多见于基础疾病多、身体抗病能力弱患有潜在性疾病的社区老年患者,老年患者由于各种原因、各种病患、侵入性治疗增加,容易将外界菌群带入体内,潜伏一定时间后视机会暴发。

## PU-7297

## Westgard 西格玛规则在生化检验项目室内质量控制中的选择应用

叶竞妍

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 采用不同的质量规范评价 20 个临床生化项目的检测性能,应用 Westgard 西格玛规则选取合适质控方案,通过质量目标指数进行方法改进

**方法** 收集 2018 年度该院生化实验室 20 个检测项目的室内质量控制及室间质量评价数据,参考中华人民共和国卫生行业标准 WS/T403-2012 中制定的允许总误差 (TEa) 标准,计算各检验项目的  $\sigma$  值、绘制标准化  $6\sigma$  方法性能决定图、计算项目的质量目标指数 (QGI),评价项目检验性能及设计质量控制方案。

**结果** 以中国行业标准质量规范来源的 TEa, UA、CK、LDH、CREA、AMY、TG 检测项目的  $\sigma$  水平平均大于 6,可采用  $1_{3s}$  规则,每批质控测定值个数可选择为 2 个; K、CHOL $\sigma$  水平介于 5~6,可采用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}$  规则,每批质控测定值个数可选择为 2 个; TB、GLU、NA、AST、ALT、CA、ALP 检测项目的  $\sigma$  水平介于 4~5,可采用  $1_{3s}/2_{2s}/R_{4s}/4_{1s}$  规则; GGT、UREA、TP、ALB、CL 检测项目的  $\sigma$  水平小于 4,可采用 Westgard 多规则质控方法,每批质控测定值个数可选择为 4 个。ALP 的 QGI 介于 0.8~1.2,需改进准确度和精密度,其它 13 个检验项目 QGI 均小于 0.8,需改进精密度。

**结论** Westgard 西格玛规则可以有效地运用在生化检验项目的质量管理,针对特定检测项目设置最优的 westgard 质控规则,指导质量的持续改进。

## PU-7298

## 谷氨酸脱氢酶 (GDH)与毒素 A/B 联合检测在艰难梭菌检测中的应用价值的探索

张运丽,李艳明  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 探索谷氨酸脱氢酶 (GDH) 及毒素 A&B 联合检测检测艰难梭菌在医院腹泻患者中的应用价值, 并进行艰难梭菌感染危险因素分析。

**方法** 采集住院腹泻病人的粪便标本 126 例并统计其临床资料, 所有标本分为两份, 一份于-70℃保存, 一份采用 VIDAS 艰难梭菌谷氨酸脱氢酶(GDH)检测试剂及 A&B 毒素检测试剂进行检测, 同时进行大便培养及 PCR 毒素基因检测, 比较各方法间差异, 并以大便培养结合 PCR 毒素基因检测为参考标准对 GDH 与毒素 A/B 联合检测进行评价。结合临床信息进行综合分析。采用 SPSS17.0 进行统计分析。

**结果** 126 例患者中 24 例 GDH 检测阳性(24/126), 阳性率为 19.05%; 毒素阳性 5 例(5/126), 阳性率为 3.97%; 艰难梭菌培养阳性 16 例(16/126), 阳性率为 12.69%, 其中 81.25% (13/16)为 A+B+型, 18.75% (3/16) 为 A-B-型。GDH 与 VIDAS 毒素检测与大便培养结合毒素 PCR 两种方法间差别有统计学意义。对临床资料的分析显示, 使用 PPI、抗生素与否两项在 CDI 与非 CDI 患者间差异较为显著且具有统计学意义 ( $p<0.05$ )。

**结论** GDH 与 VIDAS 毒素 A/B 联合检测艰难梭菌具有良好的特异性与阴性预测值, 但敏感性不高, 仍需与大便培养联合运用。长期使用抗生素、PPI 与 CDI 有关。

## PU-7299

## 三种方法对结核病诊断的应用分析

张运丽,刘文恩  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 比较 T-SPOT.TB 法、结核特异性抗体免疫层析法及抗酸染色液基集菌夹层杯法检测结核分枝杆菌感染的结果, 分析评价三者对结核病实验室诊断中的临床应用价值

**方法** 对 308 例结核感染患者进行外周血 T-SPOT.TB 检测、血清结核抗体检测以及痰液结核杆菌涂片检测, 将三项检测结果与最终临床诊断进行比较, 以阳性率、灵敏度、特异度、符合率、正确诊断指数、阳性预测值、阴性预测值作为评价指标, 探讨这三种试验在鉴别活动性结核病诊断中的应用价值。检测结果均用阳性率表示, 采用  $\chi^2$  检验。

**结果** 308 例患者中, T-SPOT.TB 法的阳性率 (灵敏度)、特异度、符合率、正确诊断指数、阳性预测值、阴性预测值分别为: 63.89%、86.50%、78.57%、50.39%、71.88%、81.60%。结核特异性抗体免疫层析法的阳性率 (灵敏度)、特异度、符合率、正确诊断指数、阳性预测值、阴性预测值分别为 13.89%、87.00%、61.36%、0.89%、36.59%、65.17%。抗酸染色液基集菌夹层杯法的阳性率 (灵敏度)、特异度、符合率、正确诊断指数、阳性预测值、阴性预测值分别为 9.26%、100.00%、68.18%、9.26%、100.00%、67.11%。通过  $\chi^2$  检验, 3 种检测方法之间的阳性率差异具有统计学意义 ( $\chi^2=92.08, P<0.005$ )。

**结论** T-SPOT.TB 法在检测结核分枝杆菌感染相对其他两种方法的检测灵敏度、符合率、正确诊断指数以及阴性预测值都要高, 故在临床实验室检测结核分枝杆菌感染有较好应用价值。



PU-7300

## 艰难梭菌毒素 B 诱导细胞凋亡初探

张运丽,郭婧婧  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 研究重组艰难梭菌毒素 B (rTcdB) 对乳腺癌 MDA-MB-231 细胞增殖及凋亡的影响及其机制;

**方法** 采用不同浓度的 rTcdB 处理 MDA-MB-231 细胞, 流式细胞术 (Flow Cytometry, FCM) 检测细胞周期; 蛋白印迹法 (Western Blot, WB) 检测抑/促凋亡蛋白 Bcl-2 和 BAX 的表达水平;

**结果** 流式结果显示, 不同浓度 rTcdB 处理组中, MDA-MB-231 细胞的 G1 期细胞百分比没有明显不同 ( $P>0.05$ ), 但其处于 S 期和 G2 期细胞数与对照组相比有显著性差异 ( $P<0.05$ ), 即 rTcdB 浓度越高, S 期的细胞数越少, 而 G2 期的细胞数越多; western blot 结果显示, 随着 rTcdB 浓度的升高, 促凋亡蛋白 BAX 的表达增加, 而抑凋亡蛋白 Bcl-2 的表达下降;

**结论** 实验结果表明, rTcdB 可以抑制 MDA-MB-231 细胞周期进程从而抑制细胞增殖, 并且随 rTcdB 浓度的提高, 这种抑制作用增强; 其机制可能与升高的 BAX 表达, 及降低的 Bcl-2 表达有关。

PU-7301

## The long non-coding RNA PTTG3P promotes cell growth and metastasis via up-regulating PTTG1 and activating PI3K/AKT signaling in hepatocellular carcinoma

Jinlan Huang

1.Department of Clinical Laboratory, First Affiliated Hospital of Fujian Medical University  
2.Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, 510515, Guangdong, China.

**Objective** Dysfunctions of long non-coding RNA (lncRNAs) have been associated with the initiation and progression of hepatocellular carcinoma (HCC), but the clinicopathologic significance and potential role of lncRNA PTTG3P (pituitary tumor-transforming 3, pseudogene) in HCC remains largely unknown.

**Methods** We compared the expression profiles of lncRNAs in 3 HCC tumor tissues and adjacent non-tumor tissues by microarrays. In situ hybridization (ISH) and quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) were applied to assess the level of PTTG3P and prognostic values of PTTG3P were assayed in two HCC cohorts ( $n=46$  and  $90$ ). Artificial modulation of PTTG3P (down- and over-expression) was performed to explore the role of PTTG3P in tumor growth and metastasis in vitro and in vivo. Involvement of PTTG1 (pituitary tumor-transforming 1), PI3K/AKT signaling and its downstream signals were validated by qRT-PCR and western blot.

**Results** We found that PTTG3P was frequently up-regulated in HCC and its level was positively correlated to tumor size, TNM stage and poor survival of patients with HCC. Enforced expression of PTTG3P significantly promoted cell proliferation, migration, and invasion in vitro, as well as tumorigenesis and metastasis in vivo. Conversely, PTTG3P knockdown had opposite effects. Mechanistically, over-expression of PTTG3P up-regulated PTTG1, activated PI3K/AKT signaling and its downstream signals including cell cycle progression, cell apoptosis and epithelial-mesenchymal transition (EMT)-associated genes.

**Conclusions** Our findings suggest that PTTG3P, a valuable marker of HCC prognosis, promotes tumor growth and metastasis via up-regulating PTTG1 and activating PI3K/AKT signaling in HCC and might represent a potential target for gene-based therapy.

## PU-7302

## LncRNA PLAC2 down-regulates RPL36 expression and blocks cell cycle progression in glioma through a mechanism involving STAT1

Yanwei Hu

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong, China

**Objective** Current glioma therapies allow in situ delivery of cytotoxic drugs to the tumour; however, gliomas show early recurrence due to their highly proliferative character. Long non-coding (lnc)RNAs play critical roles in tumorigenesis by controlling cell proliferation and cycling. However, the mechanism of action of lncRNAs in glioma development remains unclear.

**Methods** Here, we report that the lncRNA PLAC2 induces cell cycle arrest by targeting ribosomal protein (RP)L36 in glioma. RPL36 promoted cell proliferation and G1/S cell cycle progression. Mass spectrometry analysis revealed that signal transducer and activator of transcription (STAT)1 interacted with both lncRNA PLAC2 and the RPL36 promoter

**Results** We also found that the nucleus PLAC2 bind with STAT1 and interact with RPL36 promoters but the cytoplasmic lncRNA PLAC2 inhibited STAT1 nuclear transfer, thereby decreasing RP36 expression, inhibiting cell proliferation and inducing cell cycle arrest.

**Conclusions** These results provide evidence for a novel cell cycle regulatory network in glioma comprising the lncRNA PLAC2 along with STAT1 and RPL36 that can serve as a therapeutic target for glioma treatment.

## PU-7303

## AIM2, DHX36, and BAX are critical for the diagnosis and treatment of tuberculosis

Yunli Zhang

department of clinical laboratory, xiangya hospital of central south university

**Objective** Tuberculosis (TB) is usually caused by *Mycobacterium tuberculosis*, which has the highest mortality among infectious diseases. This study is designed to identify the key genes affecting the diagnosis and treatment of TB.

**Methods** GSE54992, which included 39 peripheral blood mononuclear cell (PBMC) samples, was extracted from Gene Expression Omnibus database. After the samples were classified into type and time groups by limma package, the differentially expressed genes (DEGs) were analyzed using Analysis of Variance. Using pheatmap package, hierarchical cluster analysis was performed for the DEGs. Followed by the key modules correlated with TB were selected using WGCNA package. Finally, functional and pathway enrichment analyses was carried out using clusterProfiler package.

**Results** There separately were 3731 and 3952 DEGs in type group and time group. Among these DEGs, 17 common DEGs in type group and 8 common DEGs (including AIM2) in time group were identified. The DEGs in subclusters 3, 6, 7, and 8 were chose for further analyses. Based on WGCNA analysis, blue and green modules in type group and pink module in time group were selected as key modules. From the key modules, 9 (including BAX) hub genes in type group and 6 (including DHX36) hub genes in time group were screened. Through pathway enrichment analysis, the TNF signaling pathway was enriched for the green module.

**Conclusions** AIM2, DHX36, and BAX might be key genes acting in the mechanisms of TB. Besides, the TNF signaling pathway might also be critical for the diagnosis and therapy of the disease.

## PU-7304

**Emerging roles and mechanisms of FOXC2 in cancer**

Teng Wang

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong  
510515, China

**Objective** The purpose of this review is to summarize the current understanding of FOXC2 and provide potential mechanistic explanations of the relationship between FOXC2 and cancer, as well as discuss the prospect for future research in the promising prognostic value of FOXC2 in cancer.

**Methods** Although recent studies have shed light on the emerging role of FOXC2 in cancer, very little is known about the precise underlying mechanisms.

**Results** Forkhead box protein C2 (FOXC2), a transcription factor of the forkhead/winged-helix family, is required for embryonic and prenatal development.

**Conclusions** FOXC2 acts as a crucial modulator during both angiogenesis and lymphangiogenesis via multiple angiogenic and lymphangiogenic pathways, respectively.

## PU-7305

**NICU 临床分离碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌  
分子流行病学特征**

任峥,邹翠美,张俭

宁夏医学院第二附属医院/银川市第一人民医院,750000

**目的** 研究新生儿重症监护病房 (NICU) 中碳青霉烯类耐药肺炎克雷伯菌 (CRKP) 流行特征及耐药机制, 为抗菌药物合理应用和院感防控提供科学依据。

**方法** 收集 2015 年 1 月至 2017 年 12 月 11 株来自 NICU 的 CRKP, 采用自动化仪器法或纸片扩散法 (K-B 法) 检测其对常用抗菌药物耐药性, 乙二胺四乙酸 (EDTA) 协同试验和 3'-氨基苯硼酸 (APB) 协同试验进行碳青霉烯酶表型分析, PCR 扩增及 DNA 测序进行碳青霉烯酶基因型确证, 多位点序列分型 (MLST) 检测菌株间基因相关性

**结果** 11 株 NICU 的菌株对多粘菌素 E, 阿米卡星, 喹诺酮类等抗菌药物均敏感, 对  $\beta$ -内酰胺类抗菌药物表现出高度耐药, 对头孢菌素耐药率均为 100%, 对亚胺培南、美罗培南、厄他培南的耐药率均是 100%。PCR 及 DNA 测序显示 11 株 CRKP 中 9 株是产 NDM-5, 2 株产 IPM-24, 同时均产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 CTX-M-14、和 CTX-M-15, MLST 分型显示, 其中 8 株菌是 ST11 型, 2 株 ST357 型, 具有相关性

**结论** 我院 NICU 病房的 CRKP 主要是产耐碳青霉烯酶 B 类酶 NDM5 型金属酶, 而且具有高度相关性。

## PU-7306

**急性阑尾炎患者病原菌分布及耐药谱分析**

徐红云,陈弟,刘春林,余林,马众仙,赵珠

云南省第二人民医院,650000

**目的** 分析急性阑尾炎患者炎性阑尾组织中的细菌分布以及细菌的体外药敏结果, 提供临床合理使用抗菌药物的依据。

**方法** 回顾性调查云南省第二人民医院 2012 年 1 月至 2018 年 12 月，住院急性阑尾炎患者手术中采集的阑尾组织标本分离培养及药物敏感试验的结果，采用 WHONET5.6 软件对病原菌的药敏结果进行统计分析。

**结果** 共检出细菌 1308 株，其中革兰阴性杆菌 1252 株（95.72%），革兰阳性菌 56 株（4.28%）。在革兰阴性菌中，以大肠埃希菌为主 81.95%（1026/1252），其次是铜绿假单胞菌 5.03%（63/1252）以及肺炎克雷伯菌 3.83%（48/1252）；而革兰阳性菌以星座链球菌星座亚种 21.43%（12/56）及屎肠球菌 19.64%（11/56）为主。药敏结果显示，产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶（ESBLs）的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的检出率分别为 79.92%（820/1026）和 81.25%（39/48），未发现耐碳青霉烯酶的肠杆菌科细菌（CRE）；产 ESBL 菌株对常用抗菌药物的耐药率高于非产 ESBL 菌株（ $P < 0.05$ ），仅检出 3.20%（2/63）的多重耐药铜绿假单胞菌。

**结论** 急性阑尾炎患者感染主要病原菌是革兰阴性杆菌，以大肠埃希菌为主，不同病原菌对抗菌药物的敏感性存在较大差异，对阑尾组织进行细菌培养和体外药敏试验，对临床合理选用抗菌药物具有重要意义。

## PU-7307

### The role of the LncRNA-FA2H-2-MLKL pathway in atherosclerosis by regulation of autophagy flux and inflammation through mTOR-dependent signaling

Fengxia Guo

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong 510515, China

**Objective** Atherosclerosis is a progressive, chronic inflammation in arterial walls. Long noncoding RNAs (lncRNAs) participate in inflammation, but the exact mechanism in atherosclerosis is unclear.

**Methods** Our microarray analyses revealed that the levels of lncRNA-FA2H-2 were significantly decreased by oxidized low-density lipoprotein (OX-LDL). Bioinformatics analyses indicated that mixed lineage kinase domain-like protein (MLKL) might be regulated by lncRNA-FA2H-2. In vitro experiments showed that lncRNA-FA2H-2 interacted with the promoter of the MLKL gene, downregulated MLKL expression, and the binding sites between -750 and 471 were necessary for lncRNA-FA2H-2 responsiveness to MLKL. Silencing lncRNA-FA2H-2 and overexpression of MLKL could activate inflammation and inhibited autophagy flux. Both lncRNA-FA2H-2 knockdown and overexpression of MLKL could significantly aggravate inflammatory responses induced by OX-LDL.

**Results** We found that the 3-methyladenine (3-MA) and Atg7-shRNA enhanced inflammatory responses induced by knockdown of lncRNA-FA2H-2 and overexpression of MLKL. We demonstrated that the effects of MLKL on autophagy might be associated with a mechanistic target of rapamycin (mTOR)-dependent signaling pathways. In vivo experiments with apoE knockout mice fed a western diet demonstrated that lncRNA-FA2H-2 knockdown decreased microtubule-associated expression of microtubule-associated protein 1 light chain 3 II and lysosome-associated membrane protein 1, but increased expression of sequestosome 1 (p62), MLKL, vascular cell adhesion molecule-1, monocyte chemoattractant protein-1, and interleukin-6 in atherosclerotic lesions.

**Conclusions** Our findings indicated that the lncRNA-FA2H-2-MLKL pathway is essential for regulation of autophagy and inflammation, and suggested that lncRNA-FA2H-2 and MLKL could act as potential therapeutic targets to ameliorate atherosclerosis-related diseases.

PU-7308

## The Reference Intervals of Mitochondrial DNA Copy Number in Peripheral Blood for Chinese Children and Adults

changyu xia  
Peking University First Hospital

**Objective** mtDNA content measured by different techniques cannot be compared between studies, and age- and tissue-related control values are hardly available. We established the normal reference range of mtDNA copy number in blood studying two healthy cohorts of Chinese 200 children (0.1 - 18 years) and 200 adults (19 - 88 years).

**Methods** The absolute mtDNA copy number per cell was measured by a quantitative real-time polymerase chain reaction. We subsequently used this range to evaluate mtDNA content in patients with molecularly proven mitochondrial depletion syndromes (MDS) and mitochondrial disease patients with the m.3243A>G mutation.

**Results** The reference range of mtDNA copy number in peripheral blood was 175 - 602 copies/cell (mean: 325 copies/cell) in children and 164 - 500 copies/cell (mean: 287 copies/cell) in adults. There was a decreasing trend in mtDNA copy number in blood with increasing age, especially in 0 - 2 and > 50-year-old donors. The mean mtDNA copy number level among 83 cases of mitochondrial disease patients harboring the m.3243A>G mutation was significantly higher than that of healthy controls. The mtDNA content in blood samples from MDS patients was reduced to 25%, 38%, 32%, and 24%, respectively.

**Conclusions** The establishment of reference intervals of mtDNA copy number contributes to its application in clinical diagnosis and monitoring of mitochondrial disease.

PU-7309

## Down-regulated CASP1 and IRF3 take part in tuberculosis progression via Cytosolic DNA-sensing pathway

Yunli Zhang  
department of clinical laboratory, xiangya hospital of central south university

**Objective** This study aimed to explore the detail pathological mechanism and potential therapy targets for tuberculosis (TB).

**Methods** Gene expression profile of GSE122485 containing 14 human blood samples from TB patients and healthy individual were obtained from GEO database. The differentially expressed gene (DEGs) investigation, function and pathway enrichment analysis, protein-protein interaction (PPI) network investigation as well as chemical-target gene interaction study were performed. Furthermore, the support vector machine (SVM) prediction model was constructed and validated using three validation profiles.

**Results** The presents study identified a total of 140 DEGs, followed by 117 genes selected from these DEGs using time series analysis. Enrichment analysis showed that these DEGs were all mainly functions like protein transport and pathways like cytosolic DNA-sensing pathways. A total of 12 down-regulated genes including interferon regulatory factor 3 (IRF3) and caspase-1 (CASP1) were revealed in the PPI network as characteristics genes. Moreover, chemical-target gene network revealed totally 92 interactions including gentamicins-ABCG1. Furthermore, an effective SVM model was established based on these 12 genes.

**Conclusions** The down-regulated CASP1 and IRF3 might take part in the progression of TB via participating in the Cytosolic DNA-sensing pathway. Furthermore, gentamicin and ABCG1 might be novel candidate chemical and gene therapy target respectively for TB treatment.

## PU-7310

## 前列腺癌特异性 circRNAs 的生物标志物作用

郑江花,夏前林,张萍

上海浦东新区周浦医院(上海健康医学院附属周浦医院)

**目的** 探讨差异表达的 circRNAs 在前列腺癌早期诊断、进展和预后的作用。

**方法** 收集 2010 年-2017 年某某医院泌尿外科住院患者 173 例前列腺组织, 其中良性前列腺增生(BPH)患者 78 例, 前列腺癌(PCa) 95 例。采用 SBC-ceRNA (4 \* 180K) 芯片分别筛选 4 例 Pca、BPH 组织中 circRNA 的表达、GO 功能和 KEGG 功能富集分析差异 circRNA 的宿主基因。qRT-PCR 验证芯片中筛选出的 circRNAs 的表达, 并分析 circRNAs 表达与临床病理资料的相关性。采用 IPA、Cytoscape 3.5.1 软件和 Arraystar 公司环状 RNA 芯片预测差异表达的 circRNA 及其相关 mRNA 的靶 miRNA, 分析前列腺癌 circRNA-miRNA-mRNA 调控网络。

**结果** SBC-ceRNA 芯片筛选出 1021 个差异表达的 circRNAs, 其中 904 个 circRNAs 表达显著下调, 117 个 circRNAs 表达上调。生信分析发现差异表达的 circRNAs 的宿主基因主要参与细胞粘附, 促性腺激素反应, 调节血小板脱颗粒、维生素代谢和氨基酸代谢。qRT-PCR 结果表明 hsa\_circ\_0062019, hsa\_circ\_0057558 和 SLC19A1 在 PCa 组织、细胞系中表达显著上调 ( $P < 0.01$ )。此外, 发现 hsa\_circ\_0057558 与甘油三酯水平和总胆固醇水平呈正相关, 其中与甘油三酯显著相关。ROC 曲线分析表明 hsa\_circ\_0057558 和 hsa\_circ\_0062019 的 AUC 值分别为 0.729 和 0.828。而联合分析 PSA 水平和两个差异表达的 circRNA, 发现 AUC 值, 灵敏度和特异性显著增加(分别为 0.938, 84.5%和 90.9%)。

**结论** circRNA (hsa\_circ\_0062019 和 hsa\_circ\_0057558) 可作为 PCa 潜在肿瘤标志物。特异性 circRNAs 调控网络的深度分析进一步了解了前列腺癌中 circRNA 作用机制, 为 Pca 的临床诊断和治疗提供指导。circRNA-miRNA-mRNA 调控网络显示具体调节模式为 hsa\_circ\_0062019-miR\_5008-5p-SLC19A1, hsa\_circ\_0060325-miR\_5008-5p-SLC19A1 和 hsa\_circ\_0034467-miR\_6721-5p-SLC19A1。

## PU-7311

## 两种乙肝核心抗体测定方法的比较分析

张立娜,王缚鲲,安黎云,李芳

联勤保障部队第九八〇医院

**目的** 探讨分析血标本乙肝核心抗体化学发光定量检测和 ELISA 法的结果差异。

**方法** 选取临床患者的静脉血标本, 分离血清后采取化学发光免疫分析法和 ELISA 法进行乙肝检测, 对比分析两组检测结果。

**结果** 化学发光法和 ELISA 法结果一致的 78 例, 不一致的 15 例。15 例当中化学发光法检测阳性而 ELISA 法检测阴性的为 13 例, 乙肝表面抗原为感染乙肝的特异性标志,但乙肝表面抗原阴性的感染者, 乙肝核心抗体的检测是诊断乙肝感染的唯一指标。乙肝病毒核心抗体(HBcAb)可能出于急性慢性乙肝或乙肝既往感染, 是判断患者是否曾经感染过或现在正在患病的一项重要参考指标。机体感染 HBV, 血清中 HBsAg 阳转后, 早期即可出现 HBcAg 阳性, 它是 HBV 感染的早期标识物, 在血清中存在的时间很长, 高滴度的 HBcAb 表示 HBV 在体内持续复制, 低滴度的 HBcAb 表示 HBV 既往感染。在恢复期及携带者体内可以检测到, 临床上核心抗体阳性同样具有病毒传染性。

**结论** 为了给临床提供可靠的检验结果, 本研究比较了这两种方法检测 HBcAb 的特点与差异, 对其在临床实践中的应用与意义进行了探讨。血清核心定量和定性乙肝核心抗体定量和定性检测结果存在差异性, 需要临床给予关注, 化学发光免疫分析法进行乙肝核心抗体定量检测敏感性更高, 相对适合临床对乙肝感染及观察跟踪疗效, 具有重要的临床指导意义。

## PU-7312

## 泌尿系感染患者中段尿细菌培养结果及耐药分析

徐红云,刘春林,陈弟,余林,王筱琴  
云南省第二人民医院,650000

**目的** 分析泌尿道感染患者中段尿培养的细菌分布以及病原菌的体外药敏结果, 提供临床合理使用抗菌药物的重要依据。

**方法** 回顾性调查云南省第二人民医院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月, 泌尿系感染的住院患者中段尿标本的细菌的分离培养结果, 用 VITEK 2 Compact 全自动微生物鉴定系统进行细菌鉴定及药物敏感试验, 采用 WHONET5.6 软件对病原菌的药敏结果进行统计分析。

**结果** 共检出细菌 3653 株, 其中革兰阴性杆菌 2673 株 (73.17%), 革兰阳性菌 688 株 (18.83%), 念珠菌属 292 株 (7.72%), 在革兰阴性菌中, 以大肠埃希菌为主 69.25% (1851/2673), 其次是肺炎克雷伯菌 10.40% (278/2673) 以及奇异变形杆菌 4.75% (127/2673); 而革兰阳性菌以屎肠球菌 43.60% (300/688) 及粪肠球菌 20.64% (142/688) 为主; 念珠菌属以热带假丝酵母菌为主 51.37% (150/292), 其次是白色念珠菌 29.79% (87/292)。药敏试验结果显示, 产超广谱  $\beta$ -内酰胺酶 (ESBLs) 的大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌的检出率 56.94% 和 48.92%, 耐万古霉素的屎肠球菌检出率为 3.67% (11/300), 未检出耐万古霉素的粪肠球菌。病原菌对常用抗菌药物的耐药率, 肠杆菌科中产 ESBL 菌株的耐药率高于非产 ESBL 菌株 ( $P < 0.05$ ), 肠球菌属中屎肠球菌的耐药率远远高于粪肠球菌 ( $P < 0.05$ ), 不同病原菌对抗菌药物存在不同程度耐药性

**结论** 泌尿道感染患者感染主要致病菌为大肠埃希菌、屎肠球菌及肺炎克雷伯菌, 不同病原菌对抗菌药物的敏感性不同, 抗菌药物使用前进行中段尿的细菌培养和药敏试验, 对临床合理选药非常重要。

## PU-7313

## 2016-2018 年北京市某三甲医院 0-11 岁儿童疱疹性咽峡炎结果回顾性分析

杨倩琳  
解放军总医院第五医学中心 (南院区)

**目的** 分析我院儿童疱疹性咽峡炎发病情况和流行病学特征, 为儿童疱疹性咽峡炎的诊治和预防提供数据基础。

**方法** 收集 2016 年 1 月-2018 年 12 月北京市丰台区解放军总医院第五医学中心(南院区)临床诊断为疱疹性咽峡炎患者(0-11 岁儿童)的咽拭子标本 143 例, 使用全自动核酸提取仪提取样本核酸, 采用逆转录 TaqMan 荧光定量 PCR (qRT-PCR) 技术对标本进行病毒核酸检测, 并对病毒进行分子分型。

**结果** 1.所有检测样本中肠道病毒通用型试剂检测阳性率为 55.2% (79/143), 相对较高; 2.在所有检测样本中, EV71 型阳性率为 7.6% (6/79), CA16 型阳性率为 7.6% (6/79), 非 EV71/CA16 型阳性率 84.8% (67/79) 为最高。3.所有检测样本在男童与女童之间的阳性率比较, 差异无统计学意义 ( $P > 0.05$ )

**结论** 2016-2018 年我院非 EV71/CA16 的肠道病毒是引起 2016-2018 年我院儿童疱疹性咽峡炎的主要流行病毒株。

## PU-7314

## Metabolic reprogramming-based characterization of circulating tumor cells in prostate cancer

Jing Chen

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, 1838 North of Guangzhou Avenue, Guangzhou 510515, Guangdong, China

**Objective** Circulating tumor cells (CTCs), an advantageous target of liquid biopsy, is an important biomarker for the prognosis and monitoring of cancer. Currently, detection techniques for CTCs are mainly based on the physical and/or epithelial characteristics of tumor cells. However, biofunctional activity markers that can indicate the high metastatic capacity of CTCs are lacking.

**Methods** Functional microarray, quantitative real-time polymerase chain reaction, and Western blot were used on five prostate cancer cell lines with different metastatic capacities to identify the metastasis-related metabolic genes. The identified genes were detected in the CTCs of 64 clinical samples using the RNA in situ hybridization. A multi-criteria weighted model was used to determine the optimal metabolic markers for the CTCs test. Based on five fluorescent signals targeting DAPI, CD45, metabolic, epithelial (EpCAM/CKs), and mesenchymal (Vimentin/Twist) markers, the filtration-enriched CTCs were classified as GM+ CTCs/GM- CTCs (metabolic types) or E-CTCs/H-CTCs/M-CTCs (EMT types). Correlation analysis and ROC curve were conducted on 54 prostate cancer samples to evaluate the clinical significance of CTCs subtypes.

**Results** Eight metastasis-related metabolic genes were identified, including HK2, PDP2, G6PD, PGK1, PHKA1, PYGL, PDK1, and PKM2. Among them, PGK1 and G6PD were determined as optimal glucose metabolic (GM) markers for CTCs. GM+ CTCs (marked by PGK1/G6PD) were detectable in 64.8% (35/54) of prostate cancer patients, accounting for 46.5% (134/288) of total CTCs. An increased GM+ CTCs level was associated with advanced tumor stage and metastasis ( $P < 0.05$ ). In the discrimination of cancer metastasis from non-metastasis, GM+ CTCs presented a higher AUC of the ROC curve (0.780) compared with the EMT CTCs subtypes (E-CTCs 0.729, H-CTCs 0.741, and M-CTCs 0.648). A triple tPSA–Gleason–GM+ CTCs marker increased the AUC to 0.904, which was better than that of the tPSA–Gleason–H-CTCs marker (0.874).

**Conclusions** The metabolic marker (PGK1/G6PD) is determined as the indicator for the biofunctional activity analysis of CTCs, compared with the existing morphological (EMT) classification on CTCs. The metabolic characterization of CTCs demonstrates that hypermetabolic GM+ CTCs are promising biomarkers for prostate cancer metastasis.

## PU-7315

## 临床铜元素检验报告自动审核规则的建立

赵式樱

黑龙江金城医学检验所有限公司

**目的** 随着医学检验技术的不断发展,人们观念也不断变化,微量元素变化对人体健康的影响也倍受关注,铜是人体正常生长发育所必需的微量元素,铜有参与铁的代谢,维持正常造血功能等功能,并且当体内铜含量缺乏或过量时,均会引起人体生理异常或疾病,且在不同人群中的分布及正常值范围也有所不同。在临床检测过程中,人工批准报告单发生错批的风险极大。近年来,越来越多的实验室引入自动审核系统,建立规范化的临床全血铜检验报告自动审核系统并对其进行优化,进一步确保检验结果的准确性、可靠性、缩短周转时间(TAT)成为如今临床实验室的重点工作之一。本文阐述了对本实验室的全血铜元素检测项目结果的自动审核规则的建立工作。



**方法** 以集团核心系统、电感耦合等离子体质谱仪为基础,通过查阅临床生物化学检验、全国临床检验操作规程(第4版)以及文献的查阅,参考美国病理学会(CAP)清单和 ISO15189 文件,结合临床经验,建立复检规则、铜元素含量审核范围、以及检测项目之间的逻辑关系等方面的审核规则。比对人工审核与自动审核是否存在差异,验证自动所创立的审核规则是否有效,并对建立的规则进行调整和优化并再次验证。

**结果** 根据临床生物化学检验、全国临床检验操作规程(第4版),参考美国病理学会(CAP)清单和 ISO15189 文件,制定了以下规则:质控结果审核、复查规则、检测项目之间的逻辑关系、自动添加建议解释等 14 条规则。验证期间,共验证了 5224 张报告单,通过 5031 张,自动审核通过率为 96.31%,为临床报告单的批准节约了大量的时间。

**结论** 本研究建立了符合本实验室的全血铜检验结果自动审核系统,该系统可以节约报告单批准时间,降低风险,缩短 TAT,值得在医学实验室推广和应用。

## PU-7316

### MicroRNA-146a-5p enhances ginsenoside Rh2-induced anti-proliferation and the apoptosis of the human liver cancer cell line HepG2

Weiwen Chen

1. Medical Laboratories, GuangZhou Twelfth People's Hospital, Guangzhou, China.

2. Medical Laboratories, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong 510515

**Objective** Liver cancer is one of the leading causes of malignancy-associated mortality worldwide and its clinical therapy remains very challenging. Ginsenoside Rh2 (Rh2) has been reported to have antitumor effects on some types of cancer, including liver cancer.

**Methods** However, its regulatory mechanism has not been extensively evaluated.

**Results** In the present study, Rh2 increased the expression of microRNA (miR)-200b-5p, miR-224-3p and miR-146a-5p, and decreased the expression of miR-26b-3p and miR-29a-5p. Of the three upregulated miRs, miR-146a-5p exhibited the highest fold elevation. In accordance with a previous study, Rh2 effectively inhibited the survival of liver cancer cells in vitro and in a mouse model. In addition, it was observed that Rh2 markedly promoted liver cancer apoptosis and inhibited colony formation. Cell apoptosis and the inhibition of cell survival as well as colony formation induced by Rh2 were enhanced and weakened by miR-146a-5p overexpression and inhibition, respectively. The results of the present study provide further evidence of the antitumor effect of Rh2 in liver cancer and also demonstrate that this effect may be mediated via the regulation of miR-146a-5p expression in the liver cancer cell line HepG2.

**Conclusions** The results indicated that miR-146a-5p may be a promising regulatory factor in Rh2-mediated effects in liver cancer.

## PU-7317

## Eg5 orchestrates porcine oocyte maturational progression by maintaining meiotic organelle arrangement

Yan Xie

1.Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou 510515, China

2.Department of Reproductive Medicine, The Second Affiliated Hospital of Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou 510120, China.

**Objective** Kinesin superfamily proteins are microtubule-based molecular motors essential for the intracellular transport of various cargos, including organelles, proteins, and RNAs. However, their exact roles during mammalian oocyte meiosis have not been fully clarified.

**Methods** Herein, we investigated the critical events during porcine oocyte meiotic maturation with the treatment of Eg5-specific inhibitor monastrol.

**Results** We found that Eg5 inhibition resulted in oocyte meiotic failure by displaying the poor expansion of cumulus cells and reduced rate of polar body extrusion. In the meantime, the spindle assembly and chromosome alignment were compromised, accompanied by the decreased level of acetylated  $\alpha$ -tubulin, indicative of less stable microtubules. Impaired actin dynamics and mitochondria integrity were also observed in Eg5-inhibited oocytes. Additionally, inhibition of Eg5 caused the abnormal distribution of cortical granules and ovastacin, a cortical granule component, potentially leading to the fertilization failure.

**Conclusions** Our findings reveal that Eg5 possesses an important function in porcine oocyte meiotic progression by regulating the organelle dynamics and arrangement.

## PU-7318

## 全血铁含量检验报告自动审核系统的规范化建立及优化

韩丽

黑龙江金域医学检验所有限公司

**目的** 铁元素是人体内不可缺少的微量元素之一。人体内的铁元素含量甚微,总量只有 3.0~4.5 克,但对人体的作用却十分巨大。实验室对铁元素检测结果的准确性和出具报告的及时性对大部分临床决策具有一定的意义。本研究的目的是通过建立一套适合本实验室的全血中铁元素检验报告自动审核系统并对其进行优化,降低自动审核风险并缩短周转时间。

**方法** 参考 ISO15189 文件,以实验室信息管理系统、电感耦合等离子体质谱仪为基础,以自动审核规则为核心,通过文献查阅、临床经验等,建立复检规则、各检测项目的审核范围、危急值,以及检测项目之间的逻辑关系等方面的审核规则,并通过比较采用自动审核系统前后样本周转时间(TAT)的变化情、对人工审核与自动审核的一致性,验证自动审核系统的有效性,并对审核规则进行调整和优化。

**结果** 建立了 9 条自动审核条目并构建了自动审核流程图,正确性验证中,一条规则人机验证不通过,人员分析验证不通过原因,通过重新编辑规则进行系统优化后再次验证。验证了 6587 份报告,自动审核通过 6407 份,通过率为 97.27%,通过 1000 份报告单间的人机对比,自动审核和人工审核的符合率为 100%。成功构建并实施了自动审核程序。

**结论** 本研究建立并优化了符合本实验室的全血铁元素检验报告自动审核系统,该系统可以显著缩短 TAT,并可降低自动审核风险,提高报告准确性,值得在实验室推广和应用。

## PU-7319

**日立 7600 全自动生化分析仪及早更换光源灯的指征**

刘性君,王景胜  
解放军第 970 医院

**目的** 日立 7600 全自动生化分析仪以卤素灯作为光源, 当接近或达到光源灯的使用寿命时, 其发出的光强度由于能量衰减会对检测结果造成不良影响, 我们需要找到合适的指征来及时更换光源。

**方法** 通过对质控值异常、相关报警信息和反应曲线等临床研究的热门指标应用的经验和总结, 用一项或多项指征及早判断出因光源灯能量衰减造成检测结果的不良影响, 及时更换光源灯。

**结果** 用质控值异常、相关报警信息和反应曲线等指征一项或多项指征结合临床经验能够及早判断出光源灯能量衰减。

**结论** 在全自动生化分析仪使用和维护过程中, 做到及早发现光源能量衰减并更换光源具有非常重要的意义。操作者要不断深入学习提高技术, 利用专业知识和工作经验更好的维护保养仪器, 确保仪器始终能以良好的状态运行, 为临床和患者提供准确及时的检测结果。

## PU-7320

**Inhibition of cell migration and invasion and promotion of cell apoptosis by overexpression of programmed cell death 4 (PDCD4) in cervical cancer Siha cells**

Tao Zeng  
Nanfang Hospital, Southern Medical University

**Objective** Cervical cancer has been one of the leading causes of cancer-related deaths among women worldwide. However, few targeted drugs have been developed because of the poor understanding about the mechanisms of cervical cancer. A growing number of studies in recent years have shown that programmed cell death 4 (PDCD4), a new tumor suppressor, participates in the tumorigenesis and progression of various cancers.

**Methods** In this study, we investigated the influence of PDCD4 on cell migration, invasion, and apoptosis of cervical cancer cells. Siha cervical cancer cells were transfected with a recombinant lentivirus vector carrying the complete length of the PDCD4 gene and the normal controlled vector respectively and screened by puromycin.

**Results** The expression of the mRNA and protein of PDCD4 were significantly elevated in Siha cells transfected with the recombinant vector carrying the PDCD4 gene. Then the overexpression of PDCD4 suppressed the cell migration and invasion in transwell migration and matrigel invasion assays respectively. Moreover, the overexpression of PDCD4 increased the proportion of cell apoptosis in flow cytometry analysis. In a multiple signal pathways assay, the upregulation of PDCD4 promoted the phosphorylation of some key proteins, such as p53 and STAT1.

**Conclusions** These results suggest that PDCD4 is a potential therapeutic target for cervical cancer.

PU-7321

## 不同厂家肌酐试剂抗干扰对比分析

王梦珍

解放军总医院第五医学中心（南院区）

**目的** 探讨分析四个厂家肌酐试剂盒抗干扰能力，为临床提供较准确的检测结果。**方法**选取 17 例符合该实验的血清标本。每例标本于日立 HITACHI7600 上用四种厂家的试剂盒重复测定肌酐三次，并与在强生 VITROS5600 上检测的结果比较，分析其相关性。

**方法** 1.1 标本来源收集 2017 年 12 月 1 日到 10 日本院检验科生化室酶法测定曲线异常的血清标本共 17 例，标本性状正常，无溶血、脂血、乳糜血等情况。

1.2 仪器与试剂强生 VITROS5600 全自动生化分析仪及强生干化学配套试剂，日立 HITACHI7600 全自动生化分析仪，且两台全自动生化分析仪在本院做过一致性分析，四个厂家试剂分别为利德曼肌酐试剂盒，宁波美康肌酐试剂盒，和光肌酐试剂盒，重庆中元肌酐试剂盒。

1.3 方法在相同实验室环境下，每例标本于日立 HITACHI7600 上用四种试剂盒重复测定肌酐三次，并与其在强生 VITROS5600 上检测的结果进行比较。

1.4 统计学处理采用 SPSS 22.0 进行统计学分析，对各均值与干化学值进行偏倚评估，比较各组的相关系数。

**结果** 四种试剂盒检测的结果具有显著性差异，其中重庆中元肌酐试剂盒的测定结果最接近干化学方法测定结果。

**结论** 不同厂家试剂的抗干扰能力不同，选择抗干扰能力较强的试剂，可为临床提供更可靠的实验依据

PU-7322

## LncRNA SRA 作为乙肝相关肝癌诊断的血清标志物初步探讨

冯永辉

中国医科大学附属第一医院,110000

**目的** 除蛋白编码基因外，人类基因组还产生大量的长链非编码 RNA(long non-coding RNAs, lncRNAs)。lncRNAs 存在于肿瘤患者血液中并能作为肿瘤标志物，其能够影响肿瘤细胞生长并调控肿瘤的发生、发展和转移。有研究显示 lncRNA SRA 在一些肿瘤（如结肠癌、非小细胞癌、胃癌和乳腺癌）中有异常表达。本研究主要分析 lncRNA SRA 在肝癌患者血清中的表达水平并探索其在肝癌发生过程中能否用于肝癌的诊断标志物。

**方法** 我们收集 60 例血清样本（20 例伴乙肝肝癌患者，10 例乙肝患者，10 例肝硬化患者及对照组 20 例正常人血清），cobas e601 检测血清中的 AFP 水平，qRT-PCR 检测 lncRNA SRA 在患者血清中的表达水平，绘制 ROC 曲线评价其诊断效能。

**结果** SRA 的在肝细胞癌和肝炎患者血清中的表达水平显著高于正常人血清（ $P < 0.05$ ），而在肝硬化患者血清中表达不明显，AUC 为 0.812（ $P = 0.008$ ）。AFP 在肝癌患者中的表达水平显著高于健康人、乙肝患者、和肝硬化患者（ $P < 0.001$ ），而肝硬化患者中的 AFP 表达水平明显高于健康人（ $P < 0.05$ ）。相关性分析显示表明 SRA 与 AFP 负相关（ $P = 0.07$ ）。

**结论** lncRNAs SRA 在肝癌、肝炎患者血清中显著表达并能作为肝癌潜在的肿瘤标志物。

## PU-7323

## 食道癌早期筛查的新发现——血清游离 DNA 的检测

钱晨

南通大学附属医院,226000

**目的** 运用分支 DNA (Branched DNA, bDNA) 技术检测食道癌患者血清游离 DNA (Circulating cell-free DNA, CFD) 的含量并探讨血清 CFD 在食道癌早期筛查和病程进展中的临床应用价值。

**方法** 采集 60 例食道癌患者血清标本, 同期匹配 92 例健康对照血清标本和 23 例食道良性肿瘤患者血清标本进行对比分析; 采用 bDNA 技术定量检测三组血清中 CFD 的浓度, 并用化学发光方法检测相关肿瘤标志物 SCC、CEA、CA19-9 含量。

**结果** 食道癌患者血清 CFD 含量 2052.98 (924.83, 3911.00) ng/ml 显著高于健康对照 196.50 (112.75, 328.45) ng/ml 和良性肿瘤组 342.1 (236.1~452.4) ng/ml,  $P<0.05$ ; 在相关血清肿瘤标志物中, 血清 CFD 水平与 SCC、CEA、CA19-9 之间无明显相关性, 但血清 CFD 比 SCC、CEA、CA19-9 等血清标志物在食道癌患者体内早期表达更为灵敏。以 698.3ng/ml 为临界值(Cut off 值), 其诊断的灵敏性为 75.5%, 特异性为 93.5%, ROC 曲线下面积 0.912。

**结论** 食道癌患者血清 CFD 水平显著高于健康对照和食管良性肿瘤, 其可能是食道癌患者的早期筛查的重要生物学指标, 对食道癌早期辅助诊断有一定的指导意义和应用价值。

## PU-7324

## Alterations in exosomal miRNA profile upon epithelial-mesenchymal transition in human lung cancer cell lines

Yueting Tang

1.Department of clinical Laboratory, Zhongnan Hospital, Wuhan University, Wuhan, Hubei, China

2.Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University, No.1838 North Guangzhou Avenue, Guangzhou 510515, Guangdong, China

**Objective** Epithelial-mesenchymal transition (EMT) is regarded as a critical event during tumor metastasis. Recent studies have revealed changes and the contributions of proteins in/on exosomes during EMT. Besides proteins, microRNA (miRNA) is another important functional component of exosomes. We hypothesized that the miRNA profile of exosomes may change following EMT and these exosomal miRNAs may in return promote EMT, migration and invasion of cancer cells.

**Methods** The small RNA profile of exosomes was altered following EMT.

**Results** Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analysis revealed that the specific miRNAs of M-exosomes have the potential to drive signal transduction networks in EMT and cancer progression. Co-culture experiments confirmed that M-exosomes can enter epithelial cells and promote migration, invasion and expression of mesenchymal markers in the recipient cells.

**Conclusions** Our results reveal changes in the function and miRNA profile of exosomes upon EMT. M-exosomes can promote transfer of the malignant (mesenchymal) phenotype to epithelial recipient cells. Further, the miRNAs specifically expressed in M-exosomes are associated with EMT and metastasis, and may serve as new biomarkers for EMT-like processes in lung cancer.

## PU-7325

## Differentially expressed micro-RNAs within platelets from patients with acute primary immune thrombocytopenia

Tengyi Huang<sup>1</sup>, Zewen Zhang<sup>2</sup>, Wenjun Yu<sup>2</sup>, Jianxiong Lin<sup>2</sup>, Jingyu Huang<sup>1</sup>, Wei Fang<sup>1</sup>, Long Xie<sup>1</sup>, Hugui Li<sup>1</sup>, Jun Wang<sup>1</sup>, Feng Liu<sup>2</sup>, Jun Yin<sup>1,2</sup>

1. Department of Clinical Laboratory Medicine, the Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College, Shantou, Guangdong, China

2. Division of Hematology, the Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College, Shantou, Guangdong, China

**Objective** To investigate the differential expression of micro-RNA within platelets from patients with acute primary immune thrombocytopenia (ITP).

**Methods** 9 cases of acute ITP patients diagnosed in Division of Hematology of the Second Affiliated Hospital of Shantou University Medical College from January to May 2019 were enrolled, and another 9 cases of healthy volunteers in the Health Examination Center of the same hospital were served as healthy controls, whose age and gender were matched with ITP patients. 10ml of peripheral venous blood was collected from each patient and health control respectively into a vacuum tube with EDTA-K2 as anticoagulant. Blood samples were centrifuged by 200g for 10min to obtain platelet rich plasma (PRP), and afterwards, PRP was centrifuged by 1000g for 10min to get platelets. RNA from platelets was extracted by means of TRIzol method and sent to BGI for micro-RNA sequencing.

**Results** 461 micro-RNAs within platelets from patients with ITP were up-regulated, and some of them were significantly up-regulated including novel-mir995, novel-mir1052, novel-mir1159, novel-mir99, hsa-miR-4508 and novel-mir1322. There were 235 micro-RNAs down-regulated, in which novel-mir245, novel-mir1120 and has-miR-6861-5p were significantly down-regulated. Functional analysis of differential micro-RNAs showed that 8,627 micro-RNAs were involved in cell components, 628 involved in molecular functions, and 564 in biological processes. According to pathway enrichment analysis of differentially expressed micro-RNAs in KEGG database, 185 differentially expressed micro-RNAs participated in cytokine receptor pathway, 49 participated in vitamin A metabolism pathway, 86 participated in complement system pathway, and 79 participated in oxidative phosphorylation pathway.

**Conclusions** There are differentially expressed micro-RNAs within platelets from patients with acute ITP, and the pathogenesis of ITP is likely to be related to multiple signal transduction pathways such as cytokine receptor, complement system, vitamin A metabolism and oxidative phosphorylation, etc.

## PU-7326

## 血清三叶因子 3 水平联合尿素、肌酐、胱抑素 C 及肾小球滤过率在糖尿病肾病诊断中的临床价值探讨

鲍舟君, 李翊卫, 姚燕珍, 徐岳军, 竺王玉  
浙江省舟山市人民医院, 316000

**目的** 探讨血清三叶因子 3 (TFF3) 联合尿素 (UREA)、肌酐 (Cr)、胱抑素 C (CysC) 及肾小球滤过率 (GFR) 在糖尿病肾病中的临床价值。

**方法** 应用受试者工作特征曲线分析血清 TFF3 联合 UREA、Cr、CysC 及 GFR 在糖尿病肾病中诊断中的作用。血清 TFF3 采用酶联免疫吸附试验, UREA、Cr、CysC 及 GFR 应用全自动生化仪进行检测。

**结果** 受试者工作特征曲线（ROC）分析显示 TFF3、UREA、Cr、CysC、GFR 及联合预测值在糖尿病肾病中诊断中的敏感性和特异性分别为 83.87%，63.44%，40.86%，51.61%，82.8%和 95.35%，95.35%，90.70%，100.00%，100.00%；联合预测值 AUC 明显高于单个检测项目，差异有统计学意义（ $P$  均  $< 0.0001$ ）；TFF3 AUC 明显高于 CysC、UREA 和 GFR，差异有统计学意义（ $P = 0.0066$ ， $<0.0001$ ， $<0.0001$ ）。在早期糖尿病肾病诊断中，TFF3、UREA、GFR 及联合预测值的敏感性和特异性分别为 74.14%，58.62%，39.66%，75.86% 和 95.35%，95.35%，97.67%，100.00%。Logistic 回归分析显示血清 TFF3 和 UREA 为糖尿病肾病或早期糖尿病肾病的预测危险因素（ $P$  均  $< 0.05$ ）。

**结论** 血清 TFF3 水平是诊断糖尿病肾病或早期糖尿病肾病的一个新的潜在有效指标，联合其他肾功能评估指标具有更高的诊断效能，值得在临床推广应用。

## PU-7327

### 苏州地区 CRE 临床菌株的耐药分子流行病学分析

吕晶南,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 研究苏州地区碳青霉烯耐药的肠杆菌科细菌的分子流行病学及其耐药机制。

**方法** 收集 2012 年至 2016 年苏州大学第二附属医院共 67 株 CRE。使用 BD Phoenix Automated Microbiology System 进行物种鉴定和药物敏感性试验。采用 PCR 法对碳青霉烯酶基因、超广谱  $\beta$ -内酰胺酶基因、AmpC 头孢菌素酶基因和孔道蛋白基因进行筛选。通过多位点序列分型（MLST）、脉冲场凝胶电泳（PFGE）进行分子分型研究。使用 Illumina Miseq 平台对选择的含有 bla KPC-2 的质粒进行测序。

**结果** 在 67 株 CRE 分离株中，主要为肺炎克雷伯菌（ $n=42$  株）、粘质沙雷氏菌（ $n=10$  株）、阴沟肠杆菌（ $n=6$  株）、大肠杆菌（ $n=4$  株）。检测到六种不同的碳青霉烯酶，包括 bla KPC-2（ $n = 45$ ）、bla KPC-3（ $n = 1$ ）、bla NDM-1（ $n = 6$ ）、bla NDM-5（ $n = 1$ ）、bla IMP-4（ $n = 2$ ）和 bla VIM-1（ $n = 2$ ）；没有检测到 bla OXA-48 基因。一株阴沟肠杆菌菌株同时携带 bla NDM-1 和 bla KPC-3，而两株阴沟肠杆菌菌株同时携带 bla NDM-1 和 bla VIM-1。59 个分离株中鉴定了编码 ESBLs 和 AmpC 酶的基因。20 株（28.6%）CRE 中均检测到孔蛋白基因的无义突变和移码突变，且大多为粘质沙雷氏菌。42 株肺炎克雷伯菌分离株属于 12 种不同的 ST 分型，其中 ST11 最常见，6 株阴沟肠杆菌分离株包含 4 种不同的 ST 分型。10 株粘质沙雷氏菌具有相同的 PFGE 图谱。blaKPC-2 由 NTEKPC-1a pKp048 样元件所携带，而 blaKPC-3 由一种新型的 NTEKPC-II 元件所携带，并在 blaKPC-3 上游 94bp 处插入了 blaTEM。

**结论** 苏州地区 CRE 菌株的细菌种类和 STs 较丰富，且其耐药机制如碳青霉烯酶、ESBLs、AmpC、突变孔蛋白、质粒等具有显著的多样性。

## PU-7328

### 血清中 AFP、CA199、CA50 和 Ferr 联合检测 在原发性肝癌诊断中的意义

贾心媛

南通大学附属医院,226000

**目的** 研究血清中甲胎蛋白(AFP)、糖类抗原 199(CA199)、糖类抗原(CA50)和铁蛋白(Ferr) 联合检测对原发性肝癌的诊断价值。

**方法** 选择 2017 年 10 月至 2018 年 10 月在本院诊治的原发性肝癌患者 70 例纳入研究组，选取同期健康体检者 30 例作为对照组，用电化学发光法测定两组的 AFP、CA199、CA50、Ferr 水平，分析单项检测和联合检测的准确度。

**结果** 肝癌组各血清肿瘤标志物水平明显高于正常组 ( $P<0.05$ )，联合检测准确度明显优于单项检测。

**结论** 联合检测有助于提高原发性肝癌的诊断。

## PU-7329

### RpoE 调控因子在肠炎沙门氏菌中对抗生素耐药性研究

谢小芳,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 明确肠炎沙门氏菌中 RpoE 对抗生素耐药性的调控机制。

**方法** 使用 K-B 法检测肠炎沙门氏菌 rpoE 基因缺陷株 ( $\Delta$ rpoE) 和野生株对  $\beta$ -内酰胺类，喹诺酮类和氨基糖苷类抗生素的耐药性，采用美国临床实验室标准化协会 (CLSI) 2017 年版判读结果。通过全基因组 DNA 微阵列分析研究野生型和 rpoE 基因缺陷株之间的差异基因表达谱。利用 RT-PCR 验证全基因组 DNA 微阵列分析结果。SPSS23 统计分析软件进行数据分析， $P\leq 0.05$  具有统计学差异。

**结果** 与野生型菌株相比， $\Delta$ rpoE 对  $\beta$ -内酰胺类，喹诺酮类和氨基糖苷类抗生素的耐药性增高。 $\Delta$ rpoE 共有 57 个基因表现出差异表达。两个外膜蛋白基因 ompF 和 ompC 的表达在  $\Delta$ rpoE 中显著下调 (与野生型菌株相比低 6 倍和 7 倍)，并且 AraC / XylS 家族的成员 RamA 在  $\Delta$ rpoE 上调约四倍。

**结论** 在沙门氏菌中 RpoE 是细菌耐药相关的调控因子，可下调 omp 基因及上调外排泵系统相关基因。

## PU-7330

### 血栓弹力图高凝状态分析

马靖潇

潍坊医学院附属医院,261000

**目的** 分析探讨血液高凝状态患者血栓弹力图(thromboelastography, TEG)结果的特点，为临床抗凝治疗提供参考。

**方法** 回顾性分析 2016 年 1 月至 2017 年 3 月，在潍坊医学院附属医院进行血栓弹力图 (TEG) 检测的患者 447 例，其中 65 岁以上的高龄患者组 174 例，小于 65 岁普通患者组 273 例。对两组 TEG 检测结果中凝血反应时间 (R)、凝血酶形成时间 (K)、血凝块形成速率 ( $\alpha$ -Angle)、最大振幅 (MA) 四个主要参数进行比较，对高凝状态的原因及 TEG 图形特点进行分析。应用 SPSS 18.0 软件，计量资料采用 t 检验， $P<0.05$  为差异有统计学意义。

**结果** 高龄患者组 R 值、K 值均小于普通患者组，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。高龄患者组 MA 值、Angle 均大于普通患者组，差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。TEG 高凝状态有 32 例 (28 例为高龄患者，4 例为普通患者)，其中酶动力型高凝状态 24 例 (75%)，血小板型高凝状态 5 例 (15.6%)，酶动力和血小板型高凝状态 3 例 (9.4%)。

**结论** 高龄患者处于相对高凝状态，血栓形成的风险大于普通患者。TEG 以图形的方式动态监测血液凝固过程的变化，提供凝血异常的确切原因，为临床进行有针对性的抗凝治疗提供依据，降低血栓形成风险。



PU-7331

## 长链非编码 RNA NR\_026827 在胃癌中低表达的价值研究

张海方,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 研究旨在探讨 lncRNA NR\_026827 在感染幽门螺杆菌的胃上皮细胞中的表达情况,并研究其在胃癌中的表达水平。

**方法** 培养胃上皮细胞系细胞 GES-1 并用幽门螺旋杆菌感染。从细胞中提取总 RNA,通过基因芯片研究感染幽门螺杆菌 GES-1 细胞的 lncRNA 表达特征。从胃癌患者中随机选择 80 个新鲜胃癌组织和成对的相邻非癌组织样品,使用 qRT-PCR 研究 lncRNA NR\_026827 的表达情况。

**结果** 经过基因芯片检测后,发现经幽门螺杆菌感染的 GES-1 细胞中几种 lncRNA 的表达显著改变。在这些 lncRNA 中, NR\_026827 的表达在感染幽门螺杆菌的 GES-1 细胞中显著下调。在对病人组织检测后,发现与相应的相邻非癌组织相比 NR\_026827 的表达在胃癌组织中降低。此外, NR\_026827 的表达在不同的胃癌阶段没有显著变化。

**结论** 研究发现 lncRNA、NR\_026827 在与幽门螺杆菌感染相关的胃癌各阶段表达均下调,这可能成为胃癌诊断潜在生物标志物。

PU-7332

## 基于全外显子测序技术对一个非综合征型耳聋家系的遗传学分析

胡思婧<sup>1</sup>,张浩<sup>2</sup>,刘运强<sup>2</sup>

1.电子科技大学医学院

2.四川大学华西临床医学院,610000

**目的** 通过全外显子测序技术对一个非综合征型耳聋家系进行基因测序,探讨其分子遗传学机制。

**方法** 收集先证者及双亲的血液样本,采用全外显子测序技术检测基因组变异情况,根据 2015 年美国遗传学会指南对变异的致病性进行分析,找出可能致病的变异位点并用 Sanger 测序进行验证。

**结果** 通过使用全外显子测序技术结合 Sanger 测序验证,本研究在先证者 GJB2 基因中发现一个新发错义变异(c.262G>C, p.A88P),该变异位于 GJB2 基因第 2 外显子上,导致 GJB2 蛋白第 88 位氨基酸从丙氨酸变为脯氨酸。该变异在表型正常的双亲中均未检出,也未收录在 MAF、dbSNP 数据库、HGMD 库、千人基因组数据库中。使用 Consurf 软件对 GJB2 蛋白氨基酸序列保守性进行分析,使用软件 Provean、SIFT 对变异位点的功能影响进行预测,分析结果显示该变异位点在氨基酸序列中高度保守且该变异对蛋白结构功能有害。

**结论** GJB2 基因编码一个具有四个跨膜结构域的膜蛋白, GJB2 基因突变是导致常染色体显性遗传性耳聋和常染色体隐性遗传性耳聋的常见原因。本次研究所检出变异位点位于 GJB2 蛋白的第二跨膜结构域,已有文献报道, GJB2 跨膜结构域的基因突变会影响其转运和定位。因此本次研究所发现的新发错义变异可能通过影响 GJB2 的胞内转运和定位。总之,根据 2015 年美国遗传学会指南,该新发错义变异为致病性变异。

## PU-7333

质粒携带多粘菌素耐药基因 *mcr-1* 的表达特征研究

张海方,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 研究多粘菌素耐药基因 *mcr-1* 在不同细菌和质粒上的表达谱,了解多粘菌素耐药基因 *mcr-1* 在不同细菌和质粒的表达水平差异原因。

**方法** 采用 qRT-PCR 来评估不同菌株(大肠埃希菌和肺炎克雷伯菌)不同质粒(pMCR1\_IncX4 和 pMCR1\_Incl2)携带的多粘菌素耐药基因 *mcr-1* 的表达水平;使用多粘菌素对不同细菌进行处理,在 20 分钟和 120 分钟分别检测多粘菌素耐药基因 *mcr-1* 表达水平的变化差异。

**结果** pMCR1\_IncX4 携带的 *mcr-1* 表达水平介于  $1.81 \times 10^{-5}$  至  $1.05 \times 10^{-4}$  (pmol/ $\mu$ g 总 RNA)之间, pMCR1\_Incl2 的 *mcr-1* 表达水平分别为  $5.27 \times 10^{-5}$  (SZ02) 和  $2.58 \times 10^{-5}$  (BJ13) (pmol/ $\mu$ g 总 RNA)。另外, BJ10 中染色体 *mcr-1* 的表达量为  $5.49 \times 10^{-5}$

(pmol/ $\mu$ g 总 RNA)。在 4 $\mu$ g/ml 粘菌素处理后, pMCR1\_IncX4 中的 *mcr-1* 在所有携带 pMCR1\_IncX4 的菌株中分别在 20 和 120 分钟时分别增加了 2 倍和 4 倍,除了 ST2448 大肠杆菌,其在 20 分钟后表达较低。在 120 分钟后恢复到基线水平的分钟。相反,在 20 和 120 分钟后,两种大肠杆菌菌株(SZ02, BJ13)中的 pMCR1\_Incl2 和大肠杆菌中的染色体 *mcr-1* (BJ10)的 *mcr-1* 表达保持在基线水平。在相同的遗传背景宿主菌株大肠杆菌 E600 中, pMCR1\_IncX4 和 pMCR1\_Incl2 的 *mcr-1* 表达相似,并且在粘菌素处理 20 分钟后降低。然而, pMCR1\_IncX4 中的 *mcr-1* 在粘菌素处理 120 分钟后上调,而 pMCR1\_Incl2 中的 *mcr-1* 与未处理的对照相比下调。

**结论** *mcr-1* 在不同的质粒,细菌宿主和抗生素处理后具有不同的表达谱。

## PU-7334

## RpoE 调控 SPI-1 和 SPI-2 促进肠炎沙门氏菌侵袭力和细胞内存活率的研究

郑毅,杜鸿

苏州大学附属第二医院,215000

**目的** 探讨 RpoE 在沙门氏菌高渗应激后期的作用。

**方法** 将 *rpoE* 野生型伤寒沙门菌和 *rpoE* 基因缺陷株( $\Delta$ *rpoE*)在高渗条件下培养 120 分钟,分别提取 RNA,应用 DNA 芯片,检测 SPI-1 和 SPI-2 的表达差异。随后比较高渗条件下伤寒沙门氏菌野生型和  $\Delta$ *rpoE* 对细胞入侵能力,比较细胞存活率。应用凝胶电泳研究细菌蛋白质的整体差异表达。使用巨噬细胞吞噬实验研究野生型、*rpoE* 基因敲除型和 *rpoE* 互补型菌株在细胞内存活率。

**结果** 在高渗条件下,通过基因芯片研究发现, RpoE 可上调伤寒沙门氏菌中 SPI-1 和 SPI-2 的表达, RpoE 可能在感染期间促进伤寒沙门氏菌的侵袭和细胞内存活。在细胞侵袭实验中,发现敲除 *rpoE* 基因后菌株侵袭力显著低于野生型菌株的侵袭力。通过比较巨噬细胞中野生型、 $\Delta$ *rpoE* 和 *rpoE* 互补菌株的存活率,发现  $\Delta$ *rpoE* 在细胞内存活率远低于野生型菌株的存活率。蛋白质组学研究发现,在野生型和 *rpoE* 基因缺陷株之间,有 13 种细菌相关蛋白和 11 种分泌蛋白显著不同。

**结论** RpoE 通过调节 SPI-1 和 SPI-2 的表达促进沙门氏菌对细胞侵袭能力以及在细胞内的存活率。

## PU-7335

## 乙型肝炎相关性肝癌血清标志物诊断价值及 SVM 鉴别诊断模型的建立

白晶

首都医科大学附属北京同仁医院,100000

**目的** 通过检测甲胎蛋白(alpha-fetoprotein, AFP)、脱- $\gamma$ -羧基凝血酶原(des- $\gamma$ -carboxy-prothrombin, DCP)、高尔基体蛋白 73(Golgi protein 73, GP73) 在乙型肝炎相关性肝癌(hepatitis B related Hepatocellular carcinoma)患者血清中的表达水平, 探讨单项及联合检测各项指标在 HBV 相关性肝癌中的诊断价值, 并建立支持向量机(Support Vector Machine, SVM)鉴别诊断数学模型, 进而为 HBV 相关性肝癌的诊断提供参考依据。

**方法** 选择 2016 年 3 月~2018 年 1 月就诊于首都医科大学附属北京同仁医院的患者和体检人群共 251 例, 其中乙型肝炎相关性肝癌组患者 57 例, 乙型肝炎相关性肝硬化患者 52 例, 慢性乙型肝炎患者 68 例, 选择同期健康体检者 74 例, 分别检测不同分组中受试者的血清 DCP、AFP 及 GP73 水平。

**结果** 血清 DCP、AFP 及 GP73 在 HBV 相关性肝癌组中的表达水平显著高于正常对照组, 且差异有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 对三项指标进行 Logistic 回归分析获得联合预测因子, 绘制三项指标联合诊断的受试者工作特征曲线(receiver operator characteristic curve, ROC curve, 得出曲线下面积(AUC),  $AUC_{DCP+GP73+AFP} = 0.997$ ,  $95\%CI(0.4930-1.0)$ , 灵敏度、特异度、阳性预测值、阴性预测值分别为: 98.9%、98.6%、96.4%、98.6%。三项指标联合诊断要好于单独诊断,  $P < 0.001$ 。通过 ROC, 发现 HBV 相关性肝癌与乙型肝炎组比较 AUC 均介于 0.7-0.9 之间, 与 HBV 肝硬化比较 AUC 均小于 0.7。当采用支持向量机(Support Vector Machine, SVM)数学诊断模型对 HBV 相关性肝癌与 HBV 肝硬化进行分类, 其特异性和敏感度分别达到了 90.91%和 96.3%。

**结论** 三项指标联合检测可提高对 HBV 相关性肝癌诊断的敏感性。SVM 模型可用于不同阶段肝病的诊断与识别。

## PU-7336

## 手足口病患儿血清中 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$ 和 MCP-1 的表达及临床意义

李溪

广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 观察手足口病(HFMD)患儿血清细胞因子 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$  和 MCP-1 表达的变化, 并探讨其临床意义。

**方法** 将 63 例 HFMD 患儿根据病情分为轻症组 31 例和重症组 32 例, 另选取同期健康体检儿童 32 例设为对照组, 采用酶联免疫吸附实验(ELISA)分别检测各组 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$  和 MCP-1 的表达。

**结果** 与对照组相比, 重症组、轻症组中 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$  和 MCP-1 水平明显升高 ( $P$  均  $< 0.05$ )。而与轻症组相比, 重症组 IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$  和 MCP-1 水平明显升高 ( $P$  均  $< 0.05$ )。

**结论** IL-6、IL-10、TNF- $\alpha$  和 MCP-1 均参与了手足口病发病过程, 其表达的变化可能与疾病的严重程度密切相关。

PU-7337

## 伤寒沙门菌中 ramR 及 ramA 对氨苄西林的耐药调控功能研究

廖敏慧<sup>1</sup>, 杜鸿<sup>2</sup>

1. 江阴市中医院, 214000

2. 苏州大学附属第二医院, 215000

**目的** 明确伤寒沙门菌 ramR 和 ramA 对氨苄西林耐药调控机制。

**方法** 分别构建伤寒沙门菌 ramR 基因缺陷株 ( $\Delta ramR$ )、伤寒沙门菌 ramA 基因高表达株及空质粒对照株。在氨苄西林压力下, 利用 RT-PCR 检测  $\Delta ramR$  和 GIFU10007 (pBAD33ramA) 中 ramA 的表达水平。通过生长曲线研究  $\Delta ramR$  和 GIFU10007 (pBAD33ramA) 对氨苄西林的耐受度差异。

**结果** 在氨苄西林压力下, GIFU10007 (pBAD33ramA) 的 ramA 表达量是 GIFU10007 (pBAD33) 的 43 倍, 而  $\Delta ramR$  和 GIFU10007 中 ramA 的表达水平没有统计学差异。氨苄西林应压力下, GIFU10007 (pBAD33ramA) 的生长明显优于 GIFU10007 (pBAD33),  $\Delta ramR$  和 GIFU10007 生长速度没有差异。

**结论** 伤寒沙门菌中 ramA 高表达可使细菌对氨苄西林的耐药性增强; 而 ramR 既不参与 ramA 转录水平的调控, 也不影响伤寒沙门菌对氨苄西林的耐药性, 这与鼠伤寒沙门氏菌和肺炎克雷伯菌中 ramR 的作用不同。

PU-7338

## Roche 电化学发光免疫分析定标液的优化管理

刘性君, 王景胜

解放军第 970 医院

**目的** 电化学发光免疫项目试剂的定标液项目和种类多、不同项目稳定期长短不一等以及进口试剂成本较高, 给临床实验室的使用和管理增加了难度。为了减轻工作人员的劳动量、提高工作效率和节约成本, 探讨从管理角度以期找到合适的方法。

**方法** 通过复溶、分装定标液和利用 EXCEL 表格合理设置参数, 查找、使用和管理定标液。

**结果** 经过多年的临床实验室实践取得了良好的效果, 为实验室工作人员提供了便利, 提高了工作效率, 节约了试剂成本。

**结论** 电化学发光免疫项目试剂定标液的合理使用和优化管理非常必要。

PU-7339

## 血清肿瘤相关物质对消化系统恶性肿瘤的诊断价值

陈霞

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 观察消化系统肿瘤患者的血清肿瘤相关物质 (BXTM) 水平, 探讨血清肿瘤相关物质 (BXTM) 对消化系统恶性肿瘤患者 (包括直肠癌, 结肠癌, 胃癌, 肝癌, 胆道癌) 的诊断价值。

**方法** 将研究对象分为三组: 消化系统恶性肿瘤组, 消化系统良性病变组以及健康对照组, 分别进行 BXTM 检测, 用 spss22.0 进行统计学分析。

**结果** 恶性肿瘤组的血清肿瘤相关物质 (BXTM) 平均水平为  $102.30 \pm 20.72$ , 阳性率为 61.83%, 良性病变组的血清肿瘤相关物质 (BXTM) 平均水平为  $88.59 \pm 8.44$ , 阳性率为 25.57%, 体检志愿者血清肿瘤相关物质 (BXTM) 平均水平为  $85.16 \pm 10.03$ , 阳性率为 5.0%。血清肿瘤标志物 (BXTM) 在恶性肿瘤与良性病变中的平均水平有显著差异,  $\chi^2=81.28$ ,  $P<0.01$ , 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。恶性肿瘤组与健康体检志愿者血清肿瘤标志物平均水平有明显差异,  $\chi^2=95.31$ ,  $P<0.01$ , 有统计学意义。良性病变组与体检志愿者 BXTM 平均水平有差异,  $\chi^2=8.00$ ,  $P<0.01$ , 有统计学意义。

**结论** 通过检测血清肿瘤相关物质水平在消化道恶性肿瘤和良性病变及健康对照组中有明显差异, 因此, 血清肿瘤相关物质 (BXTM) 可以作为对消化道恶性肿瘤疾病的早期筛选一项指标, 但在恶性肿瘤晚期是, 可能会导致 BXTM 水平降低或正常, 还有一些阳性结果也出现在消化道良性病变中, 所以 BXTM 对消化道肿瘤的鉴别诊断以及术后监测还有待进一步完善。

## PU-7340

### 白细胞介素 35 在慢性丙型肝炎中的免疫作用研究

陈霞

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 通过对慢性丙型肝炎病毒(HCV)感染患者血清中白细胞介素 35(IL-35)浓度的检测, 来研究 IL-35 在慢性 HCV 感染患者体内的免疫调节作用。

**方法** 用 ELISA 法检测 30 例健康体检者和 60 例慢性丙型肝炎患者的血清 IL-35 浓度, 并对不同临床类型的 HCV 患者间的 IL-35 浓度进行对比并分析, 同时观察 IL-35 与 IL-17A 和 ALT、AST、TB、ALB 及 HCV-RNA 有无相关性。

**结果** 慢性 HCV 感染者血清 IL-35 浓度  $36.77 (24.46 \sim 85.32)$  pg/ml 高于健康对照组  $21.74 (17.98 \sim 37.75)$  pg/ml, 其中 HCV 相关肝硬化患者血清 IL-35 水平  $41.05 (29.69 \sim 85.32)$  pg/ml 高于慢性肝炎患者  $32.5 (24.46 \sim 68.05)$  pg/ml。

**结论** 慢性 HCV 感染者血清中 IL-35 浓度升高, 且与 IL-17A 呈负相关, 提示在慢性 HCV 感染患者中 IL-35 可能对 Th17 的有调节作用, 为进一步研究 IL-35 对 HCV 感染的免疫调节机制提供理论基础。

## PU-7341

### ISO15189 认可体系在检验分析前质量控制中的作用

陈霞

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 探讨 ISO15189 认可体系在该院检验科检验分析前质量控制中的作用。

**方法** 通过对 2012 年-2018 年检验科检测的标本进行分析前质量评价和原因分析, 并动态观察在 ISO15189 体系运行下检验科标本的分析前质量控制是否优化改进。

**结果** : 1. 不合格标本主要分布在生化检验项目及临床基础检验项目; 2. 不合格标本的原因主要有: 溶血或脂血、血液凝固、标本量少、标识错误、容器错误与空管 (血液不合格标本); 标本量少、空管、标识错误、出院、容器错误与标本重复 (体液不合格标本); 3. 标本不合格率逐年下降, 而其中各种检验项目中不合格标本的数量明显下降, 各类原因引起的标本不合格率也呈下降趋势。

**结论** ISO15189 质量体系的良好运行能对分析前质量进行有效的控制, 确保分析前质量控制得到优化改进。

## PU-7342

## Next-generation sequencing plasma cell-free DNA for treatment monitoring in advanced head and neck cancer patients

jing bai

Department of Laboratory Laboratory, Beijing Tongren Hospital Affiliated to Capital Medical University

**Objective** Liquid biopsy especially circulating tumor DNA (ctDNA) has been reported to provide information on tumor genetic features and possible disseminated disease in many kinds of solid tumors. In this pilot study, we investigated the utilization of ctDNA for monitoring treatment response and progression of the disease in patients with head and neck cancers (HNC) by next-generation sequencing (NGS).

**Methods** We sequenced cell-free DNA (cfDNA) in 24 plasma samples collected at different time points from 19 HNC patients undergoing surgery or chemotherapy using a targeted gene panel composed of 61 actionable genes recurrently mutated in human malignancies.

**Results** We successfully identified the somatic mutation in 6 out of 11 patients who were drawn blood before treatment. We found that TP53 (2/6) and PIK3CA (2/6) are the most recurrently mutated genes. We also sequenced paired tumor tissues in 9 patients and confirmed mutation concordance with cfDNA in 5 patients. In four patients with undetectable ctDNA mutation after surgery, ctDNA did not reoccur during the follow-up period of over 20 months. Also, the presence or absence of the residual ctDNA after chemotherapy in nine patients was associated with the treatment efficacy evaluated by computed tomography (CT).

**Conclusions** These results suggested that ctDNA detection by NGS might be helpful to enable minimal residual disease (MRD) detection and chemotherapy efficacy prediction in HNC.

## PU-7343

## 血培养报阳时间与污染菌判断分析

刘乐平

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 分析血培养的报阳时间与菌种的相关性,探讨报阳时间对鉴别病原菌和污染菌的意义,为实验室诊断及临床尽早治疗提供一个参考因素。

**方法** 采用回顾性方法收集某院 2016 年 9 月-2017 年 2 月临床各科住院患者送检的血培养阳性病例的报阳时间及临床资料,采用 SPSS 22.0 分析血培养报阳时间与菌种分布的相关性,MedCalc15.2 计算报阳时间对污染菌的预测效果。

**结果** 399 份血培养阳性标本中,去除同一病人的重复结果和病史资料不全者,余 335 株血培养阳性细菌纳入分析,其中病原菌 239 株 (71.3%),污染菌 96 株 (28.7%)。病原菌组阳性报警时间为  $18.07 \pm 14.59\text{h}$ ,污染菌组报阳时间为  $34.64 \pm 16.24\text{h}$ ,差异具有统计学意义 ( $P < 0.001$ )。病原菌平均报阳时间最短者为大肠埃希菌 ( $11.88 \pm 3.84\text{h}$ ) h,报阳时间最长者为布鲁菌属 ( $95.20 \pm 24.04$ ) h。使用独立样本 t 检验分别比较病原菌组和污染菌组中的革兰阴性菌和革兰阳性菌报阳时间,得出 P 值分别为 0.098 和 0.106 ( $P > 0.05$ ),两两比较各菌种之间的报阳时间差异得出 P 值均  $> 0.05$ 。革兰阴性菌报阳时间  $> 26.2\text{h}$  时,预测为污染菌的敏感度及特异性分别为 100.00% 和 89.90%。革兰阳性菌报阳时间  $> 21.2\text{h}$  时,预测为污染菌的敏感度及特异性分别为 68.00% 和 84.44%。

**结论** 血培养中病原菌平均报阳时间短于污染菌,但血培养报阳时间长短与菌种无关。革兰阴性菌报阳时间  $> 26.2\text{h}$ ,或革兰阳性菌报阳时间  $> 21.2\text{h}$  时,提示分离菌种为污染菌。

PU-7344

## SNHG1 在三阴乳腺癌中的表达及生物学功能的研究

汪桂华

南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨长链非编码 RNA (long noncoding RNA, lncRNA) 小核仁 RNA 宿主基因 1 (small nucleolar RNA host gene 1, SNHG1) 在三阴乳腺癌 (triple negative breast cancer, TNBC) 组织和细胞的表达及其对 TNBC 细胞生物学功能的影响。

**结果** qRT-PCR 结果显示 SNHG1 在 TNBC 组织中的表达量显著高于其他类型乳腺癌及乳腺良性疾病 ( $p<0.05$ )，与肿瘤基因组图谱 (The Cancer Genome Atlas, TCGA) 数据库分析结果一致。TNBC 组织中 SNHG1 的高表达与肿瘤 TNM 分期显著相关 ( $p<0.05$ )。TNBC 细胞株中 SNHG1 的表达显著高于正常乳腺上皮细胞和非三阴乳腺癌细胞株。核浆分离试验和 FISH 证实 SNHG1 主要定位于细胞胞核部位。选择高表达 SNHG1 的 TNBC 细胞株 MDA-MB-231、HCC1937 进行功能学研究。shRNA 干扰 SNHG1 后，MDA-MB-231、HCC1937 细胞增殖明显减慢 ( $p<0.05$ )；流式细胞术显示，干扰后 MDA-MB-231、HCC1937 细胞 G0/G1 期细胞比例增多，而 S 期细胞的比例下降 ( $p<0.05$ )；Transwell 实验显示，干扰 SNHG1 后，MDA-MB-231、HCC1937 细胞的迁移与侵袭能力明显减弱 ( $p<0.05$ )。shSNHG1、shNC 稳转株接种裸鼠后，10 天左右开始成瘤，成瘤率为 100%。肿瘤生长曲线显示，转染 shSNHG1 组裸鼠皮下移植瘤较 shNC 组生长缓慢。shSNHG1 组移植瘤组织中 SNHG1 的表达显著低于 shNC 组，瘤块体积和重量均小于 shNC 组。

**结论** lncRNA SNHG1 在 TNBC 组织和细胞中均高表达，主要定位于胞核。干扰 MDA-MB-231、HCC1937 细胞 SNHG1 的表达后，可以抑制细胞的增殖、侵袭和迁移。体内实验中干扰 SNHG1 表达后抑制了 TNBC 原位移植瘤的生长速度。SNHG1 可能成为三阴乳腺癌诊疗的新的潜在靶标。

PU-7345

## 回顾性分析加入细菌耐药监测网在提高细菌药敏结果报告的完整性和准确性中的作用

李妮娅,杜玉珍

上海交通大学附属上海市第六人民医院东院

**目的** 回顾性分析我院 2013-2018 年的细菌耐药监测统计数据，以加入上海市耐药监测网时间 (2016 年) 为分界点，分析入网前后耐药监测数据的完整性和准确性是否有提高。

**方法** 采用 WHONET 5.6 统计软件，分析统计 2013-2018 年我院的细菌种类分布及排名前 5 位的细菌耐药情况，统计分析不同种细菌中监测的药物种类，再分别将排名前 5 位的细菌按年度依次进行耐药率变迁分析，以上海市华山医院抗生素研究所发布的 2013-2018 上海市细菌耐药性监测报告为参考进行判断。

**结果** 2013-2018 年我院检出排名前五位的细菌分别是大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌、肺炎克雷伯菌、粪肠球菌；2013-2015 年的监测数据中，存在报告药物种类的不规范，包括在非尿道检出细菌中报告呋喃妥因、肠球菌属药敏中报告克林霉素等，2016-2018 年数据中报告药物种类不规范现象逐年降低直至杜绝；2013-2015 年的数据中，大肠埃希菌监测的头孢吡肟的耐药率分别为 71.6%、67.2%、73.4%，头孢他啶的耐药率分别为 47.0%、68.0%、73.6%，头孢吡肟耐药率高于头孢他啶，与三代、四代头孢药理机制相冲突，且两者的耐药率均远高于上海市耐药监测数据。2013-2015 年数据中存在万古霉素耐药的金黄色葡萄球菌，且未经第二种可靠方式进行结果复

核, 2016 年增加万古霉素 E-test 复检检测后, 证实仪器法检测出现金黄色葡萄球菌耐万古霉素均为菌落不纯或操作不当影响。

**结论** 自 2016 年加入上海市细菌耐药监测网以后, 规范了不同种属细菌报告药物的种类, 仪器法 (MIC 法) 中没有的药物进行纸片法 (K-B 法) 补充, 不该报告的药物不报告, 确保了药敏结果中药物种类的完整性; 对万古霉素、亚胺培南、美罗培南、头孢他啶、头孢吡肟采用 K-B 法和 MIC 法双复合检测方式, 提高了药敏结果中数据的准确性。

## PU-7346

### 四种消毒剂对常见医院感染病原菌杀灭效果研究

刘乐平

中南大学湘雅医院, 410000

**目的** 评价四种临床常用的消毒剂对常见的医院感染病原菌的杀灭效果, 为消毒提供良好的选择方案。评价四种临床常用的消毒剂对常见的医院感染病原菌的杀灭效果, 为消毒提供良好的选择方案。

**方法** 选用单方乙醇、皮肤消毒剂、84 消毒液、络合碘对鲍曼不动杆菌 (Ab)、铜绿假单胞菌 (PA)、金黄色葡萄球菌 (SA)、肺炎克雷伯菌 (Kp) 以不同浓度作用不同时间后进行定量接种, 计数其菌落数, 采用配对样本 t 检验的统计学分析消毒剂在不同作用时间下的作用效果是否不同, 采用斯皮尔曼等级相关分析不同浓度的消毒剂的消毒效果是否存在差异

**结果** 四种菌经最低浓度单方乙醇作用后均有较多菌落密布生长, 最高浓度 (原倍) 单方乙醇作用后的菌落生长均超过 100CFU; 而其余三种消毒剂以最低浓度 (1:150) 作用最短时间 (1min) 下菌落生长数均  $\leq 1$  CFU。比较同浓度单方乙醇作用相同时间下不同细菌的生长情况, Ab 的菌落数明显多于其他三种细菌 ( $P < 0.05$ ); 且单方乙醇对 Ab 的消毒作用在时间上存在差异 ( $P = 0.025$ )。

**结论** 使用单方乙醇直接擦拭被污染表面无法完全杀灭常见的医院感染病原菌, 若要取得较好的灭菌效果, 需延长其作用时间。皮肤消毒剂、84 消毒液、络合碘对以上四种菌的消毒效果均十分明显。Ab 对单方乙醇的耐受能力强于 KP、PA 和 SA。临床工作中的消毒建议根据不同场合及要求选择相应的消毒剂。

## PU-7347

### 肿瘤性疾病合并静脉血栓栓塞的危险因素研究进展

张钦政, 闫海润

牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 肿瘤性疾病是中国居民死亡的最常见原因, 尤其是恶性肿瘤。

**方法** 除恶性肿瘤自身的因素外, 合并静脉血栓栓塞是其死亡的第二大原因, 引起肿瘤患者合并静脉血栓栓塞的危险因素逐渐得到广泛关注。

**结果** 明确常见的肿瘤性疾病患者合并静脉血栓栓塞的危险因素, 将常见危险因素与癌基因联合应用于肿瘤患者预测静脉血栓栓塞发生

**结论** 对于临床患者早期预防发生静脉血栓栓塞意义重大。



## PU-7348

**恶性肿瘤疾病并发静脉血栓栓塞的实验室研究进展**

郑洋洋,闫海润  
牡丹江医学院附属红旗医院

**目的** 恶性肿瘤并发静脉血栓栓塞是肿瘤患者死亡的主要原因,如何早期诊断恶性肿瘤疾病并发静脉血栓栓塞仍需深入研究。

**方法** 联合检测血栓调节蛋白、凝血酶-抗凝血酶复合物、组织型纤溶酶原激活物/抑制剂-1 复合物及纤溶酶-抗纤溶酶复合物四种实验室血栓分子标志物

**结果** 比单一检测更加系统全面分析患者机体凝血-纤溶系统活化状态,可早期诊断其血栓前状态

**结论** 对于临床恶性肿瘤患者预防静脉血栓栓塞发生具有十分重要的价值。

## PU-7349

**空乘人员肠道产 ESBL 大肠杆菌分子流行病学研究**

刘乐平,刘文恩  
中南大学湘雅医院,410000

**目的** 大肠杆菌是人体肠道菌群的重要组成部分之一,可引起肠道外的感染性疾病。产 ESBL 的大肠杆菌对多种常用的抗菌药物耐药,对临床治疗带来巨大挑战。近年来,国内外对健康人群肠道携带的产 ESBL 大肠杆菌关注度逐渐升高。空乘人员作为特殊的餐饮从业者,其肠道携带的产 ESBL 大肠杆菌比普通社区人群更具有潜在的传播风险,而国内外对这一人群暂无相关研究。本研究旨在明确空乘人员中产 ESBL 大肠杆菌的流行特征,为控制耐药菌的广泛传播提供指导。

**方法** 本研究选取湖南长沙地区某航空公司基地的乘务工作者进行横断面调查,采集其粪便标本检测产 ESBL 大肠杆菌,对筛选出的产 ESBL 大肠杆菌进行药敏试验、CTX-M 耐药基因检测、MLST 和系统发育群分析。结合问卷调查所采集的信息,分析耐药菌在该人群肠道定植的危险因素。

**结果** 共从 454 名空乘人员中分离得到 157 株产 ESBL 大肠杆菌,携带率为 34.6%,所有产 ESBL 大肠杆菌全部携带 CTX-M 基因,最常见的 CTX-M 酶型为 CTX-M-14、CTX-M-55、CTX-M-27 和 CTX-M-15。MLST 分型结果主要 ST 型为 ST10、ST38、ST131、ST1177 和 ST69。发现三个新的 ST 型,分别为 ST5719、ST5720 和 ST5721。到访东南亚地区( $OR=2.012$ ,  $P=0.004$ )和飞行时间延长( $OR=1.763$ ,  $P=0.005$ )与较高的携带率相关,而在客舱服务后洗手( $OR=0.345$ ,  $P=0.010$ )与较低的携带率相关。

**结论** 空乘人员中存在较高的 ESBL 大肠杆菌携带率,产 CTX-M-14 的大肠杆菌为最主要 ESBL 流行株,首次发现 CTX-M-55 大肠杆菌在湖南地区健康人群中流行,且发现同时携带 CTX-M-14 和 CTX-M-55 的菌株,其耐药水平明显高于携带单一 CTX-M 者;发现新的 ST 型 ST5719、ST5720 和 ST5721;发现新的流行株 ST1177,该菌株携带 CTX-M-55,具有较高的耐药水平;造访东南亚地区和长时间的飞行是肠道携带产 ESBL 大肠杆菌的危险因素,在客舱服务后洗手可有效降低耐药菌株的携带风险。

## PU-7350

## 二代测序技术检测胸腹水 cfDNA 中肿瘤突变基因的临床应用探讨

魏丽荣,杜玉珍  
上海市第六人民医院东院

**目的** 用二代测序技术比较肿瘤患者胸腹水上清 cfDNA、脱落细胞 DNA 和血浆 cfDNA 的肿瘤靶向治疗基因突变情况,探讨胸腹水上清 cfDNA 用于肿瘤靶向治疗突变基因检测的可行性。

**方法** 收集同一肿瘤患者的胸腹水上清、胸腹水脱落细胞及血浆样本,共收集 9 例;提取胸腹水上清和血浆 cfDNA 以及脱落细胞 DNA,用 Qubit3.0 检测 cfDNA 浓度,Agilent 2100 检测 cfDNA 片段分布;用检测 15 个肿瘤相关基因突变的 illumina TruSight Tumor 15 试剂盒构建测序文库,于 MiniSeq 平台上进行高通量测序,分析测序结果。

**结果** ①胸腹水上清 cfDNA 与血浆 cfDNA 片段分布相似,浓度无显著性差异。②胸腹水上清 cfDNA 与脱落细胞 DNA 基因突变的一致性为 88.9% (8/9),有 1 例样本在胸腹水上清 cfDNA 中检出 EGFR 基因突变,脱落细胞中未检出。③胸腹水上清 cfDNA 与血浆 cfDNA 基因突变的一致性为 60% (3/5);有 1 例在上清 cfDNA 中检出突变,血浆 cfDNA 未检出;还有 1 例血浆 cfDNA 中检出突变,但上清 cfDNA 未检出,提示联合检测胸腹水上清 cfDNA 和血浆 cfDNA 可提高突变基因的检出率。

**结论** 用二代测序技术获取胸腹水上清 cfDNA 中的肿瘤基因突变信息,可作为脱落细胞 DNA 和血浆 cfDNA 的重要补充,但后续还需要更大临床样本的验证。

## PU-7351

## 不同类型人群血清中肝纤维四项检测结果分析

孙彦峰,赵秋剑  
宝鸡市中心医院,721000

**目的** 分析不同类型人群血清中肝纤维四项实验室检测结果与肝纤维程度之间的关系,探讨其在肝脏疾病临床诊断中的应用价值。

**方法** 收集宝鸡市中心医院 2018 年 227 例健康体检者血清及 175 例不同类型肝病患者血清,运用上转发光免疫分析技术(UPT),进行肝纤维四项即透明质酸酶(HA)、III 型前胶原(PC-III)、IV 型胶原(IV-C)及层黏连蛋白(LN)水平检测。

**结果** 健康体检人群 HA、PC-III、IV-C、LN 结果(平均值±标准差)依次为:73.73±42.58、47.77±23.56、75.05±39.96、84.60±36.34;慢性乙肝组结果依次为:110.37±88.66、111.48±83.56、182.45±159.29、206.70±180.56;慢性丙肝组结果依次为:104.14±78.35、134.84±137.50、199.52±210.50、209.31±196.58;肝硬化组结果依次为:149.31±88.24、139.72±102.14、225.51±168.85、223.05±143.69。结合不同类型患者肝脏影像学资料,可以分析出伴随着肝脏纤维化病程的发展,HA 水平、PCIII 水平、IV-C 水平及 LN 水平表现出一定程度的升高,与健康体检人群相比较,表现出显著差异( $P<0.05$ )。健康体检人群中肝纤维四项水平随年龄增长略有升高,男性与女性人群之间差异不具有统计学意义( $P>0.05$ )。

**结论** 不同人群血清中 HA、PC-III、IV-C 及 LN 水平与纤维化程度有较好的相关性,肝纤维四项检测结果能够监测患者肝纤维化的病程。同时,该检测项目具有无创诊断的优点,可以考虑将其纳入到健康体检项目中,从而更早的发现肝脏损伤状况,为临床诊疗提供依据。

## PU-7352

## NSE、SCC、Cyfra21-1、CEA 和 CK-19 联合检测 对肺癌诊断价值的临床验证

陶亚

中南大学湘雅医院,410000

**目的** 通过临床病例分析,验证神经元特异性烯醇化酶(NSE)、鳞状上皮抗原(SCC)、细胞角蛋白 19 片段(Cyfra21-1)、癌胚抗原(CEA)、角蛋白 19 (CK-19)五项血清肿瘤标志物联合检测对肺癌诊断、病理分型和临床分期的价值。

**方法** 回顾性分析从 2018 年 4 月至 2019 年 4 月中南大学湘雅医院 156 例确诊肺癌患者和 108 例良性肺病患者肺癌五项临床检验结果,血清 NSE、SCC、Cyfra21-1、CEA 和 CK-19 水平均采用化学发光法测定。

**结果** 肺癌组血清 NSE、Nscic21-1、CEA 水平显著高于良性肺部疾病组 ( $P<0.05$ ),肺癌组血清 SCC、和 CK-19 水平良性肺部疾病组无明显差异( $P>0.05$ );血清 NSE 水平在小细胞癌患者中明显升高( $P<0.05$ ),血清 SCC、Cyfra21-1、CK-19 水平在肺鳞癌患者中明显升高( $P<0.05$ ),血清 CEA 血清水平在肺腺癌患者中显著升高( $P<0.05$ ),结合肺癌患者临床资料分析显示:男性患者血清 SCC、Cyfra21-1、CK-19 水平明显高于女性患者( $P<0.05$ );血清 Cyfra21-1 水平在大于 50 岁年龄组患者中明显升高 ( $P<0.05$ );血清 NSE、Cyfra21-1、CEA、CK-19 水平与肿瘤大小成正相关 ( $P<0.05$ );血清 SCC、Cyfra21-1、CK-19 水平与淋巴结转移相关( $P<0.05$ );血清 CEA 水平与远处转移相关( $P<0.05$ );血清 NSE、Cyfra21-1、CEA、CK-19 水平与临床分期相关( $P<0.05$ )。五项血清标志物联合检测敏感性为 71.53%,显著高于单项检测( $P<0.05$ ),特异性为 90.21%,未显著下降 ( $P>0.05$ )。

**结论** 1, NSE、Cyfra21-1、CEA 水平升高与肺癌发生密切相关,与文献报道相符,对肺癌早期诊断有重要的临床意义;2, NSE、SCC、Cyfra21-1、CEA、CK-19 在不同病理类型, TNM 分期,临床分期中各有特点,与文献报道相符,可为肺癌临床病理分型和临床进展提供依据;3, 五项肿瘤标志物单项检测在肺癌诊断中敏感性较低,易漏检,但其联合检测可有效提高肺癌诊断准确率。

## PU-7353

## ZFAS1 在胃癌中的表达与功能研究

王峰,张艳

南通大学附属医院,226000

**目的** 探讨长链非编码 RNA ZFAS1 (zinc finger antisense 1) 在胃癌 (gastric cancer, GC) 中的表达模式与功能。

**方法** qRT-PCR 检测 62 例 GC 患者癌与癌旁组织及 GC 细胞株中 ZFAS1 相对表达,分析其与 GC 患者临床病理参数的相关性;构建 ZFAS1 短发夹 RNA 干扰载体转染 GC 细胞株, CCK-8 法检测细胞增殖能力、平板法检测细胞克隆形成、流式细胞术检测细胞周期、Transwell 小室法检测细胞迁移与侵袭能力; Western blot 检测上皮间质转化 (EMT) 相关蛋白 E-cadherin, N-cadherin 及 ZEB1 表达; qRT-PCR 检测临床 GC 标本中 E-cadherin, N-cadherin 及 ZEB1 表达,分析三者与 ZFAS1 之间的相关性。

**结果** GC 癌组织中 ZFAS1 的表达明显高于癌旁组织 ( $P<0.0001$ ),并与 GC 患者 TNM 分期、淋巴结转移相关 ( $P<0.05$ )。ZFAS1 在 GC 细胞株 SGC-7901 及 HGC-27 中高表达, sh-ZFAS1 转染 GC 细胞后,可明显抑制细胞增殖、克隆形成能力以及细胞迁移与侵袭,并且诱导细胞周期 G0/G1 期阻滞。Western blot 发现 sh-ZFAS1 可下调 GC 细胞中 N-cadherin 及 ZEB1 蛋白表达,而上调 E-cadherin 蛋白表达。GC 癌组织中 N-cadherin 及 ZEB1 mRNA 表达明显高于癌旁组织,

且与 ZFAS1 表达正相关；GC 癌组织中 E-cadherin mRNA 表达低于癌旁组织，且与 ZFAS1 表达负相关。

**结论** ZFAS1 在 GC 癌组织中高表达，与 TNM 分期及淋巴结转移相关；ZFAS1 可作为癌基因，通过调节 EMT 相关蛋白（E-cadherin、N-cadherin、ZEB1）的表达促进 GC 细胞迁移与侵袭。

#### PU-7354

### 血清中的外泌体来源 lncRNA 分子在结直肠癌中的机制研究

顾敏奇,王旭东  
南通大学附属医院,226000

**目的** 结直肠癌(colorectal cancer, CRC)是全球最常见的癌症之一，占癌症相关死亡率的 8%至 9%。其发生与饮食、遗传、慢性炎症等因素有关，近年来发生率不断上升且有年轻化的趋势。CRC 起病隐匿，确诊时很多已处于中晚期，出现肝转移或肺转移的患者预后很差。因此，探究血清外泌体中 lncRNA 在 CRC 患者中的变化，以期寻找 CRC 新的治疗靶点。

**方法** 采用 QRT-PCR 检测 CRC 患者肿瘤组织，细胞与血清中 lncRNA LEF1-AS1 的表达水平。

**结果** lncRNA LEF1-AS1 在 CRC 患者肿瘤组织，细胞与血清中高表达。

**结论** lncRNA LEF1-AS1 在 CRC 患者中高表达，具有促进 CRC 发生发展的作用，有望成为 CRC 诊断新靶点。

#### PU-7355

### 低水平 HBV DNA 慢性乙肝患者血清 HBV RNA 的临床意义

庞志宇,周迎春,张战锋,陈久凯,谢在春  
广州中医药大学第一附属医院,510000

**目的** 观察低水平 HBV DNA 慢性乙型肝炎(CHB)患者血清 HBV RNA 水平，并分析其与 HBsAg、HBeAg、ALT、AST 及 APRI 评分的相关性。

**方法** 选取 2019 年 1 月份—2019 年 2 月份于广州中医药大学第一附属医院就诊的 HBV DNA<100 IU/ml 并且 HBsAg 阳性的患者。根据患者血清 HBV RNA 情况将患者分为 HBV RNA 阳性组和 HBV RNA 阴性组，比较其血清 HBsAg、HBeAg、丙氨酸氨基转移酶(ALT)、天冬氨酸转移酶(AST)水平及 APRI 评分，分析 CHB 患者血清 HBV RNA 与 HBsAg、HBeAg、ALT、AST 水平及 APRI 评分的相关性。

**结果** 80 例患者中 HBV RNA 阳性 9 例，HBV RNA 阴性 71 例。HBV RNA 阳性与 HBV RNA 阴性患者血清 AST、ALT 水平比较，差异无统计学意义( $P>0.05$ )；血清 HBsAg、HBeAg 水平比较，差异有统计学意义( $P<0.05$ )。患者血清 HBV RNA 水平与 HBsAg 水平( $r=0.32$ ,  $P=0.004$ )、HBeAg 水平( $r=0.53$ ,  $P=0.001$ )呈正相关关系。与 AST 水平( $r=0.15$ ,  $P=0.20$ )、ALT 水平( $r=-0.10$ ,  $P=0.39$ )、APRI 评分( $r=0.184$ ,  $P=0.103$ )无相关性。

**结论** 在 HBV DNA<100 IU/ml 的 CHB 患者中，血清 HBV RNA 与血清 HBsAg、HBeAg 水平存在一定相关性。因此，在低水平 HBV DNA 的 CHB 患者中 HBV RNA 可反应 CHB 患者体内病毒复制情况，并可能成为检测 HBV 的新的血清学指标。

PU-7356

## 基于 CRISPR 系统诊断平台的研究进展

谷小好

南通大学附属医院,226000

**目的** 基于 Cas13a、Cas12a 和新发现的 Cas14 蛋白开发出 SHERLOCK、DETECTR 等新型核酸检测工具,可应用于传染性疾病的快速诊断、癌症中基因突变的检测和基因分型。

**方法** 以 Cas13a 为例,张锋等首先将目标模板经过 RPA 或 RT-RPA 等温扩增,再与 T7 转录相结合,使 DNA 模板转录成可被 Cas13a 直接结合的靶标 RNA。在 crRNA 的引导下,Cas13a 识别并结合靶标 RNA,同时它的附带切割活性被激活,张锋等在反应体系中加入带有荧光基团的报告 RNA 分子,被切割后的报告基团释放荧光信号,指示目标核酸的存在。

**结果** 新型核酸检测技术可以低成本、快速地检测出单个 DNA 或 RNA 分子,灵敏度达到 aM 级别 ( $1\text{aM}=10^{-18}\text{mol/L}$ ),特异性强至识别单个碱基的错配。新型核酸检测技术的开发,推动了 CRISPR 诊断平台的研究进程。

**结论** 基于 CRISPR/Cas 系统开发的核酸检测技术克服了传统 PCR 技术步骤繁琐、成本高、效率低等缺点,以灵敏度高、特异性强、经济、高效等特点,应用于传染性疾病诊断、癌症的早期诊断和基因分型等领域,具有重要的临床价值。

PU-7357

## 长链非编码 RNA FEZF1-AS1 调控胃癌细胞自噬的机制研究

刘雯雯

Nantong University

**目的** 检测长链非编码 RNA FEZF1-AS1 在胃癌患者血清中的相对表达水平,探讨血清 FEZF1-AS1 对 GC 诊断及预后的临床应用价值;分析 FEZF1-AS1 在 GC 组织中的表达及临床意义,体外实验研究 FEZF1-AS1 对肿瘤细胞增殖、凋亡以及侵袭迁移能力的影响;研究 FEZF1-AS1 对细胞自噬的作用,探讨其通过调控细胞自噬影响胃癌恶性进展的机制。

**方法** 收集确诊的 GC 患者血清标本,实时荧光定量 PCR 检测 FEZF1-AS1 血清的相对表达量,并进行方法学评价;qRT-PCR 检测 FEZF1-AS1 在 50 对胃癌组织及癌旁组织中的表达水平,分析其与临床病理参数间的相关性;构建 FEZF1-AS1 干扰及过表达载体,并筛选出较高干扰效率的载体片段;CCK-8 法、克隆形成实验检测 FEZF1-AS1 对细胞增殖的影响;流式细胞术检测细胞周期分布及凋亡率;Transwell 小室检测细胞纵向迁移以及侵袭能力的变化;荧光原位杂交实验确定 FEZF1-AS1 的亚细胞定位;生物信息学软件预测与 FEZF1-AS1 具有互补结合区域的蛋白,RNA 免疫共沉淀实验证实 RNA 与蛋白的结合关系;qRT-PCR 及 Western blot 检测干扰 FEZF1-AS1 对自噬相关基因 mRNA 及蛋白水平的影响;流式细胞术检测自噬抑制剂 3-甲基腺嘌呤和 FEZF1-AS1 干扰载体共转对细胞周期分布、凋亡率的影响。

**结果** qRT-PCR 检测血清 FEZF1-AS1 溶解曲线单峰特异,线性及重复性较好;GC 初诊患者 FEZF1-AS1 表达量显著高于胃良性病变组及健康体检者组 ( $p<0.0001$ ),而术后血清表达水平显著下降 ( $p<0.01$ )。qRT-PCR 证实与癌旁组织相比,FEZF1-AS1 在 GC 组织中表达显著升高 ( $p<0.01$ ),且高表达的 FEZF1-AS1 与肿瘤大小、TNM 分期以及淋巴结转移有关 ( $p<0.05$ )。功能学研究证实,FEZF1-AS1 与细胞的增殖凋亡,侵袭迁移有关。荧光显微镜下观察发现,FEZF1-AS1 干扰后,细胞自噬小体增多。

**结论** GC 患者血清 FEZF1-AS1 表达升高而术后表达显著下降,其可能作为一个潜在的 GC 诊断及治疗效果监测的生物学指标;FEZF1-AS1 在 GC 组织及细胞中高表达并经由 sirt1 抑制细胞自

噬，影响细胞增殖和凋亡，进而促进胃癌的恶性进展。本研究提示 FEZF1-AS1 可能作为 GC 诊断、治疗及预后的新型标志物。

## PU-7358

### 卵巢上皮癌患者血清中 miR-221 的表达及其诊断价值

刘培红

解放军联勤保障部队第 980（白求恩国际和平）医院

**目的** 研究卵巢上皮癌患者血清中 miR-221 的表达及其诊断价值。

**方法** 选择 2015 年 2 月~2017 年 2 月我院收治的卵巢上皮癌患者 60 例作为卵巢上皮癌组，同期于我院接受诊治的卵巢良性肿瘤患者 60 例作为卵巢良性肿瘤组，于我院进行体检的健康人员 60 例作为正常对照组。分别采用荧光定量聚合酶链反应与电化学发光法检测血清 miR-221 与 CA125 表达水平，并分析血清 miR-221 表达与卵巢上皮癌患者病理特征的关系。此外，以病理组织检查为金标准，对比血清 CA125、血清 miR-221 以及两项指标联合检测诊断卵巢上皮癌的灵敏度、特异度以及准确度。

**结果** 近年来相关研究的逐渐深入，学者发现 miRNA 与肿瘤发生、发展和预后密切相关，由于 miRNA 可存在于机体血液以及体液中，具有性质稳定的优点<sup>[4]</sup>。因此其可能成为肿瘤诊断、预后的一类新型生物学标志物。鉴于此，本文通过研究卵巢上皮癌患者血清中 miR-221 的表达及其诊断价值，旨在为卵巢上皮癌的早期诊断提供一种有效方式。卵巢上皮癌组患者血清 miR-221、CA125 水平均高于卵巢良性肿瘤组与正常对照组，而卵巢良性肿瘤组血清 CA125 水平高于正常对照组（ $P<0.05$ ）。FIGO 分期为 I~II 期与无淋巴结转移患者的血清 miR-221 表达水平分别为（ $5.33\pm 1.58$ ）、（ $5.26\pm 1.64$ ），均低于 FIGO 分期为 III~IV 期与有淋巴结转移患者的（ $7.99\pm 2.56$ ）、（ $8.02\pm 2.61$ ），差异均有统计学意义（均  $P<0.05$ ）。联合组诊断卵巢上皮癌的灵敏度、特异度、准确度分别为 96.67%、95.00%、95.83%，均高于 CA125 组与 miR-221 组，差异均有统计学意义（均  $P<0.05$ ）。

**结论** 卵巢上皮癌患者血清中 miR-221 存在明显高表达，且与临床分期以及淋巴结转移密切相关，临床工作中可通过联合检测血清 miR-221 与 CA125 表达水平，从而提高对卵巢上皮癌的诊断价值。

## PU-7359

### ITGBL1 激活自噬逆转 EMT 抑制前列腺癌的侵袭转移能力

李芙蓉<sup>1</sup>, 夏前林<sup>2</sup>, 郑江花<sup>1</sup>

1. 上海健康医学院附属周浦医院

2. 上海第六人民医院东院检验科

**目的** 探讨 ITGBL1(integrin subunit beta like 1)通过自噬途径对前列腺癌凋亡、侵袭、迁移的影响及机制。

**方法** 采用 RT-PCR 定量检测前列腺癌组织和前列腺良性增生（Benign Prostate Hyperplasia, BPH）组织中 ITGBL1 的表达，分析 ITGBL1 表达与临床病理特征的关系。构建 ITGBL1 干扰病毒 PLVE2129 和对照病毒 PLVT7 转染前列腺癌细胞 PC3，采用 MTT 法、流式细胞仪、Transwell 法分别检测 PC3-PLVT7 和 PC3-PLVE2129 两株细胞的增殖、凋亡、侵袭和迁移能力，以 Western blot 检测 PC3-PLVT7 和 PC3-PLVE2129 的上皮-间质转化 (epithelial to mesenchymal transition,

EMT)标志分子 E-cadherin, N-cadherin, Vimentin 与细胞自噬标记分子 LC3B 和 p62, 用免疫荧光观察 PC3-PLVT7 和 PC3-PLV E2129 细胞自噬。

**结果** ITGBL1 mRNA 在前列腺癌组织中的表达明显高于 BPH 组织, 与甘油三酯水平呈显著正相关 ( $P < 0.05$ )。与对照细胞株 PC3-PLVT7 相比, PC3-PLVE2129 的增殖活性明显降低, 细胞凋亡明显增加, 细胞迁移和侵袭能力明显受到抑制; E-cadherin 表达显著上调, N-cadherin 和 Vimentin 表达明显下调, 前列腺癌细胞 PC3 发生了 EMT 逆转; 同时 LC3-I 向 LC3-II 转变, p62 表达显著下调。

**结论** ITGBL1 表达上调参与前列腺癌的发生发展, 与前列腺癌的恶性生物学特性和脂代谢紊乱有关。抑制 ITGBL1 表达可抑制前列腺癌细胞 PC3 的凋亡、增殖、侵袭和迁移, ITGBL1 通过激活前列腺癌细胞 PC3 自噬潮而逆转 EMT。ITGBL1 有望成为前列腺癌患者是否发生转移的 EMT 相关生物标志物预测指标, 也可能是前列腺癌基因治疗的潜在靶标。

## PU-7360

# 慢性间歇性低压低氧对果糖诱导代谢综合征大鼠 肝脏自噬作用及其机制研究

胡浩飞, 崔芳, 史敏

河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 本研究通过观察 CIHH 对 MS 大鼠肝脏内质网应激相关分子 CHOP、Grp78 以及自噬相关蛋白 Ampk/mTOR、Beclin-1、LC3-II、P62 的影响, 阐明 CIHH 对 MS 大鼠肝脏自噬的作用机制。

**方法** 成年雄性 Sprague-Dawley 大鼠随机分为四组: 对照组(CON)、慢性间歇性低压低氧处理组(CIHH)、代谢综合征模型组(MS)、代谢综合征模型+慢性间歇性低压低氧处理组(MS+CIHH)。CON 大鼠和 CIHH 大鼠给予常规饲料和普通饮用水喂养。MS 大鼠和 MS+CIHH 大鼠给予高脂饲料加 10% 果糖水喂养诱导 MS。16 周后, CIHH 和 MS+CIHH 大鼠接受相当于海拔 5000m 高度、28 天、每天 6 小时的低压低氧处理, 其余时间置于常氧环境。CON 和 MS 大鼠始终置于常氧环境。28 天 CIHH 处理完毕后, 测量大鼠体重; 采用免疫印迹法 (Western blot) 检测大鼠肝脏组织内质网应激相关分子 CHOP, Grp78 及自噬相关蛋白 mTOR、Ampk、Beclin-1、LC3-I/LC3-II、P62 的表达。

**结果** (1) 与对照组(CON)相比, MS 大鼠体重显著增加( $P < 0.05$ ); CIHH 处理对正常大鼠体重无影响( $P > 0.05$ )。(2) 与 CON 大鼠相比较, MS 大鼠肝脏组织 CHOP, Grp78 的蛋白表达含量明显增加( $P < 0.01$ ), CIHH 大鼠肝脏组织内 CHOP、Grp78 表达无显著差异( $P > 0.05$ ), 但可有效对抗 MS 大鼠 GRP78 和 CHOP 表达的上调( $P < 0.05$ )。(3) 与 CON 大鼠相比较, MS 大鼠肝脏组织自噬相关蛋白 Beclin-1、LC3-II/I 和 p62 表达均明显上调( $P < 0.05$ ), CIHH 大鼠无显著差异( $P > 0.05$ )。与 MS 大鼠相比较, MS+CIHH 大鼠肝脏组织 Beclin-1、LC3-II/I 和 p62 表达均明显降低( $P < 0.05$ )。(4) 与 CON 大鼠相比较, MS 大鼠肝脏组织 AMPK(Thr172)磷酸化明显下降, mTOR(Ser2448)磷酸化明显上调( $P < 0.01$ )。MS+CIHH 大鼠肝脏组织的 AMPK(Thr172)磷酸化较 MS 大鼠升高, mTOR(Ser2448)磷酸化明显下降( $P < 0.01$ )。

**结论** 肥胖 MS 大鼠肝脏组织 ERS 加强, 自噬水平减弱; CIHH 处理可能通过 p-AMPK/mTOR 信号通路上调肝脏自噬水平抑制 ERS, 从而改善 MS 大鼠的肝脏受损状况。

PU-7361

## AVE-562 全自动粪便分析仪的性能评价

束国防

东南大学附属中大医院,210000

**目的** 评价 AVE-562 全自动粪便分析仪的性能。

**方法** 以低浓度红细胞（15 个/ $\mu\text{l}$ ）检测 10 次，计算其检出率；以 1000 个/ $\mu\text{l}$  的红细胞悬液 10ml 混合于 3 克粪便中检测 10 次计算其病理成分回收率；以 600 个/ $\mu\text{l}$  的红细胞悬液检测 10 次计算其精密度、以 6000 个/ $\mu\text{l}$  的红细胞悬液与生理盐水交叉检测计算其携带污染；以 100 例粪便与人工、镜检对比观察其理学、化学及有形成份结果的准确度。

**结果** 以大于 9 个/ $\mu\text{l}$  为标准，其检出率为 100%；以回收率大于 80%为合格，其回收率为 90.1%判为合格；以 600 个/ $\mu\text{l}$  浓度的精密度 CV 为 10.2%（合格为小于 12%）；携带污染率为 0.012%；与人工比对其理学中性状和颜色符合率均为 100%，OB 试验仪器判读的符合率为 99%，WBC 和 RBC 镜检与仪器的判读的符合率均为 100%。

**结论** AVE-562 全自动粪便分析仪的性能指标均符合要求，可以应用于临床。

PU-7362

## 新型口服抗凝剂的实验室测量评估

刘晓叶,胡蕊

河北医科大学第二医院,050000

**目的** 在本文中，旨在评估目前批准的新型口服抗凝剂（DOACs）的药物水平的检测、抗凝血活性的实验室方法以及这些检测方法在临床应用的应用性。

**方法** 检索文献，进行综述

**结果** 虽然常规的凝血实验在一定程度上缺乏分析的灵敏度和特异度，但是它们以价格低廉并且能定性检测血液中 DOACs 药物残留的特点被广泛用于临床实验室。一些特异的检测如 Hemoclot®凝血酶抑制剂（HTI）测定和基于 ecarin（一种凝血酶原激活剂）的测定均适合量化血浆达比加群水平；抗-FXa 测定法适合于测量利伐沙班，阿哌沙班，依诺沙班的水平，但是这些测定尚未广泛使用。

**结论** DOACs 无需常规凝血监测的特点优于传统抗凝药物，但有必要在某些情况下监测 DOACs 的血液药物水平以及抗凝血作用。

PU-7363

## PG I、PGII、PG I/PGII比值、G-17 与萎缩性胃炎(AG)发生的关系分析

王晶晶

广元市中心医院

**目的** 探究 PG I、PGII、PG I/PGII比值、G-17 与萎缩性胃炎(AG)发生的关系。

**方法** 以来我院就医的 96 例萎缩性胃炎患者以及 96 例同期来我院行健康体检者（对照组）作为本次研究的观察对象，对所有研究对象均实施 PG I、PGII、G-17 检测，研究对比两组研究对象的



PG I、PG II、PG I/PG II比值、G-17 水平,并探究 PG I、PG II、PG I/PG II比值、G-17 与萎缩性胃炎之间的相关性。**结果**萎缩性胃炎组患者的 PG I、PG II、PG I/PG II比值分别为  $(75.65 \pm 10.53) \mu\text{g/L}$ 、 $(13.24 \pm 5.48) \mu\text{g/L}$ 、 $(5.78 \pm 3.12)$ , 相比对照组明显更低,  $P < 0.05$ , 但组间 G-17 水平无显著区别,  $P > 0.05$ ; PG I、PG II、PG I/PG II比值、G-17 的表达水平与萎缩性胃炎严重程度呈高度相关,  $P < 0.05$ 。**结论** PG I、PG II、PG I/PG II比值、G-17 与萎缩性胃炎的发生、发展存在较强的相关性。

**结果** 萎缩性胃炎组患者的 PG I、PG II、PG I/PG II比值分别为  $(75.65 \pm 10.53) \mu\text{g/L}$ 、 $(13.24 \pm 5.48) \mu\text{g/L}$ 、 $(5.78 \pm 3.12)$ , 相比对照组明显更低,  $P < 0.05$ , 但组间 G-17 水平无显著区别,  $P > 0.05$ ; PG I、PG II、PG I/PG II比值、G-17 的表达水平与萎缩性胃炎严重程度呈高度相关,  $P < 0.05$ 。

**结论** PG I、PG II、PG I/PG II比值、G-17 与萎缩性胃炎的发生、发展存在较强的相关性。

#### PU-7364

### High expression of CALHM3 predicts poor prognosis in pancreatic cancer patients

Jing Chen, Xudong Wang  
Affiliated Hospital of Nantong University

**Objective** Pancreatic adenocarcinoma (PAAD) is a lethal malignancy with an insidious onset, rapid progression and poor therapeutic response. Calcium homeostasis modulator 3 (CALHM3), a paralog of CALHM1, is critical in regulation of cation channel activity, has been identified as a functional component of ATP-release channel to couple action potential firing to ATP release. Once the balance of calcium homeostasis is disturbed, diseases will happen. However, the prognostic role of CALHM3 in PAAD remains unclear. To investigate the potential of CALHM3 in PAAD prognosis prediction, we carried out a retrospective study of 258 PAAD patients.

**Methods** In this study, we used bioinformatics analysis to examine the expression pattern of CALHM3 in PAAD patients and verified the level of CALHM3 by immunohistochemistry (IHC) technique on tissue microarray (TMA) sections. We analysed the associations between CALHM3 level and perioperative characteristics by univariate and multivariate Cox regression model, and then we evaluated its ability to predict prognosis by Kaplan–Meier Plotter analysis.

**Results** Our data displayed that the expression of CALHM3 was significantly increased in PAAD ( $p < 0.01$ ) and patients with high CALHM3 expression had a shorter overall survival (OS) ( $p < 0.05$ ). CALHM3 served as a promising predictor ( $p < 0.05$ ) for PAAD prognosis. High expression of CALHM3 was associated with advanced TNM stage ( $p < 0.05$ ).

**Conclusions** Our study suggests that CALHM3 has the potential to reveal prognostic information on PAAD patients.

## PU-7365

## Characteristics and role of Mucosal Associated Invariant T Cells in HIV infection

cuixian yang

Yunnan Provincial Hospital of Infectious Diseases

**Objective** “Innate” immune cells sense pathogens via pattern recognition receptors such as the TLRs (Toll-like receptors), whereas Ag-specific “adaptive” T cell responses are restricted by molecules of the MHC (major histocompatibility complex). But growing realizations are showed that substantial numbers of T cells in the body are non-MHC restricted and integrate innate and adaptive features<sup>[1]</sup>.

**Methods** Tissue-resident “unconventional” T cell subsets play a critical role in the clearance of pathogens with activity that precedes circulating adaptive T cell responses<sup>[2]</sup>. These T cells are termed “unconventional” because of their limited T cell receptor diversity as well as their ability to specifically recognize alternative microbial antigens that are not presented on major histocompatibility complexes (MHC) I and II<sup>[3, 4]</sup>. Mucosal Associated Invariant T Cells (MAIT), one of the unconventional lymphocytes exhibits highly polyclonal expression of antigen receptors, delayed initiation in naïve settings, and unambiguous memory in secondary responses<sup>[5]</sup>. MAIT cells were first described in CD4-CD8- (double negative [DN])  $\alpha/\beta$  T cells by Porcelli et al. in 1993<sup>[6]</sup>. And in 1999 Tilloy et al definitively identified MAIT and found that their frequency was ~1/10 in DN, 1/50 in CD8 $\alpha$ +, and 1/6,000 in CD4+ lymphocytes, and they display an activated/memory phenotype (CD45RAloCD45RO+) in humans<sup>[7]</sup>.

**Results** These cells are abundant in mucosal and inner barriers, e.g. lamina propria of intestine and liver, and are dependent on a monomorphic MHC class 1 related protein 1 (MR1) for their selection<sup>[8]</sup>. In recent years, MAIT cells have sparked interest as potentially important players in the protective immune response during bacterial and viral infections.

**Conclusions** Potential effectors of MAIT cell antimicrobial activity include the secretion of TNF, IFN $\gamma$ , IL-17A and IL-22 as well as granzyme B and perforin. But how the antibacterial activity is orchestrated in vivo remains unknown. In this review we summarize previous research results, including the evolution, phenotype and functions of MAIT, and describe the role of MAIT cells in the pathogenesis of HIV-infected diseases.

## PU-7366

## 血管紧张素原基因多态性与 2 型糖尿病肾病的相关性研究

刘媛媛,曹永彤

中日医院,100000

**目的** 建立血管紧张素原 (AGT) 基因 M235T 多态性的新型检测方法, 并探讨该多态性与中国汉族人群糖尿病肾病 (DKD) 的相关性。

**方法** 病例对照研究。选择 2018 年 4 月至 2019 年 2 月中日友好医院收治的 T2DM 合并 DKD[DKD(+)]患者 197 例和 T2DM 不伴 DKD[DKD(-)]患者 211 例为研究对象。收集受试者的血液样本及相关临床病史资料。用高分辨率熔解曲线法对受试者 ATG M235T 进行分型, 抽样测序验证其准确性。应用 SPSS17.0 统计软件包对实验数据进行分析。结合临床资料, 利用方差分析比较各基因型临床指标的差异。统计学分析比较受试者的临床生化指标和 AGT 基因不同基因型及等位基因频率。

**结果** 高分辨率熔解曲线法检测 AGT 基因 M235T 多态性与抽样测序结果保持一致。临床资料比较, DKD (+) 组病程、吸烟比例、BMI、SBP、Scr 水平高于 DKD (-) 组, eGFR、Ccr 低于 DKD (-) 组, 差异均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。DKD (+) 组受试者与 DKD (-) 组受试者基因型分布频率无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。多因素 Logistic 回归分析显示, 在三种模型中, DKD (+) 和 DKD (-) 组中的差异均无统计学意义 (均  $P > 0.05$ )。

**结论** 建立了 AGT 基因 M235T 多态性新型、快速及高效的检测方法。AGT 基因 M235T 多态性与 2 型糖尿病患者 DKD 的发病无相关性。

## PU-7367

### PI3K/AKT 信号通路及 miRNA 在急性 T 淋巴细胞白血病中的作用研究进展

李晓菲, 李永军, 史敏

河北医科大学第二医院, 050000

**目的** 本文对参与 T-ALL 发生发展的 PI3K/AKT 信号通路机制、miRNA 在 PI3K/AKT 信号通路中的作用以及基于该信号通路靶向治疗的研究进展进行综述。

**方法** 文献检索, 进行综述。

**结果** 急性 T 淋巴细胞白血病 (T-cell acute lymphoblastic leukemia, T-ALL) 是一种预后不良的恶性侵袭性血液系统肿瘤, 研究证实磷脂酰肌醇 3-激酶 (PI3K)/蛋白激酶 B (AKT) 信号通路的异常激活是 T-ALL 常见的诱发机制之一。

**结论** 异常表达的 miRNA 如 miR-19、miR-29a 和 miR-26b 可通过上调 PI3K/AKT 信号通路, 进而诱导 T-ALL 的发生, miRNA 的发现为 T-ALL 的治疗干预提供了新的可能靶点。

## PU-7368

### 荧光定量 PCR 在甲型流感病毒检测中的应用

林洁, 高会广, 张立

解放军第九七〇医院

**目的** 研究并分析荧光定量 PCR 在甲型流感病毒检测中的应用。

**方法** 将 2018 年 2 月~2018 年 12 月我院网络实验室接受 135 名疑似甲型流感的呼吸道标本为研究对象, 收集标本 135 份, 分别采用荧光定量 PCR、病毒分离培养、胶体金检测法检验, 对比检验结果。

**结果** 荧光定量 PCR 法检测结果显示, 阳性 114 例, 阴性 21 例; 胶体金检测法阳性 78 例, 阴性 57 例; 病毒分离培养阳性 83 例, 阴性 52 例, 荧光定量 PCR 法灵敏度、准确性显著高于胶体金检测法与病毒分离培养, 上述数据组间比较差异显著 ( $p < 0.05$ ), 差异有统计学意义。

**结论** 应用荧光定量 PCR 检测甲型流感病毒准确性与及时性好, 能够有效排除假阳性问题, 该种检测方式值得在临床中进行推广与使用。

PU-7369

## 利用西门子 ADVIA 2400 溶血指数探讨溶血对 27 项生化检验项目的影响及纠正分析

倪莉,徐晓杰,叶悦荻,丁红香,朱丽丹,叶松道

温州医科大学附属第二医院,325000

**目的** 利用溶血指数探讨标本溶血对常规生化检验项目的影响。

**方法** 参考美国临床实验室标准化委员会(CLSI)制定的评价方案 EP7-A2 文件标准程序,在西门子全自动生化分析仪 ADVIA2400 上对 40 份标本的 27 项生化常规检测项目及溶血指数(H)进行检测。利用竹签对这 40 份标本的血球进行不同程度的破坏直至溶血后,得到溶血程度分别为+、++、+++、++++标本各 10 份,再对这 40 份人工溶血标本进行 27 项生化项目及溶血指数检测,计算各项目溶血前后的结果偏倚,并与 CLIA'88 能力比对的允许误差比较。以每份测试血清的 $\Delta H$ 为 X 轴、其对应的检测项目干扰值为 Y 轴绘制干扰曲线。

**结果** 不同程度溶血对 DBil、TBil、PA、TP、TG、UA、Alb、ALP、ALT、BUN、ChE、TC、Cr、GGT、HDL、LDL、Ca、P、Mg、Na<sup>+</sup>和 Cl<sup>-</sup>这 21 个生化项目无明显干扰;AST、K<sup>+</sup>、LDH 和 Glu 这 4 个项目在溶血程度为+时已经出现明显干扰,其中 Glu 为负干扰,AST、K<sup>+</sup>和 LDH 均为正干扰;CK 在溶血程度++时出现明显正干扰;Fe 在溶血程度+++时出现明显正干扰。

**结论** 西门子 ADVIA 2400 溶血指数为+时,AST、K<sup>+</sup>和 LDH 测定结果存在明显正干扰,而 Glu 存在明显负干扰;若无法重新采集血标本,存在明显干扰的检测项目需根据相应的溶血指数将检测结果校正后报告。

PU-7370

## STAGO 血凝仪预定标与定标品定标测定 FIB 的差异性探讨

莫喜明,谢慧萍

中南大学湘雅二医院,410000

**目的** 探讨 STA-REvolution 全自动血凝仪在预定标与定标品定标两种方式下测定 FIB 结果的可比性,为实验室确定最佳的 FIB 检测程序提供实验依据。

**方法** 采集 20 个 FIB 值均匀分布在仪器可检测范围内的病人血浆,使用不同条件控制变量法,即不同批号的试剂在同一台仪器上、同一批号的试剂在三台不同使用期的仪器上、同一批号试剂不同定标方式在同一仪器上以及同一批号试剂不同定标方式在不同仪器上,同时检测采集的标本,对所测定的 FIB 结果进行分析,比较不同的检测方式 FIB 测定值是否存在统计学的差异。

**结果** 在实验室三台 STA-REvolution 上,(1)同一台仪器上使用不同批号试剂预定标法检测结果统计学无显著性差异( $P>0.05$ );(2)使用同一批号试剂采用定标品定标法三台仪器检测结果差异无统计学意义( $P>0.05$ );(3)三台仪器上使用同一批号试剂预定标法与定标品定标法检测结果差异有统计学意义( $P<0.05$ );(4)不同仪器上同一个批号试剂用预定标方法检测结果有差异,其中投入临床使用时间相近的两台仪器结果无差异,另一台新的仪器与这两台仪器有差异。

**结论** 实验室有多台血凝分析仪时,使用定标品定标法测定 FIB,会使不同仪器间的检测结果更具可比性。

## PU-7371

## 内蒙古包头地区喹诺酮类耐药大肠埃希菌的耐药特征 以及耐药机制研究

李翠翠,胡同平,张利霞

内蒙古科技大学第一附属医院(原:包头医学院第一附属医院),014000

**目的** 了解内蒙古包头地区喹诺酮类耐药大肠埃希菌的耐药特征以及其耐药机制。

**方法** 收集 2017 年 1 月至 2018 年 12 月内蒙古包头地区 11 所参加全国细菌耐药监测网医院的大肠埃希菌临床分离株,采用纸片扩散法或自动化仪器法按统一方案进行药敏试验,药敏结果使用 WHONET 5.6 软件和 SPSS 20.0 统计和分析。并且随机从喹诺酮类耐药大肠埃希菌临床分离株中挑取 60 株作为试验菌株,采用聚合酶链反应(PCR)检测 *gyrA*、*gyrB*、*parC*、*parE*、*qnrA*、*qnrB*、*qnrS*、*aac* (6')-Ib 以及 *qepA* 基因。

**结果** 共收集上述医院非重复大肠埃希菌临床分离株 4262 株,其中喹诺酮类耐药株(环丙沙星和左氧氟沙星同时耐药的菌株占 99.6%)有 2826 株,占 66.3%。喹诺酮类耐药大肠埃希菌的标本来源居前三位的分别为尿液标本(1483, 52.5%)、痰液等上呼吸道标本(345, 12.2%)以及血液标本(313, 11.1%),临床科室分布居前三位的分别为泌尿外科(709, 25.1%)、普外科(264, 9.3%)以及呼吸内科(229, 8.1%)。喹诺酮类耐药大肠埃希菌对所测抗菌药物的耐药率均高于喹诺酮类非耐药大肠埃希菌,且具有统计学意义( $P<0.05$ )。60 株喹诺酮类耐药大肠埃希菌中有 60 株均检测到 *gyrA*、*gyrB*、*parC* 和 *parE* 基因,9 株检测到 *aac* (6')-Ib 基因,4 株检测到 *qnrS* 基因,2 株检测到 *qepA* 基因,未检测到 *qnrA* 和 *qnrB* 基因。

**结论** 内蒙古包头地区为喹诺酮类耐药大肠埃希菌高流行地区,可能与喹诺酮类抗菌药物在临床上过度使用有关。本地区大肠埃希菌对喹诺酮类抗菌药物耐药主要是由染色体介导的,质粒介导的耐药仍比较少见。

## PU-7372

## 2018 年内蒙古包头市细菌耐药性监测数据分析

李翠翠,胡同平,张利霞

内蒙古科技大学第一附属医院(原:包头医学院第一附属医院),014000

**目的** 了解 2018 年内蒙古包头市 11 所参加全国细菌耐药监测网医院临床分离株的耐药情况。

**方法** 各成员医院按监测方案,采用纸片扩散法或自动化仪器检测法进行药敏试验,按 CLSI 2017 年版标准判读药敏结果,采用 WHONET 5.6 软件进行数据分析。

**结果** 共收集上述医院非重复临床分离菌 7773 株,其中革兰阳性菌 2138 株,占 27.5%,革兰阴性菌 5635 株,占 72.5%。耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)和耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌(MRCNS)的平均检出率分别为 12.2%和 66.9%,MRSA 和 MRCNS 对大多数抗菌药物的耐药率均显著高于甲氧西林敏感株(MSSA 和 MSCNS),未发现利奈唑胺、万古霉素和替考拉宁耐药菌株。屎肠球菌对大多数抗菌药物的耐药率均显著高于粪肠球菌,粪肠球菌中有少数利奈唑胺、万古霉素和替考拉宁耐药菌株。非脑脊液标本分离的肺炎链球菌对青霉素的耐药率为 2.0%。大肠埃希菌和克雷伯菌属(肺炎克雷伯菌和产酸克雷伯菌)中产 ESBL 菌株的平均检出率分别为 48.3%和 20.6%,产 ESBL 菌株对所测抗菌药物的耐药率均高于非产 ESBL 菌株。肠杆菌科细菌中 CRE 的检出率为 1.2%,CRE 菌株对阿米卡星的耐药率最低,为 23.8%。铜绿假单胞菌对碳青霉烯类、氨基糖苷类、喹诺酮类、头孢他啶、头孢吡肟、头孢哌酮/舒巴坦和哌拉西林/他唑巴坦的耐药率低于 15.0%。不动杆菌属对包括碳青霉烯类在内的大多数抗菌药物的耐药率超过 38.0%,其中亚胺培南和美罗培南的耐药率分别为 42.3%和 43.5%。

**结论** 我市细菌耐药情况较全国水平低,但仍呈缓慢增长趋势,应加强院感防控措施和抗菌药物临床应用管理措施,继续做好细菌耐药性监测工作。

### PU-7373

## The Serum YKL 40-Expression Level and the Analysis of the Related Factors in the Diabetic Patients with Coronary Artery Disease (CAD)

Yang Wu

Gansu Provincial People's Hospital

**Objective** To explore the expression levels of serum YKL 40 and its related factors in diabetic patients with coronary artery disease (CAD). Provide a theoretical basis on the prevention and treatment of this kind disease.

**Methods** Based on the results of radiography and the diagnosis of diabetes, 180 patients were divided into control group (n = 45), CAD group (n = 45), diabetes group (n = 44) and diabetic with CAD group (n = 46). Test the biochemical index FPG, HbA1c, hs-CRP, LDLC, HDLC, TG, TC, ApoA, ApoB and Lp (a) of these four groups and YKL-40 by ELISA; evaluate the severity degree of coronary artery lesion using Gensini score; Multivariable Logistic regression analysis was carried to analyze the relevant factor which affect the level of serum YKL 40; Analyze the correlation between YKL 40 - and other factors using Pearson Correlation Analysis.

**Results** FPG, HbA1c,hs-CRP and Gensini score were the independent factors which affect the level of YKL 40 in patients with diabetic and CAD after did multivariable Logistic regression analysis for FPG, HbA1c, ApoB, Lp (a), YKL 40, hs-CRP and Gensini score which the levels in the diabetic with CAD group were significantly higher than (P < 0.05) CAD group and control group; The serum YKL 40 level in the diabetic patients with CAD were positively correlated with FPG, HbA1c, hs - CRP and Gensini score by Pearson Correlation Analysis, and the correlation coefficient were 0.948, 0.948, 0.958, 0.953, respectively.

**Conclusions** The serum YKL 40 level in diabetic patients with CAD is linear positive correlation with FPG, HbA1c, hs - CRP and Gensini score. The serum YKL 40 levels can reflect the extent of coronary artery lesions in patients with diabetes, and it has a certain clinical significance in judgment of coronary artery lesions, guiding the clinical diagnosis, treatment and prognosis of diabetic patients with CAD.

### PU-7374

## A preliminary study on the diagnostic value of 5 enzymes in cerebrospinal fluid in epilepsy and Parkinson's disease

Chengeng Liu

Xuanwu Hospital, Capital Medical University

**Objective** To study the markers of cerebrospinal fluid injury: aspartate aminotransferase (AST), lactate dehydrogenase (LDH),  $\alpha$ -hydroxybutyrate dehydrogenase ( $\alpha$ -HBDH) and oxidative stress Markers: The diagnostic value of glutathione peroxidase (GPx) and glutathione reductase (GR) for Parkinson's disease.

**Methods** The activities of AST, LDH,  $\alpha$ -HBDH, GPx and GR in cerebrospinal fluid of patients with Parkinson's disease and control group were detected by using Hitachi 7600 automatic biochemical analyzer and Silong 722s spectrophotometer.

dehydrogenase ( $\alpha$ -HBDH) and oxidative stress Markers: The diagnostic value of glutathione peroxidase (GPx) and glutathione reductase (GR) for Parkinson's disease.

**Results** The activities of AST, LDH, and  $\alpha$ -HBDH in cerebrospinal fluid of patients with Parkinson's disease were increased to varying degrees, compared with the control group ( $P < 0.05$ ). The patients with Parkinson's disease were compared with the control group's AST, LDH, and  $\alpha$ . The diagnostic cut-offs for HBDH, GPx, and GR were 20.45 U/L, 44.32 U/L, 20.10 U/L, 11.20 U/L, and 2.13 U/L, respectively ( $P < 0.05$ ). With the best sensitivity and specificity, GR in redox markers has the best sensitivity and specificity.

00pt;mso-font-kerning:1.0000pt;" >Px) and glutathione reductase (GR) for Parkinson's disease.

**Conclusions** By comparing the five enzymes in cerebrospinal fluid of patients with Parkinson's disease, the detection of these five enzymes in cerebrospinal fluid can be used as a reference indicator in the diagnosis of Parkinson's disease

LDH, and  $\alpha$ . The diagnostic cut-offs for HBDH, GPx, and GR were 20.45 U/L, 44.32 U/L, 20.10 U/L, 11.20 U/L, and 2.13 U/L, respectively ( $P < 0.05$ ). With the best sensitivity and specificity, GR in redox markers has the best sensitivity and specificity.00pt;mso-font-kerning:1.0000pt;" >Px) and glutathione reductase (GR) for Parkinson's disease.

## PU-7375

### Homer1 基因重组质粒的构建与其在 HEK293T 细胞表达

曹敏

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 构建鼠 Homer1 基因真核表达重组质粒并在 HEK293T 细胞中表达。

**方法** 提取小鼠海马组织的 RNA, 经逆转录获得 cDNA, 以 cDNA 为模板, 扩增得到长为 1064bp 的 Homer1 基因编码序列, 利用双酶切法将此序列插入到真核表达载体 p3XFLAG-CMV-10 中, 得到重组质粒 p3XFLAG-CMV-10-Homer1, 挑菌落经聚合酶链反应鉴定后送公司测序。将构建成功的重组质粒转染到 HEK293T 细胞中, 利用蛋白免疫印迹 (Western Blot) 检测 Homer1 基因的表达情况。

**结果** 测序结果显示重组序列与目的基因完全一致, 质粒构建成功。Western Blot 结果显示 Homer1 在 HEK293T 细胞中成功表达。

**结论** 成功构建了 p3XFLAG-CMV-10-Homer1 真核表达载体并在 HEK293T 细胞中得到表达, 为研究 Homer1 对  $\text{Ca}^{2+}$  调控及抑郁症、创伤性脑损伤等神经系统疾病奠定基础。

## PU-7376

### 5 种脑脊液酶在癫痫的诊断价值

刘辰庚

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 初步研究脑脊液损伤性标志物: 天门冬氨酸氨基转移酶 (AST)、乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\alpha$ -羟丁酸脱氢酶 ( $\alpha$ -HBDH) 和氧化应激状态标志物: 谷胱甘肽过氧化物酶 (GPx) 和谷胱甘肽还原酶 (GR) 检测对癫痫的诊断价值

**方法** 利用日立 7600 全自动生化分析仪检测癫痫患者脑脊液与对照组脑脊液的 AST、LDH、 $\alpha$ -HBDH、GPx 和 GR 5 种酶的活性水平

**结果** 癫痫患者脑脊液的 LDH 和  $\alpha$ -HBDH 酶活性均有不同程度升高, 与对照组比较具有统计学意义 ( $P < 0.05$ ), 癫痫患者相对于对照组 LDH 和 GR 的诊断界值分别为 40.12 U/L 和 3.27 U/L ( $P < 0.05$ ), 其中损伤性标志物中 LDH 具有最好的敏感度和特异度, 氧化还原标志物中 GR 具有最好的敏感度和特异度。

**结论** 通过对癫痫患者脑脊液中 5 种酶的分析比较, 脑脊液上述 5 种酶的检测可作为参考指标在癫痫的诊断中发挥作用。

#### PU-7377

### 原发性肝癌疾病中血清 AFP、NGAL 与 Fbg 联合检测的诊断意义研究

李秀玉

首都医科大学宣武医院, 100000

**目的** 探讨原发性肝癌疾病中血清甲胎蛋白 (alpha-fetoprotein, AFP)、中性粒细胞明胶酶相关脂质运载蛋白 (neutrophil gelatinase associated lipocalin, NGAL) 和纤维蛋白原 (fibrinogen, Fbg) 联合检测的诊断意义。

**方法** 选取 2016 年 1 月-2017 年 12 月在我院接受治疗的 92 例原发性肝癌 (primary liver cancer, PLC) 患者作为原发性肝癌组研究对象, 另选取同期在我院接受治疗的 53 例乙型肝炎患者 (乙肝组)、46 例肝硬化患者 (肝硬化组) 和 50 例健康体检者 (健康组) 作为研究对象, 采用罗氏 E601 全自动免疫分析仪检测 AFP 水平; 采用酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测血清 NGAL 水平。

**结果** PLC 组患者血清 AFP、NGAL、Fbg 水平分别为  $(683.27 \pm 416.54) \text{ ng} \cdot \text{ml}^{-1}$ 、 $(32.09 \pm 9.04) \text{ ng} \cdot \text{ml}^{-1}$ 、 $(5.52 \pm 1.38) \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ , 均显著高于乙肝组、肝硬化组和健康组 ( $P < 0.05$ ), 乙肝组的血清 AFP 也显著高于肝硬化组和健康组 ( $P < 0.05$ )。

**结论** PLC 患者血清 AFP、NGAL 和 Fbg 均显著升高, 可作为诊断 PLC 的血清肿瘤标志物, 三者联合检测可显著提高 PLC 诊断的敏感度, 在 PLC 的诊断和患者预后的评估中具有重要临床价值。

#### PU-7378

### Squamous cell carcinoma antigen (SCC Ag) in patients with cervical cancer treated with radiotherapy or concurrent chemoradiotherapy

Jingxuan Fu

Xuanwu Hospital, Capital Medicine University

**Objective** At present, the standard treatment approach for locally advanced cervical cancer is concurrent chemoradiotherapy (CCRT). Elevated pretreatment squamous cell carcinoma antigen (SCC Ag) is associated with more extensive tumor and poor survival for patients with cervical cancer treated with definitive CCRT. It can be used to help physicians to make decisions on surgery or neoadjuvant chemotherapy plus surgery, avoiding the complications of double or triple treatment modalities. Elevated SCC Ag is associated with radiation resistance and SCC Ag reduction rate during CCRT can predict tumor response after treatment. Failure of posttreatment SCC Ag to normalize can predict tumor relapse, with a specificity higher than 70%. For these patients, additional treatment should be considered. SCC Ag also plays an important role in early detection of tumor relapse in the follow-up of patients with cervical treated with CCRT, with high sensitivity and good cost-effectiveness.

**Methods** At present, the standard treatment approach for locally advanced cervical cancer is concurrent chemoradiotherapy (CCRT). Elevated pretreatment squamous cell carcinoma antigen (SCC Ag) is associated with more extensive tumor and poor survival for patients with cervical cancer treated with definitive CCRT. It can be used to help physicians to make decisions on surgery or neoadjuvant chemotherapy plus surgery, avoiding the complications of double or triple treatment modalities. Elevated SCC Ag is associated with radiation resistance and SCC Ag



reduction rate during CCRT can predict tumor response after treatment. Failure of posttreatment SCC Ag to normalize can predict tumor relapse, with a specificity higher than 70%. For these patients, additional treatment should be considered. SCC Ag also plays an important role in early detection of tumor relapse in the follow-up of patients with cervical treated with CCRT, with high sensitivity and good cost-effectiveness.

**Results** At present, the standard treatment approach for locally advanced cervical cancer is concurrent chemoradiotherapy (CCRT). Elevated pretreatment squamous cell carcinoma antigen (SCC Ag) is associated with more extensive tumor and poor survival for patients with cervical cancer treated with definitive CCRT. It can be used to help physicians to make decisions on surgery or neoadjuvant chemotherapy plus surgery, avoiding the complications of double or triple treatment modalities. Elevated SCC Ag is associated with radiation resistance and SCC Ag reduction rate during CCRT can predict tumor response after treatment. Failure of posttreatment SCC Ag to normalize can predict tumor relapse, with a specificity higher than 70%. For these patients, additional treatment should be considered. SCC Ag also plays an important role in early detection of tumor relapse in the follow-up of patients with cervical treated with CCRT, with high sensitivity and good cost-effectiveness.

**Conclusions** At present, the standard treatment approach for locally advanced cervical cancer is concurrent chemoradiotherapy (CCRT). Elevated pretreatment squamous cell carcinoma antigen (SCC Ag) is associated with more extensive tumor and poor survival for patients with cervical cancer treated with definitive CCRT. It can be used to help physicians to make decisions on surgery or neoadjuvant chemotherapy plus surgery, avoiding the complications of double or triple treatment modalities. Elevated SCC Ag is associated with radiation resistance and SCC Ag reduction rate during CCRT can predict tumor response after treatment. Failure of posttreatment SCC Ag to normalize can predict tumor relapse, with a specificity higher than 70%. For these patients, additional treatment should be considered. SCC Ag also plays an important role in early detection of tumor relapse in the follow-up of patients with cervical treated with CCRT, with high sensitivity and good cost-effectiveness.

## PU-7379

### E2F1 mediates the downregulation of POLD1 in replicative senescence

高世超

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** POLD1, the catalytic subunit of DNA Pol  $\delta$ , plays an important role in DNA synthesis and DNA damage repair, and POLD1

is downregulated in replicative senescence and mediates cell aging. However, the mechanisms of age-related downregulation

of POLD1 expression have not been elucidated.

**方法** In this study, four potential CpG islands in the POLD1 promoter were found, and the methylation levels of the POLD1 promoter were increased in aging 2BS cells.

**结果** Then, the transcription factor E2F1 was observed

to bind to these sites. The binding affinity of E2F1 for the POLD1 promoter was found to show age-related attenuation

and was confirmed to be positively regulated by the E2F1 level and negatively regulated by POLD1 promoter methylation.

**结论** Collectively, these results indicated that the attenuation of the

binding affinity of E2F1 for the POLD1 promote.

## PU-7380

**Alcohol Dehydrogenase 1B Suppresses  $\beta$ -amyloid-Induced Neuron Apoptosis**

Yaqi Wang

Xuanwu Hospital, Capital Medicine University

**Objective** The present study explored the potential roles of alcohol dehydrogenase 1B (ADH1B) in AD pathology by determining the ADH1B levels in AD patient sera, in the hippocampus of APP/PS-1 AD model mice, and in an AD model cell line treated with A $\beta$ 1-42.

**Methods** The present study explored the potential roles of alcohol dehydrogenase 1B (ADH1B) in AD pathology by determining the ADH1B levels in AD patient sera, in the hippocampus of APP/PS-1 AD model mice, and in an AD model cell line treated with A $\beta$ 1-42.

**Results** The results show that ADH1B levels decreased significantly both in the serum of AD patients and in the hippocampus of APP/PS-1 AD model mice. In addition, the apoptotic rate was reduced and viability was significantly increased in AD model cells transfected with ADH1B overexpression vector. The levels of the p75 neurotrophin receptor (p75NTR), an A $\beta$ 1-42 receptor, were down-regulated in the ADH1B overexpressing AD model cell and up-regulated in cells transfected with the shRNA vector of ADH1B. Protein levels of cleaved caspase-3 and Bax decreased significantly, whereas Bcl-2 levels increased in cells overexpressing ADH1B. The opposite trend was observed for cleaved caspase-3, Bax, and Bcl-2 levels in cells transfected with the shRNA vector of ADH1B. The levels of reactive oxygen species (ROS) were found to be reduced in ADH1B overexpressing cells and increased when cells were transfected with the shRNA vector of ADH1B.

**Conclusions** These results indicate that ADH1B might be important in the prevention of AD, especially for abusers of alcohol, and a potential new target of AD treatment.

## PU-7381

**POLD1 deficiency is involved in cognitive function impairment in AD patients and SAMP8 mice**

高世超

首都医科大学宣武医院, 100000

**目的** Age-related changes such as increased oxidative stress and DNA damage are important risk factors for Alzheimer's disease (AD).

**方法** This study aimed to clarify the role of POLD1, the catalytic subunit of DNA polymerase  $\delta$ , in neurodegeneration symptoms of AD. POLD1 expression levels were evaluated in patients with different neurodegenerative diseases by ELISA, RT-PCR and Western blot analysis.

**结果** The impairment of cognitive ability in AD patients and senescence-accelerated mouse prone 8 (SAMP8) mice were evaluated by MMSE/MoCA score and Morris water maze (MWM) test. We found that serum concentration and expression levels of POLD1 in lymphocytes were reduced in AD patients. The cognitive impairment in AD patients and SAMP8 mice was associated with reduced POLD1 expression. In addition, POLD1 knockdown led to premature senescence and increased DNA damage in primary neuronal cells of SAMP8 mice.

**结论** In conclusion, this is the first study suggesting that the deficiency of POLD1 may aggravate AD progression, and POLD1 is a potential diagnostic marker and therapeutic target for AD.

## PU-7382

## 不同时期缺血性脑卒中患者抗凝蛋白活性及生化指标变化

李蕾

首都医科大学宣武医院,100000

**目的** 监测在缺血性脑卒中后不同时间段内患者蛋白 S、蛋白 C、抗凝血酶Ⅲ及其他相关指标活性或浓度变化,探究时间对缺血性脑卒中患者抗凝蛋白浓度的影响,从而进一步判明抗凝蛋白及相关指标对脑梗患者患病及康复的影响,为临床检验与治疗提供参考。

**方法** 通过观察记录 2018 年 8 月至 2019 年 4 月首都医科大学宣武医院 150 例缺血性脑卒中患者抗凝蛋白活性,按照时间进行分组,其中脑卒中后 3 天以内为 A 组,3-7 天为 B 组,7-14 天为 C 组,大于 14 天为 D 组,另设非脑卒中对照组。比较不同组别之间的蛋白 C、蛋白 S、抗凝血酶Ⅲ活性、超敏 C 反应蛋白、血糖、胆固醇、糖化血红蛋白浓度,分析抗凝蛋白及相关指标在不同时间段内的变化趋势,分析抗凝蛋白及相关指标在脑梗当中的作用。

**结果** A 组、B 组、C 组抗凝血酶Ⅲ活性与对照组抗凝血酶Ⅲ活性的组间差异有统计学意义;A、B、C 三组血浆同型半胱氨酸浓度与对照组血浆同型半胱氨酸浓度的组间差异有统计学意义;A 组超敏 C 反应蛋白浓度和对照组超敏 C 反应蛋白浓度组间差异有统计学意义;A 组蛋白 C 活性和血浆胆固醇浓度之间相关性有统计学意义。

**结论** 抗凝血酶Ⅲ活性可作为监测缺血性脑卒中病情、预测其预后及危险程度的重要指标;同型半胱氨酸浓度升高是缺血性脑卒中的独立危险因素;超敏 CRP 在缺血性脑卒中发生三日内具有诊断学价值;三日内蛋白 C 活性与胆固醇浓度有相关性。

## PU-7383

## Method exploration and comparison of direct drug sensitivity test treatment process for positive blood culture specimens

Yabin Zhang

The 900th hospital of Joint logistic support force of the Chinese people's liberation army

**Objective** In order to explore a more rapid and convenient process of direct antimicrobial susceptibility test for positive blood culture samples, the direct antimicrobial susceptibility test flow of our laboratory was compared with that of other laboratories, by judging whether the results are consistent with the results of the routine antimicrobial susceptibility test, the feasibility of the processing process of the direct antimicrobial susceptibility test in our laboratory and the accuracy of the results of the direct antimicrobial susceptibility test are evaluated. It is of great significance for clinical treatment of bloodstream infection, reducing drug resistance rate and reducing medical burden.

**Methods** 48 blood culture positive samples from the department of microbiology in our hospital, which from the end of February, 2019 to the end of April, were treated with 5 different kinds of direct antimicrobial susceptibility test, 35 kinds of antimicrobial susceptibility disk were selected, and the direct antimicrobial susceptibility test was carried out by K-B method. The results of five kinds of direct antimicrobial susceptibility test were compared with the results of routine antimicrobial susceptibility test (K-B method), and calculating the coincidence rate, the total, large and small error rate.

**Results** The results of direct antimicrobial susceptibility test of bacteria in blood culture positive samples explored in our laboratory were highly consistent with those of routine drug sensitivity test (K-B method), and the coincidence rate was higher than that of the other four schemes. The number and percentage of large and small errors were also lower than the other four schemes.

**Conclusions** Therefore, the simple operation of direct antimicrobial susceptibility test in our laboratory can be popularized and applied in clinical microbiology room, which is helpful for medical staff to shorten the time of direct antimicrobial susceptibility test and treat bloodstream infection in clinic. It is of great significance to reduce the rate of drug resistance and reduce the medical burden of patients.

#### PU-7384

### 冠心病患者经皮介入治疗前后 K<sup>+</sup>与 ANP, cTnI 的关系研究

郝起平, 白萍萍

新疆维吾尔自治区博尔塔拉蒙古自治州人民医院

**目的** 探索经皮介入治疗前后, 冠心病患者血清 K<sup>+</sup>水平变化与血清 ANP 和 cTnI 的关系, 为临床冠心病患者预后评估提供参考。

**方法** 选取 356 例接受 PCI 后超过 2 年的患者, 根据手术前后血钾浓度变化的绝对值将其分为 4 组。收集基本资料及实验室检查结果, 用 CMH 检验 (Cochran-Mantel-Haenszel test) 分析血钾浓度和与 ANP, cTnI 以及临床预后之间的关系。

**结果** 根据血钾浓度变化划分的 4 组 (I、II、III 和 IV) 患者在住院率 (CMH=1.97, P=0.58) 和症状改善 (CMH=5.45, P=0.14) 方面均无显著差异。PCI 前后患者血钾浓度变化越大, 其血清 ANP 和 cTnI 的含量随之增高 (CMH=11.89, P=0.01), 在多因素 logistic 回归分析中也印证了这一趋势。与对照组 (I 组) 相比, ANP 和 cTnI 显著增高。II 组: ORANP=6.467, 95% CI: 1.319-31.711, P=0.021; ORcTnI=8.467, 95% CI: 1.424-34.571, P=0.011; III 组: ORANP=9.087, 95% CI: 1.876-44.022, P=0.006; ORcTnI=10.902, 95% CI: 1.935-46.023, P=0.002; IV 组: ORANP=2.098, 95% CI: 0.358-12.307, P=0.412; ORcTnI=2.348, 95% CI: 0.346-13.347, P=0.312。

**结论** 4 组患者血清中 ANP 和 cTnI 含量随着血钾浓度的增大而升高。

#### PU-7385

### Research on the Association between the Risk of Cerebral Arterial Thrombosis and the Concentration of S100B and NSE in Serum and Cerebrospinal Fluid

Li Jianming<sup>1</sup>, Yan Wenping<sup>1</sup>, Ma Hongping<sup>2</sup>, Niu Lili<sup>1</sup>

1. Department of clinical laboratory in People's Hospital of Xinjiang Changji Autonomous Prefecture

2. Children's Hospital of Xinjiang Uygur Autonomous Prefecture

**Objectives** The objective of the study is to analyze the reference concentration range of S100B and NSE for different injury degrees in the animal model established through MCAO suture-occluded method by observing the trend of the two indexes in cerebrospinal fluid and serum in different time periods, and to evaluate the correlation between the concentration of the two indexes and the infarct volume and neurofunctional assessment.

**Methods** 48 SPF rats were coded and randomized to 8 groups, with 6 rats in each group. Behavior evaluations were carried out 8 hours after the surgery. Abdominal blood and

cerebrospinal fluid were extracted in different time periods after the surgery (8h, 12h, 1d, 3d, 5d, 7d and 21d) to measure the concentration of S-100B protein and NSE, and TTC brain staining and behavior functional assessment were conducted simultaneously to analyze the correlation.

**Results** A tendency change of the concentration of S-100B and NSE in serum and cerebrospinal fluid was observed in the SD rat model. The increase of the concentration of S-100B and NSE in cerebrospinal fluid was earlier than that in peripheral blood. The concentration of NSE in cerebrospinal fluid peaked 12 hours after the injury, while the concentration of S-100B and NSE just began to increase and peaked 3 days after the injury, and then started to decrease. No significant difference was observed between the experiment group and the healthy control group 7 days after the injury. Results showed that the infarct area and neurological function score was significantly positively correlated with the concentration of S-100B and NSE both in blood and in cerebrospinal fluid.

**Conclusion** According to the animal experiment, the concentration of S-100B and NSE in blood and cerebrospinal fluid can reflect the degree of brain injury, thus can be used as biological indexes for cerebral arterial thrombosis. It is suggested that both of them can be used for medicine efficacy evaluation and prognosis judgment.

## PU-7386

### 一氧化氮对 SD 大鼠神经星形胶质细胞 Hif-1 $\alpha$ 表达的影响

李建明<sup>1</sup>, 许雯静<sup>2</sup>, 闫文萍<sup>1</sup>, 牛莉莉<sup>1</sup>

1.新疆昌吉州人民医院检验科

2.新疆阿克苏地区妇幼保健院检验科

**目的** 建立 SD 大鼠神经星形胶质细胞对不同浓度一氧化氮诱导产生 Hif-1 $\alpha$  模型, 观察不同浓度一氧化氮对胶质细胞缺氧诱导因子的调控及对细胞的损伤。

**方法** 使用不同浓度 (0.3-1.2  $\mu\text{mol/L}$ ) DETA 诱导大鼠神经胶质细胞, 蛋白印迹法检测 HIF-1 $\alpha$  及其下游编码蛋白 VEGF 蛋白水平和 mRNA 表达, 同时采用 CCK-8 法、化学比色法及 TUNEL 法检测不同一氧化氮浓度对细胞增殖、氧化应激和细胞凋亡水平的影响。

**结果** HIF-1 $\alpha$  及其下游编码蛋白 VEGF 蛋白水平和 mRNA 表达随 DETA 浓度的增加而升高, 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ), 当 DETA 达到 1.2mmol/L 浓度时并未引起 HIF-1 $\alpha$  和 VEGF 蛋白水平及 mRNA 的进一步升高; 随着 DETA 预处理浓度 (0.3-1.2mmol/L) 的增加, 与阴性对照组相比, 细胞增殖降低, MDA 水平明显增高 ( $P<0.05$ ), 细胞凋亡率明显增加 ( $P<0.01$ )。

**结论** 推荐 0.9mmol/L 浓度 DETA 预处理胶质细胞 12 h 后, 对细胞损伤较轻, HIF-1 $\alpha$  蛋白水平及 mRNA 的表达相对较高, 是建立 SD 大鼠神经星形胶质细胞外源性一氧化氮诱导产生 Hif-1 $\alpha$  模型理想浓度。

## PU-7387

### 新疆地区妊娠期甲状腺功能血清指标生物参考区间研究

李晓勤, 林玉婷, 姜雪梅

新疆维吾尔自治区妇幼保健院

**目的** 研究新疆地区妊娠期甲状腺功能血清指标生物参考区间。

**方法** 随机选取 2016 年 8 月至 2018 年 8 月我院正常妊娠期孕妇 211 例, 采用 SPSS21.0 将入组患者按先后序列号 (1-211) 随机分为 3 组: 一组妊娠早期组 (孕 1-12 周, 71 例), 一组妊娠中期组 (孕 13-27 周, 70 例), 一组妊娠晚期组 (孕 28-40 周, 70 例)。将这些孕妇作为正常妊娠

组,另选取同期我院健康体检非妊娠女性 70 例为健康对照组,统计分析四组女性的血清 TSH、FT3、FT4 水平参考值范围,并统计分析四组女性的血清 TSH、FT3、FT4 水平。

**结果** 妊娠早期组、妊娠中期组、妊娠晚期组孕妇的血清 TSH 水平参考值范围逐渐升高 ( $P<0.05$ ),均显著高于健康对照组 ( $P<0.05$ );血清 FT3、FT4 水平参考值范围逐渐降低 ( $P<0.05$ ),均显著低于健康对照组 ( $P<0.05$ )。妊娠早期组、妊娠中期组、妊娠晚期组孕妇的血清 TSH 水平逐渐升高 ( $P<0.05$ ),均显著高于健康对照组 ( $P<0.05$ );血清 FT3、FT4 水平逐渐降低 ( $P<0.05$ ),均显著低于健康对照组 ( $P<0.05$ )。

**结论** 新疆地区妊娠期甲状腺功能血清指标生物参考区间的建立能够为筛查妊娠期甲状腺疾病提供有效依据。

## PU-7388

### 肿瘤性高钙血症患者血浆离子钙及总钙检测的诊断价值

马宏伟

哈密市中心医院

**目的** 探究并分析肿瘤性高钙血症患者血浆离子钙及总钙检测的诊断价值。

**方法** 从我院检验科 2018 年 1 月-2018 年 12 月收治的符合肿瘤性高钙血症诊断标准的 560 例患者中选取 160 例作为实验组研究对象,并选取同期间的正常体检者 160 例最为对照组患者。对两组试验人员的校正总钙(cTc)和校正离子钙(nIc)进行计算。同时,对他们的离子钙、总钙以及血清白蛋白等检测水平进行比较

**结果** 实验组患者的校正总钙(cTc)和校正离子钙(nIc)检出率为 7.32%和 3.33%,而对照组患者的检出率都是 0.00% ( $P < 0.05$ )。而对于各项检测的水平数据,两组患者只有总钙数据差异无意义 ( $P > 0.05$ ),而离子钙、血清白蛋白等均有统计学意义 ( $P < 0.05$ )。

**结论** 通过检测患者的 cTc 和 nIc 检查率、总钙等检测水平,有利于肿瘤性高钙血症的诊断,从而尽早治疗。

## PU-7389

### 尿微量白蛋白检测对早期糖尿病肾病诊断的价值分析

张俊霞,艾秋香

伊犁哈萨克自治州奎屯医院

**目的** 总结尿微量白蛋白检测对早期糖尿病肾病诊断的价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月-12 月在我院接受诊治的 70 例 2 型糖尿病患者作为实验组进行研究分析。另外选取在我院体检中心接受体检的 70 例健康体检者作为体检组,对比两组患者的尿微量白蛋白检测结果和阳性率。

**结果** 实验组患者的尿微量白蛋白定量检测结果数据明显高于体检组体检者检测结果,实验组的阳性率明显高于体检组,上述数据差异均显著,组间对比结果有意义 ( $P<0.05$ );实验组患者中病程 20 年及以下的患者 63 例,阳性率 32 (50.79%),病程 20 年以上的患者 7 例,阳性率 6 (85.71%),数据差异突出 ( $P<0.05$ )。

**结论** 尿微量白蛋白检测对早期糖尿病肾病诊断的价值显著,能够在早期有效判断糖尿病肾病,起到突出的临床指导以及病情评估等作用,值得在临床中推广。

## PU-7390

## 乌鲁木齐市地区 0-14 岁儿童脂溶性维生素营养水平

刘洋, 梅婷, 张文利  
乌鲁木齐市第一人民医院检验科

**目的** 研究乌鲁木齐市地区0-14岁儿童脂溶性维生素ADEK营养水平。

**方法** 选取2018年11月-2019年3月来乌鲁木齐市第一人民医院就诊的体检儿童264例, 分为婴幼儿组(0-3岁) 89例, 学龄前组(3-6岁) 57例, 学龄组(6-14岁) 59例, 利用液相色谱串联质谱(LC-MS/MS)法检测血清维生素A, 25-(OH) D, 维生素E及维生素K。

**结果** 维生素D在男童中水平为 $22.13 \pm 13.79$  ng/ml, 在女童中水平为 $18.85 \pm 12.06$  ng/ml, 男童明显高于女童, 差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。脂溶性维生素A、维生素E、维生素K在男、女童之间水平无统计学差异( $P > 0.05$ )。血清中维生素A水平为 $0.30 \pm 0.08$  mg/L, 缺乏率为11.7%, 婴幼儿组缺乏率最高(17.3%)。维生素D水平为 $20.80 \pm 13.19$  ng/ml, 缺乏率和不足率为60.3%, 随着年龄的增加, 缺乏率有所增加。维生素E水平 $10.22 \pm 2.20$  mg/L, 不足率为4.9%, 整体处于正常水平。维生素K水平为 $0.36(0.19, 0.69)$  ng/ml, 缺乏率为13.3%, 婴幼儿组及学龄前组儿童中缺乏较多, 缺乏率为11.5%和18.7%。

**结论** 乌鲁木齐市地区儿童脂溶性维生素存在整体缺乏的情况, 在医生的指导下正确及时的检测和合理的补充脂溶性维生素, 有助于儿童的健康成长。

## PU-7391

## 乌鲁木齐市地区高危儿遗传代谢病筛查分析

梅婷, 刘洋, 张文利  
乌鲁木齐市第一人民医院检验科

**目的** 探讨串联质谱技术在乌鲁木齐市地区高危儿遗传代谢病筛查中的价值。

**方法** 选取 2018 年 1 月-2019 年 2 月期间于乌鲁木齐市第一人民医院就诊的疑似遗传代谢病高危儿童为研究对象, 滤纸片上, 留取晨尿于滤纸片上分别采集采集血样和尿样, 根据遗传代谢病筛查试剂盒说明书对样本进行处理, 串联质谱仪对样本中的氨基酸及肉碱进行定量分析, 气相色谱检测尿有机酸含量。

**结果** 198 例高危患儿中阳性检出 17 例, 检出率为 8.5%; 长链-3 羟酰基辅酶 A 脱氢酶缺乏症 3 例, 线粒体三功能蛋白缺乏症 2 例, 苯丙酮尿症 2 例, 高苯丙氨酸血症 2 例, 多种羧化酶缺乏症 1 例, 甲基丙二酸血症 1 例, 原发性肉碱缺乏症 1 例, 三羧酸尿症 4 例, 酪氨酸尿症 1 例。

**结论** 对乌鲁木齐市地区高危儿遗传代谢病筛查中, 串联质谱技术展现出较高的筛查价值, 对不同类型的遗传代谢病都能很好的检测, 值得在临床推广和使用。

## PU-7392

## 小而密低密度脂蛋白与冠心病的研究进展

胡兵 综述,王学涵 审校  
新疆医科大学第五附属医院检验科

低密度脂蛋白 (LDL) 在动脉粥样硬化和心血管疾病的发生发展过程中起着关键作用, LDL 颗粒存在异质性可分为若干亚组分, 现对 LDL 亚组分的研究越来越多。但到目前为止, 大部分分离 LDL 亚组分的实验室方法所得结果不能直接进行比较。小而密低密度脂蛋白 (sd-LDL) 是 LDL 亚组分中的一种亚型, 在血浆中经历多种化学修饰, 具有致动脉粥样硬化性, 是冠心病新发现的高危因素之一。他汀类及其他多种药物可对 sd-LDL 产生影响, 但尚缺乏充足研究来为冠心病预防和治疗中降低 sd-LDL 水平提供明确的指导方案。探讨 sd-LDL 与冠心病的关联对评价冠心病患病风险、实现冠心病的早期发现及防治意义重大。

## PU-7393

## 7 例运动性横纹肌溶解症辅助检查及临床救治分析

王秋慧<sup>1</sup>, 云发超<sup>1</sup>, 薛克俭<sup>1</sup>, 王志中<sup>2</sup>  
1.解放军第四七四医院检验科  
2.解放军第 474 医院中医康复科

**目的** 探讨运动性横纹肌溶解症 (exercise rhabdomyolysis, ER) 的辅助检查特点及对临床救治的意义。

**方法** 收集 2014 年至今 7 例运动性横纹肌溶解症病例资料, 对患者的辅助检查结果、临床救治数据进行回顾性分析。 **结果** 病例均为年轻男性, 平均年龄  $25 \pm 3.5$  岁, 诱因因为过度运动, 临床表现血尿 (100%), 肌肉酸痛、肿胀 (85.7%), 肌力下降 (57.1%)。

**结果** 血清肌酸激酶 (CK)、CK-MB、LDH 及天门冬氨酸转移酶 (AST) 等酶显著增高, 尿潜血阳性、尿素、肌酐水平升高; 临床治疗: 碱化尿液、保护肾功、补液维持电解质平衡、防止并发症, 必要时予以血液过。

**结论** 过度运动可导致横纹肌溶解症, 实验室检查 CK 增高急剧增高、肾功能损害对早期诊断及治疗有重要临床指导意义。

## PU-7394

## 维生素 C 对三酰甘油和胆固醇测定的影响及结果分析

王秋慧<sup>1</sup>, 薛克俭<sup>1</sup>, 云发超<sup>1</sup>, 张和平<sup>1</sup>, 王志中<sup>2</sup>  
1.解放军第四七四医院检验科  
2.解放军第 474 医院中医康复科

**目的** 探讨维生素 C 对血液中胆固醇 (CHOL) 和三酰甘油 (TG) 检测结果的影响及解决办法。

**方法** 采集 1 位在治疗中需要静滴维生素 C 并长期监测 CHOL、TG 患者的血清样本, 以滴注维生素 C 前的样本作为对照组, 滴注维生素 C 后 1 小时的样本作为实验组, 使用单试剂与双试剂法同时检测; 分析 TG、CHOL 检测结果在对照组与实验组的差异性。

**结果** 两种方法检测时, 对照组中 CHOL、TG 在两种方法间检测无差异 (TG:  $p = 0.797 > 0.05$ , CHOL:  $p = 0.797 > 0.05$ ), 而实验组存在显著差异 (TG:  $p = 0.000 < 0.05$ , CHOL:  $p = 0.000 < 0.05$ ); 单试剂法检测时, 两组间有差异 (TG:  $p = 0.000 < 0.05$ , CHOL:  $p = 0.000 < 0.05$ ), 而双试剂法检测没有差异 (TG:  $p = 0.964 > 0.05$ , CHOL:  $p = 0.122 > 0.05$ )。



**结论** 维生素 C 对单试剂检测 TG、CHOL 的结果有负干扰, 而用含有抗坏血酸氧化酶 (AOD) 的双试剂盒检测可以消除这种干扰。

## PU-7395

### 肾移植术后 CKD 患者血清 HE4 与疾病进展分期的关系及诊断价值

张冬萍<sup>1</sup>, 王萍<sup>1</sup>, 黄俊芬<sup>1</sup>, 蒋瑞鑫<sup>1</sup>, 张和平<sup>2</sup>

1.新疆军区总医院北京路临床部

2.新疆金域医学检验所

**目的** 探讨人附睾蛋白 4(HE4)在肾移植术后慢性肾病 (CKD)患者血清中的表达水平及其预后价值。

**方法** 选取 2017 年 1 月~2019 年 1 月 160 例肾移植术后进展为 CKD 的患者, 作为 CKD 组, 将肾小球滤过率 (eGFR) <60ml/min 作为肾功能不全的诊断标准, 同期选取健康者 80 例作为对照组。比较两组受试者血清 HE4 水平, 并比较不同分期 CKD 患者 HE4、尿素氮 (BUN)、肌酐 (SCr)、胱抑素 C (CysC)、尿  $\beta 2$  微球蛋白 ( $\beta 2$ -MG) 的差异; 分析 HE4 与各指标的相关性; 分析各项指标在预测肾功能不全中的价值。

**结果** CKD 组血清 HE4 水平 ( $174.65 \pm 156.63 \text{ pmol/L}$ ) 明显高于正常对照组 ( $44.14 \pm 9.40 \text{ pmol/L}$ ),  $P < 0.01$ 。CKD 各期之间血清 HE4 水平有统计学差异,  $P < 0.05$ 。HE4 血清水平与估算的 eGFR 呈负相关 ( $r = -0.617$ ,  $P < 0.001$ ), 与患者 BUN、SCr、CysC 及尿  $\beta 2$ -MG 呈正相关 ( $r = 0.783$ ,  $P < 0.001$ ;  $r = 0.915$ ,  $P < 0.01$ ;  $r = 0.776$ ,  $P < 0.001$ ;  $r = 0.674$ ,  $P < 0.001$ )。ROC 曲线分析显示, CKD 患者血清中 HE4、BUN、SCr、CysC 及尿  $\beta 2$ -MG 均对肾功能不全具有预测价值, 且 HE4 在预测肾功能不全时, 曲线下面积 ( $\text{AUC} = 0.970$ ) 优于 BUN ( $\text{AUC} = 0.928$ )、SCr ( $\text{AUC} = 0.931$ )、CysC ( $\text{AUC} = 0.964$ )、尿  $\beta 2$ -MG ( $\text{AUC} = 0.908$ )。

**结论** HE4 在肾移植术后 CKD 患者血清中明显升高, 且随患者分期逐渐增加, 可作为肾功能不全的辅助诊断指标。

## PU-7396

### 血清 sCD14、HMGB1 联合检测在肺部感染疾病中的临床诊断效能研究

胡慧婷<sup>1</sup>, 袁静芝<sup>2</sup>, 史清海<sup>1</sup>, 邓梦芸<sup>1</sup>, 杨奇<sup>1</sup>, 王黎<sup>1</sup>, 牛莉莉<sup>3</sup>, 伏建峰<sup>1</sup>

1.新疆军区总医院全军临床检验诊断中心

2.江苏大学附属澳洋医院检验科

3.新疆昌吉州人民医院检验科

**目的** 探讨肺部感染患者血清可溶性 CD14 (sCD14)、高迁移率族蛋白 B1 (HMGB1) 临床应用价值。

**方法** 选取 2017 年 10 月至 2018 年 6 月期间在新疆军区总医院就诊的 74 例肺部感染患者作为实验组, 同期 62 例健康体检者为对照组。采集研究对象血清/全血标本, 采用 ELISA 法检测血清中 sCD14、HMGB1 浓度水平; 采用全自动免疫化学发光分析仪检测血清降钙素原 (PCT) 及白细胞介素-6 (IL-6) 浓度水平, 收集数据, 行统计学分析, 以评估 sCD14、HMGB1 联合检测在肺部感染疾病诊断中的效能, 并与 PCT、IL-6 联合检测进行比较。

**结果** 实验组 sCD14、HMGB1 浓度水平为  $4.06 (2.98 \sim 5.31) \text{ ng/ml}$ 、 $1469.50 (152.2 \sim 346.06) \text{ pg/ml}$ , 显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ), 与 PCT、IL-6 浓度的变化趋势一致。单独 sCD14、HMGB1

检测诊断肺部感染的敏感度依次为 82.40%、56.80%，特异度为 90.30%、85.50%，二者联合检测可提升敏感度至 92.40%，与PCT、IL-6 联合检测的诊断效能接近：敏感度 99.72%。

**结论** 血清中sCD14、HMGB1 联合检测对于肺部感染的辅助诊断具有一定价值，并且操作简捷、便携、易行，可作为缺少大型检验仪器设备的小、散、远医疗卫生机构快速诊疗肺部疾病的感染性标志物。

## PU-7397

### Difference of thyroid hormone reference ranges in diagnosis of thyroid functions between normal pregnant women in the early, middle and late pregnancy and normal adults

Qian Fang<sup>1</sup>, Ma XiaoPei<sup>2</sup>, Wang Jun<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Eugenics and Genetics, Family Planning Science and Technology Institute

<sup>2</sup>Clinical Examination Laboratory, Family Planning Science and Technology Institute

<sup>3</sup>Medical Department, Family Planning Science and Technology Institute

**Objective** To discuss and analyze the difference in thyroid hormone reference ranges between normal pregnant women and normal adults, and study the thyroid dysfunction in pregnant women during pregnancy.

**Methods** Blood samples of 166 pregnant women and 50 non-pregnant women were randomly collected, to detect Thyroid Stimulating Hormone (TSH), Free Triiodothyronine (FT3), Free Thyroxine (FT4), Total Triiodothyronine (TT3) and Total Thyroxine (TT4).

**Results** The ratio of thyroid dysfunction was 9.64% (16/166) by using normal thyroid hormone reference ranges of pregnant women as an index, while the ratio of thyroid dysfunction was 1.20% (2/166) by using the normal thyroid hormone reference ranges of non-pregnant women as an index. The difference in thyroid hormone reference ranges between the two methods was statistically significant ( $P < 0.05$ ).

**Conclusions** There were significant differences in thyroid hormone levels between pregnant women and non-pregnant women, and between women during different stages of pregnancy, and the ratio of thyroid dysfunction during pregnancy was 9.64%; therefore, thyroid function screening is necessary in all pregnant women.

## PU-7398

### 906 例体检医务人员糖脂水平分析

时瑛，荣海燕

新疆医科大学第一附属医院医学检验中心

**目的** 研究医务人员体检人群血糖与血脂的关系及年龄、性别之间糖脂差异。

**方法** 以参与体检的医务人员906例为研究对象，对所有体检者空腹血糖(FPG)、甘油三酯(TG)、胆固醇(CHOL)、高密度脂蛋白(HDL)、低密度脂蛋白(LDL)的检测结果分别按年龄、性别分组比较组间差异，并分析血糖与血脂各指标间的相关性。

**结果** 男性FPG、TG、CHOL、LDL均高于女性，HDL低于女性，差异均有统计学意义( $P < 0.01$ )；41-50岁组、>50岁组FPG、TG、CHOL、LDL检测结果均较≤30岁组、31-40岁组增高

( $P<0.05$ )，>50岁组FPG、TG、CHOL、LDL检测结果较41-50岁组增高( $P<0.01$ )；FPG与TG、CHOL、LDL正相关( $r=0.223$ 、 $0.118$ 、 $0.182$ ， $P<0.01$ )，与HDL负相关( $r=-0.143$ ， $P<0.01$ )。

**结论** 906例医务人员体检人群空腹血糖、血脂存在年龄、性别差异，且血糖值与血脂水平存在相关性。

## PU-7399

### 新疆地区糖链抗原 72-4 生物参考区间的初步建立与探讨

韩松涛,赵晓群,黄艳春

新疆医科大学第三临床医学院(附属肿瘤医院)检验科

**目的** 使用间接法建立本地区实验室的CA72-4参考区间，与行业标准比较，验证间接法可靠性。

**方法** 回顾性研究。通过新疆医科大学第三临床医学院(附属肿瘤医院)及新疆医科大学第四附属医院实验室信息系统(LIS)采集数据库中自2014年1月至2019年3月的399557例体检人群的CA72-4检测结果。对数据进行“BOX-COX”正态转换后，使用四分卫间距法对数据进行剔除和入组。筛选入组的数据经过男、女性别组间差异检验和年龄相关性分析后，利用非参数排序法建立CA72-4参考区间。

**结果** 不同性别CA72-4测量值的差异有统计学意义( $Z=-11.425$ ， $P<0.05$ )；男、女各组CA72-4结果与年龄有相关性( $r=0.027$ 、 $0.013$ ， $P$ 值均 $<0.05$ )。CA72-4的生物参考区间分别为男0.58-8.65 U/ml，女0.55-8.77 U/ml。

**结论** 使用间接法建立检验项目的生物参考区间是一种比较简便的方法，适用于实验室检验项目参考区间的定期评审和一些无法使用直接法建立参考区间的项目。

## PU-7400

### 细胞焦亡及 Gasdermin 家族蛋白的研究进展

黄国虹

新疆维吾尔自治区人民医院临床检验中心

细胞焦亡是新近发现的一种促炎程序性细胞死亡方式，与自身免疫性疾病、感染性疾病和自身炎症性疾病等发病机制密切相关。细胞焦亡是由活化的半胱天冬氨酸酶剪切一系列底物引起大量促炎因子释放并诱发级联放大的炎症反应，在该反应中 Gasdermin 家族蛋白裂解释放的 N-端结构域对于细胞焦亡的诱导起着非常重要的作用。本文就细胞焦亡及 Gasdermin 家族蛋白的研究进展进行综述。

## PU-7401

### 新疆某三甲医院孕妇血清维生素A、E水平调查分析

黄国虹<sup>1</sup>,张艳君<sup>2</sup>,黄睿<sup>1</sup>,王昌敏<sup>1</sup>

1.新疆维吾尔自治区人民医院临床检验中心

2.新疆维吾尔自治区人民医院临床医学研究中心

**目的** 了解妊娠期血清维生素A、E水平，评价妊娠期维生素的营养状况，指导孕妇妊娠期合理补充维生素。

**方法** 收集2017年1月-12月新疆某三甲医院正常孕妇血清样本共612份，采用化学发光法测定血清维生素A、E的浓度，分析不同人群维生素A、E水平的差异。

**结果** 612名孕妇血清维生素A、E平均水平分别为 $(0.91 \pm 0.24)$   $\mu\text{mol/L}$ 和 $(11.80 \pm 1.45)$   $\mu\text{g/mL}$ ，总体异常率为1.63%和4.90%，不同年龄、产次孕妇血清维生素A、E水平之间的差异无统计学意义 $(P > 0.05)$ ；维吾尔族孕妇血清维生素A水平高于汉族和回族孕妇，且差异具有统计学意义 $(P < 0.05)$ ，但不同民族间维生素E水平无明显差异。

**结论** 该三甲医院孕妇整体维生素A、E水平状况良好，应继续加强对孕产妇的营养宣教工作，监测血清维生素水平，确保母婴健康。

PU-7402

## 成人心脏手术后急性肾损伤相关生物标志物的研究现状

刘红，马晶，黄国虹，王昌敏，宋雪，刘颖，李巧霞  
新疆维吾尔自治区人民医院临床检验中心

急性肾损伤（acute kidney injury, AKI）是心脏手术后常见的并发症，现有 AKI 诊断标准通常基于血清肌酐（Scr）、尿素氮（BUN）和尿量，存在一定的局限性，随着 AKI 发病机制研究的不断深入，临床上对 AKI 的诊断及治疗效果仍不够理想，需要积极寻找早期快速诊断 AKI 的相关标志物以提示疾病的发生、发展和预后情况。本文阐述 AKI 的相关生物标志物的研究情况，并提出单一标志物对 AKI 的诊断意义并不具有明显优势。

PU-7403

## 甲功五项化学发光法检测评价甲状腺功能及意义

刘红，刘颖，马晶，黄国虹，宋雪，李巧霞，王昌敏  
新疆维吾尔自治区人民医院临床检验中心

**目的** 探讨甲功五项检测指标在甲状腺功能减退症预测中的临床价值。

**方法** 选择我院甲状腺功能减退症患者 58 例为观察组，另设健康体检者 50 例为对照组，两组均采用化学发光法检测血清三碘甲状腺原氨酸（T3）、血清甲状腺素（T4）、血清游离三碘甲状腺原氨酸（FT3）、血清游离甲状腺素（FT4）、血清促甲状腺激素（TSH）的浓度水平，采用 ROC 曲线分析评价各项检测指标的敏感性

**结果** 观察组血清 T3、T4、FT3、FT4 及 TSH 阳性率均明显高于对照组，通过 ROC 曲线、诊断试验结果显示：血清 T3、T4、FT3、FT4 及 TSH 的曲线下面积分别为 0.658、0.748、0.720、0.812、0.829，95%可信区间分别为 0.562~0.754、0.661~0.836、0.630~0.810、0.736~0.888、0.746~0.911，联合检测的曲线下面积及 95%可信区间为：0.855（0.801~0.920），差异均有统计学意义 $(P < 0.001)$ 。

**结论** 血清 TSH、FT3 及 FT4 的敏感性高于 T4、T3，联合检测可作为甲状腺功能减退症的早期诊断指标，对预防甲状腺功能减退症的发生、发展及疗效评价有着重要的临床价值。

PU-7404

## 甲状腺功能六项指标联合检测在甲状腺疾病临床评估中的应用

臧立群

新疆维吾尔自治区职业病医院检验科

**目的** 探讨甲状腺功能六项指标联合检测在甲状腺疾病临床评估中的应用价值。

**方法** 将 2018 年 1 月-2019 年 1 月期间我院收治的 30 例甲状腺功能亢进（甲亢）患者纳入本组研究中，即甲亢组；同时选取我院在同期收治的 30 例甲状腺功能减退（甲减）患者为甲减组，另选取健康体检者 30 例为健康组。抽取所有研究对象的晨起空腹静脉血 5ml，分离血清，检测其血清三碘甲状腺氨酸(T3)、甲状腺素(T4)、游离三碘甲状腺氨酸(FT3)、促甲状腺素(TSH)、游离甲状腺素(FT4)、甲状腺球蛋白抗体(TGAh)等甲状腺功能六项指标，分析血清指标联合检测在甲状腺疾病临床评估中的应用价值。

**结果** 甲亢组患者的 T3、T4、FT3、FT4 血清指标水平均高于健康组，且其 TSH 水平明显低于健康组（ $P<0.05$ ）。甲减组患者的 T3、T4、FT3、FT4 血清指标水平均低于健康组，且其 TSH 水平明显高于健康组（ $P<0.05$ ）。甲亢组、甲减组以及健康组的血清 T3、T4、FT3、FT4 诊断符合率相比较差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。甲亢组、甲减组的 TGAh 阳性率均明显高于健康组，且甲减组的 TGAh 阳性率与健康组对比有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

**结论** 联合诊断 T3、T4、FT3、FT4 及 TSH 治疗可有效诊断甲状腺功能异常疾病，可为甲状腺功能异常常规筛查项目。

PU-7405

## 血清、脑脊液中 S100B、NSE 浓度水平与缺血性脑卒中的实验研究

牛莉莉<sup>1</sup>，闫文萍<sup>1</sup>，马红萍<sup>2</sup>，李建明<sup>1</sup>

1.新疆昌吉州人民医院检验科

2.新疆维吾尔自治区儿童医院

**目的** 通过 MCAO 线栓法建立动物模型，观测脑脊液及血清中二指标不同时间段的变化趋势，分析不同损伤程度的参考范围，进而评价其与梗塞体积、神经功能学评价的相关性。

**方法** 将 SPF 级 48 只大鼠随机编号分为 8 组，每组 6 只，手术后 8 小时做行为学评价，按照不同时间段术后 8h、12h、1d、3d、5d、7d 及 21d 腹腔取血及抽取脑脊液并检测 S-100B 蛋白及 NSE 的含量，同时进行 TTC 大脑染色及行为学功能评价并分析其相关性。

**结果** SD 大鼠血清及脑脊液中 S-100B 及 NSE 在不同时间段呈趋势性变化，脑脊液中 S-100B 及 NSE 增高均早于外周血，特别是 NSE 在脑损伤后 12 小时脑脊液中即可达到峰值，而血液中 S-100B 及 NSE 发病后 12 小时即可增高，3 天达到峰值，之后下降至 7 天后与健康对照组差异无显著。无论是血液还是脑脊液中 S-100B 及 NSE 结果与梗塞面积及神经功能评分均显示显著的正相关。

**结论** 从动物实验得出，脑脊液及血清中 S-100B 及 NSE 均能反应脑损伤程度，作为缺血性脑卒中的生物学指标，进一步提示，二者可用于药效评估及预后判断。

## PU-7406

**HIV 抗体检测试剂盒分析性能验证方法探讨**

黄坤, 倪艇

新疆阿克苏地区第一人民医院检验中心

**目的** 对 HIV 抗体检测试剂盒(酶联免疫法)的临界值进行验证,确定该试剂盒最低检出限,探讨定性试验性能评价方法。

**方法** 按照 ISO15189《医学实验室-质量和能力的专用要求》,找出 HIV 抗体定性试验(酶联免疫法)的临界值并进行验证分析,确定该试剂盒最低检出限。

**结果** 通过稀释测试找到本检测试剂盒临界值( $C_{50}$ )为:0.1NCU/ml。临界值 40 次重复检测,阳性结果数:22,阴性结果数:18,阳性结果比例 55%。

**结论** 本检测试剂盒临界值( $C_{50}$ )为:0.1NCU/ml 验证成功。+20%浓度 0.12NCU/ml 即为该试验方法检出限。

## PU-7407

**乙肝核心抗体酶免法不同稀释倍数检测阳性率与化学发光法检测结果符合率分析**

倪艇, 黄坤

新疆阿克苏地区第一人民医院检验中心

**目的** 探讨乙肝核心抗体酶免法检测不同稀释倍数阳性率与化学发光法定性检测结果符合率,寻找合适稀释倍数,达到可比性目的。

**方法** 来自雅培 i2000Sr 全自动化学发光仪检测乙肝核心抗体阴阳性标本各 5 份,ELISA 法检测不同稀释倍数 1:30、1:20、1:10 及原倍血清乙肝核心抗体,进行符合率分析。

**结果** 以化学发光法检测结果为参考方法,ELISA 法检测各稀释倍数结果进行符合率分析,1:30 稀释结果为 50%、1:20 稀释结果为 50%、1:10 稀释结果为 90%、原倍血清结果为 70%,使用 1:10 稀释倍数乙肝核心抗体检测结果与化学发光结果符合率较高。

**结论** 市面上 ELISA 法检测乙肝核心抗体通行 1:30 血清稀释模式与化学发光法相比,可能存在漏检,二者符合率可能不满足要求。

## PU-7408

**甲状腺自身抗体检测在自身免疫性甲状腺疾病诊断中的意义**

姚爱荣, 张玲

新疆阿克苏地区第一人民医院

**目的** 探讨甲状腺素受体抗体(TRAb)、甲状腺球蛋白抗体(TGAb)、抗甲状腺过氧化物酶抗体(TPOAb)水平变化在桥本甲状腺炎(HT)、Graves 病(GD)和原发性甲状腺功能减退症等自身免疫性甲状腺病(AITD)的诊治中的作用。

**方法** 回顾性分析 411 例不同分组甲状腺疾病患者自身抗体结果,甲状腺功能亢进(甲亢)患者中,Ⅰ组 GD 139 例,Ⅱ组 HT 99 例,Ⅲ组非自身免疫性甲亢 58 例,Ⅳ组为健康体检者 115 名。用电化学发光免疫分析法检测 4 组血清中 TGAb、TPOAb、TRAb 水平。

**结果** I组患者血清TGAb、TPOAb和TRAb亦均显著高于Ⅲ组和Ⅳ(P < 0.01)。Ⅱ组患者血清TGAb、TPOAb和TRAb均显著高于I组、Ⅲ组和Ⅳ组(P < 0.01); I组患者TGAb阳性率33.5%, TPOAb阳性率71.56%, TRAb阳性率88.5%; Ⅱ组患者TGAb阳性率89.2%, TpoAb阳性率100.00%, TRAb阳性率8.33%。

**结论** GD和HT等自身免疫性甲状腺疾病有相同及不同之处,联合检测TGAb、TPOAb、TRAb对诊断及鉴别诊断GD和HT等自身免疫性甲状腺疾病帮助较大,而非AITD患者检测不出TRAb,或仅能检测低浓度的TRAb,因此,测定TRAb对各种类型的甲亢具有很高的鉴别价值。

## PU-7409

### 结核感染T细胞检测试验在不同类型结核病诊断中的临床意义

易婷曲,郭建林,屈涛  
新疆喀什地区第二人民医院

**目的** 探讨结核感染T细胞检测试验(TB-IGRA)在诊断不同类型结核病中的临床应用价值。

**方法** 回顾性分析了2017年1月至2018年6月新疆喀什地区第二人民医院475例住院患者,其中活动性结核128例(包括肺结核患者59例,肺外结核患者69例),陈旧性结核81例,非结核病患者266例。采用结核感染T细胞检测试验(TB-IGRA)进行检测,最终以临床确诊为标准,观察不同类型患者 $\gamma$ 干扰素表达水平,分析TB-IGRA法诊断不同类型结核病的敏感性、特异性、阳性预测值和阴性预测值。

**结果** TB-IGRA诊断结核的灵敏度为92.2%,特异度为86.8%,阳性预测值为77.1%,阴性预测值为95.9%;在肺结核和肺外结核组TB-IGRA检测阳性率分别为94.9%和89.8%,差异无统计学意义;在活动性结核组和陈旧性结核组中,TB-IGRA检测阳性率分别为92.2%和37.0%,差异有统计学意义。

**结论** TB-IGRA检测在不同类型的结核病例诊断中,有较好的灵敏度和特异性,为结核病的临床辅助诊断和鉴别诊断提供了较好的参考依据。

## PU-7410

### 血清免疫球蛋白在乙型肝炎患者的临床检验价值研究

努热丽亚·阿布力克木  
新疆克州人民医院临检中心

**目的** 探究血清免疫球蛋白在乙型肝炎患者的临床检验价值。

**方法** 将2016年11月-2018年11月的92例乙型肝炎患者纳入研究范围,按照患者病症将46例慢性乙肝重型患者命名为甲组,将46例慢性乙型肝炎患者命名为乙组,将同期体检的46例健康人员命名为对照组,对三组人员分别进行血清免疫球蛋白检查,判别检验价值。

**结果** 经研究,甲组与乙组的免疫球蛋白水平主要包括IgG、IgA、IgM各项指标显著高于对照组,且甲组的免疫球蛋白水平显著高于乙组,甲组的凝血酶原时间显著低于对照组,血清胆红素水平显著高于对照组,差异显著,  $P < 0.05$ 。

**结论** 采用血清免疫球蛋白检验方式对乙型肝炎患者进行检测,能够有效的判别患者的肝功能情况,对患者的治疗具有辅助作用,检验价值较高。

PU-7411

## 奎屯地区 68 例隐性梅毒患者外周血 T 淋巴细胞检测结果分析

吴桂玲<sup>1</sup>, 潘卉<sup>2</sup>

1.新疆伊犁哈萨克自治州奎屯医院检验科

2.新疆伊犁哈萨克自治州奎屯医院输血科

**目的** 对奎屯地区 68 例隐性梅毒患者外周血 T 淋巴细胞检测结果进行分析, 探讨进入血液后梅毒螺旋体是否影响隐性梅毒患者细胞免疫功能状态。

**方法** 对 2017 年 1 月-2018 年 12 月在新疆伊犁州奎屯医院门诊及住院收治 68 例未经驱梅治疗隐性梅毒患者进行外周血 T 淋巴细胞检测, 并与 30 例健康人群进行对照。数据采用 SPSS17.0 进行统计分析。

**结果** 两组之间 CD3<sup>+</sup>、CD4<sup>+</sup> 差异无统计学意义 ( $t$  分别为 1.16、0.46,  $P>0.05$ ); 而 LS 感染组 CD8<sup>+</sup> 明显高于正常对照组 ( $t=5.74$ ,  $P<0.05$ )、CD4<sup>+</sup>/CD8<sup>+</sup> 明显低于正常对照组 ( $t=3.07$ ,  $P<0.05$ ), 差异有显著性。

**结论** 外周血 T 淋巴细胞检测对了解梅毒螺旋体对机体破坏程度及免疫功能状态意义重大。本研究结果提示隐性梅毒患者存在细胞免疫功能抑制现象。对 LS 患者治疗同时使用一些细胞免疫调节剂, 可以增强机体细胞免疫能力, 加速 LS 梅毒患者的及早彻底治愈。

PU-7412

## 新疆奎屯地区 3252 例儿童肺炎支原体 IgM 抗体检测结果分析

张俊霞, 董瀚

伊犁哈萨克自治州奎屯医院

**目的** 探讨呼吸道感染患儿肺炎支原体 (*Mycoplasma pneumoniae*, MP) 阳性率与性别、年龄及季节的关系, 为临床提供预防和治疗依据。

**方法** 选取 2017 年 1 月~12 月以发热、呼吸道症状前往新疆伊犁州奎屯医院就诊的 3252 例 0~14 岁患儿进行 MP-IgM 抗体检测, 并对不同性别、不同年龄段及不同季节抗体的检出率进行统计分析。

**结果** 3252 例呼吸道感染患儿中, 498 例 MP-IgM 抗体为阳性, 阳性率为 15.31%; 女性患儿 MP-IgM 阳性率 (18.11%) 高于男性患儿 (13.17%), 差异有统计学意义 ( $P<0.01$ ); 6~14 岁年龄组患儿 MP-IgM 阳性率为 17.67%, 明显高于 0~<1 岁、1~<3 岁年龄组的 3.33%、11.88%, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); 春冬季的阳性率 (17.08%、17.25%) 高于夏秋季节 (12.54%、13.87%), 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 肺炎支原体感染存在性别、年龄及季节流行差异, 主要流行季节为秋冬季, 6~14 岁儿童为高危人群, 应着重做好 MP 感染的预防工作。



## PU-7413

## IL-10 在输血相关性移植物抗宿主病小鼠模型中的免疫调节作用

梁静, 范娜, 刘雯, 古丽美热·艾买如拉  
新疆医科大学第六附属医院

**目的** IL-10 在输血相关性移植物抗宿主病小鼠模型中的免疫调节作用。

**方法** 取 BALB / c 实验小鼠免疫活性淋巴细胞, 分别输注于 BALB / c 小鼠 (设为 A 组) 及 BALB / c 裸鼠 (设为 B 组), 建立 TA-GVHD 模型, 观察小鼠症状, HE 染色判断小鼠肝、肺、小肠、皮肤病理变化情况; 采用双夹心酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测两组小鼠血清 IL-10 浓度; 用逆转录聚合酶链反应法 RT-PCR 检测移植后外周血单个核细胞中 IL-10 的表达。

**结果** A 组中 2 只死亡 (12.5%), B 组中 3 只死亡 (18.75%), 共 5 只死亡, 29 只存活, 两组死亡率比较无明显差异 ( $P>0.05$ ); B 组小鼠累及肝、肺、小肠和皮肤病理损伤程度较 A 组严重; 存活小鼠 IL-10 浓度较死亡小鼠明显升高 ( $P_2<0.05$ ); 存活小鼠 IL-10 mRNA 表达阳性率 96.55% 明显高于死亡小鼠 IL-10mRNA 表达阳性率 20.00%。

**结论** IL-10 在输血相关的移植物抗宿主病小鼠模型中发挥负向免疫调节——免疫抑制作用。

## PU-7414

## 输注免疫活性淋巴细胞建立小鼠输血相关的移植物抗宿主模型及其特点分析

梁静<sup>1</sup>, 刘雯<sup>1</sup>, 范娜<sup>1</sup>, 王瑶<sup>1</sup>, 兰炯采<sup>2</sup>  
1. 新疆医科大学第六附属医院  
2. 南方医科大学

**目的** 分析输注免疫活性淋巴细胞建立小鼠输血相关的移植物抗宿主 (TA-GVHD) 模型及其特点。

**方法** 取 BALB / c 实验小鼠免疫活性淋巴细胞, 分别输注于 BALB / c 小鼠 (设为甲组) 及 BALB / c 裸鼠 (设为乙组), 建立 TA-GVHD 模型, 使用羧基荧光素乙酰乙酸 (CFSE) 标记注入免疫活性淋巴细胞, 分析免疫活性淋巴细胞在小鼠体内增殖及小鼠皮肤、小肠肝脏病理变化情况。**结果** 两组小鼠病理变化多集中于肝脏部位, 皮肤及肠道表现并不明显; 供者 BALB / c 小鼠免疫活性淋巴细胞主要在受者小鼠脾脏、外周增殖; 甲组小鼠灌注后第 7d, IL-10 浓度上升, 乙组 ALT、AST 水平明显升高。

**结论** 建立 TA-GVHD 模型拥有高效、简便、准确等诸多特点, 可为临床诊治提供一定的科学指导依据。

## PU-7415

## 2996 例孕中期唐氏筛查及产前诊断结果分析

许秀华, 朱玲, 赵强  
新疆奇台县妇幼保健院检验科

**目的** 探讨孕中期唐氏筛查对检出胎儿染色体异常和妊娠不良结局的临床价值。

**方法** 采用时间荧光免疫分辨法, 对 2016 年 5 月至 2018 年 12 月于我院进行产前诊断的 2996 例妊娠中期 (15~20 周) 孕妇进行唐氏筛查, 并对检查结果为高风险的孕妇进行羊水穿刺检查。

**结果** 检查结果高风险孕妇共 108 例, 异常率 3.60%; 进一步羊水穿刺检查结果中, 发现胎儿染色体异常 6 例。

**结论** 孕中期产前血清筛查是降低唐氏综合征的重要手段。而在筛查过程中, 应准确调查孕妇情况, 与临床表现相结合进行分析, 才能更好地实现筛查目的, 降低缺陷儿出生概率。

## PU-7416

### 补体分子 C1q 免疫比浊法试剂盒的性能评价

郭忠帅<sup>1</sup>, 林雨薇<sup>2</sup>

1. 新疆医科大学第一附属医院医学检验中心

2 新疆医科大学附属中医医院临床检验中心

**目的** 对使用免疫比浊法测定的补体分子 C1q 试剂盒进行实验室验证和评价, 以确定该试剂盒分析性能的可靠性, 评价其是否符合临床应用需要。

**方法** 根据美国临床实验室标准协会颁布的 EP 文件要求, 分别对补体 C1q 试剂盒的精密度、准确度、可报告范围、参考区间进行试验。

**结果** 批内精密度低值测量标准差为 0.2, 变异系数为 1.96%, 高值测量标准差为 0.46, 变异系数为 2.21%, 偏差<5%, 批间精密度低值测量标准差为 0.22, 变异系数为 2.28%, 高值测量标准差为 0.56, 变异系数为 2.43%, 偏差<10%。准确度测量: 高水平定标液偏差为-3.73%, 偏差<15%。可报告范围: C1q 在 8 倍以内的稀释倍数均值回收率 R 在 95%-105%之间, 该项目的临床可报告范围为 0-3200mg/L。参考区间: 20 例健康人群的检测结果均在厂家给定的参考范围 159-233mg/L 内。

**结论** 该试验使用的补体 C1q 检测试剂盒在准确度、精密度、可报告范围、参考区间等方面分析性能可靠, 能满足临床应用需要。

## PU-7417

### 游离轻链联合 $\beta_2$ -微球蛋白诊断多发性骨髓瘤伴骨病中的临床意义

郝立君, 杨舒婷, 李智伟

新疆维吾尔自治区人民医院临检中心

**目的** 评价血清游离轻链 (sFLC) 联合  $\beta_2$ -微球蛋白 ( $\beta_2$ -MG) 的检测结果与多发性骨髓瘤伴骨病 (MBD) 的相关性及临床意义。

**方法** 收集 2015 年 6 月至 2019 年 2 月血液病科收治 63 例 MBD 患者的血液样本, 以及同时间段在我院门诊就诊, 但未诊断为血液系统或者肾脏系统疾病的对照组共 100 人的外周血液样本。使用免疫比浊法检测 sFLC 浓度水平, 并通过放免测定法 (RIA) 检测  $\beta_2$ -MG 水平, 分析二者与多发性骨髓瘤伴骨病的相关性。

**结果** 1. 各型 MBD 患者中血清中  $\beta_2$ -MG 水平与多发性骨髓瘤伴骨病的严重程度呈正相关。2. 各型 MBD 患者 sFLC- $\kappa$  或  $\lambda$  浓度水平平均超出参考的生物参考区间。3. 其中 IgG- $\kappa$  和 IgA- $\kappa$  型 MBD 患者 sFLC- $\kappa$  浓度水平高出明显。4. IgD- $\lambda$  及轻链- $\lambda$  型 MBD 患者 sFLC- $\lambda$  浓度水平亦高出明显。骨髓瘤 C 期骨病患者的 sFLC- $\kappa$  浓度水平较 A 期高, 但骨病的严重程度与 sFLC- $\lambda$  浓度水平无相关性。

**结论** 通过测定 sFLC 和  $\beta_2$ -MG 浓度水平能更好的诊断 MBD 患者,  $\beta_2$ -MG 联合 sFLC 诊断多发性骨髓瘤伴骨病具有较好的敏感性和特异性, 其中 sFLC 的浓度在一定程度上能反映 MBD 患者的疗效及预后。

## PU-7418

## 血清肝纤维化四项在慢性乙型肝炎疾病中的应用研究

贾海英, 郭淑丽, 王玲玲, 黄睿, 黄国虹, 王昌敏  
新疆维吾尔自治区人民医院临床检验中心

**目的** 探讨血清肝纤维化四项指标透明质酸(HA)、PC-Ⅲ型前胶原(PC-Ⅲ)、IV型胶原(IV-C)及层粘连蛋白(LN)在慢性乙型肝炎疾病诊断中的临床价值。

**方法** 采用化学发光法检测 95 例慢性乙型肝炎肝病患者和 49 例健康体检者血清 HA、PC-Ⅲ、IV-C 及 LN 四项指标。

**结果** 慢性乙肝组、乙肝肝硬化组、乙肝肝癌组患者血清 HA、PC-Ⅲ、IV-C 及 LN 四项指标均明显高于健康对照组( $P<0.01$ )。HA、IV 三组乙肝肝病患者比较差异均有统计学意义( $P<0.01$ )。单指标 HA 的阳性率最高(20.00%、17.07%、14.29%), 联合检测时 HA+PC-Ⅲ+IV-C 模式阳性检出率最高(36.59%)。

**结论** HA 是反映乙肝患者肝纤维化最具价值的血清学指标, 其次是IV、PC-Ⅲ、LN, HA+PC-Ⅲ+IV-C 模式联合检测可为临床综合判断乙肝后肝硬化的病程进展及疗效从而采取有效的干预措施提供可靠有效的依据。

## PU-7419

## 布鲁氏菌病中 IL-33 介导 Treg 细胞功能的免疫机制研究

李智伟<sup>1</sup>, 王昌敏<sup>1</sup>, 沙桐<sup>3</sup>, 郝立君<sup>1</sup>, 卢佩佩<sup>1</sup>, 王慧琴<sup>2</sup>, 刘小双<sup>1</sup>, 岳晓媚<sup>1</sup>, 丁剑冰<sup>3</sup>

1.新疆维吾尔自治区人民医院临床检验中心

2.新疆维吾尔自治区人民医院临床医学研究中心

3. 新疆医科大学基础医学院

**目的** 明确白细胞介素-33(IL-33)和调节性T细胞(Treg)在布鲁氏菌病中的变化特点, 以及体外试验验证 IL-33 对 Treg 的调节作用, 阐明布鲁氏菌病中 IL-33 对 Treg 调节的免疫机制。

**方法** 收集和检测 39 例布病患者和 42 例健康对照人群的外周血, 使用 ELISA 检测血清中 IL-33 含量, 使用流式细胞术检测 Treg 比例, 提取 PBMCs 进行体外培养试验观察 IL-33 刺激后和阻断后 FoxP3 的表达量和 mRNA 变化。

**结果** 布病患者 IL-33 与 Treg 细胞均显著增高。体外试验显示两组 PBMCs 在 IL-33 刺激后 FoxP3 的表达量和 mRNA 水平显著增高, IL-33 阻断后 FoxP3 的表达量和 mRNA 水平显著回落, 差异均具有统计学意义( $P<0.0001$ )。

**结论** 布病患者 IL-33 和 Treg 显著增多, IL-33 促进 Treg 的免疫功能, 阻断 IL-33 有望成为免疫治疗布病的潜在靶点。

PU-7420

## 多发性骨髓瘤骨病发病机制的研究进展

翟妮<sup>1</sup>, 王昌敏<sup>2</sup> (审校)<sup>1</sup> 新疆医科大学研究生学院<sup>2</sup> 新疆维吾尔自治区人民医院

多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 是血液科常见的恶性血液疾病, 以恶性浆细胞在患者骨髓中的克隆性增殖和积累以及相关终末器官的损害为特征。MM 患者常发生骨骼疾病, 导致严重的骨痛, 溶骨性病变和病理性骨折, 即多发性骨髓瘤骨病 (Multiple myeloma bone disease, MBD), 是 MM 最严重的一种并发症。这些骨骼并发症不仅严重影响了患者的生活质量, 而且对整体生存情况也有影响。通过研究发现, 破骨细胞 (osteoclast, OC) 活性增强和成骨细胞 (osteoblast, OB) 功能受到抑制是 MBD 发病的主要原因。本文就目前已知的 MBD 发病机制作一综述。

PU-7421

## Aggressive natural killer cell lymphoma presented with multiple organs involvement in a Uygur man: a case report and review of the literature

Xiaomei Yue<sup>1</sup>, Zhiwei Li<sup>1</sup>, Xiaoshuang Liu<sup>1</sup>, Haiying Jia<sup>1</sup>, Guohong Huang<sup>1</sup>, Jie Chen<sup>2</sup>, Yibing Hu<sup>3</sup>, Changmin Wang<sup>1</sup>

1. Department of Clinic Examination Center, people's Hospital of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi, Xinjiang, P.R.China.
2. Urumqi, Xinjiang, P.R.China.
3. Department of Radiology and Medical Imaging, people's Hospital of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi, Xinjiang, P.R.China.
4. Region, Urumqi, Xinjiang, P.R.China.
3. Department of Pathology, people's Hospital of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi, Xinjiang, P.R.China.

Aggressive NK cell lymphoma (ANKL) is a rare hematological neoplasm with a rapid clinical course and poor prognosis. We report a case of middle-aged Epstein-Barr virus-positive Uygur man who presented with hepatosplenomegaly, clotting dysfunction, anemia, hemorrhage, fever, pulmonary infection, biliary tract infection, hydronephrosis, multiple serous effusions, scleral icterus, yellow urine, abdominal distention, fatigue and anorexia. The diagnosis of NK cell lymphoma was confirmed by flow cytometry and pathology. To the best of our knowledge, this is the first reported case of ANKL with multiple organ dysfunctions in Xinjiang province. We report this case to improve clinician understanding of ANKL so as to provide future patients with early and appropriate treatment.

PU-7422

## Application of immunophenotype resources in clinical teaching courses of hematologic malignancies

Nannan Pang, Xinyou Wang, Tingting Luo, Yang Liu, Jianpin Hao, Xinhong Guo, Min Jiang  
First Affiliated Hospital of Xinjiang Medical University

**Objective** To explore the application of immunophenotype resources in clinical teaching of hematologic malignancies.

**Methods** There were 102 students who studied the content of hematologic malignancies were divided into experimental group and control group. The experimental group introduced immunophenotype resources to assist teaching. The control group used traditional teaching mode, then we observed the teaching effects of the two groups.

**Results** The scores of the examinations in the experimental group were significantly higher than those in the control group ( $P < 0.05$ ). The learning drives, deep learning, learning control and strong learning scores of experimental group were significantly higher than the control group ( $P < 0.05$ ).

**Conclusion** The introduction of immunophenotype resources in the teaching of hematological malignancies can improve the quality of teaching and the initiative of student.

## PU-7423

### 循证检验医学在临床检验工作中的应用价值

姚爱荣

新疆阿克苏地区第一人民医院

临床检验是以检验医学项目作为检测的基础,针对临床疾病的病情发展、疾病诊断及疗效观察、预后判断为主而展开的研究工作。检验医学的任务是为临床医师提供真实可靠的诊断依据,循证检验医学就是制定和实施一系列科学性强的措施来保障证据的真实性,循证检验医学的兴起和发展,丰富了现代医学的内涵,为临床医学诊断提供决策证据,也为临床科研工作的深入研究提供了有效的检验标尺。因此,必须建立严格的质量控制体系,在质量控制体系的监控下,获得真实可靠并有临床应用价值的最佳证据,用于指导临床决策,服务于临床,这也是循证检验医学的一个重要环节。

## PU-7424

### 临床检验结果自动审核的应用探讨

张玲, 姚爱荣

阿克苏地区第一人民医院

自动审核能帮助提高实验室工作效率,作为人工审核的有力补充,帮助审核人员快速过滤掉大部分不需要人工审核的检验报告,使审核人员能专注于疑难或具有潜在风险的报告的判断和确认,便于为临床提供快速、准确的检测报告。自动审核不仅帮助检验科高效处理海量检测数据,大大提高报告审核速度、有效缩短报告回报时间,提高报告的准确性,同时避免了人工审核可能出现的误差,推动实验室的精益管理,改善实验室的运行效率,是实验室管理未来发展的必然趋势之一。

## PU-7425

### POCT 血糖仪医院站点管理前后的质量控制研究

阿孜古丽·阿布都拉<sup>1</sup>, 汪露<sup>2</sup>, 李辉<sup>2</sup>

1. 新疆医科大学第二临床医学院

2. 新疆医科大学第二附属医院

**目的** 探讨 POCT 血糖仪医院站点管理前后的质量控制。

**方法** 对本院 15 台血糖仪进行质量控制对比实验,探索 PDCA 循环管理模式的有效性。

**结果** 根据检测结果得知管理前 POCT 血糖仪变异率 CV, 精密度, 标准差均比管理后高; 得出  $P < 0.05$ , 即管理前后差异有统计学意义。

**结论** 实行 PDCA 循环管理模式以提高检测效率是有必要的。

PU-7426

## PDCA 循环管理模式对 POCT 血糖仪 的质量控制改善研究

张梦显, 汪露, 李辉  
新疆医科大学第二附属医院

**目的** 探讨使用 PDCA 循环管理模式后, POCT 血糖仪质量控制有无改善。

**方法** 选取 2016 年 1 月到 2018 年 12 月的我院 100 名门诊患者进行统计分析, 患者均采用 POCT 血糖仪进行全血测量, 对照组嘱患者在未采用 PDCA 循环管理模式的相关科室检测, 研究组嘱患者来到采用 PDCA 循环管理模式的检验科用 POCT 血糖仪进行检测。临床相关科室及检验科均采用台湾原装博士 TD-4279 血糖仪(干化学法)。最后将所有标本都用全自动生化分析仪 Roche Cobas501 进行标准化测量。

**结果** 未采用 PDCA 循环管理模式的 POCT 血糖仪的灵敏度为 44.44%, 漏诊率为 55.56%, 特异度为 96.34%, 误诊率为 3.66%, Youden 指数为 40.78 符合度为 87%。采用 PDCA 循环管理模式的 POCT 血糖仪的灵敏度为 90.91%, 漏诊率为 9.09%, 特异度为 98.88%, 误诊率为 1.12%, Youden 指数为 89.79, 符合度为 98%。经计算  $P < 0.05$  两者有统计学差异。

**结论** 研究组与对照组相比, 灵敏度、特异度、Youden 指数、符合度均明显增加; 而漏诊率和误诊率均明显减少。

PU-7427

## The Construction and Exploration of a Closed-loop Management of the Whole Process System for Laboratory Residents with Standardized Training

Du Gang, Yang Guiying, Li Yaning  
Karamay Central Hospital

As an important part of post-graduate medical education, standardized training of laboratory physicians plays an important role in the development of various medical professions. Compared with the post-graduate medical education abroad, the training of laboratory physicians in China started late and has its own characteristics. At present, there is no existing system to copy. Through exploration and practice, this paper aims to create a system adapting to the training of laboratory medical personnel at the present stage in China, innovatively, construct a closed-loop management system for standardized training of laboratory resident through the checklist node of the whole process control, and make a beneficial attempt to train qualified compound medical personnel who understand both laboratory and clinic.

PU-7428

## 临床微生物检验医师规范化培训模式研究与探讨

张海霞, 杜刚  
新疆克拉玛依市中心医院

**目的** 临床微生物学检验是一门专业性、技术性、操作性强的学科, 由于专业的特殊性, 微生物检验与临床的联系更为紧密, 因此我们对临床微生物检验住院医师规范化培训模式进行了探索与实践。

**方法** 通过实验示教, 应用微课, 定期临床巡检, 定期开展疑难病例讨论, 以上几个措施形成系统的培训模式, 最终使临床微生物检验住培生通过考核, 具备扎实的专业知识及操作技能, 掌握常见疾病的诊疗相关知识, 能够与临床进行良好的沟通, 为临床提供合理的微生物检验数据并进行必要的解释。

**结论** 通过临床微生物规范化培训模式探索实践, 使住培生都能成为合格的临床微生物检验医师。

PU-7429

## 迈瑞 CL-2000i 全自动化学发光分析仪传染病项目性能验证及临床评价

万庆, 高峰, 吉品健  
新疆克孜勒苏柯尔克孜自治州人民医院

**目的** 对迈瑞CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统的分析性能进行评价, 确认检测系统的分析性能, 并评价其临床价值。

**方法** 依据CLSI相关系列文件及资料设计性能验证方案, 对迈瑞CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统传染病项目进行精密度、正确度、灵敏度、携带污染、仪器间比对和方法学比对等进行验证。并将实验数据与厂家声明和公认质量指标进行对照。

**结果** 迈瑞CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统传染病项目的精密度、正确度、灵敏度、携带污染、仪器间比对和方法学比对均符合厂家声明。

**结论** 迈瑞CL-2000i 全自动化学发光免疫分析系统在检测传染病项目时, 有良好的精密度和正确度, 在仪器间比对和方法学比对时有很好的相关性, 且灵敏度和携带污染均在要求范围内。能够为很好的满足检验日常要求, 并为临床提供准确可靠的检测结果。

PU-7430

## 医学检验毕业生参加住院医师规培的经验探讨与反思

仇实  
新疆医科大学第六附属医院

住院医师规范化培训在培养高层次医学人才中起到了极为重要的作用, 是医学生毕业后教育中承前启后的一个重要阶段, 同时也是医药卫生体制改革中不可或缺的一个关键环节。而检验工作者则是实验室诊断与临床医师之间的桥梁, 培养兼具临床技能和检验技能的优秀检验人才是今后的检验医学的发展趋势也是必然结果。检验医学生在毕业后参与住院医师规范化培训就是培养高素质检验医师的必经之路。本文对国内住院医师规范化培训的现状、医学检验毕业生参与住院医师规范化

培训的现状进行了阐述,并对我院检验规培中所取得的经验成果进行了总结与探讨,就相应问题提出改进的建议,同时对检验医学生的规培前景进行了展望。

## PU-7431

### 利用脂类 7 项测定探讨室间质量评价对两种不同检测系统可比性的影响

王秋慧, 云发超, 薛克俭, 王志中  
解放军第四七四医院

**目的** 回顾性分析 2016—2017 年新疆省临检中心脂类分析室间质评活动,探讨其对我科室的两个不同生化检测系统结果可比性的影响。

**方法** 以本科室的 BS-2000M 全自动生化分析仪和 AU 5400 全自动生化分析仪为试验系统,对 2016—2017 年新疆省临检中心发放的质控样品进行脂类项目的检测,把新疆省临检中心脂类分析项目结果作为比对结果,用回归分析的方法评价两试验系统结果与比对结果及两系统间的相关性,以省临检中心 PT 为标准,评价检测系统的准确度。

**结果** 通过与比对结果分析,两个检测系统除 Lp (a) 外,其余各值的  $r^2 \geq 0.95$ ,具有良好的相关性。两检测系统间结果同样地除 Lp (a) 外,其余各值的  $r^2 \geq 0.95$ ,说明我室的 2 个两仪器的测定结果具有可比性。

**结论** 通过参加室间质评活动,能够验证本实验室检测结果的准确性,当实验室应用不同仪器检测相同项目时,应定期开展比对试验,以确保检测结果的可比性,对检测过程中存在的问题,积极整改,提高实验室质量管理水平。

## PU-7432

### 罗氏 Cobas E602 检测游离甲功三项的精密度与正确度验证

时瑛, 荣海燕  
新疆医科大学第一附属医院

**目的** 对罗氏Cobas E602 全自动电化学发光分析仪检测游离甲功三项(FT3、FT4 和TSH)的精密度和正确度进行验证。

**方法** 参考美国临床实验室标准化协会(CLSI)的指南文件和相关文献,对Cobas E602 全自动电化学发光分析仪检测FT3、FT4 和TSH 的精密度、正确度进行评价。

**结果** FT3、FT4 和TSH 3 个项目批内变异系数均低于厂家声明的批内变异系数及1/4CLIA'88TEa,总变异系数均低于厂家声明的总变异系数及 1/3 CLIA'88TEa; 各项目正确度偏倚均小于 1/2 CLIA'88TEa,且合格率均100%。

**结论** 罗氏Cobas E602 全自动电化学发光分析仪检测游离甲功三项的精密度和正确度均达到要求,可以满足临床需求。



## PU-7433

## 品管圈管理工具在降低标本采集量错误率中的应用研究

冯阳春, 程虹, 乔文斌, 黄艳春  
新疆医科大学附属肿瘤医院

**目的** 探讨应用品管圈管理方式在降低标本采集量错误率中的应用价值。

**方法** 2016年4月至9月新疆医科大学附属肿瘤医院开展了针对如何降低标本采集量错误率的品管圈活动,按照品管圈管理模式,成立由12名检验科年轻职工参与的品管圈,按照品管圈步骤,通过选定主题,拟定对策,对策实施,结果评价等步骤逐步开展。

**结果** 开展品管圈活动后,科室标本采集量错误率从活动前的0.6‰降低到活动后的0.15‰,达到了0.2‰的目标设定值,并完成了科室降低标本采集错误率管理办法的制定。同时各圈员的能力都有明显提高。品管手法提高105%,团队精神提高56.7%,专业知识提高18.2%,沟通协调提高34.4%,活动信心提高64.0%,责任荣誉提高31.4%。

**结论** 采用品管圈管理方式可以有效降低标本采集量错误率,提高全员对品管圈管理方式的认知水平,品管圈管理模式值得在检验科推广。

## PU-7434

## 几例罕见诺卡菌的鉴定及其药物敏感性分析

冯雪  
新疆医科大学附属中医医院

**目的** 探讨几例罕见诺卡菌的鉴定方法及药物敏感性,以提高对诺卡菌的认识。

**方法** 采用菌落形态、显微镜检查和质谱分析仪的方法鉴定菌株,使用纸片扩散法检测药物敏感性。

**结果** 对本院近两年分离到的三例罕见诺卡菌进行鉴定和药敏试验,分别为皮疽诺卡菌、乔治教堂诺卡菌和豚鼠耳炎诺卡菌,其中皮疽诺卡菌对亚胺培南、莫西沙星、复方磺胺甲基异噁唑、环丙沙星、头孢曲松、阿莫西林/克拉维酸、米诺环素、利奈唑胺、阿米卡星9种抗生素均敏感;乔治教堂诺卡菌对环丙沙星和阿莫西林/克拉维酸耐药,对其余7种药物敏感;豚鼠耳炎诺卡菌对亚胺培南、头孢曲松和阿莫西林/克拉维酸耐药,对其余6种药物敏感。

**结论** 诺卡菌感染缺乏特异的诊断指标,质谱仪有助于鉴定菌种。诺卡菌属的抗菌药物敏感性因种类不同而异,纸片扩散法结果对临床治疗有一定指导价值。

## PU-7435

## 耐亚胺培南铜绿假单胞菌的耐药性分析

玛依拉·阿布都热依木, 屈涛, 党楠  
新疆喀什地区第二人民医院

**目的** 分析耐亚胺培南铜绿假单胞菌的耐药性。

**方法** 选择我院2016年1月至2017年12月临床标本中分离出的耐亚胺培南铜绿假单胞菌,对比2016年与2017年铜绿假单胞菌对耐亚胺培南及其他抗生素的耐药性。

**结果** 2016 年与 2017 年耐亚胺培南铜绿假单胞菌耐药率分别为耐药率为 12.8% (33/257) 与 36.0% (88/245),  $P<0.05$ , 对头孢类药物的耐药率稳定  $P>0.05$ , 对其他常用抗菌药物的耐药率不断降低,  $P<0.05$ 。

**结论** 近期以来, 耐亚胺培南铜绿假单胞菌的耐药性不断增加, 对头孢类药物的稳定, 但对于其余常规药物耐药率降低, 尤其对阿米卡星的耐药性最低。

## PU-7436

### 浅析抗生素干预策略与铜绿假单胞菌耐药的相关性

屈涛, 玛依拉·阿布都热依木, 党楠  
新疆喀什地区第二人民医院

**目的** 在相当长的一段时间内对我院实行的抗生素干预措施进行有关监测, 并对这项政策进行实时分析, 定期连续地观察铜绿假单胞菌的耐药性变化幅度, 得出抗生素干预策略和铜绿假单胞菌的耐药性有多大的关联性。

**方法** 我们将会在近些年经过抗生素干预策略的几代头孢菌素当中选取一部分作为本次研究的研究对象, 我们还要监督测量在实施干预策略之前一年以及施行干预措施之后三年内非发酵细菌的耐药性的变化情况, 并据此将其分为两个组别, 一组为干预组, 一组为对照组。

**结果** 病原微生物对干预后的头孢菌素的耐药性会发生改变, 并且是逐步降低的变化, 根据统计结果显示, 干预前后的比较具有统计学意义, 物对比有效。而且病原微生物对干预后的头孢菌素耐药性从不明显的降低转变为明显降低的时候是干预后的第二年。

**结论** 对抗生素进行长时间的恰当的干预可以使得病原微生物的抗药性得到有效的降低, 抑制病原微生物的抗药性提高。

## PU-7437

### 克孜勒苏州耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌的分布与耐药性

万庆, 赖德彬  
新疆克孜勒苏柯尔克孜自治州人民医院

**目的** 探讨克孜勒苏州耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌 (MRSA) 的分布和耐药性。

**方法** 应用全自动微生物鉴定及药敏分析仪对临床分离菌进行鉴定和药敏实验, 用头孢西丁纸片扩散法来检测 *mec-A* 介导的苯唑西林耐药的筛选实验, 将结果录入北京智方实验室管理系统, 应用北京智方开发的细菌统计软件对数据进行汇总, 应用 SPSS 19.0 软件进行数据统计学分析。

**结果** 本州共分离 MRSA 138 株, 占有金黄色葡萄球菌的 13.12%; 门诊分离 22 株, 住院分离 116 株; 门诊分离的 MRSA 对喹奴普汀/达福普汀、利福平等的敏感性大于 90%, 门诊患者未发现对利奈唑胺、达托霉素、呋喃妥因、万古霉素等耐药的 MRSA; 住院分离的 MRSA 对喹奴普汀/达福普汀的敏感性大于 90%, 住院患者亦未发现对利奈唑胺、达托霉素、呋喃妥因、万古霉素等耐药的 MRSA; 男性患者 MRSA 的分离率为 13.95%, 女性患者 MRSA 的分离率为 12.17% ( $P>0.05$ , 无显著性差异); 柯族、维族、汉族、其他民族患者的 MRSA 的分离率为 17.92%、13.85%、12.34%、7.69% ( $P<0.05$ , 有显著性差异); 门诊、住院患者 MRSA 的分离率为 7.59%、15.22% ( $P<0.05$ , 有显著性差异); 前列腺液样本中 MRSA 的分离率最高, 为 66.67%, 尿液样本中 MRSA 的分离率最低, 为 7.69% ( $P<0.05$ , 有显著性差异); 肿瘤内科和泌尿外科门诊的患者中 MRSA 的分离率最高, 为 50%, 干部保健科、老年病科、急诊留观室及大部分门诊科室未分离到 MRSA ( $P<0.05$ , 有显著性差异)。

**结论** 不同族别、样本类型、科室的 MRSA 分离率不同, 故抗金黄色葡萄球菌的经验治疗需要根据

族别、标本来源及科室的不同而不同；不同性别患者 MRSA 的分离率无显著性差异；本地州尚未发现对利奈唑胺、达托霉素、呋喃妥因、万古霉素耐药的葡萄球菌。

## PU-7438

### 糖尿病足合并周围血管病变患者的病原菌 及药敏分析研究

梁静, 王瑶, 达尼亚尔·泰来提  
新疆医科大学第六附属医院

**目的** 研究糖尿病足合并周围血管病变患者感染的病原菌分布及耐药性, 为该病预防及抗菌药物应用提供依据。

**方法** 选取 2016 年 5 月至 2018 年 5 月入院的糖尿病足合并周围血管病变患者 316 例, 采集患者足部溃疡感染处标本, 进行细菌培养鉴定及药敏分析。

**结果** 316 例患者共分离出病原菌 339 例, 其中革兰阳性菌 (205 株, 60.47%) 比例较高, 以金黄色葡萄球菌、凝固酶阴性葡萄球菌、肠球菌为主, MRSA (42 株, 39.25%), 未发现耐利奈唑胺、万古霉素菌株; 革兰阴性菌 (132 株, 38.94%), 以肠杆菌科细菌及铜绿假单胞菌为主, 多重耐药菌株 (19 株, 28.79%), 肠杆菌科细菌对亚胺培南耐药 (8 株, 12.12%); 真菌 (2 株, 0.59%)。

**结论** 糖尿病足合并周围血管病变患者 MRSA 感染率及革兰阴性菌耐药率明显升高, 医师应根据病原菌特征及药敏性确定抗菌药物治疗方案。

## PU-7439

### 乌鲁木齐献血者梅毒感染感染情况及趋势分析

万建华, 周丽君, 李旭, 孟慧灵, 王瑞涛, 王珊, 马红, 张洪斌  
乌鲁木齐市血液中心

**目的** 分析乌鲁木齐地区无偿献血者梅毒螺旋体(TP)感染流行趋势, 为无偿献血招募提供依据, 减少血液及血制品浪费, 保证血液安全。

**方法** 乌鲁木齐市血液中心梅毒螺旋体酶联免疫吸附测定法 (Enzyme linked immunosorbent assay, ELISA) 检测反应性献血者, 分析2005-2017年无偿献血者梅毒感染情况; 分析2010-2017无偿献血者梅毒感染流行趋势变化, 比较并分析2010-2017年初次和重复献血、不同献血模式、不同血型、不同性别、汉族和少数民族感染状况。

**结果** 乌鲁木齐地区2005-2017无偿献血者梅毒感染阳性率较高, 且从2010年梅毒阳性率上升, 呈波动性上升趋势, 由0.364%升为0.681%。初次献血者阳性率0.823% (2021/245544) 显著高于重复献血者阳性率0.154% (244/158452); 全血献血者阳性率0.793% (2167/273370) 显著高于单采血小板献血者0.075% (98/130626); 汉族0.395% (1212/306756) 显著低于少数民族献血者1.083% (1053/97240); 不同血型和性别献血者梅毒阳性率无显著性差异, A型0.0560% (662/118241), B型0.583% (694/119070), O型0.534% (675/126447), AB型0.582% (234/40238); 男性0.551% (1506/273370), 女性献血者0.581%;

**结论** 乌鲁木齐地区2010—2017 年无偿献血者梅毒阳性率呈增高趋势, 输血传播梅毒的危险性也随之增大, 献血者的危险行为应得到高度重视, 梅毒对血液安全存在较高的威胁。应加强对低危群体献血者的招募工作, 并加强对高危献血人群的献血前征询, 提高

重复献血者在献血人群中的比率。

## PU-7440

### 某地近 5 年感染菌群分布及耐药现状分析

尚丽霞

乌苏市陆军第 948 医院

**目的** 通过对乌苏地区近 5 年感染菌群的分布及耐药现状分析，为临床合理用药提供参考依据。

**方法** 标本采集运送按《全国临床检验操作规程》执行，细菌鉴定采用 API 系统，药敏分析采用 K-B 纸片法，结果依据美国临床实验标准化委员会(NCCLS)最新标准判定，采用 WHONET5.5 软件回顾分析。

**结果** 感染菌群的来源以尿液、分泌物、痰液为主（占 91.16%），分布以革兰阳性球菌为主（占 60.41%），革兰阴性杆菌和真菌各占 33.68%和 5.91%。主要的感染菌有：凝固酶阴性的葡萄球菌、金黄色葡萄球菌、大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、真菌、鲍曼不动杆菌和阴沟肠杆菌等。耐药情况：葡萄球菌和肠杆菌科细菌对青霉素、氨苄西林的耐药率超过 75%，对红霉素、克林霉素、复方新诺明、一二代头孢菌素、庆大霉素的耐药率超过 50%，对喹诺酮和三代头孢类的耐药率基本在 30%以上，非发酵菌属的耐药率在 50%左右，普遍高于肠杆菌科细菌；敏感性较好（在 80%左右）的有：亚胺培南、阿米卡星、头孢吡肟和酶抑制剂复方制剂；未发现万古霉素耐药株；本地多重耐药的检出率在 30%以上，近两年有明显下降。

**结论** 本地区感染菌群对常用抗菌药物的耐药情况严重，尤其是革兰阳性球菌和条件致病菌引起的感染不容忽视；连续监测感染菌群的分布及耐药变迁，对调整诊疗思路、制定抗感染策略和防止耐药传播意义重大。

## PU-7441

### 2015 年-2017 年某院呼吸科革兰阴性杆菌的分布及耐药分析

沈璇，王萍，张冬萍

解放军第四七四医院

**目的** 分析我院 2015~2017 年呼吸科住院患者感染革兰阴性杆菌的分布及耐药情况，为我院临床合理用药提供理论依据。

**方法** 对呼吸科近 3 年分离出的革兰阴性杆菌的分布及药敏结果进行回顾性的分析。

**结果** 收集呼吸科患者标本 4993 例，按照标准规程操作仪器、试剂，检出致病菌株 989 例，阳性检出率为 19.8%，其中革兰阴性杆菌 849 例，占致病菌的 85.8%，主要阴性杆菌居前四位的分别为肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌、大肠埃希菌、铜绿假单胞菌，3 年间分布变化不大。肺炎克雷伯菌对阿米卡星、复方新诺明、美罗培南、庆大霉素、头孢吡肟、头孢他啶、头孢替坦具有较高的敏感性；大肠埃希菌三年来耐药率呈下降趋势，对阿米卡星、美罗培南、头孢替坦、亚胺培南 100%敏感，对呋喃妥因、哌拉西林/他唑巴坦具有较高的敏感性，对氨苄西林、氨苄西林/舒巴坦、哌拉西林、头孢呋辛钠仍持有较高的耐药性；铜绿假单胞菌对阿米卡星、美罗培南、庆大霉素、妥布霉素具有较高的敏感性；耐药鲍曼不动杆菌对大部分抗生素呈高耐药性。

**结论** 我院呼吸科常见革兰阴性杆菌耐药情况普遍存在，非发酵菌尤为严重，临床抗感染治疗中应开展病原菌耐药性检测，合理选用抗菌药物。

## PU-7442

## 我院肾病内科患者尿路感染病原菌的分布及耐药性分析

王萍, 沈璇, 张冬萍, 张和平, 白冰  
解放军第 474 医院

**目的** 对我院 2013 年至 2017 年肾内科患者尿路感染分离出的病原菌进行耐药监测, 为临床用药提供可靠的理论依据。

**方法** 对肾内科送检的尿液标本按照《全国临床检验操作规程》接种培养, 采用 Vitek 2-Compact 鉴定系统, 用法国梅里埃革兰鉴定卡 GN、GP、革兰药敏卡 GN09、GN16、GP67 对致病菌进行鉴定和药敏, 应用 WHONET5.6 软件进行数据分析。

**结果** 送检的 721 份标本中, 共检出 288 株病原菌, 其中革兰阴性杆菌 242 株, 占 84.03%, 排前三位的菌是大肠埃希菌 185 株, 占 64.24%; 肺炎克雷伯菌 19 株, 占 6.60%; 阴沟肠杆菌 9 株, 占 3.13%; 耐药方面大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌对青霉素、头孢类、喹诺酮类具有较高的耐药性, 对哌拉西林/他唑巴坦、头孢替坦、亚安培南、美罗培南耐药率低, 敏感度好。阴沟肠杆菌除对头孢替坦、头孢呋辛钠耐药率高, 分别是 100.0%、85.81%, 对其他监测药物敏感性好。革兰阳性菌 44 株, 占 15.28%, 排名前两位的是屎肠球菌 15 株, 占 5.21%; 金黄色葡萄球菌 7 株, 占 2.43%。耐药率方面屎肠球菌对青霉素、氨苄西林、呋喃妥因、庆大霉素、红霉素、克林霉素、喹诺酮类耐药率较高, 仅对四环素、替加环素、利奈唑胺、万古霉素敏感。金黄色葡萄球菌除对青霉素、红霉素、克林霉素耐药率达到 33.33%, 对其他监测药物都有较高的敏感性, 未分离出耐万古霉素菌株。真菌分离 2 株, 占 0.69%, 均为念珠菌。

**结论** 大肠埃希菌、肺炎克雷伯菌、屎肠球菌是肾内科尿路感染主要致病菌, 对多种药物具有较高的耐药性, 临床治疗时应根据细菌培养及药敏结果选择合适的抗菌药物。

## PU-7443

## 2015~2017 年新疆维吾尔自治区人民医院 ICU 分离的肺炎克雷伯菌耐药性分析

马晶<sup>1</sup>, 李娟<sup>2</sup>, 罗斌<sup>2</sup>, 郭淑丽<sup>2</sup>, 王昌敏<sup>2</sup>, 徐菲莉<sup>3</sup>

1. 新疆医科大学中医学院
2. 新疆维吾尔自治区人民医院
3. 新疆医科大学附属中医医院

**目的** 分析 2015~2017 年新疆维吾尔自治区人民医院 ICU 分离的肺炎克雷伯菌的耐药情况。

**方法** 对 ICU 分离的痰标本进行药敏试验, 并按 2015 年 CLSI 标准判断药敏试验结果, 采用 WHONET5.6 软件, 对分离菌作回顾性统计分析。

**结果** 2015~2017 年共分离 412 株肺炎克雷伯菌, 检出量逐年下降。耐药率逐年增多。

**结论** 药敏结果显示近三年肺炎克雷伯菌的耐药率呈增长趋势, 临床应重视耐药监测结果, 合理使用抗菌药物。

## PU-7444

## 新疆昌吉地区 620 例妊娠期女性阴道分泌物支原体检测及耐药分析

任兰<sup>1</sup>, 张艳萍<sup>1</sup>, 方海瑞<sup>1</sup>, 向艳芳<sup>1</sup>, 伊惠霞<sup>1,2</sup>

1. 新疆医科大学第一附属医院昌吉分院

2. 新疆医科大学第一附属医院

**目的** 了解妊娠期女性阴道分泌物支原体感染及耐药情况, 为临床治疗提供参考。

**方法** 采用支原体分离培养药敏试剂盒对妊娠期妇女阴道分泌物进行培养及药敏检测, 并对结果进行分析。

**结果** 620 例标本中检出阳性标本为 340 例, 感染率为 54.84%。其中解脲脲原体 (Uu) 283 例, 占 83.2%, 人型支原体 (Mh) 8 例, 占 2.1%, 解脲支原体和人型支原体混合型 (Uu+ Mh) 49 例, 占 14.7%。耐药率居前三位的分别为环丙沙星 (CIP) 60.88%, 红霉素 (ERY) 57.06%, 司巴沙星 (SPA) 46.18%, 敏感性较好的药物分别是交沙霉素 (JOS) 1.47%, 强力霉素 (DOX) 和美满霉素 (MIN) 均为 2.06%。

**结论** 妊娠期女性泌尿生殖道支原体感染率高, 主要为机体激素水平改变, 容易引起菌群失调, 耐药性监测有助于指导临床治疗。

## PU-7445

## 昌吉地区高危型 HPV 感染情况的分析

张艳萍<sup>1</sup>, 武丹<sup>1</sup>, 任兰<sup>1</sup>, 马晖<sup>1</sup>, 方海瑞<sup>1</sup>, 刘微<sup>1</sup>, 王伊欣<sup>1</sup>, 伊惠霞<sup>1,2</sup>

1. 新疆医科大学第一附属医院昌吉分院

2. 新疆医科大学第一附属医院

**目的** 现已经证实高危型人类乳头瘤病毒 (HPV) 是宫颈癌的危险因素, 因此通过早诊早治可以有效预防癌症的发生。本研究旨在探讨高危型 HPV 在不同宫颈病变中的感染情况, 并根据年龄进行比较。

**方法** 采用 cobas 4800 方法对 1003 例患者进行 HPV16、HPV18 及其他高危型 HPV 分型检测。

**结果** HPV16 感染率为 3.4%; HPV18 感染率为 0.3%; 其他高危型 HPV 感染率为 10.3%。另外, HPV16 合并其他高危型 HPV 感染率为 1.9%; HPV18 合并其他高危型 HPV 感染率为 0.6%。 $\leq 25$  岁这一组, HPV 总感染率为 18.2%, 31-40 岁组、40-51 岁组分别与  $\geq 61$  岁组之间比较, 总 HPV 感染率有统计学差异。

**结论** 宫颈病变组织 HPV 感染率高于正常宫颈组织; 年龄与 HPV 感染及其基因型分布有密切的关系, 早期检测高危型 HPV 可以有效预防宫颈癌的发生。

## PU-7446

## 2016-2018 年某院肺炎克雷伯菌临床分布及耐药性分析

张艳萍, 方海瑞, 武丹, 向艳芳, 伊惠霞

新疆医科大学第一附属医院昌吉分院

**目的** 调查某院医院感染中肺炎克雷伯菌的临床分布及其对抗菌药物的耐药情况, 指导临床合理使用抗菌药物。

**方法** 对该院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月送检患者的标本进行培养、鉴定和药敏试验, 利用 WHONET5.6 软件统计分析肺炎克雷伯菌及其药敏结果。

**结果** 分离前三位科室依次为 ICU、呼吸/老年科和新生儿科; 在痰标本中检出率最高为 79.7%; 药敏结果表明对哌拉西林耐药率最高, 其次是头孢类, 亚胺培南耐药率最低。

**结论** 近 3 年该院医院内感染中肺炎克雷伯菌检出率较高, 应及时监测产 ESBLs 菌的发生率与耐药趋势; 需定时分析总结肺炎克雷伯菌的临床分布和耐药情况, 指导临床用药。

PU-7447

## 新疆伊犁州友谊医院 332 例 HIV 抗体初筛 阳性结果分析

宋宇宁, 邢清海

新疆伊犁哈萨克自治州友谊医院

**目的** 分析新疆伊犁州友谊医院人类免疫缺陷病毒 (HIV) 阳性就诊者的流行病学特征, 为有效控制疫情流行和预防院内感染提供科学依据。

**方法** 采用方便抽样法, 选择 2017 年 1 月至 2018 年 9 月新疆伊犁州友谊医院 HIV 抗体检测结果阳性就诊者 332 例为研究对象, 收集患者信息。纳入标准为就诊者血清中 HIV 抗体呈阳性反应者。

**结果** 伊犁州友谊医院 2017 年 1 月至 2018 年 9 月期间, HIV 抗体阳性共 332 例, 年龄在 1/12 岁~84 岁, 中位 45 岁。其中男性占 58.73% (195 例), 女性占 41.27% (137 例), 41-50 岁年龄段人数最多占 38.86% (129 例)。患者就诊科室分布方面, 门诊占 8.43% (35 例), 住院占 91.57% (297 例); 肛肠血管外科最多占 7.83% (26 例), 其次为感染内科占 7.53% (25 例), 其余各临床科室均有分布。民族分布方面, 维吾尔族人数最多占 70.18% (233/332), 其次是汉族人数占 15.06% (50/332)。

**结论** HIV 感染者临床症状多不典型且潜伏期较长, 需要临床医师重视高危人群的 HIV 筛查, 同时注重自身防护, 防止职业暴露。

PU-7448

## 肺泡灌洗液检出烟曲霉辅助诊断真菌性肺炎一例

唐丽红<sup>1</sup>, 柴树红<sup>1</sup>, 刘琳<sup>2</sup>, 周道银<sup>3</sup>, 陈燕<sup>3</sup>

1.新疆乌鲁木齐市友谊医院

2.上海交通大学医学院附属瑞金医院北院

3.海军军医大学长海医院

支气管肺泡灌洗 (bronchoalveolar lavage, BAL) 技术是一种通过纤维支气管镜对支气管以下肺段或亚肺段, 以无菌生理盐水反复灌洗、回收、获取样本, 并进行检查与分析的技术。行支气管镜术, 并对支气管肺泡灌洗液 (BALF) 进行检查和病原体培养, 对严重肺部疾病的诊断和治疗具有重要的临床指导价值<sup>[1]</sup>。曾有报道肺泡灌洗液标本中检出一例粪类圆线虫<sup>[2]</sup>。现将一例肺泡灌洗液标本中检出烟曲霉, 兹作报道。

PU-7449

## 5700 份血培养标本病原菌分布和污染原因分析

李医, 刘洁, 李晟彬  
新疆维吾尔自治区第三人民医院

**目的** 对我院血培养标本病原菌分布情况及血培养污染的原因进行分析, 提出如何有效预防和控制污染的方案, 以期临床血流感染的诊断和是否为污染菌的判断提供理论依据, 避免临床抗生素滥用。

**方法** 收集我院 2016 年 1 月至 2018 年 12 月 1535 例 5700 份血培养标本所分离出的病原菌对其分布情况及污染原因进行分析。

**结果** 从 1535 例 5700 份血培养标本中分离出阳性菌株 705 株, 阳性率为 12.37%, 其中致病菌 618 株, 污染菌 87 株, 污染率 1.53%。

**结论** 我院血培养病原菌以革兰阴性杆菌为主, 病原菌种类分布广泛, 大肠埃希菌、金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯菌、凝固酶阴性葡萄球菌、铜绿假单胞菌和鲍曼不动杆菌仍是血流感染的常见致病菌, 而污染菌主要为凝固酶阴性葡萄球菌、棒杆菌属、鲍曼不动杆菌和微球菌。污染菌的采血部位主要以需氧瓶为主, 与消毒不严格密切相关。

PU-7450

## SAA 联合 CRP 及 WBC 计数检测在小儿肺炎鉴别诊断中的研究

马红萍<sup>1</sup>, 闫文萍<sup>2</sup>, 牛莉莉<sup>2</sup>, 李建明<sup>2</sup>  
1.新疆维吾尔自治区儿童医院  
2.新疆昌吉州人民医院

**目的** 探讨多项指标联合检测对小儿肺炎的鉴别诊断、疗效评价的作用。

**方法** 回顾性分析我院 2018 年 1 月至 2019 年 5 月住院未经抗感染治疗的 <5 岁的符合入组要求得肺炎患儿共 117 例, 细菌性肺炎 89 例, 病毒性肺炎 45 例, 支原体肺炎 37 例, 对其样本进行 CRP、SAA、SAA/CRP 比值及 WBC 检测, 分析各指标的诊断效能。

**结果** CRP 及 WBC 在细菌性肺炎组中增高最明显, SAA 及 SAA/CRP 比值在病毒性肺炎及支原体肺炎中均增高, 差异有显著性意义。

**结论** 通过 ROC 曲线得出, CRP 及 WBC 可作为诊断细菌性肺炎的指标, 三项指标联合检测可为临床诊断不同肺炎类型及治疗方案提供依据。

PU-7451

## 新疆宫颈癌患者中 HPV16 基因整合断点情况分析

王森钰<sup>1</sup>, 冯阳春<sup>2</sup>, 黄艳春<sup>2</sup>  
1.新疆医科大学第二附属医院  
2.新疆医科大学附属肿瘤医院

**目的** 采用富集液相芯片结合二代测序技术对 16 型 HPV 在新疆宫颈癌患者基因组中的整合断点情况进行检测, 为该人群的 HPV 检测提供分子流行病学依据。

**方法** 从新疆医科大学附属肿瘤医院肿瘤防治研究所获得 35 例既往显示 HPV16 感染阳性的新疆宫颈癌患者冷冻病理标本。从美国 Agilent 公司订制富集液相芯片, 并结合二代基因测序技术检测标本中的 HPV16 基因整合断点情况。



**结果** HPV16 基因组的各个基因区域均可以出现整合断点, 各基因出现整合断点的频率从高到低分别是 E6, E1, E7, L2, E2, L1 和 E5 基因。其中 E1 和 E6 基因的整合断点次数的实际观察值远远高于期望值, 而 E5 基因的整合断点次数的实际观察值远远低于期望值。

**结论** 相比于 L1 基因, E6 基因或者 E7 基因区域, E5 基因更适合作为 HPV 检测的靶点, 在未来研制新一代 HPV 检测商品化试剂盒时, 应该考虑 E5 基因的可行性。

## PU-7452

### BACs-on-Beads 技术: 快速产前检测非整倍体和微缺失综合征的有效方法

马光娟<sup>1</sup>, 张勇<sup>1</sup>, 余珍<sup>1</sup>, 何美香<sup>2</sup>, 郭晓利<sup>1</sup>, 马晓蓉<sup>1</sup>, 王丽霞<sup>1</sup>, 代文成<sup>1</sup>

1.新疆维吾尔自治区妇幼保健院

2.新疆普瑞赛新医学检验所

**目的** 探讨一种基于 BABs-on-Beads (BoBs 技术) 检测羊水非整倍体和微缺失综合征的快速产前诊断方法的有效性。

**方法** 对 1868 例样本进行 BoBs 检测, 结果均由染色体核型分析或其他确诊方法证实。

**结果** BoBs 检测出 130 例异常样本, 包括纯合型 21 三体综合征 91 例, 纯合型 18 三体综合征 23 例, 性染色体非整倍体 6 例, 嵌合型 21 三体 1 例, 嵌合型性染色体 5 例, 微缺失和微重复 4 例, 漏诊嵌合型 5 例。金标准染色体核型分析检出异常非整倍体 131 例, 无法检出 4 例微缺失和微重复。1733 例样本检测结果正常, BoBs 检测结果均为阴性。对 1868 例样本的 BoBs 检测结果进行统计分析, 与确诊方法比较, 染色体非整倍体阳性符合率为 96.18%, 阴性符合率为 100%, 总符合率为 99.73%, 并且额外检测出 4 例常见的微缺失综合征。

**结论** 染色体核型分析联合 BoBs 检测可以快速、精确、有效地检测常见染色体非整倍体异常和 9 种染色体微缺失综合征, 在产前诊断中具有较好的应用价值。

## PU-7453

### Exploratory Analysis on Quality Monitoring Indicators of Nucleic Acid Test in Blood Donors in Urumqi

ZHOU Lijun, WAN Jianhua, LI Xu, WANG Shan, ZHANG Hongbin  
Urumqi Blood Center

**Objective** To explore and analyze the quality indicators of nucleic acid test in blood center of Urumqi City to improve the laboratory detection ability.

**Methods** The quality monitoring indicators currently used by the two sets of nucleic acid testing laboratories in the Urumqi Blood Center from January 2015 to July 2018 were retrospectively analyzed and analyzed.

**Results** Nucleic acid detection rate (0.09% for A system, 0.043% for B system), detection rate of split (A system 56.949, B system 44.186), sample collection error rate (0.010% for A system, 0.009% for B system), inter-room Quality evaluation satisfaction rate (100% for A system, 100% for B system), out-of-control rate of indoor quality control (0.045% for A system, 0.551% for B system), failure rate of experiment (1.410% for A system, 3.857% for B system), equipment failure Rate (0.613% for system A and 0.919% for system B).

**Conclusion** At present, the quality monitoring indicators used in this laboratory can effectively reflect the basic situation of nucleic acid detection, and play a good quality monitoring role for nucleic acid detection work, but it is still in the exploration stage and needs continuous improvement.

## PU-7454

## 乌鲁木齐地区铜绿假单胞菌Ⅲ型分泌系统毒力表达的研究

张艳, 赵淑珍, 李静, 张婷  
新疆乌鲁木齐市中医医院

**目的** 了解乌鲁木齐地区铜绿假单胞菌Ⅲ型分泌系统毒力基因 *exoS*、*exoU* 的分布情况及耐药特点。

**方法** 收集本院 2017 年 1 月~2018 年 1 月临床分离的 180 株铜绿假单胞菌, 使用 VITEK2-compac 系统进行菌株鉴定和药敏试验, 纸片扩散法进行药敏补充, 采用 PCR 法检测 *exoS*、*exoU* 毒力基因。

**结果** 180 株铜绿假单胞菌中 138 株(76.67%)*exoS* 基因阳性, 71 株(39.44%)*exoU* 基因阳性, 21.11% 的菌株同时携带两种基因(*exoU*+/+*exoS*+)。共检出 MDR 24 株, 占 13.33%。*exoU*+/+组耐药严重 75%为 MDR, 明显高于 *exoU*-组的 25%, 差异有统计学意义 ( $P<0.001$ )。*exoU*+/+组氟喹诺酮不敏感菌株的检出率高达 83.33%, 明显高于 *exoU*-组的 16.67%, 差异有统计学意义 ( $P<0.001$ )。*exoU*+/+组 30 天死亡率为 8.79%, 高于 *exoU*-组的 4.38%, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** 铜绿假单胞菌耐药情况严重, *exoU* 基因的表达与多药耐药和氟喹诺酮类抗生素耐药有关, 应加强耐药检测及毒力因子的检测。

## PU-7455

## 甲状腺乳头状癌分子标记物研究进展

杨敏, 王昌敏  
新疆维吾尔自治区人民医院

近年来, 甲状腺癌的发病率呈逐年攀升的趋势, 甲状腺乳头状癌(papillary thyroid carcinoma, PTC)是甲状腺癌中最常见的组织学类型, 随着对 PTC 分子遗传学方面研究的不断发展, 分子生物标记物的检测在 PTC 的筛查、诊断及预后中愈来愈重要。目前分子生物标记物类型众多, 参与多种肿瘤的发生、发展, 本文将对当前国内外常见 PTC 分子标志物的临床应用、研究进展、检测方法、优缺点等方面做一描述。

## PU-7456

## EDTA 依赖性假性血小板减少现象及解决方案

张玲, 李胜江  
阿克苏地区第一人民医院

**目的** 探讨乙二胺四乙酸(EDTA)依赖性假性血小板减少现象和纠正方法。为 EDTA 盐依赖性血小板假性减少症(EDTAPTCP)寻找可靠的检测血小板的方法, 给临床提供准确的结果。

**方法** 6 例患者用 EDTA-K2 抗凝管抽静脉血查血常规, 所得血小板(PLT)计数值均低于正常值, 与临床医师沟通了解到患者均无出血症状。观察血小板直方图; EDTA-K2 抗凝血涂片镜检观察血小板形态; 重新采血分别用不同抗凝剂全血上机复查; 手工计数血小板。

**结果** EDTA-K2 可导致血小板活化, 使血小板形态发生改变, 可引起血小板的聚集或发生卫星现象, 分析仪不能识别凝集的血小板, 导致血小板计数偏低。

**结论** EDTA 抗凝剂会诱发血小板粘附与聚集引起假性血小板减少症。虽然发生率不高,但应加以重视,对于血小板减少而无出血症状的患者,一定要用不同方法进行复查,以防误诊。

## PU-7457

### FDP 和 D-二聚体检测在恶性肿瘤患者中的临床应用

闫文萍, 牛莉莉, 张英

新疆维吾尔自治区昌吉回族自治州人民医院

**目的** 探讨 FDP 和 D-二聚体检测对恶性肿瘤患者的临床意义。

**方法** 收集本院 120 例恶性肿瘤患者标本,其中肺癌 55 例,肝癌 39 例,乳腺癌 26 例作为观察组,并选择 120 例正常人群作为对照组,采用希森美康 CS-5100 全自动凝血分析仪检测血浆中的 FDP (纤维蛋白原降解产物)和 D-二聚体(D-D)水平。

**结果** 检测结果显示,恶性肿瘤患者的 FDP 和 D-二聚体结果与对照组相比较,差异有统计学意义( $P<0.05$ )。

**结论** FDP 和 D-二聚体检测用于恶性肿瘤患者检测中,为临床的鉴别诊断、用药治疗及预后判断提供可靠依据,有重要的临床应用价值。

## PU-7458

### 血栓弹力图应用于预测冠脉介入术后心血管不良事件的临床价值

陈卫红, 杨楷, 叶巍, 王文工, 刘恒友

湖北省中西医结合医院(援疆单位博州妇幼保健院)

**目的** 观察血栓弹力图应用于预测 ACS 患者 PCI 术后心血管不良事件的临床价值。

**方法** 以自 2015 年 1 月-2016 年 4 月于我院就诊并进行 PCI 的 320 例 ACS 患者为研究对象,包括急性心肌梗死患者 146 例,不稳定心绞痛患者 174 例,所有患者 PCI 术后进行 TEG 检测,统计分析不同组患者 R、K、Angle、MA 和 CI 等 TEG 参数指标水平差异情况,随访患者 PCI 术后 24 个月内冠脉再狭窄、支架内血栓、非致死性心肌梗死、再次血运重建、心源性死亡等 MACE 发生情况,分析 ACS 患者 TEG 参数指标与 PCI 术后 MACE 的相关性。

**结果** 在全部进行 PCI 的 320 例 ACS 患者中,随访 24 个月内 MACE 发生率为 21.88% ( $P<0.05$ ),AMI 组患者 PCI 术后 MACE 发生率(24.66%)高于 UAP 组患者水平(19.54%),但不具有统计学意义( $\chi^2=1.216$ ,  $P=0.270>0.05$ );AMI 组与 UAP 组患者 R、K、Angle、MA 和 CI 等 TEG 参数指标水平差异不具有统计学意义( $P>0.05$ );MACE 组患者 R 和 K 指标数值显著低于非 MACE 组患者水平,而 MACE 组患者 PCI 术后 Angle、MA 和 CI 指标数值显著高于非 MACE 组患者水平( $P<0.05$ );R 和 K 数值均与 ACS 患者 PCI 术后 MACE 的发生呈负相关性( $P<0.05$ ),而 Angle、MA 和 CI 数值均与 ACS 患者 PCI 术后 MACE 的发生呈正相关性( $P<0.05$ )。

**结论** TEG 参数指标水平与 ACS 患者 PCI 术后 MACE 的发生密切相关,TEG 对 ACS 患者 PCI 术后 MACE 具有一定的预测价值,可用于指导 PCI 术后治疗和不良反应的预防,临床应予以重视。

## PU-7459

## 血栓弹力图与凝血四项评价围产妇凝血功能的对比研究

田月<sup>1</sup>, 张文利<sup>2</sup>, 张朝霞<sup>1</sup>

1.新疆医科大学第一附属医院

2.乌鲁木齐儿童医院

**目的** 探讨血栓弹力图与凝血四项各参数在围产妇凝血功能检测中的相关性和一致性, 评价两种方法在围产妇凝血功能检测方面的应用价值, 本研究讨论的围产妇是新疆主要的少数民族维吾尔族的围产妇。

**方法** 回顾分析三家不同地区医院 2018 年 1 月至 2018 年 9 月围产期产妇 3042 例患者的血栓弹力图 (TEG)、凝血四项和 PLT 的检测结果, 将 TEG 的主要参数凝血因子激活时间(R)、血块形成速率参数(K)、弹力图最大切角 (Angle 角)、弹力图最大振幅 (MA) 与凝血试验凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血活酶时间 (APTT)、纤维蛋白原 (FIB) 以及 PLT 进行相关性分析、Kappa 一致性分析和卡方检验。

**结果** TEG 与凝血四项各指标之间的差异具有统计学意义,  $P < 0.05$ ; 围产妇组中 R 与 PT 和 APTT 存在正相关 ( $r=0.625$ 、 $0.652$ , 均  $P < 0.05$ ), K 值与 FIB、PLT 存在负相关 ( $r=-0.562$ 、 $-0.558$ , 均  $P < 0.05$ ), Angle 角、MA 值与 FIB、PLT 存在正相关 ( $r=0.605$ 、 $0.544$ 、 $0.741$ 、 $0.508$ , 均  $P < 0.05$ ); R 时间与 PT、APTT 的 Kappa 值分别为( $r=0.249$ 、 $0.092$ , 均  $P < 0.01$ ), 卡方检验值分别为 1868.8、4.0 (均  $P < 0.01$ ); K 值、Angle 角和 MA 分别与 Fib 的 Kappa 值为 ( $r=0.024$ 、 $0.042$ 、 $0.103$  均  $P < 0.01$ ), 卡方检验值分别为 133.8、2.0 (均  $P < 0.01$ ); K 值、Angle 角和 MA 分别与 PLT 的 Kappa 值为( $r=0.227$ 、 $0.205$ 、 $0.193$ , 均  $P < 0.01$ ), 卡方检验值分别为 359.8、2.0、0.9 (均  $P < 0.01$ )。

**结论** 在维吾尔族的围产妇中 TEG 与凝血实验及 PLT 的检测显著相关, 一致性较弱, 两种方法不能互相替代, 实际工作需动态检测监测体内凝血状况, 降低病人血栓和输血风险。

## PU-7460

## 尿液沉渣形态学检查室间质控结果分析

唐丽红, 员静, 陈丽

乌鲁木齐市友谊医院

**目的** 对六年来本院参加全国医院尿液沉渣形态学检查室间质控中不同类型尿液沉渣形态图片的识别进行分析。

**方法** 将 2012-2017 年我院参加全国医院尿沉渣形态学检查室间质评统计结果回顾分析, 找出存在的问题。

**结果** 尿沉渣形态学检查全国质评统计结果中 2012 年和 2016 年符合率均为 86.7%, 2013 年符合率为 93.3%, 其余符合率为 100%。

**结论** 通过参加室间质量评价, 实验室能发现常规检测的工作质量和不容易发现的隐患或偏差, 找出产生错误的原因, 加强室内质控, 提高尿沉渣形态学检测和分析能力。

## PU-7461

## 术前中性粒细胞与淋巴细胞比值和血小板与淋巴细胞比值在结直肠癌预后中的意义

邓伟伟, 黄艳春  
新疆医科大学附属肿瘤医院

**目的** 探讨术前中性粒细胞与淋巴细胞比值(NLR)和血小板与淋巴细胞比值(PLR)在结直肠癌患者预后中的意义。

**方法** 回顾性分析 2011 年 1 月至 2013 年 12 月在我院接受手术治疗并有完整随访资料的结直肠癌患者 186 例。按术前 NLR<2.75 及 $\geq 2.75$ 、PLR<160 及 $\geq 160$  分组, 采用 Kaplan-Meier 曲线法进行生存分析, Log-rank 检验比较各组的生存情况, Cox 回归分析筛选结直肠癌的独立预后因素。

**结果** 高 NLR 组 5 年总生存率 36.3%显著低于低 NLR 组的 62.1%( $P=0.002$ )、高 PLR 组的 5 年总生存率 38.2%显著低于低 PLR 组的 63.6%( $P=0.001$ )。多因素分析显示, 分化程度、TNM 分期、术前 CEA 水平、辅助化疗以及 NLR 是影响结直肠癌患者预后的独立因素 ( $P<0.05$ )。

**结论** NLR 和 PLR 可以预测结直肠癌患者的预后, NLR 还可作为影响患者预后的独立因素。

## PU-7462

## 应用凝血标志物诊断多发性骨髓瘤患者血栓前状态的病例对照研究

郝立君, 黄睿, 宋雪, 李智伟  
新疆维吾尔自治区人民医院

**目的** 评价多发性骨髓瘤 (MM) 患者凝血标志物的变化, 分析其对血栓前状态的诊断价值。

**方法** 选取 MM 患者 43 例, 健康体检者 40 例。应用化学发光法分别检测 MM 组及正常对照组血浆中血栓早期分子标志物凝血酶-抗凝血酶原复合物 (TAT), 纤溶酶- $\alpha_2$  纤溶酶抑制物复合物 (PIC), 血栓调节蛋白 (TM), 组织型纤溶酶原激活物/纤溶酶原激活物抑制剂-1 复合物 (t-PAIC); 用凝固法检测纤维蛋白原 (Fib); 用免疫比浊法检测 D-二聚体 (D-dimer)。**结果** 与正常对照组相比, MM 组 TAT、PIC、TM、Fib、D-dimer 水平较高, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ ); MM 组 t-PAIC 水平较低, 差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。MM 不同免疫球蛋白分型之间比较, TAT 和 Fib 水平有差异 ( $P<0.05$ ), 其他检测项目均无统计学意义 ( $P>0.05$ )。TAT、PIC、TM、t-PAIC、Fib、D-dimer 在 MM 的不同 DS 分期中差异有统计学意义 ( $P<0.05$ )。

**结论** MM 患者易发生凝血及纤溶系统异常, PIC、TAT、TM、t-PAIC 与 Fib、D-dimer 联合检测, 是诊断 MM 血栓前状态的良好指标。

## PU-7463

## 中性粒细胞与淋巴细胞比值与多发性骨髓瘤患者预后相关性分析

刘红春, 黄国虹, 崔彦杰, 贾海英, 王昌敏  
新疆维吾尔自治区人民医院

**目的** 探讨外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR) 在多发性骨髓瘤患者预后中的价值。

**方法** 回顾性分析 87 例初诊多发性骨髓瘤患者的临床资料, 以 NLR 平均值为临界值, 将 MM 患者分为低 NLR 组 (NLR<2.68) 和高 NLR 组 (NLR $\geq 2.68$ ), 分析两组在性别、年龄、ISS 分期、

免疫分型、血红蛋白(HGB)、血清钙(Ca)、血清  $\beta_2$  微球蛋白( $\beta_2$ -MG)、血清白蛋白(ALB)、血清肌酐(Cr)、血清乳酸脱氢酶(LDH)和总体生存期(OS)方面的差异,采用 SPSS19.0 软件进行数据统计及分析,生存分析用 Kaplan-Meier 法,Log-rank 法做单因素分析;COX 比例风险回归模型做多因素分析,确定影响预后的独立因素。

**结果** 多发性骨髓瘤患者的 NLR 值显著高于正常对照组 ( $t=2.21$ ,  $P<0.05$ );与低 NLR 组相比,高 NLR 组血清  $\beta_2$ -MG、Ca、Cr 偏高,差异有统计学意义 ( $P<0.05$ );单因素分析和多因素分析显示  $NLR\geq 2.68$ ,  $\beta_2$ -MG 升高是 MM 预后的不良危险因素及独立危险因素 ( $P<0.05$ )。**结论** NLR 可以作为多发性骨髓瘤患者预后的一个独立危险因素,NLR 升高提示预后不良。

## PU-7464

### 不同抗凝剂治疗对慢性心衰患者凝血功能 及静脉血栓发生率的影响

刘媛,宋金萍,赵生霞,黄国虹  
新疆维吾尔自治区人民医院

**目的** 比较新疆慢性心衰抗凝治疗患者和抗 PLT 治疗患者的凝血功能、并发静脉血栓发生率,探讨慢性心衰患者抗凝治疗与其静脉血栓发生的相关性。

**方法** 选取 87 例慢性心衰患者,其中 56 例进行抗 PLT 治疗,31 例进行抗 PLT 和低分子肝素联合抗凝治疗。以进行抗 PLT 治疗组为对照组,抗凝治疗组为研究组,收集病人一般临床资料,比较两组间的临床特点、凝血功能以及两组间并发静脉血栓的发生率,分析慢性心衰患者并发下肢静脉血栓与各指标的相关性。采用 spss19.0 统计学软件,对计量资料进行组间样本  $t$  检验,计数资料进行卡方检验,多变量间进行 spsman 相关性分析。

**结果** 抗凝治疗组心功能 IV 级、和并房颤患者的比例及心肌标志物 CK-MB、凝血酶原(PT)和血管性血友病因子(vWF)活性显著高于抗 PLT 治疗组 ( $P<0.05$ )。而两组并发静脉血栓的发生率无显著差异 ( $P>0.05$ )。相关性分析显示,慢性心衰患者并发下肢静脉血栓与下肢动脉粥样硬化、二聚体(D-DI)、血管性血友病因子(vWF)活性显著正相关 ( $P<0.05$ )。

**结论** 抗 PLT 治疗和低分子肝素抗凝治疗对于慢性心衰患者并发下肢静脉血栓无显著差异,而预防心衰患者下肢动脉粥样硬化、控制血管性血友病因子(vWF)活性有可能有助于降低静脉血栓发生。

## PU-7465

### 新疆地区放射性工作人员外周血淋巴细胞 微核率结果分析

郭晓静,刘洁,刘子峰  
新疆自治区职业病医院

**目的** 分析新疆地区放射性工作人员外周血淋巴细胞微核率,了解长期接触低剂量电离辐射的放射工作人员的健康损害,以便进一步加强职业防护。

**方法** 选取 2018 年在新疆职业病医院进行职业卫生体检的 1037 名放射性工作人员作为放射组,分析不同年龄,不同性别及不同职业照射源之间微核率的差异。采用常规培养法进行外周血淋巴细胞微核率检测。

**结果** 岗前微核率(1.04‰)低于岗中微核率(1.16‰)和岗后微核率(1.39‰),差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。男性微核率(1.15‰)与女性微核率(1.14‰)比较差异无统计学意义 ( $p>0.05$ )。医疗机构(1.19‰)工业企业(1.05‰)科研机构(1.27‰)微核率差异无统计学意义。

义 ( $p>0.05$ )。将 1037 名放射性工作人员按不同的年龄段 (5 岁一阶段) 微核率结果分析, 差异有统计学意义 ( $p<0.05$ )。

**结论** 放射性工作人员长期触低接剂量电离辐射易造成外周血微核率升高, 并随着年龄的升高呈上升趋势, 须做好放射人员的防护工作。